



(12) BẢN MÔ TẢ SÁNG CHẾ THUỘC BẰNG ĐỘC QUYỀN SÁNG CHẾ

(19) Cộng hòa xã hội chủ nghĩa Việt Nam (VN) (11)
CỤC SỞ HỮU TRÍ TUỆ



1-0048857

(51)^{2020.01} C07K 14/005; A61P 31/14; A61K 39/00; (13) B
A61K 39/135

(21) 1-2022-00565

(22) 29/06/2020

(67) 2-2022-00048

(86) PCT/KR2020/008478 29/06/2020

(87) WO2020/263062 30/12/2020

(30) 10-2019-0077839 28/06/2019 KR; 10-2019-0077833 28/06/2019 KR

(45) 25/07/2025 448

(43) 25/05/2022 410A

(73) PLUMBLINE LIFE SCIENCES, INC. (KR)

4F, 18, Seocho-daero 34-gil Seocho-gu, Seoul, 06661, Republic of Korea

(72) KIM, Eun Jin (KR); UHM, Tae-Gi (KR); SONG, Kyung-Joo (KR); KIM, Min-Ji (KR); YOUNG, Geun-Young (KR).

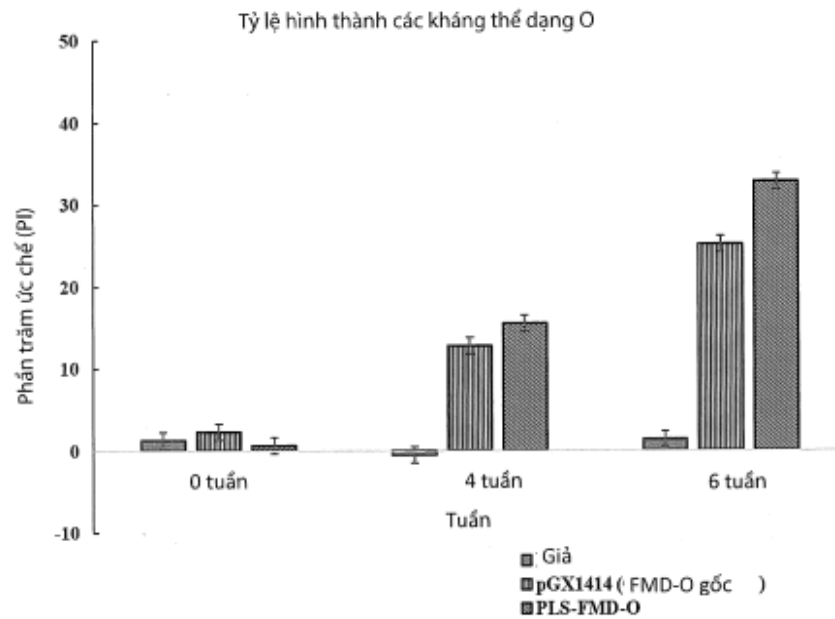
(74) Công ty Cổ phần Sở hữu công nghiệp INVESTIP (INVESTIP)

(54) CHẾ PHẨM VACXIN DÙNG CHO BỆNH LỞ MÒM LONG MÓNG (FOOT-AND-MOUTH DISEASE - FMD), VÀ DƯỢC PHẨM ĐỂ NGĂN NGỪA FMD

(21) 1-2022-00565

(57) Sáng chế đề cập đến polypeptit, polynucleotit, plasmid và chế phẩm vaccin bao gồm chúng, mà có liên quan đến tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD. Ngoài ra, sáng chế đề cập đến dược phẩm để ngăn ngừa FMD bao gồm polypeptit, polynucleotit hoặc plasmid, mà được liên quan trong việc tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD.

[FIG. 5]



Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế đề cập đến polypeptit, polynucleotit, plasmid và chế phẩm vacxin bao gồm chúng, mà có liên quan đến việc tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây bệnh lở mồm long móng. Ngoài ra, sáng chế đề cập đến phương pháp tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây bệnh lở mồm long móng trong đối tượng. Hơn nữa, sáng chế đề cập đến được phẩm để ngăn ngừa bệnh lở mồm long móng bao gồm polypeptit, polynucleotit hoặc plasmid, mà được liên quan trong việc tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây bệnh lở mồm long móng. Sáng chế cũng đề cập đến phương pháp ngăn ngừa bệnh lở mồm long móng trong đối tượng.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Bệnh lở mồm long móng (Foot-and-mouth disease - FMD) là bệnh do virus gây ra mà ảnh hưởng các động vật có móng guốc (Artiodactyla) gồm vật nuôi như trâu bò, lợn, cừu, dê, nai, v.v. và các động vật hoang dã khác, được đặc trưng bởi sự hình thành của các mụn nước trong miệng, mũi, núm vú, móng guốc, v.v. FMD rất dễ lây lan và có tỷ lệ tử vong từ 40% trở lên, điều này làm cho nó trở thành bệnh có ảnh hưởng về mặt kinh tế xã hội. Vì lý do này, tổ chức thế giới về sức khỏe động vật (OIE) đã phân loại và quản lý FMD là bệnh loại A, và ở hầu hết các quốc gia, FMD đã được chỉ định là bệnh truyền

nhiễm loại 1. Ngoài ra, sự bùng phát dịch bệnh của FMD gây thiệt hại nghiêm trọng về kinh tế đã xảy ra ở hầu hết các châu lục trong thập kỷ qua.

Virut gây bệnh lở mồm long móng (Foot-and-mouth disease virus - FMDV) là virut ARN thuộc mạch đơn, mạch có nghĩa mà thuộc giống *Aphthovirus* của họ *Picornaviridae*. Nó không chỉ xâm lấn cao, mà còn có phạm vi lây nhiễm rộng. Thời gian ủ bệnh của nó có thể thay đổi ở mỗi con vật, nhưng là ngắn khoảng 6 đến 10 ngày. Ngoài ra, vì nó được đào thải khỏi cơ thể trước khi xuất hiện bất kỳ triệu chứng lâm sàng nào, sự lan truyền của nó có thể dễ dàng xảy ra. Nó được lây truyền qua các hệ thống hô hấp, tiêu hóa, sinh sản, v.v. Đặc biệt, các virut phát tán qua hệ thống hô hấp có thể lan truyền đến 250 km qua không khí.

Virut gây FMD có thể được phân loại thành 7 kiểu huyết thanh O, A, C, SAT1, SAT2, SAT3 và Asia1 theo trình tự của vùng mã hóa của VP1, mà có nhiều đột biến nhất giữa các vùng gen protein cấu trúc và là quan trọng để xác định tính sinh miễn dịch như sự hình thành của các kháng thể trung hòa. Ngoài ra, mỗi kiểu huyết thanh có thể được phân loại thành khoảng 80 kiểu phụ theo các đặc tính di truyền.

Ở Châu Á gồm Hàn Quốc, Đông Nam Á và Châu Âu, bệnh lở mồm long móng của kiểu huyết thanh O là phổ biến nhất, và do đó vaccin phòng bệnh lở mồm long móng của kiểu huyết thanh O đã được nghiên cứu và tiêm chủng một cách tích cực. Tuy nhiên, vaccin phòng FMD của kiểu huyết thanh O được phát triển cho đến nay không có hiệu quả chống lại virut gây bệnh lở mồm long móng xuất hiện gần đây ở Châu Á gồm Hàn Quốc. Theo đó, nhu cầu phát triển vaccin mới chống lại kiểu huyết thanh O của FMD.

Mặt khác, vì bệnh lở mồm long móng mà chủ yếu xuất hiện ở Hàn Quốc là kiểu huyết thanh O, virus có kiểu huyết thanh A không được điều chế một cách hiệu quả. Tuy nhiên, bệnh lở mồm long móng xảy ra ở Yeoncheon, Korea vào tháng 2 năm 2017 là kiểu huyết thanh A, và nó làm tình hình trở nên nghiêm trọng.

Ngoài ra, kiểu huyết thanh Asia1 được biết là tương đối yếu giữa các kiểu huyết thanh của bệnh lở mồm long móng, nhưng xảy ra một cách liên tục ở Đông Á kể từ khi FMD của kiểu huyết thanh Asia1 được xảy ra ở Trung Quốc trong 2005 (Hammond J. 2009, OIE/FAO World Reference Laboratory report, January-March 2009, Foot-and-mouth Disease. World Reference Laboratory, Pirbright: 1-33). Đây là những virus thuộc kiểu gen nhóm V và được xác nhận có liên quan về mặt di truyền với virus được phân lập ở Ấn Độ (Jong hyun Park, et al., 2008a, "Molecular epidemiological analysis and recent distribution of foot-and-mouth disease in the world", Journal of preventive veterinary medicine). Xét tình hình hiện nay của bệnh lở mồm long móng ở các khu vực xung quanh Hàn Quốc, cần thiết để chuẩn bị cho tình huống mà kiểu huyết thanh Asia1 xâm nhập vào Hàn Quốc bên cạnh kiểu huyết thanh A và O.

Vaccine chống lại virus có kiểu huyết thanh đặc hiệu không có khả năng miễn dịch chống lại các virus có kiểu huyết thanh khác, và có những trường hợp trình tự ADN của hai chủng thuộc cùng một kiểu huyết thanh khác nhau tới 30% tổng số gen. Như vậy, vì virus gây FMD có nhiều kiểu huyết thanh và kiểu phụ, nên vaccine nên được áp dụng riêng lẻ cho từng kiểu huyết thanh. Ngoài ra, khó để phát triển vaccine hiệu quả bởi vì có nhiều đột biến trong một kiểu huyết thanh. Hơn nữa, mặc dù nếu vaccine cho bệnh lở

mồm long móng được tiêm, có nhược điểm là khả năng miễn dịch được duy trì chỉ khoảng vài tháng.

Như đã đề cập ở trên, vacxin chống lại một kiểu huyết thanh của bệnh lở mồm long móng không có khả năng miễn dịch chống lại kiểu huyết thanh khác, và do đó vacxin hóa trị hai hoặc cao hơn nên được tiêm để ngăn ngừa sự xuất hiện đồng thời của hai hoặc nhiều loại virus. Theo đó, nhu cầu đối với vacxin đa hóa trị có khả năng tạo ra các kháng nguyên chống lại hai hay nhiều kiểu huyết thanh bằng một lần tiêm chủng.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Vấn đề kỹ thuật

Một mục đích của sáng chế để cung cấp polypeptit có khả năng tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD, và polynucleotit mã hóa chúng.

Mục đích khác của sáng chế để cung cấp plasmid có khả năng tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD.

Mục đích khác của sáng chế để cung cấp chế phẩm vacxin dùng cho FMD.

Mục đích khác của sáng chế để cung cấp phương pháp tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD trong đối tượng.

Mục đích khác của sáng chế để cung cấp dược phẩm để ngăn ngừa FMD.

Mục đích khác của sáng chế để cung cấp phương pháp ngăn ngừa FMD trong đối tượng.

Giải pháp kỹ thuật

Để đạt được các mục đích trên, khía cạnh của sáng chế cung cấp polypeptit bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO:1 hoặc trình tự axit amin có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó. Trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 hoặc trình tự axit amin có 90% hoặc nhiều hơn sự đồng nhất trình tự với nó có thể là trình tự tương ứng với vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

FIG. 1 thể hiện trình tự axit amin VP1 tái tổ hợp (SEQ ID NO: 1) được điều chế bằng cách thay thế một vài axit amin của kiểu huyết thanh O vaccine FMD ADN VP1.

FIG. 2 thể hiện trình tự nucleotit VP1 tái tổ hợp (SEQ ID NO: 2) được điều chế bằng cách thay thế một vài axit amin của kiểu huyết thanh O vaccine FMD ADN VP1.

FIG. 3 là biểu đồ dạng giản đồ thể hiện quá trình thay thế vùng VP1 của kiểu huyết thanh O hiện có vaccine FMD ADN với trình tự nucleotit VP1 tái tổ hợp mới.

FIG. 4 thể hiện trình tự một phần và vùng của vaccine ADN PLS-FMD-O.

FIG. 5 thể hiện các kết quả của phân tích SPC ELISA của hiệu ứng hình thành kháng thể theo việc dùng của vaccine theo sáng chế ở chuột.

FIG. 6 thể hiện ví dụ của vaccine ADN hóa trị hai theo sáng chế, mà là vaccine đa hóa trị có hiệu quả chống lại các kiểu huyết thanh FMD A và O.

FIG. 7 thể hiện các kết quả của phân tích SPC ELISA của hiệu ứng hình thành kháng thể theo việc dùng của vaccine hóa trị hai ở sáng chế ở chuột.

FIG. 8 thể hiện ví dụ của vaccine ADN hóa trị ba theo sáng chế, mà là vaccine đa hóa trị chống lại một cách hiệu quả các kiểu huyết thanh FMD A, O và Asia1.

FIG. 9 thể hiện các kết quả của phân tích SPC ELISA của hiệu ứng hình thành kháng thể theo việc dùng của vacxin hóa trị ba của sáng chế ở chuột.

Mô tả chi tiết sáng chế

Như được sử dụng ở đây, thuật ngữ “đồng nhất” nghĩa là mức độ mà trình tự polypeptit hoặc polynucleotit nhất định tương ứng, và có thể được biểu thị theo phần trăm. Trong bản mô tả này, sự đồng nhất của trình tự có hoạt tính đồng nhất hoặc tương tự với trình tự polypeptit nhất định có thể được chỉ ra bằng “% đồng nhất.” Sự đồng nhất có thể được xác định bằng việc sử dụng phần mềm chuẩn, ví dụ, BLAST 2,0, mà các tham số máy tính như điểm số, đồng nhất, sự tương tự, v.v., hoặc bằng cách so sánh các trình tự bởi thử nghiệm lai dưới các điều kiện được xác định nghiêm ngặt. Các điều kiện lai ghép thích hợp được định nghĩa có thể được xác định bởi bất kỳ phương pháp được biết với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật.

Trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 được thu bằng cách tái tổ hợp VP1s của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD gần đây được xảy ra ở Châu Á. Polypeptit bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO:1 hoặc trình tự axit amin có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó có thể hoạt động một cách hiệu quả như kháng nguyên có khả năng tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD, trong kiểu huyết thanh O cụ thể.

Theo khía cạnh khác của sáng chế, nó cung cấp polypeptit bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO:1 hoặc trình tự axit amin có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó, và trình tự axit amin của các protein VP2 với VP4 của virus gây FMD.

Tốt hơn là, trong polypeptit, trình tự axit amin của SEQ ID NO:1 hoặc trình tự axit amin có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó có thể được liên kết với các trình tự axit amin tương ứng với các protein VP2, VP3 và VP4 có nguồn gốc từ virus gây FMD. Ví dụ, chúng có thể được liên kết theo thứ tự trình tự axit amin của vùng VP4 – trình tự axit amin của vùng VP2 – trình tự axit amin của vùng VP3 – trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1. Trình tự axit amin của các protein VP2 với VP4 có thể tốt hơn có nguồn gốc từ virus gây FMD, cụ thể kiểu huyết thanh O của virus gây FMD.

(Các) trình tự axit amin bổ sung có thể được gồm giữa mỗi trình tự axit amin. Ví dụ, trình tự axit amin của vị trí phân cắt furin có thể được gồm giữa các trình tự của mỗi vùng VP. Ví dụ, vị trí phân cắt furin có thể là trình tự RGRKRRS, trình tự AGGGGAAGAAAGAGGAGAAGC, hoặc trình tự AGGGGACGCAAGAGGCGCTCA.

Ngoài ra, polypeptit có thể còn bao gồm trình tự Kozak, trình tự dẫn IgE và/hoặc trình tự axit amin 2A. Ví dụ, polypeptit có thể bao gồm trình tự dẫn IgE – trình tự axit amin của vùng VP4 – trình tự axit amin của vùng VP2 – trình tự axit amin của vùng VP3 – trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 – trình tự axit amin 2A (tốt hơn, theo thứ tự trên). Trong trường hợp này, tốt hơn, trình tự axit amin của vị trí phân cắt furin có thể còn được gồm giữa các trình tự của mỗi vùng. Trình tự axit amin 2A có thể là, ví dụ, trình tự axit amin tương ứng với trình tự nucleotit ACCCTGAACTTCGACCTCCTCAAACCTGGCTGGCGATGTGGAAAGCAATCCT GGATGATAA.

Ngoài ra, polypeptit có thể còn gồm polypeptit mà tạo ra phản ứng miễn dịch chống lại hai hoặc nhiều kiểu huyết thanh của các virus gây FMD khác nhau. Ví dụ, nó có thể gồm polypeptit tạo ra phản ứng miễn dịch chống lại 2, 3, 4, 5, 6 hoặc 7 được chọn từ giữa các kiểu huyết thanh O của virus gây FMD, A, C, SAT1, SAT2, SAT3 và Asia1.

Như ví dụ cụ thể của vacxin hóa trị hai, polypeptit có thể bao gồm trình tự dẫn IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - trình tự axit amin 2A. Trình tự axit amin của vị trí phân cắt furin có thể còn được gồm giữa các trình tự của mỗi vùng, ví dụ, trình tự đầu của IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - trình tự axit amin 2A. Loại vacxin hóa trị hai này hai có thể tồn tại khả năng miễn dịch chống lại virus gây FMDs của các kiểu huyết thanh O và A.

Như ví dụ cụ thể của vacxin hóa trị ba, polypeptit có thể bao gồm trình tự dẫn IgE

- vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - trình tự axit amin 2A. Trình tự axit amin của vị trí phân cắt furin có thể còn được gồm giữa các trình tự của mỗi vùng, ví dụ, trình tự đầu của IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vị trí phân cắt furin - trình tự axit amin 2A.

Loại vacxin hóa trị ba này có thể tồn tại khả năng miễn dịch chống lại virus gây FMDs của các kiểu huyết thanh O, A và Asia1.

Tốt hơn là, trong vacxin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1.

Tốt hơn là, trong vacxin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, kiểu huyết thanh A của virus gây FMD là trình tự được bộc lộ trong đơn xin cấp bằng sáng chế Hàn Quốc khác của người nộp số 10-2018-0149242 (ngày nộp đơn: 28 tháng 11 năm 2018).

