



VIRTUAL SCREENING OF TAMARIND ACTIVE COMPOUNDS (*Tamarindus indica L.*) ON SELECTIVE INHIBITOR SIKLOOKSIGENASE-2

Meilia Suherman, Riska Prasetyawati, Dani Ramdani

Program Studi Farmasi, Fakultas MIPA Universitas Garut, Jl. Jati no 42B,
Tarogong Kaler, Garut

Corresponding Author: Meilia Suherman (meilia.suherman@uniga.ac.id)

ARTICLE HISTORY

| Received: 28 May 2020

| Revised: 20 July 2020

| Accepted: 27 July 2020

Abstract

Inflammation is a condition that tends to be detrimental as the body's protective response to reduce and eliminate the triggers for injury and infection.¹ One mediator that plays a role in inflammation is the cyclooxygenase (COX) enzyme. In vitro result from tamarind leaves show an anti-inflammatory activity.^{4,5} This study used the in silico test method by conducting virtual screening of active compounds in Tamarind . Virtual screening was performed to predict active compounds in tamarind which have anti-inflammatory activity against selective COX-2 inhibitors. Tests performed include pharmacopore screening, molecular docking, lipinsky's rules of five testing and Pre-ADMET testing. From the pharmacophore identification and molecular docking obtained an active compound of tamarind as a guiding compound against COX-2, Linalool which had a pharmacophore fit score of 52.11% and has a free energy bond value (ΔG) of -9.21 kcal/mol which was more low compared to Celecoxib as a native ligand (-7.98 kcal / mol). With the same amino acid residue the natural ligand bound to Linalool is TYR371. From the results of the predicted absorption and distribution parameters showed that the Linalool compound has a Caco-2 cell value of 37.4763 nmsec⁻¹, HIA (%) of 96.0055 and Plasma Protein Binding (%) 95.0547.

Key words: antiinflamatory, molecular docking, pharmacophore screening, selective COX-2 inhibitor, tamarind

SKRINING VIRTUAL SENYAWA AKTIF ASAM JAWA (*Tamarindus indica L.*) TERHADAP SELEKTIF INHIBITOR SIKLOOKSIGENASE-2

Abstrak

Inflamasi merupakan keadaan yang cenderung merugikan sebagai respon perlindungan tubuh untuk mengurangi dan menghilangkan pemicu terjadinya cedera dan infeksi.¹ Salah satu mediator yang berperan dalam peradangan adalah Enzim siklooksigenase (COX).³ Penelitian in vitro menunjukkan bahwa daun asam jawa (*Tamarindus indica L.*) memiliki aktivitas sebagai antiinflamasi.^{4,5} Penelitian ini menggunakan metode uji *in silico* dengan melakukan skrining virtual terhadap senyawa-senyawa aktif di dalam asam jawa. Skrining virtual dilakukan untuk memprediksi senyawa aktif dalam asam jawa yang memiliki aktivitas sebagai

antiinflamasi terhadap selektif inhibitor COX-2. Pengujian yang dilakukan meliputi skrining pharmacopore, molecular docking, pengujian lipinsky's rules of five dan pengujian Pre-ADMET. Dari hasil identifikasi farmakofor dan penambatan molekul diperoleh satu senyawa aktif daun asam jawa sebagai senyawa pemandu terhadap COX-2 yaitu Linalool yang memiliki nilai *pharmacophore fit score* sebesar 52.11% dan memiliki nilai ikatan energi bebas (ΔG) sebesar -9.21 kkal/mol, lebih rendah dibandingkan dengan ligan alaminya yaitu Celecoxib (-7.98 kkal/mol). Dengan residu asam amino ligan alami yang sama terikat pada Linalool yaitu TYR371. Dari hasil prediksi parameter absorpsi dan distribusi menunjukkan bahwa senyawa Linalool memiliki nilai Caco-2 cell sebesar 37.4763 nmsec⁻¹, HIA (%) sebesar 96.0055 dan Protein Plasma Binding (%) 95.0547.

Kata kunci: antiinflamasi, asam jawa, inhibitor selektif COX-2, penambatan molekul, skrining farmakofor.

