

◆网络药理学◆

基于网络药理学及分子对接技术分析浆乳方
治疗浆细胞性乳腺炎作用机制

杨汶士, 张凤凤, 张艳, 庄克川

滕州市中心人民医院, 山东 滕州 277500

[摘要] 目的: 基于网络药理学及分子对接技术分析浆乳方治疗浆细胞性乳腺炎 (PCM) 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) 获取浆乳方的主要活性成分及其作用靶点, 并利用 Uniprot 数据库对靶点基因进行校正。在 GeneCards、DrugBank、DisGeNET 等数据库获取 PCM 的疾病相关靶点, 将活性成分靶点及疾病相关靶点取交集, 获得浆乳方治疗 PCM 的靶点基因, 应用 Cytoscape3.10.0 软件构建浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图, 通过 STRING 数据库对药物与疾病交集靶点进行蛋白质互作 (PPI) 网络分析; 利用 David 数据库及微生信数据库对 PPI 网络靶点进行基因本体 (GO) 功能和京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 通路富集分析。最后将上述获取的药物活性成分与核心靶点进行分子对接验证。结果: 通过 TCMSP 数据库筛选出浆乳方活性成分 167 种, 对应 911 个作用靶点, 295 个 PCM 疾病靶点, 通过分析药物-疾病作用靶点, 得出浆乳方治疗 PCM 潜在靶点 44 个。浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图显示度值较高的活性成分包括荷包牡丹碱、表小檗碱、亚麻酸乙酯、察克素。度值较高的前 10 个靶点为肿瘤坏死因子 (TNF)、白细胞介素 (IL)-6、信号转导与转录激活因子 3 (STAT3)、IL-1 β 、表皮生长因子受体 (EGFR)、细胞间黏附分子-1 (ICAM-1)、趋化因子配体 8 (CXCL8)、Toll 样受体 4 (TLR4)、雌激素受体 1 (ESR1)、细胞周期素 D1 (CCND1)。GO 富集分析得出主要涉及信号转导炎症反应、MAP 激酶活性的正向调控、基因表达的正向调控等; KEGG 富集分析涉及糖尿病并发症中的晚期糖基化终末产物-受体 (AGE-RAGE)、癌症、脂质与动脉粥样硬化、磷脂酰肌醇-3-激酶 (PI3K)/蛋白激酶 B (AKT)、核因子 (NF)- κ B 等信号通路, 分子对接验证显示各关键活性成分与核心靶点的结合力均较强。结论: 浆乳方通过荷包牡丹碱、表小檗碱、亚麻酸乙酯、察克素、5,7,4'-三羟基-8-甲基二氢黄酮等活性成分作用于 TNF、IL-6、STAT3、IL-1 β 、EGFR 等核心靶点, 调控糖尿病并发症中的 AGE-RAGE、癌症、脂质与动脉粥样硬化、PI3K/AKT、NF- κ B 等信号通路治疗 PCM。

[关键词] 浆细胞性乳腺炎; 浆乳方; 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 (2025) 23-0190-07

DOI: 10.13457/j.cnki.jncm.2025.23.033

Analysis on the Mechanism of Jiangru Prescription in Treating Plasma Cell Mastitis
Based on Network Pharmacology and Molecular Docking Technology

YANG Wenshi, ZHANG Fengfeng, ZHANG Yan, ZHUANG Kechuan

Tengzhou Central People's Hospital, Tengzhou Shandong 277500, China

[收稿日期] 2025-05-12

[修回日期] 2025-11-19

[基金项目] 2024 年枣庄市科技创新工程 (科技发展计划) 项目 (2024NS86); 2024 年山东省中医药科技项目 (MR20240402); 2023 年齐鲁扁鹊中医药人才培养项目

