

基于网络药理学探讨中药半枝莲治疗子宫颈癌的作用机制

牛瑞瑞¹, 张春梅¹, 范赛赛^{2*}

¹大理大学临床医学院, 云南 大理

²青海大学临床医学院, 青海 西宁

收稿日期: 2026年6月27日; 录用日期: 2026年7月19日; 发布日期: 2026年7月29日

摘要

目的: 基于网络药理学方法, 深度探讨中药半枝莲治疗子宫颈癌的潜在多靶点作用机制。方法: 通过中药系统药理学数据库(TCMSP)检索半枝莲的相关作用靶点, 并从GeneCards、OMIM等疾病数据库获取子宫颈癌的致病靶点。利用STRING数据库构建PPI网络和药物-疾病-成分-共同靶点网络图, 通过R语言进行GO功能和KEGG通路富集分析。结果: 共获得半枝莲与子宫颈癌的共同作用靶点126个; PPI网络分析显示, TP53、JUN和AKT1等基因处于网络核心节点; GO富集分析表明, 靶点主要涉及对外源刺激的反应(Response to Xenobiotic Stimulus)、膜筏(Membrane Raft)、DNA结合转录因子结合(DNA-Binding Transcription Factor Binding)等生物学过程。KEGG通路分析显示, 靶点显著富集于脂质与动脉粥样硬化(Lipid and Atherosclerosis)、人巨细胞病毒感染(Human Cytomegalovirus Infection)、PI3K/AKT信号通路等相关通路。通过筛选共获得29味半枝莲的有效成分, 其中最主要的两味中药成分为槲皮素(Quercetin)和木犀草素(Luteolin)。结论: 研究通过网络药理学方法揭示了半枝莲可能通过多靶点、多通路协同作用治疗子宫颈癌。这些发现为半枝莲的临床应用提供了新的理论依据和治疗靶点。

关键词

半枝莲, 子宫颈癌, 网络药理学, 作用机制

Exploring the Mechanism of Action of the Chinese Herbal Medicine *Scutellaria barbata* in Treating Cervical Cancer Based on Network Pharmacology

Ruirui Niu¹, Chunmei Zhang¹, Saisai Fan^{2*}

*通讯作者。

文章引用: 牛瑞瑞, 张春梅, 范赛赛. 基于网络药理学探讨中药半枝莲治疗子宫颈癌的作用机制[J]. 世界肿瘤研究, 2026, 16(3): 245-254. DOI: 10.12677/wjcr.2026.163025

Abstract

Objective: To deeply explore the potential multi-target mechanism of action of the Chinese herbal medicine *Scutellaria barbata* in the treatment of cervical cancer based on network pharmacology. **Methods:** In this study, the relevant targets of *Scutellaria barbata* were obtained from the TCMSP database, while disease-related targets of Cervical cancer were retrieved from disease databases such as GeneCards and OMIM. The STRING database was used to construct a protein-protein interaction (PPI) network and a drug-disease-component-common target network. Gene Ontology (GO) function and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway enrichment analyses were performed using the R language. **Results:** A total of 126 common targets between *Scutellaria barbata* and cervical cancer were identified. PPI network analysis indicated that genes such as TP53, JUN, and AKT1 were core nodes in the network. GO enrichment analysis showed that the targets were primarily involved in biological processes such as response to xenobiotic stimulus, membrane raft, and DNA-binding transcription factor binding. KEGG pathway analysis revealed that the targets were significantly enriched in pathways including lipid and atherosclerosis, human cytomegalovirus infection, and the PI3K/AKT signaling pathway. Through screening, 29 active components of *Scutellaria barbata* were identified, with quercetin and luteolin being the two main components. **Conclusion:** This study reveals, through network pharmacology, that *Scutellaria barbata* may exert its therapeutic effects in cervical cancer through the synergistic action of multiple targets and pathways. These findings provide a new theoretical basis for the clinical application of *Scutellaria barbata* and offer novel therapeutic targets.

Keywords

Scutellaria barbata, Cervical Cancer, Network Pharmacology, 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

子宫颈癌(Cervical Cancer, 以下简称 CC)是最常见、发病率较高的女性生殖道恶性肿瘤。据统计, 2022 年中国 CC 年新发病例约 15 万例, 年死亡病例约 5.6 万例[1]。其发病机制被认为与人乳头瘤病毒(Human Papillomavirus, 以下简称 HPV)感染存在密切关联, 特别是 HPV16 和 18 型。传统观念认为, HPV 感染是绝大多数侵袭性 CC 发生的必要条件[2]。近年来, 尽管 HPV 疫苗已成功研制并广泛接种, 加之筛查流程不断优化, CC 的致病因素已相对明确, 其发病率理论上应呈下降趋势, 然而现实情况是, CC 发病率仍在持续攀升, 尤其在欠发达国家居高不下。即便实现全民 HPV 疫苗接种, CC 发病率下降的拐点预计也要到 2040 年左右才会出现[3]。目前, 针对 CC 的治疗方法依旧以手术和化疗为主, 但是化疗对患者的副作用极大, 因此寻找和开发新的、有效的且副作用小的治疗 CC 的药物具有重要意义。

