

**PENAMBATAN SENYAWA ANTIVIRUS PADA RESEPTOR *NON*
STRUCTURAL PROTEIN 10 SEBAGAI AGEN TERAPETIK COVID-19**

SKRIPSI

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

RISNA ROSMIYATI

31117187



**PROGRAM STUDI S1 FARMASI
SEKOLAH TINGGI ILMU KESEHATAN
BAKTI TUNAS HUSADA TASIKMALAYA
TAHUN 2021**

ABSTRAK

COVID-19 merupakan suatu penyakit yang menyerang sistem pernafasan manusia, hingga saat ini belum ada obat yang secara spesifik direkomendasikan untuk mengobati COVID-19, namun orang yang terinfeksi harus tetap mendapatkan perawatan yang sesuai untuk mengatasi gejala COVID-19. Nsp10 memainkan peran penting dalam transkripsi virus. Penelitian ini bertujuan untuk melihat nilai *binding affinity*, ikatan hidrogen, dan residu asam amino antara senyawa antivirus dengan reseptor Nsp 10. Metode yang digunakan pada penelitian ini yakni metode *molecular docking* menggunakan program *AutodockTools* 1.5.6, dan visualisasi hasil *docking* menggunakan *Discovery Studio Visualizer*. Senyawa antivirus yang digunakan favipavir, remdesivir, klorokuin, oseltamivir, hidroksiklorokuin, ribavirin, umifenovir, lopinavir dan ritonavir. Reseptor yang digunakan pada penelitian ini reseptor 7L6T. Dari analisis hasil *docking*, menunjukkan bahwa senyawa umifenovir mempunyai *binding affinity* yang paling rendah dibandingkan senyawa antivirus yang lainnya terhadap reseptor 7L6T sebesar -6.43 kcal/mol, dapat diprediksi memiliki interaksi yang lebih stabil. Sehingga senyawa umifenovir dapat dijadikan sebagai kandidat pengobatan COVID-19.

Kata kunci: COVID-19, Nsp 10, senyawa antivirus, *molecular docking*

ABSTRACT

COVID-19 is a disease that attacks the human respiratory system, until now there is no medicine specifically recommended to treat COVID-19, but infected people should still get appropriate treatment to overcome the symptoms of COVID-19. Nsp10 plays an important role in viral transcription. The study aimed to look at the binding value of affinity, hydrogen bonds, and amino acid residues between antiviral compounds and Nsp 10 receptors. The methods used in this study are the molecular docking method using AutodockTools 1.5.6 program, and visualization of docking results using Discovery Studio Visualizer. Antiviral compounds used favipavir, remdesivir, chloroquine, oseltamivir, hydroxychloroquine, ribavirin, umifenovir, lopinavir and ritonavir. The receptors used in this study were 7L6T receptors. The analysis of docking results showed that umifenovir compounds have the lowest binding affinity compared to other antiviral compounds against 7L6T receptors of -6.43 kcal/mol, predictable to have more stable interactions. So that the umifenovir compound can be used as a candidate for COVID-19 treatment.

Keywords: COVID-19, Nsp 10, antiviral compounds, *molecular docking*