基于网络药理学分析口炎清颗粒治疗慢性咽炎的作用机制

钱炜霞，郑国平

建德市第一人民医院，浙江 建德 311600

［摘要］**目的：**基于网络药理学与分子对接技术分析口炎清颗粒治疗慢性咽炎的作用机制。**方法：**使用中药系统药理学数据库（TCMSP）、本草组鉴数据库（HERB）筛选以及根据中国知网、万方数据库获得口炎清颗粒活性成分，根据GeneCards数据库获得慢性咽炎疾病靶点，取两者的交集，获得口炎清颗粒治疗慢性咽炎的治疗靶点。通过构建成分的靶点韦恩图，用Cytoscape 3.9.1软件构建“药物-成分-靶点”网络，获得主要活性成分。将交集靶点导入STRING数据库构建蛋白质相互作用（PPI）网络，获得疾病治疗核心靶点。通过Meta scape数据库进行基因本体（GO）功能和京都基因与基因组百科全书（KEGG）通路富集分析。通过CB-Dock2在线网站进行分子对接验证。**结果：**筛选出口炎清颗粒38个活性成分和5 510个潜在靶点，获得慢性咽炎500个靶点，获得315个交集靶点。口炎清颗粒主要活性成分为槲皮素、油酸、山柰酚、柚皮素、薯蓣皂苷元，核心靶点为表皮生长因子受体（EGFR）、肿瘤蛋白P53（TP53）、E1A结合蛋白P300（EP300）、乳腺癌易感基因1（BRCA1）、信号转导及转录激活蛋白3（STAT3）等。GO分析生物过程（BP）共富集228个条目，细胞组分（CC）共富集100个条目，分子功能（MF）共富集109个条目。KEGG分析主要涉及癌症、脂质与动脉粥样硬化、微小核糖核酸（MicroRNAs）与癌症、糖尿病并发病中的晚期糖基化终末产物-受体（AGE-RAGE）等信号通路。主要活性成分与核心靶点分子对接结合能≤-6.6 kcal/mol。**结论：**口炎清颗粒主要通过槲皮素、油酸、山柰酚等成分，作用于BRCA1、TP53、EGFR等核心靶点，调控癌症、脂质与动脉粥样硬化、AGE-RAGE等信号通路，从而减轻炎症反应、调节免疫，治疗慢性咽炎。

［关键词］慢性咽炎；口炎清颗粒；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）09-0194-07

DOI：10.13457/j.cnki.jncm.2026.09.028

Analysis on Mechanism of Kouyanqing Granules in Treating Chronic Pharyngitis Based on Network Pharmacology

QIAN Weixia, *ZHENG Guoping*

The First People's Hospital of Jiande, Jiande Zhejiang 311600, China

Abstract: Objective: To analyze the mechanism of Kouyanqing Granules in treating chronic pharyngitis based on network pharmacology and molecular docking technology. **Method:** The active ingredients of Kouyanqing Granules were screened through TCMSP database and HERB database, and obtained from Wanfang and CNKI. The targets of chronic pharyngitis were obtained using GeneCards database. The intersection of active ingredients and disease targets was taken to obtain the therapeutic targets of Kouyanqing Granules for treating chronic pharyngitis. A Venn diagram of potential targets for ingredients was constructed, and Cytoscape 3.9.1 software was used to construct a "drug-ingredient-target" network to obtain the main active ingredients. The intersecting targets were imported into the STRING database to obtain the protein-protein interaction (PPI) network and identify key therapeutic targets. GO and KEGG enrichment analysis

［收稿日期］2025-08-18
［修回日期］2026-02-12
［作者简介］钱炜霞（1993-），女，主管药师。
［通信作者］郑国平（1981-），男，副主任药师。

on therapeutic targets were performed through the Metascape database. Finally, molecular docking was verified through the CB-Dock2 online website. **Results**: A total of 38 active ingredients and 5 510 potential targets in Kouyanqing Granules were screened, and 500 targets were obtained for chronic pharyngitis, and the intersection of the two yielded 315 therapeutic targets. The main active ingredients include quercetin, oleanolic acid, kaempferol, naringenin, and diosgenin. The core targets included epidermal growth factor receptor (EGFR), tumor protein P53 (TP53), E1A binding protein P300 (EP300), breast cancer susceptibility gene 1 (BRCA1), and signal transducer and activator of transcription 3 (STAT3), among others. GO analysis revealed enrichment in 228 biological process (BP) terms, 100 cellular component (CC) terms, and 109 molecular function (MF) terms. KEGG analysis indicated that the primary pathways involved cancer, lipid and atherosclerosis, MicroRNAs, and the cancer-induced and advanced glycation end products and their receptors in diabetic complications (AGE-RAGE) signaling pathway, among others. The binding energies for molecular docking between the main active ingredients and core targets were all ≤-6.6 kcal/mol. **Conclusion**: Kouyanqing Granules primarily exert their therapeutic effects on chronic pharyngitis through ingredients such as quercetin, oleanolic acid, and kaempferol. These ingredients act on core targets like BRCA1, TP53, and EGFR, regulating signaling pathways including cancer, lipid and atherosclerosis, and AGE-RAGE, thereby alleviating inflammatory responses, modulating immunity, and treating chronic pharyngitis.

