



Studi In-Silico Senyawa Bioaktif Umbi Bawang Dayak (*Eleutherine palmifolia* (L) Merr.) Pada Reseptor Main Protease COVID-19 (6LU7) Sebagai Kandidat Obat Antivirus SARS-CoV-2

*In-Silico Study Of Bioactive Compounds In Bawang Dayak (*Eleutherine palmifolia* (L) Merr.) Bulbs On The Main Protease Receptor Of COVID-19 (6LU7) As A Candidate For SARS-CoV-2 Antivirus Drug*

Ulfa Dwi Septiana¹, Septiningtyas Eka Wulandari², Nabila Kamalia³, Tiara anjelina hezni⁴, Mohammad Rofik Usman⁵, Lindawati Setyaningrum^{6*}

¹⁻⁶Program Studi Sarjana Farmasi, Fakultas Ilmu Kesehatan, Universitas dr. Soebandi, Jember

*Korespondensi Penulis : linda.w.setyaningrum@uds.ac.id

Received: 27 Januari 2026

Accepted: 27 Januari 2026

Published: 31 Desember 2025

Abstrak

Latar Belakang: Penyakit virus COVID-19 adalah sebuah nama baru yang diberikan oleh Wolrd Health Organization (WHO) bagi pasien dengan infeksi virus novel COVID-19 yang pertama kali dilaporkan dari kota Wuhan, Cina pada akhir 2019. Pandemi COVID-19 masih menjadi permasalahan utama dalam dunia kesehatan. Salah satu regimen antivirus yang banyak digunakan sebagai tatalaksana pasien Covid-19 derajat sedang sampai berat yaitu favipiravir. Banyak studi yang membahas mengenai alternatif terapi antivirus pada pasien COVID-19 dari senyawa aktif yang terkandung pada tanaman. Salah satu tanaman obat yang memiliki efek antivirus CoV-2 yaitu bawang dayak (*Eleutherine Palmifolia* (L.) Merr). Dengan mengkonsumsi tanaman herbal dapat meningkatkan kekebalan tubuh sebagai kunci utama dalam mencegah virus Sars-Cov2

Tujuan: Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui pengaruh penambatan senyawa aktif umbi bawang dayak terhadap pertumbuhan virus corona pada reseptor main protease covid 19 (6LU7).

Metode: Jenis penelitian ini menggunakan metode penelitian penambatan molekul (molecular docking) yang terdiri dari tahapan validasi docking, proses docking dan dilanjutkan dengan visualisasi docking menggunakan Discovery Studio Visualizer dan PyRx yang dikombinasi Autodocktool

Hasil: Hasil simulasi penambatan molekul menunjukkan bahwa senyawa Lysine sulfate memiliki nilai binding affinity terendah dari Favipiravir yaitu sebesar -4,75 kcal/mol dengan nilai Ki sebesar 96,41 μ M dan memiliki interaksi yang sama dengan ligan kontrol positif pada ikatan hidrofobik MET A:165

Kesimpulan: Lysine sulfate merupakan salah satu kandidat obat sebagai antivirus Sars-CoV-2.

Kata Kunci: Antivirus; COVID-19; *Eleutherine palmifolia*; molecular docking; SARS-CoV-2.

Abstract

Background: The COVID-19 viral disease is a new name given by the World Health Organization (WHO) to patients with the novel COVID-19 virus infection which was first reported from the city of Wuhan, China at the end of 2019. The COVID-19 pandemic is still a major problem in the world health. One antiviral regimen that is widely used to treat moderate to severe Covid- 19 patients is favipiravir. Many studies discuss alternative antiviral therapy for COVID-19 patients from active compounds contained in plants. One of the medicinal plants that has an antiviral effect on CoV-2 is Dayak onion (*Eleutherine Palmifolia* (L.) Merr). Consuming herbal plants can increase the body's immunity as the main key in preventing the Sars-Cov-2 virus.

Purpose: This research aims to determine the effect of anchoring the active compound of Dayak onion bulbs on the growth of the corona virus on the main protease receptor for Covid 19 (6LU7).

Methods: This type of research uses a molecular docking research method which consists of docking validation stages, a docking process and continues with docking visualization using Discovery Studio Visualizer and PyRx combined with Autodocktool

Results: The results of the molecular docking simulation show that the Lysine sulfate compound has the lowest binding affinity value compared to Favipiravir, namely -4.75 kcal/mol with a K_i value of 96.41 μ M and has the same interaction as the positive control ligand on the hydrophobic bond of MET A:165

Conclusions: So it can be concluded that lysine sulfate is a drug candidate as a Sars-CoV-2 antiviral.

Keywords: Antivirus; COVID-19; *Eleutherine palmifolia*; molecular docking; SARS-CoV-2.

