

BAB 3

PROSEDUR PENELITIAN

3.1 Metode Penelitian

Metode dalam penelitian ini adalah deskriptif komputasional *in silico screening* dengan analisis deskriptif kuantitatif untuk mendeskripsikan hasil analisis *in silico*. Jenis penelitian yang digunakan dalam penelitian ini merupakan penelitian eksperimen berbasis komputer pada uji *in silico* dengan metode *molecular docking* untuk mendeskripsikan hasil analisis *in silico* berupa interaksi antara senyawa aktif yang terkandung pada Tanaman Talas yang berpotensi sebagai antidiabetes berdasarkan hasil kajian literatur. Protein reseptor yang digunakan yaitu enzim *Alpha Amylase* yang dimanfaatkan sebagai obat antidiabetes dengan senyawa kontrol *Acarbose*.

3.2 Ruang Lingkup Penelitian (Fokus Penelitian)

Hal yang menjadi fokus penelitian yang akan dilakukan ini adalah melakukan analisis *in silico* dengan metode *molecular docking* pada senyawa aktif umbi tanaman talas dengan alpha amylase penyebab diabetes melitus. Hasil yang dianalisis Adalah afinitas energi, fisikokimia, farmakokinetik, dan tingkat toksisitas senyawa aktif umbi tanaman talas sebagai antidiabetes. Sehingga akan mendapatkan Kesimpulan apakah senyawa Tanaman Talas berpotensi sebagai inhibitor diabetes melitus dan dapat dijadikan kandidat obat antidiabetes secara oral atau tidak.

3.3 Sumber Data Penelitian

Data yang dikaji dalam penelitian ini berasal dari dua sumber data, di antaranya:

3.3.1 Sumber Primer

Penelitian ini menggunakan sumber data primer yang berasal dari web Pubchem (<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/>), analisis sifat fisikokimia dan farmakokinetik pada web SwissADME (<http://www.swissadme.ch/index.php>), prediksi toksisitas pada web Protox II (<https://tox.charite.de/>), dan simulasi *molecular docking* menggunakan aplikasi PyRx dan Biovia Discovery Studio

Visualizer 2019 dari senyawa aktif terhadap reseptor Alpha Amylase untuk menjawab pertanyaan penelitian.

3.3.2 Sumber Sekunder

Penelitian ini juga menggunakan sumber data sekunder yang diperoleh dari hasil kajian literatur dari beberapa referensi yang digunakan oleh peneliti terkait kandungan senyawa potensial dalam tanaman talas sebagai langkah awal dalam melakukan analisis in silico.

3.4 Langkah-langkah penelitian

Dalam penelitian ini peneliti melewati tiga tahap prosedur penelitian, yaitu:

3.4.1 Tahap Persiapan

Adapun Langkah tahap persiapan dalam penelitian ini di antaranya:

- 1) Memperoleh Surat Keputusan Dekan Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan Universitas Siliwangi terkait penetapan bimbingan skripsi pada September 2025;
- 2) Mengajukan judul penelitian kepada Dosen Pembimbing I, Dosen Pembimbing II, dan Dewan Bimbingan Skripsi (DBS) pada Agustus 2025;
- 3) Menyusun proposal penelitian dan melaksanakan bimbingan secara berkala dengan Dosen Pembimbing I dan Dosen Pembimbing II pada Bulan Agustus-September 2025;
- 4) Mengajukan permohonan seminar proposal penelitian kepada Dewan Bimbingan Skripsi (DBS) pada September 2025
- 5) Melaksanakan seminar proposal penelitian pada September 2025
- 6) Melakukan perbaikan proposal melalui bimbingan dan konsultasi dengan pembimbing I dan Pembimbing II Pada Oktober
- 7) Mempersiapkan dan melaksanakan penelitian Oktober 2025

3.4.2 Tahap Pelaksanaan

3.4.2.1 Alat dan Bahan

1. Alat Pengujian *In Silico*

Berikut pada tabel 3.1 adalah alat-alat yang digunakan selama penelitian *In Silico*.

Tabel 3.1 Alat yang digunakan dalam pengujian *In Silico*

No	Alat dan Bahan	Spesifikasi dan Kegunaan	Gambar
1.	Laptop HP	Laptop merek HP 14s-fq0xxx, AMD Athlon Silver 3050U with Radeon Graphics (2 CPUs), ~2.3GHz, 4GB RAM dengan Windows 11 Home Single Language 64-bit, Untuk melakukan analisis <i>in silico</i> dan prediksi toksisitas terkait aktivitas antidiabetes senyawa aktif dan pembuatan implikasi hasil penelitian berupa <i>booklet</i>	
2.	Perangkat lunak PyRx Versi 0.8	Untuk melakukan preparasi pada senyawa-senyawa	
3.	Perangkat lunak BIOVIA Discovery Studio 2021 Versi 20.10.0	Untuk melakukan pemisahan antara reseptor dengan ligan alami, memberikan informasi jenis ikatan pada senyawa tersebut, asam amino yang terbentuk, dan jarak farmakofor yang akan dibandingkan dengan ligan alami dan ligan kontrol yang kemudian hasil <i>molecular docking</i> divisualisasikan dalam bentuk 2D dan 3D	

