

网络药理学视角下中药治疗支气管哮喘应用与发展探讨

李嘉欣¹, 王 娇^{2*}, 王显鹤², 孟祥宇¹

¹佳木斯大学临床医学院, 黑龙江 佳木斯

²佳木斯大学附属第一医院儿科, 黑龙江 佳木斯

收稿日期: 2025年12月13日; 录用日期: 2026年1月7日; 发布日期: 2026年1月19日

摘要

支气管哮喘作为全球高发的慢性气道炎症性疾病, 其传统西药治疗的长期安全性与耐药性局限日益凸显。中医药凭借多成分、多靶点的整体调节优势, 在哮喘控制中展现出独特潜力, 而网络药理学为解析其复杂机制提供了关键方法论支撑。网络药理学在分析多成分多靶点药物以揭示中药在分子水平上的潜在治疗机制及效应成分方面显示出独特的效果, 为从整体角度理解中医药提供了新的方法论视角。本文综述网络药理学在中医药治疗支气管哮喘中的应用现状与发展趋势, 为相关研究的技术创新与临床转化提供理论参考。

关键词

网络药理学, 支气管哮喘, 中药复方, 作用机制

Discussion on the Application and Development of Traditional Chinese Medicine in the Treatment of Bronchial Asthma from the Perspective of Network Pharmacology

Jiaxin Li¹, Jiao Wang^{2*}, Xianhe Wang², Xiangyu Meng¹

¹School of Clinical Medicine, Jiamusi University, Jiamusi Heilongjiang

²Department of Pediatrics, The First Affiliated Hospital of Jiamusi University, Jiamusi Heilongjiang

*通讯作者。

文章引用: 李嘉欣, 王娇, 王显鹤, 孟祥宇. 网络药理学视角下中药治疗支气管哮喘应用与发展探讨[J]. 临床医学进展, 2026, 16(1): 1606-1614. DOI: 10.12677/acm.2026.161204

Received: December 13, 2025; accepted: January 7, 2026; published: January 19, 2026

Abstract

Bronchial asthma, as a chronic airway inflammatory disease with a high incidence worldwide, the long-term safety and drug resistance limitations of traditional Western medicine treatment have become increasingly prominent. Traditional Chinese medicine, with its comprehensive regulatory advantages of multiple components and multiple targets, has demonstrated unique potential in the control of asthma, and network pharmacology provides key methodological support for understanding its complex mechanisms. Network pharmacology has demonstrated unique effects in analyzing multi-component and multi-target drugs to reveal the potential therapeutic mechanisms and effector components of traditional Chinese medicine at the molecular level, providing a new methodological perspective for understanding traditional Chinese medicine from an overall perspective. This article reviews the current application status and development trend of network pharmacology in the treatment of bronchial asthma with traditional Chinese medicine, providing theoretical references for technological innovation and clinical transformation of related research.

Keywords

Network Pharmacology, Bronchial Asthma, Traditional Chinese Medicine Compound, Mechanism of Action

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

支气管哮喘是一种以慢性气道炎症、高反应性及气道重塑等为特征的复杂疾病，是全球常见慢性呼吸道疾病，其病因涉及遗传、环境、免疫等多因素相互作用。现代药物虽能控制症状，但长期使用的副作用和潜在耐药性促使寻求更安全的替代疗法。中医药在哮喘防治中历史悠久，通过辨证施治展现独特优势，但其协同机制需深入阐明。网络药理学作为新兴交叉学科，整合多学科方法系统性研究药物作用机制，有力推动了中医药现代化[1]。本文旨在从网络药理学视角，系统评价中药治疗支气管哮喘的疗效与机制，为后续研究提供支持。

2. 网络药理学的研究路径与技术框架

2.1. 定义与方法

网络药理学是在系统生物学理论的基础上，灵活运用计算生物学与生物信息学等多学科技术后，以药物、疾病、蛋白质等各种生物实体为节点，以各种生物实体间的相互作用为边，构建复杂网络，以此绘制“药物 - 靶点 - 疾病”网络，进而从整体分析药物对疾病的治疗作用，做出科学全面的疗效评价的一门交叉学科，该学科于 2007 年由 Hopkins 在发表的相关论文中正式提出，自 2008 年开始的 7 年时间里飞速发展，相关研究成果不断涌现，迄今为止，网络药理学在药物研发、疾病机制研究及精准医疗等领域均有较高应用优势。中医药研究中，常常需要处理大规模且复杂的多组学数据，如基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学等。网络药理学通过整合这些多组学数据，可以全面解析中药的多层次生

