

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan analisis *in-silico* dan literatur terkait, berikut adalah kesimpulan utama yang dapat diambil mengenai penyebab Ebola Reston tidak fatal pada manusia :

1. Analisis Perbedaan Sekuen dan Struktur Protein

Hasil alignment dan analisis struktur menunjukkan perbedaan signifikan pada protein utama Ebola Zaire dan Reston yang dapat memengaruhi infeksiivitas dan replikasi virus. Pada GP, perbedaan I281K dan T283E menurunkan afinitas pengikatan dengan DC-SIGN, sementara F248P dan T284P memengaruhi stabilitas loop pengikatan. Pada Protein L, perbedaan A72T dan G90D berpotensi mengganggu stabilitas kompleks replikasi. Sedangkan pada VP35, perbedaan W185K dan R214D dapat melemahkan interaksi hidrofobik serta elektrostatis yang penting dalam inhibisi respons imun. Secara keseluruhan, perubahan ini dapat berkontribusi pada rendahnya patogenesis Ebola Reston dibandingkan Ebola Zaire.

2. Identifikasi Perbedaan Molekuler dalam Interaksi Virus-Reseptor

Analisis molecular docking menunjukkan bahwa GP Ebola Zaire memiliki afinitas pengikatan lebih tinggi terhadap DC-SIGN dibandingkan GP Ebola Reston (-290.94 kcal/mol vs. -181.17 kcal/mol), menandakan interaksi yang lebih stabil dalam infeksi sel manusia. Sebaliknya, GP Ebola Reston memiliki afinitas lebih kuat terhadap FACT-SSRP1 (-131.30 kcal/mol vs. -130.21 kcal/mol), yang lebih relevan untuk inang non-manusia. Meskipun studi *in-silico* terkait interaksi GP Ebola Zaire dengan reseptor kera belum tersedia, *docking score* yang mirip antara GP Zaire dan GP Reston terhadap FACT-SSRP1 menunjukkan potensi bahwa Ebola Zaire juga dapat bersifat fatal pada primata non-manusia.

3. Analisis Stabilitas Protein dan Prediksi Patogenisitas serta Virulensi

Hasil simulasi dinamika molekuler menunjukkan bahwa Ebola Zaire memiliki stabilitas protein yang lebih tinggi dibandingkan Ebola Reston, yang dapat berkontribusi pada perbedaan tingkat patogenisitas dan virulensi. Protein L Ebola Zaire menunjukkan perubahan konformasi yang lebih kecil dengan RMSD yang lebih stabil (2.3–2.5 Å) dibandingkan Ebola Reston (2.7–2.9 Å), sementara analisis RMSF mengindikasikan fluktuasi residu yang lebih tinggi pada Ebola Reston. Hal serupa terjadi pada protein VP35, di mana VP35 Zaire lebih stabil (RMSD ~1.75 Å) dibandingkan VP35 Reston (~4.5 Å), dengan fluktuasi residu yang lebih terkendali. Perbedaan ini menunjukkan bahwa Ebola Zaire memiliki struktur yang lebih rigid, yang mungkin meningkatkan interaksi dengan faktor inang dan berkontribusi pada virulensi yang lebih tinggi dibandingkan Ebola Reston.

5.2 Saran

Berdasarkan hasil analisis ini, diperlukan penelitian lanjutan untuk mengonfirmasi dan memperluas temuan terkait perbedaan patogenisitas Ebola Zaire dan Ebola Reston. Studi eksperimental in-vitro dan in-vivo perlu dilakukan untuk memvalidasi pengaruh mutasi protein GP, L, dan VP35 terhadap infektivitas, replikasi, serta respons imun inang. Selain itu, simulasi dinamika molekuler dengan durasi lebih panjang dan pendekatan machine learning dapat digunakan untuk meningkatkan akurasi prediksi interaksi virus-reseptor dan stabilitas protein. Penelitian lebih lanjut juga dapat berfokus pada analisis fungsi domain spesifik dalam protein terkait, guna memahami lebih dalam mekanisme molekuler yang membedakan virulensi kedua strain. Studi ini diharapkan dapat menjadi dasar untuk pengembangan strategi penelitian dan pencegahan terhadap infeksi virus Ebola.