

DỰ ĐOÁN *in silico* CÁC EPITOPE TẾ BÀO B CÓ TÍNH KHÁNG NGUYÊN TRÊN PROTEIN FepA CỦA VI KHUẨN *Acinetobacter baumannii*

Lê Quỳnh Giang^{1*}, Đỗ Minh Trung¹, Phạm Thế Tài¹
Nguyễn Cường^{2,3}, Nguyễn Tiến Đạt³, Trần Quang Hữu⁴

Tóm tắt

Mục tiêu: Xác định một số epitope tế bào B tiềm năng trên protein FepA có nguồn gốc từ vi khuẩn *Acinetobacter baumannii* (*A. baumannii*) nhằm phục vụ phát triển vaccine. **Phương pháp nghiên cứu:** Sử dụng các phân tích *in silico* để dự đoán tính kháng nguyên, tính tan, cấu trúc xuyên màng, các epitope tế bào B tuyến tính và lập thể của protein FepA, đồng thời đánh giá khả năng gây dị ứng, độc tính, các đặc tính lý hoá và mức độ tương đồng với protein người của các epitope. **Kết quả:** FepA được xác định là protein màng ngoài gồm 22 vùng xuyên màng kiểu β và có tính kháng nguyên cao. Nghiên cứu đã lựa chọn được những epitope tối ưu nhất của FepA, bao gồm 2 epitope tuyến tính (E3, E9) và 4 epitope lập thể (E12 - E15) có tiềm năng sinh miễn dịch cao và phù hợp cho phát triển vaccine. **Kết luận:** FepA là kháng nguyên giàu epitope, có giá trị trong phát triển vaccine phòng *A. baumannii*.

Từ khóa: Vi khuẩn *A. baumannii*; Protein FepA; Epitope tế bào B; *In silico*; Vaccine.

In silico PREDICTION OF ANTIGENIC B-CELL EPITOPES ON FepA PROTEIN OF *Acinetobacter baumannii*

Abstract

Objectives: To identify potential B-cell epitopes on the FepA protein from *Acinetobacter baumannii* (*A. baumannii*) for vaccine development. **Methods:** Comprehensive *in silico* analyses were performed to predict the antigenicity, solubility, and transmembrane topology of FepA, and to identify both linear and conformational B-cell epitopes. The predicted epitopes were subsequently evaluated for allergenicity, toxicity, physicochemical properties, and homology to human proteins.

¹Viện Nghiên cứu Y Dược học Quân sự, Học viện Quân y

²Viện Công nghệ Thông tin, Viện Hàn lâm Khoa học & Công nghệ Việt Nam

³Công ty LOBI Việt Nam

⁴Đại học Kỹ thuật Y tế Hải Dương

*Tác giả liên hệ: Lê Quỳnh Giang (quynhgiang1911@yahoo.com)

Ngày nhận bài: 02/12/2025

Ngày được chấp nhận đăng: 14/01/2026

<http://doi.org/10.56535/jmpm.v51i2.1794>

Results: FepA was identified as an outer membrane protein containing 22 transmembrane β -barrels and high antigenicity. The analyses identified the most promising epitopes, including 2 linear epitopes (E3, E9) and 4 conformational epitopes (E12 - E15), which exhibit high immunogenic potential and are suitable for vaccine development. **Conclusion:** FepA is an epitope-rich antigen and represents a valuable candidate for vaccine development against *A. baumannii*.

Keywords: *Acinetobacter baumannii*; FepA protein; B-cell epitope; *In silico*; Vaccine.

ĐẶT VẤN ĐỀ

Acinetobacter baumannii là tác nhân gây nhiễm khuẩn bệnh viện phổ biến nhờ khả năng bám dính mạnh, hình thành màng sinh học và đề kháng cao với kháng sinh cũng như chất sát khuẩn. *A. baumannii* chủ yếu tấn công những bệnh nhân có bệnh lý nền, suy giảm miễn dịch hoặc đang điều trị hồi sức tích cực, gây ra nhiều dạng nhiễm trùng nghiêm trọng như viêm phổi, nhiễm khuẩn huyết và viêm màng não [1]. Việc kiểm soát nhiễm khuẩn đang đối mặt với thách thức lớn do sự gia tăng của các chủng đa kháng thuốc. Tiêm chủng có thể là một giải pháp tiềm năng để giảm gánh nặng cả về lâm sàng lẫn tài chính, tuy nhiên, hiện nay chưa có vaccine thương mại phòng *A. baumannii* và việc xác định kháng nguyên hiệu quả vẫn đang trong giai đoạn nghiên cứu [2].