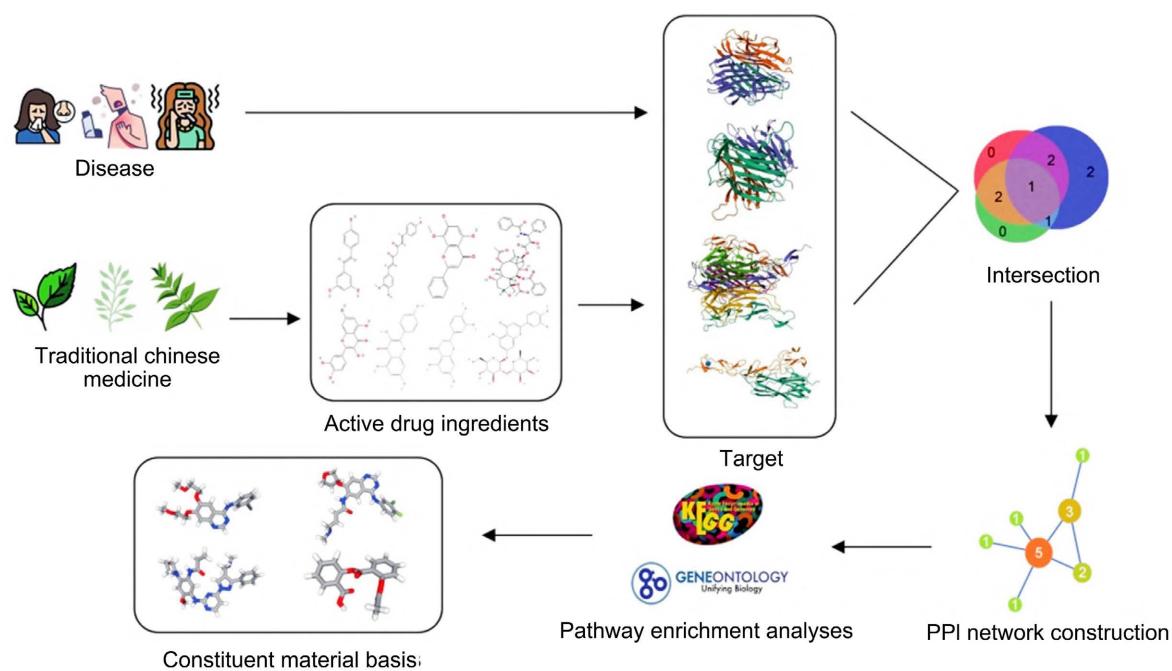
物理学效应。

2.2. 工具与数据库

网络药理学研究高度依赖专业化的计算工具和全面的生物医学数据库来构建、分析和解读复杂的“药物 - 靶点 - 疾病”网络。核心可视化工具如 Cytoscape 和 STRING 被广泛应用于网络的可视化构建、拓扑属性分析及关键模块识别。数据支撑则来源于多个关键数据库：中药系统药理学数据库(TCMSP)提供了详尽的药物化学成分、ADME(吸收、分布、代谢、排泄)属性及潜在靶点预测信息；人类基因综合数据库 Gene Cards 和在线孟德尔遗传数据库(OMIM)则分别整合了基因、蛋白功能注释及其与人类疾病(包括哮喘)的关联信息，是挖掘疾病靶点的重要来源[2]。这些工具与数据库共同构成了网络药理学在中药治疗支气管哮喘机制研究中的基础设施，为挖掘中药活性成分、预测作用靶点、解析调控通路提供了不可或缺的数据资源和分析方法学支撑。

