



中国药理通讯

CHINESE PHARMACOLOGIST

2023年 第四十卷 第三期

内部资料 免费交流

中国药理学会

成都泰盟软件有限公司是一家民营高科技企业，注册资本2000万，目前拥有净资产数千万元，员工200多人。公司自1998年成立以来一直致力于BL系列生物信号采集处理系统、药理学研究仪器、神经电生理仪器、虚拟实验室软件等产品的研制、生产、销售和服务。目前公司已取得国家高新技术企业认证、ISO9000质量体系认证、CE认证等，是多家医学和生命科学院校创新实习基地。

现代化医学教学与研究实验室 整体解决方案



HPS-100人体生理 实验系统

重点推荐

该系统界面设计精美，
人体实验项目丰富多彩

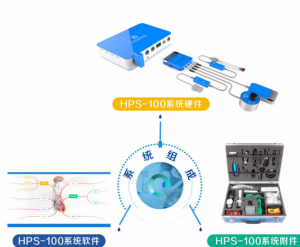
拥有了该系统，相当于拥有了
大量的临床设备

该系统的引入可以大幅度增加
学生学习生理知识的兴趣

人体生理实验项目

- 人体心率变异分析实验
- 心音听诊和心电图描记
- 呼吸运动调节因素
- 潜水反射对血压、心率、血氧的影响
- 人体基础代谢的测定运动生理实验
- 人体血压测定
- 反射和反应时间
- 肺功能检测
- 心电图的描计及运动负荷实验
- 脑机接口
- 肌电图
- 眼动电
- 感觉实验
- 测谎实验

系统组成



佩戴效果



软件界面



目 录

药理学团队

南方科技大学医学院药理学系介绍 (1)

专委会介绍

中国药理学学会安全药理学专业委员会简介 (7)

会议通知

2023 年中药复方药理学研究与新药研发学术研讨会暨中国药理学学会中药与天然药物药理专业委员会会议（第一轮通知） (11)

2023 中医药与神经科学交叉前沿论坛暨 2023 全国网络药理学学术会议通知（第一轮） (14)

第七届全国分析药理学学术大会第一轮通知 (17)

第七届中荷代谢组学论坛与国际合作技术交流会 (19)

第十三届全国抗炎免疫药理学学术交流会第一轮通知 (23)

会议纪要

2023 年全国心血管药理学术会议第一轮通知 (25)

2023 崂山国际生物医药高端论坛暨青岛大学药学院办学 20 周年/建院 10 周年学术峰会成功举办 (28)

祝贺第五届（2023）京津冀豫药理学术年会圆满结束北京药理学会硕果累累 北京药理学会秘书处 (31)

我会参与第十九届世界药理学大会 中国药理学学会办公室 (32)

中荷代谢组学论坛与国际合作技术交流会论文摘要

基于肝脏代谢组学探讨柴胡高级性部位改善非酒精性脂肪肝病的作用机制 白帅东 秦雪梅等 (38)

基于药物代谢组学的柴胡石油醚部位的血清 PK—PD 结合研究 白雪 高晓霞等 (38)

药对配伍减毒的现代研究进展	白宇 周玉枝等 (39)
不同品种山银花的代谢组学分析	别雪松 陈雨等 (40)
结合网络药理学和代谢组学探究白头翁汤治疗结肠癌的机制	曹诗宇 符玲 (41)
基于肝脏脂质组学的酸枣仁汤对慢性束缚应激诱导焦虑小鼠的抗焦虑作用	
机制研究	常佳东 闫艳等 (41)
基于 UPLC—MS 探究龟龄露酒抗高尿酸血症的作用机制研究	陈一笑 秦雪梅等 (42)
基于秀丽隐杆线虫模型的黑果枸杞亚精胺抗衰老活性研究	崔博雅 单宇等 (43)
功能代谢组学技术在疾病诊断及治疗中的应用进展	崔彤 周玉枝等 (44)
基于趋化因子网络研究黄芩素延缓 D—gal 诱导 BV—2 细胞衰老的作用及	
机制	伏蕾 高丽等 (45)
基于拟靶向胆汁酸代谢组学的柴胡调节 CUMS 模型大鼠活性部位筛选研究	
.....	高芳荣 高晓霞等 (45)
基于肝脏代谢组学的当归“活血解郁”作用机制研究	宫文霞 秦雪梅等 (46)
基于数据挖掘对含养血药抗抑郁方的用药规律及其作用机制研究	
.....	郝叶芳 宫文霞等 (47)
基于细胞代谢组学的柴胡皂苷 b2 对皮质酮诱导 PC12 细胞损伤的保护作用	
研究	李萌 周玉枝等 (47)
生半夏镇咳入血成分探讨及其血清代谢组学研究	李若彤 (48)
基于肠道代谢组学探讨朱砂删减对龟龄集抗衰老药效的影响	李洋 武兴康等 (49)
基于代谢组学技术研究艾叶油抑制 A549 细胞的增殖作用及其机制 ...	刘芳琳 徐霞等 (49)
基于代谢组学技术探析《雷公炮炙论》中远志木心致“闷”的科学内涵	
.....	娄迎昕 张福生等 (50)
基于代谢组学的银缕梅资源药用价值开发及利用	乔欣萌 单宇等 (51)
基于 UPLC—MS/MS 技术的 α —萜品烯醇抗哮喘作用的分子机制研究	
.....	荣影 徐霞等 (52)
基于 UPLC—Q—TOF—MS 结合诊断离子和分子网络技术分析淡竹叶	
黄酮类成分	涂慕鑫 田俊生等 (53)
整合肝脏转录组学和网络药理学研究酸枣仁—川芎药对的抗焦虑作用	
.....	王慧 杜晨晖等 (54)
基于代谢组学技术评估不同种植模式下茅苍术品质	王梦迪 王奇志等 (55)
基于代谢组学与 PK—PD 相关分析的逍遥散提取物抗抑郁质量标志物	
研究	王舒恒 高晓霞等 (55)

基于肠道菌群和代谢组学互作分析的柴归颗粒改善粪菌移植抑郁动物模型的 作用与机制	吴振宁 田俊生等 (56)
地涌金莲及其近缘植物种子的代谢组学研究	肖静娜 陈雨等 (57)
基于小胶质细胞极化研究黄芩汤改善部分坐骨神经损伤 (SNI) 致小鼠神经 病理性疼痛的作用与机制	张爱萍 高丽等 (57)
经典名方“泻白散”治疗肺炎的作用机制研究	赵桢熠 刘艳 (58)
Effects of aerobic and resistance exercise on depression—like behavior in CUMS rats based on “Muscle—brain crosstalk” mechanism	Chunhui Bao, Yumei Han et al. (59)
Directed focus on diterpenoids from the buds of <i>Wikstroemia chamaedaphne</i> : macroporous resin enrichment, LC—MS combined with Global Natural Products Social Molecular Networking strategy for screening and dereplication	De—Ling Chen, Shi—Fei Li (60)
Combination of liver, hippocampus and serum metabolomics revealed therapeutic mechanism of <i>Ziziphi Spinosae Semen</i> on P—chlorophenylalanine induced insomnia rats	Yingxin Chu, Yan Yan et al. (61)
Baicalein improves anxiety symptoms in 6—hydroxydopamine—induced Parkinson’s disease rats	Yixiao Dong, Li Gao et al. (62)
The regulatory effect of <i>Angelicae Sinensis Radix</i> on neuroendocrine—immune network and sphingolipid metabolism in CUMS—induced model of depression	Wenxia Gong, Xuemei Qin et al. (63)
Comparative study on chemical effect of <i>Ziziphi Spinosae Semen</i> and Fried <i>Ziziphi Spinosae Semen</i> on improved learning and memory in PCPA induced insomnia rats	Yiran Heng, Chenhui Du et al. (64)
Based on spleen metabolomics and transcriptomics to dissect the mechanisms of Chaigui granules for treating depression	Dehua Huang, Yuzhi Zhou et al. (66)
“Experimental effect—expected effect” mathematical functions based on dose—response relationships of serum metabolomics reveal the synergistic effects of Xiaoyaosan on depression ...	Huimin Liu, Xiaojie Liu et al. (67)
Metabolomics and microbiome integrally reveal the anti—depression effects of <i>Astragalus polysaccharides</i> from the perspective of “gut microbiome—immunity—metabolome” axis	Xiaojie Liu, Xuemei Qin et al. (68)

Integration of molecular network, chemometrics and metabolomics to explore the effect of honey processing on the chemical composition of Radix Astragali	Yudie Liu, Yutao Liu et al. (69)
Integrated colon microbiome and metabolomics to elucidate the antidepressant mechanisms of the Radix Bupleuri—Radix Paeoniae Alba herb pair	Jiale Lü, Yuzhi Zhou et al. (71)
Aloperine showed preferential anti—tumor effects in intrahepatic cholangiocarcinoma cells with mutant IDH1 via decreasing D—2—hydroxyglutarate	Yushuang Ma, Xingkang Wu et al. (72)
Integrated serum, urine metabolomics and 16S rRNA sequencing to investigate the modulatory effect of Ziziphi Spinosae Folium flavonoid on D—galactose—induced aging rats	Yu Tao, Yan Yan et al. (73)
Deciphering the relationship between depression and microbial molecules based on multi—omics: A case study of Chaigui granule	Jun sheng Tian, Xue mei Qin et al. (74)
Gastrointestinal Characteristics of Constipation from the Perspective of Microbiome and Metabolome	Huimin Wang, Xiaojie Liu et al. (75)
Chemical composition of <i>Daphne genkwa</i>	Kun wang, Shifei Li (76)
Discovery of novel STAT1 signaling pathway activators from <i>Daphne genkwa</i>	Kun wang, Shifei Li et al. (77)
Gut microbiome and testicular metabolomics reveal the compatibility of Xiaoyaosan on depression from the perspective of “gut—testis” axis	Senyan Wang, Xiaojie Liu et al. (78)
Effect of low polarity of Bupleuri Radix on depressed rats by UPLC—MS pseudo—targeted bile acid metabolomics	Weiyu Wang, Xiaoxia Gao et al. (79)
A strategy to combine stable isotope—resolved metabolomics and network pharmacology approach revealed antidepressant targets of Xiaoyao San to improve hippocampal mitochondrial TCA cycle disorder	Xianxian Wang, Xuemei Qin et al. (80)
Transcriptomic mechanism analysis of the antidepressant effect of CF on CSDS mice	Yanli Wang, Wenxia Gong et al. (81)

Microbiome—metabolomics reveals the bidirectional associations between aging and depression	Xiaoling Wu, Xiaojie Liu et al. (82)
Huangqi Jianzhong Tang treats chronic atrophic gastritis rats by regulating intestinal flora and conjugated bile acid metabolism	 Hui Zhang, Yuetao Liu et al. (83)
Integrating metabolomics, 16S rRNA sequencing, network pharmacology, and metorigin to explore the efficacy and mechanism of Cinnamomi Cortex in treating chronic atrophic gastritis rats	Hui Zhang, Yuetao Liu et al. (84)
Ziziphi Spinosae Semen flavonoids ameliorate chronic restraint stress—induced anxiety—like behaviors in mice by regulating thegut microbiome and metabolome	Ni Zhao, Yan Yan et al. (85)

《中国药理通讯》 编委会

主 编：杨宝学

顾 问：楼雅卿 林志彬 库宝善 李学军

编 委：（按姓氏笔划为序）

丁 健	马 璟	王广基	王育琴	王春波	王晓良	毛新民	左建平	石京山
司端运	毕明刚	吕圭源	吕延杰	朱晓新	朱 焰	乔海灵	刘昌孝	刘俊田
许建华	苏定冯	杜冠华	李 林	李 波	李学军	李晓辉	李 锦	杨宝学
杨宝峰	吴春福	吴 镭	余细勇	汪 晖	张丹参	张 兰	张永祥	张永鹤
张岫美	张相林	陈乃宏	陈 立	陈 忠	陈建国	易 凡	周文霞	周 红
周宏灏	郑青山	赵秀丽	胡长平	胡 刚	娄建石	贺 林	秦雪梅	耿美玉
卿 晨	高 华	陶 亮	黄 民	黄志力	常福厚	崔一民	斯拉甫·艾 白	
蒋建东	喻 田	程能能	傅风华	曾 苏	缪朝玉	薛 明	魏 伟	魏敏杰

责任编辑：潘 燕 底 畅

责任编委：杨宝学



南方科技大学医学院药理学系介绍

南方科技大学（简称南科大）是深圳在中国高等教育改革发展的时代背景下创建的一所高起点、高定位的公办新型研究型大学。2012 年建校后，南科大用了十年时间成功入选“双一流”建设高校名单。南科大医学院建立于 2019 年，医学院的定位是建设一所扎根深圳、面向中国和世界、理工医人文交叉融合、水平一流、国际化的研究型医学院；2020 年 4 月引进新加坡国立大学医学院药理学系科研主任卞劲松教授并创建药理学系。建系 3 年多来，药理学系始终以建设高起点、高定位、世界一流的药理学研究平台为目标，在学校及医学院的高度重视和支持下、系主任卞劲松教授带领药理学系迅速发展，取得了显著的成就，在 Nature、Nature Metabolism、Science Advances、Circulation Research 等高水平国际学术期刊发表论文 50 余篇；在研科研项目 28 项，共计 6789.4 万元；申请专利 14 项等。此外，药理学系卞劲松教授入选爱思唯尔中国高被引学者榜单；王鹏、卞劲松教授入选 2022 全球学者学术影响力榜，并且入围 2022 全球前 2% 顶尖科学家。2022 年 QS 世界大学学科排名公布，南科大药理学系作为一个新兴院系以其卓越的成就闪亮登场，脱颖而出，成功上榜。

一、引进高端人才，打造一流药理学梯队。

作为引进回国的创新型人才、国家特聘专家，卞劲松教授凭借丰富的药理学科研教学经验和组织能力，迅速引入并培养了一批学术基础扎实、创新能力强且拥有较大上升空间和发展潜力的优秀药理学团队。在卞劲松教授的领导下，药理学系团队专注于提升教学能力、科研水平、创新性和国际竞争力，以建设国际一流药理学学科为导向，以培养复合型顶尖医学人才为目标，打造世界顶尖水平的药理学系。

南科大药理学系师资队伍建设始终坚持引进与培养并重的方针，秉承创新团队+核心教授+青年骨干的师资队伍模式。目前，药理学系拥有教研系列教授 12 名、研究系列教授 7 名，其中国家级人才 4 人（包括中组部“千人计划”专家 1 人，科技部“火炬计划”专家 1 人，海外优秀 2 人）；省/市级人才 18 人次（包括深圳市（海外）高层次人才 8 人，深圳市鹏城岗位人才 8 人，深圳市孔雀团队核心成员 1 人）；深圳市高层次人才“孔雀团队”2 个。自 2020 年 4 月建系以来，短短几年，药理学系由最初的几人逐渐壮大成现今百余人的规模。

二、以转化医学为战略目标，大力发展基础研究及新药研发平台。

建系以来，药理学系着重于搭建具有鲜明特色的创新型科研平台，开展创新药物研发。现代生物技术成熟发展到今天，生物药的发展前景不可小觑。近年全球最畅销的 10 个药物中，有 6 个药物是生物药。南科大药理学系瞄准生物药研发，建立了核酸药物、类器官药物、抗体药物、心血管药物、以及智能（AI）药物等研发平台。其中 AI 药物研发平台充分结合了结构药理

学、系统生物学以及药物超算和筛选等新技术和新方法。卞劲松教授多次强调，“要建设国际一流的药理学系，就要打破常规，特色鲜明。南科大药理学系要有创新、有特色、有质量地全面进步、全面发展。”

目前，药理学系李亮助理教授研发的抗 RBD 单克隆抗体，已经通过效力以及安全性测试，具有很好的抗新冠作用，免疫球蛋白抑菌防护喷雾剂已经实现月产能 17 万瓶。药理学系王鹏讲席教授致力于开展 mRNA 疫苗药物研发，他研发的预防 COVID-19 和治疗 HBV 和抗铜绿假单胞菌、抗流感和非洲猪瘟等疫苗都取得了阶段性成果。卞劲松教授的靶向钠钾 ATP 酶治疗帕金森病的单克隆抗体人源化工作也在加紧进行中。

三、加强国际国内交流，创立国际一流、特色鲜明的药理学科。

药理学系 90% 以上的教学科研人员来自国际一流大学，具有丰富的国际经验和广泛的全球视野。药理学系积极利用教师们在药理学领域的国际影响力、海外科研与产业化资源，合理指导药理学学科工作。这些经验不仅仅在教学上保证了本科和研究生全英文教学的质量，而且在科研转化上也能和国际很好的接轨。卞劲松教授曾担任新加坡国立大学的新药研发中心常务副主任一职，这一经验积极有效地帮助药理学系推动了新药研发工作。同时通过引入国际一流大学的药理学学科教学、基础研究技术平台、评估及质量控制体系，促进教学、科研、成果转化实力的整体进步。

药理学系也努力主办国际、国内学术会议，开展学术交流。药理学系分别在 2021 年 12 月和 2023 年 5 月举办了首届和第二届国际药理学前沿交叉论坛，来自中国大陆、美国、日本、新加坡、香港、澳门特区以及中国大陆一百多名特邀专家及近 60 位青年学者分别作了专题报告。两次大会约 500 人参加了现场交流与讨论，约 4 万人线上参会，大大地推动了深圳市及南科大药理学科的发展，也将提升人才培养、科技创新能力和企业发展的综合实力。药理学系还加强与临床的学术交流与合作，定期召开学术会议，将基础与临床紧密的联合起来，提高科学研究的临床意义和转化价值。

总之，南方科技大学医学院药理学系自 2020 年 4 月 8 日成立以来，不断开拓进取、勇于探索、成效显著，取得了一批重要科研成果，逐步形成了一支临床与基础结合、科研与转化交叉融合的药理学团队。管理与国际接轨并按照开放性、先进性、创新性相结合的原则，建成了以高水平人才为本位，以创新平台为基础，以重大科研成果为导向，以培养高质量学术精英为标准的开放、流动、联合的运行体制。

南科大药理学系团队成员介绍



卞劲松 教授/系主任 博士生导师

科技部首批“火炬计划”专家，2022 年爱思唯尔中国高被引学者，2022 年度全球学者学术高影响力榜单，2022 年度全球前 2% 顶尖科学家榜单，中国药理学会理事，广东省药理学会常务理事及神经药理专委会主任委员，深圳市生物医药促进会副会长。研究方向为：1. 肺动脉高压诊断及治疗靶点研究 2. 神经退行性疾病的发病机制及抗体药物研发 3. 硫化氢的生物学功能研究。已发表 SCI 收录英文全文近 140 篇，其中作为通讯作者在 Circ Res、Sci Adv、STTT、Redox Biology 等著名期刊上发表论文近百篇。被引用 1 万 2 千余次，H 指数 59。



王鹏 讲席教授 博士生导师

国家首批“千人计划”特聘教授，长江学者奖励计划特聘教授，深圳市“国家级领军人才”，中国生物物理学会糖生物学分会会长，美国科学促进会（AAAS）会士，俄亥俄州杰出学者，佐治亚州研究联盟杰出学者，美国化学会 Claude S. Hudson Award 奖，第四届张树政糖科学奖杰出成就奖，美国化学会 Horace S. Isbell 奖。研究方向为：1. 核科学 2. 糖科学 3. 药物递送材料 4. 药物化学。在 Nature; Nat. Commun; J. Am. Chem. Soc.; Angew. Chem. 等国际学术刊物上发表学术论著 460 余篇，专利 19 篇，参与 7 部学术专著的编写，H 指数 57。



王玉琨 教授 博士生导师

南方科技大学医院副院长，曾在比利时 Hasselt 大学学习，中国优生优育临床药学专业委员会主任委员，中国中医药研究促进会治未病与亚健康分会副会长，深圳市医务志愿者协会会长，深圳市药学会副理事长，深圳市药学会药理学专委会主任委员，深圳市医师协会临床合理用药专委会主任委员，普通高校“十四五”规划教材（科学社 药学类）专委会 副主任委员，研究方向为：1. 肿瘤发生机制与耐药 2. 临床药理学。编写教材和专著十余部，获得全军教研成果一等奖 1 项、三等奖 2 项，省教学成果二等奖 2 项，发表论文 90 余篇，其中 SCI 收录 30 余篇。



胡宇慧 副教授 博士生导师

德国马克斯普朗克分子遗传所功能基因组学博士学位，2016 年 8 月回国加入南方科技大学。长期从事功能基因组、系统生物学领域的研究。课题组聚焦最新的空间转录组学、单细胞多组学、CRISPR 基因编辑改造，整合功能基因组/蛋白组/代谢组学等前沿技术，致力于诠释肿瘤、发育和代谢疾病、神经系统疾病的基因调控，以及药物治疗机制研究。已在 Developmental cell, Genome biology, Oncogene, EMBO Molecular medicine 等期刊发表论文约 40 篇，总引用近 2300 次，i10-index 26。已获国家自然科学基金/深圳市科研项目 4 项。申请抗肿瘤、抗新冠的天然化合物，单细胞技术等发明专利 8 项。



何涟 副教授 博士生导师

海外优青 (2022)，鹏程孔雀特聘岗位 (C 档)。研究方向为：医学合成生物学，光遗传学/化学遗传学，纳米抗体。已在 Nature Cell Biology, Nature Chemical Biology, Advanced Science, Nature Communications, Molecular Cell 和 elife 等国际期刊发表 40 余篇研究论文，特邀 Physiological Reviews 和 Cell Calcium 综述 4 篇，美国专利 4 项。



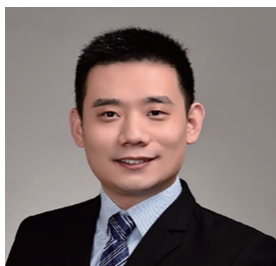
王莹 副教授 博士生导师

国家特聘青年专家人才，美国心脏学会基金评审委员，美国心脏学会青年科学家旅行奖 (New Investigator Travel Award, 2022)。研究方向为：1. 心力衰竭新靶点研究 2. GPCR 纳米信号域调控心血管生理、病理。已在心脏权威期刊 Circulation Research, Cardiovascular Research, Basic Research in Cardiology 等杂志发表论文 14 篇，其中包括 Circulation Research 4 篇。



李婉秋 助理教授 博士生导师

深圳市高层次专业人才，国家级领军人才，深圳市优青
2017 年南方科技大学校长卓越博士后。研究方向为：1. 表观遗传调控机制 2. 冷冻电镜结构生物学。多次以第一（共同第一）作者身份在 NATURE、Nat. Commun、PNAS 等国际顶级杂志发表重要研究成果。



李亮 助理教授 博士生导师

深圳市海外高层次人才，第六届、第九届新加坡生物医药工程科研大会金奖，优秀青年研究者奖金，亚太地区医用病毒学大会（APCMV）（2012 年 6 月，澳大利亚，阿德莱德）

任军事医学 SCI 期刊 Military Medical Research（《军事医学研究》）青年编委（IF: 34.915），Journal of Biological Chemistry (JBC) 等期刊约稿作者。研究方向为：1. 应用类器官模型及多器官芯片模型进行病原微生物与宿主相互作用机制研究，并与临床应用相结合进行新型诊断和治疗方法的开发 2. 抗体治疗与干细胞\类器官治疗。成立独立实验室后，近三年以第一作者或通讯作者（含共同）身份发表 SCI 论文多篇，包括 Cell Host & Microbe (封面文章)，Cell Research, Nature Metabolism, Gastroenterology, American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine, mBio, Microbiology Spectrum 等。成果被中国科学报、AAAS、Science Daily 等 35 个国家媒体报道。



鲁昊骋 助理教授 博士生导师

深圳市“鹏城孔雀计划”特聘岗位 C 档，American Heart Association, Predoctoral fellowship, 2016—2018, Young Investigator Award, Chinese American Academy of Cardiology, Chinese Society for Vascular Medicine, 2018, 担任 Cardiovascular Drugs and Therapy, JCI insight, Frontiers in Immunology 等杂志审稿人。研究方向为：1. 心血管疾病发病机制研究 2. 巨噬细胞和炎症在疾病中的作用。共发表 SCI 论文 38 篇，其中第一作者 11 篇，总计 SCI 引用 971 次。



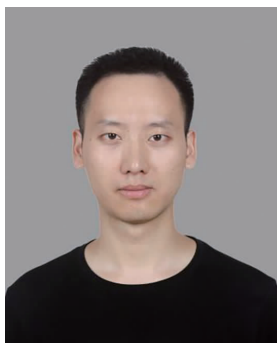
冯宇亮 助理教授 博士生导师

国际心脏研究会（ISHR）Richard J Bing 青年研究员奖（Finalist），牛津大学克拉伦登学者（Clarendon Scholar），Winkler Oxford Award in Medicine or Psychology, (China—Oxford Scholarship Fund), ISHR Travel Award (2013, 2016)，国际心脏研究会中国分会转化医学工作委员会委员（2016—2018），中国病理生理学会心血管专业委员会秘书（2016—2018），Nucleic Acids Research, Advanced Science, Redox Biology, ASPB, Pharmacological Research 等杂志审稿人，Cells, Frontier in Pharmacology, Frontier in Bioengineering and Biotechnology 等杂志（客座）编辑。研究方向为：心血管病和肿瘤发生的三维基因组与表观遗传调控。所有第一/通讯作者论著 10 篇（高引论文 1 篇）/综述 6 篇，总论文 32 篇，返修（under revision）论文 2 篇（Gastroenterology, Nature Communications），谷歌总被引 1115 次，H-index 14。



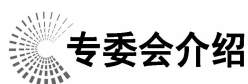
陈默 助理教授 博士生导师

研究方向为：脂质信号通路，细胞内吞、膜融合、蛋白质转运，肿瘤血管发生、动脉粥样硬化。作为第一/共同第一作者在细胞生物学权威期刊 Nature Cell Biology (IF: 28.3) 发表论文三篇，Cell Death & Differentiation (IF: 12.1) 发表论文两篇，共发表 SCI 论文 13 篇，实验方法被 Methods in Molecular Biology 丛书收录，与威斯康星校友研究基金会 WARF 合作转化开发新型抗癌药物，得到了美国电视新闻媒体 Spectrum News 的专题采访，其研究成果被 Nature Cell Biology、Science Signaling、F1000Prime 等多家国际媒体推荐和报道。



曹阳坡 助理教授 博士生导师

实验室开发并利用一系列前沿的技术手段，包括 AAV9-MPRAnalyze, CASA AV, Single-Cell Multiomics, 3D genome, High resolution imaging 等，重点关注代谢及转录调控在心脏发育，心脏稳态及心肌病发生发展中的作用。近 5 年内，以第一作者（含共同）在 Circulation、Circulation Research、Developmental Cell、PNAS、Cardiovascular Research 等权威杂志发表多篇研究型论文。研究成果曾被选为期刊亮点文章，封面文章，并配以专栏介绍。目前担任 South China Journal of Cardiology 编委，入选鹏程孔雀特聘岗位。



中国药理学学会安全药理学专业委员会简介

中国药理学学会安全药理学专业委员会是在中国药理学学会、中国食品药品检定研究院（原中国药品生物制品检定所）、国家食品药品监督管理局药品审评中心各级领导、各兄弟学会相关专业委员会的大力支持下，由中国药理学学会批准成立的全国性二级专业学会，于 2013 年开始筹备，2014 年 11 月 17 日获中国药理学学会批准，机构办公室现挂靠在中国食品药品检定研究院国家药物安全评价监测中心，全名为中国药理学学会安全药理学专业委员会（Safety Pharmacology Society, Chinese Pharmacological Society, CSPS）。