Đối với ví dụ, trong vacxin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 85 hoặc 86. Các SEQ ID NO: 85 và 86 là các trình tự tái tổ hợp tương ứng với vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD.

Đối với ví dụ khác, trong vacxin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD có thể là hoặc bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 87. Ở đây, trình tự axit amin của vị trí phân cắt furin có thể là còn được bao gồm giữa mỗi vùng VP.

Một khía cạnh của sáng chế cung cấp polynucleotit bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 hoặc trình tự nucleotit có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó.

Ngoài ra, khía cạnh khác của sáng chế cung cấp polynucleotit mã hóa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1. Polynucleotit mã hóa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 có thể là trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2.

Ngoài ra, polynucleotit mã hóa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 có thể là trình tự trong đó trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 được cải biến thành codon được tối ưu hóa cho động vật mà các phản ứng miễn dịch được tạo ra. Động vật có thể là bất kỳ động vật nào mà có thể xảy ra hoặc phát triển FMD, như lợn, gia súc, cừu, v.v., và tốt hơn là lợn.

Một khía cạnh của sáng chế cung cấp plasmid bao gồm polynucleotit bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 hoặc trình tự nucleotit có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó.

Theo khía cạnh khác của sáng chế, nó cung cấp plasmid bao gồm polynucleotit mã hóa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 hoặc trình tự axit amin có 90% hoặc nhiều hơn sự đồng nhất với trình tự SEQ ID NO: 1.

Thuật ngữ “plasmid” có nghĩa là cấu trúc ADN chứa trình tự ADN được liên kết chức năng với trình tự điều hòa phù hợp có khả năng biểu hiện ADN trong vật chủ thích hợp. Plasmid có thể là vector, hạt phage, hoặc đơn giản là bộ gen tiềm năng. Trong bản mô tả này, thuật ngữ plasmid có thể được sử dụng thay thế với nhau với thuật ngữ vector hoặc vector virus.

Plasmid có thể còn bao gồm trình tự nucleotit mã hóa các protein VP2 đến VP4 của virus gây FMD. Plasmid có thể còn gồm trình tự nucleotit mã hóa các protein VP2 đến VP4 của virus gây FMD. Trình tự nucleotit mã hóa các protein VP2 đến VP4 có thể tốt hơn có nguồn gốc từ virus gây FMD, đặc biệt kiểu huyết thanh O của virus gây FMD.

Polynucleotit bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 hoặc trình tự nucleotit có 90% sự đồng nhất hoặc nhiều hơn với nó trong plasmid có thể được liên kết với trình tự nucleotit mã hóa các protein VP2 đến VP4 của virus gây FMD, và tốt hơn có thể được liên kết một cách trình tự với trình tự nucleotit mã hóa các protein VP2, VP3 và VP4 có nguồn gốc từ virus gây FMD. Ví dụ, plasmid có thể bao gồm polynucleotit được liên kết theo thứ tự trình tự nucleotit của vùng VP4 – trình tự nucleotit của vùng VP2 – trình tự nucleotit của vùng VP3 – trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 (theo hướng 5' đến 3').

(Các) trình tự nucleotit bổ sung có thể được gồm giữa trình tự nucleotit của mỗi vùng. Trình tự nucleotit bổ sung có thể là trình tự nucleotit tương ứng với vùng vị trí phân cắt furin. Ví dụ, vị trí phân cắt furin có thể là trình tự AGGGGAAGAAAGAGGAGAAGC, hoặc AGGGGACGCAAGAGGCGCTCA.

Đối với ví dụ được ưu tiên, plasmid có thể bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 3.

Ngoài ra, plasmid có thể còn bao gồm trình tự Kozak, trình tự dẫn IgE và/hoặc trình tự 2A. Ví dụ, plasmid có thể bao gồm trình tự dẫn IgE - trình tự nucleotit của vùng VP4 - trình tự nucleotit của vùng VP2 - trình tự nucleotit của vùng VP3 - trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 - trình tự nucleotit 2A (tốt hơn alf, theo thứ tự trên). Trình tự nucleotit 2A có thể là, ví dụ, trình tự nucleotit ACCCTGAACTTCGACCTCCTCAAAGTGGCTGGCGATGTGGAAAGCAATCCTGGATGATAA.

Ngoài ra, plasmid có thể bao gồm polynucleotit mà tạo ra phản ứng miễn dịch chống lại hai hoặc nhiều kiểu huyết thanh virus gây FMDs khác nhau. Ví dụ, nó có thể gồm polynucleotit tạo ra phản ứng miễn dịch chống lại 2, 3, 4, 5, 6 hoặc 7 được chọn từ giữa kiểu huyết thanh virus gây FMDs O, A, C, SAT1, SAT2, SAT3 và Asia1.

Như ví dụ cụ thể của vaccin hóa trị hai, polynucleotit có thể bao gồm trình tự dẫn IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - trình tự nucleotit 2A. Trình tự nucleotit của vị trí phân cắt furin có thể còn được gồm giữa các trình tự của mỗi vùng, ví dụ, trình tự đầu của IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - trình tự nucleotit 2A. Loại vaccin hóa trị hai này có thể tồn tại khả năng miễn dịch chống lại virus gây FMDs của các kiểu huyết thanh O và A.

Như ví dụ cụ thể của vacxin hóa trị ba, polynucleotit có thể bao gồm trình tự dẫn IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - trình tự nucleotit 2A. Trình tự nucleotit của vị trí phân cắt furin có thể còn được gồm giữa các trình tự của mỗi vùng, ví dụ, trình tự đầu của IgE - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP4 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP3 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD - vị trí phân cắt furin - vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vị trí phân cắt furin - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vị trí phân cắt furin - trình tự

nucleotit 2A. Loại vaccin hóa trị ba này có thể tồn tại khả năng miễn dịch chống lại virus gây FMDs của các kiểu huyết thanh O, A và Asia1.

Tốt hơn là, trong vaccin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1.

Tốt hơn là, trong vaccin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, kiểu huyết thanh A của virus gây FMD là trình tự được bộc lộ trong đơn xin cấp bằng sáng chế Hàn Quốc khác của người nộp số 10-2018-0149242 (ngày nộp đơn: 28 tháng 11 năm 2018).

Đối với ví dụ, trong vaccin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 88, 89 hoặc 90. Các SEQ ID NO: 88, 89 và 90 là các trình tự tái tổ hợp tương ứng với vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD, tương ứng. Đặc biệt, trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 89 là trình tự trong đó trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 88 được tối ưu hóa với codon của lợn.

Đối với ví dụ khác, trong vaccin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD có thể là hoặc bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 91. Ở đây, trình tự nucleotit của vị trí phân cắt furin có thể là còn được bao gồm giữa mỗi vùng VP.

Đối với ví dụ khác, trong vaccin hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết

thanh A của virus gây FMD có thể là hoặc bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO:

92. Ở đây, trình tự nucleotit của vị trí phân cắt furin có thể là còn được bao gồm giữa mỗi vùng VP.

Đối với ví dụ khác, trong vaccine hóa trị hai hoặc hóa trị ba, vùng VP4 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMDsia1 - vùng VP2 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP3 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD - vùng VP1 của kiểu huyết thanh A của virus gây FMD có thể là hoặc bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 94. Ở đây, trình tự nucleotit của vị trí phân cắt furin có thể là còn được bao gồm giữa mỗi vùng VP.

Theo khía cạnh khác của sáng chế, nó cung cấp chế phẩm vaccine dùng cho FMD bao gồm polypeptit, polynucleotit hoặc plasmid của sáng chế.

Trừ khi có quy định khác, polypeptit, polynucleotit, và plasmid trong chế phẩm vaccine dùng cho FMD là giống protein được đề cập ở trên.

Thuật ngữ “vaccine” đề cập đến tác nhân sinh học chứa kháng nguyên gây miễn dịch cho đối tượng. Nghĩa là, vaccine đề cập đến chất gây miễn dịch hoặc kháng nguyên được dùng, ví dụ bằng việc tiêm hoặc sử dụng qua đường uống, đối với người hoặc động vật để ngăn ngừa sự nhiễm, sao cho cung cấp miễn dịch tới đối tượng.

Vaccine có thể là vaccine ADN. Thuật ngữ “vaccine ADN” nghĩa là vaccine mà gây ra phản ứng miễn dịch bằng cách sao chép nhân tạo một số gen từ các mầm bệnh, các virus, v.v. và việc sử dụng giống nhau. Các vaccine ADN này có nhiều ưu điểm hơn các vaccine protein hiện có, gồm các ưu điểm như (i) vaccine ADNs có thể được tổng hợp chỉ

với thông tin di truyền của các kháng nguyên mầm bệnh đích đơn thuần, do đó không cần xử lý mầm bệnh nguy hiểm của nó, (ii) chỉ một số gen được yêu cầu để gây ra độc tính được sử dụng, nên vacxin ADN không thể hiện bất kỳ độc tính không mong muốn khi được dùng vào đối tượng, và (iii) do tính đơn giản về cấu trúc của plasmid DNA, có thể phát triển vacxin bằng phản ứng nhanh với các bệnh nhiễm trùng khác xảy ra đột ngột.

Chế phẩm vacxin dùng cho FMD có thể có khả năng miễn dịch bảo vệ chống lại virus gây FMD, và cụ thể kiểu huyết thanh O của virus gây FMD.

Chế phẩm vacxin của sáng chế có thể bao gồm chất mang được dùng trong thú y. Thuật ngữ “được sử dụng thay thế với nhau với” gồm bất kỳ và tất cả dung môi, môi trường phân tán, các chất phủ, các chất bổ trợ miễn dịch, các chất ổn định, các chất pha loãng, các chất bảo quản, các chất kháng khuẩn, các chất kháng nấm, các chất đẳng trương, các tác nhân trì hoãn sự hấp phụ, v.v. Các ví dụ về chất mang, tá dược và chất pha loãng có thể bao gồm trong chế phẩm vacxin bao gồm lactoza, dextroza, sucroza, sorbitol, mannitol, xylitol, maltitol, tinh bột, glycerin, cao su keo, alginat, gelatin, canxi photphat, canxi silicat, xenluloza, methylxenluloza, xenluloza vi tinh thể, polyvinylpyrrolidon, nước, metylhydroxybenzoat, propylhydroxybenzoat, talc, magnesi stearat và dầu khoáng. Ngoài ra, chế phẩm vacxin của sáng chế có thể được bào chế ở các dạng liều uống như bột, hạt, viên, viên nang, huyền phù, nhũ tương, xirô, sol khí, v.v. hoặc các dung dịch tiêm vô trùng theo phương pháp truyền thống. Khi bào chế chế phẩm vacxin, chế phẩm có thể được điều chế sử dụng bất kỳ chất pha loãng hoặc tá dược

như thường được sử dụng các chất độn, các chất kéo dài, các chất liên kết, các tác nhân làm ướt, các chất tan rã, các chất hoạt động bề mặt, v.v. Đặc biệt tốt hơn là, axit poly-L-Glutamic có thể là được sử dụng để hỗ trợ trong quá trình ổn định.

Chế phẩm vaccin có thể được tiêm vào đối tượng trong các dạng khác nhau. “Tiêm” có thể được thực hiện bởi bất kỳ người nào được chọn từ nhóm chỉ bao gồm tiêm dưới da, tiêm bắp, tiêm trong da, tiêm trong màng bụng, tiêm mũi, tiêm tĩnh mạch, tiêm qua da và sử dụng qua đường uống.

Chế phẩm vaccin có thể bao gồm một hoặc nhiều các chất bổ trợ để cải thiện hoặc tăng cường các phản ứng miễn dịch. Các chất bổ trợ thích hợp gồm peptit, nhôm hydroxit, nhôm photphat, nhôm oxit, dầu khoáng như Marcol 52, dầu thực vật, các chất nhũ hóa, hoặc các chất hoạt động bề mặt như lysolecithin, polycations, polyanions và tương tự.

Một khía cạnh của sáng chế cung cấp chế phẩm vaccin đa hóa trị chống lại virus gây FMD của hai hoặc nhiều kiểu huyết thanh.

Virus gây FMD mà chế phẩm vaccin có khả năng miễn dịch bảo vệ có thể là hai hoặc nhiều, ví dụ, 2, 3, 4, 5, 6 hoặc 7 được chọn từ giữa kiểu huyết thanh virus gây FMDs O, A, C, SAT1, SAT2, SAT3 và Asia1. Đối với một ví dụ cụ thể, virus gây FMD có thể là các kiểu huyết thanh O và A, trong đó trường hợp chế phẩm vaccin có chức năng như vaccin hóa trị hai. Đối với ví dụ khác, virus gây FMD có thể là các kiểu huyết thanh O, A và Asia1, trong đó trường hợp chế phẩm vaccin có chức năng như vaccin hóa trị ba.

Theo khía cạnh khác của sáng chế, nó cung cấp phương pháp tạo ra các phản ứng miễn dịch đối với virus gây FMD trong đối tượng, bao gồm: việc dùng tới đối tượng chế phẩm vaccin của sáng chế.

Trừ khi có quy định khác, chế phẩm vaccin trong phương pháp kích thích các phản ứng miễn dịch là giống như được đề cập ở trên.

Thuật ngữ “phản ứng miễn dịch” đề cập đến sự kích hoạt hệ thống miễn dịch của vật chủ như động vật có vú, để đáp ứng với sự đưa vào của kháng nguyên. Phản ứng miễn dịch có thể là trong dạng đáp ứng miễn dịch tế bào hoặc đáp ứng miễn dịch dịch thể hoặc cả hai.

Thuật ngữ “đối tượng” đề cập đến các động vật gồm người, và có thể là, ví dụ, các động vật có vú, các động vật có móng guốc, và đặc biệt lợn, gia súc, cừu, và tương tự. Nó có thể được sử dụng thay thế với nhau với cá thể.

Trong phương pháp tạo ra các phản ứng miễn dịch, chế phẩm vaccin có thể bao gồm lượng hữu hiệu của các thành phần hoạt tính, nghĩa là, polypeptit tái tổ hợp, polynucleotit tái tổ hợp hoặc plasmid bao gồm tương tự, với chất mang được dùng và/hoặc tá dược. Thuật ngữ “lượng hữu hiệu” có nghĩa là các thành phần của vaccin là trong lượng hữu hiệu để giảm phản ứng miễn dịch đặc hiệu đối với virus gây FMD trong động vật được tiêm chủng. Lượng hữu hiệu có thể được xác định một cách dễ dàng bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật, ví dụ thông qua các thí nghiệm điển hình trên các động vật.

Việc dùng có thể được thực hiện bởi bất kỳ đường phù hợp nào để dùng vaccin ADN, và có thể được thực hiện, ví dụ, bằng cách tiêm dưới da, tiêm bắp, tiêm màng bụng, hoặc tiêm tĩnh mạch.

Tốt hơn là, virus gây FMD là kiểu huyết thanh O của virus gây FMD.

Khía cạnh khác của sáng chế cung cấp phương pháp để ngăn ngừa FMD, tốt hơn kiểu huyết thanh O FMD trong đối tượng, bao gồm việc dùng đến đối tượng chế phẩm vaccin của sáng chế.

Khía cạnh khác của sáng chế cung cấp được phẩm để ngăn ngừa FMD, tốt hơn kiểu huyết thanh O FMD, bao gồm polypeptit, polynucleotit hoặc plasmid theo sáng chế.

Trong phương pháp để ngăn ngừa FMD và được phẩm để ngăn ngừa FMD theo sáng chế, mỗi thuật ngữ có cùng nghĩa như được mô tả ở trên trừ khi có quy định khác.

Thuật ngữ “sự ngăn ngừa” hoặc “ngăn ngừa” đề cập đến bất kỳ hành động nào trong đó FMD bị ngăn chặn hoặc trì hoãn bởi việc dùng chế phẩm theo sáng chế.

Chế phẩm vaccin theo sáng chế có thể cung cấp chế phẩm vaccin ADN thể hiện tính sinh miễn dịch cao với virus gây FMD. Nếu nó được dùng, kháng thể chống lại virus gây FMD được sản xuất ở mức độ cao đáng kể ở cá nhân được tiêm chủng, và theo đó phản ứng miễn dịch được thể hiện một cách hiệu quả. Đặc biệt, có phản ứng miễn dịch bảo vệ tuyệt vời chống lại kiểu huyết thanh O của virus gây FMD, đặc biệt, kiểu huyết thanh O của virus gây FMD được xảy ra gần đây ở Châu Á.

Do đó, khi nó được dùng với cá nhân như lợn hoặc gia súc, tác dụng phòng ngừa tuyệt vời chống lại FMD có thể được nhận.

Ngoài ra, chế phẩm vacxin theo sáng chế có thể được sử dụng trong sự kết hợp với các vacxin hoặc các chất ức chế đối với các kiểu huyết thanh, hoặc các tác nhân FMD khác để điều trị hoặc ngăn ngừa các kiểu huyết thanh FMD khác. Ngoài ra, nó có thể được sử dụng như là vacxin đa hóa trị để ngăn ngừa hai hoặc nhiều các kiểu huyết thanh FMD.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Sau đây, sáng chế được mô tả chi tiết hơn với các ví dụ. Tuy nhiên, các ví dụ là chỉ minh họa sáng chế, và phạm vi của sáng chế không được giới hạn ở đó.

Ví dụ 1. Phân tích trình tự của kiểu huyết thanh O của FMDV

Từ trang web WRLFMD (World Reference Laboratory for Foot-and-Mouth Disease), các báo cáo ME (Molecular epidemiology reports) được nghiên cứu trên vùng VP1 của kiểu huyết thanh O của virus gây FMD xảy ra gần đây ở châu Á.

Vùng VP1 của virus gây FMD có nhiều đột biến nhất giữa các vùng gen của protein cấu trúc P1 của virus gây FMD và là vị trí quan trọng để xác định tính sinh miễn dịch, như việc hình thành các kháng thể trung hòa.

Việc nghiên cứu được tiến hành trên 21 quốc gia gồm Bangladesh, Bhutan, Campuchia, Trung Quốc, Hồng Kông, Indonesia, Ấn Độ, Nhật Bản, Lào, Malaysia, Mongolia, Myanmar, Nepal, Philippines, Nga, Singapore, Hàn Quốc, Sri Lanka, Đài Loan, Thái Lan và Việt Nam.