Pendahuluan

Inflamasi merupakan keadaan yang cenderung merugikan sebagai respon perlindungan tubuh untuk mengurangi dan menghilangkan pemicu terjadinya cedera dan infeksi.¹ Peradang sangat dipengaruhi oleh senyawa dan mediator yang dihasilkan oleh asam arakidonat. Enzim siklooksigenase (COX) yang terlibat dalam reaksi memiliki 2 isoform, yaitu COX-1 dan COX-2.³ Meskipun kedua enzim pada dasarnya berkerja dengan cara yang sama, penghambatan selektif dapat membuat perbedaan dalam hal efek samping iritasi lambung dan resiko ulserasi lambung.³

Tumbuhan asam Jawa (*Tamarindus indica* L.) merupakan salah satu tumbuhan yang banyak dibudidayakan di Negara tropis sehingga dapat dengan mudah ditemukan termasuk di Indonesia. Berdasarkan pengujian secara *in vitro* terhadap ekstrak daun asam jawa menunjukkan adanya aktivitas sebagai anti inflamasi.^{4,5} Namun hasil pengujian *in vitro* ini belum dapat menunjukkan senyawa aktif daun asam jawa yang beraktivitas sebagai antiinflamasi. Sehingga dilakukan pengujian secara *in silico* untuk mengetahui senyawa aktif tanaman asam jawa yang beraktivitas sebagai antiinflamasi.

Pemodelan *in silico* merupakan metode pengembangan obat dengan komputer yang dikembangkan untuk memodelkan proses farmakologis atau fisiologis. Metode komputasi ini telah dikembangkan dan banyak digunakan untuk pengembangan hipotesis farmakologi dan pengujian rancangan struktur molekul dan aktivitas biologisnya, atas dasar penalaran yang sistematis dan rasional.⁶ Pengujian *in silico* dilakukan dengan pengujian farmakofor berbasis struktur, penambatan molekul dan prediksi PRE-ADMET. Farmakofor berbasis struktur (SBPs) merupakan metode alternatif untuk pendekatan berbasis ligan dan memiliki keuntungan untuk menggambarkan keseluruhan kemampuan interaksi dari kantong pengikan, sedangkan penambatan molekuler dilakukan untuk memahami dan memprediksi interaksi ligan-protein, baik mencari mode ikatan yang baik secara struktur maupun memprediksi afinitas ikatan berdasarkan energi.⁷

Tujuan penelitian ini adalah untuk mendapatkan kandidat senyawa baru yang diprediksi memiliki aktivitas sebagai antiinflamasi selektif inhibitor COX-2 berasal dari senyawa aktif daun asam jawa sehingga dapat menjadi alternatif sumber bahan baku obat

Metode

Bahan

1. Struktur 3D Reseptor

Struktur tiga dimensi protein dari Reseptor COX-2 yang didapat dari metode kristalografi X-ray dengan resolusi 2,4 Å yang diunduh dari Bank Data Protein dengan situs <http://www.rcsb.org/pdb/>. Identitas makromolekul tersebut 3LN1 yang berformat .pdb.

2. Struktur 3D Ligan

Struktur tiga dimensi ligan yang digunakan adalah Celecoxib dan senyawa-senyawa dari *Tamarindus indica* (L.) yang diunduh dari situs <http://PubChem.ncbi.nlm.nih.gov> dengan format .sdf..

Alat

1. Perangkat Keras

Laptop Asus dengan spesifikasi Windows 10 Home, Intel® CoreTM i3-6006U processor 1.9 GHz, RAM 4GB DDR3, kartu grafis NVIDIA GeForce MX110 with 2GB VRAM, dan HDD 1TB.

2. Perangkat Lunak

Sistem Operasi Windows 10 Home, LigandScout® 4.3 (Free Trial 30 Days), MarvinSketch®, ChemDraw® Ultra 12.0, Chem3D® Pro 12.0, Autodock Tools®, Discovery Studio 3.5 Visualizer® (Accelrys Enterprise Platform), Protein Data Bank, PubChem, DUD-E, dan Pre-ADMET.

