



UNIVERSIDAD
CATÓLICA
DE CUENCA

UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA
Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo
FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD
CARRERA DE PSICOLOGÍA CLÍNICA

**AUTISMO Y ALTERACIONES EN LA COMPOSICIÓN Y
DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN
POBLACIÓN INFANTO-JUVENIL: UNA REVISIÓN
BIBLIOGRÁFICA**

**PROYECTO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE LICENCIADO/A EN PSICOLOGÍA CLÍNICA**

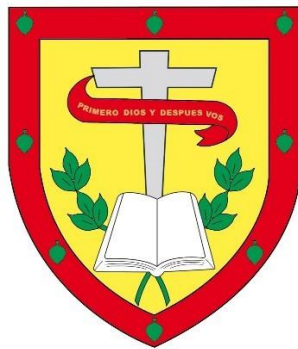
**AUTORES: JARAMILLO ORDÓÑEZ DAYANA STEPHANIA
GONZALEZ TELLO DOMÉNICA**

DIRECTOR: MGS. MARÍA JOSÉ VINTIMILLA ESPINOZA

CUENCA-ECUADOR

2026

DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO



UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA

Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

CARRERA DE PSICOLOGÍA CLÍNICA

**AUTISMO Y ALTERACIONES EN LA COMPOSICIÓN Y
DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN
POBLACIÓN INFANTO-JUVENIL: UNA REVISIÓN
BIBLIOGRÁFICA**

**PROYECTO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE LICENCIADO/A EN PSICOLOGÍA CLÍNICA**

**AUTORES: JARAMILLO ORDÓÑEZ DAYANA STEPHANIA
GONZALEZ TELLO DOMÉNICA**

DIRECTOR: MGS. MARÍA JOSÉ VINTIMILLA ESPINOZA

CUENCA-ECUADOR

2026

DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO



Universidad
Católica
de Cuenca

DECLARATORIA DE AUTORÍA Y RESPONSABILIDAD

Declaratoria de Autoría y Responsabilidad

Domenica González Tello portadora de la cédula de ciudadanía N° 0705229920 y **Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez** con cédula de ciudadanía N° 0706010113. Declaramos ser autores de la obra: **"Autismo y alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en población infanto-juvenil: Una revisión bibliográfica"**, sobre la cual nos hacemos responsables sobre las opiniones, versiones e ideas expresadas. Declaramos que la misma ha sido elaborada respetando los derechos de propiedad intelectual de terceros y eximo a la Universidad Católica de Cuenca sobre cualquier reclamación que pudiera existir al respecto. Declaramos finalmente que nuestra obra ha sido realizada cumpliendo con todos los requisitos legales, éticos y bioéticos de investigación, que la misma no incumple con la normativa nacional e internacional en el área específica de investigación, sobre la que también nos responsabilizamos y eximimos a la Universidad Católica de Cuenca de toda reclamación al respecto.

Cuenca, 14 de septiembre de 2026

F: 
.....

Domenica González Tello

C.I. 0705229920

F: 
.....

Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez

C.I. 0706010113

Cuenca, 15 de marzo de 2026

CERTIFICACIÓN

Yo **Maria José Vintimilla Espinoza**, con cédula de identidad N° **0105605695** en calidad de Directora del Trabajo de Titulación con el tema: “**Autismo y alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en población infanto-juvenil: Una revisión bibliográfica**”, certifico que el presente trabajo fue desarrollado por **Domenica González Tello** y **Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez**, bajo mi supervisión.

Atentamente;



Maria Jose
Vintimilla Espinoza

Time Stamping
Security Data

Mgs. Maria José Vintimilla Espinoza

DIRECTORA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

DOCENTE DE LA CARRERA DE PSICOLOGÍA CLÍNICA

Agradecimientos

En primer lugar, agradezco a Dios por brindarme salud, fortaleza y sabiduría en esta etapa tan importante de mi formación profesional.

Agradezco a mi asesora académica, María José Vintimilla, por su orientación, apoyo y dedicación a lo largo de este proceso. Su conocimiento, paciencia y consejos fueron fundamentales para el desarrollo de este trabajo.

Un especial agradecimiento a mis padres, mis hermanas y abuelitos por su amor, confianza y apoyo incondicional.

Gracias por estar siempre a mi lado, por brindarme las herramientas necesarias para alcanzar mis sueños y por motivarme a dar lo mejor de mí en cada paso de este camino. También, quiero expresar mi gratitud a mis amigos, por convertirse en una parte fundamental de este camino. Gracias por acompañarme en los momentos buenos y, especialmente, en los más difíciles de estar lejos de casa. Gracias por hacer de esta etapa algo más especial e inolvidable.

A todo el personal docente de la Universidad Católica de Cuenca por transmitimos no solo conocimientos sino también valores que hoy me acompañan en mi vida profesional. Finalmente, agradezco a todas las personas que, de alguna manera, contribuyeron a este proyecto, ya sea a través de su colaboración directa o indirecta, pues sin su ayuda, este logro no habría sido posible.

A todos ustedes, muchas gracias.

