基于网络药理学与分子对接技术分析黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病作用机制

黄婷[1,2]，林琳[1,2]

1. 成都医学院老年健康学院，四川 成都 610500
2. 智慧医养与老年健康管理重点实验室，四川 成都 610500

［摘要］**目的：**本研究基于网络药理学和分子对接技术分析黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病（AD）的作用机制。**方法：**通过中药系统药理学数据库与分析平台（TCMSP）及中医药整合药理学研究平台v2.0（TCMIP v2.0）、UniProt筛选黄连温胆汤活性成分及潜在作用靶点，利用GeneCards、Malacards数据库获取AD相关疾病靶点，构建韦恩图筛选交集靶点。运用String数据库构建蛋白质相互作用（PPI）网络，通过Cytoscape 3.10.3软件进行拓扑分析，筛选核心靶点。并对其进行基因本体（GO）功能和京都基因与基因组百科全书（KEGG）通路富集分析。最后利用AutoDock Vina软件对主要活性成分与潜在作用靶点进行分子对接验证。**结果：**筛选得到黄连温胆汤活性成分137个，对应靶点228个，AD相关靶点2 239个，交集靶点136个，筛选出主要活性成分为槲皮素、柚皮素、川陈皮素。PPI网络筛选出肿瘤蛋白p53（TP53）、蛋白激酶B（AKT1）、信号转导与转录激活因子3（STAT3）、白细胞介素-6（IL-6）、肿瘤坏死因子（TNF）等为核心靶点。GO功能富集分析共获得2 010条结果，主要涉及对脂多糖的反应、对细菌来源分子的反应等生物学过程。KEGG通路富集分析筛选出197条信号通路，主要包括血脂与动脉粥样硬化、晚期糖基化终末产物及其受体（AGE-RAGE）、磷脂酰肌醇3激酶（PI3K）-AKT、TNF等信号通路。主要活性成分与潜在作用靶点分子对接结合能均<-5.0 kcal/mol。**结论：**网络药理学与分子对接技术分析结果表明黄连温胆汤可能通过槲皮素、柚皮素、川陈皮素等成分作用于PTGS2、ESR1、AR等靶点，调控血脂与动脉粥样硬化、AGE-RAGE、PI3K-AKT、TNF等信号通路，起抗炎与抗氧化应激、调节细胞凋亡与自噬及神经保护作用，从而改善AD病理进程。

［关键词］阿尔茨海默病；黄连温胆汤；网络药理学；分子对接；作用机制
［中图分类号］R285　［文献标志码］A　［文章编号］0256-7415（2026）07-0126-08
DOI：10.13457/j.cnki.jncm.2026.07.020

Analysis of Mechanism of Huanglian Wendan Decoction in Treating Alzheimer´s Disease Based on Network Pharmacology and Molecular Docking Technology

HUANG Ting[1,2], *LIN Lin*[1,2]

1. School of Geriatric Health, Chengdu Medical College, Chengdu Sichuan 610500, China; 2. Key Laboratory of Intelligent Medical Care and Elderly Health Management, Chengdu Sichuan 610500, China

Abstract: Objective: To analyze the mechanism of Huanglian Wendan Decoction in treating Alzheimer's disease (AD) based on network pharmacology and molecular docking technology. **Methods:** Active ingredients and potential target genes of Huanglian Wendan Decoction were screened using the Traditional Chinese Medicine Systems Pharmacology Database and Analysis Platform (TCMSP), the Traditional Chinese Medicine Integrated Pharmacology Research Platform v2.0 (TCMIP v2.0), and UniProt. The AD-related disease targets were retrieved from GeneCards

［收稿日期］2025-07-30
［修回日期］2026-02-01
［基金项目］国家重点研发计划重点专项（2023YFE0108400）；成都医学院校级科研项目（CYZYB21-27）
［作者简介］黄婷（1994-），女，讲师。
［通信作者］林琳（1980-），女，教授。

and MalaCards databases. A Venn diagram was used to identify intersecting targets. The STRING database was employed to construct a protein-protein interaction (PPI) network, and Cytoscape 3.10.3 software was used for topological analysis to screen key targets. Gene Ontology (GO) functional enrichment analysis and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway enrichment analysis were performed on these targets. Finally, molecular docking validation of key active ingredients and potential targets was conducted using AutoDock Vina software. **Results**: A total of 137 active ingredients and 228 corresponding targets of Huanglian Wendan Decoction were screened. There were 2 239 AD-related targets, with 136 intersecting targets identified. The main active components included quercetin, naringenin, and nobiletin. The PPI network analysis screened out core targets such as tumor protein p53 (TP53), AKT serine/threonine kinase 1 (AKT1), signal transducer and activator of transcription 3 (STAT3), interleukin-6 (IL-6), and tumor necrosis factor (TNF). The GO functional enrichment analysis yielded 2 010 results, primarily involving biological processes such as response to lipopolysaccharide and response to molecule of bacterial origin. The KEGG pathway enrichment analysis identified 197 signaling pathways, mainly including lipid and atherosclerosis, advanced glycation end products and their receptors (AGE-RAGE), phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K)-AKT, and TNF signaling pathways. The molecular docking binding energies between key active components and potential targets were all less than -5.0 kcal/mol. **Conclusion**: Network pharmacology and molecular docking analysis indicate that Huanglian Wendan Decoction may exert its therapeutic effects by acting on key targets such as PTGS2, ESR1, and AR through components like quercetin, naringenin, and nobiletin. It regulates signaling pathways including lipid and atherosclerosis, AGE-RAGE, PI3K-AKT, and TNF, thereby exerting anti-inflammatory and antioxidant stress effects, regulating apoptosis and autophagy, and providing neuroprotection, which collectively improve the pathological progression of AD.

