· 计算药学 ·

基于分子对接技术解析肾病主方治疗免疫球蛋白 A 肾病的作用机制

黄爽[1]，黄云剑[2,3]，杨强[1]，刘晓伟[1]，周强[1]，廖杰[1*]

（1. 重庆市沙坪坝区中西医结合医院肾内科，重庆 401334；2. 陆军军医大学附属新桥医院肾内科，重庆 400021；3. 重庆大学附属涪陵医院肾内科，重庆 408000）

[摘要] **目的** 基于分子对接技术，探讨肾病主方治疗免疫球蛋白 A（immunoglobulin A，IgA）肾病的可能作用机制，为其临床应用提供分子药理学依据。**方法** 从数据库下载肾病主方主要药物活性成分和靶点，以及 IgA 肾病核心靶点蛋白结构，利用 AutoDock Tools 1.5.6 软件进行分子对接分析，通过对接分数评价活性成分与靶点蛋白的结合活性，并结合 PyMOL 2.5.2 软件完成结果可视化分析。**结果** 肾病主方治疗 IgA 肾病的主要有效成分为槲皮素、山柰酚、常春藤皂苷元，主要作用靶点为肿瘤坏死因子、γ 干扰素、细胞间黏附分子 1，主要涉及氧化应激、炎症反应及糖基化产物代谢等过程。**结论** 肾病主方通过多种活性成分作用于 IgA 肾病的多个靶点，介导多条信号通路，发挥治疗 IgA 肾病的作用。

[关键词] 免疫球蛋白 A 肾病；肾病主方；分子对接；活性成分；作用机制

[中图分类号] R285.5；R692.31 [文献标志码] A [文章编号] 1001-5094（2025）11-0991-06

DOI: 10.20053/j.issn1001-5094.202503140115

Elucidation of the Mechanism of Action of Kidney Disease Main Formula in the Treatment of Immunoglobulin A Nephropathy Based on Molecular Docking Technology

HUANG Shuang[1], HUANG Yunjian[2,3], YANG Qiang[1], LIU Xiaowei[1], ZHOU Qiang[1], LIAO Jie[1]

(1. Department of Nephrology, Shapingba District Hospital of Integrated Traditional Chinese and Western Medicine, Chongqing City, Chongqing 401334, China; 2. Department of Nephrology, Xinqiao Hospital Affiliated to Army Medical University, Chongqing 400021, China; 3. Department of Nephrology, Fuling Hospital Affiliated to Chongqing University, Chongqing 408000, China)

[Abstract] **Objective** To explore the potential mechanism of kidney disease main formula in treating immunoglobulin A (IgA) nephropathy using molecular docking technology, and to provide molecular pharmacology evidence for its clinical application. **Methods** The main active ingredients and targets of kidney disease main formula, as well as the protein structures of core targets of IgA nephropathy, were downloaded from databases. Molecular docking analysis was performed using AutoDock Tools 1.5.6 software. The binding activity between active ingredients and target proteins was evaluated by docking scores, and the results were visualized using PyMOL 2.5.2 software. **Results** The primary active ingredients of kidney disease main formula for treating IgA nephropathy were quercetin, kaempferol and hederagenin. The main targets included tumor necrosis factor, interferon-γ and intercellular adhesion molecule 1. These are primarily involved in processes such as oxidative stress, inflammatory response, and glycosylation product metabolism. **Conclusion** The kidney disease main formula exerts a therapeutic effect on IgA nephropathy by acting on multiple targets of IgA nephropathy through various active ingredients, and mediating multiple signaling pathways.

