



## JEJARING FARMAKOLOGI DAUN UBI JALAR (*Ipomoea batatas* L.) SEBAGAI PENYEMBUHAN LUKA BAKAR

Submitted: 2 Desember 2025

Edited: 3 Mei 2026

Accepted: 22 Mei 2026

Tri Diana Puspita Rini<sup>1</sup>, Wa Ode Fefen Nurmalah<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Sarjana Farmasi, Fakultas Farmasi, Universitas Ilsa Sultan Agung,  
Semarang Kota, 50112, Indonesia

<sup>2</sup>Program Studi Pendidikan Profesi Apoteker, Fakultas Farmasi, Universitas Ilsa Sultan Agung,  
Semarang Kota, 50112, Indonesia

Email: [tridianapuspita@unissula.ac.id](mailto:tridianapuspita@unissula.ac.id)

### ABSTRAK

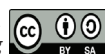
Luka bakar merupakan cedera jaringan yang kompleks yang melibatkan proses inflamasi, stres oksidatif, dan kematian sel, sehingga memerlukan terapi yang efektif dan aman. Daun ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) diketahui mengandung senyawa bioaktif seperti flavonoid dan polifenol yang berpotensi sebagai agen penyembuh luka. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi mekanisme molekuler senyawa aktif daun ubi jalar dalam penyembuhan luka bakar menggunakan pendekatan *network pharmacology*. Metode penelitian meliputi identifikasi senyawa aktif melalui basis data KNApSACk dan literatur, verifikasi struktur menggunakan PubChem, serta analisis *drug-likeness* dengan SwissADME berdasarkan aturan Lipinski. Prediksi target protein dilakukan menggunakan Swiss Target Prediction, sedangkan target penyakit diperoleh dari GeneCards. Analisis jejaring protein-protein (PPI) menggunakan STRING dan visualisasi dengan Cytoscape. Selanjutnya dilakukan analisis *Gene Ontology* dan jalur KEGG. Hasil penelitian menunjukkan terdapat 29 senyawa aktif dengan 231 protein target yang beririsan dengan gen luka bakar. Analisis topologi mengidentifikasi protein kunci seperti STAT3, IL6, AKT1, dan CASP3. Analisis GO dan KEGG menunjukkan keterlibatan jalur inflamasi, stres oksidatif, serta proliferasi dan regenerasi jaringan. Temuan ini menunjukkan bahwa daun ubi jalar berpotensi sebagai agen penyembuhan luka bakar melalui mekanisme multitarget yang terintegrasi.

**Kata Kunci:** *Ipomoea batatas* L, luka bakar, network pharmacology, protein target

### ABSTRACT

Burns are complex tissue injuries involving inflammation, oxidative stress, and cell death, requiring effective and safe therapy. Sweet potato leaves (*Ipomoea batatas* L.) are known to contain bioactive compounds such as flavonoids and polyphenols, which have potential as wound healing agents. This study aims to identify the molecular mechanisms of active compounds from sweet potato leaves in burn wound healing using a network pharmacology approach. The research methods included identification of active compounds through the KNApSACk database and literature, structure verification using PubChem, and drug-likeness analysis using SwissADME based on Lipinski's rules. Protein target prediction was performed using SwissTargetPrediction, while disease targets were obtained from GeneCards. Protein-protein network analysis (PPI) was performed using STRING and visualization with Cytoscape. Gene Ontology and KEGG pathway analysis were then performed. The results showed 29 active compounds with 231 target proteins that overlapped with burn injury genes. Topological analysis identified key proteins such as STAT3, IL6, AKT1, and CASP3. GO and KEGG analyses revealed the involvement of inflammatory pathways, oxidative stress, and tissue proliferation and regeneration. These findings suggest that sweet potato leaves have potential as a burn wound healing agent through an integrated multi-target mechanism.

**Keywords:** *Ipomoea batatas* L, burn wounds, network pharmacology, target proteins



## PENDAHULUAN

Luka bakar adalah kerusakan kulit yang disebabkan oleh panas atau bahan kimia kaustik yang berlebihan. Konversi luka bakar dini disebabkan oleh beberapa faktor, seperti iskemia, stres oksidatif, inflamasi, dan kematian sel (nekrosis atau apoptosis), yang merupakan perubahan bertahap pada zona peri lesi, termasuk zona stasis dan hiperemia<sup>(1)</sup>. Luka bakar cukup umum menyebabkan cedera di seluruh dunia. Di Amerika Serikat, setiap tahun, lebih dari 500.000 orang datang ke unit gawat darurat karena luka bakar. Sekitar 40.000 pasien membutuhkan rawat inap, dan kebanyakan dari mereka mengalami luka bakar ringan. Luka bakar 80% paling sering terjadi pada anak-anak karena kontak dengan benda atau cairan panas. Orang yang berusia tua juga berisiko tinggi mengalami luka bakar<sup>(2)</sup>. Data Organisasi Kesehatan Dunia melaporkan bahwa sekitar 180.000 kematian setiap tahun akibat luka bakar. Sebagian besar kasus tersebut terjadi di negara berpenghasilan rendah dan menengah, serta menjadi penyebab utama morbiditas non-fatal yang menimbulkan kecacatan, rawat inap berkepanjangan, dan beban sosial ekonomi yang signifikan<sup>(3)</sup>. Kondisi ini menunjukkan perlunya upaya pencegahan dan penatalaksanaan yang komprehensif, termasuk pengembangan terapi penyembuhan luka yang efektif, aman, dan terjangkau bagi masyarakat luas. Salah satu sumber kandidat terapi yang potensial adalah tanaman obat lokal, di antaranya ubi jalar *Ipomoea batatas* L., yang daunnya diketahui mengandung beragam senyawa metabolit sekunder seperti flavonoid dan polifenol dengan aktivitas antioksidan serta antiinflamasi<sup>(4)</sup>. Penelitian eksperimental menunjukkan bahwa ekstrak daun ubi jalar mampu mempercepat penyembuhan luka bakar pada hewan coba, namun mekanisme molekuler yang mendasari efek tersebut belum sepenuhnya dipahami<sup>(4)</sup>. Oleh karena itu, pendekatan jejaring farmakologi menjadi penting untuk memetakan interaksi antara senyawa aktif daun ubi jalar dengan target protein dan jalur sinyal yang terlibat dalam proses penyembuhan luka bakar, sehingga dapat memberikan landasan ilmiah yang

lebih kuat bagi pengembangan fitofarmaka berbasis *Ipomoea batatas* L.

