

HASIL CEK_ Faisal Fajri Rahani

by Fti2 Faisal Fajri Rahani

Submission date: 05-Sep-2022 12:47PM (UTC+0700)

Submission ID: 1892916305

File name: 408-Article_Text-2521-1-10-20200827.pdf (1,023.67K)

Word count: 4085

Character count: 21864

1

Analisis Epitope Sel T pada SARS-CoV2 dengan Pendekatan Bioinformatika

(Analysis of T-cell Epitopes of SARS-CoV2 with Bioinformatics Approach)

Miftahurrahma Rosyda^{1*}, Faisal Fajri Rahani²

3

Abstract—At the beginning of 2020, the world was shocked by the spread of global outbreaks that attacked respiratory like the SARS outbreak in 2003, namely COVID-19. The virus that causes the outbreak called SARS-CoV2. It turns out to have a similarity of ~87.5% with SARS-CoV. This similarity can be used to develop drugs and vaccines that are compatible with the current virus. In this case, the bioinformatics approach can be carried out as an initial stage of vaccine development. One way to develop vaccines is epitope-based vaccines. Biological data available and submitted to the public regarding T cell epitopes and protein sequences in viruses can be processed with several bioinformatics tools available online. This study compared the calculation of physicochemical characters between the SARS-CoV epitope and the SARS-CoV2 protein sequence at the same location. The characters being compared are molecular weight, point of isoelectric, aliphatic index, GRAVY, instability index, and antigenicity. Data processing is evaluated by correlation matrix. The results of the processing show that the physicochemical character between SARS-CoV and SARS-CoV2 has a strong relationship.

1

Intisari—Pada awal tahun 2020 dunia digemparkan dengan tersebarnya wabah secara global yang menyerang pernapasan seperti wabah SARS pada tahun 2003, yaitu COVID-19. Virus penyebab wabah yang bernama SARS-CoV2 ini ternyata memiliki kemiripan ~87.5% dengan SARS-CoV. Kemiripan ini dapat digunakan untuk mengembangkan obat dan vaksin yang sesuai dengan virus yang sekarang. Dalam hal ini, pendekatan secara bioinformatika dapat dilakukan sebagai tahap awal pengembangan vaksin. Salah satu cara pengembangan vaksin adalah vaksin berbasis epitope. Data biologi yang tersedia dan diserahkan kepada publik terkait epitope Sel T dan sekuen protein pada virus dapat diolah dengan beberapa tool bioinformatika yang tersedia secara online. Makalah ini membandingkan perhitungan karakter physicochemical antara epitope SARS-CoV dan sekuen protein SARS-CoV2 pada lokasi yang sama. Karakter yang dibandingkan yaitu berat molekuler, titik isoelectric, indeks alifatik, GRAVY, indeks kestabilan, dan antigenitas. Pengolahan data dilakukan dengan matriks korelasi. Dari hasil pengolahan tersebut diketahui bahwa karakter physicochemical antara SARS-CoV dan SARS-CoV2 memiliki hubungan yang kuat.

Kata Kunci— Bioinformatika, SARS-CoV2, COVID-19, Epitope, Imuno-informatika, Biomolecular, Bio-datamining, Coronavirus.

6

^{1,2} Teknik Informatika Fakultas Teknologi Industri Universitas Ahmad Dahlan, Jl Ring Road Selatan, Tamanan Banguntapan, Bantul, Yogyakarta, 55166 (telp: 0274-563515; fax: 0274-564604; e-mail: miftahurrahma.rosyda@tif.uad.ac.id, faisalfajri@tif.uad.ac.id)

I. PENDAHULUAN

Dalam dua dekade terakhir ini, virus corona telah menyebabkan dua pandemi berskala besar, yaitu *Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS)* dan *Middle East Respiratory Syndrome (MERS)*. Kedua virus ini berasal dari kelelawar dan dapat menginfeksi manusia [1].

18

Di akhir tahun 2019 muncul varian virus corona baru yang berasal dari Wuhan, China. Persebaran virus ini sangat cepat hingga WHO mengumumkan darurat kesehatan global pada tanggal 30 Januari 2020 [2]. Virus ini dikenal dengan sebutan SARS-CoV2 dan penyakitnya disebut *Coronaviruses Disease-2019 (Covid-19)*. Kini lebih dari enam juta kasus dan 400.000 kematian telah dilaporkan dari seluruh dunia [3].