Domenica Gonzalez Tello

Agradecimientos

En primer lugar, agradezco a Dios por haberme dado la sabiduría, la fortaleza y la guía necesaria para llegar hasta este momento. Gracias por acompañarme durante estos años, por darme fuerzas en los momentos en los que sentí que ya no podía más y por ayudarme a seguir adelante sin rendirme. Agradezco profundamente a mis papás, Gabriela Ordóñez y Edison Jaramillo, por todo el esfuerzo y sacrificio que hicieron durante mi formación universitaria. Gracias por confiar en mí, por apoyarme en cada decisión y por darme la oportunidad de cumplir una de mis metas más importantes.

A mi mamá, gracias por creer en mí desde el primer momento y por confiar en que podía venir a Cuenca y construir mi propio camino. Gracias por estar siempre pendiente, incluso a la distancia, por cada llamada, cada consejo y cada palabra que me ayudó a continuar. A mi papá, gracias por cada esfuerzo realizado y por su apoyo incondicional. Sé que detrás de este logro también están sus esfuerzos y todo lo que hicieron para que pudiera llegar hasta aquí.

A mi hermanita menor Annie, a mis abuelitas Mercedes Sánchez y Gladys Aguilar, a mis tías María Fernanda Pazmiño y Tania Sánchez, a mi prima Daniela Lozano y a toda mi familia, gracias por acompañarme durante estos años. Gracias por sus palabras de aliento, por su cariño y por estar presentes cada vez que necesité apoyo. Agradezco a las amistades que tuve la oportunidad de formar durante estos años en Cuenca, en especial a mi compañera de esta increíble aventura universitaria, Domenica González, que terminaron convirtiéndose en grandes amigos. Gracias por compartir conmigo esta etapa, por las conversaciones, las risas, y por hacer que estar lejos de casa se sintiera un poco más fácil.

De manera especial, agradezco a la Universidad Católica de Cuenca y a todos los docentes que fueron parte de mi formación profesional. Cada enseñanza, experiencia y conocimiento aportó a la profesional que estoy construyendo. Extiendo un agradecimiento especial a nuestra tutora, María José Vintimilla, por su orientación, paciencia, conocimientos y acompañamiento durante el desarrollo de esta investigación. Gracias por guiarnos durante este proceso y por contribuir a que pudiéramos culminar este trabajo.

Hoy entiendo que llegar hasta aquí no fue solamente alcanzar una meta, sino llevar conmigo el amor y el esfuerzo de todas las personas que nunca dejaron de creer en mí.

Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez

Dedicatoria

Dedico este logro a Dios, por brindarme fortaleza y sabiduría a lo largo de este proceso. A mis papás, Jhon González y Soraya Tello, por creer en mí desde el primer día, apoyar mis decisiones y hacer posible que hoy pueda cumplir esta meta. Gracias por su amor, esfuerzo y confianza incondicional. Sin ustedes, este logro no habría sido posible. Son mi vida y mi mayor fortaleza.

A mis hermanas, Daniela y Camila, por acompañarme, consentirme y hacer más llevadero este proceso, impulsándome siempre a seguir adelante.

A mis abuelos, Polivio y Agustín, quienes, aunque ya no están físicamente, permanecen presentes en mi corazón y en cada logro que alcanzo. Y a Judith y Cenaida, por su amor, sus enseñanzas y por ser parte importante de mi vida.

A mis amigos, por acompañarme especialmente en los momentos más difíciles de estar lejos de casa. Gracias por convertirse en una familia elegida, unida por el cariño y las experiencias compartidas.

A mi mascota Benji, por ser una compañía incondicional durante este camino. Gracias por brindarme cariño, alegría y calma en los días difíciles, haciendo más llevadera esta etapa y dejando en ella recuerdos que siempre llevaré conmigo.

Y especialmente a Dayana, por compartir conmigo este trabajo, los retos y aprendizajes de este camino. Gracias por tu compañía y compromiso durante este proceso.

Domenica González Tello

Dedicatoria

A mis papás, Gabriela Ordóñez y Edison Jaramillo, por ser mi mayor apoyo durante este camino. Gracias por todo el esfuerzo que han hecho para que pudiera cumplir mis metas, por confiar en mí y por enseñarme, con su ejemplo, que todo esfuerzo tiene su recompensa. A mi mamá, especialmente, gracias por darme el voto de confianza para venir a Cuenca y permitirme crecer tanto personal como profesionalmente. Gracias por estar siempre a una llamada de distancia, por escucharme, aconsejarme y acompañarme incluso desde lejos. Su apoyo y confianza en mí han significado más de lo que muchas veces he sabido expresar.

A mi papá, gracias por cada esfuerzo, por estar presente y por demostrarme siempre que puedo contar con usted. Este logro también lleva una parte de ustedes, a mi hermana Annie, por su cariño, por escucharme, apoyarme y estar presente en tantos momentos de este proceso. Gracias por regalarme el puesto de hermana mayor y espero estar haciendo un buen trabajo para ti. Te amo y espero que siempre sepas lo especial que eres en mi vida.