No	Alat dan Bahan	Spesifikasi dan Kegunaan	Gambar
4.	Perangkat Lunak Google Chrome Versi 91.0.4472.124	Untuk dilakukan pengunduhan perangkat lunak dan akses segala kebutuhan selama dilakukannya analisis.	
5.	Protox Versi II	Untuk melakukan prediksi toksisitas pada ligan asli, ligan uji, dan ligan kontrol pada penelitian <i>in silico</i> dengan mengakses laman https://toxnew.charite.de/protox_II/	
6.	PubChem	Untuk melakukan pengunduhan struktur 2D dan 3D ligan uji dan ligan kontrol dengan mengakses laman https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/	
7.	RCSB Protein Data Bank	Untuk melakukan pengunduhan struktur 2D dan 3D reseptor uji dengan mengakses laman https://www.rcsb.org/	
8.	SwissADME	Untuk melakukan prediksi sifat fisikokimia pada ligan asli, ligan uji, dan ligan control pada penelitian <i>in silico</i> dengan mengakses laman http://www.swissadme.ch/index.php	 Swiss Institute of Bioinformatics
9.	SAVES v6.1	Validasi protein untuk melihat nilai ERRAT secara keseluruhan dengan mengaskses laman https://saves.mbi.ucla.edu/	

No	Alat dan Bahan	Spesifikasi dan Kegunaan	Gambar
10.	Swiss Model	Melakukan pemodelan Reseptor dari RCSB https://swissmodel.expasy.org/interactive/ZhjW6V/models/	 SWISS-MODEL

2. Bahan Pengujian *In Silico*

Berdasarkan kajian literatur pada Tanaman Talas terdapat 42 senyawa aktif ditemukan. Setelah melakukan kajian literatur lebih lanjut terhadap senyawa senyawa tersebut didapatkan 9 senyawa yang berpotensi memiliki aktivitas sebagai antidiabetes. Senyawa- senyawa dapat dilihat pada tabel 3.2 dibawah ini.

Tabel 3.2 Senyawa aktif Tanaman Talas

No.	Senyawa aktif	Molecular Formula	Reference
1.	Catechin	$C_{15}H_{14}O_6$	(Muñoz-cuervo et al., 2016), (Raut et al., 2023)
2.	Chrysoeriol	$C_{16}H_{12}O_6$	(Muñoz-cuervo et al., 2016)
3.	Schaftoside	$C_{26}H_{28}O_{14}$	(Muñoz-cuervo et al., 2016)
4.	Diosmetin	$C_{16}H_{12}O_6$	(Muñoz-cuervo et al., 2016)
5.	Cyanidin coumaroyl (anthocyanin)	$C_{15}H_{11}O^+$	(Eleazu et al., 2021)
6.	Quercetin	$C_{15}H_{10}O_7$	(V et al., 2024), (Amin et al., 2025)
7.	Vitexin	$C_{21}H_{20}O_{10}$	(V et al., 2024), (Pertiwi et al., 2025), (Amin et al., 2025)
8.	Kaempferol	$C_{15}H_{10}O_6$	(V et al., 2024), (Amin et al., 2025)
9.	Stigmasterol	$C_{29}H_{48}O$	(Pertiwi et al., 2025)

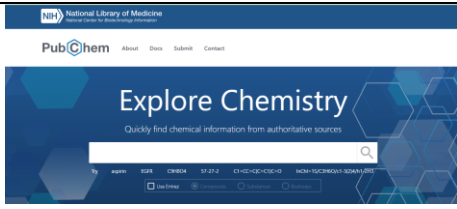
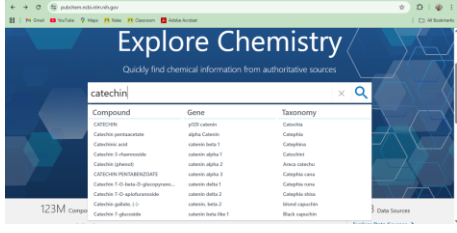
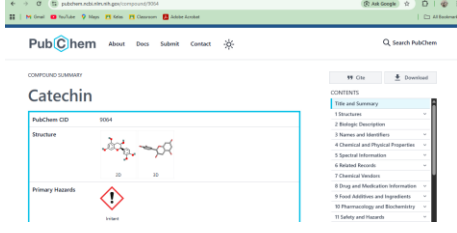
3.4.2.2 Analisis *In Silico*

1. Tahap Pencarian dan Pengunduhan Senyawa Aktif dan Acarbose

Pencarian senyawa aktif Tanaman Talas berdasarkan hasil kajian literatur yang berpotensi sebagai antidiabetes dan pencarian senyawa acarbose dilakukan dengan cara kajian literatur terhadap artikel-artikel yang telah dipublikasikan pada jurnal nasional maupun internasional. Selanjutnya mengunduh berkas senyawa-senyawa tersebut menggunakan website PubChem dengan bentuk 3D dan

kemudian diunduh dalam format SDF. Untuk langkah-langkah dapat dilihat pada tabel 3.3.