网络药理学(Network Pharmacology)是近年来兴起的一门新兴学科, 其核心思想与中医药的整体观和

辨证论治理念高度契合[4]。其打破了一个药物、一个靶点、一种疾病的传统研究模式,通过构建药物-靶点-疾病-通路多层次相互作用网络,从系统生物学角度全面阐释药物对疾病网络的干预机制[5]。

中医在我国具有数千年的历史,是中国传统文化的瑰宝。中药以其高效、安全、低风险等优点越来越受到人们的重视[6]。传统中药半枝莲取自唇形科植物半枝莲(*Scutellaria barbata*)的干燥全草,味苦、辛,性寒,归肝、肺、肾经,具有利尿消肿、清热解毒的作用[7]。半枝莲具有明显的抗癌作用,被广泛应用于临床。研究发现,半枝莲对肺癌、肝癌、胃癌、结直肠癌、乳腺癌等多种恶性肿瘤疗效确切[8],但其抗宫颈癌的作用机制尚不明确。因此,本研究通过网络药理学方法探究半枝莲在治疗 CC 方面的机制:首先,预测半枝莲的潜在作用靶点,并与 CC 相关靶点进行整合,筛选出共同作用靶点。其次,构建蛋白质-蛋白质相互作用(PPI)网络,进行基因本体(GO)和京都基因与基因组百科全书(KEGG)通路富集分析,从系统层面揭示半枝莲可能参与的核心生物学过程和关键信号通路,从而为半枝莲治疗 CC 的作用机制提供新的理论见解,并为临床联合用药及新药研发提供潜在靶点和科学依据。

2. 资料与方法

2.1. 半枝莲相关靶点获取

TCMSP 数据库(<https://tcmsp-e.com/tcmssp.php>)是一个大型的获取药物相关信息的数据库。通过输入“banzhilian”检索其所有有效活性成分,再通过筛选口服生物利用度(OB)≥30%、类药性(DL)≥0.18 对其药效成分进行筛选。获取相关靶点后,利用 UniProt 数据库(<https://www.uniprot.org/>)进行标准化,统一为官方基因符号,并限定物种为“Homo sapiens”,最终去重后得到半枝莲的潜在作用靶点集。

2.2. CC 相关靶点获取

以“Cervical cancer”为关键词,在以下疾病数据库中进行检索: GeneCards 数据库(<https://www.genecards.org/>),检索与 CC 相关的基因,保留相关性评分前 2000 的基因作为疾病靶点; OMIM 数据库(Online Mendelian Inheritance in Man, <https://omim.org/>),检索已明确与 CC 遗传易感性或发病机制相关的基因共 522 个。合并以上所有数据库获得的靶点,最终构建 CC 相关靶点集。

2.3. 药物-疾病共同靶点网络的构建

将 2.1 中获得的半枝莲潜在作用靶点集与 2.2 中获得的 CC 疾病靶点集利用 R 语言(4.4.3)绘制 Venn 图,取两者的交集靶点,即为半枝莲治疗 CC 的潜在关键靶点。

2.4. 中药-疾病-成分-共同靶点网络图的构建

先找出疾病与中药共同基因所对应的半枝莲的有效成分,然后将相关文件导入 Cytoscape 3.9.1 软件中进行分析,其中药物是“banzhilian”,疾病为“Cervical cancer”,输出中药-疾病-成分-共同靶点网络图。

2.5. PPI 网络构建与核心靶点筛选

将 2.3 中得到的共同靶点导入 STRING (<https://cn.string-db.org/>, version 12.0)中,筛选物种为 Homo sapiens,设置最低要求交互分数(Minimum Required Interaction Score)大于 0.900,隐藏网络中独立的节点。将获得的 TSV 格式的相互作用数据导入 Cytoscape 3.9.1 软件构建 PPI 网络图。随后,利用 Cytoscape 的 NetworkAnalyzer 插件计算网络中每个节点的度值(Degree)、介数中心性(Betweenness Centrality)和接近中心性(Closeness Centrality)等拓扑参数。以度值(Degree)大于所有节点度值中位数两倍的节点定义为核心靶

点。

2.6. GO 功能与 KEGG 通路富集分析

利用 R 软件中的 clusterProfiler、dplyr 和 ggplot2 包, 对 PPI 网络中的蛋白质进行了 GO 功能与 KEGG 通路富集分析。富集分析的显著性阈值设定为 P 值 < 0.05, 错误发现率(q 值) < 1, 对 GO 分析中显著性最高的生物过程(BP)、细胞组分(CC)和分子功能(MF)各取前 10 条条目, 对 KEGG 通路分析取前 30 条显著性最高的通路, 分别进行可视化展示。

3. 结果

3.1. 半枝莲中有效成分的筛选

在 TCMSP 数据库中以“banzhilian”为药物名称(Herb name)进行检索, 共获得 94 个候选活性成分; 进一步以口服生物利用度(OB) ≥ 30%、类药性(DL) ≥ 0.18 为筛选条件, 最终得到 29 个半枝莲有效成分, 见表 1。

