

厚生労働科学研究費補助金（食品の安全確保推進研究事業）  
新たなバイオテクノロジーを用いて得られた食品の安全性確保と  
リスクコミュニケーションのための研究  
総合分担研究報告書

高精度アレルギー性予測システムの構築に必要な情報の収集に関する研究

研究分担者 爲廣 紀正（国立医薬品食品衛生研究所）

研究要旨：

本研究では、AI を活用した高精度アレルギー性予測システムの構築に向けて学習データの収集と精査を行い、最終的にはアレルギー 2,248 種および非アレルギー 18,906 種を機械学習用データセットとして整備した。また、バイオテクノロジーを用いて得られた食品のリスク管理に関する研究として、弊所で運用・公開しているアレルギーデータベース(ADFS; Allergen Database for Food Safety)のアレルギー情報及びエピトープ情報を追加し、データベースの更新を行った。その結果、3 年間で、アレルギー及びイソアレルギーのアミノ酸配列情報 195、及び、23 種のアレルギーについて総数 66 のエピトープ情報を追加し、アレルギー及びイソアレルギーのアミノ酸配列情報は 2,339 となり、エピトープ既知のアレルギー数は 247 となった。また、システム老朽化が問題視された ADFS の再構築を行い、ADFS 利用に際する脆弱性を改善した。

研究協力者  
安達 玲子（国立医薬品食品衛生研究所）

A. 研究目的

現在、様々な遺伝子組換え食品が、生産性の向上や栄養付加を目的として開発されている。組換え食品の分野では、植物だけでなく、動物を宿主とした開発も進んでおり、また最近では、遺伝子組換え植物同士を交配して、付与された機能をスタックすることにより得られるスタック品種も開発されている。しかし、これらのようにバイオテクノロジーを利用して得られた品種について、どのような意図しない形質変化が出現するかを研究している例は少ない。したがって、新たに得られる遺伝子組換え生物について、非意図的な影響等を考慮し、安全性評価の方法等を検討する必要がある。

バイオテクノロジー技術を用いて開発された遺伝子組換え食品のリスクの 1 つの可能性として、アレルギー性増大が考えられる。本研究では、アレルギー性解析法の 1 つとして国立医薬品食品衛生研究所で管理・公開している、アレルギー性予測機能を装備したアレルギー・エピトープ情報データベース(ADFS; Allergen Database for Food Safety)に関して、その情報内容を更新し、充実させることにより、遺伝子組換え食品のリス

ク管理の上で必須であるアレルギー性評価系に関する研究を行う。また、アレルギー予測システムに AI を搭載する事で、予測精度の飛躍的向上を試みる。

B. 研究方法

AI 学習用データセットの準備

米国環境保健科学研究所が組織する HESI により包括的な既知あるいは推定アレルギータンパク配列のレポジトリ“COMprehensive Protein Allergen REsource (COMPARE)”が公開されている。アレルギーの専門家によるピアレビューを経て、情報を公開している点では AllergenOnline と同じであるが、最近改めて情報を整理し 2017 年より公開が開始されたことから、現在最も信頼性の高いデータベースと考えられる。そこで、アレルギータンパク情報として COMPARE の登録タンパク情報を入手した。一方、非アレルギー情報は、わが国で加工食品へのアレルギー表示が義務付けされている特定原材料 7 品目、並びに推奨されている原材料を含む 13 品目について UniProt から査読タンパク情報を収集し、アレルギー性を持つ或いは持つと予想されるタンパクを除いたタンパク情報を整備した。加えて、T 細胞の成熟過程において様々な自己タンパクを抗原提示し、自己タンパクに対する免疫寛容の基盤

を形成する胸腺髄質上皮細胞 (mTEC) の発現タンパクについて、プロテオーム解析ならびに遺伝子発現解析を行った論文から発現タンパク情報を収集・解析し、非アレルギー情報に加えた。

#### 登録アレルギー (アミノ酸配列情報) のアップデート

米国ネブラスカ大学リンカーン校が運営しているアレルギーデータベース (AllergenOnline) における登録アレルギーのアップデート内容を、ADFS に反映させた。