Keywords: Chronic pharyngitis; Kouyanqing Granules; Network pharmacology; Molecular docking; Mechanism

慢性咽炎是一种常见的上呼吸道疾病，为咽部黏膜、黏膜下及淋巴组织的慢性炎症[1]，病程通常超过3个月。但其病因复杂，症状迁延，易反复发作，显著影响患者的生活质量。慢性咽炎可归属于中医喉痹范畴。喉痹多由虚火导致，《医学入门》指出“虚火上攻，咽膈干痛”[2]。成年人是其多发群体，发病时会伴有咽部的干燥、发痒、发胀、灼热、堵塞等症状，同时还会伴有其他的上呼吸道疾病[3]。作为治疗慢性咽炎的药物，口炎清颗粒已被收录于《临床使用中成药》[4]，其功效即滋阴清热、解毒消肿，与慢性咽炎本虚标实的病机特征相契合[5]。本文基于网络药理学和分子对接技术分析口炎清颗粒治疗慢性咽炎的作用机制，进而为临床应用提供参考。

1 资料与方法

1.1 口炎清颗粒化学成分及其靶点筛选 使用中药系统药理学数据库(TCMSP)检索“天冬、玄参、甘草”化合物359个，以口服生物利用度(OB)≥30%、类药性(DL)≥0.18为条件，并对甘草加用“Lipinsk五原则”，相对分子质量≤500，脂水分泌系数≤5，氢供体≤5，氢受体≤10为筛选条件进行筛选，利用本草组鉴数据库(HERB)，得到口炎清颗粒中的麦冬化学成分，并通过中国知网、万方数据库搜集山银花的化学成分研究报道[6-10]，将得到的化学成分按序输入Comparative Toxicogenomics Database和PubChem数据库，获得各个化学成分的SMILES格式。部分化学成分在PubChem数据库中无法检索到则舍弃。将从PubChem数据库中得到的SMILES号输入SwissTargetPrediction数据库中进行靶点预测，获得口炎清颗粒各个有效成分的潜在靶点，筛选条件为可能性＞0。

1.2 慢性咽炎相关疾病靶点获取 以“Chronic Pharyngitis”为关键词在Genecards数据库中筛选慢性咽炎的相关靶点，根据Relevance score值获得慢性咽炎潜在靶点。

1.3 “药物-活性成分-靶点-疾病”网络构建 使用Venny2.1.0在线软件构建成分潜在靶点韦恩图，将得到两者交集靶点为口炎清颗粒治疗慢性咽炎潜在作用靶点。再将交集靶点导入Cytoscape3.9.1构建“药物-活性成分-靶点-疾病”网络图，并利用Cytohubba插件进行拓扑结构分析后获得度值(Degree值)排名靠前的有效成分。

1.4 蛋白质相互作用(PPI)网络构建 将获得的交集靶点导入STRING数据库，并限定物种为人

类(homo sapiens)，默认设置蛋白互作最低要求得分＞0.7，构建口炎清颗粒改善慢性咽炎PPI网络，导出网络数据，并导入Cytoscape3.9.1软件中进行PPI蛋白互作图制作，利用Cytohubba插件进行拓扑结构分析，包括Degree值、介度(Betweenness)和紧密度(Closeness)，并找到疾病的相关核心靶点。

1.5　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　在Metascape数据库中导入交集靶点选择identifier为“Official-Gene-Symbol”，限定物种为人类，进行GO功能富集分析和KEGG通路富集分析。并通过微生信在线分析平台将结果可视化。

1.6　分子对接验证　将Degree值排名前5的主要活性成分与前5的核心靶点进行分子对接。在PubChem和PDB数据库中分别下载活性成分结构与核心蛋白的3D结构，通过CB-Dock2在线网站进行分子对接。筛选最佳对接构象，配体分子与受体蛋白结合能越低，分子越稳定，并将结果可视化。

2　结果与分析

2.1　口炎清颗粒活性成分及对应靶点　通过TCMSP数据库检索后筛选出活性成分天冬6个，玄参5个，甘草17个，麦冬5个，山银花5个，剔除重复后共38个；获得对应靶点12 442个，筛除重复后得到5 510个。

2.2　慢性咽炎相关靶点　利用Genecards数据库检索“Chronic Pharyngitis”得到3 179个相关靶点，根据相关性得分(Relevance score≥10.9416122436523)排序，获取500个靶点作为潜在靶点。

