

ABSTRAK

Nama : Novita Ardesindo
Program Studi : Sarjana Farmasi
Judul : Pengembangan Vaksin Berbasis Epitope yang Konservatif
Menggunakan Protein P51 RT dari Berbagai Subtipe HIV-1
Grup M: Pendekatan Immunoinformatika

Human Immunodeficiency Virus (HIV) menyerang sel limfosit CD4+ dan menyebabkan melemahnya sistem imun, sehingga meningkatkan risiko infeksi oportunistik yang berujung pada AIDS. HIV-1 merupakan tipe paling umum dengan tingkat penularan tinggi secara global dan memiliki keragaman genetik yang luas, terutama pada grup M yang mendominasi kasus di dunia. Tujuan ini menjadi tantangan utama dalam pengembangan vaksin yang efektif. Penelitian ini dilakukan melalui pendekatan *in silico* berbasis immunoinformatika untuk merancang kandidat vaksin multipitope HIV-1 berbasis protein P51 reverse transcriptase dari berbagai subtipe grup M. Analisis dilakukan untuk memprediksi antigenisitas, alergenitas, toksisitas, serta homologi, diikuti pemilihan epitope yang berinteraksi dengan MHC kelas I, MHC kelas II, dan sel B. Epitope terpilih kemudian dikombinasikan dengan adjuvan dan linker untuk membentuk desain vaksin multipitope, yang selanjutnya dianalisis sifat fisikokimia dan pemodelan 3D-nya. Hasil penelitian menunjukkan bahwa protein P51 RT dari subtipe grup M (A–K) bersifat antigenik (skor VaxiJen > 0,4), non-alergenik, dan non-toksik. Kandidat vaksin yang dihasilkan terdiri atas 4 epitope MHC kelas I, 3 epitope MHC kelas II, dan 3 epitope sel B. Desain vaksin memiliki interaksi kuat dengan reseptor TLR4 melalui ikatan hidrogen serta menunjukkan karakteristik fisikokimia yang mendukung, seperti stabilitas tinggi, indeks alifatik 78,27, nilai GRAVY –0,614, dan titik isoelektrik 8,87. Hasil ini mengindikasikan bahwa pendekatan immunoinformatika berpotensi efektif dalam mengidentifikasi kandidat vaksin HIV-1 yang aman, imunogenik, dan layak untuk dikembangkan lebih lanjut di Indonesia.

Kata Kunci: HIV-1, protein P51 RT, immunoinformatika, subtipe grup M

ABSTRACT

Name : Novita Ardesindo
Study Program : Bachelor of Pharmacy
Title : Development of a vaccine based on conserved epitopes using the P51 RT protein from various subtypes of HIV-1 group M: An immunoinformatics approach

Human Immunodeficiency Virus (HIV) attacks CD4+ lymphocytes and weakens the immune system, increasing the risk of opportunistic infections that lead to AIDS. HIV-1 is the most common type with a high global transmission rate and has extensive genetic diversity, particularly in group M, which dominates cases worldwide. This poses a major challenge in the development of an effective vaccine. This study was conducted using an *in silico* approach based on immunoinformatics to design HIV-1 multipitope vaccine candidates based on the P51 reverse transcriptase protein from various subtypes of group M. Analyses were performed to predict antigenicity, allergenicity, toxicity, and homology, followed by the selection of epitopes that interact with MHC class I, MHC class II, and B cells. The selected epitopes were then combined with adjuvants and linkers to form a multipitope vaccine design, which was subsequently analyzed for its physicochemical properties and 3D modeling. The results showed that the P51 RT protein from the M group subtypes (A–K) was antigenic (VaxiJen score > 0.4), non-allergenic, and non-toxic. The resulting vaccine candidate consisted of 4 MHC class I epitopes, 3 MHC class II epitopes, and 3 B cell epitopes. The vaccine design exhibits strong interaction with the TLR4 receptor via hydrogen bonding and demonstrates supportive physicochemical characteristics, such as high stability, an aliphatic index of 78.27, a GRAVY score of –0.614, and an isoelectric point of 8.87.

Results

Keywords: HIV-1, P51 RT protein, immunoinformatics, group M subtype