PENDAHULUAN

Tanaman obat tradisional atau herbal merupakan jenis tanaman yang banyak dikenal dan dimanfaatkan sebagai bahan baku obat tradisional. Penggunaan atau konsumsi tanaman obat diyakini dapat membantu meningkatkan daya tahan tubuh dengan memperbaiki sistem imun (1). Kalimantan memiliki potensi sumber daya alam yang melimpah. Salah satu tanaman yang banyak digunakan sebagai bahan obat alternatif oleh masyarakat Kalimantan adalah bawang dayak (*Eleutherine Palmifolia* (L.) Merr). Bagian bawang dayak yang sering digunakan adalah bagian umbi, selain itu daun juga dapat dimanfaatkan sebagai alternatif. Bawang dayak memiliki kandungan senyawa metabolit sekunder golongan flavonoid, alkaloid, tanin, steroid, triterpenoid, fenol, dan saponin (2-4). Selain itu, bawang dayak memiliki kandungan vitamin A, vitamin B, vitamin C dan kalsium (5).



Gambar 1. Bawang Dayak

Tahun 2019, dunia dilanda pandemi COVID-19. Berbagai publikasi melaporkan bahwa angka mortalitas COVID-19 lebih tinggi pada pasien dengan penyakit penyerta (komorbid), seperti diabetes melitus (6,7), dengan risiko kematian mencapai tiga kali lipat. Kementerian Kesehatan menyatakan bahwa pemulihan dari infeksi virus ini dapat terjadi tanpa perawatan khusus apabila seseorang memiliki sistem imun yang kuat, karena virus tersebut bersifat self-limiting (8). Sistem imun merupakan mekanisme pertahanan tubuh yang berfungsi melindungi tubuh dari infeksi bakteri, virus, hingga parasit, serta mengeliminasi berbagai zat asing dari dalam tubuh (10).

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui pengaruh penambatan senyawa aktif umbi bawang dayak terhadap pertumbuhan virus corona pada reseptor main protease Covid-19 (6LU7). Protein M^{pro} merupakan kode untuk struktur tiga dimensi dari protein protein spike (S) dari SARS-CoV-2 yang ditemukan di basis data Protein Data Bank (PDB). Protein M^{pro} ini adalah protein

yang digunakan oleh virus untuk mengikatkan dirinya ke reseptor ACE2 pada sel manusia, yang memungkinkan virus untuk masuk dan menginfeksi sel. Dimana jenis penelitian ini menggunakan metode penelitian penambatan molekul (molecular docking) (11).

Molekular docking adalah teknik komputasi yang digunakan untuk menyelidiki interaksi pengikatan antara molekul kecil (12). Molekular docking adalah alat dalam biologi molekular struktural dan penemuan obat berbasis struktur. Penambatan molekul dapat digunakan untuk memodelkan interaksi yang memungkinkan untuk karakterisasi molekul kecil pada Tingkat atom di tempat pengikatan protein target (13).

METODE

Penelitian ini dilakukan dengan menggunakan metode penambatan molekul senyawa aktif umbi bawang dayak pada reseptor main protease covid 19 (6LU7) yang diharapkan dapat terlihat seberapa besar efek dari senyawa bioaktif umbi bawang dayak ini sebagai tumbuhan obat penghambat pertumbuhan virus SARS- CoV-2.

Alat

Alat perangkat keras yang di gunakan adalah Laptop Asus VivoBook dengan spesifikasi OS: Windows 8.1, Processor 11th Gen Intel(R) Core(TM) i5-1135G7 @ 2.40GHz 2.42 GHz, RAM 8,00 GB. Perangkat lunaknya menggunakan 5 aplikasi yaitu Pyrx 0.9.8, Discovery Studio Visualizer 24.1.0, Autodock Tools 1.5.6, Marvin Sketch 24.1.0, dan Notepad+++ 7.8.5.

Bahan

Bahan-bahan yang digunakan adalah reseptor main protease Covid-19 (6LU7) pada website protein data bank dan pada penelitian Mutiah et al. (2019) menyebutkan bahwa bawang dayak mengandung 117 senyawa menggunakan UPLC-QTOF-MS/MS, 1 kontrol positif yaitu favipiravir pada website PubChem (<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>) serta native ligand yang digunakan berupa inhibitor kompetitif yaitu PRD_002214 (14).

Prediksi Sifat Lipinski's Rule of Five

Prediksi sifat Fisikokimia fisikokimia Lipinski's Rule of Five (<http://www.scfbioiitd.res.in/software/drugdrugde/lipinski.jsp>) dimulai dengan mencari semua senyawa aktif yang terkandung dalam umbi bawang dayak (*Eleutherine Palmifolia (L.) Merr*) dari hasil jurnal penelitian Mutiah et al. (2019). Kemudian, mencari SMILES ligan uji dan di input pada website ([https://biosig.lab.uq.edu.au/pkcsml/prediction.](https://biosig.lab.uq.edu.au/pkcsml/prediction/)) senyawa harus memenuhi aturan Lipinski (14).

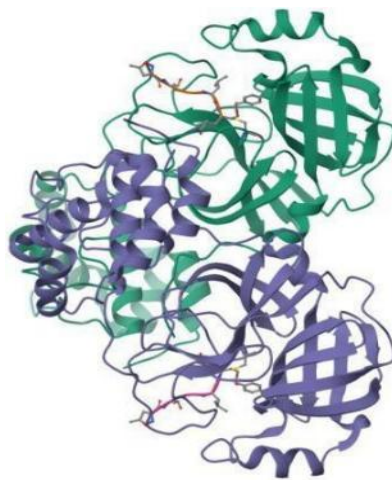
Preparasi Ligan

Preparasi ligan menggunakan software MarvinSketch, kemudian struktur senyawa ligan

diprotonasi dan konformasi dengan memilih conformer ligan yang memiliki nilai energi ikatan paling rendah. File di simpan dalam bentuk .pdb dan .mol2.

