

基于网络药理学及分子对接技术探讨中医防治阿尔茨海默病的作用机制

张 森, 赵修华, 赵冬梅*

东北林业大学化学化工与资源利用学院, 黑龙江 哈尔滨

收稿日期: 2026年4月18日; 录用日期: 2026年5月15日; 发布日期: 2026年5月26日

摘 要

目的: 通过网络药理学联合分子对接技术研究中医防治阿尔茨海默病的作用机制。方法: 通过知网、维普等数据库收集经典名方并统计其中出现频次最高的前十味药材。借助SwissTargetPrediction、GeneCards、OMIM数据库分别获取活性成分靶点与阿尔茨海默病潜在靶点, 并利用Venny图得交集靶点, String构建PPI网络(Cytoscape可视化), DAVID富集分析, Autodock与PyMol完成对接及可视化。结果: 筛选出117篇中文文献, 24篇英文文献, 含74个处方105味中药; 截取出现频次前十的中药, 关键活性成分包括槲皮素、山柰酚、 β -谷甾醇、啤酒甾醇、环阿屯醇等, 作用于MAPK与NF- κ B通路。分子对接结果显示关键活性成分与核心靶点预测具有较好的结合潜力。结论: 槲皮素等中药成分可通过“多靶点-多通路”协同机制对阿尔茨海默病进行防治。

关键词

中药, 阿尔茨海默病, 网络药理学, 分子对接

Exploring the Mechanism of Traditional Chinese Medicine in the Prevention and Treatment of Alzheimer's Disease Based on Network Pharmacology and Molecular Docking Technology

Sen Zhang, Xiuhua Zhao, Dongmei Zhao*

College of Chemistry, Chemical Engineering and Resource Utilization, Northeast Forestry University, Harbin Heilongjiang

*通讯作者。

文章引用: 张森, 赵修华, 赵冬梅. 基于网络药理学及分子对接技术探讨中医防治阿尔茨海默病的作用机制[J]. 药物资讯, 2026, 15(3): 205-214. DOI: 10.12677/pi.2026.153023

Abstract

Objective: This study investigates the mechanism of traditional Chinese medicine in preventing and treating Alzheimer's disease through network pharmacology combined with molecular docking technology. **Methods:** Classical famous prescriptions were collected from databases such as CNKI and VIP, and the top ten herbs with the highest frequency of occurrence were statistically analyzed. Then, active ingredient targets and potential targets of Alzheimer's disease were obtained from the SwissTargetPrediction, GeneCards, and OMIM databases, respectively. Intersection targets were identified using a Venny diagram, a PPI network was constructed using the String database and visualized with Cytoscape, enrichment analysis was performed using DAVID, and molecular docking and visualization were carried out using Autodock and PyMol. **Results:** A total of 117 Chinese articles and 24 English articles were screened, containing 74 prescriptions and 105 Chinese herbs. The top ten herbs with the highest frequency of occurrence were selected. The key active ingredients included quercetin, kaempferol, β -sitosterol, cerevisterol, cycloartenol, etc., which acted on the MAPK and NF- κ B pathways. Molecular docking results showed that the key active ingredients could bind stably to the core targets. **Conclusion:** Quercetin and other traditional Chinese medicine components may prevent and treat Alzheimer's disease through a synergistic mechanism of "multi-target, multi-pathway".

Keywords

Traditional Chinese Medicine, Alzheimer's Disease, Network Pharmacology, Molecular Docking

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

阿尔茨海默病(Alzheimer's Disease, AD)是一种神经退行性疾病,患者遍布全球各国。随着人口老龄化的发展,AD患者逐年增加,严重危害中老年健康,并给社会和家庭带来沉重负担。据相关学说研究,未来30年,我国AD患者人数将持续增长。预测数据显示,到2050年,全球AD患者年均新增约500万人。就我国而言,AD患者数量预计2030年将逾2000万,2050年将突破3000万[1],80岁以上患者占比将接近50%。目前,AD发病机制假说众多,但尚无定论,也缺乏根治性疗法[2]。在临床上[3],AD治疗药物如多奈哌齐、美金刚等仅能缓解症状,无法改善病理变化与疾病状态。在中医领域,AD属痴呆、善忘等范畴。《灵枢·海论篇》用“肾精不足,则志气衰,不能上通于心,故迷惑善忘也”来描述阿尔茨海默病[4]。《景岳全书·杂证谟》设“癫狂痴呆”专篇,云:“痴呆证……言辞颠倒,举动不经,或多汗,或善愁,其证则千奇百怪,无所不至”[5]。中医认为AD多因气血精液亏虚,致脑髓失养、神明失主[6]。中药成分复杂,治疗疾病时是多靶点、多成分、多通路共同作用的结果,很难从单一层面、单一水平进行系统的全面研究。基于此,网络药理学展示出独特的优势,它可以系统地描述多味中药与疾病之间的相关性[7],并通过构建网络分析使其变得可视化。近年来,利用网络药理学分析疾病靶点、通路的研究越来越多。本研究通过数据挖掘总结中医治疗AD的用药规律,运用网络药理学分析其核心主药、主要活性成分及对应靶点,预测治疗AD的重要信号通路,并对核心靶点与主要活性成分进行分子对接,