[作者简介] 杨汶士 (1987-), 男, 副主任医师, E-mail: yangwenshibisheng@163.com。

[通信作者] 庄克川 (1989-), 男, 副主任医师, E-mail: 475987244@qq.com。

Abstract: Objective: To explore the mechanism of Jiangru Prescription in treating plasma cell mastitis (PCM) based on network pharmacology and molecular docking technology. **Methods:** The main active components of Jiangru Prescription and their target genes were obtained from the Traditional Chinese Medicines Systems Pharmacology Database and Analysis Platform (TCMSP) and the target genes were corrected using the UniProt database. Disease-related targets of PCM were acquired from databases including GeneCards, DrugBank and DisGeNET. The intersection between active component targets and disease-related targets yielded the therapeutic target genes of Jiangru Prescription for PCM. Cytoscape 3.10.0 software was employed to construct a Jiangru Prescription-active components-disease-targets network. Protein-protein interaction (PPI) network analysis of the medicinal-disease intersection targets was conducted using the STRING database; Gene Ontology (GO) functional enrichment analysis and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway enrichment analysis of PPI network targets were performed using the DAVID database and the Microbioinformatics database. Finally, molecular docking validation was conducted on the obtained active components of medicine and core targets. **Results:** Through the TCMSP database, 167 active components and 911 targets of active ingredients of Jiangru Prescription and 295 disease targets of PCM were screened out. Analysis on medicinal-disease targets revealed 44 common targets between Jiangru Prescription and PCM. The Jiangru Prescription-active components-disease-targets network showed that active components with higher degree values included bicuculline, epiberberine, linolenic acid ethyl ester and chaksine. The top 10 targets with higher degree value were tumor necrosis factor (TNF), interleukin (IL)-6, signal transducer and activator of transcription 3 (STAT3), IL-1 β , epidermal growth factor receptor (EGFR), intercellular cell adhesion molecule-1 (ICAM1), C-X-C motif chemokine ligand 8 gene (CXCL8), toll-like receptor 4 (TLR4), estrogen receptor 1 (ESR1) and cyclin D1 (CCND1). GO enrichment analysis showed that it mainly involved signal transduction, inflammatory response, positive regulation of MAP kinase activity, positive regulation of gene expression, etc. KEGG enrichment analysis showed that it mainly involved receptor for advanced glycation end products (AGE)-receptor for AGE (RAGE), cancer, lipid and atherosclerosis, phosphoinositide 3 kinase (PI3K)/protein kinase B (AKT), nuclear factor (NF)- κ B and other signaling pathways in diabetic complications. Molecular docking validation showed that the key active components had strong binding affinity with core targets. **Conclusion:** Jiangru Prescription for PCM acts on core targets such as TNF, IL-6, STAT3, IL-1 β , and EGFR through active components such as bicuculline, epiberberine, ethyl linolenate, chaksine, and 5, 7, 4'-trihydroxy-8-methylhydroflavone, and regulates AGE-RAGE, cancer, lipid and atherosclerosis, PI3K/AKT, NF- κ B and other signaling pathways in diabetic complications.

Keywords: Plasma cell mastitis; Jiangru Prescription; Network pharmacology; Molecular docking; Mechanism

浆细胞性乳腺炎(PCM)是一种慢性非细菌性乳腺炎症,可表现为乳腺炎性肿块、乳头溢液、乳腺疼痛等症状,日久可形成乳腺脓肿,甚至破溃,具有病程漫长、治愈难度大且容易复发等特点^[1]。其临床表现复杂多变,一旦发生破溃,伤口可能长时间难以愈合,病程可能持续数月甚至数年,对乳房的损伤相对严重,一直是治疗良性乳腺疾病中的一个难题,因此被称为“炎症中的癌症”^[2]。国内PCM占乳腺良性病变的发生率可达7.5%^[3],但随着人们生活习

惯的改变及生活工作压力的增加,PCM发病率呈逐年增长趋势。中医药治疗本病有良好的疗效,经过长期的经验积累,基本形成分期论治、内外合治的中医特色疗法。根据PCM中医病因病机,方选浆乳方以疏肝理气、化痰散结、清热解毒^[4]。浆乳方共包含3个药组:柴胡、芍药、枳实、郁金疏肝郁,黄芩、栀子、蒲公英泻火解毒,连翘、瓜蒌、浙贝母散结软坚。现代研究表明,浆乳方治疗PCM具有良好的临床疗效,可缩短治疗时间,减少复发,更好

保持良好的乳房外形^[5],但其具体的分子作用机制尚不明确。因此,本研究基于网络药理学方法分析浆乳方治疗 PCM 潜在的活性成分、靶点及信号通路,并通过分子对接技术验证活性成分与核心靶点的结合能力,为今后的临床诊疗及科研提供理论依据。

