

DOI: 10.13288/j.11-2166/r.2019.11.007

基于网络药理学的银翘散合桑菊饮加减方、麻杏石甘汤加减方与抗病毒西药作用机制比较

——以 2018 初冬流行性感冒轻症为例

白辰, 刘铁钢, 徐竞男, 马雪颜, 李卓, 于河, 谷晓红*

(北京中医药大学, 北京市朝阳区北三环东路 11 号, 100029)

摘要 目的 分析中药方剂与抗病毒西药治疗流感轻症的机制差异, 探讨中药复方抗流感病毒的可能机制。方法 选取银翘散合桑菊饮加减方、麻杏石甘汤加减方, 与奥司他韦、扎那米韦、帕拉米韦作对比。在 SymMap 等生物数据库中分别检索两中药复方中药物的靶蛋白, 与疾病基因库中流感的疾病基因进行匹配。利用 String 数据库及 Cytoscape 软件对靶蛋白进行互作关系和拓扑分析, 运用 DAVID 数据库对两中药复方得分高的模块进行富集分析, 明确两中药复方治疗流感轻症的生物机制。结果 纳入的 3 个西药的靶蛋白均为神经氨酸酶, KEGG 通路均涉及糖降解过程。银翘散合桑菊饮加减方的靶蛋白中涉及流感基因 436 个、生物进程 261 个、KEGG 通路 125 个; 麻杏石甘汤加减方的靶蛋白中涉及流感基因 464 个、生物进程 262 个、KEGG 通路 115 个。除共同涉及的大量流感基因与信号通路外, 银翘散合桑菊饮加减方涉及基因 SIRT1、CAT 和 Th17 细胞分化、T 细胞受体信号通路、神经营养素信号通路; 麻杏石甘汤加减方涉及基因 CDKN1B、LEP。结论 与抗病毒西药相比, 两个中药复方通过多靶标、多通路调节人体, 其功能更集中于提高人体的免疫能力, 促进宿主自身抗感染能力。

关键词 流行性感冒; 抗病毒; 麻杏石甘汤; 桑菊饮; 银翘散; 网络药理学; 生物信息学

2017 年入冬后, 北京地区流行性感冒 (以下简称“流感”) 呈高发趋势^[1], 根据流感的证候特点, 可以归属于风温 (冬温) 范畴^[2]。西医多以抗病毒药物进行治疗, 中医则多以温病学理法方药体系进行辨证论治。本研究以国家卫生和计划生育委员会《流行性感冒诊疗方案 (2018 年版)》^[3] (下文简称“《方案》”) 中建议的治疗流感轻症的银翘散合桑菊饮加减方、麻杏石甘汤加减方为研究对象, 并以该方案中建议的神经氨酸酶抑制剂奥司他韦、扎那米韦、帕拉米韦为对照, 借助生物信息学分析方法, 分析不同药物治疗流感的生物机制的差异, 为中医药防治流感的机制研究提供参考, 也为中医温病理论提供科学依据。

基金项目: 国家自然科学基金 (81403328); 北京市科技新星项目 (Z181100006218083); 北京中医药大学 2019 年度基本科研业务费项目 (2019-JYB-007)

* 通讯作者: guxiaohong1962@163.com

1 资料与方法

1.1 资料

中药复方药物组成参照《方案》^[3], 银翘散合桑菊饮加减方: 金银花、连翘、桑叶、菊花、桔梗、牛蒡子、淡竹叶、芦根、薄荷、甘草。麻杏石甘汤加减方: 炙麻黄、苦杏仁、石膏、知母、浙贝母、桔梗、黄芩、北柴胡、甘草。

1.2 数据库与软件

化学药物靶点数据库 (therapeutic target database, TTD)、中药靶点数据库 (symptom mapping, SymMap)、中药化学数据库 (TCM Database@Taiwan)、疾病基因数据库 (comparative toxicogenomics database, CTD)、蛋白质相互作用数据库 (String)、注释及富集分析数据库 (DAVID)、在线基因分析工具 (WEB-based GENE Set Analysis Toolkit)。网络可视化工具 Cytoscape 3.6.1。

1.3 药物靶蛋白与流感相关基因的确定

在 TTD 数据库中, 检索奥司他韦 (Oseltamivir)、

扎那米韦 (Zanamivir)、帕拉米韦 (Peramivir) 3 种抗病毒药物; 在 SymMap 和 TCM Database@Taiwan 数据库中检索银翘散合桑菊饮加减方、麻杏石甘汤加减方的组成药物, 获取药物成分及靶蛋白; 在 CTD 数据库中检索流感 (Influenza, Human), 获得疾病基因。分别选取银翘散合桑菊饮加减方与流感共有的基因、麻杏石甘汤加减方与流感共有的基因。

