

Analisis In Silico Untuk Spike (S) Protein SARS-CoV-2 Sebagai Kandidat Vaksin Multi-epitop = In Silico Analysis For Spike (S) Protein SARS-CoV-2 As Multi-epitope Vaccine Candidate

Paramita Nadia Putri, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920539187&lokasi=lokal>

Abstrak

Pandemi COVID-19 adalah penyakit yang disebabkan oleh infeksi virus corona atau yang lebih dikenal sebagai SARS-CoV-2. Menurut data Kemenkes RI pada 17 Januari 2022, jumlah kasus meninggal di Indonesia hingga 144.174 dan jumlah yang diketahui sudah terinfeksi 8.775 per hari. Fenomena ini dikarenakan mutasi SARS-CoV-2 secara terus menerus hingga menyulitkan pembuatan vaksin yang efektif. Proses pembuatan dan penelitian untuk menemukan vaksin yang efektif masih terus dilakukan hingga saat ini. Karena hal tersebut penelitian dan penemuan vaksin yang efektif untuk menanggapi adanya potensi mutasi dari virus SARS-CoV-2 yang lebih berbahaya di masa depan. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan kandidat vaksin virus SARS-CoV-2 berdasarkan urutan epitop dengan menganalisis spike protein virus SARS-CoV-2 dan Major Histocompatibility Complex I dan II (MHC I dan II) sebagai alel-alel yang terkait ke satu set peptida yang untuk menjadi target respon imun tubuh melalui pendekatan imunoinformatika. Analisis pada studi ini dilakukan di berbagai perangkat lunak. Sequence S-protein SARS-CoV-2 diunduh melalui GISAID lalu diprediksi antigenisitasnya melalui VaxiJen v2.0 kemudian setelah itu dilakukan molecular docking. Hasil penelitian ini didapatkan 14 urutan epitop yang dapat digunakan sebagai kandidat vaksin SARS-CoV-2 yaitu ATAATTTTA, TTAAC TT TA, TTAAGTTGA, TTAAGTTTA; TTAATTTTA, TTATGTTCA, TGGTTATGCACAC, TCTTTAAGTTTAGAA, TCGATAATTTTAAGT, TAGTTAACTTTAATC, CTTTTAAGTTGACAT, ACTTTAATTTTAGCC. Dengan nilai afinitas ikatan vaksin epitop yang telah didesain sebesar -7,8 dan -6,3

.....The COVID-19 pandemic is a disease caused by infection with the corona virus or better known as SARS-CoV-2. According to data from the Ministry of Health of the Republic of Indonesia on January 17, 2022, the number of cases died in Indonesia was up to 144,174 and the number known to have been infected was 8,775 per day. This phenomenon is due to the continuous mutation of SARS-CoV-2 which makes it difficult to make an effective vaccine. The process of making and research to find an effective vaccine is still being carried out until now. Because of this research and the discovery of an effective vaccine to respond to the potential mutation of the SARS-CoV-2 virus that is more dangerous in the future. This study aims to obtain a SARS-CoV-2 virus vaccine candidate based on epitope sequence by analyzing the SARS-CoV-2 viral spike protein and Major Histocompatibility Complex I and II (MHC I and II) as alleles associated with a set of peptides. to become the target of the body's immune response through an immunoinformatics approach. The analysis in this study was carried out in various software. The SARS-CoV-2 S-protein sequence was downloaded via GISAID and then its antigenicity was predicted through VaxiJen v2.0 and then molecular docking was performed. The results of this study obtained 14 epitope sequences that can be used as candidates for the SARS-CoV-2 vaccine, namely ATAATTTTA, TTAAC TT TA, TTAAGTTGA, TTAAGTTTA; TTAATTTTA, TTATGTTCA, TGGTTATGCACAC, TCTTTAAGTTTAGAA, TCGATAATTTTAAGT, TAGTTAACTTTAATC, CTTTTAAGTTGACAT, ACTTTAATTTTAGCC. With the value of binding affinity for the designed epitope vaccine of -7.8 and -