2.3. 中药研究中网络药理学技术的应用

网络药理学在中医药研究中的一个重要应用是靶点预测和作用机制解析。通过构建药物 - 靶点 - 疾病的网络模型，揭示中药复方中各成分的潜在靶点及其相互作用关系。例如，利用网络药理学方法，研究人员可以预测中药复方中活性成分对特定疾病的多靶点调控机制，从而为临床应用提供科学依据。此外，网络药理学在中药的重定位和新药研发方面发挥重要作用。通过数据挖掘和网络分析筛选出具有潜在治疗价值的中药成分，并进一步进行实验验证。通过网络药理学分析，可以发现某些传统中药中的活性成分具有抗癌、抗炎或抗病毒等多种药理作用，为新药研发提供了新的思路。在中医药研究中，常常需要处理大规模且复杂的多组学数据，如基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学等。网络药理学通过整合这些多组学数据，可以全面解析中药的多层次生物学效应。



图片来源：Iconfinder 平台免费下载。

Figure 1. Flowchart of the application of network pharmacology in traditional Chinese medicine research
图 1. 网络药理学在中医药研究中的应用流程图

如图1所示为网络药理学在中医药研究中的应用流程，研究通常从中医疾病理论或特定中药/复方出发，首先聚焦于其中的活性药物成分，明确其发挥药效的物质基础；进而识别这些活性成分作用的生物靶点，并通过构建蛋白质-蛋白质相互作用(PPI)网络揭示靶点间的复杂关联；最后，结合通路富集分析解析关键靶点的功能，并通过对成分、靶点及通路等多维数据的交集整合，系统阐释中药多成分、多靶点、多通路协同作用的整体机制。

3. 中药治疗哮喘的网络药理学机制及多维评价

3.1. 常用中药及活性成分

3.1.1. 常用中药及其成分

中药治疗支气管哮喘的物质基础源于其特异性活性成分，这些成分构成疗效发挥的化学核心。王珂欣等人[3]在研究中指出，中药对支气管哮喘有积极的治疗作用，其中麻黄、黄芪、杏仁等中药是治疗支气管哮喘的常用药物，麻黄中的麻黄碱具有支气管扩张作用，可用于缓解支气管哮喘症状；黄芪是一种常见的补气药物，可以增强机体免疫功能，进而改善支气管哮喘患者的整体状况；杏仁中的苦杏仁苷有镇咳和抗炎功效，有助于缓解患者的哮喘症状。同时，邓安妮等人[4]也在研究中指出甘草、白芍等中药对支气管哮喘有显著疗效，甘草的抗炎与调节免疫作用可以减轻患者的气道炎症反应；白芍中的芍药苷有抑制炎症细胞活化和聚集的作用，且能调节机体免疫功能，有效减轻患者疾病的发作程度。

3.1.2. 中药成分对哮喘的影响机制

中药成分通过多靶点干预炎症与免疫失衡，形成针对哮喘病理的协同调控网络。邬霄霞等人[5]在文章中指出中药治疗支气管哮喘疗效显著，究其对哮喘的影响机制，与中药成分的抗炎、调节免疫、舒张支气管平滑肌及抗过敏等作用直接相关。比如麻杏石甘汤含有麻黄、杏仁、石膏、甘草等成分，其中麻黄含有的麻黄碱可以作用于支气管平滑肌的 β_2 -肾上腺素受体，从而使支气管平滑肌松弛，进而改善气道通气功能，减轻哮喘患者的喘息症状。严飞飞等人、杨洁等人[6][7]均在研究中提到了小青龙汤中药方剂，该方剂主要成分有麻黄、芍药、炙甘草、五味子等成分，其中芍药中的芍药苷可以调节T淋巴细胞亚群的比例，从而抑制过度的免疫反应，进而减轻支气管哮喘发作的程度和频率。