Preparasi protein

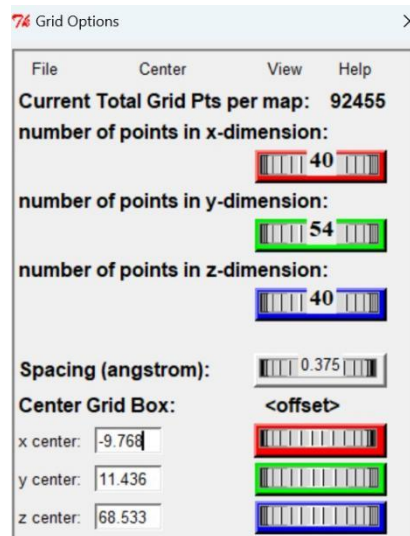
Reseptor diunduh struktur 3D nya di RCSB Protein Data Bank dengan kode PDB 6LU7. Dilakukan preparasi dengan cara dipisahkan dari molekul lain yang tidak dibutuhkan seperti air dan ligan pengganggu yang tidak dilakukan docking dengan menggunakan Molegro Molecular Viewer dan disimpan dengan format .pdb, lalu ditambahkan atom hidrogen menggunakan perangkat lunak Discovery Studio Visualizer 24.1.0 kemudian di simpan dalam format pdb.



Gambar 2. Main protease (Protein M^{pro}) (Kode PDB 6LU7)

Validasi Docking

Di docking ligan dengan reseptor 6LU7 lalu dilakukan perhitungan nilai RMSD (Root Mean Square Deviation) yang dinyatakan valid. Nilai RMSD dapat dikatakan baik jika nilai $<5 \text{ \AA}$. Semakin dekat dengan 0 akan lebih valid (15). Untuk memperoleh metode yang valid, maka perlu diperhatikan pengaturan pada grid box sehingga memungkinkan diperoleh nilai RMSD $<5 \text{ \AA}$. Setelah itu dilakukan simulasi penambatan molekul ligan dengan reseptor, dimana semua ligan yang digunakan di docking dengan cara yang sama dengan metode yang valid kemudian hasil docking disimpan dalam format .pdb. dengan menggunakan Autodock Tools4.2 Validasi docking dilakukan sebanyak 100 runs yang diperoleh hasil output posisi grid box number of Grid box yang meliputi ukuran (size x,y,z), koordinat (center x,y,z).



Gambar 3. Gridbox reseptor 6LU7

Docking Ligan Uji terhadap Reseptor

Docking dilakukan dengan Autodock Tools dengan cara mengatur grid box pada sisi aktif reseptor. Diatur grid box yang meliputi ukuran (size x,y,z), koordinat (center x,y,z). Koordinat grid box ditentukan berdasarkan koordinat ligan lisinopril dari file reseptor yang digunakan pada saat dilakukan validasi, selanjutnya dilakukan proses penambatan menggunakan Autodock Wizard. Proses docking dilakukan sebanyak 100 kali (100 run) untuk setiap ligan uji. Hasil docking protein target dengan ligan didapat dalam format .dlg. Setelah docking selesai, proses terakhir yaitu analisis konformasi pada running terbaik dengan autodocktools agar dapat dilakukan visualisasi residu asam amino pada aplikasi Discovery Studio Visualizer (16).

Visualisasi Hasil Docking

Visualisasi docking dilakukan menggunakan perangkat lunak Discovery Studio Visualizer 24.1.0 dengan mengklik plugin Receptor-Ligand Interaction, lalu pilih show 2D diagram. Kemudian hasil visualisasi disimpan dalam format gambar (jpg./jpeg./png.). Hasil visualisasi berupa interaksi ligan uji dengan asam amino pada reseptor (protein). Residu asam amino yang berinteraksi dengan ligan dapat menentukan jenis ikatan yang terjadi antara ligan dan protein.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Preparasi Protein

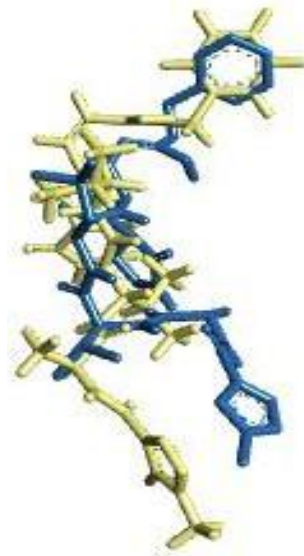
Tahap awal docking molekular adalah menyiapkan reseptor yang akan digunakan, yaitu reseptor 6LU7. Pada tahap ini struktur makromolekul yang digunakan diunduh dari PDB Protein Data Bank dengan alamat situs <http://www.rcsb.org/>. Hasil unduhan harus dipisah terlebih dahulu karena masih terdapat ligan asli dan masih ada molekul air. Ligan asli dan molekul air harus dipisahkan agar tidak mengganggu proses docking (17).