Table 1. Active ingredients of Scutellaria barbata
表 1. 半枝莲的有效成分

Mol ID	Molecule Name	OB (%)	DL
MOL001040	(2R)-5,7-dihydroxy-2-(4-hydroxyphenyl)chroman-4-one	42.36	0.21
MOL012245	5,7,4'-trihydroxy-6-methoxyflavanone	36.63	0.27
MOL012246	5,7,4'-trihydroxy-8-methoxyflavanone	74.24	0.26
MOL012248	5-hydroxy-7,8-dimethoxy-2-(4-methoxyphenyl)chromone	65.82	0.33
MOL012250	7-hydroxy-5,8-dimethoxy-2-phenyl-chromone	43.72	0.25
MOL012251	Chrysin-5-methylether	37.27	0.2
MOL012252	9,19-cyclolanost-24-en-3-ol	38.69	0.78
MOL002776	Baicalin	40.12	0.75
MOL012254	Campesterol	37.58	0.71
MOL000953	CLR	37.87	0.68
MOL000358	Beta-sitosterol	36.91	0.75
MOL012266	Rivularin	37.94	0.37
MOL001973	Sitosteryl acetate	40.39	0.85
MOL012269	Stigmasta-5,22-dien-3-ol-acetate	46.44	0.86
MOL012270	Stigmastan-3,5,22-triene	45.03	0.71
MOL000449	Stigmasterol	43.83	0.76
MOL000173	Wogonin	30.68	0.23
MOL001735	Dinatin	30.97	0.27
MOL001755	24-Ethylcholest-4-en-3-one	36.08	0.76
MOL002714	Baicalein	33.52	0.21
MOL002719	6-Hydroxynaringenin	33.23	0.24
MOL002915	Salvigenin	49.07	0.33

续表

MOL000351	Rhamnazin	47.14	0.34
MOL000359	Sitosterol	36.91	0.75
MOL005190	Eriodictyol	71.79	0.24
MOL005869	daucostero_qt	36.91	0.75
MOL000006	Luteolin	36.16	0.25
MOL008206	Moslosooflavone	44.09	0.25
MOL000098	Quercetin	46.43	0.28

3.2. 共同作用靶点的筛选与 Venn 图分析

通过 TCMSP 等数据库预测获得半枝莲的潜在作用靶点共计 200 个。从 GeneCards、OMIM 等疾病数据库获取 CC 相关靶点 2382 个。去除重复基因后将药物靶点与疾病靶点取交集，绘制 Venn 图，如图 1 所示。共获得 126 个共同作用靶点，这些靶点被认为是半枝莲治疗 CC 的潜在关键靶点。

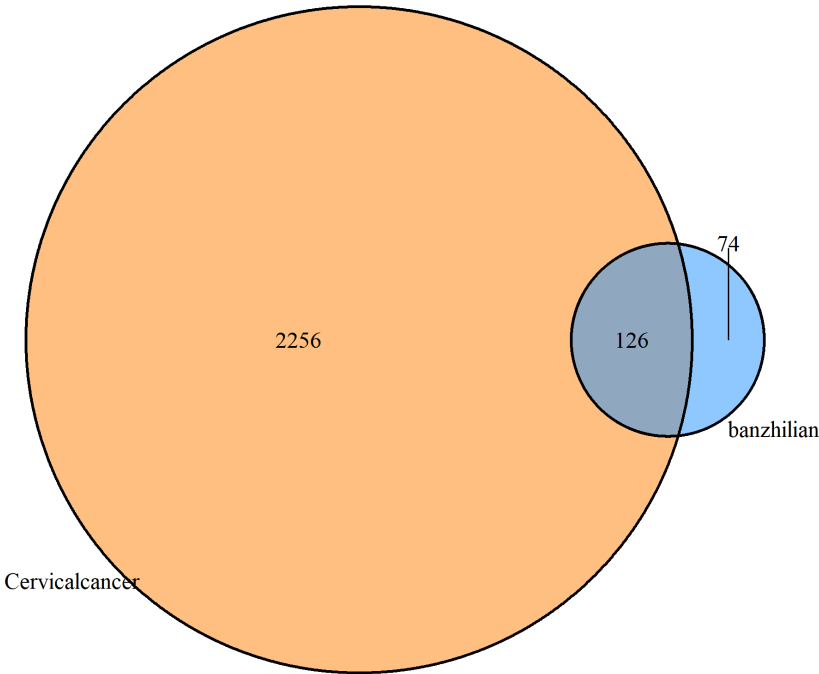


Figure 1. Venn diagram of the common targets of *Scutellaria barbata* and CC
图 1. 半枝莲与 CC 共同作用靶点 Venn 图

3.3. 药物 - 疾病 - 成分 - 共同靶点网络图的构建

利用 Cytoscape 3.9.1 软件导入相关文件，输出药物 - 疾病 - 成分 - 共同靶点基因网络图，其中药物是“banzhilian”，疾病为“Cervical cancer”关键有效成分为槲皮素(Quercetin)和木犀草素(Luteolin)，药物和疾病共同基因共 126 个，如图 2 所示。

