

Prediksi epitope sel B dan sel T sebagai vaksin dari hemagglutinin dan neuraminidase H5N1 secara in silico = In silico B cell and T cell epitope prediction of vaccine based on haemagglutinin and neuraminidase H5N1

Sipahutar, Feimmy Ruth Pratiwi, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20349634&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Sejak Tahun 2003-2013, Indonesia menempati urutan teratas dalam jumlah kasus dan mortalitas yang mencapai 192 kasus avian influenza dan mengakibatkan 160 orang meninggal dunia. Avian influenza disebabkan oleh virus influenza A sub tipe H5N1. Virus H5N1 memiliki dua target utama dalam netralisasi virus, yaitu hemagglutinin dan neuraminidase. Hemagglutinin dan neuraminidase bersifat antigenik menyebabkan sifat patogenitas virus H5N1 dari unggas ke manusia. Salah satu intervensi imun yang paling efektif dalam mengurangi jumlah kasus avian influenza yaitu vaksin. Beberapa vaksin influenza yang diimunitasikan tidak memberikan perlindungan sistem imun secara menyeluruh. Hal ini disebabkan karena vaksin tersebut tidak mengikat epitope patogen. Perancangan epitope sebagai vaksin dari hemagglutinin dan neuraminidase dilakukan dengan pendekatan secara immunoinformatika, untuk memprediksi epitope yang berikatan dengan sel B dan sel T (HLA kelas I dan kelas II). Server BCPred digunakan untuk memprediksi sel B, serta server Propred, Propred I, netMHCpan dan netMHCIIpan digunakan untuk memprediksi epitope sel T. Hasil prediksi memperoleh 2 kandidat epitope hemagglutinin dan 1 kandidat epitope neuraminidase sel B yang akan terikat dengan sel T CD4+ (HLA kelas II), serta 5 kandidat epitope hemagglutinin dan 4 kandidat epitope neuraminidase sel T yang akan berikatan dengan sel T CD8+ (HLA kelas I). Visualisasi epitope menggunakan MoE 2008.10, dilakukan untuk menunjukkan afinitas ikatan epitope-HLA berdasarkan nilai minimum energi bebas (ΔG). Visualisasi epitope hemagglutinin menghasilkan 4 epitope terbaik (MEKIVLLLA, CPYLGSPSF, KCQTPMGAI, dan IGTSTLNQR) dan 2 epitope neuraminidase (NPNQKIITI dan CYPDAGEIT) yang memiliki afinitas pengikatan yang terbaik dari ligand HLA.0

ABSTRACT

From 2003 to 2013, Indonesia has the highest number of human cases and mortality for avian influenza A, 192 cases with 160 fatalities. Avian influenza is caused by influenza A virus subtype H5N1. This virus has two primary target to neutralize the virus, namely haemagglutinin and neuraminidase. They were antigenically inducing the pathogenicity of birds to human. The most effective immunologic intervention is vaccine. Some of the existing influenza vaccines were not providing sufficient protection for human?s immune system. It is caused by inability of the vaccine binding to the pathogenic epitope. Designing epitope based vaccine from haemagglutinin and neuraminidase has been done by immunoinformatic approach, in order to predict the binding of epitope cell B and T (class I and class II HLA). BCPred server was utilized to predict B cell epitope and Propred, Propred I, netMHCpan, netMHCIIpan were utilized to predict T cell epitope. Two B cell epitope of haemagglutinin candidates and one B cell epitope of neuraminidase candidates were obtained to bind T cell CD4+ (class II HLA), and also five T cell epitope haemagglutinin and four T cell epitope neuraminidase were obtained to bind T cell CD8+ (class I HLA). The visualization

of epitope was using MoE 2008.10. It shows the binding affinity of epitope- HLA based on minimum free energy (ΔG). Based on the result visualization, four epitopes haemagglutinin (MEKIVLLLA, CPYLGSPSF, KCQTPMGAI, and IGTSTLNQR) and two epitopes neuraminidase (NPNQKIITI and CYPDAGEIT) were computed as having the best binding affinity from HLA ligand.