

**DESAIN VAKSIN VIRUS MARBURG (MARV)  
MENGUNAKAN PROTEIN VP35 DENGAN PENDEKATAN  
IMMUNOINFORMATIKA**

**SKRIPSI**

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



**ILHAM NURFADILAH ASOPARI**

**31120183**

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

## **ABSTRAK**

### **DESAIN RANCANGAN VAKSIN VIRUS MARBURG (MARV) MENGUNAKAN PROTEIN VP35 DENGAN PENDEKATAN IMMUNOINFORMATIKA**

**Ilham Nurfadilah Asopari**

S1 Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada Tasikmalaya

## **ABSTRAK**

Virus Marburg (MARV) merupakan salah satu virus zoonosis yang termasuk dalam keluarga Filoviridae, dengan tingkat kematian hingga 88%. Peningkatan populasi global yang sangat tinggi menjadi ancaman serius dari paparan berbagai penyakit akibat perubahan iklim dan ekologi. Kemunculan dan peningkatan virus telah menjadi ancaman bagi kelangsungan hidup manusia. Dengan ini diperlukan penerapan preventif untuk upaya pencegahan dari paparan penyakit. Upaya penting yang harus dilakukan adalah dengan menggunakan vaksin sebagai pencegahan terbaik. Pengembangan vaksin yang dilakukan adalah vaksin berbasis peptida. Penelitian dilakukan dengan tujuan untuk mengetahui interaksi dari desain vaksin berbasis epitop dari protein VP35 dengan sistem imun TLR3, MHC-I dan MHC-II, apakah akan menghasilkan interaksi yang stabil dengan beberapa parameter serta mempelajari cara perancangan dan mensimulasikan desain vaksin dari peptida VP35 sebagai salah satu kandidat dari desain vaksin virus Marburg. Penelitian ini menggunakan metode bioinformatika dengan pendekatan immunoinformatika. Hasil desain vaksin menggunakan protein peptida VP35 pada Virus Marburg (MARV) dengan protein resptor berupa sistem imun TLR3, MHC-I (HLA-A 11\*01) dan MHC-II (HLA- DR1) dihasilkan memiliki interaksi yang stabil secara in silico.

**Kata Kunci :** Virus Marburg, Immunoinformatika, VP35, Desain Vaksin

## **ABSTRACT**

### **DESIGN OF MARBURG VIRUS (MARV) VACCINE DESIGN USING VP35 PROTEIN WITH IMMUNOINFORMATICS**

**Ilham Nurfadilah Asopari**

S1 Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada Tasikmalaya

## **ABSTRAK**

*Marburg virus (MARV) is a zoonotic virus that belongs to the Filoviridae family, with a mortality rate of up to 88%. The extremely high global population increase poses a serious threat of exposure to various diseases due to climate and ecological changes. The emergence and increase of the virus has become a threat to human survival. This calls for preventive measures to prevent exposure to diseases. An important effort that must be made is to use vaccines as the best prevention. The vaccine development carried out is a peptide-based vaccine. The research was conducted with the aim of knowing the interaction of epitope-based vaccine designs from the VP35 protein with the TLR3, MHC-I and MHC-II immune systems, whether it will produce stable interactions with several parameters and learn how to design and simulate vaccine designs from the VP35 peptide as one of the candidates for the Marburg virus vaccine design. This research uses bioinformatics method with immunoinformatics approach. The results of vaccine design using the VP35 peptide protein in Marburg Virus (MARV) with receptor proteins in the form of the immune system TLR3, MHC-I (HLA-A 11\*01) and MHC-II (HLA-DR1) produced stable interactions in silico.*

**Key Word** : Marburg virus, Immunoinformatics, VP35, Vaccine Design