3.4. 半枝莲作用靶点与 CC 疾病靶点的 PPI 网络构建

为探讨半枝莲治疗 CC 的核心作用机制，首先构建了潜在共同靶点的 PPI 网络。如图 3 所示，该网

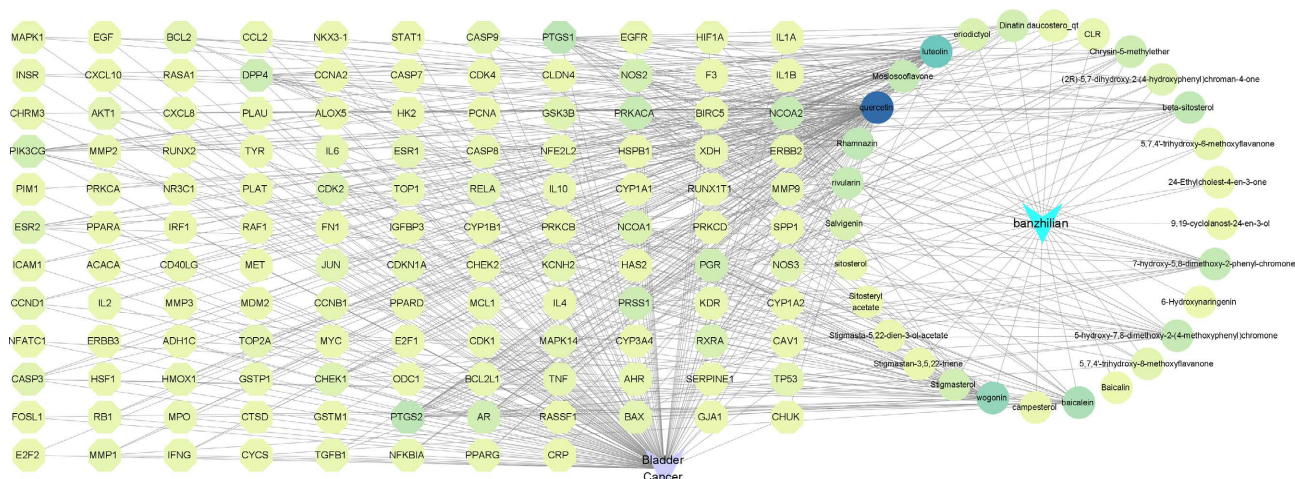


图 2. 药物-疾病-成分-共同靶点网络图

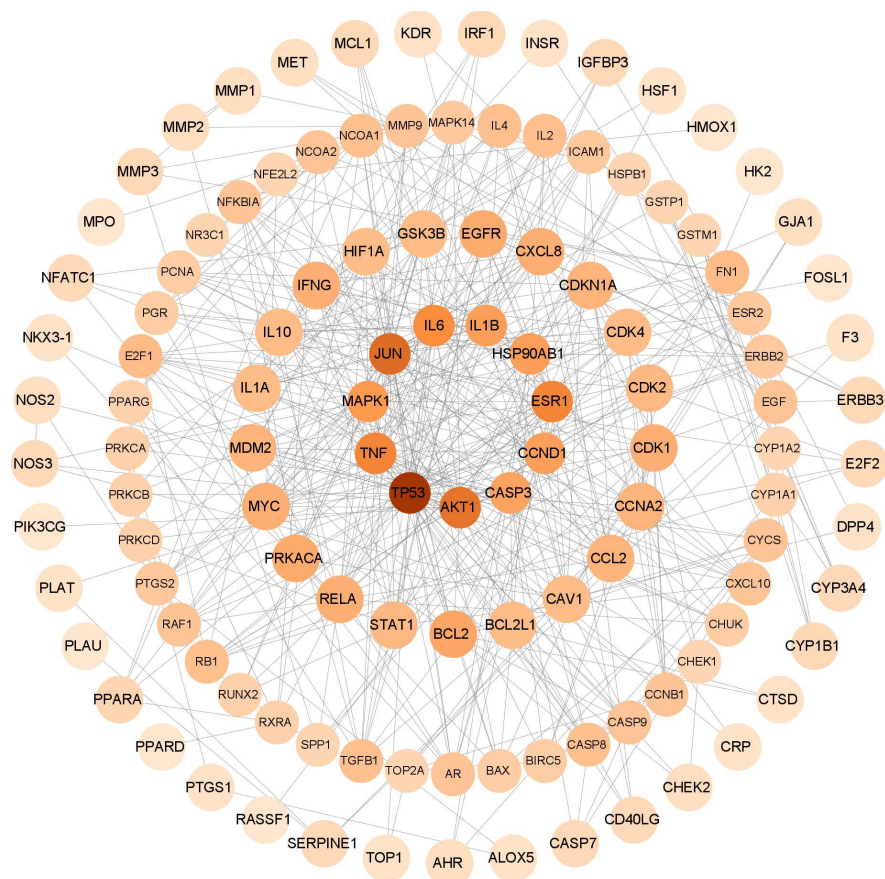


图 3. 半枝莲治疗 CC 的蛋白质 - 蛋白质相互作用网络图

3.5. GO 功能与 KEGG 通路富集分析结果

为系统阐明核心靶点的生物学功能,进行了 GO 和 KEGG 通路富集分析。GO 富集分析结果(图 4)显示,这些靶点显著富集于多个 BP、CC 和 MF。在 BP 中,靶点主要涉及对异源物刺激的反应(Response to Xenobiotic Stimulus)、凋亡信号通路的调控(Regulation of Apoptotic Signaling Pathway)、上皮细胞增殖(Epithelial Cell Proliferation)等。在 CC 方面,膜筏(Membrane Raft)、膜微结构域(Membrane Microdomain)、RNA 聚合酶 II 转录调控复合物(RNA Polymerase II Transcription Regulator Complex)等。在 MF 上,则主要富集于 DNA 结合转录因子结合(DNA-Binding Transcription Factor Binding)、RNA 聚合酶 II 特异性 DNA 结合转录因子结合(RNA Polymerase II-Specific DNA-Binding Transcription Factor Binding)、激酶调节活性(Kinase Regulator Activity)等。这些结果表明半枝莲可能通过调控细胞信号转导和基因转录等多重机制发挥抗肿瘤作用。KEGG 通路富集分析结果(图 5)表明,半枝莲的潜在靶点显著富集于多条与癌症发生发展密切相关的信号通路。其中,脂质与动脉粥样硬化(Lipid and Atherosclerosis)、人巨细胞病毒感染(Human Cytomegalovirus Infection)、PI3K/AKT 信号通路等的富集程度最为显著。这一结果提示,半枝莲治疗 CC 的机制可能涉及 PI3K/AKT 等核心肿瘤信号通路直接抑制肿瘤细胞生长与增殖,并且通过影响病毒相关致癌通路间接调节肿瘤微环境与免疫应答。