为阐释中药治疗 AD 的活性成分及作用机制提供新依据。

2. 资料来源及选定标准

2.1. 资源来源

收集 2015 至 2025 年发表于中国期刊全文数据库、中文科技期刊数据库、中国学术期刊数据库、NCBI 外文医学数据库、爱思唯尔数据库等公共数据库中关于中医药治疗阿尔茨海默病的文献。其中中文数据库检索关键词为“阿尔茨海默病”、“痴呆”、“痴呆症”。英文数据库检索关键词为“AD”、“Alzheimer’s disease”。

2.2. 文献的纳入与排除标准

纳入标准：由两名研究者独立阅读标题和摘要，排除明显不相关文献(如非中医药治疗、非阿尔茨海默病、综述、动物实验不涉及中药等)并筛选出以中医药理论为核心的文献(如与中医药主题相关的临床及机制研究、中药复方或单味药材研究)；限检索时间为 2015~2025 年。

排除标准：重复文献、网络首发、未正式出版、会议论文、成果、报纸、作者信息不全及与主题无关的文献。

2.3. 数据规范化及预处理

参照 2025 年版《中华人民共和国药典》、2023 年第 5 版《中药学》，对符合标准的文献中的药物名称进行统一和规范化。同一种药物的不同别称统一命名，如当归尾统一为当归。

3. 网络药理学分析

3.1. 药物成分筛选

通过 TCMSP 数据库(<https://tcmisp-e.com/tcmisp.php>)及已发表文献，检索重复率最高的中药全部化学成分，汇总至 Excel 表格中，构建初始成分数据集。考虑到血脑屏障具有高度选择性和有限通透性，通常仅允许特定小分子(如葡萄糖、氨基酸)通过，大多数药物需满足分子量小于 500 Da、具有一定亲脂性且呈电中性方可能穿透。因此，在初始数据集中，参考口服生物利用度($OB \geq 30\%$)、类药性($DL \geq 0.18$)及分子质量($MW \leq 500$ Da)三项参数，筛选出同时满足“ $OB \geq 30\%$ 、 $DL \geq 0.18$ 、 $MW \leq 500$ ”的活性成分，作为后续分析对象。

3.2. 药物成分靶点获取

利用 TCMSP、PubChem、ChemicalBook 等数据库及文献获取成分化学结构，保存为 Smiles 格式。将筛选出的活性成分 Smiles 导入 SwissTargetPrediction 数据库，物种限定为人类。点击“submit”获取有效成分潜在的作用靶点信息[10]，并进行去重，构建有效成分作用靶点数据集。

3.3. 治疗疾病靶点的筛选

利用 GeneCards 数据库检索“Alzheimer disease”并选取 Score > 20 的靶点，再结合 OMIM 数据库中相同关键词的靶点，合并去重后得到 AD 预测靶点，构建疾病预测靶点数据集。

3.4. 交集靶点的获取

将 AD 疾病靶点与药物成分靶点分别录入 Venny 2.1 网站。绘制韦恩图，交集基因构建中药调控网络进行后续分析。

3.5. 构建 PPI 网络

将所得交集基因导入 STRING 数据库, 以“多蛋白(Multiple Proteins)”模式、限定物种为智人(Homo sapiens), 其余参数保持默认, 构建蛋白质-蛋白质相互作用网络(PPI)。随后使用 Cytoscape 3.8.2 软件对 PPI 网络进行可视化呈现, 并通过其“Analyze Network”功能开展拓扑分析, 获取共同靶点的 Degree 值。以 Degree 值为依据进行降序排序, 选取排名前五的靶点作为潜在关键靶点。

3.6. 构建 GO、KEGG 通路分析

采用 DAVID 数据库构建 GO、KEGG 进行分析。将以上取得的交集基因录入 DAVID 数据库, 对活性成分治疗阿尔茨海默病的靶点进行 GO 和 KEGG 富集分析, 按照 P 值排序[12]。GO 分析每部分选取前十条, KEGG 分析选取前 20 条通路进行绘图。利用微生信平台(<https://www.bioinformatics.com.cn>)进行绘图。

