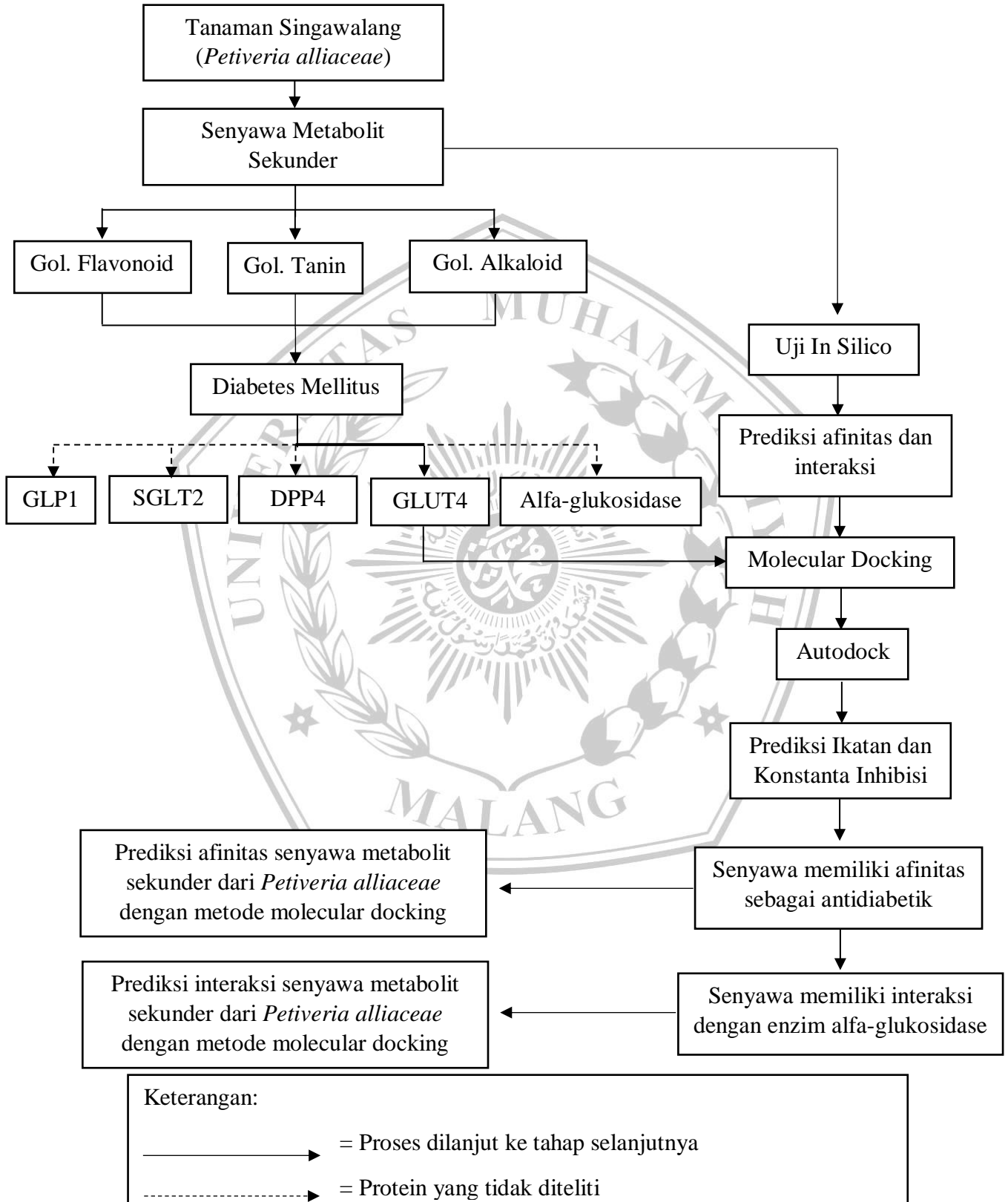


BAB III KERANGKA KONSEP

3.1 Kerangka Konsep Penelitian



Gambar 3.1. Kerangka Konsep

3.2 Deskripsi Bagan

Telah diketahui dari beberapa penelitian yang menunjukkan bahwa daun tanaman singawalang (*Petiveria alliacea*) memiliki banyak kandungan antioksidan seperti senyawa flavonoid, alkaloid, dan tannin (Artha et al., 2017). Kandungan tannin pada tanaman singawalang dapat menurunkan kadar gula dalam darah, penemuan ini telah dibuktikan oleh penelitian terhadap kelompok tikus diabetes, dengan pemberian metformin dan pemberian ekstrak singawalang dengan berbagai dosis, dan telah didapat hasil bahwa singawalang berhasil menurunkan kadar gula darah pada tikus (Gunawan et al., 2020).

GLUT 4 merupakan suatu protein transporter yang berperan penting dalam penyerapan glukosa pada darah ke dalam sel (Laksmiana et al., 2022). GLUT4 merupakan transporter glukosa yang peka terhadap insulin, serta diekspresi dalam membran plasma dan organela dari otot rangka, otot jantung dan jaringan adiposa sebagai pengambilan glukosa yang diregulasi insulin (Kaunang & Wangko, 2013). Gangguan ekspresi GLUT4 juga berpengaruh dalam gangguan homeostasis glikemik seperti Diabetes Mellitus Tipe-2, peningkatan kadar gula ini nantinya akan menyebabkan hormon insulin meningkat dan ekspresi GLUT4 juga meningkat, hal ini berlaku dengan kebalikannya (Rahmi et al., 2021). Oleh karena itu jaringan adiposa khususnya GLUT4 adalah target yang cocok dalam kasus diabetes.

