

Analisis Epitop Sel B dan Sel T pada Protein prM/E Virus Dengue

Andita Ayu Mandasari
12/340084/PMU/07526

Intisari

Demam berdarah merupakan penyakit, akibat infeksi virus dengue, di Indonesia yang sampai saat ini masih dilakukan upaya untuk penanganannya. Sampai saat ini masih dilakukan pengembangan vaksin untuk mengatasi penyakit tersebut. Vaksin peptida atau multi-epitop adalah pendekatan vaksin yang dianggap aman dan spesifik kepada target. Penelitian secara laboratorium untuk mendapatkan fragmen peptida yang bertanggung jawab dalam pengenalan sel B dan sel T membutuhkan waktu yang lama dan biaya yang mahal. Immunoinformatik memberikan kemudahan dalam memprediksi epitop sel B dan sel T. Pada penelitian ini, dilakukan identifikasi epitop sel B dan sel T pada protein prM/E yang sebelumnya telah banyak dilaporkan sebagai protein yang memiliki potensi imunogenik. Isolat virus DENV-3 dari Litbangkes (Indonesia) diperbanyak ke dalam sel line C6/36 kemudian gen prM/E diamplifikasi menggunakan primer spesifik. Sekuens asam amino gen prM/E DENV-3 dan 31 sekuens asam amino DENV-1, -2, -3, -4 yang diperoleh dari GeneBank kemudian dianalisis menggunakan ClustalW dan GeneDoc untuk mengetahui daerah *conserved*. Prediksi epitop sel B menggunakan software online IEDB dan Pymol 1.1 untuk melihat epitop sel B pada struktur tersier protein. Prediksi epitop sel T menggunakan ProPred I untuk MHC kelas 1 dan ProPred untuk MHC kelas II. Fragmen peptida yang diperoleh dianalisis nilai imunogenik menggunakan Vaxijen 2.0. Uji *in silico* menunjukkan bahwa terdapat 2 fragmen peptida *conserved* yang berpotensi dalam memicu respon imun humoral (sel B), 3 fragmen peptida *conserved* berpotensi memicu respon imun seluler terhadap MHC kelas 1, dan 2 fragmen peptida 2 berpotensi memicu respon imun seluler terhadap MHC kelas 2.

Kata kunci: Dengue, epitop sel B, epitop sel T, prM/E, *in silico*

Analysis of B cell and T cell Epitopes in prM/E Protein of Dengue Virus

Andita Ayu Mandasari
12/340084/PMU/07526

Abstract

Dengue fever is an infectious disease by dengue virus infection that still becomes a health problem in Indonesia. Many researchers still develop a vaccine candidate. Peptide-vaccine or multi-epitope vaccine is an approach of rational design vaccine that safe and specific to target. Wet research in laboratory to elicit peptide fragment that recognized by B cell and T cell is time and cost consuming. Immunoinformatics provide easiness to predict B cell and T cell epitopes. Identification of B cell and T cell epitopes in prM/E protein was done. DENV-3 isolate from Litbangkes (Indonesia) was propagated in C6/36 cells then gene encode prM/E was amplified by specific primers. Amino acid sequences of prM/E and thirty-one other sequences from GeneBank were analyzed by ClustalW and GeneDoc for cognizing conserved regions. Prediction of B cell epitopes was done by IEDB and Pymol 1.1 predicted B cell epitope mapping on conformational structure. ProPred I predicted T cell epitopes of MHC I and ProPred predicted T cell epitopes of MHC II. Vaxijen 2.0 analyzed immunogenicity score of peptide fragments (epitopes). In silico studies show that there are two conserved-peptide fragments that potential to trigger humoral immune response. Three conserved-peptide fragments are potential to trigger cellular immune response respecting MHC I while two conserved-peptide fragments respecting for MHC II.

Keywords: Dengue, B cell epitope, T cell epitope, prM/E, in silico