

· 重大新药创制专项巡礼 ·

基于网络药理学方法探讨双鱼颗粒治疗上呼吸道感染的作用机制

王俨如^{1,2}, 张新庄^{1,2}, 李娜^{1,2}, 曹亮^{1,2}, 丁岗^{1,2}, 王振中^{1,2}, 徐筱杰³, 萧伟^{1,2}

(1 江苏康缘药业股份有限公司, 连云港 222001; 2 中药制药过程新技术国家重点实验室, 连云港 222001;
3 北京大学化学与分子工程学院, 北京 100871)

[摘要] 目的: 研究双鱼颗粒中治疗上呼吸道感染的活性成分和作用机制。方法: 利用分子对接、网络分析, 挖掘双鱼颗粒与上呼吸道感染相关靶标的相互作用, 来阐明其可能的活性分子群和相应分子作用机制。结果: 双鱼颗粒所含化合物在化学结构上具有类药性, 双鱼颗粒治疗上呼吸道感染可能的活性分子为甾体类化合物, 其作用的可能机制与抑制病毒复制、抑制炎症反应及其信号转导有关。结论: 初步揭示出双鱼颗粒通过抗病毒、抗炎等功效来治疗上呼吸道感染。

[关键词] 化学空间; 网络药理; 分子对接; 双鱼颗粒; 上呼吸道感染

[中图分类号] R285; R96 **[文献标志码]** A **[文章编号]** 1003-3734(2015)11-1222-07

Action mechanism of Shuangyu granules on upper respiratory tract infections based on network pharmacology

WANG Yan-ru^{1,2}, ZHANG Xin-zhuang^{1,2}, LI Na^{1,2}, CAO Liang^{1,2},
DING Gang^{1,2}, WANG Zhen-zhong^{1,2}, XU Xiao-jie³, XIAO Wei^{1,2}

(1 Jiangsu Kanion Pharmaceutical Co., Ltd., Lianyungang 222001, China; 2 State Key Laboratory of New-tech for Chinese Medicine Pharmaceutical Process, Lianyungang 222001, China; 3 College of Chemistry and Molecular Engineering, Peking University, Beijing 100871, China)

[Abstract] **Objective:** To investigate active ingredients and action mechanism of Shuangyu granules on upper respiratory tract infection (URTI). **Methods:** Network pharmacology method was used to construct drug-target network and study the interactions between 351 ingredients of Shuangyu granules and 46 drug targets related to URTI. **Results:** Most of the ingredients had good drug-like properties in their chemical spaces. The active ingredients in Shuangyu granules were steroidal compounds. The effect of Shuangyu granules might be mediated by affecting viral synthesis, inflammation and related signaling pathways. **Conclusion:** The mechanism underlying effect of Shuangyu granules on URTI may be inhibition of inflammation and virus replication.

[Key words] chemical space; network pharmacology; molecular docking; Shuangyu granules; upper respiratory tract infection

上呼吸道感染, 简称上感, 是指外鼻孔至环状软骨下缘, 包括鼻腔、咽部和喉部炎症的总称, 包括普通感冒、流行性感冒、咽炎等, 其主要由多病毒(如

鼻病毒、流感病毒、冠状病毒和腺病毒等) 感染引起^[1-2], 后期会继发细菌感染。上呼吸道感染四季皆可发生, 甚至气候突变时还会出现小规模流行, 治疗不及时多会发展为下呼吸道炎症。目前临床对上呼吸道感染的治疗策略主要为病因治疗和病症治疗相结合, 如抗病毒药与非甾体类抗炎药组合制剂。但由于病毒感染多样性、易突变性, 目前的针对特异性靶点的抗病毒药物临床疗效有限, 且容易产生耐药性; 对症治疗药物如解热镇痛药和镇咳剂等只是

[基金项目] 国家科技部重大新药创制项目(2013ZX09402203)

[作者简介] 王俨如, 女, 硕士, 主要从事药物筛选与药效评价研究。

联系电话: (025) 86587935, E-mail: yanru719@126.com。

[通讯作者] 萧伟, 男, 研究员级高级工程师, 博士, 主要从事中药新药的研究与开发研究。联系电话: (0518) 81152367, E-mail: kanion-lunwen@163.com。



