

# ANALISIS *IN SILICO* GEN GLIKOPROTEIN (GP) VIRUS ZAIRE EBOLA DAN SUDAN EBOLA UNTUK VAKSIN EBOLA

SRI ARYANTI

NIM 1137020072

## ABSTRAK

Kasus penyakit ebola semakin menyebar luas dari tahun ke tahun. Hingga tahun 2016, tercatat sebanyak 28.638 kasus penyakit ebola tersebar di berbagai belahan dunia khususnya di wilayah Afrika dengan angka kematian mencapai 11.316 jiwa. Spesies ebola yang paling patogen penyebab penyakit ini adalah Zaire ebolavirus dan Sudan ebolavirus. Kedua spesies ini dapat menyebabkan kematian pada manusia mencapai 80% dan 50% dari total penderita penyakit ebola. Pencegahan terhadap penyakit virus ebola dapat dilakukan dengan pemberian vaksin namun hingga saat ini beberapa kandidat vaksin yang dikembangkan masih belum efektif sehingga perlu dilakukan penelitian dengan pendekatan lain. Salah satu pendekatan pembuatan vaksin yang efektif adalah immunoinformatika. Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh urutan peptida kandidat vaksin berbasis epitop. Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Komputasi Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Sunan Gunung Djati Bandung, pada bulan Desember 2016 sampai Februari 2017. Bahan yang digunakan adalah informasi protein glikoprotein. Hasil analisis menunjukkan bahwa gen glikoprotein Zaire ebolavirus memiliki nilai homologi yang rendah yaitu 25,150%. Berdasarkan afinitas dengan MHC I, urutan peptida yang dapat dijadikan kandidat vaksin adalah urutan FLYDRLAST, FLLQLNETI, ILFQRTFSI, ALFCICKFV, dan FLDPATTTS. Hasil prediksi dengan metode penambat molekul menunjukkan interaksi-interaksi dengan energi yang rendah. Urutan peptida yang paling potensial adalah urutan ALFCICKFV yang berinteraksi dengan MHC (Kode 1QEW) karena memiliki afinitas yang tinggi ditunjukkan dengan energi yang paling rendah sebesar -1907,36 Kcal/mol. Nilai ini lebih rendah dari energi ikatan antara peptida kristal dan MHC I, yaitu -1396.25 Kcal/mol.

**Kata Kunci :** Glikoprotein, Immunoinformatika, *In Silico*, Zaire ebolavirus

# **ANALISIS *IN SILICO* GEN GLIKOPROTEIN (GP) VIRUS ZAIRE EBOLA DAN SUDAN EBOLA UNTUK VAKSIN EBOLA**

SRI ARYANTI

NIM 1137020072

## **ABSTRACT**

Cases of ebola disease are increasingly widespread from year to year. Until the year 2016, there were 28,638 cases of ebola disease spread in various parts of the world, especially in the African region with the death rate reached 11,316 inhabitants. The most pathogenic ebola species that causes this disease are Zaire ebolavirus and Sudan ebolavirus. Both of these species can cause death in humans reaches 80% and 50% of total ebola disease patients. Prevention against ebola virus disease can be done by vaccine but until now some vaccine candidates developed are still not effective so research needs to be done with another approach. One approach to making an effective vaccine is immunoinformatics. This study aims to obtain a sequence of epitope-based candidate vaccine peptides. This research was conducted at Computational Laboratory of Department of Biology Faculty of Science and Technology, State Islamic University of Sunan Gunung Djati Bandung, on December 2016 until February 2017. The material used is information glycoprotein protein. The results of the analysis show that the gene of Zaire ebolavirus glycoprotein has a low homology value of 25.150%. Based on affinity with MHC I, the peptide sequences that can be used as vaccine candidates are the order of FLYDRLAST, FLLQLNETI, ILFQRTFSI, ALFCICKFV, and FLDPATTTS. The predicted results with molecular blocking methods show low energy interactions. The most potential peptide sequence is the ALFCICKFV sequence that interacts with MHC (Code 1QEW) because it has a high affinity shown with the lowest energy of -1907.36 Kcal/mol. This value is lower than the bond energy between the crystalline peptide and MHC I is -1396.25 Kcal/mol.

**Kata Kunci** : Glycoprotein, Immunoinformatics, In Silico, Zaire ebolavirus



uin

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI  
SUNAN GUNUNG DJATI  
BANDUNG