

基于数据挖掘和网络药理学分析国家专利中药复方治疗支气管扩张的用药规律及作用机制

张方欣¹ 疏欣杨²

1.北京中医药大学中医学院,北京 100029;2.中日友好医院中西医结合肺病一部,北京 100029

[摘要] **目的** 基于数据挖掘和网络药理学系统分析国家专利中药复方治疗支气管扩张的用药规律及潜在作用机制。**方法** 收集建库至2025年8月国家知识产权局专利库中治疗支气管扩张的中药复方专利,对方用药进行中药频次、性味归经、关联规则及聚类分析,以总结规律、挖掘核心药组。通过网络药理学(中药系统药理数据库和分析平台、SwissTargetPrediction、GeneCards、OMIM数据库)预测核心药组的活性成分与靶点,构建蛋白质-蛋白质相互作用网络(String数据库)并筛选核心靶点,进行基因本体、京都基因和基因组数据库富集分析(DAVID数据库)预测作用机制。最后采用分子对接验证结合活性。**结果** 共纳入139首中药复方,涉及451味中药,以清热药、补虚药为主,性味多苦寒,归经以肝、肺经居多。核心组合为“黄芩-甘草-苦杏仁-桔梗-鱼腥草”。网络药理学筛选出甘草醇、山柰酚、刺槐黄素等核心中药关键活性成分,以及Akt1、EGFR等药物与疾病关键靶点。基因本体功能富集分析发现核心中药关键活性成分通过多靶点调控网络改善支气管扩张,其机制涉及应激适应、细胞迁移、磷酸酶结合等。京都基因和基因组数据库富集分析显示,靶点主要集中在TNF信号通路、Th17细胞分化等通路,提示核心方可能从调控慢性炎症及抑制气道重塑方面治疗支气管扩张。分子对接显示关键成分与核心靶点(甘草醇与EGFR)结合良好。**结论** 国家专利中药复方治疗支气管扩张具有清热化痰、止咳平喘、兼补肺气阴的作用,核心药物组合利用多成分-多靶点特性,通过抗炎、抑制气道重塑等发挥治疗作用,体现了中医“整体观”在复杂疾病治疗中的科学内涵,为理解中医药整体调节机制提供新的思路。

[关键词] 国家专利中药复方;支气管扩张;核心药物;网络药理学;分子对接

[中图分类号] R256.1 [文献标识码] A [文章编号] 1673-7210(2026)03(c)-0036-09

DOI:10.20047/j.issn1673-7210.25101656

Medication rules and mechanism of action of the national patent traditional Chinese medicine compounds for treating bronchiectasis based on data mining and network pharmacology analysis

ZHANG Fangxin¹ SHU Xinyang²

1.School of Traditional Chinese Medicine, Beijing University of Chinese Medicine, Beijing 100029, China; 2.the First Department of Integrated Traditional Chinese and Western Medicine for Pulmonary Diseases, China-Japan Friendship Hospital, Beijing 100029, China

[Abstract] Objective To analyze the medication rules and potential mechanisms of action of national patent traditional Chinese medicine compounds in treating bronchiectasis through data mining and network pharmacology system analysis.

Methods Patents for bronchiectasis-treating traditional Chinese medicine compounds were collected from the China

[基金项目] 国家自然科学基金面上项目(82374370);中日友好医院高水平医院临床研究项目(2023-NHLHCRF-YPPPLC-TJ-05)。

[通讯作者] 疏欣杨(1977.5-),男,博士,主任医师,硕士生导师;研究方向:中医药治疗上呼吸道疾病的相关机制。

National Intellectual Property Administration database from inception to August 2025. Prescriptions were analyzed for herb frequency, nature and flavour, channel tropism, association rules, and clustering to summarize rules and identify core drug combinations. The active components

and targets of the core drug group were predicted through network pharmacology (including databases such as the Traditional Chinese Medicine Systems Pharmacology Database and Analysis Platform, SwissTargetPrediction, GeneCards, OMIM). A protein-protein interaction network (STRING database) was constructed and the core targets were screened. Gene ontology and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes enrichment analysis (DAVID database) was conducted to predict the mechanism of action. Finally, molecular docking verification was employed in combination with activity. **Results** A total of 139 traditional Chinese medicine compounds were included, involving 451 types of traditional Chinese medicines. The prescriptions mainly contained heat-clearing and deficiency-tonifying drugs, mostly with cold nature, bitter taste. The meridians they were classified under were mainly the liver and lung meridians. The core combination was “*Scutellariae Radix-Glycyrrhizae Radix Et Rhizoma-Armeniacae Semen Amarum-Platycodonis Radix-Houttuyniae Herba*”. Network pharmacology identified key active ingredients of core traditional Chinese medicines such as glycyrrhizic acid, kaempferol, and acacia flavone, as well as key targets for drugs and diseases such as Akt1 and EGFR. The gene ontology functional enrichment analysis revealed that the key active components of the core traditional Chinese medicine improved bronchial dilation through a multi-target regulatory network. The mechanism involved stress adaptation, cell migration, and phosphatase binding, etc. The Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes enrichment analysis showed that the targets were mainly concentrated in the TNF signaling pathway, Th17 cell differentiation, etc., suggesting that the core formula may treat bronchial dilation by regulating chronic inflammation and inhibiting airway remodeling. Molecular docking showed that the key components (glycyrrhizin and EGFR) had a good binding affinity with the core target. **Conclusion** The national patent traditional Chinese medicine compound for treating bronchiectasis has the functions of clearing heat, eliminating phlegm, relieving cough and calming asthma, and also nourishing the lung qi and yin. The core drug combination utilizes the multi-component - multi-target characteristics, exerting therapeutic effects through anti-inflammatory and inhibiting airway remodeling, reflecting the scientific connotation of the “holistic view” of traditional Chinese medicine in the treatment of complex diseases, and providing new ideas for understanding the overall regulatory mechanism of traditional Chinese medicine.

