**Universitas Indonesia Library >> UI - Skripsi Membership**

# Studi perancanganvaksin kanker mulut rahim secara in silico menggunakan efitopes protein L1, E6, dan E7 human papillomavirus tipe 16, 18, 31, dan 45

M. Agung Kurnianto, author

Deskripsi Lengkap: https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179247&lokasi=lokal

---

Abstrak

ABSTRAK<br> Saat ini kanker mulut rahim menjadi penyebab kedua kematian banyak wanita di dunia setelah kanker payudara. Penyebab kanker ini terkait dengan Human papillomavirus (HPV) jenis high-risk. Berdasarkan studi epidemiologi, rata-rata wanita di seluruh dunia terkena kanker mulut rahim yang disebabkan oleh HPV tipe 16, 18, 31, dan 45. Tipe-tipe high-risk tersebut mengkode dua gen onkoprotein, yaitu protein E6 dan E7 yang berinteraksi dengan protein penekan tumor dan mengganggu proses replikasi sel inang. Untuk mengurangi terjadinya insidensi kanker mulut rahim, diperlukan suatu tindakan pencegahan dengan cara mengembangkan vaksin. Salah satu jenis vaksin yang tengah dikembangkan ialah Chimeric Virus-like Particles (CVLP). Secara in silico perancangan vaksin ini dilakukan dengan memasukkan asam-asam amino yang diprediksikan menjadi epitopes dari protein L1 HPV 18, 31, dan 45; dan protein E6 dan E7 HPV 16, 18, 31, dan 45 ke dalam sekuens backbone protein L1 HPV 16. Diharapkan vaksin yang dirancang memiliki sifat immunogenic dan mampu untuk merespon sistem imun tubuh terhadap keempat tipe HPV di atas. Untuk mengetahui asam-asam amino yang berpeluang sebagai epitopes, dilakukan prediksi dengan server MULTIPRED, sehingga diketahui posisi epitopes yang dapat berikatan dengan Human Leukocytes Antigens (HLA) dan reseptor T cell dari protein-protein yang digunakan. Digunakan juga server CEP untuk memprediksi epitopes B cell. Sekuens asam amino hasil prediksi yang terdiri atas dua jenis algoritma, disubstitusi dengan asam amino dari backbone L1 HPV 16. Rancangan sekuens hasil substitusi dibandingkan similaritasnya dengan native L1 HPV 16 yang tersedia di protein data bank dengan program BLAST. Hasilnya kedua sekuens CVLP menunjukkan persen identitas sebesar 78%. Untuk melihat bentuk konformasi dari backbone protein yang digunakan dan posisi asam amino yang disubstitusi, digunakan program Swiss-Pdb Viewer (DeepView). Kata kunci: CVLP; epitopes; Human papillomavirus; konformasi protein; vaksin.