

**ANALISIS *NETWORK PHARMACOLOGY* DAN VALIDASI *IN SILICO* SENYAWA DAUN TAPAK DARA (*CATHARANTHUS ROSEUS* L.) TERHADAP TARGET MOLEKULER PENYAKIT
PARKINSON**

SKRIPSI



Salsabila Putri Awalia Rahmat

10016122119

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

ANALISIS *NETWORK PHARMACOLOGY* DAN VALIDASI *IN SILICO* SENYAWA DAUN TAPAK DARA (*CATHARANTHUS ROSEUS* L.) TERHADAP TARGET MOLEKULER PENYAKIT PARKINSON

SKRIPSI

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



**Salsabila Putri Awalia Rahmat
10016122119**

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

ABSTRAK

Analisis *Network Pharmacology* dan Validasi *In Silico* Senyawa Daun Tapak Dara (*Catharanthus roseus* L.) Terhadap Target Molekuler Penyakit Parkinson.

Salsabila Putri Awalia Rahmat

Program Studi S1 Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada

Abstrak

Parkinson merupakan penyakit neurodegeneratif progresif yang belum memiliki terapi kuratif. Penelitian ini bertujuan menganalisis potensi senyawa aktif daun *Catharanthus roseus* terhadap target molekuler Parkinson. Metode yang digunakan meliputi *network pharmacology*, SwissADME, prediksi target protein, analisis PPI, GO-KEGG, *molecular docking*, dan *molecular dynamic*. Hasil menunjukkan 10 gen irisan, dengan MAOB sebagai hub gene utama. 4-21-dehydrogeissoschizine memiliki afinitas pengikatan terbaik ($-11,60$ kcal/mol), sedangkan vallesiachotamine paling stabil pada simulasi MD. Senyawa aktif *Catharanthus roseus* berpotensi dikembangkan sebagai inhibitor MAOB.

Kata kunci: *Catharanthus roseus*, *network pharmacology*, MAOB, *molecular docking*, penyakit Parkinson

Abstract

Parkinson's disease is a progressive neurodegenerative disorder for which there is currently no curative treatment. This study aims to analyze the potential of active compounds from Catharanthus roseus leaves against molecular targets of Parkinson's disease. The methods used include network pharmacology, SwissADME, protein target prediction, PPI analysis, GO-KEGG, molecular docking, and molecular dynamics. The results identified 10 overlapping genes, with MAOB as the primary hub gene. 4-21-dehydrogeissoschizine exhibited the highest binding affinity (-11.60 kcal/mol), while vallesiachotamine was the most stable in MD simulations. The active compounds from Catharanthus roseus have the potential to be developed as MAOB inhibitors.

Keywords: *Catharanthus roseus*, *network pharmacology*, MAOB, *molecular docking*, Parkinson's disease