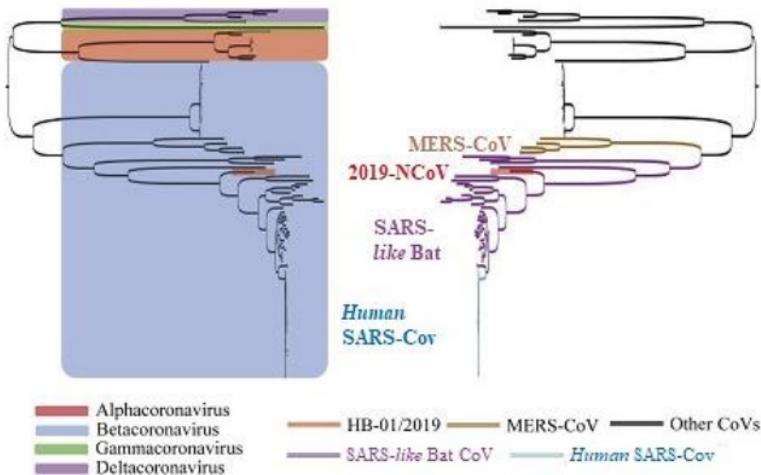
Baik SARS-CoV, MERS, maupun SARS-CoV2, ketiganya masuk dalam subfamili *beta-coronavirus*. Secara umum, virus ini terdiri atas rantai RNA tunggal sebagai material nukleotida dan diselimuti oleh lemak [4]. Virus ini berukuran ~30 kb dan terbentuk di beberapa struktur protein besar, yaitu protein surface (S), protein envelope (E), protein membrane (M), dan protein nucleocapsid (N) [5], [6].

Gbr. 1 menunjukkan pohon filogenetik yang menjelaskan hubungan 2019-nCoV (SARS-CoV2) dengan virus corona lain dalam satu famili [7], sedangkan pada Tabel I diperlihatkan perbandingan kemiripan struktur protein pada SARS-CoV2 dengan struktur protein pada SARS-CoV, Bat-CoV, dan MERS-CoV [8]. Ternyata SARS-CoV2 memiliki kemiripan > 90% dengan Bat-CoV, tetapi yang menyebabkan pandemi global adalah SARS-CoV, dengan tingkat kemiripan ~87.5%, dan MERS-CoV dengan tingkat kemiripan ~40%.

Hingga saat ini belum ditemukan vaksin yang efektif untuk mencegah dan memerangi SARS-CoV2, padahal vaksin sangat penting untuk mengurangi penyebaran virus dan memperkecil angka kematian. Salah satu cara untuk mendesain vaksin adalah dengan mempelajari epitope-nya. Epitope merupakan bagian dari protein yang dapat memicu aktivitas sistem kekebalan tubuh dan juga merupakan bagian yang dapat berikan dengan antibodi [9].

Makalah ini bertujuan membantu proses awal desain vaksin berbasis epitope dengan menganalisis karakter physicochemical-nya. Ada banyak karakter physicochemical yang dimiliki oleh protein. Dengan menganalisis karakter yang paling berpengaruh dalam pembentukan epitope, dapat dilakukan reduksi dimensi data untuk masuk dalam proses perancangan selanjutnya.

Epitope terdiri atas epitope sel T dan Epitope sel B. Sel B bertugas khusus membentuk antibodi yang sesuai, sedangkan sel T bertugas membunuh sel yang menghasilkan epitope.



Gbr. 1 Perbandingan 2019-nCoV (SARS-CoV2) dengan virus corona lainnya.

TABEL I
TINGKAT KEMIRIPAN STRUKTUR PROTEIN SARS-COV 2 DENGAN BETACORONAVIRUS LAINNYA

Virus	Struktur Protein			
	S	M	E	N
Bat-Cov	80%	98%	100%	94%
SARS-CoV	76%	90%	94%	90%
MERS-CoV	35%	42%	36%	48%

Berdasarkan penelitian pada SARS-CoV, diketahui bahwa sel T menyerang secara dominan pada protein S dan N [6]. Oleh karena itu, makalah ini fokus untuk menganalisis epitope sel T pada protein S dan N.

Bioinformatika memadukan ilmu biologi molekuler, matematika, dan informatika [10]. Pendekatan dengan ilmu bioinformatika berperan untuk mengurangi waktu penelitian pada laboratorium basah biologi. Salah satu topik yang berperan dalam bidang bioinformatika adalah analisis sekuen [11]. Analisis sekuen SARS-CoV2 sangat penting mengingat virus corona dari subfamili betacoronavirus pernah menyebabkan wabah global dengan tingkat kematian yang cukup tinggi. Makalah ini mengkaji hubungan antara karakter epitope SARS-CoV dengan SARS-CoV2 dengan memanfaatkan tool bioinformatika yang dapat diakses publik di internet.

II. DATASET

Prediksi sekuen protein yang menjadi epitope sel T SARS-CoV2 diperoleh dari *Immune Epitope Database* (IEDB). IEDB merupakan website yang menyediakan tool untuk memprediksi epitope dengan metode komputasi [12], [13]. Dari tool ini dapat diprediksi epitope SARS-CoV2 dari epitope SARS-CoV berdasarkan kemiripannya.

Informasi yang terkumpul terkait SARS-CoV2 masih sangat sedikit dan data epitope juga belum tersedia. Meskipun demikian, informasi umum terkait virus corona seperti SARS-CoV dan MERS-CoV dapat diperoleh [14].