3.1.3. 中药复方在支气管哮喘中的应用

复方制剂通过“君臣佐使”配伍实现多成分-多靶点协同，是中医药整体治疗观的集中体现。曹悦等人[8]在研究中基于网络药理学对加味止哮平喘汤治疗支气管哮喘的作用机制展开分析，指出中药复方在支气管哮喘中的应用优势显著，可以实现多成分、多靶点的综合治疗。比如加味止哮平喘汤中就加入了麻黄、杏仁、石膏、甘草、葶苈子、苏子等中药，且此中药方剂可以依据患者的具体症状，添加白芍、黄芪等药物，以此达到更显著的疗效。目前，临幊上常见的麻杏甘石汤就是典型的麻黄、杏仁、甘草、石膏复方药剂，它可以有效缓解支气管哮喘患者的喘息症状。

3.2. 中药治疗支气管哮喘的网络药理学分析

哮喘的治疗策略主要是吸入性皮质类固醇、长效 β_2 激动剂和长效毒蕈碱拮抗剂。然而，5%~10%的患者由于诊断不足和不愿使用激素治疗出现无法充分控制的症状，不仅影响生活质量，也造成了严重的经济和社会负担。中医药对哮喘治疗的安全性在大量临床研究中均得到证实，因此，利用网络药理学为中医药治疗哮喘找到可能的机制，促进中医药治疗哮喘更好发展十分必要。

3.2.1. 药物-靶点-疾病网络构建

网络药理学通过整合多源数据构建多维互作网络，为解析中药复杂机制提供核心方法论支撑。

Hongjin Wu 等人[9]在研究中发现，网络药理学通过构建“药物 - 靶点 - 疾病”网络，可以将中药成分与支气管哮喘相关靶点间的复杂关系清晰呈现。例如，小青龙汤是目前广泛应用于支气管哮喘的中药复方，其成分中的黄麻、桂枝等与 IL-6、TNF- α 等炎症因子的哮喘相关靶点存在相互作用，此时，“药物 - 靶点 - 疾病”网络可清晰呈现麻黄等中药成分调节靶点缓解哮喘症状的作用机制。在构建“药物 - 靶点 - 疾病”网络时，应按照提取中药活性成分与靶点信息→Venn 图等工具筛选与哮喘相关共同靶点→STRING 数据库构建蛋白质 - 蛋白质相互作用网络→识别出关键靶点与信号通路。

3.2.2. 相关信号通路的分析

信号通路分析是阐明中药抗炎机制的关键环节，它能揭示成分对炎症网络的系统性调控。吴怡等人[10]在研究中发现中药成分一般是通过对 PI3K-Akt、MAPK、IL-17 等信号通路进行调节来发挥抗炎作用。如射干汤通过调节 NF- κ B 信号通路、干预 JAK-STAT 信号通路、影响 MAPK 信号通路等释放炎症因子，对症治疗，减轻气道炎症。Liu 等人[11]进一步揭示玉屏风散的 35 个活性成分(槲皮素、山柰酚和汉黄芩素为核心)通过调控 87 个靶点，经 PI3K/AKT、IL-17 和 TNF- α 通路减轻气道炎症；Zhang 等人[12]对寒喘祖帕颗粒的 56 个化合物分析表明，其 18 个活性成分作用于 68 个靶点，通过抑制 PI3K/AKT 和 Fc ϵ RI 通路显著缓解卵清蛋白诱导的炎症反应。此外，基因本体(GO)和京都基因与基因组百科全书(KEGG)富集分析也被广泛应用到信号通路的分析中，从而识别出更多与支气管哮喘发作相关的信号通路，为新药研发提供数据支持。

3.2.3. 中药成分与疗效的关联

明确活性成分与临床疗效的因果关系，是推动中药精准治疗的核心突破点。黄帅阳等人[13]在研究中发现，通过系统评估中药成分的生物活性，可以知晓其在哮喘治疗中发挥的具体作用。比如中药复方中常用的甘草成分，其中蕴含的甘草酸可以抑制气道中的嗜酸炎症反应，麻黄中的麻黄碱则可以改善肺功能。高诗宇等人[14]在研究中也提到分子对接技术可以验证中药成分与靶点的结合能力。如缓哮六安煎中的麻黄成分经过分子对接技术分析，可知其麻黄碱、伪麻黄碱等成分与 β -肾上腺素受体等靶点对接，可以在激活腺苷酸环化酶时升高细胞内的 cAMP 水平，从而使气道平滑肌松弛，进而达到平喘疗效。

