

Desain Vaksin SARS-CoV-2 Berbasis Conserved Region Epitope = Conserved Region Epitope SARS-CoV-2 Vaccine Design

Manaman, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920528583&lokasi=lokal>

Abstrak

SARS-CoV-2 merupakan penyebab COVID-19 yang melanda dunia sejak akhir 2019. Virus ini telah menyebar secara luas di dunia akibat infektifitasnya yang tinggi. Sampai saat ini, telah muncul banyak lineage dengan karakter yang berbeda, dan beberapa diantaranya memiliki infektifitas lebih tinggi dibandingkan lineage lainnya. Perubahan nukleotida akibat mutasi menjadi penyebab munculnya lineage baru. Dalam penelitian ini, telah dilakukan analisa untaian gen SARS-CoV-2 yang berasal dari beberapa lineage berbeda, yang dilanjutkan dengan analisa epitop sel B, dan sel T. Setelahnya, dilakukan desain vaksin menggunakan epitop terbaik dan dihubungkan dengan linker yang berupa asam gabungan asam amino, yang kemudian dilanjutkan dengan analisa fisikokimia dan alergenitas kandidat vaksin. Setelahnya, kandidat vaksin dilanjutkan ke tahap simulasi molecular docking. Berdasarkan hasil yang diperoleh dari penelitian ini, terdapat 2 epitop 9-mer HLA kelas I dan 7 epitop 15-mer HLA kelas II yang dapat digunakan untuk mencakup seluruh untaian yang terpilih. Vaksin kandidat yang terpilih disusun dengan menggunakan linker tertentu dan epitop yang telah diperoleh sebelumnya. Dari simulasi molecular docking yang telah dilakukan dari vaksin kandidat terhadap 3 reseptor antigenik, diperoleh hasil simulasi berupa energi center kompleks sebesar -1161,4 kkal/mol (TLR-3), -1034,1 kkal/mol (HLA-C*14:02), -1064,3 kkal/mol (HLA-DRB1*07:01).

.....SARS-CoV-2 is the cause of COVID-19 that has hit the world since late 2019. The virus has spread widely in the world due to its high infectivity. To date, many lineages have emerged with different characters, and some of them have higher infectivity than other lineages. Nucleotide changes due to mutations are the cause of the emergence of new lineages. In this study, the SARS-CoV-2 gene strands from several different lineages were analysed, followed by epitope analysis of B cells and T cells. After that, vaccine design was carried out using the best epitopes and connected with a linker in the form of an amino acid combination, followed by physicochemical and allergenicity analysis of vaccine candidates. After that, the vaccine candidate is continued to the molecular docking simulation stage. Based on the results obtained from this study, there are 2 9-mer HLA class I epitopes and 7 15-mer HLA class II epitopes that can be used to cover all selected strands. The selected candidate vaccines were prepared using specific linkers and previously obtained epitopes. From the molecular docking simulation of the candidate vaccines against 3 antigenic receptors, the simulation results showed the centre complex energy of -1161.4 kcal/mol (TLR-3), -1034.1 kcal/mol (HLA-C*14:02), -1064.3 kcal/mol (HLA-DRB1*07:01).