1.4 药物与流感相关基因及通路的网络关系构建

在 String 数据库中分别录入流感-银翘散合桑菊饮加减方证的基因以及流感-麻杏石甘汤加减方证的基因, 选择物种为 “Homo sapiens”, 获得基因互作关系等生物信息; 将数据分别导入 Cyto-scape 软件, 获得分子相互作用关系并进行模块化分析。

1.5 药物与流感相关通路的富集分析

在 DAVID 数据库中进行流感-银翘散合桑菊饮加减方和流感-麻杏石甘汤加减方的模块化后, 对得分较高基因组的 GO 和 KEGG 富集, 在 WEB-based GENE SeT Analysis Toolkit 中, 对得分较高的生物进程和功能进行可视化分析。

2 结果

2.1 药物与疾病相关基因检索结果

三种抗病毒西药皆为小分子药物, 以拮抗流感病毒为主, 其靶蛋白均为神经氨酸酶, KEGG 通路均涉及聚糖降解过程、奥司他韦 (药品 ID: D005NK, 分子式: $C_{16}H_{28}N_2O_4$)、扎那米韦 (药品 ID: D00NPP, 分子式: $C_{12}H_{20}N_4O_7$)、帕拉米韦 (药品 ID: D0P2IW, 分子式: $C_{15}H_{28}N_4O_4$)。表 1 示, 银翘散合桑菊饮加减方中有 1670 种化合物, 涉及 536 个靶蛋白; 麻杏石甘汤加减方中有 2241 种化合物, 涉及 563 个靶蛋白。获得流感 (MeSH® ID-D007251; OMIM® ID-614680) 涉及的基因 7585 个。经合并重复项, 获得流感-银翘散合桑菊饮加减方相关基因 436 个, 流感-麻杏石甘汤加减方相关基因 464 个。

2.2 方证基因互作关系

银翘散合桑菊饮加减方获得 11063 条基因间互作关系、麻杏石甘汤加减方获得 11968 条基因间互作关系。将其分别进行模块化处理后, 银翘散合桑菊饮加减方得到 13 个基因模块, 麻杏石甘汤加减方得到 14 个基因模块。

表 1 两中药复方中药物的基本生物信息

复方	复方药物	药物成分数量	药物靶蛋白数量
银翘散合桑菊饮加减方	金银花	320	323
	连翘	192	261
	桑叶	398	404
	菊花	376	295
	桔梗	121	147
	牛蒡子	178	272
	淡竹叶	2	N/A
	芦根	111	204
	薄荷	209	232
	甘草	283	286
	炙麻黄	378	425
麻杏石甘汤加减方	苦杏仁	158	293
	石膏	1	N/A
	知母	79	111
	浙贝母	17	29
	桔梗	121	147
	黄芩	162	163
	北柴胡	356	365
	甘草	283	286

注: N/A, 数据库中未检测到该数据

2.3 复方通路 GO 富集结果

对两个复方的聚类群 1 分别进行富集分析后, 银翘散合桑菊饮加减方获得 GO 生物进程 261 个, 麻杏石甘汤加减方获得 GO 生物进程 262 个, 共有的为 231 个。图 1、图 2、图 3 及表 2 示, 两方涉及的生物学进程结构和相互关系基本相似, 在 GO 生物进程可映射的基因上存在差异。如对酸性化学物质的反应进程, 两方均映射了 19 个基因, 其中共有的基因为 CREB1、EDN1、EGFR、AKT1、ICAM1、IL6、MMP2、PCNA、PPARG、PTGS2、RELA、BCL2L1、SRC、TLR2、TNF、CASP3 和 CCNB1, 而银翘散合桑菊饮加减方独有的基因为 SIRT1 和 CAT, 麻杏石甘汤加减方独有的基因为 CDKN1B 和 LEP。

2.4 复方通路 KEGG 富集结果

经富集分析后, 银翘散合桑菊饮加减方获得 KEGG 通路 125 个、麻杏石甘汤加减方获得 KEGG 通路 115 个, 其中共有的为 114 个。在前 40 个通路中, 非特异性疾病的 KEGG 通路列表见图 3。两方共同涉及的信号通路包括 PI3K-Akt 信号通路、细胞凋亡、TNF 信号通路、HIF-1 信号通路、内分泌抗性、FoxO 信号通路、MAPK 信号通路、细胞因子-细胞因子受体相互作用、粘着力、Toll 样受体信号通路、EGFR 酪氨酸激酶抑制剂耐药、Ras 信号通路、Jak-STAT 信号通路、Rap1 信号通路、