1. 历史回顾

安全药理学（safety pharmacology）作为新药临床前安全性评价领域中一个重要的组成部分，近年来愈来愈受到各国药品监督管理当局和新药研究与开发人员的普遍关注。人用药品注册技术国际协调会（ICH）于 2001 年 11 月发布的“人用药品安全药理学研究指南（S7A）”使该学科得到了快速的发展。2005 年 10 月 ICH 又发布了“评价人用药品潜在致心室复极化延迟作用（QT 间期延长）的安全药理学研究（S7B）”。2004 年国家食品药品监督管理局也再次修订和发布了一般药理学研究技术指导原则。为了尽快了解和掌握国内外在新药安全药理学评价领域的最新进展，时任中国药品生物制品检定所国家药物安全评价监测中心常务副主任、主任的李波研究员先后于 2006 年 5 月 25—26 日、2011 年 4 月 18—19 日在北京组织举办了第一届和第二届安全药理学国际学术研讨会，在业界取得了极大的反响，使得安全药理从业人员均有强烈意愿成立相关的学会机构。因此，2013 年 06 月 06—08 日，在中国药理学学会领导尤其是时任理事长的杜冠华教授的大力支持下，由时任国家药物安全评价监测中心主任的汪巨峰研究员主持筹建了中国药理学学会安全药理学专业委员会（筹），在江苏南京成功组织召开了第三届安全药理学国际学术研讨会。期间召开了安全药理学专业委员会筹备会议，选举产生筹备领导机构。经过近 2 年的筹备及发展，安全药理学专业委员会于 2014 年 11 月 17 日获得中国药理学学会正式批准成立。2015 年 5 月 6—9 日，在广州召开中国药理学学会安全药理学专业委员会成立大会暨第四届安全药理学国际学术研讨会，献礼中国药理学学会成立 30 周年。中国药理学学会安全药理学专业委员会正式成立，中国食品药品检定研究院院长李波研究员当选主任委员，汪巨峰研究员当选常务副主任委员，王庆利、陆国才、杨毅、彭双清教授当选副主任委员，王三龙教授任秘书长。本届研讨会得到了中国药理学学会、美国 SPS、日本 JSPS、国家食品药品监督管理总局药品审评中心、广东省食品药品监督管理局、中国毒理学会以及相关专业委员会和国内各 GLP 机构的大力支持。会议收到学术论文 113 篇，参会代表 200 多人，其中包含美国 SPS、日本 JSPS 时任学会主席等近 10 名国际安全药理学权威专家。本次大会为参会代表与国际上著名专家的近距离讨

论和交流提供了机会,使国内安全药理科技人员比较全面的了解到该领域的热门研究课题和最新研究成果,极大地推进了我国安全药理研究的广度和深度,有助于我国新药临床前安全性评价和安全药理学科的发展,为尽快提升我国安全药理研究整体水平起到了很好的促进作用,具有重要的划时代和里程碑意义。

首届专委会经过 4 年的发展,根据中国科协及中国药理学会所属分支机构管理办法关于换届相关规定,于 2019 年 6 月 1 日获得学会换届申请批复,2019 年 6 月 22 日在湖北省武汉市召开换届会议,选举产生了第二届中国药理学会安全药理学专业委员会,汪巨峰研究员为主任委员,陆国才教授为常务副主任委员,王三龙、杨威、胡晓敏、张雪峰、扈正桃教授为副主任委员,王三龙教授连任秘书长。第二届专委会委员 76 人,委员遍布全国 19 个省份及美国、日本安全药理领域专家。

安全药理学专业委员会目前拥有中国共产党员 39 名,根据党章有关规定,符合设立党支部的条件。为发挥党支部在安全药理学专业委员会的政治核心和战斗堡垒作用,依据《中国共产党章程》、《中国共产党基层组织选举工作条例》和《中国共产党支部工作条例(试行)》等文件的规定,安全药理学专业委员会于 2021 年 6 月 8 日请示申请成立安全药理学专业委员会党支部。中国药理学会委员会给予高度重视,于 2021 年 6 月 9 日批复同意安全药理学专业委员会成立党支部。安全药理学专业委员会经充分酝酿,周密组织,于 2021 年 11 月 10 日召开选举大会,因新冠疫情原因本次大会以线上选举方式开展,最终有效选举陆国才同志为党支部书记。

2. 学术交流、出版专业丛书及人才培养

中国药理学会安全药理学专业委员会(CSPS)是我国第一个“安全药理学专业委员会”,全球第三个专业的安全药理学委员会,专业委员会的发展目标是为我国安全药理学工作者搭建学术交流平台,加强业内协作与沟通,通过与国际上的交流合作,把握安全药理学研究发展动向,全面提升我国安全药理学研究水平,推动学科发展。正式成立八年来,在中国药理学会的领导下,安全药理学专业委员会积极组织带领安全药理学从业者积极开展学术交流活动、出版专业丛书和专著、组织技术培训、促进青年人才成长,积极协助总会举办各项学术活动。安全药理学专业委员会始终围绕经济社会发展需求、促进科学发展积极开展工作,推动学科发展、提高研发水平、助力人才培养,为我国安全药理学事业发展发挥了重要推动和引领作用。

(1) 学术交流:安全药理学专业委员会从 2013 年筹备,2015 年正式成立以来,学术交流十分活跃,每 2~3 年举办一次国际性的学术会议,交流的安全药理学新技术、新成果、与国家药监局药品审评中心共同推进安全药理学研究方法和研究标准的制定,专委会还组织委员积极参与了 ICH E14/S7B 修订讨论会,掌握 ICH 指导原则修订动态,为国内安全药理学领域技术发展提供参考指导。每次会议都有研讨的主题,针对热点和重点问题进行讨论。截止 2019 年 7 月已举办了六届安全药理学国际学术研讨会。自 2014 年开始,与中国药理学会、中国毒理学会、中国药学会、中华中医药学会下属 9 个二级专业委员会联合主办了 7 届药物毒理学年会、其中一届

为牵头主办方，为我国药物毒理学工作者提供了重要的国内国际学术交流和青年学者成长舞台。各次会议情况如下：

时间	地点	会议名称
2006 年 5 月	北京	第一届安全药理国际学术研讨会
2011 年 4 月	北京	第二届安全药理国际学术研讨会
2013 年 6 月	南京	第三届安全药理国际学术研讨会
2014 年 10 月	昆明	2014 年（第四届）中国药物毒理学年会
2015 年 5 月	广州	中国药理学会安全药理专业委员会成立大会暨第四届安全药理学国际学术研讨会
2015 年 6 月	海口	2015 年（第五届）药物毒理学年会
2016 年 5 月	济南	第二届（2016 年）中国安全药理学学术年会暨第五届安全药理学国际学术研讨会
2016 年 6 月	重庆	2016 年（第六届）全国药物毒理学年会会议
2017 年 5 月	成都	第三届（2017 年）中国安全药理学学术年会暨第六届安全药理学国际学术研讨会
2017 年 7 月	太原	2017 年（第七届）药物毒理学年会
2018 年 5 月	南京	2018 年（第八届）药物毒理学年会
2019 年 6 月	武汉	2019 年（第九届）药物毒理学年会
2019 年 8 月	连云港	第三届中国（连云港）国际医药技术大会“新技术、新策略、新健康——安全药理学国际专题论坛”
2021 年 5 月	绍兴	2021 年（第十届）药物毒理学年会
2021 年 8 月	大同	第四届（2021）中国安全药理学学术年会暨第七届安全药理学国际学术研讨会（因疫情延迟，拟于 2023 年内举行）

（2）专业丛书和学术刊物

安全药理学专业委员会在成立之初便筹划出版与安全药理评价技术方法内容有关的专业丛书，在 2022 年成功出版了《安全药理学导论》，该书籍从国内外安全药理学指导原则要求和修订，到中枢神经系统、心血管系统和呼吸系统安全药理及补充安全药理等的最新研究进展等方面，全面阐述了新药非临床安全药理学的重要性，对安全药理学在我国的发展起到非常重要的引导作用，同时邀请了美国安全药理学会（SPS）、日本安全药理学会（JSPS）十多位专家联合撰写了全球安全药理学指南和原则相关内容，使得该书籍紧密切合国际安全药理学发展动向。

2019 年在安全药理学专业委员会组织下，由主任委员汪巨峰研究员、副主任委员陆国才教授、王三龙教授、杨威教授作为通讯作者，来自 14 家单位共 23 位学者共同撰写的《新药非临床安全药理学研究进展》在中国药理学与毒理学杂志发表，该综述从国际国内安全药理学指导原则要求和修订，到中枢神经系统、心血管系统和呼吸系统安全药理及补充安全药理（胃肠道系统、泌尿系统、血液系统和肝胆系统）等方面，全面综述了新药非临床安全药理学研究进展，对安全药理学的科普和推广起到非常重要的作用。

(3) 人才培养

为鼓励青年科技人员热爱安全药理学研究和事业，为中国安全药理学科发展培养和储备后备人才，自“第三届（2017 年）中国安全药理学学术年会暨第五届安全药理学国际学术研讨会”开始，每 2~3 年举办的学术研讨会评选出 10 篇左右的青年优秀论文，同时从当年的青年优秀论文获得者中优中选优，选择推荐最优秀的青年才俊代表 CSPS 参加当年国际安全药理学会年会。在每年的青年优秀论文获得者中很多成长为各单位从事安全药理学研究的中坚力量或学术带头人，为安全药理学的学科发展和后备人才的培养做出了突出贡献。

(4) 国际合作

为促进国际安全药理学学术交流与合作，每 2~3 年举办的安全药理学国际学术研讨会均会邀请国际安全药理学组织 SPS、JSPS 的专家学者参会，互相商讨安全药理学研究技术和理论全球发展动向，并通过推荐青年优秀学者代表安全药理学专业委员会参加国际安全药理学会年会，与全球安全药理学工作者共同商讨安全药理学发展动向。在学会的组织下，各位委员积极参与到国际 ICH 对 E14/S7B 增补问答的修订过程中，通过参加网络讨论会议，参与国家药监局 CDE 组织的技术讨论等，掌握 ICH 指导原则修订动态，为国内安全药理学领域技术发展提供参考指导。

3. 现任专业委员会组成

主任委员：汪巨峰

副主任委员：陆国才

副主任委员：（5 名，以姓氏比划排序）

王三龙、杨威、胡晓敏、张雪峰、扈正桃

常务委员：（17 名，以姓氏比划为序）

马玉奎、王三龙、王全军、李建国、汤纳平、许彦芳、杨威、汪巨峰、张海飞、张雪峰、陆益红、陆国才、周莉、胡晓敏、姜德建、宫丽崑、扈正桃

委员：（76 名，以姓氏比划为序）

马玉奎、马仁强、王平、王三龙、王全军、王茜莎、田璐、田雪松、朴成玉、邢国振、刘晶、刘学武、刘克剑、刘永珍、朱金昌、汤纳平、许彦芳、关业枝、伍瑞、苏筱琳、纪晓琳、李宝馨、李春莉、李建国、李芊芊、李姗姗、李英骥、何君、杨威、杨艳、肖百全、肖云峰、汪巨峰、汪溪洁、张立将、张海飞、张金晓、张素才、张媛、张晓芳、张雪峰、张颖丽、陈健文、杨昌永、赵斌、陆兢、陆国才、陆益红、周莉、段链、胡晓敏、姜德建、宫丽崑、宗英、武雪玲、洪敏、郑智勇、罗先钦、郭家彬、郭健敏、郭秋平、徐勤、高婷婷、唐黎明、黄凌、章根木、翁勤洁、扈正桃、程春雷、彭双清、谢强敏、谭莹、蔡铁全、戴学栋、Chiba Katsuyoshi、Kentaro Ando

秘书长：王三龙

副秘书长：马玉奎、姜德建、张立将、郭健敏



**2023 年中药复方药理学研究与新药研发学术研讨会
暨中国药理学会中药与天然药物药理专业委员会会议
(第一轮通知)**

经研究，拟于 2023 年 10 月 13—15 日在陕西省咸阳市举行“中药复方药理学研究与新药研发学术研讨会暨中国药理学会中药与天然药物药理专业委员会会议”。

中药复方作用原理以及适合中药复方药效特点的非临床药效评价等既是中药复方研究的重大科学和技术问题，也是中药复方现代研究的难题。随着科学技术的快速发展及其在中药复方现代研究中不断应用，近年来中药复方药理学研究取得了一些成绩和进展，但仍有待深入和突破。本次会议将重点围绕中药复方药理学研究以及中药复方新药临床前药效评价的新思路、新方法、新进展等进行学术交流与研讨，为推动中药复方药理学研究、中药复方非临床药效评价等提供新思路与新方法，不断提高中药复方药理学研究水平，为建立符合中药复方药效特点的中药复方临床前药理学评价的策略、技术与方法提供依据。

本次会议除举办中药复方药理学研究与新药研发学术研讨会外，还将举行中国药理学会中药与天然药物药理专业委员会会议，并进行委员会换届选举（含青委会换届）；召开中药新药非临床药效评价指导原则编写讨论会；召开《中药药理与临床》杂志编委会会议。

热烈欢迎中国药理学会中药与天然药物药理专业委员会委员、《中药药理与临床》杂志编委会委员及关心中药及天然药物药理学研究及中药新药研发的同仁参会！请大家提前做好工作，以保证届时参会。

期待与各位代表相聚有“中国第一帝都”之称的美丽咸阳渭水河畔，相互交流与学习，共同促进我国中药药理学事业的发展！

一、会议时间

2023 年 10 月 13—15 日（10 月 13 日报到）。

二、报到及会议地点

1. 报到地点：咸阳海泉湾维景国际大酒店，地址：陕西省咸阳市秦都区世纪大道中段，电话：029—33888888。

2. 会议地点：启迪科技会展中心（10 月 14 日），地址：陕西省咸阳市秦都区世纪大道中段；咸阳海泉湾维景国际大酒店（10 月 15 日）。

三、会议组织机构

主办单位：中国药理学会

承办单位：中国药理学会中药与天然药物药理专业委员会陕西中医药大学

四、会议组织机构

会议主席：张永祥、杜冠华、赵军宁

副主席：（按姓氏拼音排序）戴敏、高秀梅、胡刚、刘建勋、吕圭源、孙晓波、吴春福、肖洪彬、肖伟、余林中、周文霞

学术委员会（按姓氏拼音排序）：曹鹏、陈兰英、陈乃宏、陈素红、戴敏、杜冠华、高秀梅、高月、韩玲、侯建平、胡刚、黄河清、蒋宁、李林、李学军、李越、林鸽、刘建勋、吕圭源、孟宪丽、苗明三、聂红、彭军、秦雪梅、石京山、斯拉甫·艾白、孙鹤、孙建宁、孙蓉、孙晓波、铁璐、王洪波、王奇、王月华、吴春福、肖洪彬、肖伟、徐宏喜、徐强、薛云丽、杨洪军、杨奎、余林中、詹华强、张丹参、张艳军、张永鹤、张永祥、赵军宁、周黎明、周文霞、周玉枝、朱晓新

秘书长：周文霞、乔海法

副秘书长：蒋宁，王斌，李永丰

五、会议日程（暂定）

日期	时间	日程安排
10 月 13 日	全天	参会代表报到
10 月 14 日	上午	09:00~09:20 开幕式
		09:20~09:30 合影
		09:30~12:00 特邀报告
	中午	12:00~14:00 午餐
	下午	14:00~17:30 中药复方药理学研究与发展专题研讨 中心发言（每人 10—15 分钟） 综合讨论（每人不超过 5 分钟，可用 ppt）
		17:30~18:00 中国药理学会外籍荣誉会员授予仪式
	晚上	18:00~19:30 晚餐
		19:30~21:00 中国药理学会中药与天然药物药理专业委员会换届会议
10 月 15 日	上午	08:30~10:00 《中药药理与临床》杂志编委会议
		10:15~11:45 中药新药药效评价指导原则编写讨论会
	中午	12:00~14:00 午餐
	下午	14:00~ 离会

六、会议注册及注册费

1. 注册方式

请填写会议回执（见中国药理学会网页），于 2023 年 10 月 1 日前，发至会务组邮箱 tcmmpharm@163.com，893030385@qq.com。

2. 注册费缴纳标准

2023 年 10 月 1 日前，1000 元/人；2023 年 10 月 1 日后，1200 元/人。

3. 注册费缴纳方式

银行汇款：中国药理学会，开户行：中国建设银行北京市花园路支行，账号：11001028500056011795，请注明“中药复方现代药理学研究与发展学

术研讨会注册费”和参会人姓名、单位。

现场缴费：会议现场缴费（仅可缴纳现金，无优惠）。

由于会议当天发票数量有限，建议参会人员提前将会议注册费转账至中国药理学会，2023 年 10 月 1 日前通过银行汇款并完整填写发票信息的参会人员，会议注册报到时可现场领取发票，2023 年 10 月 1 日之后与现场缴费的参

会代表发票将在会议结束后由会务组统一寄送发票。只登记信息未及时汇款者不能提前开具发票。

缴费后如因故无法参会，请于 10 月 1 日前联系中国药理学会办理退费事宜，逾期不能办理退费。

七、住宿安排

会议不负责预订酒店，请参会人员直接通过网络、电话等与希望入住的宾馆联系预订，会场周边推荐酒店如下：

1. 咸阳海泉湾维景国际大酒店，地址：陕西省咸阳市秦都区世纪大道中段，电话：029—33888888。

2. 宜必思酒店（咸阳启迪科技园店），地址：陕西省咸阳市秦都区世纪大道中段，电话：029—33191999。

3. 锦江之星品尚（咸阳西咸新区世纪大道店），地址：陕西省咸阳市秦都区世纪大道中段，电话：029—33279696。



八、联系方式

E-mail: tcmp Pharm@163.com, 893030385@qq.com, 电话：010—66930624。陕西中医药大学联系人：李永丰，电话：029—38180212, 18829572405。

2023 中医药与神经科学交叉前沿论坛暨 2023 全国网络药理学学术会议通知（第一轮）

（山东泰安，2023 年 9 月 22—25 日）

为进一步开展学术交流与合作，加强网络药理学在中医药与神经科学领域的应用，由中国药理学会网络药理学专业委员会主办，军事科学院军事医学研究院和山东中医药大学联合承办的“2023 中医药与神经科学交叉前沿论坛暨 2023 全国网络药理学学术会议”定于 2023 年 9 月 22 日至 25 日在山东省泰安市召开。会议以数智推动网络药理学创新发展为主题，就学科相关热点问题、前沿问题进行学术交流。诚挚邀请在网络药理学领域从事教学、科研、临床、新药研发等工作的各界人士踊跃报名参会。

一、会议组织

1. 组织机构

主办单位：中国药理学会网络药理学专业委员会

承办单位：山东中医药大学

2. 组织委员会

主席：周文霞

副主席（按照姓氏拼音排序）：陈洛南 段大跃 来鲁华 李梢 李佳

秘书长：程肖蕊

副秘书长：韩露 于莹 王庆仙

秘书处成员：叶田园 赵宏伟 陈凌霄 袁弯弯 魏文迪 田升 李珩玉 李志远 王静 李鹤 侯路娥 卢慧 杨莹 郁添皓 李阳怡 王诗雪 张敏 彭玉琪

组委会委员（按照姓氏拼音排序）：艾克白尔·买买提，毕明刚，伯晓晨，曾靖，常福厚，陈纯，陈兰英，陈乃宏，陈瑞杰，陈禹保，程肖蕊，程翼宇，程勇，杜冠华，范晓辉，方坚松，高丽，高莉，高秀梅，韩敬东，韩露，贺福元，贺文彬，侯建平，胡刚，胡元佳，姜泓，寇俊萍，李昌煜，李洪林，李林，李霞，李学军，李寅，李正，林娜，刘艾林，刘建勋，刘骏，刘庆山，陆茵，吕爱平，吕海涛，孟爱民，彭双清，秦雪梅，沈剑刚，史海龙，斯拉甫·艾白，宋文婷，苏式兵，苏薇薇，孙蓉，孙妩弋，孙晓波，田俊生，王斌，王淑美，王永华，王忠，魏伟，文磊，吴春福，向铮，项荣武，萧伟，熊江辉，徐峰，徐筱杰，许风国，许海玉，许建华，薛明，杨洪军，杨静玉，杨仑，张兰，张彦琼，张颖，张永鹤，张永祥，张媛媛，张尊建，赵静，周虎，周文霞。

二、会议主题

数智推动网络药理学创新发展

三、会议形式

1. 大会报告：将由组委会特邀网络药理学领域的院士或著名学者与会作精彩演讲。

2. 专题论坛：组织者程肖蕊教授，联系方式：cxr916@163.com。

3. 壁报交流：组织者叶田园博士，联系方式：yetianyuan2013@163.com

四、会议时间与地点

1. 会议时间与日程

2023 年 9 月 22 日—9 月 25 日

日期	时间	日程安排
9 月 22 日	9: 00—21: 00	全天报到
9 月 23 日	9: 00—12: 00	开幕式与主旨报告
	14: 00—17: 00	网络药理学专题论坛
	19: 00—21: 00	中国药理学会网络药理学专业委员会换届选举
9 月 24 日	9: 00—12: 00	网络药理学专题论坛
	14: 00—17: 00	学科前沿圆桌会议
9 月 25 日		离会

2. 会议地点

山东省泰安市宝龙艺珺酒店

地址：山东省泰安市泰山区岱道庵路 6 号

电话：0538—8879999。

五、会议注册与缴费

1. 会议注册费标准

代表类型	注册费（元）
会员代表	1000
普通代表	1200
学生代表	500
企业代表	2000

注：

1. 会议注册费包含会议期间参加所有学术会议与论坛、午餐与晚餐、会议资料（大会期间所有相关的学术资料）的费用，参会人员交通费及住宿费自理。
2. 现场注册请出示学生证。博士后、住院医师、实验室技师不属于学生范畴。
3. 会议中不得散发任何广告和宣传资料，为了保护知识产权，未经允许不得随意对报告内容拍照、录像，请文明参会，遵守科学道德规范。
4. 若临时有变化不能参会，请以邮件形式正式通知组委会秘书处。

2. 汇款信息

请参会人员将参会会务费汇至下面指定账户，汇款时请备注：“参会人姓名+网药会务费”。

开户名称：中国药理学会

开户银行：中国建设银行北京市花园路支行

银行账号：11001028500056011795

3. 缴纳方式

(1) 参会人员报名注册后请以线上汇款方式进行缴纳，汇款时请务必附言中备注“参会人姓名+网药会务费（如：张三+网药会务费）”，并将参会姓名、参会名称、汇款凭证、联系电话等信息发至邮箱：wqx_NKU@163.com，以便款项确认。

(2) 若多人合并缴纳会务费，务必写全每位代表或学生的姓名，以便会务组进行人数和金额的登记、核对。

(3) 取消参会：会议召开前 1 个月取消参会，退 100%注册费；会议召开前 2 周取消参会，退 50%会议注册费；会议召开前 1 周取消参会，不退注册费。

财务联系人：王庆仙

联系电话：158 6527 1322

电子邮件：wqx_NKU@163.com

4. 会议注册

请参会者通过手机扫描下方二维码进行在线注册。



会议注册截止时间：2023 年 9 月 1 日

六、会议投稿

1. 欢迎从事网络药理学相关领域的研究人员踊跃投稿（中、英文均可），会议论文摘要将在《中国药理学与毒理学杂志》刊出。

2. 征文要求：摘要 400 字以内，包括：题目、作者姓名（英文摘要作者的姓名用全拼或英文，姓前名后，姓全部大写，如 LIU Dehua）、单位（包括单位名称，单位所在省、市和邮编）、结构式摘要（包括目的、方法、结果和结论）、关键词（3~5 个，用中文或英文全称）、基金资助〔基金来源（基金编号）〕和通讯作者（姓名+电子邮箱）；综述不需要结构式摘要，要求为报道性摘要。具体格式参考《中国药理学与毒理学杂志》网站（<http://cjpt.magtechjournal.com/>）。（另请注明第一作者联系手机号，便于编辑部统稿时与作者联系）

3. 投稿方式：请将投稿文件以 word 形式发送至 E-mail: yetianyuan2013@163.com，并注

明网络药理学分会。

征文截止日期：2023 年 8 月 10 日。

投稿联系人：叶田园

联系电话：130 2658 8873

电子邮件：yetianyuan2013@163.com

七、住宿办理

本次会议不统一安排住宿，会务组提供协议酒店供与会人员参考，请自行预订，住宿费用自理。因 9 月份为当地旅游旺季，酒店客房较为紧张，建议尽早安排！

本次会议签约酒店信息如下：

酒店名称：泰安市宝龙艺珺酒店

酒店地址：山东省泰安市泰山区岱道庵路 6 号

房型与价格：标准间、大床房，380 元/间/天，含早餐

联系电话：0538—8879999

八、组委会联系方式

联系人：于莹，王庆仙

电 话：182 6413 1358（于莹），158 6527 1322（王庆仙）。

E-mail：13969179693@163.com（于莹），wqx_NKU@163.com（王庆仙）。

微信号：18264131358（于莹），wang13652122665（王庆仙）。

通讯地址：山东省济南市长清区大学科技园大学路 4655 号山东中医药大学科研创新楼 511 房间，邮编：250355。

第七届全国分析药理学学术大会第一轮通知

由中国药理学学会分析药理学专业委员会主办、浙大城市学院和浙江大学金华研究院承办的“第七届全国分析药理学学术大会”将于 2023 年 10 月 20—23 日在杭州举行。会议将邀请国内外分析药理学、人工智能药物领域和临床著名专家做学术报告，并重点在药物靶标的发现和验证分析、生物标志物的发现和验证分析、临床研究和临床分析药理学、可视化药物分析、药物递送系统体内命运分析及人工智能新药研发在分析药理学中的应用等方面开展学术研讨，为广大分析药理学和药物研发工作者提供多学科交叉学术交流的平台。中国药理学学会分析药理学专业委员会委员 2023 年度工作会议同时召开。

会议设大会报告、分会报告、青年学者报告、墙报展示等内容，欢迎全国热诚欢迎国内

外药学、分析化学、医学、化学生物学、人工智能药学等相关研究领域的专家、学者、研究生积极投稿和参加会议，同时欢迎仪器和试剂、药物研发公司和其他各类企业参展和宣传报告。

一、会议主题

面向人民生命健康，分析药理与人工智能融合创新

二、会议主办及承办单位

主办单位：中国药理学会分析药理学专业委员会

承办单位：浙大城市学院、浙江大学金华研究院

三、会议内容

1. 药物靶标的发现和验证分析
2. 生物标志物的发现和验证分析
3. 临床研究和临床分析药理学
4. 可视化药物分析
5. 药物递送系统体内命运分析
6. 人工智能新药研发

四、会议时间和地点

1. 会议时间：2023 年 10 月 20 日—2023 年 10 月 23 日，2023 年 10 月 20 日（星期五）报到，10 月 21 日—22（星期六和星期日）两天会议，10 月 23 日（星期一）离会。

2. 报到地点：浙江三立开元名都大酒店

地址：浙江省杭州市拱墅区绍兴路 538 号

联系电话：0571—85099999

3. 会议地点：浙江三立开元名都大酒店

五、注册费标准及汇款方式

1、会务费用：2023 年 9 月 20 日前注册并完成缴费的正式代表缴纳 1500 元，学生代表（凭有效证件）缴纳 1000 元，企业代表缴纳 2500 元；现场注册的正式代表缴纳 1800 元，学生代表（凭有效证件）缴纳 1300 元，企业代表缴纳 3000 元。

注册类别	9 月 20 日前	9 月 21 日及以后（含现场注册）
在职人员	1500 元	1800 元
在校学生（凭证件）	1000 元	1300 元
企业人员	2500 元	3000 元

备注：①注册费用包括会务费、资料费、授课费等费用；

②住宿统一安排，费用自理。

2、注册费汇款账户信息如下：

户 名：浙江大学

开 户 行：农行杭州市浙大支行紫金港支行

银行账号：19042201040000014

联 系 人：夏蓓蓓

电 话：0571—88206939

邮 箱：352790798@qq.com

汇款截图及开票信息请以电子版形式发送至会务组邮箱（352790798@qq.com）并备注“分析药理+姓名+学校”。

六、报名方式

请扫描下方二维码，注册报名。



七、会议赞助

余露山（电话：18986124867；电子邮箱：yuls@zju.edu.cn）

向 铮（电话：13676441175；电子邮箱：xiangz@hzc.edu.cn）

武海萍（电话：15952018065；电子邮箱：wuhaiping@smu.edu.cn）

第七届中荷代谢组学论坛与国际合作技术交流会

（2023 年 9 月 25—26 日 中国·山西太原）

诚挚邀请

为促进我国代谢组学发展和学术交流，研讨代谢组学新技术、新方法，“第七届中荷代谢组学论坛与国际合作技术交流会”将于 2023 年 9 月 25—26 日在山西省太原市举行。

论坛将邀请国内外知名学者就代谢组学与中药现代研究领域的最新动态、学科前沿发展趋

势、新技术的应用等做大会学术报告，涉及代谢组学新视角、新应用、功能代谢组学等。代谢组学技术交流将邀请科研一线从事代谢组学工作的青年学者，讲解并示范代谢组学技术及其应用。在课程安排上即有基础讲解，又增加了技术提升应用课程。

中荷代谢组学论坛已成功举办 10 余年，本届论坛将继续沿用前六届的成功经验和特色，采用高层学术论坛与实用技术交流相结合的模式，为参会者提供了“顶天”的学术大餐与“立地”的技术学习良机。