1 资料与方法

1.1 浆乳方活性成分及作用靶点筛选 通过中药系统药理学数据库与分析平台(TCMSP)检索浆乳方中 10 味中药:柴胡、白芍、枳实、郁金、黄芩、栀子、蒲公英、连翘、瓜蒌、浙贝母,以口服生物利用度(OB)≥30%,类药性指数(DL)≥0.18 为筛选标准,进行每味中药活性成分的初步筛选;蒲公英在 TCMSP 中未检索到,通过中医药综合数据库(TCMID)检索。寻找的活性成分利用 SwissTargetPrediction 数据库获取并筛选 Probability>0 的靶点。

1.2 PCM 靶点筛选 以“plasma cell mastitis”作为关键词,在 Genecards、OMIM 数据库中检索查询并汇总,删除重复结果即为 PCM 相关预测靶点。

1.3 浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络构建 PCM 的靶点基因与浆乳方靶点基因取交集并绘制韦恩图,明确两者间的共同靶点,获得浆乳方治疗 PCM 的作用靶点。利用 CytoScape 3.10.2 软件绘制浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图,并结合中心度值进行可视化分析,度值越大,表示其在网络中的作用越显著。

1.4 蛋白质互作(PPI)网络构建 将 1.3 所获得的交集靶点基因导入 STRING 数据库构建 PPI 网络模型,其生物种类设定为“Homo sapiens(人类)”,最小互相作用阈值设定为“high confidence(高等)”(>0.9),得到相应的 PPI 网络图。之后通过 CytoScape 3.10.2 对 PPI 网络进行处理及进一步分析,并得到关键靶点。

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 将 PPI 网络靶点录入 David 数据库获取富集分析汇总表,利用微生物数据库对交集靶点进行 GO 分析,包括生物学过程(BP)、细胞组成(CC)、分子功能(MF)及 KEGG 通路富集分析,并将数据进行可视化处理。

1.6 分子对接验证 将 PPI 网络中度值最高的前 4 个靶点作为受体,以浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图中的前 4 个活性成分作为配体,对两者进行结合力预测,结合能数值越低表明结合能力越好,受体与配体结合构象越稳定。

2 结果

2.1 浆乳方活性成分 检索 TCMSP、TCMID 数据库获得浆乳方 10 味中药的有效活性成分 167 种,共获得 9 844 个对应靶点,去除重复后得到 911 个化合物靶点。

2.2 PCM 靶点及交集靶点 见图 1。运用 Genecards、OMIM 数据库平台,获得 PCM 相关靶点基因 295 个,与浆乳方 911 个靶点基因取交集,得到 44 个交集靶点。

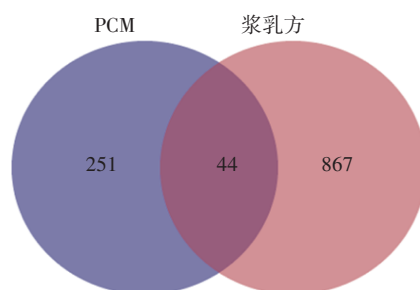


图1 浆乳方与 PCM 靶点基因韦恩图

2.3 浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图 见图 2。基于 CytoScape 3.10.2 软件绘制浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图,该网络图中共包含 198 个节点,830 条边,其中疾病节点 1 个,药物节点 10 个,活性成分节点 143 个,靶点节点 44 个。度值较高的活性成分包括荷包牡丹碱、表小檗碱、亚麻酸乙酯、察克素,度值较高的靶点蛋白包括 CYP19A1、EGFR、ESR1、CDK1、MPO 等,上述活性成分和靶点是浆乳方治疗 PCM 的中药活性成分和靶点基因。

2.4 PPI 网络 见图 3。将交集靶点导入 STRING 数据库构建 PPI 网络,通过 CytoScape 3.10.2 对 PPI 网络进行可视化处理,有 43 个节点,334 条边,节点代表靶蛋白,边指靶点蛋白之间相连并得到重要靶点,度值较高的前 10 个靶点为肿瘤坏死因子(TNF)、白细胞介素(IL)-6、信号转导与转录激活因子 3(STAT3)、IL-1β、表皮生长因子受体(EGFR)、细胞间黏附分子 1(ICAM1)、趋化因子配体 8(CXCL8)、Toll 样受体 4(TLR4)、雌激素受体 1(ESR1)、细胞周期素 D1(CCND1)。