## METODE PENELITIAN

Penelitian ini diawali dengan identifikasi senyawa aktif daun ubi jalar melalui penelusuran jurnal dan basis data KNApSAcK yang memuat kandungan senyawa pada spesies tanaman<sup>(5)</sup>. Struktur kimia setiap senyawa kemudian diverifikasi di PubChem untuk memperoleh notasi SMILES sebagai dasar analisis jejaring farmakologi<sup>(6)</sup>.

Senyawa dalam daun ubi jalar dianalisis sifat kemiripan dengan obat dengan menggunakan SwissADME serta aturan Lipinski, sedangkan prediksi target biologis lebih lanjut menggunakan *Swiss Target Prediction*. Notasi ini dianalisis untuk mengevaluasi profil ADME dan sifat *drug-likeness* sehingga hanya senyawa yang memenuhi kriteria Lipinski yang dilanjutkan ke tahap berikutnya. Senyawa terpilih diprediksi protein targetnya dengan *SwissTargetPrediction*, sedangkan gen atau protein yang berperan dalam penyembuhan luka bakar dihimpun dari GeneCards sebagai basis data gen penyakit. Irisan antara protein target senyawa dan gen penyakit diperoleh menggunakan Venny, kemudian dianalisis jaringan interaksi antar protein (PPI) melalui STRING dan divisualisasikan di Cytoscape guna mengidentifikasi hubungan protein yang paling penting dalam jejaring<sup>(7,8)</sup>. Terakhir, gen atau protein interseksi dianalisis menggunakan ShinyGO untuk mendapatkan pengayaan Gene Ontology dan jalur KEGG sementara jalur-jalur biologis diperoleh dari basis data KEGG. Visualisasi jaringan farmakologi dilakukan dengan Cytoscape dan analisis topologi jaringan memakai parameter seperti MCC (*Maximal Clique Centrality*), *degree*, *betweenness*, dan *closeness* sehingga dapat dijelaskan keterlibatan senyawa aktif daun ubi jalar dalam proses biologis dan jalur sinyal utama penyembuhan luka bakar<sup>(9)</sup>.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Penelitian ini dilakukan dengan analisis jejaring farmakologi untuk mengidentifikasi mekanisme kerja senyawa aktif daun ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.)

dalam proses penyembuhan luka bakar. Tahap awal penelitian diawali dengan penelusuran literatur dan database fitokimia (Jurnal dan KnapSack) untuk memperoleh daftar senyawa aktif yang terkandung dalam daun ubi jalar, teridentifikasi sejumlah 29 senyawa metabolit sekunder pada tanaman *Ipomoea batatas* L. yang ditemukan melalui data KnapSACK<sup>(10)</sup>.

Senyawa-senyawa tersebut dikonfirmasi melalui PubChem guna mendapatkan *Simplified Molecular Input Line Entry System* (SMILES) sebagai identitas molekuler yang diperlukan dalam pemodelan bioinformatika. Selanjutnya,

senyawa yang telah terverifikasi dianalisis melalui SwissADME untuk mengevaluasi profil farmakokinetik, sehingga diperoleh senyawa yang memenuhi kelayakan absorpsi, distribusi, metabolisme, dan ekskresi (ADME) sebagai kandidat terapeutik<sup>(11)</sup>. Senyawa tersebut disaring berdasarkan kriteria *Lipinski's Rule of Five* sebagai indikator kelayakan awal kandidat obat. Aturan ini menetapkan bahwa senyawa tersebut berpotensi memiliki bioavailabilitas oral yang baik, dimana memiliki jumlah donor ikatan hidrogen  $\leq 5$ , akseptor ikatan hidrogen  $\leq 10$ , berat molekul  $\leq 500$  Da, serta nilai  $\log P \leq 5$ <sup>(9)</sup>.

**Tabel 1.** Hasil senyawa metabolit *Ipomoea batatas* L.

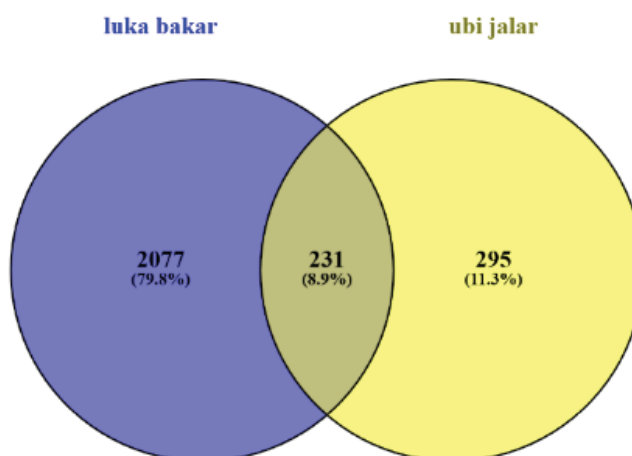
No.	Metabolit	Berat Molekul (g/mol)	LOG P < 500	Ikatan Hidrogen		Lipinski
				D < 5	A < 10	
1.	Gibberellin A3	346.37	1.69	3	6	Terpenuhi
2.	Gibberellin A5	330.37	1.96	2	5	Terpenuhi
3.	Gibberellin A19	362.42	1.44	3	6	Terpenuhi
4.	Gibberellin A20	332.39	1.84	2	5	Terpenuhi
5.	Gibberellin A23	378.42	0.44	4	7	Terpenuhi
6.	trans-Zeatin	219.24	1.04	3	4	Terpenuhi
7.	9-Ribosyl-cis-zeatin	351.36	2.14	5	8	Terpenuhi
8.	9-Ribosyl-trans-zeatin	351.36	1.94	5	8	Terpenuhi
9.	beta-Carotene	536.87	N/A	0	0	Terpenuhi
10.	Spermidine	145.25	1.85	3	3	Terpenuhi
11.	Calystegin A3	159.18	1.46	4	4	Terpenuhi
12.	Calystegin B2	175.18	0.00	5	5	Terpenuhi
13.	Ipomoeamarone	250.33	2.84	3	5	Terpenuhi
14.	Batatic acid	196.20	1.54	4	5	Terpenuhi
15.	Dihydro-7-hydroxymyoporone	268.35	1.61	2	4	Terpenuhi
16.	6-Myoporol	252.35	3.19	1	3	Terpenuhi
17.	10-Hydroxymyoporone	266.33	2.68	1	4	Terpenuhi
18.	Dehydroipomeamarone	248.32	2.83	0	3	Terpenuhi
19.	7-Hydroxy-beta-costol	236.35	N/A	0	2	Terpenuhi
20.	(+)-7-Hydroxycostal	234.33	2.53	1	2	Terpenuhi
21.	Diepoxy-5,5',6,6'-tetrahydro-beta,beta-carotene	600.87	N/A	2	4	Terpenuhi
22.	Calystegine B1	175.18	0.82	5	5	Terpenuhi
23.	Ipomoeaxanthin C1	586.89		2	3	Terpenuhi