Hệ thống thu nhận sắt là một trong những yếu tố độc lực quan trọng, đóng vai trò thiết yếu cho sự tồn tại và gây bệnh của vi khuẩn. Trong đó, FepA là protein màng ngoài có mức độ bảo tồn cao ở vi khuẩn Gram âm [3]. Ở *A. baumannii*, FepA có chiều dài 754 amino acid tham gia vào quá trình hấp

thu enterobactin ngoại sinh, giúp vi khuẩn thích nghi trong điều kiện thiếu sắt [4]. Đáng chú ý, ở nhiều loài thuộc họ *Enterobacteriaceae*, FepA đã được chứng minh là có thể kích thích đáp ứng miễn dịch mạnh. Kháng thể kháng FepA có khả năng ức chế sự phát triển của các vi khuẩn gây bệnh như *Klebsiella pneumoniae*, *Salmonella typhi* và *Escherichia coli* [3].

Đáp ứng miễn dịch chống lại *A. baumannii* bao gồm cả miễn dịch dịch thể và miễn dịch qua trung gian tế bào, trong đó epitope của tế bào B và T đều đóng vai trò thiết yếu. Các công cụ *in silico* cho phép dự đoán các epitope tiềm năng dựa trên trình tự và cấu trúc protein, từ đó rút ngắn thời gian và chi phí sàng lọc kháng nguyên [5]. Trong khuôn khổ nghiên cứu, mục tiêu của chúng tôi là: *Bước đầu tập trung dự đoán epitope tế bào B của FepA từ A. baumannii, qua đó xác định một số epitope tế bào B tiềm năng trên protein này nhằm phục vụ phát triển vaccine.* Đây là bước quan trọng vì các epitope tế bào B có khả năng trực tiếp kích thích tạo kháng thể trung hoà, đồng thời các epitope này có ưu thế về khả năng dự

đoán, tổng hợp và ứng dụng thực nghiệm, từ đó cung cấp cơ sở khoa học cho việc lựa chọn kháng nguyên và thiết kế vaccine trong các nghiên cứu tiếp theo.

ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

1. Đối tượng nghiên cứu

Protein FepA của vi khuẩn *A. baumannii*.

2. Phương pháp nghiên cứu

* Truy xuất trình tự protein:

Trình tự protein FepA được truy xuất từ cơ sở dữ liệu UniProt (Mã định danh: A0AAV3JU11; <https://www.uniprot.org>) dưới định dạng FASTA và được sử dụng làm dữ liệu đầu vào cho các phân tích *in silico* tiếp theo.

* Dự đoán peptide tín hiệu và cấu trúc xuyên màng:

Peptide tín hiệu của protein FepA được dự đoán bằng công cụ SignalP 6.0 (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?SignalP-6.0>). Cấu trúc xuyên màng của FepA được dự đoán bằng công cụ DeepTMHMM (<https://dtu.biolib.com/DeepTMHMM>).

* Dự đoán epitope tế bào B tuyến tính:

Epitope tế bào B tuyến tính trên protein FepA được dự đoán bằng công cụ BepiPred (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?BepiPred-2.0>) với ngưỡng $\geq 0,5$.

* Mô hình hóa cấu trúc FepA và dự đoán epitope lập thể (không liên tục):

Cấu trúc bậc 3 (3D) của FepA được xây dựng bằng công cụ SWISS -MODEL (<https://swissmodel.expasy.org/>). Chất lượng mô hình 3D được đánh giá bằng ProSA-Web (<https://prosa.services.came.sbg.ac.at/prosa.php>), đồng thời sử dụng biểu đồ Ramachandran để đánh giá các góc xoay ϕ và ψ của chuỗi polypeptide. Các epitope lập thể của tế bào B trên FepA được dự đoán bằng công cụ ElliPro (<http://tools.iedb.org/ellipro/>) với ngưỡng $\geq 0,8$ nhằm xác định những vùng không liên tục có khả năng được kháng thể nhận diện.

