中医药研究进展
Advances in Traditional Chinese Medicine
2026 年第 02 卷第 03 期
Vol. 02, No. 03, 2026

SCIENCE FOOTPRINT PRESS

综　述　　http://www.scifootprint.com/ATCM/index.html

中医“肺与大肠相表里”理论与肺肠轴机制的相关性研究进展

王铮然[1]，杨　熠[2]，宫乐玲[1,*]，范　春[1,*]，王　帅[1,*]

（1. 广州中医药大学，中医证候全国重点实验室，岭南中药资源教育部重点实验室，中医药广东省实验室，广州 510006；2. 暨南大学第二临床医学院（深圳市人民医院）胃肠外科，深圳 518020，暨南大学基础医学博士后流动站，广州 510630）

摘要：中医“肺与大肠相表里”理论源于脏腑学说，强调肺与大肠在生理功能、病理变化及疾病传变过程中的密切相关性，体现了整体观与脏腑相关理论的核心内涵。现代医学提出的“肺肠轴”概念，从微生物组调控、免疫系统协同以及神经—内分泌—代谢网络等层面，为该传统理论提供了新的科学解释。肺部疾病与肠道菌群失衡密切相关，呼吸系统感染可伴随肠道微生态紊乱，而炎症性肠病等消化系统疾病亦常并发肺部炎症或功能异常，提示肺肠之间存在双向调控关系。基于此，调节肠道微生态及相关免疫通路已成为跨系统疾病防治的重要研究方向。本文从现代医学视角系统梳理肺肠轴的主要作用机制，结合相关疾病的研究进展，探讨其在阐释和验证中医“肺与大肠相表里”理论中的意义，以期为中西医结合防治肺肠相关疾病提供理论依据与研究思路。

关键词：肺与大肠相表里；肺肠轴；肠道菌群；肺部疾病；肺肠交互机制

DOI：10.48014/atcm.20251223002

引用格式：王铮然，杨熠，宫乐玲，等. 中医“肺与大肠相表里”理论与肺肠轴机制的相关性研究进展[J]. 中医药研究进展，2026，2(3)：49-55.

1　引言

中医“肺与大肠相表里”理论的核心在于阐明肺与大肠在生理功能与病理变化上的相互滋生、相互影响关系。生理层面，肺主宣发肃降，其肃降功能有助于大肠传导糟粕、通调津液；大肠以通降为顺，其传导功能正常亦有助于肺气宣发肃降，使气机升降协调。病理状态下，肺失清肃，肺热内盛，可致津液下输失常而出现肠燥便秘；反之，大肠积热、传导失司，亦可循经上扰于肺，表现为咳嗽、气喘等肺系病证，体现了二者在疾病发生与传变中的密切联系。基于上述理论内涵，现代医学研究为其提供了可观察、可验证的生物学依据，并逐步揭示其潜在作用机制。

现代医学研究发现，肺与肠道之间并非孤立运行，而是可通过微生物组、神经系统、免疫系统及内分泌调节等多层面形成复杂的双向通信网络，由此提出了“肺肠轴”[1]。研究表明，肠道菌群及其代谢产物可通过调节机体免疫反应影响肺部炎症与防御功能；肺部感染或炎症状态亦可反向改变肠道菌群结构与功能，二者在黏膜免疫系统层面具有高度相关性。此外，肠道来源的免疫细胞可迁移至肺组织，参与局部炎症反应的调控；多种细胞因子及迷走神经通路在肺肠之间的神经—内分泌—免疫信号传递中发挥重要介导作用。

上述肺肠相关机制为疾病的防治提供了新的

* 通讯作者　Corresponding author：王帅，wangs91@163.com，范春，fanchun@gzucm.edu.cn，宫乐玲，fengjuhe@163.com

收稿日期：2025-12-23；　录用日期：2026-05-29；　发表日期：2026-09-28

基金项目：国家自然科学基金面上项目（项目编号：82574723，82373940）、广东省教育厅重点领域项目（项目编号：2025ZDZX2008）。

研究视角。在此背景下，基于调节肠道微生态及相关免疫通路的干预策略，逐渐成为跨系统疾病防治的重要研究方向。本文文献检索的核心信息结合PubMed、万方、知网，以肺肠轴为关键词检索近发表的相关研究，从微生物组、免疫调控及神经—内分泌网络三个层面系统梳理肺肠轴的核心机制，旨在阐明中医“肺与大肠相表里”理论的现代生物学基础，展现传统中医理论与现代医学研究的深度融合。