#### エピトープ情報の追加

平成 30 年度から令和 2 年度の各年度に、前年の 6 月から当該年 5 月までの 1 年間に NCBI PubMed に掲載された論文から、キーワード検索により、エピトープ配列決定に関するものを抽出した。キーワードとしては、IgE、epitope、linear、conformational、sequence、recognition 等々のワードを使用し、これらを複数組み合わせる 6 通りの検索式を作成して検索を行った。この検索により抽出されてきた論文についてピアレビューを行った。その結果エピトープ情報を報告していると判断された論文について、そのエピトープ情報を整理し、アレルギーデータベース (ADFS) のデータに追加した。

### C. 研究結果

#### AI 学習用データセットの準備

アレルギータンパク情報は、令和 2 年 1 月 29 日に COMPARE からリリースされた 2,248 種のタンパク情報を入手した。また、非アレルギータンパク情報は、わが国で加工食品へのアレルギー表示が義務付けされている特定原材料 7 品目 (卵、乳、落花生、そば、小麦、えび、かに) 並びに推奨されている原材料のうち 5 品目 (いくら、さけ、キウイフルーツ、大豆、りんご)、そしてアレルギーの解析が進んでいる 9 品目 (じゃがいも、コメ、人参、トウモロコシ、マスタード、オリーブ、トマト、モモ、牡蠣) について UniProt からタンパク情報を入手・整理し、17,372 の情報を用いた。これらのアレルギー・非アレルギーデータは、学習時により効率的なパターンマイニングを実行できるように分子系統情報を整備した。一方、mTEC は細胞内で発現する組織特異的タンパク等を T 細胞に抗原として提示し、その抗原を認識するよ

うないわゆる自己攻撃性の T 細胞を排除させる役割を持つ。健康人においては mTEC で発現しているタンパク質に対する抗体は作られない。mTEC 発現タンパク情報の収集・解析により、非アレルギー情報は 1,534 が追加され、計 18,906 となった。

#### 登録アレルギー (アミノ酸配列情報) のアップデート

米国ネブラスカ大学リンカーン校が運営しているアレルギーデータベースである AllergenOnline は、登録アレルギーの全てが国際的なアレルギーの専門家チームによるピアレビューを経ており、登録タンパク質がアレルギーであるというエビデンスの信頼性が非常に高いデータベースである (但しエピトープ情報は含まない)。ADFS における登録アレルギーは平成 20 年度に AllergenOnline の登録アレルギーと統合し、その後も AllergenOnline のアップデートに伴って ADFS 登録アレルギーのアップデートを行っている。平成 30 年から令和 2 年度においても引き続きこのアップデート作業を実施した。

#### エピトープ情報の追加

エピトープ配列に関しては、平成 30 年度から令和 2 年度の 3 年間で、キーワード検索により抽出された論文は 65 報であった。その中からアレルギー・エピトープ情報が記載されていると思われる 28 報を選択し、ピアレビューを行った。その結果、20 報の論文 (表 1) から 23 種のアレルギーについて、総数 66 種のエピトープ情報を新たに追加した (表 2)。

上記のアレルギー及びエピトープ情報更新作業により、最終的に、ADFS のアレルギー及びイソアレルギーのアミノ酸配列情報は 2,339、エピトープ既知のアレルギー数は 247、構造既知のアレルギー数は 169、糖鎖付加アレルギー数は 127 となった。

#### ADFS 脆弱性の対応

ADFS は、平成 17 年に公開されて以降、ツールの充実化や情報更新を行っているがミドルウェア等は開発当初のバージョンのまま運用しており、データベースの脆弱性が懸念されていた。そこで、脆弱性対応のため、本研究初年度にミドルウェアのバージョンアップを進めていたが、

ADFS のサイトは不正なスクリプトを挿入することが出来る環境にあり、ADFS のエンドユーザーは不正スクリプトを利用してサイバー攻撃（クロスサイトスクリプティング）を受ける可能性があるため指摘を受けたため公開は中止し、プログラミングを java から php に変更しシステム再構築を行った。また相同検索ツールのプログラム（Blast、FASTA、Pftools）も全て最新のバージョンに更新し OS は最新の RedHat8 にバージョンアップした。加えて、新サーバ機に改修した ADFS プログラムの導入し、Web システムに対して SSL 設定を実施し、インターネット上でのデータ通信を暗号化し、クロスサイトスクリプティングに対応したウェブアプリケーションに改善した。最終的には、外部公開に先んじてペネトレーションテストを行い、検出された不具合について修正等を進めた。