* Đánh giá tính kháng nguyên, tính gây dị ứng, độc tính và tính tan:

Tính kháng nguyên của protein/epitope được xác định bằng công cụ VaxiJen v2.0 (<http://www.ddg-pharmfac.net/vaxiJen/>) với ngưỡng $\geq 0,4$. Tính gây dị ứng được đánh giá bằng AlgPred 2.0 (<https://webs.iitd.edu.in/raghava/algpred2/batch.html>) và AllerTOP v2.0 (<https://www.ddg-pharmfac.net/AllerTOP/>). Độc tính của kháng nguyên được dự đoán bằng ToxinPred (<https://webs.iitd.edu.in/raghava/toxinpred/>). Tính tan của FepA khi được biểu hiện trong *E. coli* được đánh giá bằng SOLpro (https://scratch.proteomics.ics.uci.edu/cgi-bin/new_server/sql_predict.cgi).

* Phân tích đặc tính lý hóa và bảo tồn trình tự của các epitope tế bào B tuyến tính:

Các đặc tính lý hoá của các epitope được đánh giá bằng công cụ ProtParam

(<https://web.expasy.org/protparam/>). Công cụ IEDB Epitope Conservancy Analysis (<https://tools.iedb.org/conservancy/>) được sử dụng để xác định mức độ bảo tồn của β -barrel giữa nhiều chủng *A. baumannii*. Ngoài ra, mức độ tương đồng giữa các epitope với protein người và các loài khác được kiểm tra bằng BLASTp của NCBI.

3. Đạo đức nghiên cứu

Nghiên cứu sử dụng số liệu thuộc Đề tài Khoa học & Công nghệ cấp cơ sở tại Học viện Quân y theo Quyết định số 3432/QĐ-HVQY ngày 16/8/2025. Số liệu

nghiên cứu được Viện Nghiên cứu Y Dược học Quân sự, Học viện Quân y cho phép sử dụng và công bố. Nhóm tác giả cam kết không có xung đột lợi ích trong nghiên cứu.

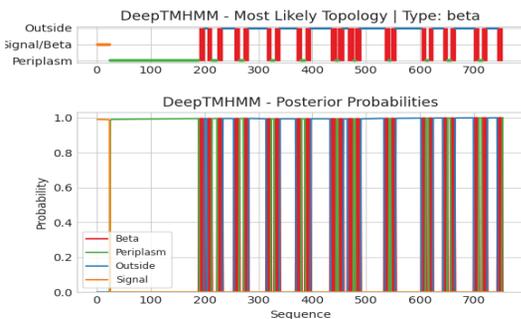
KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

1. Đánh giá tính kháng nguyên và tính tan của protein FepA

FepA có khả năng kích thích đáp ứng miễn dịch mạnh với điểm kháng nguyên là 0,813 ($> 0,4$) và ở dạng hòa tan khi biểu hiện ở *E. coli* với xác suất hòa tan là 0,666 ($> 0,6$).

2. Dự đoán peptide tín hiệu và cấu trúc xuyên màng

FepA mang peptide tín hiệu kiểu Sec/Signal peptidase I (SPI), nằm ở vị trí từ amino acid 1 - 24 (Hình 1b). Điểm cắt của enzyme SPI nằm giữa amino acid 24 và 25 có độ tin cậy 97,35%. FepA chứa 22 vùng xuyên màng dạng β (màu đỏ), các chuỗi β xuyên màng nằm xen kẽ vùng ngoài màng (xanh đậm) và vùng nội bào (xanh lá) (Hình 1).



```

1  mkriiqsvl  evsvlasms  mafaagneq  qaeqtlekpa  epvkletifv
51  taeqvksql  gsvitkedl  eklpvrdia  dyvzrmpgvn  ltgnsatqgr
101 gnnrqidarg  mgpentlilv  dqkpinarn  vrygwkgerd  trgdsnwpvr
151 eaiesievlr  gpaaarygsg  aaggvniit  kkvtnehtgs  vefytsqped
201 skegssnrvg  fnvsgplikd  vlsyrllygny  nkteaddvdi  nksigstaag
251 regvknkdis  grlawgatdq  qtvldiiss  kqgniysgds  qlnanaeada
301 ilsqliket  ntmyrdsyal  thegdwawgk  sklvaqydk  hnkrlpegla
351 gsvegkinnl  ddkatsrlet  lrfngeanip  feyylpqvlt  vgtewvedrf
401 kdvnsttqgk  dsagsygdq  lakqdrskme  sriasayied  nlkvtdstdv
451 vlglrfdhs  ksgsnwpsl  nitqklndyf  tlkggvakay  kapnmyqnae
501 gyllstngng  cpansiesrcl  lqnggdikpe  tsvnlkglgq  fgkdiwnasl
551 twfrndykdk  ivagthvvt  vdgstnant  gavntkwni  lrwentpkal
601 iggfegslgl  dfgdirwttn  ftymmdskdk  qtgnplslvp  iytinsifdy
651 ditdqldvnf  vftqygrqks  rqfaenlea  gigaggansa  lkpstvkaqs
701 taginvgykf  sdqistrvgv  snlfdkqilr  dnsisqstyn  epgrayyasl
751 kyaf
    
```

