

杨素清教授治疗银屑病用药经验分析

袁 锐*, 孙起超, 高金金, 杨素清, 闫景东[#]

黑龙江中医药大学附属第一医院皮肤科, 黑龙江 哈尔滨

收稿日期: 2026年5月29日; 录用日期: 2026年6月23日; 发布日期: 2026年6月30日

摘 要

目的: 基于数据挖掘与网络药理学方法, 探究杨素清教授治疗银屑病核心处方的潜在分子机制。方法: 收集杨素清教授门诊治疗血瘀型和血热型银屑病完整病案500例, 运用中医传承计算平台进行用药频次、关联规则及聚类分析, 提炼核心处方。通过TCMSP、Herb2.0数据库筛选核心处方活性成分, 利用SWISSTargetsPrediction预测药物靶点, 以GeneCards、OMIM获取银屑病靶点, 取交集后构建PPI网络, 进行GO/KEGG富集分析及分子对接验证。结果: 共获得高频药物58味, 核心处方5个, 以“当归、甘草、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风”为代表。筛选出170个活性成分, 获得441个药物-疾病交集靶点, 核心靶点10个。GO功能主要涉及蛋白磷酸化、炎症反应、细胞增殖与凋亡调控; KEGG通路显著富集于PI3K-Akt、MAPK、Th17分化、IL-17、TNF等信号通路。分子对接显示关键成分与AKT1、SRC等靶点结合能均 <-6.0 kcal/mol。结论: 杨素清教授治疗银屑病核心处方以“祛风解表、养血活血”为配伍特点, 可能通过PI3K-Akt、Th17等多条信号通路发挥“多成分-多靶点-多通路”的协同治疗作用。

关键词

银屑病, 数据挖掘, 网络药理学

Analysis of Professor Yang Suqing's Medication Experience in Treating Psoriasis

Rui Yuan*, Qichao Sun, Jinjin Gao, Suqing Yang, Jingdong Yan[#]

Department of Dermatology, First Affiliated Hospital of Heilongjiang University of Chinese Medicine, Harbin Heilongjiang

Received: May 29, 2026; accepted: June 23, 2026; published: June 30, 2026

*第一作者。

[#]通讯作者。

文章引用: 袁锐, 孙起超, 高金金, 杨素清, 闫景东. 杨素清教授治疗银屑病用药经验分析[J]. 临床医学进展, 2026, 16(7): 75-82. DOI: 10.12677/acm.2026.1672499

Abstract

Objective: To explore the potential molecular mechanisms of the core prescription used by Professor Yang Suqing for treating psoriasis based on data mining and network pharmacology methods. **Methods:** A total of 500 complete medical records of patients with blood-stasis type and blood-heat type psoriasis treated by Professor Yang Suqing in outpatient clinics were collected. The Traditional Chinese Medicine Inheritance Computing Platform was used to conduct frequency analysis, association rule analysis, and cluster analysis of the medicinal herbs, from which core prescriptions were extracted. Active ingredients of the core prescriptions were screened through the TCMSP and Herb2.0 databases. Drug targets were predicted using the SwissTargetPrediction database, and psoriasis-related targets were retrieved from GeneCards and OMIM databases. Intersection targets were obtained to construct a protein-protein interaction (PPI) network, followed by GO/KEGG enrichment analysis and molecular docking validation. **Results:** A total of 58 high-frequency medicinal herbs and 5 core prescriptions were identified, with *Angelica sinensis* (Danggui), *Glycyrrhiza uralensis* (Gancao), *Schizonepeta tenuifolia* (Jingjie), *Scolopendra subspinipes* (Wugong), *Cryptotympana pustulata* (Chantui), and *Saposhnikovia divaricata* (Fangfeng) as representative components. A total of 170 active ingredients were screened, yielding 441 drug-disease intersection targets and 10 core targets. GO functional enrichment analysis was mainly involved in protein phosphorylation, inflammatory response, and regulation of cell proliferation and apoptosis. KEGG pathway analysis showed significant enrichment in the PI3K-Akt, MAPK, Th17 cell differentiation, IL-17, and TNF signaling pathways. Molecular docking demonstrated that the binding energies between key components and targets such as AKT1 and SRC were all < -6.0 kcal/mol. **Conclusion:** The core prescription used by Professor Yang Suqing for treating psoriasis is characterized by the compatibility principle of “dispelling wind and releasing the exterior, nourishing blood and activating blood circulation”. It may exert synergistic therapeutic effects through the “multi-component - multi-target - multi-pathway” mechanism by modulating multiple signaling pathways including PI3K-Akt and Th17 pathways.

