

DIPA

MILIK PERPUSTAKAAN
UNIV. NEGERI PADANG



Laporan Penelitian

**PERANCANGAN VAKSIN cVLP H5N1 SECARA *IN SILICO*
BERBASIS PROTEIN HA DAN NA**

Oleh:

1. Dra. IRYANI, M.S
2. FITRI AMELIA, S.Si, M.Si

Penelitian ini dibiayai oleh:
Dana DIPA Tahun Anggaran 2010
Surat Perjanjian Pelaksanaan Penelitian Nomor 190/H35/KP/DIPA/2010
Tanggal 1 Maret 2010

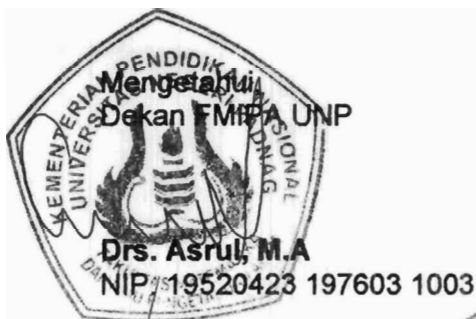
MILIK PERPUSTAKAAN UNIV. NEGERI PADANG	
TERIMA TGL. :	06 JUNI 2011
SUMBER HARGA :	Hd
KOLEKSI :	121
NO. INVENTARIS :	162 (Hd) 2011-p.1 (1)
KLASIFIKASI :	574.192 Iry p.4

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS NEGERI PADANG**

2010

**HALAMAN PENGESAHAN LAPORAN HASIL
PENELITIAN DOSEN MUDA**

1. Judul Penelitian : Perancangan Vaksin cVLP H5N1 secara *in silico*
Berbasis Protein HA dan NA
2. Bidang ilmu penelitian : Biokimia
3. Ketua Peneliti
 - a. Nama Lengkap : Dra. Iryani, M.S
 - b. Jenis Kelamin: : Perempuan
 - c. NIP : 19620113 198603 2001
 - d. Disiplin ilmu : Kimia
 - e. Pangkat/Golongan : Pembina/IVa
 - f. Jabatan : Lektor Kepala
 - g. Fakultas/Jurusan : FMIPA/ Kimia
 - h. Alamat : Jl. Prof. Dr. Hamka No. 12 Air tawar Barat, Padang
 - i. Telpon/Faks/E-mail : (0751) 7057420
 - j. Alamat Rumah : Pondok Pratama I Blok B-14 Lubuk Buaya
Padang/ (0751) 481699
 - k. Telpon/Faks/E-mail : 08126628483
4. Jumlah Anggota Peneliti : satu (1) orang
Nama Anggota : Fitri Amelia, S.Si,M.Si
5. Lokasi Penelitian : Padang
6. Bila penelitian ini merupakan kerjasama kelembagaan
 - Nama Instansi : -
 - Alamat : -
7. Waktu penelitian : 6 (enam) bulan
8. Biaya : Rp. 7.500.000,- (Tujuh Juta Lima Ratus Ribu Rupiah)



Padang, November 2010
Ketua Peneliti,

Dra. Iryani, M.S,
NIP. 19620113 198603 2001



Menyetujui,
Ketua Lembaga Penelitian UNP,

Drs. Alwen Bentri, M.Pd
NIP. 19610722 198602 1002

LEMBARAN IDENTITAS DAN PENGESAHAN PENELITIAN

1. Judul Penelitian : Perancangan Vaksin cVLP H5N1 secara *in silico* Berbasis Protein HA dan NA
2. Bidang ilmu penelitian : Biokimia/Bioinformatika
3. Personalia
 - Ketua
 - a. Nama Lengkap : Dra. Iryani, M.S
 - b. Pangkat/Golongan : Pembina/IVa
 - c. Fakultas/Jurusan : FMIPA/ Kimia
 - Anggota
 - a. Nama Lengkap : Fitri Amelia, S.Si,M.Si
 - b. Golongan : IIIb
 - c. Fakultas/Jurusan : FMIPA/ Kimia
4. Usul Penelitian : Telah direvisi sesuai saran previu

Pembahas I


Dr. Usman Bakar, M.Ed.St
NIP. 19500422 197504 1001

Padang, Desember 2010

Pembahas II


Dr. Hardeli, M.Si
NIP. 19640113 199103 1001

Menyetujui:
Ketua Lembaga Penelitian



Drs. Alwen Bentri, M.Pd.
NIP. 19610722 198602 1002

RINGKASAN PENELITIAN

PERANCANGAN VAKSIN cVLP H5N1 SECARA *IN SILICO*

BERBASIS PROTEIN HA DAN NA

Dra. Iryani, M.S dan Fitri Amelia, S.SI, M.Si

Jurusan Kimia FMIPA UNP

Avian Influenza (flu burung) merupakan salah satu penyakit menular akibat virus yang menakutkan karena mortalitasnya yang sangat tinggi pada manusia. Oleh karena perkembangan virus H5N1 yang cukup cepat dalam menyebabkan kematian, maka pembuatan vaksin dipandang sebagai suatu hal yang penting untuk mengantisipasi terjadinya pandemik AI H5N1.

Pada saat ini kandidat vaksin yang paling banyak diteliti adalah *virus-like particle* (VLP). VLP merupakan vaksin yang secara morfologi dan imunologi mirip dengan virus aslinya, tetapi tidak mengandung material genetik (RNA) AI H5N1 sehingga tidak menyebabkan infeksi (Pinto, et al., 2003).

Untuk itu, pada tahap awal penelitian dilakukan secara *in silico* (permodelan/komputasi). Penelitian ini menggunakan data yang ada di *database*. Alamat situs *database* diakses secara bebas menggunakan perangkat komputer yang terhubung internet. Sistem operasi yang

digunakan adalah *Microsoft Windows Vista Ultimate* dengan browser *Internet Explorer* versi 7.0.

Pencarian data sekuen protein *hemagglutinin* (HA) virus H5N1 *clade 2.1* dilakukan melalui server *GenBank Influenza Virus Resource* (IVR-NCBI) dengan alamat situs: <http://ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database.html>. Sekuen protein NA dan HA yang telah diunduh dari database di-alignment untuk mencari tingkat similaritas, dan kemudian dicari *backbone* protein yang akan digunakan. Pada penelitian ini digunakan protein NA dan HA 5/2005. Kedua sekuen protein NA dan HA dianalisis untuk memprediksikan sekuen epitope T *cell* (meliputi MHC I, proteosomal cleavage), epitope B cell, dan penentuan sekuen vaksin cVLP.

Epitope B Cell pada protein NA dan HA yang digunakan dalam perancangan vaksin cVLP adalah masing-masing dua epitope, dan epitope T cell pada protein Na dan HA hanya satu sekuen. Berdasarkan hasil tersebut didapatkan 6 rancangan sekuen vaksin yang diberi nama NA TBB, NA BBT, NA BTB, HA TBB, HA BBT, dan HA BTB.

PENGANTAR

Kegiatan penelitian mendukung pengembangan ilmu serta terapannya. Dalam hal ini, Lembaga Penelitian Universitas Negeri Padang berusaha mendorong dosen untuk melakukan penelitian sebagai bagian integral dari kegiatan mengajarnya, baik yang secara langsung dibiayai oleh dana Universitas Negeri Padang maupun dana dari sumber lain yang relevan atau bekerja sama dengan instansi terkait.

Sehubungan dengan itu, Lembaga Penelitian Universitas Negeri Padang bekerjasama dengan Pimpinan Universitas, telah memfasilitasi peneliti untuk melaksanakan penelitian tentang *Perancangan Vaksin cVLP H5N1 Secara Insilico Berbasis Protein Ha Dan Na*, berdasarkan Surat Keputusan Rektor Universitas Negeri Padang Nomor : 190/H35/KP/2010 Tanggal 1 Maret 2010.

Kami menyambut gembira usaha yang dilakukan peneliti untuk menjawab berbagai permasalahan pembangunan, khususnya yang berkaitan dengan permasalahan penelitian tersebut di atas. Dengan selesainya penelitian ini, Lembaga Penelitian Universitas Negeri Padang akan dapat memberikan informasi yang dapat dipakai sebagai bagian upaya penting dalam peningkatan mutu pendidikan pada umumnya. Di samping itu, hasil penelitian ini juga diharapkan memberikan masukan bagi instansi terkait dalam rangka penyusunan kebijakan pembangunan.

Hasil penelitian ini telah ditelaah oleh tim pembahas usul dan laporan penelitian, kemudian untuk tujuan diseminasi, hasil penelitian ini telah diseminarkan ditingkat Universitas. Mudah-mudahan penelitian ini bermanfaat bagi pengembangan ilmu pada umumnya dan khususnya peningkatan mutu staf akademik Universitas Negeri Padang.

Pada kesempatan ini, kami ingin mengucapkan terima kasih kepada berbagai pihak yang membantu terlaksananya penelitian ini, terutama kepada pimpinan lembaga terkait yang menjadi objek penelitian, responden yang menjadi sampel penelitian, dan tim pereviu Lembaga Penelitian Universitas Negeri Padang. Secara khusus, kami menyampaikan terima kasih kepada Rektor Universitas Negeri Padang yang telah berkenan memberi bantuan pendanaan bagi penelitian ini. Kami yakin tanpa dedikasi dan kerjasama yang terjalin selama ini, penelitian ini tidak akan dapat diselesaikan sebagaimana yang diharapkan dan semoga kerjasama yang baik ini akan menjadi lebih baik lagi di masa yang akan datang.

Terima kasih.

Padang, Desember 2010
Ketua Lembaga Penelitian
Universitas Negeri Padang,

Drs. Alven Bentri, M.Pd.
NIP. 196610722 198602 1 002

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN PENGESAHAN LAPORAN HASIL PENELITIAN	i
LEMBARAN IDENTITAS DAN PENGESAHAN	ii
RINGKASAN	iii
PENGANTAR	v
DAFTAR ISI	vi
DAFTAR TABEL	viii
DAFTAR LAMPIRAN	ix
BAB I. PENDAHULUAN	1
1.1. Latar Belakang Masalah	1
1.2. Perumusan Masalah	2
BAB II. TINJAUAN PUSTAKA	3
2.1. Virus <i>chimeric Virus Like Particle</i> (cVLP)	3
2.2. Protein Hemagglutinin (HA) dan Neuraminidase (NA)	3
2.3. Metode <i>In Silico</i>	6
BAB III. TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN	9
3.1. Tujuan Penelitian	9
3.2. Manfaat Penelitian	9
BAB IV. METODE PENELITIAN	10
4.1. Jenis Penelitian	10
4.2. Objek Penelitian	10
4.3. Alat dan Bahan	10
4.4. Prosedur Penelitian	10
BAB V. HASIL DAN PEMBAHASAN	14
5.1. Pencarian sekuen protein HA dan-NA H5N1	14
5.2. <i>Multiple Sequence Alignments</i>	14
5.3. Prediksi B-cell Epitope Protein HA dan NA Virus AI H5N1	15

5.4 Prediksi Epitope T-cell Protein HA dan NA Virus AI H5N1	19
5.5 Penentuan Sekuen epitope dan sekuen Vaksin Peptida	22
5.6 Membandingkan sekuen cVLP dengan Protein Database	26
BAB VI. KESIMPULAN DAN SARAN	27
6.1. Kesimpulan	27
6.2. Saran	28
DAFTAR PUSTAKA	29
LAMPIRAN	30

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. Hasil Prediksi Protein HA dan NA Menggunakan Server BCPred dan BEPIRED	14
2. Hasil Prediksi Protein HA dan NA Menggunakan Server BEPIRED	17
3. Hasil Alignment Prediksi Protein NA menggunakan Server BCPRED dan BEPIPRED	18
4. Hasil Alignment Prediksi Protein HA menggunakan Server BCPRED dan BEPIPRED	18
5. <i>Epitope B-cell</i> Protein NA dan HA	19
6. <i>Epitope Binding</i> MHC I Protein HA dan NA	21
7. Epitope Binding MHC I dan Proteosomal Cleavage Protein HA dan NA	22
8. <i>epitope B-cell</i> dan <i>T-cell</i> yang akan disisip pada protein <i>backbone</i>	23
9. Rancangan Sekuen Vaksin cVLP AI H5N1	23
10. Rancangan Sekuen Vaksin cVLP AI H5N1 NA	25

BAB I PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Avian Influenza (flu burung) merupakan salah satu penyakit menular akibat virus yang menakutkan karena tingkat kematiannya yang sangat tinggi pada manusia. Berdasarkan data yang terhimpun oleh WHO, tingkat kematian akibat infeksi AI H5N1 adalah 70,68% dari total kasus infeksi AI H5N1 di dunia (<http://www.who.int>). Tingginya tingkat kematian akibat infeksi AI H5N1 juga terjadi di Indonesia. Berdasarkan data yang terhimpun oleh Departemen Kesehatan Republik Indonesia, jumlah total kematian akibat infeksi AI H5N1 adalah 84 orang dengan rerata 80% (<http://www.depkes.go.id>). Oleh karena tingginya tingkat kematian yang disebabkan oleh infeksi virus AI H5N1, maka pembuatan vaksin sangat dibutuhkan.

Pada saat ini kandidat vaksin yang paling banyak diteliti adalah *chimeric virus-like particle* (cVLP). Vaksin cVLP banyak diteliti karena vaksin cVLP merupakan vaksin yang secara morfologi dan imunologi mirip dengan virus aslinya, tetapi tidak mengandung material genetik (RNA) AI H5N1 sehingga tidak menyebabkan infeksi (Pinto, et al., 2003). Vaksin cVLP dikembangkan melalui substitusi *epitope-epitope* dari berbagai tipe AI H5N1. Substitusi *epitope* dari beberapa tipe virus diharapkan mampu memberikan respon imunitas terhadap lebih dari satu tipe AI H5N1 sehingga dapat menurunkan tingkat kematian akibat infeksi virus AI H5N1 (Vider, 2007).

Tingginya tingkat kematian akibat infeksi virus AI H5N1 dan adanya kecenderungan terjadinya pandemik virus AI H5N1, maka kami memandang perlu untuk melakukan penelitian untuk pembuatan vaksin H5N1 yang dapat memicu antibodi spesifik terhadap virus H5N1. Penelitian H5N1 secara laboratorium cukup sulit dilakukan di laboratorium kimia Universitas Negeri Padang karena dibutuhkan Bio Safety Laboratory (BSL) level 3. Untuk itu, pada tahap awal penelitian dilakukan secara *in silico* (permodelan/komputasi). Pada penelitian ini, tahap yang dilakukan adalah perancangan sekuen vaksin AI H5N1 berbasis protein HA dan NA.

1.2. Perumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang masalah di atas, maka rumusan masalah pada penelitian ini adalah “Bagaimanakah perancangan vaksin cVLP H5N1 secara *in silico* berbasis protein HA dan NA?”

1.3. Pertanyaan penelitian

1. Berapa sekuen yang didapat pada pencarian sekuen protein HA dan NA subclade 2.1?
2. Bagaimana hasil kemiripan menggunakan alignment?
3. Apa sekuen epitope B cell yang digunakan untuk perancangan vaksin?
4. Apa sekuen epitope T cell yang digunakan untuk perancangan vaksin?
5. Berapa rancangan vaksin yang didapat?
6. Berapa % *identity* rancangan vaksin yang telah dirancang?

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 **Vaksin *chimeric Virus-Like Particle* (cVLP)**

Vaksin cVLP merupakan substitusi *epitope-epitope* dari berbagai tipe virus dengan menggunakan salah satu sekuen virus sebagai *backbone*. Substitusi ini bertujuan untuk memberikan respon imunitas terhadap lebih dari satu tipe virus (Vider, 2007).

Vaksin cVLP banyak dikembangkan pada saat ini karena cVLP merupakan vaksin yang secara morfologi dan imunologi mirip dengan virus aslinya, tetapi tidak mengandung material genetik sehingga tidak mampu bereplikasi di dalam tubuh manusia (Pinto, et al., 2003).

Vaksin cVLP yang paling dikenal adalah vaksin cVLP *quadrivalent Human Papilloma Virus* (HPV) yang dikembangkan oleh perusahaan MERCK. Vaksin cVLP *quadrivalent* HPV merupakan vaksin yang berasal dari substitusi beberapa *epitope* dari sekuen virus HPV tipe 16, 18, 6, dan 11. Berdasarkan uji coba fase III untuk vaksin tersebut, diketahui bahwa vaksin cVLP *quadrivalent* HPV memberikan perlindungan sampai 70% terhadap kanker mulut rahim *invasive* dan 90% untuk kutil genital (Sigh, 2005).

2.2 **Protein *Hemagglutinin* (HA) dan *Neuraminidase* (NA)**

Protein *hemagglutinin* (HA), *neuraminidase* (NA), dan matrik M2 merupakan antigen eksternal yang terdapat permukaan virus AI H5N1. Antigen yang terdapat pada lapisan permukaan merupakan pembeda

atau yang menjadi perbedaan antar virus influenza, karena Virus influenza tipe A mempunyai 16 jenis *hemagglutinin* dan 9 *neuraminidase*.

2.2.1 *Hemagglutinin* (HA)

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

Setelah berikatan dengan reseptor sel *inang*, maka virus H5N1 akan masuk melalui fusi *envelope* virus dengan membran endosomal sel *inang*. Proses ini memerlukan *protease* sel *inang* untuk mengaktivasi prekursor *hemagglutinin* (HAo) menjadi fragmen1 (HA1) dan fragmen2 (HA2) yang akan memungkinkan virus melepaskan ssRNA, yang selanjutnya akan terjadi replikasi virus di dalam sel *inang*. Oleh karena itu aktivasi proteolitik protein HA merupakan faktor penting untuk infektivitas dan penyebaran virus ke seluruh tubuh. Perbedaan kepekaan protein HA virus AI terhadap *protease* inang akan berhubungan dengan tingkat virulensi. Virus yang termasuk dalam kelompok HPAIV (High Pathogenic Avian Influenza Virus) mempunyai *hemagglutinin* yang sangat peka terhadap *protease* (Nidom, 2005).

2.2.2 Neuraminidase (NA)

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

Pada Gambar 2 terlihat proses masuknya virus pada sel inang melalui endositosis dan menggandakan diri dengan mereproduksi materi genetik virus itu sendiri. Partikel virus pertama kali berasosiasi dengan sel inang manusia dengan cara berikatan dengan *sialic acid* yang berisi reseptor pada permukaan sel inang. pH endosomal sel inang yang rendah memfasilitasi terjadinya mediasi fusi membran viral yang dilakukan oleh protein viral *hemagglutinin* (HA), kemudian virus melepas viral ribonucleoprotein kompleks yang sudah tidak berselubung ke dalam sitosol sel inang. Viral ribonucleoprotein kompleks masuk ke dalam inti sel melalui pori-pori inti. Di dalam nukleus, negative-sense viral RNA (vRNA) ditranskripsi menjadi messenger RNA (mRNA) (Palese, P., Shaw, M.L.; 2001).