3.3. 临床疗效的多维评价

从分子机制到临床转化的完整证据链临床疗效的评价不应是孤立指标的罗列，而应是前文所述分子机制在患者层面的最终体现。一个完整的证据链，应当从网络药理学预测的核心通路出发，贯穿动物实验的验证，最终落脚于临床试验中患者症状与客观指标的改善。以下以加味止哮平喘汤为例，阐述其从网络预测到临床验证的转化路径。

3.3.1. 网络预测：锁定核心调控通路

基于网络药理学分析，止哮平喘汤(含麻黄、杏仁、石膏、甘草、葶苈子、苏子等)被预测通过多成分、多靶点、多通路协同治疗支气管哮喘[8]。其核心机制被锁定为对 Th1/Th2 免疫失衡的调节。网络模型显示，方中的活性成分(如麻黄碱、芍药苷、甘草酸等)可能通过作用于 IL-4、IL-5、IL-13 等 Th2 型细胞因子相关的靶点，并影响 PI3K-Akt、JAK-STAT 等关键信号通路，从而抑制过度的 Th2 免疫反应，促进 Th1/Th2 平衡恢复[10]。

3.3.2. 动物实验：验证细胞因子与病理改善

在卵清蛋白(OVA)诱导的过敏性哮喘动物模型中，止哮平喘汤的疗效得到了验证。研究发现，经该方剂干预后，模型豚鼠支气管肺泡灌洗液(BALF)中的嗜酸性粒细胞计数显著降低，血清中 Th2 型细胞因子

IL-4 的水平明显下降, 而 Th1 型细胞因子 IFN- γ 的水平则有所上升[15]。这直接证实了该方剂在体内具有调节 Th1/Th2 平衡、减轻气道炎症的作用, 与网络药理学的预测高度吻合。同时, 肺组织病理学检查显示, 气道黏膜炎症浸润、黏液分泌及气道重塑等病理改变均得到显著改善。

3.3.3. 临床转化: 实现免疫指标与肺功能的协同提升

在临床试验中, 支气管哮喘经过治疗后的临床症状是否得到有效缓解是重要的疗效评估指标, 可通过评估喘息、呼吸急促、咳嗽及胸闷等临床症状的缓解程度评估, 确定临床疗效[16]。加味止哮平喘汤的治疗效果最终体现在患者综合获益上。患者的临床症状, 如喘息、胸闷、咳嗽等得到显著缓解, 哮喘控制测试(ACT)评分和生活质量问卷(AQLQ)评分均有统计学意义上的改善。除了主观症状, 客观的肺功能指标是衡量哮喘控制水平和治疗反应的核心依据[17]。客观的生理功能检测显示, 患者的用力呼气量(FEV1)、最大呼气流量(PEF)等肺功能指标明显提升。支气管哮喘疗效中, 炎症指标与生物标志物起到关键作用[18]。对患者外周血的免疫指标检测发现, 其血清中炎症因子, 如 Th1 型细胞因子 TNF- α 、Th2 型细胞因子 IL-8 水平显著降低[19], 这与动物实验的结果一致, 构成了从“网络预测通路”到“动物实验验证”再到“临床免疫指标改善”的完整证据链, 有力地证明了加味止哮平喘汤通过调节 Th1/Th2 平衡治疗支气管哮喘的科学性与有效性。

4. 挑战与未来方向

网络药理学在揭示中药治疗支气管哮喘的复杂机制方面已展现出巨大潜力, 但其发展仍面临若干核心科学问题的制约。

4.1. 当前局限

4.1.1. 复方成分相互作用的“黑箱”问题

中药复方并非多种成分的简单叠加, 其“君臣佐使”的配伍理论蕴含着复杂的协同或拮抗效应, 这构成了网络药理学解析机制的首要障碍。现有数据库和算法大多基于“成分 - 靶点”的线性对应, 难以动态模拟复方内成分间的相互作用。例如, 麻杏石甘汤中麻黄、杏仁、石膏、甘草的配伍, 其整体疗效远超各成分独立作用之和, 但现有模型难以量化这种增效或减毒的内在联系, 导致预测的核心靶点(如 PDK1、Akt)在实验验证时常与模型预测不符, 严重阻碍了结果的临床转化潜力。

