FIG. 1A

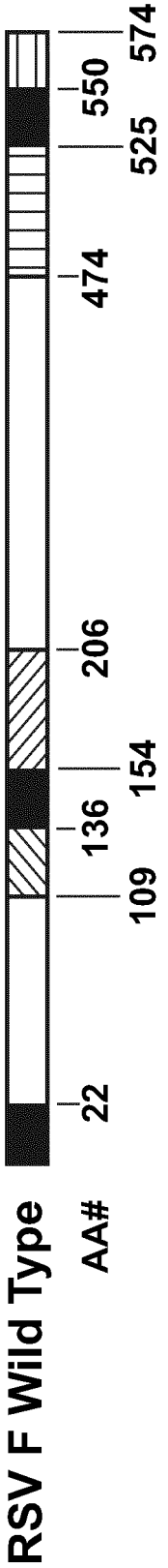
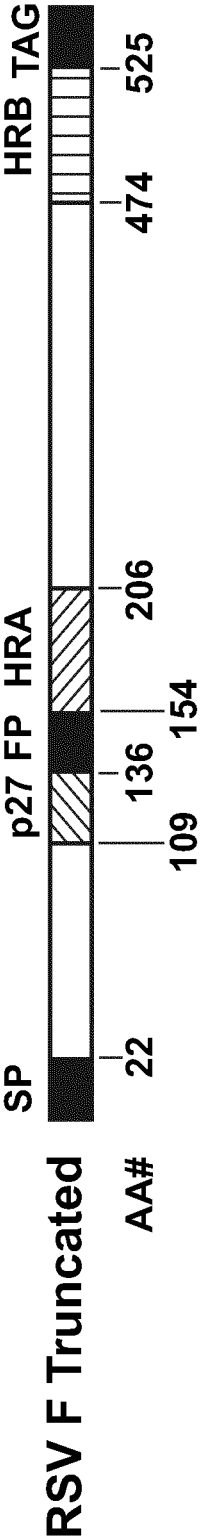

