

**IDENTIFIKASI VARIASI DAN EKSPRESI GEN PADA
PENDERITA ALERGI SERTA POTENSI *DRUG*
REPURPOSING MELALUI PENDEKATAN
BIOINFORMATIKA**

SKRIPSI



NAILA ISMATUN HASANAH

10016122037

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

**IDENTIFIKASI VARIASI DAN EKSPRESI GEN PADA
PENDERITA ALERGI SERTA POTENSI *DRUG*
REPURPOSING MELALUI PENDEKATAN
BIOINFORMATIKA**

SKRIPSI

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



**NAILA ISMATUN HASANAH
10016122037**

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

ABSTRAK

Identifikasi Variasi dan Ekspresi Gen pada Penderita Alergi serta Potensi *Drug Repurposing* melalui Pendekatan Bioinformatika

Naila Ismatun Hasanah

S1 Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada

Abstrak

Alergi merupakan reaksi imun berlebihan terhadap alergen yang dipengaruhi oleh interaksi antara faktor genetik dan lingkungan. Pendekatan bioinformatika dalam identifikasi variasi dan ekspresi gen terkait alergi penting untuk memahami mekanisme molekular penyakit serta mendukung pengembangan terapi melalui strategi *drug repurposing*. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi variasi genetik dan profil ekspresi gen terkait alergi serta mengeksplorasi kandidat terapi potensial. Penelitian dilakukan menggunakan *GWAS Catalog*, *HaploReg v4.2*, *SNPnexus*, *GTEx Portal*, dan *Ensembl Genome Browser*, *WebGestalt* dan *DGIdb*. Hasil penelitian mengidentifikasi 30 SNP varian *missense*, dengan 18 SNP berisiko tinggi terhadap alergi. SNP rs1805009 (MC1R), rs183884396 (TESPA1), dan rs59039403 (NLRP10) menunjukkan skor prediksi tertinggi. Analisis lebih lanjut mengidentifikasi IL6R sebagai target terapi potensial melalui pendekatan *drug repurposing*, dengan kandidat obat seperti sarilumab, satralizumab, tocilizumab, dan bazedoxifene. Temuan ini berpotensi mendukung pengembangan terapi alergi yang lebih personal.

Kata Kunci: Alergi; Bioinformatika; *Drug Repurposing*; *Single-Nucleotide Polymorphism* (SNP); IL6R.

Abstract

Allergy is an excessive immune response to allergens influenced by interactions between genetic and environmental factors. Bioinformatics approaches in identifying allergy-related genetic variations and gene expression are important for understanding the molecular mechanisms of the disease and supporting therapy development through drug repurposing strategies. This study aimed to identify genetic variations and gene expression profiles associated with allergy and to explore potential therapeutic candidates. The study was conducted using GWAS Catalog, HaploReg v4.2, SNPnexus, GTEx Portal, Ensembl Genome Browser, WebGestalt, and DGIdb. The results identified 30 missense SNP variants, with 18 SNPs showing a high risk of allergy. SNP rs1805009 (MC1R), rs183884396 (TESPA1), and rs59039403 (NLRP10) showed the highest prediction scores. Further analysis identified IL6R as a potential therapeutic target through a drug repurposing approach, with candidate drugs including sarilumab, satralizumab, tocilizumab, and bazedoxifene. These findings support the development of more personalized allergy therapies.

Keywords: Allergy; Bioinformatics; *Drug Repurposing*; *Single-Nucleotide Polymorphism* (SNP); IL6R.