Keywords

Psoriasis, Data Mining, Network Pharmacology

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

银屑病是一种由遗传与环境因素共同作用所致的、免疫介导的慢性复发性炎症性皮肤病，我国约有650万患者[1][2]。西医学治疗虽能较快控制症状，但存在价格昂贵、副作用明显、停药后易复发等局限。中医药治疗银屑病具有整体调节、毒副作用低、减少复发等独特优势，但名老中医学术经验多依赖跟师笔记等定性方法传承，主观性强、难以量化推广。

杨素清教授继承并发扬了王玉玺教授“毒”“瘀”理论，创造性提出“毒蕴瘀结”病机学说和“两极阻断”动态模型，确立了“解毒消源，祛瘀截末，辅以防变”的治疗原则[3][4]。其临床经验丰富，用药特色鲜明，但尚缺乏系统量化研究。

网络药理学可从系统生物学层面揭示中药复方“多成分 - 多靶点 - 多通路”的作用模式，为名老中医经验传承提供现代科学阐释[5][6]。本研究首先通过数据挖掘分析杨素清教授治疗血瘀型血热型银屑病500例临床病案，提炼核心处方；进而运用网络药理学方法探究其潜在分子机制，旨在为名老中医学术经

验的科学传承提供可量化的参考依据。

2. 材料与方法

2.1. 临床病案收集与数据挖掘

病例来源与筛选：收集杨素清教授在黑龙江中医药大学附属第一医院门诊治疗银屑病的完整病案。纳入标准：① 符合西医银屑病诊断标准；② 中医辨证为血热证或血瘀证；③ 病历资料完整，包含首诊处方。排除标准：合并严重心、肝、肾功能不全者；妊娠或哺乳期患者；近 4 周内使用过生物制剂者。共纳入血热型血瘀型 500 例。

数据预处理：参照《中华人民共和国药典》(2020 年版)对中药名称进行规范化处理，构建标准化病例数据库。

数据挖掘：采用中医传承计算平台(TCMISS V3.0)。① 用药频次分析：统计每味中药的出现频次及频率；② 关联规则分析：Apriori 算法，支持度 40%，置信度 0.9；③ 聚类分析：k-means 算法(k = 5)。通过上述分析提炼核心处方。

2.2. 网络药理学分析

活性成分筛选：以聚类分析获得的核心处方(处方 1：当归、甘草、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风)为研究对象，运用 TCMSP 及 Herb2.0 数据库筛选活性成分，条件为口服生物利用度(OB)≥ 30%、类药性(DL)≥ 0.18。

靶点预测与交集靶点：借助 SWISSTargetsPrediction 数据库预测活性成分作用靶点。以“psoriasis”为检索词，在 GeneCards 和 OMIM 数据库中获取银屑病相关靶点(Relevance score ≥ 10)。将药物靶点与疾病靶点取交集，获得共同靶点。

PPI 网络与核心靶点：将交集靶点导入 STRING 数据库(置信度 ≥ 0.4)，构建蛋白质相互作用网络，利用 Cytoscape 3.10.3 软件进行拓扑分析，通过 Degree、Betweenness Centrality、Closeness Centrality 筛选核心靶点。

富集分析：利用 DAVID 数据库对交集靶点进行 GO 功能富集分析(包括生物过程 BP、细胞组分 CC、分子功能 MF)和 KEGG 信号通路富集分析，以 P < 0.05 为显著性阈值。

分子对接：选取核心靶点与关键活性成分，使用 AutoDock Vina 软件进行分子对接，以结合能 < -5.0 kcal/mol 作为判断标准，采用 PyMOL 进行可视化。