2 肺与大肠相表里理论

肺为阴脏、居上焦，主气，司呼吸，主肃降；大肠为阳腑、居下焦，主传导糟粕。如图1.（自制）两者一上一下、一里一表、一藏一泄、一阴一阳。肺之肃降助大肠传导，大肠通泄益于肺之宣降，体现对立统一的关系。生理上关联“在体合皮、其华在毛、开窍于鼻、在志为悲、在液为涕”，呈现了肺与大肠在结构与功能上的表里相应关系。

中医认为人体存在运行气血、沟通内外的经络系统，其内连脏腑，外络肢节，是脏腑功能相联系的重要通道。《灵枢·经脉篇》云：“肺手太阴之脉，起于中焦，下络大肠……”“大肠手阳明之脉，……络肺，下膈，属大肠”[2]。二者通过经脉相互络属，加强二者之间的沟通与联系，形成“相表里”的特殊关联。

这一理论经历了从雏形确立到丰富完善的演变过程。其雏形始见于《黄帝内经》，《灵枢·经脉篇》明确了二者的经络络属关系，《素问·可论》提出“肺咳不已，则大肠受之”，首次揭示肺病传肠的病理规律；《难经·三十一难》进一步将肺与大肠正式纳入表里配对体系，奠定了理论核心框架。

肺与大肠在病理上相互影响，肺热壅盛，则大肠易燥结肺阴不足，易肠枯便秘肺气不足，大肠虚秘肺气不宣，大肠气秘肺失通调，大肠泄泻大肠通利不畅，则肺气不利而喘咳满闷。又因经络通路的直接连接，肺病及大肠，肠病及肺。因此，基于“肺与大肠相表里”理论形成了“上病下取”、“下病上取”[3]的特色治法。其一，“上病下取”适用于肺系病证伴肠腑不通者，如肺热咳喘伴肠燥便秘时，采用“宣肺通腑法”，通过利大肠以助肺气肃降，缓解咳喘。其二，“下病上取”适用于肠腑病证伴肺功能失调者，如肺气不足所致的慢性便秘，若因肺气不足、肃降无力引发，可采用助宣降、补肺气的方法，通过恢复肺的肃降功能推动大肠传导。其三，“肺肠同治”适用于肺肠同病的复杂病证，如肺热咳喘伴肠燥便秘时，采用通腑泻热与宣肺止咳结合的方式，这类治法体现了脏腑表里相关的整体调节思想。

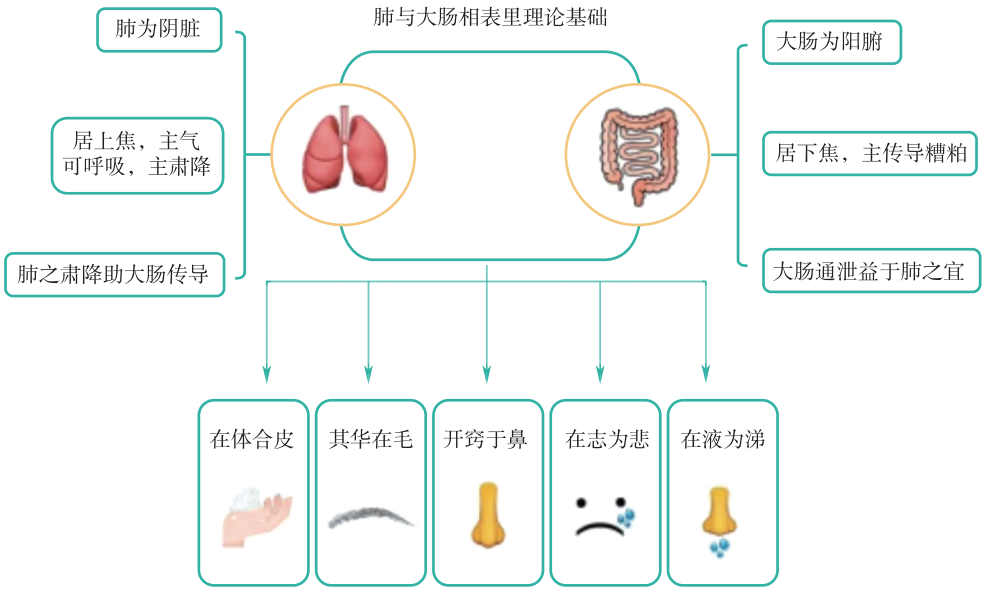

图1 肺与大肠相表里理论基础

Fig. 1 Theoretical basis of “lung and large intestine as exterior-interior correspondences”