Prosedur

1. Skrining Farmakofor Persiapan Reseptor

Makromolekul yang digunakan dalam penelitian ini adalah reseptor COX-2 yang didapat dari metode kristalografi X-ray dengan resolusi 2,4 Å. Identitas makromolekul tersebut 3LN1 yang berformat .pdb.

Penyiapan Ligan (Senyawa Uji)

Struktur senyawa pembanding yang digunakan adalah Celecoxib dan senyawa uji *Tamarindus indica* (L.) yang didapatkan melalui situs <http://PubChem.gov> dengan format .sdf kemudian dikonversi dengan program MarvinSketch® menjadi senyawa dengan format .mol.

Farmakofor Model dari Kompleks Protein-Ligan

Dengan menggunakan program LigandScout® 4.3 dan membuat pharmacophores 3D berdasarkan ligan dengan basis data (aktif dan umpan) yang diunduh melalui situs <http://dude.docking.org> dalam format .sdf kemudian dikonversi dan disimpan dalam format .ldb .

Validasi Skrining Farmakofor

Skrining virtual bertujuan untuk pengayaan maksimum senyawa aktif pada daftar hit. Oleh karena itu, metode tersebut biasanya divalidasi dengan menilai akurasi diskriminasi antara senyawa active dan decoy. Model farmakofor yang baik akan mampu mengidentifikasi sebagian besar senyawa active yang dikenal, dan sesedikit mungkin decoy. Analisis yang digunakan untuk mengevaluasi hasil validasi yaitu nilai AUC100, parameter ini digunakan valid apabila nilai AUC100 $\geq 70\%$.

Analisis Hasil dan Skrining Farmakofor pada Senyawa Uji

Dalam penelitian kimia medisinal, *drug database screening* adalah teknik Bioinformatika yang sangat penting untuk proses penemuan obat. Penelitian ini menggunakan LigandScout untuk mencocokkan fitur *pharmacophore* dengan

basis data obat yang tersedia. Analisis hasil dapat dilakukan dengan cara melihat nilai ‘*Pharmacophore Fit Score*’ yang ditampilkan di tabel bagian bawah serta dengan menampilkan grafik ROC.

2. Penambatan Molekul

Persiapan Reseptor

Kompleks protein 3LN1 dipisahkan antara makromolekul dan ligan dengan menggunakan program Discovery Studio Visualizer®, kemudian dilakukan optimasi dengan penambahan atom hidrogen dan minimisasi energi. Hasil pemisahan tersebut disimpan dalam format .pdb.

Penyiapan Senyawa Uji

Ligan terlebih dahulu digambar ulang dengan menggunakan program ChemDraw® Ultra 12.0 dan diminimasi energi menggunakan program Chem3D® Pro 12.0 kemudian disimpan dengan format .pdb. Setelah dilakukan persiapan, dilakukan penentuan sifat fisikokimia senyawa berdasarkan *Lipinski's Rule of Five*

Validasi Metode

Validasi metode dilakukan untuk mengetahui apakah program yang digunakan untuk penambatan molekul sesuai persyaratan atau tidak untuk digunakan. Validasi metode *molecular docking* dilakukan dengan cara *redocking* antara ligan bawaan dari reseptor target yang diunduh dari situs bank data protein menggunakan perangkat lunak Autodock Tools®. Analisis yang digunakan untuk mengevaluasi hasil validasi yaitu nilai RMSD, situs pengikatan yang ditemukan dan parameter yang digunakan dianggap valid jika nilai RMSD $\leq 2\text{\AA}$.

Mengatur Grid Box

Pengaturan Grid Box dilakukan dengan membuka menu Grid pada Autodock Tools®.

Running Docking

Setelah semua pengaturan docking selesai kemudian running bisa dilakukan dengan menggunakan Autogrid4 dan Autodock4. Proses dapat dilakukan secara langsung melalui program Autodock Tools®. Setelah running selesai akan dihasilkan output dengan format .dlg yang dapat dibuka dengan bantuan program Notepad++® kemudian dilihat parameter yang dihasilkan berupa (ΔG dan Cluster) dan membandingkan hasil yang didapat satu dengan yang lainnya.

