

ABSTRAK

Nama : Yulanda Febriani
Program Studi : Farmasi
Judul Penelitian : Immunoinformatika : Design Vaksin Berbasis Peptida dari Protein
Open Reading Frame 2 (ORF2) Pada Hepatitis EVirus (HEV)

Teknologi immunoinformatika digunakan dalam analisis sekuen memberikan dampak positif dalam perkembangan pembuatan vaksin. Desain vaksin berbasis peptida menggunakan metode immunoinformatika dapat mempermudah pembuatan vaksin kedepannya contohnya seperti vaksin hepatitis E. Hepatitis E adalah penyakit yang disebabkan oleh virus hepatitis E, yang menyerang hati manusia. Hepatitis E memiliki beberapa protein penyusun virus yang menyerang manusia, salah satunya protein ORF2. Tujuan penelitian ini yaitu untuk mengetahui urutan peptidadaan 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. Penelitian ini menggunakan sampel sekuen ORF2 dengan kode PDB 2ZZQ, dan menggunakan webserver dalam penelitian seperti Vaxijen, AllerTop, Expasy, IEDB, Psipred, Toxinpred, dan galaxyWEB. Dari hasil penelitian didapatkan urutan peptida yang memiliki potensi sebagai kandidat vaksin HEV, yaitu adjuvant-EAAAK-GTTKAGYPY-AAAY-IMATEASNY-AAAY-TEASNYAQ-GPGPGDVRI LVQPGIASELV-GPGPG-STDVRILVQPGIASE-GPGPG-ATIRYRPRVPNAV G-KK-LSFWEAGTTKAGYPYNYNTTAS. Sifat fisikokimia dari kandidat vaksin HEV mempunyai jumlah asam amino 167, berat molekul 17734.20 g/mol, teoritis pl 9.62, jumlah residu bermuatan negatif 10, jumlah residu bermuatan positif 23, koefisien kepunahan 25245 m²/mol, indeks kestabilan 30.37, indeks alifatik 64,97, rata-rata hidrofobisitas -0.436. Dapat disimpulkan Protein ORF2 berpotensi sebagai kandidat vaksin dan pada saat dijadikan vaksin tidak menimbulkan efek respon autoimun pada tubuh manusia.

Kata Kunci: Epitop, Hepatitis E, ORF2

ABSTRACT

Name : Yulanda Febriani
Study Program : Pharmacy
Research Title : *Immunoinformatics: Peptide-Based Hepatitis E Vaccine Design From Protein Open Reading Frame 2 (ORF2)*

Immunoinformatics technology used in sequence analysis has a positive impact on the development of vaccine production. Designing peptide-based vaccines using immunoinformatics methods can facilitate future vaccine development, as exemplified by the hepatitis E vaccine. Hepatitis E is a disease caused by the hepatitis E virus, which attacks the human liver. Hepatitis E has several viral proteins that target humans, one of which is the ORF2 protein. The objectives of this research are to identify potential peptide sequences and their positions as vaccine candidates, to determine the physicochemical properties of vaccine candidates, and to ascertain whether there is any similarity in amino acid residues that make up the peptides with cell surface receptors. This research uses ORF2 sequence samples with the code PDB 2ZZQ and utilizes web servers in the study, such as Vaxijen, AllerTop, Expasy, IEDB, Psipred, Toxinpred, and galaxyWEB. From the research results, a peptide sequence with the potential as a HEV vaccine candidate was identified, which is adjuvant-EAAAK-GTTKAGYPY-AAY-IMATEASNY-AAY-TEASNYAQ-GPGPGDVRILVQPGLASELV-GPGPG-STDVRILVQPGLASEGPGP-G-ATIRYRPRVPNAVGG-KK-LSFWEAGTTKAGYPYNYNTTAS. The physicochemical properties of the HEV vaccine candidate include a total of 167 amino acids, a molecular weight of 17,734.20 g/mol, a theoretical pI of 9.62, 10 negatively charged residues, 23 positively charged residues, an extinction coefficient of 25,245m²/mol, a stability index of 30.37, an aliphatic index of 64.97, and an average hydrophobicity of -0.436. In conclusion, the ORF2 protein has the potential to be a vaccine candidate and does not induce autoimmune responses in the human body when used as a vaccine.

Keywords: *Epitope, Hepatitis E, ORF2,*