缓解某一症状,无法有效治疗上呼吸道感染。

中药用于治疗上呼吸道感染由来已久,对上呼吸道感染有较好疗效,且不良反应小,被广泛应用于临床治疗中^[3-4]。近些年 SARS、H7N9、登革热等病毒感染大规模爆发,利用中药制剂治疗上呼吸道感染已成为研究热点^[5-6]。双鱼颗粒是江苏康缘药业股份有限公司研制的治疗上呼吸道感染的现代中药,是以现代工艺提取鱼腥草(*herba houttuyniae*)、金银花(*Lonicera japonica*)、赤芍(*Paeonia veitchii*)、艾叶(*Artemisia argyi*)、薄荷(*Mentha canadensis*)中的有效成分精制而成,能够显著改善外感风热、肺胃热盛所致的咽干、咽痛、喉核肿大、口渴、发热,以及急性慢性扁桃体炎、急性慢性咽炎、上呼吸道感染等。但由于中药的多成分、多靶点、多途径治疗疾病的特点,使得双鱼颗粒等中药的作用机制面临一定挑战。

网络药理学是一种基于网络观点从系统水平观察药物作用机制、发现先导化合物、识别新药靶等的研究新策略^[7-8],其与中药能从整体水平调控机体治疗疾病的观点相吻合,并逐渐作为一种新的研究方法被引入到中药来研究其药效物质基础、探索其分子作用机制。为此,本文采用网络药理学方法分析双鱼颗粒的活性成分和可能的分子作用机制,将为该品种的质量控制提升和临床合理应用提供理论依据。

材料与方法

1 双鱼颗粒中小分子化合物和药物的化学空间分布

根据双鱼颗粒中 5 味中药鱼腥草(*herba houttuyniae*)、金银花(*Lonicera japonica*)、赤芍(*Paeonia veitchii*)、艾叶(*Artemisia argyi*)、薄荷(*Mentha canadensis*)在《中华人民共和国药典》2010 版中的植物拉丁名,从 TCMN 数据库检索得到 351 个小分子结构。同时,以病毒、感染、发烧和炎症等为检索词,从 DrugBank 数据库(www.drugbank.ca)中筛选出 38 个用于治疗上呼吸感染的小分子药物,再利用 Dis-

covery Studio 2.5 对每个小分子和药物进行加氢后,采用 General propose 模块计算各个小分子和药物的分子描述符,主要采用以下分子描述符:① 分子结构信息描述符:相对分子质量(molecular weight)、可旋转键数目(number of rotatable bonds)、氢键受体数目(number of Hbond acceptors)、氢键供体数目(number of Hbond donors)、环数目(number of rings)、芳环数(number of aromatic rings)。② 空间结构信息描述符:分子接触体积(molecular volume)、分子表面积(molecular surface area)、分子极性表面积(molecular fractional polar surface area)、分子极性比表面积(molecular SASA)、可及的原子表面积(molecular SAVol)。③ 脂水分配系数(ALogP):利用 Discovery Studio 的 Library Analysis 模块选择脂水分配系数、相对分子质量、可旋转键数目、氢键受体数目、氢键供体数目、环数目、芳环数、极性比表面积百分比共 8 个分子描述符对小分子化合物与药物进行主成分分析。

2 化合物的分子对接

从 TTD 和 Drugbank 数据库中选取 45 个与炎症、病毒感染相关的药物作用靶点,见表 1,并从 RCSB 的 PDB 库中下载其复合物晶体结构,导入 Discovery Studio 2.5 软件对这些靶蛋白结构进行清除配体、水及金属离子、加氢和加力场等修饰。将化合物和修饰后的靶蛋白导入 Autodock 4.0 软件进行分子对接计算^[9],以蛋白晶体结构中原配体的中心坐标为活性位点中心坐标,活性位点为 40×40×40 个格点组成的正立方体,其中对每一维度,两相邻格点之间距离为 0.375 Å,并利用拉马克遗传算法(Lamarckian genetic algorithm)进行小分子在蛋白质配体中活性位点的能量优化,其参数设置如下:遗传算法种群数量为 150;能量优化最大迭代次数为 1.75×10⁷,并以此作为优化终止条件;对接结果化合物构象分析均方根背离容忍度设定为 2.0 Å;每一个化合物,对接过程重复采样次数设置为 20;其余设置均为软件的默认值。