No.	Metabolit	Berat Molekul (g/mol)	LOG P < 500	Ikatan Hidrogen		Lipinski
				D < 5	A < 10	
24.	Calystegine B3	175.18	0.34	5	5	Terpenuhi
25.	2alpha,7beta-Dihydroxynortropane	143.18	1.21	2	3	Terpenuhi
26.	Octadecyl (Z)-p-coumarate	416.64	N/A	3	3	Terpenuhi
27.	Ipomine A	219.28	2.81	1	0	Terpenuhi
28.	2,3,4,5-Tetrahydro-5-methyl-5-(4-methyl-2-oxopentyl)-[2,3'-bifuran]-2'(5'H)-one	266.33	2.26	2	4	Terpenuhi
29.	2,3,4,5-Tetrahydro-5-methyl-5-[(4-methyl-2-furanyl)methyl]-2,3'-bifuran	246.30	2.25	0	3	Terpenuhi

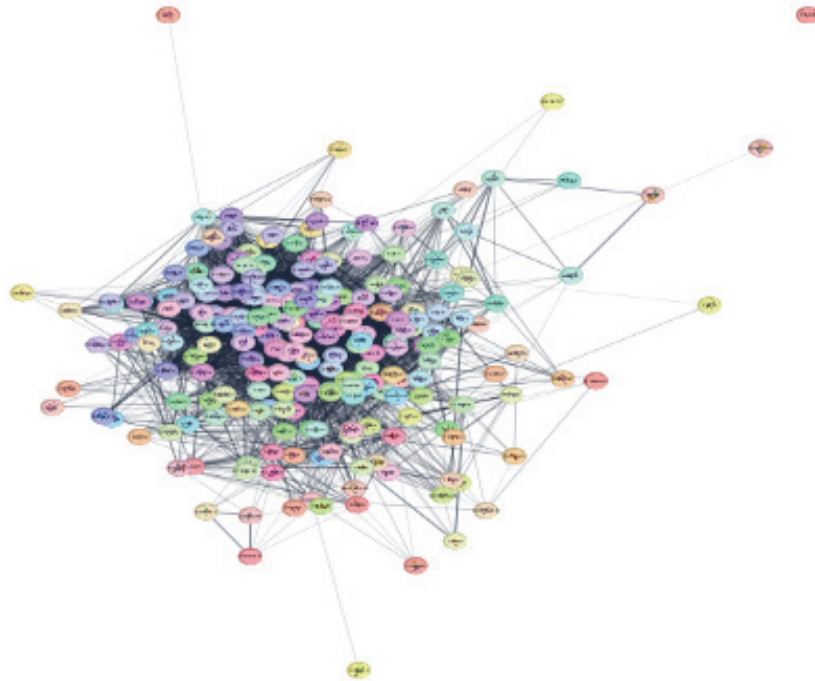
Senyawa pada Tabel 1 diprediksi melalui *Swiss Target Prediction* untuk memprediksi target protein yang didapatkan hasil 1.311 yang berpotensi berinteraksi dengan komponen bioaktif daun ubi jalar. Di sisi lain, karakteristik molekuler patofisiologi luka bakar diidentifikasi menggunakan GeneCards protein mendapatkan 2.308 daftar gen/protein.

Kedua kumpulan target tersebut selanjutnya dianalisis menggunakan Venny

untuk memperoleh irisan antara protein target senyawa aktif dan gen yang berhubungan dengan luka bakar. Hasil analisis menggunakan Venny diperoleh 231 protein target yang saling berikatan dengan angka sebesar 8,9% (Gambar 1). Protein hasil irisan inilah yang dianggap sebagai target farmakologis utama daun ubi jalar dalam proses penyembuhan luka bakar.



**Gambar 1.** Hasil Analisis Venny



**Gambar 2.** Hasil Jejaring Interaksi Protein-Protein

Analisis menggunakan STRING dilakukan untuk melihat interaksi antara protein dan menentukan jaringan biologis yang terlibat. Hasil analisis STRING-DB jejaring interaksi protein-protein dari 231 protein interaksi (Gambar 2) didapatkan *number of nodes*: 231; *number of edges*:4475; *expected number of edges*: 1954; dan *PPI enrichment p-value*:< 1.0e-16 yang terlibat dalam proses inflamasi, regenerasi jaringan, dan angiogenesis pada luka bakar. Analisis berisi protein-protein seperti PTGS2, IL1B, TNF, berbagai MMP, dan molekul adhesi yang berperan penting dalam regulasi inflamasi serta remodeling jaringan kuli terdampak luka bakar<sup>(12)</sup>.

