



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2018-0096591
(43) 공개일자 2018년08월29일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.) A61K 39/145 (2006.01) A61K 31/7105 (2006.01) A61K 39/00 (2006.01) (52) CPC특허분류 A61K 39/145 (2013.01) A61K 31/7105 (2013.01) (21) 출원번호 10-2018-7014338 (22) 출원일자(국제) 2016년10월21일 심사청구일자 없음 (85) 번역문제출일자 2018년05월21일 (86) 국제출원번호 PCT/US2016/058319 (87) 국제공개번호 WO 2017/070620 국제공개일자 2017년04월27일 (30) 우선권주장 62/245,031 2015년10월22일 미국(US) (뒷면에 계속)	(71) 출원인 모더나티엑스, 인크. 미국 02141 매사추세츠주 케임브리지 벤트 스트리트 320 (72) 발명자 시아라멜라, 주세페 미국 01776 매사추세츠주 서드베리 호스 로드 1 황, 에릭, 이-첸 미국 02118 매사추세츠주 보스턴 웨어햄 스트리트 90 아파트먼트 302 (뒷면에 계속) (74) 대리인 양영준, 이상남

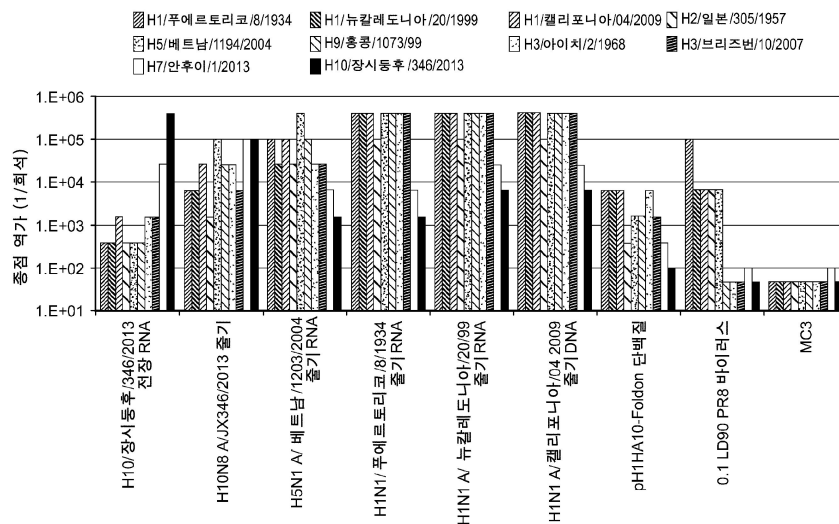
전체 청구항 수 : 총 66 항

(54) 발명의 명칭 광범위 인플루엔자 바이러스 백신

(57) 요약

본 개시내용은 인플루엔자 바이러스 리보핵산 (RNA) 백신, 뿐만 아니라 상기 백신을 사용하는 방법 및 상기 백신을 포함하는 조성물에 관한 것이다.

대표도



(52) CPC특허분류

A61K 2039/5252 (2013.01)
A61K 2039/5254 (2013.01)
A61K 2039/53 (2013.01)
A61K 2039/54 (2013.01)
A61K 2039/6018 (2013.01)
A61K 2039/70 (2013.01)
C12N 2760/16134 (2013.01)

(72) 발명자

바바오글루, 케립

미국 19446 펜실베니아주 랜스테일 웬즈 처치 로드
2209

플린, 제시카, 앤

미국 19446 펜실베니아주 랜스테일 마이클 웨이
1347

장, 랜

미국 18194 펜실베니아주 챈폰트 쿨프 로드 더블유
65

(30) 우선권주장

62/245,225	2015년10월22일	미국(US)
62/247,501	2015년10월28일	미국(US)
62/248,248	2015년10월29일	미국(US)

명세서

청구범위

청구항 1

하기를 포함하는 인플루엔자 바이러스 백신:

지질 나노입자 내에 제형화된, 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 리보핵산 (RNA) 폴리뉴클레오타이드.

청구항 2

인플루엔자 청구항 1에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 인플루엔자 혈구응집소 1 (HA1), 혈구응집소 2 (HA2), HA1 또는 HA2의 면역원성 단편, 또는 전술한 것의 임의의 2개 이상의 조합인, 인플루엔자 백신.

청구항 3

인플루엔자 청구항 1에 있어서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA1, HA2, 또는 HA1과 HA2의 조합이고, 그리고 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 뉴라미니다제 (NA), 핵단백질 (NP), 기질 단백질 1 (M1), 기질 단백질 2 (M2), 비-구조 단백질 1 (NS1) 및 비-구조 단백질 2 (NS2)로 구성된 군으로부터 선택되는, 인플루엔자 백신.

청구항 4

인플루엔자 청구항 3에 있어서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA2이고, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 NA, NP, M1, M2, NS1 및 NS2로 구성된 군으로부터 선택되는, 인플루엔자 백신.

청구항 5

인플루엔자 청구항 1에 있어서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA2이고, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 NA, NP, M1, M2, NS1 및 NS2로 구성된 군으로부터 선택되는, 인플루엔자 백신.

청구항 6

인플루엔자 청구항 1 내지 5 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 인플루엔자 바이러스 균주 H1/PuertoRico/8/1934, H1/신규한 Caledonia/20/1999, H1/California/04/2009, H5/Vietnam/1194/2004, H2/Japan/305/1957, H9/Hong Kong/1073/99, H3/Aichi/2/1968, H3/Brisbane/10/2007, H7/Anhui/1/2013, H10/Jiangxi-Donghu/346/2013, H3/Wisconsin/67/2005, H1/Vietnam/850/2009, 또는 이들의 조합으로부터 유래하는, 인플루엔자 백신.

청구항 7

청구항 1 내지 6 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는, 백신.

청구항 8

청구항 1 내지 7 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 RNA 폴리펩타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 중 임의의 하나에 의해 확인된 핵산 서열에 의해 인코딩되고/거나, 상기 적어도 1종의 RNA 폴리펩타이드는 서열번호: 491-503 중 임의의 하나에 의해 확인된 핵산 서열을 포함하는, 백신.

청구항 9

청구항 1 내지 8 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열에 대해 적어도 95% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는, 백신.

청구항 10

청구항 1 내지 9 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열에 대해 95%-99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는, 백신.

청구항 11

청구항 1 내지 10 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479의 아미노산 서열에 대해 적어도 90% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 가지며, 그리고 상기 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편은 막 융합 활성을 가지며, 세포 수용체에 부착되고, 바이러스성 및 세포 막의 융합을 야기하고/거나 감염되는 세포에의 바이러스의 결합을 담당하는, 백신.

청구항 12

청구항 1 내지 11 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479의 아미노산 서열에 대해 90%-99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 가지며, 그리고 상기 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편은 막 융합 활성을 가지며, 세포 수용체에 부착되고, 바이러스성 및 세포 막의 융합을 야기하고/거나 감염되는 세포에의 바이러스의 결합을 담당하는, 백신.

청구항 13

청구항 1 또는 2에 있어서, 상기 열린 해독틀은 코돈-최적화된, 백신.

청구항 14

청구항 1 내지 3 중 어느 한 항에 있어서, 상기 백신은 다가인, 백신.

청구항 15

청구항 1 내지 4 중 어느 한 항에 있어서, 항원-특이적 면역 반응을 생성하기 위한 유효량으로 제형화되는, 백신.

청구항 16

대상체에서 면역 반응을 유도하는 방법으로서, 청구항 1 내지 15 중 어느 한 항의 백신을, 대상체에서 항원-특이적 면역 반응을 유도하는데 효과적인 양으로 상기 대상체에게 투여하는 것을 포함하는 방법.

청구항 17

청구항 16에 있어서, 상기 항원 특이적 면역 반응은 T 세포 반응 또는 B 세포 반응을 포함하는, 방법.

청구항 18

청구항 16 또는 17에 있어서, 상기 대상체는 단일 용량의 백신이 투여되는, 방법.

청구항 19

청구항 16 또는 17에 있어서, 상기 대상체는 부스터 용량의 백신이 투여되는, 방법.

청구항 20

청구항 16 내지 19 중 어느 한 항에 있어서, 상기 백신은 진피내 주사 또는 근육내 주사에 의해 상기 대상체에게 투여되는, 방법.

청구항 21

청구항 16 내지 20 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 적어도 1 log까지 증가되는, 방법.

청구항 22

청구항 16 내지 21 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 1-3 log까지 증가되는, 방법.

청구항 23

청구항 16 내지 22 중 어느 한 항에 있어서, 상기 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 2배 증가되는, 방법.

청구항 24

청구항 16 내지 23 중 어느 한 항에 있어서, 상기 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 2-10배 증가되는, 방법.

청구항 25

청구항 21 내지 24 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대조군은 바이러스에 대해 백신이 투여되지 않았던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가인, 방법.

청구항 26

청구항 21 내지 24 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대조군은 바이러스에 대해 약독화 생백신 또는 불활성화된 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가인, 방법.

청구항 27

청구항 21 내지 24 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대조군은 바이러스에 대해 재조합 단백질 백신 또는 정제된 단백질 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가인, 방법.

청구항 28

청구항 21 내지 24 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대조군은 바이러스에 대해 VLP 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가인, 방법.

청구항 29

청구항 16 내지 28 중 어느 한 항에 있어서, 상기 유효량은 상기 바이러스에 대한 재조합 단백질 백신 또는 정제된 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 2-배수 감소와 같은 용량이고, 및 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 상기 바이러스에 대한 재조합 단백질 백신 또는 정제된 단백질 백신의 관리 기준 용량 각각 이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같은, 방법.

청구항 30

청구항 16 내지 28 중 어느 한 항에 있어서, 상기 유효량은 상기 바이러스에 대한 약독화 생백신 또는 불활성화된 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 2-배수 감소와 같은 용량이고, 그리고 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 상기 바이러스에 대한 약독화 생백신 또는 불활성화된 백신의 관리 기준 용량, 각각 이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같은, 방법.

청구항 31

청구항 16 내지 28 중 어느 한 항에 있어서, 상기 유효량은 상기 바이러스에 대한 VLP 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 2-배수 감소와 같은 용량이고, 그리고 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 상기 바이러스에 대한 VLP 백신의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같은, 방법.

청구항 32

청구항 16 내지 31 중 어느 한 항에 있어서, 상기 유효량은 50 μ g-1000 μ g의 총용량인, 방법.

청구항 33

청구항 32에 있어서, 상기 유효량은 대상체에게 총 2회 투여된 25 μ g, 100 μ g, 400 μ g, 또는 500 μ g의 용량인, 방법.

청구항 34

청구항 16 내지 33 중 어느 한 항에 있어서, 상기 바이러스에 대한 백신의 효능은 65% 초과인, 방법.

청구항 35

청구항 16 내지 34 중 어느 한 항에 있어서, 상기 백신은 최대 2 년 동안 상기 바이러스에 대항하여 상기 대상체를 면역시키는, 방법.

청구항 36

청구항 16 내지 34 중 어느 한 항에 있어서, 상기 백신은 2년 초과 동안 상기 바이러스에 대항하여 상기 대상체를 면역시키는, 방법.

청구항 37

청구항 16 내지 36 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대상체는 상기 바이러스에 노출되었고, 상기 대상체는 상기 바이러스로 감염되거나, 또는 상기 대상체는 상기 바이러스에 의한 감염의 위험에 있는, 방법.

청구항 38

청구항 16 내지 37 중 어느 한 항에 있어서, 상기 대상체는 면역저하되는, 방법.

청구항 39

대상체에서 항원 특정 면역 반응을 유도하는 방법에서 사용하기 위한 약제의 제조에서의, 청구항 1 내지 15 중 어느 한 항의 백신으로서, 상기 방법은 상기 대상체에서 항원 특정 면역 반응을 생성하는데 유효량으로 백신을 상기 대상체에게 투여하는 것을 포함하는, 백신.

청구항 40

대상체에서 항원 특정 면역 반응을 유도하는 방법에서 사용하기 위한 약제의 제조에서의, 청구항 1 내지 15 중 어느 한 항의 백신의 용도로서, 상기 방법은 상기 대상체에서 항원 특정 면역 반응을 생성하는데 유효량으로 백신을 상기 대상체에게 투여하는 것을 포함하는, 용도.

청구항 41

청구항 1 내지 15 중 어느 한 항의 백신의 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 인코딩하는 조작된 핵산.

청구항 42

청구항 1 내지 15 중 어느 한 항의 백신의 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 인코딩하는 조작된 핵산을 포함하는 발현 벡터.

청구항 43

청구항 1 내지 16 중 어느 한 항의 백신의 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 인코딩하는 조작된 핵산을 포함하는 숙주세포.

청구항 44

폴리펩타이드를 생성하는 방법으로서, 청구항 43의 숙주세포를, 핵산에 의해 인코딩된 폴리펩타이드의 발현을 허용하는 조건 하의 배지에서 배양하는 단계, 및 상기 배양 세포 또는 상기 세포의 배지로부터의 상기 폴리펩타이드를 정제하는 단계를 포함하는 방법.

청구항 45

적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩하는 열린 해독틀을

갖는 적어도 1종의 리보핵산 (RNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 다중 공통 하위유형 백신으로서, 상기 백신은 다양한 인플루엔자 균주에 대한 교차-반응성을 제공하고, 상기 백신은 적어도 1종의 공통 혈구응집소 항원을 포함하는, 다중 공통 하위유형 백신.

청구항 46

청구항 45에 있어서, 상기 공통 혈구응집소 항원은 인플루엔자 혈구응집소 1 (HA1), 혈구응집소 2 (HA2), HA1 또는 HA2의 면역원성 단편, 또는 전술한 것의 임의의 2개 이상의 조합으로 구성된 군으로부터 선택되는, 백신.

청구항 47

청구항 45에 있어서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA1, HA2, 또는 HA1과 HA2의 조합이고, 그리고 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 뉴라미니다제 (NA), 핵단백질 (NP), 기질 단백질 1 (M1), 기질 단백질 2 (M2), 비-구조 단백질 1 (NS1) 및 비-구조 단백질 2 (NS2)로 구성된 군으로부터 선택되는, 백신.

청구항 48

청구항 47에 있어서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA2이고, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 NA, NP, M1, M2, NS1 및 NS2로 구성된 군으로부터 선택되는, 백신.

청구항 49

청구항 48에 있어서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA2이고, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 NA, NP, M1, M2, NS1 및 NS2로 구성된 군으로부터 선택되는, 백신.

청구항 50

청구항 45 내지 49 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 인플루엔자 바이러스 균주 H1/PuertoRico/8/1934, H1/신규한 Caledonia/20/1999, H1/California/04/2009, H5/Vietnam/1194/2004, H2/Japan/305/1957, H9/Hong Kong/1073/99, H3/Aichi/2/1968, H3/Brisbane/10/2007, H7/Anhui/1/2013, H10/Jiangxi-Donghu/346/2013, H3/Wisconsin/67/2005, H1/Vietnam/850/2009, 또는 이들의 조합으로부터 유래하는, 백신.

청구항 51

청구항 45 내지 49 중 어느 한 항에 있어서, 지질 나노입자 내에 제형화되는, 백신.

청구항 52

청구항 51 또는 청구항 1 내지 15 중 어느 한 항에 있어서, 상기 나노입자는 50-200 nm의 평균 직경을 갖는, 백신.

청구항 53

청구항 51 또는 청구항 1 내지 15 중 어느 한 항에 있어서, 상기 지질 나노입자는 양이온성 지질, PEG-변형된 지질, 스테롤 및 비-양이온성 지질을 포함하는, 백신.

청구항 54

청구항 53에 있어서, 상기 지질 나노입자 캐리어는 약 20-60%의 양이온성 지질, 0.5- 15%의 PEG-변형된 지질, 25-55% 스테롤, 및 25%의 비-양이온성 지질의 물비를 포함하는, 백신.

청구항 55

청구항 54에 있어서, 상기 양이온성 지질은 이온화가능 양이온성 지질이고, 상기 비-양이온성 지질은 중성 지질이며, 그리고 상기 스테롤은 콜레스테롤인, 백신.

청구항 56

청구항 54에 있어서, 상기 양이온성 지질은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-

DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택되는, 백신.

청구항 57

청구항 51 내지 56 중 어느 한 항에 있어서, 상기 나노입자는 0.4 미만의 다분산도 값을 갖는, 백신.

청구항 58

청구항 51 내지 57 중 어느 한 항에 있어서, 상기 나노입자는 중성 pH 값에서 순 중성 전하를 갖는, 백신.

청구항 59

청구항 1 내지 15 또는 45 내지 58 중 어느 한 항에 있어서, 상기 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 적어도 1개의 화학적 변형을 포함하는, 백신.

청구항 60

청구항 59에 있어서, 상기 화학적 변형은 슈도우리딘, N1-메틸슈도우리딘, N1-에틸슈도우리딘, 2-티오우리딘, 4'-티오우리딘, 5-메틸시토신, 5-메틸우리딘, 2-티오-1-메틸-1-데아자-슈도우리딘, 2-티오-1-메틸-슈도우리딘, 2-티오-5-아자-우리딘, 2-티오-디하이드로슈도우리딘, 2-티오-디하이드로우리딘, 2-티오-슈도우리딘, 4-메톡시-2-티오-슈도우리딘, 4-메톡시-슈도우리딘, 4-티오-1-메틸-슈도우리딘, 4-티오-슈도우리딘, 5-아자-우리딘, 디하이드로슈도우리딘, 5-메톡시우리딘 및 2' -O-메틸 우리딘으로부터 선택되는, 방법.

청구항 61

포유동물에서 다양한 인플루엔자 균주에 대한 교차-반응성을 유도하는 방법으로서, 청구항 1 내지 15 또는 45 내지 60 중 어느 한 항의 백신이 필요한 포유동물에게 투여하는 것을 포함하는 방법.

청구항 62

청구항 61에 있어서, 각각이 공통 혈구응집소 항원을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 2종의 리보핵산 (RNA) 폴리뉴클레오타이드는 포유동물에게 개별적으로 투여되는, 방법.

청구항 63

청구항 61에 있어서, 각각이 공통 혈구응집소 항원을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 2종의 리보핵산 (RNA) 폴리뉴클레오타이드는 포유동물에게 동시에 투여되는, 방법.

청구항 64

대상체의 백신접종에 사용되는 억제학적 조성물로서, 인플루엔자 바이러스 항원을 인코딩하는 mRNA의 효과적인 용량을 포함하되,

상기 효과적인 용량은 투여 후 1-72 시간에서 상기 대상체의 혈청에서 측정시, 검출가능한 수준의 항원을 생성하는데 충분한, 억제학적 조성물.

청구항 65

청구항 64에 있어서, 상기 항원의 컷오프 지수는 1-2인, 조성물.

청구항 66

대상체의 백신접종에 사용되는 억제학적 조성물로서, 인플루엔자 바이러스 항원을 인코딩하는 mRNA의 효과적인 용량을 투여하되,

상기 효과적인 용량은 투여 후 1-72 시간에서 상기 대상체의 혈청에서 측정시, 상기 항원에 대한 항체를 중화하여 생산된 1,000- 10,000 중화 역가를 생성하는데 충분한 억제학적 조성물.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 관련된 출원

[0002] 본원은, 2015년 10월 22일 출원된, 미국 가출원 번호 62/245,225, 2015년 10월 28일 출원된, 미국 가출원 번호 62/247,501, 2015년 10월 29일 출원된, 미국 가출원 번호 62/248,248, 및 2015년 10월 22일 출원된, 미국 가출원 번호 62/245,031의 35 U.S.C. § 119(e)하에 이점을 주장하고, 이들 각각은 참고로 본 명세서에서 그 전문이 편입된다.

배경 기술

[0003] 인플루엔자 바이러스는 오르토믹소비리다에 계열의 구성원이고, 그것의 핵단백질 (NP)와 매트릭스 (M) 단백질 사이 항원성 차이에 기반하여, 3개의 구별되는 유형 (A, B, 및 C)로 분류된다. 오르토믹소바이러스는 대략 100 nm 직경의 외피보유한 동물 바이러스이다. 인플루엔자 비리온은 단일가닥 RNA 게놈을 함유하는 내부 리보핵단백질 코어 (나선 뉴클레오캡시드), 및 기질 단백질 (M1)에 의해 내부에서 라이닝된 외부 지질단백질 엔빌로프로 구성된다. 인플루엔자 A 바이러스의 분절된 게놈은, 하기를 포함하는 몇 개의 폴리펩타이드를 인코딩하는, 선형, 음 극성, 단일가닥 RNAs의 8개 분자 (인플루엔자 C 바이러스용 7개)로 구성된다: 뉴클레오캡시드를 형성하는, RNA-지향된 RNA 폴리머라제 단백질 (PB2, PB1 및 PA) 및 핵단백질 (NP); 기질 단백질 (바이러스 막에서 포매된 또한 표면-노출된 단백질인, M1, M2); 지질단백질 엔빌로프로부터 돌출하는, 2개의 표면 당단백질: 혈구응집소 (HA) 및 뉴라미니다제 (NA); 및 비구조 단백질 (NS1 및 NS2). 게놈의 전사 및 복제는 핵에서 발생하고 어셈블리는 원형질막에서 발생한다.

[0004] 혈구응집소는 인플루엔자 A 및 B 바이러스의 주요 엔빌로프 당단백질이고, 인플루엔자 C 바이러스의 혈구응집소-에스테라제 (HE)는 HA에 단백질 동족성이다. 인플루엔자 바이러스의 HA 단백질의 급속 진화는 신규한 균주의 일정한 출현을 초래하여, 숙주의 적응성 면역 반응을 신규한 감염에 단지 부분적으로 보호성있게 만든다. 전통적 백신을 이용하는 인플루엔자 및 다른 감염에 대한 요법 및 예방에 대한 가장 큰 과제는, 밀접하게 관련된 하위유형에 대해서만 보호를 제공하는, 백신의 제한 폭이다. 또한, 완전한 현행 표준 인플루엔자 바이러스 백신 생산 공정에 요구된 시간의 길이는 급속 개발 및 범유행 상황에서 적응된 백신의 생산을 억제시킨다.

[0005] 데옥시리보핵산 (DNA) 예방접종은 외래 항원, 예컨대 인플루엔자 항원에 체액성 및 세포성 면역 반응을 자극시키는 데 사용된 하나의 기술이다. 살아있는 숙주 속에 유전적으로 조작된 DNA (예를 들면, 네이키드 플라스미드 DNA)의 직접 주사는 항원을 직접적으로 생산하는 그것의 세포의 소수를 초래하여, 보호성 면역학적 반응을 초래한다. 상기 기술로, 그러나, 종양유전자의 활성화 또는 종양 억제인자 유전자의 억제에 이어질 수 있는, 삼입 돌연변이유발의 가능성을 포함하는, 잠재적인 문제가 나온다.

발명의 내용

해결하려는 과제

과제의 해결 수단

[0006] 요약

[0007] RNA (예를 들면, 메신저 RNA (mRNA))가, 세포의 내부 및 외부에서 치료 활성을 가질 수 있는 다른 전적으로 신규한 단백질 작제물 그리고 원상태 단백질부터 항체까지, 거의 임의의 관심 단백질을 생산하기 위해 바디의 세포성 기구를 안전하게 유도할 수 있다는 지식에서 만드는 리보핵산 (RNA) 백신 (또는 조성물 또는 면역원성 조성물)이 본 명세서에서 제공된다. 본 개시내용의 RNA 백신은, 예를 들면, 삼입 돌연변이유발의 가능성 위험 없이, 양쪽 세포성 및 체액성 면역을 포함하는, 인플루엔자 바이러스에 대해 균형있는 면역 반응을 유도하는데 사용될 수 있다.

[0008] RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 감염의 유행률 또는 미충족 의료 필요의 정도 또는 수준에 의존하여 다양한 설정에서 이용될 수 있다. RNA 백신은 다양한 유전자형, 균주, 및 단리물의 인플루엔자 바이러스를 치료 및/또는 예방하는데 이용될 수 있다. RNA 백신은 전형적으로 이들이 훨씬 더 큰 항체 역가를 생산하고 상업적으로 입수가

능한 항-바이러스성 치료적 처치보다 더 일찍 반응한다는 점에서 우월한 특성을 갖는다. 이론에 의해 구속되기를 바라지 않으면서, mRNA 폴리뉴클레오타이드로서, RNA 백신이 RNA 백신 선취 천연 세포 기구로서 번역시 적절한 단백질 형태를 생산하도록 더 양호하게 설계된다고 믿어진다. 생체외 제조되고 원치않는 세포 반응을 유발시킬 수 있는, 전통적 백신과 달리, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 더욱 원상태 방식으로 세포 시스템에 제시된다.

- [0009] 사람이 인플루엔자 바이러스의 1 초과 균주로 감염의 위험에 처한 상황이 있을 수 있다. RNA (예를 들면, mRNA) 치료 백신은, 비제한적으로, 제조의 속도, 감지된 지리학적 위협을 수용하기 위해 백신을 빠르게 맞춤화하는 능력, 및 기타 동종의 것을 포함하는 수많은 인자로 인해 조합 예방접종 접근법에 특히 잘 받아들인다. 또한, 백신이 인간 물체를 이용하여 항원성 단백질을 생산하기 때문에, 백신은 더 큰, 더욱 복합 항원성 단백질의 생산에 잘 받아들여져서, 인간 대상체에서 적절한 폴딩, 표면 발현, 항원 전달, 등을 허용한다. 인플루엔자의 1 초과 균주로부터 보호하기 위해, 제1 인플루엔자 바이러스 또는 유기체의 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드 단백질 (또는 이의 항원성 부분)을 인코딩하는 RNA (예를 들면, mRNA)를 포함하는 그리고 추가로 제2 인플루엔자 바이러스 또는 유기체의 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드 단백질 (또는 이의 항원성 부분)을 인코딩하는 RNA를 포함하는 조합 백신은 투여될 수 있다. RNA (예를 들면, mRNA)는, 예를 들면, 단일 지질 나노입자 (LNP)에서 공-제형화될 수 있거나 공-투여를 위하여 별도의 LNPs로 제형화될 수 있다.
- [0010] 본 개시내용의 일부 구현예는 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, 인플루엔자에 대한 면역 반응을 유도할 수 있는 면역원성 단편)을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 바이러스 (인플루엔자) 백신 (또는 조성물 또는 면역원성 조성물)을 제공한다.
- [0011] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA, 일명 HA1, HA2, 또는 HA1과 HA2의 조합의 정의된 항원성 서브도메인, 및 뉴라미니다제 (NA), 핵단백질 (NP), 기질 단백질 1 (M1), 기질 단백질 2 (M2), 비-구조 단백질 1 (NS1) 및 비-구조 단백질 2 (NS2)로부터 선택된 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드 중 하나이다.
- [0012] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체, 및 NA, NP, M1, M2, NS1 및 NS2로부터 선택된 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드이다.
- [0013] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체 및 NA, NP, M1, M2, NS1 및 NS2로부터 선택된 적어도 2종의 항원성 폴리펩타이드이다.
- [0014] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 바이러스 단백질, 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- [0015] 일부 구현예에서, 백신은 다중 인플루엔자 바이러스 단백질, 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- [0016] 일부 구현예에서, 백신은 HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, HA1, HA2, 또는 이들 둘의 조합 중 적어도 하나)을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- [0017] 일부 구현예에서, 백신은 하기 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, 및/또는 H18 중 임의의 것 또는 모두 중 임의의 하나 또는 조합의 HA1, HA2, 또는 이들 둘의 조합 중 적어도 하나)를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 및 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택된 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 다른 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드.
- [0018] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, 및/또는 H18 중 임의의 것 또는 모두 중 임의의 하나 또는 조합 중 적어도 하나)를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 및 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택된 2종의 단백질을 인코딩하는 2개의 열린 해독틀을 갖는 적어도 2종의 다른 RNAs (예를 들면, mRNAs) 폴리뉴클레오타이드.
- [0019] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1, H2, H3, H4,

H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, 및/또는 H18 중 임의의 것 또는 모두 중 임의의 하나 또는 조합 중 적어도 하나)를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 및 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택된 3종의 단백질을 인코딩하는 3개의 열린 해독틀을 갖는 적어도 3종의 다른 RNAs (예를 들면, mRNAs) 폴리뉴클레오타이드.

[0020] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, 및/또는 H18 중 임의의 것 또는 모두 중 임의의 하나 또는 조합 중 적어도 하나)를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 및 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택된 4종의 단백질을 인코딩하는 4개의 열린 해독틀을 갖는 적어도 4종의 다른 RNAs (예를 들면, mRNAs) 폴리뉴클레오타이드.

[0021] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, 및/또는 H18 중 임의의 것 또는 모두 중 임의의 하나 또는 조합 중 적어도 하나)를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 및 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택된 5종의 단백질을 인코딩하는 5개의 열린 해독틀을 갖는 적어도 5종의 다른 RNAs (예를 들면, mRNAs) 폴리뉴클레오타이드.

[0022] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 HA 단백질 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, 및/또는 H18 중 임의의 것 또는 모두 중 임의의 하나 또는 조합 중 적어도 하나), NP 단백질 또는 이의 면역원성 단편, NA 단백질 또는 이의 면역원성 단편, M1 단백질 또는 이의 면역원성 단편, M2 단백질 또는 이의 면역원성 단편, NS1 단백질 또는 이의 면역원성 단편 및 NS2 단백질 또는 이의 면역원성 단편.

[0023] 본 개시내용의 일부 구현예는 다음과 같은 신규한 인플루엔자 바이러스 폴리펩타이드 서열을 제공한다: H1HA10-Foldon_ΔNgly1; H1HA10TM-PR8 (H1 A/Puerto Rico/8/34 HA); H1HA10-PR8-DS (H1 A/Puerto Rico/8/34 HA; pH1HA10-Cal04-DS (H1 A/California/04/2009 HA); Pandemic H1HA10 (California 04); pH1HA10-페리딘; HA10; Pandemic H1HA10 (California 04로부터); 폴드온이 없고 삼량체화용 K68C/R76C 돌연변이를 갖는 Pandemic H1HA10 (California 04 균주로부터); 폴드온이 없고 삼량체화를 위한 Y94D/N95L를 갖는 H1HA10 (A/Puerto Rico/8/34 균주); 폴드온이 없고 삼량체화를 위한 K68C/R76C 돌연변이를 갖는 H1HA10 (A/Puerto Rico/8/34 균주); H1N1 A/Viet Nam/850/2009; H3N2 A/Wisconsin/67/2005; H7N9 (A/Anhui/1/2013); H9N2 A/Hong Kong/1073/99; H10N8 A/JX346/2013.

[0024] 본 개시내용의 일부 구현예는 상기에 기재된 신규한 인플루엔자 바이러스 폴리펩타이드 서열의 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 또는 면역원성 단편 (예를 들면, 인플루엔자에 대한 면역 반응을 유도할 수 있는 면역원성 단편)을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 바이러스 (인플루엔자) 백신을 제공한다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 백신은 상기에 기재된 신규한 인플루엔자 바이러스 서열의 아미노산 서열에 대해 적어도 75% (예를 들면, 75% 내지 100% (포함)의 임의의 수, 예를 들면, 70 %, 80%, 85%, 90%, 95%, 99%, 및 100%) 동일성인 변형된 서열을 포함하는 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 변형된 서열은 상기에 기재된 신규한 인플루엔자 바이러스 서열의 아미노산 서열에 대해 적어도 75% (예를 들면, 75% 내지 100% (포함)의 임의의 수, 예를 들면, 70 %, 80%, 85%, 90%, 95%, 99%, 및 100%) 동일할 수 있다.

[0025] 본 개시내용의 일부 구현예는 상기에 기재된 신규한 인플루엔자 바이러스 폴리펩타이드 서열을 인코딩하는 서열을 포함하는 단리된 핵산; 핵산을 포함하는 발현 벡터; 및 핵산을 포함하는 숙주세포. 본 개시내용은 또한 상기에 기재된 신규한 인플루엔자 바이러스 서열 중 임의의 것의 폴리펩타이드를 생성하는 방법을 제공한다. 본 방법은 상기에 기재된 신규한 인플루엔자 바이러스 서열의 핵산 발현을 허용하는 조건 하의 배지에서 숙주세포를 배양하는 단계, 및 배양 세포로부터 신규한 인플루엔자 바이러스 폴리펩타이드의 배지를 정제하는 단계를 포함할 수 있다. 본 개시내용은 또한 신규한 인플루엔자 바이러스 서열에 대항하는 전장 항체 및 항체 유도체를 포함하는 항체 분자를 제공한다.

- [0026] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 열린 해독들은 코돈-최적화된다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하고 코돈 최적화된 mRNA이다.
- [0027] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 아췌반트를 추가로 포함한다.
- [0028] 표 7-13은 관심 National Center for Biotechnology Information (NCBI) 수탁 번호를 제공한다. 어구 "표 7-13의 아미노산 서열"은 7-13에서 열거된 1개 이상의 NCBI 수탁 번호에 의해 아미노산 서열을 지칭하는 것으로 이해되어야 한다. 표 7-13의 수탁 번호에 의해 포괄되는에 대해 95% 초과와 동일성 또는 98% 초과와 동일성을 갖는 각각의 아미노산 서열, 및 변이체는 포함된 within 본 개시내용의 작제물 (폴리뉴클레오타이드/폴리펩타이드) 내에 포함된다.
- [0029] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 80% 미만의 동일성을 갖는 핵산에 의해 인코딩된다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 중 임의의 것에 의해 확인된 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 75%, 85% 또는 95% 미만의 동일성을 갖는 핵산에 의해 인코딩된다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 50-80%, 60- 80%, 40-80%, 30-80%, 70-80%, 75-80% 또는 78-80% 미만의 동일성을 갖는 핵산에 의해 인코딩된다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 40-85%, 50-85%, 60-85%, 30-85%, 70-85%, 75-85% 또는 80-85% 미만의 동일성을 갖는 핵산에 의해 인코딩된다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 40-90%, 50- 90%, 60-90%, 30-90%, 70-90%, 75-90%, 80-90%, 또는 85-90% 미만의 동일성을 갖는 핵산에 의해 인코딩된다.
- [0030] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 491-503 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 80% 미만의 동일성을 갖는다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 491-503 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하는 핵산에 의해 인코딩되고 야생형 mRNA 서열에 대해 75%, 85% 또는 95% 미만의 동일성을 갖는다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 491-503 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하는 핵산에 의해 인코딩되고 야생형 mRNA 서열에 대해 50-80%, 60- 80%, 40-80%, 30-80%, 70-80%, 75-80% 또는 78-80% 미만의 동일성을 갖는다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 491-503 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하는 핵산에 의해 인코딩되고 야생형 mRNA 서열에 대해 40-85%, 50-85%, 60-85%, 30-85%, 70-85%, 75-85% 또는 80-85% 미만의 동일성을 갖는다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 491-503 중 임의의 하나에 의해 확인된 서열을 포함하는 핵산에 의해 인코딩되고 야생형 mRNA 서열에 대해 40-90%, 50- 90%, 60-90%, 30-90%, 70-90%, 75-90%, 80-90%, 또는 85-90% 미만의 동일성을 갖는다.
- [0031] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하고 야생형 mRNA 서열에 대해 적어도 80% (예를 들면, 85%, 90%, 95%, 98%, 99%) 동일성을 갖는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하지만, 야생형 mRNA 서열을 포함하지 않는다.
- [0032] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하고, 야생형 mRNA 서열에 대해 95%, 90%, 85%, 80% 또는 75% 미만의 동일성을 갖는다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하고, 야생형 mRNA 서열에 대해 30-80%, 40-80%, 50-80%, 60-80%, 70-80%, 75-80% 또는 78-80%, 30-85%, 40-85%, 50-805%, 60-85%, 70-85%, 75-85% 또는 78-85%, 30-90%, 40-90%, 50-90%, 60-90%, 70-90%, 75-90%, 80-90% 또는 85-90% 동일성을 갖는다.
- [0033] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열에 대해 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 또는 적어도 99% 동일성을 갖는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의

의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열에 대해 95%-99% 동일성을 갖는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.

[0034] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열에 대해 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 또는 적어도 99% 동일성을 가지며 막 융합 활성을 갖는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열에 대해 95%-99% 동일성을 가지며 막 융합 활성을 갖는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.

[0035] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 세포 수용체에 부착된 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.

[0036] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 바이러스성 및 세포 막의 융합을 야기하는 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.

[0037] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 감염되는 세포에의 바이러스의 결합을 담당하는 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.

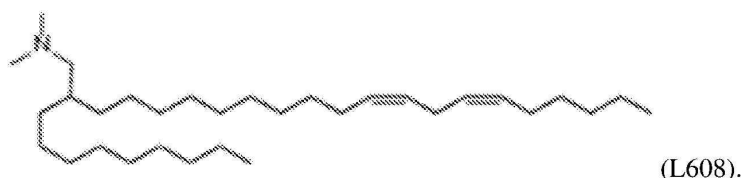
[0038] 본 개시내용의 일부 구현예는 지질 나노입자 내에 제형화된, 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀, 적어도 1종의 5' 말단 캡 및 적어도 1종의 화학적 변형을 갖는 적어도 1종의 리보핵산 (RNA) (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 백신을 제공한다.

[0039] 일부 구현예에서, 5' 말단 캡은 7mG(5')ppp(5')N1mpNp이다.

[0040] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 화학적 변형은, 슈도우리딘, N1-메틸슈도우리딘, N1-에틸슈도우리딘, 2-티오우리딘, 4'-티오우리딘, 5-메틸시토신, 5-메틸우리딘, 2-티오-1-메틸-1-테아자-슈도우리딘, 2-티오-1-메틸-슈도우리딘, 2-티오-5-아자-우리딘, 2-티오-디하이드로슈도우리딘, 2-티오-디하이드로우리딘, 2-티오-슈도우리딘, 4-메톡시-2-티오-슈도우리딘, 4-메톡시-슈도우리딘, 4-티오-1-메틸-슈도우리딘, 4-티오-슈도우리딘, 5-아자-우리딘, 디하이드로슈도우리딘, 5-메톡시우리딘 및 2' -O-메틸 우리딘으로부터 선택된다. 일부 구현예에서, 화학적 변형은 우라실의 5-위치에 있다. 일부 구현예에서, 화학적 변형은 N1-메틸슈도우리딘이다. 일부 구현예에서, 화학적 변형은 N1-에틸슈도우리딘이다.

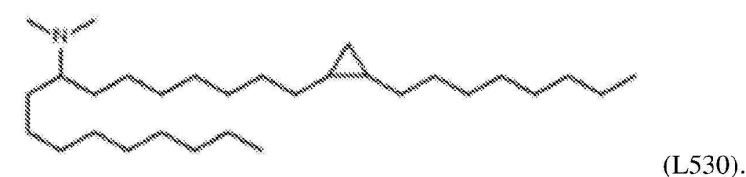
[0041] 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 양이온성 지질, PEG-변형된 지질, 스테롤 및 비-양이온성 지질을 포함한다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 이온화가능 양이온성 지질이고, 상기 비-양이온성 지질은 중성 지질이며, 그리고 상기 스테롤은 콜레스테롤이다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319), (12Z,15Z)-N,N-디메틸-2-노닐헵타코사-12,15-디엔-1-아민 (L608), 및 N,N-디메틸-1-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필]헵타데칸-8-아민 (L530) 로 구성된 군으로부터 선택된다.

[0042] 일부 구현예에서, 지질은 하기이다:



[0043]

[0044] 일부 구현예에서, 지질은 하기이다:



[0045]

[0046] 본 개시내용의 일부 구현예는 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는

적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 백신을 제공하고, 상기 열린 해독틀 중 우라실의 적어도 80% (예를 들면, 85%, 90%, 95%, 98%, 99%)은 화학적 변형을 가지며, 선택적으로 상기 백신은 지질 나노입자 내에 제형화된다 (예를 들면, 지질 나노입자는 양이온성 지질, PEG-변형된 지질, 스테롤 및 비-양이온성 지질을 포함한다).

- [0047] 일부 구현예에서, 열린 해독틀 중 우라실의 100%는 화학적 변형을 갖는다. 일부 구현예에서, 화학적 변형은 우라실의 5-위치에 있다. 일부 구현예에서, 화학적 변형은 N1-메틸 슈도우리딘. 일부 구현예에서, 열린 해독틀 중 우라실의 100%는 우라실의 5-위치에서 N1-메틸 슈도우리딘을 갖는다.
- [0048] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드의 열린 해독틀은 적어도 2종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 열린 해독틀은 적어도 5 또는 적어도 10종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 열린 해독틀은 적어도 100종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 열린 해독틀은 2-100종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.
- [0049] 일부 구현예에서, 백신은 적어도 2종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 이들 각각은 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는다. 일부 구현예에서, 백신은 적어도 5 또는 적어도 10종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 이들 각각은 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀 또는 이의 면역원성 단편을 갖는다. 일부 구현예에서, 백신은 적어도 100종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 이들 각각은 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는다. 일부 구현예에서, 백신은 2-100 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 이들 각각은 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는다.
- [0050] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드는 신호 펩타이드에 융합된다. 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 하기로부터 선택된다: HuIgGk 신호 펩타이드 (METPAQLLFLLLWLPDTTG; 서열번호: 480); IgE 중쇄 앵글론-1 신호 펩타이드 (MDWTWILFLVAAATRVHS; 서열번호: 481); 일본 뇌염 PRM 신호 서열 (MLGSNSGQRVFTILLLVAPAYS; 서열번호: 482), VSVg 단백질 신호 서열 (MKCLLYLAFLFIGVNCA; 서열번호: 483) 및 일본 뇌염 JEV 신호 서열 (MWLVSLAIVTACAGA; 서열번호: 484).
- [0051] 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드의 N-말단에 융합된다. 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드의 C-말단에 융합된다.
- [0052] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드는 돌연변이된 N-연결된 당화 부위를 포함한다.
- [0053] 나노입자 (예를 들면, 지질 나노입자)에서 제형화된 전술한 단란 중 임의의 것의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신이 본 명세서에서 또한 제공된다.
- [0054] 일부 구현예에서, 나노입자는 50-200 nm의 평균 직경을 갖는다. 일부 구현예에서, 나노입자는 지질 나노입자이다. 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 양이온성 지질, PEG-변형된 지질, 스테롤 및 비-양이온성 지질을 포함한다. 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 약 20-60%의 양이온성 지질, 0.5- 15%의 PEG-변형된 지질, 25-55% 스테롤, 및 25%의 비-양이온성 지질의 물비를 포함한다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 이온화가능 양이온성 지질이고, 상기 비-양이온성 지질은 중성 지질이며, 그리고 상기 스테롤은 콜레스테롤이다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된다.
- [0055] 일부 구현예에서, 나노입자는 0.4 미만 (예를 들면, 0.3, 0.2 또는 0.1 미만)의 다분산도 값을 갖는다.
- [0056] 일부 구현예에서, 나노입자는 중성 pH 값에서 순 중성 전하를 갖는다.
- [0057] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 다가이다.
- [0058] 본 개시내용의 일부 구현예는 대상체에서 항원 특이적 면역 반응을 유도하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 대상체에게 본 명세서에서 제공된 바와 같은 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 중 임의의 것을 항원-특이적 면역 반응을 생성하는데 효과적인 양으로 투여하는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 인플루엔자 백신이다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 인플루엔자 백신 (광범위 스펙트럼 인플루엔자 백신)의 조합을 포함하는 조합 백신이다.
- [0059] 일부 구현예에서, 항원-특이적 면역 반응은 T 세포 반응 또는 B 세포 반응을 포함한다.

- [0060] 일부 구현예에서, 항원-특이적 면역 반응을 생성하는 방법은 대상체에게 단일 용량 (부스터 용량 아님)의, 본 개시내용의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 투여하는 것을 포함한다.
- [0061] 일부 구현예에서, 본 방법은 추가로, 상기 대상체에게 제2 (부스터) 용량의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 투여하는 것을 포함한다. 추가의 용량의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신이 투여될 수 있다.
- [0062] 일부 구현예에서, 대상체는 첫 번째 용량 또는 제2 (부스터) 용량의 백신 다음에 적어도 80% (예를 들면, 적어도 85%, 적어도 90%, 또는 적어도 95%)의 혈청전환율을 나타낸다. 혈청전환은 특정 항체가 발달하고 혈액에서 검출가능하게 되는 기간 동안이다. 혈청전환이 일어난 후, 바이러스는 항체에 대한 혈액 검사에서 검출될 수 있다. 감염 또는 면역화 동안에, 항원은 혈액에 들어가고, 면역계는 반응에서 항체를 생성하기 시작한다. 혈청전환 전에, 항원 자체는 검출가능하거나 그렇지 않을 수 있지만, 항체는 부재인 것으로 간주된다. 혈청전환 동안에, 항체가 존재하지만 아직 검출가능하지 않는다. 혈청전환 후 임의의 시간에, 항체는 혈액에서 검출될 수 있는데, 이는 이전 또는 현재의 감염을 나타낸다.
- [0063] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 진피내 주사, 근육내 주사, 또는 비강내 투여에 의해 대상체에게 투여된다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 근육내 주사에 의해 대상체에게 투여된다.
- [0064] 본 개시내용의 일부 구현예는 대상체에서 항원 특이적 면역 반응을 유도하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 대상체에게 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 대상체에서 항원 특이적 면역 반응을 생성하는 유효량으로 투여하는 것을 포함한다. 대상체에서의 항원-특이적 면역 반응은 일부 구현예에서, 본 개시내용의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 중 임의의 것의 상기 대상체로의 투여 다음에 항체 역가 (인플루엔자 항원성 폴리펩타이드에 결합하는 항체의 역가)를 검정함으로써 결정될 수 있다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 적어도 1 log까지 증가된다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 1-3 log까지 증가된다.
- [0065] 일부 구현예에서, 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 2배 증가된다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 적어도 5 배 증가된다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 적어도 10 배 증가된다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 2-10배 증가된다.
- [0066] 일부 구현예에서, 대조군은 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신이 투여되지 않았던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다. 일부 구현예에서, 대조군은 생약독화 또는 불활성화된 인플루엔자가 투여된 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가이거나, 또는 상기 대조군은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신이 투여된 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다. 일부 구현예에서, 대조군은 인플루엔자 바이러스-유사 입자 (VLP) 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다 (참조, 예를 들면, Cox RG 등, J Virol. 2014 Jun; 88(11): 6368-6379).
- [0067] 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 유효량 (면역 반응을 유도하는데 효과적인 양)으로 대상체에게 투여된다. 일부 구현예에서, 유효량은 재조합 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 2-배, 적어도 4-배, 적어도 10-배, 적어도 100-배, 적어도 1000-배수 감소와 같은 용량이고, 상기 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 인플루엔자 단백질 백신, 정제된 인플루엔자 단백질 백신, 생약독화 인플루엔자 백신, 불활성화된 인플루엔자 백신, 또는 인플루엔자 VLP 백신 의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같다. 일부 구현예에서, 유효량은 재조합 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 2-1000-배수 감소와 같은 용량이고, 상기 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 인플루엔자 단백질 백신, 정제된 인플루엔자 단백질 백신, 생약독화 인플루엔자 백신, 불활성화된 인플루엔자 백신, 또는 인플루엔자 VLP 백신 의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같다.
- [0068] 일부 구현예에서, 대조군은 인플루엔자의 구조 단백질을 포함하는 바이러스-유사 입자 (VLP) 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다.
- [0069] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 대상체에서 항원 특이적 면역 반응을 생성하는 유효량으로 제형화된다.

- [0070] 일부 구현예에서, 유효량은 25 μg 내지 1000 μg , 또는 50 μg 내지 1000 μg 의 총용량이다. 일부 구현예에서, 유효량은 100 μg 의 총용량이다. 일부 구현예에서, 유효량은 총 2배로 상기 대상체에게 투여된 25 μg 의 용량이다. 일부 구현예에서, 유효량은 총 2배로 상기 대상체에게 투여된 100 μg 의 용량이다. 일부 구현예에서, 유효량은 총 2배로 상기 대상체에게 투여된 400 μg 의 용량이다. 일부 구현예에서, 유효량은 총 2배로 상기 대상체에게 투여된 500 μg 의 용량이다.
- [0071] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 효능 (또는 유효성)은 60% 초과이다. 일부 구현예에서, 백신의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드이다.
- [0072] 백신 효능은 표준 분석을 사용하여 평가될 수 있다 (참조, 예를 들면, Weinberg 등, J Infect Dis. 2010 Jun 1;201(11):1607-10). 예를 들면, 백신 효능은 이중맹검, 무작위화된, 임상 제어된 시험에 의해 측정될 수 있다. 백신 효능은 백신접종되지 않은 (ARU)과 백신접종된 (ARV) 연구 모집단 사이의 질환 발병률 (AR)의 비례 감소로서 표현될 수 있고 다음과 같은 식의 사용과 함께 백신 접촉 그룹 중에서 질환의 상대 위험 (RR)로부터 계산될 수 있다:
- [0073] $\text{효능} = (\text{ARU} - \text{ARV}) / \text{ARU} \times 100$; 및
- [0074] $\text{효능} = (1 - \text{RR}) \times 100$.
- [0075] 마찬가지로, 백신 유효성은 표준 분석을 사용하여 평가될 수 있다 (참조, 예를 들면, Weinberg 등, J Infect Dis. 2010 Jun 1;201(11):1607-10). 백신 유효성은 백신 (높은 백신 효능을 갖는 것으로 이미 증명될 수 있음)이 모집단의 질환을 어떻게 감소시키는 지의 평가이다. 이러한 측정은 통제된 임상시험에서보다 천연 현장 조건 하에서 백신 자체뿐만 아니라 백신접종 프로그램의 이점과 역효과적 순 균형을 평가할 수 있다. 백신 유효성은 백신 효능 (효력)에 비례하지만, 또한 모집단의 목표 그룹이 얼마나 면역화되었는지에 의해, 뿐만 아니라 입원, 외래 방문, 또는 비용의 "실사회" 결과에 영향을 주는 다른 비-백신-관련된 인자에 의해 영향을 받는다. 예를 들면, 일련의 감염된 사례 및 적절한 대조군 중의 백신접종률을 비교하는 소급 사례 대조군 분석이 사용될 수 있다. 백신 유효성은 백신접종에도 불구하고 감염을 발달시키기 위한 오즈비 (OR)를 사용하여 속도 차이로서 표현될 수 있다:
- [0076] $\text{유효성} = (1 - \text{OR}) \times 100$.
- [0077] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 효능 (또는 유효성)은 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 또는 적어도 90%이다.
- [0078] 일부 구현예에서, 백신은 최대 2년 동안 인플루엔자에 대항하여 상기 대상체를 면역화한다. 일부 구현예에서, 백신은 2년 초과, 3년 초과, 4년 초과, 또는 5-10년 동안 인플루엔자에 대항하여 상기 대상체를 면역화한다.
- [0079] 일부 구현예에서, 상기 대상체는 약 5세 이하이다. 예를 들면, 상기 대상체는 약 1세 내지 약 5세 (예를 들면, 약 1, 2, 3, 5 또는 5세), 또는 약 6개월 내지 약 1세 (예를 들면, 약 6, 7, 8, 9, 10, 11 또는 12개월)일 수 있다. 일부 구현예에서, 상기 대상체는 약 12개월 이하 (예를 들면, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2개월 또는 1개월). 일부 구현예에서, 상기 대상체는 약 6개월 이하이다.
- [0080] 일부 구현예에서, 상기 대상체는 만삭 (예를 들면, 약 37-42주)으로 태어났다. 일부 구현예에서, 상기 대상체는 조기에, 예를 들면, 임신 약 36주 이하 (예를 들면, 약 36, 35, 34, 33, 32, 31, 30, 29, 28, 27, 26 또는 25주)에 태어났다. 예를 들면, 상기 대상체는 임신 약 32주 이하에 태어날 수 있었다. 일부 구현예에서, 상기 대상체는 임신 약 32주 내지 약 36주에 조기에 태어났다. 그와 같은 대상체에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 출생 후, 예를 들면, 약 6개월 내지 약 5세, 또는 그 초과에서 투여될 수 있다.
- [0081] 일부 구현예에서, 상기 대상체는 약 20세 내지 약 50세 (예를 들면, 약 20, 25, 30, 35, 40, 45 또는 50세)의 청소년이다.
- [0082] 일부 구현예에서, 상기 대상체는 약 60세, 약 70세, 또는 그 초과 (예를 들면, 약 60, 65, 70, 75, 80, 85 또는 90세)의 나이든 대상체이다.
- [0083] 일부 구현예에서, 상기 대상체는 인플루엔자 (예를 들면, C. 트라코마티스)에 노출되었고; 상기 대상체는 인플루엔자 (예를 들면, C. 트라코마티스)로 감염되거나; 대상체는 인플루엔자 (예를 들면, C. 트라코마티스)에 의한 감염의 위험에 있다.
- [0084] 일부 구현예에서, 상기 대상체는 면역저하된다 (손상된 면역계를 갖는다, 예를 들면, 면역 장애 또는 자가면역

장애를 갖는다).

- [0085] 일부 구현예에서 본 명세서에서 기재된 핵산 백신은 화학적으로 변형된다. 다른 구현예에서 핵산 백신은 비변형된다.
- [0086] 또 다른 측면은 대상체를 백신접종하는 조성물 및 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 대상체에게 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 투여하는 것을 포함하고, 상기 RNA 폴리뉴클레오타이드는 안정화 요소를 포함하지 않고, 및 여기서 아쥬반트는 백신과 공제형화되거나 공-투여되지 않는다.
- [0087] 다른 측면에서 본 발명은 대상체를 백신접종하는 조성물 또는 방법이고, 상기 대상체에게, 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 투여하는 것을 포함하고, 여기서 10 $\mu\text{g/kg}$ 내지 400 $\mu\text{g/kg}$ 의 핵산 백신의 복용량은 상기 대상체에게 투여된다. 일부 구현예에서 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 1-5 μg , 5-10 μg , 10-15 μg , 15-20 μg , 10-25 μg , 20-25 μg , 20-50 μg , 30-50 μg , 40-50 μg , 40-60 μg , 60-80 μg , 60-100 μg , 50-100 μg , 80-120 μg , 40-120 μg , 40-150 μg , 50-150 μg , 50-200 μg , 80-200 μg , 100-200 μg , 120-250 μg , 150-250 μg , 180-280 μg , 200-300 μg , 50-300 μg , 80-300 μg , 100-300 μg , 40-300 μg , 50-350 μg , 100-350 μg , 200-350 μg , 300-350 μg , 320-400 μg , 40-380 μg , 40-100 μg , 100-400 μg , 200-400 μg , 또는 300-400 μg /용량이다. 일부 구현예에서, 핵산 백신은 진피내 또는 근육내 주사에 의해 상기 대상체에게 투여된다. 일부 구현예에서, 핵산 백신은 제로일 전에 상기 대상체에게 투여된다. 일부 구현예에서, 핵산 백신의 두 번째 용량은 21일 전에 상기 대상체에게 투여된다.
- [0088] 일부 구현예에서, 25 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, 100 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, 50 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, 75 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, 150 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, 400 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, 200 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드의 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 내에 포함된다. 일부 구현예에서, RNA 폴리뉴클레오타이드는 원위 림프절과의 비교에서 국부 림프절에서 100 배 더 높은 수준으로 축적된다. 다른 구현예에서 핵산 백신은 화학적으로 변형되고, 다른 구현예에서 핵산 백신은 화학적으로 변형되지 않는다.
- [0089] 본 발명의 측면은 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 제공하고, 상기 RNA 폴리뉴클레오타이드는 안정화 요소, 및 약제학적으로 허용가능한 캐리어 또는 부형제를 포함하지 않고, 여기서 아쥬반트는 백신 내에 포함되지 않는다. 일부 구현예에서, 안정화 요소는 히스톤 줄기구조. 일부 구현예에서, 안정화 요소는 야생형 서열에 비해 증가된 GC 함량을 갖는 핵산 서열이다.
- [0090] 본 발명의 측면은 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 제공하고, 상기 RNA 폴리뉴클레오타이드는 인간 대상체의 허용가능한 백분율에 대해 제1 항원에 대한 혈청보호의 기준보다 우월한 항체 역가를 부여하는 숙주에 대한 생체내 투여를 위한 제형 내에 존재한다. 일부 구현예에서, 본 발명의 mRNA 백신에 의해 생산된 항체 역가는 중화 항체 역가이다. 일부 구현예에서 중화 항체 역가는 단백질 백신보다 더 크다. 다른 구현예에서 본 발명의 mRNA 백신에 의해 생산된 중화 항체 역가는 보조용 단백질 백신보다 더 크다. 또 다른 구현예에서 본 발명의 mRNA 백신에 의해 생산된 중화 항체 역가는 1,000- 10,000, 1,200-10,000, 1,400- 10,000, 1,500- 10,000, 1,000- 5,000, 1,000- 4,000, 1,800- 10,000, 2000- 10,000, 2,000- 5,000, 2,000- 3,000, 2,000- 4,000, 3,000- 5,000, 3,000- 4,000, 또는 2,000- 2,500이다. 중화 역가는 플라크 수의 50% 감소를 달성하도록 요구된 최고 혈청 희석으로서 전형적으로 표현된다.
- [0091] 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신이 또한 제공되고, 상기 RNA 폴리뉴클레오타이드는 안정화 요소를 가지며 아쥬반트로 제형화되고 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 mRNA 백신에 의해 유발된 항체 역가보다 더 긴 지속적인 높은 항체 역가를 유도하기 위한 숙주에 대한 생체내 투여를 위한 제형 내에 존재한다. 일부 구현예에서, RNA 폴리뉴클레오타이드는

단일 투여의 1주 내에 내에 중화 항체를 생성하도록 제형화된다. 일부 구현예에서, 아췌반트는 양이온성 펩타이드 및 면역자극성 핵산. 일부 구현예에서, 양이온성 펩타이드는 프로타민이다.

[0092] 측면은 적어도 1종의 화학적 변형을 포함하거나 또는 선택적으로 변형된 뉴클레오타이드를 포함하지 않는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 제공하고, 상기 열린 해독틀은 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하되, 상기 RNA 폴리뉴클레오타이드는 숙주에 대한 생체내 투여를 위한 제형 내에 존재하고, 이로써 숙주 중 항원 발현의 수준은 안정화 요소를 갖는 mRNA 백신에 의해 생산되거나 아췌반트로 제형화되거나 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 항원 발명의 수준을 상당히 초과한다.

[0093] 다른 측면은 적어도 1종의 화학적 변형을 포함하거나 또는 선택적으로 변형된 뉴클레오타이드를 포함하지 않는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 제공하고, 상기 열린 해독틀은 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하고, 상기 백신은 동등 항체 역가를 생성하기 위해 비변형된 mRNA 백신에 대해 요구된 RNA 폴리뉴클레오타이드보다 적어도 10배 더 적다. 일부 구현예에서, RNA 폴리뉴클레오타이드는 25-100 마이크로그램의 복용량으로 존재한다.

[0094] 본 발명의 측면은 또한, 인간 대상체에게 전달하기 위해 제형화된, 적어도 1종의 화학적 변형을 포함하거나 또는 선택적으로 변형된 뉴클레오타이드를 포함하지 않는 열린 해독틀(이는 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩함)을 갖는 10ug 내지 400 ug의 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드, 및 약제학적으로 허용가능한 캐리어 또는 부형제를 포함하는 사용 백신의 단위를 제공한다. 일부 구현예에서, 백신은 추가로, 양이온성 지질 나노입자를 포함한다.

[0095] 본 발명의 측면은 개체 또는 개체의 모집단에서 바이러스 군주에 항원성 기억을 생성, 유지 또는 복원하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 개체 또는 모집단에게 하기를 포함하는 항원성 기억 부스터 핵산 백신을 투여하는 것을 포함한다: (a) 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드로서, 상기 폴리뉴클레오타이드 적어도 1종의 화학적 변형을 포함하거나 선택적으로 변형된 뉴클레오타이드 및 2종 이상의 코돈-최적화된 열린 해독틀을 포함하지 않고, 상기 열린 해독틀은 일련의 참조 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는, 상기 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드, 및 (b) 선택적으로 약제학적으로 허용가능한 캐리어 또는 부형제. 일부 구현예에서, 백신은 근육내 투여, 진피내 투여 및 피하 투여로 구성된 군으로부터 선택된 경로를 통해 개체에게 투여된다. 일부 구현예에서, 투여 단계는 상기 대상체의 근육 조직을 조성물의 주사에 적합한 디바이스와 접촉시키는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, 투여 단계는 상기 대상체의 근육 조직을, 전기천공과 함께 조성물의 주사에 적합한 디바이스와 접촉시키는 것을 포함한다.

[0096] 본 발명의 측면은 대상체를 백신접종하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 대상체에게, 대상체를 백신접종하는 유효량으로 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 25 ug/kg 내지 400 ug/kg의 핵산 백신의 단일 복용량을 투여하는 것을 포함한다.

[0097] 다른 측면은 적어도 1종의 화학적 변형을 포함하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 제공하고, 상기 열린 해독틀은 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하되, 상기 백신은 동등 항체 역가를 생성하기 위해 비변형된 mRNA 백신에 대해 요구된 것보다 적어도 10 배 더 적은 RNA 폴리뉴클레오타이드를 갖는다. 일부 구현예에서, RNA 폴리뉴클레오타이드는 25-100 마이크로그램의 복용량으로 존재한다.

[0098] 다른 측면은 뉴클레오타이드 변형 (비변형된)를 포함하지 않는 열린 해독틀을 갖는 LNP 제형화된 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 제공하고, 상기 열린 해독틀은 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하되, 상기 백신은 동등 항체 역가를 생성하기 위해 LNP에서 제형화되지 않은 비변형된 mRNA 백신에 대해 요구된 것보다 적어도 10 배 더 적은 RNA 폴리뉴클레오타이드를 갖는다. 일부 구현예에서, RNA 폴리뉴클레오타이드는 25-100 마이크로그램의 복용량으로 존재한다.

[0099] 실시예에서 제공된 데이터는, 본 발명의 제형을 사용하는 상당한 향상된 면역 반응을 입증한다. 화학적으로 변형된 및 비변형된 RNA 백신 둘 모두는 본 발명에 따르면 유용하다. 놀랍게도, 백신의 생산용 캐리어에서 제형화된 화학적으로 비변형된 mRNA를 사용하는 것이 바람직했던 선행기술 보고서와는 대조적으로, LNP이외의 캐리어에서 제형화될 때, 화학적으로 변형된 mRNA-LNP 백신은 비변형된 mRNA보다 훨씬 더 낮은 효과적인 mRNA 용량, 즉, 10배 미만 비변형된 mRNA를 요구함을 본 명세서에서 기재한다. 본 발명의 화학적으로 변형된 및 비변형된 RNA 백신 둘 모두는 상이한 지질 캐리어에서 제형화된 mRNA 백신보다 더 나은 면역 반응을 생성한다.

[0100] 다른 측면에서 본 발명은 60세 이상의 나이든 대상체를 치료하는 방법을 포괄하고, 상기 방법은 상기 대상체에게, 바이러스 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포

함하는 핵산 백신을 대상체를 백신접종하는 유효량으로 투여하는 것을 포함한다.

- [0101] 다른 측면에서 본 발명은 17세 이하의 젊은 대상체를 치료하는 방법을 포괄하고, 상기 방법은 상기 대상체에게, 바이러스 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 대상체를 백신접종하는 유효량으로 투여하는 것을 포함한다.

[0102] 다른 측면에서 본 발명은 성인 대상체를 치료하는 방법을 포괄하고, 상기 방법은 상기 대상체에게, 바이러스 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 핵산 백신을 대상체를 백신접종하는 유효량으로 투여하는 것을 포함한다.

[0103] 일부 측면에서 본 발명은 항원을 인코딩하는 적어도 2종의 핵산 서열을 포함하는 조합 백신으로 대상체를 백신접촉하는 방법이고, 상기 백신의 복용량은 조합된 치료 복용량이고, 상기 항원을 인코딩하는 각각의 개별 핵산의 복용량은 치료이하 복용량이다. 일부 구현예에서, 조합된 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신에서 25 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, 조합된 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신에서 100 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서 조합된 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신 50 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, 조합된 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신에서 75 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, 조합된 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신에서 150 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, 조합된 복용량은 상기 대상체에게 투여된 핵산 백신에서 400 마이크로그램의 RNA 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, 치료이하 항원을 인코딩하는 각각의 개별 핵산의 복용량은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 마이크로그램이다. 다른 구현예에서 핵산 백신은 화학적으로 변형되고, 다른 구현예에서 핵산 백신은 뉴클레오타이드 변형되지 않는다.

[0104] RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 및 491-503 중 하나이고, 적어도 1종의 화학적 변형을 포함한다. 다른 구현예에서 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461 및 491-503 중 하나이고, 임의의 뉴클레오타이드 변형을 포함하지 않거나 비변형된다. 또 다른 구현예에서 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 및 462-479 중 임의의 것의 항원성 단백질을 인코딩하고 적어도 1종의 화학적 변형을 포함한다. 다른 구현예에서 RNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 및 462-479 중 임의의 것의 항원성 단백질을 인코딩하고, 임의의 뉴클레오타이드 변형을 포함하지 않거나, 비변형된다.

[0105] 바람직한 측면에서, 본 발명의 백신 (예를 들면, LNP-캡슐화된 mRNA 백신)은 백신접종된 대상체의 혈액 또는 혈청에서 항원-특이적 항체의 예방적으로- 및/또는 치료적으로- 유효한 수준, 농도 및/또는 역가를 생산한다. 본 명세서에서 정의된 바와 같이, 용어 항체 역가는 대상체, 예를 들면, 인간 대상체에서 생산하는 항원-특이적 항체의 양을 지칭한다. 예시적인 구현예에서, 항체 역가는 긍정적인 결과를 여전히 제공하는 (연속 회석에서) 가장 큰 희석의 역함수로서 표현된다. 예시적인 구현예에서, 항체 역가는 효소-결합 면역흡착 검정 (ELISA)에 의해 결정 또는 측정된다. 예시적인 구현예에서, 항체 역가는 중화 검정에 의해, 예를 들면, 미세중화 검정에 의해 결정 또는 측정된다. 특정 측면에서, 항체 역가 측정은 비, 예컨대 1:40, 1:100, 등으로서 표현된다.

[0106] 본 발명의 예시적인 구현예에서, 유효한 백신은 1:40 초과, 1:100 초과, 1:400 초과, 1:1000 초과, 1:2000 초과, 1:3000 초과, 1:4000 초과, 1:500 초과, 1:6000 초과, 1:7500 초과, 1:10000 초과의 항체 역가를 생산한다. 예시적인 구현예에서, 항체 역가는 예방접종 이후 10 일 동안에, 예방접종 이후 20 일 동안에, 예방접종 이후 30 일 동안에, 예방접종 이후 40 일 동안에, 또는 예방접종 이후 50 일 이상 동안에 생산 또는 도달된다. 예시적인 구현예에서, 역가는 상기 대상체에게 투여된 백신의 단일 용량 이후 생산 또는 도달된다. 다른 구현예에서, 역가는 다중 용량 이후, 예를 들면, 제1 및 제2 용량 (예를 들면, 부스터 용량.) 이후 생산 또는 도달된다

[0107] 본 발명의 예시적인 측면에서, 항원-특이적 항체는 µg/ml의 단위로 측정되거나 IU/L (리터당 국제 단위; International Units per liter) 또는 mIU/ml (ml당 밀리 국제 단위)의 단위로 측정된다. 본 발명의 예시적인 구현예에서, 유효한 백신은 >0.5 µg/ml, >0.1 µg/ml, >0.2 µg/ml, >0.35 µg/ml, >0.5 µg/ml, >1 µg/ml, >2 µg/ml, >5 µg/ml 또는 >10 µg/ml를 생산한다. 본 발명의 예시적인 구현예에서, 유효한 백신은 >10 mIU/ml, >20 mIU/ml, >50 mIU/ml, >100 mIU/ml, >200 mIU/ml, >500 mIU/ml 또는 > 1000 mIU/ml를 생산한다. 예시적인 구현예에서, 항체 수준 또는 농도는 예방접종 이후 10 일 동안에, 예방접종 이후 20 일 동안에, 예방접종 이후 30 일 동안에, 예방접종 이후 40 일 동안에, 또는 예방접종 이후 50 일 이상 동안에 생산 또는 도달된다. 예시적인 구현예에서, 수준 또는 농도는 상기 대상체에게 투여된 백신의 단일 용량 이후 생산 또는 도달된다. 다른 구현예에서, 수준 또는 농도는 다중 용량 이후, 예를 들면, 제1 및 제2 용량 (예를 들면, 부스터 용

량.) 이후 생산 또는 도달된다. 예시적인 구현예에서, 항체 수준 또는 농도는 효소-결합 면역흡착 검정 (ELISA)에 의해 결정 또는 측정된다. 예시적인 구현예에서, 항체 수준 또는 농도는 중화 검정에 의해, 예를 들면, 미세 중화 검정에 의해 결정 또는 측정된다.

[0108] 본 개시내용의 다양한 구현예의 세부사항은 아래의 설명에서 제시된다. 본 개시내용의 다른 특징, 목적, 및 이점은 설명 및 청구항으로부터 명백할 것이다.

도면의 간단한 설명

[0109] 전술한 및 다른 목적, 특징 및 이점은, 참조 문자가 상이한 도면 전반에 걸쳐 동일한 부분을 지칭하는 수반되는 도면들에서 설명된 바와 같이, 본 발명의 특정한 구현예의 다음과 같은 설명으로부터 명백할 것이다. 도면은 필연적으로 척도화하는 것이 아니고, 대신 본 발명의 다양한 구현예의 원리를 예시할 때 강조한다.

도 1은, 상이한 균주로부터 HA 줄기 단백질을 인코딩하는 RNA로 예방접종이 재조합 HA (rHA) 단백질의 다양한 패널에 결합하는 혈청 항체를 유도하는 것을 증명하는, ELISA로부터 수득된 데이터를 보여준다.

도 2는 mRNA 백신 항원의 제2 세트로 접종된 마우스 백신으로부터 수득된 혈청 항체 역가가 재조합 HA (rHA) 단백질의 다양한 패널에 결합하는 혈청 항체를 유도한다는 것을 증명하는 데이터를 보여준다.

도 3은 H3 균주로부터 HA 줄기 단백질을 인코딩하는 mRNA와 H1 균주로부터 HA 줄기 단백질을 인코딩하는 mRNAs 조합이 어느 한쪽 HA에 면역 반응에서 간섭을 초래하지 않았다는 것을 보여준다.

도 4A-4B는 시험 백신으로 백신접종된 동물로부터 풀링된 혈청의 종점 역가를 묘사한다. 도 4A에서, 시험된 백신은 x-축에서 보여지고 인플루엔자의 각각의 상이한 균주로부터 HA에 결합은 종점 역가로서 플롯팅된다. 도 4B에서, 시험된 백신은 x-축에서 보여지고 NP 단백질에 대한 종점 역가는 플롯팅된다.

도 5는 HA-모조타이핑된 바이러스의 패널을 중화시키는 혈청의 능력의 평가를 통해 기능적 항체 반응의 시험을 보여준다.

도 6은 배수 유도 (샘플 발광/배경 발광) 대 혈청 농도로서 플롯팅된 데이터를 보여준다.

도 7은 mRNA 예방접종 이후 세포-매개된 면역 반응의 표현이다. 비장세포는 백신접종된 마우스로부터 수확되었고 중첩 NP 펩타이드의 폴로 자극되었다. 3 사이토카인 (IFN- γ , IL-2, 또는 TNF- α) 중 하나를 분비하는 CD4 또는 CD8 T 세포의 %는 플롯팅된다.

도 8은 mRNA 예방접종 이후 세포-매개된 면역 반응의 표현이다. 비장세포는 백신접종된 마우스로부터 수확되었고 중첩 HA 펩타이드의 폴로 자극되었다. 3 사이토카인 (IFN- γ , IL-2, 또는 TNF- α) 중 하나를 분비하는 CD4 또는 CD8 T 세포의 %는 플롯팅된다.

도 9는 마우스-적용된 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934의 치명적인 용량으로 공격 이후 젓과 체중 감소를 보여준다. 기준선에 비교된 경우 감소된 중량의 백분율은 각각의 동물에 대하여 계산되었고 그룹을 거쳐 평균화되었다. 그룹 평균은 며칠 내에 경시적으로 플롯팅되었다. 오차 막대는 평균의 표준 오차를 나타낸다. NIHGen6HASS-foldon + NP 조합 백신의 효능은 어느 한쪽 NIHGen6HASS-foldon 또는 NP mRNA 백신 단독의 것보다 더 양호하였다.

도 10은 백신 효능이 전체 백신 용량에서, 뿐만 아니라 평가된 전체 공-제형 및 공-전달 방법으로 유사하였다는 것을 보여준다. 마우스-적용된 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934의 치명적인 용량으로 공격 이후, 기준선에 비교된 경우 감소된 중량의 백분율은 각각의 동물에 대하여 계산되었고 그룹을 거쳐 평균화되었다. 그룹 평균은 며칠 내에 경시적으로 플롯팅되었다. 오차 막대는 평균의 표준 오차를 나타낸다.

도 11A는 시험 백신으로 백신접종된 동물로부터 풀링된 혈청의 종점 역가를 도시한다. 도 11B는 시험 백신 (NIHGen6HASS-foldon 및 NIHGen6HASS-TM2)의 효능이 유사하다는 것을 보여준다. 마우스-적용된 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934의 치명적인 용량으로 공격 이후, 기준선에 비교된 경우 감소된 그룹 중량의 백분율은 계산되었고 며칠 내에 경시적으로 플롯팅되었다.

도 12A는 H1 하위유형으로부터 공통 HA 항원을 인코딩하는 mRNA로 면역화된 마우스로부터 혈청이 PR8 루시퍼라아제 바이러스를 검출가능하게 중화시킬 수 있었다는 것을 보여준다. 도 12B는 페리틴 융합 서열을 가진 H1 하위유형 공통 HA 항원을 인코딩하는 mRNA로 면역화된 마우스로부터 혈청이, Merck_pH1_Con 페리틴 mRNA를 제외하고, PR8 루시퍼라아제 바이러스를 검출가능하게 중화시킬 수 있고, 한편 페리틴 융합 서열을 가진 공통 H3 항원을 인코딩하는 mRNA로 백신접종된 마우스로부터 혈청이 PR8 루시퍼라아제 바이러스를 중화시킬 수 없었다는 것

을 보여준다.

도 13A-13B는 마우스-적응된 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934의 치명적인 용량으로 공격 이후 젓과 체중 감소를 보여준다. 기준선에 비교된 경우 감소된 그룹 중량의 백분율은 계산되었고 며칠 내에 경시적으로 플롯팅되었다.

도 14는 공통 HA 항원에 의해 유발된 혈청-중화 활성의 폭을 사정하기 위해 슈도바이러스의 패널에서 수행된 중화 검정의 결과를 보여준다.

도 15A는 시험 백신으로 백신접종된 동물로부터 폴링된 혈청의 ELISA 종점 항-HA 항체 역가를 도시한다. 도 15B는 마우스-적응된 B/엔아버/1954의 치명적인 용량으로 공격 이후 젓과 체중 감소를 보여준다. 기준선에 비교된 경우 감소된 그룹 중량의 백분율은 계산되었고 며칠 내에 경시적으로 플롯팅되었다. 도 16A-16C는 ELISA 검정 (제조함으로-발현된 NIHGen6HASS-foldon [HA 줄기] 또는 NP 단백질로 코팅된 플레이트)에 의해 측정된 경우 NIHGen6HASS-foldon 백신의 강력한 항체 반응을 도시하는 데이터를 보여준다. 도 16A는, FLUZONE®로 이전에 백신접종된 및 NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신으로 1회 부스팅된 4마리 히말라야 원숭이에 대하여, 경시적으로, HA 줄기에 대한 역가를 보여준다. 도 16B는, 동일한 NIHGen6HASS-foldon RNA 백신으로 일 0, 28 및 56에서 백신접종된 4마리 히말라야 원숭이로부터, 경시적으로, HA 줄기에 대한 역가를 도시한다. 도 16C는 NP mRNA 백신으로 일 0, 28 및 56에서 백신접종된 4마리 히말라야 원숭이에 대하여 경시적으로, NP에 대한 항체 역가를 설명하고 백신이 NP에 강력한 항체 반응을 유발시켰다는 것을 보여준다.

도 17A-17B는 다양한 인플루엔자 균주로부터 제조함 혈구응집소 (rHA)에 결합할 수 있는 항체의 존재를 검사하는 ELISAs의 결과를 보여준다. 도 17A는 FLUZONE®로 이전에 백신접종된 및 NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신으로 1회 부스팅된 히말라야 원숭이의 결과를 보여주고, 도 17B는 동일한 NIHGen6HASS-foldon RNA 백신으로 일 0, 28 및 56에서 백신접종된 미접촉 히말라야 원숭이의 결과를 보여준다.

도 18는 mRNA 예방접종 이후 세포-매개된 면역 반응의 표현이다. 말초 혈액 단핵 세포는 백신접종된 마카크로부터 수확되었고 중첩 NP 펩타이드의 폴로 자극되었다. 3개 사이토카인 (IFN- γ , IL-2, 또는 TNF- α) 중 하나를 분비하는 CD4 또는 CD8 T 세포의 %는 플롯팅된다.

도 19는 적혈구 응집 반응 억제 (HAI) 시험의 결과를 보여준다. (각각의 집단의 25%이도록 표적화된) 위약 대상체는 포함된다. 데이터는 프로토콜에 따라 보여지고, 일 22 주사를 받지 않았던 것을 제외한다.

도 20은, (각각의 집단의 25%이도록 표적화된) 위약 대상체를 포함하는, 대상체당 HAI 시험 동력학을 보여준다.

도 21은, (각각의 집단의 25%이도록 표적화된) 위약 대상체를 포함하는, 미세중화 (MN) 시험의 결과를 보여준다. 데이터는 프로토콜에 따라 보여지고, 일 22 주사를 받지 않았던 것을 제외한다.

도 22는, (각각의 집단의 25%이도록 표적화된) 위약 대상체를 포함하는, 대상체당 MN 시험 동력학을 보여준다.

도 23은 HAI와 MN 사이 매우 강한 상관관계를 도시하는 그래프이다. 데이터는 (각각의 집단의 25%이도록 표적화된) 위약 대상체를 포함한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0110] 본 개시내용의 구현예는 인플루엔자 바이러스 항원을 인코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 제공한다. 본 명세서에서 제공된 바와 같은 인플루엔자 바이러스 RNA 백신은, DNA 백신접종과 관련된 많은 위험이 없는, 세포 및 체액성 면역 둘 모두를 포함하는 균형있는 면역 반응을 유도하기 위해 사용될 수 있다.

[0111] 일부 구현예에서, 바이러스는 인플루엔자 A 또는 인플루엔자 B 또는 이들의 조합의 균주이다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 A 또는 인플루엔자 B의 균주는 새, 돼지, 말, 개, 인간 또는 비-인간 영장류와 관련된다. 일부 구현예에서, 항원성 폴리펩타이드는 혈구응집소 단백질 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩한다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, H18, 또는 이의 면역원성 단편이다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 헤드 도메인을 포함하지 않는다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 헤드 도메인의 부분을 포함한다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 세포질 도메인을 포함하지 않는다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 세포질 도메인의 부분을 포함한다. 일부 구현예에서, 절단된 혈구응집소 단백질은 막관통 도메인의 부분을 포함한다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질 또는 그것의 단편의 아미노산 서열은 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 갖는 아미노산 서열 중 임의의 것에 대해 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%,

95%, 96%, 97% 98%, 또는 99% 동일성을 포함한다. 일부 구현예에서, 바이러스는 H1N1, H3N2, H7N9, 및 H10N8로 구성된 군으로부터 선택된다. 일부 구현예에서, 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479 (참조 또한 표 7-13) 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 갖는 단백질, 또는 이의 면역원성 단편으로부터 선택된다.

[0112] 일부 구현예는 양이온성 지질 나노입자 내에 제형화된, 혈구응집소 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 1종 이상의 RNA 폴리뉴클레오타이드 및 약제학적으로 허용가능한 캐리어 또는 부형제를 포함하는 인플루엔자 백신을 제공한다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 H1, H7 및 H10으로부터 선택된다. 일부 구현예에서, RNA 폴리뉴클레오타이드는 추가로, 뉴라미니다제 단백질을 인코딩한다. 일부 구현예에서, 혈구응집소 단백질은 인플루엔자 A 바이러스 또는 인플루엔자 B 바이러스 또는 이들의 조합의 균주로부터 유래한다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 바이러스는 H1N1, H3N2, H7N9, 및 H10N8으로부터 선택된다.

[0113] 일부 구현예는 인플루엔자 바이러스성 감염을 예방 또는 치료하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 대상체에게 본 명세서에 기재된 백신 중 임의의 것을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, 항원 특이적 면역 반응은 T 세포 반응을 포함한다. 일부 구현예에서, 항원 특이적 면역 반응은 B 세포 반응을 포함한다. 일부 구현예에서, 항원 특이적 면역 반응은 T 세포 반응 및 B 세포 반응 둘 모두를 포함한다. 일부 구현예에서, 항원 특이적 면역 반응을 생성하는 방법은 백신의 단일 투여를 수반한다. 일부 구현예에서, 백신은 진피내, 근육내 주사, 피하 주사, 비강내 점종, 또는 경구 투여에 의해 상기 대상체에게 투여된다.

[0114] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 또는 그것의 일부는 항원으로서 인플루엔자 균주의 1종 이상의 폴리펩타이드 또는 그것의 단편을 인코딩할 수 있다. 그와 같은 항원은, 비제한적으로, 본 명세서에 제공된 표에서 열거된 폴리뉴클레오타이드의 폴리뉴클레오타이드 또는 그것의 일부에 의해 인코딩될 항원들을 포함한다. 표들에서, 유전자은행 수탁 번호 또는 GI 수탁 번호는 인코딩된 항원의 완전한 또는 부분적인 CDS를 제공한다. RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 표에서 열거된 서열 중 임의의 것의 영역 또는 열거된 mRNA의 전체 코딩 영역을 포함할 수 있다. 하이브리드 또는 키메라성 영역, 또는 모방체 또는 변이체를 포함할 수 있다.

[0115] 하기 구현예에서, 특정 인플루엔자 바이러스 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 언급할 때, 폴리뉴클레오타이드는 특정 인플루엔자 바이러스 단백질 서열의 코딩 영역 또는 특정 인플루엔자 바이러스 단백질 서열에 대한 mRNA의 전체 코딩 영역을 포함할 수 있다.

[0116] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1-H18의 HA1, HA2, 또는 이들 둘의 조합 중 적어도 하나).

[0117] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질 또는 이의 면역원성 단편 (예를 들면, H1-H18의 HA1, HA2, 또는 이들 둘의 조합 중 적어도 하나) 및 적어도 1종의 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택됨).

[0118] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, (예를 들면, H1-H18 중 적어도 하나) 및 적어도 2종의 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택됨).

[0119] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, (예를 들면, H1-H18 중 적어도 하나) 및 적어도 3종의 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택됨).

[0120] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, (예를 들면, H1-H18 중 적어도 하나) 및 적어도 4종의 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택됨).

[0121] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, (예를 들면, H1-H18 중 적어도 하나) 및 적어도

5종의 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 수득된 NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질 및 NS2 단백질로부터 선택됨).

- [illegible]

- [illegible]

M1 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, 및 M2 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 획득됨).

[0178] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질 (HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체), M1 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, 및 NS1 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 획득됨).

[0179] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질 (HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체), M1 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, 및 NS2 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 획득됨).

[0180] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질 (HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체), M2 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, 및 NS1 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 획득됨).

[0181] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: H HA 단백질 (HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체), M2 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, 및 NS2 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 획득됨).

[0182] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: HA 단백질 (HA1 및/또는 HA2로부터의 항원성 서열을 포함하는 HA 또는 그것의 유도체), NS1 단백질, 또는 이의 면역원성 단편, 및 NS2 단백질, 또는 이의 면역원성 단편 (이는 인플루엔자 바이러스로부터 획득됨).

[0183] 본 개시내용이 인플루엔자 바이러스의 특정 균주에 의해 제한되는 것으로 의도되지 않음을 이해해야 한다. 본 명세서에서 제공된 바와 같은 사용된 인플루엔자 바이러스의 균주는, 인플루엔자 바이러스의 임의의 균주일 수 있다. 인플루엔자 바이러스의 바람직한 균주 및 바람직한 인플루엔자 항원의 예는 아래의 표 7-13에서 제공된다.

[0184] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H1/PuertoRico/8/1934로부터 획득됨).

[0185] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H1/신규한 Caledonia/20/1999로부터 획득됨).

[0186] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H1/California/04/2009로부터 획득됨).

[0187] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H5/Vietnam/1194/2004로부터 획득됨).

- [0188] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H2/Japan/305/1957로부터 수득됨).
- [0189] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H9/Hong Kong/1073/99로부터 수득됨).
- [0190] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H3/Aichi/2/1968로부터 수득됨).
- [0191] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H3/Brisbane/10/2007로부터 수득됨).
- [0192] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H7/Anhui/1/2013로부터 수득됨).
- [0193] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H10/Jiangxi-Donghu/346/2013로부터 수득됨).
- [0194] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H3/Wisconsin/67/2005로부터 수득됨).
- [0195] 일부 구현예에서, 백신은 하기를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다: 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, HA 단백질, NP 단백질, NA 단백질, M1 단백질, M2 단백질, NS1 단백질, NS2 단백질, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 면역원성 단편, 전술한 인플루엔자 항원 중 임의의 것의 변이체 또는 동족체, 또는 전술한 인플루엔자 항원, 변이체 또는 동족체 중 2개 이상의 임의의 조합) (이는 H1/Vietnam/850/2009로부터 수득됨).
- [0196] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 H7N9 HA1 단백질, 페리딘 및 수지상 세포 표적화 펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다 (참조, 예를 들면, Ren X 등 Emerg Infect Dis 2013;19(11):1881-84; Steel J 등 mBio 2010;1(1):e00018-10; Kanekiyo M. 등 Nature 2013;499:102-6, 이들 각각은 편입된 본 명세서에 참고로).
- [0197] 일부 구현예에서, 백신은 조류 인플루엔자 H7 HA 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.

- [0198] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 H7 HA1 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다 (참조, 예를 들면, Steel J 등 mBio 2010;1(1):e00018-10).
- [0199] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 H7N9 HA1 단백질 및 페리딘을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다 (참조, 예를 들면, Kanekiyo M. 등 Nature 2013;499:102-6).
- [0200] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 H5N1 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 H5N1 단백질은 인간 균주로부터 유래한다.
- [0201] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 H1N1 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- [0202] 일부 구현예에서, 백신은 인플루엔자 A 균주, 예컨대 인간 H1N1, H5N1, H9N2 또는 H3N2로부터 선택된 인플루엔자 단백질을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- [0203] 일부 구현예에서, 백신은 나노스캐폴드를 갖는 인플루엔자 H1N1 HA를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다 (참조, 예를 들면, Walker A 등 Sci Rep 2011;1(5):1-8, 이는 본 명세서에 참고로 편입됨).
- [0204] 일부 구현예에서, 백신은 비당화된 인플루엔자 H1N1 HA를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다 (참조, 예를 들면, Chen J 등 PNAS USA 2014;111(7):2476-81, 이는 본 명세서에 참고로 편입됨).
- [0205] 인플루엔자 백신은, 예를 들면, 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있는데, 이는 본 명세서에서 제공된 인플루엔자 HA2 줄기 항원으로부터 선택된 적어도 1종의 인플루엔자 HA2 줄기 항원, 예를 들면, 서열번호: 394-412 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함하는 표 16에서 열거된 것들을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는다
- [0206] 본 개시내용은 또한 예를 들면, 서열번호: 491-503에서 열거된 인플루엔자 서열로부터 선택된 핵산 서열을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 백신을 포괄한다 (참조 또한: Mallajosyula VV 등, Front Immunol. 2015 Jun 26;6:329.; Mallajosyula VV 등, Proc Natl Acad Sci U S A. 2014 Jun 24;111(25):E2514-23.; Bommakanti G, 등, J Virol. 2012 Dec;86(24):13434-44; Bommakanti G 등, Proc Natl Acad Sci U S A. 2010 Aug 3;107(31):13701-6 및 Yassine 등, Nat Med. 2015 Sep;21(9):1065-70; Impagliazzo 등, Science, 2015 Sep 18;349(6254)).
- [0207] 국제 출원 번호 PCT/US2015/02740의 전체 내용은 본 명세서에 참고로 편입되어 있다.
- [0208] 일부 구현예에서 본 명세서에서 기재된 백신은 공통 서열이다. 본 명세서에서 사용된 바와 같은 "공통 서열"은 다중 하위유형의 특정한 인플루엔자 항원의 정렬의 분석을 기반으로 하는 폴리펩타이드 서열을 지칭한다. 공통 폴리펩타이드 서열을 인코딩하는 mRNA 서열은 특정한 인플루엔자 항원의 다중 하위유형 또는 혈청형에 대한 넓은 면역력을 유도하기 위해 제조되고 사용될 수 있다.
- [0209] 본 명세서에 제공된 인플루엔자 항원을 인코딩하는 mRNA는 백신접종된 포유동물에서 혈청 전환을 야기하고 인플루엔자의 넓은 범위의 계절성 균주 및 또한 인플루엔자의 대유행 균주에 대한 교차-반응성을 제공하는 백신으로서 배열될 수 있다. 혈청전환 및 넓은 교차-반응성은 인플루엔자의 상이한 혈구응집소 균주에 대한 역자를 억제함을 특정함으로써 결정될 수 있다. 바람직한 조합은 본 명세서에서 기재된 각각의 인플루엔자 항원으로부터 적어도 2종의 항원을 포함한다.
- [0210] 본 명세서에서 기재된 mRNA 백신이 몇 개의 방식에서 현행 백신보다 우월한 것이 밝혀졌다. 첫째, 지질 나노입자 (LNP) 전달은 문헌에서 기재된 프로타민 염기 접근법을 포함하는 다른 제형보다 우월하고 추가의 아쥬반트는 필요없다. LNPs의 사용은 화학적으로 변형된 또는 비변형된 mRNA 백신의 효과적 전달을 가능하게 한다. 추가로 양쪽 변형된 및 비변형된 LNP 제형화된 mRNA 백신이 상당한 정도로 종래의 백신보다 우월하였던 것이 본 명세서에서 실증되어 왔다. 일부 구현예에서 본 발명의 mRNA 백신은 적어도 10 배, 20 배, 40 배, 50 배, 100 배, 500 배 또는 1,000 배의 인수만큼 종래의 백신보다 우월하다.

- [0211] mRNA 백신 및 자가-복제 RNA 백신을 포함하는, 기능성 RNA 백신을 생산하기 위한 시도를 해왔음에도 불구하고, 이들 RNA 백신의 치료 효능은 아직 완전히 확립되지 않았다. 상당히 놀랍게도, 본 발명자들은, 본 발명의 측면에 따라, 상당히 향상된, 및 많은 면에서 중화 능력을 가진 기능적 항체 생산 및 향상된 항원 생성을 포함하는 상승작용적, 면역 반응을 초래하는 생체내 mRNA 백신 전달용 제형의 부류를 발견하였다. 이들 결과는 mRNA의 상당히 더 낮은 용량이 지질 기반 제형의 다른 부류에서 사용된 mRNA 용량과 비교하여 투여되는 경우조차 달성될 수 있다. 본 발명의 제형은 예방제 및 치료제로서 기능성 mRNA 백신의 효능을 확립하는데 충분한 상당한 예기치 못한 생체내 면역 반응을 실증하였다. 추가로, 자가-복제 RNA 백신은 면역원성 반응을 생산하도록 세포에 충분한 RNA를 전달하기 위해 바이러스 복제 경로에 의존한다. 본 발명의 제형은 강한 면역 반응을 초래하도록 충분한 단백질을 생산하기 위해 바이러스 복제를 요구하지 않는다. 따라서, 본 발명의 mRNA는 자가-복제 RNA가 아니고 바이러스 복제에 필요한 성분을 포함하지 않는다.
- [0212] 본 발명은, 일부 측면에서, 지질 나노입자 (LNP) 제형이 화학적으로 변형된 및 비변형된 mRNA 백신을 포함하는, mRNA 백신의 유효성을 상당히 향상시킨다는 놀라운 발견을 포함한다. LNP로 제형화된 mRNA 백신의 효능은 몇 개의 구별되는 항원을 이용하여 생체내 검사되었다. 본 명세서에서 제시된 결과는 다른 상업적으로 입수가능한 백신보다 LNP로 제형화된 mRNA 백신의 예기치 못한 우월한 효능을 입증한다.
- [0213] 향상된 면역 반응 제공에 더하여, 본 발명의 제형은 시험된 다른 백신보다 항원의 더 적은 용량으로 더 많은 급속 면역 반응을 생성한다. 본 발명의 mRNA-LNP 제형은 또한 상이한 캐리어로 제형화된 백신보다 정량적으로 및 정성적으로 더 나은 면역 반응을 생산한다.
- [0214] 본 명세서에서 기재된 데이터는 본 발명의 제형이 현존하는 항원 백신보다 상당한 예기치 못한 개선을 생산하였다는 것을 입증한다. 추가로, 본 발명의 mRNA-LNP 제형은 mRNA의 용량이 다른 백신보다 더 낮은 경우조차 다른 백신보다 우월하다. 상이한 균주로부터 HA 단백질 서열 예컨대 HA 줄기 서열을 인코딩하는 mRNA는 재조합 HA (rHA) 단백질의 다양한 패널에 결합하는 혈청 항체를 유도하기 위해 입증되어 왔다. 마우스에서 백신 효능은 전체 백신 용량에서, 뿐만 아니라 평가된 전체 공-제형 및 공-전달 방법으로 유사하였다.
- [0215] 본 명세서에서 기재된 연구에서 사용된 LNP는 다양한 동물 모델에서 뿐만 아니라 인간에서 siRNA를 전달하는데 이전에 사용되어 왔다. LNP 제형의 siRNA 전달에 관련하여 실시된 관찰의 면에서, LNP가 백신에서 유용하다는 사실은 상당히 놀랍다. LNP로 제형화된 siRNA의 치료적 전달이 일시적 IgM 반응과 관련된 바람직하지 않은 염증 반응을 일으켜서, 전형적으로 항원 생산 및 절충된 면역 반응에서 감소로 이어지는 것이 관측되어 왔다. siRNA로 관측된 발견에 대조적으로, 본 발명의 LNP-mRNA 제형은, 일시적 IgM 반응보다 예방적 및 치료적 방법에 충분한, 향상된 IgG 수준을 생성하는 것으로 본 명세서에서 입증된다.
- [0216] 핵산/폴리뉴클레오타이드
- [0217] 본 명세서에서 제공된 바와 같은, 인플루엔자 바이러스 백신은 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 (1종 이상의) 리보핵산 (RNA) (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 용어 "핵산"은 뉴클레오타이드 (뉴클레오타이드 모노머)의 폴리머를 포함하는 임의의 화합물 및/또는 서브스텐스를 포함한다. 이들 폴리머는 폴리뉴클레오타이드로서 지칭된다. 따라서, 용어들 "핵산" 및 "폴리뉴클레오타이드"는 상호교환적으로 사용된다.
- [0218] 핵산은, 예를 들면, 리보핵산 (RNAs), 데옥시리보핵산 (DNAs), 트레오스 핵산 (TNAs), 글리콜 핵산 (GNAs), 펩타이드 핵산 (PNAs), 잠금 핵산 (β -D-리보 배치구성을 갖는 LNA, α -L-리보 배치구성을 갖는 α -LNA (LNA의 부분입체이성질체), 2'-아미노 작용화를 갖는 2'-아미노-LNA, 및 2'-아미노 작용화를 갖는 2'-아미노- α -LNA를 포함하는, LNAs), 에틸렌 핵산 (ENA), 사이클로헥세닐 핵산 (CeNA) 또는 키메라 또는 이들의 조합일 수 있거나 포함할 수 있다.
- [0219] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드는 메신저 RNA (mRNA)로서 기능한다. "메신저 RNA" (mRNA)는 (적어도 1종의) 폴리펩타이드 (아미노산의 자연 발생, 비-자연 발생, 또는 변형된 폴리머)를 인코딩하고 시험관내, 생체내, 원 위치에서 또는 생체의 인코딩된 폴리펩타이드를 생산하기 위해 번역될 수 있는 임의의 폴리뉴클레오타이드를 지칭한다. 숙련가는, 달리 언급된 경우를 제외하고, 본원에서 제시된 폴리뉴클레오타이드 서열이 대표적인 DNA 서열에서 "T"들을 열거하지만 서열이 RNA (예를 들면, mRNA)를 나타내는 경우, "T"들이 "U"들로 치환될 것을 인지할 것이다. 따라서, 특정된 서열 식별 번호에 의해 확인된 DNA에 의해 인코딩된 임의의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 또한, DNA 서열의 각각의 "T"가 "U"로 치환되는 경우, DNA에 의해 인코딩된 대응하는 RNA (예를 들면, mRNA) 서열을 포함할 수 있다.

- [0220] mRNA 분자의 기초 구성요소는 전형적으로 적어도 1종의 코딩 영역, 5' 미번역된 영역 (UTR), 3' UTR, 5' 캡 및 폴리-A 꼬리를 포함한다. 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드는 mRNA로서 기능할 수 있지만, 핵산 기반 치료제를 이용하여 효과적인 폴리펩타이드 발현의 현존하는 문제를 극복하는 역할을 하는, 그것의 기능성 및/또는 구조적 설계 특징에서 야생형 mRNA와 구별될 수 있다.
- [0221] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 2-10, 2-9, 2-8, 2-7, 2-6, 2-5, 2-4, 2-3, 3-10, 3-9, 3-8, 3-7, 3-6, 3-5, 3-4, 4-10, 4-9, 4-8, 4-7, 4-6, 4-5, 5-10, 5-9, 5-8, 5-7, 5-6, 6-10, 6-9, 6-8, 6-7, 7-10, 7-9, 7-8, 8-10, 8-9 또는 9-10 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 백신의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 적어도 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 또는 100 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 백신의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 적어도 100 또는 적어도 200 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 백신의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 1-10, 5-15, 10-20, 15-25, 20-30, 25-35, 30-40, 35-45, 40-50, 1-50, 1-100, 2-50 또는 2-100 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다.
- [0222] 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드는, 일부 구현예에서, 코돈 최적화된다. 코돈 최적화 방법은 당해 기술에 공지되어 있고 본 명세서에서 제공된 바와 같이 사용될 수 있다. 코돈 최적화는, 일부 구현예에서, 적절한 폴딩을 확보하기 위해 표적 및 숙주 유기체에서 코돈 빈도를 매칭시키는데; mRNA 안정성을 증가시키기 위해 또는 2차 구조를 감소시키기 위해 GC 함량을 편향시키는데; 유전자 작제 또는 발현을 손상시킬 수 있는 연쇄 반복 코돈 또는 염기 실행을 최소화하는데; 전사 및 번역 조절 영역을 특화하는데; 단백질 이동조절 서열을 삽입 또는 제거하는데; 인코딩된 단백질내 후 번역 변형 부위 (예를 들면 당화 부위)를 제거/첨가하는데; 단백질 도메인을 첨가, 제거 또는 서폴딩하는데; 제한 부위를 삽입 또는 제거하는데; 리보솜 결합 부위 및 mRNA 열화 부위를 변형시키는데; 단백질의 다양한 도메인을 적절하게 폴딩하도록 하는 번역 속도를 조정하는데; 또는 폴리뉴클레오타이드 안에서 문제 2차 구조를 감소 또는 제거하는데 사용될 수 있다. 코돈 최적화 툴, 알고리즘 및 서비스는 당해 기술에 공지되어 있고 - 비-제한적인 예는 GeneArt (Life Technologies), DNA2.0 (Menlo Park CA) 및/또는 전매 방법으로부터 서비스를 포함한다. 일부 구현예에서, 열린 해독틀 (ORF) 서열은 최적화 알고리즘을 이용하여 최적화된다.
- [0223] 일부 구현예에서, 코돈 최적화된 서열은 자연 발생 또는 야생형 서열 (예를 들면, 관심 단백질 또는 폴리펩타이드 (예를 들면, 항원성 단백질 또는 항원성 폴리펩타이드)를 인코딩하는 자연 발생 또는 야생형 mRNA 서열)에 95% 미만 서열 동일성, 90% 미만 서열 동일성, 85% 미만 서열 동일성, 80% 미만 서열 동일성, 또는 75% 미만 서열 동일성을 공유한다.
- [0224] 일부 구현예에서, 코돈-최적화된 서열은 자연 발생 서열 또는 야생형 서열 (예를 들면, 관심 단백질 또는 폴리펩타이드 (예를 들면, 항원성 단백질 또는 폴리펩타이드)를 인코딩하는 자연 발생 또는 야생형 mRNA 서열)에 65% 내지 85% (예를 들면, 약 67% 내지 약 85%, 또는 약 67% 내지 약 80%) 서열 동일성을 공유한다. 일부 구현예에서, 코돈-최적화된 서열은 자연 발생 서열 또는 야생형 서열 (예를 들면, 관심 단백질 또는 폴리펩타이드 (예를 들면, 항원성 단백질 또는 폴리펩타이드)를 인코딩하는 자연 발생 또는 야생형 mRNA 서열)에 65% 내지 75%, 또는 약 80% 서열 동일성을 공유한다.
- [0225] 일부 구현예에서 코돈-최적화된 RNA (예를 들면, mRNA)는, 예를 들면, G/C의 수준이 향상되는 것일 수 있다. 핵산 분자의 G/C-함량은 RNA의 안정성에 영향을 미칠 수 있다. 구아닌 (G) 및/또는 시토신 (C) 잔기의 증가된 양을 갖는 RNA는 다량의 아데닌 (A) 및 티민 (T) 또는 우라실 (U) 뉴클레오타이드를 함유하는 핵산보다 기능적으로 더욱 안정적일 수 있다. W002/098443은 번역된 영역에서 서열 변형에 의해 안정화된 mRNA를 함유하는 약제학적 조성물을 개시한다. 유전자 암호의 축퇴 때문에, 변형은 수득한 아미노산 변화 없이 더 큰 RNA 안정성을 촉진시키는 것으로 현존하는 코돈을 치환시킴으로써 작동한다. 접근법은 RNA의 코딩 영역으로 제한된다.
- [0226] 항원/항원성 폴리펩타이드
- [0227] 일부 구현예에서, 항원성 폴리펩타이드 (예를 들면, 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드)는 25 아미노산보다 길고 50 아미노산보다 짧다. 폴리펩타이드는 전술한 것의 유전자 생성물, 자연 발생 폴리펩타이드, 합성 폴리펩타이드, 동족체, 오쏘로그, 파라로그, 단편 및 다른 등가물, 변이체, 및 유사체를 포함한다. 폴리펩타이드는 단일 분자일 수 있거나 다중-분자 착물 예컨대 이량체, 삼량체 또는 사량체일 수 있다. 폴리펩타이드는 또한 단일 사슬 폴리펩타이드 또는 다사슬 폴리펩타이드, 예컨대 항체 또는 인슐린을 포함할 수 있고, 서로에 대해서 관련 또는 연결될 수 있다. 가장 통상적으로, 디설파이드 연결기는 다사슬 폴리펩타이드에서 발견된다. 용어 "폴리펩타이드"는 또한 적어도 1종의 아미노산 잔기가 대응하는 자연 발생 아미노산의 인공 화학적 유사체

인 아미노산 폴리머에 적용할 수 있다.

- [0228] "폴리펩타이드 변이체"는 천연 서열 또는 참조 서열에 비해 그것의 아미노산 서열에서 상이한 분자이다. 아미노산 서열 변이체는, 천연 서열 또는 참조 서열에 비교된 경우, 아미노산 서열 안에서 특정 위치에, 전술한 것의 임의의 2개 또는 3개의 치환, 결실, 삽입, 또는 조합을 보유할 수 있다. 통상적으로, 변이체는 천연 서열 또는 참조 서열에 적어도 50% 동일성을 보유한다. 일부 구현예에서, 변이체는 천연 서열 또는 참조 서열과 적어도 80% 동일성 또는 적어도 90% 동일성을 공유한다.
- [0229] 일부 구현예에서 "변이체 모방체"는 제공된다. "변이체 모방체"는 활성화된 서열을 모방할 적어도 1종의 아미노산을 함유한다. 예를 들면, 글루타메이트는 포스포로-트레오닌 및/또는 포스포로-세린에 대하여 모방체로서 작용할 수 있다. 대안적으로, 변이체 모방체는 탈활성화를 초래할 수 있거나 모방체를 함유하는 불활성화된 생성물을 초래할 수 있다. 예를 들면, 페닐알라닌은 티로신에 대하여 불활성화 치환으로서 작용할 수 있거나, 알라닌은 세린에 대하여 불활성화 치환으로서 작용할 수 있다.
- [0230] "오쏘로그"는 종 형성에 의해 공통 선구 유전자로부터 방출하였던 상이한 종에서 유전자를 지칭한다. 정상적으로, 오쏘로그는 진화의 과정에서 동일한 기능을 유지한다. 오쏘로그의 확인은 새로 서열분석된 게놈에서 유전자 기능의 신뢰할 수 있는 예측에 중요하다.
- [0231] "유사체"는 1종 이상의 아미노산 변경, 예를 들면, 모 또는 개시 폴리펩타이드의 특성 중 하나 이상을 여전히 유지하는 아미노산 잔기의 치환, 첨가 또는 결실에 의해 상이한 폴리펩타이드 변이체를 포함하는 의미이다.
- [0232] 본 개시내용은, 변이체 및 유도체를 포함하는, 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 기반되는 조성물의 몇 개의 유형을 제공한다. 이들은, 예를 들면, 치환형, 삽입, 결실 및 공유 변이체 및 유도체를 포함한다. 용어 "유도체"는 용어 "변이체"와 동의어이고 일반적으로 참조 분자 또는 개시 분자에 비해 어떤 식으로든 변형된 및/또는 변화된 분자를 지칭한다.
- [0233] 이와 같이, 참조 서열, 특히 본 명세서에서 개시된 폴리펩타이드 서열에 대하여 치환, 삽입 및/또는 부가, 결실 및 공유 변형을 함유하는 펩타이드 또는 폴리펩타이드를 인코딩하는 폴리뉴클레오타이드는 본 개시내용의 범위 내에 포함된다. 예를 들면, 서열 태그 또는 아미노산, 예컨대 1종 이상의 라이신은 펩타이드 서열에 (예를 들면, N-말단 또는 C-말단에서) 부가될 수 있다. 서열 태그는 펩타이드 검출, 정제 또는 국제화에 사용될 수 있다. 라이신은 펩타이드 용해도를 증가시키는데 또는 바이오티닐화를 허용하는데 사용될 수 있다. 대안적으로, 펩타이드 또는 단백질의 아미노산 서열의 카복시 및 아미노 말단 영역에 위치한 아미노산 잔기는 선택적으로 결실되어 절단된 서열을 제공할 수 있다. 특정 아미노산 (예를 들면, C-말단 잔기 또는 N-말단 잔기)는 대안적으로, 예를 들면, 가용성이거나, 고형 지지체에 연결되는 더 큰 서열의 일부로 서열의 발현으로서, 서열의 용도에 의존하여 결실될 수 있다.
- [0234] 폴리펩타이드를 참조한 경우 "치환형 변이체"는 제거된 원상태 또는 개시 서열내 적어도 1종의 아미노산 잔기 및 동일한 위치에서 그 곳에 삽입된 상이한 아미노산을 갖는 것이다. 치환은, 분자에서 단 하나의 아미노산이 치환된 경우, 하나일 수 있거나, 이들은, 2종 이상의 (예를 들면, 3, 4 또는 5) 아미노산이 동일한 분자에서 치환된 경우, 다중일 수 있다.
- [0235] 본 명세서에서 사용된 바와 같이 용어 "보존적 아미노산 치환"은 유사한 크기, 전하, 또는 극성의 상이한 아미노산을 가진 서열에서 정상적으로 존재하는 아미노산의 치환을 지칭한다. 보존적 치환의 예는 무극성 (소수성) 잔기 예컨대 이소류신, 발린 및 류신의 또 다른 무극성 잔기로의 치환을 포함한다. 마찬가지로, 보존적 치환의 예는 1개의 극성 (친수성) 잔기의 또 다른 것 예컨대 아르기닌 내지 라이신, 글루타민 내지 아스파라긴, 및 글리신 내지 세린으로의 치환을 포함한다. 추가로, 염기성 잔기 예컨대 라이신, 아르기닌 또는 히스티딘의 또 다른 것으로의 치환, 또는 1개의 산성 잔기 예컨대 아스파르트산 또는 글루탐산의 또 다른 산성 잔기로의 치환은 보존적 치환의 추가의 예이다. 비-보존적 치환의 예는 무극성 (소수성) 아미노산 잔기 예컨대 이소류신, 발린, 류신, 알라닌, 메티오닌의 극성 (친수성) 잔기 예컨대 시스테인, 글루타민, 글루탐산 또는 라이신으로의 치환 및/또는 극성 잔기의 무극성 잔기로의 치환을 포함한다.
- [0236] 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드를 참조한 경우 "특징"은 분자 각각의 구별되는 아미노산 서열-기반 또는 뉴클레오타이드-기반 성분으로서 정의된다. 폴리뉴클레오타이드에 의해 인코딩된 폴리펩타이드의 특징은 표면 징후, 국부 형태적 형상, 폴드, 루프, 절반-루프, 도메인, 반-도메인, 부위, 말단 및 이들의 임의의 조합(들)을 포함한다.
- [0237] 본 명세서에서 사용된 바와 같이 폴리펩타이드를 참조한 경우 용어 "도메인"은 1종 이상의 확인가능한 구조적

또는 기능성 특징 또는 특성 (예를 들면, 단백질-단백질 상호작용을 위한 부위로서 작용하는, 결합능)을 갖는 폴리펩타이드의 모티프를 지칭한다.

[0238] 본 명세서에서 사용된 바와 같이 폴리펩타이드를 참조한 경우 아미노산 기반 구현예에 속함에 따라 용어들 "부위"는 "아미노산 잔기" 및 "아미노산 측쇄"와 동의어로 사용된다. 본 명세서에서 사용된 바와 같이 폴리뉴클레오타이드를 참조한 경우 뉴클레오타이드 기반 구현예에 속함에 따라 용어들 "부위"는 "뉴클레오타이드"와 동의어로 사용된다. 부위는 폴리펩타이드-기반 또는 폴리뉴클레오타이드-기반 분자 안에서 변형, 조작, 변경, 유도 또는 가변될 수 있는 펩타이드 또는 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 안에서 위치를 나타낸다.

[0239] 본 명세서에서 사용된 바와 같이 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드를 참조한 경우 용어들 "말단들" 또는 "말단"은 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 각각의 극단을 지칭한다. 그와 같은 극단은 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드의 최초 또는 최종 부위에만 제한되지 않지만 말단 영역에서 추가의 아미노산 또는 뉴클레오타이드를 포함할 수 있다. 폴리펩타이드-기반 분자는 (자유 아미노 기 (NH₂)를 가진 아미노산에 의해 종료된) N-말단 및 (자유 카복실 기 (COOH)를 가진 아미노산에 의해 종료된) C-말단 둘 모두를 갖는 것으로서 특성 규명될 수 있다. 단백질은 일부 경우에 디설파이드 결합에 의해 또는 비-공유결합력 (다량체, 올리고머)에 의해 회합된 다중 폴리펩타이드 사슬로 구성된다. 이들 단백질은 다중 N- 및 C-말단을 갖는다. 대안적으로, 폴리펩타이드의 말단은 이들이 시작하거나 끝내는 정도로 변형될 수 있고, 비-폴리펩타이드 기반 모이머티 예컨대 유기 콘주게이트의 경우도 마찬가지일 수 있다.

[0240] 당해 분야의 숙련가에 의해 인식된 바와 같이, 단백질 단편, 기능성 단백질 도메인, 및 상동성 단백질은 또한 관심 폴리펩타이드의 범위내인 것으로 고려된다. 예를 들면, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100 또는 100 초과 아미노산의 길이를 갖는 참조 단백질의 (참조 폴리펩타이드 서열보다 짧지만 달리 동일한 적어도 1종의 아미노산 잔기 폴리펩타이드 서열을 의미하는) 임의의 단백질 단편은 본 명세서에서 제공된다. 또 다른 예에서, 본 명세서에 기재된 서열 중 임의의 것에 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 또는 100% 동일한 20, 30, 40, 50, 또는 100 (인접) 아미노산의 스트레치를 포함하는 임의의 단백질은 본 개시내용에 따라 이용될 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리펩타이드는 본 명세서에서 제공되거나 언급된 서열 중 임의의 것에서 나타난 바와 같이 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 또는 초과 돌연변이를 포함한다. 또 다른 예에서, 상기 단백질이 본 명세서에 기재된 서열 중 임의의 것에 80%, 75%, 70%, 65% 미만 내지 60% 동일한 5, 10, 15, 20, 25, 또는 30 아미노산의 스트레치를 갖는, 본 명세서에 기재된 서열 중 임의의 것에 80%, 90%, 95% 초과, 또는 100% 동일한 20, 30, 40, 50, 또는 100 아미노산의 스트레치를 포함하는 임의의 단백질은 본 개시내용에 따라 이용될 수 있다.

[0241] 본 개시내용의 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 분자는 참조 분자 (예를 들면, 참조 폴리펩타이드 또는 참조 폴리뉴클레오타이드)와, 예를 들면, 기술-기재된 분자 (예를 들면, 조작된 또는 설계된 분자 또는 야생형 분자)와 서열 유사성 또는 동일성의 특정 정도를 공유할 수 있다. 용어 "동일성"은, 당해 분야에서 공지된 바와 같이, 서열 비교에 의해 결정된 경우, 2종 이상의 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드의 서열 사이 관계를 지칭한다. 당해 분야에서, 동일성은 또한 2종 이상의 아미노산 잔기 또는 핵산 잔기의 스트링 사이 매치의 수에 의해 결정된 경우 2 서열 사이 서열 관련성의 정도를 의미한다. 동일성은 특정한 수학적 모델 또는 컴퓨터 프로그램 (예를 들면, "알고리즘")에 의해 다루어진 (만일 있다면) 갭 정렬을 가진 2종 이상의 서열의 더 작은 것 사이 동일한 매치의 퍼센트를 측정한다. 관련된 펩타이드의 동일성은 공지된 방법에 의해 쉽게 계산될 수 있다. 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 서열에 적용함에 따라 "% 동일성"은, 필요하면, 최대 동일성 퍼센트를 달성하기 위해, 서열 정렬 및 갭 도입 후 제2 서열의 핵산 서열 또는 아미노산 서열에서 잔기와 동일한 후보 아미노산 또는 핵산 서열에서 잔기 (아미노산 잔기 또는 핵산 잔기)의 백분율로서 정의된다. 정렬을 위한 방법 및 컴퓨터 프로그램은 당해 기술에 공지되어 있다. 동일성은 동일성 퍼센트의 계산에 좌우되지만 계산에서 도입된 갭 및 패널티로 인해 값에서 상이할 수 있다. 일반적으로, 특정한 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드의 변이체는 본 명세서에서 기재된 및 당해 분야의 숙련가에 공지된 서열 정렬 프로그램 및 파라미터에 의해 결정된 경우 그 특정한 참조 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드에 적어도 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 그러나 100% 미만 서열 동일성을 갖는다. 그와 같은 정렬용 틀은 BLAST 묶음 (Stephen F. Altschul, *et al.* (1997) "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402)의 것을 포함한다. 또 다른 대중적인 국부 정렬 기술은 Smith-Waterman 알고리즘 (Smith, T.F. & Waterman, M.S. (1981) "Identification of common molecular subsequences". *J. Mol. Biol.* 147:195-197)에 기반된다. 동적 프로그래밍에 기반된 일반 전반적 정렬 기술은 Needleman-Wunsch 알고리즘 (Needleman, S.B. & Wunsch, C.D. (1970) "A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequences of two proteins".

J. Mol. Biol. 48:443-453)이다. 더욱 최근에, Needleman-Wunsch 알고리즘을 포함하는, 다른 최적의 전반적인 정렬 방법보다 더 빨리 뉴클레오타이드 및 단백질 서열의 전반적인 정렬을 알려진 대로 생산하는 신속한 최적의 전반적인 서열 정렬 알고리즘 (Fast Optimal Global Sequence Alignment Algorithm; FOGSAA)는 개발되었다. 다른 틀은 본 명세서에서, 구체적으로 아래 "동일성"의 정의에서 기재되어 있다.

[0242] 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 용어 "상동성"은 폴리머 분자 사이, 예를 들면 핵산 분자 (예를 들면 DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 사이 및/또는 폴리펩타이드 분자 사이 전반적인 관련성을 지칭한다. 매칭 잔기의 정렬에 의해 결정된 유사성 또는 동일성의 역치 수준을 공유하는 폴리머 분자 (예를 들면 핵산 분자 (예를 들면 DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 및/또는 폴리펩타이드 분자)는 일명 상동성이다. 상동성은 분자 사이 관계를 기재하는 정성적 용어이고 정량적 유사성 또는 동일성에 기반될 수 있다. 유사성 또는 동일성은 2개의 비교된 서열 사이 서열 매치의 정도를 정의하는 정량적 용어이다. 일부 구현예에서, 폴리머 분자는 그것의 서열이 적어도 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 99% 동일 또는 유사하면 서로 "상동성"인 것으로 고려된다. 용어 "상동성"은 필연적으로 적어도 2종의 서열 (폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 서열) 사이 비교를 지칭한다. 2개의 폴리뉴클레오타이드 서열은 이들이 인코딩하는 폴리펩타이드가 적어도 20 아미노산의 적어도 1종의 스트레치에 대하여 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 또는 심지어 99%이면 상동성으로 고려된다. 일부 구현예에서, 상동성 폴리뉴클레오타이드 서열은 적어도 4-5 특유로 지정된 아미노산의 스트레치를 인코딩하는 능력을 특징으로 한다. 60 미만 뉴클레오타이드 길이의 폴리뉴클레오타이드 서열에 대하여, 상동성은 적어도 4-5 특유로 지정된 아미노산의 스트레치를 인코딩하는 능력에 의해 결정된다. 2개의 단백질 서열은 단백질이 적어도 20 아미노산의 적어도 1종의 스트레치에 대하여 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 또는 90% 동일하면 상동성으로 고려된다.

[0243] 상동성은 비교된 서열이 공통 기원으로부터 진화에서 갈라진 것을 암시한다. 용어 "동족체"는 공통 선구 서열의 혈통에 의해 제2 아미노산 서열 또는 핵산 서열에 관련되는 제1 아미노산 서열 또는 핵산 서열 (예를 들면, 유전자 (DNA 또는 RNA) 또는 단백질 서열)을 지칭한다. 용어 "동족체"는 종 형성의 이벤트에 의해 분리된 유전자 및/또는 단백질 사이 관계 또는 유전적 중복의 이벤트에 의해 분리된 유전자 및/또는 단백질 사이 관계에 적용할 수 있다. "오쏘로그"는 종 형성에 의해 공통 선구 유전자 (또는 단백질)로부터 방출된 상이한 종내 유전자 (또는 단백질)이다. 전형적으로, 오쏘로그는 진화의 과정에서 동일한 기능을 유지한다. "파라로그"는 계통 안에서 중복에 의해 관련된 유전자 (또는 단백질)이다. 오쏘로그는 진화의 과정에서 동일한 기능을 유지하고, 반면에 파라로그는, 이들이 최초의 것에 관련될지라도, 신규한 기능을 진화시킨다.

[0244] 용어 "동일성"은 폴리머 분자 사이, 예를 들면, 폴리뉴클레오타이드 분자 (예를 들면 DNA 분자 및/또는 RNA 분자) 사이 및/또는 폴리펩타이드 분자 사이 전반적인 관련성을 지칭한다. 2개의 다핵산 서열의 동일성 퍼센트의 계산은, 예를 들면, 최적의 비교 목적으로 2개 서열의 정렬에 의해 수행될 수 있다 (예를 들면, 갭은 최적의 정렬을 위하여 제1 및 제2 핵산 서열의 하나 또는 둘 모두에서 도입될 수 있고 비-동일 서열은 비교하기 위해 폐기될 수 있다). 특정 구현예에서, 비교하기 위해 정렬된 서열의 길이는 참조 서열의 길이의 적어도 30%, 적어도 40%, 적어도 50%, 적어도 60%, 적어도 70%, 적어도 80%, 적어도 90%, 적어도 95%, 또는 100%이다. 대응하는 뉴클레오타이드 위치에서 뉴클레오타이드는 그 다음 비교된다. 제1 서열에서 위치가 제2 서열에서 대응하는 위치로서 동일한 뉴클레오타이드에 의해 점유되는 경우, 분자는 그 위치에서 동일하다. 2개 서열 사이 동일성 퍼센트는, 2개 서열의 최적의 정렬을 위하여 도입될 필요가 있는, 각각의 갭의 길이 및, 갭의 수를 고려하여, 서열에 의해 공유된 동일한 위치의 수의 함수이다. 2개 서열 사이 동일성 퍼센트의 결정 및 서열의 비교는 수학적 알고리즘을 이용하여 달성될 수 있다. 예를 들면, 2개 핵산 서열 사이 동일성 퍼센트는 방법 예컨대 하기에 기재된 것을 이용하여 결정될 수 있다: Computational Molecular Biology, Lesk, A. M., ed., Oxford University Press, New York, 1988; Biocomputing: Informatics and Genome Projects, Smith, D. W., ed., Academic Press, New York, 1993; Sequence Analysis in Molecular Biology, von Heinje, G., Academic Press, 1987; Computer Analysis of Sequence Data, Part I, Griffin, A. M., 및 Griffin, H. G., eds., Humana Press, New Jersey, 1994; 및 Sequence Analysis Primer, Gribskov, M. and Devereux, J., eds., M Stockton Press, New York, 1991; 이들 각각은 본 명세서에 참고로 편입됨. 예를 들면, 2개 핵산 서열 사이 동일성 퍼센트는, PAM120 중량 잔기 표, 12의 갭 길이 페널티 및 4의 갭 페널티를 이용하여 ALIGN 프로그램 (버전 2.0) 속에 편입된, Meyers and Miller (CABIOS, 1989, 4:11-17)의 알고리즘을 이용하여 결정될 수 있다. 2개 핵산 서열 사이 동일성 퍼센트는, 대안적으로, NWSgapdna.CMP 매트릭스를 이용하는 GCG 소프트웨어 패키지에서 GAP 프로그램을 이용하여 결정될 수 있다. 서열 사이 동일성 퍼센트를 결정하는데 통상적으로 이용된 방법은, 비제한적으로, 본 명세서에 참고로 편입된, Carillo, H., and Lipman, D., SIAM J Applied Math., 48:1073 (1988)에서 개시된 것을 포함한다. 동일성 결정 기술은 공공연하게 이용가능한 컴퓨터 프로그램에서 성문화된다. 2개 서열 사이 상동성

을 결정하기 위한 예시적인 컴퓨터 소프트웨어는, 비제한적으로, GCG 프로그램 패키지, Devereux, J., 등, *Nucleic Acids Research*, 12, 387 (1984)), BLASTP, BLASTN, 및 FASTA Altschul, S. F. 등, *J. Molec. Biol.*, 215, 403 (1990))을 포함한다.

[0245] 다단백질 및 다성분 백신

[0246] 본 개시내용은, 단일 항원성 폴리펩타이드를 각각 인코딩하는, 다중 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 백신, 뿐만 아니라 (예를 들면, 융합 폴리펩타이드로서) 1 초과 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 단일 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 백신을 포함한다. 따라서, 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드 및 제2 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 백신 조성물은 (a) 제1 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 제1 RNA 폴리뉴클레오타이드 및 제2 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 제2 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 백신, 및 (b) (예를 들면, 융합 폴리펩타이드로서) 제1 및 제2 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 단일 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 백신을 포함한다. 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은, 일부 구현예에서, 2-10 (예를 들면, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10), 또는 초과, 열린 해독틀을 갖는 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 각각의 이들은 상이한 항원성 폴리펩타이드를 인코딩한다 (또는 단일 RNA 폴리뉴클레오타이드는 2-10, 또는 초과, 상이한 항원성 폴리펩타이드를 인코딩함). 항원성 폴리펩타이드는 본 명세서에서 기재된 임의의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드로부터 선택될 수 있다.

[0247] 일부 구현예에서, 다성분 백신은 신호 펩타이드 (예를 들면, 서열식별번호: 488-490)에 융합된 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 신호 펩타이드는 항원성 폴리펩타이드의 N-말단 또는 C-말단에서 융합될 수 있다.

[0248] 신호 펩타이드

[0249] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드에 의해 인코딩된 항원성 폴리펩타이드는 신호 펩타이드를 포함한다. 단백질의 N-말단 15-60 아미노산을 포함하는, 신호 펩타이드는 분비성 경로에서 막을 거쳐 전좌에 전형적으로 필요하고, 따라서, 분비성 경로로 진행생물 및 원핵생물 둘 모두에서 대부분의 단백질의 진입을 보편적으로 제어한다. 신호 펩타이드는 일반적으로 3개 영역을 포함한다: 일반적으로 양으로 하전된 아미노산을 포함하는, 상이한 길이의 N-말단 영역; 소수성 영역; 및 짧은 카복시-말단 펩타이드 영역. 진핵생물에서, 발생기 전구 단백질 (단백질원)의 신호 펩타이드는 조잡한 내형질 망 (ER) 막에 리보솜을 유도하고 가공을 위하여 이를 거쳐 성장 펩타이드 사슬의 수송을 개시한다. ER 가공은 성숙한 단백질을 생산하고, 여기에서 신호 펩타이드는, 전형적으로 숙주세포의 ER-상주하는 신호 펩티다아제에 의해, 전구 단백질로부터 절단되거나, 이들은 절단되지 않고 막 앵커로서 기능한다. 신호 펩타이드는 또한 단백질의 세포막에의 표적화를 용이하게 할 수 있다. 신호 펩타이드는, 그러나, 성숙한 단백질의 최종 목적지를 책임지지 않는다. 그들의 서열에서 추가의 어드레스 태그가 결여된 분비성 단백질은 외부 환경에 분비된 디폴트에 의한 것이다. 최근 동안, 신호 펩타이드의 더욱 진전된 관점은 진화되어, 특정 신호 펩타이드의 기능 및 면역우세가 이전에 기대된 것보다 훨씬 더 다용도인 것을 보여준다.

[0250] 본 개시내용의 인플루엔자 백신은, 예를 들면, 인공 신호 펩타이드를 인코딩하는 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있고, 여기에서 신호 펩타이드 코딩 서열은 항원성 폴리펩타이드의 코딩 서열에 작동 가능하게 연결되고 상기와 프레임이 된다. 따라서, 본 개시내용의 인플루엔자 백신은, 일부 구현예에서, 신호 펩타이드에 융합된 항원성 폴리펩타이드를 생산한다. 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 항원성 폴리펩타이드의 N-말단에 융합된다. 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 항원성 폴리펩타이드의 C-말단에 융합된다.

[0251] 일부 구현예에서, 항원성 폴리펩타이드에 융합된 신호 펩타이드는 인공 신호 펩타이드이다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의해 인코딩된 항원성 폴리펩타이드에 융합된 인공 신호 펩타이드는 면역글로불린 단백질, 예를 들면, IgE 신호 펩타이드 또는 IgG 신호 펩타이드로부터 수득된다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의해 인코딩된 항원성 폴리펩타이드에 융합된 신호 펩타이드는 하기의 서열을 갖는 Ig 중쇄 엡실론-1 신호 펩타이드 (IgE HC SP)이다: MDWTWILFLVAAATRVHS; 서열식별번호: 481. 일부 구현예에서, (예를 들면, mRNA) RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의해 인코딩된 항원성 폴리펩타이드에 융합된 신호 펩타이드는 하기의 서열을 갖는 IgGk 사슬 V-III 영역 HAH 신호 펩타이드 (IgGk SP)이다: METPAQLFLLLLWLPDTTG; 서열식별번호: 480. 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 하기로부터 선택된다: 일본 뇌염 PRM 신호 서열 (MLGNSGQRVVFITLLLLVAPAYS; 서열식별번호: 482), VSVg 단백질 신호 서열 (MKCLLYLAFLFIGVNCA; 서열식별번호: 483) 및 일본 뇌염 JEV 신호 서열 (MWLVSLAIIVTACAGA; 서열식별번호: 484).

- [0252] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의해 인코딩된 항원성 폴리펩타이드는 서열식별번호: 480-484 중 임의의 하나에 의해 확인된 신호 펩타이드에 융합된 서열식별번호: 1-444, 458, 460, 462-479 중 임의의 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 포함한다 (참조 또한 표 7-13). 본 명세서에서 개시된 예는 제한되는 의도가 아니고 세포막에 단백질의 표적화 및/또는 가공을 위하여 ER에 단백질의 표적화를 용이하게 하기 위해 당해 분야에서 공지되는 임의의 신호 펩타이드는 본 개시내용에 따르면 사용될 수 있다.
- [0253] 신호 펩타이드는 15-60 아미노산의 길이를 가질 수 있다. 예를 들면, 신호 펩타이드는 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 또는 60 아미노산의 길이를 가질 수 있다. 일부 구현예에서, 신호 펩타이드는 20-60, 25-60, 30-60, 35-60, 40-60, 45-60, 50-60, 55-60, 15-55, 20-55, 25-55, 30-55, 35-55, 40-55, 45-55, 50-55, 15-50, 20-50, 25-50, 30-50, 35-50, 40-50, 45-50, 15-45, 20-45, 25-45, 30-45, 35-45, 40-45, 15-40, 20-40, 25-40, 30-40, 35-40, 15-35, 20-35, 25-35, 30-35, 15-30, 20-30, 25-30, 15-25, 20-25, 또는 15-20 아미노산의 길이를 갖는다.
- [0254] 신호 펩타이드는 전형적으로 ER 가공 동안 절단 접합에서 발생기 폴리펩타이드로부터 절단된다. 본 개시내용의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의한 성숙한 항원성 폴리펩타이드 생산은 전형적으로 신호 펩타이드를 포함하지 않는다.
- [0255] 화학적 변형
- [0256] 본 개시내용의 인플루엔자 백신은, 일부 구현예에서, 적어도 1개의 화학적 변형을 포함하는 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 RNA (예를 들면 mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- [0257] 용어들 "화학적 변형" 및 "화학적으로 변형된"은 그것의 위치, 패턴, 퍼센트 또는 모집단 중 적어도 하나에서 아데노신 (A), 구아노신 (G), 우리딘 (U), 티미딘 (T) 또는 시티딘 (C) 리보뉴클레오사이드 또는 데옥시리보뉴클레오사이드에 대한 변형을 지칭한다. 일반적으로, 이들 용어들은 자연 발생 5'-말단 mRNA 캡 모이어티에서 리보뉴클레오타이드 변형을 지칭하지 않는다. 폴리펩타이드에 대해, 용어 "변형"은 표준적 세트 20종의 아미노산에 대한 변형을 지칭한다. 본 명세서에서 제공된 바와 같은 폴리펩타이드는, 또한 아미노산 치환, 삽입 또는 치환과 삽입의 조합을 함유하는 "변형된"인 것으로 간주된다.
- [0258] 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는, 일부 구현예에서, 다양한 (1 초과) 상이한 변형을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드의 특정 영역은 1, 2종 이상의 (선택적으로 상이한) 뉴클레오사이드 또는 뉴클레오타이드 변형을 함유한다. 일부 구현예에서, 세포 또는 유기체에 도입된 변형된 RNA 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, 변형된 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는, 비변형된 폴리뉴클레오타이드에 대한 세포 또는 유기체 각각에서의 감소된 열화를 나타낸다. 일부 구현예에서, 세포 또는 유기체에 도입된 변형된 RNA 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, 변형된 mRNA 폴리뉴클레오타이드)은, 세포 또는 유기체 각각에서의 감소된 면역원성을 나타낼 수 있다 (예를 들면, 감소된 타고난 반응).
- [0259] 폴리뉴클레오타이드의 변형은, 비제한적으로, 본 명세서에서 기재된 것을 포함한다. 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 자연 발생, 비-자연 발생인 변형을 포함할 수 있거나, 폴리뉴클레오타이드는 자연 발생과 비-자연 발생 변형의 조합을 포함할 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는, 예를 들면, 당, 핵염기, 또는 뉴클레오사이드간 연결에 대한 (예를 들면, 연결 포스페이트에 대한, 포스포디에스테르 결합에 대한 또는 포스포디에스테르 골격에 대한) 임의의 유용한 변형을 포함할 수 있다.
- [0260] 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는, 일부 구현예에서, 요망된 기능 또는 특성을 달성하기 위해 폴리뉴클레오타이드의 합성 또는 후-합성의 동안에 도입된 비-천연 변형된 뉴클레오타이드를 포함한다. 변형은 뉴클레오타이드간 연결기, 퓨린 또는 피리미딘 염기, 또는 당류 상에 존재할 수 있다. 변형은 사슬의 말단에서 또는 사슬 어디에서도 화학적 합성 또는 폴리머라제 효소와 함께 도입될 수 있다. 폴리뉴클레오타이드의 영역 중 임의의 것은 화학적으로 변형될 수 있다.
- [0261] 본 개시내용은 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)의 변형된 뉴클레오사이드 및 뉴클레오타이드를 제공한다. "뉴클레오사이드"은 당 분자 (예를 들면, 펜토스 또는 리보오스) 또는 그것의 유도체를 유기 염기 (예를 들면, 퓨린 또는 피리미딘) 또는 그것의 유도체 (또한 본 명세서에서 일명 "핵염기")와 함께 함유하는 화합물을 지칭한다. 뉴클레오타이드"은 포스페이트기를 포함하는 뉴클레오사이드를 지칭한다. 변형된 뉴클레오타이드는 임의의 유용한 방법, 예컨대, 예를 들면, 화학적으로, 효소

적으로, 또는 재조합으로 합성되어 1종 이상의 변형된 또는 비-천연 뉴클레오사이드를 포함할 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는 연결된 뉴클레오사이드의 영역 또는 영역들을 포함할 수 있다. 그와 같은 영역은 가변성 골격 연결기를 가질 수 있다. 연결기는 표준 포스포디에스테르 연결기일 수 있고, 이 경우에 폴리뉴클레오타이드는 뉴클레오타이드의 영역을 포함한다.

[0262] 변형된 뉴클레오타이드 염기 짝짓기는 표준 아데노신-티민, 아데노신-우라실, 또는 구아노신-시토신 염기쌍, 뿐만 아니라 뉴클레오타이드 및/또는 비-표준 또는 변형된 염기를 포함하는 변형된 뉴클레오타이드 사이에 형성된 염기쌍을 포괄하고, 수소 결합 공여체 및 수소 결합 수용체의 상기 배열은 비-표준 염기 및 표준 염기 사이 또는 2개의 상보적 비-표준 기본 구조 사이의 수소 결합을 허용한다. 그와 같은 비-표준 염기 짝짓기의 하나의 예는 변형된 뉴클레오타이드 이노신 및 아데닌, 시토신 또는 우라실 사이의 염기 짝짓기이다. 염기/당 또는 링커의 임의의 조합은 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드에 편입될 수 있다.