2.5 GO 功能分析结果 见图 4。GO 富集分析 BP 相关条目为 248 条,主要涉及信号转导炎症反应、细胞外信号调节(MAP)激酶活性的正向调控、基因表达的正向调控、丝裂原活化蛋白激酶(MAPK)级联的正

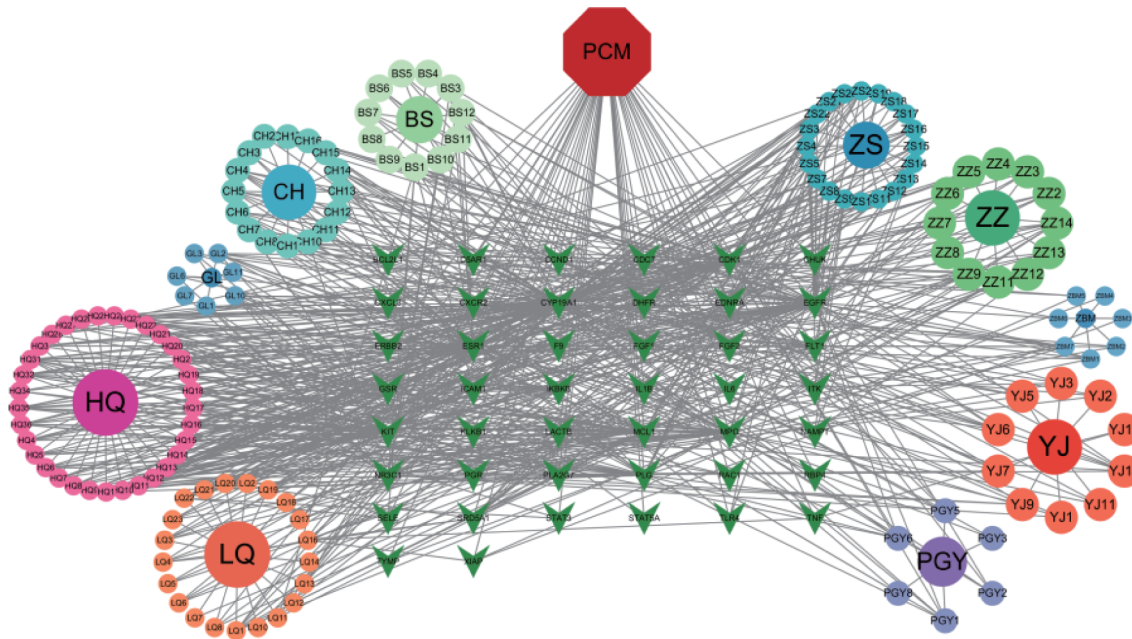


图2 浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络图

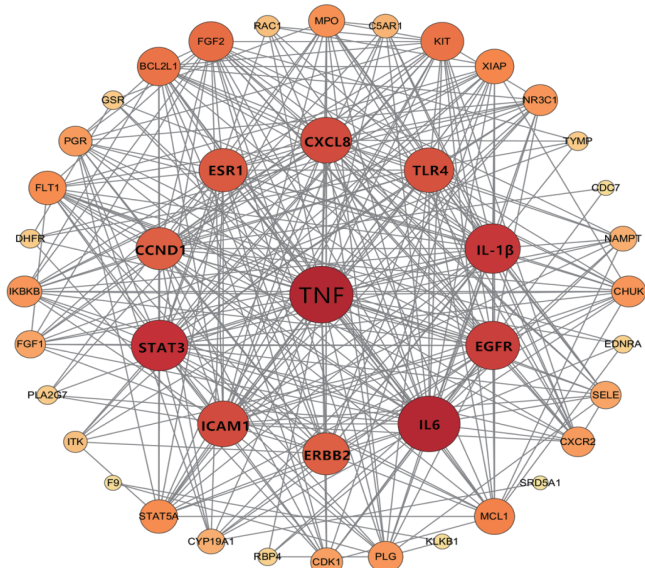


图3 浆乳方治疗PCM潜在靶点PPI网络图

向调控；CC相关条目为25条，主要涉及细胞外空间、质膜外表面、细胞质基质、膜筏、受体复合体等细胞组成及部位；MF相关条目57个，主要涉及相同蛋白质结合、蛋白激酶活性、跨膜受体蛋白酪氨酸激酶活性、蛋白激酶结合、组蛋白H2AXY142激酶活性。