RSV F Wild Type
AA#
SP
p27
FP
HRA
HRB
TM
CT
22
109
136
154
206
474
525
550
574

FIG. 1B


RSV F Truncated
AA#
SP
p27
FP
HRA
HRB
HIS
TAG
22
109
136
154
206
474
525

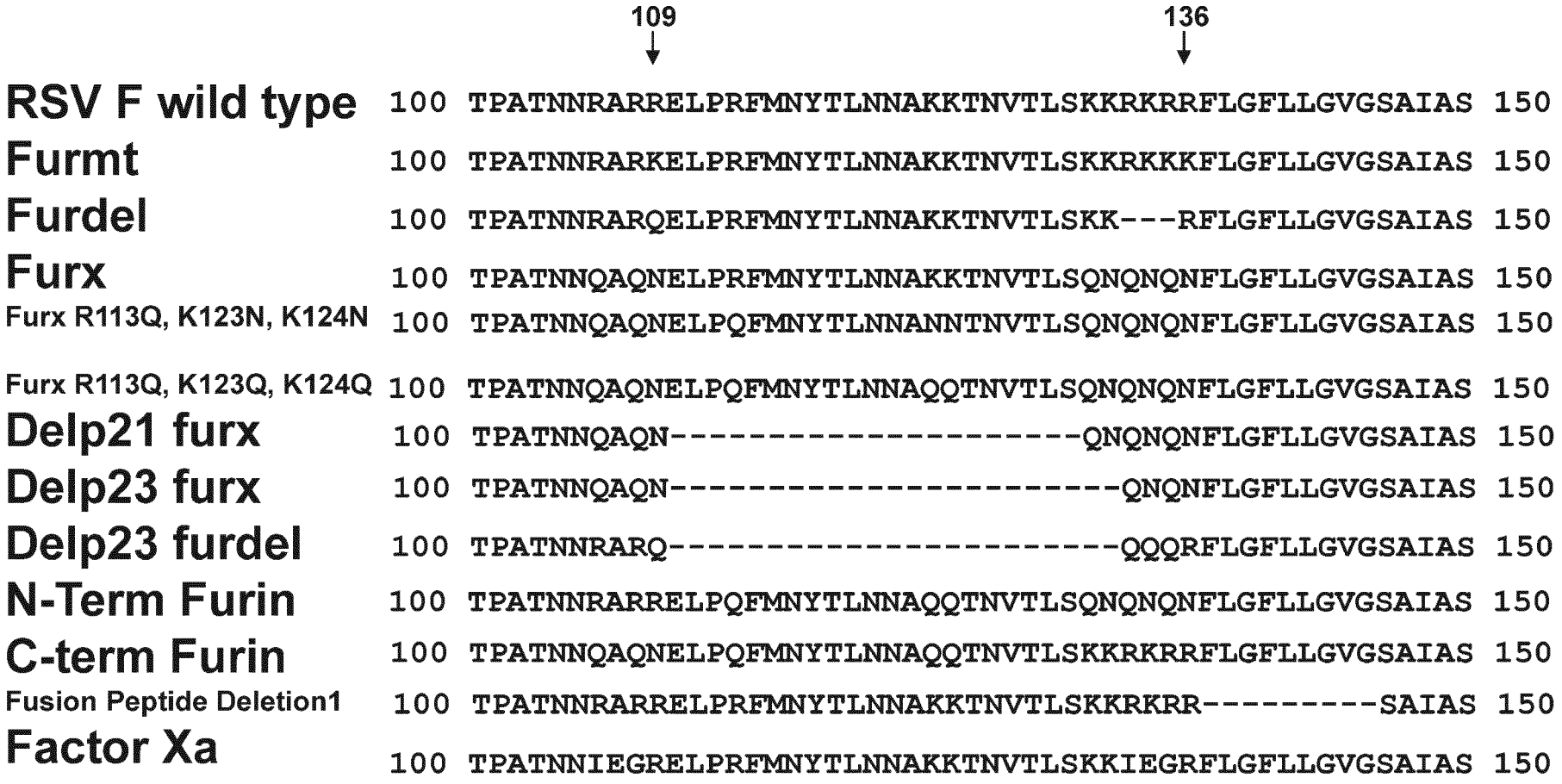

109
136
RSV F wild type 100 TPATNNRARRELPRFMNYTLNNAKKTNVTLSKKRKRRFLGFLLGVGSAIAS 150
Furmt 100 TPATNNRARKELPRFMNYTLNNAKKTNVTLSKKRKKKFLGFLLGVGSAIAS 150
Furdel 100 TPATNNRARQELPRFMNYTLNNAKKTNVTLSKK---RFLGFLLGVGSAIAS 150
Furx 100 TPATNNQAQNELPRFMNYTLNNAKKTNVTLSQNQNQNFLGFLLGVGSAIAS 150
Furx R113Q, K123N, K124N 100 TPATNNQAQNELPQFMNYTLNNANNTNVTLSQNQNQNFLGFLLGVGSAIAS 150
Furx R113Q, K123Q, K124Q 100 TPATNNQAQNELPQFMNYTLNNAQQTNVTLSQNQNQNFLGFLLGVGSAIAS 150
Delp21 furx 100 TPATNNQAQN----------QNQNQNFLGFLLGVGSAIAS 150
Delp23 furx 100 TPATNNQAQN----------QNQNFLGFLLGVGSAIAS 150
Delp23 furdel 100 TPATNNRARQ----------QQQRFLGFLLGVGSAIAS 150
N-Term Furin 100 TPATNNRARRELPQFMNYTLNNAQQTNVTLSQNQNQNFLGFLLGVGSAIAS 150
C-term Furin 100 TPATNNQAQNELPQFMNYTLNNAQQTNVTLSKKRKRRFLGFLLGVGSAIAS 150
Fusion Peptide Deletion1 100 TPATNNRARRELPRFMNYTLNNAKKTNVTLSKKRKRR---------SAIAS 150
Factor Xa 100 TPATNNIEGRELPRFMNYTLNNAKKTNVTLSKKIEGRFLGFLLGVGSAIAS 150