[0263] 본 개시내용의 백신에서 유용한 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)의 변형은, 비제한적으로 하기를 포함한다: 2-메틸티오-N6-(시스-하이드록시이소펜테닐)아데노신; 2-메틸티오-N6-메틸아데노신; 2-메틸티오-N6-트레오닐 카바모일아데노신; N6-글라이시닐카바모일아데노신; N6-이소펜테닐아데노신; N6-메틸아데노신; N6-트레오닐카바모일아데노신; 1,2'-O-디메틸아데노신; 1-메틸아데노신; 2'-O-메틸아데노신; 2'-O-리보실아데노신 (포스페이트); 2-메틸아데노신; 2-메틸티오-N6 이소펜테닐아데노신; 2-메틸티오-N6-하이드록시노르발릴 카바모일아데노신; 2'-O-메틸아데노신; 2'-O-리보실아데노신 (포스페이트); 이소펜테닐아데노신; N6-(시스-하이드록시이소펜테닐)아데노신; N6,2'-O-디메틸아데노신; N6,2'-O-디메틸아데노신; N6,N6,2'-O-트리메틸아데노신; N6,N6-디메틸아데노신; N6-아세틸아데노신; N6-하이드록시노르발릴카바모일아데노신; N6-메틸-N6-트레오닐카바모일아데노신; 2-메틸아데노신; 2-메틸티오-N6-이소펜테닐아데노신; 7-데아자-아데노신; N1-메틸-아데노신; N6, N6 (디메틸)아데닌; N6-시스-하이드록시-이소펜테닐-아데노신; α-티오-아데노신; 2 (아미노)아데닌; 2 (아미노프로필)아데닌; 2 (메틸티오) N6 (이소펜테닐)아데닌; 2-(알킬)아데닌; 2-(아미노알킬)아데닌; 2-(아미노프로필)아데닌; 2-(할로)아데닌; 2-(할로)아데닌; 2-(프로필)아데닌; 2'-아미노-2'-데옥시-ATP; 2'-아지도-2'-데옥시-ATP; 2'-데옥시-2'-a-아미노아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-a-아지도아데노신 TP; 6 (알킬)아데닌; 6 (메틸)아데닌; 6-(알킬)아데닌; 6-(메틸)아데닌; 7 (데아자)아데닌; 8 (알케닐)아데닌; 8 (알키닐)아데닌; 8 (아미노)아데닌; 8 (티오알킬)아데닌; 8-(알케닐)아데닌; 8-(알킬)아데닌; 8-(알키닐)아데닌; 8-(아미노)아데닌; 8-(할로)아데닌; 8-(하이드록실)아데닌; 8-(티오알킬)아데닌; 8-(티올)아데닌; 8-아지도-아데노신; 아자 아데닌; 데아자 아데닌; N6 (메틸)아데닌; N6-(이소펜테닐)아데닌; 7-데아자-8-아자-아데노신; 7-메틸아데닌; 1-데아자아데노신 TP; 2'플루오로-N6-Bz-데옥시아데노신 TP; 2'-OMe-2-아미노-ATP; 2'O-메틸-N6-Bz-데옥시아데노신 TP; 2'-a-에티닐아데노신 TP; 2-아미노아데닌; 2-아미노아데노신 TP; 2-아미노-ATP; 2'-a-트리플루오로메틸아데노신 TP; 2-아지도아데노신 TP; 2'-b-에티닐아데노신 TP; 2-브로모아데노신 TP; 2'-b-트리플루오로메틸아데노신 TP; 2-클로로아데노신 TP; 2'-데옥시-2',2'-디플루오로아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-a-머캅토아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-a-티오메톡시아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-아미노아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-아지도아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-브로모아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-클로로아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-플루오로아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-아이오도아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-머캅토아데노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-티오메톡시아데노신 TP; 2-플루오로아데노신 TP; 2-아이오도아데노신 TP; 2-머캅토아데노신 TP; 2-메톡시-아데닌; 2-메틸티오-아데닌; 2-트리플루오로메틸아데노신 TP; 3-데아자-3-브로모아데노신 TP; 3-데아자-3-클로로아데노신 TP; 3-데아자-3-플루오로아데노신 TP; 3-데아자-3-아이오도아데노신 TP; 3-데아자아데노신 TP; 4'-아지도아데노신 TP; 4'-탄소환형 아데노신 TP; 4'-에티닐아데노신 TP; 5'-호모-아데노신 TP; 8-아자-ATP; 8-브로모-아데노신 TP; 8-트리플루오로메틸아데노신 TP; 9-데아자아데노신 TP; 2-아미노퓨린; 7-데아자-2,6-디아미노퓨린; 7-데아자-8-아자-2,6-디아미노퓨린; 7-데아자-8-아자-2-아미노퓨린; 2,6-디아미노퓨린; 7-데아자-8-아자-아데닌, 7-데아자-2-아미노퓨린; 2-티오시티딘; 3-메틸시티딘; 5-포르밀시티딘; 5-하이드록시메틸시티딘; 5-메틸시티딘; N4-아세틸시티딘; 2'-O-메틸시티딘; 2'-O-메틸시티딘; 5,2'-O-디메틸시티딘; 5-포르밀-2'-O-메틸시티딘; 라이시딘; N4,2'-O-디메틸시티딘; N4-아세틸-2'-O-메틸시티딘; N4-메틸시티딘; N4,N4-디메틸-2'-OMe-시티딘 TP; 4-메틸시티딘; 5-아자-시티딘; 슈도-이소-시티딘; 피롤로-시티딘; α-티오-시티딘; 2-(티오)시토신; 2'-아미노-2'-데옥시-CTP; 2'-아지도-2'-데옥시-CTP; 2'-데옥시-2'-a-아미노시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-a-아지도시티딘 TP; 3 (데아자) 5 (아자)시토신; 3 (메틸)시토신; 3-(알킬)시토신; 3-(데아자) 5 (아자)시토신; 3-(메틸)시티딘; 4,2'-O-디메틸시티딘; 5 (할로)시토신; 5 (메틸)시토신; 5 (프로피닐)시토신; 5 (트리플루오로메틸)시토신; 5-(알킬)시토신; 5-(알키닐)시토신; 5-(할로)시토신; 5-(프로피닐)시토신; 5-(트리플루오로메틸)시토신; 5-브로모-시티딘; 5-아이오도-시티딘; 5-프로피닐 시토신; 6-(아조)시토신; 6-아자-시티딘; 아자 시토신; 데아자 시토신; N4 (아세틸)시토신; 1-메틸-1-데아자-슈도이소시티딘;

1-메틸-슈도이소시티딘; 2-메톡시-5-메틸-시티딘; 2-메톡시-시티딘; 2-티오-5-메틸-시티딘; 4-메톡시-1-메틸-슈도이소시티딘; 4-메톡시-슈도이소시티딘; 4-티오-1-메틸-1-데아자-슈도이소시티딘; 4-티오-1-메틸-슈도이소시티딘; 4-티오-슈도이소시티딘; 5-아자-제불라린; 5-메틸-제불라린; 피롤로-슈도이소시티딘; 제불라린; (E)-5-(2-브로모-비닐)시티딘 TP; 2,2'-안하이드로-시티딘 TP 하이드로클로라이드; 2'플루오르-N4-Bz-시티딘 TP; 2'플루오르-N4-아세틸-시티딘 TP; 2'-O-메틸-N4-아세틸-시티딘 TP; 2'O-메틸-N4-Bz-시티딘 TP; 2'-a-에티닐시티딘 TP; 2'-a-트리플루오로메틸시티딘 TP; 2'-b-에티닐시티딘 TP; 2'-b-트리플루오로메틸시티딘 TP; 2'-데옥시-2',2'-디플루오로시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-a-머캅토시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-a-티오메톡시시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-아미노시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-아지도시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-브로모시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-클로로시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-플루오로시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-아이오도시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-머캅토시티딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-티오메톡시시티딘 TP; 2'-O-메틸-5-(1-프로피닐)시티딘 TP; 3'-에티닐시티딘 TP; 4'-아지도시티딘 TP; 4'-탄소환형 시티딘 TP; 4'-에티닐시티딘 TP; 5-(1-프로피닐)아라-시티딘 TP; 5-(2-클로로-페닐)-2-티오시티딘 TP; 5-(4-아미노-페닐)-2-티오시티딘 TP; 5-아미노알릴-CTP; 5-시아노시티딘 TP; 5-에티닐아라-시티딘 TP; 5-에티닐시티딘 TP; 5'-호모-시티딘 TP; 5-메톡시시티딘 TP; 5-트리플루오로메틸-시티딘 TP; N4-아미노-시티딘 TP; N4-벤조일-시티딘 TP; 슈도이소시티딘; 7-메틸구아노신; N2,2'-O-디메틸구아노신; N2-메틸구아노신; 와이오신; 1,2'-O-디메틸구아노신; 1-메틸구아노신; 2'-O-메틸구아노신; 2'-O-리보실구아노신 (포스페이트); 2'-O-메틸구아노신; 2'-O-리보실구아노신 (포스페이트); 7-아미노메틸-7-데아자구아노신; 7-시아노-7-데아자구아노신; 아케오신; 메틸와이오신; N2,7-디메틸구아노신; N2,N2,2'-O-트리메틸구아노신; N2,N2,7-트리메틸구아노신; N2,N2-디메틸구아노신; N2,7,2'-O-트리메틸구아노신; 6-티오-구아노신; 7-데아자-구아노신; 8-옥소-구아노신; N1-메틸-구아노신; α-티오-구아노신; 2 (프로필)구아닌; 2-(알킬)구아닌; 2'-아미노-2'-데옥시-GTP; 2'-아지도-2'-데옥시-GTP; 2'-데옥시-2'-a-아미노구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-a-아지도구아노신 TP; 6 (메틸)구아닌; 6-(알킬)구아닌; 6-(메틸)구아닌; 6-메틸-구아노신; 7 (알킬)구아닌; 7 (데아자)구아닌; 7 (메틸)구아닌; 7-(알킬)구아닌; 7-(데아자)구아닌; 7-(메틸)구아닌; 8 (알킬)구아닌; 8 (알킬)구아닌; 8 (할로)구아닌; 8 (티오알킬)구아닌; 8-(알케닐)구아닌; 8-(알킬)구아닌; 8-(알킬)구아닌; 8-(아미노)구아닌; 8-(할로)구아닌; 8-(하이드록실)구아닌; 8-(티오알킬)구아닌; 8-(티올)구아닌; 아자 구아닌; 데아자 구아닌; N (메틸)구아닌; N-(메틸)구아닌; 1-메틸-6-티오-구아노신; 6-메톡시-구아노신; 6-티오-7-데아자-8-아자-구아노신; 6-티오-7-데아자-구아노신; 6-티오-7-메틸-구아노신; 7-데아자-8-아자-구아노신; 7-메틸-8-옥소-구아노신; N2,N2-디메틸-6-티오-구아노신; N2-메틸-6-티오-구아노신; 1-Me-GTP; 2'플루오르-N2-이소부틸-구아노신 TP; 2'O-메틸-N2-이소부틸-구아노신 TP; 2'-a-에티닐구아노신 TP; 2'-a-트리플루오로메틸구아노신 TP; 2'-b-에티닐구아노신 TP; 2'-b-트리플루오로메틸구아노신 TP; 2'-데옥시-2',2'-디플루오로구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-a-머캅토구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-a-티오메톡시구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-아미노구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-아지도구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-브로모구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-클로로구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-플루오로구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-아이오도구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-머캅토구아노신 TP; 2'-데옥시-2'-b-티오메톡시구아노신 TP; 4'-아지도구아노신 TP; 4'-탄소환형 구아노신 TP; 4'-에티닐구아노신 TP; 5'-호모-구아노신 TP; 8-브로모-구아노신 TP; 9-데아자구아노신 TP; N2-이소부틸-구아노신 TP; 1-메틸이노신; 이노신; 1,2'-O-디메틸이노신; 2'-O-메틸이노신; 7-메틸이노신; 2'-O-메틸이노신; 에폭시퀘우오신; 갈락토실-퀘우오신; 만노실퀘우오신; 퀘우오신; 아릴아미노-티미딘; 아자 티미딘; 데아자 티미딘; 데옥시-티미딘; 2'-O-메틸우리딘; 2-티오우리딘; 3-메틸우리딘; 5-카복시메틸우리딘; 5-하이드록시우리딘; 5-메틸우리딘; 5-타우리노메틸-2-티오우리딘; 5-타우리노메틸우리딘; 디하이드로우리딘; 슈도우리딘; (3-(3-아미노-3-카복시프로필)우리딘; 1-메틸-3-(3-아미노-5-카복시프로필)슈도우리딘; 1-메틸슈도우리딘; 1-메틸-슈도우리딘; 2'-O-메틸우리딘; 2'-O-메틸슈도우리딘; 2'-O-메틸우리딘; 2-티오-2'-O-메틸우리딘; 3-(3-아미노-3-카복시프로필)우리딘; 3,2'-O-디메틸우리딘; 3-메틸-슈도-우리딘 TP; 4-티오우리딘; 5-(카복시하이드록시메틸)우리딘; 5-(카복시하이드록시메틸)우리딘 메틸 에스테르; 5,2'-O-디메틸우리딘; 5,6-디하이드로-우리딘; 5-아미노메틸-2-티오우리딘; 5-카바모일메틸-2'-O-메틸우리딘; 5-카바모일메틸우리딘; 5-카복시하이드록시메틸우리딘; 5-카복시하이드록시메틸우리딘 메틸 에스테르; 5-카복시메틸아미노메틸-2'-O-메틸우리딘; 5-카복시메틸아미노메틸-2-티오우리딘; 5-카복시메틸아미노메틸-2-티오우리딘; 5-카복시메틸아미노메틸우리딘; 5-카복시메틸아미노메틸우리딘; 5-카바모일메틸우리딘 TP; 5-메톡시카보닐메틸-2'-O-메틸우리딘; 5-메톡시카보닐메틸-2-티오우리딘; 5-메톡시카보닐메틸우리딘; 5-메톡시우리딘; 5-메틸-2-티오우리딘; 5-메틸아미노메틸-2-셀레노우리딘; 5-메틸아미노메틸-2-티오우리딘; 5-메틸아미노메틸우리딘; 5-메틸디하이드로우리딘; 5-옥시아세트산-우리딘 TP; 5-옥시아세트산-메틸 에스테르-우리딘 TP; N1-메틸-슈도-우리딘; 우리딘 5-옥시아세트산; 우리딘 5-옥시아세트산 메틸 에스테르; 3-(3-아미노-3-카복시프로필)-우리딘 TP; 5-(이소-펜테닐아미노메틸)-2-티오우리딘 TP; 5-(이소-펜테닐아미노메틸)-2'-O-메틸우리딘 TP; 5-(이소-펜테닐아미노메틸)우리딘 TP; 5-프로피닐 우라실; α-티오-우리

1- (아미노알킬아미노-카보닐에틸레닐)-2(티오)-슈도우라실; 1- (아미노알킬아미노카보닐에틸레닐)-2,4-(디티오)슈도우라실; 1- (아미노알킬아미노카보닐에틸레닐)-4(티오)슈도우라실; 1- (아미노알킬아미노카보닐에틸레닐)-슈도우라실; 1- (아미노카보닐에틸레닐)-2(티오)-슈도우라실; 1- (아미노카보닐에틸레닐)-2,4-(디티오)슈도우라실; 1- (아미노카보닐에틸레닐)-4(티오)슈도우라실; 1- (아미노카보닐에틸레닐)-슈도우라실; 1- 치환된 2(티오)-슈도우라실; 1- 치환된 2,4-(디티오)슈도우라실; 1- 치환된 4(티오)슈도우라실; 1- 치환된 슈도우라실; 1-(아미노알킬아미노-카보닐에틸레닐)-2-(티오)-슈도우라실; 1-메틸-3-(3-아미노-3-카복시프로필) 슈도우리딘 TP; 1-메틸-3-(3-아미노-3-카복시프로필)슈도-UTP; 1-메틸-슈도-UTP; 2(티오)슈도우라실; 2' 테옥시 우리딘; 2' 플루오로우리딘; 2-(티오)우라실; 2,4-(디티오)슈도우라실; 2' 메틸, 2'아미노, 2'아지도, 2'플루로-구아노신; 2'-아미노-2'-테옥시-UTP; 2'-아지도-2'-테옥시-UTP; 2'-아지도-테옥시우리딘 TP; 2'-0-메틸슈도우리딘; 2' 테옥시우리딘; 2' 플루오로우리딘; 2'-테옥시-2'-a-아미노우리딘 TP; 2'-테옥시-2'-a-아지도우리딘 TP; 2-메틸슈도우리딘; 3 (3 아미노-3 카복시프로필)우라실; 4 (티오)슈도우라실; 4-(티오)슈도우라실; 4-(티오)우라실; 4-티오우라실; 5 (1,3-디아졸-1-알킬)우라실; 5 (2-아미노프로필)우라실; 5 (아미노알킬)우라실; 5 (디메틸아미노알킬)우라실; 5 (구아니디늄알킬)우라실; 5 (메톡시카보닐메틸)-2-(티오)우라실; 5 (메톡시카보닐-메틸)우라실; 5 (메틸) 2 (티오)우라실; 5 (메틸) 2,4 (디티오)우라실; 5 (메틸) 4 (티오)우라실; 5 (메틸아미노메틸)-2 (티오)우라실; 5 (메틸아미노메틸)-2,4 (디티오)우라실; 5 (메틸아미노메틸)-4 (티오)우라실; 5 (프로피닐)우라실; 5 (트리플루오로메틸)우라실; 5-(2-아미노프로필)우라실; 5-(알킬)-2-(티오)슈도우라실; 5-(알킬)-2,4 (디티오)슈도우라실; 5-(알킬)-4 (티오)슈도우라실; 5-(알킬)슈도우라실; 5-(알킬)우라실; 5-(알킬)닐)우라실; 5-(알릴아미노)우라실; 5-(시아노알킬)우라실; 5-(디알킬아미노알킬)우라실; 5-(디메틸아미노알킬)우라실; 5-(구아니디늄알킬)우라실; 5-(할로)우라실; 5-(1,3-디아졸-1-알킬)우라실; 5-(메톡시)우라실; 5-(메톡시카보닐메틸)-2-(티오)우라실; 5-(메톡시카보닐-메틸)우라실; 5-(메틸) 2(티오)우라실; 5-(메틸) 2,4 (디티오)우라실; 5-(메틸) 4 (티오)우라실; 5-(메틸)-2-(티오)슈도우라실; 5-(메틸)-2,4 (디티오)슈도우라실; 5-(메틸)-4(티오)슈도우라실; 5-(메틸)슈도우라실; 5-(메틸아미노메틸)-2 (티오)우라실; 5-(메틸아미노메틸)-2,4(디티오)우라실; 5-(메틸아미노메틸)-4-(티오)우라실; 5-(프로피닐)우라실; 5-(트리플루오로메틸)우라실; 5-아미노알릴-우리딘; 5-브로모-우리딘; 5-아이오도-우리딘; 5-우라실; 6 (아조)우라실; 6-(아조)우라실; 6-아자-우리딘; 아릴아미노-우라실; 아자 우라실; 데아자 우라실; N3 (메틸)우라실; 슈도-UTP-1-2-에탄산; 슈도우라실; 4-티오-슈도-UTP; 1-카복시메틸-슈도우리딘; 1-메틸-1-데아자-슈도우리딘; 1-프로피닐-우리딘; 1-타우리노메틸-1-메틸-우리딘; 1-타우리노메틸-4-티오-우리딘; 1-타우리노메틸-슈도우리딘; 2-메톡시-4-티오-슈도우리딘; 2-티오-1-메틸-1-데아자-슈도우리딘; 2-티오-1-메틸-슈도우리딘; 2-티오-5-아자-우리딘; 2-티오-디하이드로슈도우리딘; 2-티오-디하이드로우리딘; 2-티오-슈도우리딘; 4-메톡시-2-티오-슈도우리딘; 4-메톡시-슈도우리딘; 4-티오-1-메틸-슈도우리딘; 4-티오-슈도우리딘; 5-아자-우리딘; 디하이드로슈도우리딘; (±)1-(2-하이드록시프로필)슈도우리딘 TP; (2R)-1-(2-하이드록시프로필)슈도우리딘 TP; (2S)-1-(2-하이드록시프로필)슈도우리딘 TP; (E)-5-(2-브로모-비닐)아라-우리딘 TP; (E)-5-(2-브로모-비닐)우리딘 TP; (Z)-5-(2-브로모-비닐)아라-우리딘 TP; (Z)-5-(2-브로모-비닐)우리딘 TP; 1-(2,2,2-트리플루오로에틸)-슈도-UTP; 1-(2,2,3,3,3-펜타플루오로프로필)슈도우리딘 TP; 1-(2,2-디에톡시에틸)슈도우리딘 TP; 1-(2,4,6-트리메틸벤질)슈도우리딘 TP; 1-(2,4,6-트리메틸-벤질)슈도-UTP; 1-(2,4,6-트리메틸-페닐)슈도-UTP; 1-(2-아미노-2-카복시에틸)슈도-UTP; 1-(2-아미노-에틸)슈도-UTP; 1-(2-하이드록시에틸)슈도우리딘 TP; 1-(2-메톡시에틸)슈도우리딘 TP; 1-(3,4-비스-트리플루오로메톡시벤질)슈도우리딘 TP; 1-(3,4-디메톡시벤질)슈도우리딘 TP; 1-(3-아미노-3-카복시프로필)슈도-UTP; 1-(3-아미노-프로필)슈도-UTP; 1-(3-사이클로프로필-프로프-2-yn일)슈도우리딘 TP; 1-(4-아미노-4-카복시부틸)슈도-UTP; 1-(4-아미노-벤질)슈도-UTP; 1-(4-아미노-부틸)슈도-UTP; 1-(4-아미노-페닐)슈도-UTP; 1-(4-아지도벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-브로모벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-클로로벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-플루오로벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-아이오도벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-메탄설폰닐벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-메톡시벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-메톡시-벤질)슈도-UTP; 1-(4-메톡시-페닐)슈도-UTP; 1-(4-메틸벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-메틸-벤질)슈도-UTP; 1-(4-니트로벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-니트로-벤질)슈도-UTP; 1(4-니트로-페닐)슈도-UTP; 1-(4-티오메톡시벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-트리플루오로메톡시벤질)슈도우리딘 TP; 1-(4-트리플루오로메틸벤질)슈도우리딘 TP; 1-(5-아미노-펜틸)슈도-UTP; 1-(6-아미노-헥실)슈도-UTP; 1,6-디메틸-슈도-UTP; 1-[3-(2-{2-[2-(2-아미노에톡시)-에톡시]-에톡시}-프로피오닐)슈도우리딘 TP; 1-{3-[2-(2-아미노에톡시)-에톡시]-프로피오닐 } 슈도우리딘 TP; 1-아세틸슈도우리딘 TP; 1-알킬-6-(1-프로피닐)-슈도-UTP; 1-알킬-6-(2-프로피닐)-슈도-UTP; 1-알킬-6-알릴-슈도-UTP; 1-알킬-6-에틸닐-슈도-UTP; 1-알킬-6-호모알릴-슈도-UTP; 1-알킬-6-비닐-슈도-UTP; 1-알릴슈도우리딘 TP; 1-아미노메틸-슈도-UTP; 1-벤조일슈도우리딘 TP; 1-벤질옥시메틸슈도우리딘 TP; 1-벤질-슈도-UTP; 1-바이오틴-PEG2-슈도우리딘 TP; 1-바이오틴슈도우리딘 TP; 1-부틸-슈도-UTP; 1-시아노메틸슈도우리딘 TP; 1-사이클로부틸메틸-슈도-UTP; 1-사이클로부틸-슈도-UTP; 1-사이클로헥틸메틸-슈도-UTP; 1-사이클로헥틸-슈도-UTP;

도-UTP; 1-사이클로헥실메틸-슈도-UTP; 1-사이클로헥실-슈도-UTP; 1-사이클로옥틸메틸-슈도-UTP; 1-사이클로옥틸-슈도-UTP; 1-사이클로펜틸메틸-슈도-UTP; 1-사이클로펜틸-슈도-UTP; 1-사이클로프로필메틸-슈도-UTP; 1-사이클로프로필-슈도-UTP; 1-에틸-슈도-UTP; 1-헥실-슈도-UTP; 1-호모알릴슈도우리딘 TP; 1-하이드록시메틸슈도우리딘 TP; 1-이소-프로필-슈도-UTP; 1-Me-2-티오-슈도-UTP; 1-Me-4-티오-슈도-UTP; 1-Me-알파-티오-슈도-UTP; 1-메탄설폰닐메틸슈도우리딘 TP; 1-메톡시메틸슈도우리딘 TP; 1-메틸-6-(2,2,2-트리플루오로에틸)슈도-UTP; 1-메틸-6-(4-모폴리노)-슈도-UTP; 1-메틸-6-(4-티오모폴리노)-슈도-UTP; 1-메틸-6-(치환된 페닐)슈도-UTP; 1-메틸-6-아미노-슈도-UTP; 1-메틸-6-아지도-슈도-UTP; 1-메틸-6-브로모-슈도-UTP; 1-메틸-6-부틸-슈도-UTP; 1-메틸-6-클로로-슈도-UTP; 1-메틸-6-시아노-슈도-UTP; 1-메틸-6-디메틸아미노-슈도-UTP; 1-메틸-6-에톡시-슈도-UTP; 1-메틸-6-에틸카복실레이트-슈도-UTP; 1-메틸-6-에틸-슈도-UTP; 1-메틸-6-플루오로-슈도-UTP; 1-메틸-6-포르밀-슈도-UTP; 1-메틸-6-하이드록시아미노-슈도-UTP; 1-메틸-6-하이드록시-슈도-UTP; 1-메틸-6-아이오도-슈도-UTP; 1-메틸-6-이소-프로필-슈도-UTP; 1-메틸-6-메톡시-슈도-UTP; 1-메틸-6-메틸아미노-슈도-UTP; 1-메틸-6-페닐-슈도-UTP; 1-메틸-6-프로필-슈도-UTP; 1-메틸-6-tert-부틸-슈도-UTP; 1-메틸-6-트리플루오로메톡시-슈도-UTP; 1-메틸-6-트리플루오로메틸-슈도-UTP; 1-모폴리노메틸슈도우리딘 TP; 1-펜틸-슈도-UTP; 1-페닐-슈도-UTP; 1-피발로일슈도우리딘 TP; 1-프로파르길슈도우리딘 TP; 1-프로필-슈도-UTP; 1-프로피닐-슈도우리딘; 1-p-톨릴-슈도-UTP; 1-tert-부틸-슈도-UTP; 1-티오메톡시메틸슈도우리딘 TP; 1-티오모폴리노메틸슈도우리딘 TP; 1-트리플루오로아세틸슈도우리딘 TP; 1-트리플루오로메틸-슈도-UTP; 1-비닐슈도우리딘 TP; 2,2'-안하이드로-우리딘 TP; 2'-브로모-데옥시우리딘 TP; 2'-F-5-메틸-2'-데옥시-UTP; 2'-OMe-5-Me-UTP; 2'-OMe-슈도-UTP; 2'-a-에티닐우리딘 TP; 2'-a-트리플루오로메틸우리딘 TP; 2'-b-에티닐우리딘 TP; 2'-b-트리플루오로메틸우리딘 TP; 2'-데옥시-2',2'-디플루오로우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-a-머캅토우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-a-티오메톡시우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-아미노우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-아지도우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-브로모우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-클로로우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-플루오로우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-아이오도우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-머캅토우리딘 TP; 2'-데옥시-2'-b-티오메톡시우리딘 TP; 2-메톡시-4-티오-우리딘; 2-메톡시우리딘; 2'-O-메틸-5-(1-프로피닐)우리딘 TP; 3-알킬-슈도-UTP; 4'-아지도우리딘 TP; 4'-탄소환형 우리딘 TP; 4'-에티닐우리딘 TP; 5-(1-프로피닐)아라-우리딘 TP; 5-(2-푸라닐)우리딘 TP; 5-시아노우리딘 TP; 5-디메틸아미노우리딘 TP; 5'-호모-우리딘 TP; 5-아이오도-2'-플루오로-데옥시우리딘 TP; 5-페닐에티닐우리딘 TP; 5-트리듀테로메틸-6-듀테로우리딘 TP; 5-트리플루오로메틸-우리딘 TP; 5-비닐아라우리딘 TP; 6-(2,2,2-트리플루오로에틸)-슈도-UTP; 6-(4-모폴리노)-슈도-UTP; 6-(4-티오모폴리노)-슈도-UTP; 6-(치환된-페닐)-슈도-UTP; 6-아미노-슈도-UTP; 6-아지도-슈도-UTP; 6-브로모-슈도-UTP; 6-부틸-슈도-UTP; 6-클로로-슈도-UTP; 6-시아노-슈도-UTP; 6-디메틸아미노-슈도-UTP; 6-에톡시-슈도-UTP; 6-에틸카복실레이트-슈도-UTP; 6-에틸-슈도-UTP; 6-플루오로-슈도-UTP; 6-포르밀-슈도-UTP; 6-하이드록시아미노-슈도-UTP; 6-하이드록시-슈도-UTP; 6-아이오도-슈도-UTP; 6-이소-프로필-슈도-UTP; 6-메톡시-슈도-UTP; 6-메틸아미노-슈도-UTP; 6-메틸-슈도-UTP; 6-페닐-슈도-UTP; 6-페닐-슈도-UTP; 6-프로필-슈도-UTP; 6-tert-부틸-슈도-UTP; 6-트리플루오로메톡시-슈도-UTP; 6-트리플루오로메틸-슈도-UTP; 알파-티오-슈도-UTP; 슈도우리딘 1-(4-메틸벤젠설포산) TP; 슈도우리딘 1-(4-메틸벤조산) TP; 슈도우리딘 TP 1-[3-(2-에톡시)]프로피온산; 슈도우리딘 TP 1-[3-{2-(2-[2-(2-에톡시)-에톡시]-에톡시)-에톡시}]프로피온산; 슈도우리딘 TP 1-[3-{2-(2-[2-{2(2-에톡시)-에톡시}-에톡시]-에톡시)-에톡시}]프로피온산; 슈도우리딘 TP 1-[3-{2-(2-[2-에톡시]-에톡시)-에톡시}]프로피온산; 슈도우리딘 TP 1-[3-(2-(2-에톡시)-에톡시)] 프로피온산; 슈도우리딘 TP 1-메틸포스포산; 슈도우리딘 TP 1-메틸포스포산 디에틸 에스테르; 슈도-UTP-N1-3-프로피온산; 슈도-UTP-N1-4-부탄산; 슈도-UTP-N1-5-펜탄산; 슈도-UTP-N1-6-헥산산; 슈도-UTP-N1-7-헵탄산; 슈도-UTP-N1-메틸-p-벤조산; 슈도-UTP-N1-p-벤조산; 와이부토신; 하이드록시와이부토신; 이소와이오신; 피옥시와이부토신; 변형되지 않은 하이드록시와이부토신; 4-데메틸와이오신; 2,6-(디아미노)퓨린; 1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜옥사진-1-일; 1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜티아진-1-일; 1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜옥사진-1-일; 1,3,5-(트리아자)-2,6-(디옥사)-나프탈렌; 2 (아미노)퓨린; 2,4,5-(트리메틸)페닐; 2' 메틸, 2'아미노, 2'아지도, 2'플루로-시티딘; 2' 메틸, 2'아미노, 2'아지도, 2'플루로-아데닌; 2' 메틸, 2'아미노, 2'아지도, 2'플루로-우리딘; 2'-아미노-2'-데옥시리보스; 2-아미노-6-클로로-퓨린; 2-아자-이노시닐; 2'-아지도-2'-데옥시리보스; 2'플루오로-2'-데옥시리보스; 2'-플루오로-변형된 염기; 2'-O-메틸-리보오스; 2-옥소-7-아미노피리도피리미딘-3-일; 2-옥소-피리도피리미딘-3-일; 2-피리디논; 3 니트로피롤; 3-(메틸)-7-(프로피닐)이소카보스티릴릴; 3-(메틸)이소카보스티릴릴; 4-(플루오로)-6-(메틸)벤즈이미다졸; 4-(메틸)벤즈이미다졸; 4-(메틸)인돌릴; 4,6-(디메틸)인돌릴; 5 니트로인돌; 5 치환된 피리미딘; 5-(메틸)이소카보스티릴릴; 5-니트로인돌; 6-(아자)피리미딘; 6-(아조)티민; 6-(메틸)-7-(아자)인돌릴; 6-클로로-퓨린; 6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 7-(아미노알킬하이드록시)-1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜티아진-1-일; 7-(아미노알킬하이드록시)-1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜옥사진-1-일; 7-(아미노알킬하이드록시)-1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜옥사진-1-일; 7-(아미노알킬하이드록시)-1,3-

(디아자)-2-(옥소)-펜티아진-1-일; 7-(아미노알킬하이드록시)-1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜옥사진-1-일; 7-(아자)인돌릴; 7-(구아니디늄알킬하이드록시)-1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜옥사진-1-일; 7-(구아니디늄알킬하이드록시)-1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜티아진-1-일; 7-(구아니디늄알킬하이드록시)-1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜옥사진-1-일; 7-(구아니디늄알킬하이드록시)-1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜옥사진-1-일; 7-(구아니디늄알킬하이드록시)-1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜티아진-1-일; 7-(구아니디늄알킬하이드록시)-1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜옥사진-1-일; 7-(프로피닐)이소카보스티릴릴; 7-(프로피닐)이소카보스티릴릴, 프로피닐-7-(아자)인돌릴; 7-데아자-이노시닐; 7-치환된 1-(아자)-2-(티오)-3-(아자)-펜옥사진-1-일; 7-치환된 1,3-(디아자)-2-(옥소)-펜옥사진-1-일; 9-(메틸)이미디조피리디닐; 아미노인돌릴; 안트라세닐; 비스-오르토-(아미노알킬하이드록시)-6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 비스-오르토-치환된-6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 디플루오로톨릴; 하이포잔틴; 이미디조피리디닐; 이노시닐; 이소카보스티릴릴; 이소구아니신; N2-치환된 퓨린; N6-메틸-2-아미노-퓨린; N6-치환된 퓨린; N-알킬화된 유도체; 나프탈레닐; 니트로벤즈이미다졸릴; 니트로이미다졸릴; 니트로인다졸릴; 니트로피라졸릴; 뉴블라린; O6-치환된 퓨린; O-알킬화된 유도체; 오르토-(아미노알킬하이드록시)-6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 오르토-치환된-6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 옥스포마이신 TP; 파라-(아미노알킬하이드록시)-6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 파라-치환된-6-페닐-피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 펜타세닐; 펜안트라세닐; 페닐; 프로피닐-7-(아자)인돌릴; 피레닐; 피리도피리미딘-3-일; 피리도피리미딘-3-일, 2-옥소-7-아미노-피리도피리미딘-3-일; 피롤로-피리미딘-2-온-3-일; 피롤로피리미디닐; 피롤로피리지닐; 스틸벤질; 치환된 1,2,4-트리아졸; 테트라세닐; 투베르시딘; 잔틴; 크산토신-5'-TP; 2-티오-제볼라린; 5-아자-2-티오-제볼라린; 7-데아자-2-아미노-퓨린; 피리딘-4-온 리보뉴클레오사이드; 2-아미노-리보사이드-TP; 포마이신 A TP; 포마이신 B TP; 피롤로신 TP; 2'-OH-아라-아데노신 TP; 2'-OH-아라-시티딘 TP; 2'-OH-아라-우리딘 TP; 2'-OH-아라-구아노신 TP; 5-(2-카보메톡시비닐)우리딘 TP; 및 N6-(19-아미노-펜타옥사노나데실)아데노신 TP.

[0264] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 상기 언급된 변형된 핵염기 중 적어도 2종 (예를 들면, 2, 3, 4 또는 그 초과 종의) 조합을 포함한다.

[0265] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드) 중 변형된 핵염기는 슈도우리딘 (Ψ), N1-메틸슈도우리딘 ($m^1\Psi$), 2-티오우리딘, N1-에틸슈도우리딘, 4'-티오우리딘, 5-메틸시토신, 2-티오-1-메틸-1-데아자-슈도우리딘, 2-티오-1-메틸-슈도우리딘, 2-티오-5-아자-우리딘, 2-티오-디하이드로슈도우리딘, 2-티오-디하이드로우리딘, 2-티오-슈도우리딘, 4-메톡시-2-티오-슈도우리딘, 4-메톡시-슈도우리딘, 4-티오-1-메틸-슈도우리딘, 4-티오-슈도우리딘, 5-아자-우리딘, 디하이드로슈도우리딘, 5-메톡시우리딘 및 2'-O-메틸 우리딘으로부터 선택된다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 상기 언급된 변형된 핵염기 중 적어도 2종 (예를 들면, 2, 3, 4 또는 그 초과 종의) 조합을 포함한다.

[0266] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드) 중 변형된 핵염기는 1-메틸-슈도우리딘 ($m^1\psi$), 5-메톡시-우리딘 (mo^5U), 5-메틸-시티딘 (m^5C), 슈도우리딘 (ψ), α -티오-구아노신 및 α -티오-아데노신로 구성된 군으로부터 선택된다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드는 상기 언급된 변형된 핵염기 중 적어도 2종 (예를 들면, 2, 3, 4 또는 그 초과 종의) 조합을 포함한다.

[0267] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 슈도우리딘 (ψ) 및 5-메틸-시티딘 (m^5C)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 1-메틸-슈도우리딘 ($m^1\psi$)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 1-메틸-슈도우리딘 ($m^1\psi$) 및 5-메틸-시티딘 (m^5C)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 2-티오우리딘 (s^2U)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 2-티오우리딘 및 5-메틸-시티딘 (m^5C)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 메톡시-우리딘 (mo^5U)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 5-메톡시-우리딘 (mo^5U) 및 5-메틸-시티딘 (m^5C)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)

mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 2'-O-메틸 우리딘을 포함한다. 일부 구현예에서 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 2'-O-메틸 우리딘 및 5-메틸-시티딘 (m^5C)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 N6-메틸-아데노신 (m^6A)을 포함한다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)는 N6-메틸-아데노신 (m^6A) 및 5-메틸-시티딘 (m^5C)을 포함한다.

[0268] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA 폴리뉴클레오타이드)은 특정 변형에 대해 균일하게 변형된다 (예를 들면, 완전히 변형된다, 전체 서열에 걸쳐 변형된다). 예를 들면, 폴리뉴클레오타이드는 5-메틸-시티딘 (m^5C)로 균일하게 변형될 수 있는데, 이는, mRNA 서열 중 모든 시토신 잔기가 5-메틸-시티딘 (m^5C)로 대체된다는 것을 의미한다. 유사하게, 폴리뉴클레오타이드는 변형된 잔기 예컨대 상기에 제시된 것들에 의한 대체에 의한 서열에 존재하는 임의의 유형의 뉴클레오타이드 잔기에 대해 균일하게 변형될 수 있다.

[0269] 변형된 시토신을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오타이드는 N4-아세틸-시티딘 (ac4C), 5-메틸-시티딘 (m^5C), 5-할로-시티딘 (예를 들면, 5-아이오도-시티딘), 5-하이드록시메틸-시티딘 (hm ^5C), 1-메틸-슈도이소시티딘, 2-티오-시티딘 (s^2C), 및 2-티오-5-메틸-시티딘을 포함한다.

[0270] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 우리딘이다. 예시적인 핵염기 및 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 시토신이다. 변형된 우리딘을 갖는 뉴클레오타이드는 5-시아노 우리딘, 및 4'-티오 우리딘을 포함한다.

[0271] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 아데닌이다. 변형된 아데닌을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오타이드는 7-데아자-아데닌, 1-메틸-아데노신 (m1A), 2-메틸-아데닌 (m2A), 및 N6-메틸-아데노신 (m6A)를 포함한다.

[0272] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 구아닌이다. 변형된 구아닌을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오타이드는 이노신 (I), 1-메틸-이노신 (m1I), 와이오신 (imG), 메틸와이오신 (mimG), 7-데아자-구아노신, 7-시아노-7-데아자-구아노신 (preQ0), 7-아미노메틸-7-데아자-구아노신 (preQ1), 7-메틸-구아노신 (m7G), 1-메틸-구아노신 (m1G), 8-옥소-구아노신, 7-메틸-8-옥소-구아노신을 포함한다.

[0273] 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드는 분자의 전장을 따라 부분적으로 또는 완전히 변형될 수 있다. 예를 들면, 뉴클레오타이드 (예를 들면, 퓨린 또는 피리미딘, 또는 A, G, U, C 중 임의의 1종 이상 또는 모두)의 1종 이상 또는 모두 또는 주어진 유형은 본 발명의 폴리뉴클레오타이드, 또는 그것의 주어진 예정된 서열 영역 (예를 들면, polyA 테일을 포함하거나 제외한 mRNA에서) 균일하게 변형될 수 있다. 일부 구현예에서, 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드 (또는 그것의 주어진 서열 영역에서) 모든 뉴클레오타이드 X는 변형된 뉴클레오타이드이고, 여기서 X는 뉴클레오타이드 A, G, U, C 중 임의의 하나, 또는 조합 A+G, A+U, A+C, G+U, G+C, U+C, A+G+U, A+G+C, G+U+C 또는 A+G+C 중 임의의 하나일 수 있다.

[0274] 폴리뉴클레오타이드는 하기를 함유할 수 있다: 약 1% 내지 약 100% 변형된 뉴클레오타이드 (전반적인 뉴클레오타이드 함량, 또는 뉴클레오타이드의 1종 이상의 유형, 즉, A, G, U 또는 C 중 임의의 1종 이상과 관련하여) 또는 임의의 개입 백분율 (예를 들면, 1% 내지 20%, 1% 내지 25%, 1% 내지 50%, 1% 내지 60%, 1% 내지 70%, 1% 내지 80%, 1% 내지 90%, 1% 내지 95%, 10% 내지 20%, 10% 내지 25%, 10% 내지 50%, 10% 내지 60%, 10% 내지 70%, 10% 내지 80%, 10% 내지 90%, 10% 내지 95%, 10% 내지 100%, 20% 내지 25%, 20% 내지 50%, 20% 내지 60%, 20% 내지 70%, 20% 내지 80%, 20% 내지 90%, 20% 내지 95%, 20% 내지 100%, 50% 내지 60%, 50% 내지 70%, 50% 내지 80%, 50% 내지 90%, 50% 내지 95%, 50% 내지 100%, 70% 내지 80%, 70% 내지 90%, 70% 내지 95%, 70% 내지 100%, 80% 내지 90%, 80% 내지 95%, 80% 내지 100%, 90% 내지 95%, 90% 내지 100%, 및 95% 내지 100%). 임의의 잔여 백분율은 비변형된 A, G, U, 또는 C의 존재에 의해 설명된다.

[0275] 폴리뉴클레오타이드는 최소로 1% 및 최대 100% 변형된 뉴클레오타이드, 또는 임의의 개입 백분율, 예컨대 적어도 5% 변형된 뉴클레오타이드, 적어도 10% 변형된 뉴클레오타이드, 적어도 25% 변형된 뉴클레오타이드, 적어도 50% 변형된 뉴클레오타이드, 적어도 80% 변형된 뉴클레오타이드, 또는 적어도 90% 변형된 뉴클레오타이드를 함유할 수 있다. 예를 들면, 폴리뉴클레오타이드는 변형된 피리미딘 예컨대 변형된 우라실 또는 시토신을 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드 중 우라실의 적어도 5%, 적어도 10%, 적어도 25%, 적어도 50%, 적어도 80%, 적어도 90% 또는 100%는 변형된 우라실 (예를 들면, 5-치환된 우라실)로 대체된다. 변형된 우라실은 단일 특유의 구조를 갖는 화합물에 의해 대체될 수 있거나 상이한 구조 (예를 들면, 2, 3, 4 또는 그 초과

개의 특유의 구조)를 갖는 복수의 화합물에 의해 대체될 수 있다. 일부 구현예, 폴리뉴클레오타이드 중 시토신 의적어도 5%, 적어도 10%, 적어도 25%, 적어도 50%, 적어도 80%, 적어도 90% 또는 100%는 변형된 시토신 (예를 들면, 5-치환된 시토신) 로 대체된다. 변형된 시토신은 단일 특유의 구조를 갖는 화합물에 의해 대체될 수 있거나, 상이한 구조 (예를 들면, 2, 3, 4 또는 그 초과 개의 특유의 구조)를 갖는 복수의 화합물에 의해 대체될 수 있다.

[0276] 따라서, 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 5'UTR 요소를 포함하고, 선택적으로 코돈 최적화된 열린 해독틀, 및 3'UTR 요소, 폴리(A) 서열 및/또는 폴리아데닐화 신호 상기 RNA는 화학적으로 변형되지 않는다.

[0277] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 우라실이다. 변형된 우라실을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오사이드는 하기를 포함한다: 슈도우리딘 (ψ), 피리딘-4-온 리보뉴클레오사이드, 5-아자-우리딘, 6-아자-우리딘, 2-티오-5-아자-우리딘, 2-티오-우리딘 (s^2U), 4-티오-우리딘 (s^4U), 4-티오-슈도우리딘, 2-티오-슈도우리딘, 5-하이드록시-우리딘 (ho^5U), 5-아미노알릴-우리딘, 5-할로-우리딘 (예를 들어, 5-아이오도-우리딘 또는 5-브로모-우리딘), 3-메틸-우리딘 (m^3U), 5-메톡시-우리딘 (mo^5U), 우리딘 5-옥시아세트산 (cmo^5U), 우리딘 5-옥시아세트산 메틸 에스테르 ($mcmo^5U$), 5-카복시메틸-우리딘 (cm^5U), 1-카복시메틸-슈도우리딘, 5-카복시하이드록시메틸-우리딘 (chm^5U), 5-카복시하이드록시메틸-우리딘 메틸 에스테르 ($mchm^5U$), 5-메톡시카보닐메틸-우리딘 (mcm^5U), 5-메톡시카보닐메틸-2-티오-우리딘 (mcm^5s^2U), 5-아미노메틸-2-티오-우리딘 (nm^5s^2U), 5-메틸아미노메틸-우리딘 (nmn^5U), 5-메틸아미노메틸-2-티오-우리딘 (nmn^5s^2U), 5-메틸아미노메틸-2-셀레노-우리딘 (nmn^5se^2U), 5-카바모일메틸-우리딘 (ncm^5U), 5-카복시메틸아미노메틸-우리딘 ($cmnm^5U$), 5-카복시메틸아미노메틸-2-티오-우리딘 ($cmnm^5s^2U$), 5-프로피닐-우리딘, 1-프로피닐-슈도우리딘, 5-타우리노메틸-우리딘 (τm^5U), 1-타우리노메틸-슈도우리딘, 5-타우리노메틸-2-티오-우리딘 (τm^5s^2U), 1-타우리노메틸-4-티오-슈도우리딘, 5-메틸-우리딘 (즉, 핵염기 데옥시티민을 갖는 m^5U), 1-메틸-슈도우리딘 ($m^1\psi$), 5-메틸-2-티오-우리딘 (m^5s^2U), 1-메틸-4-티오-슈도우리딘 ($m^1s^4\psi$), 4-티오-1-메틸-슈도우리딘, 3-메틸-슈도우리딘 ($m^3\psi$), 2-티오-1-메틸-슈도우리딘, 1-메틸-1-테아자-슈도우리딘, 2-티오-1-메틸-1-테아자-슈도우리딘, 디하이드로우리딘 (D), 디하이드로슈도우리딘, 5,6-디하이드로우리딘, 5-메틸-디하이드로우리딘 (m^5D), 2-티오-디하이드로우리딘, 2-티오-디하이드로슈도우리딘, 2-메톡시-우리딘, 2-메톡시-4-티오-우리딘, 4-메톡시-슈도우리딘, 4-메톡시-2-티오-슈도우리딘, N1-메틸-슈도우리딘, 3-(3-아미노-3-카복시프로필)우리딘 (acp^3U), 1-메틸-3-(3-아미노-3-카복시프로필)슈도우리딘 ($acp^3\psi$), 5-(이소헨테닐아미노메틸)우리딘 (inm^5U), 5-(이소헨테닐아미노메틸)-2-티오-우리딘 (inm^5s^2U), α -티오-우리딘, 2'-O-메틸-우리딘 (Um), 5,2'-O-디메틸-우리딘 (m^5Um), 2'-O-메틸-슈도우리딘 (ψm), 2-티오-2'-O-메틸-우리딘 (s^2Um), 5-메톡시카보닐메틸-2'-O-메틸-우리딘 (mcm^5Um), 5-카바모일메틸-2'-O-메틸-우리딘 (ncm^5Um), 5-카복시메틸아미노메틸-2'-O-메틸-우리딘 ($cmnm^5Um$), 3,2'-O-디메틸-우리딘 (m^3Um), 및 5-(이소헨테닐아미노메틸)-2'-O-메틸-우리딘 (inm^5Um), 1-티오-우리딘, 데옥시티민, 2'-F-아라-우리딘, 2'-F-우리딘, 2'-OH-아라-우리딘, 5-(2-카보메톡시비닐) 우리딘, 및 5-[3-(1-E-프로페닐아미노)]우리딘.

[0278] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 시토신이다. 변형된 시토신을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오사이드는 하기를 포함한다: 5-아자-시티딘, 6-아자-시티딘, 슈도이소시티딘, 3-메틸-시티딘 (m^3C), N4-아세틸-시티딘 (ac^4C), 5-포르밀-시티딘 (f^5C), N4-메틸-시티딘 (m^4C), 5-메틸-시티딘 (m^5C), 5-할로-시티딘 (예를 들어, 5-아이오도-시티딘), 5-하이드록시메틸-시티딘 (hm^5C), 1-메틸-슈도이소시티딘, 피롤로-시티딘, 피롤로-슈도이소시티딘, 2-티오-시티딘 (s^2C), 2-티오-5-메틸-시티딘, 4-티오-슈도이소시티딘, 4-티오-1-메틸-슈도이소시티딘, 4-티오-1-메틸-1-테아자-슈도이소시티딘, 1-메틸-1-테아자-슈도이소시티딘, 제볼라린, 5-아자-제볼라린, 5-메틸-제볼라린, 5-아자-2-티오-제볼라린, 2-티오-제볼라린, 2-메톡시-시티딘, 2-메톡시-5-메틸-시티딘, 4-메톡시-슈도이소시티딘, 4-메톡시-1-메틸-슈도이소시티딘, 라이시딘 (k_2C), α -티오-시티딘, 2'-O-메틸-시티딘 (Cm), 5,2'-O-디메틸-시티딘 (m^5Cm), N4-아세틸-2'-O-메틸-시티딘 (ac^4Cm), N4,2'-O-디메틸-시티딘 (m^4Cm), 5-포르

밀-2' -O-메틸-시티딘 (f^5Cm), N4,N4,2' -O-트리메틸-시티딘 (m^4_2Cm), 1-티오-시티딘, 2'-F-아라-시티딘, 2'-F-시티딘, 및 2'-OH-아라-시티딘.

[0279] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 아데닌이다. 변형된 아데닌을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오사이드는 하기를 포함한다:

[0280] 2-아미노-퓨린, 2, 6-디아미노퓨린, 2-아미노-6-할로-퓨린 (예를 들어, 2-아미노-6-클로로-퓨린), 6-할로-퓨린 (예를 들어, 6-클로로-퓨린), 2-아미노-6-메틸-퓨린, 8-아지도-아데노신, 7-데아자-아데닌, 7-데아자-8-아자-아데닌, 7-데아자-2-아미노-퓨린, 7-데아자-8-아자-2-아미노-퓨린, 7-데아자-2,6-디아미노퓨린, 7-데아자-8-아자-2,6-디아미노퓨린, 1-메틸-아데노신 (m^1A), 2-메틸-아데닌 (m^2A), N6-메틸-아데노신 (m^6A), 2-메틸티오-N6-메틸-아데노신 (ms^2m^6A), N6-이소펜테닐-아데노신 (i^6A), 2-메틸티오-N6-이소펜테닐-아데노신 (ms^2i^6A), N6-(시스-하이드록시이소펜테닐)아데노신 (io^6A), 2-메틸티오-N6-(시스-하이드록시이소펜테닐)아데노신 (ms^2io^6A), N6-글라이시닐카바모일-아데노신 (g^6A), N6-트레오닐카바모일-아데노신 (t^6A), N6-메틸-N6-트레오닐카바모일-아데노신 (m^6t^6A), 2-메틸티오-N6-트레오닐카바모일-아데노신 (ms^2g^6A), N6,N6-디메틸-아데노신 (m^6_2A), N6-하이드록시노르발릴카바모일-아데노신 (hn^6A), 2-메틸티오-N6-하이드록시노르발릴카바모일-아데노신 (ms^2hn^6A), N6-아세틸-아데노신 (ac^6A), 7-메틸-아데닌, 2-메틸티오-아데닌, 2-메톡시-아데닌, α -티오-아데노신, 2' -O-메틸-아데노신 (Am), N6,2' -O-디메틸-아데노신 (m^6Am), N6,N6,2' -O-트리메틸-아데노신 (m^6_2Am), 1,2' -O-디메틸-아데노신 (m^1Am), 2' -O-리보실아데노신 (포스페이트) ($Ar(p)$), 2-아미노-N6-메틸-퓨린, 1-티오-아데노신, 8-아지도-아데노신, 2'-F-아라-아데노신, 2'-F-아데노신, 2'-OH-아라-아데노신, 및 N6-(19-아미노-펜타옥사노나데실)-아데노신.

[0281] 일부 구현예에서, 변형된 핵염기는 변형된 구아닌이다. 변형된 구아닌을 갖는 예시적인 핵염기 및 뉴클레오사이드는 하기를 포함한다: 이노신 (I), 1-메틸-이노신 (m^1I), 와이오신 (imG), 메틸와이오신 (mimG), 4-데메틸-와이오신 (imG-14), 이소와이오신 (imG2), 와이부토신 (yW), 피옥시와이부토신 (o_2yW), 변형된 하이드록시와이부토신 (OhyW*) 하의 하이드록시와이부토신 (OhyW*), 7-데아자-구아노신, 퀘우오신 (Q), 에폭시퀘우오신 (oQ), 갈락토실-퀘우오신 (galQ), 만노실-퀘우오신 (manQ), 7-시아노-7-데아자-구아노신 ($preQ_0$), 7-아미노메틸-7-데아자-구아노신 ($preQ_1$), 아케오신 (G^+), 7-데아자-8-아자-구아노신, 6-티오-구아노신, 6-티오-7-데아자-구아노신, 6-티오-7-데아자-8-아자-구아노신, 7-메틸-구아노신 (m^7G), 6-티오-7-메틸-구아노신, 7-메틸-이노신, 6-메톡시-구아노신, 1-메틸-구아노신 (m^1G), N2-메틸-구아노신 (m^2G), N2,N2-디메틸-구아노신 (m^2_2G), N2,7-디메틸-구아노신 ($m^{2,7}G$), N2, N2,7-디메틸-구아노신 ($m^{2,2,7}G$), 8-옥소-구아노신, 7-메틸-8-옥소-구아노신, 1-메틸-6-티오-구아노신, N2-메틸-6-티오-구아노신, N2,N2-디메틸-6-티오-구아노신, α -티오-구아노신, 2' -O-메틸-구아노신 (Gm), N2-메틸-2' -O-메틸-구아노신 (m^2Gm), N2,N2-디메틸-2' -O-메틸-구아노신 (m^2_2Gm), 1-메틸-2' -O-메틸-구아노신 (m^1Gm), N2,7-디메틸-2' -O-메틸-구아노신 ($m^{2,7}Gm$), 2' -O-메틸-이노신 (Im), 1,2' -O-디메틸-이노신 (m^1Im), 2' -O-리보실구아노신 (포스페이트) ($Gr(p)$), 1-티오-구아노신, 06-메틸-구아노신, 2'-F-아라-구아노신, 및 2'-F-구아노신.

[0282] RNA (예를 들면, mRNA)의 시험관내 전사

[0283] 본 개시내용의 인플루엔자 바이러스 백신은 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드, 예컨대 mRNA (예를 들면, 변형된 mRNA)를 포함한다. mRNA는, 예를 들면, "시험관내 전사 템플레이트"로 칭하는 템플레이트 DNA로부터 시험관 내에서 전사된다. 일부 구현예에서, 시험관내 전사 템플레이트는 5' 미번역된 (UTR) 영역을 인코딩하고, 열린 해독틀을 함유하고, 3' UTR 및 polyA 테일을 인코딩한다. 시험관내 전사 템플레이트의 특정한 핵산 서열 조성물 및 길이는 템플레이트에 의해 인코딩된 mRNA에 좌우될 것이다.

[0284] "5' 미번역된 영역" (5'UTR)은 폴리펩타이드를 인코딩하지 않는 시작 코돈 (즉, 리보솜에 의해 번역된 mRNA 전

사체의 제1 코돈)으로부터 직접적으로 업스트림 (즉, 5')인 mRNA의 영역을 지칭한다.

- [0285] "3' 미번역된 영역" (3'UTR)은 폴리펩타이드를 인코딩하지 않는 정지 코돈 (즉, 번역의 종료를 신호하는 mRNA 전사체의 코돈)으로부터 직접적으로 다운스트림 (즉, 3')인 mRNA의 영역을 지칭한다.
- [0286] "열린 해독틀"은 시작 코돈 (예를 들면, 메티오닌 (ATG))로 시작하는, 및 정지 코돈 (예를 들면, TAA, TAG 또는 TGA)로 종료하는 DNA의 연속 스트레치이고 폴리펩타이드를 인코딩한다.
- [0287] "폴리A 테일"은 다중, 연속적인 아데노신 모노포스페이트를 함유하는 3' UTR로부터, 다운스트림, 예를 들면, 직접적으로 다운스트림 (즉, 3')인 mRNA의 영역이다. 폴리A 테일은 10 내지 300 아데노신 모노포스페이트를 함유할 수 있다. 예를 들면, 폴리A 테일은 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 110, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290 또는 300 아데노신 모노포스페이트를 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리A 테일은 50 내지 250 아데노신 모노포스페이트를 함유한다. 관련된 생물학적 세팅에서 (예를 들면, 세포에서, 생체내) 폴리(A) 테일은, 예를 들면, 세포질에서 효소 분해로부터 mRNA를 보호하는 기능을 하고, 전사 종료, 핵으로부터 mRNA의 방출 및 번역을 돕는다.
- [0288] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드는 200 내지 3,000개의 뉴클레오타이드를 포함한다. 예를 들면, 폴리뉴클레오타이드는 200 내지 500, 200 내지 1000, 200 내지 1500, 200 내지 3000, 500 내지 1000, 500 내지 1500, 500 내지 2000, 500 내지 3000, 1000 내지 1500, 1000 내지 2000, 1000 내지 3000, 1500 내지 3000, 또는 2000 내지 3000개의 뉴클레오타이드를 포함할 수 있다.
- [0289] 플라젤린 아주반트
- [0290] 플라젤린은 박테리아 운동과 관련된 편모를 형성하기 위해 중합하는 대략 500 아미노산 모노머성 단백질이다. 플라젤린은 다양한 편모 박테리아 (살모넬라 타이피리움 예를 들면) 뿐만 아니라 비-편모 박테리아 (예컨대 에스케리치아 콜라이)에 의해 발현된다. 타고난 면역계 (수지상 세포, 대식세포, 등)의 세포에 의한 플라젤린의 감지는 Toll-유사 수용체 5 (TLR5)에 의해 뿐만 아니라 Nod-유사 수용체 (NLRs) Ipaf 및 Naip5에 의해 매개된다. TLRs 및 NLRs는 타고난 면역 반응 및 적응성 면역 반응의 활성화에서 역할을 하는 것으로 확인되고 있다. 이와 같이, 플라젤린은 백신에서 아주반트 효과를 제공한다.
- [0291] 공지된 플라젤린 폴리펩타이드를 인코딩하는 뉴클레오타이드 및 아미노산 서열은 NCBI 유전자는행 데이터베이스에서 공공연하게 이용가능하다. S. 타이피리움, H. 파일로리, V. 콜레라, S. 마르세첸스, S. 플렉스네리, T. 팔리둠, L. 뉴모필라, B. 부르그도르페레이, C. 디피실레, R. 멜리로티, A. 투메파시엔스, R. 루피니, B. 클라리제이아에, P. 미라빌리스, B. 서브틸러스, L. 모노사이토게네스, P. 에어루기노사, 및 E. 콜리로부터 플라젤린 서열은, 그 중에서도 공지되어 있다.
- [0292] 플라젤린 폴리펩타이드는, 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 플라젤린 단백질 또는 이의 면역원성 단편에 대해 적어도 50% 서열 동일성을 갖는 전장 플라젤린 단백질, 이의 면역원성 단편, 및 펩타이드를 지칭한다. 예시적인 플라젤린 단백질은 살모넬라 타이피리움 (UniPro 등록 번호: Q56086), 살모넬라 타이피리움 (A0A0C9DG09), 살모넬라 엔테리티디스 (A0A0C9BAB7), 및 살모넬라 콜레라에우이스 (Q6V2X8), 및 서열번호 1-444, 458, 460, 462-479의 어느 하나에 의해 확인된 아미노산 서열을 갖는 단백질로부터 플라젤린을 포함한다 (참조 또한 표 7-13). 일부 구현예에서, 플라젤린 폴리펩타이드는 플라젤린 단백질 또는 이의 면역원성 단편에 대해 적어도 60%, 70%, 75%, 80%, 90%, 95%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 갖는다.
- [0293] 일부 구현예에서, 플라젤린 폴리펩타이드는 면역원성 단편이다. 면역원성 단편은 면역 반응을 일으키는 플라젤린 단백질의 부분이다. 일부 구현예에서, 면역 반응은 TLR5 면역 반응이다. 면역원성 단편의 예는 힌지 영역의 전부 또는 일부가 결실되거나 다른 아미노산으로 대체된 플라젤린 단백질이다. 예를 들면, 항원성 폴리펩타이드는 힌지 영역에서 삽입될 수 있다. 힌지 영역은 플라젤린의 추가변성 영역이다. 플라젤린의 힌지 영역은 또한 일명 "D3 도메인 또는 영역", "프로펠러 도메인 또는 영역", "추가변성 도메인 또는 영역" 및 "가변 도메인 또는 영역"이다. "힌지 영역의 적어도 일부분"은, 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 플라젤린의 힌지 영역의 임의의 일부, 또는 힌지 영역의 전체를 지칭한다. 다른 구현예에서 플라젤린의 면역원성 단편은 플라젤린의 20, 25, 30, 35, 또는 40 아미노산 C-말단 단편이다.
- [0294] 플라젤린 모노머는 도메인 D0 내지 D3에 의해 형성된다. 줄기를 형성하는, D0 및 D1은 탠덤 롱 알파 나선으로 구성되고 상이한 박테리아 중에서 고도로 보존된다. D1 도메인은 TLR5 활성화에 유용한 아미노산의 몇 개의 스트레치를 포함한다. 전체 D1 도메인 또는 도메인 이내 활성 영역 중 하나 이상은 플라젤린의 면역원성 단편이다. D1 도메인 이내 면역원성 영역의 예는 (살모넬라 타이피리움 FliC 플라젤린에서 잔기 88-114 및 잔

기 411-431을 포함한다. 88-100 영역에서 13 아미노산 이내, 적어도 6 치환은 TLR5 활성화를 여전히 보존하는 다른 플라젤린과 살모넬라 플라젤린 사이 허용된다. 따라서, 플라젤린의 면역원성 단편은 TLR5를 활성화시키는 플라젤린 유사 서열을 포함하고 FliC의 88-100에서 살모넬라 서열 (LQRVRELAVQSAN; 서열번호: 504)에 53% 이상 동일한 13 아미노산 모티프를 함유한다.

[0295] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 플라젤린의 융합 단백질 및 1종 이상의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 RNA를 포함한다. "융합 단백질"은 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 작제물의 2 성분의 연결을 지칭한다. 일부 구현예에서, 항원성 폴리펩타이드의 카복시-말단은 플라젤린 폴리펩타이드의 아미노 말단에 융합 또는 연결된다. 다른 구현예에서, 항원성 폴리펩타이드의 아미노-말단은 플라젤린 폴리펩타이드의 카복시-말단에 융합 또는 연결된다. 융합 단백질은, 예를 들면, 1, 2, 3, 4, 5, 6 이상 항원성 폴리펩타이드에 연결된 1, 2, 3, 4, 5, 6 이상 플라젤린 폴리펩타이드를 포함할 수 있다. 2종 이상의 플라젤린 폴리펩타이드 및/또는 2종 이상의 항원성 폴리펩타이드가 연결된 경우 그와 같은 작제물은 "다량체"로 지칭된다.

[0296] 융합 단백질의 각각의 성분은 서로 직접적으로 연결될 수 있거나 이들은 링커를 통해 연결될 수 있다. 예를 들면, 링커는 아미노산 링커일 수 있다. 융합 단백질의 성분을 연결하기 위해 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의해 인코딩된 아미노산 링커는, 예를 들면, 라이신 잔기, 글루탐산 잔기, 세린 잔기 및 아르기닌 잔기로 구성되는 군으로부터 선택된 적어도 1종의 구성원을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서 링커는 1-30, 1-25, 1-25, 5-10, 5, 15, 또는 5-20 아미노산 길이이다.

[0297] 다른 구현예에서 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 적어도 2종의 별도의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 하나는 1종 이상의 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하고, 다른 것은 플라젤린 폴리펩타이드를 인코딩한다. 적어도 2종의 RNA 폴리뉴클레오타이드는 캐리어 예컨대 지질 나노입자에서 공-제형화될 수 있다.

[0298] 치료 방법

[0299] 인간 및 다른 포유동물에서 인플루엔자 바이러스의 예방 및/또는 치료용 조성물 (예를 들면, 약제학적 조성물), 방법, 키트 및 시약이 본 명세서에 제공된다. 인플루엔자 바이러스 RNA 백신은 치료적 또는 예방적 제제로서 사용될 수 있다. 감염성 질환을 예방 및/또는 치료하기 위한 의약에서 사용될 수 있다. 예시적인 측면에서, 본 개시내용의인플루엔자 바이러스 RNA 백신은 인플루엔자 바이러스로부터 예방적 보호를 제공하기 위해 사용된다. 인플루엔자 바이러스로부터의 예방적 보호는 본 개시내용의 인플루엔자 바이러스 RNA 백신의 투여 다음에 달성될 수 있다. 백신은 투여된 1회, 2회, 3회, 4회 또는 그 초과로 투여될 수 있다. 치료 반응을 달성하기 위해 감염된 개체에게 백신을 투여하는 것을 덜 바람직할 수 있다. 투약이 따라서 조정될 필요가 있다.

[0300] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 인플루엔자 바이러스 백신은 대상체에서 인플루엔자 바이러스 감염을 예방하는 방법으로서 사용될 수 있고, 상기 방법은 상기 대상체에게 본 명세서에서 제공된 바와 같은 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 백신을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 개시내용의 인플루엔자 바이러스 백신은 대상체에서 기본적인 인플루엔자 바이러스 감염을 억제하는 방법으로서 사용될 수 있고, 상기 방법은 상기 대상체에게 본 명세서에서 제공된 바와 같은 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 백신을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 개시내용의 인플루엔자 바이러스 백신은 대상체에서 인플루엔자 바이러스 감염을 치료하는 방법으로서 사용될 수 있고, 상기 방법은 상기 대상체에게 본 명세서에서 제공된 바와 같은 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 백신을 투여하는 것을 포함한다. 일부 구현예에서, 본 개시내용의 인플루엔자 바이러스 백신은 인플루엔자 바이러스가 감염된 제1 대상체로부터 인플루엔자 바이러스가 감염되지 않은 제2 대상체로 인플루엔자 바이러스의 확산을 억제하는 방법으로서 사용될 수 있고, 상기 방법은 상기 제1 대상체 및 상기 제2 대상체 중 적어도 하나에게 본 명세서에서 제공된 바와 같은 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 백신을 투여하는 것을 포함한다.

[0301] 인플루엔자 바이러스에 대항하여 대상체에서 면역 반응을 유도하는 방법은 본 발명의 측면에서 제공된다. 상기 방법은 상기 대상체에게, 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 바이러스 RNA 백신을 투여하여, 이로써 상기 대상체에서, 인플루엔자 바이러스 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편에 특이적인 면역 반응을 유도하는 것을 수반하고, 여기서 상기 대상체에서의 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 인플루엔자 바이러스에 대항하여 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신으로 백신접종된 대상체에서 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가에 대한 백신접종 다음에 증가된다. "항-항원성 폴리펩타이드 항체"는 항원성 폴리펩

타이드에 특이적으로 결합하는 형질 항체이다.

- [0302] 예방적으로 효과적인 용량은 임상적으로 허용가능한 수준에서 바이러스에 의한 감염을 예방하는 치료적으로 효과적인 용량 이다. 일부 구현예에서 치료적으로 효과적인 용량은 백신용 포장 삼입물에서 열거된 용량이다. 전통적 백신은, 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 본 개시내용의 mRNA 백신 이외의 백신을 지칭한다. 예를 들면, 전통적 백신은, 비제한적으로, 살아있는 미생물 백신, 사멸 미생물 백신, 하위단위 백신, 단백질 항원 백신, DNA 백신, VLP 백신, 등을 포함한다. 예시적인 구현예에서, 전통적 백신은 달성된 조절 승인을 받았고/거나 국가 약물 규제기관, 예를 들면 Food and Drug Administration (FDA) in the United States or the European Medicines Agency (EMA)에 의해 등록된 백신이다.
- [0303] 일부 구현예에서 상기 대상체에서의 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 인플루엔자 바이러스에 대하여 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서의 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가에 대한 백신접종 다음에 1 log 내지 10 log 증가된다.
- [0304] 일부 구현예에서 상기 대상체에서의 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 인플루엔자에 대하여 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서의 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가에 대한 백신 접종 다음에 1 log, 2 log, 3 log, 5 log 또는 10 log 증가된다.
- [0305] 인플루엔자 바이러스에 대하여 대상체에서 면역 반응을 유도하는 방법은 본 개시내용의 다른 측면에서 제공된다. 본 방법은 상기 대상체에게, 적어도 1종의 인플루엔자 바이러스 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편을 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 바이러스 RNA 백신을 투여하고, 이로써 상기 대상체에서, 인플루엔자 바이러스 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편에 대해 특이적인 면역 반응을 유도하는 것을 수반하고, 상기 상기 대상체에서의 면역 반응은 RNA 백신에 대한 2 배 내지 100 배 복용량 수준에서 인플루엔자 바이러스에 대하여 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서의 면역 반응과 같다.
- [0306] 일부 구현예에서, 상기 대상체에서의 면역 반응은 인플루엔자 백신에 대한 2, 3, 4, 5, 10, 50, 100 배 복용량 수준에서 전형적 백신이 백신접종된 대상체에서의 면역 반응과 같다.
- [0307] 일부 구현예에서 상기 대상체에서의 면역 반응은 인플루엔자 백신에 대한 10-100 배, 또는 100-1000 배, 복용량 수준으로 전형적 백신이 백신접종된 대상체에서의 면역 반응과 같다.
- [0308] 일부 구현예에서 면역 반응은 대상체에서 [단백질] 항체 역가를 측정하여 평가된다.
- [0309] 일부 구현예는 상기 대상체에게, 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀을 갖는 적어도 1종의 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 투여하고, 이로써 상기 대상체에서 항원성 폴리펩타이드 또는 이의 면역원성 단편에 대해 특이적인 면역 반응을 유도하여 대상체에서 면역 반응을 유도하는 방법을 제공하고, 상기 상기 대상체에서의 면역 반응은 인플루엔자에 대하여 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서 유도된 면역 반응에 비해 2 일 내지 10 주 일찍 유도된다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서의 면역 반응은 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 대한 2 배 내지 100 배 복용량 수준으로 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서 유도된다.
- [0310] 일부 구현예에서 상기 대상체에서의 면역 반응은 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 대한 2, 3, 4, 5, 10, 50, 100 배 복용량 수준으로 전형적 백신이 백신접종된 대상체에서의 면역 반응과 같다.
- [0311] 일부 구현예에서, 상기 대상체에서의 면역 반응은 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서 유도된 면역 반응에 비해 2 일 일찍, 또는 3 일 일찍 유도된다.
- [0312] 일부 구현예에서 상기 대상체에서의 면역 반응은 예방적으로 효과적인 용량의 전통적 백신이 백신접종된 대상체에서 유도된 면역 반응에 비해 1 주, 2 주, 3 주, 5 주, 또는 10 주 일찍 유도된다.
- [0313] 치료 및 예방적 조성물
- [0314] 예를 들면 인간 및 다른 포유동물에서 인플루엔자의 예방, 치료 또는 진단을 위한 조성물 (예를 들면, 약제학적 조성물), 방법, 키트 및 시약이 본 명세서에서 제공된다. 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 치료적 또는 예방적 제제로서 사용될 수 있다. 감염성 질환을 예방 및/또는 치료하기 위한 의약에서 사용될 수 있다. 일부 구현예에서, 본 개시내용의 호흡 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 예를 들면 생체의 말초 혈액 단핵 세포 (PBMC

s)를 활성화하기 위해 면역 효과기 세포의 프라이밍에 사용되고, 그 다음 대상체에게 주입된다 (재주입된다).

- [0315] 일부 구현예에서, 본 명세서에서 기재된 바와 같은 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 인플루엔자 백신은 대상체 (예를 들면, 포유동물 대상체, 예컨대 인간 대상체)에게 투여될 수 있고, RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 항원성 폴리펩타이드를 생성하기 위해 생체내에서 번역된다.
- [0316] 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 세포, 조직 또는 유기체에서 폴리펩타이드 (예를 들면, 항원 또는 면역원)의 번역을 위해 유도될 수 있다. 일부 구현예에서, 그와 같은 번역이 생체내에서 일어나지만, 그와 같은 번역은 생체외, 배양물에서 또는 시험관내에서 일어날 수 있다. 일부 구현예에서, 세포, 조직 또는 유기체는 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 적어도 1종의 번역가능 영역을 갖는 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 함유하는 유효량의 조성물과 접촉된다.
- [0317] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신의 "유효량"은, 적어도 부분적으로, 상기 표적 조직, 표적 세포 유형, 투여 수단, 백신의 폴리뉴클레오타이드의 물리적 특징 (예를 들면, 변형된 뉴클레오타이드의 크기 및 정도) 및 다른 성분, 및 다른 결정인자를 기반으로 제공된다. 일반적으로, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량 조성물은 세포에서 항원 생산의 기능으로서 유도된 또는 부스팅된 면역 반응을 제공하고, 바람직하게는 동일한 항원 또는 펩타이드 항원을 인코딩하는 대응하는 비변형된 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 조성물보다 더 효율적이다. 증가된 항원 생산은 증가된 세포 형질감염 (RNA, 예를 들면, mRNA, 백신으로 형질감염된 세포의 백분율), 폴리뉴클레오타이드로부터의 증가된 단백질 번역, 감소된 핵산 열화 (예를 들면, 변형된 폴리뉴클레오타이드로부터 단백질 번역의 증가된 지속기간에 의해 실증됨), 또는 숙주세포의 변경된 항원 특이적 면역 반응에 의해 실증될 수 있다.
- [0318] 일부 구현예에서, 본 개시내용에 따른 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 (폴리뉴클레오타이드 그것의 인코딩된 폴리펩타이드 포함)은 인플루엔자의 치료를 위해 사용될 수 있다.
- [0319] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 건강한 개체에 대한 활성 면역화 도식의 일부로서 또는 인큐베이션 단계 동안 또는 증상의 개시 후 활성 감염 동안 감염의 초기에 예방적으로 또는 치료적으로 투여될 수 있다. 일부 구현예에서, 세포, 조직 또는 대상체에게 제공된 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 양은 면역 예방에 효과적인 양일 수 있다.
- [0320] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 다른 예방적 또는 치료 화합물과 함께 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, 예방적 또는 치료 화합물은 아췌반트 또는 부스터일 수 있다. 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 예방적 조성물, 예컨대 백신을 언급할 때, 용어 "부스터"는 예방적 (백신) 조성물의 추가 투여를 지칭한다. 부스터 (또는 부스터 백신)는 예방적 조성물의 초기 투여 후에 주어질 수 있다. 예방적 조성물의 초기 투여와 부스터 사이의 투여 시간은 be, 비제한적으로, 1 분, 2 분, 3 분, 4 분, 5 분, 6 분, 7 분, 8 분, 9 분, 10 분, 15 분, 20 분, 35 분, 40 분, 45 분, 50 분, 55 분, 1 시간, 2 시간, 3 시간, 4 시간, 5 시간, 6 시간, 7 시간, 8 시간, 9 시간, 10 시간, 11 시간, 12 시간, 13 시간, 14 시간, 15 시간, 16 시간, 17 시간, 18 시간, 19 시간, 20 시간, 21 시간, 22 시간, 23 시간, 1 일, 36 시간, 2 일, 3 일, 4 일, 5 일, 6 일, 1 주, 10 일, 2 주, 3 주, 1 개월, 2 개월, 3 개월, 4 개월, 5 개월, 6 개월, 7 개월, 8 개월, 9 개월, 10 개월, 11 개월, 1 년, 18 개월, 2 년, 3 년, 4 년, 5 년, 6 년, 7 년, 8 년, 9 년, 10 년, 11 년, 12 년, 13 년, 14 년, 15 년, 16 년, 17 년, 18 년, 19 년, 20 년, 25 년, 30 년, 35 년, 40 년, 45 년, 50 년, 55 년, 60 년, 65 년, 70 년, 75 년, 80 년, 85 년, 90 년, 95 년 또는 99 년 초과일 수 있다. 일부 구현예에서, 예방적 조성물의 초기 투여와 부스터 사이의 투여 시간은 be, 비제한적으로, 1 주, 2 주, 3 주, 1 개월, 2 개월, 3 개월, 6 개월 또는 1 년일 수 있다.
- [0321] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 당해 분야에서 공지된 불활성화된 백신의 투여와 유사하게 근육내로, 진피내로, 또는 비강내로 투여될 수 있다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 근육내로 투여된다.
- [0322] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 감염의 유발물 또는 미충족 의료 필요의 정도 또는 수준에 따라 다양한 설정에서 이용될 수 있다. 비제한적인 예로서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 다양한 인플루엔자를 치료 및/또는 예방하기 위해 이용될 수 있다. RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 훨씬 더 큰 항체 역가를 생성하고 상업적으로 입수가 가능한 항-바이러스제/조성물보다 초기에 반응을 생성한다는 점에서 우월한 특성을 갖는다.
- [0323] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 및 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 조성물 및/또는 복합체를, 선택적으로 1 종 이상의 약제학적으로 허용가능한 부형제와 함께 포함하는 약제학적 조성물이 본 명세서에서 제공된다.

- [0324] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 제형화될 수 있거나 단독으로 또는 1종 이상의 다른 성분과 함께 투여될 수 있다. 예를 들면, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 (백신 조성물)는 아주반트를 비제한적으로 포함하는 다른 성분을 포함할 수 있다.
- [0325] 일부 구현예에서, 인플루엔자 (예를 들면 mRNA) 백신은 아주반트를 포함하지 않는다 (아주반트는 없다).
- [0326] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 제형화될 수 있거나 1종 이상의 약제학적으로-허용가능한 부형제와 함께 투여될 수 있다. 일부 구현예에서, 백신 조성물은 적어도 1종의 추가의 활성 서브스텐스, 예컨대, 예를 들면, 치료적으로-활성 서브스텐스, 예방적으로-활성 서브스텐스, 또는 둘 모두의 조합물을 포함한다. 백신 조성물은 멸균, 무발열원 또는 둘 모두 멸균 및 무발열원일 수 있다. 약제, 예컨대 백신 조성물의 제형 및/또는 제조의 일반적인 고려사항들은, found, 예를 들면 하기에서 발견될 수 있다: Remington: The Science and Practice of Pharmacy 21st ed., Lippincott Williams & Wilkins, 2005 (이는 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0327] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 인간, 인간 환자 또는 대상체에게 투여된다. 본 개시내용의 목적을 위해, 어구 "활성 성분"은 일반적으로, 상기 성분 내에 함유된 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 또는 폴리뉴클레오타이드, 예를 들면, 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 RNA 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, mRNA 폴리뉴클레오타이드)를 지칭한다.
- [0328] 본 명세서에서 기재된 인플루엔자 백신 조성물의 제형은 약리학의 분야에서 공지되거나 이후에 개발된 임의의 방법에 의해 제조될 수 있다. 일반적으로, 그와 같은 준비 방법은 활성 성분 (예를 들면, mRNA 폴리뉴클레오타이드)을 부형제 및/또는 1종 이상의 다른 부속 성분과 결합시키고, 및 그 다음, 필요하고/거나 바람직하면, 생성물을 요망된 단일- 또는 다중-용량 단위로 분할,형상화 및/또는 포장하는 단계를 포함한다.
- [0329] 본 개시내용에 따른 약제학적 조성물 활성 성분, 약제학적으로 허용가능한 부형제, 및/또는 임의의 추가 성분의 상대적인 양은 치료된 대상체의 동일성, 크기, 및/또는 상태 및 추가로 조성물이 투여될 경로에 따라 변할 수 있다. 예로써, 본 조성물은 0.1% 내지 100%, 예를 들면, 0.5 내지 50%, 1 내지 30%, 5 내지 80%, 적어도 80% (w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다.
- [0330] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 안정성을 증가시키고; 세포 형질감염을 증가시키고; (예를 들면, 세포 제형으로부터) 지속된 또는 지연 방출을 허용하고; 체내분포 (예를 들면, 특정 조직 또는 세포 유형에 대한 표적)를 변경시키고; 생체내 인코딩된 단백질의 번역을 증가시키고/거나; 생체내 인코딩된 단백질 (항원)의 방출 프로파일을 변경시키기 위해 1종 이상의 부형제를 사용하여 제형화될 수 있다. 전통적 부형제 예컨대 임의의 및 모든 용매, 분산매, 희석제, 또는 다른 액체 비히클, 분산물 또는 현탁액 조제, 계면 활성제, 등장제, 증점제 또는 유화제, 보존제 외해, 부형제는, 비제한적으로, 하기를 포함할 수 있다: 리피도이드, 리포솜, 지질 나노입자, 폴리머, 리포플렉스, 코어-셸 나노입자, 펩타이드, 단백질, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신으로 형질 감염된 세포 (예를 들면, 대상체로의 이식을 위해), 하이알로니다제, 나노입자 모방체 및 이들의 조합.
- [0331] 안정화 요소
- [0332] 자연 발생 진핵 mRNA 분자는, 다른 구조적 특징, 예컨대 5'-캡 구조 또는 3'-폴리(A) 테일에 더하여, 그것의 5'-단부 (5'UTR)에서 및/또는 그것의 3'-단부 (3'UTR)에서 비제한적으로 미번역된 영역 (UTR)을 포함하는, 안정화 요소를 함유하는 것이 밝혀졌다. 양쪽 5'UTR 및 3'UTR은 게놈 DNA로부터 전형적으로 전사되고 미성숙한 mRNA의 요소이다. 성숙한 mRNA, 예컨대 5'-cap 및 3'-폴리(A) 테일의 특징적인 구조적 특징은 mRNA 처리 동안 전사된 (미성숙한) mRNA에 일반적으로 부가된다. 3'-폴리(A) 테일은 전형적으로 전사된 mRNA의 3'-단부에 부가된 아데닌 뉴클레오타이드의 스트레치이다. 최대 약 400 아데닌 뉴클레오타이드를 함유할 수 있다. 일부 구현예에서 3'-폴리(A) 테일의 길이는 개별 mRNA의 안정성에 관하여 필수적인 요소일 수 있다.
- [0333] 일부 구현예에서 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 1종 이상의 안정화 요소를 포함할 수 있다. 안정화 요소는 예를 들면 히스톤 줄기구조를 포함할 수 있다. 줄기구조 결합 단백질 (SLBP), 32 kDa 단백질은 확인되어 있다. 양쪽 핵 및 세포질내 히스톤 메신저의 3'-단부에서 히스톤 줄기구조와 관련된다. 그것의 발현 수준은 세포 주기에 의해 조절되고; 히스톤 mRNA 수준이 또한 상승된 경우, S-상 동안 피크이다. 단백질은 U7 snRNP에 의해 히스톤 pre-mRNA의 효율적인 3'-단부 가공에 필수적인 것으로 나타났다. SLBP는 가공후 줄기구조와 계속해서 관련되고, 그 다음 성숙한 히스톤 mRNAs의 세포질내 히스톤 단백질 속으로 번역을 자극시킨다. SLBP의 RNA 결합 도메인은 후생동물 및 원생동물을 통해 보존되고; 히스톤 줄기구조에 그것의 결합은 루프의 구조에 좌우된다. 최소 결합 부위는 줄기구조에 비해 적어도 3 뉴클레오타이드 5' 및 2 뉴클레오타이드 3'를 포함한다.

- [0334] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 코딩 영역, 적어도 1종의 히스톤 줄기구조, 및 선택적으로, 폴리(A) 서열 또는 폴리아데닐화 신호를 포함한다. 폴리(A) 서열 또는 폴리아데닐화 신호는 일반적으로 인코딩된 단백질의 발현 수준을 향상시킬 수 있다. 인코딩된 단백질은, 일부 구현예에서, 히스톤 단백질, 리포터 단백질 (예를 들면 루시페라아제, GFP, EGFP, β -갈락토시다아제, EGFP), 또는 마커 또는 선택 단백질 (예를 들면 알파-글로빈, 갈락토키나제 및 잔틴:구아닌 포스포리보실 전달효소 (GPT))가 아니다.
- [0335] 일부 구현예에서, 폴리(A) 서열 또는 폴리아데닐화 신호 및 적어도 1종의 히스톤 줄기구조의 조합은, 모두가 자연에서 대안적인 기전을 나타낼지라도, 개별 요소의 어느 한쪽으로 관측된 수준을 넘는 단백질 발현을 증가시키기 위해 상승작용으로 작용한다. 폴리(A) 및 적어도 1종의 히스톤 줄기구조의 조합의 상승작용 효과가 폴리(A) 서열의 요소 또는 길이의 정도에 좌우되지 않는 것이 밝혀졌다.
- [0336] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 히스톤 다운스트림 인자(HDE)를 포함하지 않는다. "히스톤 다운스트림 요소" (HDE)는, 성숙한 히스톤 mRNA 속으로 히스톤 pre-mRNA의 가공에 관여되는, U7 snRNA용 결합 부위를 나타내는, 자연 발생 줄기구조의 대략 15 내지 20개의 뉴클레오타이드 3'의 퓨린-풍부 폴리뉴클레오타이드 스트레치를 포함한다. 이상적으로, 본 발명 핵산은 인트론을 포함하지 않는다.
- [0337] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은, 변형 또는 비변형될 수 있거나 활성화 또는 불활성화될 수 있는, 인핸서 및/또는 프로모터 서열을 함유할 수 있거나 함유하지 않을 수 있다. 일부 구현예에서, 히스톤 줄기구조는 일반적으로 히스톤 유전자로부터 유래되고, 구조의 루프를 형성하는, 짧은 서열을 포함하는 (예를 들면, 상기로 구성되는), 스페이서에 의해 분리된 2개의 이웃한 부분적으로 또는 전적으로 역 상보적 서열의 분자내 염기 짝짓기를 포함한다. 짝짓기되지 않은 루프 영역은 전형적으로 줄기 구조 요소의 어느 한쪽과 염기 짝짓기할 수 없다. RNA에서 더욱 종종 발생하지만, 많은 RNA 2차 구조의 핵심 성분인듯이, 단일가닥 DNA에서 또한 존재할 수 있다. 줄기구조 구조의 안정성은 일반적으로 미스매치 또는 튀어나온 것의 길이, 수, 및 쌍으로 된 영역 염기 조성물에 좌우된다. 일부 구현예에서, 위블 염기 짝짓기 (비-왓슨-크릭 염기 짝짓기)가 생길 수 있다. 일부 구현예에서, 적어도 1종의 히스톤 줄기구조 서열은 15 내지 45개의 뉴클레오타이드의 길이를 포함한다.
- [0338] 다른 구현예에서 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 제거된 1종 이상의 AU-풍부 서열을 가질 수 있다. 때때로 AURES로 칭하는 이들 서열은 3'UTR에서 발견되는 서열을 탈안정화한다. AURES는 RNA (예를 들면, mRNA) 백신으로부터 제거될 수 있다. 대안적으로 AURES는 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 남을 수 있다.
- [0339] 나노입자 제형
- [0340] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 나노입자에서 제형화된다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 지질 나노입자 내에 제형화된다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 양이온성 지질 나노입자로 칭하는 지질-다양이온 복합체에서 제형화된다. 비제한적인 예로서, 다중양이온은 양이온성 펩타이드 또는 폴리펩타이드 예컨대, 비제한적으로, 폴리라이신, 폴리오르니틴 및/또는 폴리아르기닌을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 비-양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, 콜레스테롤 또는 디올레오일 포스파티딜에탄올아민 (DOPE)을 포함하는 지질 나노입자 내에 제형화된다.
- [0341] 지질 나노입자 제형은, 비제한적으로, 양이온성 지질 성분의 선택, 양이온성 지질 포화의 정도, 폐길화의 성질, 모든 성분의 비 및 생체물리학적 파라미터 예컨대 크기에 의해 영향받을 수 있다. 일 예에서 Semple 등 (Nature Biotech. 2010 28:172-176)에 의해, 지질 나노입자 제형은 57.1 %의 양이온성 지질, 7.1% 디팔미토일포스파티딜콜린, 34.3%의 콜레스테롤, 및 1.4%의 PEG-c-DMA로 구성된다. 또 다른 예로서, 양이온성 지질의 조성물 변화는 다양한 항원 제시 세포에 siRNA를 더 효과적으로 전달할 수 있다 (Basha 등 Mol Ther. 2011 19:2186-2200).
- [0342] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 35 내지 45%의 양이온성 지질, 40% 내지 50%의 양이온성 지질, 50% 내지 60%의 양이온성 지질 및/또는 55% 내지 65%의 양이온성 지질을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 지질 나노입자에서 지질 대 RNA (예를 들면, mRNA)의 비는 5:1 내지 20:1, 10:1 내지 25:1, 15:1 내지 30:1 및/또는 적어도 30:1일 수 있다.
- [0343] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형내 PEG의 비는 증가되거나 감소될 수 있고 및/또는 PEG 지질의 탄소 사슬 길이는 지질 나노입자 제형의 약동학 및/또는 체내분포를 변경시키기 위해 C14부터 C18까지 변형될 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자 제형은 양이온성 지질, DSPC 및 콜레스테롤과 비교하여 PEG-c-DOMG (R-3-[(ω -메톡시-폴리(에틸렌글리콜)2000)카바모일]-1,2-디미리스틸옥시프로필-3-아민) (또한 본 명세서에서 일명 PEG-DOMG)의 지질 물비의 0.5% 내지 3.0%, 1.0% 내지 3.5%, 1.5% 내지 4.0%, 2.0% 내지 4.5%, 2.5% 내지 5.0% 및/

또는 3.0% 내지 6.0%를 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, PEG-c-DOMG는 PEG 지질 예컨대, 비제한적으로, PEG-DSG (1,2-디스테아로일-sn-글리세롤, 메톡시폴리에틸렌 글리콜), PEG-DMG (1,2-디미리스토일-sn-글리세롤) 및/또는 PEG-DPG (1,2-디팔미토일-sn-글리세롤, 메톡시폴리에틸렌 글리콜)로 대체될 수 있다. 양이온성 지질은 당해 분야에서 공지된 임의의 지질 예컨대, 비제한적으로, DLin-MC3-DMA, DLin-DMA, C12-200 및 DLin-KC2-DMA로부터 선택될 수 있다.

[0344] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 제형은 적어도 1종의 지질을 포함하는 나노입자이다. 지질은, 비제한적으로, DLin-DMA, DLin-K-DMA, 98N12-5, C12-200, DLin-MC3-DMA, DLin-KC2-DMA, DODMA, PLGA, PEG, PEG-DMG, 폐결화된 지질 및 아미노 알코올 지질로부터 선택될 수 있다. 일부 구현예에서, 지질은 양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, DLin-DMA, DLin-D-DMA, DLin-MC3-DMA, DLin-KC2-DMA, DODMA 및 아미노 알코올 지질일 수 있다. 아미노 알코올 양이온성 지질은 하기에서 기재되고/거나 하기에서 기재된 방법에 의해 만들어질 지질일 수 있다: -미국 특허 공개 번호 US20130150625(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 양이온성 지질은 2-아미노-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-2-[[[(9Z,2Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 1); 2-아미노-3-[(9Z)-옥타데카-9-엔-1-일옥시]-2-[[[(9Z)-옥타데카-9-엔-1-일옥시]메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 2); 2-아미노-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-2-[(옥틸옥시)메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 3); 및 2-(디메틸아미노)-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-2-[[[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 4); 또는 이의 임의의 약제학적으로 허용가능한 염 또는 입체이성질체일 수 있다.

[0345] 지질 나노입자 제형은 전형적으로, 지질, 특히, 이온화가능 양이온성 지질, 예를 들면, 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부타노일레이트 (DLin-MC3-DMA), 또는 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)을 포함하고, 그리고 추가로 입자 응집을 감소시킬 수 있는 중성 지질, 스테롤 및 분자, 예를 들면 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 포함한다.

[0346] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 하기로 본질적으로 구성된다: (i) 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부타노일레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로 구성된 군으로부터 선택된 적어도 1종의 지질; (ii) DSPC, DPPC, POPC, DOPE 및 SM으로부터 선택된 중성 지질; (iii) 스테롤, 예를 들면, 콜레스테롤; 및 (iv) PEG-지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA (상기의 몰비는 20-60%의 양이온성 지질: 5-25% 중성 지질: 25-55% 스테롤; 0.5-15%의 PEG-지질임).

[0347] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 몰 기준으로 25% 내지 75%, 예를 들면, 몰 기준으로 35 내지 65%, 45 내지 65%, 60%, 57.5%, 50% 또는 40%의 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부타노일레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 양이온성 지질을 포함한다.

[0348] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 몰 기준으로 0.5% 내지 15%, 예를 들면, 몰 기준으로 3 내지 12%, 5 내지 10% 또는 15%, 10%, 또는 7.5%의 중성 지질을 포함한다. 중성 지질의 예는, 비제한적으로, 하기를 포함한다: DSPC, POPC, DPPC, DOPE 및 SM. 일부 구현예에서, 제형은 몰 기준으로 5% 내지 50% (예를 들면, 몰 기준으로 15 내지 45%, 20 내지 40%, 40%, 38.5%, 35%, 또는 31%의) 스테롤을 포함한다. 스테롤의 비-제한적인 예는 콜레스테롤이다. 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 몰 기준으로 0.5% 내지 20% (예를 들면, 몰 기준으로 0.5 내지 10%, 0.5 내지 5%, 1.5%, 0.5%, 1.5%, 3.5%, 또는 5%의) PEG 또는 PEG-변형된 지질을 포함한다. 일부 구현예에서, PEG 또는 PEG 변형된 지질은 2,000 Da의 평균 분자량의 PEG 분자를 포함한다. 일부 구현예에서, PEG 또는 PEG 변형된 지질은 2,000 미만, 예를 들면 약 1,500 Da, 약 1,000 Da, 또는 약 500 Da의 평균 분자량의 PEG 분자를 포함한다. PEG-변형된 지질의 비-제한적인 예는 하기를 포함한다: PEG-디스테아로일 글리세롤 (PEG-DMG) (또한 이하 통칭 PEG-C14 또는 C14-PEG), PEG-cDMA (Reyes 등 J. Controlled Release, 107, 276-287 (2005)에서 추가로 논의됨, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0349] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부타노일레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 L319)로부터 선택된 25-75%의 양이온성 지질, 0.5-15%의 중성 지질, 5-50%의 스테롤, 및 0.5-20%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.

[0350] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA),

디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 L319)로부터 선택된 35-65%의 양이온성 지질 선택된, 3-12%의 중성 지질, 15-45%의 스테롤, 및 0.5-10%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.

- [0351] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 45-65%의 양이온성 지질로부터 선택된, 5-10%의 중성 지질, 25-40%의 스테롤, 및 0.5-10%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0352] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 60%의 양이온성 지질, 7.5%의 중성 지질, 31 %의 스테롤, 및 1.5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0353] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 50%의 양이온성 지질, 10%의 중성 지질, 38.5 %의 스테롤, 및 1.5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0354] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 50%의 양이온성 지질, 10%의 중성 지질, 35 %의 스테롤, 4.5% 또는 5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질, 및 0.5%의 표적화 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0355] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 40%의 양이온성 지질, 15%의 중성 지질, 40%의 스테롤, 및 5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0356] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 57.2%의 양이온성 지질, 7.1%의 중성 지질, 34.3%의 스테롤, 및 1.4%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0357] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 PEG 지질은 PEG-cDMA (PEG-cDMA는 Reyes 등 (J. Controlled Release, 107, 276-287 (2005)에서 추가로 논의되고, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)로부터 선택된 57.5%의 양이온성 지질, 7.5%의 중성 지질, 31.5 %의 스테롤, 및 3.5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0358] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 하기의 몰비의 지질 혼합물로 본질적으로 구성된다: 20-70%의 양이온성 지질: 5-45% 중성 지질: 20-55%의 콜레스테롤: 0.5-15%의 PEG-변형된 지질. 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 하기의 몰비의 지질 혼합물로 본질적으로 구성된다: 20-60%의 양이온성 지질: 5-25% 중성 지질: 25-55%의 콜레스테롤: 0.5-15%의 PEG-변형된 지질.
- [0359] 일부 구현예에서, 몰 지질 비는 하기이다: 50/10/38.5/1.5 (mol%의 양이온성 지질/중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG, PEG-DSG 또는 PEG-DPG), 57.2/7.1134.3/1.4 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DPPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-cDMA), 40/15/40/5 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG), 50/10/35/4.5/0.5 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DSG), 50/10/35/5 (양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG), 40/10/40/10 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA), 35/15/40/10 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA) 또는 52/13/30/5 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA).
- [0360] 지질 나노입자 조성물 및 이의 제조 방법의 비-제한적인 예는 예를 들면, 하기에 기재되어 있다: Semple 등 (2010) Nat. Biotechnol. 28:172-176; Jayarama 등 (2012), Angew. Chem. Int. Ed., 51: 8529-8533; 및 Maier

등 (2013) Molecular Therapy 21, 1570-1578 (이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).

- [0361] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 양이온성 지질, PEG 지질 및 구조적 지질을 포함할 수 있고, 선택적으로 비-양이온성 지질을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 40-60%의 양이온성 지질, 5-15%의 비-양이온성 지질, 1-2%의 PEG 지질 및 30-50%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 50%의 양이온성 지질, 10%의 비-양이온성 지질, 1.5%의 PEG 지질 및 38.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 55%의 양이온성 지질, 10%의 비-양이온성 지질, 2.5%의 PEG 지질 및 32.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 본 명세서에 기재된 임의의 양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, DLin-KC2-DMA, DLin-MC3-DMA 및 L319일 수 있다.
- [0362] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 지질 나노입자 제형은 4 성분 지질 나노입자일 수 있다. 지질 나노입자는 양이온성 지질, 비-양이온성 지질, PEG 지질 및 구조적 지질을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 40-60%의 양이온성 지질, 5-15%의 비-양이온성 지질, 1-2%의 PEG 지질 및 30-50%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 50%의 양이온성 지질, 10%의 비-양이온성 지질, 1.5%의 PEG 지질 및 38.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 55%의 양이온성 지질, 10%의 비-양이온성 지질, 2.5%의 PEG 지질 및 32.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 본 명세서에 기재된 임의의 양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, DLin-KC2-DMA, DLin-MC3-DMA 및 L319일 수 있다.
- [0363] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 지질 나노입자 제형은 양이온성 지질, 비-양이온성 지질, PEG 지질 및 구조적 지질을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 50%의 양이온성 지질 DLin-KC2-DMA, 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 1.5%의 PEG 지질 PEG-DOMG 및 38.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 50%의 양이온성 지질 DLin-MC3-DMA, 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 1.5%의 PEG 지질 PEG-DOMG 및 38.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 50%의 양이온성 지질 DLin-MC3-DMA, 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 1.5%의 PEG 지질 PEG-DMG 및 38.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 55%의 양이온성 지질 L319, 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 2.5%의 PEG 지질 PEG-DMG 및 32.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다.
- [0364] 백신 조성물 중 활성 성분, 약제학적으로 허용가능한 부형제, 및/또는 임의의 추가 성분의 상대적인 양은 치료될 대상체의 동일성, 크기, 및/또는 상태 및 추가로 조성물이 투여될 경로에 따라 변할 수 있다. 예를 들면, 본 조성물은 0.1% 내지 99% (w/w)의 활성 성분. 예로써, 본 조성물은 0.1% 내지 100%, 예를 들면, 0.5 내지 50%, 1 내지 30%, 5 내지 80%, 적어도 80% (w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다.
- [0365] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 조성물은 MC3, 콜레스테롤, DSPC 및 PEG2000-DMG, 완충액 트리나트륨 시트레이트, 수크로오스 및 주사용 물을 포함하는 지질 나노입자 내에 제형화된 본 명세서에 기재된 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 본 조성물은 하기를 포함한다: 2.0 mg/mL의 약물 서브스텐스, 21.8 mg/mL의 MC3, 10.1 mg/mL의 콜레스테롤, 5.4 mg/mL의 DSPC, 2.7 mg/mL의 PEG2000-DMG, 5.16 mg/mL의 트리나트륨 시트레이트, 71 mg/mL의 수크로오스 및 1.0 mL의 주사용 물.
- [0366] 일부 구현예에서, 나노입자 (예를 들면, 지질 나노입자)는 10-500 nm, 20-400 nm, 30-300 nm, 40-200 nm 의 평균 직경을 갖는다. 일부 구현예에서, 나노입자 (예를 들면, 지질 나노입자)는 50-150 nm, 50-200 nm, 80-100 nm 또는 80-200 nm 의 평균 직경을 갖는다.
- [0367] 리포솜, 리포플렉스, 및 지질 나노입자
- [0368] 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 1종 이상의 리포솜, 리포플렉스, 또는 지질 나노입자를 사용하여 제형화될 수 있다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 약제학적 조성물은 리포솜을 포함한다. 리포솜은 지질 이중층으로 주로 구성될 수 있고 영양소 및 약제학적 제형의 투여용 전달 비히클로서 사용될 수 있는 인공적으로-제조된 소포이다. 리포솜은 그 크기라 상이할 수 있고, 그 예는, 비제한적으로, 직경이 수백 나노미터일 수 있고 좁은 수성 구획에 의해 분리된 일련의 동심성 이중층을 함유하는 다중층 소포 (MLV), 직경이 50 nm 미만일 수 있는 작은 단세포 소포 (SUV), 및 직경이 50 내지 500 nm일 수 있는 큰 단일라멜라 소포 (LUV)이다. 리포솜 디자인은, 리포솜의 건강에 해로운 조직에의 부착을 개선하거나 사건 예컨대, 비제한적으로, 세포내이입을 활성화하기 위해 옹소닌 또는 리간드를 비제한적으로 포하할 수 있다. 리포솜은 약제학적 제형의 전달을 개선하기 위해 낮거나 높은 pH를 가질 수 있다.

- [0369] 리포좀의 형성은 물리화학 특징 예컨대, 비제한적으로, 약제학적 제형 포획된 및 리포좀 성분, 지질 소포가 분산되는 매질의 본성, 포획된 서브스텐스의 효과적인 농도 및 그것의 잠재적인 독성, 소포의 적용 및/또는 전달 동안에 관련된 임의의 추가 과정, 의도된 적용을 위한 소포의 최적화 크기, 다분산도 및 저장수명, 및 안전하고 효율적인 리포좀 생성물의 대규모 생산의 배치-투-배치 재현성 및 가능성에 좌우될 수 있다.
- [0370] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물은, 비제한적으로, 하기를 포함할 수 있다: 리포좀 예컨대 1,2-디올레일옥시-N,N-디메틸아미노프로판 (DODMA) 리포좀, DiLa2 리포좀 (Marina Biotech (Bothell, WA)), 1,2-디리놀레일옥시-3-디메틸아미노프로판 (DLin-DMA), 2,2-디리놀레일-4-(2-디메틸아미노에틸)-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 및 MC3 (US20100324120; 이는 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입됨) 및 소분자 약물을 전달할 수 있는 리포좀 예컨대, 비제한적으로, DOXIL® (Janssen Biotech, Inc. (Horsham, PA))로부터 형성된 것들.
- [0371] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 약제학적 조성물은, 비제한적으로, 하기를 포함할 수 있다: 리포좀 예컨대 이전에 기재되었고 시험관내 및 생체내에서 올리고뉴클레오타이드 전달에 적합한 것으로 보여진 안정화된 플라스미드-지질 입자 (SPLP) 또는 안정화된 핵산 지질 입자 (SNALP)의 합성으로부터 형성된 것들 (참조 Wheeler 등 Gene Therapy. 1999 6:271-281; Zhang 등 Gene Therapy. 1999 6:1438-1447; Jeffs 등 Pharm Res. 2005 22:362-372; Morrissey 등, Nat Biotechnol. 2005 2:1002-1007; Zimmermann 등, Nature. 2006 441:111-114; Heyes 등 J Contr Rel. 2005 107:276-287; Semple 등 Nature Biotech. 2010 28:172-176; Judge 등 J Clin Invest. 2009 119:661-673; deFougerolles Hum Gene Ther. 2008 19:125-132; 미국 특허 공개 번호 US20130122104; 이들 모두는 그 전체가 본 명세서에 편입되어 있음). Wheeler 등에 의한 최초 제조 방법은 세제 투석 방법이었고, 이것은 나중에 Jeffs 등에 의해 개선되었고 자발적인 소포 형성 방법으로 칭한다. 리포좀 제형은 폴리뉴클레오타이드 외에 3 내지 4개의 지질 성분으로 구성된다. 예로서 리포좀은 contain, 비제한적으로, 55%의 콜레스테롤, 20% 디스테로일포스파티딜 콜린 (DSPC), 10%의 PEG-S-DSG, 및 15% 1,2-디올레일옥시-N,N-디메틸아미노프로판 (DODMA) (Jeffs 등에 의해 기재됨)을 함유할 수 있다. 또 다른 예로서, 특정 리포좀 제형은 contain, 비제한적으로, 48%의 콜레스테롤, 20% DSPC, 2%의 PEG-c-DMA, 및 30%의 양이온성 지질을 함유할 수 있고, 상기 양이온성 지질은 1,2-디스테아릴옥시-N,N-디메틸아미노프로판 (DSDMA), DODMA, DLin-DMA, 또는 1,2-디리놀레일옥시-3-디메틸아미노프로판 (DLenDMA) (Heyes 등에 의해 기재됨)일 수 있다.
- [0372] 일부 구현예에서, 리포좀 제형은 약 25.0%의 콜레스테롤 내지 약 40.0%의 콜레스테롤, 약 30.0%의 콜레스테롤 내지 약 45.0%의 콜레스테롤, 약 35.0%의 콜레스테롤 내지 약 50.0%의 콜레스테롤 및/또는 약 48.5%의 콜레스테롤 내지 약 60%의 콜레스테롤을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 제형은 28.5%, 31.5%, 33.5%, 36.5%, 37.0%, 38.5%, 39.0% 및 43.5%로 구성된 군으로부터 선택된 콜레스테롤의 백분율을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 제형은 약 5.0% 내지 약 10.0% DSPC 및/또는 약 7.0% 내지 약 15.0% DSPC를 포함할 수 있다.
- [0373] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신 약제학적 조성물은 하기에서 제형화될 수 있다: 리포좀 예컨대, 비제한적으로, DiLa2 리포좀 (Marina Biotech, Bothell, WA), SMARTICLES® (Marina Biotech, Bothell, WA), 중성 DOPC (1,2-디올레오일-sn-글리세로-3-포스포콜린) 기반 리포좀 (예를 들면, 난소암을 위한 siRNA 전달 (Landen 등 Cancer Biology & Therapy 2006 5(12)1708-1713); 이는 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입됨) 및 하이알루로난-코팅된 리포좀 (Quiet Therapeutics, Israel).
- [0374] 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 저분자량 양이온성 지질 예컨대 U.S. 특허 출원 번호 20130090372(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 것들일 수 있다.
- [0375] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 작용화된 지질 이중층 사이에서 가교결합될 수 있는 지질 소포에서 제형화될 수 있다.
- [0376] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 지질-다양이온 복합체에서 제형화될 수 있다. 지질-다양이온 복합체의 형성은 당해 분야에서 공지된 방법에 의해 및/또는 U.S. 공개 번호 20120178702(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 바와 같이 달성될 수 있다. 비제한적인 예로서, 다중양이온은 양이온성 펩타이드 또는 폴리펩타이드 예컨대, 비제한적으로, 폴리라이신, 폴리오르니틴 및/또는 폴리아르기닌을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은, 비-양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, 콜레스테롤 또는 디올레오일 포스파티딜에탄올아민 (DOPE)를 추가로 포함할 수 있는 지질-다양이온 복합체에서 제형화될 수 있다.
- [0377] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 (LNP) 제형 중 PEG의 비는 증가되거나 감소될 수 있고/거나 PEG 지질의 탄소

사슬 길이는 LNP 제형의 약동학 및/또는 체내분포를 변경시키기 위해 C14 내지 C18로부터 변형될 수 있다. 비제한적인 예로서, LNP 제형은 양이온성 지질, DSPC 및 콜레스테롤과 비교하여 PEG-c-DOMG (R-3-[(ω -메톡시-폴리(에틸렌글리콜)2000)카바모일]-1,2-디미리스틸옥시프로필-3-아민) (또한 본 명세서에서 일명 PEG-DOMG)의 지질 물비의 약 0.5% 내지 약 3.0%, 약 1.0% 내지 약 3.5%, 약 1.5% 내지 약 4.0%, 약 2.0% 내지 약 4.5%, 약 2.5% 내지 약 5.0% 및/또는 약 3.0% 내지 약 6.0%를 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, PEG-c-DOMG는 PEG 지질 예컨대, 비제한적으로, PEG-DSG (1,2-디스테아로일-sn-글리세롤, 메톡시폴리에틸렌 글리콜), PEG-DMG (1,2-디미리스토일-sn-글리세롤) 및/또는 PEG-DPG (1,2-디팔미토일-sn-글리세롤, 메톡시폴리에틸렌 글리콜)로 대체될 수 있다. 양이온성 지질은 당해 분야에서 공지된 임의의 지질 예컨대, 비제한적으로, Dlin-MC3-DMA, Dlin-DMA, C12-200 및 Dlin-KC2-DMA로부터 선택될 수 있다.

[0378] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 지질 나노입자 내에 제형화될 수 있다.

[0379] 일부 구현예에서, 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 제형은 적어도 1종의 지질을 포함할 수 있는 나노입자이다. 지질은, 비제한적으로, Dlin-DMA, Dlin-K-DMA, 98N12-5, C12-200, Dlin-MC3-DMA, Dlin-KC2-DMA, DODMA, PLGA, PEG, PEG-DMG, 폐결화된 지질 및 아미노 알코올 지질로부터 선택될 수 있다. 또 다른 측면에서, 지질은 양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, Dlin-DMA, Dlin-D-DMA, Dlin-MC3-DMA, Dlin-KC2-DMA, DODMA 및 아미노 알코올 지질일 수 있다. 아미노 알코올 양이온성 지질은 하기에서 기재되고/거나 하기에서 기재된 방법에 의해 만들어질 지질일 수 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130150625(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 양이온성 지질은 2-아미노-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-2-[[[(9Z,2Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 1); 2-아미노-3-[(9Z)-옥타데카-9-엔-1-일옥시]-2-[[[(9Z)-옥타데카-9-엔-1-일옥시]메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 2); 2-아미노-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-2-[(옥틸옥시)메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 3); 및 2-(디메틸아미노)-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-2-[[[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]메틸]프로판-1-올 (US20130150625에서 화합물 4); 또는 이의 임의의 약제학적으로 허용가능한 염 또는 입체이성질체일 수 있다.

[0380] 지질 나노입자 제형은 전형적으로 지질, 특히, 이온화가능 양이온성 지질, 예를 들면, 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (Dlin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (Dlin-MC3-DMA), 또는 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)을 포함하고, 그리고 추가로 입자 응집을 감소시킬 수 있는 중성 지질, 스테롤 및 분자, 예를 들면 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 포함한다.

[0381] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 하기로 본질적으로 구성된다: (i) 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (Dlin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (Dlin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로 구성된 군으로부터 선택된 적어도 1종의 지질; (ii) DSPC, DPPC, POPC, DOPE 및 SM으로부터 선택된 중성 지질; (iii) 스테롤, 예를 들면, 콜레스테롤; 및 (iv) PEG-지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA (상기의 물비는 약 20-60%의 양이온성 지질: 5-25% 중성 지질: 25-55% 스테롤; 0.5-15%의 PEG-지질임).

[0382] 일부 구현예에서, 제형은 물 기준으로 약 25% 내지 약 75% 예를 들면, 물 기준으로 약 35 내지 약 65%, 약 45 내지 약 65%, 약 60%, 약 57.5%, 약 50% 또는 약 40%의 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (Dlin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (Dlin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 양이온성 지질을 포함한다.

[0383] 일부 구현예에서, 제형은 물 기준으로 약 0.5% 내지 약 15% 예를 들면, 약 3 내지 약 12%, 약 5 내지 약 10% 또는 약 15%, 약 10%, 또는 약 7.5%의 중성 지질을 포함한다. 중성 지질의 예는, 비제한적으로, 하기를 포함한다: DSPC, POPC, DPPC, DOPE 및 SM. 일부 구현예에서, 제형은 물 기준으로 약 5% 내지 약 50% (예를 들면, 물 기준으로 약 15 내지 약 45%, 약 20 내지 약 40%, 약 40%, 약 38.5%, 약 35%, 또는 약 31%의) 스테롤을 포함한다. 예시적인 스테롤은 콜레스테롤이다. 일부 구현예에서, 제형은 물 기준으로 약 0.5% 내지 약 20% (예를 들면, 물 기준으로 약 0.5 내지 약 10%, 약 0.5 내지 약 5%, 약 1.5%, 약 0.5%, 약 1.5%, 약 3.5%, 또는 약 5%의) PEG 또는 PEG-변형된 지질을 포함한다. 일부 구현예에서, PEG 또는 PEG 변형된 지질은 2,000 Da의 평균 분자량의 PEG 분자를 포함한다. 다른 구현예에서, PEG 또는 PEG 변형된 지질은 2,000 미만, 예를 들면 약 1,500 Da, 약 1,000 Da, 또는 약 500 Da의 평균 분자량의 PEG 분자를 포함한다. PEG-변형된 지질의 예는, 비제한적으로, 하기를 포함한다: PEG-디스테아로일 글리세롤 (PEG-DMG) (또한 이하 통칭 PEG-C14 또는 C14-PEG), PEG-cDMA

(Reyes 등 J. Controlled Release, 107, 276-287 (2005)에서 추가로 논의됨, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)

- [0384] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 L319)로부터 선택된 25-75%의 양이온성 지질, 0.5-15%의 중성 지질, 5-50%의 스테롤, 및 0.5-20%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0385] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 L319)로부터 선택된 35-65%의 양이온성 지질, 3-12%의 중성 지질, 15-45%의 스테롤, 및 0.5-10%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0386] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 45-65%의 양이온성 지질, 5-10%의 중성 지질, 25-40%의 스테롤, 및 0.5-10%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0387] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 약 60%의 양이온성 지질, 약 7.5%의 중성 지질, 약 31 %의 스테롤, 및 약 1.5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0388] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 약 50%의 양이온성 지질, 약 10%의 중성 지질, 약 38.5 %의 스테롤, 및 약 1.5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0389] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 약 50%의 양이온성 지질, 약 10%의 중성 지질, 약 35 %의 스테롤, 약 4.5% 또는 약 5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질, 및 약 0.5%의 표적화 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0390] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 약 40%의 양이온성 지질, 약 15%의 중성 지질, 약 40%의 스테롤, 및 약 5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0391] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 2,2-디리놀레일-4-디메틸아미노에틸-[1,3]-디옥솔란 (DLin-KC2-DMA), 디리놀레일-메틸-4-디메틸아미노부티레이트 (DLin-MC3-DMA), 및 디((Z)-논-2-엔-1-일) 9-((4-(디메틸아미노)부타노일)옥시)헵타데칸디오에이트 (L319)로부터 선택된 약 57.2%의 양이온성 지질, 약 7.1%의 중성 지질, 약 34.3%의 스테롤, 및 약 1.4%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질을 몰 기준으로 포함한다.
- [0392] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 제형은 몰 기준으로 하기를 포함한다: PEG 지질이 PEG-cDMA로부터 선택된 것인 약 57.5%의 양이온성 지질 (PEG-cDMA는 Reyes 등 (J. *Controlled Release*, 107, 276-287 (2005)에서 추가로 논의되고, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음), 약 7.5%의 중성 지질, 약 31.5 %의 스테롤, 및 약 3.5%의 PEG 또는 PEG-변형된 지질.
- [0393] 일부 구현예에서, 지질 나노입자 제형은 하기의 물비의 지질 혼합물로 본질적으로 구성된다: 약 20-70%의 양이온성 지질: 5-45% 중성 지질: 20-55%의 콜레스테롤: 0.5-15%의 PEG-변형된 지질; 더 바람직하게는 약 20-60%의 양이온성 지질: 5-25% 중성 지질: 25-55%의 콜레스테롤: 0.5-15%의 PEG-변형된 지질.
- [0394] 일부 구현예에서, 몰 지질 비는 하기이다: 대략 50/10/38.5/1.5 (mol%의 양이온성 지질/중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG, PEG-DSG 또는 PEG-DPG), 57.2/7.1134.3/1.4 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DPPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-cDMA), 40/15/40/5 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG), 50/10/35/4.5/0.5 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DSG),

50/10/35/5 (양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG), 40/10/40/10 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA), 35/15/40/10 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA) 또는 52/13/30/5 (mol%의 양이온성 지질/ 중성 지질, 예를 들면, DSPC/Chol/ PEG-변형된 지질, 예를 들면, PEG-DMG 또는 PEG-cDMA).

[0395] 지질 나노입자 조성물의 예 및 이의 제조방법은 예를 들면, 하기에 기재되어 있다: Semple 등 (2010) Nat. Biotechnol. 28:172-176; Jayarama 등 (2012), Angew. Chem. Int. Ed., 51: 8529-8533; 및 Maier 등 (2013) Molecular Therapy 21, 1570-1578 (이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).

[0396] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 지질 나노입자 제형은 양이온성 지질, PEG 지질 및 구조적 지질을 포함할 수 있고, 선택적으로 비-양이온성 지질을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 40-60%의 양이온성 지질, 약 5-15%의 비-양이온성 지질, 약 1-2%의 PEG 지질 및 약 30-50%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 50%의 양이온성 지질, 약 10%의 비-양이온성 지질, 약 1.5%의 PEG 지질 및 약 38.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 55%의 양이온성 지질, 약 10%의 비-양이온성 지질, 약 2.5%의 PEG 지질 및 약 32.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 본 명세서에 기재된 임의의 양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, DLin-KC2-DMA, DLin-MC3-DMA 및 L319일 수 있다.

[0397] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 지질 나노입자 제형은 4 성분 지질 나노입자일 수 있다. 지질 나노입자는 양이온성 지질, 비-양이온성 지질, PEG 지질 및 구조적 지질을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 40-60%의 양이온성 지질, 약 5-15%의 비-양이온성 지질, 약 1-2%의 PEG 지질 및 약 30-50%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 50%의 양이온성 지질, 약 10%의 비-양이온성 지질, 약 1.5%의 PEG 지질 및 약 38.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 55%의 양이온성 지질, 약 10%의 비-양이온성 지질, 약 2.5%의 PEG 지질 및 약 32.5%의 구조적 지질을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 본 명세서에 기재된 임의의 양이온성 지질 예컨대, 비제한적으로, DLin-KC2-DMA, DLin-MC3-DMA 및 L319일 수 있다.

[0398] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 지질 나노입자 제형은 양이온성 지질, 비-양이온성 지질, PEG 지질 및 구조적 지질을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 50%의 양이온성 지질 DLin-KC2-DMA, 약 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 약 1.5%의 PEG 지질 PEG-DOMG 및 약 38.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 50%의 양이온성 지질 DLin-MC3-DMA, 약 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 약 1.5%의 PEG 지질 PEG-DOMG 및 약 38.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다. 비제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 50%의 양이온성 지질 DLin-MC3-DMA, 약 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 약 1.5%의 PEG 지질 PEG-DMG 및 약 38.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 약 55%의 양이온성 지질 L319, 약 10%의 비-양이온성 지질 DSPC, 약 2.5%의 PEG 지질 PEG-DMG 및 약 32.5%의 구조적 지질 콜레스테롤을 포함한다.

[0399] 비제한적인 예로서, 양이온성 지질은 하기로부터 선택될 수 있다: (20Z,23Z)-N,N-디메틸노나코사--20,23-디엔-10-아민, (17Z,20Z)-N,N-디메틸헥사코사-17,20-디엔-9-아민, (1Z,19Z)-N,N-디메틸헵타코사-1 6, 19-디엔-8-아민, (13Z,16Z)-N,N-디메틸도코사-13,16-디엔-5-아민, (12Z,15Z)-N,N-디메틸헵타코사-12,15-디엔-4-아민, (14Z,17Z)-N,N-디메틸트리코사-14,17-디엔-6-아민, (15Z,18Z)-N,N-디메틸테트라코사-15,18-디엔-7-아민, (18Z,21Z)-N,N-디메틸헵타코사-18,21-디엔-10-아민, (15E,18E)-N,N-디메틸테트라코사-15,18-디엔-5-아민, (14Z,17Z)-N,N-디메틸트리코사-14,17-디엔-4-아민, (19Z,22Z)-N,N-디메틸옥타코사-19,22-디엔-9-아민, (18Z,21Z)-N,N-디메틸헵타코사-18,21 -디엔-8 -아민, (17Z,20Z)-N,N-디메틸헥사코사- 17,20-디엔-7-아민, (16Z,19Z)-N,N-디메틸헵타코사-16,19-디엔-6-아민, (22Z,25Z)-N,N-디메틸헵타코사-22,25-디엔-10-아민, (21 Z,24Z)-N,N-디메틸트리코사-21,24-디엔-9-아민, (18Z)-N,N-디메틸헵타코사-18-엔-10-아민, (17Z)-N,N-디메틸헥사코사-17-엔-9-아민, (19Z,22Z)-N,N-디메틸옥타코사-19,22-디엔-7-아민, N,N-디메틸헵타코사-10-아민, (20Z,23Z)-N-에틸-N-메틸노나코사--20,23-디엔-10-아민, 1-[(11Z,14Z)-1-노닐아이코사-11,14-디엔-1-일] 피롤리딘, (20Z)-N,N-디메틸헵타코사-20-엔-1 0-아민, (15Z)-N,N-디메틸 헵타코사-15-엔-1 0-아민, (14Z)-N,N-디메틸노나코사-14-엔-10-아민, (17Z)-N,N-디메틸노나코사-17-엔-10-아민, (24Z)-N,N-디메틸트리코사-24-엔-10-아민, (20Z)-N,N-디메틸노나코사-20-엔-1 0-아민, (22Z)-N,N-디메틸헵타코사-22-엔-10-아민, (16Z)-N,N-디메틸헵타코사-16-엔-8-아민, (12Z,15Z)-N,N-디메틸-2-노닐헵타코사-12,15-디엔-1-아민, (13Z,16Z)-N,N-디메틸-3-노닐도코사-13,16-디엔-1-아민, N,N-디메틸-1-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필] 헵타데칸-8-아민, 1-[(1S,2R)-

2-헥실사이클로프로필]-N,N-디메틸노나데칸-10-아민, N,N-디메틸-1-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필]노나데칸-10-아민, N,N-디메틸-21-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필]헤니코산-10-아민, N,N-디메틸-1-[(1S,2S)-2-[(1R,2R)-2-펜틸사이클로프로필]메틸]사이클로프로필]노나데칸-10-아민, N,N-디메틸-1-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필]헥사데칸-8-아민, N,N-디메틸-[(1R,2S)-2-운데실사이클로프로필]테트라데칸-5-아민, N,N-디메틸-3-{7-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필]헵틸} 도데칸-1-아민, 1-[(1R,2S)-2-헵틸사이클로프로필]-N,N-디메틸옥타데칸-9-아민, 1-[(1S,2R)-2-데실사이클로프로필]-N,N-디메틸펜타데칸-6-아민, N,N-디메틸-1-[(1S,2R)-2-옥틸사이클로프로필]펜타데칸-8-아민, R-N,N-디메틸-1-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, S-N,N-디메틸-1-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, 1-{2-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-1-(옥틸옥시)메틸}에틸}피롤리딘, (2S)-N,N-디메틸-1-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-3-[(5Z)-옥트-5-엔-1-일옥시]프로판-2-아민, 1-{2-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]-1-(옥틸옥시)메틸}에틸}아제타딘, (2S)-1-(헥실옥시)-N,N-디메틸-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]프로판-2-아민, (2S)-1-(헵틸옥시)-N,N-디메틸-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]프로판-2-아민, N,N-디메틸-1-(노닐옥시)-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]프로판-2-아민, N,N-디메틸-1-[(9Z)-옥타데카-9-엔-1-일옥시]-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민; (2S)-N,N-디메틸-1-[(6Z,9Z,12Z)-옥타데카-6,9,12-트리엔-1-일옥시]-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, (2S)-1-[(11Z,14Z)-아이코사-11,14-디엔-1-일옥시]-N,N-디메틸-3-(펜틸옥시)프로판-2-아민, (2S)-1-(헥실옥시)-3-[(11Z,14Z)-아이코사-11,14-디엔-1-일옥시]-N,N-디메틸프로판-2-아민, 1-[(11Z,14Z)-아이코사-11,14-디엔-1-일옥시]-N,N-디메틸-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, 1-[(13Z,16Z)-도코사-13,16-디엔-1-일옥시]-N,N-디메틸-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, (2S)-1-[(13Z,16Z)-도코사-13,16-디엔-1-일옥시]-3-(헥실옥시)-N,N-디메틸프로판-2-아민, (2S)-1-[(13Z)-도코스-13-엔-1-일옥시]-3-(헥실옥시)-N,N-디메틸프로판-2-아민, 1-[(13Z)-도코스-13-엔-1-일옥시]-N,N-디메틸-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, 1-[(9Z)-헥사데카-9-엔-1-일옥시]-N,N-디메틸-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민, (2R)-N,N-디메틸-H(1-메토일옥틸)옥시]-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]프로판-2-아민, (2R)-1-[(3,7-디메틸옥틸)옥시]-N,N-디메틸-3-[(9Z,12Z)-옥타데카-9,12-디엔-1-일옥시]프로판-2-아민, N,N-디메틸-1-(옥틸옥시)-3-({8-[(1S,2S)-2-[(1R,2R)-2-펜틸사이클로프로필]메틸]사이클로프로필}옥틸)옥시)프로판-2-아민, N,N-디메틸-1-({8-(2-옥실사이클로프로필)옥틸)옥시}-3-(옥틸옥시)프로판-2-아민 및 (11E,20Z,23Z)-N,N-디메틸노나코사-11,20,2-트리엔-10-아민 또는 이의 약제학적으로 허용가능한 염 또는 입체 이성질체.

- [0400] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 LNP 제형은 PEG-c-DOMG를 3% 지질 물비로 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 LNP 제형은 PEG-c-DOMG를 1.5% 지질 물비로 함유할 수 있다.
- [0401] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 약제학적 조성물은 국제공개 번호 W02012099755(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 폐결화된 지질 중 적어도 하나를 포함할 수 있다.
- [0402] 일부 구현예에서, LNP 제형은 PEG-DMG 2000 (1,2-디미리스토일-sn-글리세로-3-포스포에탄올아민-N-[메톡시(폴리에틸렌 글리콜)-2000])를 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, LNP 제형은 PEG-DMG 2000, 당해 분야에서 공지된 양이온성 지질 및 적어도 1종의 다른 성분을 함유할 수 있다. 일부 구현예에서, LNP 제형은 PEG-DMG 2000, 당해 분야에서 공지된 양이온성 지질, DSPC 및 콜레스테롤을 함유할 수 있다. 비제한적인 예로서, LNP 제형은 PEG-DMG 2000, DLin-DMA, DSPC 및 콜레스테롤을 함유할 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서 LNP 제형은 PEG-DMG 2000, DLin-DMA, DSPC 및 콜레스테롤을 2:40:10:48의 물비로 함유할 수 있다 (참조 예를 들면, Geall 등, Nonviral delivery of self-amplifying RNA (e.g., mRNA) vaccines, PNAS 2012; PMID: 22908294, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).
- [0403] 본 명세서에서 기재된 지질 나노입자는 멸균된 환경에서 만들어질 수 있다.
- [0404] 일부 구현예에서, LNP 제형은 나노입자 예컨대 핵산-지질 입자에서 제형화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 지질 입자는 하기를 포함할 수 있다 1종 이상의 활성제 또는 치료제; 입자에 존재하는 총 지질의 약 50 mol % 내지 약 85 mol %를 포함하는 1종 이상의 양이온성 지질; 입자에 존재하는 총 지질의 약 13 mol % 내지 약 49.5 mol %를 포함하는 1종 이상의 비-양이온성 지질; 및 입자에 존재하는 총 지질의 약 0.5 mol % 내지 약 2 mol %를 포함하는 입자의 응집을 억제하는 1종 이상의 접합된 지질.
- [0405] 나노입자 제형은 포스페이트 콘주게이트를 포함할 수 있다. 포스페이트 콘주게이트는 생체내 순환 시간을 증가시키고/거나 나노입자의 표적화된 전달을 증가시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 포스페이트 콘주게이트는 하기에 기재된 식들 중 임의의 것의 화합물을 포함할 수 있다: 국제 출원 번호 W02013033438(이들의 내용은 그 전문

이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

- [0406] 나노입자 제형은 폴리머 콘주게이트를 포함할 수 있다. 폴리머 콘주게이트는 수용성 콘주게이트일 수 있다. 폴리머 콘주게이트는 하기에 기재된 바와 같은 구조를 가질 수 있다: U.S. 특허 출원 번호 20130059360(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 일부 구현예에서, 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드를 갖는 폴리머 콘주게이트는 U.S. 특허 출원 번호 20130072709(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 방법 및/또는 분절된 폴리머 시약을 사용하여 만들어질 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리머 콘주게이트는 고리 모이어티 예컨대, 비제한적으로, 미국 특허 공개 번호 US20130196948(이의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에 기재된 폴리머 콘주게이트를 포함하는 펜던트 측면 그룹을 가질 수 있다.
- [0407] 나노입자 제형은 대상체에서 본 개시내용의 나노입자의 전달을 향상시키기 위해 콘주게이트를 포함할 수 있다. 또한, 콘주게이트는 대상체에서 나노입자의 식세포 청소능을 억제할 수 있다. 일 측면에서, 콘주게이트는 인간 막 단백질 CD47로부터 설계된 "자가" 펩타이드일 수 있다 (예를 들면, Rodriguez 등 (Science 2013 339, 971-975)(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음)에 의해 기재된 "자가" 입자). Rodriguez 등에 의해 보여진 바와 같이, 자가 펩타이드는 나노입자의 전달을 향상시킨 나노입자의 대식세포-매개된 청소능을 지연시킨다. 또 다른 측면에서, 콘주게이트는 막 단백질 CD47일 수 있다 (예를 들면, Rodriguez 등 Science 2013 339, 971-975(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음) 참고). Rodriguez 등은, "자가" 펩타이드와 유사하게, CD47가 스캐램블드 펩타이드 및 PEG 코팅된 나노입자와 비교하여 대상체에서 순환 입자 비를 증가시킬 수 있음을 나타내었다.
- [0408] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 대상체에서 본 개시내용의 나노입자의 전달을 향상시키기 위해 콘주게이트를 포함하는 나노입자에서 제형화된다. 콘주게이트는 CD47 막 또는 콘주게이트는 CD47 막 단백질, 예컨대 이전에 기재된 "자가" 펩타이드로부터 유래될 수 있다. 일부 구현예에서, 나노입자는 PEG 및 CD47 또는 그것의 유도체의 콘주게이트를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 나노입자는 상기에 기재된 "자가" 펩타이드 및 막 단백질 CD47를 포함할 수 있다.
- [0409] 일부 구현예에서, "자가" 펩타이드 및/또는 CD47 단백질은 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 전달을 위해 본 명세서에서 기재된 바와 같이 바이러스-유사 입자 또는 슈도바이러스에 접합될 수 있다.
- [0410] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신 약제학적 조성물은 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드 및 분해성 결합을 가질 수 있는 콘주게이트를 포함한다. 콘주게이트의 비-제한적인 예는 이온화가능 수소 원자, 스페이서 모이어티, 및 수용성 폴리머를 포함하는 방향족 모이어티를 포함한다. 비제한적인 예로서, 분해성 결합을 갖는 콘주게이트를 포함하는 약제학적 조성물 및 그와 같은 약제학적 조성물을 전달하는 방법은 하기에 기재되어 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130184443(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0411] 나노입자 제형은 탄수화물 캐리어 및 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 포함하는 탄수화물 나노입자일 수 있다. 비제한적인 예로서, 탄수화물 캐리어는, 비제한적으로, 하기를 포함할 수 있다: 무수물-변형된 파이토글리코젠 또는 글리코젠-형 물질, 파이토글리코젠 옥테닐 석시네이트, 파이토글리코젠 베타-덱스트린, 무수물-변형된 파이토글리코젠 베타-덱스트린. (참조 예를 들면, 국제공개 번호 W02012109121; 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0412] 본 개시내용의 나노입자 제형은 입자의 전달을 개선하기 위해 계면활성제 또는 폴리머로 코팅될 수 있다. 일부 구현예에서, 나노입자는 친수성 코팅물 예컨대, 비제한적으로, PEG 코팅물 및/또는 중성 표면 전하를 갖는 코팅물 로 코팅될 수 있다. 친수성 코팅물은 중추신경계 내에서 더 큰 적재물 예컨대, 비제한적으로, RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 갖는 나노입자를 전달하는 것을 도울 수 있다. 비제한적인 예로서 친수성 코팅을 포함하는 나노입자 및 그와 같은 나노입자를 제조하는 방법은 하기에 기재되어 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130183244(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0413] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 지질 나노입자는 친수성 폴리머 입자일 수 있다. 친수성 폴리머 입자의 비-제한적인 예 및 친수성 폴리머 입자를 제조하는 방법은 하기에 기재되어 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130210991(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0414] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 지질 나노입자는 소수성 폴리머 입자일 수 있다.
- [0415] 지질 나노입자 제형은 양이온성 지질을, 빠르게 제거된 지질 나노입자 (reLNP)로서 공지된 생분해성 양이온성 지질로 대체함으로써 개선될 수 있다. 이온화가능 양이온성 지질, 예컨대, 비제한적으로, DLinDMA, DLin-KC2-DMA, 및 DLin-MC3-DMA은, 경시적으로 혈장 및 조직에서 축적됨을 보여졌고 독성의 잠재적인 공급원일 수 있다. 빠르게 제거된 지질의 급속 대사는 자렛수 랫트에서 1 mg/kg 용량 내지 10 mg/kg 용량의 자렛스에 의해 지질 나

노입자의 내성 및 치료 지수를 개선할 수 있다. 효소로 분해된 에스테르 결합의 봉입체는 양이온성 성분의 열화 및 대사 프로파일을 개선할 수 있고, 한편 reLNP 제형의 활성을 여전히 유지한다. 에스테르 결합은 내부적으로 지질 사슬 내에 위치할 수 있거나 지질 사슬의 말단에 위치할 수 있다. 내부 에스테르 결합은 지질 사슬 중 임의의 탄소를 대체한다.

[0416] 일부 구현예에서, 내부 에스테르 결합은 포화된 탄소의 측면 상에 위치할 수 있다.

[0417] 일부 구현예에서, 면역 반응은 나노종, 폴리머 및 면역원을 포함할 수 있는 지질 나노입자를 전달함으로써 유발될 수 있다. (U.S. 공개 번호 20120189700 및 국제공개 번호 W02012099805; 이들 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 폴리머는 나노종을 캡슐화하거나 나노종을 부분적으로 캡슐화할 수 있다. 면역원은 재조합 단백질, 변형된 RNA 및/또는 본 명세서에 기재된 폴리뉴클레오타이드일 수 있다. 일부 구현예에서, 지질 나노입자는, 비제한적으로, 병원체에 대해하여 백신에서 사용하기 위해 제형화될 수 있다.

[0418] 지질 나노입자는 입자의 표면 특성을 변경시키기 위해 조작될 수 있고, 따라서 지질 나노입자는 점막 장벽을 통과할 수 있다. 점액은 점막 조직 예컨대, 비제한적으로, 경구 (예를 들면, 구강 및 식도 막 및 편도 조직), 안과, 위장 (예를 들면, 위, 소장, 대장, 결장, 직장), 비강, 호흡 (예를 들면, 비강, 인두, 기관 및 기관지 막), 생식기 (예를 들면, 질, 자궁경부 및 요도 막) 상에 위치한다. 약물의 광범위 배열의 지속된 전달을 제공하는 능력 및 더 높은 약물 캡슐화 효율에 바람직한 10-200 nm 초과 나노입자는 점막 장벽을 통해 빠르게 확산하기에 너무 크다고 생각되었다. 점액은 계속해서 분비되거나, 흘러거나, 폐기되거나 소화되고 재순환되어 대부분의 포획된 입자는 몇 초 내에 또는 몇 시간 내에 점막 조직으로부터 제거될 수 있다. 저분자량 폴리에틸렌 글리콜 (PEG)로 밀집하여 코팅된 큰 폴리머 나노입자 (200nm -500nm 직경)은 물에서 퍼지는 동일한 입자보다 단지 4 내지 6배 더 낮게 점액을 통해 확산하였다 (Lai 등 PNAS 2007 104:1482-487; Lai 등 Adv Drug Deliv Rev. 2009 61: 158-171; 이들 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 나노입자의 수송은, 비제한적으로, 광표백 후 형광 회복 (FRAP) 및 고해상도 다중 입자 추적 (MPT)를 포함하는 형광 현미경검사 기술 및/또는 침투의 속도를 이용하여 결정될 수 있다. 비제한적인 예로서, 점막 장벽을 침투할 수 있는 조성물은 미국 특허 번호 8,241,670 또는 국제 특허 공개 번호 W02013110028(이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 바와 같이 제조될 수 있다.

[0419] 점액을 통과하기 위해 조작된 지질 나노입자는 폴리머성 물질 (즉 폴리머 코어) 및/또는 폴리머-비타민 콘주게이트 및/또는 트리-블록 코-폴리머를 포함할 수 있다. 폴리머성 물질은, 비제한적으로, 하기를 포함할 수 있다: 폴리아민, 폴리에테르, 폴리아미드, 폴리에스테르, 폴리카바메이트, 폴리우레아, 폴리카보네이트, 폴리(스티렌), 폴리이미드, 폴리설폰, 폴리우레탄, 폴리아세틸렌, 폴리에틸렌, 폴리에틸렌이민, 폴리이소시아네이트, 폴리아크릴레이트, 폴리메타크릴레이트, 폴리아크릴로니트릴, 및 폴리아릴레이트. 폴리머성 물질은 생분해성 및/또는 생체적합성일 수 있다. 생체적합성 폴리머의 비-제한적인 예는 국제 특허 공개 번호 W02013116804(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에 기재되어 있다. 폴리머성 물질은 추가로 조사될 수 있다. 비제한적인 예로서, 폴리머성 물질은 감마 조사될 수 있다 (참조 예를 들면, 국제 출원 번호 W0201282165 (이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음)). 특정 폴리머의 비-제한적인 예는 하기를 포함한다: 폴리(카프로락톤) (PCL), 에틸렌 비닐 아세테이트 폴리머 (EVA), 폴리(락트산) (PLA), 폴리(L-락트산) (PLLA), 폴리(글라이콜산) (PGA), 폴리(락트산-코-글라이콜산) (PLGA), 폴리(L-락트산-코-글라이콜산) (PLLGA), 폴리(D,L-락타이드) (PDLA), 폴리(L-락타이드) (PLLA), 폴리(D,L-락타이드-코-카프로락톤), 폴리(D,L-락타이드-코-카프로락톤-코-글라이콜라이드), 폴리(D,L-락타이드-코-PEO-코-D,L-락타이드), 폴리(D,L-락타이드-코-PPO-코-D,L-락타이드), 폴리알킬 시아노아크릴레이트, 폴리우레탄, 폴리-L-라이신 (PLL), 하이드록시프로필 메타크릴레이트 (HPMA), 폴리에틸렌글리콜, 폴리-L-글루탐산, 폴리(하이드록시 산), 폴리무수물, 폴리오르토에스테르, 폴리(에스테르 아미드), 폴리아미드, 폴리(에스테르 에테르), 폴리카보네이트, 폴리알킬렌 예컨대 폴리에틸렌 및 폴리프로필렌, 폴리알킬렌 글리콜 예컨대 폴리(에틸렌 글리콜) (PEG), 폴리알킬렌 옥사이드 (PEO), 폴리알킬렌 테레프탈레이트 예컨대 폴리(에틸렌 테레프탈레이트), 폴리비닐 알코올 (PVA), 폴리비닐 에테르, 폴리비닐 에스테르 예컨대 폴리(비닐 아세테이트), 폴리비닐 할라이드 예컨대 폴리(비닐 클로라이드) (PVC), 폴리비닐피롤리돈, 폴리실록산, 폴리스티렌 (PS), 폴리우레탄, 유도된 셀룰로오스 예컨대 알킬 셀룰로오스, 하이드록시알킬 셀룰로오스, 셀룰로오스 에테르, 셀룰로오스 에스테르, 니트로 셀룰로오스, 하이드록시프로필셀룰로오스, 카복시 메틸셀룰로오스, 아크릴산의 폴리머, 예컨대 폴리(메틸(메트)아크릴레이트) (PMMA), 폴리(에틸(메트)아크릴레이트), 폴리(부틸(메트)아크릴레이트), 폴리(이소부틸(메트)아크릴레이트), 폴리(헥실(메트)아크릴레이트), 폴리(이소데실(메트)아크릴레이트), 폴리(라우릴(메트)아크릴레이트), 폴리(페닐(메트)아크릴레이트), 폴리(메틸 아크릴레이트), 폴리(이소프로필 아크릴레이트), 폴리(이소부틸 아크릴레이트), 폴리(옥타데실 아크릴레이트) 및

코폴리머 및 이들의 혼합물, 폴리디옥사논 및 그것의 코폴리머, 폴리하이드록시알카노에이트, 폴리프로필렌 푸마레이트, 폴리옥시메틸렌, 폴록사머, 폴리(오르토)에스테르, 폴리(부티르산), 폴리(발레르산), 폴리(락타이드-코-카프로락톤), PEG-PLGA-PEG 및 트리메틸렌 카보네이트, 폴리비닐피롤리돈. 지질 나노입자는 하기로 코팅되거나 그것과 관련될 수 있다: 코-폴리머 예컨대, 비제한적으로, 블록 코-폴리머 (예컨대 국제공개 번호 WO2013012476(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음)에 기재된 분지형 폴리에테르-폴리아미드 블록 코폴리머), 및 (폴리(에틸렌 글리콜))-(폴리(프로필렌 옥사이드))-(폴리(에틸렌 글리콜)) 트리블록 코폴리머 (참조 예를 들면, 미국 공보 20120121718 및 미국 공보 20100003337 및 미국 특허 번호 8,263,665, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음). 코-폴리머는 일반적으로 안전하다고 인식되는 (GRAS) 폴리머일 수 있고 지질 나노입자의 형성은 신규한 화학적 독립체가 창출되지 않는 그와 같은 방식으로 될 수 있다. 예를 들면, 지질 나노입자는 인간 점액을 여전히 빠르게 침투시킬 수 있는 신규한 화학적 독립체 형성 없이 폴록사머 코팅 PLGA 나노입자를 포함할 수 있다 (Yang 등 *Angew. Chem. Int. Ed.* 2011 50:2597-2600; 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 인간 점액을 침투시킬 수 있는 나노입자를 생산하는 비제한적인 확장가능한 방법은 Xu 등 (참조, 예를 들면, *J CONTROL RELEASE* 2013, 170:279-86; 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에 의해 기재된다.

[0420] 폴리머-비타민 콘주게이트의 비타민은 비타민 E일 수 있다. 콘주게이트의 비타민 부분은 다른 적합한 성분 예컨대, 비제한적으로, 비타민 A, 비타민 E, 다른 비타민, 콜레스테롤, 소수성 모이어티, 또는 다른 계면활성제 (예를 들면, 스테롤 사슬, 지방산, 탄화수소 사슬 및 알킬렌 옥사이드 사슬)의 소수성 성분으로 치환될 수 있다.

[0421] 점액을 침투시키기 위해 조작된 지질 나노입자는 표면 개질제 예컨대, 비제한적으로, 폴리뉴클레오타이드, 음이온성 단백질 (예를 들면, 소 혈청 알부민), 계면활성제 (예를 들면, 양이온성 계면활성제 예컨대 예를 들면 디메틸디옥타데실-암모늄 브로마이드), 당류 또는 당 유도체 (예를 들면, 사이클로덱스트린), 핵산, 폴리머 (예를 들면, 헤파린, 폴리에틸렌 글리콜 및 폴록사머), 점질다당분해 제제 (예를 들면, N-아세틸시스테인, 썩, 브로멜라인, 파파인, 클레로텐드림, 아세틸시스테인, 브롬핵신, 카보시스테인, 에프라지논, 메스나, 암브록솔, 소브레롤, 도미모돌, 레토스테인, 스테프로닌, 티오프로닌, 겔술린, 티모신 β 4 도르나제 알파, 넬테넥신, 에르도스테인) 및 rhDNase를 포함하는 다양한 DNases를 포함할 수 있다. 표면 개질제는 입자의 표면에서 포매 또는 얹매일 수 있거나 지질 나노입자의 표면에 (예를 들면, 코팅, 흡착, 공유결합, 또는 다른 공정에 의해) 배치될 수 있다. (참조 예를 들면, 미국 공보 20100215580 및 미국 공보 20080166414 및 US20130164343; 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).

[0422] 일부 구현예에서, 지질 나노입자에 침투하는 점액은 적어도 1종의 본 명세서에 기재된 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는 지질 나노입자에서 캡슐화될 수 있고 및/또는 입자의 표면에 배치될 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는 지질 나노입자에 공유적으로 커플링될 수 있다. 지질 나노입자에 침투하는 점액의 제형은 복수의 나노입자를 포함할 수 있다. 또한, 제형은, 점막 조직에 지질 나노입자에 침투하는 점액의 전달을 증가시킬 수 있는, 점막부착을 감소시키기 위해 주위 점액의 구조적 및/또는 점착성 특성을 변경시킬 수 있고 점액과 상호작용할 수 있는 입자를 함유할 수 있다.

[0423] 일부 구현예에서, 지질 나노입자에 침투하는 점액은 점막 침투 향상 코팅제를 포함하는 저삼투압 제형일 수 있다. 제형은 전달된 상피용 저삼투압일 수 있다. 저삼투압 제형의 비-제한적인 예는 아래에 발견될 수 있다: 국제 특허 공개 번호 WO2013110028(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0424] 일부 구현예에서, 점막 장벽을 통해 전달을 향상시키기 위해 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 제형은 저삼투압 용액을 포함할 수 있거나 상기될 수 있다. 저삼투압 용액은 점액불활성 입자 예컨대, 비제한적으로, 점액-침투 입자가 질 상피성 표면에 도달할 수 있는 속도를 증가시킬 수 있는 것으로 알려졌다 (참조 예를 들면, *Ensign* 등 *생체적합물질* 2013 34(28):6922-9, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0425] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 하기로 제형화된다: 리포플렉스, 예컨대, 비제한적으로, ATUPLXTM 시스템, DACC 시스템, DBTC 시스템 및 다른 siRNA-리포플렉스 기술 (Silence Therapeutics (London, 영국)), STEMFACTTM (STEMGENT® (Cambridge, MA)), 및 핵산의 폴리에틸렌이민 (PEI) 또는 프로타민계 표적화된 및 비-표적화된 전달 (Aleku 등 *Cancer Res.* 2008 68:9788-9798; Strumberg 등 *Int J Clin Pharmacol Ther* 2012 50:76-78; Santel 등, *Gene Ther* 2006 13:1222-1234; Santel 등, *Gene Ther* 2006 13:1360-1370; Gutbier 등, *Pulm Pharmacol. Ther.* 2010 23:334-344; Kaufmann 등 *Microvasc Res* 2010 80:286-293; Weide 등 *J Immunother.* 2009 32:498-507; Weide 등 *J Immunother.* 2008 31:180-188; Pascolo *Expert Opin. Biol. Ther.* 4:1285-1294; Fotin-Mleczek 등, 2011 *J. Immunother.* 34:1-15; Song 등, *Nature Biotechnol.* 2005, 23:709-

717; Peer 등, Proc Natl Acad Sci U S A. 2007 6;104:4095-4100; deFougerolles Hum Gene Ther. 2008 19:125-132, 이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0426]

일부 구현예에서, 그와 같은 제형 또한, constructed 또는 조성물 변경된, 이로써 they 수동적으로 또는 활동적으로 지향된 to 상이한 세포 유형 생체내, including 비제한적으로 간세포, 면역 세포, 종양 세포, 내피 세포, 항원 제시 세포, 및 백혈구 (Akinc 등 Mol Ther. 2010 18:1357-1364; Song 등, Nat Biotechnol. 2005 23:709-717; Judge 등, J Clin Invest. 2009 119:661-673; Kaufmann 등, Microvasc Res 2010 80:286-293; Santel 등, Gene Ther 2006 13:1222-1234; Santel 등, Gene Ther 2006 13:1360-1370; Gutbier 등, Pulm Pharmacol. Ther. 2010 23:334-344; Basha 등, Mol. Ther. 2011 19:2186-2200; Fenske 및 Cullis, Expert Opin Drug Deliv. 2008 5:25-44; Peer 등, Science. 2008 319:627-630; Peer 및 Lieberman, Gene Ther. 2011 18:1127-1133, 이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 아포지질단백질 E에 결합하고 생체내에서 이들 제형의 간세포로의 결합 및 흡수를 촉진하는 것으로 보여진 간 세포 Dlin-DMA, Dlin-KC2-DMA 및 Dlin-MC3-DMA계 지질 나노입자 제형에 대한 제형의 수동적인 표적화의 하나의 예 (Akinc 등 Mol Ther. 2010 18:1357-1364, 이들의 내용은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입되어 있음). 플레이트, 트랜스페린, N-아세틸갈락토사민 (GalNAc), 및 항체 표적화된 접근법에 의해 비제한적으로 예시된 바와 같이 표면 상의 상이한 리간드의 발현을 통해 선택적으로 또한 표적화된 제형 (Kolhatkar 등, Curr Drug Discov Technol. 2011 8:197-206; Musacchio 및 Torchilin, Front Biosci. 2011 16:1388-1412; Yu 등, Mol Membr Biol. 2010 27:286-298; Patil 등, Crit Rev Ther Drug Carrier Syst. 2008 25:1-61; Benoit 등, Biomacromolecules. 2011 12:2708-2714; Zhao 등, Expert Opin Drug Deliv. 2008 5:309-319; Akinc 등, Mol Ther. 2010 18:1357-1364; Srinivasan 등, Methods Mol Biol. 2012 820:105-116; Ben-Arie 등, Methods Mol Biol. 2012 757:497-507; Peer 2010 J CONTROL RELEASE. 20:63-68; Peer 등, Proc Natl Acad Sci U S A. 2007 104:4095-4100; Kim 등, Methods Mol Biol. 2011 721:339-353; Subramany 등, Mol Ther. 2010 18:2028-2037; Song 등, Nat Biotechnol. 2005 23:709-717; Peer 등, Science. 2008 319:627-630; Peer 및 Lieberman, Gene Ther. 2011 18:1127-1133, 이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0427]

일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 고품 지질 나노입자로서 제형화된다. 고품 지질 나노입자 (SLN)는 10 내지 1000 nm의 평균 직경을 갖는 구형일 수 있다. SLN은 친유성 분자를 용해시킬 수 있고 계면활성제 및/또는 유화제로 안정화될 수 있는 고체 지질 매트릭스를 보유한다. 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 자가-조립 지질-폴리머 나노입자일 수 있다 (참조 Zhang 등, ACS Nano, 2008, 2, pp 1696-1702; 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, SLN는 하기에서 기재된 SLN일 수 있다: 국제 특허 공개 번호 W02013105101(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 또 다른 비-제한적인 예로서, SLN은 하기에서 기재된 방법 또는 과정으로 만들어질 수 있다: 국제 특허 공개 번호 W02013105101(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0428]

리포솜, 리포플렉스, 또는 지질 나노입자가 폴리뉴클레오타이드 지향성 단백질 생산의 효능을 개선하기 위해 사용될 수 있는 것은, 이들 제형은 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의한 세포 형질감염을 증가시킬 수 있고/거나; 인코딩된 단백질의 번역을 증가시킬 수 있기 때문이다. 하나의 그와 같은 예는 폴리플렉스 플라스미드 DNA의 효과적인 전신 전달을 가능하도록 지질 캡슐화의 사용을 수반한다 (Heyes 등, Mol Ther. 2007 15:713-720; 이들의 내용은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입되어 있음). 리포솜, 리포플렉스, 또는 지질 나노입자는 또한, 폴리뉴클레오타이드의 안정성을 증가시키기 위해 사용될 수 있다.

[0429]

일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 조절 방출 및/또는 표적화된 전달을 위해 제형화될 수 있다. 본 명세서에서 사용된 바와 같이, "조절 방출"은 치료 결과를 달성하기 위해 방출의 특정 패턴을 따르는 지칭한다 약제학적 조성물 또는 화합물 방출 프로파일을 지칭한다. 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 조절 방출 및/또는 표적화된 전달을 위해 본 명세서에서 기재되고/거나 당해 분야에서 공지된 전달 제제로 캡슐화될 수 있다. 본 명세서에서 사용된 바와 같이, 용어 "캡슐화하다"는 에워싸거나(enclose), 둘러싸거나(surround), 또는 케이스에 넣을 수 있음(encase)을 의미한다. 개시내용의 화합물의 제형에 관한 것으로서, 캡슐화는 실질적이거나, 완전하거나 부분적일 수 있다. 용어 "실질적으로 캡슐화된"이란, 본 개시내용의 약제학적 조성물 또는 화합물의 50, 60, 70, 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99, 99.9, 99.9 초과 또는 99.999% 초과가 전달 제제 내에 봉입되거나, 둘러싸이거나 케이스에 넣을 수 있음을 의미한다. "부분적으로 캡슐화"는, 본 개시내용의 약제학적 조성물 또는 화합물의 10 미만, 10, 20, 30, 40 50 또는 그 미만이 전달 제제 내에 봉입되거나, 둘러싸이거나 케이스에 넣을 수 있음을 의미한다. 유익하게는, 캡슐화는 형광 및/또는 전자 현미경사진을 사용하여 본 개시내용의 약제학적 조성물 또는 화합물의 탈출 또는 활성을 측정함으로써 결정될 수 있다.

예를 들면, 본 개시내용의 약제학적 조성물 또는 화합물의 적어도 1, 5, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99, 99.9, 99.99 또는 99.99% 초과가 전달 제제에 캡슐화된다.

- [0430] 일부 구현예에서, 조절 방출 제형은, 비제한적으로, 트리-블록 코-폴리머를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 제형은 2개의 상이한 유형의 트리-블록 코-폴리머를 포함할 수 있다 (국제 공개 번호 W02012131104 및 W02012131106, 이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0431] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 지질 나노입자로 캡슐화될 수 있거나, 빠르게 제거된 지질 나노입자 및 지질 나노입자 또는 빠르게 제거된 지질 나노입자는 본 명세서에서 기재되고/거나 당해 분야에서 공지된 폴리머, 하이드로겔 및/또는 외과적 밀봉제로 캡슐화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 폴리머, 하이드로겔 또는 외과적 밀봉제는 하기일 수 있다: PLGA, 에틸렌 비닐 아세테이트 (EVAc), 폴록사머, GELSITE® (Nanotherapeutics, Inc. Alachua, FL), HYLENEX® (Halozyme Therapeutics, San Diego CA), 외과적 밀봉제 예컨대 피브리노겐 폴리머 (Ethicon Inc. Cornelia, GA), TISSELL® (Baxter International, Inc Deerfield, IL), PEG계 밀봉제, 및 COSEAL® (Baxter International, Inc Deerfield, IL).
- [0432] 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 대상체에게 주사될 때 겔을 형성할 수 있는 당해 분야에서 공지된 임의의 폴리머로 캡슐화될 수 있다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 지질 나노입자는 생분해성일 수 있는 폴리머 매트릭스로 캡슐화될 수 있다.
- [0433] 일부 구현예에서, 조절 방출 및/또는 표적화된 전달을 위한 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 제형은 또한, 적어도 1종의 조절 방출 코팅물을 포함할 수 있다. 조절 방출 코팅물은, 비제한적으로, 하기를 포함한다: OPADRY®, 폴리비닐피롤리돈/비닐 아세테이트 코폴리머, 폴리비닐피롤리돈, 하이드록시프로필 메틸셀룰로오스, 하이드록시프로필 셀룰로오스, 하이드록시에틸 셀룰로오스, EUDRAGIT RL®, EUDRAGIT RS® 및 셀룰로오스 유도체 예컨대 에틸셀룰로오스 수성 분산물 (AQUACOAT® 및 SURELEASE®).
- [0434] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조절 방출 및/또는 표적화된 전달 제형은 다중양이온성 측쇄를 함유할 수 있는 적어도 1종의 분해성 폴리에스테르를 포함할 수 있다. 분해가능 폴리에스테르는, 비제한적으로, 폴리(세린 에스테르), 폴리(L-락타이드-코-L-라이신), 폴리(4-하이드록시-L-프롤린 에스테르), 및 이들의 조합을 포함한다. 일부 구현예에서, 분해성 폴리에스테르는 폐기화된 폴리머를 형성하기 위해 PEG 콘주게이션을 포함할 수 있다.
- [0435] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조절 방출 및/또는 표적화된 전달 제형은 하기에서 기재된 적어도 1종의 PEG 및/또는 PEG 관련된 폴리머 유도체를 포함할 수 있다: 미국 특허 번호 8,404,222(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0436] 일부 구현예에서, 적어도 1종의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조절 방출 전달 제형은 US20130130348(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 조절 방출 폴리머 시스템일 수 있다.
- [0437] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 치료 나노입자, 본 명세서에서 일명 "치료 나노입자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신"에서 캡슐화될 수 있다. 치료 나노입자는 본 명세서에서 기재되고 당해 분야에서 공지된 방법에 의해 제형화될 수 있다: 예컨대, 비제한적으로, 국제 공개 번호 W02010005740, W02010030763, W02010005721, W02010005723, W02012054923, U.S. 공보 번호 US20110262491, US20100104645, US20100087337, US20100068285, US20110274759, US20100068286, US20120288541, US20130123351 및 US20130230567 및 미국 특허 번호 8,206,747, 8,293,276, 8,318,208 및 8,318,211(이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 일부 구현예에서, 치료 폴리머 나노입자는 US 공개 번호 US20120140790(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 방법에 의해 확인될 수 있다.
- [0438] 일부 구현예에서, 치료 나노입자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 지속 방출을 위해 제형화될 수 있다. 본 명세서에서 사용된 바와 같이, "지속 방출"은 특정 기간에 걸쳐 방출 속도에 따르는 약제학적 조성물 또는 화합물을 지칭한다. 기간은, 비제한적으로, 시간, 일, 주, 개월 및 년을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 지속 방출 나노입자는 폴리머 및 치료제 예컨대, 비제한적으로, 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다 (참조 국제 공개 번호 2010075072 및 US 공개 번호 US20100216804, US20110217377 및 US20120201859, 이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 또 다른 비제한적인 예에서, 지속 방출 제형은 지속적 생체이용률을 허용하는 제제 예컨대, 비제한적으로, 결정, 거대분자 겔 및/또는 미립자 현탁액을 포함할 수 있

다 (참조 미국 특허 공개 번호 US20130150295, 이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

- [0439] 일부 구현예에서, 치료 나노입자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 표적 특이적이 되도록 제형화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 치료 나노입자는 코르티코스테로이드를 포함할 수 있다 (참조 국제 공개 번호 WO2011084518, 이들의 내용은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 치료 나노입자는 하기에서 기재된 나노입자에서 제형화될 수 있다: 국제 공개 번호 WO2008121949, WO2010005726, WO2010005725, WO2011084521 및 US 공개 번호 US20100069426, US20120004293 및 US20100104655(이들 각각의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0440] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 나노입자는 폴리머 매트릭스를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 나노입자는 2종 이상의 폴리머 예컨대, 비제한적으로, 폴리에틸렌, 폴리카보네이트, 폴리무수물, 폴리하이드록시산, 폴리프로필푸메레이트, 폴리카프로락톤, 폴리아미드, 폴리아세탈, 폴리에테르, 폴리에스테르, 폴리(오르토에스테르), 폴리시아노아크릴레이트, 폴리비닐 알코올, 폴리우레탄, 폴리포스파젠, 폴리아크릴레이트, 폴리메타크릴레이트, 폴리시아노아크릴레이트, 폴리우레아, 폴리스티렌, 폴리아민, 폴리라이신, 폴리(에틸렌 이민), 폴리(세린 에스테르), 폴리(L-락타이드-코-L-라이신), 폴리(4-하이드록시-L-프롤린 에스테르) 또는 이들의 조합을 포함할 수 있다.
- [0441] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 디블록 코폴리머를 포함한다. 일부 구현예에서, 디블록 코폴리머는 PEG를 하기와 함께 포함할 수 있다: 폴리머 예컨대, 비제한적으로, 폴리에틸렌, 폴리카보네이트, 폴리무수물, 폴리하이드록시산, 폴리프로필푸메레이트, 폴리카프로락톤, 폴리아미드, 폴리아세탈, 폴리에테르, 폴리에스테르, 폴리(오르토에스테르), 폴리시아노아크릴레이트, 폴리비닐 알코올, 폴리우레탄, 폴리포스파젠, 폴리아크릴레이트, 폴리메타크릴레이트, 폴리시아노아크릴레이트, 폴리우레아, 폴리스티렌, 폴리아민, 폴리라이신, 폴리(에틸렌 이민), 폴리(세린 에스테르), 폴리(L-락타이드-코-L-라이신), 폴리(4-하이드록시-L-프롤린 에스테르) 또는 이들의 조합. 또 다른 구현예에서, 디블록 코폴리머는 고-X 디블록 코폴리머 예컨대 국제 특허 공개 번호 WO2013120052(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 것들일 수 있다.
- [0442] 비제한적인 예로서 치료 나노입자는 PLGA-PEG 블록 코폴리머를 포함한다 (참조 U.S. 공개 번호 US20120004293 및 미국 특허 번호 8,236,330, 이들 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 또 다른 비제한적인 예에서, 치료 나노입자는 PEG 및 PLA 또는 PEG 및 PLGA의 디블록 코폴리머를 포함하는 스텔스 나노입자 이다 (참조 U.S. 특허 No 8,246,968 및 국제공개 번호 WO2012166923, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음). 또 다른 비-제한적인 예에서, 치료 나노입자는 하기에서 기재된 스텔스 나노입자 또는 표적-특이적 스텔스 나노입자이다: 미국 특허 공개 번호 US20130172406(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0443] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 다중블록 코폴리머를 포함할 수 있다 (참조 예를 들면, 미국 특허 번호 8,263,665 및 8,287,910 및 U.S. 특허 공개 번호 US20130195987, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).
- [0444] 또 다른 비-제한적인 예에서, 지질 나노입자는 블록 코폴리머 PEG-PLGA-PEG를 포함한다 (참조 예를 들면, 감열 하이드로겔 (PEG-PLGA-PEG)은 하기에서 TGF-베타1 유전자 전달 비히클로서 사용되었다: Lee 등 Thermosensitive Hydrogel as a TGF-베타1 Gene Delivery Vehicle Enhances Diabetic Wound Healing. PharmaceuticalResearch, 2003 20(12): 1995-2000; Controlled Gene Delivery System Based on Thermosensitive Biodegradable Hydrogel. PharmaceuticalResearch 2003 20:884-888; 및 Chang 등, Non-ionic amphiphilic biodegradable PEG-PLGA-PEG copolymer enhances gene delivery efficiency in rat skeletal muscle. J Controlled Release. 2007 118:245-253, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음). 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 PEG-PLGA-PEG 블록 코폴리머를 포함하는 지질 나노입자 내에 제형화될 수 있다.
- [0445] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 다중블록 코폴리머를 포함할 수 있다 (참조 예를 들면, 미국 특허 번호 8,263,665 및 8,287,910 및 U.S. 특허 공개 번호 US20130195987, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).
- [0446] 일부 구현예에서, 본 명세서에서 기재된 블록 코폴리머는 비-폴리머 교질입자 및 블록 코폴리머를 포함하는 다중이온 복합체 내에 포함될 수 있다. (참조 예를 들면, U.S. 공개 번호 20120076836, 이들의 내용은 그 전문이

본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

- [0447] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 적어도 1종의 아크릴 폴리머를 포함할 수 있다. 아크릴 폴리머는 비제한적으로, 하기를 포함한다: 아크릴산, 메타크릴산, 아크릴산 및 메타크릴산 코폴리머, 메틸 메타크릴레이트 코폴리머, 에톡시에틸 메타크릴레이트, 시아노에틸 메타크릴레이트, 아미노 알킬 메타크릴레이트 코폴리머, 폴리(아크릴산), 폴리(메타크릴산), 폴리시아노아크릴레이트 및 이들의 조합.
- [0448] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 적어도 1종의 폴리(비닐 에스테르) 폴리머를 포함할 수 있다. 폴리(비닐 에스테르) 폴리머는 코폴리머 예컨대 랜덤 코폴리머일 수 있다. 비제한적인 예로서, 랜덤 코폴리머는 구조 예컨대 국제 출원 번호 W02013032829 또는 미국 특허 공개 번호 US20130121954(이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 것들을 가질 수 있다. 일부 구현예에서, 폴리(비닐 에스테르) 폴리머는 본 명세서에 기재된 폴리뉴클레오타이드에 접합될 수 있다.
- [0449] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 적어도 1종의 디블록 코폴리머를 포함할 수 있다. 디블록 코폴리머는 비제한적으로, 폴리(락트산) 산-폴리(에틸렌)글리콜 코폴리머일 수 있다 (참조, 예를 들면, 국제 특허 공개 번호 W02013044219, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 치료 나노입자는 암을 치료하기 위해 사용될 수 있다 암 (참조 국제공개 번호 W02013044219, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0450] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 본 명세서에서 기재되고/거나 당해 분야에서 공지된 적어도 1종의 양이온성 폴리머를 포함할 수 있다.
- [0451] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 적어도 1종의 아민-함유 폴리머 예컨대, 비제한적으로 폴리라이신, 폴리에틸렌 이민, 폴리(아미도아민) 텐드리머, 폴리(베타-아미노 에스테르) (참조, 예를 들면, 미국 특허 번호 8,287,849, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음) 및 이들의 조합을 포함할 수 있다.
- [0452] 일부 구현예에서, 본 명세서에서 기재된 나노입자는 아민 양이온성 지질 예컨대 국제 특허 출원 번호 W02013059496(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 것들을 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 양이온성 지질은 아미노-아민 또는 아미노-아미드 모이어티를 가질 수 있다.
- [0453] 일부 구현예에서, 치료 나노입자는 다중양이온성 측쇄를 함유할 수 있는 적어도 1종의 분해성 폴리에스테르를 포함할 수 있다. 분해가능 폴리에스테르는, 비제한적으로, 폴리(세린 에스테르), 폴리(L-락타이드-코-L-라이신), 폴리(4-하이드록시-L-프롤린 에스테르), 및 이들의 조합을 포함한다. 일부 구현예에서, 분해성 폴리에스테르는 폐기화된 폴리머를 형성하도록 PEG 콘주게이션을 포함할 수 있다.
- [0454] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 합성 나노캐리어의 전달로부터 면역 반응을 향상시키기 위해 면역자극성 제제를 함유할 수 있다. 비제한적인 예로서, 합성 나노캐리어는 면역계의 Th1계 반응을 향상시킬 수 있는 Th1 면역자극성 제제를 포함할 수 있다 (참조 국제 공개 번호 W02010123569 및 U.S. 공개 번호 US20110223201, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).
- [0455] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 표적 방출을 위해 제형화될 수 있다. 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 지정된 pH에서 및/또는 요망된 시간 간격 후에 폴리뉴클레오타이드를 방출하기 위해 제형화된다. 비제한적인 예로서, 합성 나노입자는 24 시간 후에 및/또는 4.5의 pH에서 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 방출하기 위해 제형화될 수 있다 (참조 국제공개 번호 W02010138193 및 W02010138194 및 US Pub 번호 US20110020388 및 US20110027217, 이들 각각은 그것의 전체가 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0456] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 본 명세서에 기재된 폴리뉴클레오타이드의 절 및/또는 지속 방출을 위해 제형화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 지속 방출용 합성 나노캐리어는 당해 분야에서 공지되고, 본 명세서에서 기재되고/거나 하기에서 기재된 방법에 의해 제형화될 수 있다: 국제 공개 번호 W02010138192 및 US 공개 번호 20100303850(이들 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0457] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 조절 및/또는 지속 방출을 위해 제형화될 수 있고, 상기 상기 제형은 결정성 측쇄 (CYSC) 폴리머인 적어도 1종의 폴리머를 포함한다. CYSC 폴리머는 하기에서 기재되어 있다: 미국 특허 번호 8,399,007(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음).
- [0458] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 백신으로서 사용하기 위해 제형화될 수 있다. 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 적어도 1종의 항원을 인코딩하는 적어도 1종의 폴리뉴클레오타이드를 캡슐화할 수 있다. 비제한적인 예로서, 합성 나노캐리어는 백신 복용 형태용 적어도 1종의 항원 및 부형제를 포함할 수 있다 (참조 국제공개

번호 W02011150264 및 U.S. 공개 번호 US20110293723, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음). 또 다른 비-제한적인 예로서, 백신 복용 형태는 동일 또는 상이한 항원 및 부형제를 갖는 적어도 2종의 합성 나노캐리어를 포함할 수 있다 (참조 국제공개 번호 W02011150249 및 U.S. 공개 번호 US20110293701, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음). 백신 복용 형태는 당해 분야에서 공지되고/거나 하기에 기재된 본 명세서에서 기재된 방법에 의해 선택될 수 있다: 국제공개 번호 W02011150258 및 U.S. 공개 번호 US20120027806, 이들 각각의 내용은 그 전문이 참고로 본 명세서에 편입되어 있음).