表 1 双鱼颗粒主治疾病相关靶点

| 靶点名称 | 缩写 | Uniport ID | PDB ID |
|--|-----------------------|------------|--------|
| 3C proteases (polyprotein) | (CVA16) 3C proteases | C8CIL7 | 3SJI |
| 3C proteases (polyprotein) | (EV71) 3C protease | E0WWC7 | 3SJO |
| RNA-dependent RNA polymerase (polyprotein) | (EV71) RdRp (3D(pol)) | D3K0N8 | 3N6M |
| hemagglutinin | (Flu A) HA | P03437 | 3EYM |

续表 1

| 靶点名称 | 缩写 | Uniport ID | PDB ID |
|--|--|------------|--------|
| polymerase basic protein 2 | (Flu A) PB2 | P31345 | 2VQZ |
| matrix protein 2 | (Flu A) M2 | P63231 | 2RLF |
| nucleocapsid protein | (Flu A) NP | Q1K9H2 | 3RO5 |
| polymerase acidic protein | (Flu A) PA | Q9Q0U9 | 3HW4 |
| neuraminidase | (Flu A) NA | P03472 | 1XOE |
| neuraminidase | (Flu B) NA | P27907 | 1NSD |
| haemagglutinin-neuraminidase glycoprotein | (PIV 3) HN | Q6WJ03 | 1V3E |
| type 2 rhinovirus 3C protease | (HRV A2) 3C protease | P04936 | 1CQQ |
| rhinovirus coat protein (subunit VP1) | (HRV 1A) VP1 | P23008 | 2HWD |
| coat protein VP1 | (HRV B14) VP1 | P03303 | 1NCQ |
| fusion glycoprotein F0 | (RSV) F protein | P03420 | 3KPE |
| cAMP-specific 3′ 5′-cyclic phosphodiesterase 4A | PDE 4A | P27815 | 2QYK |
| histamine H1 receptor | H1R | P35367 | 3RZE |
| cAMP-specific 3′ 5′-cyclic phosphodiesterase 4B | PDE 4B | Q07343 | 1XLX |
| cAMP-specific 3′ 5′-cyclic phosphodiesterase 4D | PDE 4D | Q08499 | 3G4K |
| prostaglandin G/H synthase 2(COX2) | COX-2 | P35354 | 3LN1 |
| prostaglandin G/H synthase 1(COX1) | COX-1 | P23219 | 3N8X |
| phospholipase A2 ,membrane associated | sPLA2 | P14555 | 1J1A |
| sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-1 | Na ⁺ , K ⁺ -ATPase α | P05024 | 3N23 |
| lysine-specific histone demethylase 1 | LSD1 | O60341 | 2Z3Y |
| tumor necrosis factor | TNF-α | P01375 | 2AZ5 |
| endothelial nitricoxide synthase | eNOS | P29474 | 1M9M |
| inducible nitric oxide synthase | iNOS | P35228 | 4NOS |
| C-X-C chemokine receptor type 4 | CXCR4 | P61073 | 3ODU |
| p38 MAPK kinase | p38 MAPK | Q16539 | 1KV1 |
| mitogen-activated protein kinase 9 | JNK2 | P45984 | 3NPC |
| mitogen-activated protein kinase 8 | JNK1 | P45983 | 3ELJ |
| mitogen-activated protein kinase 10 | JNK3 | P53779 | 3TTI |
| mitogen-activated protein kinase 3 | ERK1 | P27361 | 2ZOQ |
| mitogen-activated protein kinase 1 | ERK2 | P28482 | 1PME |
| phosphatidylinositol 3-kinase catalytic subunit type 3 | PIK3C3 | Q8NEB9 | 3LS8 |
| protein kinase C beta type | PKC-β | P05771 | 2I0E |
| protein kinase C alpha type | PKC-α | P17252 | 3IW4 |
| caspase-3 | Caspase-3 | P42574 | 1GFW |
| interleukin-1 receptor-associated kinase-4 | IRAK4 | Q9NWZ3 | 2NRU |
| human S-adenosylhomocysteine hydrolase | SAH | P23526 | 1L14 |
| dual specificity mitogen-activated protein kinase kinase 1/MAPKK1/MEK1 | MEK1 | Q02750 | 1S9J |
| prostaglandin E synthase | mPGES-1 | O14684 | 3DWW |
| orotidine 5′-monophosphate decarboxylase | OMP decarboxylase | P08244 | 1EIX |
| inosine-5′-monophosphate dehydrogenase 2 | IMPDH2 | P12268 | 1NF7 |
| inosine-5′-monophosphate dehydrogenase 1 | IMPDH1 | P20839 | 1JCN |

