

文章编号: 1674-7054(2017)01-0107-06

利用 DNASTar 软件预测热带无爪螨 主要致敏原 Blo t 5 的抗原表位

王晓哲¹, 肖正泮², 韦双双², 王大勇², 裴业春¹

(1. 海南大学 热带农林学院 动物科技学院, 海口 570228; 2. 海南大学 热带农林学院 生物学院, 海口 570228;)

摘 要: 利用 DNASTar Protean 软件对热带无爪螨主要致敏原 Blo t 5 的二级结构和表面特性进行分析, 如理化性质、亲水性、表面可及性、可塑性等, 预测 Blo t 5 蛋白的 B 抗原表位和 T 抗原表位。实验结果表明, Blo t 5 蛋白的二级结构以 α 螺旋为主, 存在 6 个潜在的 B 抗原表位点, 可能的 B 抗原表位区域有: 18-31, 39-48, 56-77, 86-101, 105-112, 117-133 氨基酸残基或其附近。含有 7 个潜在的 T 细胞抗原表位区域: 32-37, 40-44, 57-65, 70-79, 86-95, 100-104, 115-120 氨基酸残基或其附近。笔者应用 Protean 软件预测了热带无爪螨主要致敏原 Blo t 5 的抗原表位, 为进一步研究 Blo t 5 致敏原的结构与功能, 研制针对热带螨的预防性和治疗性疫苗、开发相应的诊断试剂盒奠定了基础。

关键词: 热带无爪螨; 抗原表位; Blo t 5; DNASTar 软件

中图分类号: R 384.4

文献标志码: A

DOI: 10.15886/j.cnki.rdswwb.2017.01.017

尘螨是支气管哮喘发生的重要诱因之一, 对尘螨敏感的人口比例高达 10%, 而在过敏性哮喘病人中, 这个比例超过 90% (美国过敏、哮喘和免疫学会网站数据, ACAAI)。最主要的 3 种尘螨是粉尘螨 (*Dermatophagoides farinae*)、屋尘螨 (*Dermatophagoides pteronyssinus*) 和热带无爪螨 (*Blomia tropicalis*)^[1]。热带无爪螨, 又称热带剥爪螨、热带螨, 属于甘螨总科垫螨科无爪螨属^[2], 在热带或亚热带地区, 常可以检出该螨种或其过敏原^[3]。在热带地区, 热带螨是非常重要且占优势的螨, 可诱发严重过敏反应, 包括过敏性皮炎、过敏性鼻炎、哮喘等^[4-6], 甚至可能引起湿疹^[7]。海南岛年平均温度 22~26℃, 相对湿度在 76%~86%, 是我国最适宜热带螨孳生地之一。崔玉宝等曾对海口市大学生宿舍螨类孳生情况进行调查, 发现热带螨是海南省地区的优势螨种, 其检出阳性率高达 71.56%^[8]。而陈实等对海南 121 例患儿检测结果表明, 对热带无爪螨的皮肤点刺阳性率为 85.8%。体外特异性 IgE 为 87.6%^[9]。在热带地区和亚热带地区, 热带螨是非常重要的致敏原之一。通过免疫抑制试验发现, 热带螨有多种 IgE 结合蛋白存在, 目前至少有 11 种被列入致敏原库, 分别是 Blo t 1, 3, 4, 5, 6, 10, 11, 12, 13, 19, 21^[10, 11]。Arruda 等对美国、英国和巴西等地区的哮喘患者研究结果表明, 热带螨在热带地区的螨种中占优势地位, 其中 Blo t 5 是热带螨的主要变应原^[12]。而其他研究者也证实, 热带螨主要过敏原是 Blo t 5, 超过 70% 的患者对其呈阳性反应^[11-13]。目前, 对于热带螨的研究还不太深入, 其致敏原蛋白的结构与功能尚未清楚, 缺乏有效的预防和治疗手段。笔者利用生物信息学手段, 对热带螨主要致敏原 Blo t 5 蛋白的二级结构、抗原表位等进行分析与预测, 旨在为原核表达热带无爪螨主要变应原 Blo t 5 蛋白及相关抗体的制备提供理论基础, 也为研究该蛋白的免疫学特性研究奠定一定的基础。