FIG. 1C

```
B           MELLIHRLSAIFLTLAINALYLTSSQNITEEFYQSTCSAVSRGYFSALRTGWYTSVITIE 60
CP52        MELLIHRLSAIFLTLAINALYLTSSQNITEEFYQSTCSAVSRGYFSALRTGWYTSVITIE 60
18537       MELLIHRSSAIFLTLAVNALYLTSSQNITEEFYQSTCSAVSRGYFSALRTGWYTSVITIE 60
A2          MELLILKANAITTILTAVTFCFASGQNITEEFYQSTCSAVSKGYLSALRTGWYTSVITIE 60
Long        MELPILKANAITTILAAVTFCFASSQNITEEFYQSTCSAVSKGYLSALRTGWYTSVITIE 60
Consensus   MELlIlkanAIttiLaavtfcfaSsQNITEEFYQSTCSAVSkGYlSALRTGWYTSVITIE

B           LSNIKETKCNGTDTKVKLIKQELDKYKNAVTELQLLMQNTPAANNRARREAPQYMNYTIN 120
CP52        LSNIKETKCNGTDTKVKLIKQELDKYKNAVTELQLLMQNTPAANNRARREAPQYMNYTIN 120
18537       LSNIKETKCNGTDTKVKLIKQELDKYKNAVTELQLLMQNTPAANNRARREAPQYMNYTIN 120
A2          LSNIKENKCNGTDAKVKLIKQELDKYKNAVTELQLLMQSTPATNNRARRELPRFMNYTLN 120
Long        LSNIKENKCNGTDAKVKLINQELDKYKNAVTELQLLMQSTTAANNRARRELPRFMNYTLN 120
Consensus   LSNIKEnKCNGTDaKVKLIkQELDKYKNAVTELQLLMQsTpAaNNRARRElPr%MNYTlN

B           TTKNLNVSISKKRKRRFLGFLLGVGSAIASGIAVSKVLHLEGEVNKIKNALLSTNKAVVS 180
CP52        TTKNLNVSISKKRKRRFLGFLLGVGSAIASGIAVSKVLHLEGEVNKIKNALLSTNKAVVS 180
18537       TTKNLNVSISKKRKRRFLGFLLGVGSAIASGIAVSKVLHLEGEVNKIKNALLSTNKAVVS 180
A2          NAKKTNVTLSKKRKRRFLGFLLGVGSAIASGVAVSKVLHLEGEVNKIKSALLSTNKAVVS 180
Long        NTKKTNVTLSKKRKRRFLGFLLGVGSAIASGIAVSKVLHLEGEVNKIKSALLSTNKAVVS 180
Consensus   ntKktNVtlSKKRKRRFLGFLLGVGSAIASG!AVSKVLHLEGEVNKIKsALLSTNKAVVS
```

FIG. 2A

```
B           LSNGVSVLTSKVLDLKNYINNQLLPIVNQQSCRISNIETVIEFQQKNSRLLEINREFSVN 240
CP52        LSNGVSVLTSKVLDLKNYINNQLLPIVNQQSCRISNIGTVIEFQQKNSRLLEINREFSVN 240
18537       LSNGVSVLTSKVLDLKNYINNRLLPIVNQQSCRISNIETVIEFQQMNSRLLEITREFSVN 240
A2          LSNGVSVLTSKVLDLKNYIDKQLLPIVNKQSCSISNIATVIEFQQKNNRLLEITREFSVN 240
Long        LSNGVSVLTSKVLDLKNYIDKQLLPIVNKQSCRISNIETVIEFQQKNNRLLEITREFSVN 240
Consensus   LSNGVSVLTSKVLDLKNYI#KQLLPIVNkQSCrISNIeTVIEFQQkNnRLLEItREFSVN

B           AGVTTPLSTYMLTNSELLSLINDMPITNDQKKLMSSNVQIVRQQSYSIMSIIKEEVLAYV 300
CP52        AGVTTPLSTYMLTNSELLSLINDMPITNDQKKLMSSNVQIVRQQSYSIMSIIKEEVLAYV 300
18537       AGVTTPLSTYMLTNSELLSLINDMPITNDQKKLMSSNVQIVRQQSYSIMSIIKEEVLAYV 300
A2          AGVTTPVSTYMLTNSELLSLINDMPITNDQKKLMSNNVQIVRQQSYSIMSIIKEEVLAYV 300
Long        AGVTTPVSTYMLTNSELLSLINDMPITNDQKKLMSNNVQIVRQQSYSIMSIIKEEVLAYV 300
Consensus   AGVTTPvSTYMLTNSELLSLINDMPITNDQKKLMSnNVQIVRQQSYSIMSIIKEEVLAYV

B           VQLPIYGVIDTPCWKLHTSPLCTTNIKEGSNICLTRTDRGWYCDNAGSVSFFPQADTCKV 360
CP52        VQLPIYGVIDTPCWKLHTSPLCTTNIKEGSNICLTRTDRGWYCDNAGSVSFFPQADTCKV 360
18537       VQLPIYGVIDTPCWKLHTSPLCTTNIKEGSNICLTRTDRGWYCDNAGSVSFFPQADTCKV 360
A2          VQLPLYGVIDTPCWKLHTSPLCTTNTKEGSNICLTRTDRGWYCDNAGSVSFFPQAETCKV 360
Long        VQLPLYGVIDTPCWKLHTSPLCTTNTKEGSNICLTRTDRGWYCDNAGSVSFFPQAETCKV 360
Consensus   VQLPlYGVIDTPCWKLHTSPLCTTNtKEGSNICLTRTDRGWYCDNAGSVSFFPQA#TCKV
```