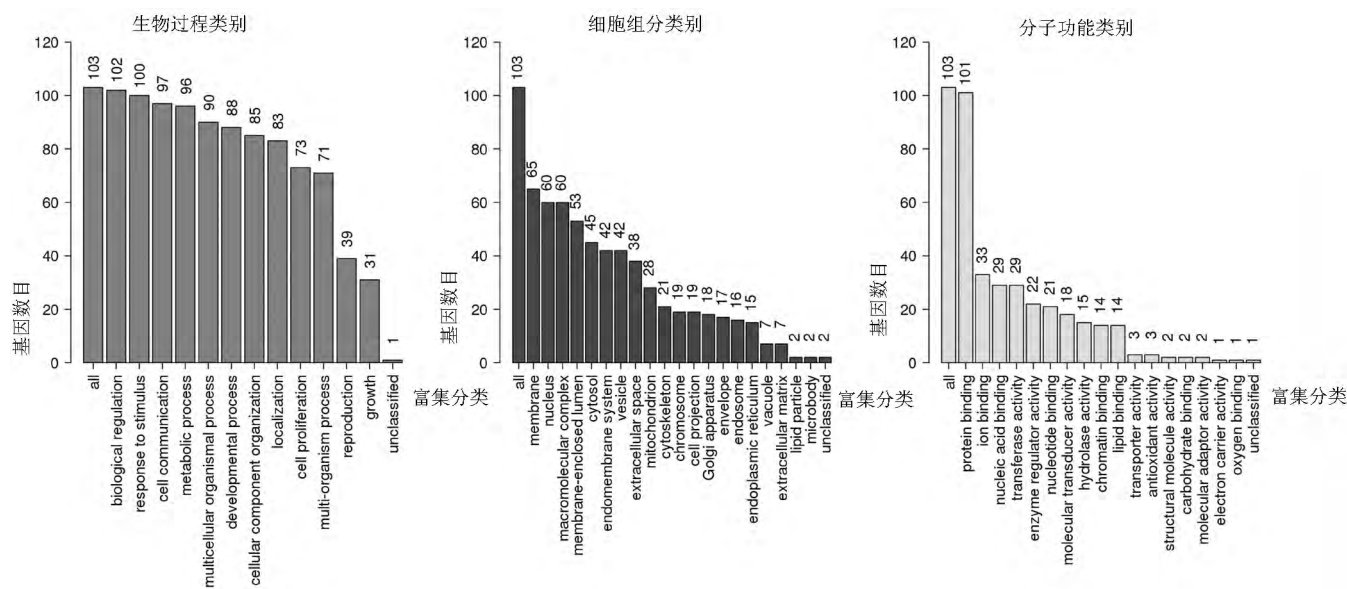


图1 银翘散合桑菊饮加减方 GO 富集结果 (图中英文的中文翻译参见文后附件)

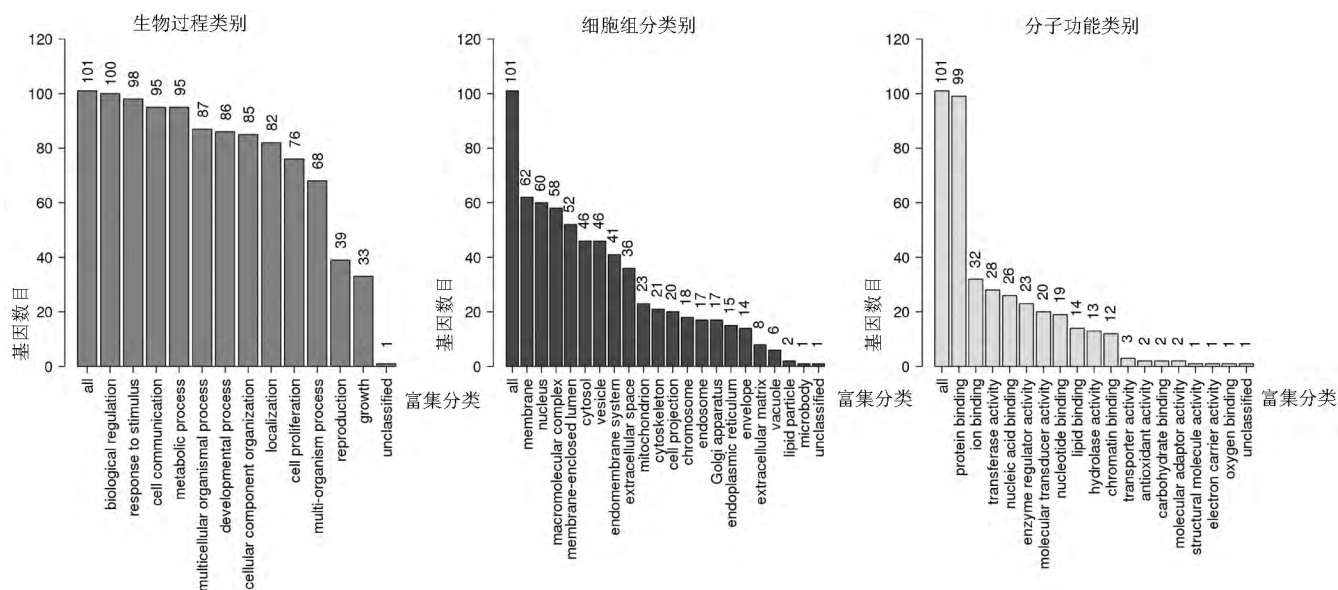


图2 麻杏石甘汤加减方 GO 富集结果 (图中英文的中文翻译参见文后附件)