Keywords: Alzheimer's disease; Huanglian Wendan Decoction; Network pharmacology; Molecular docking; Mechanism of action

阿尔茨海默病(AD)是一种以认知功能障碍和神经元退行性病变为特征的神经系统疾病，其病理机制复杂，涉及β淀粉样蛋白(Aβ)沉积、微管相关蛋白(Tau)异常磷酸化、神经炎症及氧化应激等多重因素[1-2]。随着全球人口老龄化的加剧，AD的发病率逐年上升，给社会和家庭带来了沉重的负担。目前，AD的病因和发病机制尚未完全明确，临床上缺乏有效的治疗方法[3]，亟须探索多靶点干预策略。AD归属于中医学中痴呆、善忘等范畴。其发病与痰浊、瘀血、热毒等病理因素密切相关[4]。黄连温胆汤出自《六因条辨》，由黄连、竹茹、枳实、半夏、陈皮、甘草、生姜、茯苓组成，具有清热燥湿、化痰和中、理气安神等功效[5]，临床广泛用于本虚标实，痰浊为患的多种病证，其中尤以脑病为多[6]。在体实验研究发现黄连温胆汤能够明显改善多种认知下降模型小(大)鼠及转基因AD小鼠的认知行为学表现[7]；加减黄连温胆汤能通过抗氧化作用对血管性痴呆模型大鼠起到治疗作用[8]。本课题组前期临床研究提示其可改善AD患者的认知功能[9]。可见黄连温胆汤改善AD学习记忆认知的疗效明确，但作用机制尚未明确。本研究旨在通过网络药理学与分子对接技术分析黄连温胆汤治疗AD的作用机制，并为后续实验验证提供理论依据。

1 资料与方法

1.1 中药成分靶点收集与筛选 在中药系统药理学数据库和分析平台(TCMSP)中以口服生物利用度(OB)≥30%和药物相似性(DL)≥0.18为筛选标准，收集黄连温胆汤中各药物(黄连、竹茹、枳实、半夏、陈皮、甘草、生姜、茯苓)活性成分，通过UniProt数据库查找相关靶点蛋白的基因名，采用perl语言将查询到的靶点蛋白名称转化为相应基因简称。对于TCMSP查询不到的中药，通过中医药整合药理学研

究平台v2.0(TCMIP v2.0)收集活性成分和相关靶点。

1.2　疾病靶点的收集与筛选　以“Alzheimer's disease”为关键词，通过GeneCards、Malacards数据库检索疾病相关靶点。其中，GeneCards数据库设定Relevance score＞15的靶点为潜在靶点。删除重复靶点，取药物、疾病数据库的并集，通过构建Venn图获得交集靶点。

1.3　“药物-成分-靶点-疾病”调控网络构建　将数据导入网络可视化软件Cytoscape 3.10.3，按“药物-成分-靶点-疾病”分布构象进行布局，绘制靶点网络图，实现调控网络的拓扑结构化，运用Analyze Network进行度值(degree)分析，筛选主要活性成分和潜在作用靶点。

1.4　蛋白质相互作用(PPI)网络构建　整合黄连温胆汤和AD共同的靶点上传到STRING(Version12.0)构建PPI网络。将蛋白质种类设置为“人类(homo sapiens)”，置信水平设置为“置信度(0.900)”，同时隐藏孤立蛋白，将网络数据导入Cytoscape 3.10.3软件，运用Analyze Network进行degree值分析，绘制PPI网络图。

1.5　基因本体(GO)功能注释及京都基因和基因组百科全书(KEGG)通路富集分析　采用Metascape(Version3.5)对交集靶点分别进行GO和KEGG通路富集分析，设置物种为“人类(homo sapiens)”，设置“Min Overlap 3；P 0.01；Min Enrichment 1.5”，按照*P*值由小到大排列，分别取前10、前20位通过微生信平台进行可视化。

1.6　“药物-成分-靶点-疾病-通路”调控网络构建　将数据导入Cytoscape 3.10.3软件，按“药物-成分-靶点-疾病-通路”分布构象进行布局，绘制靶点网络图，实现调控网络的拓扑结构化。

1.7　分子对接验证　将度值前3位潜在作用靶点和主要活性成分分别作为受体和配体进行对接。对于目标蛋白，通过PubChem小分子数据库获得晶体结构需预处理，包括去除加氢、修饰氨基酸、优化能量和调整力场参数，并下载关键成分结构文件(SDF格式)，通过chem 3D软件将结构文件MM2能量最小化；采用PDB数据库下载关键蛋白结构文件(PDB格式)，使用PyMOL软件处理蛋白结构，通过Autodock vina计算对接结合能，结合能＜-5.0 kcal/mol表明结合活性较高，结合能＜-7.0 kcal/mol表明结合活性很强，选择结合性较好的对接结果进行展示，使用PyMOL进行可视化分析。