#### D. 考察

本研究では、AI を活用した高精度アレルギー性予測システムの構築に向けて学習データの収集と精査を行い、アレルギー 2,248 および非アレルギー 18,906 を機械学習用データセットとして整備した。また、学習時に使用する要考慮情報を設定することで、抽出パターンの確度を高めることができた。また、平成 30 年度から令和 2 年度の 3 年間で、アレルギー及びイソアレルギーのアミノ酸配列情報を 195 種追加、また、23 種のアレルギーについて総数 66 のエピトープ情報を追加した。本研究により、遺伝子組換え食品のアレルギー性に関する評価・予測系を充実させることができ、現在までに既に開発されている遺伝子組み換え食品、及び多様化するバイオテクノロジー技術により今後作製される新規遺伝子組換え食品のアレルギー性を、より高い精度で評価・予測することが可能となった。

#### E. 結論

アレルギー予測システムに AI を搭載するために進めた学習データセットの質の向上により、高精度予測を実現可能にした。

平成 29 年 6 月から令和 2 年 5 月までの 3 年間に NCBI PubMed に掲載された論文から、エピトープ配列決定に関する 20 報のピアレビューを行い、23 種のアレルギーについて、総数 66 のエピトープ情報を ADFS に追加した。また、

AllergenOnline の登録アレルギー（アミノ酸配列情報）に関するアップデートを ADFS に反映し、これらの情報更新により遺伝子組換え食品のアレルギー性評価・予測方法を装備した ADFS のデータベース情報を充実することができた。

#### F. 研究発表・業績

##### 1. 論文発表

なし

##### 2. 学会発表

- 1) 爲廣紀正、後藤健仁、吉田拓未、花田博幸、佐久間拓斗、安達玲子、竹内一郎、近藤一成. 食の安全性確保に向けたアレルギー性予測機械学習モデルの開発. 第43回日本分子生物学会年会(2020.12 オンライン)
- 2) Norimasa Tamehiro, Reiko Adachi, Kazunari Kondo: Functional food ingredients modulate mast cell signaling. JSA/WAO Joint Congress 2020 (2020.09.17-10.20)