3. Pengujian Pre-ADMET

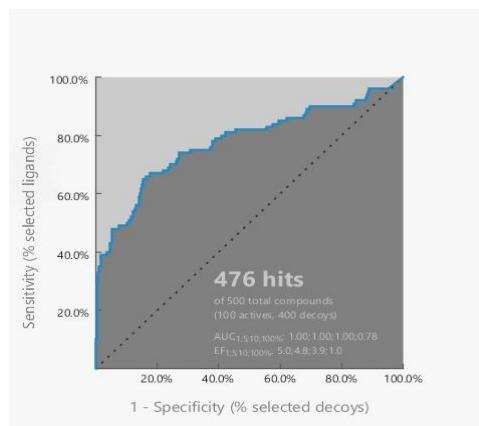
Pengujian yang dilakukan bertujuan untuk menganalisa parameter awal farmakokinetika yang meliputi absorpsi dan distribusi serta uji toksitas yang meliputi sifat mutagenik dan karsinogenik senyawa. Pengujian dilakukan secara online pada situs <http://preadme.bmdrc.kr/>. Hasil yang didapat berupa data disimpan dalam format .pdb.

Hasil dan Pembahasan

Skrining Farmakofor

Virtual screening farmakofor bertujuan pada pengayaan maksimum senyawa aktif pada daftar hit⁸. Oleh karena itu, metode tersebut biasanya divalidasi dengan menilai akurasi diskriminasi antara senyawa *active* dan *decoy*. Model farmakofor yang baik akan mampu mengidentifikasi sebagian besar senyawa *active* dan sedikit *decoy* yang dikenal. Hasilnya diketahui bahwa dari total senyawa *active* dan *decoy*

yaitu 500 didapatkan 476 senyawa hit dan nilai AUC_{100} sebesar 0.78/78% (Gambar 1). Ini artinya, metode dapat digunakan karena memenuhi persyaratan yaitu nilai $AUC_{100} \geq 70\%$.



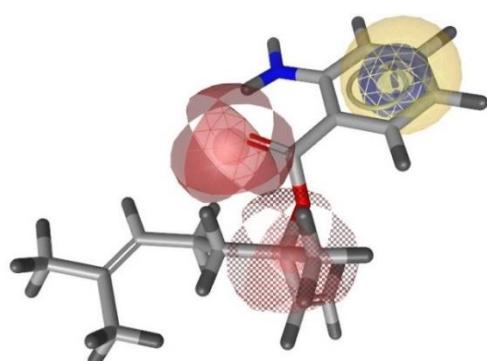
Gambar 1. Kurva validasi (kurva ROC)

Setelah dilakukan pengujian farmakofor pada 18 senyawa aktif daun asam jawa, hasilnya didapatkan 1 senyawa hit yang diprediksi dapat berikanan terhadap reseptor COX-2 yaitu Linalool dengan nilai pharmacophore fit score sebesar 52.11 (Tabel 1). Senyawa uji yang hit terhadap reseptor COX-2 yaitu Linalool menunjukkan fitur-fitur farmakofor yang berinteraksi dengan asam-asam amino yang bertanggung jawab dalam aktivitas farmakologinya terhadap sisi kantung aktif reseptor yang diprediksi sebagai inhibitor COX-2 (Gambar 2).

Tabel 2. Hasil Skrining Farmakofor Senyawa Daun Asam Jawa (*Tamarindus indica L.*)

No	Nama Senyawa	Pharmacophore Depiction	Pharmacophore Fit Score
1	Linalool		52.11

Keterangan : warna kuning = interaksi hidrofobik
warna merah = akseptor ikatan hidrogen
warna hijau = donor ikatan hidrogen



