

**DESAIN KOMPUTASIONAL VAKSIN *MULTI-EPITOP*
TERHADAP PROTEIN E6 HPV-16 SEBAGAI KANDIDAT
VAKSIN PENCEGAH KANKER SERVIKS**

SKRIPSI



GHINA AGHNIA MUSLAMAH S

100161221780

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

**DESAIN KOMPUTASIONAL VAKSIN *MULTI-EPITOP*
TERHADAP PROTEIN E6 HPV-16 SEBAGAI KANDIDAT
VAKSIN PENCEGAH KANKER SERVIKS**

SKRIPSI

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



GHINA AGHNIA MUSLAMAH S

10016122180

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

ABSTRAK

Desain Komputasional Vaksin *Multi-Epitop* Terhadap Protein E6 HPV-16 sebagai Kandidat Vaksin Pencegah Kanker Serviks

Ghina Aghnia Muslimah S

Program Studi S1 Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada Tasikmalaya

Abstrak

Kanker serviks merupakan salah satu masalah kesehatan yang masih menjadi perhatian utama di dunia. Sebagian besar kasus kanker serviks disebabkan oleh infeksi Human Papillomavirus tipe 16 (HPV-16), terutama melalui aktivitas onkogenik protein E6. Penelitian ini bertujuan untuk merancang kandidat vaksin multi-epitop terhadap protein E6 HPV-16 menggunakan pendekatan imunoinformatika berbasis komputasi. Hasil analisis awal menunjukkan bahwa protein E6 memiliki potensi imunogenik yang tinggi, tidak bersifat alergenik, dan tidak menimbulkan efek toksik. Tahap prediksi epitop berhasil mengidentifikasi beberapa epitop sel T (MHC kelas I dan MHC kelas II) serta epitop sel B yang berpotensi memicu respons imun. Epitop-epitop tersebut juga menunjukkan kemampuan ikatan yang kuat terhadap berbagai jenis Human Leukocyte Antigen (HLA). Analisis cakupan populasi menunjukkan bahwa kandidat vaksin yang dikembangkan berpotensi memberikan perlindungan imunologis pada 42,96% populasi Indonesia. Selain itu, evaluasi struktur tiga dimensi protein vaksin memperlihatkan kualitas model yang baik serta karakteristik stereokimia yang memadai, sehingga mengindikasikan stabilitas struktur vaksin yang tinggi. Secara keseluruhan, kandidat vaksin multi-epitop yang dirancang dalam penelitian ini menunjukkan potensi yang menjanjikan untuk dikembangkan lebih lanjut sebagai strategi pencegahan dan terapi kanker serviks.

Kata kunci: HPV-16; protein E6; vaksin multi-epitop; imunoinformatika; kanker serviks.

Abstract

Despite being a significant global health concern, cervical cancer is largely caused by the human papillomavirus type 16 (HPV-16), specifically due to the cancer-promoting effects of its E6 protein. This investigation set out to design a promising multi-epitope vaccine candidate against the HPV-16 E6 protein through a computational immunoinformatics strategy. Early assessments verified that the E6 protein is highly capable of eliciting an immune response, is unlikely to cause allergies, and poses no toxicity. Following this, the epitope prediction stage successfully pinpointed potential T-cell (MHC-I and MHC-II) and B-cell epitopes. These identified epitopes showed robust binding capabilities to a variety of human leukocyte antigen (HLA) types. A subsequent evaluation of population coverage estimated that the vaccine candidate could provide immunological protection to 42.96% of the Indonesian population. Furthermore, assessments of the vaccine protein's three-dimensional structure confirmed its high quality and sound stereochemical properties, indicating its stability. In conclusion, the developed vaccine candidate shows considerable promise for future research and application as an effective method for both preventing and treating cervical cancer.

Keywords: HPV-16; E6 Protein; Multi-Epitope Vaccine; Immunoinformatics; Cervical Cancer.