表2 银翘散合桑菊饮加减方和麻杏石甘汤加减方 GO 富集对比 (TOP = 10)

GO ID	名称	银翘散合桑菊饮加减方						麻杏石甘汤加减方					
		C	O	E	R	P 值	FDR	C	O	E	R	P 值	FDR
0000075	细胞周期检查点	13	13	13	1	1.00	1.00	14	14	14	1	1.00	1.00
0000226	微管细胞骨架组织	5	5	5	1	1.00	1.00	7	7	7	1	1.00	1.00
0001101	对酸性化学物质的反应	19	19	19	1	1.00	1.00	19	19	19	1	1.00	1.00
0001501	骨骼系统发育	12	12	12	1	1.00	1.00	11	11	11	1	1.00	1.00
0001503	骨化	16	16	16	1	1.00	1.00	16	16	16	1	1.00	1.00
0001562	对原生动物的反应	5	5	5	1	1.00	1.00	5	5	5	1	1.00	1.00
0001655	泌尿生殖系统发育	15	15	15	1	1.00	1.00	15	15	15	1	1.00	1.00
0001667	阿米巴样细胞迁移	16	16	16	1	1.00	1.00	17	17	17	1	1.00	1.00
0001701	子宫内胚胎发育	16	16	16	1	1.00	1.00	15	15	15	1	1.00	1.00
0001763	分支结构的形态发生	14	14	14	1	1.00	1.00	15	15	15	1	1.00	1.00

注: TOP = 10, 先按 FDR 得分进行排序, 再选择前 10 个 GO 进程; FDR, 容错率; C, 类别中参考基因的数量; O, 用户基因列表中的基因数量以及类别中的基因数量; E, 类别中的预期数量; R: 富集的比例; FDR, 容错率

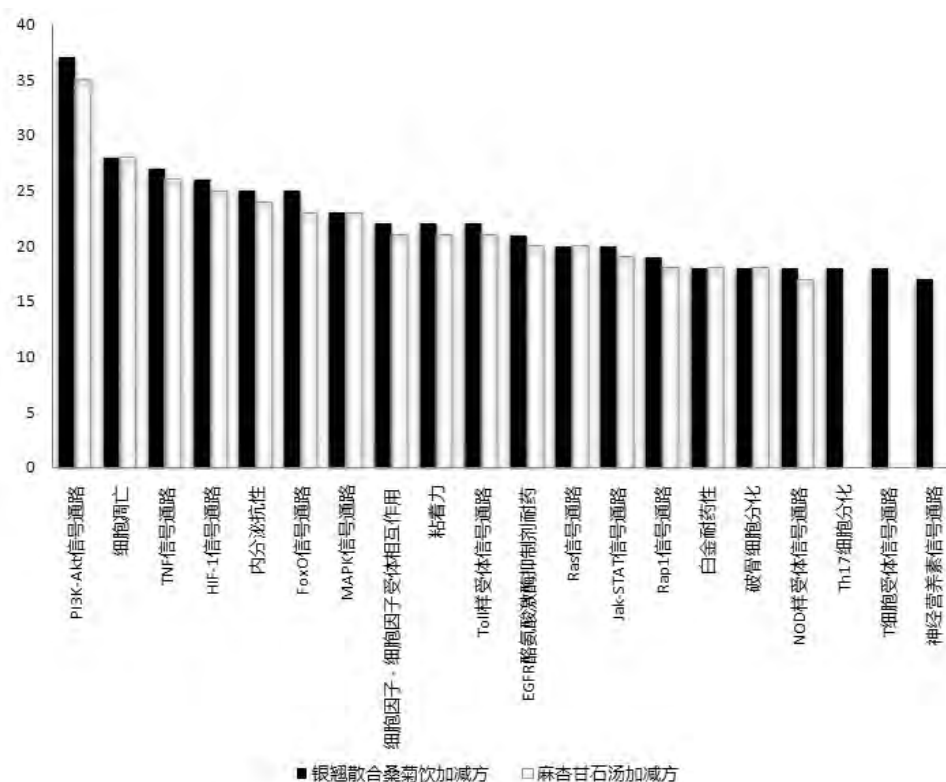


图3 银翘散合桑菊饮加減方和麻杏石甘汤加減方相关 KEGG 信号通路

白金耐药性、破骨细胞分化、NOD 样受体信号通路。而银翘散合桑菊饮加減方独有的信号通路为 Th17 细胞分化、T 细胞受体信号通路、神经营养信号通路。图 4 示，银翘散合桑菊饮加減方与西药治疗流感对比。

