

**DESAIN *MULTI-EPITOP PEPTIDE VACCINE*
TERHADAP *DENGUE VIRUS* SEROTIPE 2
MELALUI PENDEKATAN KOMPUTASIONAL**

SKRIPSI



Meina Hernawati

10016122173

**PROGRAM STUDI S1 FARMASI
FAKULTAS FARMASI
UNIVERSITAS BAKTI TUNAS HUSADA
TASIKMALAYA
AGUSTUS 2026**

**DESAIN *MULTI-EPITOP PEPTIDE VACCINE*
TERHADAP DENGUE VIRUS SEROTIPE 2
MELALUI PENDEKATAN KOMPUTASIONAL**

SKRIPSI

Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh Gelar Sarjana Farmasi



Meina Hernawati

10016122173

**PROGRAM STUDI S1 FARMASI
FAKULTAS FARMASI
UNIVERSITAS BAKTI TUNAS HUSADA
TASIKMALAYA
AGUSTUS 2026**

ABSTRAK

Desain Multi-Epitop Peptide Vaccine terhadap Dengue Virus Serotipe 2 melalui Pendekatan Komputasional

Meina Hernawati

Program Studi S1 Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada

Abstrak

Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan penyakit infeksi yang disebabkan oleh virus dengue dan masih menjadi masalah kesehatan global, termasuk di Indonesia. DENV-2 diketahui memiliki virulensi yang relatif tinggi sehingga diperlukan pengembangan kandidat vaksin yang efektif. Penelitian ini bertujuan merancang vaksin multi-epitop terhadap DENV-2 menggunakan pendekatan imunoinformatika dan *reverse vaccinology*. Penelitian dilakukan secara *in silico* melalui identifikasi protein, prediksi epitop, analisis cakupan populasi, perancangan vaksin, pemodelan struktur, validasi struktur, *molecular docking*, simulasi dinamika molekuler, dan evaluasi respons imun. Protein P30026 dipilih sebagai kandidat utama dengan nilai antigenisitas 0,6222. Prediksi epitop menghasilkan 6 epitop MHC-I, 4 MHC-II, dan 3 epitop B-cell yang bersifat antigenik, tidak toksik, dan tidak alergik. Konstruksi vaksin menunjukkan kualitas struktur yang baik dengan nilai ERRAT 96,356% dan 92,8% residu berada pada wilayah paling disukai berdasarkan analisis Ramachandran. Hasil *molecular docking* menunjukkan interaksi yang baik dengan TLR4, HLA-A11*01, dan HLA-DR1. Simulasi imun juga menunjukkan peningkatan respons imun humoral dan seluler. Berdasarkan hasil tersebut, vaksin multi-epitop DENV-2 berpotensi dikembangkan lebih lanjut melalui penelitian *in vitro* dan *in vivo*.

Kata kunci: DENV-2, vaksin multi-epitop, imunoinformatika, *reverse vaccinology*.

Abstract

Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) is an infectious disease caused by dengue virus and remains a global health problem, including in Indonesia. DENV-2 is considered relatively virulent, highlighting the need for an effective vaccine candidate. This study aimed to design a multi-epitope vaccine against DENV-2 using immunoinformatics and *reverse vaccinology* approaches. The study was conducted *in silico* through protein identification, epitope prediction, population coverage analysis, vaccine design, structural modeling and validation, molecular docking, molecular dynamics simulation, and immune response evaluation. Protein P30026 was selected as the main candidate with an antigenicity score of 0.6222. Epitope prediction identified 6 MHC-I, 4 MHC-II, and 3 B-cell epitopes that were antigenic, non-toxic, and non-allergenic. The vaccine construct showed good structural quality, with an ERRAT score of 96.356% and 92.8% of residues in the most-favoured regions of the Ramachandran plot. Molecular docking indicated favorable

interactions with TLR4, HLA-A11*01, and HLA-DR1. Immune simulation also showed enhanced humoral and cellular responses. These findings suggest that the DENV-2 multi-epitope vaccine is a promising candidate for further *in vitro* and *in vivo* studies.

Keywords: DENV-2, multi-epitope vaccine, immunoinformatics, *reverse vaccinology*.