[Key words] National patent traditional Chinese medicine compound; Bronchiectasis; Core drug; Network pharmacology; Molecular docking

支气管扩张是一种由慢性感染导致支气管结构破坏,进而引发支气管不可逆性扩张的疾病。临床以咳嗽咳痰、反复咯血及肺功能下降为主要表现^[1]。目前《中国成人支气管扩张症诊断与治疗专家共识》推荐治疗方案如急性期抗感染,稳定期气道廓清及祛痰治疗等,虽可降低急性加重频率并缓解气道炎症,但仍面临细菌耐药和远期疗效衰减等问题^[1-2]。研究表明,中药干预在缓解支气管扩张症状、减少痰量及改善生活质量方面具有积极作用,并能通过控制年度急性加重次数延缓疾病进展^[3]。国家专利中药复方作为中医药临床经验转化的重要载体,信息完整、处方规范、创新性强,具有较高的临床价值与研发潜力,但目前对其组方规律与机制的研究尚不充分。为此本研究基于关联规则挖掘与聚类算法,系统分析国家专利中药复方治疗支气管扩张的配伍规律,并整合网络药理学与分子对接技术,阐释其核心药物组合的潜在作用机制,以期为临床合理用药与新药研发提供理论支持与配伍参考。

1 资料与方法

1.1 数据挖掘

1.1.1 数据来源 在国家知识产权局专利数据库 (<https://pss-system.cponline.cnipa.gov.cn>)“高级查询”界面中,检索治疗支气管扩张的中药专利复方。专利类型限定为“中国”“发明公布”和“发明授权”,检索式为:(支气管扩张 OR 支气管扩张症 OR 支气管扩张 OR 肺病)AND(中药 OR 方剂 OR 中成药 OR 复方 OR 颗粒 OR 丸)。检索时间建库至2025年8月。

1.1.2 纳入标准 ①专利名称或摘要中明确用于治疗支气管扩张的中药复方;②剂型限定为内服制剂,包括汤剂、胶囊、丸剂等;③药味组成完全相同的专利复方仅保留1项。

1.1.3 排除标准 ①单味药处方、含西药或药物组成记载不全的复方;②支气管扩张非其主要适应证的复方;③剂型为保健茶、糖浆、药酒等非典型内服类型的复方。

1.1.4 数据规范化 根据《中华人民共和国药典》^[4]、《中

华本草》^[5]、《中药大辞典》^[6]统一规范中药名称:①统一俗称,如将“仙灵脾”规范为“淫羊藿”;②炮制显著影响药性者分别记录,如“生地黄”与“熟地黄”,否则计入原药材,如“炒白术”记为“白术”;③产地对药性影响显著者分别记录,如“川贝母”与“浙贝母”,否则统一药名,如“广三七”记为“三七”;④药性、药味、归经等属性词简化,如“大寒”记为“寒”。

1.1.5 数据统计处理方法 将规范数据录入Excel建立药物数据库,采用dplyr/tidyr包清洗并统计药物频次及四气五味,通过ggplot2对高频药物(频次≥28次)进行可视化,Chplot展示功效与性味分布^[7]。基于Apriori算法,设置最低支持度7%,最低置信度65%,提升度>1^[8],挖掘药物关联规则,利用arulesViz包实现可视化。采用“ward.D2”法系统聚类以识别潜在新方,结果通过pheatmap展示。

1.2 网络药理学

1.2.1 活性成分筛选与疾病靶点获取 通过中药系统药理数据库和分析平台检索5味核心中药成分,以口服生物利用度≥30%和类药性≥0.18为阈值筛选潜在活性成分^[9]。通过PubChem获取其SMILE编号,借助SwissTargetPrediction数据库预测成分作用靶点,整合后构建中药活性成分-靶点数据集。从GeneCards与OMIM数据库以“bronchiectasis”为关键词中检索疾病相关靶点。借助Venny工具取中药靶点与疾病靶点交集,获取共同作用靶点集。

1.2.2 “药物-活性成分-靶点”网络及蛋白质-蛋白质相互作用(protein-protein interaction,PPI)网络筛选 将共同靶点导入STRING数据库,设置物种“Homo sapiens”,置信度>0.7^[9],构建PPI网络。采用Cytoscape软件进行可视化并计算网络拓扑参数

(包括连接度Degree和紧密中心度Closeness),筛选度值排名前6位的靶点作为核心靶点,较高连接密度提示靶点间具有显著的功能协同^[10]。

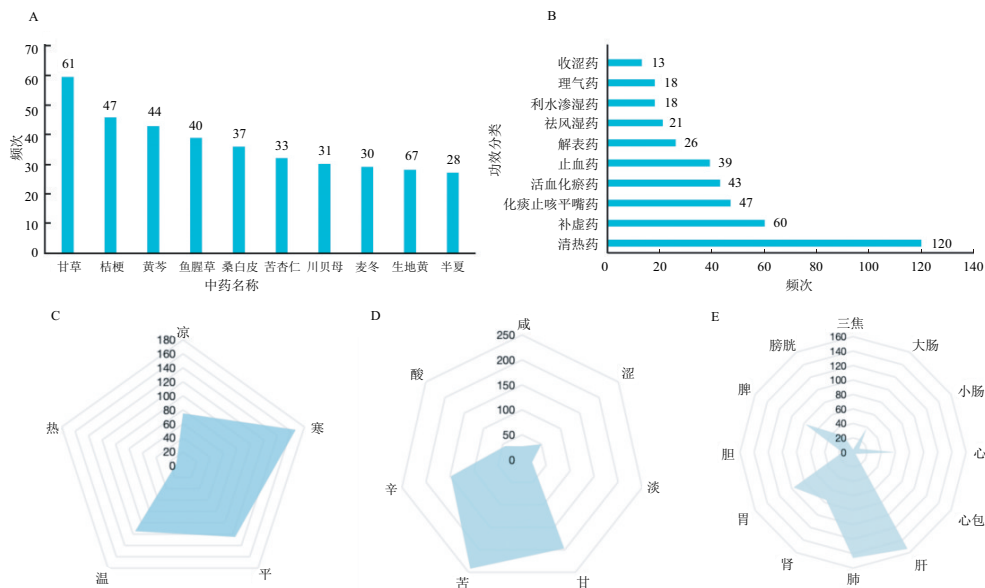
1.2.3 基因本体(gene ontology,GO)功能与京都基因和基因组数据库(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes,KEGG)富集分析 使用DAVID数据库对交集靶点进行GO功能(生物过程、细胞组分和分子功能)和KEGG通路富集分析,设置P<0.05为显著富集标准。