TABEL II
PERBANDINGAN JUMLAH EPITOPE SEL T PADA CORONAVIRUS

Epitope Sel T	SARS-CoV	MERS-CoV	Lainnya	Total
	164	25	54	243

TABEL III
JUMLAH EPITOPE SEL T PADA PROTEIN SARS-COV

Protein SARS-CoV	Jumlah Epitope Sel T
Surface/Spike Glycoprotein	48
NucleoProtein	33
Replicase Polyprotein 1ab	9
Protein 3a	7
Membrane Protein	4

Pada Tabel II dapat dilihat jumlah epitope sel T yang tersedia pada situs IEDB. Selain memiliki tingkat kemiripan yang tinggi dengan SARS-CoV2, ternyata SARS-CoV juga memiliki data epitope yang terbanyak. Hal ini sangat mendukung untuk memprediksi epitope SARS-CoV2 dengan pemetaan sekuen pada lokasi yang sama. Letak epitope pada masing-masing protein SARS-CoV diperlihatkan pada Tabel III [8]. Jumlah epitope pada Tabel I dan Tabel II berbeda karena pada Tabel II hanya diambil epitope SARS-CoV yang berinang pada manusia.

III. METODOLOGI

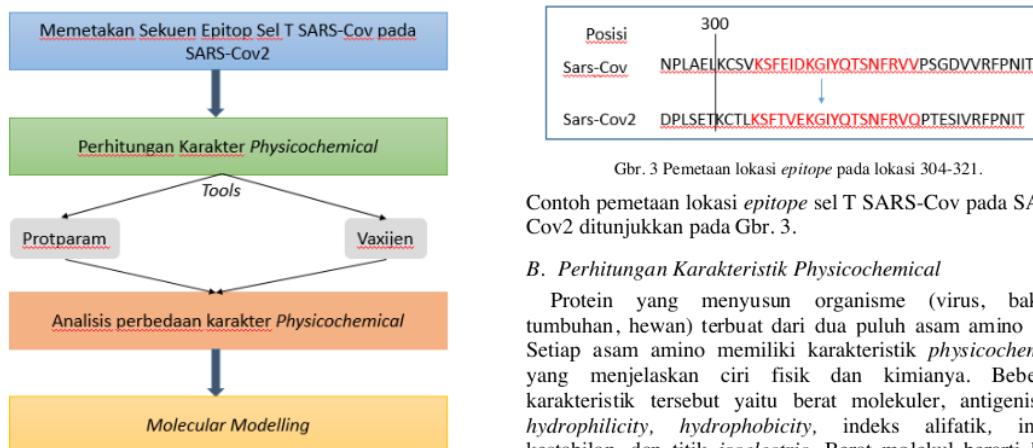
Metode yang dilakukan pada makalah ini ditunjukkan pada Gbr. 2. Setelah mendapatkan nilai karakteristik, masing-masing sekuen dibandingkan, kemudian diambil beberapa sekuen yang memiliki nilai antigenisitas tertinggi, lalu dilakukan *molecular modeling* menggunakan aplikasi PyMOL.

A. Pemetaan Sekuen Epitope SARS-CoV pada SARS-CoV2

Metode pemetaan ini dilakukan dengan membuat daftar epitope SARS-CoV dari IEDB yang paling dominan, kemudian menyimpan lokasi sekuen asam amino tersebut. Lalu, akan dibandingkan sekuen asam amino pada protein SARS-CoV2

TABEL IV
PEMETAAN SEKUEN SARS-COV PADA SARS-COV2

Kode Sekuen	SARS-COV	SARS-Cov2	Protein	Pemetaan Lokasi	Kemiripan (%)
S1	KSFEIDKGIVQTSNFRVV	KSFTVEKGIVQTSNFRVQ	S	304-321	78
S2	STFFSTFKCYGVSATKL	SASFSTFKCYGVSPTKL	S	371-387	82
S3	KLPDDFMGCV	2-PDDFTGCV	S	424-433	90
S4	KSIVAYTMSLGADSSIAY	QSIIAYTMSLGAEHSVAY	S	690-707	72
S5	SIVAYTMSL	SILAYTMSL	S	691-699	89
S6	TECANLLQYGSFCTQL	TECSNLLQYGSFCTQL	S	747-763	94
S7	VKQMYKPTTLKYFGGGFN	VKQIYKTPPIKDFGGFN	S	785-802	78
S8	ESLTTTSTALGKLQDVV	DLSSTASALGKLQDVV	S	936-952	71
S9	ALNTLVKQL	ALNTLVKQL	S	958-966	100
S10	VLNDILSRL	VLNDILSR	S	976-984	100
S11	LITGRLQLS	LITGRLQLS	S	996-1004	100
S12	QLIRAAEIRASANLAATK	QLIRAAEIRASANLAATK	S	111-1028	100
S13	SWFITQRNFFSPQII	HWFVTQRNFYEPQI	S	1101-1115	73
S14	RLNEVAKNL	RLNEVAKNL	S	1185-1193	100
S15	NLNESLIDL	NLNESLIDL	S	1192-1200	100
S16	FIAGLIAIV	FIAGLIAIV	S	1220-1228	100
M1	GLMWLSYFV	GLMWLSYFI	M	61-70	89
M2	TLACFVLAATV	TLACFVLAATV	M	148-156	100
M3	HLMAGHSL	2-RIAGHHL	M	89-97	78
N1	ALNTPKDHI	ALNTPKDHI	N	138-146	100
N2	LQLPQGTTL	LQLPQGTTL	N	159-167	100
N3	GETALALLL	GDAALALLL	N	215-224	80
N4	LALLLDRL	LALLLDRL	N	219-227	100
N5	LLLDRLNQL	LLLDRLNQL	N	222-230	100
N6	RLNQLESKV	RLNQLESKM	N	226-234	89
N7	TKQYNTQAF	TKAYNTQAF	N	265-274	90
N8	GMSRIGMEV	GMSRIGMEV	N	316-324	100
N9	MEVTPSGTWL	MEVTPSGTWL	N	322-331	100
N10	QFKDNVILL	NFKDQVILL	N	345-353	78