A mis abuelitas, Mercedes Sánchez y Gladys Aguilar, por ese amor tan grande y sincero que siempre me han brindado. Gracias por sus palabras, sus cuidados y por hacerme sentir querida en todo momento. A mis tías María Fernanda Pazmiño y Tania Sánchez, por estar siempre dispuestas a tenderme una mano cuando lo he necesitado y por acompañarme con tanto cariño. A mi prima Daniela Lozano, más hermana que prima gracias por tantas enseñanzas y comprensión y gracias a la vida por darme una familia tan hermosa

A mi abuelito Edison Jaramillo, por formar parte de mi vida y de mi historia. Y a mi abuelito Gabriel Ordóñez, quien ya no está físicamente conmigo, pero permanece siempre en mi corazón. Me gusta pensar que desde el cielo me acompaña, me cuida y se alegra de cada paso que doy. Espero que, dondequiera que esté, se sienta orgulloso de su nieta.

Finalmente, dedico este logro a toda mi familia. A esa familia que me ha enseñado el verdadero significado de estar unidos, de apoyarnos y de nunca dejarnos atrás. Cada palabra de aliento, cada gesto de cariño y cada vez que me tendieron la mano fueron parte de este camino. Los amo profundamente y este logro también es de ustedes. Como escribió Antoine de Saint-Exupéry: “El amor es lo único que crece cuando se reparte”. Y si algo me ha acompañado durante estos años, ha sido precisamente el amor de mi familia.

Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez

Resumen

El trastorno del espectro autista (TEA) asociado con alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal, despertando interés por comprender el papel del eje microbiota-intestino-cerebro en el desarrollo y expresión clínica del trastorno. El estudio tuvo como objetivo describir la relación entre el autismo y las alteraciones de la microbiota intestinal en población infanto-juvenil, definiendo las modificaciones microbianas, analizando mecanismos mediante los cuales podrían influir en procesos neurológicos y emocionales, y sintetizando la evidencia disponible.

La investigación se desarrolló bajo un enfoque cualitativo, con un diseño de revisión documental narrativa bibliográfica. La búsqueda se realizó en PubMed, ScienceDirect, Taylor & Francis y PsycINFO, utilizando descriptores MeSH y DeCS relacionados con microbiota intestinal, disbiosis, trastorno del espectro autista, niños y adolescentes. Se incluyeron estudios según criterios de inclusión y exclusión. Se revisaron 31 investigaciones.

La evidencia mostró una asociación consistente entre el TEA y las alteraciones en la microbiota intestinal. Se identificó una disminución de bacterias beneficiosas, como *Bifidobacterium*, *Prevotella* y *Blautia*, junto con un incremento de microorganismos como *Clostridium*, *Desulfovibrio* y *Bacteroides*. Asimismo, los estudios sugirieron que la disbiosis intestinal podría influir en procesos neurológicos y emocionales mediante mecanismos relacionados con inflamación, permeabilidad intestinal y producción de neurotransmisores y metabolitos neuroactivos. Aunque no fue posible establecer una relación causal, los hallazgos permitieron concluir que existe una asociación consistente entre las alteraciones de la microbiota intestinal y el TEA, destacando la necesidad de investigaciones longitudinales con metodologías estandarizadas que fortalezcan la evidencia y favorezcan estrategias de intervención interdisciplinarias.

Palabras clave: Autismo, población infanto juvenil, microbiota intestinal, disbiosis

Abstract

Autism spectrum disorder (ASD) is associated with alterations in the composition and diversity of the gut microbiota, generating interest in understanding the role of the microbiota-gut-brain axis in the development and clinical presentation of the disorder. This study aimed to describe the relationship between autism and alterations in the gut microbiota in children and adolescents, define microbial changes, analyze the mechanisms through which these changes might influence neurological and emotional processes, and synthesize the available evidence.

The study was conducted using a qualitative approach, with a narrative literature review design. The search was conducted in PubMed, ScienceDirect, Taylor & Francis, and PsycINFO using MeSH and DeCS descriptors related to gut microbiota, dysbiosis, autism spectrum disorder, children, and adolescents. Studies were included based on inclusion and exclusion criteria. A total of 31 studies were reviewed.

The evidence showed a consistent association between ASD and gut microbiota alterations. A decrease in beneficial bacteria, such as *Bifidobacterium*, *Prevotella*, and *Blautia*, was identified, along with an increase in microorganisms such as *Clostridium*, *Desulfovibrio*, and *Bacteroides*. Furthermore, the studies suggested that gut dysbiosis may influence neurological and emotional processes through mechanisms related to inflammation, intestinal permeability, and the production of neurotransmitters and neuroactive metabolites. Although the studies could not establish a causal relationship, the findings led to the conclusion that there is a consistent association between alterations in the gut microbiota and ASD, highlighting the need for longitudinal studies using standardized methodologies to strengthen the evidence and support interdisciplinary intervention strategies.

Keywords: Autism, children and adolescents, gut microbiota, dysbiosis.