1.2.4 分子对接研究 从PubChem数据库获取关键活性成分的二维结构,利用Chem Office转化为三维构型。从RCSB PDB数据库获取分辨率较高的受体蛋白晶体结构,去除水分子及小分子配体。采用MOE软件完成配体能量最小化、蛋白预处理及活性位点识别。执行分子对接(重复50次),认为结合能≤-4.5 kcal/mol表示具有良好结合活性^[11]。最终结果通过PyMOL及Discovery studio软件可视化呈现。

2 结果

2.1 数据挖掘结果

2.1.1 高频用药功效及性味归经统计 基于纳入及排除标准,筛选出符合条件的专利复方139项,包含中药451味,单首复方药味数最少为3味,最多为37味。中药总使用频次为1992次,筛选出使用频次≥28次的高频药物共计10味(图1A),累计频次为380次,占总用药频次的19.08%。功效分类统计结果显示,使用频次排名前3位的分别为清热药、补虚药及化痰止咳平喘药(图1B)。性味归经结果显示,药性分布以寒性药(167次)、平性药(125次)为主;药味分布以苦味药(242次)、甘味药(197次)多见。归经频次统计显示,药物多归肝经(154次)和肺经(146次)(图1C~E)。



A: 高频药物统计; B: 药物分类统计; C: 药性统计; D: 药味统计; E: 药物归经统计

图1 用药功效及性味归经统计

2.1.2 关联规则分析 本研究挖掘得到17条中药复方关联规则(表1)。借助arulesViz包可视化(图2),结果显示清热药(如黄芩、栀子、生地黄)与化痰止咳平喘药(如桑白皮、苦杏仁)关联密切,典型组合如“黄芩→仙鹤草+苦杏仁”(置信度90.91%,增益2.87)。

2.1.3 高频药物系统聚类与基于Phi相关系数分析 对高频药物进行系统聚类分析,确定最佳聚类数为7。运用ward.D2算法聚类得到7个药物组合(图3A)。进一步基于Phi相关系数分析药物间关联性(图3B)。结果显示,同一聚类组内药物间相关性较强(相关系数>0.4),而不同组之间药物相关性较弱。根据高频药物关联规则、聚类及Phi相关系数分析,确定“黄芩-甘草-苦杏仁-桔梗-鱼腥草”为核心药物组合。

2.2 网络药理学分析

2.2.1 核心药物活性成分筛选及疾病靶点获取 利用SwissTargetPrediction数据库得到“黄芩-甘草-苦杏仁-桔梗-鱼腥草”核心药物组合的824个中药相关靶点。通过GenGards和OMIM数据库筛选,得到1293个

疾病靶点并绘制维恩图(图4),获得药物-疾病共同靶点150个。

表1 17条药物关联规则(按支持度排序)

后项	前项	支持度(%)	置信度(%)	增益
桔梗	薏苡仁	11.51	66.67	1.97
甘草	薏苡仁	11.51	66.67	1.52
甘草	黄精	9.35	92.86	2.12
黄芩	栀子	9.35	68.42	2.16
甘草	仙鹤草、黄芩	8.63	66.67	1.52
甘草	桑叶	7.91	68.75	1.57
甘草	玄参	7.91	76.92	1.76
黄芩	桑白皮、生地黄	7.91	68.75	2.17
桑白皮	生地黄、黄芩	7.91	68.75	2.58
黄芩	仙鹤草、苦杏仁	7.19	90.91	2.87
甘草	薏苡仁、鱼腥草	7.19	83.33	1.90
桑白皮	地骨皮、黄芩	7.19	76.92	2.89
黄芩	仙鹤草、桑白皮	7.19	71.43	2.26
甘草	芦根、鱼腥草	7.19	66.67	1.52
鱼腥草	甘草、芦根	7.19	66.67	2.32
苦杏仁	仙鹤草、黄芩	7.19	66.67	2.81
桑白皮	仙鹤草、黄芩	7.19	66.67	2.50