FIG. 2B

```
B           QSNRVFCDTMNSLTLPSEVSLCNTDIFNSKYDCKIMTSKTDISSSVITSLGAIVSCYGKT 420
CP52        QSNRVFCDTMNSLTLPSEVSLCNTDIFNSKYDCKIMTSKTDISSSVITSLGAIVSCYGKT 420
18537       QSNRVFCDTMNSLTLPSEVSLCNTDIFNSKYDCKIMTSKTDISSSVITSLGAIVSCYGKT 420
A2          QSNRVFCDTMNSLTLPSEVNLCNVDIFNPKYDCKIMTSKTDVSSSVITSLGAIVSCYGKT 420
Long        QSNRVFCDTMNSLTLPSEVNLCNVDIFNPKYDCKIMTSKTDVSSSVITSLGAIVSCYGKT 420
Consensus   QSNRVFCDTMNSLTLPSEVnLCNvDIFNpKYDCKIMTSKTD!SSSVITSLGAIVSCYGKT

B           KCTASNKNRGIIKTFSNGCDYVSNKGVDTVSVGNTLYYVNKLEGKNLYVKGEPIINYYDP 480
CP52        KCTASNKNRGIIKTFSNGCDYVSNKGVDTVSVGNTLYYVNKLEGKNLYVKGEPIINYYDP 480
18537       KCTASNKNRGIIKTFSNGCDYVSNKGVDTVSVGNTLYYVNKLEGKNLYVKGEPIINYYDP 480