(1) Campuchia

Bảng 1

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2016	VIT/47/2013	KY492072	96,7%	ME-SA	PanAsia
	VIT/46/2013	KX944731	96,7%	ME-SA	PanAsia
	VIT/51/2013	KY492073	96,4%	ME-SA	PanAsia
	VIT/12/2014	KY492074	96,5%	ME-SA	PanAsia
	VIT/13/2013	KX944715	96,5%	ME-SA	PanAsia
	VIT/15/2013	KX944717	96,5%	ME-SA	PanAsia
	VIT/32/2013	KX944725	96,5%	ME-SA	PanAsia
2015	CAM/01/2010	KR401196	95,7%	ME-SA	PanAsia
	CAM/03/2010	KR401197	95,7%	ME-SA	PanAsia
	VIT/20/2010	KR401207	95,7%	ME-SA	PanAsia

(2) Trung Quốc

Bảng 2

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2018	GZSD/CHA/2018	MG840803	100%	CATHAY	

	MYA/9/2017	MG972523	97,5%	ME-SA	Ind-2001
2017	XJBC/CHA/2017	KY696708	100%	ME-SA	Ind-2001
	XJPS/CHA/2017	KY696707	100%	ME-SA	Ind-2001
2016	SCGH/CHA/2016	KX161429	100%	CATHAY	
2013	HN/CHA/HK212/201	KU204893	100%	CATHAY	
	3				
	GD/CHA/JH12/2013	KU204894	100%	CATHAY	

(3) Hồng Kông

Bảng 3

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2015	O/HKN/1/2013	KM243172	96,7%	CATHAY	
2014	HKN/3/2011	KM243166	97,5%	CATHAY	
	HKN/4/2011	KM243165	97,3%	CATHAY	
	HKN/26/2010	KM243164	96,7%	CATHAY	

(4) Indonesia: Được công bố không có FMD năm 1986

(5) Nhật Bản

Bảng 4

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
-----	-------	------------	-----	-----------------------------	-------

2010	O/JPN/MZ1/2010	AB618503	100%	SEA	Mya-98
	O/TZ/CHA/2010	HQ652081	99,5%	SEA	Mya-98
	O/CHA/31/2010	JF792356	99,3%	SEA	Mya-98
	O/BY/CHA/2010	JN998085	99,2%	SEA	Mya-98
	O/HKN/7/2010	JQ070303	99,2%	SEA	Mya-98

(6) Lào

Bảng 5

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2016	MYA/2496/2015	KY399470		ME-SA	Ind-2001d
2015	IND189/2013	KM264361	98,6%	ME-SA	Ind-2001d
	IND205/2013	KM264362	98,4%	ME-SA	Ind-2001d
	UAE/2/2014	KM921878	98,4%	ME-SA	Ind-2001d

(7) Malaysia

Bảng 6

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2016~2018	Zabaikalskiy/3/RUS/2016	MG972584	99,2%	ME-SA	Ind-2001
	SKR/1/2017	MG972599	99,1%	ME-SA	Ind-2001

	Zabaikalskiy/2/RUS/2016	MG972583	99,1%	ME-SA	Ind-2001
	BAN/GKa-236(pig)/2015	KX712091	99,1%	ME-SA	Ind-2001

(8) Mongolia

Bảng 7

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2017~2018	VIT/05/2011	KT153087	99,4%	ME-SA	PanAsia
	VIT/5/2011	KR401211	99,7%	ME-SA	PanAsia
	MAY/2/2014	KY322671	99,4%	SEA	Mya-98
	MOG/BU/2-7/2015	LC320038	98,9%	ME-SA	Ind-2001
	Zabaikalskiy/3/RUS/2016	MG972584	98,7%	ME-SA	Ind-2001
	XJBC/CHA/2017	KY696708	98,7%	ME-SA	Ind-2001
	XJ/CHA/2017	MF461724	98,7%	ME-SA	Ind-2001
	VIT/20/2016	MG972619	98,6%	ME-SA	Ind-2001
	VIT/13/2013	KX944715	98,1%	ME-SA	PanAsia

(9) Myanmar

Bảng 8

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi	Giống
-----	-------	------------	-----	------------	-------

				cùng điểm gốc	
2017	MYA/9/2017	MG972523	100%	ME-SA	Ind-2001
	MYA/6/2017	MG972521	100%	ME-SA	Ind-2001
	MYA/19/2017	MG972529	100%	ME-SA	Ind-2001
	MYA/1/2017	MG972517	100%	SEA	Mya-98
	MYA/4/2017	MG972519	100%	SEA	Mya-98
	MYA/5/2017	MG972520	100%	SEA	Mya-98
2016	NEP/6/2016	KY449054	99,2%	ME-SA	Ind-2001
	NEP/17/2015	KY449050	99,2%	ME-SA	Ind-2001
	NEP/19/2015	KY449051	99,2%	ME-SA	Ind-2001

(10) Philippines: Không có trường hợp nào của FMD được ghi nhận từ tháng 12

2005

(11) Nga

Bảng 9

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2018~2019	XJPS/CHA/2017	KY696707	97%	ME-SA	Ind-2001
2016	Zabaikalskiy/1/RUS/2016	MG983720	100%	ME-SA	Ind-2001d
	Zabaikalskiy/2/RUS/2016	MG972583	100%	ME-SA	Ind-2001d

	Zabaikalskiy/3/RUS/2016	MG972584	100%	ME-SA	Ind-2001d
	Zabaikalskiy/4/RUS/2016	MG972585	100%	ME-SA	Ind-2001d

(12) Singapore: Không có FMD năm 1973

(13) Hàn Quốc

Bảng 10

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2019	XJPS/CHA/2017	KY696707	97%	ME-SA	Ind-2001
2017	SKR/1/2017	MG972599	100%	ME-SA	Ind-2001
	SKR/2/2017	MG972600	100%	ME-SA	Ind-2001
	170205/SKR/2017	SKR/1,2/2017 100%	100%	ME-SA	Ind-2001
	Zabaikalskiy/1/RUS/2016	MG983720	99,4%	ME-SA	Ind-2001
	Zabaikalskiy/2/RUS/2016	MG972583	99,4%	ME-SA	Ind-2001

(14) Đài Loan

Bảng 11

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2013	O/TAW/1/2009	KM243161	96,9%	CATHAY	
	O-TW-258-2009	GQ292740	96,9%	CATHAY	
2012	O/NC/CHA/2010	HQ652080	97,2%	SEA	Mya-98

	O/HKN/1/2010	JQ070301	97%	SEA	Mya-98
	O/VN/YB10/2010	HQ260720	96,7%	SEA	Mya-98

(15) Thái Lan

Bảng 12

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2017~201 8	Zabaikalskiy/3/RUS/2016	MG972584	98,6%	ME-SA	Ind-2001
	MYA/1/2017	MG972517	98,6%	ME-SA	Ind-2001
	MYA/9/2017	MG972523	98,4%	ME-SA	Ind-2001
	BAN/GKa-236(pig)/2015	KX712091	98,4%	ME-SA	Ind-2001
	SKR/2/2017	MG972600	98,4%	ME-SA	Ind-2001
2016	TAI-269-2-2016	MG972602		ME-SA	Ind-2001
	TAI-225-2016R3	MG972601		ME-SA	Ind-2001

(16) Việt Nam

Bảng 13

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2016~2017	NEP/15/2015	MG972547	98,9%	ME-SA	Ind-2001
	Zabaikalskiy/3/RUS/2016	MG972584	98,6%	ME-SA	Ind-2001

	VIT/20/2016	MG972619	97,3%	CATHAY	
	VIT/13/2013	KX944715	96,7%	ME-SA	PanAsia
	VIT/8338/2017	MH891503			
	MYA/4/2017a	MG972519			
	VIT/36/2013	KX944726		CATHAY	

(17) Bangladesh

Bảng 14

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2009	BAN/1/2009	HQ630676	100%	ME-SA	Ind-2001

(18) Bhutan

Bảng 15

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2017~2018	NEP/2/2017	MG972582	99,8%	ME-SA	Ind-2001d
	NEP/36/2016	MG972578	99,8%	ME-SA	Ind-2001d
	UAE/1/2015	MG972605	98,9%	ME-SA	Ind-2001
	BAN/TG/Ba- 268/2015	KY077621		ME-SA	Ind-2001d
2015~2016	BAN/NL/Lo-	KY077611	99,7%	ME-SA	Ind-2001d

	245/2015				
	NEP/6/2016	KY449054	99,1%	ME-SA	Ind-2001d
	BAR/15/2015	MG972473	98,9%	ME-SA	Ind-2001d
	IND205/2013	KM264362	98,6%	ME-SA	Ind-2001d

(19) Ấn Độ: Không có

(20) Nepal

Bảng 16

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
2017	NEP/2/2017	MG972582	100%	ME-SA	Ind-2001
	NEP/1/2017	MG972581	100%	ME-SA	Ind-2001
	NEP/7/2016	KY449055	100%	ME-SA	Ind-2001
	BHU/18/2009	KM921822	94,5%	ME-SA	Ind-2001
2016	NEP/20/2016	MG972564	100%	ME-SA	Ind-2001
	NEP/25/2016	MG972568	100%	ME-SA	Ind-2001
	NEP/30/2016	MG972572		ME-SA	Ind-2001

(21) Sri Lanka

Bảng 17

Năm	Virut	Sự bổ sung	%Id	Vật mẫu đi cùng điểm gốc	Giống
-----	-------	------------	-----	--------------------------------	-------

2018	BAN/GKa-236(pig)/2015	KX712091	98,3%	ME-SA	Ind-2001
	Zabaikalskiy/3/RUS/2016	MG972584	98,1%	ME-SA	Ind-2001
2016~2017	SRL/2/2014	MF947475	98,7%	ME-SA	Ind-2001d
	SRL/1/2014	MF947474	98,7%	ME-SA	Ind-2001d
	SRL/6/2014	MF947478	98,7%	ME-SA	Ind-2001d
	SRL/9/2014	MF947481	98,6%	ME-SA	Ind-2001d

Từ các kết quả báo cáo ME, chúng tôi chọn các chủng virus mà thông tin trình tự có thể tìm thấy trong NCBI GeneBank. Kết quả là, tổng 81 chủng virus được chọn, và sau đó trình tự nucleotit của VP1 của các virus này được chuyển thành các trình tự axit amin. Các SEQ ID NO: 4 đến 84 là tương ứng được chỉ định với trình tự axit amin VP1 của virus được chọn.

Bảng 18

Virut	Trình tự axit amin VP1
AB618503 (JPN/MZ1/2010) (SEQ ID NO: 4)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPSHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLPNVRG DLQVLAPKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA EAYCPRPLLAVHPSAARHKQKIVAPVKQSL
MF461724 (XJ/CHA/2017)	TTSTGESADPVT TTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 5)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MF947474 (SRL/1/2014) (SEQ ID NO: 6)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
MF947475 (SRL/2/2014) (SEQ ID NO: 7)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLTIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
MF947478 (SRL/6/2014) (SEQ ID NO: 8)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA

	ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
MF947481 (SRL/9/2014) (SEQ ID NO: 9)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
MH891503 (VIT/8338/2017) (SEQ ID NO: 10)	TTATGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG840803 (GZSD/CHA/2018) (SEQ ID NO: 11)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVAFILD RFVKVKPQEQVNVLDLMQVPAHTLVGALLRTATYYF SDLELAVKHEGDLTWVPNGAPETALDNNTNPTAYHK EPLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDASANNVRG DLHVLA KNAERTLPTSFN YGAIKAAARVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIQPNTARHKQKIVAPAKQLL
MG972473 (BAR/15/2015)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 12)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEVALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
MG972517 (MYA/1/2017) (SEQ ID NO: 13)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972519 (MYA/4/2017) (SEQ ID NO: 14)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARALPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKR AETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972520 (MYA/5/2017) (SEQ ID NO: 15)	TTSTGETADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEVALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVIPELLYRMKRA

	ETYCPRLLAIHPAQARHKQKIVAPVKQLL
MG972523 (MYA/9/2017) (SEQ ID NO: 16)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDVMQTPAHTLVGALLRTATYYF ADLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHK APLTRALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVR GDLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKR AETYCPRLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972521 (MYA/6/2017) (SEQ ID NO: 17)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DKEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHK APLTRALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVR GDLQVLAQKAARALPTSFNYGAIKATRVTELLYRMK GAETYCPRLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972529 (MYA/19/2017) (SEQ ID NO: 18)	TTSTGETADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEVALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVIELLYRMKRA ETYCPRLLAIHPAQARHKQKIVAPVKQLL
MG972547 (NEP/15/2015)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 19)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972564 (NEP/20/2016) (SEQ ID NO: 20)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR AETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972568 (NEP/25/2016) (SEQ ID NO: 21)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQALAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR AETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972572 (NEP/30/2016) (SEQ ID NO: 22)	TTSTGESADPVTTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA

	ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972578 (NEP/36/2016) (SEQ ID NO: 23)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPENQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972581 (NEP/1/2017) (SEQ ID NO: 24)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPENQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972582 (NEP/2/2017) (SEQ ID NO: 25)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPENQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972583 (Zabaikalskiy/2	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

/RUS/2016) (SEQ ID NO: 26)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972584 (Zabaikalskiy/3 /RUS/2016) (SEQ ID NO: 27)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972585 (Zabaikalskiy/4 /RUS/2016) (SEQ ID NO: 28)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972599 (SKR/1/2017) (SEQ ID NO: 29)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA

	ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972600 (SKR/2/2017) (SEQ ID NO: 30)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972601(TAI-225- 2016R3) (SEQ ID NO: 31)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQAQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDVMQTPAHTLVGALLRTATYYF ADLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHK APLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVR GDLQVLAQKVARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKR AETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQCL
MG972602(TAI-269-2- 2016) (SEQ ID NO: 32)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQAQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDVMQTPAHTLVGALLRTATYYF ADLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHK APLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGE GAVTNVR GDLQVLAQKVARTLPTSFN YGAIKATRVTELLYRMKR AETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972605 (UAE/1/2015)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 33)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG972619 (VIT/20/2016) (SEQ ID NO: 34)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEVALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
MG983720 (Zabaikalskiy/1/RUS/2016) (SEQ ID NO: 35)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
GQ292740 (O-TW-258-2009) (SEQ ID NO: 36)	TTSAGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDIAFILD RFVKVKPEDEVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPVAALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDTSTNNVRGD LQVLARKTERTLPTSFNFGAIKAARVTTELLYRMKRAE

	TYCPRLLAIQPSSARHKQRIVAPAKQLL
HQ260720 (O/VN/YB10/2010) (SEQ ID NO: 37)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPPHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLTNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRLLAVHPSAARHKQKIVAPVKQSL
HQ630676 (BAN/1/2009) (SEQ ID NO: 38)	TTSTGESADPVT TTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVAPGDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYF ADLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHK APLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESDVTNVR GDLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKR AETYCPRLLAIHPSQARHKQKIVAPVKQLL
HQ652080 (NC/CHA/2010) (SEQ ID NO: 39)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPPHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHKGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHK APLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLTNVR GDLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKR AETYCPRLLAVHPSAARHKQKIVAPVKQSL
HQ652081 (TZ/CHA/2010)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPSHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 40)	DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLPNVRG DLQVLAPKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA EAYCPRPLLAHVHPSAARHKQKIVAPVKQSL
JF792356 (CHA/31/2010) (SEQ ID NO: 41)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPSHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAHVHPSAARHKQKIVAPVKQSL
JN998085 (BY/CHA/2010) (SEQ ID NO: 42)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPSHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAHVHPSAARHKQKIVAPVKQSL
JQ070301 (HKN/1/2010) (SEQ ID NO: 43)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQAPPHTLVGALLRAATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNYKYAGGSLTNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA

	ETYCPRPLLA VHPSAARHKQKIVAPVKQSL
JQ07030 (HKN/7/2010) (SEQ ID NO: 44)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDSINVLDLMQTPPHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAGGSLPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLA VHPSAARHKQKIVAPVKQSL
KM921822 (BHU/18/2009) (SEQ ID NO: 45)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESDVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLA IHPSQARHKQKIVAPVKQLL
KM921878 (UAE/2/2014) (SEQ ID NO: 46)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLA IHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KM243127 (PHI/1/2005)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQTQRRQHTDIAFILDR FVKVKPKEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFSD

(SEQ ID NO: 47)	LELAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKEP LTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSSKYGDASTNNVRGD LQVLAQKTERTLPTSFNFGAIKATRVTPELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSDARHKQKIVAPAKQLL
KM243128 (PHI/1/2005) (SEQ ID NO: 48)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQTQRRQHTDIAFILDR FVKVKPKEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFSD LELAVKHEGDLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKEP LTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSSKYGDASANNVRGD LQVLAQKTERTLPTSFNFGAIKATRVTPELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSDARHKQKIVAPTKQLL
KM243131 (PHI/3/2005) (SEQ ID NO: 49)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQTQRRQHTDIAFILDR FVKVKPKEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFSD LELAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKEP LTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSSKYGDASTNNVRGD LQVLAQKTERTLPTSFNFGAIKATRVTPELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSDARHKQKIVAPAKQLL
KM243161 (TAW/1/2009) (SEQ ID NO: 50)	TTSAGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDIAFILDR RFVKVKPEDEVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPVAALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSSKYGDTSTNNVRGD LQVLARKTERTLPTSFNFGAIKAARVTPELLYRMKRAE

	TYCPRPLLAIQPSSARHKQRIVAPAKQLL
KM243164 (HKN/26/2010) (SEQ ID NO: 51)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVA FILD RFVKVKPQEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDASNTNVRGD LRELAQKTERTLPTSFNYGAIKATRVT ELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSTARHKQRIVAPAKQLL
KM243165 (HKN/3/2011) (SEQ ID NO: 52)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVA FILD RFVKVKPQEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDASNTNVRGD LRELAQKAERTLPTSFNYGAIKATRVT ELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSTARHKQKIVAPAKQLL
KM243166 (HKN/4/2011) (SEQ ID NO: 53)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVA FILD RFVKVKPQEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDASNTNVRGD LRELAQKAERTLPTSFNYGAIKATRVT ELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSTARHKQKIVAPAKQLL
KM243172 (HKN/1/2013)	TTSVGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVA FILD RFVKVKPQEQVNVLDLMQVPAHTLVGALLRTATYYF