3 现代医学解读

中医“肺与大肠相表里”理论从整体观出发,揭示了肺与大肠在生理功能上的系统性联系。随着现代医学的发展,尤其是微生物组学研究的不断深入,越来越多研究发现,哮喘、慢性阻塞性肺疾病等慢性肺系疾病患者,常合并炎症性肠病、肠易激综合征等胃肠道功能或炎症性疾病,提示肺与肠道在疾病发生发展过程中存在密切的相关性。在此研究背景下,现代医学提出了“肺肠轴”,用以描述肺与肠道之间通过多层级调控网络实现的双向相互作用[4],肠道和肺部通过免疫微环境和微生物之间相互影响、双向调节的途径,主要强调肠道与肺在生理、病理层面的交互串扰[5,6]。结合目前研究,“肺肠轴”主要有以下核心机制。

3.1 核心机制一:微生物组桥梁(The Microbiome Bridge)

肺部是微生物丰度较低但功能关键的生态位[7],其稳态失衡可通过系统性途径远程扰动肠道微环境。具体而言,当肺部发生炎症或感染时,活化的免疫细胞释放大量炎症因子进入循环系统,这些系统性信号可直接作用于肠道,改变肠道菌群结构与功能,抑制有益菌并促进潜在致病菌增殖,导致菌群失调及代谢产物异常[8]。

反之,肠道失调同样可通过微生物代谢物的减少或菌群衍生信号的易位,影响远端肺部免疫应答,从而加剧哮喘、慢性阻塞性肺疾病(COPD)等呼吸道疾病[9]。微生物组桥梁是启动肺肠轴系统的初始环节之一。这种双向互动的破坏不仅是多种疾病的诱因,更揭示了跨系统调控的深层生物学基础。

3.2 核心机制二:免疫系统联动(The Immune Crosstalk)

作为对微生物组信号的首要响应与放大器,共同黏膜免疫系统是肠道黏膜免疫与呼吸道黏膜免疫的核心纽带,为“肺与大肠相表里”提供了关键免疫机制支撑。

其核心联动机制体现在三方面:首先是免疫细胞跨器官迁移,研究发现肠道中的 ILC2 可通过肠系膜淋巴系统进入血液循环,从肠道迁移至肺部,参与肺部的免疫炎症反应[10-11]。免疫信息的双向传递,实现了肠道与肺部免疫状态的相互调节。其次是免疫反应的调节,肠道微生物群通过将细菌直接播种到呼吸道和细菌代谢物(例如短链脂肪酸)的分布来影响肺部免疫反应,这些代谢物促进某些产生 SCFA 的细菌(例如拟杆菌门)的生长或直接充当免疫调节分子。[12]最后是炎症因子的全身性扩散,肠道或肺部的局部炎症可引发 IL-6[13]、TNF-α、IL-1β 等炎症因子“风暴”,进而通过血液运输诱发或加重远端炎症反应,形成免疫联动的级联效应。

3.3 核心机制三:神经-内分泌-代谢网络(The Neuro-Endocrine-Metabolic Network)

在微生物-免疫交互的基础上,神经与内分泌系统构成了更高层级的系统性调控网络,整合并协调肺与肠的功能与病理联系。迷走神经是副交感神经系统的主要组成部分,也是人体走行最长、分布最广的神经之一,广泛支配肺、心脏及胃肠道等重要脏器。副交感神经系统主要通过迷走神经通路在炎症反应的调控中发挥重要作用,其通过特定的神经递质、受体及相关抗炎信号通路,参与调节呼吸系统与胃肠道疾病之间错综复杂的相互联系。研究表明,迷走神经纤维介导的胆碱能抗炎通路可有效抑制外周炎症反应,降低肠道通透性,从而维持肠道黏膜屏障的稳定状态[14]。此外,迷走神经末梢释放的乙酰胆碱可直接激活肺泡巨噬细胞表面的 α7 烟碱型乙酰胆碱受体(α7nAChR),发挥显著的抗炎作用[15]。细胞因子激活下丘脑-垂体-肾上腺轴,通过应激调控形成协同效应,释放糖皮质激素,进一步影响肠道与肺部的炎症反应与免疫应答,成为连接两器官应激反应的桥梁[16,17]。