Tabla de contenido

Contenido

Introducción.....	12
Presentación del problema.....	13
Pregunta guía de investigación	15
Justificación.....	15
Objetivos.....	16
Objetivo General.....	16
Objetivos Específicos	16
Método.....	17
Estrategias de búsqueda.....	17
Criterios de selección.....	17
Criterios de exclusión	17
Extracción de datos.....	18
Análisis de datos.....	18
Desarrollo	18
Principales alteraciones en la composición y diversidad en la microbiota intestinal reportadas en población infanto-juvenil con trastorno del espectro autista.	19
Mecanismos propuestos mediante los cuales las alteraciones en la microbiota intestinal podrían influir en los procesos neurológicos y emocionales de niños y adolescentes con trastorno del espectro autista.	27
Relación entre las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal y el trastorno del espectro autista en población infanto-juvenil	34
Tabla 1.....	41
Conclusiones.....	44
Referencias	47

Introducción

El Trastorno del Espectro Autista (TEA) es una condición del neurodesarrollo la cual se caracteriza por presentar déficits persistentes dentro de la comunicación e interacción social, además de patrones restrictivos y repetitivos de conducta, intereses o actividades, que son manifestadas desde las primeras etapas de infancia (Al Harthi, 2022). A pesar de los avances dentro de la investigación, las causas etiológicas del TEA no son esclarecidas, se reconocen actualmente por su naturaleza multifactorial, en la cual interactúan factores genéticos, neurobiológicos y ambientales (Kushak, 2022).

Dentro de los últimos años, el estudio de la microbiota intestinal ha cobrado relevancia como un posible factor modulador dentro de la manifestación y severidad de la sintomatología del TEA. La microbiota intestinal está compuesta por una diversidad de microorganismos, como bacterias, virus, hongos y arqueas, que colonizan de manera permanente el tracto gastrointestinal, manteniendo una relación simbiótica con el huésped. En condiciones de equilibrio, o eubiosis, esta comunidad microbiana cumple distintas funciones que son esenciales en la regulación metabólica, fisiológica y en el mantenimiento de la barrera intestinal (Fowlie et al., 2018).

Desde una perspectiva estructural, la microbiota intestinal está compuesta por una elevada diversidad de microorganismos, predominando los filos Firmicutes y Bacteroidetes. La diversidad y el equilibrio en la composición microbiana son elementos claves para su funcionalidad, debido a que permiten una adecuada producción de metabolitos como los ácidos grasos de cadena corta, la modulación del sistema inmunológico y la regulación de la permeabilidad intestinal (Kushak, 2022). Estas funciones resultan esenciales para un correcto funcionamiento del eje microbiota-intestino-cerebro, la cual se sustenta una comunicación bidireccional con el sistema nervioso central a través de la cual integra vías neuroendocrinas, inmunológicas y metabólicas (Bustos-Fernández & Hanna-Jairala, 2022).

De acuerdo con López-Chávez y colaboradores (2020) la población infanto-juvenil se constituye por un grupo de especial interés para la investigación de esta relación, puesto que, durante etapas como la infancia y adolescencia, no solo el sistema nervioso se encuentra en pleno desarrollo, sino también el sistema

digestivo. En esta etapa, el desequilibrio dentro de la microbiota intestinal puede desencadenar un impacto significativo sobre los procesos neurobiológicos y emocionales, los cuales influyen dentro del curso y pronóstico del TEA (Alvarado & Hinchado, 2022).

De acuerdo con Álvarez y colaboradores (2021) señalan que, en niños, niñas y adolescentes con trastorno del espectro autista, existen alteraciones significativas tanto en la composición como en la diversidad de la microbiota intestinal, fenómeno también conocido como disbiosis intestinal. Estas alteraciones se caracterizan por una disminución de la diversidad microbiana, además de cambios dentro de la abundancia relativa de bacterias beneficiosas y un incremento de microorganismos que son potencialmente patógenos (Di Vincenzo et al., 2024). Dichos desequilibrios se asocian con una mayor permeabilidad intestinal y con la activación de procesos inflamatorios sistémicos y neuroinflamatorios (Chernikova et al., 2021).

La dieta se constituye como uno de los principales factores moduladores de la composición y diversidad de la microbiota intestinal, especialmente durante la infancia y adolescencia, etapas críticas del neurodesarrollo (López-Chávez et al., 2020). Realizar modificaciones en los patrones alimentarios pueden inducir cambios en la estructura microbiana intestinal, lo que afecta la producción de metabolitos bacterianos y la comunicación a través del eje intestino-cerebro. Dentro de este contexto, estas alteraciones en la microbiota intestinal, que son mediadas por la dieta, se vinculan con cambios en los procesos neurobiológicos, los cuales pueden influir en la regulación del comportamiento, las emociones y la función cognitiva, aspectos estrechamente comprometidos en el TEA (Alvarado & Hinchado, 2022).

Presentación del problema

En los últimos años, la prevalencia del TEA ha mostrado un incremento sostenido a nivel mundial, estimándose actualmente que 1 de cada 100 niños presenta esta condición, lo que está representando un importante desafío en cuanto a los sistemas de salud, educación y familias (Castañeda Guillot, C, 2020). En cuanto a las manifestaciones nucleares del TEA, se ha evidenciado científicamente la frecuencia elevada de comorbilidades médicas, especialmente de trastornos

gastrointestinales, los cuales se presentan mayormente en población infanto-juvenil con TEA, en comparación con niños y adolescentes neurotípicos.