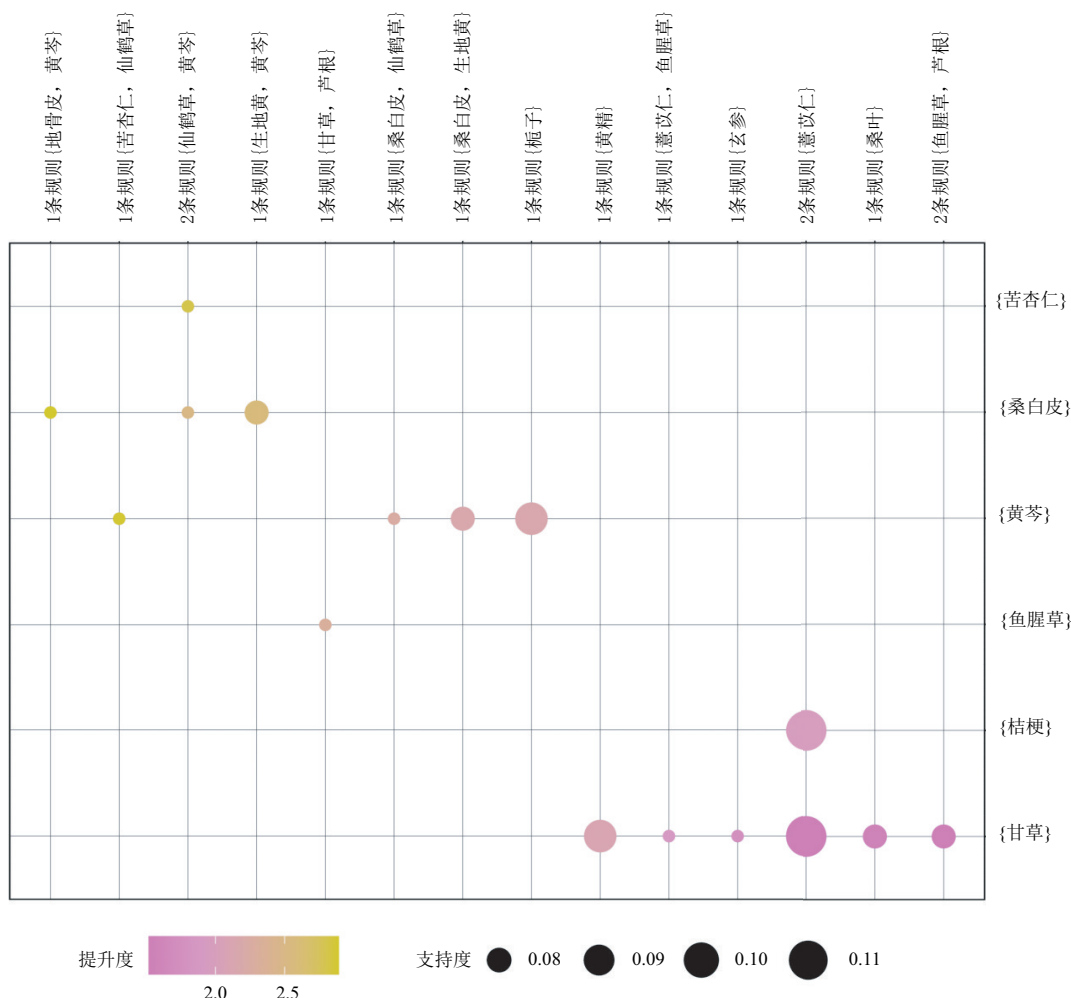
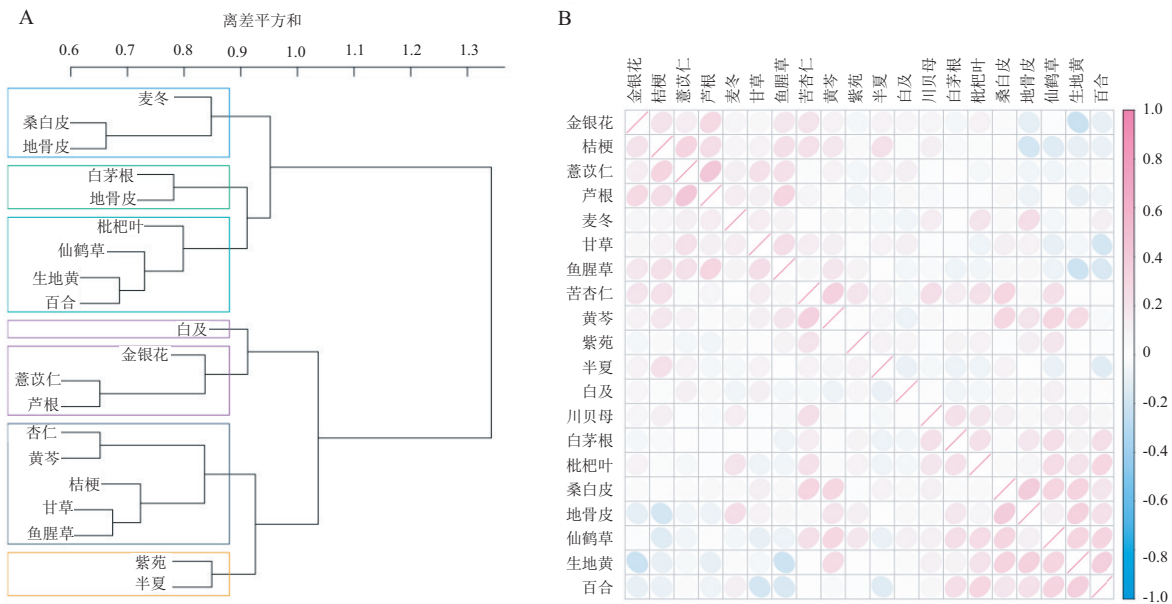


图2 17条核心关联规则分布



A:高频药物聚类分析;B:高频药物分析矩阵。
图3 高频药物聚类与基于Phi相关系数分析

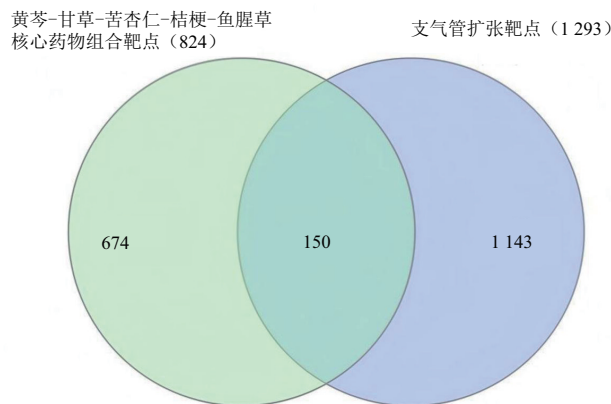


图4 靶点交集

2.2.2 “药物-活性成分-靶点”网络分析 将核心药物组合活性成分及潜在治疗靶点导入Cytoscape,构建“药物-有效成分-靶点”网络(图5)。该网络共包含302个节点(中药5味、活性成分147个、靶点150个)和3554条边。筛选出度值前6位的关键活性成分:甘草醇、菜豆素、刺槐黄素、光甘草定、槲皮素与山柰酚。

2.2.3 PPI网络与核心靶点筛选 使用STRING数据库构建PPI网络(图6A),包含139个节点和771条边。使用Cytoscape插件得到PPI网络节点的平均度值为11.09,平均紧密中心度为0.39。筛选出度值前6位的核心靶点: Akt1、EGFR、STAT3、IL-6、SRC与TNF。进一步构建核心靶点的PPI子网络(图6B),结果显示其连接紧密,共包含6个节点和15条边。

2.2.4 GO功能与KEGG富集分析 GO功能富集得到5002条显著结果($P < 0.05$),取各类别中富集程度排名前10位

的条目进行可视化,结果显示(图7A):生物过程主要涉及对异源物质的反应、肽基-丝氨酸磷酸化等;细胞组分富集于囊泡腔、分泌颗粒腔等;分子功能主要包括跨膜受体蛋白酪氨酸激酶活性、蛋白酪氨酸激酶活性等。KEGG通路富集分析得到285条信号通路($P < 0.05$),取P值排名前10位的信号通路绘制气泡图(图7B)发现TNF信号通路、Th17细胞分化显示高显著性。

2.2.5 分子对接验证 采用分子对接技术评估关键活性成分与核心靶点的结合能力(图8)。本次所有对接组合的结合能均 ≤ -4.5 kcal/mol。其中甘草醇与EGFR和STAT3、菜豆素与SRC的结合尤为突出。结合模式可视化分析揭示活性成分与靶点蛋白主要通过氢键、疏水及静电作用相结合(图9)。例如,菜豆素与SRC的Thr247形成氢键,与ARg156产生疏水作用,与Glu320存在静电相互作用。

