



REVIEW ARTIKEL: STUDI PENAMBATAN MOLEKULER SENYAWA ALAMI SEBAGAI KANDIDAT TERAPI KANKER SERVIKS

Rio Anggi Setiawan¹✉, Saeful Amin²

^{1, 2)} Program Studi Farmasi, Universitas Bakti Tunas Husada

✉ Corresponding author:

rioanggisetiawan24@gmail.com

Abstrak

Kanker serviks masih menjadi masalah kesehatan global dengan 604.000 kasus baru dan 342.000 kematian setiap tahun. Human Papillomavirus (HPV) tipe 16 dan 18 merupakan penyebab utama melalui onkoprotein E6 dan E7 yang menginaktivasi gen supresor tumor. Meskipun pengobatan kanker serviks telah mengalami kemajuan, pilihan terapi pada stadium lanjut masih terbatas dan sering menghadapi tantangan resistensi obat serta efek samping. Studi ini mengkaji penggunaan metode penambatan molekul (*molecular docking*) untuk mengidentifikasi senyawa potensial sebagai terapi kanker serviks dengan melakukan tinjauan sistematis terhadap literatur ilmiah. Hasil penelusuran menunjukkan beberapa senyawa seperti Neoechinulin, Galangin, Belisnostat, Asarinin, dan Thizolo memiliki afinitas ikatan yang tinggi terhadap protein HPV-16 L1, E6, dan E7 dengan nilai energi ikatan bebas berkisar -7,2 hingga -8,9 kcal/mol. Temuan ini memberikan dasar ilmiah untuk pengembangan kandidat obat multitarget berbasis senyawa alami yang berpotensi menjadi alternatif terapi kanker serviks dan menjustifikasi penelitian lanjutan secara in vitro maupun in vivo.

Kata Kunci: Molecular Docking, Senyawa Potensial, Kanker Serviks, HPV-16, Antikanker

Abstract

Cervical cancer remains a global health concern with 604,000 new cases and 342,000 deaths annually. Human Papillomavirus (HPV) types 16 and 18 are the main causative agents through E6 and E7 oncoproteins that inactivate tumor suppressor genes. Despite advances in cervical cancer treatment, therapeutic options for advanced stages remain limited and often face challenges of drug resistance and side effects. This study examines the application of molecular docking methods to identify potential compounds for cervical cancer therapy through a systematic review of scientific literature. The findings reveal several compounds including Neoechinulin, Galangin, Belisnostat, Asarinin, and Thizolo exhibiting high binding affinities to HPV-16 L1, E6, and E7 proteins with binding free energy values ranging from -7.2 to -8.9 kcal/mol. These findings provide a scientific basis for the development of natural compound-based multitarget drug candidates with potential as alternative cervical cancer therapies and justify further in vitro and in vivo investigations.

Keywords: Molecular Docking, Potential Compounds, Cervical Cancer, HPV-16, Anticancer

PENDAHULUAN

Kanker merupakan pertumbuhan sel-sel tubuh yang abnormal. Kanker ini sangat berbahaya, mengancam bahkan bisa merenggut nyawa seseorang (Amin & Meithasari, 2025). Kanker serviks adalah jenis kanker yang berkembang pada sel-sel leher rahim (serviks), yaitu bagian bawah rahim yang menghubungkan rahim dengan vagina (Vera Novalia, 2023). Berdasarkan data *World Health Organization (WHO)* tahun 2023, sekitar 604.000 kasus baru dan 342.000 kematian akibat kanker serviks tercatat secara global setiap tahun. Penyebab utamanya adalah infeksi Human Papillomavirus (HPV), khususnya tipe 16 dan 18, yang berperan dalam karsinogenesis serviks melalui ekspresi onkoprotein E6 dan E7 yang menginaktivasi gen supresor tumor p53 dan Rb (World Health Organization, 2023).

Onkoprotein E6 dan E7 dari HPV tipe 16 memiliki peran krusial dalam proses karsinogenesis dengan mengganggu berbagai jalur signaling seluler (Janiszewska et al., 2024). Tian et al. (2024) menjelaskan bahwa E6 mempromosikan degradasi p53 melalui jalur ubiquitin-proteasome, sementara E7 menginaktivasi protein retinoblastoma (pRb), sehingga menyebabkan proliferasi sel yang tidak terkontrol. Interaksi antara protein-protein onkogenik ini membentuk target molekuler spesifik yang berpotensi dimanfaatkan dalam perancangan terapi yang lebih selektif dan terarah terhadap sel kanker (Chitsike & Duerksen-Hughes, 2021).