Tabel 3.3 Pencarian dan Pengunduhan Senyawa Aktif dan Acarbose

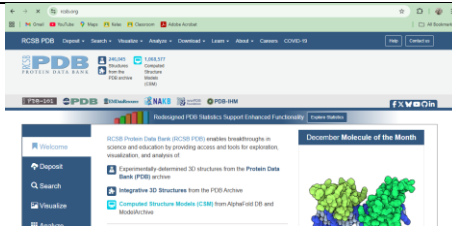
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah membuka laman PubChem di Google Chrome: https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/	
2.	Memilih kolom pencarian lalu ketik senyawa yang akan dicari, misalnya “Catechin” dan klik enter. Setelah itu akan muncul senyawa tersebut	
3.	Selanjutnya pilih senyawa yang akan digunakan dalam penelitian, dan unduh struktur 3D senyawa tersebut dengan format SDF.	
4.	Lakukan langkah yang sama untuk mengunduh senyawa lain yang dibutuhkan sebagai ligan.	

Sumber: Dokumentasi Pribadi

2. Tahap Pencarian dan Pengunduhan Alpha Amylase

Pencarian alpha amylase dilakukan dengan cara studi literatur kepada artikel artikel yang sudah melakukan uji in silico terhadap penyakit diabetes. Berdasarkan hasil tersebut didapatkan alpha amylase sebagai reseptor kode PDB ID 1HNY, selanjutnya alpha amylase diunduh pada laman RCSB PDB dengan format PDB, langkah pencarian dan pengunduhan Alpha amylase dapat dilihat pada Tabel 3.4.

Tabel 3.4 Pencarian dan Pengunduhan Alpha Amylase

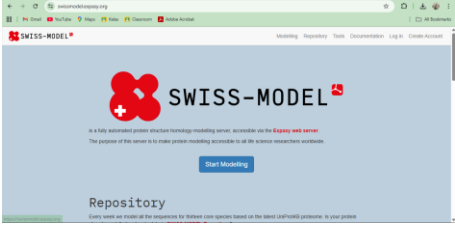
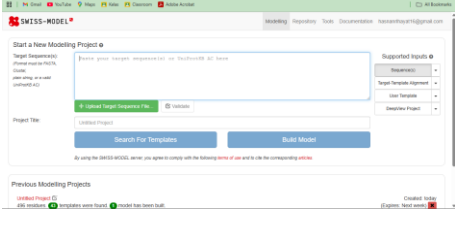
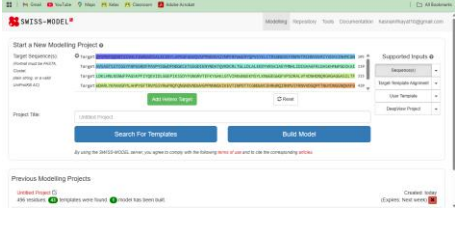
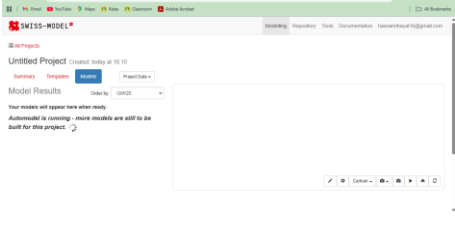
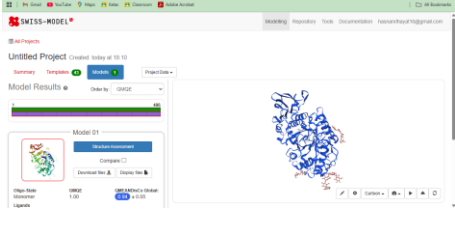
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah membuka laman RCSB PDB pada tautan berikut https://www.rcsb.org/ .	
2.	Memilih kolom pencarian kemudian ketik senyawa protein atau kode PDB yang sebelumnya di dapatkan berdasarkan hasil kajian Pustaka misalnya 1HNY.	
3.	Setelah di pilih senyawanya akan muncul informasi detail lainnya yang dapat dilihat di bagian paling bawah. Setelah melihat informasi dari proteinnya kemudian unduh protein tersebut dalam bentuk PDB dan Fasta.	

Sumber: Dokumentasi Pribadi

3. Pemodelan dan Validasi Alpha amylase

Reseptor yang sudah diunduh dari RCSB PDB kemudian dilakukan pemodelan menggunakan Swiss Model. Nilai yang tertera pada hasil pemodelan menunjukkan persentasi kemiripan dari protein tersebut dengan kondisi aslinya di dalam tubuh, untuk langkah pemodelan alpha amylase terdapat pada tabel 3.5.

