



PI-11

Prediction of accessibility of amino acids in human immunoglobulin G light chains

Fatemeh Hajighasemi^{*1}, Soheyla Rohani¹, Fatemeh Sefid²

1Department of Immunology, Faculty of Medicine, Shahed University, Tehran, Iran.

2Department of Biology, Faculty of Basic Science, Shahed University, Tehran, Iran.

*e-mail: fatimahajighasemi@gmail.com

Objective: Immunoglobulin G (IgG) has very important role in defense against microorganisms. The quantity of serum IgG is linked to severity of some diseases specially infections. Thus IgG has high diagnostic value. For careful measurement of IgG, diagnostic tools such as IgG- epitope specific monoclonal antibodies (MAbs) are required. Immunogenic epitopes are valuable targets for producing very efficient MAbs. More accessible amino acids in an epitope make it more immunogenic. Immunoinformatic is an immunology branch helpful for better determination of immunogenic epitopes through definition of their physiochemical properties such as amino acids accessibility. The aim of this study is prediction of accessibility of amino acids in human immunoglobulin G light chains by immunoinformatic.

Methods: The amino acid sequence and third structure of reference human IgG was found in PDB database. The second IgG structure was determined by Phyre 2 software. IgG light chains amino acids accessibility was defined by IEDB software.

Results: The most accessible amino acids were located in 125 - 175 and in 181 - 191 amino acid sequence (in constant domain (CL)) of light chains as was determined by IEDB software.

Conclusion: According to the results of this study the amino acid sequences located in 125 - 175 or 181 - 191 positions of light chains are the most accessible amino acids and hence very useful tools for recognition of more immunogenic epitopes to producing highly sensitive and specific anti IgG MAbs.

Key words: Human IgG, immunoinformatic, accessibility

دهمین کنگره بین المللی آزمایشگاه و بالین

۱۰ تا ۱۳ بهمن ماه ۱۳۹۴
تهران، ایران



00

روز

00

ساعت

00

دقیقه

00

ثانیه

زمان باقیمانده تا شروع همایش :

ثبت نام کنید (REGISTRATION)



دهمین کنگره بین المللی آزمایشگاه و بالین

و سومین کنگره ملی علوم پایه پزشکی و تولید دانش بنیان

خداوند متعال را شاکریم که بار دیگر جامعه علمی آزمایشگاهیان را توفیق داد تا مقدمات دهمین کنگره بین المللی آزمایشگاه و بالین با رویکردهای نوین ژنتیکی، مولکولی در تشخیص و درمان و سومین کنگره ملی علوم پایه پزشکی و تولید دانش بنیان را با اهداف عمیق تر و پویاتر در راه پیشرفت و سر بلندی کشور برای روزهای 11 لغایت 13 بهمن ماه سال 96 و با شرکت شخصیت های دانشگاهی و علمی کشوری و بین المللی در محل دانشگاه علوم پزشکی ارتش طراحی و برنامه ریزی نماید. از اینرو از همه شما فرهیختگان و اندیشمندان حوزه های مختلف علوم پایه پزشکی و بالینی دعوت می گردد تا همچون همایش های سابقان گذشته و به منظور حضور ارزشمند خود در این رویداد بزرگ علمی و برگزاری هر چه با شکوه تر و پربارتر کنگره،