2.6 KEGG通路富集分析结果 见图5。KEGG通路富集分析得到100条信号通路($P < 0.05$)，依据 P 值的显著性水平，显著富集于糖尿病并发症中的晚期

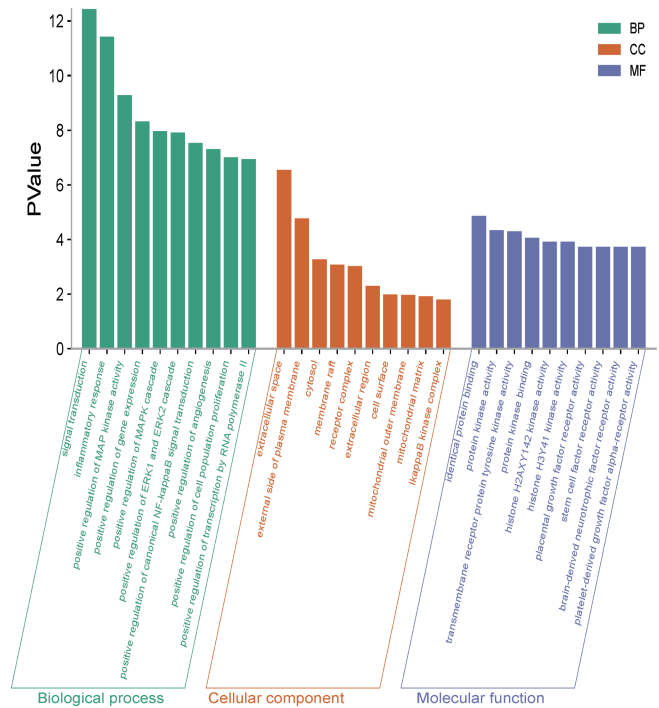


图4 GO富集分析结果

糖基化终末产物-受体(AGE-RAGE)、癌症、脂质与动脉粥样硬化、磷脂酰肌醇3-激酶(PI3K)/蛋白激酶B(AKT)、核因子(NF)- κ B等信号通路。

2.7 分子对接验证 见表1。除亚麻酸乙酯以外，关键活性成分荷包牡丹碱、表小檗碱、察克素、5, 7,4'-三羟基-8-甲基二氢黄酮与核心靶点TNF、IL-6、STAT3、IL-1 β 、EGFR分子对接结合能均 < -5 kcal/mol，

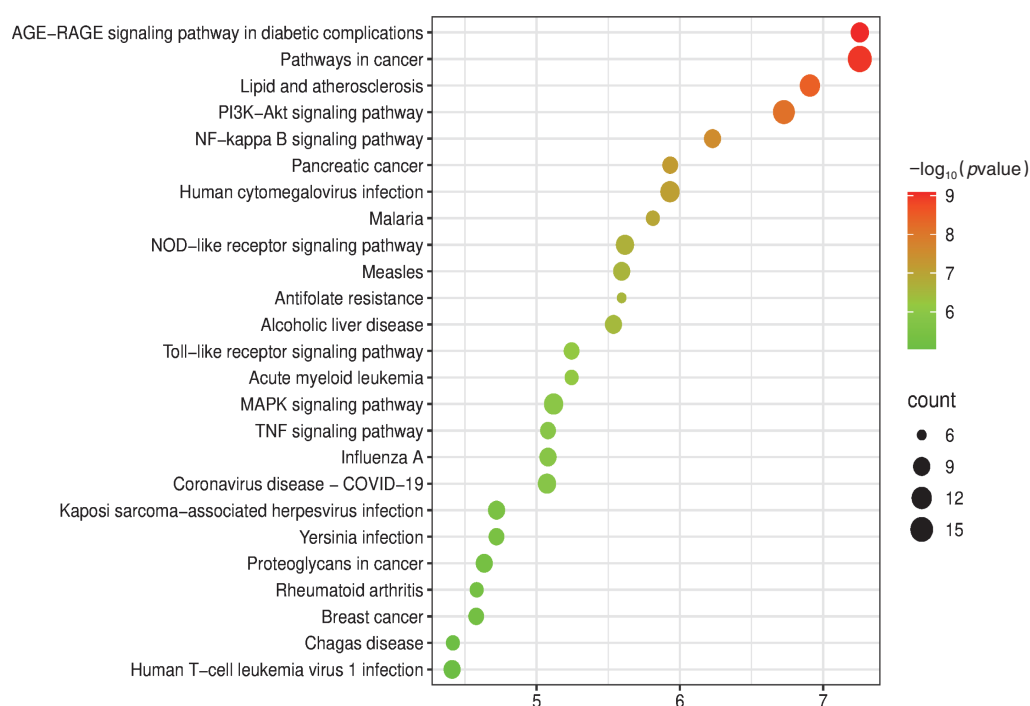
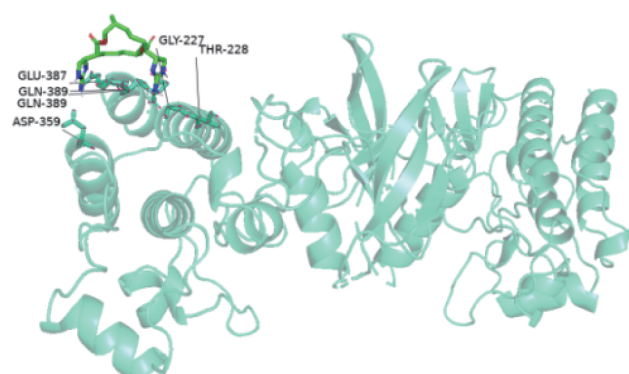