[Key words] immunoglobulin A nephropathy; kidney disease main formula; molecular docking; active ingredient; mechanism of action

免疫球蛋白 A（immunoglobulin A，IgA）肾病是一组以肾小球系膜区 IgA 沉积为主的临床综合征，临床表现为肉眼血尿或镜下血尿，可伴蛋白尿、肾病综合征、急性肾炎综合征等，且具有慢性进展特征，25%~30% 的患者可能进展为终末期肾病[1-2]。因此，控制 IgA 肾病的慢性进展、防治终末期肾病发生，是当前治疗 IgA 肾病的主要原则[3]。但 IgA 肾病发病机制复杂，涉及环节甚广，目前西医多采用糖皮质激素、免疫抑制剂及血管紧张素受体拮抗剂等对症治疗，然而此类药物存在激素依赖、不良反应多、治疗周期长、患者敏感度不一等问题，严重影响治疗效果[4-5]。

接受日期：2025-07-28

基金项目：重庆市 2021 沙坪坝区科卫联合医学科研项目（No. 2021SQKWLH014）

* 通信作者：廖杰，主治医师

研究方向：内科

E-mail：liaojie_11@163.com

近年来，随着临床多元化治疗模式的发展，中医药方剂在 IgA 肾病治疗中展现出独特优势，为患者提供了新的治疗途径，且临床疗效已得到证实。肾病主方是由黄芪、人参、金樱子、茯苓、山药等组成的经典方剂，临床实践表明其可有效控制蛋白尿、血尿，延缓患者肾功能恶化进程[6]。但由于该方剂中的中药活性成分复杂、作用靶点广泛，其治疗 IgA 肾病的主要机制尚未明确。鉴于此，本研究利用网络药理学理论及技术，系统筛选肾病主方治疗 IgA 肾病的活性成分与作用靶点，并基于分子对接技术进行验证，旨在为肾病主方治疗 IgA 肾病的临床应用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 肾病主方活性成分及作用靶点的收集与筛选

肾病主方由黄芪、人参、金樱子、枸杞子、五味子、丹皮、山萸肉、生地、茯苓、山药 10 味中药组成。登录中药系统药理学数据库与分析平台（Traditional Chinese Medicine Systems Pharmacology，TCMSP），以类药性 [drug-likeness, DL；以基于分子描述符的 Tanimoto 相似度表征，DL＝Tanimoto (A,B)，其中，A 为该成分的分子描述符向量，B 为已上市药物集合的平均分子描述符向量] ≥ 0.18、口服生物利用度（oral bioavailability，OB）≥ 30%、细胞渗透率≥ 0.4 为筛选标准[7]，获取上述中药的主要活性成分及其对应作用靶点；通过综合蛋白质数据库（universal protein resource，UniProt）查询并确认作用靶点对应的标准基因名称。

1.2 IgA 肾病相关靶点基因获取

以“IgA nephropathy”作为检索关键词，分别从人类基因数据库（Gene Cards）、药物靶点数据库、人类孟德尔遗传在线数据库及遗传关联数据库中收集 IgA 肾病相关靶点基因。其中，在 Gene Cards 数据库检索时，选取相关性得分≥ 1 的基因。在筛选目标靶点时，采用组内相关系数（intraclass correlation coefficient，ICC）对不同数据库来源数据的一致性进行检验，ICC ≥ 0.75 表示一致性良好。靶点基因信息收集完成后进行数据整合与去重。

1.3 “中药-成分-靶点”的网络模型构建

为明确肾病主方治疗 IgA 肾病的作用机制，采用 R 4.2.0 软件将 1.1 节筛选的方剂活性成分作用靶点基因与 1.2 节获取的 IgA 肾病相关靶点基因进行映射，绘制韦恩图以确定共有靶点基因。随后将获得的共有靶点基因导入 Cytoscape 3.9.0 软件中，绘制“中药-成分-靶点”网络模型。采用 Fisher 精确检验法，分析肾病主方活性成分靶点与 IgA 肾病靶点之间的关联性，$P < 0.05$ 表示有统计学差异。

1.4 基因本体论富集分析及京都基因与基因组百科全书通路富集分析

利用 Cytoscape 3.9.0 软件中的 ClueGO 插件对共有靶点基因进行基因本体论（gene ontology，GO）富集分析，采用 Bonferroni 校正法进行多重检验校正（阈值设为 $P < 0.001$）；通过 DAVID 在线工具进行京都基因与基因组百科全书（Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes，KEGG）通路富集分析，明确肾病主方治疗 IgA 肾病的生物通路，并利用基迪奥生物信息云平台结果绘制气泡图。