Jejaring ini mendukung temuan eksperimental bahwa ekstrak daun ubi jalar mampu mempercepat penyembuhan luka bakar melalui modulasi mediator

inflamasi, stres oksidatif, dan perbaikan jaringan<sup>(4)</sup>. Secara konsep, pola multi-klaster pada jejaring tersebut selaras dengan pendekatan jejaring farmakologi, yaitu bahwa senyawa aktif daun ubi jalar (flavonoid, polifenol, dan saponin.) bekerja secara multi-target dengan memengaruhi beberapa node kunci dalam jaringan protein sekaligus, bukan hanya satu target tunggal<sup>(13)</sup>. Intervensi farmakologis daun ubi jalar dengan menekan respon inflamasi berlebihan sembari mendukung angiogenesis dan proliferasi sel, sehingga mempercepat transisi dari fase inflamasi ke fase proliferasi dan remodeling luka bakar<sup>(14)</sup>.

Hasil analisis jejaring menggunakan parameter MCC, Degree, Closeness, dan Betweenness (Tabel 2).

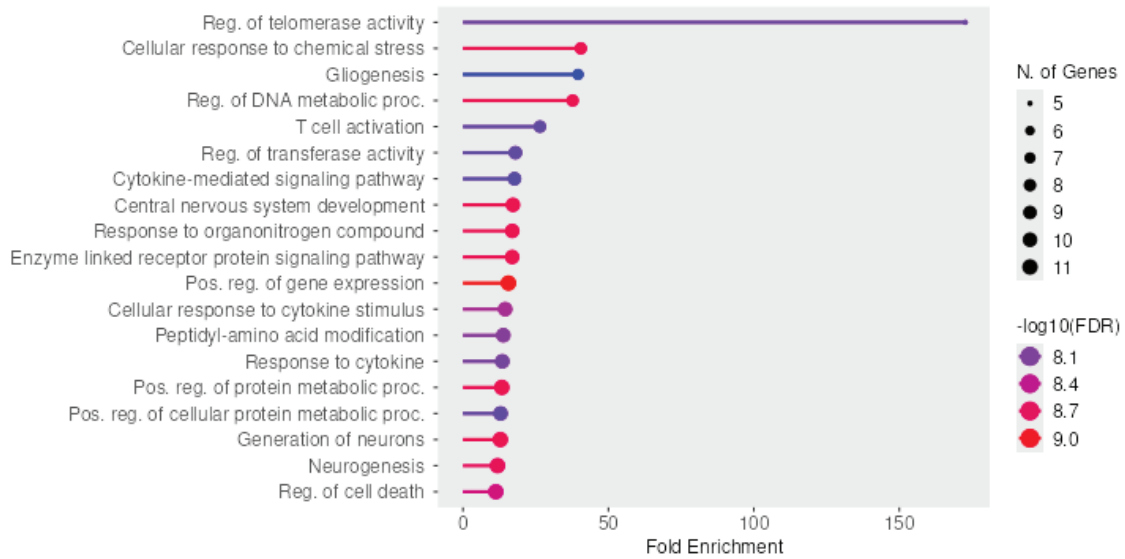
Tabel 2. Hasil Analisis Cytoscape

No.	Protein	Nilai			
		MCC	Degree	Closeness	Betweenness
1.	STAT3	1250	133.0	1.8	12.3
2.	GAPDH	1180	152.0	1.9	28.6
3.	TP53	1105	135.0	1.811	19.3
4.	CTNNB1	980	130.0	0.68	15.2
5.	CASP3	950	125.0	1.761	25.4
6.	IL6	870	153.0	1.9	28.619
7.	AKT1	760	158.0	1.93	3.051
8.	ESR1	690	147.0	0.64	10.8
9.	SRC	640	117.0	1.72	22.6
10.	HSP90AA1	580	101.0	0.70	18.5

Penelitian *network pharmacology*, analisis topologi jaringan digunakan untuk mengidentifikasi peran penting suatu protein (node) dalam sistem biologis. Degree merupakan jumlah koneksi langsung yang dimiliki suatu node dan mencerminkan tingkat keterhubungan serta potensi sebagai *hub protein*. Betweenness centrality menunjukkan frekuensi suatu node berada pada jalur terpendek antar node lain, sehingga menggambarkan peran node tersebut sebagai penghubung atau mediator aliran informasi dalam jaringan. Closeness centrality mengukur kedekatan rata-rata suatu node terhadap seluruh node lain dalam jaringan, yang merepresentasikan efisiensi penyebaran informasi dari node tersebut. Sementara itu, *Maximal Clique Centrality* (MCC) adalah parameter yang mengidentifikasi tingkat keterlibatan node dalam *maximal clique*, sehingga sering digunakan untuk menentukan *hub gene* yang paling esensial dalam jaringan biologis kompleks. Keempat parameter ini bersifat tanpa satuan dan digunakan secara komplementer untuk mengevaluasi signifikansi biologis suatu target dalam jaringan farmakologi<sup>(13,15)</sup>. Jaringan interaksi protein-protein terkait luka bakar dan protein target daun ubi jalar didapatkan protein STAT3, GAPDH, TP53, CTNNB1, CASP3, IL6, AKT1, ESR1, SRC, dan HSP90AA1.

