



## Phylogenetic Analysis and Biological Evaluation of Compound Extracted from *Cucumis sativus* on Bronchial Asthma

Hua LANG <sup>1</sup> & Wen-Jing GAO <sup>2 \*</sup>

<sup>1</sup> Respiratory Intensive Care Unit, Yan'an University Hospital,  
Yan'an, Shaanxi, China

<sup>2</sup> Department of Respiratory Medicine, Yangling Demonstration District Hospital,  
Yangling, Shaanxi, China

**SUMMARY.** The occurrence of cardiovascular disease has gradually increased. *Cucumis sativus* is one of the main summer vegetables in China. Its stems and vines are used medicinally for their anti-inflammatory, expectorant, and antispasmodic effects. Therefore, *C. sativus* is an important medicinal plant for disease therapy. In this work, active ingredients were extracted from *C. sativus*. Then, their application values and underlying mechanism in the treatment and nursing of bronchial asthma were evaluated and explored. First, real time reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) assay was adopted to analyze the activity of the adenosine 5'-monophosphate-activated protein kinase (AMPK) signaling pathway in bronchial epithelial cells. In addition, enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was conducted to analyze the level of inflammatory cytokines in bronchoalveolar lavage fluid. Next, Illumina pair-end sequencing was performed to obtain the total chloroplast genome sequence of *C. sativus*. Neighbor-joining phylogenetic analysis was also conducted.

**RESUMEN.** La aparición de enfermedades cardiovasculares ha aumentado gradualmente. *Cucumis sativus* es una de las principales verduras de verano en China. Sus tallos y vides se usan con fines medicinales por sus efectos antiinflamatorios, expectorantes y antiespasmódicos. Por lo tanto, *C. sativus* es una planta medicinal importante para el tratamiento de enfermedades. En este trabajo se extrajeron principios activos de *C. sativus*. Luego, se evaluaron y exploraron sus valores de aplicación y mecanismo subyacente en el tratamiento y enfermería del asma bronquial. En primer lugar, se adoptó el ensayo de reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (RT-PCR) en tiempo real para analizar la actividad de la vía de señalización de la proteína quinasa activada por monofosfato de adenosina (5'-monofosfato) (AMPK) en las células epiteliales bronquiales. Además, se realizó un ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA) para analizar el nivel de citocinas inflamatorias en el líquido de lavado broncoalveolar. A continuación, se realizó la secuenciación de extremos de pares de Illumina para obtener la secuencia del genoma total del cloroplasto de *C. sativus*. También se realizó un análisis filogenético de unión de vecinos.

**KEY WORDS:** bronchial asthma, bronchial epithelial cells, chloroplast genome, *Cucumis sativus*, inflammatory response, phylogenetic analysis.

\* Author to whom correspondence should be addressed. E-mail: gao13572457282@163.com