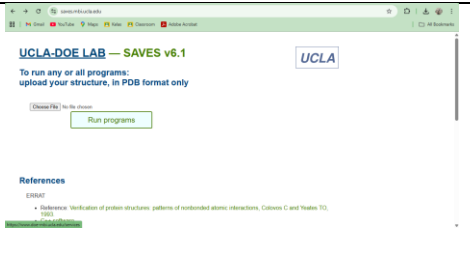
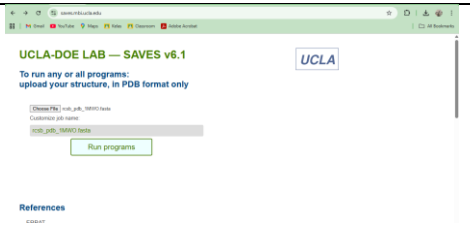
Tabel 3.5 Pemodelan Alpha amylase

No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah membuka laman Swiss model pada tautan berikut SWISSMODEL (expasy.org) . Kemudian klik start modelling	
2.	Kemudian file FASTA reseptor dimasukan pada bagian kolom tersebut yang telah di unduh sebelumnya dengan mengklik upload Target Sequence file	
3.	Setelah file FASTA diunggah kemudian klik Build Model dan 3D akan dibuatkan oleh web.	
4.	Selanjutnya akan terjadi proses running selama beberapa menit untuk pemodelan.	
5.	Setelah proses running selesai akan muncul skor modelling dibagian kiri dari protein tersebut. Minimal reseptor yang baik adalah 80% dan skor maksimal sebesar 100%. Lalu unduh hasil modelling dengan format PDB.	

Sumber: Dokumentasi Pribadi

Setelah dilakukan pemodelan langkah selanjutnya adalah dengan melakukan validasi protein menggunakan webserver saves dengan melihat nilai Errat secara keseluruhan, untuk langkah rinci ada pada tabel 3.6.

Tabel 3.6 Validasi Alpha amylase

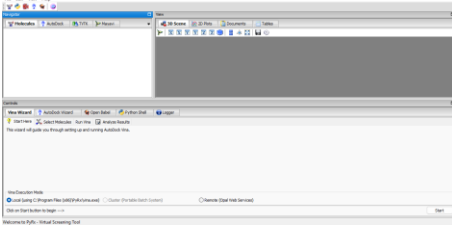
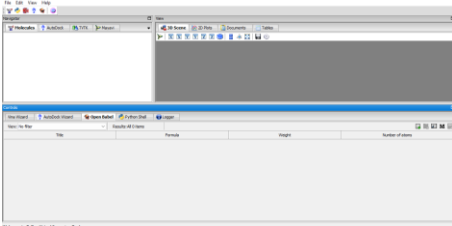
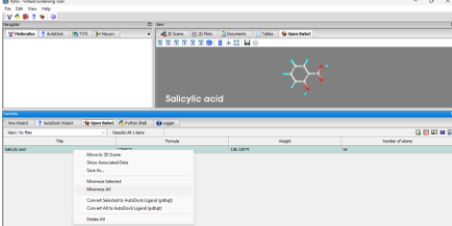
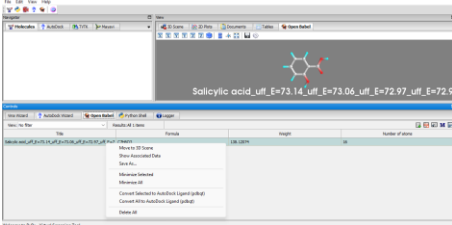
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Membuka laman ERRAT melalui tautan berikut https://saves.mbi.ucla.edu/ . Lalu masukan file PDB Reseptor pada bagian “Choose File”	
2.	Setelah unggah file PDB protein hasil pemodelan misalnya protein alpha amylase dan klik run programs.	
3.	Pilih opsi ERRAT dan klik start untuk mengetahui nilai validasi protein tersebut. Setelah itu akan terjadi proses running untuk mengetahui skor ERRAT protein tersebut. Skor ERRAT yang baik adalah yang lebih dari 90% (Aamir et al., 2018).	

Sumber: Dokumentasi Pribadi

4. Tahap Preparasi Senyawa Aktif, Acarbose dan Alpha Amylase

Preparasi senyawa aktif dan acarbose dilakukan menggunakan aplikasi PyRx sedangkan untuk preparasi alpha amylase dilakukan dengan menggunakan aplikasi Biovia Discovery Studio Visualizer 2019, untuk detail langkah sebagai berikut pada tabel 3.7.