2.3　“药物-活性成分-靶点-疾病”网络与可视化分析　应用Venny2.1.0绘制韦恩图，获得药物疾病交集靶点315个，见图1。“药物-活性成分-靶点-疾病”网络图，见图2。网络中共包含358个节点，1 764条相互关系，并利用网络插件Cyto hubba进行拓扑结构分析后获得Degree值排名前5的主要活性成分有槲皮素（Quercetin）、油酸（oleanolic acid）、山柰酚(kaempferol)、柚皮素(naringenin)、薯蓣皂苷元(diosgenin)。

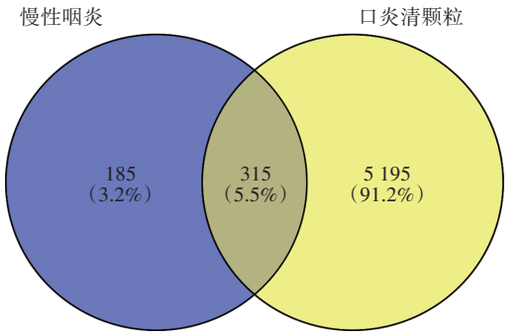
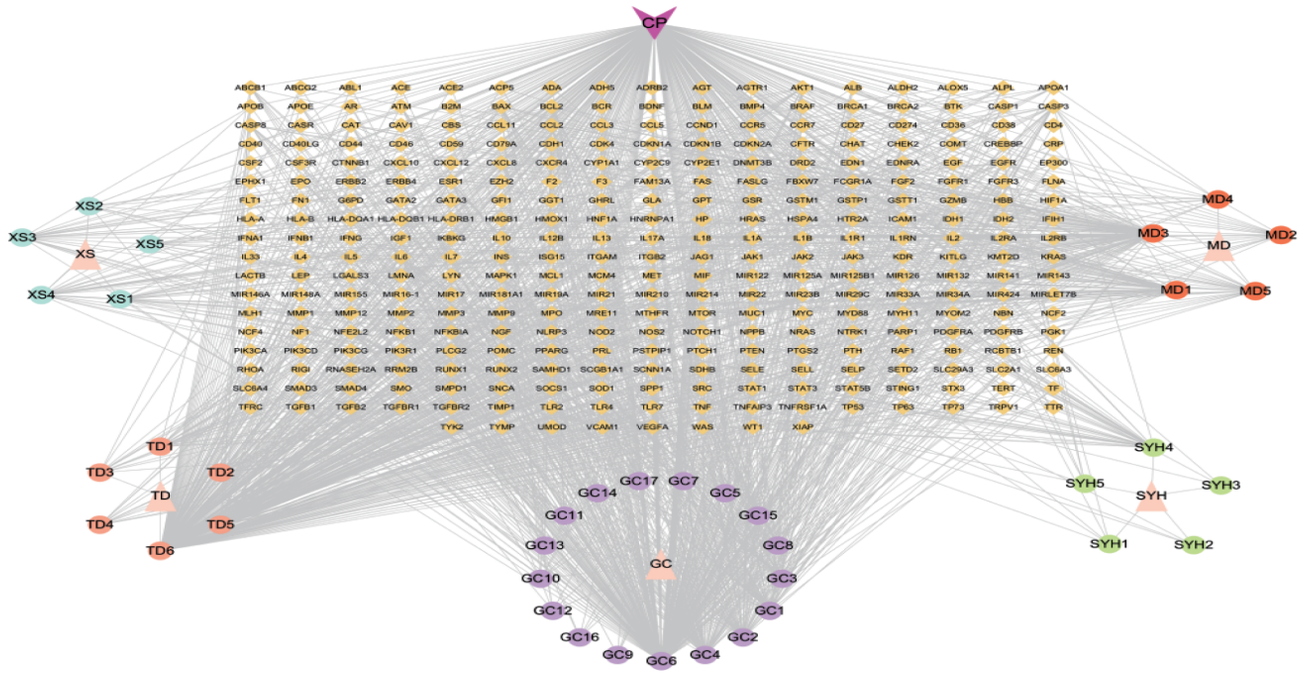


图1　口炎清颗粒治疗慢性咽炎潜在靶点的韦恩图



注：紫色燕尾型为疾病，粉色三角形为药物，彩色圆形为活性成分，棕色菱形为交集靶点。

图2　口炎清颗粒治疗慢性咽炎的“药物-成分-靶点-疾病”网络图

2.4　PPI网络与核心靶点　见图3。将315个交集靶点导入STRING平台，共得到293个节点、264条边、平均节点度1.8、局部聚类系数0.336、$P<1\times10^{-6}$，再将其导入Cytoscape3.9.1软件构建PPI网络并作图，节点为交集靶点，图中节点颜色越深，代表该靶点度值越大，表明这一靶点在网络中越关键。度值排名前10的靶点见表1。

