

Studi imunologi melalui prediksi epitope peptide binding-MHC I dan pembuatan rancangan primer untuk Nukleokapsid Protein Virus A (H5n1) di Indonesia secara In Silico

Muhammad Ichsan, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20180019&lokasi=lokal>

Abstrak

Avian influenza H5N1 hingga akhir Februari 2007 telah menyerang 102 orang dan menevaskan 81 orang yang terinfeksi di Indonesia. Dengan mempertimbangkan makin tingginya angka kejadian dan mortalitas akibat penyakit ini, diperlukan metode untuk deteksi dini infeksi virus serta perlu dipelajari epitope virus agar dapat dibuat ranoangan vaksin. Pembuatan desain primer dari sekuens nukleotida segmen 5 (nukleokapsid protein) virus H5N1 di Indonesia dilakukan dengan software off-/ine FastPCR versi 4.0. Untuk memprediksi epitope peptide binding-MHC I terhadap nukleokapsid protein (NP) virus H5N1 di Indonesia, digunakan program on-line peptide binding to MHC class I molecules dengan alamat situs vi/vi/vv.immuneepitope.org. Dari studi in silioo, diperoleh 11 maoam left primer dan 6 maoam nght primer yang khas untuk sekuen nukleotida NP tertentu.

Pada prediksi epitope peptide binding-MHC I, epitop NP mempunyai afinitas tinggi di 18 allele. Afinitas tertinggi terdapat pada allele 55401, untuk epitop LPACVYGLA dengan nilai $|C50$ sebesar $0,74 \text{ n|V|}$. Hal lain yang juga perlu diperhatikan dalam prediksi epitop yaitu ikatan yang munoul pada allele A0201, hanya ada pada sekuen protein ke 59 (A/Indonesia/CDC184/2005(H5N1)), untuk epitop RLIQNSITV dengan nilai $|050$ sebesar $43,1 \text{ nIV|}$. Terdapat perbedaan antara prediksi epitop NP menggunakan database viral protein dengan protein hasil translasi sekuens nukleotida yang diperoleh dari amplifikasi DNA. Perbedaan itu disebabkan karena perbedaan panjang protein hasil translasi dengan protein database.

Prediksi epitop hasil translasi mempunyai afinitas tinggi terhadap IVIHC kelas nanya di 'I5 allele dengan perbedaan pada allele AO206, A1 '|O|', dan B4403_ Epitop-epitop pada allele tersebut berada pada bagian-bagian yang tidak teramplifikasi ketika dilakukan PCR in Sillco yaitu bagian terminal Sekuen asam amino protein database.