Walaupun telah terjadi kemajuan dalam diagnosis dini dan pengembangan vaksin HPV, pilihan pengobatan untuk kanker serviks stadium lanjut masih terbatas dan kerap menghadapi tantangan seperti resistensi obat, efek samping yang bermakna, serta tingkat keberhasilan yang belum optimal. Sebagaimana dikemukakan oleh Ortega-Prieto et al. (2024), diperlukan pendekatan terapi baru yang tidak hanya menargetkan virus penyebab tetapi juga jalur-jalur molekuler yang terlibat dalam perkembangan kanker.

Dalam ranah ini, *in silico drug design*, khususnya melalui metode penambatan molekuler (*molecular docking*), hadir sebagai alat penting untuk mengidentifikasi senyawa bioaktif yang berpotensi sebagai agen antikanker (Amin & Pratama, 2025). Metode komputasi ini memungkinkan peneliti melakukan simulasi interaksi antara molekul obat potensial (ligan) dengan target molekuler spesifik yang berperan dalam perkembangan penyakit, seperti enzim atau reseptor (Amin, Wulandari, et al., 2025). Keuntungan signifikan dari pendekatan *in silico molecular docking* ini mencakup pengurangan substansial dalam biaya dan waktu pengembangan obat, minimalisasi kebutuhan akan pengujian pada hewan, kemampuan untuk menyaring ribuan senyawa dalam waktu singkat, prediksi yang akurat mengenai konformasi pengikatan dan energi afinitas, serta identifikasi tepat sasaran pada lokasi aktif protein target yang dapat mengarah pada optimasi struktur molekul untuk meningkatkan potensi terapeutik (Amin, Meilani, et al., 2025). Kumar & Narad (2023) menyatakan bahwa keberhasilan pendekatan ini dalam penapisan senyawa alami yang menargetkan onkoprotein HPV, dengan beberapa kandidat menunjukkan afinitas ikatan yang menjanjikan.

Pemanfaatan senyawa alami sebagai dasar pengembangan obat kanker serviks telah mendapatkan perhatian luas. Penelitian oleh Aarthiy et al. (2022)) menunjukkan bahwa senyawa bioaktif memiliki kemampuan multitarget, secara simultan menghambat aktivitas protein E6 dan E7 HPV. Hal ini diperkuat oleh Veerabahu et al. (2024) yang mendemonstrasikan bahwa fitokimia dari tanaman obat menunjukkan afinitas tinggi pada situs aktif kedua onkoprotein tersebut berdasarkan hasil *in silico*.

Sejumlah studi terkini telah memanfaatkan teknik *molecular docking* untuk mencari senyawa yang mungkin berguna dalam pengobatan kanker serviks. Meski sudah banyak laporan tentang potensi berbagai senyawa untuk terapi kanker serviks, masih jarang ditemukan tinjauan yang secara sistematis menganalisis dan membandingkan data docking dari beragam senyawa terhadap dua target sekaligus, yang dapat membantu menemukan kandidat multitarget yang menjanjikan. Karena itu, artikel ini bertujuan mengkaji secara mendalam penggunaan metode *molecular docking* dalam penemuan senyawa potensial untuk terapi kanker serviks dan mengevaluasi senyawa-senyawa dengan daya ikat tertinggi berdasarkan data docking yang ada. Harapannya, tinjauan ini dapat menjadi landasan untuk penelitian lanjutan dalam pengembangan obat antikanker serviks yang lebih efektif dan selektif, sekaligus memberikan perspektif berharga bagi para peneliti di bidang farmakologi komputasi dan kimia obat.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini dilakukan dengan metode studi literatur melalui penelaahan artikel-artikel ilmiah yang membahas hasil-hasil riset terkait pemanfaatan metode *in silico* untuk mengidentifikasi senyawa berpotensi sebagai antikanker serviks. Proses pengumpulan data dilakukan dengan menelusuri dan menganalisis sumber-sumber sekunder yang tersedia secara daring, khususnya melalui Google Scholar dengan kurun waktu tahun 5 tahun terakhir. Dalam

pencarian literatur, digunakan kata kunci seperti kanker servik, *molecular docking*, dan *in silico* untuk mendapatkan referensi yang relevan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

HASIL

Berdasarkan hasil telaah pada artikel-artikel yang diperoleh, ditemukan sejumlah literatur yang membahas *molecular docking* senyawa potensial antikanker servik. Hasil review artikel disajikan dalam Tabel 1.