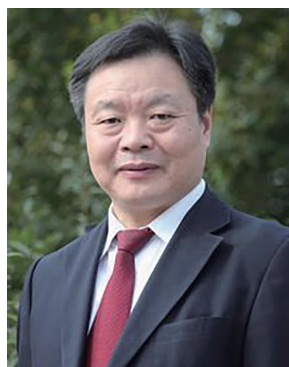
组委会现诚挚邀请国内外同行相聚在美丽的“龙城”太原。

欢迎参会、相聚龙城！

共同主席



Robert Verpoorte 教授



杜冠华教授

一、会议主题：代谢组学与分子靶标

二、会议组织机构

主办单位

山西大学

山西省药理学会

承办单位

化学生物学与分子工程教育部重点实验室

地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室

三、大会组织委员会

主 席：

Robert Verpoorte

杜冠华

执行主席：

秦雪梅

秘 书 长：

周玉枝

四、大会学术委员会（按姓氏拼音排名）

Young Hae Choi	唐惠儒
胡泽平	李震宇
林树海	齐炼文
王喜军	许国旺
赵英永	

五、论坛内容

（1）高层论坛内容：

- 1、代谢组学新思考
- 2、基于代谢组学的分子机制研究
- 3、功能代谢组学
- 4、代谢组学在中药现代化研究中的应用

（2）代谢组学技术交流内容：

- 1、代谢组学分析技术（包括样品制备、图谱测试、参数优化、数据预处理技术、2D NMR 结构鉴定技术）
- 2、代谢组学数据处理方法（多元统计分析、单变量分析方法、SIMCA-P 使用方法）
- 3、学术论文的撰写与举例
- 4、代谢组学与网络药理学联合应用
- 5、代谢组学与微生物组学联合应用
- 6、细胞代谢组学
- 7、多组学研究技术
- 8、代谢组学与 PK-PD

六、会议时间、地点

会议地点：山西全晋商务大酒店

会议时间：2023 年 9 月 25—26 日

七、论坛日程：

初步安排（具体日程见第二轮通知）

时间	日程
2023 年 9 月 24 日	大会注册报到（全天）
2023 年 9 月 25 日	上午：开幕式 大会学术报告 下午：大会学术报告

续表

时间	日程
2023 年 9 月 26 日	上午：代谢组学技术研讨会 下午：代谢组学技术研讨会
	离会

国内外相关领域长期致力于代谢组学研究的著名专家将作报告，报告题目将于第二轮通知公布。目前邀请到的国外专家有：Robert Verpoorte 教授（荷兰莱顿大学）、Young Hae Choi 教授（荷兰莱顿大学）；国内专家有（按姓氏拼音排名）：杜冠华教授（中国医学科学院协和医学院药物研究院）、胡泽平（清华大学）、林树海（厦门大学）、齐炼文（中国药科大学）、唐惠儒教授（复旦大学）、王喜军（黑龙江中医药大学）、许国旺（中国科学院大连化学物理研究所）、赵英永教授（西北大学）等。

八、注册

参会人员请于 2023 年 9 月 15 日前将回执（附件 1）发至论坛组委会指定电子邮箱 sxsylxh2018@163.com

报告专家不收取注册费；

其他参会人员：会议注册费 1200 元/人，学生凭有效证件 800 元/人

（山西省药理学学会会员不收取注册费，食宿自理）

开户行：交通银行股份有限公司太原学府街支行

帐户名：山西省药理学学会

帐 号：141899991010003020365

联系方式：

0351—7011202 张丽增 19503418909 刘晓节 17735278306 武兴康

九、学术研讨会摘要征文内容及要求：

1、代谢组学与作用机制

2、代谢组学与中药质量控制及活性成分

3、代谢组学与中医症候、疾病的研究

4、代谢组学新技术与新方法

征文要求：摘要要求为近期研究成果或综述，字数控制在 500 字以内。

格 式：论文题目用 4 号字，宋体加粗；作者、单位及正文用 5 号宋体；参考文献用小 5 号宋体。页边距：上、下各 2.5 cm；左、右各 3 cm。行间距 20 磅。

截止时间：2023 年 9 月 15 日 E-mail 至 sxsylxh2018@163.com

注：参会代表自愿提供摘要

本会议摘要不会影响正式投稿

十、住宿

会议酒店：全晋商务大酒店

地址：太原市小店区坞城路 12 号

电话：0351—2776998

同时，会议为参会代表推荐宾馆信息，由参会人员根据需要自行订房。会议推荐宾馆信息如下，代表亦可自行预订其他酒店。

1. 百舒快捷酒店（0351—5669888）
2. 学苑宾馆（0351—5252888）
3. 布丁快捷酒店（0351—7142888）
4. 如家快捷酒店（15234040436）

十一、交通

►太原武宿机场：

可在机场航站楼乘坐机场巴士一号线到建设南路长风街口站下车，再步行 870 米即到；也可全程乘坐的士（约需 19 元）。

►太原南站：

可乘坐太原南站 C 站台到坞城路坞城西街口，再步行 80 米即到；也可全程乘坐的士（约需 12 元）。

►太原站：

可乘坐 812 路公交车到坞城路省府街口下车，步行 368 米即到；或乘坐 861 路、619 路、838 路内环等公交车，到长风街建设南路口下车，步行 600—700 米即到。

也可全程乘坐的士（约需 17 元）

第十三届全国抗炎免疫药理学学术交流会

第一轮通知

经中国药理学会抗炎免疫药理学专业委员会研究决定并报中国药理学会批准，拟定于 2023 年 12 月 15 日—18 日在山城重庆市召开“第十三届全国抗炎免疫药理学学术交流会”。本次会议由中国药理学会抗炎免疫药理学专业委员会主办，重庆市药理学会和陆军军医大学药学与检验医学系承办。本次会议拟邀请国内外著名药理学领域专家及相关学科专家代表作大会特邀报告，并设专题报告，同时举办青年优秀论文报告，旨在为我国抗炎免疫药理学研究者们提供一个良好的学术交流平台，进一步提升我国抗炎免疫药理学研究水平和国际影响。热忱欢迎各位专

家学者和科研工作者积极参会交流。

同时，本届大会将举行中国药理学会抗炎免疫药理专业委员会换届选举，推选成立新一届专委会，全体委员及相关人员请务必参会并参与投票。确因其他事项无法参加的委员，需征得专委会主任委员同意，并出具书面请假条和委托函，委派相关人员代为参加。

现将会议组织及征文事宜通知如下：

一、大会议题

1. 学术交流：

①大会特邀报告（报告时间 25~30 分钟）和专题报告（报告时间 15 分钟）。

②青年论文报告（报告时间 10 分钟，其中 8 分钟汇报，2 分钟提问），并对高质量青年论文颁发证书及奖金。

2. 换届选举

①中国药理学会抗炎免疫药理专业委员会换届选举大会。

二、会议时间和地点

会议将于 2023 年 12 月 15 日~18 日在重庆市江北区召开，详情见第二轮通知。

会议日程初步安排如下：

12 月 15 日（周五）：会议报到。

12 月 16 日（周六）：

上午：开幕式、换届选举、大会特邀报告；

下午：大会专题报告；

晚上：新一届专委会常务委员会议。

12 月 17 日（周日）：

上午：大会专题报告；青年论文报告（平行开展）；

下午：大会特邀报告；大会闭幕式。

12 月 18 日（周一）：离会。

三、会议征文要求

凡在 2023 年以前尚未公开发表或未在国内外大型学术会议上报告过的内容均可投稿。论文将以“第十三届全国抗炎免疫药理学学术交流会论文集”形式收录。

征文格式：科研论文 500—1000 字（包括研究目的、方法，含重要数据但不附图表的结果、结论）。请注明作者姓名、单位、通讯地址、邮编和电话号码。

投稿要求：论文或摘要采用 Word 格式，A4 页面，于 2023 年 10 月 10 日前通过电子邮件形式发送至：pharmacologyaip@126.com。免收论文或论文摘要审稿费、版面费等。

参加青年论文报告：投稿时需在第一行注明“参加青年论文报告”，报告者限 1988 年 1 月 1 日以后出生，届时要求以 PPT 形式汇报。为鼓励更多课题组参评，每位 PI 指导的研究生限报 2 名。

四、会议注册费

大会收取会务费 1200 元/人（2023 年 10 月 10 日前预交价），现场交纳会务费 1400 元/人；学生 800 元/人（2023 年 10 月 10 日前预交价），现场交纳会务费 1000 元/人。参会人员住宿费、交通费自理。会议注册地点，详情见第二轮通知。

汇款信息如下：

户名：重庆市药理学会

开户行：重庆农村商业银行股份有限公司沙坪坝支行

账号：0304010120010017689

请附言：抗炎免疫会+参会代表单位+姓名（汇款时请您一定在附言中填写此信息，抗炎免疫会+参会代表单位+姓名，这三部分信息一个都不能少！汇款完成后请邮件告知发票抬头、纳税人识别号并提供汇款底单扫描件，否则无法确认到款。谢谢理解与配合！）

若多人合并交纳会务费，务必写全每位代表与学生的姓名（可另附表格邮件发送），以便会务组进行人数和金额的登记、核对！谢谢理解与配合！

因开票有一定周期，请大家尽量提前交纳会务费，以便在会议期间直接领取发票，方便报销，感谢您的配合！

五、参会回执和投稿事宜

敬请各位专委会委员百忙之中拨冗出席，支持专委会的学术活动。考虑到会议地点宾馆和会场紧张，需提前预定，请参会代表务必填写会议回执（见中国药理学会网站），于 2023 年 10 月 10 日之前以电子邮件发送至 E-mail: pharmacologyaip@126.com。谢谢配合！同时，我们也将通过中国药理学会的公众号发布相关会议信息，请大家及时关注！再次感谢您的支持与配合！

七、联系方式

会务联系人：邓有才：手机 13628449850； 邮箱：dengyc125@hotmail.com

刘涛：手机 18623627505； 邮箱：cedarliu@foxtail.com

会务组 E-mail: pharmacologyaip@126.com

2023 年全国心血管药理学术会议第一轮通知

为推动我国心血管药理学的发展，及时交流心血管药理学及相关领域研究成果和经验，中国药理学会心血管药理专业委员会定于 2023 年 12 月 8—11 日在广东省珠海市召开“2023 年全国心血管药理学术会议”。本次会议由中国药理学会心血管药理专业委员会主办，中山大学中山医学院、广东省药理学会、心血管药理专业委员会青年委员会、哈尔滨医科大学药学院承办。

本次大会将展示药理学及相关领域最新研究成果，围绕重大心脑血管疾病的基础及转化研究进行讨论交流，旨在促进跨领域、跨地区的交流与合作，提高药理学相关研究和研发的国际学术地位及影响。本次会议将为心血管药理学研究者提供一个良好的学术交流平台，热忱欢迎心血管药理学同行踊跃参会。会议将邀请相关领域的知名学者作会议报告和不同专题的学术研讨，请各位专业委员会委员推荐及自荐报告。会议还将举办青年优秀论文评选活动，欢迎 35 岁以下青年学者积极参与。会议将举行心血管药理学专委会青年委员会学术活动，请青委会委员积极参会。

一、会议组织机构

1. 大会名誉主席：（按笔画排序）关永源教授、吕延杰教授、苏定冯教授、杜冠华教授、李学军教授、张永祥教授、缪朝玉教授

2. 大会主席：杨宝峰院士、周家国教授

3. 副主席：朱依淳教授、余鹰教授、王培教授

4. 执行主席：周家国教授

5. 秘书长：钟诗龙教授

6. 主办单位：中国药理学学会心血管药理专业委员会

7. 承办单位：中山大学中山医学院、广东省药理学学会、心血管药理专业委员会青年委员会、哈尔滨医科大学药学院

8. 委员：

艾 静	班 涛	卞劲松	蔡本志	蔡国君	陈丰原	陈建光	陈 立	陈临溪	陈 鹏
陈 扬	程路峰	程 岩	单宏丽	单璐琛	丁忠仁	董德利	杜冠华	杜俊蓉	杜伟杰
杜智敏	段亚君	方莲花	付 琴	关凤英	关永源	郭秀丽	韩 峰	韩 军	郝丽英
何康敏	何 明	洪 葵	侯 宁	胡慧媛	胡长平	黄 聿	季 勇	贾 涛	江俊麟
蒋丽萍	金新春	金 鑫	荆 清	旷 喜	李宝馨	李春莉	李冬洁	李兰芳	李琳琳
李小强	李晓晖	李晓辉	李学军	李运曼	李子健	梁 广	梁思佳	刘爱军	刘 冲
刘慧青	刘良明	刘培庆	刘启兵	刘文涛	刘 霞	刘新华	刘 雅	刘 艳	刘艳霞
卢应梅	罗大力	罗健东	吕爱兰	吕延杰	毛新民	茅以诚	明章银	缪朝玉	潘振伟
庞 涛	彭金咏	彭 军	祁 荣	乔国芬	邱 彦	任 骏	沈甫明	沈祥春	沈 啸
盛 瑞	石京山	史 懿	宋丽华	苏定冯	孙宏丽	孙金鹏	陶 亮	铁 璐	佟晓永
庾勤慧	汪道武	王冠蕾	王景浩	王 培	王胜鹏	王晓良	王 怡	温 克	吴崇明
吴 红	吴明明	肖 晗	辛晓明	徐添颖	许超千	许彦芳	杨宝峰	杨宝学	杨黄恬
易 凡	余细勇	余 鹰	臧伟进	张 川	张海港	张莉蓉	张岫美	张 勇	张幼怡
张 政	张志仁	赵 铭	赵晓燕	赵正杭	郑慧珊	郑乐民	钟诗龙	周春阳	周家国
朱海波	朱依淳								

二、大会时间、地点

本次会议将于 2023 年 12 月 8 日至 11 日在广东省珠海市举办。

三、会议日程

日期	时间	内容	备注
12 月 8 日	全天	报到	
12 月 8 日	18:00—20:00	第十三届心血管药理专业委员会全体委员会议	委员参加
12 月 9 日	8:00—8:30	大会开幕式	
	8:30—12:00	大会报告	
12 月 9 日	13:30—17:00	分会报告, 青年论文评选	
12 月 10 日	8:30—12:00	大会报告	
	13:30—17:00	分会报告, 青年委员会学术会议	
	17:00—17:30	闭幕式	
12 月 11 日	离会		

四、论文投稿

凡在近期发表（1 年内）或尚未公开发表的，且与会议议题相关的研究论文、专题报告、综述等均可以摘要形式投稿。摘要可采用中文或英文书写，须包含作者、单位、通讯地址、邮编及 Email 地址。字数不超过 800 字。字体：小四号，中文宋体，英文 Times New Roman。行距：1.5 倍。

1. 有意在本次会议上做报告的学者，请在回执中标明并请在 Email 信件的第一行注明：“申请口头报告”，并附上个人简介（300 字左右）。组委会将遴选发言者，并另行通知。

2. 会议将举办青年优秀论文评选，参评者（第一作者）年龄 35 岁以下（1988 年 1 月 1 日以后出生，以身份证为准），其研究工作须在国内完成，入选后必须由本人演讲，参加会上评审。参评者须提供摘要、详细全文（word 或 PDF 格式）、身份证扫描件，请在回执中标明并请在 Email 信件的第一行注明：“参加青年优秀论文评选”。经专业委员会初审后遴选发言者，并另行通知。

3. 会议回执及论文投稿截止日期：2023 年 9 月 10 日。

五、会议注册费

参会的会议注册费可在现场支付 1500 元/人，学生（凭学生证）1000 元/人；会议注册费包括资料费、会场费、会议期间午餐、晚餐、茶歇等费用。会议住宿及交通费用自理。

六、参会回执、投稿等事宜

请有意参会者填写会议回执（见中国药理学会网站），论文摘要（参加优秀青年论文评选者需同时提供摘要和全文）在 9 月 10 日前以电子邮件形式发送至会务组邮箱 cvpharmacol@163.com。

七、会务组联系方式

1. 班涛（哈尔滨医科大学），电话：15945188904，E-mail：bantao2000@163.com
2. 梁思佳（中山大学），电话：13560169861，E-mail：liangsj5@mail.sysu.edu.cn



2023 崂山国际生物医药高端论坛暨青岛大学药学院 办学 20 周年/建院 10 周年学术峰会成功举办

7 月 9 日, 由青岛大学、中国药理学会生化与分子药理学专业委员会主办的 2023 崂山国际生物医药高端论坛暨青岛大学药学院办学 20 周年/建院 10 周年学术峰会在青岛海天金融中心酒店成功举办。中国科学院院士、国家生物医学分析中心研究员张学敏院士, 中国科学院院士、复旦大学脑科学研究院院长、脑功能与脑疾病全国重点实验室主任、教育部脑科学前沿科学中心主任马兰院士, 中国工程院院士、粤港澳大湾区脑科学与类脑研究中心主任、精神健康研究教育部重点实验室主任、南方医科大学高天明院士, 中国科学院外籍院士、中国科学院北京纳米能源与系统研究所所长王中林院士, 美国科学院院士、美国华盛顿大学药理学教授 Joe Beavo 院士, 加拿大皇家科学院院士、深圳理工大学(筹) 生命健康学院院长王玉田院士, 加拿大皇家科学院院士卓敏院士, 中国药理学会理事长、军事医学科学院张永祥教授, 浙江中医药大学校长陈忠教授, 杭州医学院校长梁广教授, 山东省科技厅科技合作处副处长梁会玲, 山东第一医科大学副校长张福仁教授, 康复大学(筹) 领导小组成员姜宏教授, 青岛大学校长夏东伟教授, 青岛大学副校长孔伟金教授等近 300 余名专家学者共同参会。

会议分为两个部分: 第一部分是 2023 崂山国际生物医药高端论坛开幕式、青岛大学药学院办学 20 周年/建院 10 周年庆典、黄河流域酒精依赖相关重大疾病防治与新药创制协同创新中心揭牌仪式; 第二部分是中国科学院院士及外籍院士、中国工程院院士、美国科学院院士、加拿大皇家科学院院士等海内外知名生物医药专家作学术报告。

上午 8 点, 主持人青岛大学药学院党委书记李在宝宣布 2023 崂山国际生物医药高端论坛暨青岛大学药学院办学 20 周年/建院 10 周年学术峰会正式开始。

夏东伟在致辞中指出, 青岛大学药学学科有着辉煌的办学传统, 近年来, 药学院以培养高层次、高水平 and 具有国际视野的国内一流药学专业人才为根本, 育人与科研协同并进、多学科交叉融合发展, 相继实现了一级学科硕士点、博士点、软科世界一流学科、国家一流专业、国家一流课程、药理学与毒理学持续进入 ESI 全球排名前 0.5% 等众多标志性办学成果的突破。希望药学院发扬传统、抢抓机遇、砥砺前行、再谱华章, 为学校事业高质量发展、为人民健康事业做出新的更大贡献。

张永祥代表中国药理学会向本次会议的召开表示热烈的祝贺。他表示新药研发涉及学科多、研发链条广、技术密度程度高, 衷心希望本次会议能够激发新思维, 迸发新思路, 为我国和世界生物医药以及中医药创新发展发挥积极的促进作用。

Joe Beavo 表示, 此次会议促进了多学科交叉融合, 加强了学术沟通和交流。他祝愿青岛大

学及药学院在未来有更好的发展，也期待与各位专家学者有更多的交流合作。

校友代表 2003 级药学本科生韩冰代表青岛大学药学院全体校友，向辛勤付出、孜孜不倦、传道授业的老师们表示衷心的感谢。青大校训“明德、博学、守正、出奇”已逐渐凝聚为青大药学人的精神传承。

青岛大学首席教授、药学院院长张汉霆教授对各位来宾表示热烈的欢迎并介绍了青岛大学药学院的历史发展沿革和药学院学科建设情况。他认为本次论坛必将激发思维碰撞，促进生物医药研究，为健康中国建设保驾护航，为我国健康事业贡献智慧和力量。

为表彰在药学院发展过程中育人不辍、执着奉献的教师，本次会议设有颁奖环节，共颁发 7 个奖项：岳旺、高华、邵伯芹、臧东莲、刘赛、刘坤、李英霞、王继波、刘蔚获“育才贡献奖”；王克威获“卓越贡献奖”；张汉霆、孙勇、董铭心、曹洁、朱玮获“科研创新突出贡献奖”；董辉、王威、魏准、冀立霞、李文军、齐昀坤、马庆明、汪琪获“科研标兵”荣誉称号；王蕾获“教学突出贡献奖”；张芳、宿莉、刘小红、李刚、韩尚聪获“教学标兵”荣誉称号；王春、李政、李延霞、刘占涛、杨志宏、孙世伟获“服务学院贡献奖”。

药学院四名学生代表为学院庆典献词，他们齐心咏诵，献上对学院真诚的感激和深切的祝福。

会议举行黄河流域酒精依赖相关重大疾病防治与新药创制协同创新中心揭牌仪式，这是青岛大学药学院深入贯彻落实习近平总书记关于黄河流域生态保护和高质量发展重要讲话重要指示精神，认真落实国家《黄河流域生态保护和高质量发展规划纲要》和《“十四五”黄河流域生态保护和高质量发展实施方案》的重要举措。



大会现场

青岛大学药学院办学 20 周年/建院 10 周年院庆仪式结束后，会议进行第二部分学术报告环节。本次学术论坛由张汉霆主持，围绕肿瘤、神经精神疾病、心脑血管疾病等重大疾病的发病机制与防治以及生物制药等方向进行探讨，安排了院士报告、主旨报告、青年博士论坛等环节，共设置 17 场精彩纷呈的报告，邀请了神经药理学、中药新药研究、微纳能源与传感技术、信号通路调控、新药临床安全评价、多肽药物开发等领域的专家、学者，共同探讨生物医药及中国传统医药研究与发展，为健康中国建设保驾护航。



参会嘉宾合影

7 月 9 日上午，张学敏院士做《SCN 纤毛是调控生物节律的细胞器》的院士报告，陈忠校长做《组胺受体神经药理学研究》的主旨报告，高天明院士做《前额叶皮层调控焦虑和恐惧行为的神经环路》的院士报告，张永祥教授做《中药新药研究与开发—进展与展望》的主旨报告，王中林院士做《纳米发电机的微纳能源与传感技术在健康医疗中的应用》的院士报告。9 日下午，Joe Beavo 院士做《环核苷酸依赖的信号调控：过去，现在与未来》的院士报告，卓敏院士做《慢性痛和焦虑的脑网络突触机制》的院士报告，王玉田院士做《多肽介导降解内源性蛋白质技术在脑疾病药物开发中的应用》的院士报告。

本次会议为广大生物医药相关领域科研及临床专家提供了交流平台，为年轻科研人员提供了交流、锻炼机会，促进了海内外生物医药领域的交流与合作。青岛大学药学院全院教师、学生共同参会，并与来自全国各地的专家学者进行互动交流，为协同开展科技合作打下了良好基础。至此，2023 崂山国际生物医药高端论坛暨青岛大学药学院办学 20 周年/建院 10 周年学术峰会圆满结束。

祝贺第五届（2023）京津冀豫药理学术年会圆满结束北京药理学会硕果累累

北京药理学会秘书处

京津冀豫药理学术年会是华北地区药理学领域最具影响力的品牌学术会议之一，于 2023 年 8 月 11 日至 13 日（周五至周日）在河北省石家庄市召开第五届（2023）京津冀豫药理学术年会，本次会议以开放·协同·创新为主题，由河北省药理学学会、河北省毒理学学会、河南省药理学学会、天津市药理学学会及北京药理学会主办，由河北医科大学承办。

名誉顾问、北京大学医学部李学军教授代表北京药理学会到会致辞；理事、首都医科大学罗大力教授担任青年论坛评委。北京药理学会理事长、首都医科大学宣武医院药学部主任张兰教授做了《神经系统罕见病药物研发进展与合理用药》的报告；北京药理学会理事兼副秘书长、北京大学医学部基础医学院药理学系铁璐副教授做了《The Pharmacology Study of Tissue Injury and Repair》的报告；北京大学第三医院刘扬副研究员做了《Therapeutic potential of targeting nonreceptor tyrosine phosphatase 14 for the activation of Hippo/YAP1 signaling pathway in metastatic melanoma》的报告；北京大学第一附属医院刘志艳副主任药师做了《PF4 和 VWF 诱导和加速免疫相关血栓形成的新观点》的报告；从神经系统罕见病药物研发进展与合理用药、组织损伤修复的分子靶点及新药发现、抗肿瘤药物靶标识别及分子药理机制、PF4—肝素复合物的形成被认为是 HIT 免疫性血栓形成的核心机制等专业角度为大家奉献了一场学术盛宴。

北京药理学会三名会员带着自己的学术成果参与了青年学者论坛；北京大学医学部的熊梦瑶做了《尿素通道作为新型利尿药靶点的确认》的报告；中国中医科学院中药研究所许静助理研究员做了《脑心通方“脑心同治”调控机制浅析》的报告；北京中医药大学的颜丽珊做了《基于自噬相关 mTOR/PI3KC3 信号通路探索五味子总木脂素降肝脂作用及机制》的报告。

这是北京药理学会首次参与组织的华北地区药理学术会议，此次学术会议北京药理学会成就卓越，硕果累累，展示了北京药理学专家的学术风采，预祝北京药理学会越来越好，再创佳绩！

第五届（2023）京津冀豫药理学术年会



参会代表合影

我会参与第十九届世界药理学大会

中国药理学会办公室

世界药理学大会是由国际药理学联合会（IUPHAR）主办的学术性会议，每四年召开一次，是国际药理学领域规模最大、水平最高的学术大会。第十九届世界药理学大会原计划于 2022 年 7 月在英国格拉斯哥举行。因受新冠病毒疫情影响，推迟至 2023 年 7 月，地点不变。

2023 年 7 月 2—7 日，第十九届世界药理学大会（WCP2023）在格拉斯哥举办。本届大会的主题是“Collaborate • Innovate • Discover（合作 • 创新 • 发现）”，逾 2000 名来自 63 个国家和地区的药理学工作者参加了会议。中国参会人员超过 100 人，是除英国本土外参会人数最多的国家。

一、大会学术交流活动

在 2014 年南非开普敦第十七届世界药理学大会期间，英国格拉斯哥被确定为 2022 年世界药理学大会主办城市，英国药理学会为承办方。随后，英国药理学会成立了大会组委会，启动了大会筹备工作。爱丁堡大学 David Webb 教授担任大会主席，伦敦玛丽女王大学 Amrita Ahluwalia 担任大会秘书长。我会顾问、哈尔滨医科大学杨宝峰院士受邀担任国际科学委员会成员。

自 2020 年大会组委会开展了论坛的邀请、征集工作。我会领导高度重视，在接到组委会通知后即积极展开征集，并根据我国药理学研究的特点和发展需求，提出并组织了多个论坛建议报送 IUPHAR，为我会专家在国际药理学论坛介绍研究成果、展示我国药理学研究成果积极创造条件。2020 年 9 月，我会向大会组委会共提交了 12 个专题论坛建议方案。学会领导与组委会保持密切联系，积极争取，最终有 7 个论坛入选。此外，我会领导提议由 IUPHAR 主席 Ingolf Cascorbi 教授组织的论坛也获得通过，另有三个由国外学者组织的专题论坛直接与我会联系，希望推荐中国报告人，我会也按照论坛主席要求，顺利推荐了报告人。另有十余位中国学者通过会议摘要遴选，获得口头报告机会。

会议于 7 月 2 日下午开幕。主办方精心准备了充满苏格兰传统特色的文艺节目。大会主席 David Webb 教授致辞，表示这是全世界药理学者在新冠病毒疫情后的首次线下国际大型学术会议，对来自各国的嘉宾表示热烈欢迎。IUPHAR 主席、德国基尔大学 Ingolf Cascorbi 教授致辞，对承办本次会议的英国药理学会表示诚挚谢意，并深情缅怀了前不久刚刚逝世的 IUPHAR 前主席、美国堪萨斯大学 S J Enna 教授，感谢他为 IUPHAR 发展和世界药理学大会筹备所作出的贡献。格拉斯哥市议员 Bailie Rashid Hussain 致辞，表达了对各国客人的欢迎，并预祝大会圆满成功。随后，全体参会人员欣赏了主办方精心准备的充满苏格兰传统特色的文艺节目。来自美国宾夕法尼亚大学的 Garret A. Fitzgerald 教授做了题为“The grey matter of sand and sky. Dimensions of a discipline for the 21st century”的大会开幕报告。在随后的开幕招待会上，我会领导及参会者与国际药理学专家进行了友好交流。