4. 结果

本研究通过检索筛选去重后最终得到 117 篇中文文献, 24 篇英文文献, 含 74 个处方。经统计分析, 74 个处方中包含 105 味中药。其中用药频次最多的为茯苓(27)、石菖蒲(25)、川芎(20)、当归(17)、远志(17)、甘草、人参、地黄、枸杞子、白术。

4.1. 活性化学成分收集整理

通过查阅文献、搜索数据库等方式得到多次出现的中药活性成分, 如表 1 所示。

Table 1. Recurrent active constituents in traditional Chinese medicines

表 1. 重复出现的中药对应活性成分

中药	活性成分
茯苓	茯苓酸、猪苓酸 C、去氢土莫酸、茯苓多糖
石菖蒲	顺式甲基异丁香酚、榄香烯、山柰酚
川芎	川芎嗪、洋川芎内酯、槲皮素、 β -谷甾醇
当归	阿魏酸、绿原酸、槲皮素、山柰酚
远志	远志皂苷、远志酮、槲皮素、山柰酚
甘草	光甘草定、甘草查耳酮、异甘草素、山柰酚
人参	人参皂苷、人参多肽、人参多糖、山柰酚
枸杞子	类胡萝卜素、槲皮-鼠李糖-二己糖苷、山柰酚
地黄	阿魏酸、咖啡酸、地黄素 D
白术	阿魏酸、咖啡酸

4.2. 药物成分靶点的筛选

将上表中文献记载和 TCSMP 网站查询的潜在活性成分再次进行筛选, 排除总多糖、总皂苷、毒性物质后, 对剩余表中活性成分进行 Smiles 结构搜索, 并将结构导入 SwissTargetPrediction 数据库和 TargetNet 数据库, 去掉重复靶点后, 得到 248 个潜在活性成分靶点。

4.3. 治疗疾病靶点的筛选

通过 GeneCards 和 OMIM 数据库, 以“Alzheimer disease”为关键词, 搜集结果合并去重, 得到 1576

个阿尔茨海默病的疾病靶点。

4.4. 交集靶点的获得

如图 1 所示，将活性成分与疾病靶点分别录入 Venny 2.1 绘制韦恩图，得到 93 个交集基因靶点。

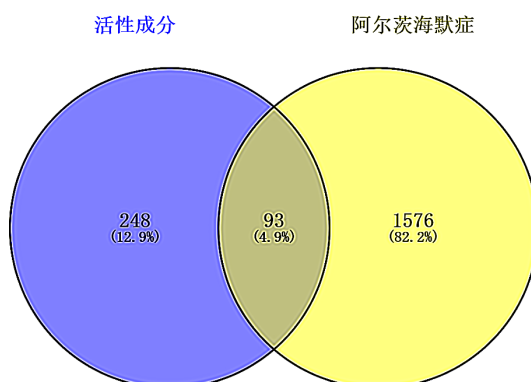


Figure 1. Venn diagram of intersecting targets between active ingredients and Alzheimer's disease

图 1. 活性成分与阿尔茨海默病交集靶点韦恩图

4.5. PPI 网络图构建及核心靶点的筛选

将交集基因靶点录入 STRING 11.5 数据库，构建 PPI 网络图，将 STRING 11.5 数据库导出的 tsv 文件录入 Cytoscape 3.8.2 软件，得到 PPI 网络图(图 2)，颜色越深表示 Degree 越大。利用 Analyze Network

