

Studi identifikasi hemagglutinin virus influenza A penyebab pandemik berkaitan dengan spesifitasnya terhadap reseptor sialic acid secara in silico

Ramdhan, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20328330&lokasi=lokal>

Abstrak

Salah satu faktor yang berperan dalam infeksi virus influenza A adalah adanya kecocokan antara Hemagglutinin (HA) dari virus dengan reseptor permukaan sel clari host. Permukaan sel host mengandung gugus terminal sialyl-galactosyl [Sia(o_i2-3)Gal] atau [Sia(o_i2-6)Gal]. Virus Influenza A yang berasal dari unggas cenderung berikatan clengan Sia(o_i2-3)Gal sedangkan yang berasal dari isolat manusia cenderung berikatan dengan Sia(o_i2-6)Gal. Hasil Alignment subtype H1 N1 menunjukkan banwa diperlukan mutasi asam amino pada posisi 190 dan 225 menjacli Asam Aspartat pacla Hemagglutinin untuk mengenali reseptor Sia(o_i2-6)Gal sedangkan pada subtype H2N2 dan H3N2 memerlukan mutasi asam amino pada posisi 226 dan 228 menjadi Leusin dan Serin.

Berdasarkan analisis mutasi terhadap HA subtype H1 N1, H2N2, dan H3N2 yang telah menjadi pandemik, dapat diperkirakan banwa Hemagglutinin subtype H5N1 memerlukan mutasi pada posisi 190 dan 225 menjadi Asam Aspartat pada HA untuk mengenali reseptor Sia(o_i2-6)Gal. Kemungkinan lain adalah memerlukan mutasi asam amino pada posisi 226 dan 228 menjadi Leusin dan Serin. Metode simulasi molecular docking mampu membentuk kompleks antara Hemagglutinin dengan Reseptor Sia(o_i2-6)Gal dan Sia(o_i2-3)Gal. Berdasarkan hasil kompleks yang terbentuk metode simulasi molecular docking berhasil mengidentifikasi spesifitas Hemagglutinin terhadap Sia(o_i2-3)Gal atau Sia(o_i2-6)Gal