2　结果

2.1　黄连温胆汤活性成分　在TCMSP数据库收集中药活性成分，剔除无靶点的成分，获得活性成分黄连11个，生姜4个，枳实17个，半夏11个，陈皮5个，茯苓6个，甘草88个，竹茹3个，共145个，剔除重复成分，共获得137个活性成分，228个对应靶点。

2.2　AD相关靶点及交集靶点　从Genecards数据库获得2 005个疾病靶点，从Malacards数据库获得764个疾病靶点，整合删除重复靶点，取并集共得到疾病靶点2 239个。运用Venny在线分析工具构建韦恩图，共获得136个交集靶点，见图1。

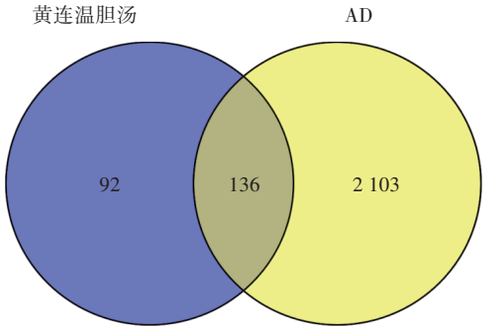
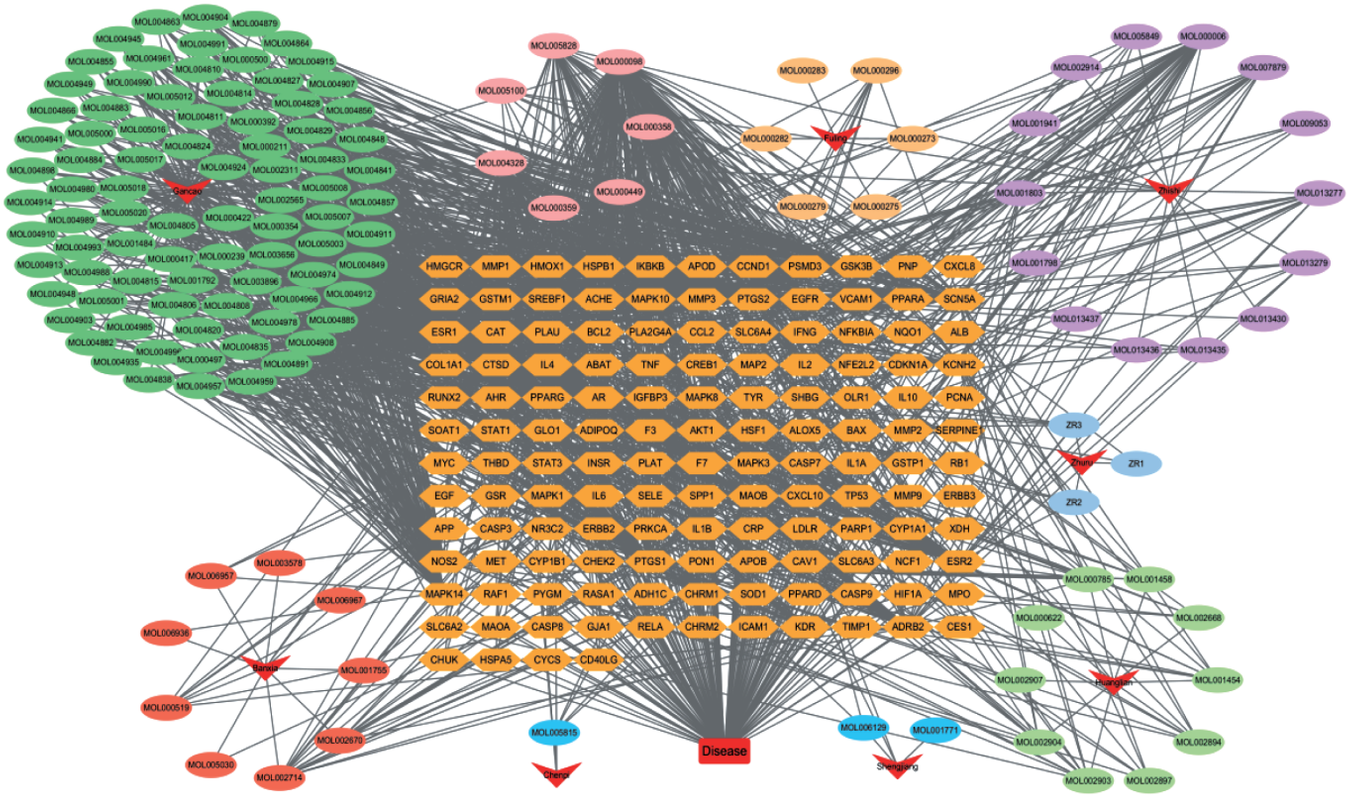


图1　黄连温胆汤与阿尔茨海默病(AD)交集靶点韦恩图

2.3　“药物-成分-靶点-疾病”调控网络　见图2。将黄连温胆汤治疗AD“药物-成分-靶点-疾病”通过Cytoscape软件制作可视化的网络图谱，包含节点282个，1 631条边。其中，黄连温胆汤关键成分中度值排名前3的是槲皮素、柚皮素、川陈皮素，网络图潜在作用靶点度值排名前3的是前列腺素内过氧化物合酶2(PTGS2)、雌激素受体1(ESR1)、雄激素受体(AR)，其度值分别为123、96、87。