Genom virus *influenza* bereplikasi dalam inti sel inang yang diarahkan oleh *targetting signals nucleoprotein*. Virus RNA (vRNA) dikopi dari (-) sense menjadi (+) cRNA dan mRNA. cRNA tetap pada inti yang berfungsi sebagai *template* pada produksi (-) sense vRNA baru, sedangkan mRNA akan berpindah ke sitoplasma untuk memproduksi protein. NP (*nucleoprotein*) akan kembali ke inti dan akan berasosiasi

dengan vRNA membentuk *nucleopcapsid* (Palese, P., Shaw, M.L.; 2001; <http://www.uq.edu.au/VDUInfluenza.html>).

2.3 Metode *In silico*

Sebelum berkembangnya era teknologi informatika, ada dua cara untuk penelitian biologi, yaitu *in vivo* dan *in vitro*. Berkembangnya pemanfaatan teknologi informatika biologi membuat berkembangnya jenis penelitian *in silico*. *In silico* berasal dari kata *silicon chips* yang ada pada *microprocessor* komputer (Claverie dan Notredame, 2001).

Ilmu yang menunjang penelitian *in silico* untuk ahli biologi adalah bioinformatika. Bioinformatika adalah suatu cabang ilmu yang menggabungkan Teknologi Informasi (TI) dengan bioteknologi (Utama, 2003).

2.3.1 Database

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

Diantara format-format *database* yang ada, *GenBank FlatFile Format* (GBFF) dan FASTA merupakan format yang umum digunakan pada bioinformatika. GenBank merupakan suatu institusi yang menyimpan dan mengelola database urutan DNA suatu gen dan ekspresi

asam aminonya. Urutan DNA diperoleh dari berbagai penelitian yang dengan sukarela mempublikasikan hasil penelitiannya untuk masyarakat umum. GenBank didirikan oleh *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) bersama dengan *DNA Data Bank of Japan* (DDBJ) dan *European Bioinformatics Institute* (EBI) (Baxevanis & Oullette, 2005).

GBFF sendiri merupakan suatu format yang memiliki 3 bagian terpisah yang memiliki informasi yang berbeda. Bagian *header* pada GBFF berisi tentang informasi identitas organisme asal sekuen nukleotida atau asam amino seperti nama gen, waktu publikasi, nomor akses, produk ekspresi, dan nama peneliti yang memetakan sekuen nukleotida tersebut. Sedangkan bagian *feature*nya yang ada di bagian tengah GBFF merupakan bagian terpenting yang memuat nama *genus*, spesies, jaringan, kromosom, galur, dan organisme asal sekuen DNA, beserta daerah gen, urutan asam amino yang disandi, dan nomor identitas produk proteinnya. Bagian terakhir GBFF merupakan bagian yang berisi susunan lengkap nukleotida dari organisme yang bersangkutan. FASTA sendiri merupakan format yang lebih kecil dan sederhana dari GBFF. Format ini hanya berupa satu baris identitas sekuen yang diikuti oleh sekuen itu sendiri tanpa angka. Oleh karena itu, format FASTA merupakan format yang sering digunakan dalam analisis sekuen (Baxevanis & Ouellette, 2005; Mount, 2004).

2.3.2 Sequence Alignment

Sequence alignment merupakan metode penataan dua atau lebih sekuen DNA atau asam amino menggunakan algoritma tertentu dengan bantuan komputer, sehingga didapatkan area yang memiliki urutan yang

relatif identik. Metode ini berfungsi untuk mencari kesamaan dan homologi yang menunjukkan hubungan evolusi antara dua atau lebih sekuen nukleotidan atau asam amino (Baxevanis & Ouellette, 2005).

Berdasarkan jumlah sekuen yang digunakan, *sequence alignment* dibagi menjadi dua jenis, yaitu *pairwise alignment* yang melibatkan dua sekuen dan *multiple sequence alignment* yang melibatkan dua atau lebih sekuen. *Multiple sequence alignment* memberikan hasil yang lebih akurat dan representatif dibandingkan dengan *pairwise alignment*, karena peningkatan jumlah *input* sekuen meningkatkan kepercayaan dan akurasi *output* (Baxevanis & Ouellette, 2005).

2.3.3 Epitope Prediction Server

Berbagai algoritma telah dikembangkan untuk memprediksi epitope yang terdapat pada suatu antigen. Saat ini telah tersedia berbagai server yang dapat memprediksi epitope, baik *sequential epitope* maupun *conformational epitope*, yaitu PROPRED, BCPRED, BEPIPRED, dan lain sebagainya (Kulkani-Kale, et.al., 2005).

Algoritma yang digunakan server dalam memprediksi epitope adalah algoritma yang menilai kecenderungan sifat asam amino seperti hidrofilitas, antigenitas, dan aksesibilitas. Keakuratan algoritma tersebut dapat diatur dengan *range* 35-75% (Kulkani-Kale, et.al., 2005).

BAB III

TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN

3.1 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk melakukan perancangan sekuen vaksin cVLP AI H5N1 secara *in silico*.

3.2 Manfaat Penelitian

Penelitian ini termasuk kategori penelitian I. Penelitian ini memberikan manfaat pada bidang bioteknologi/biokimia yaitu untuk memberikan informasi tentang rancangan sekuen vaksin cVLP AI H5N1.

BAB IV METODE PENELITIAN

4.1 Jenis Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian *Research and Development* (RnD). Penelitian dilakukan di laboratorium komputer Jurusan Kimia FMIPA Universitas Negeri Padang selama 6 (enam) bulan. Perancangan dilakukan dengan menggunakan alat komputer.

4.2 Objek Penelitian

Objek yang digunakan dalam penelitian ini adalah sekuen vaksin H5N1 protein HA dan NA pada *subclade 2.1*.

4.3 Alat dan Bahan

Penelitian ini adalah penelitian *in silico* (komputasi) menggunakan data yang ada pada *on line database*. Alamat situs database diakses secara bebas menggunakan perangkat komputer yang terhubung internet. Sistem operasi yang digunakan adalah *Microsoft Windows Vista Ultimate* dengan browser *Internet Explorer versi 7.0*.

4.4 Prosedur Penelitian

Penelitian ini terdiri dari 6 tahap :

1. Pencarian sekuen protein HA dan NA H5N1 *database*.
2. *Multiple Sequence Alignments*
3. prediksi B *cell*
4. prediksi T *cell*
5. Penentuan sekuen vaksin
6. Membandingkan sekuen cVLP dengan Protein *Database*

4.4.6 **Membandingkan sekuen cVLP dengan Protein Database**

1. Buka situs <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE=Proteins>
2. Salin Salin sekuen pada *toolbox* yang disediakan
3. Klik *submit* untuk melihat hasil

4.4.4 *Prediksi Epitope T-cell Protein HA dan NA Virus AI H5N1*

a. Prediksi MHC I

1. Buka situs <http://imtech.res.in/raghava/ProPred/>
2. Salin Salin sekuen pada *toolbox* yang disediakan atau upload sekuen menggunakan browse
3. Klik *submit* untuk melihat hasil

b. Prediksi *Protesomal Cleavage* Protein Virus H5N1

1. Buka situs <http://paproc2.de/paproc1/paproc1>
2. Salin Salin sekuen pada *toolbox* yang disediakan
3. Pilih **SVM** pada "*prediction method*", **Amino Acid in single prediction** pada "*input*".
4. Klik *submit* untuk melihat hasil

4.4.5 *Penentuan Sekuen epitope dan sekuen Vaksin Peptida*

Penentuan sekuen vaksin peptida dilakukan melalui kombinasi peptida atas dasar hasil prediksi epitope B-cell dan T-cell. Epitope yang digunakan untuk kombinasi adalah *epitope T-cell* (MHC Kelas I) dan *epitope B-cell* yang mempunyai *binding score* (skor kemampuan berikatan) yang paling tinggi (high-binder). Sekuen epitope yang dipilih adalah peptida PAPROC, TAPPred, dan Propred-I.

4.4.1 Pencarian sekuen protein HA dan NA H5N1 *database*

1. Buka situs <http://ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/Database.html>.
2. Pada halaman situs yang terbutka, pilih **protein** pada "*select sequence type*", **A** pada "*type*", **avian** pada "*host*", **HA** atau **NA** pada "*segment*", **H5** dan **N1** pada "*sub type*".
3. Untuk melihat hasil, klik *show result*.
4. Untuk mengambil sekuen virus tersebut, kilik *accession number*, simpan dengan format FASTA menggunakan program *notepad*.

4.4.2 *Multiple Sequence Alignments*

Multiple Sequence alignment menggunakan software ClustalX

2.0.12.

1. Untuk meng-*upload* sekuen, klik **load sequences**
2. Dilanjutkan dengan **alignment>Do complete alignment** untuk mensejajarkan (*align*) sekuen.

4.4.3 *Prediksi B-cell Epitope Protein HA dan NA Virus AI H5N1*

1. Buka situs <http://ailab.cs.iastate.edu/bcpred/predict.html> dan http://tools.immuneepitope.org/tools/bcell/iedb_input.
2. Salin sekuen pada toolbox yang disediakan
3. Untuk melihat hasil, klik *run prediction*

BAB V

HASIL DAN PEMBAHASAN

5.1 *Pencarian sekuen protein HA dan NA H5N1 database*

Pencarian sekuen protein dilakukan melalui *server GenBank Influenza Virus Resource (IVR-NCBI)* dengan alamat situs: <http://ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/> yang dapat diakses bebas melalui koneksi internet. Berdasarkan hasil pencarian sekuen, didapatkan ke -9 sekuen virus A1 H5N1 *subclade 2.1*. Hasil sekuen vaksin yang didapat cukup banyak, sehingga untuk mencari sekuen subclade 2.1 cukup sulit. Dalam hal ini, peneliti mencari satu persatu sekuen protein subclade 2.1. Data sekuen yang didapat dalam bentuk format GBFF.

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

5.2 *Multiple Sequence Alignments*

Untuk melihat tingkat kemiripan pada sekuen asam amino pada protein HA dan NA *clade 2.1*, maka perlu dilakukan *multiple alignment* menggunakan

software ClustalX 2.0.12. Tujuan langkah ini adalah untuk melihat perbedaan sekuen protein dan untuk menentukan satu perwakilan tiap jenis protein.

ClustalX menganalisis susunan asam amino per kolom yang hasilnya dalam bentuk kode-kode tertentu. Hasil analisis *multiple alignments* ini dapat dilihat dalam lampiran 2. *Display* hasil *multiple alignments* pada **ClustalX** terdiri atas kode (*), (:),(.)dan (-).Tanda (*) menandakan *conserve column* atau kesamaan asam amino pada satu kolom, tanda (:) menandakan bahwa ada kemiripan ukuran dan kesamaan kelarutan dalam air (hidrofilik atau hidrofobik) pada satu kolom, tanda (.) menandakan bahwa kemiripan ukuran sifat kelarutan dalam air telah dipertahankan dalam proses evolusi, dan (-) menandakan *gap* atau pergeseran yang dilakukan untuk mencapai kemiripan sifat.

Berdasarkan literatur, terdapat 5 bintang atau 5 *conserve column* tiap 50 asam amino menandakan perbedaan yang kurang signifikan dalam hasil *multiple alignments* (Claverie dan Notredame, 2001). Berdasarkan hasil analisis, diketahui bahwa ke-9 sekuen HA dan 9 sekuen NA memiliki similaritas yang besar dari 97% dan mengalami beberapa mutasi. Sekuen 7/2005 memiliki similaritas 100% dengan CDC742/2006 dan CDC1046 memiliki similaritas 100% dengan CDC1047 (Lampiran 2 dan 3). Tingginya tingkat kemiripan sampel, maka dalam perancangan sekuen vaksin HA dan NA digunakan sekuen 2/2005 sebagai *backbone*.

5.3 Prediksi *B-cell Epitope* Protein HA dan NA Virus AI H5N1

Prediksi *epitope B-cell* protein AI H5N1 dilakukan melalui server BCPRED melalui situs <http://ailabcs.iastate.edu/bcpred/predict.html> dan server IMMUNOEPITOPE BEPIRED melalui situs

http://tools.immunoepitope.org/tools/bcell/iedb_input. Hasil kedua server di-*alignment* (Lampiran 4 dan 5).

Hasil prediksi *epitope B-cell* protein HA dan NA menggunakan server BCPRED dan BEPIRED menghasilkan beberapa sekuen *epitope* dan dilengkapi dengan skor spesifisitas *binding*-nya (Tabel 1 dan 2). Pada hasil prediksi, ditampilkan posisi-posisi dari *epitope-epitope* yang menggambarkan tingkat pengenalan *epitope* oleh *B-cell* atau pengikatan dengan antibodi, sehingga untuk penentuan sekuen vaksin peptida nantinya, *epitope-epitope* hasil prediksi ini diseleksi berdasarkan tingkat *accessible*.

Tabel 1. Hasil Prediksi Protein HA dan NA Menggunakan Server BCPred dan BEPIRED

NA			HA		
Position	Epitope	Score	Position	Epitope	Score
234	KIFKMEKGKVVKSV	0.983	178	KSYNNTNQEDLLVL	0.983
303	GDNPRPNDGTGSCG	0.983	132	IIPKSSWSDHEASS	0.982
412	KESTIWTSGSSISF	0.973	360	WQGMVDGWYGYHHS	0.975
428	VNSDTVSWSWPDGA	0.959	287	YGNCNTKCQTPMGA	0.957
44	HQAESISNTNPLTE	0.956	334	RNSPQRESRRKKRG	0.943
139	MSCPVGAPSPYNS	0.956	496	ESIRNGTYNYPQYS	0.889
172	TIGISGPDNEAVAV	0.948	207	YQNPTYISIGTST	0.885
338	WIGRTKSTNSRSGF	0.913	96	VEKANPTNDLCYPG	0.879
354	IWDPNGWTGTDSSF	0.91	265	APEYAYKIVKKGDS	0.868
219	FTVMTDGPSDQGAS	0.903	447	LMENERTLDFHDSN	0.864
83	DNNIRIGSKGDV FV	0.862	428	KKMEDGFLDVWTYN	0.862
253	NYHYEECSYPDAG	0.854	35	IMEKNVTVTHAQDI	0.848
104	CSHLECRTFFLTQG	0.82			
397	CIRPCFWELIRGR	0.816			
272	CRDNWHGSNRPWVS	0.809			

MILIK PERPUSTAKAAN
UNIV. NEGERI PADANG

17
P. 1

Tabel 2. Hasil Prediksi Protein HA dan NA Menggunakan Server BEPIRED

NA BEPIRED			HA BEPIRED	
No.	Start Position	Peptide	Start Position	Peptide
1	1	MNP	25	ANNSTEQVD
2	38	IQTGNQHQAESISNTNPLTEK	97	EKANPTNDLCY
3	79	VHSDK	110	SFNDY
4	85	NIRIG	135	KSSWSDHEASSGVSS
5	123	KHSNGTVKDRSPH	152	PYLG
6	143	VGEAPSPYNSRF	171	STYPTIKKSYNNTNQ
7	163	ACHD	196	HPNDAAEQTRLYQN
8	175	ISGPDNEA	211	TTYI
9	197	K	232	RSKVNGQSG
10	209	S	254	AINFE
11	223	TDGPSDGQAS	262	NFI
12	249	LDAPNYHY	275	K
13	260	SCYPDAG	278	SAI
14	276	WHGSNRPWW	286	EYG
15	302	FGDNPRPNDGTGSCGPMSPNG AYGV	290	CNTKCQTPMGAIN
16	342	TKSTNSRS	320	KYV
17	356	DPNGWTGTDSSFS	334	RNSPQRESRRK
18	379	WSGY	361	QGM
19	384	GSFV	369	GYHHSNEQGSGYAAD KESTQKAIDGVTN
20	392	L	428	KK
21	409	GRPKESTIWTS	459	S
22	430	SDTVSWSWPDGAELP	476	AKEL
23	-	-	500	NGTYNYPQYSEEARL

Untuk melihat perbedaan hasil prediksi protein HA dan NA pada kedua server, dilakukan analisis menggunakan *software* ClustalX (Lampiran 6 dan 7). Analisis ini dilakukan dengan membandingkan sekuen *epitope* HA dan NA hasil menggunakan *server* BCPRED dan BEPIRED dengan sekuen protein HA dan NA yang aselinya. Dari hasil analisis tersebut diurutkan *epitope* yang memiliki *accessibility binding epitope* yang tertinggi (Tabel 3 dan 4).

Tabel 3. Hasil Alignment Prediksi Protein NA menggunakan Server BCPRED dan BEPIPRED

NA BCPRED			NA BEPIPRED	
SKOR	POSISI MULAI	SEKUEN	POSISI MULAI	SEKUEN
0.983	234	KIFKMEKGKVVKSV	-	-
0.983	303	GDNPRPNDGTGSCG	302	<u>FGDNPRPNDGTGSCG</u> PMSPNGAYGV
0.973	412	KESTIWTSGSSISF	409	GRP <u>KESTIWTS</u>
0.959	428	VNSDTVSWSWPDGA	430	SDTVSWSWPDGA <u>E</u> LP
0.956	44	HQAESISNTNPLTE	38	IQTGNQHQAESISNTNPL <u>TE</u> K
0.956	139	MSCPVG <u>EAPSPYNS</u>	143	VGEAPSPYNS <u>R</u> SF
0.948	172	TIGISGPDNEAVAV	175	IISGPDNEA
0.913	338	WIGRTKSTNSRSGF	342	TKSTNSRS
0.91	354	IWDPNGWTGTDSSF	356	DPNGWTGTDSS <u>S</u> F
0.903	219	FTVMTDGPSDGQAS	223	TDGPSDGQAS
0.862	83	DNNIRIGSKGDVAV	85	<u>NIRIG</u>
0.854	253	NYHYEECSCYPDAG	260	<u>SCYPDAG</u>
0.82	104	CSHLECRTFFLTQG	-	-
0.816	397	CIRPCFWVELIRGR	-	-
0.809	272	CRDN <u>WHGSNRPWVS</u>	276	<u>WHGSNRPWW</u>

Ket: _ merupakan sekuen yang sama

Tabel 4. Hasil Alignment Prediksi Protein HA menggunakan Server BCPRED dan BEPIPRED

HA BCPRED			HA BEPIPRED	
SKOR	POSISI MULAI	SEKUEN	POSISI MULAI	SEKUEN
0.983	178	KSYNNTNQEDLLVL	-	-
0.982	132	IIPKSSWSDHEASS	135	<u>KSSWSDHEASS</u> GVSS
0.975	360	WQGMVDGWYGYHHS	369	<u>GYHHSNEQGS</u> GYAADKESTQKAIDG VTN
0.957	287	YGNCNTKCQTPMGA	290	<u>CNTKCQTPMGA</u> IN
0.943	334	RNSPQRESRRKRG	334	<u>RNSPQRESRRK</u>
0.889	496	ESIRNGTYNYPQYS	500	<u>NGTYNYPQY</u> SEEARL
0.885	207	YQNPTTYISIGTST	-	-
0.879	96	<u>VEKANPTNDLC</u> YPG	97	<u>EKANPTNDLCY</u>
0.868	265	APEYAYKIVKKGDS	-	-
0.864	447	LMENERTLDFHDSN	-	-
0.862	428	KKMEDGFLDWWTYN	-	-
0.848	35	IMEKNVTVTHAQDI	-	-

Ket: _ merupakan sekuen yang sama

Berdasarkan hasil Tabel 3 dan 4, maka dipilih masing-masing 2 sekuen perwakilan dari masing-masing protein yang memiliki *accessible binding epitope* yang akan disisipkan ke protein *backbone* HA dan NA. Cara pemilihan

sekuen adalah mengambil *epitope* skor tinggi namun mempunyai kesamaan pada kedua prediksi server. *Accessibility* asam-asam amino ini sendiri sangat penting mengingat bahwa semakin banyak asam-asam amino pada suatu *epitope* yang mempunyai *accessibility* yang besar, maka semakin besar pula kemungkinan *epitope* tersebut untuk dapat dikenali oleh *B-cell* atau berikatan dengan molekul antibodi. Sebaliknya, semakin sedikit asam-asam amino pada suatu *epitope* yang mempunyai *accessibility* yang besar atau semakin banyak asam-asam amino pada suatu *epitope* yang mempunyai *accessibility* yang kecil, maka kecil kemungkinan *epitope* tersebut, baik untuk dapat dikenali oleh *B-cell* maupun untuk dapat berikatan dengan antibodi. Sekuen *epitope* yang akan disisip dapat dilihat pada tabel 5.