[0459] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 적어도 1종의 아췌반트를 인코딩하는 적어도 1종의 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다. 비-제한적인 예로서, 아췌반트는 하기를 포함할 수 있다: 디메틸디옥타데실암모늄-브로마이드, 디메틸디옥타데실암모늄-염화물, 디메틸디옥타데실암모늄-포스페이트 또는 디메틸디옥타데실암모늄-아세테이트 (DDA) 및 마이코박테리움의 총 지질 추출물의 무극성 분획 또는 무극성 분획의 일부 (참조, 예를 들면, 미국 특허 번호 8,241,610, 이의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 적어도 1종의 폴리뉴클레오타이드 및 아췌반트를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 아췌반트를 포함하는 합성 나노캐리어는 국제공개 번호 W02011150240 및 U.S. 공개 번호 US20110293700(이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 방법에 의해 제형화될 수 있다.

[0460] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 바이러스로부터의 펩타이드, 단편 또는 영역을 인코딩하는 적어도 1종의 폴리뉴클레오타이드를 캡슐화할 수 있다. 비제한적인 예로서, 합성 나노캐리어는, 비제한적으로, 국제공개 번호 W02012024621, W0201202629, W02012024632 및 U.S. 공개 번호 US20120064110, US20120058153 및 US20120058154(이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 나노캐리어 중 임의의 것을 포함할 수 있다.

[0461] 일부 구현예에서, 합성 나노캐리어는 유발제 체액성 및/또는 세포독성 T 림프구 (CTL) 반응을 유발할 수 있는 폴리뉴클레오타이드에 커플링될 수 있다 (참조, 예를 들면, 국제공개 번호 W02013019669, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0462] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 쯔비터이온성 지질에서 캡슐화되거나, 그것에 결합되고/거나 그것과 관련될 수 있다. 쯔비터이온성 지질 및 쯔비터이온성 지질을 사용하는 방법의 비-제한적인 예는 하기에 기재되어 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130216607(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 일부 측면에서, 쯔비터이온성 지질은 본 명세서에서 기재된 리포솜 및 지질 나노입자에서 사용될 수 있다.

[0463] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 미국 특허 공개 번호 US20130197100(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 바와 같은 콜로이드 나노캐리어에서 제형화될 수 있다.

[0464] 일부 구현예에서, 나노입자는 경구 투여에 최적화될 수 있다. 나노입자는 적어도 1종의 양이온성 생고분자 예컨대, 비제한적으로, 키토산 또는 그것의 유도체를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 나노입자는 U.S. 공개 번호 20120282343(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에서 기재된 방법에 의해 제형화될 수 있다.

[0465] 일부 구현예에서, LNP는 지질 KL52 (U.S. 출원 공개 번호 2012/0295832에 개시된 아미노-지질; 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)을 포함한다. LNP 투여의 활성 및/또는 안전성 (예를 들면 ALT/AST, 백혈구수 및 사이토카인 유도 중 하나 이상을 시험하여 측정시)은 그와 같은 지질의 편입에 의해 개선될 수 있다. KL52를 포함하는 LNP는 정맥내로 및/또는 하나 이상의 용량으로 투여될 수 있다. 일부 구현예에서, KL52를 포함하는 LNP의 투여는 MC3를 포함하는 LNP와 비교시 동등하거나 개선된 mRNA 및/또는 단백질 발현을 초래한다.

[0466] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 더 작은 LNP를 사용하여 전달될 수 있다. 그와 같은 입자는 0.1 um 최대 100 nm 미만 예컨대, 비제한적으로, 0.1 um 미만, 1.0 um 미만, 5 um 미만, 10 um 미만, 15 um 미만, 20 um 미만, 25 um 미만, 30 um 미만, 35 um 미만, 40 um 미만, 50 um 미만, 55 um 미만, 60 um 미만, 65 um 미만, 70 um 미만, 75 um 미만, 80 um 미만, 85 um 미만, 90 um 미만, 95 um 미만, 100 um 미만, 125 um 미만, 150 um 미만, 175 um 미만, 200 um 미만, 225 um 미만, 250 um 미만, 275 um 미만, 300 um 미만, 325 um 미만, 350 um 미만, 375 um 미만, 400 um 미만, 425 um 미만, 450 um 미만, 475 um 미만, 500 um 미만, 525 um 미만, 550 um 미만, 575 um 미만, 600 um 미만, 625 um 미만, 650 um 미만, 675 um 미만, 700 um 미만, 725 um 미만, 750 um 미만, 775 um 미만, 800 um 미만, 825 um 미만, 850 um 미만, 875 um 미만, 900 um 미만, 925 um

미만, 950 um 미만, 975 um 미만, 또는 1000 um 미만의 직경을 포함할 수 있다.

- [0467] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 약 1 nM 내지 약 100 nm, 약 1 nM 내지 약 10 nm, 약 1 nM 내지 약 20 nm, 약 1 nM 내지 약 30 nm, 약 1 nM 내지 약 40 nm, 약 1 nM 내지 약 50 nm, 약 1 nM 내지 약 60 nm, 약 1 nM 내지 약 70 nm, 약 1 nM 내지 약 80 nm, 약 1 nM 내지 약 90 nm, 약 5 nM 내지 약 100 nm, 약 5 nM 내지 약 10 nm, 약 5 nM 내지 약 20 nm, 약 5 nM 내지 약 30 nm, 약 5 nM 내지 약 40 nm, 약 5 nM 내지 약 50 nm, 약 5 nM 내지 약 60 nm, 약 5 nM 내지 약 70 nm, 약 5 nM 내지 약 80 nm, 약 5 nM 내지 약 90 nm, 약 10 내지 약 50 nm, 약 20 내지 약 50 nm, 약 30 내지 약 50 nm, 약 40 내지 약 50 nm, 약 20 내지 약 60 nm, 약 30 내지 약 60 nm, 약 40 내지 약 60 nm, 약 20 내지 약 70 nm, 약 30 내지 약 70 nm, 약 40 내지 약 70 nm, 약 50 내지 약 70 nm, 약 60 내지 약 70 nm, 약 20 내지 약 80 nm, 약 30 내지 약 80 nm, 약 40 내지 약 80 nm, 약 50 내지 약 80 nm, 약 60 내지 약 80 nm, 약 20 내지 약 90 nm, 약 30 내지 약 90 nm, 약 40 내지 약 90 nm, 약 50 내지 약 90 nm, 약 60 내지 약 90 nm 및/또는 약 70 내지 약 90 nm의 직경을 포함할 수 있는 더 작은 LNP를 사용하여 전달될 수 있다.
- [0468] 일부 구현예에서, 상기 LNPs는 미세유체 혼합기를 포함하는 방법을 이용하여 합성된다. 미세유체 혼합기의 예는, 비제한적으로, Microinnova (Allerheiligen bei Wildon, Austria)에 의해 제조된 것을, 비제한적으로 포함하는, 슬릿 교대배치형 마이크로믹서 및/또는 스테거드 헤링본 마이크로믹서 (SHM) (Zhigaltsev, I.V. 등, 밀리초 미세유체 혼합을 이용하는 수성 및 트리글리세라이드 코어를 가진 제한 크기 지질 나노입자 시스템의 상향식 설계 및 합성은 공개되었다 (Langmuir. 2012. 28:3633-40; Belliveau, N.M. 등, Microfluidic synthesis of highly potent limit-size lipid nanoparticles for *in vivo* delivery of siRNA. Molecular Therapy-Nucleic Acids. 2012. 1:e37; Chen, D. 등, Rapid discovery of potent siRNA-containing lipid nanoparticles enabled by controlled microfluidic formulation. J Am Chem Soc. 2012. 134(16):6948-51, 이들 각각의 내용은 참고로 그 전문이 본 명세서에서 편입됨). 일부 구현예에서, SHM을 포함하는 LNP 생성의 방법은 혼합이 미세 구조-유도된 혼돈 이류 (MICA)에 의해 발생하는 적어도 2종의 유입 스트림의 혼합을 추가로 포함한다. 상기 방법에 따르면, 유체 스트림은 서로 주위에서 유체를 폴딩시키고 회전형 유동을 야기하는 헤링본 패턴에서 존재하는 채널을 통해 유동한다. 상기 방법은 또한 표면이 유체 사이클링을 동안 배향을 변화시키는 유체 혼합용 표면을 포함할 수 있다. SHM을 이용하는 LNPs의 생성 방법은 미국 출원 공개 번호 2004/0262223 및 2012/0276209에 개시된 것을 포함한다 (이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0469] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 마이크로믹서 예컨대, 비제한적으로, Institut fuer Mikrotechnik Mainz GmbH, Mainz Germany)로부터 충돌 제트 (IJMM) 또는 유층 (CPMM) 또는 표준 슬릿 교대배치형 마이크로믹서 (SSIMM) 또는 슬릿 교대배치형 미세구조화된 혼합기 (SIMM-V2)를 이용하여 창출된 지질 나노입자 내에 제형화될 수 있다.
- [0470] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 하기를 이용하여 창출된 지질 나노입자 내에 제형화될 수 있다: 미세유체 기술 (참조, 예를 들면, Whitesides, George M. The Origins and the Future of Microfluidics. Nature, 2006 442: 368-373; 및 Abraham 등 Chaotic Mixer for Microchannels. Science, 2002 295: 647-651; 이들 각각은 참고로 그 전문이 본 명세서에서 편입됨). 비제한적인 예로서, 제어된 미세유체 제형은 낮은 레이놀즈 수에서 마이크로 채널내 점진적 압력-유도된 유동의 스트림의 수동적인 혼합 방법을 포함한다 (참조, 예를 들면, Abraham 등 Chaotic Mixer for Microchannels. Science, 2002 295: 647-651, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0471] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 마이크로믹서 칩 예컨대, 비제한적으로, Harvard Apparatus (Holliston, MA) 또는 Dolomite Microfluidics (Royston, UK)로부터의 것을 이용하여 창출된 지질 나노입자 내에 제형화될 수 있다. 마이크로믹서 칩은 분할 및 재조합 기전을 가진 2종 이상의 유체 스트림의 급속 혼합에 사용될 수 있다.
- [0472] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 하기에 기재된 약물 캡슐화 마이크로구형체를 이용하여 전달용으로 제형화될 수 있다: 국제 특허 공개 번호 W02013063468 또는 미국 특허 번호 8,440,614(이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 마이크로구형체는 하기에 기재된 바와 같이 식 (I), (II), (III), (IV), (V) 또는 (VI)의 화합물을 포함할 수 있다: 국제 특허 공개 번호 W02013063468(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 일부 구현예에서, 아미노산, 펩타이드, 폴리펩타이드, 지질 (APPL)은 세포에 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 전달에 유용하다 (참조 국제 특허 공개 번호 W02013063468, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

- [0473] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 직경 약 10 내지 약 100 nm 예컨대, 비제한적으로, 약 10 내지 약 20 nm, 약 10 내지 약 30 nm, 약 10 내지 약 40 nm, 약 10 내지 약 50 nm, 약 10 내지 약 60 nm, 약 10 내지 약 70 nm, 약 10 내지 약 80 nm, 약 10 내지 약 90 nm, 약 20 내지 약 30 nm, 약 20 내지 약 40 nm, 약 20 내지 약 50 nm, 약 20 내지 약 60 nm, 약 20 내지 약 70 nm, 약 20 내지 약 80 nm, 약 20 내지 약 90 nm, 약 20 내지 약 100 nm, 약 30 내지 약 40 nm, 약 30 내지 약 50 nm, 약 30 내지 약 60 nm, 약 30 내지 약 70 nm, 약 30 내지 약 80 nm, 약 30 내지 약 90 nm, 약 30 내지 약 100 nm, 약 40 내지 약 50 nm, 약 40 내지 약 60 nm, 약 40 내지 약 70 nm, 약 40 내지 약 80 nm, 약 40 내지 약 90 nm, 약 40 내지 약 100 nm, 약 50 내지 약 60 nm, 약 50 내지 약 70 nm, 약 50 내지 약 80 nm, 약 50 내지 약 90 nm, 약 50 내지 약 100 nm, 약 60 내지 약 70 nm, 약 60 내지 약 80 nm, 약 60 내지 약 90 nm, 약 60 내지 약 100 nm, 약 70 내지 약 80 nm, 약 70 내지 약 90 nm, 약 70 내지 약 100 nm, 약 80 내지 약 90 nm, 약 80 내지 약 100 nm 및/또는 약 90 내지 약 100 nm를 갖는 지질 나노입자 내에 제형화될 수 있다.
- [0474] 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 직경 약 10 내지 500 nm를 가질 수 있다.
- [0475] 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 100 nm 초과, 150 nm 초과, 200 nm 초과, 250 nm 초과, 300 nm 초과, 350 nm 초과, 400 nm 초과, 450 nm 초과, 500 nm 초과, 550 nm 초과, 600 nm 초과, 650 nm 초과, 700 nm 초과, 750 nm 초과, 800 nm 초과, 850 nm 초과, 900 nm 초과, 950 nm 또는 1000 nm 초과,의 직경을 가질 수 있다.
- [0476] 일부 구현예에서, 지질 나노입자는 하기에 기재된 제한 크기 지질 나노입자일 수 있다: 국제 특허 공개 번호 WO2013059922(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 제한 크기 지질 나노입자는 지질 이중층 주위 수성 코어 또는 소수성 코어를 포함할 수 있고; 여기에서 지질 이중층은 인지질 예컨대, 비제한적으로, 디아실포스파티딜콜린, 디아실포스파티딜에탄올아민, 세라미드, 스펡고미엘린, 디하이드로스펙고미엘린, 세팔린, 세레브로시드, C8-C20 지방산 디아실포스파티딜콜린, 및 1-팔미토일-2-올레오일 포스파티딜콜린 (POPC)를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 제한 크기 지질 나노입자는 폴리에틸렌 글리콜-지질 예컨대, 비제한적으로, DLPE-PEG, DMPE-PEG, DPPC-PEG 및 DSPE-PEG를 포함할 수 있다.
- [0477] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 하기에 기재된 전달 방법을 이용하여 특정 위치에서 전달, 국재화 및/또는 농축될 수 있다: 국제 특허 공개 번호 WO2013063530(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 대상체는 대상체에게 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 전달 이전, 동시 또는 이후 비어있는 폴리머 입자가 투여될 수 있다. 비어있는 폴리머 입자는 일단 상기 대상체와 접촉하면 용적에서 변화를 겪고 박혀거나, 포매되거나, 고정되거나 대상체에서 특정 위치에 포획된다.
- [0478] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 활성 서브스틴스 방출 시스템으로 제형화될 수 있다 (참조, 예를 들면, 미국 특허 공개 번호 US20130102545, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 활성 서브스틴스 방출 시스템은 1) 촉매적으로 활성 핵산과 혼성화되는 올리고뉴클레오타이드 억제제 가닥에 결합된 적어도 1종의 나노입자 및 2) 치료적으로 활성 서브스틴스 (예를 들면, 본 명세서에서 기재된 폴리뉴클레오타이드)에 결합된 적어도 1종의 기질 분자에 결합된 화합물을 포함할 수 있고, 여기에서 치료적으로 활성 서브스틴스는 촉매적으로 활성 핵산에 의해 기질 분자의 절단에 의해 방출된다.
- [0479] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 비-세포 물질을 포함하는 내부 코어 및 세포 막을 포함하는 외면을 포함하는 나노입자로 제형화될 수 있다. 세포 막은 바이러스로부터 유래된 세포 또는 막으로부터 유래될 수 있다. 비제한적인 예로서, 나노입자는 하기에 기재된 방법에 의해 만들어질 수 있다: 국제 특허 공개 번호 WO2013052167(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 또 다른 비-제한적인 예로서, 이들의 내용은 참고로 그 전문이 본 명세서에서 편입되는, 국제 특허 공개 번호 WO2013052167에 기재된 나노입자는 본 명세서에 기재된 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 전달하는데 사용될 수 있다.
- [0480] 일부 구현예에서, RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 다공성 나노입자-지지된 지질 이중층 (원세포)로 제형화될 수 있다. 원세포는 국제 특허 공개 번호 WO2013056132(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음)에 기재된다.
- [0481] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 하기에 기재된 바와 같이 폴리머 나노입자로 제형화될 수 있거나 하기에 기재된 방법에 의해 만들어질 수 있다: 미국 특허 번호 8,420,123 및 8,518,963 및 유럽 특허 번호 EP2073848B1(이들의 내용 각각은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 폴리머 나노입자 예컨대 하기에 기재된 방법에 의해 만들어진 나노입자 또는 하기에 기재된 나노입자는 고 유리전이 온도를 가질 수 있다: 미국 특허 번호 8,518,963(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편

입되어 있음). 또 다른 비-제한적인 예로서, 경구 및 비경구 제형용 폴리머 나노입자는 하기에 기재된 방법에 의해 만들어질 수 있다: 유럽 특허 번호 EP2073848B1(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

- [0482] 일부 구현예에서, 본 명세서에 기재된 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 이미지형성에서 사용된 나노입자로 제형화될 수 있다. 나노입자는 리포좀 나노입자 예컨대 하기에 기재된 것일 수 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130129636(이것은 그 전문이 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 리포좀은 가돌리늄(III)₂-{4,7-비스-카복시메틸-10-[(N,N-디스테아릴아미도메틸-N'-아미도-메틸)-1,4,7,10-테트라-아자사이클로도데칸-1-일]-아세트산 및 중성, 완전 포화된 인지질 성분을 포함할 수 있다 (참조, 예를 들면, 미국 특허 공개 번호 US20130129636, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0483] 일부 구현예에서, 본 개시내용에서 사용될 수 있는 나노입자는 하기에 기재된 방법에 의해 형성된다: 미국 특허 출원 번호 US20130130348(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0484] 본 개시내용의 나노입자는 추가로 영양소 예컨대, 비제한적으로, 결핍이 빈혈부터 신경관 결함까지 건강 위험으로 이어질 수 있는 것을 포함할 수 있다 (참조, 예를 들면, 하기에 기재된 나노입자: 국제 특허 공개 번호 W02013072929, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 예로서, 영양소는 제철, 제이철 염 또는 원소 철, 요오드, 엽산, 비타민 또는 미량영양소의 형태로 절일 수 있다.
- [0485] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 팽윤성 나노입자로 제형화될 수 있다. 팽윤성 나노입자는, 비제한적으로, 하기에 기재된 것일 수 있다: 미국 특허 번호 8,440,231(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 비제한적인 구현예로서, 팽윤성 나노입자는 호흡기계에 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 전달에 사용될 수 있다 (참조, 예를 들면, 미국 특허 번호 8,440,231, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0486] 본 개시내용의 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 폴리무수물 나노입자 예컨대, 비제한적으로, 하기에 기재된 것으로 제형화될 수 있다: 미국 특허 번호 8,449,916 (이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0487] 본 개시내용의 나노입자 및 극미립자는 대식세포 및/또는 면역 반응을 조절하기 위해 기하학적으로 조작될 수 있다. 일부 구현예에서, 기하학적으로 조작된 입자는 표적화된 전달 예컨대, 비제한적으로, 폐 전달에 대하여 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드를 편입시키기 위해 가변화된 형상, 크기 및/또는 표면 전하를 가질 수 있다 (참조, 예를 들면, 국제공개 번호 W02013082111, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 다른 물리적 특징 기하학적으로 조작하는 입자는, 비제한적으로, 개창술, 각진 아암, 비대칭 및 표면 조도, 세포 및 조직과 상호작용을 변경시킬 수 있는 전하를 포함한다. 비제한적인 예로서, 본 개시내용의 나노입자는 하기에 기재된 방법에 의해 만들어질 수 있다: 국제공개 번호 W02013082111(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0488] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 나노입자는 수용성 나노입자 예컨대, 비제한적으로, 하기에 기재된 것일 수 있다: 국제공개 번호 W02013090601(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 나노입자는 양호한 수용성을 나타내기 위해 압축 및 썬비터이온성 리간드를 갖는 무기 나노입자일 수 있다. 나노입자는 또한 작은 유체역학적 직경 (HD), 시간에 관한 안정성, pH, 및 염분 그리고 저수준의 비-특이 단백질 결합을 가질 수 있다.
- [0489] 일부 구현예에서 본 개시내용의 나노입자는 하기에 기재된 방법에 의해 개발될 수 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130172406(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0490] 일부 구현예에서, 본 개시내용의 나노입자는 스텔스 나노입자 또는 표적-특이적 스텔스 나노입자 예컨대, 비제한적으로, 하기에 기재된 것이다: 미국 특허 공개 번호 US20130172406(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 본 개시내용의 나노입자는 하기에 기재된 방법에 의해 만들어질 수 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130172406(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).
- [0491] 일부 구현예에서, 스텔스 또는 표적-특이적 스텔스 나노입자는 폴리머 매트릭스를 포함할 수 있다. 폴리머 매트릭스는 하기를 포함할 수 있다: 2종 이상의 폴리머 예컨대, 비제한적으로, 폴리에틸렌, 폴리카보네이트, 폴리무수물, 폴리하이드록시산, 폴리프로필푸메레이트, 폴리카프로락톤, 폴리아미드, 폴리아세탈, 폴리에테르, 폴리에스테르, 폴리(오르토에스테르), 폴리시아노아크릴레이트, 폴리비닐 알코올, 폴리우레탄, 폴리포스파젠, 폴리아크릴레이트, 폴리메타크릴레이트, 폴리시아노아크릴레이트, 폴리우레아, 폴리스티렌, 폴리아민, 폴리에스테르,

폴리무수물, 폴리에테르, 폴리우레탄, 폴리메타크릴레이트, 폴리아크릴레이트, 폴리시아노아크릴레이트 또는 이들의 조합.

[0492] 일부 구현예에서, 나노입자는 고밀도 핵산 층을 갖는 나노입자-핵산 하이브리드 구조일 수 있다. 비제한적인 예로서, 나노입자-핵산 하이브리드 구조는 하기에 기재된 방법에 의해 만들어질 수 있다: 미국 특허 공개 번호 US20130171646(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 나노입자는 핵산 예컨대, 비제한적으로, 본 명세서에서 기재된 및/또는 당해 분야에서 공지된 폴리뉴클레오타이드를 포함할 수 있다.

[0493] 본 개시내용의 나노입자 중 적어도 하나는 코어 나노구조에서 포매될 수 있거나 나노구조의 표면 안에서 또는 표면에서 적어도 1종의 적재물을 운반 또는 회합할 수 있는 저밀도 다공성 3-D 구조 또는 코팅물로 코팅될 수 있다. 적어도 1종의 나노입자를 포함하는 나노구조의 비-제한적인 예는 하기에 기재된다: 국제 특허 공개 번호 WO2013123523(이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음).

[0494] 일부 구현예에서 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 하기와 회합할 수 있다: 프로타민, 뉴클레올린, 스페르민 또는 스페르미딘을 포함하는, 양이온성 또는 다중양이온성 화합물, 또는 다른 양이온성 펩타이드 또는 단백질, 예컨대 폴리-L-라이신 (PLL), 폴리아르기닌, 염기성 폴리펩타이드, HIV-결합 펩타이드, HIV-1 Tat (HIV), Tat-유래된 펩타이드, 페네트라틴, VP²² 유래된 또는 유사체 펩타이드를 포함하는, 세포 침투 펩타이드 (CPPs), 페스티바 이러스 Erns, HSV, VP22 (단순 포진), MAP, KALA 또는 단백질 형질도입 도메인 (PTDs), PpT620, 프롤린-풍부 펩타이드, 아르기닌-풍부 펩타이드, 라이신-풍부 펩타이드, MPG-펩타이드(들), Pep-1, L-올리고머, 칼시토닌 펩타이드(들), 안네나페디아-유래된 펩타이드 (특히 드로소필라 안네나페디아로부터), pAntp, pIsl, FGF, 락토페린, 트랜스포르탄, 부포린-2, Bac715-24, SynB, SynB, pVEC, hCT-유래된 펩타이드, SAP, 히스톤, 양이온성 다당류, 예를 들면 키토산, 폴리브렌, 양이온성 폴리머, 예를 들면 폴리에틸렌이민 (PEI), 양이온성 지질, 예를 들면 DOTMA: [1-(2,3-시올레일옥시)프로필]-N,N,N-트리메틸염화암모늄, DMRIE, 디-C14-아미딘, DOTIM, SAINT, DC-Chol, BGTC, CTAP, DOPC, DODAP, DOPE: 디올레일 포스파티딜에탄올-아민, DOSPA, DODAB, DOIC, DMEPC, DOGS: 디옥타데실아미도글리실스퍼민, DIMRI: 디미리스토옥시프로필 디메틸 하이드록시에틸 암모늄 브로마이드, DOTAP: 디올레오일옥시-3-(트리메틸암모니오)프로판, DC-6-14: 0,0-디테트라데카노일-N-.알파.-트리메틸암모니오아세틸)디에탄올아민 클로라이드, CLIP 1: rac-[(2,3-디옥타데실옥시프로필)(2-하이드록시에틸)]-디메틸암모늄 클로라이드, CLIP6: rac-[2(2,3-디헥사데실옥시프로필옥시메틸옥시)에틸]-트리메틸암모늄, CLIP9: rac-[2(2,3-디헥사데실옥시프로필옥시석시닐옥시)에틸]-트리메틸암모늄, 올리고펙타민, 또는 양이온성 또는 다중양이온성 폴리머, 예를 들면 변형된 폴리아미노산, 예컨대 베타-아미노산-폴리머 또는 역전된 폴리아미드, 등, 변형된 폴리에틸렌, 예컨대 PVP (폴리(N-에틸-4-비닐피리디늄 브로마이드)), 등, 변형된 아크릴레이트, 예컨대 pDMAEMA (폴리(디메틸아미노에틸 메틸아크릴레이트)), 등, 변형된 아미도아민 예컨대 pAMAM (폴리(아미도아민)), 등, 변형된 폴리베타아미노에스테르 (PBAE), 예컨대 디아민 단부 변형된 1,4 부탄디올 디아크릴레이트-공-5-아미노-1-펜타놀 폴리머, 등, 덴드리머, 예컨대 폴리프로필아민 덴드리머 또는 pAMAM 기반 덴드리머, 등, 폴리이민(들), 예컨대 PEI: 폴리(에틸렌이민), 폴리(프로필렌이민), 등, 폴리알릴아민, 당 골격계 폴리머, 예컨대 사이클로덱스트린계 폴리머, 텍스트란계 폴리머, 키토산, 등, 실란 골격계 폴리머, 예컨대 PMOXA-PDMS 코폴리머, 등, (예를 들면 상기에서 언급된 바와 같이 양이온성 폴리머로부터 선택된) 1종 이상의 양이온성 블록 및 1종 이상의 친수성 또는 소수성 블록 (예를 들면 폴리에틸렌글리콜)의 조합으로 구성되는 블록폴리머, 등.

[0495] 다른 구현예에서 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 양이온성 또는 다중양이온성 화합물과 회합하지 않는다.

[0496] 백신 투여 방식

[0497] 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신은 치료적으로 효과적인 결과를 초래하는 임의의 경로에 의해 투여될 수 있다. 이들은, 비제한적으로, 진피내, 근육내, 비강내 및/또는 피하 투여를 포함한다. 본 개시내용은 RNA (예를 들면, mRNA) 백신을 그것을 필요로 하는 대상체에게 투여하는 방법을 제공한다. 요구된 정확한 양은, 대상체의 종, 연령, 및 일반적인 상태, 질환의 중증도, 특정한 조성물, 그것의 투여 방식, 그것의 활성 방식, 및 기타 동종의 것에 의존하여, 대상체 별로 다양할 것이다. 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물은 투여의 편의성 및 복용량의 균일성을 위하여 복용량 단위 형태로 전형적으로 제형화된다. 그러나, RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물의 총 1일 사용량이 타당한 의료 판단의 범위 내에 주치의에 의해 결정될 수 있다는 것이 이해될 것이다. 임의의 특정한 환자에 대하여 특정 치료적으로 효과적인, 예방적으로 효과적인, 또는 적절한 이미징형성 용량 수준은 하기를 포함하는 다양한 인자에 좌우될 것이다: 치료받는 장애 및 장애의 중증도; 이용된 특정 화합물의 활성; 이용된 특정 조성물; 환자의 연령, 체중, 일반적인 건강, 성별 및 다이어트; 이용된 특정 화합물

의 투여 시간, 투여 경로, 및 배출 속도; 치료의 지속기간; 이용된 특정 화합물과 조합으로 사용된 또는 동시에 일어나는 약물; 및 의술에서 잘 알려진 유사 인자.

- [0498] 일부 구현예에서, 인플루엔자 질환 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 조성물은 요망된 치료, 진단, 예방, 또는 이미지 형성 효과를 수득하기 위해 1일당, 1회 이상 일, 주당, 개월당, 등 대상체 체중의 0.0001 mg/kg 내지 100 mg/kg, 0.001 mg/kg 내지 0.05 mg/kg, 0.005 mg/kg 내지 0.05 mg/kg, 0.001 mg/kg 내지 0.005 mg/kg, 0.05 mg/kg 내지 0.5 mg/kg, 0.01 mg/kg 내지 50 mg/kg, 0.1 mg/kg 내지 40 mg/kg, 0.5 mg/kg 내지 30 mg/kg, 0.01 mg/kg 내지 10 mg/kg, 0.1 mg/kg 내지 10 mg/kg, 또는 1 mg/kg 내지 25 mg/kg을 전달하는데 충분한 복용량 수준으로 투여될 수 있다 (참조, 예를 들면, 국제공개 번호 W02013078199에서 기재된 단위 용량의 범위, 이들의 내용은 그 전문이 본 명세서에 참고로 편입되어 있음). 요망된 복용량은 1일 3회, 1일 2회, 1일 1회, 격일로, 이를 간격으로, 매주, 매 2주, 매 3주, 매 4주, 매 2개월, 매 3개월, 매 6 개월, 등으로 전달될 수 있다. 일부 구현예에서, 요망된 복용량은 다중 투여 (예를 들면, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 초과 투여)를 이용하여 전달될 수 있다. 다중 투여가 이용된 경우, 분할 투약 레지멘 예컨대 본 명세서에서 기재된 것은 사용될 수 있다. 예시적인 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물은 0.0005 mg/kg 내지 0.01 mg/kg, 예를 들면, 약 0.0005 mg/kg 내지 약 0.0075 mg/kg, 예를 들면, 약 0.0005 mg/kg, 약 0.001 mg/kg, 약 0.002 mg/kg, 약 0.003 mg/kg, 약 0.004 mg/kg 또는 약 0.005 mg/kg을 전달하는데 충분한 복용량 수준으로 투여될 수 있다.
- [0499] 일부 구현예에서, 인플루엔자 질환 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물은 0.025 mg/kg 내지 0.250 mg/kg, 0.025 mg/kg 내지 0.500 mg/kg, 0.025 mg/kg 내지 0.750 mg/kg, 또는 0.025 mg/kg 내지 1.0 mg/kg을 전달하는데 충분한 복용량 수준에서 1회 또는 2회 (또는 초과) 투여될 수 있다.
- [0500] 일부 구현예에서, 인플루엔자 질환 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물은 0.0100 mg, 0.025 mg, 0.050 mg, 0.075 mg, 0.100 mg, 0.125 mg, 0.150 mg, 0.175 mg, 0.200 mg, 0.225 mg, 0.250 mg, 0.275 mg, 0.300 mg, 0.325 mg, 0.350 mg, 0.375 mg, 0.400 mg, 0.425 mg, 0.450 mg, 0.475 mg, 0.500 mg, 0.525 mg, 0.550 mg, 0.575 mg, 0.600 mg, 0.625 mg, 0.650 mg, 0.675 mg, 0.700 mg, 0.725 mg, 0.750 mg, 0.775 mg, 0.800 mg, 0.825 mg, 0.850 mg, 0.875 mg, 0.900 mg, 0.925 mg, 0.950 mg, 0.975 mg, 또는 1.0 mg의 총용량을 전달하는데 충분한 복용량 수준에서 또는 상기의 총용량에서 2회 (예를 들면, 0 일째 및 7 일째, 0 일째 및 14 일째, 0 일째 및 21 일째, 0 일째 및 28 일째, 0 일째 및 60 일째, 0 일째 및 90 일째, 0 일째 및 120 일째, 0 일째 및 150 일째, 0 일째 및 180 일째, 0 일째 및 3 개월 후, 0 일째 및 6 개월 후, 0 일째 및 9 개월 후, 0 일째 및 12 개월 후, 0 일째 및 18 개월 후, 0 일째 및 2 년 후, 0 일째 및 5 년 후, 또는 0 일째 및 10 년 후) 투여될 수 있다. 더 높은 및 더 낮은 복용량 및 투여 빈도는 본 개시내용에 의해 포함된다. 예를 들면, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물은 3 또는 4회 투여될 수 있다.
- [0501] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 조성물은 0.010 mg, 0.025 mg, 0.100 mg 또는 0.400 mg의 총용량을 전달하는데 충분한 복용량 수준에서 또는 상기의 총용량에서 2회 (예를 들면, 0 일째 및 7 일째, 0 일째 및 14 일째, 0 일째 및 21 일째, 0 일째 및 28 일째, 0 일째 및 60 일째, 0 일째 및 90 일째, 0 일째 및 120 일째, 0 일째 및 150 일째, 0 일째 및 180 일째, 0 일째 및 3 개월 후, 0 일째 및 6 개월 후, 0 일째 및 9 개월 후, 0 일째 및 12 개월 후, 0 일째 및 18 개월 후, 0 일째 및 2 년 후, 0 일째 및 5 년 후, 또는 0 일째 및 10 년 후) 투여될 수 있다.
- [0502] 일부 구현예에서, 대상체 예방접종의 방법에서 사용을 위하여 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 (대상체를 예방접종하기 위한 유효량으로) 10 μ g/kg 내지 400 μ g/kg의 핵산 백신의 단일 복용량으로서 상기 대상체에 투여된다. 일부 구현예에서 대상체 예방접종의 방법에서 사용을 위하여 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 (대상체를 예방접종하기 위한 유효량으로) 10 μ g 내지 400 μ g의 핵산 백신의 단일 복용량으로서 상기 대상체에 투여된다. 일부 구현예에서, 대상체 예방접종의 방법에서 사용을 위하여 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 25-1000 μ g의 단일 복용량으로서 상기 대상체에 투여된다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 25, 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950 또는 1000 μ g의 단일 복용량으로서 상기 대상체에 투여된다. 예를 들면, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 25-100, 25-500, 50-100, 50-500, 50-1000, 100-500, 100-1000, 250-500, 250-1000, 또는 500-1000 μ g의 단일 용량으로서 대상체에 투여될 수 있다. 일부 구현예에서, 대상체 예방접종의 방법에서 사용을 위하여 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 2 복용량으로서 상기 대상체에 투여되고, 이의 조합은 25-1000 μ g의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 상당한다.

- [0503] 본 명세서에서 기재된 인플루엔자 RNA (예를 들면 mRNA) 백신 약제학적 조성물은 본 명세서에 기재된 복용 형태, 예컨대 비강내, 기관내, 또는 주사가능 (예를 들면, 정맥내, 안구내, 초자체내, 근육내, 진피내, 심장내, 복강내, 비강내 및 피하)로 제형화될 수 있다.
- [0504] 인플루엔자 바이러스 RNA (예를 들면, mRNA) 백신 제형 및 사용 방법
- [0505] 본 개시내용의 일부 측면은 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 제형을 제공하고, 상기 RNA (예를 들면, mRNA) 백신은 대상체에서 항원 특이적 면역 반응 (예를 들면, 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드에 특이적인 항체의 생산)을 생성하는 유효량으로 제형화된다. "유효량"은 항원-특이적 면역 반응을 생산하는데 효과적인 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 용량이다. 대상체에서 항원-특이적 면역 반응을 유도하는 방법은 본 명세서에서 또한 제공된다.
- [0506] 일부 구현예에서, 항원-특이적 면역 반응은 대상체 투여된 본 명세서에서 제공된 바와 같은 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신이 투여된 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가를 측정하는 것을 특징으로 한다. 항체 역가는 대상체 내에서 항체, 예를 들면, 특정한 항원 (예를 들면, 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드) 또는 항원의 에피토프에 특이적인 항체의 양의 측정이다. 항체 역가는 긍정적인 결과를 제공하는 가장 큰 희석의 역수로서 전형적으로 표현된다. 효소-결합 면역흡착 검정 (ELISA)는, 예를 들면 항체 역가 결정용 통상 검정이다.
- [0507] 일부 구현예에서, 항체 역가는 대상체가 감염을 가졌는지를 평가하는데 또는 면역화가 요구되는지를 결정하는데 사용된다. 일부 구현예에서, 항체 역가는 자가면역 반응의 강도를 결정하는데, 부스터 면역화가 필요한지를 결정하는데, 이전의 백신이 효과적이었는지를 결정하는데, 그리고 임의의 최근 또는 이전의 감염을 확인하는데 사용된다. 본 개시내용에 따르면, 항체 역가는 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신에 의해 대상체내 유도된 면역 반응의 강도를 결정하는데 사용될 수 있다.
- [0508] 일부 구현예에서, 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 적어도 1 log까지 증가된다. 예를 들면, 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 적어도 1.5, 적어도 2, 적어도 2.5, 또는 적어도 3 log까지 증가될 수 있다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 1, 1.5, 2, 2.5 또는 3 log까지 증가된다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 1-3 log까지 증가된다. 예를 들면, 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 1-1.5, 1-2, 1-2.5, 1-3, 1.5-2, 1.5-2.5, 1.5-3, 2-2.5, 2-3, 또는 2.5-3 log까지 증가될 수 있다.
- [0509] 일부 구현예에서, 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 2배 증가된다. 예를 들면, 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 적어도 3 배, 적어도 4 배, 적어도 5 배, 적어도 6 배, 적어도 7 배, 적어도 8 배, 적어도 9 배, 또는 적어도 10 배 증가될 수 있다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 10 배 증가된다. 일부 구현예에서, 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대상체에 비해 2-10배 증가된다. 예를 들면, 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 대조군에 비해 2-10, 2-9, 2-8, 2-7, 2-6, 2-5, 2-4, 2-3, 3-10, 3-9, 3-8, 3-7, 3-6, 3-5, 3-4, 4-10, 4-9, 4-8, 4-7, 4-6, 4-5, 5-10, 5-9, 5-8, 5-7, 5-6, 6-10, 6-9, 6-8, 6-7, 7-10, 7-9, 7-8, 8-10, 8-9, 또는 9-10 배 증가될 수 있다.
- [0510] 대조군은, 일부 구현예에서, 본 개시내용의 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신이 투여되지 않았던 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다. 일부 구현예에서, 대조군은 생약독화 인플루엔자 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다. 약화된 백신은 생존가능한 (살아있는)의 발병력을 감소시켜서 생산된 백신이다. 약화된 바이러스는 살아있는, 비변형된 바이러스에 비해 무해하거나 덜 독성있는 방식으로 변경된다. 일부 구현예에서, 대조군은 불활성화된 인플루엔자 백신이 투여된 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다. 일부 구현예에서, 대조군은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신이 투여된 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다. 재조합 단백질 백신은 전형적으로 이중성 발현 시스템 (예를 들면, 박테리아 또는 효모)에서 생산되었거나 다량의 병원성 유기체로부터 정제된 단백질을 포함한다. 일부 구현예에서, 대조군은 인플루엔자 바이러스-유사 입자 (VLP) 백신이 투여되었던 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가이다.

- [0511] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량과 비교하여 감소된 용량이다. 본 명세서에서 제공된 바와 같은 "관리 기준"은, 의료 또는 심리적 치료 지침을 지칭하고 일반적이거나 특이적일 수 있다. "관리 기준"은 주어진 병태의 치료에 관여된 의료 전문가 사이의 과학적 증거 및 공동작업을 기반으로 한 적절한 치료를 구체화한다. 의사/임상의가 특정 유형의 환자, 병 또는 임상 상황을 수반해야 하는 진단 및 치료 과정이다. "본 명세서에서 제공된 바와 같은 관리 기준 용량"은 의사/임상의 또는 다른 의료 전문가가 인플루엔자, 또는 관련된 병태를 치료 또는 예방하는 관리 지침에 따라 인플루엔자, 또는 관련된 병태를 치료 또는 예방하기 위해 대상체에게 투여하는 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신, 또는 생약독화 또는 불활성화된 인플루엔자 백신의 용량을 지칭한다.
- [0512] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량이 투여된 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신 또는 생약독화 또는 불활성화된 항-인플루엔자 백신의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같다.
- [0513] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 2-배수 감소 와 같은 용량이다. 예를 들면, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 3-배, 적어도 4-배, 적어도 5-배, 적어도 6-배, 적어도 7-배, 적어도 8-배, 적어도 9-배, 또는 적어도 10-배수 감소의 같은 용량일 수 있다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 적어도 적어도 100-배, 적어도 500-배, 또는 적어도 1000-배수 감소 와 같은 용량이고, 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 2-, 3-, 4-, 5-, 6-, 7-, 8-, 9-, 10-, 20-, 50-, 100-, 250-, 500-, 또는 1000-배수 감소 와 같은 용량이다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량이 투여된 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 또는 단백질 인플루엔자 단백질 백신 또는 생약독화 또는 불활성화된 인플루엔자 백신의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가 와 같다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 2-배 내지 1000-배 (예를 들면, 2-배 내지 100-배, 10-배 내지 1000-배) 감소 와 같은 용량이고, 상기 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신 또는 생약독화 또는 불활성화된 인플루엔자 백신의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-인플루엔자 항원성 폴리펩타이드 항체 역가 와 같다.
- [0514] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 재조합 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 2 내지 1000-, 2 내지 900-, 2 내지 800-, 2 내지 700-, 2 내지 600-, 2 내지 500-, 2 내지 400-, 2 내지 300-, 2 내지 200-, 2 내지 100-, 2 내지 90-, 2 내지 80-, 2 내지 70-, 2 내지 60-, 2 내지 50-, 2 내지 40-, 2 내지 30-, 2 내지 20-, 2 내지 10-, 2 내지 9-, 2 내지 8-, 2 내지 7-, 2 내지 6-, 2 내지 5-, 2 내지 4-, 2 내지 3-, 3 내지 1000-, 3 내지 900-, 3 내지 800-, 3 내지 700-, 3 내지 600-, 3 내지 500-, 3 내지 400-, 3 내지 3 to 00-, 3 내지 200-, 3 내지 100-, 3 내지 90-, 3 내지 80-, 3 내지 70-, 3 내지 60-, 3 내지 50-, 3 내지 40-, 3 내지 30-, 3 내지 20-, 3 내지 10-, 3 내지 9-, 3 내지 8-, 3 내지 7-, 3 내지 6-, 3 내지 5-, 3 내지 4-, 4 내지 1000-, 4 내지 900-, 4 내지 800-, 4 내지 700-, 4 내지 600-, 4 내지 500-, 4 내지 400-, 4 내지 4 to 00-, 4 내지 200-, 4 내지 100-, 4 내지 90-, 4 내지 80-, 4 내지 70-, 4 내지 60-, 4 내지 50-, 4 내지 40-, 4 내지 30-, 4 내지 20-, 4 내지 10-, 4 내지 9-, 4 내지 8-, 4 내지 7-, 4 내지 6-, 4 내지 5-, 4 내지 4-, 5 내지 1000-, 5 내지 900-, 5 내지 800-, 5 내지 700-, 5 내지 600-, 5 내지 500-, 5 내지 400-, 5 내지 300-, 5 내지 200-, 5 내지 100-, 5 내지 90-, 5 내지 80-, 5 내지 70-, 5 내지 60-, 5 내지 50-, 5 내지 40-, 5 내지 30-, 5 내지 20-, 5 내지 10-, 5 내지 9-, 5 내지 8-, 5 내지 7-, 5 내지 6-, 6 내지 1000-, 6 내지 900-, 6 내지 800-, 6 내지 700-, 6 내지 600-, 6 내지 500-, 6 내지 400-, 6 내지 300-, 6 내지 200-, 6 내지 100-, 6 내지 90-, 6 내지 80-, 6 내지 70-, 6 내지 60-, 6 내지 50-, 6 내지 40-, 6 내지 30-, 6 내지 20-, 6 내지 10-, 6 내지 9-, 6 내지 8-, 6 내지 7-, 7 내지 1000-, 7 내지 900-, 7 내지 800-, 7 내지 700-, 7 내지 600-, 7 내지 500-, 7 내지 400-, 7 내지 300-, 7 내지 200-, 7 내지 100-, 7 내지 90-, 7 내지 80-, 7 내지 70-, 7 내지 60-, 7 내지 50-, 7 내지 40-, 7 내지 30-, 7 내지 20-, 7 내지 10-, 7 내지 9-, 7 내지 8-, 8 내지 1000-, 8 내지 900-, 8 내지 800-, 8 내지 700-, 8 내지 600-, 8 내지 500-, 8 내지 400-, 8 내지 300-, 8 내지 200-, 8 내지 100-, 8 내지 90-, 8 내지 80-, 8 내지 70-, 8 내지 60-, 8 내지 50-, 8

내지 40-, 8 내지 30-, 8 내지 20-, 8 내지 10-, 8 내지 9-, 9 내지 1000-, 9 내지 900-, 9 내지 800-, 9 내지 700-, 9 내지 600-, 9 내지 500-, 9 내지 400-, 9 내지 300-, 9 내지 200-, 9 내지 100-, 9 내지 90-, 9 내지 80-, 9 내지 70-, 9 내지 60-, 9 내지 50-, 9 내지 40-, 9 내지 30-, 9 내지 20-, 9 내지 10-, 10 내지 1000-, 10 내지 900-, 10 내지 800-, 10 내지 700-, 10 내지 600-, 10 내지 500-, 10 내지 400-, 10 내지 300-, 10 내지 200-, 10 내지 100-, 10 내지 90-, 10 내지 80-, 10 내지 70-, 10 내지 60-, 10 내지 50-, 10 내지 40-, 10 내지 30-, 10 내지 20-, 20 내지 1000-, 20 내지 900-, 20 내지 800-, 20 내지 700-, 20 내지 600-, 20 내지 500-, 20 내지 400-, 20 내지 300-, 20 내지 200-, 20 내지 100-, 20 내지 90-, 20 내지 80-, 20 내지 70-, 20 내지 60-, 20 내지 50-, 20 내지 40-, 20 내지 30-, 30 내지 1000-, 30 내지 900-, 30 내지 800-, 30 내지 700-, 30 내지 600-, 30 내지 500-, 30 내지 400-, 30 내지 300-, 30 내지 200-, 30 내지 100-, 30 내지 90-, 30 내지 80-, 30 내지 70-, 30 내지 60-, 30 내지 50-, 30 내지 40-, 40 내지 1000-, 40 내지 900-, 40 내지 800-, 40 내지 700-, 40 내지 600-, 40 내지 500-, 40 내지 400-, 40 내지 300-, 40 내지 200-, 40 내지 100-, 40 내지 90-, 40 내지 80-, 40 내지 70-, 40 내지 60-, 40 내지 50-, 50 내지 1000-, 50 내지 900-, 50 내지 800-, 50 내지 700-, 50 내지 600-, 50 내지 500-, 50 내지 400-, 50 내지 300-, 50 내지 200-, 50 내지 100-, 50 내지 90-, 50 내지 80-, 50 내지 70-, 50 내지 60-, 60 내지 1000-, 60 내지 900-, 60 내지 800-, 60 내지 700-, 60 내지 600-, 60 내지 500-, 60 내지 400-, 60 내지 300-, 60 내지 200-, 60 내지 100-, 60 내지 90-, 60 내지 80-, 60 내지 70-, 70 내지 1000-, 70 내지 900-, 70 내지 800-, 70 내지 700-, 70 내지 600-, 70 내지 500-, 70 내지 400-, 70 내지 300-, 70 내지 200-, 70 내지 100-, 70 내지 90-, 70 내지 80-, 80 내지 1000-, 80 내지 900-, 80 내지 800-, 80 내지 700-, 80 내지 600-, 80 내지 500-, 80 내지 400-, 80 내지 300-, 80 내지 200-, 80 내지 100-, 80 내지 90-, 90 내지 1000-, 90 내지 900-, 90 내지 800-, 90 내지 700-, 90 내지 600-, 90 내지 500-, 90 내지 400-, 90 내지 300-, 90 내지 200-, 90 내지 100-, 100 내지 1000-, 100 내지 900-, 100 내지 800-, 100 내지 700-, 100 내지 600-, 100 내지 500-, 100 내지 400-, 100 내지 300-, 100 내지 200-, 200 내지 1000-, 200 내지 900-, 200 내지 800-, 200 내지 700-, 200 내지 600-, 200 내지 500-, 200 내지 400-, 200 내지 300-, 300 내지 1000-, 300 내지 900-, 300 내지 800-, 300 내지 700-, 300 내지 600-, 300 내지 500-, 300 내지 400-, 400 내지 1000-, 400 내지 900-, 400 내지 800-, 400 내지 700-, 400 내지 600-, 400 내지 500-, 500 내지 1000-, 500 내지 900-, 500 내지 800-, 500 내지 700-, 500 내지 600-, 600 내지 1000-, 600 내지 900-, 600 내지 800-, 600 내지 700-, 700 내지 1000-, 700 내지 900-, 700 내지 800-, 800 내지 1000-, 800 내지 900-, 또는 900 내지 1000-배수 감소와 같은 용량이다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신 또는 생약독화 또는 불활성화된 인플루엔자 백신의 관리 기준 용량이 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같다. 일부 구현예에서, 유효량은 재조합 인플루엔자 단백질 백신의 관리 기준 용량에서 2-, 3-, 4-, 5-, 6-, 7-, 8-, 9-, 10-, 20-, 30-, 40-, 50-, 60-, 70-, 80-, 90-, 100-, 110-, 120-, 130-, 140-, 150-, 160-, 170-, 180-, 190-, 200-, 210-, 220-, 230-, 240-, 250-, 260-, 270-, 280-, 290-, 300-, 310-, 320-, 330-, 340-, 350-, 360-, 370-, 380-, 390-, 400-, 410-, 420-, 430-, 440-, 450-, 460-, 470-, 480-, 490-, 500-, 510-, 520-, 530-, 540-, 550-, 560-, 570-, 580-, 590-, 600-, 610-, 620-, 630-, 640-, 650-, 660-, 670-, 680-, 690-, 700-, 710-, 720-, 730-, 740-, 750-, 760-, 770-, 780-, 790-, 800-, 810-, 820-, 830-, 840-, 850-, 860-, 870-, 880-, 890-, 900-, 910-, 920-, 930-, 940-, 950-, 960-, 970-, 980-, 990-, 또는 1000-배수 감소와 같거나 (또는 적어도 같은) 용량이다. 일부 구현예에서, 상기 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가는 재조합 또는 정제된 인플루엔자 단백질 백신 또는 생약독화 또는 불활성화된 인플루엔자 백신의 관리 기준 용량으로 투여된 대조군 대상체에서 생산된 항-항원성 폴리펩타이드 항체 역가와 같다.

[0515] 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 50-1000 μg 의 총용량이다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 50-1000, 50-900, 50-800, 50-700, 50-600, 50-500, 50-400, 50-300, 50-200, 50-100, 50-90, 50-80, 50-70, 50-60, 60-1000, 60-900, 60-800, 60-700, 60-600, 60-500, 60-400, 60-300, 60-200, 60-100, 60-90, 60-80, 60-70, 70-1000, 70-900, 70-800, 70-700, 70-600, 70-500, 70-400, 70-300, 70-200, 70-100, 70-90, 70-80, 80-1000, 80-900, 80-800, 80-700, 80-600, 80-500, 80-400, 80-300, 80-200, 80-100, 80-90, 90-1000, 90-900, 90-800, 90-700, 90-600, 90-500, 90-400, 90-300, 90-200, 90-100, 100-1000, 100-900, 100-800, 100-700, 100-600, 100-500, 100-400, 100-300, 100-200, 200-1000, 200-900, 200-800, 200-700, 200-600, 200-500, 200-400, 200-300, 300-1000, 300-900, 300-800, 300-700, 300-600, 300-500, 300-400, 400-1000, 400-900, 400-800, 400-700, 400-600, 400-500, 500-1000, 500-900, 500-800, 500-700, 500-600, 600-1000, 600-900, 600-800, 600-700, 700-1000, 700-

900, 700-800, 800-1000, 800-900, 또는 900-1000 μg 의 총용량이다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950 또는 1000 μg 의 총용량이다. 일부 구현예에서, 유효량은 대상체에게 총 2배로 투여된 25-500 μg 의 용량이다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 대상체에게 총 2배로 투여된 25-500, 25-400, 25-300, 25-200, 25-100, 25-50, 50-500, 50-400, 50-300, 50-200, 50-100, 100-500, 100-400, 100-300, 100-200, 150-500, 150-400, 150-300, 150-200, 200-500, 200-400, 200-300, 250-500, 250-400, 250-300, 300-500, 300-400, 350-500, 350-400, 400-500 또는 450-500 μg 의 용량이다. 일부 구현예에서, 인플루엔자 RNA (예를 들면, mRNA) 백신의 유효량은 대상체에게 총 2배로 투여된 25, 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 또는 500 μg 의 총용량이다.

- [0516] 추가의 구현예
- [0517] 1. 하기를 포함하는 인플루엔자 바이러스 백신 또는 조성물 또는 면역원성 조성물:
- [0518] 5' 말단 캡, 적어도 1종의 인플루엔자 항원성 폴리펩타이드를 인코딩하는 열린 해독틀, 및 3' polyA 테일을 갖는 적어도 1종의 메신저 리보핵산 (mRNA) 폴리뉴클레오타이드.
- [0519] 2. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 447-457, 459, 461에 의해 확인된 서열에 의해 인코딩된다.
- [0520] 3. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 491-503에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0521] 4. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 1-444, 458, 460, 462-479에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0522] 5. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 457에 의해 확인된 서열에 의해 인코딩된다.
- [0523] 6. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 501에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0524] 7. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 458에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0525] 8. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 459에 의해 확인된 서열에 의해 인코딩된다.
- [0526] 9. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 502에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0527] 10. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 460에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0528] 11. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 461에 의해 확인된 서열에 의해 인코딩된다.
- [0529] 12. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 mRNA 폴리뉴클레오타이드는 서열번호: 503에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0530] 13. 단락 1의 백신으로서, 상기 적어도 1종의 항원성 폴리펩타이드는 서열번호: 462에 의해 확인된 서열을 포함한다.
- [0531] 14. 단락 1 내지 13 중 어느 하나의 백신으로서, 상기 5' 말단 캡은 7mG(5')ppp(5')N1mpNp이거나 그것을 포함한다.
- [0532] 15. 단락 1 내지 14 중 어느 하나의 백신으로서, 열린 해독틀 중 우라실의 100%는 우라실의 5-위치에서 N1-메틸 슈도우리딘을 포함하도록 변형된다.
- [0533] 16. 단락 1 내지 15 중 어느 하나의 백신으로서, 상기 백신은 Dlin-MC3-DMA; 콜레스테롤; 1,2-디스테아로일-sn-글리세로-3-포스포콜린 (DSPC); 및 폴리에틸렌 글리콜 (PEG)2000-DMG를 포함하는 지질 나노입자 내에 제형화된

다.

- [0534] 17. 단락 16의 백신으로서, 상기 지질 나노입자는 추가로, 트리나트륨 시트레이트 완충액, 수크로오스 및 물을 포함한다.
- [0535] 18. 하기를 포함하는 인플루엔자 바이러스 백신 또는 조성물 또는 면역원성 조성물:
- [0536] 5' 말단 캡 7mG(5')ppp(5')N1mpNp, 서열번호: 501에 의해 확인된 서열 및 3' polyA 테일을 갖는 적어도 1종의 메신저 리보핵산 (mRNA) 폴리뉴클레오타이드로서, 상기 서열번호: 501에 의해 확인된 서열의 우라실 뉴클레오타이드는 우라실의 5-위치 뉴클레오타이드에서 N1-메틸 슈도우리딘을 포함하도록 변형된다.
- [0537] 19. 하기를 포함하는 인플루엔자 바이러스 백신:
- [0538] 5' 말단 캡 7mG(5')ppp(5')N1mpNp, 서열번호: 502에 의해 확인된 서열 및 3' polyA 테일을 갖는 적어도 1종의 메신저 리보핵산 (mRNA) 폴리뉴클레오타이드로서, 상기 서열번호: 502에 의해 확인된 서열의 우라실 뉴클레오타이드는 우라실의 5-위치 뉴클레오타이드에서 N1-메틸 슈도우리딘을 포함하도록 변형된다.
- [0539] 20. 하기를 포함하는 인플루엔자 바이러스 백신 또는 조성물 또는 면역원성 조성물:
- [0540] 5' 말단 캡 7mG(5')ppp(5')N1mpNp, 서열번호: 503에 의해 확인된 서열 및 3' polyA 테일을 갖는 적어도 1종의 메신저 리보핵산 (mRNA) 폴리뉴클레오타이드로서, 상기 서열번호: 503에 의해 확인된 서열의 우라실 뉴클레오타이드는 우라실의 5-위치 뉴클레오타이드에서 N1-메틸 슈도우리딘을 포함하도록 변형된다.
- [0541] 21. 단락 18 내지 20 중 임의의 하나의 백신으로서, DLin-MC3-DMA, 콜레스테롤, 1,2-디스테아로일-sn-글리세로-3-포스포콜린 (DSPC), 및 폴리에틸렌 글리콜 (PEG)2000-DMG를 포함하는 지질 나노입자 내에 제형화된다.
- [0542] 본 발명은 다음과 같은 설명에서 제시된 또는 도면에서 설명된 구성요소의 구성 및 배열의 세부사항에 그것의 적용에서 제한되지 않는다. 본 발명은 다른 구현예일 수 있고 다양한 방식으로 수행 또는 실시될 수 있다. 또한, 본 명세서에서 사용된 어법 및 용어는 설명의 목적을 위한 것이고 제한으로서 여겨지지 않아야 한다. 본 명세서에서 "포함하는", "포괄하는", 또는 "갖는", "함유하는", "연루하는" 및 이의 변동은 그 후에 열거된 항목 및 이의 등가물 뿐만 아니라 추가의 항목을 포함하는 의미이다.
- [0543] 실시예
- [0544] **실시예 1: 폴리뉴클레오타이드의 제조**
- [0545] 본 개시내용에 따르면, 폴리뉴클레오타이드 및/또는 이의 부분 또는 영역의 제조는 하기에서 교시된 방법을 이용하여 달성될 수 있다: 국제공개 W02014/152027, 명칭 "RNA 전사체의 생산용 제조 방법", 이의 내용은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입됨.
- [0546] 정제 방법은 하기에 교시된 것을 포함할 수 있다: 국제공개 W02014/152030 및 국제공개 W02014/152031, 이들 각각은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입됨.
- [0547] 폴리뉴클레오타이드의 검출 및 특성규명 방법은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입되는, 국제공개 W02014/144039에 교시된 대로 수행될 수 있다.
- [0548] 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드의 특성규명은 폴리뉴클레오타이드 맵핑, 역전사효소 서열분석, 전하 분포 분석, RNA 불순물의 검출, 또는 전술한 것 중 2종 이상의 임의의 조합을 이용하여 달성될 수 있다. "특성규명"은 RNA 전사체 서열 결정, RNA 전사체의 순도 결정, 또는 RNA 전사체의 전하 불균질성 결정을, 예를 들면, 포함한다. 그와 같은 방법은, 예를 들면, 하기에 교시된다: 국제공개 W02014/144711 및 국제공개 W02014/144767, 이들 각각의 내용은 본 명세서에 참고로 그 전문이 편입됨.
- [0549] **실시예 2: 키메라성 폴리뉴클레오타이드 합성**
- [0550] 본 개시내용에 따르면, 키메라성 폴리뉴클레오타이드의 2개 영역 또는 부분은 3인산 화합물을 이용하여 연결 또는 결합될 수 있다. 100 뉴클레오타이드 이하의 제1 영역 또는 부분은 5' 모노포스페이트 및 말단 3'desOH와 화학적으로 합성되거나 OH를, 예를 들면, 차단시켰다. 영역이 80 뉴클레오타이드보다 길면, 결합을 위하여 2개의 가닥으로서 합성될 수 있다.
- [0551] 제1 영역 또는 부분이 시험관내 전사 (IVT)를 이용하여 비-위치적으로 변형된 영역 또는 부분으로서 합성되면, 3' 말단의 차후의 캡핑으로 5'모노포스페이트의 전환은 뒤따를 수 있다.

- [0552] 모노포스페이트 보호 기는 임의의 당해 분야에서 공지된 것들로부터 선택될 수 있다.
- [0553] 키메라성 폴리뉴클레오타이드의 제2 영역 또는 부분은 어느 한쪽 화학적 합성 또는 IVT 방법을 이용하여 합성될 수 있다. IVT 방법은 변형된 캡을 가진 프라이머를 이용할 수 있는 RNA 폴리머라제를 포함할 수 있다. 대안적으로, 최대 130 뉴클레오타이드의 캡은 화학적으로 합성될 수 있고 IVT 영역 또는 부분에 커플링될 수 있다.
- [0554] 결찰 방법에 대하여, DNA T4 리가제로 결찰, 이어서 DNase로 처리는 연속을 쉽게 피할 수 있다.
- [0555] 전체 키메라성 폴리뉴클레오타이드는 포스페이트-당 골격으로 제조될 필요는 없다. 영역 또는 부분의 한쪽이 폴리펩타이드를 인코딩하면, 그와 같은 영역 또는 부분은 포스페이트-당 골격을 포함할 수 있다.
- [0556] 결찰은 그 다음 임의의 공지된 클릭 화학, 오쏘클릭 화학, 솔루링크, 또는 당해 기술의 숙련가에 공지된 다른 바이오큐주게이트 화학을 이용하여 수행된다.
- [0557] **합성 경로**
- [0558] 키메라성 폴리뉴클레오타이드는 일련의 개시 분절을 이용하여 만들어질 수 있다. 그와 같은 분절은 하기를 포함한다:
- [0559] (a) 정상 3'OH를 포함하는 캡핑된 및 보호된 5' 분절 (SEG. 1)
- [0560] (b) 폴리펩타이드 및 정상 3'OH의 코딩 영역을 포함할 수 있는, 5' 3인산 분절 (SEG. 2)
- [0561] (c) 코디세퀀 또는 무 3'OH를 포함하는 키메라성 폴리뉴클레오타이드의 3' 단부 (예를 들면, 꼬리)용 5' 모노포스페이트 분절 (SEG. 3)
- [0562] (화학적 또는 IVT) 합성 후, 분절 3 (SEG. 3)은 코디세퀀으로 그리고 그 다음 파이로포스파타제로 처리되어 5' 모노포스페이트를 창출할 수 있다.
- [0563] 분절 2 (SEG. 2)는 그 다음 RNA 리가제를 이용하여 SEG. 3에 결찰될 수 있다. 결찰된 폴리뉴클레오타이드는 그 다음 정제되고 파이로포스파타제로 처리되어 디포스페이트를 절단시킨다. 처리된 SEG. 2 - SEG. 3 작제물은 그 다음 정제될 수 있고 SEG. 1은 5' 말단에 결찰된다. 키메라성 폴리뉴클레오타이드의 추가 정제 단계는 수행될 수 있다.
- [0564] 키메라성 폴리뉴클레오타이드가 폴리펩타이드를 인코딩하는 경우, 결찰된 또는 연결된 분절은 하기로써 표시될 수 있다: 5'UTR (SEG. 1), 열린 해독틀 또는 ORF (SEG. 2) 및 3'UTR+폴리A (SEG. 3).
- [0565] 각각의 단계의 수율은 90-95%만큼일 수 있다.
- [0566] **실시예 3: cDNA 생산용 PCR**
- [0567] cDNA의 제조용 PCR 절차는 Kapa Biosystems (Woburn, MA)에 의한 2x KAPA HIFI™ HotStart ReadyMix를 이용하여 수행될 수 있다. 상기 시스템은 2x KAPA ReadyMix 12.5 μ l; 정방향 프라미어 (10 μ M) 0.75 μ l; 역방향 프라이머 (10 μ M) 0.75 μ l; 템플레이트 cDNA 100 ng; 및 25.0 μ l로 희석된 dH₂O를 포함한다. 반응 조건은 95 °C에서 5 분 동안일 수 있다. 반응은 20 초 동안 98 °C, 그 다음 15 초 동안 58 °C, 그 다음 45초 동안 72 °C, 그 다음 5 분 동안 72 °C, 그 다음 종료까지 4 °C의 25 사이클 동안 수행될 수 있다.
- [0568] 반응은 제조자의 지침 (최대 5 μ g)에 따라 Invitrogen의 PURELINK™ PCR Micro Kit (Carlsbad, CA)를 이용하여 세정될 수 있다. 더 큰 반응은 더 큰 수용력을 가진 생성물을 이용하는 세정을 요구할 수 있다. 세정 이후, cDNA는 NANODROP™을 이용하여 정량화 그리고 아가로스 겔 전기영동에 의해 분석되어 cDNA가 기대된 크기인지를 확인할 수 있다. cDNA는 그 다음 서열분석의 분석을 위하여 제출된 다음 시험관내 전사 반응을 진행할 수 있다.
- [0569] **실시예 4: 시험관내 전사 (IVT)**
- [0570] 시험관내 전사 반응은 RNA 폴리뉴클레오타이드를 생성한다. 그와 같은 폴리뉴클레오타이드는, 화학적으로 변형된 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드를 포함하는, 본 개시내용의 폴리뉴클레오타이드의 영역 또는 부분을 포함할 수 있다. 화학적으로 변형된 RNA 폴리뉴클레오타이드는 균일하게 변형된 폴리뉴클레오타이드일 수 있다. 시험관내 전사 반응은 뉴클레오타이드 3인산 (NTPs)의 구입 혼합물을 이용한다. NTPs는 화학적으로 변형된 NTPs, 또는 천연 및 화학적으로 변형된 NTPs의 혼합물, 또는 천연 NTPs를 포함할 수 있다.

- [0571] 전형적인 시험관내 전사 반응은 하기를 포함한다:
- [0572] 1) 템플레이트 cDNA 1.0 μ g
- [0573] 2) 10x 전사 완충액 2.0 μ l
- [0574] (400 mM 트리스-HCl pH 8.0, 190 mM
- [0575] $MgCl_2$, 50 mM DTT, 10 mM 스페르미딘)
- [0576] 3) 구입 NTPs (25 mM 각각의) 0.2 μ l
- [0577] 4) RNase 억제제 20 U
- [0578] 5) T7 RNA 폴리머라제 3000 U
- [0579] 6) dH_2O 최대 20.0 μ l. 및
- [0580] 7) 37 °C에서 3시간-5 시간 동안 인큐베이션.
- [0581] 조물질 IVT 혼합물은 4 °C에서 밤새 다음 날 세정을 위하여 저장될 수 있다. 1 U의 RNase 없는 DNase는 그 다음 최초 템플레이트를 소화시키는데 사용될 수 있다. 37 °C에서 15 분의 인큐베이션 후, mRNA는 제조자의 지침에 따라 Ambion의 MEGACLEAR™ Kit (Austin, TX)를 이용하여 정제될 수 있다. 상기 키트는 RNA의 최대 500 μ g를 정제시킬 수 있다. 세정 이후, RNA 폴리뉴클레오타이드는 NANODROP™을 이용하여 정량화 그리고 아가로스 겔 전기영동에 의해 분석되어 RNA 폴리뉴클레오타이드가 적절한 크기인지 그리고 RNA의 열화가 발생하지 않는지를 확인할 수 있다.
- [0582] **실시예 5: 효소 캡핑**
- [0583] RNA 폴리뉴클레오타이드의 캡핑은 혼합물이 하기를 포함하는 아래와 같이 수행된다: IVT RNA 60 μ g-180 μ g 및 dH_2O 최대 72 μ l. 혼합물은 65 °C에서 5 분 동안 인큐베이션되어 RNA를 변형시키고, 그 다음 얼음에 즉시 전달된다.
- [0584] 프로토콜은 그 다음 10x 캡핑 완충액 (0.5 M 트리스-HCl (pH 8.0), 60 mM KCl, 12.5 mM $MgCl_2$) (10.0 μ l); 20 mM GTP (5.0 μ l); 20 mM S-아데노실 메티오닌 (2.5 μ l); RNase 억제제 (100 U); 2'-O-메틸전달효소 (400U); 백시니아 캡핑 효소 (구아닐릴 전달효소) (40 U); dH_2O (최대 28 μ l)의 혼합; 및 37 °C에서 30 분 동안 60 μ g RNA에 대하여 또는 최대 2 시간 180 μ g의 RNA에 대하여 인큐베이션을 포함한다.
- [0585] RNA 폴리뉴클레오타이드는 그 다음 제조자의 지침에 따라 Ambion의 MEGACLEAR™ Kit (Austin, TX)를 이용하여 정제될 수 있다. 세정 이후, RNA는 NANODROP™ (ThermoFisher, Waltham, MA)를 이용하여 정량화 그리고 아가로스 겔 전기영동에 의해 분석되어 RNA 폴리뉴클레오타이드가 적절한 크기인지 그리고 RNA의 열화가 발생하지 않았는지를 확인할 수 있다. RNA 폴리뉴클레오타이드 생성물은 또한 서열분석용 cDNA를 생성하기 위해 역-전사-PCR 운영에 의해 서열분석될 수 있다.
- [0586] **실시예 6: 폴리A 테일링 반응**
- [0587] cDNA에서 폴리-T 없이, 폴리-A 테일링 반응은 최종 생성물 세척 전 수행되어야 한다. 이것은 캡핑된 IVT RNA (100 μ l); RNase 억제제 (20 U); 10x 테일링 완충액 (0.5 M 트리스-HCl (pH 8.0), 2.5 M NaCl, 100 mM $MgCl_2$) (12.0 μ l); 20 mM ATP (6.0 μ l); 폴리-A 폴리머라제 (20 U); dH_2O 최대 123.5 μ l 혼합 및 37 °C에서 30 분 동안 인큐베이션에 의해 실시된다. 폴리-A 꼬리가 이미 전사체에 있으면, 테일링 반응은 넘어갈 수 있고 Ambion의 MEGACLEAR™ 키트 (Austin, TX) (최대 500 μ g)로 세정에 직접적으로 진행할 수 있다. 폴리-A 폴리머라제는 효모에서 발현된 재조합 효소일 수 있다.
- [0588] 폴리A 테일링 반응의 진행성 또는 완전성이 정확한 크기 폴리A 꼬리를 항상 초래할 수 없다는 것이 이해되어야 한다. 그러므로, 대략 40-200 뉴클레오타이드, 예를 들면, 약 40, 50, 60, 70, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 150-165, 155, 156, 157, 158,

159, 160, 161, 162, 163, 164 또는 165의 폴리A 꼬리는 본 개시내용의 범위 내이다.

[0589] **실시예 7: 천연 5' 캡 및 5' 캡 유사체**

[0590] 폴리뉴클레오타이드의 5'-캡핑은 제조자 프로토콜에 따라 5'-구아노신 캡 구조를 생성하기 위해 다음과 같은 화학적 RNA 캡 유사체를 이용하여 시험관내-전사 반응 동안 동반하여 완료될 수 있다: 3'-O-Me-m7G(5')ppp(5') G [ARCA cap];G(5')ppp(5')A; G(5')ppp(5')G; m7G(5')ppp(5')A; m7G(5')ppp(5')G (New England BioLabs, Ipswich, MA). 변형된 RNA의 5'-캡핑은 "캡 0" 구조: m7G(5')ppp(5')G (New England BioLabs, Ipswich, MA)를 생성하기 위해 백시니아 바이러스 캡핑 효소를 이용하여 후-전사적으로 완료될 수 있다. 캡 1 구조는 m7G(5')ppp(5')G-2'-O-메틸을 생성하기 위해 백시니아 바이러스 캡핑 효소 및 2'-O 메틸-전달효소 둘 모두를 이용하여 생성될 수 있다. 캡 2 구조는 캡 1 구조 이어서 2'-O 메틸-전달효소를 이용하여 5'-끝에서 세 번째 뉴클레오타이드의 2'-O-메틸화로부터 생성될 수 있다. 캡 3 구조는 캡 2 구조 이어서 2'-O 메틸-전달효소를 이용하여 5'-끝에서 네 번째 뉴클레오타이드의 2'-O-메틸화로부터 생성될 수 있다. 효소는 바람직하게는 재조합 공급원으로부터 유래된다.

[0591] 포유동물 세포 속에 형질감염된 경우, 변형된 mRNAs는 12-18 시간 또는 18 시간 초과, 예를 들면, 24, 36, 48, 60, 72 또는 72 시간 초과 안정성을 갖는다.

[0592] **실시예 8: 캡핑 검정**

[0593] 단백질 발현 검정

[0594] 본 명세서에서 교시된 임의의 캡을 함유하는, 폴리캡타이드를 인코딩하는 폴리뉴클레오타이드 (예를 들면, mRNA)는 동등 농도에서 세포 속에 형질감염될 수 있다. 배양 배지 속에 분비된 단백질의 양은 형질감염후 6, 12, 24 및/또는 36 시간에서 ELISA에 의해 분석될 수 있다. 배지 속에 더 높은 수준의 단백질을 분비하는 합성 폴리뉴클레오타이드는 더 높은 번역적으로-능숙한 캡 구조를 가진 합성 폴리뉴클레오타이드에 상응한다.

[0595] 순도 분석 합성

[0596] 본 명세서에서 교시된 임의의 캡을 함유하는, 폴리캡타이드를 인코딩하는 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 변성 아가로스-우레아 겔 전기영동 또는 HPLC 분석을 이용하여 순도에 대하여 비교될 수 있다. 전기영동에 의해 단일, 합병된 밴드를 가진 RNA 폴리뉴클레오타이드는 다중 밴드 또는 스트리킹 밴드를 가진 폴리뉴클레오타이드에 비교된 더 높은 순도 생성물에 상응한다. 단일 HPLC 피크를 가진 화학적으로 변형된 RNA 폴리뉴클레오타이드는 또한 더 높은 순도 생성물에 상응한다. 더 높은 효율을 가진 캡핑 반응은 더욱 순수한 폴리뉴클레오타이드 모집단을 제공한다.

[0597] 사이토카인 분석

[0598] 본 명세서에서 교시된 임의의 캡을 함유하는, 폴리캡타이드를 인코딩하는 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 다중 농도에서 세포 속에 형질감염될 수 있다. 배양 배지 속에 분비된, 전-염증 사이토카인, 예컨대 TNF-알파 및 IFN-베타의 양은 형질감염후 6, 12, 24 및/또는 36 시간에서 ELISA에 의해 분석될 수 있다. 배지 속에 더 높은 수준의 전-염증 사이토카인의 분비를 초래하는 RNA 폴리뉴클레오타이드는 면역-활성화 캡 구조를 함유하는 폴리뉴클레오타이드에 상응한다.

[0599] 캡핑 반응 효율

[0600] 본 명세서에서 교시된 임의의 캡을 함유하는, 폴리캡타이드를 인코딩하는 RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 뉴클레아제 처리후 LC-MS에 의해 캡핑 반응 효율에 대하여 분석될 수 있다. 캡핑된 폴리뉴클레오타이드의 뉴클레아제 처리는 LC-MS에 의해 검출가능한 캡핑된 5'-5-삼인산 캡 구조 및 자유 뉴클레오타이드의 혼합물을 산출한다. LC-MS 스펙트럼에서 캡핑된 생성물의 양은 반응으로부터 총 폴리뉴클레오타이드의 퍼센트로서 표현될 수 있고 캡핑 반응 효율에 상응한다. 더 높은 캡핑 반응 효율을 가진 캡 구조는 LC-MS에 의해 캡핑된 생성물의 더 높은 양을 갖는다.

[0601] **실시예 9: 변형된 RNA 또는 RT PCR 생성물의 아가로스 겔 전기영동**

[0602] 개별 RNA 폴리뉴클레오타이드 (20 μ l 용적내 200-400 ng) 또는 역 전사된 PCR 생성물 (200-400 ng)은 비-변성 1.2% 아가로스 E-겔 (Invitrogen, Carlsbad, CA)에서 웰 속에 장입될 수 있고, 제조자 프로토콜에 따라, 12-15 분 동안 실시될 수 있다.

- [0603] **실시예 10: NANODROP™ 변형된 RNA 정량화 및 UV 스펙트럼 데이터**
- [0604] TE 완충액 (1 μ l)내 화학적으로 변형된 RNA 폴리뉴클레오타이드는 화학적 합성 또는 시험관내 전사 반응으로부터 각각의 폴리뉴클레오타이드의 산출을 정량화하기 위해 NANODROP™ UV 흡광도 판독에 사용된다.
- [0605] **실시예 11: 리피도이드를 이용한 변형된 mRNA의 제형**
- [0606] RNA (예를 들면, mRNA) 폴리뉴클레오타이드는 세포에 첨가에 앞서 세트 비로 폴리뉴클레오타이드를 리피도이드와 혼합시킴으로써 시험관내 실험을 위하여 제형화될 수 있다. 생체내 제형은 신체 전반에 걸쳐 순환을 용이하게 하기 위해 추가의 성분의 첨가를 요구할 수 있다. 생체내 작업에 적합한 입자를 형성하는 이들 리피도이드의 능력을 시험하기 위해, siRNA-리피도이드 제형에 사용된 표준 제형화 공정은 개시점으로서 사용될 수 있다. 입자의 형성 후, 폴리뉴클레오타이드는 첨가되고 복합체를 통합하게 된다. 캡슐화 효율은 표준 염료 제외 검정을 이용하여 결정된다.
- [0607] **실시예 12: 마우스 면역원성 연구**
- [0608] HA 줄기 항원의 비교
- [0609] 이 실시예에서, 검정은 단백질 항원에 비교로 mRNA/LNP 플랫폼을 이용하여 전달된 인플루엔자 바이러스 백신 항원에 면역 반응을 평가하기 위해 수행되었다. 즉석 연구는 인플루엔자 바이러스의 상이한 균주로부터 수득된 HA 줄기 단백질을 인코딩하는 mRNA 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 후보 인플루엔자 바이러스 백신의 마우스내 면역원성을 시험하기 위해 설계되었다. 시험된 동물은 Charles River Laboratories로부터 수득된 6-8 주령 암컷 BALB/c 마우스이었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: (Mallajosyula V 등 PNAS 2014 Jun 24;111(25):E2514-23에 기반된) H1/푸에르토리코/8/1934의 줄기, (Mallajosyula V 등 PNAS 2014 Jun 24;111(25):E2514-23에 기반된) H1/뉴칼레도니아/20/1999의 줄기, (Mallajosyula V 등 PNAS 2014 Jun 24;111(25):E2514-23에 기반된) H1/캘리포니아/04/2009의 줄기, (Mallajosyula V 등 PNAS 2014 Jun 24;111(25):E2514-23에 기반된) H5/베트남/1194/2004의 줄기, H10/장시-둥후/346/2013의 줄기, 및 전장 H10/장시-둥후/346/2013.
- [0610] 이 연구에서 시험된 단백질 백신은, Mallajosyula 등 Proc Natl Acad Sci U S A. 2014;111(25):E2514-23에 기재된 바와 같이, pH1HA10-foldon 단백질을 포함하였다. 추가의 대조군은 MC3 (LNP의 효과용 대조군) 및 PR8 인플루엔자 바이러스를 포함하였다.
- [0611] 마우스는, 20 μ L의 용적으로 비강내로 전달된 PR8 인플루엔자 바이러스 대조군의 투여를 제외하고, 각각의 사두근에 50 μ L 면역화에서 투여된, 각각의 시험 백신의 100 μ L의 총 용적으로 근육내로 면역화되었고 한편 동물은 케타민 및 크실라진의 혼합물로 진정되었다. 백신 용량과 함께 각각의 시험 백신에 대한 그룹 번호는 아래 표에서 설명된다:

표 1. RNA 시험 백신

그룹 번호	항원	용량	제형
1	H10/Jiangxi-Donghu/346/2013 전체-길이 RNA	10 µg	MC3
2	H10N8 A/JX346/2013 줄기 RNA	10 µg	MC3
3	H1N1 A/Puerto Rico/8/1934 줄기 RNA	10 µg	MC3
4	H1N1 A/New Caledonia/20/99 줄기 RNA	10 µg	MC3
5	H1N1 A/California/04/2009 줄기 RNA	10 µg	MC3
6	H5N1 A/Vietnam/1203/2004 줄기 RNA	10 µg	MC3
7	pH1HA10-폴드온 단백질	20 µg	CpG 7909
8	MC3	0 µg	MC3
9	0.1 LD90 PR8 바이러스	0.1 LD90	없음

[0612]

[0613]

마우스는 주 0 및 3에서 다양한 인플루엔자 바이러스 RNA 백신 제형의 2 용량으로 면역화되었고, 혈청은 제2 용량으로 면역화 2 주 후 수집되었다.

[0614]

다양한 인플루엔자 균주로부터 혈구응집소 (HA)에 결합할 수 있는 항체의 존재에 대하여 혈청을 시험하기 위해, ELISA 플레이트는 Sino Biological Inc.로부터 수득된 다음과 같은 재조합 HAs의 100 ng으로 코팅되었다: 인플루엔자 A H1N1 (A/뉴칼레도니아/20/99), cat # 11683-V08H; 인플루엔자 A H3N2 (A/아이치/2/1968), cat # 11707-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/캘리포니아/04/2009) cat # 11055-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/푸에르토리코/8/34) cat # 11684-V08H; 인플루엔자 A H3N2 (A/브리즈번/10/2007), cat # 11056-V08H; 인플루엔자 A H2N2 (A/일본/305/1957) cat # 11088-V08H; 인플루엔자 A H7N9 (A/안후이/1/2013) cat # 40103-V08H; 인플루엔자 H5N1 (A/베트남/1194/2004) cat # 11062-V08H1; 인플루엔자 H9N2 (A/홍콩/1073/99) cat # 11229-V08H 및 인플루엔자 A H10N8 (A/장시-둥후/346/2013) cat # 40359-V08B. 코팅 후, 플레이트는 세정되었고, 0.05% Tween-20 (PBST) + 3% 밀크를 가진 포스페이트 완충 식염수로 차단되었고, (PBST + 3% 밀크에서 희석된) 면역화된 마우스로부터 100 µL의 대조군 항체 또는 혈청은 각각의 플레이트의 최상부 웰에 첨가되었고 연속으로 희석되었다. 플레이트는 밀봉되었고 실온에서 2시간 동안 인큐베이션되었다. 플레이트는 세정되었고, 염소 항-마우스 IgG (H+L)-HRP 콘주게이트 (Novex, PBST/3% 밀크에서 1:2000 희석됨)는 마우스 혈청을 함유하는 각 웰에 첨가되었다. 플레이트는 실온에서 1시간 동안 인큐베이션되었고, 세정되었고, TMB 기질 (Thermo Scientific)로 인큐베이션되었다. 색상은 10분 동안 발현되었고 그 다음 2N 황산의 100 µL로 퀸칭되었다. 플레이트는 마이크로플레이트 판독기상의 450 nm에서 판독되었다. 종점 역가 (2.5-배 초과 배경)은 계산되었다.

[0615]

도 1에서, 시험된 백신은 y-축상에 보여지고 인플루엔자의 각각의 상이한 균주로부터 HA에 종점 역가는 플롯팅된다. 인플루엔자의 그룹 1 (H1, H2, H5, H9) 균주로부터 HAs는 채워진 원형으로 묘사되고 한편 인플루엔자의 그룹 2 (H3, H7, H10) 균주로부터 HAs는 개방된 원형으로 묘사된다. 도 1은 MC3 지질 나노입자에서 캡슐화되는 HA-기반 항원을 인코딩하는 mRNA 기반 백신이 HA에 고 항체 결합 역가를 유도하였다는 것을 설명한다. 도 1은 또한 인플루엔자의 상이한 H1N1 또는 H5N1 균주로부터 줄기 도메인의 부분을 발현시키도록 설계된 mRNA 백신이 시험된 그룹 1 HA의 전체 균주 뿐만 아니라 몇 개의 그룹 2 균주를 결합시킬 수 있었던 고 항체 역가를 유발시켰다는 것을 설명한다. 도 1은 또한 H1N1 A/캘리포니아/04/2009 줄기 도메인의 부분을 발현시키도록 설계된 mRNA 백신이 동일한 줄기 도메인의 단백질 백신보다 더 높은 역가를 유도하였다는 것을 설명한다.

[0616]

또 다른 마우스 면역원성 연구에서, mRNA/LNP 플랫폼을 이용하여 전달된 추가의 인플루엔자 바이러스 백신 항원에 면역 반응은 평가되었다. 이 연구의 목적은 마우스에서 교차-보호성 면역 반응을 유도하는 mRNA 백신 항원의 제2 세트의 능력을 평가하는 것 그리고 공-복용되는 인플루엔자 HA 항원을 인코딩하는 mRNA 백신에 대하여 잠재력을 사정하는 것이었다. 시험된 동물은 Charles River Laboratories로부터 수득된 6-8 주령 암컷 BALB/c 마우스이었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: (Bommakanti G 등 J Virol. 2012 Dec;86(24):13434-44에 기반된) H1HA6; (Bommakanti G 등 PNAS 2010 Aug 3;107(31):13701-6에 기반된) H3HA6;

H1HA10-foldon_델타 Ngly; eH1HA (H1N1 A/푸에르토리코/8/34로부터 HA의 엑토도메인); eH1HA_원상태 신호 seq (그것의 원상태 신호 서열을 가진 eH1HA); H3N2 A/위스콘신/67/2005 줄기; (Mallajosyula V 등 Front Immunol. 2015 Jun 26;6:329에 기반된) H3N2 A/홍콩/1/1968 줄기; H7N9 A/Anhui/1/2013 줄기; (Mallajosyula V 등 PNAS 2014 Jun 24;111(25):E2514-23에 기반된) H1N1 A/캘리포니아/04/2009 줄기 RNA; 및 (Mallajosyula V 등 PNAS 2014 Jun 24;111(25):E2514-23에 기반된) H1N1 A/푸에르토리코/8/1934 줄기 RNA.

[0617] 대조군은 하기를 포함하였다: MC3 (LNP의 효과용 대조군); 미접촉 (백신접종되지 않은 동물); 및 H1N1 A/PR/8/34 및 H3N2 A/HK/1/68 인플루엔자 바이러스로 예방접종 (양성 대조군).

[0618] 마우스는, 20 μ L의 용적으로 비강내로 전달된 H1N1 A/PR/8/34 및 H3N2 A/HK/1/68 바이러스 인플루엔자 바이러스 대조군의 투여를 제외하고, 각각의 사두근에 50 μ L 면역화에서 투여되었던, 각각의 시험 백신의 100 μ L의 총 용적으로 근육내로 면역화되었고 한편 동물은 케타민 및 크실라진의 혼합물로 진정되었다. 백신 용량과 함께 각각의 시험 백신에 대하여 그룹 번호는 아래 표에서 설명된다:

표 2. 시험 백신

그룹 번호	항원	항원 용량	제형	용적, 경로
1	H1HA6 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
2	H3HA6 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
3	H1HA10-폴드온_델타 Ngly	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
4	eH1HA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
5	eH1HA_원상태 신호 seq	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
6	H3N2 A/Wisconsin/67/2005 줄기 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
7	H3N2 A/Hong Kong/1/1968 줄기 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
8	H7N9 A/Anhui/1/2013 줄기 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
9	H1N1 A/Puerto Rico/8/1934 줄기 RNA 및 H3N2 A/Wisconsin/67/2005 줄기 RNA (제형 전에 혼합된 RNA)	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
10	H1N1 A/Puerto Rico/8/1934 줄기 RNA 및 H3N2 A/Wisconsin/67/2005 줄기 RNA (제형화되고 그 다음 혼합된 RNA)	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
11	H1N1 A/California/04/2009 줄기 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
12	H1N1 A/Puerto Rico/8/1934 줄기 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
13	MC3	0 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
14	미접촉	0 μ g	없음	없음
15	H3N2 A/HK/1/68 바이러스	0.1 LD90	없음	20 μ l, i.n.
16	H1N1 A/PR/8/34 바이러스	0.1 LD90	없음	20 μ l, i.n.

[0619]

[0620] 동물은 연구 개시 일 및 그 다음 재차 초기 면역화 3 주 후에 면역화되었다. 혈청은 제2 용량 2 주 후 동물로부터 수집되었다. 다양한 인플루엔자 균주로부터 혈구응집소 (HA)에 결합할 수 있는 항체의 존재에 대하여 혈청을 시험하기 위해, ELISA 플레이트는 Sino Biological Inc.로부터 수득된 다음과 같은 재조합 HAs의 100 ng으로 코팅되었다: 인플루엔자 A H1N1 (A/뉴칼레도니아/20/99), cat # 11683-V08H; 인플루엔자 A H3N2 (A/아이치/2/1968), cat # 11707-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/캘리포니아/04/2009) cat # 11055-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/푸에르토리코/8/34) cat # 11684-V08H; 인플루엔자 A H3N2 (A/브리즈번/10/2007), cat # 11056-V08H; 인플루엔자 A H2N2 (A/일본/305/1957) cat # 11088-V08H; 인플루엔자 A H7N9 (A/안후이/1/2013) cat # 40103-

V08H 및 인플루엔자 A H3N2 (A/모스크바/10/99) cat #40154-V08. ELISA 검정은 수행되었고 중점 역가는 상기에 기재된 바와 같이 계산되었다. 도 2 및 3은 시험 백신으로 제2 면역화 이후 중점 항-HA 항체 역가를 보여준다. 시험된 백신은 x-축상에 보여지고 인플루엔자의 각각의 상이한 균주로부터 HA에 결합은 플롯팅된다. HA 줄기를 인코딩하는 전체 mRNA 백신은 면역원성이었고 인플루엔자 A 바이러스 균주의 다양한 세트로부터 HA를 인식하는 강력한 항체 반응을 유발시켰다. H1HA6, eH1HA, 및 eH1HA_원상태-신호-서열 mRNAs는 그룹 1 HAs의 패널을 거쳐 최고 전반적인 결합 역가를 유발시켰고, 한편 H3HA6 RNA는 그룹 2 HAs를 거쳐 최고 전반적인 결합 역가를 유발시켰다 (도 2). 줄기 mRNA 백신의 조합의 면역원성은 또한 시험되었다. 이 연구에서, 개별 mRNAs는 LNP로 제형화에 앞서 혼합되었거나 (그룹 9, 공동-형태) 또는 개별 mRNAs는 혼합에 앞서 LNP로 제형화되었다 (그룹 10, 혼합-형태). 도 3에서 나타난 바와 같이, H1 및 H3 줄기-기반 mRNAs 조합은, 제형화의 방법에 무관하게, 어느 한 쪽 항원에 면역 반응에서 간섭을 초래하지 않았다.

실시예 13: 마우스 효능 연구

인플루엔자 A 공격 #1

이 연구는 후보 인플루엔자 바이러스 백신의 마우스내 면역원성 및 효능을 시험하도록 설계되었다. 시험된 동물은 Charles River Laboratories로부터 수득된 6-8 주령 암컷 BALB/c 마우스이었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: (Yassine 등 Nat. Med. 2015 Sep; 21(9):1065-70에 기반된) NIHGen6HASS-foldon mRNA, H3N2 균주로부터 핵단백질 NP를 인코딩하는 mRNA, 또는 NIHGen6HASS-foldon 및 NP mRNAs의 몇 개의 조합 중 하나. 하기를 포함하는 백신 항원 공-전달의 몇 개의 방법은 시험되었다: LNP로 제형화에 앞서 개별 mRNAs 혼합 (공동-형태), 혼합에 앞서 개별 mRNAs의 제형화 (믹스 인드 LNPs), 및 개별적으로 mRNAs 제형화 그리고 원위 부위 (반대편 다리) 주사 (ind LNPs 원격). 대조군 동물은 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934로부터 HA의 엑토도메인을 인코딩하는 RNA (eH1HA, 양성 대조군) 또는 (LNP의 효과용 대조군에) 비어있는 MC3 LNP로 백신접종되었거나 백신접종되지 않았다 (미접촉).

주 0 및 주 3에서, 동물은, 각각의 사두근에 50 μ L 면역화에서 투여되는, 각각의 시험 백신의 100 μ L의 총 용적으로 근육내로 (IM) 면역화되었다. 이 연구에서 평가된 후보 인플루엔자 바이러스 백신은 상기 기재되었고 아래 표에서 설명된다. 혈청은 제2 용량 2 주 후 전체 동물로부터 수집되었다. 주 6에서, 비장은 동물 (n=4)의 서브셋으로부터 수확되었다. 잔존 동물 (n=6)은 비강내로 공격받았고 한편 마우스-적응된 인플루엔자 바이러스 균주 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934의 치명적인 용량과 케타민 및 크실라진의 혼합물로 진정되었다. 사망률은 기록되었고 개별 마우스 중량은 감염후 20 일 동안 매일 평가되었다.

표 3. 시험 백신

그룹 번호	항원	항원 용량	제형	용적, 경로
1	NIHGen6HASS-폴드온 RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
2	NIHGen6HASS-폴드온 RNA	5 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
3	NIHGen6HASS-폴드온 RNA	2 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
4	NP RNA	5 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
5	NIHGen6HASS-폴드온 RNA + NP RNA	5 μ g의 각 RNA는 혼합되고, 그 다음 제형화됨	MC3	100 μ l, i.m.
6	NIHGen6HASS-폴드온 RNA + NP RNA	5 μ g의 각 RNA 제형화되고, 그 다음 혼합됨	MC3	100 μ l, i.m.
7	NIHGen6HASS-폴드온 RNA + NP RNA	5 μ g의 각 RNA는 제형화되고 별도의 다리에 주입됨	MC3	100 μ l, i.m.
8	NIHGen6HASS-폴드온 RNA + NP RNA	5 μ g의 NP + 2 μ g의 NIHGen6HASS-폴드온 RNA는 혼합되고, 그 다음 제형화됨	MC3	100 μ l, i.m.
9	eH1HA RNA	10 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
10	MC3	0 μ g	MC3	100 μ l, i.m.
11	미접촉	0 μ g	없음	없음

다양한 인플루엔자 균주 또는 핵단백질 (NP)로부터 혈구응집소 (HA)에 결합할 수 있는 항체의 존재에 대하여 혈

청을 시험하기 위해, ELISA 플레이트는 Sino Biological Inc.로부터 수득된 다음과 같은 재조합 단백질의 100 ng으로 코팅되었다: 인플루엔자 A H1N1 (A/뉴칼레도니아/20/99) HA, cat # 11683-V08H; 인플루엔자 A H3N2 (A/아이치/2/1968) HA, cat # 11707-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/캘리포니아/04/2009) HA, cat # 11055-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/푸에르토리코/8/34) HA, cat # 11684-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/브리즈번/59/2007) HA, cat # 11052-V08H; 인플루엔자 A H2N2 (A/일본/305/1957) HA, cat # 11088-V08H; 인플루엔자 A H7N9 (A/안후이/1/2013) HA, cat # 40103-V08H, 인플루엔자 A H3N2 (A/모스크바/10/99) HA, cat #40154-V08 및 인플루엔자 A H3N2 (A/아이치/2/1968) 핵단백질 cat # 40207-V08B. ELISA 검정은 수행되었고 종점 역가는 상기에 기재된 바와 같이 계산되었다. 도 4는 시험 백신으로 백신접종된 동물로부터 풀링된 혈청의 종점 역가를 도시한다. 시험된 백신은 도 4A의 x-축상에 보여지고 인플루엔자의 각각의 상이한 균주로부터 HA에 결합은 플롯팅된다. NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신은 시험된 전체 H1, H2 및 H7 HAs를 결합시킨 항체의 고 역가를 유발시켰다. NP를 인코딩시키는 것과 NIHGen6HASS-foldon mRNA의 조합은, mRNA 공-제형 또는 공-전달의 방법에 무관하게, 관측된 항-HA 반응에 부정적으로 영향을 주지 않았다. 별도의 연구로부터 동일한 그룹으로부터 수집된 혈청에서, NP 단백질에 강력한 항체 반응은, 어느 한쪽 NP 단독으로 또는 NIHGen6HASS-foldon mRNA로 공-제형화된, 백신을 함유하는 NP mRNA로 백신접종된 동물로부터 혈청에서 또한 검출되었다 (도 4B).

[0627] 기능적 항체 반응을 조사하기 위해, HA-모조타이핑된 바이러스의 패널을 중화시키는 혈청의 능력은 평가되었다 (도 5). 간단히, 293 세포는 개뿔벌레 루시페라아제 유전자를 함유하는 복제-불량성 레트로바이러스 벡터, 인간 기도 세린 프로테아제를 인코딩하는 발현 벡터, 및 인플루엔자 혈구응집소 (HA) 및 뉴라미니다제 (NA) 단백질을 인코딩하는 발현 벡터로 공-형질감염되었다. 수득한 슈도바이러스는 배양 상청액으로부터 수확되었고, 여과되었고, 적정되었다. 혈청의 연속 희석은 슈도바이러스 스톱 (30,000 - 300,000 상대 광 단위 / 웰)으로 1시간 동안 37 °C에서 96 웰 플레이트에 인큐베이션된 다음 293 세포는 각 웰에 첨가되었다. 배양물은 72시간 동안 37 °C에서 인큐베이션되었고, 루시페라아제 기질 및 세포 용해 시약은 첨가되었고, 상대 광 단위 (RLU)는 발광분석기에서 측정되었다. 중화 역가는 슈도바이러스 감염의 50%를 억제시킨 혈청 희석의 역수로서 표현된다 (IC50).

[0628] (x-축을 따라 열거된) 시험된 각각의 샘플에 대하여, 각각의 막대는 상이한 바이러스 유형의 중화에 대하여 IC50을 나타낸다. 미접촉 또는 NP RNA 백신접종된 마우스로부터 혈청이 슈도바이러스 감염을 억제시킬 수 없는 한편, 10 µg 또는 5 µg의 NIHGen6HASS-foldon mRNA로 또는 NIHGen6HASS-foldon 및 NP mRNAs의 조합으로 백신접종된 마우스로부터 혈청은, 유사한 정도로, 시험된 전체 H1 및 H5 바이러스 유형을 중화시켰다.

[0629] 시험관내 항체-의존적 세포 세포독성 (ADCC) 대리 활성을 매개시키는 NIHGen6HASS-foldon 항혈청의 능력은 또한 평가되었다. 간단히, 연속으로 적정된 마우스 혈청 샘플은 세포 표면에서 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934로부터 HA를 안정적으로 발현시키는 A549 세포로 인큐베이션되었다. 그 뒤에, ADCC 생물검정 효과기 세포 (Promega, 마우스 FcγRIV NFAT-Luc 효과기 세포)는 혈청/표적 세포 혼합물에 첨가되었다. 대략 6 시간 후, Bio-glo 시약 (Promega)는 샘플 웰에 첨가되었고 발광은 측정되었다. 데이터는 배수 유도 (샘플 발광/배경 발광) 대 혈청 농도로서 플롯팅되었다 (도 6). 적절한 표적 세포로 인큐베이션된 경우, NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신접종된 마우스로부터 혈청은 대리 ADCC 효과기 세포주를 자극시킬 수 있어서, 백신이 생체내 ADCC 활성을 매개시킬 수 있는 항체를 유도할 수 있다는 것을 시사한다.

[0630] 제2 백신 용량의 투여 3 주 후, 비장은 각각의 그룹에서 동물의 서브셋으로부터 수확되었고 동일한 그룹에서 동물로부터 비장세포는 풀링되었다. 비장 림프구는 HA 또는 NP 펩타이드, 및 IFN-γ의 폴로 자극되었고, IL-2 또는 TNF-α 생산은 세포내 염색 및 유세포측정에 의해 측정되었다. 도 7은 NP 펩타이드의 폴로 자극 이후 반응의 표현이고, 도 8은 H1 HA 펩타이드의 폴로 자극 이후 반응의 표현이다. NP mRNA로 예방접종 이후, 어느 한쪽 NIHGen6HASS-foldon mRNA의 존재 또는 부재 하에, 항원-특이적 CD4 및 CD8 T 세포는 비장에서 발견되었다. NIHGen6HASS-foldon RNA로 예방접종 또는 원위 주사 부위 (원위 부위)에 NIHGen6HASS-foldon 및 NP RNAs의 전달 이후, HA-특정 CD4 세포만이 관측되었다. 그러나, NIHGen6HASS-foldon 및 NP RNAs가 동일한 주사 부위에 공-투여된 경우 (공동-형태, 혼합), HA-특정 CD8 T 세포 반응은 검출되었다.

[0631] 마우스-적응된 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934로 치명적인 공격 이후, 전체 미접촉 동물은 감염 후 일 12만에 감염에 굴복되었다 (도 9). 그에 반해서, NIHGen6HASS-foldon mRNA, NP mRNA, NIHGen6HASS-foldon 및 NP mRNAs의 임의의 조합, 또는 eH1HA mRNA로 백신접종된 전체 동물은 공격에 생존하였다. 도 9에서 나타난 바와 같이, 사망률이 없었어도, H3N2 NP mRNA로 백신접종된 그리고 H1N1 바이러스로 공격받은 마우스는 회복에 앞서 상당한 양 (~15%)의 중량이 감소하였다. NIHGen6HASS-foldon RNA로 백신접종된 것들은 또한 ~5% 체중이 감소하였다. 그에 반해서, NIHGen6HASS-foldon 및 NP mRNAs의 조합으로 백신접종된 마우스는, 공격 바이러스 (eH1HA)의 것에 상동성인 HA 항원을 발현시키는 mRNA로 백신접종된 것에 유사한, 치명적인 인플루엔자 바이러스 공격으로부터 완

전히 보호된 것처럼 보였다. 백신 효능은 전체 백신 용량에서, 뿐만 아니라 평가된 전체 공-제형 및 공-전달 방법과 유사하였다 (도 10).

[0632] **인플루엔자 A 공격 #2**

[0633] 이 연구는 후보 인플루엔자 바이러스 백신의 마우스내 면역원성 및 효능을 시험하도록 설계되었다. 시험된 동물은 Charles River Laboratories로부터 수득된 6-8 주령 암컷 BALB/c 마우스이었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: (Yassine 등 Nat. Med. 2015 Sep; 21(9):1065-70에 기재된) NIHGen6HASS-foldon mRNA 및 NIHGen6HASS-TM2 mRNA. 대조군 동물은 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934로부터 HA의 엑토도메인을 인코딩하는 mRNA로 백신접종되었거나 (eH1HA, 양성 대조군) 또는 백신접종되지 않았다 (미접촉).

[0634] 주 0 및 주 3에서, 동물은, 각각의 사두근에 50 μ L 면역화에서 투여되었던, 각각의 시험 백신의 100 μ L의 총 용적으로 근육내로 (IM) 면역화되었다. 이 연구에서 평가된 후보 인플루엔자 바이러스 백신은 상기 기재되었고 아래 표에서 설명된다. 혈청은 제2 용량 2 주 후 전체 동물로부터 수집되었다. 주 6에서, 전체 동물은 비강내로 공격받았고 한편 마우스-적응된 인플루엔자 바이러스 균주 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934의 치명적인 용량과 케타민 및 크실라진의 혼합물로 진정되었다. 사망률은 기록되었고 그룹 마우스 중량은 감염후 20 일 동안 매일 평가되었다.

표 4. 시험 백신

그룹 번호	항원	항원 용량	제형	용적, 경로
1	NIHGen6HASS-폴드온 RNA	5 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
2	NIHGen6HASS-폴드온-TM2 RNA	5 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
3	eH1HA RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
4	미접촉	0 μ g	없음	없음

[0635]

[0636] 다양한 인플루엔자 균주로부터 혈구응집소 (HA)에 결합할 수 있는 항체의 존재에 대하여 혈청을 시험하기 위해, ELISA 플레이트는 Sino Biological Inc.로부터 수득된 다음과 같은 재조합 HAs의 100 ng으로 코팅되었다: 인플루엔자 A H1N1 (A/뉴칼레도니아/20/99), cat # 11683-V08H; 인플루엔자 A H3N2 (A/아이치/2/1968), cat # 11707-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/캘리포니아/04/2009) cat # 11055-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/푸에르토리코/8/34) cat # 11684-V08H; 인플루엔자 A H1N1 (A/브리즈번/59/2007), cat # 11052-V08H; 인플루엔자 A H2N2 (A/일본/305/1957) cat # 11088-V08H; 인플루엔자 A H7N9 (A/안후이/1/2013) cat # 40103-V08H 및 인플루엔자 A H3N2 (A/모스크바/10/99) cat # 40154-V08. ELISA 검정은 수행되었고 종점 역가는 상기에 기재된 바와 같이 계산되었다. 도 11A는 시험 백신으로 백신접종된 동물로부터 풀링된 혈청의 종점 역가를 도시한다. 시험된 백신은 x-축상에 보여지고 인플루엔자의 각각의 상이한 균주로부터 HA에 결합은 플롯팅된다. NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신은 시험된 전체 H1, H2 및 H7는 HAs를 결합시킨 항체의 고 역가를 유발시켰다. NIHGen6HASS-TM2 mRNA 백신접종된 마우스로부터 결합 역가는 NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신접종된 마우스로부터의 것에 비교된 경우 감소되었다.

[0637] 마우스-적응된 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934로 치명적인 공격 이후, 전체 미접촉 동물은 감염후 일 16만에 감염에 굴복되었다 (도 11B). 그에 반해서, NIHGen6HASS-foldon mRNA, NIHGen6HASS-TM2 mRNA, 또는 eH1HA RNA로 백신접종된 전체 동물은 공격에 생존하였다. 도 11B에서 나타낸 바와 같이, NIHGen6HASS-TM2 백신의 효능은 NIHGen6HASS-foldon 백신의 것에 동등하였다.

[0638] **인플루엔자 A 공격 #3**

[0639] 이 실시예에서, 2마리 동물 연구 및 검정은 mRNA/LNP 플랫폼을 이용하여 전달된 인플루엔자 바이러스 공통 혈구응집소 (HA) 백신 항원에 면역 반응을 평가하기 위해 수행되었다. 이들 연구의 목적은 마우스에서 교차-보호성 면역 반응을 유도하는 공통 HA mRNA 백신 항원의 능력을 평가하는 것이었다.

[0640] 공통 HA 서열을 생성하기 위해, 2415 인플루엔자 A 혈청형 H1 HA 서열은 <http://www.fludb.org>에서 웹사이트를 통해 NIAID 인플루엔자 연구 데이터베이스 (IRD) (Squires 등, *Influenza Other Respir Viruses*. 2012 Nov; 6(6): 404-416.)으로부터 수득되었다. 2중 서열 및 lab 균주의 제거 후, 범유행 H1N1 균주 (pH1N1)로부터 1735 H1 서열 및 계절성 H1N1 균주 (sH1N1)로부터 650를 포함하는, 2385 엔트리는 남았다. 범유행 및 계절성 H1 서열은 개별적으로 정렬되었고 공통 서열은 Matlab 9.0 생물정보학 툴박스 (MathWorks, Natick, MA)를 이용하여 각

각의 그룹에 대하여 생성되었다. 서열 프로파일은 변형된 Seq2Logo 프로그램 (Thomsen 등, *Nucleic Acids Res.* 2012 Jul;40 (Web Server issue):W281-7)을 개별적으로 이용하여 양쪽 그룹에 대하여 생성되었다.

[0641] 시험된 동물은 Charles River Laboratories로부터 수득된 6-8 주령 암컷 BALB/c 마우스이었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: (Webby 등, *PLoS One.* 2015 Oct 15;10(10):e0140702.에 기반된) ConH1 및 ConH3; (Carter 등, *J Virol.* 2016 Apr 14;90(9):4720-34에 기반된) Cobra_P1 및 Cobra_X3; MRK_pH1_Con 및 MRK_sH1_Con (상기 기재된 범유행 및 계절성 공통 서열); 및 잠재적인 입자 형성을 위하여 페리틴 융합 서열을 가진 각각의 상기 언급된 6개 항원.

[0642] 대조군은 하기를 포함하였다: MC3 (LNP의 효과용 대조군); 미접촉 (백신접종되지 않은 동물); 및 균주 H1N1 A/PR/8/34로부터 HA의 엑토도메인을 인코딩하는, eH1HA RNA로 예방접종 (바이러스 공격에 대하여 양성 대조군).

[0643] 주 0 및 주 3에서, 동물은, 각각의 사두근에 50 μ L 면역화에서 투여되었던, 각각의 시험 백신의 100 μ L의 총 용적으로 근육내로 (IM) 면역화되었다. 이 연구에서 평가된 후보 인플루엔자 바이러스 백신은 상기 기재되었고 아래 표에서 설명된다. 혈청은 제2 용량 2 주 후 전체 동물로부터 수집되었다 (주 5). 주 6에서, 동물은 비강내로 공격받았고 한편 마우스-적응된 인플루엔자 바이러스 균주 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934 (PR8)의 치명적인 용량과 케타민 및 크실라진의 혼합물로 진정되었다. 사망률은 기록되었고 그룹 중량은 감염후 20 일 동안 매일 평가되었다.

표 5. 시험 백신

그룹 번호	항원	항원 용량	제형	용적, 경로
1	Con_H1 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
2	Con_H3 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
3	Merck_pH1_Con RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
4	Merck_sH1_Con RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
5	Cobra_P1 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
6	Cobra_X3 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
7	ConH1_페리틴 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
8	ConH3_페리틴 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
9	Merck_pH1_Con_페리틴 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
10	Merck_sH1_Con_페리틴 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
11	Cobra_P1_페리틴 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
12	Cobra_X3_페리틴 RNA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
13	eH1HA	10 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
14	MC3	0 μ g	MC3	100 μ L, i.m.
15	미접촉	0 μ g	없음	없음

[0644] 공격 바이러스 균주를 중화시키는 혈청 항체의 능력을 시험하기 위해, Gaussia 루시페라아제 리포터 유전자 (Pan 등, *Nat Commun.* 2013;4:2369)를 가진 변형된 PR8 바이러스를 이용하는 미세중화 검정은 수행되었다. 간단히, PR8 루시페라아제 바이러스는 TPCK-처리된 트립신을 가진 바이러스 희석제에서 희석되었다. 혈청 샘플은 1:10 희석되었고 그 다음 96-웰 세포 배양 플레이트에서 3-배 연속으로 희석되었다. 50 μ L의 각각의 희석된 혈청 샘플 및 동등 용적의 희석된 바이러스는 웰에서 혼합되었고 37 $^{\circ}$ C에서 5% CO₂로 1시간 동안 인큐베이션된 다음 1.5 x 10⁵ 세포/mL로 100 μ L의 MDCK 세포는 첨가되었다. 플레이트는 그 다음 37 $^{\circ}$ C에서 5% CO₂로 72시간 동안 인큐베이션되었다. 발광 신호는 EnVision 판독기 (Perkin Elmer)상의 Gaussia Luciferase Glow Assay Kit (Pierce)로 판독되었다. 도 12A에서 나타낸 바와 같이, H1 하위유형으로부터 공통 HA 항원을 인코딩하는 mRNA로 면역화된 마우스로부터 혈청은, 이들 항원의 HA 서열이 PR8 균주의 것과 8-19% 상이하였어도, PR8 루시페라아제 바이러스를 검출가능하게 중화시킬 수 있었다. HA 서열-매칭된 항원 (eH1HA)은 이 바이러스에 대해 항체 반응을

중화시키는 훨씬 높은 혈청을 유발시켰다. 공통 H3 항원 (ConH3)을 인코딩하는 RNA로 백신접종된 마우스로부터 혈청은, 그에 반해서, PR8 루시퍼라아제 바이러스를 중화시킬 수 없어서, 상이한 하위유형 (H1 및 H3, 예를 들면)으로부터 공통 서열이 교차-반응할 수 없다는 것을 시사한다. 유사하게, 페리틴 융합 서열을 가진 H1 하위유형 공통 HA 항원을 인코딩하는 mRNA로 면역화된 마우스로부터 혈청은, Merck_pH1_Con_페리틴 mRNA를 제외하고, PR8 루시퍼라아제 바이러스를 검출가능하게 중화시킬 수 없었고, 한편 페리틴 융합 서열을 가진 공통 H3 항원을 인코딩하는 mRNA로 백신접종된 마우스로부터 혈청은 PR8 루시퍼라아제 바이러스를 중화시킬 수 없었다 (도 12B). 혈청 중화 데이터와 일치하여, (페리틴 융합과 무관하게) 공통 H1 HA 항원으로 면역화된 마우스는, Merck_pH1_Con_페리틴 mRNA 그룹을 제외하고, 치명적인 PR8 바이러스 공격에 생존하였고 체중 감소를 보여주지 않았고, 한편 ConH3, 미접촉 및 LNP 단독 대조군 그룹에서 마우스는 공격시 중량이 빠르게 감소하였다 (도 13). Merck_pH1_Con_페리틴 mRNA로 면역화된 마우스는 치명적인 PR8 바이러스 공격에 생존하였고 5-10% 체중 감소를 보여주어서, 부분적인 보호가 바이러스 중화 이외 기전(들)에 의해 매개될 수 있다는 것을 시사한다.

[0646] 공통 HA 항원에 의해 유발된 활성을 중화시키는 혈청의 폭을 사정하기 위해, 중화 검정은 상기에 기재된 바와 같이 슈도바이러스의 패널에서 수행되었다 (도 14). 기대된 대로, (실시에 12에 기재된 연구로부터) 인플루엔자 바이러스 H1N1 A/푸에르토리코/8/1934로 면역화된 마우스로부터 혈청은 매칭된 슈도바이러스 균주 (PR8)을 중화시킬 수 있을 뿐이었다. 그에 반해서, 공통 H1 HA 항원, 뿐만 아니라 eH1HA 항원으로 면역화된 마우스로부터 혈청은, 그룹 2 (하위유형 H3)으로부터 균주가 아닌, 하위유형 H1 및 H5으로부터 균주를 포함하는, 다양한 그룹 1 슈도바이러스의 패널을 중화시킬 수 있었다. 일관되게, 공통 H3 HA 항원으로 면역화된 마우스로부터 혈청은 임의의 그룹 1 슈도바이러스가 아닌 그룹 2 (하위유형 H3)으로부터 균주를 중화시킬 수 있었다.

[0647] 인플루엔자 B 공격

[0648] 이 연구는 후보 인플루엔자 바이러스 백신의 마우스내 면역원성 및 효능을 시험하도록 설계되었다. 시험된 동물은 Charles River Laboratories로부터 수득된 6-8 주령 암컷 BALB/c 마우스이었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: B/푸켓/3073/2013 sHA (가용성 HA), B/푸켓/3073/2013 mHA (막 앵커를 가진 전장 HA), B/브리즈번/60/2008 sHA, B/빅토리아/02/1987 sHA, B/빅토리아/02/1987 mHA, B/야마가타/16/1988 mHA, 또는 BHA10 (HA 줄기 설계). 대조군 동물은 마우스-적응된 B/엔아버/1954 (양성 대조군) 또는 비어있는 MC3 LNP (LNP의 효과용 대조군)의 비치명적인 용량으로 백신접종되었거나 백신접종되지 않았다 (미접촉).

[0649] 주 0 및 주 3에서, 동물은, 각각의 사두근에 50 μ L 면역화에서 투여되었던, 각각의 시험 백신의 100 μ L의 총 용적으로 근육내로 (IM) 면역화되었다. 이 연구에서 평가된 후보 인플루엔자 바이러스 백신은 상기 기재되었고 아래 표에서 설명된다. 혈청은 제2 용량 2 주 후 전체 동물로부터 수집되었다. 주 6에서, 전체 동물 (그룹당 n=10)은 비강내로 공격받았고 한편 마우스-적응된 인플루엔자 바이러스 균주 B/엔아버/1954의 치명적인 용량과 케타민 및 크실라진의 혼합물로 진정되었다. 사망률은 기록되었고 그룹 마우스 중량은 감염후 20 일 동안 매일 평가되었다.

[0650] 본 명세서에서 기재된 각각의 서열은 무 뉴클레오타이드 변형을 포함하는 화학적으로 변형된 서열 또는 비변형된 서열을 포함한다.

표 6. 시험 백신

그룹 번호	항원	항원 용량	제형	용적, 경로
1	B/Phuket/3073/2013 sHA RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
2	B/Phuket/3073/2013 mHA RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
3	B/Brisbane/60/2008 sHA RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
4	B/Victoria/02/1987 sHA RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
5	B/Victoria/02/1987 mHA RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
6	B/Yamagata/16/1988 mHA RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
7	BHA10 RNA	10 µg	MC3	100 µl, i.m.
8	MC3	0 µg	MC3	100 µl, i.m.
9	Naive	0 µg	없음	100 µl, i.m.
10	B/Ann Arbor/1954	0.1 ID ₉₀	없음	20 µl, i.n.

[0651]

[0652]

도 15A는 시험 백신으로 백신접종된 동물로부터 풀링된 혈청의 ELISA 종점 항-HA 항체 역가를 도시한다. 시험된 백신은 x-축상에 보여지고 인플루엔자의 각각의 상이한 균주로부터 HA에 결합은 플롯팅된다. B/푸켓/3073/2013 으로부터 유래된 것을 제외하고, 시험된 전체 백신은 면역원성이었고, 혈청 항체는 양쪽 B/야마가타/16/1988 (야마가타 계통) 및 B/플로리다/4/2006 (빅토리아 계통) 으로부터 HA에 결합하였다.

[0653]

마우스-적응된 B/엔아버/1954로 치명적인 공격 이후, MC3-백신접종된 및 미접촉 동물의 90%는 감염후 일 16만에 감염에 굴복하였다 (도 15B). B/푸켓/3073/2013 sHA 및 mHA mRNA 백신은 치명적인 공격에 대해 효능을 보여주지 못했고, BHA10 줄기 mRNA 백신은 동물의 절반만 보호하였다. 시험된 전체 다른 백신은 사망물로부터 완전히 마우스를 보호하였지만 (도 15B), 단지 B/야마가타/16/1988 mHA RNA 백신은 이중성 바이러스 균주로 공격받은 동물에서 치사 및 체중 감소를 예방할 수 있었다 (도 15B).

[0654]

실시예 14: 비-인간 영장류 면역원성

[0655]

이 연구는 후보 인플루엔자 바이러스 백신의 히말라야 원숭이내 면역원성을 시험하도록 설계되었다. 시험 백신은 MC3 LNP로 제형화된 다음과 같은 mRNAs를 포함하였다: (Yassine 등 Nat. Med. 2015 Sep; 21(9):1065-70에 기반된) NIHGen6HASS-foldon mRNA 및 H3N2 인플루엔자 균주로부터 NP 단백질을 인코딩하는 NP mRNA.

[0656]

그룹 1에서 동물은 계절성 불활성화된 인플루엔자 백신 (FLUZONE®)으로 이전에 백신접종되었고 300 µg의 NIHGen6HASS-foldon mRNA로 일 0에서 근육내로 (IM) 부스팅되었다. 그룹 2 및 3에서 동물은 연구 개시에서 인플루엔자 미접촉이었고 일 0, 28 및 56에서 300 µg의 NIHGen6HASS-foldon mRNA 또는 300 µg의 NP mRNA, 각각으로 백신접종되었다. 혈청은 연구 개시 (일 -8)에 앞서 뿐만 아니라 일 14, 28, 42, 56, 70, 84, 112, 140 및 168에서 전체 동물로부터 수집되었다.

[0657]

NIHGen6HASS-foldon 백신은 ELISA 검정 (제조합으로-발현된 NIHGen6HASS-foldon [HA 줄기] 또는 NP 단백질로 코팅된 플레이트)에 의해 측정된 경우 강력한 항체 반응을 유발시켰고, 데이터는 도 16에서 묘사된다. 도 16A는 FLUZONE®로 이전에 백신접종된 그리고 NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신으로 1회 부스팅된 4마리 히말라야 원숭이에 대하여, 경시적으로, HA 줄기에 역가를 보여준다. 도 16B는 동일한 NIHGen6HASS-foldon RNA 백신으로 일 0, 28 및 56에서 백신접종된 4마리 히말라야 원숭이로부터, 경시적으로, HA 줄기에 역가를 도시한다. NIHGen6HASS-foldon RNA 백신은 불활성화된 인플루엔자 백신으로 이전에 백신접종된 동물에서 항-HA 줄기 항체 결합 역가를 부스팅할 수 있었고 뿐만 아니라 미접촉 동물에서 강력한 반응을 유발시켰다. 양쪽 그룹에서, HA 줄기 역가는 적어도 연구 일 168까지 기준선 넘게 계속 상승되었다. 도 16C는 NP mRNA 백신으로 일 0, 28 및 56에서 백신접종된 4마리 히말라야 원숭이에 대하여, 경시적으로, NP에 항체 역가를 설명하고 백신이 NP에 강력한 항체 반응을 유발시켰다는 것을 보여준다.

[0658]

다양한 인플루엔자 균주로부터 혈구응집소 (HA)에 결합할 수 있는 항체의 존재에 대하여 그룹 1 및 2 혈청을 시험하기 위해, ELISA 플레이트는 상기에 기재된 바와 같이 인플루엔자 균주의 다양한 세트로부터 제조합 HAs로 코팅되었다. EC10 역가는 최대 신호의 10%를 도달하였던 혈청 희석의 역수로서 계산되었다. 그룹 1에서 동물에 대하여 (도 17A), NIHGen6HASS-foldon 백신의 단일 용량은 ~ 40 - 60 배 H1 HAs에 역가를 부스팅하였고, 역가

는 예방접종후 대략 28 일 절정이었다. 역가는 일 28 - 70부터 감소하였지만, 일 70 역가는 여전히 예방접종에 앞서 측정된 역가의 ~ 10 - 30-배 초과이었다. NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신은 H3 또는 H7 인플루엔자 균주로부터 HAs에 역가를 부스팅하지 않았다. 그룹 2에서 동물에 대하여 (도 17B), H1 및 H2 HAs에 항체 역가는 NIHGen6HASS-foldon mRNA 백신의 각각의 용량 후 상승하였고, 역가는 용량 2 후 가장 극적으로 상승한 것처럼 보였다.

[0659] 강력한 항체 반응에 더하여, NP mRNA 백신은 또한 레수스에서 세포-매개된 면역력을 유발시켰다. 연구 일 0, 42, 70 및 140에서, PBMCs는 그룹 3 NP mRNA 백신접종된 히말라야 원숭이로부터 수집되었다. 림프구는 NP 펩타이드, 및 IFN- γ 의 폴로 자극되었고, IL-2 또는 TNF- α 생산은 세포내 염색 및 유세포측정에 의해 측정되었다. 도 18은 NP 펩타이드 폴 자극 이후 반응의 표현이다. NP mRNA로 예방접종 이후, 항원-특이적 CD4 및 CD8 T 세포는 말초 혈액에서 발견되었고, 이들 세포는 적어도 연구 일 140까지 기준선 초과 유지되었다.

[0660] 실시예 15: H7N9 면역원성 연구

[0661] 즉석 연구는 H7N9 면역원성을 시험하도록 설계되었다. 25 μ M의 근육내 면역화는 일 1 및 22에서 40마리 동물에 투여되었고, 혈액은 일 1, 8, 22, 및 43에서 수집되었다. 적혈구응집반응 억제 (HAI) 및 미세중화 시험은 혈액 샘플을 이용하여 수행되었다.

[0662] HAI 시험은, 위약 그룹을 포함하는, 모든 동물에 대하여 45의 기하 평균 역가 (GMT)를 보여주었다. 반응군 단독의 GMT는 116이었다 (도 19). 각각의 개별 대상체에 대하여 HAI 동력학은 도 20에서 주어진다.

[0663] 미세중화 (MN) 시험은, 위약 그룹을 포함하는, 모든 동물에 대하여 36의 기하 평균 역가 (GMT)를 보여주었다. 반응군 단독의 GMT는 84이었다 (도 21). 각각의 대상체에 대하여 MN 시험 동력학은 도 22에서 주어진다.

[0664] HAI 및 MN은 매우 강한 상관관계를 보여주었다 (도 23). 단 하나의 대상체는, 다른 것이 아닌, 하나의 검정에서 보호성 역가를 가졌다. 또한, 10 대상체는 일 43에서 검출가능한 HAI 또는 MN 역가를 갖지 않았다.

표 7. 인플루엔자 H1N1 항원

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Bayern/7/95 (H1N1)) NA 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,459 bp 선형 mRNA	AJ518104.1 GI:31096418
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brazil/11/1978 (X-71) (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1 에 대한), 이탈 변이체 1	1,072 bp 선형 mRNA	X86654.1 GI:995549
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brazil/11/1978 (X-71) (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1 에 대한), 이탈 변이체 2	1,072 bp 선형 mRNA	X86655.1 GI:995550
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brazil/11/1978 (X-71) (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1 에 대한), 이탈 변이체 3	1,072 bp 선형 mRNA	X86656.1 GI:995551
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brazil/11/1978 (X-71) (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1 에 대한), 이탈 변이체 4	1,072 bp 선형 mRNA	X86657.1 GI:995552
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brevig_Mission/1/18 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,220 bp 선형 mRNA	AF116575.1 GI:4325017
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brevig_Mission/1/18 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250356.2 GI:13260556
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brevig_Mission/1/1918 (H1N1)) 핵단백질 (np) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AY744935.1 GI:55273940
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brevig_Mission/1/1918 (H1N1)) 폴리머라제 PB2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,280 bp 선형 mRNA	DQ208309.1 GI:76786704
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brevig_Mission/1/1918 (H1N1)) 폴리머라제 PB1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,274 bp 선형 mRNA	DQ208310.1 GI:76786706
인플루엔자 A 바이러스 (A/Brevig_Mission/1/1918 (H1N1)) 폴리머라제 PA (PA) mRNA, 완전한 cds	2,151 bp 선형 mRNA	DQ208311.1 GI:76786708
인플루엔자 A 바이러스 (A/낙타/Mongolia/1982 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	366 bp 선형 mRNA	M73975.1 GI:324242
인플루엔자 A 바이러스 (A/낙타/Mongolia/1982 (H1N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 cds	460 bp 선형 mRNA	M73978.1 GI:324402
인플루엔자 A 바이러스 (A/낙타/Mongolia/1982 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	310 bp 선형 mRNA	M73976.1 GI:324579
인플루엔자 A 바이러스 A/낙타/Mongolia/82 NS1 단백질 mRNA, 부분 cds	273 bp 선형 mRNA	M73977.1 GI:324768
인플루엔자 A 바이러스 (A/낙타/Mongolia/1982 (H1N1)) PA 폴리머라제 mRNA, 부분 cds	227 bp 선형 mRNA	M73974.1 GI:324931
인플루엔자 A 바이러스 (A/낙타/Mongolia/1982 (H1N1)) PB1 단백질 mRNA, 부분 cds	531 bp 선형 mRNA	M73973.1 GI:324971
인플루엔자 A 바이러스 (A/낙타/Mongolia/82 (H1N1)) 폴리머라제 2 (P2) mRNA, 부분 cds	379 bp 선형 mRNA	M73972.1 GI:324993
인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/14/1976 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,169 bp 선형 mRNA	U46782.1 GI:1912328
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/07/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,452 bp 선형 mRNA	AY297141.1 GI:31871990
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/07/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,137 bp 선형 mRNA	AY297154.1 GI:32140347
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/18/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	AY297143.1 GI:31871994
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/18/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AY297156.1 GI:32140355
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/19/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	AY310410.1 GI:31872389

[0665]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/19/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,167 bp 선형 mRNA	AY299502.1 GI:32140392
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/51/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,443 bp 선형 mRNA	AY310412.1 GI:31873090
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chonnam/51/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,161 bp 선형 mRNA	AY299498.1 GI:32140384
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chungbuk/50/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,425 bp 선형 mRNA	AY297150.1 GI:31872010
인플루엔자 A 바이러스 (A/Chungbuk/50/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,161 bp 선형 mRNA	AY299506.1 GI:32140400
인플루엔자 A 바이러스 (A/Denmark/40/2000 (H1N1)) NA 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,458 bp 선형 mRNA	AJ518095.1 GI:31096400
인플루엔자 A 바이러스 (A/Denver/1/57 (H1N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 부분 cds	379 bp 선형 mRNA	AF305216.1 GI:10732818
인플루엔자 A 바이러스 (A/Denver/1/57 (H1N1)) 매트릭스 단백질 유전자, 부분 cds	442 bp 선형 mRNA	AF305217.1 GI:10732820
인플루엔자 A 바이러스 (A/Denver/1/57 (H1N1)) 혈구응집소 유전자, 부분 cds	215 bp 선형 mRNA	AF305218.1 GI:10732822
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Australia/749/80 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47309.1 GI:1912348
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Australia/749/80 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,777 bp 선형 mRNA	AF091312.1 GI:4585166
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Bavaria/1/77 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,777 bp 선형 mRNA	AF091313.1 GI:4585168
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Bavaria/2/77 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47308.1 GI:1912346
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/103/2003 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429749.1 GI:167859463
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/152/2003 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,461 bp 선형 mRNA	EU429751.1 GI:167859467
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Ohio/118C/93 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250361.2 GI:13260576
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Ohio/175/86 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250358.2 GI:13260565
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Ohio/194/86 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250360.2 GI:13260573
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Ohio/30/86 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250359.2 GI:13260570
인플루엔자 A 바이러스 균주 A/Fiji/15899/83 (H1N1) mRNA (뉴라미니다제에 대한)	1,460 bp 선형 mRNA	AJ006954.1 GI:4210707
인플루엔자 A 바이러스 (A/Fiji/15899/83 (H1N1)) mRNA (PB2 단백질에 대한)	2,341 bp 선형 mRNA	AJ564805.1 GI:31442134
인플루엔자 A 바이러스 (A/Fiji/15899/83 (H1N1)) 부분 mRNA (PB1 단백질에 대한)	2,113 bp 선형 mRNA	AJ564807.1 GI:31442138
인플루엔자 A 바이러스 (A/FM/1/47 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,395 bp 선형 mRNA	AF250357.2 GI:13260561
인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hong Kong/8/1976 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	U46021.1 GI:1912326
인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hong Kong/8/1976 (H1N1)) 폴리머라제 (PB1) mRNA, 부분 cds	261 bp 선형 mRNA	U48284.1 GI:1912372

[0666]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hong Kong/8/1976 (H1N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,395 bp 선형 mRNA	U49093.1 GI:1912384
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/1561/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382986.1 GI:170762603
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/1561/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,462 bp 선형 mRNA	EU382993.1 GI:170762617
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/1684/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382987.1 GI:170762605
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/1684/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,462 bp 선형 mRNA	EU382994.1 GI:170762619
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/483/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382981.1 GI:170762593
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/483/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,462 bp 선형 mRNA	EU382988.1 GI:170762607
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/506/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382982.1 GI:170762595
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/506/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,461 bp 선형 mRNA	EU382989.1 GI:170762609
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/555/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382983.1 GI:170762597
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/555/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,462 bp 선형 mRNA	EU382990.1 GI:170762611
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/657/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382984.1 GI:170762599
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/657/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,462 bp 선형 mRNA	EU382991.1 GI:170762613
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/665/2006 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,775 bp 선형 mRNA	EU382985.1 GI:170762601
인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangzhou/665/2006 (H1N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,462 bp 선형 mRNA	EU382992.1 GI:170762615
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/55/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,431 bp 선형 mRNA	AY297151.1 GI:31872012
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/55/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,179 bp 선형 mRNA	AY299507.1 GI:32140402
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/57/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,446 bp 선형 mRNA	AY297152.1 GI:31872014
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/57/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,167 bp 선형 mRNA	AY299508.1 GI:32140404
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/58/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,434 bp 선형 mRNA	AY297153.1 GI:31872016
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/58/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AY299509.1 GI:32140406
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/90/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,446 bp 선형 mRNA	AY297147.1 GI:31872002
인플루엔자 A 바이러스 (A/Gwangju/90/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,164 bp 선형 mRNA	AY299499.1 GI:32140386
인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/437/2002 (H1N1)) 부분 NA 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,403 bp 선형 mRNA	AJ518101.1 GI:31096412
인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/747/2001 (H1N1)) 부분 NA 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,352 bp 선형 mRNA	AJ518102.1 GI:31096414

[0667]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/London/1/1918 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	563 bp 선형 mRNA	AY184805.1 GI:32395285
인플루엔자 A 바이러스 (A/London/1/1919 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	563 bp 선형 mRNA	AY184806.1 GI:32395287
인플루엔자 A 바이러스 (A/Loygang/4/1957 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76604.1 GI:324255
인플루엔자 A 바이러스 (A/Lyon/651/2001 (H1N1)) 부분 NA 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,318 bp 선형 mRNA	AJ518103.1 GI:31096416
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/119/98 (H1N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	947 bp 선형 mRNA	AY664487.1 GI:51011891
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Alberta/35/76 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47310.1 GI:1912350
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Alberta/35/76 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,777 bp 선형 mRNA	AF091309.1 GI:4585160
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Alberta/35/76 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250362.2 GI:13260579
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Tennessee/11464/85 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47307.1 GI:1912344
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Tennessee/11464/85 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,777 bp 선형 mRNA	AF091311.1 GI:4585164
인플루엔자 A 바이러스 (A/New Caledonia/20/1999 (H1N1)) 분절 7 매트릭스 단백질 2 (M2) mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	HQ008884.1 GI:302566794
인플루엔자 A 바이러스 (A/New Jersey/4/1976 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76605.1 GI:324581
인플루엔자 A 바이러스 (A/New Jersey/8/1976 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76606.1 GI:324583
인플루엔자 A 바이러스 (A/New_York/1/18 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,220 bp 선형 mRNA	AF116576.1 GI:4325019
인플루엔자 A 바이러스 (A/Ohio/3523/1988 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76602.1 GI:324889
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/22/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,455 bp 선형 mRNA	AY310411.1 GI:31872391
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/22/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,149 bp 선형 mRNA	AY299503.1 GI:32140394
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/23/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,440 bp 선형 mRNA	AY297144.1 GI:31871996
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/23/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,158 bp 선형 mRNA	AY297157.1 GI:32140357
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/24/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,449 bp 선형 mRNA	AY297145.1 GI:31871998
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/24/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,128 bp 선형 mRNA	AY299494.1 GI:32140376
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/44/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,431 bp 선형 mRNA	AY297148.1 GI:31872004
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/44/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,167 bp 선형 mRNA	AY299504.1 GI:32140396
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/45/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,434 bp 선형 mRNA	AY297146.1 GI:31872000
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/45/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,167 bp 선형 mRNA	AY299496.1 GI:32140380

[0668]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/46/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,422 bp 선형 mRNA	AY310408.1 GI:31872385
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/46/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AY299497.1 GI:32140382
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/47/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,437 bp 선형 mRNA	AY297149.1 GI:31872008
인플루엔자 A 바이러스 (A/Pusan/47/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,170 bp 선형 mRNA	AY299505.1 GI:32140398
인플루엔자 A 바이러스 (A/Saudi Arabia/7971/2000 (H1N1)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2에 대한), 게놈 RNA	789 bp 선형 mRNA	AJ519463.1 GI:31096450
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/11/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,452 bp 선형 mRNA	AY297142.1 GI:31871992
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/11/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AY297155.1 GI:32140349
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/13/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,452 bp 선형 mRNA	AY310409.1 GI:31872387
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/13/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,167 bp 선형 mRNA	AY299500.1 GI:32140388
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/15/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,449 bp 선형 mRNA	AY297140.1 GI:31871988
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/15/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,149 bp 선형 mRNA	AY299501.1 GI:32140390
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/33/2002 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,437 bp 선형 mRNA	AY310407.1 GI:31872383
인플루엔자 A 바이러스 (A/Seoul/33/2002 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,167 bp 선형 mRNA	AY299495.1 GI:32140378
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Arnsberg/6554/1979 (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1에 대한)	1,050 bp 선형 mRNA	Z46437.1 GI:565609
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Beijing/47/1991 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,595 bp 선형 mRNA	U46783.1 GI:1912330
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Beijing/94/1991 (H1N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	U49091.1 GI:1912380
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Belgium/1/83 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF091316.1 GI:4585174
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0118/2006 (H1N1)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,116 bp 선형 mRNA	AM490219.1 GI:222062898
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0136_18/2006 (H1N1)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,043 bp 선형 mRNA	AM490223.1 GI:222062906
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0184/2006 (H1N1)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,089 bp 선형 mRNA	AM490220.1 GI:222062900
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0227/2005 (H1N1)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,068 bp 선형 mRNA	AM490221.1 GI:222062902
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0250/2006 (H1N1)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,024 bp 선형 mRNA	AM490222.1 GI:222062904

[0669]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/736/2001 (H1N1)) 부분 HA 유전자 (적혈구응집소에 대한), 게놈 RNA	1,011 bp 선형 mRNA	AJ517820.1 GI:38422533
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/195852/92 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250366.2 GI:13260593
인플루엔자 A 바이러스 PB2 유전자 (폴리머라제 2 단백질에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/돼지/Finistere/2899/82	2,268 bp 선형 mRNA	AJ311457.1 GI:13661037
인플루엔자 A 바이러스 PB1 유전자 (폴리머라제 1 단백질에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/돼지/Finistere/2899/82	2,341 bp 선형 mRNA	AJ311462.1 GI:13661047
인플루엔자 A 바이러스 PA 유전자 (폴리머라제 A 단백질에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/돼지/Finistere/2899/82	2,233 bp 선형 mRNA	AJ311463.1 GI:13661049
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Finistere/2899/82 (H1N1)) M1 유전자 (매트릭스 단백질 1에 대한) 및 M2 유전자 (매트릭스 단백질 2에 대한), 게놈 RNA	1,002 bp 선형 mRNA	AJ316059.1 GI:20068128
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Finistere/2899/82 (H1N1)) NS1 유전자 (비구조적 단백질 1에 대한) 및 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2에 대한), 게놈 RNA	864 bp 선형 mRNA	AJ344037.1 GI:20068185
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Germany/2/1981 (H1N1)) mRNA (PA 폴리머라제에 대한)	838 bp 선형 mRNA	X75786.1 GI:438106
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Germany/2/1981 (H1N1)) mRNA (뉴라미니다제에 대한) (부분적)	305 bp 선형 mRNA	Z30277.1 GI:530399
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Germany/2/1981 (H1N1)) mRNA (혈구응집소에 대한)	1,730 bp 선형 mRNA	Z30276.1 GI:563490
165. 인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Germany/8533/1991 (H1N1)) mRNA (혈구응집소 전구체에 대한)	1,730 bp 선형 mRNA	Z46434.1 GI:565611
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Guangdong/711/2001 (H1N1)) 비기능성 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 서열	1,690 bp 선형 mRNA	AY852271.1 GI:60327789
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Haseluenne/IDT2617/03 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,809 bp 선형 mRNA	EU163946.1 GI:157679548
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hokkaido/2/81 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47306.1 GI:1912342
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hokkaido/2/81 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF091306.1 GI:4585154
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/168/1993 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,113 bp 선형 mRNA	U44482.1 GI:1912318
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/168/1993 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	416 bp 선형 mRNA	U47817.1 GI:1912354
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/168/1993 (H1N1)) 폴리머라제 (PB2) mRNA, 부분 cds	286 bp 선형 mRNA	U48286.1 GI:1912358
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/168/1993 (H1N1)) 폴리머라제 (PB1) mRNA, 부분 cds	379 bp 선형 mRNA	U48283.1 GI:1912370
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/168/1993 (H1N1)) 폴리머라제 (PA) mRNA, 부분 cds	308 bp 선형 mRNA	U48850.1 GI:1912376
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/168/1993 (H1N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,397 bp 선형 mRNA	U49096.1 GI:1912390
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/172/1993 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,315 bp 선형 mRNA	U46020.1 GI:1912324
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/176/1993 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,113 bp 선형 mRNA	U45451.1 GI:1912320
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/273/1994 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	1,330 bp 선형 mRNA	U45452.1 GI:1912322

[0670]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/273/1994 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	241 bp 선형 mRNA	U47818.1 GI:1912356
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/273/1994 (H1N1)) 폴리머라제 (PB2) mRNA, 부분 cds	328 bp 선형 mRNA	U48287.1 GI:1912360
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/273/1994 (H1N1)) 폴리머라제 (PB1) mRNA, 부분 cds	240 bp 선형 mRNA	U48282.1 GI:1912368
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/273/1994 (H1N1)) 폴리머라제 (PA) mRNA, 부분 cds	336 bp 선형 mRNA	U48851.1 GI:1912378
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Hong Kong/273/1994 (H1N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,422 bp 선형 mRNA	U49092.1 GI:1912382
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/IDT/Re230/92hp (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,761 bp 선형 mRNA	EU163947.1 GI:157679550
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/IN/1726/1988 (H1N1)) 핵단백질 (분절 5) mRNA, 완전한 cds	1,550 bp 선형 mRNA	L46849.1 GI:954755
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Iowa/15/30 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47305.1 GI:1912340
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Iowa/15/30 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF091308.1 GI:4585158
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Iowa/30 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250364.2 GI:13260586
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Iowa/17672/88 (H1N1)) 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U47304.1 GI:1912338
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Italy/3364/00 (H1N1)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2에 대한), 게놈 RNA	864 bp 선형 mRNA	AJ519462.1 GI:31096447
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Italy-바이러스/671/87 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,777 bp 선형 mRNA	AF091315.1 GI:4585172
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Italy/v.147/1981 (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1에 대한)	1,028 bp 선형 mRNA	Z46436.1 GI:854214
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Morbihan/0070/2005 (H1N1)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,118 bp 선형 mRNA	AM490218.1 GI:222062896
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Nebraska/1/92 (H1N1)) HA 단백질 mRNA, 완전한 cds	1,770 bp 선형 mRNA	L09063.1 GI:290722
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Nebraska/1/1992 (H1N1)) 분절 5 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,550 bp 선형 mRNA	L11164.1 GI:290724
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Netherlands/12/1985 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U46943.1 GI:1912336
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Netherlands/12/85 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,776 bp 선형 mRNA	AF091317.1 GI:4585176
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Netherlands/25/1980 (H1N1)) mRNA (핵단백질에 대한)	539 bp 선형 mRNA	X75791.1 GI:438105
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Netherlands/3/1980 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U46942.1 GI:1912334
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Netherlands/3/80 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF091314.1 GI:4585170
인플루엔자 A 바이러스 (A/NJ/11/76 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250363.2 GI:13260583
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Quebec/192/81 (SwQc81)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,438 bp 선형 mRNA	U86144.1 GI:4099318

[0671]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Quebec/5393/91 (SwQc91)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,438 bp 선형 mRNA	U86145.1 GI:4099320
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Schleswig- Holstein/1/1992 (H1N1)) mRNA (혈구응집소 전구체에 대한)	1,730 bp 선형 mRNA	Z46435.1 GI:854216
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Schleswig- Holstein/1/1993 (H1N1)) mRNA (핵단백질에 대한)	1,554 bp 선형 mRNA	Z46438.1 GI:854222
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Wisconsin/1/61 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF091307.1 GI:4585156
212. 인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Wisconsin/1/1967 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76607.1 GI:325086
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Wisconsin/1915/1988 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76608.1 GI:325088
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/WI/1915/1988 (H1N1)) 핵단백질 (분절 5) mRNA, 완전한 cds	1,550 bp 선형 mRNA	L46850.1 GI:954757
인플루엔자 A 바이러스 (A/Switzerland/8808/2002 (H1N1)) 부분 m1 유전자 (매트릭스 단백질 1에 대한) 및 부분 m2 유전자 (매트릭스 단백질 2에 대한), 게놈 RNA	729 bp 선형 mRNA	AJ532568.1 GI:31096461
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0012/00 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362803.1 GI:14571975
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0016/00 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362779.1 GI:14571927
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0016/2000 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303752.1 GI:32330993
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0030/00 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362780.1 GI:14571929
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0030/2000 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303704.1 GI:32330897
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0032/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604804.1 GI:50727488
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0061/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604795.1 GI:50727470
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0069/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604803.1 GI:50727486
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0078/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604805.1 GI:50727490
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0094/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604797.1 GI:50727474
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0116/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604796.1 GI:50727472
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0130/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362781.1 GI:14571931
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0130/96 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303707.1 GI:32330903
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0132/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362782.1 GI:14571933
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0132/96 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303708.1 GI:32330905
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0211/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362783.1 GI:14571935

[0672]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0211/96 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303709.1 GI:32330907
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0235/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362784.1 GI:14571937
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0235/96 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303710.1 GI:32330909
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0255/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362785.1 GI:14571939
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0255/96 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303711.1 GI:32330911
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0337/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362786.1 GI:14571941
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0342/96 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362787.1 GI:14571943
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0342/96 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303714.1 GI:32330917
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0464/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362788.1 GI:14571945
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0562/95 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362789.1 GI:14571947
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0562/95 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303720.1 GI:32330929
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0563/95 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362790.1 GI:14571949
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0563/95 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303721.1 GI:32330931
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0657/95 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362791.1 GI:14571951
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0657/95 (H1N1)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303724.1 GI:32330937
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0859/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604801.1 GI:50727482
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0892/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362792.1 GI:14571953
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0983/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604800.1 GI:50727480
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1007/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068163.1 GI:158452199
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1015/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068171.1 GI:158452215
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/112/1996-1 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026153.1 GI:2554950
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/112/1996-2 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026154.1 GI:2554952
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/117/1996-1 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026155.1 GI:2554954
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/117/1996-2 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026156.1 GI:2554956
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/117/1996-3 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026157.1 GI:2554958

[0673]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/118/1996-1 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026158.1 GI:2554960
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/118/1996-2 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026159.1 GI:2554962
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/118/1996-3 (H1N1)) 적혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,176 bp 선형 mRNA	AF026160.1 GI:2554964
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/1184/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362793.1 GI:14571955
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1184/99 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303726.1 GI:32330941
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/1190/95 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362794.1 GI:14571957
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1190/95 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303727.1 GI:32330943
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1523/2003 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604808.1 GI:50727496
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1566/2003 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604806.1 GI:50727492
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1769/96 (H1N1)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138710.2 GI:4996871
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1906/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604799.1 GI:50727478
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1922/2002 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604802.1 GI:50727484
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2069/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068168.1 GI:158452209
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2157/2001 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303733.1 GI:32330955
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2175/2001 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AY303734.1 GI:32330957
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/2200/95 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	AF362795.1 GI:14571959
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2200/95 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303737.1 GI:32330963
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2966/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068170.1 GI:158452213
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3168/2005 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068174.1 GI:158452221
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/3355/97 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362796.1 GI:14571961
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3355/97 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303739.1 GI:32330967
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3361/2001 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303740.1 GI:32330969
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3361/2001 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AY303741.1 GI:32330971
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3518/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068169.1 GI:158452211
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/3825/00 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	581 bp 선형 mRNA	AF362797.1 GI:14571963

[0674]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3896/2001 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303746.1 GI:32330981
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3896/2001 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AY303747.1 GI:32330983
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4050/2003 (H1N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	494 bp 선형 mRNA	AY604807.1 GI:50727494
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4054/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068160.1 GI:158452193
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/4360/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362798.1 GI:14571965
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4360/99 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303748.1 GI:32330985
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/4415/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362799.1 GI:14571967
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4415/99 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303749.1 GI:32330987
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4509/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068165.1 GI:158452203
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/4845/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362800.1 GI:14571969
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4845/99 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303750.1 GI:32330989
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/4943/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362801.1 GI:14571971
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5010/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068167.1 GI:158452207
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/5063/99 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362802.1 GI:14571973
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5063/99 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303751.1 GI:32330991
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5084/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068166.1 GI:158452205
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/511/96 (H1N1)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138708.2 GI:4996867
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/557/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068156.1 GI:158452185
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/562/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068159.1 GI:158452191
인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/5779/98 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AF362778.1 GI:14571925
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5779/98 (H1N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	303 bp 선형 mRNA	AY303702.1 GI:32330893
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/6025/2005 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068172.1 GI:158452217
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/607/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068157.1 GI:158452187
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/615/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068162.1 GI:158452197
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/645/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068164.1 GI:158452201

[0675]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/680/2005 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068173.1 GI:158452219
인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/719/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	507 bp 선형 mRNA	EU068158.1 GI:158452189
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU124/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021285.1 GI:154224724
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU32/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021265.1 GI:154224704
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU32/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021264.1 GI:154224775
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU41/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021247.1 GI:154224686
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU41/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021246.1 GI:154224757
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU44/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021259.1 GI:154224698
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU44/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021258.1 GI:154224769
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU51/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021255.1 GI:154224694
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU51/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021254.1 GI:154224765
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU53/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021249.1 GI:154224688
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU53/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021248.1 GI:154224759
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU57/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021257.1 GI:154224696
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU57/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021256.1 GI:154224767
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU67/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021251.1 GI:154224690
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU67/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021250.1 GI:154224761
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU68/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021261.1 GI:154224700
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU68/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021260.1 GI:154224771
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU75/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021263.1 GI:154224702
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU75/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021262.1 GI:154224773
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU88/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021253.1 GI:154224692
인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU88/2006 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EU021252.1 GI:154224763
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/647/1977 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76603.1 GI:325094
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/France/87075/87 (H1N1)) N1 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,445 bp 선형 mRNA	AJ416626.1 GI:39840719

[0676]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Germany/3/91 (H1N1)) mRNA (PB2 폴리머라제 (부분적)에 대한)	394 bp 선형 mRNA	Z30272.1 GI:456652
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Germany/3/91 (H1N1)) mRNA (뉴라미니다제 (UTR)에 대한)	97 bp 선형 mRNA	Z30275.1 GI:530398
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Germany/3/91 (H1N1)) mRNA (PA 폴리머라제에 대한)	264 bp 선형 mRNA	Z30274.1 GI:530401
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Germany/3/91 (H1N1)) mRNA (PBI 폴리머라제 (부분적)에 대한)	247 bp 선형 mRNA	Z30273.1 GI:530403
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Germany/3/91 (H1N1)) mRNA (혈구응집소 HA1에 대한)	1,038 bp 선형 mRNA	Z46441.1 GI:854218
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Minnesota/1661/1981 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	U46941.1 GI:1912332
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/Minnesota/1661/81 (H1N1)) 분절 4 혈구응집소 전구체 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,777 bp 선형 mRNA	AF091310.1 GI:4585162
인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/North Carolina/1790/1988 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76609.1 GI:325096
인플루엔자 A 바이러스 (A/Weiss/43 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) 유전자, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF250365.2 GI:13260589
인플루엔자 A 바이러스 (A/Wilson-Smith/1933 (H1N1)) 뉴클레오타이드 단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	EU330203.1 GI:167989512
인플루엔자 A 바이러스 (A/Wisconsin/3523/1988 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	241 bp 선형 mRNA	U47816.1 GI:1912352
인플루엔자 A 바이러스 (A/Wisconsin/3623/1988 (H1N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	M76610.1 GI:325103
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) PB1 (PB1) mRNA, 부분 cds	235 bp 선형 mRNA	U53156.1 GI:1399590
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) PB2 (PB2) mRNA, 부분 cds	168 bp 선형 mRNA	U53158.1 GI:1399594
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) PA (PA) mRNA, 부분 cds	621 bp 선형 mRNA	U53160.1 GI:1399598
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	U53162.1 GI:1399602
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) NP (NP) mRNA, 부분 cds	200 bp 선형 mRNA	U53164.1 GI:1399606
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	U53166.1 GI:1399610
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) M (M) mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선형 mRNA	U53168.1 GI:1399614
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4754/1994 (H1N1)) NS (NS) mRNA, 완전한 cds	890 bp 선형 mRNA	U53170.1 GI:1399618
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) PB1 (PB1) mRNA, 부분 cds	203 bp 선형 mRNA	U53157.1 GI:1399592
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) PB2 (PB2) mRNA, 부분 cds	173 bp 선형 mRNA	U53159.1 GI:1399596
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) PA (PA) mRNA, 부분 cds	621 bp 선형 mRNA	U53161.1 GI:1399600
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	U53163.1 GI:1399604
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) NP (NP) mRNA, 부분 cds	215 bp 선형 mRNA	U53165.1 GI:1399608

[0677]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	209 bp 선형 mRNA	U53167.1 GI:1399612
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) M (M) mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선형 mRNA	U53169.1 GI:1399616
인플루엔자 A 바이러스 (A/WI/4755/1994 (H1N1)) NS (NS) mRNA, 완전한 cds	890 bp 선형 mRNA	U53171.1 GI:1399620
인플루엔자 A 바이러스 (A/WSN/33) 분절 5 뉴클레오타이드 단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	543 bp 선형 mRNA	AF306656.1 GI:11935089