2.4　PPI网络及核心靶点　见图3。通过Cytoscape网络优化图片，PPI网络共有123个节点和398条边，节点的颜色、大小均与度值呈正相关，颜色越深节点越大代表关联度越强，提示最后筛选得到的靶点可能是黄连温胆汤治疗AD的重点基因。拓扑分析显示度值排名前10的靶点见表1，前5位为肿瘤蛋白p53(TP53)、蛋白激酶B(AKT1)、信号转导与转录激活因子3(STAT3)、白细胞介素-6(IL-6)、肿瘤坏死因子(TNF)，主要涉及炎症反应、氧化应激反应、细胞凋亡自噬。



注：六边形代表潜在靶点，V形代表中药，椭圆形代表活性成分，方形代表疾病。

图2　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)“药物-成分-靶点-疾病”网络图

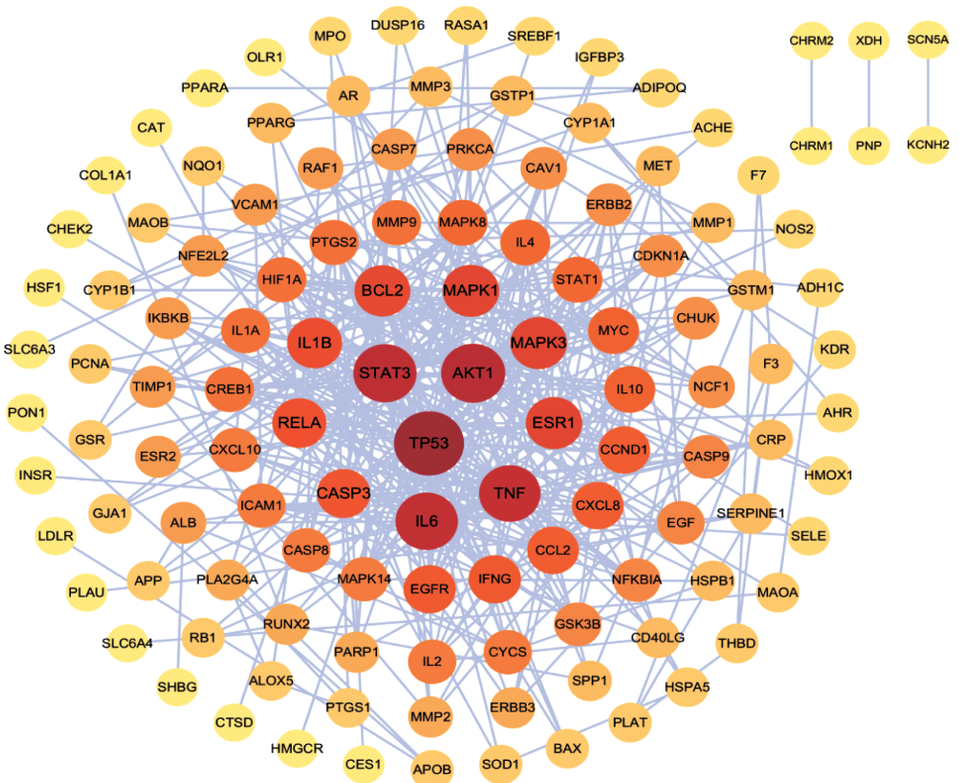


图3　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)蛋白互作网络图

表1　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病度值前10位的关键靶点

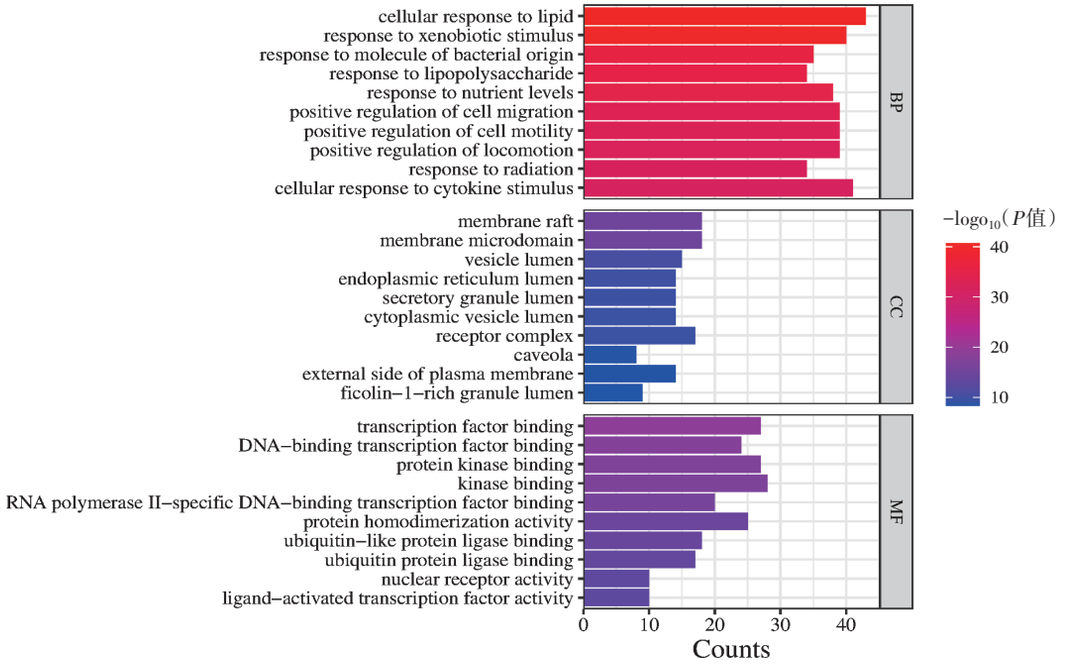
序号	靶点名称	度值	接近中心度	介数中心度
1	TP53	35	0.441 064 639	0.189 972 812
2	AKT1	28	0.436 090 226	0.121 585 856
3	STAT3	27	0.434 456 929	0.106 160 487
4	IL-6	26	0.442 748 092	0.168 827 328
5	TNF	25	0.434 456 929	0.112 847 106
6	ESR1	19	0.395 904 437	0.053 675 473
7	MAPK1	19	0.424 908 425	0.037 220 401
8	MAPK3	19	0.423 357 664	0.042 172 216
9	BCL2	18	0.387 959 866	0.060 179 656
10	IL-1β	17	0.391 891 892	0.024 189 539