(SEQ ID NO: 54)	SDLELAVKHEGDLTWVPNGAPEAALNNTTNPTAYHK EPLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDASNTDVRG DLRELAQKVERTLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAIQPSTARHKQKIVAPAKQLL
KM264361 (IND189/2013) (SEQ ID NO: 55)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KM264362 (IND205/2013) (SEQ ID NO: 56)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESNVPNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVTPELLYRMKRA ETYCPRPLLAHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KR401196 (CAM/01/2010) (SEQ ID NO: 57)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPV TNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR

	AETYCPRLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQ
KR401197 (CAM/03/2010) (SEQ ID NO: 58)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLDMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTVNRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR AETYCPRLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQ
KR401207 (VIT/20/2010) (SEQ ID NO: 59)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLDMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTVNRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR AETYCPRLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQ
KR401211 (VIT/5/2011) (SEQ ID NO: 60)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVRRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLDMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTVNRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR AETYCPRLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQ
KT153087 (VIT/05/2011)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVRRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLDMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 61)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATQVTELLYRMKR AETYCPRPLLAHPSEARHKQKIVAPVKQ
KU204893 (HN/CHA/HK212/2013) (SEQ ID NO: 62)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVA FILD RFVKVKPQEHVNVLDLMQIPAHTLVGALLRAATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSNKYGDASANNIRGD LHVLA KNAERTLPTSFNYGAIKAARVTELLYRMKRAE TYCPRPLLAIQPSTARHKQKIVAPAKQLL
KU204894 (GD/CHA/JH12/2013) (SEQ ID NO: 63)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVA FILD RFVKVKPQEQVNVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSSKYGDASANNVRG DLHVLA KNAERTLPTSFNYGAIKAVRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIQPSTARHKQKIVAPAKQLL
KX944715 (VIT/13/2013) (SEQ ID NO: 64)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVS FILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATR VTELLYRMKRA

	ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KX944717 (VIT/15/2013) (SEQ ID NO: 65)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KX161429 (SCGH/CHA/2016) (SEQ ID NO: 66)	TTSAGESADPVT TTTVENYGGGETQAQRRQHTDVAFILD RFVKVKPQEQINVLDLMQIPAHTLVGALLRTATYYFS DLELAVKHEGDLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKE PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGSNKYGDTSANNVRG DLHVLAKNAERTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLATQPSTDRHKQKIVAPAKQLL
KX712091 (BAN/GKa- 236(pig)/2015) (SEQ ID NO: 67)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KX944725 (VIT/32/2013)	TTSTGESADPVTATVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 68)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KX944726 (VIT/36/2013) (SEQ ID NO: 69)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KX944731 (VIT/46/2013) (SEQ ID NO: 70)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KY077611 (BAN/NL/Lo-245/2015) (SEQ ID NO: 71)	TTSTGESADPVT TTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTTELLYRMKRA

	ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQ
KY077621 (BAN/TG/Ba-268/2015) (SEQ ID NO: 72)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVT ELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KY322671 (MAY/2/2014) (SEQ ID NO: 73)	TTSAGESADPVTATVENYGGETQVQRRHHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPSHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGDLTWVPNGAPETALENTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYAEGSLTNVRG DLQVLAQKAARPLPTSFNYGAIKATRVT ELLYRMKRA ETYCPRLLAVHPDQSRHKQKIVAPVKQ
KY492072 (VIT/47/2013) (SEQ ID NO: 74)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPV TNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVT ELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KY492073 (VIT/51/2013)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA

(SEQ ID NO: 75)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KY492074 (VIT/12/2014) (SEQ ID NO: 76)	TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCRYGASPVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPSEARHKQKIVAPVKQLL
KY399470 (MYA/2496/2015) (SEQ ID NO: 77)	TTSTGEYADPVT TTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHP EQARHKQKIVAPVKQLL
KY449050 (NEP/17/2015) (SEQ ID NO: 78)	TTSTGESADPVT TTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA

	ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KY449051 (NEP/19/2015) (SEQ ID NO: 79)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKH EGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKY GEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVT ELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KY449054 (NEP/6/2016) (SEQ ID NO: 80)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKH EGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKY GEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVT ELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KY449055 (NEP/7/2016) (SEQ ID NO: 81)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKH EGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKY GEGAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFN YGAIKATRVT ELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KY696707 (XJPS/CHA/2017)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYLA

(SEQ ID NO: 82)	DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
KY696708 (XJBC/CHA/2017) (SEQ ID NO: 83)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPETALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL
LC320038 (MOG/BU/2-7/2015) (SEQ ID NO: 84)	TTSTGESADPVT TTTVENYGGGETQVQRRQHTDVSFILD RFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATYYFA DLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPTAYHKA PLTRLALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGEAVTNVRG DLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRA ETYCPRPLLAIHPEQARHKQKIVAPVKQLL

Ví dụ 2. Điều chế các vaccin ADN mới

Sự sắp xếp của 81 trình tự axit amin của các SEQ ID NO: 4 tới 84 được tiến hành bởi Clustal/muscle. Được dựa trên các kết quả căn chỉnh, trình tự đồng thuận của VP1 có nguồn gốc. Kết quả là việc so sánh trình tự đồng thuận có nguồn gốc với trình tự của

dạng huyết thanh O thông thường FMD của vacxin ADN pGX9014, được xác nhận rằng có năm axit amin không khớp.

Trong vùng VP1 của kiểu huyết thanh O hiện có vacxin FMD ADN pGX9014, năm axit amin không khớp với trình tự đồng thuận được thể. FIG. 1 thể hiện trình tự axit amin (SEQ ID NO: 1) của VP1 được thu bằng cách thể, FIG. 2 thể hiện trình tự nucleotit (SEQ ID NO: 2) của VP1 được thu bằng cách thể.

Vacxin có kiểu huyết thanh mới O cho FMD được điều chế sử dụng polynucleotit được đại diện bởi trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2, và sơ đồ dạng giản đồ tổng thể được thể hiện trong FIG. 3. Như được nhìn thấy trong Figure 3, các nucleotit tái tổ hợp được điều chế trong đó vị trí Msc I, vùng đầu C VP3, vị trí phân cắt furin, vị trí VP1 tái tổ hợp được đại diện bởi trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2, vị trí phân cắt furin, 2A, và vị trí Xho I được liên kết một cách trình tự. Trình tự và mỗi vị trí của nucleotit tái tổ hợp được điều chế được thể hiện trong FIG. 4, và được đại diện bởi SEQ ID NO: 3. DNplasmid bao gồm nucleotit của SEQ ID NO: 3 được đặt tên "PLS-FMD-O".

2,5 L của môi trường LB được tiêm với *E. coli* có PLS-FMD-O, và sau đó được nuôi cấy qua đêm ở 37 °C. Plasmid sau đó được chiết suất từ *E. coli* được nuôi cấy sử dụng kit EndoFree Plasmid Giga (QIAGEN, Cat#12391). Plasmid được chiết suất được hòa tan trong nước không có độc tố và được bảo quản ở -70 °C. plasmid được giữ sau đó được sử dụng trong thí nghiệm hình thành kháng thể để xác nhận tác dụng tiêm phòng ở các động vật.

Ví dụ 3. Tác dụng hình thành kháng thể của vacxin ADN mới

3.1. Sự chủng ngừa ADN

Mười năm con chuột C57BL/6 (8-tuần tuổi, cái) được chia thành ba nhóm với năm con chuột mỗi nhóm, và mỗi nhóm được tiêm với vacxin theo sáng chế, vacxin thông thường, và plasmid giả ba lần ở khoảng thời gian hai tuần như được thể hiện dưới. Việc tiêm được thực hiện sử dụng thiết bị điện di (collectra 2000), và vacxin ADN được dùng ở nồng độ 30 µg/con chuột.

- Nhóm 1 (nhóm đối chứng) - plasmid ADN giả
- Nhóm 2 (nhóm so sánh) - kiểu huyết thanh O của ADN FMD (pGX1414, vacxin thông thường)
- Nhóm 3 (nhóm thí nghiệm) - kiểu huyết thanh O của ADN FMD (PLS-FMD-O, vacxin theo sáng chế)

Máu được thu thập sử dụng phương pháp lấy mẫu máu ngược quỹ đạo trước khi dùng (tuần 0), sau việc dùng thứ hai (tuần 4) và sau việc dùng thứ ba (tuần 6). Huyết thanh được phân tách từ máu được thu thập và được bảo quản ở -80 °C. Huyết thanh được lưu giữ được hòa tan và trải qua SPC (sự cạnh tranh pha rắn) phân tích ELISA.

3.2. Đo sự hình thành kháng thể - phân tích SPC ELISA

SPC ELISA được thực hiện sử dụng ELISA KIT kiểu huyết thanh A PrioCHECK virus gây FMD (Prionics Ielystad B.V / the Netherlands) theo quy trình thí nghiệm được cung cấp bởi nhà sản xuất kit.

Các kết quả được thể hiện trong FIG. 5. Như được nhìn thấy trong FIG. 5, vacxin PLS-FMD-O của sáng chế có giá trị PI cao hơn (phần trăm ức chế) vacxin hiện có

pGX1414. Ở đây, giá trị PI cao hơn, nhiều kháng thể đặc hiệu với kiểu huyết thanh O của virus gây FMD được tạo ra. Khi được so sánh với vaccine hiện có pGX1414, vaccine PLS-FMD-O của sáng chế tạo ra lượng kháng thể cao hơn một cách ý nghĩa ở cùng thời gian.

Như đã nêu ở trên, FMD có độ đồng thuận cao, và do virus FMD được đào thải khỏi cơ thể trước khi xuất hiện bất kỳ triệu chứng lâm sàng nào, việc lây truyền động vật sang động vật có thể xảy ra một cách dễ dàng. Ngoài ra, FMD khoảng thời gian ủ bệnh ngắn. Do đó, để thể hiện chức năng hữu hiệu như vaccine chống lại FMD, không chỉ tác dụng ức chế virus FMD là xuất sắc, mà kháng thể chống lại virus FMD nên được tạo ra nhanh. Trong trường hợp dùng vaccine theo sáng chế, vaccine không chỉ xuất sắc một cách đáng kể trong ngăn chặn virus FMD, mà còn tạo ra các kháng thể nhanh hơn đáng kể so với vaccine thông thường, và do đó nó có thể ngăn chặn sự lây lan của FMD ở giai đoạn sớm. Do đó, vaccine theo sáng chế là vaccine hiệu quả chống lại FMD.

Ví dụ 4. Việc điều chế của vaccine hóa trị hai ADN mới

Vaccine ADN hóa trị hai chống lại các kiểu huyết thanh FMD A và O được điều chế sử dụng các trình tự tái tổ hợp được điều chế trước.

FIG. 6 thể hiện ví dụ của vaccine hóa trị hai được điều chế. Trong vaccine hóa trị hai, vùng VP1 của dạng huyết thanh A FMD có thể bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 88, 89 or 90, và vùng VP1 của kiểu huyết thanh O FMD có thể bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2.

Vaccin ADN hóa trị hai chống lại các kiểu huyết thanh FMD A và O, mà là được điều chế bằng cách sử dụng trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 89 như là vùng VP1 của dạng huyết thanh A FMD và trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 như vùng VP1 của kiểu huyết thanh O FMD, được đặt tên “PLS-FMD-A,O”.

2,5 L của môi trường LB được tiêm với *E. coli* có PLS-FMD-A,O, và sau đó được nuôi cấy qua đêm ở 37 °C. Plasmid sau đó được chiết suất từ *E. coli* được nuôi cấy sử dụng EndoFree Plasmid Giga kit (QIAGEN, Cat#12391). Plasmid được chiết suất được hòa tan trong nước không có độc tố và được bảo quản ở -70 °C. Plasmid được giữ sau đó được sử dụng trong thí nghiệm hình thành kháng thể để xác nhận tác dụng tiêm phòng ở các động vật.

Ví dụ 5. Tác dụng hình thành kháng thể của vaccin hóa trị hai ADN mới

5.1. Sự chủng ngừa ADN

Mười năm con chuột C57BL/6 (8-tuần tuổi, cái) được chia thành ba nhóm với năm con chuột mỗi nhóm, và mỗi nhóm được tiêm với plasmid ba lần ở khoảng thời gian hai tuần. Nhóm 2 được tiêm với sự kết hợp của vaccin đơn hóa trị cho kiểu huyết thanh A và vaccin đơn hóa trị cho kiểu huyết thanh O, và nhóm 3 được tiêm với vaccin hóa trị hai đối với kiểu huyết thanh A và O. Việc tiêm được thực hiện sử dụng thiết bị điện di (cellectra 2000), và vaccin ADN được dùng ở nồng độ 30 µg/con chuột.

- nhóm 1 (nhóm đối chứng) - Plasmit ADN giả
- nhóm 2 (nhóm thí nghiệm) - Dạng huyết thanh plasmid A FMD + PLS-FMD-O
- nhóm 3 (nhóm thí nghiệm) - PLS-FMD-A,O

Máu được thu thập sử dụng phương pháp lấy mẫu máu ngược quỹ đạo trước khi dùng (tuần 0), sau việc dùng thứ hai (tuần 4) và sau việc dùng thứ ba (tuần 6). Huyết thanh được phân tách từ máu được thu thập và được bảo quản ở -80 °C. Huyết thanh được lưu giữ được hòa tan và trải qua SPC (sự cạnh tranh pha rắn) phân tích ELISA.

5.2. Đo sự hình thành kháng thể - phân tích SPC ELISA

SPC ELISA được thực hiện sử dụng ELISA KIT kiểu huyết thanh A PrioCHECK virus gây FMD (Prionics Ielystad B.V / the Netherlands) theo quy trình thí nghiệm được cung cấp bởi nhà sản xuất kit.

Các kết quả được thể hiện trong FIG. 7. Như được nhìn thấy trong FIG. 7, PLS-FMD-O thể hiện mức cao đáng kể của giá trị PI ngay cả khi được tiêm đồng thời với vaccin FMD của các kiểu huyết thanh khác như A. Ngoài ra, việc tiêm đơn lẻ của vaccin hóa trị hai cũng thể hiện mức cao đáng kể của giá trị PI.

Đặc biệt, có nghĩa rằng cả kháng thể của kiểu huyết thanh O và kháng thể của kiểu huyết thanh A được tạo thành ở giai đoạn sớm sau khi tiêm. Ngoài ra, có thể khẳng định rằng vaccin kiểu O tái tổ hợp theo sáng chế không bù trừ các tác dụng giữa các kiểu huyết thanh khác ngay cả khi việc tiêm trong sự kết hợp với các vaccin của các kiểu huyết thanh khác hoặc trong dạng vaccin hóa trị hai. Do đó, vaccin của kiểu huyết thanh tái tổ hợp O theo sáng chế được chứng minh là hữu ích đối với cả vaccin đơn hóa trị và vaccin đa hóa trị.

Ví dụ 6 Việc điều chế của các vaccin hóa trị ba ADN mới

Vaccin ADN hóa trị ba chống lại các kiểu huyết thanh FMD A, O và Asia1 được

điều chế sử dụng các trình tự tái tổ hợp được điều chế trước.

FIG. 8 thể hiện ví dụ của vacxin hóa trị ba được điều chế. Trong vacxin hóa trị ba, vùng VP1 của dạng huyết thanh A FMD có thể bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 88, 89 hoặc 90, vùng VP1 của kiểu huyết thanh O FMD có thể bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2, và vùng VP1 của dạng huyết thanh Asia1 FMD có thể bao gồm trình tự nucleotit được biết một cách thông thường.

Vacxin ADN hóa trị hai chống lại các kiểu huyết thanh A và O FMD, mà là được điều chế bằng cách sử dụng trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 89 như vùng VP1 của dạng huyết thanh A FMD, trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2 như vùng VP1 của kiểu huyết thanh O FMD và trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 93 như vùng VP1 của dạng huyết thanh Asia1 FMD, được đặt tên "PLS-FMD-A,O,Asia1". Trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 93 được sử dụng như vùng VP1 của dạng huyết thanh Asia1 FMD là vùng VP1 của dạng huyết thanh Asia1 FMD được bao gồm trong pGX9010 được cung cấp bởi INOVIO, USA.

Plasmid PLS-FMD-A,O,Asia1 được điều chế trong cách tương tự như trong ví dụ 4.

Ví dụ 7. Tác dụng hình thành kháng thể của các vacxin hóa trị ba ADN mới

7.1. Sự chủng ngừa ADN

Ví dụ 7 được điều chế trong cách tương tự như trong ví dụ 5, nhưng các nhóm 1 đến 3 được thiết lập như sau:

- nhóm 1 (nhóm đối chứng) - plasmid ADN giả

- nhóm 2 (nhóm thí nghiệm) - dạng huyết thanh plasmid A FMD + PLS-FMD-O

+ dạng huyết thanh plasmid Asia1 FMD

- nhóm 3 (nhóm thí nghiệm) - PLS-FMD-A,O,Asia1

7.2. Đo sự hình thành kháng thể - phân tích SPC ELISA

SPC ELISA được thực hiện, như được nhìn thấy trong FIG. 9, PLS-FMD-O thể hiện mức cao đáng kể của giá trị PI ngay cả khi được tiêm đồng thời với vacxin FMD của loại huyết thanh khác như A và Asia1. Ngoài ra, việc tiêm đơn lẻ của vacxin hóa trị ba cũng thể hiện mức cao đáng kể của giá trị PI.

Do đó, vacxin của kiểu huyết thanh tái tổ hợp O theo sáng chế được chứng minh là hữu ích đối với cả vacxin đơn hóa trị và vacxin đa hóa trị.