本次大会的学术活动安排共设大会报告 25 个（包括开幕报告和闭幕报告）、专题论坛（symposium）62 场、专题讨论会（workshop）19 场、学术争鸣（debates）3 场，壁报展示板块 5 个，另外专设 IUPHAR 青年学者竞赛 1 场，内容涉及药理学各个分支的基础与临床研究。除开幕报告外，大会报告人还包括英国剑桥大学 Ed Bullmore 教授（Inflammation and depression），美国斯坦福大学医学院 Brian Kobilka 教授（Structural insights into the dynamic process of GPCR signaling），日本筑波大学柳沢正史教授（Toward the mysteries of sleep），中国香港城市大学黄聿教授（Hemodynamic regulation, energy metabolism and vascular homeostasis），荷兰莱顿大学 Christine Mummery 教授（Human pluripotent stem cells come of age in modelling cardiovascular diseases and toxicity），澳大利亚莫纳什大学 Arthur Christopoulos 教授（Allosteric drug discovery: From theory to practice）。闭幕报告邀请了英国政府科学顾问、英国自然历史博物馆馆长 Patrick Vallance 教授做题为“Observations on science in academic, industry and government”的报告。大会报告内容覆盖了干细胞研究、多药耐药、G 蛋白偶联受体、药物靶点发现等药理学研究前沿新技术、新进展，以及与教育、医疗、产业、公共事务等领域的交叉融合。

7 月 3 日上午，由杜冠华教授和美国中西大学的 Alejandro Mayer 教授担任共同主席的论坛“Marine Natural Products Pharmacology”召开。五位来自美国、中国、法国、西班牙、埃及的学者做报告，探讨了 Omega-3 多不饱和脂肪酸对于心血管疾病的作用、海藻天然活性物质抗肿瘤研究、海洋天然产物对抗难治疾病的研究进展等海洋药物研究的新进展。



杜冠华教授和 Alejandro Mayer 教授担任论坛共同主席



论坛主持人和报告人合影

7 月 4 日是中国学者学术展示最密集的一天。香港城市大学黄聿教授做题为“Haemodynamic Regulation, Energy Metabolism and Vascular Homeostasis”的大会报告，也是本次会议唯一由中国学者所做大会报告。北京大学孙金鹏教授、山东大学武大雷教授、中国科学院上海药物研究所耿美玉教授担任论坛主席的三个论坛先后召开，主题分别为“Drug development according to signaling diversities of G protein coupled receptors”、“Transcription Factors and Drug Discovery”、“Pharmacology of personalised and targeted drugs”。9 位中国学者在 5 个论坛中做

专题报告，主题涉及天然产物药理学、药物基因组学、药物发现、个体化用药等。另有 6 位中国学者在免疫药理学、神经药理学、天然产物等专题讨论会中进行口头交流。

7 月 5 日，由张永祥教授和 IUPHAR 秘书长 Michael Spedding 教授共同组织的论坛“Frontiers of novel drug targets in disease”召开。华中科技大学同济医学院陈建国教授担任论坛共同主席并做主旨报告。论坛吸引了各国学者 100 余人，是本次会议听众人数最多的专题论坛之一。论坛结束后，与会学者仍与论坛主持人、报告人持续讨论，气氛非常热烈。

7 月 6 日，由西南医科大学段大跃教授组织的论坛“TheBlood—Brain Barrier in Dementia; Views from the East to the West”召开。三位来自加拿大和中国的学者做论坛报告。

7 月 7 日下午，在世界各国药理学家畅享 6 天学术盛宴后，大会圆满落下帷幕。与会药理学家纷纷表示，历经三年新冠病毒疫情，此次大会可谓恰逢其时，为世界各国药理学者的交流提供了绝佳平台。期待 2026 年相聚澳大利亚墨尔本。

值得一提的是，本次大会采取了“无纸化”形式，以功能齐全的会议应用程序 Event App 替代了传统的纸质日程册，既节省了成本，又便于参会人查找希望得到的信息，值得我会在今后工作中借鉴学习。

二、国际交流合作活动

世界药理学大会不仅是国际药理学者进行学术交流的盛会，也是各国药理学会和国际组织沟通、交流与合作的平台。在本次世界药理学大会期间，中国药理学会与 IUPHAR 及部分国家药理学会积极联系和交流，为推动我会国际学术交流、合作与发展开展了一系列工作。中国药理学会领导和代表作为 IUPHAR 执委、天然产物分会领导、中国药理学会代表等身份，参加 IUPHAR 代表大会、执委会及其他 IUPHAR 或 APFP 工作会议 9 场次，充分显示出中国药理学会在国际组织及事务中的重要地位。

7 月 1 日晚，在大会正式开幕前夕，学会党委书记杜冠华教授应邀参加了大会主席组织的理事长会议，40 余位来自不同国家的药理学会理事长、IUPHAR 领导及历届世界药理学大会主席参加了会议。会上各国理事长在融洽的气氛中相互交流，讨论了如何通过双边或多边学术会议，积极参与国际学术交流，推动世界范围内的学术发展。

7 月 3 日早 7:15，杜冠华教授参加了 IUPHAR 基础与转化分会（Basic & Translational Section）工作会议。这是 IUPHAR 于 2021 年完成组织机构调整后，基础与转化分会举行的首次线下会议。会议由 IUPHAR 基础与转化分会主席 Amrita Ahluwalia 教授主持，她介绍了分会中各委员会的委员结构，着重强调了青年委员参与的重要性。随后她报告了三个新委员会的组建进展。参会代表围绕学组建设、合作完成科学研究和论文、定期举办在线学术活动等进行了讨论。杜冠华教授作为 IUPHAR 天然产物委员会副主席，介绍了我会与天然产物委员会合作举办“天然产物与传统药物药理学国际青年论坛”的经验，得到 Ahluwalia 教授的肯定，认为值得向各委员会推广。

7 月 3 日晚，杜冠华教授与意大利药理学会理事长委派的代表 Emilio Clementi 教授、Cristiana Perrotta 教授召开两学会工作讨论会。Clementi 教授表示，意大利药理学会期待能与中国药理学会建立稳定学术交流机制。他提议自 2023 年下半年起，两学会首先开展在线双边论坛，希望在意大利 2024 年学术年会期间，启动双边论坛。杜冠华教授表示感谢意大利药理学会的邀请，将与我会领导共同商议后给予正式答复。

7 月 4 日，在繁忙的学术日程当中，学会领导和代表连续参加了四个工作会议。早上首先召开的是 IUPHAR 临床药理学分会工作会议和青年委员会工作会议。我会副监事长魏伟教授作为分会执委参加了临床药理学分会工作会议，与各国执委共同讨论了临床药理学的国际发展等问题。来自北京大学第一医院的青年药理学家庞晓丛博士参加了 IUPHAR 青年委员会工作会议，重点讨论了 IUPHAR 社交媒体维护、青年委员作为期刊审稿人的分组、按照各自专业加入相应的分会或委员会等问题。

在接下来的 IUPHAR 年度执委会议上，杜冠华教授介绍了我会与 IUPHAR 签订的合作协议的进展情况，赵颖博士详细汇报了“天然产物与传统药物药理学国际发展论坛”的开展情况，以及我会关于举办天然产物与传统药物药理学科科研培训计划的设想。IUPHAR 领导及执委对我会协议进展情况表示满意，并表示希望中国药理学会在首期协议执行期间认真总结，为长期合作奠定良好基础，并为 IUPHAR 将来与各成员学会的合作积累宝贵经验。



杜冠华教授参加 IUPHAR 执委会并发言

IUPHAR 天然产物委员会工作会议于 7 月 4 日下午召开。委员会主席 Valérie Schini-Kerth 教授首先报做了自 2018 年以来的委员会工作报告。她特别说明，天然产物委员会因合理的委员组成、活跃的学术活动，多次受到 IUPHAR 领导的关注和肯定。中国药理学会在委员会建设和学术活动组织中，起到了至关重要的作用，天然产物委员会对此表示诚挚感谢！会议提出，第六届世界天然产物与传统药物药理学大会于 2025 年在意大利举办。



会议现场

7月5日中午，杜冠华教授作为权威期刊 *Pharmacology & Therapeutics* 副主编，与期刊编辑 Lynn LeCount 女士和 Jennifer McNichols 召开编辑会议，共同商谈期刊发展，并就天然产物专刊计划达成一致。

7月5日下午，IUPHAR 代表大会召开。会上首先举行了 IUPHAR 终身成就奖颁奖典礼，美国华盛顿大学 William A. Caterall 因离子通道研究方面的学术成就和对 IUPHAR 和 NC-IUPHAR 受体数据库建设的贡献获此殊荣。IUPHAR 主席 Ingolf Cascorbi 介绍了 IUPHAR 组织机构架构。IUPHAR 秘书长 Spedding 教授作 IUPHAR 2018—2023 年工作报告，对过去四年的主要工作进行了回顾。IUPHAR 候任主席 Francesca Levi-Schaffer 教授介绍了 2023—2026 年 IUPHAR 主要工作计划。随后各分会、委员会负责人分别简要介绍了工作进展。我会与 IUPHAR 合作举办的 IOSP 培训班、临床药理学培训班以及青年论坛，多次被各分会负责人作为工作实效的典型事例举出。考虑全球新冠病毒疫情刚结束不久的事实，会议决定将 2030 年世界药理学大会举办城市竞选延至 2024 年进行。

此次世界药理学大会在全球新冠病毒疫情后召开，为中国和世界各国药理学工作者提供了一次难得的相互交流、增进友谊的机会。会议之前，我会为使我国药理学家能有更多机会在国际顶级药理学术大会上进行交流，做了大量工作，积极与 IUPHAR 和大会主席、组委会进行沟通，同时为进一步加强我会在国际事务中的话语权、提高国际地位，学会对会议期间拟参加的国际交流与事务活动也进行了认真研究和安排。英国药理学会对我会参与本届大会也予以足够重视，大会主席 David Webb 教授专门安排视频会议，了解中国参会人的需求和可能存在的障碍，并表示将全力配合，方便中国参会人员。经过多方共同努力，中国药理学会参加此次世界药理学大会收获很大，各项工作均达到了预期目标。在学术交流方面，展示出我国药理学研究

水平显著提升，在国际药理学研究领域的影响显著提高；在国际交流与参与国际事务方面，中国药理学会与 IUPHAR 签署了在促进天然产物与传统药物国际学术交流的合作协议，开启了新的合作方式。中国药理学会将继续努力，与广大会员一道，再接再厉、团结奋进，持续推动国际学术交流与合作，不断提升我国药理学研究水平、推动我国药理学事业发展！



中荷代谢组学论坛与国际合作技术交流会论文摘要

基于肝脏代谢组学探讨柴胡高极性部位改善非酒精性脂肪肝病的作用机制

白帅东^{1,2}, 部竹君^{1,2}, 王舒恒^{1,2}, 王威宇^{1,2}, 高晓霞^{1,2,3*}, 秦雪梅^{1,2,3}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006;

2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 山西太原 030006;

3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: NAFLD 是最常见的代谢类疾病, 其发病机制尚不清楚。本研究旨在通过复制高脂饮食结合昼夜节律紊乱光诱导的 NAFLD 大鼠模型, 利用 LC-MS 代谢组学技术, 分析柴胡高极性部位对其模型大鼠肝脏代谢变化的保护作用及其机制。方法: 将大鼠随机分为标准饮食组、模型组、双环醇组和柴胡高极性部位组, 采用高脂饮食造模 14 周并伴随 8 周的昼夜节律紊乱光诱导复合造模, 并给药持续治疗 6 周。通过 NAFLD 常见药效学指标 (体重、肝湿重、肝脏病理切片及生化指标) 评价柴胡高极性部位的药效作用。采用 UHPLC-Q Exactive Orbitrap-MS 代谢组学技术分析柴胡高极性部位对 NAFLD 模型大鼠的改善作用。结果: 模型大鼠体重、肝脏及血清生化指标出现显著病理变化, 给予柴胡高极性部位治疗后, 与模型组相比, 给药组大鼠肝脏及生化指标病理变化显著回调, 表明柴胡高极性部位具有改善 NAFLD 的药效作用; 通过 LC-MS 代谢组学技术共鉴定指认出 17 种与 NAFLD 模型相关的差异代谢物, 柴胡高极性部位能显著回调其中的 12 种; 代谢通路分析显示苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸的生物合成、初级胆汁酸生物合成、甘油磷脂代谢为其改善 NAFLD 模型大鼠肝脏脂质代谢紊乱的主要途径。

基于药物代谢组学的柴胡石油醚部位的血清 PK-PD 结合研究

白雪^{1,2}, 孟美黛^{1,2}, 秦雪梅^{1,2}, 高晓霞^{1,2*}

(¹山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006

²地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 抑郁症是一种常见的精神疾病, 柴胡石油醚低极性部位为最佳抗抑郁作用的药效部位。本研究拟运用代谢组学技术, 以整体的内源性代谢物作为药效指标, 通过相关分析寻找外源性药物代谢标志物, 并建立 PK-PD 结合模型研究药代动-时间-药效三者之间的关系, 为抗抑郁新药开发奠定基础。方法: 取 K 组和 M 组大鼠, 分别灌胃给予柴胡石油醚部位后, 分别于各时间点收集血清样品, 采用 UHPLC-Q Exactive Orbitrap-MS 高分辨质谱技术对血清中

的原型化合物及柴胡多炔和柴胡皂苷的代谢物进行深度表征, 并比较不同机体状态下入血成分种类与浓度的差异。分别于各时间点收集血清样品。采用代谢组学技术, 分析空白组、模型组、模型给药组不同给药时间点大鼠血清的内源性代谢轮廓差异, 通过相对距离值寻求药效最佳的时间点。通过聚类分析将模型组中外源性化合物分类, 同时利用相对距离值作为药效指标, 与模型组的药代动力学数据进行相关性分析, 寻找与药效相关的潜在药效成分群和药代标志物, 最后进行 PK—PD 结合分析, 揭示药动—时间—药效三者之间的关系。结果: 利用高分辨质谱对空白给药大鼠和模型给药大鼠血清样品进行分析, 共检测出 70 种原型化合物和 201 种代谢物; 生理状态下, 血清中检测了 248 个化合物; CUMS 病理状态下, 血清中检测了 239 个化合物。利用代谢组学技术, 对柴胡石油醚给药后血清中 K0 和 M0 以及模型给药后的所有内源性化合物进行多元统计分析, 结果表明给药后 4h、6h、9h 血清的代谢轮廓更接近空白组, 药效更好。此外, 将模型血清分别与空白血清, 模型给药后 4h、6h、9h 血清的内源性化合物进行多元统计分析, 与药效相关的 20 种内源性差异代谢物, 且与鞘脂代谢通路有关。通过聚类分析, 将模型组的化合物分为 6 类化合物。对其药代动力学特征进行研究, 并与药效相关的相对距离值进行 PK—PD 结合研究, 结果表明不同机体状态的药物的吸收存在差异, 第一类、第二类、第三类、第四类化合物药物效应和血药浓度存在明显的滞后现象, 第五类、第六类化合物达峰时间较慢。结论: 通过以上研究, 本论文系统地表征了不同机体状态下灌胃给予柴胡石油醚部位后血中移行成分的异同, 进一步对这些化合物进行药代动力学研究, 同时在明确内源性差异代谢物的情况下进行药效动力学研究, 进行相关性研究阐明药动—时间—药效之间的关系, 为揭示石油醚体内过程及抗抑郁机制提供依据。

药对配伍减毒的现代研究进展

白宇^{1,2,3}, 秦雪梅^{1,2,3}, 杜冠华^{1,4}, 周玉枝^{1,2,3*}

- (1. 山西大学中医药现代研究中心, 太原市 030006;
2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 太原市 030006;
3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 太原市 030006;
4. 中国中医科学院北京协和医学院药物研究所, 北京市 100050)

随着中医药不断受到国际认可, 中药及其复方的安全性问题需要迫切解决。附子、雷公藤及关木通等有毒中药具有明确的肝肾等毒性损伤且呈剂量依赖, 2020 版《中国药典》对其有严格的规定用量, 而柴胡、栀子及麻黄等传统无毒中药的药典规定用量相对保守致使在其规定用量范围内使用往往达不到很好的疗效, 而大剂量使用又会产生毒副作用, 故寻求有效的减毒策略是至关重要的。合理配伍是中医复方安全用药的基础, 而药对是中药配伍的最小单位, 因此,

本文从药对配伍减毒入手,对“有毒”中药的毒副作用机制及典型药对的配伍理论进行汇总,为药对配伍减毒研究提供思路与参考,并从药对配伍后其组成药味的化学成分变化、体内药动学及药理机制进行归纳,即从物质基础角度来概括药对配伍对毒性成分及整体成分的影响;从体内药动学角度来综述药对配伍对毒性成分吸收、分布、代谢及排泄的影响;药理机制角度则基于生化指标、网络药理学及多组学技术对药对配伍减毒进行阐述。同时,总结出药对是在中医基础理论指导下,从分子、细胞、动物等不同层次出发,将定性及定量分析、药代动力学、组学技术等多种方法相融合,进而从物质基础、体内药动学、药理机制等不同角度全面、科学、合理的阐明其配伍减毒机制。此策略有助于阐明中药复方的配伍规律,为药对配伍减毒机制的深入研究、中药临床安全用药提供科学依据,为推进中医药现代化与国际化建设夯实的基础。

不同品种山银花的代谢组学分析

别雪松¹,姚静远¹,赵万里¹,刘群²,李剑²,陈雨^{1*}

(¹江苏省中国科学院植物研究所(中山植物园)江苏省中药材生态种植与高值化利用工程研究中心 江苏省植物资源研究与利用重点实验室 江苏南京 210014,

²河南金陵金银花药业有限公司 河南封丘 453300)

植物化学研究表明,山银花含有三萜皂苷类、有机酸类、黄酮类、环烯醚萜苷类和挥发油类等化学成分。现代药理研究表明,山银花具有抗炎、抗氧化、抑菌、抗病毒、抗肿瘤、调节免疫力,保肝等药理活性。目前对于山银花的研究较多,主要为化学成分分离、含量测定以及成分对比。山银花栽培面积大品种多,但不同山银花品种间化学成分的差异未见报道。本研究对不同品种的山银花进行代谢组学分析,通过 PCA 分析和 PLS-DA 分析,最终得到主要差异化合物 14 个,分别为奎宁酸,裂环马钱苷异构体 II,新绿原酸,隐绿原酸,裂环马钱苷,1-O-咖啡酰奎宁酸,断氧化马钱子苷,咖啡酰奎宁酸甲酯,三咖啡酰奎宁酸,异绿原酸 A,木犀草苷,忍冬苷,异绿原酸 C,灰毡毛忍冬皂苷甲;并发现不同品种之间有明显的区分,其中三萜皂苷类成分在湘银一号和湘蕾二号中含量较高,而酚酸类成分在金翠蕾、银翠蕾中含量较高。上述实验结果为不同品种山银花的进一步开发利用提供了参考。

结合网络药理学和代谢组学探究白头翁汤治疗结肠癌的机制

曹诗宇¹, 符玲^{2*}

(1. 2* 郑州大学药学院, 河南郑州 450001)

白头翁汤是来源于张仲景《伤寒论》的经典名方, 具有清热解毒, 凉血止痢的传统功效。现代药理学研究表明其具有预防和治疗结肠癌的作用, 但具体作用机制尚未完全明确。网络药理学在中药研究中应用广泛, 适合于此类成分复杂、靶点繁多的复方类药物研究。而代谢组学通过对生物样本中的小分子物质定性定量分析, 表征生物体整体功能状态, 与中药多成分、多靶点、多途径和整体性的特点相吻合。因此, 本研究希望通过结合网络药理学基于数据库的挖掘预测能力和代谢组学基于实际数据的全面分析特点, 寻找出白头翁汤干预结肠癌的一种有效机制, 并分别在细胞层面、蛋白层面及动物体内进行实验验证。为白头翁汤治疗结肠癌的临床应用提供一定的理论支持。

基于肝脏脂质组学的酸枣仁汤对慢性束缚应激诱导焦虑小鼠的抗焦虑作用机制研究

常佳东¹, 李佳涵¹, 赵妮¹, 杜晨晖², 闫艳^{1*}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 太原市 030006;

2. 山西中医药大学中药与食品工程学院, 太原市 030619)

目的: 广泛性焦虑是焦虑的一种分型。中医上认为焦虑符合祖国医学“郁证”, 与情志关系密切。肝藏血, 主疏泄; 情志病病机总属肝失疏泄, 气机郁结, 肝为病变的核心关键。课题组前期研究显示酸枣仁汤能显著改善慢性束缚应激 (CRS) 诱导焦虑小鼠的焦虑样行为, 但其作用机制仍不清晰。本研究旨在采用脂质组学, 从肝论治的角度探讨酸枣仁汤抗焦虑的作用机制。方法: 30 只小鼠随机分为空白组, 模型组, 地西洋组 (DZP, 2mg/kg/天), 酸枣仁低 (SZRDL, 7g/kg/天)、高剂量组 (SZRDH, 14g/kg/天), 每组 6 只。除空白组外, 其余各组暴露于束缚应激下 14 天, 造 CRS 模型; 地西洋组和酸枣仁汤低、高剂量组于暴露前 1 小时灌胃给予药物 21 天, 空白组给予同体积蒸馏水。首先评价肝脏组织病理切片; 其次, 建立超高效液相色谱-四极杆飞行时间质谱 (UPLC-QTOF/MS) 进行脂质组学分析。以脂肪酸 (FA)、磷脂酰胆碱 (PC)、溶血磷脂酰胆碱 (LPC)、磷脂酰乙醇胺 (PE)、甘油三脂 (TG)、神经酰胺 (CER) 为内标, 将原始 MS 数据进行内标归一化; 进而以 QC 样本中 RSD 值 $<30\%$ 为标准筛选变量并进行多元统计分析。以 VIP 值 >1 , P 值 <0.05 和 FDR 值 <0.1 筛选差异代谢物, 同时分析差异脂质代谢物相对含量变化。结果: 与空白组相比, 模型组小鼠肝血窦明显扩张, 出现

炎性浸润,有少量肝细胞水肿变性。与模型组相比,酸枣仁汤低、高剂量组均能改善以上肝脏组织病理变化。偏最小二乘判别分析(PLS-DA)显示空白与模型组明显分开,表明 CRS 模型导致了肝脏脂质代谢物的紊乱。与此同时,酸枣仁汤低、高剂量组位于空白与模型之间,表明酸枣仁汤对脂质紊乱具有回调作用。正交偏最小二乘判别分析(OPLS-DA)是一种有监督的判别分析统计方法,有助于建立诊断模型和展示样本之间的差异。200 次置换验证显示左侧所有 $Q^2(R^2)$ 低于右边原始值, Q^2 所在蓝色回归线与左侧纵坐标相交于零以下,模型未出现过拟合,具有较好的解释和预测能力。根据 S-Plot 图结合 $VIP > 1$, P 值 < 0.05 ,共鉴定了 63 个差异代谢物。与空白组相比,模型组中 5 个脂质代谢物相对含量增加,主要为 CER, N-酰基乙醇胺 (NAE), LPC 类脂质; 58 个脂质代谢物相对含量减少主要为酰基肉碱 (CAR), FA, PC, PE, 鞘磷脂 (SM), 磷脂酰甘油 (PG), 甾醇类 (ST), 心磷脂 (CL) 类脂质。酸枣仁汤可显著降低 CER, NAE, LPC 的相对含量; 显著增加 FA, CAR, PC, PE, PG, SM 的相对含量。结论: 酸枣仁汤可以改善慢性束缚应激诱导焦虑小鼠的肝脏脂质代谢紊乱, 主要涉及神经酰胺, 脂肪酸, 甘油磷脂等脂质的含量变化。研究结果为从肝论治探讨酸枣仁汤“烦心不得眠”提供了初步的实验依据。

基于 UPLC-MS 探究龟龄露酒抗高尿酸血症的作用机制研究

陈一笑^{1,2}, 丁人杰^{1,2}, 高晓霞^{1,2*}, 秦雪梅^{1,2}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006

2. 山西大学 化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 山西太原 030006

3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 流行病学调查结果显示, 我国高尿酸血症的患病率在男性中占 9.2%~26.2%, 在女性中为 0.7%~10.5%, 高尿酸血症在我国代谢类疾病中的发病率排名中位居第二。其会引发多种相关疾病, 包括痛风以及肾病及相关的系统疾病等, 对人民群众的生活质量产生了影响。通过与 LC-MS 血清代谢组学技术相结合, 阐明其对相关血清代谢物及代谢通路的调控作用, 以期为龟龄露酒的应用与进一步研究提供基础。方法: 实验大鼠被随机分为空白组 (C)、模型组 (M)、苯溴马隆组 (BE, 10 mg/kg)、别嘌醇组 (AL, 20 mg/kg)、四妙丸组 (S, 1.2 g/kg)、龟龄露酒低剂量组 (GLLJ-L, 折合龟龄露酒 18 mL/kg, 折合生药量 12.4g, 相当于人每日饮酒量 200 mL)、龟龄露酒中剂量组 (GLLJ-M, 折合龟龄露酒 36 mL/kg)、龟龄露酒高剂量组 (GLLJ-H, 折合龟龄露酒 72 mL/kg)、复方组 (AF, 折合龟龄露酒中剂量 36 mL/kg, 折合生药量 24.8g)、基酒组 (BE)。选择氧嗪酸钾 (200mg/kg) 联合腺嘌呤 (100mg/kg), 通过灌胃

法连续 21 天,复制大鼠高尿酸血症模型。选择传统药效指标,检测血尿酸水平判断造模是否成功及龟龄露酒保健效果;应用 LC-MS 血清代谢组学技术结合多元统计分析明晰龟龄露酒对高尿酸血症大鼠血清中的代谢物及代谢通路的影响。结果:氧嗪酸钾联合腺嘌呤灌胃 21 天后,模型组血尿酸水平显著提 142.8% ($P<0.01$),表明高尿酸血症模型复制成功。血清代谢组学结果表明龟龄露酒对高尿酸血症模型大鼠的血清代谢轮廓具有调控作用。血清代谢组学共鉴定出 26 个与高尿酸血症相关的差异代谢物,龟龄露酒高剂量效果最好,可以回调 19 种,回调率达到 50% 的有 8 种,其中显著回调 11 种包括;Uric acid、Citric acid、Spermidine、Xanthine、Arachidonic acid、Gluconic acid、Indole-3-acrylic acid、Taurochenodeoxycholic acid、Naftopidil、Ethyl 5-oxohexanoate、2-Oxoglutaminate。差异代谢物通路富集分析结果提示,高尿酸血症与机体的花生四烯酸代谢、嘧啶代谢、柠檬酸循环、精氨酸和脯氨酸代谢、嘌呤代谢和磷酸戊糖途径等代谢通路的紊乱有关,龟龄露酒可能通过改善这些代谢通路发挥保健效果。结论:龟龄露酒对高尿酸血症模型大鼠有改善作用,可以有效降低尿酸水平,龟龄露酒可以调节血清的代谢轮廓,可能通过调节花生四烯酸代谢、嘧啶代谢、嘌呤代谢、柠檬酸循环、磷酸戊糖途径等多条代谢通路发挥作用。

基于秀丽隐杆线虫模型的黑果枸杞亚精胺抗衰老活性研究

崔博雅 乔欣萌 单宇

(江苏省中国科学院植物研究所(中山植物园) 江苏省中药材生态种植与高值化利用工程研究中心 江苏省植物资源研究与利用重点实验室 江苏南京 210014)

目的:黑果枸杞(*Lycium ruthenicum* Murr.)是茄科(Solanaceae)枸杞属(*Lycium* L.)多年生耐旱、耐碱盐灌木,现代研究发现果实具有抗氧化、抗衰老、清除自由基以及降血脂等作用。本课题对黑果枸杞果实中亚精胺类成分的抗衰老活性进行了初步研究。方法:本研究以秀丽隐杆线虫(*Caenorhabditis elegans*)为模型,使用黑果枸杞亚精胺总提取物(LRS)进行了寿命实验与代谢组学分析。结果:培养基中补充 50 $\mu\text{g/mL}$ LRS 可将线虫寿命延长 31.88%;经代谢组学分析,注释到差异代谢物 277 个、KEGG 富集代谢通路 46 个,其中 ABC 转运体,氨基酸生物合成,氨基酰基 tRNA 生物合成,半乳糖代谢,精氨酸生物合成通路显著富集($p<0.05$)。对排名前 20 的代谢通路分析,发现可将代谢通路分为两类,一类是能量代谢相关代谢通路,包括半乳糖代谢,淀粉和蔗糖代谢,糖酵解/糖异生,经过分析具体代谢物发现海藻糖显著下调,且下游通路最终走向糖酵解方向;另一类是以甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸(Gly-Ser-Thr)代谢为核心的氨基酸代谢通路,还包括精氨酸生物合成,半胱氨酸和蛋氨酸代谢,苯丙氨

酸，酪氨酸和色氨酸生物合成，色氨酸代谢， β 丙氨酸代谢；另外，Gly-Ser-Thr 代谢还与糖酵解/糖异生相关联。结论：我们发现 LRS 延长线虫寿命并可能通过调节海藻糖参与的能量代谢通路以及以 Gly-Ser-Thr 代谢为核心的氨基酸通路影响线虫的寿命。