Berdasarkan hasil analisis jejaring farmakologi daun ubi jalar (*Ipomoea*

*batatas* L.), protein dengan nilai MCC tertinggi seperti STAT3, GAPDH, dan TP53 menunjukkan peran sentral dalam regulasi proses penyembuhan luka bakar. STAT3 sebagai protein dengan MCC tertinggi<sup>(1250)</sup> berfungsi sebagai regulator utama dalam jalur JAK/STAT, yang diaktifkan oleh sitokin seperti IL-6. Aktivasi jalur ini berperan dalam proliferasi fibroblas, sintesis kolagen, serta regenerasi jaringan, yang merupakan tahap penting dalam fase proliferasi luka<sup>(16)</sup>. Protein lain seperti IL6, AKT1, dan CASP3 menunjukkan nilai degree dan betweenness yang tinggi, mengindikasikan peran penting dalam komunikasi antar jalur sinyal. IL-6 merupakan sitokin proinflamasi utama yang dilepaskan segera setelah cedera luka bakar dan berperan dalam memicu respons inflamasi awal serta mengaktifkan STAT3 untuk mendukung proliferasi dan migrasi sel<sup>(17)</sup>. Protein seperti STAT3 dan IL6 berperan penting dalam fase inflamasi, di mana IL-6 mengaktifkan STAT3 untuk meningkatkan proliferasi fibroblas, angiogenesis, serta ekspresi gen yang mendukung kelangsungan hidup sel. Selanjutnya, AKT1 berperan dalam jalur PI3K/AKT yang berkontribusi terhadap migrasi keratinosit, proliferasi sel, dan sintesis kolagen pada fase proliferasi luka. Protein CTNNB1 juga terlibat dalam jalur Wnt/ $\beta$ -catenin yang berfungsi dalam diferensiasi dan re-epitelisasi jaringan luka<sup>(18,19)</sup>.



**Gambar 3.** Hasil analisis *GO Biological process*

Hasil analisis *Gene Ontology (GO)* dan KEGG menjelaskan fungsi biologis utama yang menjadi dasar jejaring farmakologi daun ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) dalam penyembuhan luka bakar<sup>(20)</sup>. Berdasarkan analisis *GO* pada Gambar 3, terlihat bahwa proses biologis yang paling signifikan dalam jejaring farmakologi daun ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) adalah *cellular response to chemical stimulus*, *collagen catabolic process*, serta *response to cytokine*. Dominasi respons terhadap stimulus kimia menunjukkan bahwa senyawa bioaktif dalam daun ubi jalar mampu memodulasi respons sel terhadap cedera luka bakar, terutama dalam fase inflamasi awal. Selain itu, keterlibatan proses degradasi kolagen (*collagen catabolic process*) mengindikasikan adanya regulasi remodeling matriks ekstraseluler yang penting untuk menggantikan jaringan rusak dengan jaringan baru yang lebih terorganisir. Proses ini sangat krusial dalam penyembuhan luka bakar karena menentukan kualitas jaringan yang terbentuk setelah cedera<sup>(20,21)</sup>.

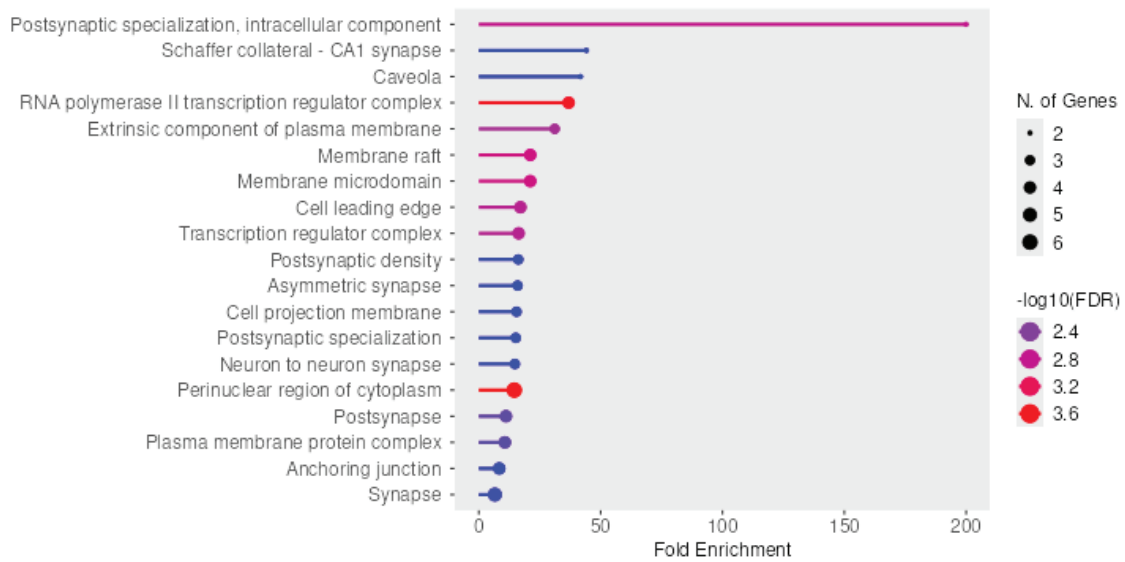
Selanjutnya, kategori fungsi molekuler seperti cytokine receptor binding, enzyme binding, dan transmembrane receptor protein serine/threonine kinase signaling pathway menunjukkan bahwa target protein

dalam jejaring ini berperan dalam interaksi ligan-reseptor dan transduksi sinyal. Interaksi antara sitokin dan reseptornya, seperti IL-6 dengan reseptor spesifiknya, akan mengaktifkan jalur pensinyalan seperti JAK/STAT dan TGF- $\beta$  yang berperan dalam proliferasi sel, diferensiasi, serta angiogenesis. Jalur ini juga berkaitan erat dengan aktivitas fibroblas dan pembentukan jaringan granulasi. Dengan demikian, senyawa aktif daun ubi jalar diduga bekerja melalui mekanisme multi-target yang mengatur komunikasi antar sel selama proses penyembuhan luka<sup>(18)</sup>.