Validasi Metode Docking

Validasi metode molecular docking dilakukan dengan penambahan ulang (redocking) native ligand dari masing-masing protein target pada protein target yang telah dihilangkan native ligand-nya. Validasi docking dilakukan sebanyak 100 runs yang diperoleh hasil output posisi grid box number of Grid box yang meliputi ukuran (size x,y,z), koordinat (center x,y,z). (x=40,y=54,z=40) dan grid center (x=- 9,768;y=11,463;z=68,533).

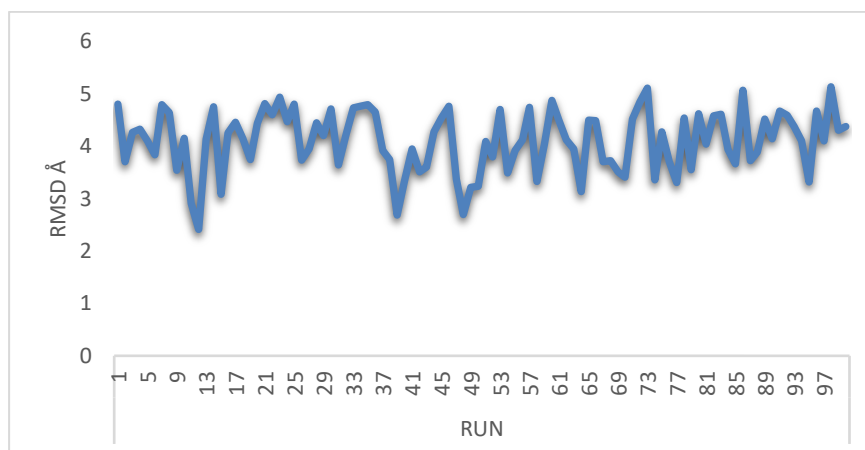
Parameter validasi metode molecular docking adalah nilai RMSD (Root Mean Square Deviation). RMSD merupakan penyimpangan posisi dari native ligand yang berikatan dengan protein setelah di-docking-kan dibandingkan dengan posisi native ligand sesungguhnya sebelum dipisahkan, sehingga akan diperoleh nilai simpangan dari masing-masing konformasi yang terbentuk. Nilai RMSD dapat dikatakan valid jika nilai $<5 \text{ \AA}$. Semakin dekat dengan 0 akan lebih valid (15).

Hasil redocking protein dengan native ligand mendapat nilai RMSD $2,41 \text{ \AA}$ dari 100 kali running docking pada running ke-12 dengan binding energy -5,95. Dimana nilai RMSD yang diperoleh kurang dari $5 \text{ \AA}$, sehingga nilai RMSD yang diperoleh dinyatakan valid. Nilai RMSD menggambarkan tingkat deviasi atau kesalahan yang terjadi sebelum dan sesudah proses docking. Semakin kecil nilai RMSD maka semakin rendah tingkat kesalahan atau deviasi dalam proses docking tersebut (16).



Gambar 4. Overlay hasil redocking konformasi *native ligand* sebelum (biru) dan sesudah (kuning)

Pada (**Gambar 5**) dapat dilihat bahwa nilai RMSD native ligand menunjukkan interaksi yang paling stabil karena merupakan ligan alami reseptor.



Gambar 5. Plot RMSD dari kompleks native ligand

Preparasi Ligan Uji

Penelitian ini untuk mendapatkan senyawa ligan sebagai calon obat yang akan dikembangkan maka kriteria obat yang baik harus mengikuti aturan Lipinski (lipinski's Rule of Five), dimana sebelum dilakukan molecular docking perlu dilakukan pengecekan sifat- sifat dari ligan yang akan digunakan apakah memenuhi aturan pada Lipinski. Pada penelitian Mutiah et al. (2019) menyebutkan bahwa bawang dayak mengandung 117 senyawa menggunakan UPLC-QTOF-MS/MS (14). Tetapi tidak semua senyawa dapat dilakukan docking karena terdapat parameter fisikokimia yang harus terpenuhi. Pengujian awal yang dilakukan adalah prediksi sifat fisikokimia obat berdasarkan Lipinski's Rule of Five (RO5). Kriteria Lipinski mencakup berat molekul (BM) yang tidak boleh melebihi 500 Da, koefisien partisi (logP) tidak lebih dari 5, jumlah donor ikatan hidrogen kurang dari 5, serta jumlah akseptor ikatan hidrogen tidak boleh lebih dari 10 (17).

Hasil yang didapatkan dari studi sifat fisikokimia senyawa tersebut yaitu diperoleh 3 senyawa dari total keseluruhan senyawa yang memenuhi aturan Lipinski yaitu Lysine sulfate, Nitromethanesulfinic acid, dan Morphine sulfate. Senyawa senyawa tersebut dapat dilihat pada Tabel 1. Sehingga hanya 3 senyawa tersebut yang diuji ke tahap selanjutnya.

