

Exploring the Mechanism of *Curcumae Rhizoma* in Treating Prostate Cancer Based on Network Pharmacology

Wenhui ZHU ¹, Lili MAO ², Ruijie YANG ², Shijun TONG ¹, Jing ZHAI ¹ & Guanxiong DING ¹ *

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

² Department of Nursing, Huashan Hospital, Fudan University, Shanghai, 200040, China

SUMMARY. The aim of this study was to investigate how *Curcumae Rhizoma* could potentially treat prostate cancer using network pharmacology. The researchers employed various methods for their analysis. They first screened the active chemicals of *Curcumae Rhizoma* using TCMSP. Then, they identified the targets for prostate cancer treatment through the GeneCards database and OMIM database. Using Cytoscape 3.9.2 software, they constructed a network diagram representing the relationships between the active chemicals and the disease targets. Additionally, they built a protein interaction (PPI) network using the String database platform. Next, they conducted Gene Ontology enrichment analysis and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analysis using the Bioconductor platform and R language. This analysis led to the identification of six potential active ingredients in *Curcumae Rhizoma*, along with 96 targets associated with prostate cancer. The key active ingredients, such as bisdemethoxycurcumin, wenjīn, and hederaginīn, were found to exert anti-tumor effects by regulating specific target genes including TP53, EGFR, PTGS2, AKT1, HSP90AA1, ESR1, and SRC. They also affect important pathways such as the PI3K-Akt signaling pathway and JAK-STAT signaling pathway. In conclusion, this study contributes novel insights into the potential mechanism of how *Curcumae Rhizoma* may treat prostate cancer. By using network pharmacology methods, the researchers were able to predict the interactions and pathways involved in its anticancer effects. This paves the way for further research and exploration in this field.

RESUMEN. El objetivo de este estudio fue investigar cómo *Curcumae Rhizoma* podría potencialmente tratar el cáncer de próstata utilizando la farmacología en red. Los investigadores emplearon varios métodos para su análisis. Primero examinaron las sustancias químicas activas de *Curcumae Rhizoma* utilizando TCMSP. Luego, identificaron los objetivos para el tratamiento del cáncer de próstata a través de la base de datos GeneCards y la base de datos OMIM. Utilizando el software Cytoscape 3.9.2, construyeron un diagrama de red que representa las relaciones entre las sustancias químicas activas y los objetivos de las enfermedades. Además, construyeron una red de interacción de proteínas (PPI) utilizando la plataforma de base de datos String. A continuación, realizaron un análisis de enriquecimiento de ontología genética y un análisis de rutas de la Enciclopedia de genes y genomas de Kioto (KEGG) utilizando la plataforma Bioconductor y el lenguaje R. Este análisis condujo a la identificación de seis posibles ingredientes activos en *Curcumae Rhizoma*, junto con 96 objetivos asociados con el cáncer de próstata. Se descubrió que los ingredientes activos clave, como bisdemetoxicurcumina, wenjin y hederaginina, ejercen efectos antitumorales al regular genes diana específicos, incluidos TP53, EGFR, PTGS2, AKT1, HSP90AA1, ESR1 y SRC. También afectan vías importantes como la vía de señalización PI3K-Akt y la vía de señalización JAK-STAT. En conclusión, este estudio aporta conocimientos novedosos sobre el mecanismo potencial de cómo *Curcumae Rhizoma* puede tratar el cáncer de próstata. Utilizando métodos de farmacología en red, los investigadores pudieron predecir las interacciones y vías implicadas en sus efectos anticancerígenos. Esto allana el camino para futuras investigaciones y exploraciones en este campo.

KEY WORDS: anti cancer, *Curcumae Rhizoma*, network pharmacology, pivotal targets, prostatic cancer.

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