收稿日期: 2016-11-14

修回日期: 2016-12-13

基金项目: 国家自然科学基金青年项目(31402257); 海南省自然科学基金项目(20153084)

作者简介: 王晓哲(1995-), 男, 海南大学热带农林学院动物科技学院 2014 级本科生, 海南大学热带农林学院卓越人才班入选学生。

通信作者: 裴业春(1985-), 男, 博士, 硕士生导师。研究方向: 生物技术与分子药理学。E-mail: ycpai@hainu.edu.cn

1 材料与方法

1.1 基因序列 热带螨 *Blo t 5* 基因序列来自 NCBI Genbank 库 (GenBank: U59102)。

1.2 软件 利用 DNASTAR 有限公司开发的生物软件 DNASTar 软件包中 Protean 软件,对 *Blo t 5* 蛋白的二级结构、表面可及性、可塑性、B/T 细胞抗原表位等进行了预测与分析。

1.3 *Blo t 5* 蛋白氨基酸的获取 从 NCBI 网站获取 *Blo t 5* 蛋白氨基酸全长序列 (GenBank: U59102),含 134 个氨基酸。

1.4 *Blo t 5* 蛋白二级结构的预测 对 *Blo t 5* 蛋白二级结构的 α 螺旋、 β 折叠、 β 转角和无规则卷曲等进行预测,采用 Garnier-Robson 方法^[3]和 Chou-Fasman 方法^[4]。

1.5 亲水性分析 应用 DNASTar Protean 软件分析,采用 Kyte-Doolittle^[5]和 Hopp-Woods^[6]等方法。

1.6 表面可及性分析 采用 Emini 方法^[7]预测某些特定氨基酸区域位于蛋白质的表面可及性。

1.7 可塑性分析 应用 DNASTar Protean 软件分析,采用 Karplus-Schulz^[8]方法预测蛋白质骨架区的柔韧性,即可塑性。

1.8 B 细胞抗原表位预测 采用 Jameson-wolf 方法^[9],预测 *Blo t 5* 抗原潜在的 B 细胞抗原表位。最后根据 *Blo t 5* 的二级结构预测及其表面特性,如蛋白质亲水性、表面可及性、柔韧性、抗原性等综合分析所预测的 *Blo t 5* 蛋白的 B 细胞抗原表位。

1.9 T 细胞抗原表位的预测 利用 AMPHI 方法^[10]预测免疫优势辅助性 T 淋巴细胞抗原位点,Rothbard-Taylor 方法^[11]预测含有特定基序 (motif) 的潜在 T 淋巴细胞抗原决定簇,综合预测 T 细胞抗原表位。

2 结果与分析

2.1 *Blo t 5* 氨基酸序列分析 1 MKFAIVLIAC FAASVLAQEH KPKKDDFRNE FDHLLIEQAN HAIEKGEHQL LYLQHQLEL 61 NENKSKELQE KIIRELDVVC AMIEGAQCAL ERELKRTDLN ILERFNYYEA QTLSKILLKD 121 LKETEQKVVD IQTQ,*Blo t 5* 蛋白含有 134 个氨基酸,其中 N 端 1~17 氨基酸残基(下划线部分)为信号肽序列^[12],成熟 *Blo t 5* 蛋白共 117 个氨基酸,分子质量为 13.9×10^3 ,等电点 (isoelectric point, pI) 为 4.92。

2.2 *Blo t 5* 蛋白的二级结构预测 综合 Garnier-Robson 和 Chou-Fasman 2 种方法预测 *Blo t 5* 蛋白的二级结构,发现其主要以 α 螺旋为主,约占 91%,主要分布在 1~20,29~62,67~134 氨基酸残基; β 转角主要形成在 21~28,63~66 氨基酸残基附近,没有 β 折叠和无规卷曲(图 1)。