3. 结果

3.1. 用药规律与核心处方

Table 1. Core prescription
表 1. 核心处方

序号	核心组合	频次
1	当归、甘草、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风	177
2	川芎、当归、甘草、荆芥、蝉蜕、防风	144
3	甘草、白芍、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风	125
4	川芎、当归、甘草、白芍、荆芥、防风	125
5	甘草、荆芥、蝉蜕、金银花、陈皮、防风	101

对 500 例首诊处方进行用药频次统计,共涉及中药 202 味,总频次 8735 次。频率 ≥ 30 次的高频药物共 58 味,累计频次 7715 次,占用药总频次的 88.32%。用药频次前十位的药物依次为:防风(448 次, 5.13%)、荆芥(423 次, 4.84%)、甘草(418 次, 4.79%)、蝉蜕(340 次, 3.90%)、当归(333 次, 3.81%)、川芎(319 次, 3.65%)、白芍(296 次, 3.39%)、蜈蚣(282 次, 3.23%)、地龙(254 次, 2.91%)、龙骨(248 次, 2.84%)。

上述核心处方(见表 1)均以荆芥、防风、蝉蜕等祛风解表药为基本结构,辅以当归、川芎、白芍等养血活血药,体现了杨素清教授“祛风解表、养血活血”的配伍特点。

3.2. 活性成分与药物-疾病交集靶点

以核心处方 1(当归、甘草、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风)为研究对象,运用 TCMSP 及 Herb2.0 数据库筛选活性成分,以 $OB \geq 30\%$ 、 $DL \geq 0.18$ 为条件,共获得 170 个活性成分。其中多味药物共有的成分包括谷甾醇(川芎、甘草、白芍、荆芥、防风、陈皮)、 β -谷甾醇(当归、白芍、荆芥、金银花、防风)、山奈酚(甘草、白芍、金银花)、槲皮素(甘草、荆芥、金银花)等,提示这些成分可能是核心处方发挥协同作用的物质基础。

通过 SWISSTargetsPrediction 数据库预测上述活性成分的作用靶点,去重后获得药物靶点 1009 个。以“psoriasis”为检索词,在 GeneCards 和 OMIM 数据库中筛选 Relevance score ≥ 10 的银屑病相关靶点,共获得疾病靶点 3399 个。将药物靶点与疾病靶点取交集,得到 441 个共同靶点(见图 1),作为核心处方治疗银屑病的潜在作用靶点。

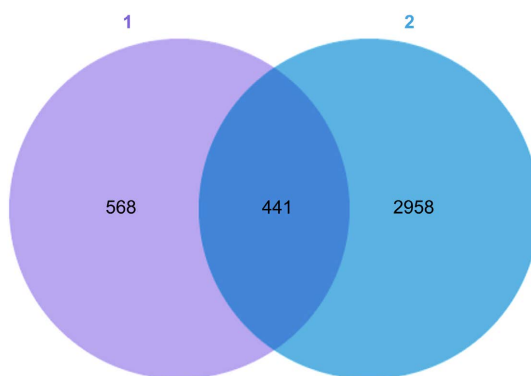


Figure 1. Component-disease targets intersection
图 1. 药物成分 - 疾病靶点交集

3.3. PPI 网络与核心靶点

将 441 个交集靶点导入 STRING 数据库(置信度 ≥ 0.4),构建蛋白质相互作用(PPI)网络。利用 Cytoscape 3.10.3 软件进行拓扑分析,计算 Degree、Betweenness Centrality 和 Closeness Centrality 三个参数,分别取前 20 个基因后取交集,共获得 10 个核心靶点: SRC、EGFR、HSP90AA1、STAT3、AKT1、EP300、ESR1、JUN、PIK3CA、HSP90AB1。这些靶点在银屑病的炎症反应、角质形成细胞增殖与凋亡、免疫调节等病理过程中发挥关键作用。

3.4. GO 与 KEGG 富集分析

利用 DAVID 数据库对 441 个交集靶点进行 GO 功能富集分析($P < 0.05$) (见图 2),共获得 1560 个显著富集条目。生物学过程(BP)主要涉及蛋白质磷酸化、炎症反应、正向调控细胞增殖、负向调控细胞凋亡等;分子功能(MF)显著富集于 ATP 结合、蛋白丝氨酸/苏氨酸激酶活性、蛋白酪氨酸激酶活性等;细胞组分(CC)主要定位于细胞质、细胞核、质膜、细胞外分泌体等。