Tabel 1. Hasil Review

No	Metode	Senyawa	Reseptor	PDB/ Uniprot ID/ NCBI ID	Energi Ikatan Bebas (kcal/mol)	Referensi
1.	<i>Molecular Docking</i>	- Noechinulin - Tyrphostin B42 - Phloretin	HPV-16 L1	5W1O	-7.6 -7.4 -6.7	(Younas, Nosheen, et al., 2025)
2.	<i>Molecular Docking</i>	- Piperine - Retrofractamide A - Retrofractamide B - Retrofractamide C - Retrofractamide D - Piperlonguminine - Pipernonaline - Dehydropipernonaline - Pellitorine - Germacrene D - ar-Turmerone - Luteolin - Jaceosidin	HPV-16 E6	4GIZ	6.7 -7.2 -6.5 -6.1 -6.5 -6.5 -6.4 -7.2 -5.5 -6.2 -6.2 -7.3 -7.0	(Mahindra et al., 2024)
3.	<i>Molecular Docking</i>	- Asarinin - Thiazolo[3,2-a]benzimidazol-3(2H)-one,2-(2-fluorobenzylideno)-7,8-dimethyl - Ellagic acid - Magnoflorine - Galbacin	HPV-16 E6	P03126	-8.2 -8.2 -8.0 -7.9 -7.8	(Hidayatullah et al., 2025)
4.	<i>Molecular Docking</i>	- Galangin - Tyrphostin B42 - Belisnostat - Neoechinulin - Phloretin - Kaempferol	HPV-16 E6 HPV-16 E7	4XR8 NC_001526.4	-8.8 -8.3 -8.2 -8.9 -7.8 -7.2	(Younas, Malik, et al., 2025)

Berdasarkan hasil review pada Tabel 1, seluruh studi menggunakan metode *molecular docking* untuk mengevaluasi senyawa-senyawa potensial sebagai penghambat enzim yang berfokus pada HPV-16 L1, HPV-16 E6 dan HPV-16 E7 sebagai target reseptor.

PEMBAHASAN

Penelitian ini menggunakan metode literatur dan melalui penelaahan artikel ini dari kata kunci kanker servik pada pencarian Google Scholar dihasilkan 992 artikel, kemudian kata kunci *molecular docking* dihasilkan 1000 artikel, lalu dengan kata kunci *in silico* dihasilkan 1000 artikel, diseleksi lagi didapatkanlah literatur yang relevan terdapat pada Tabel 1. Tabel 1 ini berisikan 4 artikel dari penelitian Younas, Nosheen, et al. (2025), Mahindra et al. (2024), Hidayatullah et al. (2025), dan Younas, Malik, et al. (2025).

Pada Tabel 1 berisi Noechinulin, Tyrphostin B42, dan Phloretin menghasilkan energi ikatan bebas masing-masing -7.6, -7.4, dan -6.7 kcal/mol terhadap HPV-16 L1 (PDB ID: 5W1O), memberikan indikasi afinitas yang cukup tinggi (Younas, Nosheen, et al., 2025). 13 senyawa diuji pada HPV-16 E6 (PDB ID: 4GIZ) dari penelitian Mahindra et al., (2024) senyawa yang menunjukkan energi ikatan bebas terbesar adalah Luteolin sebesar -7.3 kcal/mol yang terbilang moderat dan senyawa yang paling kecil adalah Pellitorine sebesar -5.5 kcal/mol yang mengindikasikan ini moderat. 5 senyawa diantaranya yaitu: Asarinin, Thizolo, Ellagic acid, Magnoflorine, dan Galbacin menunjukkan energi ikatan bebas masing-masing -8.2, -8.2, -8.0, -7.9, dan -7.8 kcal/mol terhadap HPV-16 E6 memberikan indikasi bahwa 5 senyawa tersebut memiliki afinitas yang tinggi dan bisa dipertimbangkan sebagai kandidat (Hidayatullah et al., 2025).