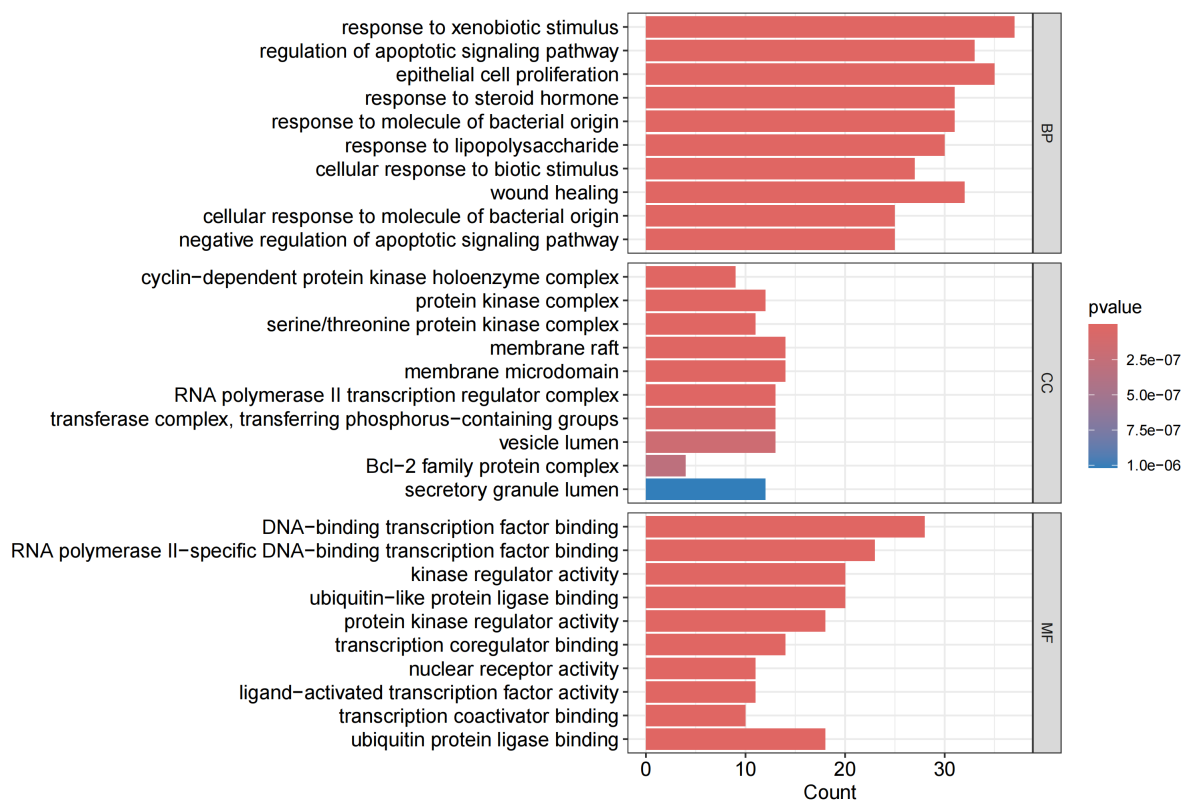


Figure 4. GO functional enrichment analysis

图 4. GO 功能富集分析

4. 讨论

CC 是导致全球女性健康问题的第 4 大常见癌症,85%的病例发生在发展中国家,也是癌症死亡的主要原因。CC 患者的治疗包括手术、化疗、激素治疗、放疗和(或)免疫治疗[9]。但以上治疗措施可能引起