Entre el 40% y el 80% de los niños con TEA presentan síntomas gastrointestinales frecuentes, entre ellos se reportan estreñimiento, dolor abdominal, diarrea, además de problemas asociados con la alimentación, como la selectividad alimentaria, los cuales impactan la salud física y se asocian con un aumento de problemas conductuales, alteraciones del sueño, irritabilidad y dificultades en el funcionamiento adaptativo (Alvarado, 2022). La disbiosis incluye cambios dentro de la abundancia relativa de ciertos filos bacterianos, como reducción de la diversidad microbiana y modificaciones en cuanto a la capacidad funcional de la microbiota, los cuales están estrechamente asociados con la presencia de síntomas gastrointestinales y con la severidad de las manifestaciones conductuales que son propias del TEA (Kushak, 2022).

Estudios como los de Chernikova y colaboradores (2021) reportan alteraciones sistemáticas en la composición microbiana de niños diagnosticados con TEA, específicamente un aumento de *Clostridium* y una reducción de *Bifidobacterium*, lo que sugiere un patrón de disbiosis asociado a procesos inflamatorios y neuroconductuales. Por ejemplo, la revisión exhaustiva realizada de la disbiosis intestinal en la etiopatogenia y el tratamiento del trastorno del espectro autista: una revisión bibliográfica (2021) encontró en 23 de 35 estudios analizados alteraciones microbiológicas consistentes en niños con TEA, lo que sugiere un patrón recurrente de disbiosis intestinal (Real-López et al., 2021).

Además, un estudio sistemático latinoamericano (Trastornos gastrointestinales en niños con trastornos del espectro autista, 2024) señala que existe evidencia emergente de una asociación entre disbiosis intestinal y TEA, reforzando la hipótesis de un eje microbiota-intestino-cerebro implicando en la manifestación clínica del trastorno (Zubiri & Guzmán, 2024). La evidencia reporta que estas alteraciones biológicas no solo afectan a la salud gastrointestinal, sino además podría influir en el aumento de la ansiedad, irritabilidad, conductas repetitivas y dificultades dentro de la regulación emocional. En este contexto, la dieta se configura como un factor modulador relevante de la microbiota intestinal, y potencialmente, del perfil conductual del TEA (Alharthi et al., 2022).

Si bien se han logrado avances significativos en este campo, los hallazgos son considerados como heterogéneos, lo cual hace referencia a que no existe un consenso claro respecto a los patrones específicos de alteración microbiana ni sobre la direccionalidad de la relación entre conducta, dieta y microbiota (Fowlie et al., 2018). Por lo tanto, se identifica un necesario y relevante análisis crítico que ayude a sistematizar la relación entre el TEA, con las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal, el rol de la dieta y las conductas alimentarias en población infanto-juvenil. Comprender cómo los cambios conductuales asociados al TEA se vinculan con la alimentación, y cómo ésta, a su vez, modula la microbiota intestinal, permitirá una base teórica sólida para futuras investigaciones y para el diseño de estrategias de intervenciones nutricionales, clínicas y psicoeducativas orientadas al bienestar de esta población.

Pregunta guía de investigación

¿Se relaciona el autismo con las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota en población infanto-juvenil?

Justificación

Desde la psicología clínica, resulta necesario profundizar enfoques explicativos que permitan comprender el TEA más allá de sus manifestaciones diagnósticas tradicionales, integrando variables biológicas que puedan incidir en el funcionamiento emocional y conductual. En este marco el estudio de la microbiota intestinal adquiere importancia al proponer un posible vínculo con procesos de regulación emocional, reactividad conductual y adaptación, aspectos centrales en la evaluación clínica infanto-juvenil (Alharthi et al., 2022).

La revisión de la información pone en evidencia que las alteraciones gastrointestinales y los desequilibrios de la microbiota intestinal se asocian con variaciones en el comportamiento, la irritabilidad y la respuesta emocional en niños y adolescentes con TEA, variables que inciden directamente en el curso clínico y en la respuesta a la intervención psicológica. Sin embargo, estos hallazgos se encuentran dispersos y presentan inconsistencias metodológicas, lo que limita su integración en la práctica clínica. Por ello, se vuelve necesario un análisis crítico que permita ordenar y contextualizar la evidencia disponible desde el enfoque psicológico (Chernikova et al., 2021).

Así mismo, la población infanto-juvenil constituye un grupo prioritario para la psicología clínica, debido a que en estas etapas se configuran patrones emocionales, conductuales y adaptativos que influyen en el pronóstico del TEA. Comprender cómo factores como la alimentación y el equilibrio de la microbiota pueden interactuar con dichos procesos psicológicos que permite fortalecer el abordaje clínico preventivo y la formulación de hipótesis clínicas más ajustadas al contexto del desarrollo (López & Chavez., 2020).

Finalmente, esta revisión bibliográfica posee utilidad metodológica y aplicada a permitir la identificación de vacíos de conocimiento y líneas emergentes de investigación relevantes para la Psicología. La sistematización de la evidencia científica sobre la relación entre TEA y microbiota intestinal puede orientar futuras investigaciones y favorecer el diseño de intervenciones clínicas y psicoeducativas interdisciplinarias, enfocadas en el bienestar psicológico y la calidad de vida de niños y adolescentes con TEA sus familias (Di Vincenzo et al., 2024).