4.1.2. 从网络拓扑到药效定量的跨越

网络药理学擅长构建复杂的“药物 - 靶点 - 疾病”互作网络, 并通过拓扑分析(如度中心性、中介中心性)识别关键节点。然而, 这种基于连接性的重要性排序, 并不能直接等同于药效的强弱。一个靶点在网络中的核心地位, 与其被调控后产生的生物学效应(如气道炎症减轻程度、肺功能改善值)之间缺乏量化的桥梁。例如, 泻白散研究虽鉴定出大量成分和靶点, 但分子对接显示核心成分桑甘素的作用强度远超其他成分, 凸显了药材差异对关键成分浓度和作用的影响。如何从复杂的网络拓扑结构中, 精准预测并量化最终的药效, 是当前亟待突破的瓶颈。

4.1.3. 跨学科技术壁垒与复合型人才短缺

网络药理学要求研究者精通生物信息学、药理学、计算生物学及中医药理论等多领域知识, 但跨学科人才培养滞后与协作机制缺失构成了严峻的瓶颈。这种壁垒导致研究中的理解偏差与效率低下。例如, 构建“药物 - 靶点”网络时, 中医“君臣佐使”配伍理论与网络拓扑分析按连接度排序核心成分的逻辑错位, 可能弱化关键靶点(如 IL-6、VEGFA)的生物学意义。成功案例高度依赖多学科专家的深度协作, 然而, 此类高效跨学科团队在基层科研机构覆盖率极低, 严重制约了该技术在中药复方研究中的广泛应

用和质量提升。

4.2. 创新解决方案与前沿佐证

4.2.1. 多模态数据融合破解“黑箱”

为解析成分间的复杂互作，多模态数据融合策略通过整合高精度分析技术与多组学数据，实现了对中药复方协同机制的深度解析[20]。例如，超高效液相色谱 - 四级杆 - 飞行时间质谱联用技术已成为精准鉴定中药复杂化学成分的关键工具。研究表明，整合基因组学、转录组学与代谢组学等多维度数据，能够系统揭示药用植物活性成分的生物合成与调控网络[20]。以鱼腥草为例，其提取物可通过调节 NF- κ B 等关键炎症通路发挥治疗肺炎的作用[21]。这种“化学成分 - 基因表达 - 代谢物”的多维关联研究范式，为从系统层面理解中药复方的协同作用机制提供了强有力的证据。

4.2.2. 机器学习模型构建“网络 - 药效”桥梁

利用机器学习模型，特别是可解释性 AI (XAI)，是连接网络拓扑与药效定量的关键路径。通过训练算法学习“成分 - 靶点 - 通路”特征与最终生物效应之间的复杂关系，可以预测药效的协同或拮抗关系。例如，基于深度学习算法建立的“成分 - 靶点 - 通路”权重模型，能够通过 SHAP (SHapley Additive ex-Planations)值等可解释性技术，量化特定成分(如槲皮素)对关键信号通路的贡献度，从而清晰揭示复方的起效机制[22]。未来，通过融合 Infomap 等随机游走算法或引入基于关键子图连接性的解释策略，可进一步量化“君 - 臣 - 佐 - 使”配伍成分的网络拓扑权重，实现复方协同机制的数学表征[23]。

4.2.3. 智能算法封装与自动化平台降低技术门槛

为化解跨学科操作壁垒，智能算法封装与自动化工具的开发至关重要。三子养亲汤研究利用 Cytoscape3.7.2 软件建立三子养亲汤“药物 - 活性成分 - 靶点 - 疾病”网络，并进行网络拓扑分析。通过 DAVID 进行基因本体(GO)功能富集分析和 KEGG 通路富集分析，直接识别核心靶点 NCOA2、PTGS2 及 PI3K-Akt 通路，有效避免了手动分析可能带来的误差[24]。目前，更集成的智能化平台正在涌现。例如，山西中医药大学等机构研发的“天然产物 AI 研发平台”(NPAI Engine)，将网络药理学分析、反向虚拟筛选、AI 分子对接等复杂流程封装为一站式在线工具，极大降低了非信息学背景研究者的使用门槛。北京大学等机构建设的高性能计算集群，则为运行这些复杂 AI 模型提供了必需的计算基础设施。结合自动化实验技术(如类器官芯片与液体处理机器人)，有望形成从“智能预测”到“高通量验证”的完整研究闭环，显著提升研究效率与可重复性。