1.5 蛋白-蛋白相互作用网络构建及核心靶点筛选

通过利用蛋白质相互作用网络（Search Tool for Interacting Proteins，STRING）数据库建立共有靶点的蛋白-蛋白相互作用（protein-protein interaction，PPI）网络，将数据导入 Cytoscape 3.9.0 软件进行网络拓扑学分析，利用主成分分析筛选 IgA 肾病治疗的核心靶点基因，并利用分析网络结构计算 Degree 参数，Degree 为连接到该节点的边的条数，Degree 越高提示连接的成分、靶点越多，药理作用“面”更广，涉及多种活性成分、多靶点；Degree 低提示连接的成分或靶点较少，仅被少数成分作用或仅作用于少数靶点。

1.6 分子对接验证

选取 Degree 排名前 3 位的 IgA 肾病核心靶点基因与 Degree 排名前 3 位的肾病主方主要活性成分进行分子对接验证。从 PubChem 数据库下载中药活性成分结构文件（配体），在蛋白质数据库（Protein Data Bank，PDB）下载 IgA 肾病核心靶点基因的蛋白晶体结构（受体）；采用 AutoDock Tools 1.5.6 软件进行分子对接运算，运用 PyMOL 2.5.2 软件对靶点蛋白及配体结构进行预处理，包括水分子移除及冗余配体结构剔除。受体与配体间对接亲和力以结合自由能（ΔG）表示，$\Delta G < 0$ kcal·mol^{-1}（1 kcal·mol^{-1}＝4.184 kJ·mol^{-1}），提示二者可自发结合；$\Delta G < -5.0$ kcal·mol^{-1} 提示结合性良好、构象稳定。

2 结果

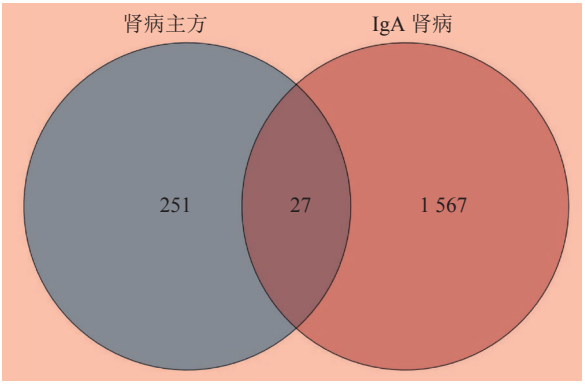
2.1 肾病主方主要活性成分及其靶点基因

登录 TCMSP 数据库平台，以 DL ≥ 0.18，OB ≥ 30%，细胞渗透率≥ 0.4 为筛选标准，获取肾病主方中黄芪、人参、金樱子、枸杞子、五味子、丹皮、山萸肉、生地、茯苓、山药 10 味中药的主要活性成分。结果显示，各中药筛选得到的主要活性成分数量分别为：黄芪 17 个、人参 17 个、金樱子 6 个、枸杞子 35 个、五味子 8 个、丹皮 7 个、山萸肉 15 个、生地 2 个、茯苓 5 个、山药 11 个，共计 123 个；剔

除重复成分后最终得到 99 个活性成分。对应获取的作用靶点基因共913个，去重后确定251个靶点基因，提示肾病主方中的中医药具有多成分、多作用靶点的特性。同时，从数据库中共筛选出 IgA 肾病相关靶点基因 1 567 条。

2.2 “中药-成分-靶点”的网络模型构建

将肾病主方中的 251 个靶点基因与 IgA 肾病相关的 1 567 个靶点基因进行映射时，获得共有靶点基因 27 个，生成韦恩图（见图 1）。使用 Cytoscape 软件生成“中药-成分-靶点”相互作用网络图（见图 2），该网络图中包含 115 个节点和 2 231 条边，Degree 排名前 3 位的活性成分分别为 quercetin（槲皮素）、kaempferol（山柰酚）、hederagenin（常春藤皂苷元）。



IgA：immunoglobulin A（免疫球蛋白 A）

图 1 肾病主方主要活性成分与 IgA 肾病交集靶点基因韦恩图

Figure 1 Venn diagram of the intersecting target genes between the main active ingredients of the kidney disease main formula and IgA nephropathy