3 网络构建

根据分子对接结果 ,将化合物与靶点的对接得分大于 6.5 且高于原配体得分的分子与靶蛋白导入 Cytoscape 3. 1. 1 网络分析软件 ,绘制双鱼颗粒分子与靶蛋白作用网络^[10]。通过 Cytoscape 软件中的 network analyzer 插件分析网络特征 ,预测双鱼颗粒

可能的活性分子和潜在靶蛋白等。

结 果

1 双鱼颗粒所含成分的化学空间分布及主成分分析

计算出的分子描述符统计分析结果见表 2 ,表中列出了主要分子描述符的最大值(max) 、最小值



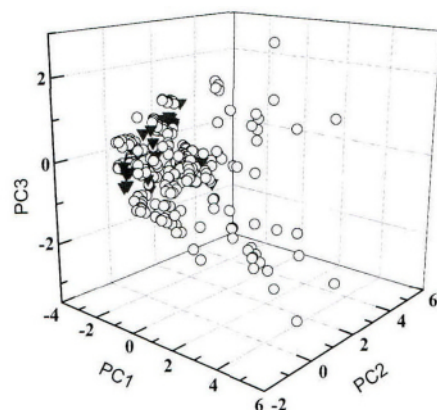
(min)、平均值(mean)、中位值(median)。

表2 双鱼颗粒所含成分的分子描述符

| 分子描述符 | 平均值 | 最小值 | 最大值 | 中位值 |
|---|-------|------|---------|-------|
| ALog P | 2.3 | -4.3 | 14.1 | 1.9 |
| molecular weight | 479.8 | 84.2 | 1 707.2 | 426.7 |
| number of H acceptors | 8.9 | 0.0 | 47.0 | 6.0 |
| number of H donors | 4.5 | 0.0 | 28.0 | 3.0 |
| number of rotatable Bonds | 6.8 | 0.0 | 48.0 | 5.0 |
| number of rings | 3.8 | 0.0 | 13.0 | 3.0 |
| number of aromatic Rings | 1.0 | 0.0 | 9.0 | 0.0 |
| molecular surface Area | 461.8 | 0.0 | 1 479.0 | 413.4 |
| molecular fractional polar surface area | 0.3 | 0.0 | 0.6 | 0.3 |
| molecular SASA | 675.3 | 0.0 | 1 856.2 | 614.7 |
| molecular SAVol | 586.0 | 0.0 | 1 672.2 | 531.4 |
| molecular Volume | 319.1 | 0.0 | 969.3 | 276.8 |

