



王云杰,冯永娥.整合网络药理学与分子对接筛选丹参-黄芪-金银花复方抗牛乳腺炎的活性成分及潜在作用靶点分析[J].中国农业大学学报,2026,31(01):127-135.

WANG Yunjie, FENG Yonge. Screening of active components and analysis potential targets of danshen-astragalus-honeysuckle compound against bovine mastitis by integrating network pharmacology and molecular docking[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(01): 127-135.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.01.11

整合网络药理学与分子对接筛选丹参-黄芪-金银花复方抗牛乳腺炎的活性成分及潜在作用靶点分析

王云杰 冯永娥*

(内蒙古农业大学 理学院, 呼和浩特 010018)

摘要 为探索牛乳腺炎防治新策略,本研究整合网络药理学与分子对接技术,系统解析了丹参-黄芪-金银花中药复方抗牛乳腺炎的活性成分及潜在作用靶点。结果表明:1)通过TCMSP数据库筛选丹参、黄芪和金银花三味中药的活性成分,设定类药性($DL \geq 0.18$)和口服生物利用度($OB \geq 30\%$)为筛选标准,共获得88个活性成分及其222个作用靶点,结合GeneCards数据库获取的177个参与乳腺炎疾病相关宿主靶基因,经Venny 2.1平台进行靶点交集筛选,获得24个共同作用靶点。2)基于STRING数据库构建的蛋白互作网络揭示TNF、IL-6和IL-1 β 等关键核心靶点,并通过Cytoscape软件构建多维度“药物-成分-靶点”网络。GO和KEGG功能富集分析表明,这些靶点显著参与炎症反应调控、免疫应答激活等过程;结合GSE15020数据集差异表达分析,筛选出7个具有显著表达差异的核心靶点。3)分子对接验证显示木犀草素、槲皮素等活性成分与ICAM1、EGFR等靶点具有稳定的自发结合特性(结合能 < -7 kcal/mol)。本研究从系统生物学角度揭示该复方通过多成分-多靶点-多通路协同作用调控牛乳腺炎症的分子机制,为开发新型抗牛乳腺炎中药制剂提供了理论依据和创新策略,有望通过多靶点干预减少抗生素依赖,推动牛养殖业的可持续发展。

关键词 网络药理学; 中药复方; 牛乳腺炎; 分子对接; 靶基因

中图分类号 Q61

文章编号 1007-4333(2026)01-0127-09

文献标志码 A

Screening of active components and analysis potential targets of danshen-astragalus-honeysuckle compound against bovine mastitis by integrating network pharmacology and molecular docking

WANG Yunjie, FENG Yonge*

(College of Science, Inner Mongolia Agriculture University, Hohhot 010018, China)

Abstract To explore new strategies for the prevention and treatment of bovine mastitis, the active ingredients and potential targets of the danshen-astragalus-honeysuckle herbal combination against bovine mastitis using integrated network pharmacology and molecular docking technology were systematically analyzed in the study. The results showed that: 1) Using the TCMSP database, 88 active components and their 222 potential targets were screened from the three herbs based on drug-likeness ($DL \geq 0.18$) and oral bioavailability ($OB \geq 30\%$). Additionally, 177 mastitis disease-related host targets were obtained from the GeneCards database, leading

收稿日期: 2025-04-30; 接受日期: 2025-06-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(62262050)

第一作者: 王云杰(ORCID: 0009-0009-2061-330X), 博士研究生, E-mail: wangyj_bio@126.com

通讯作者: 冯永娥(ORCID: 0000-0002-8978-9815), 教授, 主要从事生物信息学方向的研究, E-mail: yefeng@imau.edu.cn

to the identification of 24 common targets through target intersection analysis on the Venny 2.1 platform. 2) The protein interaction network constructed using the STRING database revealed core targets such as TNF, IL-6, and IL-1 β . Furthermore, a multi-dimensional drug-component-target network was established using Cytoscape software, and GO and KEGG functional enrichment analyses indicated that these targets were significantly involved in the regulation of inflammatory responses and the activation of immune responses. Combined with the differential expression analysis of the GSE15020 dataset, seven targets were selected for their relevance to bovine mastitis. 3) The molecular docking validation demonstrated that active ingredients like luteolin and quercetin exhibit stable spontaneous binding properties (binding energy < -7 kcal/mol) with the targets ICAM1 and EGFR. This study elucidates the synergistic molecular mechanism of the herbal formula in modulating mammary inflammation through multi-component, multi-target, and multi-pathway interactions. The findings provide a theoretical foundation and innovative strategies for developing novel herbal therapeutics against bovine mastitis, offering potential solutions to reduce antibiotic dependence and promote sustainable practices in dairy farming.