4 研究进展与发现

近年来,“肺与大肠相表里”理论与“肺肠轴”机制的相关性,相关研究在多方面取得显著进展。

新冠肺炎(COVID-19)与肠道菌群关联。大量研究表明 COVID-19 患者出现显著的肠道菌群失调类并发症,且菌群紊乱程度与疾病严重程度、肺部炎症、后遗症风险相关[18]。

从肠道菌群结构改变来看，香港中文大学黄秀娟团队研究发现，COVID-19 患者肠道菌群多样性显著下降，产生短链脂肪酸的有益菌丰度降低，条件致病菌丰度却有所升高[19]。这种失衡状态，可能源于病毒感染对肠道微生态环境的破坏，新冠病毒主要通过 ACE2 受体入侵人体细胞，而肠道中广泛存在 ACE2 受体[20]，病毒感染后引发肠道炎症反应，导致黏膜水肿，大量免疫相关物质释放，打破了原本菌群间的平衡，使得有益菌生长受抑制，机会性致病菌大量繁殖。从中医理论角度来看，肠道菌群的失衡与人体“正气不足，邪气亢盛”的病机密切相关。新冠病毒作为一种外感戾气，侵袭人体后易损伤脾胃之气，导致湿热蕴结或气机阻滞。因此，在治疗上除抗病毒之外，亦可结合中医健脾化湿、调和气血之法，以恢复中焦运化、扶正祛邪。

肠道菌群失衡还与新冠肺炎后遗症风险紧密相连。香港中文大学医学院一项针对“长新冠”的研究指出，“长新冠”患者存在明显的肠道微生态失衡，“好菌”少而“恶菌”多。研究团队发现多达 81 种肠道细菌与不同新冠后遗症有关，并且患者入院时的肠道微生态失衡状况是导致日后出现“长新冠”的主要因素之一[21]。

生命早期肠道菌群组成与哮喘、过敏风险存在关联。研究发现，肠道菌群作为人体最为庞大和复杂的微生物群落，不仅仅局限于调节胃肠道局部的免疫反应，更能通过“肺肠轴”这一关键联系，调节肺部等远端器官的免疫水平[22]。这提示我们在防治哮喘和过敏等疾病时，可从调节肠道菌群入手，改善肠道微生态环境，进而对肺部免疫功能产生积极影响。中医在防治哮喘、过敏时，常通过调理脾胃、通畅腑气来达到宣肺化痰、扶正固表的效果，这与通过改善肠道微生态来调节肺部免疫的现代研究思路不谋而合。

COPD 患者的肠道菌群具有特征性改变，并且与疾病急性加重、全身炎症存在关系。肠道菌群的失衡可能通过影响免疫调节、代谢产物生成等途径，参与 COPD 的病程进展。例如，肠道内短链脂肪酸产生菌的减少，可能削弱其对肺部炎症的抑制作用，导致肺部炎症加重，疾病急性发作风险增加。提示了肠道微生物可能通过“肺肠轴”参与 COPD 的病程进展[23]。

炎症性肠病（IBD）的肺部并发症关联。患者的肺部并发症发病率显著增高，像支气管扩张、间质性肺病等，肺部炎症活动度和肠道疾病活动度可能存在潜在关联，IBD 的核心病理特征是肠道黏膜免疫系统异常激活，产生大量炎症因子，形成“系统性炎症状态”[24]，而肺部丰富的免疫细胞对循环中的炎症因子高度敏感，易被激活并引发肺部局部炎症反应，引发肺泡炎、细支气管炎等病理改变，长期可发展为间质性肺病或支气管扩张。

从中医理论角度来看，IBD 患者在治疗上不仅需清肠化湿、通腑泄浊以治其本，亦当兼顾宣肺化痰、理气活血以治其标，从而体现中医整体辨治的优势。临床数据进一步验证了这种关联：活动性 IBD 患者中，肺部炎症指标与肠道疾病活动度呈正相关[25]。