5. 结语

网络药理学为解析中药治疗支气管哮喘的多靶点机制提供了系统方法论，有效衔接了传统中医理论与现代精准医学。研究表明，中药复方通过协同调控炎症通路和免疫平衡，显著改善临床症状及肺功能。然而，当前研究仍受限于成分复杂性导致的数据偏差、验证体系标准化不足，以及跨学科协作壁垒。未来亟需构建中西医融合的知识图谱，结合可解释性 AI 与自动化验证平台，突破机制解析与临床转化的瓶颈。通过深化“计算 - 实验 - 临床”多维整合，网络药理学将加速推动中药复方在哮喘精准治疗中的应用，为全球呼吸疾病防治贡献中国方案。

基金项目

中华中医药学会联合攻关项目：止喘灵口服液对儿童支气管哮喘氧化应激作用机制的基础研究(项目编号：2023DEPLHGG-08)。

参考文献

- [1] 罗景舒, 张诗瑜, 张志杰, 等. 基于网络药理学和分子对接探究国家中药复方专利治疗支气管哮喘核心处方的药效机制[J]. 药物评价研究, 2025, 48(11): 3192-3205.
- [2] Wang, J., Chen, Q., Sheng, R., Li, P., Liu, P., Luo, J., et al. (2023) Integration of Transdermal Chemistry and Network Pharmacology to Decipher the Mechanism of Shexiangzhufeng Analgesic Plaster to Treat Rheumatoid Arthritis. *Phytomedicine*, **108**, Article 154507. <https://doi.org/10.1016/j.phymed.2022.154507>
- [3] 王珂欣, 游志业, 单晓茜, 等. 网络药理学在中医药防治呼吸系统疾病中的应用与创新[J]. 山西大学学报(自然科学版), 2025, 48(2): 302-313.
- [4] 邓安妮, 陈玉, 薛贝贝, 胡金松, 李沁瑶, 李建保, 田金娜. 基于网络药理学及动物实验探讨乌梅丸治疗支气管哮喘的作用[J]. 中成药, 2024, 46(8): 2778-2784.
- [5] 邬霄霞, 李焕敏, 孙丹, 韩耀巍, 李新民. 麻杏石甘汤“异病同治”肺炎支原体肺炎与支气管哮喘的网络药理学机制研究[J]. 天津中医药, 2023, 40(7): 916-924.
- [6] 严飞飞, 何晓娜, 贾圆圆. 小青龙方加减联合特异性免疫治疗小儿过敏性哮喘的疗效及其对肺功能的影响[J]. 亚太传统医药, 2018, 14(3): 181-182.
- [7] 杨洁, 荆新建, 张娟, 王海玲, 黄文通, 魏娜, 张晓英. 小青龙方对支气管哮喘急性发作期 PDCD5 水平的调节作用[J]. 新中医, 2018, 50(3): 67-70.
- [8] 曹悦, 王鹏, 刘施, 杨宏志. 基于网络药理学探讨加味止哮平喘汤治疗支气管哮喘的作用机制[J]. 中国医药科学, 2024, 14(5): 129-132.
- [9] Wu, H., Li, S., Du, X., Zhu, K. and Li, J. (2024) Mechanism of Tonifying Spleen-Lung Recipe in the Treatment of Chronic Bronchitis Based on Network Pharmacology and Observational Data. *Combinatorial Chemistry & High Throughput Screening*, **28**, 478-486.
- [10] 吴怡, 姜鸿, 宋丹君, 尹江涛. 基于网络药理学和分子对接技术探讨射干汤治疗支气管哮喘的作用机制[J]. 时珍国医国药, 2022, 33(6): 1533-1538.
- [11] Liu, X., Yu, Y., Wu, Y., Luo, A., Yang, M., Li, T., et al. (2023) A Systematic Pharmacology-Based *in Vivo* Study to Reveal the Effective Mechanism of Yupingfeng in Asthma Treatment. *Phytomedicine*, **114**, Article 154783. <https://doi.org/10.1016/j.phymed.2023.154783>