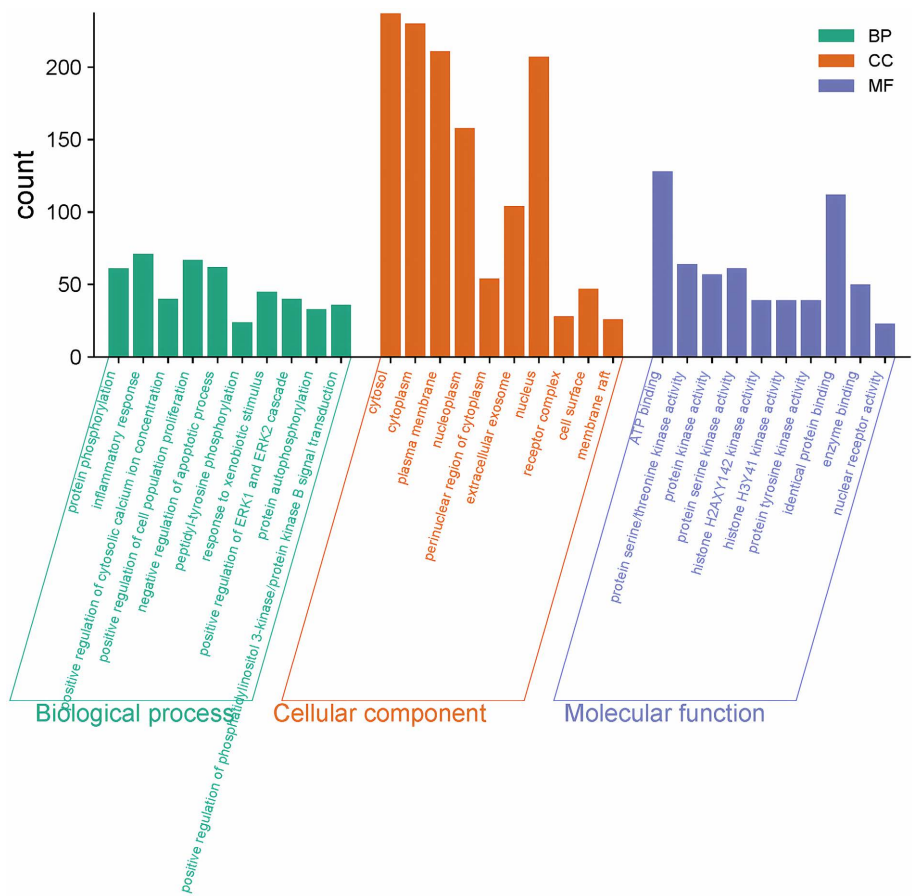


Figure 2. GO enrichment analysis
图 2. GO 富集分析

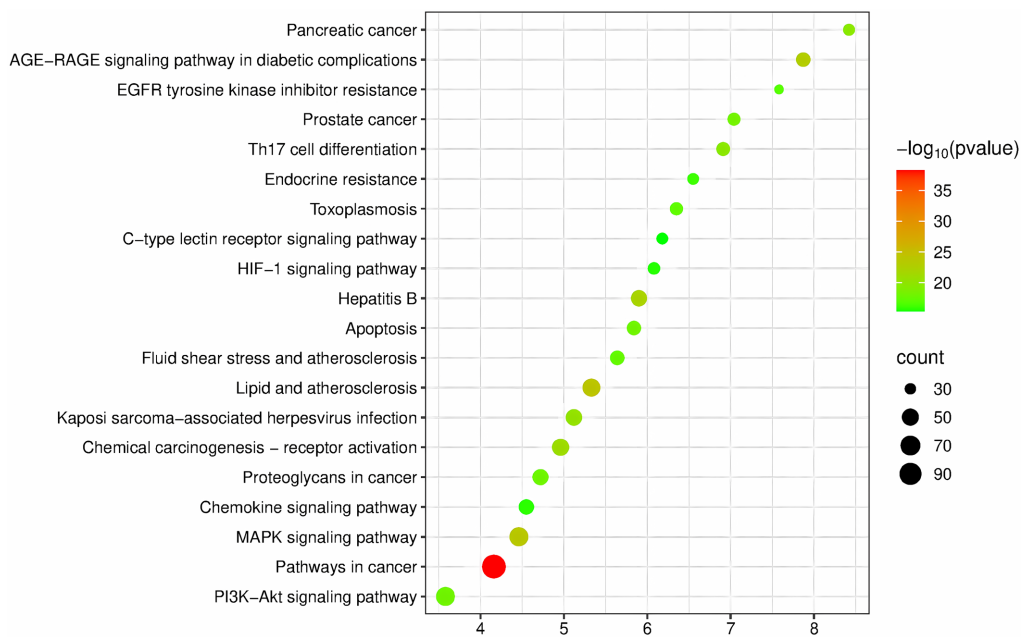


Figure 3. Bubble chart
图 3. 气泡图

KEGG 通路富集分析共获得 181 条显著富集的信号通路($P < 0.05$) (见图 3), 与银屑病密切相关的通路包括: Th17 细胞分化、IL-17 信号通路、TNF 信号通路、趋化因子信号通路、细胞增殖等炎症免疫相关通路以及 PI3K-Akt 信号通路、MAPK 信号通路、细胞凋亡等凋亡相关通路、此外 HIF-1 信号通路、AGE-RAGE 信号通路等代谢与应激相关通路。上述结果提示核心处方可能通过调控多条信号通路发挥协同治疗作用。

3.5. 分子对接验证

选取核心靶点 AKT1、SRC、HSP90AB1 与核心处方中的关键活性成分进行分子对接(对接结果见表 2)。结果显示, 所有配体与靶点的结合能均小于 -6.0 kcal/mol, 表明具有较好的结合活性。其中, AKT1 与 MOL000011 的结合能为 -8.31 kcal/mol, HSP90AB1 与 MOL002151 的结合能为 -7.94 kcal/mol。分子对接结果从结构生物学角度验证了网络药理学预测的可靠性。

Table 2. Molecular docking binding energy (TOP 10)

表 2. 分子对接结合能(TOP 10)

受体	配体	结合能(kcal/mol)
1H10	N-[(E)-2-[(2R,3S)-3-acetamido-2-(3,4-dihydroxyphenyl)-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-7-yl]vinyl]acetamide	-6.384
1H10	N-[(2R,3S)-7-(2-acetamidoethyl)-2-(3,4-dihydroxyphenyl)-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-3-yl]acetamide	-6.331