Gbr. 2 Metode analisis epitope sel T.

pada lokasi yang sama. Metode ini pernah dilakukan dan berhasil memetakan 48 sekuen *epitope* SARS-Cov ke SARS-Cov2 [8]. Pada makalah ini dipilih 29 *epitope* yang memiliki tingkat kemiripan lebih dari 70%. Hasil pemetaan sekuen *epitope* SARS-Cov pada SARS-Cov2 disajikan pada Tabel IV.

Gbr. 3 Pemetaan lokasi *epitope* pada lokasi 304-321.

Contoh pemetaan lokasi *epitope* sel T SARS-Cov pada SARS-Cov2 ditunjukkan pada Gbr. 3.

B. Perhitungan Karakteristik Physicochemical

Protein yang menyusun organisme (virus, bakteri, tumbuhan, hewan) terbuat dari dua puluh asam amino [15]. Setiap asam amino memiliki karakteristik *physicochemical* yang menjelaskan ciri fisik dan kimianya. Beberapa karakteristik tersebut yaitu berat molekuler, antigenisitas, *hydrophilicity*, *hydrophobicity*, indeks alifatik, indeks kestabilan, dan titik *isoelectric*. Berat molekul berarti berat molekuler suatu protein. Antigenisitas atau reaktivitas antigenik mengacu pada kapasitas virus untuk mengikat molekul antibodi tertentu [16]. *Hydrophilicity* merupakan sifat molekul yang dapat berikatan dengan air, sedangkan *hydrophobicity* merupakan sifat molekul yang takut/tidak dapat berikatan dengan air. Indeks alifatik merupakan volume relatif yang ditempati oleh rantai samping alifatik seperti *alanine*,

TABEL V
HASIL PERHITUNGAN PHYSICOCHEMICAL
8

Kode	Berat Molekul (BM ⁹)		Titik Isoelectric (TI)		Indeks Alifatik (IA)		GRAVY (GR ⁹)		Indeks Kestabilan (IK)		Antigenisitas (Ant)	
	SARS	SARS-2	SARS	SARS-2	SARS	SARS-2	SARS	SARS-2	SARS	SARS-2	SARS	SARS-2
S1	2.131,42	2.132,40	8,5	9,70	75,56	53,89	-0,406	-0,694	-2,36	-8,34	0,3829	0,3790
S2	1.887,18	1.823,09	9,19	9,90	45,88	45,88	0,394	0,129	5,10	23,69	0,6165	0,8820
S3	1.124,34	1.094,25	4,21	4,21	68,00	68,00	0,230	-0,030	-2,85	-11,34	-0,4911	-0,5308
S4	1.877,14	1.918,15	5,83	4,00	97,78	97,78	0,556	0,428	36,39	48,83	0,3717	0,4592
S5	984,18	998,20	5,24	5,24	130,00	141,11	1,400	1,433	38,84	48,28	0,6198	0,5234
S6	1.904,18	1.920,18	4,00	4,00	97,65	91,76	0,406	0,253	71,08	71,08	0,7436	0,6982
S7	2.226,62	2.099,46	9,83	9,53	35,79	59,44	-0,379	-0,367	33,49	21,30	-0,0029	0,1499
S8	1.762,98	1.690,87	4,37	4,21	108,82	114,71	0,141	0,276	41,26	52,59	0,7630	0,6237
S9	999,22	999,22	8,80	8,80	173,33	173,33	0,644	0,644	22,57	22,57	-0,5716	-0,5716
S10	1.042,24	929,08	5,81	5,81	205,56	182,50	0,867	0,500	51,69	56,90	-0,8524	-0,8576
S11	1.000,21	1.000,21	9,75	9,75	173,33	173,33	0,667	0,667	84,50	84,50	0,8238	0,8238
S12	1.897,21	1.897,21	10,84	10,84	120,00	120,00	0,130	0,139	20,14	20,14	0,3527	0,3527
S13	1.884,17	1.865,08	9,47	6,75	78,00	48,57	0,140	-0,850	44,65	39,27	0,6513	0,4830
S14	1.056,23	1.056,23	8,75	8,75	130,00	130,00	-0,589	-0,589	8,89	8,89	0,1820	0,1820
S15	1.030,14	1.030,14	3,67	3,67	173,33	173,33	0,122	0,122	30,29	30,29	0,6827	0,6827
S16	916,17	916,17	5,52	5,52	227,78	227,78	3,056	3,056	-0,54	-0,54	0,3162	0,3162
M1	1.115,36	1.129,38	5,52	5,52	118,89	130,00	1,456	1,489	22,60	22,60	0,2548	0,2537
M2	1.007,26	1.007,26	5,18	5,18	166,00	166,00	2,600	2,600	52,94	52,94	1,2318	1,2318
M3	1.021,21	1.053,23	9,76	9,77	97,78	141,11	-0,089	-0,067	44,00	30,29	0,4547	0,2446
N1	1.008,14	1.008,14	6,79	6,79	97,78	97,78	-0,700	-0,700	48,28	48,28	-0,8423	-0,8423
N2	970,13	970,13	5,52	5,52	130,00	130,00	0,111	0,110	78,48	78,48	0,0480	0,0480
N3	1.013,24	1.013,24	4,00	4,00	215,00	215,00	1,800	1,800	1,46	1,46	0,5482	0,5482
N4	1.039,33	1.039,33	5,84	5,84	271,11	271,11	1,844	1,844	0,51	0,51	0,5933	0,5933
N5	1.097,32	1.097,32	5,84	5,84	216,67	216,67	0,444	0,444	-7,87	-7,87	0,1566	0,1566
N6	1.086,26	1.118,32	8,75	8,75	118,89	86,67	-0,878	-1,133	12,48	58,13	0,3912	0,5632
N7	1.199,33	1.142,00	8,26	8,26	39,00	49,00	-0,830	-0,300	9,11	-7,03	0,3666	0,4932
N8	979,18	979,18	6,00	6,00	75,56	75,56	0,322	0,322	79,11	79,11	0,6287	0,6287
N9	1.120,29	1.120,29	4,00	4,00	68,00	68,00	0,130	0,130	8,59	8,59	0,6342	0,6342
N10	1.089,30	1.089,30	5,84	5,84	162,22	162,22	0,522	0,522	5,21	-11,49	0,5844	1,1677