功能代谢组学技术在疾病诊断及治疗中的应用进展

崔彤^{1,2,3}，秦雪梅^{1,2,3}，杜冠华^{1,4}，周玉枝^{1,2,3*}

- (1. 山西大学中医药现代研究中心，太原市 030006；
2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室，太原市 030006；
3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室，太原市 030006；
4. 中国中医科学院北京协和医学院药物研究所，北京市 100050)

代谢是生物体内用于维持生命的一系列有序的化学反应的总称，该过程产生或消耗的小分子物质被称为代谢物。这些代谢产物在执行生命复杂的调控和信息传递中扮演着重要角色。越来越多的研究表明，代谢物水平的变化与疾病的发生息息相关，为了研究生物体内代谢物的种类、数量及其变化规律，研究者常采用代谢组学 (Metabolomics) 技术。有趣的是，有研究表明代谢物在体内具有多种功能，例如有的代谢物能够通过多种修饰方式参与蛋白质的翻译后修饰继而增加蛋白质组的功能多样性，有的则作为信号分子以及酶辅因子等参与各种代谢过程。传统代谢组学技术无法阐明代谢物在体内的生物功能及相关分子机制，缺乏对代谢物功能的研究。为了弥补这一缺陷，功能代谢组学 (Functional Metabolomics) 应运而生，该技术通过检测生物体在受到特定刺激或干扰后内源性代谢物的变化，获取代谢标志物，并能够利用多种技术手段 (分子生物学、病理分析、同位素示踪、基因组学、转录组学以及蛋白组学等) 验证代谢标志物及其关联的酶、基因与蛋白的相互作用。功能代谢组学技术在医药研究领域备受关注。因此，本文旨在综述以下四个方面：首先，从代谢物与蛋白结合方式的不同分别探讨代谢物的功能，为功能代谢组学在疾病诊断及治疗中的应用提供理论基础；其次，概述功能代谢组学的研究平台、研究技术及应用前景，为功能代谢组学的后续发展提供建议；接下来，探究功能代谢组学在厘清中药药理毒理作用机制及新药研发方面的可行性；最后，对功能代谢组学技术进行总结和展望。总而言之，本文以功能代谢组学策略为基础，研究代谢物与蛋白质的相互作用，综述内源性代谢物及中药代谢产物在疾病中的调控作用，并对功能代谢组学的应用前景以及创新应用进行分析和展望。这对于深入研究疾病发病机制、阐明中药毒效毒理机制、明确药物作用机制以及创新药物研发等具有重要意义。

基于趋化因子网络研究黄芩素延缓 D-gal 诱导 BV-2 细胞衰老的作用及机制

伏蕾^{1,2,3}, 秦雪梅^{1,2,3*}, 高丽^{1,2,3*}

- (1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006;
2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 山西太原 030006;
3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 衰老是导致神经退行性疾病发生的重要因素。小胶质细胞衰老会释放趋化因子, 趋化因子与小胶质细胞相互作用, 介导神经退行性疾病的发生发展。本论文旨在研究黄芩素延缓 D-gal 诱导 BV-2 小胶质细胞衰老的作用, 并基于趋化因子网络研究黄芩素延缓小胶质细胞衰老的分子机制。方法: 采用 200 mM D-gal 诱导 BV-2 细胞衰老, 通过测定细胞活力、细胞形态、衰老标志物 SA- β -Gal、衰老相关蛋白 p21、 γ H2AX, 评价黄芩素延缓细胞衰老的作用; 通过文献检索小胶质细胞衰老相关的差异基因, 构建基因网络, 通过聚类分析预测小胶质细胞衰老相关的关键基因, 采用 qRT-PCR 对关键基因进行验证。结果: 200 mM D-gal 培养 BV-2 细胞 24 h 可诱导衰老模型的建立。给予 50 μ M 黄芩素可显著提高细胞活力、改善细胞形态、显著降低 SA- β -Gal 蓝染细胞数量、下调 p21、 γ H2AX 蛋白表达, 表明黄芩素可延缓小胶质细胞衰老; 对小胶质细胞衰老相关基因进行 GO 分析, 发现趋化因子通路显著富集。对基因网络进行聚类分析及拓扑结构分析, 得到 9 个关键基因 (CCL2、CCL4、CXCR4、CCR5、CXCL10、TLR2、TLR4、TNF、IL1B), 且 qRT-PCR 结果显示黄芩素可显著下调 CCL4、CXCR4、CCR5、CXCL10、TLR4、TNF 基因的 mRNA 水平。结论: 黄芩素可能通过抑制趋化因子及相关基因的表达, 延缓 D-gal 诱导的 BV-2 细胞衰老。

基于拟靶向胆汁酸代谢组学的柴胡调节 CUMS 模型大鼠活性部位筛选研究

高芳荣^{1,2}, 王威宇^{1,2}, 李静^{1,2}, 秦雪梅^{1,2}, 高晓霞^{1,2*}

- (1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006
2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 通过研究柴胡不同极性部位对慢性不可预见性动物应激模型 (chronic unpredictable mild stress, CUMS) 大鼠抑郁样行为干预作用, 筛选出最佳药效部位, 并测定抑郁大鼠胆汁酸谱的相对定量。方法: SPF 级成年雄性 SD 大鼠, 随机分为空白组 (K)、CUMS 模型组 (M)、阳性药盐酸文拉法辛 (PC, 35 mg/kg) 组、柴胡石油醚低极性部位 (B, 15 g/kg) 组、柴胡乙酸乙酯中极性部位 (BE, 15 g/kg)、柴胡水提物高极性部位 (BW, 15 g/kg) 组, 每组 9 只,

分别在五个时间点通过记录大鼠的体重变化、旷场实验（水平穿越格数和直立次数）测定数据及糖水偏好实验的测定数据；采用 LC-MS 对血清 9 种神经递质进行检测；采用 UPLC-MS/MS 拟靶向代谢组学分析方法，测定盲肠内容物胆汁酸谱。结果：行为学实验结果显示，与模型组比较，柴胡 3 种不同极性部位组与阳性药组体重、糖水偏爱率、穿越格数和直立次数均显著提高 ($P < 0.01$)，其中柴胡低极性部位的抗抑郁效果最强；血清神经递质结果显示，与 K 组相比，M 组中 Trp、5-HT、GABA、GABA/Glu、Tyr 水平明显降低 ($P < 0.05$, $P < 0.01$)；B 组和 BE 组 Trp、5-HT、GABA、ACH、Tyr、NE 水平显著升高 ($P < 0.01$, $P < 0.001$)，BW 组 Trp、5-HT、5-HIAA、GABA、GABA/Glu、ACH、Tyr、DA、NE 水平显著回调 ($P < 0.05$, $P < 0.01$, $P < 0.001$)。与 M 组比较，柴胡低极性部位显著改善模型组胆汁酸代谢紊乱，其中 β -MCA、TCA、LCA 水平的升高，UDCA 水平的降低。结论：柴胡石油醚低极性部位的行为学和神经递质水平更接近空白组，药效更强；且调节胆汁酸谱的代谢紊乱，发挥肝保护作用。

基于肝脏代谢组学的当归“活血解郁”作用机制研究

宫文霞^{1,2*}，宋亚鹏^{1,2}，王艳丽^{1,2}，周玉枝^{1,2}，秦雪梅^{1,2*}

(1. 山西大学 中医药现代研究中心，山西太原 030006；

2. 山西大学 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室，山西太原 030006)

目的：研究当归“解郁”功效与“活血”功效的相关性及机制。方法：采用慢性不可预见性温和应激 (chronic unpredicted mild stress, CUMS) 结合孤养复制大鼠抑郁模型，以行为学指标及血流变指标评价当归对 CUMS 大鼠抑郁样症状及血液黏度的调节作用，进行主成分分析和相关性分析量化抗抑郁指标和血流变指标间的相关性。应用¹H-NMR 代谢组学技术检测 CUMS 大鼠肝脏中内源性代谢物的变化，指认相关差异代谢物并构建代谢通路。结果：造模 4 周后，大鼠体质量、糖水偏好率、旷场实验穿越格数、直立次数均显著降低 ($P < 0.01$)，高、中、低切变率下的全血黏度均显著升高 ($P < 0.01$)。给予当归干预后，大鼠的行为学指标和血流变指标均有不同程度的改善。相关性分析结果显示，行为学综合指标与血流变综合指标呈显著负相关。代谢组学结果显示，在筛选得到的 19 个潜在生物标志物中，当归能显著回调异亮氨酸、缬氨酸、乳酸、丙氨酸、柠檬酸等 8 种差异代谢物，涉及缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸合成，乙醛酸和二羧酸代谢及甘油脂代谢等 5 条代谢通路。结论：当归的“解郁”功效与其“活血”功效存在显著相关性，其机制可能与调节氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂质代谢等代谢途径有关。

基于数据挖掘对含养血药抗抑郁方的用药规律及其作用机制研究

郝叶芳^{1,2}, 刘文文^{1,2}, 佟旭^{1,2}, 周玉瑞^{1,2}, 宫文霞^{1,2*}

(1. 山西大学 中医药现代研究中心, 山西太原 030006;

2. 山西大学 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 探讨养血药抗抑郁的用药规律, 并预测核心药物治疗抑郁症的潜在作用机制。方法: 检索中医方剂大辞典、中医智库数据库 (<https://www.zhongyigen.com/>) 中的抗抑郁方剂, 并筛选含养血药的方剂, 对方剂中使用的药物进行频次统计、关联规则分析及聚类分析, 依据关联规则选取置信度和支持度最高的关联药物, 作为核心药物, 构建核心药物—活性成分—交集靶点网络图, 并进行基因本体 (gene ontology, GO) 功能富集和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。结果: 共纳入中药处方 215 首, 包含中药 293 味, 累计使用频次 2657, 以白芍、当归为首的高频药物 35 味, 按功效可分为 12 种, 频率最高的为补虚药, 药味频率最高的为辛、苦, 药性频率最高的为温, 归经频率最高的为脾, 气味频率最高的为有香气。关联规则分析得到的中药组合中, 链接数最高的药物组合为“白芍—当归”, 支持度最高的药物组合为“白芍—柴胡—当归”, 高频药物聚类分析得到 5 个聚类。网络药理学分析收集核心药物的活性成分 58 个; 筛选抑郁症靶点 148 个; 主要涉及癌症相关通路 (Pathways in cancer)、脂质与动脉粥样硬化 (Lipid and atherosclerosis) 信号通路、化学致癌作用受体激活通路 (Chemical carcinogenesis—receptor activation)、流体剪切应力与动脉粥样硬化 (Fluid shear stress and atherosclerosis)、肿瘤坏死因子信号通路 (tumor necrosis factor, TNF)、白细胞介素信号通路 (IL—17)、松弛信号通路 (Relaxin signaling pathway) 等。结论: 含养血药抗抑郁方中的核心药物为当归、白芍、柴胡, KEGG 通路富集分析表明核心药物防治抑郁症涉及多条信号通路, 为指导临床采用养血药防治抑郁症提供依据, 并为研发相关创新药物提供数据参考。

基于细胞代谢组学的柴胡皂苷 b2 对皮质酮诱导 PC12 细胞损伤的保护作用研究

李萌^{1,2,3}, 施浩^{1,2,3}, 陈佳俊^{1,2,3}, 秦雪梅^{1,2,3}, 杜冠华^{1,2,3,4}, 周玉枝^{1,2,3}

(山西大学 1. 中医药现代研究中心, 2. 化学生物学与分子工程教育部重点实验室,

3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006;

4. 中国医学科学院药物研究所, 北京 100050)

目的: 研究柴胡皂苷 b2 (SSb2) 对皮质酮 (CORT) 诱导 PC12 细胞损伤的保护作用及其可

能机制。方法：将 PC12 细胞分为细胞对照组、模型组和 SSb2 组。MTT 法检测细胞存活率；微板法检测 PC12 细胞乳酸脱氢酶 (LDH) 释放率；Annexin V-FITC/PI 流式细胞术检测细胞凋亡；比色法检测谷氨酸含量和谷氨酰胺酶活力；基于液相色谱-质谱联用 (LC-MS) 的代谢组学技术检测 PC12 细胞代谢轮廓变化。结果：与细胞对照组相比，模型组细胞存活率显著降低 ($P<0.01$)，LDH 释放率显著升高 ($P<0.01$)，细胞凋亡显著增加 ($P<0.05$)，谷氨酸含量显著降低 ($P<0.01$)，谷氨酰胺酶活力显著降低 ($P<0.01$)。与模型组相比，SSb2 组各浓度组细胞存活率显著升高 ($P<0.05$, $P<0.01$)，LDH 释放率显著降低 ($P<0.01$)，细胞凋亡显著降低 ($P<0.05$)，谷氨酸含量显著升高 ($P<0.01$)，谷氨酰胺酶活力显著升高 ($P<0.05$)。代谢组学鉴定出 SSb2 能显著回调谷氨酸、肌酸、N-乙酰天冬氨酸、L-酪氨酸、柠檬酸、L-异亮氨酸、乳酸、谷氨酰胺和胆碱 9 个差异代谢物。对 SSb2 调控的关键代谢物进一步富集分析得到 5 条主要代谢通路，即 D-谷氨酰胺和 D-谷氨酸代谢，苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸的生物合成，丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢，酪氨酸代谢和精氨酸生物合成。结论：SSb2 对 CORT 诱导的 PC12 细胞损伤有神经保护作用，其机制与抑制细胞凋亡和调节代谢紊乱有关。

生半夏镇咳入血成分探讨及其血清代谢组学研究

李若彤

(郑州大学药学院)

目的：建立 KM 鼠咳嗽模型，筛选不同溶剂提取生半夏的镇咳药理作用。基于 UPLC-Q-Exactive Plus 法探讨该提取部位的入血成分，检测提取物对咳嗽模型 KM 鼠血清内源性标志物的影响，寻找给药后差异性潜在生物标志物群。方法：分别用纯水、75%乙醇、95%乙醇提取生半夏，将雌雄各半 KM 鼠随机分为空白组、模型组、枸橼酸喷妥维林组 (0.0334g/kg)、半夏提取物组 (6g/kg)，每天一次，连续给药 7 天，以氨水引咳模型筛选不同提取部位的药理活性。并于末次给药 30min 后采集 KM 小鼠血液样本进行入血成分与代谢组学分析。结合多元统计分析寻找潜在生物标志物，分析相关代谢通路。结果：相比于空白组与模型组，枸橼酸喷妥维林组具有显著镇咳作用 ($P<0.05$)，纯水、75%乙醇、95%乙醇提取部位均具有显著镇咳药理作用 ($P<0.05$)，以 75%乙醇提取部位效果最佳。液质联用方法共测出 26 种入血成分，如木犀草素、松柏苷、黄连碱等。代谢组学实验尚在进行，暂无差异代谢物结果信息。结论：生半夏可能通过木犀草素、松柏苷、黄连碱等 26 种成分调节具体代谢途径发挥镇咳作用。

基于肠道代谢组学探讨朱砂删减对龟龄集抗衰老药效的影响

李洋, 马瑜爽, 秦雪梅, 武兴康*

(山西大学中医药现代研究中心, 山西省太原市 030060)

目的: 龟龄集是益寿强身内服药之首, 具有强身补脑、固肾补气、增进食欲之功效。龟龄集中有一味药为朱砂, 该药有一定的毒性, 不宜大量服用, 也不宜少量久服。然而, 龟龄集的临床应用, 通常需要较长服用周期才能达到预期治疗效果。因而, 本研究基于肠道代谢组学探讨朱砂删减对龟龄集抗衰老药效的影响, 以为龟龄集中朱砂用药的安全性和合理性提供依据。方法: 雄性 SD 大鼠皮下注射 D-半乳糖诱导衰老模型, 采用动物行为学实验如旷场实验、新物体识别实验、转棒实验、Elisa 法、HE 染色、MASSON 染色等方法研究龟龄集全方组和龟龄集去朱砂减方组对缓解大鼠脑衰老、骨衰老、皮肤衰老、肌肉衰老的药效作用。使用 UPLC-Triple TOF 5600 仪器对大鼠的肠道内容物进行代谢组学分析, 通过 HMDB 数据库、MSDAIL 软件、SCIXEOS 和 SIMCA 软件分析代谢组学数据, 寻找肠道差异代谢物, 进一步探索龟龄集缓解大鼠衰老的作用机制。结果: 龟龄集能够改善 D-半乳糖致大鼠的脑衰老和骨衰老, 删减朱砂对其无影响。龟龄集缓解 D-半乳糖致大鼠的皮肤衰老和肌肉衰老, 其中朱砂对该作用有一定的贡献, 其机制为朱砂促进胶原纤维和肌纤维的生成。进一步, 肠道代谢组学发现, 龟龄集和龟龄集去朱砂的差异药效相关的 9 个差异代谢物, 包含醛固酮、肾上腺甾酮、顺式乌头酸等, 涉及类固醇激素生物合成代谢、初级胆汁酸生物合成、牛磺酸和次黄嘌呤代谢等 6 条代谢通路。结论: 朱砂删减对龟龄集的抗脑衰老和骨衰老的药效无贡献, 在抗皮肤衰老和肌肉衰老中有一定的贡献。

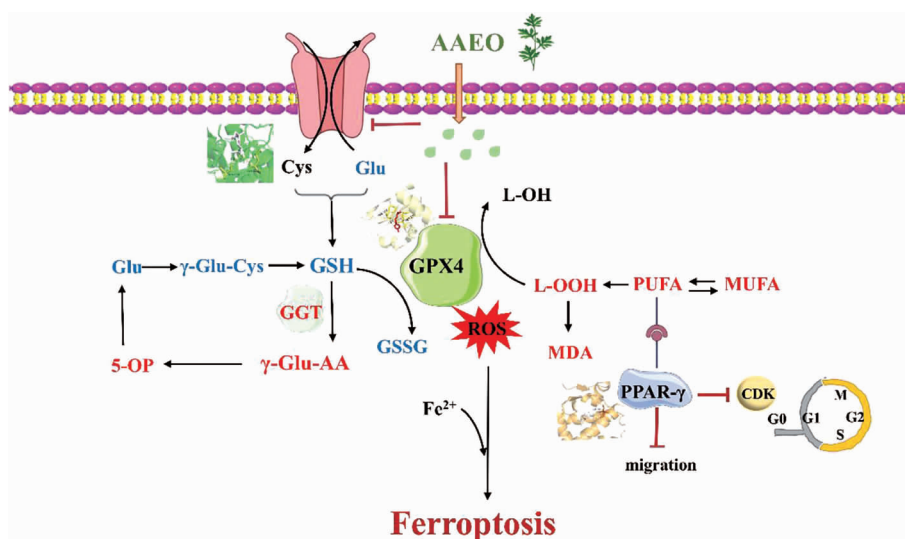
基于代谢组学技术研究艾叶油抑制 A549 细胞的增殖作用及其机制

刘芳琳¹, 荣影¹, 刘璐瑶¹, 秦兆隆¹, 曹倩文¹, 徐霞^{1*}

(1. 郑州大学药学院, 河南省郑州市科学大道 100 号, 450001)

目的: 艾叶油 (*Artemisiae argyi* essential oil, AAEO) 是提取自菊科植物艾的干燥叶的挥发性成分, 研究表明, AAEO 具有抗肿瘤、抗炎、抗菌等多种药理活性, 但其抗非小细胞肺癌的作用及其机制尚不明确。因此, 本研究采用代谢组学技术研究 AAEO 抑制 A549 细胞的增殖作用及其分子机制。方法: 通过 MTT、细胞周期以及细胞凋亡等实验研究 AAEO 对 A549 细胞增殖的影响; 通过基于 UPLC-MS/MS 的代谢组学技术研究 AAEO 作用于 A549 细胞前后的差异代谢物及代谢通路; 通过试剂盒测定细胞内 Fe^{2+} 、丙二醛 (MDA)、活性氧 (ROS) 的含量

及谷胱甘肽过氧化物酶 4 (GPX4) 的活性, 采用 Western Blot 技术测定溶质载体家族 7 成员 11 (SLC7A11) 蛋白的表达。结果: MTT、细胞周期等实验结果显示 AAEO 具有抑制 A549 细胞增殖的药理作用; 代谢组学结果分析显示 AAEO 降低细胞内谷胱甘肽 (GSH) 水平, 升高不饱和脂肪酸的含量, 代谢通路富集分析主要关联到谷胱甘肽代谢和不饱和脂肪酸的生物合成等代谢通路; AAEO 显著升高了细胞内 Fe^{2+} 、MDA 和 ROS 的水平, 同时显著降低了 GPX4 活性; 此外, AAEO 还显著降低 SLC7A11 的表达。结论: AAEO 通过调控谷胱甘肽代谢, 抑制 GPX4 活性, 降低 GSH 水平, 降低 SLC7A11 的表达, 诱导 A549 细胞发生铁死亡, 从而发挥抑制 A549 细胞增殖的作用。本研究为 AAEO 用于非小细胞肺癌的治疗提供了基础理论支撑。



基于代谢组学技术探析《雷公炮炙论》中远志木心致“闷”的科学内涵

姜迎昕¹, 张丽君¹, 陈昊昊¹, 李彦青², 秦雪梅¹, 张福生^{1*}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西省 030006;

2. 山西中医药大学基础医学院, 山西省 030006)

目的: 远志是我国大宗药材之一, 有安神益智、交通心肾、祛痰、消肿之功效。《雷公炮炙论》记载“远志使用前, 需去心, 不去心, 服之令人闷”。既有研究结果发现, 远志木心中的远志口山酮Ⅲ、3, 6'-二芥子酰基蔗糖、细叶远志皂苷的含量远低于远志筒, 推测远志木心致“闷”应与此三类物质无关; 此外, 既有远志木心的毒/效研究结果, 无法阐释木心致“闷”的科学内涵。上述研究从不同方面对木心致“闷”进行了研究, 但有关远志木心致“闷”的化学成分及“闷”的生物效应仍悬而未决。本文基于超高效液相色谱-四级杆-飞行时间质谱

(UPLC-Q TOF-MS)、核磁共振 (NMR) 代谢组学技术阐明远志木心的差异化学成分探析木心的致“闷”成分,同时结合行为药理学探究木心致“闷”的可能生物效应,并采用网络药理学技术探析远志木心致“闷”的科学内涵。方法:(1)分别使用 NMR、UPLC-Q TOF-MS 对远志木心进行数据采集,利用包括分子网络技术在内的多种策略对化合物进行结构鉴定并寻找远志木心的差异化学成分;(2)利用糖水偏好实验 (SPT)、强迫游泳 (FST)、旷场实验 (OFT)、高架十字迷宫 (EPM) 行为学测定实验揭示远志木心水提物 (PTXE) 灌胃给药后对正常 SD 大鼠的行为学影响,揭示木心致“闷”的生物效应;(3)采用“脑内套管注射给药”的方式,在灌胃给予远志木心水提物的大鼠外侧缰核 (LHb) 同时给予苯环己哌啶 N-甲基-D-天冬氨酸 (NMDA) 受体拮抗剂 2-氨基-5-膦酰戊酸 (AP5),反向验证 PTXE 对 SD 大鼠产生快速抑郁焦虑样行为是否与外侧缰核中的 NMDA 受体有关;(4)采用网络药理学技术,结合木心的差异代谢物,预测远志木心影响抑郁焦虑样行为的核心靶点和关键通路;并利用分子对接技术对上述 PTXE 核心成分与靶点进行模拟实验验证。结果:(1)利用 NMR 技术共鉴定了 25 种化学成分,筛选出谷氨酸、 γ -氨基丁酸等 12 个差异代谢物;采用 UPLC-Q TOF MS 技术共鉴定出 146 种成分,其中负离子模式下共鉴定出 94 种成分,筛选出 Sibiricose A5 等 36 个差异代谢物;正离子模式下共鉴定出 52 种成分,筛选出 Tenuifolside B 等 13 个差异代谢物;(2)木心所致“闷”的发生具有一定的剂量依赖性和一过性,具体为快速抑郁焦虑样行为;(3)结果表明,PTXE 对 SD 大鼠产生的行为学影响与 LHb 中的 NMDA 受体有关;(4)发现谷氨酸、 γ -氨基丁酸、缬氨酸、油酸、芥子酸等 9 个潜在成分可能通过作用于 SLC6A1、GRM5、GRM8、GRIA1、SLC1A1 等 91 个潜在靶点,涉及 Glu 能代谢、Glu 受体活性以及神经活性配体-受体相互作用等密切相关。结论:本研究阐明了远志木心的差异化学成分并揭示了木心致“闷”可能是一种快速的抑郁焦虑样行为,并可能与 LHb 中的 NMDA 受体激活有关。后续,本课题将继续探索 PTXE 给药后 NMR 下大鼠脑功能的系列变化。

基于代谢组学的银缕梅资源药用价值开发及利用

乔欣萌 崔博雅 单宇*

(江苏省中国科学院植物研究所(中山植物园) 江苏省中药材生态种植与高值化利用工程研究中心 江苏省植物资源研究与利用重点实验室 江苏南京 210014)

目的:银缕梅 (*Parrotia subaequalis* (H. T. Chang) R. M. Hao & H. T. Wei) 是我国独有的一种珍稀濒危植物,其相关化学成分研究鲜有报道。本实验对银缕梅各部位系统地进行了非靶向代谢组学分析和抗氧化功能评价。方法:1. 以 HPLC-Q-TOF-MS/MS 技术对各部位

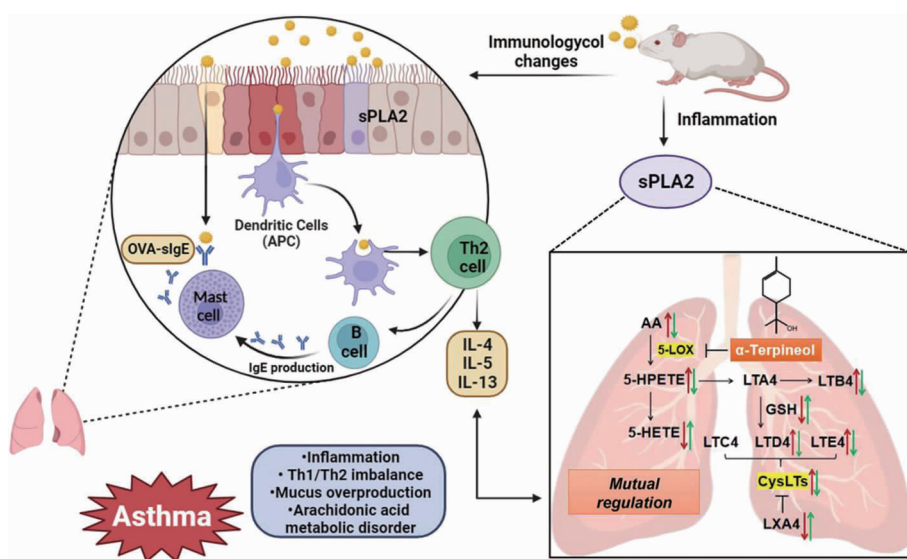
提取物进行系统性成分分析；2. 以 DPPH 法对各提取物抗氧化活性进行评价；3. 利用非靶向代谢组学方法，通过 PCA、PLS-DA、聚类分析等方法结合抗氧化实验筛选出各部位中具抗氧化潜力的差异化合物。结果：鉴定到差异化合物 171 个，其中有机酸 42 个，鞣质 22 个，生物碱 17 个，萜类 12 个，黄酮 10 个。银缕梅各部位均含有较大比例的有机酸和生物碱，叶、茎及果中鞣质含量也较大。各部位均有较好的抗氧化活性，与阳性药 Vc (IC_{50} 2.37 $\mu\text{g/mL}$) 持平，其中银缕梅果的活性最显著 (IC_{50} 2.21 $\mu\text{g/mL}$)，结合代谢组学数据推测鞣质及黄酮类成分对抗氧化活性贡献较大。结论：银缕梅各部位所含化学成分有所差异，有机酸、生物碱和鞣质占比较大，而鞣质和黄酮类成分对银缕梅抗氧化活性贡献最显著。

基于 UPLC-MS/MS 技术的 α -萜品烯醇抗哮喘作用的分子机制研究

荣影¹，刘芳琳¹，周慧¹，于童¹，曹倩文¹，秦兆隆¹，刘璐瑶¹，马晓鸽¹，徐霞^{1*}

(1. 郑州大学药学院，河南省郑州市科学大道 100 号，450001)