3 讨论

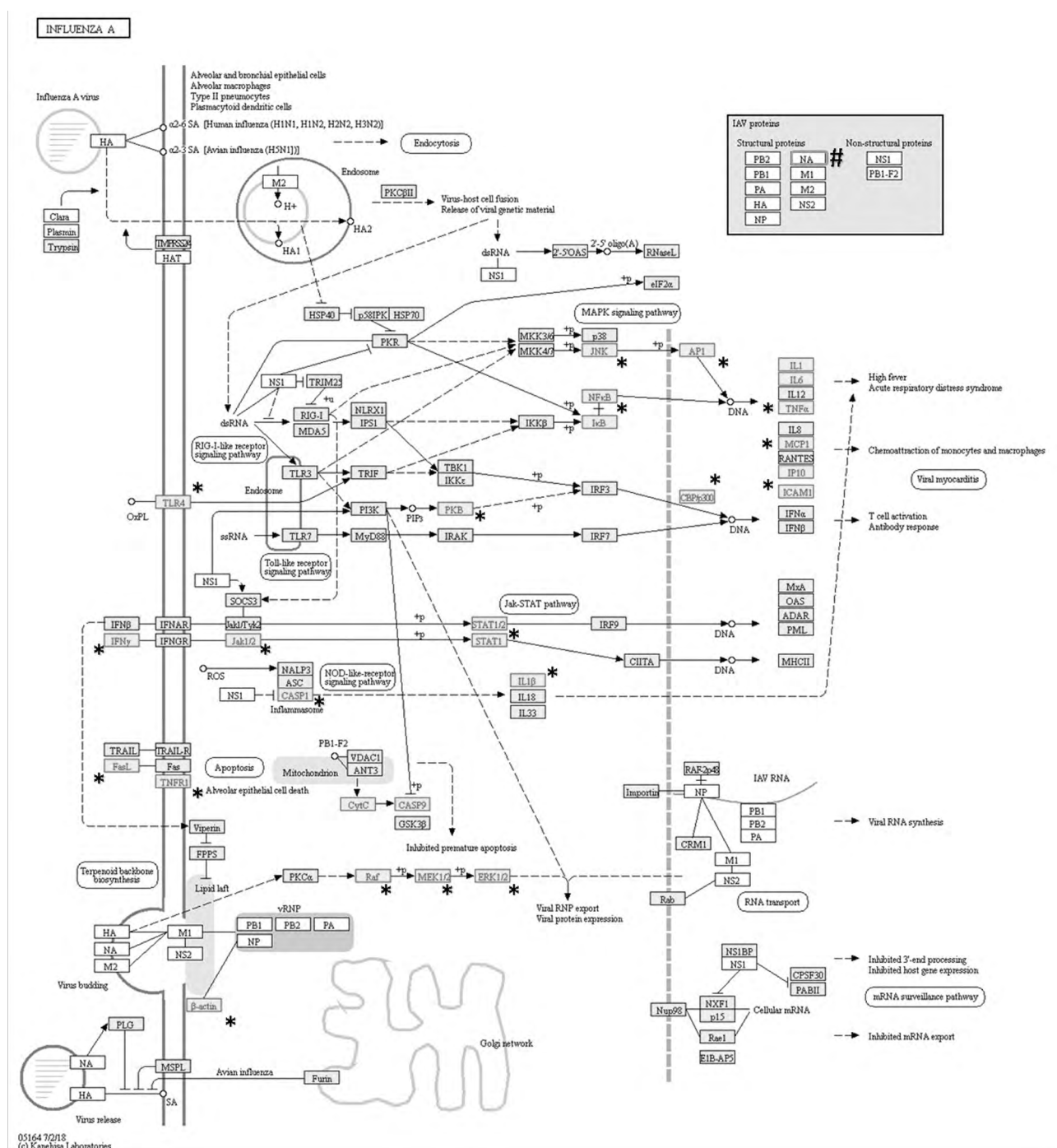
流感是由流感病毒引起的一种急性呼吸道传染病，虽然为自限性疾病，但可发展至重症流感，甚至因急性呼吸窘迫综合征和/或多脏器衰竭而死亡^[3]。流感病毒为 RNA 病毒，属于正黏病毒科，其表面分布着 3 种重要蛋白质，分别是血凝素 (hemagglutinin, HA)、神经氨酸酶 (neuraminidase, NA) 和基质蛋白 (M2)，流感病毒通过细胞内吞作用进入细胞，病毒基因组在细胞核内进行转录和复制^[4-6]。复制出的子代病毒颗粒通过呼吸道黏膜扩散并感染其他细胞，被释放的病毒颗粒通过唾液酸黏附在宿主细胞上，NA 将唾液酸受体水解，切断病毒颗粒与宿主细胞之间的联系，促进子代病毒的释放而形成新的感染^[7]。