1O41	N-[(2S,3R)-7-(2-acetamidoethyl)-3-(3,4-dihydroxyphenyl)-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-2-yl]acetamide	-6.273
1O41	N-[(2R,3S)-7-(2-acetamidoethyl)-2-(3,4-dihydroxyphenyl)-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-3-yl]acetamide	-6.271
1O41	N-[(E)-2-[(2R,3S)-3-acetamido-2-(3,4-dihydroxyphenyl)-2,3-dihydro-1,4-benzodioxin-7-yl]vinyl]acetamide	-6.103
1O41	(2R,3R)-3-(4-hydroxy-3-methoxy-phenyl)-5-methoxy-2-methylol-2,3-dihydropyrano[5,6-h][1,4]benzodioxin-9-one	-5.878
1O41	Diosmetin	-5.877
1O41	wogonin	-5.869
3BIY	anomalin	-5.851
1O41	quercetin	-5.851

4. 讨论

本研究通过数据挖掘与网络药理学相结合的方法, 系统分析了杨素清教授治疗银屑病 500 例临床病案的用药规律, 提炼出以“祛风解表、养血活血”为核心配伍特点的 5 个核心处方, 并进一步通过网络药理学揭示了核心处方治疗银屑病的潜在分子机制。高频药物以防风、荆芥、蝉蜕等祛风解表药与当归、川芎、白芍等养血活血药为主, 体现了杨素清教授“祛风先治血, 血行风自灭”的学术思想, 与其“毒蕴瘀结”病机及“解毒消源、祛瘀截末”治则相契合[3][4][7]。从药物性味归经来看, 甘、辛、苦味及温、寒性药物并用, 主归肝、脾、肺经, 提示杨教授注重调肝理血、兼顾肺脾, 这与其“两极阻断”动态模型中对疾病不同阶段采取不同治法的理念一致。聚类分析获得的 5 个核心处方均以荆芥、防风、蝉蜕为基