2.5　GO功能和KEGG通路富集分析结果　GO富集到生物过程(BP)、细胞组分(CC)、分子功能(MF)的相关条目依次为1 697条、90条、223条，分别选择前10个条目进行作图，见图4。BP主要涉及细胞对脂质的反应、对外来刺激的反应、对细菌分子的反应等；CC主要涉及细胞膜筏、膜微区、囊腔、内质网腔等；MF主要涉及机体的转录因子结合、DNA结合转录因子结合和蛋白激酶结合等。KEGG富集分析得到197条信号途径，选择*P*值最小的前20个条目进行绘图分析，见图5。其中包含IL-17、TNF、磷脂酰肌醇3激酶(PI3K)-AKT等3条细胞信号通路，癌症、前列腺癌、胰腺癌、癌症蛋白聚糖等4条癌症通路，乙型肝炎、卡波西肉瘤相关疱疹病毒感染、丙型肝炎、人类巨细胞病毒感染、弓形体病、EB病毒感染、恰加斯病、甲型流感、肺结核、麻疹等10条细菌/病毒感染通路及脂质与动脉粥样硬化、糖尿病并发症中的晚期糖基化终末产物及其受体(AGE-RAGE)、流体剪切力与动脉粥样硬化等4条其他疾病通路。通过以上信息构建“药物-成分-靶点-疾病-通路”网络图，见图6，该网络包含302个节点和2 188条边。

2.6　分子对接验证　见表2。主要活性成分及潜在作用靶点的分子对接结合能均＜-5.0 kcal/mol，表明结合活性较高。对分子对接结合能＜-8.0 kcal/mol的组合绘制分子对接模型图，见图7。

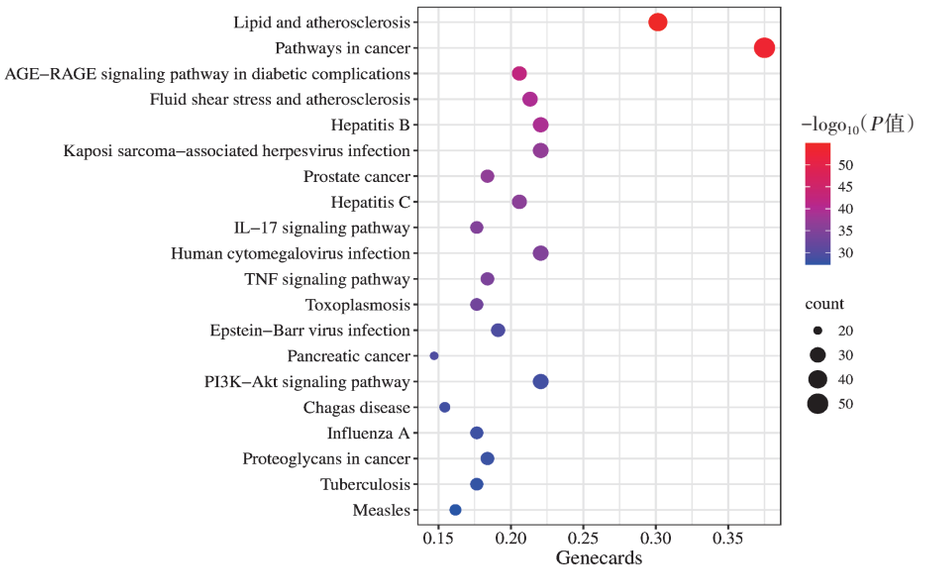
3　讨论

本研究通过网络药理学与分子对接分析了黄连温胆汤治疗AD的潜在作用机制，筛选出137个活性成分、136个交集靶点，并明确了槲皮素、柚皮素、川陈皮素为主要活性成分，PTGS2、ESR1、AR为潜在作用靶点，TP53、AKT1、STAT3、IL6、TNF等为核心靶点，血脂与动脉粥样硬化、AGE-RAGE、PI3K-AKT、TNF等为关键调控通路，提示其可能通过以下途径干预AD。抗炎与抗氧化应激：KEGG通路富集分析显示，黄连温胆汤显著富集于血脂与动