Tabel 5. *Epitope B-cell* Protein NA dan HA

NA	HA
GDNPRPNDGTGSCG	KSSWSDHEASS
SDTVSWSWPDGA	CNTKCQTPMGA

5.4 Prediksi *Epitope T-cell* Protein HA dan NA Virus AI H5N1

Prediksi *epitope T cell* protein HA dan NA dilakukan melalui server ProPred dengan alamat situs <http://www.imtech.res.in/raghava/propred1/index.html>. ProPred memprediksi *epitope T-cell* dengan data *input* urutan asam amino protein HA dan NA dalam format FASTA. Pada prediksi dengan ProPred ini, yang perlu diperhatikan adalah kelas molekul *Major Histocompatibility Complex* (MHC) yang akan digunakan dalam prediksi *epitope*. Terdapat dua pilihan kelas MHC yang digunakan, yakni MHC kelas I dan kelas II.

Untuk MHC, pada penelitian ini lebih difokuskan pada *epitope* MHC kelas I, atas dasar karena penelitian ini bertujuan merancang vaksin peptida AI H5N1 yang termasuk *endogenous pathway*. *Epitope* MHC kelas I diprediksi melalui *server* ProPred-I dengan alamat situs <http://www.imtech.res.in/raghava/propred1/index.html>.

Server ProPred memprediksi *epitope* dengan panjang sembilan asam amino, analisisnya dilakukan setiap 30 asam amino protein HA, dan NA H5N1 mulai dari asam amino posisi pertama hingga terakhir. Prediksinya sendiri didasarkan atas kemampuan *epitope* untuk berikatan dengan tiap tipe molekul MHC, yang direpresentasikan dengan skor *binding* dengan kisaran nilai yang berbeda untuk masing-masing *allele*. Untuk peptida dengan skor lebih besar dari *cut off (setting threshold)*, maka dapat digolongkan sebagai *binder (High binder, Moderate binder, Low binder)*, sedangkan untuk prediksi penelitian hanya diprediksi *High binder* peptida.

Hasil prediksi *epitope T-cell* protein HA, dan NA ditampilkan berupa sekuen-sekuen peptida dengan skor *binding* yang berbeda-beda (Lampiran 6 dan 7). Dari hasil prediksi, dipilih peptida-peptida yang akan digunakan sebagai kandidat *epitope* penyusun pada vaksin peptida, yang didasarkan atas skor *binding* terbesar. *Alele* yang digunakan pada analisis MHC I menggunakan PROPRED adalah HLA-A2.1, HLA-B*5301, HLA-B*5401, HLA-B*51, dan HLA-B*0702.

Tabel 6. *Epitope Binding* MHC I Protein HA dan NA

Protein NA	Protein HA
<u>CMVIGIVSLML</u>	<u>EKIVLLLAIIVSL</u>
<u>FFLTQGALL</u>	<u>LEKTHNGKL</u>
<u>IRPCFWVEL</u>	<u>LDGVKPLIL</u>
	<u>YNNTNQEDL</u>
	<u>LNQRLVPKI</u>
	<u>FWTILKPND</u>
	<u>YVKS NRLVL</u>
	<u>ESRRK KRG LFGAI</u>
	<u>DVW TYNAEL</u>
	<u>FHDSNVKNLYDKVRLQL</u>
	<u>PQYSEEARL</u>
	<u>ILSIYSTVASSL</u>

Hasil prediksi ditunjukkan dengan asam amino dengan warna yang berbeda. Posisi pertama dari setiap pengikat ditunjukkan oleh warna merah sehingga pengguna dapat dengan mudah membedakan peptida tumpang tindih awalan epitope. Warna biru adalah warna asam amino berikutnya.

Ketika protein virus masuk ke dalam sel target, maka *epitope* pada protein tersebut akan dipecah menjadi fragmen peptida oleh protease, dan kemudian akan berikatan dengan MHC kelas I yang akan membawa fragmen peptida tersebut ke permukaan sel agar dapat dikenali oleh reseptor pada *T-cell* yang kemudian akan mengaktifkan sistem imunitas sehingga akan menghasilkan respon imunitas. Untuk itu, maka perlu dilakukan analisis pemotongan sekuen protein NA dan HA, sehingga *epitope* yang telah dirancang tidak dipotong oleh protease. Terpotongnya epitope MHC I menyebabkan MHC I tidak dapat mengenali fragmen peptide tersebut. Analisa pemotongan dapat dilakukan menggunakan server PAPROC yang dapat diakses pada situs <http://www.paproc2.de/paproc1/paproc1.html>.

Hasil analisis terlihat pada lampiran 8 dan 9. *Epitope* MCH I yang telah didapatkan dibandingkan dengan dengan hasil prediksi *proteosomal cleavage*

sehingga didapatkan sekuen epitope yang tidak terpotong ketika memasuki sel (Tabel 7).

Tabel 7. Epitope Binding MHC I dan Proteosomal Cleavage Protein HA dan NA

Protein NA		
Epitope MHC I	Proteosomal Cleavage	Kesimpulan
<u>CMVIGIVSLML</u>	CMVIGIV SL ML QI	Terpotong, tidak digunakan
<u>FFLTQGALL</u>	TFFLTQ G ALL	Terpotong, tidak digunakan
<u>IRPCFWVEL</u>	DCIRPCFWVELIRG R PKE	Digunakan
Protein HA		
Epitope MHC I	Proteosomal Cleavage	Kesimpulan
<u>EKIVLLLAIVSL</u>	MEKIVLLLAIVSLV KSDQI	Digunakan
<u>LEKTHNGKL</u>	IL EKTHNG K LCDL	Terpotong, tidak digunakan
<u>LDGVKPLIL</u>	LCDLDGVK PLIL	Terpotong, tidak digunakan
<u>YNNTNQEDL</u>	YN NTNQ EDLLV	Terpotong, tidak digunakan
<u>LNQRLVPKI</u>	STL N QR LVPKI ATR	Terpotong, tidak digunakan
<u>FWTILKPND</u>	MEFFW TI L KPND	Terpotong, tidak digunakan
<u>YVKS NRLVL</u>	GECPKYVKS NR LVLATGL	Terpotong, tidak digunakan
<u>ESRRKKRGLFGAI</u>	PQRES RR KKRGL FGAI	Terpotong, tidak digunakan
<u>DVWTYNAEL</u>	D V W TY NAELLV	Terpotong, tidak digunakan
<u>FHDSNVKNLYDKVRLQL</u>	DF HDSN V KNL YD	Terpotong, tidak digunakan
<u>PQYSEEARL</u>	PQY SE E A R L	Terpotong, tidak digunakan
<u>ILSIYSTVASSL</u>	I LSI YSTV A S SLA	Terpotong, tidak digunakan

Garis batas antara peptida pada kolom *proteosomal cleavage* merupakan bagian peptida yang diprediksi akan dipotong oleh protease. Berdasarkan hasil pada table 7, maka didapatkan dua sekuen yang dapat digunakan, yaitu satu sekuen dari protein NA dan satu sekuen dari protein HA.

5.5 Penentuan Sekuen *epitope* dan sekuen Vaksin Peptida

Untuk mendapatkan vaksin peptida yang dapat bersifat *polyinduction*, dalam hal ini terhadap influenza tipe A subtype H5N1 *clade* 2.1, maka pada sekuen vaksin peptida yang akan ditentukan, haruslah mempunyai *epitope-epitope* binding dari subtype H5N1 dan influenza tipe A tersebut. Untuk itu,

penentuan sekuen vaksin peptida dilakukan melalui kombinasi peptida atas dasar hasil prediksi *epitope B-cell* dan *T-cell* yang telah dilakukan (Tabel 8).

Tabel 8. *epitope B-cell* dan *T-cell* yang akan disisip pada protein *backbone*

Protein	T Cell	B Cell
NA	IRPCFWVEL	GDNPRPNDGTGSCG SDTVSWSWPDGA
HA	EKIVLLLAIVSL	KSSWSDEASS CNTKCQTPMGA

Penyisipan sekuen *epitope* dilakukan pada sekuen protein *backbone* yang mempunyai *binding affinity* yang rendah. Untuk mengetahui *binding affinity* pada masing-masing protein, dianalisis menggunakan server TAPPRED yang dapat diakses melalui <http://imtech.res.in/172.141.121.65/raghava/tappred/index.html> (Lampiran 10 dan 11). Sekuen *epitope T cell* dan *B cell* protein HA akan disisipkan pada protein *backbone* NA, dan sebaliknya. Berdasarkan hasil penyisipan, didapatkan enam rancangan sekuen vaksin, yaitu tiga sekuen vaksin yang menggunakan protein NA sebagai *backbone*, tiga lagi menggunakan protein HA sebagai *backbone* (Tabel 9 dan 10).

Tabel 9. Rancangan Sekuen Vaksin cVLP AI H5N1

Sekuen vaksin HA TBB						
1	11	21	31	41	51	60
MEKIVLLLAIV			IGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKGDNPRPNDG			60
.....			EEEEEEEEEEEEEEEE		
TGSCGLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHL						120
.....			EEEEEEEEEEEEEEEE		
LSRINHFEDIQIIPKSSWSDEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSY						180
.....			EEEEEEEEEEEEEEEE			EEE
NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTYISIGTSTLNQRLVLPKIATRISKVNGQSG						240
EEEEEEEEEEEE			EEEEEEEEEEEEEEEE		
RMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGA						300
.....			EEEEEEEEEEEEEEEE			EEEEEEEEEEEEEEEE

INSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKS NRLVLATGLRNSPQRESRRKKRGLFGAIAAGFIEGGW	360
.....EEEEEEEEEEEE.....E	
QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKSDTVSWSWPDGAEAVGREFNLE	420
EEEEEEEEEEEE.....	
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG	480
.....EEDENDEDEDEDE.....EEEEEEEEEEEE.....	
NGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA	540
.....EEEEEEEEEEEE.....	
SSLALAIMMAGLSLWMCNGLQCRICI	568
Sekuen vaksin HA BBT	
1 11 21 31 41 51 60	
MEKIVLLLAIVGDNPRPNDGTGSCGNNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKSDTVSWSWP	60
.....EEEEEEEEEEEE.....	
DGAKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHL	120
.....EEEEEEEEEEEE.....	
LSRINHFEKIQIIPKSSWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSY	180
.....EEEEEEEEEEEE.....EEE	
NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSG	240
EEEEEEEEEEEE.....EEEEEEEEEEEE.....	
RMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGA	300
.....EEEEEEEEEEEE.....EEEEEEEEEEEE.....	
INSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKS NRLVLATGLRNSPQRESRRKKRGLFGAIAAGFIEGGW	360
.....EEEEEEEEEEEE.....E	
QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNK██████████TQFEAVGREFNLE	420
EEEEEEEEEEEE.....	
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG	480
.....EEEEEEEEEEEE.....EEEEEEEEEEEE.....	
NGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA	540
.....EEEEEEEEEEEE.....	
SSLALAIMMAGLSLWMCNGLQCRICI	568
Sekuen vaksin HA BTB	
1 11 21 31 41 51 60	
MEKIVLLLAIVSDTVSWSWPDGAHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEK██████████	60
.....EEEEEEEEEEEE.....	
DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHL	120
.....EEEEEEEEEEEE.....	
LSRINHFEKIQIIPKSSWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSY	180
.....EEEEEEEEEEEE.....EEE	
NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSG	240
EEEEEEEEEEEE.....EEEEEEEEEEEE.....	
RMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGA	300
.....EEEEEEEEEEEE.....EEEEEEEEEEEE.....	
INSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKS NRLVLATGLRNSPQRESRRKKRGLFGAIAAGFIEGGW	360
.....EEEEEEEEEEEE.....E	
QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKGDNPRPNDGTGSCGVGREFNLE	420
EEEEEEEEEEEE.....	
RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG	480
.....EEEEEEEEEEEE.....EEEEEEEEEEEE.....	
NGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA	540
.....EEEEEEEEEEEE.....	
SSLALAIMMAGLSLWMCNGLQCRICI	568

Tabel 10. Rancangan Sekuen Vaksin cVLP AI H5N1 NA

Sekuen vaksin NA TBB							
1	11	21	31	41	51	60	
MNEKIVLLLLAIVSLM	VIGIVS	LMQLQIGNMIS	IWVKSS	SWSDHEASSA	ESISNTNPLTEKAV	60	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
ACNTKCQTPMGAP	IRGWAVH	SKDNNIRIG	SKGDV	FVIREP	FISCSHLECR	FFLTQGALL 120	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
NDKHSNGTVKDRS	PHRTLM	SQVGEAP	SPYNSR	FESVAWSA	SACHDGT	SWLTIGISGPDN 180	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
EAVAVLKYNGI	IITDTIK	SWRNNIL	RTOESE	CACVNG	SCFTVMTD	GPSDQASYKIFKMEK 240	
EEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
GKVVKVELDAP	NYHYEE	CSCYPDA	GEITCV	CRDNW	HGNSRNP	WVSNQLEYQIGYICSG 300	
EEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
VFGDNPRPND	GTGSC	GPMPNG	AYGVK	GFSE	FKYNGV	WVIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGW 360	
..	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
TGTDSSFSV	KQDIVA	ITDWSG	YSGSF	VQHP	ELTGLDC	IRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG 420	
EEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
SSISFCGVNS	DTVSW	SWPDGA	ELPFT	IDK		449	
EEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
Sekuen vaksin NA BBT							
1	11	21	31	41	51	60	
MNKSSWDHEASS	CMVIGIV	SLMLQIGN	MISIW	CNTKCQ	TPMGAAES	ISNTNPLTEKAV 60	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
A	EKIVLLLLAIVS	IRGWAVH	SKDNNIRIG	SKGDV	FVIREP	FISCSHLECR	FFLTQGALL 120
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
NDKHSNGTVKDRS	PHRTLM	SQVGEAP	SPYNSR	FESVAWSA	SACHDGT	SWLTIGISGPDN 180	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
EAVAVLKYNGI	IITDTIK	SWRNNIL	RTOESE	CACVNG	SCFTVMTD	GPSDQASYKIFKMEK 240	
EEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
GKVVKVELDAP	NYHYEE	CSCYPDA	GEITCV	CRDNW	HGNSRNP	WVSNQLEYQIGYICSG 300	
EEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
VFGDNPRPND	GTGSC	GPMPNG	AYGVK	GFSE	FKYNGV	WVIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGW 360	
..	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
TGTDSSFSV	KQDIVA	ITDWSG	YSGSF	VQHP	ELTGLDC	IRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG 420	
EEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
SSISFCGVNS	DTVSW	SWPDGA	ELPFT	IDK		449	
EEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
Sekuen vaksin NA BTB							
1	11	21	31	41	51	60	
MNCNTKCQTPMG	ACMVI	GIVS	LMQLQIGN	MISIW	EKIVLLLLAIVS	ESISNTNPLTEKAV 60	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
AKSSWDHEASS	PIRGWAVH	SKDNNIRIG	SKGDV	FVIREP	FISCSHLECR	FFLTQGALL 120	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
NDKHSNGTVKDRS	PHRTLM	SQVGEAP	SPYNSR	FESVAWSA	SACHDGT	SWLTIGISGPDN 180	
.....	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
EAVAVLKYNGI	IITDTIK	SWRNNIL	RTOESE	CACVNG	SCFTVMTD	GPSDQASYKIFKMEK 240	
EEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	
GKVVKVELDAP	NYHYEE	CSCYPDA	GEITCV	CRDNW	HGNSRNP	WVSNQLEYQIGYICSG 300	
EEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	
VFGDNPRPND	GTGSC	GPMPNG	AYGVK	GFSE	FKYNGV	WVIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGW 360	
..	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEEEEEE	EEEEEEEE	

TGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG 420
.....
SSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK 449
.....

Vaksin AI H5N1 HA dan TBB, BBT dan BTB didapatkan melalui kombinasi berurutan peptida *epitope* protein HA, dan NA. Vaksin HA dan TBB didapat melalui penyisipan *epitope* protein NA T Cell, B Cell1, dan B Cell2. Vaksin HA dan BTB didapat melalui penyisipan *epitope* protein NA B Cell1, T Cell dan B Cell2. Vaksin HA dan BBT didapat melalui penyisipan *epitope* protein NA B Cell1, B Cell2, dan T Cell. Demikian juga halnya dengan sekuen vaksin NA. Keenam sekuen vaksin peptida yang ditunjukkan dalam tabel 9-10. Bagian sekuen yang berwarna merah adalah sekuen *epitope* MH Kelas I (T Cell), sedangkan yang berwarna hijau dan kuning merupakan sekuen *epitope* B Cell. Titik-titik menunjukkan bahwa sekuen tersebut tidak mengandung peptida epitope T Cell dan B Cell pada sekuen protein *backbone*. Huruf E menunjukkan bahwa sekuen tersebut mengandung *epitope* B Cell atau T Cell.