#### G. 健康危険情報

各年度の分担報告書を参照

#### H. 知的財産権の出願・登録状況

各年度の分担報告書を参照

表 1 平成 30 年度ピアレビューによりエピソード情報を収集した論文

1.	Fu L, Wang J, Ni S, Wang C, Wang Y. Identification of Allergenic Epitopes and Critical Amino Acids of Major Allergens in Chinese Shrimp ( <i>Penaeus chinensis</i> ) by Immunoinformatics Coupled with Competitive-Binding Strategy. <i>J Agric Food Chem.</i> 2018 Mar 21;66(11):2944-2953. PMID:29481756
2.	Curin M, Weber M, Hofer G, Apostolovic D, Keller W, Reiningger R, Swoboda I, Spitzauer S, Focke-Tejkl M, van Hage M, Valenta R. Clustering of conformational IgE epitopes on the major dog allergen Can f 1. <i>Sci Rep.</i> 2017 Sep 22;7(1):12135. PMID:28939849
3.	Reginald K, Chew FT. Conformational IgE Epitope Mapping of Der p 2 and the Evaluations of Two Candidate Hypoallergens for Immunotherapy. <i>Sci Rep.</i> 2018 Feb 21;8(1):3391. PMID:29467434
4.	Curin M, Garmatiuk T, Resch-Marat Y, Chen KW, Hofer G, Fauland K, Keller W, Hemmer W, Vrtala S, Focke-Tejkl M, Valenta R. Similar localization of conformational IgE epitopes on the house dust mite allergens Der p 5 and Der p 21 despite limited IgE cross-reactivity. <i>Allergy.</i> 2018 Jan 10. PMID: 29319884
5.	Liu GY, Mei XJ, Hu MJ, Yang Y, Liu M, Li MS, Zhang ML, Cao MJ, Liu GM. Analysis of the Allergenic Epitopes of Tropomyosin from Mud Crab Using Phage Display and Site-Directed Mutagenesis. <i>J Agric Food Chem.</i> 2018 Aug 29;66(34):9127-9137. PMID:30107732
6.	He S, Zhao J, Elfalleh W, Jemaà M, Sun H, Sun X, Tang M, He Q, Wu Z, Lang F. In Silico Identification and in Vitro Analysis of B and T-Cell Epitopes of the Black Turtle Bean ( <i>Phaseolus Vulgaris</i> L.) Lectin. <i>Cell Physiol Biochem.</i> 2018;49(4):1600-1614. PMID:30223257
7.	Kern K, Havenith H, Delaroque N, Rautenberger P, Lehmann J, Fischer M, Spiegel H, Schillberg S, Ehrentreich-Foerster E, Aurich S, Treudler R, Szardenings M. The immunome of soy bean allergy: Comprehensive identification and characterization of epitopes. <i>Clin Exp Allergy.</i> 2019 Feb;49(2):239-251. PMID:30267550
8.	Lahiani S, Dumez ME, Bouaziz A, Djenouhat K, Khemili S, Bitam I, Gilis D, Galleni M. Immunodominant IgE Epitopes of Der p 5 Allergen. <i>Protein Pept Lett.</i> 2018;25(11):1024-1034. PMID:30430936
9.	Cai ZL, Chen JJ, Zhang Z, Hou YB, He YS, Sun JL, Ji K . Identification of immunodominant IgE binding epitopes of Der p 24, a major allergen of <i>Dermatophagoides pteronyssinus</i> . <i>Clin Transl Allergy.</i> 2019 May 23;9:28. PMID:31139345
10.	Yamamoto K, Ishibashi O, Sugiura K, Ubatani M, Sakaguchi M, Nakatsuji M, Shimamoto S, Noda M, Uchiyama S, Fukutomi Y, Nishimura S, Inui T. Crystal structure of the dog allergen Can f 6 and structure-based implications of its cross-reactivity with the cat allergen Fel d 4. <i>Sci Rep.</i> 2019 Feb 6;9(1):1503. PMID:30728436
11.	Fang L, Li G, Zhang J, Gu R, Cai M, Lu J . Identification and mutational analysis of continuous, immunodominant epitopes of the major oyster allergen Crag 1. <i>Clin Immunol.</i> 2019 Apr;201:20-29 PMID: 29319884
12.	Zenker HE, Ewaz A, Deng Y, Savelkoul HFJ, van Neerven RJJ, De Jong NW, Wichers HJ, Hettinga KA, Teodorowicz M. Differential Effects of Dry vs. Wet Heating of $\beta$ -Lactoglobulin on Formation of sRAGE Binding Ligands and sIgE Epitope Recognition. <i>Nutrients.</i> 2019 Jun 25;11(6):1432. PMID: 31242665
13.	Eichhorn S, Hörschläger A, Steiner M, Laimer J, Jensen BM, Versteeg SA, Pablos I, Briza P, Jongejan L, Rigby N, Asturias JA, Portolés A, Fernandez-Rivas M, Papadopoulos NG, Mari A, Poulsen LK, Lackner P, van Ree R, Ferreira F, Gadermaier G. Rational Design, Structure-Activity Relationship, and Immunogenicity of Hypoallergenic Pru p 3 Variants. <i>Mol Nutr Food Res.</i> 2019 Sep;63(18):e1900336. PMID: 31207117
14.	Tuppo L, Alessandri C, Giangrieco I, Ciancamerla M, Rafaianni C, Tamburrini M, Ciardiello MA, Mari A. Isolation of cypress gibberellin-regulated protein: Analysis of its structural features and IgE binding competition with homologous allergens. <i>Mol Immunol.</i> 2019 Oct;114:189-195. PMID: 31376732
15.	L'Hocine L, Pitre M, Achouri A. Detection and identification of allergens from Canadian mustard varieties of <i>Sinapis alba</i> and <i>Brassica juncea</i> . <i>Biomolecules.</i> 2019 Sep 14;9(9):489. PMID: 31540036
16.	Cai ZL, Zhang Z, Luo WL, Hou YB, He YS, Chen JJ, Ji K. Identification of immunodominant IgE epitopes of the major house dust mite allergen Der f 24. <i>Int J Mol Med.</i> 2019 Nov;44(5):1888-1898. PMID: 31545417
17.	Glesner J, Kapingidza AB, Godzwon M, Offermann LR, Mueller GA, DeRose EF, Wright P, Richardson CM, Woodfolk JA, Vailes LD, Wünschmann S, London RE, Chapman MD, Ohlin M, Chruszcz M, Pomés A.. A Human IgE Antibody Binding Site on Der p 2 for the Design of a Recombinant Allergen for Immunotherapy. <i>J Immunol.</i> 2019 Nov 1;203(9):2545-2556. PMID: 31554696