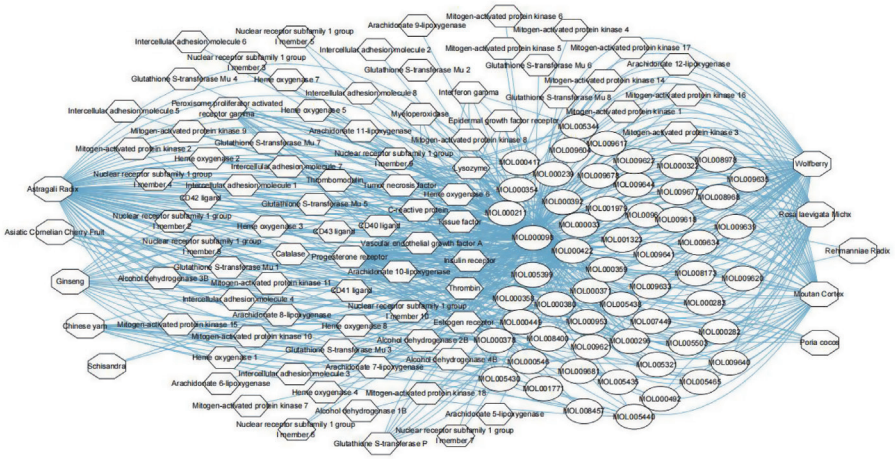


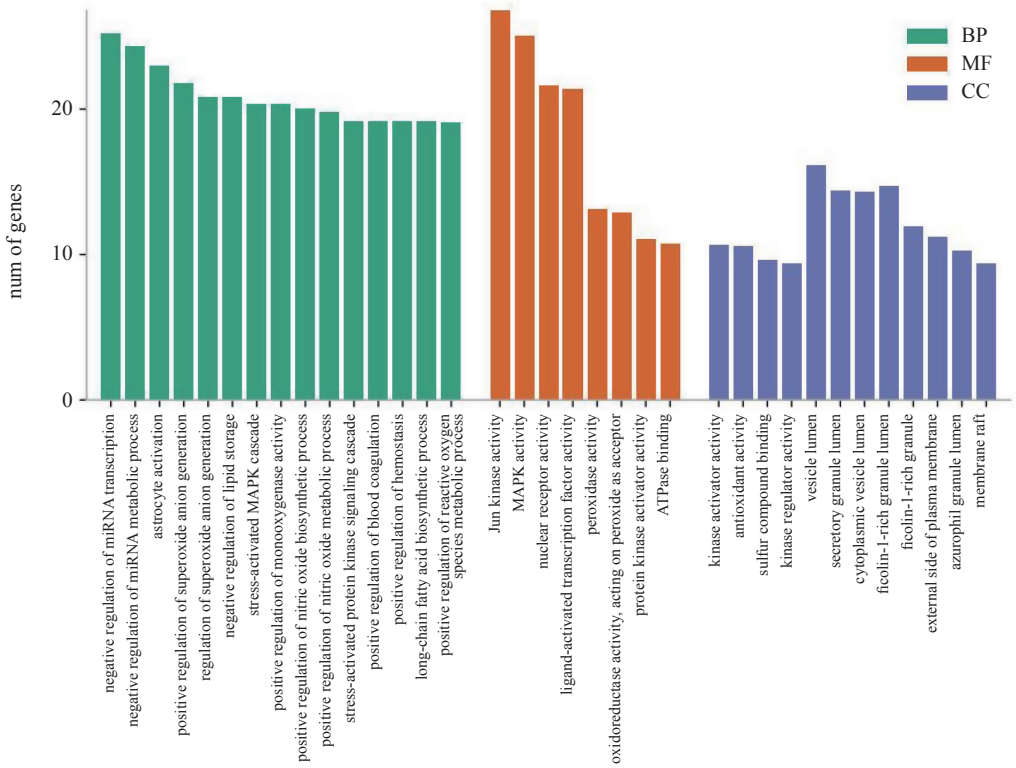
图 2 “中药-成分-靶点”相互作用网络图

Figure 2 Interaction network diagram of “traditional Chinese medicine-ingredient-target”