5.6 Membandingkan sekuen cVLP dengan Protein Database

Untuk mengetahui kemiripan sekuen vaksin dengan sekuen virus AI H5N1, maka dilakukan BLAST pada database protein. Hasil yang didapatkan menunjukkan bahwa keenam sekuen memiliki % *identity* besar dari 90% dengan sekuen virus AI H5N1 (Lampiran 12,13,14, 15, 16,17). Batas nilai yang menunjukkan kedua protein dikatakan memiliki kemiripan struktur adalah ketika % *identity*-nya besar dari 25%. Karena % *identity* ke-enam sekuen vaksin yang dirancang besar dari 25%, maka dapat dikatakan bahwa ke-enam vaksin tersebut memiliki folding akhir yang sama dengan protein HA dan NA AI H5N1 dan bersifat *immunogenic*.

BAB VI

KESIMPULAN DAN SARAN

6.1 Kesimpulan

Berdasarkan pencarian sekuen protein HA dan NA subclade 2.1, didapatkan 9 sekuen protein HA dan 9 sekuen NA. Ke-18 sekuen protein tersebut disimpan dalam format FASTA dan GBFF.

Hasil analisis *Multiple Sequence Alignments* mengungkapkan bahwa ke-9 sekuen HA dan 9 sekuen NA memiliki similaritas yang besar dari 97% dan mengalami beberapa mutasi. Sekuen 7/2005 memiliki similaritas 100% dengan CDC742/2006 dan CDC1046 memiliki similaritas 100% dengan CDC1047. Tingginya tingkat kemiripan sampel, maka dalam perancangan sekuen vaksin HA dan NA digunakan sekuen 2/2005 sebagai *backbone*.

Prediksi B cell berdasarkan *accessible binding epitope*. Hasil prediksi B cell yang digunakan adalah yang memiliki *accessibility* yang besar. Sekuen epitope B Cell protein HA adalah KSSWSDHEASS dan CNTKCQTPMGA, serta sekuen epitope B Cell protein NA adalah GDNPRPNDGTGSCG dan SDTVSWSWPDGA.

Hasil prediksi MHC I dikonfirmasi pemotongannya. Berdasarkan hasil konfirmasi, didapatkan epitope T cell protein HA yang dapat digunakan adalah EKIVLLLAIVSL dan epitope T cell protein NA adalah IRPCFWVEL.

Berdasarkan hasil prediksi epitope T cell dan cell, dirancang 6 sekuen protein vaksin cVLP, yaitu vaksin cVLP AI H5N1 NA TBB, NA BBT, NA BTB, HA TBB, HA BBT, HA BTB.

Berdasarkan hasil BLAST diketahui bahwa ke-enam vaksin tersebut memiliki folding akhir yang sama dengan protein HA dan NA A1 H5N1 dan bersifat *immunogenic*. Hal ini dikarenakan % *identity* ke-enam sekuen vaksin yang dirancang besar dari 25%.

6.2 Saran

1. Mencari metode prediksi lain untuk memprediksi epitope pada suatu antigen
2. Melakukan *homology modelling* untuk mencari bahwa similaritas struktur keenam vaksin peptida dengan protein *source*.
3. Melakukan analisis *molecular dynamics* dari struktur tersier hasil *modeling* untuk mengetahui stabilitas dan fleksibilitas rancangan vaksin.
4. Melakukan penambahan asam amino *signaling* untuk MH Kelas I dan MH Kelas II dalam sekuen vaksin akan mempercepat respon imunitas.

DAFTAR PUSTAKA

Chaturvedi, U.C., Shrivastava, R., Nagar, R., 2005, "Dengue Vaccines : Problems and Prospects", *Rev. article in Indian J. Med. Res.*, 121, 639-652.

Claverie, M. J., Notredame, C. 2003. *Bioinformatics for Dummies*. Research Scientist, UC Santa Cruz.

Cox, N. J. 2005. Orthomyxoviridae. *Sem. Virol.*, 6; 359–70.

Janeway, Jr., Travers, P., Walport, M., Shlomchik, M.J. 2001. *Immunobiology, the Immune System in Health and Disease*. Garland Publishing, New York.

Nidom, C. A. 2005. *Analisis molekuler genom virus avian influenza H5N1 di Indonesia*. Disertasi. UNAIR.

Palese, P, Shaw, ML. 2001. *Orthomyxoviridae: The Viruses and Their Replication*. 5th edition. Philadelphia: Lippencott Williams and Wilkins

Vider, S. T., et al. 2007. *Virus-epitope vaccine design: Informatic matching the HLA-I polymorphism to the virus genome*. *Mol. Immuno.* 44; 1253-1261.

WHO. 2007. *Antigenic and Genetic Characteristics of H5N1 Viruses and Candidate H5N1 Vaccine Viruses Developed for Potential Use as pre-Pandemic Vaccines*

http://igrid-ext.cryst.bbk.ac.uk/WWW/PhD_thesis_files/image006.jpg

<http://www3.niaid.nih.gov/>

<http://www.uq.edu.au/VDUInfluenza.html>

<http://www.who.int>

<http://www.depkes.go.id>

Lampiran 1. Sekuen fasta

Protein HA

>gi|145284450|gb|ABP51969.1|hemagglutinin_5_2005

MEKIVLLLAIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILR
DCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFEDIQIIPKS
SWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAE
QTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAY
KIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSP
QRESRRKKRGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSI
IDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD
KVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQI
LSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCSNGSLQCRICI

>gi|157955881|gb|ABW06367.1|hemagglutinin_7_2005

MEKIMLLLAIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILR
DCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFEDIQIIPKS
SWSDHEASSGVSSACPYLGSSSFFRNWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAE
QTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAY
KIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSP
QRESRRKKRGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSI
IDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD
KVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQIL
SIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCSNGSLQCRICI

>gi|113972311|gb|ABI49407|CDC742_2006

DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRDCSVAGWLLGNPM
CDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFEDIQIIPKSSWSDHEASSGVSSA
CPYLGSPSFFRNWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNREDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISIG
TSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILNPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAIMKSEL
EYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFG
AIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGR
EFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKEL
GNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAI
MMAGLSLWMCSNGSLQCRICI

>gi|118864379|gb|ABL31780|CDC887_2006

MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILR
DCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFEDIQIIPKG
SWSDHEASSGVSSACPYLRSPSFFRNWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAE
QTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAY
KIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSP
QRESRRKKRGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSI
IDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD
KVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQI
LSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCSNGSLQCRICI

>gi|118574870|gb|ABL07008.1|CDC938_2006

MEKIVLLLSIVSLVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILR
DCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGSFNDYEELKHLLSRINHFEDIQIIPKS
SWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWVLTKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEAE
EQTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYA
YKIVKKGDSAIMKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNS
PQRESRRKKRGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGSYAADKESTQKAIDGVTNKVN
SIIDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLY
DKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQ
ILSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCSNGSLQCRICI

>gi|118574908|gb|ABL07030|CDC940_2006

MEKIVLLLAIIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILR
DCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLLSRINHFEKIQIIPKS
SWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWWWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAE
QTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWAILKPNDAINFESNGNFIAPYAY
KIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSP
QRESRRKKRGLFGAIGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSI
IDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD
KVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQI
LSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNNGSLQCRICI

>gi|124098927|gb|ABM90478.1|CDC1032_2007

DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILRDCSVAGWLLGNPM
CDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLLSRINHFEKIQIIPKSSWSDHEASSGVSSA
CPYLGSPSFFRNWWWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEEEQTRLYQNPTTYISIG
TSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSEL
EYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSPQRESRRKKRGLFGA
IAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGRE
FNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELG
NGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIM
IAGLSLWMCNNGSLQCRICI

>gi|124099004|gb|ABM90511.1|hemagglutinin_CDC1046_2007

MEKIVLLLSIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILKD
CSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLLSRINHFEKIQIIPKSS
WSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWWWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEEE
QTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAY
KIVKKGDSAIMKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSP
QRESRRKKRGLFGAIGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSI
IDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD
KVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQI
LSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNNGSLQCRICI

>gi|124099052|gb|ABM90533.1|hemagglutinin_CDC1047_2007

MEKIVLLLSIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKVPLILK
DCSVAGWLLGNPMCDEFINVPESYIVEKANPTNDLCYPGFSFNDYEELKHLLSRINHFEKIQIIPKS
SWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNWWWLIKKNSTYPTIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNNEEE
QTRLYQNPTTYISIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAY
KIVKKGDSAIMKSELEYSNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVATGLRNSP
QRESRRKKRGLFGAIGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQGSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSI
IDKMNTQFEAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYD
KVRLQLRDNKELGNGCFEFYHKCDNECMESIRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQI
LSIYSTVASSLALAIMIAGLSLWMCNNGSLQCRICI

Protein NA

>neuraminidase_CDC1047_2007

MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVSVTLAGNS
SLCPIRGWAVHSDKDNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVGAEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESECACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSCYPDAGEI
TCVCRDNWHSNRPWVSNQLEQYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSE
KYGNGWVIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNWGTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSYSGSFVQHPGLTGL
DCIRPCFWVELIRGRPKESTWTSGSSISFCGVNSDTSVSWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_CDC1046_2007

MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVSVTLAGNS
SLCPIRGWAVHSDKDNIRIGSKGDVVFIREPFISCSHLECRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVGAEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESECACVNGSCFTVMTDGPNSGQASYKIFKMEKGKVVKSVELDAPNYHYEECSCYPDAGEI

TCVCRDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SF
KYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGL
DCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_CDC1032N_2007

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNS
SLCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMKKGKVKVKSVELDATNYHYEECSYCPDAGEIT
CVC RDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFK
YGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLD
CIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_CDC938_2006

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASITLAGNSS
LCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMKKGKVKVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEIT
CVC RDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SFK
YGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGLD
CIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_CDC940_2006

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMVSTWVSHSIQTGNQYQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGN
SSLCP IRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPH
RTLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRN
NILRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAG
EITCVC RDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF
SFKYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELT
GLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_CDC742_2006

MNPNRKIITIGSICMVGIMVSLMLQIGNMISWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGN
SSLCP IRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPH
RTLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRN
NILRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELVAPNYHYEECSYCPDAG
EITCVC RDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF
SFKYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELT
GLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTASWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_CDC887_2006

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISWVSHSIQKGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNS
SLCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMKKGKVKVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEI
TCVCRDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SF
KYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGL
DCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

neuraminidase_7_2005

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNS
SLCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SNGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEI
TCVCRDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SF
KYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGL
DCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

>neuraminidase_5_2005

MNPNQKIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISWVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAVASVTLAGNS
SLCPIRGWAVHSDNNIRIGSKGDVFIREFPFI SC SHLECR TFFLTQ GALLNDKHSNGTVKDRSPHR
TLMSCPVG EAPSPYNSRFESVAWSASACHDGT SWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWRNNI
LRTQESEACVNGSCFTVMTDGP SDGQASYKIFKMEKGVVKSVELDAPNYHYEECSYCPDAGEI
TCVCRDNWHGNSRNPWVSFNQNLLEYQIGYICSGVFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGF SF
KYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP ELTGL
DCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWPDGAELPFTIDK

Lampiran 2. Alignment Protein NA Subclade 2.1

```

neuraminidaseCDC1032N_2007      MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_CDC938_2006      MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_CDC887_2006      MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_CDC1047_2007     MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_CDC1046_2007     MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_7_2005           MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_5_2005           MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_CDC940_2006      MNPNQKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
neuraminidase_CDC742_2006      MNPNRKIITIGSICHVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQKGNQHQAESIS 50
*****

neuraminidaseCDC1032N_2007      NTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_CDC938_2006      NTNPLTEKAVASITTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_CDC887_2006      NTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_CDC1047_2007     NTNPLTEKAVVSVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_CDC1046_2007     NTNPLTEKAVVSVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_7_2005           NTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_5_2005           NTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_CDC940_2006      NTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
neuraminidase_CDC742_2006      NTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHVKDNNIRIGSKGDVVFVIREP 100
*****

neuraminidaseCDC1032N_2007      FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_CDC938_2006      FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_CDC887_2006      FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_CDC1047_2007     FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_CDC1046_2007     FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_7_2005           FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_5_2005           FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_CDC940_2006      FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
neuraminidase_CDC742_2006      FISCSHLECRTRFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPY 150
*****

neuraminidaseCDC1032N_2007      NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_CDC938_2006      NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_CDC887_2006      NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_CDC1047_2007     NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_CDC1046_2007     NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_7_2005           NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_5_2005           NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_CDC940_2006      NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
neuraminidase_CDC742_2006      NSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITDTIKSWR 200
-----
neuraminidaseCDC1032N_2007      NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_CDC938_2006      NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_CDC887_2006      NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_CDC1047_2007     NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_CDC1046_2007     NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_7_2005           NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_5_2005           NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_CDC940_2006      NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELD 250
neuraminidase_CDC742_2006      NNILRTQESEACAVNGSCFTVMTDGPSSNGQASYKIFKMEKGGKVVKSVELV 250
*****

neuraminidaseCDC1032N_2007      APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_CDC938_2006      APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_CDC887_2006      APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_CDC1047_2007     APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_CDC1046_2007     APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_7_2005           APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_5_2005           APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_CDC940_2006      APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
neuraminidase_CDC742_2006      APNYHYEECSYCPDAGEITCVCRDNWHGSMRPWVSNQLELYQIGYICSG 300
*****

neuraminidaseCDC1032N_2007      VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_CDC938_2006      VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_CDC887_2006      VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_CDC1047_2007     VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_CDC1046_2007     VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_7_2005           VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_5_2005           VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_CDC940_2006      VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
neuraminidase_CDC742_2006      VFGDNPRPNDGTGSCGPMSPNGAYGVKGFSSFKYGNVWVIGRTKSTNSRSG 350
*****

```

neuraminidaseCDC1032N_2007 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_CDC938_2006 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_CDC887_2006 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_CDC1047_2007 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_CDC1046_2007 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_7_2005 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_5_2005 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_CDC940_2006 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400
neuraminidase_CDC742_2006 FEMIUDPNGWTGTDSSFSVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRP 400

neuraminidaseCDC1032N_2007 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_CDC938_2006 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_CDC887_2006 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_CDC1047_2007 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_CDC1046_2007 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_7_2005 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_5_2005 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_CDC940_2006 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSPDGAE LPFTIDK 449
neuraminidase_CDC742_2006 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTASWSPDGAE LPFTIDK 449

Lampiran 4. Alignment Protein NA dengan epitope hasil prediksi BCPRED dan BEPIRED

```

NA_BCPRED      -----HQAESISNTNPLTE--- 14
NA             MNPNQKIITIGSICMVIGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQTGNQHQAESISNTNPLTEKAV 60
NA_BEIPRED     -----MNPIQTGNQHQAESISNTNPLTEKVH 26
                *****

NA_BCPRED      -----DNNIRIGSKGDVFFV-----CSHLECRTFFLTQG--- 42
NA             ASVTLAGNSSLCPIRGWAHVHSDNNIRIGSKGDVFFVIREPFISCSHLECRTFFLTQGALL 120
NA_BEIPRED     S-----KDNIRIGKHSNGTV-----KDR----- 44
                .:*****.: : *           : *

NA_BCPRED      -----MSCPVGAEAPSPYNS-----TIGISGPDN 65
NA             NDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVGAEAPSPYNSRFESVAWSASACHDGTSLTIGISGPDN 180
NA_BEIPRED     -----SPHVGEAPSPYNSR-----FACHDISGPDN 69
                * ***** *           *****

NA_BCPRED      EAVAV-----FTVMTDGP SDGQAS-KIFKMEK 91
NA             EAVAVLKYNGLIITDTIKSWRNILRTOESEACVNGSCFTVMTDGP SDGQASYKIFKMEK 240
NA_BEIPRED     EAKST-----DGP SDGQAS----- 83
                ** :.           *****

NA_BCPRED      GKVVKSVN-----YHYEECSYPDAG-----CRDNWHGSNRPWVS----- 126
NA             GKVVKSVELDAPNYHYEECSYPDAGEITCVCRDNWHGSNRPWVSFNQNLLEYQIGYICSG 300
NA_BEIPRED     ---LDAPN-----YHYSYCPDAG-----WHGSNRPWVF----- 108
                :. : :           , ***** *****

NA_BCPRED      --GDNPRPNDGTGSCG-----WIGRTKSTNSRSGF--IWDPNGW 161
NA             YFGDNPRPNDGTGSCGPEMSPNGAYGVKGFSPKYGNVWIGRTKSTNSRSGFEMIWDPNGW 360
NA_BEIPRED     --GDNPRPNDGTGSCG-----PMSPNGAYGVTKSTNSRS-----DPNGW 145
                ***** * ***** *****

NA_BCPRED      TGTDSSF-----CIRPCFWVELIRGR-KESTIWTSG 191
NA             TGTDSSFVVKQDIVAITDWSGYSYGFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRPKESTIWTSG 420
NA_BEIPRED     TGTDSSF-----SWSGYGSFVGRPKESTIWTSG- 172
                ***** : ** *****

NA_BCPRED      SSISF--VNSDTVSWSPDGA----- 210
NA             SSISFCGVNSDTVSWSPDGAELPFTIDK 449
NA_BEIPRED     -----SDTVSWSPDGAELP----- 187
                *****