Tabel 1. Sifat ligan berdasarkan aturan Lipinski

Ligand	Formula molekul	Berat molekul (<312g/mol)	LogP (<-0,05)	H-bond donor (<5)	H-bond acceptor (<6)
Lysine Sulfate	$C_6H_{16}N_2O_6S$	244,69	-1,12	5	5
Nitromethanesulfinic acid	CH_3NO_4S	125,105	-0,55	1	3
Morphin sulfate	$C_8H_{20}N_2O_6S$	185,201	-1,04	3	4

Favipiravir (K ⁺)	C ₅ H ₄ FN ₃ O ₂	157,104	-0,99	2	3
-------------------------------	--	---------	-------	---	---

Hasil Docking Ligan Uji Dengan Reseptor

Setelah dilakukan validasi docking, dilakukan docking pada ke-tiga ligan uji untuk melihat interaksinya dengan reseptor menggunakan aplikasi PyRx. Gridbox yang digunakan sama dengan gridbox yang diterapkan selama validasi metode, sehingga nilai RMSD tetap konsisten dan hasilnya lebih akurat. Gridbox memiliki fungsi untuk menentukan daerah reseptor yang akan ditambatkan berdasarkan koordinat x, y, z dari senyawa pembanding dengan tujuan utama untuk mengetahui konformasi energi terendah (18). Proses docking dilakukan sebanyak 100 kali (100 run) untuk setiap ligan uji dan diambil konformer dengan hasil terbaik. Terdapat satu senyawa yang memiliki nilai energi ikatan atau binding affinity lebih baik atau lebih rendah dibandingkan Favipiravir (kontrol positif). Hal ini menunjukkan bahwa senyawa tersebut berpotensi untuk dikembangkan sebagai terapi antivirus SARS CoV-2 dengan mentargetkan pada main protease covid 19.

Pada (Tabel 2) menunjukan hasil Molecular Docking senyawa Lysine sulfate, Nitromethanesulfinic acid, Morphine sulfate dengan main protease SARS-Co V-2 (6LU7), dimana favipiravir sebagai kontrol positif dalam melakukan penelitian ini. Hasil molecular docking didapatkan senyawa Lysine sulfate, Nitromethanesulfinic acid, Morphine sulfate memiliki binding affinity berturut-turut sebesar -4,75; -2,98; -3,98 dan hasil molecular docking dari favipiravir sebagai kontrol positif diperoleh sebesar -4,06. Sehingga senyawa lysine sulfate memiliki dapat dijadikan sebagai senyawa kandidat obat antivirus Sars-CoV-2, karena nilai binding affinity lysine sulfate lebih rendah daripada nilai binding affinity favipiravir (Kontrol positif).

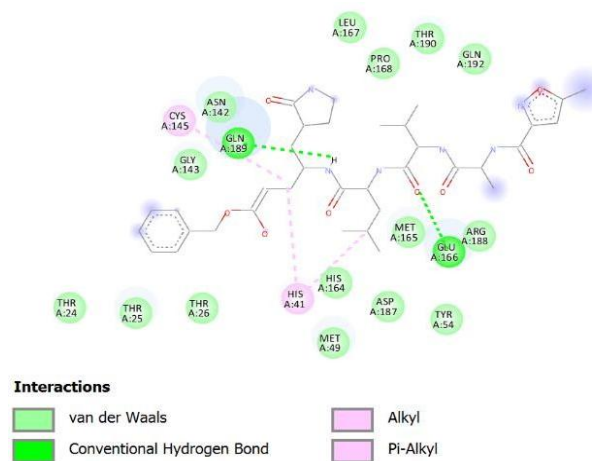
Berdasarkan data *Computed Atlas of Surface Topography of Proteins* main protease dari COVID-19 (6LU7) memiliki asam amino residu yaitu THR24, THR25, THR26, LEU27, HIS41, THR45, SER46, MET49, PHE140, LEU141, ASN142, GLY143, SER144, CYS145, HIS163, MET165, GLU166, HIS172.

Tabel 2. Hasil molecular docking senyawa Lysine sulfate, Nitromethanesulfinic acid, Morphine sulfate dengan main protease SARS-CoV-2 (6LU7)

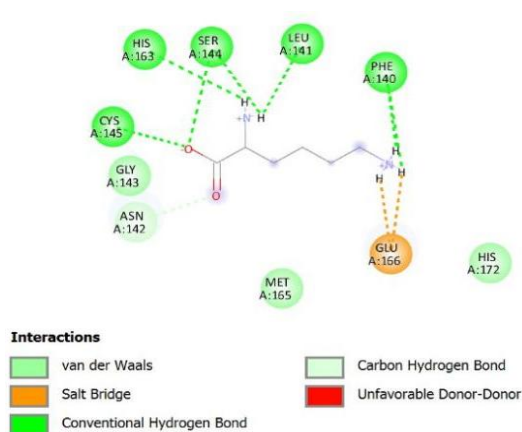
Ligan	RUN	Energi ikatan (kkal/mol)	RMSD (Å)	KI (μM)	Ikatan Hidrogen	Ikatan Hidrofobik
PRD_002214 (Native ligand)	12	-5,95	2,41	3,31	GLN A:189 GLU A:166	HIS A:41 CYSA:145 THR A:24 THR A:25 THR A:26 MET A:49 HIS A:164 ASP A:187 MET A:165 TYR A:54 MET A:165 ARG A:188 GLN A:192 THR A:190 PRO A:168 LEU A:167 ASN A:142 GLY A:143
Favipiravir (Kontrol +)	77	-4,06	73,11	743.32	GLU A:166 ARG A: 188	MET A:165 LEU A:167 PRO A:168 VAL A:186 GLN A:189 THR A:190 GLN A:192
Lysine Sulfate	7	-4,75	63,85	96.41	LEUA:141 SER A:144 CYS A:145 HIS A:163	PHE A:140 ASN A:142 GLY A:143 HIS A:164 MET A:165 GLU A:166 HIS A:163
Nitromethane sulfinic acid	86	-2,98	67,32	4.81	PHE A:140	LEU A:141 ASN A:142 SER A:144 HIS A:163 HIS A:172 GLU A:166
Morphine sulfate	26	-3,98	65,20	1.12	PHE A:140 LEU A:141 SER A:144 CYS A:145 HIS A:163	ASN A:142 GLY A:143 MET A:165 HIS A:172 GLU A:166