2.3 GO 富集及 KEGG 通路富集分析

将 27 个共有靶点基因进行 GO 富集分析，得到 1 120 条结果。其中，生物过程 1 038 条，经 Bonferroni 法校正后，微 RNA（microRNA，miRNA）转录的负调控、miRNA 代谢过程的负调控、星形胶质细胞激活 3 个条目仍显示显著富集（P=0.000 8，P=0.000 59，P=0.000 7）；分子功能相关条目 54 条，校正后，Jun 激酶活性、丝裂原激活的蛋白激酶活性、核受体活性条目仍显示显著富集（P=0.000 24，P=0.000 48，P=0.000 34）；细胞成分相关条目 28 条，校正后囊泡内腔、分泌颗粒腔、富含纤维胶凝蛋白 1 的颗粒腔条目仍显示显著富集（P=0.000 16，P=0.000 41，P=0.000 67）。对上述显著富集的 GO 条目进行可视化分析，结果见图 3。

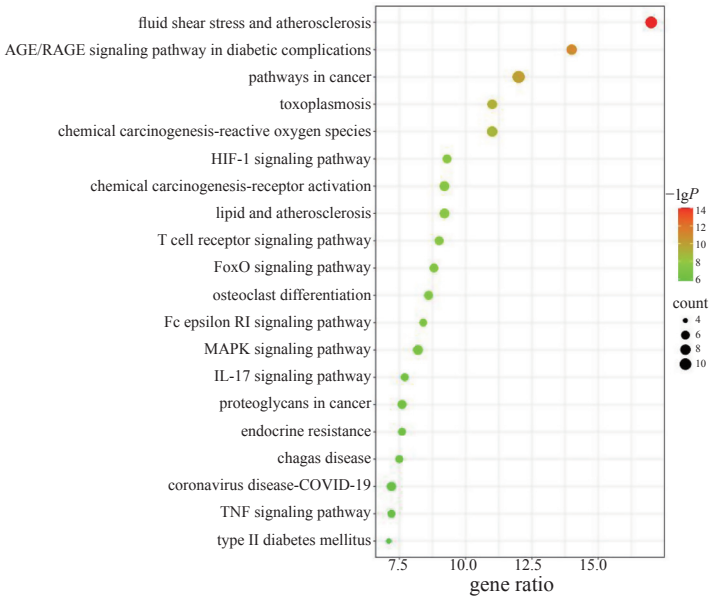
经 KEGG 通路富集分析得到肾病主方治疗 IgA 肾病相关通路 94 条；经 Bonferroni 法校正后，流体剪切应力与动脉粥样硬化信号通路、晚期糖基化终末产物/晚期糖基化终末产物受体信号通路及癌症信号通路仍显示显著富集（P=0.000 19，P=0.000 51，P=0.000 69），表明肾病主方可通过多途径、多通路调控 IgA 肾病病理进程（见图 4）。



BP：biological process（生物过程）；MF：molecular function（分子功能）；CC：cellular component（细胞成分）；miRNA：microRNA（微RNA）；MAPK：mitogen-activated protein kinase（丝裂原激活的蛋白激酶）；ATP：adenosine triphosphate（腺苷三磷酸）

图 3 肾病主方治疗 IgA 肾病的关键靶点 GO 富集分析

Figure 3 GO enrichment analysis of key targets for the treatment of IgA nephropathy with the kidney disease main formula



AGE/RAGE：advanced glycation end-products/receptor for advanced glycation end-products（晚期糖基化终末产物 - 晚期糖基化终末产物受体）；HIF-1：hypoxia inducible factor-1（低氧诱导因子-1）；FoxO：forkhead box O（叉头框蛋白 O 家族）；Fc：fragment crystallizable（免疫球蛋白 Fc 片段）；RI：receptor I（受体 I 型）；MAPK：mitogen-activated protein kinase（丝裂原激活的蛋白激酶）；IL-17：interleukin-17（白细胞介素 -17）；COVID-19：corona virus disease 2019（新型冠状病毒感染）；TNF：tumor necrosis factor（肿瘤坏死因子）