[0678]

표 8. 인플루엔자 H3N2 항원

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
1. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Aichi/2/1968 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,704 bp 선형 mRNA	EF614248.1 GI:148910819
2. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Aichi/2/1968 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EF614249.1 GI:148910821
3. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Aichi/2/1968 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EF614250.1 GI:148910823
4. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Aichi/2/1968 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,698 bp 선형 mRNA	EF614251.1 GI:148910825
5. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Akita/1/1995 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48444.1 GI:1574989
6. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Beijing/32/1992 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46392.1 GI:609020
7. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Canada/33312/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501516.1 GI:21314288
8. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Charlottesville/10/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF297094.1 GI:11228917
9. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Charlottesville/49/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF297096.1 GI:11228921
10. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Charlottesville/69/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF297097.1 GI:11228923
11. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Charlottesville/73/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF297095.1 GI:11228919
12. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/1/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46393.1 GI:609024
13. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/247/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46394.1 GI:609025
14. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/269/93 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46395.1 GI:609027
15. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/284/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46396.1 GI:609029
16. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/286/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46397.1 GI:609031
17. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/289/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46398.1 GI:609033

[0679]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
18. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/328/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46399.1 GI:609035
19. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/346/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46400.1 GI:609037
20. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/347/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46401.1 GI:609039
21. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/42/72 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	AF201875.1 GI:6470274
22. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/471/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46402.1 GI:609041
23. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/67/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46403.1 GI:609043
24. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/68/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46404.1 GI:609045
25. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/7/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46405.1 GI:609047
28. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangdong/25/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46406.1 GI:609049
29. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1/68 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	AF201874.1 GI:6470272
30. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46407.1 GI:609051
31. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382319.1 GI:14487957
32. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382320.1 GI:14487959
33. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382329.1 GI:14487977
34. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382330.1 GI:14487979
35. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035589.1 GI:14486403
36. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382321.1 GI:14487961
37. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382322.1 GI:14487963
38. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382331.1 GI:14487981
39. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382332.1 GI:14487983
40. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1179/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035590.1 GI:14486405
41. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1179/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382323.1 GI:14487965
42. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1179/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382324.1 GI:14487967
43. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1180/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035591.1 GI:14486407
44. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1180/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382325.1 GI:14487969

[0680]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
45. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1180/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382326.1 GI:14487971
46. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1182/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382327.1 GI:14487973
47. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1182/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382328.1 GI:14487975
48. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/2/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46408.1 GI:609055
49. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/23/1992 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46410.1 GI:609053
50. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/34/1990 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46409.1 GI:609057
51. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/286/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46397.1 GI:609031
52. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/289/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46398.1 GI:609033
53. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/328/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46399.1 GI:609035
54. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/346/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46400.1 GI:609037
55. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/347/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46401.1 GI:609039
56. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/42/72 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	AF201875.1 GI:6470274
57. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/471/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46402.1 GI:609041
58. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/67/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46403.1 GI:609043
59. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/68/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46404.1 GI:609045
60. 인플루엔자 A 바이러스 (A/England/7/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46405.1 GI:609047
63. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Guandong/28/1994 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48442.1 GI:1574985
64. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Guangdong/25/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46406.1 GI:609049
65. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hebei/19/1995 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48447.1 GI:1574995
66. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hebei/41/1994 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48441.1 GI:1574983
67. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1/68 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	AF201874.1 GI:6470272
68. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46407.1 GI:609051
69. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035588.1 GI:14486401
70. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382319.1 GI:14487957
71. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382320.1 GI:14487959

[0681]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
72. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382329.1 GI:14487977
73. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1143/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382330.1 GI:14487979
74. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035589.1 GI:14486403
75. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382321.1 GI:14487961
76. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382322.1 GI:14487963
77. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382331.1 GI:14487981
78. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1144/99 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,466 bp 선형 mRNA	AF382332.1 GI:14487983
79. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1179/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035590.1 GI:14486405
80. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1179/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382323.1 GI:14487965
81. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1179/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382324.1 GI:14487967
82. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1180/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035591.1 GI:14486407
83. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1180/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382325.1 GI:14487969
84. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1180/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382326.1 GI:14487971
85. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1182/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY035592.1 GI:14486409
86. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1182/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382327.1 GI:14487973
87. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/1182/99 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382328.1 GI:14487975
88. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/2/1994 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46408.1 GI:609055
89. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/23/1992 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46410.1 GI:609053
90. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Hong Kong/34/1990 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46409.1 GI:609057
91. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indiana/28170/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501534.1 GI:21314324
92. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/618/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	529 bp 선형 mRNA	AY961997.1 GI:68138151
93. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/618/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	383 bp 선형 mRNA	AY973325.1 GI:70673206
94. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/618/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986986.1 GI:70728099
95. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/621/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	545 bp 선형 mRNA	AY962017.1 GI:68138191
96. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/621/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	386 bp 선형 mRNA	AY973326.1 GI:70673208

[0682]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
97. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/621/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986987.1 GI:70728101
98. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/639/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	786 bp 선형 mRNA	AY962008.1 GI:68138173
99. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/639/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	381 bp 선형 mRNA	AY973327.1 GI:70673210
100. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/639/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986988.1 GI:70728103
101. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/641/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	596 bp 선형 mRNA	AY962004.1 GI:68138165
102. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/641/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	785 bp 선형 mRNA	AY973328.1 GI:70673212
103. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/642/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	576 bp 선형 mRNA	AY962001.1 GI:68138159
104. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/642/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	580 bp 선형 mRNA	AY973329.1 GI:70673214
105. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/642/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986989.1 GI:70728105
106. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/645/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	789 bp 선형 mRNA	AY962009.1 GI:68138175
107. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/645/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	581 bp 선형 mRNA	AY973330.1 GI:70673216
108. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Kinmen/645/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	981 bp 선형 mRNA	AY986990.1 GI:70728107
109. 인플루엔자 A 바이러스 (A/LosAngeles/2/1987 (H3N2)) 폴리머라제 단백질 basic 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	U62543.1 GI:1480737
110. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Madrid/252/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46411.1 GI:609067
111. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Michigan/22568/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501531.1 GI:21314318
112. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Michigan/22692/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501518.1 GI:21314292
113. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Moscow/10/99 (H3N2)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1 에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2 에 대한), 게놈 RNA	754 bp 선형 mRNA	AJ519454.1 GI:31096423
114. 인플루엔자 A 바이러스 (A/ningbo/17/2002 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AY138518.1 GI:24895178
115. 인플루엔자 A 바이러스 (A/ningbo/25/2002 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AY138517.1 GI:24895169
116. 인플루엔자 A 바이러스 (A/NT/60/68/29C (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한) (HA1 및 HA2 유전자)	1,765 bp 선형 mRNA	V01103.1 GI:60800
117. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Oklahoma/323/03 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	DQ059385.1 GI:66933143
118. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Oklahoma/323/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	DQ059384.2 GI:75859981
119. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Panama/2007/99 (H3N2)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1 에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2 에 대한), 게놈 RNA	766 bp 선형 mRNA	AJ519458.1 GI:31096435

[0683]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수락 번호
120. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pennsylvania/20109/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501526.1 GI:21314308
121. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Philippines/2/82 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	AF233691.1 GI:7331124
122. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pingtung/303/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	767 bp 선형 mRNA	AY962000.1 GI:68138157
123. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pingtung/303/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	783 bp 선형 mRNA	AY973331.1 GI:70673218
124. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pingtung/303/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	928 bp 선형 mRNA	AY986991.1 GI:70728109
125. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pingtung/313/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	788 bp 선형 mRNA	AY961999.1 GI:68138155
126. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pingtung/313/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	787 bp 선형 mRNA	AY973332.1 GI:70673220
127. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Pingtung/313/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986992.1 GI:70728111
128. 인플루엔자 A 바이러스 (A/꼬까도요/Delaware/142/99 (H3N2)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	927 bp 선형 mRNA	AY664458.1 GI:51011862
129. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/142/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46413.1 GI:609059
130. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/160/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46414.1 GI:609061
131. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/173/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46416.1 GI:609063
132. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/174/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46415.1 GI:609065
133. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/2/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46412.1 GI:609069
134. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Sendai/c182/1994 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48439.1 GI:1574979
135. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Sendai/c373/1995 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48445.1 GI:1574991
136. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Sendai/c384/1994 (H3N2)) 적혈구응집소 mRNA, 부분 cds	1,032 bp 선형 mRNA	U48440.1 GI:1574981
137. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Shangdong/9/1993 (H3N2)) mRNA (적혈구응집소에 대한)	1,041 bp 선형 mRNA	Z46417.1 GI:609071
138. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Shanghai/11/1987/X99aE 고수율 reassortant (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	L19416.1 GI:348117
139. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/110/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,280 bp 선형 mRNA	AF225514.1 GI:27462098
140. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/110/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,274 bp 선형 mRNA	AF225518.1 GI:27462106
141. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/110/97 (H3N2)) 폴리머라제 산성 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,151 bp 선형 mRNA	AF225522.1 GI:27462114

[0684]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
142. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/110/97 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AF225534.1 GI:27462146
143. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/110/97 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF225538.1 GI:27462154
144. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/110/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA1) mRNA, 부분 cds	984 bp 선형 mRNA	AF225542.1 GI:27462162
145. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/115/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,280 bp 선형 mRNA	AF225515.1 GI:27462100
146. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/115/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,274 bp 선형 mRNA	AF225519.1 GI:27462108
147. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/115/97 (H3N2)) 폴리머라제 산성 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,151 bp 선형 mRNA	AF225523.1 GI:27462116
148. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/115/97 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AF225535.1 GI:27462148
149. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/115/97 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF225539.1 GI:27462156
150. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/115/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA1) mRNA, 부분 cds	984 bp 선형 mRNA	AF225543.1 GI:27462164
151. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/119/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,280 bp 선형 mRNA	AF225516.1 GI:27462102
152. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/119/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,274 bp 선형 mRNA	AF225520.1 GI:27462110
153. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/119/97 (H3N2)) 폴리머라제 산성 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,151 bp 선형 mRNA	AF225524.1 GI:27462118
154. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/119/97 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AF225536.1 GI:27462150
155. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/119/97 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF225540.1 GI:27462158
156. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/119/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA1) mRNA, 부분 cds	984 bp 선형 mRNA	AF225544.1 GI:27462166
159. 인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Bakum/IDT1769/2003 (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU163948.1 GI:157679552
163. 인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Fujian/668/01 (H3N2)) 비기능성 혈구응집소 mRNA, 완전한 서열	1,738 bp 선형 mRNA	AY857957.1 GI:58042507

[0685]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수락 번호
164. 인플루엔자 A 바이러스 PB2 유전자 (폴리머라제 2 단백질에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/돼지/Italy/1523/98	2,280 bp 선형 mRNA	AJ311459.1 GI:13661041
165. 인플루엔자 A 바이러스 PB1 유전자 (폴리머라제 1 단백질에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/돼지/Italy/1523/98	2,274 bp 선형 mRNA	AJ311460.1 GI:13661043
166. 인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Italy/1523/98 (H3N2)) NS1 유전자 (비구조적 단백질 1에 대한) 및 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2에 대한), 게놈 RNA	821 bp 선형 mRNA	AJ344024.1 GI:20068146
167. 인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Re220/92hp (H3N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,465 bp 선형 mRNA	EU163949.1 GI:157679554
168. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/120/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,280 bp 선형 mRNA	AF225517.1 GI:27462104
169. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/120/97 (H3N2)) 폴리머라제 basic 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,274 bp 선형 mRNA	AF225521.1 GI:27462112
170. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/120/97 (H3N2)) 폴리머라제 산성 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,151 bp 선형 mRNA	AF225525.1 GI:27462120
171. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/120/97 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AF225537.1 GI:27462152
172. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/120/97 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	AF225541.1 GI:27462160
173. 인플루엔자 A 바이러스 (A/sw/Shizuoka/120/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA1) mRNA, 부분 cds	984 bp 선형 mRNA	AF225545.1 GI:27462168
174. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Switzerland/7729/98 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AY032978.1 GI:14161723
175. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Switzerland/7729/98 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF382318.1 GI:14487955
176. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/704/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	528 bp 선형 mRNA	AY962011.1 GI:68138179
177. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/704/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	384 bp 선형 mRNA	AY973333.1 GI:70673222
178. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/704/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986993.1 GI:70728113
179. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/712/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	519 bp 선형 mRNA	AY962012.1 GI:68138181
180. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/712/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	383 bp 선형 mRNA	AY973334.1 GI:70673224
181. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/712/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986994.1 GI:70728115
182. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/722/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	784 bp 선형 mRNA	AY962005.1 GI:68138167
183. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/722/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	592 bp 선형 mRNA	AY973335.1 GI:70673226

[0686]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
184. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tainan/722/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	936 bp 선형 mRNA	AY986995.1 GI:70728117
185. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taipei/407/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	788 bp 선형 mRNA	AY961998.1 GI:68138153
186. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taipei/407/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	787 bp 선형 mRNA	AY973336.1 GI:70673228
187. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taipei/407/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986996.1 GI:70728119
188. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taipei/416/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	787 bp 선형 mRNA	AY962007.1 GI:68138171
189. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taipei/416/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	782 bp 선형 mRNA	AY973337.1 GI:70673230
190. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taipei/416/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986997.1 GI:70728121
191. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0020/98 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303703.1 GI:32330895
192. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0040/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604817.1 GI:50727514
193. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0045/98 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303705.1 GI:32330899
194. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0095/96 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362820.1 GI:15055140
195. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0097/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604828.1 GI:50727536
196. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0104/2001 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303706.1 GI:32330901
197. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0118/98 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362805.1 GI:15055110
198. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0122/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604823.1 GI:50727526
199. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0149/00 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362806.1 GI:15055112
200. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0275/2000 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303712.1 GI:32330913
201. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0275/2000 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303713.1 GI:32330915
202. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0293/98 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362807.1 GI:15055114
203. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0346/98 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303715.1 GI:32330919
204. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0379/2000 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303716.1 GI:32330921

[0687]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
205. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0379/2000 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303717.1 GI:32330923
206. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0388/2001 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY625729.1 GI:50604415
207. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0389/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362808.1 GI:15055116
208. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0423/98 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362809.1 GI:15055118
209. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0423/98 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303718.1 GI:32330925
210. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0464/98 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362810.1 GI:15055120
211. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0464/98 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303719.1 GI:32330927
212. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0568/2001 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY625730.1 GI:50604440
213. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0570/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604822.1 GI:50727524
214. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0572/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604827.1 GI:50727534
215. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0578/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604821.1 GI:50727522
216. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0583/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604820.1 GI:50727520
217. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0646/2000 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303722.1 GI:32330933
218. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0646/2000 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303723.1 GI:32330935
219. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/0830/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362811.1 GI:15055122
220. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/0964/2001 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY625731.1 GI:50604469
221. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/1008/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362812.1 GI:15055124
222. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1008/99 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303725.1 GI:32330939
223. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1219/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068138.1 GI:158452149
224. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1315/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068125.1 GI:158452123
225. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1511/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068153.1 GI:158452179

[0688]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
226. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1533/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068119.1 GI:158452111
227. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/1537/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362813.1 GI:15055126
228. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1537/99 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303728.1 GI:32330945
229. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1566/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604826.1 GI:50727532
230. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1568/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604819.1 GI:50727518
231. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/158/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068116.1 GI:158452105
232. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1600/96 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138709.2 GI:4996869
233. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1613/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068117.1 GI:158452107
234. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1651/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068148.1 GI:158452169
235. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/1748/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362814.1 GI:15055128
236. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1748/97 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303729.1 GI:32330947
237. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/179/96 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	872 bp 선형 mRNA	AF138707.2 GI:4996865
238. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1817/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068139.1 GI:158452151
239. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1904/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068154.1 GI:158452181
240. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1921/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068155.1 GI:158452183
241. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/1986/96 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362815.1 GI:15055130
242. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1990/96 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303730.1 GI:32330949
243. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/1990/96 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303731.1 GI:32330951
244. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/20/98 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139938.1 GI:4972940
245. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/20/98 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140627.1 GI:4972988
246. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/20/98 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138715.2 GI:4996879
247. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/2031/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362816.1 GI:15055132

[0689]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
248. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2034/96 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139937.1 GI:4972938
249. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2034/96 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140620.1 GI:4972974
250. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2034/96 (H3N2)) 폴리머라제 외기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303732.1 GI:32330953
251. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2040/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604818.1 GI:50727516
252. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2072/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068131.1 GI:158452135
253. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/21/98 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139934.1 GI:4972932
254. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/21/98 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140624.1 GI:4972982
255. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/21/98 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138716.2 GI:4996881
256. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2191/96 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139932.1 GI:4972928
257. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2191/96 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140622.1 GI:4972978
258. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2191/96 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138711.3 GI:156147502
259. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2192/96 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139936.1 GI:4972936
260. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2192/96 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140626.1 GI:4972986
261. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2195/96 (H3N2)) 폴리머라제 외기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303735.1 GI:32330959
262. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/2195/96 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303736.1 GI:32330961
263. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/224/98 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138718.2 GI:4996885
264. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/2548/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AF362817.1 GI:15055134
265. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/268/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068120.1 GI:158452113
266. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3008/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068149.1 GI:158452171
267. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3075/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068152.1 GI:158452177
268. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/3083/00 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	940 bp 선형 mRNA	AF362818.1 GI:15055136
269. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3131/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604811.1 GI:50727502
270. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3154/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068145.1 GI:158452163

[0690]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수락 번호
271. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3187/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068141.1 GI:158452155
272. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3245/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068134.1 GI:158452141
273. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3294/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068133.1 GI:158452139
274. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3351/97 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139935.1 GI:4972934
275. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3351/97 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140625.1 GI:4972984
276. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3351/97 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138713.2 GI:4996875
277. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3351/97 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303738.1 GI:32330965
278. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3387/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068132.1 GI:158452137
279. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3396/97 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303742.1 GI:32330973
280. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3396/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303743.1 GI:32330975
281. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3427/97 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139930.1 GI:4972924
282. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3427/97 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140619.1 GI:4972972
283. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/346/98 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139940.1 GI:4972944
284. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/346/98 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140787.1 GI:4972992
285. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/346/98 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138719.2 GI:4996887
286. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/3460/00 (H3N2)) 절단된 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	942 bp 선형 mRNA	AF362819.1 GI:15055138
287. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3469/97 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139933.1 GI:4972930
288. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3469/97 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140623.1 GI:4972980
289. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3469/97 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138714.2 GI:4996877
290. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3503/97 (H3N2)) 폴리머라제 영기 단백질 1 (PB1) mRNA, 부분 cds	297 bp 선형 mRNA	AY303744.1 GI:32330977
291. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3503/97 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	844 bp 선형 mRNA	AY303745.1 GI:32330979
292. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3513/96 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	919 bp 선형 mRNA	AF138712.1 GI:4928900
293. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3513/97 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139931.1 GI:4972926

[0691]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수락 번호
294. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3513/97 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140621.1 GI:4972976
295. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3744/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604814.1 GI:50727508
296. 인플루엔자 A 바이러스 (A/인간/Taiwan/3760/00 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	940 bp 선형 mRNA	AF362804.1 GI:15055108
297. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/3896/2001 (H1N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	561 bp 선형 mRNA	AY303747.1 GI:32330983
298. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4050/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604825.1 GI:50727530
299. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4063/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604824.1 GI:50727528
300. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/41/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068137.1 GI:158452147
301. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/45/98 (H3N2)) H3 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	861 bp 선형 mRNA	AF139939.1 GI:4972942
302. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/45/98 (H3N2)) N2 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	392 bp 선형 mRNA	AF140628.1 GI:4972990
303. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/45/98 (H3N2)) 매트릭스 단백질 M1 (M) mRNA, 부분 cds	875 bp 선형 mRNA	AF138717.2 GI:4996883
304. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4548/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068114.1 GI:158452101
305. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4673/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604813.1 GI:50727506
306. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4680/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604812.1 GI:50727504
307. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4735/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068136.1 GI:158452145
308. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4829/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068142.1 GI:158452157
309. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4836/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068130.1 GI:158452133
310. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4865/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068143.1 GI:158452159
311. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4883/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068121.1 GI:158452115
312. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4938/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604809.1 GI:50727498
313. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4954/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604815.1 GI:50727510
314. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4963/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604810.1 GI:50727500
315. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4987/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068122.1 GI:158452117
316. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/4990/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068127.1 GI:158452127
317. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068118.1 GI:158452109
318. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5153/2002 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604816.1 GI:50727512

[0692]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
319. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5267/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068128.1 GI:158452129
320. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/556/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068146.1 GI:158452165
321. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/5694/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068126.1 GI:158452125
322. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/587/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068147.1 GI:158452167
323. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/592/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068151.1 GI:158452175
324. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7099/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604829.1 GI:50727538
325. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7100/2003 (H3N2)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	791 bp 선형 mRNA	AY604830.1 GI:50727540
326. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7196/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068150.1 GI:158452173
327. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7568/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068135.1 GI:158452143
328. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7601/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068144.1 GI:158452161
329. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7681/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068124.1 GI:158452121
330. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7702/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068123.1 GI:158452119
331. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/7873/2005 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068129.1 GI:158452131
332. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/8/2003 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068115.1 GI:158452103
333. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taiwan/93/2004 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	750 bp 선형 mRNA	EU068140.1 GI:158452153
334. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taoyuan/108/02 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	528 bp 선형 mRNA	AY962016.1 GI:68138189
335. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taoyuan/108/02 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	754 bp 선형 mRNA	AY973338.1 GI:70673232
336. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Taoyuan/108/02 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986998.1 GI:70728123
337. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU124/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021285.1 GI:154224724
338. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU124/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021284.1 GI:154224795
339. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU228/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021275.1 GI:154224714
340. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU228/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021274.1 GI:154224785
341. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU23/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,347 bp 선형 mRNA	EU021267.1 GI:154224706

[0693]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
342. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU23/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021266.1 GI:154224777
343. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU231/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021283.1 GI:154224722
344. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU231/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021282.1 GI:154224793
345. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU259/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021279.1 GI:154224718
346. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU259/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021278.1 GI:154224789
347. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU260/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021281.1 GI:154224720
348. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU260/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,129 bp 선형 mRNA	EU021280.1 GI:154224791
349. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU272/2007 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021271.1 GI:154224710
350. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU272/2007 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021270.1 GI:154224781
351. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU280/2007 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021273.1 GI:154224712
352. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU280/2007 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021272.1 GI:154224783
353. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU282/2007 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021277.1 GI:154224716
354. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU282/2007 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021276.1 GI:154224787
355. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU32/2006 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	EU021265.1 GI:154224704
361. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU46/2006 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,410 bp 선형 mRNA	EU021269.1 GI:154224708
362. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/CU46/2006 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,701 bp 선형 mRNA	EU021268.1 GI:154224779
377. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/849AM1AL3/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77837.1 GI:2992515

[0694]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
378. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/849AM2/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77833.1 GI:2992507
379. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/849AM2AL3/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77839.1 GI:2992519
380. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/849AM4/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77835.1 GI:2992511
382. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/872AM2/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77834.1 GI:2992509
383. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/872AM2AL3/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77840.1 GI:2992521
384. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/872AM4/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77836.1 GI:2992513
385. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Tottori/872K4/1994 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	U77832.1 GI:2992505
386. 인플루엔자 A 바이러스 (A/영국/26554/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501529.1 GI:21314314
387. 인플루엔자 A 바이러스 (A/영국/34300/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501527.1 GI:21314310
388. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Utah/20997/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501533.1 GI:21314322
389. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Victoria/3/75) 분절 5 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	AF072545.1 GI:4218933
390. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Vienna/47/96M (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF017270.2 GI:14286338
391. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Vienna/47/96V (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,762 bp 선형 mRNA	AF017272.2 GI:15004991
392. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Vienna/81/96V (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,069 bp 선형 mRNA	AF017271.1 GI:2407251
393. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21712/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501532.1 GI:21314320
394. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21716/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501515.1 GI:21314286
395. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21735/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501530.1 GI:21314316
396. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21743/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501524.1 GI:21314304
397. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21754/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501519.1 GI:21314294
398. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21799/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501523.1 GI:21314302
399. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21817/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501525.1 GI:21314306
400. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21822/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501520.1 GI:21314296

[0695]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
401. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21828/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501528.1 GI:21314312
402. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21833/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501517.1 GI:21314290
403. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21845/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501522.1 GI:21314300
404. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/21847/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501535.1 GI:21314326
405. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Virginia/G1/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AF501521.1 GI:21314298
406. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/508/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	755 bp 선형 mRNA	AY973339.1 GI:70673234
407. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/508/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY986999.1 GI:70728125
408. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/513/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	740 bp 선형 mRNA	AY962015.1 GI:68138187
409. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/513/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	396 bp 선형 mRNA	AY973340.1 GI:70673236
410. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/513/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987000.1 GI:70728127
411. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/515/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	511 bp 선형 mRNA	AY962010.1 GI:68138177
412. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/515/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	394 bp 선형 mRNA	AY973341.1 GI:70673238
413. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/516/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987001.1 GI:70728129
414. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/518/03 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	530 bp 선형 mRNA	AY962006.1 GI:68138169
415. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/518/03 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	397 bp 선형 mRNA	AY973342.1 GI:70673240
416. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/518/03 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987002.1 GI:70728131
417. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/538/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	777 bp 선형 mRNA	AY962002.1 GI:68138161
418. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/538/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	783 bp 선형 mRNA	AY973343.1 GI:70673242
419. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/538/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987003.1 GI:70728133
420. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/549/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	788 bp 선형 mRNA	AY962003.1 GI:68138163
421. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/549/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	779 bp 선형 mRNA	AY973344.1 GI:70673244
422. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/549/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987004.1 GI:70728135
423. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/557/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	776 bp 선형 mRNA	AY962013.1 GI:68138183
424. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/557/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	796 bp 선형 mRNA	AY973345.1 GI:70673246
425. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/557/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987005.1 GI:70728137

[0696]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
426. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/566/04 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	753 bp 선형 mRNA	AY962014.1 GI:68138185
427. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/566/04 (H3N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	808 bp 선형 mRNA	AY973346.1 GI:70673248
428. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Yilan/566/04 (H3N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	882 bp 선형 mRNA	AY987006.1 GI:70728139
429. 인플루엔자 A 바이러스 (A/zhejiang/06/99 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AY138513.1 GI:24895131
430. 인플루엔자 A 바이러스 (A/zhejiang/10/98 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AY138515.1 GI:24895149
431. 인플루엔자 A 바이러스 (A/zhejiang/11/2002 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AY138516.1 GI:24895159
432. 인플루엔자 A 바이러스 (A/zhejiang/12/99 (H3N2)) 혈구응집소-유사 (HA) mRNA, 부분 서열	987 bp 선형 mRNA	AY138514.1 GI:24895141
433. 인플루엔자 A 바이러스 (A/zhejiang/8/2002 (H3N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	987 bp 선형 mRNA	AY138519.1 GI:24895188
434. 인플루엔자 A 바이러스 H3N2 균주 A/Akita/1/94 비구조적 단백질 1 및 비구조적 단백질 2 mRNAs, 완전한 cds	840 bp 선형 mRNA	U65670.1 GI:3929405
435. 인플루엔자 A 바이러스 H3N2 균주 A/Akita/1/95 비구조적 단백질 1 및 비구조적 단백질 2 mRNAs, 완전한 cds	840 bp 선형 mRNA	U65671.1 GI:3929408
436. 인플루엔자 A 바이러스 H3N2 균주 A/시가/20/95 비구조적 단백질 1 및 비구조적 단백질 2 mRNAs, 완전한 cds	840 bp 선형 mRNA	U65673.1 GI:3929411
437. 인플루엔자 A 바이러스 H3N2 균주 A/Miyagi/69/95 비구조적 단백질 1 및 비구조적 단백질 2 mRNAs, 완전한 cds	840 bp 선형 mRNA	U65674.1 GI:3929414
438. 인플루엔자 A 바이러스 H3N2 균주 A/Hebei/19/95 비구조적 단백질 1 및 비구조적 단백질 2 mRNAs, 완전한 cds	840 bp 선형 mRNA	U65672.1 GI:6468319
A/Aichi/69/1994 (H3N2) 적혈구응집소		U48446.1
A/Bangkok/1/1979 (H3N2) 혈구응집소 (HA)		AF201843.1
A/Beijing/353/89 (H3) 혈구응집소 (HA)		U97740.1
A/Beijing/353/1989 (H3N2) 적혈구응집소		Z46391.1
A/닭/Singapore/2002 (H3N2) M2 단백질		EU014143.1
A/Christ 병원/231/82 (H3N2)) 혈구응집소 (HA)		U77830.1
A/오리/Eastern China/36/2002 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429701.1
A/오리/Eastern China/160/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429732.1
A/오리/Eastern China/848/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429721.1
A/오리/Eastern China/770/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429736.1
A/오리/Eastern China/855/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429737.1
A/오리/Eastern China/875/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429738.1
A/오리/Eastern China/901/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429739.1

[0697]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
A/오리/Eastern China/866/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429756.1
A/오리/Eastern China/857/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429761.1
A/오리/Eastern China/852/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429767.1
A/오리/Eastern China/838/2003 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429720.1
A/오리/Eastern China/6/2004 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429745.1
A/오리/Eastern China/03/2005 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429781.1
A/오리/Eastern China/02/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429769.1
A/오리/Eastern China/04/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429770.1
A/오리/Eastern China/21/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429771.1
A/오리/Eastern China/23/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429772.1
A/오리/Eastern China/31/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429773.1
A/오리/Eastern China/35/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429768.1
A/오리/Eastern China/42/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429774.1
A/오리/Eastern China/53/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429775.1
A/오리/Eastern China/60/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429776.1
A/오리/Eastern China/62/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429784.1
A/오리/Eastern China/63/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429777.1
A/오리/Eastern China/142/2006 (H3N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)		EU429742.1
A/Dunedin/4/1973 (H3N2) 혈구응집소 (HA)		AF201842.1

표 9. 인플루엔자 H5N1 항원

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
1. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/01.03/2006 (H5N1)) mRNA (비-구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503036.1 GI:147846308
2. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1 에 대한) (m1 유전자)	990 bp 선형 mRNA	AM503007.1 GI:147846250
3. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,529 bp 선형 mRNA	AM503029.1 GI:147846294

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
4. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1)) mRNA (비-구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503037.1 GI:147846310
5. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503046.1 GI:147846328
6. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503056.1 GI:147846348
7. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 2에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503067.1 GI:147846859
8. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/China/1/02 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,736 bp 선형 mRNA	DQ023145.1 GI:66775624
9. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/China/1/02 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,509 bp 선형 mRNA	DQ023146.1 GI:66775626
10. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/China/1/02 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,379 bp 선형 mRNA	DQ023147.1 GI:66775628
11. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/04/2005 (H5N1)) 매트릭스 단백질 (M) mRNA, 완전한 cds	999 bp 선형 mRNA	DQ650660.1 GI:109692767
12. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/04/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ650662.1 GI:109692771
13. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1)) 매트릭스 단백질 (M) mRNA, 완전한 cds	994 bp 선형 mRNA	DQ650664.1 GI:109692775
14. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,532 bp 선형 mRNA	DQ650666.1 GI:109692779
15. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ650667.1 GI:109692781
16. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1)) 폴리머라제 산성 단백질 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,208 bp 선형 mRNA	DQ650668.1 GI:109692783
17. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,305 bp 선형 mRNA	DQ650670.1 GI:109692787
18. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Dovolnoe/03/2005 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,015 bp 선형 mRNA	DQ676838.1 GI:108782527
20. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366327.1 GI:86753731
21. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366328.1 GI:86753741
22. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1)) PA 단백질 mRNA, 완전한 cds	2,233 bp 선형 mRNA	DQ366329.1 GI:86753751
23. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1)) 뉴클레오텍시드 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	DQ366331.1 GI:86753771
24. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선형 mRNA	DQ366333.1 GI:86753791
25. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/258/97 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,718 bp 선형 mRNA	AF057291.1 GI:3068720
26. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/258/97 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 부분 cds	1,318 bp 선형 mRNA	AF057292.1 GI:3068722
27. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/258/97 (H5N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,508 bp 선형 mRNA	AF057293.1 GI:3068724

[0700]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
28. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/728/97 (H5N1)) 혈구응집소 H5 mRNA, 완전한 cds	1,726 bp 선형 mRNA	AF082034.1 GI:4240435
29. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/786/97 (H5N1)) 혈구응집소 H5 mRNA, 완전한 cds	1,726 bp 선형 mRNA	AF082035.1 GI:4240437
30. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/915/97 (H5N1)) 혈구응집소 H5 mRNA, 완전한 cds	1,726 bp 선형 mRNA	AF082036.1 GI:4240439
31. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/990/97 (H5N1)) 혈구응집소 H5 mRNA, 부분 cds	1,091 bp 선형 mRNA	AF082037.1 GI:4240441
32. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Krasnodar/01/2006 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M) mRNA, 완전한 cds	1,002 bp 선형 mRNA	DQ676835.1 GI:108782521
33. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Krasnodar/01/2006 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ676837.1 GI:108782525
34. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,754 bp 선형 mRNA	DQ449632.1 GI:90289625
35. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M) mRNA, 완전한 cds	1,002 bp 선형 mRNA	DQ449633.1 GI:90289627
36. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,373 bp 선형 mRNA	DQ449634.1 GI:90289629
37. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,540 bp 선형 mRNA	DQ449635.1 GI:90289631
38. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ449636.1 GI:90289633
39. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 폴리머라제 산성 단백질 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,208 bp 선형 mRNA	DQ449637.1 GI:90289635
40. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,316 bp 선형 mRNA	DQ449638.1 GI:90289637
41. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Kurgan/05/2005 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,316 bp 선형 mRNA	DQ449639.1 GI:90289646
42. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Lobzenko/01/2008 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	184 bp 선형 mRNA	EU447276.1 GI:168998217
43. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Mahachkala/05/2006 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M) mRNA, 완전한 cds	1,002 bp 선형 mRNA	DQ676831.1 GI:108782513
44. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Mahachkala/05/2006 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ676833.1 GI:108782517
45. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,531 bp 선형 mRNA	AM503030.1 GI:147846296
46. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) mRNA (비구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503040.1 GI:147846316
47. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503051.1 GI:147846338

[0701]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
48. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1 에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503060.1 GI:147846845
49. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 2 에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503071.1 GI:147846867
70. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Hong Kong/3123.1/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,055 bp 선형 mRNA	DQ250158.1 GI:82412012
75. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Krasnodar/01/2006 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,754 bp 선형 mRNA	DQ676834.1 GI:108782519
78. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Krasnodar/01/2006 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,373 bp 선형 mRNA	DQ676836.2 GI:115520953
91. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Lobzenko/01/2008 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	184 bp 선형 mRNA	EU447276.1 GI:168998217
92. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Mahachkala/05/2006 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,683 bp 선형 mRNA	DQ676830.1 GI:108782511
94. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Mahachkala/05/2006 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,373 bp 선형 mRNA	DQ676832.1 GI:108782515
96. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Malaysia/01/2004 (H5N1)) neur 아미다아제 (NA) mRNA, 부분 cds	433 bp 선형 mRNA	DQ096567.1 GI:69145364
97. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,722 bp 선형 mRNA	AM503002.1 GI:147846240
98. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB13/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,329 bp 선형 mRNA	AM503020.1 GI:147846276
105. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,719 bp 선형 mRNA	AM503003.1 GI:147846242
106. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1 에 대한) (m1 유전자)	953 bp 선형 mRNA	AM503011.1 GI:147846258
107. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,343 bp 선형 mRNA	AM503025.1 GI:147846286
108. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) mRNA (비- 구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503041.1 GI:147846318
109. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503054.1 GI:147846344
110. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1 에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503061.1 GI:147846847
111. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 2 에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503072.1 GI:147846869

[0702]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
112. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/AB14/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,548 bp 선형 mRNA	AM503034.2 GI:149773117
113. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/BA210/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,342 bp 선형 mRNA	AM503022.1 GI:147846280
114. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/BA211/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,321 bp 선형 mRNA	AM503021.1 GI:147846278
115. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/BA211/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 영기 단백질 2 에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503073.1 GI:147846871
116. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,717 bp 선형 mRNA	AM503004.1 GI:147846244
117. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1 에 대한) (m1 유전자)	989 bp 선형 mRNA	AM503013.1 GI:147846262
118. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,321 bp 선형 mRNA	AM503026.1 GI:147846288
119. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) mRNA (비-구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503045.1 GI:147846326
120. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503055.1 GI:147846346
121. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 영기 단백질 1 에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503064.1 GI:147846853
122. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA4/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 영기 단백질 2 에 대한) (pb2 유전자)	2,224 bp 선형 mRNA	AM503074.1 GI:147846873
123. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA6/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,717 bp 선형 mRNA	AM502998.1 GI:147846232
124. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA6/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1 에 대한) (m1 유전자)	965 bp 선형 mRNA	AM503012.1 GI:147846260
125. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA6/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,327 bp 선형 mRNA	AM503023.1 GI:147846282
126. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA6/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,543 bp 선형 mRNA	AM503031.1 GI:147846298
127. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA6/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503052.1 GI:147846340
128. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA6/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 영기 단백질 1 에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503063.1 GI:147846851

[0703]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
129. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,710 bp 선형 mRNA	AM502999.1 GI:147846234
130. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1에 대한) (m1 유전자)	1,001 bp 선형 mRNA	AM503009.1 GI:147846254
131. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,331 bp 선형 mRNA	AM503018.1 GI:147846272
132. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,531 bp 선형 mRNA	AM503035.1 GI:147846306
133. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) mRNA (비-구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503042.1 GI:147846320
134. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503049.1 GI:147846334
135. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503057.1 GI:147846350
136. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/FA7/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 2에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503068.1 GI:147846861
137. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,714 bp 선형 mRNA	AM503001.1 GI:147846238
138. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1에 대한) (m1 유전자)	990 bp 선형 mRNA	AM503010.1 GI:147846256
139. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,332 bp 선형 mRNA	AM503024.1 GI:147846284
140. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) mRNA (비- 구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503044.1 GI:147846324
141. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503053.1 GI:147846342
142. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503059.1 GI:147846843
143. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 2에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503069.1 GI:147846863
144. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/IF10/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,550 bp 선형 mRNA	AM503033.2 GI:149773115
145. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD8/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,719 bp 선형 mRNA	AM503005.1 GI:147846246

[0704]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
146. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD8/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1에 대한) (m1 유전자)	989 bp 선형 mRNA	AM503014.1 GI:147846264
147. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (혈구응집소에 대한) (ha 유전자)	1,720 bp 선형 mRNA	AM503000.1 GI:147846236
148. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1에 대한) (m1 유전자)	988 bp 선형 mRNA	AM503015.1 GI:147846266
149. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,330 bp 선형 mRNA	AM503019.1 GI:147846274
150. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,531 bp 선형 mRNA	AM503032.1 GI:147846300
151. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) mRNA (비-구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503043.1 GI:147846322
152. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503050.1 GI:147846336
153. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 영기 단백질 1에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503058.1 GI:147846841
154. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Nigeria/OD9/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 영기 단백질 2에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503070.1 GI:147846865
155. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Scotland/59 (H5N1)) mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한)	1,768 bp 선형 mRNA	X07869.1 GI:60482
156. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/Scotland/59 (H5N1)) N1 유전자 (뉴라미니다제에 대한), 게놈 RNA	1,445 bp 선형 mRNA	AJ416625.1 GI:39840717
161. 인플루엔자 A 바이러스 (A/닭/zz/02/2004 (H5N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	DQ208502.1 GI:77158587
162. 인플루엔자 A 바이러스 (A/common coot/Switzerland/V544/2006 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) 유전자, 완전한 cds	1,707 bp 선형 mRNA	EF110519.1 GI:119394676
163. 인플루엔자 A 바이러스 (A/가정용 거위/Pavlodar/1/2005 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,735 bp 선형 mRNA	EU190482.1 GI:158516739
164. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/145/2003 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,401 bp 선형 mRNA	EU429750.1 GI:167859465
165. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/150/2003 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,407 bp 선형 mRNA	EU429731.1 GI:167859427
166. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/22/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429783.1 GI:167859531
167. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/304/2002 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429747.1 GI:167859459

[0705]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
168. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/318/2002 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,401 bp 선형 mRNA	EU429727.1 GI:167859419
169. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/37/2006 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,399 bp 선형 mRNA	EU429778.1 GI:167859521
170. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/40/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429757.1 GI:167859479
171. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/48/2006 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429779.1 GI:167859523
172. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/51/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429763.1 GI:167859491
173. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/54/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429758.1 GI:167859481
174. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/58/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429764.1 GI:167859493
175. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/59/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429759.1 GI:167859483
176. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/89/2005 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429765.1 GI:167859495
177. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/89/2006 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,399 bp 선형 mRNA	EU429785.1 GI:167859535
178. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/97/2001 (H5N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,398 bp 선형 mRNA	EU429717.1 GI:167859399
179. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/01/2002 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585504.1 GI:47156226
180. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/01/2002 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585378.1 GI:47156310
181. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/01/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,357 bp 선형 mRNA	AY585399.1 GI:47156352
182. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/01/2002 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AY585420.1 GI:47156394
183. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/01/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	686 bp 선형 mRNA	AY585441.1 GI:47156436
184. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/13/2002 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585505.1 GI:47156228

[0706]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
185. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/13/2002 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	761 bp 선형 mRNA	AY585379.1 GI:47156312
186. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/13/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,357 bp 선형 mRNA	AY585400.1 GI:47156354
187. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/13/2002 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,499 bp 선형 mRNA	AY585421.1 GI:47156396
188. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/13/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	685 bp 선형 mRNA	AY585442.1 GI:47156438
189. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/17/2001 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585506.1 GI:47156230
190. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/17/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	759 bp 선형 mRNA	AY585380.1 GI:47156314
191. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/17/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,418 bp 선형 mRNA	AY585401.1 GI:47156356
192. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/17/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585422.1 GI:47156398
193. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/17/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	686 bp 선형 mRNA	AY585443.1 GI:47156440
194. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/19/2000 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585507.1 GI:47156232
195. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/19/2000 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585381.1 GI:47156316
196. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/19/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,355 bp 선형 mRNA	AY585402.1 GI:47156358
197. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/19/2000 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585423.1 GI:47156400
198. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Fujian/19/2000 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	687 bp 선형 mRNA	AY585444.1 GI:47156442
199. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/01/2001 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585508.1 GI:47156234
200. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/01/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585382.1 GI:47156318
201. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/01/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,414 bp 선형 mRNA	AY585403.1 GI:47156360

[0707]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
202. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/01/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AY585424.1 GI:47156402
203. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/01/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	687 bp 선형 mRNA	AY585445.1 GI:47156444
204. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/07/2000 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,280 bp 선형 mRNA	AY585509.1 GI:47156236
205. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/07/2000 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	759 bp 선형 mRNA	AY585383.1 GI:47156320
206. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/07/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,417 bp 선형 mRNA	AY585404.1 GI:47156362
207. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/07/2000 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AY585425.1 GI:47156404
208. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/07/2000 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	690 bp 선형 mRNA	AY585446.1 GI:47156446
209. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/12/2000 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585510.1 GI:47156238
210. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/12/2000 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585384.1 GI:47156322
211. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/12/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,359 bp 선형 mRNA	AY585405.1 GI:47156364
212. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/12/2000 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585426.1 GI:47156406
213. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/12/2000 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	685 bp 선형 mRNA	AY585447.1 GI:47156448
214. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/22/2002 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585511.1 GI:47156240
215. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/22/2002 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585385.1 GI:47156324
216. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/22/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,412 bp 선형 mRNA	AY585406.1 GI:47156366
217. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/22/2002 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,499 bp 선형 mRNA	AY585427.1 GI:47156408
218. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/22/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	682 bp 선형 mRNA	AY585448.1 GI:47156450

[0708]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
219. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/40/2000 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585512.1 GI:47156242
220. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/40/2000 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585386.1 GI:47156326
221. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/40/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,401 bp 선형 mRNA	AY585407.1 GI:47156368
222. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/40/2000 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,499 bp 선형 mRNA	AY585428.1 GI:47156410
223. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangdong/40/2000 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	689 bp 선형 mRNA	AY585449.1 GI:47156452
224. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/07/1999 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585513.1 GI:47156244
225. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/07/1999 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585387.1 GI:47156328
226. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/07/1999 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,421 bp 선형 mRNA	AY585408.1 GI:47156370
227. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/07/1999 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,501 bp 선형 mRNA	AY585429.1 GI:47156412
228. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/07/1999 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	687 bp 선형 mRNA	AY585450.1 GI:47156454
229. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 mRNA, 완전한 cds	875 bp 선형 mRNA	DQ366342.1 GI:86753723
230. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366335.1 GI:86753733
231. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366336.1 GI:86753743
232. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) PA 단백질 mRNA, 완전한 cds	2,233 bp 선형 mRNA	DQ366337.1 GI:86753753
233. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,776 bp 선형 mRNA	DQ366338.1 GI:86753763
234. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 뉴클레오프시드 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	DQ366339.1 GI:86753773
235. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,378 bp 선형 mRNA	DQ366340.1 GI:86753783

[0709]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
236. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/13/2004 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선행 mRNA	DQ366341.1 GI:86753793
237. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/22/2001 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선행 mRNA	AY585514.1 GI:47156246
238. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/22/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 cds	757 bp 선행 mRNA	AY585388.1 GI:47156330
239. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/22/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,414 bp 선행 mRNA	AY585409.1 GI:47156372
240. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/22/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선행 mRNA	AY585430.1 GI:47156414
241. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/22/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	687 bp 선행 mRNA	AY585451.1 GI:47156456
242. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/35/2001 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선행 mRNA	AY585515.1 GI:47156248
243. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/35/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선행 mRNA	AY585389.1 GI:47156332
244. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/35/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,414 bp 선행 mRNA	AY585410.1 GI:47156374
245. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/35/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선행 mRNA	AY585431.1 GI:47156416
246. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/35/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	685 bp 선행 mRNA	AY585452.1 GI:47156458
247. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/50/2001 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선행 mRNA	AY585516.1 GI:47156250
248. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/50/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선행 mRNA	AY585398.1 GI:47156350
249. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/50/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,354 bp 선행 mRNA	AY585411.1 GI:47156376
250. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/50/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선행 mRNA	AY585432.1 GI:47156418
251. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/50/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	686 bp 선행 mRNA	AY585453.1 GI:47156460
252. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/53/2002 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선행 mRNA	AY585517.1 GI:47156252

[0710]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
253. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/53/2002 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585390.1 GI:47156334
254. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/53/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,361 bp 선형 mRNA	AY585412.1 GI:47156378
255. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/53/2002 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585433.1 GI:47156420
256. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Guangxi/53/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	687 bp 선형 mRNA	AY585454.1 GI:47156462
257. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,754 bp 선형 mRNA	DQ449640.1 GI:90289674
258. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M) mRNA, 완전한 cds	1,002 bp 선형 mRNA	DQ449641.1 GI:90289689
259. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,373 bp 선형 mRNA	DQ449642.1 GI:90289708
260. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,540 bp 선형 mRNA	DQ449643.1 GI:90289731
261. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ449644.1 GI:90289739
262. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 폴리머라제 산성 단백질 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,208 bp 선형 mRNA	DQ449645.1 GI:90289756
263. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,316 bp 선형 mRNA	DQ449646.1 GI:90289774
264. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,316 bp 선형 mRNA	DQ449647.1 GI:90289783
266. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/08/2001 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585518.1 GI:47156254
267. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/08/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585391.1 GI:47156336
268. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/08/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,357 bp 선형 mRNA	AY585413.1 GI:47156380
269. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/08/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585434.1 GI:47156422
270. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/08/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	685 bp 선형 mRNA	AY585455.1 GI:47156464

[0711]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
271. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/13/2001 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585519.1 GI:47156256
272. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/13/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585392.1 GI:47156338
273. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/13/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,417 bp 선형 mRNA	AY585414.1 GI:47156382
274. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/13/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,499 bp 선형 mRNA	AY585435.1 GI:47156424
275. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/13/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	685 bp 선형 mRNA	AY585456.1 GI:47156466
276. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/35/2002 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585520.1 GI:47156258
277. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/35/2002 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585393.1 GI:47156340
278. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/35/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,363 bp 선형 mRNA	AY585415.1 GI:47156384
279. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/35/2002 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585436.1 GI:47156426
280. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/35/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	685 bp 선형 mRNA	AY585457.1 GI:47156468
281. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/37/2002 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585521.1 GI:47156260
282. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/37/2002 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585394.1 GI:47156342
283. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/37/2002 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,361 bp 선형 mRNA	AY585416.1 GI:47156386
284. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/37/2002 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AY585437.1 GI:47156428
285. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/37/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	685 bp 선형 mRNA	AY585458.1 GI:47156470
286. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/38/2001 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,282 bp 선형 mRNA	AY585522.1 GI:47156262
287. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/38/2001 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585395.1 GI:47156344

[0712]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
288. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/38/2001 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,355 bp 선형 mRNA	AY585417.1 GI:47156388
289. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/38/2001 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,499 bp 선형 mRNA	AY585438.1 GI:47156430
290. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Shanghai/38/2001 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	692 bp 선형 mRNA	AY585459.1 GI:47156472
291. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Sheyang/1/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	875 bp 선형 mRNA	DQ354059.1 GI:87128643
292. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Tuva/01/2006 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,748 bp 선형 mRNA	DQ861291.1 GI:112820195
293. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Tuva/01/2006 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M1) mRNA, 완전한 cds	991 bp 선형 mRNA	DQ861292.1 GI:112820197
294. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Tuva/01/2006 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,364 bp 선형 mRNA	DQ861293.1 GI:112820199
295. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Tuva/01/2006 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,531 bp 선형 mRNA	DQ861294.1 GI:112820201
296. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Tuva/01/2006 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	842 bp 선형 mRNA	DQ861295.1 GI:112820203
297. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 mRNA, 완전한 cds	890 bp 선형 mRNA	DQ366310.1 GI:86753715
298. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366303.1 GI:86753725
299. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366304.1 GI:86753735
300. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) PA 단백질 mRNA, 완전한 cds	2,233 bp 선형 mRNA	DQ366305.1 GI:86753745
301. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,779 bp 선형 mRNA	DQ366306.1 GI:86753755
302. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 뉴클레오텍시드 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	DQ366307.1 GI:86753765
303. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,401 bp 선형 mRNA	DQ366308.1 GI:86753775
304. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/1/2005 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선형 mRNA	DQ366309.1 GI:86753785
305. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 mRNA, 완전한 cds	890 bp 선형 mRNA	DQ366326.1 GI:86753719
306. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366319.1 GI:86753729
307. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366320.1 GI:86753739

[0713]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
308. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) PA 단백질 mRNA, 완전한 cds	2,233 bp 선형 mRNA	DQ366321.1 GI:86753749
309. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,779 bp 선형 mRNA	DQ366322.1 GI:86753759
310. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 뉴클레오펙시드 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	DQ366323.1 GI:86753769
311. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,401 bp 선형 mRNA	DQ366324.1 GI:86753779
312. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Vietnam/8/05 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선형 mRNA	DQ366325.1 GI:86753789
313. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Yangzhou/232/2004 (H5N1)) 비기능성 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 서열	876 bp 선형 mRNA	DQ354060.1 GI:87128645
314. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/11/2000 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585523.1 GI:47156264
315. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/11/2000 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585396.1 GI:47156346
316. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/11/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,352 bp 선형 mRNA	AY585418.1 GI:47156390
317. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/11/2000 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,498 bp 선형 mRNA	AY585439.1 GI:47156432
318. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/11/2000 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	687 bp 선형 mRNA	AY585460.1 GI:47156474
319. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/52/2000 (H5N1)) 폴리머라제 영기 단백질 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,281 bp 선형 mRNA	AY585524.1 GI:47156266
320. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/52/2000 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	760 bp 선형 mRNA	AY585397.1 GI:47156348
321. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/52/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,423 bp 선형 mRNA	AY585419.1 GI:47156392
322. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/52/2000 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,499 bp 선형 mRNA	AY585440.1 GI:47156434
323. 인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Zhejiang/52/2000 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	686 bp 선형 mRNA	AY585461.1 GI:47156476
324. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Egypt/0636-NAMRU3/2007 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,749 bp 선형 mRNA	EF382359.1 GI:124244205
325. 인플루엔자 A 바이러스 (A/goosander/Switzerland/V82/06 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) 유전자, 완전한 cds	1,707 bp 선형 mRNA	EF110518.1 GI:119394674
326. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Guangdong/1/96/ (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,707 bp 선형 mRNA	AF148678.1 GI:5007022

[0714]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
327. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Huadong/1/2000 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,779 bp 선형 mRNA	DQ201829.1 GI:76786306
328. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Huadong/1/2000 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	DQ201830.1 GI:76786308
329. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 (PB1) mRNA, 부분 cds	2,287 bp 선형 mRNA	EF446768.1 GI:126428373
330. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 (PB2) mRNA, 부분 cds	2,274 bp 선형 mRNA	EF446769.1 GI:126428375
331. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PA (PA) mRNA, 완전한 cds	2,175 bp 선형 mRNA	EF446770.1 GI:126428377
332. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,735 bp 선형 mRNA	EF446771.1 GI:126428379
333. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 뉴클레오타이드 단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,473 bp 선형 mRNA	EF446772.1 GI:126428381
334. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,311 bp 선형 mRNA	EF446773.1 GI:126428383
335. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M1) mRNA, 부분 cds	971 bp 선형 mRNA	EF446774.1 GI:126428385
336. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/2823/2/2007 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 부분 cds	795 bp 선형 mRNA	EF446775.1 GI:126428387
337. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 (PB1) mRNA, 부분 cds	2,277 bp 선형 mRNA	EF446776.1 GI:126428389
338. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 (PB2) mRNA, 부분 cds	2,274 bp 선형 mRNA	EF446777.1 GI:126428391
339. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PA (PA) mRNA, 부분 cds	2,163 bp 선형 mRNA	EF446778.1 GI:126428393
340. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,722 bp 선형 mRNA	EF446779.1 GI:126428395
341. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 뉴클레오타이드 단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,463 bp 선형 mRNA	EF446780.1 GI:126428397
342. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,289 bp 선형 mRNA	EF446781.1 GI:126428399
343. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 매트릭스 단백질 1 (M1) mRNA, 부분 cds	955 bp 선형 mRNA	EF446782.1 GI:126428401

[0715]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
344. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Hungary/3413/2007 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	805 bp 선형 mRNA	EF446783.1 GI:126428403
345. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/jiangsu/131/2002 (H5N1)) 비기능성 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 서열	877 bp 선형 mRNA	DQ354061.1 GI:87128646
346. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Jiangsu/220/2003 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	875 bp 선형 mRNA	DQ354062.1 GI:87128647
347. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Krasnoozherka/627/2005 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 완전한 cds	1,754 bp 선형 mRNA	DQ676840.1 GI:108782531
348. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Krasnoozherka/627/2005 (H5N1)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,530 bp 선형 mRNA	DQ676841.1 GI:108782533
349. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Krasnoozherka/627/2005 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	850 bp 선형 mRNA	DQ676842.1 GI:108782535
350. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 mRNA, 완전한 cds	890 bp 선형 mRNA	DQ366318.1 GI:86753717
351. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366311.1 GI:86753727
352. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 mRNA, 완전한 cds	2,341 bp 선형 mRNA	DQ366312.1 GI:86753737
353. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) PA 단백질 mRNA, 완전한 cds	2,233 bp 선형 mRNA	DQ366313.1 GI:86753747
354. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,779 bp 선형 mRNA	DQ366314.1 GI:86753757
355. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 뉴클레오펙시드 mRNA, 완전한 cds	1,565 bp 선형 mRNA	DQ366315.1 GI:86753767
356. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,401 bp 선형 mRNA	DQ366316.1 GI:86753777
357. 인플루엔자 A 바이러스 (A/거위/Vietnam/3/05 (H5N1)) 매트릭스 단백질 mRNA, 완전한 cds	1,027 bp 선형 mRNA	DQ366317.1 GI:86753787
358. 인플루엔자 A 바이러스 (A/갈매기/Pennsylvania/4175/83 (H5N1)) 혈구응집소 H5 mRNA, 부분 cds	1,700 bp 선형 mRNA	AF082043.1 GI:4240453
360. 인플루엔자 A 바이러스 (A/HongKong/156/97 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,388 bp 선형 mRNA	AF028708.1 GI:2865377
361. 인플루엔자 A 바이러스 (A/HongKong/156/97 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,741 bp 선형 mRNA	AF028709.1 GI:2865379
362. 인플루엔자 A 바이러스 (A/HongKong/156/97 (H5N1)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,549 bp 선형 mRNA	AF028710.1 GI:2865381
363. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,451 bp 선형 mRNA	AM503028.1 GI:147846292
364. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/1/2006 (H5N1)) mRNA (비- 구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503038.1 GI:147846312
365. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503047.1 GI:147846330

[0716]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
366. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/1/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1 에 대한) (pb1 유전자)	1,686 bp 선형 mRNA	AM503065.1 GI:147846855
367. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (매트릭스 단백질 1 에 대한) (m1 유전자)	977 bp 선형 mRNA	AM503006.1 GI:147846248
368. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (뉴라미니다제에 대한) (na 유전자)	1,336 bp 선형 mRNA	AM503017.1 GI:147846270
369. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	1,499 bp 선형 mRNA	AM503027.1 GI:147846290
370. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) mRNA (비-구조적 단백질에 대한) (ns 유전자)	827 bp 선형 mRNA	AM503039.1 GI:147846314
371. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제에 대한) (pa 유전자)	2,169 bp 선형 mRNA	AM503048.1 GI:147846332
372. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 1 에 대한) (pb1 유전자)	2,259 bp 선형 mRNA	AM503062.1 GI:147846849
373. 인플루엔자 A 바이러스 (A/hooded vulture/Burkina Faso/2/2006 (H5N1)) 부분 mRNA (폴리머라제 염기 단백질 2 에 대한) (pb2 유전자)	2,315 bp 선형 mRNA	AM503066.1 GI:147846857
374. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC177/2005 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014135.1 GI:151336850
375. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC298/2005 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014138.1 GI:151336856
376. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC485/2006 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014136.1 GI:151336852
377. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC530/2006 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014134.1 GI:151336848
378. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC535/2006 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014133.1 GI:151336846
379. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC540/2006 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014132.1 GI:151336844
380. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC561/2006 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014137.1 GI:151336854
381. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Indonesia/CDC60/2005 (H5N1)) M2 단백질 mRNA, 완전한 cds	294 bp 선형 mRNA	EU014139.1 GI:151336858
382. 인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Wisconsin/428/75 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 부분 cds	996 bp 선형 mRNA	U79453.1 GI:1840071

[0717]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
383. 인플루엔자 A 바이러스 (A/타조/VRLCU/Egypt/2011 (H5N1)) 분절 4 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	441 bp 선형 mRNA	JN157759.1 GI:338223304
384. 인플루엔자 A 바이러스 (A/매추라기/yunnan/092/2002 (H5N1)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	875 bp 선형 mRNA	DQ354063.1 GI:87128649
385. 인플루엔자 A 바이러스 (A/R (칠면조/Ontario/7732/66-Bellamy/42) (H5N1)) HA mRNA (혈구응집소에 대한), 부분 cds	1,472 bp 선형 mRNA	AB241613.1 GI:82581222
386. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/LFPN- 2004/2004 (H5N1)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,350 bp 선형 mRNA	AY679513.1 GI:50843945
387. 인플루엔자 A 바이러스 (A/Thailand/LFPN- 2004/2004 (H5N1)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,704 bp 선형 mRNA	AY679514.1 GI:50843949
388. 인플루엔자 A 바이러스 (A/tiger/Thailand/CU-T4/04 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 부분 cds	534 bp 선형 mRNA	DQ017251.1 GI:65329524
389. 인플루엔자 A 바이러스 (A/tiger/Thailand/CU-T5/04 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 부분 cds	582 bp 선형 mRNA	DQ017252.1 GI:65329536
390. 인플루엔자 A 바이러스 (A/tiger/Thailand/CU-T6/04 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 부분 cds	564 bp 선형 mRNA	DQ017253.1 GI:65329553
391. 인플루엔자 A 바이러스 (A/tiger/Thailand/CU-T8/04 (H5N1)) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2) mRNA, 부분 cds	582 bp 선형 mRNA	DQ017254.1 GI:65329568
392. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	1,695 bp 선형 mRNA	EF441263.1 GI:129307104
393. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 매트릭스 단백질 (M) mRNA, 부분 cds	943 bp 선형 mRNA	EF441264.1 GI:129307106
394. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 비구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	812 bp 선형 mRNA	EF441265.1 GI:129307109
395. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PA (PA) mRNA, 완전한 cds	2,185 bp 선형 mRNA	EF441266.1 GI:129307111
396. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PB2 (PB2) mRNA, 부분 cds	2,272 bp 선형 mRNA	EF441267.1 GI:129307113
397. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 뉴클레오타이드 (NP) mRNA, 부분 cds	1,396 bp 선형 mRNA	EF441268.1 GI:129307115
398. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 폴리머라제 PB1 (PB1) mRNA, 부분 cds	2,288 bp 선형 mRNA	EF441269.1 GI:129307117
399. 인플루엔자 A 바이러스 (A/칠면조/England/250/2007 (H5N1)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 부분 cds	1,276 bp 선형 mRNA	EF441270.1 GI:129307119
A/닭/Burkina Faso/13.1/2006 (H5N1) 뉴라미니다제 (NA)		AM503016.1
A/닭/Crimea/04/2005 (H5N1) 뉴라미니다제 (NA)		DQ650661.1

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
A/닭/Crimea/04/2005 (H5N1) 혈구응집소		DQ650659.1
A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1)		DQ650669.1
A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1) 뉴라미니다제 (NA)		DQ650665.1
A/닭/Crimea/08/2005 (H5N1) 혈구응집소 (HA)		DQ650663.1
A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1) 비구조적 단백질 1		DQ366334.1
A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1) 뉴라미니다제		DQ366332.1
A/닭/Guangxi/12/2004 (H5N1) 혈구응집소		DQ366330.1
A/오리/Kurgan/08/2005 (H5N1) 핵단백질 (NP)		DQ449643.1

표 10. 다른 인플루엔자 A 항원 (H1N*, H2N*, H3N*)

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
H1N*		
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Hong Kong/193/1977 (H1N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,402 bp 선형 mRNA	U49097.1 GI:1912392
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Hong Kong/193/1977 (H1N2)) 폴리머라제 (PB1) mRNA, 부분 cds	258 bp 선형 mRNA	U48285.1 GI:1912374
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/2/2002 (H1N2)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1 에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2 에 대한), 게놈 RNA	795 bp 선형 mRNA	AJ519455.1 GI:31096426
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/3/02 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489497.1 GI:27526856
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/3/02 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489488.1 GI:27526838
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/5/02 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489498.1 GI:27526858
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/5/02 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489489.1 GI:27526840
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/57/02 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489499.1 GI:27526860
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/57/02 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489492.1 GI:27526846
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/691/01 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489496.1 GI:27526854
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/73/02 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489500.1 GI:27526862
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/73/02 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489493.1 GI:27526848
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/90/02 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489501.1 GI:27526864
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/90/02 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489490.1 GI:27526842
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/97/02 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489502.1 GI:27526866
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/97/02 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489491.1 GI:27526844
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/627/01 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489494.1 GI:27526850

[0720]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/627/01 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489485.1 GI:27526832
인플루엔자 A 바이러스 (A/England/691/01 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489487.1 GI:27526836
인플루엔자 A 바이러스 (A/Egypt/96/2002 (H1N2)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1 에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2 에 대한), 게놈 RNA	747 bp 선형 mRNA	AJ519457.1 GI:31096432
인플루엔자 A 바이러스 (A/Israel/6/2002 (H1N2)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1 에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2 에 대한), 게놈 RNA	773 bp 선형 mRNA	AJ519456.1 GI:31096429
인플루엔자 A 바이러스 (A/Saudi Arabia/2231/2001 (H1N2)) 부분 NS1 유전자 (비구조적 단백질 1 에 대한) 및 부분 NS2 유전자 (비구조적 단백질 2 에 대한), 게놈 RNA	772 bp 선형 mRNA	AJ519453.1 GI:31096420
인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/122/01 (H1N2)) 부분 mRNA (핵단백질에 대한) (np 유전자)	384 bp 선형 mRNA	AJ489495.1 GI:27526852
인플루엔자 A 바이러스 (A/Scotland/122/01 (H1N2)) 부분 mRNA (폴리머라제 하위단위 2 에 대한) (pb2 유전자)	442 bp 선형 mRNA	AJ489486.1 GI:27526834
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Bakum/1832/2000 (H1N2)) 혈구응집소 (HA) mRNA, 부분 cds	832 bp 선형 mRNA	AY861443.1 GI:57791765
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Bakum/1832/2000 (H1N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 부분 cds	467 bp 선형 mRNA	AY870645.1 GI:58042754
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0040/2007 (H1N2)) 분절 4 부분 mRNA	1,039 bp 선형 mRNA	AM503547.1 GI:225578611
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Cotes d'Armor/0136_17/2006 (H1N2)) 부분 mRNA (적혈구응집소 전구체에 대한) (HA1 유전자)	1,136 bp 선형 mRNA	AM490224.3 GI:222062921
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/72685/96 (H1N2)) 적혈구응집소 전구체, mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF085417.1 GI:3831770
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/17394/96 (H1N2)) 적혈구응집소 전구체, mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF085416.1 GI:3831768
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/690421/95 (H1N2)) 적혈구응집소 전구체, mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF085415.1 GI:3831766
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/438207/94 (H1N2)) 적혈구응집소 전구체, mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF085414.1 GI:3831764
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,427 bp 선형 mRNA	AY129157.1 GI:24286064
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 매트릭스 단백질 (M) mRNA, 완전한 cds	952 bp 선형 mRNA	AY129158.1 GI:24286066
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 핵단백질 (NP) mRNA, 완전한 cds	1,542 bp 선형 mRNA	AY129159.1 GI:24286069
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 비구조적 단백질 (NS) mRNA, 완전한 cds	842 bp 선형 mRNA	AY129160.1 GI:24286081
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 폴리머라제 산성 단백질 2 (PA) mRNA, 완전한 cds	2,165 bp 선형 mRNA	AY129161.1 GI:24286087
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 폴리머라제 하위단위 1 (PB1) mRNA, 완전한 cds	2,274 bp 선형 mRNA	AY129162.1 GI:24286096
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Korea/CY02/02 (H1N2)) 폴리머라제 하위단위 2 (PB2) mRNA, 완전한 cds	2,334 bp 선형 mRNA	AY129163.1 GI:24286100

[0721]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Scotland/410440/94 (H1N2)) 적혈구응집소 전구체, mRNA, 완전한 cds	1,778 bp 선형 mRNA	AF085413.1 GI:3831762
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/Spain/80598-LP4/2007 (H1N2)) 매트릭스 단백질 2 (M2) mRNA, 부분 cds	291 bp 선형 mRNA	EU305436.1 GI:168830657
인플루엔자 A 바이러스 (A/Switzerland/3100/2002 (H1N2)) 부분 HA 유전자 (적혈구응집소에 대한), 게놈 RNA	975 bp 선형 mRNA	AJ517813.1 GI:38422519
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Hong Kong/717/1979 (H1N3)) 핵단백질 (NP) mRNA, 부분 cds	1,387 bp 선형 mRNA	U49095.1 GI:1912388
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Hong Kong/717/1979 (H1N3)) 폴리머라제 (PB1) mRNA, 부분 cds	265 bp 선형 mRNA	U48281.1 GI:1912366
인플루엔자 A 바이러스 (A/재갈매기/New Jersey/780/86 (H1N3)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	971 bp 선형 mRNA	AY664422.1 GI:51011826
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/42/77 (H1N6)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	997 bp 선형 mRNA	AY664426.1 GI:51011830
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/191973/92 (H1N7)) 매트릭스 단백질 M1 mRNA, 완전한 cds	1,020 bp 선형 mRNA	U85985.1 GI:1835733
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/191973/92 (H1N7)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,524 bp 선형 mRNA	U85987.1 GI:1835737
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/191973/92 (H1N7)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	U85988.1 GI:1835739
인플루엔자 A 바이러스 (A/돼지/England/191973/92 (H1N7)) 적혈구응집소 HA mRNA, 부분 cds	1,698 bp 선형 mRNA	U85986.1 GI:1835735
H2N*		
인플루엔자 A 바이러스 (A/꼬까도요/Delaware/81/93 (H2N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	917 bp 선형 mRNA	AY664465.1 GI:51011869
인플루엔자 A 바이러스 (A/꼬까도요/Delaware/34/93 (H2N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	968 bp 선형 mRNA	AY664429.1 GI:51011833
인플루엔자 A 바이러스 (A/물떼새/Delaware/122/97 (H2N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	925 bp 선형 mRNA	AY664466.1 GI:51011870
인플루엔자 A 바이러스 (A/물떼새/Delaware/138/97 (H2N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	958 bp 선형 mRNA	AY664454.1 GI:51011858
인플루엔자 A 바이러스 (A/물떼새/Delaware/111/97 (H2N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	958 bp 선형 mRNA	AY664457.1 GI:51011861
인플루엔자 A 바이러스 (A/물떼새/Delaware/24/98 (H2N1)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	979 bp 선형 mRNA	AY664442.1 GI:51011846
인플루엔자 바이러스 유형 A/Leningrad/134/17/57 (H2N2) PA RNA, 완전한 cds	2,233 bp 선형 mRNA	M81579.1 GI:324935
인플루엔자 A 바이러스 (균주 A/MALLARD/New YORK/6750/78) 부분 mRNA (PA 단백질에 대한)	2,151 bp 선형 mRNA	AJ243994.1 GI:5918195
인플루엔자 A 바이러스 (A/X-7 (F1)/ (H2N2)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,467 bp 선형 mRNA	M11205.1 GI:323969
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/77/77 (H2N3)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	1,009 bp 선형 mRNA	AY664425.1 GI:51011829
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/226/98 (H2N3)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	968 bp 선형 mRNA	AY664447.1 GI:51011851
인플루엔자 A 바이러스 (A/새발가락도요새/New Jersey/766/86 (H2N7)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	846 bp 선형 mRNA	AY664477.1 GI:51011881
인플루엔자 A 바이러스 (A/붉은부리갈매기/New Jersey/798/86 (H2N7)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	907 bp 선형 mRNA	AY664471.1 GI:51011875

[0722]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/재갈매기/Delaware/471/1986 (H2N7)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	960 bp 선형 mRNA	AY664440.1 GI:51011844
인플루엔자 A 바이러스 (A/꼬까도요/Delaware/142/98 (H2N8)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	1,011 bp 선형 mRNA	AY664423.1 GI:51011827
인플루엔자 A 바이러스 (A/고방오리/Alberta/293/77 (H2N9)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	906 bp 선형 mRNA	AY664473.1 GI:51011877
인플루엔자 A 바이러스 (A/푸른날개쇠오리/Alberta/16/97 (H2N9)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	961 bp 선형 mRNA	AY664449.1 GI:51011853
인플루엔자 A 바이러스 (A/붉은부리갈매기/New Jersey/75/85 (H2N9)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	952 bp 선형 mRNA	AY664437.1 GI:51011841
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/205/98 (H2N9)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	959 bp 선형 mRNA	AY664450.1 GI:51011854
H3N*		
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/267/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429755.1 GI:167859475
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/253/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429754.1 GI:167859473
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/252/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429753.1 GI:167859471
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/243/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429752.1 GI:167859469
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/262/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429734.1 GI:167859433
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/233/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,459 bp 선형 mRNA	EU429733.1 GI:167859431
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/213/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429723.1 GI:167859411
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/341/2003 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429719.1 GI:167859403
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/01/2002 (H3N1)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,458 bp 선형 mRNA	EU429718.1 GI:167859401
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/22/76 (H3N6)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	1,013 bp 선형 mRNA	AY664434.1 GI:51011838
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/199/99 (H3N6)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	970 bp 선형 mRNA	AY664443.1 GI:51011847
인플루엔자 A 바이러스 (A/물떼새/Delaware/222/97 (H3N6)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	922 bp 선형 mRNA	AY664461.1 GI:51011865
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Hokkaido/8/80 (H3N8)) 혈구응집소 전구체, mRNA, 부분 cds	984 bp 선형 mRNA	AF079570.1 GI:3414978
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Hokkaido/8/80 (H3N8)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AF079571.1 GI:3414980

[0723]

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Ukraine/1/1963 (H3N8)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,461 bp 선형 mRNA	EU429797.1 GI:167859559
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/19/2004 (H3N8)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,460 bp 선형 mRNA	EU429698.1 GI:167859361
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/90/2004 (H3N8)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,460 bp 선형 mRNA	EU429700.1 GI:167859365
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/18/2005 (H3N8)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,460 bp 선형 mRNA	EU429787.1 GI:167859539
인플루엔자 A 바이러스 (A/오리/Eastern China/119/2005 (H3N8)) 분절 6 뉴라미니다제 (NA) mRNA, 완전한 cds	1,460 bp 선형 mRNA	EU429788.1 GI:167859541
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Argentina/1/96 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197246.1 GI:6651512
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Argentina/2/94 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197245.1 GI:6651510
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Argentina/1/95 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197244.1 GI:6651508
인플루엔자 A 바이러스 HA 부분 유전자 (적혈구응집소에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/말/Berlin/3/89 (H3N8)	1,026 bp 선형 mRNA	AJ223194.1 GI:2780201
인플루엔자 A 바이러스 HA 부분 유전자 (적혈구응집소에 대한), 게놈 RNA, 균주 A/말/Berlin/4/89 (H3N8)	1,006 bp 선형 mRNA	AJ223195.1 GI:2780203
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Florida/1/94 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197242.1 GI:6651504
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Grobois/1/98 (H3N8)) 비구조적 단백질 NS1 mRNA, 완전한 cds	695 bp 선형 mRNA	AY328471.1 GI:32966577
인플루엔자 A 바이러스 (A/에퀴 2/Gotland/01 (H3N8)) 혈구응집소 HA1 하위단위 mRNA, 부분 cds	473 bp 선형 mRNA	AY919314.1 GI:60250543
인플루엔자 A 바이러스 (A/eq/Kentucky/81 (H3N8)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,763 bp 선형 mRNA	U58195.1 GI:1377873
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Kentucky/9/95 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197247.1 GI:6651514
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Kentucky/1/96 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197248.1 GI:6651516
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Kentucky/1/97 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197249.1 GI:6651518
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Kentucky/1/98 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197241.1 GI:6651502
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Santiago/85 (H3N8)) 핵단백질 mRNA, 완전한 cds	1,497 bp 선형 mRNA	AY383753.1 GI:37223511
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Santiago/85 (H3N8)) 혈구응집소 mRNA, 완전한 cds	1,698 bp 선형 mRNA	AY383755.1 GI:37223515
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Santiago/85 (H3N8)) 뉴라미니다제 mRNA, 완전한 cds	1,413 bp 선형 mRNA	AY383754.1 GI:37223513
인플루엔자 A 바이러스 (A/말/Saskatoon/1/90 (H3N8)) 혈구응집소 전구체 (HA1) mRNA, 부분 cds	1,061 bp 선형 mRNA	AF197243.1 GI:6651506
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/114/97 (H3N8)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	1,010 bp 선형 mRNA	AY664432.1 GI:51011836
인플루엔자 A 바이러스 (A/청둥오리/Alberta/167/98 (H3N8)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	961 bp 선형 mRNA	AY664489.1 GI:51011893
인플루엔자 A 바이러스 (A/고방오리/Alberta/37/99 (H3N8)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	970 bp 선형 mRNA	AY664445.1 GI:51011849

균주/단백질	길이	유전자은행 / GI 수탁 번호
인플루엔자 A 바이러스 (A/세발가락도요새/Delaware/65/99 (H3N8)) 비기능성 매트릭스 단백질 mRNA, 부분 서열	922 bp 선형 mRNA	AY664455.1 GI:51011859

표 11. 다른 인플루엔자 A 항원 (H4N*-H13N*)

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/Singapore/1992 (H4N1) M2 단백질	EU014144.1
A/청둥오리/Alberta/47/98 (H4N1) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664488.1
A/오리/Hong Kong/412/1978 (H4N2) 폴리머라제 (PB1)	U48279.1
A/청둥오리/Alberta/300/77 (H4N3) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664480.1
A/오리/Czechoslovakia/56 (H4N6) 분절 4 혈구응집소	AF290436.1
A/오리/Eastern China/376/2004 (H4N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429792.1
A/오리/Eastern China/01/2007 (H4N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429790.1
A/오리/Eastern China/216/2007 (H4N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429789.1
A/오리/Eastern China/166/2004 (H4N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429746.1
A/오리/Eastern China/02/2003 (H4N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429713.1
A/오리/Eastern China/160/2002 (H4N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429706.1
A/청둥오리/Alberta/111/99 (H4N6) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664482.1
A/청둥오리/Alberta/213/99 (H4N6) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664460.1
A/청둥오리/Alberta/30/98 (H4N6) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664484.1
A/푸른날개쇠오리/Alberta/96/76 (H4N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664420.1
A/닭/Florida/25717/1993 (H5N2) 혈구응집소	U05332.1
A/닭/Hidalgo/26654-1368/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37172.1
A/닭/Jalisco/14585-660/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37181.1
A/닭/Mexico/26654-1374/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37173.1
A/닭/Mexico/31381-3/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37176.1
A/닭/Mexico/31381-6/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37175.1
A/닭/Mexico/31381-4/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37174.1
A/닭/Mexico/31381-5/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37169.1
A/닭/Mexico/31381-8/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37170.1
A/닭/Mexico/31381-Avilab/94 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	L46585.1
A/닭/Mexico/31382-1/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37168.1
A/닭/Mexico/31381-2/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37167.1
A/닭/Mexico/31381-1/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37166.1
A/닭/Mexico/31381-7/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37165.1
A/닭/Pennsylvania/13609/1993 (H5N2) 혈구응집소	U05331.1
A/닭/Pennsylvania/1/1983 (H5N2) 혈구응집소 에스테라제 전구체	M18001.1
A/닭/Pennsylvania/1370/1983 (H5N2) 혈구응집소 에스테라제 전구체	M10243.1
A/닭/Puebla/8623-607/94 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	L46586.1
A/닭/Puebla/14586-654/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37180.1
A/닭/Puebla/14585-622/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37179.1
A/닭/Puebla/8623-607/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37178.1
A/닭/Puebla/8624-604/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37177.1

[0726]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/Queretaro/14588-19/95 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	L46587.1
A/닭/Queretaro/7653-20/95 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U79448.1
A/닭/Queretaro/26654-1373/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37171.1
A/닭/Queretaro/14588-19/1994 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	U37182.1
A/닭/Singapore/98 (H5N2) 매트릭스 단백질 2 (M2)	EF682127.1
A/닭/Taiwan/1209/03 (H5N2) 혈구응집소 단백질 (HA)	AY573917.1
A/닭/Taiwan/1209/03 (H5N2) 뉴라미니다제	AY573918.1
A/오리/Eastern China/64/2004 (H5N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429791.1
A/오리/Eastern China/264/2002 (H5N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429744.1
A/오리/Eastern China/01/2001 (H5N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429728.1
A/오리/Eastern China/06/2000 (H5N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429722.1
A/오리/Hong Kong/342/78 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107452.1
A/오리/Hong Kong/342/78 (H5N2) 혈구응집소 전구체	U20475.1
A/오리/Michigan/80 (H5N2) 혈구응집소 1 사슬	U20474.1
A/오리/Michigan/80 (H5N2) 혈구응집소	U79449.1
A/오리/MN/1564/81 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107467.1
A/오리/Mongolia/54/2001 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	AB241614.2
A/오리/Primorie/2621/01 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	AJ621811.3
A/오리/Primorie/2621/01 (H5N2) 핵단백질 (NP)	AJ621812.1
A/오리/Primorie/2621/01 (H5N2) 비구조적 단백질 (NS)	AJ621813.1
A/오리/Pennsylvania/84 (H5N2) 혈구응집소 lchain	U20473.1
A/오리/Potsdam/1402-6/86 (H5N2) 혈구응집소 H5	AF082042.1
A/emu/Texas/39442/93 (H5N2) hemagglutinin	U28920.1
A/emu/Texas/39442/93 (H5N2) hemagglutinin	U28919.1
A/청둥오리/Alberta/645/80 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107471.1
A/청둥오리/AR/1C/2001 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107463.1
A/청둥오리/NY/189/82 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107465.1
A/청둥오리/MN/25/80 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107473.1
A/청둥오리/MI/18/80 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107470.1
A/청둥오리/Ohio/345/88 (H5N2) 혈구응집소	U79450.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2)	DQ256390.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 폴리머라제 염기 단백질 1 (PB1)	DQ256389.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 매트릭스 단백질 (M)	DQ256384.2
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 혈구응집소 (HA)	DQ256383.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 뉴라미니다제 (NA)	DQ256385.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 폴리머라제 염기 단백질 2 (PB2)	DQ256390.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 핵단백질 (NP)	DQ256386.1
A/앵무새/CA/6032/04 (H5N2) 폴리머라제 (PA)	DQ256388.1
A/꼬까도요/Delaware/244/91 (H5N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664474.1
A/꼬까도요/Delaware/244/91 (H5N2)	U05330.1
A/칠면조/Colorado/72 (H5N2) 혈구응집소 1 사슬 (HA)	U20472.1
A/칠면조/England/N28/73 (H5N2) 혈구응집소	AY500365.1
A/칠면조/TX/14082/81 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107464.1

[0727]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/칠면조/MN/1704/82 (H5N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107472.1
A/칠면조/Minnesota/10734/95 (H5N2) 혈구응집소	U79455.1
A/칠면조/Minnesota/3689-1551/81 (H5N2) 혈구응집소	U79454.1
A/닭/Singapore/1997 (H5N3) M2 단백질	EU014141.1
A/오리/Hokkaido/299/04 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241626.1
A/오리/Hokkaido/193/04 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241625.1
A/오리/Hokkaido/101/04 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241624.1
A/오리/Hokkaido/447/00 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241620.1
A/오리/Hokkaido/69/00 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241619.1
A/오리/Hong Kong/205/77 (H5N3) 혈구응집소 H5	AF082038.1
A/오리/Hong Kong/698/79 (H5N3) 혈구응집소 H5	AF082039.1
A/오리/Hong Kong/308/78 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107457.1
A/오리/Hong Kong/825/80 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107455.1
A/오리/Hong Kong/820/80 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107453.1
A/오리/Hong Kong/205/77 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107456.1
A/오리/Ho Chi Minh/014/78 (H5N3) 분절 4 혈구응집소	AF290443.1
A/오리/Jiangxi/6151/2003 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107451.1
A/오리/Malaysia/F119-3/97 (H5N3) 혈구응집소	AF303057.1
A/오리/Miyagi/54/76 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241615.1
A/오리/Mongolia/596/01 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241622.1
A/오리/Mongolia/500/01 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241621.1
A/오리/Primorie/2633/01 (H5N3) 매트릭스 단백질 (M1)	AJ621810.1
A/오리/Primorie/2633/01 (H5N3) 핵단백질 (NP)	AJ621808.1
A/오리/Primorie/2633/01 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AJ621807.1
A/오리/Primorie/2633/01 (H5N3) 핵단백질 (NP)	AJ621809.1
A/거위/Hong Kong/23/78 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107454.1
A/청둥오리/Wisconsin/169/75 (H5N3) 혈구응집소	U79452.1
A/백조/Hokkaido/51/96 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241617.1
A/백조/Hokkaido/4/96 (H5N3) 혈구응집소 (HA)	AB241616.1
A/칠면조/CA/6878/79 (H5N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107469.1
A/제비갈매기/South Africa/61 (H5N3) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20460.1
A/갈매기/Delaware/5/2000 (H5N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107459.1
A/갈매기/Delaware/4/2000 (H5N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107458.1
A/물떼새/Delaware/109/2000 (H5N4) 매트릭스 단백질 1 (M)	DQ107460.1
A/물떼새/Delaware/243/2000 (H5N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107462.1
A/물떼새/Delaware/230/2000 (H5N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107461.1
A/청둥오리/Wisconsin/34/75 (H5N6) 혈구응집소	U79451.1
A/오리/Potsdam/2216-4/1984 (H5N6) 혈구응집소 H5	AF082041.1
A/물떼새/Delaware/207/98 (H5N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664456.1
A/물떼새/Delaware/27/98 (H5N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664453.1

[0728]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/제갈매기/Delaware/281/98 (H5N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664452.1
A/청둥오리/Ohio/556/1987 (H5N9) 혈구응집소 (HA)	U67783.2
A/칠면조/Wisconsin/68 (H5N9) 혈구응집소	U79456.1
A/푸른날개쇠오리/Alberta/685/82 (H6N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107448.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 뉴클레오펙시드 단백질 (NP)	AF261750.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 매트릭스 단백질	AF262213.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 비구조적 단백질	AF262212.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 폴리머라제 (PA)	AF262211.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 폴리머라제 하위단위 PB1	AF262210.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 뉴클레오펙시드 단백질 (NP)	AF261750.1
A/닭/Taiwan/ns2/99 (H6N1) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310985.1
A/닭/Taiwan/na3/98 (H6N1) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310984.1
A/닭/Taiwan/7-5/99 (H6N1) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310983.1
A/오리/Hong Kong/D73/76 (H6N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107432.1
A/오리/Taiwan/9/23-3/2000 (H6N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107407.1
A/꿩/Hong Kong/FY479/2000 (H6N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107409.1
A/꿩/Hong Kong/SSP44/2002 (H6N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107412.1
A/메추라기/Hong Kong/YU421/2002 (H6N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107414.1
A/조류/NY/17150-7/2000 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107423.1
A/닭/CA/285/2003 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107429.1
A/닭/CA/375TR/2002 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107428.1
A/닭/CA/203/2003 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107426.1
A/닭/NY/101250-7/2001 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107419.1
A/닭/CA/625/2002 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107418.1
A/닭/California/0139/2001 (H6N2) 핵단백질 (NP)	AF474070.1
A/닭/California/650/2000 (H6N2) 핵단백질 (NP)	AF474069.1
A/닭/California/9420/2001 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474048.1
A/닭/California/9174/2001 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474047.1
A/닭/California/8892/2001 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474046.1
A/닭/California/6643/2001 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474045.1
A/닭/California/1316/2001 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474044.1
A/닭/California/0139/2001 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474043.1
A/닭/California/1002/2000 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474042.1
A/닭/California/650/2000 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474041.1
A/닭/California/465/2000 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474040.1
A/닭/California/431/2000 (H6N2) 뉴라미니다제 N2 (N2)	AF474039.1
A/닭/California/6643/2001 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474035.1
A/닭/California/431/2000 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474029.1
A/닭/California/9420/2001 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474038.1
A/닭/California/9174/2001 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474037.1

[0729]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/California/8892/2001 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474036.1
A/닭/California/1316/2001 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474034.1
A/닭/California/0139/2001 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474033.1
A/닭/California/1002/2000 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474032.1
A/닭/California/650/2000 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474031.1
A/닭/California/465/2000 (H6N2) 혈구응집소 H6 (H6)	AF474030.1
A/코니쉬 크로스/CA/139/2001 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107424.1
A/오리/Eastern China/164/2002 (H6N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429762.1
A/오리/Eastern China/729/2003 (H6N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429760.1
A/오리/Eastern China/262/2002 (H6N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429743.1
A/오리/Eastern China/74/2006 (H6N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429741.1
A/오리/Eastern China/161/2002 (H6N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429740.1
A/오리/Hong Kong/960/80 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107435.1
A/오리/Hong Kong/D134/77 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107433.1
A/오리/CA/10221/2002 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107421.1
A/오리/Shantou/5540/2001 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107431.1
A/꿩/Hong Kong/SSP99/2002 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107413.1
A/청둥오리/NY/016/83 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107449.1
A/청둥오리/NY/046/83 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107450.1
A/고방오리/Alberta/644/81 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107445.1
A/메추라기/Hong Kong/SF792/2000 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107410.1
A/꼬까도요/Delaware/106/98 (H6N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664439.1
A/물떼새/Delaware/127/97 (H6N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664467.1
A/물떼새/Delaware/124/2001 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107417.1
A/물떼새/Delaware/208/2001 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107427.1
A/칠면조/CA/527/2002 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107420.1
A/칠면조/CA/1623CT/2002 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107425.1
A/칠면조/MN/836/80 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107440.1
A/칠면조/MN/735/79 (H6N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107437.1
A/닭/Hong Kong/17/77 (H6N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107436.1
A/닭/Hong Kong/CSW106/2001 (H6N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107406.1
A/갈매기/Delaware/18/2000 (H6N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107415.1
A/꿩/Hong Kong/CSW2573/2001 (H6N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107411.1
A/메추라기/Hong Kong/CSW106/2001 (H6N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107430.1
A/물떼새/Delaware/194/98 (H6N4) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664424.1

[0730]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/물떼새/Delaware/259/2000 (H6N4) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107416.1
A/습새/Australia/1/1972 (H6N5) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429794.1
A/습새/Australia/1/1972 (H6N5) 폴리머라제 A (PA)	L25832.1
A/고방오리/Alberta/1040/79 (H6N5) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107439.1
A/푸른날개쇠오리/MN/993/80 (H6N6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107441.1
A/오리/NY/83779/2002 (H6N6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107422.1
A/오리/MN/1414/81 (H6N6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107444.1
A/청둥오리/Alberta/289/82 (H6N6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107447.1
A/청둥오리/MN/1041/80 (H6N6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107442.1
A/고방오리/Alberta/189/82 (H6N6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107446.1
A/세발가락도요새/Delaware/1258/86 (H6N6) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664436.1
A/푸른날개쇠오리/Alberta/368/78 (H6N8) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107438.1
A/꼬까도요/Delaware/105/98 (H6N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664428.1
A/가정용 오리/NY/81 (H6N8) 매트릭스 단백질 (M)	DQ107443.1
A/오리/Eastern China/163/2002 (H6N8) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429786.1
A/오리/Hong Kong/D182/77 (H6N9) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107434.1
A/닭/Hong Kong/SF3/2001 (H6) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107408.1
A/아프리카 켄레기/England/983/79 (H7N1) 뉴라미니다제 (N1)	AJ416629.1
A/Afri.Star./Eng-Q/938/79 (H7N1) 혈구응집소 전구체	AF149295.1
A/닭/Italy/1067/99 (H7N1) 매트릭스 단백질 1 (M1)	AJ416630.1
A/닭/Italy/1067/99 (H7N1) 뉴라미니다제 (N1)	AJ416627.1
A/닭/Italy/4575/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493469.1
A/닭/Italy/13474/99 (H7N1) 적혈구응집소 (HA)	AJ491720.1
A/닭/Italy/445/1999 (H7N1)	AX537385.1
A/닭/Italy/267/00 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493215.1
A/닭/Italy/13489/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493214.1
A/닭/Italy/13307/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493212.1
A/닭/Singapore/1994 (H7N1) M2 단백질	EU014140.1
A/오리/Hong Kong/301/78 (H7N1) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107475.1
A/Hong Kong/301/78 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AY672090.1
A/가금 전염병 바이러스/Rostock/34 (H7N1) NP 단백질	AJ243993.1
A/가금 전염병 바이러스/Rostock/34 (H7N1) PA 단백질	AJ243992.1
A/가금 전염병 바이러스/Rostock/34 (H7N1) PB2 단백질	AJ243991.1
A/가금 전염병 바이러스/Rostock/34 (H7N1) PB1 단백질	AJ243990.1
A/타조/South Africa/5352/92 (H7N1) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20458.1
A/레아/North Carolina/39482/93 (H7N1) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20468.1
A/칠면조/Italy/3775/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493472.1
A/칠면조/Italy/4603/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493471.1
A/칠면조/Italy/4602/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493470.1

[0731]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/칠면조/Italy/4169/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493468.1
A/칠면조/Italy/4073/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493467.1
A/칠면조/Italy/3889/99 (H7N1) 혈구응집소 (HA)	AJ493466.1
A/칠면조/Italy/12598/99 (H7N1) 적혈구응집소 (HA)	AJ489520.1
A/칠면조/Italy/4580/99 (H7N1) 적혈구응집소 (HA)	AJ416628.1
A/칠면조/Italy/335/00 (H7N1) 적혈구응집소 (HA)	AJ493217.1
A/칠면조/Italy/13468/99 (H7N1) 적혈구응집소 (HA)	AJ493216.1
A/칠면조/Italy/13467/99 (H7N1) 적혈구응집소 (HA)	AJ493213.1
A/닭/CT/9407/2003 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107478.1
A/닭/NY/116124/2003 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107479.1
A/닭/PA/143586/2002 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107477.1
A/오리/Hong Kong/293/78 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107474.1
A/오리/Hong Kong/293/78 (H7N2) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20461.1
A/붉은부리갈매기/Delaware/2838/87 (H7N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664427.1
A/평/NJ/30739-9/2000 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107481.1
A/꼬까도요/Delaware/130/99 (H7N2) onfunctional 매트릭스 단백질	AY664451.1
A/미공지된/149717-12/2002 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107480.1
A/미공지된/NY/74211-5/2001 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107476.1
A/미공지된/149717-12/2002 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107480.1
A/미공지된/NY/74211-5/2001 (H7N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107476.1
A/닭/British Columbia/CN7-3/04 (H7N3) 혈구응집소 (HA)	AY644402.1
A/닭/British Columbia/CN7-3/04 (H7N3) 매트릭스 단백질 (M1)	AY677732.1
A/닭/Italy/270638/02 (H7N3) 혈구응집소 (HA)	EU158111.1
A/알락오리/MD/3495/83 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107488.1
A/정동오리/Alberta/22/2001 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107482.1
A/정동오리/Alberta/699/81 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107487.1
A/고방오리/Alberta/25/2001 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107483.1
A/메추라기/Arkansas/16309-7/94 (H7N3) 혈구응집소 단백질 하위단위 1 전구체 (HA1)	AF072401.1
A/꼬까도요/New Jersey/65/85 (H7N3) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664433.1
A/칠면조/England/63 (H7N3) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20462.1
A/칠면조/Colorado/13356/91 (H7N3) 혈구응집소 단백질 하위단위 1 전구체 (HA1)	AF072400.1
A/칠면조/MN/1200/80 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107486.1
A/칠면조/MN/1818/82 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107489.1
A/칠면조/Minnesota/1237/80 (H7N3) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20466.1
A/칠면조/TX/1/79 (H7N3) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107484.1
A/칠면조/Oregon/71 (H7N3) 혈구응집소	AF497557.1
A/칠면조/Utah/24721-10/95 (H7N3) 혈구응집소 단백질 하위단위 1 전구체 (HA1)	AF072402.1
A/softbill/South Africa/142/92 (H7N4) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20464.1

[0732]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/꼬까도요/Delaware/2770/87 (H7N5) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664476.1
A/닭/Brescia/1902 (H7N7) 혈구응집소 1 사슬 (HA)	U20471.1
A/닭/Jena/1816/87 (H7N7) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20469.1
A/닭/Leipzig/79 (H7N7) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20459.1
A/오리/Heinersdorf/S495/6/86 (H7N7) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20465.1
A/말/Prague/1/56 (H7N7) 뉴라미니다제	U85989.1
A/말/Santiago/77 (H7N7) 핵단백질	AY383752.1
A/말/Santiago/77 (H7N7) 뉴라미니다제	AY383757.1
A/말/Santiago/77 (H7N7) 혈구응집소	AY383756.1
A/FPV/Weybridge (H7N7) 매트릭스 단백질	M38299.1
A/거위/Leipzig/187/7/1979 (H7N7) 혈구응집소	L43914.1
A/거위/Leipzig/192/7/1979 (H7N7) 혈구응집소	L43915.1
A/거위/Leipzig/137/8/1979 (H7N7) 혈구응집소	L43913.1
A/꼬까도요/Delaware/134/99 (H7N7) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664468.1
A/바다사자/질량/1/80 H7N7 재조합	S73497.1
A/백조/Potsdam/63/6/81 (H7N7) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20467.1
A/제비갈매기/Potsdam/342/6/79 (H7N7) 혈구응집소 전구체 (HA)	U20470.1
A/고방오리/Alberta/121/79 (H7N8) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107485.1
A/칠면조/Minnesota/38429/88 (H7N9) 혈구응집소	AF497551.1
A/칠면조/Ontario/6118/1968 (H8N4) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429793.1
A/청둥오리/Alberta/357/84 (H8N4) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310988.1
A/고방오리/Alberta/114/79 (H8N4) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310987.1
A/오리/Eastern China/01/2005 (H8N4) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429780.1
A/붉은가슴도요/Delaware/254/94 (H8N4) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310989.1
A/닭/Amioz/1527/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116511.1
A/닭/Amioz/1527/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116081.1
A/닭/Amioz/1527/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108911.1
A/닭/Alonim/1953/104 (H9N2) 혈구응집소	DQ108928.1
A/닭/Alonim/1552/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108914.1
A/닭/Alonim/1552/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116514.1
A/닭/Alonim/1965/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108929.1
A/닭/Anhui/1/98 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461511.1
A/닭/Beijing/1/95 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536719.1
A/닭/Beijing/1/95 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536699.1
A/닭/Beijing/1/95 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536729.1
A/닭/Beijing/1/95 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536709.1
A/닭/Beijing/2/97 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536700.1
A/닭/Beijing/2/97 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536720.1
A/닭/Beijing/2/97 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536730.1
A/닭/Beijing/2/97 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536710.1
A/닭/Beijing/1/97 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461530.1
A/닭/Beijing/3/99 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536721.1
A/닭/Beijing/3/99 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536701.1

[0733]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/Beijing/3/99 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536731.1
A/닭/Beijing/3/99 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536711.1
A/닭/Beit Alfa/1282/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104476.1
A/닭/Beit-Aran/29/05 (H9N2) 혈구응집소	DQ108931.1
A/닭/Bnei Darom/1557/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108915.1
A/닭/Ein Habsor/1808/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108925.1
A/닭/Gangxi/2/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461514.1
A/닭/Gangxi/1/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461513.1
A/닭/Gan Shomron/1465/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104480.1
A/닭/Gan Shomron/1292/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104478.1
A/닭/Gan_Shomron/1465/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116506.1
A/닭/Gan_Shomron/1465/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116077.1
A/닭/Gan Shomron/1543/04 (H9N2) 핵단백질	DQ116512.1
A/닭/Gan Shomron/1543/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108912.1
A/닭/Guangdong/97 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536722.1
A/닭/Guangdong/97 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536702.1
A/닭/Guangdong/97 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536732.1
A/닭/Guangdong/97 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536712.1
A/닭/Gansu/1/99 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461512.1
A/닭/Gujrat/India/3697/2004 (H9N2) 폴리머라제 basic 2 (PB2)	DQ979865.1
A/닭/Haryana/India/2424/2004 (H9N2) 폴리머라제 basic 2 (PB2)	DQ979862.1
A/닭/Henan/98 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536726.1
A/닭/Henan/98 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536706.1
A/닭/Henan/98 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536736.1
A/닭/Henan/2/98 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461517.1
A/닭/Henan/1/99 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461516.1
A/닭/Henan/98 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536716.1
A/닭/Hebei/1/96 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536723.1
A/닭/Hebei/1/96 (H9N2) 분절 6 비기능성 뉴라미니다제 단백질	AF536713.1
A/닭/Hebei/1/96 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536703.1
A/닭/Hebei/1/96 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536733.1
A/닭/Hebei/1/96 (H9N2) 분절 6 비기능성 뉴라미니다제 단백질	AF536713.1
A/닭/Hebei/2/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461531.1
A/닭/Hebei/2/98 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536724.1
A/닭/Hebei/2/98 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536704.1
A/닭/Hebei/2/98 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536734.1
A/닭/Hebei/2/98 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536714.1
A/닭/Hebei/1/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461515.1
A/닭/Hebei/3/98 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536705.1
A/닭/Hebei/3/98 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536725.1
A/닭/Hebei/3/98 (H9N2) 비기능성 on 구조적 단백질	AF536735.1
A/닭/Hebei/3/98 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536715.1
A/닭/Hong Kong/FY313/2000 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107508.1

[0734]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/Hong Kong/WF208/2001 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107513.1
A/닭/Hong Kong/NT471/2002 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107514.1
A/닭/Hong Kong/WF2/99 (H9N2) 혈구응집소	AY206677.1
A/닭/Iarah/1376/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116504.1
A/닭/Iarah/1376/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116075.1
A/닭/Iarah/1376/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108910.1
A/닭/India/2793/2003 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AY336597.1
A/닭/Iran/101/1998 (H9N2) 매트릭스 단백질 2 (M2)	EU477375.1
A/닭/Jiangsu/1/99 (H9N) 혈구응집소 (HA)	AF461509.1
A/닭/Jiangsu/2/98 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461510.1
A/닭/Kfar Monash/636/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104464.1
A/닭/Kalanit/1966/06.12.04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108930.1
A/닭/Kalanit/1946/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108927.1
A/닭/Korea/S4/2003 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107517.1
A/닭/Korea/MS96/96 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 및 2 (M)	AF203788.1
A/닭/Korea/MS96/96 (H9N2) 뉴라미니다제 하위유형 2	AF203786.1
A/닭/Korea/MS96/96 (H9N2) 핵단백질	AF203787.1
A/닭/Liaoning/99 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536727.1
A/닭/Liaoning/1/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461518.1
A/닭/Liaoning/99 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536707.1
A/닭/Liaoning/99 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536727.1
A/닭/Liaoning/99 (H9N2) 비기능성 on 구조적 단백질	AF536737.1
A/닭/Liaoning/2/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461519.1
A/닭/Liaoning/99 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536717.1
A/닭/Mudanjiang/0823/2000 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AY496851.1
A/닭/Mudanjiang/0823/2000 (H9N2) 비구조적 단백질	AY631868.1
A/닭/Mudanjiang/0823/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AY513715.1
A/닭/Mudanjiang/0823/2000 (H9N2) 매트릭스 단백질 (M1)	AY496852.1
A/닭/Mudanjiang/0823/2000 (H9N2) 핵단백질 (np)	AY496851.1
A/닭/Maale HaHamisha/90658/00 (H9N2) 혈구응집소	DQ104472.1
A/닭/Maanit/1477/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104483.1
A/닭/Maanit/1291/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104477.1
A/닭/Maanit/1275/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104457.1
A/닭/Maanit/1477/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116508.1
A/닭/Netohah/1373/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116503.1
A/닭/Netohah/1373/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116074.1
A/닭/Netohah/1373/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108909.1
A/닭/Neve Ilan/1504/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104484.1
A/닭/Neve_Ilan/1504/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116509.1
A/닭/Neve_Ilan/1504/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116079.1
A/닭/Orissa/India/2317/2004 (H9N2) 폴리머라제 basic 2 (PB2)	DQ979861.1
A/닭/Par 데스-Hana-Carcur/1475/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104482.1
A/닭/Par 데스-Hana-Carcur/1475/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116078.1

[0735]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/Saar/1456/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104479.1
A/닭/Sde_Uziahu/1747/04 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116068.1
A/닭/Sede Uzziyyahu/1651/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108923.1
A/닭/Sde Uziahu/1747/04 (H9N2)	DQ108905.1
A/닭/Singapore/1998 (H9N2) M2 단백질	EU014142.1
A/닭/Singapore/1998 (H9N2) M2 단백질	EU014142.1
A/닭/Shandong/98 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AF536728.1
A/닭/Shandong/1/98 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461520.1
A/닭/Shandong/98 (H9N2) 핵단백질 (NP)	AF536708.1
A/닭/Shandong/98 (H9N2) 비기능성 비구조적 단백질	AF536738.1
A/닭/Shandong/98 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	AF536718.1
A/닭/Shandong/2/99 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461521.1
A/닭/Shandong/1/02 (H9N2) 뉴라미니다제 (NA)	AY295761.1
A/닭/Shanghai/F/98 (H9N2) 혈구응집소	AF461532.1
A/닭/Shanghai/1/02 (H9N2) 혈구응집소	AY281745.1
A/닭/Shanghai/2/99 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461522.1
A/닭/Shanghai/3/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461523.1
A/닭/Shanghai/F/98 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AY743216.1
A/닭/Shanghai/4-2/01 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461525.1
A/닭/Shanghai/4-1/01 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461524.1
A/닭/Shanghai/4/01 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AY083841.1
A/닭/Shanghai/3/01 (H9N2) 혈구응집소 HA)	AY083840.1
A/닭/Talmei_Elazar/1304/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116530.1
A/닭/Talmei_Elazar/1304/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116072.1
A/닭/Tianjing/2/96 (H9N2) 혈구응집소	AF461527.1
A/닭/Tianjing/1/96 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461526.1
A/닭/Tel Adashim/811/01 (H9N2) 혈구응집소	DQ104467.1
A/닭/Tel Adashim/811/01 (H9N2) 핵단백질	DQ116527.1
A/ck/Tel_Adashim/811/01 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116064.1
A/닭/Tel Adashim/812/01 (H9N2) 핵단백질	DQ116528.1
A/닭/Tel Adashim/812/01 (H9N2) 혈구응집소	DQ104468.1
A/ck/Tel_Adashim/812/01 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116065.1
A/닭/Tel Adashim/786/01 (H9N2) 핵단백질	DQ116524.1
A/닭/Tel Adashim/809/01 (H9N2) 혈구응집소	DQ104465.1
A/닭/Tel Adashim/809/01 (H9N2) 핵단백질	DQ116525.1
A/닭/Tel Adashim/1469/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116507.1
A/닭/Tel Adashim/1469/303 (H9N2) 혈구응집소	DQ104481.1
A/닭/Tel Adashim/1506/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116080.1
A/닭/Tel Adashim/1506/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104474.1
A/닭/Tel Adashim/1506/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116510.1
A/닭/Tel Adashim/1332/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116501.1
A/닭/Tel Adashim/1321/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116500.1
A/닭/Tel Adashim/1332/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108907.1
A/닭/Tel Adashim/1321/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108906.1

[0736]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/닭/Telmond/1308/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116499.1
A/닭/Telmond/1308/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116073.1
A/닭/Telmond/1308/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108921.1
A/닭/Tzrofa/1568/04 (H9N2) 핵단백질	DQ116519.1
A/닭/Tzrofa/1568/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108919.1
A/닭/UP/India/2544/2004 (H9N2) 폴리머라제 basic 2 (PB2)	DQ979864.1
A/닭/UP/India/2543/2004 (H9N2) 폴리머라제 basic 2 (PB2)	DQ979863.1
A/닭/Wangcheng/4/2001 (H9N2) 핵단백질	AY268949.1
A/닭/Ysodot/1362/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116502.1
A/닭/Ysodot/1362/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108908.1
A/닭/Yunnan/2/00 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461529.1
A/닭/Yunnan/1/99 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AF461528.1
A/오리/Eastern China/01/2000 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429725.1
A/오리/Eastern China/48/2001 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429707.1
A/오리/Eastern China/66/2003 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429699.1
A/오리/Eastern China/80/2004 (H9N2) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429726.1
A/오리/Hong Kong/448/78 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107494.1
A/오리/Hong Kong/448/78 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206673.1
A/오리/Hong Kong/366/78 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206674.1
A/오리/Hong Kong/784/79 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107496.1
A/오리/Hong Kong/702/79 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107495.1
/오리/Hong Kong/702/79 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206672.1
A/오리/Hong Kong/610/79 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206680.1
A/오리/Hong Kong/552/79 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206679.1
A/오리/Hong Kong/644/79 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206678.1
A/오리/Korea/S13/2003 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107518.1
A/오리/Nanchang/4-361/2001 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107511.1
A/오리/NY/83793/2002 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107499.1
A/거위/MN/5733-1243/80 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107492.1
A/거위/Tel Adashim/829/01 (H9N2) 혈구응집소	DQ104469.1
A/거위/Tel Adashim/830/01 (H9N2) 혈구응집소	DQ104470.1
A/타조/Eshkol/1436/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116076.1
A/타조/Eshkol/1436/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116505.1
A/비둘기/Hong Kong/WF286/2000 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107509.1
A/메추라기/Hong Kong/YU415/2002 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107516.1
A/메추라기/Hong Kong/SSP225/2001 (H9) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107512.1
A/메추라기/Hong Kong/YU1495/2000 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107510.1
A/메추라기/Hong Kong/A28945/88 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206675.1
A/물떼새/Delaware/276/99 (H9N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664464.1

[0737]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/몰메세/Delaware/113/2001 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107505.1
A/오폴계/Hong Kong/WF266/2002 (H9N2) 매트릭스 단백질 2 (M) 및 매트릭스 단백질 1 (M)	DQ107515.1
A/몰메세/Delaware/77/2001 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107497.1
A/뽕닭/Hong Kong/WF10/99 (H9N2) 혈구응집소 전구체	AY206676.1
A/돼지/Hangzhou/1/2006 (H9N2) 뉴클레오펜시드 단백질 (NP)	DQ907704.1
A/돼지/Hangzhou/1/2006 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M1)	EF055887.1
A/돼지/Hangzhou/1/2006 (H9N2) 비구조적 단백질 1 (NS1)	DQ823385.1
A/Sw/ShanDong/1/2003 (H9N2) 혈구응집소 (HA)	AY294658.1
A/칠면조/CA/6889/80 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107491.1
A/칠면조/TX/28737/81 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107493.1
A/칠면조/MN/511/78 (H9N2) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107490.1
A/칠면조/Beit Herut/1267/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104485.1
A/칠면조/Beit HaLevi/1009/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104473.1
A/칠면조/Beit Herut/1265/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104456.1
A/칠면조/Beit_HaLevi/1562/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116515.1
A/칠면조/Beit_HaLevi/1566/04 (H9N2) 핵단백질	DQ116517.1
A/칠면조/Beit_HaLevi/1562/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116083.1
A/칠면조/Beit_HaLevi/1566/04 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116084.1
A/칠면조/Beit_Herut/1267/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116070.1
A/칠면조/Beit_Herut/1265/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116069.1
A/칠면조/Beit_HaLevi/1566/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108917.1
A/칠면조/Bezat/89/05 (H9N2) 혈구응집소	DQ108922.1
A/칠면조/Brosh/1276/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104458.1
A/칠면조/Brosh/1276/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116071.1
A/칠면조/Emek Hefer/1272/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104475.1
A/칠면조/Ein Habsor/1804/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108924.1
A/칠면조/Ein Tzurim/1172/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104451.1
A/칠면조/Ein Tzurim/1738/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108920.1
A/칠면조/Ein_Tzurim/1738/04 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116085.1
A/칠면조/Gyvat Haim Ehud/1544/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ108913.1
A/칠면조/Givat Haim/810/01 (H9N2) 혈구응집소	DQ104466.1
A/칠면조/Givat Haim/810/01 (H9N2) 핵단백질	DQ116526.1
A/칠면조/Givat Haim/868/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104471.1
A/칠면조/Givat Haim/622/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104462.1
A/칠면조/Givat_Haim/965/02 (H9N2) 핵단백질	DQ116498.1
A/칠면조/Gyvat_Haim_Ehud/1544/03 (H9N2) 핵단백질	DQ116513.1
A/칠면조/Gyvat_Haim_Ehud/1544/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116082.1
A/tk/Givat_Haim/810/25.12.01 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116063.1
A/칠면조/Givat_Haim/622/02 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116060.1
A/칠면조/Givat_Haim/965/02 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116057.1
A/칠면조/Hod_Ezyon/699/02 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116062.1
A/칠면조/Mishmar Hasharon/619/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104461.1

[0738]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/칠면조/Mishmar_Hasharon/619/02 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116059.1
A/칠면조/Kfar_Vitkin/616/02 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116058.1
A/칠면조/Kfar Vitkin/616/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104460.1
A/칠면조/Kfar Vitkin/615/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104459.1
A/칠면조/Kfar Vitkin/615/02 (H9N2) 핵단백질	DQ116520.1
A/칠면조/Kfar_Vitkin/616/02 (H9N2) 핵단백질	DQ116521.1
A/칠면조/Kfar Warburg/1224/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104455.1
A/tk/Kfar_Vitkin/615/02 (H9N) 뉴라미니다제	DQ116067.1
A/칠면조/Mishmar_Hasharon/619/02 (H9N2) 핵단백질	DQ116522.1
A/칠면조/Naharia/1013/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104449.1
A/칠면조/Nahalal/1547/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108932.1
A/칠면조/Neve Ilan/90710/00 (H9N2) 핵단백질	DQ116529.1
A/tk/Neve_Ilan/90710/00 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116066.1
A/칠면조/Qevuzat Yavne/1242/03 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116086.1
A/칠면조/Sapir/1199/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104452.1
A/칠면조/Shadmot Dvorah/1567/04 (H9N2) 핵단백질	DQ116518.1
A/칠면조/Shadmot Dvorah/1567/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108918.1
A/칠면조/Tzur Moshe/1565/04 (H9N2) 핵단백질	DQ116516.1
A/칠면조/Tzur Moshe/1565/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108916.1
A/칠면조/Yedidia/625/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104463.1
A/칠면조/Yedidia/625/02 (H9N2) 핵단백질	DQ116523.1
A/칠면조/Yedidia/625/02 (H9N2) 뉴라미니다제	DQ116061.1
A/칠면조/Yedidia/911/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104448.1
A/칠면조/Avigdor/1215/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104454.1
A/칠면조/Avigdor/1209/03 (H9N2) 혈구응집소	DQ104453.1
A/칠면조/Avichail/1075/02 (H9N2) 혈구응집소	DQ104450.1
A/칠면조/Avigdor/1920/04 (H9N2) 혈구응집소	DQ108926.1
A/고방오리/Alberta/49/2003 (H9N5) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107498.1
A/붉은가슴도요/Delaware/2552/87 (H9N5) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664472.1
A/오리/Hong Kong/147/77 (H9N6) 혈구응집소 전구체	AY206671.1
A/물떼새/Delaware/270/2001 (H9N7) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107504.1
A/물떼새/Delaware/277/2000 (H9N7) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107507.1
A/물떼새/Delaware/275/2001 (H9N7) 매트릭스 단백질 2 (M) 및 매트릭스 단백질 1 (M)	DQ107506.1
A/꼬까도요/Delaware/116/98 (H9N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664435.1
A/물떼새/Delaware/141/2002 (H9N9) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107503.1
A/꼬까도요/Delaware/103/2002 (H9N9) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107502.1
A/물떼새/Delaware/29/2002 (H9N9) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107501.1
A/물떼새/Delaware/18/2002 (H9N9) 매트릭스 단백질 1 (M) 및 매트릭스 단백질 2 (M)	DQ107500.1
A/꼬까도요/Delaware/259/98 (H9N9) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664469.1

[0739]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/오리/Eastern China/527/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429716.1
A/오리/Eastern China/495/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429715.1
A/오리/Eastern China/372/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429714.1
A/오리/Eastern China/488/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429712.1
A/오리/Eastern China/453/2002 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429711.1
A/오리/Eastern China/412/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429710.1
A/오리/Eastern China/404/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429709.1
A/오리/Eastern China/397/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429708.1
A/오리/Eastern China/502/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429705.1
A/오리/Eastern China/395/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429704.1
A/오리/Eastern China/356/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429703.1
A/오리/Eastern China/368/2003 (H10N3) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429702.1
A/닭/Singapore/1993 (H10N5) M2 단백질	EU014145.1
A/붉은가슴도요/Delaware/2561/87 (H10N5) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664441.1
A/닭/Germany/N/1949 (H10N7) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429796.1
A/꼬까도요/Delaware/2764/87 (H10N7) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664462.1
A/청둥오리/Alberta/71/98 (H10N7) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664485.1
A/청둥오리/Alberta/90/97 (H10N7) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664446.1
A/청둥오리/Alberta/110/99 (H10N7) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664481.1
A/청둥오리/Alberta/297/77 (H10N7) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664430.1
A/청둥오리/Alberta/223/98 (H10N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664486.1
A/꼬까도요/New Jersey/51/85 (H11N1) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664479.1
A/오리/Nanchang/1749/1992 (H11N2) 핵단백질 (NP)	U49094.1
A/오리/Hong Kong/62/1976 (H11N2) 폴리머라제 (PB1)	U48280.1
A/오리/Yangzhou/906/2002 (H11N2) 혈구응집소	DQ080993.1
A/물떼새/Delaware/86/99 (H11N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664463.1
A/꼬까도요/Delaware Bay/2762/1987 (H11N2) 폴리머라제 PB2 (PB2)	CY126279.1
A/꼬까도요/Delaware/2762/87 (H11N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664459.1
A/꼬까도요/Delaware Bay/2762/1987 (H11N2) 폴리머라제 PB1 (PB1) 및 PB1-F2 단백질 (PB1-F2)	CY126278.1
A/꼬까도요/Delaware/2589/87 (H11N4) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664478.1
A/오리/England/1/1956 (H11N6) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429795.1
A/청둥오리/Alberta/125/99 (H11N6) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664483.1
A/오리/Memphis/546/1974 (H11N9) 분절 6 뉴라미니다제 (NA)	EU429798.1
A/청둥오리/Alberta/122/99 (H11N9) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664444.1
A/청둥오리/Alberta/342/83 (H12N1) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310991.1
A/꼬까도요/Delaware/67/98 (H12N4) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664470.1
A/꼬까도요/Delaware/67/98 (H12N4) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310990.1
A/청둥오리/Alberta/52/97 (H12N5) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664448.1
A/청둥오리/Alberta/223/77 (H12N5) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664431.1
A/붉은부리갈매기/New Jersey/171/92 (H12N5) 분절 4 혈구응집소 (HA1)	AF310992.1
A/꼬까도요/Delaware/265/98 (H12N8) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664438.1
A/재갈매기/New Jersey/782/86 (H13N2) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664475.1
A/물떼새/Delaware/224/97 (H13N6) 비기능성 매트릭스 단백질	AY664421.1

[0740]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
A/PR/8/34 (H1N1) x A/England/939/69 (H3N2) PB1 단백질	AJ564806.1
A/PR/8/34 (H1N1) x A/England/939/69 (H3N2) PB2 단백질	AJ564804.1
A/오리/Czechslovakia/56 (H4N6) x A/USSR/90/77 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA)	EU643639.1
A/오리/Czechslovakia/56 (H4N6) x A/USSR/90/77 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA)	EU643638.1
A/오리/Ukraine/63 (H3N8) x A/USSR/90/77 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA)	EU643637.1
A/오리/Ukraine/63 (H3N8) x A/USSR/90/77 (H1N1)) 뉴라미니다제 (NA)	EU643636.1
RCB1-XXI: A/USSR/90/77 (H1N1)xA/오리/Czechoslov 56 (H4N6) 분절 4 혈구응집소	AF290438.1
RCB1: A/USSR/90/77 (H1N1)xA/오리/Czechoslov 56 (H4N6) 혈구응집소	AF290437.1
PX14-XIII (A/USSR/90/77 (H1N1)xA/고방오리/Primorie/695/76 (H2N3)) 분절 4 혈구응집소	AF290442.1
PX14 (A/USSR/90/77 (H1N1)xA/고방오리/Primorie/695/76 (H2N3)) 분절 4 혈구응집소	AF290441.1
PX8-XIII (A/USSR/90/77 (H1N1)xA/고방오리/Primorie/695/76 (H2N3)) 분절 4 혈구응집소	
PX8 (A/USSR/90/77 (H1N1)xA/고방오리/Primorie/695/76 (H2N3)) 분절 4 혈구응집소	AF290439.1
A/돼지/Schleswig-Holstein/1/93 혈구응집소 (HA)	U72669.1
A/돼지/England/283902/93 혈구응집소 (HA)	U72668.1
A/돼지/England/195852/92 혈구응집소 (HA)	U72667.1
A/돼지/England/117316/86 혈구응집소 (HA)	U72666.1
A/칠면조/Germany/2482/90) 혈구응집소 (HA)	U96766.1

[0741]

표 12. 인플루엔자 B 항원

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
B/Daegu/47/97 혈구응집소	AF521237.1
B/Daegu/45/97 혈구응집소	AF521236.1
B/Daegu/10/97 혈구응집소	AF521221.1
B/Daegu/9/97 혈구응집소	AF521220.1
B/Gyeonggi/592/2005 뉴라미니다제	DQ231543.1
B/Gyeonggi/592/2005 혈구응집소	DQ231538.1
B/Hong Kong/5/72 뉴라미니다제	AF305220.1
B/Hong Kong/5/72 혈구응집소	AF305219.1
B/Hong Kong/157/99 혈구응집소	AF387503.1
B/Hong Kong/157/99 혈구응집소	AF387502.1
B/Hong Kong/156/99 혈구응집소	AF387501.1
B/Hong Kong/156/99 혈구응집소	AF387500.1
B/Hong Kong/147/99 혈구응집소	AF387499.1
B/Hong Kong/147/99 혈구응집소	AF387498.1
B/Hong Kong/110/99 혈구응집소	AF387497.1
B/Hong Kong/110/99 혈구응집소	AF387496.1
B/인치 eon/297/2005 혈구응집소	DQ231539.1
B/인치 eon/297/2005 뉴라미니다제	DQ231542.1
B/Lee/40 폴리머라제 단백질 (PB1)	D00004.1

[0742]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
B/Michigan/22572/99 혈구응집소	AY129961.1
B/Michigan/22723/99 혈구응집소 (HA)	AY112992.1
B/Michigan/22631/99 혈구응집소 (HA)	AY112991.1
B/Michigan/22587/99 혈구응집소 (HA)	AY112990.1
B/New York/20139/99 혈구응집소	AY129960.1
B/Panama/45/90 핵단백질	AF005739.1
B/Panama/45/90 폴리머라제 (PA)	AF005738.1
B/Panama/45/90 폴리머라제 (PB2)	AF005737.1
B/Panama/45/90 폴리머라제 (PB1)	AF005736.1
B/Pusan/250/99 혈구응집소	AF521218.1
B/Pusan/255/99 혈구응집소	AF521226.1
B/Pusan/270/99 혈구응집소	AF521219.1
B/Pusan/285/99 혈구응집소	AF521217.1
B/Riyadh/01/2007 분절 8 핵 방출 단백질 (NEP) 및 non 구조적 단백질 1 (NS1)	GU135839.1
B/Seoul/6/88 혈구응집소	AF521238.1
B/Seoul/12/88 혈구응집소	AF521239.1
B/Seoul/1/89 혈구응집소	AF521230.1
B/Seoul/37/91 혈구응집소	AF521229.1
B/Seoul/38/91 혈구응집소	AF521227.1
B/Seoul/40/91 혈구응집소	AF521235.1
B/Seoul/41/91 혈구응집소	AF521228.1
B/Seoul/13/95 혈구응집소	AF521225.1
B/Seoul/12/95 혈구응집소	AF521223.1
B/Seoul/17/95 혈구응집소	AF521222.1
B/Seoul/21/95 혈구응집소	AF521224.1
B/Seoul/16/97 혈구응집소	AF521233.1
B/Seoul/19/97 혈구응집소	AF521231.1
B/Seoul/28/97 혈구응집소	AF521234.1
B/Seoul/31/97 혈구응집소	AF521232.1
B/Seoul/232/2004 뉴라미니다제	DQ231541.1
B/Seoul/1163/2004 뉴라미니다제	DQ231540.1
B/Seoul/1163/2004 혈구응집소	DQ231537.1
B/Sichuan/379/99 혈구응집소 (HA)	AF319590.1
B/Sichuan/38/2000 혈구응집소 (HA)	AF319589.1
B/South Carolina/25723/99 혈구응집소	AY129962.1
B/Switzerland/4291/97 혈구응집소	AF387505.1
B/Switzerland/4291/97 혈구응집소	AF387504.1
B/Taiwan/21706/97 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF492479.1
B/Taiwan/21706/97 혈구응집소 (HA)	AF026162.1
B/Taiwan/3143/97 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF492478.1
B/Taiwan/3143/97 적혈구응집소 (HA)	AF026161.1
B/Taiwan/2026/99 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF492481.1
B/Taiwan/2026/99 혈구응집소	AY604741.1
B/Taiwan/2027/99 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF492480.1

[0743]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
B/Taiwan/2027/99 혈구응집소	AY604742.1
B/Taiwan/1243/99 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380504.1
B/Taiwan/1243/99 혈구응집소	AY604740.1
B/Taiwan/2195/99 혈구응집소	AY604743.1
B/Taiwan/2195/99 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF492482.1
B/Taiwan/1293/2000 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380509.1
B/Taiwan/1293/00 혈구응집소	AY604746.1
B/Taiwan/1293/2000 혈구응집소 (HA)	AF492477.1
B/Taiwan/1265/2000 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380508.1
B/Taiwan/1265/00 혈구응집소	AY604745.1
B/Taiwan/4184/2000 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380507.1
B/Taiwan/4184/00 혈구응집소 (HA)	AY604750.1
B/Taiwan/31511/2000 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380505.1
B/Taiwan/31511/00 혈구응집소 (HA)	AY604748.1
B/Taiwan/12192/2000 혈구응집소	AY604747.1
B/Taiwan/41010/00 혈구응집소 (HA)	AY604749.1
B/Taiwan/41010/2000 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380506.1
B/Taiwan/0409/00 혈구응집소 (HA)	AY604744.1
B/Taiwan/202/2001 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF380512.1
B/Taiwan/202/2001 혈구응집소 (HA)	AF366076.1
B/Taiwan/11515/2001 비구조적 단백질 1 (NS1)	AF380511.1
B/Taiwan/11515/01 혈구응집소	AY604754.1
B/Taiwan/11515/2001 혈구응집소 (HA)	AF366075.1
B/Taiwan/1103/2001 비구조적 단백질 NS1 (NS1)	AF380510.1
B/Taiwan/1103/01 혈구응집소	AY604755.1
B/Taiwan/114/2001 혈구응집소 (HA), HA-4 대립유전자	AF492476.1
B/Taiwan/2805/2001 혈구응집소 (HA)	AF400581.1
B/Taiwan/2805/01 혈구응집소 (HA)	AY604752.1
B/Taiwan/0114/01 혈구응집소 (HA)	AY604753.1
B/Taiwan/0202/01 혈구응집소 (HA)	AY604751.1
B/Taiwan/4119/02 혈구응집소 (HA)	AY604778.1
B/Taiwan/4602/02 혈구응집소 (HA)	AY604777.1
B/Taiwan/1950 /02 혈구응집소 (HA)	AY604776.1
B/Taiwan/1949/02 혈구응집소 (HA)	AY604775.1
B/Taiwan/1584 /02 혈구응집소 (HA)	AY604774.1
B/Taiwan/1561 /02 혈구응집소 (HA)	AY604773.1
B/Taiwan/ 1536/02 혈구응집소 (HA)	AY604772.1
B/Taiwan/1534 /02 혈구응집소 (HA)	AY604771.1
B/Taiwan/1503 /02 혈구응집소 (HA)	AY604770.1
B/Taiwan/1502/02 혈구응집소 (HA)	AY604769.1
B/Taiwan/1013 /02 혈구응집소 (HA)	AY604768.1
B/Taiwan/0993 /02 혈구응집소 (HA)	AY604766.1
B/Taiwan/0932 /02 혈구응집소 (HA)	AY604765.1
B/Taiwan/0927/02 혈구응집소 (HA)	AY604764.1

[0744]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
B/Taiwan/0880 /02 혈구응집소 (HA)	AY604763.1
B/Taiwan/0874/02 혈구응집소 (HA)	AY604762.1
B/Taiwan/0730 /02 혈구응집소 (HA)	AY604761.1
B/Taiwan/0722/02 혈구응집소 (HA)	AY604760.1
B/Taiwan/0702 /02 혈구응집소 (HA)	AY604759.1
B/Taiwan/0654/02 혈구응집소 (HA)	AY604758.1
B/Taiwan/0600/02 혈구응집소 (HA)	AY604757.1
B/Taiwan/0409 /02 혈구응집소 (HA)	AY604756.1
B/Taiwan/0879/02 비기능성 혈구응집소	AY604767.1
B/Taiwan/ 3532/03 혈구응집소 (HA)	AY604794.1
B/Taiwan/2551 /03 혈구응집소 (HA)	AY604793.1
B/Taiwan/ 1618/03 혈구응집소 (HA)	AY604792.1
B/Taiwan/ 1574/03 혈구응집소 (HA)	AY604791.1
B/Taiwan/1013 /03 혈구응집소 (HA)	AY604790.1
B/Taiwan/0833 /03 혈구응집소 (HA)	AY604789.1
B/Taiwan/0735 /03 혈구응집소 (HA)	AY604788.1
B/Taiwan/0699/03 혈구응집소 (HA)	AY604787.1
B/Taiwan/0684/03 혈구응집소 (HA)	AY604786.1
B/Taiwan/0616 /03 혈구응집소 (HA)	AY604785.1
B/Taiwan/0615 /03 혈구응집소 (HA)	AY604784.1
B/Taiwan/0610 /03 혈구응집소 (HA)	AY604783.1
B/Taiwan/0576 /03 혈구응집소 (HA)	AY604782.1
B/Taiwan/0569/03 혈구응집소 (HA)	AY604781.1
B/Taiwan/0562/03 혈구응집소 (HA)	AY604780.1
B/Taiwan/0002 /03 혈구응집소 (HA)	AY604779.1
B/Taiwan/773/2004 혈구응집소 (HA)	EU068195.1
B/Taiwan/187/2004 혈구응집소 (HA)	EU068194.1
B/Taiwan/3892/2004 혈구응집소 (HA)	EU068193.1
B/Taiwan/562/2004 혈구응집소 (HA)	EU068191.1
B/Taiwan/234/2004 혈구응집소 (HA)	EU068188.1
B/Taiwan/4897/2004 혈구응집소 (HA)	EU068186.1
B/Taiwan/8579/2004 혈구응집소 (HA)	EU068184.1
B/Taiwan/184/2004 혈구응집소 (HA)	EU068183.1
B/Taiwan/647/2005 혈구응집소 (HA)	EU068196.1
B/Taiwan/877/2005 혈구응집소 (HA)	EU068198.1
B/Taiwan/521/2005 혈구응집소 (HA)	EU068189.1
B/Taiwan/1064/2005 혈구응집소 (HA)	EU068192.1
B/Taiwan/3722/2005 혈구응집소 (HA)	EU068197.1
B/Taiwan/5049/2005 혈구응집소 (HA)	EU068190.1
B/Taiwan/5011/2005 혈구응집소 (HA)	EU068187.1
B/Taiwan/4659/2005 혈구응집소 (HA)	EU068185.1
B/Taiwan/25/2005 혈구응집소 (HA)	EU068182.1
B/Taiwan/1037/2005 혈구응집소 (HA)	EU068181.1
B/Taiwan/62/2005 혈구응집소 (HA)	EU068180.1

[0745]

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
B/Taiwan/591/2005 혈구응집소 (HA)	EU068179.1
B/Taiwan/649/2005 혈구응집소 (HA)	EU068178.1
B/Taiwan/4554/2005 혈구응집소 (HA)	EU068177.1
B/Taiwan/987/2005 혈구응집소 (HA)	EU068176.1
B/Taiwan/2607/2006 혈구응집소 (HA)	EU068175.1
B/Vienna/1/99 혈구응집소	AF387495.1
B/Vienna/1/99 혈구응집소	AF387494.1
B/Vienna/1/99 혈구응집소	AF387493.1
B/Vienna/1/99 혈구응집소	AF387492.1

[0746]

표 13. 인플루엔자 c 항원

균주/단백질	유전자은행 승인 번호
C/JHB/1/66) 혈구응집소-에스테라제-융합 단백질 (HEF) mRNA, 완전한 cds.	AY880247.1
균주 C/ANN ARBOR/1/50) 지속적 변이체 분절 7 non-구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	AF102027.1
(균주 C/ANN ARBOR/1/50) 야생형 분절 7 non-구조적 단백질 1 (NS1) mRNA, 완전한 cds	AF102026.1
(C/JHB/1/66) 혈구응집소-에스테라제-융합 단백질 (HEF) mRNA, 완전한 cds	AY880247.1
(균주 C/BERLIN/1/85) mRNA (염기 폴리머라제 2 전구체에 대한)	X55992.1

[0747]

표 14: H7 혈구응집소 아미노산 서열

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AAM19228 A/칠면조/Minnesota/38429/1988 1988// HA 20335017	ACVLVEAKGDKICLGHHAVVNGTKVNTLTEKGIEVVNATETVETANIGKICTQGKRPTDLGQCGLLGLTIGPPQCDQFLEFESDLIIERR EGNDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIITNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIVW GIHHSGSTTEQTKLYGSGNKLITVESSKYQQSFTSPGARPQVNGESGRIDFWMLLPNDTDTFTFNAGFIAPDRASFFKGESLGVQSD VPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCPRYVKQPSLL LATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIEKDGGSHYG	1
AAY46211 A/청둥오리/Sweden/91/2002 2002// HA 66394828	MNTQILVFALVAIIPINADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTNVPRICSRGRKRTVDLGQCGLLGLTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTN 꺾 ACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYKNTRNDPALIIWGIHHSGSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQSFVPSP GARPQVNGQSGRIDFWLILNPNDTDTFTFNAGFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQIDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQININRAVGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGWY GERHQAQGEFTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLAD SEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFMCVKNGNMRCTICI	2

[0748]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
ABI84694 A/칠면조/Minnesota/1/1988 1988/07/13 HA 115278573	MNTQILVFIACVLVEAKGDKICLGHHAVVNGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIGKICTQGKRPTDLGQCGLLGLTIGPPQCDQFLEF ESDLIIERREGNDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIVWGIHHSSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLLDPNMTVTFNGAFIAPDRASFFK GESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQPSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFKHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHAQYRAESLQNRIDPDKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLA AMGLVFICIKNGNMRCTICI	3
ABS89409 A/푸른날개쇠오리/Ohio/566/2006 2006// HA 155016324	MNTQILALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGLTIGPPQCDQFLEF DTDLLIIRREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHSQSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLLDPNMTVTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRTESLQNRIDPDKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLA AMGLVFICIKNGNMRCTICI	4
ACD03594 A/꼬까도요/DE/1538/2000 2000// HA 187384848	MNTQILAFIACMLVGVGRDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVESANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGLTIGPPQCDQFLEF DSDLIIERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHSQSANEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLLDPNMTVTFNGAFIAPDRASFFR GESLGIQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELM DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRTESLQNRIDPDKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLA AMGLVFICIKNGNMRCTICI	5
BAH22785 A/오리/Mongolia/119/2008 2008// HA 223717820	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGLTITGPPQCDQFLEF SADLLIIRREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIGKETMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKDPALIIWGIHHSSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLMLNPNMTVTFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIIISNLPFQININPRTVGKCP RYVKQESLLLATGMRNVPKPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIERTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEMQNRIDPDKLSNGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	6

[0749]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
CAY39406 A/Anas crecca/Spain/1460/2008 2008/01/26 HA 254674376	MNTQILVFALVAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKDPALIIWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQININRAVGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	7
ACX53683 A/거위/Czech Republic/1848-K9/2009 2009/02/04 HA 260907763	MNIQILVFALVAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERRGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKDPALIIWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLK GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQININRAVGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQINPVKLSSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	8
ACZ48625 A/칠면조/Minnesota/38429/1988 1988// HA 269826341	MNTQILVFACVLVEAKGDKICLGHHAVVNGTKVNTLTEKGIEVV NATETVETANIGKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF ESDLI IERREGNDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIVWGIHHSGSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLLDPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFFK GESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQPSLLLATGMRNVPEPNKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFKHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFEL	9
ADC29485 A/청둥오리/Spain/08.00991.3/2005 2005/11/ HA 284927336	STQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFTEVEKQIGNVINWT RDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMKNKLYERVVRKQLREN AEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQID PVKLSSSGYKDVILWFSFGASC FILL	10
ADK71137 A/푸른날개쇠오리/Guatemala/CIP049-01/2008 2008/02/07 HA 301333785	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSSYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHSGSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFVPS PGTRPQVNGQSGRIDFHWMLLDPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSLGIQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEPNKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQHFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRTESLQNRIQIDPVKLSSSGYKDIILWFSFGASC FLLLAI AMGLVFICIKNGNMRCTICI	11

[0750]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
ADK71148 A/푸른날개쇠오리/ Guatemala/CIPO 49-02/2008 2008/03/05 HA 301333804	MNTQILALIALCMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NXTETVETANIKKICTHGRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDRFLEF DADLIERRREGTDVCYPGKFTNEESLRQLRLGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHSGSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGTRPQVNGQSGRIDFHWLILLDPNDTVTFTFNAGFIAPDRASFLR GKSLGIQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMKNVPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRTESLQNRIDPVLSSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRTIC I	12
ADN34727 A/거위/Czech Republic/1848- T14/2009 2009/02/04 HA 307141869	MNIQILVFALVAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIERRGGSDVCYPGKFVNEEALRQLRLRESGGIDKETMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKDPALIIWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNDTVTFNFAGFIAPDRASFLK GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQININRAVGKCP RYVKEQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLSSSGYKDVILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICVKNGNMRTIC I	13
AEK84760 A/wild 새/Korea/A14/20 11 2011/02/ HA 341610308	PAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLP FQININRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAG FIENGWEGGLIDGWYGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLN RLIEKTNQQFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAEL LVAMENQHTIDLADSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHK CDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIDPVLSSSGYKDVILW FSFGASCFLLLAIAMGLVFICVKNGNMRTIC I	14
AEK84761 A/wild 새/Korea/A3/201 1 2011/02/ HA 341610310	ILVFALVAIIPNANKIGLGHAVSNGTKVNTLTERGVEFFNATE TVEPTNVPRICKGKKTVDLGQCGLRGITITGPPQCDQFLKFSADL I IERQKGS DVCYPGKFVNEKPLRQLRLRESGGIDKETMGFAYNGIK TNGPPIACRKSGSSFYAKMKWLLSNTDKAAFPQMTKSYKNTRRNP ALIVWGIHHSGSTTKQTKLYGIGSNLITVGSSNYQQSFVPSPGAR PQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFNFAGFIAPDRASFLRGKSM GIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQININRAVGKCPRYVK QESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGWYGF HQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEF TEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM NKLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHS KYREEAMQNRIDPVLSSSGYKDVILWFSFGASCFLLLAIAMGL VFICVKNGNMRTIC I	15
AEK84763 A/wild 새/Korea/A9/201 1 2011/02/ HA 341610314	ILVFALVAIIPNANKIGLGHAVSNGTKVNTLTERGVEFFNATE TVEPTNVPRICKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADL I IERREGSDVCYPGKFVNEKALRQLRLRESGGIDKETMGFAYSGIK TNGPPIACRKSGSSFYAKMKWLLSNTDKAAFPQMTKSYKNIRRD ALIVWGIHHSGSTTKQTNLYGIGSNLITVGSSNYQQSFVPSPGAR PQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFNFAGFIAPDRASFLIGKSM GIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQININRAVGKCPRYVK QESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGWYGF HQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEF TEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM NKLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHS KYREEAMQNRIDPVLSSSGYKDVILWFSFGASCFLLLAIAMGL VFICVKNGNMRTIC I	16

[0751]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AEK84765 A/spot-billed 오리/Korea/447/ 2011 2011/04/ HA 341610318	LVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTTGPPQCDQFLEFSADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRT NGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDP LIVWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSGAR QVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLRGSMG IQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLPFQININSRAVGKCPRYVKQ ESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAAGFIENGWGLIDGWYGRH QNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFT EVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM NKLKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMARIRNNTYD HSKYREEMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFLLAIAMGL VFICVKNNGNMRTICI	17
AEM98291 A/wild 오리/Mongolia/1 -241/2008 2008/04/ HA 344196120	SILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNAT ETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTTGPPQCDQFLEFSAD LIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGI RTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKD PALIHWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSGA RPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLGKS MGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQININSRAVGKCPRYV KQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWGLIDGWYGF RHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNE FTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSE MNKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYD HSKYREEMQNRIQINPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFLLAIAMG LVFICVKNNGNMRTICI	18
AFM09439 A/emperor 거위/Alaska/440 63-061/2006 2006/05/23 HA 390535062	QILAFIACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNAT ETVETVNIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTLIGPPQCDQFLEFDAD LIERREGSDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGI RTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYRNP PALIHWGVHSGSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFVPSGA RPQVNGQSGRIDFHWLILLDPNDTVTFTFNGAFIAPERASFRRGES LGVSQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCPRYV KQTSLLLATGMKNVPEPKTRGLFGAIAAGFIENGWGLIDGWYGF RHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELIDNE FSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSE MNKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYD HTQYRTESLQNRIQINPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFFLLAIAMG LVFICIKNNGNMRTICI	19
AFV33945 A/궐궐/Nebraska /17096-1/2011 2011/04/05 HA 409676820	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERRIEV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTLIGPPQCDQFLEF DADLIERREGSDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIVWGVHSGSATEQTKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFVPS GARPPQVNGQSGRIDFHWLILLDPNDTVTFTFNGAFIAPDRASFRR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMKNVPEPKTRGLFGAIAAGFIENGWGLIDGW YGRHQNQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFFLLAI AMGLVFICIKNNGNMRTICI	20

[0752]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AFV33947 A/거위/Nebraska /17097-4/2011 2011/04/05 HA 409676827	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTIGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIVGVVHHSASATEQTKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLLEDNDPNDTVTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMKNVNPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRCTICI	21
AFX85260 A/조카도요/Delaware Bay/220/1995 1995/05/21 HA 423514912	MNTQILAFIACMLIGINGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKRICTQGKRPIDLGQCGLLGTIGPPQCDQFLEF DSDLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACIRLGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHSANEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLLEDNDPNDTVTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGRCP RYVKQTSLLLATGMKNVNPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRTESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRCTICI	22
AGE08098 A/노던 shover1/Mississippi/110S145/ 2011 2011/01/08 HA 444344488	MNTQILTLIACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTIGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHSASATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLLEDNDPNDTVTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHNGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMKNVNPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRCTICI	23
AGI60301 A/Hangzhou/1/2 013 2013/03/24 HA 475662454	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVGIIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGISGRIDFHWLMLNPNDTVTFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQINIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFLLLAI VMGLVFICVKNNGNMRCTICI	24

[0753]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호 :
AGI60292 A/Shanghai/466 4T/2013 2013/03/05 HA 476403560	MNTQILVFALIAIIPANADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTITFSFNAGFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	25
AGJ72861 A/닭/Zhejiang/D TID-ZJU01/2013 2013/04/ HA 479280294	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGGEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQGGPRGTITGPPQCDQFLEF SADLIMERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNDTITFSFNAGFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	26
AGJ73503 A/Nanjing/1/20 13 2013/03/28 HA 479285761	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTITFSFNAGFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	27
BAN16711 A/오리/Gunma/46 6/2011 2011// HA 482661571	MNTQVLVFMALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTINGTTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIAWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTITFSFNAGFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDDTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	28

[0754]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGK84857 A/Hangzhou/2/2013 2013/04/01 HA 485649824	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQITKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLFPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	29
AGL44438 A/Shanghai/02/2013 2013/03/05 HA 496493389	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLFPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	30
AGL33692 A/Shanghai/4655T/2013 2013/02/26 HA 491874175	GMIDGWYGRFHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTN QQFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQ HTIDLADSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMA SIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAIAMGLVFICVKNGNMRCTICI	31
AGL33693 A/Shanghai/4659T/2013 2013/02/27 HA 491874186	GMIDGWYGRFHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTN QQFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQ HTIDLADSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMA SIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAIAMGLVFICVKNGNMRCTICI	32
AGL95088 A/Taiwan/S02076/2013 2013/04/22 HA 501485301	VFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETV ERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAL IVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQ VNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLRGKSMGI QSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLFPQNIDSRVAGKCPRYVKQR SLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGWYGRFHQ NAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNE VEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDK LYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKY REEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVF ICVKNGNMR	33

[0755]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGL95098 A/Taiwan/T0208 1/2013 2013/04/22 HA 501485319	LVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEFSADLI IERREGSDVCYPGKFFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRT NGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPA LIWVGIIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARP QVNGLSGRIDFHWLMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMG IQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQ RSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGWYGFRH QNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFN EVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMD KLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLV FICVKNGNMRCT	34
AGM53883 A/Shanghai/508 3T/2013 2013/04/20 HA 507593986	GFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELID NEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLAD SEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTY DHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCT	35
AGM53884 A/Shanghai/518 0T/2013 2013/04/23 HA 507593988	AQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEV EKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKL YERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYR EEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFI CVKNGNMRCTICI	36
AGM53885 A/Shanghai/524 0T/2013 2013/04/25 HA 507593990	QNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFN EVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMD KLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLV FICVKNGNMRCT	37
AGM53886 A/Shanghai/484 2T/2013 2013/04/13 HA 507593992	NAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNE VEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDK LYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKY REEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVF ICVKNGNMRCT	38
AGM53887 A/Shanghai/470 1T/2013 2013/04/06 HA 507593994	NAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNE VEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDK LYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKY REEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVF ICVKNGNMRCTIC	39
AGN69462 A/Wuxi/2/2013 2013/03/31 HA 511105778	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGSTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGSKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	40

[0756]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGN69474 A/Wuxi/1/2013 2013/03/31 HA 511105798	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLINGW YGF RHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSGGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	41
AGO51387 A/Jiangsu/2/20 13 2013/04/20 HA 514390990	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEG LIDGW YGF RHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYRXEAMXBIXIDPVKLSGGYKDVXJWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	42
BAN59726 A/오리/Mongolia /147/2008 2008/08/29 HA 519661951	MNTQILVFALVAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIGKETMGFTY SGIRTN GATSACRRSRSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTRSYKNT RKDPALIIWGIHHSGSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIIISNLPFQNI NSRTVGKCP RYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEG LIDGW YGF RHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIERTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSNGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	43
BAN59727 A/오리/Mongolia /129/2010 2010// HA 519661954	MNTQILVFALVAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERINVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKDPALIIWGIHHSGSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI NSRAVGKCP RYVKQESLMLLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEG LIDGW YGF RHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQINPVKLSGGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	44

[0757]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGQ80952 A/오리/Jiangxi/ 3096/2009 2009// HA 523788794	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTSIPRICSKGKRAVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQTTSYKNT RKDPALIIWGIHHSSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIISNLPFQINSRVAGKCP RYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVERQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNNGNMRCTICI	45
AGQ80989 A/오리/Jiangxi/ 3257/2009 2009// HA 523788868	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTSIPRICSKGKRAVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQTTSYKNT RKDPALIIWGIHHSSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIISNLPFQINSRVAGKCP RYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVERQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNNGNMRCTICI	46
AGQ81043 A/닭/Rizhao/515 /2013 2013// HA 523788976	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEEMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQINDSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNNGNMRCTICI	47
AGR33894 A/닭/Rizhao/719 b/2013 2013// HA 524845213	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQINDSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDRSKYREEAMQNRXXXXXXXXXXXXKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNNGNMRCTICI	48

[0758]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGR49399 A/닭/Jiangxi/SD 001/2013 2013/05/03 HA 525338528	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGW EGLIDGW YGFRHQNAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	49
AGR49495 A/닭/Shanghai/S 1358/2013 2013/04/03 HA 525338689	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGW EGLIDGW YGFRHQNAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIKNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	50
AGR49506 A/닭/Shanghai/S 1410/2013 2013/04/03 HA 525338708	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGW EGLIDGW YGFRHQNAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	51
AGR49554 A/닭/Zhejiang/S D033/2013 2013/04/11 HA 525338789	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGW EGLIDGW YGFRHQNAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	52

[0759]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGR49566 A/오리/Anhui/SC 702/2013 2013/04/16 HA 525338809	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDNRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	53
AGR49722 A/귀소 비둘기/Jiangsu/ SD184/2013 2013/04/20 HA 525339071	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SEIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDNRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	54
AGR49734 A/비둘기/Shangh ai/S1069/2013 2013/04/02 HA 525339091	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTITFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDNRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	55
AGR49770 A/wild 비둘기/Jiangsu/ SD001/2013 2013/04/17 HA 525339151	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDNRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	56

[0760]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGY41893 A/Huizhou/01/2013 2013/08/08 HA 552049496	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIEERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYSGSNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	57
AGY42258 A/청둥오리/Sweden/91/2002 2002/12/12 HA 552052155	FALVAIIPINADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVE RTNVPRICSRGKRTVDLGQCGLLGTIXGPPQCDQFLEFSADLIIE RREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNG AXSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRNDPALI IWGIHHSSTTEQTKLYSGSNKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQV NGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQ SGVQIDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIINRAVAGKCPRYVKQES LLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGWYGFRHQ NAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFTEV EKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLDASEMNKL YERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYR EAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIAMGLVFM CVKNGNMRCTICI	58
AHA11441 A/뽕닭/Nebraska/17096/2011 2011/04/10 HA 557478572	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTILGPPQCDQFLEF DADLIIEERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIVWGVHHSGSATEQTKLYSGSKLITVGSSKYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILLDPNDTVTFTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSSLPFQNIINPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEPNPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCIFLLLA AMGLVFICIKNGNMRCTICI	59
AHA11452 A/칠면조/Minnesota/32710/2011 2011/07/12 HA 557478591	MNTQILALIAACMLVGTGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTILGPPQCDQFLEF DADLIIEERREGTDVCYPGKFTNEEPLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNGATSTCRRSGSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIVWGVHHSGSATEQTKLYSGSKLITVGSSKYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILLDPNDTVTFTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSSLPFQNIINPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEPNPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFEMI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCIFLLLA AMGLVFICIKNGNMRCTICI	60

[0761]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AHA11461 A/칠면조/Minnesota/31900/2011 2011/07/05 HA 557478606	MNTQILALIALCMLVGTGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF DADLIERREGTDVCYPGKFTNEEPLRQLIRSGGIDKESMGFTY SGIRTNGATSTCRRSGSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNP RNPALIVWGVHSGSATEQTKLYSGSKLITVGSSKYQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILLDPNDTVTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSSLPFQINPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGRFHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRAESLQNRIDPVLKSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRTIC	61
AHK10585 A/닭/Guangdong/G1/2013 2013/05/05 HA 587680636	MNTQILVFALIAIPTNADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICKSGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQLIRSGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYSGSKLITVGSSNYQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLFPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGRFHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	62
AGG53366 A/wild 오리/Korea/CSM4 2-34/2011 2011/03/ HA 459252887	MNTQILVFALVIAIPTNADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICKSGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQLIRSGGIDKETMGLTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIVWGIHHSGSSTEQTKLYSGSKLITVGSSNYQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLFPQINSRVAGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGRFHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAI AMGLVFICVKNGNMRTIC	63
AGG53377 A/wild 오리/Korea/CSM4 2-1/2011 2011/03/ HA 459252925	MNTQILVFALVIAIPTNADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICKSGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQLIRSGGIDKETMGLTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIVWGIHHSGSSTEQTKLYSGSKLITVGSSNYQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLFPQINSRVAGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGRFHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAI AMGLVFICVKNGNMRT	64

[0762]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGG53399 A/wild 오리/Korea/MHC3 9-26/2011 2011/03/ HA 459253005	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIVWGIHHSBSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQINNSRAVGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	65
AGG53432 A/wild 오리/Korea/MHC3 5-41/2011 2011/03/ HA 459253136	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIVWGIHHSBSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQINNSRAVGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCT	66
AGG53476 A/wild 오리/Korea/SH19 -27/2010 2010/12/ HA 459253257	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIVWGIHHSBSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQINNSRAVGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTI	67
AGG53487 A/wild 오리/Korea/SH19 -50/2010 2010/01/ HA 459253278	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRDPALIVWGIHHSBSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIIISNLPFQINNSRAVGKCP RYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	68

[0763]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호 :
AGG53520 A/wild 오리/Korea/SH20-27/2008 2008/12/ HA 459253409	QILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNAT ETVERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQLLEFSAD LIIERREGTDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIEKETMGFTYSGI RTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKD PALIIWGIHHSSTTEQTKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSGA RPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNNDTVTFSGNGAFIAPDRASFRLGKS MGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQININSRAVGKCPRYV KQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGWYGF RHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNE FTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSE MNKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDH SKYREEAMQNRIQINPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMG LVFICVKNGNMR	69
AGL43637 A/Taiwan/1/2013 2013// HA 496297389	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGPSGRIDFHWLMLNPNNDTVTFSGNGAFIAPDRASFRL GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIINLPFQINIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	70
AGL97639 A/청둥오리/Minne sota/AI09- 3770/2009 2009/09/12 HA 505555371	IACMLVGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATETVET ANIKKLCTQGRPTDLGQCGLLGTILIGPPQCDQFLEFDADLIIER REGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGA TSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALII WGVHHSGSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFPSPGARPQVN GQSGRIDFHWLLLDPNNDTVTFTFNGAFIAPDRASFFRGESLGVQS DVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVKGKCPRYVKQTS LLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGWYGRFHQNA QGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELIDNEFSEIE QQIGNVINWTRDSMTELWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMNKLY ERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQYRT ESLQNRIQIDPVKLS	71
AGO02477 A/Xuzhou/1/2013 2013/04/25 HA 512403688	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGSKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNNDTVTFSGNGAFIAPDRASFRL GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQINIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKSIRNMRCTICI	72