Visualisasi Molekular Docking

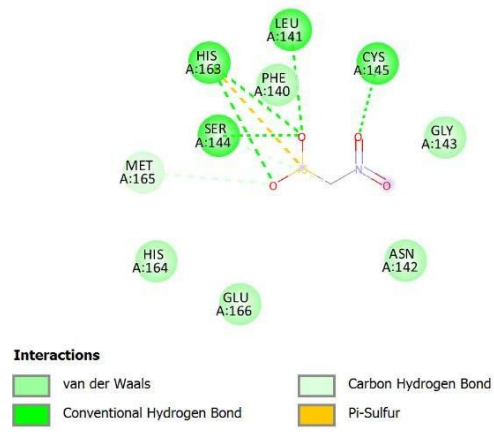
Visualisasi dan analisis interaksi hasil docking dilakukan untuk mengamati hasil penambatan antara ligan pembanding dan ligan uji. Hasil visualisasi menampilkan interaksi antara residu asam amino dan ligan. Keberadaan interaksi residu asam amino yang terlibat menunjukkan adanya kontak antara ligan dengan reseptor main protease covid-19, yang memungkinkan terjadinya aktivitas penghambatan. Ikatan hidrogen dan interaksi hidrofobik mempunyai peran yang penting dalam membantu mengaktifkan respons biomolekul seperti protein (19). Setiap ligan uji dalam penelitian ini setidaknya mempunyai kontak dengan salah satu residu asam amino tersebut. Adanya kontak pada residu asam amino aktif dapat menandakan adanya aktivitas terhadap target molekul (20). Interaksi 2D ligan dengan residu asam amino dapat dilihat pada (Gambar 6).



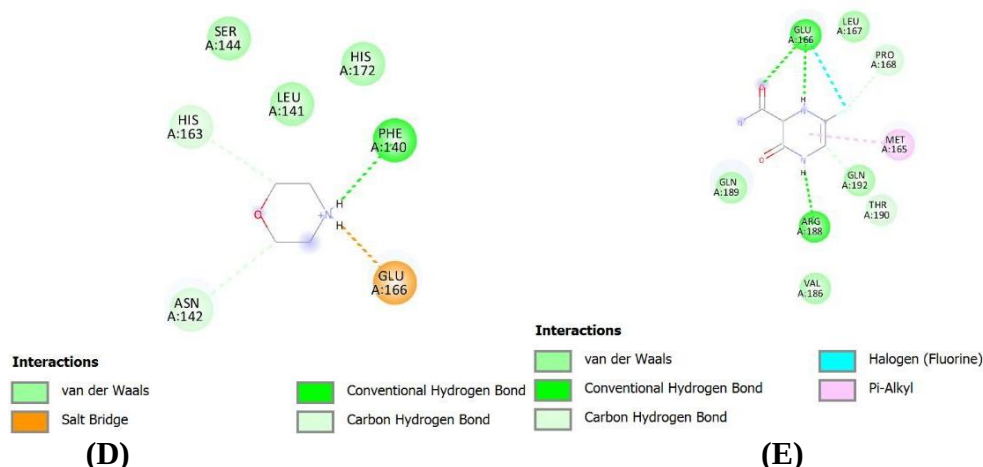
(A)



(B)



(C)

