

ABSTRAK

DEVI RAHMAWATI, 2022, *NETWORK PHARMACOLOGY* BUAH MENGKUDU (*Morinda citrifolia* L.) SEBAGAI ANTIHIPERTENSI, SKRIPSI, PROGRAM STUDI S1 FARMASI, FAKULTAS FARMASI, UNIVERSITAS SETIA BUDI, SURAKARTA. Dibimbing oleh Dr. apt. Rina Herowati, M.Si. dan apt. Ismi Puspitasari, M. Farm.

Hipertensi adalah penyakit tidak menular yang ditandai dengan tekanan darah sistolik ≥ 140 mmHg dan tekanan darah diastolik ≥ 90 mmHg. Buah mengkudu telah dilaporkan memiliki kemampuan untuk menurunkan tekanan darah tinggi. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui protein target yang diprediksi merupakan target kerja dari senyawa-senyawa buah mengkudu sebagai antihipertensi dan mengetahui profil *network pharmacology* kandungan senyawa-senyawa kimia buah mengkudu terhadap protein target hipertensi.

Penelitian ini menggunakan metode *network pharmacology*. Pengumpulan data kandungan senyawa-senyawa kimia tanaman menggunakan KNApSAcK, IAH *Analytics*, dan jurnal-jurnal penelitian. Bioaktivitas senyawa diperoleh dari *PubChem*. Protein target yang terlibat dalam patofisiologi hipertensi diidentifikasi menggunakan *KEGG pathway* dan jurnal penelitian. Protein target dilakukan validasi nama gen menggunakan *UniProt*. Interaksi protein-protein menggunakan *String*. Prediksi protein target dari senyawa bioaktif menggunakan *Swiss Target Prediction*, SEA, dan *SuperPred*. Visualisasi *network pharmacology* dari interaksi protein-protein dan interaksi senyawa-protein menggunakan *Cytoscape*.

Visualisasi *network pharmacology* menunjukkan bahwa protein target ACE2, EDN1, EDNRA, MME, dan PRCP diprediksi menjadi target kerja dari senyawa-senyawa buah mengkudu sebagai antihipertensi. Senyawa *kaempferol*, *quercetin*, *balanophonin*, *asperulosidic acid methyl ester*, *vomifoliol*, dan *lirioresinol B* berinteraksi membentuk profil *network pharmacology* dengan protein target prediksi yang terlibat dalam jalur patofisiologi hipertensi.

Kata kunci: hipertensi, mengkudu, *network pharmacology*, *cytoscape*

ABSTRACT

DEVI RAHMAWATI, 2022, NETWORK PHARMACOLOGY OF NONI FRUIT (*Morinda citrifolia* L.) AS ANTIHYPERTENSION, THESIS, BACHELOR OF PHARMACY, FACULTY OF PHARMACY, SETIA BUDI UNIVERSITY, SURAKARTA. Supervised by Dr. apt. Rina Herowati, M.Sc. and apt. Ismi Puspitasari, M. Farm.

Hypertension is a non-communicable disease characterized by systolic blood pressure ≥ 140 mmHg and diastolic blood pressure ≥ 90 mmHg. Noni fruit has been reported to have the ability to reduce high blood pressure. The purpose of this study was to determine the target protein that is predicted to be the target of noni fruit compounds as an antihypertensive agent and to determine the network pharmacology profile of noni fruit chemical compounds on hypertension target proteins.

This study uses the network pharmacology method. Collection of data on the content of plant chemical compounds using KNApSAcK, IJA Analytics, and research journals. The bioactivity of the compounds was obtained from PubChem. Target proteins involved in the pathophysiology of hypertension were identified using the KEGG pathway and research journals. The target protein was validated by gene name using UniProt. Protein-protein interactions using String. Target protein prediction from bioactive compounds using Swiss Target Prediction, SEA, and SuperPred. Network pharmacology visualization of protein-protein interactions and compound-protein interactions using Cytoscape.

Network pharmacology visualization shows that the target proteins ACE2, EDN1, EDNRA, MME, and PRCP are predicted to be the working targets of noni fruit compounds as antihypertensives. The compounds kaempferol, quercetin, balanophonin, asperulosidic acid methyl ester, vomifoliol, and liriorelinol B interact to form a network pharmacology profile with predictive target proteins involved in the pathophysiology of hypertension.

Keywords: hypertension, noni, network pharmacology, cytoscape