

Penemuan senyawa bahan alam sebagai kandidat inhibitor virus dengue NS5 methyltransferase secara insilico = Discovery of natural product compounds as dengue virus NS5 methyltransferase inhibitor candidate through insilico method

Anjas Randy Bagastama, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20485906&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Virus dengue merupakan masalah kesehatan yang dihadapi oleh dunia, terutama negara-negara tropis dan subtropics seperti Asia, Afrika dan Amerika. Berdasarkan data yang dikumpulkan oleh WHO terdapat sekitar 50-100 juta kasus infeksi dengue diseluruh dunia setiap tahunnya, akan tetapi belum terdapat vaksin maupun antivirus yang mampu mencegah dan mengobati penyakit ini. Penelitian ini dilakukan untuk memanfaatkan bahan alam untuk menginhibisi aktivitas enzimatis dari sisi aktif NS5 Methyltransferase yang berperan dalam mensintesis cap-RNA virus dengue. Senyawa inhibitor yang digunakan adalah senyawa bahan alam yang diunduh dari pangkalan data UNPD sebanyak 229.000. Metode insilico yang digunakan adalah metode penampisan (virtual screening) yang dikemudian dilakukan penambatan molekul (molecular docking) terhadap inhibitor pada sisi aktif protein target. Didapatkan sebanyak 3 senyawa inhibitor terbaik yang telah melalui tahap uji farmakologi untuk dapat dijadikan sebagai kandidat obat.

ABSTRACT

Dengue virus is a health problem faced by the world, especially tropical countries and subtropics such as Asia, Africa and America. Based on data collected by WHO there are around 50-100 million cases of dengue infection throughout the world each year, but there are no vaccines or antiviral agents that are able to prevent and treat this disease. This study was conducted to utilize natural materials to feed enzymatic activity from the active side of NS5 Methyltransferase which plays a role in synthesizing dengue virus RNA. The inhibitor compounds used were natural material compounds downloaded from UNPD database totaling 229,000. The insilico method used is a method of screening (virtual screening) which is carried out by molecular tethering (molecular docking) to the inhibitor on the active side of the target protein. The best 3 inhibitor compounds were obtained which had gone through the pharmacological test stage to be used as drug candidates.