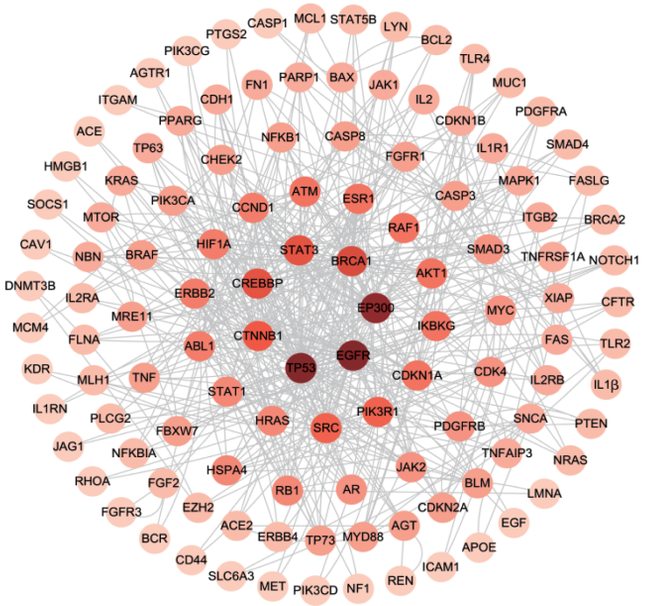


图3　口炎清颗粒治疗慢性咽炎的蛋白互作网络图

表1　口炎清颗粒治疗慢性咽炎度值排名前10的核心靶点

序号	靶点名称	度值	介度	紧密度
1	表皮生长因子受体(EGFR)	42	2 662.252 83	54.534 52
2	肿瘤蛋白P53(TP53)	42	3 353.533 5	54.195 24
3	E1A结合蛋白P300(EP300)	40	2 217.536 67	55.428 57
4	乳腺癌易感基因1(BRCA1)	26	1 181.059 16	49.667 86
5	信号转导及转录激活蛋白3(STAT3)	24	2 165.490 26	49.866 67
6	CREB结合蛋白基因(CREBBP)	24	603.513 37	48.554 76
7	连环蛋白β-1(CTNNB1)	22	640.850 48	47.284 52
8	酪氨酸蛋白激酶(SRC)	20	490.071 59	45.628 57
9	磷脂酰肌醇-3-激酶调节亚基11(PIK3R1)	20	745.925 89	45.927 38
10	雌激素受体1(ESR1)	16	545.733 08	47.177 38

2.5　GO功能与KEGG通路富集分析　GO分析生物过程(BP)共富集228个条目，主要涉及调节上皮细胞增殖、细胞活化、炎症反应的调节、凋亡信号通路的调控；细胞组分(CC)共富集100个条目，主要涉及膜侧、膜筏、受体复合物；分子功能(MF)共富集109个条目，主要涉及细胞因子受体结合、激酶活性、蛋白质同源二聚化活性；各项排名前10个条目见图4。KEGG分析共得到157条通路，筛选前15条通路，利用微生信平台绘制KEGG富集气泡图，见图5。主要涉及癌症、脂质与动脉粥样硬化、MicroRNAs与癌症、乙型肝炎、糖尿病并发症中的晚期糖基化