- 
- San Segundo-Acosta P, Oeo-Santos C, Navas A, Jurado A, Villalba M, Barderas R.  
Ole e 15 and its human counterpart -PPIA- chimeras reveal an heterogeneous IgE response in olive pollen allergic patients.  
*Sci Rep.* 2019 Oct 21;9(1):15027.  
18. PMID: 31636292
- 
- Zhang Z, Li XM, Xiao H, Nowak-Wegrzyn A, Zhou P.  
IgE-binding epitope mapping of tropomyosin allergen (Exo m 1) from *Exopalaemon modestus*, the freshwater Siberian prawn.  
*Food Chem.* 2020 Mar 30;309:125603.  
19. PMID: 31707198
- 
- Takashima T, Taku T, Yamanaka T, Fukamizo T, Numata T, Ohnuma T.  
Crystal structure and biochemical characterization of CJP38, a  $\beta$ -1,3-glucanase and allergen of *Cryptomeria japonica* pollen.  
*Mol Immunol.* 2019 Dec;116:199-207.  
20. PMID: 31731097
- 
- Nugraha R, Kamath SD, Johnston E, Karnaneedi S, Ruethers T, Lopata AL.  
Conservation Analysis of B-Cell Allergen Epitopes to Predict Clinical Cross-Reactivity Between Shellfish and Inhalant Invertebrate Allergens.  
*Front Immunol.* 2019 Nov 19;10:2676.  
21. PMID: 31803189
- 
- Múnera M, Martínez D, Labrada A, Caraballo L, Puerta L.  
Identification of B Cell Epitopes of Blo t 13 Allergen and Cross-Reactivity with Human Adipocytes and Heart Fatty Acid Binding Proteins.  
*Int J Mol Sci.* 2019 Dec 4;20(24):6107.  
22. PMID: 31817065
- 
- Bu G, Li T, Zhu T, Xi G.  
Identification of the linear immunodominant epitopes in the  $\beta$  subunit of  $\beta$ -conglycinin and preparation of epitope antibodies.  
*Int J Biol Macromol.* 2020 Jul 1;154:724-731.  
23. PMID: 32198043
- 
- Nesbit JB, Schein CH, Braun BA, Gipson SAY, Cheng H, Hurlburt BK, Maleki SJ.  
Epitopes with similar physicochemical properties contribute to cross reactivity between peanut and tree nuts.  
*Mol Immunol.* 2020 May 19;122:223-231.  
24. PMID: 32442779
-

表 2 平成 30 年度新たに ADFS に追加したエピトープ情報

	Name	start	end	Sequence	Method	CTYPE	Reference	UniProt acc.No
001	Pen c 1	12	25	KLEKDNAMDRADTL	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	25	40	LEQQNKANRAEKSE	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	47	60	QKRMQQLNLDLQV	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	73	85	EKDALSNAEGEV	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	87	105	ALNRRILQLEEDLERSEER	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	112	128	KLAESQAADSEMRK	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	131	147	ENRSLDEERMDALENQ	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	155	167	AEEADRKYDEVAR	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	187	203	ESKIVELEEELRVVGN	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	221	239	YKEQIKTLTNLKAEEARA	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	243	259	ERSVQKLQKEVDRLDE	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
	Pen c 1	263	280	EKEKYKSITDELDTQFSE	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	D2KMW0
002	Pen c 2	19	33	AATDCKSLKKYLTK	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	55	72	QSGVENLDSGVGIYAPDA	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	91	107	VGFKQTDKHKHPNKDFGDV	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	123	135	TRVRCGRSMEGYP	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	140	154	LTEDQYKEMESKVSS	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	158	169	SLEGELKGYYP	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	250	266	VNEIEKRIPFSHHDRLG	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	286	299	KLPKLAANRDKLEE	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	320	333	GGIYDISNKRMMGL	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
	Pen c 2	337	356	QAVKEMQDGILELIKMEKEM	Dot assay/indirect competition ELISA/mast cell degranulation assay	L	PMID 29481756	Q4KY22
003	Der p 2			N10, E25, K77, K96, E102	dot-blot/ELISA/PBMC proliferation assay	C	PMID 29467434	P49278
004	Can f 1				dot-blot/ELISA assay	C	PMID 28939849	O18873
005	Der p 5				dot-blot/ELISA assay	C	PMID 29319884	P14004
006	Der p 21				dot-blot/ELISA assay	C	PMID 29319884	Q2L7C5
007	Scy s 1	44	55	ATQKMQQVEN	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Scy s 1	105	112	RLNTATTK	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Scy s 1	133	140	RSLSDEER	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Scy s 1	143	152	ALENQLKEAR	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2