注：X轴代表基因数目，Y轴代表GO功能

图4　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)的GO富集分析



注：圆圈的大小代表基因数目，表示该条目富集到的基因越多；颜色深浅代表P值的高低，$-\log_{10}$（Pvalue）越大，P值越小，表示该通路越显著，X轴代表GeneRatio，Y轴代表KEGG功能。

图5　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)的KEGG通路富集

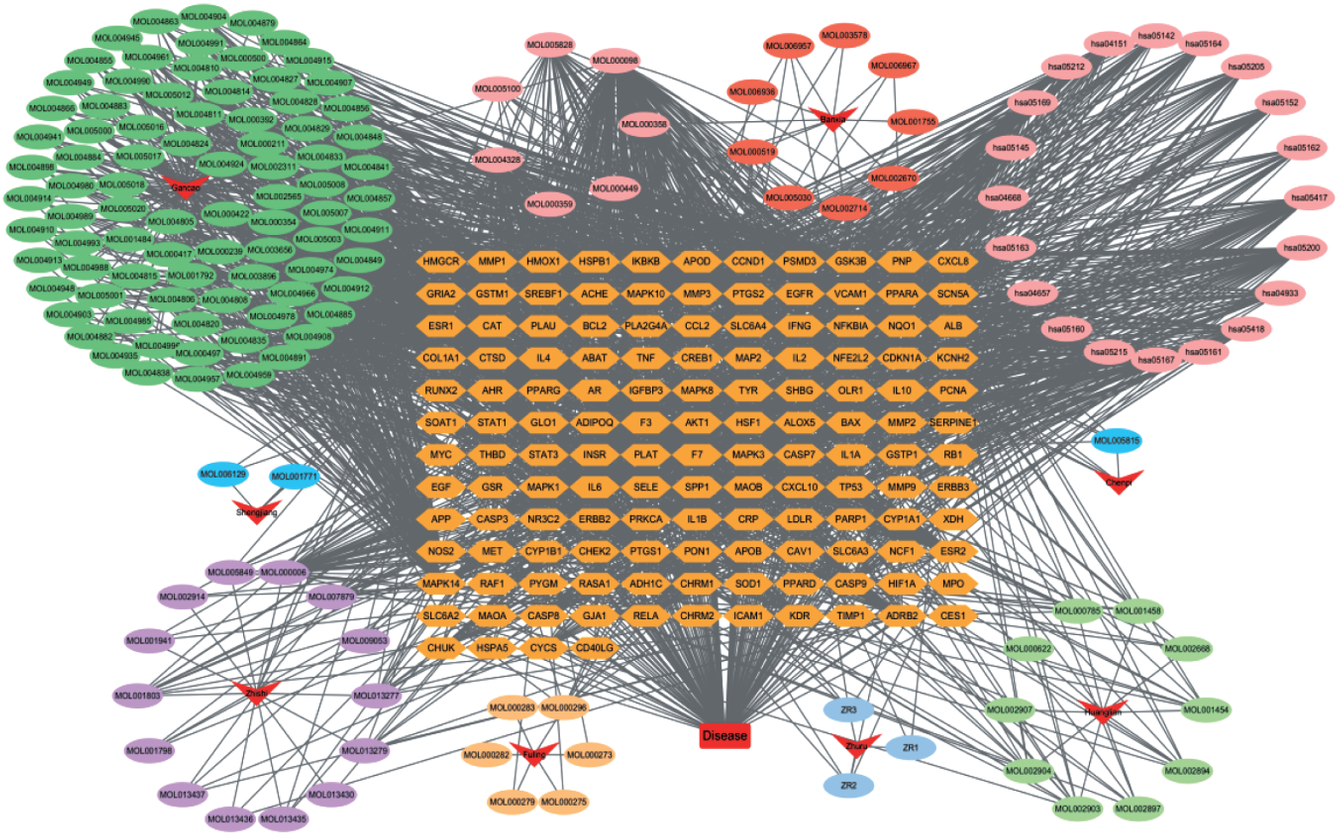


图6　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)的“药物–成分–靶点–疾病–通路”网络图

表2　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)的主要活性成分与核心靶点对接结合能　kcal/mol

Mol ID	成分名称	PTGS2	ESR1	AR
MOL000098	quercetin(槲皮素)	−9.6	−8.6	−8.6
MOL004328	naringenin(柚皮素)	−8.2	−7.7	−7.2
MOL005828	nobiletin(川陈皮素)	−8.6	−7.2	−6.3