础, 随证加减川芎、白芍、金银花、陈皮等, 体现了“同中有异、随证治之”的辨证论治思想。

网络药理学分析表明, 核心处方可能通过 170 个活性成分作用于 441 个共同靶点, 其中 SRC、EGFR、STAT3、AKT1、PIK3CA 等 10 个为核心靶点。这些靶点主要涉及蛋白磷酸化、炎症反应、细胞增殖与凋亡等生物学过程, 显著富集于 PI3K-Akt、MAPK、Th17 分化、IL-17、TNF 等信号通路[8]-[12]。值得注意的是, 本研究所富集的 PI3K-Akt、Th17 等通路与前期蜈蚣败毒饮的实验研究结果高度一致。例如, 已有研究证实蜈蚣败毒饮可通过调控 Th17 细胞主导通路相关因子基因表达改善银屑病模型鼠皮损[8], 并可影响 Notch/Hes1 和 PI3K/AKT/mTOR 信号通路[12]。这些前期实验证据为本研究的网络药理学预测提供了重要的验证支持, 同时也提示核心处方的作用机制可能涉及多条通路的交叉对话。

关键活性成分与 AKT1、SRC、HSP90AB1 等核心靶点具有良好的结合活性, 为网络药理学预测提供了结构生物学支持。网络药理学预测结果仍需体外/体内实验验证; 公共数据库的静态性和同质性可能导致部分成分或靶点遗漏; 核心处方中各药物的主次贡献及协同效应尚需进一步解析[5] [13] [14]。

在后续研究中, 上述网络药理学预测结果需通过体内实验进行功能验证, 建议采用咪喹莫特(IMQ)诱导的银屑病样小鼠模型, 该模型是目前公认的银屑病样炎症动物模型, 其病理特征与人类银屑病高度相似, 且 IMQ 作为 TLR7/8 激动剂可直接激活 Th17/IL-23 免疫通路, 与本研究所富集的 Th17 分化、IL-17 等信号通路高度吻合。干预物建议选用核心处方 1(当归、甘草、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风)的水提物, 该处方在本研究中频次最高, 具有代表性; 亦可进一步聚焦于槲皮素或山奈酚等关键活性成分, 二者均为本研究发现的核心处方共有成分, 且有独立文献支持其在银屑病模型中的抗炎活性。检测指标方面, 建议每日进行银屑病皮损面积和严重程度指数(PASI)评分以动态评估皮损变化, 取背部皮损皮肤进行 HE 染色以测量表皮厚度并进行病理评分, 采用 ELISA 法检测小鼠血清中 IL-17、TNF- α 等炎症因子水平, 同时以 Western Blot 检测皮损组织中 p-AKT/AKT、p-STAT3/STAT3 等关键蛋白的表达水平, 以直接验证核心处方对 PI3K-Akt 及 Th17 信号通路的调控作用。通过上述实验, 可将本研究的计算预测与生物学功能验证紧密衔接, 为杨素清教授核心处方的临床应用提供更坚实的实验依据。

5. 结论

本研究通过数据挖掘与网络药理学相结合的方法, 系统分析了杨素清教授治疗银屑病 500 例临床病案的用药规律, 提炼出以“祛风解表、养血活血”为核心的 5 个核心处方, 其中以当归、甘草、荆芥、蜈蚣、蝉蜕、防风为代表的处方使用频次最高。网络药理学分析表明, 该核心处方可能通过 170 个活性成分作用于 441 个共同靶点, 其中 SRC、EGFR、STAT3、AKT1、PIK3CA 等为核心靶点, 显著富集于 PI3K-Akt、MAPK、Th17 分化、IL-17、TNF 等炎症免疫及细胞增殖相关信号通路, 分子对接进一步验证了关键成分与核心靶点的结合活性。上述结果揭示了杨素清教授治疗银屑病核心处方“多成分-多靶点-多通路”的协同作用模式, 为名老中医学术经验的科学传承提供了可量化的现代生物学依据, 同时也为后续深入实验研究及临床转化奠定了基础。