	Scy s 1	199	206	VVGNNLKS	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Scy s 1	253	264	VDRLEDELVNEK	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Scy s 1			R90 ,E164, Y267	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	C	PMID 30107732	A7L5V2
008	Pha v ?	55	66	NVNDNGEPTLSS	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Pha v ?	116	125	VGSEPKDKGG	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Pha v ?	133	141	NNYKYDSNAHT	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Pha v ?	149	160	LYNVHWDPKPRH	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Pha v ?	95	103	FNIDVPNNS	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Pha v ?	39	47	LQRDATVSS	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
009	Gly m 2	21	27	QVVVQTE	Peptide phage display/peptide microarray	L	PMID 30267550	Q07502
010	Der p 5	90	108	DRLMQRKDLDFEQYNLEM	peptide microarray/ alanine scanning mutagenesis	L	PMID 30430936	P14004
011	Der p 24	1	32	MVHLTKTLRFINNPGRKFFYGLQGYNKYGLY	peptide microarray	L	PMID 31139345	A0A0K2GUJ4
012	Can f 6	28	59	DISKISGDWYSILLASDIKEIEENGSMRVFV	ELISA/ alanine scanning mutagenesis	L	PMID 30728436	H2B3G5
013	Cra g 1	44	49	TSLQKK	ELISA/ amino acid substitution	L	PMID 30807831	B7XC66
	Cra g 1	69	85	TKLEEAKTASEAEQEI	ELISA/ amino acid substitution	L	PMID 30807831	B7XC66
	Cra g 1	99	108	MERSEERLQT	ELISA/ amino acid substitution	L	PMID 30807831	B7XC66
	Cra g 1	134	144	NNASEERTDVL	ELISA/ amino acid substitution	L	PMID 30807831	B7XC66
	Cra g 1	209	224	VQNDQASQREDSYEET	ELISA/ amino acid substitution	L	PMID 30807831	B7XC66
014	Ole e 15	44	55	ATQKMMQQVEN	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Ole e 15	105	112	RLNTATTK	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
015	Exo m 1	133	140	RSLSDEER	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Exo m 1	143	152	ALENQLKEAR	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Exo m 1	199	206	VVGNNLKS	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Exo m 1	253	264	VDRLEDELVNEK	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	L	PMID 30107732	A7L5V2
	Exo m 1			R90 ,E164, Y267	Phage display/ Dot blotting/ ELISA	C	PMID 30107732	A7L5V2
016	Blo t 13	55	66	NVNDNGEPTLSS	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Blo t 13	116	125	VGSEPKDKGG	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
017	Gly m 5	133	141	NNYKYDSNAHT	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Gly m 5	149	160	LYNVHWDPKPRH	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
018	Ara h 1	95	103	FNIDVPNNS	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Ara h 1	39	47	LQRDATVSS	ELISA/ lymphocyte proliferation/ cytokine profile analyses	L	PMID 30223257	V5QN77
	Ara h 2	21	27	QVVVQTE	Peptide phage display/peptide microarray	L	PMID 30267550	Q07502
	Ara h 7	90	108	DRLMQRKDLDFEQYNLEM	peptide microarray/ alanine scanning mutagenesis	L	PMID 30430936	P14004
	Ara h 11	1	32	MVHLTKTLRFINNPGRKFFYGLQGYNKYGLY	peptide microarray	L	PMID 31139345	A0A0K2GUJ4
019	Der p 2.0103	28	59	DISKISGDWYSILLASDIKEIEENGSMRVFV	ELISA/ alanine scanning mutagenesis	L	PMID 30728436	H2B3G5
020	Der f 24.0101	44	49	TSLQKK	ELISA/ amino acid substitution	L	PMID 30807831	B7XC66

注) start, end: エピトープ配列の始点及び終点アミノ酸の番号

Ctype: エピトープのタイプ. L: linear, C: conformational