神经氨酸酶抑制剂能选择性地抑制呼吸道病毒表面神经氨酸酶的活性，阻止子代病毒颗粒在人体细胞的复制和释放，目前常用的有唾液酸类 (扎那米韦)、环己烯类 (奥司他韦)、五元环类 (帕

拉米韦)。其药理机制都是靶向针对病毒感染的某一环节，如奥司他韦、扎那米韦能竞争性地与流感病毒 NA 的活性位点结合，干扰病毒的释放^[8-9]；帕拉米韦通过抑制 NA 切断子代病毒颗粒从受感染细胞表面游离的进程，防止病毒向其他细胞扩散^[10]。但其副作用也愈发明显，美国 drugs.com 数据库 (<https://www.drugs.com/>) 已收录腹泻、头痛、恶心、呕吐等数十种可能出现的不良反应。除常见的胃肠道反应和耐药株的出现外，目前已出现服用神经氨酸酶抑制剂导致精神异常，出现自杀倾向的病例报道^[11]。

银翘散与桑菊饮均出自《温病条辨》，为辛凉解表剂。前者以辛凉透表中佐以辛温透表之品，使发表透邪力较胜；后者以辛凉轻宣并用宣降肺气之品，虽然解表之力稍弱，但止咳之功较强，两方合用，予解表中辅以太透邪、宣肺之功，适于邪在卫分的风热犯卫证。麻杏石甘汤出自《伤寒论》，在《温病条辨》中论治邪热壅肺，方中麻黄中空而外达，杏仁中实而降里，石膏质重而清气，甘草补土以生金，合诸药清宣肺热。

2017 年末入冬后，华北地区降雪偏少，人易感非时邪气而病。《黄帝内经》言“终之气，阳气布，候反温，蛰虫来见，流水不冰。民乃康平，



注: * 为银翘散合桑菊饮加减方靶标, # 为抗病毒药物靶标

图4 银翘散合桑菊饮加减方与西药治疗 A 型流感感染过程通路对比示意图

其病温。”结合流感发热、头痛、周身不适、继而高热特点，符合温病中风温（冬温）的临床特点。故对于流感轻症初起风热犯卫者，予银翘散合桑菊饮加减，辛凉透表、宣肺止咳、清热解毒；对于表邪深入、热毒袭肺者，予麻杏石甘汤加减清热平喘，方中加入知母即合入白虎汤以清里热，加入北柴胡、黄芩取调节少阳枢机、透邪外出之意^[3]。

本研究结果显示，与抗病毒药物相比，中药复

方从多靶标途径对流感病毒感染的过程进行了干预和调节。其生物学进程包括从电子载体信号到细胞的全部功能结构，到机体的代谢与应激反应等。其生物学通路可分为以下几方面，1) 免疫、炎症与应激反应；2) 细胞生长、复制、凋亡等生理性活动；3) 能量的摄取与物质的分泌。其中多通路通过不同的作用，协调流感病毒的感染与药物的干预，如磷脂酰肌醇 3'-激酶 (PI3K) /Akt 信号通路

识别细胞刺激或毒性损伤激活,从而调节基本的细胞功能^[3];丝裂原活化蛋白激酶(MAPK)级联参与多种细胞功能,包括细胞增殖、分化和迁移^[4];Toll和NOD则负责识别感染源表面的模式蛋白并产生先天免疫应答^[5-14]等。由此可见,复方的调控过程除了针对感染源生物结构上的某一蛋白,更注重在病毒入侵后毒力传播的生物过程中对宿主自身免疫抗感染能力的调控和干预。因此,银翘散合桑菊饮加减方和麻杏石甘汤加减方是通过提升机体的抗病毒能力,包括截断应激过程、抑制免疫应答等方面,控制病毒感染。

此外,两中药复方的富集结果在生物进程和通路上有少许差别。如在酸化学反应进程中,银翘散合桑菊饮加减方中的SIRT1和CAT,前者是具有单ADP-核糖基转移酶活性的细胞内调节蛋白^[7],后者可快速催化过氧化氢分解成反应性较低的气态氧和水分子^[8];麻杏石甘汤中的CDKN1B和LEP,前者可以结合并阻止细胞周期素E-CDK2或细胞周期素D-CDK4复合物的激活,从而在G1期控制细胞周期进程^[9];后者的增加起到了急性促炎症反应机制的作用,以防止过度进食引起的过度细胞应激^[10]。而银翘散合桑菊饮加减方对于Th17细胞分化、T细胞受体信号通路和神经营养信号通路3条通路的干预,则提示他们可能参与的细胞外刺激免疫应答、免疫系统激活和神经细胞营养,可能是邪热在表、化毒入里之前存在的独特的生物学机制。综上所述,与抗病毒药物相比,银翘散合桑菊饮加减方、麻杏石甘汤加减方在调节流感病毒感染过程中,从多靶标、多途径对病毒的侵袭过程进行截断,以调控宿主免疫进行抗感染。同时两方针对疾病的不同阶段,具有不完全相同的调节机制。中药复方多靶标治疗的机制,体现了中医药“整体观念”的特点。