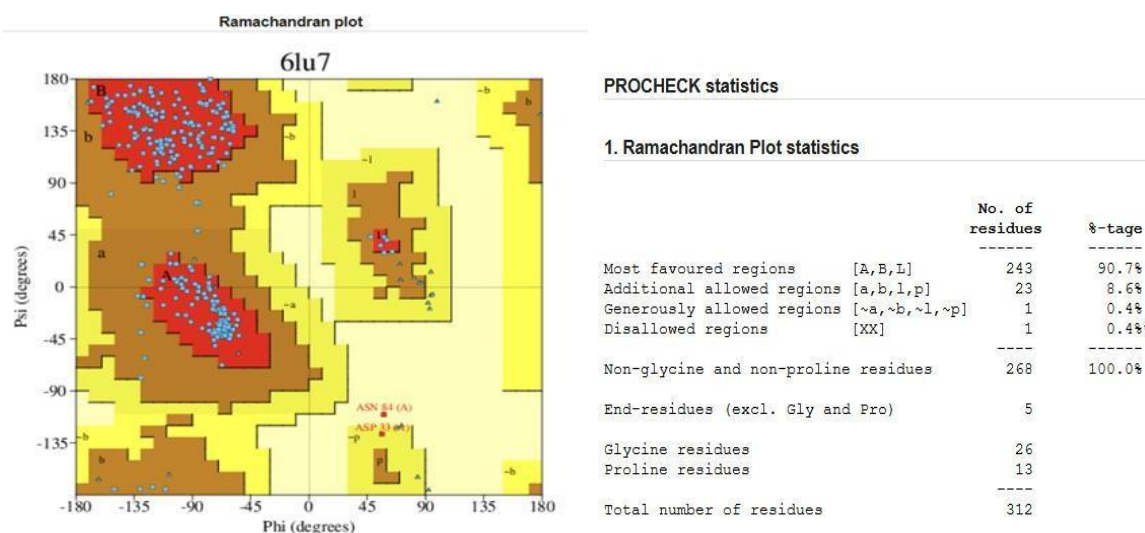


Gambar 6. Visualisasi 2D (A) PRD_002214, (B) Lysine sulfate, (C) Nitromethanesulfinic acid, (D) Morphine sulfate, (E) Favipiravir (Kontrol +)

Uji Analisis Protein dengan *Ramachandran Plot*

Pemeriksaan PROCHECK dengan plot Ramachandran (**Gambar 7**) bertujuan untuk melihat apakah struktur protein memiliki analisis yang baik. Hal ini didukung oleh distribusi residu asam amino nonglisin di daerah yang paling disukai (Kuadran I) $\geq 50\%$ dan di daerah yang tidak disukai (Kuadran IV) $\leq 15\%$ (21).

Berdasarkan plot Ramachandran, reseptor main protease covid-19 (6LU7) memiliki jumlah residu asam amino daerah yang paling disukai (most favoured regions) sebesar 90,07%, dengan jumlah residu asam amino pada daerah yang tidak diperbolehkan (disallowed regions) sebanyak 0,4%. Dari hasil tersebut diperoleh bahwa reseptor main protease covid-19 (6LU7) memiliki struktur protein yang stabil.



Gambar 7. Ramachardran plot dari reseptor 6LU7

KESIMPULAN

Dari 117 senyawa hanya terdapat 3 senyawa yang lolos untuk dilakukan proses molekular docking. Pada molekular docking ini menggunakan posisi gridbox number of points (x:40;y:54;z:40) dan grid center



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)

($x=-9,768$; $y=11,463$; $z=68,533$), nilai RMSD Lysine sulfate diperoleh sebesar $63,82\text{\AA}$ pada run ke-7. Hasil simulasi penambatan molekuler menunjukkan bahwa senyawa Lysine sulfate memiliki nilai binding afinity terendah yaitu sebesar $-4,75\text{ kcal/mol}$ dengan nilai K_i sebesar $96,41\text{ }\mu\text{M}$ dan memiliki interaksi yang sama dengan ligan kontrol positif pada ikatan hidrofobik MET A:165. Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan dari ketiga senyawa uji, nilai binding afinity senyawa Lysine sulfate lebih rendah dari pada nilai binding afinity kontrol positif (Favipiravir). Sehingga senyawa Lysine sulfate memiliki hasil yang lebih tinggi sebagai penghambat virus Sars CoV-2 dibandingkan dengan favipiravir, karena semakin kecil nilai binding afinity suatu senyawa maka semakin tinggi afinitas kemampuan ligan untuk berikatan dengan reseptor. Dapat disimpulkan bahwa senyawa Lysine sulfate merupakan salah satu kandidat obat sebagai antivirus Sars- CoV-2.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terimakasih disampaikan kepada Universitas dr. Soebandi yang telah memberikan fasilitas dalam penelitian kali ini.