(a)

(b)

Hình 1. Vị trí sắp xếp dự đoán của protein FepA trên màng tế bào.

(a) Đồ thị xác suất được dự đoán bởi DeepTMHMM;

(b) Trình tự protein FepA với các vùng được quy định màu sắc tương tự với dự đoán của DeepTMHMM: Peptide tín hiệu (signal, cam), vùng xuyên màng (β , đỏ), vùng ngoài màng (outside, xanh đậm) và vùng nội bào (periplasm, xanh lá).

3. Dự đoán và lựa chọn epitope tế bào B tuyến tính

* Dự đoán epitope tế bào B tuyến tính:

Kết quả dự đoán bằng BepiPred-2.0 cho thấy protein FepA chứa nhiều epitope tế bào B tuyến tính với điểm kháng nguyên > 0,5. Trong số đó, có 11 epitope nằm ở vùng ngoài màng được lựa chọn cho phân tích tiếp theo vì các vị trí này có khả năng được kháng thể nhận diện và tiếp cận (Bảng 1).

* Tính kháng nguyên, tính gây dị ứng và độc tính:

Các epitope đều có tính kháng nguyên (ngoại trừ E11), không gây dị ứng và không có độc tính khi phân tích lần lượt trên các công cụ Vaxijen, AlgPred và ToxinPred (Bảng 2). Tuy nhiên, kết quả dự đoán của công cụ AllerTOP khác với AlgPred, chỉ có các epitope E3, E7, E9, E10 và E11 là không gây dị ứng.

Bảng 1. Dự đoán các epitope tế bào B tuyến tính trên protein FepA.

Epitope	Trình tự chuỗi peptide	Vị trí aa	Điểm số
E1	TSQPEDSKEGSSNRV	195-209	0,587
E2	NYNKTEADDVDINKSIGSTAAGREGVKN	229-256	0,621
E3	SKQGNISGDSQLNANAADAILSQLIGKETNTMYRD	280-316	0,613
E4	YDKTHNKRLPEGLAGSVEGKINNLDDKATSR	337-367	0,602
E5	EDRFKDNVSTTQGKDSSSGYGDQLAKGDRSKME	397-430	0,644
E6	DHSKSGSNWS	458-467	0,560
E7	YKAPNMYQNAEGYLLSTNGNGCPANIESRCLLQ-GNGDLKPE	490-530	0,592
E8	GTHVVGTVDGSSNTANTGAVTNTKWNILRWEN	564-595	0,622
E9	MDSKDKQTGNPLSLVPI	625-641	0,579
E10	QYGRQKSRQFAENRLESGIGSGGANSALKPST	664-695	0,639
E11	KQILRDSNSISQTYNEPGRAYYASL	726-750	0,576

Bảng 2. Tính kháng nguyên, tính gây dị ứng, độc tính, đặc tính lý hoá và độ bảo tồn của các epitope tế bào B tuyến tính.