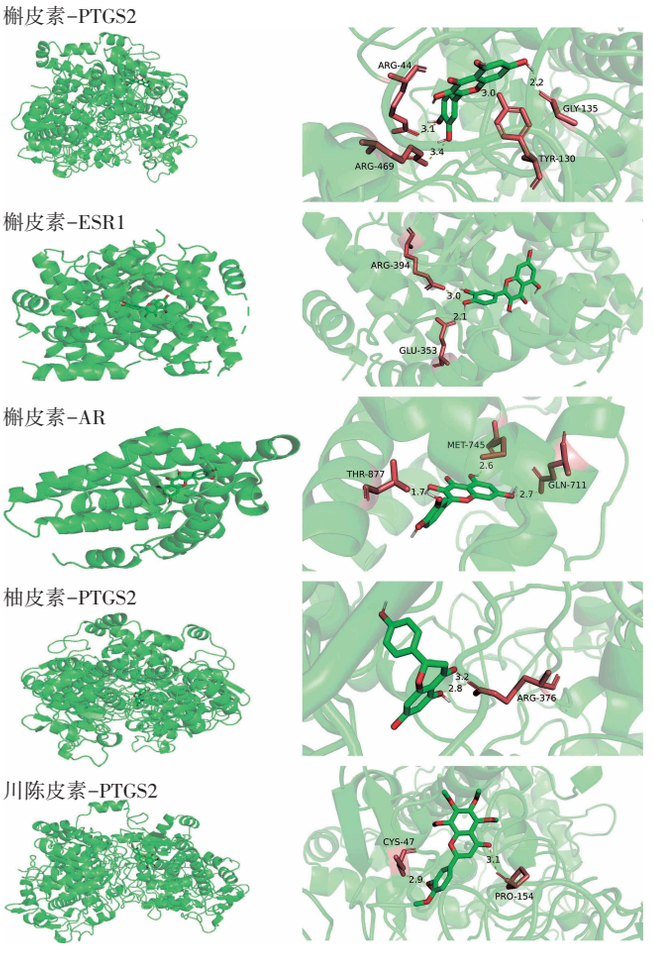


图7　黄连温胆汤治疗阿尔茨海默病(AD)主要活性成分与核心靶点的分子对接模型

脉粥样硬化、流体剪切应力与动脉粥样硬化等信号通路、AGE-RAGE信号通路和TNF信号通路，它们主要与氧化应激和炎症反应相关。TNF-α作为促炎因子，在AD患者脑内异常升高，可诱导神经元凋亡和β淀粉样蛋白沉积[10]。有相关研究表明槲皮素具有显著的抗炎活性，可抑制TNF-α的释放并降低氧化应激水平，并可改善血管性痴呆大鼠学习记忆[11-12]。此外，AGE-RAGE信号通路能激活核因子(NF)-κB信号途径，缓解氧化应激水平[13]，黄连温胆汤中的活性成分可能通过激活该通路降低氧化应激水平，减轻神经元损伤。调节细胞凋亡与自噬：拓扑分析显示关键靶点包括TP53、AKT1，主要参与细胞凋亡调控，而AKT1通路可调节自噬过程。KEGG通路富集分析显示，黄连温胆汤也显著富集于PI3K-AKT信号通路。研究表明，AD患者脑内存在自噬功能异常，导致β淀粉样蛋白清除障碍[14]；黄连温胆汤中的活性成分可能激活PI3K-AKT通路[15]；加味黄连温胆汤可通过激活PI3K-AKT通路来提高代谢综合征大鼠骨骼肌对葡萄糖的吸收与利用水平，改善胰岛素抵抗[16]，其对AD的干预可能通过类似通路调节细胞自噬与凋亡，促进异常蛋白清除。神经保护作用：ESR1是黄连温胆汤治疗AD“药物-成分-靶点-疾病”网络图中的潜在作用靶点之一。在AD发生发展过程中，雌激素有助于促进神经元细胞存活，减轻神经元损伤，保护神经元细胞免受神经毒素的侵害，并加强突触传递和神经发生[17]。ESR1作为雌激素敏感组织中激素反应的重要介质，当与雌激素结合时，ESR1可以通过调节区域和靶基因之间的相互作用来调节基因表达及其相应的功能[18-19]，黄连温胆汤中的活性成分可能通过结合ESR1发挥神经保护作用。

中药复方治疗AD多通过多成分、多靶点、多通路协同起效，不同方剂基于其组方配伍特点，作用侧重点存在差异。值得注意的是，黄连温胆汤与同为中医“化痰”治法核心代表的黄芪散，在活性成分上存在交叉，二者均针对AD发病的核心病理环节发挥治疗作用，但具体机制各有侧重。现有研究表明，黄芪散可能是通过激活磷酸酶与张力蛋白同源物诱导激酶1(PINKI)/帕金蛋白(parkin)通路促进线粒体自噬，降低活性氧(ROS)水平，从而抑制核苷酸结合寡聚化结构域样受体家族含热蛋白结构域3(NLRP3)炎症小体的活化并改善突触可塑性，发挥其治疗AD的作用[20]；课题组前期研究亦证实，黄连素与姜黄素的联合使用能够减少AD小鼠大脑皮质和海马区Aβ1-42的产生，抑制神经胶质细胞的活化，并增强细胞自噬能力，进而改善认知功能[21]。三者虽均能改善AD病理进程，但作用机制各有侧重。黄芪散聚焦线粒体自噬与炎症小体调控，黄连素与姜黄素联用更偏向Aβ清除与胶质细胞活化抑制，而黄连温胆汤的作用更侧重于抗炎、抗氧化、调节细胞凋亡与自噬以及多通路的整合调控。此外，本研究发