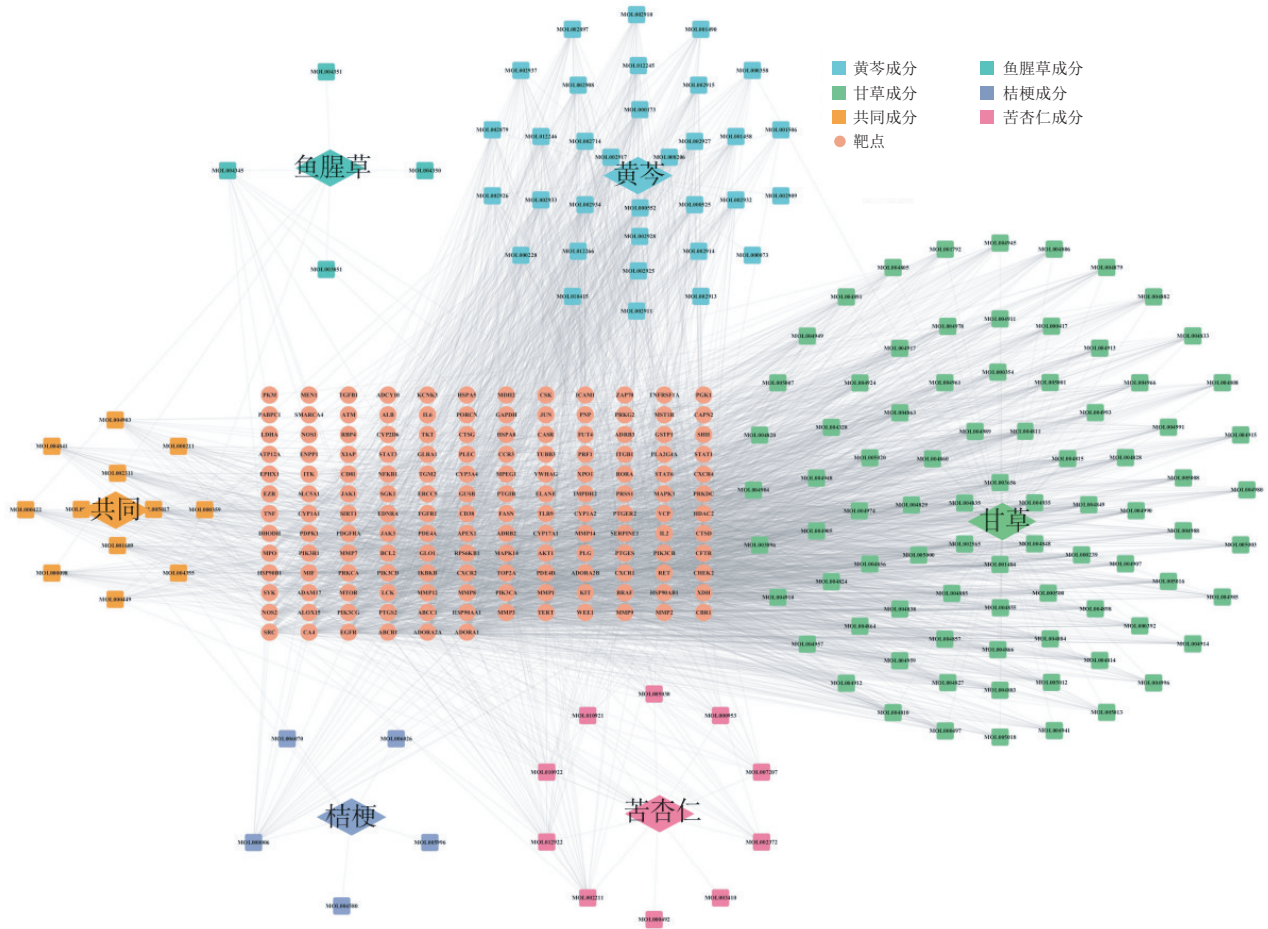
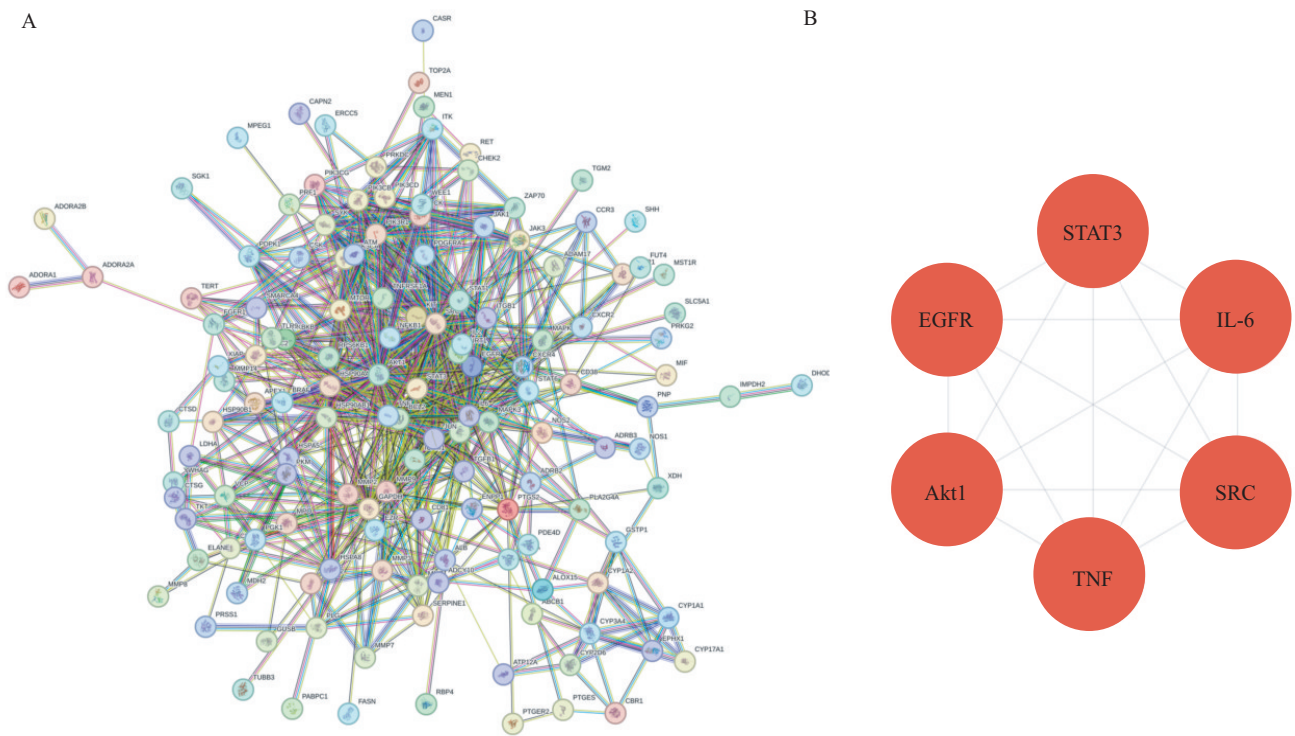
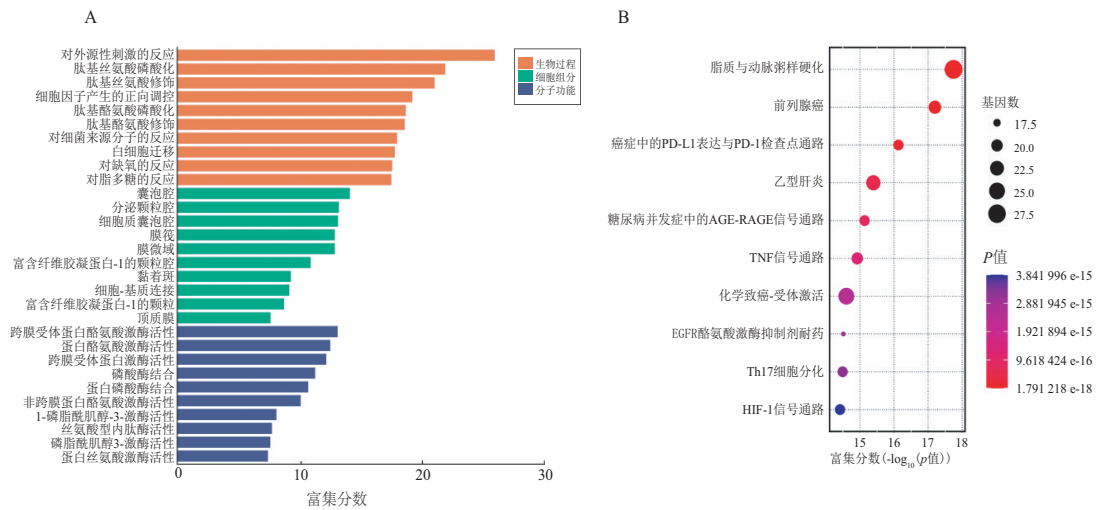


