



# Perancangan Vaksin Virus H1N1 Neuraminidase Secara Sederhana Dengan Pendekatan In-Silico

## *Neuraminidase H1N1 Virus Vaccine Design In A Simplified In-Silico Approach*

Elfrida Roulina Simanjuntak<sup>1\*</sup>, Erwin Prasetya Toepak<sup>1</sup>,

<sup>1</sup>Program Studi Kimia, Universitas Palangka Raya, Indonesia

### Kata kunci

*H1N1, Neuraminidase, Vaksin, In Silico*

### Abstrak

Di Indonesia pada tahun 2019 dilaporkan adanya kasus infeksi H1N1 di Sumatera Utara. Virus ini merupakan virus single stranded-ribonucleid acid (ss-RNA) dengan diameter 80-120 nm dan panjang 200-300 nm, memiliki amplop dengan lipid bilayer dan dikelilingi sekitar 500 tonjolan glikoprotein yang mempunyai aktivitas hemaglutinasi (HA) dan enzim neuraminidase (NA). Neuraminidase merupakan enzim yang bertugas melakukan aktivitas enzim atiksialolitik, melepaskan progeni virus yang terjebak di permukaan sel yang terinfeksi sewaktu dilepaskan dan memudahkan gerakan virus dalam selaput lendir dari jaringan epitel sasaran. menempelnya virus pada target sasaran yang menarik bagi obat antivirus. Metode in-silico merupakan salah satu kajian penelitian pada suatu ilmu biologi yang didasari komputasi. Analisis meode ini digunakan untuk mengidentifikasi suatu sifat kimiawi didalam senyawa kimia. Pada penarian sequeen protein neuraminidase H1N1 (virus babi) dari NCBI terdapat 469 AA protein yang diperoleh secara in-silico. Uji antigenitas menggunakan web vaxijen pada protein NA virus H1N1 yaitu dengan nilai ter shold 0,4 yang merupakan hasil akhir dari residu protein mengarah bahwa secara keseluruhan kemungkinan diperkirakan yaitu antigen dengan sebesar 0, 4982.

### Keywords

*H1N1, Neuraminidase, Vaccines, In Silico*

### Abstract

In Indonesia in 2019 a case of H1N1 infection was reported in North Sumatra. This virus is a single stranded-ribonucleid acid (ss-RNA) virus with a diameter of 80-120 nm and a length of 200-300 nm, has an envelope with a lipid bilayer and is surrounded by about 500 glycoprotein spikes that have hemagglutination (HA) and neuraminidase (NA) enzymes. ). Neuraminidase is an enzyme whose job is to carry out atixialolytic enzyme activity, releasing viral progeny trapped on the surface of infected cells when they are released and facilitating the movement of the virus in the mucous membrane of the target epithelial tissue. attachment of viruses to targets of interest to antiviral drugs. The in-silico method is one of the research studies in a computational-based biology. This method of analysis is used to identify a chemical property in a chemical compound. In the extraction of neuraminidase H1N1 protein sequences (swine virus) from NCBI, there were 469 AA proteins obtained in-silico. The antigenity test using a web vaccine on the NA protein of the H1N1 virus, with a holding value of 0.4 which is the final result of protein residues, indicates that the overall probability is estimated to be antigen with 0.4982.

© 2021 Jurnal Jejaring Matematika dan Sains. This work is licensed under a [CC BY-NC 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

### Corresponding Author:

\*Alamat e-mail: [simanjuntak.elf@gmail.com](mailto:simanjuntak.elf@gmail.com)

## PENDAHULUAN

Virus Influenza A (H1N1) pada umumnya disebut juga sebagai virus babi. Virus ini termasuk dalam family Orthomyxoviridae dan diklasifikasikan dalam tipe A, B, dan C yang berdasarkan pada perbedaan antigenic dari nukleoprotein dan matrix proteinnya (Angi, 2010). Virus ini dapat menyebabkan kematian sekitar 290.000-650.000 jiwa setiap tahun (Li et al., 2019). Pada tahun 2009, pihak WHO (World Health Organization) mengumumkan bahwa telah terjadi pandemik level 5 virus Influenza A (H1N1) yang mengindikasikan transmisi virus dari manusia kemanusia lain yang sebelumnya berasal dari hewan dari satu bagian negara dan menyebar ke negara lain dengan cepat (WHO, 2009).