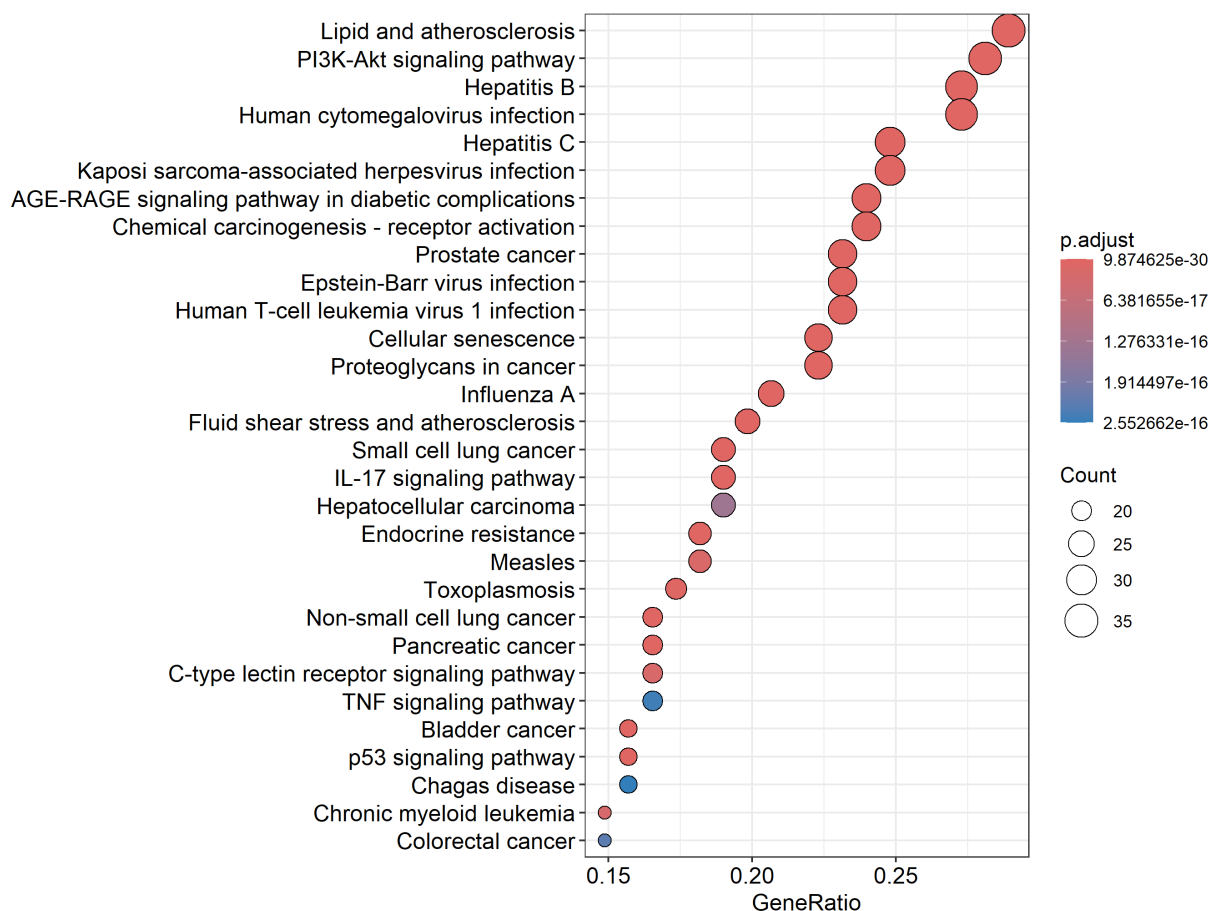


Figure 5. KEGG pathway enrichment analysis

图 5. KEGG 通路富集分析

相关并发症从而影响患者身心健康。因此，急需开发新的、更有效、更经济、低毒且副作用小的 CC 治疗策略。长期以来，天然植物一直被认为是人类健康治疗药物的重要来源。植物化学药物在预防和治疗肿瘤方面的有益作用近年来引起了现代生物医学领域的广泛关注。研究发现，半枝莲在治疗多种癌症中有效。Shi 等人通过网络药理学和实验验证发现[10]，半枝莲通过 PI3K/AKT 和 p53 信号通路抑制鼻咽癌细胞增殖并诱导其凋亡，从而治疗鼻咽癌。Yang 等人的研究发现[11]，半枝莲可能通过改变 circRNA-miRNA 基因表达来抑制体外和体内乙型肝炎病毒细胞生长从而治疗肝癌。Xu 等人发现[12]，半枝莲和白花蛇舌草配对可通过粘着斑途径显著抑制卵巢癌的增殖和迁移，可能成为治疗卵巢癌患者的潜在治疗药物。尽管已有研究表明半枝莲在治疗 CC 方面也有一定的作用，例如李[13]发现，半枝莲与药物配伍可以治疗 CC，但是其具体作用机制仍不是很明确。基于此，本研究通过网络药理学方法具体分析半枝莲如何治疗 CC。首先，通过 KEGG 通路富集分析发现半枝莲可能通过 PI3K/AKT 通路治疗 CC。大量研究表明，PI3K/AKT 通路是参与细胞增殖和转移的重要调控因子，PI3K/AKT 信号通路激活后，会诱导 EMT 相关标志物的表达水平，从而导致癌症的发生[14]。Sheng 等人的研究发现[15]，用半枝莲处理过的前列腺癌细胞会抑制 PI3K/AKT 通路，从而使癌细胞凋亡能力增加，细胞阻滞在 G2/M 期，进而抑制前列腺癌细胞生长。Jin 等人通过网络药理学和实验验证发现[16]，半枝莲通过抑制 PI3K/AKT 通路抑制结直肠癌细胞的迁移和侵袭。其次，通过 PPI 网络分析发现，TP53、JUN 和 AKT1 等基因处于网络核心节点。AKT1 是一种重要的丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶，也被称为蛋白激酶 Ba (PKBa)。它是 AKT 激酶家族三个成员