```

Lampiran 5. Alignment Protein HA dengan epitope hasil prediksi BCPRED dan BEPIPRED

```

HA_BCPRED      -----IMEKMTVTHAQD----- 13
HA             MEKIVLLLAIVSLVKSDQICIGYHAMWSTEQUDT IMEKMVTVTHAQD ILEKTHNGKLCDL 50
HA_BEPIPRED    -----AMNTEQUD----- 9
                * . . . .

HA_BCPRED      -----IUEKAMP TMDL CYPG----- 28
HA             DGVKPL ILRDCSVAGWLLGNPMCDFINUPEWYIUEKAMP TMDL CYPG S TMDVEELKHL 120
HA_BEPIPRED    -----EKAMP TMDL CYSFN----- 23
                *****

HA_BCPRED      -----IIPKSSWSDHEASS-----KSY 45
HA             LSRIMNFEKIQIIPKSSWSDHEASSGUSSACPYLGSPSFFRMUJVL IKKNSTYPTIKKSY 120
HA_BEPIPRED    -----DYKSSWSDHEASSG-----USSPY 42
                *****
                . . *

HA_BCPRED      MNTMQEDLLLVY-----QMPTYISIGTST----- 70
HA             MNTMQEDLLLVG IHPMDAAEQTRLVQMPITYISIGTSTLNRUJLVPKIATRSKUNGQSG 240
HA_BEPIPRED    LGSTYPTIKKSY-----MNTMQHPMDAAEQTR----- 59
                . . . . . : * . . . .

HA_BCPRED      -----APEYAYKIVKKGDS-----YGNCKTKCQTPMGA 98
HA             RMEFFWTILKPNDAIMTE SNGMFI APEYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCKTKCQTPMGA 300
HA_BEPIPRED    -----LYQNTTYIRSKUNGQSG-----AIMTECNTKTCQTPMGA 102
                . * . * . . : *****

HA_BCPRED      R-----NSPQRESRRKGR-----GW 113
HA             INS SPPFRMIMPLTIGCCPKVKSMLLVLATGLPNSPQRESRRKGRGLFGAIACTIEGGW 360
HA_BEPIPRED    LN-----KYRNSPQRESRRKQG----- 120
                *****

HA_BCPRED      QGKVDGWYGYHHS----- 126
HA             QGKVDGWYGYHHSNEQGS GYAADKESTQKAIDGUTMKUMS I IDKMTQFEAVGREFNNLE 420
HA_BEPIPRED    -----MGYHHS----- 126
                *****

HA_BCPRED      -----KGMEDGFLDVWTVN-----LMEEMERTLD FHD SN----- 154
HA             RRLEMLKGMEDGFLDVWTVNAELLVLMEMERTLD FHD SNVKMLYDKURLQLRDNAKELG 480
HA_BEPIPRED    -----NEQGS GYA-----ADKESQKAIDGUTN----- 149
                . : . * : : * * . *

HA_BCPRED      -----ESIRNGTYNYPQYS----- 168
HA             NGCTEYVHKCDWECHE S IRNGTYNYPQYSEEARLKREEISGUKLESIGTYQILSYSTVA 540
HA_BEPIPRED    -----AKELNGTYNYPQYSEEARL----- 168
                *****

HA_BCPRED      ----- 566
HA             SSLALAIMHAGLSLUMCSNGSLQCRICI 566
HA_BEPIPRED    -----

```

Lampiran 6. Prediksi MHC I Protein NA menggunakan ProPred1

MHC CLASS-I BOUNDING PEPTIDE PREDICTION RESULTS

Antigen Name	Untitled
Scanned on	Wed Nov 17 16:31:14 2010
Length of input sequence	449 amino acids
Number of nanomers from input sequence	441
Threshold setting	4
Number of alleles in query	5
Proteasome Filter	off
ImmunoProteasome Filter	on at 5 threshold

Subsequence Analysis

FROM To Display: ImmunoProteasome:

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	120
HLA-A*2.1	MMPNQKIITIGSICNVIGIVSLMLQIGMMISIVVSHSIQTGNQHQAESISNTPLTEKAVASVYLAGHSSLCPIRGNVAVHSKDNHRIOSKQDVEVIREPFFISCSHLECRTPFLTQGALLNDKHSNQTVI											
HLA-B*5301	MMPNQKIITIGSICNVIGIVSLMLQIGMMISIVVSHSIQTGNQHQAESISNTPLTEKAVASVYLAGHSSLCPIRGNVAVHSKDNHRIOSKQDVEVIREPFFISCSHLECRTPFLTQGALLNDKHSNQTVI											
HLA-B*5401	MMPNQKIITIGSICNVIGIVSLMLQIGMMISIVVSHSIQTGNQHQAESISNTPLTEKAVASVYLAGHSSLCPIRGNVAVHSKDNHRIOSKQDVEVIREPFFISCSHLECRTPFLTQGALLNDKHSNQTVI											
HLA-B*51	MMPNQKIITIGSICNVIGIVSLMLQIGMMISIVVSHSIQTGNQHQAESISNTPLTEKAVASVYLAGHSSLCPIRGNVAVHSKDNHRIOSKQDVEVIREPFFISCSHLECRTPFLTQGALLNDKHSNQTVI											
HLA-B*0702	MMPNQKIITIGSICNVIGIVSLMLQIGMMISIVVSHSIQTGNQHQAESISNTPLTEKAVASVYLAGHSSLCPIRGNVAVHSKDNHRIOSKQDVEVIREPFFISCSHLECRTPFLTQGALLNDKHSNQTVI											

130 140 150 160 170 180 190 200 210 220 230 240 250 260

IKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPYNSRFE SVAWSASACHDQTSWLTIGISGPDREAVAVLKNHGIITDTIKSWRHWILRTQESRCACVHGS CFTVMTDQPSDQAS YKIFRMEGRVVKSVELDAPHYHYEECS CYPDAGEITC

IKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPYNSRFE SVAWSASACHDQTSWLTIGISGPDREAVAVLKNHGIITDTIKSWRHWILRTQESRCACVHGS CFTVMTDQPSDQAS YKIFRMEGRVVKSVELDAPHYHYEECS CYPDAGEITC

IKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPYNSRFE SVAWSASACHDQTSWLTIGISGPDREAVAVLKNHGIITDTIKSWRHWILRTQESRCACVHGS CFTVMTDQPSDQAS YKIFRMEGRVVKSVELDAPHYHYEECS CYPDAGEITC

IKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPYNSRFE SVAWSASACHDQTSWLTIGISGPDREAVAVLKNHGIITDTIKSWRHWILRTQESRCACVHGS CFTVMTDQPSDQAS YKIFRMEGRVVKSVELDAPHYHYEECS CYPDAGEITC

IKDRSPHRTLMSCPVGEAPSPYNSRFE SVAWSASACHDQTSWLTIGISGPDREAVAVLKNHGIITDTIKSWRHWILRTQESRCACVHGS CFTVMTDQPSDQAS YKIFRMEGRVVKSVELDAPHYHYEECS CYPDAGEITC

270 280 290 300 310 320 330 340 350 360 370 380 390 400

CVCRDHWGSHRPVVSFRQWLEYQIGYICSOVFGDHPRPNDGTGSCGPMSPNGAYOVKQFSFKYGNVWIORTKSTNSRSOFEMIDWPHQWTOYDSSFSVKQDIVAITDWSGYSOSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGI

CVCRDHWGSHRPVVSFRQWLEYQIGYICSOVFGDHPRPNDGTGSCGPMSPNGAYOVKQFSFKYGNVWIORTKSTNSRSOFEMIDWPHQWTOYDSSFSVKQDIVAITDWSGYSOSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGI

CVCRDHWGSHRPVVSFRQWLEYQIGYICSOVFGDHPRPNDGTGSCGPMSPNGAYOVKQFSFKYGNVWIORTKSTNSRSOFEMIDWPHQWTOYDSSFSVKQDIVAITDWSGYSOSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGI

CVCRDHWGSHRPVVSFRQWLEYQIGYICSOVFGDHPRPNDGTGSCGPMSPNGAYOVKQFSFKYGNVWIORTKSTNSRSOFEMIDWPHQWTOYDSSFSVKQDIVAITDWSGYSOSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGI

CVCRDHWGSHRPVVSFRQWLEYQIGYICSOVFGDHPRPNDGTGSCGPMSPNGAYOVKQFSFKYGNVWIORTKSTNSRSOFEMIDWPHQWTOYDSSFSVKQDIVAITDWSGYSOSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGI

410 420 430 440


RPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWFDGAE L PFTIDK

RPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWFDGAE L PFTIDK

RPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWFDGAE L PFTIDK

RPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWFDGAE L PFTIDK

RPKESTIWTSGSSISFCGVNSDTVSWSWFDGAE L PFTIDK

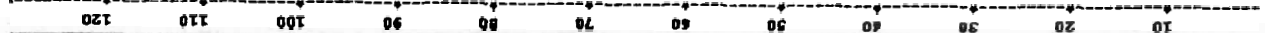


ProPred-1
The Promiscuous MHC Class-I Binding Peptide Prediction Server

Home References Help Matrices Team Contact

MHC CLASS I BINDING PEPTIDE PREDICTION RESULTS

Antigen Name	Untitled
Scanned on	Wed Nov 17 15:41:59 2010
Length of input sequence	568 amino acids
Number of nonmers from input sequence	560
Threshold setting	1
Number of sites in query	5
Proscore Filter	on at 5 threshold
PenelopeFilter	on at 5 threshold



HLA-A*2.1
HLA-B*301
HLA-B*3401
HLA-B*51
HLA-B*0702

130 140 150 160 170 180 190 200 210 220 230 240 250 260

IQIIFKRSWDHEASSGWSACPYLQSPSFPFPPVWL IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IQIIFKRSWDHEASSGWSACPYLQSPSFPFPPVWL IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IQIIFKRSWDHEASSGWSACPYLQSPSFPFPPVWL IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IQIIFKRSWDHEASSGWSACPYLQSPSFPFPPVWL IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IQIIFKRSWDHEASSGWSACPYLQSPSFPFPPVWL IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

270 280 290 300 310 320 330 340 350 360 370 380 390 400

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

410 420 430 440 450 460 470 480 490 500 510 520 530 540

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

IKKRSYTPYIKKSYHNTHEDELLVHGDHDPDAAEQTLXQRPYYISLQRLVFKIATASNVWQSGRGEFVWYILKPNDAIHPESNONTIAPEXA

550 560

AGLSLWGCSTGSLQCRICI

AGLSLWGCSTGSLQCRICI

AGLSLWGCSTGSLQCRICI

AGLSLWGCSTGSLQCRICI

AGLSLWGCSTGSLQCRICI

Lampiran 8. Prediksi Proteosomal Cleavage Protein NA menggunakan PAPROC

PAPROC - Results

Short output form

PAPROC predicts the following (150) proteosomal cleavages (made by human proteasome type III) in 5_2005 (449 amino acids):

1	MNPNQKIITI GSI CMVIGIV
21	SL ML QI GN MISI W VS H SI Q T
41	GNQH QAE SISNTNPLTEKA V
61	ASVTL AGN S SL CPIRGWAVH
81	SK D NNIRIGSK GD VF V IREP
101	FIS C S HLECR TFFLTQ G ALL
121	N D KHSNG TVK D RSP HRTL MS
141	CPVGEAPSPYN S R FE SV AW S
161	A SA CHDGTSW L T IGISG PDN
181	E AVA VL KY NGIIT D TI KSW R
201	N NILRTQ E SECA CVNGSCF T
221	VMTDGP SDGQ A SY KI FK M E K
241	GKVV KSV EL D APNYH Y E EC S
261	CYPDAGEITCV CRDNWHGSN
281	R PWVS F N QNLEYQ I GYI C S G
301	VFGD NP RPNDGTGS CG PMSP
321	NG A YG V K G F S F KYGNGV WIG
341	RTKSTN S RSG FEMI WDPNGW
361	TG T DS S F S V K QD IV AI TDW S
381	G Y SGS FV Q H PEL TG L DCIRP
401	CFWVELIRG R PKE ST I WTS G
421	S SIS FC G VNSDTV SW SW PDG
441	AEL PFTIDK

Lampiran 9. Prediksi Proteosomal Cleavage Protein HA menggunakan PAPROC

PAPROC - Results

Short output form

PAPROC predicts the following (185) proteasomal cleavages (made by human proteasome type III) in 5_2005 (568 amino acids):

1	MEKIVLLLLAIVSLV KSDQI C
21	I GYHAN N STE QVDTI M E KNV
41	TVTHAQD IL EKTHNG K LCDL
61	DGVK PLIL RDC SVAGWLL GN
81	PMCD EFINV P EW SY I VEK A N
101	PTNDLCY PGSFN D YE EL KHL
121	L S R I NHFE KI Q IIPKS S W SD
141	HEAS S G V S SA CPYLGSPSFF
161	R NV VWLI KKN STYPTI KK S Y
181	N NTNQ EDLLV LWGI HHPND A
201	AE Q T R L YQNPTY I SIGT ST
221	L N QR LVPKI ATR SKV NGQ SG
241	R MEFFW TI L KPND AI NF E SN
261	GNFI APEYA Y KIV KK GDSAI
281	MKSEL EYGNCTKCQTPMGA
301	I N S S M PEHNI HPL TI GECPK
321	YVKSNR LVLATGL RN S PQRE RR KKRGL FGAI AG FIEG GW
361	QG MVDGW YG Y HH SN E QGSG Y
381	A AD KE STQ KAI DGVTKV N S
401	IIDK M NTQ F E A VG REF NNL E
421	RRIENL NKKM EDG F L D V W TY
441	NAELLV LM E NE RTL DF HDSN
461	V KNL YD KV R L QL RDNA KEL G
481	NG CFEFYHKCD NECME SIRN
501	G TYN Y PQY SE E A R L KREEIS K LE SI GTYQ I LSI YSTV A
541	S SLA LAI MM AGL SLW MC SNG
561	SLQC RICI

TAPPred

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

[Home](#) | [Help](#) | [Information](#) | [Links](#) | [Team](#) | [Contact](#)

Home **Help** **Information** **Links** **Team** **Contact**

Prediction Results

Prediction Approach	Simple SVM
Antigen Name	NA 5 2005
Scanned on	Tue Nov 16 09:33:24 2010
Length of input sequence	449 amino acids
Number of nonamers from input sequence	441

Display 1

```

1 MNPNQIITIGSICMVGIVSLMLQIGNMISIVVSHSIQTGNQHQA180FSISHTNPLTEKAVASVTLAGNSSLCPIRGWAVHSKDANIRIGSAGDVFVIREP 100
101 FICSHLECR284TFFLTQGALLNDKHSNGTVKDRSPHRTLMSCPVEGEARSPYNSRFESVAWEASACHDGTSWLTIGISGPDNEAVAVLKYNGIITCTIKSWR 200
201 NNILRTQESEACACVNGSCFTVMTDGSPDGGQAS65YKIFKMEKGKVKVKSVELDAPNYHYEECSY254PDA131GEITCVCRDNWHGSRNPWVSNQNLEYQIGYICSG 300
301 VFGDNPRFNDGTGSCGPMSPNCA197GVKGFSEFKYGNVWIGRTKSTNSRSSEFEMIVDPNGWMTGTDSSE198SVKQDIVAITDWSGYSGSFVQHP163ELTGLDCIRP 400
401 CFWVELIRGRPKESTIWTSGSSISFCGVN323SDTVSWSWPDGAELPFTICK 449
    
```



Tabular Display

Peptide Rank	Start Position	Sequence	Score	Predicted Affinity
1	180	NEAVAVLKY	8.686	High
2	284	VSNQNLEY	7.237	High
3	102	ISCSHLECR	6.912	High
4	65	LAGNSSLCP	6.857	High
5	254	YHYEECSY	6.843	High
6	131	DRSPHRTLM	6.689	High
7	197	KSWRNNILR	6.652	High
8	198	SWRNNILRT	6.637	High
9	163	ACHDGTSWL	6.596	High
10	323	AYGVKGFSE	6.100	High
11	374	VAITDWSGY	6.047	High
12	234	KIFKMEKKG	6.030	High
13	186	LKNGIITD	5.989	Intermediate
14	396	DCIRPCFVW	5.932	Intermediate
15	32	IWVSHSIQT	5.797	Intermediate
16	192	ITDTIKSWR	5.758	Intermediate
17	93	DVFVIREPF	5.634	Intermediate
18	128	TVKDRSPHR	5.633	Intermediate
19	331	FKYGNVWVI	5.543	Intermediate
20	429	NSDTVSWSW	5.499	Intermediate
21	265	AGEITCVCR	5.495	Intermediate
22	290	LEYQIGYIC	5.466	Intermediate
23	325	GVKGFSEFKY	5.459	Intermediate
24	211	CACVNGSCF	5.303	Intermediate
25	433	VSWSWPDGA	5.262	Intermediate
26	152	SRFESVAWS	5.205	Intermediate
27	157	VAWSASACH	5.201	Intermediate
28	28	NMISIWVSH	5.168	Intermediate

33	78	AVHSDNNI	4.959	Intermediate
34	230	QASYKIFKM	4.958	Intermediate
35	94	VFVIREPFI	4.943	Intermediate
36	107	LECRTEFLT	4.929	Intermediate
37	343	KSTNSRSGF	4.912	Intermediate
38	151	NSRFESVAW	4.897	Intermediate
39	275	NWHGNSRPW	4.884	Intermediate
40	18	GIVSLMLQI	4.863	Intermediate
41	278	GSNRPWVSF	4.842	Intermediate
42	394	GLDCIRPCF	4.772	Intermediate
43	120	LNDKHSNGT	4.754	Intermediate
44	241	GKVVKSVEL	4.746	Intermediate
45	25	QIGNMISIW	4.737	Intermediate
46	212	ACVNGSCFT	4.729	Intermediate
47	387	VQHPTELGL	4.717	Intermediate
48	402	FWVELIRGR	4.715	Intermediate
49	349	SGFEMIWDP	4.683	Intermediate
50	57	EKAVASVTL	4.633	Intermediate
51	347	SRSGFEMIW	4.622	Intermediate
52	395	LDCIRPCFW	4.502	Intermediate
53	229	GQASYKIFK	4.481	Intermediate
54	130	KDRSPHRTL	4.440	Intermediate
55	407	IRGRPKEST	4.434	Intermediate
56	415	TIWTSGSSI	4.396	Intermediate
57	288	QNLEYQIGY	4.361	Intermediate
58	14	CMVIGIVSL	4.293	Intermediate
59	353	MIWDPNGWT	4.292	Intermediate
60	384	GSFVQHPQL	4.260	Intermediate
61	204	LRTQESECA	4.243	Intermediate
62	431	DTVSWSWPD	4.226	Intermediate
63	269	TCVCRDNWH	4.207	Intermediate
64	401	CFWVELIRG	4.192	Intermediate
65	9	TIGSICMVI	4.183	Intermediate
66	183	VAVLKYNGI	4.160	Intermediate
67	111	TFFLTQ GAL	4.155	Intermediate
68	135	HRTLMSCPV	4.147	Intermediate
69	87	RIGSKGDFV	4.140	Intermediate
70	195	TIKSWRNNI	4.131	Intermediate
71	253	NYHYEESC	4.128	Intermediate
72	4	NQKIITIGS	4.126	Intermediate
73	90	SKGDVFEVIR	4.116	Intermediate
74	104	CSHLECRTE	4.089	Intermediate
75	321	NGAYGVKGF	4.008	Intermediate
76	336	GVWIGRTKS	3.999	Intermediate
77	340	GRTKSTNSR	3.986	Intermediate
78	153	RFESVAWSA	3.942	Intermediate
79	129	VKDRSPHRT	3.938	Intermediate
80	232	SYKIFKMEK	3.924	Intermediate
81	70	SLCPIRGWA	3.886	Intermediate
82	7	IITIGSICM	3.876	Intermediate
83	96	VIREPFISC	3.813	Intermediate
84	392	LTGLDCIRP	3.743	Intermediate
85	272	CRDNWHGNS	3.664	Intermediate
86	50	SNTNPLTEK	3.655	Intermediate
87	31	SIWVSHSIQ	3.644	Intermediate
88	161	ASACHDGTS	3.631	Intermediate
89	142	PVGEAPSPY	3.625	Intermediate
90	218	CFTVMTDGP	3.617	Intermediate
91	71	LCPIRGWAV	3.612	Intermediate
92	368	SVKQDIVAI	3.601	Intermediate
93	274	DNWHGNSRP	3.574	Intermediate
94	348	RSGFEMIWD	3.568	Intermediate
95	196	IKSWRNNIL	3.544	Intermediate
96	11	GSICMVIGI	3.535	Intermediate
97	105	SHLECRTEFF	3.531	Intermediate
98	182	AVAVLKYNG	3.515	Intermediate
99	69	SSLCPIRGW	3.489	Intermediate
100	400	PCFWVELIR	3.483	Intermediate
101	390	PELTGLDCI	3.482	Intermediate