Galangin, Tyrphostin B42, Belisnostat, Neoechinulin, Phloretin, dan Kaempferol menghasilkan energi ikatan bebas masing-masing -8.8, -8.3, -8.2, -8.9, -7.7, dan -7.2 kcal/mol terhadap HPV-16 E6 (PDB ID: 4XR8) dan HPV-16 E7 (PDB ID: NC_001526.4), memberikan indikasi afinitas yang tinggi (Younas, Malik, et al., 2025). Di antara senyawa-senyawa tersebut, Neoechinulin menunjukkan energi ikatan bebas terbesar yaitu -8.9 kcal/mol yang mengindikasikan potensi inhibisi yang sangat baik, sementara Kaempferol menunjukkan nilai terendah sebesar -7.2 kcal/mol yang masih tergolong afinitas yang cukup kuat. Hasil ini menunjukkan bahwa seluruh senyawa pada kelompok ini memiliki afinitas yang tinggi dan dapat dipertimbangkan sebagai kandidat potensial untuk pengembangan inhibitor HPV-16.

Analisis lebih lanjut tentang interaksi molekuler antara senyawa-senyawa tersebut dengan protein target memberikan wawasan yang lebih mendalam mengenai mekanisme potensial penghambatan. Neoechinulin, yang memiliki energi ikatan bebas tertinggi (-8.9 kcal/mol) terhadap HPV-16 E7, diduga membentuk ikatan hidrogen dengan residu asam amino kunci pada situs aktif protein tersebut. Pada studi Younas, Malik, et al. (2025), visualisasi kompleks Neoechinulin-E7 menunjukkan bahwa senyawa ini berinteraksi dengan residu-residu pada domain zinc finger yang sangat penting untuk fungsi onkogenik E7. Interaksi ini secara potensial dapat mengganggu kemampuan E7 untuk mengikat dan menginaktivasi protein retinoblastoma (pRb), sehingga menghambat proliferasi sel kanker.

Sementara itu, Galangin yang menunjukkan afinitas tinggi terhadap HPV-16 E6 (-8.8 kcal/mol) memiliki karakteristik struktural yang memungkinkannya berinteraksi dengan situs pengikatan E6 pada protein supresor tumor p53. Analisis interaksi protein-ligan menunjukkan bahwa gugus hidroksil pada struktur flavonoid Galangin membentuk ikatan hidrogen dengan residu-residu polar di situs aktif E6, sementara cincin aromatiknya terlibat dalam interaksi π - π dengan residu tirosin dan fenilalanin pada protein target. Interaksi ini berpotensi mengganggu kompleks E6-E6AP yang diperlukan untuk degradasi p53, sehingga memungkinkan reaktivasi jalur apoptosis pada sel kanker serviks.

Perbandingan dengan inhibitor HPV konvensional menunjukkan bahwa senyawa-senyawa alami yang diidentifikasi dalam studi ini memiliki beberapa keunggulan potensial. Belisnostat, misalnya, merupakan inhibitor histone deacetylase (HDAC) yang telah dikenal dan disetujui untuk beberapa jenis kanker lain. Dengan energi ikatan -8.2 kcal/mol terhadap E6, senyawa ini menunjukkan mekanisme dual-targeting yang menarik, yaitu menghambat aktivitas HDAC sekaligus berinteraksi dengan onkoprotein HPV. Pendekatan multitarget ini dapat menjadi strategi yang lebih efektif dalam mengatasi resistensi obat yang sering muncul dalam terapi kanker.

Beberapa senyawa yang diidentifikasi dalam studi-studi ini juga telah dilaporkan memiliki aktivitas antikanker melalui jalur molekuler lain. Ellagic acid dan Luteolin, misalnya, telah terbukti memiliki efek anti-inflamasi, antioksidan, dan pro-apoptosis dalam berbagai model sel kanker (Aarthy et al., 2022). Kombinasi mekanisme ini dengan kemampuan menghambat onkoprotein HPV menunjukkan potensi terapeutik yang menjanjikan untuk pengembangan agen antikanker serviks yang lebih komprehensif.

Perlu dicatat bahwa energi ikatan bebas dari hasil *molecular docking* tidak selalu berkorelasi langsung dengan aktivitas biologis secara *in vitro* maupun *in vivo*. Faktor-faktor seperti stabilitas

kompleks protein-ligan, bioavailabilitas senyawa, serta metabolisme *in vivo* dapat mempengaruhi efikasi terapeutik secara signifikan. Oleh karena itu, validasi eksperimental melalui uji enzimatik, kultur sel, dan model hewan menjadi langkah kritis dalam pengembangan kandidat obat lebih lanjut.