(AKT1、AKT2、AKT3)之一,在细胞存活、生长、增殖和代谢等关键生理过程中发挥核心调控作用[17]。AKT1 可通过途径在细胞生长、代谢、迁移等中发挥重要作用, AKT1 的激活会增加化疗及放疗等疗法对于肿瘤的耐药性[18]。TP53 是近半数人类癌症中最常发生突变的基因。其突变不仅是癌症的重要预测标志物,也是药理学干预的目标,并显著影响预后。基因组测序表明, TP53 的突变模式与总体癌症基因组的突变谱高度相似。TP53 编码的肿瘤抑制蛋白,可调节一系列靶基因,广泛参与细胞周期停滞、细胞死亡、DNA 修复、自噬及代谢调控等关键过程[17]。一些研究发现[19] [20], TP53 的突变是导致 CC 的高危因素。JUN (通常被称为 c-Jun)是一个重要的即刻早期基因,它编码的是一种核内转录因子,也是激活蛋白-1 (AP-1)复合物的核心组成部分。它在细胞的生命活动中扮演着双重角色:既是促进细胞增殖的原癌基因,又在特定情境下参与调控细胞凋亡和肿瘤抑制[17]。还有研究发现[21] [22], JUN 基因的过度表达可以导致 CC 的发生。此外,本研究通过 KEGG 通路分析发现靶点显著富集于脂质与动脉粥样硬化。已有研究表明,半枝莲多糖可通过激活 AMPK 通路,一方面抗脂质过氧化,另一方面抑制 VEGF 表达,进而阻止肿瘤血管生成、切断营养,从而抑制肿瘤生长[23] [24]。本研究还发现槲皮素和木犀草素是半枝莲的主要活性成分。大量研究表明,槲皮素和木犀草素可以通过多靶点、多通路的协同网络来发挥作用。刘等发现[25],槲皮素和木犀草素能与 AKT1 蛋白结合,直接抑制其活化,显著降低癌细胞中 p-AKT1 (活化形式的 AKT1)的蛋白表达水平,从而直接“掐断”通路的信号传导。此外,这两种成分还能调控通路上游和下游的重要分子:实验证实,它们可以激活 TP53 基因,活化的 TP53 能促进细胞凋亡,并与 PI3K/AKT 通路相互作用,共同抑制癌细胞增殖[26]。当槲皮素和木犀草素联合使用时,效果往往强于单一成分,能更显著地诱导癌细胞凋亡、抑制其迁移和侵袭[23]。二者还可以通过抑制 PI3K/AKT 通路降低 p-AKT 水平,然后减少下游转录因子 JUN 的活化,最后抑制肿瘤细胞增殖并促进凋亡[25]。因此,本研究发现半枝莲中的主要两种成分——槲皮素和木犀草素,可能通过干扰 TP53、JUN 和 AKT1 等基因,从而抑制 PI3K/AKT 通路治疗 CC。

5. 结语

本研究聚焦于半枝莲单味药,排除了配伍药材的混杂因素,更清晰地阐明了半枝莲在治疗 CC 中的直接物质基础与分子机制。尽管本研究取得了重要发现,但仍存在一些局限性。首先,生物信息学预测结果需要进一步的实验验证。其次,网络药理学方法难以完全反映药物在体内的复杂代谢过程。

参考文献

- [1] 中国抗癌协会宫颈癌专业委员会,林仲秋,周琦,等. 2025 年中国子宫颈癌诊疗现状白皮书[J]. 中国实用妇科与产科杂志, 2026, 42(2): 205-211.
- [2] 中国抗癌协会宫颈癌专业委员会. 非人乳头瘤病毒相关性子宫颈癌病理诊断中国专家共识(2026 年版) [J]. 中国实用妇科与产科杂志, 2026, 42(2): 171-181.
- [3] 陈春林,毛东瑞,陈晓林,等. 子宫颈癌诊治规范化中的个体化[J]. 中国实用妇科与产科杂志, 2026, 42(1): 19-24.
- [4] 王露露,李冰,王圳伊,等. 基于“整体观”系统生物学技术在中药研究中的应用进展[J]. 中草药, 2020, 51(19): 5053-5064.
- [5] 袁媛,牛娣,庞欣欣,等. 中药复方药效物质基础研究进展[J]. 中国药房, 2025, 36(21): 2738-2741.
- [6] 代文斌,陈林,周鑫,等. 基于网络药理学和体外实验验证木犀草素抑制膀胱癌细胞的增殖[J]. 世界中医药, 2024, 19(10): 1379-1385.
- [7] 贾文婷,刘倩,王丽,等. 半枝莲抗肿瘤作用机制及临床应用研究进展[J]. 世界中医药, 2025, 20(13): 2389-2397.
- [8] 朱晓芹,郑雅,刘志强,等. 半枝莲主要黄酮类成分抗癌协同机制的网络药理学分析[J]. 中药新药与临床药理, 2020, 31(9): 1037-1044.
- [9] 周晖,刘昀昀,余孝丽,等. 《2026 NCCN 子宫颈癌临床实践指南(第 1、2 版)》解读[J]. 中国实用妇科与产科杂志,