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Chế phẩm vaccin dùng cho bệnh lở mồm long móng (foot-and-mouth disease - FMD) bao gồm plasmid bao gồm polynucleotit bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2.
2. Chế phẩm vaccin theo điểm 1, trong đó plasmid bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 3.
3. Chế phẩm vaccin theo điểm 1, trong đó plasmid còn bao gồm trình tự nucleotit mã hóa ít nhất một trong số các protein VP2, VP3 và VP4 của virus gây bệnh lở mồm long móng (foot and mouth disease virus - FMDV).
4. Chế phẩm vaccin theo điểm 3, trong đó các protein VP2, VP3 và VP4 của FMDV có nguồn gốc từ kiểu huyết thanh O của FMDV.
5. Chế phẩm vaccin theo điểm 1, trong đó vaccin là vaccin đơn hóa trị hoặc vaccin đa hóa trị.
6. Chế phẩm vaccin theo điểm 1, trong đó polynucleotit còn bao gồm trình tự nucleotit mã hóa ít nhất một trong số các trình tự axit amin của các protein VP1 của kiểu huyết thanh được chọn từ A, C, SAT1, SAT2, SAT3 và Asia1 của FMDV.
7. Chế phẩm vaccin theo điểm 1, trong đó polynucleotit còn bao gồm trình tự nucleotit mã hóa ít nhất một trong số các trình tự axit amin của các protein VP2, VP3 và VP4 của kiểu huyết thanh được chọn từ A, C, SAT1, SAT2, SAT3 và Asia1 của FMDV.
8. Dược phẩm để ngăn ngừa FMD bao gồm plasmid bao gồm polynucleotit bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 2.

[FIG. 1]

FMD dạng 0
(pGX9014)
VP1

213 amino axit

TTSTGESADPVTATVENYGGETQVQRRQHTDVSFILDRFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATY
YFADLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPAYHKAPLTRALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESEPT
NVRGDLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRAETCYCPRPLLAIHPSQARHKQKI VAPVKQLL



FMD dạng 0
VP1 thống nhất

213 amino axit

TTSTGESADPVTTTVENYGGETQVQRRQHTDVSFILDRFVKVTPKDQINVLDLMQTPAHTLVGALLRTATY
YFADLEVAVKHEGNLTWVPNGAPEAALDNTTNPAYHKAPLTRALPYTAPHRVLATVYNGNCKYGESEPT
NVRGDLQVLAQKAARTLPTSFNYGAIKATRVTELLYRMKRAETCYCPRPLLAIHPSQARHKQKI VAPVKQLL

[FIG. 2]

FMD dạng 0
(pGX9014)
VP1

639 trình tự nucleotit

ACCACCTCCACCGAGAGTCCGCCGACCCAGTGACCCGCCACCGTGGAGAACTACGGCGGCGAGACACAGGTGCAGCGGCCCA
GCACACCGACGTGAGCTTCATCCTGGACCGGTTCTGTAAGGTGACCCCAAGGACCAGATCAACGTGCTGGACCTGATGCAGA
TCCCTGCACACACCTGGTGGGCGCCCTGCTGAGGACCGCCACCTACTACTTCGCCGACCTGGAGGTGGCCGTGAAGCACGAG
GGCAACCTGACCTGGGTGCTTAACGGAGCACAGAGGCCGCCCTGGACAACACCCCAACCCACCGCATACCAAGGCCCC
TCTGACCAAGGTGGCCCTGCCATACACCGCCCTCACAGGGTGCTGGCAACCGTGTACACGGCAACTGCAAGTACGGAGAGT
CCCCGTGTACCAACGTGCGCGGCGACCTGCAGGTGCTGGCACAGAAGGCGAGGACCTGCCACACAGCTTCACTACGGC
GCCATCAAGGCCACCGGGTGACCGAGCTGCTGTACAGAATGAAGCGGCGGAGACATCTGTCCAGACCACTGCTGGCAAT
CCACCTTCCGAGGCAAGGCACAAGCAGAAGATCGTGGCACCAAGTGAAGCAGCTGCTG

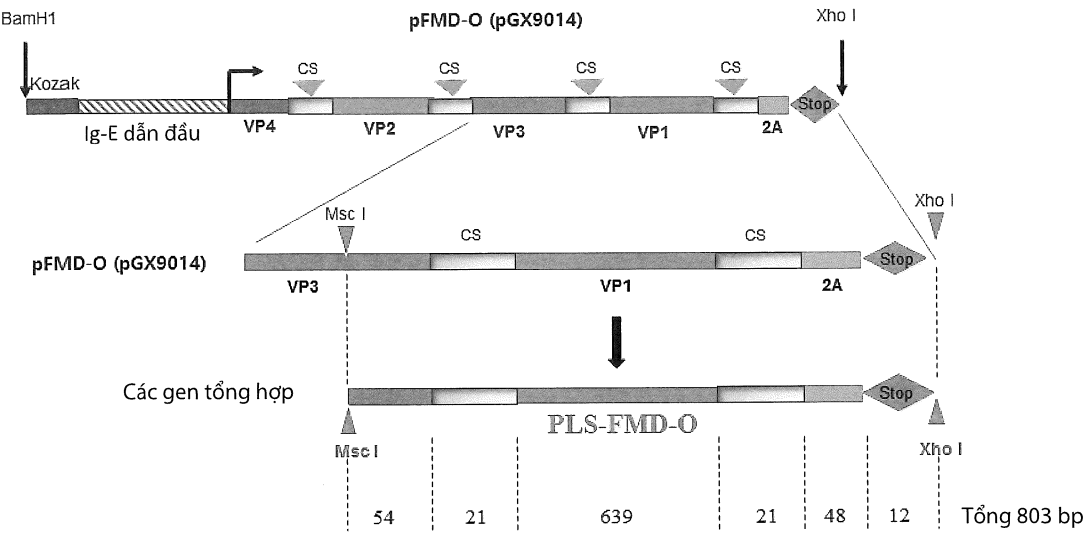


FMD dạng 0
VP1 thống nhất

639 trình tự nucleotit

ACCACCTCCACCGAGAGTCCGCCGACCCAGTGACCCGCCACCGTGGAGAACTACGGCGGCGAGACACAGGTGCAGCGGCCCA
GCACACCGACGTGAGCTTCATCCTGGACCGGTTCTGTAAGGTGACCCCAAGGACCAGATCAACGTGCTGGACCTGATGCAGA
CCCCGTGCACACACCTGGTGGGCGCCCTGCTGAGGACCGCCACCTACTACTTCGCCGACCTGGAGGTGGCCGTGAAGCACGAG
GGCAACCTGACCTGGGTGCTTAACGGAGCACAGAGGCCGCCCTGGACAACACCCCAACCCACCGCATACCAAGGCCCC
TCTGACCAAGGTGGCCCTGCCATACACCGCCCTCACAGGGTGCTGGCAACCGTGTACACGGCAACTGCAAGTACGGAGAGT
CCCCGTGTACCAACGTGCGCGGCGACCTGCAGGTGCTGGCACAGAAGGCGAGGACCTGCCACACAGCTTCACTACGGC
GCCATCAAGGCCACCGGGTGACCGAGCTGCTGTACAGAATGAAGCGGCGGAGACATCTGTCCAGACCACTGCTGGCAAT
CCACCTTCCGAGGCAAGGCACAAGCAGAAGATCGTGGCACCAAGTGAAGCAGCTGCTG

[FIG. 3]



[FIG. 4]

PLS-FMD-O

Trình tự FMD-O-VP1

Vị trí Msc I

VP3 đầu C

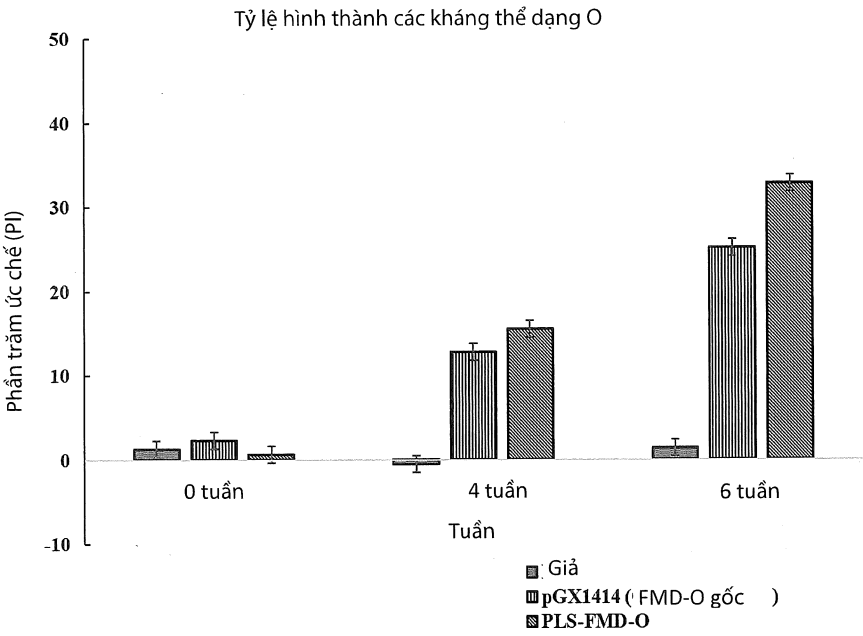
Vị trí phân mảnh CS-Furin

TGGCCAGCGCCGGCAAGGACTTCGACCTGAGACTGCCAGTGGACGCAAGGACCCAGAGGGGAAGAAAGAGG
AGAAGCACCACCTCCACCGGAGAGTCCGCCGACCCAGTGACCACCACCGTGGAGAACTACGGCGGCGAGAC
ACAGGTGCAGCGGCGCCAGCACACCGACGTGAGCTTCATCCTGGACCGGTTCTGTAAGGTGACCCCAAAGG
ACCAGATCAACGTGCTGGACCTGATGCAGACCCCTGCACACACCCTGGTGGGCGCCCTGCTGAGGACCGCC
ACCTACTACTTCGCCGACCTGGAGGTGGCCGTGAAGCACGAGGGCAACCTGACCTGGGTGCCTAACGGAGC
ACCAGAGGCCGCCCTGGACAACACCACCAACCCAACCGCATAACCACAAGGCCCTCTGACCAGGCTGGCCC
TGCCATACACCGCCCTCACAGGGTGTGGCAACCGTGTACAACGGCAACTGCAAGTACGGAGAGGGCGCT
GTGACCAACGTGCGCGGCGACCTGCAGGTGCTGGCACAGAAGGCAGCAAGGACCTGCCCACCAGCTTCAA
CTACGGCGCCATCAAGGCCACCAGGGTGACCGAGCTGCTGTACAGAATGAAGCGGGCCGAGACATACTGTC
CCAGACCACTGCTGGCAATCCACCCTTCCCAGGCAAGGCACAAGCAGAAGATCGTGGCACCAGTGAAGCAG
CTGCTGAGGGGACGCAAGAGGCGCTCAACCCTGAACTTGCACCTCCTCAAACCTGGCTGGCGATGTGAAAG
CAATCCTGGATGATAACTCGAG

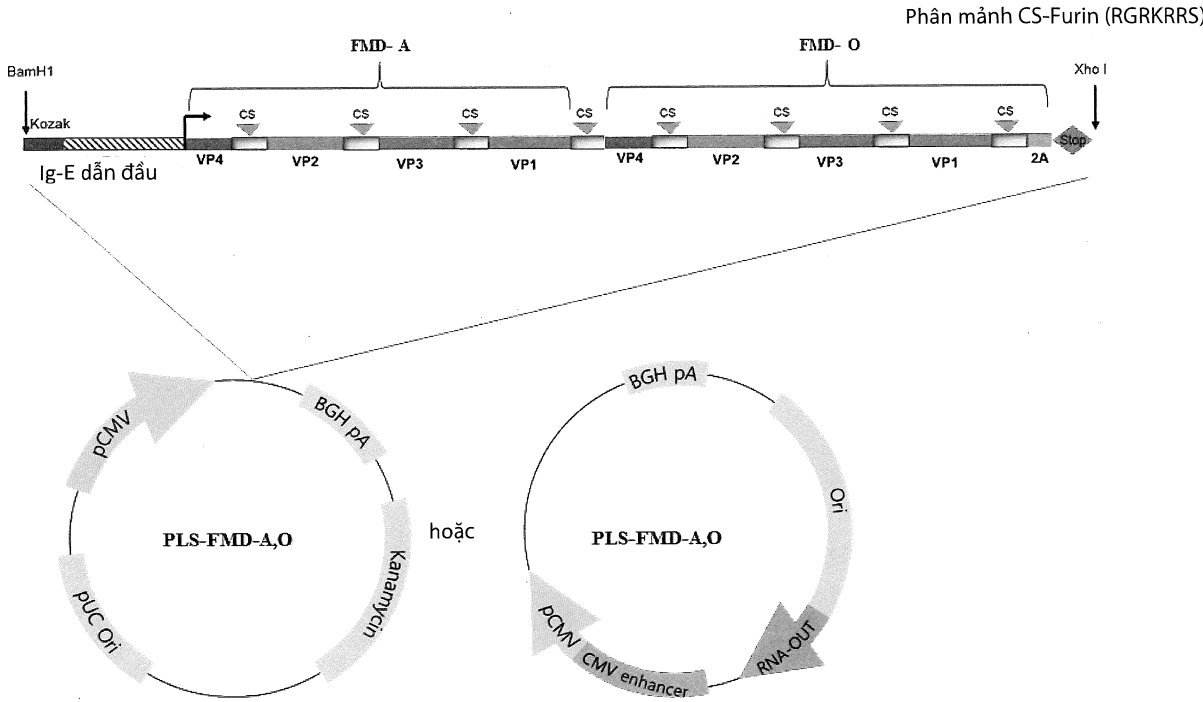
2A

Vị trí XHO I

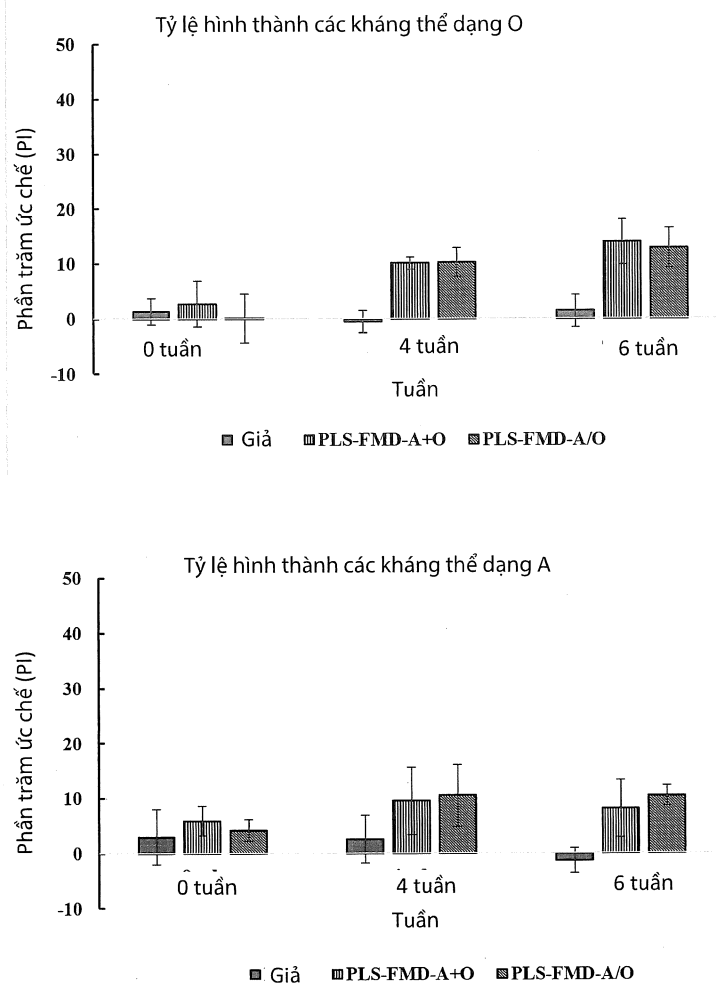
[FIG. 5]



[FIG. 6].



[FIG. 7]



[FIG. 8].