A2          KCTASNKNRGIIKTFSNGCDYVSNKGVDTVSVGNTLYYVNKQEGKSLYVKGEPIINFYDP 480
Long        KCTASNKNRGIIKTFSNGCDYVSNKGVDTVSVGNTLYYVNKQEGKSLYVKGEPIINFYDP 480
Consensus   KCTASNKNRGIIKTFSNGCDYCSNKGVDTVSVGNTLYYVNKqEGKsLYVKGEPIIN%YDP

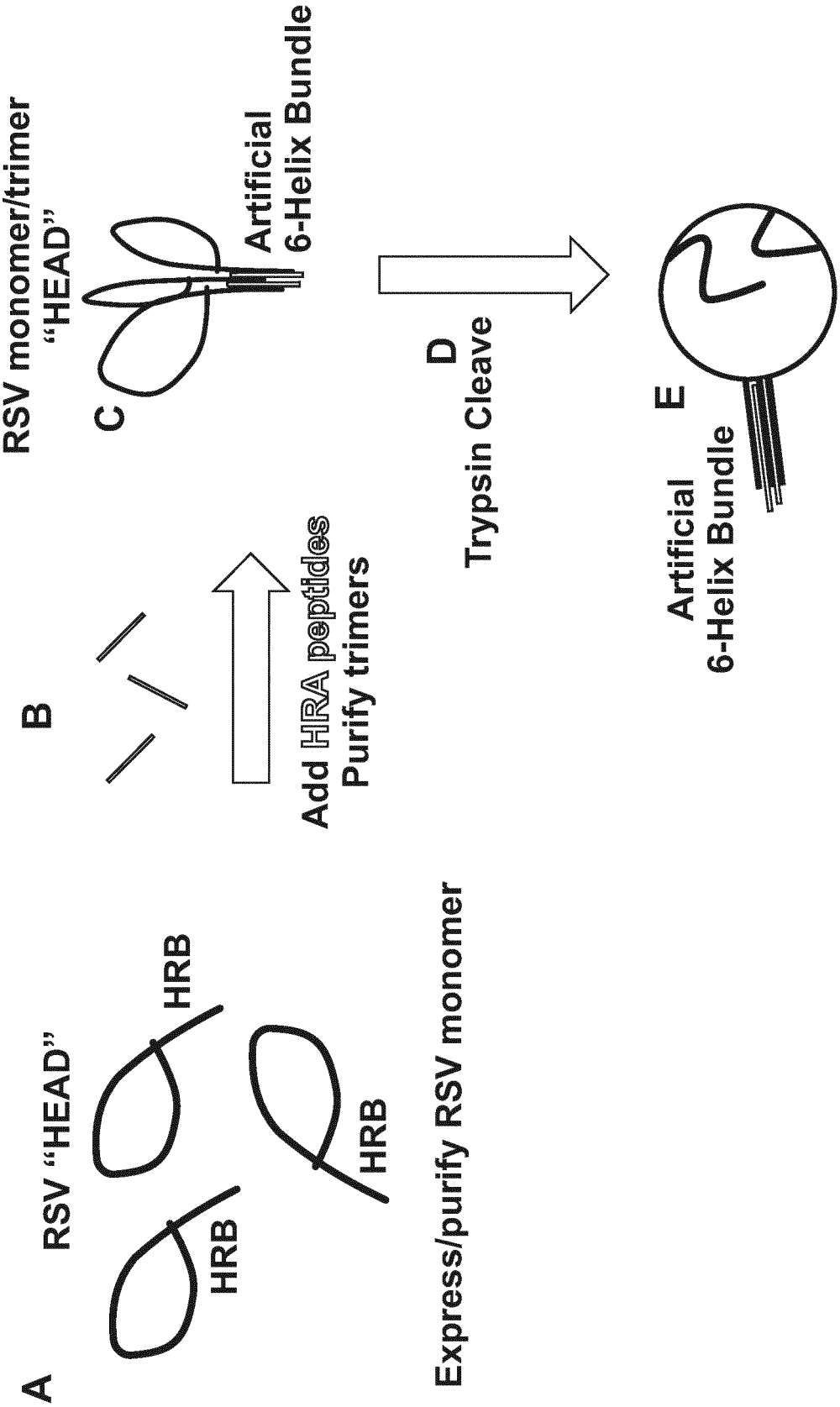
B           LVFPSDEFDASISQVNEKINQSLAFIRRSDELLHNVNTGKSTTNIMITTIIIVIIVVLLS 540
CP52        LVFPSDEFDASISQVNEKINQSLAFIRRSDELLHNVNTGKSTTNIMITTIIIVIIVVLLS 540
18537       LVFPSDEFDASISQVNEKINQSLAFIRRSDELLHNVNTGKSTTNIMITTIIIVIIVVLLS 540
A2          LVFPSDEFDASISQVNEKINQSLAFIRKSDELLHNVNAGKSTINIMITTIIIVIIVILLS 540
Long        LVFPSDEFDASISQVNEKINQSLAFIRKSDELLHHVNAGKSTTNIMITTIIIVIIVILLS 540
Consensus   LVFPSDEFDASISQVNEKINQSLAFIRkSDELLHnVNaGKSTtNIMITTIIIVIIV!LLS
```