基金项目

黑龙江省中医药科研项目(ZYW2024-057)。

参考文献

- [1] 全国银屑病流行调查组, 邵长庚, 张国威, 包寅德, 蒋仲元, 韩国柱, 顾恒. 全国 1984 年银屑病流行调查报告[J]. 皮肤病与性病, 1989(1): 60-72.
- [2] 丁晓岚, 王婷琳, 沈佚葳, 等. 中国六省市银屑病流行病学调查[J]. 中国皮肤性病学杂志, 2010, 24(7): 598-601.
- [3] 杨素清, 谭杰军, 闫景东, 等. 王玉玺教授从“毒”论治银屑病经验介绍[J]. 新中医, 2013, 45(1): 192-194.

-
- [4] 杨素清, 柏青松, 王姗姗, 等. 王玉玺运用解表法治疗银屑病经验[J]. 辽宁中医药大学学报, 2018, 20(12): 9-11.
- [5] Li, X., Liu, Z.Q., Liao, J., Chen, Q., Lu, X.Y. and Fan, X.H. (2023) Network Pharmacology Approaches for Research of Traditional Chinese Medicines. *Chinese Journal of Natural Medicines*, **21**, 323-332. [https://doi.org/10.1016/s1875-5364\(23\)60429-7](https://doi.org/10.1016/s1875-5364(23)60429-7)
- [6] Hopkins, A.L. (2008) Network Pharmacology: The Next Paradigm in Drug Discovery. *Nature Chemical Biology*, **4**, 682-690. <https://doi.org/10.1038/nchembio.118>
- [7] 袁锐, 许可, 闫景东, 等. 王玉玺教授从毒瘀论治掌跖脓疱病经验[J]. 中国医药导报, 2023, 20(23): 148-151.
- [8] 安月鹏, 闫景东, 杨素清. 蜈蚣败毒饮对银屑病小鼠皮损中 Th17 细胞主导通路相关因子基因表达影响的实验研究[J]. 时珍国医国药, 2020, 31(7): 1556-1559.
- [9] 杨素清, 安月鹏. 蜈蚣败毒饮对银屑病转基因模型小鼠外周血中 Th17 细胞表达影响的研究[J]. 中国中西医结合皮肤性病学杂志, 2017, 16(6): 481-484.
- [10] 安月鹏, 杨素清, 刘畅. 蜈蚣败毒饮对银屑病小鼠滤泡辅助性 T 细胞相关因子 STAT3 及 PD-1 表达的影响[J]. 中国中医药信息杂志, 2022, 29(6): 55-61.
- [11] 安月鹏, 杨素清, 周妍妍. 基于 miR-155 调控 SOCS1-JAK2/STAT3 通路研究蜈蚣败毒饮治疗银屑病模型鼠的机制[J]. 中国皮肤性病学杂志, 2021, 35(4): 405-412.
- [12] 袁锐, 王瑶, 张晴, 等. 基于 Notch/Hes1 和 PI3K/AKT/mTOR 信号通路研究蜈蚣败毒饮对银屑病小鼠的治疗作用及机制[J]. 中药材, 2023, 46(7): 1766-1771.
- [13] Miao, R.P., Meng, Q.G., Wang, C.N. and Yuan, W.J. (2022) Bibliometric Analysis of Network Pharmacology in Traditional Chinese Medicine. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, **2022**, Article ID: 1583773. <https://doi.org/10.1155/2022/1583773>
- [14] Zhai, Y.Y., Liu, L., Zhang, F.Q., Chen, X.D., Wang, H.J., Zhou, J.Y., *et al.* (2025) Network Pharmacology: A Crucial Approach in Traditional Chinese Medicine Research. *Chinese Medicine*, **20**, Article No. 8. <https://doi.org/10.1186/s13020-024-01056-z>