valine, isoluesin, dan leusin. Indeks kestabilan adalah perkiraan kestabilan protein dalam suatu tabung uji [17]. Yang terakhir, titik *isoelectric* merupakan pH larutan ketika muatan bersih protein menjadi nol [18].

Perhitungan ini dilakukan menggunakan *tool* bioinformatika yang tersedia *online* di internet, yaitu Protparam dan VaxiJen. Dalam mendesain sebuah obat dan vaksin, beberapa karakteristik *physicochemical* yang digunakan antara lain berat molekuler, jumlah residu positif dan negatif, indeks kestabilan, indeks alifatik, *Grand Average of Hydropathicity* (GRAVY), titik *isoelectric*, antigenisitas, dan *hydrophilicity* [19]. *Hidropathicity* merupakan angka relatif yang mencerminkan *hydrophilicity* dan *hydrophobicity* [20].

Perhitungan *physicochemical* terkait berat molekuler, titik *isoelectric*, indeks kestabilan, indeks alifatik, dan GRAVY dilakukan menggunakan *tool* Protparam [17], sedangkan perhitungan antigenisitas dilakukan menggunakan *tool* VaxiJen [21]. Hasil perhitungan karakteristik *physicochemical* diperlihatkan pada Tabel V.

C. Analisis Perbedaan Karakter

Analisis karakter SARS-Cov dan SARS-Cov2 dilakukan menggunakan metode statistik dasar dan matrik korelasi. Setiap karakter dihitung rata-rata dan standar deviasinya, mengacu

pada (1) dan (2). Kemudian, seluruh karakteristik dihitung korelasinya dengan matriks korelasi berdasarkan teori Pearson mengacu pada (3). Matriks korelasi memiliki rentang antara -1 hingga 1. Nilai -1 untuk relasi yang sangat lemah, sedangkan nilai 1 untuk relasi yang sangat kuat [22].

$$\bar{x} = \frac{x_1 + x_2 + \dots + x_n}{n} \quad (1)$$

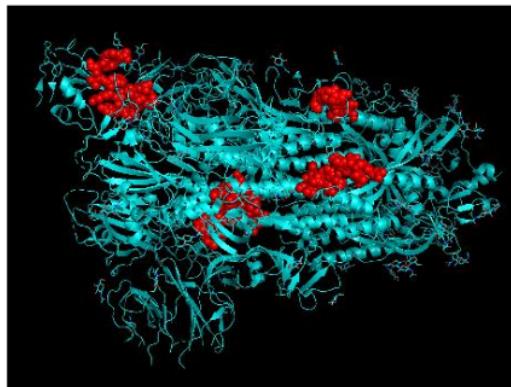
$$s = \sqrt{\frac{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - (\sum_{i=1}^n x_i)^2}{n(n-1)}} \quad (2)$$

$$r = \frac{n(\sum xy) - (\sum x)(\sum y)}{\sqrt{[n \sum x^2 - (\sum x)^2][n \sum y^2 - (\sum y)^2]}} \quad (3)$$

D. Molecular Modeling

Visualisasi daerah *epitope* pada protein SARS-CoV2 dilakukan menggunakan *software* Pymol. Data protein SARS yang digunakan berasal dari *Protein Data Bank* (PDB) dengan ID 6VSB [23], [24]. Pada proses visualisasi ini hanya ditampilkan *epitope* pada protein S, karena pemodelan molekul protein M dan N untuk SARS-CoV2 dengan sekuen yang lengkap belum tersedia.

