

**PEPTIDA GLIKOPROTEIN SEBAGAI BAHAN KONTRUKSI
DESAIN VAKSIN RABIES: STUDI *IN SILICO***

SKRIPSI

**Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh Gelar
Sarjana Farmasi**



**BRILYAN ZULFIKAR AR RABBANI
31120233**

**PROGRAM STUDI S1 FARMASI
FAKULTAS FARMASI
UNIVERSITAS BAKTI TUNAS HUSADA
TASIKMALAYA
JULI 2024**

ABSTRAK

PEPTIDA GLIKOPROTEIN SEBAGAI BAHAN KONTRUKSI DESAIN VAKSIN RABIES: STUDI *IN SILICO*

Brilyan Zulfikar Ar Rabbani

Program S1 Farmasi, Universitas Bhakti Tunas Husada Tasikmalaya

Abstrak

Vaksin rabies modern yang berbasis pada protein subunit atau mRNA menghadapi tantangan besar dalam produksi glikoprotein RABV (Virus Rabies) yang stabil dalam bentuk trimerik. Glikoprotein RABV-G, yang merupakan satu-satunya protein permukaan virus, berperan penting dalam memicu respons imun bawaan dan dianggap sebagai target utama antibodi penetral. Studi ini menggunakan pendekatan imunoinformatika untuk merancang vaksin peptida berdasarkan RABV-G. Pendekatan ini mencakup analisis filogenetik, prediksi antigenisitas, dan epitop sel T dan sel B, yang dilakukan menggunakan berbagai alat bioinformatika seperti MEGA XI, IEDB, dan HDOCK. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui interaksi desain vaksin dengan sistem imun TLR3, MHC-I, dan MHC-II, apakah akan menghasilkan interaksi *in silico* yang stabil serta mempelajari cara merancang dan mensimulasikan desain vaksin dari peptida berbentuk glikoprotein sebagai salah satu virus rabies. Hasil perancangan dan simulasi desain vaksin dari glikoprotein pada virus rabies dalam bentuk sequence yang divisualisasikan dalam struktur 3D pada tr-Rosetta kemudian divalidasi dengan hasil struktur yang baik yaitu 93,567% pada ERRAT2. Kesimpulannya, hasil interaksi antara ligan protein berupa desain vaksin dari reseptor glikoprotein virus rabies dengan sistem imun TLR3, MHC-I, dan MHC-II menghasilkan interaksi *in silico* yang stabil.

Kata Kunci: Virus Rabies, Glikoprotein, Desain Vaksin, Imunoinformatika

Abstract

Modern rabies vaccines based on subunit proteins or mRNA face significant challenges in producing stable trimeric forms of the rabies virus (RABV) glycoprotein. The RABV-G glycoprotein, which is the sole surface protein of the virus, plays a crucial role in triggering the innate immune response and is considered the primary target of neutralizing antibodies. This study employs an immunoinformatics approach to design a peptide vaccine based on RABV-G. This approach includes phylogenetic analysis, antigenicity prediction, and T and B cell epitope prediction, conducted using various bioinformatics tools such as MEGA XI, IEDB, and HDOCK. The research aims to determine the interaction of the vaccine design with the immune system components TLR3, MHC-I, and MHC-II, to see if it will result in stable *in silico* interactions, as well as to study the design and simulation of the vaccine based on glycoprotein peptides as one of the candidates for rabies virus vaccines. The design and simulation results of the rabies virus glycoprotein-based vaccine were visualized in a 3D structure using tr-Rosetta and then validated with an excellent structure result of 93.567% on ERRAT2. In conclusion, the interaction between the protein ligand in the form of the rabies virus

glycoprotein vaccine design and the immune system components TLR3, MHC-I, and MHC-II resulted in stable in silico interactions.

Keyword: Rabies Virus, Glycoprotein, Vaccine Design, Immunoinformatics.