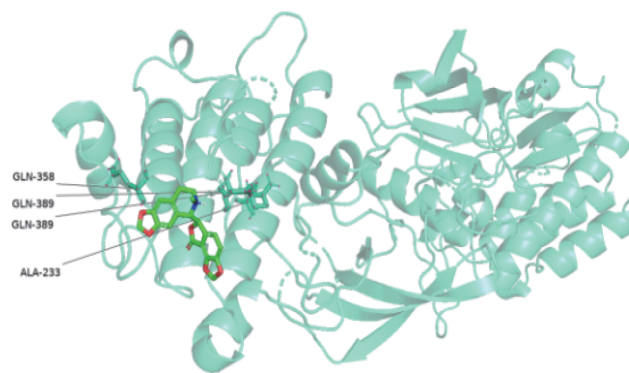
图5 KEGG通路富集分析结果

表1 活性成分与核心靶点分子对接结合能 kcal/mol

核心靶点	关键活性成分				
	荷包牡丹碱	表小檗碱	亚麻酸乙酯	察克素	5,7,4'-三羟基-8-甲基二氢黄酮
TNF	-6.22	-5.80	-2.28	-7.28	-6.18
IL-6	-5.52	-5.40	-3.76	-5.68	-5.81
STAT3	-6.99	-6.99	-2.39	-7.12	-5.96
IL-1 β	-6.94	-6.02	-4.93	-7.43	-5.55
EGFR	-7.50	-7.14	-3.54	-7.54	-6.57



察克素-EGFR



荷包牡丹碱-EGFR

图6 分子对接模式图

说明结合性能良好。选取结合能最小的2个组合作分子对接三维图，见图6。

3 讨论

PCM是发生在非哺乳期的非细菌性炎症病变，偶尔见于男性，属于自身免疫性疾病^[6]。近年来发病率呈上升趋势，其病因尚未明确，可能与先天性乳头畸形或发育不良、乳腺损伤、内分泌失调和自身免疫功能紊乱等多种因素有关，由于其临床表现缺乏特异性，容易被误诊误治，常与乳腺癌等疾病相混淆^[7]。现代医学对于PCM治疗主要采用抗生素、抗分枝杆菌药物、糖皮质激素和手术等治疗方法，虽有一定临床疗效，但药物不良反应、复发、术后乳房外形损伤严重损害了患者的身心健康^[6]。近代中医学顾伯华在《实用中医外科学》中首次将PCM

定义为粉刺性乳病，并认为与肝、脾等脏器相关，病因病机为先天乳头凹陷，或因情志不遂，造成肝

失疏泄,气机不行,营血不从,气滞血瘀,经络阻滞,凝聚成块;肝郁日久化热,蒸酿肉腐从而形成脓肿,脓肿溃后因气血不足易形成瘰。第七版《中医外科学》基于这一认识,将PCM分为肝经郁热证和正虚邪滞证^[9]。中医对PCM有较好的治疗效果,在治疗过程中辨证论治的同时结合外治法加快该病的恢复进程。

