

Studi awal bioinformatika dalam perancangan vaksin dengue tetravalen

Zulfa Hidayah, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20179822&lokasi=lokal>

Abstrak

Epidemi dengue menyerang berbagai negara di dunia, khususnya negara-negara tropis dan subtropis. Infeksi dengue disebabkan oleh dengue virus (DV) yang memiliki serotype (DV1, DV2, DV3, dan DV4). Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan desain sekuens vaksin dengue yang bersifat tetravalen melalui studi bioinformatika. Protein envelope (E) pada keempat serotype DV digunakan untuk merancang sekuens vaksin. Multiple alignment digunakan untuk melihat similaritas 102 intra-serotype DV. Perwakilan dari tiap serotype DV diambil berdasarkan hasil multiple alignment, tingkat insidensi, dan letak geografis penemuan DV. Epitope ditentukan melalui server MULTIPRED dengan dua metode algoritma. Tiga epitope dari masing-masing metode algoritma, disubstitusi ke dalam backbone DV2 sehingga didapatkan dua rancangan sekuens vaksin dengue (vaksin A dan vaksin H). Rancangan sekuens tersebut dicari kesamaan strukturnya melalui server BLAST. Hasil analisis BLAST menghasilkan 91% identitas, 895 bits score, 0.0 E-value untuk vaksin A dan 92% identitas, 890 bit score, 0.0 E-value untuk vaksin H. Berdasarkan hasil analisis BLAST, kedua rancangan vaksin dengue tersebut memiliki struktur dan folding akhir yang serupa dengan backbone DV2.