从上述肺肠轴相关疾病的研究可以看出，肺与肠借黏膜免疫、菌群作用、神经内分泌及代谢通路构成肺肠轴核心通路。这些疾病的肺肠轴紊乱存在共性：黏膜屏障破坏触发了器官炎症；肠道菌群失衡常导致代谢产物紊乱，影响肺肠免疫微环境；免疫细胞与细胞因子跨器官侵扰加速恶化进程。同时这些疾病由于原发部位、病理环节及免疫特征不同也存在显著的特异性差异。

基于“肺肠轴”这一理念，粪菌移植作为调节肠道菌群的前沿疗法，正展现出巨大的治疗潜力。研究发现，肺炎患者在大量使用抗生素后，极易引发肠道菌群失调，进而出现抗生素相关性腹泻[26]。肠道菌群失衡不仅会导致腹泻等肠道症状，还会通过肺肠轴加重肺部炎症。粪菌移植通过移植健康供体的粪便菌群来重建患者的肠道菌群平衡。移植后，肠道有益菌得以重新定植，其代谢产生的短链脂肪酸等物质能够修复受损的肠道黏膜屏障，减少细菌及内毒素移位，降低全身炎症反应。促进了肺炎的恢复，也有效缓解了抗生素相关性腹泻症状。

此外，有研究者提出了粪菌移植用于治疗 COVID-19 及其后遗症的假设和理论依据，并总结了早期的观察性证据，肯定了粪菌移植治疗肺部相关疾病的潜力[27]。

5 临床意义与未来展望

中医“肺与大肠相表里”的理论启发了疾病诊

断的新思路,从现代医学角度来看,可利用肠道菌群特征或代谢物来预测肺部疾病风险,同时可比较菌群失调的严重程度,作为预后判断的生物标志。提出了治疗策略新靶点:引用微生态疗法,开发针对肺肠轴的精准益生菌、益生元、后生元制剂或粪菌移植方案。深化神经调控治疗,探索迷走神经刺激等神经调控手段对肺肠轴疾病的治疗潜力。加强饮食管理,推荐有益于肺肠轴健康的膳食模式。中医“肺病治肠”“肠病治肺”的思路在现代医学框架下获得新解。

“肺与大肠相表里”的研究面临诸多挑战。肺肠轴机制研究存在复杂性,多种因素相互作用且呈现动态变化,在不同生理病理状态下的关联较复杂,为深入解析增添了阻碍。虽然已有清晰的人体肠道菌群库,但动物模型虽为研究提供基础,向人体转化仍存在局限性,动物与人在生理、免疫、菌群等方面都有一定差异,结果难以完全类推至人体。且人体间存在差异较大,菌群组成、遗传背景、生活环境等各不相同的差异也导致肺肠轴相关机制和干预效果因人而异。此外,微生态干预其安全性和长期效应缺乏高质量随机对照试验验证。未来仍需更深入解析肺部微生物组与肠道微生物组的相互作用,探索肺肠轴在肿瘤、神经退行性疾病等其他系统疾病中的作用,以拓展理论应用范围。

利益冲突:作者声明没有利益冲突。

参考文献(References)

[1] 杨阳,张桂信,杨琦,等.从肺肠轴相关微环境角度诠释中医“肺与大肠相表里”的新内涵[J].中国中西医结合外科杂志,2025,31(2):295-299.
https://doi.org/10.3969/j.issn.1007-6948.2025.02.027.

[2] 佚名.黄帝内经·灵枢[M].经脉.田代华,整理.北京:人民卫生出版社,2005:37-42.

[3] 佚名.黄帝内经·素问[M].北京:人民卫生出版社,2005:120-121.

[4] Druszczynska M, Sadowska B, Kulesza J, et al. The Intriguing Connection Between the Gut and Lung Microbiomes[J]. Pathogens, 2024, 13(11): 1005.
https://doi.org/10.3390/pathogens13111005.

[5] Burrows K, Ngai L, Chiaranunt P, et al. A gut commensal protozoan determines respiratory disease outcomes by shaping pulmonary immunity[J]. Cell, 2025, 188(2): 316-330.e12.
https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.11.020.