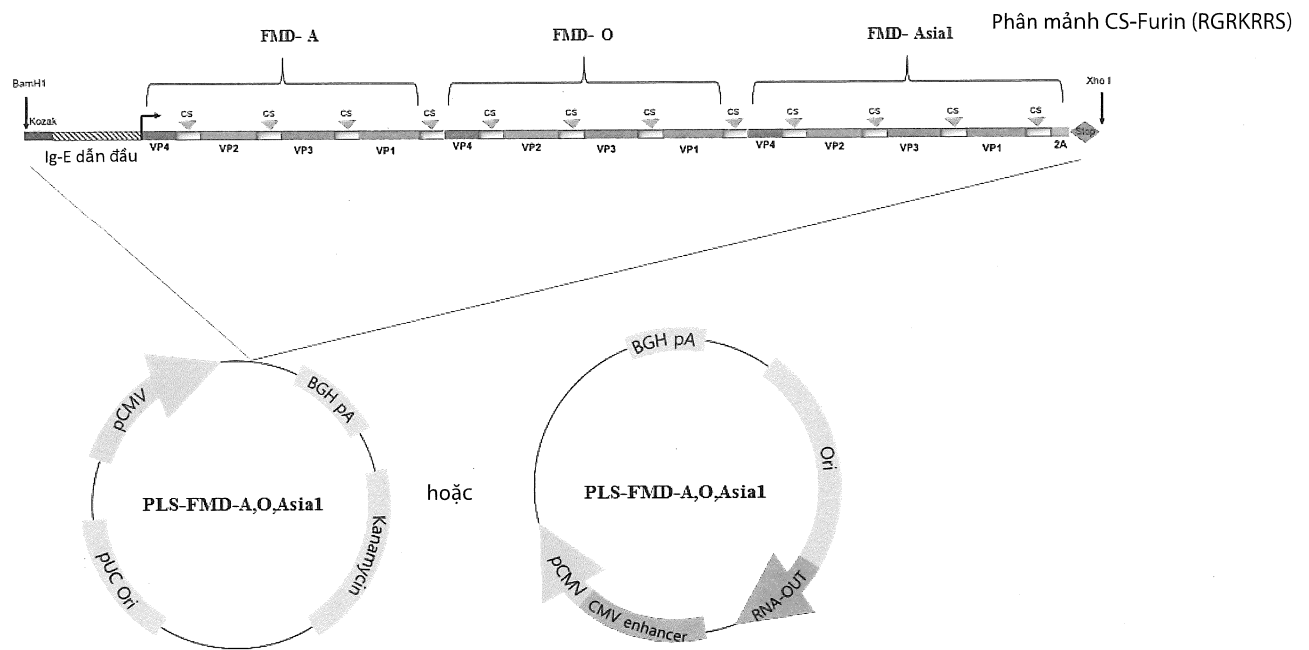
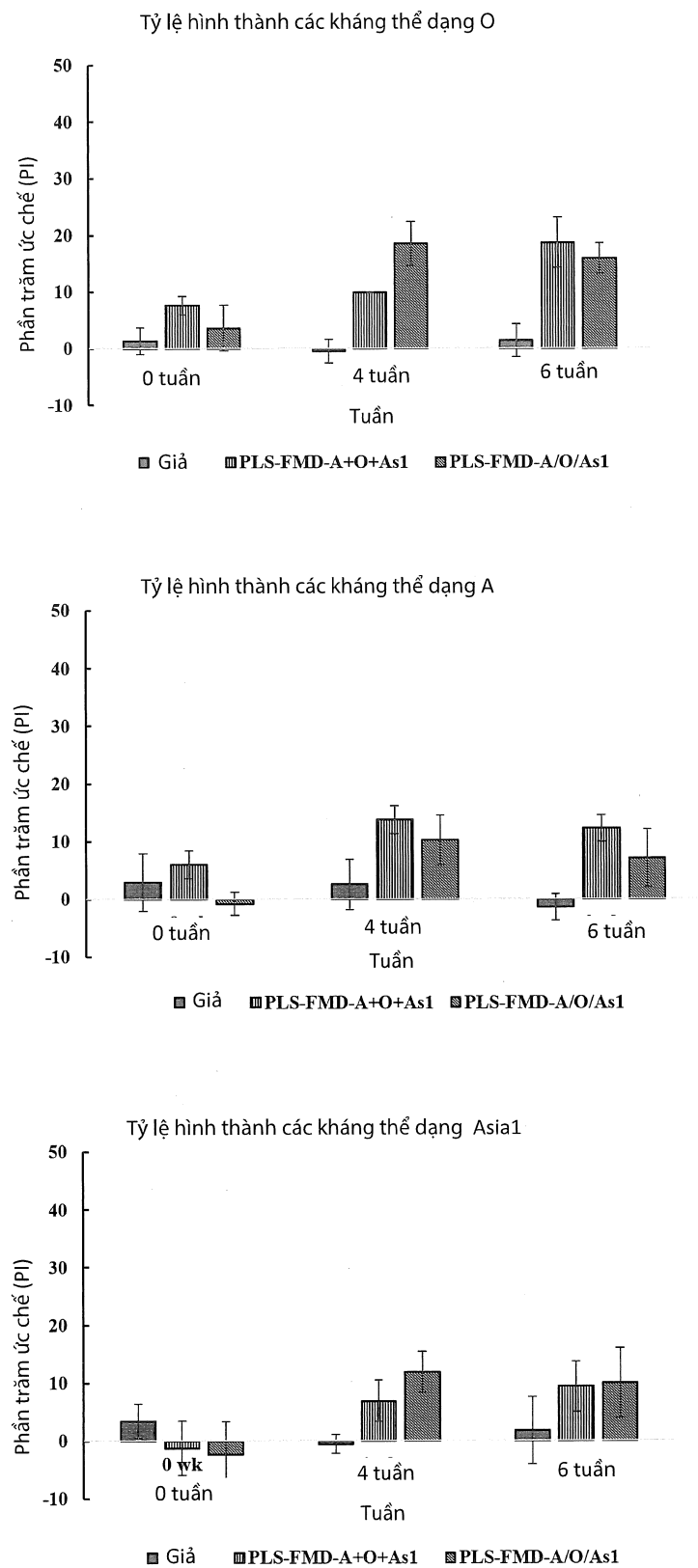


Fig.9



1/103

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> Plumblin Life Sciences, Inc.

<120> CHẾ PHẨM VACXIN DÙNG CHO BỆNH LỞ MỒM LONG MÓNG (FOOT-AND-MOUTH DISEASE - FMD), VÀ DƯỢC PHẨM ĐỂ NGĂN NGỪA FMD

<130> OP21067TH

<150> KR 10-2019-0077833

<151> 2019-06-28

<150> KR 10-2019-0077839

<151> 2019-06-28

<160> 95

<170> KoPatentIn 3.0

<210> 1

<211> 213

<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> FMDV VP1

<400> 1

Thr	Thr	Ser	Thr	Gly	Glu	Ser	Ala	Asp	Pro	Val	Thr	Thr	Thr	Val	Glu
1				5					10					15	

Asn	Tyr	Gly	Gly	Glu	Thr	Gln	Val	Gln	Arg	Arg	Gln	His	Thr	Asp	Val
			20					25					30		

Ser	Phe	Ile	Leu	Asp	Arg	Phe	Val	Lys	Val	Thr	Pro	Lys	Asp	Gln	Ile
			35				40					45			

Asn	Val	Leu	Asp	Leu	Met	Gln	Thr	Pro	Ala	His	Thr	Leu	Val	Gly	Ala
	50					55					60				

Leu	Leu	Arg	Thr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Ala	Asp	Leu	Glu	Val	Ala	Val
65					70					75					80

Lys	His	Glu	Gly	Asn	Leu	Thr	Trp	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Pro	Glu	Ala
				85					90					95	

Ala	Leu	Asp	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Thr	Ala	Tyr	His	Lys	Ala	Pro	Leu
			100					105					110		

Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ala	Pro	His	Arg	Val	Leu	Ala	Thr
							115			120			125		

2/103

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 2
<211> 639
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> FMD loại 0

<400> 2
accacctcca ccggagagtc cgccgaccca gtgaccacca ccgtggagaa ctacggcggc 60
gagacacagg tgcagcggcg ccagcacacc gacgtgagct tcacacctga ccggttcgtg 120
aaggtgaccc caaaggacca gatcaacgtg ctggacctga tgcagacccc tgcacacacc 180
ctggtggggcg ccctgctgag gaccgccacc tactacttcg ccgacctgga ggtggccgtg 240
aagcacgagg gcaacctgac ctgggtgcct aacggagcac cagaggccgc cctggacaac 300
accaccaacc caaccgcata ccacaaggcc cctctgacca ggctggccct gccatacacc 360
gccccacaca ggggtgctggc aaccgtgtac aacggcaact gcaagtacgg agagggcgct 420
gtgaccaacg tgcgcggcga cctgcaggtg ctggcacaga aggcagcaag gaccctgccc 480
accagcttca actacggcgc catcaaggcc accaggggtga ccgagctgct gtacagaatg 540
aagcggggccg agacatactg tcccagacca ctgttgga tccacccttc ccaggcaagg 600

3/103

cacaagcaga agatcgtggc accagtgaag cagctgctg 639

<210> 3
 <211> 803
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo

<220>
 <223> PLS-FMD-0

<400> 3
 tggccagcgc cggcaaggac ttcgacctga gactgccagt ggacgcaagg acccagaggg 60
 gaagaaagag gagaagcacc acctccaccg gagagtccgc cgaccctagt accaccaccg 120
 tggagaacta cggcggcgag acacaggtgc agcggcgcca gcacaccgac gtgagcttca 180
 tcctggaccg gttcgtgaag gtgaccccaa aggaccagat caacgtgctg gacctgatgc 240
 agaccctgc acacaccctg gtgggcgccc tgctgaggac cgccacctac tacttcgccg 300
 acctggaggt ggccgtgaag cacgaggga acctgacctg ggtgcctaac ggagcaccag 360
 aggccgccct ggacaacacc accaacccaa ccgcatacca caaggcccct ctgaccaggc 420
 tggccctgcc atacaccgcc cctcacaggg tgctggcaac cgtgtacaac ggcaactgca 480
 agtacggaga gggcgctgtg accaacgtgc gcggcgacct gcaggtgctg gcacagaagg 540
 cagcaaggac cctgcccacc agcttcaact acggcgccat caaggccacc aggggtgaccg 600
 agctgctgta cagaatgaag cgggccgaga catactgtcc cagaccactg ctggcaatcc 660
 acccttccca ggcaaggcac aagcagaaga tcgtggcacc agtgaagcag ctgctgaggg 720
 gacgcaagag gcgctcaacc ctgaacttcg acctcctcaa actggctggc gatgtggaaa 780
 gcaatcctgg atgataactc gag 803

<210> 4
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

4/103

<400> 4
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ser His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Pro Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Ala Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Ser Leu
 210

<210> 5
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

5/103

<220>

<223> FMDV VP1

<400> 5

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 6

<211> 213

6/103

<212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 6
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

7/103

<210> 7
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 7
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Thr Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

8/103

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 8
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 8
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30
Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60
Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80
Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
85 90 95
Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125
Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
130 135 140
Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
145 150 155 160
Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175
Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

9/103

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 9
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 9
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

10/103

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 10
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 10
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

[illegible]

<210>	11
<211>	213
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

```

<400>      11
Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
  1          5          10          15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
          20          25          30
Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Gln Glu Gln Val
          35          40          45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Val Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
          50          55          60
Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
  65          70          75          80
Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
          85          90          95
Ala Leu Asp Asn Asn Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
          100          105          110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
          115          120          125
Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Ala Asn Asn Val
          130          135          140

```

12/103

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

<210> 12
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 12
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Val
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

13/103

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 13
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 13
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

14/103

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 14
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 14
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

15/103

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Ala Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 15
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 15
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Thr Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys	His	Glu	Gly	Asn	Leu	Thr	Trp	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Pro	Glu	Val	
				85					90					95		
Ala	Leu	Asp	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Thr	Ala	Tyr	His	Lys	Ala	Pro	Leu	
				100					105					110		
Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ala	Pro	His	Arg	Val	Leu	Ala	Thr	
				115					120					125		
Val	Tyr	Asn	Gly	Asn	Cys	Lys	Tyr	Gly	Glu	Gly	Ala	Val	Thr	Asn	Val	
				130					135					140		
Arg	Gly	Asp	Leu	Gln	Val	Leu	Ala	Gln	Lys	Ala	Ala	Arg	Thr	Leu	Pro	
				145					150					155		
Thr	Ser	Phe	Asn	Tyr	Gly	Ala	Ile	Lys	Ala	Thr	Arg	Val	Ile	Glu	Leu	
				165					170					175		
Leu	Tyr	Arg	Met	Lys	Arg	Ala	Glu	Thr	Tyr	Cys	Pro	Arg	Pro	Leu	Leu	
				180					185					190		
Ala	Ile	His	Pro	Ala	Gln	Ala	Arg	His	Lys	Gln	Lys	Ile	Val	Ala	Pro	
				195					200					205		
Val	Lys	Gln	Leu	Leu												
				210												

<220>
<223> FMDV VP1

```

<400>      16
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
   1      5      10      15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
      20      25      30
Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
      35      40      45
Asn Val Leu Asp Val Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
   50      55      60

```

17/103

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 17
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 17
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

18/103

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Lys Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Ala Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Gly Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 18
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 18
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Thr Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

19/103

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Val
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Ile Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ala Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 19
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 19
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

20/103

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 20
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 20

21/103

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Gln Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 21
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

22/103

<400> 21

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Ala Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Gln Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 22

<211> 213

<212> PRT

<213> Không biết

23/103

<220>

<223> FMDV VP1

<400> 22

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 23

24/103

<211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 23

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Glu Asn Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

25/103

<210> 24
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 24
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Glu Asn Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

26/103

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 25
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 25
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Glu Asn Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

27/103

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 26
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 26
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

28/103

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 27
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 27
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

[illegible]

<210>	28
<211>	213
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400>																28
Thr	Thr	Ser	Thr	Gly	Glu	Ser	Ala	Asp	Pro	Val	Thr	Thr	Thr	Val	Glu	
1				5				10						15		
Asn	Tyr	Gly	Gly	Glu	Thr	Gln	Val	Gln	Arg	Arg	Gln	His	Thr	Asp	Val	
			20					25					30			
Ser	Phe	Ile	Leu	Asp	Arg	Phe	Val	Lys	Val	Thr	Pro	Lys	Asp	Gln	Ile	
		35					40					45				
Asn	Val	Leu	Asp	Leu	Met	Gln	Thr	Pro	Ala	His	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	
	50					55					60					
Leu	Leu	Arg	Thr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Ala	Asp	Leu	Glu	Val	Ala	Val	
65					70					75					80	
Lys	His	Glu	Gly	Asn	Leu	Thr	Trp	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Pro	Glu	Ala	
				85					90					95		
Ala	Leu	Asp	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Thr	Ala	Tyr	His	Lys	Ala	Pro	Leu	
			100					105					110			
Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ala	Pro	His	Arg	Val	Leu	Ala	Thr	
		115					120					125				
Val	Tyr	Asn	Gly	Asn	Cys	Lys	Tyr	Gly	Glu	Gly	Ala	Val	Thr	Asn	Val	
	130					135					140					

30/103

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 29
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 29
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

31/103

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 30
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 30
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

32/103

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 31
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 31
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Ala Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Val Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

33/103

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Val Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Cys Leu
210

<210> 32
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 32
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Ala Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Val Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys	His	Glu	Gly	Asn	Leu	Thr	Trp	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Pro	Glu	Ala	
				85					90					95		
Ala	Leu	Asp	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Thr	Ala	Tyr	His	Lys	Ala	Pro	Leu	
			100				105				110					
Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ala	Pro	His	Arg	Val	Leu	Ala	Thr	
		115					120					125				
Val	Tyr	Asn	Gly	Asn	Cys	Lys	Tyr	Gly	Glu	Gly	Ala	Val	Thr	Asn	Val	
		130					135					140				
Arg	Gly	Asp	Leu	Gln	Val	Leu	Ala	Gln	Lys	Val	Ala	Arg	Thr	Leu	Pro	
145						150						155				160
Thr	Ser	Phe	Asn	Tyr	Gly	Ala	Ile	Lys	Ala	Thr	Arg	Val	Thr	Glu	Leu	
			165						170							175
Leu	Tyr	Arg	Met	Lys	Arg	Ala	Glu	Thr	Tyr	Cys	Pro	Arg	Pro	Leu	Leu	
			180						185						190	
Ala	Ile	His	Pro	Glu	Gln	Ala	Arg	His	Lys	Gln	Lys	Ile	Val	Ala	Pro	
		195							200					205		
Val	Lys	Gln	Leu	Leu												
		210														

<220>
<223> FMDV VP1

```

<400>      33
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
  1          5          10          15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
      20          25          30
Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
      35          40          45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
      50          55          60

```

35/103

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 34
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 34
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

36/103

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Val
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 35
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 35
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210>	36
<211>	213
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 36
Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
1 5 10 15

38/103

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Ile
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Glu Asp Glu Val
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Val Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Thr Ser Thr Asn Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Arg Lys Thr Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Phe Gly Ala Ile Lys Ala Ala Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile Gln Pro Ser Ser Ala Arg His Lys Gln Arg Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 37
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

39/103

<400> 37
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Pro His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Ser Leu
 210

<210> 38
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>

40/103

<223> FMDV VP1

<400> 38

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Ala Pro Gly Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asp Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 39

<211> 213

<212> PRT

41/103

<213> Không biết

<220>

<223> FMDV VP1

<400> 39

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Pro His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Lys Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Ser Leu
210

42/103

<210> 40
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 40
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ala Pro Pro His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Ala Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Tyr Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Ser Leu

43/103

210

<210> 41
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 41
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ser His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro

195

205

<210>	42
<211>	213
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 42
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ser His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Pro Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu

45/103

180 185 190
 Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Ser Leu
 210
 <210> 43
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết
 <220>
 <223> FMDV VP1
 <400> 43
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ala Pro Pro His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Ala Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Tyr Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu

46/103

165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Val His Pro Ser Ala Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Ser Leu
 210

<210> 44
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 44
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Ser Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Pro His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Gly Gly Ser Leu Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro

47/103

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

<210> 45
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 45
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asp Val Thr Asn Val

48/103

130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

 <210> 46
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

 <220>
 <223> FMDV VP1

 <400> 46
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr

49/103

115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

 <210> 47
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

 <220>
 <223> FMDV VP1

 <400> 47
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Thr Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Ile
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Lys Glu Gln Val
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu

50/103

100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Thr Asn Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Thr Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Phe Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile Gln Pro Ser Asp Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 48
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 48
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Thr Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Ile
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Lys Glu Gln Val
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr

51/103

	85		90		95
Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu	100		105		110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr	115		120		125
Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Ala Asn Asn Val	130		135		140
Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Thr Glu Arg Thr Leu Pro	145		150		155
Thr Ser Phe Asn Phe Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu	165		170		175
Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu	180		185		190
Ala Ile Gln Pro Ser Asp Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro	195		200		205
Thr Lys Gln Leu Leu	210				

<210> 49
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 49
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Thr Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Ile
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Lys Glu Gln Val
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val

52/103

65		70		75		80
Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala						
		85		90		95
Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu						
		100		105		110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr						
		115		120		125
Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Thr Asn Asn Val						
		130		135		140
Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Thr Glu Arg Thr Leu Pro						
		145		150		155
Thr Ser Phe Asn Phe Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu						
		165		170		175
Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu						
		180		185		190
Ala Ile Gln Pro Ser Asp Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro						
		195		200		205
Ala Lys Gln Leu Leu						
		210				

<210>	50
<211>	213
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>	
<223>	FMDV VP1

<400>	50
Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu	
1	5 10 15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Ile	
	20 25 30
Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Glu Asp Glu Val	
	35 40 45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala	

53/103

50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Val Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Thr Ser Thr Asn Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Arg Lys Thr Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Phe Gly Ala Ile Lys Ala Ala Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile Gln Pro Ser Ser Ala Arg His Lys Gln Arg Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 51
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 51
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Gln Glu Gln Val

54/103

35	40	45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala		
50	55	60
Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val		
65	70	75 80
Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr		
	85 90	95
Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu		
	100 105	110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr		
	115 120	125
Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Asn Thr Asn Val		
	130 135	140
Arg Gly Asp Leu Arg Glu Leu Ala Gln Lys Thr Glu Arg Thr Leu Pro		
145	150 155	160
Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu		
	165 170	175
Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu		
	180 185	190
Ala Ile Gln Pro Ser Thr Ala Arg His Lys Gln Arg Ile Val Ala Pro		
	195 200	205
Ala Lys Gln Leu Leu		
210		

<210> 52
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 52
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val