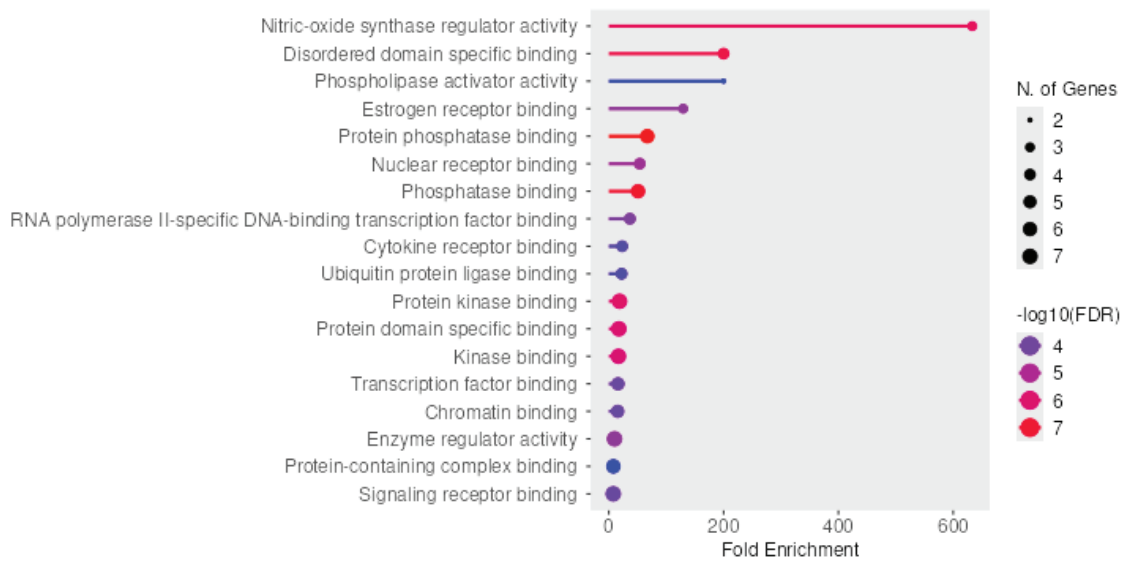
Berdasarkan hasil analisis *Gene Ontology (GO) Cellular Component* pada gambar, terlihat bahwa komponen seluler yang paling dominan adalah *postsynaptic specialization*, *intracellular component*, dan *Schaffer collateral-CA1 synapse* (Gambar 4). Dominasi komponen postsinaptik dan sinaps menunjukkan bahwa protein target dalam jejaring farmakologi daun ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) memiliki keterkaitan dengan fungsi komunikasi antar sel, khususnya dalam sistem saraf. Hal ini menarik karena pada luka bakar, selain kerusakan jaringan kulit, sering terjadi gangguan pada ujung saraf perifer. Keterlibatan komponen sinaptik

mengindikasikan potensi senyawa aktif dalam mendukung regenerasi saraf dan pemulihan fungsi sensorik, yang merupakan aspek penting dalam penyembuhan luka bakar<sup>(22)</sup>. Selain itu, keberadaan komponen seperti plasma membrane, membrane microdomain, dan anchoring junction menunjukkan bahwa protein target banyak terlokalisasi pada struktur membran sel dan area interaksi antar sel. Membran sel berperan penting sebagai tempat reseptor menerima sinyal

dari lingkungan eksternal, termasuk sitokin dan faktor pertumbuhan yang dilepaskan saat proses inflamasi luka. *Anchoring junction* berperan dalam menjaga integritas jaringan dan adhesi antar sel, yang sangat diperlukan selama fase proliferasi dan remodeling luka untuk membentuk kembali struktur jaringan yang stabil. Hal ini menunjukkan bahwa mekanisme kerja daun ubi jalar tidak hanya pada tingkat molekuler, tetapi juga pada stabilitas struktural jaringan<sup>(21)</sup>.



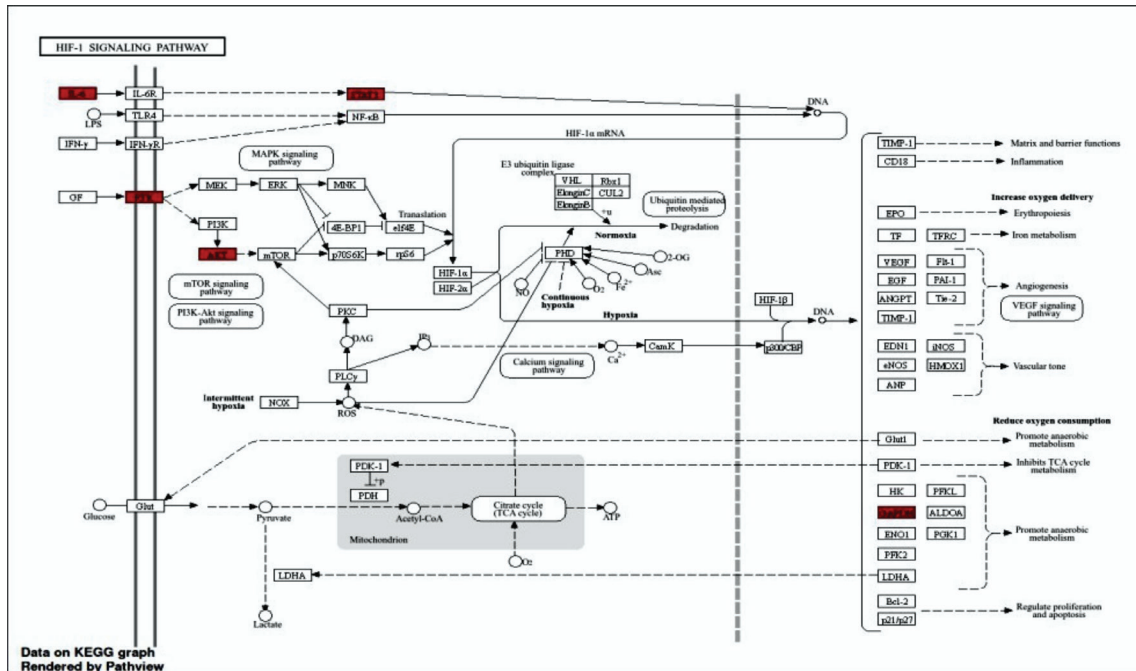
**Gambar 4.** Hasil analisis *GO Cellular Component*