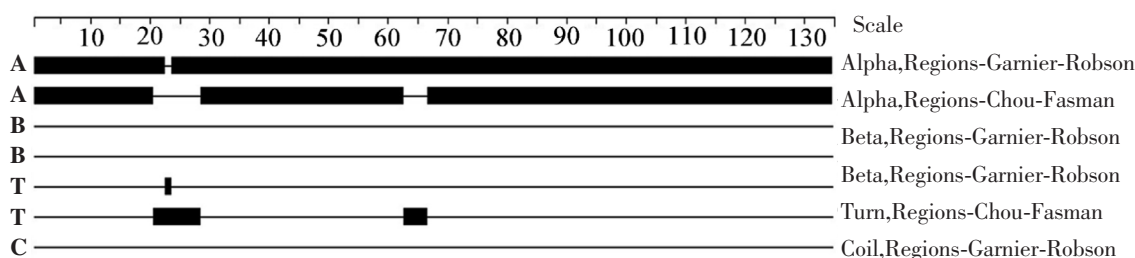


图 1 *Blo t 5* 的二级结构预测

Fig. 1 Prediction of the secondary structure of *Blo t 5*

2.3 *Blo t 5* 蛋白的亲水性 利用 Kyte-Doolittle 方法和 Hopp-Woods 方法对 *Blo t 5* 蛋白的亲水性进行分析,结果(图 2)显示: *Blo t 5* 亲水性区域主要分布在: 17~34,40~52,56~77,88~112,117~133 氨基酸残基,而在 *Blo t 5* 蛋白的 N 端 1~17 氨基酸残基有很大的疏水性,这是因为该区域是 *Blo t 5* 蛋白的信号肽^[12]。

2.4 *Blo t 5* 蛋白的表面可及性 可及性较高区域,位于 *Blo t 5* 蛋白分子表面,而可及性较低区域,则埋藏于分子内部的区域^[13]。由图 3 可见,*Blo t 5* 蛋白的表面可及性较高区域是: 18~30,56~69,92~97,104~112,120~129 氨基酸残基。

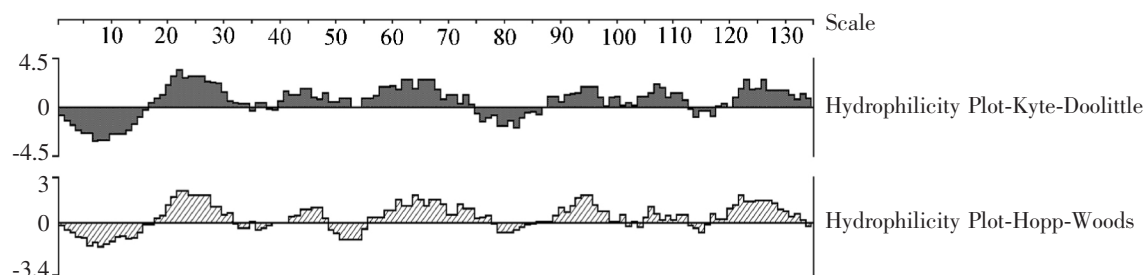


图2 Blo t 5 亲水性分析

Fig. 2 Analysis of hydrophilicity of Blo t 5

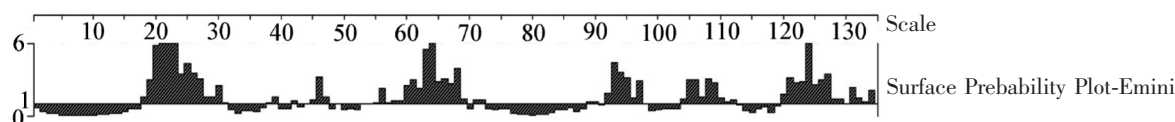


图3 Blo t 5 蛋白的表面可及性分析

Fig. 3 Analysis of surface probability of Blo t 5

2.5 Blo t 5 蛋白的可塑性 利用 Karplus-Schulz 方法对 Blo t 5 蛋白的可塑性进行分析,结果(图4)显示,柔韧性较高区域有 19~30,44~47,58~71,85~98,108~114,119~131 氨基酸残基。这些区域可能具有一定的柔韧性,形成表位的可能性较大,容易与抗体进行嵌合^[23]。