图 4 肾病主方治疗 IgA 肾病的关键信号通路的 KEGG 富集分析

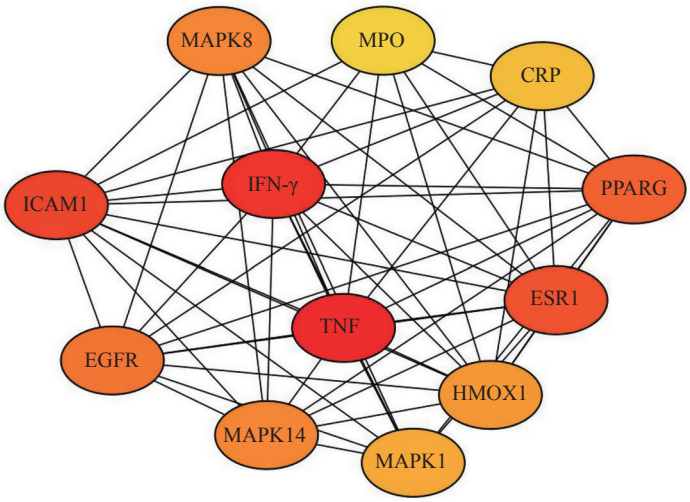
Figure 4 KEGG enrichment analysis of key signaling pathways involved in the treatment of IgA nephropathy with the kidney disease main formula

2.4 核心靶点基因筛选

将 27 个共有靶点基因导入至 STRING 平台，获取肾病主方主要活性成分作用靶点的 PPI 网络，然后通过 Cytoscape 3.9.0 软件进行可视化处理，并利用分析网络结构（Analyze Network）计算 Degree 参数，筛选出位于网络核心的前 3 位蛋白，分别为肿瘤坏死因子（tumor necrosis factor，TNF）、γ 干扰素（interferon-γ，IFN-γ）、细胞间黏附分子 1（intercellular adhesion molecule 1，ICAM1），具体网络见图 5。

2.5 分子对接验证

为进一步验证肾病主方治疗 IgA 肾病的活性成分与靶点的结合活性，选取 Degree 排名前 3 位的活性成分（槲皮素、山柰酚、常春藤皂苷元），与核心靶点蛋白（TNF、IFN-γ、ICAM1）进行分子对接。结果显示，上述活性成分与 IgA 肾病的 3 个核心靶点的对接 ΔG 均低于 − 5.0 kcal · mol^{-1}（1 kcal·mol^{-1} = 4.184 kJ · mol^{-1}），表明二者结合活性良好，预测结果可靠，见表 1。



MAPK：mitogen-activated protein kinase（丝裂原激活的蛋白激酶）；MPO：myeloperoxidase（髓过氧化酶）；CRP：C-reactive protein（C 反应蛋白）；PPARG：peroxisome proliferator-activated receptor gamma（过氧化物酶体增殖物激活受体 γ）；ESR1：estrogen receptor 1（雌激素受体 1）；HMOX1：heme oxygenase 1（血红素加氧酶 1）；EGFR：epidermal growth factor receptor（表皮生长因子受体）；ICAM1：intercellular adhesion molecule 1（细胞间黏附分子 1）；IFN-γ：interferon-γ（γ 干扰素）；TNF：tumor necrosis factor（肿瘤坏死因子）

图 5 PPI 网络图

Figure 5 PPI network diagram

表 1 肾病主方核心活性成分-靶点分子对接结合自由能（ΔG/kcal·mol^{-1*}）

Table 1 Binding free energy of molecular docking between core active ingredients of the kidney disease main formula and its targets

靶点	槲皮素	山柰酚	常春藤皂苷元
TNF	−7.8	−7.5	−6.1
IFN-γ	−6.7	−6.0	−6.5
ICAM1	−5.3	−5.2	−6.6

*1 kcal · mol^{-1} = 4.184 kJ · mol^{-1}；TNF：tumor necrosis factor（肿瘤坏死因子）；IFN-γ：interferon-γ（γ 干扰素）；ICAM1：intercellular adhesion molecule 1（细胞间黏附分子 1）