[0764]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGR84942 A/Suzhou/5/2013 2013/04/12 HA 526304561	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGSKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	73
AGR84954 A/Nanjing/6/2013 2013/04/11 HA 526304594	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNRNMRCTICI	74
AGR84978 A/Wuxi/4/2013 2013/04/07 HA 526304656	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKSNNMRCTICI	75
AGR84990 A/Wuxi/3/2013 2013/04/07 HA 526304688	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKSNNMRCTICI	76

[0765]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGR85002 A/Zhenjiang/1/ 2013 2013/04/07 HA 526304708	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLFPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKSRNKRCTICI	77
AGR85026 A/Nanjing/2/20 13 2013/04/05 HA 526304762	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLFPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKSRNMRCTICI	78
AGU02230 A/Zhejiang/DTI D-ZJU05/2013 2013/04/ HA 532808765	LVFALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGGEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLRGITITGPPQCDQFLEFSADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRT NGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPA LIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARP QVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASF LR GKSMG IQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLFPQNIDSRVAGKCPRYVKQ RSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGWYGRH QNAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFN EVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMD KLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLV FICVKNNGNMRCT	79
AGU02233 A/Zhejiang/DTI D-ZJU08/2013 2013/04/ HA 532808788	FALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGGEVVNATETVE RTNFRPRICSKGKRTVDLGQCGLRGITITGPPQCDQFLEFSADLIIE RREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNG ATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALI VWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQV NGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASF LR GKSMGIQ SGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLFPQNIDSRVAGKCPRYVKQRS LLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGWYGRHQN AQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEV EKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKL YERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYR EEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFI CVKNNGNMRCT	80

[0766]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AGW82588 A/나무 sparrow/Shanghai/01/2013 2013/05/09 HA 546235348	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEWKLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNR IQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTIGI	81
AGW82600 A/Shanghai/CN01/2013 2013/04/11 HA 546235368	ALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVER TNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IER REGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGA TSACRRSRSSFYAEWKLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIV WGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPVN GLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQS GVQVDANCEGDCYHSGGTIMSNLPFQNI DSRAVGKCPRYVKQRS LLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGWYGFHQNA QGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEVE KQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLDADSEMDKLY ERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYRE EAMQNR IQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILAI VMGLVFIC VKNGNMRCTICI	82
AGW82612 A/Shanghai/JS01/2013 2013/04/03 HA 546235388	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEWKLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKNPALIVWGIHHSGSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFAPS PGARTQVNGQSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNR IQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFICVKNGNMRCTICI	83
AHA11472 A/칠면조/Minnesota/31676/2009 2009/12/08 HA 557478625	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNGETSACRRSGSSFYAEWKLLSNSNNAAFPQMTKSYRNP RDKPALIIWGVHHSGSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFPTS PGARPVNNGQSGRIDFHWL LLDPNNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQNI NINPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITNKLNR LIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRKESLQNR IQIDPVKLSSSGYKD IILWFSFGASCFLLLA AMGLVFICIKNGNMRCTICI	84

[0767]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AHA11483 A/칠면조/Minnesota/14135-2/2009 2009/08/07 HA 557478644	MNTQILALIALCMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTTLIGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSNNAFFQMTKSYRNP RDKPALIIWGVHHS GSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLLLDPN DTVTFTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITSKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEM NKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRKESLQNR IQIDPVKLSSGYKD IILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRTIC I	85
AHA11500 A/Zhejiang/DTID-ZJU10/2013 2013/10/14 HA 557478676	TQILVFALIAI IPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNA TETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSA DLIIERREGSDVCYPGKFVN EEARQILRESGGIDKEAMGFTYSG IRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAFFQMTKSYKNTRK SPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVSPG ARPPVNGLSGRIDFHWLMLNPN DTVTFSFNGAFIAPDRASFLRGK SMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRVAGKCPRY VKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGWY GRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDN EFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADS EMDKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYD HSKYREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI VM GLVFICVKN	86
AHA57050 A/칠면조/Minnesota/14659/2009 2009/08/12 HA 558484427	MNTQILALIALCMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTTLIGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSNNAFFQMTKSYRNP RDKPALIIWGVHHS GSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLLLDPN DTVTFTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITSKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEM NKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHNCDDQCMESIRNNT YDHTQYRKESLQNR IQIDPVKLSSGYKD IILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRTIC I	87
AHA57072 A/칠면조/Minnesota/18421/2009 2009/09/09 HA 558484465	MNTQILALIALCMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTTLIGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNSNDAFFQMTKSYRNP RDKPALIIWGVHHS GSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLLLDPN DTVTFTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQININPRTVGKCP RYVKQTSLLLATGMRNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEM NKLYERVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRKESLQNR IQIDPVKLSSGYKD IILWFSFGASCFLLLAI AMGLVFICIKNGNMRTIC I	88

[0768]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AHD25003 A/Guangdong/02/2013 2013/10/HA 568260567	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM	89
AHF20528 A/Hong Kong/470129/2013 2013/11/30 HA 570933555	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	90
AHF20568 A/Shanghai/CNO2/2013 2013/04/02 HA 570933626	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	91
AHH25185 A/Guangdong/04/2013 2013/12/16 HA 576106234	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIEKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	92

[0769]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AHJ57411 A/Shanghai/PD-01/2014 2014/01/17 HA 585478041	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVSS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCKGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	93
AHJ57418 A/Shanghai/PD-02/2014 2014/01/17 HA 585478256	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLK GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	94
AHK10800 A/Shanghai/01/2014 2014/01/03 HA 587681014	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	95
AHM24224 A/Beijing/3/2013 2013/04/16 HA 594704802	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVKEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	96

[0770]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AHN96472 A/Shanghai/PD-CN-02/2014 2014/01/21 HA 602701641	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	97
AHZ39686 A/Anhui/DEWH72-01/2013 2013// HA 632807036	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDDA AFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	98
AHZ39710 A/Anhui/DEWH72-03/2013 2013// HA 632807076	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTDGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDDA AFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	99
AHZ39746 A/Anhui/DEWH72-06/2013 2013// HA 632807136	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGERPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	100

[0771]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AHZ41929 A/청둥오리/Sweden/1621/2002 2002/12/12 HA 632810949	MNTQILVFALVAIIPINADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNVPRI CSRGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEARQLRLRESGGIDKETMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTD NAAFPQMTKSYKNT RNDPALIIWGIHHS GSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQIDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQINSRVAGKCP RYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLS SGYKDVILWFSFGASCFILLAI AMGLVFMCVKNGNMRTIC I	101
AHZ42537 A/청둥오리/Minnesota/AI09-3770/2009 2009/09/12 HA 632811964	MNTQILAFIACMLVGAKGDKICLGHHA VANGTKVNTLTERGIEVV NATETVETANIKKLC TQGKRPTDLGQCGLLGTLIGPPQCDQFLEF DADLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLS NSDNAAFPQMTKSYRNP RNKPALIIWGVHHS GSATEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFPS PGARPQVNGQSGRIDFHWL LLDPNNDTVTFTFNGAFIAPDRASFFR GESLGVSQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQINPRTVKGCP RYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGA IAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELI DNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTE LWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNT YDHTQYRTESLQNRIQIDPVKLS SGYKDII LWFSFGASCFLLAI AMGLVFICIKNGNMRTIC I	102
AHZ42549 A/꼬마도요/Delaware/AI00-1538/2000 2000/05/20 HA 632811984	MNTQILAFIACMLVGVRGDKICLGHHA VANGTKVNTLTEKGIEVV NATETVESANIKKICTQCKRPTDLGQCGLLGTLIGPPQCDQFLEF DSDLI IERREGTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLS NSDNAAFPQMTKSYRN PRNKPALIIWGVHHS GSANEQTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFPS SPGARPQVNGQSGRIDFHWL LLDPNNDTVTFTFNGAFIAPDRASFF RGESLGIQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQINPRTVKGK PRYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGA IAGFIENGWEGGLIDG WYGRFHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFEL MDNEFNEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDL ADSEMKNLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNN TYDHTQYRTESLQNRIQIDPVKLS SGYKDII LWFSFGASCFLLAI IAMGLIFICIKNGNMRTIC I	103
AID70634 A/Shanghai/Mix1/2014 2014/01/03 HA 660304650	MNTQILVFALIAIIPINADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEARQLRLRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQINIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGGLIDGW YGRFHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRIIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQISNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLS SGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC I	104

[0772]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AIN76383 A/Zhejiang/LS01/2014 2014/02/08 HA 684694637	MNTQILVFALIAIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGTTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIDSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSGKYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCITCI	105
AIU46619 A/닭/Zhejiang/D TID-ZJU06/2013 2013/12/ HA 699978931	MNTQILVFALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVEVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSGKYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCITCI	106
AIU47013 A/닭/Suzhou/040 201H/2013 2013/04/ HA 699979673	MNTQILVFALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSGKYKDMILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCITCI	107
AJJ90490 A/닭/Shenzhen/7 42/2013 2013/12/10 HA 755178094	MNTQILVFALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSGKYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCITCI	108

[0773]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ90526 A/닭/Shenzhen/898/2013 2013/12/09 HA 755178154	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDICYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACKRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISSLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPDKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	109
AJJ90538 A/silkie 닭/Shenzhen/918/2013 2013/12/09 HA 755178174	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPDKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	110
AJJ90576 A/닭/Shenzhen/1665/2013 2013/12/12 HA 755178238	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDICYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACKRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPDKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	111
AJJ90588 A/닭/Shenzhen/2110/2013 2013/12/13 HA 755178258	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIDPDKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	112

[0774]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ90661 A/닭/Dongguan/2912/2013 2013/12/18 HA 755178380	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	113
AJJ90673 A/silkie 닭/Dongguan/3049/2013 2013/12/18 HA 755178400	MNTQILVFALTAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	114
AJJ90795 A/silkie 닭/Dongguan/3281/2013 2013/12/18 HA 755178604	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVPNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	115
AJJ90891 A/silkie 닭/Dongguan/3520/2013 2013/12/19 HA 755178764	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKXPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	116

[0775]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ90951 A/닭/Dongguan/3 544/2013 2013/12/19 HA 755178864	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYRNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	117
AJJ91035 A/닭/Shenzhen/3 780/2013 2013/12/19 HA 755179004	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RRSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DNRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	118
AJJ91155 A/닭/Dongguan/4 037/2013 2013/12/19 HA 755179204	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	119
AJJ92005 A/닭/Shenzhen/8 01/2013 2013/12/09 HA 755180629	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	120

[0776]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ94254 A/닭/Dongguan/1374/2014 2014/02/21 HA 755184382	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFWHMLNPN DTVTF SFGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGFKHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKD VILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	121
AJJ94606 A/닭/Dongguan/191/2014 2014/02/20 HA 755184968	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRKS GGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFWHMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGF RHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKD VILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	122
AJJ96552 A/닭/Jiangxi/12206/2014 2014/03/16 HA 755188219	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTIDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFWHMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGF RHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHNKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKD VILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	123
AJJ96684 A/닭/Jiangxi/13207/2014 2014/03/30 HA 755188439	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKINTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NA AFPQM TKS YKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFWHMLNPN DTVTF SFGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGF RHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKD VILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNM RCTICI	124

[0777]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ96732 A/닭/Jiangxi/13 223/2014 2014/03/30 HA 755188519	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPPQVNLGSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	125
AJK00354 A/오리/Zhejiang /LS02/2014 2014/01/12 HA 755194469	MNTQILVFALVIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIVERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKDPALIIWGIHHSSTTEQTKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPS PGARPLVNGQSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI NSRAVGKCP RYVKQESLLLATGMKNVPEVPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQVTGKLNRLIEKTNQQFELI DHEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	126
AJJ91264 A/silkie 닭/Dongguan/412 9/2013 2013/12/19 HA 755179386	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPPQVNLGSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLMEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	127
AJJ91314 A/닭/Shaoxing/2 417/2013 2013/10/20 HA 755179470	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPPVNLGSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	128

[0778]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ91402 A/닭/Huzhou/404 5/2013 2013/10/24 HA 755179618	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE I FHKDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKEVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	129
AJJ91476 A/닭/Huzhou/407 6/2013 2013/10/24 HA 755179743	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN E EALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE I FHKDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	130
AJJ91725 A/닭/Shaoxing/5 201/2013 2013/10/28 HA 755180161	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE I FHKDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	131
AJJ91885 A/Shenzhen/SP4 /2014 2014/01/16 HA 755180429	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGVTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE I FHKDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	132

[0779]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ91909 A/Shenzhen/SP2 6/2014 2014/01/20 HA 755180469	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDICYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACKRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISSLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDGCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	133
AJJ91945 A/Shenzhen/SP3 8/2014 2014/01/22 HA 755180529	MNTQILAFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISSLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIGGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	134
AJJ91957 A/Shenzhen/SP4 4/2014 2014/01/23 HA 755180549	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGTTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISSLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	135
AJJ91969 A/Shenzhen/SP4 8/2014 2014/01/23 HA 755180569	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISSLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	136

[0780]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ91993 A/닭/Dongguan/4 119/2013 2013/12/19 HA 755180609	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLLGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFTLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	137
AJJ92031 A/닭/Dongguan/4 064/2013 2013/12/19 HA 755180672	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVESSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFTLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	138
AJJ92967 A/silkie 닭/Jiangxi/9469 2014 2014/02/16 HA 755182232	MNTQILVFALIAIIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFTLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	139
AJJ93027 A/닭/Jiangxi/95 58/2014 2014/02/16 HA 755182332	MNTQILVFALIAIIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFTLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	140

[0781]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ93051 A/닭/Jiangxi/10573/2014 2014/02/18 HA 755182372	MNTQILVFALIAIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTINGVTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDDAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC I	141
AJJ93845 A/silkie 닭/Dongguan/157/2014 2014/02/20 HA 755183695	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC I	142
AJJ93857 A/닭/Dongguan/169/2014 2014/02/20 HA 755183715	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTINGATSACMRSGSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNT RKSPAI IIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC I	143
AJJ93869 A/닭/Dongguan/173/2014 2014/02/20 HA 755183735	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC I	144

[0782]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ93881 A/닭/Dongguan/189/2014 2014/02/20 HA 755183755	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP KYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNVEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	145
AJJ93907 A/닭/Dongguan/449/2014 2014/02/20 HA 755183799	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPERASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNVEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	146
AJJ93931 A/닭/Dongguan/536/2014 2014/02/20 HA 755183839	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISKLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNVEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	147
AJJ93943 A/닭/Dongguan/568/2014 2014/02/20 HA 755183859	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIEKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFNFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNVEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASC FILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	148

[0783]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ93979 A/silkie 닭/Dongguan/656/2014 2014/02/20 HA 755183919	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFGLI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	149
AJJ94134 A/닭/Dongguan/1051/2014 2014/02/21 HA 755184182	MNTQILVLALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVXLSXGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	150
AJJ94158 A/닭/Dongguan/1075/2014 2014/02/21 HA 755184222	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPERASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYRGEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	151
AJJ94182 A/닭/Dongguan/1177/2014 2014/02/21 HA 755184262	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACKRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	152

[0784]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ94194 A/silkie 닭/Dongguan/126 4/2014 2014/02/21 HA 755184282	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTIDLGGCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPERASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQVTGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYRGEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFMLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	153
AJJ94206 A/silkie 닭/Dongguan/126 8/2014 2014/02/21 HA 755184302	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPERASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISDLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	154
AJJ94344 A/silkie 닭/Dongguan/145 1/2014 2014/02/21 HA 755184532	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NSTETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	155
AJJ94356 A/닭/Dongguan/1 456/2014 2014/02/21 HA 755184552	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPERASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPPQNIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	156

[0785]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ94396 A/닭/Dongguan/1494/2014 2014/02/21 HA 755184618	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFNGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPETPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGE G TAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	157
AJJ94754 A/닭/Dongguan/748/2014 2014/02/20 HA 755185215	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIEKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVNAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFNGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGE G TAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	158
AJJ94838 A/닭/Dongguan/835/2014 2014/02/20 HA 755185356	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSASTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFNGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGE G TAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGGYKDVILWFGFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	159
AJJ94862 A/닭/Dongguan/843/2014 2014/02/20 HA 755185396	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIEKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPN DTVTF SFNGAFIAPDRASF LR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTII SNLPFQNI DSRAVGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGE G TAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	160

[0786]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ94886 A/닭/Dongguan/851/2014 2014/02/20 HA 755185436	MNTQILAFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICII	161
AJJ94910 A/닭/Dongguan/874/2014 2014/02/20 HA 755185476	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSASTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICII	162
AJJ94959 A/silkie 닭/Dongguan/967/2014 2014/02/21 HA 755185558	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACXRSRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICII	163
AJJ95048 A/닭/Dongguan/1009/2014 2014/02/21 HA 755185708	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPETPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICII	164

[0787]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ95171 A/닭/Dongguan/1314/2014 2014/02/21 HA 755185913	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIFAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	165
AJJ95227 A/닭/Dongguan/1382/2014 2014/02/21 HA 755186006	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIFAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	166
AJJ95251 A/닭/Dongguan/1401/2014 2014/02/21 HA 755186046	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIFAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	167
AJJ95346 A/닭/Dongguan/1548/2014 2014/02/21 HA 755186206	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFNFNGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIFAGFIENGWEGGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	168

[0788]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ95382 A/닭/Dongguan/1690/2014 2014/02/21 HA 755186266	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNA AFPQM TKS YKNT RKSPAL IIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQV NGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNL PFQNI DSRAVGKCP RYVKQR SLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGFRHQ NAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	167
AJJ95464 A/닭/Shenzhen/138/2014 2014/02/19 HA 755186404	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNA AFPQM TKS YKNT RKSPAL IIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQV NGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNL PFQNI DSRAVGKCP RYVKQR SLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGFRHQ NAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYRGEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFMLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	170
AJJ95572 A/닭/Dongguan/1100/2014 2014/02/21 HA 755186584	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIEKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNA AFPQM TKS YKNT RKSPAL IIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQV NGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNL PFQNI DSRAVGKCP RYVKQR SLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGFRHQ NAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	171
AJJ95584 A/silkie 닭/Dongguan/1519/2014 2014/02/21 HA 755186604	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GATSACRRSGSSFYAEMKWL L SNTDNA AFPQM TKS YKNT RKSPAL IIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQV NGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPERASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNL PFQNI DSRAVGKCP RYVKQR SLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIENGW EGLIDGW YGFRHQ NAQQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYRGEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFMLLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	172

[0789]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ95596 A/Shenzhen/SP5 8/2014 2014/01/25 HA 755186624	MNTQILAFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEARLRLRESGGIDKEAMGFTY SGIRANGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKDDDCMASIRNNT YDH SKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	173
AJJ95620 A/Shenzhen/SP7 5/2014 2014/02/15 HA 755186664	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEARLRLRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGSTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKDDDCMASIRNNT YDH SKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAV VMGLVFICVKNGNMRCTICI	174
AJJ95632 A/Shenzhen/SP6 2/2014 2014/02/05 HA 755186684	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEARLRLRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAFPQMTKSYKNT RKSPALI IWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKDDDCMASIRNNT YDH SKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	175
AJJ96720 A/닭/Jiangxi/13 220/2014 2014/03/30 HA 755188499	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTTIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEARLRLRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIENGWEG LIDGW YGFRHQNAQGE GGTAAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKDDDCMASIRNNT YDH SKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	176

[0790]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ96817 A/닭/Jiangxi/95 13/2014 2014/02/16 HA 755188661	MNTQILVFALIAIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATEIVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GVT S A CRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQKSL L L A T G M K N V P E I P K G R G L F G A I A G F I E N G W E G L I D G W Y G F R H Q N A Q G E G T A A D Y K S T Q S A I D Q I T G K L N R L I E K T N Q Q F E L I D N E F N E V E K Q I G N V I N W T R D S I T E V W S Y N A E L L V A M E N Q H T I D L A D S E M D K L Y E R V K R Q L R E N A E E D G T G C F E I F H K C D D D C M A S I R N N T Y D H S K Y R E E A M Q N R I Q I D P V K L S S G Y K D V I L W F S F G A S C F I L L A I V M G L V F I C V K N G N M R C T I C I	177
AJJ96841 A/Shenzhen/SP1 39/2014 2014/04/02 HA 755188701	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATEIVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRSGGIDKEAMGFTY SGIRTN GAT S T CRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPAI I V W G I H H S V S T A E Q T K L Y G S G N K L V T V G S S N Y Q Q S F V P S P G A R P Q V N L S G R I D F H W L M L N P N D T V T F S F N G A F I A P D R A C F L R G K S M G I Q S G V Q V D A D C E G D C Y H S G G T I I S N L P F Q N I D S R A V G K C P R Y V K Q R S L L L A T G M K N V P E I P K G R G L F G A I A G F I E N G W E G L I D G W Y G F R H Q N A Q G E G T A A D Y K S T Q S A I D Q I T G K L N R L I E K T N Q Q F E L I D N E F N E V E R Q I G N V I N W T R D S I T E V W S Y N A E L L V A M E N Q H T I D L A D S E M D K L Y E R V K R Q L R E N A E E D G T G C F E I F H K C D D D C M A S I R N N T Y D H S K Y R E E A M Q N R I Q I D P V K L S S G Y K D V I L W F S F G A S C F I L L A I V M G L V F I C V K N G N M R C T I C I	178
AJJ96889 A/닭/Jiangxi/13 496/2014 2014/04/11 HA 755188781	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATEIVERTXIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKXAMGFTY SGIRTN GAT S A CRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSXGTIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQKSL L L A T G M K N V P E I P K G R G L F G A I A G F I E N G W E G L I D G W Y G F R H Q N A Q G E G T A A D Y K S T Q S A I D Q I T G K L N R L I E K T N Q Q F E L I D N E F N E V E K Q I G N V I N W T R D S I T E V W S Y N A E L L V A M E N Q H T I D L A D S E M D K L Y E R V K R Q L R E N A E E D G T G C F E I F H K C D D D C M A S I R N N T Y D H S K Y R E E A M Q N R I Q I D P V K L S S G Y K D V I L W F S F G A S C F I L L A I V M G L V F I C V K N G N M R C T I C I	179
AJJ96901 A/닭/Jiangxi/13 502/2014 2014/04/11 HA 755188801	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATEIVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVN EEA LRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTN GAT S A CRRSGSSFYAEMKWL L SNTD NAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNL SGRIDFHWLMLNPNDTVTF SFNGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSXGTIISNL P FQNI DSRVAGKCP RYVKQKSL L L A T G M K N V P E I P K G R G L F G A I A G F I E N G W E G L I D G W Y G F R H Q N A Q G E G T A A D Y K S T Q S A I D Q I T G K L N R L I E K T N Q Q F E L I D N E F N E V E K Q I G N V I N W T R D S I T E L W S Y N A E L L V A M E N Q H T I D L A D S E M D K L Y E R V K R Q L R E N A E E D G T G C F E I F H K C D D D C M A S I R N N T Y D H S K Y R E E A M Q N R I Q I D P V K L S S G Y K D V I L W F S F G A S C F I L L A I V M G L V F I C V K N G N M R C T I C I	180

[0791]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ96925 A/닭/Jiangxi/13 513/2014 2014/04/11 HA 755188841	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY NGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHTVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDLHWMMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICI	181
AJJ97267 A/닭/Jiangxi/13 252/2014 2014/03/30 HA 755189411	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICI	182
AJJ97291 A/닭/Jiangxi/13 493/2014 2014/04/06 HA 755189451	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY NGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICI	183
AJJ97331 A/닭/Jiangxi/13 512/2014 2014/04/06 HA 755189517	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY NGIRTINGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTICI	184

[0792]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ97373 A/닭/Jiangxi/13 521/2014 2014/04/06 HA 755189587	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY NGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPXRSFRLR GKSGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	185
AJJ97443 A/닭/Jiangxi/13 530/2014 2014/04/06 HA 755189702	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTTIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	186
AJJ97582 A/닭/Jiangxi/14 023/2014 2014/04/13 HA 755189933	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	187
AJJ97697 A/닭/Jiangxi/14 517/2014 2014/04/20 HA 755190125	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRTIC	188

[0793]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ97709 A/닭/Jiangxi/14 518/2014 2014/04/20 HA 755190145	MNTQILVFALIAIIPANADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY NGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGNCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVLWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	189
AJJ97745 A/닭/Jiangxi/14 554/2014 2014/04/20 HA 755190205	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELM DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVLWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	190
AJJ97757 A/닭/Shantou/25 37/2014 2014/04/16 HA 755190225	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVLWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	191
AJJ97841 A/오리/Jiangxi/ 15044/2014 2014/04/27 HA 755190365	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLIIERREGSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNAGTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNGLSGRIDFHWMLMLNPNDTVTFSFNGAFIAPDRASFRLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNIIDSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLIDGW YGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVRLSSGYKDVLWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNGNMRCTICI	192

[0794]

승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별번호:
AJJ97899 A/닭/Jiangxi/15524/2014 2014/05/05 HA 755190462	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHRKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFMCKNGNMRTIC I	193
AJJ97925 A/silkie 닭/Shantou/2050/2014 2014/03/25 HA 755190506	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEVPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNNGNMRTIC I	194
AJJ97973 A/닭/Shantou/4325/2014 2014/07/01 HA 755190586	MNTQILVFALISIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTY SGIRTNGVTSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPAIIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQRSLLLATGMKNVPEVPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNNGNMRTIC I	195
AJJ97998 A/닭/Shantou/4816/2014 2014/07/22 HA 755190628	MNTQILVFALIAIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVV NATETVERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEF SADLI IERREGSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTY SGIRTNGATSACRRSGSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNT RKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPS PGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENGAFIAPDRASFLR GKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQNI DSRVAGKCP RYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGGLIDGW YGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELV DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNT YDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVKNNGNMRTIC I	196

[0795]

표 15: H10 혈구응집소 아미노산 서열

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:

[0796]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AAM19228 A/칠면조/Min nesota/3842 9/1988 1988// HA 20335017	ACVLVEAKGDKICLGHHAVVNGTKVNTLTKEGIEVVNATETVETANIGKI CTQGRPTDLGQCGLLGLTLIGPPQCDQFLEFESDLIERREGNDVCYPGK FTNEESLRQLIRGSGGIDKESMGFTYSGIITNGATSACRRSGSSFYAEMK WLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIVWGIHHSSTTEQTCLYSGSNK LITVESKYYQSFPSPGARPQVNGESGRIDFWMLLDPNDTVTFTFNGA FIAPDRASFFKGESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSSLPFQININPR TVGKCPRYVKQPSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIEKDGGSHTY	197
	AA46211 A/청둥오리/S weden/91/20 02 2002// HA 66394828	MNTQILVFALVAIIPINADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPKICSRGKRTVDLGQCGLLGLTLIGPPQCDQFLEFESADLIERRE GSDVCYPGKFTVNEEALRQLIRGSGGIDKETMGFTYSGIRTN ACRSG SSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYKNRNDPALIIGWGIHHSSTTEQT KLYGSGNKLITVGSSNYQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFWMLLDPNDT VTFTFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQIDANCEGDCYHSGGTIIISNL PFQININRAVKGKCPRYVKQESLLLATGMRNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ FELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA SEMKNLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMASIRNNTYDHSKY REEAMQNRQIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFMCKVN GNMRCTICI	198
	ABI84694 A/칠면조/Min nesota/1/19 88 1988/07/13 HA 115278573	MNTQILVFIACVLVEAKGDKICLGHHAVVNGTKVNTLTKEGIEVVNATET VETANIGKICTQGRPTDLGQCGLLGLTLIGPPQCDQFLEFESDLIERRE GNDVCYPGKFTNEESLRQLIRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIIGWGIHHSSTTEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQSFPSPGARPQVNGQSGRIDFWMLLDPND TVTFTFNGAFIAPDRASFFKGESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQPSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMESIRNNTYDHAQ YRAESLQNRQIDPVLKSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	199
	ABS89409 A/푸른날개쇠 오리/Ohio/5 66/2006 2006// HA 155016324	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKICTQGRPTDLGQCGLLGLTLIGPPQCDQFLEFSDLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQLIRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIIGVHHSGSATEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQSFPSPGARPQVNGQSGRIDFWMLLDPND TVTFTFNGAFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQPSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMESIRNNTYDHTQ YRTESLQNRQIDPVLKSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	200
	ACD03594 A/꼬까도요/D E/1538/2000 2000// HA 187384848	MNTQILAFIACMLVGRGDKICLGHHAVANGTKVNTLTKEGIEVVNATET VESANIKKICTQGRPTDLGQCGLLGLTLIGPPQCDQFLEFSDLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQLIRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIIGVHHSGSANEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQSFPSPGARPQVNGQSGRIDFWMLLDPND TVTFTFNGAFIAPDRASFFRGESLGIQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQPSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELMDNEFNEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMESIRNNTYDHTQ YRTESLQNRQIDPVLKSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	201

[0797]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	BAH22785 A/오리/Mongolia/119/2008 2008//HA 223717820	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIGKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSNSTTEQ TKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPSPGAREQVNGQSGRIDFHWMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIISN LPFQINSRVTVGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIERTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSNGYKDVILWFSEFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	202
	CAY39406 A/Anas crecca/Spain/1460/2008 2008/01/26 HA 254674376	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSNSTTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGAREQVNGQSGRIDFHWMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQINSRVTVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	203
	ACX53683 A/거위/Czech Republic/1848-K9/2009 2009/02/04 HA 260907763	MNIQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRG GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSNSTTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGAREQVNGQSGRIDFHWMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQINSRVTVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQINPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	204
	ACZ48625 A/칠면조/Minnesota/38429/1988 1988// HA 269826341	MNTQILVFACVLVEAKGDKICLGHHAVVNGTKVNTLTEKGIEVVNATET VETANIGKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFESDLIERRE GNDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNPALIVWGIHHSNSTTEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFVPSPGAREQVNGQSGRIDFHWMLLDPN TVTFSENGAFIAPDRASFFKGESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSS LPFQINPRVTVGKCPRYVKQPSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFKHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFEL	205
	ADC29485 A/청둥오리/Spain/08.00991.3/2005 2005/11/ HA 284927336	STQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMT EVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMKNLYERVKRQLRENAEEDGTGCFE IFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWF SEFGASCFILL	206

[0798]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	ADK71137 A/푸른날개쇠 오리/Guatem ala/CIP049- 01/2008 2008/02/07 HA 301333785	MNTQILALALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTIGPPQCDFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTINGATSACRRS GSSSYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNPALIIWGVHHS GSATEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSF TSPGTRPQVNGQSGRIDFHWLLLD PND TVTFTFNAGAFIAPDRASFLRGKSLGIQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ HFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRTESLQNR IQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	207
	ADK71148 A/푸른날개쇠 오리/Guatem ala/CIP049- 02/2008 2008/03/05 HA 301333804	MNTQILALALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNXTET VETANIKKICTHGRPTDLGQCGLLGTIGPPQCDFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTINGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNPALIIWGVHHS GSATEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSF TSPGTRPQVNGQSGRIDFHWLLLD PND TVTFTFNAGAFIAPDRASFLRGKSLGIQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMRNVPENPKTRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRTESLQNR IQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	208
	ADN34727 A/거위/Czec h Republic/18 48-T14/2009 2009/02/04 HA 307141869	MNIQILVLFALVAIIP TNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDFLEFSADLI IERRG GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTINGXTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHS GSTTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPN TVTFTFNAGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQININRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQINPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	209
	AEK84760 A/wild 새/Korea/A1 4/2011 2011/02/ HA 341610308	PAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLPFQININ SRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLI DGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDN EFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMKNL YERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQ NRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVKNGNMRCT ICI	210
	AEK84761 A/wild 새/Korea/A3 /2011 2011/02/ HA 341610310	ILVLFALVAIIP TNANKIGLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVFNATETVERT NVPRICSKGKKTVDLGQCGLRGTITGPPQCDFLKFSPDLI IERQKGS DV CYPGKFVNEKPLRQILRESGGIDKETMGFAYNGIKTNGPPIACRKSGSSF YAKMKWLLSNTDKAAFPQMTKSYKNTRRNPALIVWGIHHS GSTTKQT KLY GIGSNLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPN DTVTF SFNGAFI PPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLPFQ NINSRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKKGGLFGAIAGFIE NGWE GLIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFEL IDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM NKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREE AMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVKNGNM RCTICI	211

[0799]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AEK84763 A/wild 새/Korea/A9 /2011 2011/02/ HA 341610314	ILVFALVAIIPTNANKIGLGHAVSNGTKVNTLTERGVEFFNATETVEPT NVPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDV CYPGKFVNEKALRQILRESGGIDKETMGFAYSGIKTNGPPIACRKSQSSS YAKMKWLLSNTDKAAFPQMTKSYKNIRRDPAIIVWGIHHSGSTTKQTNLY GIGSNLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTF IFNGAFIAPDRASFLIGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLPFQ NINSRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWE GLIDGWYGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFEL IDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM NKLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREE AMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIAMGLVFCVKNNGNM RCTICI	212
	AEK84765 A/spot- billed 오리/Korea/ 447/2011 2011/04/ HA 341610318	LVFALVAIIPTNADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTN VPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDVC YPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSSFY AEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPAIIVWGIHHSGSTTEQTKLYG SGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFS FNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISNLPFQ INSRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGWE GLIDGWYGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFEL IDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM NKLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREE AMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIAMGLVFCVKNNGNM RCTICI	213
	AEM98291 A/wild 오리/Mongol ia/1- 241/2008 2008/04/ HA 344196120	SILVFALVAIIPTNADKICLGHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVER TNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSD VCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSS FYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIVWGIHHSGSTTEQTKL YGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNDTVT FSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGSIISNLPF QNINSRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGW EGLIDGWYGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFE LIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSE MNKLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYRE EAMQNRIQINPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIAMGLVFCVKNNGN MRCTI	214
	AFM09439 A/emperor 거위/Alaska /44063- 061/2006 2006/05/23 HA 390535062	QILAFIACMLIGAKGDKICLGHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATETVET VNIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTIGPPQCDQFLEFDADLIERRKGT VCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSS FYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNPALIIVGVHHSGSATEQTKL YGSGNKLITVGSSKYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNDTVT FTFNGAFIAPERASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPF QNINPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGW EGLIDGWYGFRRHQAQEGGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFE LIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSE MNKLYERVRRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMESIRNNTYDHTQYRT ESLQNRIQINPVKLSSGYKDIIWFSFGASCFFLLAIAMGLVFCIKNGN MRCTICI	215

[0800]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AFV33945 A/뿔닭/Nebraska/17096-1/2011 2011/04/05 HA 409676820	MNTQILALALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERRIEIVVNATET VETANIKKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTLLIGPPQCDQFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIVGVVHSGSATEQ TKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFTPSPGARQVNGQSGRIDFWHLLDPND TVTFTFNAGFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMRNVNPNKTRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNYDHTQ YRAESLQNRQIDPVKLSSGYKDIILWFSEFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	216
	AFV33947 A/거위/Nebraska/17097-4/2011 2011/04/05 HA 409676827	MNTQILALALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTLLIGPPQCDQFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIVGVVHHSASATEQ TKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFTPSPGARQVNGQSGRIDFWHLLDPND TVTFTFNAGFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMRNVNPNKTRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNYDHTQ YRAESLQNRQIDPVKLSSGYKDIILWFSEFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	217
	AFX85260 A/꼬까도요/Delaware Bay/220/1995 1995/05/21 HA 423514912	MNTQILALALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKRICTQGKRPTDLGQCGLLGTLLIGPPQCDQFLEFDSDLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACIRL GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIIWGVVHSGSANEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPSPGARQVNGQSGRIDFWHLLDPND TVTFTFNAGFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGRCPRYVKQTSLLLATGMKNVNPENPKTRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFNEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNYDHTQ YRATESLQNRQIDPVKLSSGYKDIILWFSEFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	218
	AGE08098 A/노턴 shoverl/Mississippi/11 OS145/2011 2011/01/08 HA 444344488	MNTQILTLALACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTLLIGPPQCDQFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNKPALIIWGVVHSGSATEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPSPGARQVNGQSGRIDFWHLLDPND TVTFTFNAGFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHNGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMRNVNPNKTRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNYDHTQ YRAESLQNRQIDPVKLSSGYKDIILWFSEFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	219

[0801]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGI60301 A/Hangzhou/ 1/2013 2013/03/24 HA 475662454	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGAR PQVNGISGRIDFHWLMLNPND TVTF SFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTI ISN LPFQNI DSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE IFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRTCICI	220
	AGI60292 A/Shanghai/ 4664T/2013 2013/03/05 HA 476403560	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGAR PQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTF SFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCCHSGGTI ISN LPFQNI DSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE IFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRTCICI	221
	AGJ72861 A/닭/Zhejia ng/DTID- ZJU01/2013 2013/04/ HA 479280294	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQGGPRGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGAR PQVNGQSGRIDFHWLMLNPND TVTF SFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTI ISN LPFQNI DSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE IFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRTCICI	222
	AGJ73503 A/Nanjing/1 /2013 2013/03/28 HA 479285761	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGAR PQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTF SFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTI ISN LPFQNI DSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGA IAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFE IFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRTCICI	223

[0802]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	BAN16711 A/오리/Gunm a/466/2011 2011// HA 482661571	MNTQVLVFALMAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGTTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIAWGIHHSGSTTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIINSRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVRRQLRENAEEDDTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIAMGLVFICVK NGNMRICTICI	224
	AGK84857 A/Hangzhou/ 2/2013 2013/04/01 HA 485649824	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQITKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVK NGNMRICTICI	225
	AGL44438 A/Shanghai/ 02/2013 2013/03/05 HA 4964493389	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVK NGNMRICTICI	226
	AGL33692 A/Shanghai/ 4655T/2013 2013/02/26 HA 491874175	GMIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFEL IDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM DKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREE AMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIAMGLVFICVKNGNM RICTICI	227
	AGL33693 A/Shanghai/ 4659T/2013 2013/02/27 HA 491874186	GMIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFEL IDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEM DKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREE AMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVKNGNM RICTICI	228
	AGL95088 A/Taiwan/S0 2076/2013 2013/04/22 HA 501485301	VFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTNI PRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDVCY PGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSSFYA EMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGS GNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTVTFSE NGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPPQNI DSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWGL IDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELID NEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDK LYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAM QNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVKNGNM	229

[0803]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGL95098 A/Taiwan/T0 2081/2013 2013/04/22 HA 501485319	LVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTN IPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERREGSDVC YPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSSFY AEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYG SGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWLMLNPNDTVTF FNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQ IDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEG LIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMD KLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEA MQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVKNGNMR CT	230
	AGM53883 A/Shanghai/ 5083T/2013 2013/04/20 HA 507593986	GFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNE VEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKLYERV KRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQ IDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVKNGNMRCT	231
	AGM53884 A/Shanghai/ 5180T/2013 2013/04/23 HA 507593988	AQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEVEKQIG NVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKLYERVKRQLRE NAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPVKL SSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVKNGNMRCTICI	232
	AGM53885 A/Shanghai/ 5240T/2013 2013/04/25 HA 507593990	QNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEVEKQ IGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKLYERVKRQL RENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPV KLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVKNGNMRCT	233
	AGM53886 A/Shanghai/ 4842T/2013 2013/04/13 HA 507593992	NAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEVEKQI GNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKLYERVKRQLR ENAEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPVK LSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVKNGNMRCT	234
	AGM53887 A/Shanghai/ 4701T/2013 2013/04/06 HA 507593994	NAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDNEFNEVEKQI GNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKLYERVKRQLR ENAEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQNRIQIDPVK LSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVKNGNMRCTIC	235
	AGN69462 A/Wuxi/2/20 13 2013/03/31 HA 511105778	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGSTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGSKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWLMLNPND TVTFNFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNDIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	236

[0804]

서열식별 번호:	승인 번호 / 관주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGN69474 A/Wuxi/1/2013 2013/03/31 HA 511105798	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAVGKCPRYVKQRLSLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLINGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	236
	AGO51387 A/Jiangsu/2/2013 2013/04/20 HA 514390990	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAVGKCPRYVKQRLSLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEMXBXIQIDPVLSSGYKDVXJWFSFGASCFILLAIIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	238
	BAN59726 A/오리/Mongolia/147/2008 2008/08/29 HA 519661951	MNTQILVFALVIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIGKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS RSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSGSTTEQ TKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIISN LPFQNIINSRTVVGKCPRYVKQESLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIERTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLKSNGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	239
	BAN59727 A/오리/Mongolia/129/2010 2010// HA 519661954	MNTQILVFALVIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERINVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSGSTTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIINSRAVVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQINPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	240

[0805]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGQ80952 A/오리/Jian gxi/3096/20 09 2009// HA 523788794	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTSIPRICSKGKRAVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQTTSYKNTRKDPALIIWGIHHSNSTEQ TKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIISN LPPQNINSRAVGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVERQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	241
	AGQ80989 A/오리/Jian gxi/3257/20 09 2009// HA 523788868	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTSIPRICSKGKRAVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQTTSYKNTRKDPALIIWGIHHSNSTEQ TKLYGSGNKLITVGXSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHNGGTIISN LPPQNINSRAVGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVERQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	242
	AGQ81043 A/닭/Rizhao /515/2013 2013// HA 523788976	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEEMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	243
	AGR33894 A/닭/Rizhao /719b/2013 2013// HA 524845213	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDRSK YREEAMQNRXXXXXXXXXXXXKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	244

[0806]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGR49399 A/닭/Jiangxi/SD001/2013 2013/05/03 HA 525338528	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRKSGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	245
	AGR49495 A/닭/Shanghai/S1358/2013 2013/04/03 HA 525338689	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIKNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	246
	AGR49506 A/닭/Shanghai/S1410/2013 2013/04/03 HA 525338708	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	247
	AGR49554 A/닭/Zhejiang/SD033/2013 2013/04/11 HA 525338789	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	248

[0807]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGR49566 A/오리/Anhu i/SC702/201 3 2013/04/16 HA 525338809	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIIDNRAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	249
	AGR49722 A/귀소 비둘기/Jiang su/SD184/20 13 2013/04/20 HA 525339071	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSEIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIIDNRAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	250
	AGR49734 A/비둘기/Shan ghai/S1069 /2013 2013/04/02 HA 525339091	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIIDNRAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	251
	AGR49770 A/wild 비둘기/Jiang su/SD001/20 13 2013/04/17 HA 525339151	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIIDNRAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	252

[0808]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGY41893 A/Huizhou/0 1/2013 2013/08/08 HA 552049496	MNTQILVFIATAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVGIIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVSPGARPOVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSTFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVADADCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	253
	AGY42258 A/청둥오리/s weden/91/20 02 2002/12/12 HA 552052155	FALVAIIPINADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTNVP RICSRGKRTVDLGQCGLLGTIXGPPQCDQFLEFSADLI IERREGSDVCYP GKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNAGXSACRRSGSSFYAE MKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRNDPALI IWGIIHSGSTTEQTKLYGSG NKLITVGSSNYQQSFVSPGARPOVNGQSGRIDFHWLILNPNDTVTFSTFN GAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQIDANCEGDCYHSGGTIISNLPFQIN SRVAGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLI DGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQFELIDN EFTVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMNKL YERVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEMQ NRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFMVCKNGNMRCT ICI	254
	AHA11441 A/뽕닭/Nebr aska/17096/ 2011 2011/04/10 HA 557478572	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKI CTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNAGTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPRNKPALIVGVHHS GSATEQ TKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFVSPGARPOVNGQSGRIDFHWL LLD PND TVTFTFNGAFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKG GTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	255
	AHA11452 A/칠면조/Min nesota/3271 0/2011 2011/07/12 HA 557478591	MNTQILALIAACMLVGTKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKI CTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLI IERRE GTDVCYPGKFTNEEPLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNAGTSTCRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPRNKPALIVGVHHS GSATEQ TKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFVSPGARPOVNGQSGRIDFHWL LLD PND TVTFTFNGAFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKG GTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFEMIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRAESLQNRIQIDPVKLSSGYKDIILWFSFGASCFLLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	256

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AHA11461 A/칠면조/Minnesota/3190 0/2011 2011/07/05 HA 557478606	MNTQILALAIACMLVGTGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIIEERRE GTDVCYPGKFTNEEPLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNATSTCRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPKNPALIVWGVHHSQSATEQ TKLYGSGSKLITVGSSKYQQSFTSPSGARPQVNGQSGRIDFHWLLLDPN TVTFTFNGAFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHKGTTIVSS LPPQININPRTVKGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEIWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRAESLQNRIDPVLSSGYKDIILWFSFGASCFLLAIAIAMLGVFICIK NGNMRICTICI	257
	AHK10585 A/닭/Guangdong/G1/2013 2013/05/05 HA 587680636	MNTQILVLFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNATSTCRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPN TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQININPRTVKGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIIVMGLVFCVK NGNMRICTICI	258
	AGG53366 A/오리/Korea/CSM42- 34/2011 2011/03/ HA 459252887	MNTQILVLFALVIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGLTYSGIRTNATSTCRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIVWGIHHSQSSTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPN TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPPQININPRTVKGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFCVK NGNMRICTICI	259
	AGG53377 A/wild 오리/Korea/CSM42- 1/2011 2011/03/ HA 459252925	MNTQILVLFALVIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKETMGLTYSGIRTNATSTCRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIVWGIHHSQSSTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLILNPN TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPPQININPRTVKGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFCVK NGNMRICT	260

[0810]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGG53399 A/wild 오리/Korea/ MHC39- 26/2011 2011/03/ HA 459253005	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIVWGIHHSNSTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPFQINSRVAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	261
	AGG53432 A/wild 오리/Korea/ MHC35- 41/2011 2011/03/ HA 459253136	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIVWGIHHSNSTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPFQINSRVAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCT	262
	AGG53476 A/wild 오리/Korea/ SH19- 27/2010 2010/12/ HA 459253257	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIVWGIHHSNSTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPFQINSRVAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTI	263
	AGG53487 A/wild 오리/Korea/ SH19- 50/2010 2010/01/ HA 459253278	MNTQILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRDPALIVWGIHHSNSTEQ TKLYGSGSKLITVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDASCEGDCYHSGGTIISN LPFQINSRVAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPEPPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMKNLYERVRRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	264

[0811]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGG53520 A/wild 오리/Korea/ SH20- 27/2008 2008/12/ HA 459253409	QILVFALVAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVER TNVPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGTD VCYPGKFVNNEALRQILRESGGIEKETMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSS FYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSGSTEQTKL YSGSGKLITVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNPNDVT FSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPF QNINSRAVGKCPRYVKQESLMLATGMKNVPELPKGRGLFGAIAAGFIENGW EGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFE LIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSE MNKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYRE EAMQNRIQINPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIAMGLVFICVKNGN MR	265
	AGL43637 A/Taiwan/1/ 2013 2013// HA 496297389	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGPSGRIDFHWLMLNPNP TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIINN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIVMGLVFICVK NGNMRTCTICI	266
	AGL97639 A/청둥오리/M innesota/AI 09- 3770/2009 2009/09/12 HA 505555371	IACMLVGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATETVETANIKK LCTQKRPDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIERREGTDVCYPG KFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSSFYAEM KWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPKNPALIIWGVHHSGSATEQTKLYGSGN KLITVGSSKYQQSFPTSPGARPQVNGQSGRIDFHWLMLNPNPNDVTFTFNG AFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSSLPFQNIINP RTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIENGWEGLID GWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQQFELIDNE FSEIEQQIGNVINWTRDSMTELWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMNKLY ERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQYRTESLQN RIQIDPVKLS	267
	AGO02477 A/Xuzhou/1/ 2013 2013/04/25 HA 512403688	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGSKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNP TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIVMGLVFICVK SRNMRTCTICI	268
	AGR84942 A/Suzhou/5/ 2013 2013/04/12 HA 526304561	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGSKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPNP TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFFILLAIVMGLVFICVK NGNMRTCTICI	269

[0812]

서열식별 번호:	승인 번호 / 관주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGR84954 A/Nanjing/6 /2013 2013/04/11 HA 526304594	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NRNMRCTICI	270
	AGR84978 A/Wuxi/4/20 13 2013/04/07 HA 526304656	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK SRNMRCTICI	271
	AGR84990 A/Wuxi/3/20 13 2013/04/07 HA 526304688	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK SRNMRCTICI	272
	AGR85002 A/Zhenjiang /1/2013 2013/04/07 HA 526304708	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK SRNMRCTICI	273

[0813]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGR85026 A/Nanjing/2 /2013 2013/04/05 HA 526304762	MNTQILVFALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKMTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVK SRNMRCTICI	274
	AGU02230 A/Zhejiang/ DTID- ZJU05/2013 2013/04/ HA 532808765	LVFALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGGEVVNATETVERTN IPRICSKGKRTVDLGQCGLRGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDVC YPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSSFY AEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYG SGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNNDTVTF SENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLP FQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGW GLIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELI DNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMD KLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEA MQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVKNNGMR CT	275
	AGU02233 A/Zhejiang/ DTID- ZJU08/2013 2013/04/ HA 532808788	FALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGGEVVNATETVERTNFP RICSKGKRTVDLGQCGLRGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDVCYP GKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRSGSSFYAE MKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSG NKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSE NGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISNLPFQ NIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWGLI DGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDN EFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKL YERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQ NRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVKNNGMRCT	276
	AGW82588 A/나루 sparrow/Sh anghai/01/20 13 2013/05/09 HA 546235348	MNTQILVFALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTIGI	277
	AGW82600 A/Shanghai/ CN01/2013 2013/04/11 HA 546235368	ALIAIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTNIPR ICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGSDVCYPG KFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRSRSSFYAEM KWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQTKLYGSGN KLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNNDTVTFSENG AFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIMSNIPLPFQNI IDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAAGFIENGWGLI DGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQFELIDN EFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADSEMDKL YERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYREEAMQ NRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFICVKNNGMRCTI CI	278

[0814]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AGW82612 A/Shanghai/ JS01/2013 2013/04/03 HA 546235388	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKKNPALIVWGIHHSGSTAEQ TKLYGSGNKLTVTGSSNYQQSFAPSPGARTQVNGQSGRIDFHWLMLNPND TVTFTFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISN LFFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHKS YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVLWFSFGASCFFLLAIAMGLVFICVK NGNMRCTICI	280
	AHA11472 A/칠면조/Min nesota/3167 6/2009 2009/12/08 HA 557478625	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGETSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPDRDKPALIIGVHHSGSTAEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTSPSGARPQVNGQSGRIDFHWLMLDPND TVTFTFNGAFIAPDRASFRRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LFFQNIINPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITNKLNRLLDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRKESLQNRQIDPVKLSSSGYKDIIILWFSFGASCFFLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	281
	AHA11483 A/칠면조/Min nesota/1413 5-2/2009 2009/08/07 HA 557478644	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGETSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPDRDKPALIIGVHHSGSTAEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTSPSGARPQVNGQSGRIDFHWLMLDPND TVTFTFNGAFIAPDRASFRRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LFFQNIINPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITSKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRKESLQNRQIDPVKLSSSGYKDIIILWFSFGASCFFLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	282
	AHA11500 A/Zhejiang/ DTID- ZJU10/2013 2013/10/14 HA 557478676	TQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATETVE RTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERREGS DVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRSGS SFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQTK LYGSGNKLTVTGSSNYQQSFVPSPGARPPVNGLSGRIDFHWLMLNPNDTV TFSFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISNLP FQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLADS EMDKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSKYR EEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVLWFSFGASCFFLLAIAMGLVFICVKN	283
	AHA57050 A/칠면조/Min nesota/1465 9/2009 2009/08/12 HA 558484427	MNTQILALIAACMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSNNAAFPQMTKSYRNPDRDKPALIIGVHHSGSTAEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTSPSGARPQVNGQSGRIDFHWLMLDPND TVTFTFNGAFIAPDRASFRRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LFFQNIINPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEKPKTRGLFGAIAAGFIE NGWGLIDGWYGFRRHQAQGEETAADYKSTQSAIDQITSKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRKQLRENAEEDGTGCFEIFHNCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRKESLQNRQIDPVKLSSSGYKDIIILWFSFGASCFFLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	284

[0815]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AHA57072 A/칠면조/Min nesota/1842 1/2009 2009/09/09 HA 558484465	MNTQILALIALCMLIGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANVKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIIEERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSNDAAFPQMTKSYRNPDKPALI IWGVHHS GSATEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFTPSPGARPQVNGQSGRIDFHWLLDPND TVTFTFNAGAFIAPDRASFFRGESLGVQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS LPFQININPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEKPKTRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRKESLQNR IQIDPVKLSSGYKDILWFSFGASCFLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	285
	AHD25003 A/Guangdong /02/2013 2013/10/ HA 568260567	MNTQILVFALIAI IPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNAGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQINIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNM	286
	AHF20528 A/Hong Kong/470129 /2013 2013/11/30 HA 570933555	MNTQILVFALIAI IPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNAGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIS LPFQINIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	287
	AHF20568 A/Shanghai/ CN02/2013 2013/04/02 HA 570933626	MNTQILVFALIAI IPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNAGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIMSN LPFQINIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	288

[0816]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AHH25185 A/Guangdong /04/2013 2013/12/16 HA 576106234	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIEKAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFWMLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	289
	AHJ57411 A/Shanghai/ PD-01/2014 2014/01/17 HA 585478041	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFWMLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	290
	AHJ57418 A/Shanghai/ PD-02/2014 2014/01/17 HA 585478256	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFWMLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	291
	AHK10800 A/Shanghai/ 01/2014 2014/01/03 HA 587681014	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDFWMLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	292

[0817]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AHM24224 A/Beijing/3 /2013 2013/04/16 HA 594704802	MNTQILVFALIAIIPPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKVFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAPPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	293
	AHN96472 A/샹/Shangh ai/PD-CN- 02/2014 2014/01/21 HA 602701641	MNTQILVFALIAIIPPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKVFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAPPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	294
	AHZ39686 A/Anhui/DEW H72-01/2013 2013// HA 632807036	MNTQILVFALIAIIPPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKVFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDDAAPPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	295
	AHZ39710 A/Anhui/DEW H72-03/2013 2013// HA 632807076	MNTQILVFALIAIIPPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKVFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTDGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDDAAPPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	296

[0818]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AHZ39746 A/Anhui/DEW H72-06/2013 2013// HA 632807136	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPSGPERPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	297
	AHZ41929 A/청둥오리/s weden/1621/ 2002 2002/12/12 HA 632810949	MNTQILVFALVIAIIPINADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNVPRICSRGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKETMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRNDPALIIVWGIHHSGSTTEQ TKLYGSGNKLITVGSSNYQQSFVPSGARFPQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQIDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIAMGLVFMCKVK NGNMRCTICI	298
	AHZ42537 A/청둥오리/M innesota/AI 09- 3770/2009 2009/09/12 HA 632811964	MNTQILAFIACMLVGAKGDKICLGHHAVANGTKVNTLTERGIEVVNATET VETANIKKLCTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFDADLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPRNKPALIIWGVHHS GSATEQ TKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFVPSGARFPQVNGQSGRIDFHWLILNPND TVTFSENGAFIAPDRASFFRGESLGVSQSDVPLDSGCEGDCFHSGGTIVSS SLPFQNIINPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELIDNEFSEIEQQIGNVINWTRDSMTELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHTQ YRTESLQNRRIQIDPVKLSSSGYKDIILWFSEFGASCFLLAIAMGLVFICIK NGNMRCTICI	299
	AHZ42549 A/꼬까도요/D elaware/AI0 0-1538/2000 2000/05/20 HA 632811984	MNTQILAFIACMLVGVRGDKICLGHHAVANGTKVNTLTEKGIEVVNATET VESANIKKICTQGKRPTDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSDLIERRE GTDVCYPGKFTNEESLRQILRGSGGIDKESMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNSDNAAFPQMTKSYRNPRNKPALIIWGVHHS GSANE QTKLYGSGNKLITVGSSKYQQSFVPSGARFPQVNGQSGRIDFHWLILNPND DTVTFSENGAFIAPDRASFFRGESLGVSQSDVPLDSSCGGDCFHSGGTIVS SLPFQNIINPRTVGKCPRYVKQTSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE ENGWEGLIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIDKTNQ QFELMDNEFNEIEQQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDL ADSEMNKLYERVVRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDQCMESIRNNTYDHT QYRTESLQNRRIQIDPVKLSSSGYKDIILWFSEFGASCFLLAIAMGLIFICIK KNGNMRCTICI	300

[0819]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AID70634 A/Shanghai/ Mix1/2014 2014/01/03 HA 660304650	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQISNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKQRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	301
	AIN76383 A/Zhejiang/ LS01/2014 2014/02/08 HA 684694637	MNTQILVFALIAIIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGTTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKQRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	302
	AIU46619 A/궤/Zhejia ng/DTID- ZJU06/2013 2013/12/ HA 699978931	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVEVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKQRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	303
	AIU47013 A/궤/Suzhou /040201H/20 13 2013/04/ HA 699979673	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKQRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDMILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	304

[0820]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ90490 A/닭/Shenzhen/742/2013 2013/12/10 HA 755178094	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNQTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNDISRAVKGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	305
	AJJ90526 A/닭/Shenzhen/898/2013 2013/12/09 HA 755178154	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNQTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACKRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNDISRAVKGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	306
	AJJ90538 A/silkie 닭/Shenzhen/918/2013 2013/12/09 HA 755178174	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNQTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNDISRAVKGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	307
	AJJ90576 A/닭/Shenzhen/1665/2013 2013/12/12 HA 755178238	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNQTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACKRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNDISRAVKGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	308

[0821]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ90588 A/닭/Shenzh en/2110/201 3 2013/12/13 HA 755178258	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	309
	AJJ90661 A/닭/Donggu an/2912/201 3 2013/12/18 HA 755178380	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	310
	AJJ90673 A/silkie 닭/Dongguan /3049/2013 2013/12/18 HA 755178400	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	311
	AJJ90795 A/silkie 닭/Dongguan /3281/2013 2013/12/18 HA 755178604	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHA VPNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	312

[0822]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ90891 A/silkie 닭/Dongguan /3520/2013 2013/12/19 HA 755178764	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGITITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKXPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNL SGRIDFHWMLNPN D TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	313
	AJJ90951 A/닭/Donggu an/3544/201 3 2013/12/19 HA 755178864	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGITITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYRNRTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNL SGRIDFHWMLNPN D TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	314
	AJJ91035 A/닭/Shenzh en/3780/201 3 2013/12/19 HA 755179004	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGITITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRRSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNL SGRIDFHWMLNPN D TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDNRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	315
	AJJ91155 A/닭/Donggu an/4037/201 3 2013/12/19 HA 755179204	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGITITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNL SGRIDFHWMLNPN D TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQAQGE GGTAA DYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	316

[0823]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ92005 A/닭/Shenzh en/801/2013 2013/12/09 HA 755180629	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSN GTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPN TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDH SKYREEAMQNR IQIDPVKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	317
	AJJ94254 A/닭/Donggu an/1374/201 4 2014/02/21 HA 755184382	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSN GTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPN TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFKHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDH SKYREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	318
	AJJ94606 A/닭/Donggu an/191/2014 2014/02/20 HA 755184968	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSN GTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRKSGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPN TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDH SKYREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	319
	AJJ96552 A/닭/Jiangx i/12206/201 4 2014/03/16 HA 755188219	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSN GTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTIDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPN TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEG LIDGWYGFRHQNAQGE GTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDH KNYREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	320

[0824]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ96684 A/닭/Jiangxi/13207/2014 2014/03/30 HA 755188439	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KINTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	321
	AJJ96732 A/닭/Jiangxi/13223/2014 2014/03/30 HA 755188519	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNLT LTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	322
	AJK00354 A/오리/Zhejiang/LS02/2014 2014/01/12 HA 755194469	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNLT LTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIVERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTN GATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKDPALIIWGIHHSGSTTEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPLVNGQSGRIDFHWMLNPNND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQESLLLATGMKNVPEVPKGRGLFGAIA GFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQVTGKLNRLIEKTNQ QFELIDHEFTEVEKQIGNVINWTRDSMTEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMNKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	323
	AJJ91264 A/silkie 닭/Dongguan/4129/2013 2013/12/19 HA 755179386	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGT KVNLT LTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVN E EALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIA GFIE NGWGLIDGWYGFRHQNAQGE G T AADYKSTQSAIDQITGKLNRLMEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNN TYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAI VMGLVFICVK NGNMRCTICI	324

[0825]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ91314 A/닭/Shaoxi ng/2417/201 3 2013/10/20 HA 755179470	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTINGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPPVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	325
	AJJ91402 A/닭/Huzhou /4045/2013 2013/10/24 HA 755179618	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTINGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPPVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKSSGYKEVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	326
	AJJ91476 A/닭/Huzhou /4076/2013 2013/10/24 HA 755179743	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTINGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPPVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	327
	AJJ91725 A/닭/Shaoxi ng/5201/201 3 2013/10/28 HA 755180161	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTINGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPPVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	328

[0826]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ91885 A/Shenzhen/ SP4/2014 2014/01/16 HA 755180429	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGVTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	329
	AJJ91909 A/Shenzhen/ SP26/2014 2014/01/20 HA 755180469	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACKRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	330
	AJJ91945 A/Shenzhen/ SP38/2014 2014/01/22 HA 755180529	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACKRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIGGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	331
	AJJ91957 A/Shenzhen/ SP44/2014 2014/01/23 HA 755180549	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGTTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLKLSRGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	332

[0827]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ91969 A/Shenzhen/ SP48/2014 2014/01/23 HA 755180569	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	333
	AJJ91993 A/닭/Donggu an/4119/201 3 2013/12/19 HA 755180609	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	334
	AJJ92031 A/닭/Donggu an/4064/201 3 2013/12/19 HA 755180672	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVESSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQSRLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	335
	AJJ92967 A/silkie 닭/Jiangxi/ 9469/2014 2014/02/16 HA 755182232	MNTQILVFALIAIIVPTNADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGVTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	336

[0828]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ93027 A/닭/Jiangxi/9558/2014 2014/02/16 HA 755182332	MNTQILVFALIAIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVKEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNVTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	337
	AJJ93051 A/닭/Jiangxi/10573/2014 2014/02/18 HA 755182372	MNTQILVFALIAIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNVTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	338
	AJJ93845 A/silkie 닭/Dongguan/157/2014 2014/02/20 HA 755183695	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	339
	AJJ93857 A/닭/Dongguan/169/2014 2014/02/20 HA 755183715	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNVTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	340

[0829]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ93869 A/닭/Dongguan/173/2014 2014/02/20 HA 755183735	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	341
	AJJ93881 A/닭/Dongguan/189/2014 2014/02/20 HA 755183755	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	342
	AJJ93907 A/닭/Dongguan/449/2014 2014/02/20 HA 755183799	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	343
	AJJ93931 A/닭/Dongguan/536/2014 2014/02/20 HA 755183839	MNTQILVFALIAIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRKSGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISK LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDLGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	344

[0830]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ93943 A/닭/Dongguan/568/2014 2014/02/20 HA 755183859	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIEKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPPQNIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFHRQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSGGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	345
	AJJ93979 A/silkie 닭/Dongguan/656/2014 2014/02/20 HA 755183919	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPPQNIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFHRQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFGLIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSGGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	346
	AJJ94134 A/닭/Dongguan/1051/2014 2014/02/21 HA 755184182	MNTQILVFLALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIIISN LPPQNIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFHRQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVXLSXGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	347
	AJJ94158 A/닭/Dongguan/1075/2014 2014/02/21 HA 755184222	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLI IERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDFHWLMLNPND TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIIISN LPPQNIDSRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAAGFIE NGWEGLIDGWYGFHKHNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YRGEAMQNRIQIDPVKLSGGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	348

[0831]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ94182 A/닭/Dongguan/1177/2014 2014/02/21 HA 755184262	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACKRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	349
	AJJ94194 A/silkie 닭/Dongguan/1264/2014 2014/02/21 HA 755184282	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTIDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFKHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQVTGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YRGEMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFMLLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	350
	AJJ94206 A/silkie 닭/Dongguan/1268/2014 2014/02/21 HA 755184302	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISD LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	351
	AJJ94344 A/silkie 닭/Dongguan/1451/2014 2014/02/21 HA 755184532	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNSTET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNEEALRQILRKSGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRTVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	352

[0832]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ94356 A/닭/Dongguan/1456/2014 2014/02/21 HA 755184552	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMMLNPND TVTFSFNGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	353
	AJJ94396 A/닭/Dongguan/1494/2014 2014/02/21 HA 755184618	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMMLNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	354
	AJJ94754 A/닭/Dongguan/748/2014 2014/02/20 HA 755185215	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMMLNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFSGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	355
	AJJ94838 A/닭/Dongguan/835/2014 2014/02/20 HA 755185356	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSASTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMMLNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLSSGYKDVILWFGFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	356

[0833]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ94862 A/닭/Dongguan/843/2014 2014/02/20 HA 755185396	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIEKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	357
	AJJ94886 A/닭/Dongguan/851/2014 2014/02/20 HA 755185436	MNTQILAFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	358
	AJJ94910 A/닭/Dongguan/874/2014 2014/02/20 HA 755185476	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSASTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	359
	AJJ94959 A/silkie 닭/Dongguan/967/2014 2014/02/21 HA 755185558	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACXRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCIFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	360

[0834]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ95048 A/닭/Dongguan/1009/2014 2014/02/21 HA 755185708	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDNDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	361
	AJJ95171 A/닭/Dongguan/1314/2014 2014/02/21 HA 755185913	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	362
	AJJ95227 A/닭/Dongguan/1382/2014 2014/02/21 HA 755186006	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	363
	AJJ95251 A/닭/Dongguan/1401/2014 2014/02/21 HA 755186046	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQSRLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	364

[0835]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ95346 A/닭/Donggu an/1548/201 4 2014/02/21 HA 755186206	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYKRVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHNK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	365
	AJJ95382 A/닭/Donggu an/1690/201 4 2014/02/21 HA 755186266	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	366
	AJJ95464 A/닭/Shenzh en/138/2014 2014/02/19 HA 755186404	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFKHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFMLLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	367
	AJJ95572 A/닭/Donggu an/1100/201 4 2014/02/21 HA 755186584	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIEKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	368

[0836]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ95584 A/silkie 닭/Dongguan /1519/2014 2014/02/21 HA 755186604	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPERASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFKHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YRGEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFMLLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	369
	AJJ95596 A/Shenzhen/ SP58/2014 2014/01/25 HA 755186624	MNTQILAFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRANGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	370
	AJJ95620 A/Shenzhen/ SP75/2014 2014/02/15 HA 755186664	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGSTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAVVMGLVFICVK NGNMRCTICI	371
	AJJ95632 A/Shenzhen/ SP62/2014 2014/02/05 HA 755186684	MNTQILVFALIAIIPNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNATFPQMTKSYKNTRKSPALIIWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARQVNGLSGRIDDFHWMMLNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVETQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSEFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	372

[0837]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ96720 A/닭/Jiangxi/13220/2014 2014/03/30 HA 755188499	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTTIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLNSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSRGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	373
	AJJ96817 A/닭/Jiangxi/9513/2014 2014/02/16 HA 755188661	MNTQILVFALIAIIVPTNADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATEI VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGVTSACRRS GSSFYAEMKWLNSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	374
	AJJ96841 A/Shenzhen/SP139/2014 2014/04/02 HA 755188701	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSTCRSS GSSFYAEMKWLNSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRACFLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	375
	AJJ96889 A/닭/Jiangxi/13496/2014 2014/04/11 HA 755188781	MNTQILVFALIAIIPNTADKICLGHHAHVSNKTKVNTLTERGVEVVNATET VERTXIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKXAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLNSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSXGTIISN LPPQNIDSRVVGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNYDHSK YREEAMQNRQIDPVLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	376

[0838]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ96901 A/닭/Jiangxi/13502/2014 2014/04/11 HA 755188801	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSXGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	377
	AJJ96925 A/닭/Jiangxi/13513/2014 2014/04/11 HA 755188841	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYNGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHTVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDLHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	378
	AJJ97267 A/닭/Jiangxi/13252/2014 2014/03/30 HA 755189411	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	379
	AJJ97291 A/닭/Jiangxi/13493/2014 2014/04/06 HA 755189451	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHA VSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYNGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARFQVNGLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPPQNIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNR IQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	380

[0839]

서열식별 번호:	승인 번호 / 관주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ97331 A/닭/Jiangxi/13512/2014 2014/04/06 HA 755189517	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYNGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSLGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	381
	AJJ97373 A/닭/Jiangxi/13521/2014 2014/04/06 HA 755189587	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYNGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPXNASFLRGKSLGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	382
	AJJ97443 A/닭/Jiangxi/13530/2014 2014/04/06 HA 755189702	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSRGTTIISN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	383
	AJJ97582 A/닭/Jiangxi/14023/2014 2014/04/13 HA 755189933	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSENGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDRAVGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGGLIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNRIDPVLKSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	384

[0840]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ97697 A/닭/Jiangxi/14517/2014 2014/04/20 HA 755190125	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCDGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	385
	AJJ97709 A/닭/Jiangxi/14518/2014 2014/04/20 HA 755190145	MNTQILVFALIAIIPANADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYNGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGNCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	386
	AJJ97745 A/닭/Jiangxi/14554/2014 2014/04/20 HA 755190205	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQKSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELMDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITELWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	387
	AJJ97757 A/닭/Shantou/2537/2014 2014/04/16 HA 755190225	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKKTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRKSGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLSGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFLRGKSMGIQSGVQVDADCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFHQAQEGTAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFCVK NGNMRCTICI	388

[0841]

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ97841 A/오리/Jiangxi/15044/2014 2014/04/27 HA 755190365	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNRIQIDPVRLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	389
	AJJ97899 A/닭/Jiangxi/15524/2014 2014/05/05 HA 755190462	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIAKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHRK YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	390
	AJJ97925 A/silkie 닭/Shantou/2050/2014 2014/03/25 HA 755190506	MNTQILVFALIAIIPITNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	391
	AJJ97973 A/닭/Shantou/4325/2014 2014/07/01 HA 755190586	MNTQILVFALISIIPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGVTSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPAIIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELIDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	392

서열식별 번호:	승인 번호 / 균주 / 단백질	아미노산 서열	서열식별 번호:
	AJJ97998 A/닭/Shantou/4816/2014 2014/07/22 HA 755190628	MNTQILVFALIAIIVPTNADKICLGHHAVSNGTKVNTLTERGVEVVNATET VERTNIPRICSKGKRTVDLGQCGLLGTITGPPQCDQFLEFSADLIIEERRE GSDVCYPGKFVNNEALRQILRESGGIDKEAMGFTYSGIRTNGATSACRRS GSSFYAEMKWLLSNTDNAAFPQMTKSYKNTRKSPALIVWGIHHSVSTAEQ TKLYGSGNKLVTVGSSNYQQSFVPSPGARPQVNLGSLGRIDFHWMLNPNPND TVTFSFNGAFIAPDRASFRLRGKSMGIQSGVQVDANCEGDCYHSGGTIISN LPFQNIIDSRVAGKCPRYVKQRSLLLATGMKNVPEIPKGRGLFGAIAGFIE NGWEGIDGWYGFRHQNAQGEGETAADYKSTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQ QFELVDNEFNEVEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDLA DSEMDKLYERVVKRQLRENAEEDGTGCFEIFHKCDDDCMASIRNNTYDHSK YREEAMQNRIQIDPVKLSSSGYKDVILWFSFGASCFILLAIVMGLVFICVK NGNMRCTICI	393

표 16. 예시적인 인플루엔자 HA 줄기 항원

균주	폴드온 버전	서열식별번호:	AA seq	서열식별번호:
H1N1 A/Puerto Rico/8/1934	DTVDTVLEKNVTVTHSVNLLSDSH GSANSSLPYQNTHTPTNGESPKYV RSAKLRLMTGLRNGSAGSATQNAI NGITNKVNTVIEKMNIQDTATGKE FNKDEKRMENLNKKVDDGFLDIWT YNAELLVLENERTLDAHDSQGTg ggyipeaprdggayvrkdgewvll stfl	394	<u>METPAQLLFLLLLLWLPDITGDT</u> VDTVLEKNVTVTHSVNLLSDSH GSANSSLPYQNTHTPTNGESPK YVRSAKLRLMTGLRNGSAGSAT QNAINGITNKVNTVIEKMNIQD TATGKEFNKDEKRMENLNKKVD DGFLDIWTYNAELLVLENER TLDAHDSQGTGGGYIPEAPRDGQ AYVRKDGEWVLLSTFL	403
H1N1 A/Viet Nam/850/2009	DTVDTVLEKNVTVTHSVNLLSDKH GSANTSLPFQNTHTPTNGKCPKYV KSTKLRLATGLRNGSAGSATQNAI DEITNKVNSVIEKMNTQDTATGKE FNHDEKRIENLNKKVDDGFLDIWT YNAELLVLENERTLDAHDSQGTg ggyipeaprdggayvrkdgewvll stfl	395	<u>METPAQLLFLLLLLWLPDITGDT</u> VDTVLEKNVTVTHSVNLLSDKH GSANTSLPFQNTHTPTNGKCPK YVKSTKLRLATGLRNGSAGSAT QNAIDEITNKVNSVIEKMNTQD TATGKEFNHDEKRIENLNKKVD DGFLDIWTYNAELLVLENER TLDAHDSQGTGGGYIPEAPRDGQ AYVRKDGEWVLLSTFL	404
H1N1 A/New Caledonia/20/99	DTVDTVLEKNVTVTHSVNLLSDSH GSANSSLPFQNTHTPTNGESPKYV RSAKLRLMTGLRNGSAGSATQNAI NGITNKVNSVIEKMNTQDTAVGKE FNKDERRMENLNKKVDDGFLDIWT YNAELLVLENERTLDAHDSQGTg ggyipeaprdggayvrkdgewvll stfl	396	<u>METPAQLLFLLLLLWLPDITGDT</u> VDTVLEKNVTVTHSVNLLSDSH GSANSSLPFQNTHTPTNGESPK YVRSAKLRLMTGLRNGSAGSAT QNAINGITNKVNSVIEKMNTQD TAVGKEFNKDERRMENLNKKVD DGFLDIWTYNAELLVLENER TLDAHDSQGTGGGYIPEAPRDGQ AYVRKDGEWVLLSTFL	405
H1N1 A/California/04/2009	DTVDTVLEKNVTVTHSVNLLSDKH GSANTSLPFQNTHTPTNGKSPKYV KSTKLRLATGLRNGSAGSATQNAI DEITNKVNSVIEKMNTQDTAVGKE FNHDEKRIENLNKKVDDGFLDIWT YNAELLVLENERTLDAHDSQGTg ggyipeaprdggayvrkdgewvll stfl	397	<u>METPAQLLFLLLLLWLPDITGDT</u> VDTVLEKNVTVTHSVNLLSDKH GSANTSLPFQNTHTPTNGKSPK YVKSTKLRLATGLRNGSAGSAT QNAIDEITNKVNSVIEKMNTQD TAVGKEFNHDEKRIENLNKKVD DGFLDIWTYNAELLVLENER TLDAHDSQGTGGGYIPEAPRDGQ AYVRKDGEWVLLSTFL	406
H3N2 A/Wisconsin/67/2005	HAVPNGTIVKTIITNDQIEVTNATE gsaPNDKPFQNTNRtTtGACPRYV KQNTLKLATGMRNGsagsaTQAAI NQINGKLNRLIGKTNEKHQdEKE	398	<u>METPAQLLFLLLLLWLPDITGHA</u> VPNGTIVKTIITNDQIEVTNATE GSAPNDKPFQNTNRtTtGACPR YVKQNTLKLATGMRNGSAGSAT	407

[0844]

균주	폴드온 버전	서열식별번호:	AA seq	서열식별번호:
	FSEdEGRIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVALENQHTIDaTDSQGTgggyipeaprdggayvrkdgewvllstfl		QAAINQINGKLNRLIGKTNEKD HQDEKEFSEDEGRIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVALENQHTIDaTDSQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	
H5N1 A/Vietnam/1203/2004	EQVDTIMEKNVTVTTHAQDILEKTHGSANSSMPFHNTHPNTTGESPKYVKSNRLVLATGLRNGSAGSATQKAI DGVTNKVNSIIDKMNTQFEADGREFNNDEERRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDAHDSQGTgggyipeaprdggayvrkdgewvllstfl	399	METPAQLLFLLLLLWLPDPTTGEQVDTIMEKNVTVTTHAQDILEKTHGSANSSMPFHNTHPNTTGESPKYVKSNRLVLATGLRNGSAGSATQKAI DGVTNKVNSIIDKMNTQFEADGREFNNDEERRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDAHDSQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	408
H7N9 (A/Anhui/1/2013)	TKVNTLTERGVEVVNATETVERTgsaISNLFPQNTDStAngKCPRYVKQRSLLLATGMKNGsagsaTQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQdELtDNEFNEDEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDaADSQGTgggyipeaprdggayvrkdgewvllstfl	400	METPAQLLFLLLLLWLPDPTTGTKVNTLTERGVEVVNATETVERTgsaISNLFPQNTDSTANGKCPRYVKQRSLLLATGMKNGSAGSATQSAIDQITGKLNRLIEKTNQQdELtDNEFNEDEKQIGNVINWTRDSITEVWSYNAELLVAMENQHTIDaADSQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	409
H9N2 A/Hong Kong/1073/99	ETVDTLTETNVPVTHAKELLHTEHgsaNSTLPFHNTSKTAngTCPCYV RVNSLKLAVGLRNGsagsaTQKAID 키트 KVNNIVDKMNKQdEItDHEFSEdETRLNMINNKIDDQIQDVWAYNAELLVLENQKTLDAHDSQGTgggyipeaprdggayvrkdgewvllstfl	401	METPAQLLFLLLLLWLPDPTTGETVDTLTETNVPVTHAKELLHTEHgsaNSTLPFHNTSKTANGTCPCYV RVNSLKLAVGLRNGSAGSATQKAID 키트 KVNNIVDKMNKQDEITDHEFSEDETRLNMINNKIDDQIQDVWAYNAELLVLENQKTLDAHDSQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	410
H10N8 A/JX346/2013	TIVKTLTNEQEEVTNATETVESTGgsaNTRLPFQNTSPtTnGQCPCYV NRRSLMLATGMRNGsagsaTQAADQITGKLNRLVEKTNTEdSItSEFSEIEHQIGNVINWTKDSITDIWTYQAELLVAMENQHTIDaADSQGTgggyipeaprdggayvrkdgewvllstfl	402	METPAQLLFLLLLLWLPDPTGTIVKTLTNEQEEVTNATETVESTGgsaNTRLPFQNTSPTTNGQCPCYV NRRSLMLATGMRNGSAGSATQAADQITGKLNRLVEKTNTEdSITSEFSEIEHQIGNVINWTKDSITDIWTYQAELLVAMENQHTIDaADSQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	411
H3N2 A/Hong Kong/1/1968 줄기 RNA			METPAQLLFLLLLLWLPDPTTGAS PNGTLVKITIDDDQIEVTNATELVQSSGSAGSANDKPFQNTNKRTSGASPKYVKQNTLKLATGQRGSAGSAATDQINGKLNRLVIEKTNEKDHQIEKEFSEDEGRIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVALENQHTIDLTDSQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	412

표 16 에서 열거된 각각의 아미노산 서열에 대한 상기 제 1 밀줄친 서열은, 동일 또는 유사한 기능을 달성하는 천연 서열을 변경하여 치환될 수 있거나, 또는 상기 신호 또는 분비 서열은 결실될 수 있는 신호 또는 분비성 서열을 나타낸다. 표 16 에서 열거된 아미노산 서열에 대한 제 2 밀줄친 서열은, 3 개의 HA 줄기를 삼량체에서 가져오기 위해 자연적으로 삼량체화하는 이중성 서열인 폴드온 서열을 나타낸다. 그와 같은 폴드온 서열은 동일 또는 유사한 기능을 달성하는 천연 서열을 변경하여 치환될 수 있다.

[0845]

표 17. 예시적인 인플루엔자-작제물

작제물 설명	ORF	서열식별번호 :
인플루엔자 H3HA6	METPAQLLFLLLLLWLPDITGGFLGAIAGFIENGWEGMIDGWYGFRRHQNSEGTG QAADLKSTQAAIDQINGKLNRIEKTNEKDHIKEFESEDEGRIQDLEKYVED TKIDLWSYNAELLVALENQHTIDLTDSMNKLFETRRLRENAEEMGNGCFK IYHKCDNACIESIRNGTYDHDVYRDEALNNRFQGSAGSAGDNSTATLCLGHH VPNGTLVKITDDQIEVTNATELVQSSGSAGSANDKPFQNTNKETTATPKYV KQNTLKLATGMR	413
인플루엔자 H1HA6	METPAQLLFLLLLLWLPDITGGFLGAIAGFIEGGWTGMIDGWYGYHHQNEQGS YAADQKSTQNAINGITNKVNTVIEKMNIQDTATGKEFNKDEKRMENLNKKVDD GFLDIWTYNAELLVLENERITLDFHDSNVKNLYEKVKSQLKNNAKEIGNGCFE FYHKCDNECMESVRNGTYDYPKYSEESKLNREKGSAGSAAADATCIGYHAN NSTDTVDTVLEKNVTVTTHSVNLEDSHGSANSSLPYQNTHTPTNGESPKYVRS AKLRMTGLRNIP	414
인플루엔자 H1HA10- 폴드온_ΔNgly1	METPAQLLFLLLLLWLPDITGDTVDTVLEKNVTVTTHSVNLEDSHGSANSSLPY QNTHTPTNGESPKYVRS AKLRMTGLRNNGAGSATQNAINGITNKVNTVIEKM NIQDTATGKEFNKDEKRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERITLDAHD SQGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	415
인플루엔자 eH1HA	METPAQLLFLLLLLWLPDITGDTTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTTHSVNLL EDSHNGKLCRLKGIAPLQLGKCNIAWLLGNPECDPLLPVRSWSYIVETPNSE NGICYPGDFIDYEELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNNHTNGVTAACSH KSSFYRNLLWLTEKEGSYPNLKNSYVNNKGKEVLVLWGIHHPNSKEQQNLQ NENAYVSVVTSNYNRRFTPEIAERPVRDQAGRMNYWTLLKPGDTIIFEANG NLIAPMYAFALSRGFGSGIITSNASMHECNTKCQTPLGAINSSLPYQNIHPVT IGECPKYVRS AKLRMTGLR ½ IQSRGLFGAIAGFIEGGWTGMIDGWYGYHHQ NEQGSYAADQKSTQNAINGITNKVNTVIEKMNIQFTAVGKEFNKLEKRMENL NKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERITLDFHDSNVKNLYEKVKSQLKNNAKEI GNGCFEFYHKCDNECMESVRNGTYDYPKYSEESKLNREKVDGVKLESMGIGSA GSAGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	416
인플루엔자 eH1HA_NativeSS	MKANLLVLLCALAAADATCIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTTHSVNLEDS HNGKLCRLKGIAPLQLGKCNIAWLLGNPECDPLLPVRSWSYIVETPNSENGI CYPGDFIDYEELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNNHTNGVTAACSH KSSFYRNLLWLTEKEGSYPNLKNSYVNNKGKEVLVLWGIHHPNSKEQQNLQ NENAYVSVVTSNYNRRFTPEIAERPVRDQAGRMNYWTLLKPGDTIIFEANG NLIAPMYAFALSRGFGSGIITSNASMHECNTKCQTPLGAINSSLPYQNIHPVT IGECPKYVRS AKLRMTGLR ½ IQSRGLFGAIAGFIEGGWTGMIDGWYGYHHQ NEQGSYAADQKSTQNAINGITNKVNTVIEKMNIQFTAVGKEFNKLEKRMENL NKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERITLDFHDSNVKNLYEKVKSQLKNNAKEI GNGCFEFYHKCDNECMESVRNGTYDYPKYSEESKLNREKVDGVKLESMGIGSA GSAGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLSTFL	417
TM 도메인을 갖고, 폴드온이 없는 (IgG 카파 리더를 갖는) H1HA10TM- PR8 (H1 A/Puerto Rico/8/34 HA)	METPAQLLFLLLLLWLPDITGDTVDTVLEKNVTVTTHSVNLEDSHGSANSSLPY QNTHTPTNGESPKYVRS AKLRMTGLRNNGAGSATQNAINGITNKVNTVIEKM NIQDTATGKEFNKDEKRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERITLDAHD SQGTGGILAIYSTVASSLVLLVSLGAISFWMCNSGSLQCRICI	418
폴드온이 없는 (IgG 카파 리더를 갖는) H1HA10-PR8-DS (H1 A/Puerto Rico/8/34 HA), ds 결합	METPAQLLFLLLLLWLPDITGDTVDTVCEKNVTVTTHSVNLEDSHGSANSSLPY QNTHTPTNGESPKYVRS AKLRMTGLRNNGAGSATQNAINCITNKVNTVIEKM NIQDTATGKEFNKDEKRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERITLDAHD S	419
폴드온이 없는 (IgG 카파 리더를 갖는) pH1HA10-Cal04-DS (H1 A/California/04/2009 HA), ds 결합	METPAQLLFLLLLLWLPDITGDTVDTVCEKNVTVTTHSVNLEDDKHGSANTS LPFQNTHTPTNGKSPKYVKSTKLRLATGLRNNGAGSATQNAIDCITNKVNSVIEKM NTQDTAVGKEFNHDEKRIENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERITLDAHD S	420

[0846]

작제물 설명	ORF	시열식별번호 :
H3N2 로부터의 핵단백질 (IgG 카파 리더 없음)	MASQGTKRSYEQMETDGERQNAEIRASVGMIDGIGRFYIQMCTELKLSDEY GRLIQNSLTIERMVLSAFDERNRNRYLEEHPASAGKDPKKTGGPIYKRVDGRWMR ELVLYDKEEIRRIWRQANNGDDATAGLTHMMIWHNSLNDTTYQRTALVRTGM DPRMCSLMQGSTLPFRSGAAGAAVKIGTGMVLMELIRMIKRGINDRNFWRGENG RKTRSAYERMCNILKGFQTAQRAMMDQVRESRNPNGAEIEDLIFSARSALI LRGSVAHKSCLPACVYGPVSSGYNFEKEGYSLVGIDPFKLLQNSQVYSLIRP NENPAHKSQVLVMMACHSAAFEDLRLLSFIRGTVSPRGKLSTRGVQIASNENM DNMESSTLELRSRYWAIRTRSGGNTNQQRASAGQISVQPTFSVQRNLPFEKST VMAAFTGNTGRTSDMRAEIIIRMEGAKPEEVSRFRGTVFELSDEKATNPVIVP SFDMSNEGSYFFGDNAEEYDN	421
HA10 버전 (인플루엔자 B 균주에 대한)	METPAQLLFLLLLWLPDITGHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTGSANKSKPY YTGEHAKAIGNCPIWVKTPKLKLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLNSLSELE VKNLQRLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSE EGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGWVLLSTFL	422
B/Yamagata/16/1988 mHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SHFANLKGTKTRGKLCPNCLNCTDLVALGRPMCMGTIPSAKASILHEVRPVT SGCFPIIMHDKIRQLPNLLRGYENIRLSTHNVINAEAPGGPYRLGTSGSCP NVTSRNGFFATMAWAVPRDNKTATNPLTVEVPYICTKGEDQITVWGFHSDDKT QMKNLVGDSNPQKFTSSANGVTTHYVSQIGDFPNQTEDGGLPQSGRIVVDYV QKPGKGTGTIVYQRGVLLPQKVCASGRSKVIKGSPLPLIGEADCLHEKYGGLNK SKPYTYTGEHAKAIGNCPIWVKTPKLKLANGTKYRPPAKLLKERGFFGAIAGFLE GGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKNLQ RLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHLLA LERKLLKMLGPSAVDIGNCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFNAGEFSLPTFDSL NITAASLNDGDLNHTILLYSTAASSLAVTLMIAIFIVYMVSRDNDVSCSICL	423
B/Yamagata/16/1988 sHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SHFANLKGTKTRGKLCPNCLNCTDLVALGRPMCMGTIPSAKASILHEVRPVT SGCFPIIMHDKIRQLPNLLRGYENIRLSTHNVINAEAPGGPYRLGTSGSCP NVTSRNGFFATMAWAVPRDNKTATNPLTVEVPYICTKGEDQITVWGFHSDDKT QMKNLVGDSNPQKFTSSANGVTTHYVSQIGDFPNQTEDGGLPQSGRIVVDYV QKPGKGTGTIVYQRGVLLPQKVCASGRSKVIKGSPLPLIGEADCLHEKYGGLNK SKPYTYTGEHAKAIGNCPIWVKTPKLKLANGTKYRPPAKLLKERGFFGAIAGFLE GGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKNLQ RLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHLLA LERKLLKMLGPSAVDIGNCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFNAGEFSLPTFDSL NITAASLNDGDLNHTILLYSTAASSLAVTLMIAIFIVYMVSRDNDVSCSICL	424
B/Victoria/02/1987 mHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SHFANLKGTKTRGKLCPKCLNCTDLVALGRPKCTGTIPSAKASILHEVKPVT SGCFPIIMHDKIRQLPNLLRGYEHIRLSTHNVINAEAPGGPYKVGTSAGSCP NVTNGNGFFATMAWAVPKNDNNKTATNPLTVEVPYICTEGEDQITVWGFHSDN EAQVMVKLYGDSKPKFTSSANGVTTHYVSQIGGFNPQEDGGLPQSGRIVVDY MVQKSGKGTGTITYQRGILLPQKVCASGRSKVIKGSPLPLIGEADCLHEKYGGL NKSPPYTYTGEHAKAIGNCPIWVKTPKLKLANGTKYRPPAKLLKEKGFFGAIAGF LEGGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKN LQRLSGAMDELHNKILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHL LALERKLLKMLGPSAVEIGNGCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFNAGEFSLPTFD SLNITAASLNDGDLNHTILLYSTAASSLAVTLMIAIFIVYMVSRDNDVSCSICL	425
B/Victoria/02/1987 sHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SHFANLKGTKTRGKLCPKCLNCTDLVALGRPKCTGTIPSAKASILHEVKPVT SGCFPIIMHDKIRQLPNLLRGYEHIRLSTHNVINAEAPGGPYKVGTSAGSCP NVTNGNGFFATMAWAVPKNDNNKTATNPLTVEVPYICTEGEDQITVWGFHSDN EAQVMVKLYGDSKPKFTSSANGVTTHYVSQIGGFNPQEDGGLPQSGRIVVDY MVQKSGKGTGTITYQRGILLPQKVCASGRSKVIKGSPLPLIGEADCLHEKYGGL NKSPPYTYTGEHAKAIGNCPIWVKTPKLKLANGTKYRPPAKLLKEKGFFGAIAGF LEGGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKN LQRLSGAMDELHNKILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHL LALERKLLKMLGPSAVEIGNGCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFNAGEFSLPTFD SLNITAASLNDGDLNHTILLYSTAASSLAVTLMIAIFIVYMVSRDNDVSCSICL	426

[0847]

작제물 설명	ORF	서열식별번호
B/Brisbane/60/2008 mHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SHFANLKGTETRGKLCPCCLNCTDLDVALGRPKCTGKIP SARVSI LHEVRPVT SGCFPIIMHRTKIRQLPNLLRGYEHIRLSTHNVINAEAPGGPYKIGTSGSCP NITNGNGFFATMAWAVPKNDKNKTATNPLTIEVPYICTEGEDQITVWGFHSDN ETQMAKLYGDSKPQKFTSSANGVTTHYVSQIGGFNPQTEDGGGLPQSGRIVVDY MVQKSGKTGTITYQRGILLPQKVWCASGRSKVIKGSPLIGEADCLHEKYGGL NKSPPYTGHEHAKAIGNCPIWVKTPKLANGTKYRPPAKLLKERGFFGAIAAGF LEGGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKN LQRLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHL LALERKLLKMLGPSAVEIGNGCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFDAGEFSLPTFD SLNITAASLNDGDLNHTILLYYSTAASSLAVTLMIAIFVVMVSRDNVSCSI CL	427
B/Brisbane/60/2008 sHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SHFANLKGTETRGKLCPCCLNCTDLDVALGRPKCTGKIP SARVSI LHEVRPVT SGCFPIIMHRTKIRQLPNLLRGYEHIRLSTHNVINAEAPGGPYKIGTSGSCP NITNGNGFFATMAWAVPKNDKNKTATNPLTIEVPYICTEGEDQITVWGFHSDN ETQMAKLYGDSKPQKFTSSANGVTTHYVSQIGGFNPQTEDGGGLPQSGRIVVDY MVQKSGKTGTITYQRGILLPQKVWCASGRSKVIKGSPLIGEADCLHEKYGGL NKSPPYTGHEHAKAIGNCPIWVKTPKLANGTKYRPPAKLLKERGFFGAIAAGF LEGGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKN LQRLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHL LALERKLLKMLGPSAVEIGNGCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFDAGEFSLPTFD SLNITAASLNDGDLNHT	428
B/Phuket/3073/2013 mHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SYFANLKGTRTRGKLCPCCLNCTDLDVALGRPMCVGTTPSAKASILHEVRPVT SGCFPIIMHRTKIRQLPNLLRGYEHIRLSTQNVIDAEKAPGGPYRLGTSGSCP NATSKIGFFATMAWAVPKDNYKNATNPLTIEVPYICTEGEDQITVWGFHSDNK TQMSLYGDSNPQKFTSSANGVTTHYVSQIGDFPDQTEDGGGLPQSGRIVVDYM MQKPGKTGTIVYQRGVLLPQKVWCASGRSKVIKGSPLIGEADCLHEKYGGLN KSKPPYTGHEHAKAIGNCPIWVKTPKLANGTKYRPPAKLLKERGFFGAIAAGFL EGGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKNL QRLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHLL ALERKLLKMLGPSAVDIGNGCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFDAGEFSLPTFDS LNITAASLNDGDLNHTILLYYSTAASSLAVTLMIAIFIVVMVSRDNVSCSIC L	429
B/Phuket/3073/2013 sHA	MKAIIVLLMVVTSNADRICTGITSSNSPHVVKATQGEVNVTVGVIPLTTTPTK SYFANLKGTRTRGKLCPCCLNCTDLDVALGRPMCVGTTPSAKASILHEVRPVT SGCFPIIMHRTKIRQLPNLLRGYEHIRLSTQNVIDAEKAPGGPYRLGTSGSCP NATSKIGFFATMAWAVPKDNYKNATNPLTIEVPYICTEGEDQITVWGFHSDNK TQMSLYGDSNPQKFTSSANGVTTHYVSQIGDFPDQTEDGGGLPQSGRIVVDYM MQKPGKTGTIVYQRGVLLPQKVWCASGRSKVIKGSPLIGEADCLHEKYGGLN KSKPPYTGHEHAKAIGNCPIWVKTPKLANGTKYRPPAKLLKERGFFGAIAAGFL EGGWEGMIAGWHGYTSHGAHGVAAADLKSTQEAINKITKNLNSLSELEVKNL QRLSGAMDELHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLSNEGIINSEDEHLL ALERKLLKMLGPSAVDIGNGCFETKHKCNQTCLDRIAAGTFDAGEFSLPTFDS LNITAASLNDGDLNHT	430
폴드온이 없고 입자 형성을 위한 페리딘 용합를 갖는 California 04 균주로부터의 범유행 H1HA10	METPAQLFLFLLLLWLPDITGDTVDTVLEKNVTVTHSVNLLEDKHGSANTS LPF QNTHTPTNGKSPKYVKSTKLRLATGLRNGSAGSATQNAIDEITKNVNSVIEKM NTQDTAVGKEFNHDEKRIENLNKKVDDGFLDIWYNAELLVLENERITLDAHD SQGTGGDI IKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYTHSLDGAGLFLFDHAAEEY EHAKLIIIFLNENNVPVQLTISAPAEHKFEGLTQIFQKAYEHEQHISESINNI VDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEVLFKDILDKIELIGNENHGLYLADQY VKGIASRKS	431

[0848]

작제물 설명	ORF	서열식별번호 :
페리딘을 갖는 Gen6 HASS 작제물	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTTCIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLG SGLRMVTGLRNIPQRETRGLFGAIAAGFIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQGS ADQKSTQNAINGITNMVNSVIEKMGSGSGTDLAELLVLLNERTLDFHDSNV KNLYEKVKSQKNNAKEIGNGCFEFYHKCNNECMESVKNGTYDYPKYSEESKL NREKIDSGGDIKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSWCYTHSLDAGLFLFDHAA EEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPHEHKFEGLTQIFQKAYEHEQHISESI NNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEVLFDKIDILDKIELIGNENHGLYLA DQYVKGIAKSRKS	432
폴드온을 갖는 Gen6 HASS 작제물	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTTCIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLG SGLRMVTGLRNIPQRETRGLFGAIAAGFIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQGS ADQKSTQNAINGITNMVNSVIEKMGSGSGTDLAELLVLLNERTLDFHDSNV KNLYEKVKSQKNNAKEIGNGCFEFYHKCNNECMESVKNGTYDYPKYSEESKL NREKIDPGSGYIPEAPRDGQAYVRKDGWVLLSTFL	433
절단 부위 및 태그가 없는 #4900 작제물	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTTCIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL ENGGGGKYVCSAKLRMVTGLRNKPSKQSQGLFGAIAAGFTEGGWTGMVDGWYGY HHQNEQGSYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIEKMNTQYTAIGCEYNKSERCM KQIEDKIEEIESKIWCYNAELLVLENERLDFHDSNVKNLYEKVKSQKNN KEIGNGCFEFYHKCNDECMESVKNGTYDYPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGV YQ	434
폴드온이 없고 삼량체화용 Y94D/N95L 돌연변이를 갖는 California 04 균주로부터의 범유형 H1HA10	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTVDTVLEKNVTVTHSVNLLDKHGSANTS LPFQNTHTPTNGKSPKYVKSTKLRLATGLRNGSAGSATQNAIDEITNKVNSVIEKM NTQDTAVGKEFNHDEKRIENLNKKVDDGFLDIWTDLAELLVLENERLDAHD S	435
폴드온이 없고 삼량체화용 K68C/R76C 돌연변이를 갖는 California 04 균주로부터의 범유형 H1HA10	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTVDTVLEKNVTVTHSVNLLDKHGSANTS LPFQNTHTPTNGKSPKYVKSTKLRLATGLRNGSAGSATQNAIDEITNKVNSVIEKM NTQDTAVGCEFNHDEKCIENLNKKVDDGFLDIWYNAELLVLENERLDAHD S	436
폴드온이 없고 삼량체화용 Y94D/N95L 돌연변이를 갖는 A/Puerto Rico/8/34 균주로부터의 H1HA10	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTVDTVLEKNVTVTHSVNLLDSHGSANSSLPY QNTHTPTNGESPKYVRSALRMVTGLRNGSAGSATQNAINGITNKVNTVIEKM NIQDTATGKEFNKDEKRMENLNKKVDDGFLDIWTDLAELLVLENERLDAHD S	437
폴드온이 없고 삼량체화용 K68C/R76C 돌연변이를 갖는 A/Puerto Rico/8/34 균주로부터의 H1HA10	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTVDTVLEKNVTVTHSVNLLDSHGSANSSLPY QNTHTPTNGESPKYVRSALRMVTGLRNGSAGSATQNAINGITNKVNTVIEKM NIQDTATGCEFNKDEKCMENLNKKVDDGFLDIWYNAELLVLENERLDAHD S	438
>sp P06821 M2_I34A1 매트릭스 단백질 2 OS=인플루엔자 A 바이러스 (균주 A/Puerto Rico/8/1934 H1N1) GN=M PE=3 SV=1	MSLLTEVETPIRNEWGCRNGSSDPLAIAANIIGILHLILWILDRLFFKCIYR RFKYGLKGGPSTEGVPKSMREEYRKEQQSAVDADDGHFVSIELE	439
A 매트릭스 1 (A/California/04/2009 (H1N1), ACP44152)	MSLLTEVETVYVLSIIPSGPLKAEIAQRLESVFAGKNTDLEALMEWLKTRPILS PLTKGILGFVFTLTVPSEERGLQRRRFVQNALNGNDPNNMDRAVKLYKKLKRE ITFHGAKEVSLSYSTGALASCMGLIYNRMGTVTTEAAGFLVCATCEQIADSQ 시간 HRQMATTNPLIRHENRMVLASTTAKAMEQMGASSEQAEEAMEVANQTR QMVHAMRTIGTHPSSSAGLKDDLENLQAYQKRMGVQMORFK	440
BHA10-2	METPAQLLFLLLLWLPDTTGHVVKATATQGEVNVTVGVIPLTTTPTGSANKSKPY YTGEHAKATGNCPIWVKTPKLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLNSLSELE VKNLQRLSGASDETHNEILELDEKVDDLADTISSEIQLAVLLSNEGIINSE EGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGWVLLSTFL	441

작제물 설명	ORF	서열식별번호 :
BHA10-2*	HVVKATATQGEVNVTVGVIPLTTTPTGSANKSKPYYTGEHAKATGNCPIWVKTP KLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLNSLSELEVKNLQRLSGASDETHNEILE LDEKVDDLADTISSEIQLAVLLSNEGIINSEDEGTGGGYIPEAPRDGQAYVR KDGEWVLLSTFL	442
BHA10-3	METPAQLLFLLLLWLPDTTGHVVKATATQGEVNVTVGVIPLTTTPTGSANKSKPY YTGEHAKATGNCPIWVKTPKLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLNSLSELE VKNLQRLSCASDETHNCILELDEKVDDLADTISSEIQLAVLLSNEGIINSE E	443
BHA10-3 *	HVVKATATQGEVNVTVGVIPLTTTPTGSANKSKPYYTGEHAKATGNCPIWVKTP KLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLNSLSELEVKNLQRLSCASDETHNCILE LDEKVDDLADTISSEIQLAVLLSNEGIINSEDE	444

각 작제물에 대한 5'UTR:

TCAAGCTTTTGGACCCTCGTACAGAAGCTAATACGACTCACTATAGGGAAATAAGAGAGAAAAGA
AGAGTAAGAAGAAATATAAGAGCCACC (SEQ ID NO: 445)

[0853] 각 작제물에 대한 3'UTR:

[0854] TGATAATAGGCTGGAGCCTCGGTGGCCATGCTTCTTGCCCTTGGGCCTCCCCCAGCCCCCTCCTCC
CCTTCCTGCACCCGTACCCCGTGGTCTTTGAATAAAGTCTGAGTGGGCGGC (SEQ ID NO: 446)

[0855] 표 17에서 열거된 각 아미노산 서열에 대한 첫 번째 밑줄친 서열은, 동일 또는 유사한 기능을 달성하는 대안 서열에 의해 치환될 수 있는 신호 또는 분비 서열을 나타내거나, 상기 신호 또는 분비 서열은 결실될 수 있음을 나타낸다.

표 18. 인플루엔자 핵산

작제물 설명	ORF	서열식별 번호:
B/Yamagata/16/1988 mHA	ATGAAGGCAATAATTGTAAGTACTCATGGTAGTAACATCCAACGCAGATCGAATCTGCACTGGGATAACATCTTCAAACCTCACCTCATGTGGTCAAAACAGCTACTCAAGGGGAAGTTAATGTGACTGGTGTGATACCACTGACAACAACACCAACAAAATCTCATTTTGCAAATCTCAAAGGAACAAAGACCAGAGGGAAACTATGCCCCAACTGTCTCAACTGCACAGATCTGGATGTGGCCTTGGGCAGACCAATGTGTATGGGGACCATACTTTCGGCAAAAGCTTCAATACTCCACGAAGTCAGACCTGTTACATCCGGGTGCTTTCTTATAATGCACGACAGAACAATAATCAGACAGCTACCCAATCTTCTCAGAGGATATGAAATATCAGATTATCAACCCATAACGTTATCAACGCAGAAAGGGCACCAGGAGGACCCTACAGACTTGGAACTCAGGATCTTGCCCTAACGTTACCAGTAGAAACGGATTCTTCGCAACAATGGCTTGGGCTGTCCCAAGGGACAACAAAACAGCAACGAATCCACTAACAGTAGAAGTACCATACATTTGCACAAAAGGAGAAGACCAAATTACTGTTTGGGGGTTCATTCTGATGACAAAACCCAAATGAAAACCTCTATGGAGACTCAAATCCTCAAAAGTTACCTCATCTGCCAATGGAGTAACCACACATTATGTTCTCAGATTGGTGACTTCCCAATCAAACAGAAAGACGGAGGGCTACCCACAAAGCGGCAGAAATTGTTGTGATTACATGGTGCAAAAACCTGGGAAAACAGGAACAATTGTCTATCAAAGAGGTGTTTGTGCTTCAAAAGGTGTGGTGGCAGAGTGGCAGGAGCAAGGTAATAAAAGGGTCCTTGCCCTTAATTGGTGAAGCAGATGTCCTTACGAAAAATACGGTGGATTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGAGAACATGCAAAAGCCATAGGAAATTGCCAATATGGGTGAAAACACCTTTGAAGCTTGCCCAATGGAAACCAATATAGACCTCTGCAAACTATTAAGGAAAGGGGTTTCTTCGGAGCTATGCTGGTTCCTTAGAGGGAGGATGGGAAGGAATGATTGCAGGTGGCAGGATACACATCTCATGGAGCACATGGAGTGGCAGTGGCAGCAGACCTTAAGAGCAGCGAAGAAGCCATAAACAAGATAACAAAAATCTCAATTCTTTGAGTGAGCTAGAAGTAAGAATCTTCAAAGACTAAGTGGTGCCATGGATGAACTCCACAACGAAATACTCGAGCTGGATGAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGACACAATAAGCTCGCAAAATAGAGCTTGCACTTGTCTTTCCACGAAGGAATAATAAACAGTGAAGATGAGCATCTATTGGCACTTGAGAGAAAATAAAGAAAATGCTGGGTCCCTGCTGTAGACATAGGGAATGGATGCTTCGAAACCAACACAAGTGAACAGACCTGCTTAGACAGGATAGCTGCTGGCACCTTTAATGCAGGAGAATTTCTCTTCCCCTTTTGTATTCATGAAATATTAAGTGTGCTGCTTAAATGATGATGGATGGATAATCATACTATACTGCTCTACTACTCAACTGCTGCTTCTAGTTTGGCCGTAACATTGATGATAGCTATTTTTATTGTTTATATGGTCTCCAGAGACAATGTTTCTTGTCTCCATCTGTCTA	447
B/Yamagata/16/1988 sHA	ATGAAGGCAATAATTGTAAGTACTCATGGTAGTAACATCCAACGCAGATCGAATCTGCACTGGGATAACATCTTCAAACCTCACCTCATGTGGTCAAAACAGCTACTCAAGGGGAAGTTAATGTGACTGGTGTGATACCACTGACAACAACACCAACAAAATCTCATTTTGCAAATCTCAAAGGAACAAAGACCAGAGGGAACTATGCCCCAACTGTCTCAACTGCACAGATCTGGATGTGGCCTTGGGCAGACCAATGTGTATGGGGACCATACTTTCGGCAAAAGCTTCAATACTCCACGAAGTCAGACCTGTTACATCCGGGTGCTTTCTTATAATGCACGACAGAACAATAATCAGACAGCTACCCAATCTTCTCAGAGGATATGAAATATCAGATTATCAACCCATAACGTTATCAACGCAGAAAGGGCACCAGGAGGACCCTACAGACTTGGAACTCAGGATCTTGCCCTAACGTTACCAGTAGAAACGGATTCTTCGCAACAATGGCTTGGGCTGTCCCAAGGGACAACAAAACAGCAACGAATCCACTAACAGTAGAAGTACCATACATTTGCACAAAAGGAGAAGACCAAATTACTGTTTGGGGGTTCATTCTGATGACAAAACCCAAATGAAAACCTCTATGGAGACTCAAATCCTCAAAAGTTACCTCATCTGCCAATGGAGTAACCACACATTATGTTCTCAGATTGGTGACTTCCCAATCAAACAGAAAGACGGAGGGCTACCCACAAAGCGGCAGAAATTGTTGTGATTACATGGTGCAAAAACCTGGGAAAACAGGAACAATTGTCTATCAAAGAGGTGTTTGTGCTTCAAAAGGTGTGGTGGCAGAGTGGCAGGAGCAAGGTAATAAAAGGGTCCTTGCCCTTAATTGGTGAAGCAGATGTCCTTACGAAAAATACGGTGGATTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGAGAACATGCAAAAGCCATAGGAAATTGCCAATATGGGTGAAAACACCTTTGAAGCTTGCCCAATGGAAACCAATATAGACCTCTGCAAACTATTAAGGAAAGGGGTTTCTTCGGAGCTATGCTGGTTCCTTAGAGGGAGGATGGGAAGGAATGATTGCAGGTGGCAGGATACACATCTCATGGAGCACATGGAGTGGCAGTGGCAGCAGACCTTAAGAGCAGCGAAGAAGCCATAAACAAGATAACAAAAATCTCAATTCTTTGAGTGAGCTAGAAGTAAGAATCTTCAAAGACTAAGTGGTGCCATGGATGAACTCCACAACGAAATACTCGAGCTGGATGAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGACACAATAAGCTCGCAAAATAGAGCTTGCACTTGTCTTTCCACGAAGGAATAATAAACAGTGAAGATGAGCATCTATTGGCACTTGAGAGAAAATAAAGAAAATGCTGGGTCCCTGCTGTAGACATAGGGAATGGATGCTTCGAAACCAACACAAGTGAACAGACCTGCTTAGACAGGATAGCTGCTGGCACCTTTAATGCAGGAGAATTTCTCTTCCCCTTTTGTATTCATGAAATATTAAGTGTGCTGCTTAAATGATGATGGATGGATAATCATACTATACTGCTCTACTACTCAACTGCTGCTTCTAGTTTGGCCGTAACATTGATGATAGCTATTTTTATTGTTTATATGGTCTCCAGAGACAATGTTTCTTGTCTCCATCTGTCTA	448

[0856]

작제물 설명	ORF	서열식별 번호:
	TTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGAGAACATGCAAAAGCCATAGGAAATTGCCCAATA TGGGTGAAAACACCTTTGAAGCTTGCCAAATGGAACCAAAATATAGACCTCCTGCAAAACATATTA AAGGAAAGGGTTTCTTCGGAGCTATTGCTGGTTTCTTAGAGGGAGGATGGGAAGGAATGATT GCAGGTTGGCAGGATACACATCTCATGGAGCACATGGAGTGGCAGTGGCAGCAGACCTTAAG AGCAGCAAGAAGCCATAAACCAAGATAACAAAAATCTCAATTCTTTGAGTGAGCTAGAAGTA AAGAATCTTCAAAGACTAAGTGGTGCCATGGATGAACTCCACACAGAAATCTCGAGCTGGAT GAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGACACAATAAGCTCGCAATAGAGCTTGCACTCTTGCTT TCCAACGAAGGAATAATAACAGTGAAGATGAGCATCTATTGGCACTTGAGAGAAAACATAAG AAAAATGCTGGGTCCCTCTGCTGTAGACATAGGGAATGGATGCTTCGAAACCAACACAAAGTGC AACCAGACCTGCTTAGACAGGATAGCTGCTGGCACCTTAAATGCAGGAGAATTTTCTCTTCCC ACTTTTGATTCACTGAATATTACTGCTGCATCTTTAAATGATGATGGATTGGATAATCATACT	
B/Victoria/02/19 87 mHA	ATGAAGGCAATAATTGTACTACTCATGGTAGTAACATCCAATGCAGATCGAATCTGCACTGGG ATAACATCGTCAAACCTCACCCCATGTGGTCAAACCTGCTACTCAAGGGGAAGTCAATGTGACT GGTGTGATACCACTGACAACAACACCCACCAAAATCTCATTTTGCAAAATCTCAAAGGAACAAAA ACCAAGAGGAAACTATGCCCAAAGTGTCTCAACTGCACAGATCTGGACGTGGCCTTGGGCAGA CCAAAGTGACGGGGACCATACCTTCGGCAAAAGCTTCAATACTCCACGAAGTCAAACCTGTT ACATCTGGGTGCTTTCCTATAATGCACGACAGAACAAAAATTAGACAGCTACCCAATCTTCTC AGAGGATACGAACATATCAGGTTATCAACCCATAACGTTATCAACGCAGAAACGGCACCAGGA GGACCTTACAAAGTTGGAACCTCAGGGTCTTGCCCTAACGTTACCAATGGAACGGATTCTTC GCAACAATGGCTTGGGCTGTCCCAAAAAACGACAACAACAAACAGCAACAAATCCATTAAACA GTAGAAGTACCATACATTTGTACAGAAGGAGAAGACCAATTACTGTTTGGGGGTTCCTACTCT GATAACGAAGCCCAATGGTAAACTCTATGGAGACTCAAAGCCTCAGAAGTTCACCTCATCT GCCAACGGAGTGACCAACACATTACGTTTACAGATTGGTGGCTTCCCAAAATCAAGCAGAAAGAC GGAGGGCTACCACAAGCGGTAGAATTGTTGTTGATTACATGGTGCAAAATCTGGAACAAACA GGAACAATTACCTACCAAGAGGTATTTTATTGCTTCAAAGTGTGGTGGCAGTGGCAGG AGCAAGGTAAATAAAGGGTCTTGCCTTAAATGGCGAAGCAGATTGCTCCACGAAAAATAC GGTGGATTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGGGAACATGCAAAAGCCATAGGAAATTGC CCAATATGGGTGAAAACACCTTGAAGCTGGCCAAATGGAACCAATATAGACCTCCTGCAAAA CTATTAAAGGAAAAGGGTTTCTTCGGAGCTATTGCTGGTTTCTTAGAAGGAGGATGGGAAGGA ATGATTGCAGGTTGGCAGGATACACATCCCATGGAGCACATGGAGTAGCAGTGGCAGCAGAC CTTAAGAGTACGCAAGAGCCATAAACAGATAACAAAAATCTCAATTCTTTGAGTGAGCTG GAAGTAAAGAACTCTCAAAGACTAAGCGGTGCCATGGATGAACCTCCACAACAAAATACTCGAA CTGGATGACAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGATACAAATAGCTCGCAATAGAGCTCGCAGTC TTGCTTTCCAACGAAGGAATAATAAACAGTGAAGATGAGCATCTCTTGGCGCTTGAAAGAAAA CTGAAGAAAATGCTGGGCCCTCTGCTGTAGAGATAGGGAATGGATGCTTCGAAACCAAAACAC AAGTGCAACGACAGACCTGCTCGACAGAAATAGCTGCTGGCACCTTAAATGCAGGAGAATTTTCT CTCCCCACCTTTGATTCACTAAATATTACTGCTGCATCTTAAATGATGATGGATTGGATAAT CATACTATACTGCTTTACTACTCAACTGCTGCTTCCAGTTGGCTGTAACATTGATGATAGCT ATCTTTATTGTTTATATGGTCTCCAGAGACAATGTTTCTTGCTCCATCTGTCTA	449
B/Victoria/02/19 87 sHA	ATGAAGGCAATAATTGTACTACTCATGGTAGTAACATCCAATGCAGATCGAATCTGCACTGGG ATAACATCGTCAAACCTCACCCCATGTGGTCAAACCTGCTACTCAAGGGGAAGTCAATGTGACT GGTGTGATACCACTGACAACAACACCCACCAAAATCTCATTTTGCAAAATCTCAAAGGAACAAAA ACCAAGAGGAAACTATGCCCAAAGTGTCTCAACTGCACAGATCTGGACGTGGCCTTGGGCAGA CCAAAGTGACGGGGACCATACCTTCGGCAAAAGCTTCAATACTCCACGAAGTCAAACCTGTT ACATCTGGGTGCTTTCCTATAATGCACGACAGAACAAAAATTAGACAGCTACCCAATCTTCTC AGAGGATACGAACATATCAGGTTATCAACCCATAACGTTATCAACGCAGAAACGGCACCAGGA GGACCTTACAAAGTTGGAACCTCAGGGTCTTGCCCTAACGTTACCAATGGAACGGATTCTTC GCAACAATGGCTTGGGCTGTCCCAAAAAACGACAACAACAAACAGCAACAAATCCATTAAACA GTAGAAGTACCATACATTTGTACAGAAGGAGAAGACCAATTACTGTTTGGGGGTTCCTACTCT GATAACGAAGCCCAATGGTAAACTCTATGGAGACTCAAAGCCTCAGAAGTTCACCTCATCT GCCAACGGAGTGACCAACACATTACGTTTACAGATTGGTGGCTTCCCAAAATCAAGCAGAAAGAC GGAGGGCTACCACAAGCGGTAGAATTGTTGTTGATTACATGGTGCAAAATCTGGAACAAACA GGAACAATTACCTACCAAGAGGTATTTTATTGCTTCAAAGTGTGGTGGCAGTGGCAGG AGCAAGGTAAATAAAGGGTCTTGCCTTAAATGGCGAAGCAGATTGCTCCACGAAAAATAC GGTGGATTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGGGAACATGCAAAAGCCATAGGAAATTGC CCAATATGGGTGAAAACACCTTGAAGCTGGCCAAATGGAACCAATATAGACCTCCTGCAAAA CTATTAAAGGAAAAGGGTTTCTTCGGAGCTATTGCTGGTTTCTTAGAAGGAGGATGGGAAGGA ATGATTGCAGGTTGGCAGGATACACATCCCATGGAGCACATGGAGTAGCAGTGGCAGCAGAC CTTAAGAGTACGCAAGAGCCATAAACAGATAACAAAAATCTCAATTCTTTGAGTGAGCTG GAAGTAAAGAACTCTCAAAGACTAAGCGGTGCCATGGATGAACCTCCACAACAAAATACTCGAA	450

[0857]

작제물 설명	ORF	서열식별 번호:
	CTGGATGAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGATACAATAAGCTCGCAAATAGAGCTCGCAGTCTTGGCTTTCCAAACGAAGGAATAATAAACAGTGAAGATGAGCATCTCTTGGCGCTTGAAAGAAAACTGAAGAAAAATGCTGGGCCCTCTGCTGTAGAGATAGGAATGGATGCTTCGAAACCAAACACAAAGTGAACACGACCTGCCTCGACAGAATAGCTGCTGGCACCTTTAATGCAGGAGAATTTTCTCTCCCCACCTTTGATTCACTAAATATTACTGCTGCATCTTTAAATGATGATGGATTGGATAATCATACT	
B/Brisbane/60/2008 mHA	ATGAAGGCAATAATTGTACTACTCATGGTAGTAACATCCAATGCAGATCGAATCTGCACTGGGATAACATCGTCAAACCTCACCACATGTCGTCAAACCTGCTACTCAAGGGGAGGTCAATGTGACTGGTGAATACCCTGACAAACACACCCACCAATCTCATTTTGCAAACTCTCAAAGGAACAGAAACAGGGGGAACTATGCCCCAAATGCCTCAACTGCACAGATCTGGACGTAGCCTTGGGCAGACCAAATGCACGGGGAAAAATACCCCTCGGCAAGAGTTTCAATACTCCATGAAGTCAGACCTGTTACATCTGGGTGCTTTCCTATAATGCACGACAGAACAAAAATTAGACAGCTGCCTAACCTTCTCGAGGATACGAAACATACAGTTTATCAACCCATAACGTTATCAATGCAGAAAAATGCACCAGGAGGACCTACAAAATTGGAACCTCAGGGTCTTGCCCTAACATTACCAATGGAACGGATTTTTCGCAACAATGGCTTGGGCGCTCCCAAAAAACGACAAAAACAAACAGCAACAATCCATTAAACAATAGAAGTACCATACATTTGTACAGAAGGAGAAGACCAATTAACGTTTGGGGGTCCACTCTGACGACGAGACCCAAATGGCAAAGCTCTATGGGGACTCAAAGCCCCAGAAGTTCACCTCATCTGCCAACGGAGTGACCACACATTACGTTTACAGATGGTGGCTTCCCAATCAAACAGAAGACGGAGGACTACCACAAAGTGGTAGAATTGTTGTTGATTACATGGTGCAAAAACTCTGGGAAAAAGGAACAATTAACCTTCAAAGGGGTATTTTATTGCTCAAAGGTGTGGTGCGCAAGTGGCAGGAGCAAGGTATAAAAGGATCCTTGCTTTAATTGGAGAAGCAGATTGCCTCCACGAAAAATACGGTGGATTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGGGAACATGCAAAGGCCATAGGAAATTGCCAATATGGGTGAAAAACACCTTGAAGCTGGCCAAATGGAAACCAATATAGACCTCCTGCAAACTATTAAAGGAAAGGGTTTCTTCGGAGCTATTGCTGGTTCTTAGAAGGAGGATGGGAAGGAATGATTGCAAGTTGGCACGGATACACATCCCATGGGGCACATGGAGTAGCGGTGGCAGCAGACCTTAAGAGCACTCAAGAGGCCATAAACAGATAACAAAAAATCTCAACTCTTTGAGTGAGCTGGAAGTAAAGAACTCTCAAAGACTAAGCGGTGCCATGGATGAACCTCCACAACGAAATACTAGAACTAGATGAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGATACAATAAGCTCACAAATAGAAGTCCGAGTCTGCTTTTCCAATGAAGGAATAATAACAGTGAAGATGAACATCTCTTGGCGCTTGAAAGAAAGCTGAAGAAAAATGCTGGGCCCTCTGCTGTAGAGATAGGGAATGGATGCTTTGAACCAAAACACAAAGTGAACACGACCTGTCTCGACAGAATAGCTGCTGGTACCTTTGATGCAGGAGAATTTTCTCTCCCCACCTTTGATTCACTGAATATTACTGCTGCATCTTTAAATGACGATGGATTGGATAATCATCTATAGTCTGCTTACTACTCAACTGCTGCCTCCAGTTTGGCTGTAAACACTGATGATAGCTATCTTTGTTGTTTATATGGTCTCCAGAGACAATGTTCTTGCTCCATCTGTCTA	451
B/Brisbane/60/2008 sHA	ATGAAGGCAATAATTGTACTACTCATGGTAGTAACATCCAATGCAGATCGAATCTGCACTGGGATAACATCGTCAAACCTCACCACATGTCGTCAAACCTGCTACTCAAGGGGAGGTCAATGTGACTGGTGAATACCCTGACAAACACACCCACCAATCTCATTTTGCAAACTCTCAAAGGAACAGAAACAGGGGGAACTATGCCCCAAATGCCTCAACTGCACAGATCTGGACGTAGCCTTGGGCAGACCAAATGCACGGGGAAAAATACCCCTCGGCAAGAGTTTCAATACTCCATGAAGTCAGACCTGTTACATCTGGGTGCTTTCCTATAATGCACGACAGAACAAAAATTAGACAGCTGCCTAACCTTCTCGAGGATACGAAACATACAGTTTATCAACCCATAACGTTATCAATGCAGAAAAATGCACCAGGAGGACCTACAAAATTGGAACCTCAGGGTCTTGCCCTAACATTACCAATGGAACGGATTTTTCGCAACAATGGCTTGGGCGCTCCCAAAAAACGACAAAAACAAACAGCAACAATCCATTAAACAATAGAAGTACCATACATTTGTACAGAAGGAGAAGACCAATTAACGTTTGGGGGTCCACTCTGACGACGAGACCCAAATGGCAAAGCTCTATGGGGACTCAAAGCCCCAGAAGTTCACCTCATCTGCCAACGGAGTGACCACACATTACGTTTACAGATGGTGGCTTCCCAATCAAACAGAAGACGGAGGACTACCACAAAGTGGTAGAATTGTTGTTGATTACATGGTGCAAAAACTCTGGGAAAAAGGAACAATTAACCTATCAAAGGGGTATTTTATTGCTCAAAGGTGTGGTGCGCAAGTGGCAGGAGCAAGGTATAAAAGGATCCTTGCTTTAATTGGAGAAGCAGATTGCCTCCACGAAAAATACGGTGGATTAAACAAAAGCAAGCCTTACTACACAGGGGAACATGCAAAGGCCATAGGAAATTGCCAATATGGGTGAAAAACACCTTGAAGCTGGCCAAATGGAAACCAATATAGACCTCCTGCAAACTAGATGAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGATACAATAAGCTCACAAATAGAAGTCCGAGTCTGCTTTTCCAATGAAGGAATAATAACAGTGAAGATGAACATCTCTTGGCGCTTGAAAGAAAGCTGAAGAAAAATGCTGGGCCCTCTGCTGTAGAGATAGGGAATGGATGCTTTGAACCAAAACACAAAGTGAACACGACCTGTCTCGACAGAATAGCTGCTGGTACCTTTGATGCAGGAGAATTTTCTCTCCCCACCTTTGATTCACTGAATATTACTGCTGCATCTTTAAATGACGATGGATTGGATAATCATCTATAGTCTGCTTACTACTCAACTGCTGCCTCCAGTTTGGCTGTAAACACTGATGATAGCTATCTTTGTTGTTTATATGGTCTCCAGAGACAATGTTCTTGCTCCATCTGTCTA	452

[0858]

작제물 설명	ORF	서열식별 번호:
	CATACT	
B/Phuket /3073/20 13 mHA	ATGAAGGCAATAATTGTACTACTCATGGTAGTAACATCCAATGCAGATCGAATCTGCACTGGG ATAACATCTTCAAACCTCACCTCATGTGGTCAAAACAGCTACTCAAGGGGAGGTCAATGTGACT GGCGTGATACCACTGACAACAACACCAACAAAATCTTATTTGCAAAATCTCAAAGGAACAAGG ACCAGAGGGAAACTATGCCCGGACTGTCTCAACTGTACAGATCTGGATGTGGCCTTGGGCAGG CCAATGTGTGTGGGGACCACACCTTCTGCTAAAGCTTCAATACTCCACGAGGTCAGACCTGTT ACATCCGGGTGCTTTTCTATAATGCACGACAGAACAAAATCAGGCAACTACCAATCTTCTC AGAGGATATGAAAAGATCAGGTTATCAACCCAAAACGTTATCGATGCAGAAAAAGCACCAGGA GGACCCTACAGACTTGGAACTCAGGATCTTGCCCTAACGCTACCAGTAAAAATCGGATTTTTTC GCAACAATGGCTTGGGCTGTCCCAAGGACAACCTACAAAATGCAACGAACCCACTAACAGTA GAAGTACCATACATTTGTACAGAAGGGGAAGACCAAAATTAAGTGTGGGGTTCCATTCAGAC AACAAAACCCAAATGAAGAGCCTCTATGGAGACTCAAATCCTCAAAAGTTACCTCATCTGCT AATGGAGTAACACACATTATGTTTCTCAGATTGGCGACTTCCAGATCAACAGAAAGACGGA GGACTACCACAAAGCGGCAGAAATGTTGTTGATTACATGATGCAAAAACCTGGGAAAACAGGA ACAAATGTCTATCAAGAGGTGTTTTGTTGCTCAAAAGGTGTGGTGCAGAGTGGCAGGAGC AAGTAATAAAAGGTCATTGCCTTTAATTTGGTGAAGCAGATTGCCTTCATGAAAAATACGGT GGATTAACAAAGCAAGCCTTACTACACAGGAGAACATGCAAAAGCCATAGGAAATGCCCCA ATATGGGTAAAAACACCTTTGAAGCTTGCCAATGGAACCAATATAGACCTCCTGCAAACTA TTGAAGGAAAGGGTTTCTTGGAGCTATTGCTGGTTTCTAGAGGAGGATGGGAAGGAATG ATTGCAGGTTGGCAGGATACACATCTCACGGAGCACATGGAGTGGCAGTGGCGGCAGACCTT AAGAGTACACAAGAAGCTATAAATAAGATAACAAAAATCTCAATTCTTTGAGTGAGCTAGAA GTAAGGAACCTTCAAAGACTAAGTGGTGCCATGGATGAACTCCACAACGAAATACTCGAGCTG GATGAGAAAGTGGATGATCTCAGAGCTGACACTATAAGCTCACAAATAGAACTTGAGTCTTG CTTTCCACGAAGGAATAATAACAGTGAAGACGAGCATCTATTGGCACTTGAGAGAAAACTA AAGAAAATGCTGGGTCCTCTGCTGTAGACATAGGAAACGGATGCTTCGAAACCAACACAAA TGCAACCGAGACCTGCTTAGACAGGATAGCTGCTGGCACCTTTGATGCAGGAGAATTTCTCTC CCCCTTTTGATTCATTGAACATTACTGCTGCATCTTTAAATGATGATGGATTGGATAACCAT ACTATACTGCTCTATTACTCAACTGCTGCTTCTAGTTTGGCTGTAACATTAATGCTAGCTATT TTTATTGTTTATATGGTCTCCAGAGACAACGTTTCATGCTCCATCTGTCTA	453

[0859]

[0860]

각 작제물에 대한 5'UTR:

TCAAGCTTTTGGACCTTCGTACAGAAGCTAATACGACTCACTATAGGGAAAAAAGAGAGAAAAAGAGTAAGAA
GAAATATAAGAGCCACC (SEQ ID NO: 445)

[0861]

[0862]

각 작제물에 대한 5'UTR:

TGATAATAGGCTGGAGCCTCGTGGCCATGCTTCTTGGCCCTTGGGCTCCCCCAGCCCCCTCCTCCCCCTCCTG
CACCCGTACCCCCGTGGTCTTTGAATAAAGTCTGAGTGGGCGGC (SEQ ID NO: 446)

[0863]

표 19: 야생형 혈구응집소 항원의 예

단백질 / 균주	핵산 서열	서열식별번호:
H1	AGCAAAAGCAGGGGAAAAATAAAACAACCAAAATGAAGGCAACCTACTG GTCTGTATGTGCACTTGCAGCTGCAGATGCAGACACAATATGTATAGG CTACCATGCGAACAATTCAACCGACACTGTTGACACAGTGTCTCGAGAAGA ATGTGACAGTGACACACTCTGTTAACCTGCTCGAAGACAGCCACAACGGA AAACTATGTAGATTAAAAGGAATAGCCCCACTACAATTGGGGAAATGTAA CATCGCCGGATGGCTCTTGGGAAACCCAGAATGCGACCCACTGCTTCCAG TGAGATCATGGTCCTACATTGTAGAAACACCAAACTCTGAGAATGGAATA TGTTATCCAGGAGATTTTCATCGACTATGAGGAGCTGAGGGAGCAATTGAG CTCAGTGTCATCATTCGAAAGATTGCAAAATATTTCCCAAGAAAGCTCAT GGCCCCAACCAACAACAACCAAGGAGTAACGGCAGCATGCTCCCATGCG GGGAAAAGCAGTTTTTACAGAAATTTGCTATGGCTGACGGAGAAGGAGGG CTCATACCCAAAGCTGAAAAATTCTTATGTGAACAAGAAAGGAAAGAAG TCCTTGTACTGTGGGGTATTTCATCACCCGCTAACAGTAAGGATCAACAG AATATCTATCAGAATGAAATGCTTATGTCTCTGTAGTGACTTCAAATTA TAACAGGAGATTTACCCCGGAAATAGCAGAAAGACCCAAAGTAAGAGATC AAGCTGGGAGGATGAACATTAATGACCTTGTCTAAACCCGAGACACA	454

[0864]

단백질 / 균주	해산 서열	서열식별번호:
	ATAATATTTGAGGCCAAATGGAAATCTAATAGCACCAAGGT ATGCTTTGCGCACTGAGTAGAGGCTTTGGGTCCGGCATCATCACCTCAAAC GCATCAATGCATGAGTGTAACACGAAGTGTCAAACACCCCTGGGAGCTAT AAACAGCAGTCTCCCTTTCCAGAATATACACCAGTCACAATAGGAGAGT GCCCCAAATACGTCAAGGAGTGCCAAATTGAGGATGGTTACAGGACTAAGG AACATTCCTGTCATTCAATCCAGAGGTCTATTTGGAGCCATTGCCGGTTT TATTGAAGGGGGATGGACTGGAATGATAGATGGATGGTACGGTTATCATC ATCAGAATGAACAGGGATCAGGCTATGCAGCGGATCAAAAAGCACACAA AATGCCATTACGGGATTACAAACAAGGTGAACTCTGTTATCGAGAAAAT GAACATTCAATTCACAGCTGTGGGTAAAGAATTCAACAAATTAGAAAAAA GGATGGAATAATTAAATAAAAAAGTTGATGATGGATTCTGGACATTTGG ACATATAATGCAGAATTGTTAGTTCTACTGGAAAATGAAAGGACTCTGGA TTTCCATGACTCAAATGTGAAGAATCTGTATGAGAAAAGTAAAAAGCCAAT TAAAGAATAATGCCAAGAAATCGGAAATGGATGTTTTGAGTTCTACCAC AAGTGTGACAATGAATGCATGGAAAGTGTAAAGAAATGGGACTTATGATTA TCCCAATATTCAGAAGAGTCAAAGTTGAACAGGAAAAGGTAGATGGAG TGAATTTGGAATCAATGGGGATCTATCAGATTCTGGCGATCTACTCACT GTCGCCAGTTCACTGGTGCTTTTGGTCTCCCTGGGGCAATCAGTTTCTG GATGTGTTCTAATGGATCTTTGCAGTGCAGAATATGCATCTGAGATTAGA ATTCAGAAATATGAGGAAAAACACCCTTGTTTCTACT	
H7	AGCGAAAGCAGGGGATACAAAATGAACACTCAAATCCTGGTATTCGCTCT GATTGCGATCATTCCAACAAATGCAGACAAAATCTGCCTCGGACATCATG CCGTGTCAAACGGAACCAAAGTAAACACATTAAGTGAAGAGGAGTGGAA GTCGTCAATGCAACTGAAACAGTGAACGAACAAACATCCCCAGGATCTG CTCAAAGGGGAAAAGGACAGTTGACCTCGGTCAATGTGGACTCCTGGGA CAATCACTGGACCACCTCAATGTGACCAATTCCTAGAATTTTCAGCCGAT TTAATTATTGAGAGGCGAGAAGGAAGTGTGTCTGTTATCCTGGGAAATT CGTGAATGAAGAAGCTCTGAGGCAAATTCTCAGAGAATCAGGCGGAATTG ACAAGGAAGCAATGGGATTACATACAGTGAATAAGAATAATGGAGCA ACCAGTGCATGTAGGAGATCAGGATCTTCATTCTATGCAGAAATGAAATG GCTCCTGTCAAACACAGATGATGCTGCATTCCCGCAGATGACTAAGTCAT ATAAAAATACAAGAAAAAGCCAGCTCTAATAGTATGGGGATCCATCAT TCCGTATCAACTGCAGAGCAAACCAAGCTATATGGGAGTGGAAACAACT GGTGACAGTTGGGAGTTCTAATTATCAACAATCTTTGTACCGAGTCCAG GAGCGAGACCACAAGTTAATGGTCTATCTGGAAGAATTGACTTTTATTGG CTAATGCTAAATCCCAATGATACAGTCACTTTTCAATGGGGCTTT CATAGCTCCAGACCGTGCAAGCTTCCTGAGAGGAAAATCTATGGGAATCC	455

[0865]

단백질 / 균주	핵산 서열	서열식별번호:
	AGAGTGGAGTACAGGTTGATGCCAATTGTGAAGGGGACTGCTATCATAGT GGAGGGACAATAATAAGTAACTTGCCATTTTCAGAACATAGATAGCAGGGC AGTTGGAAAATGTCCGAGATATGTTAAGCAAAGGAGTCTGCTGCTAGCAA CAGGGATGAAGAATGTTCTGAGATTCCAAAGGGAAGAGGCCTATTGGT GCTATAGCGGGTTTCATTGAAAATGGATGGGAAGGCCTAATTGATGGTTG GTATGGTTTCAGACACCAGAATGCACAGGGAGAGGGAAGTCTGTCAGATT ACAAAAGCACTCAATCGGCAATTGATCAAAATACAGGAAAAATTAAACCGG CTTATAGAAAAAACCAACCAACAATTTGAGTTGATAGACAATGAATTCAA TGAGGTAGAGAAGCAAATCGGTAATGTGATAAATTGGACCAGAGATTCTA TAACAGAAGTGTGGTCATACAATGCTGAACCTCTGGTAGCAATGGAGAAC CAGCATACAATTGATCTGGCTGATTCAGAAATGGACAACTGTACGAACG AGTGAAGAGACAGCTGAGAGAGAATGCTGAAGAAGATGGCACTGGTTGCT TTGAAATATTTTCAAGTGTGATGATGACTGTATGGCCAGTATTAGAAAT AACACCTATGATCACAGCAAATACAGGGAAGAGGCAATGCAAAATAGAAT ACAGATTGACCCAGTCAAATAAGCAGCGGCTACAAAGATGTGATACTTT GGTTTAGCTTCGGGGCATCATGTTTCATACTTCTAGCCATTGTAATGGGC CTTGCTTCATATGTGTAAAGAATGGAACATGCGGTGCACTATTTGTAT ATAAGTTTGGAAAAAACACCCTTGTCTCTAC	
H10	ATGTACAAATAGTAGTGATAATCGCGCTCCTTGGAGCTGTGAAAGGTCT TGATAAAATCTGTCTAGGACATCATGCAGTGGCTAATGGGACCATCGTAA AGACTCTCACAAACGAACAGGAAGAGGTAACCAACGCTACTGAAACAGTG GAGAGTACAGGCATAAACAGATTATGTATGAAAGGAAGAAACATAAGA CCTGGGCAACTGCCATCCAATAGGGATGCTAATAGGGACTCCAGCTTGTG ATCTGCACCTTACAGGGATGTGGGACACTCTCATTGAACGAGAGAATGCT ATTGCTTACTGTACCTGGAGCTACTGTAAATGTAGAAGCACTAAGGCA GAAGATAATGGAGAGTGGAGGGATCAACAAGATAAGCACTGGCTTCACTT ATGGATCTTCCATAAACTCGGCCGGGACCACTAGAGCGTGCATGAGGAAT GGAGGGAATAGCTTTTATGCAGAGCTTAAGTGGCTGGTATCAAAGAGCAA AGGACAAAACCTCCCTCAGACCACGAACACTTACAGAAATACAGACACGG CTGAACACCTCATAATGTGGGGAATTCATCACCTTCTAGCACTCAAGAG AAGAATGATCTATATGGAACACAATCACTGTCCATATCAGTCGGGAGTTC CACTTACCGGAACAATTTTGTTCGGTTGTTGGAGCAAGACCTCAGGTCA ATGGACAAAGTGGCAGAATTGATTTTCACTGGACACTAGTACAGCCAGGT GACAACATCACCTTCTCACACAATGGGGGCCTGATAGCACCAGCCGAGT TAGCAAATTAATTGGGAGGGGATTGGGAATCCAATCAGACGCACCAATAG ACAATAATTGTGAGTCCAATGTTTTTGGAGAGGGGGTCTATAAATACA AGGCTTCCCTTTCAAAATTTGTCACCAAGAACAGTGGGTCACTGTCTTAA ATATGTGAACAGAAGAAGCTTGATGCTTGCAACAGGAATGAGAAACGTAC	456

[0866]

단백질 / 균주	핵산 서열	서열식별번호:
	CAGAACTAATACAAGGGAGAGGTCTATTTGGTGCAATAGCAGGGTTTTTA GAGAATGGGTGGGAAGGAATGGTAGATGGCTGGTATGGTTTCAGACATCA AAATGCTCAGGGCACAGGCCAGGCCGCTGATTACAAGAGTACTCAGGCAG CTATTGATCAAATCACTGGGAACTGAATAGACTTGTGAAAAACCAAT ACTGAGTTCGAGTCAATAGAATCTGAGTTCAGTGAGATCGAACACCAAT CGGTAACGTCATCAATTGGACTAAGGATTCAATAACCGACATTTGGACTT ATCAGGCTGAGCTGTTGGTGGCAATGGAGAACCAGCATAACAATCGACATG GCTGACTCAGAGATGTTGAATCTATATGAAAGAGTGAGGAAACAATAAG GCAGAAATGCAGAAGAAGATGGGAAAGGATGTTTTGAGATATATCATGCTT GTGATGATTTCATGCATGGAGAGCATAAGAAACAACACCTATGACCATTCA CAGTACAGAGAGGAAGCTCTTTTGAACAGATTGAATATCAACCCAGTGAC ACTCTCTTCTGGATATAAAGACATCATTTCTGTTTTAGCTTCGGGGCAT CATGTTTTGTCTTCTAGCCGTTGTCATGGGTCTTTTCTTTTCTGTCTG AAGAATGGAACATGCGATGCACAATCTGTATTTAG	

[0867]

표 20: 추가의 플루 작제물 s

명칭	서열	서열식별번호: 호:
MRK_LZ_N P-H3N2 SQ- 031687 CX- 003145	ATGGCCAGCCAGGGCACCAAGAGAAGCTACGAGCAGATGGAGACCGACG GCGAGAGACAGAACGCCACCGAGATCAGAGCCAGCGTGGGCAAGATGAT CGACGGCATCGGCAGATTCTACATCCAGATGTGCACCGAGCTCAAGCTG AGCGACTACGAGGGCAGACTGATCCAGAACAGCCTGACCATCGAAAGAA TGTTTCTGAGCGCTTCGACGAGAGAAGAAACAGATACCTGGAGGAGCA CCCCAGCGCCGGCAAGGACCCCAAGAAGACCGGCGGCCCATCTACAAG AGAGTGGACGGCAGATGGATGAGAGAGCTGGTGCTTACGACAAAGGAGG AGATCAGAAGAATCTGGAGACAGGCCAACACGGCGACGACGCCACCGC CGGCCTGACCCACATGATGATCTGGCACAGCAACCTGAACGACACCAAC TACCAGAGAACCAGAGCCCTGGTGAGAACCGGCATGGACCCAGAATGT GCAGCTTAATGCAGGGCAGCACCCCTGCCCAGAAGATCCGGCGCCGCTGG TGCCGCCGTCAAGGGCATCGGCACCATGGTGATGGAGCTGATCCGCATG ATCAAGCGCGGCATCAACGACAGAACTTCTGGAGAGGCGAAAACGGCA GAAAGACCAGAAGCGCCTACGAGAGAATGTGCAACATCCTGAAGGGCAA GTTCCAGACCGCCGCCAAAGAGCCATGATGGACCAGGTGAGAGAGAGC AGAAACCCCGGCAACGCCGAGATCGAAGACCTGATCTTCAGCGCCAGAT CGGCCCTGATCCTGAGAGGCAGCGTGGCCCAACAAGCTGCCCTGCCCGC CTGCGTGTATGGCCCCCGCTGAGCAGCGGCTACAACCTTCGAGAAGGAG GGCTACAGCCTGGTGGGCATCGACCCCTTCAAGCTGCTGCAGAACTCTC AGGTGTATAGCCTGATCAGACCAACGAGAACCCCGCCCAACAAGAGCCA GCTGGTGTGGATGGCCTGCCACAGCGCCGCTTCGAGGACCTGAGACTG CTGAGCTTCATCAGAGGTACCAAGGTGTCCCCAGAGGCAAGCTGAGCA CCAGAGGTGTGCAGATCGCCAGCAATGAGAACATGGACAATATGGAGAG CAGCACCCCTGGAGCTAAGAAGCAGGTACTGGGCCATCCGGACCAGAAGC GGCGGCAATACCAACCAGCAGAGAGCCAGCGCCGGCCAGATCAGCGTGC AGCCACCTTCAGCGTGCGAGAGAAACCTGCCCTTTGAGAAGAGCACCGT GATGCGCCGCTTCACCGGCAACACCGAGGGCAGAACCGAGCATGAGA GCCGAGATCATCAGAATGATGGAGGGCGCCAAGCCCGAGGAGGTGAGCT TTAGAGGCAGAGGCGTGTTCGAGCTGAGCGACGAGAAGGCCACCAACCC	457

[0868]

명칭	서열	서열식별번호 :
	AATTGTGCCCCAGCTTCGACATGTGGAACGAGGGCAGCTACTTCTTCGGC GACAACGCCGAGGAGTACGACAAC	
MRK_LZ_N P-H3N2 SQ- 031687 CX- 003145	MASQGTKRSEYQMETDGERQNA TEIRASVGK MIDGIGRFYIQMCTELKL SDYEGRLIQNSLTIERMVL SADFERRNRYLEEHP SAGKDPKKTGGPIYK RVDGRWMRELVLVDKEEIRRIWRQANN GDDATAGLTHMMIWHSNLNDTT YQRTALVRTGMDPRMC SLMQGSTLP RRSGAAGA AVKIGITMVMELIRM IKRGINDRNFWRGENG RKRTRSAYERMCN ILKGKFQTA AQRAMMDQVRES RNP GNAEIEDLIFSARSALILRG SVAHKSCLPACVYGP AVSSGYNFEKE GYSLVGIDPFKLLQNSQVYSLIRPNENPAHKSQ LVMACHSAAFEDLRL LSFIRGTVKSPRGKLS TRGVQIASNENMDNMESSTLELRSRYWAIRTRS GGNTNQQRASAGQISVQPTFSVQRNLPFEKSTVMAAFTGNTGRTSDMR AEIIRMEGAKPEEV SFRGRGVFELSDEKATNPVPSFDMSEGSYFFG DNAEEYDN	458
MRK_LZ_N IHGen6HA SS-TM2 SQ- 034074 CX- 000553	ATGGAGACCCCGCCAGCTGCTGTTCTGCTGCTGCTGCTGGCTGCCCG ACACCACCGGCGACACCATCTGCATCGGCTACCAACGCAACAACAGCAC CGACACCGTGGACACCGTCTGGAGAAGAACGTGACCGTGACCCACAGC GTGAACCTGGGCGAGCGGCTGAGGATGGTGACCGGCTGAGGAACATCC CCCAGAGGAGACCAAGGGCCTGTTCCGGCCCATCGCCGGCTTCATCGA GGGCGGCTGGACCGGCTGCTGGACGGCTGCTACGGCTACCAACACAG AACGAGCAGGGCAGCGGCTACGCCGCCGACAGAGAGCACCCAGAAGC CCATCAACGGCATCACCAACATGGTGAACAGCGTGATCGAGAAGATGGG CAGCGCGGCGAGCGGACCGACCTGGCCGAGCTGCTGGTGTGTGTGTG AACGAGAGACCTGGACTTCCACGACAGCAACGTGAAGAACCTGTACG ACAGGGAGAGATCGACGGAGTGAATTTGGAATCAATGGGGGTCTATCA GATCCTGGCCATCTACAGCACCGTGGCCAGCAGCTGGTGTGTGTGTG AGCCTGGGCGCCATCAGCTTCTGGATGTGCAGCAACGGCAGCCTGCAGT GCAGAATCTGCATC	459
MRK_LZ_N IHGen6HA SS-TM2 SQ- 034074 CX- 000553	METPAQLLFLLLWL PDDTTGDTICIGYHANNSTDVDTVLEKNVTVTHS VNLGSGLRMVTGLRNIPQRETRGLFGAIA GFIEGGWTGMVDGWYGYHHQ NEQGSYAADQKSTQNAINGITNMVNSVIEKMGS GSGTDLAELLVLLL NERTLDFHDSNVKNLYEKVKS QLKNNAKEIGNGCFEYHKCNNECMESV KNGTYDYPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGVYQILAIYSTVASSLVLLV SLGAISFWMC SNGLQCRICI	460
MRK_LZ_N IHGen6HA SS-폴드온 SQ- 032106 CX- 000596	ATGGAGACCCCGCCAGCTGCTGTTCTGCTGCTGCTGCTGGCTGCCCG ACACCACCGGCGACACCATCTGCATCGGCTACCAACGCCAACAACAGCAC CGACACCGTGGACACCGTCTGGAGAAGAACGTGACCGTGACCCACAGC GTGAACCTGGGCGAGCGGCTGAGGATGGTGACCGGCTGAGGAACATCC CCCAGAGGAGACCAAGGGCCTGTTCCGGCCCATCGCCGGCTTCATCGA GGGCGGCTGGACCGGCTGGTGACGGCTGGTACGGCTACCAACACAG AACGAGCAGGGCAGCGGCTACGCCGCCGACCAAGAGCACCCAGAAGC CCATCAACGGCATCACCAACATGGTGAACAGCGTGATCGAGAAGATGGG CAGCGGCGGCGAGCGGACCGACCTGGCCGAGCTGCTGGTGTGTGTGTG AACGAGAGGACCTGGACTTCCACGACAGCAACGTGAAGAACCTGTACG AGAAGGTGAAGAGCCAGCTGAAGAACAACGCCAAGGAGATCGGCAACGG CTGCTTCGAGTTCTACCACAAGTGCAACAACGAGTGATGAGAGCGTG AAGAACGGCACCTACGACTACCCCAAGTACAGCGAGGAGAGCAAGCTGA ACAGGGGAGAGATCGACCCCGGCGAGCGGTACATCCCCGAGGCCCCAG GGACGGCCAGGCCTACGTGAGGAAGGACCGCGAGTGGTGCTGTGTGAGC ACCTTCCTG	461
MRK_LZ_N IHGen6HA	METPAQLLFLLLWL PDDTTGDTICIGYHANNSTDVDTVLEKNVTVTHS VNLGSGLRMVTGLRNIPQRETRGLFGAIA GFIEGGWTGMVDGWYGYHHQ NEQGSYAADQKSTQNAINGITNMVNSVIEKMGS GSGTDLAELLVLLL	462

명칭	서열	서열식별번호 :
SS-폴드온 SQ- 032106 CX- 000596	NERTLDFHDSNVKNLYEKVKS QLKNNAKEIGNGCFEYHKCNNECMESV KNGTYDYPKYSEESKLNREKIDPGSGYIPEAPRDGQAYVRKDGEWVLLS TFL	

표 20에서 열거된 각각의 아미노산 서열에 대한 밀출된 서열은, 동일 또는 유사한 기능을 달성하는 천연 서열을 변경하여 치환될 수 있거나, 상기 신호 또는 분비 서열은 결실될 수 있는 신호 또는 분비성 서열을 나타낸다.