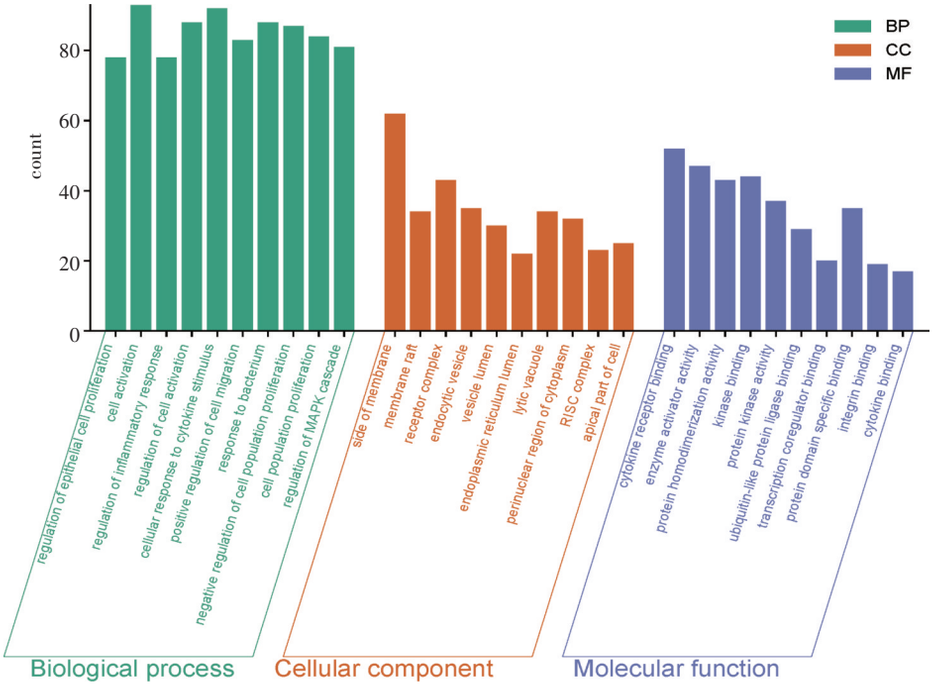


图4　口炎清颗粒治疗慢性咽炎的GO功能富集分析柱状图

终末产物-受体(AGE-RAGE)等信号通路。

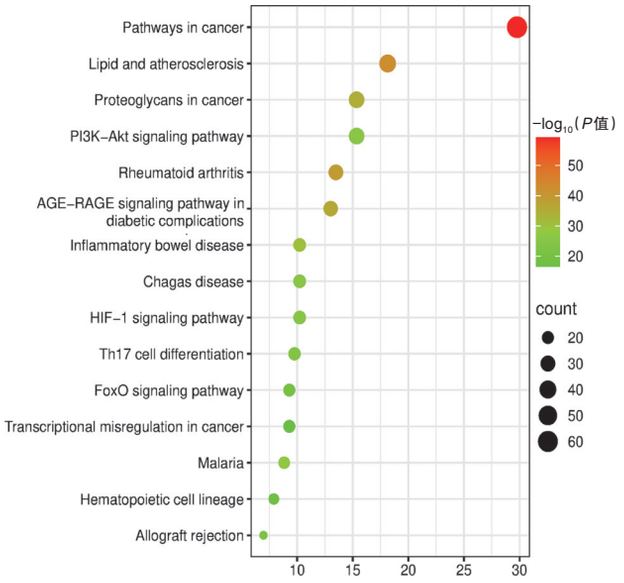


图5　口炎清颗粒治疗慢性咽炎的KEGG通路富集分析气泡图

2.6　分子对接结果　度值前5种主要活性成分与前5个核心靶点分子对接结合能热图见图6。所有分子对接结合能均≤-6.6 kcal/mol，表明结合活性较好。部分分子对接构象图见图7。

3　讨论

慢性咽炎发病与细菌、病毒感染、不良生活方式、气候环境变化等因素相关[11]，在慢性咽炎的治疗中，甘草、桔梗、麦冬、金银花、玄参等中药高频使用[12]。本研究聚焦于由麦冬、天冬、玄参、山银花和甘草组成的口炎清颗粒。山银花和甘草具有清热解毒、抗炎抗菌作用，属治“标”。而麦冬、天冬和玄参养阴润燥、促进咽部黏膜腺体分泌、保护黏膜屏障，属治“本”，实现了标本同治的组方思想。药物现代药理研究证实，上述药物具有显著的免疫调节、抗菌、抗炎等药理作用，也进一步支持了口炎清颗粒对慢性咽炎治疗的有效性[13-19]，体现了口炎清颗粒滋阴降火、清热解毒的治疗法则。

本研究筛选出口炎清颗粒潜在靶点5 510个，慢性咽炎相关靶点500个，交集靶点315个。通过构建“药物-活性成分-交集靶点”网络图，获得度值排名靠前的主要活性成分包括槲皮素、油酸、山奈酚、柚皮素、薯蓣皂苷元。槲皮素可通过抑制P-选择素的释放以及核转录因子-κB(NF-κB)的表达，对肺和支气管起保护作用[20]。研究提示槲皮素可减少氧化应