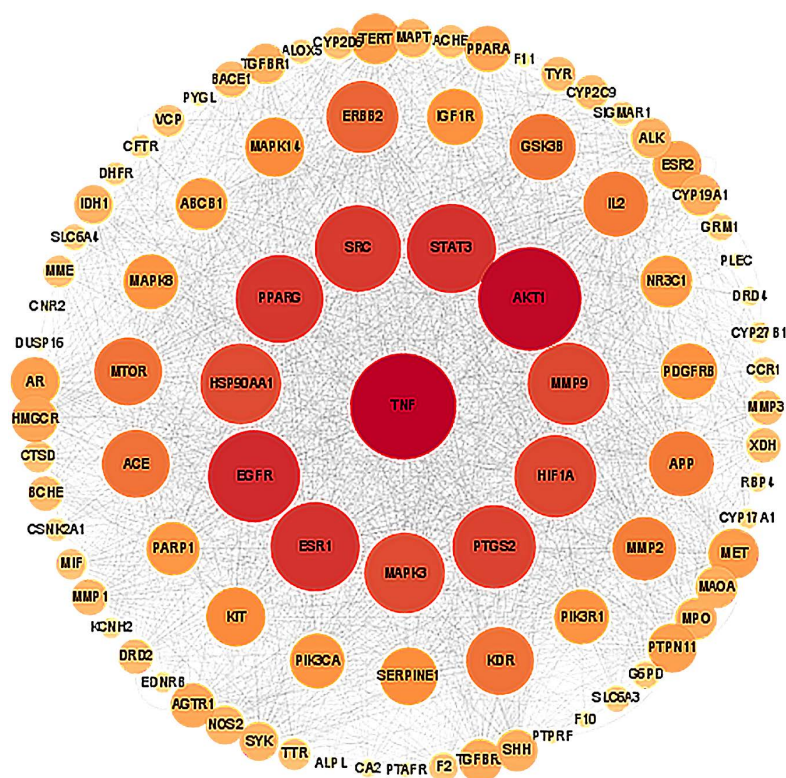


Figure 2. PPI network diagram of intersecting targets

图 2. 交集靶点 PPI 网络图

功能对蛋白互作网络进行拓扑分析,得到共同靶点 Degree 值并排序。最终得到排名前五的靶点,这些靶点为可能关键靶点,即 TNF、AKT1、EGFR、ESR1、STAT3。

4.6. 富集分析

为进一步探究中药活性成分治疗阿尔茨海默病(AD)的作用机制,对活性成分与 AD 的交集靶点基因展开富集分析。通过 DAVID 数据库进行 GO 富集分析,以 $P < 0.01$ 筛选出 1609 个 GO 条目,如图 3 所示。结果表明,其中生物过程(Biological Process, BP)与 AD 直接相关联的有 Cellular Response to Lipid (细胞对脂质的响应)、Regulation of Reactive Oxygen Species (ROS) Metabolic Process (活性氧代谢调控)、Regulation of Establishment of Protein Localization (蛋白质定位调控);细胞组分(Cellular Component, CC)与 AD 相关联的有神经元胞体(Neuronal Cell Body)、细胞外基质(Extracellular Matrix, ECM)、受体复合物(Receptor Complex);分子功能(Molecular Function, MF)与 AD 相关联的有内肽酶活性(Endopeptidase Activity)、氧化还原酶活性(Oxidoreductase Activity)、蛋白激酶活性(Protein Kinase Activity)、核受体活性(Nuclear Receptor Activity)。

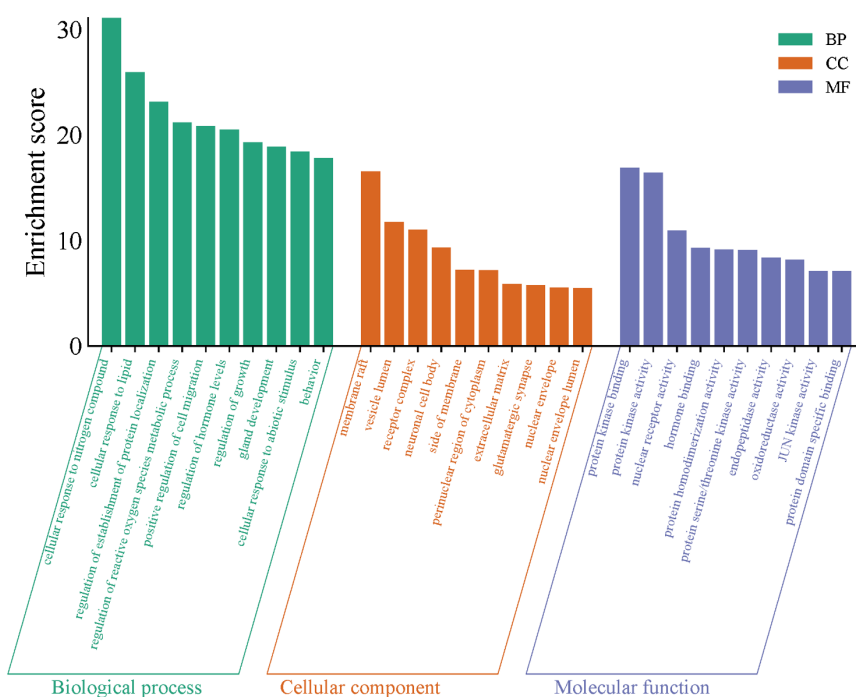


Figure 3. Results of GO enrichment analysis

图 3. GO 富集分析结果

KEGG 富集分析结果见图 4, 中药活性成分治疗 AD 主要涉及到了 Alzheimer Disease (阿尔茨海默病)、MAPK Signaling Pathway (MAPK 信号通路)、NF-Kappa B Signaling Pathway (NF-K 信号通路)、Complement and Coagulation Cascades (补体与凝血级联信号通路)、Calcium Signaling Pathway (钙信号通路)、Dopaminergic Synapse (多巴胺能神经突触)、Serotonergic Synapse (含血清素的神经突触)。这说明中药通过多靶点、多通路治疗 AD。