将双鱼颗粒所含 351 种小分子化合物成分与 Drugbank 收集的 38 个药物进行主成分分析。3 个主成分分析的累积方差解释度为 0.875,说明 3 个

主成分对整体因素具有较好的解释作用。利用 3 个主成分绘制化合物的化学空间图 结果见图 1。

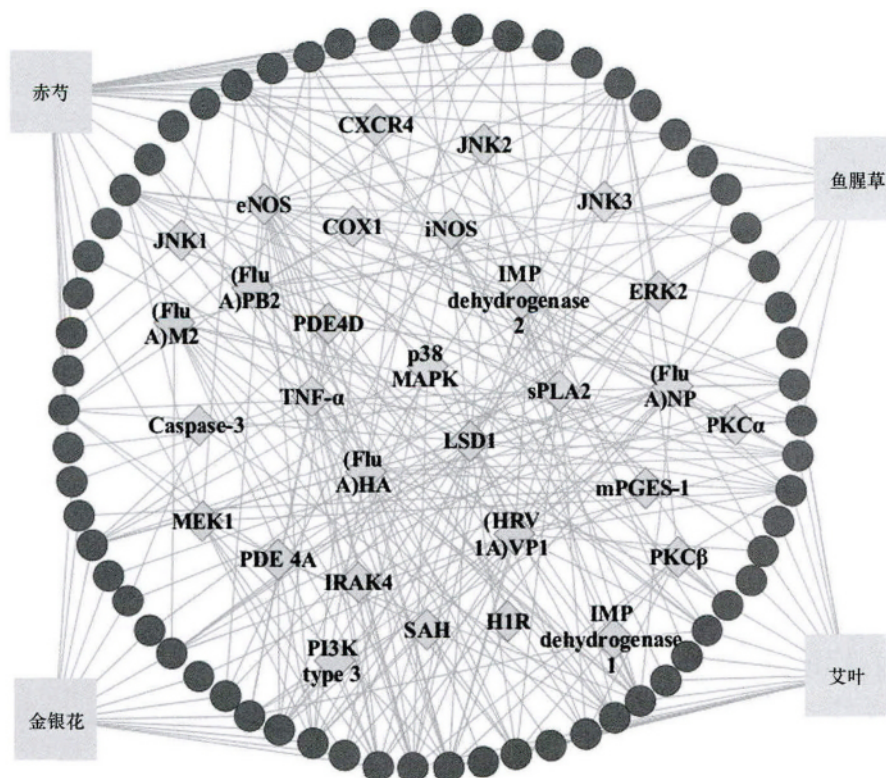


三角形为 Drugbank 中的化合物,圆形为双鱼颗粒中含有的成分

图1 双鱼颗粒所含成分的主成分分析

2 网络特征分析和作用机制预测

选取的炎症、感染类靶点信息见表 1,将对得分大于 6.5 的对接数据采用 Cytoscape 软件绘制“药-靶网络”,见图 2。



菱形代表靶点,圆球代表化合物,方形代表药材,化合物和靶点间的实线表示小分子和靶点具有较好的相互作用,药材和化合物间的实线表示化合物的来源,图中化合物的编号来源于 TCMN 数据库(<https://192.168.0.6/index.html>)

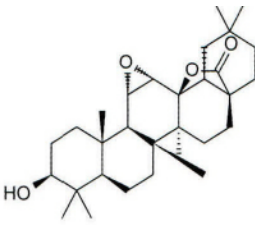
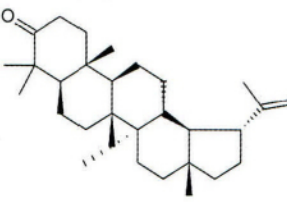
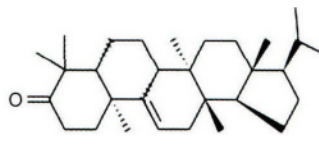
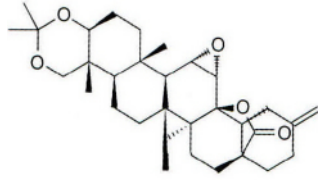
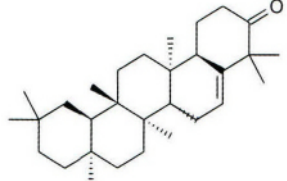
图2 双鱼颗粒的“药-靶网络图”

用 network analyzer 插件分析整体网络特征: 网络节点(node) 数目为 93 ,网络边数(edge) 为 240 ,网络中心度(network centralization) 为 0. 221 ,网络密度(network density) 为 0. 056 ,最短路径数(shortest paths) 为 8 556 ,平均最短路径(characteristic path length) 为 3. 127 ,平均网络度(avg number of neighbors) 为 5. 140 ,