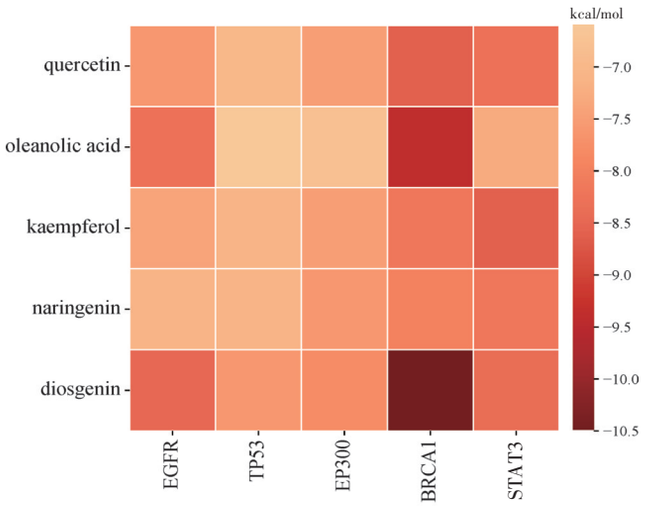


图6　口炎清颗粒治疗慢性咽炎主要活性成分与核心靶点的分子对接结合能热图

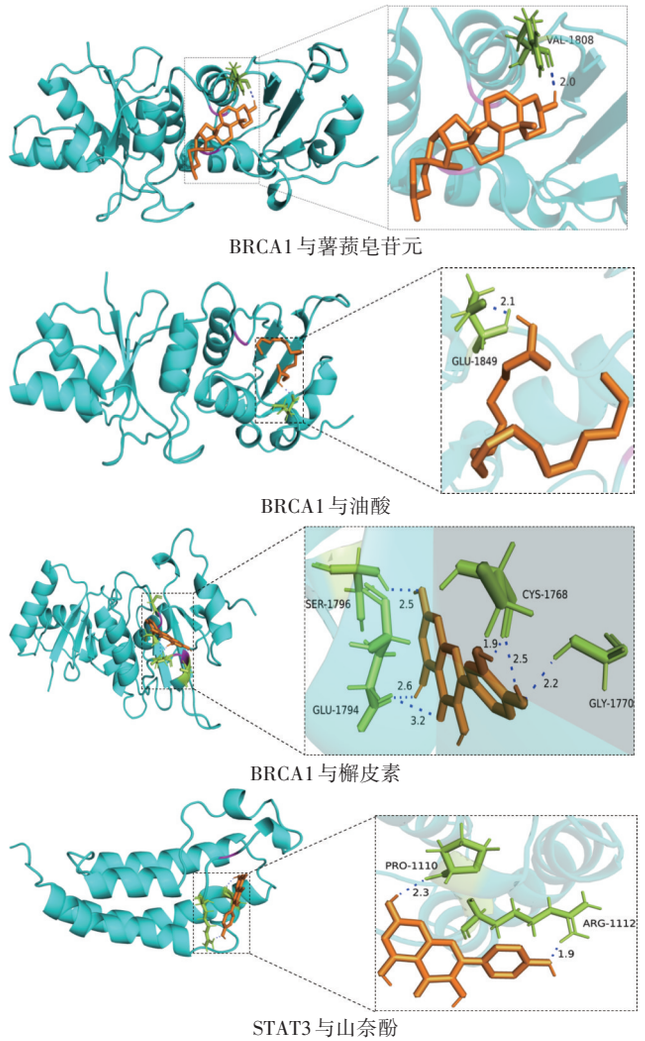


图7　口炎清颗粒治疗慢性咽炎主要活性成分与核心靶点的部分分子对接构象

激诱导、下调炎症因子的产生从而保护流感病毒感染的组织，这一机制与慢性咽炎的病理过程相吻合[21]。山奈酚可抑制NF-κB等炎症通路，具有对炎症性疾病预防和抗炎的作用[22]，且与EGFR酪氨酸激酶对接较好[23]。柚皮素则通过调控一氧化氮、肿瘤坏死因子-α（TNF-α）、NF-κB、血红素氧化酶-1（HO-1）、基质金属蛋白酶-9（MMP-9）等发挥抗炎以及抗自由基氧化作用[24-25]。薯蓣皂苷元可通过调节TNF-α水平，激活淋巴细胞及增强巨噬细胞的吞噬能力发挥抗炎作用[26]。亚油酸可能通过抑制Toll样受体4（TLR4）/NF-κB信号通路中TLR4和磷酸化p65蛋白（p-p65）的蛋白表达水平，进而抑制炎性因子TNF-α、白细胞介素（IL）-1β、IL-6及IL-10的表达[27]。研究表明，炎性因子对慢性咽炎的影响是显著的[28]，这些活性成分构成了口炎清颗粒发挥疗效的物质基础，体现多成分的协同作用。

本研究筛选出的核心靶点为EGFR、TP53、EP300、BRCA1、STAT3。这些靶点密集分布于细胞增殖、凋亡、氧化应激和免疫应答等生理病理过程中。EGFR通过直接磷酸化肿瘤坏死因子受体1（TNFR1）来调控NF-κB信号传导和TNF-α诱导的细胞死亡[29]，而TNF-α是重要的炎症因子。研究表明EGFR靶点在抗炎中具有重要作用[30]。TP53可以诱导糖酵解调节磷酸酶（TIGAR）表达，减少糖酵解中大量还原型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸磷酸（NADPH）的产生，从而降低活性氧水平。TIGAR可保护机体免受氧化应激反应，减少炎症[31]，TP53功能的正常对于防止炎症背景下的细胞恶性转化具有重要意义。EP300可以影响激活的蛋白激酶/UNC-51样自噬激活激酶1（AMPK/ULK1）途径，其缺失可以增强细胞自噬水平，促进自噬依赖性的ATP释放，进而诱发免疫原性细胞死亡[32]。BRCA1能降低细胞内的活性氧自由基水平从而降低DNA氧化损伤[33]。通过多个活性成分和靶点的相互作用，共同抑制炎症的产生，干预慢性炎症的恶性循环，抑制黏膜的异常增生，覆盖了慢性咽炎的炎症、免疫和组织重塑多个环节。