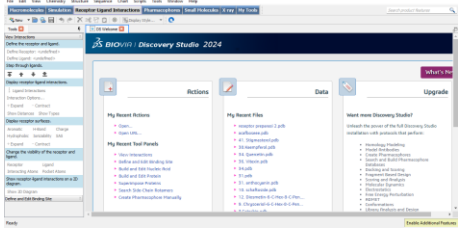
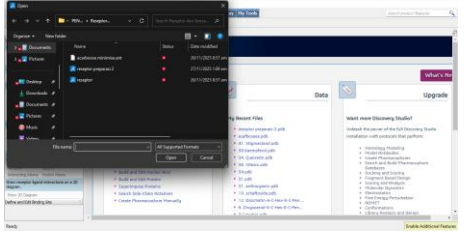
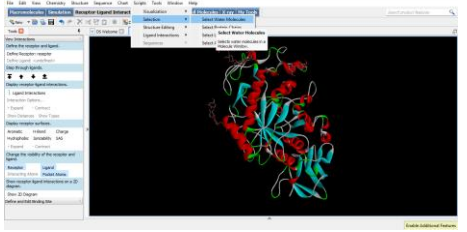
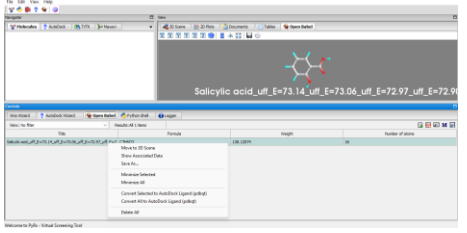
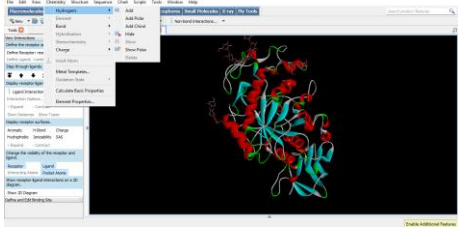
Tabel 3.7 Preparasi Senyawa Aktif dan Acarbose

No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah membuka aplikasi pyrex	
2.	Klik open bibel kemudian insert new dibagian pojok kanan bertanda plus (+). Kemudian masukan file ligan uji yang telah diunduh.	
3.	Kemudian klik kanan pada bagian senyawa tersebut dan klik minimize all sebanyak sepuluh kali untuk memastikan molekul yang tersisa hanya molekul ligan.	
4.	Setelah dilakukan minimize all, klik kanan pada file ligan kemudian simpan dalam bentuk pdb.	
5.	Lakukan langkah tersebut pada semua ligan yang akan digunakan dalam penelitian	

Sumber: Dokumentasi Pribadi

Sedangkan untuk preparasi reseptor dilakukan dengan menggunakan aplikasi Biovia Discovery Studio Visualizer 2019. Proses preparasi reseptor dilakukan dengan langkah-langkah pada tabel 3.8.

Tabel 3.8 Preparasi Alpha Amylase

No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah dengan membuka aplikasi Biovia Discovery Studio Visualizer 2019.	
2.	Setelah masuk pada aplikasi Biovia Discovery Studio Visualizer 2019 klik file dan pilih opsi open kemudian masukkan file PDB dari protein yang sudah di modelling sebelumnya.	
3.	Selanjutnya hilangkan molekul air pada protein yang sudah di modelling dengan cara mengklik menu script kemudian pilih select dan pilih opsi select water molecule kemudian delete.	
4.	Setelah itu hilangkan molekul ligan pada protein yang sudah di modelling dengan cara mengklik menu script kemudian pilih select dan pilih opsi select ligand kemudian delete.	
5.	Selanjutnya proses penambahan atom hydrogen polar yang bertujuan sebagai ikatan penghubung antara reseptor dengan ligan dengan cara klik menu chemistry kemudian pilih hydrogen dan pilih opsi add	

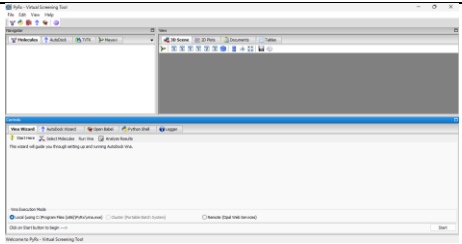
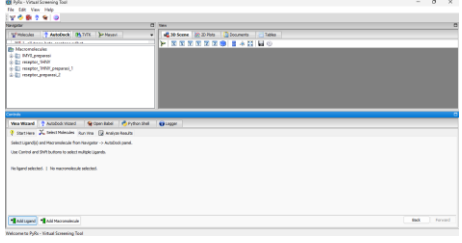
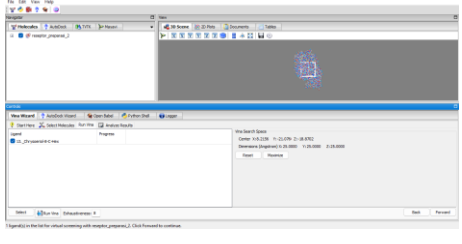
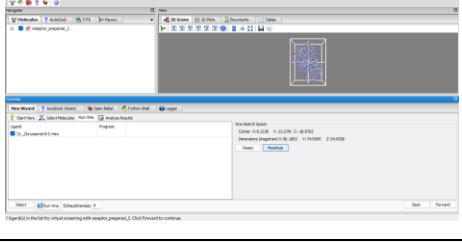
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
	hydrogen polar, setelah itu save file yang sudah di preparasi dalam format PDB.	