4.7. 分子对接结果

将活性成分与五个核心靶点进行分子对接,得到结合能,结果如表 2 所示。

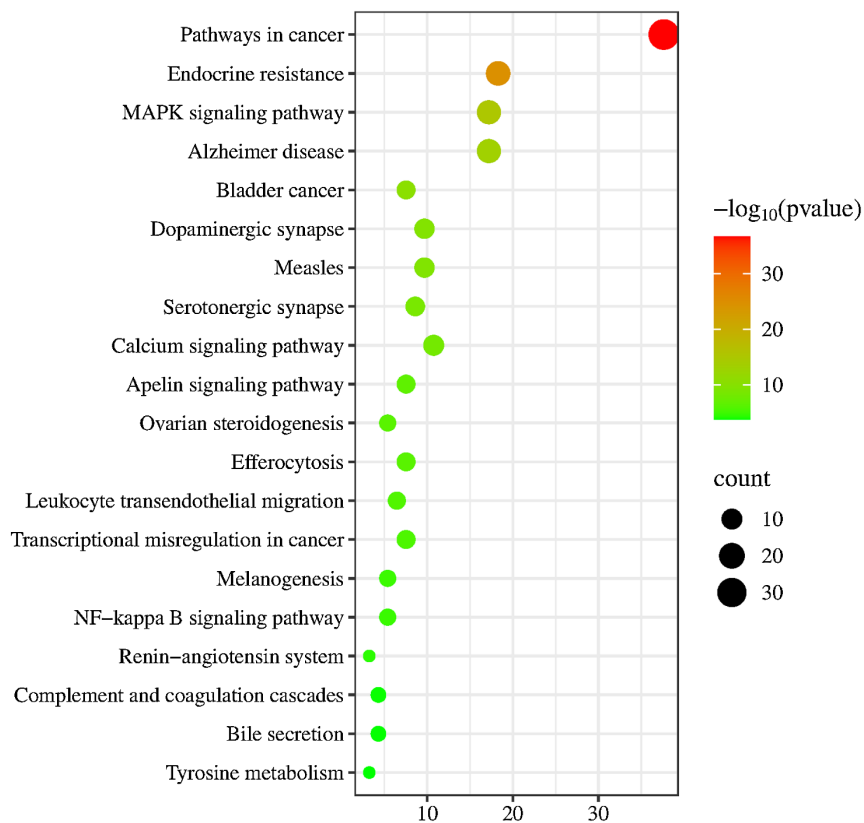


Figure 4. Results of KEGG enrichment analysis

图 4. KEGG 富集分析结果

Table 2. Statistical table of binding energies between active substances and core targets

表 2. 活性物质与核心靶点结合能统计表

活性成分	结合能(kcal/mol)/氢键个数				
	TNF	AKT1	EGFR	ESR1	STAT3
去氢土莫酸	-7.29/2	-6.01/2	-7.78/1	-4.54/0	-6.72/3
桉脂素	-6.77/1	-5.92/2	-6.64/2	-5.41/2	-5.72/1
槲皮素	-6.49/2	-7.89/5	-8.39/1	-4.95/1	-7.35/2
β -谷甾醇	-9/1	-7.42/1	-9.78/1	-6.88/0	-7.51/1
啤酒甾醇	-8.51/2	-6.53/3	-8.11/4	-6.5/0	-8.12/3
环阿屯醇	-8.63/1	-7.07/0	-8.74/1	-5.96/0	-9.18/0
山柰酚	-6.57/3	-6.66/4	-7.24/4	-5.29/1	-7.71/3
茯苓酸 B	-5.96/3	-7.32/0	-5.74/0	-3.42/0	-6.04/1
茯苓酸 C	-6.02/1	-8.29/3	-5.71/2	-5.39/1	-8.38/3
豆甾醇	-8.11/0	-7.03/2	-9.95/2	-5.45/1	-7.73/2
杨梅酮	-7.37/2	-7.13/2	-6.4/1	-5.51/1	-6.72/3
川芎嗪	-7.48/2	-6.42/3	-7.65/2	-4.79/1	-7.81/1
甘草次酸	-7.80/0	-7.04/2	-8.86/1	-6.93/0	-7.86/2

