

Analisis rancangan vaksin tetravalen dengue virus secara in silico menggunakan protein E Denv-3 sebagai backbone melalui homology modelling

Hendra, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179838&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Penyakit dengue yang disebabkan oleh infeksi virus dengue telah menjadi masalah kesehatan masyarakat yang dihadapi oleh dunia, terutama negara-negara tropis dan subtropis. Virus dengue (DENV) memiliki empat serotype (DENV-1, DENV-2, DENV-3, dan DENV-4) dan DENV-3 merupakan virus dengue yang besar penyebarannya di Indonesia. Untuk mengurangi terjadinya insidensi penyakit dengue, diperlukan suatu tindakan pencegahan dengan cara pengembangan vaksin. Pengembangan vaksin yang dilakukan ialah secara in silico, dengan merancang vaksin dengue virus yang bersifat tetravalent menggunakan protein envelope (E) DENV-3 sebagai backbone. Prediksi epitope T cell ditentukan melalui server MULTIPRED dengan metode algoritma HMM dan prediksi epitope B cell dilakukan melalui Conformational Epitope Prediction server (CEP). Epitope T cell dari virus dengue serotype 1, 2, dan 4 disubstitusi ke dalam backbone DENV-3 sehingga didapatkan enam rancangan sekuens peptide vaccine dengue (vaksin HMM1-6). Rancangan sekuens tersebut dicari kesamaan strukturnya melalui program BLAST dan menghasilkan 93% identity. Hasil struktur tiga dimensi protein dari homology modelling dengan server SwissModel, baik First Approach Mode maupun Optimise Mode, kualitasnya sudah baik karena plot residu non glisin yang ada pada disallowed region jumlahnya lebih kecil dari 15% jumlah seluruh residu protein. Vaksin HMM4 (2-4-1) dan vaksin HMM6 (4-2-1) merupakan struktur vaksin yang memiliki similaritas struktur paling besar dengan nilai score-nya 64.5, hasil perbandingan struktur dengan program VAST. Sehingga dapat dikatakan vaksin HMM4 dan vaksin HMM6 adalah rancangan vaksin paling baik, didasarkan similaritasnya dengan struktur protein E DENV-3 native.