Keywords network pharmacology; Chinese herbal compound; bovine mastitis; molecular docking; target gene

牛乳腺炎是由金黄色葡萄球菌、大肠杆菌等病原微生物引发的乳腺组织感染性疾病,作为奶牛产后高发疾病,其导致的乳汁品质下降、产奶量锐减及继发性全身感染等问题,每年造成全球畜牧业重大经济损失^[1-3]。现行抗生素疗法虽能短期控制症状,但耐药菌株的广泛出现及乳制品药物残留超标问题,已严重威胁食品安全与公共卫生体系。在此背景下,开发天然植物源替代疗法成为国际研究热点。

丹参作为传统中药的重要成员,其核心活性成分丹参酮类和丹酚酸类等已被广泛用于心血管疾病(如冠心病、心绞痛)的抗炎治疗,研究证实其具有明显的抗菌消炎作用,不仅能抑制多种病原菌生长,还可通过调节炎症信号通路缓解红肿疼痛等症状^[4];黄芪主要含黄芪多糖及黄酮类成分,在防治呼吸道感染、免疫功能低下及促进伤口愈合等疾病中应用广泛,现代研究不仅支持其消毒排脓、补气固表功效,更揭示其有效提升机体免疫防御能力^[5];金银花富含黄酮类、有机酸等多种成分,是治疗流感、上呼吸道感染及各类炎症性疾病的常用药,其显著抑菌、抗病毒(包括流感病毒、SARS-CoV-2等)、解热抗炎及免疫调节作用已被证实涉及多种炎症因子和免疫信号通路的调控^[6]。研究表明,含金银花、黄芪等的中草药复方对大肠杆菌性乳腺炎的治愈率达63.33%,显著优于抗生素对照组,且无药物残留风险^[7]。上述研究充分展现了丹参、黄芪、金银花单用及部分组合在抗炎、免疫调节及抗感染方面的协同潜力,并暗示其复方配伍在防控牛乳腺炎等兼具炎症与感染特征的疾病中具有良好应用前景。然而,现有研究多集中于单味药的整体疗效

观察及初步机制探索,对于丹参-黄芪-金银花这一特定复方协同防治牛乳腺炎的系统作用机制仍不清楚,特别是其多成分、多靶点、多通路的协同网络调控关系尚待深入解析。

分子对接技术就是把潜在的有效药物分子与目标蛋白进行结构匹配和能量计算,预测它们是否能紧密结合,从而判断这个药物分子有潜力作用于这个靶点。本研究整合网络药理学与分子对接技术,构建丹参-黄芪-金银花复方的“药物-成分-靶点-疾病”多维作用网络。通过GEO数据库^[8]筛选牛乳腺炎相关的差异表达基因,采用CB-Dock2^[9]进行木犀草素-ICAM1等复合物的分子对接验证(结合能 < -7 kcal/mol)。该研究不仅揭示中药复方多靶点协同抗炎作用,更为开发无耐药性、低残留的新型植物药制剂提供理论依据,对推动畜牧业可持续发展具有重要实践意义。

1 材料与方法

1.1 丹参、黄芪、金银花有效活性成分及其靶点的获取

利用中药系统药理学数据库(TCMSP, <https://old.tcmsp-e.com/tcmsp.php>)^[10]检索丹参、黄芪、金银花对应的活性成分以及靶点,使用口服生物利用度(OB) $\geq 30\%$ 、类药性(DL) ≥ 0.18 作为筛选条件进行筛选。根据Uniprot数据库对活性成分所对应的靶点规范为标准的基因名称^[11]。

1.2 参与乳腺炎疾病相关宿主基因获取

在GeneCards数据库(<https://www.genecards>.)

org/)[12]中以“mastitis”为关键词检索,获取参与乳腺炎发病机制相关的宿主基因。

1.3 GO和KEGG功能富集分析

活性成分对应靶点和乳腺炎疾病相关宿主靶点的交集基因利用 R 语言的“clusterProfiler”、“biomaRt”、“org. Bt. eg. db”包进行基因本体(GO)富集分析[13]和京都基因与基因组百科全书(KEGG)通路富集分析[14],筛选 $P < 0.05$ 的通路。

1.4 蛋白质相互作用(PPI)构建

将活性成分对应靶点和参与乳腺炎疾病相关宿主靶点的交集基因输入 STRING(<https://cn.string-db.org/>)[15]进行蛋白质相互作用(PPI)网络分析,物种选择“Bos taurus”。将 STRING 分析后得到的 PPI 导入 Cytoscape 3.10.2 进行可视化[16-17]。

1.5 “药物-活性成分-靶点”网络的构建

将 3 种药材的活性成分靶点与参与乳腺炎疾病相关宿主的靶点通过 Venny 2.1 网站(<https://bioinfo.gp.cnb.csic.es/tools/venny>)取交集,得到共有靶点。将活性成分和共有靶点导入 Cytoscape 3.10.2 软件,构建“药物-活性成分-共同作用靶点”网络图。

1.6 分子对接

基因表达综合数据库(Gene Expression Omnibus, GEO. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>)下载 GSE15020 数据集[18]和对应的 GPL2112 平台注释文件,该数据集包含 5 例健康牛乳房组织样本和 5 例由大肠杆菌感染的乳房组织样本。使用 R 语言的“limma”包进行数据分析[19],采用调整后的 P 值($P. \text{adjust}$) < 0.05 和 $|\log_2FC| > 2$ 作为筛选阈值,在交集靶点中筛选差异表达基因。将差异表达的靶点与其对应的活性成分利用 CB-Dock2 网站(<https://cadd.labshare.cn/cb-dock2/php/index.php>)进行分子对接。从 PubChem 数据库(<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov>)下载主要活性成分的 3D 结构,并通过 UniProt 数据库(<https://www.uniprot.org/>)获取受体蛋白的结构。以结合能大小判断其结合活性的指标:若结合能 ≤ -5.0 kcal/mol,表明成分与靶点结合较好;若结合能 ≤ -7.0 kcal/mol,表明成分与靶点具有强的结合活性。

