

Exploring the Biomolecular Mechanism of Sanleng in the Treatment of Prostate Cancer Based on Network Pharmacology

Shijun TONG¹, Ningning ZHANG², Wenhui ZHU¹, Jing ZHAI¹ & Guanxiong DING^{1*}

¹ *Department of Urology, Huashan Hospital, Fudan University, Shanghai, 200040, China*

² *Department of Anesthesiology, Huashan Hospital, Fudan University, Shanghai, 200040, China*

SUMMARY. The objective was to study the potential mechanism of SanLeng in the treatment of prostate cancer based on network pharmacology and online database. By using the Traditional Chinese Medicine System Pharmacology Database and Analysis Platform (TCMSP), PubChem, GeneCard, and OMIM databases, the relevant genes of trigeminum and prostate cancer were obtained, and the intersection genes were obtained. The Protein Interaction (PPI) network of the intersection genes was obtained through the String database, and GO and KEGG enrichment analysis of the intersection genes was performed using the clusterProfilerR package. We constructed a drug compound target disease network model using Cytoscape 3.9.2 software. We obtained 82 genes from the three ridges, 14123 prostate cancer genes, and 71 intersection genes between the three ridges and prostate cancer. The PPI network chart shows a close relationship between the intersection genes. After enrichment analysis, 1209 GO biological functions and 117 signaling pathways were obtained from the intersection targets; The core targets are most enriched in GSK3B, PTGS2, CASP3, etc. Sanleng and its main components may exert therapeutic effects on prostate cancer by acting on GSK3B targets and mediating apoptosis signaling pathways.

RESUMEN. El objetivo era estudiar el mecanismo potencial de SanLeng en el tratamiento del cáncer de próstata basándose en la farmacología en red y la base de datos en línea. Utilizando la plataforma de análisis y base de datos farmacológicos del sistema de medicina tradicional china (TCMSP), PubChem, GeneCard y OMIM, se obtuvieron los genes relevantes del cáncer de trigémino y próstata y se obtuvieron los genes de intersección. La red de Interacción de Proteínas (PPI) de los genes de intersección se obtuvo a través de la base de datos String, y el análisis de enriquecimiento GO y KEGG de los genes de intersección se realizó utilizando el paquete clusterProfilerR. Se construyó un modelo de red de enfermedades objetivo de compuestos farmacológicos utilizando el software Cytoscape 3.9.2. Obtuvimos 82 genes de las tres crestas, 14123 genes de cáncer de próstata y 71 genes de intersección entre las tres crestas y el cáncer de próstata. El gráfico de la red PPI muestra una estrecha relación entre los genes de intersección. Después del análisis de enriquecimiento, se obtuvieron 1209 funciones biológicas GO y 117 vías de señalización de los objetivos de intersección; Los objetivos principales están más enriquecidos en GSK3B, PTGS2, CASP3, etc. Sanleng y sus componentes principales pueden ejercer efectos terapéuticos sobre el cáncer de próstata al actuar sobre los objetivos de GSK3B y mediar en las vías de señalización de la apoptosis.

KEY WORDS: mechanism of action, network pharmacology, prostate cancer, sanleng.

* Author to whom correspondence should be addressed. *E-mail:* leijinxia53@gmail.com