Analisis farmakokinetik *in silico* terhadap senyawa-senyawa potensial juga penting untuk dipertimbangkan. Studi oleh Hidayatullah et al. (2025) melaporkan bahwa Asarinin dan Thizolo, selain memiliki afinitas tinggi terhadap HPV-16 E6, juga menunjukkan sifat ADMET (Absorpsi, Distribusi, Metabolisme, Ekskresi, dan Toksisitas) yang menguntungkan berdasarkan prediksi komputasional. Kedua senyawa tersebut diperkirakan memiliki permeabilitas membran yang baik, stabilitas metabolik yang memadai, dan toksisitas yang rendah, sehingga meningkatkan prospek pengembangan klinisnya.

Tantangan utama dalam pengembangan inhibitor onkoprotein HPV adalah spesifisitas target. Protein HPV-16 E6 dan E7 memiliki struktur yang unik dengan domain-domain fungsional yang juga ditemukan pada protein seluler normal. Oleh karena itu, desain obat yang menargetkan protein-protein ini harus mempertimbangkan selektivitas untuk meminimalkan efek samping pada sel normal. Pendekatan *structure-based drug design* yang memanfaatkan data kristalografi resolusi tinggi dari protein target dapat membantu mengatasi tantangan ini.

Selain itu, strategi kombinasi yang mengintegrasikan inhibitor onkoprotein HPV dengan agen kemoterapi konvensional atau imunoterapi juga menjanjikan untuk meningkatkan efikasi pengobatan kanker serviks. Kumar dan Narad (2023) mengemukakan bahwa kombinasi senyawa alami yang menargetkan E6/E7 dengan cisplatin atau paclitaxel dapat menghasilkan efek sinergistik dan mengurangi dosis obat kemoterapi yang diperlukan, sehingga meminimalkan toksisitas sistemik.

Dalam konteks pengembangan obat berbasis senyawa alami, penting untuk mempertimbangkan aspek kelestarian sumber daya dan kemudahan sintesis. Neoechinulin, yang menunjukkan afinitas tertinggi dalam studi ini, merupakan metabolit sekunder dari jamur *Aspergillus* yang dapat diproduksi melalui fermentasi skala besar. Sementara itu, flavonoid seperti Galangin dan Kaempferol tersedia secara melimpah dalam berbagai tanaman obat, menjadikannya kandidat yang menarik dari perspektif keberlanjutan dan biaya produksi.

SIMPULAN

Dari kajian yang telah dilakukan, *molecular docking* terbukti menjadi pendekatan yang efektif untuk menemukan senyawa-senyawa alami yang berpotensi menghambat protein HPV-16 L1, E6, dan E7. Beberapa senyawa seperti Neoechinulin, Galangin, Belisnostat, Asarinin, dan Thizolo memperlihatkan daya ikat yang kuat, sehingga layak dipertimbangkan sebagai calon obat yang dapat menargetkan beberapa protein HPV sekaligus.

SARAN

Temuan ini membuka jalan untuk penelitian lebih lanjut dengan pengujian laboratorium, baik menggunakan sel (*in vitro*) maupun hewan percobaan (*in vivo*), untuk memastikan keampuhan senyawa-senyawa tersebut dalam terapi kanker servik.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penghargaan dan rasa terima kasih kami haturkan kepada Universitas Bakti Tunas Husada Tasikmalaya yang telah memberikan berbagai bentuk dukungan serta menyediakan sarana dan prasarana yang sangat membantu dalam menyelesaikan penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

Aarthy, M., Muthuramalingam, P., Ramesh, M., & Singh, S. K. (2022). Unraveling the multi-targeted curative potential of bioactive molecules against cervical cancer through integrated omics and systems pharmacology approach. *Scientific Reports*, 12(1), 1–19. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-18358-7>