Gambar 2. Farmakofor model-1 hit dengan Linalool

Penambatan Molekul

Analisis sifat fisiko kimia ligan dilakukan berdasarkan *Lipinski's rule of five*. Aturan Lipinski dapat menunjukkan tingkat hidrofob/hidrofilitas molekul obat sebelum dilakukan simulasi *docking*. Berat molekul yang lebih dari 500 Da tidak dapat berdifusi menembus membran sel dengan cara difusi pasif. Nilai log P menyatakan koefisien kelarutan dalam lemak/air yang memiliki rentang -0,4 – 5. Semakin besar nilai log P, maka semakin hidrofobik molekul tersebut. Jumlah donor dan akseptor ikatan hidrogen mendeskripsikan semakin tinggi kapasitas ikatan hidrogen, maka semakin tinggi energi yang dibutuhkan agar proses absorpsi dapat terjadi.^{9,10}

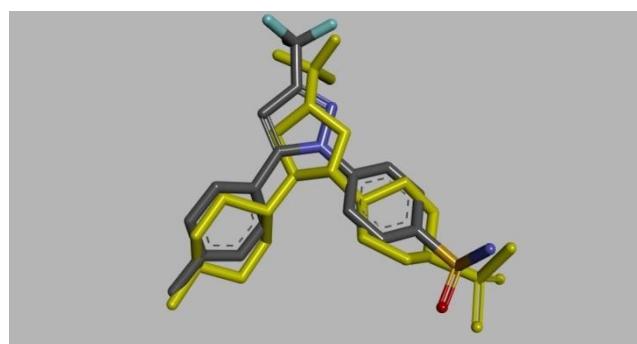
Tabel 5.Data sifat fisikokimia senyawa uji berdasarkan *Lipinski's rule of five*

No	Senyawa/Ligan Uji	Donor Hidrogen	Akseptor Hidrogen	Bobot molekul	Log P	Memenuhi/Tidak Memenuhi Syarat
1	6,10,14-trimethylpentadeca-5,9,13-trien-2-one	0	1	262.437	5.775	Tidak memenuhi
2	β -Sitosterol	1	1	414.718	8.025	Tidak memenuhi
3	Phytol	1	1	296.539	6.364	Tidak memenuhi
4	Diphenyl-ether	0	0	170.211	3.479	Memenuhi
5	Methyl Hexadecanoate	0	1	270.457	5.641	Tidak memenuhi
6	1-Methyl-4-propylbenzene (p-cymene)	0	0	134.222	2.948	Memenuhi
7	Limonene	0	0	136.238	3.309	Memenuhi
8	Linalool anthranilate	1	1	273.376	3.885	Memenuhi
9	2,6-ditert-butyl-4-methylphenol	1	1	220.356	4.296	Memenuhi
10	Methyl 3,5-ditert-butyl-4-hydroxybenzoate	1	2	264.365	3.542	Memenuhi
11	Longifolene	0	0	204.357	4.415	Memenuhi
12	Cryptopinone	1	1	286.459	5.546	Tidak memenuhi
13	3-eicosyne	0	0	278.524	7.351	Tidak memenuhi
14	10-Octadecenoic acid	0	2	282.468	6.109	Tidak memenuhi
15	Methyl 7,10-Octadecadienoate	0	1	294.479	5.973	Tidak memenuhi
16	Ethyl 9,12,15-Octadecatrienoate	0	1	292.463	5.749	Tidak memenuhi
17	Methyl 15-tricosenoate	0	2	368.646	8.673	Tidak memenuhi
18	Caryophyllene	0	0	204.357	4.725	Memenuhi

Syarat:

1. BM < 500 mg/mol
2. Log P < 5
3. Donor Hidrogen < 5
4. Akseptor Hidrogen < 10

Proses penambatan molekul dilakukan dengan menggunakan aplikasi AutoDock Tools. Parameter hasil penambatan molekul dapat dilihat dari nilai energi bebas Gibbs atau energi ikatan (ΔG) dan konstanta inhibisi (KI). Semakin rendah nilai energi ikatannya, maka ikatan kompleks senyawa dengan reseptor akan semakin kuat karena terjadi kestabilan dan kekuatan interaksi non-kovalen pada senyawa dengan reseptor. Tahapan pertama yang dilakukan adalah redocking dengan ligan standar (Gambar 4) dan penentuan grid box. Dari hasil *redocking* didapatkan nilai RMSD sebesar 0,863 Å yang artinya reseptor tersebut memenuhi syarat karena nilai hasil RMSD < 2Å (Tabel 3).