표 21: 추가의 플루 서열

명칭	서열	서열식별번호 :
돌연변이된 노출된 소수성 잔기를 갖는 BHA10-2: HA10 버전 (인플루엔자 B 균주에 대한)	METPAQLLFLLLLWLPDTTGHVVKATATQGEVNVTVGVIPLTTTFTGSANKS KPYYTGEHAKATGNCPIWVKTPCLKLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLN SLSELEVKNLQRLSGASDETHNEILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLS NEGIINSEDEGTGGGYIPEAPRDGQAYVRKDGWVLLSTFL	463
삼량체화에 대한 K68C/R76C/N95L 돌연변이를 갖는, 돌연변이된 노출된 소수성 잔기 를 갖는 BHA10-3: HA10 버전 (인플루엔자 B 균주에 대한)	METPAQLLFLLLLWLPDTTGHVVKATATQGEVNVTVGVIPLTTTFTGSANKS KPYYTGEHAKATGNCPIWVKTPCLKLANGTKYGSAGSATQEAINKITKNLN SLSELEVKNLQRLSCASDETHNCILELDEKVDLDRADTISSQIELAVLLS NEGIINSEDE	464
막관통 도메인, 버전 1 을 갖는, 폴드온 또는 페리딘이 없는 NIHGen6HASS-TM: Gen6 HA SS 작제물	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSV NLGSGLRMVTGLRNIPQRETRGLFGAIAAGFIEGGWTGMVDGWYGYHHQNE QSGGYAADQKSTQNAINGITNMVNSVIEKMGSGSGTDLAELLVLLNER TLDFHDSNVKNLYEKVKSQKNNAKEIGNGCFFYHKCNNECMESVKNGT YDYPKYSEESKLNREKIDQGTGGILAIYSTVASSLVLLVSLGAI SFWMCS NGSLQCRICI	465
막관통 도메인, 버전 2 를 갖는, 폴드온 또는	METPAQLLFLLLLWLPDTTGDTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSV NLGSGLRMVTGLRNIPQRETRGLFGAIAAGFIEGGWTGMVDGWYGYHHQNE QSGGYAADQKSTQNAINGITNMVNSVIEKMGSGSGTDLAELLVLLNER TLDFHDSNVKNLYEKVKSQKNNAKEIGNGCFFYHKCNNECMESVKNGT YDYPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGVYQILAIYSTVASSLVLLVSLGAI SFWMCSNGSLQCRICI	466

[0871]

명칭	서열	서열식별번호 :
페리딘이 없는 NIHGen6HASS- TM2: Gen6 HA SS 작제물		
H1HA10-PR8-DS- 페리딘: 추가의 디설파이드 돌연변이를 가지며, 폴드온이 없고 입자 형성을 위한 페리딘 융합을 갖는 PR8 균주로부터의 H1HA10	METPAQLLELLLWLPDTTGDTVDTVCEKNVTVTHSVNLLLED SHGSANSS LPYQNTHTPTNGESPKYVRS AKLRMTGLRNGSAGSATQNAINCITNKVN TVIEKMN IQDTATGKEFNKDEKRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLV LLE NERTLDAHDSQGTGGDI IKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYTHSLDGA GLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPEHKFEGLTQIFQK AYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNF LQWYVAEQHEEEVLFKDILD KIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	467
ConH1: 하위유형 H1에 대한 공통 HA 서열	MKAKLLVLLCAFTATDADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKLCCKLKGIAPLQLGKCNIA GWILGNPECESLSIKRSWSYIVETP NSENTCYPGDFADYEELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNHNVTKGVT AACSHAGKSSFYRNLLWLTEKNGSYPKLSKSYVNNKEKEVLVLWG VHHPS NITDQRTLYQENAYVSVSSHYNRRFTPEIAKRPKVRGQAGRINYYWTL LEPGDTIIFEANGNLIAPWYAFALSRGFGSGIITSNAPMHECDTKCQTPQ GAINSSLPFQNVHPVTIGECPKYVRSTKLRMTGLR ^님 IQSRGLFGAIA GFIEGGWTGMIDGWYGYHHQNEQSGSYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE KMNTQFTAVGKEFNKLEKRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLV LLENERT LDFHDSNVKNLYEKVKSQ LKNNAKEIGNGCFFYHKCNNECMESVKNGTY DYPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGVYQILAIYSTVASSLVLLVSLGAIS FWMCSNGSLQCRICI	468
ConH3: 하위유형 H3에 대한 공통 HA 서열	MKTIIALSYIFCLVFAQKLPGNDNSTATLCLGHHAVPNGTLVKITITNDQI EVTNATELVQSSSTGRICDSPHRILDGTNCTLIDALLGDPHCDGFGQNK EW DLFVERSKAYSNCYPYDVPDYASLRSLVASSGTLEFNNEGFNWTGVTQNG GSSACKRGSDKSF FSRNLWLHKLKYKYPALNVTMPNNDKFDKLYIWGVHH PSTDSDQTSLYVQASGRVTVSTKRSQQTVIPNIGSRPVRGLSSRSISYIW TIVKPGDILLINSTGNLIAPRGYFKIRSGKSSIMRSDAPIGTCNSECITP NGSIPNDKPFQNVNRITYGACPRYVKQNTLKLATGMRNVPEKQTRGIFGA IAGFIENGWEGMVDGWYGFRRHQNSEGTGQAADLKSTQAAIDQINGKLNRL IEKTNEKFHQIEKEFSEVEGRIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLV ALENQ HTIDLTDSEMKNLFERTRKQLRENAEDMGNGCFKIYHKCDNACIGSIRNG TYDHDVYRDEALNNRFQIKGVELKSGYKDWILWISFAISCFLLCVVL LGF IMWACQKGNIRCNICI	469
MRK_pH1_Con: 범유행 H1 균주에 대한 공통 HA 서열	MKAILVLLYTFATANADTLCIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDKHNGKLCCKLRGVAPLHLGKCNIA GWILGNPECESLSTASSWSYIVETS SSDNGTCYPGDFIDYEELREQLSSVSSFERFEIFPKTSSWPNHDSNKGVT AACPHAGAKSFYKNLIWL VKKGN SYPKLSKSYINDKGK EVLVLWGIHHP S TSADQQSLYQNADAYVFVGTSRYSKKFKPEIAIRPKVRDQEGRMNYYWTL VEPGDKITFEATGNLVVPRYAFAMERNAGSGIIISDTPVHDCNTTCQTPK GAINSSLFPQNIHPITIGKCPKYVKSTKLRLATGLRNVP SIQSRGLFGAI AGFIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQSGSYAADLKSTQNAIDKITNKVNSVI EKMNTQFTAVGKEFNHLEKRIENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLV LLENER TLDYHDSNVKNLYEKVRSQ LKNNAKEIGNGCFFYHKCDNTCMESVKNGT YDYPKYSEEAKLNREEIDGVKLESTRIYQILAIYSTVASSLVLVVSLGAI SEWMCNNGSLQCRICI	470
MRK_sH1_Con:	MKVKLLVLLCTFTATYADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKLCCKLKGIAPLQLGNC SVAGWILGNPECELLSKESWSYIVETP	471

[0872]

명칭	서열	서열식별번호 :
제철성 H1 균주에 대한 공통 HA 서열	NPENGTCTYPGYFADYEELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNNHTVTGVSA SCSHNGKSSFYRNLLWLTKNGLYPNLSKSYANNKEKEVLVLWGVHHPN IGDQRALYHTENAYVSVVSSHYSRRFTPEIAKRPKVRDQEGRINYWTLL EPGDTIIFEANGNLIAPRYAFALSRGFGSGIITSNAPMDECDACQCTPQG AINSSLPFQNVHPVTIGECPKYVRS AKLRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA FIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQSGSYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIEK MNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERL DFHDSNVKNLYEKVKSQKLNNAKEIGNGCFFEFYHKCNDECMESVKNGTY YPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGVYQILAIYSTVASSLVLLVSLGAISF WMCSNGSLQCRICI	
Cobra_P1: H1 하위유형에 대한 공통 HA 서열 P1	MKARLLVLLCALAATDADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKCKLKGIAPLQLGKCNIAAGWLLGNPECESLSSARSWSYIVETP NSENCTCYPGDFIDYBELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNNHTTKGVT AACSHAGKSSFYRNLLWLTKGGSPYKLSKSYVNNKGKEVLVLWGVHHP TSTDQQLYQENAYVSVVSSNYNRRFTPEIAERPKVRGQAGRMNYYWTL LEPGDTIIFEATGNLIAPWYAFALSRGSGSGIITSNASHMHCNCTKCQTPQ GAINSSLPFQNIHPVTIGECPKYVRSTKLRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA GFIEGGWTGMIDGWYGYHHQNEQSGSYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE KMNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERL LDFHDSNVKNLYEKVKSQKLNNAKEIGNGCFFEFYHKCNDECMESVKNGTY DYPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGVYQILAIYSTVASSLVLLVSLGAIS FMCSNGSLQCRICI	472
Cobra_X3: H1 하위유형에 대한 공통 HA 서열 X3	MEARLLVLLCAFAATNADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKCKLKGIAPLQLGNCVAGWILGNPECESLSSKESWSYIAETP NPENGTCTYPGYFADYEELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNNHTVTGVT ASC SHNGKSSFYRNLLWLTEKNGLYPNLSKSYVNNKEKEVLVLWGVHHP NIGDQRAIYHTENAYVSVVSSHYSRRFTPEIAKRPKVRDQEGRINYWTLL LEPGDTIIFEANGNLIAPWYAFALSRGFGSGIITSNASHMHCNCTKCQTPQ GAINSSLPFQNVHPVTIGECPKYVRSTKLRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA GFIEGGWTGMIDGWYGYHHQNEQSGSYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE KMNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERL LDFHDSNVKNLYEKVKSQKLNNAKEIGNGCFFEFYHKCNDECMESVKNGTY DYPKYSEESKLNREKIDGVKLESMGVYQILAIYSTVASSLVLLVSLGAIS FMCSNGSLQCRICI	473
ConH1_페리딘: 하위유형 H1 에 대한 공통 HA 서열, 입자 형성을 위해 페리딘을 가짐	MKAKLLVLLCAFTATDADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKCKLKGIAPLQLGKCNIAAGWILGNPECESLSSKRSWSYIVETP NSENCTCYPGDFADYEELREQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNNHTTKGVT AACSHAGKSSFYRNLLWLTEKNGSYPKLSKSYVNNKEKEVLVLWGVHHP NITDQRTLYQENAYVSVVSSHYNRRFTPEIAKRPKVRGQAGRINYWTLL LEPGDTIIFEANGNLIAPWYAFALSRGFGSGIITSNAPMHECDTKCQTPQ GAINSSLPFQNVHPVTIGECPKYVRSTKLRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA GFIEGGWTGMIDGWYGYHHQNEQSGSYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE KMNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENERL LDFHDSNVKNLYEKVKSQKLNNAKEIGNGCFFEFYHKCNDECMESVKNGTY DYPKYSEESKLNREKIDSGGDI IKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYTH SLDGAGLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTISISAPHEHKFEGLT QIFQKAYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEVLF KDILDKIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	474
ConH3_페리딘: 하위유형 H3 에 대한 공통 HA 서열, 입자 형성을 위해 페리딘을 가짐	MKTIIALSII FCLVFAQKLPGNDNSTATLCLGHHAVPNGTLVKTITNDQI EVTNATELVQSSSTGRICDSPHRILDTNCTLIDALLGDPHCDGFGQNK DLFVERSKAYSNCYPYDVDPDYASRLSLVASSGTLEFNNEGFNWTGVTQNG GSSACKRGSDKSF FSRLNWLHKLKYKYPALNVTMPNNDKFDKLYIWGVH PSTDSQTSLYVQASGRVTVSTKRSQQTVPINIGSRPWPVRLSSRSIYW TIVKPGDILLINSTGNLIAPRGYFKIRSGKSSIMRSDAPIGTCNSECITP NGSIFNDKPFQNVNRITYGACPRYVKQNTLKLATGMRNVPEKQTRGIFGA IAGFIENGWEGMVDGWYGFRRHQNSEGTQAADLKSTQAAIDQINGKLNRL IEKTNEKFHQIEKEFSEVEGRIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVALENQ HTIDLTDSEMKNLKFERTKQLRENAEDMGNGCFKIIYHKCDNACIGSIRNG TYDHQVYRDEALNNRRFQIKSGGDI IKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCY	475

[0873]

명칭	서열	서열식별번호 :
	THSLDAGAGLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPEHKFEG LTQIFQKAYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEV LFKDILDKIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	
Merck_pH1_Con_ 페리딘: 범유행 H1 균주에 대한 공통 HA 서열, 입자 형성을 위해 페리딘을 가짐	MKAILLVLLYTFATANADTLCIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDKHNGKCKLRGVAPLHLGKCNIAGWILGNPECESLSTASSWSYIVETS SSDNGTCYPGDFIDYEELREQLSSVSSFERFEIIFPKTSSWPNHDSNKGVT AACPHAGAKSFYKNLIWLKKGNSYPKLSKSYINDKGKVLVLWGIHHP TSADQSSLYQNADAYVFVGTSRYSKKFKPEIAIRPKVRDQEGRMNYYWTL VEPGDKITFEATGNLVVPRYAFAMERNAGSGIIISDTPVHDCNTTCQTPK GAINSTLFPQNIHPITIGKCPKYVKSTKRLATGLRNVPSIQSRGLFGAI AGFIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQSGGYAADLKSTQNAIDKITNKVNSVI EKMNTQFTAVGKEFNHLEKRIENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENER TLDYHDSNVKNLYEKVRSQKLNNAKEIGNGCFFFYHKCDNTCMESVKNGT YDYPKYSEEAKNLREEIDSGGDIKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYT HSLDAGLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPEHKFEG LTQIFQKAYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEV LFKDILDKIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	476
Merck_sH1_Con_ 페리딘: 계절성 H1 균주에 대한 공통 HA 서열, 입자 형성을 위해 페리딘을 가짐	MKVLLVLLCTFTATYADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKLCCLLKGIAPLQLGNCVAGWILGNPECELLISKESWSYIVETP NPENGTCYPGYFADYEELREQLSSVSSFERFEIIFPKSSWPNHTVTGVSA SCSHNGKSSFYRNLLWLTGKNGLYPNLSKSYANNKEKEVLVLWGVHHPN IGDQRALYHTENAYVSVVSSHYSRRFTPEIAKRPKVRDQEGRINYWTLL BPGDTIIFEANGNLIAPRYAFALSRGFGSGIITSNAPMDECDKACQTPQG AINSSLFPQNVHPVTIGCEPKYVRSALKRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA GIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQSGGYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE MNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENER TLDYHDSNVKNLYEKVRSQKLNNAKEIGNGCFFFYHKCDNECMESVKNGT YDYPKYSEESKLNREKIDSGGDIKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYTH SLDAGLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPEHKFEG LTQIFQKAYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEV LFKDILDKIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	477
Cobra_P1_페리딘: H1 하위유형에 대한 공통 HA 서열 P1, 입자 형성을 위해 페리딘을 가짐	MKARLLVLLCALAATDADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKLCCKLKGIAPLQLGKCNIAWLLGNPECESLSSARSWSYIVETP NSENGTCYPGDFIDYEELREQLSSVSSFERFEIIFPKSSWPNHNTTKGVT AACSHAGKSSFYRNLLWLTGKGSYPKLSKSYVNNKGEVLVLWGVHHP TSADQSSLYQENAYVSVVSSNYNRRFTPEIAERPKVRDQAGRMNYYWTL LEPGDTIIFEATGNLIAPRYAFALSRGFGSGIITSNAPMDECDKACQTPQ GAINSSLFPQNIHPVTIGCEPKYVRSALKRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA GIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQSGGYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE KMNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENER TLDYHDSNVKNLYEKVRSQKLNNAKEIGNGCFFFYHKCDNECMESVKNGT YDYPKYSEESKLNREKIDSGGDIKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYTH SLDAGLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPEHKFEG LTQIFQKAYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEV LFKDILDKIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	478
Cobra_X3_페리딘: H1 하위유형에 대한 공통 HA 서열 X3, 입자 형성을 위해 페리딘을 가짐	MEARLLVLLCAFAATNADTICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLL EDSHNGKLCRLKGIAPLQLGNCVAGWILGNPECESLFSKESWSYIAETP NPENGTCYPGYFADYEELREQLSSVSSFERFEIIFPKSSWPNHTVTGVT ASCSHNGKSSFYRNLLWLTGKNGLYPNLSKSYVNNKEKEVLVLWGVHHP NIGDQRAIYHTENAYVSVVSSHYSRRFTPEIAKRPKVRDQEGRINYWTLL LEPGDTIIFEANGNLIAPRYAFALSRGFGSGIITSNAPMDECDKACQTPQ GAINSSLFPQNVHPVTIGCEPKYVRSALKRMVTGLR ½ IQSRGLFGAIA GIEGGWTGMVDGWYGYHHQNEQSGGYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIE KMNTQFTAVGKEFNKLERRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLENER TLDYHDSNVKNLYEKVRSQKLNNAKEIGNGCFFFYHKCDNECMESVKNGT YDYPKYSEESKLNREKIDSGGDIKLLNEQVNKEMQSSNLYMSMSSWCYTH SLDAGLFLFDHAAEEYEHAKKLIIFLNENNVPVQLTSSISAPEHKFEG LTQIFQKAYEHEQHISESINNIVDHAIKSKDHATFNFLQWYVAEQHEEEV LFKDILDKIELIGNENHGLYLADQYVKGIAKSRKS	479

표 22. 신호 펩타이드

설명	서열	서열식별번호 :
HuIgG _k 신호 펩타이드	METPAQLLFLLLWLDPDTTG	480
IgE 중쇄 앵실론 -1 신호 펩타이드	MDWTWILFLVAAATRVHS	481
일본 뇌염 PRM 신호 서열	MLGNSNGQVRVFTIILLLVAPAYS	482
VSVg 단백질 신호 서열	MKCLLYLAFLFIGVNCA	483
일본 뇌염 JEV 신호 서열	MWLVS LAIVTACAGA	484

표 23: 플라젤린 핵산 서열

명칭	서열	서열식별번호:
NT (5' UTR, ORF, 3' UTR)	TCAAGCTTTTGGACCCTCGTACAGAAGCTAATACGACTCACTATAG GGAAATAAGAGAGAAAAGAAGAGTAAGAAGAAATATAAGAGCCACC ATGGCACAAGTCATTAATACAAACAGCCTGTCGCTGTTGACCCAGA ATAACCTGAACAAATCCCAGTCCGCACTGGGCACTGCTATCGAGCG TTTGCTTCCGGTCTGCGTATCAACAGCGCGAAGACGATGCGGCA GGACAGGCGATTGCTAACCGTTTACCAGCGAACATCAAAGTCTGA CTCAGGCTTCCCGTAACGCTAACGACGGTATCTCCATTGCGCAGAC CACTGAAGGCGCGCTGAACGAAATCAACAACAACCTGCAGCGTGTG CGTGAACCTGGCGGTTCAGTCTGCGAATGGTACTAATCCCAGTCTG ACCTCGACTCCATCCAGGCTGAAATCACCCAGCGCTGAACGAAAT CGACCGTGATCCGGCCAGACTCAGTTCAACGGCGTGAAAGTCCTG GCGCAGGACAACCCCTGACCATCCAGGTTGGTGCCAACGACGGTG AAACTATCGATATTGATTTAAAGAAATCAGCTCTAAACACTGGG ACTTGATAAGCTTAATGTCCAAGATGCCTACACCCCGAAAGAACT GCTGTAACCGTTGATAAACTACCTATAAAATGGTACAGATCCTA TTACAGCCAGAGCAATACTGATATCCAACTGCAATTGCGCGTGG TGCAACGGGGGTTACTGGGGCTGATATCAAATTTAAGATGGTCAA TACTATTTAGATGTTAAAGGCGGTGCTTCTGCTGGTGTTTATAAG CCACTTATGATGAACTACAAAGAAAGTTAATATTGATACGACTGA TAAACTCCGTTGGCAACTGCGGAAGCTACAGCTATTCGGGGAACG GCCACTATAACCCACAACCAAATTGCTGAAGTAACAAAAGAGGGTG TTGATACGACCACAGTTGCGGCTCAACTTGCTGCAGCAGGGGTTAC TGGCGCCGATAAGGACAATACTAGCCTTGTAACACTATCGTTTGAG GATAAAAACGGTAAGGTTATTGATGGTGGCTATGCAGTGAAATGG GCGACGATTTCTATGCCGCTACATATGATGAGAAAACAGTGCAAT TACTGCTAAAACCACTACTTATACAGATGGTACTGGCGTTGCTCAA ACTGGAGCTGTGAAATTTGGTGGCGCAAATGGTAAATCTGAAGTTG TTACTGCTACCGATGGTAAGACTTACTTAGCAAGCGACCTTGACAA ACATAACTTCAGAACAGGCGGTGAGCTTAAAGAGGTTAATACAGAT AAGACTGAAAACCCACTGCAGAAAATGATGCTGCCTTGGCACAGG TTGATACACTTCGTTCTGACCTGGGTGCGGTTGAGAACCGTTTCAA CTCCGCTATCACCAACCTGGGCAATACCGTAATAACCTGTCTTCT GCCCGTAGCCGTATCGAAGATTCCGACTACGCAACCGAAGTCTCCA ACATGTCTCGCGCGCAGATTCTGCAGCAGGCGGTACCTCCGTTCT GGCGCAGGCGAACCAGGTTCCGCAAAACGTCTCTCTTACTGCGT TGATAATAGGCTGGAGCCTCGGTGGCCATGCTTCTTGCCCTTGGG CCTCCCCCAGCCCTCCTCCCTTCTGCACCCGTACCCCGTGG TCTTTGAATAAAGTCTGAGTGGGCGGC	485
ORF 서열, NT	ATGGCACAAGTCATTAATACAAACAGCCTGTCGCTGTTGACCCAGA ATAACCTGAACAAATCCCAGTCCGCACTGGGCACTGCTATCGAGCG	486

[0876]

명칭	서열	서열식별번호:
	TTTGTCTTCCGGTCTGCGTATCAACAGCGCGAAAGACGATGCGGCA GGACAGGCGGATTGCTAACCGTTTTACCGCGAATCATAAAGGTCTGA CTCAGGCTTCCCGTAACGCTAACGACGGTATCTCCATTGCGCAGAC CACTGAAGGCGCGCTGAACGAAATCAACAACACCTGCAGCGTGTG CGTGAACCTGGCGGTTTCTGCTGCGAATGGTACTAACTCCAGTCTG ACCTCGACTCCATCCAGGCTGAAATCACCCAGCGCCTGAACGAAAT CGACCGTGTATCCGGCCAGACTCAGTTCAACGGCGTGAAAGTCCTG GCGCAGGACAACACCCTGACCATCCAGGTTGGTGCCAACGACGGTG AAACATATCGATATTGATTAAAAGAAATCAGCTCTAAACACTGGG ACTTGATAAGCTTAAATGTCCAGATGCCACCCCGAAAGAACT GCTGTAAACCGTTGATAAACTACCTATAAAATGGTACAGATCCTA TTACAGCCAGAGCAATACTGATATCCAACTGCAATTGGCGGTGG TGCAACGGGGTTTACTGGGGCTGATATCAAATTTAAGATGGTCAA TACTATTTAGATGTTAAAGGCGGTGCTTCTGCTGGTGTATATAAG CCACTTATGATGAACTACAAAGAAAGTTAATATTGATACGACTGA TAAACTCCGTTGGCACTGCGGAAGCTACAGCTATTCGGGGAACG GCCACTATAACCCACAACCAAAATTGCTGAAGTAACAAAAGAGGGTG TTGATACGACCACAGTTGCGGCTCAACTTGCTGCAGCAGGGGTAC TGGGCGCGGATAAGGACAATACTAGCCTTTGTAACACTATCGTTTGA GATAAAAACGGTAAGGTTATTGATGGTGGCTATGCACTGAAATGG GCGACGATTTCTATGCCGCTACATATGATGAGAAAACAGGTGCAAT TACTGCTAAAACCACTACTTATACAGATGGTACTGGCGTTGCTCAA ACTGGAGCTGTGAAATTTGGTGGCGCAATGGTAAATCTGAAGTTG TTACTGCTACCGATGGTAAGACTTACTTAGCAAGCGACCTTGACAA ACATAACTTCAGAACAGGCGGTGAGCTTAAAGAGGTTAATACAGAT AAGACTGAAAACCCACTGCAGAAAATTGATGCTGCTTGGCACAGG TTGATACACTTTCGTTCTGACCTGGGTGCGGTTGAGAACCGTTTCAA CTCGCTATCACCAACCTGGGCAATACCGTAAATAACCTGTCTTCT GCCCGTAGCCGTATCGAAGATTCCGACTACGCAACCGAAGTCTCCA ACATGTCTCGCGCGCAGATTCTGCAGCAGGCGGTACCTCCGTTCT GGCGCAGGCGAACAGGTTCCGCAAAACGTCTCTCTTTACTGCGT	
mRNA 서열 (T100 테일 가정)	G*GGGAAAUAGAGAGAAAAGAGUAGAAGAAAUUAAGAGCC ACCAUGGCACAGUCAUUUAUACAAACAGCCUGUCGUGUAGCC AGAAUAACCGUAGCAAAUCCAGUCCGCACUGGGCACUGCUAUCGA GCGUUUGUCUCCGGUCUGCGUAUCAACAGCGGAAAGACGAUGCG GCAGGACAGGCGAUUGCUAACCGUUUACCGGAAACAUCAAGGUC UGACUCAGGCUUCCCGUAACGCUAACGACGCGUAUCUCCAUUGCGCA GACCACUGAAGGCGCGCUGAACGAAAUCAACAACACUGCAGCGU GUGCGUGAACUGGCGGUUCAGUCUGCGAAUGGUACUAAUCCCGAGU CUGACCUAGCUUCCAUCCAGGCUAGAAUACCCAGCGCCUGAACGA AAUCGACCGUGUAUCCGGCCAGACUCAGUUAACGGCGUGAAAGUC CUGGCGCAGGACAACACCCUGACCAUCCAGGUUGGUGCCACAGCG GUGAAACUAUCGAUUAUGAUUUAAAAGAAUACGCUUAAAACACU GGGACUUGAUAGCUUAAUGUCCAAAGUCCUACACCCGAAAGAA ACUGCUGUAACCGUUGAUAAAACUACCUAUAUAAAUGGUACAGAU CUAUUACAGCCAGAGCAAUACUGAUUCCAAACUGCAAUUGGCGG UGGUGCAACGGGGGUUACUGGGGCGUAUAUCAAUUUAAAAGAUUGU CAUACUAUUUAGAUGUUAAGGCGGUGCUUCUGCUGGUGUUUAUA AAGCCACUUAUGAUGAAACUACAAGAAAGUUAAUUAUGAUACGAC UGAUAAAACUCCGUUGGCAACUGCGGAAGCUACAGCUAUUCGGGGA ACGGCCACUAUAACCCACAACCAAAUUGCUGAAGUAACAAAAGAGG GUGUUGAUACGACACAGUUGCGGCUAACUUGCUGCAGCAGGGGU UACUGGCGCCGAUAGGACAUAUACUAGCCUUGUAAAACUAUCGUUU GAGGAUAAAACGGUAAGGUUAUUGAUGGUGGUUAGCAGUGAAAA UGGGCGACGAUUUCUAGCCGCUACAUAUGAUGAGAAACAGGUGC AAUUAUCUGCUAAAACACUACUUAUACAGAUGGUACUGGCGUUGCU CAAACUGAGCGUGUAAAUUUGGUGGCGCAAUUGGUAAAUCUGAAG UUGUUAUCUGCUACCGAUGGUAGACUUAUACUAGCAAGCGACCUUGA CAAACUAUACUUCAGAACAGGCGGUGAGCUUAAAAGAGGUUAAUACA GAUAAAGACUGAAAACCCACUGCAGAAAAUUGAUGCUGCCUUGGCAC AGGUUGAUACACUUCGUUCUGACCGUGGUGCGGUUCAGAACCGUUU CAACUCCGUAUACCAACCGUGGCAAUACCGUAAAUAACUGUGUCU	487

명칭	서열	서열식별번호:
	UCUGCCCGUAGCCGUAUCGAAGAUUCCGACUACGCAACCGAAGUCU CCAACAUGUCUCGCGCGCAGAUUCUGCAGCAGGCGCGUACCUCCGU UCUGGCGCAGGCGAACCGAGGUUCCGCAAAACGUCCUCUUCUUACUG CGUUGAUAAUAGGCGUGAGCCUCCGUGGCCAUGCUUUCUUGCCCUU GGGCUCCCCCAGCCCUCCUCCCUUCCUGCACCCGUACCCCGC UGGUCUUUGAAUAAAGUCUGAGUGGGCGGCAAAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAUCUAG	

표 24: 플라젤린 아미노산 서열

명칭	서열	서열식별번호
ORF 서열, AA	MAQVINTNSLSLLTQNNLNKSQSALGTAIERLSSGLRINSAKDDA AGQAIANRFTANIKGLTQASRNANDGISIAQTTEGALNEINNLLQ RVRELAVQSANGTNSQSDLDLSIQAEITQRLNEIDRVSGQTQFNGV KVLAQDNTLTIQVGANDGETIDIDLKEISSKTLGLDKLNVQDAYT PKETAVTVDKTTYKNGTDPITAQSNTDIQTAIGGGATGVTGADIK FKDGGYYLDVKGGASAGVYKATYDETTKKVNIDTTDKTPLATAEA TAIRGTATITHNQIAEVTKEGVDTTVAQLAAAGVTGADKDNTS LVKLSFEDKNGKVIDGGYAVKMGDDFYAATYDEKTGAITAKTTTY TDGTGVAQTGAVKFGGANGKSEVVATDGTKYLAASDLKHNFRGTG GELKEVNTDKTENPLQKIDAALAQVDTLRSDLGAVQNRFNSAITN LGNTVNNLSSARSRIEDSDYATEVSNMSRAQILQQAGTSVLAQAN QVPQNVLSLLR	488
플라젤린- <u>CS</u> 링커- 시르콥스포로 조이테 단백질 (CSP)	MAQVINTNSLSLLTQNNLNKSQSALGTAIERLSSGLRINSAKDDA AGQAIANRFTANIKGLTQASRNANDGISIAQTTEGALNEINNLLQ RVRELAVQSANGTNSQSDLDLSIQAEITQRLNEIDRVSGQTQFNGV KVLAQDNTLTIQVGANDGETIDIDLKQINSQTLGLDLTLNVQKQYK VSDTAATVTGYADTTIALDNSTFKASATGLGGTDQKIDGDLKFDD TTGKYYAKVTVTGGTGKDGYYEVSVDKTNGEVTLAGGATSPLTGG LPATATEDVKNVQVANADLTEAKAALTAAGVTGTASVVKMSYTDN NGKTIDGGLAVKVGDDYYSATQNKDGSISINTTKYTADDGTSKTA LNKLGADGKTEVVSIGGKTYAASKAEGHNFKAQPDLAEEAATTT ENPLQKIDAALAQVDTLRSDLGAVQNRFNSAITNLGNTVNNLTS RSRIEDSDYATEVSNMSRAQILQQAGTSVLAQANQVPQNVLSLLR GGGGSGGGGSMAPDPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPN ANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPN NPNKNNQNGGQGHNMPPNDPNRNVDENANANNAVKNNNNEEPSDKH IEQYLKKIKNSISTEWSPCSVTCGNGIQVRIKPGSANKPKDELDTY ENDIEKKICKMEKCSSVFNVVNS	489
플라젤린- RPVT 링커- 시르콥스포로 조이테 단백질 (CSP)	MMAAPDPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNAN PNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNANPNKNNQNGG QGHNMPPNDPNRNVDENANANNAVKNNNNEEPSDKHIEQYLKKIKN SISTEWSPCSVTCGNGIQVRIKPGSANKPKDELDTYENDIEKKICK MEKCSSVFNVVNSRPVTMAQVINTNSLSLLTQNNLNKSQSALGTA IERLSSGLRINSAKDDAAGQAIANRFTANIKGLTQASRNANDGIS IAQTTEGALNEINNLLQRVRELAVQSANGTNSQSDLDLSIQAEITQ RLNEIDRVSGQTQFNGVKVLAQDNTLTIQVGANDGETIDIDLKQI NSQTLGLDLTLNVQKQYKVSDDTAATVTGYADTTIALDNSTFKASAT GLGGTDQKIDGDLKFDDTTGKYYAKVTVTGGTGKDGYYEVSVDKT NGEVTLAGGATSPLTGGLPATATEDVKNVQVANADLTEAKAALTA AGVTGTASVVKMSYTDNNGKTIDGGLAVKVGDDYYSATQNKDGS SINTTKYTADDGTSKTAALNKLGGADGKTEVVSIGGKTYAASKAEG HNFKAQPDLAEEAATTTENPLQKIDAALAQVDTLRSDLGAVQNRF NSAITNLGNTVNNLTSARSRIEDSDYATEVSNMSRAQILQQAGTS VLAQANQVPQNVLSLLR	490

[0879]

표 25. 인플루엔자 mRNA 작제물

인플루엔자 mRNA 서열		
작제물 설명	ORF	서열식별번호:
B/Yamagata/16/1988 mHA	AUGAAGGCCAAUAAUUGUACUACUCAUGGUAGUAACAUCCACGCAGAUCCGAAUCUGCACUGGGAUACAUCUCAAACUCACCUCUAUGUGGUCAAACAGCUACUCAAGGGGAAGUUA AUGUGACUGGUGUGAUACCACUGACAACAACACCAACAAAUCUCAUUUGCAAUUC AAAGGAACAAAGACCAGAGGGAAACUAUGCCCAACUGUCUACACUGCACAGAUCCUGGA UGUGGCCUUGGCAGACCAAUGUGUAUGGGGACCAUACCUUGGCAGAAAGCUUCAUAC UCCACGAAGUCAGACCCUGUUAUACUCCGGGUGCUUCCUUAUUAUGCAGCAGACAGACAAA AUCAGACAGCUACCCAAUCUUCUCAGAGGAUAUGAAAAUAUCAGAUUAUACCCCAUAA CGUUUAUCAACGCAGAAAGGGCACCAGGAGGCCUACAGACUUGGAACCUACAGGAUCUU GCCCUAACGUUACCGAUAGAAACGGAUUCUUGCAACAAUGGCUUGGGCUGUCCCAAGG GACAACAAACAGCAACGAAUCCACUAACAGUAGAAGUACCAUACAUUUGCACAAAAGG AGAAGACCAAUUAUCUGUUGGGGUUCCAUUCUGAUGACAAAACCCAAUAGAAAACC UCUAUGGAGAGACUCAAUCCUCAAAGUUCACCUCUACUGCCAAUGGAGUAACCCACACAU UAUGUUUCUCAGAUUGGUGACUCCCAAUCAAACAGAGAGCGAGGGCUACCAAAAG CGGCAGAAUUGUUGUAUACAUUGGUGCAAAAACUGGGAAAACAGGAACAAUUGUCU AUCAAAGAGGUGUUUUGUUGCCUCAAAGGUGUGGCGCAAGUGGCAGGACGAAAGUA AUAAGAGGGUCCUUGCCUUAAUUGGUGAAGCAGAUUGCCUUCACGAAAAUACGGUGG AUUAAACAAAAGCAAGCCUUAUCACAGGAGAAACUAGCAAAAGCCAUAGGAAUUGCC CAAUUGGGUGAAGAACCCUUGAAGCUUGCCAAUGGAACCAAUAUAGACCUCCUGCA AAACUAUAAAGGAAGGGGUUUCUUGGAGCUAUUGCUGGUUUCUAGAGGGAGGAUG GGAAGGAUAGAUUGCAGGUUGGCACGGAUACACAUUCUACUGGAGCACAUGGAGUGGCAG UGGCAGCAGACCUAAAGAGCACGCAAGAGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAUCUCAAU UCUUUGAGUGAGCUAGAAGUAAAGAAUUCUCAAAGACUAGUGGUGCCAUUGGAUGAACU CCACAACGAAAUACUCGAGCUGGAUGAGAAAGUGGAUGAUCUCAGAGCUGACACAAUAA GCUCGCAAAUAGAGCUUGCAGUCUUGCUUCCCAACGAGGAUAAUAAACAGUGAAGAU GAGCAUCUAUUGGCACUUGAGAGAAACUAAAGAAAUUGCUGGGUCCUUCUGCUUAGA CAUAGGGAAUGGAUGCUUGCAAAACCAACAGUGCAACCAGACCUUGCUUAGACAGGA UAGCUUGGGCACCUCUAAUGCAGGAGAAUUCUUCUCCACUUAUUGAUUCACUGAAU AUUACUGCUGCAUCUUUAAUAGAUUGGAUUGGAUAAUACUUAUACUGCUCUACUA CUCAACUGCUGCUUCUAGUUUGGCCUAAAUAGAUAGCUAUUUUUUUGUUUAUA UGGUCUCCAGAGACAAUUGUUUCUUGUCCUACUCUGCUA	491
B/Yamagata/16/1988 sHA	AUGAAGGCCAAUAAUUGUACUACUCAUGGUAGUAACAUCCACGCAGAUCCGAAUCUGCAC UGGGAUACAUCUCAAACUCACCUCUAUGUGGUCAAACAGCUACUCAAGGGGAAGUUA AUGUGACUGGUGUGAUACCACUGACAACAACACCAACAAAUCUCAUUUGCAAUUC AAAGGAACAAAGACCAGAGGGAAACUAUGCCCAACUGUCUACACUGCACAGAUCCUGGA UGUGGCCUUGGCAGACCAAUGUGUAUGGGGACCAUACCUUGGCAGAAAGCUUCAUAC UCCACGAAGUCAGACCCUGUUAUACUCCGGGUGCUUCCUUAUUAUGCAGCAGACAGACAAA AUCAGACAGCUACCCAAUCUUCUCAGAGGAUAUGAAAAUAUCAGAUUAUACCCCAUAA CGUUUAUCAACGCAGAAAGGGCACCAGGAGGCCUACAGACUUGGAACCUACAGGAUCUU GCCCUAACGUUACCAAGUAGAAACGGAUUCUUGCAACAAUGGCUUGGGCUGUCCCAAGG GACAACAAACAGCAACGAAUCCACUAACAGUAGAAGUACCAUACAUUUGCAGAAAAGG AGAAGACCAAUUAUCUGUUGGGGUUCCAUUCUGAUGACAAAACCCAAUAGAAAACC UCUAUGGAGACUCAAUCCUCAAAGUUCACCUCUACUGCCAAUGGAGUAACCCACACAU UAUGUUUCUCAGAUUGGUGACUCCCAAUCAAACAGAGCGAGGGCUACCAAAAG CGGCAGAAUUGUUGUUAUACAUUGGUGCAAAAACUGGGAAAACAGGAACAAUUGUCU AUCAAAGAGGUGUUUUGUUGCCUCAAAGGUGUGGUGCGCAAGUGGCAGGACGAAAGUA AUAAGAGGGUCCUUGCCUUAAUUGGUGAAGCAGAUUGCCUUCACGAAAAUACGGUGG AUUAAACAAAAGCAAGCCUUAUCACAGGAGAAACUAGCAAAAGCCAUAGGAAUUGCC CAAUUGGGUGAAGAACCCUUGAAGCUUGCCAAUGGAACCAAUAUAGACCUCCUGCA AAACUAUAAAGGAAGGGGUUUCUUGGAGCUAUUGCUGGUUUCUAGAGGGAGGAUG GGAAGGAUAGAUUGCAGGUUGGCACGGAUACACAUUCUACUGGAGCACAUGGAGUGGCAG UGGCAGCAGACCUAAAGAGCACGCAAGAGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAUCUCAAU UCUUUGAGUGAGCUAGAAGUAAAGAAUUCUCAAAGACUAGUGGUGCCAUUGGAUGAACU CCACAACGAAAUACUCGAGCUGGAUGAGAAAGUGGAUGAUCUCAGAGCUGACACAAUAA GCUCGCAAAUAGAGCUUGCAGUCUUGCUUCCCAACGAGGAUAAUAAACAGUGAAGAU GAGCAUCUAUUGGCACUUGAGAGAAACUAAAGAAAUGCUGGGUCCUUCUGCUUAGA CAUAGGGAAUGGAUGCUUGCAAAACCAACAGUGCAACCAGACCUUGCUUAGACAGGA UAGCUGCUGGCACCUCUAAUGCAGGAGAAUUCUUCUCCACUUAUUGAUUCACUGAAU AUUACUGCUGCAUCUUAAUAGAUUGGAUUGGAUAAUACUACU	492

[0880]

인플루엔자 mRNA 서열		
B/Victoria/02/1987 mHA	AUGAAGGCAUUAUUGUACUACUCAUGGUAGUAACAUCCAAUGCAGAUCAAUCUGCAC UGGGUAUACAUCGUCAAACUCACCCCAUGUGGUCAAACUGCUACUCAAGGGGAGUCA AUGUGACUGGUGUGAUACACUGACAAACACCCACCAAUUCUUAUUUGCAAUUCUC AAAGGAACAAAACACAGAGGGAACUAUGCCAAAGUGUCUACACUGCACAGAUUCUGA CGUGGCCUUGGGCAGACCAAAGUGCAGGGGACCAUACCUUGCGCAAAGCUUCAUAC UCCACGAAGUCAAAACUGUUAACAUUCUGGGUGCUUCCUUAUAUGCAGCAGACAAAA AUUAGACAGCUACCCAAUCUUCUCAGAGGAUACGAACAUAUCAGGUUAUACACCAUAA CGUUAUCAACGCAGAAACGGCACCAGGAGGACCUACAAGUUGGAACCUAGGGUCUU GCCCUAACGUUAACAAUGGAAACGGAUUCUUGCAACAAGGCUUGGGCUGUCCAAAA AACGCAACAACAAAACAGCAACAAAUCCAUAACAGUAGAAGUACCAUAUAUUUGUAC AGAAGGAGAGACCAAUUAUCUGUUUGGGGUUCCACUCUGAUAAACGAAGCCAAUUGG UAAAACUCUAUGGAGACUCAAGGCCUCAGAGUUCACCUCAUCUGCCAACGGAGUGACC ACACAUUACGUUUCACAGAUUGGUGGUUCCAAUACAAGCAGAGACGGAGGGCUACC ACAAAGCGGUAGAAUUGUUGUUAUAUACAUUGGUGCAAAAUCUGGAAAAACAGGAACAA UUACCUACCAAAGAGGUUAUUUAUUGCCUCAAAGUGUGGUGCGCAAGUGGCAGGAGC AAGGUAAUAAAAGGGUCCUUGCCUUUAUUGGCGAAGCAGAUUGCCUCCACGAAAAUA CGGUUGAUUAACAAAGCAAGCCUUAUACACAGGGGAACAUGCAAAGCCAUAGGAA AUUGCCCAUAUUGGGUGAAAAACCCUUGAAGCUGGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCU CCUGCAAAACUAUUAAAAGGAAAGGGUUCUUCGGAGCUAUUGCUGGUUUUUAAGAAGG AGGAUGGGGAGGAUUAUUGCAGGUUGGCACGGAUACAUCCAUUGGAGCACAUGGAG UAGCAGUGGCAGCAGACCUUAAGAGUACGCAAGAAGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAU CUCAAUUCUUGGAGUGAGCUGGAAGUAAAGAUUUAUUAAGACUAAGCGGUGCCAUUGA UGAACUCCACAACAAAUAUCUGAACUGGAUGAGAAUGGAUGAUUCAGAGCUGAU CAUAUAGCUGCGAAAUAAGAGCUCGAGUCUUGCUUCCAAACGAAGGAUUAUAAACAGU GAAGUAGACAUUCUCUUGGCGCUUGAAAGAAAACUGAAGAAAUGCUGGGCCCUUCG UGUAGAGAUAGGGAUUGGAUGCUUGCAACCAACACAAGUGCAACCAGACCUUGCCUG ACAGAAUAGCUGCGACCUUUAUUGCAGGAGAAUUUUCUCCCCACCUUUGAUUUA CUAAAUAUUAUCUGCUGCAUCUUAUUAUGAUGGAUUGGAUUAUUAUUAUUAUUG UUUAUUAUGGUCUCCAGAGACAAGUUUUCUUGCUCAUCUGUCUA	493
B/Victoria/02/1987 sHA	AUGAAGGCAUUAUUGUACUACUCAUGGUAGUAACAUCCAAUGCAGAUCAAUCUGCAC UGGGUAUACAUCGUCAAACUCACCCCAUGUGGUCAAACUGCUACUCAAGGGGAGUCA AUGUGACUGGUGUGAUACACUGACAAACACCCACCAAUUCUUAUUUGCAAUUCUC AAAGGAACAAAACACAGAGGGAACUAUGCCAAAGUGUCUACACUGCACAGAUUCUGA CGUGGCCUUGGGCAGACCAAAGUGCAGGGGACCAUACCUUGCGCAAAGCUUCAUAC UCCACGAAGUCAAAACUGUUAACAUUCUGGGUGCUUCCUUAUAUGCAGCAGACAAAA AUUAGACAGCAUCCCAUCUUCUCAGAGGAUACGAACAUAUCAGGUUAUACACCAUAA CGUUAUCAACGCAGAAACGGCACCAGGAGGACCUACAAGUUGGAACCUAGGGUCUU GCCCUAACGUUAACAAUGGAAACGGAUUCUUGCAACAAGGCUUGGGCUGUCCAAAA AACGCAACAACAAAACAGCAACAAAUCCAUAACAGUAGAAGUACCAUAUAUUUGUAC AGAAGGAGAGACCAAUUAUCUGUUUGGGGUUCCACUCUGAUAAACGAAGCCAAUUGG UAAAACUCUAUGGAGACUCAAGGCCUCAGAGUUCACCUCAUCUGCCAACGGAGUGACC ACACAUUACGUUUCACAGAUUGGUGGUUCCAAUACAAGCAGAGACGGAGGGCUACC ACAAAGCGGUAGAAUUGUUGUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU UUACCUACCAAAGAGGUUAUUUAUUGCCUCAAAGUGUGGUGCGCAAGUGGCAGGAGC AAGGUAAUAAAAGGGUCCUUGCCUUUAUUGGCGAAGCAGAUUGCCUCCACGAAAAUA CGGUGGAUUAACAAAAGCAAGCCUUAUACACAGGGGAACAUGCAAAAGCCAUAGGAA AUUGCCCAUAUUGGGUGAAAAACCCUUGAAGCUGGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCU CCUGCAAAACUAUUAAAAGGAAAGGGUUCUUCGGAGCUAUUGCUGGUUUUUAAGAAGG AGGAUGGGAAGGAUUAUUGCAGGUUGGCACGGAUACAUCCAUUGGAGCACAUGGAG UAGCAGUGGCAGCAGACCUUAAGAGUACGCAAGAAGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAU CUCAAUUCUUGAGUGAGCUGGAAGUAAAGAUUUAUUAAGACUAAGCGGUGCCAUUGA UGAACUCCACAACAAAUAUCUGAACUGGAUGAGAAAGUGGAUGAUUCAGAGCUGAU CAUAUAGCUGCGAAAUAAGAGCUCGAGUCUUGCUUCCAAACGAAGGAUUAUAAACAGU GAAGAUAGCAUCUCUUGGCGCUUGAAAGAAAACUGAAGAAAUGCUGGGCCCUUCG UGUAGAGAUAGGGAUUGGAUGCUUGCAAAACCAACACAAGUGCAACCAGACCUUGCCUG ACAGAAUAGCUGCGACCUUUAUUGCAGGAGAAUUUUCUCCCCACCUUUGAUUUA CUAAAUAUUAUCUGCUGCAUCUUAUUAUGAUGGAUUGGAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	494
B/Brisbane/60/2008 mHA	AUGAAGGCAUUAUUGUACUACUCAUGGUAGUAACAUCCAAUGCAGAUCAAUCUGCAC UGGGUAUACAUCGUCAAACUCACCCCAUGUGGUCAAACUGCUACUCAAGGGGAGGUCA AUGUGACUGGUGUGAUACACUGACAAACACCCACCAAUUCUUAUUUGCAAUUCUC AAAGGAACAAAACACAGAGGGAACUAUGCCAAAGUGUCUACACUGCACAGAUUCUGA CGUGGCCUUGGGCAGACCAAAGUGCAGGGGACCAUACCUUGCGCAAAGCUUCAUAC UCCACGAAGUCAAAACUGUUAACAUUCUGGGUGCUUCCUUAUAUGCAGCAGACAAAA AUUAGACAGCAUCCCAUCUUCUCAGAGGAUACGAACAUAUCAGGUUAUACACCAUAA CGUUAUCAACGCAGAAACGGCACCAGGAGGACCUACAAGUUGGAACCUAGGGUCUU GCCCUAACGUUAACAAUGGAAACGGAUUCUUGCAACAAGGCUUGGGCUGUCCAAAA AACGCAACAACAAAACAGCAACAAAUCCAUAACAGUAGAAGUACCAUAUAUUUGUAC AGAAGGAGAGACCAAUUAUCUGUUUGGGGUUCCACUCUGAUAAACGAAGCCAAUUGG UAAAACUCUAUGGAGACUCAAGGCCUCAGAGUUCACCUCAUCUGCCAACGGAGUGACC ACACAUUACGUUUCACAGAUUGGUGGUUCCAAUACAAGCAGAGACGGAGGGCUACC ACAAAGCGGUAGAAUUGUUGUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU UUACCUACCAAAGAGGUUAUUUAUUGCCUCAAAGUGUGGUGCGCAAGUGGCAGGAGC AAGGUAAUAAAAGGGUCCUUGCCUUUAUUGGCGAAGCAGAUUGCCUCCACGAAAAUA CGGUGGAUUAACAAAAGCAAGCCUUAUACACAGGGGAACAUGCAAAAGCCAUAGGAA AUUGCCCAUAUUGGGUGAAAAACCCUUGAAGCUGGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCU CCUGCAAAACUAUUAAAAGGAAAGGGUUCUUCGGAGCUAUUGCUGGUUUUUAAGAAGG AGGAUGGGAAGGAUUAUUGCAGGUUGGCACGGAUACAUCCAUUGGAGCACAUGGAG UAGCAGUGGCAGCAGACCUUAAGAGUACGCAAGAAGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAU CUCAAUUCUUGAGUGAGCUGGAAGUAAAGAUUUAUUAAGACUAAGCGGUGCCAUUGA UGAACUCCACAACAAAUAUCUGAACUGGAUGAGAAAGUGGAUGAUUCAGAGCUGAU CAUAUAGCUGCGAAAUAAGAGCUCGAGUCUUGCUUCCAAACGAAGGAUUAUAAACAGU GAAGAUAGCAUCUCUUGGCGCUUGAAAGAAAACUGAAGAAAUGCUGGGCCCUUCG UGUAGAGAUAGGGAUUGGAUGCUUGCAAAACCAACACAAGUGCAACCAGACCUUGCCUG ACAGAAUAGCUGCGACCUUUAUUGCAGGAGAAUUUUCUCCCCACCUUUGAUUUA CUAAAUAUUAUCUGCUGCAUCUUAUUAUGAUGGAUUGGAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	495

[0881]

인플루엔자 mRNA 서열		
	CGUAGCCUUGGGGAGACCAAAAUGCACGGGGAAAAUACCCUCGGCAAGAGUUUCAAUAC UCCAUGAAGUCAGACCUUUUACAUUCUGGGUGCUUUCCUUAUAAUGCAGACAGAACAAAA AUUAGACAGCGUCCUAAACUUCUCCGAGGAUACGAACAUAUCAGGUUAUCAACCCAUA CGUUUAUCAUAGCAGAAAAUGCACAGGAGGACCCUACAAAAUUGGAACCCUAGGGUUCU GCCCUAACAUUACCAUUGGAAACGGAUUUUUUCGCAACAUGGCUUGGGCCGUCACAAAA AACGACAAAAACAAAAAGCAGCAACAAUCCAUUAAACAUAAGAAGUACCAUACAUUUGUAC AGAAGGAGAAGACCAAAUUAACCGUUUGGGGUUCCACUCUGACGACGAGACCCAAAAUGG CAAAGCUCUAUGGGGACUCAAAGCCCCAGAGUUCACCUCAUCUGCCAACGGAGUGACC ACACAUUACGUUUACAGAUUGGUGGUUCCCAAAUCAAACAGAGACGGAGGACUACC ACAAAGUGGUAGAAUUGUUGUUAUACAUGGUGCAAAAAUCUGGAAAAACAGGAACAA UUACCUAUCAAAGGGGUUUUUUUAUUGCCUCAAAGGUGUGGCGCAAGUGGCAGGAGC AAGGUAAUAAAAGGAUCCUUGCCUUAAUUGGAGAAGCAGAUUGCCUCCACGAAAAUA CGUUGGAAUAAACAAAAAGCAAGCCUACUACACAGGGGAACAUGCAAAGGCCAUAGGAA AUUGCCCAAUUGGGUGAAACACCCUUGAAGCUGGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCU CCUGCAAAACUAUUAAGGAAAGGGGUUUCUUCGGAGCUAUUGCUGGUUUUUAAGAGG AGGAUUGGGAAGGAUUGAUUGCAGGUUGGCACGGAUACACAUCCCAUGGGGCACAUGGAG UAGCGGUGGCAGCAGACCUUAAGAGCACUCAAGAGGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAU CUCAACUCUUGAGUGAGCUGGAAGUAAAGAUUCUCAAAGACUAAGCGGUGCCAUUGGA UGAACUCCACACGAAAUACUAGAACUAGAUGAGAAAGUGGAUGAUUCAGAGCUGAU CAUAAGCUCACAAAUAGAACUCGAGUCCUGCUUCCAAUGAAGGAUUAUAAACAGU GAAGAUGAACAUUCUUGGCGCUUGAAAGAAAGCUGAAGAAAAUGCUGGGCCCCUCUGC UGUAGGAUUAAGGAAUUGAUUGCUUUGAAACCAACACAAGUGCAACACAGACCUUGUCUG ACAGAAUAGCUGCUGGUACCUUUGAUGCAGGAGAAUUUUCUCCCCACCUUUGAUUCA CUGAAUUAUACUGCUGCAUCUUAAAUGACGAUGGAUUGGAUUAUCAUACUACUACUGCU UUAUCUACAACUGCUGCCUCCAGUUUGGCUUUAACACUGAUGAUGCUAUCUUUGUUG UUAUAUGGUCUCCAGAGACAAUGUUUUCUGCUCAUCUGUCUA	
B/Brisbane/60 /2008 sHA	AUGAAGGCAAAUUAUUGUACUACUAGGUAGUAACAUCCAUGCAGAUCCGAUCUGCAC UGGGUAAACAUCGUCAAACUCACCAUUGUCCUCAAACACGCUACUCAAAGGGGAGGUCA AUGUGACUGGUGUAAUACCAUGACACAACACCCACCAAAUCUUAUUUGCAAUUC AAAGGAACAGAAACAGGGGGAAACUUGCCCAAAUUGCCUACACUGCAGAUUCUGGA CGUAGCCUUGGGCAGACCAAAUUGCAGCGGGGAAAUUACCCUGGGCAAGAGUUUCAAUAC UCCAUGAAGUCAGACCUUUAUACUUGGGUGCUUCCUUAUAAUGCAGACAGAACAAAA AUUAGACAGCUGCCUAAACUUCUCCGAGGAUACGAACAUAUCAGGUUAUACACCAUAA CGUUUAUCAAUGCAGAAAAUGCACCAGGAGGACCUACAAAAUUGGAACCUAGGGGUUCU GCCCUAACAUUACCAUUGGAAACGGAUUUUUUCGCAACAUGGCUUGGGCCGUCACAAAA AACGCAAAAAACAAACAGCAACAAUCCAUUAAACAUAAGAGUACCAUACAUUUGUAC AGAAGGAGAAGACCAAAUUAACCGUUUGGGGUUCCACUCUGACGACGAGACCAAAUGG CAAAGCUCUAUGGGGACUCAAAGCCCCAGAAUUCACCUCAUCUGCCAACGGAGUGACC ACACAUUACGUUUACAGAUUGGUGGUUCCCAAAUCAAACAGAGACGGAGGACUACC ACAAGUGAUUAGAAUUGUUGUUAUUAUACUUGGUGCAAAAAUCUGGGAACACAGGAACA UUACCUAUCAAAGGGGUUUUUUAUUGCCUCAAAGGUGUGGCGCAAGUGGCAGGAGC AAGGUAAUAAAAGGAUCCUUGCCUUAAUUGGAGAAGCAGAUUGCCUCCACGAAAAUA CGGUGGAUUAACAACAAAGCAAGCCUUAUACACAGGGGAACAUGCAAAGGCCAUAGGAA AUUGCCCAAUUGGGUGAAAAACACCCUUGAAGCUGGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCU CCUGCAAAACUAUUAAGGAAAGGGGUUUCUUCGGAGCUAUUGCUGGUUUUUAAGAGG AGGAUGGGGAAGGAUUGAUUGCAGGUUGGCACGGAUACAUCCCAUGGGGCACAUGGAG UAGCGGUGGCAGCAGACCUUAAGAGCACUCAAGAGGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAU CUCAACUCUUGAGUGAGCUGGAAGUAAAGAUUCUCAAAGACUAAGCGGUGGCCAUUGGA UGAACUCCACAACGAAAUACUAGAACUAGAUGAGAAAGUGGAUGAUUCAGAGCUGAU CAAUAAAGCUCACAAAUAGAACUCGAGUCCUGCUUCCAAUGAAGGAUUAUAAACAGU GAAGAUGAACAUUCUUGGCGCUUGAAAGAAAGCUGAAGAAAUUGCUGGGCCCCUCUGC UGUAGAGAUAGGGAAUGGAUGCUUUGAAACCAACACAAGUGCAACACAGACCUUGUCUG ACAGAAUAGCUGCUGGUACCUUUGAUGCAGGAGAAUUUUCUCCCCACCUUUGAUUCA CUGAAUUAUACUGCUGCAUCUUAAAUGACGAUGGAUUGGAUUAUUAUACU	496
B/Phuket/3073 /2013 mHA	AUGAAGGCAAAUUAUUGUACUACUAGGUAGUAACAUCCAUGCAGAUCCGAUCUGCAC UGGGAUAAACAUUCUCAAACUACCCUUAUGUGGUCAAACAGCUACUCAAAGGGGAGGUCA AUGUGACUGGCGUGAUACCAUGACACAACACCCACCAAAUUCUUAUUUGCAAUUC AAAGGAACAAGGACAGAGGGGAAACUUGCCCAAAUUGCCUACACUGCAGAUUCUGGA UGUAGCCUUGGGCAGACCAAAUUGCAGCGGGGAAAUUACCCUGGGCAAGAGUUUCAAUAC UCCAUGAAGUCAGACCUUUAUACUUGGGUGCUUCCUUAUAAUGCAGACAGAACAAAA AUUAGACAGCUGCCUAAACUUCUCCGAGGAUACGAACAUAUCAGGUUAUACACCAUAA CGUUUAUCAAUGCAGAAAAUGCACCAGGAGGACCUACAAAAUUGGAACCUAGGGGUUCU GCCCUAACAUUACCAUUGGAAACGGAUUUUUUCGCAACAUGGCUUGGGCCGUCACAAAA AACGCAAAAAACAAACAGCAACAAUCCAUUAAACAUAAGAGUACCAUACAUUUGUAC AGAAGGAGAAGACCAAAUUAACCGUUUGGGGUUCCACUCUGACGACGAGACCAAAUGG CAAAGCUCUAUGGGGACUCAAAGCCCCAGAAUUCACCUCAUCUGCCAACGGAGUGACC ACACAUUACGUUUACAGAUUGGUGGUUCCCAAAUCAAACAGAGACGGAGGACUACC ACAAGUGAUUAGAAUUGUUGUUAUUAUACUUGGUGCAAAAAUCUGGGAACACAGGAACA UUACCUAUCAAAGGGGUUUUUUAUUGCCUCAAAGGUGUGGCGCAAGUGGCAGGAGC AAGGUAAUAAAAGGAUCCUUGCCUUAAUUGGAGAAGCAGAUUGCCUCCACGAAAAUA CGGUGGAUUAACAACAAAGCAAGCCUUAUACACAGGGGAACAUGCAAAGGCCAUAGGAA AUUGCCCAAUUGGGUGAAAAACACCCUUGAAGCUGGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCU CCUGCAAAACUAUUAAGGAAAGGGGUUUCUUCGGAGCUAUUGCUGGUUUUUAAGAGG AGGAUGGGGAAGGAUUGAUUGCAGGUUGGCACGGAUACAUCCCAUGGGGCACAUGGAG UAGCGGUGGCAGCAGACCUUAAGAGCACUCAAGAGGCCAUAAACAAGAUAAACAAAAAU CUCAACUCUUGAGUGAGCUGGAAGUAAAGAUUCUCAAAGACUAAGCGGUGGCCAUUGGA UGAACUCCACAACGAAAUACUAGAACUAGAUGAGAAAGUGGAUGAUUCAGAGCUGAU CAAUAAAGCUCACAAAUAGAACUCGAGUCCUGCUUCCAAUGAAGGAUUAUAAACAGU GAAGAUGAACAUUCUUGGCGCUUGAAAGAAAGCUGAAGAAAUUGCUGGGCCCCUCUGC UGUAGAGAUAGGGAAUGGAUGCUUUGAAACCAACACAAGUGCAACACAGACCUUGUCUG ACAGAAUAGCUGCUGGUACCUUUGAUGCAGGAGAAUUUUCUCCCCACCUUUGAUUCA CUGAAUUAUACUGCUGCAUCUUAAAUGACGAUGGAUUGGAUUAUUAUACU	497

[0882]

인플루엔자 mRNA 서열		
	GCCCUAACGCUACCAGUAAAAUCGGAUUUUUCGCAACAUGGCCUUGGGCUGUCCCAAAG GACAAUCACAAAAUGCAACGACCCACUAAACAGUAGAGUACCAUACAUUUUACAGA AGGGGAAGACCAAAUACUGUUUUGGGGUUCCAUUCAGACAACAAAACCCAAUUGAAGA GCCUCUAGGAGACUCAAUCCUAAAAGUUCACCUCUUCUGCUAAUGGAGUAACCACA CAUUAUGUUUCUAGAUUGGGGACUCCCAAGUACAAACAGAGACGGAGGACUACCACA AAGCGGCAGAAUUGUUUGAUUACAUAGUACAAAACUUGGGGAAAACAGGAACAAUUG UCUAUCAAAGAGGUGUUUUUGUUGCCUAAAAGGUGUGGUGCGGAGUGGCAGGAGCAAA GUAAUAAAGGGUACUUGCCUUUAAUUGGUGAAGCAGAUUGCCUUCUAGAAAAUACGG UGGAUUAAACAAAAGCAAGCCUUCUACACAGGAGAACAUAGCAAAAGCCAUAGGAAAU GCCAAUUAUGGGUAAAAACACCUUUGAAGCUUGCCAAUGGAACCAAAUUAAGACCUCCU GCAAAACUUAUUGAAGGAAAGGGUUUUUCUGGAGCUUUGCUGUUUCCUAGAAGGAGG AUGGGAAGGAUUGAUUGCAGGUUGGCAGGAUACACAUCUACGGAGCACAUAGGAGUG CAGUGGCGGCAGACCUUAAGAGUACACAAGAGCUAUAUAUAGAUAAACAAAAAUCUC AAUUCUUUGAGUGAGCUAGAAGUAAAGAACCUCAAAGACUAAUGUGUGCCAUAGGAUA ACUCCACAACGAAAUACUGAGCUGGAGUAGAGAAUGGAUAGUACAGAGCUGACACUA UAAGCUCACAAAUAAGAACUUGCAGUCUUGCUUCCACAGAGGAUUAUAAACAGUGAA GACGAGCUCUUAUUGGCACUUGAGAGAAACUAAAGAAAUGCUGGUGCCUUCUGCUGU AGCAUUAAGGAAACGGAGCUUCGAAACCAACACAAUAGCAACCAGACCUUGCUUAGACA GGAUAGCUGGACCUUUGAUGCAGGAGAAUUUUCUCUCCCAUUAUUGAUUACUUG AACAUUACUGCUGCUCUUAUUAUAGUAGUAGGAUUGGAUACCAUACUUAUACUGCUCUA UUACUACACUGCUGCUUCUAGUUUGGCUGUAACAUUAUAGCUAGCUAUUUUUUUGUUU AUUUGGUCUCCAGAGACAACGUUUCUAGCUCCAUUCUGCUA	
H1	AGCAAAAGCAGGGGAAAAUAAAACAAACAAAUGAAGGCAAAACCUACUGGUCUGUUA UGUGCACUUGCAGCUGCAGAUAGCAGACACAUAUAGUUAUAGGCUACCAUGCGAACAUUC AACCACACUGUUGACACAGUGCUCGAGAGAAUGUACAGUGACACACUCUGUUAACC UGCUGAAGACAGCCACAACGGAAAACUAGUAGAUUAAAGGAAUAGCCCCACUACAA UUGGGGAAAUUAACAUUGCCCGAUGGCUUUGGGAAACCCAGAAUGCGACCCACUGCU UCCAGUGAGAUCAUGGUCCUACAUUGUAGAAACACCAACUCUGAGAAUGGAUAUUGU AUCCAGGAGAUUUCUAGCUCUAGAGGAGCUGAGGGAGCAUUGAGCUCAGUGUCAUCA UUCGAAAGAUUCGAAAUUUAUUCCAAAGAAAGCUAUGGCCCAACCAACACAAACCAA AGGAGUAACGGCAGCAGUCCCAUGCGGGGAAAAGCAGUUUUUACAGAAAUUUGCUAU GGCUGACCGAGAGAGGGGCUAUACCCAAAGCUGAAAAUUCUUAUGUAGAACAGAAA GGGAAGAAGUCCUUGUACUGUGGGGUUAUUCACCCGUCUAACAGUAAGGAUCAACA GAAUUAUCUAGAGAAUAGAAAUAGCUUAUGUCUCUGUAGUGACUUAUUAUUAACAGGA GAUUUACCCCGGAAUAGCAGAAAGACCCAAAGUAAGAGAUCAAGCUGGGAGGAUAGC UAUUACUGGACCUUGCUAAAACCCGAGACACAUAUAUUAUUGAGGCAAAUGGAAUUCU AAUAGCACCAAGGU AUGCUUUCGCACUGAGUAGAGGCUUUGGGUCCGGCAUCAUCACCUCAAACGCAUCAAUG CAUGAGUGUAAACACGAAGUGUCAACACCCUUGGGAGCUUAUAAACAGCAGUCUCCUUU CCAGAAUUAACACCCAGUCACAAUAGGAGAGUGCCCAAAUACGUCAGGAGUGCCAAU UGAGGAGUGGUUACAGGACUAAGGAACAUCCGUCCAUAUCCAGAGGUCUAUUUGGA GCCAUUGCCGGUUUAUUAAGGGGGAUGGACUGGAUAGAUAGAUAGGUAUGGUAUGGUA UCAUCAUCAGAAUGAACAGGGAUCAGGCUAUGCAGCGGAUCAAAGACACACAAUAG CCAUAACGGGAUUAACAACAAGGUAACUCUGUUAUCGAGAAAAUGAACAUUCAUUC ACAGCUGUGGGUAAAGAAUUAACAAAUUAGAAAAAGGAUGGAAAAUUUAAUAAAAA AGUUGAUGAUGGAUUUCUGGACAUUUGGACAUAUUAUGCAGAAUUGUUAGUUCUACUG AAAAUGAAAGGACUCUGGAUUUCCAUGACUCAAUUGAAGAAUCUGUAUGAGAAAGUA AAAAGCCAAUUAAGAAUUAAGCCAAAGAAUUCGAAUUGGAUGUUUUGAGUUCUACCA CAAGUGUGACAAUGAAUGCAUGGAAAGUGUAAGAAUUGGACUUAUGAUUAUCCCAAU AUUCAGAAAGGACUAAAGUUGAACAGGGAAAGGUAUGAGGAGUAAAUGGAAUCAAUG GGGAUCUUAUCAGAUUCUGGCAUCUACUACUACUGCCAGUUCACUGGUGCUUUGGU CUCCUGGGGGCAUACAGUUUCUGGAUGUGUUCUAAUGGAUCUUUGCAGUGCAGAAU GCAUCUGAGAUUAGAAUUCAGAAUUAUGAGGAAAAACCCCUUGUUUCUACU	498
H7	AGCGAAAGCAGGGGAUACAAAUGAACACUCAAUCCUGGUUAUUCGCUUGAUUGCGAU CAUUCCAAACAAUAGCAGACAAAUCUGCCUCGGACAUAGCCGUGUCAACGGAAACCA AAGUAAACACAUUAACUGAAAGAGGAGUGGAUGCUCUAUGCAACUGAAACAGUGGAA CGAACAAACAUCCCAAGAUUCGCUCAAAGGGGAAAAGGACAGUUGACCUCGGUCAAUG UGGACUCCUGGGGACAUAUCUGGACCAUUAUGUACCAUUAUCCUAGAAUUAUUCAG CCGAUUUAUUAUUGAGAGGCGAGAAGGAUGAUGUCUGUUAUCCUGGGAAUUCUGUG AAUGAAGAAGCUCUGAGGCAAAUUCUACAGAAUACAGCGGAAUUGACAAGGAAGCAAU GGGAUUCACAUACAGUGGAUUAAGAACUAAUGGAGCAACAGUGCAUUGAGGAGUACAG GAUCUUAUCUUAUGCAGAAUAGAAUUGGCUCCUGUCAAAACACAGAUAGUGCAUUC	499

[0883]

인플루엔자 mRNA 서열		
	CCGCAGAUAGACUAAGUCAUUAUAAAAUACAAGAAAAAGCCAGCUCUAAUAGUAUGGGG GAUCCAUCAUCCGUUAUACUGCAGAGCAACCAAGCUAUUAGGGAGUGGAAACAAAC UGGUGACAGUUGGGAGUUCUAAUUAUACAACAAUCUUUUGUACCGAGUCCAGGAGCGAGA CCACAAGUUAUUGGUCUAUCUGGAAGAAUUGACUUUUAUUGGCUAAUAGCUAAAUCCCAA UGAUACAGUCACUUUCAGUUUCAAUGGGGCUUUCAUAGCUCACAGCCGUGCAAGCUUCC UGAGAGGAAAAUCUAUGGGAUCCAGAGUGGAGUACAGGUUGAUGCCAAUUGUGAAGGG GACUGCUUAUAGUGGAGGGACAAUAAUAGUAACUUGCCAUUUUCAGAACAUAGAUAG CAGGGCAGUUGGAAAAUGUCCGAGAUUAGUUAAGCAAAGGAGUCUGCUGCAGCAACAG GGAUGAAGAAUGUCCUGAGAUUCCAAAGGGAAGAGGCCUAAUUGGUGCUAUAGCGGGU UUCAUUUAAAAUGGAUGGGAAGGCCUAAUUGAUGGUUGGUUAGGUUUUCAGACACCAGAA UGCACAGGGAGAGGGAAUCUGCUGCAGAUUACAAAGCACUCAAUCCGGCAAUUGAUCAAA UAACAGGAAAAUUAACCGGCCUUAUAGAAAAAACCAACCAACAAUUGAGUUGAUAGAC AAUGAAUUCAAUAGAGGUAGAGAAGCAAUCCGUAAUUGUAUAAAUUGGACCAGAGAUUC UAUAAACAGAAUGUGGUCUAUACAAUGCUGAACUCUUGGUAGCAAUGGAGAACAGCAUA CAAUUGAUCUGGCUGAUUCAGAAUUGGACAAACUGUACGAAACGAGUGAAAAGACAGCUG AGAGAGAAUGCUGAAGAAAGAGGACUGGUUGCUUUGAAAUUUAUUCACAAUGUGAUGA UGACUGUAUUGGCAGUAUUAAGAAUAAACACCUAUGAUCACAGCAAAUACAGGGAAGAGG CAAUGCAAAUAGAAUACAGAUUGACCCAGUCAAAACUAGCAGCGGCUACAAAGAUUGU AUACUUUGGUUUAGCUUCCGGGGCAUCAUGUUUCAUACUUCUAGCCAUUGUAUUGGGCCU UGUCUUCAUUGUGUAAAGAAUGGAAACAUGCGGUGCACUAUUUGUAUUAUAGUUUGGA AAAAAACACCCUUGUUUCUAC	
H10	AUGUACAAAAUAGUAGUGAUAAUCGCGCUCUUGGAGCUGUGAAAGGUCUUGAUAAAAU CUGUCUAGGACAUCAUGCAGUGGCUAAUGGGACCAUCGUAAAGACUCUCACAAACGAAC AGGAAGAGGUAAACCAACGCUACUGAAACAGUGGAGAGUACAGGCAUAAACAGAUUAUGU AUGAAAGGAAGAAAAACAUAAGAGACCGGGCAACUGCCAUCCAUAUGGGAUGCUAAUAGG GACUCUCAGCUUGUGAUCUGCACCUCUACAGGGAUGUGGACACUCUAUUGAACAGAGAGA AUGCUAUUGCUUACUGCUACCCUGGAGCUACUGUAAUUGAAGACCUAAGGCAGAGAG AUAAUUGGAGAGGGAUGGGAUACAACAAGAUAAAGCACUGGCUUACUUAUGGACUUCUCCAU AAACUCGGCCGGGACCAUAGAGCGUGCAUGAGGAUUGGAGGGAUAGCUUUUAUUGCAG AGCUUAAGUGGUGUGUAUCAAAGAGCAAAGGACAAACUUCUCCUGACACCACGAACACU UACAGAAAUACAGACACCGGCUAGAACCCUCAUAAUUGUGGGGAUUUUAUCACCCUUCUAG CACUCAAGAGAAGAAUGAUCUAUUAUGGAACACAUAUCUGUCCAUUAUCAGUCGGGAGUU CCACUUAACCGGAACAAUUAUUGUCCGGUUGUUGGAGCAAGACCUCAGGUAUUGGACAA AGUGGCAGAAUUGAUUUUUCACUGGACACUAGUACAGCCAGGUGACAAUACACCUUUCU ACACAUUGGGGGCCUGAUAGCACCGAGCCGAGUUAAGCAAAUUAUUGGAGGGGAUUGG GAAUCCAUUCAGACGCCAAUAGACAAUAAUUGUGAGUCCAAUUGUUUUGGAGAGGG GGUUCUUAUAAAUACAAGGCUUCCUUAUAAAUUUGUACCAAGAACAGUGGGUACAGUG UCCUAAAUUAGUGAACAGAGAAGCUUGAUGCUUGCAACAGGAUUGAGAAACGUACCAG AACUAAUACAAGGGAGAGGUUAUUAUUGGUGCAUAGCAGGCUUUUUAAGAGAAUGGGUGG GAAGGAUUGGUAUGGCUUGGUAUGGUUUUCAGACAUCAAAAUGCUAGGGCACAGGCCA GGCCGCGUAUUAACAGAGUACUCAGGCAGCUUUGAUCAAAUACUGGGAACUGAAUA GACUUGUUGAAAAAACCAUACUGAGUUCGAGUCAUAGAAUUCUGAGUUCAGUGAGAU GAUGGGAAGGAUGUUUUUGAGAUUAUUAUGCUUUGUGAUGAUUCAUGCAUGGAGAGCAU AAGAAACAAACCCUAUGACCAUUCACAGUACAGAGAGGAAGCUCUUUUGAACAGAUUGA AUUAUACCCAGUGACACUCUCUUCUGGAUAUAAAGACAUAUUCUUGGUUUUAGCUUC GGGGCAUCAUGUUUUUGUUCUUCUAGCCGUGUGCAUGGGUUCUUUUCUUUUCUGUCUGAA GAAUGGAAACAUGCGAUGCACAUCUGUAUUUAG	500
MRK_LZ_NP- H3N2 SQ-031687 CX-003145	AUGGCCAGCCAGGGCACCAAGAGAAGCUACGAGCAGAUUGGAGACCGACGGCGAGAGACA GAACGCCACCGAGAUACAGAGCCAGCGUUGGCAAGAUAGUACGACGGCAUCGGCAGAUUCU ACAUCCAGAUUGUGCACCGAGCUCAAGCUGAGCGACUACGAGGGCAGACUGAUCCAGAAC AGCCUGACCAUCGAAAGAAUGGUUCUGAGCGCCUUCGACGAGAGAAGAAACAGAUACCU GGAGGAGCACCCAGCGCCGCAAGGACCCCAAGAACCGCGCGCCCAUCUACAAGA GAGUGGACGGCAGAUUGGAUGAGAGAGCUGGUGCUUACGACCAAGGAGGAGAUACAGAA AUCUGGAGACAGGCCAACACGGCGACGACGCCACCGCGGCUAGACCACAUGAUGAU CUGGCACAGCAACCUAAGACACCAUACAGAGAACAGAGCCUUGGUGAGAACCG GCAUGGACCCAGAAUUGGCAGCUAAUAGCAGGGCAGCACCCUGCCAGAAAGAUCCGGC GCCGUGGUGCCGCGUCAAGGGCAUCGGCACCAUGGUGAUGGAGCUGAUCCGCAUGAU CAAGCGCGGCAUCAACGACAGAAACUUCUGGAGAGCGGAAACGGCAGAAAGACACAGAA GCGCUACGAGAGAAUGUGCAACAUCUUGAAGGGCAAGUUCAGACCCGCGCCAAAGA	501

[0884]

인플루엔자 mRNA 서열		
	GCCAUGAUGGACCAGGUGAGAGAGAGCAGAAACCCCGGCAACGCCGAGAUCCGAGACCU GAUCUUCAGCGCCAGAUCCGCCCCUGAUCCUGAGAGGCAGCGUGGCCACAAGAGCUGCC UGCCCGCCUGCGUGUAUGGCCCCCGGUGAGCAGCGGCUAACUUCGAGAGGAGGGC UACAGCCUGGUGGGCAUCGACCCCUUCAAGCUGCUGCAGAACUCUCAGGUGUAUAGCCU GAUCAGACCCAAACGAGAACCCCGCCACAAGAGCCAGCUGGUGUGGAUGGCCUGCCACA GGCCCGCCUUCGAGGACCUGAGACUGCUGAGCUUCAUCAGAGGUACCAAGGUGUCCCC AGAGGCAAGCUGAGCACCAGAGGUGUGCAGAUCCGAGCAUAGAGAACAUAGGACAAU GGAGAGCAGCACCUGGAGCUAAGAAGCAGGUACUGGGCCAUCCGGACCAAGAGCGGGC GCAAUACCAACCAGCAGAGAGCCAGCGCCGCGCCAGAUACGCGUGCAGCCACCUUCAGC GUGCAGAGAAACUCCCCUUGAGAAGAGCACCGUGAUGGCCGCCUUCACCGGCAACAC CGAGGGCAGAACAGCGCAUGAGAGCCGAGAUCAUCAGAAUGAUGGAGGGCGCCAAAGC CCGAGGAGGUGAGCUUUAGAGGCAGAGGCGUGUUCGAGCUGAGCGACGAGAGGCCACC AACCCAAUUGUGCCCAGCUUCGACAUGUCGAACGAGGGCAGCUACUUCUUCGGCGACAA CGCCGAGGAGUACGACAAC	
MRK_LZ_NIHGen 6HASS-TM2 SQ-034074 CX-000553	AUGGAGACCCCGCCAGCUGCUGUCCUGCUGCUGCUGGCGGCCGACACCACCGG CGACACCAUCUGCAUCGGCUACACGCCAACACAGCACCAGACCCGUGGACACCGUGC UGGAGAAGAACUGACCGUGACCCACAGCGUGAACUUGGGCAGCGGCCUGAGGAUGGUG ACCGGCCUGAGGAACUCCCCAGAGGGAGACAGGGGCCUGUUCGGCGCCAUCCGCCG CUUCAUCGAGGGCGGCGUGACCGGCAUGGUGGACGGCUGGUACGGCUACCCACCACGA ACGAGCAGGGCAGCGGCUACGCCGCCGACAGAGAGCACCAGAACGCCAUCAACGGC AUCACCAACAUGGUGAACAGCGUGAUCGAGAAGAUUGGGCAGCGCGGCGAGCGGCACCGA CCUGGCCGAGCUGCUGCUGCUGAACGAGAGGACCCUGGACUUCACGACAGCA ACGUGAAGAACUGUACGAGAAGGUGAAGGCCAGCUGAAGAACAACGCCAAGGAGAU GGCAACGGCUGCUUCGAGUUCUACCAAGUGCAACAACGAGUGCAUGGAGAGCGUGAA GAACGGCACCUACGACUACCCCAAGUACAGCGAGGAGCAAGCUGAACAGGGAGAAAGA UCGACGGAGUGAAUUGGAAUCAAUGGGGGUUCUACAGAUCCUGGCCAUUCACGACCC GUGGCCAGCAGCCUGGUGCUGCUGGUGAGCCUGGGCGCCAUACGCUUCUGGAUGUGCAG CAACGGCAGCCUGCAGUGCAGAAUCUGCAUC	502
MRK_LZ_NIHGen 6HASS-폴드온 SQ-032106 CX-000596	AUGGAGACCCCGCCAGCUGCUGUCCUGCUGCUGCUGGCGGCCGACACCACCGG CGACACCAUCUGCAUCGGCUACACGCCAACACAGCACCAGACCCGUGGACACCGUGC UGGAGAAGAACUGACCGUGACCCACAGCGUGAACUUGGGCAGCGGCCUGAGGAUGGUG ACCGGCCUGAGGAACUCCCCAGAGGGAGACAGGGGCCUGUUCGGCGCCAUCCGCCG CUUCAUCGAGGGCGGCGUGACCGGCAUGGUGGACGGCUGGUACGGCUACCCACCACGA ACGAGCAGGGCAGCGGCUACGCCGCCGACAGAGAGCACCAGAACGCCAUCAACGGC AUCACCAACAUGGUGAACAGCGUGAUCGAGAAGAUUGGGCAGCGCGGCGAGCGGCACCGA CCUGGCCGAGCUGCUGGUGCUGCUGAACGAGAGGACCCUGGACUUCACGACAGCA ACGUGAAGAACCUGUACGAGAAGGUGAAGGCCAGCUGAAGAACAACGCCAAGGAGAU GGCAACGGCUGCUUCGAGUUCUACCAAGUGCAACAACGAGUGCAUGGAGAGCGUGAA GAACGGCACCUACGACUACCCCAAGUACAGCGAGGAGAGCAAGCUGAACAGGGAGAAAGA UCGACCCCGGCGAGCGGCUACAUCCCGAGGCCCCCGAGGACGGCCAGGCCUACGUGAGG AAGGACGGCGAGUGGGUGCUGCUGAGCACCUCUCCUG	503

[0885]

[0886]

등가물

[0887]

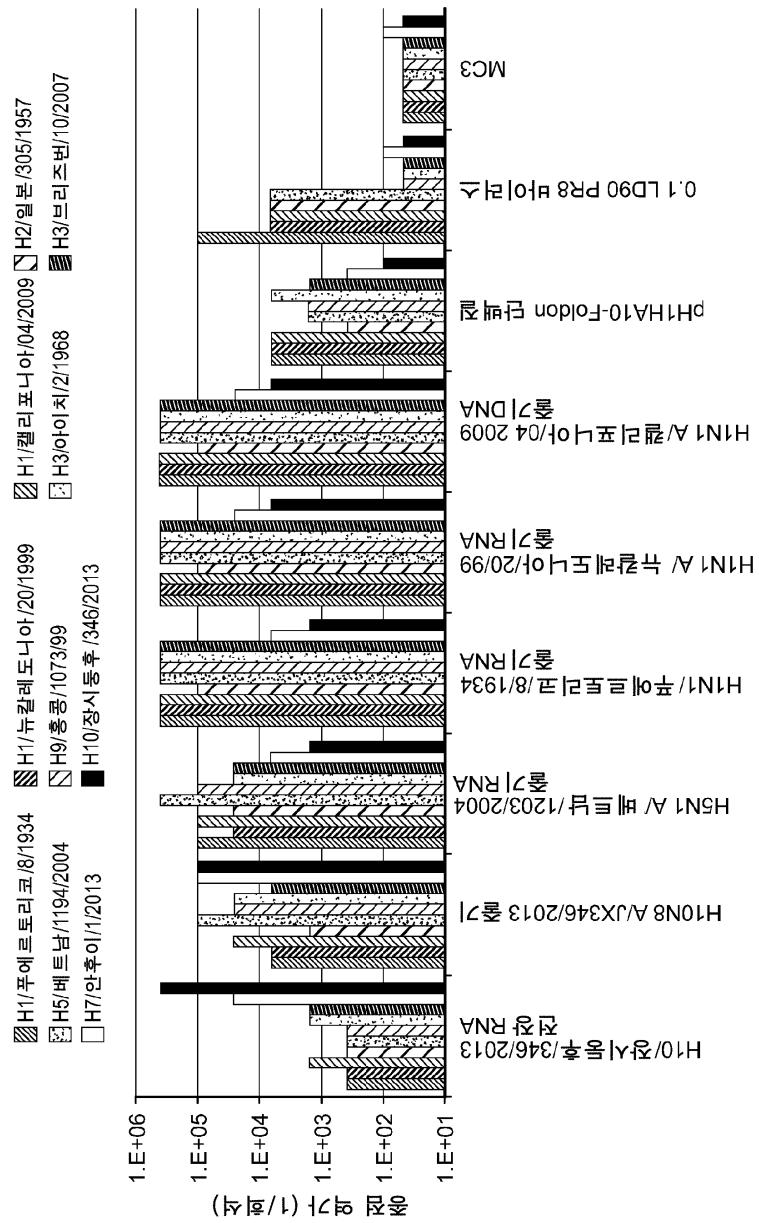
당해 분야의 숙련가는, 본 명세서에서 기재된 본 개시내용의 특정 구현예에 많은 등가물을, 일상적인 실험과정 이하를 이용하여 확인할 수 있거나, 인식할 것이다. 그와 같은 등가물은 다음과 같은 청구항에 의해 포함되도록 의도된다.

[0888]

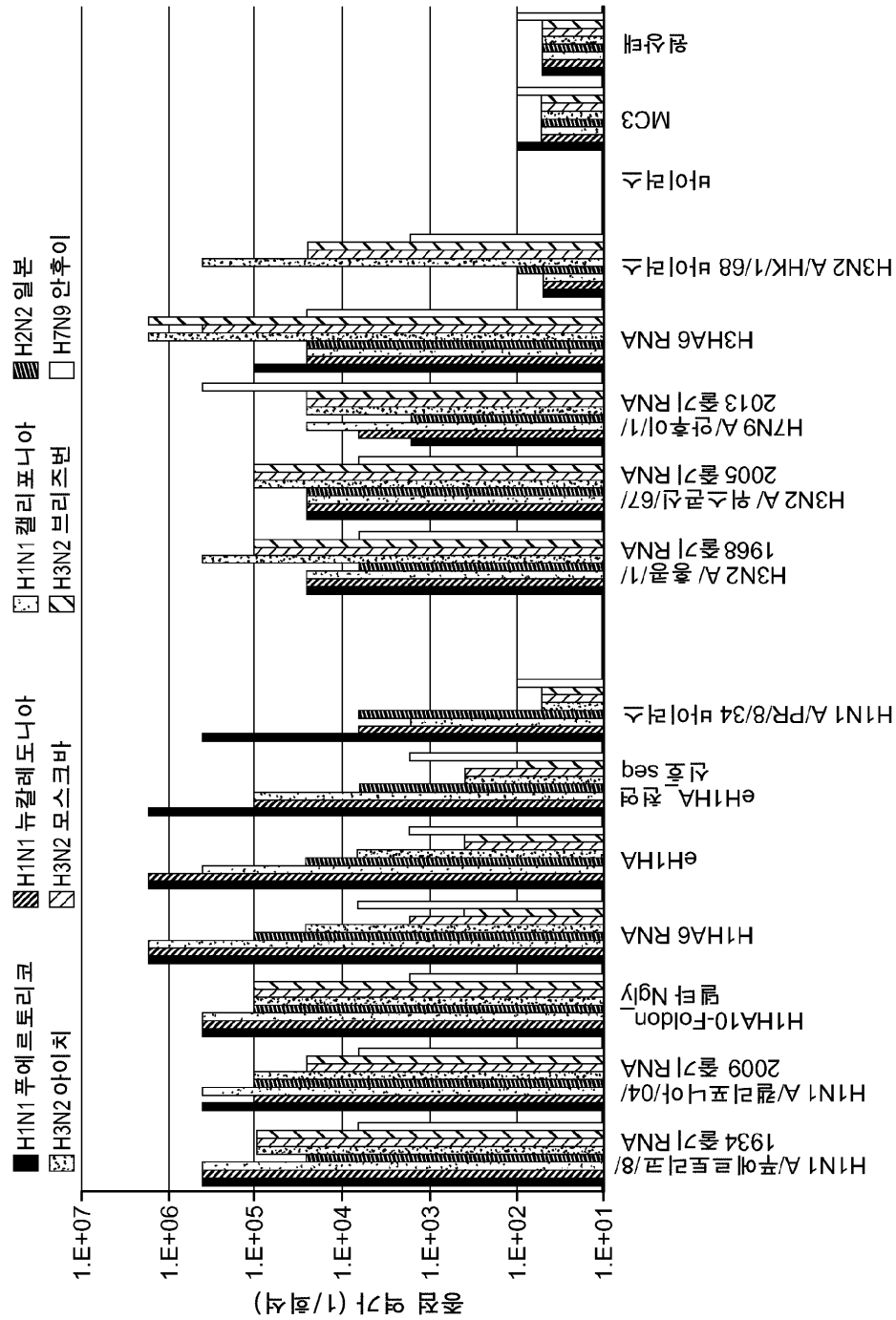
본 명세서에서 개시된, 특허 문서를 포함하는, 전체 참조문헌은 참고로 그 전문이 편입된다.

도면

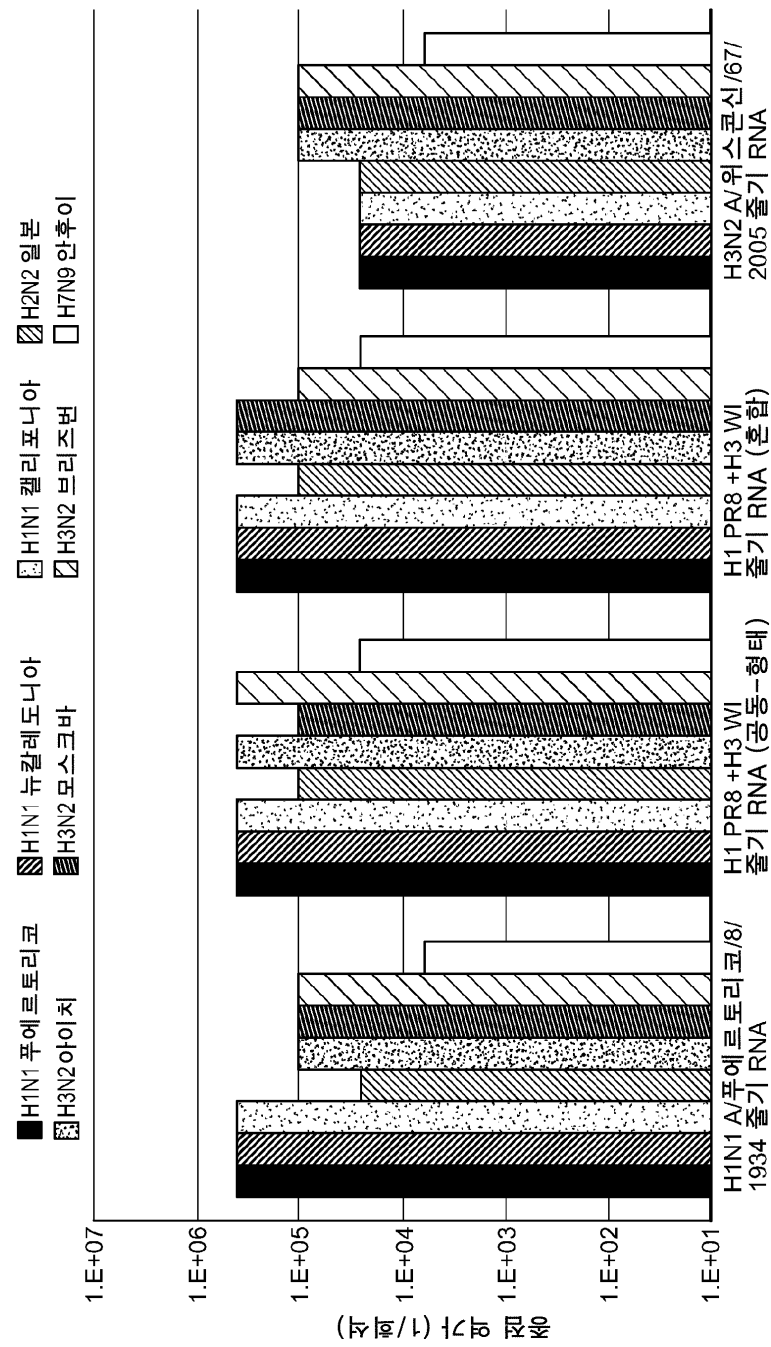
도면1



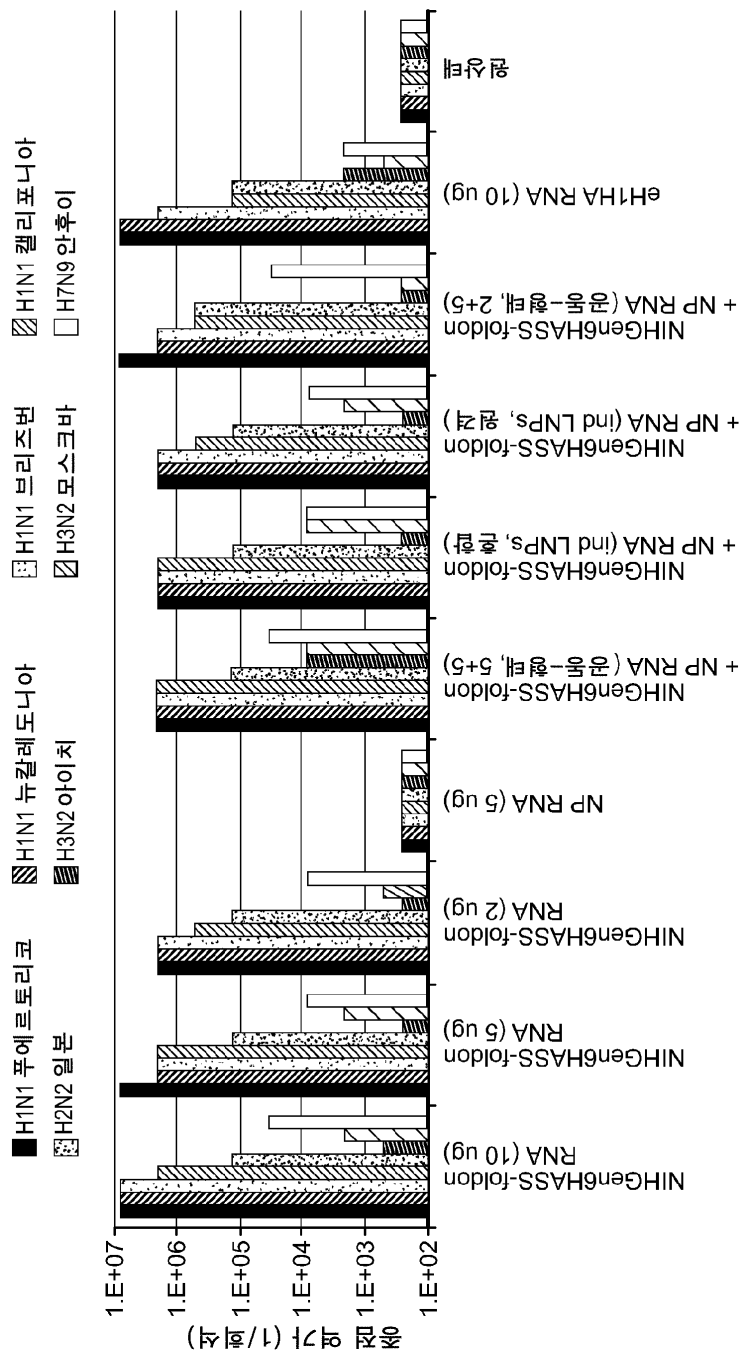
도면2



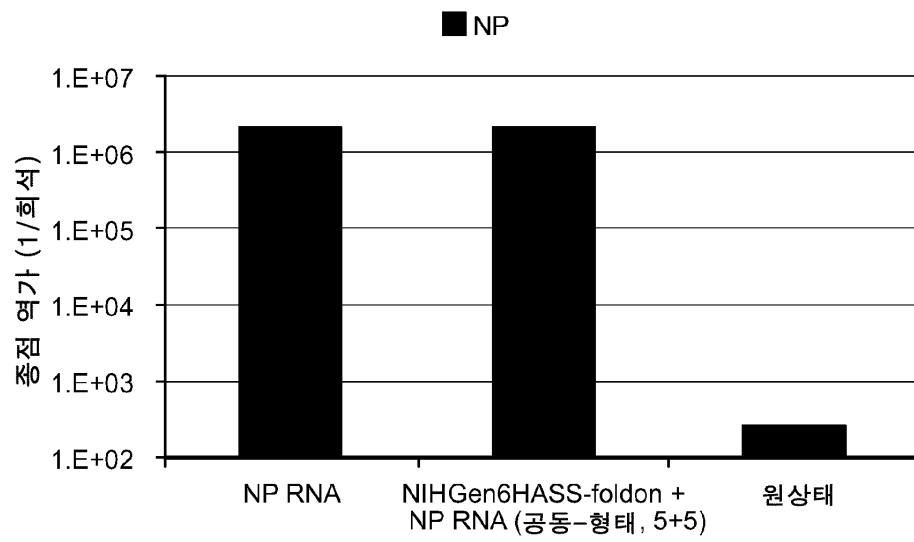
도면3



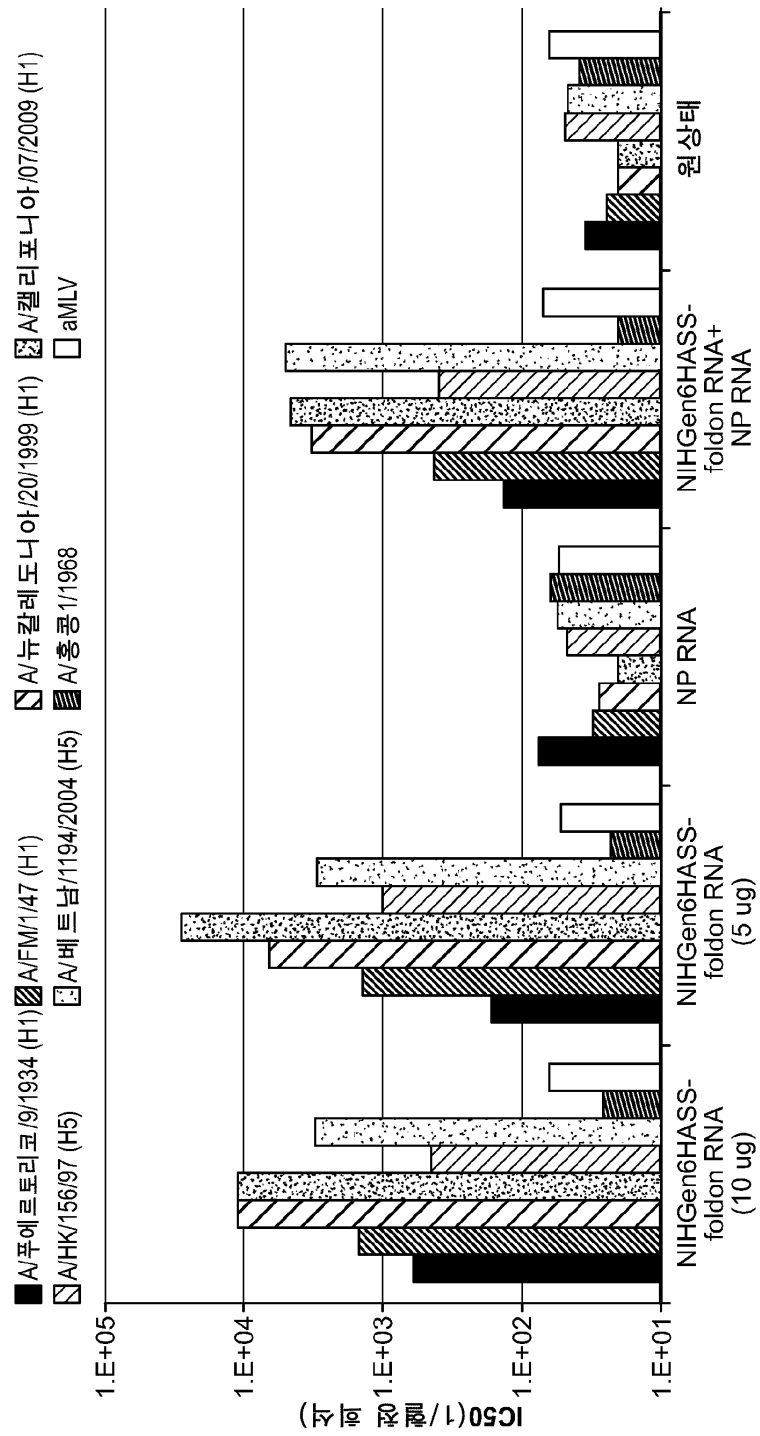
도면4a



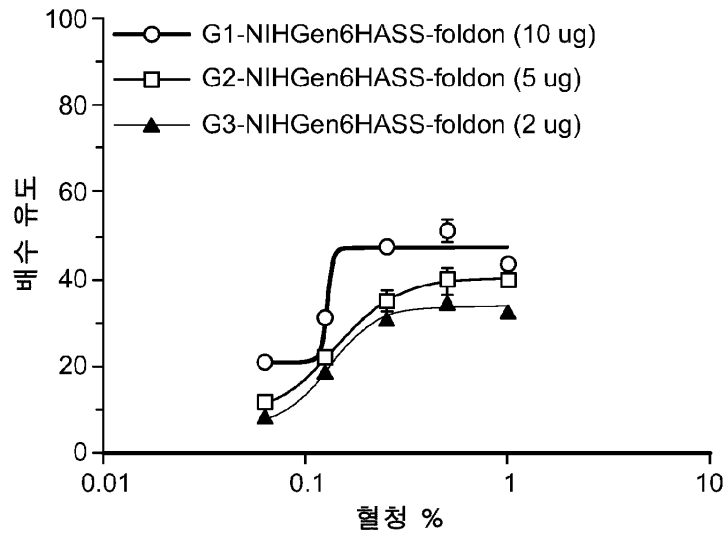
도면4b



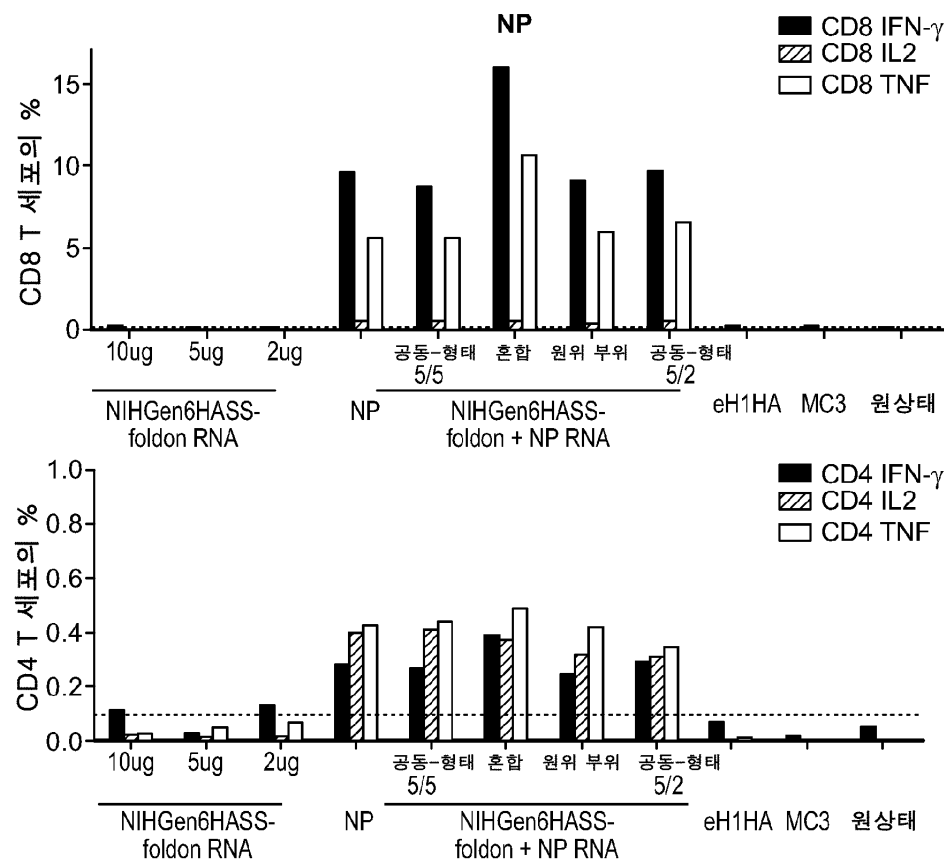
도면5



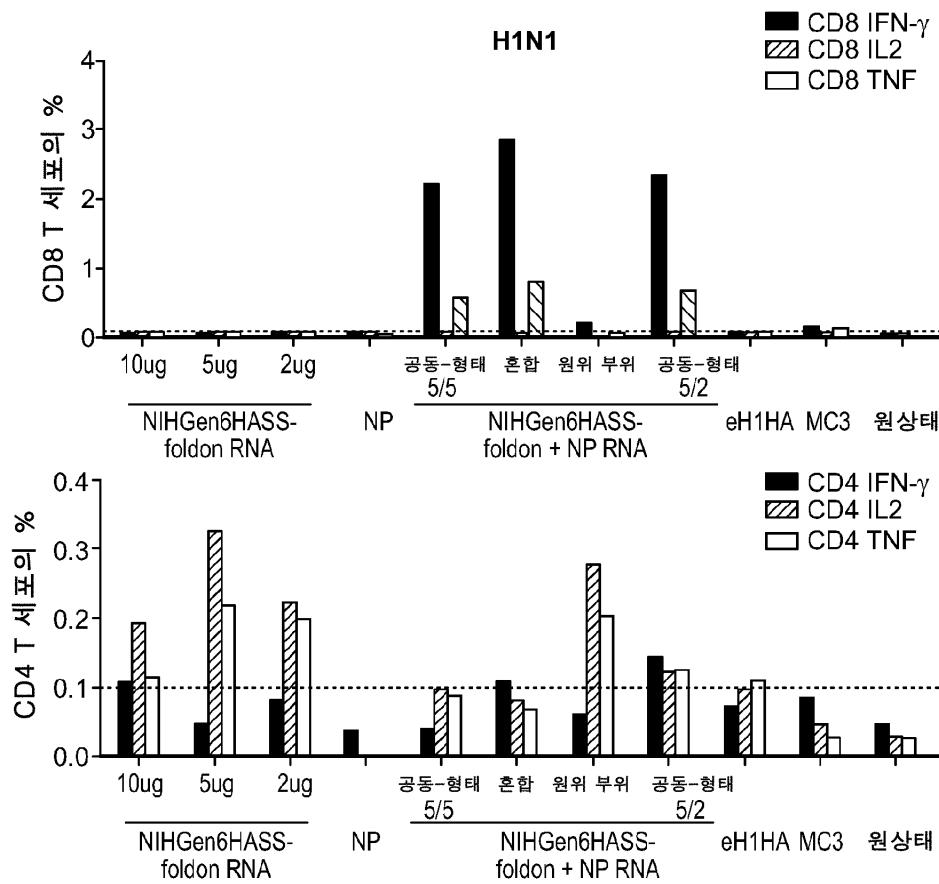
도면6



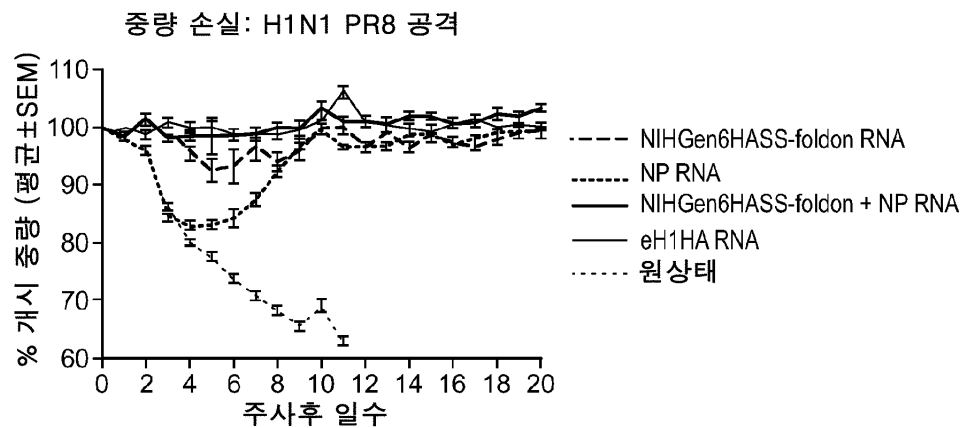
도면7



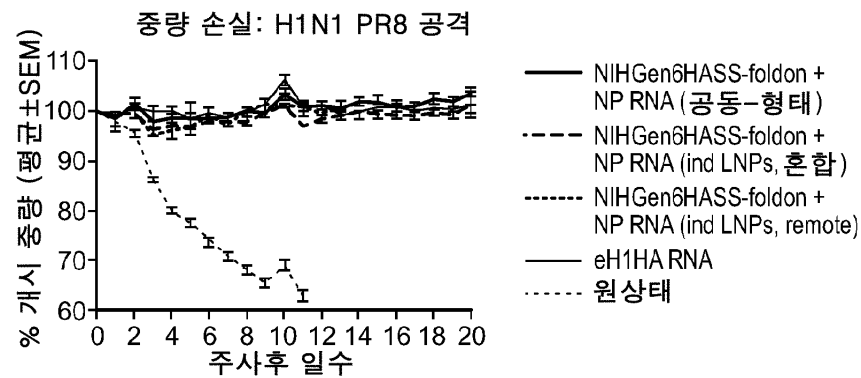
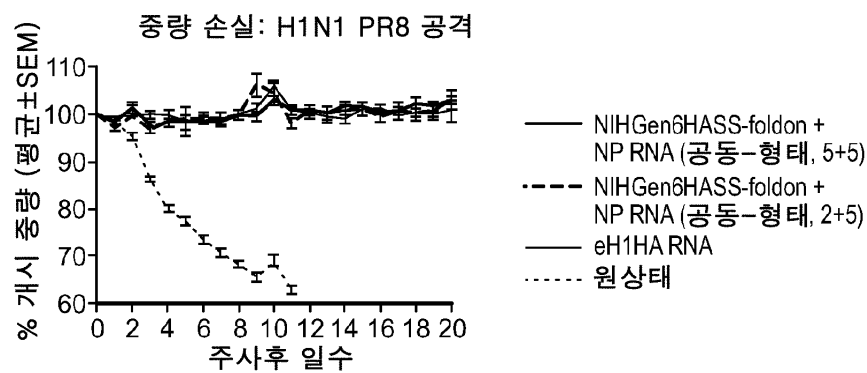
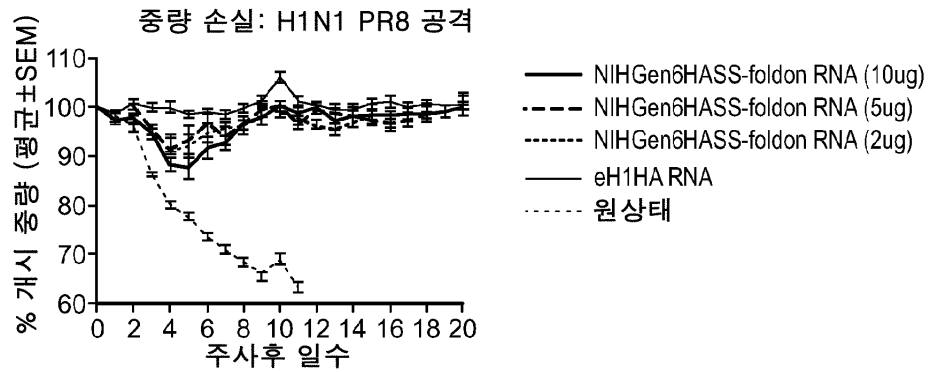
도면8



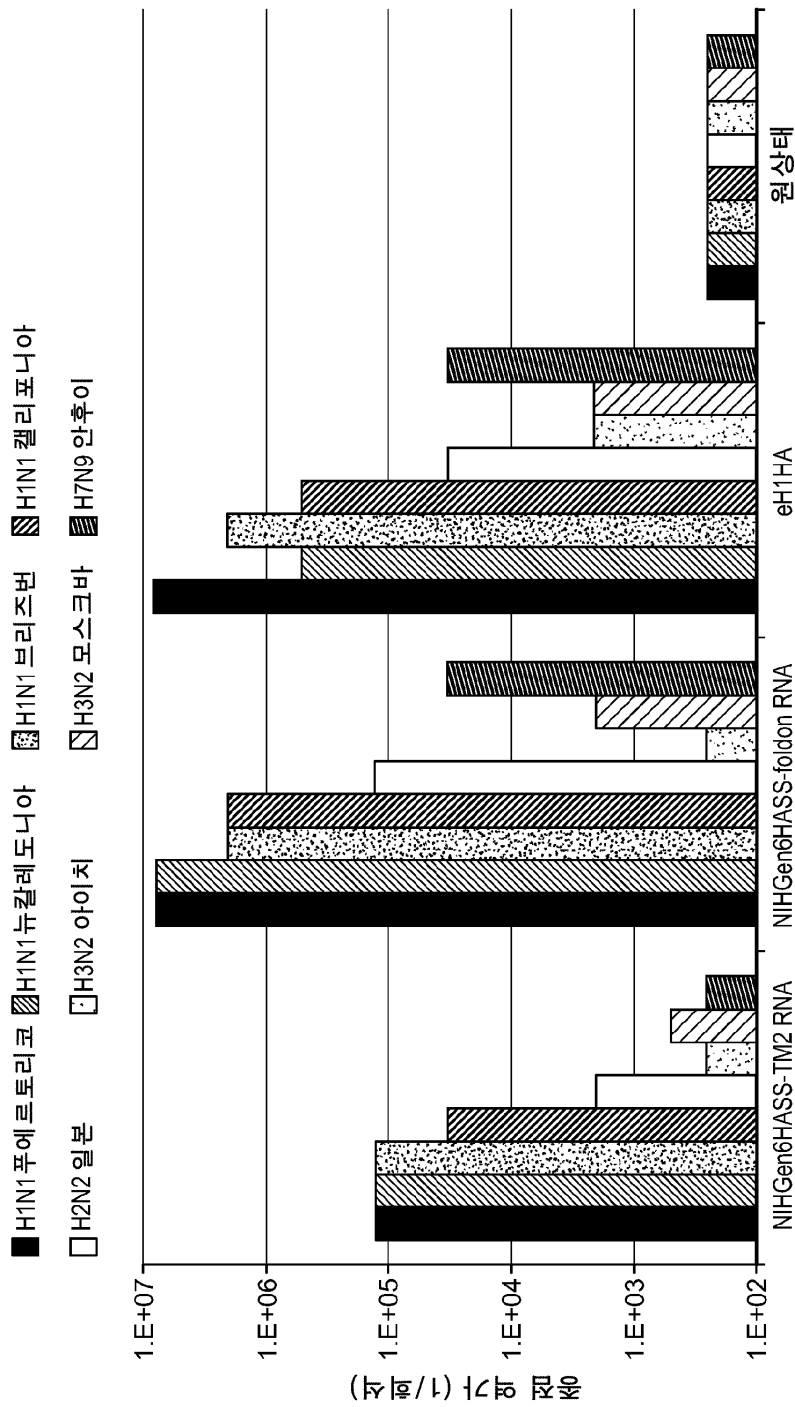
도면9



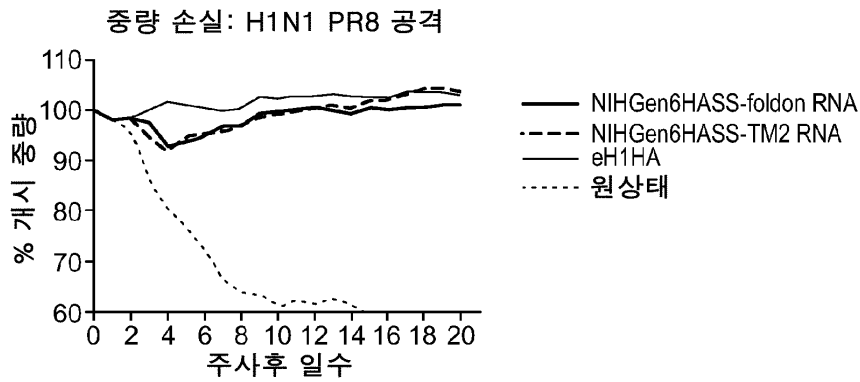
도면10



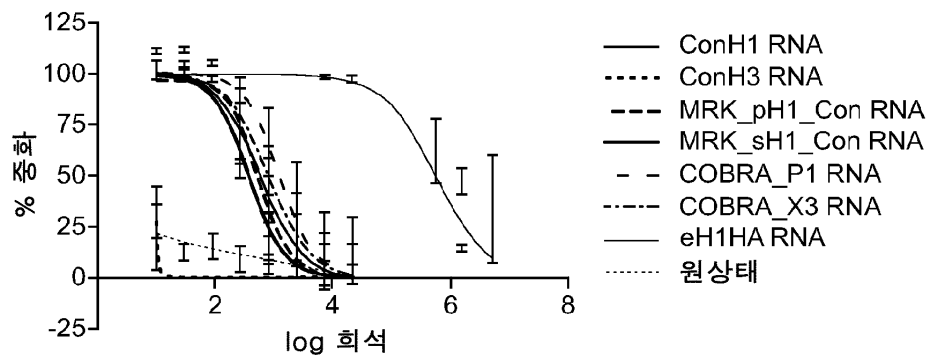
도면11a



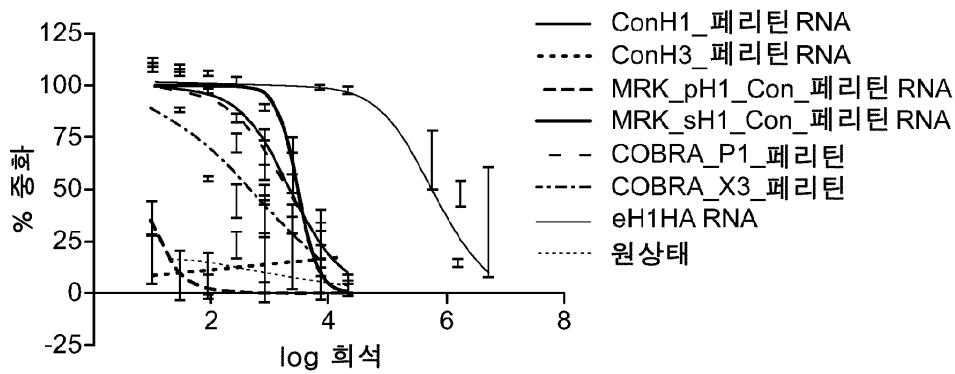
도면11b



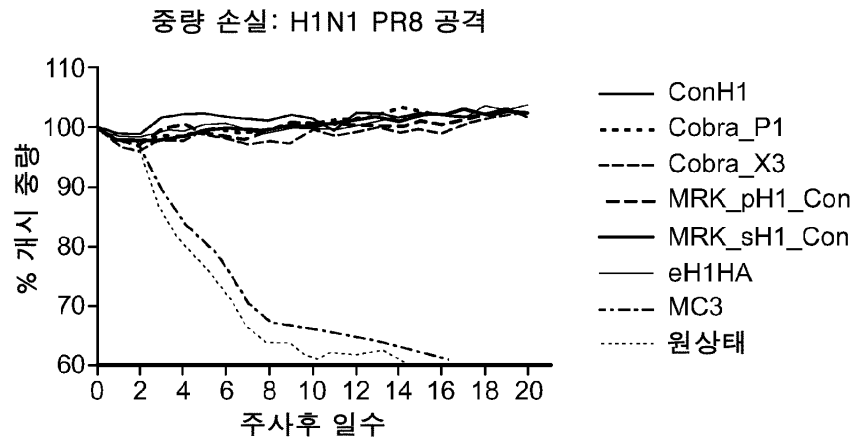
도면12a



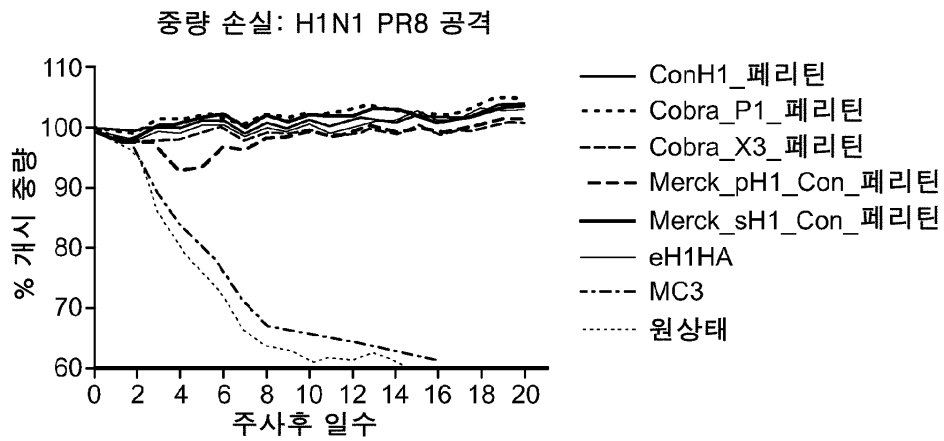
도면12b



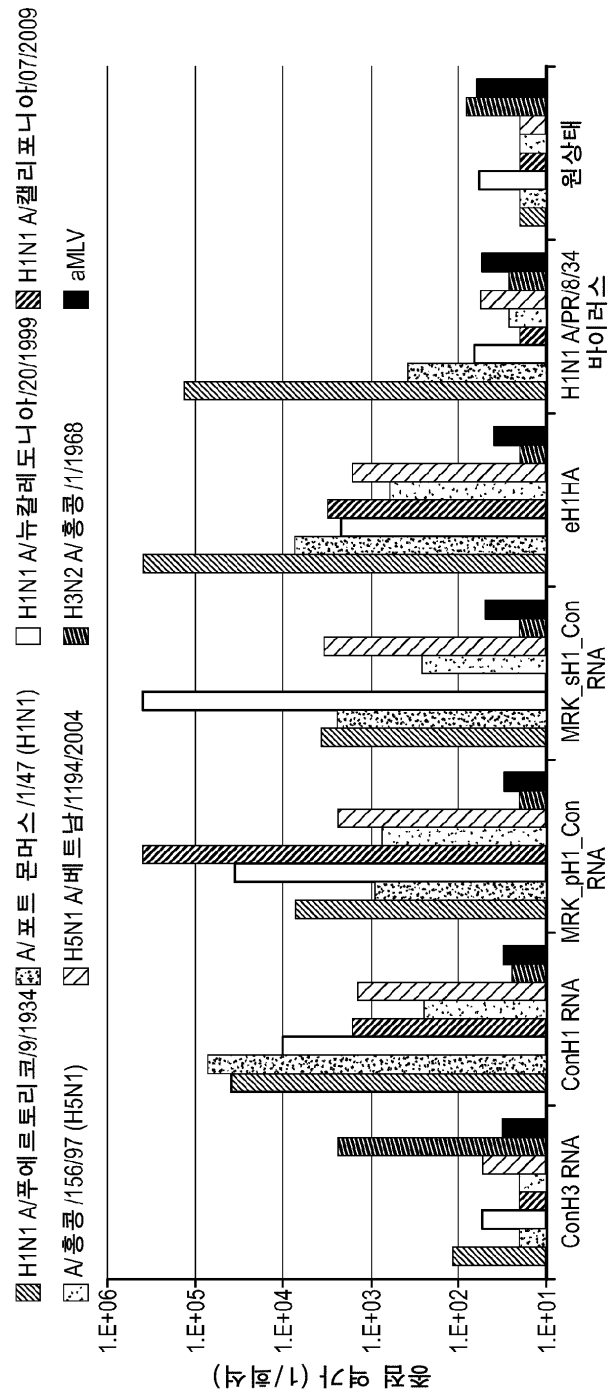
도면13a



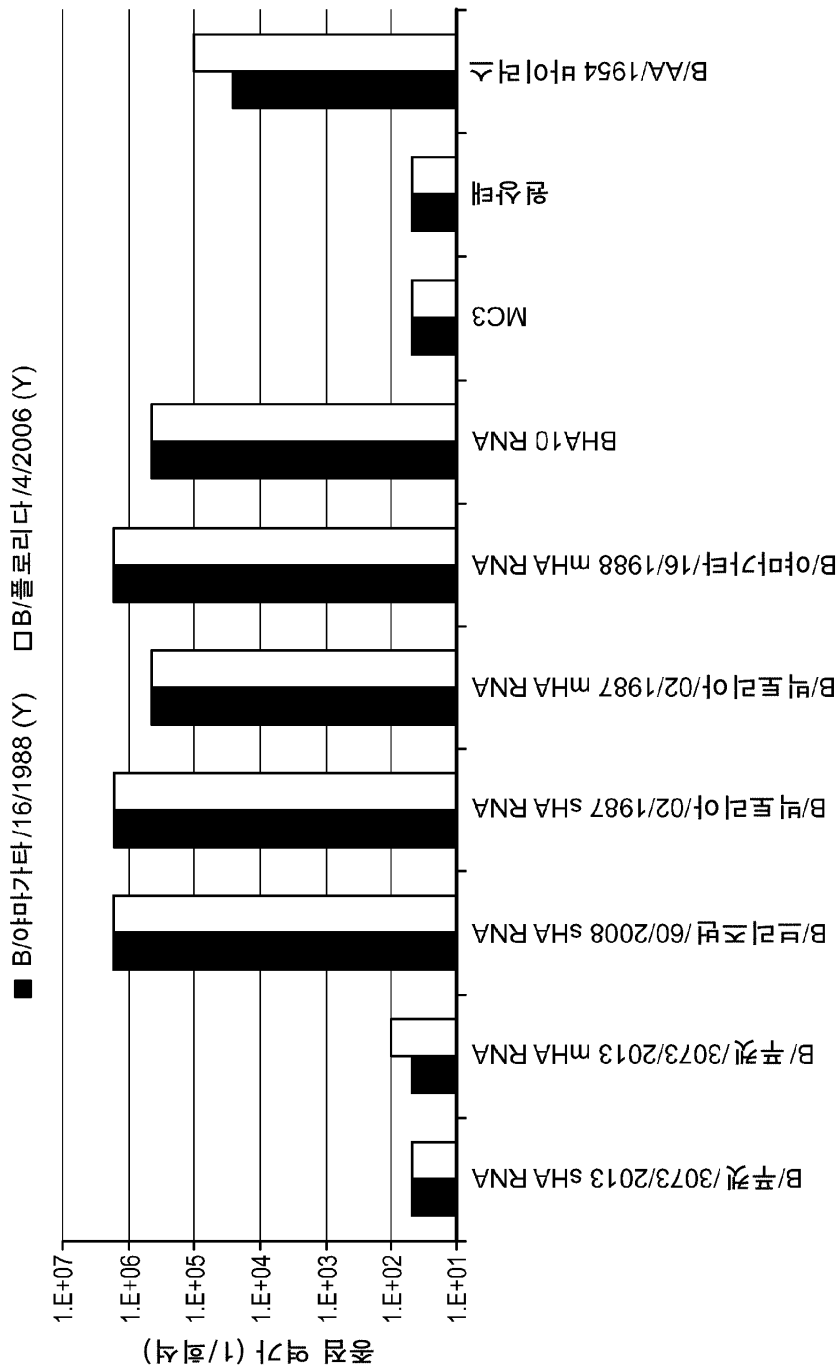
도면13b



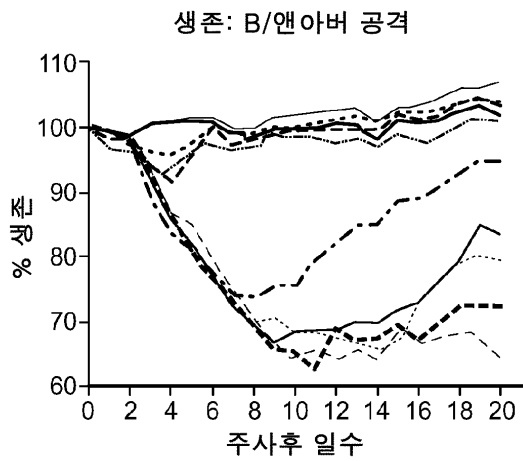
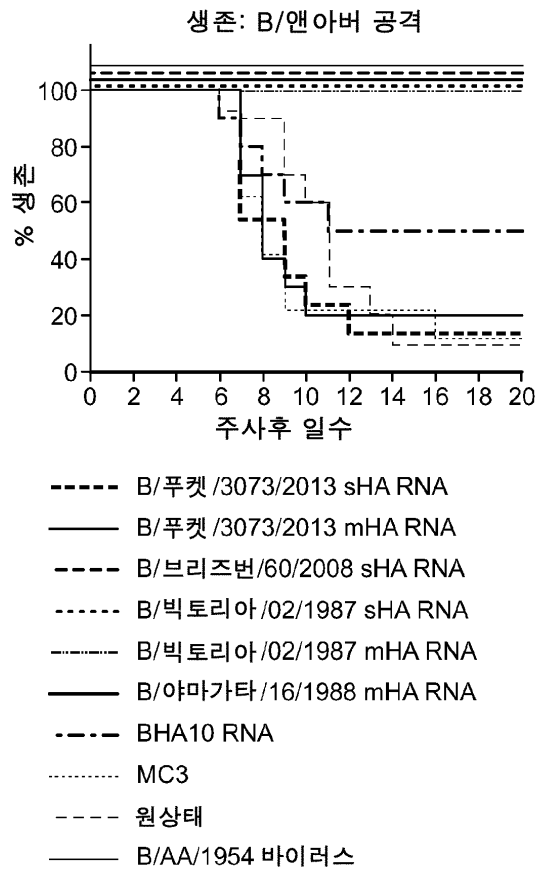
도면14



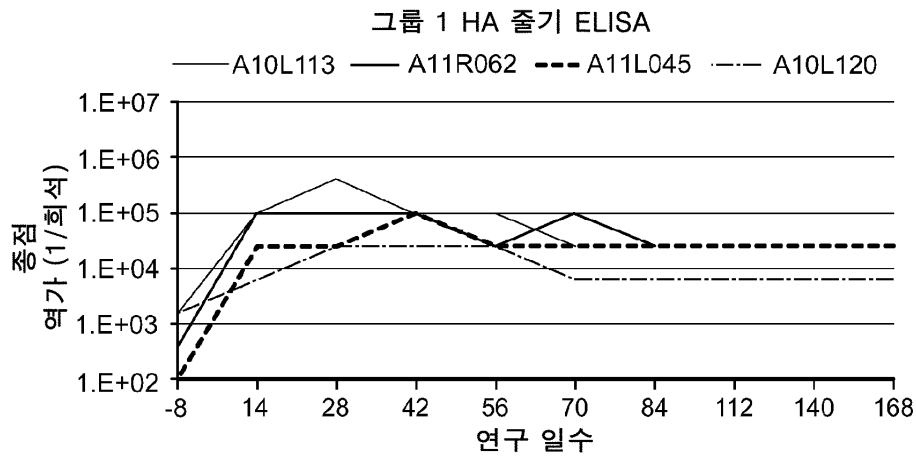
도면15a



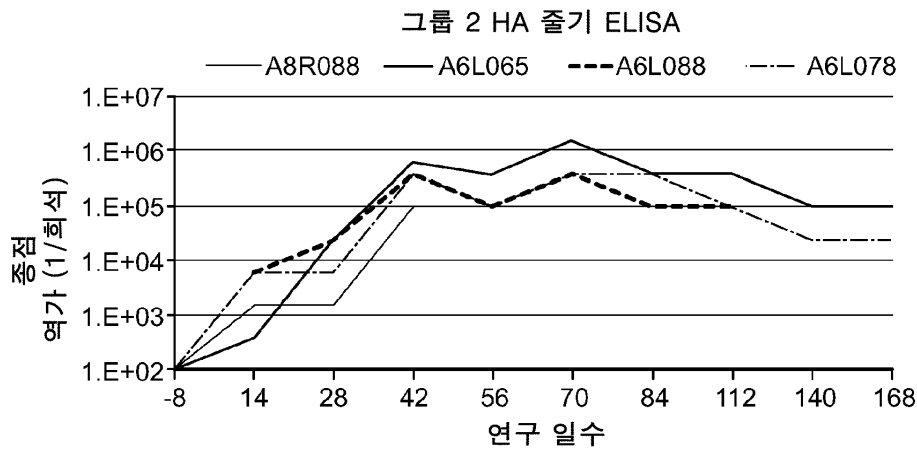
도면15b



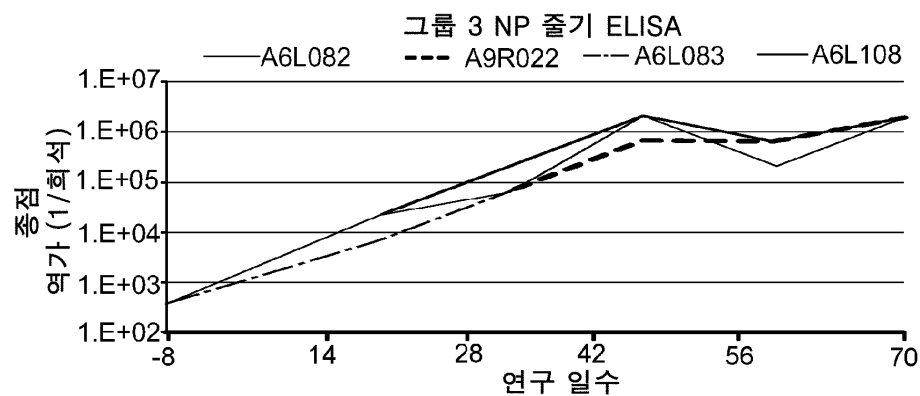
도면16a



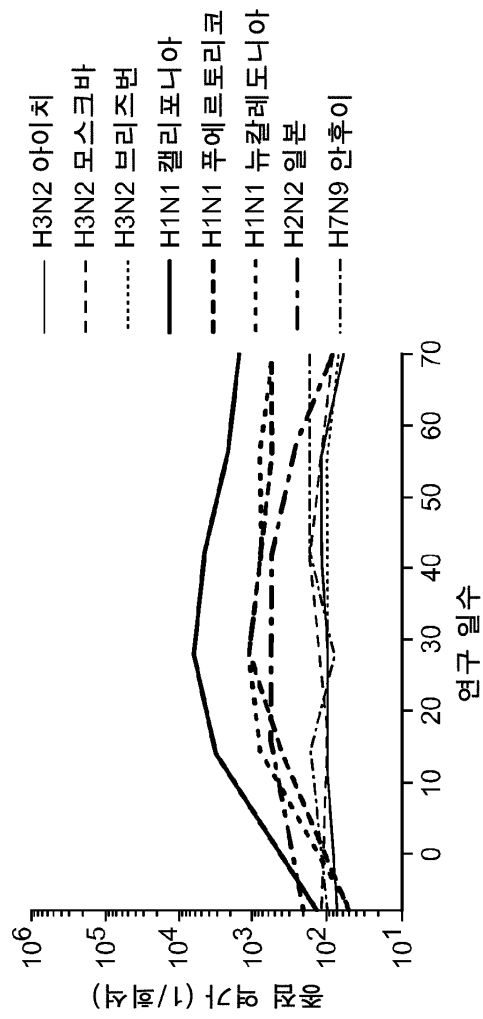
도면16b



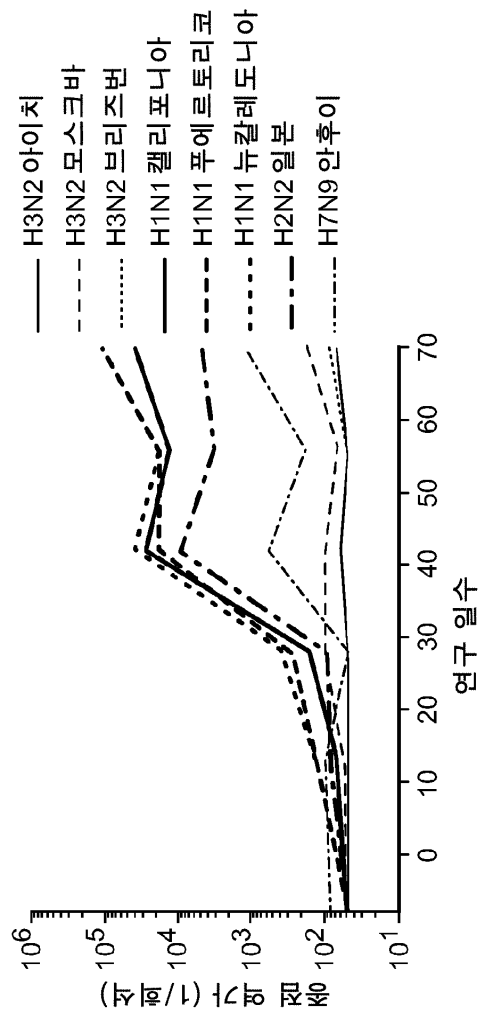
도면16c



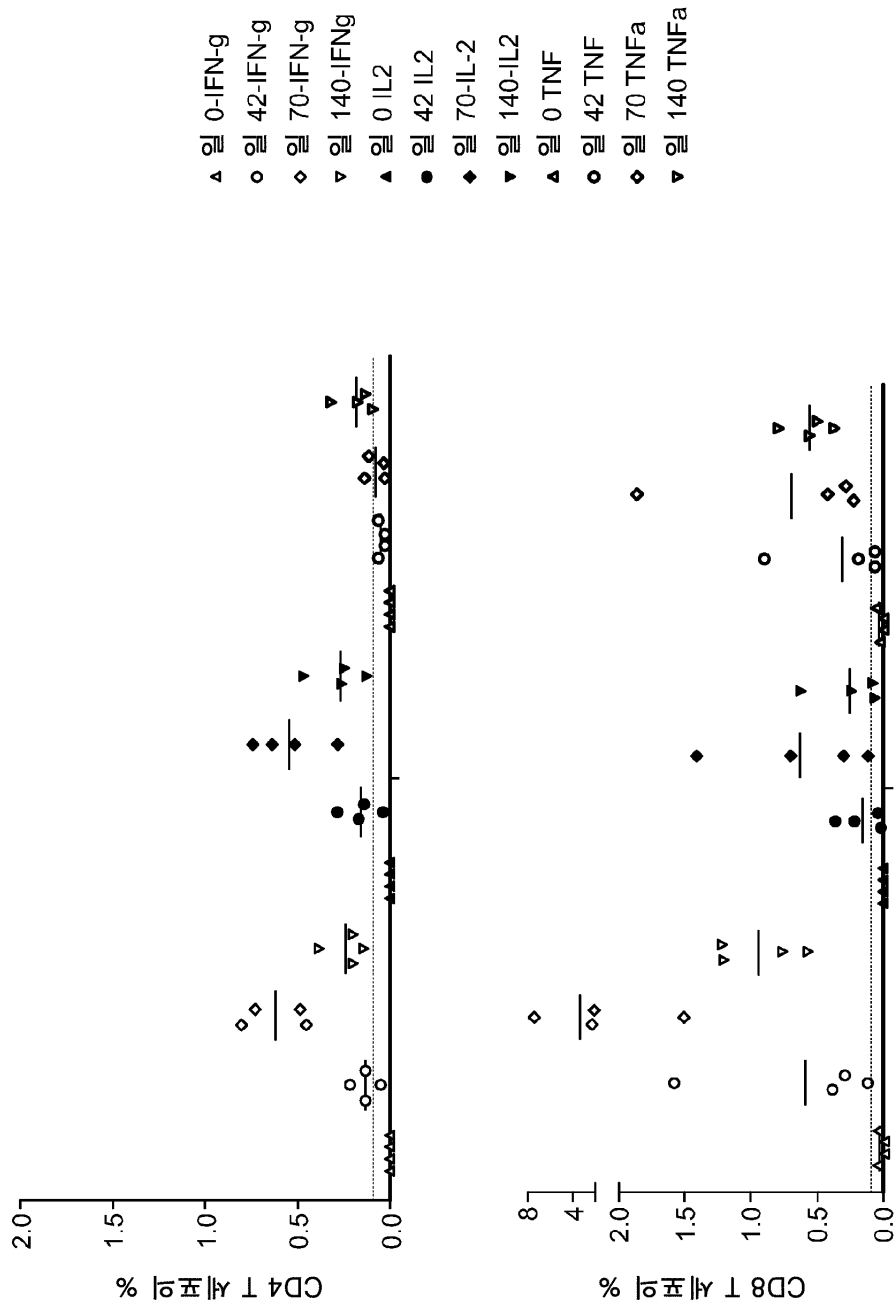
도면17a



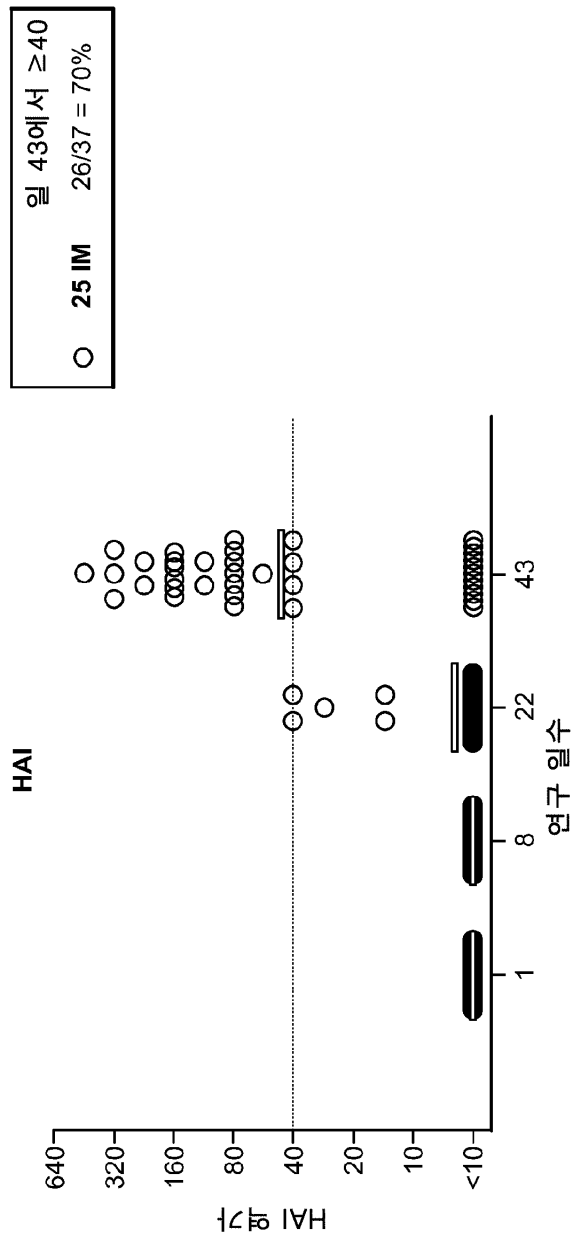
도면17b



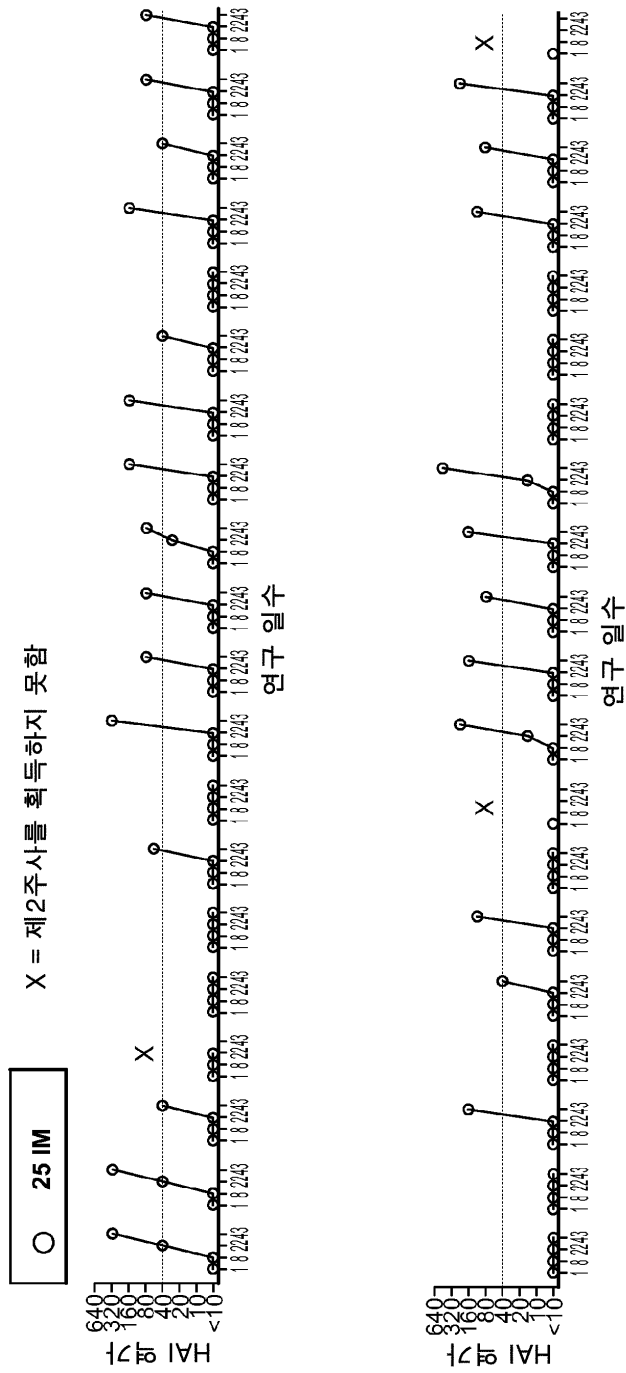
도면18



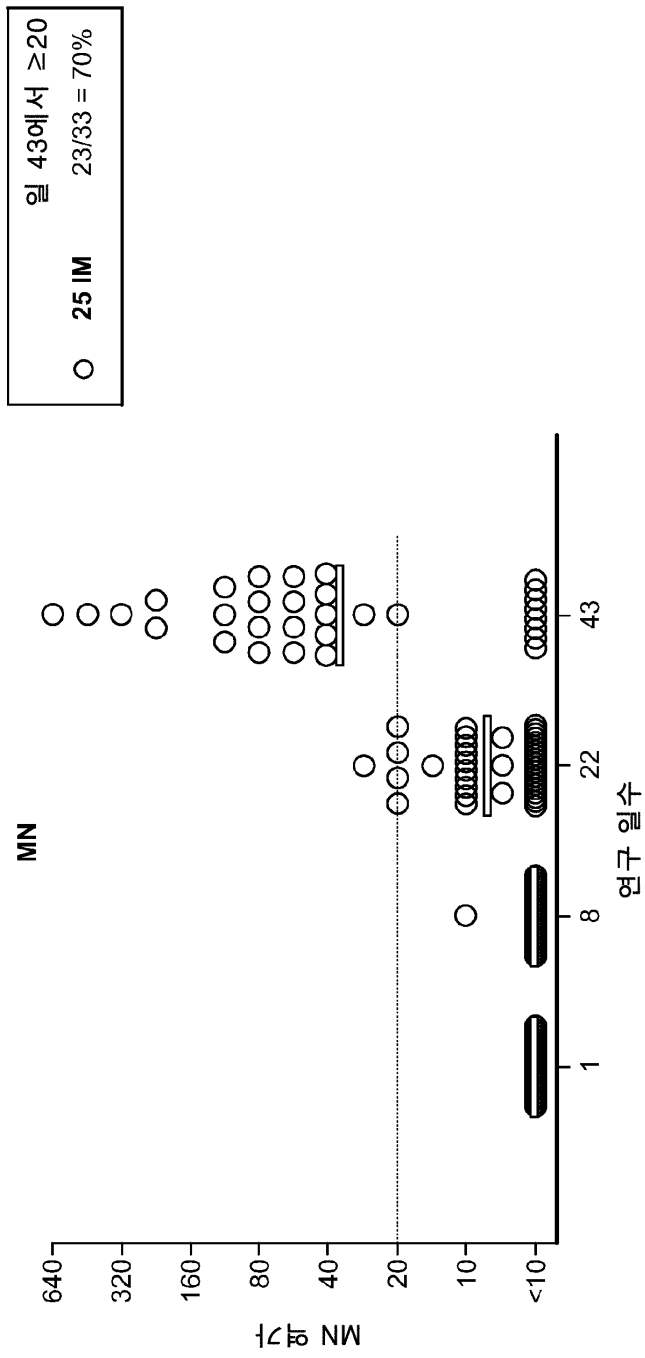
도면19



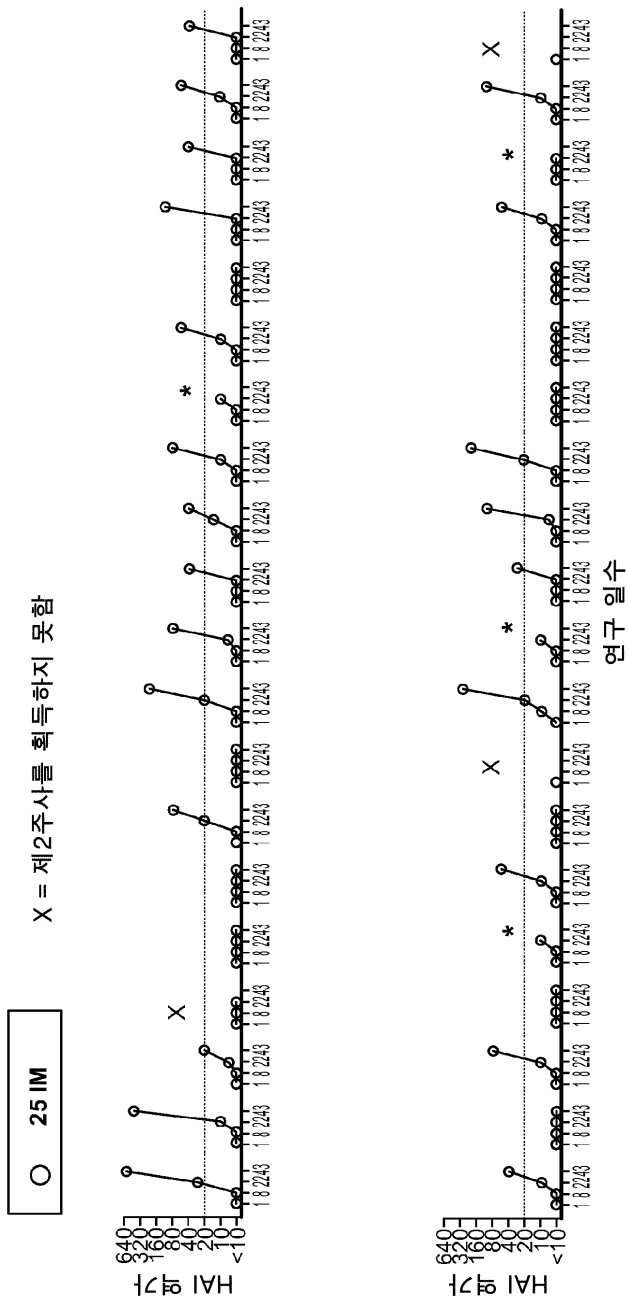
도면20



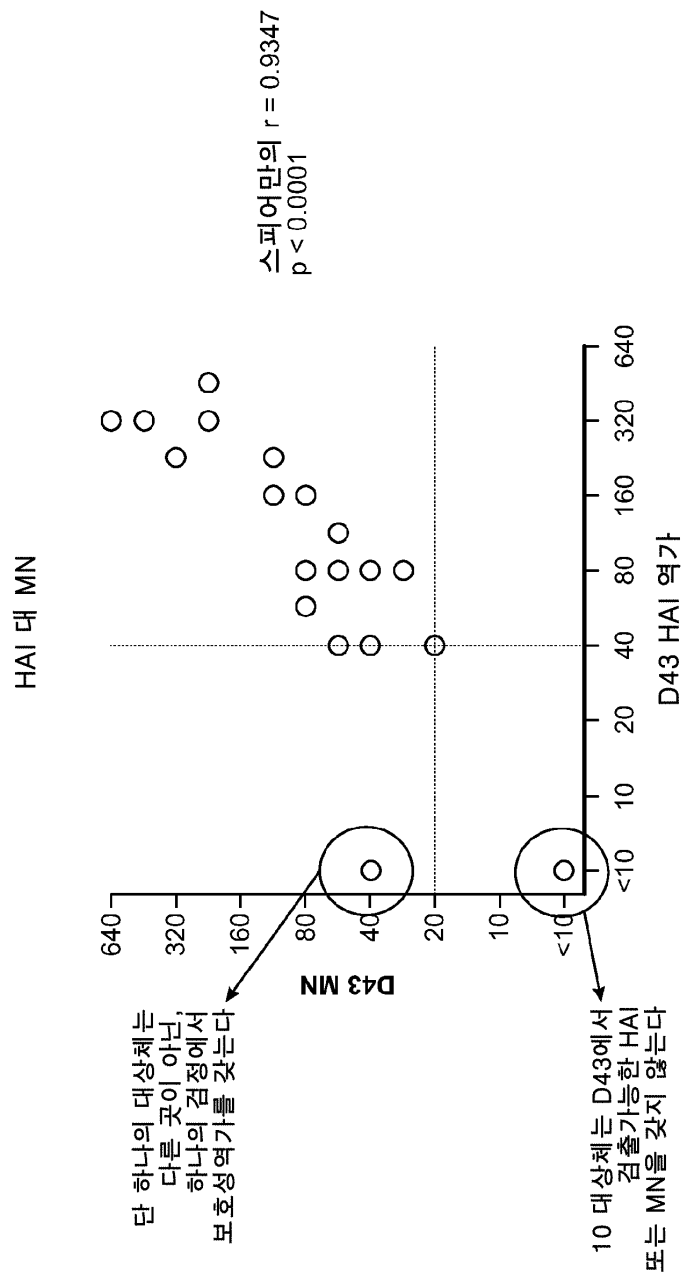
도면21



도면22



도면23



서열 목록

- <110> ModernaTX, Inc.
- <120> BROAD SPECTRUM INFLUENZA VIRUS VACCINE
- <130> M1378.70025W000
- <150> US 62/245,031
- <151> 2015-10-22
- <150> US 62/245,225
- <151> 2015-10-22
- <150> US 62/247,501
- <151> 2015-10-28

<150> US 62/248,248
 <151> 2015-10-29
 <160> 504
 <170> PatentIn version 3.5
 <210> 1
 <211> 349
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 1

Ala Cys Val Leu Val Glu Ala Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His
 1 5 10 15