106	146	APSPYNSRF	3.383	Intermediate
107	191	IITDTIKSW	3.379	Intermediate
108	5	QKIITIGSI	3.339	Intermediate
109	199	WRNNILRTQ	3.327	Intermediate
110	289	NLEYQIGYI	3.314	Intermediate
111	417	WTSGSSISF	3.311	Intermediate
112	246	SVELDAPNY	3.290	Intermediate
113	286	FNQNLEYQI	3.277	Intermediate
114	359	GWTGTDSSF	3.262	Intermediate
115	27	GNMISIWVS	3.252	Intermediate
116	404	VELIRGRPK	3.245	Intermediate
117	441	AELPFTIDK	3.210	Intermediate
118	164	CHDGTSWLT	3.207	Intermediate
119	15	MVIGIVSLM	3.195	Intermediate
120	85	NIRIGSKGD	3.170	Intermediate
121	300	GVFGDNPRP	3.167	Intermediate
122	97	IREPFISCS	3.138	Intermediate
123	345	TNSRSGFEM	3.086	Intermediate
124	373	IVAITDWSG	3.068	Intermediate
125	411	PKESTIWTS	3.063	Intermediate
126	375	AITDWSGYS	3.044	Intermediate
127	167	GTSWLTIGI	3.023	Intermediate
128	133	SPHRTLMSC	2.984	Low or undetectable
129	398	IRPCFWVEL	2.929	Low or undetectable
130	237	KMEKGKVVK	2.903	Low or undetectable
131	74	IRGWAVHSK	2.903	Low or undetectable
132	106	HLECRTFFL	2.843	Low or undetectable
133	58	KAVASVTLA	2.841	Low or undetectable
134	367	FSVKQDIVA	2.840	Low or undetectable
135	156	SVAWSASAC	2.837	Low or undetectable
136	206	TQESECACV	2.832	Low or undetectable
137	276	WHGSNRPWV	2.813	Low or undetectable
138	236	FKMEKGKVV	2.786	Low or undetectable
139	16	VIGIVSLML	2.782	Low or undetectable
140	293	QIGYICSGV	2.726	Low or undetectable
141	122	DKHSNGTVK	2.717	Low or undetectable
142	158	AWSASACHD	2.695	Low or undetectable
143	329	FSFKYGNV	2.669	Low or undetectable
144	370	KQDIVAITD	2.662	Low or undetectable
145	80	HSKONNIRI	2.653	Low or undetectable
146	378	DWSGYSGSF	2.650	Low or undetectable
147	406	LIRGRPKES	2.635	Low or undetectable
148	184	AVLKYNGII	2.624	Low or undetectable
149	201	NNILRTQES	2.580	Low or undetectable
150	188	YNGIITDTI	2.569	Low or undetectable
151	59	AVASVTLAG	2.569	Low or undetectable
152	103	SCSHLECRT	2.569	Low or undetectable
153	291	EYQIGYICS	2.558	Low or undetectable
154	193	TDTIKSWRN	2.551	Low or undetectable
155	162	SACHDGTSW	2.535	Low or undetectable

158	67	GNSSLCPIR	2.496	Low or undetectable
159	330	SFKYNGVW	2.493	Low or undetectable
160	251	APNYHYEEC	2.489	Low or undetectable
161	408	RGRPKESTI	2.471	Low or undetectable
162	84	NNIRIGSKG	2.445	Low or undetectable
163	165	HDGTSWLTJ	2.439	Low or undetectable
164	145	EAPSPYNSR	2.434	Low or undetectable
165	260	SCYPDAGEI	2.425	Low or undetectable
166	51	NTNPLTEKA	2.408	Low or undetectable
167	205	RTQSEECAC	2.377	Low or undetectable
168	213	CVNGSCFTV	2.368	Low or undetectable
169	189	NGIITDTIK	2.360	Low or undetectable
170	335	NGVWIGRTK	2.344	Low or undetectable
171	430	SDTVSWSWP	2.342	Low or undetectable
172	244	VKSVELDAP	2.336	Low or undetectable
173	98	REPFISCSH	2.325	Low or undetectable
174	409	GRPKESTIW	2.323	Low or undetectable
175	238	MEKGVVKS	2.310	Low or undetectable
176	365	SSFSVKQDI	2.308	Low or undetectable
177	271	VCRDNWHGS	2.296	Low or undetectable
178	231	ASYKIFKME	2.293	Low or undetectable
179	6	KIITIGSIC	2.281	Low or undetectable
180	76	GWAVHSDKN	2.278	Low or undetectable
181	418	TSGSSISFC	2.257	Low or undetectable
182	334	GNGVWIGRT	2.205	Low or undetectable
183	73	PIRGWAVHS	2.196	Low or undetectable
184	247	VELDAPNYH	2.152	Low or undetectable
185	227	SDGQASYKI	2.136	Low or undetectable
186	403	WVELIRGRP	2.130	Low or undetectable
187	42	NOHQAESIS	2.126	Low or undetectable
188	112	FFLTQGALL	2.115	Low or undetectable
189	2	NPNQKIITI	2.102	Low or undetectable
190	435	WSWPDGAEL	2.075	Low or undetectable
191	64	TLAGNSSLIC	2.074	Low or undetectable
192	332	KYGNVWIG	2.063	Low or undetectable
193	216	GSCFTVMTD	2.053	Low or undetectable
194	264	DAGEITCVC	2.052	Low or undetectable
195	352	EMIWDPNGW	2.050	Low or undetectable
196	123	KHSNGTVKD	2.050	Low or undetectable
197	115	TQGALLNDK	2.039	Low or undetectable
198	280	NRPWVSFNO	2.039	Low or ..

201	354	IWDPNGWTG	1.989	Low or undetectable
202	148	SPYNSRFES	1.984	Low or undetectable
203	242	KVKSVELD	1.963	Low or undetectable
204	47	ESISNTNPL	1.957	Low or undetectable
205	428	VNSDTVSW	1.930	Low or undetectable
206	222	MTDGPSDGQ	1.904	Low or undetectable
207	168	TSWLTIGIS	1.895	Low or undetectable
208	439	DGAELPFTI	1.892	Low or undetectable
209	8	ITIGSICMV	1.891	Low or undetectable
210	86	IRIGSKGDV	1.867	Low or undetectable
211	277	HGSNRPWVS	1.861	Low or undetectable
212	118	ALLNDKHSN	1.856	Low or undetectable
213	114	LTQGALLND	1.853	Low or undetectable
214	341	RTKSTNSRS	1.841	Low or undetectable
215	366	SFSVKQDIV	1.820	Low or undetectable
216	399	RPCFWVELI	1.818	Low or undetectable
217	26	IGNMISIWV	1.813	Low or undetectable
218	81	SKDNNIRIG	1.807	Low or undetectable
219	273	RDNWHGSR	1.790	Low or undetectable
220	48	SISNTNPLT	1.778	Low or undetectable
221	309	NDGTGSCGP	1.763	Low or undetectable
222	410	RPKESTIWT	1.750	Low or undetectable
223	55	LTEKAVASV	1.739	Low or undetectable
224	327	KGFSFKYGN	1.726	Low or undetectable
225	380	SGYSGSFVQ	1.713	Low or undetectable
226	346	NSRSGFEMI	1.701	Low or undetectable
227	285	SFNQLEYQ	1.695	Low or undetectable
228	381	GYSGSFVQH	1.676	Low or undetectable
229	233	YKIFKMEKG	1.662	Low or undetectable
230	350	GFEMIWDPN	1.660	Low or undetectable
231	127	GTVKDRSPH	1.653	Low or undetectable
232	21	SLMLQIGNM	1.651	Low or undetectable
233	420	GSSISFCGV	1.629	Low or undetectable
234	252	PNYHYECS	1.627	Low or undetectable
235	391	ELTGLDCIR	1.613	Low or undetectable
236	266	GEITCVRD	1.609	Low or undetectable
237	13	ICMVGIVS	1.608	Low or undetectable
238	203	ILRTQESEC	1.606	Low or undetectable
239	75	RGWAVHSD	1.605	Low or undetectable
240	270	CVCRDNWHG	1.603	Low or undetectable
241	20	MTCTHUCG	1.504	Low or

244	22	LMLQIGNMI	1.581	Low or undetectable
245	239	EKGKVVKSV	1.568	Low or undetectable
246	372	DIVAITDWS	1.563	Low or undetectable
247	89	GSKGDVFI	1.540	Low or undetectable
248	126	NGTVKDRSP	1.502	Low or undetectable
249	268	ITCVCRDNW	1.496	Low or undetectable
250	351	FEMIWDPNG	1.496	Low or undetectable
251	358	NGWTGTSS	1.471	Low or undetectable
252	299	SGVFGDNPR	1.464	Low or undetectable
253	171	LTIGISGPD	1.453	Low or undetectable
254	144	GEAPSPYNS	1.452	Low or undetectable
255	155	ESVAWSASA	1.448	Low or undetectable
256	174	GISGPDNEA	1.431	Low or undetectable
257	427	GVNSDTVSW	1.426	Low or undetectable
258	109	CRTFFLTQG	1.375	Low or undetectable
259	342	TKSTNSRSG	1.372	Low or undetectable
260	362	GTDSSFSVK	1.346	Low or undetectable
261	1	MNPNQKIIT	1.344	Low or undetectable
262	125	SNGTVKDRS	1.336	Low or undetectable
263	263	PDAGEITCV	1.332	Low or undetectable
264	99	EPFISCSHL	1.319	Low or undetectable
265	95	FVIREPFIS	1.315	Low or undetectable
266	61	ASVTLAGNS	1.308	Low or undetectable
267	220	TVMTDGPSD	1.295	Low or undetectable
268	425	FCGVNSDTV	1.285	Low or undetectable
269	66	AGNSSLCPI	1.264	Low or undetectable
270	45	QAESISNTN	1.262	Low or undetectable
271	30	ISIWVSHSI	1.258	Low or undetectable
272	79	VHSDNNIR	1.246	Low or undetectable
273	294	IGYICSGVF	1.242	Low or undetectable
274	226	PSDQASYK	1.238	Low or undetectable
275	338	WIGRTKSTN	1.232	Low or undetectable
276	301	VFGDNPRPN	1.224	Low or undetectable
277	322	GAYGVKGFSS	1.207	Low or undetectable
278	281	RPWVSFNQN	1.186	Low or undetectable
279	282	PWVSFNQNL	1.142	Low or undetectable
280	185	VLKYNIGIIT	1.127	Low or undetectable
281	316	GPMSFNGAY	1.125	Low or undetectable
282	169	SWLTIGISG	1.114	Low or undetectable
283	82	KDNNIRIGS	1.099	Low or undetectable
284	101	ETSCSUEFC	1.092	Low or undetectable

287	44	HQAESISNT	1.040	Low or undetectable
288	419	SGSSISFCG	1.011	Low or undetectable
289	292	YQIGYICSG	1.009	Low or undetectable
290	318	MSPNGAYGV	0.988	Low or undetectable
291	245	KVELDAPN	0.983	Low or undetectable
292	296	YICSGVFGD	0.978	Low or undetectable
293	150	YNSRFESVA	0.976	Low or undetectable
294	136	RTLMSCPVG	0.955	Low or undetectable
295	313	GSCGPMSPN	0.936	Low or undetectable
296	34	VSHSIQTGN	0.904	Low or undetectable
297	361	TGTSSFSV	0.896	Low or undetectable
298	194	DTIKSWRNN	0.882	Low or undetectable
299	190	GIITDTIKS	0.860	Low or undetectable
300	326	VKGFSFKYG	0.849	Low or undetectable
301	36	HSIQTGNQH	0.838	Low or undetectable
302	60	VASVTLAGN	0.838	Low or undetectable
303	20	VSLMLQIGN	0.790	Low or undetectable
304	243	VVKVELDA	0.788	Low or undetectable
305	63	VTLAGNSSL	0.786	Low or undetectable
306	217	SCFTVMTDG	0.766	Low or undetectable
307	187	KYNGIITDT	0.760	Low or undetectable
308	138	LMSCPVGEA	0.710	Low or undetectable
309	386	FVQHPELTG	0.706	Low or undetectable
310	314	SCGPMSPNG	0.701	Low or undetectable
311	17	IGIVSMLQ	0.699	Low or undetectable
312	160	SASACHDGT	0.698	Low or undetectable
313	38	IQTGNQHQ	0.678	Low or undetectable
314	414	STIWTSGSS	0.671	Low or undetectable
315	149	PYNSRFESV	0.644	Low or undetectable
316	200	RNNILRTQE	0.629	Low or undetectable
317	83	DNNIRIGSK	0.624	Low or undetectable
318	228	DGOASYKIF	0.623	Low or undetectable
319	440	GAELPFTID	0.601	Low or undetectable
320	68	NSSLCPIRG	0.589	Low or undetectable
321	41	GNQHQAESI	0.585	Low or undetectable
322	256	YEECSCYPD	0.581	Low or undetectable
323	436	SWPDGAELP	0.573	Low or undetectable
324	255	HYEECSYP	0.573	Low or undetectable
325	371	QDIVAITDW	0.563	Low or undetectable
326	154	FESVAWSAS	0.554	Low or undetectable
327	382	YSGSFVQHP	0.484	Low or undetectable

330	333	YNGGVWIGR	0.471	Low or undetectable
331	214	VNGSCFTVM	0.452	Low or undetectable
332	423	ISFCGVNSD	0.402	Low or undetectable
333	379	WSGYSGSFV	0.397	Low or undetectable
334	413	ESTIWTSGS	0.380	Low or undetectable
335	181	EAVAVLKYN	0.351	Low or undetectable
336	397	CIRPCFWVE	0.323	Low or undetectable
337	170	WLTIGISGP	0.265	Low or undetectable
338	39	QTGNQHQAE	0.262	Low or undetectable
339	52	TNPLTEKAV	0.260	Low or undetectable
340	437	WPDGAELPF	0.246	Low or undetectable
341	209	SECACVNGS	0.194	Low or undetectable
342	35	SHSIQTGNQ	0.156	Low or undetectable
343	426	CGVNSDTVS	0.118	Low or undetectable
344	117	GALLNDKHS	0.106	Low or undetectable
345	364	DSSFVVKQD	0.049	Low or undetectable
346	324	YGVKGFSEK	0.046	Low or undetectable
347	132	RSPHRTLMS	0.017	Low or undetectable
348	124	HSNGTVKDR	0.011	Low or undetectable
349	37	SIQTGNQHQ	0.000	Low or undetectable
350	259	CSCYPDAGE	-0.014	Low or undetectable
351	72	CPIRGWAVH	-0.041	Low or undetectable
352	304	DNPRPNDGT	-0.066	Low or undetectable
353	312	TGSCGFMSF	-0.098	Low or undetectable
354	92	GDVVFVIREP	-0.106	Low or undetectable
355	139	MSCFVGEAP	-0.122	Low or undetectable
356	179	DNEAVAVLK	-0.132	Low or undetectable
357	219	FTVMTDGPS	-0.153	Low or undetectable
358	432	TVSWSWPDG	-0.227	Low or undetectable
359	53	NPLTEKAVA	-0.246	Low or undetectable
360	62	SVTLAGNSS	-0.252	Low or undetectable
361	202	NILRTQESE	-0.271	Low or undetectable
362	225	GPSDQQASY	-0.280	Low or undetectable
363	424	SFCGVNSDT	-0.317	Low or undetectable
364	306	PRPNDGTGS	-0.331	Low or undetectable
365	421	SSISFCGVN	-0.359	Low or undetectable
366	121	NDKHSNGTV	-0.364	Low or undetectable
367	223	TDGPSDQQA	-0.384	Low or undetectable
368	207	QESECACVN	-0.393	Low or undetectable
369	43	QHQAESISN	-0.401	Low or undetectable
370	376	YTDWSGYSG	-0.445	Low or undetectable

373	54	PLTEKAVAS	-0.492	Low or undetectable
374	3	PNQKIITIG	-0.519	Low or undetectable
375	434	SWSWPDGAE	-0.535	Low or undetectable
376	405	ELIRGRPKE	-0.543	Low or undetectable
377	257	EESCYPDA	-0.567	Low or undetectable
378	116	QGALLNDKH	-0.586	Low or undetectable
379	308	PNDGTGSCG	-0.606	Low or undetectable
380	177	GPDNEAVAV	-0.619	Low or undetectable
381	302	FGDNPRPND	-0.629	Low or undetectable
382	249	LDAPNYHYE	-0.662	Low or undetectable
383	298	CSGVFGDNP	-0.668	Low or undetectable
384	250	DAPNYHYEE	-0.699	Low or undetectable
385	360	WTGTDSSFS	-0.705	Low or undetectable
386	113	FLTQGALLN	-0.751	Low or undetectable
387	77	WAVHSKDNN	-0.766	Low or undetectable
388	33	WVSHSIQTG	-0.818	Low or undetectable
389	141	CFVGEAPSP	-0.836	Low or undetectable
390	49	ISNTNPLTE	-0.865	Low or undetectable
391	416	IWTSGSSIS	-0.880	Low or undetectable
392	393	TGLDCIRPC	-0.906	Low or undetectable
393	175	ISGPDNEAV	-0.914	Low or undetectable
394	339	IGRTKSTNS	-0.935	Low or undetectable
395	305	NPRPNDGTG	-1.006	Low or undetectable
396	172	TIGISGPDN	-1.026	Low or undetectable
397	344	STNSRSGFE	-1.088	Low or undetectable
398	137	TLMSCPVGE	-1.099	Low or undetectable
399	328	GFSFKYGNG	-1.134	Low or undetectable
400	23	MLQIGNMIS	-1.140	Low or undetectable
401	215	NGSCFTVMT	-1.215	Low or undetectable
402	178	PDNEAVAVL	-1.342	Low or undetectable
403	40	TGNQHQAES	-1.381	Low or undetectable
404	320	PNGAYGVKG	-1.396	Low or undetectable
405	143	VGEAPSPYN	-1.425	Low or undetectable
406	261	CYPDAGEIT	-1.441	Low or undetectable
407	315	CGPMSPNGA	-1.471	Low or undetectable
408	119	LLNDKHSNG	-1.474	Low or undetectable
409	355	WDPNGWTGT	-1.522	Low or undetectable
410	91	KGDVFEVIRE	-1.534	Low or undetectable
411	262	YPDAGEITC	-1.543	Low or undetectable
412	438	PDGAEHPFT	-1.610	Low or undetectable
413	422	GTSECGUNS	-1.603	Low or undetectable