55/103

20					25					30					
Ala	Phe	Ile	Leu	Asp	Arg	Phe	Val	Lys	Val	Lys	Pro	Gln	Glu	Gln	Val
		35					40					45			
Asn	Val	Leu	Asp	Leu	Met	Gln	Ile	Pro	Ala	His	Thr	Leu	Val	Gly	Ala
	50					55					60				
Leu	Leu	Arg	Thr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Ser	Asp	Leu	Glu	Leu	Ala	Val
65					70					75					80
Lys	His	Glu	Gly	Asp	Leu	Thr	Trp	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Pro	Glu	Ala
				85					90					95	
Ala	Leu	Asp	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Thr	Ala	Tyr	His	Lys	Glu	Pro	Leu
			100					105					110		
Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ala	Pro	His	Arg	Val	Leu	Ala	Thr
		115					120					125			
Val	Tyr	Asn	Gly	Ser	Ser	Lys	Tyr	Gly	Asp	Ala	Ser	Asn	Thr	Asn	Val
	130					135					140				
Arg	Gly	Asp	Leu	Arg	Glu	Leu	Ala	Gln	Lys	Ala	Glu	Arg	Thr	Leu	Pro
145					150					155					160
Thr	Ser	Phe	Asn	Tyr	Gly	Ala	Ile	Lys	Ala	Thr	Arg	Val	Thr	Glu	Leu
				165					170					175	
Leu	Tyr	Arg	Met	Lys	Arg	Ala	Glu	Thr	Tyr	Cys	Pro	Arg	Pro	Leu	Leu
			180					185					190		
Ala	Ile	Gln	Pro	Ser	Thr	Ala	Arg	His	Lys	Gln	Lys	Ile	Val	Ala	Pro
		195					200					205			
Ala	Lys	Gln	Leu	Leu											
	210														

<210> 53
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 53
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu

56/103

1	5	10	15
Asn Tyr Gly	Gly Glu Thr Gln Val	Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val	
	20	25	30
Ala Phe Ile	Leu Asp Arg Phe Val	Lys Val Lys Pro Gln Glu Gln Val	
	35	40	45
Asn Val Leu	Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr	Leu Val Gly Ala	
	50	55	60
Leu Leu Arg	Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp	Leu Glu Leu Ala Val	
	65	70	75
Lys His Glu	Gly Asp Leu Thr Trp Val	Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala	
	85	90	95
Ala Leu Asp	Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys	Glu Pro Leu	
	100	105	110
Thr Arg Leu	Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg	Val Leu Ala Thr	
	115	120	125
Val Tyr Asn	Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser	Asn Thr Asn Val	
	130	135	140
Arg Gly Asp	Leu Arg Glu Leu Ala Gln Lys Ala Glu Arg Thr	Leu Pro	
	145	150	155
Thr Ser Phe	Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg	Val Thr Glu Leu	
	165	170	175
Leu Tyr Arg	Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg	Pro Leu Leu	
	180	185	190
Ala Ile Gln	Pro Ser Thr Ala Arg His Lys Gln Lys	Ile Val Ala Pro	
	195	200	205
Ala Lys Gln	Leu Leu		
	210		

<210> 54
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

57/103

<400> 54
 Thr Thr Ser Val Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Gln Glu Gln Val
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Val Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asn Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Asn Thr Asp Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Arg Glu Leu Ala Gln Lys Val Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile Gln Pro Ser Thr Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 55
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

58/103

<220>

<223> FMDV VP1

<400> 55

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 56

<211> 213

59/103

<212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 56
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Ser Asn Val Pro Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

60/103

<210> 57
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 57
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Gln Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

61/103

Val Lys Gln
210

<210> 58
<211> 211
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 58
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
1 5 10 15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30
Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60
Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80
Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
85 90 95
Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125
Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
130 135 140
Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160
Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Gln Val Thr Glu Leu
165 170 175
Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

62/103

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln
 210

<210> 59
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 59
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Gln Val Thr Glu Leu
 165 170 175

63/103

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln
 210

<210> 60
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 60
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Arg Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

[illegible]

<210>	61
<211>	211
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400>																
Thr	Thr	Ser	Thr	Gly	Glu	Ser	Ala	Asp	Pro	Val	Thr	Ala	Thr	Val	Glu	
1				5				10						15		
Asn	Tyr	Gly	Gly	Glu	Thr	Gln	Val	Arg	Arg	Arg	Gln	His	Thr	Asp	Val	
			20					25					30			
Ser	Phe	Ile	Leu	Asp	Arg	Phe	Val	Lys	Val	Thr	Pro	Lys	Asp	Gln	Ile	
		35					40					45				
Asn	Val	Leu	Asp	Leu	Met	Gln	Thr	Pro	Ala	His	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	
	50					55					60					
Leu	Leu	Arg	Thr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Ala	Asp	Leu	Glu	Val	Ala	Val	
65					70					75					80	
Lys	His	Glu	Gly	Asn	Leu	Thr	Trp	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Pro	Glu	Thr	
				85					90					95		
Ala	Leu	Asp	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Thr	Ala	Tyr	His	Lys	Ala	Pro	Leu	
			100					105					110			
Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ala	Pro	His	Arg	Val	Leu	Ala	Thr	
		115					120					125				
Val	Tyr	Asn	Gly	Asn	Cys	Arg	Tyr	Gly	Ala	Ser	Pro	Val	Thr	Asn	Val	
	130					135					140					

65/103

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

<210> 62
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 62
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Gln Glu His Val
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Ala Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

66/103

Val Tyr Asn Gly Ser Asn Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Ala Asn Asn Ile
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu His Val Leu Ala Lys Asn Ala Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Ala Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile Gln Pro Ser Thr Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 63
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 63
 Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Gln Glu Gln Val
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
 100 105 110

67/103

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Gly Asp Ala Ser Ala Asn Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu His Val Leu Ala Lys Asn Ala Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Val Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile Gln Pro Ser Thr Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 64
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 64
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

68/103

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 65
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 65
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210>	66
<211>	213
<212>	PRT
<213>	Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 66
Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Ala Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ala Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Lys Pro Gln Glu Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

70/103

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Leu Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Glu Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Ser Asn Lys Tyr Gly Asp Thr Ser Ala Asn Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu His Val Leu Ala Lys Asn Ala Glu Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Thr Gln Pro Ser Thr Asp Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Ala Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 67
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 67
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

71/103

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 68
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 68
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

72/103

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 69
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 69
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

73/103

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 70
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 70

74/103

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 71
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

75/103

<400> 71
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln
 210

<210> 72
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

76/103

<220>

<223> FMDV VP1

<400> 72

Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 73

77/103

<211> 211
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 73

Thr Thr Ser Ala Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ser His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asp Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Glu Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Ala Glu Gly Ser Leu Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Pro Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Val His Pro Asp Gln Ser Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln
 210

78/103

<210> 74
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 74
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

79/103

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 75
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 75
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
1 5 10 15
Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30
Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45
Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60
Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80
Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
85 90 95
Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110
Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125
Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
130 135 140
Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160
Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175
Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

80/103

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 76
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 76
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Ala Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Arg Tyr Gly Ala Ser Pro Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

81/103

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Ser Glu Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 77
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 77
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Tyr Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

82/103

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 78
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 78
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

83/103

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

<210> 79
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 79
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30
 Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45
 Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

84/103

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 80
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 80
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

85/103

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 81
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 81
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Leu Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95

86/103

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 82
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 82
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Leu Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
65 70 75 80

87/103

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
210

<210> 83
<211> 213
<212> PRT
<213> Không biết

<220>
<223> FMDV VP1

<400> 83
Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
35 40 45

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
50 55 60

88/103

Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80

Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125

Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140

Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160

Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175

Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205

Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 84
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Không biết

<220>
 <223> FMDV VP1

<400> 84
 Thr Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Val Gln Arg Arg Gln His Thr Asp Val
 20 25 30

Ser Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Val Thr Pro Lys Asp Gln Ile
 35 40 45

89/103

Asn Val Leu Asp Leu Met Gln Thr Pro Ala His Thr Leu Val Gly Ala
 50 55 60
 Leu Leu Arg Thr Ala Thr Tyr Tyr Phe Ala Asp Leu Glu Val Ala Val
 65 70 75 80
 Lys His Glu Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Leu
 100 105 110
 Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
 115 120 125
 Val Tyr Asn Gly Asn Cys Lys Tyr Gly Glu Gly Ala Val Thr Asn Val
 130 135 140
 Arg Gly Asp Leu Gln Val Leu Ala Gln Lys Ala Ala Arg Thr Leu Pro
 145 150 155 160
 Thr Ser Phe Asn Tyr Gly Ala Ile Lys Ala Thr Arg Val Thr Glu Leu
 165 170 175
 Leu Tyr Arg Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu
 180 185 190
 Ala Ile His Pro Glu Gln Ala Arg His Lys Gln Lys Ile Val Ala Pro
 195 200 205
 Val Lys Gln Leu Leu
 210

<210> 85
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> Trình tự nhân tạo

<220>
 <223> FMDV A VP1

<400> 85
 Thr Thr Ala Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Ala Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
 20 25 30

Gly Phe Leu Met Asp Arg Phe Val Gln Ile Lys Pro Val Ser Pro Thr
35 40 45

His Val Ile Asp Leu Met Gln Thr His Gln His Gly Leu Val Gly Ala
50 55 60

Met Leu Arg Ala Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Ile Val Val
65 70 75 80

Asn His Thr Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asn Asn Thr Ser Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Phe
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Ser Gly Thr Ser Lys Tyr Ser Thr Pro Gln Thr Arg Arg Gly
130 135 140

Asp Leu Gly Pro Leu Ala Ala Arg Leu Ala Ala Gln Leu Pro Ala Ser
145 150 155 160

Phe Asn Phe Gly Ala Ile Arg Ala Thr Glu Ile Gln Glu Leu Leu Val
165 170 175

Arg Met Lys Arg Ala Glu Leu Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu Ala Val
180 185 190

Glu Val Ser Ser Gln Asp Arg His Lys Gln Lys Ile Ile Ala Pro Ala
195 200 205

Lys Gln Leu Leu
210

<210>	86
<211>	212
<212>	PRT
<213>	Trình tự nhân tạo

<220>
<223> FMDV A VP1

<400> 86
Thr Thr Ala Thr Gly Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu
1 5 10 15

91/103

Asn Tyr Gly Gly Glu Thr Gln Ala Gln Arg Arg His His Thr Asp Val
20 25 30

Ser Phe Ile Met Asp Arg Phe Val Arg Ile Lys Pro Val Ser Pro Thr
35 40 45

His Val Ile Asp Leu Met Gln Thr His Gln His Gly Leu Val Gly Ala
50 55 60

Met Leu Arg Ala Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Ile Val Val
65 70 75 80

Asn His Thr Gly Asn Leu Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Glu Ala
85 90 95

Ala Leu Asp Asn Thr Ser Asn Pro Thr Ala Tyr His Lys Ala Pro Phe
100 105 110

Thr Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr
115 120 125

Val Tyr Asn Gly Thr Ser Lys Tyr Ser Thr Pro Gly Ala Arg Arg Gly
130 135 140

Asp Leu Gly Ser Leu Ala Ala Arg Leu Ala Ala Gln Leu Pro Ala Ser
145 150 155 160

Phe Asn Phe Gly Ala Ile Arg Ala Thr Glu Ile Gln Glu Leu Leu Val
165 170 175

Arg Met Lys Arg Ala Glu Leu Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu Ala Val
180 185 190

Glu Val Leu Ser Gln Asp Arg His Lys Gln Lys Ile Ile Ala Pro Ala
195 200 205

Lys Gln Leu Leu
210

<210> 87

<211> 446

<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> FMDV A VP4-VP2-VP3

92/103

<400> 87
 Asp Lys Lys Thr Glu Glu Thr Thr Leu Leu Glu Asp Arg Ile Leu Thr
 1 5 10 15
 Thr Arg Asn Gly His Thr Thr Ser Thr Thr Gln Ser Ser Val Gly Val
 20 25 30
 Thr His Gly Tyr Ser Thr Glu Glu Asp His Val Ala Gly Pro Asn Thr
 35 40 45
 Ser Gly Leu Glu Thr Arg Val Val Gln Ala Glu Arg Phe Tyr Lys Lys
 50 55 60
 Tyr Leu Phe Asp Trp Thr Thr Asp Lys Ala Phe Gly His Leu Glu Lys
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Pro Ser Asp His His Gly Val Phe Gly His Leu Val Asp
 85 90 95
 Ser Tyr Ala Tyr Met Arg Asn Gly Trp Asp Val Glu Val Ser Ala Val
 100 105 110
 Gly Asn Gln Phe Asn Gly Gly Cys Leu Leu Val Ala Met Val Pro Glu
 115 120 125
 Trp Lys Glu Phe Asp Thr Arg Glu Lys Tyr Gln Leu Thr Leu Phe Pro
 130 135 140
 His Gln Phe Ile Ser Pro Arg Thr Asn Met Thr Ala His Ile Thr Val
 145 150 155 160
 Pro Tyr Leu Gly Val Asn Arg Tyr Asp Gln Tyr Lys Lys His Lys Pro
 165 170 175
 Trp Thr Leu Val Val Met Val Val Ser Pro Leu Thr Val Asn Asn Thr
 180 185 190
 Ser Ala Ala Gln Ile Lys Val Tyr Ala Asn Ile Ala Pro Thr Tyr Val
 195 200 205
 His Val Ala Gly Glu Leu Pro Ser Lys Glu Arg Gly Arg Lys Arg Arg
 210 215 220
 Ser Gly Ile Phe Pro Val Ala Cys Ala Asp Gly Tyr Gly Gly Leu Val
 225 230 235 240
 Thr Thr Asp Pro Lys Thr Ala Asp Pro Ala Tyr Gly Lys Val Tyr Asn
 245 250 255
 Pro Pro Arg Thr Asn Tyr Pro Gly Arg Phe Thr Asn Leu Leu Asp Val

260

270

Val Thr Thr Arg Thr Asp Asp Thr Arg Leu Leu Ala Lys Phe Asp Leu
290 295 300

Ser Leu Ala Ala Lys His Met Ser Asn Thr Tyr Leu Ser Gly Ile Ala
305 310 315 320

Gln Tyr Tyr Thr Gln Tyr Ser Gly Thr Ile Asn Leu His Phe Met Phe
325 330 335

Thr Gly Ser Thr Asp Ser Lys Ala Arg Tyr Met Val Ala Tyr Ile Pro
340 345 350

Pro Gly Val Glu Thr Pro Pro Asp Thr Pro Glu Arg Ala Ala His Cys
355 360 365

Ile His Ala Glu Trp Asp Thr Gly Leu Asn Ser Lys Phe Thr Phe Ser
370 375 380

Ile Pro Tyr Val Ser Ala Ala Asp Tyr Ala Tyr Thr Ala Ser Asp Thr
385 390 395 400

Ala Glu Thr Ile Asn Val Gln Gly Trp Val Cys Ile Tyr Gln Ile Thr
405 410 415

His Gly Lys Ala Glu Asn Asp Thr Leu Val Val Ser Val Ser Ala Gly
420 425 430

Lys Asp Phe Glu Leu Arg Leu Pro Ile Asp Pro Arg Gln Gln
435 440 445

<210> 88

<211> 636

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

 $\langle 220 \rangle$

<223> FMDV A VP1

<400> 88

accaccgcca ccgggggaatc agcagaccct gtcacaacca ccgttgagaa ctacggtggc 60

gagacacaag cacagcggcg tcaccacacc gacgtcggct tcttaatgga caggttcgtg 120

94/103

cagatcaagc ctgtgagccc cacacatgtc attgacctca tgcagacaca ccaacacggg	180
ctggtgggcg ccatgttgcg cgcggccacc tactactttt ctgatcttga gattgtgggtg	240
aaccacacgg gtaacctaac gtgggtaccc aatggagcac ccgaggcagc actgaacaac	300
acgagcaacc ccactgctta ccacaaagcg ccgttcacga ggcttgcgct cccctacacc	360
gcgccacacc gcgtgctggc aactgtgtac agcgggacga gcaagtactc cacacctcaa	420
acacggcgag gtgacctggg tcctctcgcg gcgaggctcg ctgcacagct ccctgcctcc	480
ttcaacttcg gtgcaattcg ggccacggag atccaagaac tccttgctcg catgaagcgc	540
gccgagctct actgccccag gccactgttg gcggtggagg tgtcgtcgca agacagacac	600
aagcagaaaa tcattgcccc tgcaaaacaa ctcctg	636

<210> 89
 <211> 636
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo

<220>
 <223> FMDV A VP1 ADN porcine codon optimization

<400> 89	
acaacagcca caggagaatc cgccgaccca gtgacaacca ccgtggagaa ctacggagga	60
gagacacagg ctacgcccgc gcaccacacc gacgtgggct tcctgatgga caggttcgtg	120
cagatcaagc ccgtgagccc aaccacgtg atcgacctga tgcagacca ccagcacggc	180
ctggtgggag ctatgctgag ggctgccacc tactacttct ccgacctgga gatcgtgggtg	240
aaccacaccg gaaacctgac ctgggtgcca aacggagctc cagaggccgc cctgaacaac	300
accagcaacc ccaccgccta ccacaaggct ccattcacca ggctggccct gccatacacc	360
gctccacacc gggtgctggc taccgtgtac tccggcacca gcaagtactc caccacacag	420
accaggagag gcgacctggg accactggct gctaggctgg ctgctcagct gccagcctcc	480
ttcaacttcg gagctatcag ggctaccgag atccaggagc tgctgggtgag gatgaagaga	540
gccgagctgt actgccccag gccactgctg gctgtggagg tgtccagcca ggacagacac	600