Gambar 4. Visualisasi tumpang tindih ligan alami Celecoxib (warna abu gelap) dengan ligan hasil *redocking* (warna kuning)

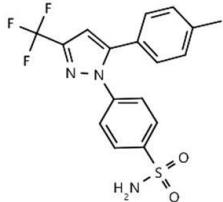
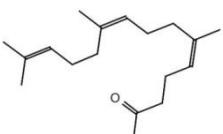
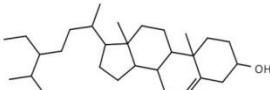
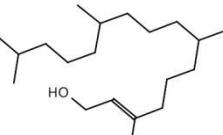
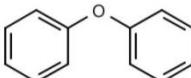
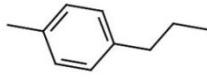
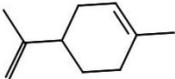
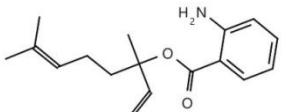
Tabel 3. Hasil validasi metode dengan *redocking* dengan celecoxib

Kode PDB	Grid Box	Tingkat Validasi	Validasi		Ikatan Energi (kkal/mol)
			RMSD Cluster (Å)	RMSD Reference (Å)	
3LN1	X: 77.870 Y: -15.391 Z: -7.855	2.500.000	0.00	0.863	-7.98

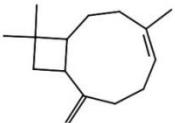
Dari ke-18 senyawa daun asam jawa yang berhasil ditambatkan, terdapat 2 senyawa yang energi ikatannya lebih rendah dibanding ligan alaminya (Tabel 4), yaitu linalool (-9.21 kkal/mol) dan cryptopinone (-8.21 kkal/mol). Dipilih 1 senyawa uji yang memiliki ikatan energi lebih rendah dibandingkan dengan ligan alaminya berdasarkan parameter ΔG dan KI yaitu Linalool.

Selain parameter nilai ΔG dan KI, diamati juga interaksi residu (asam amino) reseptor dengan ligan dari ikatan hidrogen. Berdasarkan data yang dihasilkan, terdapat interaksi antara ligan alami Celecoxib dengan reseptor yang menghasilkan 8 residu asam amino yaitu ILE503, PHE504, ARG499, GLN178, HIS75, SER339, TYR 371 dan ARG106. Senyawa uji dengan energi yang lebih rendah dari obat pembanding yaitu Linalool menunjukkan 1 ikatan hidrogen dengan residu asam amino TYR371.

Tabel 4. Hasil penambatan molekul berdasarkan nilai energi ikatan (ΔG) beserta nilai konstanta inhibisi (KI) dan residu asam aminonya

No	Senyawa/Lig an Uji	Struktur	ΔG (kkal/mol)	Jumlah Ikatan Hidrogen	Residu Asam Amino	KI
Ligan Alami						
	Ligan Alami Celecoxib		-7.98	8	ILE503, GLN178, PHE504, HIS75, TYR371, SER339, ARG449.106	62.85 nM
Senyawa Aktif Asam Jawa (<i>Tamarindus indica</i> L.)						
1	6,10,14-trimethylpentadeca-5,9,13-trien-2-one		-6.01	1	ARG346	55.48 nM
2	Phytol		-7.11	2	GLU305, ARG346	64.15. nM
3	β -Sitosterol		-6.92	1	GLU305	69.67 nM
4	Diphenyl-ether		-5.40	-	-	52.25 nM
5	Methyl Hexadecanoate		-6.26	1	ARG346	58.76 nM
6	1-Methyl-4-propylbenzene (p-cymene)		-6.48	-	-	96.22 nM
7	Limonene		-5.91	-	-	96.3 nM
8	Linalool anthranilate		-9.21	1	TYR371	62.41 nM