His Ala Val Val Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly
 20 25 30

Ile Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Gly
 35 40 45

Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly
 50 55 60

Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu
 65 70 75 80

Phe Glu Ser Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Asn Asp Val Cys

85 90 95

Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg
 100 105 110

Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly
 115 120 125

Ile Ile Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser
 130 135 140

Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala
 145 150 155 160

Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala
 165 170 175

Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr

180 185 190
 Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Ile Thr Val Glu Ser Ser Lys
 195 200 205
 Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn
 210 215 220
 Gly Glu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Met Leu Leu Asp Pro Asn

 225 230 235 240
 Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg
 245 250 255
 Ala Ser Phe Phe Lys Gly Glu Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro
 260 265 270
 Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile
 275 280 285
 Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys
 290 295 300

 Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Pro Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met
 305 310 315 320
 Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Lys Asp Gly Gly Ser His Tyr Gly
 340 345
 <210> 2
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 2
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Ile

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Arg Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Pro
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Asn Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Ile Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Met Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 3

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 3

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ile Ala Cys Val Leu Val Glu Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Val Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Gly Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Glu Ser Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Asn Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Met Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Lys Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Pro Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ala Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 4
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 4
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Thr Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 5
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 5
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Val

1 5 10 15
 Arg Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Ser Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ser Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Leu Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Asn Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270
 Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Met Asp Asn Glu Phe Asn Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Ile Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 6
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 6
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Gly Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Arg Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 7

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 7

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65	70	75	80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser			
	195	200	205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
	260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
	275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320

Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 8

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 8

Met Asn Ile Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Gly Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Lys Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asn Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 9
<211> 404
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 9

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ile Ala Cys Val Leu Val Glu Ala

1 5 10 15
Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Val Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Gly Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60
Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Glu Ser Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Asn Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
100 105 110
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Met Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Lys Gly Glu

 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly

 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Pro Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro

 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala

 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu

<210> 10
 <211> 160
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 10

Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu
 1 5 10 15
 Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr

20 25 30
 Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser
 35 40 45
 Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu
 50 55 60
 Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr
 65 70 75 80
 Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr
 85 90 95

Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser
 100 105 110
 Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met
 115 120 125
 Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys
 130 135 140
 Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu
 145 150 155 160

<210> 11
 <211> 560
 <212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 11

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Ser Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Thr Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 His Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530

535

540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545

550

555

560

<210> 12

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (47)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 12

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1

5

10

15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20

25

30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Xaa Thr

35

40

45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr His Gly Lys

50

55

60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65

70

75

80

Pro Pro Gln Cys Asp Arg Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85

90

95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100

105

110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Thr Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro

325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560
 <210> 13
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (143)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 13

Met Asn Ile Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Gly Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Xaa Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245					250					255						
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Lys	Gly	Lys	
260					265					270						
Ser	Met	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asn	Cys	Glu	Gly	
275					280					285						
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Asn	Leu	Pro	Phe	Gln	
290					295					300						
Asn	Ile	Asn	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln	
305					310					315					320	
Glu	Ser	Leu	Met	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Leu	Pro	
325					330					335						
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly	
340					345					350						
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala	
355					360					365						
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile	
370					375					380						
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln	
385					390					395					400	
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Thr	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile	
405					410					415						
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser	
420					425					430						
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp	
435					440					445						
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asn	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln	
450					455					460						
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe	
465					470					475					480	
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr	
485					490					495						

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asn Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 14
 <211> 303
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 14

Pro Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser
 1 5 10 15
 Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp
 20 25 30
 Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn

35 40 45
 Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu
 50 55 60
 Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys
 65 70 75 80
 Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp
 85 90 95
 Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln
 100 105 110

Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp
 115 120 125
 Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln
 130 135 140
 Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly

145 150 155 160
 Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr
 165 170 175
 Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu

 180 185 190
 Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu
 195 200 205
 Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His
 210 215 220
 Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp
 225 230 235 240
 His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp
 245 250 255

 Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser
 260 265 270
 Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val
 275 280 285
 Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 290 295 300

 <210> 15
 <211> 556
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 15
 Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asn Lys
 1 5 10 15

 Ile Gly Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr
 20 25 30
 Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Phe Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu
 35 40 45
 Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Lys Thr Val Asp
 50 55 60

Leu Gly Gln Cys Gly Leu Arg Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys
 65 70 75 80
 Asp Gln Phe Leu Lys Phe Ser Pro Asp Leu Ile Ile Glu Arg Gln Lys

 85 90 95
 Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Lys Pro Leu
 100 105 110
 Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly
 115 120 125
 Phe Ala Tyr Asn Gly Ile Lys Thr Asn Gly Pro Pro Ile Ala Cys Arg
 130 135 140
 Lys Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Lys Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn
 145 150 155 160

 Thr Asp Lys Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr
 165 170 175
 Arg Arg Asn Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser
 180 185 190
 Thr Thr Lys Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ile Gly Ser Asn Leu Ile Thr
 195 200 205
 Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala
 210 215 220
 Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu

 225 230 235 240
 Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe
 245 250 255
 Ile Pro Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile
 260 265 270
 Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His
 275 280 285
 Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser
 290 295 300

 Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Met

305 310 315 320
 Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Lys Gly
 325 330 335
 Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu
 340 345 350
 Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly
 355 360 365
 Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr

 370 375 380
 Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu
 385 390 395 400
 Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile
 405 410 415
 Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu
 420 425 430
 Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser
 435 440 445

 Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn
 450 455 460
 Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp
 465 470 475 480
 Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys
 485 490 495
 Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys
 500 505 510
 Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala

 515 520 525
 Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile Cys
 530 535 540
 Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555
 <210> 16

<211> 556

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 16

Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asn Lys

1 5 10 15

Ile Gly Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr

20 25 30

Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Phe Phe Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu

35 40 45

Pro Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Lys Thr Val Asp

50 55 60

Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys

65 70 75 80

Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu

85 90 95

Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Lys Ala Leu

100 105 110

Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly

115 120 125

Phe Ala Tyr Ser Gly Ile Lys Thr Asn Gly Pro Pro Ile Ala Cys Arg

130 135 140

Lys Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Lys Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn

145 150 155 160

Thr Asp Lys Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Ile

165 170 175

Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser

180 185 190

Thr Thr Lys Gln Thr Asn Leu Tyr Gly Ile Gly Ser Asn Leu Ile Thr

195 200 205

Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala

210 215 220

Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu
225 230 235 240

Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ile Phe Asn Gly Ala Phe
245 250 255

Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Ile Gly Lys Ser Met Gly Ile
260 265 270

Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His
275 280 285

Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser
290 295 300

Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Met

305 310 315 320

Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Arg Gly
325 330 335

Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu
340 345 350

Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly
355 360 365

Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr
370 375 380

Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu
385 390 395 400

Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile
405 410 415

Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu
420 425 430

Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser
435 440 445

Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn

450 455 460

Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp

465 470 475 480
 Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys
 485 490 495
 Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys
 500 505 510
 Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala
 515 520 525

 Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile Cys
 530 535 540
 Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555
 <210> 17
 <211> 555
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 17
 Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile
 1 5 10 15
 Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu
 20 25 30

 Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg
 35 40 45
 Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu
 50 55 60
 Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp
 65 70 75 80
 Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly
 85 90 95
 Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg

 100 105 110
 Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly Phe
 115 120 125

Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg
130 135 140

Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr
145 150 155 160

Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg
165 170 175

Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser Thr
180 185 190

Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser Lys Leu Ile Thr Val
195 200 205

Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg
210 215 220

Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Ile
225 230 235 240

Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile
245 250 255

Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln
260 265 270

Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser
275 280 285

Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser Arg
290 295 300

Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Met Leu
305 310 315 320

Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Pro Pro Lys Gly Arg Gly Leu
325 330 335

Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile
340 345 350

Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr
355 360 365

Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly
370 375 380

Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile

385 390 395 400

Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn

405 410 415

Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu

420 425 430

Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu

435 440 445

Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala

450 455 460

Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp

465 470 475 480

Asp Cys Met Ala Arg Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr

485 490 495

Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu

500 505 510

Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser

515 520 525

Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val

530 535 540

Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555

<210> 18

<211> 555

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 18

Ser Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp

1 5 10 15

Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn

20 25 30

Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val

35 40 45

Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val

50 55 60

Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln

65 70 75 80

Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg

85 90 95

Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala

100 105 110

Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met

115 120 125

Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys

130 135 140

Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser

145 150 155 160

Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn

165 170 175

Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His His Ser Gly

180 185 190

Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser Lys Leu Ile

195 200 205

Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp

225 230 235 240

Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala

245 250 255

Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly

260 265 270

Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr

275 280 285
 His Ser Gly Gly Ser Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn
 290 295 300
 Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu
 305 310 315 320
 Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Arg

 325 330 335
 Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly
 340 345 350
 Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu
 355 360 365
 Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile
 370 375 380
 Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu
 385 390 395 400

 Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val
 405 410 415
 Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala
 420 425 430
 Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp
 435 440 445
 Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu
 450 455 460
 Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys

 465 470 475 480
 Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser
 485 490 495
 Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asn Pro Val
 500 505 510
 Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly
 515 520 525
 Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile

530					535					540					
Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile					
545					550					555					
<210>		19													
<211>		557													
<212>		PRT													
<213>		Influenza A virus													
<400>		19													
Gln	Ile	Leu	Ala	Phe	Ile	Ala	Cys	Met	Leu	Ile	Gly	Ala	Lys	Gly	Asp
1		5			10					15					
Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ala	Asn	Gly	Thr	Lys	Val	Asn
20				25					30						
Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Ile	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr	Glu	Thr	Val
35			40					45							
Glu	Thr	Val	Asn	Ile	Lys	Lys	Ile	Cys	Thr	Gln	Gly	Lys	Arg	Pro	Thr
50		55					60								
Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Leu	Ile	Gly	Pro	Pro	Gln
65		70				75				80					
Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Asp	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile	Glu	Arg	Arg
85				90					95						
Lys	Gly	Thr	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Thr	Asn	Glu	Glu	Ser
100			105					110							
Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys	Glu	Ser	Met
115					120					125					
Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr	Ser	Ala	Cys
130		135					140								
Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp	Leu	Leu	Ser
145		150				155				160					
Asn	Ser	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser	Tyr	Arg	Asn
165					170					175					
Pro	Arg	Asn	Lys	Pro	Ala	Leu	Ile	Ile	Trp	Gly	Val	His	His	Ser	Gln

				180				185				190			
Ser	Ala	Thr	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn	Lys	Leu	Ile
195				200				205							
Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Lys	Tyr	Gln	Gln	Ser	Phe	Val	Pro	Ser	Pro	Gly
210				215				220							
Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp	Phe	His	Trp
225				230				235				240			
Leu	Leu	Leu	Asp	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Thr	Phe	Asn	Gly	Ala
245				250				255							
Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Arg	Ala	Ser	Phe	Phe	Arg	Gly	Glu	Ser	Leu	Gly
260				265				270							
Val	Gln	Ser	Asp	Val	Pro	Leu	Asp	Ser	Gly	Cys	Glu	Gly	Asp	Cys	Phe
275				280				285							
His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Val	Ser	Ser	Leu	Pro	Phe	Gln	Asn	Ile	Asn
290				295				300							
Pro	Arg	Thr	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln	Thr	Ser	Leu
305				310				315				320			
Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Arg	Asn	Val	Pro	Glu	Asn	Pro	Lys	Thr	Arg
325				330				335							
Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly	Trp	Glu	Gly
340				345				350							
Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala	Gln	Gly	Glu
355				360				365							
Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile	Asp	Gln	Ile
370				375				380							
Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Asp	Lys	Thr	Asn	Gln	Gln	Phe	Glu
385				390				395				400			
Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Ser	Glu	Ile	Glu	Gln	Gln	Ile	Gly	Asn	Val
405				410				415							
Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser	Tyr	Asn	Ala
420				425				430							

Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp
435 440 445

Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln Leu Arg Glu
450 455 460

Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys
465 470 475 480

Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Thr
485 490 495

Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asn Pro Val
500 505 510

Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly
515 520 525

Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile
530 535 540

Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555

<210> 20

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 20

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala
1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Arg Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu			
260	265	270	
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro			
325	330	335	

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 21
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 21

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Ala Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro

325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 22
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 22

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ile
1 5 10 15
Asn Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Arg Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60
Arg Pro Ile Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ser Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
100 105 110
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Ile Arg Leu Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190

 His Ser Gly Ser Ala Asn Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Arg Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335

 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Glu Phe Asn Glu Ile Glu Gln Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 23

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 23

Met Asn Thr Gln Ile Leu Thr Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Asn Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn	Ile	Asn	Pro	Arg	Thr	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln
305				310				315				320			
Thr	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Arg	Asn	Val	Pro	Glu	Asn	Pro
325				330				335							
Lys	Thr	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Asp	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Ser	Glu	Ile	Glu	Gln	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asn	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Arg	Lys	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Gln	Cys	Met	Glu	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Thr	Gln	Tyr	Arg	Ala	Glu	Ser	Leu	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Ile	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Leu	Leu	Leu	Ala	Ile	Ala	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Ile	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile

545	550										555										560														
<210>	24																																		
<211>	560																																		
<212>	PRT																																		
<213>	Influenza A virus																																		
<400>	24																																		
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr																				
1					5					10					15																				
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr																				
				20					25					30																					
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr																				
				35					40					45																					
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys																				
				50					55					60																					
Arg	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly																				
65					70					75					80																				
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile																				
				85					90					95																					
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn																				
				100					105					110																					
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys																				
				115					120					125																					
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr																				
				130					135					140																					
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp																				
145					150					155					160																				
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser																				
				165					170					175																					
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His																				
				180					185					190																					
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn																				
				195					200					205																					

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Ile Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 25

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 25

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Ala
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115

120

125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130

135

140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145

150

155

160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165

170

175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180

185

190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195

200

205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210

215

220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225

230

235

240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245

250

255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260

265

270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275

280

285

Asp Cys His His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 26
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 26
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Gly Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Gly Gly Pro Arg Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Met
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 27
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 27

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 28
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 28
 Met Asn Thr Gln Val Leu Val Phe Ala Leu Met Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Thr Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Ala Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
195 200 205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro

				325				330				335			
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Thr	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asn	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Arg	Arg	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Asp	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Ala	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile
545				550				555				560			
<210>		29													
<211>		560													

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 29

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Ile Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 30
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 30
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 31

<211> 206

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 31

Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly

1 5 10 15

Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln

20 25 30

Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe

35 40 45
 Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn
 50 55 60
 Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn
 65 70 75 80
 Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala
 85 90 95
 Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg
 100 105 110
 Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys
 115 120 125
 Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His
 130 135 140
 Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro
 145 150 155 160
 Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe
 165 170 175
 Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe
 180 185 190
 Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 195 200 205
 <210> 32
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 32
 Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly
 1 5 10 15
 Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln
 20 25 30
 Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe

35 40 45
 Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn
 50 55 60
 Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn
 65 70 75 80
 Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala
 85 90 95
 Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg
 100 105 110

 Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys
 115 120 125
 Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His
 130 135 140
 Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro
 145 150 155 160
 Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe
 165 170 175
 Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe

 180 185 190
 Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 195 200 205
 <210> 33
 <211> 549
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 33
 Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile Cys
 1 5 10 15
 Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr
 20 25 30
 Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr

35 40 45

Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly
 50 55 60
 Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln
 65 70 75 80
 Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser
 85 90 95
 Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln
 100 105 110

 Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe Thr
 115 120 125
 Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser
 130 135 140
 Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp
 145 150 155 160
 Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Lys
 165 170 175
 Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr Ala

 180 185 190
 Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val Gly
 195 200 205
 Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro
 210 215 220
 Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met Leu
 225 230 235 240
 Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala
 245 250 255

 Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser
 260 265 270
 Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly
 275 280 285
 Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg Ala
 290 295 300

Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala
305 310 315 320
Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe
325 330 335
Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp
340 345 350
Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala
355 360 365
Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys
370 375 380
Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp
385 390 395 400
Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp
405 410 415
Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu
420 425 430
Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met
435 440 445
Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu
450 455 460
Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp
465 470 475 480
Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg
485 490 495
Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser
500 505 510
Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys
515 520 525
Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys
530 535 540
Asn Gly Asn Met Arg

545

<210> 34

<211> 552

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 34

Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile

1 5 10 15

Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu

20 25 30

Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg

35 40 45

Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu

50 55 60

Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp

65 70 75 80

Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly

85 90 95

Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg

100 105 110

Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe

115 120 125

Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg

130 135 140

Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr

145 150 155 160

Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg

165 170 175

Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr

180 185 190

Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val

195 200 205

Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg
210 215 220

Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met
225 230 235 240

Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile
245 250 255

Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln
260 265 270

Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser
275 280 285

Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg
290 295 300

Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu
325 330 335

Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile
340 345 350

Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr
355 360 365

Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly
370 375 380

Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile
385 390 395 400

Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn
405 410 415

Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu
420 425 430

Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu
435 440 445

Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala
450 455 460

Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp
465 470 475 480
Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr
485 490 495
Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu
500 505 510
Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser
515 520 525
Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val
530 535 540
Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr
545 550
<210> 35
<211> 196
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 35
Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr
1 5 10 15
Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg
20 25 30
Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe
35 40 45
Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp
50 55 60
Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met
65 70 75 80
Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu
85 90 95
Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly
100 105 110
Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala

115 120 125
Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala

130 135 140
Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr

145 150 155 160
Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu

165 170 175
Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn

180 185 190
Met Arg Cys Thr

195
<210> 36
<211> 193
<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 36
Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala

1 5 10 15
Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn

20 25 30
Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln

35 40 45
Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp

50 55 60

Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile
65 70 75 80

Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg
85 90 95

Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile
100 105 110

Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr
115 120 125

Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln

130 135 140
 Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp
 145 150 155 160
 Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly
 165 170 175
 Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys
 180 185 190
 Ile

<210> 37
 <211> 192
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 37
 Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln
 1 5 10 15
 Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys
 20 25 30
 Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu
 35 40 45
 Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu
 50 55 60
 Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His
 65 70 75 80
 Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val
 85 90 95
 Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe
 100 105 110
 Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn
 115 120 125
 Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg

130 135 140

Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile

145 150 155 160

Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val

165 170 175

Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr

180 185 190

<210> 38

<211> 191

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 38

Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser

1 5 10 15

Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr

20 25 30

Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys

35 40 45

Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val

50 55 60

Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr

65 70 75 80

Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys

85 90 95

Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu

100 105 110

Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn

115 120 125

Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile

130 135 140

Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu

145 150 155 160
Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met

 165 170 175
Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr

 180 185 190

<210> 39

<211> 193

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 39

Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser

1 5 10 15

Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr

20 25 30

Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys

35 40 45

Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val

50 55 60

Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr

65 70 75 80

Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys

85 90 95

Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu

100 105 110

Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn

115 120 125

Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile

130 135 140

Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu

145 150 155 160

Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met

165 170 175

Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile

180 185 190

Cys

<210> 40

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 40

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ser Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 41

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 41

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asn Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 42
 <211> 559
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (503)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (507)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (509)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (525)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 42

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Xaa Glu Ala Met Xaa Asx Xaa Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Xaa Trp Phe Ser
515 520 525

Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val
530 535 540

Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555

<210> 43
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 43

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Gly Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Arg Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Arg Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Arg Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 44

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 44

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Ile Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asn Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 45

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 45

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Ser Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Ala Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Thr Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Arg Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 46

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (215)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 46

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Ser Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Ala Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Thr Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Xaa Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Arg Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 47
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 47
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Glu Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 48
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (510)..(521)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 48
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290						295						300					
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln		
305						310						315					
Arg	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Ile	Pro		
					325						330						
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly		
					340						345						
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala		
					355						360						
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile		
					370						375						
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln		
385						390						395					
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile		
					405						410						
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser		
					420						425						
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp		
					435						440						
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln		
					450						455						
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe		
465						470						475					
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr		
					485						490						
Asp	Arg	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Xaa	Xaa	Xaa		
					500						505						
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp		
					510						515						
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu		
					520						525						
					530						535						
					540						545						

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 49
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 49

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 50
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 50
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala			

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Lys Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 51

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 51

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 52

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 52

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 53
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 53

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Asn Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 54

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 54

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Glu Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 55
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 55
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Ile Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 56
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 56
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 57
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 57
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 58

<211> 553

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (72)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (137)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 58

Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Ile Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu

1 5 10 15

Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu

20 25 30

Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn

35 40 45

Val Pro Arg Ile Cys Ser Arg Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln
50 55 60

Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Xaa Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe
65 70 75 80

Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp
85 90 95

Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile
100 105 110

Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr
115 120 125

Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Xaa Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly

130 135 140

Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn
145 150 155 160

Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Asn Asp
165 170 175

Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser Thr Thr Glu
180 185 190

Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser
195 200 205

Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln
210 215 220

Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Ile Leu Asn
225 230 235 240

Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro
245 250 255

Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly
260 265 270

Val Gln Ile Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly

275 280 285

Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val

290 295 300
 Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr
 305 310 315 320
 Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly
 325 330 335
 Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly
 340 345 350

 Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala
 355 360 365
 Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu
 370 375 380
 Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn
 385 390 395 400
 Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr
 405 410 415
 Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val

 420 425 430
 Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn
 435 440 445
 Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu
 450 455 460
 Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys
 465 470 475 480
 Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu
 485 490 495

 Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser
 500 505 510
 Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe
 515 520 525
 Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Met Cys Val Lys Asn
 530 535 540
 Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550

<210> 59

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400

> 59

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270

Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro

325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 60
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 60

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Thr
 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110

Glu Glu Pro Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

 Ser Thr Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285

 Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Met Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser
 420 425 430

 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 61
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 61

 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Thr
 1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Pro Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

 Ser Thr Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270

Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 62
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 62

 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 63
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 63

 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65	70	75	80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Thr Met Gly Leu Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Gly Ser Ser Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser			
	195	200	205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
	260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly			
	275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro			

325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

 500 505 510
 Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 64
 <211> 557
 <212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 64

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Leu Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ser Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285

 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr

545 550 555

<210> 65

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 65

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Pro Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 66
 <211> 557
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 66
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Pro Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr

545 550 555

<210> 67

<211> 558

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 67

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile
 545 550 555
 <210> 68
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 68
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 69
<211> 552
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 69

Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp
1 5 10 15

Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn

20 25 30

Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val

35 40 45

Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val

50 55 60

Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln

65 70 75 80

Cys Asp Gln Leu Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg

85 90 95

Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala

100 105 110

Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys Glu Thr Met

115 120 125

Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys

130 135 140

Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser

145 150 155 160

Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn

165 170 175

Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His His Ser Gly

180 185 190

Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser Lys Leu Ile

195 200 205

Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp

225 230 235 240

Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala

245 250 255

Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly

260 265 270
 Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr
 275 280 285
 His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn
 290 295 300
 Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu

 305 310 315 320
 Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Arg
 325 330 335
 Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly
 340 345 350
 Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu
 355 360 365
 Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile
 370 375 380

 Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu
 385 390 395 400
 Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val
 405 410 415
 Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala
 420 425 430
 Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp
 435 440 445
 Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu

 450 455 460
 Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys
 465 470 475 480
 Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser
 485 490 495
 Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asn Pro Val
 500 505 510
 Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly

515 520 525
 Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile
 530 535 540
 Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg
 545 550
 <210> 70
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 70
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Pro Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Asn Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 71
<211> 510
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 71

Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Ala Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly
1 5 10 15

His His Ala Val Ala Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg
20 25 30

Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile
35 40 45

Lys Lys Leu Cys Thr Gln Gly Lys Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys
50 55 60

Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu

65	70	75	80
Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val			
	85	90	95
Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu			
	100	105	110
Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser			
	115	120	125
Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser			
	130	135	140
Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala			
145	150	155	160
Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro			
	165	170	175
Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln			
	180	185	190
Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser			
	195	200	205
Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val			
	210	215	220
Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro			
225	230	235	240
Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp			
	245	250	255
Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val			
	260	265	270
Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr			
	275	280	285
Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly			
	290	295	300
Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly			
305	310	315	320

Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala
325 330 335

Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp
340 345 350

Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp
355 360 365

Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn
370 375 380

Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu
385 390 395 400

Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg
405 410 415

Asp Ser Met Thr Glu Leu Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala
420 425 430

Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys
435 440 445

Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp
450 455 460

Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met
465 470 475 480

Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu
485 490 495

Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser
500 505 510

<210> 72
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 72

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

	20		25		30	
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr						
	35		40		45	
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys						
	50		55		60	
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly						
65		70		75		80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile						
	85		90		95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn						
	100		105		110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys						
	115		120		125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr						
	130		135		140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp						
145		150		155		160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser						
	165		170		175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His						
	180		185		190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser						
	195		200		205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro						
	210		215		220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp						
225		230		235		240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe						
	245		250		255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys						
	260		265		270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly						

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 73
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 73
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 74

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 74

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 75
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 75

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 76

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 76

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 77
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 77

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Lys Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545						550						555						560
<210>	78																	
<211>	560																	
<212>	PRT																	
<213>	Influenza A virus																	
<400>	78																	
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr			
1				5				10				15						
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr			
				20				25				30						
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr			
35				40				45										
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys			
50				55				60										
Met	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly			
65				70				75				80						
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile			
				85				90				95						
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn			
100				105				110										
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys			
115				120				125										
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr			
130				135				140										
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp			
145				150				155				160						
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser			
				165				170				175						
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His			
180				185				190										
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn			
195				200				205										

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 79
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 79

Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile

1 5 10 15
 Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu
 20 25 30
 Thr Glu Arg Gly Gly Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg
 35 40 45
 Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu
 50 55 60
 Gly Gln Cys Gly Leu Arg Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp
 65 70 75 80

Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly
 85 90 95
 Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg
 100 105 110

Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe
115 120 125

Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg
130 135 140

Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr

145 150 155 160

Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg
165 170 175

Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr
180 185 190

Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val
195 200 205

Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg
210 215 220

Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met
225 230 235 240

Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile
245 250 255

Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln
260 265 270

Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser
275 280 285

Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg

290 295 300

Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu
325 330 335

Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile
340 345 350

Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr

355 Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly
 370 375 380
 Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile
 385 390 395 400
 Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn
 405 410 415
 Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu
 420 425 430
 Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu
 435 440 445
 Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala
 450 455 460
 Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp
 465 470 475 480
 Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr
 485 490 495
 Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu
 500 505 510
 Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser
 515 520 525
 Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val
 530 535 540
 Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr
 545 550
 <210> 80
 <211> 550
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 80
 Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu

1 5 10 15
 Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu
 20 25 30
 Arg Gly Gly Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn
 35 40 45
 Phe Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln
 50 55 60
 Cys Gly Leu Arg Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp
 85 90 95
 Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile
 100 105 110
 Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr
 115 120 125
 Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly
 130 135 140
 Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn
 145 150 155 160

 Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser
 165 170 175
 Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr Ala Glu
 180 185 190
 Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val Gly Ser
 195 200 205
 Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln
 210 215 220
 Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met Leu Asn

 225 230 235 240
 Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro
 245 250 255

Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly
 260 265 270
 Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly
 275 280 285
 Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val
 290 295 300

 Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr
 305 310 315 320
 Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly
 325 330 335
 Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly
 340 345 350
 Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala
 355 360 365
 Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu

 370 375 380
 Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn
 385 390 395 400
 Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr
 405 410 415
 Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val
 420 425 430
 Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp
 435 440 445

 Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu
 450 455 460
 Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys
 465 470 475 480
 Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu
 485 490 495
 Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser
 500 505 510

Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe

515 520 525

Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn

530 535 540

Gly Asn Met Arg Cys Thr

545 550

<210> 81

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 81

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Gly Ile
545 550 555 560

<210> 82
<211> 552
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 82

Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly
1 5 10 15

His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg
20 25 30

Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile
35 40 45

Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys
50 55 60

Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu

65 70 75 80
 Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val
 85 90 95
 Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu

 100 105 110
 Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser
 115 120 125
 Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Arg Ser
 130 135 140
 Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala
 145 150 155 160
 Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro
 165 170 175

 Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln
 180 185 190
 Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser
 195 200 205
 Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val
 210 215 220
 Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro
 225 230 235 240
 Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp

 245 250 255
 Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val
 260 265 270
 Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr
 275 280 285
 Ile Met Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly
 290 295 300
 Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly
 305 310 315 320

Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala
325 330 335

Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp
340 345 350

Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp
355 360 365

Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn
370 375 380

Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu
385 390 395 400

Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg
405 410 415

Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala
420 425 430

Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys
435 440 445

Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp
450 455 460

Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met
465 470 475 480

Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu
485 490 495

Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly
500 505 510

Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile
515 520 525

Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly
530 535 540

Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550

<210> 83

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 83

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asn Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Ala Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Thr Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 84
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 84
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala
 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110

 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Glu Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro

 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Asn Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 85
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 85
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala
 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110

 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro

 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Ser Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 86
<211> 549
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 86

Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala
1 5 10 15
Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val
20 25 30
Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr
35 40 45
Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr
50 55 60
Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro
65 70 75 80
Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg
85 90 95
Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu
100 105 110
Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala
115 120 125
Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala
130 135 140
Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu
145 150 155 160
Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys
165 170 175
Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser
180 185 190
Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu

195 200 205
 Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro
 210 215 220
 Gly Ala Arg Pro Pro Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His
 225 230 235 240
 Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly
 245 250 255

 Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met
 260 265 270
 Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys
 275 280 285
 Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile
 290 295 300
 Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser
 305 310 315 320
 Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly

 325 330 335
 Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu
 340 345 350
 Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly
 355 360 365
 Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln
 370 375 380
 Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe
 385 390 395 400

 Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn
 405 410 415
 Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn
 420 425 430
 Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala
 435 440 445
 Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg

450 455 460
Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys

465 470 475 480
Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His

 485 490 495
Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro

 500 505 510
Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe

 515 520 525
Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe

530 535 540

Ile Cys Val Lys Asn

545

<210> 87

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 87

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270

Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro

325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Ser Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Asn Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 88

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 88

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260	265	270
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro		
325	330	335
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp		
435	440	445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln		
450	455	460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe		
465	470	475
His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr		
485	490	495
Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile		
500	505	510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 89
<211> 554
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 89

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met
545 550

<210> 90

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 90

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65						70						75						80	
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile				
					85					90					95				
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn				
					100					105					110				
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys				
					115					120					125				
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Ala	Asn	Gly	Ala	Thr				
					130					135					140				
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp				
145					150					155					160				
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser				
					165					170					175				
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His				
					180					185					190				
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn				
195					200					205									
Lys	Leu	Val	Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Asn	Tyr	Gln	Gln	Ser	Phe	Val	Pro				
210					215					220									
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp				
225					230					235					240				
Phe	His	Trp	Leu	Met	Leu	Asn	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Ser	Phe				
					245					250					255				
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Gly	Lys				
260					265					270									
Ser	Met	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asn	Cys	Glu	Gly				
					275					280					285				
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Ser	Leu	Pro	Phe	Gln				
290					295					300									
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln				
305					310					315					320				
Arg	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Ile	Pro				

325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 91
 <211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 91

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Met Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530

535

540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545

550

555

560

<210> 92

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 92

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1

5

10

15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20

25

30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35

40

45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50

55

60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65

70

75

80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85

90

95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100

105

110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys

115

120

125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 93
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 93
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Ser
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Lys Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 94

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 94

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Lys Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 95
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 95
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 96
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 96
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Lys
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 97
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 97
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 98

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 98

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 99

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 99

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asp Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 100
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 100
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130

135

140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145

150

155

160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165

170

175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180

185

190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195

200

205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210

215

220

Ser Pro Gly Glu Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225

230

235

240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245

250

255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260

265

270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275

280

285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355

360

365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 101
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 101
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Ile
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Arg Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Asn Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Ile Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Met Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 102
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 102
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Ala
 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Leu Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60

 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
260 265 270

Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Leu Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 103
 <211> 561

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 103
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Val
 1 5 10 15
 Arg Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Ser Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60

 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ser Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Leu Gly Ser Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys
 145 150 155 160
 Trp Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys
 165 170 175
 Ser Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val
 180 185 190
 His His Ser Gly Ser Ala Asn Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly
 195 200 205
 Asn Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr
 210 215 220
 Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile
 225 230 235 240
 Asp Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr
 245 250 255
 Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly
 260 265 270
 Glu Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly
 275 280 285
 Gly Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe
 290 295 300
 Gln Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys
 305 310 315 320
 Gln Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn
 325 330 335
 Pro Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn

[illegible]

<210> 104

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 104

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Ser Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530

535

540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545

550

555

560

<210> 105

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 105

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1

5

10

15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20

25

30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35

40

45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50

55

60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65

70

75

80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85

90

95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100

105

110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115

120

125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Thr Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 106
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 106
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Glu Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545	550										555										560									
<210>	107																													
<211>	560																													
<212>	PRT																													
<213>	Influenza A virus																													
<400>	107																													
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr															
1				5					10					15																
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr															
			20					25					30																	
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr															
			35				40					45																		
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys															
	50					55				60																				
Arg	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly															
65				70					75						80															
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile															
			85					90					95																	
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn															
			100					105					110																	
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys															
			115				120						125																	
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr															
	130					135						140																		
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp															
145					150					155					160															
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser															
					165				170					175																
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His															
					180				185					190																
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn															

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Met Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 108
<211> 560

<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 108

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 109

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 109

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 110
<211> 560

<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 110

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 111

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 111

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 112

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 112

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Ile Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 113
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 113
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130

135

140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145

150

155

160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165

170

175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180

185

190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195

200

205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210

215

220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225

230

235

240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245

250

255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260

265

270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275

280

285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355

360

365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 114
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 114
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Thr Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 115
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 115
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Pro Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 116
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (183)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 116
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65						70						75						80
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile			
					85						90						95	
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn			
					100						105						110	
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys			
					115						120						125	
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Ala	Asn	Gly	Ala	Thr			
					130						135						140	
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp			
					145						150						155	160
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser			
					165						170						175	
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Xaa	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His			
					180						185						190	
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn			
					195						200						205	
Lys	Leu	Val	Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Asn	Tyr	Gln	Gln	Ser	Phe	Val	Pro			
					210						215						220	
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp			
					225						230						235	240
Phe	His	Trp	Leu	Met	Leu	Asn	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Ser	Phe			
					245						250						255	
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Gly	Lys			
					260						265						270	
Ser	Met	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asn	Cys	Glu	Gly			
					275						280						285	
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Asn	Leu	Pro	Phe	Gln			
					290						295						300	
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln			
					305						310						315	320
Arg	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Ile	Pro			

325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala			
355	360	365	
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile			
370	375	380	
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln			
385	390	395	400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile			
405	410	415	
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser			
420	425	430	
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp			
435	440	445	
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln			
450	455	460	
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe			
465	470	475	480
His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr			
485	490	495	
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile			
500	505	510	
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe			
515	520	525	
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu			
530	535	540	
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile			
545	550	555	560
<210>	117		
<211>	560		

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 117

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 118
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 118

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Asn Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385						390						395					400
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile		
						405						410					415
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser		
						420						425					430
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp		
						435						440					445
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln		
						450						455					460
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe		
465						470						475					480
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr		
						485						490					495
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile		
						500						505					510
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe		
						515						520					525
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu		
						530						535					540
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile		
545						550						555					560
<210>	119																
<211>	560																
<212>	PRT																
<213>	Influenza A virus																
<400>	119																
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr		
1						5						10					15
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr		
						20						25					30
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn				

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 120

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 120

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 121
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 121
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 122
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 122

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
	20	25	30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
	35	40	45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
	50	55	60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
	195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 123
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 123
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Ile Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Asn Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 124
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 124
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Ile Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 125

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 125

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465											470											475											480												
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr																														
										485											490											495													
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile																														
										500											505											510													
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe																														
										515											520											525													
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu																														
										530											535											540													
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile																														
545											550											555											560												
<210>	126																																												
<211>	560																																												
<212>	PRT																																												
<213>	Influenza A virus																																												
<400>	126																																												
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Val	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr																														
1	5															10												15																	
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr																														
										20											25											30													
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr																														
										35											40											45													
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys																														
										50											55											60													
Lys	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly																														
										65											70											75	80												
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Val																														
										85											90											95													
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn																														
										100											105											110													
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys																														

115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Leu Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Val Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Val Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp His Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 127
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 127
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Met Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 128
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 128
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Pro Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 129
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 129
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Glu Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 130
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 130

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Arg Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 131
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 131
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 132

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 132

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Val Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545	550					555					560				
<210>	133														
<211>	560														
<212>	PRT														
<213>	Influenza A virus														
<400>	133														
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr
1	5				10				15						
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr
20				25				30							
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr
35				40				45							
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys
50	55				60										
Lys	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly
65	70				75							80			
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile
85				90				95							
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Ile	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn
100				105				110							
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys
115				120				125							
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Ala	Asn	Gly	Ala	Thr
130	135				140										
Ser	Ala	Cys	Lys	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp
145	150				155							160			
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser
165				170				175							
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His
180				185				190							
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn
195				200				205							

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gly Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 134

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 134

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115

120

125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130

135

140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145

150

155

160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165

170

175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180

185

190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195

200

205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210

215

220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225

230

235

240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245

250

255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260

265

270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275

280

285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Gly Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 135
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 135
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Thr Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 136
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 136
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 137
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 137
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

				325				330				335			
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Leu	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Thr	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile
545				550				555				560			
<210>		138													
<211>		560													

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 138

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Glu Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 139

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 139

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 140

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 140

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Lys
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 141

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 141

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 142
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 142
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 143
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 143
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn	Ala	Asp	Lys
Ile	Cys	Leu	Gly
His	His	Ala	Val
Ser	Asn	Gly	Thr
20	25	30	
Lys	Val	Asn	Thr
Leu	Thr	Glu	Arg
Gly	Val	Glu	Val
Val	Asn	Ala	Thr
35	40	45	
Glu	Thr	Val	Glu
Arg	Thr	Asn	Ile
Pro	Arg	Ile	Cys
Ser	Lys	Gly	Lys
50	55	60	
Lys	Thr	Val	Asp
Leu	Gly	Gln	Cys
Gly	Leu	Leu	Gly
Thr	Ile	Thr	Gly
65	70	75	80
Pro	Pro	Gln	Cys
Asp	Gln	Phe	Leu
Glu	Phe	Ser	Ala
Asp	Leu	Ile	Ile
85	90	95	
Glu	Arg	Arg	Glu
Gly	Ser	Asp	Val
Cys	Tyr	Pro	Gly
Lys	Phe	Val	Asn
100	105	110	
Glu	Glu	Ala	Leu
Arg	Gln	Ile	Leu
Arg	Lys	Ser	Gly
Gly	Ile	Asp	Lys
115	120	125	
Glu	Ala	Met	Gly
Phe	Thr	Tyr	Ser
Gly	Ile	Arg	Thr
Asn	Gly	Ala	Thr
130	135	140	
Ser	Ala	Cys	Met
Arg	Ser	Gly	Ser
Ser	Phe	Tyr	Ala
Glu	Met	Lys	Trp
145	150	155	160
Leu	Leu	Ser	Asn
Thr	Asp	Asn	Ala
Ala	Phe	Pro	Gln
Met	Thr	Lys	Ser
165	170	175	
Tyr	Lys	Asn	Thr
Arg	Lys	Ser	Pro
Ala	Ile	Ile	Val
Trp	Gly	Ile	His
180	185	190	
His	Ser	Val	Ser
Thr	Ala	Glu	Gln
Thr	Lys	Leu	Tyr
Gly	Ser	Gly	Asn
195	200	205	
Lys	Leu	Val	Thr
Val	Gly	Ser	Ser
Asn	Tyr	Gln	Gln
Ser	Phe	Val	Pro
210	215	220	
Ser	Pro	Gly	Ala
Arg	Pro	Gln	Val
Asn	Gly	Leu	Ser
Gly	Arg	Ile	Asp
225	230	235	240
Phe	His	Trp	Leu
Met	Leu	Asn	Pro
Asn	Asp	Thr	Val
Thr	Phe	Ser	Phe
245	250	255	

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 144
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 144
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Val Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 145
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 145
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Val Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Lys Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 146

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 146

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465											470											475											480
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr																		
				485								490								495													
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile																		
				500								505								510													
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe																		
				515								520								525													
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu																		
				530								535								540													
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile																		
545								550								555								560									
<210>		147																															
<211>		560																															
<212>		PRT																															
<213>		Influenza A virus																															
<400>		147																															
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr																		
1				5				10				15																					
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr																		
				20				25				30																					
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr																		
				35				40				45																					
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys																		
50								55				60																					
Lys	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly																		
65				70				75				80																					
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile																		
				85				90				95																					
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn																		
				100				105				110																					
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Lys	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys																		

115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Lys Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 148
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 148
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 149
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 149
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Val Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Gly Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 150
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (516)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (519)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 150
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Leu Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

 500 505 510
 Asp Pro Val Xaa Leu Ser Xaa Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 151
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 151
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450

455

460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465

470

475

480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530

535

540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545

550

555

560

<210> 152

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 152

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1

5

10

15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20

25

30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35

40

45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50

55

60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65

70

75

80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85

90

95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Ile Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 153
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 153
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Ile Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Val Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Met Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 154
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 154

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asp Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 155
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 155
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ser Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 156

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 156

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 157
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 157
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Thr Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 158
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 158
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Asn Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 159
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 159
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190
 His Ser Ala Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Gly Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 160

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 160

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys			
	115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
	195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
	260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
	275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
	290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
	325	330	335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 161
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 161

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 162
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 162

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Ala Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 163

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (148)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 163

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Xaa Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 164
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 164
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Thr Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 165
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 165
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn		
100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys		
115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr		
130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp		
145	150	155
		160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser		
165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His		
180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
		240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Asn Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
		320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		

340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 166
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 166

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 167

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 167

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Lys Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 168
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 168

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Lys Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Asn Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 169

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 169

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210					215					220									
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp				
225					230					235					240				
Phe	His	Trp	Leu	Met	Leu	Asn	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Ser	Phe				
245					250					255									
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Gly	Lys				
260					265					270									
Ser	Ile	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asp	Cys	Glu	Gly				
275					280					285									
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Asn	Leu	Pro	Phe	Gln				
290					295					300									
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln				
305					310					315					320				
Arg	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Ile	Pro				
325					330					335									
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly				
340					345					350									
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala				
355					360					365									
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile				
370					375					380									
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln				
385					390					395					400				
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile				
405					410					415									
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser				
420					425					430									
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp				
435					440					445									
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln				
450					455					460									

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 170
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 170
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370

375

380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385

390

395

400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

405

410

415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420

425

430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435

440

445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450

455

460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465

470

475

480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Met Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530

535

540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545

550

555

560

<210> 171

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 171

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1

5

10

15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 172
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 172
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Met Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 173
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 173
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 174
 <211> 560
 <212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 174

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ser Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Val Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 175
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 175

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Thr Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 176
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 176
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Thr Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Arg Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		320
	325	330
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		335
	340	345
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		350
	355	360
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		365
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		400
	405	410
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		415
	420	425
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp		430
	435	440
		445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln		
450	455	460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe		
465	470	475
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr		480
	485	490
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile		495
	500	505
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe		510
515	520	525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu		
530	535	540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 177
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 177

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Ile Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 178
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 178
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Thr Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Cys Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Arg Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 179

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (55)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (129)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (294)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 179

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Xaa Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Xaa Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Xaa Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 180
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (294)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 180
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Xaa Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 181

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 181

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Thr Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Leu His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 182
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 182

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

[illegible]

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 184
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 184

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Ile Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 185
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (264)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (274)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 185

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Xaa Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Xaa Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 186

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 186

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Thr Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Arg Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 187
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 187
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 188
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 188
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Asp Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 189
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 189
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Ala
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asn Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 190
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 190
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn		
100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys		
115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr		
130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp		
145	150	155
		160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser		
165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His		
180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
		240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
		320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Met Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560
<210> 191

<211> 560
<212> PRT

<213> Influenza A virus
<400> 191

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 192

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 192

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 193
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 193

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Met Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 194
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 194
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Val Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 195
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 195
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ser Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Val Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala			
355	360	365	

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370

375

380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385

390

395

400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405

410

415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420

425

430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435

440

445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450

455

460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465

470

475

480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530

535

540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545

550

555

560

<210> 196

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 196

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1

5

10

15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Val Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 197
 <211> 349
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 197
 Ala Cys Val Leu Val Glu Ala Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His
 1 5 10 15

 His Ala Val Val Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly
 20 25 30
 Ile Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Gly
 35 40 45
 Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly
 50 55 60
 Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu
 65 70 75 80
 Phe Glu Ser Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Asn Asp Val Cys

 85 90 95
 Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg
 100 105 110
 Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly
 115 120 125
 Ile Ile Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser
 130 135 140
 Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala
 145 150 155 160

 Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala
 165 170 175

Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr
180 185 190
Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Ile Thr Val Glu Ser Ser Lys
195 200 205
Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn
210 215 220
Gly Glu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Met Leu Leu Asp Pro Asn

225 230 235 240
Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg
245 250 255
Ala Ser Phe Phe Lys Gly Glu Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro
260 265 270
Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile
275 280 285
Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys
290 295 300

Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Pro Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met
305 310 315 320
Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335
Ala Gly Phe Ile Glu Lys Asp Gly Gly Ser His Tyr Gly
340 345

<210> 198
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 198

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Ile
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35	40	45	
Glu Thr Val Glu Arg Thr	Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Arg Gly Lys		
50	55	60	
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Pro			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Asn Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Ile Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Met Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 199
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 199
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ile Ala Cys Val Leu Val Glu Ala

 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Val Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Gly Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Glu Ser Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Asn Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Met Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Lys Gly Glu
260 265 270

Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly
275 280 285

Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Pro Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ala Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 200
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 200
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Thr Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

 <210> 201
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 201

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Val

1 5 10 15

Arg Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Ser Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ser Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Leu Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Asn Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Met Asp Asn Glu Phe Asn Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Ile	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Leu	Leu	Leu	Ala	Ile	Ala	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Ile	Phe	Ile	Cys	Ile	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile
545				550				555				560			
<210>		202													
<211>		560													
<212>		PRT													
<213>		Influenza A virus													
<400>		202													
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Val	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr
1				5				10				15			
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr
20				25				30							
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr
35				40				45							
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys
50				55				60							
Arg	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly
65				70				75				80			
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile
85				90				95							
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn
100				105				110							
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Gly	Lys
115				120				125							
Glu	Thr	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr
130				135				140							
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Arg Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 203

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 203

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 204

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 204

Met Asn Ile Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Gly Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Lys Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asn Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 205

<211> 404

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 205

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ile Ala Cys Val Leu Val Glu Ala

1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Val Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Gly Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Glu Ser Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Asn Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115	120	125	
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Met Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Lys Gly Glu			
260	265	270	
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly			
275	280	285	
Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Pro Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro			
325	330	335	
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala			
355	360	365	

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu

<210> 206
 <211> 160
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 206

Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu
 1 5 10 15
 Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr

20 25 30
 Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser
 35 40 45
 Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu
 50 55 60
 Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr
 65 70 75 80
 Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr
 85 90 95

Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser
 100 105 110
 Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met
 115 120 125
 Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys
 130 135 140
 Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu
 145 150 155 160
 <210> 207

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 207

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Ser Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Thr Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 His Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 208

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (47)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 208

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala
1 5 10 15
Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Xaa Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr His Gly Lys
50 55 60
Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Arg Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His

180 185 190
His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220
Ser Pro Gly Thr Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro

325 330 335
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 209
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (143)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 209

Met Asn Ile Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Gly Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Xaa Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Lys Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asn Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 210
 <211> 303
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 210

Pro Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser
 1 5 10 15
 Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp
 20 25 30
 Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn

35 40 45
 Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu
 50 55 60
 Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys
 65 70 75 80
 Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp
 85 90 95
 Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln
 100 105 110

Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp
 115 120 125
 Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln
 130 135 140

Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly
 145 150 155 160
 Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr
 165 170 175
 Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu
 180 185 190
 Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu
 195 200 205
 Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His
 210 215 220
 Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp
 225 230 235 240
 His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp
 245 250 255

 Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser
 260 265 270
 Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val
 275 280 285
 Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 290 295 300
 <210> 211
 <211> 556
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 211
 Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asn Lys
 1 5 10 15

 Ile Gly Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr
 20 25 30
 Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Phe Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu
 35 40 45
 Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Lys Thr Val Asp

50 55 60
 Leu Gly Gln Cys Gly Leu Arg Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys
 65 70 75 80
 Asp Gln Phe Leu Lys Phe Ser Pro Asp Leu Ile Ile Glu Arg Gln Lys

 85 90 95
 Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Lys Pro Leu
 100 105 110
 Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly
 115 120 125
 Phe Ala Tyr Asn Gly Ile Lys Thr Asn Gly Pro Pro Ile Ala Cys Arg
 130 135 140
 Lys Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Lys Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn
 145 150 155 160

 Thr Asp Lys Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr
 165 170 175
 Arg Arg Asn Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser
 180 185 190
 Thr Thr Lys Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ile Gly Ser Asn Leu Ile Thr
 195 200 205
 Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala
 210 215 220
 Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu

 225 230 235 240
 Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe
 245 250 255
 Ile Pro Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile
 260 265 270
 Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His
 275 280 285
 Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser
 290 295 300

Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Met
 305 310 315 320
 Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Lys Gly
 325 330 335
 Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu
 340 345 350
 Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly
 355 360 365
 Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr
 370 375 380
 Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu
 385 390 395 400
 Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile
 405 410 415
 Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu
 420 425 430
 Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser
 435 440 445
 Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn
 450 455 460
 Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp
 465 470 475 480
 Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys
 485 490 495
 Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys
 500 505 510
 Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala
 515 520 525
 Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile Cys
 530 535 540
 Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555

<210> 212

<211> 556

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 212

Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asn Lys

1 5 10 15

Ile Gly Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr

20 25 30

Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Phe Phe Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu

35 40 45

Pro Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Lys Thr Val Asp

50 55 60

Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys

65 70 75 80

Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu

85 90 95

Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Lys Ala Leu

100 105 110

Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly

115 120 125

Phe Ala Tyr Ser Gly Ile Lys Thr Asn Gly Pro Pro Ile Ala Cys Arg

130 135 140

Lys Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Lys Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn

145 150 155 160

Thr Asp Lys Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Ile

165 170 175

Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser

180 185 190

Thr Thr Lys Gln Thr Asn Leu Tyr Gly Ile Gly Ser Asn Leu Ile Thr

195 200 205

Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala

210 215 220
 Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu
 225 230 235 240

 Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ile Phe Asn Gly Ala Phe
 245 250 255
 Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Ile Gly Lys Ser Met Gly Ile
 260 265 270
 Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His
 275 280 285
 Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser
 290 295 300
 Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Met

 305 310 315 320
 Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Arg Gly
 325 330 335
 Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu
 340 345 350
 Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly
 355 360 365
 Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr
 370 375 380

 Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu
 385 390 395 400
 Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile
 405 410 415
 Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu
 420 425 430
 Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser
 435 440 445
 Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn

 450 455 460

Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp
465 470 475 480
Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys
485 490 495
Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys
500 505 510
Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala
515 520 525

Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile Cys
530 535 540
Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555

<210> 213
<211> 555
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 213

Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile
1 5 10 15
Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu
20 25 30

Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg
35 40 45
Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu
50 55 60
Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp
65 70 75 80
Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly
85 90 95
Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg
100 105 110
Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly Phe

115 120 125
 Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg
 130 135 140
 Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr
 145 150 155 160
 Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg
 165 170 175

 Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser Thr
 180 185 190
 Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser Lys Leu Ile Thr Val
 195 200 205
 Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg
 210 215 220
 Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Ile
 225 230 235 240
 Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile

 245 250 255
 Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln
 260 265 270
 Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser
 275 280 285
 Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser Arg
 290 295 300
 Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Met Leu
 305 310 315 320

 Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Pro Pro Lys Gly Arg Gly Leu
 325 330 335
 Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile
 340 345 350
 Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr
 355 360 365
 Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly

370 375 380
Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile

385 390 395 400
Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn

405 410 415
Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu

420 425 430
Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu

435 440 445
Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala

450 455 460

Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp
465 470 475 480

Asp Cys Met Ala Arg Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr
485 490 495

Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu
500 505 510

Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser
515 520 525

Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val

530 535 540

Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555

<210> 214

<211> 555

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 214

Ser Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp

1 5 10 15

Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn

20 25 30

Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val

35 40 45

Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val

50 55 60

Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln

65 70 75 80

Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg

85 90 95

Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala

100 105 110

Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met

115 120 125

Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys

130 135 140

Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser

145 150 155 160

Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn

165 170 175

Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His His Ser Gly

180 185 190

Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser Lys Leu Ile

195 200 205

Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp

225 230 235 240

Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala

245 250 255

Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly

260 265 270

Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr

275 280 285
 His Ser Gly Gly Ser Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn
 290 295 300
 Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu
 305 310 315 320
 Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Arg

 325 330 335
 Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly
 340 345 350
 Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu
 355 360 365
 Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile
 370 375 380
 Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu
 385 390 395 400

 Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val
 405 410 415
 Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala
 420 425 430
 Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp
 435 440 445
 Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu
 450 455 460
 Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys

 465 470 475 480
 Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser
 485 490 495
 Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asn Pro Val
 500 505 510
 Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly
 515 520 525
 Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile

530					535					540					
Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile					
545					550					555					
<210>		215													
<211>		557													
<212>		PRT													
<213>		Influenza A virus													
<400>		215													
Gln	Ile	Leu	Ala	Phe	Ile	Ala	Cys	Met	Leu	Ile	Gly	Ala	Lys	Gly	Asp
1		5			10			15							
Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ala	Asn	Gly	Thr	Lys	Val	Asn
20				25				30							
Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Ile	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr	Glu	Thr	Val
35			40				45								
Glu	Thr	Val	Asn	Ile	Lys	Lys	Ile	Cys	Thr	Gln	Gly	Lys	Arg	Pro	Thr
50		55			60										
Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Leu	Ile	Gly	Pro	Pro	Gln
65		70			75									80	
Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Asp	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile	Glu	Arg	Arg
85				90				95							
Lys	Gly	Thr	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Thr	Asn	Glu	Glu	Ser
100			105			110									
Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys	Glu	Ser	Met
115					120					125					
Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr	Ser	Ala	Cys
130		135			140										
Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp	Leu	Leu	Ser
145		150			155					160					
Asn	Ser	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser	Tyr	Arg	Asn
165					170					175					
Pro	Arg	Asn	Lys	Pro	Ala	Leu	Ile	Ile	Trp	Gly	Val	His	His	Ser	Gly

				180				185				190			
Ser	Ala	Thr	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn	Lys	Leu	Ile
195				200				205							
Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Lys	Tyr	Gln	Gln	Ser	Phe	Val	Pro	Ser	Pro	Gly
210				215				220							
Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp	Phe	His	Trp
225				230				235				240			
Leu	Leu	Leu	Asp	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Thr	Phe	Asn	Gly	Ala
245				250				255							
Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Arg	Ala	Ser	Phe	Phe	Arg	Gly	Glu	Ser	Leu	Gly
260				265				270							
Val	Gln	Ser	Asp	Val	Pro	Leu	Asp	Ser	Gly	Cys	Glu	Gly	Asp	Cys	Phe
275				280				285							
His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Val	Ser	Ser	Leu	Pro	Phe	Gln	Asn	Ile	Asn
290				295				300							
Pro	Arg	Thr	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln	Thr	Ser	Leu
305				310				315				320			
Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Arg	Asn	Val	Pro	Glu	Asn	Pro	Lys	Thr	Arg
325				330				335							
Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly	Trp	Glu	Gly
340				345				350							
Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala	Gln	Gly	Glu
355				360				365							
Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile	Asp	Gln	Ile
370				375				380							
Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Asp	Lys	Thr	Asn	Gln	Gln	Phe	Glu
385				390				395				400			
Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Ser	Glu	Ile	Glu	Gln	Gln	Ile	Gly	Asn	Val
405				410				415							
Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser	Tyr	Asn	Ala
420				425				430							

Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp
435 440 445

Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln Leu Arg Glu
450 455 460

Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys
465 470 475 480

Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Thr
485 490 495

Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asn Pro Val
500 505 510

Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly
515 520 525

Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile
530 535 540

Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555

<210> 216

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 216

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala
1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Arg Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu			
260	265	270	
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro			
325	330	335	

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 217
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 217

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Ala Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro

325 330 335
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 218
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 218

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ile
1 5 10 15

Asn Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Arg Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60

Arg Pro Ile Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ser Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Ile Arg Leu Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190

 His Ser Gly Ser Ala Asn Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Arg Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335

 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Glu Phe Asn Glu Ile Glu Gln Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 219

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 219

Met Asn Thr Gln Ile Leu Thr Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Asn Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn	Ile	Asn	Pro	Arg	Thr	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln
305				310				315				320			
Thr	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Arg	Asn	Val	Pro	Glu	Asn	Pro
325				330				335							
Lys	Thr	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Asp	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Ser	Glu	Ile	Glu	Gln	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asn	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Arg	Lys	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Gln	Cys	Met	Glu	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Thr	Gln	Tyr	Arg	Ala	Glu	Ser	Leu	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Ile	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Leu	Leu	Leu	Ala	Ile	Ala	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Ile	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile

545 550 555 560

<210> 220

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 220

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Ile Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 221

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 221

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Ala
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys His His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 222
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 222
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Gly Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Gly Gly Pro Arg Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Met
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 223
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 223

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 224
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 224
 Met Asn Thr Gln Val Leu Val Phe Ala Leu Met Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Thr Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Ala Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro

				325				330				335			
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Thr	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Met	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asn	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Arg	Arg	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Asp	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Ala	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile
545				550				555				560			
<210>		225													
<211>		560													

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 225

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Ile Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 226
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 226
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 227

<211> 206

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 227

Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly

1 5 10 15

Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln

20 25 30

Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe

35 40 45
 Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn
 50 55 60
 Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn
 65 70 75 80
 Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala
 85 90 95
 Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg
 100 105 110
 Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys
 115 120 125
 Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His
 130 135 140
 Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro
 145 150 155 160
 Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe
 165 170 175
 Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe
 180 185 190
 Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 195 200 205
 <210> 228
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 228
 Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly
 1 5 10 15
 Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln
 20 25 30
 Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe

35 40 45
 Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn
 50 55 60
 Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn
 65 70 75 80
 Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala
 85 90 95
 Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg
 100 105 110

 Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys
 115 120 125
 Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His
 130 135 140
 Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro
 145 150 155 160
 Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe
 165 170 175
 Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe

 180 185 190
 Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 195 200 205
 <210> 229
 <211> 549
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 229

 Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile Cys
 1 5 10 15
 Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr
 20 25 30
 Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr

35 40 45

Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly
 50 55 60
 Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln
 65 70 75 80
 Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser
 85 90 95
 Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln
 100 105 110

 Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe Thr
 115 120 125
 Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser
 130 135 140
 Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp
 145 150 155 160
 Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Lys
 165 170 175
 Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr Ala

 180 185 190
 Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val Gly
 195 200 205
 Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro
 210 215 220
 Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met Leu
 225 230 235 240
 Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala
 245 250 255

 Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser
 260 265 270
 Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly
 275 280 285
 Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg Ala
 290 295 300

Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala
305 310 315 320
Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe
325 330 335
Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp
340 345 350
Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala
355 360 365
Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys
370 375 380
Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp
385 390 395 400
Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp
405 410 415
Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu
420 425 430
Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met
435 440 445
Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu
450 455 460
Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp
465 470 475 480
Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg
485 490 495
Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser
500 505 510
Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys
515 520 525
Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys
530 535 540
Asn Gly Asn Met Arg

545

<210> 230

<211> 552

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 230

Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile

1 5 10 15

Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu

20 25 30

Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg

35 40 45

Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu

50 55 60

Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp

65 70 75 80

Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly

85 90 95

Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg

100 105 110

Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe

115 120 125

Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg

130 135 140

Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr

145 150 155 160

Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg

165 170 175

Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr

180 185 190

Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val

195 200 205

Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg
210 215 220

Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met
225 230 235 240

Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile
245 250 255

Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln
260 265 270

Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser
275 280 285

Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg
290 295 300

Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu
325 330 335

Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile
340 345 350

Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr
355 360 365

Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly
370 375 380

Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile
385 390 395 400

Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn
405 410 415

Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu
420 425 430

Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu
435 440 445

Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala
450 455 460

Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp
465 470 475 480
Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr
485 490 495
Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu
500 505 510
Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser
515 520 525
Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val
530 535 540
Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr
545 550
<210> 231
<211> 196
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 231
Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr
1 5 10 15
Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg
20 25 30
Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe
35 40 45
Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp
50 55 60
Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met
65 70 75 80
Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu
85 90 95
Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly
100 105 110
Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala

115 120 125
Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala

130 135 140
Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr

145 150 155 160
Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu

165 170 175
Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn

180 185 190
Met Arg Cys Thr

195

<210> 232

<211> 193

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 232

Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala
1 5 10 15

Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn
20 25 30

Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln
35 40 45

Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp
50 55 60

Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile
65 70 75 80

Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg
85 90 95

Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile
100 105 110

Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr
115 120 125

Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln

130 135 140
Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp
145 150 155 160
Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly
165 170 175
Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys
180 185 190
Ile

<210> 233
<211> 192
<212> PRT
<213> Influenza A virus

<400> 233
Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln
1 5 10 15
Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys
20 25 30
Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu
35 40 45
Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu
50 55 60
Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His
65 70 75 80
Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val
85 90 95
Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe
100 105 110
Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn
115 120 125
Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg

130 135 140

Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile

145 150 155 160

Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val

165 170 175

Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr

180 185 190

<210> 234

<211> 191

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 234

Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser

1 5 10 15

Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr

20 25 30

Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys

35 40 45

Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val

50 55 60

Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr

65 70 75 80

Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys

85 90 95

Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu

100 105 110

Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn

115 120 125

Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile

130 135 140

Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu

145 150 155 160
 Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met
 165 170 175
 Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr
 180 185 190
 <210> 235
 <211> 193
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 235
 Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser
 1 5 10 15

 Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr
 20 25 30
 Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys
 35 40 45
 Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val
 50 55 60
 Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr
 65 70 75 80
 Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys

 85 90 95
 Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu
 100 105 110
 Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn
 115 120 125
 Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile
 130 135 140
 Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu
 145 150 155 160

 Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met
 165 170 175

Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile

180 185 190

Cys

<210> 236

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 236

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ser Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240

 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 237

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 237

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
	195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
	260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
	275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
	290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
	325	330	335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asn Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 238
 <211> 559
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (503)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (507)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (509)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (525)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 238

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Xaa Glu Ala Met Xaa Asx Xaa Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Xaa Trp Phe Ser
515 520 525
Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val
530 535 540

Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555

<210> 239

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 239

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Gly Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Arg Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Arg Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Arg Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 240

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 240

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Ile Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asn Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 241

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 241

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Ser Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Ala Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Thr Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Arg Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 242

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (215)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 242

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Ser Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Ala Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Thr Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Ile Thr Val Gly Xaa Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Asn Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Arg Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln

 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 243
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 243
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Glu Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 244
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (510)..(521)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 244

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp Arg Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Xaa Xaa Xaa

500 505 510

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 245
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 245
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 246

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 246

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Lys Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

 <210> 247
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 247

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 248
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 248
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 249

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 249

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Asn Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 250

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 250

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
20	25	30	
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
35	40	45	
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
50	55	60	
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Glu Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			

145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			

210					215					220									
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp				
225					230					235					240				
Phe	His	Trp	Leu	Met	Leu	Asn	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Ser	Phe				
245					250					255									
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Gly	Lys				
260					265					270									
Ser	Met	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asn	Cys	Glu	Gly				
275					280					285									
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Asn	Leu	Pro	Phe	Gln				
290					295					300									
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln				
305					310					315					320				
Arg	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Ile	Pro				
325					330					335									
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly				
340					345					350									
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala				
355					360					365									
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile				
370					375					380									
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln				
385					390					395					400				
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile				
405					410					415									
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser				
420					425					430									
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp				
435					440					445									
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln				
450					455					460									

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 251
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 251

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Ile Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala			
355	360	365	

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 252
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 252

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 253
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 253
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 254

<211> 553

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (72)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (137)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 254

Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Ile Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu
1 5 10 15

Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu
20 25 30

Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn

35 40 45
 Val Pro Arg Ile Cys Ser Arg Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln

 50 55 60
 Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Xaa Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp
 85 90 95
 Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile
 100 105 110
 Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr
 115 120 125

 Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Xaa Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly
 130 135 140
 Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn
 145 150 155 160
 Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Asn Asp
 165 170 175
 Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His His Ser Gly Ser Thr Thr Glu
 180 185 190
 Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser

 195 200 205
 Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln
 210 215 220
 Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Ile Leu Asn
 225 230 235 240
 Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro
 245 250 255
 Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly
 260 265 270

 Val Gln Ile Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly
 275 280 285

Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val
 290 295 300
 Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr
 305 310 315 320
 Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly
 325 330 335
 Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly
 340 345 350
 Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala
 355 360 365
 Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu
 370 375 380
 Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn
 385 390 395 400
 Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr
 405 410 415
 Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val
 420 425 430
 Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn
 435 440 445
 Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu
 450 455 460
 Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys
 465 470 475 480
 Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu
 485 490 495
 Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser
 500 505 510
 Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe
 515 520 525
 Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Met Cys Val Lys Asn
 530 535 540

Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550

<210> 255

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 255

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100 105 110

Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 256
<211> 560

<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 256

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Thr
1 5 10 15

Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60

Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100	105	110	
Glu Glu Pro Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Thr Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu			
260	265	270	
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro			
325	330	335	
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Met Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 257
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 257
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Thr

1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60

 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Pro Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Thr Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205

 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Phe His Lys Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Ile Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Thr Gln Tyr Arg Ala Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 258
<211> 560

<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 258

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 259

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 259

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Leu Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ser Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 260

<211> 557

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 260

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Thr Met Gly Leu Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Ser Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr
 545 550 555
 <210> 261
 <211> 560
 <212> PRT

 <213> Influenza A virus
 <400> 261
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130

135

140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145

150

155

160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165

170

175

Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180

185

190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser

195

200

205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210

215

220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

225

230

235

240

Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245

250

255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260

265

270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly

275

280

285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Pro Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355

360

365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 262
 <211> 557

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 262
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205

 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly

275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Pro Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr
 545 550 555
 <210> 263
 <211> 558
 <212> PRT

 <213> Influenza A virus
 <400> 263
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile
 545 550 555
 <210> 264
 <211> 560
 <212> PRT

 <213> Influenza A virus
 <400> 264
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Asp Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Ser Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 265
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 265

Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp

1 5 10 15

Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn

20 25 30

Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val

35 40 45

Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val

50 55 60

Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln

65 70 75 80

Cys Asp Gln Leu Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg

85 90 95

Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala

100 105 110

Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys Glu Thr Met

115 120 125

Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys

130 135 140

Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser

145 150 155 160

Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn

165 170 175

Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His His Ser Gly

180 185 190

Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser Lys Leu Ile

195 200 205

Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp

225 230 235 240

Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala

245 250 255
 Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly
 260 265 270
 Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr

 275 280 285
 His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn
 290 295 300
 Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Glu Ser Leu
 305 310 315 320
 Met Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Leu Pro Lys Gly Arg
 325 330 335
 Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly
 340 345 350

 Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu
 355 360 365
 Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile
 370 375 380
 Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu
 385 390 395 400
 Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val
 405 410 415
 Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala

 420 425 430
 Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp
 435 440 445
 Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu
 450 455 460
 Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys
 465 470 475 480
 Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser
 485 490 495

Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asn Pro Val
 500 505 510
 Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly
 515 520 525
 Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu Val Phe Ile
 530 535 540
 Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg
 545 550
 <210> 266
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 266

 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Pro Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Asn Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 267
 <211> 510
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 267

Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Ala Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly
 1 5 10 15
 His His Ala Val Ala Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg
 20 25 30
 Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile
 35 40 45
 Lys Lys Leu Cys Thr Gln Gly Lys Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys
 50 55 60

Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu

65 70 75 80

Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val

85 90 95

Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu

100 105 110

Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser

115 120 125

Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser

130 135 140

Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala

145 150 155 160

Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro

165 170 175

Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln

180 185 190

Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser

195 200 205

Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val

210 215 220

Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro

225 230 235 240

Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp

245 250 255

Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val

260 265 270

Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr

275 280 285

Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly

290 295 300

Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly

305 310 315 320
 Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala
 325 330 335
 Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp
 340 345 350
 Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp

 355 360 365
 Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn
 370 375 380
 Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu
 385 390 395 400
 Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg
 405 410 415
 Asp Ser Met Thr Glu Leu Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala
 420 425 430

 Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys
 435 440 445
 Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp
 450 455 460
 Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met
 465 470 475 480
 Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu
 485 490 495
 Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser

 500 505 510
 <210> 268
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 268
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp		
435	440	445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln		
450	455	460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe		
465	470	475
		480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr		
485	490	495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile		
500	505	510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe		

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 269
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 269

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Ser
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 270
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 270
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala			
355	360	365	
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile			
370	375	380	
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln			
385	390	395	400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile			
405	410	415	
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser			
420	425	430	
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp			
435	440	445	
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln			
450	455	460	
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe			
465	470	475	480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr			
485	490	495	
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile			
500	505	510	
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe			
515	520	525	
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu			
530	535	540	
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile			
545	550	555	560
<210>	271		
<211>	560		

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 271

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 272
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 272

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 273

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 273

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Lys Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 274

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 274

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Met Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Ser Arg Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 275
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 275
 Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile
 1 5 10 15
 Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu
 20 25 30
 Thr Glu Arg Gly Gly Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg
 35 40 45

 Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu
 50 55 60
 Gly Gln Cys Gly Leu Arg Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp
 65 70 75 80
 Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly
 85 90 95
 Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg

100 105 110
Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe

115 120 125
Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg

130 135 140
Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr

145 150 155 160
Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg

165 170 175
Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr

180 185 190
Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val

195 200 205
Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg

210 215 220
Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met

225 230 235 240
Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile

245 250 255
Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln

260 265 270
Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser

275 280 285
Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg

290 295 300
Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu

305 310 315 320
Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu

325 330 335
Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile

340 345 350
Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile

Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr
355 360 365
Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly
370 375 380
Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile
385 390 395 400
Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn
405 410 415
Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu
420 425 430
Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu
435 440 445
Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala
450 455 460
Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp
465 470 475 480
Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr
485 490 495
Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu
500 505 510
Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser
515 520 525
Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val
530 535 540
Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr

545 550

<210> 276

<211> 550

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 276

Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu

1 5 10 15
 Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu
 20 25 30
 Arg Gly Gly Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn
 35 40 45
 Phe Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln

 50 55 60
 Cys Gly Leu Arg Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp
 85 90 95
 Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile
 100 105 110
 Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr
 115 120 125

 Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly
 130 135 140
 Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn
 145 150 155 160
 Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser
 165 170 175
 Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr Ala Glu
 180 185 190
 Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val Gly Ser

 195 200 205
 Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln
 210 215 220
 Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met Leu Asn
 225 230 235 240
 Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro
 245 250 255
 Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly

260 265 270
 Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly
 275 280 285
 Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val
 290 295 300
 Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr
 305 310 315 320
 Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly
 325 330 335
 Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly
 340 345 350
 Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala
 355 360 365
 Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu
 370 375 380
 Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn
 385 390 395 400
 Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr
 405 410 415
 Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val
 420 425 430
 Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp
 435 440 445
 Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu
 450 455 460
 Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys
 465 470 475 480
 Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu
 485 490 495
 Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser
 500 505 510

Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe
515 520 525

Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn
530 535 540

Gly Asn Met Arg Cys Thr
545 550

<210> 277
<211> 560
<212> PRT

<213> Influenza A virus
<400> 277

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Gly Ile

545 550 555 560

<210> 278

<211> 552

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 278

Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly

1 5 10 15

His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg

20 25 30

Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile

35 40 45

Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys

50 55 60

Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu
 65 70 75 80
 Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val
 85 90 95
 Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu
 100 105 110
 Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser
 115 120 125
 Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala Cys Arg Arg Ser Arg Ser
 130 135 140
 Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala
 145 150 155 160
 Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro
 165 170 175
 Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln
 180 185 190
 Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser
 195 200 205
 Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val
 210 215 220
 Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro
 225 230 235 240
 Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp
 245 250 255
 Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val
 260 265 270
 Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr
 275 280 285
 Ile Met Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly
 290 295 300
 Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly
 305 310 315 320

Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala

325 330 335

Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp

340 345 350

Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp

355 360 365

Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn

370 375 380

Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu

385 390 395 400

Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg

405 410 415

Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala

420 425 430

Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys

435 440 445

Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp

450 455 460

Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met

465 470 475 480

Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu

485 490 495

Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly

500 505 510

Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile

515 520 525

Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly

530 535 540

Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550

<210> 279

<400> 279

000

<210> 280

<211> 560

<212> PRT

<213

> Influenza A virus

<400> 280

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asn Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Ala Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Thr Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 281
 <211> 560

 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 281
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala
 1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60

 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn

100	105	110	
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Glu Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu			
260	265	270	
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro			
325	330	335	
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Asn Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 282
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 282
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15
 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60

 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205

 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu

260 265 270
Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro

325 330 335
Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Ser Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 283
<211> 549

<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 283

Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr Asn Ala
1 5 10 15

Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr Lys Val
20 25 30

Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr Glu Thr
35 40 45

Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys Arg Thr
50 55 60

Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly Pro Pro
65 70 75 80

Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile Glu Arg
85 90 95

Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn Glu Glu
100 105 110

Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys Glu Ala
115 120 125

Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr Ser Ala
130 135 140

Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp Leu Leu
145 150 155 160

Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser Tyr Lys

165 170 175
 Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His His Ser
 180 185 190
 Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Lys Leu
 195 200 205

 Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro Ser Pro
 210 215 220
 Gly Ala Arg Pro Pro Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp Phe His
 225 230 235 240
 Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe Asn Gly
 245 250 255
 Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys Ser Met
 260 265 270
 Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly Asp Cys

 275 280 285
 Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln Asn Ile
 290 295 300
 Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser
 305 310 315 320
 Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro Lys Gly
 325 330 335
 Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu
 340 345 350

 Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala Gln Gly
 355 360 365
 Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln
 370 375 380
 Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Phe
 385 390 395 400
 Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile Gly Asn
 405 410 415

Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn

420 425 430
Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Ala
435 440 445
Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln Leu Arg
450 455 460
Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe His Lys
465 470 475 480
Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr Asp His
485 490 495

Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile Asp Pro
500 505 510
Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe Ser Phe
515 520 525
Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu Val Phe
530 535 540
Ile Cys Val Lys Asn

545

<210> 284

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 284

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1 5 10 15
Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys
50 55 60
Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly

65						70						75						80
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Asp	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile			
					85						90						95	
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Thr	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Thr	Asn			
					100						105						110	
Glu	Glu	Ser	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys			
					115						120						125	
Glu	Ser	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr			
					130						135						140	
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp			
145					150					155					160			
Leu	Leu	Ser	Asn	Ser	Asn	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser			
					165						170						175	
Tyr	Arg	Asn	Pro	Arg	Asp	Lys	Pro	Ala	Leu	Ile	Ile	Trp	Gly	Val	His			
					180						185						190	
His	Ser	Gly	Ser	Ala	Thr	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn			
					195						200						205	
Lys	Leu	Ile	Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Lys	Tyr	Gln	Gln	Ser	Phe	Thr	Pro			
					210						215						220	
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp			
225					230					235					240			
Phe	His	Trp	Leu	Leu	Leu	Asp	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Thr	Phe			
					245						250						255	
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Phe	Arg	Gly	Glu			
					260						265						270	
Ser	Leu	Gly	Val	Gln	Ser	Asp	Val	Pro	Leu	Asp	Ser	Gly	Cys	Glu	Gly			
					275						280						285	
Asp	Cys	Phe	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Val	Ser	Ser	Leu	Pro	Phe	Gln			
290					295					300								
Asn	Ile	Asn	Pro	Arg	Thr	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln			
305					310					315					320			

Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro
325 330 335

Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Ser Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Asn Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 285

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 285

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Leu Ile Ala Cys Met Leu Ile Gly Ala

1	5	10	15
Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr			
20	25	30	
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr			
35	40	45	
Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Val Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys			
50	55	60	
Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly			
65	70	75	80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile			
85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			

145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Ser Asn Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Arg Asn Pro Arg Asp Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His			
180	185	190	
His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro			
210	215	220	

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Lys Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Thr Gln Tyr Arg Lys Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 286
 <211> 554
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 286
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met
 545 550
 <210> 287
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 287
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 288
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 288

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Met Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 289
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 289
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 290

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 290

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Ser
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Lys Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 291

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 291

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Lys Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 292
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 292

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65						70						75						80
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile			
					85						90						95	
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn			
					100						105						110	
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Glu	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys			
					115						120						125	
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr			
					130						135						140	
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp			
145					150					155					160			
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser			
					165						170						175	
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Leu	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His			
					180						185						190	
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn			
					195						200						205	
Lys	Leu	Val	Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Asn	Tyr	Gln	Gln	Ser	Phe	Val	Pro			
					210						215						220	
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp			
225					230					235					240			
Phe	His	Trp	Leu	Met	Leu	Asn	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Ser	Phe			
					245						250						255	
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Gly	Lys			
					260						265						270	
Ser	Met	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asn	Cys	Glu	Gly			
					275						280						285	
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Asn	Leu	Pro	Phe	Gln			
290					295					300								
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln			
305					310					315					320			

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 293

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 293

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Lys

100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 294
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 294
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 295
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 295
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 296
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 296
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asp Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 297
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 297
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn		
100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys		
115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr		
130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp		
145	150	155
		160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser		
165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His		
180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Glu Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
		240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
		320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 298

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 298

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Ile
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Val Pro Arg Ile Cys Ser Arg Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Thr Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Asn Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Ile Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Ile Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Met Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 299
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 299
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Ala
 1 5 10 15

 Lys Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Thr Ala Asn Ile Lys Lys Leu Cys Thr Gln Gly Lys
 50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val His
 180 185 190
 His Ser Gly Ser Ala Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly Glu
 260 265 270
 Ser Leu Gly Val Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Gly Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn Pro
 325 330 335
 Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Ser Glu Ile Glu Gln Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Leu Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 300
<211> 561
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 300

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ile Ala Cys Met Leu Val Gly Val
1 5 10 15

Arg Gly Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ala Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Lys Gly Ile Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Ser Ala Asn Ile Lys Lys Ile Cys Thr Gln Gly Lys

50 55 60
 Arg Pro Thr Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Leu Ile Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Asp Ser Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Thr Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Thr Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ser Leu Arg Gln Ile Leu Arg Gly Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ser Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Leu Gly Ser Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys
 145 150 155 160

 Trp Leu Leu Ser Asn Ser Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys
 165 170 175
 Ser Tyr Arg Asn Pro Arg Asn Lys Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Val
 180 185 190
 His His Ser Gly Ser Ala Asn Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly
 195 200 205
 Asn Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Lys Tyr Gln Gln Ser Phe Thr
 210 215 220
 Pro Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile

 225 230 235 240
 Asp Phe His Trp Leu Leu Leu Asp Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Thr
 245 250 255
 Phe Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Phe Arg Gly
 260 265 270
 Glu Ser Leu Gly Ile Gln Ser Asp Val Pro Leu Asp Ser Ser Cys Gly
 275 280 285
 Gly Asp Cys Phe His Ser Gly Gly Thr Ile Val Ser Ser Leu Pro Phe
 290 295 300

Gln Asn Ile Asn Pro Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys
 305 310 315 320
 Gln Thr Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Val Pro Glu Asn
 325 330 335
 Pro Lys Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn
 340 345 350
 Gly Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn
 355 360 365
 Ala Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala

 370 375 380
 Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Asp Lys Thr Asn
 385 390 395 400
 Gln Gln Phe Glu Leu Met Asp Asn Glu Phe Asn Glu Ile Glu Gln Gln
 405 410 415
 Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp
 420 425 430
 Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile
 435 440 445

 Asp Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Arg Lys
 450 455 460
 Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile
 465 470 475 480
 Phe His Lys Cys Asp Asp Gln Cys Met Glu Ser Ile Arg Asn Asn Thr
 485 490 495
 Tyr Asp His Thr Gln Tyr Arg Thr Glu Ser Leu Gln Asn Arg Ile Gln
 500 505 510
 Ile Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Ile Ile Leu Trp

 515 520 525
 Phe Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Leu Leu Leu Ala Ile Ala Met Gly
 530 535 540
 Leu Ile Phe Ile Cys Ile Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys
 545 550 555 560

Ile

<210> 301

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 301

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Ile Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Ser Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 302
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 302
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Thr Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 303

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 303

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Glu Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 304

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 304

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Met Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 305
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 305

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 306

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 306

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 307
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 307
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 308
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 308
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 309
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 309
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Ile Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 310
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 310
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
	195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
	260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
	275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
	290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
	325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			

340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 311
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 311

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Thr Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445

 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 312
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 312
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Pro Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 313

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (183)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 313

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Xaa Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355

360

365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370

375

380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385

390

395

400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405

410

415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420

425

430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435

440

445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450

455

460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465

470

475

480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 314
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 314
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Arg Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 315

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 315

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Arg Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Asn Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 316
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 316

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 317
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 317
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 318

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 318

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 319

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 319

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
20	25	30	
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
35	40	45	
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
50	55	60	
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			

145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 320

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 320

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Ile Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Asn Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 321
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 321

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
 Lys Ile Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 322
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 322
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser		
420	425	430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 323
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 323

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Val Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Val
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Asp Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Gly Ser Thr Thr Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Ile Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Leu Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asn Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Glu Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Val Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Val Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp His Glu Phe Thr Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Met Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 324
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 324

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Met Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 325

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 325

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Pro Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 326
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 326

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Glu Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 327

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 327

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Arg Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 328
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 328
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 329
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 329
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Val Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 330
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 330
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Gly Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Arg Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 331

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 331

Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65	70	75	80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
	195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
	260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
	275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Gly Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 332

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 332

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
20	25	30	
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
35	40	45	
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
50	55	60	
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Thr Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			

145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Ser Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 333
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 333
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 334
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 334
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290

295

300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305

310

315

320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325

330

335

Lys Gly Arg Gly Leu Leu Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340

345

350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355

360

365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370

375

380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385

390

395

400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405

410

415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420

425

430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435

440

445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450

455

460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465

470

475

480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485

490

495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500

505

510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515

520

525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Thr Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 335
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 335
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Glu Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 336

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 336

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 337
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 337

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Lys

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 338
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 338
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asp Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 339
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 339

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 340

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 340

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
20	25	30	
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
35	40	45	
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
50	55	60	
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Met Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			

145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			

210					215					220									
Ser	Pro	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln	Val	Asn	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Ile	Asp				
225					230					235					240				
Phe	His	Trp	Leu	Met	Leu	Asn	Pro	Asn	Asp	Thr	Val	Thr	Phe	Ser	Phe				
245					250					255									
Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Ala	Pro	Asp	Arg	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Gly	Lys				
260					265					270									
Ser	Met	Gly	Ile	Gln	Ser	Gly	Val	Gln	Val	Asp	Ala	Asp	Cys	Glu	Gly				
275					280					285									
Asp	Cys	Tyr	His	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	Ile	Ser	Asn	Leu	Pro	Phe	Gln				
290					295					300									
Asn	Ile	Asp	Ser	Arg	Ala	Val	Gly	Lys	Cys	Pro	Arg	Tyr	Val	Lys	Gln				
305					310					315					320				
Arg	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Met	Lys	Asn	Val	Pro	Glu	Ile	Pro				
325					330					335									
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly				
340					345					350									
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala				
355					360					365									
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile				
370					375					380									
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln				
385					390					395					400				
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile				
405					410					415									
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser				
420					425					430									
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp				
435					440					445									
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln				
450					455					460									

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 341

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 341

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Val Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala			
355	360	365	

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 342
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 342

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Val Thr Gly
 65 70 75 80

 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Lys Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 343
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 343
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 344
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 344

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Lys Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 345
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 345

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 346

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 346

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Val Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
 Gln Phe Gly Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510

 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

 <210> 347
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (516)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (519)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 347

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Leu Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Xaa Leu Ser Xaa Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 348
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 348

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 349

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 349

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Lys Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Ile Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 350

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 350

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Ile Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Val Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Met Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 351

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 351

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asp Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 352

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 352

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ser Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Thr Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 353
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 353

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 354

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 354

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Thr Pro			
325	330	335	

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 355

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 355

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Asn Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 356
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 356

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Ala Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Gly Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 357

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 357

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50

55

60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65

70

75

80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85

90

95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100

105

110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys

115

120

125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130

135

140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145

150

155

160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165

170

175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180

185

190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195

200

205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210

215

220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225

230

235

240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245

250

255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260

265

270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275

280

285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545	550	555	560
<210>	358		
<211>	560		
<212>	PRT		
<213>	Influenza A virus		
<400>	358		
Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr			
1 5 10 15			
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
20 25 30			
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
35 40 45			
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
50 55 60			
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65 70 75 80			
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
85 90 95			
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100 105 110			
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115 120 125			
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr			
130 135 140			
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145 150 155 160			
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165 170 175			
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180 185 190			
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			

195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270

 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 359

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 359

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Ala Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560

<210> 360

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (148)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 360

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Xaa Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 361
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 361

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Thr Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asn Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 362

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 362

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Asn Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 363

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 363

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Ile Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 364

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 364

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Lys Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 365
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 365
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Lys Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Asn Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560
 <210> 366
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 366

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Ile Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 367
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 367
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

				325				330				335			
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Lys	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Thr	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Gly	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Met	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile
545				550				555				560			
<210>		368													
<211>		560													

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 368

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Glu Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Gly Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 369

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 369

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Glu Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Gly Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Met Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560
<210> 370
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 370
Met Asn Thr Gln Ile Leu Ala Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Ala Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 371

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 371

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ser Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Val Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 372
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 372
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Thr Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Ile Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Thr Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 373
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 373

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr			
	20	25	30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr			
	35	40	45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Thr Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys			
	50	55	60
Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly			
65	70	75	80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile			
	85	90	95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
	100	105	110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
	115	120	125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
	130	135	140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
	165	170	175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
	180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
	195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
	210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
	245	250	255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Arg Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 374
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 374
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Ile Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 375
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 375
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Thr Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Cys Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Arg Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 376

<211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (55)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (129)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (294)
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
 <400> 376

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1	5	10	15
Asn	Ala	Asp	Lys
Ile	Cys	Leu	Gly
His	His	Ala	Val
Ser	Asn	Gly	Thr
20	25	30	
Lys	Val	Asn	Thr
Leu	Thr	Glu	Arg
Gly	Val	Glu	Val
Val	Asn	Ala	Thr
35	40	45	
Glu	Thr	Val	Glu
Arg	Thr	Xaa	Ile
Pro	Arg	Ile	Cys
Ser	Lys	Gly	Lys
50	55	60	
Lys	Thr	Val	Asp
Leu	Gly	Gln	Cys
Gly	Leu	Leu	Gly
Thr	Ile	Thr	Gly
65	70	75	80
Pro	Pro	Gln	Cys
Asp	Gln	Phe	Leu
Glu	Phe	Ser	Ala
Asp	Leu	Ile	Ile
85	90	95	
Glu	Arg	Arg	Glu
Gly	Ser	Asp	Val
Cys	Tyr	Pro	Gly
Lys	Phe	Val	Asn
100	105	110	
Glu	Glu	Ala	Leu
Arg	Gln	Ile	Leu
Arg	Glu	Ser	Gly
Gly	Ile	Asp	Lys
115	120	125	
Xaa	Ala	Met	Gly
Phe	Thr	Tyr	Ser
Gly	Ile	Arg	Thr
Asn	Gly	Ala	Thr
130	135	140	
Ser	Ala	Cys	Arg
Arg	Ser	Gly	Ser
Ser	Phe	Tyr	Ala
Glu	Met	Lys	Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220

 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Xaa Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365

 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495
Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525
Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 377

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (294)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 377

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140

 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Xaa Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 378
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 378

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Thr Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Leu His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270

Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 379
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 379
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly			
340	345	350	

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 380

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 380

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285

 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430

 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 381
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 381

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45
 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Ile Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560

<210> 382

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (264)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (274)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 382

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Xaa Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270

Ser Xaa Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
275 280 285

Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320

Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
355 360 365

Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
370 375 380

Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540
Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
545 550 555 560
<210> 383
<211> 560
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 383
Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15
Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30
Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45
Glu Thr Val Glu Arg Thr Thr Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60
Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80
Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180	185	190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn		
195	200	205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro		
210	215	220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp		
225	230	235
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe		
245	250	255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys		
260	265	270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly		
275	280	285
Asp Cys Tyr His Ser Arg Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln		
290	295	300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln		
305	310	315
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro		
325	330	335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly		
340	345	350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala		
355	360	365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile		
370	375	380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln		
385	390	395
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile		
405	410	415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser		
420	425	430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 384
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 384
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85	90	95	
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn			
100	105	110	
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys			
115	120	125	
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr			
130	135	140	
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp			
145	150	155	160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser			
165	170	175	
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His			
180	185	190	
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn			
195	200	205	
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro			
210	215	220	
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp			
225	230	235	240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe			
245	250	255	
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys			
260	265	270	
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly			
275	280	285	
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln			
290	295	300	
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln			
305	310	315	320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro			
325	330	335	

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480
 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile
 545 550 555 560
 <210> 385
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus

<400> 385

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe

245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Asp Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335
Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly

340 345 350
Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile

370 375 380
Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln

385 390 395 400
Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415
Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser

420 425 430
Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445
Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460
Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495
His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 386
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 386
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Ala
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Asn Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asn Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400

Gln Phe Glu Leu Ile Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

405 410 415

Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp

435 440 445

Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln

450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe

465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr

485 490 495

Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile

500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu

530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 387

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 387

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys
 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300

Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Met Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Leu Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545	550					555					560				
<210>	388														
<211>	560														
<212>	PRT														
<213>	Influenza A virus														
<400>	388														
Met	Asn	Thr	Gln	Ile	Leu	Val	Phe	Ala	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Pro	Thr
1	5				10				15						
Asn	Ala	Asp	Lys	Ile	Cys	Leu	Gly	His	His	Ala	Val	Ser	Asn	Gly	Thr
20				25				30							
Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Thr	Glu	Arg	Gly	Val	Glu	Val	Val	Asn	Ala	Thr
35				40				45							
Glu	Thr	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Cys	Ser	Lys	Gly	Lys
50	55				60										
Lys	Thr	Val	Asp	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly
65	70				75							80			
Pro	Pro	Gln	Cys	Asp	Gln	Phe	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala	Asp	Leu	Ile	Ile
85				90				95							
Glu	Arg	Arg	Glu	Gly	Ser	Asp	Val	Cys	Tyr	Pro	Gly	Lys	Phe	Val	Asn
100				105				110							
Glu	Glu	Ala	Leu	Arg	Gln	Ile	Leu	Arg	Lys	Ser	Gly	Gly	Ile	Asp	Lys
115				120				125							
Glu	Ala	Met	Gly	Phe	Thr	Tyr	Ser	Gly	Ile	Arg	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr
130	135				140										
Ser	Ala	Cys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ala	Glu	Met	Lys	Trp
145	150				155							160			
Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asn	Ala	Ala	Phe	Pro	Gln	Met	Thr	Lys	Ser
165				170				175							
Tyr	Lys	Asn	Thr	Arg	Lys	Ser	Pro	Ala	Ile	Ile	Val	Trp	Gly	Ile	His
180				185				190							
His	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Tyr	Gly	Ser	Gly	Asn
195				200				205							

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335
 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Lys His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460

Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 389

<211> 560

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 389

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
50 55 60

Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240

Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly

275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln

290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln

305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro

325 330 335

Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
340 345 350

Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala

355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Arg Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 390
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 390
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Arg Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175
 Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Ala Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Arg Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe

515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Met Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 391
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 391
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80
 Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
 85 90 95
 Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
 100 105 110
 Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys

 115 120 125
 Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr
 130 135 140
 Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
 145 150 155 160
 Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
 165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
 180 185 190

 His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
 195 200 205
 Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
 210 215 220
 Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
 225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Val Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Ile Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile
 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser

420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

 His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
 500 505 510
 Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
 515 520 525
 Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
 530 535 540
 Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

 545 550 555 560
 <210> 392
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 392
 Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ser Ile Ile Pro Thr
 1 5 10 15
 Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr
 20 25 30
 Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr
 35 40 45

 Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys
 50 55 60
 Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly
 65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile
85 90 95
Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn
100 105 110
Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Lys Ser Gly Gly Ile Asp Lys
115 120 125
Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Val Thr
130 135 140
Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp
145 150 155 160
Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser
165 170 175
Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Ile Ile Val Trp Gly Ile His
180 185 190
His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn
195 200 205
Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro
210 215 220
Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp
225 230 235 240
Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
245 250 255
Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys
260 265 270
Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asp Cys Glu Gly
275 280 285
Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
290 295 300
Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Val Pro

				325				330				335			
Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Asn	Gly
340				345				350							
Trp	Glu	Gly	Leu	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Phe	Arg	His	Gln	Asn	Ala
355				360				365							
Gln	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Ile
370				375				380							
Asp	Gln	Ile	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	Asn	Gln
385				390				395				400			
Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Asp	Asn	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Glu	Lys	Gln	Ile
405				410				415							
Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Trp	Thr	Arg	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Val	Trp	Ser
420				425				430							
Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Ala	Met	Glu	Asn	Gln	His	Thr	Ile	Asp
435				440				445							
Leu	Ala	Asp	Ser	Glu	Met	Asp	Lys	Leu	Tyr	Glu	Arg	Val	Lys	Arg	Gln
450				455				460							
Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Glu	Ile	Phe
465				470				475				480			
His	Lys	Cys	Asp	Asp	Asp	Cys	Met	Ala	Ser	Ile	Arg	Asn	Asn	Thr	Tyr
485				490				495							
Asp	His	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Glu	Ala	Met	Gln	Asn	Arg	Ile	Gln	Ile
500				505				510							
Asp	Pro	Val	Lys	Leu	Ser	Ser	Gly	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Leu	Trp	Phe
515				520				525							
Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Cys	Phe	Ile	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Met	Gly	Leu
530				535				540							
Val	Phe	Ile	Cys	Val	Lys	Asn	Gly	Asn	Met	Arg	Cys	Thr	Ile	Cys	Ile
545				550				555				560			
<210>		393													
<211>		560													

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 393

Met Asn Thr Gln Ile Leu Val Phe Ala Leu Ile Ala Ile Val Pro Thr

1 5 10 15

Asn Ala Asp Lys Ile Cys Leu Gly His His Ala Val Ser Asn Gly Thr

20 25 30

Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala Thr

35 40 45

Glu Thr Val Glu Arg Thr Asn Ile Pro Arg Ile Cys Ser Lys Gly Lys

50 55 60

Lys Thr Val Asp Leu Gly Gln Cys Gly Leu Leu Gly Thr Ile Thr Gly

65 70 75 80

Pro Pro Gln Cys Asp Gln Phe Leu Glu Phe Ser Ala Asp Leu Ile Ile

85 90 95

Glu Arg Arg Glu Gly Ser Asp Val Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Val Asn

100 105 110

Glu Glu Ala Leu Arg Gln Ile Leu Arg Glu Ser Gly Gly Ile Asp Lys

115 120 125

Glu Ala Met Gly Phe Thr Tyr Ser Gly Ile Arg Thr Asn Gly Ala Thr

130 135 140

Ser Ala Cys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Glu Met Lys Trp

145 150 155 160

Leu Leu Ser Asn Thr Asp Asn Ala Ala Phe Pro Gln Met Thr Lys Ser

165 170 175

Tyr Lys Asn Thr Arg Lys Ser Pro Ala Leu Ile Val Trp Gly Ile His

180 185 190

His Ser Val Ser Thr Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gly Ser Gly Asn

195 200 205

Lys Leu Val Thr Val Gly Ser Ser Asn Tyr Gln Gln Ser Phe Val Pro

210 215 220

Ser Pro Gly Ala Arg Pro Gln Val Asn Gly Leu Ser Gly Arg Ile Asp

225 230 235 240
 Phe His Trp Leu Met Leu Asn Pro Asn Asp Thr Val Thr Phe Ser Phe
 245 250 255
 Asn Gly Ala Phe Ile Ala Pro Asp Arg Ala Ser Phe Leu Arg Gly Lys

 260 265 270
 Ser Met Gly Ile Gln Ser Gly Val Gln Val Asp Ala Asn Cys Glu Gly
 275 280 285
 Asp Cys Tyr His Ser Gly Gly Thr Ile Ile Ser Asn Leu Pro Phe Gln
 290 295 300
 Asn Ile Asp Ser Arg Ala Val Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Lys Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Val Pro Glu Ile Pro
 325 330 335

 Lys Gly Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn Gly
 340 345 350
 Trp Glu Gly Leu Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn Ala
 355 360 365
 Gln Gly Glu Gly Thr Ala Ala Asp Tyr Lys Ser Thr Gln Ser Ala Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln
 385 390 395 400
 Gln Phe Glu Leu Val Asp Asn Glu Phe Asn Glu Val Glu Lys Gln Ile

 405 410 415
 Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser
 420 425 430
 Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp
 435 440 445
 Leu Ala Asp Ser Glu Met Asp Lys Leu Tyr Glu Arg Val Lys Arg Gln
 450 455 460
 Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Asp Gly Thr Gly Cys Phe Glu Ile Phe
 465 470 475 480

His Lys Cys Asp Asp Asp Cys Met Ala Ser Ile Arg Asn Asn Thr Tyr
485 490 495

Asp His Ser Lys Tyr Arg Glu Glu Ala Met Gln Asn Arg Ile Gln Ile
500 505 510

Asp Pro Val Lys Leu Ser Ser Gly Tyr Lys Asp Val Ile Leu Trp Phe
515 520 525

Ser Phe Gly Ala Ser Cys Phe Ile Leu Leu Ala Ile Val Met Gly Leu
530 535 540

Val Phe Ile Cys Val Lys Asn Gly Asn Met Arg Cys Thr Ile Cys Ile

545 550 555 560

<210> 394

<211> 172

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 394

Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser
1 5 10 15

Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn Ser Ser Leu Pro
20 25 30

Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser Pro Lys Tyr Val
35 40 45

Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn Gly Ser Ala
50 55 60

Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn
65 70 75 80

Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala Thr Gly Lys Glu
85 90 95

Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp
100 105 110

Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu
115 120 125

Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser Gln Gly Thr Gly

130 135 140
 Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg
 145 150 155 160
 Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 165 170
 <210> 395
 <211> 172
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 395
 Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser

 1 5 10 15
 Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn Thr Ser Leu Pro
 20 25 30
 Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Cys Pro Lys Tyr Val
 35 40 45
 Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Gly Ser Ala
 50 55 60
 Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr Asn Lys Val Asn
 65 70 75 80

 Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala Thr Gly Lys Glu
 85 90 95
 Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp
 100 105 110
 Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu
 115 120 125
 Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser Gln Gly Thr Gly
 130 135 140
 Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg

 145 150 155 160
 Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 165 170

<210> 396

<211> 172

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 396

Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser
1 5 10 15

Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn Ser Ser Leu Pro
20 25 30

Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser Pro Lys Tyr Val

35 40 45
Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn Gly Ser Ala

50 55 60
Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn

65 70 75 80
Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala Val Gly Lys Glu

85 90 95
Phe Asn Lys Asp Glu Arg Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp

100 105 110

Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu
115 120 125

Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser Gln Gly Thr Gly
130 135 140

Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg
145 150 155 160

Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
165 170

<210> 397

<211> 172

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 397

Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser
 1 5 10 15
 Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn Thr Ser Leu Pro
 20 25 30
 Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Ser Pro Lys Tyr Val
 35 40 45
 Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Gly Ser Ala
 50 55 60

Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr Asn Lys Val Asn
 65 70 75 80
 Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala Val Gly Lys Glu
 85 90 95
 Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp
 100 105 110
 Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu
 115 120 125
 Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser Gln Gly Thr Gly

130 135 140
 Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg
 145 150 155 160
 Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 165 170

<210> 398
 <211> 172
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 398

His Ala Val Pro Asn Gly Thr Ile Val Lys Thr Ile Thr Asn Asp Gln
 1 5 10 15
 Ile Glu Val Thr Asn Ala Thr Glu Gly Ser Ala Pro Asn Asp Lys Pro
 20 25 30
 Phe Gln Asn Thr Asn Arg Thr Thr Thr Gly Ala Cys Pro Arg Tyr Val

35 40 45
 Lys Gln Asn Thr Leu Lys Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Gly Ser Ala
 50 55 60
 Gly Ser Ala Thr Gln Ala Ala Ile Asn Gln Ile Asn Gly Lys Leu Asn
 65 70 75 80
 Arg Leu Ile Gly Lys Thr Asn Glu Lys Asp His Gln Asp Glu Lys Glu
 85 90 95

 Phe Ser Glu Asp Glu Gly Arg Ile Gln Asp Leu Glu Lys Tyr Val Glu
 100 105 110
 Asp Thr Lys Ile Asp Leu Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala
 115 120 125
 Leu Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Ala Thr Asp Ser Gln Gly Thr Gly
 130 135 140
 Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg
 145 150 155 160
 Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

165 170

<210> 399
 <211> 172
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 399

Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala
 1 5 10 15
 Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Gly Ser Ala Asn Ser Ser Met Pro
 20 25 30
 Phe His Asn Thr His Pro Asn Thr Thr Gly Glu Ser Pro Lys Tyr Val
 35 40 45
 Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Gly Ser Ala

50 55 60
 Gly Ser Ala Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn
 65 70 75 80

Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Asp Gly Arg Glu
85 90 95

Phe Asn Asn Asp Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu
100 105 110

Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu
115 120 125

Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser Gln Gly Thr Gly
130 135 140

Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg
145 150 155 160

Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
165 170

<210> 400
<211> 171
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 400

Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu Val Val Asn Ala
1 5 10 15

Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Gly Ser Ala Ile Ser Asn Leu Pro Phe
20 25 30

Gln Asn Thr Asp Ser Thr Ala Asn Gly Lys Cys Pro Arg Tyr Val Lys
35 40 45

Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn Gly Ser Ala Gly
50 55 60

Ser Ala Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn Arg
65 70 75 80

Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Asp Glu Leu Thr Asp Asn Glu Phe
85 90 95

Asn Glu Asp Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Arg Asp
100 105 110

Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Met

115 120 125
 Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Ala Ala Asp Ser Gln Gly Thr Gly Gly
 130 135 140
 Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys
 145 150 155 160

Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

165 170

<210> 401

<211> 172

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 401

Glu Thr Val Asp Thr Leu Thr Glu Thr Asn Val Pro Val Thr His Ala

1 5 10 15

Lys Glu Leu Leu His Thr Glu His Gly Ser Ala Asn Ser Thr Leu Pro

20 25 30

Phe His Asn Thr Ser Lys Thr Ala Asn Gly Thr Cys Pro Lys Tyr Val

35 40 45

Arg Val Asn Ser Leu Lys Leu Ala Val Gly Leu Arg Asn Gly Ser Ala

50 55 60

Gly Ser Ala Thr Gln Lys Ala Ile Asp Lys Ile Thr Ser Lys Val Asn

65 70 75 80

Asn Ile Val Asp Lys Met Asn Lys Gln Asp Glu Ile Thr Asp His Glu

85 90 95

Phe Ser Glu Asp Glu Thr Arg Leu Asn Met Ile Asn Asn Lys Ile Asp

100 105 110

Asp Gln Ile Gln Asp Val Trp Ala Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu

115 120 125

Leu Glu Asn Gln Lys Thr Leu Asp Ala His Asp Ser Gln Gly Thr Gly

130 135 140

Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg

145 150 155 160

Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

165

170

<210> 402

<211> 171

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 402

Thr Ile Val Lys Thr Leu Thr Asn Glu Gln Glu Glu Val Thr Asn Ala

1

5

10

15

Thr Glu Thr Val Glu Ser Thr Gly Gly Ser Ala Asn Thr Arg Leu Pro

20

25

30

Phe Gln Asn Thr Ser Pro Thr Thr Asn Gly Gln Cys Pro Lys Tyr Val

35

40

45

Asn Arg Arg Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Arg Asn Gly Ser Ala

50

55

60

Gly Ser Ala Thr Gln Ala Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly Lys Leu Asn

65

70

75

80

Arg Leu Val Glu Lys Thr Asn Thr Glu Asp Ser Ile Thr Ser Glu Phe

85

90

95

Ser Glu Ile Glu His Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn Trp Thr Lys Asp

100

105

110

Ser Ile Thr Asp Ile Trp Thr Tyr Gln Ala Glu Leu Leu Val Ala Met

115

120

125

Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Ala Ala Asp Ser Gln Gly Thr Gly Gly

130

135

140

Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys

145

150

155

160

Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

165

170

<210> 403

<211> 192

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 403

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr

20 25 30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser

50 55 60

Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg

65 70 75 80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr

85 90 95

Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala

100 105 110

Thr Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn

115 120 125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130 135 140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145 150 155 160

Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln

165 170 175

Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 404

<211> 192

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 404

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr
 20 25 30
 Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn
 35 40 45

 Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Cys
 50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr
 85 90 95
 Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala
 100 105 110
 Thr Gly Lys Glu Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn

 115 120 125
 Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
 130 135 140
 Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser
 145 150 155 160
 Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln
 165 170 175
 Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 180 185 190

<210> 405

<211> 192

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 405

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr
 20 25 30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser

50 55 60

Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg

65 70 75 80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr

85 90 95

Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala

100 105 110

Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Arg Arg Met Glu Asn Leu Asn

115 120 125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130 135 140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145 150 155 160

Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln

165 170 175

Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 406

<211> 192

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 406

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr

20 25 30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Ser

50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr
 85 90 95
 Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala
 100 105 110
 Val Gly Lys Glu Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn
 115 120 125
 Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

 130 135 140
 Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser
 145 150 155 160
 Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln
 165 170 175
 Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 180 185 190
 <210> 407
 <211> 192
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400>
 407
 Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly His Ala Val Pro Asn Gly Thr Ile Val Lys Thr Ile
 20 25 30
 Thr Asn Asp Gln Ile Glu Val Thr Asn Ala Thr Glu Gly Ser Ala Pro
 35 40 45
 Asn Asp Lys Pro Phe Gln Asn Thr Asn Arg Thr Thr Thr Gly Ala Cys
 50 55 60
 Pro Arg Tyr Val Lys Gln Asn Thr Leu Lys Leu Ala Thr Gly Met Arg

65					70					75					80
Asn	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Gln	Ala	Ala	Ile	Asn	Gln	Ile	Asn
				85					90					95	
Gly	Lys	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Gly	Lys	Thr	Asn	Glu	Lys	Asp	His	Gln
				100					105					110	
Asp	Glu	Lys	Glu	Phe	Ser	Glu	Asp	Glu	Gly	Arg	Ile	Gln	Asp	Leu	Glu
				115					120					125	
Lys	Tyr	Val	Glu	Asp	Thr	Lys	Ile	Asp	Leu	Trp	Ser	Tyr	Asn	Ala	Glu
				130					135					140	

Leu Leu Val Ala Leu Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Ala Thr Asp Ser
145 150 155 160
Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln
165 170 175
Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
180 185 190

<210>	408
<211>	192
<212>	PRT
<213>	Influenza A virus
<400>	408

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1					5					10					15				
Asp	Thr	Thr	Gly	Glu	Gln	Val	Asp	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Asn	Val	Thr				
				20				25				30							
Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile	Leu	Glu	Lys	Thr	His	Gly	Ser	Ala	Asn				
				35				40				45							
Ser	Ser	Met	Pro	Phe	His	Asn	Thr	His	Pro	Asn	Thr	Thr	Gly	Glu	Ser				
				50				55				60							
Pro	Lys	Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg				
				65				70				75				80			

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr

85 90 95

Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala
 100 105 110
 Asp Gly Arg Glu Phe Asn Asn Asp Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn
 115 120 125
 Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
 130 135 140
 Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

 145 150 155 160
 Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln
 165 170 175
 Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 180 185 190
 <210> 409
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 409
 Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15

 Asp Thr Thr Gly Thr Lys Val Asn Thr Leu Thr Glu Arg Gly Val Glu
 20 25 30
 Val Val Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Arg Thr Gly Ser Ala Ile Ser
 35 40 45
 Asn Leu Pro Phe Gln Asn Thr Asp Ser Thr Ala Asn Gly Lys Cys Pro
 50 55 60
 Arg Tyr Val Lys Gln Arg Ser Leu Leu Leu Ala Thr Gly Met Lys Asn
 65 70 75 80
 Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Ser Ala Ile Asp Gln Ile Thr Gly

 85 90 95
 Lys Leu Asn Arg Leu Ile Glu Lys Thr Asn Gln Gln Asp Glu Leu Thr
 100 105 110
 Asp Asn Glu Phe Asn Glu Asp Glu Lys Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn

115 120 125
 Trp Thr Arg Asp Ser Ile Thr Glu Val Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu
 130 135 140
 Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Ala Ala Asp Ser Gln
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala
 165 170 175
 Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 180 185 190

<210> 410
 <211> 192
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 410

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Glu Thr Val Asp Thr Leu Thr Glu Thr Asn Val Pro

20 25 30
 Val Thr His Ala Lys Glu Leu Leu His Thr Glu His Gly Ser Ala Asn
 35 40 45
 Ser Thr Leu Pro Phe His Asn Thr Ser Lys Thr Ala Asn Gly Thr Cys
 50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Arg Val Asn Ser Leu Lys Leu Ala Val Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Lys Ala Ile Asp Lys Ile Thr
 85 90 95

Ser Lys Val Asn Asn Ile Val Asp Lys Met Asn Lys Gln Asp Glu Ile
 100 105 110
 Thr Asp His Glu Phe Ser Glu Asp Glu Thr Arg Leu Asn Met Ile Asn
 115 120 125
 Asn Lys Ile Asp Asp Gln Ile Gln Asp Val Trp Ala Tyr Asn Ala Glu
 130 135 140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Gln Lys Thr Leu Asp Ala His Asp Ser
 145 150 155 160
 Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln
 165 170 175
 Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 180 185 190
 <210> 411
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 411
 Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Thr Ile Val Lys Thr Leu Thr Asn Glu Gln Glu Glu
 20 25 30
 Val Thr Asn Ala Thr Glu Thr Val Glu Ser Thr Gly Gly Ser Ala Asn
 35 40 45
 Thr Arg Leu Pro Phe Gln Asn Thr Ser Pro Thr Thr Asn Gly Gln Cys
 50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Asn Arg Arg Ser Leu Met Leu Ala Thr Gly Met Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Ala Ala Ile Asp Gln Ile Thr
 85 90 95
 Gly Lys Leu Asn Arg Leu Val Glu Lys Thr Asn Thr Glu Asp Ser Ile
 100 105 110
 Thr Ser Glu Phe Ser Glu Ile Glu His Gln Ile Gly Asn Val Ile Asn
 115 120 125
 Trp Thr Lys Asp Ser Ile Thr Asp Ile Trp Thr Tyr Gln Ala Glu Leu
 130 135 140
 Leu Val Ala Met Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Ala Ala Asp Ser Gln
 145 150 155 160
 Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala

165 170 175

Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 412

<211> 194

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 412

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Ala Ser Pro Asn Gly Thr Leu Val Lys Thr Ile Thr

20 25 30

Asp Asp Gln Ile Glu Val Thr Asn Ala Thr Glu Leu Val Gln Ser Ser

35 40 45

Gly Ser Ala Gly Ser Ala Asn Asp Lys Pro Phe Gln Asn Thr Asn Lys

50 55 60

Arg Thr Ser Gly Ala Ser Pro Lys Tyr Val Lys Gln Asn Thr Leu Lys

65 70 75 80

Leu Ala Thr Gly Gln Arg Gly Ser Ala Gly Ser Ala Ala Thr Asp Gln

85 90 95

Ile Asn Gly Lys Leu Asn Arg Val Ile Glu Lys Thr Asn Glu Lys Asp

100 105 110

His Gln Ile Glu Lys Glu Phe Ser Glu Asp Glu Gly Arg Ile Gln Asp

115 120 125

Leu Glu Lys Tyr Val Glu Asp Thr Lys Ile Asp Leu Trp Ser Tyr Asn

130 135 140

Ala Glu Leu Leu Val Ala Leu Glu Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Thr

145 150 155 160

Asp Ser Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp

165 170 175

Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr

180 185 190

Phe Leu

<210> 413

<211> 277

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 413

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Asn

20 25 30

Gly Trp Glu Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Phe Arg His Gln Asn

35 40 45

Ser Glu Gly Thr Gly Gln Ala Ala Asp Leu Lys Ser Thr Gln Ala Ala

50 55 60

Ile Asp Gln Ile Asn Gly Lys Leu Asn Arg Val Ile Glu Lys Thr Asn

65 70 75 80

Glu Lys Asp His Gln Ile Glu Lys Glu Phe Ser Glu Asp Glu Gly Arg

85 90 95

Ile Gln Asp Leu Glu Lys Tyr Val Glu Asp Thr Lys Ile Asp Leu Trp

100 105 110

Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Leu Glu Asn Gln His Thr Ile

115 120 125

Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Phe Glu Lys Thr Arg Arg

130 135 140

Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Glu Met Gly Asn Gly Cys Phe Lys Ile

145 150 155 160

Tyr His Lys Cys Asp Asn Ala Cys Ile Glu Ser Ile Arg Asn Gly Thr

165 170 175

Tyr Asp His Asp Val Tyr Arg Asp Glu Ala Leu Asn Asn Arg Phe Gln

180 185 190

Gly Ser Ala Gly Ser Ala Gly Asp Asn Ser Thr Ala Thr Leu Cys Leu
195 200 205

Gly His His Ala Val Pro Asn Gly Thr Leu Val Lys Thr Ile Thr Asp
210 215 220

Asp Gln Ile Glu Val Thr Asn Ala Thr Glu Leu Val Gln Ser Ser Gly
225 230 235 240

Ser Ala Gly Ser Ala Asn Asp Lys Pro Phe Gln Asn Thr Asn Lys Glu
245 250 255

Thr Thr Gly Ala Thr Pro Lys Tyr Val Lys Gln Asn Thr Leu Lys Leu
260 265 270

Ala Thr Gly Met Arg
275

<210> 414
<211> 278
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 414

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly
20 25 30

Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Gln Asn
35 40 45

Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr Gln Asn Ala
50 55 60

Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn
65 70 75 80

Ile Gln Asp Thr Ala Thr Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg
85 90 95

Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp
100 105 110

Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu

115 120 125
 Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser
 130 135 140
 Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe
 145 150 155 160
 Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr
 165 170 175
 Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys
 180 185 190

 Gly Ser Ala Gly Ser Ala Ala Ala Asp Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly
 195 200 205
 Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys
 210 215 220
 Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly
 225 230 235 240
 Ser Ala Asn Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn
 245 250 255
 Gly Glu Ser Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr

 260 265 270
 Gly Leu Arg Asn Ile Pro
 275
 <210> 415
 <211> 192
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 415
 Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr
 20 25 30
 Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn

 35 40 45

Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser
50 55 60
Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
65 70 75 80
Asn Gly Gly Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr
85 90 95
Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala
100 105 110

Thr Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn
115 120 125
Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
130 135 140
Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser
145 150 155 160
Gln Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln
165 170 175
Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 416
<211> 562
<212> PRT
<213> Influenza A virus
<400> 416

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
1 5 10 15
Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser
20 25 30
Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His
35 40 45

Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Arg Leu
50 55 60
Lys Gly Ile Ala Pro Leu Gln Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp

65	70								75								80							
Leu	Leu	Gly	Asn	Pro	Glu	Cys	Asp	Pro	Leu	Leu	Pro	Val	Arg	Ser	Trp									
				85				90				95												
Ser	Tyr	Ile	Val	Glu	Thr	Pro	Asn	Ser	Glu	Asn	Gly	Ile	Cys	Tyr	Pro									
				100				105				110												
Gly	Asp	Phe	Ile	Asp	Tyr	Glu	Glu	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Ser	Ser	Val									
				115				120				125												
Ser	Ser	Phe	Glu	Arg	Phe	Glu	Ile	Phe	Pro	Lys	Glu	Ser	Ser	Trp	Pro									
				130				135				140												
Asn	His	Asn	Thr	Asn	Gly	Val	Thr	Ala	Ala	Cys	Ser	His	Glu	Gly	Lys									
				145				150				155				160								
Ser	Ser	Phe	Tyr	Arg	Asn	Leu	Leu	Trp	Leu	Thr	Glu	Lys	Glu	Gly	Ser									
				165				170				175												
Tyr	Pro	Asn	Leu	Lys	Asn	Ser	Tyr	Val	Asn	Lys	Lys	Gly	Lys	Glu	Val									
				180				185				190												
Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	His	His	Pro	Ser	Asn	Ser	Lys	Glu	Gln	Gln									
				195				200				205												
Asn	Leu	Tyr	Gln	Asn	Glu	Asn	Ala	Tyr	Val	Ser	Val	Val	Thr	Ser	Asn									
				210				215				220												
Tyr	Asn	Arg	Arg	Phe	Thr	Pro	Glu	Ile	Ala	Glu	Arg	Pro	Lys	Val	Arg									
				225				230				235				240								
Asp	Gln	Ala	Gly	Arg	Met	Asn	Tyr	Tyr	Trp	Thr	Leu	Leu	Lys	Pro	Gly									
				245				250				255												
Asp	Thr	Ile	Ile	Phe	Glu	Ala	Asn	Gly	Asn	Leu	Ile	Ala	Pro	Met	Tyr									
				260				265				270												
Ala	Phe	Ala	Leu	Ser	Arg	Gly	Phe	Gly	Ser	Gly	Ile	Ile	Thr	Ser	Asn									
				275				280				285												
Ala	Ser	Met	His	Glu	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Leu	Gly	Ala									
				290				295				300												
Ile	Asn	Ser	Ser	Leu	Pro	Tyr	Gln	Asn	Ile	His	Pro	Val	Thr	Ile	Gly									
				305				310				315				320								
Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	Val	Arg	Ser	Ala	Lys	Leu	Arg	Met	Val	Thr	Gly									

				325				330				335			
Leu	Arg	Asn	Ile	Pro	Ser	Ile	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile
340				345				350							
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Thr	Gly	Met	Ile	Asp	Gly	Trp	Tyr
355				360				365							
Gly	Tyr	His	His	Gln	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Gln
370				375				380							
Lys	Ser	Thr	Gln	Asn	Ala	Ile	Asn	Gly	Ile	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Thr
385				390				395				400			
Val	Ile	Glu	Lys	Met	Asn	Ile	Gln	Phe	Thr	Ala	Val	Gly	Lys	Glu	Phe
405				410				415							
Asn	Lys	Leu	Glu	Lys	Arg	Met	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Val	Asp	Asp
420				425				430							
Gly	Phe	Leu	Asp	Ile	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Leu
435				440				445							
Glu	Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu
450				455				460							
Tyr	Glu	Lys	Val	Lys	Ser	Gln	Leu	Lys	Asn	Asn	Ala	Lys	Glu	Ile	Gly
465				470				475				480			
Asn	Gly	Cys	Phe	Glu	Phe	Tyr	His	Lys	Cys	Asp	Asn	Glu	Cys	Met	Glu
485				490				495							
Ser	Val	Arg	Asn	Gly	Thr	Tyr	Asp	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Ser	Glu	Glu	Ser
500				505				510							
Lys	Leu	Asn	Arg	Glu	Lys	Val	Asp	Gly	Val	Lys	Leu	Glu	Ser	Met	Gly
515				520				525							
Ile	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Gly	Tyr	Ile	Pro	Glu	Ala	Pro	Arg	Asp
530				535				540							
Gly	Gln	Ala	Tyr	Val	Arg	Lys	Asp	Gly	Glu	Trp	Val	Leu	Leu	Ser	Thr
545				550				555				560			
Phe Leu															

<210> 417

<211> 559

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 417

Met Lys Ala Asn Leu Leu Val Leu Leu Cys Ala Leu Ala Ala Asp

1 5 10 15

Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr

20 25 30

Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn

35 40 45

Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Arg Leu Lys Gly Ile

50 55 60

Ala Pro Leu Gln Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Leu Leu Gly

65 70 75 80

Asn Pro Glu Cys Asp Pro Leu Leu Pro Val Arg Ser Trp Ser Tyr Ile

85 90 95

Val Glu Thr Pro Asn Ser Glu Asn Gly Ile Cys Tyr Pro Gly Asp Phe

100 105 110

Ile Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe

115 120 125

Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Asn

130 135 140

Thr Asn Gly Val Thr Ala Ala Cys Ser His Glu Gly Lys Ser Ser Phe

145 150 155 160

Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Glu Lys Glu Gly Ser Tyr Pro Asn

165 170 175

Leu Lys Asn Ser Tyr Val Asn Lys Lys Gly Lys Glu Val Leu Val Leu

180 185 190

Trp Gly Ile His His Pro Ser Asn Ser Lys Glu Gln Gln Asn Leu Tyr

195 200 205

Gln Asn Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Thr Ser Asn Tyr Asn Arg

210 215 220
 Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Glu Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln Ala
 225 230 235 240
 Gly Arg Met Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Lys Pro Gly Asp Thr Ile
 245 250 255
 Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Met Tyr Ala Phe Ala

 260 265 270
 Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Ser Met
 275 280 285
 His Glu Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Ala Ile Asn Ser
 290 295 300
 Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Ile His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys Pro
 305 310 315 320
 Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn
 325 330 335

 Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 340 345 350
 Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 355 360 365
 His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr
 370 375 380
 Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu
 385 390 395 400
 Lys Met Asn Ile Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys Leu

 405 410 415
 Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu
 420 425 430
 Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu
 435 440 445
 Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu Lys
 450 455 460
 Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly Cys

				465				470				475				480			
Phe	Glu	Phe	Tyr	His	Lys	Cys	Asp	Asn	Glu	Cys	Met	Glu	Ser	Val	Arg				
				485				490				495							
Asn	Gly	Thr	Tyr	Asp	Tyr	Pro	Lys	Tyr	Ser	Glu	Glu	Ser	Lys	Leu	Asn				
				500				505				510							
Arg	Glu	Lys	Val	Asp	Gly	Val	Lys	Leu	Glu	Ser	Met	Gly	Ile	Gly	Ser				
				515				520				525							
Ala	Gly	Ser	Ala	Gly	Tyr	Ile	Pro	Glu	Ala	Pro	Arg	Asp	Gly	Gln	Ala				
				530				535				540							
Tyr	Val	Arg	Lys	Asp	Gly	Glu	Trp	Val	Leu	Leu	Ser	Thr	Phe	Leu					
545				550				555											
<210>				418															
<211>				202															
<212>				PRT															
<213>				Influenza A virus															
<400>				418															
Met	Glu	Thr	Pro	Ala	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu	Leu	Trp	Leu	Pro					
1				5				10				15							
Asp	Thr	Thr	Gly	Asp	Thr	Val	Asp	Thr	Val	Leu	Glu	Lys	Asn	Val	Thr				
				20				25				30							
Val	Thr	His	Ser	Val	Asn	Leu	Leu	Glu	Asp	Ser	His	Gly	Ser	Ala	Asn				
				35				40				45							
Ser	Ser	Leu	Pro	Tyr	Gln	Asn	Thr	His	Pro	Thr	Thr	Asn	Gly	Glu	Ser				
50				55				60											
Pro	Lys	Tyr	Val	Arg	Ser	Ala	Lys	Leu	Arg	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Arg				
65				70				75				80							
Asn	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Gln	Asn	Ala	Ile	Asn	Gly	Ile	Thr				
				85				90				95							
Asn	Lys	Val	Asn	Thr	Val	Ile	Glu	Lys	Met	Asn	Ile	Gln	Asp	Thr	Ala				
				100				105				110							
Thr	Gly	Lys	Glu	Phe	Asn	Lys	Asp	Glu	Lys	Arg	Met	Glu	Asn	Leu	Asn				

115 120 125
 Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
 130 135 140
 Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser
 145 150 155 160
 Gln Gly Thr Gly Gly Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
 165 170 175
 Leu Val Leu Leu Val Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser
 180 185 190

Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile

195 200
 <210> 419
 <211> 160
 <212> PRT
 <213> Influenza A virus
 <400> 419

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Cys Glu Lys Asn Val Thr
 20 25 30
 Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn
 35 40 45

Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser
 50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Cys Ile Thr
 85 90 95
 Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala
 100 105 110
 Thr Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn

115 120 125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130

135

140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145

150

155

160

<210> 420

<211> 160

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 420

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1

5

10

15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Cys Glu Lys Asn Val Thr

20

25

30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn

35

40

45

Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Ser

50

55

60

Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg

65

70

75

80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Cys Ile Thr

85

90

95

Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala

100

105

110

Val Gly Lys Glu Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn

115

120

125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130

135

140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145

150

155

160

<210> 421

<211> 498

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 421

Met Ala Ser Gln Gly Thr Lys Arg Ser Tyr Glu Gln Met Glu Thr Asp

1 5 10 15

Gly Glu Arg Gln Asn Ala Thr Glu Ile Arg Ala Ser Val Gly Lys Met

20 25 30

Ile Asp Gly Ile Gly Arg Phe Tyr Ile Gln Met Cys Thr Glu Leu Lys

35 40 45

Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Arg Leu Ile Gln Asn Ser Leu Thr Ile Glu

50 55 60

Arg Met Val Leu Ser Ala Phe Asp Glu Arg Arg Asn Arg Tyr Leu Glu

65 70 75 80

Glu His Pro Ser Ala Gly Lys Asp Pro Lys Lys Thr Gly Gly Pro Ile

85 90 95

Tyr Lys Arg Val Asp Gly Arg Trp Met Arg Glu Leu Val Leu Tyr Asp

100 105 110

Lys Glu Glu Ile Arg Arg Ile Trp Arg Gln Ala Asn Asn Gly Asp Asp

115 120 125

Ala Thr Ala Gly Leu Thr His Met Met Ile Trp His Ser Asn Leu Asn

130 135 140

Asp Thr Thr Tyr Gln Arg Thr Arg Ala Leu Val Arg Thr Gly Met Asp

145 150 155 160

Pro Arg Met Cys Ser Leu Met Gln Gly Ser Thr Leu Pro Arg Arg Ser

165 170 175

Gly Ala Ala Gly Ala Ala Val Lys Gly Ile Gly Thr Met Val Met Glu

180 185 190

Leu Ile Arg Met Ile Lys Arg Gly Ile Asn Asp Arg Asn Phe Trp Arg

195 200 205

Gly Glu Asn Gly Arg Lys Thr Arg Ser Ala Tyr Glu Arg Met Cys Asn

210 215 220

Ile Leu Lys Gly Lys Phe Gln Thr Ala Ala Gln Arg Ala Met Met Asp

225 230 235 240

Gln Val Arg Glu Ser Arg Asn Pro Gly Asn Ala Glu Ile Glu Asp Leu
245 250 255

Ile Phe Ser Ala Arg Ser Ala Leu Ile Leu Arg Gly Ser Val Ala His
260 265 270

Lys Ser Cys Leu Pro Ala Cys Val Tyr Gly Pro Ala Val Ser Ser Gly
275 280 285

Tyr Asn Phe Glu Lys Glu Gly Tyr Ser Leu Val Gly Ile Asp Pro Phe
290 295 300

Lys Leu Leu Gln Asn Ser Gln Val Tyr Ser Leu Ile Arg Pro Asn Glu
305 310 315 320

Asn Pro Ala His Lys Ser Gln Leu Val Trp Met Ala Cys His Ser Ala
325 330 335

Ala Phe Glu Asp Leu Arg Leu Leu Ser Phe Ile Arg Gly Thr Lys Val
340 345 350

Ser Pro Arg Gly Lys Leu Ser Thr Arg Gly Val Gln Ile Ala Ser Asn
355 360 365

Glu Asn Met Asp Asn Met Glu Ser Ser Thr Leu Glu Leu Arg Ser Arg
370 375 380

Tyr Trp Ala Ile Arg Thr Arg Ser Gly Gly Asn Thr Asn Gln Gln Arg
385 390 395 400

Ala Ser Ala Gly Gln Ile Ser Val Gln Pro Thr Phe Ser Val Gln Arg
405 410 415

Asn Leu Pro Phe Glu Lys Ser Thr Val Met Ala Ala Phe Thr Gly Asn
420 425 430

Thr Glu Gly Arg Thr Ser Asp Met Arg Ala Glu Ile Ile Arg Met Met
435 440 445

Glu Gly Ala Lys Pro Glu Glu Val Ser Phe Arg Gly Arg Gly Val Phe
450 455 460

Glu Leu Ser Asp Glu Lys Ala Thr Asn Pro Ile Val Pro Ser Phe Asp
465 470 475 480

Met Ser Asn Glu Gly Ser Tyr Phe Phe Gly Asp Asn Ala Glu Glu Tyr

485 490 495

Asp Asn

<210> 422

<211> 191

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 422

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn

20 25 30

Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Lys Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn

50 55 60

Cys Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys

65 70 75 80

Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr

85 90 95

Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg

100 105 110

Leu Ser Gly Ala Met Asp Glu Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp

115 120 125

Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu

130 135 140

Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu

145 150 155 160

Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala

165 170 175

Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 423
 <211> 583
 <212> PRT
 <213> Influenza B virus
 <400> 423
 Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp
 1 5 10 15
 Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys
 20 25 30
 Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr
 35 40 45
 Thr Thr Pro Thr Lys Ser His Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Lys Thr
 50 55 60
 Arg Gly Lys Leu Cys Pro Asn Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val
 65 70 75 80
 Ala Leu Gly Arg Pro Met Cys Met Gly Thr Ile Pro Ser Ala Lys Ala
 85 90 95
 Ser Ile Leu His Glu Val Arg Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile
 100 105 110
 Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly
 115 120 125
 Tyr Glu Asn Ile Arg Leu Ser Thr His Asn Val Ile Asn Ala Glu Arg
 130 135 140
 Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Arg Leu Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn
 145 150 155 160
 Val Thr Ser Arg Asn Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro
 165 170 175
 Arg Asp Asn Lys Thr Ala Thr Asn Pro Leu Thr Val Glu Val Pro Tyr
 180 185 190
 Ile Cys Thr Lys Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe His Ser
 195 200 205
 Asp Asp Lys Thr Gln Met Lys Asn Leu Tyr Gly Asp Ser Asn Pro Gln

210 215 220
 Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val Ser Gln
 225 230 235 240
 Ile Gly Asp Phe Pro Asn Gln Thr Glu Asp Gly Gly Leu Pro Gln Ser
 245 250 255
 Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Val Gln Lys Pro Gly Lys Thr Gly
 260 265 270

 Thr Ile Val Tyr Gln Arg Gly Val Leu Leu Pro Gln Lys Val Trp Cys
 275 280 285
 Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu Ile Gly
 290 295 300
 Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys Ser Lys
 305 310 315 320
 Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys Pro Ile
 325 330 335
 Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr Arg Pro

 340 345 350
 Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Arg Gly Phe Phe Gly Ala Ile Ala Gly
 355 360 365
 Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His Gly Tyr
 370 375 380
 Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu Lys Ser
 385 390 395 400
 Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser
 405 410 415

 Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met Asp Glu
 420 425 430
 Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg
 435 440 445
 Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn
 450 455 460
 Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu Glu Arg

465 470 475 480
Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Asp Ile Gly Asn Gly

 485 490 495
Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp Arg Ile

 500 505 510
Ala Ala Gly Thr Phe Asn Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr Phe Asp

 515 520 525
Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu Asp Asn

 530 535 540
His Thr Ile Leu Leu Tyr Tyr Ser Thr Ala Ala Ser Ser Leu Ala Val

545 550 555 560

Thr Leu Met Ile Ala Ile Phe Ile Val Tyr Met Val Ser Arg Asp Asn

 565 570 575

Val Ser Cys Ser Ile Cys Leu

580

<210> 424

<211> 546

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 424

Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp

1 5 10 15

Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys

20 25 30

Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr

35 40 45

Thr Thr Pro Thr Lys Ser His Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Lys Thr

50 55 60

Arg Gly Lys Leu Cys Pro Asn Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val

65 70 75 80

Ala Leu Gly Arg Pro Met Cys Met Gly Thr Ile Pro Ser Ala Lys Ala

85 90 95

Ser Ile Leu His Glu Val Arg Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile

100 105 110

Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly

115 120 125

Tyr Glu Asn Ile Arg Leu Ser Thr His Asn Val Ile Asn Ala Glu Arg

130 135 140

Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Arg Leu Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn

145 150 155 160

Val Thr Ser Arg Asn Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro

165 170 175

Arg Asp Asn Lys Thr Ala Thr Asn Pro Leu Thr Val Glu Val Pro Tyr

180 185 190

Ile Cys Thr Lys Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe His Ser

195 200 205

Asp Asp Lys Thr Gln Met Lys Asn Leu Tyr Gly Asp Ser Asn Pro Gln

210 215 220

Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val Ser Gln

225 230 235 240

Ile Gly Asp Phe Pro Asn Gln Thr Glu Asp Gly Gly Leu Pro Gln Ser

245 250 255

Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Val Gln Lys Pro Gly Lys Thr Gly

260 265 270

Thr Ile Val Tyr Gln Arg Gly Val Leu Leu Pro Gln Lys Val Trp Cys

275 280 285

Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu Ile Gly

290 295 300

Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys Ser Lys

305 310 315 320

Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys Pro Ile

325 330 335

Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr Arg Pro

340 345 350
 Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Arg Gly Phe Phe Gly Ala Ile Ala Gly
 355 360 365
 Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His Gly Tyr
 370 375 380
 Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu Lys Ser

 385 390 395 400
 Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser
 405 410 415
 Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met Asp Glu
 420 425 430
 Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg
 435 440 445
 Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn
 450 455 460

 Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu Glu Arg
 465 470 475 480
 Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Asp Ile Gly Asn Gly
 485 490 495
 Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp Arg Ile
 500 505 510
 Ala Ala Gly Thr Phe Asn Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr Phe Asp
 515 520 525
 Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu Asp Asn

 530 535 540
 His Thr
 545
 <210> 425
 <211> 585
 <212> PRT
 <213> Influenza B virus
 <400> 425

Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp
1 5 10 15
Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys
20 25 30
Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr
35 40 45

Thr Thr Pro Thr Lys Ser His Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Lys Thr
50 55 60
Arg Gly Lys Leu Cys Pro Lys Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val
65 70 75 80
Ala Leu Gly Arg Pro Lys Cys Thr Gly Thr Ile Pro Ser Ala Lys Ala
85 90 95
Ser Ile Leu His Glu Val Lys Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile
100 105 110
Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly

115 120 125
Tyr Glu His Ile Arg Leu Ser Thr His Asn Val Ile Asn Ala Glu Thr
130 135 140
Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Lys Val Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn
145 150 155 160
Val Thr Asn Gly Asn Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro
165 170 175
Lys Asn Asp Asn Asn Lys Thr Ala Thr Asn Pro Leu Thr Val Glu Val
180 185 190

Pro Tyr Ile Cys Thr Glu Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe
195 200 205
His Ser Asp Asn Glu Ala Gln Met Val Lys Leu Tyr Gly Asp Ser Lys
210 215 220
Pro Gln Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val
225 230 235 240
Ser Gln Ile Gly Gly Phe Pro Asn Gln Ala Glu Asp Gly Gly Leu Pro
245 250 255

Gln Ser Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Val Gln Lys Ser Gly Lys

260 265 270

Thr Gly Thr Ile Thr Tyr Gln Arg Gly Ile Leu Leu Pro Gln Lys Val

275 280 285

Trp Cys Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu

290 295 300

Ile Gly Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys

305 310 315 320

Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys

325 330 335

Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr

340 345 350

Arg Pro Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Lys Gly Phe Phe Gly Ala Ile

355 360 365

Ala Gly Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His

370 375 380

Gly Tyr Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu

385 390 395 400

Lys Ser Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser

405 410 415

Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met

420 425 430

Asp Glu Leu His Asn Lys Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp

435 440 445

Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu

450 455 460

Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu

465 470 475 480

Glu Arg Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Glu Ile Gly

485 490 495

Asn Gly Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp

500 505 510
 Arg Ile Ala Ala Gly Thr Phe Asn Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr
 515 520 525
 Phe Asp Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu
 530 535 540
 Asp Asn His Thr Ile Leu Leu Tyr Tyr Ser Thr Ala Ala Ser Ser Leu

 545 550 555 560
 Ala Val Thr Leu Met Ile Ala Ile Phe Ile Val Tyr Met Val Ser Arg
 565 570 575
 Asp Asn Val Ser Cys Ser Ile Cys Leu
 580 585
 <210> 426
 <211> 548
 <212> PRT
 <213> Influenza B virus
 <400> 426
 Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp
 1 5 10 15
 Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys

 20 25 30
 Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr
 35 40 45
 Thr Thr Pro Thr Lys Ser His Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Lys Thr
 50 55 60
 Arg Gly Lys Leu Cys Pro Lys Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val
 65 70 75 80
 Ala Leu Gly Arg Pro Lys Cys Thr Gly Thr Ile Pro Ser Ala Lys Ala
 85 90 95

 Ser Ile Leu His Glu Val Lys Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile
 100 105 110
 Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly
 115 120 125

Tyr Glu His Ile Arg Leu Ser Thr His Asn Val Ile Asn Ala Glu Thr
 130 135 140
 Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Lys Val Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn
 145 150 155 160
 Val Thr Asn Gly Asn Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro
 165 170 175
 Lys Asn Asp Asn Asn Lys Thr Ala Thr Asn Pro Leu Thr Val Glu Val
 180 185 190
 Pro Tyr Ile Cys Thr Glu Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe
 195 200 205
 His Ser Asp Asn Glu Ala Gln Met Val Lys Leu Tyr Gly Asp Ser Lys
 210 215 220
 Pro Gln Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val
 225 230 235 240
 Ser Gln Ile Gly Gly Phe Pro Asn Gln Ala Glu Asp Gly Gly Leu Pro
 245 250 255
 Gln Ser Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Val Gln Lys Ser Gly Lys
 260 265 270
 Thr Gly Thr Ile Thr Tyr Gln Arg Gly Ile Leu Leu Pro Gln Lys Val
 275 280 285
 Trp Cys Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu
 290 295 300
 Ile Gly Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys
 305 310 315 320
 Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys
 325 330 335
 Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr
 340 345 350
 Arg Pro Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Lys Gly Phe Phe Gly Ala Ile
 355 360 365
 Ala Gly Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His

370 375 380
 Gly Tyr Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu
 385 390 395 400
 Lys Ser Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser
 405 410 415
 Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met
 420 425 430
 Asp Glu Leu His Asn Lys Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp
 435 440 445
 Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu

 450 455 460
 Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu
 465 470 475 480
 Glu Arg Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Glu Ile Gly
 485 490 495
 Asn Gly Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp
 500 505 510
 Arg Ile Ala Ala Gly Thr Phe Asn Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr
 515 520 525

 Phe Asp Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu
 530 535 540
 Asp Asn His Thr
 545
 <210> 427
 <211> 585
 <212> PRT
 <213> Influenza B virus
 <400> 427
 Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp
 1 5 10 15
 Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys
 20 25 30

Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr

35 40 45

Thr Thr Pro Thr Lys Ser His Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Glu Thr

50 55 60

Arg Gly Lys Leu Cys Pro Lys Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val

65 70 75 80

Ala Leu Gly Arg Pro Lys Cys Thr Gly Lys Ile Pro Ser Ala Arg Val

85 90 95

Ser Ile Leu His Glu Val Arg Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile

100 105 110

Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly

115 120 125

Tyr Glu His Ile Arg Leu Ser Thr His Asn Val Ile Asn Ala Glu Asn

130 135 140

Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Lys Ile Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn

145 150 155 160

Ile Thr Asn Gly Asn Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro

165 170 175

Lys Asn Asp Lys Asn Lys Thr Ala Thr Asn Pro Leu Thr Ile Glu Val

180 185 190

Pro Tyr Ile Cys Thr Glu Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe

195 200 205

His Ser Asp Asn Glu Thr Gln Met Ala Lys Leu Tyr Gly Asp Ser Lys

210 215 220

Pro Gln Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val

225 230 235 240

Ser Gln Ile Gly Gly Phe Pro Asn Gln Thr Glu Asp Gly Gly Leu Pro

245 250 255

Gln Ser Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Val Gln Lys Ser Gly Lys

260 265 270

Thr Gly Thr Ile Thr Tyr Gln Arg Gly Ile Leu Leu Pro Gln Lys Val

275 280 285
 Trp Cys Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu
 290 295 300
 Ile Gly Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys
 305 310 315 320
 Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys

 325 330 335
 Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr
 340 345 350
 Arg Pro Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Arg Gly Phe Phe Gly Ala Ile
 355 360 365
 Ala Gly Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His
 370 375 380
 Gly Tyr Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu
 385 390 395 400

 Lys Ser Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser
 405 410 415
 Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met
 420 425 430
 Asp Glu Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp
 435 440 445
 Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu
 450 455 460
 Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu

 465 470 475 480
 Glu Arg Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Glu Ile Gly
 485 490 495
 Asn Gly Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp
 500 505 510
 Arg Ile Ala Ala Gly Thr Phe Asp Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr
 515 520 525
 Phe Asp Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu

530 535 540
 Asp Asn His Thr Ile Leu Leu Tyr Tyr Ser Thr Ala Ala Ser Ser Leu
 545 550 555 560
 Ala Val Thr Leu Met Ile Ala Ile Phe Val Val Tyr Met Val Ser Arg
 565 570 575
 Asp Asn Val Ser Cys Ser Ile Cys Leu
 580 585
 <210> 428
 <211> 548
 <212> PRT
 <213> Influenza B virus
 <400> 428
 Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp
 1 5 10 15

 Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys
 20 25 30
 Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr
 35 40 45
 Thr Thr Pro Thr Lys Ser His Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Glu Thr
 50 55 60
 Arg Gly Lys Leu Cys Pro Lys Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val
 65 70 75 80
 Ala Leu Gly Arg Pro Lys Cys Thr Gly Lys Ile Pro Ser Ala Arg Val

 85 90 95
 Ser Ile Leu His Glu Val Arg Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile
 100 105 110
 Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly
 115 120 125
 Tyr Glu His Ile Arg Leu Ser Thr His Asn Val Ile Asn Ala Glu Asn
 130 135 140
 Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Lys Ile Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn

145					150				155				160			
Ile	Thr	Asn	Gly	Asn	Gly	Phe	Phe	Ala	Thr	Met	Ala	Trp	Ala	Val	Pro	
				165				170				175				
Lys	Asn	Asp	Lys	Asn	Lys	Thr	Ala	Thr	Asn	Pro	Leu	Thr	Ile	Glu	Val	
				180				185				190				
Pro	Tyr	Ile	Cys	Thr	Glu	Gly	Glu	Asp	Gln	Ile	Thr	Val	Trp	Gly	Phe	
				195				200				205				
His	Ser	Asp	Asn	Glu	Thr	Gln	Met	Ala	Lys	Leu	Tyr	Gly	Asp	Ser	Lys	
				210				215				220				
Pro	Gln	Lys	Phe	Thr	Ser	Ser	Ala	Asn	Gly	Val	Thr	Thr	His	Tyr	Val	
225				230				235				240				
Ser	Gln	Ile	Gly	Gly	Phe	Pro	Asn	Gln	Thr	Glu	Asp	Gly	Gly	Leu	Pro	
				245				250				255				
Gln	Ser	Gly	Arg	Ile	Val	Val	Asp	Tyr	Met	Val	Gln	Lys	Ser	Gly	Lys	
				260				265				270				
Thr	Gly	Thr	Ile	Thr	Tyr	Gln	Arg	Gly	Ile	Leu	Leu	Pro	Gln	Lys	Val	
				275				280				285				
Trp	Cys	Ala	Ser	Gly	Arg	Ser	Lys	Val	Ile	Lys	Gly	Ser	Leu	Pro	Leu	
				290				295				300				
Ile	Gly	Glu	Ala	Asp	Cys	Leu	His	Glu	Lys	Tyr	Gly	Gly	Leu	Asn	Lys	
305				310				315				320				
Ser	Lys	Pro	Tyr	Tyr	Thr	Gly	Glu	His	Ala	Lys	Ala	Ile	Gly	Asn	Cys	
				325				330				335				
Pro	Ile	Trp	Val	Lys	Thr	Pro	Leu	Lys	Leu	Ala	Asn	Gly	Thr	Lys	Tyr	
				340				345				350				
Arg	Pro	Pro	Ala	Lys	Leu	Leu	Lys	Glu	Arg	Gly	Phe	Phe	Gly	Ala	Ile	
				355				360				365				
Ala	Gly	Phe	Leu	Glu	Gly	Gly	Trp	Glu	Gly	Met	Ile	Ala	Gly	Trp	His	
370				375				380								
Gly	Tyr	Thr	Ser	His	Gly	Ala	His	Gly	Val	Ala	Val	Ala	Ala	Asp	Leu	
385				390				395				400				

Lys Ser Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser
405 410 415

Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met
420 425 430

Asp Glu Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp
435 440 445

Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu
450 455 460

Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu
465 470 475 480

Glu Arg Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Glu Ile Gly
485 490 495

Asn Gly Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp
500 505 510

Arg Ile Ala Ala Gly Thr Phe Asp Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr
515 520 525

Phe Asp Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu
530 535 540

Asp Asn His Thr
545

<210> 429

<211> 584

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 429

Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp
1 5 10 15

Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys
20 25 30

Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr
35 40 45

Thr Thr Pro Thr Lys Ser Tyr Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Arg Thr

50 55 60
 Arg Gly Lys Leu Cys Pro Asp Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val
 65 70 75 80
 Ala Leu Gly Arg Pro Met Cys Val Gly Thr Thr Pro Ser Ala Lys Ala
 85 90 95
 Ser Ile Leu His Glu Val Arg Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile

 100 105 110
 Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly
 115 120 125
 Tyr Glu Lys Ile Arg Leu Ser Thr Gln Asn Val Ile Asp Ala Glu Lys
 130 135 140
 Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Arg Leu Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn
 145 150 155 160
 Ala Thr Ser Lys Ile Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro
 165 170 175

 Lys Asp Asn Tyr Lys Asn Ala Thr Asn Pro Leu Thr Val Glu Val Pro
 180 185 190
 Tyr Ile Cys Thr Glu Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe His
 195 200 205
 Ser Asp Asn Lys Thr Gln Met Lys Ser Leu Tyr Gly Asp Ser Asn Pro
 210 215 220
 Gln Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val Ser
 225 230 235 240
 Gln Ile Gly Asp Phe Pro Asp Gln Thr Glu Asp Gly Gly Leu Pro Gln

 245 250 255
 Ser Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Met Gln Lys Pro Gly Lys Thr
 260 265 270
 Gly Thr Ile Val Tyr Gln Arg Gly Val Leu Leu Pro Gln Lys Val Trp
 275 280 285
 Cys Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu Ile
 290 295 300
 Gly Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys Ser

305 310 315 320
 Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys Pro
 325 330 335
 Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr Arg
 340 345 350
 Pro Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Arg Gly Phe Phe Gly Ala Ile Ala
 355 360 365
 Gly Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His Gly
 370 375 380
 Tyr Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu Lys

 385 390 395 400
 Ser Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser Leu
 405 410 415
 Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met Asp
 420 425 430
 Glu Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp Leu
 435 440 445
 Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu Ser
 450 455 460

 Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu Glu
 465 470 475 480
 Arg Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Asp Ile Gly Asn
 485 490 495
 Gly Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp Arg
 500 505 510
 Ile Ala Ala Gly Thr Phe Asp Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr Phe
 515 520 525
 Asp Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu Asp

 530 535 540
 Asn His Thr Ile Leu Leu Tyr Tyr Ser Thr Ala Ala Ser Ser Leu Ala
 545 550 555 560

Val Thr Leu Met Leu Ala Ile Phe Ile Val Tyr Met Val Ser Arg Asp

565 570 575

Asn Val Ser Cys Ser Ile Cys Leu

580

<210> 430

<211> 547

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 430

Met Lys Ala Ile Ile Val Leu Leu Met Val Val Thr Ser Asn Ala Asp

1 5 10 15

Arg Ile Cys Thr Gly Ile Thr Ser Ser Asn Ser Pro His Val Val Lys

20 25 30

Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr

35 40 45

Thr Thr Pro Thr Lys Ser Tyr Phe Ala Asn Leu Lys Gly Thr Arg Thr

50 55 60

Arg Gly Lys Leu Cys Pro Asp Cys Leu Asn Cys Thr Asp Leu Asp Val

65 70 75 80

Ala Leu Gly Arg Pro Met Cys Val Gly Thr Thr Pro Ser Ala Lys Ala

85 90 95

Ser Ile Leu His Glu Val Arg Pro Val Thr Ser Gly Cys Phe Pro Ile

100 105 110

Met His Asp Arg Thr Lys Ile Arg Gln Leu Pro Asn Leu Leu Arg Gly

115 120 125

Tyr Glu Lys Ile Arg Leu Ser Thr Gln Asn Val Ile Asp Ala Glu Lys

130 135 140

Ala Pro Gly Gly Pro Tyr Arg Leu Gly Thr Ser Gly Ser Cys Pro Asn

145 150 155 160

Ala Thr Ser Lys Ile Gly Phe Phe Ala Thr Met Ala Trp Ala Val Pro

165 170 175

Lys Asp Asn Tyr Lys Asn Ala Thr Asn Pro Leu Thr Val Glu Val Pro

180	185	190	
Tyr Ile Cys Thr Glu Gly Glu Asp Gln Ile Thr Val Trp Gly Phe His			
195	200	205	
Ser Asp Asn Lys Thr Gln Met Lys Ser Leu Tyr Gly Asp Ser Asn Pro			
210	215	220	
Gln Lys Phe Thr Ser Ser Ala Asn Gly Val Thr Thr His Tyr Val Ser			
225	230	235	240
Gln Ile Gly Asp Phe Pro Asp Gln Thr Glu Asp Gly Gly Leu Pro Gln			
245	250	255	
Ser Gly Arg Ile Val Val Asp Tyr Met Met Gln Lys Pro Gly Lys Thr			
260	265	270	
Gly Thr Ile Val Tyr Gln Arg Gly Val Leu Leu Pro Gln Lys Val Trp			
275	280	285	
Cys Ala Ser Gly Arg Ser Lys Val Ile Lys Gly Ser Leu Pro Leu Ile			
290	295	300	
Gly Glu Ala Asp Cys Leu His Glu Lys Tyr Gly Gly Leu Asn Lys Ser			
305	310	315	320
Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Ile Gly Asn Cys Pro			
325	330	335	
Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr Arg			
340	345	350	
Pro Pro Ala Lys Leu Leu Lys Glu Arg Gly Phe Phe Gly Ala Ile Ala			
355	360	365	
Gly Phe Leu Glu Gly Gly Trp Glu Gly Met Ile Ala Gly Trp His Gly			
370	375	380	
Tyr Thr Ser His Gly Ala His Gly Val Ala Val Ala Ala Asp Leu Lys			
385	390	395	400
Ser Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn Ser Leu			
405	410	415	
Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala Met Asp			
420	425	430	

Glu Leu His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp Asp Leu

435 440 445

Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu Leu Ser

450 455 460

Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu His Leu Leu Ala Leu Glu

465 470 475 480

Arg Lys Leu Lys Lys Met Leu Gly Pro Ser Ala Val Asp Ile Gly Asn

485 490 495

Gly Cys Phe Glu Thr Lys His Lys Cys Asn Gln Thr Cys Leu Asp Arg

500 505 510

Ile Ala Ala Gly Thr Phe Asp Ala Gly Glu Phe Ser Leu Pro Thr Phe

515 520 525

Asp Ser Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Asn Asp Asp Gly Leu Asp

530 535 540

Asn His Thr

545

<210> 431

<211> 328

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 431

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr

20 25 30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Ser

50 55 60

Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg

65 70 75 80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr

85 90 95

Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala

100 105 110

Val Gly Lys Glu Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn

115 120 125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130 135 140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145 150 155 160

Gln Gly Thr Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn Glu Gln Val Asn

165 170 175

Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met Ser Ser Trp Cys

180 185 190

Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu Phe Asp His Ala

195 200 205

Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile Phe Leu Asn Glu

210 215 220

Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala Pro Glu His Lys

225 230 235 240

Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr Glu His Glu Gln

245 250 255

His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His Ala Ile Lys Ser

260 265 270

Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr Val Ala Glu Gln

275 280 285

His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp Lys Ile Glu Leu

290 295 300

Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp Gln Tyr Val Lys

305 310 315 320

Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser

325

<210> 432

<211> 384

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 432

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser

20 25 30

Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His

35 40 45

Ser Val Asn Leu Gly Ser Gly Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn

50 55 60

Ile Pro Gln Arg Glu Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe

65 70 75 80

Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His

85 90 95

His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr

100 105 110

Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Met Val Asn Ser Val Ile Glu

115 120 125

Lys Met Gly Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asp Leu Ala Glu Leu Leu Val

130 135 140

Leu Leu Leu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys

145 150 155 160

Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu

165 170 175

Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys

180 185 190

Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu

195 200 205
 Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp Ser Gly Gly Asp Ile Ile
 210 215 220
 Lys Leu Leu Asn Glu Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu
 225 230 235 240

 Tyr Met Ser Met Ser Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala
 245 250 255
 Gly Leu Phe Leu Phe Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys
 260 265 270
 Lys Leu Ile Ile Phe Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr
 275 280 285
 Ser Ile Ser Ala Pro Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe
 290 295 300
 Gln Lys Ala Tyr Glu His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn

 305 310 315 320
 Ile Val Asp His Ala Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe
 325 330 335
 Leu Gln Trp Tyr Val Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys
 340 345 350
 Asp Ile Leu Asp Lys Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu
 355 360 365
 Tyr Leu Ala Asp Gln Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
 370 375 380

<210> 433

<211> 248

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 433

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser

20 25 30
 Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His
 35 40 45
 Ser Val Asn Leu Gly Ser Gly Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn

 50 55 60
 Ile Pro Gln Arg Glu Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 65 70 75 80
 Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 85 90 95
 His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr
 100 105 110
 Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Met Val Asn Ser Val Ile Glu
 115 120 125

 Lys Met Gly Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asp Leu Ala Glu Leu Leu Val
 130 135 140
 Leu Leu Leu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys
 145 150 155 160
 Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu
 165 170 175
 Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys
 180 185 190
 Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu

 195 200 205
 Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp Pro Gly Ser Gly Tyr Ile
 210 215 220
 Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu
 225 230 235 240
 Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu
 245
 <210> 434
 <211> 267
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 434

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1	5	10	15
Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser			
	20	25	30
Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His			
	35	40	45
Ser Val Asn Leu Leu Glu Asn Gly Gly Gly Lys Tyr Val Cys Ser			
	50	55	60
Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn Lys Pro Ser Lys Gln			
65	70	75	80

Ser Gln Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Thr Glu Gly Gly Trp			
	85	90	95
Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Gln Asn Glu Gln			
	100	105	110
Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr Gln Asn Ala Ile Asn			
	115	120	125
Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln			
	130	135	140
Tyr Thr Ala Ile Gly Cys Glu Tyr Asn Lys Ser Glu Arg Cys Met Lys			

145	150	155	160
Gln Ile Glu Asp Lys Ile Glu Glu Ile Glu Ser Lys Ile Trp Cys Tyr			
	165	170	175
Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe			
	180	185	190
His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu			
	195	200	205
Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His			
210	215	220	

Lys Cys Asn Asp Glu Cys Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp
 225 230 235 240
 Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp
 245 250 255
 Gly Val Lys Leu Glu Ser Met Gly Val Tyr Gln
 260 265
 <210> 435
 <211> 160
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 435
 Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr
 20 25 30
 Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn
 35 40 45
 Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Ser
 50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg
 65 70 75 80

 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr
 85 90 95
 Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala
 100 105 110
 Val Gly Lys Glu Phe Asn His Asp Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn
 115 120 125
 Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Asp Leu Ala Glu
 130 135 140
 Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