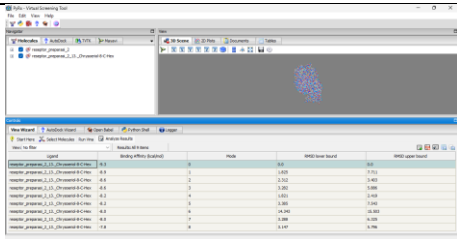
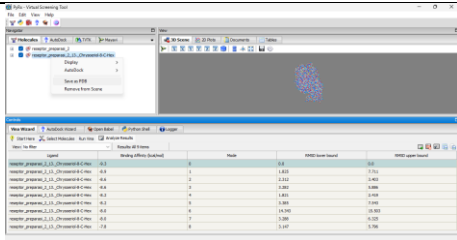
Sumber: Dokumentasi Pribadi

5. Tahap Molecular *Docking* Senyawa Aktif dan Acarbose dengan Alpha Amylase

Proses molecular *docking* dilakukan dengan aplikasi PyRx dengan melakukan penambatan molekul antara ligan dan reseptor. Adapun langkah-langkah yang dilalui terdapat pada tabel 3.9.

Tabel 3.9 Molecular *Docking* Senyawa Aktif dan Acarbose dengan Alpha Amylase

No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah dengan membuka aplikasi PyRx, lalu pilih menu Vina Wizard dan klik Start.	
2.	Kemudian klik add ligand dan add makromolekul, pilih reseptor dan ligan yang sudah di preparasi.	
3.	Jika ligan dan reseptor yang akan di <i>docking</i> sudah, kemudian klik forward.	
4.	Setelah itu, klik maximize sampai semua ligan dan protein berada pada wilayah sequere.	

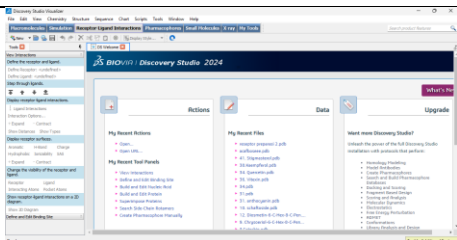
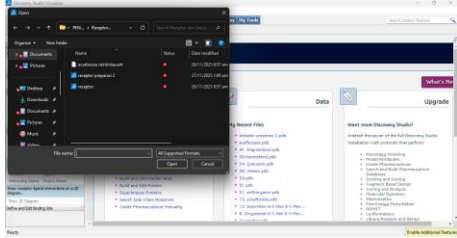
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
5.	Setelah itu, klik forward lagi dan akan terjadi proses running selama beberapa menit. Setelah itu akan muncul skor <i>binding affinity</i> , apabila proses sudah mencapai 100 %	
6.	Kemudian save hasil <i>docking</i> dalam format pdb.	

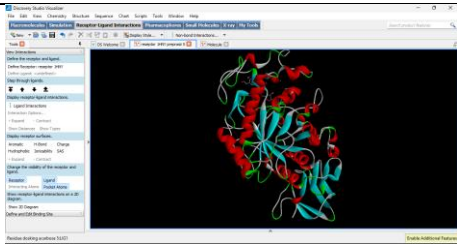
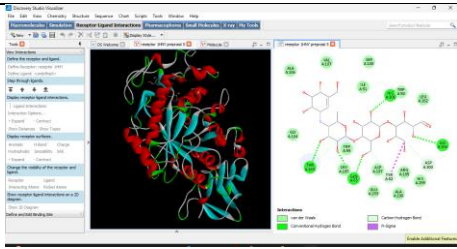
Sumber: Dokumentasi Pribadi

6. Tahap Visualisasi Hasil *Docking*

Visualisasi hasil *docking* dilakukan dengan menggunakan aplikasi Biovia Discovery Studio Visualizer 2019 dengan langkah-langkah pada tabel 3.10.

Tabel 3.10 Visualisasi Hasil *Docking*

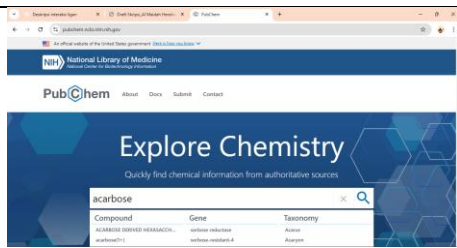
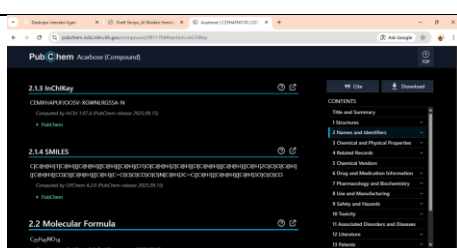
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah buka aplikasi Biovia Discovery Studio Visualizer 2019.	
2.	Klik menu file kemudian pilih file reseptor yang sudah di preparasi dan hasil <i>docking</i> ligan uji-reseptor yang telah dilakukan sebelumnya.	