DAFTAR PUSTAKA

1. Siregar, R. S., Hadiguna, R. A., Kamil, I., Nazir, N., & Nofialdi, N. (2020). Permintaan dan penawaran tanaman obat tradisional di provinsi sumatera utara. *Jurnal Tumbuhan Obat Indonesia*, 13(1), 50-60.
2. Febrinda, A., Yuliana, N., Ridwan, E., Wresdiyati, T., & Astawan, M. (2014). Hyperglycemic control and diabetes complication preventive activities of Bawang Dayak (*Eleutherine palmifolia* L. Merr.) bulbs extracts in alloxan-diabetic rats. *International Food Research Journal*, 21(4).
3. Fransira, I., Anggreini, A. F., Yanuhar, U., & Maftuch, M. (2019). Antibacterial activity of dayak onion bulbs (*Eleutherine palmifolia* (L) Merr) ethanol fraction against *pseudomonas fluorescens* and its secondary metabolite analysis. *Research Journal of Life Science*, 6(2), 94-103.
4. Laby, J. R. A., Rumiaty, F., & Sumbayak, E. M. (2017). Pengaruh Pemberian Bawang Dayak (*Eleutherine palmifolia*) terhadap Kadar Enzim Alanin Transaminase (ALT) dan Aspartat Transaminase (AST) Mencit yang Diinduksi Karbon Tetraklorida (CCl_4). *Jurnal Kedokteran Meditek*.
5. Budiarto, H., & Rini, D. A. S. (2019). Fortifikasi Garam Dengan Bawang Dayak Untuk Meningkatkan Nutrisi Garam Konsumsi. *Jurnal Kelautan: Indonesian Journal of Marine Science and Technology*, 12(2), 104-111.
6. Hussain, A., Bhowmik, B., & do Vale Moreira, N. C. (2020). COVID-19 and diabetes: Knowledge in progress. *Diabetes research and clinical practice*, 162, 108142.
7. Singh, N., Tang, Y., Zhang, Z., & Zheng, C. (2020). COVID-19 waste management: effective and successful measures in Wuhan, China. *Resources, conservation, and recycling*, 163, 105071.
8. Syahrir, A., Rahem, A., & Prayoga, A. (2020). Religiositas mahasiswa farmasi UIN Malang selama pandemi COVID-19. *Journal of Halal Product and Research*, 3(1), 25-34.
10. Aripin, I. (2019). Pendidikan nilai pada materi konsep sistem imun. *Bio Educatio*, 4(1), 377842.
11. Zhou, P., Liu, Z., Chen, Y., Xiao, Y., Huang, X., & Fan, X.-G. (2020). Bacterial and fungal infections in COVID-19 patients: a matter of concern. *Infection Control & Hospital Epidemiology*, 41(9), 1124-1125.
12. Jakhar, R., Dangi, M., Khichi, A., & Chhillar, A. K. (2020). Relevance of molecular docking studies in drug designing. *Current Bioinformatics*, 15(4), 270-278.
13. Gowtham, S., Latha, S., & Kumar, M. S. (2022). Over view on molecular docking: a powerful approach for structure based drug discovery. *Int. J. Pharm. Sci. Rev. Res*, 77(29), 180-198.
14. Mutiah, R., Bhagawan, W. S., Ma'arif, B., & Rahmandika, J. M. S. (2019). Metabolite Fingerprinting *Eleutherine*



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)

- palmifolia (L.) Merr. Using UPLC-QTOF-MS/MS. *Majalah Obat Tradisional*, 24(3), 139-159.
15. Ningrat, A. W. S. (2022). Docking Molekuler Senyawa Brazilein Herba *Caesalpina Sappanis Lignum* Pada *Mycobacterium Tuberculosis* Inha Sebagai Antituberkulosis. *Indonesian Health Journal*, 1(1), 29-34.
 16. Frimayanti, N., Lukman, A., & Nathania, L. (2021). Studi molecular docking senyawa 1, 5-benzothiazepine sebagai inhibitor dengue DEN-2 NS2B/NS3 serine protease. *Chempublish Journal*, 6(1), 54-62.
 16. Gymnastiar, A. P., Damayanti, D. S., & Tilaqza, A. (2024). STUDI IN SILICO POTENSI ANTIHIPERTENSI SENYAWA FITOKIMIA DAUN PEPAYA (*Carica papaya*) TERHADAP ANGIOTENSIN CONVERTING ENZYME DAN RESEPTOR ANGIOTENSIN II. *Jurnal Kedokteran Komunitas (Journal of Community Medicine)*, 12(1).
 17. Fatiya, N. U., Kusnadi, I. F., Riyaldi, M. R., Dipadharma, R. H. F., Suhandi, C., Hidayat, S., & Muchtaridi, M. (2022). Studi in-silico Senyawa pada bawang putih (*Allium sativum* L.) Sebagai inhibitor neuraminidase pada influenza. *Farmaka*, 20(3), 1-11.
 17. Hasan, H., Thomas, N. A., Hiola, F., Ramadhani, F. N., & Ibrahim, A. S. (2022). Skrining fitokimia dan uji aktivitas antioksidan kulit batang matoa (*Pometia pinnata*) dengan metode 1, 1-diphenyl-2 picrylhydrazyl (DPPH). *Indonesian Journal of Pharmaceutical Education*, 2(1), 67-73.
 18. Sari, I. W., Junaidin, J., & Pratiwi, D. (2020). Studi Molecular Docking Senyawa Flavonoid Herba Kumis Kucing (*Orthosiphon Stamineus* B.) Pada Reseptor A-Glukosidase Sebagai Antidiabetes Tipe 2. *Jurnal Farmagazine*, 7(2), 54-60.
 19. Widyananda, M. H., Pratama, S. K., Samoedra, R. S., Sari, F. N., Kharisma, V. D., Ansori, A. N. M., & Antonius, Y. (2021). Molecular docking study of sea urchin (*Arbacia lixula*) peptides as multi-target inhibitor for non-small cell lung cancer (NSCLC) associated proteins. *J Pharm Pharmacogn Res*, 9(4), 484-496.
 20. Gholam, G. M., & Firdausy, I. A. (2022). Molecular docking study of natural compounds from red betel (*Piper crocatum* Ruiz & Pav) as inhibitor of secreted aspartic proteinase 5 (Sap 5) in *Candida albicans*. *Sasambo Journal of Pharmacy*, 3(2), 97-104.
 21. Yuliana, A., Fitriaji, H. S., Mukhaufillah, K. S., & Rizkuloh, L. R. (2020). In silico study on testing antidiabetic compounds candidate from *azaphilone monascus* sp.



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)