

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

A. Kesimpulan

1. Profil metabolit ekstrak herba tirem (*Jacquemontia paniculata*) berdasarkan analisis LC-HRMS menunjukkan teridentifikasinya berbagai senyawa bioaktif yang didominasi oleh golongan flavonoid, alkaloid, dan terpenoid. Melalui proses penyaringan menggunakan PCA dan studi literatur, diperoleh enam kandidat senyawa yang berpotensi berperan dalam mekanisme laktasi, yaitu α -linolenic acid, 1-linoleoyl glycerol, kaempferol, adenosine, 2'-O-methyladenosine, dan L-arginine.
2. Analisis *network pharmacology* menunjukkan bahwa senyawa aktif ekstrak herba tirem diperkirakan bekerja melalui mekanisme multi-compound–multi-target, dengan protein target utama JAK2, EGFR, ESR1 (ER α), PGR, dan ESR2 (ER β). Protein-protein tersebut terlibat dalam *Prolactin Signaling Pathway* dan *Estrogen Signaling Pathway* yang berperan dalam perkembangan kelenjar mammae, regulasi hormonal, serta sintesis ASI.
3. Hasil *molecular docking* menunjukkan bahwa seluruh senyawa kandidat mampu berinteraksi dengan protein target laktasi. Kaempferol memiliki afinitas pengikatan paling baik terhadap seluruh reseptor yang diuji, yaitu JAK2, EGFR, ER α , ER β , dan PGR, sehingga berpotensi menjadi kandidat senyawa laktogenik utama pada ekstrak herba tirem berdasarkan pendekatan *in silico*.

B. Saran

1. Perlu dilakukan penelitian lanjutan berupa uji **in vitro** untuk memvalidasi aktivitas biologis ekstrak herba tirem (*Jacquemontia paniculata*) maupun senyawa aktif utamanya, khususnya kaempferol, terhadap protein target yang berperan dalam mekanisme laktasi. Uji ini diharapkan dapat membuktikan aktivitas biologis yang telah diprediksi melalui pendekatan *in silico*.
2. Perlu dilakukan uji *in vivo* menggunakan model hewan laktasi untuk mengevaluasi efektivitas ekstrak herba tirem dalam meningkatkan produksi ASI, mengamati mekanisme kerja secara fisiologis, serta menilai aspek keamanan dan toksisitas sebagai dasar pengembangan kandidat fitofarmaka pendukung laktasi.
3. Perlu dilakukan analisis Molecular Dynamics Simulation (MDS) untuk mengevaluasi stabilitas kompleks ligan–protein, dinamika interaksi molekuler, serta konsistensi ikatan yang terbentuk selama periode simulasi. Analisis ini diharapkan dapat melengkapi hasil *molecular docking* sehingga memberikan gambaran yang lebih komprehensif mengenai potensi interaksi senyawa aktif dengan protein target.