FIG. 2C

```
B          LIAIGLLLYCKAKNTPVTLSKDQLSGINNIAFSK 574
CP52       LIAIGLLLYCKAKNTPVTLSKDQLSGINNIAFSK 574
18537      LIAIGLLLYCKAKNTPVTLSKDQLSGINNIAFSK 574
A2         LIAVGLLLYCKARSTPVTLSKDQLSGINNIAFSN 574
Long       LIAVGLLLYCKARSTPVTLSKDQLSGINNIAFSN 574
Consensus  LIA!GLLLYCKArsTPVTLSKDQLSGINNIAFSn
```

FIG. 2D

FIG. 3 *in vitro* trimerization strategy



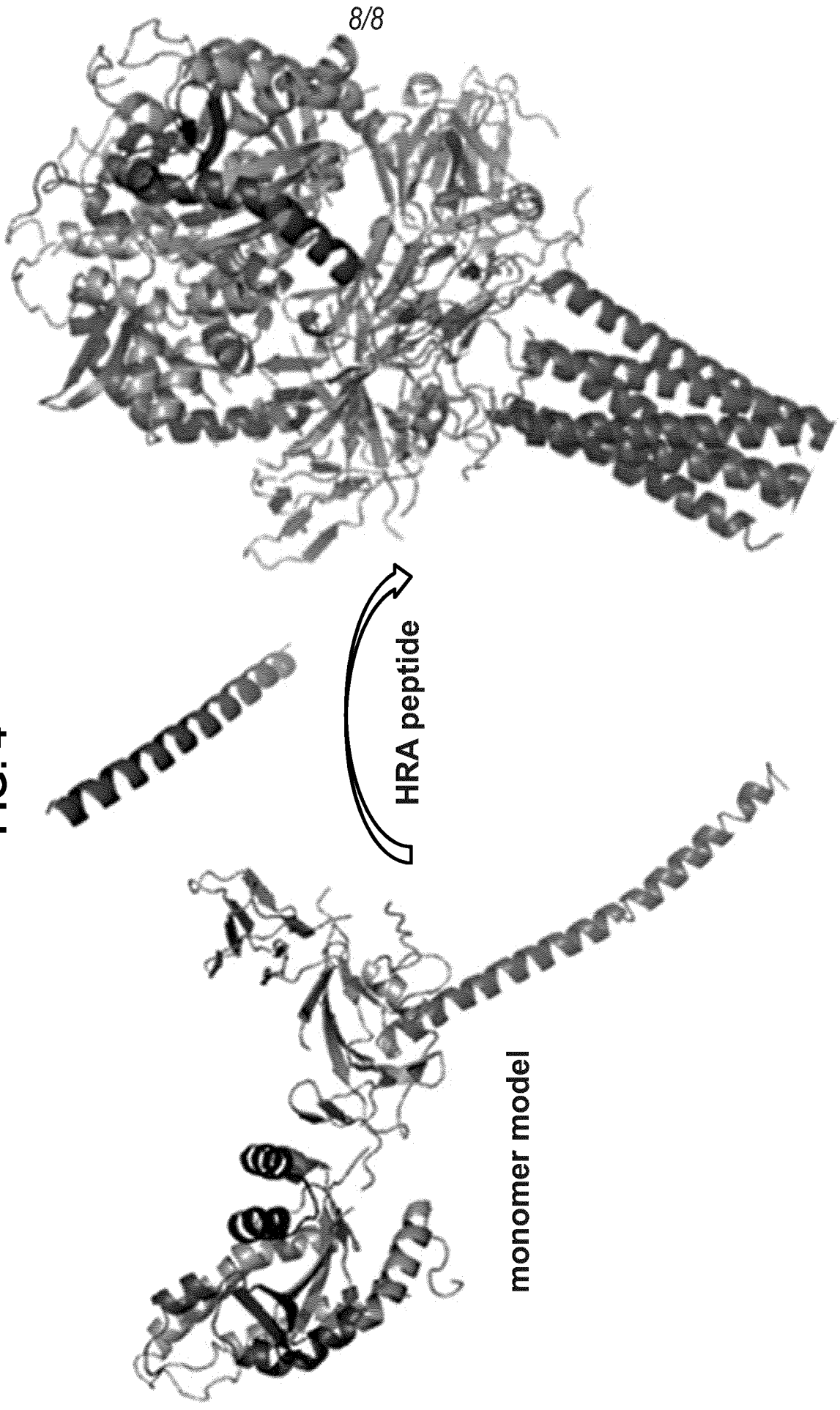


FIG. 4