根据分子对接结果,在排除氢键数为零的假阳性风险后[13],各活性成分与 TNF、AKT1、EGFR、ESR1、STAT3 五个核心靶点的结合能平均值为 -6.78 kcal/mol,且每个靶点结合模式均伴有至少一个氢键形成,表明结合兼具较高的亲和力与明确的非共价锚定特征。山柰酚属于黄酮类小分子,而甾醇类和三萜类(分子量普遍大于 400 Da)脂溶性过高,易导致血脑屏障透过率不稳定或代谢过快,因此选取山柰酚与其结合程度最好的核心靶点——EGFR、STAT3——进行可视化分析,如图 5 和图 6 所示,山柰酚精准落入至蛋白口袋中。

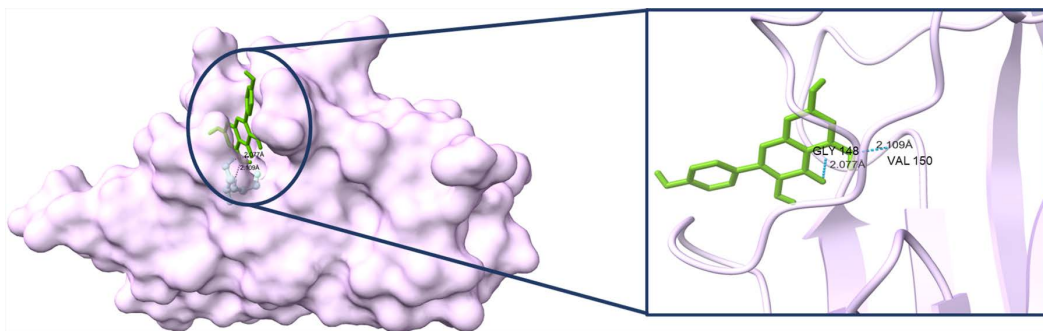


Figure 5. Kaempferol-EGFR
图 5. 山柰酚-EGFR

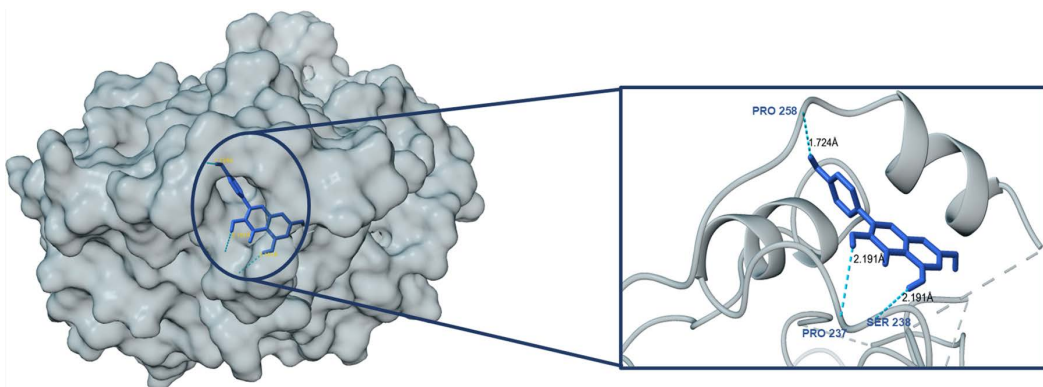


Figure 6. Kaempferol-STAT3
图 6. 山柰酚-STAT3

5. 讨论

本研究结合网络药理学与分子对接方法,系统探讨了基于文献挖掘所得中药复方治疗阿尔茨海默病的潜在活性成分、关键靶点及作用机制。

基于 74 个 AD 治疗处方的用药规律分析,发现用药频次最高的中药为茯苓、石菖蒲、川芎、当归、远志、甘草、人参、枸杞子、白术。这一结果与中医对 AD “本虚标实”的病机认识高度契合。方中茯苓、白术、人参、甘草取四君子汤之意,健脾益气以绝生痰之源[14];当归、枸杞子、地黄滋阴养血,填补肾精以充髓海[15];石菖蒲、远志豁痰开窍,交通心肾[16];川芎活血行气,上行头目。诸药相合,体现了扶正固本、化痰祛瘀、开窍醒神的 AD 核心治法。现代药理学研究亦证实,上述高频药物多具有抗炎、抗氧化、调节神经递质及保护神经元等作用。

进一步对上述高频药物中的代表性活性成分进行筛选,获得了槲皮素、山柰酚、 β -谷甾醇、阿魏酸、川芎嗪等多个潜在药效物质基础。值得注意的是,槲皮素与山柰酚在川芎、当归、远志、甘草、人参、枸