富集分析主要涉及癌症、脂质与动脉粥样硬化、微小核糖核酸（MicroRNAs）与癌症、乙型肝炎、AGE-RAGE、NF-κB等信号通路。慢性咽炎的病理过程涉及上皮细胞反复损伤、修复和增生[1,34]，这与癌症通路中的细胞增殖、凋亡、分化等过程与磷脂酰肌醇3激酶/蛋白激酶B（PI3K/AKT）信号通路、MicroRNAs存在重叠[35]，与槲皮素可能通过下调IL-6/STAT3的活性，减少炎性因子水平，抑制肿瘤细胞的增殖，促进凋亡的研究相契合[36]，同时与靶点EGFR、TP35等作用一致。其次，动脉粥样硬化的本质是血管壁的慢性炎症，而脂质与动脉粥样硬化信号通路中的炎症因子（如TNF、IL-6）也参与了慢性咽炎的形成[37]。研究表明，慢性咽炎与心血管危险因素呈正相关，两者的同防同控具有重要意义[38]。值得注意的是，PI3K/AKT与NF-κB信号通路在调节氧化应激与炎症反应中发挥着重要作用。研究证实，这些通路的异常激活与阻塞性睡眠呼吸暂停低通气综合征（OSA）密切相关，而OSA是导致慢性咽炎的重要非感染性因素之一[39]。在慢性咽炎的发生发展中，Th17细胞的分化与调控具有关键作用，它既参与防御细菌感染，也驱动慢性炎症形成。通过调控Th17细胞，可抑制咽部黏膜的过度增生与异常炎症反应，从而缓解慢性咽炎[40]。该作用依托于多通路协同调控，通过改善“炎症免疫氧化”微环境，为咽部黏膜稳态的恢复提供内在条件。

综上，本研究通过网络药理学和分子对接技术分析发现，口炎清颗粒可能通过槲皮素、山奈酚、柚皮素、薯蓣皂苷元等主要活性成分，作用于EGFR、BRCA1、TP53等核心靶点，调控癌症、AGE-RAGE、NF-κB等信号通路治疗慢性咽炎。

[参考文献]

[1] 陈其冰，王燕，李芬，等. 慢性咽炎病因和发病机制研究进展[J]. 听力学及言语疾病杂志，2019，27(2)：224-228.
[2] 傅小欧，海霞. 慢性咽炎中医药治疗研究进展[J]. 中国中医药现代远程教育，2020，18(8)：153-154，169.
[3] 唐梓轩，税磊. 口炎清颗粒联合超声雾化吸入治疗慢性咽炎的临床疗效分析[J]. 西部医学，2015，27(11)：1710-1713.
[4] 任德全. 临床使用中成药[M]. 北京：人民卫生出版社，2002：1341-1342.
[5] 张孝文，马兆鑫，霍红，等. 口炎清颗粒(无糖)治疗慢性咽炎的多中心、随机、开放、阳性平行对照临床研究[J]. 中华中医药学刊，2024，42(9)：1-4.
[6] 蒋小华，韦玉璐，白军，等. 山银花茎叶化学成分及其抗炎活性研究[J]. 中成药. 2024，46(2)：484-489.
[7] 陈凡，张子桉，乐意，等. 基于UPLC指纹图谱和多成分定量结合化学模式识别的金(山)银花入药对连花清瘟方的质量差异研究[J]. 中草药，2025，56(16)：5792-5803.