416	388	QHPELTGLD	-1.988	Low or undetectable
417	176	SGPDNEAVA	-2.049	Low or undetectable
418	319	SPNGAYGVK	-2.097	Low or undetectable
419	258	ECSCYPDAG	-2.202	Low or undetectable
420	210	ECACVNGSC	-2.211	Low or undetectable
421	310	DGTGSCGPM	-2.300	Low or undetectable
422	100	PFISCSHLE	-2.381	Low or undetectable
423	357	PNGWTGDS	-2.500	Low or undetectable
424	283	WVSFNQMLE	-2.578	Low or undetectable
425	147	PSPYNSRFE	-2.585	Low or undetectable
426	140	SCPVGEAPS	-2.665	Low or undetectable
427	389	HPELTGLDC	-2.738	Low or undetectable
428	307	RPNDGTGSC	-2.786	Low or undetectable
429	221	VMTDGPSPDG	-2.819	Low or undetectable
430	159	WSASACHDG	-2.916	Low or undetectable
431	240	KGKVVKSVE	-2.958	Low or undetectable
432	10	IGSICMVG	-3.023	Low or undetectable
433	356	DPNGWTGTD	-3.053	Low or undetectable
434	297	ICSGVFGDN	-3.230	Low or undetectable
435	311	GTGSCGPMS	-3.305	Low or undetectable
436	208	ESECACVNG	-3.482	Low or undetectable
437	267	EITCVCRDN	-3.763	Low or undetectable
438	303	GDNPRPNDG	-3.855	Low or undetectable
439	173	IGISGPDNE	-4.438	Low or undetectable
440	383	SGSFVQHPE	-4.561	Low or undetectable
441	224	DGPSDGQAS	-5.449	Low or undetectable



TAPPred

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

[Home](#) | [Help](#) | [Information](#) | [Links](#) | [Team](#) | [Contact](#)

Home **Help** **Information** **Links** **Team** **Contact**

Prediction Results

Prediction Approach	Simple SVM
Antigen Name	HA 5 2005
Scanned on	Tue Nov 16 09:17:29 2010
Length of input sequence	568 amino acids
Number of nonamers from input sequence	560

Display I

```

1 MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDITIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDFINVPWSYIVKAN 100
101 PTNDLCYPGSFNDYEEELKHLLSRINHFEEKIIPKSSWSDHEASSGVSSACPYLGSPSFFRNVVWLIKKNSTYPTIKKSYNNNTNQEDLLVLWGIHHPNDA 200
201 AEQTRLRYQNPTTYSIGTSTLNQRLVPKIATRISKVNGQSGRMEFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPEYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGA 300
301 INSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKS NRLVLATGLRNSPQRESRRKKRGLFGAAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGGYAADKESTQKAIDGVTNKVNS 400
401 IIDKMNTQFEAVGREFNLLERRIENLNKIMEDGFLDWWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNCGCFEYHKCDNECMESRN 500
501 GTYNYPQYSEEARLKRREISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLSLWMCNSNGSLQCRICI 568
    
```



Tabular Display

Peptide Rank	Start Position	Sequence	Score	Predicted Affinity
1	158	SFFRNVVWL	9.251	High
2	414	REFNNLERR	8.363	High
3	262	NFIAPEYAY	8.259	High
4	279	AIMKSELEY	8.020	High
5	99	ANPTNDLCY	7.996	High
6	122	SRINHFEEKI	7.978	High
7	205	RLYQNPTTY	7.897	High
8	544	ALAIMMAGL	7.252	High
9	115	EELKHLLSR	7.117	High
10	341	SRRKKRGLF	7.077	High
11	325	NRLVLATGL	6.898	High
12	528	GTQILSIY	6.716	High
13	338	QRESRRKKR	6.598	High
14	15	KSDQICIGY	6.506	High
15	319	PKYVKS NRL	6.385	High
16	362	GMVDGWYGY	6.383	High
17	546	AIMMAGLSL	6.368	High
18	184	NQEDLLVLW	6.305	High
19	240	GRMEFFWTI	6.214	High
20	460	NVKNLYDKV	6.196	High
21	242	MEFFWTILK	6.184	High
22	161	RNVVWLIKK	6.160	High

23	299	GAINSSMPF	5.974	Intermidate
24	421	RRLENLKK	5.973	Intermidate
25	51	KTHNGKLCD	5.940	Intermidate
26	497	SIRNGTYNY	5.925	Intermidate
27	201	AEQTRLYQN	5.916	Intermidate
28	464	LYDKVRLQL	5.851	Intermidate
29	219	STLNQRLVP	5.847	Intermidate
30	200	AAEQTRLYQ	5.786	Intermidate
31	548	MMAGLSLWM	5.783	Intermidate
32	426	LNKKMEDGF	5.738	Intermidate
33	49	LEKTHNGKL	5.680	Intermidate
34	243	EFFWTILKP	5.670	Intermidate
35	313	LTIGCEPKY	5.663	Intermidate
36	238	QSGRMEFFW	5.617	Intermidate
37	285	LEYGNCNTK	5.614	Intermidate
38	343	RKKRGLFGA	5.466	Intermidate
39	125	NHFEKIQII	5.445	Intermidate
40	322	VKSNRLVLA	5.435	Intermidate
41	396	NKVNSIIDK	5.430	Intermidate
42	130	IQIIPKSSW	5.414	Intermidate
43	172	TYPTIKKSY	5.394	Intermidate
44	432	DGFLDVWTY	5.353	Intermidate
45	321	YVKSRLVVL	5.320	Intermidate
46	90	PEWSYIVEK	5.318	Intermidate
47	450	NERTLDFHD	5.255	Intermidate
48	495	MESIRNGTY	5.253	Intermidate
49	199	DAAEQTRLY	5.232	Intermidate
50	237	GQSGRMEFF	5.162	Intermidate
51	224	RLVPKIATR	5.122	Intermidate
52	206	LYQNPTYI	5.108	Intermidate
53	72	SVAGWLLGN	5.101	Intermidate
54	462	KNLYDKVRL	5.095	Intermidate
55	339	RESRRKKRG	5.068	Intermidate
56	500	NGTYNYPQY	5.044	Intermidate
57	292	TKCQTPMGA	5.001	Intermidate
58	476	AKELGNGCF	4.971	Intermidate
59	159	FFRNVVWLI	4.969	Intermidate
60	522	VKLESIGTY	4.967	Intermidate
61	342	RRKKRGLFG	4.946	Intermidate
62	84	DEFINPEW	4.942	Intermidate
63	266	PEYAYKIVK	4.941	Intermidate
64	537	STVASSLAL	4.937	Intermidate
65	401	IIDKMNTQF	4.927	Intermidate
66	516	REIISGVKL	4.907	Intermidate
67	406	NTQFEAVGR	4.887	Intermidate
68	170	NSTYPTIKK	4.828	Intermidate
69	45	AQDILEKTH	4.813	Intermidate
70	427	NKKMEDGFL	4.812	Intermidate
71	86	FINVPEWSY	4.805	Intermidate
72	340	ESRRKKRGL	4.798	Intermidate
73	2	EKIVLLLAI	4.781	Intermidate
74	463	NLYDKVRLQ	4.747	Intermidate
75	157	PSFFRNVVW	4.721	Intermidate
76	307	FHNIHPLTI	4.672	Intermidate
77	411	AVGREFNNL	4.668	Intermidate
78	230	ATRSKVNGQ	4.662	Intermidate
79	466	DKVRLQLRD	4.570	Intermidate
80	233	SKVNGQSGR	4.554	Intermidate
81	418	NLERRIENL	4.539	Intermidate
82	359	GWQGMVDGW	4.527	Intermidate
83	484	FEFYHKCDN	4.521	Intermidate
84	334	RNSFPQRESR	4.520	Intermidate
85	181	NNTNQEDLL	4.509	Intermidate
86	381	AADKESTQK	4.501	Intermidate
87	492	NECMESIRN	4.482	Intermidate

88	277	DSAIMKSEL	4.456	Intermediate
89	335	NSPQRESRR	4.449	Intermediate
90	223	QLVVKIAT	4.444	Intermediate
91	221	LNQRLVPKI	4.403	Intermediate
92	267	EYAYKIVKK	4.328	Intermediate
93	444	LLVLMENER	4.315	Intermediate
94	13	LVKSDQICI	4.306	Intermediate
95	88	NVPEWSYIV	4.247	Intermediate
96	162	NVVWLIKKN	4.245	Intermediate
97	62	GVKPLILRD	4.234	Intermediate
98	360	WQGMVDGWY	4.217	Intermediate
99	112	NDYEELKHL	4.205	Intermediate
100	436	DVWYNAEL	4.197	Intermediate
101	183	TNQEDLLVL	4.185	Intermediate
102	153	YLGSPSFFR	4.185	Intermediate
103	400	SIIDKMNTQ	4.182	Intermediate
104	524	LESIGTYQI	4.178	Intermediate
105	121	LSRINHFEK	4.174	Intermediate
106	539	VASSLALAI	4.168	Intermediate
107	74	AGWLLGNFM	4.157	Intermediate
108	171	STYPTIKKS	4.133	Intermediate
109	40	VTVTHAQDI	4.124	Intermediate
110	438	WTYNAELLV	4.113	Intermediate
111	347	GLFGAIAGF	4.110	Intermediate
112	244	FFWTILKPN	4.107	Intermediate
113	204	TRLYQNPTT	4.103	Intermediate
114	165	WLIKKNSTY	4.095	Intermediate
115	191	LWGIHHPND	4.088	Intermediate
116	68	LRDCSVAGW	4.052	Intermediate
117	550	AGLSLWMC	4.042	Intermediate
118	413	GREFNLER	3.976	Intermediate
119	166	LIKKNSTYP	3.971	Intermediate
120	329	LATGLRNSP	3.897	Intermediate
121	127	FEKIQUIPK	3.877	Intermediate
122	508	YSEEARLKR	3.877	Intermediate
123	475	NAKELGNGC	3.843	Intermediate
124	514	LKREEISGV	3.832	Intermediate
125	512	ARLKREEIS	3.831	Intermediate
126	506	PQYSEEARL	3.830	Intermediate
127	9	AIVSLVKSD	3.829	Intermediate
128	306	PFHNIHPLT	3.820	Intermediate
129	34	TIMEKNVTV	3.792	Intermediate
130	422	RIENLNKKM	3.782	Intermediate
131	97	EKANPTNDL	3.776	Intermediate
132	168	KKNSTYPTI	3.758	Intermediate
133	109	GSFNDYEEL	3.745	Intermediate
134	344	KKRGLFGAI	3.730	Intermediate
135	249	LKPNDAINF	3.718	Intermediate
136	241	RMEFFWTIL	3.717	Intermediate
137	374	NEQSGSYAA	3.697	Intermediate
138	167	IKKNSTYPT	3.686	Intermediate
139	269	AYKIVKKG	3.676	Intermediate
140	217	GTSTLNQRL	3.670	Intermediate
141	448	MENERTLDF	3.663	Intermediate
142	483	CFEFYHKCD	3.661	Intermediate
143	7	LLAIVSLVK	3.650	Intermediate
144	440	YNAELLVLM	3.639	Intermediate
145	27	NSTEQVDTI	3.631	Intermediate
146	145	SGVSSACPY	3.623	Intermediate
147	119	HLLSRINHF	3.612	Intermediate
148	236	NGQSGRMEF	3.600	Intermediate
149	289	NCNTKCQTP	3.588	Intermediate
150	468	VRLQLRDNA	3.585	Intermediate
151	43	THAQDILEK	3.582	Intermediate
152	498	IRNGTYNYP	3.575	Intermediate

153	256	NFESNGNFI	3.548	Intermediate
154	419	LERRIENLN	3.542	Intermediate
155	417	NNLERRIEN	3.540	Intermediate
156	557	CSNGSLQCR	3.529	Intermediate
157	446	VLMENERTL	3.517	Intermediate
158	124	INHFEKIQI	3.507	Intermediate
159	163	VVWLKKNNS	3.504	Intermediate
160	30	EQVDTIMEK	3.491	Intermediate
161	337	PQRESRRKK	3.483	Intermediate
162	501	GTYNYPQYS	3.477	Intermediate
163	461	VKNLYDKVR	3.453	Intermediate
164	439	TYNAELLVL	3.436	Intermediate
165	529	TYQILSIYS	3.427	Intermediate
166	1	MEKIVLLLA	3.416	Intermediate
167	403	DKMNTQFEA	3.407	Intermediate
168	471	QLRDNAKEL	3.356	Intermediate
169	453	TLDFHDSNV	3.319	Intermediate
170	227	PKIATRSKV	3.306	Intermediate
171	274	KKGDSAIMK	3.292	Intermediate
172	8	LAIIVSLVKS	3.291	Intermediate
173	61	DGVKPLILR	3.290	Intermediate
174	302	NSSMPFHNI	3.286	Intermediate
175	515	KREEISGVK	3.285	Intermediate
176	430	MEDGFLDVW	3.284	Intermediate
177	469	RLQLRDNAK	3.268	Intermediate
178	558	SNGSLQCRI	3.265	Intermediate
179	149	SACPYLGSP	3.248	Intermediate
180	399	NSIIDKMNT	3.248	Intermediate
181	482	GCFEFYHKC	3.241	Intermediate
182	146	GVSSACPYL	3.235	Intermediate
183	185	QEDLLVLWG	3.233	Intermediate
184	316	GECPKYVKS	3.222	Intermediate
185	304	SMPFHNIHP	3.211	Intermediate
186	228	KIATRSKVN	3.204	Intermediate
187	459	SNVKNLYDK	3.192	Intermediate
188	397	KVNSIIDKM	3.166	Intermediate
189	222	NQRLVPKIA	3.156	Intermediate
190	260	NGNFIAPEY	3.151	Intermediate
191	70	DCSVAGWLL	3.135	Intermediate
192	188	LLVLWGIHH	3.116	Intermediate
193	293	KCQTPMGAI	3.090	Intermediate
194	437	VWTYNAELL	3.083	Intermediate
195	144	SSGVSSACP	3.080	Intermediate
196	211	TTYISIGTS	3.061	Intermediate
197	220	TLNQRLVPK	3.061	Intermediate
198	323	KSNRLVLAT	3.046	Intermediate
199	556	MCSNGSLQC	3.046	Intermediate
200	137	SWSDHEASS	3.044	Intermediate
201	152	PYLGSPSFF	3.043	Intermediate
202	288	GNCNTKCQT	3.037	Intermediate
203	530	YQILSIYST	3.037	Intermediate
204	386	STQKAIDGV	3.032	Intermediate
205	268	YAYKIVKKG	3.023	Intermediate
206	330	ATGLRNSPQ	3.020	Intermediate
207	113	DYEELKHELL	3.004	Intermediate
208	549	MAGLSLWMC	2.996	Low or undetectable
209	117	LKHLRSRIN	2.985	Low or undetectable
210	415	EFNNLERRI	2.981	Low or undetectable
211	182	NTNQEDLLV	2.977	Low or undetectable
212	148	SSACPYLGS	2.970	Low or undetectable
213	393	GVTNKVNSI	2.944	Low or undetectable

214	560	GSLQCRICI	2.929	Low or undetectable
215	36	MEKNVTVTH	2.915	Low or undetectable
216	87	INVPEWSYI	2.905	Low or undetectable
217	348	LFGAIAGFI	2.897	Low or undetectable
218	442	AELLVLMEN	2.873	Low or undetectable
219	300	AINSSMPFH	2.868	Low or undetectable
220	538	TVASSLALA	2.858	Low or undetectable
221	545	LAIMMAGLS	2.842	Low or undetectable
222	212	TYISIGTST	2.837	Low or undetectable
223	390	AIDGVTNKV	2.836	Low or undetectable
224	131	QIIPKSSWS	2.828	Low or undetectable
225	478	ELGNGCFEF	2.816	Low or undetectable
226	531	QILSIYSTV	2.814	Low or undetectable
227	164	VWLIKKNST	2.814	Low or undetectable
228	320	KYVKSNRLV	2.804	Low or undetectable
229	547	IMMAGLSLW	2.798	Low or undetectable
230	5	VLLLAIVSL	2.794	Low or undetectable
231	190	VLWGIHHPN	2.790	Low or undetectable
232	457	HDSNVKNLY	2.774	Low or undetectable
233	60	LDGVKPLIL	2.752	Low or undetectable
234	331	TGLRNSPQR	2.713	Low or undetectable
235	420	ERRIENLNK	2.712	Low or undetectable
236	3	KIVLLLAIV	2.695	Low or undetectable
237	363	MVDGWYGYH	2.677	Low or undetectable
238	540	ASSLALAIM	2.668	Low or undetectable
239	198	NDAAEQTRL	2.662	Low or undetectable
240	261	GNFIAPEYA	2.655	Low or undetectable
241	309	NIHPLTIGE	2.649	Low or undetectable
242	105	LCYPGSFND	2.638	Low or undetectable
243	271	KIVKGDSDA	2.630	Low or undetectable
244	366	GWYGYHHSN	2.614	Low or undetectable
245	283	SELEYGNCN	2.607	Low or undetectable
246	380	YAADKESTQ	2.605	Low or undetectable
247	264	IAPEYAYKI	2.584	Low or undetectable
248	239	SGRMEFFWT	2.583	Low or undetectable
249	511	EARLKREEI	2.580	Low or undetectable
250	247	TILKPNDAI	2.572	Low or undetectable
251	389	KAIDGVTNK	2.571	Low or undetectable