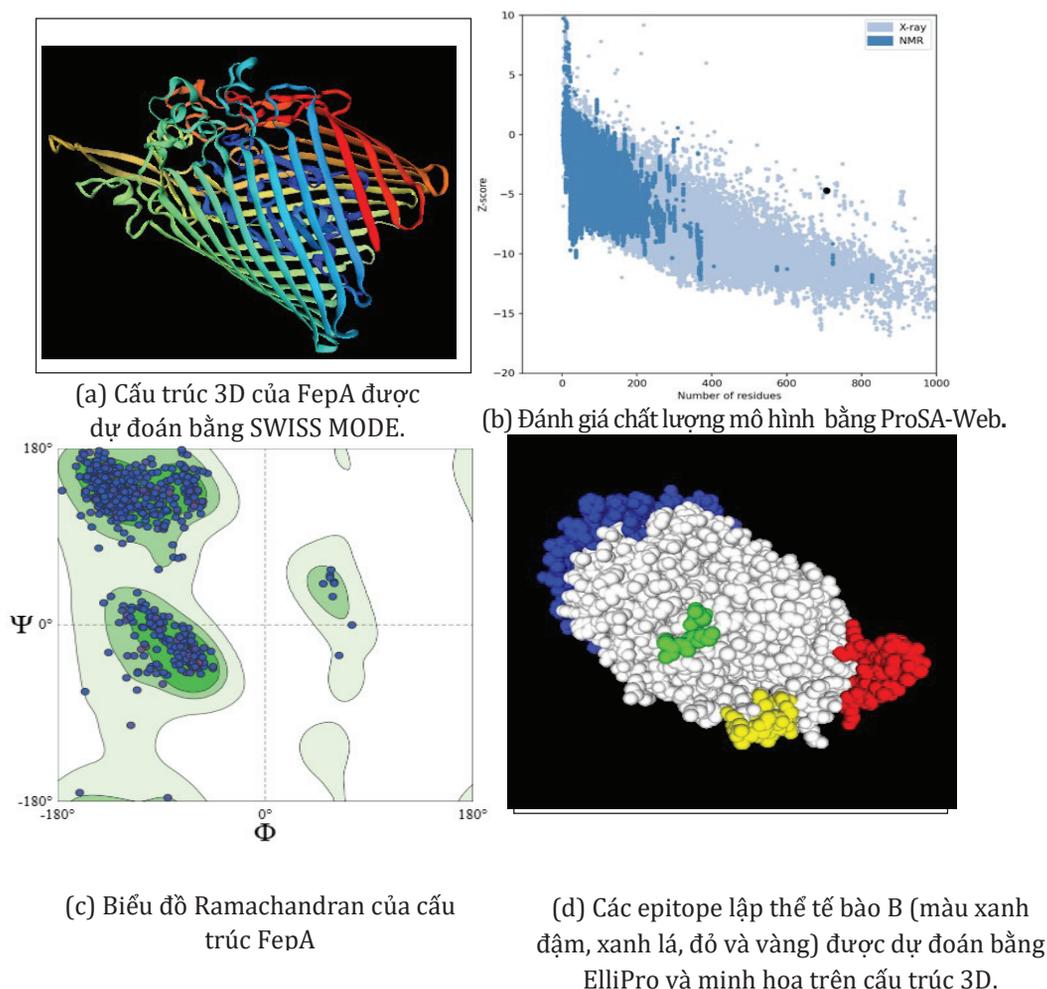
Epitope	Vaxi-Jen	Alg-Pred	Aller-Top	Toxin Pred	MW (Da)	pI	Chỉ số bất ổn	GRA-VY	Độ bảo tồn (%)
E1	+	-	+	-	1620,65	4,68	85,12	-1,84	98,74
E2	+	-	+	-	2967,16	4,86	24,01	-1,09	97,49
E3	+	-	-	-	4017,35	4,44	37,42	-0,78	96,23
E4	+	-	+	-	3427,78	8,39	50,19	-1,27	89,54
E5	+	-	+	-	3694,90	4,99	28,15	-1,58	88,28
E6	+	-	+	-	1104,10	6,74	-1,37	-1,86	100,0
E7	+	-	-	-	4444,93	4,87	52,56	-0,79	89,12
E8	+	-	+	-	3400,67	6,75	27,92	-0,52	77,41
E9	+	-	-	-	1843,13	5,71	29,32	-0,60	94,56
E10	+	-	-	-	3395,70	10,27	45,94	-1,10	99,16
E11	-	-	-	-	2875,15	8,43	72,00	-0,94	92,47

(+: Có đặc tính, -: Không có đặc tính, MW: Khối lượng phân tử)

* Phân tích đặc tính lý hóa, bảo tồn trình tự và mức độ tương đồng với protein người

Kết quả phân tích bằng công cụ ProtParam cho thấy, các epitope có chỉ số pI dao động từ 4,44 - 10,27, chỉ số kỵ nước GRAVY của các epitope < 0. Có 6 epitope là E2, E3, E5, E6, E8 và E9 có chỉ số bất ổn < 40 (ngưỡng quy định). Phân tích bằng IEDB Conservancy Analysis trên 239 chủng *A. baumannii* cho thấy phần lớn các epitope đều có mức độ bảo tồn ≥ 90% (Bảng 2). Đối chiếu trình tự bằng BLASTp cho thấy không có epitope nào tương đồng với protein người.