- 2026, 42(1): 76-82.
- [10] Shi, H., Liu, J., Fan, J., He, L., Wang, X., Tang, F., *et al.* (2022) Molecular Assessment of *Scutellaria barbata* D. Don in the Treatment of Nasopharyngeal Carcinoma Based on Network Pharmacology and Experimental Verification. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, **2022**, Article ID: 1988378. <https://doi.org/10.1155/2022/1988378>
- [11] Yang, P., Chen, T., Zhao, W., Liu, G., Feng, X., Wang, S., *et al.* (2021) *Scutellaria barbata* D. Don and *Oldenlandia diffusa* (Willd.) Roxb Crude Extracts Inhibit Hepatitis-B-Virus-Associated Hepatocellular Carcinoma Growth through Regulating circRNA Expression. *Journal of Ethnopharmacology*, **275**, Article ID: 114110. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2021.114110>
- [12] Xu, X., Chen, F., Zhang, L., Liu, L., Zhang, C., Zhang, Z., *et al.* (2021) Exploring the Mechanisms of Anti-Ovarian Cancer of *Hedyotis diffusa* Willd and *Scutellaria barbata* D. Don through Focal Adhesion Pathway. *Journal of Ethnopharmacology*, **279**, Article ID: 114343. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2021.114343>
- [13] 李佃芹. 中医药治疗子宫颈癌的研究进展(综述) [J]. 中国城乡企业卫生, 2007(6): 87-90.
- [14] Tehranian, C., Fankhauser, L., Harter, P.N., Ratcliffe, C.D.H., Zeiner, P.S., Messmer, J.M., *et al.* (2022) The PI3K/Akt/mTOR Pathway as a Preventive Target in Melanoma Brain Metastasis. *Neuro-Oncology*, **24**, 213-225. <https://doi.org/10.1093/neuonc/noab159>
- [15] Sheng, D., Zhao, B., Zhu, W., Wang, T. and Peng, Y. (2022) *Scutellaria barbata* D. Don (SBD) Extracts Suppressed Tumor Growth, Metastasis and Angiogenesis in Prostate Cancer via PI3K/Akt Pathway. *BMC Complementary Medicine and Therapies*, **22**, Article No. 120. <https://doi.org/10.1186/s12906-022-03587-0>
- [16] Jin, Y., Chen, W., Yang, H., Yan, Z., Lai, Z., Feng, J., *et al.* (2017) *Scutellaria barbata* D. Don Inhibits Migration and Invasion of Colorectal Cancer Cells via Suppression of PI3K/AKT and TGF- β /Smad Signaling Pathways. *Experimental and Therapeutic Medicine*, **14**, 5527-5534. <https://doi.org/10.3892/etm.2017.5242>
- [17] 宋林鑫, 郑炜东, 席瑞. 基于网络药理学及分子对接探讨紫菀治疗非小细胞肺癌的作用机制[J]. 实用中医内科杂志, 2025, 39(11): 47-52+158-161.
- [18] Zhang, W., Zhou, Q., Wei, Y., *et al.* (2019) The Exosome-Mediated PI3k/Akt/mTOR Signaling Pathway in Cervical Cancer. *International Journal of Clinical and Experimental Pathology*, **12**, 2474-2484.
- [19] Apu, M.N.H., Rashed, A.Z.M., Bashar, T., Rahman, M.M. and Mostaid, M.S. (2020) TP53 Genetic Polymorphisms and Susceptibility to Cervical Cancer in Bangladeshi Women: A Case-Control Study. *Molecular Biology Reports*, **47**, 4357-4364. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05523-2>
- [20] Missaoui, N., Mestiri, S., Bdioui, A., Zahmoul, T., Hamchi, H., Mokni, M., *et al.* (2018) HPV Infection and p16(INK4A) and TP53 Expression in Rare Cancers of the Uterine Cervix. *Pathology—Research and Practice*, **214**, 498-506. <https://doi.org/10.1016/j.prp.2018.03.004>
- [21] Park, E., Kang, H., Kim, J. and Ko, J. (2014) The Role of sLZIP in Transcriptional Regulation of C-Jun and Involvement in Migration and Invasion of Cervical Cancer Cells. *Cellular Physiology and Biochemistry*, **33**, 151-164. <https://doi.org/10.1159/000356658>
- [22] Yang, Y., Tsao, Y., Yin, C., Chen, S. and Chu, T. (1996) Overexpression of the Proto-Oncogene C-Jun in Association with Low-Risk Type Specific Human Papillomavirus Infection in Condyloma Acuminata. *Journal of Medical Virology*, **48**, 302-307. [https://doi.org/10.1002/\(sici\)1096-9071\(199604\)48:4<302::aid-jmv2>3.0.co;2-b](https://doi.org/10.1002/(sici)1096-9071(199604)48:4<302::aid-jmv2>3.0.co;2-b)
- [23] 郑云飞, 李月凤, 邓鑫. 抗肿瘤药物半枝莲的药理作用及其药对的研究进展[J/OL]. 中华中医药学刊, 1-15. <https://link.cnki.net/urlid/21.1546.R.20250710.1026.008>, 2026-06-23.
- [24] 白洁, 李一曼, 王东, 等. 基于网络药理学和分子对接技术探讨半枝莲治疗鼻咽癌的机制[J]. 中国医院用药评价与分析, 2026, 26(3): 323-327.
- [25] 刘苏, 陈洪晓, 金乐, 等. 整合网络药理学和体外实验探究夏枯草-半枝莲药对治疗乳腺癌的作用及机制[J]. 安徽医科大学学报, 2024, 59(7): 1134-1142.
- [26] 梅灏, 乔萍, 杨英姿. 基于网络药理学探讨半枝莲-龙葵治疗结直肠癌的作用机制[J]. 亚太传统医药, 2023, 19(2): 175-180.