3 讨论

中医学认为，脾肾两虚是 IgA 肾病发病的内在病机，肾病主方具补脾益肾、益气升阳之功效，是临床治疗 IgA 肾病的经典方剂，可有效改善患者临床症状、延缓肾功能恶化进程[8−10]。但该方剂的临床应用依据多源于传统中医理论，其治疗 IgA 肾病的现代药理学机制尚未明确。鉴于此，本研究结合网络药理学与分子对接技术，探讨肾病主方的药理作用机制，为其临床应用提供科学支撑。

基于多数据库整合分析，本研究明确肾病主方治疗 IgA 肾病的主要活性成分为槲皮素、山柰酚、常春藤皂苷元。其中，槲皮素属于黄酮类化合物，具有抗菌、抗炎等活性，不仅可有效保护肾足细胞、抑制肾小球硬化，还能通过下调白细胞介素、TNF 等炎症因子及磷酸化蛋白激酶 B（protein kinase B，PKB）的表达水平，减轻肾脏炎症损伤，抑制间质纤维化[11−13]。山柰酚与常春藤皂苷元具有抑制氧化应激反应的作用，可通过减轻内皮细胞氧化损伤、

抑制细胞凋亡，以及抑制炎症细胞活化和炎症介质释放，实现肾脏功能保护，改善 IgA 肾病患者临床症状 [14-16]。上述成分的药理活性为肾病主方的临床应用提供了物质基础。

利用网络药理学工具将肾病主方的 251 个作用靶点与 IgA 肾病的 1 567 个靶点进行映射，本研究筛选出肾病主方治疗 IgA 肾病的 27 个潜在作用靶点，为阐明方剂“多成分-多靶点”的作用特征提供了药理学依据。进一步利用 STRING 平台构建肾病主方主要活性成分作用靶点的 PPI 网络，明确 TNF、IFN-γ、ICAM1 为肾病主方发挥作用的关键靶点。在 IgA 肾病发生及进展过程中，TNF 蛋白引起的系膜细胞增生和细胞外基质合成增加形成的肾小球系膜区增宽是 IgA 肾病的典型病理改变；IFN-γ 能促进树突状细胞成熟，激活 T 淋巴细胞，进而放大免疫反应；ICAM1 可调控免疫细胞间相互作用，直接影响免疫反应的强度和进程，而 IgA 肾病作为一种免疫性疾病，ICAM1 的表达水平与患者病情及预后密切相关 [17]。既往研究 [18] 也证实，较高的 ICAM1 表达可能预示着 IgA 肾病患者更差的预后。因此，肾病主方主要活性成分靶向作用于 TNF、IFN-γ、ICAM1，进一步为肾病主方治疗 IgA 肾病提供了生物学依据。

分子对接验证结果显示，槲皮素、山柰酚、常春藤皂苷元与 TNF、IFN-γ、ICAM1 均具有良好的结合活性。结合已有药理研究推测，槲皮素、山柰酚、常春藤皂苷元可能通过以下途径发挥治疗作用：一是上调抗氧化酶活性，减轻肾脏细胞的氧化应激损伤；二是抑制炎症因子释放和炎症信号通路激活，缓解炎症对肾脏组织的损伤；三是调节免疫细胞功能，减少 IgA 及 IgA 免疫复合物在肾小球系膜区的沉积，进而减轻免疫介导的肾脏损伤 [19-21]。

综上所述，肾病主方可通过多种活性成分作用于 IgA 肾病的多个靶点，介导多条信号通路，实现对 IgA 肾病的协同治疗效应。本研究为阐明肾病主方的现代药理学机制提供了实验依据，但仍存在一定局限性，如缺乏体内外实验验证，后续需进一步开展相关研究。

[参考文献]

[1] Stamellou E, Seikrit C, Tang S C W, *et al*. IgA nephropathy[J]. *Nat Rev Dis Primers*, 2023, 9: 67.

[2] Caravaca-Fontán F, Gutiérrez E, Sevillano Á M, *et al*. Targeting complement in IgA nephropathy[J]. *Clin Kidney J*, 2023, 16(Suppl 2): ii28-ii39.