目的：本研究旨在采用网络药理学和代谢组学技术考察 α -萜品烯醇对哮喘小鼠的保护作用及其分子机制进行研究，以为 α -萜品烯醇的临床应用提供基础理论。方法：以卵清蛋白 (OVA) 联合氢氧化铝佐剂致敏 BALB/c 小鼠建立急性哮喘模型。结果： α -萜品烯醇明显降低了小鼠 BALF 中的炎症细胞数量及 BALF 中 IL-4、IL-5、IL-13 和血清中 OVA-sIgE 的水平。 α -萜品烯醇明显改善 OVA 引起的炎症细胞浸润和粘液分泌，明显减少了黏蛋白 MUC5AC 的表达，并抑制了小鼠气道炎症。基于 73 个药物疾病交集靶点对其进行 KEGG 富集



分析,发现 α -萜品烯醇对哮喘疾病影响最显著的代谢通路为花生四烯酸代谢。此外,基于代谢组学筛选出的 26 个差异化合物,我们发现其主要参与花生四烯酸代谢、嘌呤代谢和谷胱甘肽代谢的重编程。结论:深入研究表明, α -萜品烯醇预处理可通过降低游离花生四烯酸含量,逆转 5-LOX 活性,减少血清及肺组织中 CysLTs 的积累,从而对抗哮喘。

基于 UPLC-Q-TOF-MS 结合诊断离子和分子网络技术分析淡竹叶黄酮类成分

涂慕鑫¹, 江涛¹, 张鑫², 王庆亮², 孟亦浩², 田俊生^{1*}

(1. 山西大学 中医药现代研究中心, 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 生物医药与大健康研究院, 太原山西 030006

2. 山西杏花村汾酒厂股份有限公司, 中国露酒植物提取与健康山西省重点实验室, 汾阳山西 032205)

目的: 黄酮类化合物是一类广泛存在于植物中的次生代谢物, 具有多种生物活性, 如抗氧化、抗炎、抗癌等。本研究采用 UPLC-Q-TOF-MS 技术并结合诊断离子过滤及分子网络快速分析淡竹叶黄酮类化合物。方法: 采用数据依赖性扫描模式 (IDA), 在电喷雾模式条件下, 分析黄酮类化合物标准品的裂解信息及特征诊断离子, 对于淡竹叶质谱数据, 首先使用网络技术匹配结构类似物, 并通过分子网络节点中相似化合物的碎片离子相对丰度与标准品的对比, 从而确定取代基的位点, 全面鉴定淡竹叶中的黄酮类成分。结果: 在正负离子模式下, 共鉴定出 44 种黄酮类成分, 其中 12 种黄酮类化合物在淡竹叶中首次发现, 包括异荭草苷-2"-O-葡萄糖苷、维采宁-2、荭草素-4'-O-己糖苷、异荭草苷-2'-O-戊糖苷、木犀草素-3'-甲氧基-8-C-葡萄糖苷、木犀草素-3'-甲氧基-6-C-葡萄糖苷等。以芹菜素为母核的黄酮类化合物 RDA 裂解的特征碎片为 151.00、117.03, 以山奈酚和木犀草素为母核的黄酮类化合物 RDA 裂解特征碎片则为 151.00、133.03, 而以槲皮素为母核的黄酮类化合物 RDA 裂解特征碎片为 151.00, 149.02。除芹菜素、木犀草素、山奈酚、槲皮素外, 其他化合物均以黄酮氧苷或黄酮碳苷形式存在。结论: 已鉴定的新化合物将在今后的工作中被提取、分离和制备, 它们的活性将可作为未来药物发现和开发的新来源进行研究。诊断离子结合分子网络策略证明了快速识别淡竹叶中复杂化学成分和发现生物活性成分的可行性。

整合肝脏转录组学和网络药理学研究酸枣仁-川芎药对的抗焦虑作用

王慧¹, 赵妮², 李佳涵², 张荫杰², 闫艳^{2*}, 杜晨晖^{1*}

(1. 山西中医药大学中药与食品工程学院, 太原市 030619;

2. 山西大学中医药现代研究中心, 太原市 030006)

目的: 酸枣仁-川芎药对为酸枣仁汤中的经方药对。川芎与酸枣仁相配, 酸收辛散并用, 相反相成, 有养血调肝之妙。然而, 酸枣仁-川芎药对能否发挥抗焦虑作用等问题仍不清楚。方法: 采用离心管复制束缚应激焦虑 (CRS) 小鼠模型, 以高架十字迷宫、旷场和明暗穿梭箱实验评价模型小鼠的焦虑样行为; 以戊巴比妥诱导的睡眠实验评价焦虑小鼠的睡眠潜伏期和睡眠时间, 并探讨酸枣仁-川芎高剂量组 (7 g/kg) 和低剂量组 (3.5 g/kg) 的抗焦虑作用。采用苏木精-伊红 (HE) 染色和油红 O 染色观察小鼠肝脏组织病理形态变化; 采用生化法并测定空白、模型和给药组肝脏中谷丙转氨酶 (ALT) 和谷草转氨酶 (AST) 的活性; 并提取 RNA 进行转录组测序; 对共同差异基因进行 GO 功能及 KEGG 通路富集分析; 最后, 采用网络药理学预测酸枣仁-川芎活性成分的靶点, 同时采用 GeneCards、OMIM 等数据库搜索焦虑、失眠相关疾病靶点, 以活性成分和疾病的交集靶点进行 GO 功能及 KEGG 通路富集分析。采用 Venny 平台对转录组差异基因和网络药理的交集靶点取交集, 获得酸枣仁-川芎药对改善焦虑样小鼠肝功能的关键靶点。结果: 成功复制 CRS 焦虑小鼠模型, 药效学研究显示酸枣仁-川芎药对能显著增加焦虑小鼠进入开臂次数及开臂时间百分比; 明室停留时间及停留时间百分比和穿梭次数; 直立次数和总移动距离; 且显著延长戊巴比妥诱导的焦虑小鼠睡眠时间, 并缩短睡眠潜伏期。肝脏病理切片显示, 与空白组相比, 模型组小鼠肝窦增大, 出现炎性浸润, 且脂肪滴数量增加, 血清中 AST 和 ALT 水平显著升高 ($P < 0.05$)。酸枣仁-川芎低剂量和高剂量均能改善以上肝脏病理变化, 且均能显著降低血清中 AST 水平 ($P < 0.05$)。而酸枣仁-川芎高剂量可以显著降低 ALT ($P < 0.01$) 水平。肝脏转录组学结果表明空白组和模型组差异基因有 624 个, 其中有 175 个基因表达上调, 449 个基因表达下调; 模型组和酸枣仁-川芎低剂量组差异基因 1856 个, 其中有 935 个基因表达上调, 921 个基因表达下调; 模型组和酸枣仁-川芎高剂量组差异基因 1808 个, 其中有 1023 个基因表达上调, 785 个基因表达下调; KEGG 通路分析发现其主要富集于不饱和脂肪酸的生物合成、硫辛酸代谢等信号通路; GO 富集分析发现主要富集于胞内膜结合细胞器、膜束缚细胞器等生物学功能。网络药理学结果显示酸枣仁-川芎中 24 个活性成分涉及了 620 个潜在作用靶点, 焦虑、失眠涉及了 2084 个相关靶点, 两者交集靶点为 245 个; KEGG 通路分析发现其主要富集于神经活性配体-受体相互作用、钙信号通路等信号通路上, GO 富集分析发现主要富集于神经系统过程、胞质钙离子浓度的正调节等生物学功能上。获得 3 个酸枣仁-川芎改善焦虑小鼠肝功能的关键靶点 F3、LDHA 和 SLC2A1。结论: 酸枣仁-川芎药对能改善慢性束缚应激诱导的焦虑小鼠的焦虑样行为, 具有改善肝功能的作用, 其作用机制与调控 F3、LDHA、SLC2A1 基因表达密切相关, 有待进一步的实验验证。

基于代谢组学技术评估不同种植模式下茅苍术品质

王梦迪, 印敏, 徐潇潇, 陈雨, 冯煦, 管福琴, 廖盼华*, 王奇志*

(江苏省中国科学院植物研究所(南京中山植物园)/江苏省中药材生态种植与高值化利用工程研究中心, 南京, 210014)

茅苍术 (*Atractylodes lancea* (Thunb.) DC.) 作为茅山道地药材, 由于自然资源的严重枯竭, 人工种植效率低等问题, 已经出现了供不应求的局面。为了解决该局面, 就需要探索出高效绿色可持续发展的种植模式。目前对于茅苍术的种植方式有两种分别为单一种植以及与其他植物间作, 而对这两种种植模式的评价暂时还未报道。因此我们利用 UPLC-Q/TOF-MS 和 GC-MS 技术, 对一年单作、一年间作, 两年单作、两年间作的茅苍术根茎进行成分检测并结合化学计量学分析, 同时对《中国药典》规定成分苍术素进行定量分析, 以期对茅苍术不同种植模式进行综合评价。结果发现: 两年间作茅苍术中苍术素含量达 0.7% 以上, 超过其他种植模式的两倍。同时对两种检测方法的代谢物进行分析, 发现 UPLC-Q/TOF-MS 结果中, 乙酰苍术素醇、 β -桉叶油醇、苍术酮显示出显著差异。GC-MS 结果中, 愈创醇、silphinene 显示出显著差异, 结合 KEGG 通路分析发现, 差异代谢物主要集中于倍半萜类生物合成途径。代谢组分析结合苍术素定量发现两年生间作茅苍术品质较高且代谢物更丰富, 且 UPLC-Q/TOF-MS 分析方法在检测茅苍术代谢物方面具有更高的稳定性和可靠性。综上所述, 基于代谢组学技术能够深入了解茅苍术在不同种植模式下代谢物差异并进行品质控制和评价, 这为推动茅苍术的应用和开发提供重要的科学依据。

基于代谢组学与 PK-PD 相关分析的逍遥散提取物抗抑郁质量标志物研究

王舒恒^{1,2}, 王鹏^{1,4}, 秦雪梅^{1,2,3*}, 高晓霞^{1,2,3*}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006

2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 山西太原 030006

3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006

4. 南方医科大学, 广东广州 510515)

逍遥散为抗抑郁经典名方, 课题组前期明确了逍遥散低极性部位 (XYS-L) 为抗抑郁活性部位。然而, 尚未阐明 YYS-L 的复杂药效物质基础及其体内发挥活性的动力学过程等。本研究通过药代动力学研究体系, 采用药物代谢组学方法, 利用其动态表征的优势, 结合 PK/PD 相关模型, 从整体角度筛选 PK markers, 揭示了 YYS-L 抗抑郁的药效物质基础。首先, 通过血

清药物化学结合背景扣除技术分析鉴定 XYS-L 入血原型成分与代谢物,明确 XYS-L 多成分整体 PK 过程。然后,以 CUMS 抑郁大鼠为模型从行为学、神经递质、肝肠功能、炎症因子和肠道菌群等多角度考察 XYS-L 整体药效,用于 XYS-L 整体 PD 研究。最后,基于代谢组学技术,建立 PK/PD 模型,明确 XYS-L 浓度-时间-药效关系,并通过 PK/PD 相关性筛选 PK markers。结果显示,XYS-L 中 85 个血中移行成分的药动曲线可分为四类,反应了 XYS-L 多成分的整体药动特点。药效动力学显示,XYS-L 在 40 min、12 h 时达到药效峰值,具有起效快,起效时间长的药效特点。进一步结合 PK/PD 相关性 ($R_j > 1$) 与药动曲线面积占比 ($W_j > 0.1$) 筛选了 XYS-L 中 11 个 PK markers 作为主要药效物质群。本研究建立了一种代谢组学和 PK/PD 模型结合相关性发现 PK markers 成分的方法,该方法适用于中药复方与提取物中活性成分群的发现,为从中药复方中发现质量可控的药效物质群提供新策略。

基于肠道菌群和代谢组学互作分析的柴归颗粒改善粪菌移植抑郁动物模型的作用与机制

吴振宁^{1,2}, 王琦^{1,2}, 胡婷^{1,2}, 秦雪梅^{1,2}, 田俊生^{1,2*}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006;

2. 山西大学地产中药功效 物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 结合微生物组学和粪便代谢组学,从宿主代谢、药物代谢与肠道菌群相互作用的角度阐明柴归颗粒治疗抑郁症的作用机制。方法: 首先复制慢性社交挫败 (CSDS) 模型,造模结束后,收集模型组小鼠粪便样本。其次,使用混合抗生素对小鼠肠道内的菌群进行清除,构建“伪无菌小鼠”。再次,通过移植模型组小鼠粪菌液建立抑郁小鼠模型,并使用柴归颗粒进行干预,采用行为学测试评价药物的抗抑郁作用。最后,收集新鲜小鼠粪便,进行 16S rRNA 测序和 LC-MS 代谢组学测试。结果: 混合抗生素干扰后,小鼠体内肠道菌群的多样性相对丰度显著下降,表明成功构建“伪无菌小鼠”;而通过移植模型组小鼠粪菌液后,供体小鼠的抑郁样行为会在“伪无菌小鼠”身上复刻。行为学结果表明,柴归颗粒可以显著改善小鼠经 CSDS 粪菌移植的后的抑郁样行为;肠道菌群测序分析显示,柴归颗粒可显著改善肠道菌群的结构和组成,促使肠道菌群相对丰度和多样性的恢复;代谢组学结果显示,柴归颗粒可显著改善粪菌移植抑郁小鼠的代谢紊乱,通路富集分析发现主要与氨基酸的生物合成与分解代谢有关。结论: 柴归颗粒可以通过调节肠道菌群稳态及代谢物紊乱来改善粪菌移植抑小鼠的抑郁样行为,其机制可能与氨基酸生物合成和分解代谢有关。

地涌金莲及其近缘植物种子的代谢组学研究

肖静娜, 唐靓, 李丕睿, 陈雨 *

(江苏省中国科学院植物研究所(中山植物园) 江苏省中药材生态种植与高值化利用工程研究中心 江苏省植物资源研究与利用重点实验室 江苏南京 210014)

地涌金莲和大多数芭蕉科植物因其独特的外形和花色, 具有很高的观赏价值, 而且地涌金莲种子中富含苯基非那烯酮类化学成分, 该类成分是香蕉重要的植保素, 在抵御病原微生物的入侵时发挥了重要作用。为了研究苯基非那烯酮类在地涌金莲及其近缘芭蕉科植物种子中的分布情况, 利用 UPLC-Q-TOF-MS/MS 技术, 对芭蕉属中的地涌金莲植株不同部位、不同时期的种子以及芭蕉科不同植物的种子进行代谢组学分析, 鉴定差异化合物。结果显示: (1) 在地涌金莲不同部位中筛选出 15 个差异代谢物, 其中 7 个为苯基非那烯酮类代谢物其余为糖苷和酯类代谢物, 差异代谢物在根、茎中显著上升, 苯基非那烯酮类化合物在种子、根、茎和茎皮中含量较高。(2) 地涌金莲不同时期种子中, 苯基非那烯酮类化合物 2-Methoxy-9-(3', 4'-dihydroxyphenyl)-1H-phenalen-1-one 和 2-Methoxy-9-(4'-hydroxyphenyl)-1H-phenalen-1-one 在种子逐渐成熟过程中含量升高。(3) 芭蕉科不同种的种子中, 地涌金莲、小果野蕉和蕉麻种的种子代谢物的表达情况相似, 而象腿蕉、朝天蕉和紫苞芭蕉种的种子代谢物的情况相似, 2-Methoxy-9-(3', 4'-dihydroxyphenyl)-1H-phenalen-1-one 和 4-Acetyldictyodiol 为地涌金莲的显著差异化合物, β -Sitosterol-3-O- β -D-glucoside-6'-O-eicosanate 是象腿蕉和紫苞芭蕉的显著差异化合物, Amurensin D 的相对含量在地涌金莲和象腿蕉中较高于其他芭蕉科种子。希望以此为进一步合理利用地涌金莲中香蕉抗病资源提供参考。

基于小胶质细胞极化研究黄芩汤改善部分坐骨神经损伤 (SNI)

致小鼠神经病理性疼痛的作用与机制

张爱萍^{1,2,3}, 秦雪梅^{1,2,3*}, 高丽^{1,2,3*}

(1. 山西大学中医药现代研究中心, 山西太原 030006;

2. 山西大学化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 山西太原 030006;

3. 地产中药功效物质研究与利用山西省重点实验室, 山西太原 030006)

目的: 神经病理性疼痛一旦产生, 很难逆转, 还会诱发神经精神障碍, 脊髓中活化的小胶质细胞可以通过多种细胞表面受体和促炎因子等参与神经病理性疼痛的发生发展。本研究以小胶质细胞 M1、M2 极化为切入点, 以坐骨神经分支选择性损伤 (SNI) 诱导神经病理性疼痛小

鼠为研究模型,运用多种分子生物学及 UPLC-Q-TOF-MS 代谢组学技术,研究黄芩汤改善神经病理性疼痛的分子机制。方法:基于 SNI 建立小鼠神经病理性疼痛模型,以普瑞巴林作为阳性药物 (SNI + Pregabalin 25 mg/kg),黄芩汤低、中、高剂量 (SNI + HQD 5、10、20 g/kg) 连续灌胃 28 d,以大鼠机械痛阈值、热痛阈、冷痛阈、运动能力和 HE 染色结果考察黄芩汤对 SNI 小鼠的镇痛作用;通过免疫荧光观察小鼠脊髓背根神经节中 Iba-1、CD68、CD206 的表达情况,通过 Western blot 检测小鼠脊髓组织中 Iba-1、CD68、iNOS 的表达情况,运用 ELISA 方法检测小鼠脊髓组织中炎症因子 (IL-4、IL-10、IL-6、TNF- α) 水平,探究黄芩汤改善 SNI 小鼠的分子机制;采用 UPLC-Q-TOF-MS 代谢组学技术,对各组小鼠盲肠内容物进行代谢轮廓分析,通过 t 检验和 VIP>1 筛选差异代谢物,将差异代谢物与炎症因子进行相关性分析。结果:SNI 小鼠出现神经病理性疼痛行为,给药黄芩汤 28 d 后,能提高 SNI 小鼠的机械痛阈、热痛阈和冷痛阈,改善 SNI 小鼠的运动能力以及其背根神经节病理损伤,表明黄芩汤可以显著改善 SNI 致小鼠的神经病理性疼痛。此外,给予黄芩汤 28 d 后,黄芩汤高剂量给药组能显著增加 SNI 小鼠背根神经节细胞中 CD206 的激活并减少 Iba-1 和 CD68 的激活;减少 SNI 小鼠脊髓组织中促炎因子 IL-6、TNF- α 的释放,增加抗炎因子 IL-4、IL-10 的产生,并下调脊髓中 Iba-1、iNOS 和 CD68 的蛋白表达,表明黄芩汤高剂量给药组通过抑制脊髓组织中小胶质细胞 M1 极化、促进小胶质细胞 M2 极化改善 SNI 小鼠的神经病理性疼痛。代谢组学结果表明,黄芩汤高剂量给药组能显著调节 19 个差异代谢物的代谢异常,如次牛磺酸、正丁烷磺酸甲酯、烟酰胺、L-亮氨酸、次黄嘌呤、D-精氨酸、N6-乙酰-L-赖氨酸、乙酰左旋肉碱等。相关性分析提示,差异代谢物烟酰胺、N6-乙酰-L-赖氨酸、乙酰左旋肉碱与炎症因子显著相关,推测黄芩汤可能通过调控这三个差异代谢物进而调节小胶质细胞极化。结论:黄芩汤可以显著改善 SNI 致小鼠的神经病理性疼痛,其机制与调节小胶质细胞极化及改善肠道代谢物异常相关。

经典名方“泻白散”治疗肺炎的作用机制研究

赵桢熠,刘艳

(中国中医科学院中药研究所)

本研究通过采用脂多糖经气管滴注构建小鼠肺炎模型,经不同剂量的泻白散给药后探索其药效作用。并采用代谢组学对小鼠肺组织进行分析,探索给药后体内关键代谢物的变化,分析泻白散治疗肺炎的关键代谢通路,解读其药效作用机制。结果发现经泻白散给药后,相较于模型组,小鼠肺泡灌洗液,血清及肺组织中 TNF- α , IL-6 和 IL-1 β 等炎性细胞因子的表达均

显著性地降低，表明泻白散具有治疗肺炎的作用。肺组织代谢组学分析结果显示正常组，模型组及泻白散给药组在主成分分析中有明显的分离趋势；各组的代谢物变化经 Venn 分析共筛选出 166 个差异代谢物。KEGG 和 GO 富集分析发现花生四烯酸代谢，甘油磷脂代谢和色氨酸代谢是泻白散治疗肺炎的主要代谢通路，且其对应的花生四烯酸，前列腺素类，磷脂酰胆碱，色氨酸等关键代谢物均有显著的变化趋势。综上，本研究发现经典名方泻白散主要通过调控花生四烯酸代谢，甘油磷脂代谢和色氨酸代谢来发挥治疗肺炎的作用，这为其临床应用提供了科学基础。

Effects of aerobic and resistance exercise on depression—like behavior in CUMS rats based on “Muscle—brain crosstalk” mechanism

Chunhui Bao¹, Xin Luo², Ziwei Zhang¹, Jiaren Liang¹,

Junsheng Tian³, Huan Xiang¹, Yumei Han *

1. School of Physical Education, Shanxi University, Taiyuan 030006

2. Department of Public Physical and Art Education, Zhejiang University, Hangzhou 310058

3. Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006

Purpose: To investigate the hippocampal metabolomic mechanism of different exercise modalities to improve depression symptoms in chronic unpredictable mild stress (CUMS) rats based on ¹H—NMR metabolomics, and to provide theoretical and practical basis for the study of “myo—cerebral Crosstalk” mechanism of exercise therapy for depression in combination with “BDNF—PGC—1 α —FNDC5” signaling pathway. **Methods:** A total of twenty—eight 8—week—old SD rats were randomly assigned to four groups: a control group (C), a model group (D), an aerobic exercise group (A), and a resistance exercise group (R). Group D was modeled using the CUMS approach for four weeks, while group C was not administered stimulation and kept normally. Both groups A and R underwent a four—week exercise intervention. **Results:** After the four—week CUMS modeling, we observed significant up—regulation of 11 metabolites, such as glutamate, alanine, and creatine, in the hippocampus of rats in group D compared to group C ($P < 0.05$, $P < 0.01$). Conversely, we found significant down—regulation of 8 metabolites, including isoleucine, γ —aminobutyric acid, and lactate ($P < 0.05$, $P < 0.01$). After four weeks of exercise intervention, behavioral indices were significantly increased in rats of groups A and R ($P < 0.05$, $P < 0.01$), and the expression of BDNF proteins in the hippocampus and PGC—1 α and FNDC5 proteins in the skeletal muscle of rats was significantly

higher than that of group D ($P < 0.05$, $P < 0.01$). Group A mainly improved CUMS by regulating 6 metabolic pathways: alanine—aspargate—glutamate metabolism, D—glutamine and D—glutamate metabolism, taurine—sulfite metabolism, arginine biosynthesis, pyruvate metabolism, and inositol phosphate metabolism, while group R mainly regulated four metabolic pathways: alanine—aspargate—glutamate metabolism, glycine—serine—threonine metabolism, taurine—subtaurine metabolism, and glyoxalate—dicarboxylic acid metabolism. Conclusion: Both aerobic and resistance exercise can exert antidepressant effects by modulating hippocampal alanine—aspargate—glutamate metabolism and taurine—subtaurine metabolic pathways; The “muscle—brain crosstalk” mechanism of exercise antidepressant may be related to its modulation of hippocampal metabolite levels and expression of PGC-1 α —FNDC5—BDNF pathway proteins.

**Directed focus on diterpenoids from the buds of *Wikstroemia chamaedaphne*:
macroporous resin enrichment, LC—MS combined with Global Natural Products
Social Molecular Networking strategy for screening and dereplication**

De—Ling Chen^{a,b}, Shi—Fei Li^{a*}

^a Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Education Ministry, Institute of Molecular Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, PR China

^b Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006, PR China

Purpose: Guided separation has become a hot topic in the fractional purification of natural products in recent years. Meanwhile, dereplication analysis is also an essential and indispensable tool in the search for new compounds from plant resources. In order to swiftly focus on the target diterpenoids and avoid frequent repetitive separation of known natural compounds, we wanted to establish a green and efficient enrichment approach and use an online prime data analysis platform for components identification and dereplication operation of the enriched diterpenoids extracts (DE) from the buds of *Wikstroemia chamaedaphne* (*W. chamaedaphne*). Methods: We developed a green and efficient enrichment method to attain bioactive diterpenoids extracts from the buds of *W. chamaedaphne* by using macroporous adsorption resin. We also performed both LC—MS strategy combining with GNPS technique to further validate the presence of potential target diterpenoids in DE. The generated mass spectrum data of DE by LC—MS analysis from

the high-resolution mass spectrometer were converted from the original “.raw” format to the platform-supported “.mzML” format. Format conversion using the MS Converter plug-in and upload to the GNPS platform using WinSCP © software. The precursor ion mass tolerance (PIMT) of the molecular network data generated by GNPS was set to 0.02 Da. Molecular networks created on the GNPS platform used Cystoscope 3.6.1 © software to generate visual networks. Positive ionization mode was selected with an ESI source, as it enables the ionization of more compounds than the negative mode and provides a good fragmentation of molecular ions, yielding suitable MS/MS spectra. As well, we assessed the effects of the enriched DE in activating latent HIV in HeLa-NH2 cells. Results: The DE could be obtained by using D101 macroporous resin from the buds of *W. chamaedaphne*. Strikingly, the activation effects of latent HIV of the enriched DE increased to 21- and 20-fold compared with the control group. Another fact that cannot be ignored was that LC-MS analysis and GNPS results clearly demonstrated that most of the diterpenoids we wanted and paid close attention to were enriched in DE, especially wikstroelide E (WE), and an outstanding dereplication managing was obtained in the subsequent separation process. Conclusion: This study provides a new option for the discovery of efficient and low-toxicity latent activators (LRAs), and a potential basis for the comprehensive development and clinical application of the buds of *W. chamaedaphne* resources.

Combination of liver, hippocampus and serum metabolomics revealed therapeutical mechanism of Ziziphi Spinosae Semen on P-chlorophenylalanine induced insomnia rats

Yingxin Chu^{1,†}, Yinjie Zhang^{1,†}, Jiaxing Liu¹, Chenhui Du^{2,*}, Yan Yan^{1,*}

1. Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006, China.

2. School of Traditional Chinese Materia Medica, Shanxi University of Chinese Medicine, Taiyuan 030619, China.

Purpose: Ziziphi Spinosae Semen (ZSS) had been used as a sedative for treating insomnia through nourishing the heart and liver, calming the mind and nerves, and condensing sweat and producing fluid, which had been verified both clinically and experimentally. However, explanation of ZSS underlying mechanisms remained a great challenge. The purpose of the study was to illustrate the abnormality of metabolic characteristics of liver, hippocampus and serum of

P—chlorophenylalanine (PCPA) induced insomnia rats and to demonstrate the anti—insomnia mechanisms of ZSS. **Methods:** Firstly, a classic insomnia rat model, the PCPA induced insomnia model, was applied. Then, hematoxylin—eosin (HE) staining was employed to observe the histopathological alterations in liver and brain tissues of rats. The levels of 5—HT, GABA, Glu, and DA in the hippocampus were quantified using an ELISA kit, while PGD2 concentration in serum was also determined. Finally, taking the targeted organ of insomnia, liver and hippocampus, as the objects, a combination metabolomics based on UPLC—Q—TOF—MS was established. **Results:** We found that ZSS could reduce the extent of brain damage, restore the cell morphology, and decrease degree of hepatocyte necrosis, as well as the significant regulation of the disturbance of neurotransmitters and hormone in the insomnia model rats. In terms of metabolomics, a total of 33 liver metabolites, 25 hippocampal metabolites and 18 serum metabolites were finally selected as the potential biomarkers related to insomnia and an important pathway of phenylalanine, tyrosine and tryptophan biosynthesis was common in three tissues after suffering from the PCPA paradigm. Meanwhile, ZSS significantly reversed the levels of 23 liver metabolites, 15 hippocampal metabolites and 5 serum metabolites, suggesting liver was an important target organ for ZSS against insomnia, in addition to the brain. **Conclusion:** Based on histopathological characteristics and a combination of liver, hippocampus and serum metabolomics, this study elucidated the mechanism of ZSS in treating insomnia by improving both cerebral and hepatic functions and provided a deep and comprehensive understanding for multi—system connections of systemic diseases.