“正气存内,邪不可干;邪之所凑,其气必虚”。病毒毒力的传播,势必以人体免疫系统不能拮抗感染为基础。因此,中药复方以调节免疫进行抗病毒治疗,可能会存在比抗病毒药更优的疗效甚至更低的毒副作用,但仍需临床试验和动物实验证实。目前,将生物信息学分析应用于中医药研究的技术已日臻成熟,下一步拟基于该结果开展动物实验,以大鼠流感模型为研究对象,给予银翘散合桑菊饮加减方、麻杏石甘汤加减方和抗病毒药物进行干预,进而观察不同中西药、不同复方对呼吸系统的影响,以期为生物信息学结果的科学准确性提供

实证数据。

注:白辰、刘铁钢对本文具有同等贡献。

参考文献

- [1] 林燕,于河,李建. 2018年跨年流行性感冒的特点与中医药防治[J]. 中国临床医生杂志, 2018, 46(3): 260-261.
- [2] 王玉光,谷晓红,马家驹,等. 2017-2018年北京地区流行性感冒病证特征及应对策略[J]. 北京中医药, 2018, 37(1): 3-7.
- [3] 国家卫生和计划生育委员会. 流行性感冒诊疗方案(2018年版)[J]. 中国感染控制杂志, 2018, 17(2): 181-184.
- [4] EHRHARDT C, SEYER R, HRINCIUS ER, et al. Interplay between influenza A virus and the innate immune signaling[J]. Microbes Infect, 2010, 12(1): 81-87.
- [5] HALE BG, ALBRECHT RA, GARCÍA-SASTRE A. Innate immune evasion strategies of influenza viruses[J]. Future Microbiol, 2010, 5(1): 23-41.
- [6] LUDWIG S. Targeting cell signalling pathways to fight the flu: Towards a paradigm change in anti-influenza therapy[J]. J Antimicrob Chemoth, 2009, 64(1): 1-4.
- [7] 张建国,张继宁,黄勋娟. 神经氨酸酶抑制剂的研究进展[J]. 化学与生物工程, 2014, 31(4): 1-5, 23.
- [8] 程能能,陈斌艳,王永铭. 新型口服抗流感药:奥司他韦[J]. 中国临床药理学杂志, 2002, 11(1): 55-59.
- [9] 卞家蓉,修清玉. 神经氨酸酶抑制剂扎那米韦的药理作用与临床应用[J]. 中国新药与临床杂志, 2013, 32(8): 614-618.
- [10] 赵丽嘉,王利华,胡雅萍,等. A/B型流感病毒治疗药物:帕拉米韦水合物(Peramivir hydrate)[J]. 药物评价研究, 2010, 33(5): 400-406.
- [11] JEON, SW, HAN C. Psychiatric symptoms in a patient with influenza A (H1N1) treated with oseltamivir (Tami-flu): a case report[J]. Clin Psychopharm NEU, 2015, 13(2): 209-211.
- [12] 陈腾飞,刘清泉. 谈中医药对于2017-2018年冬季流感的防治思路《流行性感冒诊疗方案(2018版)》中医解读[J]. 世界中医药, 2018, 13(2): 271-273, 277.
- [13] HERS I, VINCENT EE, TAVAR JM. Akt signalling in health and disease[J]. Cell Signal, 2011, 23(10): 1515-1527.
- [14] DENT P, YACOUB A, FISHER PB, et al. MAPK pathways in radiation responses[J]. Oncogene, 2003, 22(37): 5885-5896.
- [15] KAWAI T, AKIRA S. TLR signaling[J]. Semin Immunol, 2007, 19(1): 24-32.
- [16] STROBER W, MURRAY PJ, KITANI A, et al. Signaling pathways and molecular interactions of NOD1 and NOD2[J]. Nature Rev Immunol, 2006, 6(1): 9-20.

- [7] HONG WG, PYO JS. The clinicopathological significance of SIRT1 expression in colon cancer: An immunohistochemical study and meta-analysis [J]. *Pathol Res Pract*, 2018, 214(10): 1550-1555.
- [8] GAETANI GF, FERRARIS AM, ROLFO M, et al. Predominant role of catalase in the disposal of hydrogen peroxide within human erythrocytes [J]. *Blood*, 1996, 87(4): 1595-1599.
- [9] POLYAK K, LEE MH, ERDJUMENT-BROMAGE H, et al. Cloning of p27Kip1, a cyclin-dependent kinase inhibitor and a potential mediator of extracellular antimitogenic signals [J]. *Cell*, 1994, 78(1): 59-66.
- [10] WABITSCH M, JENSEN PB, BLUM WF, et al. Insulin and cortisol promote leptin production in cultured human fat cells [J]. *Diabetes*, 1996, 45(10): 1435-1438.

