**VC1 linear epitopes**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 1 | A | 1 | 22 | GIINTLQKYYCRVRGGRCAVLS | 22 | 0.815 |
| 2 | A | 340 | 379 | YLNSKKHGATGLGNPVGGNVTTKKGNPVGGNVTTNATGSD | 40 | 0.789 |
| 3 | A | 94 | 121 | AFNMEWAAYGSDVSYEEWGPGPGSLVKD | 28 | 0.747 |
| 4 | A | 24 | 43 | LPKEEQIGKCSTRGRKCCRR | 20 | 0.734 |
| 5 | A | 304 | 323 | VGGPKKDGSSSTNTASGSGA | 20 | 0.715 |
| 6 | A | 60 | 74 | KAAAAAYDKNVWGLS | 15 | 0.698 |
| 7 | A | 151 | 167 | AGPGPGEMLQTEYMSGH | 17 | 0.666 |
| 8 | A | 269 | 276 | SAAKKSGS | 8 | 0.63 |
| 9 | A | 245 | 254 | ENSTYSAGPG | 10 | 0.587 |
| 10 | A | 181 | 185 | DSLSG | 5 | 0.57 |
| 11 | A | 139 | 149 | PIVGTATGAEV | 11 | 0.516 |

**VC1 discontinuous epitope**

|  |
| --- |
|  |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 1 | A:G1, A:I2, A:I3, A:N4, A:T5, A:L6, A:Q7, A:K8, A:Y9, A:Y10, A:C11, A:R12, A:V13, A:R14, A:G15, A:G16, A:R17, A:C18, A:A19, A:V20, A:L21, A:S22, A:C23, A:Q29, A:I30, A:G31, A:K32, A:C33, A:S34, A:T35, A:R36, A:G37, A:R38, A:K39, A:C40, A:C41, A:R42, A:E46 | 38 | 0.804 |
| 2 | A:N303, A:V304, A:G305, A:G306, A:P307, A:K308, A:K309, A:D310, A:G311, A:S312, A:S313, A:S314, A:T315, A:N316, A:T317, A:A318, A:M337, A:Y340, A:L341, A:N342, A:S343, A:K344, A:K345, A:H346, A:G347, A:A348, A:T349, A:G350, A:L351, A:G352, A:N353, A:P354, A:V355, A:G356, A:G357, A:N358, A:V359, A:T360, A:T361, A:K362, A:K363, A:G364, A:N365, A:P366, A:V367, A:G368, A:G369, A:N370, A:V371, A:T372, A:T373, A:N374, A:A375, A:T376, A:G377, A:S378, A:D379 | 57 | 0.776 |
| 3 | A:W57, A:K60, A:A61, A:A62, A:A63, A:A64, A:A65, A:Y66, A:D67, A:K68, A:N69, A:V70, A:W71, A:G72, A:L73, A:S74, A:A94, A:F95, A:N96, A:M97, A:E98, A:W99, A:A100, A:A101, A:Y102, A:G103, A:S104, A:D105, A:V106, A:S107, A:Y108, A:E109, A:E110, A:W111, A:G112, A:P113, A:G114, A:P115, A:G116, A:S117, A:L118, A:V119, A:K120 | 43 | 0.724 |
| 4 | A: N246, A:S247, A:T248 | 3 | 0.695 |
| 5 | A:D121, A:A124, A:K125, A:I126 | 4 | 0.621 |
| 6 | A:T267, A:S269, A:A270, A:A271, A:K272, A:K273, A:S274, A:G275, A:S276, A:S319, A:G320, A:S321, A:G322, A:A323, A:K326 | 15 | 0.588 |
| 7 | A:D127, A:Q138, A:P139, A:I140, A:V141, A:G142, A:T143, A:A144, A:T145, A:G146, A:A147, A:E148, A:V149, A:S150, A:A151, A:G152, A:P153, A:G154, A:P155, A:G156, A:E157, A:L159, A:Q160, A:T161, A:E162, A:Y163, A:M164, A:S165, A:G166, A:H167, A:Q168, A:G172, A:P175, A:G178, A:D181, A:S182, A:L183, A:S184, A:G185 | 39 | 0.579 |

