

ABSTRAK

Nama : Dini Noer Khoir
Program Studi : Sarjana Farmasi
Judul : Desain Vaksin Berbasis Peptida dari Protein *Hepatitis B surface Antigen* (HBsAg) pada Hepatitis D Virus (HDV) : Pendekatan Imunoinformatika

Hepatitis merupakan peradangan pada hati yang disebabkan oleh infeksi maupun non infeksi. Virus Hepatitis D hanya dapat terjadi pada individu yang positif untuk antigen permukaan Hepatitis B. HDV menggunakan lapisan permukaan HBsAg untuk masuk pada sel hati, kemudian HDV mereplikasi diri. Pendekatan imunoinformatika digunakan dalam analisis sekuen memberikan dampak positif dalam perkembangan pembuatan vaksin. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui urutan peptida dan posisinya yang berpotensi sebagai kandidat vaksin, untuk mengetahui sifat fisikokimia dari kandidat vaksin, serta untuk mengetahui ada atau tidaknya kesamaan residu asam amino penyusun peptida dengan reseptor permukaan sel tubuh. Sekuen protein HBsAg diperoleh dari PDB (Protein Data Bank) dengan kode ID : 1IUD. Semua tahapan dilakukan menggunakan webserver yang sesuai. Epitop terpilih sel-T yaitu NIDTSKVNY, QDPRVRGLY, SAGINAASPNKELAK, IKVTVEHPDKLEEF dan WPLIAADGGYAFKYE. Sedangkan epitop terpilih sel-B ITPDKAFQDK. Kemudian konstruksi kandidat vaksin dilakukannya docking terhadap TLR4 (*Toll-like receptor 4*) yang menghasilkan skor terendah -79,8 pada cluster 7, dan dilakukan visualisasi interaksi 2D-3D. Dari penelitian menunjukkan bahwa desain vaksin Hepatitis D menggunakan protein HBsAg bersifat tidak homolog pada manusia sehingga dapat dijadikan sebagai kandidat Vaksin.

Kata Kunci: Hepatitis D, Desain Vaksin, Imunoinformatika, HBsAg

ABSTRACT

Name : Dini Noer Khoir
Study Program : Pharmacy
Research Tittle : Peptide-Based Vaccine Design of Hepatitis B surface Antigen (HBsAg) Protein in Hepatitis D Virus (HDV): An Immunoinformatics Approach

Hepatitis is an inflammation of the liver caused by infection or non-infection. Hepatitis D virus can only occur in individuals who are positive for Hepatitis B surface antigen. HDV uses the surface layer of HBsAg to enter liver cells, and then HDV replicates itself. The immunoinformatics approach used in sequence analysis has a positive impact on the development of vaccine manufacturing. This study aims to determine the sequence of peptides and their positions that have potential as vaccine candidates, to determine the physicochemical properties of vaccine candidates, and to determine whether or not there are similarities between the amino acid residues that make up the peptides and the body's cell surface receptors. HBsAg protein sequence was obtained from PDB (Protein Data Bank) with ID code: 1IUD. All steps were carried out using the appropriate webserver. T-cell selected epitopes were NIDTSKVNY, QDPRVRGLY, SAGINAASPNKELAK, IKVTVEHPDKLEEF and WPLIADGGYAFKYE. While the B-cell selected epitope is ITPDKAFQDK. Then the construction of the vaccine candidate was docked against TLR4 (Toll-like receptor 4) which resulted in the lowest score of -79.8 in cluster 7, and 2D-3D interaction visualization was performed. The study showed that the Hepatitis D vaccine design using HBsAg protein is not homologous to humans so that it can be used as a vaccine candidate.

KeyWords: Hepatitis D, Vaccine Design, Immunoinformatika, HBsAg