杞子等多味中药中均有分布,提示这些成分可能是处方发挥协同增效作用的共同物质基础。核心成分靶点与疾病靶点取交集,共得 93 个共同靶点,并构建 PPI 网络。拓扑分析筛选出的核心靶点 TNF、AKT1、EGFR、ESR1、STAT3 在 AD 的病理进程中扮演关键角色。TNF- α 是神经炎症的核心驱动因子,可诱导神经元凋亡并加剧 A β 沉积[17]; AKT1 作为 PI3K/AKT 信号通路的关键节点[18],其磷酸化水平与神经元存活、突触可塑性密切相关; EGFR 的异常激活与 A β 介导的突触损伤有关[19]; ESR1 介导的雌激素信号通路对维持认知功能具有保护作用[20]; 而 STAT3 作为 JAK/STAT 通路的转录因子[21],参与调控星形胶质细胞增生及炎症反应。分子对接结果显示,筛选的活性成分与核心靶点均具良好结合活性,平均结合能达到-6.78 kcal/mol,为网络药理学的分析提供了佐证。

GO 富集分析揭示了中药活性成分通过调控细胞对脂质的响应、活性氧代谢过程、蛋白质定位以及影响神经元胞体、受体复合物等细胞组分来发挥治疗作用。这提示中药不仅通过经典的抗氧化应激(ROS)途径,还可能通过影响细胞脂质代谢及蛋白质稳态来延缓 AD 进展。KEGG 通路富集分析进一步表明,中药活性成分干预 AD 具有多通路协同的特征。除了直接富集到 Alzheimer disease 通路外,MAPK 信号通路、NF- κ B 信号通路、钙信号通路以及多巴胺能/血清素能神经突触通路均显著富集。MAPK 和 NF- κ B 通路的富集验证了中药抑制神经炎症、拮抗 A β 毒性诱导凋亡的核心机制[22]; 钙信号通路的调控则与维持神经元内钙离子稳态、防止钙超载引起的细胞损伤有关[23]; 而对多巴胺能和血清素能突触的调节作用则解释了中药在改善 AD 患者伴随的情感障碍、行为异常及睡眠节律紊乱方面的优势[24]。

综上所述,本研究通过整合数据分析初步探究了治疗 AD 的常用中药复方中槲皮素、山柰酚、 β -谷甾醇等核心成分,可能通过协同作用于 TNF、AKT1、STAT3 等关键靶点,进而调节 MAPK、NF- κ B 及钙信号等多条通路,最终实现抗炎、抗氧化、调节突触可塑性及保护神经元的多重效应,为后续深入开展中药抗 AD 的药效物质基础及作用机理实验验证提供了生物信息学依据。然而,本研究仍存在局限性:网络药理学预测依赖于数据库完整性与算法准确性,且体内环境中成分间的相互作用更为复杂,后续仍需结合体内外实验对预测结果进行进一步验证。

6. 结论

本研究采用网络药理学与分子对接,系统分析文献中治疗 AD 的中药复方用药规律及潜在机制。结果表明,高频用药茯苓、石菖蒲、川芎、当归、远志等体现了健脾益气、化痰开窍、活血通络的 AD 核心治法。筛选获得的槲皮素、山柰酚、 β -谷甾醇等活性成分可通过作用于 TNF、AKT1、EGFR、ESR1、STAT3 等关键靶点,调控 MAPK 信号通路、NF- κ B 信号通路、钙信号通路及多巴胺能/血清素能神经突触等多条途径,协同发挥抗神经炎症、抗氧化应激、调节突触可塑性并保护神经元。分子对接证实核心成分与关键靶点结合良好。本研究初步揭示了中药复方治疗 AD “多成分-多靶点-多通路”的复杂作用模式,为后续实验验证及抗 AD 中药研发提供了理论依据。

参考文献

- [1] 王英全, 梁景宏, 贾瑞霞. 2020-2050 年中国阿尔茨海默病患病情况预测研究[J]. 阿尔茨海默病及相关病, 2019, 2(1): 289-298.
- [2] Breijyeh, Z. and Karaman, R. (2020) Comprehensive Review on Alzheimer's Disease: Causes and Treatment. *Molecules*, **25**, Article No. 5789. <https://doi.org/10.3390/molecules25245789>
- [3] Se Thoe, E., Fauzi, A., Tang, Y.Q., Chamyuang, S. and Chia, A.Y.Y. (2021) A Review on Advances of Treatment Modalities for Alzheimer's Disease. *Life Sciences*, **276**, Article ID: 119129. <https://doi.org/10.1016/j.lfs.2021.119129>
- [4] 牛佳茵, 刘君. 基于肾为先天之本从肾论治阿尔茨海默病的临床应用进展[J]. 实用中医内科杂志, 2025, 39(11): 136-138.
- [5] 宋博文, 张风霞. 呆证源流考[J]. 中国民间疗法, 2023, 31(16): 1-4.