2 结果与分析

2.1 药物活性成分及靶点收集

从 TCMSP 数据库中筛选出丹参活性成分

65 个,黄芪活性成分 20 个,金银花活性成分 23 个。这些活性成分对应的潜在作用靶点共 222 个。

2.2 参与乳腺炎疾病相关的宿主基因

在 GeneCards 中搜索“mastitis”获取疾病相关基因,得到 177 个疾病相关的宿主靶点。利用 Venny 2.1 获得药物活性成分调控的靶点与参与乳腺炎疾病相关的宿主靶点的交集,识别出 24 个共同靶点,如图 1 所示。

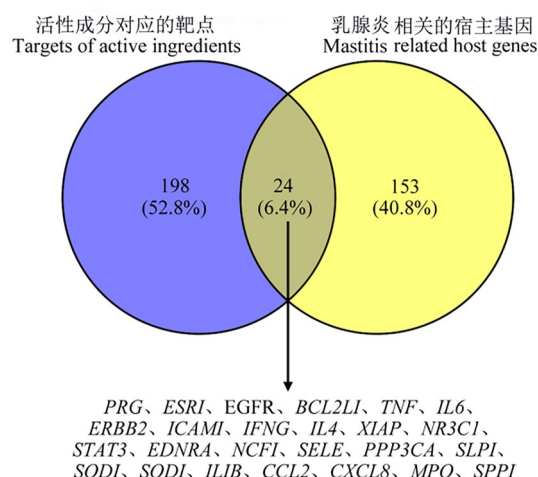


图 1 活性成分靶点与乳腺炎相关的宿主靶点交集韦恩图

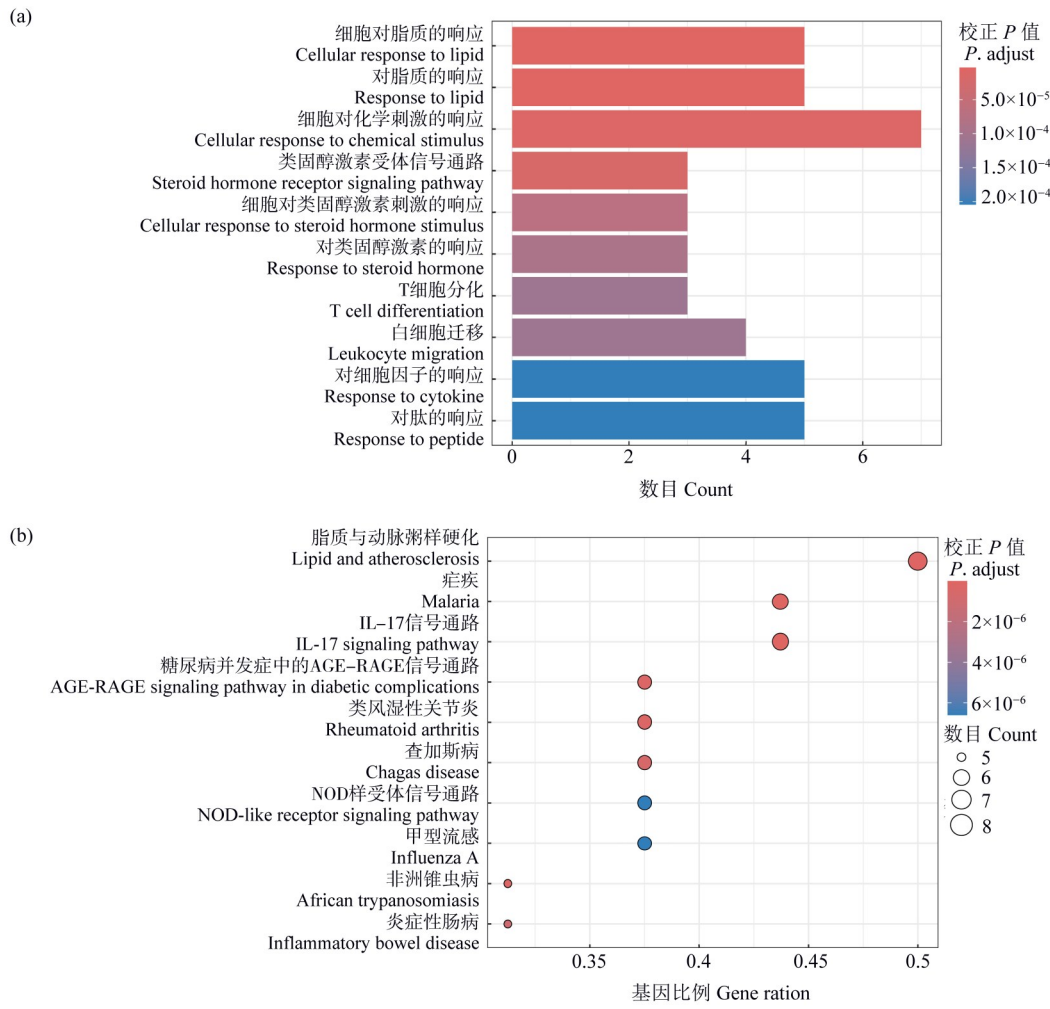
Fig. 1 Venn diagram of intersection between active ingredients targets and mastitis disease-related host targets