**VC2 linear epitope**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 1 | A | 418 | 464 | DAFNMEWYLNSKKHGATGLGNPVGGNVTTKKGNPVGGNVTTNATGSD | 47 | 0.788 |
| 2 | A | 65 | 127 | VILEAAGDKKIGVIKVVREIVSGLGLKEAKDLVDGAPKPLLEKVAKEAA  DEAKAKLEAAGATV | 63 | 0.781 |
| 3 | A | 1 | 40 | MAKLSTDELLDAFKEMTLLELSDFVKKFEETFEVTAAAPV | 40 | 0.768 |
| 4 | A | 389 | 401 | VGGPKKDGSSSTN | 13 | 0.759 |
| 5 | A | 238 | 252 | PGPGEMLQTEYMSGH | 15 | 0.668 |
| 6 | A | 224 | 235 | PIVGTATGAEVS | 12 | 0.666 |
| 7 | A | 188 | 200 | GSDVSYEEWGPGP | 13 | 0.599 |
| 8 | A | 206 | 218 | DWMAKIDLSKVGP | 13 | 0.599 |
| 9 | A | 277 | 282 | GPGPGA | 6 | 0.573 |
| 10 | A | 151 | 157 | YDKNVWG | 7 | 0.524 |
| 11 | A | 259 | 270 | GPGLGMFDSLSG | 12 | 0.503 |

**VC2 discontinuous epitope**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 1 | A:E59, A:Q60, A:S61, A:V65, A:L67, A:E68, A:A69, A:A70, A:G71, A:D72, A:K73, A:K74, A:I75, A:G76, A:V77, A:I78, A:K79, A:V80, A:V81, A:R82, A:E83, A:I84, A:V85, A:S86, A:G87, A:L88, A:G89, A:L90, A:K91, A:E92, A:A93, A:K94, A:D95, A:L96, A:V97, A:D98, A:G99, A:A100, A:P101, A:K102, A:L104, A:L105, A:V108, A:A109, A:K110, A:E111, A:A112, A:A113, A:D114, A:E115, A:A116, A:K117, A:A118, A:K119, A:L120, A:E121, A:A122, A:A123, A:G124, A:A125, A:T126, A:V127 | 62 | 0.796 |
| 2 | A:Y334, A:V389, A:G390, A:G391, A:P392, A:K393, A:K394, A:D395, A:G396, A:S397, A:S398, A:S399, A:T400, A:N401, A:T402, A:S404, A:G405, A:F420, A:N421, A:M422, A:E423, A:W424, A:Y425, A:L426, A:N427, A:S428, A:K429, A:K430, A:H431, A:G432, A:A433, A:T434, A:G435, A:L436, A:G437, A:N438, A:P439, A:V440, A:G441, A:G442, A:N443, A:V444, A:T445, A:T446, A:K447, A:K448, A:G449, A:N450, A:P451, A:V452, A:G453, A:G454, A:N455, A:V456, A:T457, A:T458, A:N459, A:A460, A:T461, A:G462, A:S463, A:D464 | 62 | 0.767 |
| 3 | A:M1, A:A2, A:K3, A:L4, A:S5, A:T6, A:D7, A:E8, A:L9, A:L10, A:D11, A:A12, A:F13, A:K14, A:E15, A:M16, A:T17, A:L18, A:L19, A:E20, A:L21, A:S22, A:D23, A:F24, A:V25, A:K26, A:K27, A:F28, A:E29, A:E30, A:T31, A:F32, A:E33, A:V34, A:T35, A:A36, A:A37, A:A38, A:P39, A:V40, A:Y151, A:D152, A:K153, A:N154, A:V155, A:W156, A:G157, A:S159, A:Y160, A:D206, A:W207, A:A209, A:K210, A:I211, A:D212, A:L213, A:S214, A:K215, A:V216, A:G217, A:P218, A:G219, A:P224, A:I225, A:V226, A:G227, A:T228, A:A229, A:T230, A:G231, A:A232, A:E233, A:V234, A:S235, A:A236, A:G237, A:P238, A:G239, A:P240, A:G241, A:E242, A:M243, A:L244, A:Q245, A:T246, A:E247, A:Y248, A:M249, A:S250, A:G251, A:H252, A:Q253, A:I256, A:G259, A:P260, A:G261, A:L262, A:G263, A:M264, A:F265, A:D266, A:S267, A:L268, A:S269, A:G270 | 105 | 0.655 |
| 4 | A: G197, A: P198, A:G199, A:P200, A:S202, A:L203 | 6 | 0.629 |
| 5 | A:D166, A:A185, A:G188, A:S189, A:D190, A:V191, A:S192, A:E194, A:E195, A:W196 | 10 | 0.554 |