符合幂律分布。双鱼颗粒中既存在一个分子与多个靶蛋白相作用的现象 ,也存在多个分子与一个靶蛋白相作用的现象 符合了中药多成分多靶点的作用特点。

图 2 中有 5 种化合物作用的靶点超过 10 个(网络节点度大于 10) ,这 5 种化合物均为甾体类化合物 ,见表 3。

表 3 双鱼颗粒“药-靶网络图”中高网络度的几种化合物

| 化合物编号 | 化合物名称 | 结构式 | 网络节点度 | 介数 |
|-----------|--|--|-------|-------|
| TCMC0099D | 3 β -hydroxy-11 α ,12 α -epoxyolean-28 ,13 β -olide |  | 10 | 0. 04 |
| TCMC0AD8A | lupenon |  | 11 | 0. 05 |
| TCMC05180 | arborinone |  | 11 | 0. 06 |
| TCMC00896 | (3 β ,4 β ,11 α ,12 α ,13 β) -11 ,12-epoxy-13-hydroxy-3 ,23-(isopropylidenedioxy) -30-norolean-20(29) -en-28-oic acid 28 ,13-lactone |  | 10 | 0. 08 |
| TCMC0B1F4 | glutinone |  | 11 | 0. 08 |

对“药-靶网络图”进行分析 ,表 1 所列的 30 个作用靶点均可以与双鱼颗粒的 63 个化合物有作用 ,有效作用化合物超过 10 (网络节点度大于 10) 的靶点有 9 个 ,见表 4 ,分别为参与病毒复制的靶点: NP ,HA ,M2 ,LSD1 和 VP1; 参与炎症反应的靶点: TNF- α ,eNOS 和 sPLA2; 参与免疫炎症信号转导的靶点: MEK1 。

表 4 双鱼颗粒“药-靶网络图”中高网络度的靶点

| 靶点名称 | Uniport ID | 网络节点度 | 介数 |
|---------------|------------|-------|-------|
| LSD1 | O60341 | 25 | 0. 17 |
| eNOS | P29474 | 21 | 0. 14 |
| (Flu A) HA | P03437 | 21 | 0. 17 |
| sPLA2 | P14555 | 20 | 0. 14 |
| (HRV 1A) VP1 | P23008 | 18 | 0. 13 |
| (Flu A) NP | Q1K9H2 | 16 | 0. 09 |
| (Flu A) M2 | P63231 | 14 | 0. 03 |
| TNF- α | P01375 | 12 | 0. 06 |
| MEK1 | Q02750 | 11 | 0. 04 |



讨 论

根据“类药五规则”,口服药物的描述符需满足以下特点:相对分子质量小于 500,氢键给体数目小于 5,氢键受体数目小于 10,脂水分配系数(ALog P)小于 5^[11]。若违反过多,药物的溶解性和肠吸收能力会受到限制。本实验数据显示,在双鱼颗粒所含的成分中,平均相对分子质量 479.8,中值为 426.7;氢键给体数目平均值 4.5,中值为 3.0;氢键受体数目平均值 8.9,中值为 6.0;脂水分配系数平均值 2.3,中值为 1.9,均满足类药五规则,口服利用度较高。

双鱼颗粒所含的 351 种小分子化合物与 Drug-bank 收集的 38 个药物在化学空间分布上有较大程度的重叠,提示这些分子与已上市的药物在化学结构上具有较大的相似性,为双鱼颗粒成分中含有治疗上呼吸道感染疾病的活性化合物提供了佐证。

双鱼颗粒“药-靶网络图”中高网络度的几种化合物均为甾体类化合物,临床上甾体类药物地塞米松联合其他药物治疗慢性支气管炎、重症吸入性肺炎效果理想^[12-13];氢化可的松琥珀酸钠、甲泼尼龙琥珀酸钠在重症支原体肺炎治疗中也有显著疗效^[14]。研究显示,低剂量的地塞米松可以上调糖皮质激素受体(GR)的表达以及促进 GR 蛋白的核转位,减轻 LPS 诱导的急性肺损伤模型大鼠的炎症和肺纤维化^[15]。也有研究表明,甾胺有明显的抗病毒活性,对 A 型流感病毒的复制有显著的抑制作用,它们能够破坏膜筏,在某些情况下能灭活病毒,抑制病毒的出芽^[16];甾体糖苷具有抗单纯疱疹病毒 1 (HSV1)的活性^[17]。此外 Madureira 等^[18]研究了 lupenon 对单纯疱疹病毒(HSV)和非洲猪瘟病毒(ASFV)的抗病毒活性,结果表明 lupenon 对 HSV1 和 HSV2 具有很强的抗病毒抑斑作用。我们推测甾体类化合物可能是双鱼颗粒抗上呼吸道感染的主要活性成分,这可能有助于后续的双鱼颗粒质量控制提升和药效物质基础研究。