- [12] Zhang, Y., Yin, Q., Peng, H., Huang, R., Zhou, J., Liu, L., et al. (2021) Network Pharmacology Analysis and Experimental Validation to Explore the Mechanism of Hanchuan Zupa Granule in Asthma. *Journal of Ethnopharmacology*, **281**, Article 114534. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2021.114534>
- [13] 黄帅阳, 候丹, 黄贵锐, 吕明圣, 弓雪峰, 张诗瑜, 张志杰, 崔红生. 基于网络药理学探讨哮喘宁颗粒治疗支气管哮喘的作用机制及 PI3K/Akt 信号通路验证[J]. 中国实验方剂学杂志, 2022, 28(9): 150-157.
- [14] 高诗宇, 吴力群, 马佳, 李盼盼, 路晨, 聂力. 基于网络药理学和分子对接技术探讨缓哮六安煎治疗儿童支气管哮喘的作用机制[J]. 现代中西医结合杂志, 2022, 31(11): 1513-1520.
- [15] 胡作为. 止哮平喘方对哮喘豚鼠 T 淋巴细胞免疫功能影响的实验研究[D]: [硕士学位论文]. 武汉: 湖北中医药学院, 2002.
- [16] 张贝贝, 曾梦楠, 张钦钦, 王茹, 贾菊芳, 郭彭莉, 刘萌, 冯卫生, 郑晓珂. 基于网络药理学及实验证的“麻黄-葶苈子”药对治疗支气管哮喘的作用研究[J]. 中国中药杂志, 2022, 47(18): 4996-5007.
- [17] Zhang, C., Bian, H., Lv, X., Tan, Y., Han, Y. and Ding, Y. (2025) Exploring the Mechanism of Bupei Decoction in the Treatment of Bronchial Asthma Based on Network Pharmacology and Molecular Docking. *Combinatorial Chemistry & High Throughput Screening*, **28**, 768-780.
- [18] Yu, H., Wei, X., Ding, H., Hu, S., Sun, F., Cao, Z. and Shi, L. (2024) Exploring the Potential Mechanisms of Mahuang Fuzi Xixin Decoction Intreating Elderly Bronchial Asthma through Network Pharmacology, Molecular Docking, and Molecular Dynamics Simulations. *Medicine*, **103**, Article 39921.
- [19] 华文山, 刘宁, 石岫岩, 等. 加味止哮汤结合西医综合疗法治疗支气管哮喘(热哮)急性发作的临床研究[J]. 国际中医中药杂志, 2023, 45(7): 818-822.
- [20] 杨洪军, 张彦琼, 李健, 等. 多组学技术整合在中药研究中的应用进展[J]. 中国中药杂志, 2023, 48(24): 6551-6563.
- [21] 张俊, 柴琳, 刘荣均, 等. 鱼腥草提取物对支原体肺炎小鼠 TLR-2/MyD88/NF-κB 信号通路的影响[J]. 中药材, 2021, 44(9): 2189-2193.
- [22] Tempel, F., Ihlen, E.A.F., Adde, L. and Strümke, I. (2025) Explaining Human Activity Recognition with SHAP: Validating

Insights with Perturbation and Quantitative Measures. *Computers in Biology and Medicine*, **188**, Article 109838.
<https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2025.109838>

- [23] Dai, L.N., Xu, D.H. and Gao, Y.F. (2025) A Graph Neural Network Explainability Strategy Driven by Key Subgraph Connectivity. *Journal of Biomedical Informatics*, **165**, Article 104813. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2025.104813>
- [24] 陈达艳, 顾万红, 马新换. 基于网络药理学和分子对接研究三子养亲汤治疗支气管哮喘的作用机制[J]. 甘肃医药, 2020, 39(12): 1107-1112.