Baicalein improves anxiety symptoms in 6—hydroxydopamine—induced Parkinson's disease rats

Yixiao Dong^{a,b}, Xuemei Qin^{a,b}, Guanhua Du^{c *}, Li Gao^{a,b *}

a Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, the Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, Taiyuan 030006

b Key Laboratory of Effective Substances Research and Utilization in TCM of Shanxi Province, Taiyuan 030006

c Institute of Materia Medica, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing 100050

Purpose: Although the main symptoms of Parkinson's disease (PD) are motor dysfunctions

such as tremor and gait disorder, non — motor symptoms such as anxiety are also clinical manifestations of PD. Studies have found that the incidence of anxiety was 29% — 50% in PD patients, and the symptoms of anxiety often appear earlier than movement disorders, which seriously affects the normal life of PD patients. However, the conventional treatment approaches for the anxiety comorbidity of PD are limited, and these methods may also aggravate PD. Therefore, it is of great clinical significance to find drugs that can improve anxiety associated with PD. Methods: In this study, 6 — hydroxydopamine (6 — OHDA) was used for stereotaxic injection into the nigra of SD rats to induce anxiety of PD rats, and the effects of baicalein were evaluated. Open field, the elevated plus maze and marble burying test were used to detect the anxiety — like behaviours of rats, and rotarod test and gait analysis were used to detect the motor functions. Results: This study showed that 6 — OHDA can cause significant motor dysfunction and induce anxiety symptoms in rats. Baicalein could significantly reduce motor dysfunction and attenuate anxiety — like behaviours. Pathological studies have also found that baicalein can significantly reduce the loss of TH⁺ neurons in the substantia nigra and striatum, and reverse the tissue injury in the hippocampus and amygdala. Conclusion: This study suggests that baicalein can improve anxiety symptoms associated with PD .

The regulatory effect of Angelicae Sinensis Radix on neuroendocrine — immune network and sphingolipid metabolism in CUMS — induced model of depression

Wenxia Gong * , Jinlong Chen, Shaohua Xu, Yuzhi Zhou, Xuemei Qin

Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine of Shanxi University Wucheng Road 92, 030006

Purpose: The purpose of this study was to investigate the potential anti — depressant mechanisms of AS based on chronic unpredictable mild stress (CUMS) rat model. Materials and methods: In this study, we used a combination of animal experiments, molecular biology techniques, and ultra performance liquid chromatography — triple — time of flight mass spectrometer (UPLC — Triple — TOF/MS) to explore the potential antidepressant mechanisms of AS based on CUMS rat model. Methods: In this study, we used a combination of animal experiments, molecular biology techniques, and ultra performance liquid chromatography — triple — time of flight mass spectrometer (UPLC — Triple — TOF/MS) to explore the potential

antidepressant mechanisms of AS based on CUMS rat model. Results: The results demonstrated that AS could reduce the contents of serum hypothalamic – pituitary – adrenal (HPA) axis hormones in CUMS rats, including corticotropin – releasing hormone (CRH), adrenocorticotrophic hormone (ACTH) and cortisol (CORT). In addition, AS regulated the percentage of CD4⁺T lymphocytes, the ratio of CD4⁺/CD8⁺, and the levels of serum cytokines such as IL-1 β , IL-4, IL-6, and TNF- α in CUMS rats. Lipidomics showed that 31 lipids were related to depression and AS could regulate the lipid metabolism alteration induced by CUMS, particularly sphingolipid metabolism. Finally, the key proteins in sphingolipid metabolic pathways in hippocampus of CUMS rats could be back-regulated by AS, including serine palmitoyl transferase (SPTLC2), ceramide synthase (CerS2), sphingomyelinase (SPHK1), neutral sphingomyelinase (nSMase). The potential mechanism by which AS alleviates depression-like behaviors in CUMS rats may be through regulating the disturbance of NEI and sphingolipid metabolism. Conclusion: AS could alleviate NEI network disorder and restore the levels of sphingolipid metabolites and key proteins in CUMS rats. The underlying mechanism by which AS relieved depression – like behavior in CUMS rats may be through modulation of NEI and disturbances in sphingolipid metabolism.

Comparative study on chemical effect of Ziziphi Spinosae Semen and Fried Ziziphi Spinosae Semen on improved learning and memory in PCPA induced insomnia rats

Yiran Heng¹, Lianglei Song¹, Yan Yan²*, Chenhui Du¹*

1. School of Traditional Chinese Materia Medica, No. 121, Daxue Street, Taiyuan, Shanxi 030619, China

2. Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist., Taiyuan 030006, Shanxi, China

Purpose: Ziziphi Spinosae Semen (ZSS) has been widely used as sedatives in many patented medicines and functional foods in China and other Asian countries, such as Korea and Japan. It is traditionally processed by frying. The raw and fried ZSS (FZSS) were clinically prescribed in traditional Chinese medicine for distinct medicinal purposes. Nevertheless, the complex mechanisms underpinning the holistic effects of ZSS and FZSS remains to be extensively clarified.

Methods: Firstly, para-chlorophenylalanine (PCPA) – induced rat insomnia model (IM)

was constructed. The total motion distance and rest time of rats were measured by open field test to evaluate the sedative and hypnotic effects of rats. The water maze experiment was used to conduct positioning cruise and space exploration experiments in rats. The histopathological analysis of hippocampal tissues of blank group, model group, diazepam group, ZSS and FZSS were compared. Neurotransmitters such as 5-HT and GABA and NO in hippocampus, inflammatory factors such as IL-1 β , IL-6 and TNF- α in serum, pharmacodynamic indexes such as Glu and MT were determined by enzyme-linked immunoassay. On top of this, an integrated hippocampal metabolomics based on UHPLC-Q-Orbitrap/MS was established. Xcalibur 4.1 (Thermo Fisher Scientific) software and HMDB library were used to compare secondary fragments and identify differential metabolites. MetaboAnalyst was used for metabolic pathway analysis.

Results: We found that ZSS and FZSS significantly regulated the abnormalities of behaviors and hippocampus metabolism of insomnia rats. The open field index showed that the total distance of rats was decreased and the rest time of rats was increased. Water maze test index showed that the duration of escape incubation period of rats could be shortened in all groups. Significantly extended the residence time in the target quadrant, significantly increased the total movement distance of rats in the target quadrant, and significantly increased the number of rats crossing the platform. However, the histopathological sections showed that ZSS, FZSS and diazepam could significantly improve the hippocampal injury of PCPA induced insomnia rats, suggesting that ZSS and FZSS and diazepam had a protective effect on the hippocampus of PCPA-induced insomnia rats. In the administration group, 5-HT, GABA and NO in the hippocampus were increased. A total of 38 hippocampus metabolites were finally identified as potential biomarkers of insomnia in the PCPA rats, while ZSS significantly regulated 34 hippocampus metabolites. Meanwhile, 7 common metabolites were identified in hippocampus. Compared with the blank group, the model had 11 metabolic pathways related to insomnia in raw and fried ZSS. The correlation analysis between pharmacodynamic indexes and differential metabolites in hippocampus showed that the differential metabolites of FZSS had significant positive correlation with pharmacodynamic indexes such as 5-HT, GABA and NO. Based on metabolomics, compared with ZSS, FZSS significantly recalled more metabolites and had stronger effects, and its regulation of pathway was significantly better than that of ZSS, thus enhancing the efficacy of improving learning and memory.

Conclusion: Both of ZSS and FZSS can improve the learning and memory of PCPA-induced insomnia rats, but their efficacy is different. Based on metabolomics, compared with ZSS,

FZSS significantly recalled more metabolites and had stronger effects than ZSS, and its regulation of pathway was significantly better than that of ZSS, thus enhancing the efficacy of improving learning and memory. This study provides research basis for further research of postgraduates and the improvement of learning and memory of PCPA insomnia rats with FZSS.

Based on spleen metabonomics and transcriptomics to dissect the mechanisms of Chaigui granules for treating depression

Dehua Huang^{a,b}, Xuemei Qin^{a,b}, Yuzhi Zhou^{a,b,*}

^a Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, the Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, No. 92, Wucheng Road, Taiyuan 030006, Shanxi, P. R. China.

^b Key Laboratory of Effective Substances Research and Utilization in TCM of Shanxi Province, Shanxi University, No. 92, Wucheng Road, Taiyuan 030006, Shanxi, P. R. China.

Purpose: The development of depression was closely related to immune dysfunction. Chaigui granules was a traditional Chinese medicine (TCM) preparation with antidepressant effects, derived from a famous anti—depression prescription. Previous studies have found that Chaigui granules could exert antidepressant effects by improving the body's immune function. The spleen was a vital immune organ. Therefore, a combination of metabolomics and transcriptomic methods was used to investigate the mechanism of antidepressant action of Chaigui Granules by improving the immune function of the spleen. **Methods:** In this study, a CUMS depression model was successfully established, and behavioral indicators were performed to evaluate the antidepressant effect. Secondly, LC/MS—based spleen metabolomics was used to investigate vital metabolic pathways participating in the anti—depressive effects of Chaigui granules. Correspondingly, Transcriptomic sequencing of spleen tissues was performed to screen key genes for the antidepressant effects exerted by Chaigui granules. Finally, the key metabolic pathways and genes were integrated using bioinformatics technology to explore the potential targets for the antidepressant effects exerted by Chaigui granules. **Results:** The results suggested that administration of Chaigui granules significantly improved CUMS—induced depressive symptoms. More importantly, metabolomic results of spleen shown that Chaigui granules improved 8 of the 12 potential biomarkers induced by CUMS. Metabolic pathway

analyses indicated that Aminoacyl-tRNA biosynthesis and purine metabolism were the critical metabolic pathway regulated by Chaigui granules. In addition, Transcriptome sequencing results shown that Chaigui granules improved 567 of the 704 differential genes induced by CUMS. Pathway enrichment analysis indicated that Cytokine-cytokine receptor interaction, cGMP-PKG signaling pathway and IL-17 signaling pathway were the critical signaling pathway regulated by Chaigui granules. Finally, further network analysis of the key metabolic pathways and differential genes shown that purine metabolism was an important pathway for the antidepressant effects of Chaigui granules. 19 differential genes, including XDH, MAOA, and P4HA1, were the potential targets for the antidepressant effects exerted by Chaigui granules. Conclusion: The results of integrated metabolomics and transcriptomics shown that Chaigui granules play an antidepressant role by regulating purine metabolism and immune-related signaling pathways.

**“Experimental effect-expected effect” mathematical functions based
on dose-response relationships of serum metabolomics reveal
the synergistic effects of Xiaoyaosan on depression**

Huimin Liu, Fuxiao Wei, Huanle Liu, Chen Jian, Mengyu Li,
Shunyong Li, Xuemei Qin, Xiaojie Liu *

Purpose: To reveal and characterize quantitatively the synergistic effects of the efficacy groups of YYS on depression, based on the dose-response relationships of differential metabolites from serum metabolomics. **Methods:** Firstly, the antidepressant effects of YYS and its efficacy groups were demonstrated. Secondly, based on the differential metabolites related to depression, the dose-response curves of YYS and its efficacy groups were drawn. On top of this, the “experimental effect - expected effect” mathematical functions were constructed. Corresponding parameters were calculated to determine the dose range of synergistic effects of YYS on depression. **Results:** YYS, JP, and SG groups significantly increased the autonomous activities of depressed rats. The dose-response curve of the anti-depression effects of YYS presents “S”. Moreover, the dose-response curves of JP and SG group showed that, at the concentrations that set in this study, the antidepressant effects gradually increased with the increases of concentrations. Metabolomics showed that the pathogenesis of depression mainly involved in the levels of amino acids, fatty acids, glycerophosphocholine, and so on. Lastly, as

suggested by mathematical functions and the corresponding parameters, two efficacy groups of YYS exhibited the synergistic effects at the doses of 21.87 — 39.80 g crude herbs/kg. Conclusion: This study quantitatively characterizes the compatibility relationships of the antidepressant effects of YYS by not only introducing systems biology and mathematical thinking, and also integrated applying metabolomics and mathematical functions. The current findings are of significance in terms of demonstrating the scientific connotations of compatibility of YYS, laying experimental foundations for clinical applications of YYS, and providing novel research strategies and approaches for the compatibility of TCM prescriptions.

Metabolomics and microbiome integrally reveal the anti—depression effects of Astragalus polysaccharides from the perspective of “gut microbiome—immunity—metabolome” axis

Xiaojie Liu^{a,b,c,*}, Ziyu Zhao^{a,b,c}, Xiaoling Wu^{a,b,c}, Senyan Wang^{a,b,c},
Chen Jian^{a,b,c}, Mengyu Li^{a,b,c}, Xuemei Qin^{a,b,c}

^a Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

^b The Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China.

^c Institute of Biomedicine and Health, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

Purpose: Depression is a major human blight. *Radix Astragalus* (RA), belonging to Leguminosae family, has been used for treating depression for long time. *Astragalus* polysaccharide (APS) is the one of major active ingredients of RA. Yet, it just scratches the surface that mechanisms underlying anti—depression effects of APS. Methods: 16S rRNA analysis and fecal metabolomics were integrally applied. A classic depressed model of rats, chronic unpredictable mild stress (CUMS) was constructed. Then, the behavioral indicators of rats were measured and analyzed at a macro—level. Additionally, the changes of gut microbiota, pro—inflammatory factors, anti—inflammatory factors, Th17/Treg balance, fecal metabolites and corresponding metabolic pathways related to depression were measured. The effects of APS

were demonstrated at micro — levels. On top of this, inter — and inner — layer networks of “behavioral indicators — gut bacteria — immune factors — differential metabolites” were constructed to visually demonstrate the relationships among differential indicators. Results: APS significantly regulated the abnormalities of depressed rats’ behaviors, microbial richness and diversity, immune factors levels, Th17/Treg imbalance and metabolic profiles interrupted by CUMS. From an immunological point of view, APS significantly improved abnormal levels of pro — and anti — inflammatory factors induced by CUMS. Meanwhile, the abnormality of Th17/Treg balance was significantly restored by APS. From the gut microbiological point of view, depression significantly interrupted the levels of 4 differential bacteria, while APS significantly regulated the levels of *Aerococcus* and *Staphylococcaceae* — *Staphylococcus*. In terms of metabolomics, a total of 5 metabolites were finally identified as potential biomarkers of depression, involving 5 metabolic pathways. Delightfully, APS significantly regulated the levels of lysine, lactate, alanine and arginine, involving in 3 metabolic pathways. Lysine and arginine were the most closely related to behavioral indicators, immune factors, and gut bacteria. Conclusion: Firstly, this study complements and perfects the pathogenesis of depression, and the anti — depression effects of APS from the perspectives of “gut microbiome — immunity — metabolome” axis. Secondly, the current study provides novel research strategy and approaches for demonstrating the anti — depression effects of plant polysaccharides. Last but not least, the current findings lay a solid foundation for discovering new medicines from plant polysaccharides, consequently improving the life quality of patients.

Integration of molecular network, chemometrics and metabolomics to explore the effect of honey processing on the chemical composition of Radix Astragali

Yudie Liu^{1,2,3}, Xuemei Qin^{1,2,3}, Yutao Liu^{1,2,3 *}

(1. Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, 2. the Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, 3. College of Chemistry and Chemical Engineering, 3. Shanxi Key Laboratory of Active Constituents Research and Utilization of TCM, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Purpose: Radix Astragali (RA) is one of the most frequently used traditional Chinese medicine (TCM) and health food supplement in China, and honey — processed RA (HRA) is its

common processing product. Thus far, their chemical differences are not well understood. The aim of this study was to investigate the effect of honey processing on the chemical constituents of RA and to elucidate the underlying chemical mechanism of HRA during the processing by molecular network, chemometric and metabolomic. Methods: Firstly, RA was concocted according to the honey—roasted method of the Chinese Pharmacopoeia 2020 version of the four general rules 0213, and eight batches of test samples of RA and HRA were prepared. Secondly, UHPLC—Q—TOF—MS technique was used to obtain the chemical profiles of RA and HRA. The molecular networking (MN) analysis using the GNPS platform was coupled to infer the structures of unknown compounds in RA and HRA. Qualitative chemical analysis of RA and HRA were comprehensively obtained. Metabolomics technology analysis was then employed to investigate the impact of honey—processing on RA. Student's *t*—tests were subsequently used to analyze the chemical components that changed significantly before and after honey processing of RA. Meanwhile, linear regression analysis was further conducted to illustrate the changes of individual chemical constituent before and after honey—processing. At last, potential chemical reaction mechanisms were finally speculated based on the changes in molecular network node colors and variations in chemical constituents. A total of 226 compounds were tentatively identified including 50 flavonoid glycosides, 26 flavonoid aglycone, 56 saponins, 30 organic acids, 18 amino acids, 3 coumarins and 43 other compounds, of which 33 compounds were characterized according to MN. Metabolomics results showed differences between RA and HRA; *t*—test results displayed significant changes in the content of 33 compounds; linear regression analysis indicated 42 and 120 compounds underwent the increasing and decreasing trends. Conclusion: Honey processing produced effects on the chemical content of RA, and this study manifested that potential reactions might occur induced by honey—processing, such as possible hydrolysis reactions and isomerization reactions.

Integrated colon microbiome and metabolomics to elucidate the antidepressant mechanisms of the Radix Bupleuri—Radix Paeoniae Alba herb pair

Jiale Lü^{a,b}, Congcong Chen^{a,b}, Xuemei Qin^{a,b}, Guanhua Du^c, Yuzhi Zhou^{a,b,*}

a Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan, 030006

b College of Chemistry and Chemical Engineering, Shanxi University, Taiyuan, 030006

c Institute of Material Medical, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing, 100050

Purpose: Depression is a common psychiatric disorder with unclear pathogenesis. Accumulating evidence demonstrates the existence of a complex relationship between gut microbiome composition and depression. Radix Bupleuri—Radix Paeoniae Alba herb pair (RB—RPA) is the basic drug pair of many classic antidepressant prescriptions, the antidepressant effect of RB—RPA is well established. However, it is still unknown that whether the antidepressant effect of RB—RPA is related to the regulation of gut microbiota and metabolites. This study aimed to investigate the mechanism of RB—RPA in anti—depression from the perspective of colon microbiota and metabolites. **Methods:** In this study, a depression rat model was established by the CUMS (chronic unpredictable mild stress) procedure. RB—RPA was administered, and classic behavioral tests were performed to assess its antidepressant effects. 16S rRNA third—generation full—length sequencing was used to study the effect of depression on the intestinal flora in rats and the regulatory effects of RB—RPA on the intestinal flora. Furthermore, the metabolic profiling of colon content was analyzed by LC/MS metabolomics. Multivariate statistical analysis was used to screen differential metabolites, and investigate vital metabolic pathways involved in the antidepressant effects of RB—RPA. Moreover, correlation analysis between critical microbiota and differential metabolites was conducted. **Results:** RB—RPA significantly improved the depressive behaviors induced by CUMS. The intervention of RB—RPA remarkably ameliorated gut microbiota disturbed. At the phylum level, RB—RPA could increase the abundance of Firmicutes while decrease the abundance of Proteobacteria and Actinobacteria in depressed rats. RB—RPA significantly regulated 7 of the 10 potential microbial biomarkers at the species level, especially significant regulation of *Lactobacillus _ johnsonii*. Colon content metabolomics showed that RB—RPA improved 18 of the 24 perturbed potential biomarkers that were induced by CUMS. Metabolic pathway analyses indicated that RB—RPA could regulate amino acid metabolism disorder caused by CUMS. The results of Spearman

correlation analysis suggested that *Lactobacillus _ johnsonii* was correlated with 16 of the 24 differential metabolites, among which *Lactobacillus _ johnsonii* was significantly negatively correlated with xanthine, and positively correlated with hypoxanthine, tyrosine, phenylalanine and L—norleucine. Conclusion: This study revealed the antidepressant mechanisms of RB—RPA from the perspective of microbiota and colonic metabolites. RB—RPA can alleviate depressive symptoms in depressed rats, and its mechanism is connected to improving intestinal flora, restore the abundance of *Lactobacillus* and other probiotics, and regulate body's amino acid metabolism.

Aloperine showed preferential anti—tumor effects in intrahepatic cholangiocarcinoma cells with mutant IDH1 via decreasing D—2—hydroxyglutarate

Yushuang Ma, Yang Li, Xuemei Qin, Xingkang Wu*

Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine of Shanxi University, Taiyuan 030006, China

Purpose: Intrahepatic cholangiocarcinoma (ICC) is an aggressive malignant tumor of the liver and bile ducts that exhibits frequent isocitrate dehydrogenase (IDH1/2) mutations. Aloperine, a natural compound isolated from *Sophora alopecuroides*, has antitumor properties. The purpose of the study was to investigate the impact of Aloperine on the IDH mutant ICC cells. Methods: In this study, two ICC cells: HCC—9810 cells (wild IDH1) and RBE cells (IDH1 mutation) were applied. Then, SRB assay and metabolomic approach were applied to analyze the systemic effects of aloperine on the HCC—9810 and RBE cells. Results: Aloperine preferentially decreased the proliferation ability of IDH mutant ICC cells. Metabolomic analysis showed obvious metabolome difference among HCC—9810 and RBE cells. Aloperine has a stronger inhibitory effect on the production of the cancer metabolite D—2—hydroxyglutarate (D—2HG). Conclusion: This study revealed that aloperine showed preferential anti—tumor effects in ICC with mutant IDH1 via decreasing D—2HG, providing the basis for the potential development of aloperine as an effective anti—ICC agent.

**Integrated serum, urine metabolomics and 16S rRNA sequencing
to investigate the modulatory effect of Ziziphi Spinosae Folium flavonoid
on D—galactose—induced aging rats**

Yu Tao^{1,†}, Cai Fu^{1,†}, Huizhi Du¹, Chenhui Du^{2*}, Yan Yan^{1*}

1. Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006, China.

2. School of Traditional Chinese Materia Medica, Shanxi University of Chinese Medicine, Taiyuan 030619, China.

Purpose: Ziziphi Spinosae Folium, the leaf of *Ziziphus jujuba* Mill. var. *spinosa* (Bunge) Hu ex H. F. Chou (LZJS), widely distributed in northern China. Our previous study showed that LZJS flavonoid (LZJSF) exerted antioxidant activity at chemical and PC12 cell levels, respectively. Here, we further studied the function of LZJSF on aging—related disorders in D—galactose (D—gal) —induced rats and the potential mechanisms were explored. **Methods:** The aging model was established by intraperitoneal injection of D—gal ($300\text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1} \cdot \text{day}^{-1}$) for 36 days, and LLZJSF ($100\text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1} \cdot \text{day}^{-1}$) and HLZJSF ($200\text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1} \cdot \text{day}^{-1}$) were administered daily by oral gavage at the same time, respectively. Then, the effects of LZJSF on behaviors of aging rats were investigated. Furthermore, ¹H—NMR metabolomics combined with multivariate statistical methods was used to analyze the changes and metabolic pathways of LZJSF on endogenous metabolites in serum and urine of D—gal—induced aging rats. Finally, differential gut microbiota related to D—gal—induced aging and the effect of LZJSF on gut microbiota were investigated by 16S ribosomal RNA (16S rRNA). **Results:** LLZJSF and HLZJSF were observed to significantly ameliorate changes associated with brain aging, such as reduction of MDA and augmentation of SOD, GSH—Px, T—AOC and CAT, while the effect of HLZJSF was stronger than that of LLZJSF. Furthermore, integrated serum and urine metabolomics showed that 10 significant differential metabolites and the 4 metabolic pathways were regulated after administration of HLZJSF, suggesting that HLZJSF participated in D—Glutamine and D—glutamate metabolism, alanine, aspartate and glutamate metabolism, arginine biosynthesis, and arginine and proline metabolism purine metabolism to improve aging. 16S rRNA sequencing analysis showed that HLZJSF could regulate the microbiota imbalance caused by aging, increase the ratio of *Firmicutes/Bacteroidetes* and improve the relative abundance of beneficial bacteria. Finally, correlation analysis showed that the regulation of gut microbiota and metabolism may be one of the important mechanisms of HLZJSF in alleviating

brain oxidative stress via the gut - brain axis. Conclusion: Our study demonstrated that LZJSF improved oxidative stress and restored gut microbiota and metabolism disturbances caused by D-gal-induced aging rats, indicating that LZJSF had the potential to fight aging damage. This study will provide a foundation for the development and utilization of LZJSF as functional foods and healthy beneficial food products.

Deciphering the relationship between depression and microbial molecules based on multi-omics: A case study of Chaigui granule

Jun sheng Tian, Qi Wang, Yingxia Zhao, and Xue mei Qin *

Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University; Taiyuan 030006, China

Purpose: To decipher the antidepressant effect of Chaigui granule (CGKL) from the relationship between depression and microbial molecules based on multi-omics. Methods: Male SD rats were arranged to suffer CUMS for 7 weeks. The antidepressant of CGKL were given for the last 4 weeks. The behavioral indicators to evaluate depressive behavior and drug treatment. 16S rRNA high-throughput sequencing technology was used to detect gut microbiota in jejunum contents. Determination of arginine and its metabolites in the hippocampus and serum by LC-MS. The expression of related rate-limiting enzyme genes and proteins in the hippocampus was validated by qRT-PCR and western blot. Results: Treatment with CGKL obviously alleviated the depressive behavioral indicators and regulated the content of monoamine neurotransmitters, and presented dose-dependent phenomena. CGKL could also improve the arginine metabolism disorder of gut microbiota in the jejunum. Meanwhile, the contents of arginine and its metabolites in the serum and hippocampus were regulated to normal levels. Further investigation indicated that the expression of related rate-limiting enzyme genes and proteins in the hippocampus was validated by qRT-PCR and western blotting. The results showed that the gut microbiota, metabolites, and genes or proteins of rate-limiting enzymes involved in the arginine pathway were significantly regulated by CGKL. Conclusions: The present study demonstrates that CGKL exerts antidepressant effects, and its mechanism may be related to modulating the gut microbiota involved in the arginine metabolism pathway.

Gastrointestinal Characteristics of Constipation from the Perspective of Microbiome and Metabolome

Huimin Wang^{1,2,3}, Di Zhao^{1,2,3}, Sijun Zhao⁴, Zhenyu Li^{1,2,3}, Xuemei Qin^{1,2,3}, Xiaojie Liu^{1,2,3*}

¹Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

²The Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

³Institute of Biomedicine and Health, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

⁴Department of Pharmacology, Shanxi Institute for Food and Drug Control, No. 12, Taiyuan South Rd., Yingze Dist, Taiyuan 030001, Shanxi, China

Background: Constipation is one of the most common gastrointestinal complaints worldwide affecting all ages and causing various other diseases, even cancers. Intestinal microbiota closely relates to the pathophysiology of constipation. Yet, the hidden mechanisms of constipation remain to be explored deeply. Integration of microbiome and metabolome is powerful and promising to demonstrate characteristics of diseases. **Purpose:** To characterize intestinal microbiome and metabolome of constipation, including intestinal microbiota, fecal metabolic profiles, differential metabolites, and the corresponding metabolic pathways. On top of this, this study revealed determined the correlations between intestinal bacteria and differential metabolites involving in constipation. **Methods:** Firstly, the constipation model was successfully applied. At the macro level, we tested the ability of learning and memory, and the ability of locomotor activity, as well as the defecation index of constipated rats. At the micro—level, 16S rRNA sequencing was applied to analyze the intestinal microbiota of ileum contents in constipated rats. ¹H NMR—based metabolomics combined with multivariate data (MVD) analysis was used to investigate the metabolic phenotypes of constipation. In addition, we constructed correlation network, intuitively showing the correlations between intestinal microbiota and differential metabolites. **Results:** Constipation significantly attenuated the locomotor activity, memory recognition, and frequency of defecation of rats while significantly increasing the time of defecation. Constipation caused a significant decrease in the diversity of intestinal microbial communities, and changed the abundances of four microbiota at the genus level. Further pathway analysis showed that there were 7 potential pathways related to constipation. Besides,

constipation also altered significantly the metabolic patterns of rats. 28 fecal metabolites were found to be associated with constipation, significantly affecting the metabolism of energy, amino acid, and short-chain fatty acids. 15 metabolites were further screened to diagnose constipation by receiver operating characteristic analysis. On top of this, the associated network showed that not only intestinal microbial metabolites are important signal molecules related to constipation, but also the occurrence and development of constipation are affected at multiple levels. Conclusion: The current findings are of significance in terms of not only laying a foundation for deeply understanding characteristics of constipation, but also providing accurate diagnosis and treatments of constipation in clinic.