Virus ini merupakan virus single stranded-ribonucleid acid (ss-RNA) dengan diameter 80-120 nm dan panjang 200-300 nm, memiliki amplop dengan lipid bilayer dan dikelilingi sekitar 500 tonjolan glikoprotein yang mempunyai aktivitas hemaglutinasi (HA) dan enzim neuraminidase (NA). Genom virus ini memiliki panjang nukleotida sekitar 13.588 bp, yang tersusun atas 8 segmen, yaitu : PB2 (polymerase basic-2), PB1 (polymerase basic-1), PA (polymerase acidic), HA (haemaglutinin), NP (nucleoprotein), M (matrix), NS (non-struktural), dan NA (Neuraminidase) (Afrianti, 2008). Neuraminidase merupakan enzim yang bertugas melakukan aktivitas enzim atikisialolitik, melepaskan progeni virus yang terjebak di permukaan sel yang terinfeksi sewaktu dilepaskan dan memudahkan gerakan virus dalam selaput lendir dari jaringan epitel sasaran.

Menempelnya virus pada target sasaran yang menarik bagi obat antivirus (Angi, 2010). Inhibisi protein ini dapat mengganggu siklus hidup H1N1 sehingga dapat mengurangi infektivitasnya. Pada tahun 2010 untuk pertama kalinya revolusi industri 4.0 diperkenalkan menggunakan kajian pada situs rekayasa intelgensia konektivitas manusia dan mesin. Indonesia pada 4.0 pada bidang biologi dan bioinformatika dalam analisis

## METODE PENELITIAN

### Alat dan Bahan

Alat dan bahan yang digunakan ialah pangkalan data senyawa-senyawa kimia, pangkalan data protein dan PC/Laptop.

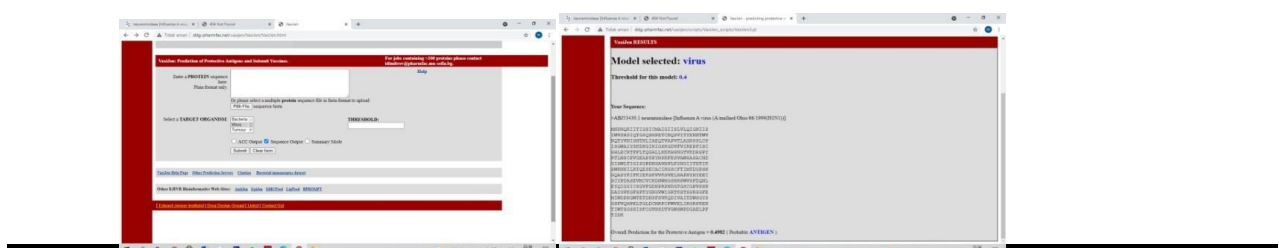
### Prosedur percobaan

Dalam penelitian ini struktur 3D neuraminidase H1N1 didapatkan dari Protein Data Bank (<http://www.rcsb.org/pdb>, 2011) dengan nomor ID: 3T14 (Plos Pathog, 2011). Molekul-molekul termasuk air yang tidak berhubungan dengan kemudian aktivitas dihilangkan dari protein. Prosedur percobaan yang dilakukan pada uji praktikum ini yaitu D.1.Pencarian sekuen protein H1N1 dan D.2.Prediksi epitop sel B.

Pada D.1.Pencarian sekuen protein H1N1 yaitu, buka situs <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, pada halaman situs yang terbuka, pilihlah protein pada “select sequence type” chain A. Infuenza A subtype H1N1 with Sacccharin Inhibitor, kemudian pilih fasta. Untuk mengambil sekuen virus tersebut, klik send to file, simpan dengan format FASTA menggunakan program Microsoft word, kemudian uji antigenitas menggunakan server vaxijen v2.0 (<http://www.ddgpharmfac.net/vaxijen/VaxiJen/VaxiJen.html>), kemudian catat hasilnya. Untuk D.2.Prediksi epitop sel B, bukalah terlebih dahulu situs <http://www.cbs.dtu.dk/services/BepiPred/> dengan server 1.0, kemudian pilih file format fasta, untuk threshold 0.35, untuk melihat hasil ini klik submit, kemudian catat hasilnya.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada penarian sequen protein neuraminidase H1N1 (virus babi) dari NCBI terdapat 469 AA protein yang diperoleh secara in-silico. Dapat dilihat pada gambar 4 yang menunjukkan hasil dari protein tersebut. Karakteristik yang dihasilkan dari protein neuraminidase memperlihatkan bahwa protein NA tidak mempunyai 20 asam amino pada posisi stalk (delesi) seperti virus H5N1 (dimana nantinya akan memotong residu asam sialat supaya virus yang baru terdeteksi akan cepat melepaskan diri dari inangnya dan menginfeksi sel lainnya). Sehingga virus ini tidak pathogen dan virulen.