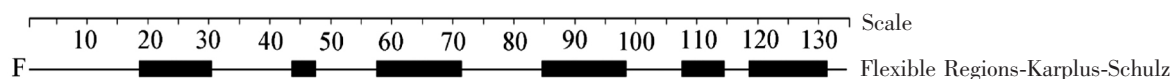


图4 Blo t 5 蛋白的可塑性分析

Fig. 4 Analysis of flexible regions of Blo t 5

2.6 Blo t 5 蛋白的 B 细胞抗原表位 利用 Jameson-Wolf 方法对 Blo t 5 蛋白的 B 细胞抗原表位进行预测(图5),可看出 Blo t 5 存在 6 个潜在的 B 细胞抗原表位位点,可能的 B 细胞抗原表位区域: 18~31,39~48,56~77,86~101,105~111,117~133 氨基酸残基。

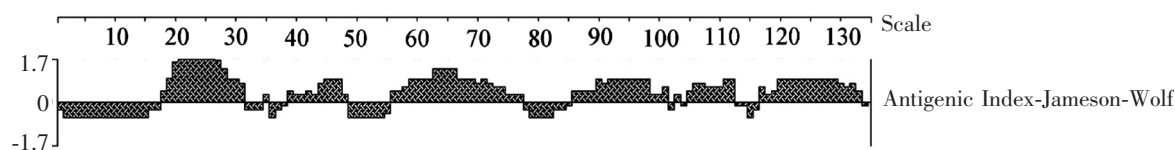


图5 Blo t 5 的 B 细胞抗原表位预测

Fig. 5 Prediction of the B cell epitopes of Blo t 5

2.7 Blo t 5 蛋白的 T 细胞抗原表位 由 Rothbard-Taylor 方法和 AMPHI 方法综合预测,Blo t 5 蛋白的 T 细胞抗原表位可能有 7 个,主要位于 32~37,40~44,57~65,70~79,86~95,100~104,115~120 氨基酸残基。

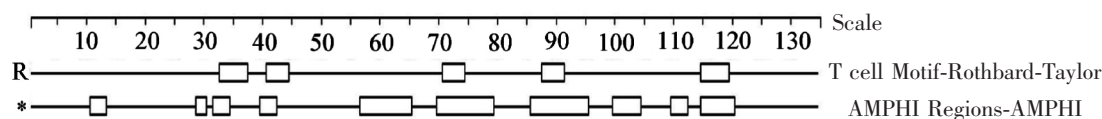


图6 Blo t 5 的 T 细胞抗原表位预测

Fig. 6 Prediction of the T cell epitopes of Blo t 5

3 讨 论

热带无爪螨^[2]是热带地区常见的、重要的螨种之一^[24],在热带或亚热带国家(新加坡^[25]、马来西亚^[26]、印度尼西亚^[27]、巴西^[28])与地区(中国广州^[29]、中国香港^[30]和中国台湾^[31])中,热带螨过敏发生率很高,与许多过敏性疾病的发生也有明显的相关性^[32]。对海口市孳生尘螨种类的调查也发现,热带螨是海南地区的优势螨种^[33-34],其诱发的过敏反应也十分广泛,陈实等在海南进行的过敏原皮肤点刺检测和过敏性哮喘患儿对螨类血清特异 IgE 检测,发现其对热带螨的阳性率超过 85%^[8,35]。热带螨致敏原具有种属特异性,与其他螨类有较低的交叉反应性。通过免疫抑制试验发现热带螨至少有 20 多种 IgE 结合蛋白存在,十多种被列入致敏原库,包括 Blo t 1,3,4,5,6,7,10,11,12,13,19,21 等^[4,9,36],多数组分结构与功能尚未清楚。其中,与屋尘螨、粉尘螨的主要过敏原是第 1 组和第 2 组抗原不同,Blo t 5 是热带螨最主要的致敏原^[10],超过 70% 的哮喘和过敏性鼻炎患者呈阳性反应,患者血清与 Blo t 5 致敏原有强烈的 IgE 结合反应^[11-12]。