Objetivos

Objetivo General

Describir la relación del autismo con las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en población infanto-juvenil.

Objetivos Específicos

1. Definir las principales alteraciones en la composición y diversidad en la microbiota intestinal reportadas en población infanto-juvenil con trastorno del espectro autista.
2. Analizar los mecanismos propuestos en estudios recientes mediante los cuales las alteraciones en la microbiota intestinal podrían influir en los procesos neurológicos y emocionales de niños y adolescentes con trastorno del espectro autista.
3. Sintetizar la evidencia de estudios recientes que abordan la relación entre las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal y el trastorno del espectro autista en población infanto-juvenil.

Método

Diseño

La presente investigación se desarrolló bajo un enfoque cualitativo, con un diseño de revisión documental de tipo narrativa bibliográfica. El alcance de la investigación fue descriptiva.

Estrategias de búsqueda

La búsqueda bibliográfica se realizó utilizando palabras clave en español e inglés, seleccionadas a partir de los descriptores de los tesauros MeSH y DeCS, entre los términos empleados se incluyeron: “gut microbiota”, “intestinal dysbiosis”, “autism spectrum disorder”, children, adolescents.

Estos descriptores se combinaron mediante el uso de operadores booleanos AND, OR, y NOT, con el objetivo de ampliar y precisar los resultados de la búsqueda bibliográfica. Las bases de datos científicas que se consultaron fueron PubMed, ScienceDirect, Taylor & Francis y PsyINFO, enfatizando el acceso a través de la biblioteca virtual de la Universidad Católica de Cuenca.

Criterios de selección

Los estudios fueron seleccionados tomando en consideración como criterios de inclusión publicaciones entre los años 2018 y 2025, redactadas en español e inglés, las cuales corresponden a artículos científicos y revisiones bibliográficas, que se relacionan con la microbiota intestinal y el Trastorno del Espectro Autista o condiciones comórbidas. La población fue integrada por niños, niñas, y adolescentes y los documentos correspondieron dentro del área de Psicología Clínica, Psiquiatría, Neurociencias y Salud.

Criterios de exclusión

Se excluyeron publicaciones duplicadas, páginas web, revistas, libros, páginas no indexadas, estudios con población adulta, y aquellos que no se ajusten al propósito general y a los objetivos específicos de la investigación. Además, no se incluyeron estudios que aborden exclusivamente población emergente, así como aquellos centrados únicamente en la primera infancia cuando no permitan la comparación con población en edad escolar o adolescente. Así mismo, se excluyeron estudios con muestras mixtas que no presenten resultados desagregados específicamente para la

población infanto-juvenil, además de investigaciones que analicen trastornos distintos al TEA, o que no sea el foco principal y aquellos estudios en las que no se evalúe de forma directa la microbiota intestinal o el eje microbiota-intestino-cerebro como principal variable.

Extracción de datos

La información fue obtenida mediante el uso de una ficha bibliográfica, en la cual se recopiló elementos tales como: autores, año de publicación, objetivo del estudio, diseño metodológico, población estudiada, variables analizadas, principales resultados y conclusiones. El proceso comenzó con la identificación de artículos a partir de palabras claves en la base de datos seleccionados, posterior a la revisión de títulos y resúmenes.

Se realizó la revisión completa de las investigaciones que cumplan con los criterios de selección, con el propósito de lograr el conjunto final de estudios que fue parte del desarrollo de la revisión bibliográfica.

Análisis de datos

El análisis de datos se realizó de manera cualitativa, en la cual se evaluó la fiabilidad y validez de los artículos seleccionados a partir de la calidad de revistas científicas, el tipo de estudio y coherencia metodológica con los objetivos planteados.

La información fue estructurada y evaluada mediante un análisis, considerando categorías como alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en población infanto-juvenil con trastorno del espectro autista, y mecanismos propuestos que relacionen dichas alteraciones con procesos neurológicos y emocionales.

Por otro lado, se realizó un análisis comparativo de los hallazgos de acuerdo al tipo de estudio, contexto geográfico y el rango de publicación, las cuales permitieron identificar patrones, tendencias y vacíos en la redacción científica.

Desarrollo

En el presente apartado se presentarán revisiones bibliográficas, sistemáticas, estudios de casos, los cuales son relacionados con las variables propuestas: microbiota intestinal y trastorno del espectro autista (TEA). Los mismos serán organizados de

acuerdo a los objetivos específicos anteriormente planteados; en primer lugar se abordará las alteraciones en la composición y diversidad en la microbiota intestinal en niños con TEA, posteriormente se analizará mecanismos mediante los cuales las alteraciones en la microbiota intestinal podrían influir en los procesos neurológicos y emocionales, finalmente se sintetizará evidencia de estudios recientes que abordan la relación entre las alteraciones de la microbiota intestinal y TEA en población infanto-juvenil.

Principales alteraciones en la composición y diversidad en la microbiota intestinal reportadas en población infanto-juvenil con trastorno del espectro autista.