**Gambar 5.** Hasil analisis *GO Molecular Function*

Hasil analisis Gene Ontology (GO) pada kategori *Molecular Function* (Gambar 5) menunjukkan bahwa aktivitas yang paling dominan adalah *nitric oxide synthase regulator activity*, diikuti oleh *disordered domain specific binding* dan *phospholipase activator activity*. Dominasi fungsi regulator terhadap sintesis nitric oxide mengindikasikan bahwa senyawa aktif dalam daun ubi jalar

(*Ipomoea batatas L.*) berpotensi memodulasi produksi nitric oxide (NO), yang diketahui berperan penting dalam proses penyembuhan luka, khususnya dalam fase inflamasi dan proliferasi. NO berfungsi sebagai mediator vasodilatasi, meningkatkan aliran darah ke jaringan luka, serta mendukung aktivitas sel imun dan regenerasi jaringan<sup>(23)</sup>.



Gambar 6. Hasil analisis GO KEGG

Hasil analisis KEGG pathway network pada (Gambar 6) menunjukkan bahwa beberapa target protein yang dipengaruhi oleh senyawa aktif daun ubi jalar (*Ipomoea batatas L.*) terlibat dalam jalur stres oksidatif dan metabolisme xenobiotik, yang ditandai dengan keberadaan enzim seperti sitokrom P450 serta mediator redoks lainnya. Jalur ini berperan penting dalam menetralkan radikal bebas yang meningkat pada kondisi luka bakar. Stres oksidatif merupakan salah satu faktor utama yang memperlambat penyembuhan luka karena dapat merusak membran sel, protein, dan DNA. Oleh karena itu, keterlibatan jalur ini menunjukkan bahwa daun ubi jalar berpotensi memiliki aktivitas antioksidan yang kuat dalam mendukung proses penyembuhan luka<sup>(21,24)</sup>. Keterlibatan jalur transduksi sinyal dan ekspresi gen dalam peta KEGG menunjukkan bahwa

daun ubi jalar juga berpotensi mengatur proses regenerasi jaringan melalui aktivasi faktor transkripsi dan enzim terkait. Jalur ini mendukung proses penting seperti proliferasi sel, angiogenesis, dan sintesis kolagen yang merupakan kunci dalam penyembuhan luka bakar. Dengan demikian, integrasi berbagai jalur dalam jaringan KEGG ini menegaskan bahwa mekanisme kerja daun ubi jalar bersifat multi target dan sistemik, yang secara kolektif berkontribusi dalam mempercepat penyembuhan luka bakar secara lebih efektif<sup>(18,25)</sup>.

### SIMPULAN

Daun ubi jalar (*Ipomoea batatas L.*) memiliki potensi sebagai agen penyembuhan luka bakar melalui mekanisme multitarget yang terintegrasi. Sebanyak 29 senyawa aktif yang memenuhi kriteria *drug-likeness*

teridentifikasi berinteraksi dengan 231 protein target yang berhubungan dengan patofisiologi luka bakar. Analisis jejaring protein menunjukkan adanya protein kunci seperti STAT3, IL6, AKT1, TP53, dan CASP3 yang berperan dalam regulasi inflamasi, proliferasi sel, apoptosis, dan regenerasi jaringan. Selain itu, analisis *Gene Ontology* dan jalur KEGG mengungkap keterlibatan berbagai proses biologis penting seperti respons terhadap sitokin, remodeling matriks ekstraseluler, regulasi nitric oxide, serta pengendalian stres oksidatif melalui jalur JAK/STAT, PI3K/AKT, dan TGF- $\beta$ . Secara keseluruhan, daun ubi jalar bekerja secara sinergis dalam menekan inflamasi berlebih, meningkatkan angiogenesis, serta mempercepat perbaikan jaringan, sehingga berpotensi dikembangkan sebagai kandidat fitofarmaka yang efektif dan aman dalam terapi penyembuhan luka bakar. Namun demikian, temuan ini masih berbasis pendekatan jejaring farmakologi, sehingga diperlukan verifikasi eksperimental lanjutan melalui studi *in vitro* dan *in vivo* untuk memastikan validitas mekanisme serta efektivitas biologisnya secara nyata.

#### UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis menyampaikan terima kasih yang kepada Program Studi Pendidikan Profesi Apoteker di Unissula yang terus berkomitmen dalam mengembangkan ilmu kefarmasian, pelayanan kesehatan, serta penelitian berbasis bahan alam. Dedikasi dan integritas para Apoteker menjadi inspirasi utama dalam penyusunan penelitian ini. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada Fakultas Farmasi atas dukungan akademik, fasilitas laboratorium, serta lingkungan ilmiah yang kondusif untuk pengembangan penelitian. Bimbingan para dosen, staf laboratorium, dan seluruh civitas akademika sangat berarti dalam penyelesaian karya ilmiah ini.