本研究运用生物信息学技术对 Blo t 5 蛋白的二级结构、亲水性、表面可及性、柔韧性、B 细胞抗原表位等进行分析与预测。蛋白质的表位与其二级结构密切相关,蛋白质的二级结构有 α 螺旋、 β 折叠、 β 转角、无规则卷曲 4 种,其中 α 螺旋和 β 折叠常位于蛋白质的内部,因此不易与抗体结合, β 转角和无规则卷曲更容易突出在蛋白质的表面,与抗体嵌合可能性很大,成为候选抗原表位的可能性更大^[37]。本研究综合了 Gamier-Robson 和 Chou-Fasman 2 种方法对 Blo t 5 蛋白的二级结构进行了预测,结果显示,Blo t 5 蛋白二级结构主要以 α 螺旋为主,这与之前的研究结果类似^[38],Blo t 5 致敏原存在 2 个潜在的 β 转角,位于 21~28,63~66 氨基酸残基附近,约占 8%,没有无规卷曲,这表明其 B 细胞抗原表位可能相对较少。而根据亲水性、表面可及性、可塑性的分析结果可看出,Blo t 5 致敏原亲水性多肽分布较均匀,在 18~30,56~69,120~129 等氨基酸残基区域存在较高的表面可能性区域,且在 Blo t 5 蛋白的中部至 C 端存在较多柔韧性区域,在这些区域发生折叠和扭曲的几率较高,形成表位的可能性也较大,容易与抗体结合。这也与之前报道相符,Blo t 5 的 IgE 表位预测主要位于 Glu93,Asn98,Glu103,Glu108 等氨基酸残基^[39],而甚至有研究者认为 Blo t 5 C 端 72 个氨基酸残基几乎包含了所有抗原表位^[40]。利用 Jameson-Wolf 方法对 Blo t 5 蛋白的 B 细胞抗原表位进行预测,Blo t 5 存在 6 个潜在的 B 细胞抗原表位位点,可能的 B 细胞抗原表位区域有 18~31,39~48,56~77,86~101,105~111,117~133 氨基酸残基,而由 Rothbard-Taylor 方法和 AMPHI 方法综合预测,Blo t 5 蛋白的 T 细胞抗原表位可能有 7 个,主要位于 32~37,40~44,57~65,70~79,86~95,100~104,115~120 氨基酸残基。综合二级结构预测、表面可及性方案、可塑性方案以及抗原性方案,热带螨主要致敏原 Blo t 5 的抗原表位最可能的区域位于其氨基酸链的中段至其 C 末端,具体的抗原表位位点则需要设计相关实验对预测结果进行验证。

DNASar 软件对抗原表位的预测主要基于氨基酸一级结构,对构象依赖的 B 细胞表位具有一定局限性,对于各个参数分析结果缺乏自主归纳分析^[41],预测的结果需要进一步通过实验进行确认,可以通过人工合成表位多肽^[42],或者将抗原表位多肽与其他抗原性较大的蛋白相偶联^[43],增加其免疫原性,进行了免疫学验证,同时也可以辅助其他的预测软件进行预测进一步验证。何焱等^[44]利用 DNASar 软件对牛源金黄色葡萄球菌 FnbpA-A 基因抗原表位进行了预测,辅于 ABCpred 方法预测结果作为验证,筛选出部分候选表位肽作为基因工程诊断抗原及亚单位疫苗的候选基因。本研究通过 DNASar 软件对热带螨主要致敏原 Blo t 5 的二级结构和表面特性进行了分析,并预测了其潜在的 B 细胞抗原表位和 T 细胞抗原表位,为该蛋白的免疫学特性研究奠定一定的基础,也为进一步研究热带螨的致敏诊断试剂盒、其预防性和治疗性疫苗的开发奠定了基础。