图5 “药物-有效成分-靶点”网络



A: PPI网络; B: 核心靶点。PPI: 蛋白质-蛋白质相互作用。

图6 PPI网络与核心靶点



A:GO 富集;B:KEGG 富集。GO: 基因本体;KEGG: 京都基因和基因组数据库。

图7 GO及KEGG 富集分析

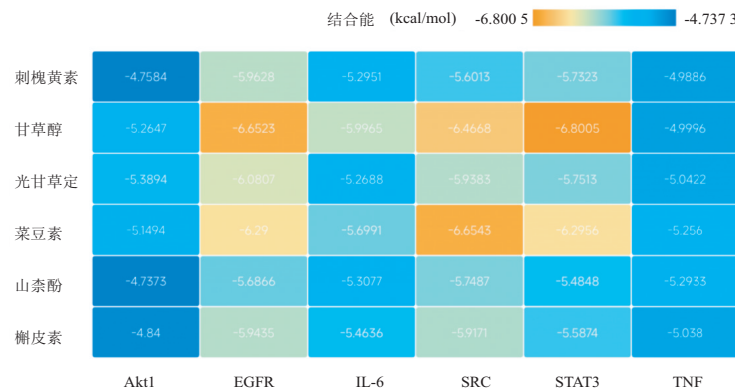
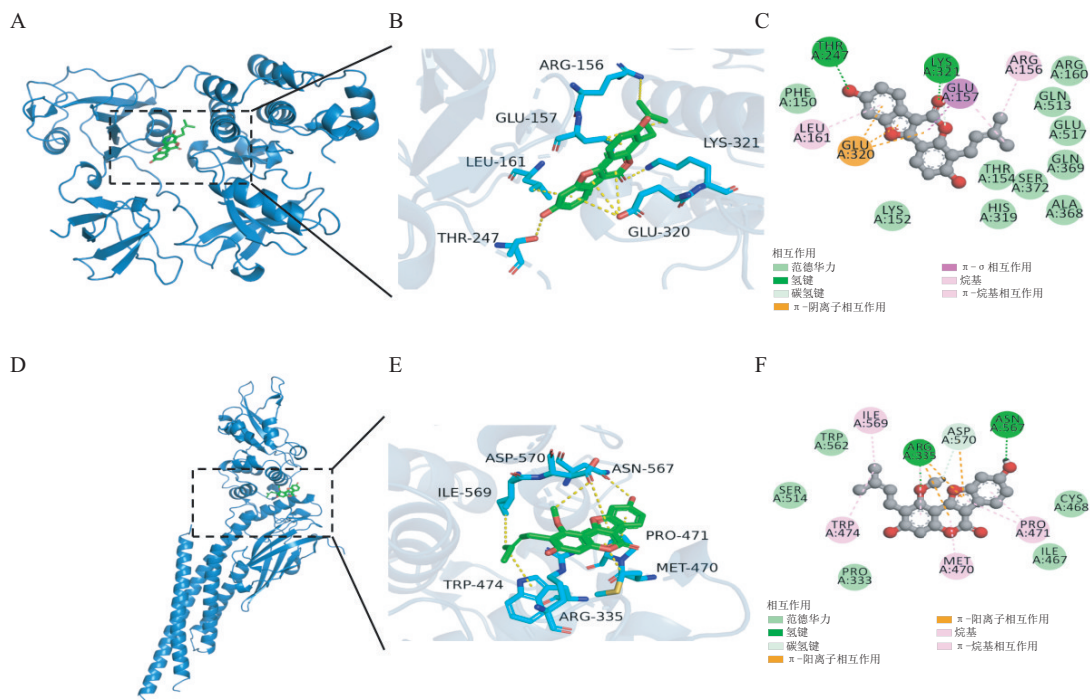