- [6] 黄秀云. 基于网络药理学和分子对接探究五味子治疗阿尔茨海默病作用机制[D]: [硕士学位论文]. 广州: 广州中医药大学, 2024.
- [7] Du, H., Zhao, X. and Zhang, A. (2014) Identifying Potential Therapeutic Targets of a Natural Product Jujuboside B for Insomnia through Network Pharmacology. *Plant Science Today*, **1**, 69-79. <https://doi.org/10.14719/pst.2014.1.2.26>
- [8] 江婷, 段逵, 叶兰. 外泌体在耐药性癫痫治疗中的研究进展[J]. 癫痫与神经电生理学杂志, 2024, 33(5): 299-302.
- [9] 夏玲, 郭盛, 钱大玮, 等. 基于网络药理学和分子对接技术研究八珍益智方治疗阿尔茨海默病的潜在作用机制[J]. 南京中医药大学学报, 2020, 36(6): 876-881.
- [10] Daina, A., Michielin, O. and Zoete, V. (2019) Swisstargetprediction: Updated Data and New Features for Efficient Prediction of Protein Targets of Small Molecules. *Nucleic Acids Research*, **47**, W357-W364. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz382>
- [11] 周飞, 吴若英, 李冰冰. 基于网络药理学与分子对接探讨红藤汤治疗慢性盆腔炎的作用机制[J]. 壮瑶药研究, 2025(1): 133-139.
- [12] 肖风, 杨华伟. 白花蛇舌草治疗乳腺癌的网络药理学研究[J]. 婚育与健康, 2025, 31(23): 34-36.
- [13] 易吉辉, 吴耀炯. 基于计算结构蛋白设计提高 KGF-2 热稳定的方法[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2025, 47(4): 775-781.
- [14] 潘继普, 甘仕虎, 孙素芹. 茯苓及其药对的研究进展[J]. 现代中药研究与实践, 2026, 40(2): 96-102.
- [15] 姜林, 周喜燕, 王潇慧. 基于网络药理学、分子对接及分子动力学模拟探讨当归芍药散治疗阿尔茨海默病的作用机制[J]. 中医临床研究, 2026, 18(3): 98-105.
- [16] 苏健, 罗春艳, 陈梅. 石菖蒲不同极性提取部位对 DPP-4 的活性抑制研究[J]. 壮瑶药研究, 2025(1): 109-112.
- [17] 郭子秋, 于欣然. 补肾益精方异病同治阿尔茨海默病和帕金森病的网络药理学作用机制[J]. 中药新药与临床药理, 2026, 37(3): 458-467.
- [18] Zhang, S., Xue, G., Zhang, M., Ding, N., Yang, J. and Wang, T. (2026) Research Progress on the Role of Acupuncture in Alzheimer's Disease Based on the PI3K/AKT/mTOR Signaling Pathway. *Journal of Alzheimer's Disease*, **110**, 537-544. <https://doi.org/10.1177/13872877261418553>
- [19] 徐欣, 朱迎萍. 干姜对附子神经毒性的影响[J]. 浙江临床医学, 2026, 28(1): 9-12.
- [20] 喻明, 李晓斌, 王文萍. 百合药对的临床应用与药理机制研究进展[J]. 实用中医内科杂志, 2026, 40(1): 138-142.
- [21] Fu, G., Tang, S., Sun, X., Tong, J., Zhou, M., Li, P., et al. (2026) Danggui Shaoyao San Ameliorates Neuroinflammation in a D-Galactose-Induced Alzheimer's Disease Rat Model by Suppressing the JAK2/STAT3 Pathway and Modulating Th17/Treg-Related Immune Dysregulation. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, **14**, Article ID: 1763180. <https://doi.org/10.3389/fcell.2026.1763180>
- [22] 郑维玺, 徐磊, 姜子祥. MAPK/NF- κ B 信号通路介导中医药干预慢性前列腺炎的作用机制研究进展[J]. 中国医药导报, 2025, 22(28): 168-172.
- [23] 秦润田, 岳崧, 杜晓雪. A β 42 刺激 PC12 细胞的效应与 5 \times FAD 转基因 AD 鼠原代嗜铬细胞的分离及其钙流信号的研究[J]. 基因组学与应用生物学, 2025, 44(12): 1284-1294.
- [24] 杨薇, 郝霞, 丁萌, 等. 中药调控多巴胺系统治疗精神疾病机制研究进展[J]. 解放军药理学学报, 2025, 38(2): 202-208.