Chemical composition of *Daphne genkwa*

Kun wang, Shifei Li

a Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Education Ministry, Institute of Molecular Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, PR China

b Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006, PR China

Purpose: To study the chemical constituents from the *Daphne genkwa*. Methods: The separation and purification were conducted by a variety of chromatographic separation techniques, including silica gel, ODS, Sephadex LH-20 gel column chromatography, and semi-preparative high performance liquid chromatography. The chemical structures of isolated compounds were elucidated by NMR and MS spectroscopic techniques. Results: A total of 12 compounds were isolated from 95% ethanol extract of the *Daphne genkwa*, which were identified as genkwadaphnin (1), yuanhuacine (2), yuanhuatin (3), Genkwanines M (4), daphgenkins G (5), daphgenkins F (6), T-rigoxypin A (7), pinoresinol (8), aurantiamide acetate (9), (2S, 3S)-3-(1,3-benzodioxol-5-ylmethyl)-1-(3,4-dimethoxyphenyl)-2-(hydroxymethyl)-1,4-butanediol (10), (7S, 8R, 8'R)-3',4'-Dimethoxy-3,4-methylenedioxy-7,9'-epoxylonan-9-ol (11), Daphneolon-e (12). Conclusion: This study provides help and guidance for resource utilization of *Daphne genkwa*, and also provides new ideas for further exploration of tumor therapy drugs.

Discovery of novel STAT1 signaling pathway activators from *Daphne genkwa*

Kun wang, Shifei Li, Liwei Zhang

a Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Education Ministry, Institute of Molecular Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, PR China

b Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006, PR China

Purpose: Cancer has always been a threat to human health. Due to the low or no expression of MHC in many tumors, the immune system cannot recognize and monitor tumor antigens, resulting in tumor immune escape. Upregulation of MHC in tumors can be achieved through activation of the STAT1 signaling pathway, thereby inducing the immune system to recognize and kill tumor cells. Our team previously discovered that daphne-type and tiglane-type diterpenoid can efficiently activate the STAT1 signaling pathway and upregulate the expression of MHC-I in tumor cells. This suggests that such diterpenoid may become a class of small molecules for tumor immunotherapy drug candidates. Therefore, the purpose of the study was to take the *Daphne genkwa* rich in daphne-type and tiglane-type diterpenoids as the object to isolate and enrich the diterpenoids;

Methods: To study the chemical constituents of *Daphne Genkwa*. Seven daphnane diterpenoid derivatives and five lignans were isolated from the 95% ethanol extract of *Daphne genkwa* using various column chromatography, such as Sephadex LH-20 gel, silica gel and preparative HPLC. And the structures were identified by NMR, MS, and ECD spectroscopic techniques, as well as comparison with literatures.

Results: Chemical constituents of the *Daphne genkwa*: 12 compounds were isolated and purified from the *Daphne Genkwa*. The 12 compounds include 7 daphne-type diterpenoids (1-7) and 5 lignans (8-12): genkwadaphnin (1), yuanhuacin-e (2), yuanhuatin (3), Genkwamines M (4), daphgenkins G (5), daphgenkins F (6), T-rigoxypin A (7), pinoresinol (8), aurantiamide acetate (9), (2S, 3S)-3-(1,3-benzodioxol-5-ylmethyl)-1-(3,4-dimethoxyphenyl)-2-(hydroxymethyl)-1,4-butanediol (10), (7S, 8R, 8R)-3',4'-Dimethoxy-3,4-methylenedioxy-7,9'-epoxylionan-9-ol (11), Daphneolone (12).

Conclusion: The successful implementation of this research will lay the foundation for the discovery of novel tumor immunotherapy drug candidate small molecules and provide new strategies for tumor treatment.

Gut microbiome and testicular metabolomics reveal the compatibility of Xiaoyaosan on depression from the perspective of “gut—testis” axis

Senyan Wang^{1,2,3}, Xiaoling Wu^{1,2,3}, Xuemei Qin^{1,2,3}, Xiaojie Liu^{1,2,3*}

¹ Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

² The Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

³ Institute of Biomedicine and Health, Shanxi University, No. 92, Wucheng Rd. Xiaodian Dist. Taiyuan 030006, Shanxi, China

Purpose: Depression seriously endangers human physical and mental health, which affects the central nervous system (CNS) as well as the peripheral system. Recent research has linked depression to the microbiome of the gut as well as body metabolism. In previous studies, Xiaoyaoshan (XYS) has shown a certain antidepressant effect. As of yet, its compatibility is not fully known. The scientificity and rationality of compatibility of YYS needs to be investigated in depth, especially from the perspective of “gut—testis” axis. **Methods:** First, the chronic unpredictable mild stress (CUMS) depression—like model was applied. Afterward, YYS was divided into the *Shugan* (SG) and the *Jianpi* (JP) groups. Then, 16S rRNA sequencing and proton nuclear magnetic resonance (¹H—NMR) were applied to gut microbiome and testicular metabolomics, respectively. **Results:** YYS, SG, and JP groups significantly improved the intestinal disorders and testicular metabolic abnormalities of depressed rats, but to different degrees. In particular, YYS was found to be more effective than efficacy groups. At the phylum and the genus levels, YYS significantly ameliorated gut microbiota disturbed by depression, while SG and JP only significantly improved partially differential gut microbiota. YYS group significantly regulated 10 differential metabolites, while SG and JP groups significantly regulated 8 and 6 differential metabolites, respectively. Furthermore, YYS, SG, and JP groups significantly regulated all pathways. **Conclusion:** As a result of the current findings, we will be equipped with a better understanding of pathogenesis of depression from the perspective of the “gut—testis” axis, as well as a understanding of the scientificity and the rationality of compatibility of YYS. The present study also provides a research strategy for investigating the compatibility rules of TCM prescriptions.

Effect of low polarity of Bupleuri Radix on depressed rats by UPLC—MS pseudo—targeted bile acid metabolomics

Weiyu Wang^{1,2}, Shuaidong Bai^{1,2}, Fangrong Gao^{1,2}, Jing Li^{1,2}, Xuemei Qin^{1,2}, Xiaoxia Gao^{1,2} *

1 Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030000

2 The Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, Taiyuan 030000

Purpose: Bile acids (BAs) are involved in nascent bile formation, cholesterol elimination, and intestinal absorption of lipids and lipid—soluble molecules. Disruption of BA homeostasis is associated with several diseases, such as cholelithiasis and cholestatic liver disease. Therefore, to educate the mechanism underlying the regulation of BA levels by disrupted with CUMS progression and CUMS with low polarity of Bupleuri Radix (LBR) group treatment progression, we quantified the detailed bile acid profiles in tissues of serum, liver, hippocampus, and ileum by UPLC—MS pseudo—targeted metabolomics. **Methods:** Serum, hippocampus, ileum and livers samples of rats in [LBR], [Ctrl] and [M] groups were analyzed by an UHPLC—Q Exactive Orbitrap—MS system for further metabolomic analysis of different physiological states. Metabolic profiling of samples based on untargeted analysis was collected using a Thermo—Fisher ultra—performance liquid chromatography system coupled to a Q Exactive Orbitrap—MS. Chromatographic separation was carried out on a Waters ACQUITYUPLC HSS T3 column maintained at 40°C. **Results:** In serum, CUMS significantly increased the level of 7 bile acids, such as CA, HDCA, LCA, TUDCA, THDCA, TCA and D2 ($P<0.05$, $P<0.01$), whereas it significantly reduced the level of UDCA and D3 ($P<0.05$). After LBR group treatment, regression of the level of LCA, THDCA, TCA, UDCA, and D3 were significantly ($P<0.05$); In hippocampus, CUMS significantly increased the level of 3 bile acids, β -MCA, DCA and CA ($P<0.05$; $P<0.01$), After LBR group treatment, regression of the level of β -MCA and DCA were significantly ($P<0.05$); In liver, CUMS significantly increased the level of 2 bile acids, β -MCA, TCA ($P<0.05$; $P<0.01$), whereas it significantly reduced the level of γ -MCA, UDCA, TUDCA and TDCA ($P<0.05$). After LBR group treatment, regression of the level of TCA, β -MCA, γ -MCA and UDCA were significantly ($P<0.05$); In ileum, CUMS significantly increased the level of eight bile acids, D3, β -MCA, T β -MCA, TCA, GHDC, LCA, TLCA and GLCA ($P<0.05$; $P<0.01$), whereas it significantly reduced the level of TCA and TLCA after LBR group treatment ($P<0.05$). To further investigate correlation

analysis on BA levels, heatmap was performed, cluster analysis between samples showed that CM group was separated from LBR and Ctrl groups with significant differences and different biological samples showed different trends. It shows the depression model key differences bile acids, the taurine and total bile acid level changes, where the overall trend was consistent across biosamples with high levels of β -MCA, TCA, and LCA (TLCA) and low levels of UDCA (TUDCA). The anti-depression efficacy exerted by the LBR may be related to the regulation of bile acid synthesis. Conclusion: Our results indicated that CUMS markedly promoted bile acid variation. LBR may improve depression by regulating bile acid synthesis and secretion.

A strategy to combine stable isotope—resolved metabolomics and network pharmacology approach revealed antidepressant targets of Xiaoyao San to improve hippocampal mitochondrial TCA cycle disorder

Xianxian Wang¹, Wenze Wu¹, Yunhao Zhao¹, Ting Ling—hu¹, Junsheng Tian¹, Xuemei Qin^{1*}

(1. Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine of Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Purpose: Stable isotope—resolved metabolomics and network pharmacology were used to explore the antidepressant targets of Xiaoyao San in improving TCA cycle disorder in hippocampal mitochondria of CUMS depressed rats. **Methods:** SD rats were randomly divided into 4 groups, including the control group (Control), the CUMS group (CUMS), the VLF treatment group (CUMS+Venlafaxine, 35 mg/kg) and the YYS treatment group (CUMS+Xiaoyao San, 21.2 g (herb) /kg/d). The CUMS procedure and drug treatment were administered for 28 days. Rats in the CUMS groups and drug treatment groups were exposed to various mild stressors randomly every day. Body Weight, sucrose preference test, and open field test were measured every week. After CUMS procedure had been administered for 28 days, rats in each group were given $^{13}\text{C}_6$ —glucose via tail vein infusion. After the introduction of $^{13}\text{C}_6$ —glucose, all rats were decapitated and the hippocampus was quickly removed for mitochondrial isolation. The obtained hippocampal mitochondrial samples were used for LC—MS analysis. **Results:** After 28 days of continuous modeling, the body weight, sucrose preference rate, crossing number, and rearing number were significantly reduced, indicating that the CUMS modeling was successful. Xiaoyao San can significantly improve the above indicators after

administration. The results of the isotopic distribution of ^{13}C — labeled metabolites in the hippocampal mitochondria showed that the fractional enrichment of citric acid, glutamate, succinic acid and fumaric acid in CUMS model group decreased significantly at $\text{M}+0$, while Xiaoyao San could significantly increase the fractional enrichment of the above metabolites at $\text{M}+0$. Network pharmacology results showed that ACLK, GLDH, GOT, PC, and PDH were the targets of Xiaoyao San to improve the blocked TCA cycle in hippocampal mitochondria of CUMS rats. Conclusion: Xiaoyao San can improve the TCA cycle disorder of hippocampal mitochondria in CUMS rats, and ACLK, GLDH, GOT, PC and PDH are targets of Xiaoyao San.

Transcriptomic mechanism analysis of the antidepressant effect of CF on CSDS mice

Yanli Wang, Shaohua Xu, Yapeng Song, Xuemei Qin, Wenxia Gong *

Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine of Shanxi University Wucheng Road 92, 030006

Purpose: Coniferyl ferulate (CF), an active component of the *Angelica sinensis* (Oliv.), has been demonstrated to possess certain antidepressant effect. The objective of this study is to elucidate the antidepressant mechanism of CF using transcriptomics combined with network pharmacology and molecular biology based on a mouse model of chronic social frustration stress (CSDS). **Methods:** In the pharmacodynamic study of antidepressants, the CSDS was used to establish a depression model and the antidepressant effect of CF was evaluated by behavioural test data. HE staining and Nissl staining were used to examine hippocampal damage in depressed mice. Differentially expressed genes in different groups of hippocampal tissues were analyzed by transcription sequencing, and functional enrichment analysis of differentially expressed genes was performed in GO database and KEGG database. The antidepressant mechanism of CF was validated through a combination of network pharmacology and molecular biology. **Results:** Behavioral results showed that CF could significantly prolong the residence time in the social area, increase the SI ratio, and significantly improve the depression—like and anxiety—like behaviors of the mice. The results of HE staining and Nissl staining showed that CF could significantly reverse the pathological damage to the hippocampal tissue. The transcriptomic results showed that 73 genes were up—regulated and 113 genes were down—regulated in CSDS group compared to Control group. CF can recall 39 genes with abnormal changes in CSDS group, which were mainly enriched in signalling

pathways such as AMPK, TNF and VEGF. Further mechanistic analysis in network pharmacology and molecular biology suggests that CF may exert antidepressant effects by regulating the VEGF signalling pathway. Conclusion: The underlying mechanism by which CF ameliorates depressive — like behaviour in CSDS mice may involve modulation of the VEGF signalling pathway.

Microbiome—metabolomics reveals the bidirectional associations between aging and depression

Xiaoling Wu, Fuxiao Wei, Huanle Liu, Meng Lv, Di Zhao, Xuemei Qin, Xiaojie Liu *

Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Shanxi University, Taiyuan 030006, Shanxi, China

Objections: Aging increases the susceptibility to depression, and depression leads to accelerated aging of the body. However, connotations of the correlation between aging and depression are not clear. Applying metabolome and microbiome techniques, the study aimed to explore underlying mechanisms of bidirectional associations between aging and depression. Methods: Aging rat model and depression rat model were carried out. Classical behaviors were measured to assess the effects of aging and depression in rats. On top of this, potential changes in the organism are revealed to elucidate the bi — directional associations between aging and depression based on the 16S rRNA sequencing and ¹H NMR, respectively. Results: Depression weakened the ability of autonomous activities, spatial memory, and gastrointestinal functions of rats, which also closely related to aging. Vice versa, aging also weakened autonomous activities of rats, which frequently appears in depression. Secondly, valine, propionate, etc. are potential fecal metabolites commonly shared by aging and depression. Lastly, both aging and depression decreased the ratio of Firmicutes to Bacteroidetes. Spearman's analysis found that a variety of metabolites of aging and depression displayed strong correlations with *Lactobacillus* and *Corynebacterium*, especially proline. Meanwhile, differential metabolites and gut microbiota were strongly associated with the number of rearings and gastrointestinal movement, suggesting that potential association between aging and depression occurs at multiple levels. Conclusion: Exploring bidirectional association of aging and depression from metabolome and microbiome will not only deepen understanding of aging and depression, but also provide novel ideas for clinically treating the co—existence and co—occurrence of aging with depression.

Huangqi Jianzhong Tang treats chronic atrophic gastritis rats by regulating intestinal flora and conjugated bile acid metabolism

Hui Zhang^{1,2} • Xingyue Huang^{1,2} • Yuetao Liu^{1,2} *

¹Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, the Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, No. 92, Wucheng Road, Taiyuan 030006, Shanxi, P. R. China.

²Key Laboratory of Effective Substances Research and Utilization in TCM of Shanxi Province, No. 92, Wucheng Road, Taiyuan 030006, Shanxi, P. R. China.

³Department of Pharmacy, Shanxi Traditional Chinese Medicine Hospital, Taiyuan 030012, P. R. China.

Purpose: The present study was carried out to reveal the mechanism of Huangqi Jianzhong Tang (HQJZ) against chronic atrophic gastritis (CAG) rats. **Methods:** The metabolism and microbial composition of CAG rat cecal contents were analyzed through the integration of an untargeted metabolomic approach using ultra-high performance liquid chromatography coupled with the quadrupole-time of flight mass spectrometry (UHPLC-QTOF-MS) and 16S rRNA gene sequencing. Finally, the relationship between differential metabolites and intestinal flora were performed the metorigin analysis. **Results.** HQJZ treatment could significantly regulate the metabolic disorders, especially for the six bile acid metabolites. 16S rRNA gene sequencing illustrated that HQJZ decreased the abundance of *Acetobacter*, *Desulfovibrio*, *Escherichia*, and *Shigella*. Metorigin metabolite traceability analysis showed that the six bile acids associated with HQJZ efficacy included 3 bacteria-host cometabolites, which was involved into Primary bile acid biosynthesis pathway. Research presented here confirmed that bile acid metabolism was key to the treatment of CAG by HQJZ and correlates strongly with *Bacteroides acidifaciens* and *Prevotella copri*. **Conclusion:** The current work indicated that HQJZ's therapeutic action were strongly linked to bile acids and related *Bacteroides acidifaciens* and *Prevotella copri* microorganisms. These findings provided new insights into the mechanisms that explain the efficacy of HQJZ and the clinical administration of the drug.

Integrating metabolomics, 16S rRNA sequencing, network pharmacology, and metorigin to explore the efficacy and mechanism of Cinnamomi Cortex in treating chronic atrophic gastritis rats

Hui Zhang 1, 2 • Wentian Lu 1, 2 • Yuetao Liu 1, 2 *

1 Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, the Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Shanxi University, No. 92, Wucheng Road, Taiyuan 030006, Shanxi, P. R. China.

2 Key Laboratory of Effective Substances Research and Utilization in TCM of Shanxi Province, No. 92, Wucheng Road, Taiyuan 030006, Shanxi, P. R. China.

3Institute of Cash Crops, Hebei Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Shijiazhuang, 050051, Hebei, P. R. China

Purpose: This study aimed to explore its mechanism against chronic atrophic gastritis (CAG) based on amalgamated strategies. **Methods:** The chemical composition of RG was determined by UHPLC—Q TOF MS. Network pharmacology method was used to screen the effective components of RG and core targets of CAG. The CAG animals model were used to evaluate pharmacodynamics as well as metabolomics studies. Metorigin metabolite traceability analysis and molecular docking were used for data mining. **Results:** Network pharmacology firstly predicted its efficacy was attributed to four effective components and seven targets. Metabolomics of caecal contents in CAG rats revealed 7 differential metabolites were involved into the metabolism of gut microbiota coupled with Metorigin traceability analysis. 16S rRNA sequencing showed that RG treated CAG by regulating the imbalance of gut microbiota. Molecular docking further confirmed that the effective components of RG could intervene with potential targets, metorigin analysis pathway, and key enzymes of gut microbiota metabolic pathways. **Conclusion:** Our experiments proved that RG has a good effect on CAG. The four active ingredients (quercetin, kaempferol, oleic acid, and (—) —epicatechin) of RG were the key to exert drug effect, which could targeted the core target of CAG, primary bile acid biosynthesis and intestinal flora metabolic pathways.

Ziziphi Spinosae Semen flavonoids ameliorate chronic restraint stress—induced anxiety—like behaviors in mice by regulating thegut microbiome and metabolome

Ni Zhao¹, Jiadong Chang¹, Chenhui Du², Yan Yan¹ *

1. Shanxi University, Modern Research Center for Traditional Chinese Medicine, Taiyuan 030006, China.

2. Shanxi University of Chinese Medicine, School of Traditional Chinese Materia Medica, Taiyuan 030619, China.

Purpose: Ziziphi Spinosae Semen (ZSS) has been used as a sedative in China for over a millennium. Modern pharmacological study has shown that ZSS is effective for treating anxiety and hyperlipidemia. The purpose of the study was to explore the effects of ZSS flavonoids (ZSSF), the main active components against anxiety, as well as the potential mechanisms. **Methods:** Firstly, the chronic restraint stress (CRS) —induced mouse model of anxiety was orally administered ZSSFL (50 mg • kg⁻¹ • day⁻¹) and ZSSFH (100 mg • kg⁻¹ • day⁻¹), and behavioral indicators and biochemical parameters were applied to assess efficacy. Gut microbial features were explored using 16S rRNA sequencing. Furthermore, untargeted serum metabolomics based on UHPLC—Q—TOF—MS was used to explore potentially the mechanism against anxiety. **Results:** ZSSF exerted anxiolytic effects by increasing the percentage of entries into open arms and the time spent in open arms using Elevated plus maze (EPM). Besides, ZSSF exerted a sedative effect by decreasing sleep time and prolonging sleep latency. Moreover, ZSSF improved hippocampal 5 — HT, GABA, and NE levels; and increased serum corticosterone (CORT) and corticotropin — releasing hormone (CRH) levels caused by the CRS challenge, reflected in the synergistic effects on the hypothalamic—pituitary—adrenal (HPA) axis and brain —derived neurotrophic factor (BDNF) in the hippocampus. 16S rRNA gene sequencing analysis showed that ZSSF could regulate CRS — induced gut microbiota disorder, especially ZSSF reduced the abundance of harmful bacteria (*Bacteroidetes*) and induced a bloom of probiotics, especially *Lactobacillus*. In terms of metabolomics, a total of 39 serum metabolites were finally selected as the potential biomarkers related to anxiety. ZSSFL and ZSSFH significantly reversed the levels of 35 and 36 metabolites, respectively. Metabolite analysis in serum showed significant effects of ZSSF treatment on the metabolism of phenylalanine, tyrosine and tryptophan biosynthesis, arachidonic acid, and tyrosine metabolism. **Conclusion:** ZSSF relieved anxiety by regulating gut microbiota, and regulating metabolic disorders in CRS mouse. These findings provided new insight into the health effect of dietary ZSSF as a functional food for the regulation of anxiety.

北京新航兴业科贸有限公司

YP100 型压力换能器（免定标），经过多年的研究、改进，为了更好地适应生理、药理、机能实验教学的需要，对换能器做出了三大突破性的改进。

一、免定标：换能器在生产过程中做到了输出一致性，每支换能器的灵敏度都小于 1% 的误差，在教学过程中可直接把换能器的输出 mv 输入到采集系统中，不需定标，另外每支换能器之间可以互换。

二、过载大：换能器的测量范围-50~300mmHg，精度小于 0.5%，为了保证使用安全，换能器在设计中加了防过载装置，使换能器的过载可达 2000mmHg 以上，这样就防止了学生加液体时操作失误造成的换能器损坏。

三、免清洗：换能器在实验使用中有回血现象，使用完后必须对换能器进行清洗，如果清洗不当，会造成换能器的损坏，为了避免这种情况的发生，我们设计了隔离罩，让换能器与液体隔开，使用后只清洗换能器的罩子，无需清洗换能器。改进后的换能器，它的使用寿命大大增加，该换能器适用于成仪、泰盟、美易，澳大利亚，BIOPAC 的采集系统。

YP200 型压力换能器，（免定标）

JZ100 型张力换能器（离体血管环用）、液体表面张力测量等。

量程：0-1g、0-2g、0-3g、0-5g、0-10g，输出：20~30mv/6v/g 分辨率：1 毫克。

JZ100 型张力换能器（免定标）是公司最近研制的它可以调零、调增益，它可以与成仪、泰盟的采集系统配套，（成仪 30g/100mv、泰盟 50g/50mv），为了使用安全，换能器的应变梁上下加了保护装置。

XH200 型大鼠无创血压测量仪

该仪器自动加压，可同时测量 1-6 只大鼠的尾压，可与成仪、泰盟、美易的采集系统配套使用。

XH1000 型等长张力换能器 测量范围：0-10g 0-30g 0-50g 0-100g 0-300g 0-500g

XH200 型等长收缩换能器 测量范围：0-3g 0-5g 0-10g 0-20g 0-30g 0-50g

DZ100 型等张力换能器（长度变化） 测量范围：±20 mm

XH1000 型痛觉换能器（用于足底刺痛） 测量范围：0-30g 0-50g 0-100g 0-200g 0-300g 0-500g 0-1000g

HX100 型呼吸换能器（人体胸带式）

HX101 型呼吸换能器（动物捆绑式）

HX200 型呼吸流量换能器（插管式）

HX300 型呼吸换能器（单咀式 连接 Y 字插管式或动物鼻孔）

HX400 型呼吸功能换能器（人体呼吸波、肺活量等测量用）

HX500 型插管式呼吸波换能器（用于兔子、大鼠、小鼠插气管或插鼻孔）

XH100 型小鼠呼吸实验盒（用于咳嗽药物实验）

WS100 型胃肠运动换能器（用于测量胃肠蠕动）

YL200 型拉力换能器（用于测量动物某个部位的折断力 最大拉力为 2000g）

CW100 型温度换能器（用于测量动物的肛温 探头为 Ø2×10mm）

大鼠尾压阻断套，12 毫米，16 毫米。

CW300 型肛温换能器（用于测量动物的肛温，探头为 Ø3×50mm）

CW400 型片式体温换能器（用于测量动物表面体温）

XJ100 型心音换能器（用于人和动物的心音测量）

XJ200 型两用听诊器（用于教学实验 听声音与记录同步）

MP100 型脉搏换能器（用于测量人的指脉）

MP200 型鼠尾脉搏换能器（用于测量大鼠或小鼠的尾脉）

MP300 型腕部脉搏换能器（用于测量人的手腕部位的脉搏）

人体血压测量教学套件（用于无创血压测量 由血压表、压力换能器、电子听诊器组成）

其它附件：一维不锈钢微调器、二维微调器、三维微调器、神经屏蔽盒、进口三通、铂金电极、记滴换能器、电极万向夹

以上产品都能与成都仪器厂、南京美易、成都泰盟、澳大利亚 BLOPAC 等国内外采集系统配套使用。

公司名称：北京新航兴业科贸有限公司

地址：北京市朝阳区北路 199 号摩码大厦 1018 室

电话：(010) 85985769 (010) 85987769（传真）

邮编：100026

网址：www.xinhangxingye.com

邮箱：http://mail.yan85985769@sina.com 13701369580@163.com



成都仪器厂
Chengdu Instrument Factory

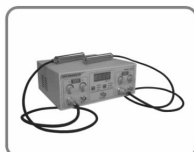
中国仪器仪表行业协会理事
中国仪表行业分析仪器理事

成都仪器厂于1997年由国有企业改制为股份合作制企业，担任中国仪器仪表行业协会常务理事、分析仪器分会理事；中国仪器仪表学会理事、管理科学分会理事；四川省自动化与仪器仪表学会理事等；已通过 ISO9001质量管理体系认证；自1990年起连续被评为四川省级“守合同、重信用”企业。成都仪器厂现有员工130余人（含工程技术人员50余人）从事仪器仪表的硬件制造及控制软件开发/销售/技术服务，用于仪器制造的房屋面积5100余平方米。

制造/销售：多道生理信号采集处理系统及生命科学实验仪器；示波极谱仪；旋转粘度计；微量水分仪，露点仪；氦质谱（真空）检漏仪，真空计；恒温水浴；记录仪；气相色谱仪等系列仪器。



RM-6240系列、RM-6280C
多道生理信号采集处理系统



SWF-1D
高阻微电极放大器



WD-2型
微电极控制仪



DHX-50/300系列
静音型动物呼吸机



JTC-1型
惊厥及痛觉实验交流刺激器



YC-2型
程控电刺激器



SQG-4
四腔器官浴槽系统



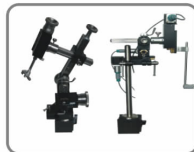
HSS-1B型
离体肠管及镇痛实验恒温装置



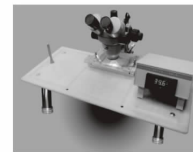
LGF-2B型 心脏全功能灌流装置
LGF-1B型 心脏Langendorff灌流装置



大鼠尾动脉
血压测定装置



STW-3型 三维推进器
STW-4型 微操作器



C2008型
微循环及细胞通用分析系统



MGS-1型大(小)鼠自发
活动(旷场)图像分析系统



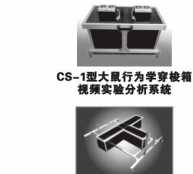
MTS-1型大(小)鼠
跳台视频分析系统



MS-1型
水迷宫视频跟踪系统



MSZ-1型
高架十字迷宫图像分析系统



CS-1型大鼠行为学穿梭箱
视频实验分析系统

成仪厂址：成都市青羊工业园敬业路218号K27栋（腾飞大道218号）
销售电话：(028) 86956036 86935160
成仪网址：http://www.scchengyi.com

邮 编：610091
传 真：028-86935160 86933356
Email: scchengyi@scchengyi.com
技术咨询：028-86931653



请注意及时浏览《中国药理学会》主页

《中国药理学会》主页 www.cnphars.org.cn 是中国药理学会的网站，它及时反映学会的活动和信息，内容涉及广泛，除了介绍学会组织机构外，尚有新闻发布、出版刊物（包括中国药理学会主办的公开发行刊物的链接）、学术活动、会员园地、药学人物、药理学大会等栏目，并有其它友情链接十余个。特别是新闻发布栏目，它及时反映学会的最新消息和重要通知等，希望各位会员给予密切关注。

该网站与《中国药理通讯》互补成为中国药理学会与全体会员交流和联系的重要渠道。希望广大会员能充分利用该主页，并为之提供信息和建议。

中国药理学会
《中国药理通讯》编辑部

中国药理通讯

准印证号码：京内资准字 0814—L 0141 号

第四十卷 第三期

《中国药理通讯》编辑部

(北京·学院路·北京大学医学部·药理学系)

中国药理学会

北京市庆全新光印刷有限公司

编辑

出版

印刷

本期出版日期 2023 年 9 月 15 日