2.3 交集靶基因的 GO 及 KEGG 功能富集分析

使用获得的 24 个交集靶基因进行富集分析,以此推测这些基因潜在功能。GO 功能富集分析显示,这些基因主要参与对脂质的反应、对各类刺激的反应、类固醇激素相关信号通路、免疫细胞的分化与迁移以及对细胞因子和肽的反应等生物学过程(图 2(a))。此外,KEGG 通路分析表明,这些交集靶基因显著富集于炎症反应、免疫调节和感染性疾病相关的多条重要通路(图 2(b))。综合结果表明这些基因在牛乳腺炎的发生、发展及防御过程中扮演着关键角色,为进一步揭示牛乳腺炎的发病机制及寻找潜在治疗靶点提供了重要线索。

2.4 交集靶蛋白的 PPI 网络

将筛选获得的 24 个交集靶点,上传至 STRING 数据库分析平台。在数据处理过程中,去除网络中未与其他基因相互作用的孤立节点,成功获得药物与疾病交集靶点的 PPI 网络图(图 3),用于直观展示靶点间的相互作用关系,图中节点大小及颜色梯度均表征其



(a)GO 富集分析;(b)KEGG 富集分析。
(a) GO enrichment analysis; (b) KEGG enrichment analysis.

图 2 交集靶基因的 GO 和 KEGG 富集分析

Fig. 2 GO and KEGG enrichment analysis of intersection target genes

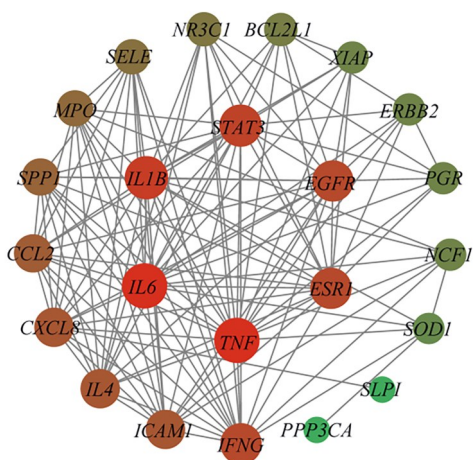


图 3 交集靶蛋白的 PPI 网络

Fig. 3 PPI networks of intersecting target proteins

连接度高低,颜色越红表示连接度越高。结果显示, TNF、IL-6 与 IL-1 β 处于网络核心位置,为关键靶点。

2.5 “药物 - 活性成分 - 靶点”网络

采用 Cytoscape 3.10.2 软件构建“药物-活性成分-靶点”互作网络。如图 4 所示,47 个活性成分可能通过作用于 24 个靶点发挥乳腺炎防治作用,且每个活性成分均可作用于多个靶点,这提示这 3 种药物对乳腺炎防治作用具有多成分、多靶点的特点。

2.6 活性成分与靶点的分子对接

在 GEO 数据库中选择与牛乳腺炎相关的数据集 GSE15020 和 GPL2112 平台注释文件,通过差异基因分析,共筛选出 283 个差异表达基因,其中

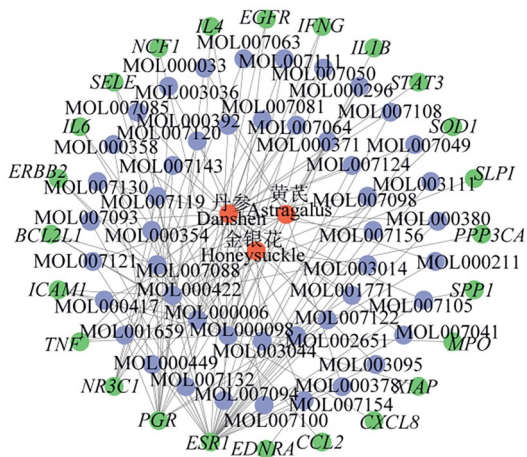


图 4 “药物 - 活性成分 - 靶点”网络图

Fig. 4 “Drug-active ingredient-target” network diagram

85 个表达上调,198个表达下调,进一步分析发现,在上述 24 个靶点中,有 7 个属于差异表达基因,这 7 个基因在乳腺炎样本下相较于健康样本均呈现出过表达态势(图 5)。

为进一步探究中药复方防治牛乳腺炎的潜在作用机制,7 个差异表达的靶点与其对应的活性成分利用 CB-Dock2 进行分子对接,对接的结果如表 1 所示。结果显示:在用于治疗牛乳腺炎的中药复方中,这 7 个基因均能与对应的活性成分自发结合,且结合状态稳定。其中 NCF1 与槲皮素、异鼠李素活性成分强烈结合,其结合能均小于 -8 kcal/mol,对接结果说明中药复方能够通过作用于相关靶点发挥治疗牛乳腺炎的作用。