现黄连温胆汤可通过调控AGE-RAGE通路干预AD的机制，这在当前研究AD干预机制中是一条较少被研究的通路，为中药复方治疗AD提供了新的潜在靶点。

本研究通过网络药理学和分子对接预测了黄连温胆汤的潜在作用机制，但具有一定的局限性，下一步可开展细胞或动物实验验证预测结果。其次，黄连温胆汤中活性成分可能存在协同或拮抗作用，需通过拆方研究明确关键药物组合。此外，网络药理学分析依赖现有数据库，可能存在部分活性成分或靶点遗漏。

综上，网络药理学及分子对接技术分析结果显示，黄连温胆汤可能是通过槲皮素、柚皮素、川陈皮素等主要活性成分，结合PTGS2、ESR1、AR等作用靶点，调控血脂与动脉粥样硬化、AGE-RAGE、TNF和PI3K-AKT等信号通路，起抗炎与抗氧化应激、调节细胞凋亡与自噬及神经保护等作用，改善AD病理进程。

[参考文献]

[1] 马佳呈，李炜，张丹参. 老年痴呆症的发病机制研究[J]. 中国药理学与毒理学杂志，2019，33(6)：469-470.
[2] FARÍAS G，CORNEJO A，JIMÉNEZ J，et al. Mechanisms of tau self-aggregation and neurotoxicity[J]. Curr Alzheimer Res，2011，8(6)：608-614.
[3] 张苹，李海平. 阿尔兹海默病研究进展[J]. 临床医学进展，2024，14(7)：1241-1247.
[4] 苏芮，韩振蕴，范吉平，等. “毒损脑络”理论在阿尔茨海默病中医研究领域中的意义[J]. 中医杂志，2011，52(16)：1370-1371.
[5] 郑君芙. 黄连温胆汤临床应用研究进展[J]. 湖南中医杂志，2017，33(6)：210-213.
[6] 彭静，刘玲，陈钢，等. 涤痰汤改善痰浊型老龄认知障碍大鼠空间认知能力及海马神经元突触可塑性[J]. 华中科技大学学报(医学版)，2017，46(2)：175-179.
[7] 窦金金，陈红影，刘莉，等. 加减黄连温胆汤对血管性痴呆大鼠炎症反应的影响[J]. 中成药，2019，41(7)：1702-1705.
[8] 窦金金，胡胜南，李雪超，等. 加减黄连温胆汤对血管性痴呆大鼠氧化应激的影响[J]. 时珍国医国药，2019，30(10)：2357-2359.
[9] 杨棋涵. 黄连温胆汤对痰浊阻窍型轻度阿尔茨海默病患者的疗效研究[D]. 成都：成都医学院，2023.
[10] TANZI R E，BERTRAM L. Twenty years of the Alzheimer′s disease amyloid hypothesis：a genetic perspective[J]. Cell，2005，120(4)：545-555.
[11] 朱素华，张曼，徐圣秋. 槲皮素对糖尿病视网膜病变小鼠氧化应激损伤和炎症反应的影响[J]. 药学与临床研究，2023，31(1)：48-52.
[12] 李素君. 槲皮素对记忆障碍模型小鼠及血管性痴呆大鼠的影响及机制研究[D]. 延边：延边大学，2010.
[13] 姜婷，滕士超，安晓飞，等. 中医药干预AGEs-RAGE信号通路改善糖尿病肾病的机制研究概述[J]. 环球中医药，2022，15(1)：173-178.
[14] ZARE-SHAHABADI A，MASLIAH E，JOHNSON G V，et al. Autophagy in Alzheimer′s disease[J]. Rev Neurosci，2015，26(4)：385-95.
[15] 包君丽，韩宇博，张可，等. 基于网络药理学及分子对接研究黄连温胆汤治疗Z综合征作用机制[J]. 世界中医药，2021，16(3)：404-414.
[16] 邓晓威. 加味黄连温胆汤调控PI3K通路改善代谢综合征大鼠胰岛素抵抗的研究[D]. 哈尔滨：黑龙江中医药大学，2012.
[17] PIRSKANEN M，HILTUNEN M，MANNERMAA A，et al. Estrogen receptor beta gene variants are associated with increased risk of Alzheimer′s disease in women[J]. Eur J Hum Genet，2005，13(9)：1000-1006.
[18] XU C Y，JIANG Z N，ZHOU Y，et al. Estrogen receptor α roles in breast cancer chemoresistance[J]. Asian Pac J Cancer Prev，2013，14(7)：4049-4052.
[19] 郭斌，薛佳，贾保平，等. 基于网络药理学和生物信息学方法探讨黄连解毒汤治疗阿尔茨海默病的作用机制[J]. 中西医结合心脑血管病杂志，2024，22(19)：3510-3518.
[20] 张运辉，杨梦琳，周小青，等. 基于网络药理学和实验验证探讨黄芪散治疗阿尔茨海默病的作用机制[J]. 天然产物研究与开发，2022，34(12)：2119-2129.
[21] LIN L，LI C，ZHANG D Y，et al. Synergic Effects of Berberine and Curcumin on Improving Cognitive Function in an Alzheimer′s Disease Mouse Model[J]. Neurochem Res，2020，45(5)：1130-1141.

[责任编辑：钟志敏，蒋维超(英文)]