



# Approches bio-informatiques de l'allergénicité des protéines

Annick Barre, Aleksandra Delplanque,  
Mathias Simplicien, Hervé Benoist,  
Pierre Rougé

# Identités de séquences

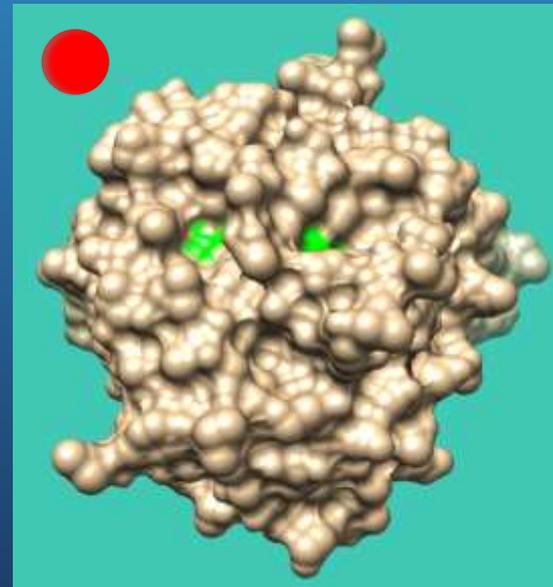
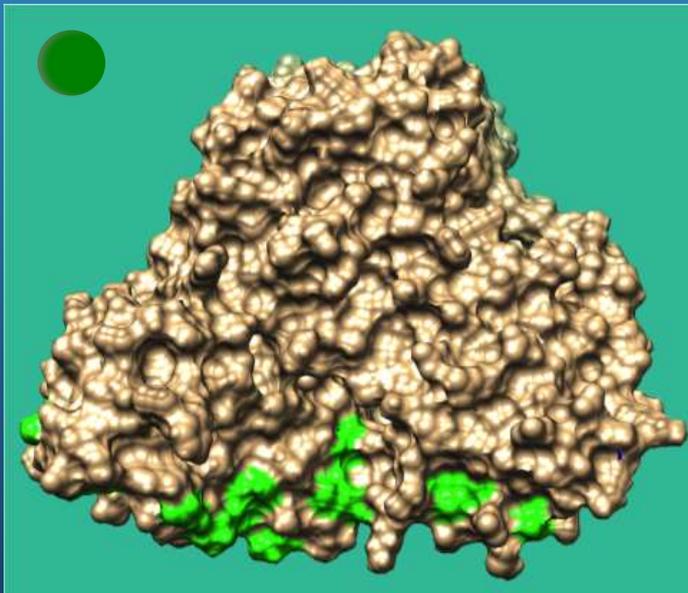
## Identités globales:

➤ 35% d'identité / fenêtre glissante de 80 résidus

## Identités locales:

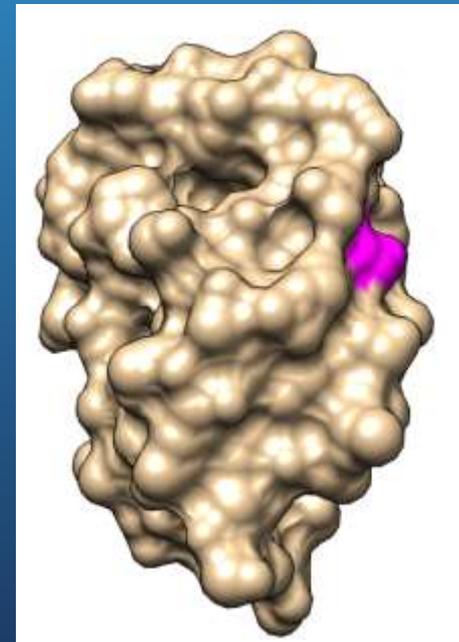
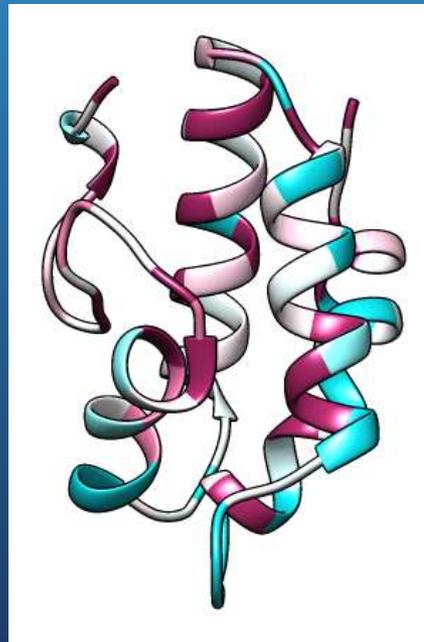
100% d'identité / fenêtre glissante de 8 aa

Limitation = Exposition



# Analyse conformationnelle

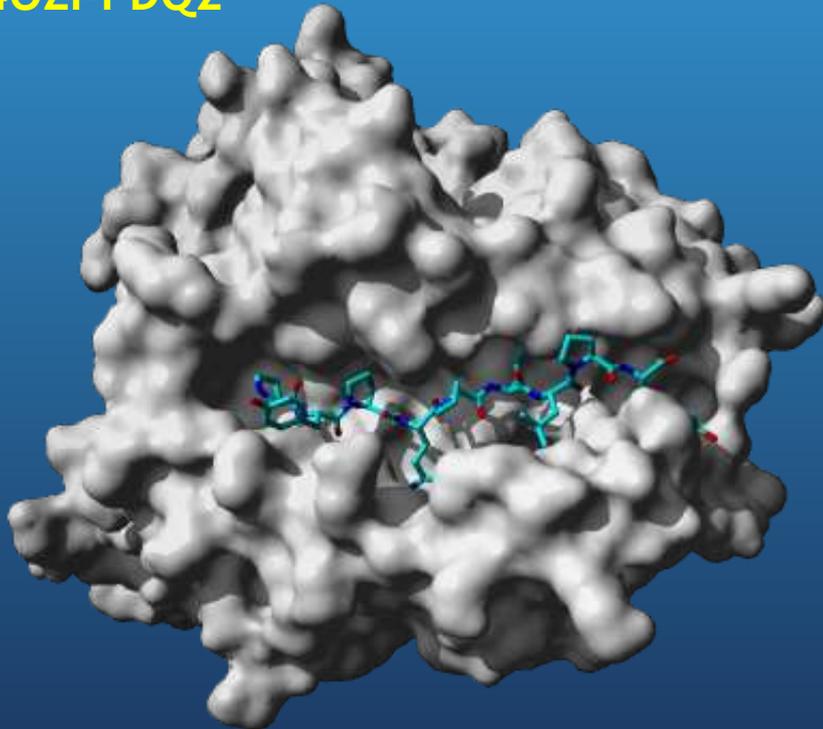
- Degré de conservation
- Degré d'exposition des résidus hydrophiles/chargés
- Degré de résistance à la protéolyse digestive
- Profils hydropathiques, Hydrophobic Cluster Analysis



# Prédiction des peptides immunotoxiques

- Docking moléculaire (GRAMM-X)
- HLA DQ2 et HLA DQ8 (PDB)
- 22 peptides DQ2 + 4 peptides DQ8 (Chimera)

4OZI-PDQ2



5KS9-PDQ8