252	352	LAGFIEGGW	2.564	Low or undetectable
253	525	ESIGTYQIL	2.510	Low or undetectable
254	535	IYSTVASSL	2.509	Low or undetectable
255	202	EQRLYQNP	2.489	Low or undetectable
256	128	EKIQIIPKS	2.483	Low or undetectable
257	210	PTYISIGT	2.475	Low or undetectable
258	213	YISIGTSTL	2.473	Low or undetectable
259	327	LVLATGLRN	2.467	Low or undetectable
260	465	YDKVRLQLR	2.464	Low or undetectable
261	169	KNSTYPTIK	2.432	Low or undetectable
262	65	PLILRDCSV	2.405	Low or undetectable
263	326	RLVLATGLR	2.399	Low or undetectable
264	160	FRNVVWLIK	2.394	Low or undetectable
265	234	KVNGQSGRM	2.391	Low or undetectable
266	78	LGPNMCDEF	2.373	Low or undetectable
267	20	CIGYHANN	2.366	Low or undetectable
268	499	RNGTYNYPQ	2.364	Low or undetectable
269	69	RDCSVAGWL	2.342	Low or undetectable
270	56	KLCDLDGVK	2.339	Low or undetectable
271	39	NVTVTHAQD	2.314	Low or undetectable
272	353	AGFIEGGWQ	2.311	Low or undetectable
273	372	HSNEQSGY	2.302	Low or undetectable
274	472	LRDNAKELG	2.290	Low or undetectable
275	44	HAQDILEKT	2.282	Low or undetectable
276	428	KKMEDGFLD	2.272	Low or undetectable
277	494	CMESIRNGT	2.269	Low or undetectable
278	66	LILRDCSVA	2.251	Low or undetectable
279	126	HFEKIQIIP	2.247	Low or undetectable
280	272	IVKKGDSAI	2.245	Low or undetectable
281	281	MKSELEYGN	2.209	Low or undetectable
282	116	ELKHLLSRI	2.197	Low or undetectable
283	189	LVLWGIHHP	2.175	Low or undetectable
284	368	YGYHHSNEQ	2.169	Low or undetectable
285	554	LWCSNGSL	2.165	Low or undetectable
286	225	LVPKIATRS	2.158	Low or undetectable
287	12	SLVKSQIC	2.154	Low or undetectable
288	91	EWSYIVEKA	2.151	Low or undetectable
289	534	SIYSTVASS	2.151	Low or undetectable

290	23	YHANNSTEQ	2.149	Low or undetectable
291	143	ASSGVSSAC	2.134	Low or undetectable
292	542	SLALAIMMA	2.126	Low or undetectable
293	543	LALAIMMAG	2.101	Low or undetectable
294	384	KESTQKAI	2.073	Low or undetectable
295	255	INFESNGNF	2.057	Low or undetectable
296	527	IGTYQILSI	2.046	Low or undetectable
297	532	ILSIYSTVA	2.042	Low or undetectable
298	151	CPYLGSPSF	2.027	Low or undetectable
299	533	LSIYSTVAS	2.024	Low or undetectable
300	57	LCDLGVKPK	2.022	Low or undetectable
301	175	TIKKSYNNT	1.996	Low or undetectable
302	541	SSLALAIMM	1.974	Low or undetectable
303	52	THNGKLCDL	1.973	Low or undetectable
304	553	SLWCSNGS	1.969	Low or undetectable
305	11	VSLVKSQI	1.946	Low or undetectable
306	509	SEEARLKRE	1.940	Low or undetectable
307	114	YEELKHLIS	1.928	Low or undetectable
308	301	INSSMPFHN	1.917	Low or undetectable
309	48	ILEKTHNGK	1.883	Low or undetectable
310	388	QKAIQVNT	1.883	Low or undetectable
311	106	CYPGSFNDY	1.882	Low or undetectable
312	447	LMENERTLD	1.878	Low or undetectable
313	136	SSWSDHEAS	1.872	Low or undetectable
314	85	EFINPEWS	1.867	Low or undetectable
315	208	QNPTYISI	1.864	Low or undetectable
316	129	KIQIIPKSS	1.844	Low or undetectable
317	382	ADKESTQKA	1.805	Low or undetectable
318	17	DQICIGYHA	1.794	Low or undetectable
319	31	QVDTIMEKN	1.788	Low or undetectable
320	481	NGCFEFYHK	1.783	Low or undetectable
321	4	IVLLLAIVS	1.773	Low or undetectable
322	387	TQKAIQVNT	1.767	Low or undetectable
323	177	KKSYNNTNQ	1.759	Low or undetectable
324	93	SYIVEKANP	1.755	Low or undetectable
325	118	KHLLSRINH	1.753	Low or undetectable
326	33	DTIMEKNVT	1.740	Low or undetectable
327	100	NPTNDLCYP	1.734	Low or undetectable

328	303	SSMPFHNIH	1.703	Low or undetectable
329	215	SIGTSTLNQ	1.695	Low or undetectable
330	178	KSYNNTNQE	1.680	Low or undetectable
331	424	ENLNKKMED	1.679	Low or undetectable
332	521	GVKLESIGT	1.678	Low or undetectable
333	467	KVRLQLRDN	1.678	Low or undetectable
334	94	YIVEKANPT	1.667	Low or undetectable
335	489	KCDNECMES	1.662	Low or undetectable
336	455	DFHDSNVKN	1.657	Low or undetectable
337	263	FLAPEYAYK	1.629	Low or undetectable
338	28	STEQVDTIM	1.629	Low or undetectable
339	82	MCDEFINVP	1.618	Low or undetectable
340	408	QFEAVGREF	1.615	Low or undetectable
341	6	LLLAIIVSLV	1.571	Low or undetectable
342	551	GLSLWMCNS	1.568	Low or undetectable
343	504	NYPQYSEEA	1.564	Low or undetectable
344	76	WLLGNPMCD	1.542	Low or undetectable
345	519	ISGVKLESI	1.535	Low or undetectable
346	434	FLDVWTYNA	1.511	Low or undetectable
347	197	PNDAAEQTR	1.507	Low or undetectable
348	449	ENERTLDFH	1.506	Low or undetectable
349	41	TVTHAQDIL	1.499	Low or undetectable
350	35	IMEKNVTVT	1.490	Low or undetectable
351	110	SFNDYEEKL	1.468	Low or undetectable
352	305	MPFHNIHPL	1.467	Low or undetectable
353	431	EDGFLDVWT	1.457	Low or undetectable
354	445	LVLNENERT	1.454	Low or undetectable
355	273	VKKGDSAIM	1.447	Low or undetectable
356	456	FHDSNVKNL	1.436	Low or undetectable
357	103	NDLCYPGSF	1.429	Low or undetectable
358	345	KRGLFGAIA	1.423	Low or undetectable
359	454	LDHDSNVK	1.419	Low or undetectable
360	395	TNKVNSIID	1.418	Low or undetectable
361	64	KPLILRDCS	1.411	Low or undetectable
362	433	GFLDVWTYN	1.400	Low or undetectable
363	73	VAGWLLGNP	1.384	Low or undetectable
364	383	DKESTQKAI	1.369	Low or undetectable
365	203	QTRLYQNPT	1.369	Low or undetectable

366	174	PTIKKSYNN	1.343	Low or undetectable
367	351	AIAGFIEGG	1.340	Low or undetectable
368	132	IIPKSSWSD	1.334	Low or undetectable
369	407	TQFEAVGRE	1.316	Low or undetectable
370	507	QYSEEARLK	1.316	Low or undetectable
371	333	LRNSPQRES	1.312	Low or undetectable
372	216	IGTSTLNQR	1.305	Low or undetectable
373	452	RTLDFHDSN	1.293	Low or undetectable
374	176	IKKSYNMTN	1.293	Low or undetectable
375	14	VKSDQICIG	1.289	Low or undetectable
376	491	DNECMESIR	1.282	Low or undetectable
377	429	KMEDGFLDV	1.279	Low or undetectable
378	265	APEYAYKIV	1.270	Low or undetectable
379	139	SDHEASSGV	1.242	Low or undetectable
380	354	GFIEGGWQG	1.219	Low or undetectable
381	257	FESNGNFIA	1.201	Low or undetectable
382	336	SPQRESRRK	1.197	Low or undetectable
383	193	GIHHPNDAA	1.192	Low or undetectable
384	523	KLESIGTYQ	1.160	Low or undetectable
385	111	FNDYEELKH	1.158	Low or undetectable
386	510	EEARLKREE	1.135	Low or undetectable
387	314	TIGECPKYV	1.132	Low or undetectable
388	404	KMNTQFEAV	1.115	Low or undetectable
389	559	NGSLQCRIC	1.104	Low or undetectable
390	355	FIEGGWQGM	1.083	Low or undetectable
391	526	SIGTYQILS	1.082	Low or undetectable
392	135	KSSWSDHEA	1.082	Low or undetectable
393	38	KNVTVTHAQ	1.062	Low or undetectable
394	55	GKLCDLDGV	1.014	Low or undetectable
395	410	EAVGREFNN	1.003	Low or undetectable
396	25	ANNSTEQVD	1.002	Low or undetectable
397	141	HEASSGVSS	0.947	Low or undetectable
398	441	NAELLVLME	0.946	Low or undetectable
399	98	KANPTNDLC	0.935	Low or undetectable
400	186	EDLLVLWGI	0.921	Low or undetectable
401	150	ACPYLGSPS	0.897	Low or undetectable
402	356	IEGGWQGMV	0.861	Low or undetectable
403	81	PMCDEFINV	0.825	Low or undetectable

404	486	FYHKCDNEC	0.820	Low or undetectable
405	24	HANNSTEQV	0.809	Low or undetectable
406	58	CDLDGVKPL	0.805	Low or undetectable
407	53	HNGKLCDD	0.742	Low or undetectable
408	503	YNYPOYSEE	0.739	Low or undetectable
409	315	IGECKYVK	0.731	Low or undetectable
410	154	LGSPSFFRN	0.720	Low or undetectable
411	513	RLKREEISG	0.720	Low or undetectable
412	63	VKPLILRDC	0.713	Low or undetectable
413	409	FEAVGREFN	0.712	Low or undetectable
414	214	ISIGTSTLN	0.696	Low or undetectable
415	245	FWTILKPN	0.680	Low or undetectable
416	254	AINFESNGN	0.662	Low or undetectable
417	42	VTHAQDILE	0.644	Low or undetectable
418	218	TSTLNQRLV	0.616	Low or undetectable
419	496	ESIRNGTYN	0.614	Low or undetectable
420	278	SAIMKSELE	0.611	Low or undetectable
421	231	TRSKVNGQS	0.600	Low or undetectable
422	229	IATRSKVN	0.594	Low or undetectable
423	37	EKNVTVTHA	0.585	Low or undetectable
424	71	CSVAGWLLG	0.576	Low or undetectable
425	487	YHKCDNECM	0.557	Low or undetectable
426	18	QICIGYHAN	0.552	Low or undetectable
427	104	DLCYPGSFN	0.523	Low or undetectable
428	96	VEKANPTND	0.518	Low or undetectable
429	379	GYAADKEST	0.516	Low or undetectable
430	26	NNSTEQVDT	0.485	Low or undetectable
431	370	YHHSNEQGS	0.482	Low or undetectable
432	332	GLRNSPQRE	0.433	Low or undetectable
433	367	WYGYHHSNE	0.430	Low or undetectable
434	59	DLDGVKPLI	0.400	Low or undetectable
435	294	CQTPMGAIN	0.369	Low or undetectable
436	365	DGWYGYHHS	0.354	Low or undetectable
437	252	NDAINFESN	0.339	Low or undetectable
438	297	PMGAINSSM	0.325	Low or undetectable
439	32	VDTIMEKNV	0.309	Low or undetectable
440	246	WTILKPNDA	0.266	Low or undetectable
441	373	SNEQSGGYA	0.257	Low or undetectable

442	275	KGDSAIMKS	0.247	Low or undetectable
443	179	SYNNTNQED	0.235	Low or undetectable
444	398	VNSIIDKMN	0.235	Low or undetectable
445	50	EKTHNGKLC	0.220	Low or undetectable
446	142	EASSGVSSA	0.211	Low or undetectable
447	134	PKSSWSDHE	0.209	Low or undetectable
448	479	LGNGCFEFY	0.174	Low or undetectable
449	258	ESNGNFIAP	0.157	Low or undetectable
450	286	EYGNCNTKC	0.120	Low or undetectable
451	324	SNRLVLATG	0.113	Low or undetectable
452	502	TYNYPQYSE	0.105	Low or undetectable
453	77	LLGNPMCDE	0.104	Low or undetectable
454	92	WSYIVEKAN	0.085	Low or undetectable
455	95	IVEKANPTN	0.081	Low or undetectable
456	156	SPSFFRNVV	0.033	Low or undetectable
457	318	CPKYVKSNR	-0.015	Low or undetectable
458	552	LSLWMSNG	-0.032	Low or undetectable
459	207	YQNPTTYIS	-0.050	Low or undetectable
460	311	HPLTIGCEP	-0.070	Low or undetectable
461	378	SGYAADKES	-0.081	Low or undetectable
462	270	YKIVKKGDS	-0.102	Low or undetectable
463	19	ICIGYHANN	-0.108	Low or undetectable
464	536	YSTVASSLA	-0.110	Low or undetectable
465	120	LLSRINHFE	-0.121	Low or undetectable
466	480	GNGCFEFYH	-0.165	Low or undetectable
467	477	KELGNGCFE	-0.184	Low or undetectable
468	308	HNIHPLTIG	-0.184	Low or undetectable
469	518	EISGVKLES	-0.209	Low or undetectable
470	298	MGAINSSMP	-0.259	Low or undetectable
471	291	NTKCQTPMG	-0.297	Low or undetectable
472	290	CNTKCQTPM	-0.320	Low or undetectable
473	192	WGIHHPNDA	-0.342	Low or undetectable
474	102	TNDLCYPGS	-0.345	Low or undetectable
475	328	VLATGLRNS	-0.358	Low or undetectable
476	101	PTNDLCYFG	-0.392	Low or undetectable
477	312	PLTIGCEPK	-0.399	Low or undetectable
478	555	WMCSNGSLQ	-0.403	Low or undetectable
479	364	VDGWYGYHH	-0.425	Low or undetectable

480	10	IVSLVKSQDQ	-0.443	Low or undetectable
481	458	DSNVKNLYD	-0.484	Low or undetectable
482	187	DLLVLWGIH	-0.484	Low or undetectable
483	350	GAIAGFIEG	-0.542	Low or undetectable
484	485	EFYHKCDNE	-0.575	Low or undetectable
485	226	VPKIATRSK	-0.580	Low or undetectable
486	505	YPQYSEAR	-0.586	Low or undetectable
487	375	EQGSGYAAD	-0.603	Low or undetectable
488	232	RSKVNGQSG	-0.609	Low or undetectable
489	473	RDNAKELGN	-0.671	Low or undetectable
490	394	VTNKVNSII	-0.679	Low or undetectable
491	21	IGYHANNST	-0.724	Low or undetectable
492	123	RINHFEKIQ	-0.747	Low or undetectable
493	194	IHHFNDAAE	-0.844	Low or undetectable
494	282	KSELEYGNC	-0.852	Low or undetectable
495	248	ILKPNDAIN	-0.878	Low or undetectable
496	67	ILRDCSVAG	-0.919	Low or undetectable
497	358	GGWQGMVDG	-0.929	Low or undetectable
498	296	TPMGAINSS	-0.930	Low or undetectable
499	280	IMKSELEYG	-0.965	Low or undetectable
500	259	SNGNFLAPE	-0.986	Low or undetectable
501	251	PNDAINFES	-1.003	Low or undetectable
502	361	QGMVDGWYG	-1.043	Low or undetectable
503	470	LQLRDNAKE	-1.067	Low or undetectable
504	75	GWLLGNPMC	-1.070	Low or undetectable
505	253	DAINFESNG	-1.098	Low or undetectable
506	310	IHPLTIGEC	-1.101	Low or undetectable
507	425	NLNKCMEDG	-1.102	Low or undetectable
508	488	HKCDNECME	-1.152	Low or undetectable
509	493	ECMESIRNG	-1.154	Low or undetectable
510	435	LDVWTYNAE	-1.177	Low or undetectable
511	22	GYHANNSTE	-1.191	Low or undetectable
512	180	YNNTNQEDL	-1.227	Low or undetectable
513	317	ECPKYVKS	-1.246	Low or undetectable
514	29	TEQVDTIME	-1.285	Low or undetectable
515	517	EEISGVKLE	-1.293	Low or undetectable
516	79	GNPMCDEFI	-1.299	Low or undetectable
517	392	DGVTNKVNS	-1.314	Low or undetectable

518	46	QDILEKTHN	-1.377	Low or undetectable
519	377	GGGYAADKE	-1.451	Low or undetectable
520	369	GYHHSNEQG	-1.502	Low or undetectable
521	287	YGNCNTKCQ	-1.506	Low or undetectable
522	295	QTPMGAINS	-1.532	Low or undetectable
523	520	SGVKLESIG	-1.536	Low or undetectable
524	173	YPTIKKSYN	-1.570	Low or undetectable
525	357	EGGWQGMVD	-1.615	Low or undetectable
526	16	SDQICIGYH	-1.660	Low or undetectable
527	451	ERTLDFHDS	-1.661	Low or undetectable
528	80	NPMCDEFIN	-1.683	Low or undetectable
529	346	RGLFGALAG	-1.687	Low or undetectable
530	195	HHPNDAAEQ	-1.712	Low or undetectable
531	209	NPTTYISIG	-1.781	Low or undetectable
532	155	GSPSFRRNV	-1.871	Low or undetectable
533	376	QSGGYADK	-2.062	Low or undetectable
534	147	VSSACPYLG	-2.078	Low or undetectable
535	284	ELEYGNCNT	-2.130	Low or undetectable
536	423	IENLNKKME	-2.143	Low or undetectable
537	385	ESTQKAIDG	-2.174	Low or undetectable
538	391	IDGVTNKVN	-2.190	Low or undetectable
539	133	IPKSSWDH	-2.201	Low or undetectable
540	140	DHEASSGVS	-2.302	Low or undetectable
541	402	IDKMNTQFE	-2.304	Low or undetectable
542	47	DILEKTHNG	-2.359	Low or undetectable
543	490	CDNECMESI	-2.364	Low or undetectable
544	276	GDSAIMKSE	-2.504	Low or undetectable
545	405	MNTQFEAVG	-2.563	Low or undetectable
546	474	DNAKELGNG	-2.570	Low or undetectable
547	54	NGKLCDLDG	-2.678	Low or undetectable
548	371	HHSNEQSGG	-2.923	Low or undetectable
549	235	VNGQSGRME	-3.010	Low or undetectable
550	89	VPEWSYIVE	-3.081	Low or undetectable
551	83	CDEFINVPE	-3.148	Low or undetectable
552	443	ELLVLMENE	-3.178	Low or undetectable
553	196	HPNDAAEQT	-3.187	Low or undetectable
554	108	PGSFNDYEE	-3.257	Low or undetectable
555	138	WSDHEASSG	-3.378	Low or undetectable

556	250	KPNDAINFE	-3.495	Low or undetectable
557	349	FGAIGFIE	-3.529	Low or undetectable
558	416	FNNLERRIE	-3.776	Low or undetectable
559	412	VGREFNNLE	-3.944	Low or undetectable
560	107	YPGSFNDYE	-5.349	Low or undetectable

MILIK BERKUSTAWAAN
UNIV. NEGERI PADANG