La revisión sistemática y metaanálisis de Iglesias et al. (2020) se basó en definir y contrastar el perfil de la microbiota intestinal en niños con TEA en relación a controles neurotípicos, teniendo en cuenta el evidente aumento sobre la participación del eje microbiota-intestino-cerebro en la evolución de cambios conductuales de origen neurológico. Los investigadores indican que la prevalencia del trastorno del espectro autista, oscila entre el 0.6% y 1.7% dentro de la población infanto-juvenil y que las alteraciones gastrointestinales vinculados al trastorno manifiestan un patrón de ocurrencia registrada entre el 9% y 90%, cifras considerablemente elevadas a las observadas en niños y adolescentes neurotípicos. En este contexto, esta investigación propone que las diferentes alteraciones de la microbiota intestinal podrían correlacionarse con los síntomas gastrointestinales, así como con la exacerbación del perfil clínico del TEA.

Este estudio se realizó de acuerdo a las directrices MOOSE y PRISMA, la cual incluye 18 estudios seleccionados entre los años 2010 y 2019. Incluye una muestra de 493 niños y adolescentes con TEA, y 404 para el grupo control con desarrollo típico. En función del análisis microbiológico, se utilizaron técnicas como PCR, cultivos bacterianos, además de pirosecuenciación. En cuanto a los resultados, se observó una mayor concentración de los filos Bacteroidetes (14.33% vs 10.97%), Tenericutes (0.06% vs 0%), Proteobacteria (0.09% vs 0.02%), y Firmicutes (13.42% vs 10.77%) en niños con TEA en contraste con los controles.

De igual manera, en cuanto a los niveles de géneros bacterianos se evidenció un incremento considerable de Bacteroides (9.04% vs 4.69%), Phascolarctobacterium (0.13% vs 0.01%), Parabacteroides (0.32% vs 0.04%),

Clostridium (0.74% vs 0.16%), y *Faecalibacterium* (6.84% vs 5%). En contraste, algunas bacterias que son consideradas como beneficiosas, tales como *Bifidobacterium* mostró niveles reducidos en cuanto a su abundancia en niños con TEA (0.46% vs 0.89%), así mismo *Coprococcus* (0.11% vs 0.24%).

Los autores llegan a la conclusión evidente de que los niños con TEA manifiestan un patrón de disbiosis intestinal que se caracteriza por un incremento de bacterias proinflamatorias de forma potencial, así como también una disminución de agentes microbianos que se caracterizan por ser protectores involucrados en funciones metabólicas y neurológicas. En conjunto, se resalta que metabolitos resultantes de bacterias como *Clostridium* y *Bacteroides* podrían incidir en la generación de neurotransmisores y actividad inflamatoria asociados con el cuadro clínico del TEA (Iglesias et al., 2020).

Dentro de este contexto, dicho artículo representa un valor significativo a la investigación debido a que brinda evidencia cuantitativa, y con una evaluación comparativa acerca de las diversas irregularidades de la microbiota intestinal en niños con TEA. Pese a ello, Iglesias y colaboradores (2020) consideran que una limitación es el aumento de heterogeneidad metodológica entre los diferentes estudios seleccionados, específicamente en variables tales como el uso de probióticos, edad, dieta, y técnicas microbiológicas que fueron empleadas, condicionantes que podrían afectar en la variación de los resultados adquiridos.

Xie y colaboradores (2022) realizaron un análisis en la composición de la microbiota intestinal en niños procedentes de China con TEA, con el fin de evidenciar las alteraciones en la microbiota que se podrían vincular al trastorno y examinar la posible vinculación con la sintomatología clínica evidenciados en la población pediátrica. Dicha investigación se propone a partir de la evidencia que asocia las manifestaciones gastrointestinales frecuentes en el TEA con alteraciones en la composición en la microbiota intestinal, además de mecanismos involucrados en el eje microbiota-intestino-cerebro. A causa de esto, se equipara muestras fecales de niños que padecen el trastorno, y controles con niños neurotípicos, esto se realizó por medio de técnicas de secuenciación genética que permitió distinguir a detalle la composición de la microbiota intestinal.

En cuanto a los resultados, se evidenció diferencias significativas en ambos grupos. En el grupo experimental, se presentó una disminución de bacterias consideradas beneficiosas para la homeostasis intestinal y un aumento de microorganismos vinculados con procesos inflamatorios, además de manifestaciones metabólicas. Particularmente, se evidenciaron alteraciones significativas en los taxones bacterianos, que se asocia con los metabolitos intestinales, metabolismo energético y regulación inmunológica. En conjunto, los resultados evidenciaron una disminución en cuanto a la estabilidad y diversidad de comunidades bacterianas, esto sugiere una disbiosis intestinal en comparación con los controles del neurodesarrollo típico (Xie et al., 2022).

