

## INTISARI

### **PEMODELAN DAN ANALISIS MATEMATIS INTERAKSI ANTAR ENZIM PADA *SARS-CoV-2***

Oleh

HANIEFA ATZZAHRA

22/499210/PPA/06332

Penelitian ini berfokus pada pemodelan matematis dan analisis interaksi enzim *SARS-CoV-2*. Penelitian ini bertujuan untuk menjelaskan mekanisme keterlibatan enzim dalam proses infeksi virus, khususnya enzim yang berperan dalam memfasilitasi masuknya virus dan replikasinya. Model matematika yang dikembangkan didasarkan pada kinetika Michaelis-Menten untuk menggambarkan dinamika interaksi antara protein imun, protein virus, dan protein sel. Model tersebut mencakup parameter untuk tingkat produksi dan degradasi protein-protein tersebut, serta tingkat interaksinya. Simulasi numerik dilakukan dengan menggunakan metode Runge-Kutta orde 4 untuk menganalisis kondisi bebas infeksi dan infeksi COVID-19. Penelitian berfokus pada peran penting berbagai enzim, seperti ACE2, TMPRSS2, dan protease virus, dalam patogenesis SARS-CoV-2. Penelitian ini memberikan wawasan lebih dalam mengenai target terapi potensial dan strategi pengobatan COVID-19.

## ABSTRACT

# MATHEMATICAL MODELING AND ANALYSIS OF SARS-CoV-2 ENZIM INTERACTION

By

HANIEFA ATZZAHRA

22/499210/PPA/06332

This research focuses on the mathematical modeling and analysis of SARS-CoV-2 protein interactions. The research primarily aims to elucidate the mechanisms of enzyme involvement in the viral infection process, particularly those enzymes that facilitate viral entry and replication. The mathematical model developed is based on the Michaelis-Menten kinetics to describe the interaction dynamics among immune proteins, virus proteins, and cell proteins. The model includes parameters for production and degradation rates of these proteins, as well as their interaction rates. Numerical simulations are conducted using the 4th order Runge-Kutta method to analyze both COVID-19 infection-free and infection states. The results highlight the critical roles of various enzymes, such as ACE2, TMPRSS2, and viral proteases, in SARS-CoV-2 pathogenesis. These findings contribute to a deeper understanding of potential therapeutic targets and strategies for COVID-19 treatment.