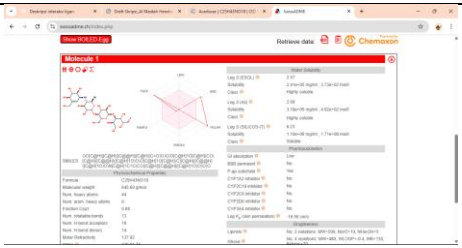
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
3.	Kemudian salin hasil <i>docking</i> dan tempel pada file reseptor	
4.	Setelah itu, pilih menu view interaction, klik ligand interaction dan klik show 2D diagram. Selanjutnya akan didapatkan hasil berupa interaksi gambar 2D dengan berbagai ikatan residu dari ikatan tersebut.	

7. Tahap Analisis Fisikokimia dan Farmakokinetik

Analisis fisikokimia dan farmakokinetik dilakukan dengan bantuan website Swiss ADME. Dalam proses analisis ini smile senyawa aktif dan acarbose disalin dan ditempelkan pada kolom yang tersedia di website. Adapun untuk langkah-langkahnya pada tabel 3.11.

Tabel 3.11 Analisis Fisikokimia dan Farmakokinetik

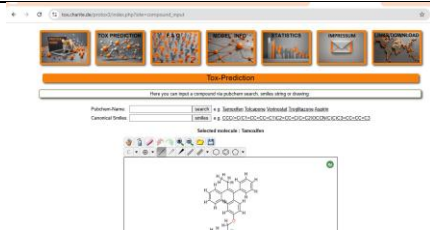
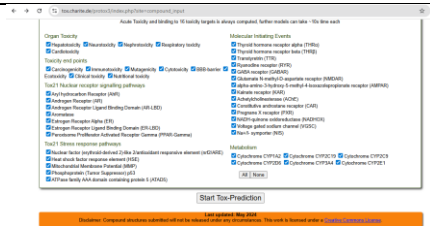
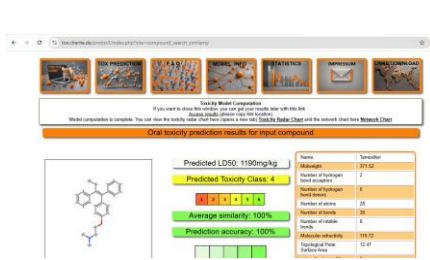
No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Langkah pertama adalah membuka laman PubChem: https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/ dan ketik senyawa yang akan dicari pada kolom pencarian.	
2.	Kemudian klik ligan yang akan diteliti dan salin smilenya.	
3.	No	Deskripsi Langkah

No.	Deskripsi Langkah	Gambar
4.	Kemudian akan muncul hasil fisikokimia dan farmakokinetik ligan uji. Analisis fisikokimia dan farmakokinetik SWISS ADME merujuk pada aturan <i>Lipinski rules of five</i> serta mekanisme absorpsi, distribusi, metabolisme dan ekskresi.	

8. Tahap Prediksi Toksisitas

Prediksi toksisitas dilakukan dengan menggunakan laman protox II online tools. Analisis ini sama dengan Swiss ADME yaitu menggunakan smile senyawa, Adapun untuk langkah-langkahnya pada tabel 3.12.

Tabel 3.12 Prediksi Toksisitas

No.	Deskripsi Langkah	Gambar
1.	Buka laman protox II online tools pada link berikut https://toxnew.charite.de/protox_II/index.php?site=home .	
2.	Kemudian masukan smile ligan yang akan diprediksi toksisitasnya, pilih bagian mana saja yang akan di prediksi toksisitasnya sesuai dengan kebutuhan.	
3.	Setelah itu, klik start Tox-prediction kemudian akan terjadi proses running. Setelah proses running selesai maka akan terlihat hasil toksisitas dari senyawa ligan uji.	

3.4.3 Tahap Akhir

- 1) Mengolah data yang diperoleh dari hasil analisis *in silico* pada bulan Oktober s.d 2025;
- 2) Menyusun hasil, pembahasan, simpulan dan saran pada skripsi dari hasil penelitian dan melaksanakan bimbingan dengan Dosen Pembimbing I dan Dosen Pembimbing II pada Oktober s.d. November 2025;
- 3) Mengajukan permohonan seminar hasil kepada DBS pada bulan Desember 2025;
- 4) Melaksanakan seminar hasil penelitian pada bulan Desember 2025;
- 5) Memperbaiki dan mengonsultasikan skripsi berdasarkan seminar hasil melalui bimbingan dengan Dosen Pembimbing I dan Dosen Pembimbing II pada bulan Desember 2025;
- 6) Mengajukan permohonan ujian skripsi kepada Sekretaris Jurusan pada bulan Desember 2025;
- 7) Melaksanakan ujian skripsi dan pengumuman kelulusan pada bulan Desember 2025;
- 8) Menyempurnakan skripsi berdasarkan hasil ujian skripsi dan mengonsultasikannya dengan Dosen Pembimbing I dan Dosen Pembimbing II pada Januari 2026;
- 9) Mencetak skripsi pada Januari 2026.

