

Analisis rancangan vaksin human papillomavirus penyebab kanker mulut rahim menggunakan protein L1 melalui homology modelling

Dedy Sugiono, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179236&lokasi=lokal>

Abstrak

Kanker mulut rahim merupakan kanker yang menempati urutan kedua di dunia dan pertama di negara berkembang, termasuk di Indonesia. Insidensi kanker ini diketahui memiliki keterkaitan yang erat dengan infeksi Human Papillomavirus (HPV). Tipe HPV sendiri berdasarkan kemampuannya dalam menginduksi kanker mulut rahim digolongkan menjadi low-risk dan high-risk HPV. Di Indonesia, tipe HPV yang bersifat high-risk adalah tipe 16, 18, dan 52. Untuk menekan insidensi kanker mulut rahim di Indonesia, perlu dirancang vaksin chimeric Virus-Like Particle (cVLP) yang bersifat polyvalent dengan cara mensubstitusikan epitope dari protein L1 HPV-18 dan -52 pada backbone protein L1 HPV-16. Prediksi epitope T-cell dilakukan melalui server MULTIPRED, sedangkan untuk epitope B-cell dilakukan melalui server Conformational Epitope Prediction (CEP). Dari prediksi epitope T-cell dan B-cell, didapatkan empat rancangan sekuen vaksin yang dari pengujian similaritas sekuen terhadap protein L1 HPV-16 native melalui BLAST, keempatnya menghasilkan 96% identity. Keempat sekuen vaksin kemudian diprediksi struktur tersiernya melalui homology modelling dengan menggunakan viewer molekuler DeepView/Swiss-Pdb Viewer 3.7 dan server Swiss-Model. Struktur hasil homology modelling kemudian dievaluasi melalui Ramachandran Plot. Hasil evaluasi menunjukkan kualitas keempat struktur vaksin baik, sehingga kemudian keempat struktur vaksin diuji similaritas struktur tersiernya dengan protein L1 HPV native pada database Protein Data Bank (PDB) melalui VAST. Hasil VAST menunjukkan bahwa keempat vaksin memiliki nilai RMSD yang sama yakni 0,1 Å; sehingga dapat dikatakan keempat vaksin secara struktural sama dengan protein L1 HPV-16 native.