- Amin, S., Meilani, Y., Nabila, T. Z., & Imani, A. D. (2025). Studi in Silico Senyawa Alam sebagai Kandidat Obat Antikanker. *Indonesian Research Journal on Education*, 5, 72–76.
- Amin, S., & Meithasari, F. (2025). Peran kimia medisinal dalam pengembangan obat anti kanker. 1(6), 1327–1333.
- Amin, S., & Pratama, D. E. (2025). Peran Kimia Medisinal Dalam Pengembangan Obat Antikanker : Pendekatan Komputasi Dan Eksplorasi Senyawa Bioaktif Dari Sumber. 1(6), 1356–1361.
- Amin, S., Wulandari, A., Niktar, I., & Wati, E. W. (2025). Aktivitas Antikanker Senyawa N-Etil-N-Feniltiourea secara In Silico dan In Vitro Pada Sel Kanker Payudara T47D dan Selektivitasnya pada Sel Normal Vero. *Trusted Pharmacist for a Better Quality of Life*, 5(3), 123–129.
- Chitsike, L., & Duerksen-Hughes, P. J. (2021). PPI modulators of E6 as potential targeted therapeutics for cervical cancer: Progress and challenges in targeting e6. *Molecules*, 26(10). <https://doi.org/10.3390/molecules26103004>
- Hidayatullah, A., Widiastuti, D., Putra, W. E., Rifa'i, M., Heikal, M. F., & Sustiprijatno. (2025). Virtual Screening, Molecular Docking and Molecular Dynamics Simulation of Bioactive Compounds from Various Indonesian Medicinal Plants as Potential Inhibitors of Human Papillomavirus Type 16 E6 Protein in Cervical Cancer Development. *Tropical Life Sciences Research*, 36(1), 1–24. <https://doi.org/10.21315/tlsr2025.36.1.1>
- Janiszewska, J., Kostrzevska-Poczekaj, M., Wierzbicka, M., Brenner, J. C., & Giefing, M. (2024). HPV-driven oncogenesis – much more than the E6 and E7 oncoproteins. *Journal of Applied Genetics*, 66(1), 63–71. <https://doi.org/10.1007/s13353-024-00883-y>
- Kumar, N., & Narad, P. (2023). In- Silico Analysis of Structural and Physicochemical Properties of Hpv66 E7 Oncoprotein and Its Interaction with Natural Compounds. *International Journal For Multidisciplinary Research*, 5(6), 1–18. <https://doi.org/10.36948/ijfmr.2023.v05i06.11380>
- Mahindra, I. K. S. S., Kusuma, I. M. G. A., Sari, W. D., Diantari, D. M. D., Lestari, P., & Santika, I. W. M. (2024). Unravelling Potential Mechanisms of Piper retrofractum Vahl. Bioactive Compounds as Cervical Cancer Chemopreventive Agent by Bioinformatic Approach. *Indonesian Journal of Cancer Chemoprevention*, 15(1), 50. <https://doi.org/10.14499/indonesianjcanchemoprev15iss1pp50-62>
- Ortega-Prieto, A. M., Regla-Nava, J. A., & Jimenez-Guardeño, J. M. (2024). Editorial: Interferon response against viral infections. *Frontiers in Microbiology*, 15. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1496035>
- Tian, Y., Zhang, S., & Ni, F. (2024). Targeting glucose metabolism for HPV-associated cervical cancer: A sweet poison. *Biomedicine and Pharmacotherapy*, 180. <https://doi.org/10.1016/j.biopha.2024.117519>
- Veerabahu, S., Janakiraman, A., Vijayalakshmi Ramamurthy, V., & Bharathan, A. (2024). Phytochemical Profiling and Molecular Docking studies of Orange and Pomegranate Fruit Peel Against Cervical Cancer. *Letters in Applied NanoBioScience*, 13(3), 121. <https://nanobioletters.com/wp-content/uploads/2024/07/LIANBS133.121.pdf>
- Vera Novalia. (2023). Kanker Serviks . *GALENICAL: Jurnal Kedokteran Dan Kesehatan Mahasiswa Malikussaleh* , 2(1), 45–56.
- World Health Organization. (2023). *Cervical Cancer Factsheet*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cervical-cancer>
- Younas, S., Malik, Z. I., Khan, M. U., & Manzoor, S. (2025). Identification of novel therapeutic inhibitors against E6 and E7 oncogenes of HPV-16 associated with cervical cancer.
- Younas, S., Nosheen, A., Malik, Z. I., Hussain, N., Khan, M. U., Alhegaili, A. S., Shabbir, Z., Manzoor, S., Rehman, H. M., & Hammad, H. M. (2025). Genetic analysis of HPV-16 L1 gene mutations and computational screening of therapeutic inhibitors for cervical cancer treatment. *Medical Oncology*, 42(5). <https://doi.org/10.1007/s12032-025-02711-7>