3.5 Teknik Pengumpulan Data

Penelitian kuantitatif merupakan metode yang berfokus pada pengumpulan dan analisis data dalam bentuk angka dan ukuran numerik. Pendekatan ini bertujuan untuk mendeskripsikan, menjelaskan, serta menguji hubungan antar variabel dengan melihat interaksi senyawa dan reseptor. Penelitian kuantitatif memiliki ciri-ciri berupa pendekatan yang sistematis, penggunaan alat ukur yang telah distandarkan, pengumpulan data dalam bentuk angka, serta analisis statistik untuk memvalidasi dan menjawab pertanyaan penelitian. Metode ini juga biasanya melibatkan sampel yang mewakili populasi dan menerapkan desain penelitian yang terkontrol. Dalam penelitian kuantitatif, teknik pengumpulan data berupa eksperimen analisis interaksi senyawa terhadap protein target. Metode-metode ini

dirancang untuk mengumpulkan data dalam bentuk numerik atau statistik yang memungkinkan analisis secara kuantitatif. Dengan pendekatan ini, dapat mengevaluasi hubungan antarvariabel, menguji hipotesis, dan menghasilkan kesimpulan berdasarkan data yang objektif dan terukur (Ardiansyah et al., 2023).

3.6 Teknik Analisis Data

Tahap ini akan dilaksanakan setelah mendapatkan hasil *molecular docking* dan prediksi toksisitas secara *in silico* dari senyawa aktif dari Tanaman Talas. Penelitian ini menilai potensi senyawa aktif Tanaman Talas sebagai antidiabetes dengan menganalisis interaksinya terhadap reseptor target yang memiliki kode PDB 1HNY diukur berdasarkan nilai energi afinitas, RMSD (Root Mean Square Deviation), ikatan yang terbentuk dan kesamaan residu asam amino (Hermansyah et al., 2023). Energi afinitas menggambarkan kekuatan ikatan antara ligan (senyawa metabolit sekunder) dan reseptor (protein). Semakin negatif nilai energi afinitas, semakin kuat ikatan yang terbentuk antara ligan dan reseptor (Karim et al., 2023). RMSD merupakan parameter yang menggambarkan nilai penyimpangan terhadap interaksi struktur kristal sebelum dan sesudah *docking*, hasil *docking* dikatakan valid jika nilai RSMD ≤ 2 Å (Hermansyah et al., 2023).

Dalam menganalisis hasil prediksi fisikokimia dan farmakokinetik dapat menggunakan aturan Lipinski. Langkah analisis ini menggunakan website Swiss ADME. Kemudian data yang dihasilkan akan dianalisis secara deskriptif. Sedangkan untuk menganalisis tingkat toksisitas digunakan website protox II online tools yaitu dengan melihat nilai toksisitasnya, serta parameter *hepatotoxicity*, *carcinogenicity*, *Immunotoxicity*, *Mutagenicity* dan *Cytotoxicity* (Noer & Pratama, 2025). Kemudian data yang dihasilkan akan dianalisis secara deskriptif.

Teknis analisis data pada penelitian ini akan dilakukan dengan tiga langkah sesuai dengan teknik analisis data pada penelitian kualitatif menurut Miles and Huberman (1984) dalam (Sugiyono, 2020) yaitu:

1. Reduksi data

Reduksi data adalah proses menyederhanakan dengan cara merangkum, menyeleksi informasi yang pokok, menekankan pada aspek yang penting, serta mengidentifikasi tema dan pola tertentu (Sugiyono, 2020). Pada penelitian

kuantitatif deskriptif ini, data utama yang diperoleh meliputi senyawa aktif pada Tanaman Talas (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) , yang dihasilkan dari kajian literatur, serta hasil analisis biologi komputasi. Data komputasi diperoleh menggunakan perangkat lunak Discovery Studio untuk mengidentifikasi pose pengikatan, lokasi pengikatan, serta afinitas pengikatan kemudian memilah data yang relevan dan diperlukan untuk mendukung penelitian.

2. Penyajian data

Setelah melalui tahap reduksi, data disajikan dalam berbagai format seperti diagram, tabel, grafik, atau penjelasan naratif. Penyajian ini membantu dalam memberikan gambaran yang jelas tentang hasil penelitian, sehingga memudahkan proses analisis dan interpretasi.

3. Penarikan Kesimpulan

Langkah terakhir adalah menyimpulkan data yang telah dianalisis. Kesimpulan dibuat setelah seluruh tahap analisis selesai, dengan tujuan mengungkapkan temuan yang baru dan orisinal. Temuan ini harus didukung oleh data valid dan konsisten, sehingga menghasilkan kesimpulan yang dapat dipercaya serta relevan dengan tujuan penelitian.

3.7 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini akan dilakukan di Laboratorium Botani, Jurusan Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Siliwanagi. Adapun waktu penelitian ini dapat dilihat pada table berikut