参考文献:

- [1] 陈实,郑轶武. 热带无爪螨致敏蛋白组分及其临床研究 [J]. 中华临床免疫和变态反应杂志,2012,6(2):158-162.

- [2] 温廷桓. 尘螨的起源 [J]. 国际医学寄生虫病杂志, 2009, 36(5): 307–314.
- [3] 刘晓宇, 吴捷, 王斌, 等. 中国不同地理区域室内尘螨的调查研究 [J]. 中国人兽共患病学报, 2010, 26(4): 310–314.
- [4] Chua K Y, Cheong N, Kuo I C, et al. The *Blomia tropicalis* Allergens [J]. Protein & Peptide Letters, 2007, 14(4): 325–333.
- [5] Ofmite A, Tropicalis B. Allergenicity of the mite, *Blomia tropicalis* [J]. Journal of Allergy & Clinical Immunology, 1993, 91(5): 1042–1050.
- [6] Pires M C, Calux M J F, Mori J C, et al. Reactivity of anti-*Blomia tropicalis* IgG and IgE in patients with atopic dermatitis [J]. Clinical & Experimental Dermatology, 2002, 27(4): 309–313.
- [7] 饶朗毓, 林英姿, 王永存, 等. 海口市大学生宿舍尘螨孳生情况的调查 [J]. 海南医学院学报, 2006, 12(2): 124–127.
- [8] 陈实, 郑轶武, 王灵, 等. 海南变态反应性疾病患儿对屋尘螨/粉尘螨和仓储螨的特异性 IgE [J]. 中华临床免疫和变态反应杂志, 2010, 4(3): 191–195.
- [9] Carvalho K D A, Melo-Neto O P D, Magalhães F B, et al. *Blomia tropicalis* Blo t 5 and Blo t 21 recombinant allergens might confer higher specificity to serodiagnostic assays than whole mite extract [J]. BMC Immunology, 2013, 14(3): 11–11.
- [10] Arruda L K, Vailes L D, Plattsmills T A, et al. Sensitization to *Blomia tropicalis* in patients with asthma and identification of allergen Blo t 5 [J]. American Journal of Respiratory & Critical Care Medicine, 1997, 155(1): 343–350.
- [11] Yi F C, Shek L P, Cheong N, et al. Molecular cloning of *Blomia tropicalis* allergens—a major source of dust mite allergens in the tropics and subtropics [J]. 2006, 5(4): 261–266.
- [12] I Chun Kuo Nge C, Muthita Trakultivakorn, Bee Wah Lee, et al. An extensive study of human IgE cross-reactivity of Blo t 5 and Der p 5 [J]. Journal of Allergy & Clinical Immunology, 2003, 111(3): 603–609.
- [13] Garnier J, Osguthorpe D J, Robson B. Analysis of the accuracy and implications of simple methods for predicting the secondary structure of globular proteins [J]. Journal of Molecular Biology, 1978, 120(1): 97–120.
- [14] Chou P Y, Fasman G D. Prediction of the Secondary Structure of Proteins from their Amino Acid Sequence [J]. Advances in Enzymology & Related Areas of Molecular Biology, 1978, 47(6): 45–48.
- [15] Kyte J, Doolittle R F. A simple method for displaying the hydropathic character of a protein [J]. Jmolbiol, 1982, 157(1): 105–132.
- [16] Hopp T P, Woods K R. A computer program for predicting protein antigenic determinants [J]. Molecular Immunology, 1983, 20(4): 483–489.
- [17] Emini E A, Hughes J V, Perlow D S, et al. Induction of hepatitis A virus-neutralizing antibody by a virus-specific synthetic peptide [J]. Journal of Virology, 1985, 55(3): 836–839.
- [18] Karplus P A, Schulz G E. Prediction of chain flexibility in proteins [J]. Naturwissenschaften, 1985, 72(4): 212–213.
- [19] Jameson B A, Wolf H. The antigenic index: a novel algorithm for predicting antigenic determinants [J]. Computer Applications in the Biosciences Cabios, 1988, 4(1): 181–186.
- [20] Gao X M, Liew F Y, Tite J P. Identification and characterization of T helper epitopes in the nucleoprotein of influenza A virus [J]. Journal of Immunology, 1989, 143(9): 3007–3014.
- [21] Kutubuddin M, Kolaskar A S, Galande S, et al. Recognition of helper T cell epitopes in envelope (E) glycoprotein of Japanese encephalitis, west Nile and Dengue viruses [J]. Molecular Immunology, 1991, 28(1/2): 149–154.
- [22] Liaw S H, Chen H Z, Liu G G, et al. Acid-Induced polymerization of the group 5 mite allergen from *Dermatophagoides pteronyssinus* [J]. Biochemical & Biophysical Research Communications, 2001, 285(2): 308–312.
- [23] 杨清浩, 王祥卫, 金燕, 等. MUC1 抗原的表位预测及模拟位的筛选 [J]. 重庆医学, 2005, 34(5): 686–688.
- [24] Li J, Sun B, Huang Y, et al. A multicentre study assessing the prevalence of sensitizations in patients with asthma and/or rhinitis in China [J]. Allergy, 2009, 64(7): 1083–1092.
- [25] Chew, Zhang, Ho, et al. House dust mite fauna of tropical Singapore [J]. Clinical & Experimental Allergy, 1999, 29(2): 201–206.
- [26] Mariana A, Ho T M, Sofian-Azirun M, et al. House dust mite fauna in the Klang Valley, Malaysia [J]. Southeast Asian Journal of Tropical Medicine & Public Health, 2000, 31(4): 712–721.
- [27] Baratawidjaja I R, Baratawidjaja P P, Darwis A, et al. Mites in Jakarta homes [J]. Allergy, 1999, 53(12): 1226–1227.
- [28] Baqueiro T, Carvalho F M, Rios C F, et al. Dust mite species and allergen concentrations in beds of individuals belonging to different urban socioeconomic groups in Brazil [J]. Journal of Asthma Official Journal of the Association for the Care of Asthma, 2006, 43(2): 101–105.
- [29] Zhang C, Li J, Lai X, et al. House dust mite and storage mite IgE reactivity in allergic patients from Guangzhou, China [J].