### Gambar 1. Uji antigenitas vaxijen protein NA H1N1

Uji antigenitas menggunakan web vaxijen pada protein NA virus H1N1 yaitu dengan nilai ter shold 0,4 yang merupakan hasil akhir dari residu protein mengarah bahwa secara keseluruhan kemungkinan diperkirakan yaitu antigen dengan sebesar 0, 4982. Pada prediksi epitop B dihasilkan posisi epitop linier yang terdapat pada titik residu tertinggi. Selanjutnya dilakukan uji bepirod 1.0 dengan ter shold 0,35 dimana tipe protein ini merupakan tipe ABJ53430,1 sequen 1 fasta. Terdapat 469 sel epitop B yang diperoleh dengan skor yang berbeda pada protein neuraminidase dengan rentang sel epitop B yang berbeda dengan jarak yang berbeda. Pada hasil prediksi ditampilkan posisi dar epitop, akan tetapi prediksi ini tidak disertai.dengan skor yang menggambarkan tingkat pengenalan epitop oleh sel B atau pengikatan dengan antibody, sehingga untuk penentuan sequennya pada sel epitop akan diseleksi berdasarkan tingkat aksesibel. Dimana semakin besar tingkat aksesibilitas maka akan semakin besar kemungkinan epitop tersebut untuk dapat dikenali oleh sel B atau berikatan dengan molekul antibody.

### KESIMPULAN

Virus *Influenza A* (H1N1) pada umumnya disebut juga sebagai virus babi. Virus ini termasuk dalam family *Orthomyxoviridae* dan diklasifikasikan dalam tipe A, B, dan C yang berdasarkan pada perbedaan antigenic dari nukleoprotein dan matrix proteinnya. Pada penarian sequen protein neuraminidase H1N1 (virus babi) dari NCBI terdapat 469 AA protein yang diperoleh secara in-silico. Uji antigenitas menggunakan web vaxijen pada protein NA virus H1N1 yaitu dengan nilai ter shold 0,4 yang merupakan hasil akhir dari residu protein mengarah bahwa secara keseluruhan kemungkinan diperkirakan yaitu antigen dengan sebesar 0, 4982.

### REFERENSI

- Angi, A. H. (2010). *TINJAUAN STRUKTUR GENETIK SERTA TINGKAT KEGANASAN VIRUS INFLUENZA H1N1*. 7.
- Bare, Y., Maulidi, A., Sari, D. R. T., & Tiring, S. S. N. D. (2019). Studi in Silico Prediksi Potensi 6-Gingerol sebagai inhibitor c-Jun N-terminal kinases (JNK). *Jurnal Jejaring Matematika dan Sains*, 1(2), 59–63. <https://doi.org/10.36873/jjms.v1i2.211>
- Dharmayanti, N. I., Ratnawati, A., & Hewajuli, D. A. (2011). Virus Influenza Novel H1N1 Babi di Indonesia. *Jurnal Biologi Indonesia*, 7, 9.
- García, L. F. (2020). Immune Response, Inflammation, and the Clinical Spectrum of COVID-19. *Frontiers in Immunology*, 11, 1441. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.01441>
- Lestari & Raveinal, L. D., Raveinal. (2020). TRAVEL VACSINE. *Journal Human Care*, 5, No. 3, 661–670.

Sianipar & J, O., Sembiring. (2010). EPIDEMIOLOGI DAN DIAGNOSIS KDOKTERAN LABORATORIK INVEKSI VIRUS H1N1. *Indonesian Journal of Clinical Pathology and Medical Laboratory*, 6, No.3.