 145 150 155 160

<210> 436

<211> 160

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 436

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr

20 25 30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Lys His Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Lys Ser

50 55 60

Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg

65 70 75 80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asp Glu Ile Thr

85 90 95

Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu Lys Met Asn Thr Gln Asp Thr Ala

100 105 110

Val Gly Cys Glu Phe Asn His Asp Glu Lys Cys Ile Glu Asn Leu Asn

115 120 125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130 135 140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145 150 155 160

<210> 437

<211> 160

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 437

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15
Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr
20 25 30
Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn
35 40 45
Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser
50 55 60
Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
65 70 75 80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr
85 90 95
Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala
100 105 110
Thr Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn
115 120 125
Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Asp Leu Ala Glu
130 135 140
Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145 150 155 160

<210> 438

<211> 160

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 438

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15
Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr
20 25 30
Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn

35 40 45
 Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser
 50 55 60
 Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr
 85 90 95
 Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala
 100 105 110

Thr Gly Cys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Cys Met Glu Asn Leu Asn
 115 120 125
 Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
 130 135 140
 Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser
 145 150 155 160

<210> 439

<211> 97

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 439

Met Ser Leu Leu Thr Glu Val Glu Thr Pro Ile Arg Asn Glu Trp Gly

1 5 10 15
 Cys Arg Cys Asn Gly Ser Ser Asp Pro Leu Ala Ile Ala Ala Asn Ile
 20 25 30
 Ile Gly Ile Leu His Leu Ile Leu Trp Ile Leu Asp Arg Leu Phe Phe
 35 40 45
 Lys Cys Ile Tyr Arg Arg Phe Lys Tyr Gly Leu Lys Gly Gly Pro Ser
 50 55 60
 Thr Glu Gly Val Pro Lys Ser Met Arg Glu Glu Tyr Arg Lys Glu Gln
 65 70 75 80
 Gln Ser Ala Val Asp Ala Asp Asp Gly His Phe Val Ser Ile Glu Leu
 85 90 95

Glu

<210> 440

<211> 252

<212> PRT

<213> Influenza A virus

<400> 440

Met Ser Leu Leu Thr Glu Val Glu Thr Tyr Val Leu Ser Ile Ile Pro

1 5 10 15

Ser Gly Pro Leu Lys Ala Glu Ile Ala Gln Arg Leu Glu Ser Val Phe

20 25 30

Ala Gly Lys Asn Thr Asp Leu Glu Ala Leu Met Glu Trp Leu Lys Thr

35 40 45

Arg Pro Ile Leu Ser Pro Leu Thr Lys Gly Ile Leu Gly Phe Val Phe

50 55 60

Thr Leu Thr Val Pro Ser Glu Arg Gly Leu Gln Arg Arg Arg Phe Val

65 70 75 80

Gln Asn Ala Leu Asn Gly Asn Gly Asp Pro Asn Asn Met Asp Arg Ala

85 90 95

Val Lys Leu Tyr Lys Lys Leu Lys Arg Glu Ile Thr Phe His Gly Ala

100 105 110

Lys Glu Val Ser Leu Ser Tyr Ser Thr Gly Ala Leu Ala Ser Cys Met

115 120 125

Gly Leu Ile Tyr Asn Arg Met Gly Thr Val Thr Thr Glu Ala Ala Phe

130 135 140

Gly Leu Val Cys Ala Thr Cys Glu Gln Ile Ala Asp Ser Gln His Arg

145 150 155 160

Ser His Arg Gln Met Ala Thr Thr Thr Asn Pro Leu Ile Arg His Glu

165 170 175

Asn Arg Met Val Leu Ala Ser Thr Thr Ala Lys Ala Met Glu Gln Met

180 185 190

Ala Gly Ser Ser Glu Gln Ala Ala Glu Ala Met Glu Val Ala Asn Gln

195 200 205
 Thr Arg Gln Met Val His Ala Met Arg Thr Ile Gly Thr His Pro Ser
 210 215 220
 Ser Ser Ala Gly Leu Lys Asp Asp Leu Leu Glu Asn Leu Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 Gln Lys Arg Met Gly Val Gln Met Gln Arg Phe Lys
 245 250

<210> 441
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> Influenza B virus
 <400> 441

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro
 1 5 10 15
 Asp Thr Thr Gly His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn
 20 25 30
 Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn
 35 40 45
 Lys Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Thr Gly Asn

50 55 60
 Cys Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys
 65 70 75 80
 Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr
 85 90 95
 Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg
 100 105 110
 Leu Ser Gly Ala Ser Asp Glu Thr His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp
 115 120 125

Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu
 130 135 140
 Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu
 145 150 155 160

Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala

165 170 175

Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 442

<211

> 171

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 442

His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val

1 5 10 15

Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn Lys Ser Lys Pro

20 25 30

Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Thr Gly Asn Cys Pro Ile Trp

35 40 45

Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr Gly Ser Ala

50 55 60

Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn

65 70 75 80

Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Gly Ala

85 90 95

Ser Asp Glu Thr His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp

100 105 110

Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu Leu Ala Val Leu

115 120 125

Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu Gly Thr Gly Gly

130 135 140

Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys

145 150 155 160

Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

165 170

<210> 443

<211> 160

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 443

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn

20 25 30

Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Lys Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Thr Gly Asn

50 55 60

Cys Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys

65 70 75 80

Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr

85 90 95

Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg

100 105 110

Leu Ser Cys Ala Ser Asp Glu Thr His Asn Cys Ile Leu Glu Leu Asp

115 120 125

Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Leu Ile Glu

130 135 140

Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu

145 150 155 160

<210> 444

<211> 140

<212> PRT

<213> Influenza B virus

<400> 444

His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn Val Thr Gly Val

1 5 10 15

Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn Lys Ser Lys Pro

20 25 30
Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Thr Gly Asn Cys Pro Ile Trp
35 40 45
Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys Tyr Gly Ser Ala
50 55 60

Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr Lys Asn Leu Asn
65 70 75 80
Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg Leu Ser Cys Ala
85 90 95
Ser Asp Glu Thr His Asn Cys Ile Leu Glu Leu Asp Glu Lys Val Asp
100 105 110
Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Leu Ile Glu Leu Ala Val Leu
115 120 125
Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu

130 135 140
<210> 445
<211> 92
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polynucleotide
<400> 445
tcaagctttt ggaccctcgt acagaagcta atacgactca ctataggga atagagaga 60
aaagaagagt aagaagaaat ataagagcca cc 92
<210> 446
<211> 119
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polynucleotide
<400> 446
tgataatagg ctggagcctc ggtggccatg cttcttgccc cttgggcctc cccccagccc 60

ctcctccct tctgcaccc gtacccccgt ggtctttgaa taaagtctga gtgggcggc 119
<210> 447

<211> 1749

<212> DNA

<213> Influenza B virus

<400> 447

atgaaggcaa taattgtact actcatggta gtaacatcca acgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cttcaaactc acctcatgtg gtcaaaacag ctactcaagg ggaagttaat	120
gtgactgggtg tgataccact gacaacaaca ccaacaaaat ctcatTTTgc aaatctcaaa	180
ggaacaaaga ccagagggaa actatgccca aactgtctca actgcacaga tctggatgtg	240
gccttgggca gaccaatgtg tatggggacc ataccttcgg caaaagcttc aatactccac	300
gaagtcagac ctgttacatc cgggtgcttt cctataatgc acgacagaac aaaaatcaga	360
cagctacca atcttctcag aggatatgaa aatatcagat tatcaacca taacgttatc	420
aacgcagaaa gggcaccagg aggaccctac agacttggaa cctcaggatc ttgccctaac	480
gttaccagta gaaacggatt ctctgcaaca atggcttggg ctgtccaag ggacaacaaa	540
acagcaacga atccactaac agtagaagta ccatacatTT gcacaaaagg agaagaccaa	600
attactgttt gggggttcca ttctgatgac aaaacccaaa tgaaaaacct ctatggagac	660
tcaaatctc aaaagttcac ctcatctgcc aatggagtaa ccacacatta tgtttctcag	720
attggtgact tcccaaatca aacagaagac ggagggtctac cacaaagcgg cagaattgtt	780
gttgattaca tggtgcaaaa acctgggaaa acaggaacaa ttgtctatca aagaggtgtt	840
ttgttgctc aaaaggtgtg gtgcgcaagt ggcaggagca aggtataaaa agggctcttg	900
cctttaattg gtgaagcaga ttgccttcac gaaaaatagc gtggattaaa caaaagcaag	960
ccttactaca caggagaaca tgcaaaagcc ataggaaatt gcccaatatg ggtgaaaaca	1020
cctttgaagc ttgccaatgg aaccaaatat agacctctg caaaactatt aaaggaaagg	1080
ggtttcttcg gagctattgc tggtttctta gagggaggat gggaaggaat gattgcaggt	1140
tggcacggat acacatctca tggagcacat ggagtggcag tggcagcaga ccttaagagc	1200
acgcaagaag ccataaaca gataacaaaa aatctcaatt ctttgagtga gctagaagta	1260
aagaatcttc aaagactaag tggtgccatg gatgaactcc acaacgaaat actcgagctg	1320
gatgagaaag tggatgatct cagagctgac acaataagct cgcaaataga gcttgagtc	1380
ttgctttcca acgaaggaat aataaacagt gaagatgagc atctattggc acttgagaga	1440
aaactaaaga aaatgctggg tcctctgct gtagacatag ggaatggatg cttcgaacc	1500
aaacacaagt gcaaccagac ctgcttagac aggatagctg ctggcacctt taatgcagga	1560
gaattttctc ttccacttt tgattcactg aatattactg ctgcatcttt aaatgatgat	1620

ggattggata atcatactat actgctctac tactcaactg ctgcttctag ttggccgta	1680
acattgatga tagctatfff tattgtttat atgggtctcca gagacaatgt ttcttgctcc	1740
atctgtcta	1749
<210> 448	
<211> 1638	
<212> DNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 448	
atgaaggcaa taattgtact actcatggta gtaacatcca acgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cticaaactc acctcatgtg gtcaaaacag ctactcaagg ggaagttaat	120
gtgactggtg tgataccact gacaacaaca ccaacaaaat ctcatfittgc aaatctcaaa	180
ggaacaaaga ccagagggaa actatgcccc aactgtctca actgcacaga tctggatgtg	240
gccttgggca gaccaatgtg tatggggacc ataccttcgg caaaagcttc aatactccac	300
gaagttagac ctgtttacac cgggtgcttt cctataatgc acgacagaac aaaaatcaga	360
cagctaccca atctttctag aggatatgaa aatatcagat tatcaaccca taacgttatc	420
aacgcagaaa gggcaccagg aggacctac agacttggaa cctcaggatc ttgcctaac	480
gttaccagta gaaacggatt ctctgcaaca atggcttggg ctgtcccaag ggacaacaaa	540
acagcaacga atccactaac agtagaagta ccatacatf t gcacaaaagg agaagaccaa	600
attactgttt gggggttcca ttctgatgac aaaacccaaa tgaaaaacct ctatggagac	660
tcaaattctc aaaagttcac ctcatctgcc aatggagtaa ccacacatta tgtttctcag	720
attggtgact tcccaaatca aacagaagac ggagggtac cacaagcgg cagaattgtt	780
gttgattaca tggtgcaaaa acctgggaaa acaggaacaa ttgtctatca aagagtggtt	840
ttgttgctc aaaaggtgtg gtgcgcaagt ggaggagca aggttaataa agggctcttg	900
cctttaattg gtgaagcaga ttgccttcac gaaaaatag gtggattaaa caaaagcaag	960
ccttactaca caggagaaca tgcaaaagcc ataggaaatt gcccaatatg ggtgaaaaca	1020
cctttgaagc ttgccaatgg aaccaaatat agacctctg caaaactatt aaaggaaagg	1080
ggtttcttcg gagctattgc tggtttctta gaggaggat ggggaaggaat gattgcaggt	1140
tggcacggat acacatctca tggagcacat ggagtggcag tggcagcaga ccttaagagc	1200
acgcaagaag ccataaaca gataacaaa aatctcaatt ctttgagtga gctagaagta	1260
aagaattctc aaagactaag tggtgccatg gatgaactcc acaacgaaat actcgagctg	1320
gatgagaaag tggatgatct cagagctgac acaataagct cgcaaataga gcttgagtc	1380

ttgctttcca acgaaggaat aataaacagt gaagatgagc atctattggc acttgagaga	1440
aaactaaaga aaatgctggg tccctctgct gtagacatag ggaatggatg cttcgaaacc	1500
aaacacaagt gcaaccagac ctgcttagac aggatagctg ctggcacctt taatgcagga	1560
gaattttctc ttcccacttt tgattcactg aatattactg ctgcatcttt aaatgatgat	1620
ggattggata atcatact	1638
<210> 449	
<211> 1755	
<212> DNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 449	
atgaaggcaa taattgtact actcatggta gtaacatcca atgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cgicaaactc accccatgtg gtcaaaactg ctactcaagg ggaagtcaat	120
gtgactgggtg tgataccact gacaacaaca cccaccaa atctcattttgc aaatctcaaa	180
ggaacaaaaa ccagagggaa actatgccca aagtgtctca actgcacaga tctggacgtg	240
gccttgggca gaccaaagtg cacggggacc ataccttcgg caaaagcttc aatactccac	300
gaagtcaaac ctgttacatc tgggtgcttt cctataatgc acgacagaac aaaaattaga	360
cagctacca atcttctcag aggatacgaa catatcaggt tatcaacca taacgttatac	420
aacgcagaaa cggcaccagg aggaccctac aaagttggaa cctcagggtc ttgccctaac	480
gttaccaatg gaaacggatt cttcgcaaca atggcttggg ctgtcccaa aaacgacaac	540
aacaaaacag caacaaatcc attaacagta gaagtacat acatttgtac agaaggagaa	600
gaccaaatta ctgtttgggg gttccactct gataacgaag cccaaatggt aaaactctat	660
ggagactcaa agcctcagaa gttcacctca tctgccaacg gagtgaccac acattacgtt	720
tcacagattg gtggcttccc aaatcaagca gaagacggag ggctaccaca aagcggtaga	780
attgttgttg attacatggt gcaaaaatct ggaaaaacag gaacaattac ctaccaaaga	840
ggtattttat tgcctcaaaa agtgtggtgc gcaagtggca ggagcaaggt aataaaagg	900
tccttgcctt taattggcga agcagattgc ctccacgaaa aatacgggtg attaaacaaa	960
agcaagcctt actacacagg ggaacatgca aaagccatag gaaattgccc aatatgggtg	1020
aaaacaccct tgaagctggc caatggaacc aatatagac ctctgcaaa actattaaag	1080
gaaaagggtt tcttcggagc tattgtctgtt ttcttagaag gaggatggga aggaatgatt	1140
gcaggttggc acggatacac atcccatgga gcacatggag tagcagtggc agcagacctt	1200
aagagtacgc aagaagccat aaacaagata acaaaaaatc tcaattcttt gagtgagctg	1260

gaagtaaaga atcttcaaag actaagcggg gccatggatg aactccacaa caaaatactc	1320
gaactggatg agaaagtgga tgatctcaga gctgatacaa taagctcgca aatagagctc	1380
gcagctcttg tttccaacga aggaataata aacagtgaag atgagcatct ctggcgctt	1440
gaaagaaaac tgaagaaaat gctgggcccc tctgctgtag agataggga tggatgcttc	1500
gaaaccaaac acaagtgcaa ccagacctgc ctgcacagaa tagctgctgg cacctttaat	1560
gcaggagaat tttctctccc cacctttgat tcaactaata ttactgctgc atctttaaat	1620
gatgatggat tggataatca tactatactg ctttactact caactgctgc ttccagtttg	1680
gctgtaacat tgatgatagc tatctttatt gtttatatgg tctccagaga caatgtttct	1740
tgctccatct gtcta	1755
<210> 450	
<211> 1644	
<212> DNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 450	
atgaaggcaa taattgtact actcatggta gtaacatcca atgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cgtcaaactc accccatgtg gtcaaaactg ctactcaagg ggaagtcaat	120
gtgactgggt tgataccact gacaacaaca cccaccaaat ctcatcttgc aaatctcaaa	180
ggaacaaaaa ccagaggga actatgcccc aagtgtctca actgcacaga tctggacgtg	240
gccttgggca gaccaaagtg cacggggacc atacctcgg caaaagcttc aatactccac	300
gaagtcaaac ctgttacatc tgggtgcttt cctataatgc acgacagaac aaaaattaga	360
cagctacca atcttctcag aggatacga catatcaggt tatcaacca taacgttatac	420
aacgcagaaa cggcaccagg aggacctac aaagttggaa cctcagggtc ttgccctaac	480
gttaccaatg gaaacggatt cttcgcaaca atggcttggg ctgtcccaaa aaacgacaac	540
aacaaaacag caacaaatcc attaacagta gaagtacat acatttgtac agaaggagaa	600
gaccaaatta ctgtttggg gttccactct gataacgaag cccaaatggt aaaactctat	660
ggagactcaa agcctcagaa gttcacctca tctgccaacg gagtgaccac acattacgtt	720
tcacagattg gtggcttccc aaatcaagca gaagacggag ggctaccaca aagcggtaga	780
attgttgttg attacatggt gcaaaaatct ggaaaaacag gaacaattac ctaccaaaga	840
ggtattttat tgcctcaaaa agtgtggtgc gcaagtggca ggagcaaggt aataaaagg	900
tccttgctt taattggcga agcagattgc ctccacgaaa aatacgggtg attaaacaaa	960
agcaagcctt actacacagg ggaacatgca aaagccatag gaaattgccc aatatgggtg	1020

aaaacaccct tgaagctggc caatggaacc aaatatagac ctctgcaaa actattaaag	1080
gaaaagggtt tcttcggagc tattgctggt ttcttagaag gaggatggga aggaatgatt	1140
gcaggttggc acggatacac atcccatgga gcacatggag tagcagtggc agcagacctt	1200
aagagtacgc aagaagccat aaacaagata acaaaaaatc tcaattcttt gagttagctg	1260
gaagtaaaga atcttcaaag actaagcggg gccatggatg aactccacaa caaaatactc	1320
gaactggatg agaaagtgga tgatctcaga gctgatacaa taagctcgca aatagagctc	1380
gcagtcttgc ttccaacga aggaataata aacagtgaag atgagcatct cttggcgctt	1440
gaaagaaaac tgaagaaaat gctgggcccc tctgctgtag agataggga tggatgcttc	1500
gaaaccaaac acaagtgcaa ccagacctgc ctgcacagaa tagctgctgg cacctttaat	1560
gcaggagaat tttctctccc cacctttgat tcactaata ttactgctgc atctttaa	1620
gatgatggat tggataatca tact	1644
<210> 451	
<211> 1755	
<212> DNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 451	
atgaaggcaa taattgtact actcatggta gtaacatcca atgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cgtcaaacctc accacatgtc gtcaaaactg ctactcaagg ggaggtcaat	120
gtgactggtg taataccact gacaacaaca cccaccaaat ctcatcttgc aaatctcaaa	180
ggaacagaaa ccaggggggaa actatgcccc aaatgcctca actgcacaga tctggacgta	240
gccttgggca gacaaaaatg cacggggaaa ataccctcg caagagtctc aatactccat	300
gaagtacagc ctgttacatc tgggtgcttt cctataatgc acgacagaa aaaaattaga	360
cagctgccta accttctccg aggatacgaa catatcaggt tatcaacca taacgttatc	420
aatgcagaaa atgcaccagg aggacctac aaaattggaa cctcagggtc ttgcctaac	480
attaccaatg gaaacggatt ttctgcaaca atggcttggg ccgtcccaaa aaacgacaaa	540
aacaaaacag caacaaatcc attaacaata gaagtacat acatttgtac agaaggagaa	600
gaccaaatta ccgtttgggg gttccactct gacgacgaga ccaaatggc aaagctctat	660
ggggactcaa agccccagaa gttcacctca tctgccaacg gagtgaccac acattacgtt	720
tcacagattg gtggcttccc aaatcaaaca gaagacggag gactaccaca aagtgttaga	780
attgttgttg attacatggt gcaaaaatct gggaaaacag gaacaattac ctatcaaagg	840
ggtattttat tgcctcaaaa ggtgtggtgc gcaagtggca ggagcaaggt aataaaagga	900

tccttgccctt taattggaga agcagattgc ctccacgaaa aatacgggtgg attaaacaaa	960
agcaagccctt actacacagg ggaacatgca aaggccatag gaaattgccc aatatgggtg	1020
aaaacaccct tgaagctggc caatggaacc aaatatagac ctctgcaaa actattaaag	1080
gaaaggggtt tcttcggagc tattgctggi ttcttagaag gaggatggga aggaatgatt	1140
gcaggttggc acggatacac atcccatggg gcacatggag tagcgggtggc agcagacctt	1200
aagagcactc aagaggccat aaacaagata acaaaaaatc tcaactcttt gagtgagctg	1260
gaagtaaaga atcttcaaag actaagcggg gccatggatg aactccacaa cgaaatacta	1320
gaactagatg agaaagtgga tgatctcaga gctgatacaa taagctcaca aatagaactc	1380
gcagtcctgc tticcaatga aggaataata aacagtgaag atgaacatct ctggcgctt	1440
gaaagaaagc tgaagaaaat gctgggcccc tctgctgtag agataggga tggatgcttt	1500
gaaaccaaac acaagtgcaa ccagacctgt ctgcacagaa tagctgctgg tacctttgat	1560
gcaggagaat ttctctccc cacccttgat tcaactgaata ttactgctgc atctttaaat	1620
gacgatggat tggataatca tactatactg ctttactact caactgctgc ctccagtttg	1680
gctgtaacac tgatgatagc tatctttgtt gtttatatgg tctccagaga caatgtttct	1740
tgctccatct gtcta	1755
<210> 452	
<211> 1644	
<212> DNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 452	
atgaaggcaa taattgtact actcatggta gtaacatcca atgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cgtcaaactc accacatgtc gtcaaaactg ctactcaagg ggaggccaat	120
gtgactgggtg taataccact gacaacaaca ccaccaaata ctcatcttgc aaatctcaaa	180
ggaacagaaa ccagggggaa actatgccca aaatgcctca actgcacaga tctggacgta	240
gccttgggca gacaaaatg cacggggaaa ataccctcgg caagagtttc aatactccat	300
gaagtcagac ctgttacatc tgggtgcttt cctataatgc acgacagaac aaaaattaga	360
cagctgccta accttctccg aggatacga catatcaggt tatcaacca taacgttatac	420
aatgcagaaa atgcaccagg aggaccctac aaaattggaa cctcagggtc ttgccetaac	480
attaccaatg gaaacggatt ttctgcaaca atggcttggg ccgtcccaaa aaacgacaaa	540
aacaaaacag caacaaatcc attaacaata gaagtacat acatttgtac agaaggagaa	600
gaccaaatta ccgtttgggg gttccactct gacgacgaga ccaaatggc aaagctctat	660

ggggactcaa agccccagaa gttcacctca tctgccaacg gagtgaccac acattacgtt	720
tcacagattg gtggcttccc aaatcaaaca gaagacggag gactaccaca aagtggtaga	780
attgttgttg attacatggt gcaaaaatct gggaaaacag gaacaattac ctatcaaagg	840
ggtattttat tgcctcaaaa ggtgtgggtgc gcaagtggca ggagcaaggt aataaaagga	900
tccttgccct taattggaga agcagattgc ctccacgaaa aatacgggtg attaaacaaa	960
agcaagcctt actacacagg ggaacatgca aaggccatag gaaattgccc aatatgggtg	1020
aaaacaccc tgaagctggc caatggaacc aaatatagac ctctgcaaa actattaaag	1080
gaaaggggtt tcttcggagc tattgtctgtt ttcttagaag gaggatggga aggaatgatt	1140
gcaggttggc acggatacac atcccatggg gcacatggag tagcgggtggc agcagacctt	1200
aagagcactc aagaggccat aaacaagata acaaaaaatc tcaactcttt gagtgagctg	1260
gaagtaaaga atcttcaag actaagcggg gccatggatg aactccacaa cgaaatacta	1320
gaactagatg agaaagtgga tgatctcaga gctgatacaa taagctcaca aatagaactc	1380
gcagtcttgc tttccaatga aggaataata aacagtgaag atgaacatct cttagcgctt	1440
gaaagaaagc tgaagaaaa gctgggcccc tctgtcttag agataggga tggatgcttt	1500
gaaaccaaac acaagtgc aaacagctgt ctgcacagaa tagctgtctg tacctttgat	1560
gcaggagaat tttctctccc cacctttgat tcaactgaata ttactgtctg atctttaaat	1620
gacgatggat tggataatca tact	1644
<210> 453	
<211> 1752	
<212> DNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 453	
atgaaggcaa taattgtact actcatggtg gtaacatcca atgcagatcg aatctgcact	60
gggataacat cttcaaactc acctcatgtg gtcaaaacag ctactcaagg ggaggtcaat	120
gtgactggcg tgataccact gacaacaaca ccaacaaaat cttattttgc aaatctcaa	180
ggaacaagga ccagaggga actatgcccc gactgtctca actgtacaga tctggatgtg	240
gccttgggca ggccaatgtg tgtggggacc acacctctg ctaaagcttc aatactccac	300
gaggtcagac ctgttacatc cgggtgcttt cctataatgc acgacagaac aaaaatcagg	360
caactacca atcttctcag aggatatgaa aagatcaggt tatcaacca aaacgttatac	420
gatgcagaaa aagcaccagg aggaccctac agacttggaa cctcaggatc ttgccctaac	480
gctaccagta aaatcggatt tttcgcaaca atggcttggg ctgtcccaaa ggacaactac	540

aaaaatgcaa cgaaccact aacagtagaa gtaccataca tttgtacaga aggggaagac	600
caaattactg tttgggggtt ccattcagac aacaaaaccc aaatgaagag cctctatgga	660
gactcaaadc ctcaaaagt cactcatct gctaattggag taaccacaca ttatgtttct	720
cagattggcg acttcccaga tcaaacagaa gacggaggac taccacaaag cggcagaatt	780
gttgttgatt acatgatgca aaaacctggg aaaacaggaa caattgtcta tcaaagaggt	840
gttttgttgc ctcaaaaggt gtggtgcgcg agtggcagga gcaaagtaat aaaagggtca	900
ttgcctttaa ttggtgaagc agattgcctt catgaaaaat acggtggatt aaacaaaagc	960
aagccttact acacaggaga acatgcaaaa gccataggaa attgcccaat atgggtaaaa	1020
acacctttga agcttgccaa tggaacaaa tatagacctc ctgcaaaact attgaaggaa	1080
aggggtttct tcggagctat tgctggtttc ctagaaggag gatgggaagg aatgattgca	1140
ggttggcacg gatacacatc tcacggagca catggagtgg cagtggcggc agaccttaag	1200
agtacacaag aagctataaa taagataaca aaaaatctca attctttgag tgagctagaa	1260
gtaaagaacc ttcaaagact aagtgggtgcc atggatgaac tccacaacga aatactcgag	1320
ctggatgaga aagtggatga tctcagagct gacactataa gctcacaat agaacttga	1380
gtcttgcttt ccaacgaagg aataataaac agtgaagacg agcatctatt ggcacttgag	1440
agaaaactaa agaaaatgct gggtcctct gctgtagaca taggaaacgg atgcttcgaa	1500
accaaacaca aatgcaacca gacctgctta gacaggatag ctgctggcac ctttgatgca	1560
ggagaatddd ctctccccac ttttgattca ttgaacatta ctgctgcac tttaatgat	1620
gatggattgg ataaccatac tatactgctc tattactcaa ctgctgcttc tagtttggt	1680
gtaacattaa tgctagctat ttttattgtt tatatggtct ccagagacaa cgtttcatgc	1740
tccatctgtc ta	1752
<210> 454	
<211> 1778	
<212> DNA	
<213> Influenza A virus	
<400> 454	
agcaaaagca ggggaaaata aaaacaacca aaatgaaggc aaacctactg gtctgttat	60
gtgcacttgc agctgcagat gcagacacaa tatgtatagg ctaccatgcg aacaattcaa	120
ccgacactgt tgacacagtg ctcgagaaga atgtgacagt gacacactct gttaacctgc	180
tcgaagacag ccacaacgga aaactatgta gattaaaagg aatagcccca ctacaattgg	240
ggaaatgtaa catcgccgga tggctcttgg gaaaccaga atgcgacca ctgcttcag	300

tgagatcatg gtcttacatt gtagaaacac caaactctga gaatggaata tgttatccag 360
gagatttcat cgactatgag gagctgaggg agcaattgag ctgagtgtca tcattcgaaa 420
gattcgaaat atttccaaa gaaagctcat ggcccaacca caacacaacc aaaggagtaa 480
cggcagcatg ctcccatgcg gggaaaagca gtttttacag aaatttgcta tggctgacgg 540
agaaggaggg ctcatacca aagctgaaaa attcttatgt gaacaagaaa gggaaagaag 600

tccttgact gtgggttatt catcacccgt ctaacagtaa ggatcaacag aatatctatc 660
agaatgaaaa tgcttatgtc tctgtagtga cttcaaatta taacaggaga tttaccccg 720
aaatagcaga aagacccaaa gtaagagatc aagctgggag gatgaactat tactggacct 780
tgctaaaacc cggagacaca ataattttg aggcaaatgg aaatctaata gcaccaaggt 840
atgctttcgc actgagtaga ggctttgggt cggcatcat cacctcaaac gcatcaatgc 900
atgagtgtaa cacgaagtgt caaacacccc tgggagctat aaacagcagt ctccctttcc 960
agaatataca cccagtcaca ataggagagt gcccaaaaata cgtcaggagt gccaaattga 1020

ggatggttac aggactaagg aacattccgt ccattcaatc cagaggtcta tttggagcca 1080
ttgccggttt tattgaagg ggatggactg gaatgataga tggatggtac gtttatcatc 1140
atcagaatga acagggatca ggctatgcag cggatcaaaa aagcacacaa aatgccatta 1200
acgggattac aaacaagggt aactctgtta tcgagaaaat gaacattcaa ttcacagctg 1260
tgggtaaaga attcaacaaa ttagaaaaaa ggatggaaaa tttaaataaa aaagttgatg 1320
atggatttct ggacatttgg acatataatg cagaattgtt agttctactg gaaaatgaaa 1380
ggactctgga tttccatgac tcaaatgtga agaattctga tgagaaagta aaaagccaat 1440

taaagaataa tgccaaagaa atcggaatg gatgttttga gttctaccac aagtgtgaca 1500
atgaatgcat ggaaagtgtg agaaatggga cttatgatta tcccaaatat tcagaagagt 1560
caaagttgaa cagggaaaaag gtagatggag tgaatttga atcaatgggg atctatcaga 1620
ttctggcgat ctactcaact gtcgccagtt cactggtgct tttggtctcc ctgggggcaa 1680
tcagtttctg gatgtgttct aatggatctt tgcagtgcag aatatgcac tgagattaga 1740
atttcagaaa tatgaggaaa aacacccttg tttctact 1778

<210> 455

<211> 1732

<212> DNA

<213> Influenza A virus

<400> 455

agcgaaagca ggggatacaa aatgaacact caaatcctgg tattcgctct gattgcgac 60

attccaacaa atgcagacaa aatctgcctc ggacatcatg ccgtgtcaaa cggaacacaaa 120
 glaaacacat taactgaaag aggagtggaa gtcgtcaatg caactgaaac agtggaacga 180
 acaaacatcc ccaggatctg ctcaaaaggg aaaaggacag ttgacctcgg tcaatgtgga 240
 ctctgggga caatcactgg accacctcaa tgtgaccaat tcctagaatt ttcagccgat 300
 ttaattattg agaggcgaga aggaagtgat gtctgttatc ctgggaaatt cgtgaatgaa 360

gaagctctga ggcaaatct cagagaatca ggcggaattg acaaggaagc aatgggattc 420
 acatacagtg gaataagaac taatggagca accagtgcac gtaggagatc aggatcttca 480
 ttctatcgag aaatgaaatg gctcctgtca aacacagatg atgctgcatt cccgcagatg 540
 actaagtcat ataaaaatc aagaaaaagc ccagctctaa tagtatgggg gatccatcat 600
 tccgtatcaa ctgcagagca aaccaagcta tatgggagtg gaaacaaact ggtgacagtt 660
 gggagtctta attatcaaca atcttttcta ccgagtccag gagcgagacc acaagttaat 720
 ggtctatctg gaagaattga ctttcattgg ctaatgctaa atcccaatga tacagtcact 780

ttcagtttca atggggcttt catagctcca gaccgtgcaa gcttcctgag aggaaaatct 840
 atgggaatcc agagtggagt acaggttgat gccaatgtg aaggggactg ctatcatagt 900
 ggagggacaa taataagtaa cttgccattt cagaacatag atagcagggc agttggaaaa 960
 tgtccgagat atgttaagca aaggagtctg ctgctagcaa cagggatgaa gaatgttctt 1020
 gagattccaa agggaagagg cctatttggg gctatagcgg gtttcattga aaatggatgg 1080
 gaaggcctaa ttgatggttg gtatggtttc agacaccaga atgcacaggg agagggaact 1140
 gctgcagatt acaaaagcac tcaatcgga attgatcaaa taacaggaaa attaaaccgg 1200

cttatagaaa aaaccaacca acaatttgag ttgatagaca atgaattcaa tgaggtagag 1260
 aagcaaatcg gtaatgtgat aaattggacc agagattcta taacagaagt gtggtcatac 1320
 aatgctgaac tcttggtagc aatggagaac cagcatacaa ttgatctggc tgattcagaa 1380
 atggacaaac tglacgaacg agtgaaaaga cagctgagag agaatgctga agaagatggc 1440
 actggttgct ttgaaatatt tcacaagtgt gatgatgact gtatggccag tattagaaat 1500
 aacacctatg atcacagcaa atacagggaa gaggcaatgc aaaatagaat acagattgac 1560
 ccagtcaaac taagcagcgg ctacaaagat gtgatacttt ggtttagctt cggggcatca 1620

tgtttcatac ttctagccat tgtaatgggc ctgtcttca tatgtgtaa gaatggaaac 1680
 atgcggtgca ctatttgtat ataagtttgg aaaaaaacac cctgttttct ac 1732

<210> 456
 <211> 1686
 <212> DNA

<213> Influenza A virus

<400> 456

atgtacaaaa tagtagtgat aatcgcgctc cttggagctg tgaaaggtct tgataaaatc	60
tgtctaggac atcatgcagt ggctaattggg accatcgtaa agactctcac aaacgaacag	120
gaagaggtaa ccaacgctac tgaaacagtg gagagtacag gcataaacag attatgtatg	180
aaaggaagaa aacataaaga cctgggcaac tgccatccaa tagggatgct aatagggact	240
ccagcttggtg atctgcacct tacagggatg tgggacactc tcattgaacg agagaatgct	300
attgcttact gctaccctgg agctactgta aatgtagaag cactaaggca gaagataatg	360
gagagtggag ggatcaacaa gataagcact ggcttcactt atggatcttc cataaactcg	420
gccgggacca ctagagcgtg catgaggaat ggagggaata gcttttatgc agagcttaag	480
tggctggtat caaagagcaa aggacaaaac ttccctcaga ccacgaacac ttacagaaat	540
acagacacgg ctgaacacct cataatgtgg ggaattcacc acccttctag cactcaagag	600
aagaatgac tatatggaac acaatcactg tccatatcag tcgggagtgc cacttaccgg	660
aacaattttg ttccggttgt tggagcaaga cctcaggtca atggacaaag tggcagaatt	720
gattttcact ggacactagt acagccaggt gacaacatca ctttctcaca caatgggggc	780
ctgatagcac cgagccgagt tagcaaatta attgggaggg gattgggaat ccaatcagac	840
gcaccaatag acaataattg tgagtccaaa tgtttttgga gaggggggtc tataaataca	900
aggcttccct ttcaaaattt gtcaccaaga acagtgggtc agtgtcctaa atatgtgaac	960
agaagaagct tgatgcttgc aacaggaatg agaaacgtac cagaactaat acaagggaga	1020
ggtctatttg gtgcaatagc aggggttttta gagaatgggt gggaaggaat ggtagatggc	1080
tggtatggtt tcagacatca aaatgctcag ggcacaggcc aggccgctga ttacaagagt	1140
actcaggcag ctattgatca aatcactggg aaactgaata gacttggtga aaaaaccaat	1200
actgagttcg agtcaataga atctgagttc agtgagatcg aacaccaa atcggtaacgtc	1260
atcaattgga ctaaggattc aataaccgac atttggactt atcaggctga gctgttggtg	1320
gcaatggaga accagcatac aatcgacatg gctgactcag agatgttgaa tctatatgaa	1380
agagtgagga aacaactaag gcagaatgca gaagaagatg ggaaaggatg ttttgagata	1440
tatcatgctt gtgatgattc atgcatggag agcataagaa acaacaccta tgaccattca	1500
cagtacagag aggaagctct tttgaacaga ttgaatatca acccagtgac actctcttct	1560
ggatataaag acatcattct ctggtttagc ttcggggcat catgttttgt tcttctagcc	1620
gttgtcatgg gtcttttctt tttctgtctg aagaatggaa acatgcgatg cacaatctgt	1680
atttag	1686

<210> 457

<211> 1494

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 457

atggccagcc agggcaccaa gagaagctac gagcagatgg agaccgacgg cgagagacag 60

aacgccaccg agatcagagc cagcgtgggc aagatgatcg acggcatcgg cagattctac 120

atccagatgt gcaccgagct caagctgagc gactacgagg gcagactgat ccagaacagc 180

ctgaccatcg aaagaatggt tctgagcgcc ttcgacgaga gaagaaacag atacctggag 240

gagcacccca gcgccggcaa ggaccccaag aagaccggcg gccccatcta caagagagtg 300

gacggcagat ggatgagaga gctggtgctg tacgacaagg aggagatcag aagaatctgg 360

agacaggcca acaacggcga cgacgccacc gccggcctga cccacatgat gatctggcac 420

agcaacctga acgacaccac ctaccagaga accagagccc tggtgagaac cggcatggac 480

cccagaatgt gcagcttaat gcagggcagc accctgcca gaagatccgg cgccgctggt 540

gccgccgtca agggcatcgg caccatggtg atggagctga tccgcatgat caagcgcggc 600

atcaacgaca gaaacttctg gagaggcgaa aacggcagaa agaccagaag cgcctacgag 660

agaatgtgca acatcctgaa gggcaagtgc cagaccgccg cccaagagc catgatggac 720

caggtgagag agagcagaaa ccccggaac gccgagatcg aagacctgat cttcagcgcc 780

agatcggccc tgatcctgag aggcagcgtg gccacaaga gctgcctgcc cgcctgcgtg 840

tatggccccg ccgtgagcag cggctacaac ttcgagaagg agggctacag cctggtgggc 900

atcgaccctt tcaagctgct gcagaactct caggtgtata gcctgatcag acccaacgag 960

aaccccgccc acaagagcca gctggtgtgg atggcctgcc acagcgccgc cttcgaggac 1020

ctgagactgc tgagcttcat cagaggtacc aaggtgtccc ccagaggcaa gctgagcacc 1080

agaggtgtgc agatcgccag caatgagaac atggacaata tggagagcag caccctggag 1140

ctaagaagca ggtactgggc catccggacc agaagcggcg gcaatacaca ccagcagaga 1200

gccagcgccc gccagatcag cgtgcagccc accttcagcg tgcagagaaa cctgcctttt 1260

gagaagagca ccgtgatggc cgccttcacc ggcaacaccg agggcagaa cagcgacatg 1320

agagccgaga tcatcagaat gatggagggc gccaaagccc aggaggtgag ctttagaggc 1380

agaggcgtgt tcgagctgag cgacgagaag gccaccaacc caattgtgcc cagcttcgac 1440

atgtcgaacg agggcagcta cttcttcggc gacaacgcc aggagtacga caac 1494

<210> 458

<211> 498

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 458

Met Ala Ser Gln Gly Thr Lys Arg Ser Tyr Glu Gln Met Glu Thr Asp

1 5 10 15

Gly Glu Arg Gln Asn Ala Thr Glu Ile Arg Ala Ser Val Gly Lys Met

20 25 30

Ile Asp Gly Ile Gly Arg Phe Tyr Ile Gln Met Cys Thr Glu Leu Lys

35 40 45

Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Arg Leu Ile Gln Asn Ser Leu Thr Ile Glu

50 55 60

Arg Met Val Leu Ser Ala Phe Asp Glu Arg Arg Asn Arg Tyr Leu Glu

65 70 75 80

Glu His Pro Ser Ala Gly Lys Asp Pro Lys Lys Thr Gly Gly Pro Ile

85 90 95

Tyr Lys Arg Val Asp Gly Arg Trp Met Arg Glu Leu Val Leu Tyr Asp

100 105 110

Lys Glu Glu Ile Arg Arg Ile Trp Arg Gln Ala Asn Asn Gly Asp Asp

115 120 125

Ala Thr Ala Gly Leu Thr His Met Met Ile Trp His Ser Asn Leu Asn

130 135 140

Asp Thr Thr Tyr Gln Arg Thr Arg Ala Leu Val Arg Thr Gly Met Asp

145 150 155 160

Pro Arg Met Cys Ser Leu Met Gln Gly Ser Thr Leu Pro Arg Arg Ser

165 170 175

Gly Ala Ala Gly Ala Ala Val Lys Gly Ile Gly Thr Met Val Met Glu

180 185 190

Leu Ile Arg Met Ile Lys Arg Gly Ile Asn Asp Arg Asn Phe Trp Arg

195 200 205

Gly Glu Asn Gly Arg Lys Thr Arg Ser Ala Tyr Glu Arg Met Cys Asn
 210 215 220
 Ile Leu Lys Gly Lys Phe Gln Thr Ala Ala Gln Arg Ala Met Met Asp
 225 230 235 240

 Gln Val Arg Glu Ser Arg Asn Pro Gly Asn Ala Glu Ile Glu Asp Leu
 245 250 255
 Ile Phe Ser Ala Arg Ser Ala Leu Ile Leu Arg Gly Ser Val Ala His
 260 265 270
 Lys Ser Cys Leu Pro Ala Cys Val Tyr Gly Pro Ala Val Ser Ser Gly
 275 280 285
 Tyr Asn Phe Glu Lys Glu Gly Tyr Ser Leu Val Gly Ile Asp Pro Phe
 290 295 300
 Lys Leu Leu Gln Asn Ser Gln Val Tyr Ser Leu Ile Arg Pro Asn Glu

 305 310 315 320
 Asn Pro Ala His Lys Ser Gln Leu Val Trp Met Ala Cys His Ser Ala
 325 330 335
 Ala Phe Glu Asp Leu Arg Leu Leu Ser Phe Ile Arg Gly Thr Lys Val
 340 345 350
 Ser Pro Arg Gly Lys Leu Ser Thr Arg Gly Val Gln Ile Ala Ser Asn
 355 360 365
 Glu Asn Met Asp Asn Met Glu Ser Ser Thr Leu Glu Leu Arg Ser Arg
 370 375 380

 Tyr Trp Ala Ile Arg Thr Arg Ser Gly Gly Asn Thr Asn Gln Gln Arg
 385 390 395 400
 Ala Ser Ala Gly Gln Ile Ser Val Gln Pro Thr Phe Ser Val Gln Arg
 405 410 415
 Asn Leu Pro Phe Glu Lys Ser Thr Val Met Ala Ala Phe Thr Gly Asn
 420 425 430
 Thr Glu Gly Arg Thr Ser Asp Met Arg Ala Glu Ile Ile Arg Met Met
 435 440 445
 Glu Gly Ala Lys Pro Glu Glu Val Ser Phe Arg Gly Arg Gly Val Phe

450	455	460	
Glu Leu Ser Asp Glu Lys Ala Thr Asn Pro Ile Val Pro Ser Phe Asp			
465	470	475	480
Met Ser Asn Glu Gly Ser Tyr Phe Phe Gly Asp Asn Ala Glu Glu Tyr			
	485	490	495
Asp Asn			
<210>	459		
<211>	798		
<212>	DNA		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polynucleotide		
<400>	459		
atggagaccc ccgcccagct gctgttcctg ctgctgctgt ggctgcccga caccaccggc			60
gacaccatct gcatcggtcta ccacgccaac aacagcaccg acaccgtgga caccgtgctg			120
gagaagaacg tgaccgtgac ccacagcgtg aacctgggca gcggcctgag gatggtgacc			180
ggcctgagga acatcccca gagggagacc aggggcctgt tcggcgccat cgccggcttc			240
atcgagggcg gctggaccgg catggtggac ggctggtagc gctaccacca ccagaacgag			300
cagggcagcg gctacgccgc cgaccagaag agcaccacga acgcatcaa cggcatcacc			360
aacatggtga acagcgtgat cgagaagatg ggcagcggcg gcagcggcac cgacctggcc			420
gagctgctgg tgctgctgct gaacgagagg accctggact tccacgacag caacgtgaag			480
aacctgtacg agaaggtgaa gagccagctg aagaacaacg ccaaggagat cggcaacggc			540
tgcttcgagt tctaccacaa gtgcaacaac gagtgcattg agagcgtgaa gaacggcacc			600
tacgactacc ccaagtacag cgaggagagc aagctgaaca gggagaagat cgacggagtg			660
aaattggaat caatgggggt ctatcagatc ctggccatct acagcacctg ggccagcagc			720
ctggtgctgc tggtagacct gggcgccatc agcttctgga tgtgcagcaa cggcagcctg			780
cagtcagaa tctgcatc			798
<210>	460		
<211>	266		
<212>	PRT		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polypeptide		

<400> 460

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser

20 25 30

Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His

35 40 45

Ser Val Asn Leu Gly Ser Gly Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn

50 55 60

Ile Pro Gln Arg Glu Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe

65 70 75 80

Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His

85 90 95

His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr

100 105 110

Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Met Val Asn Ser Val Ile Glu

115 120 125

Lys Met Gly Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asp Leu Ala Glu Leu Leu Val

130 135 140

Leu Leu Leu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys

145 150 155 160

Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu

165 170 175

Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys

180 185 190

Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu

195 200 205

Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser

210 215 220

Met Gly Val Tyr Gln Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser

225 230 235 240

Leu Val Leu Leu Val Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser

	245	250	255
Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile			
	260	265	
<210>	461		
<211>	744		
<212>	DNA		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polynucleotide		
<400>	461		
atggagaccc ccgcccagct gctgttcctg ctgctgctgt ggctgcccga caccaccggc			60
gacaccatct gcatcggcta ccacgccaac aacagcaccg acaccgtgga caccgtgctg			120
gagaagaacg tgaccgtgac ccacagcgtg aacctgggca gcggcctgag gatggtgacc			180
ggcctgagga acatcccca gagggagacc aggggcctgt tcggcgccat cgccggcttc			240
atcgagggcg gctggaccgg catggtggac ggctggtagc gctaccacca ccagaacgag			300
cagggcagcg gctacgccgc cgaccagaag agcaccaga acgcatcaa cggcatcacc			360
aacatggtga acagcgtgat cgagaagatg ggcagcggcg gcagcggcac cgacctggcc			420
gagctgctgg tgctgctgct gaacgagagg acctggact tccacgacag caacgtgaag			480
aacctgtacg agaaggtgaa gagccagctg aagaacaacg ccaaggagat cggcaacggc			540
tgcttcgagt tctaccacaa gtgcaacaac gactgcatgg agagcgtgaa gaacggcacc			600
tacgactacc ccaagtacag cgaggagagc aagctgaaca gggagaagat cgaccccggc			660
agcggctaca tccccgagcc ccccgaggac ggccaggcct acgtgaggaa ggacggcgag			720
tgggtgctgc tgagcacctt cctg			744
<210>	462		
<211>	248		
<212>	PRT		
<213>	Artificial Sequence		
<220><223>	Synthetic Polypeptide		
<400>	462		
Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro			
1 5 10 15			
Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser			
20 25 30			

Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His

35 40 45

Ser Val Asn Leu Gly Ser Gly Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn

50 55 60

Ile Pro Gln Arg Glu Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe

65 70 75 80

Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His

85 90 95

His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr

100 105 110

Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Met Val Asn Ser Val Ile Glu

115 120 125

Lys Met Gly Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asp Leu Ala Glu Leu Leu Val

130 135 140

Leu Leu Leu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys

145 150 155 160

Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu

165 170 175

Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys

180 185 190

Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu

195 200 205

Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp Pro Gly Ser Gly Tyr Ile

210 215 220

Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu

225 230 235 240

Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

245

<210> 463

<211

> 191

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 463

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn

20 25 30

Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Lys Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Thr Gly Asn

50 55 60

Cys Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys

65 70 75 80

Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr

85 90 95

Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg

100 105 110

Leu Ser Gly Ala Ser Asp Glu Thr His Asn Glu Ile Leu Glu Leu Asp

115 120 125

Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Gln Ile Glu

130 135 140

Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu

145 150 155 160

Gly Thr Gly Gly Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Arg Asp Gly Gln Ala

165 170 175

Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr Phe Leu

180 185 190

<210> 464

<211

> 160

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 464

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly His Val Val Lys Thr Ala Thr Gln Gly Glu Val Asn

20 25 30

Val Thr Gly Val Ile Pro Leu Thr Thr Thr Pro Thr Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Lys Ser Lys Pro Tyr Tyr Thr Gly Glu His Ala Lys Ala Thr Gly Asn

50 55 60

Cys Pro Ile Trp Val Lys Thr Pro Leu Lys Leu Ala Asn Gly Thr Lys

65 70 75 80

Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Glu Ala Ile Asn Lys Ile Thr

85 90 95

Lys Asn Leu Asn Ser Leu Ser Glu Leu Glu Val Lys Asn Leu Gln Arg

100 105 110

Leu Ser Cys Ala Ser Asp Glu Thr His Asn Cys Ile Leu Glu Leu Asp

115 120 125

Glu Lys Val Asp Asp Leu Arg Ala Asp Thr Ile Ser Ser Leu Ile Glu

130 135 140

Leu Ala Val Leu Leu Ser Asn Glu Gly Ile Ile Asn Ser Glu Asp Glu

145 150 155 160

<210> 465

<211> 260

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 465

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser

20 25 30

Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His

35 40 45
 Ser Val Asn Leu Gly Ser Gly Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn
 50 55 60
 Ile Pro Gln Arg Glu Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 65 70 75 80
 Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 85 90 95

 His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr
 100 105 110
 Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Met Val Asn Ser Val Ile Glu
 115 120 125
 Lys Met Gly Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asp Leu Ala Glu Leu Leu Val
 130 135 140
 Leu Leu Leu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys
 145 150 155 160
 Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu

 165 170 175
 Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys
 180 185 190
 Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu
 195 200 205
 Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp Gln Gly Thr Gly Gly Ile
 210 215 220
 Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Val Leu Leu Val Ser
 225 230 235 240

 Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu Gln Cys
 245 250 255
 Arg Ile Cys Ile
 260
 <210> 466
 <211> 266
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 466

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser

20 25 30

Thr Asp Thr Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His

35 40 45

Ser Val Asn Leu Gly Ser Gly Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn

50 55 60

Ile Pro Gln Arg Glu Thr Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe

65 70 75 80

Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His

85 90 95

His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr

100 105 110

Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Met Val Asn Ser Val Ile Glu

115 120 125

Lys Met Gly Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asp Leu Ala Glu Leu Leu Val

130 135 140

Leu Leu Leu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys

145 150 155 160

Asn Leu Tyr Glu Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu

165 170 175

Ile Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys

180 185 190

Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu

195 200 205

Glu Ser Lys Leu Asn Arg Glu Lys Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser

210 215 220

Met Gly Val Tyr Gln Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser

225 230 235 240

Leu Val Leu Leu Val Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser

Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile

260 265

<210> 467

<211> 328

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 467

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly Asp Thr Val Asp Thr Val Cys Glu Lys Asn Val Thr

20 25 30

Val Thr His Ser Val Asn Leu Leu Glu Asp Ser His Gly Ser Ala Asn

35 40 45

Ser Ser Leu Pro Tyr Gln Asn Thr His Pro Thr Thr Asn Gly Glu Ser

50 55 60

Pro Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg

65 70 75 80

Asn Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Gln Asn Ala Ile Asn Cys Ile Thr

85 90 95

Asn Lys Val Asn Thr Val Ile Glu Lys Met Asn Ile Gln Asp Thr Ala

100 105 110

Thr Gly Lys Glu Phe Asn Lys Asp Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn

115 120 125

Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu

130 135 140

Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Ala His Asp Ser

145 150 155 160

Gln Gly Thr Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn Glu Gln Val Asn

165										170					175				
Lys	Glu	Met	Gln	Ser	Ser	Asn	Leu	Tyr	Met	Ser	Met	Ser	Ser	Trp	Cys				
180					185					190									
Tyr	Thr	His	Ser	Leu	Asp	Gly	Ala	Gly	Leu	Phe	Leu	Phe	Asp	His	Ala				
195					200					205									
Ala	Glu	Glu	Tyr	Glu	His	Ala	Lys	Lys	Leu	Ile	Ile	Phe	Leu	Asn	Glu				
210					215					220									
Asn	Asn	Val	Pro	Val	Gln	Leu	Thr	Ser	Ile	Ser	Ala	Pro	Glu	His	Lys				
225					230					235					240				
Phe	Glu	Gly	Leu	Thr	Gln	Ile	Phe	Gln	Lys	Ala	Tyr	Glu	His	Glu	Gln				
245					250					255									
His	Ile	Ser	Glu	Ser	Ile	Asn	Asn	Ile	Val	Asp	His	Ala	Ile	Lys	Ser				
260					265					270									
Lys	Asp	His	Ala	Thr	Phe	Asn	Phe	Leu	Gln	Trp	Tyr	Val	Ala	Glu	Gln				
275					280					285									
His	Glu	Glu	Glu	Val	Leu	Phe	Lys	Asp	Ile	Leu	Asp	Lys	Ile	Glu	Leu				
290					295					300									
Ile	Gly	Asn	Glu	Asn	His	Gly	Leu	Tyr	Leu	Ala	Asp	Gln	Tyr	Val	Lys				
305					310					315					320				
Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser																			
325																			
<210>		468																	
<211>		566																	
<212>		PRT																	
<213>		Artificial Sequence																	
<220><223>		Synthetic Polypeptide																	
<400>		468																	
Met	Lys	Ala	Lys	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Cys	Ala	Phe	Thr	Ala	Thr	Asp				
1		5				10				15									
Ala	Asp	Thr	Ile	Cys	Ile	Gly	Tyr	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Asp	Thr				
20					25					30									

Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn

35 40 45

Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Lys Leu Lys Gly Ile

50 55 60

Ala Pro Leu Gln Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Ile Leu Gly

65 70 75 80

Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Ile Ser Lys Arg Ser Trp Ser Tyr Ile

85 90 95

Val Glu Thr Pro Asn Ser Glu Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Asp Phe

100 105 110

Ala Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe

115 120 125

Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Asn

130 135 140

Val Thr Lys Gly Val Thr Ala Ala Cys Ser His Ala Gly Lys Ser Ser

145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Glu Lys Asn Gly Ser Tyr Pro

165 170 175

Lys Leu Ser Lys Ser Tyr Val Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Leu Val

180 185 190

Leu Trp Gly Val His His Pro Ser Asn Ile Thr Asp Gln Arg Thr Leu

195 200 205

Tyr Gln Asn Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser His Tyr Asn

210 215 220

Arg Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Lys Arg Pro Lys Val Arg Gly Gln

225 230 235 240

Ala Gly Arg Ile Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr

245 250 255

Ile Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Trp Tyr Ala Phe

260 265 270

Ala Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Pro

275 280 285
 Met His Glu Cys Asp Thr Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn
 290 295 300
 Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Val His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys
 305 310 315 320
 Pro Lys Tyr Val Arg Ser Thr Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg

 325 330 335
 Asn Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly
 340 345 350
 Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser
 370 375 380
 Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile
 385 390 395 400

 Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys
 405 410 415
 Leu Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe
 420 425 430
 Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn
 435 440 445
 Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu
 450 455 460
 Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly

 465 470 475 480
 Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys Met Glu Ser Val
 485 490 495
 Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu
 500 505 510
 Asn Arg Glu Lys Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser Met Gly Val Tyr
 515 520 525
 Gln Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Val Leu Leu

530	535										540									
Val	Ser	Leu	Gly	Ala	Ile	Ser	Phe	Trp	Met	Cys	Ser	Asn	Gly	Ser	Leu					
545	550					555					560									
Gln	Cys	Arg	Ile	Cys	Ile															
565																				
<210>	469																			
<211>	566																			
<212>	PRT																			
<213>	Artificial Sequence																			
<220><223>	Synthetic Polypeptide																			
<400>	469																			
Met	Lys	Thr	Ile	Ile	Ala	Leu	Ser	Tyr	Ile	Phe	Cys	Leu	Val	Phe	Ala					
1	5				10				15											
Gln	Lys	Leu	Pro	Gly	Asn	Asp	Asn	Ser	Thr	Ala	Thr	Leu	Cys	Leu	Gly					
20					25					30										
His	His	Ala	Val	Pro	Asn	Gly	Thr	Leu	Val	Lys	Thr	Ile	Thr	Asn	Asp					
35				40				45												
Gln	Ile	Glu	Val	Thr	Asn	Ala	Thr	Glu	Leu	Val	Gln	Ser	Ser	Ser	Thr					
50				55				60												
Gly	Arg	Ile	Cys	Asp	Ser	Pro	His	Arg	Ile	Leu	Asp	Gly	Thr	Asn	Cys					
65	70					75					80									
Thr	Leu	Ile	Asp	Ala	Leu	Leu	Gly	Asp	Pro	His	Cys	Asp	Gly	Phe	Gln					
85					90					95										
Asn	Lys	Glu	Trp	Asp	Leu	Phe	Val	Glu	Arg	Ser	Lys	Ala	Tyr	Ser	Asn					
100					105					110										
Cys	Tyr	Pro	Tyr	Asp	Val	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Arg	Ser	Leu	Val					
115					120					125										
Ala	Ser	Ser	Gly	Thr	Leu	Glu	Phe	Asn	Asn	Glu	Gly	Phe	Asn	Trp	Thr					
130					135					140										
Gly	Val	Thr	Gln	Asn	Gly	Gly	Ser	Ser	Ala	Cys	Lys	Arg	Gly	Ser	Asp					
145	150					155					160									
Lys	Ser	Phe	Phe	Ser	Arg	Leu	Asn	Trp	Leu	His	Lys	Leu	Lys	Tyr	Lys					

165 170 175
 Tyr Pro Ala Leu Asn Val Thr Met Pro Asn Asn Asp Lys Phe Asp Lys
 180 185 190
 Leu Tyr Ile Trp Gly Val His His Pro Ser Thr Asp Ser Asp Gln Thr
 195 200 205
 Ser Leu Tyr Val Gln Ala Ser Gly Arg Val Thr Val Ser Thr Lys Arg
 210 215 220
 Ser Gln Gln Thr Val Ile Pro Asn Ile Gly Ser Arg Pro Trp Val Arg
 225 230 235 240
 Gly Leu Ser Ser Arg Ile Ser Ile Tyr Trp Thr Ile Val Lys Pro Gly

 245 250 255
 Asp Ile Leu Leu Ile Asn Ser Thr Gly Asn Leu Ile Ala Pro Arg Gly
 260 265 270
 Tyr Phe Lys Ile Arg Ser Gly Lys Ser Ser Ile Met Arg Ser Asp Ala
 275 280 285
 Pro Ile Gly Thr Cys Asn Ser Glu Cys Ile Thr Pro Asn Gly Ser Ile
 290 295 300
 Pro Asn Asp Lys Pro Phe Gln Asn Val Asn Arg Ile Thr Tyr Gly Ala
 305 310 315 320

 Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Asn Thr Leu Lys Leu Ala Thr Gly Met
 325 330 335
 Arg Asn Val Pro Glu Lys Gln Thr Arg Gly Ile Phe Gly Ala Ile Ala
 340 345 350
 Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 355 360 365
 Phe Arg His Gln Asn Ser Glu Gly Thr Gly Gln Ala Ala Asp Leu Lys
 370 375 380
 Ser Thr Gln Ala Ala Ile Asp Gln Ile Asn Gly Lys Leu Asn Arg Leu

 385 390 395 400
 Ile Glu Lys Thr Asn Glu Lys Phe His Gln Ile Glu Lys Glu Phe Ser
 405 410 415

Glu Val Glu Gly Arg Ile Gln Asp Leu Glu Lys Tyr Val Glu Asp Thr
420 425 430

Lys Ile Asp Leu Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Leu Glu
435 440 445

Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Phe
450 455 460

Glu Arg Thr Arg Lys Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Asp Met Gly Asn
465 470 475 480

Gly Cys Phe Lys Ile Tyr His Lys Cys Asp Asn Ala Cys Ile Gly Ser
485 490 495

Ile Arg Asn Gly Thr Tyr Asp His Asp Val Tyr Arg Asp Glu Ala Leu
500 505 510

Asn Asn Arg Phe Gln Ile Lys Gly Val Glu Leu Lys Ser Gly Tyr Lys
515 520 525

Asp Trp Ile Leu Trp Ile Ser Phe Ala Ile Ser Cys Phe Leu Leu Cys
530 535 540

Val Val Leu Leu Gly Phe Ile Met Trp Ala Cys Gln Lys Gly Asn Ile
545 550 555 560

Arg Cys Asn Ile Cys Ile
565

<210> 470

<211> 566

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 470

Met Lys Ala Ile Leu Val Val Leu Leu Tyr Thr Phe Ala Thr Ala Asn
1 5 10 15

Ala Asp Thr Leu Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
20 25 30

Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
35 40 45

Leu Leu Glu Asp Lys His Asn Gly Lys Leu Cys Lys Leu Arg Gly Val
 50 55 60
 Ala Pro Leu His Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Ile Leu Gly
 65 70 75 80
 Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Ser Thr Ala Ser Ser Trp Ser Tyr Ile
 85 90 95

 Val Glu Thr Ser Ser Ser Asp Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Asp Phe
 100 105 110
 Ile Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe
 115 120 125
 Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Thr Ser Ser Trp Pro Asn His Asp
 130 135 140
 Ser Asn Lys Gly Val Thr Ala Ala Cys Pro His Ala Gly Ala Lys Ser
 145 150 155 160
 Phe Tyr Lys Asn Leu Ile Trp Leu Val Lys Lys Gly Asn Ser Tyr Pro

 165 170 175
 Lys Leu Ser Lys Ser Tyr Ile Asn Asp Lys Gly Lys Glu Val Leu Val
 180 185 190
 Leu Trp Gly Ile His His Pro Ser Thr Ser Ala Asp Gln Gln Ser Leu
 195 200 205
 Tyr Gln Asn Ala Asp Ala Tyr Val Phe Val Gly Thr Ser Arg Tyr Ser
 210 215 220
 Lys Lys Phe Lys Pro Glu Ile Ala Ile Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln
 225 230 235 240

 Glu Gly Arg Met Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Val Glu Pro Gly Asp Lys
 245 250 255
 Ile Thr Phe Glu Ala Thr Gly Asn Leu Val Val Pro Arg Tyr Ala Phe
 260 265 270
 Ala Met Glu Arg Asn Ala Gly Ser Gly Ile Ile Ile Ser Asp Thr Pro
 275 280 285
 Val His Asp Cys Asn Thr Thr Cys Gln Thr Pro Lys Gly Ala Ile Asn
 290 295 300

Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile His Pro Ile Thr Ile Gly Lys Cys

305 310 315 320

Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg

325 330 335

Asn Val Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly

340 345 350

Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr

355 360 365

His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Leu Lys Ser

370 375 380

Thr Gln Asn Ala Ile Asp Lys Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile

385 390 395 400

Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn His

405 410 415

Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe

420 425 430

Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn

435 440 445

Glu Arg Thr Leu Asp Tyr His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu

450 455 460

Lys Val Arg Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly

465 470 475 480

Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Thr Cys Met Glu Ser Val

485 490 495

Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ala Lys Leu

500 505 510

Asn Arg Glu Glu Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser Thr Arg Ile Tyr

515 520 525

Gln Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Val Leu Val

530 535 540

Val Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu

545	550										555										560									
Gln	Cys	Arg	Ile	Cys	Ile																									
565																														
<210>	471																													
<211>	565																													
<212>	PRT																													
<213>	Artificial Sequence																													
<220><223>	Synthetic Polypeptide																													
<400>	471																													
Met	Lys	Val	Lys	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Cys	Thr	Phe	Thr	Ala	Thr	Tyr															
1	5			10						15																				
Ala	Asp	Thr	Ile	Cys	Ile	Gly	Tyr	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Asp	Thr															
20				25						30																				
Val	Asp	Thr	Val	Leu	Glu	Lys	Asn	Val	Thr	Val	Thr	His	Ser	Val	Asn															
35				40						45																				
Leu	Leu	Glu	Asp	Ser	His	Asn	Gly	Lys	Leu	Cys	Leu	Leu	Lys	Gly	Ile															
50				55						60																				
Ala	Pro	Leu	Gln	Leu	Gly	Asn	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Ile	Leu	Gly															
65				70						75						80														
Asn	Pro	Glu	Cys	Glu	Leu	Leu	Ile	Ser	Lys	Glu	Ser	Trp	Ser	Tyr	Ile															
85					90						95																			
Val	Glu	Thr	Pro	Asn	Pro	Glu	Asn	Gly	Thr	Cys	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Phe															
100				105						110																				
Ala	Asp	Tyr	Glu	Glu	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Phe															
115				120						125																				
Glu	Arg	Phe	Glu	Ile	Phe	Pro	Lys	Glu	Ser	Ser	Trp	Pro	Asn	His	Thr															
130				135						140																				
Val	Thr	Gly	Val	Ser	Ala	Ser	Cys	Ser	His	Asn	Gly	Lys	Ser	Ser	Phe															
145				150						155						160														
Tyr	Arg	Asn	Leu	Leu	Trp	Leu	Thr	Gly	Lys	Asn	Gly	Leu	Tyr	Pro	Asn															
165					170						175																			
Leu	Ser	Lys	Ser	Tyr	Ala	Asn	Asn	Lys	Glu	Lys	Glu	Val	Leu	Val	Leu															

180 185 190
 Trp Gly Val His His Pro Pro Asn Ile Gly Asp Gln Arg Ala Leu Tyr
 195 200 205
 His Thr Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser His Tyr Ser Arg
 210 215 220
 Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Lys Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln Glu

 225 230 235 240
 Gly Arg Ile Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr Ile
 245 250 255
 Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Arg Tyr Ala Phe Ala
 260 265 270
 Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Pro Met
 275 280 285
 Asp Glu Cys Asp Ala Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn Ser
 290 295 300

 Ser Leu Pro Phe Gln Asn Val His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys Pro
 305 310 315 320
 Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn
 325 330 335
 Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 340 345 350
 Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 355 360 365
 His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr

 370 375 380
 Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu
 385 390 395 400
 Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys Leu
 405 410 415
 Glu Arg Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu
 420 425 430
 Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu

435 440 445
 Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu Lys
 450 455 460
 Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly Cys
 465 470 475 480
 Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asp Glu Cys Met Glu Ser Val Lys
 485 490 495
 Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu Asn
 500 505 510
 Arg Glu Lys Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser Met Gly Val Tyr Gln

 515 520 525
 Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Val Leu Leu Val
 530 535 540
 Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu Gln
 545 550 555 560
 Cys Arg Ile Cys Ile
 565
 <210> 472
 <211> 566
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 472
 Met Lys Ala Arg Leu Leu Val Leu Leu Cys Ala Leu Ala Ala Thr Asp

 1 5 10 15
 Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
 20 25 30
 Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
 35 40 45
 Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Lys Leu Lys Gly Ile
 50 55 60
 Ala Pro Leu Gln Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Leu Leu Gly

65				70				75				80			
Asn	Pro	Glu	Cys	Glu	Ser	Leu	Leu	Ser	Ala	Arg	Ser	Trp	Ser	Tyr	Ile
				85				90				95			
Val	Glu	Thr	Pro	Asn	Ser	Glu	Asn	Gly	Thr	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asp	Phe
				100				105				110			
Ile	Asp	Tyr	Glu	Glu	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Phe
				115				120				125			
Glu	Arg	Phe	Glu	Ile	Phe	Pro	Lys	Glu	Ser	Ser	Trp	Pro	Asn	His	Asn
				130				135				140			
Thr	Thr	Lys	Gly	Val	Thr	Ala	Ala	Cys	Ser	His	Ala	Gly	Lys	Ser	Ser
				145				150				155			
Phe	Tyr	Arg	Asn	Leu	Leu	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	Gly	Gly	Ser	Tyr	Pro
				165				170				175			
Lys	Leu	Ser	Lys	Ser	Tyr	Val	Asn	Asn	Lys	Gly	Lys	Glu	Val	Leu	Val
				180				185				190			
Leu	Trp	Gly	Val	His	His	Pro	Ser	Thr	Ser	Thr	Asp	Gln	Gln	Ser	Leu
				195				200				205			
Tyr	Gln	Asn	Glu	Asn	Ala	Tyr	Val	Ser	Val	Val	Ser	Ser	Asn	Tyr	Asn
				210				215				220			
Arg	Arg	Phe	Thr	Pro	Glu	Ile	Ala	Glu	Arg	Pro	Lys	Val	Arg	Gly	Gln
				225				230				235			
Ala	Gly	Arg	Met	Asn	Tyr	Tyr	Trp	Thr	Leu	Leu	Glu	Pro	Gly	Asp	Thr
				245				250				255			
Ile	Ile	Phe	Glu	Ala	Thr	Gly	Asn	Leu	Ile	Ala	Pro	Trp	Tyr	Ala	Phe
				260				265				270			
Ala	Leu	Ser	Arg	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Ile	Ile	Thr	Ser	Asn	Ala	Ser
				275				280				285			
Met	His	Glu	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Gln	Gly	Ala	Ile	Asn
				290				295				300			
Ser	Ser	Leu	Pro	Phe	Gln	Asn	Ile	His	Pro	Val	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys
				305				310				315			
												320			

Pro Lys Tyr Val Arg Ser Thr Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
325 330 335

Asn Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly
340 345 350

Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr
355 360 365

His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser
370 375 380

Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile
385 390 395 400

Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Asn
405 410 415

Leu Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe
420 425 430

Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn
435 440 445

Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu
450 455 460

Lys Val Lys Ser Gln Leu Arg Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly
465 470 475 480

Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val
485 490 495

Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu
500 505 510

Asn Arg Glu Lys Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser Met Gly Val Tyr
515 520 525

Gln Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Val Leu Leu
530 535 540

Val Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu
545 550 555 560

Gln Cys Arg Ile Cys Ile
565

<210> 473
 <211> 566
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 473
 Met Glu Ala Arg Leu Leu Val Leu Leu Cys Ala Phe Ala Ala Thr Asn
 1 5 10 15
 Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
 20 25 30
 Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
 35 40 45
 Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Arg Leu Lys Gly Ile
 50 55 60
 Ala Pro Leu Gln Leu Gly Asn Cys Ser Val Ala Gly Trp Ile Leu Gly
 65 70 75 80
 Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Phe Ser Lys Glu Ser Trp Ser Tyr Ile
 85 90 95
 Ala Glu Thr Pro Asn Pro Glu Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Tyr Phe
 100 105 110
 Ala Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe
 115 120 125
 Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Thr
 130 135 140
 Val Thr Lys Gly Val Thr Ala Ser Cys Ser His Asn Gly Lys Ser Ser
 145 150 155 160
 Phe Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Glu Lys Asn Gly Leu Tyr Pro
 165 170 175
 Asn Leu Ser Lys Ser Tyr Val Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Leu Val
 180 185 190
 Leu Trp Gly Val His His Pro Ser Asn Ile Gly Asp Gln Arg Ala Ile
 195 200 205

Tyr His Thr Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser His Tyr Ser

210 215 220

Arg Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Lys Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln

225 230 235 240

Glu Gly Arg Ile Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr

245 250 255

Ile Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Trp Tyr Ala Phe

260 265 270

Ala Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Ser

275 280 285

Met Asp Glu Cys Asp Ala Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn

290 295 300

Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Val His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys

305 310 315 320

Pro Lys Tyr Val Arg Ser Thr Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg

325 330 335

Asn Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly

340 345 350

Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr

355 360 365

His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser

370 375 380

Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile

385 390 395 400

Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys

405 410 415

Leu Glu Arg Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe

420 425 430

Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn

435 440 445

Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu

450 455 460
 Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly
 465 470 475 480
 Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys Met Glu Ser Val
 485 490 495
 Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu

500 505 510
 Asn Arg Glu Lys Ile Asp Gly Val Lys Leu Glu Ser Met Gly Val Tyr
 515 520 525
 Gln Ile Leu Ala Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Val Leu Leu
 530 535 540
 Val Ser Leu Gly Ala Ile Ser Phe Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu
 545 550 555 560
 Gln Cys Arg Ile Cys Ile

565

<210> 474

<211> 684

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 474

Met Lys Ala Lys Leu Leu Val Leu Leu Cys Ala Phe Thr Ala Thr Asp
 1 5 10 15
 Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
 20 25 30
 Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
 35 40 45
 Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Lys Leu Lys Gly Ile

50 55 60
 Ala Pro Leu Gln Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Ile Leu Gly
 65 70 75 80
 Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Ile Ser Lys Arg Ser Trp Ser Tyr Ile

	85	90	95
Val Glu Thr Pro Asn Ser Glu Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Asp Phe			
	100	105	110
Ala Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe			
	115	120	125
Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Asn			
	130	135	140
Val Thr Lys Gly Val Thr Ala Ala Cys Ser His Ala Gly Lys Ser Ser			
145	150	155	160
Phe Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Glu Lys Asn Gly Ser Tyr Pro			
	165	170	175
Lys Leu Ser Lys Ser Tyr Val Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Leu Val			
	180	185	190
Leu Trp Gly Val His His Pro Ser Asn Ile Thr Asp Gln Arg Thr Leu			
	195	200	205
Tyr Gln Asn Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser His Tyr Asn			
	210	215	220
Arg Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Lys Arg Pro Lys Val Arg Gly Gln			
225	230	235	240
Ala Gly Arg Ile Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr			
	245	250	255
Ile Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Trp Tyr Ala Phe			
	260	265	270
Ala Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Pro			
	275	280	285
Met His Glu Cys Asp Thr Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn			
	290	295	300
Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Val His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys			
305	310	315	320
Pro Lys Tyr Val Arg Ser Thr Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg			
	325	330	335

Asn Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly

340 345 350
Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr

355 360 365
His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser

370 375 380
Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile
385 390 395 400

Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys
405 410 415

Leu Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe
420 425 430

Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn
435 440 445

Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu
450 455 460

Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly
465 470 475 480

Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys Met Glu Ser Val

485 490 495
Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu

500 505 510
Asn Arg Glu Lys Ile Asp Ser Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn

515 520 525
Glu Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met

530 535 540
Ser Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu

545 550 555 560

Phe Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile
565 570 575

Phe Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala

580 585 590
 Pro Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr
 595 600 605
 Glu His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His
 610 615 620
 Ala Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr

 625 630 635 640
 Val Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp
 645 650 655
 Lys Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp
 660 665 670
 Gln Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
 675 680
 <210> 475
 <211> 685
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide

 <400> 475
 Met Lys Thr Ile Ile Ala Leu Ser Tyr Ile Phe Cys Leu Val Phe Ala
 1 5 10 15
 Gln Lys Leu Pro Gly Asn Asp Asn Ser Thr Ala Thr Leu Cys Leu Gly
 20 25 30
 His His Ala Val Pro Asn Gly Thr Leu Val Lys Thr Ile Thr Asn Asp
 35 40 45
 Gln Ile Glu Val Thr Asn Ala Thr Glu Leu Val Gln Ser Ser Ser Thr
 50 55 60
 Gly Arg Ile Cys Asp Ser Pro His Arg Ile Leu Asp Gly Thr Asn Cys

 65 70 75 80
 Thr Leu Ile Asp Ala Leu Leu Gly Asp Pro His Cys Asp Gly Phe Gln
 85 90 95
 Asn Lys Glu Trp Asp Leu Phe Val Glu Arg Ser Lys Ala Tyr Ser Asn

100	105	110
Cys Tyr Pro Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Arg Ser Leu Val		
115	120	125
Ala Ser Ser Gly Thr Leu Glu Phe Asn Asn Glu Gly Phe Asn Trp Thr		
130	135	140
Gly Val Thr Gln Asn Gly Gly Ser Ser Ala Cys Lys Arg Gly Ser Asp		
145	150	155
Lys Ser Phe Phe Ser Arg Leu Asn Trp Leu His Lys Leu Lys Tyr Lys		
165	170	175
Tyr Pro Ala Leu Asn Val Thr Met Pro Asn Asn Asp Lys Phe Asp Lys		
180	185	190
Leu Tyr Ile Trp Gly Val His His Pro Ser Thr Asp Ser Asp Gln Thr		
195	200	205
Ser Leu Tyr Val Gln Ala Ser Gly Arg Val Thr Val Ser Thr Lys Arg		
210	215	220
Ser Gln Gln Thr Val Ile Pro Asn Ile Gly Ser Arg Pro Trp Val Arg		
225	230	235
Gly Leu Ser Ser Arg Ile Ser Ile Tyr Trp Thr Ile Val Lys Pro Gly		
245	250	255
Asp Ile Leu Leu Ile Asn Ser Thr Gly Asn Leu Ile Ala Pro Arg Gly		
260	265	270
Tyr Phe Lys Ile Arg Ser Gly Lys Ser Ser Ile Met Arg Ser Asp Ala		
275	280	285
Pro Ile Gly Thr Cys Asn Ser Glu Cys Ile Thr Pro Asn Gly Ser Ile		
290	295	300
Pro Asn Asp Lys Pro Phe Gln Asn Val Asn Arg Ile Thr Tyr Gly Ala		
305	310	315
Cys Pro Arg Tyr Val Lys Gln Asn Thr Leu Lys Leu Ala Thr Gly Met		
325	330	335
Arg Asn Val Pro Glu Lys Gln Thr Arg Gly Ile Phe Gly Ala Ile Ala		
340	345	350

Gly Phe Ile Glu Asn Gly Trp Glu Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly

355

360

365

Phe Arg His Gln Asn Ser Glu Gly Thr Gly Gln Ala Ala Asp Leu Lys

370

375

380

Ser Thr Gln Ala Ala Ile Asp Gln Ile Asn Gly Lys Leu Asn Arg Leu

385

390

395

400

Ile Glu Lys Thr Asn Glu Lys Phe His Gln Ile Glu Lys Glu Phe Ser

405

410

415

Glu Val Glu Gly Arg Ile Gln Asp Leu Glu Lys Tyr Val Glu Asp Thr

420

425

430

Lys Ile Asp Leu Trp Ser Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Ala Leu Glu

435

440

445

Asn Gln His Thr Ile Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asn Lys Leu Phe

450

455

460

Glu Arg Thr Arg Lys Gln Leu Arg Glu Asn Ala Glu Asp Met Gly Asn

465

470

475

480

Gly Cys Phe Lys Ile Tyr His Lys Cys Asp Asn Ala Cys Ile Gly Ser

485

490

495

Ile Arg Asn Gly Thr Tyr Asp His Asp Val Tyr Arg Asp Glu Ala Leu

500

505

510

Asn Asn Arg Phe Gln Ile Lys Ser Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu

515

520

525

Asn Glu Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser

530

535

540

Met Ser Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe

545

550

555

560

Leu Phe Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile

565

570

575

Ile Phe Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser

580

585

590

Ala Pro Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala

595 600 605
Tyr Glu His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp
610 615 620
His Ala Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp
625 630 635 640
Tyr Val Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu

645 650 655
Asp Lys Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala
660 665 670
Asp Gln Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
675 680 685

<210> 476

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 476

Met Lys Ala Ile Leu Val Val Leu Leu Tyr Thr Phe Ala Thr Ala Asn
1 5 10 15

Ala Asp Thr Leu Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
20 25 30

Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
35 40 45

Leu Leu Glu Asp Lys His Asn Gly Lys Leu Cys Lys Leu Arg Gly Val
50 55 60

Ala Pro Leu His Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Ile Leu Gly
65 70 75 80

Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Ser Thr Ala Ser Ser Trp Ser Tyr Ile

85 90 95
Val Glu Thr Ser Ser Ser Asp Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Asp Phe
100 105 110

Ile Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe

115	120	125	
Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Thr Ser Ser Trp Pro Asn His Asp			
130	135	140	
Ser Asn Lys Gly Val Thr Ala Ala Cys Pro His Ala Gly Ala Lys Ser			
145	150	155	160
Phe Tyr Lys Asn Leu Ile Trp Leu Val Lys Lys Gly Asn Ser Tyr Pro			
165	170	175	
Lys Leu Ser Lys Ser Tyr Ile Asn Asp Lys Gly Lys Glu Val Leu Val			
180	185	190	
Leu Trp Gly Ile His His Pro Ser Thr Ser Ala Asp Gln Gln Ser Leu			
195	200	205	
Tyr Gln Asn Ala Asp Ala Tyr Val Phe Val Gly Thr Ser Arg Tyr Ser			
210	215	220	
Lys Lys Phe Lys Pro Glu Ile Ala Ile Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln			
225	230	235	240
Glu Gly Arg Met Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Val Glu Pro Gly Asp Lys			
245	250	255	
Ile Thr Phe Glu Ala Thr Gly Asn Leu Val Val Pro Arg Tyr Ala Phe			
260	265	270	
Ala Met Glu Arg Asn Ala Gly Ser Gly Ile Ile Ile Ser Asp Thr Pro			
275	280	285	
Val His Asp Cys Asn Thr Thr Cys Gln Thr Pro Lys Gly Ala Ile Asn			
290	295	300	
Thr Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile His Pro Ile Thr Ile Gly Lys Cys			
305	310	315	320
Pro Lys Tyr Val Lys Ser Thr Lys Leu Arg Leu Ala Thr Gly Leu Arg			
325	330	335	
Asn Val Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly			
340	345	350	
Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr			
355	360	365	

His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Leu Lys Ser

370

375

380

Thr Gln Asn Ala Ile Asp Lys Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile

385

390

395

400

Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn His

405

410

415

Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe

420

425

430

Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn

435

440

445

Glu Arg Thr Leu Asp Tyr His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu

450

455

460

Lys Val Arg Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly

465

470

475

480

Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Thr Cys Met Glu Ser Val

485

490

495

Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ala Lys Leu

500

505

510

Asn Arg Glu Glu Ile Asp Ser Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn

515

520

525

Glu Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met

530

535

540

Ser Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu

545

550

555

560

Phe Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile

565

570

575

Phe Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala

580

585

590

Pro Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr

595

600

605

Glu His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His

610 615 620
Ala Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr
625 630 635 640
Val Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp
645 650 655
Lys Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp

660 665 670
Gln Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser

675 680
<210> 477
<211> 683
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 477

Met Lys Val Lys Leu Leu Val Leu Leu Cys Thr Phe Thr Ala Thr Tyr
1 5 10 15
Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
20 25 30

Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
35 40 45

Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Leu Leu Lys Gly Ile
50 55 60

Ala Pro Leu Gln Leu Gly Asn Cys Ser Val Ala Gly Trp Ile Leu Gly
65 70 75 80

Asn Pro Glu Cys Glu Leu Leu Ile Ser Lys Glu Ser Trp Ser Tyr Ile
85 90 95

Val Glu Thr Pro Asn Pro Glu Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Tyr Phe

100 105 110
Ala Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe

115 120 125
Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Thr

130 135 140
 Val Thr Gly Val Ser Ala Ser Cys Ser His Asn Gly Lys Ser Ser Phe
 145 150 155 160
 Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Gly Lys Asn Gly Leu Tyr Pro Asn
 165 170 175

 Leu Ser Lys Ser Tyr Ala Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Leu Val Leu
 180 185 190
 Trp Gly Val His His Pro Pro Asn Ile Gly Asp Gln Arg Ala Leu Tyr
 195 200 205
 His Thr Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser His Tyr Ser Arg
 210 215 220
 Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Lys Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln Glu
 225 230 235 240
 Gly Arg Ile Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr Ile

 245 250 255
 Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Arg Tyr Ala Phe Ala
 260 265 270
 Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Pro Met
 275 280 285
 Asp Glu Cys Asp Ala Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn Ser
 290 295 300
 Ser Leu Pro Phe Gln Asn Val His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys Pro
 305 310 315 320

 Lys Tyr Val Arg Ser Ala Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg Asn
 325 330 335
 Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 340 345 350
 Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 355 360 365
 His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser Thr
 370 375 380

Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile Glu

385 390 395 400

Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys Leu

405 410 415

Glu Arg Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe Leu

420 425 430

Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn Glu

435 440 445

Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu Lys

450 455 460

Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly Cys

465 470 475 480

Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asp Glu Cys Met Glu Ser Val Lys

485 490 495

Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu Asn

500 505 510

Arg Glu Lys Ile Asp Ser Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn Glu

515 520 525

Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met Ser

530 535 540

Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu Phe

545 550 555 560

Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile Phe

565 570 575

Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala Pro

580 585 590

Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr Glu

595 600 605

His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His Ala

610 615 620

Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr Val

625 630 635 640
 Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp Lys
 645 650 655
 Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp Gln
 660 665 670
 Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser

 675 680
 <210> 478
 <211> 684
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 478

Met Lys Ala Arg Leu Leu Val Leu Leu Cys Ala Leu Ala Ala Thr Asp
 1 5 10 15
 Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr
 20 25 30
 Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn
 35 40 45

Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Lys Leu Lys Gly Ile
 50 55 60
 Ala Pro Leu Gln Leu Gly Lys Cys Asn Ile Ala Gly Trp Leu Leu Gly
 65 70 75 80
 Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Leu Ser Ala Arg Ser Trp Ser Tyr Ile
 85 90 95
 Val Glu Thr Pro Asn Ser Glu Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Asp Phe
 100 105 110
 Ile Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe

 115 120 125
 Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Asn
 130 135 140
 Thr Thr Lys Gly Val Thr Ala Ala Cys Ser His Ala Gly Lys Ser Ser

145 150 155 160
 Phe Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Lys Lys Gly Gly Ser Tyr Pro
 165 170 175
 Lys Leu Ser Lys Ser Tyr Val Asn Asn Lys Gly Lys Glu Val Leu Val
 180 185 190

 Leu Trp Gly Val His His Pro Ser Thr Ser Thr Asp Gln Gln Ser Leu
 195 200 205
 Tyr Gln Asn Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser Asn Tyr Asn
 210 215 220
 Arg Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Glu Arg Pro Lys Val Arg Gly Gln
 225 230 235 240
 Ala Gly Arg Met Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr
 245 250 255
 Ile Ile Phe Glu Ala Thr Gly Asn Leu Ile Ala Pro Trp Tyr Ala Phe

 260 265 270
 Ala Leu Ser Arg Gly Ser Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Ser
 275 280 285
 Met His Glu Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn
 290 295 300
 Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Ile His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys
 305 310 315 320
 Pro Lys Tyr Val Arg Ser Thr Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
 325 330 335

 Asn Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly
 340 345 350
 Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser
 370 375 380
 Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile
 385 390 395 400

Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Asn

405 410 415

Leu Glu Lys Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe

420 425 430

Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn

435 440 445

Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu

450 455 460

Lys Val Lys Ser Gln Leu Arg Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly

465 470 475 480

Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val

485 490 495

Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu

500 505 510

Asn Arg Glu Lys Ile Asp Ser Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn

515 520 525

Glu Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met

530 535 540

Ser Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu

545 550 555 560

Phe Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile

565 570 575

Phe Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala

580 585 590

Pro Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr

595 600 605

Glu His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His

610 615 620

Ala Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr

625 630 635 640

Val Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp

645 650 655
Lys Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp

660 665 670

Gln Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser

675 680

<210> 479

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 479

Met Glu Ala Arg Leu Leu Val Leu Leu Cys Ala Phe Ala Ala Thr Asn

1 5 10 15

Ala Asp Thr Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Asp Thr

20 25 30

Val Asp Thr Val Leu Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ser Val Asn

35 40 45

Leu Leu Glu Asp Ser His Asn Gly Lys Leu Cys Arg Leu Lys Gly Ile

50 55 60

Ala Pro Leu Gln Leu Gly Asn Cys Ser Val Ala Gly Trp Ile Leu Gly

65 70 75 80

Asn Pro Glu Cys Glu Ser Leu Phe Ser Lys Glu Ser Trp Ser Tyr Ile

85 90 95

Ala Glu Thr Pro Asn Pro Glu Asn Gly Thr Cys Tyr Pro Gly Tyr Phe

100 105 110

Ala Asp Tyr Glu Glu Leu Arg Glu Gln Leu Ser Ser Val Ser Ser Phe

115 120 125

Glu Arg Phe Glu Ile Phe Pro Lys Glu Ser Ser Trp Pro Asn His Thr

130 135 140

Val Thr Lys Gly Val Thr Ala Ser Cys Ser His Asn Gly Lys Ser Ser

145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asn Leu Leu Trp Leu Thr Glu Lys Asn Gly Leu Tyr Pro

165 170 175
 Asn Leu Ser Lys Ser Tyr Val Asn Asn Lys Glu Lys Glu Val Leu Val
 180 185 190
 Leu Trp Gly Val His His Pro Ser Asn Ile Gly Asp Gln Arg Ala Ile

 195 200 205
 Tyr His Thr Glu Asn Ala Tyr Val Ser Val Val Ser Ser His Tyr Ser
 210 215 220
 Arg Arg Phe Thr Pro Glu Ile Ala Lys Arg Pro Lys Val Arg Asp Gln
 225 230 235 240
 Glu Gly Arg Ile Asn Tyr Tyr Trp Thr Leu Leu Glu Pro Gly Asp Thr
 245 250 255
 Ile Ile Phe Glu Ala Asn Gly Asn Leu Ile Ala Pro Trp Tyr Ala Phe
 260 265 270

 Ala Leu Ser Arg Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ile Thr Ser Asn Ala Ser
 275 280 285
 Met Asp Glu Cys Asp Ala Lys Cys Gln Thr Pro Gln Gly Ala Ile Asn
 290 295 300
 Ser Ser Leu Pro Phe Gln Asn Val His Pro Val Thr Ile Gly Glu Cys
 305 310 315 320
 Pro Lys Tyr Val Arg Ser Thr Lys Leu Arg Met Val Thr Gly Leu Arg
 325 330 335
 Asn Ile Pro Ser Ile Gln Ser Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly

 340 345 350
 Phe Ile Glu Gly Gly Trp Thr Gly Met Ile Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr
 355 360 365
 His His Gln Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Gln Lys Ser
 370 375 380
 Thr Gln Asn Ala Ile Asn Gly Ile Thr Asn Lys Val Asn Ser Val Ile
 385 390 395 400
 Glu Lys Met Asn Thr Gln Phe Thr Ala Val Gly Lys Glu Phe Asn Lys
 405 410 415

Leu Glu Arg Arg Met Glu Asn Leu Asn Lys Lys Val Asp Asp Gly Phe
 420 425 430
 Leu Asp Ile Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asn
 435 440 445
 Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Glu
 450 455 460
 Lys Val Lys Ser Gln Leu Lys Asn Asn Ala Lys Glu Ile Gly Asn Gly
 465 470 475 480
 Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asn Asn Glu Cys Met Glu Ser Val
 485 490 495
 Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Lys Tyr Ser Glu Glu Ser Lys Leu
 500 505 510
 Asn Arg Glu Lys Ile Asp Ser Gly Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn
 515 520 525
 Glu Gln Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met
 530 535 540
 Ser Ser Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu
 545 550 555 560
 Phe Asp His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile
 565 570 575
 Phe Leu Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala
 580 585 590
 Pro Glu His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr
 595 600 605
 Glu His Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His
 610 615 620
 Ala Ile Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr
 625 630 635 640
 Val Ala Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp
 645 650 655
 Lys Ile Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp
 660 665 670

Gln Tyr Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser

675 680

<210> 480

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 480

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly

20

<210> 481

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 481

Met Asp Trp Thr Trp Ile Leu Phe Leu Val Ala Ala Ala Thr Arg Val

1 5 10 15

His Ser

<210> 482

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400> 482

Met Leu Gly Ser Asn Ser Gly Gln Arg Val Val Phe Thr Ile Leu Leu

1 5 10 15

Leu Leu Val Ala Pro Ala Tyr Ser

20

<210> 483

<211> 17
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 483

Met Lys Cys Leu Leu Tyr Leu Ala Phe Leu Phe Ile Gly Val Asn Cys
 1 5 10 15
 Ala

<210> 484
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 484

Met Trp Leu Val Ser Leu Ala Ile Val Thr Ala Cys Ala Gly Ala
 1 5 10 15

<210> 485
 <211> 1729
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polynucleotide
 <400> 485

tcaagctttt ggaccctcgt acagaagcta atacgactca ctataggga	60
ataagagaga aaagaagagt aagaagaaat ataagagcca ccatggcaca agtcattaat acaaacagcc	120
tgctgctgtt gaccagaat aacctgaaca aatcccagtc cgcactgggc actgctatcg	180
agcgtttgtc ttccggtctg cgtatcaaca gcgcgaaaga cgatgcggca ggacaggcga	240
ttgctaaccg ttttaccgag aacatcaaag gtctgactca ggcttccgt aacgctaacg	300
acggtatctc cattgcgcag accactgaag gcgcgctgaa cgaaatcaac aacaacctgc	360
agcgtgtgcg tgaactggcg gttcagttctg cgaatggtac taactcccag tctgacctcg	420
actccatcca ggetgaaatc acccagcgcc tgaacgaaat cgaccgtgta tccggccaga	480
ctcagttcaa cggcgtgaaa gtcctggcgc aggacaacac cctgaccatc caggttggtg	540

ccaacgacgg tgaactatc gatattgatt taaaagaaat cagctctaaa acactgggac 600
 ttgataagct taatgtccaa gatgcctaca ccccgaaaga aactgctgta accgttgata 660
 aaactaccta taaaatggg acagatccta ttacagccca gagcaatact gatatccaaa 720
 ctgcaattgg cggtgggtgca acgggggtta ctggggctga tatcaaattt aaagatggtc 780
 aatactattt agatgttaaa ggcgggtgctt ctgctgggtg ttataaagcc acttatgatg 840
 aaactacaaa gaaagttaat attgatacga ctgataaaac tccgttggca actgcggaag 900
 ctacagctat tcggggaacg gccactataa cccacaacca aattgctgaa gtaacaaaag 960

agggtgttga tacgaccaca gttgcggctc aacttgcctc agcaggggtt actggcgccg 1020
 ataaggacaa tactagcctt gtaaaactat cgtttgagga taaaaacggt aaggttattg 1080
 atggtggcta tgcagtgaat atgggcgacg atttctatgc cgctacatat gatgagaaaa 1140
 caggtgcaat tactgctaaa accactactt atacagatgg tactggcgtt gctcaactg 1200
 gagctgtgaa atttgggtggc gcaaatggta aatctgaagt tgttactgct accgatggta 1260
 agacttactt agcaagcgac cttgacaaac ataacttcag aacaggcggt gagcttaaag 1320
 aggttaatac agataagact gaaaaccac tgcagaaaat tgatgctgcc ttggcacagg 1380

ttgatacact tcgttctgac ctgggtgcgg ttcagaaccg tttcaactcc gctatcacca 1440
 acctgggcaa taccgtaaat aacctgtctt ctgcccgtag ccgtatcgaa gattccgact 1500
 acgcaaccga agtctccaac atgtctcgcg cgcagattct gcagcaggcc ggtacctccg 1560
 ttctggcgca ggcaaccagg gttccgcaaa acgtcctctc tttactgctg tgataatagg 1620
 ctggagcctc ggtggccatg cttcttggcc cttgggcctc cccccagccc ctctctccct 1680
 tcctgcaccc gtacccccgt ggtctttgaa taaagtctga gtgggcggc 1720

<210> 486

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polynucleotide

<400> 486

atggcacaag tcattaatac aaacagcctg tcgctgttga cccagaataa cctgaacaaa 60
 tcccagtcgg cactgggcac tgctatcgag cgtttgcctt ccggtctgag tatcaacagc 120
 gcgaaagacg atgcggcagg acaggcgatt gctaaccgtt ttaccgcgaa catcaaaggt 180
 ctgactcagg cttcccgtaa cgctaacgac ggtatctcca ttgcgcagac cactgaaggc 240
 gcgctgaacg aaatcaaca caacctgcag cgtgtgcgtg aactggcggt tcagtctgcg 300

aatggtacta actcccagtc tgacctcgac tccatccagg ctgaaatcac ccagcgcctg	360
aacgaaatcg accgtgtatc cggccagact cagttcaacg gcgtgaaagt cctggcgcag	420
gacaacaccc tgaccatcca gggttggtgcc aacgacggtg aaactatcga tattgattta	480
aaagaaatca gctctaaaac actgggactt gataagctta atgtccaaga tgcctacacc	540
ccgaaagaaa ctgctgtaac cgttgataaa actacctata aaaatggtac agatcctatt	600
acagcccaga gcaatactga tatecaaaact gcaattggcg gtggtgcaac gggggttact	660
ggggctgata tcaaatttaa agatggtcaa tactatttag atgttaaagg cgggtgcttct	720
gctggtgttt ataaagccac ttatgatgaa actacaaaga aagttaatat tgatacgact	780
gataaaactc cgttggcaac tgcggaagct acagctattc ggggaacggc cactataacc	840
cacaacaaaa ttgctgaagt aacaaaagag ggtgttgata cgaccacagt tgcggtcaa	900
cttgcctgcag cagggggttac tggcgccgat aaggacaata ctagccttgt aaaactatcg	960
tttgaggata aaaacggtaa ggttattgat ggtggctatg cagtgaaat gggcgacgat	1020
ttctatgccg ctacatatga tgagaaaaca ggtgcaatta ctgctaaaac cactacttat	1080
acagatggta ctggcgttgc tcaaactgga gctgtgaaat ttggtggcgc aaatggtaaa	1140
tctgaagtig ttactgctac cgatggtaag acttacttag caagcgacct tgacaaacat	1200
aacttcagaa caggcgggtga gcttaagag gttaatacag ataagactga aaaccactg	1260
cagaaaattg atgctgcctt ggcacagggt gatacacttc gttctgacct ggggtgcggtt	1320
cagaaccgtt tcaactccgc tatcaccaac ctgggcaata ccgtaaataa cctgtcttct	1380
gcccgtagcc gtatcgaaga ttccgactac gcaaccgaag tctccaacat gtctcgcgcg	1440
cagattctgc agcaggccgg tacctccgtt ctggcgcagg cgaaccaggt tccgcaaaac	1500
gtcctctctt tactgcgt	1518
<210> 487	
<211> 1790	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> Synthetic Polynucleotide	
<400> 487	
ggggaaauaa gagagaaaag aagaguaaga agaaauauaa gagccaccau ggcacaaguc	60
auuaauacaa acagccuguc gcuguugacc cagaauaacc ugaacaaauc ccaguccgca	120
cugggcacug cuaucgagcg uuugucuucc ggucugcgua ucaacagcgc gaaagacgau	180
gcggcaggac aggcgauugc uaaccguuuu accgcgaaca ucaaaggucu gacucaggcu	240

ucccguaacg cuaacgacgg uaucuccauu gcgcagacca cugaaggcgc gcugaacgaa	300
aucaacaaca accugcagcg ugugcgugaa cuggcgguuc agucugcgaa ugguacuaac	360
ucccagucug accucgacuc cauccaggcu gaaaucaccc agcgccugaa cgaaaucgac	420
cguguaucgg gccagacuca guucaacggc gugaaagucc uggcgcagga caacaccug	480
accuaccagg uuggugccaa cgacggugaa acuaucgaua uugauuuuaa agaaaucagc	540
ucuaaaacac ugggacuuga uaagcuuaau guccaagaug ccuacacccc gaaagaaacu	600
gcuguaaccg uugauaaaac uaccuauaaa aaugguacag auccuauuac agcccagagc	660
aaucugaua uccaaacugc aaauggcggu ggugcaacgg ggguuacugg ggcugauauc	720
aaauuuuaag auggucauaa cuauuuagau guuaaaggcg gugcuucugc ugguguuuau	780
aaagccacuu augaugaaac uacaaagaaa guuaauuuug auacgacuga uaaaacuccg	840
uuggcaacug cggaagcuac agcuauucgg ggaacggcca cuauaaccca caaccaaauu	900
gcugaaguaa caaaagaggg uguugauacg accacaguug cggcucaacu ugcugcagca	960
gggguuacug gcgccgauaa ggacaauacu agccuuguaa aacuaucguu ugaggauaaa	1020
aacgguagg uuauugaugg uggcuauagca gugaaaaugg gcgacgauuu cuaugccgcu	1080
acauaugaug agaaaacagg ugcaauuacu gcuaaaacca cuacuauuac agaugguacu	1140
ggcguugcuc aaacuggagc ugugaaaauu gguggcgcaa augguaaauc ugaaguuguu	1200
acugcuaccg augguaagac uuacuuagca agcgaccuug acaaacauaa cuucagaaca	1260
ggcgugagc uuaaagaggu uaauacagau aagacugaaa acccagugca gaaaauugau	1320
gcugccuugg cacagguuga uacacuucgu ucugaccugg gugcgguuca gaaccguuuc	1380
aacuccgcu ucaccaaccu gggcaauacc guaaauaacc ugucuucugc ccguagccgu	1440
aucgaagauu ccgacuacgc aaccgaaguc uccaacaugu cucgcgcgca gauucugcag	1500
caggccggua ccuccguucu ggcgcaggcg aaccagguuc cgcaaacgu ccucucuua	1560
cugcguugau aaauaggcugg agccucggug gccaugcuuc uugcccuug gccuccccc	1620
cagcccuucc ucccuuccu gcaccguac ccccgugguc uuugaauaaa gucugagugg	1680
gcggcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	1740
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaucuag	1790
<210> 488	
<211> 506	
<212> PRT	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> Synthetic Polypeptide	

<400> 488

Met Ala Gln Val Ile Asn Thr Asn Ser Leu Ser Leu Leu Thr Gln Asn

1 5 10 15

Asn Leu Asn Lys Ser Gln Ser Ala Leu Gly Thr Ala Ile Glu Arg Leu

20 25 30

Ser Ser Gly Leu Arg Ile Asn Ser Ala Lys Asp Asp Ala Ala Gly Gln

35 40 45

Ala Ile Ala Asn Arg Phe Thr Ala Asn Ile Lys Gly Leu Thr Gln Ala

50 55 60

Ser Arg Asn Ala Asn Asp Gly Ile Ser Ile Ala Gln Thr Thr Glu Gly

65 70 75 80

Ala Leu Asn Glu Ile Asn Asn Asn Leu Gln Arg Val Arg Glu Leu Ala

85 90 95

Val Gln Ser Ala Asn Gly Thr Asn Ser Gln Ser Asp Leu Asp Ser Ile

100 105 110

Gln Ala Glu Ile Thr Gln Arg Leu Asn Glu Ile Asp Arg Val Ser Gly

115 120 125

Gln Thr Gln Phe Asn Gly Val Lys Val Leu Ala Gln Asp Asn Thr Leu

130 135 140

Thr Ile Gln Val Gly Ala Asn Asp Gly Glu Thr Ile Asp Ile Asp Leu

145 150 155 160

Lys Glu Ile Ser Ser Lys Thr Leu Gly Leu Asp Lys Leu Asn Val Gln

165 170 175

Asp Ala Tyr Thr Pro Lys Glu Thr Ala Val Thr Val Asp Lys Thr Thr

180 185 190

Tyr Lys Asn Gly Thr Asp Pro Ile Thr Ala Gln Ser Asn Thr Asp Ile

195 200 205

Gln Thr Ala Ile Gly Gly Gly Ala Thr Gly Val Thr Gly Ala Asp Ile

210 215 220

Lys Phe Lys Asp Gly Gln Tyr Tyr Leu Asp Val Lys Gly Gly Ala Ser

225 230 235 240

Ala Gly Val Tyr Lys Ala Thr Tyr Asp Glu Thr Thr Lys Lys Val Asn
245 250 255

Ile Asp Thr Thr Asp Lys Thr Pro Leu Ala Thr Ala Glu Ala Thr Ala
260 265 270

Ile Arg Gly Thr Ala Thr Ile Thr His Asn Gln Ile Ala Glu Val Thr
275 280 285

Lys Glu Gly Val Asp Thr Thr Thr Val Ala Ala Gln Leu Ala Ala Ala
290 295 300

Gly Val Thr Gly Ala Asp Lys Asp Asn Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser
305 310 315 320

Phe Glu Asp Lys Asn Gly Lys Val Ile Asp Gly Gly Tyr Ala Val Lys
325 330 335

Met Gly Asp Asp Phe Tyr Ala Ala Thr Tyr Asp Glu Lys Thr Gly Ala
340 345 350

Ile Thr Ala Lys Thr Thr Thr Tyr Thr Asp Gly Thr Gly Val Ala Gln
355 360 365

Thr Gly Ala Val Lys Phe Gly Gly Ala Asn Gly Lys Ser Glu Val Val
370 375 380

Thr Ala Thr Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Ala Ser Asp Leu Asp Lys His
385 390 395 400

Asn Phe Arg Thr Gly Gly Glu Leu Lys Glu Val Asn Thr Asp Lys Thr
405 410 415

Glu Asn Pro Leu Gln Lys Ile Asp Ala Ala Leu Ala Gln Val Asp Thr
420 425 430

Leu Arg Ser Asp Leu Gly Ala Val Gln Asn Arg Phe Asn Ser Ala Ile
435 440 445

Thr Asn Leu Gly Asn Thr Val Asn Asn Leu Ser Ser Ala Arg Ser Arg
450 455 460

Ile Glu Asp Ser Asp Tyr Ala Thr Glu Val Ser Asn Met Ser Arg Ala
465 470 475 480

Gln Ile Leu Gln Gln Ala Gly Thr Ser Val Leu Ala Gln Ala Asn Gln
485 490 495

Val Pro Gln Asn Val Leu Ser Leu Leu Arg

500

505

<210> 489

<211> 698

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Synthetic Polypeptide

<400>

489

Met Ala Gln Val Ile Asn Thr Asn Ser Leu Ser Leu Leu Thr Gln Asn

1

5

10

15

Asn Leu Asn Lys Ser Gln Ser Ala Leu Gly Thr Ala Ile Glu Arg Leu

20

25

30

Ser Ser Gly Leu Arg Ile Asn Ser Ala Lys Asp Asp Ala Ala Gly Gln

35

40

45

Ala Ile Ala Asn Arg Phe Thr Ala Asn Ile Lys Gly Leu Thr Gln Ala

50

55

60

Ser Arg Asn Ala Asn Asp Gly Ile Ser Ile Ala Gln Thr Thr Glu Gly

65

70

75

80

Ala Leu Asn Glu Ile Asn Asn Asn Leu Gln Arg Val Arg Glu Leu Ala

85

90

95

Val Gln Ser Ala Asn Ser Thr Asn Ser Gln Ser Asp Leu Asp Ser Ile

100

105

110

Gln Ala Glu Ile Thr Gln Arg Leu Asn Glu Ile Asp Arg Val Ser Gly

115

120

125

Gln Thr Gln Phe Asn Gly Val Lys Val Leu Ala Gln Asp Asn Thr Leu

130

135

140

Thr Ile Gln Val Gly Ala Asn Asp Gly Glu Thr Ile Asp Ile Asp Leu

145

150

155

160

Lys Gln Ile Asn Ser Gln Thr Leu Gly Leu Asp Thr Leu Asn Val Gln

165

170

175

Gln Lys Tyr Lys Val Ser Asp Thr Ala Ala Thr Val Thr Gly Tyr Ala

180

185

190

Asp Thr Thr Ile Ala Leu Asp Asn Ser Thr Phe Lys Ala Ser Ala Thr
 195 200 205
 Gly Leu Gly Gly Thr Asp Gln Lys Ile Asp Gly Asp Leu Lys Phe Asp
 210 215 220
 Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Tyr Ala Lys Val Thr Val Thr Gly Gly Thr
 225 230 235 240
 Gly Lys Asp Gly Tyr Tyr Glu Val Ser Val Asp Lys Thr Asn Gly Glu
 245 250 255
 Val Thr Leu Ala Gly Gly Ala Thr Ser Pro Leu Thr Gly Gly Leu Pro
 260 265 270
 Ala Thr Ala Thr Glu Asp Val Lys Asn Val Gln Val Ala Asn Ala Asp
 275 280 285
 Leu Thr Glu Ala Lys Ala Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Thr Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ser Val Val Lys Met Ser Tyr Thr Asp Asn Asn Gly Lys Thr Ile
 305 310 315 320
 Asp Gly Gly Leu Ala Val Lys Val Gly Asp Asp Tyr Tyr Ser Ala Thr
 325 330 335
 Gln Asn Lys Asp Gly Ser Ile Ser Ile Asn Thr Thr Lys Tyr Thr Ala
 340 345 350
 Asp Asp Gly Thr Ser Lys Thr Ala Leu Asn Lys Leu Gly Gly Ala Asp
 355 360 365
 Gly Lys Thr Glu Val Val Ser Ile Gly Gly Lys Thr Tyr Ala Ala Ser
 370 375 380
 Lys Ala Glu Gly His Asn Phe Lys Ala Gln Pro Asp Leu Ala Glu Ala
 385 390 395 400
 Ala Ala Thr Thr Thr Glu Asn Pro Leu Gln Lys Ile Asp Ala Ala Leu
 405 410 415
 Ala Gln Val Asp Thr Leu Arg Ser Asp Leu Gly Ala Val Gln Asn Arg
 420 425 430
 Phe Asn Ser Ala Ile Thr Asn Leu Gly Asn Thr Val Asn Asn Leu Thr

435 440 445
 Ser Ala Arg Ser Arg Ile Glu Asp Ser Asp Tyr Ala Thr Glu Val Ser
 450 455 460
 Asn Met Ser Arg Ala Gln Ile Leu Gln Gln Ala Gly Thr Ser Val Leu
 465 470 475 480
 Ala Gln Ala Asn Gln Val Pro Gln Asn Val Leu Ser Leu Leu Arg Gly
 485 490 495
 Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Met Met Ala Pro Asp Pro Asn

 500 505 510
 Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 515 520 525
 Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 530 535 540
 Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 545 550 555 560
 Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 565 570 575

 Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Lys Asn Asn Gln
 580 585 590
 Gly Asn Gly Gln Gly His Asn Met Pro Asn Asp Pro Asn Arg Asn Val
 595 600 605
 Asp Glu Asn Ala Asn Ala Asn Asn Ala Val Lys Asn Asn Asn Asn Glu
 610 615 620
 Glu Pro Ser Asp Lys His Ile Glu Gln Tyr Leu Lys Lys Ile Lys Asn
 625 630 635 640
 Ser Ile Ser Thr Glu Trp Ser Pro Cys Ser Val Thr Cys Gly Asn Gly

 645 650 655
 Ile Gln Val Arg Ile Lys Pro Gly Ser Ala Asn Lys Pro Lys Asp Glu
 660 665 670
 Leu Asp Tyr Glu Asn Asp Ile Glu Lys Lys Ile Cys Lys Met Glu Lys
 675 680 685
 Cys Ser Ser Val Phe Asn Val Val Asn Ser

690 695
 <210> 490
 <211> 692
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> Synthetic Polypeptide
 <400> 490

Met Met Ala Pro Asp Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala
 1 5 10 15
 Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala
 20 25 30
 Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala
 35 40 45
 Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala
 50 55 60
 Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala
 65 70 75 80
 Asn Pro Asn Lys Asn Asn Gln Gly Asn Gly Gln Gly His Asn Met Pro
 85 90 95
 Asn Asp Pro Asn Arg Asn Val Asp Glu Asn Ala Asn Ala Asn Asn Ala
 100 105 110
 Val Lys Asn Asn Asn Asn Glu Glu Pro Ser Asp Lys His Ile Glu Gln
 115 120 125
 Tyr Leu Lys Lys Ile Lys Asn Ser Ile Ser Thr Glu Trp Ser Pro Cys
 130 135 140
 Ser Val Thr Cys Gly Asn Gly Ile Gln Val Arg Ile Lys Pro Gly Ser
 145 150 155 160
 Ala Asn Lys Pro Lys Asp Glu Leu Asp Tyr Glu Asn Asp Ile Glu Lys
 165 170 175
 Lys Ile Cys Lys Met Glu Lys Cys Ser Ser Val Phe Asn Val Val Asn
 180 185 190
 Ser Arg Pro Val Thr Met Ala Gln Val Ile Asn Thr Asn Ser Leu Ser

195 200 205
Leu Leu Thr Gln Asn Asn Leu Asn Lys Ser Gln Ser Ala Leu Gly Thr

210 215 220
Ala Ile Glu Arg Leu Ser Ser Gly Leu Arg Ile Asn Ser Ala Lys Asp
225 230 235 240

Asp Ala Ala Gly Gln Ala Ile Ala Asn Arg Phe Thr Ala Asn Ile Lys
245 250 255

Gly Leu Thr Gln Ala Ser Arg Asn Ala Asn Asp Gly Ile Ser Ile Ala
260 265 270

Gln Thr Thr Glu Gly Ala Leu Asn Glu Ile Asn Asn Asn Leu Gln Arg
275 280 285

Val Arg Glu Leu Ala Val Gln Ser Ala Asn Ser Thr Asn Ser Gln Ser
290 295 300

Asp Leu Asp Ser Ile Gln Ala Glu Ile Thr Gln Arg Leu Asn Glu Ile
305 310 315 320

Asp Arg Val Ser Gly Gln Thr Gln Phe Asn Gly Val Lys Val Leu Ala
325 330 335

Gln Asp Asn Thr Leu Thr Ile Gln Val Gly Ala Asn Asp Gly Glu Thr
340 345 350

Ile Asp Ile Asp Leu Lys Gln Ile Asn Ser Gln Thr Leu Gly Leu Asp

355 360 365
Thr Leu Asn Val Gln Gln Lys Tyr Lys Val Ser Asp Thr Ala Ala Thr

370 375 380
Val Thr Gly Tyr Ala Asp Thr Thr Ile Ala Leu Asp Asn Ser Thr Phe

385 390 395 400
Lys Ala Ser Ala Thr Gly Leu Gly Gly Thr Asp Gln Lys Ile Asp Gly

405 410 415
Asp Leu Lys Phe Asp Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Tyr Ala Lys Val Thr

420 425 430
Val Thr Gly Gly Thr Gly Lys Asp Gly Tyr Tyr Glu Val Ser Val Asp

435 440 445

Lys Thr Asn Gly Glu Val Thr Leu Ala Gly Gly Ala Thr Ser Pro Leu
 450 455 460
 Thr Gly Gly Leu Pro Ala Thr Ala Thr Glu Asp Val Lys Asn Val Gln
 465 470 475 480
 Val Ala Asn Ala Asp Leu Thr Glu Ala Lys Ala Ala Leu Thr Ala Ala
 485 490 495
 Gly Val Thr Gly Thr Ala Ser Val Val Lys Met Ser Tyr Thr Asp Asn
 500 505 510
 Asn Gly Lys Thr Ile Asp Gly Gly Leu Ala Val Lys Val Gly Asp Asp
 515 520 525
 Tyr Tyr Ser Ala Thr Gln Asn Lys Asp Gly Ser Ile Ser Ile Asn Thr
 530 535 540
 Thr Lys Tyr Thr Ala Asp Asp Gly Thr Ser Lys Thr Ala Leu Asn Lys
 545 550 555 560
 Leu Gly Gly Ala Asp Gly Lys Thr Glu Val Val Ser Ile Gly Gly Lys
 565 570 575
 Thr Tyr Ala Ala Ser Lys Ala Glu Gly His Asn Phe Lys Ala Gln Pro
 580 585 590
 Asp Leu Ala Glu Ala Ala Ala Thr Thr Thr Glu Asn Pro Leu Gln Lys
 595 600 605
 Ile Asp Ala Ala Leu Ala Gln Val Asp Thr Leu Arg Ser Asp Leu Gly
 610 615 620
 Ala Val Gln Asn Arg Phe Asn Ser Ala Ile Thr Asn Leu Gly Asn Thr
 625 630 635 640
 Val Asn Asn Leu Thr Ser Ala Arg Ser Arg Ile Glu Asp Ser Asp Tyr
 645 650 655
 Ala Thr Glu Val Ser Asn Met Ser Arg Ala Gln Ile Leu Gln Gln Ala
 660 665 670
 Gly Thr Ser Val Leu Ala Gln Ala Asn Gln Val Pro Gln Asn Val Leu
 675 680 685
 Ser Leu Leu Arg
 690

<210> 491
 <211> 1749
 <212> RNA
 <213> Influenza B virus
 <400> 491

augaaggcaa uauuuguacu acucaaggua guaacaacca acgcagaucg aaucugcacu	60
gggauaaca cuucaaacuc accucaugug gucaaaacag cuacucaagg ggaaguuaau	120
gugacuggug ugauaccacu gacaacaaca ccaacaaaa cucauuuugc aaauucaaaa	180
ggaacaaaga ccagaggga acuaugccca aacugucuca acugcacaga ucuggaugug	240
gccuugggca gaccaaugug uauggggacc auaccuucgg caaaagcuuc aaucuccac	300
gaagucagac cuguuacauc cgggugcuuu ccuaauaugc acgacagaac aaaaucaga	360
cagcuaccca aucuucucag aggauaugaa aaauacagau uaucaacca uaacguuau	420
aacgcagaaa gggcaccagg aggacccuac agacuuggaa ccucaggau uugcccuac	480
guuaccagua gaaacggauu cuucgcaaca auggcuuggg cuguccaag ggacaacaaa	540
acagcaacga auccacuaac aguagaagua ccuacauuu gcacaaaagg agaagaccaa	600
auuacuguuu ggggguucca uucugaugac aaaacccaaa ugaaaaaccu cuauggagac	660
ucaaauccuc aaaauguac cucaucugcc aauaggauaa ccacacaua uguuucucag	720
auuggugacu ucccaauca aacagaagac ggagggcuac cacaagcgg cagaauuguu	780
guugauuaca uggugcaaaa accugggaaa acaggaacaa uugucuaua aagagguguu	840
uuguugccuc aaaaggugug gugcgcaagu ggcaggagca agguauauaa aggguccuug	900
ccuuauuug gugaagcaga uugccuucac gaaaaauacg guggauuaaa caaagcaag	960
ccuacuaca caggagaaca ugcaaaagcc auaggaaau gccaauaug ggugaaaaca	1020
ccuuugaagc uugccaugg aaccaaaua agaccuccug caaaacuau aaaggaaagg	1080
gguuucucg gagcuauugc ugguuucua gagggaggau gggaaggau gauugcaggu	1140
uggcacggau acacauca uggagcacau ggaguggcag uggcagcaga ccuaagagc	1200
acgcaagaag ccuaaaca gaauacaaa aaucuauu cuuugaguga gcuagaagua	1260
aagaauuc aaagacuag uggugccaug gaugaacucc acaacgaa acucgagcug	1320
gaugagaaag uggaugauc cagagcugac acauaagcu cgcaauaga gcuugcaguc	1380
uugcuuucca acgaaggau aaauaacagu gaagaugagc aucuauuggc acuugagaga	1440
aaacuaaga aaugcuggg uccucugcu guagacauag ggauggaug cuucgaaacc	1500
aaacacaagu gcaaccagac cugcuuagac aggauagcug cuggcaccuu uauugcagga	1560

gaauuuucuc uucccacuuu ugauucacug aaauuacug cugcaucuuu aaaugaugau 1620
 ggauuggaua aucauacuau acugcucuac uacucaacug cugcuucuag uuuggccgua 1680
 acauugauga uagcuuuuuu uauuguuuau auggucucca gagacaaugu uucuugcucc 1740
 aucugucua 1749

<210> 492

<211> 1638

<212> RNA

<213> Influenza B virus

<400> 492

augaaggcaa uaauuguacu acucauggua guaacaacca acgcagaucg aaucugcacu 60
 gggauaacau cuucaaacuc accucaugug gucaaaacag cuacucaagg ggaaguuauu 120
 gugacuggug ugauaccacu gacaacaaca ccaacaaaau cucauuuugc aaaucucaa 180
 ggaacaaaga ccagaggga acuaugccca aacugucuca acugcacaga ucuggaugug 240
 gccuugggca gaccaaugug uauggggacc auaccuucgg caaaagcuuc aaucuccac 300
 gaagucagac cuguuacauc cgggugcuuu ccuauaaugc acgacagaac aaaaucaga 360

cagcuacca aucuucucag aggauaugaa aaauacagau uaucaacca uaacguuau 420
 aacgcagaaa gggcaccagg aggacccuac agacuuggaa ccucaggauc uugcccuac 480
 guuaccagua gaaacggauu cuucgcaaca auggcuuggg cuguccaag ggacaacaaa 540
 acagcaacga auccacuaac aguagaagua ccuacauuu gcacaaaagg agaagaccaa 600
 auuacuguuu ggggguucca uucugaugac aaaacccaaa ugaaaaaccu cuauggagac 660
 ucaaauccuc aaaaguucac cucaucugcc aauggaguaa ccacacauua uguuucucag 720
 auuggugacu ucccaauca aacagaagac ggaggguac cacaagcgg cagaauuguu 780

guugauuaca uggugcaaaa accugggaaa acaggaacaa uugucuauca aagagguguu 840
 uuguugccuc aaaaggugug gugcgcaagu ggcaggagca agguauauaa aggguccuug 900
 ccuuuuauug gugaagcaga uugccuucac gaaaaauacg guggauuaua caaaagcaag 960
 ccuacuaca caggagaaca ugcaaaagcc auaggaaau gccaauaug ggugaaaaca 1020
 ccuugaagc uugccaugg aaccaaauau agaccuccug caaaacuau aaaggaaagg 1080
 gguuucucg gagcuauugc ugguuucua gagggaggau gggaaggau gauugcaggu 1140
 uggcacggau acaucuca uggagcaca ggaguggcag uggcagcaga ccuaagagc 1200

acgcaagaag ccuaaaaca gauaacaana aaucuauu cuuugaguga gcuagaagua 1260
 aagaauuc aaagacuaag uggugccaug gaugaacucc acaacgaa acucgagcug 1320

gaugagaaag uggaugaucu cagagcugac acaauaagcu cgcaauuaga gcuugcaguc	1380
uugcuuucca acgaaggaau aaauaacagu gaagaugagc aucuauuggc acuugagaga	1440
aaacuaaaga aaaugcuggg ucccucugcu guagacauag ggaauggaug cuucgaaacc	1500
aaacacaagu gcaaccagac cugcuuagac aggauagcug cuggcaccuu uaaugcagga	1560
gaauuuucuc uucccacuuu ugaauacug aaauuacug cugcaucuuu aaaugaugau	1620
ggauuggaua aucauacu	1638
<210> 493	
<211> 1755	
<212> RNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 493	
augaaggcaa uauuuguacu acucauggua guaacaucca augcagaucg aaucgcacuc	60
gggauaaca cucaaacuc accccaugug gucaaaacug cuacucaagg ggaagucaau	120
gugacuggug ugauaccacu gacaacaaca cccaccaaau cucauuuugc aaaucaaaa	180
ggaacaaaa ccagaggga acuaugccca aagugucua acugcacaga ucuggacgug	240
gccuugggca gaccaaagug cacggggacc auaccuucgg caaaagcuuc aaucuccac	300
gaagucuaac cuguuacauc ugguugcuuu ccuaauaagc acgacagaac aaaaauaga	360
cagcuaccca aucuucucag aggauacgaa cauauacaggu uaucaacca uacguuau	420
aacgcagaaa cggcaccagg aggacccuac aaaguuggaa ccucaggguc uugcccuac	480
guuacaaug gaaacggauu cuucgcaaca augguuggg cuguccaaa aaacgacaac	540
aacaaaacag caacaaaucc auuaacagua gaaguaccu acauuuguac agaaggagaa	600
gacaaaaua cuguuugggg guuccacucu gaaacgaag cccaauggu aaacucua	660
ggagacucaa agccucagaa guuaccuca ucugccaacg gagugaccac acauuacguu	720
ucacagauug guggcuuccc aaaucaagca gaagacggag ggcuaccaca aagcguaga	780
auuguuguug auuacauugu gcaaaaau cuaaaaacag gaacaauuac cuaccaaga	840
gguaauuuau ugccuacaaa aguguggugc gcaaguggca ggagcaaggu aaauaaagg	900
uccuugccuu uauuuggcga agcagauugc cuccacgaaa aaucggugg auuaaaca	960
agcaagccuu acuacacagg ggaacaugca aaagccauag gaaauugccc aaauaggug	1020
aaaacacccu ugaagcuggc caauggaacc aaauauagac cuccugcaaa acuaauaa	1080
gaaaaggguu ucuucggagc uauugcuggu uucuuagaag gaggauggga aggaugauu	1140
gcagguuggc acggauacac auccaugga gcacauagg uagcaguggc agcagaccuu	1200

aagaguacgc aagaagccau aaacaagaua acaaaaaauc ucaauucuuu gagugagcug	1260
gaaguaaaga aucuucaaag acuaagcggu gccauggaug aacuccacaa caaaaauacuc	1320
gaacuggaug agaaagugga ugaucucaga gcugauacaa uaagcucgca aaugagagcuc	1380
gcagucuugc uuuccaacga aggaauaaua aacagugaag augagcaucu cuuggcgcuu	1440
gaaagaaaac ugaagaaaau gcuggggccc ucugcuguag agauaggga uggauvcuuc	1500
gaaacaaaac acaagugcaa ccagaccugc cucgacagaa uagcugcugg caccuuuaau	1560
gcaggagaau uuucucuccc caccuuugau ucacuaaaua uuacugcugc aucuuuaau	1620
gaugauggau uggauaauca uacuauacug cuuuacuacu caacugcugc uuccaguug	1680
gcuguaacau ugaugauagc uaucuuuauu guuuauaugg ucuccagaga caauguuucu	1740
ugcuccaucu gucua	1755
<210> 494	
<211> 1644	
<212> RNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 494	
augaaggcaa uaauuguacu acucauggua guaacaacca augcagaucg aaucugcacu	60
gggaauaacu cgucaaacuc accccaugug gucaaaacug cuacucaagg ggaagucuu	120
gugacuggug ugauaccacu gacaacaaca cccaccaaau cucuuuugc aaucucuaaa	180
ggaacaaaaa ccagaggga acuaugccca aagugucua acugcacaga ucuggacgug	240
gccuugggca gaccaaagug cacggggacc auaccuucgg caaaagcuuc aaucuccac	300
gaagucuaac cuuuuacuc ugggugcuuu ccuaauaagc acgacagaac aaaaauaga	360
cagcuacca aucuucucag aggauacgaa cauauacaggu uaucaacca uaacguuau	420
aacgcagaaa cggcaccagg aggacccuac aaaguuggaa ccucaggguc uugcccuac	480
guuaccaaug gaaacggauu cuucgcaaca auggcuuggg cuguccaaa aaacgacaac	540
aacaaaacag caacaaaucc auuaacagua gaaguaccu acauuuguac agaaggagaa	600
gacaaaaua cuguuugggg guuccacucu gauaacgaag cccaauggu aaacucuaa	660
ggagacuaa agccucagaa guuaccuca ucugccaacg gagugaccac acauuacguu	720
ucacagauug guggcuuccc aaaucaagca gaagacggag ggcuaccaca aagcgguaa	780
auuguuguu auuacauugu gcaaaaauu ggaaaaacag gaacaauuac cuaccaaga	840
gguaauuuu ugcucuaaaa aguguggugc gcaaguggca ggagcaaggu auaaaaagg	900
uccuugccuu uaauuggcga agcagauugc cuccacgaaa aaucggugg auuaaaca	960

agcaagccuu acuacacagg ggaacaugca aaagccauag gaaauugccc aaauaggug	1020
aaaacacccu ugaagcuggc caauggaacc aaauauagac cuccugcaaa acuaauaaag	1080
gaaaaggguu ucuucggagc uauugcuggu uucuuagaag gaggauggga aggaaugauu	1140
gcagguuggc acggauacac aucccaugga gcacauggag uagcaguggc agcagaccuu	1200
aagaguacgc aagaagccau aaacaagaua acaaaaaauc ucaauucuuu gagugagcug	1260
gaaguaaaga aucuucaaag acuaagcggg gccauggaug aacuccacaa caaaauacuc	1320
gaacuggaug agaaagugga ugaucucaga gcugauacaa uaagcucgca aaugagcuc	1380
gcagucuugc uuuccaacga aggaauaaua aacagugaag augagcaucu cuuggcgcuu	1440
gaaagaaaac ugaagaaaau gcugggcccc ucugcuguag agauaggga uggaugcuuc	1500
gaaaccaaac acaagugcaa ccagaccugc cucgacagaa uagcugcugg caccuuuau	1560
gcaggagaa uuucucucc caccuuugau ucacuaaaua uuacugcugc aucuuuauu	1620
gaugauggau uggauaauca uacu	1644
<210> 495	
<211> 1755	
<212> RNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 495	
augaaggcaa uauuuguacu acuauggua guaacaacca augcagaucg aaucgcacu	60
gggauaaccu cgucuaacuc acccauguc gucaaaacug cuacucaagg ggaggucuu	120
gugacuggug uauuaccacu gacaacaaca cccaccaaau cucuuuuugc aaucucaaa	180
ggaacagaaa ccagggggaa acuaugcca aaugccuca acugcacaga ucuggacgua	240
gccuugggca gacaaaaug cacggggaaa auaccucgg caagaguuc aaucuccau	300
gaagucagac cuguuacuc ugguugcuuu ccuaaaugc acgacagaa aaaaauaga	360
cagcugccua accuucuccg aggaucagaa cauauaggu uaucaacca uacguuau	420
aaugcagaaa augcaccagg aggacccuac aaaauggaa ccucaggguc uugccuac	480
auuacaaug gaaacggau uuucgcaaca augguuggg ccguccaaa aaacgacaaa	540
aacaaaacag caacaauc aaauacaaua gaaguaccu acuuuuguc agaaggagaa	600
gacaaaaua ccguuuggg guuccacuc gacgacgaga cccaauggc aaagcucuu	660
ggggacucua agccccagaa guucaccuca ucugccaac gagugaccac acuuacguu	720
ucacagauug guggcuucc aauacaaua gaagacggag gacuaccaca aagugguaga	780
auuguuguu auuacauugu gcaaaaauc gggaacacag gaacaauac cuaucaagg	840

gguaauuuuau ugccuacaaa gguguggugc gcaaguggca ggagcaaggu aaaaaaagga	900
uccuugccuu uaauuggaga agcagauugc cuccacgaaa aaucguggg auuaaacaaa	960
agcaagccuu acuacacagg ggaacaugca aaggccauag gaaaugccc aaauugggug	1020
aaaacacccu ugaagcuggc caauggaacc aaauauagac cuccugcaaa acuaauaaag	1080
gaaagggguu ucuucggagc uauugcuggu uucuuagaag gaggauggga aggaugauu	1140
gcagguuggc acggauacac aucccauggg gcacauaggag uagcgguggc agcagaccuu	1200
aagagcacuc aagaggccau aaacaagaua aaaaaaac ucaacucuuu gagugagcug	1260
gaaguaaaga aucuucacag acuaagcggg gccauuggaug aacuccacaa cgaaauacua	1320
gaacuagaug agaaagugga ugaucucaga gcugauacaa uaagcucaca aaugaacuc	1380
gcaguccugc uuuccaauga aggaauaaua aacagugaag augaacaucu cuuggcgcuu	1440
gaaagaaagc ugaagaaaaa gcugggcccc ucugcuguag agauaggga uggauucuuu	1500
gaaacaaac acaagugcaa ccagaccugu cucgacagaa uagcugcugg uaccuuugau	1560
gcaggagaa uucucucucc caccuuugau ucacugaaua uuacugcugc aucuuuaau	1620
gacgauggau uggauaaua uacuauacug cuuuacuacu caacugcugc cuccaguug	1680
gcuguaacac ugaugauagc uaucuuuguu guuuauaugg ucuccagaga caauguuucu	1740
ugcuccaucu gucua	1755
<210> 496	
<211> 1644	
<212> RNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 496	
augaaggcaa uaauuguacu acuauggua guaacaacca augcagaucg aaucugcacu	60
gggauaaccu cguaaacuc accacaugc gucaaacug cuacucaagg ggagguaau	120
gugacuggug uaauaccacu gacaacaaca cccaccaa cucauuuugc aaaucaaaa	180
ggaacagaaa ccagggggaa acuaugccca aaauccuca acugcacaga ucuggacgua	240
gccuugggca gacaaaaug cacggggaaa auaccucgg caagaguuc aaucuccau	300
gaagucagac cuguuacauc ugggugcuuu ccuaaaugc acgacagaac aaaaauaga	360
cagcugccua accuucuccg aggauacgaa cauaucaggu uaucaacca uaacguuau	420
aaugcagaaa augcaccagg aggaccuac aaauuggaa ccucaggguc uugccuac	480
auuaccaaug gaaacggauu uuucgcaaca augguuggg ccguccaaa aaacgacaaa	540
aacaaaacag caacaaaucc auuaacaaua gaaguaccu acauuuguac agaaggagaa	600

gaccaaaaua ccguuugggg guuccacucu gacgacgaga cccaaauggc aaagcucua	660
ggggacucaa agccccagaa guucaccuca ucugccaacg gagugaccac acauuacguu	720
ucacagauug guggcuuccc aaaucaaaaca gaagacggag gacuaccaca aagugguaga	780
auuguuguug auuacauggu gcaaaaaucu gggaaaacag gaacaauuac cuaucaaagg	840
gguaauuuuau ugccuacaaa gguguggugc gcaaguggca ggagcaaggu aaaaaagga	900
uccuugccuu uaaauaggaga agcagauugc cuccacgaaa aaucgguggg auuaaaciaa	960
agcaagccuu acuacacagg ggaacaugca aaggccauag gaaauugccc aaauugggug	1020
aaaacacccu ugaagcuggc caauggaacc aaauauagac cuccugcaaa acuaauaaag	1080
gaaagggguu ucuucggagc uauugcuggu uucuuagaag gaggauggga aggaaugauu	1140
gcagguuggc acggauacac aucccauggg gcacauaggag uagcgguggc agcagaccuu	1200
aagagcacuc aagaggccau aaacaagaua acaaaaaauc ucaacucuuu gagugagcug	1260
gaaguaaaga aucucaaag acuaagcggg gccauggaug aacuccacaa cgaaauacua	1320
gaacuagaug agaaagugga ugaucucaga gcugauacaa uaagcucaca aaugaacuc	1380
gcaguccugc uuuccaaga aggaauaaua aacagugaag augaacaucu cuuggcgcuu	1440
gaaagaaagc ugaagaaaau gcuggggccc ucugcuguag agauaggga uggaugcuuu	1500
gaaacaaac acaagugcaa ccagaccugu cucgacagaa uagcugcugg uaccuuugau	1560
gcaggagaau uuucucuccc caccuuugau ucacugaaua uuacugcugc aucuuuaau	1620
gacgauggau uggauaaaua uacu	1644
<210> 497	
<211> 1752	
<212> RNA	
<213> Influenza B virus	
<400> 497	
augaaggcaa uaauguacu acucauggua guaacaacca augcagaucg aaucgcacu	60
gggauaaca cuucaaacuc accucaugug gucaaaacag cuacucaagg ggaggucaau	120
gugacuggcg ugauaccacu gacaacaaca ccaacaaaau cuauuuuugc aaucucaaa	180
ggaacaagga ccagaggga acuaugcccg gacugucuca acuguacaga ucuggaugug	240
gccuugggca ggccaauug uguggggacc acaccuucug cuaaagcuuc aaucuccac	300
gaggucagac cuguuacauc cgggugcuuu ccuauaaugc acgacagaa aaaaucagg	360
caacuacca aucuucucag aggaauagaa aagaucaggu uaucaacca aaacguuau	420
gaugcagaaa aagcaccagg aggacccuac agacuuggaa ccucaggauc uugcccuaac	480

gcuaccagua aaauccggauu uuucgcaaca auggcuuggg cugucccaaa ggacaacuac	540
aaaaaugcaa cgaaccacac aacaguagaa guaccacaua uuuguacaga aggggaagac	600
caauuacug uuuggggguu ccuucagac aacaaaaccc aaugaagag ccucuaugga	660
gacucaaauc cuaaaaguu caccucauc gcuauaggag uaaccacaca uuauguuucu	720
cagauuggcg acucccaga ucaaacagaa gacggaggac uaccacaaag cggcagaauu	780
guuguugauu acaugaugca aaaaccuggg aaaacaggaa caauugucua ucaaagaggu	840
guuuuguugc cuaaaaggu guggugcgcg aguggcagga gcaaaguaau aaaaggguca	900
uugccuuuaa uuggugaagc agauugccuu caugaaaaau acgguggauu aaacaaaagc	960
aagccuuacu acacaggaga acaugcaaaa gccauaggaa auugcccau auggguaaaa	1020
acaccuuuga agcuugccaa uggaaccaa uauagaccuc cugcaaaacu auugaaggaa	1080
agggguuucu ucggagcuau ugcugguuuc cuagaaggag gaugggaagg aaugauugca	1140
gguuggcacg gauacacauc ucacggagca cauggagugg caguggcggc agaccuaag	1200
aguacacaag aagcuauaaa uaagauaaca aaaaaucua auucuugag ugagcuagaa	1260
guaaagaacc uucaagacu aaguggugcc auggaugaac uccacaacga aaucucgag	1320
cuggaugaga aaguggauga ucucagagcu gacacuaua gcucacaaau agaacuugca	1380
gucuugcuuu ccaacgaagg aaauauaac agugaagacg agcaucuauu ggcacuugag	1440
agaaaacuaa agaaaugcu gggucccucu gcuguagaca uaggaaacgg augcuucgaa	1500
accaaacaca aaugcaacca gaccugcuua gacaggauag cugcuggcac cuuugaugca	1560
ggagaauuuu cucuccccac uuugauuca uugaacaua cugcugcauc uuuuaugau	1620
gauggauugg auaaccauac uauacugcuc uauuacuaa cugcugcuuc uaguuggcu	1680
guaacauuaa ugcugcuau uuuuauuguu uauauggucu ccagagaca cguuucugc	1740
uccaucuguc ua	1752
<210> 498	
<211> 1778	
<212> RNA	
<213> Influenza A virus	
<400> 498	
agcaaaagca ggggaaaaua aaaacaacca aaugaaggc aaaccuacug guccuguuau	60
gugcacuugc agcugcagau gcagacacaa uauguauagg cuaccaugcg aacaauuca	120
ccgacacugu ugacacagug cucgagaaga augugacagu gacacacucu guuaaccugc	180
ucgaagacag ccacaacgga aaacuaugua gauuaaaagg aaagcccca cuacaauugg	240

ggaaauguaa caucgccgga uggcucuugg gaaaccaga augcgacca cugcuuccag	300
ugagaucaug guccuacauu guagaaacac caaacucuga gaauggaaua uguuauccag	360
gagauuucan cgacuauagag gagcugaggg agcaauugag cucagugua ucauucgaaa	420
gauucgaaau auuuccaaa gaaagcuau ggcccaacca caacacaacc aaaggaguaa	480
cggcagcaug cucccaugcg gggaaaagca guuuuuacag aaauuugcua uggcugacgg	540
agaaggaggg cucauaccca aagcugaaaa auucuuaugu gaacaagaaa gggaaagaag	600
uccuuguacu guggguuauu caucacccgu cuaacaguaa ggaucaacag aaauaucuac	660
agaauaaaa ugcuuauugc ucuguaguga cuucaaaua uaacaggaga uuuaacccgg	720
aaauagcaga aagacccaaa guaagagauc aagcugggag gaugaacuau uacuggaccu	780
ugcuaaaacc cggagacaca auauuuuug aggcaauug aaaucauaa gcaccaaggu	840
augcuuucgc acugaguaga ggcuuugggu ccggcaucau caccucaaac gcaucaaugc	900
augaguguaa cacgaagugu caaacacccc ugaggagcuau aaacagcagu cucccuuucc	960
agaauauaca ccagucaca auaggagagu gccccaaaua cgucaggagu gccaaauuga	1020
ggauuguuac aggacuaagg aacauuccgu ccuucauac cagaggucua uuaggagcca	1080
uugccgguuu uauugaaggg ggauaggacug gaauagauaga uggaugguac gguuaucauc	1140
aucagaauga acagggauga ggcuauagcag cggaucaaaa aagcacaca aaugccauua	1200
acgggauuac aaacaaggug aacucuguua ucagaaaaa gaacauuca uucacagcug	1260
uggguaaaga auucaacaaa uuagaaaaa ggauggaaaa uuuaaaauaa aaaguugaug	1320
auggauuucu ggacauuugg acauuaaau cagaauuguu aguucuacug gaaaauaaa	1380
ggacucugga uuuccaugac ucaaauguga agaauucgua ugagaagua aaaagccaau	1440
uaaagaauaa ugccaaagaa aucggaaaug gauguuuuga guucuaccac aagugugaca	1500
augaauagcau ggaagugua agaauggga cuuauauua ucccaauau ucagaagagu	1560
caaaguugaa cagggaagag guagauggag ugaauuugga aucaauuggg aucuaucaga	1620
uucuggcgau cuacucaacu gucgcaguu cacuggugcu uuuggucucc cugggggcaa	1680
ucaguuucug gauguguucu aauggaucuu ugcagugcag aaauagcauc ugagauuaga	1740
auuucagaaa uauaggaaa aacacccuug uuucuacu	1778
<210> 499	
<211> 1732	
<212> RNA	
<213> Influenza A virus	
<400> 499	

agcgaaagca ggggauacaa aaugaacacu caaauccugg uauucgcucu gauugcgau	60
auuccaaca augcagacaa aaucugccuc ggacaucaug ccgugucaaa cggaacaaaa	120
guaaacacau uaacugaaag aggaguggaa gucgucaaug caacugaaac aguggaacga	180
acaaacaucc ccaggauucg cucaaaaaggg aaaaggacag uugaccucgg ucaaugugga	240
cuccugggga caaucacugg accaccucaa ugugaccaau uccuagaauu uucagccgau	300
uuauuuuug agaggcgaga aggaagugau gucuguuau cugggaaauu cgugaaugaa	360
gaagcucuga ggcaauuuc cagagaauc ggccggaauug acaaggaagc aaugggauuc	420
acauacagug gaauaagaac uauuggagca accagugcau guaggagauc aggaucuua	480
uucuaugcag aaaugaaaug gcuccuguca aacacagaug augcugcauu cccgcagaug	540
acuaagucan auaaaaauac aagaaaaagc ccagcucuaa uaguaugggg gaucacaucau	600
uccguaucaa cugcagagca aaccaagcua uauugggagug gaaacaaacu ggugacaguu	660
gggaguucua auuaucacaa aucuuuugua ccgaguccag gagcgagacc acaaguuaau	720
ggucuaucug gaagaauuga cuuucuuugg cuauugcuaa aucccauga uacagucacu	780
uucaguuuca auggggcuuu cauagcucca gaccgugcaa gcuuccugag agggaaauc	840
augggaauc agaguggagu acagguugau gccauuugug aaggggacug cuaucauagu	900
ggagggacaa uauuaagua cuugccauuu cagaacauag auagcagggc aguuggaaaa	960
uguccgagau auguuaagca aaggagucug cugcuagcaa cagggaugaa gaauguuccu	1020
gagauuccaa agggaagagg ccuaauuuggu gcuauagcgg guuucuuuga aauggaugg	1080
gaaggccuaa uugaugguug guaugguuuc agacaccaga augcacaggg agagggaacu	1140
gcugcagauu aaaaagcac ucaaucggca auugaucaaa uaacagaaa auuaaacgg	1200
cuuauagaaa aaaccaacca acauuuugag uugauagaca augaaucua ugagguagag	1260
aagcaaacg guaaugugau aaauuggacc agagauucua uaacagaagu guggucauac	1320
aaugcugaac ucuugguagc aauggagaac cagcauacaa uugaucuggc ugaucagaa	1380
auggacaaac uguacgaac agugaaaaga cagcugagag agaauugcuga agaagauggc	1440
acugguugcu uugaaaauuu ucacaagugu gaugaugacu guauggccag uauuagaaau	1500
aacaccuaug aucacagcaa auacaggga gaggcaaugc aaauuagaau acagauugac	1560
ccagucuaac uaagcagcgg cuacaagau gugauacuuu gguuuagcuu cggggcauca	1620
uguuuacauac uucuaagccau uguaaugggc cuugucuua uauguuaaa gaauggaaac	1680
augcgugca cuuuuugau auuaguuugg aaaaaaacac ccuuguuucu ac	1732
<210> 500	
<211> 1686	

<212> RNA

<213> Influenza A virus

<400> 500

auguacaaaa uaguagugau aaucgcguc cuuggagcug ugaaaggucu ugauaaaauc	60
ugucuaggac aucaugcagu ggcuaauggg accaucguua agacucucac aaacgaacag	120
gaagagguaa ccaacgcuac ugaaacagug gagaguacag gcuaaaacag auuauaug	180
aaaggaagaa aacauaaaga ccugggcaac ugccauccaa uagggaugcu aaauaggacu	240
ccagcuugug aucugcaccu uacagggaug ugggacacuc ucauugaacg agagaauugcu	300
auugcuuacu gcuaccugg agcuacugua aauguagaag cacuaaggca gaagauaaug	360
gagaguggag ggaucaacaa gauaagcacu ggcuucacuu auggaucuuu cauaaacucg	420
gccgggacca cuagagcgug caugaggaau ggagggaaua gcuuuuugc agagcuuaag	480
uggcuuguau caaagagcaa aggacaaaac uucccucaga ccacgaacac uuacagaaau	540
acagacacgg cugaacaccu cauaaugugg ggaauucauc acccuucuaug cacucaagag	600
aagaauauc uauauggaac acauacacug uccauaucag ucgggaguuc cacuuaccgg	660
aacaauuuug uuccgguugu uggagcaaga ccucagguca auggacaaag uggcagaaau	720
gauuuucacu ggacacuagu acagccaggu gacaacauca ccuucucaca caaugggggc	780
cugauagcac cgagccgagu uagcaauua auugggaggg gauugggaau ccaucagac	840
gcaccaauag acauaauug uagauccaaa uuuuuugga gaggggguuc uauaaauaca	900
aggcuucccu uucaaaauu gucaccaaga acaguggguc aguguccuaa auauugaac	960
agaagaagcu ugaugcuugc aacaggaaug agaaacguac cagaacuaau acaagggaga	1020
ggucuauuug gugcaauagc aggguuuuua gagaaugggu gggaaggaa uuguaguggc	1080
ugguaugguu ucagacauc aauugcucag ggcacaggcc aggccgcuga uuacaagagu	1140
acucaggcag cuauugauca aaucacuggg aaacugaaua gacuuguuga aaaaaccaau	1200
acugaguuc agucaauaga aucugaguuc agugagaucg aacaccaaau cgguaacguc	1260
aucaauugga cuaaggauuc aaauaccgac auuuggacuu aucaggcuga gcuguuggug	1320
gcaauaggaga accagcauac aaucgacaug gcugacucag agauguugaa ucuauaugaa	1380
agagugagga aacaacuaag gcagaauca gaagaagau ggaaaggau uuuugagaua	1440
uauaugcuu gugaugauuc augcauggag agcauaagaa acaacaccua ugaccuuca	1500
caguacagag aggaagcucu uuugaacaga uugaauauca acccagugac acucucuucu	1560
ggauauaaag acaucauuc cugguuuagc uuuggggcau cauguuuugu ucuucagcc	1620
guugucaugg gucuuuucuu uuucugucug aagaaggaa aaucgcaug cacaucugu	1680

auuuag	1686
<210> 501	
<211> 1494	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> Synthetic Polynucleotide	
<400> 501	
auggccagcc agggcaccaa gagaagcuac gagcagaugg agaccgacgg cgagagacag	60
aacgccaccg agaucagagc cagcgugggc aagaugaucg acggcaucgg cagauucuac	120
auccagaugu gcaccgagcu caagcugagc gacuacgagg gcagacugau ccagaacagc	180
cugaccaucg aaagaauggu ucugagcgcc uucgacgaga gaagaaacag auaccuggag	240
gagcacccca gcgccggcaa ggaccccaag aagaccggcg gcccacua caagagagug	300
gacggcagau ggaugagaga gcuggugcug uacgacaagg aggagaucag aagaaucugg	360
agacaggcca acaacggcga cgacgccacc gccggccuga cccacaugau gaucuggcac	420
agcaaccuga acgacaccac cuaccagaga accagagccc uggugagaac cggcauggac	480
cccagaaugu gcagcuuauu gcagggcagc acccugccca gaagaucgg cgccgcuggu	540
gccgccguca agggcaucgg caccauggug auggagcuga uccgcaugau caagcgcggc	600
aucaacgaca gaaacuucug gagaggcgaa aacggcagaa agaccagaag cgccuacgag	660
agaaugugca acauccugaa gggcaaguuc cagaccgccg cccaaagagc caugauggac	720
caggugagag agagcagaaa ccccggaac gccgagaucg aagaccugau cuucagcgcc	780
agaucggccc ugauccugag aggcagcgug gccacaaga gcugccugcc cgccugcgug	840
uauggcccg ccgugagcag cggcuacaac uucgagaagg agggcuacag ccuggugggc	900
aucgaccccu ucaagcugcu gcagaacucu cagguguaua gccugaucag acccaacgag	960
aaccccgccc acaagagcca gcuggugugg auggccugcc acagcgccgc cuucgaggac	1020
cugagacugc ugagcuuau cagagguacc aagguguccc ccagaggcaa gcugagcacc	1080
agaggugugc agaucgccag caaugagaac auggacaaua uggagagcag caccuggag	1140
cuaagaagca gguacugggc cauccggacc agaagcggcg gcaauacaa ccagcagaga	1200
gccagcgccg gccagaucag cgugcagccc accuucagcg ugcagagaaa ccugccuuu	1260
gagaagagca ccgugauggc cgccuucacc ggcaacaccg agggcagaac cagcgacaug	1320
agagccgaga ucaucagaau gauggagggc gccaaagccg aggaggugag cuuagaggc	1380
agaggcgugu ucgagcugag cgacgagaag gccaccaacc caauugucc cagcuucgac	1440

augucgaacg agggcagcua cuucuucggc gacaacccg aggaguacga caac	1494
<210> 502	
<211> 798	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> Synthetic Polynucleotide	
<400> 502	
auggagaccc ccgcccagcu gcuguuccug cugcugcugu ggcugcccga caccaccggc	60
gacaccaucu gcaucggcua ccacgccaac aacagcaccg acaccgugga caccgugcug	120
gagaagaacg ugaccgugac ccacagcgug aaccugggca gcggccugag gauggugacc	180
ggccugagga acauccccca gagggagacc aggggccugu ucggcgccau cgccggcuuc	240
aucgagggcg gcuggaccgg caugguggac ggcugguacg gcuaccacca ccagaacgag	300
cagggcagcg gcuacggcg cgaccagaag agcaccaga acgccaaua cggcaucacc	360
aacaugguga acagcgugau cgagaagaug ggcagcggcg gcagcggcac cgaccuggcc	420
gagcugcugg ugcugcugcu gaacgagagg acccuggacu uccacgacag caacgugaag	480
aaccuguacg agaaggugaa gagccagcug aagaacaacg ccaaggagau cggcaacggc	540
ugcuucgagu ucuaccaca gugaacaac gagugcaugg agagcgugaa gaacggcacc	600
uacgacuacc ccaaguacg cgaggagagc aagcugaaca gggagaagau cgacggagug	660
aaauuggaau caaugggggu cuaucagauc cuggccaucu acagcaccgu ggccagcagc	720
cuggugcugc ugguagagcu gggcgccauc agcuucugga ugugcagcaa cggcagccug	780
cagugcagaa ucugcauc	798
<210> 503	
<211> 744	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> Synthetic Polynucleotide	
<400> 503	
auggagaccc ccgcccagcu gcuguuccug cugcugcugu ggcugcccga caccaccggc	60
gacaccaucu gcaucggcua ccacgccaac aacagcaccg acaccgugga caccgugcug	120
gagaagaacg ugaccgugac ccacagcgug aaccugggca gcggccugag gauggugacc	180
ggccugagga acauccccca gagggagacc aggggccugu ucggcgccau cgccggcuuc	240
aucgagggcg gcuggaccgg caugguggac ggcugguacg gcuaccacca ccagaacgag	300

cagggcagcg gcuacgccgc cgaccagaag agcacccaga acgccaucaa cggcaucacc 360

aacaugguga acagcgugau cgagaagaug ggcagcggcg gcagcggcac cgaccuggcc 420

gagcugcugg ugcugcugcu gaacgagagg acccuggacu uccacgacag caacgugaag 480

aaccuguacg agaaggugaa gagccagcug aagaacaacg ccaaggagau cggcaacggc 540

ugcuucgagu ucuaccacaa gugcaacaac gagugcaugg agagcgugaa gaacggcacc 600

uacgacuacc ccaaguacag cgaggagagc aagcugaaca gggagaagau cgaccccggc 660

agcggcuaca uccccgagcg ccccgaggac ggccaggccu acgugaggaa ggacggcgag 720

ugggugcugc ugagcaccuu ccug 744

<210> 504

<211> 13

<212> PRT

<213> Salmonella typhimurium

<400> 504

Leu Gln Arg Val Arg Glu Leu Ala Val Gln Ser Ala Asn

1 5 10