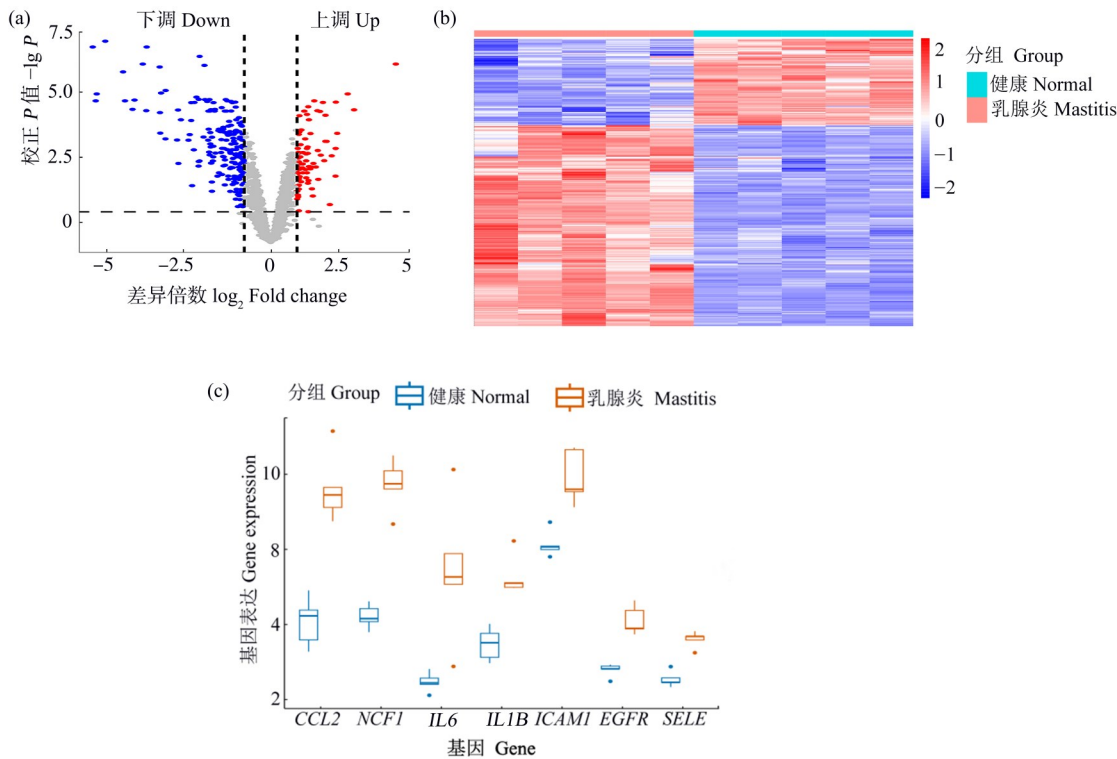


图 5 GSE15020 数据集差异基因分析

Fig. 5 The differential gene analysis conducted on the GSE15020 dataset

3 讨论

在“减抗替抗”的时代背景下,畜牧业对于绿色、安全、高效的疾病防治方案需求愈发迫切^[20-22]。由丹参、黄芪、金银花组成的中药复方,不仅取材广泛,而且富含多种活性成分,极具开发价值。丹参具有活血化瘀的功效,黄芪能够益气固表,金银花

可清热解毒,它们在传统医学领域广泛应用于炎症性疾病的治疗。然而,当前对于该中药复方治疗牛乳腺炎的作用机制仍不明确。因此,本研究借助网络药理学和分子对接技术,系统地分析了该中药复方的有效活性成分、疾病靶点以及相关信号通路,旨在深入探究其对牛乳腺炎的潜在作用机制,为牛乳腺炎的防治开辟新路径,推动畜牧业绿色可持续

表 1 核心靶点的分子对接结果
Table 1 Molecular docking results of core targets

编号 Number	编码蛋白 Coding protein	有效成分 Active ingredient	结合能/(kcal/mol) Binding energy
1	CCL-2	槲皮素	-7.1
2	ICAM1	木犀草素	-7.7
3	ICAM1	山柰酚	-7.3
4	ICAM1	槲皮素	-7.5
5	IL-6	槲皮素	-7.0
6	IL-6	木犀草素	-7.1
7	IL-1 β	槲皮素	-7.8
8	NCF1	槲皮素	-8.1
9	NCF1	异鼠李素	-8.1
10	EGFR	木犀草素	-8.0
11	EGFR	槲皮素	-7.9
12	SELE	槲皮素	-6.7
13	SELE	山柰酚	-7.0

发展。

本研究利用 TCMSP 数据库,系统性地获取了中药复方(丹参、黄芪、金银花)的活性成分及其对应的作用靶点。经过筛选,发现多种具有较高生物活性的成分,丹参含有丹参酮 IIA、隐丹参酮、二氢丹参酮 I、丹参酮 VI 等成分;黄芪中的毛蕊异黄酮葡萄糖苷、黄芪甲苷、芒柄花素、毛蕊异黄酮在免疫调节、抗氧化等方面发挥着重要作用;金银花富含绿原酸、木犀草素、槲皮素、山柰酚等活性成分,这些成分在抗炎、抗菌、调节免疫等多方面发挥着关键作用。以丹参中的丹参酮 IIA 为例,它具备显著的抗炎和抗菌活性,能够有效抑制炎症因子如肿瘤坏死因子- α (TNF- α)和白细胞介素-1 β (IL-1 β)的释放,对金黄色葡萄球菌、大肠杆菌等引发牛乳腺炎的常见病原菌有明显的抑制效果。隐丹参酮同样具有抗炎特性,可通过调节炎症信号通路,减轻乳腺组织的炎症反应。黄芪中的毛蕊异黄酮葡萄糖苷不仅能够调节免疫细胞的功能,增强机体的免疫防御能力,还具有一定的抗炎作用。黄芪甲苷则可以促进细胞的修复和再生,有助于受损乳腺组织的恢复。金银花里的绿原酸抗菌消炎功效显著,还能增强机体免疫功能,促进免疫细胞的增殖和活性提升。木犀草素具有抗炎、抗氧化作用,能够抑制炎症反应的发生和发展。综合来看,这些活性成分在不同层面协同发挥作用。由此推测,该中药复方可能正是通过这些有效成分,多维度地抑制炎症反应、抵抗病原菌感染、调节机体免疫功能,从而发挥对牛乳腺炎的治疗作用。