4. Dự đoán epitope tế bào B lập thể



Hình 2. Mô hình cấu trúc 3D và dự đoán epitope lập thể tế bào B của protein FepA.

Mô hình 3D của FepA được xây dựng trước khi dự đoán epitope tế bào B lập thể. Thông qua công cụ SWISS-MODEL, cấu trúc 3D của FepA đã được thiết lập thành công với độ tin cậy cao thể hiện qua các chỉ số GMQE = 0,9 và QMEANDisco Global = $0,93 \pm 0,05$ (Hình 2a). Giá trị Z = -4,68 thu được từ ProSA-Web cho thấy sự phù hợp năng lượng tổng thể của mô hình FepA so với các cấu trúc protein đã được xác định bằng phương pháp thực nghiệm như tinh thể học X-ray và phổ NMR, khẳng định sự hợp lý của mô hình dự đoán (Hình 2b). Mặt khác, biểu đồ Ramachandran đã chỉ ra có 97,45% amino acid nằm trong vùng thuận lợi, các chỉ số ERRAT = 90,393 và MolProbity = 1,21 đều đạt yêu cầu đối với một mô hình có chất lượng cao (Hình 2c). Mô hình không gian của FepA đã được thể hiện sau khi xác nhận độ tin cậy của cấu

trúc 3D (Hình 2d). Tiếp đến, công cụ ElliPro đã được sử dụng để xác định các epitope tế bào B lập thể. Phân tích cho thấy có 4 epitope nổi bật với điểm dự đoán > 0,8; tương ứng với các vùng bề mặt có khả năng tương tác mạnh với kháng thể (Bảng 3).

Bảng 3. Dự đoán các epitope tế bào B lập thể trên protein FepA.

Epitope	Trình tự chuỗi peptide không liên tục	Màu trên mô hình	Điểm số
E12	GKDSSGSG (409-416), D419, Q420, HVVGTVDGSSTNANTGAVTNTK (566-587)	Đỏ	0,919
E13	TNET (184-187), GPLIKDVL (215-222), WQATDQQ (265-271), GDWSWG (324-329), IPFE (379-382), LPQ (385-387), L389, LKVTDST (442-448), QKLNDYF (474-480), F541, KDIV (543-546), FGDI (612-615), YDITDQL (650-656), YKFSDQI (708-714), L750, YSF (752-754)	Xanh đậm	0,903
E14	N509, R677, L678, SGIGSGGAN (680-688), A690	Vàng	0,802
E15	D239, K242, S243	Xanh lá	0,801

BÀN LUẬN

Kiểm soát nhiễm khuẩn *A. baumannii* trong môi trường bệnh viện đang là một thách thức lớn do khả năng kháng thuốc và tồn tại dai dẳng của vi khuẩn. Vì vậy, các chiến lược phòng ngừa như phát triển vaccine và kit chẩn đoán nhanh ngày càng được quan tâm. Mặc dù các nghiên cứu *in silico* được ứng dụng rộng rãi trong phát triển vaccine phòng *A. baumannii* nhưng hiện nay vẫn chưa có công trình nào tập trung vào protein FepA theo hướng tiếp cận này. Trong khi đó, FepA và các thụ thể thu nhận sắt tương tự đã được chứng minh

trong những nghiên cứu *in silico* trên *K. pneumoniae* và *Neisseria meningitidis* là những ứng viên vaccine đầy triển vọng [3, 6]. Đây là cơ sở khoa học để chúng tôi tiến hành phân tích *in silico* protein FepA của *A. baumannii* nhằm xác định các epitope tế bào B tiềm năng.

Theo kết quả dự đoán, protein FepA của *A. baumannii* có tính kháng nguyên cao và khả năng hòa tan tốt khi biểu hiện ở *E. coli*. Đây là đặc điểm thuận lợi cho việc sản xuất và tinh sạch protein tái tổ hợp. Đồng thời, FepA là một thụ thể màng ngoài điển hình, mang peptide tín hiệu Sec/SPI và sở hữu 22 vùng xuyên

màng dạng β đặc trưng, giúp gia tăng sự tiếp xúc của các vùng ngoài màng, là điều kiện quan trọng để kháng thể có thể nhận diện epitope.

