

Desain vaksin berbasis epitop untuk koinfeksi tuberkulosis-hiv melalui pendekatan in silico = Epitope based vaccine design for tuberculosis-hiv infection through in silico approach

Muhammad Ihsan Muttaqin, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20501738&lokasi=lokal>

Abstrak

Tuberkulosis merupakan salah satu penyebab utama di antara kematian orang dengan HIV/AIDS (ODHA). Orang dengan daya tahan tubuh yang rendah cenderung lebih mudah untuk terinfeksi tuberkulosis daripada orang yang memiliki daya tahan tubuh yang sehat, hal ini membuat ODHA begitu rentan terhadap tuberkulosis. Pada penelitian kali ini telah didesain vaksin berbasis epitop yang dikhususkan untuk penderita HIV, dikarenakan vaksin yang ada saat ini memiliki efek samping yang signifikan bila digunakan pada pasien dengan daya tahan tubuh yang lemah. Epitop akan dipilih dari protein polisakarida bakteri *Mycobacterium tuberculosis* dan amplop protein Human immunodeficiency virus. Prediksi epitop sel B telah dilakukan menggunakan ABCpred, sementara sel T menggunakan IEDB. Penambatan molekul dilakukan dengan AutoDock Vina dengan data struktur 3D yang didapatkan dari Protein Data Bank (PDB). Hasil yang terbaik akan dipilih berdasarkan nilai Gbinding dan interaksi antara ikatan epitop dengan molekul HLA. Penelitian ini menghasilkan 4 kandidat epitop terbaik (AVAGAAAYGY, TLFCASDAK, LSVVVFAVAGAAAYGY dan ANTTLFCASDAKSYE) dengan cakupan populasi 87,45% dari populasi global.

Tuberculosis is one of the leading causes of death among people living with HIV. It is easier for people with low immune system to be infected by tuberculosis disease than those with healthy immune system, this made people living with HIV vulnerable to tuberculosis. In this research an epitope-based vaccine have been designed specially for people living with HIV, as the current tuberculosis vaccine have a significant side effect to people with poor immune system. The epitopes has been selected from polysaccharide protein of *Mycobacterium tuberculosis* and protein envelope of Human immunodeficiency virus. B cell epitope have been predicted using ABCpred, while T cell epitope have been predicted IEDB. Molecular docking have been conducted using AutoDock Vina with 3D structure retrieved from Protein Data Bank (PDB). Best result have been selected based on Gbinding value and the binding interaction between epitopes and HLA molecules. This research have produced 4 best epitope candidates (AVAGAAAYGY, TLFCASDAK, LSVVVFAVAGAAAYGY and ANTTLFCASDAKSYE) with population coverage of 87.45% of human population worldwide.