[8] 柴兴云，李萍，唐力英. 山银花化学成分研究[J]. 中国中药杂志，2004，29(9)：865-867.
[9] 李倩，陈燕，窦霞，等. 金银花、山银花、川银花化学成分及药理作用研究进展[J]. 中国民族民间医药，2023，32(15)：67-72.
[10] 蔡荣，徐春芳，李珊，等. 山银花茎叶与花化学成分和抗炎活性比较研究[J]. 湖南中医药大学学报，2023，43(9)：1598-1608.
[11] 王梓丞，白丽君，任德祥. 中医药治疗慢性咽炎的研究进展[J]. 实用中医内科杂志，2024，38(2)：110-112.
[12] 李相国，涂世伟，黄德斌. 基于国家专利的中药复方治疗慢性咽炎数据挖掘研究[J]. 新中医，2025，57(8)：1-5.
[13] 常思潮，常惟智. 麦冬的药理作用及复方临床应用研究进展[J]. 光明中医，2023，38(12)：2443-2446.
[14] 黄昭宁，罗舒，李芳，等. 天冬化学成分的提取纯化、药理作用和临床应用研究进展[J]. 四川农业科技，2024(5)：123-126.
[15] 刘依茹，刘考铧，秦路平，等. 中药玄参的化学成分、药理活性、炮制及临床应用的研究进展[J]. 中国中药杂志，2023，48(16)：4302-4319.
[16] 刘萍，贾凡，胡翔，等. 山银花资源的功能特性与综合利用[J]. 食品与机械，2023，39(9)：219-227.
[17] 肖先，李春燕，刘晓龙，等. 甘草的主要化学成分及药理作用研究进展[J]. 新乡医学院学报，2023，40(3)：280-285.
[18] 熊娟娟，钱亚昇. 口炎清颗粒治疗慢性咽炎90例疗效观察[J]. 新中医，2014，46(9)：130-131.
[19] 余亚信，陈秋旻，林宝华，等. 系统评价口炎清颗粒治疗慢性咽炎的效果与安全性[J]. 中国卫生标准管理，2021，12(15)：114-117.
[20] 杜丽娜，单进军，汪受传. 槲皮素在呼吸系统疾病中的应用研究进展[J]. 上海中医药杂志，2012，46(8)：93-95.
[21] KUMAR P，SHAMA S，KHANNA M，et al. Effect of Quercetin on lipid pemxidation and changes in lung morphology in experimental influenza virus infection[J]. Int J Exp Pathol，2003，84(3)：127-133.
[22] FANG L，LUO X R，ANDY T，et al. Kaempferol enhances the suppressive function of Treg cells by inhibiting FOXP3 phosphorylation[J]. Int Immunopharmacol，2015，28(2)：859-865.
[23] SREELAKSHMI V，NAVYA RAJ，ABRAHAM A. Evaluation of the Drug-like Properties of Kaempferol，Chrysophanol and Emodin and their Interactions with EGFR Tyrosine Kinase-An in silico Approach[J]. Natural Product Communications，2017，12(6)：915-920.
[24] 宋效庆，牛德利，齐鹏鹏，等. 柚皮素抗炎和抗氧化作用的研究进展[J]. 科研，2016，(7)：199-200.
[25] 陈欲云，马清萍，王涛，等. 柚皮素止咳化痰平喘作用的研究[J]. 食品工业科技，2014，35(19)：355-358.
[26] 刘梦萱，张风霞. 薯蓣皂苷元抗炎作用及其机制研究进展[J]. 湖南中医杂志，2016，32(6)：205-207.
[27] 胡丹东，崔玉娟，张继. 亚油酸通过调节TLR4/NF-κB信号通路减轻大鼠类风湿关节炎[J]. 中国药理学通报，2021，37(9)：1213-1218.
[28] FANG X，JIANG X F，ZHANG Y P，et al. Exploring the Action Mechanism and Validation of the Key Pathways of Dendrobium officinale Throat-clearing Formula for the Treatment of Chronic Pharyngitis Based on Network Pharmacology[J]. Comb Chem High Throughput Screen，2024，27(3)：479-496.
[29] NAM Y W，SHIN J H，KIM S，et al. EGFR inhibits TNF-α-mediated pathway by phosphorylating TNFR1 at tyrosine 360 and 401[J]. Cell Death Differ，2024，31(10)：1318-1332.
[30] LUKE S S，RAJ M N，RAMESH S，et al. Network pharmacology prediction and molecular docking-based strategy to explore the potential mechanism of squalene against inflammation[J]. In Silico Pharmacology，2024，12(1)：44.
[31] 卢敏，李鑫，林鹏真，等. 肿瘤蛋白p53诱导的糖酵解调节磷酸酶在恶性肿瘤中作用机制的研究进展[J]. 癌症进展，2024，22(19)：2096-2100，2126.
[32] 周颖. EP300通过影响自噬调控抗肿瘤免疫应答的机制研究[D]. 苏州：苏州大学，2020.
[33] 梁辰，靳翠红. 乳腺癌易感基因1调控氧化损伤在神经退行性疾病中作用的研究进展[J]. 癌变·畸变·突变，2019，31(3)：257-260.
[34] 唐燚，喻国冻. 慢性咽炎的发病机制研究进展[J]. 医药前沿，2020，10(13)：19-20.
[35] ARGHIANI N，SHAH K. Modulating microRNAs in cancer：next-generation therapies[J]. Cancer Biol Med，2021，19(3)：289-304.
[36] 蔡剑辉，任约翰，厉金雷，等. 槲皮素调控白细胞介素-6/信号转导及转录激活蛋白3信号通路在结肠炎性相关结肠癌小鼠模型的机制研究[J]. 中国药物与临床，2020，20(6)：896-899.
[37] 李国华，李佳旻. 炎症因子与动脉粥样硬化[J]. 心血管病学进展，2010，31(2)：156-158.
[38] 苗壮，姜丹泉. 慢性咽炎与心血管危险因素的关系[J]. 实用医学杂志，2015，31(16)：2672-2674.
[39] 段凌志，张爱华，杨正富，等. PI3K/AKT/NF-κB信号通路调控阻塞性睡眠呼吸暂停低通气综合征研究概况[J]. 中医药临床杂志，2024，36(9)：1826-1833.
[40] 陈晋广，刘翔，朱明芳. Th17细胞的临床研究[J]. 中华中医药学刊，2012，30(6)：1281-1283.

[责任编辑：钟志敏，蒋维超(英文)]