

Rancangan in silico vaksin peptida tetravalen virus dengue dengan backbone protein E Denv-3 melalui homology modeling hidden markov model

Syamsudin, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20236738&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Penyakit dengue merupakan penyakit yang disebabkan oleh virus dengue dengan empat serotipenya yaitu DENV-1, 2, 3, dan 4. Untuk mengurangi terjadinya penyakit dengue dari keempat serotipe yang ada, maka perlu dirancang vaksin peptida yang bersifat tetravalen dan mencegah infeksi semua serotipe dengue menggunakan protein E (envelope) DENV-3 sebagai backbone. Prediksi epitope sel T protein E DENV1-4 menggunakan server MULTIPRED dengan HLA kelas II DR dan algoritma Hidden Markov Model (HMM), dan prediksi epitope sel B protein E DENV-3 menggunakan Conformational Epitope Prediction (CEP) server. Perancangan vaksin dilakukan dengan mensubstitusikan epitope sel T highest binders protein E DENV-1,2, dan 4 ke dalam epitope sel T non binders backbone protein E DENV-3. Dengan memvariasi posisi epitope pensubstitusi maka diperoleh enam rancangan vaksin peptida dengue yang bersifat tetravalen. Hasil BLASTp menunjukkan keenam rancangan vaksin mempunyai 93% identity dengan protein E DENV-3 native. Struktur tersier vaksin diprediksi melalui homology modeling. Dari hasil analisis struktur tersier diperoleh empat rancangan vaksin yang terbaik, yaitu HMM1-2-4, HMM1-4-2, HMM2-1-4, dan HMM4-1-2 dengan persentase residu non glisin pada disallowed region berkisar 2% dan score VAST 61,5. Prediksi sistem ekspresi protein menghasilkan sel serangga sebagai host yang sesuai untuk mengekspresikan keempat vaksin tersebut.

Rancangan DNA rekombinan menggunakan plasmid pBlueBac4.5 sebagai vektor transfer baculovirus dan insersi sekuens DNA vaksin menggunakan enzim restriksi BamH1 dan EcoR1. Prediksi modifikasi post translation menunjukkan hanya modifikasi N-glikosilasi yang paling mungkin terjadi terhadap protein vaksin dalam sel serangga.