附件: 图 1、图 2 中英文词汇中文译名

biological regulation, 生物调节; response to stimulus, 对刺激的反应; cell communication, 细胞通讯; metabolic process, 代谢过程; multicellular organismal process, 多细胞生物体过程; developmental process, 发育过程; cellular component organiza-

tion, 细胞成分组织; localization, 定位; cell proliferation, 细胞增殖; multi-organism process, 多生物过程; reproduction, 繁殖; growth, 生长; membrane, 膜; nucleus, 细胞核; macromolecular complex, 大分子复合物; membrane-enclosed lumen, 膜封闭腔; cytosol, 细胞质; vesicle, 囊泡; endomembrane system, 内膜系统; extracellular space, 细胞外空间; mitochondrion, 线粒体; cytoskeleton, 细胞骨架; cell projection, 细胞投射; chromosome, 染色体; endosome, 内体; Golgi apparatus, 高尔基体; endoplasmic reticulum, 内质网; envelope, 包膜; extracellular matrix, 细胞外基质; vacuole, 液泡; lipid particle, 脂质颗粒; microbody, 微体; protein binding, 蛋白质结合; ion binding, 离子结合; transferase activity, 转移酶活性; nucleic acid binding, 核酸结合; enzyme regulator activity, 酶调节活性; molecular transducer activity, 分子转导活性; nucleotide binding, 核苷酸结合; lipid binding, 脂质结合; hydrolase activity, 水解酶活性; chromatin binding, 染色质结合; transporter activity, 转运活动; antioxidant activity, 抗氧化活性; carbohydrate binding, 碳水化合物结合; molecular adaptor activity, 分子适配子活性; structural molecule activity, 结构分子活性; electron carrier activity, 电子载体活性; oxygen binding, 氧结合

Comparison of the Mechanism of *Yinqiao Powder* (银翘散) Combined with Modified *Sangju Decoction* (桑菊饮), Modified *Maxing Shigan Decoction* (麻杏石甘汤) and Antiviral Western Medicine Based on Network Pharmacology: Taking the Mild Influenza in Early Winter of 2018 as an Example

BAI Chen, LIU Tiegang, XU Jingnan, MA Xueyan, LI Zhuo, YU He, GU Xiaohong

(Beijing University of Chinese Medicine, Beijing, 100029)

ABSTRACT Objective To analyze the difference of mechanism between traditional Chinese medicine (TCM) prescription and antiviral western medicine in the treatment of mild influenza, and to explore the possible mechanism of TCM compound anti-influenza virus. **Methods** *Yinqiao Powder* (银翘散) combined Modified *Sangju Decoction* (桑菊饮) and Modified *Maxing Shigan Decoction* (麻杏石甘汤) were selected to compare with oseltamivir, zanamivir and peramivir. In the biological database such as SymMap, the target proteins of the drugs in the two TCM prescriptions were respectively searched, and the disease genes of the influenza in the disease gene pool were matched. The String database and Cytoscape software was used to interact and topologically analyze the target proteins, and the DAVID database was used to conduct enrichment analysis of the modules with high scores of the two TCM prescriptions, so as to clarify the biological mechanism of the two TCM compounds in the treatment of influenza mild disease. **Results** The target proteins of the included 3 western medicines were all neuraminidase, and the KEGG pathway involved sugar degradation process. There were 436 influenza genes, 261 biological processes and 125 KEGG pathways in the target protein of *Yinqiao Powder* combined Modified *Sangju Decoction*. The target protein of Modified *Maxing Shigan Decoction* involved 464 influenza genes, 262 biological processes, and 115 KEGG pathways. Except for a large number of same genes and signaling pathways, *Yinqiao Powder* combined Modified *Sangju Decoction* had the unique genes SIRT1, CAT and Th17 cell differentiation, T cell receptor signaling pathway and neurotrophin signaling pathway; Modified *Maxing Shigan Decoction* only had the unique genes CDKN1B, LEP. **Conclusion** Compared with antiviral western medicine, the two TCM prescriptions regulate the human body through multi-target and multi-channel, and its function is more focused on improving the immunity of the human body and promoting the host's own anti-infective ability.

Keywords influenza; antiviral; *Maxing Shigan Decoction* (麻杏石甘汤); *Sangju Decoction* (桑菊饮); *Yinqiao Powder* (银翘散); network pharmacology; bioinformatics

(收稿日期: 2018-10-28; 修回日期: 2019-03-15)

编辑: 焦爽