Pada Gbr. 4 diperlihatkan pemodelan molekuler lokasi *epitope* dengan PDB ID=6VSB. Daerah yang berwarna merah adalah lokasi *epitope* pada S2, S6, S8, dan S11, yaitu sekuen

Gbr. 4 Pemodelan molekuler lokasi *epitope*.

'SASFSTFKCYGVSPYKL', 'TECSNLLLQYGSFCTQL', 'DSLSSTASALGKLQDVV', dan 'LITGRLQSL'. Empat lokasi yang dipilih merupakan lokasi dengan nilai antigenisitas tertinggi.

IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada Tabel VI dapat dilihat hasil perhitungan rata-rata untuk seluruh karakteristik pada SARS-Cov dan SARS-Cov2. Hasil rata-rata untuk indeks alifatik dan antigenisitas lebih besar pada SARS-Cov2 daripada SARS-Cov, sedangkan pada karakter lainnya, rata-rata SARS-Cov2 lebih kecil daripada SARS-Cov.

Dapat dikatakan bahwa *epitope* SARS-Cov2 memiliki rantai samping alifatik dan antigenisitas lebih besar daripada *epitope* SARS-Cov, tetapi berat molekulnya lebih ringan dan kestabilannya lebih kecil. Dari hasil ini, dapat diketahui bahwa *epitope* sel T SARS-Cov2 lebih mudah berikatan dengan antibodi, tetapi kurang stabil.

Hasil perhitungan standar deviasi disajikan pada Tabel VII. Standar deviasi berat molekul dan GRAVY pada SARS-Cov2 lebih kecil, sedangkan karakter lainnya lebih besar. Dari rata-rata dan standar deviasi, dapat dikatakan bahwa karakteristik sekuen protein pada *epitope* sel T SARS-Cov maupun SARS-Cov2 memiliki kemiripan > 90%. Padahal pemetaan sekuen dipilih dengan nilai kemiripan >70%, sehingga perubahan asam amino terjadi dengan asam amino lain yang memiliki karakter berdekatan.

Kemudian pada Tabel VIII dapat dilihat matriks korelasi antar karakter SARS-Cov dan SARS-Cov2. Warna biru menunjukkan adanya relasi yang sangat kuat, warna oranye menunjukkan relasi yang kuat, warna hijau menunjukkan relasi yang cukup kuat, warna abu-abu menunjukkan lemah, sedangkan yang tidak berwarna menunjukkan relasi yang sangat lemah, bahkan tidak ada relasi. Terlihat bahwa pada karakter yang sama terdapat relasi yang sangat kuat antara SARS-Cov dan SARS-Cov2. Lalu, relasi yang kuat terjadi antara karakter kestabilan dan GRAVY, relasi lemah ditunjukkan antara karakter antigenisitas dengan kestabilan, sedangkan karakter yang tidak memiliki relasi yang kuat dengan karakter lain adalah karakter indeks alifatik.

TABEL VI
HASIL PERHITUNGAN RATA-RATA

	Rata-Rata					
	BM	TI	IK	GRA	IK	Ant
Cov	1,292,01	6,72	28,89	128,19	0,487	0,333
Cov2	1,280,60	6,62	29,73	127,95	0,419	0,356

TABEL VII
HASIL PERHITUNGAN STANDAR DEVIASI

	Standar Deviasi					
	BM	TI	IK	GRA	IK	Ant
Cov	421,67	2,18	27,16	60,74	0,95	0,489
Cov2	410,56	2,25	29,66	60,50	0,99	0,513

TABEL VIII
MATRIKS KORELASI

	BM	TI	IK	GRA	IK	Ant
BM	0,996	0,269	-0,027	-0,568	-0,389	0,153
TI	0,336	0,955	0,001	-0,293	-0,444	-0,071
IK	-0,031	-0,059	0,919	-0,122	-0,063	0,013
GRA	-0,532	-0,265	-0,097	0,972	0,642	-0,014
IK	-0,315	-0,410	-0,054	0,665	0,970	0,229
Ant	0,087	-0,140	0,159	0,062	0,276	0,961

Pertimbangan bahwa karakter *epitope* SARS-Cov2 lebih ringan, lebih mudah berikatan dengan antibodi, dan kurang stabil dapat membantu proses pembuatan vaksin berbasis *epitope*. Karakter-karakter tersebut nantinya akan berpengaruh pada desain struktur protein yang akan direspon oleh antibodi.