PPI 网络分析显示,TNF、IL-6 与 IL-1 β 处于互作网络核心,揭示其可能是调控牛乳腺炎的关键靶点。研究表明,TNF 作为炎症反应的关键调节因子,能够激活一系列炎症信号通路,促进炎症细胞聚集和炎症介质释放^[23];IL-6^[24]和 IL-1 β ^[25]同样在炎症级联反应中发挥重要作用,其异常高表达会加重乳腺组织的炎症损伤。这意味着中药复方可能通过靶向调控这些核心因子,阻断炎症信号传导,减轻乳腺组织损伤,从而发挥抗牛乳腺炎作用。

对中药复方有效活性成分和参与乳腺炎疾病相关宿主的交集靶基因展开 GO 功能富集分析,结果显示这些成分涉及多个关键生物进程。在细胞与外界物质的交互层面,它们参与了细胞对脂质、化学刺激以及类固醇激素的响应过程,提示这些成分可能在细胞感知和应对外界环境变化、调节自身生理功能方面发挥作用。在免疫相关进程中,这些成分参与了 T 细胞分化与白细胞迁移,促进免疫细胞成熟及向炎症部位趋化,有助于机体启动和加强免疫防御。同时,在炎症反应调控方面,它们参与了对细胞因子、肽的响应,表明其在炎症信号传导

和炎症反应的精细调节中具有重要意义。从细胞定位来看,这些成分可在细胞膜、细胞外基质等部位发挥作用,可能通过影响细胞膜的功能以及细胞与微环境的相互作用实现上述功能。KEGG功能富集分析发现,该复方的有效成分作用于多条与牛乳腺炎紧密相关的信号通路。包括:IL-17信号通路、AGE-RAGE信号通路、NOD样受体信号通路等,其中IL-17信号通路在免疫和炎症反应中具有关键作用,它能够促使多种促炎细胞因子(如白细胞介素6(IL-6)、肿瘤坏死因子 α (TNF- α)等)产生,在牛乳腺炎的发病过程中,这些促炎细胞因子会加剧炎症反应,引发乳腺组织的损伤。例如,金黄色葡萄球菌感染牛乳腺时,会激活免疫细胞分泌IL-17,激活IL-17信号通路,促使炎症介质释放,加重乳腺炎症。

分子对接结果显示,中药复方中的部分活性成分与靶基因具有较强的结合能力。例如,槲皮素与CCL-2、ICAM1、IL-1 β 和IL-6等靶点均能稳定结合。槲皮素成分具备显著的抗炎特性,能够通过抑制炎症介质释放、阻断炎症信号通路传导来精准调节免疫系统功能,从而有效提高机体抵抗力,抵御乳腺炎引发的炎症侵袭。另外,木犀草素、山奈酚、异鼠李素活性成分同样具有独特的生物学活性。木犀草素可通过干扰细菌细胞壁的合成,对引起牛乳腺炎的常见病原菌如金黄色葡萄球菌、大肠杆菌等展现出较强的抗菌活性;山奈酚能够改善乳腺组织的微循环,促进炎性物质的吸收与代谢,减轻乳腺肿胀与疼痛;异鼠李素则凭借其抗氧化能力,减少乳腺炎期间氧化应激对乳腺细胞的损伤,维持细胞正常的生理功能。这表明中药复方可能主要通过这些活性成分与靶点的相互作用,多途径发挥抗牛乳腺炎的治疗效果,为牛乳腺炎的防治提供了一种基于天然产物的有效策略。

综上所述,本研究初步揭示了中药复方(丹参、黄芪、金银花)通过多成分、多靶点、多通路协同作用治疗牛乳腺炎的潜在机制。然而,本研究属理论驱动的预测分析,核心价值在于从复杂中药体系中筛选高潜力活性成分与关键靶点,从而大幅缩小后续试验验证范围。该策略显著降低了传统盲筛所需的时间与经济成本,为针对性试验设计(例如:验证木犀草素/槲皮素是否确实能结合并调控CAM1/EGFR等预测靶点)提供明确方向,为其在牛乳腺炎防治中的实际应用提供更坚实的理论基础和实践依据。

4 结 论

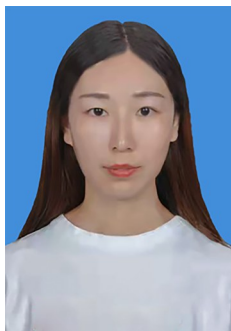
本研究通过整合网络药理学与分子对接技术,系统分析丹参-黄芪-金银花复方通过槲皮素、木犀草素等活性成分协同作用IL-1 β 和IL-6等核心靶点,显著调控IL-17信号通路、炎症反应及免疫应答,形成多成分-多靶点-多通路协同抗牛乳腺炎机制模型;通过分子对接(结合能低于-7 kcal/mol)与GSE15020数据集交叉验证,为该复方中药作用于牛乳腺炎的分析模型提供有力支撑,也为牛乳腺炎的临床实践提供了依据。