图8 分子对接热图



A: 菜豆素与SRC分子对接模式;B: 菜豆素与SRC的结合位点;C: 菜豆素与SRC的相互作用力;D: 甘草醇与STAT3分子对接模式;E: 甘草醇与STAT3的结合位点;F: 甘草醇与STAT3的相互作用力。

图9 对接模式图

3 讨论

根据《支气管扩张症中西医结合诊疗指南》^[12],本病实证多以“痰”与“热”互结为核心,治宜清肺解毒、涤痰活血。虚证多见肺脾气阴亏虚,治宜敛肺止咳、益气生津。本研究发现高频药物(频次 ≥ 28 次)共计10味,以清热药、补虚药及化痰止咳平喘药为主,契合支气管扩张“痰、热、虚”核心病机。清热药如黄芩、鱼腥草直折肺经壅热、解毒排脓,调节细胞因子及肺肠轴以减轻肺部损伤^[13-14],化解“热壅”之标;化痰止咳平喘药如桔梗,具有镇咳抗炎活性^[15],能宣降肺气、涤痰平喘,改善“痰阻”之候;补虚药如甘草,具有免疫调节作用^[16],益气和中、调和诸药,兼顾“正虚”之本。三者协同,体现“清、化、补”并施的治疗逻辑。药性分析进一步肯定清肺化痰、调和气血的治疗思路:四气以寒为主,“热者寒之”功专清热泻火;药味以苦为首,泄热燥湿,切合咳吐黄稠痰等实热见症;归经以肺、肝两经为主,归肺经者可直达病所、清肺化痰,归肝经者可调畅气机、兼顾阴血,助肺宣降。

通过关联规则分析“仙鹤草-苦杏仁-黄芩”等组合置信度高,提示其配伍稳定、协同效应显著。聚类分析得到7组药物,其中组合六(黄芩-甘草-苦杏仁-桔梗-鱼腥草)为桔梗汤加减,功擅长宣肺清热、解毒化痰,契合肺痈咳喘等症状。该组合组内药物均属高频药物,临床运用广泛;药对(如黄芩-苦杏仁)共现的支持度与置信度高,提示其配伍模式稳定;药物间相关性较强而与其他聚类组区分明显,功能单元独立且协同,故被确定为本研究核心药物组合。

“药物-活性成分-靶点”网络及PPI网络分析显示高度互联、提示“黄芩-甘草-苦杏仁-桔梗-鱼腥草”药物组合具有多成分、多靶点的整体调控特点。预测其关键活性成分(如槲皮素、山柰酚、刺槐黄素),通过协同调控 Akt1、EGFR 等核心靶点发挥治疗作用。抗炎与免疫调节层面, TNF 和 IL-6 募集免疫细胞并加剧组织损伤^[17-18]; STAT3 促进 Th17 细胞分化以介导中性粒细胞炎症与巨噬细胞极化^[19]。活性成分能从中上游干预该过程:刺槐黄素与槲皮素可降低 IL-6、TNF- α 水平并抑制细菌定植^[20-21];甘草醇与山柰酚则通过抑制 COX-2 表达与活性调控炎症进程^[22-23]。调控气道结构与功能重塑层面:EGFR 刺激上皮修复与重塑^[24];SRC 可放大炎症相关的基质破坏信号^[25];Akt1 作为关键下游节点,通过影响细胞生长、代谢与凋亡参与延缓气道重塑^[26]。槲皮素、山柰酚等核心成分能作用于上述靶点^[21,23],从而干预支气管扩张病理过程,为阐释该药组缓解气道重塑的机制提供依据。

GO 富集分析中白细胞迁移与细胞因子调控精准

对应支气管扩张感染触发并放大炎症的初始阶段。KEGG 通路分析中 TNF 信号通路与 Th17 细胞分化提示药物可能通过干预 IL-6、TNF 等靶点,调控中性粒细胞过度浸润与免疫失衡^[17,27];HIF-1 信号通路与对缺氧的反应揭示药物具有改善局部微环境、延缓缺氧驱动性气道重塑的潜力^[28];AGE-RAGE 信号通路则将支气管扩张慢性炎症与代谢异常相联系,与中医“痰热久稽、气阴耗伤”的病机演变相吻合。上述通路通过 EGFR、Akt1 等关键枢纽靶点形成了一个跨抗感染、抗炎、免疫调节与组织保护的多层面调控网络,体现核心药组多靶点整合的治疗优势,为核心药组的药效物质基础及作用机制提供证据。分子对接结果验证了该网络的可靠性:结合能 < -4.5 kcal/mol,结构基础中氢键、疏水及静电作用等多重相互作用共同存在,提示关键活性成分与核心靶点均结合稳定。

本研究结果与传统理论及现代研究高度互证。数据挖掘揭示清热、补虚、化痰止咳平喘药为用药核心,印证支气管扩张“痰、热、虚”的核心病机共识^[12]。核心药组“黄芩-甘草-苦杏仁-桔梗-鱼腥草”均为临床常用药,如黄芩、鱼腥草的抑菌作用已被现代研究证实^[29],体现配伍的合理性。网络药理学预测复方通过槲皮素、山柰酚等成分作用于 Akt1、EGFR 等靶点,调控 TNF 信号通路、Th17 细胞分化等通路,从抗炎与免疫调节的现代角度阐释“清肺化痰、补肺气阴”传统治则的生物学机制^[30]。综上所述,本研究整合数据挖掘与网络药理学,系统阐明专利复方治疗支气管扩张的用药规律及协同机制,为中药现代化研究与临床精准用药提供科学依据,实现从临床经验到分子机制的衔接。

利益冲突声明: 本文所有作者均声明不存在利益冲突。

[参考文献]

- [1] 支气管扩张症专家共识撰写协作组,中华医学会呼吸病学分会感染学组. 中国成人支气管扩张症诊断与治疗专家共识[J]. 中华结核和呼吸杂志, 2021, 44(4): 311-321.
- [2] ANGELIS A D, JOHNSON E D, SUTHARSAN S, et al. Exacerbations of bronchiectasis [J]. Eur Respir Rev, 2024, 33(173):240085.
- [3] 李建生,王至婉,王佳佳,等. 中医药治疗支气管扩张症多中心随机对照研究 [J]. 中国中西医结合杂志, 2024, 44(2):156-162.
- [4] 国家药典委员会. 中华人民共和国药典[M]. 一部. 北京:中国医药科技出版社, 2020.
- [5] 国家中医药管理局《中华本草》编委会. 中华本草[M]. 上海:上海科学技术出版社, 1999.
- [6] 南京中医药大学. 中药大辞典[M]. 2版. 上海:上海科学技术出版社, 2006.
- [7] 李笑丛,王闯世,郝军,等. 临床预测模型校准与更新方