双鱼颗粒“药-靶网络图”中高网络度的靶点表明双鱼颗粒治疗上呼吸道感染的作用机制可能与抑制病毒复制、抑制炎症反应及其信号转导有关。双鱼颗粒可能通过 VP1, HA, M2 和 NP 影响病毒的吸附、入胞和复制。其抗炎作用可能涉及抑制 TNF- α , sPLA2 和 NO 的生物合成通路以及 MAPK 信号转导通路,为后续双鱼颗粒的作用机制的深入研究提供

理论依据。

本文运用网络药理学的方法考察双鱼颗粒所含小分子的化学空间分布,并将其与上呼吸道感染相关靶点进行对接,推测双鱼颗粒治疗上呼吸道感染可能的机制。计算结果表明,双鱼颗粒中的活性分子为甾体类化合物,它们与病毒吸附、入胞、复制, TNF- α , NO 等炎症介质生物合成中的蛋白酶以及 MAPK 炎症免疫信号通路蛋白存在相互作用。双鱼颗粒通过抗病毒、抗炎等功效来治疗上呼吸道感染,本文为双鱼颗粒的质量控制提升、药效基础研究及机制研究提供理论依据。

[参 考 文 献]

- [1] MONTO AS. Epidemiology of viral respiratory infections[J]. *Am J Med*, 2002, 112(6A): 4S - 12S.
- [2] MORRIS PS. Upper respiratory tract infections (including otitis media) [J]. *Pediatr Clin North Am*, 2009, 56(1): 101 - 117.
- [3] 黄小民,柳于介,何煜舟,等. 热毒宁注射液治疗急性上呼吸道感染的临床研究[J]. *中国临床药理学与治疗学*, 2006, 11(4): 470 - 473.
- [4] 张正军,陈立东,张绪国. 热毒宁对上呼吸道感染内源性致热因子的影响[J]. *中国医药指南*, 2010, 8(13): 130 - 131.
- [5] GU S, YIN N, PEI J, et al. Understanding molecular mechanisms of traditional Chinese medicine for the treatment of influenza viruses infection by computational approaches [J]. *Mol Biosyst*, 2013, 9(11): 2696 - 2700.
- [6] LIU X, ZHANG M, HE L, et al. Chinese herbs combined with Western medicine for severe acute respiratory syndrome (SARS) [J]. *Cochrane Database Syst Rev*, 2012, 10: CD004882.
- [7] EKINS S. Predicting undesirable drug interactions with promiscuous proteins in silico [J]. *Drug Discov Today*, 2004, 9(6): 276 - 285.
- [8] WANG X, XU X, TAO W, et al. A systems biology approach to uncovering pharmacological synergy in herbal medicines with applications to cardiovascular disease [J]. *Evid Based Complement Alternat Med*, 2012, 2012: 519031.
- [9] MORRIS GM, GOODSELL DS, HALLIDAY RS, et al. Automated docking using a Lamarckian genetic algorithm and an empirical binding free energy function [J]. *J Computational Chemistry*, 1998, 19(14): 1639 - 1662.
- [10] SHANNON P, MARKIEL A, OZIER O, et al. Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks [J]. *Genome Res*, 2003, 13(11): 2498 - 2504.
- [11] LIPINSKI CA, LOMBARDO F, DOMINY BW, et al. Experimental and computational approaches to estimate solubility and permeability in drug discovery and development settings [J]. *Adv Drug Deliv Rev*, 2001, 46(1 - 3): 3 - 26.

(下转第 1241 页)

- 编辑: 韩培 / 接受日期: 2015 - 01 - 10

(上接第 1227 页)

- 编辑: 赵文锐/接受日期: 2015-04-20