[6] Wang LL, Shen X, Xie Y, et al. A gut Eggerthella lenta-derived metabolite impairs neutrophil function to aggravate bacterial lung infection[J]. Sci Transl Med, 2025, 17(787): eadq4409.
https://doi.org/10.1126/scitranslmed.adq4409..

[7] Dickson RP, Erb-Downward JR, Martinez FJ, et al. The Microbiome and the Respiratory Tract[J]. Annu Rev Physiol, 2016, 78: 481-504.
https://doi.org/10.1146/annurev-physiol-021115-105238.

[8] Sencio V, Machado MG, Trottein F. The lung-gut axis during viral respiratory infections: the impact of gut dysbiosis on secondary disease outcomes[J]. Mucosal Immunol, 2021, 14(2): 296-304.
https://doi.org/10.1038/s41385-020-00361-8.

[9] Marsland BJ, Trompette A, Gollwitzer ES. The Gut-Lung Axis in Respiratory Disease[J]. Ann Am Thorac Soc, 2015, 12(Suppl 2): S150-6.
https://doi.org/10.1513/AnnalsATS.201503-133AW.

[10] Bao K, Gu X, Song Y, et al. TCF-1 and TOX regulate the memory formation of intestinal group 2 innate lymphoid cells in asthma[J]. Nat Commun, 2024, 15(1): 7850.
https://doi.org/10.1038/s41467-024-52252-2.

[11] Huang Y, Mao K, Chen X, et al. S1P-dependent interorgan trafficking of group 2 innate lymphoid cells supports host defense[J]. Science, 2018, 359(6371): 114-119.
https://doi.org/10.1126/science.aam5809.

[12] Dang AT, Marsland BJ. Microbes, metabolites, and the gut-lung axis[J]. Mucosal Immunol, 2019, 12(4): 843-850.
https://doi.org/10.1038/s41385-019-0160-6.

[13] Guo Y, Wang B, Wang T, et al. Biological characteristics of IL-6 and related intestinal diseases[J]. Int J Biol Sci, 2021, 17(1): 204-219.
https://doi.org/10.7150/ijbs.51362.

[14] Bonaz B, Bazin T, Pellissier S. The Vagus Nerve at the Interface of the Microbiota-Gut-Brain Axis[J]. Front Neurosci, 2018, 12: 49.
https://doi.org/10.3389/fnins.2018.00049.

[15] Mehranfard D, Speth RC. Cholinergic anti-inflammatory pathway and COVID-19[J]. Bioimpacts, 2022, 12(2):

171-174.
https://doi.org/10.34172/bi.2022.23980.

[16] Turnbull AV, Rivier C. Regulation of the HPA axis by cytokines[J]. Brain Behav Immun, 1995, 9(4): 253-75.
https://doi.org/10.1006/brbi.1995.1026.

[17] Duan H, Wang L, Huangfu M, et al. The impact of microbiota-derived short-chain fatty acids on macrophage activities in disease: Mechanisms and therapeutic potentials[J]. Biomed Pharmacother, 2023, 165: 115276.
https://doi.org/10.1016/j.biopha.2023.115276.

[18] 唐凌，李少滨，袁敏，等."肺与大肠相表里"理论在重型新型冠状病毒肺炎治疗中的应用探讨[J]. 上海中医药杂志，2020，54(4)：23-26.
https://doi.org/10.16305/j.1007-1334.2020.04.003.

[19] Zhang F, Wan Y, Zuo T, et al. Prolonged Impairment of Short-Chain Fatty Acid and L-Isoleucine Biosynthesis in Gut Microbiome in Patients With COVID-19[J]. Gastroenterology, 2022, 162(2): 548-561. e4.
https://doi.org/10.1053/j.gastro.2021.10.013.

[20] Zuo T, Zhang F, Lui GCY, et al. Alterations in Gut Microbiota of Patients With COVID-19 During Time of Hospitalization[J]. Gastroenterology, 2020, 159(3): 944-955. e8.
https://doi.org/10.1053/j.gastro.2020.05.048.

[21] Liu Q, Mak JWY, Su Q, et al. Gut microbiota dynamics in a prospective cohort of patients with post-acute COVID-19 syndrome[J]. Gut, 2022, 71(3): 544-552.
https://doi.org/10.1136/gutjnl-2021-325989.

[22] 庞欣，梁文华. 基于肺肠轴探讨中西医干预哮喘的研究进展[J]. 中医药临床杂志，2024，36(4)：789-794.
https://doi.org/10.16448/j.cjtcm.2024.0442.