Dự đoán epitope tuyến tính đã xác định được FepA có 11 epitope nằm ở vùng ngoài màng thuận lợi cho khả năng tiếp cận kháng thể. Các epitope này đều có giá trị GRAVY âm (ưa nước), là điều kiện thuận lợi để tổng hợp peptide ở dạng hòa tan. Mặt khác, giá trị pI nằm ngoài khoảng pH sinh lý (7,2 - 7,6) giúp hạn chế nguy cơ giảm tính sinh miễn dịch tại pI của peptide [3]. Tuy nhiên, xét theo chỉ số bất ổn với ngưỡng < 40 để đảm bảo độ bền vững của peptide, chỉ có các epitope E2, E3, E5, E6, E8 và E9 là đạt tiêu chuẩn. Mặt khác, xét về tính kháng nguyên, khả năng gây dị ứng và độc tính, chỉ các epitope E3, E7, E9 và E10 vừa có khả năng kích thích đáp ứng miễn dịch vừa đảm bảo an toàn. Tổng hợp các yếu tố, chỉ có E3 và E9 thoả mãn đầy đủ các tiêu chí về tính sinh miễn dịch, độ an toàn và các đặc tính lý hoá. Ngoài ra, mức độ bảo tồn của hai epitope này giữa các chủng *A. baumannii* đạt tỷ lệ cao (lần lượt là 96,23% và 94,56%). Việc không tương đồng với protein người giúp giảm nguy cơ phản ứng tự miễn và tăng tính an toàn khi sử dụng.

Nghiên cứu ghi nhận có 4 epitope lập thể với điểm dự đoán cao $> 0,8$, phân bố trên bề mặt protein, phù hợp với khả năng gắn kết kháng thể. Đáng chú ý,

nghiên cứu ghi nhận sự trùng lặp hoặc giao thoa giữa một số epitope lập thể và epitope tuyến tính: E12 giao thoa với E5 và E8, E13 với E11, E14 giao thoa với E7 và E10, trong khi E15 chứa 3 amino acid từ E2. Do đó, những vùng này có thể được xem là các vùng trọng điểm kháng nguyên, dễ dàng tiếp cận bởi kháng thể.

Mặc dù kết quả dự đoán *in silico* cần được kiểm chứng thực nghiệm nhưng cách tiếp cận của nghiên cứu này vẫn đóng vai trò then chốt. Đây là cơ sở khoa học quan trọng cho thiết kế kháng nguyên định hướng phát triển vaccine nhằm nâng cao hiệu quả kiểm soát và giám sát nhiễm khuẩn *A. baumannii* trong bệnh viện.

KẾT LUẬN

FepA là protein giàu epitope, có tính kháng nguyên mạnh và mức độ bảo tồn cao giữa các chủng *A. baumannii*. Nghiên cứu đã xác định được có 2 epitope tuyến tính (E3, E9) và 4 epitope lập thể (E12 - E15) tiềm năng. Đây là những dữ liệu khoa học giá trị trong phát triển vaccine phòng ngừa *A. baumannii*.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Maure A, Robino E, Van Der Henst C. The intracellular life of *Acinetobacter baumannii*. *Trends in Microbiology*. 2023; 31(12):1238-1250.
2. Lau YT, Tan HS. *Acinetobacter baumannii* subunit vaccines: Recent

progress and challenges. *Critical Reviews in Microbiology*. 2024; 50(4):434-449.

3. Nemati Zargarani F, Akya A, Ghadiri K, Ranjbarian P, Rostamian M. Detecting the dominant T and B epitopes of *Klebsiella pneumoniae* Ferric Enterobactin protein (FepA) and introducing a single epitopic peptide as vaccine candidate. *Int J Pept Res Ther*. 2021; 27(4):2209-2221.

4. Subashchandrabose S, Smith S, DeOrnellas V et al. *Acinetobacter baumannii*

genes required for bacterial survival during bloodstream infection. Blokesch M, ed. *mSphere*. 2016; 1(1):e00013-15.

5. Sun P, Guo S, Sun J, Tan L, Lu C, Ma Z. Advances in *in-silico* B-cell epitope prediction. *CTMC*. 2019; 19(2):105-115.

6. Rahman MdS, Biswas C, Biswas PK et al. *In silico* analysis of the antigenic properties of iron-regulated proteins against *Neisseria meningitidis*. *Applied Sciences*. 2020; 10(17):6113.