浆乳方以疏肝清热为基础,配以活血散结,主要由柴胡、栀子、黄芩、瓜蒌等组成。本研究基于TCMSP、TCMID数据库获取浆乳方活性成分167种,对应911个化合物靶点。在浆乳方-活性成分-疾病-靶点网络中,度值较高的活性成分为荷包牡丹碱、表小檗碱、亚麻酸乙酯、察克素,为治疗PCM的关键活性成分。荷包牡丹碱为中枢性抑制性递质 γ -氨基丁酸(GABA)特异性拮抗剂,研究发现,荷包牡丹碱作为一种直接针对全身性炎症的药物临床试验减少了高血氨大鼠的微胶质细胞激活、星形胶质细胞激活和IL-1 β 水平^[10]。表小檗碱为乙酰胆碱酯酶(AChE)、丁酰胆碱酯酶(BChE)抑制剂、 β -分泌酶1(BACE1)抑制剂。研究发现表小檗碱可通过下调Raf/MEK1/2/ERK1/2和AMPK α /Akt信号通路达到抗病毒、抗炎等作用^[11]。亚麻酸乙酯是一种脂肪酸乙酯(FAEE),其通过阻断NF- κ B/p65和pERK/MAPK通路的激活来减弱炎症反应^[12]。察克素来源于豆科植物,是一种针对链球菌溶血性的抗菌药物^[13]。

PPI网络图提示,浆乳方治疗PCM度值较高的靶点为TNF、IL6、STAT3、IL-1 β 、EGFR。TNF作为免疫系统的关键调节因子,因其显著的促炎特性,临床开发出多种能够中和TNF的药物,并已将这些药物应用于治疗炎症性和自身免疫性疾病的临床实践^[13]。IL-6是一种重要的促炎细胞因子,诱导多种引起急性炎症的蛋白质的表达,并在人类细胞的增殖和分化中起重要作用^[14]。STAT3是一种重要的转录因子,作用于许多细胞因子受体的下游,对于诱导多种促炎和免疫反应至关重要^[15]。IL-1 β 是一种重要的炎症细胞因子,可调节细胞增殖、迁移/侵袭、上皮细胞向间质细胞转化,例如,IL-1 β 对于Th1/Th2细胞免疫反应的调节至关重要^[16]。EGFR是表面受体酪氨酸激酶家族的成员,促进肿瘤血管生成和转移,参与感染的发展过程^[17]。通过上述分析发现,浆乳方治疗PCM主要表现在抗炎、细胞凋亡等方面。分子

对接结果显示,除亚麻酸乙酯以外,关键活性成分与核心靶点的分子对接结合能均 <-5 kcal/mol,具有较好的亲和力。

GO富集分析结果显示浆乳方治疗PCM与信号转导炎症反应、MAP激酶活性的正向调控、基因表达的正向调控、MAPK级联的正向调控有关。为了明确核心靶点参与的主要代谢和信号转导途径,进一步对相关靶点进行KEGG富集分析,结果提示浆乳方活性成分可能主要通过AGE-RAGE、癌症、脂质与动脉粥样硬化、PI3K/AKT、NF- κ B等信号通路发挥作用。AGE-RAGE通路能介导机体内一系列信号级联反应,晚期糖基化终产物(AGEs)结合其受体RAGE后,则导致细胞功能失调、氧化应激和炎症反应^[18]。从作用靶点分析,与AGE-RAGE通路相关的作用靶点为IL-6、CXCL8、IL-1 β 、STAT3、TNF、ICAM1;与癌症通路相关的作用靶点为CXCL8、STAT3、ESR1、EGFR、IL-6、CCND1;与脂质与动脉粥样硬化通路有关的作用靶点为IL-6、CXCL8、IL-1 β 、STAT3、TNF、TLR4、ICAM1;与PI3K/AKT信号通路有关的作用靶点为EGFR、IL6、CCND1、TLR4;与NF- κ B通路有关的作用靶点为CXCL8、IL-1 β 、TNF、TLR4、ICAM1。