[3] Floege J. IgA-nephropathie[J]. *Urologie*, 2024, 63(1): 103-111.

[4] El Karoui K, Fervenza F C, De Vriese A S. Treatment of IgA nephropathy: a rapidly evolving field[J]. *J Am Soc Nephrol*, 2024, 35(1): 103-116.

[5] Floege J, Wied S, Rauen T. Assessing prognosis in IgA nephropathy[J]. *Kidney Int*, 2022, 102(1): 22-24.

[6] 吴辉, 费梅, 李含, 等. 益气养阴活血方治疗 IgA 肾病气阴两虚证的疗效以及对血清 Gd-IgA1 水平的影响[J]. 中国中西医结合肾病杂志, 2021, 22(7): 591-594.

[7] Ru J, Li P, Wang J, *et al*. TCMSP: a database of systems pharmacology for drug discovery from herbal medicines[J]. *J Cheminform*, 2014, 6: 13.

[8] 李智恒, 文青, 蔡雪妮, 等. IgA 肾病治疗研究进展[J]. 新乡医学院学报, 2023, 40(3): 295-300.

[9] 郑娱, 王琛. 基于玄府理论辨治 IgA 肾病[J]. 中国中医药信息杂志, 2023, 30(3): 156-159.

[10] 庄炎, 刘加强. 益气活血补肾方对 IgA 肾病患者尿蛋白及氧化应激的影响[J]. 山东医学高等专科学校学报, 2022, 44(3): 213-215.

[11] Hosseini A, Razavi B M, Banach M, *et al*. Quercetin and metabolic syndrome: a review[J]. *Phytother Res*, 2021, 35(10): 5352-5364.

[12] Jamshidi-Mouselou M S, Hashemi A, Jamshidi-Mouselou M S, *et al*. Application of quercetin and its novel formulations in the treatment of malignancies of central nervous system: an updated review of current evidence based on molecular mechanisms[J]. *Curr Med Chem*, 2024, 31(26): 4180-4198.

[13] Chiang S C C, Owsley E, Panchal N, *et al*. Quercetin ameliorates XIAP deficiency-associated hyperinflammation[J]. *Blood*, 2022, 140(7): 706-715.

[14] Zhao J, Ling L, Zhu W, *et al*. M1/M2 re-polarization of kaempferol biomimetic NPs in anti-inflammatory therapy of atherosclerosis[J]. *J Control Release*, 2023, 353: 1068-1083.

[15] Shao Y F, Tang B B, Ding Y H, *et al*. Kaempferide ameliorates cisplatin-induced nephrotoxicity via inhibiting oxidative stress and inducing autophagy[J]. *Acta Pharmacol Sin*, 2023, 44(7): 1442-1454.

[16] Li N, Chen S, Deng W, *et al*. Kaempferol attenuates gouty arthritis by regulating the balance of Th17/treg cells and secretion of IL-17[J]. *Inflammation*, 2023, 46(5): 1901-1916.

[17] Yu M, Yang Y, Zhang J, *et al*. Association between TRAF1/C5 gene polymorphisms and IgA vasculitis in Chinese children[J]. *Immunol Invest*, 2024, 53(2): 281-293.

[18] Tota M, Donizy P, Byrska M, *et al*. An unsuspected histopathological finding-concomitant IgA nephropathy in a patient with ANCA-associated vasculitis: a case report and literature review[J]. *Front Immunol*, 2023, 14: 1227878.

[19] Song J, Wang H, Sheng J, *et al*. Vitexin attenuates chronic kidney disease by inhibiting renal tubular epithelial cell ferroptosis via NRF2 activation[J]. *Mol Med*, 2023, 29(1): 147.

[20] Caliskan Y, Demir E, Karatay E, *et al*. Oxidative stress and macrophage infiltration in IgA nephropathy[J]. *J Nephrol*, 2022, 35(4): 1101-1111.

[21] Chang M, Shi X, Ma S, *et al*. Inhibition of excessive autophagy alleviates renal injury and inflammation in a rat model of immunoglobulin A nephropathy[J]. *Eur J Pharmacol*, 2023, 961: 176198.

（责任编辑：邢爱敏）