Penelitian ini dilakukan dengan metode *in silico* yang telah terbukti lebih praktis dalam pelaksanaannya (Nurul et al., 2023). *In silico* adalah teknik yang berbasis komputasi yang bertujuan untuk menganalisis suatu senyawa kimia dan interaksi yang dihasilkannya. Teknik ini juga dapat digunakan untuk memberikan informasi awal yang diduga dapat memiliki sifat farmakologis dan meningkatkan efisiensi optimalisasi aktivitas senyawa (Bare, Sari, et al., 2019).

Molecular docking sebagai metode yang digunakan memiliki manfaat untuk mencari kombinasi interaksi dari protein beserta ligannya sebagai dasar untuk simulasi penemuan obat dari bidang komputasi (Irawan, 2017). *Docking* membantu dalam penelitian obat/ligan melalui interaksi reseptor/protein dengan cara mengidentifikasi situs aktif yang cocok pada protein, untuk mendapatkan geometri terbaik dari kompleks ligan-reseptor (H. Setiawan, 2017).

Docking pada penelitian ini menggunakan sistem program AutoDock. Prinsip dari program *AutoDock* adalah mengevaluasi energi bebas, torsional bebas dari konformasi ikatan yang terbentuk antara enzim dan ligan berdasar atas energi forcefield pada algoritma, serta kekuatan kompleks hubungan ligan-protein yang terbentuk secara kuantitatif dengan melihat nilai tetapan inhibisi (Leukotrien et al., 2015). *Docking* akan menghasilkan nilai energi ikatan yang nantinya akan digunakan pada protein yang diteliti. Prediksi dari energi bebas ikatan (ΔG) dan prediksi konstanta inhibisi (K_i) yang terikat pada afinitas pengikatan adalah beberapa parameter yang diamati dari pada hasil docking. Energi ikatan yaitu afinitas antara zat uji dan protein target. Nilai energi ikatan tersebut menunjukkan bahwa kekuatan ikatan suatu senyawa dengan protein. Semakin rendah nilainya, semakin kuat dan stabil ikatannya (Puspitasari et al., 2022). Ikatan senyawa yang kuat tersebut yang nantinya akan digunakan sebagai indikator calon obat diabetes melitus tipe 2.

