

BAB I. PENDAHULUAN

1.1. Latar belakang

Kanker atau *malignat neoplasm* merupakan penyakit dengan karakteristik pertumbuhan sel yang tidak terkendali. Kanker umumnya disebabkan oleh kebiasaan merokok, konsumsi makanan yang tidak sehat, infeksi tertentu, paparan radiasi, kurangnya aktivitas fisik, obesitas dan polutan lingkungan (Chisholm-Burns dkk, 2016). Kanker sudah menjadi masalah kesehatan yang menyebabkan banyak kematian di seluruh dunia dan bertanggung jawab atas jutaan kematian setiap tahunnya. Data *Globocan* menyebutkan di tahun 2018 terdapat 18,1 juta kasus baru dengan angka kematian sebesar 9,6 juta kematian, dimana 1 dari 5 laki-laki dan 1 dari 6 perempuan di dunia mengalami kejadian kanker. Data tersebut juga menyatakan 1 dari 8 laki-laki dan 1 dari 11 perempuan, meninggal karena kanker (Kemenkes, 2019). Sedangkan di Indonesia terdapat kasus kanker berjumlah 330.000 orang dan kasus kematian akibat kanker berjumlah 188.000 orang. Kanker kolon menempati urutan kelima di dunia dengan kasus kematian berjumlah 694.000 kematian (Kemenkes, 2015).

Pengembangan obat antikanker diperlukan untuk memperoleh obat dengan aktivitas dan selektifitas yang lebih baik, efek samping dan toksisitas yang lebih rendah, serta harga yang lebih ekonomis. Skrining virtual memainkan peran penting dalam proses penemuan obat, perlunya metode pengembangan obat yang cepat dan efisien serta tidak memerlukan banyak biaya maka skrining virtual dipilih untuk melakukan hal itu (Lavecchia, Giovanni, 2013). Pengembangan obat antikanker dengan berjalannya waktu dapat menggunakan metode *in silico*. *In silico* merupakan penemuan senyawa obat secara komputasi. Metode *In silico* yang dapat digunakan salah satunya yaitu metode docking dengan cara mendocking molekul.

Docking molekul adalah perancah yang menarik untuk memahami interaksi obat-obatan biomolekuler untuk desain dan penemuan obat yang rasional.. Terapan dari *docking* molekuler yaitu akan mempercepat proses penemuan obat dengan melakukan penyaringan awal yang sangat cepat terhadap senyawa-senyawa kimia tertentu, terutama yang belum diketahui aktivitasnya dalam tanaman tradisional, serta dapat pula digunakan untuk senyawa turunan atau senyawa baru hasil sintesis. Keuntungan dari *docking* molekuler jika dibandingkan dengan metode konvensional yaitu memangkas waktu, energi, serta biaya yang dibutuhkan (Rizky Arcinthyra rachmania., Supandi., 2016). Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui interaksi 32 senyawa hasil virtual skrinning terhadap reseptor *cyclin dependent kinase 2* yang berpotensi aktif sebagai obat antikanker kolon.

1.2 . Rumusan masalah

Bagaimana interaksi 32 senyawa hasil skrining dari tanaman herbal berdasarkan hasil peneliti terdahulu terhadap protein dari *Cyclin Dependent Kinase 2* (CDK2).Juga dilakukannya uji toksitas terhadap senyawa terbaik hasil docking untuk melihat toksitas masing masing senyawa.

1.3 Tujuan dan manfaat penelitian

Menentukan interaksi dan afinitas antara 32 senyawa hasil skrining dari tanaman herbal terhadap *Cyclin Dependent Kinase 2 (CDK2)* Juga untuk menentukan dari senyawa terbaik yang telah di docking, mana yang paling toksik.

1.4. Hipotesis penelitian

Hipotesis dari penelitian ini adalah diperoleh senyawa dari database tanaman herbal yang dapat menghambat reseptor *cyclin dependent kinase 2* untuk pengobatan kanker kolon

1.5. Tempat dan waktu Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Kimia Komputasi Fakultas Farmasi Universitas Bhakti Kencana pada bulan Januari 2021-Maret 2021.