- Asian Pacific Journal of Allergy & Immunology, 2012,30(4) :294 – 300.
- [60] Sun B Q, Wu A, Chan A, et al. House dust mite allergen (Der p 1 and Blo t 5) levels in asthmatics' home in Hongkong [J]. Chinese Medical Sciences Journal, 2004,19(3) :185 – 188.
- [61] Tsai J J, Wu H H, Shen H D, et al. Sensitization to *Blomia tropicalis* among asthmatic patients in Taiwan [J]. International Archives of Allergy & Immunology, 1998,115(2) :144 – 149.
- [62] 崔玉宝. 尘螨的生物学、生态学与流行概况 [J]. 国际医学寄生虫病杂志, 2004,31(6) :277 – 281.
- [63] 朱洪, 崔玉宝, 饶朗毓. 哮喘患者居室内尘螨孳生种类、密度及其与抗原浓度的相关性研究 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2007,18(5) :381 – 383.
- [64] 郑青, 郭胤仕. 室内环境因素对支气管哮喘的影响 [J]. 国际呼吸杂志, 2011,31(5) :55 – 60.
- [65] 陈实, 王灵, 陈冰, 等. 海南儿童哮喘常见吸入性变应原的调查 [J]. 临床儿科杂志, 2011,29(6) :552 – 555.
- [66] Kidon M I, Chin C W, Kang L W, et al. Mite component-specific IgE repertoire and phenotypes of allergic disease in childhood: The tropical perspective [J]. Pediatric Allergy and Immunology, 2011,22(2) :202 – 210.
- [67] Apostolopoulos V, Yu M, Corper A L, et al. Crystal structure of a non-canonical low-affinity peptide complexed with MHC class I: a new approach for vaccine design [J]. Journal of Molecular Biology, 2002,322(2) :477 – 477.
- [68] Naik M T, Chang C F, Kuo I C, et al. Roles of structure and structural dynamics in the antibody recognition of the allergen proteins: An NMR study on *Blomia tropicalis* major allergen [J]. Structure, 2008,16(1) :125 – 136.
- [69] Chan S L, Ong T C, Gao Y F, et al. Nuclear magnetic resonance structure and IgE epitopes of Blo t 5, a major dust mite allergen [J]. Journal of Immunology, 2008,181(4) :2586 – 2596.
- [70] Caraballo L, Avcioglu A, Marrugo J, et al. Cloning and expression of complementary DNA coding for an allergen with common antibody-binding specificities with three allergens of the house dust mite *Blomia tropicalis* [J]. Journal of Allergy & Clinical Immunology, 1996,98(3) :573 – 579.
- [71] 马凡舒, 张蕾, 王洋, 等. B 细胞抗原表位预测方法的研究进展 [J]. 中国畜牧兽医, 2016,43(1) :63 – 67.
- [72] Goyal B, Kumar K, Gupta D, et al. Utility of B-cell epitopes based peptides of RD1 and RD2 antigens for immunodiagnosis of pulmonary tuberculosis [J]. Diagnostic Microbiology & Infectious Disease, 2014,78(4) :391 – 397.
- [73] 杨军, 刘妮, 张婷, 等. HBeAg 的 B 细胞线性表位预测及鉴定 [J]. 南方医科大学学报, 2013,33(2) :253 – 257.
- [74] 何焱, 郝永清. 牛源金黄色葡萄球菌 FnbpA-A 基因克隆及抗原表位预测 [J]. 中国畜牧兽医, 2014,41(5) :7 – 11.