[23] 罗明生，万东. 肠肺轴在慢性阻塞性肺疾病急性加重期中的免疫调控机制[J]. 现代医药卫生，2025，41(6)：1475-1479.
https://doi.org/10.3969/j.issn.1009-5519.2025.06.038.

[24] Kraft SC, Earle RH, Roesler M, et al. Unexplained bronchopulmonary disease with inflammatory bowel disease[J]. Arch Intern Med, 1976, 136(4): 454-9.

[25] Herrlinger KR, Noftz MK, Dalhoff K, et al. Alterations in pulmonary function in inflammatory bowel disease are frequent and persist during remission[J]. Am J Gastroenterol, 2002, 97(2): 377-81.
https://doi.org/10.1111/j.1572-0241.2002.05473.x.

[26] 汤忠泉，李云涛. 基于肺与大肠相表里理论采用粪菌移植治疗肺炎继发抗生素相关性腹泻[J]. 中国中西医结合消化杂志，2020，28(4)：268-271.
https://doi.org/10.3969/j.issn.1671-038X.2020.04.06.

[27] Nejadghaderi SA, Nazemalhosseini-Mojarad E, Asadzadeh Aghdaei H. Fecal microbiota transplantation for COVID-19; a potential emerging treatment strategy [J]. Med Hypotheses, 2021, 147: 110476.
https://doi.org/10.1016/j.mehy.2020.110476.

Research Progress on the Correlation between the Traditional Chinese Medicine Theory of “Lung and Large Intestine as Exterior-Interior Correspondences” and the Lung-Intestine Axis Mechanism

WANG Zhengran[1], YANG Yi[2], GONG Yueling[1,*], FAN Chun[1,*], WANG Shuai[1,*]

(1. Guangzhou University of Chinese Medicine, State Key Laboratory of Traditional Chinese Medicine Syndrome, Key Laboratory of Chinese Medicine Resource from Lingnan of the Ministry of Education, Guangdong Laboratory of Traditional Chinese Medicine, Guangzhou 510006, China; 2. Department of Gastrointestinal Surgery, Shenzhen People's Hospital (Second Clinical Medical College of Jinan University), Shenzhen 518020, China; Postdoctoral Research Station in Basic Medicine, Jinan University, Guangzhou 510630, China)

Abstract: The Traditional Chinese Medicine (TCM) theory of “lung and large intestine as exterior-interior correspondences” originates from the zang-fu theory, emphasizing the close correlation between the lung and large intestine in physiological functions, pathological changes, and disease progression. This reflects the core principles of holistic view and the zang-fu correlation theory. The modern medical concept of the “lung-intestine axis” provides new scientific explanations for this traditional theory from perspectives such as microbiome regulation, immune system synergy, and neuro-endocrine-metabolic networks. Pulmonary diseases are closely associated with gut microbiota disorders, respiratory infections may be accompanied by gut microecological disorders, and digestive system diseases such as inflammatory bowel disease often coexist with pulmonary inflammation or functional abnormalities, indicating bidirectional regulatory relationships between the lung and intestine. Based on this, regulating gut microbiota and related immune pathways has become a critical research direction for cross-system disease prevention and treatment. This paper systematically reviews the primary mechanisms of the lung-intestine axis from a modern medical perspective, integrates research advancements in related diseases, and explores its significance in elucidating and validating the TCM theory of “lung and large intestine as exterior-interior correspondences,” aiming to provide theoretical foundations and research insights for integrated TCM-Western medicine approaches in preventing and treating lung-intestinal related diseases.

Keywords: Lung and large intestine as exterior-interior correspondences; lung-intestine axis; gut microbiota; pulmonary diseases; lung-intestinal interaction mechanism

DOI: 10.48014/atcm.20251223002

Citation: WANG Zhengran, YANG Yi, GONG Yueling, et al. Research Progress on the Correlation Between the Traditional Chinese Medicine Theory of “Lung and Large Intestine as Exterior-Interior Correspondences” and the Lung-Intestine Axis Mechanism[J]. Advances in Traditional Chinese Medicine, 2026, 2(3): 49-55.

Copyright © 2026 by author(s) and Science Footprint Press Co., Limited. This article is open accessed under the CC-BY License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).