- 法介绍及R软件实现[J]. 中国循证医学杂志, 2023, 23(1): 112-119.
- [8] 王灵, 侯春明. 基于改进Apriori的网络高维数据关联特征挖掘[J]. 现代电子技术, 2025, 48(24): 67-71.
- [9] 罗朝磊, 渠景连. 基于数据挖掘、网络药理学及分子对接探讨《中医方剂大辞典》治疗特发性肺纤维化用药规律及作用机制[J]. 中药新药与临床药理, 2025, 36(8): 1370-1382.
- [10] PRADEEP S, SAI CHAKITH M R, SINDHUSHREE S R, *et al.* Exploring shared therapeutic targets for Alzheimer's disease and glioblastoma using network pharmacology and protein-protein interaction approach [J]. *Front Chem*, 2025, 13: 1549186.
- [11] 韩甜甜, 石永泉, 滕悦伶, 等. 参芪扶正方治疗胃癌的核心靶基因筛选及其机制分析[J]. 山东医药, 2025, 65(10): 19-22.
- [12] 刘剑, 王玥琦, 陈欣, 等. 支气管扩张症中西医结合诊疗专家共识[J]. 中医杂志, 2022, 63(22): 2196-2200.
- [13] 杨宗余, 蔡伟, 夏晨, 等. 黄芩苷调节TGF- β_1 /smad信号通路对重症肺炎大鼠肺组织炎症反应的影响[J]. 河北医学, 2024, 30(12): 1965-1971.
- [14] 郑春龙, 段万石. 鱼腥草素钠对小鼠急性肺损伤的保护作用及其对肠道菌群的影响[J]. 天津中医药, 2025, 42(9): 1177-1183.
- [15] 吴婵毓, 冯丽娜, 宁盈悦, 等. 基于肺-肠轴探讨桔梗总皂苷治疗肺炎支原体肺炎大鼠的作用机制[J]. 华西药学杂志, 2025, 40(6): 656-660.
- [16] 谢远江, 李文霞, 华岩. 甘草黄酮对力竭运动小鼠血清抗氧化、抗炎及免疫指标的影响[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2025, 46(2): 32-37.
- [17] LEONE G M, MANGANO K, PETRALIA M C, *et al.* Past, present and (foreseeable) future of biological anti-TNF alpha therapy [J]. *J Clin Med*, 2023, 12(4): 1630.
- [18] BARRETT D. IL-6 blockade in cytokine storm syndromes [J]. *Adv Exp Med Biol*, 2024, 1448: 565-572.
- [19] LEE S H, KIM K H, LEE S M, *et al.* STAT3 blockade ameliorates LPS-induced kidney injury through macrophage-driven inflammation [J]. *Cell Commun Signal*, 2024, 22(1): 476.
- [20] 初英杰, 刘霞, 李琪琪, 等. 金合欢素抑制nlrp3炎症小体与细胞焦亡改善急性肺损伤的研究[J]. 药物评价研究, 2025, 48(4): 800-808.
- [21] NGUYEN T L A, BHATTACHARYA D. Antimicrobial activity of quercetin: an approach to its mechanistic principle [J]. *Molecules*, 2022, 27(8): 2494.
- [22] OSAWA T, FUJIKAWA K, SHIMAMOTO K. Structures, functions, and syntheses of glycerol-glycophospholipids [J]. *Front Chem*, 2024, 12: 1353688.
- [23] 赵莹, 王靖雷, 王萌, 等. 乳源外泌体包载连翘酯苷A和山柰酚的制备、表征及体外抗炎效果评价[J]. 畜牧兽医学报, 2025, 56(5): 2481-2495.
- [24] BEYTAGH M C, WEISS W A. EGFR ligands dictate tumour suppression [J]. *Nat Cell Biol*, 2022, 24(8): 1189-1191.
- [25] LI L C, DENG C X, CHEN Q. SRC-3, a steroid receptor coactivator: implication in cancer [J]. *Int J Mol Sci*, 2021, 22(9): 4760.
- [26] CHEN T Q, XIE S Y, CHENG J, *et al.* AKT1 phosphorylation of cytoplasmic ME2 induces a metabolic switch to glycolysis for tumorigenesis [J]. *Nat Commun*, 2024, 15(1): 686.
- [27] WANG G, SU Z H, LI H, *et al.* The role of metabolism in Th17 cell differentiation and autoimmune diseases [J]. *Int Immunopharmacol*, 2022, 103: 108450.
- [28] YANG C, ZHONG Z F, WANG S P, *et al.* HIF-1: structure, biology and natural modulators [J]. *Chin J Nat Med*, 2021, 19(7): 521-527.
- [29] 毛灵, 张谊, 张恩丝, 等. 清热中药对支气管扩张症抑菌作用的研究进展[J]. 世界科学技术-中医药现代化, 2022, 24(1): 345-350.
- [30] 杨红梅, 玉结珍, 赵清鸿, 等. 清肺化痰汤对痰热阻肺证支气管扩张症急性期患者气道黏液高分泌的影响[J]. 时珍国医国药, 2024, 35(3): 666-668.
- (收稿日期: 2025-10-24)
(修回日期: 2025-12-30)

(上接第35页)

- [19] 卞菊, 矫承媛, 郑波. 揞针联合捏脊治疗小儿肠道实热型便秘临床疗效观察[J]. 中国医疗器械信息, 2020, 26(5): 140-141.
- [20] 李旗, 田福玲, 郭振宇, 等. 浮针疗法对轻中度腹泻型肠易激综合征患者内脏敏感性、胃肠动力、肠道菌群及肠黏膜屏障功能的影响研究[J]. 中国全科医学, 2021, 24(9): 1111-1115, 1130.
- [21] 朱立萍, 林嘉麟, 瞿秋燕, 等. 基于子午流注理论运用揞针联合脐疗治疗糖尿病便秘的效果[J]. 中国医学创新, 2024, 21(34): 129-132.
- (收稿日期: 2025-11-10)
(修回日期: 2025-12-15)