

**ANALISIS BIOINFORMATIKA TERHADAP VARIASI
GENOMIK UNTUK PENEMUAN ULANG OBAT (*DRUG
REPURPOSING*) PADA PENYAKIT GANGGUAN
KECEMASAN**

SKRIPSI

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



**FAUZAN SEBASTIAN RAMADHAN
10016122003**

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

ABSTRAK

Analisis Bioinformatika Terhadap Variasi Genomik Untuk Penemuan Ulang Obat (*Drug Repurposing*) Pada Penyakit Gangguan Kecemasan

Fauzan Sebastian Ramadhan

Program Studi Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi gen yang berperan dalam gangguan kecemasan serta mengevaluasi potensinya sebagai target terapi melalui pendekatan *drug repurposing* berbasis bioinformatika. Analisis dilakukan secara *in silico* menggunakan beberapa platform, yaitu Enrichr untuk analisis *Gene Ontology* (biological process, cellular component, dan molecular function), DisGeNET untuk mengevaluasi asosiasi gen dengan penyakit, serta WebGestalt untuk analisis *Human Phenotype Ontology*, *miRNA target*, dan *transcription factor target*. Selanjutnya dilakukan penilaian (*scoring*) berdasarkan sepuluh parameter, di mana gen dengan skor ≥ 6 dipilih sebagai kandidat potensial. Tahap akhir dilakukan menggunakan DGIdb untuk mengidentifikasi interaksi antara gen dan obat. Hasil analisis menunjukkan bahwa mekanisme utama yang terlibat dalam gangguan kecemasan adalah neuroinflammation, regulasi sitokin, dan jalur respons stres seperti NF- κ B dan MAPK signaling. Gen SLC39A8 dan NOD2 teridentifikasi sebagai kandidat utama dengan skor tertinggi. Analisis *drug repurposing* menunjukkan bahwa gen NOD2 memiliki interaksi dengan beberapa senyawa imunomodulator, meskipun sebagian besar masih dalam tahap penelitian. Dengan demikian, penelitian ini menunjukkan bahwa pendekatan bioinformatika dapat digunakan untuk mengidentifikasi target terapi potensial serta membuka peluang pengembangan obat baru untuk gangguan kecemasan melalui strategi *drug repurposing*.

Kata Kunci: gangguan kecemasan, bioinformatika, penggunaan kembali obat, DGIdb, SLC39A8, NOD2

ABSTRACT

This study aimed to identify genes involved in anxiety disorders and evaluate their potential as therapeutic targets through a bioinformatics-based drug repurposing approach. The analysis was conducted in silico using several platforms, including Enrichr for Gene Ontology analysis (biological process, cellular component, and molecular function), DisGeNET for gene-disease association, and WebGestalt for Human Phenotype Ontology, miRNA target, and transcription factor target analysis. A scoring system based on ten parameters was applied, and genes with scores ≥ 6 were selected as potential candidates. Finally, DGIdb was used to identify gene-drug interactions. The results indicated that the main mechanisms underlying anxiety disorders involve neuroinflammation, cytokine regulation, and stress-related pathways such as NF- κ B and MAPK signaling. SLC39A8 and NOD2 were identified as the most promising candidate genes. Drug repurposing analysis revealed that NOD2 interacts with several immunomodulatory compounds, although most are still in the experimental stage. These findings suggest that bioinformatics approaches are effective in identifying potential therapeutic targets and highlight the role of immune-related pathways in anxiety disorders.

Keywords: anxiety disorder, bioinformatics, drug repurposing, SLC39A8, NOD2