Prediction of Eiptopes of the Major Allergen Blo t 5 from *Blomia tropicalis* by Using DNASStar Software

WANG Xiaozhe¹, XIAO Zhengpan², WEI Shuangshuang², WANG Dayong², PEI Yechun¹

(1. College of Animal Science and Technology, Tropical Agriculture and Forestry College, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China ;

2. College of Biological Science, Tropical Agriculture and Forestry College, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China)

Abstract: The secondary structure and surface properties of Blo t 5 allergen from *Blomia tropicalis*, such as physical and chemical characters, hydrophilicity, surface probability, flexible regions and antigenicity, were analyzed by using the DNASStar Protean software to predict B-cell and T-cell epitopes of Blo t. 5. The secondary structure of Blo t 5 was rich in alpha helix, and the Blo t 5 contained six potential B cell epitopes located at 18 – 31, 39 – 48, 56 – 77, 86 – 101, 105 – 112, 117 – 133 amino acid residues or nearby. There were seven potential T cell epitopes located at 32 – 37, 40 – 44, 57 – 65, 70 – 79, 86 – 95, 100 – 104, 115 – 120 amino acid residues or nearby. The epitopes of the major allergen Blo t 5 from *B. tropicalis* were predicted by using the Protean software. The results can provide a base for the studies of structure and function of the allergen Blo t 5, and development of preventive and therapeutic vaccines for *Blomia tropicalis* and diagnostic kits for detection of allergens induced by *B. tropicalis*.

Keywords: *Blomia tropicalis*; epitope; Blo t 5; DNASStar software