No	Senyawa/Lig an Uji	Struktur	ΔG (kcal/mol)	Jumlah Ikatan Hidrogen	Residu Asam Amino	KI
9	2,6-ditert-butyl-4-methylphenol		-5.75	1	LEU298	52.07 nM
10	Methyl 3,5-ditert-butyl-4-hydroxybenzoate		-6.11	1	LEU298	11.14 nM
11	Longifolene		-6.99	-	-	21.4 nM
12	Cryptopinone		-8.21	1	SER339	89.13 nM
13	3-eicosyne		-6.78	-	-	51.99 nM
14	10-Octadecenoic acid		-6.12	2	GLU305, ARG346	63.09 nM
15	Methyl 7,10-Octadecadien oate		-6.96	1	HIS475	41.26nM
16	Ethyl 9,12,15-Octadecatrienoate		-6.58	1	ARG346	72.28nM
17	Methyl 15-tricosenoate		-5.44	-	-	63.55nM

No	Senyawa/Ligan Uji	Struktur	ΔG (kkal/mol)	Jumlah Ikatan Hidrogen	Residu Asam Amino	KI
18	Caryophyllene		-6.15	-	-	41.07nM

Pengujian Pre-ADMET

Pengujian Pre-ADMET dilakukan terhadap 18 senyawa menggunakan server admetSAR. Protein Plasma Binding, Caco-2 probabilitas, serta probabilitas HIA. Protein Plasma Binding merupakan prediksi distribusi berdasarkan keterikatan dengan protein plasma., Skor HIA (penyerapan usus manusia) yang tinggi menunjukkan absorbansi yang lebih baik di saluran usus setelah pemberian oral. Hit bersifat mutagenik atau tidak, dikonfirmasi oleh tes Ames. Pengujian toksitas dilakukan oleh tes Toksisitas Ames di situs PreADMET(Tabel 6 & Tabel 7).

Tabel 6. Data hasil pengujian PreADME pada ke 18 senyawa aktif daun asam jawa (*Tamarindus indica L.*)

No	Nama Senyawa	Caco-2 cell (nm ⁻¹ sec ⁻¹)	HIA (%)	Protein Plasma Binding
1	6,10,14-trimethylpentadeca-5,9,13-trien-2-one	56.6804 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
2	β -Sitosterol	52.3734 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
3	Phytol	38.7817 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
4	Diphenyl-ether	22.5539 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
5	Methyl Hexadecanoate	45.8362 ^b	100.00 ^a	100.0 ^a
6	1-Methyl-4-propylbenzene (p-cymene)	23.4336 ^b	100.00 ^a	100.0 ^a
7	Limonene	23.6317 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
8	Linalool anthranilate	37.4763 ^b	96.005494 ^a	95.05476 ^a
9	2,6-ditert-butyl-4-methylphenol	45.9116 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
10	Methyl 3,5-ditert-butyl-4-hydroxybenzoate	22.8946 ^b	95.001042 ^a	100.00 ^a
11	Longifolene	23.4939 ^b	100.00 ^a	92.352757 ^a
12	Cryptopinone	44.363 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
13	3-eicosyne	22.518 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
14	10-Octadecenoic acid	28.1906 ^b	98.436935 ^a	100.00 ^a
15	Methyl 7,10-Octadecadienoate	47.1151 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
16	Ethyl 9,12,15-Octadecatrienoate	47.0406 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a
17	Methyl 15-tricosenoate	35.2315 ^b	98.083030 ^a	100.00 ^a
18	Caryophyllene	23.6315 ^b	100.00 ^a	100.00 ^a

Klasifikasi:

In Vitro Caco-2 cell permeability (nm sec^{-1}) :> 70 higher permeability (a),
4-70 medium permeability (b),
<4 low permeability (c)
% human intestinal absorption (% HIA): 70-100% well absorbed (a),
20-70% moderately absorbed (b),
0-20% poorly absorbed (c);
% plasma protein binding:> 90% strongly bound (a),
<90% weakly bound (b).