#### DAFTAR PUSTAKA

1. Pardina NA, Setyowatie L. Tinjauan literatur: peran astaxanthin pada luka bakar. *Majalah Kesehatan*. 2020;7(4):273–284. doi:10.21776/ub.majalah.kesehatan.2020.007.04.7
2. Lloyd EC, Rodgers BC, Michener M, Williams MS. Outpatient Burns: Prevention and Care. *American Family Physician*. 2012; 85(1):25-32
3. World Health Organization. (2023). *Burns*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/burns>
4. Hastuti, S., Parmadi, A., & Pratama, B. A. (2025). Daya penyembuhan luka sayat ekstrak etil asetat daun ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) terhadap kelinci. *Duta Pharma Journal*, 5(1), 66–73. <https://doi.org/10.47701/djp.v5i1.4915>
5. Afendi FM, Okada T, Yamazaki M, Hirai-Morita A, Nakamura Y, Nakamura K, Ikeda S, Takahashi H, Altaf-Ul-Amin M, Darusman LK, Saito K, Kanaya S. KNApSACk family databases: integrated metabolite-plant species databases for multifaceted plant research. *Plant Cell Physiol*. 2012 Feb;53(2):e1. doi: 10.1093/pcp/pcr165. Epub 2011 Nov 28. PMID: 22123792.
6. Kim S, Chen J, Cheng T, Gindulyte A, He J, He S, Li Q, Shoemaker BA, Thiessen PA, Yu B, Zaslavsky L, Zhang J, Bolton EE. PubChem in 2021: new data content and improved web interfaces. *Nucleic Acids Res*. 2021 Jan 8;49(D1):D1388-D1395. doi: 10.1093/nar/gkaa971. PMID: 33151290; PMCID: PMC7778930.
7. Daina A, Michielin O, Zoete V. SwissADME: a free web tool to evaluate pharmacokinetics, drug-likeness and medicinal chemistry friendliness of small molecules. *Sci Rep*. 2017 Mar 3;7:42717. doi: 10.1038/srep42717. PMID: 28256516; PMCID: PMC5335600.
8. Rini, T. D. P., Sangande, F., Agustini, K., & Bahtiar, A. (2024). Identification and analysis of *Ardisia humilis* as potential antihyperlipidemic by network pharmacology followed by molecular docking. *Research Journal of Pharmacy and Technology*, 17(5). <https://doi.org/10.52711/0974-360X.2024.00318>
9. Shannon P, Markiel A, Ozier O, Baliga NS, Wang JT, Ramage D, Amin N, Schwikowski B, Ideker T. Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. *Genome Res*. 2003 Nov;13(11):2498-504. doi: 10.1101/gr.1239303. PMID: 14597658; PMCID: PMC403769.

10. KNApSAcK Family. KNApSAcK Family database. Retrieved April 14, 2026, from <https://www.knapsackfamily.com/KNApSAcK/>
11. Fathurohman, I. J., Fakih, T. M., & Muchlisin, M. A. (2025). Analisis profil ADMET senyawa jintan hitam (*Nigella sativa* L.) secara *in silico*. *Bandung Conference Series: Pharmacy*, 5(2). <https://doi.org/10.29313/bcsp.v5i2.20610>
12. Awaluddin, R., Mustaqim, R. M., Arbain, D., Hayati, F., & Khaerunnisa, S. (2024). Senyawa non-aromatik herba *Centella asiatica* menggunakan metode baru melalui karbon aktif dan analisis farmakologi jejaring pada luka bakar. *Indonesian Journal of Pharmaceutical Science and Technology*, 11(2). <https://jurnal.unpad.ac.id/ijpst/article/view/50623>
13. Hopkins, A. L. (2008). Network pharmacology: The next paradigm in drug discovery. *Nature Chemical Biology*, 4, 682–690. <https://doi.org/10.1038/nchembio.118>
14. Anggraeni, L., & Bratadiredja, M.A. (2018). Review Artikel : Tanaman Obat yang Memiliki Aktivitas Terhadap Luka Bakar.
15. Chin, C. H., Chen, S. H., Wu, H. H., Ho, C. W., Ko, M. T., & Lin, C. Y. (2014). cytoHubba: Identifying hub objects and sub-networks from complex interactome. *BMC Systems Biology*, 8(S4), S11. <https://doi.org/10.1186/1752-0509-8-S4-S11>
16. Ray, S., Ju, X., Sun, H., Finnerty, C. C., Herndon, D. N., & Brasier, A. R. (2013). The IL-6 trans-signaling-STAT3 pathway mediates ECM and cellular proliferation in fibroblasts from hypertrophic scar. *The Journal of investigative dermatology*, 133(5), 1212–1220. <https://doi.org/10.1038/jid.2012.499>
17. Johnson, B. Z., Stevenson, A. W., Prêle, C. M., Fear, M. W., & Wood, F. M. (2020). The Role of IL-6 in Skin Fibrosis and Cutaneous Wound Healing. *Biomedicines*, 8(5), 101. <https://doi.org/10.3390/biomedicines8050101>
18. Eming SA, Martin P, Tomic-Canic M. Wound repair and regeneration: mechanisms, signaling, and translation. *Sci Transl Med*. 2014 Dec 3;6(265):265sr6. doi: 10.1126/scitranslmed.3009337. PMID: 25473038; PMCID: PMC4973620.
19. Guo S, Dipietro LA. Factors affecting wound healing. *J Dent Res*. 2010 Mar;89(3):219-29. doi: 10.1177/0022034509359125. Epub 2010 Feb 5. PMID: 20139336; PMCID: PMC2903966.
20. Ge SX, Jung D, Yao R. ShinyGO: a graphical gene-set enrichment tool for animals and plants. *Bioinformatics*. 2020 Apr 15;36(8):2628-2629. doi: 10.1093/bioinformatics/btz931. PMID: 31882993; PMCID: PMC7178415.
21. Gurtner GC, Werner S, Barrandon Y, Longaker MT. Wound repair and regeneration. *Nature*. 2008 May 15;453(7193):314-21. doi: 10.1038/nature07039. PMID: 18480812.
22. Rodrigues, M., Kosaric, N., Bonham, C.A., & Gurtner, G. C. (2019). Wound Healing: A Cellular Perspective. *Physiological reviews*, 99(1), 665–706. <https://doi.org/10.1152/physrev.00067.2017>
23. Luo, Jd., Chen, A. Nitric oxide: a newly discovered function on wound healing. *Acta Pharmacol Sin* 26, 259–264 (2005). <https://doi.org/10.1111/j.1745-7254.2005.00058.x>
24. Hayes JD, Flanagan JU, Jowsey IR. Glutathione transferases. *Annu Rev Pharmacol Toxicol*. 2005;45:51-88. doi: 10.1146/annurev.pharmtox.45.120403.095857. PMID: 15822171.
25. Li S, Zhang B. Traditional Chinese medicine network pharmacology: theory, methodology and application. *Chin J Nat Med*. 2013 Mar;11(2):110-20. doi: 10.1016/S1875-5364(13)60037-0. PMID: 23787177.