参考文献 References

- [1] 廖毅婷,林嘉熙,龙森. 奶牛乳房炎源金黄色葡萄球菌噬菌体的分离鉴定、生物学特性及初步应用[J]. 中国农业大学学报, 2025, 30(6): 70-78
Liao Y T, Lin J X, Long M. Isolation, identification, and biological characteristics of bacteriophages of staphylococcus aureus derived from bovine mastitis, and its preliminary application [J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(6): 70-78 (in Chinese)
- [2] 吴建强,崔荐. 中西医结合治疗牛乳腺炎[J]. 今日畜牧兽医, 2022, 38(6): 93-94
Wu J Q, Cui J. Treatment of bovine mastitis by combination of Chinese and western medicine [J]. *Today's Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2022, 38(6): 93-94 (in Chinese)
- [3] 赵晨莹. 中西医结合治疗牛乳腺炎[J]. 畜牧兽医学(电子版), 2022, (18): 96-98
Zhao C Y. Treatment of bovine mastitis by combination of Chinese and western medicine[J]. *Animal Husbandry and Veterinary Science (Electronic Edition)*, 2022(18): 96-98 (in Chinese)
- [4] Zhang D, Jin G Z, Liu W, Dou M M, Wang X, Shi W Y, Bao Y Z. Salvia miltiorrhiza polysaccharides ameliorates Staphylococcus aureus-induced mastitis in rats by inhibiting activation of the NF- κ B and MAPK signaling pathways[J]. *BMC Veterinary Research*, 2022, 18(1): 201
- [5] 曾雯,周胜强,黄佳,谭玲娟,李枝鑫,刘芳. 黄芪免疫调节活性成分及其药理作用进展[J]. 上海中医药杂志, 2025, 59(1): 80-88
Zeng W, Zhou S Q, Huang J, Tan L J, Li Z X, Liu F. Research progress on active components and pharmacological mechanisms of Astragali Radix in immunoregulation [J]. *Journal of Shanghai University of Traditional Chinese Medicine*, 2025, 59(1): 80-88 (in Chinese)
- [6] 任君达,谭真,冉言,张晓东,孙石磊,沈雷. 金银花主要化学成分及临床研究进展[J]. 中国医药科学, 2024, 14(22): 17-21
Ren J D, Tan Z, Ran Y, Zhang X D, Sun S L, Shen L. Main chemical constituents and clinical research progress of honeysuckle [J]. *China Medicine and Pharmacy*, 2024, 14(22): 17-21 (in Chinese)
- [7] 韩惠琴. 中草药治疗奶牛乳腺炎的效果研究[J]. 畜牧兽医学(电子版), 2021(22): 10-11