Tabel 7. Hasil Prediksi Toksisitas dari 18 senyawa aktif daun asam jawa (*Tamarindus indica L.*)

No	Nama Senyawa	Toksisitas	Karsinogenisitas
1	6,10,14-trimethylpentadeca-5,9,13-trien-2-one	Non-mutagen	Positif
2	β -Sitosterol	Non-mutagen	Negatif
3	Phytol	Non-mutagen	Negatif
4	Diphenyl-ether	Mutagen	Positif
5	Methyl Hexadecanoate	Non-mutagen	Positif
6	1-Methyl-4-propylbenzene (p-cymene)	Mutagen	Negatif
7	Limonene	Mutagen	Positif
8	Linalool anthranilate	Non-mutagen	Positif
9	2,6-ditert-butyl-4-methylphenol	Non-mutagen	Negatif
10	Methyl 3,5-ditert-butyl-4-hydroxybenzoate	Non-mutagen	Negatif
11	Longifolene	Mutagen	Positif
12	Cryptopinone	Non-mutagen	Positif
13	3-eicosyne	Non-mutagen	Positif
14	10-Octadecenoic acid	Mutagen	Positif
15	Methyl 7,10-Octadecadienoate	Non-mutagen	Positif
16	Ethyl 9,12,15-Octadecatrienoate	Non-mutagen	Positif
17	Methyl 15-tricosenoate	Non-mutagen	Positif
18	Caryophyllene	Mutagen	Positif

Kesimpulan

Dari hasil penelitian Linalool menunjukkan hasil pengujian farmakofor yang baik (nilai pharmacophore fit score : 52.11), penambatan molekul yang memiliki energi bebas yang lebih rendah dari ligan alami (nilai ikatan energi bebas -9.21 kkal/mol), hasil prediksi parameter absorpsi dan distribusi menunjukkan bahwa senyawa hasil Pre-Admet menunjukkan bahwa linalool memiliki profil farmakokinetika yang baik (Caco-2 cell ($37.4763 \text{ nmsec}^{-1}$), HIA (96.0055%) dan Protein Plasma Binding (95.05476%)) dan untuk pengujian toksisitasnya, linalool menunjukkan bersifat non-mutagenik, namun bersifat karsinogenik sehingga diperlukan modifikasi lanjutan

untuk menghilangkan sifat karsinogeniknya. Hal ini menunjukkan bahwa Linalool memiliki potensi sebagai antiinflamasi selektif COX-2 dibandingkan dengan senyawa aktif asam jawa lainnya.

Daftar Pustaka

1. Hardman JGL dan LE. Goodman & Gilman Dasar Farmakologi Terapi. Edisi Kesepuluh. Farmasi ITB. Jakarta. EGC. 2012. 396-403p
2. Hamzah NTM. 2015. Studi Farmakofor Reseptor COX-2 Sebagai Anti Inflamasi. 2(3). 99–107p
3. Tanto C. Kapita Selekta Kedokteran. Edisi Keempat. Jakarta. Media Aesculapius. 2014. 230-232p
4. Richard K. Kim YG, Gilbert MM and Youngmin K. Anti-inflammatory and analgesic potential of Tamarindus indica Linn. (Fabaceae): a narrative review. Integr Med Res. 2019 Sep; 8(3): 181–186. doi: 10.1016/j.imr.2019.07.002
5. Hani F. 2013. Efektivitas Ekstrak Daun Asam Jawa (*Tamarindus indica* L.) Terhadap Daya Hambat *Staphylococcus Epidermidis*. 77-79p
6. Richard BC., Douglas A C., Robert HT. In Silico Modelling of Physiologic Systems. Best Pract Res Clin Anaesthesiol. 2011 Dec;25(4):499-510. DOI: 10.1016/j.bpa.2011.08.006
7. Muchtaridi, Muhammad Yusuf. Teori dan Praktek Penambatan Molekul (*Molecular Docking*). Bandung. UNPAD Press. 2018. 15-64p
8. Wolber Dornhofer A dan Langer T. 2012. Efficient overlay of small organic molecules using 3D pharmacophores. 20(12). 773-788p
9. Leslie ZB, Chelsea MH, Oleg U, and Tudor IO. BDDCS, the Rule of 5 and Drugability, Adv Drug Deliv Rev. 2016 Jun 1; 101: 89–98. doi: 10.1016/j.addr.2016.05.007
10. Lipinski CA. Drug-like properties and the causes of poor solubility and poor permeability. J Pharmacol Toxicol Methods. 2000;44(1):235–49.