95/103

aagcagaaga tcatcgcccc agccaagcag ctgctg

636

<210> 90

<211> 636

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> FMDV A VP1

<400> 90

acaacagcca caggagaatc cgccgaccca gtgacaacca ccgtggagaa ctacggagga 60

gagacacagg ctacgcgccg gcaccacacc gacgtgggct tcctgatgga caggttcgtg 120

cagatcaagc ccgtgagccc aaccacgtg atcgacctga tgcagaccca ccagcacggc 180

ctgggtgggag ctatgctgag ggctgccacc tactacttct ccgacctgga gatcgtgggtg 240

aaccacaccg gaaacctgac ctgggtgcca aacggagctc cagaggccgc cctgaacaac 300

accagcaacc ccaccgccta ccacaaggct ccattcacca ggctggccct gccatacacc 360

gctccacacc gggtgctggc taccgtgtac tccggcacca gcaagtactc caccacacag 420

accaggagag gcgacctggg accactggct gctaggctgg ctgctcagct gccagcctcc 480

ttcaacttcg gagctatcag ggctaccgag atccaggagc tgctgggtgag gatgaagaga 540

gccgagctgt actgccccag gccactgctg gctgtggagg tgtccagcca ggacagacac 600

aagcagaaga tcatcgcccc agccaagcag ctgctg 636

<210> 91

<211> 636

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> FMDV A VP4-VP2-VP3

<400> 91

acaacagcca caggagaatc cgccgaccca gtgacaacca ccgtggagaa ctacggagga 60

gagacacagg ctacgcgccg gcaccacacc gacgtgggct tcctgatgga caggttcgtg 120

96/103

cagatcaagc ccgtgagccc aaccacgtg atcgacctga tgcagacca ccagcacggc 180
 ctggtgggag ctatgctgag ggctgccacc tactacttct ccgacctgga gatcgtggg 240
 aaccacaccg gaaacctgac ctgggtgcca aacggagctc cagaggccgc cctgaacaac 300
 accagcaacc ccaccgcta ccacaaggct ccattcacca ggctggcct gccatacacc 360
 gctccacacc ggggtgctggc taccgtgtac tccggcacca gcaagtactc caccacacag 420
 accaggagag gcgacctggg accactggct gctaggctgg ctgctcagct gccagcctcc 480
 ttcaacttcg gagctatcag ggctaccgag atccaggagc tgctgggtgag gatgaagaga 540
 gccgagctgt actgccccag gccactgctg gctgtggagg tgtccagcca ggacagacac 600
 aagcagaaga tcatcgcccc agccaagcag ctgctg 636

<210> 92
 <211> 2400
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo
 <220>
 <223> FMDV A VP4-VP2-VP3-VP1

<400> 92
 gccaccatgg attggacatg gattctgttc ctggtggctg ctgctactag agtgcattca 60
 ggggccggac agtcttcacc cgcaaccgga tcacagaacc agagtggaaa taccgggagc 120
 atcattaaca attactatat gcagcagtac cagaacagca tggacacaca gctgggggat 180
 aacgccatca gcggcggcag caatgagggc tccacagata ccacatctac tcacactacc 240
 aatacccaga acaatgactg gttctctaaa ctggcaagct ccgccttcac cggcctcttt 300
 ggagctctgc tcgcaagggg aagaaagagg agaagcgata agaaaacaga ggaaaccacc 360
 ctgctggagg acagaatcct gaccacaaga aacgggcaca ctaccagcac aactcagtct 420
 tcagtgggag tcacacacgg atactcaact gaggaagacc atgtggccgg gccaaatacc 480
 agtggcctgg agacacgagt ggtccaggct gaaaggttct acaagaaata tctgtttgac 540
 tggaccacag ataaggcctt cggccacctg gagaaactgg aactcccctc agaccaccac 600
 ggctgtttcg gccatctggg cgatagctac gcctatatga gaaacggatg ggacgtggag 660

97/103

gtctccgctg tgggcaacca gttcaatggc ggatgcctgc tcgtggctat ggtgcccag	720
tggaaggaat ttgataccag ggaaaaatac cagctgacac tcttcccaca ccagtttatac	780
tctcctagaa ctaacatgac cgcccatatt accgtgcctt atctgggcgt caatcggtag	840
gaccagtata agaaacacaa accttggacc ctggtgggtca tgggtggtag tcccctcaca	900
gtgaacaata ctagcgccgc tcagatcaag gtctacgcca acattgctcc aacctatgtg	960
cacgtcgcag gagagctgcc ttccaaggaa cggggacgca aacggcgctc tgggatcttc	1020
ccagtggcat gtgctgacgg atacggaggg ctggtcacta ccgaccctaa gaccgcagat	1080
ccgcctacg gaaaagtgtg taaccaccc aggactaatt acccagggcg gttcaccaac	1140
ctgctcgatg tggcagaggc ctgccccacc ttcctgtgct ttgacgatgg caagccatac	1200
gtgacaactc ggacagacga tactcgctg ctcgccaagt ttgacctgag cctcgcagcc	1260
aaacacatgt caaacaccta cctgagtggg atcgcccagt actatactca gtattccggg	1320
accattaatc tgcatttcat gtttaccggc tctacagact caaaggctcg ctacatgggtg	1380
gcatatatcc ctccggcgt cgagaccca cctgatacac ctgaaaggcg tgcacactgc	1440
atccatgccg agtgggacac aggactgaac agcaagttca ctttttccat tccctacgtg	1500
tctgccgctg actacgtta taccgcatcc gatactgccg aaaccattaa cgtgcaggga	1560
tgggtctgta tctaccagat tactcacggg aaagccgaga atgacaccct ggtggtctcc	1620
gtgtctgctg gcaaggactt cgaactcaga ctccccattg acccaagaca gcagagaggc	1680
agaaaaagac gcagcacaac agccacagga gaatccgccg acccagtgac aaccaccgtg	1740
gagaactacg gaggagagac acaggctcag cgccggcacc acaccgacgt gggcttcctg	1800
atggacaggt tcgtgcagat caagcccgtg agcccaaccc acgtgatcga cctgatgcag	1860
accaccagc acggcctggg gggagctatg ctgagggtg ccacctacta cttctccgac	1920
ctggagatcg tgggtgaacca caccggaac ctgacctggg tgccaaacgg agctccagag	1980
gccgccctga acaacaccag caaccccacc gcctaccaca aggctccatt caccaggctg	2040
gccctgccat acaccgctcc acaccgggtg ctggctaccg tgtactccgg caccagcaag	2100
tactccaccc cacagaccag gagaggcgac ctgggaccac tggctgctag gctggctgct	2160

98/103

cagctgccag cctccttcaa cticggagct atcagggcta ccgagatcca ggagctgctg 2220
 gtgaggatga agagagccga gctgtactgc cccaggccac tgctggctgt ggaggtgtcc 2280
 agccaggaca gacacaagca gaagatcatc gcccagcca agcagctgct gcgcggccgg 2340
 aaacgacgct ctaattttga cctcctgaaa ctggctggcg atgtggaatc taaccctggc 2400
 2400

<210> 93
 <211> 633
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo
 <220>
 <223> FMDV Asia1 loại VP1

<400> 93
 actaccacaa ctggggaatc agccgaccca gtcaccacaa ctgtggagaa ctacggcgga 60
 gaaaccaga cagcaagacg gctgcacacc gacgtggcct tcatcctcga tcgctttgtg 120
 aagctgacag cccccaaaa tatccagact ctggacctca tgcagattcc atccataca 180
 ctgggtggcg cactgctcag gagtgccact tactatttca gcgacctgga ggctgctctc 240
 gtgcacactg gaccagtcac ctgggtgcct aacggagcac caaaggatgc tctgaacaat 300
 cagaccaatc caacagccta ccagaaacag cctatcacca ggctggctct cccatataca 360
 gcacctcaca gagtctggc taccgtgtac aacggaaaga ccgcctacgg cgagaccaca 420
 agccgccgag gcgacatggc agccctggcc cagcggctct ccgctcgcct gccacatct 480
 ttcaattacg gagcagtga ggccgatact atcaccgagc tgctcattag gatgaaaaga 540
 gccgaaacct attgccccag gccactgctc gctctggaca ctaccagga taggagaaag 600
 caggagatca ttgccccaga aaaacaggtg ctg 633

<210> 94
 <211> 2262
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo

99/103

<220>

<223> FMDV Asia1 loại VP4-VP2-VP3-VP1

<400> 94

ggggccggac agtcttcacc tgctactggg agccagaacc agagcggaaa tacagggtcc	60
atcattaaca attactatat gcagcagtac cagaacagca tggacacca gctgggcat	120
aacgccatct ccggcggatc taatgaggga tctactgaca ccacatcaac acacactaac	180
aatacccaga acaatgattg gttcagtaga ctcgccagct ccgctttctc tggactgttt	240
ggagcactgc tcgcccgggg ccgcaaggagg agatccgaca agaaaaccga ggaaaccacc	300
ctgctggagg atcgaatcct gacaactagg aacggacata ccacaagcac taccagttct	360
tcagtgggag tcacctacgg gtatgctgtc gcagaagacg ccgtgagtgg gcccaacaca	420
agcggcctgg agactagagt gcagcaggct gaacggttct ttaagaaaca cctcttcgat	480
tggacaccta atctggcctt tggccattgc tactatctgg agctccccac cgaacacaag	540
gggggtgtacg gctcactgat ggggagttac gcatatatgc ggaacggatg ggacatcgag	600
gtgaccgcag tcggaaacca gttcaatggc ggatgtctgc tcgtggctct ggtccctgag	660
ctgaaggaac tcgatacaag gcagaaatac cagctgactc tcttccctca tcagtttatt	720
aaccccagaa caaatatgac tgcccacatc aacgtgccct acgtcggcat taatcggtac	780
gaccagtatg ccctccataa gccttggacc ctggtgggtca tgggtggctgc tcccctgacc	840
gtgaagacag gaggggtccga gcagatcaaa gtgtacatga acgccgctcc aacctatgtg	900
cacgtcgccg gcgagctgcc ttcaaaggaa cgaggcagga aacggcgctc tggaattgtg	960
ccagtcgcat gcgctgacgg atacggaaac atggtgacaa ctgaccccaa gaccgccgat	1020
ccagtctatg gaaaagtgtt caaccacccc aggaccaatc tccctgggag attcacaac	1080
tttctggatg tggcagaggc ctgtcccaca ttcctgcggt ttggggaagt gccattcgtc	1140
aagaccgtga acagcggcga ccgactgctc gccaaatttg acgtgagcct ggccgccggc	1200
cacatgagta acacctacct ggctggactc gcacagtact ataccagta tagcgggaca	1260
atgaatgtgc acttcatgtt tactggccca accgacgcta aggcaagata catggtcgcc	1320
tatgtgcctc ccgggatgac accacctact gaccctgagc acgctgcaca ttgcatccac	1380

100/103

agcgaatggg atactggcct caactccaaa ttcacctttt ctattcccta cctgtcagcc 1440
 gctgactacg cctatacagc cagcgatgtg gccgagacca catccgtcca gggatgggtg 1500
 tgcattctacc agattaccca cggcaaggct gagggagacg cactgggtggt gagcgtgagc 1560
 gccgggaaag acttcgaatt tcggctgccc gtggatgcac gccagcagag aggacggaag 1620
 cgaaggtcta ctaccacaac tggggaatca gccgaccag tcaccacaac tgtggagaac 1680
 tacggcggag aaaccagac agcaagacgg ctgcacaccg acgtggcctt catcctcgat 1740
 cgctttgtga agctgacagc ccccaaaaat atccagactc tggacctcat gcagattcca 1800
 tcccatacac tgggtgggcgc actgctcagg agtgccactt actatttcag cgacctggag 1860
 gtcgctctcg tgcacactgg accagtcacc tgggtgccta acggagcacc aaaggatgct 1920
 ctgaacaatc agaccaatcc aacagcctac cagaaacagc ctatcaccag gctggctctc 1980
 ccatatacag cacctcacag agtcctggct accgtgtaca acggaaagac cgcctacggc 2040
 gagaccacaa gccgccgagg cgacatggca gccctggccc agcggctctc cgctcgctg 2100
 cccacatctt tcaattacgg agcagtgaag gccgatacta tcaccgagct gctcattagg 2160
 atgaaaagag ccgaaaccta ttgccccagg ccactgctcg ctctggacac taccaggat 2220
 aggagaaagc aggagatcat tgccccagaa aaacaggtgc tg 2262

<210> 95

<211> 754

<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> FMDV Asia1 loại VP4-VP2-VP3-VP1

<400> 95

Gly Ala Gly Gln Ser Ser Pro Ala Thr Gly Ser Gln Asn Gln Ser Gly
 1 5 10 15

Asn Thr Gly Ser Ile Ile Asn Asn Tyr Tyr Met Gln Gln Tyr Gln Asn
 20 25 30

Ser Met Asp Thr Gln Leu Gly Asp Asn Ala Ile Ser Gly Gly Ser Asn
 35 40 45

101/103

Glu Gly Ser Thr Asp Thr Thr Ser Thr His Thr Asn Asn Thr Gln Asn
 50 55 60
 Asn Asp Trp Phe Ser Arg Leu Ala Ser Ser Ala Phe Ser Gly Leu Phe
 65 70 75 80
 Gly Ala Leu Leu Ala Arg Gly Arg Lys Arg Arg Ser Asp Lys Lys Thr
 85 90 95
 Glu Glu Thr Thr Leu Leu Glu Asp Arg Ile Leu Thr Thr Arg Asn Gly
 100 105 110
 His Thr Thr Ser Thr Thr Gln Ser Ser Val Gly Val Thr Tyr Gly Tyr
 115 120 125
 Ala Val Ala Glu Asp Ala Val Ser Gly Pro Asn Thr Ser Gly Leu Glu
 130 135 140
 Thr Arg Val Gln Gln Ala Glu Arg Phe Phe Lys Lys His Leu Phe Asp
 145 150 155 160
 Trp Thr Pro Asn Leu Ala Phe Gly His Cys Tyr Tyr Leu Glu Leu Pro
 165 170 175
 Thr Glu His Lys Gly Val Tyr Gly Ser Leu Met Gly Ser Tyr Ala Tyr
 180 185 190
 Met Arg Asn Gly Trp Asp Ile Glu Val Thr Ala Val Gly Asn Gln Phe
 195 200 205
 Asn Gly Gly Cys Leu Leu Val Ala Leu Val Pro Glu Leu Lys Glu Leu
 210 215 220
 Asp Thr Arg Gln Lys Tyr Gln Leu Thr Leu Phe Pro His Gln Phe Ile
 225 230 235 240
 Asn Pro Arg Thr Asn Met Thr Ala His Ile Asn Val Pro Tyr Val Gly
 245 250 255
 Ile Asn Arg Tyr Asp Gln Tyr Ala Leu His Lys Pro Trp Thr Leu Val
 260 265 270
 Val Met Val Val Ala Pro Leu Thr Val Lys Thr Gly Gly Ser Glu Gln
 275 280 285
 Ile Lys Val Tyr Met Asn Ala Ala Pro Thr Tyr Val His Val Ala Gly
 290 295 300
 Glu Leu Pro Ser Lys Glu Arg Gly Arg Lys Arg Arg Ser Gly Ile Val

102/103

305		310		315		320
Pro Val Ala Cys	Ala Asp Gly Tyr Gly	Asn Met Val Thr Thr	Asp Pro			
	325	330	335			
Lys Thr Ala Asp	Pro Val Tyr Gly	Lys Val Phe Asn Pro	Pro Arg Thr			
	340	345	350			
Asn Leu Pro Gly	Arg Phe Thr Asn Phe Leu Asp	Val Ala Glu Ala Cys				
	355	360	365			
Pro Thr Phe Leu	Arg Phe Gly Glu Val Pro Phe Val	Lys Thr Val Asn				
	370	375	380			
Ser Gly Asp Arg	Leu Leu Ala Lys Phe Asp Val Ser	Leu Ala Ala Gly				
385	390	395	400			
His Met Ser Asn	Thr Tyr Leu Ala Gly Leu Ala Gln Tyr Tyr Thr	Gln				
	405	410	415			
Tyr Ser Gly Thr	Met Asn Val His Phe Met Phe Thr Gly	Pro Thr Asp				
	420	425	430			
Ala Lys Ala Arg	Tyr Met Val Ala Tyr Val Pro Pro Gly Met Thr Pro					
	435	440	445			
Pro Thr Asp Pro	Glu His Ala Ala His Cys Ile His Ser Glu Trp Asp					
	450	455	460			
Thr Gly Leu Asn	Ser Lys Phe Thr Phe Ser Ile Pro Tyr Leu Ser Ala					
465	470	475	480			
Ala Asp Tyr Ala	Tyr Thr Ala Ser Asp Val Ala Glu Thr Thr Ser Val					
	485	490	495			
Gln Gly Trp Val	Cys Ile Tyr Gln Ile Thr His Gly Lys Ala Glu Gly					
	500	505	510			
Asp Ala Leu Val	Val Ser Val Ser Ala Gly Lys Asp Phe Glu Phe Arg					
	515	520	525			
Leu Pro Val Asp	Ala Arg Gln Gln Arg Gly Arg Lys Arg Arg Ser Thr					
	530	535	540			
Thr Thr Thr Gly	Glu Ser Ala Asp Pro Val Thr Thr Thr Val Glu Asn					
545	550	555	560			
Tyr Gly Gly Glu	Thr Gln Thr Ala Arg Arg Leu His Thr Asp Val Ala					
	565	570	575			

103/103

Phe Ile Leu Asp Arg Phe Val Lys Leu Thr Ala Pro Lys Asn Ile Gln
580 585 590

Thr Leu Asp Leu Met Gln Ile Pro Ser His Thr Leu Val Gly Ala Leu
595 600 605

Leu Arg Ser Ala Thr Tyr Tyr Phe Ser Asp Leu Glu Val Ala Leu Val
610 615 620

His Thr Gly Pro Val Thr Trp Val Pro Asn Gly Ala Pro Lys Asp Ala
625 630 635 640

Leu Asn Asn Gln Thr Asn Pro Thr Ala Tyr Gln Lys Gln Pro Ile Thr
645 650 655

Arg Leu Ala Leu Pro Tyr Thr Ala Pro His Arg Val Leu Ala Thr Val
660 665 670

Tyr Asn Gly Lys Thr Ala Tyr Gly Glu Thr Thr Ser Arg Arg Gly Asp
675 680 685

Met Ala Ala Leu Ala Gln Arg Leu Ser Ala Arg Leu Pro Thr Ser Phe
690 695 700

Asn Tyr Gly Ala Val Lys Ala Asp Thr Ile Thr Glu Leu Leu Ile Arg
705 710 715 720

Met Lys Arg Ala Glu Thr Tyr Cys Pro Arg Pro Leu Leu Ala Leu Asp
725 730 735

Thr Thr Gln Asp Arg Arg Lys Gln Glu Ile Ile Ala Pro Glu Lys Gln
740 745 750

Val Leu