综上,本研究基于网络药理学分析出浆乳方治疗PCM的作用机制为核心活性成分荷包牡丹碱、表小檗碱、亚麻酸乙酯、察克素、5,7,4'-三羟基-8-甲基二氢黄酮,作用于关键靶点TNF、IL-6、STAT3、IL-1 β 、EGFR,调控糖尿病并发症中的AGE-RAGE、癌症、脂质与动脉粥样硬化、PI3K/AKT、NF- κ B等信号通路。

[参考文献]

- [1] 阮明辉,姜龙,辛宇,等.浆细胞性乳腺炎的中西医结合治疗进展[J].广州医药,2025,56(1):56-61.
- [2] 乔楠.疏肝散结汤治疗浆细胞性乳腺炎肿块期肝胃郁热证的临床疗效及基于网络药理学的机制研究[D].南京:南京中医药大学,2022.
- [3] JIANG L Y, LI X Y, SUN B R, et al. Clinicopathological features of granulomatous lobular mastitis and mammary duct ectasia[J]. Oncol Lett, 2020, 19(1): 840-848.
- [4] 王慧鑫,秦晔.水调散外敷联合浆乳方治疗浆细胞性乳腺炎初期临床体会[J].亚太传统医药,2020,16(2):85-87.
- [5] 于淼,裴晓华,万华,等.改良中医外治法联合浆乳方内服治疗

- 浆细胞性乳腺炎 119 例临床观察[J]. 中国临床医生杂志, 2021, 49(6): 748-750.
- [6] 杨美宁, 王芳, 红华, 等. 超声引导下穿刺抽液联合真空拔罐与负压封闭引流术治疗瘰管期浆细胞性乳腺炎的临床疗效对比[J]. 分子影像学杂志, 2025, 48(3): 284-289.
- [7] ZHENG Y, WANG L, HAN X, et al. Combining contrast-enhanced ultrasound and blood cell analysis to improve diagnostic accuracy of plasma cell mastitis[J]. *Exp Biol Med*(Maywood), 2022, 247(2): 97-105.
- [8] 顾伯华. 实用中医外科学[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1985.
- [9] 李曰庆. 中医外科学[M]. 北京: 中国中医药出版社, 2002.
- [10] NTULI Y, SHAWCROSS D L. Infection, inflammation and hepatic encephalopathy from a clinical perspective[J]. *Metab Brain Dis*, 2024, 39(8): 1689-1703.
- [11] ZHANG S X, ZHANG S, ZHANG Y, et al. Activation of NRF2 by epiberberine improves oxidative stress and insulin resistance in T2DM mice and IR-HepG2 cells in an AMPK dependent manner[J]. *J Ethnopharmacol*, 2024, 327: 117931.
- [12] QIAN Z, WU Z, HUANG L, et al. Mulberry fruit prevents LPS-induced NF- κ B/pERK/MAPK signals in macrophages and suppresses acute colitis and colorectal tumorigenesis in mice[J]. *Sci Rep*, 2015, 5: 17348.
- [13] AHMAD S, HASSAN A, ABBASI W M, et al. Phytochemistry and pharmacological potential of *Cassia absus*-a review[J]. *J Pharm Pharmacol*, 2018, 70(1): 27-41.
- [14] FISCHER R, KONTERMANN R E, PFIZENMAIER K. Selective Targeting of TNF Receptors as a Novel Therapeutic Approach[J]. *Front Cell Dev Biol*, 2020, 8: 401.
- [15] PANDEY P, AL RUMAIH Z, KELS M J T, et al. Targeting ectromelia virus and TNF/NF- κ B or STAT3 signaling for effective treatment of viral pneumonia[J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2022, 119(8): e2112725119.
- [16] GUO J, ZHAO J, TIAN P, et al. BaP/BPDE exposure causes human trophoblast cell dysfunctions and induces miscarriage by up-regulating lnc-HZ06-regulated IL1B[J]. *J Hazard Mater*, 2024, 476: 134741.
- [17] 周迪, 王国忠, 尹先哲. 组织 p53、EGFR 与炎症因子水平在肺癌术后感染中的变化及意义[J]. *热带医学杂志*, 2024, 24(6): 851-854, 917.
- [18] 姜黎雷, 徐进胜, 郑笑. 桔梗元参汤加减在 AGE-RAGE 信号通路介导的过敏性鼻炎治疗中的作用研究[J]. *中华中医药学刊*, 2025, 43(4): 205-208.

[责任编辑: 钟志敏, 蒋维超(英文)]