

ANALISIS PROTEIN NON STRUKTURAL (NS) VIRUS SARS-CoV-2 SEBAGAI KANDIDAT VAKSIN COVID-19 MENGGUNAKAN METODE *IN SILICO*

SALSABILA ALIANSI

1167020068

ABSTRAK

COVID-19 merupakan penyakit pandemik yang disebabkan oleh infeksi virus Corona yang dikenal dengan SARS-CoV-2. Proses pembuatan vaksin masih terus dilakukan dan hingga saat ini vaksin yang efektif masih terus dilakukan penelitian. Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh urutan epitop yang dapat dijadikan kandidat vaksin virus SARS-CoV-2 dengan menganalisis gen non struktural virus SARS-CoV-2 dan *Major Histocompatibility Complex I* (MHC I) sebagai alel yang mengikat sekumpulan peptida berbeda untuk dapat menjadi target respon imun melalui pendekatan imunoinformatika. Analisis melibatkan beberapa perangkat lunak berbasis web seperti NCBI, BLAST, IEDB-AR, *Emboss Water*, *Accelrys Discovers Studio*, dan *Cabsdock*. Hasil analisis menunjukkan bahwa gen NSP5 (*3C Like Protease*) berpotensi menjadi kandidat sumber vaksin SARS-CoV-2 karena tidak homolog dengan genom manusia. Urutan peptida yang dapat dijadikan sumber kandidat vaksin yaitu FLNRFTTTL (*Phenylalanine, Leucine, Asparagine, Arginine, Phenylalanine, Threonine, Threonine, Threonine, Leucine*) yang memiliki nilai IC₅₀ rendah sebesar 9.14 nM dan peringkat persentil rendah sebesar 0.08 serta energi bebas yang dihasilkan sebesar -5338.13 kcal/mol. Nilai yang dihasilkan lebih rendah dapat menjadi representatif sumber kandidat vaksin karena memiliki afinitas yang kuat terhadap MHC I.

Kata kunci : corona, gen non-struktural, imunoinformatika, vaksin epitop