- Han H Q. Study on the effect of Chinese herbal medicine in the treatment of mastitis in dairy cows [J]. *Animal Husbandry and Veterinary Science (Electronic Edition)*, 2021(22): 10-11 (in Chinese)
- [8] Clough E, Barrett T. The gene expression omnibus database[J]. *Methods in Molecular Biology*, 2016, 1418: 93-110
- [9] Liu Y, Yang X C, Gan J H, Chen S, Xiao Z X, Cao Y. CB-Dock2: Improved protein-ligand blind docking by integrating cavity detection, docking and homologous template fitting[J]. *Nucleic Acids Research*, 2022, 50(W1): W159-W164
- [10] Ru J L, Li P, Wang J N, Zhou W, Li B H, Huang C, Li P D, Guo Z H, Tao W Y, Yang Y F, Xu X, Li Y, Wang Y H, Yang L. TCMSP: A database of systems pharmacology for drug discovery from herbal medicines[J]. *Journal of Cheminformatics*, 2014, 6: 13
- [11] Consortium U. UniProt: the universal protein knowledgebase in 2023[J]. *Nucleic Acids Research*, 2023, 51(D1): D523-D531
- [12] Stelzer G, Rosen N, Plaschkes I, Zimmerman S, Twik M, Fishilevich S, Stein T I, Nudel R, Lieder I, Mazor Y, Kaplan S, Dahary D, Warshawsky D, Guan-Golan Y, Kohn A, Rappaport N, Safran M, Lancet D. The GeneCards suite: From gene data mining to disease genome sequence analyses [J]. *Current Protocols in Bioinformatics*, 2016, 54: 1.30.1-1.30.33
- [13] Consortium G O. The gene ontology resource: Enriching a GOLD mine[J]. *Nucleic Acids Research*, 2021, 49(D1): D325-D335
- [14] Kanehisa M, Goto S. KEGG: Kyoto encyclopedia of genes and genomes[J]. *Nucleic Acids Research*, 2000, 28(1): 27-30
- [15] Szklarczyk D, Gable A L, Nastou K C, Lyon D, Kirsch R, Pyysalo S, Doncheva N T, Legeay M, Fang T, Bork P, Jensen L J, von Mering C. The STRING database in 2021: Customizable protein-protein networks, and functional characterization of user-uploaded gene/measurement sets [J]. *Nucleic Acids Research*, 2021, 49(D1): D605-D612
- [16] Doncheva N T, Morris J H, Gorodkin J, Jensen L J. Cytoscape StringApp: network analysis and visualization of proteomics data[J]. *Journal of Proteome Research*, 2019, 18(2): 623-632
- [17] Shannon P, Markiel A, Ozier O, Baliga N S, Wang J T, Ramage D, Amin N, Schwikowski B, Ideker T. Cytoscape: A software environment for integrated models of biomolecular interaction networks [J]. *Genome Research*, 2003, 13(11): 2498-2504
- [18] Mitterhuemer S, Petzl W, Krebs S, Mehne D, Klanner A, Wolf E, Zerbe H, Blum H. *Escherichia coli* infection induces distinct local and systemic transcriptome responses in the mammary gland[J]. *BMC Genomics*, 2010, 11: 138
- [19] Ritchie M E, Phipson B, Wu D, Hu Y F, Law C W, Shi W, Smyth G K. limma powers differential expression analyses for RNA-sequencing and microarray studies[J]. *Nucleic Acids Research*, 2015, 43(7): e47
- [20] 白飞英, 吴文明. 中兽医药在减抗替抗养殖业中的发展趋势[J]. 中国禽业导刊, 2023, 40(9): 12-16
- Bai F Y, Wu W M. Development trends of traditional Chinese veterinary medicine in antibiotic reduction and replacement in the breeding industry[J]. *China Poultry Industry Guide*, 2023, 40(9): 12-16 (in Chinese)
- [21] 兰新财, 缪雨臻, 赵丽丽, 郑守乾, 陈欣, 欧彬, 卢骏. 浅谈中兽药在畜禽养殖中减抗替抗方面的应用[J]. 浙江畜牧兽医, 2024, 49(6): 13-16
- Lan X C, Miao Y Z, Zhao L L, Zheng S Q, Chen X, Ou B, Lu J. Application of traditional Chinese veterinary medicine in antibiotic reduction and replacement in livestock and poultry breeding [J]. *Zhejiang Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2024, 49(6): 13-16 (in Chinese)
- [22] 刘宗义, 张勇. 中兽药减抗替抗国内外研究进展[J]. 吉林畜牧兽医, 2024, 45(7): 148-150
- Liu Z Y, Zhang Y. Research progress on antibiotic reduction and replacement using traditional Chinese veterinary medicine in China and abroad[J]. *Jilin Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2024, 45(7): 148-150 (in Chinese)
- [23] Bass V L, Wong V C, Bullock M E, Gaudet S, Miller-Jensen K. TNF stimulation primarily modulates transcriptional burst size of NF- κ B-regulated genes[J]. *Molecular Systems Biology*, 2021, 17(7): e10127
- [24] Yin J, Wang C, Vogel U, Ma Y, Zhang Y, Wang H, Sun Z, Du S. Common variants of pro-inflammatory gene IL1B and interactions with PPP1R13L and POLR1G in relation to lung cancer among northeast Chinese[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13: 7352
- [25] Malysch T, Reinhold J M, Becker C A, Schmidt-Bleek K, Kleber C. In vivo immunomodulation of IL6 signaling in a murine multiple trauma model[J]. *Immunologic Research*, 2023, 71(2): 164-172
- [26] 张年洁, 甄明哲, 王巧玉, 王新. 槲皮素对产肠毒素大肠杆菌感染小鼠的抗炎作用及肠道菌群的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2024(24): 94-100, 142
- Zhang N J, Zhen M Z, Wang Q Y, Wang X. Anti-inflammatory effects of quercetin on enterotoxigenic escherichia coli-infected mice and its impact on intestinal microbiota [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2024 (24): 94-100, 142 (in Chinese)
- [27] 刘霞. 葎草中木犀草素对鸡大肠杆菌病治疗作用的研究[D]. 山东: 山东农业大学, 2024
- Liu X. Therapeutic effect of luteolin from humulus scandens against escherichia coli infection in chickens[D]. Shandong: Shandong Agricultural University, 2024 (in Chinese)
- [28] 赵莹, 王靖雷, 王萌, 王立斌, 张倩, 李志杰, 马鑫, 余四九, 潘阳阳. 乳源外泌体包载连翘苷A和山奈酚的制备、表征及体外抗炎效果评价[J]. 畜牧兽医学报, 2025, 56(5): 2481-2495
- Zhao Y, Wang J L, Wang M, Wang L B, Zhang Q, Li Z J, Ma X, Yu S J, Pan Y Y. Preparation and characterization of forsythiaside A and kaempferol encapsulated in milk-derived exosomes and evaluation of anti-inflammatory effects *in vitro* [J]. *Animal Research and One Health*, 2025, 56(5): 2481-2495 (in Chinese)
- [29] 王德宇, 杨东亮, 常刘. 异鼠李素对H₂O₂诱导的肠上皮细胞氧化应激损伤的保护作用[J]. 陕西中医, 2023, 44(1): 7-11
- Wang D Y, Yang D L, Chang L. Protective effect of isorhamnetin on H₂O₂-induced oxidative stress injury of intestinal epithelial cells [J]. *Shaanxi Journal of Traditional Chinese Medicine*, 2023, 44(1): 7-11 (in Chinese)

责任编辑: 秦梅



第一作者简介：王云杰，内蒙古农业大学理学院 2024 级生物物理学博士研究生，主要从事生物信息学相关研究。在校期间获校二等奖学金，参与一项国家自然科学基金项目(62262050)。



通讯作者简介：冯永娥，博士，教授，博士生导师，内蒙古生物物理与生物信息学学会理事，主要从事生物信息学相关的研究，主持国家自然科学基金项目 2 项，内蒙古自治区省部级项目 1 项，发表学术论文 30 余篇。本人系统地研究了蛋白质结构、功能以及固有无序蛋白与配体的相互作用；研究了肥胖、糖尿病等促炎因子与结合蛋白的相互作用机制；同时从药理学和多组学数据结合临床信息，用信息学和统计学方法，深入研究肝癌、宫颈癌等癌症的生物标志物、分型预后模型等，探讨癌症发病、发展的潜在生物学机制。