V. KESIMPULAN DAN SARAN

Pemetaan *epitope* SARS-Cov pada SARS-Cov2 sebagai tahap awal pembuatan vaksin dapat dipertimbangkan, karena adanya relasi yang kuat antara karakter *physicochemical* SARS-Cov dan SARS-Cov2. Adanya perubahan asam amino akibat mutasi tidak berdampak signifikan pada *epitope* penelitian kali ini. Dari karakter yang telah diteliti ternyata indeks alifatik tidak memberikan perbedaan yang signifikan, sehingga karakter tersebut dapat dihilangkan pada penelitian selanjutnya. Penelitian selanjutnya dapat membandingkan lokasi *epitope* SARS-Cov dengan SARS-Cov2 yang khusus berasal dari Indonesia dengan bantuan mesin pembelajaran karena keberagaman genom yang sangat tinggi.

12. UCATAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Ilmu Komputer UGM yang telah memberikan dasar ilmu Bioinformatika, kemudian kepada Magister Teknologi Informasi UGM yang telah mengajarkan metode analisis yang dalam, dan terakhir disampaikan kepada UAD yang terus menyemangati untuk terus melanjutkan penelitian.

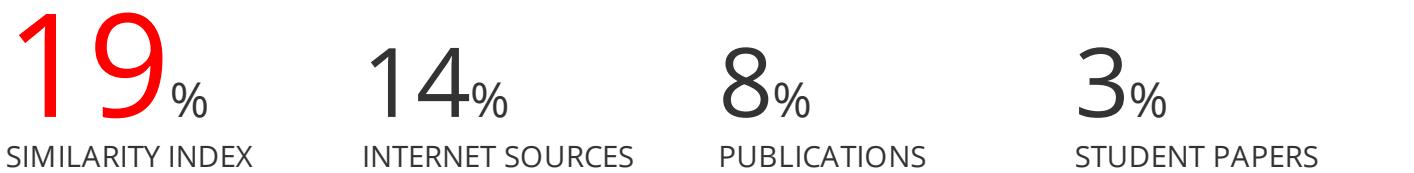
REFERENSI

- [1] P. Zhou, X.-L. Yang, X.-G. Wang, B. Hu, L. Zhang, dkk., "A Pneumonia Outbreak Associated with a New Coronavirus of Probable Bat Origin," *Nature*, Vol. 579, No. 7798, hal. 270–273, 2020.
- [2] (2020) "BBC News" [Online], <https://www.bbc.com/news/world-51318246>, tanggal akses: 9-Jun-2020.
- [3] (2020) "WHO Coronaviruses Disease Dashboard" [Online], <https://covid19.who.int/>, tanggal akses: 9-Jun-2020.

- [4] M.A. Shereen, S. Khan, A. Kazmi, N. Bashir, dan R. Siddique, "COVID-19 Infection: Origin, Transmission, and Characteristics of Human Coronaviruses," *J. Adv. Res.*, Vol. 24, hal. 91–98, 2020.
- [5] R.A. Khailany, M. Safdar, dan M. Ozaslan, "Genomic Characterization of a Novel SARS-CoV-2," *Gene Reports*, Vol. 19, hal. 1–6, 2020.
- [6] S.F. Ahmed, A.A. Quadeer, dan M.R. McKay, "Preliminary Identification of Potential Vaccine Targets for the COVID-19 Coronavirus (SARS-CoV-2) Based on SARS-CoV Immunological Studies," *Viruses*, Vol. 12, No. 3, hal. 1–15, 2020.
- [7] A. Wu, Y. Peng, B. Huang, X. Ding, X. Wang, P. Niu, J. Meng, Z. Zhu, Z. Zhang, J. Wang, J. Sheng, L. Quan, Z. Xia, W. Tan, G. Cheng, dan T. Jiang, "Genome Composition and Divergence of the Novel Coronavirus (2019-nCoV) Originating in China," *Cell Host Microbe*, Vol. 27, No. 3, hal. 325–328, 2020.
- [8] A. Grifoni, J. Sidney, Y. Zhang, R.H. Scheuermann, B. Peters, dan A. Sette, "A Sequence Homology and Bioinformatic Approach can Predict Candidate Targets for Immune Responses to SARS-CoV-2," *Cell Host Microbe*, Vol. 27, No. 4, hal. 671–680.e2, 2020.
- [9] R. Kogay dan C. Schönbach, "Epitope Predictions," *Encycl. Bioinforma. Comput. Biol.: ABC Bioinforma.*, Vol. 2, No. 1, hal. 952–971, 2018.
- [10] D.A. Aprijani dan M.A. Elfaizi, "BIOINFORMATIKA: Perkembangan, Disiplin Ilmu dan Penerapannya di Indonesia," Universitas Gunadarma, Jakarta, Indonesia, Kuliah, hal. 1–25, 2004.
- [11] I.Y. Abdurakhmonov, "Bioinformatics: Basics, Development, and Future," dalam *Bioinformatics - Updated Features and Applications*, I.Y. Abdurakhmonov, Ed., London, UK: IntechOpen, 2016.
- [12] S.K. Dhanda, S. Mahajan, S. Paul, Z. Yan, H. Kim, M.C. Jespersen, V. Jurtz, M. Andreatta, J. A. Greenbaum, P. Marcatili, A. Sette, M. Nielsen, dan B. Peters, "IEDB-AR: Immune Epitope Database - Analysis Resource in 2019," *Nucleic Acids Res.*, Vol. 47, No. W1, hal. W502–W506, 2019.
- [13] Y. Kim, A. Sette, dan B. Peters, "Applications for T-cell Epitope Queries and Tools in the Immune Epitope Database and Analysis Resource," *J. Immunol. Methods*, Vol. 374, No. 1–2, hal. 62–69, 2011.
- [14] Z. Song, Y. Xu, L. Bao, L. Zhang, P. Yu, Y. Qu, H. Zhu, W. Zhao, Y. Han, dan C. Qin, "From SARS to MERS, Thrusting Coronaviruses into the Spotlight," *Viruses*, Vol. 11, No. 1, hal. 1–28, 2019.
- [15] A.J. Cozzzone, "Proteins: Fundamental Chemical Properties," *Encycl. Life Sci.*, hal. 1–10, 2010.
- [16] M.H.V. Van Regenmortel, "Antigenicity and Immunogenicity of Viral Proteins," dalam Encyclopedia of Virology, 3rd ed., B.W.J. Mahy dan M.H.V. Van Regenmortel, Eds., Cambridge, USA: Academic Press, hal. 137–142, 2008, hal. 137–142.
- [17] E. Gasteiger, C. Hoogland, A. Gattiker, S. Duvaud, R. Appel, dan A. Bairoch, "Protein Identification and Analysis Tools on the ExPASy Server," dalam *The Proteomics Protocols Handbook*, 1st ed., W.M. John, Ed., Totowa, USA: Humana Press, hal. 571–607, 2005.
- [18] P. Novák dan V. Havlíček, "Protein Extraction and Precipitation," dalam *Proteomic Profiling and Analytical Chemistry*, 2nd ed., P. Ciborowski dan J. Silberring, Eds., New York, USA: Elsevier, 2016, hal. 51–62.
- [19] S. Kumar, "Drug and Vaccine Design against Novel Coronavirus (2019-nCoV) Spike Protein through Computational Approach," *Preprints*, hal. 1–16, Feb. 2020.
- [20] J. Kyte dan R.F. Doolittle, "A Simple Method for Displaying the Hydrophobic Character of a Protein," *J. Mol. Biol.*, Vol. 157, No. 1, hal. 105–132, 1982.
- [21] I.A. Doytchinova dan D.R. Flower, "Identifying Candidate Subunit Vaccines Using an Alignment-Independent Method Based on Principal Amino Acid Properties," *Vaccine*, Vol. 25, No. 5, hal. 856–866, 2007.
- [22] A.P. King dan R.J. Eckersley, "Descriptive Statistics II: Bivariate and Multivariate Statistics," dalam *Statistics for Biomedical Engineers and Scientists*, Cambridge, USA: Academic Press, hal. 23–56, 2019..
- [23] H.M. Berman, J. Westbrook, Z. Feng, G. Gilliland, dkk., "The Protein Data Bank," *Acta Crystallogr. Sect. D Biol. Crystallogr.*, Vol. 58, No. 6I, hal. 899–907, 2002.
- [24] D. Wrapp, N. Wang, K. Corbett, J.A. Goldsmith, C. Hsieh, O. Abiona, B. S. Graham, dan J.S. Mcellan, "Cryo-EM Structure of the 2019-nCoV Spike in the Prefusion Conformation," *Science*, Vol. 367, No. 6483, hal. 1260–1263, Mar. 2020.

HASIL CEK_ Faisal Fajri Rahani

ORIGINALITY REPORT



PRIMARY SOURCES

1	doaj.org Internet Source	5%
2	Yuan Tan, Faqin Tang. "SARS - CoV - 2 - mediated immune system activation and potential application in immunotherapy", <i>Medicinal Research Reviews</i> , 2020 Publication	3%
3	www.semanticscholar.org Internet Source	2%
4	etheses.uin-malang.ac.id Internet Source	2%
5	Garuda.Kemdikbud.Go.Id Internet Source	1 %
6	Submitted to Universitas Ibn Khaldun Student Paper	1 %
7	Submitted to Universitas Kristen Duta Wacana Student Paper	<1 %
8	scholar.archive.org Internet Source	<1 %

- 9 Edem Gavor, Yeu Khai Choong, Shi Yin Er, Hariharan Sivaraman, J. Sivaraman. "Structural Basis of SARS-CoV-2 and SARS-CoV Antibody Interactions", Trends in Immunology, 2020
Publication
-
- 10 www.coursehero.com <1 %
Internet Source
-
- 11 Submitted to Sriwijaya University <1 %
Student Paper
-
- 12 docplayer.info <1 %
Internet Source
-
- 13 jurnal.iainkediri.ac.id <1 %
Internet Source
-
- 14 www.qureta.com <1 %
Internet Source
-
- 15 www.researchsquare.com <1 %
Internet Source
-
- 16 123dok.com <1 %
Internet Source
-
- 17 repository.usu.ac.id <1 %
Internet Source
-
- 18 www.antaranews.com <1 %
Internet Source
-

Exclude quotes On

Exclude bibliography On

Exclude matches Off