Otro aspecto a destacar, es que no hubo limitación en cuanto a las alteraciones que se identificaron en los cambios aislados en determinadas bacterias, sino implicaron modificaciones dentro de la organización global de la comunidad bacteriana. Los investigadores refieren que estas modificaciones podrían alterar la comunicación intestino-sistema nervioso central, por medio de procesos metabólicos, neuroquímicos e inmunológicos. Sin embargo, el estudio no se basó en el establecimiento de relaciones causales, estos hallazgos apoyan la hipótesis de que la disbiosis intestinal representan características que se mencionan de manera frecuente en población infantil, esto podría favorecer a la exacerbación de sintomatología clínica y procesos biológicos del desarrollo (Xie et al., 2022).

Esta investigación contribuye evidencia para el objetivo estudiado, debido a que permite analizar las modificaciones de la microbiota intestinal observadas en niños con TEA, fortaleciendo los hallazgos evidenciados en análisis previos. Se destaca una principal fortaleza, que es descrita por el análisis de la composición en la comunidad bacteriana por medio de técnicas de secuenciación de alta resolución. No obstante, Xie y colaboradores (2022) reportan que algunos factores podrían repercutir en la composición de la microbiota, tales como, estilo de vida, alimentación, y diferencias de los individuos propias de la población estudiada, por lo que se recomendaría utilizar investigaciones con muestras más amplias y diversidad cultural para rectificar la generalización de resultados.

El estudio realizado de Wong et al. (2022) observaron alteraciones en la microbiota intestinal en niños con TEA, teniendo en cuenta particularmente el impacto

de los trastornos gastrointestinales funcionales (FGID) como posible variable confusora. Los investigadores se sustentan en el indicio que establece relación entre el eje microbiota-intestino-cerebro con manifestaciones neuropsiquiátricas y gastrointestinales identificadas en el TEA, estableciendo que diversos estudios anteriormente realizados no establecían diferencias apropiadamente entre niños con trastornos gastrointestinales y controles sanos, lo cual restringía el análisis interpretativo de los hallazgos microbiológicos. El estudio consideró población infantil de origen chino entre 4 y 11 años, integrando grupos de TEA y neurotípicos, categorizados según manifestación o ausencia de FGID.

Esta investigación es considerada un estudio de casos y controles, el cual utilizó una secuenciación del gen 16S rRNA en muestras fecales, con una cobertura cerca de un promedio de 50.000 lecturas por muestra. De ese mismo modo, se analizaron diversas variables de ansiedad, psicopatológicas, clínicas, y hábitos relacionados a la dieta por medio de instrumentos estandarizados. En cuanto a los resultados, se evidenció manifestaciones significativas en cuanto a la composición de la microbiota intestinal en población infantil con TEA, inclusive posterior al control de presencia de FGID (Wong et al., 2022).

En cuanto a los resultados encontrados se evidenció una mayor presencia de *Bifidobacterium* en TEA sin FGID (18.99% vs 12.07), un incremento de *Dorea* (0.17% vs 0.02%) *Blautia* (10.43% vs 7.74%). Por otro lado, se evidenció menor presencia de *Bacteroides* (13.20% vs 17.08%), *Sutterella* (0.07% vs 0.22%), *Alistipes* (0.34% vs 0.95%), *Parabacteroides* (0.76% vs 1.29%) respecto a controles neurotípicos. A su vez, la población pediátrica con TEA y FGID mostraron incrementos en niveles de ansiedad y psicopatología, correspondientes a una disminución en la diversidad bacteriana y un aumento en la relación Firmicutes/Bateroidetes, el cual es un indicador que está asociado a estados proinflamatorios (Wong et al., 2022).

La conclusión a la que llegaron los autores en base a las alteraciones de la microbiota intestinal que fueron evidenciadas en niños con TEA, no pueden interpretarse como consecuencia exclusivamente de la manifestación de trastornos gastrointestinales funcionales, más bien representan una característica autónoma relacionado al trastorno. A su vez, indican que bacterias sintetizadoras de ácidos

grasos de cadena corta, además de microorganismos vinculados con el metabolismo del neurotransmisor serotonina, los cuales intervienen en mecanismos neuroinflamatorios y alteraciones del neurodesarrollo y conducta, características del TEA (Wong et al., 2022).

La presente investigación brinda evidencia específica en cuanto a las alteraciones microbianas en niños con diagnóstico de TEA, regulando factores clínicos que de manera frecuente fueron omitidas en estudios previos. No obstante, existen limitaciones según los autores tales como la heterogeneidad de los FGID, el reducido tamaño de los subgrupos, además de la incapacidad de definir relaciones causales entre disbiosis intestinal y síntomas relacionados al TEA.

El estudio de caso de Wan y colaboradores (2024) examinaron las anomalías del viroma y la microbiota intestinal en población infante juvenil con TEA, teniendo en cuenta que gran parte de estudios previos se habían basado especialmente en bacterias intestinales, lo que en consecuencia da una limitada evidencia respecto al papel que realizan los virus intestinales y su vinculación con el microbioma en el desarrollo del trastorno. Los autores parten de identificar las alteraciones dentro de la composición del viroma intestinal y valorar dichas modificaciones, las cuales podrían incidir en procesos neurobiológicos ligados al TEA. Con este propósito, se empleó una muestra de 124 niños de 3 a 6 años, conformada por 60 niños con diagnóstico de TEA y 64 niños neurotípicos emparejados por edad y sexo.

Desde el punto de vista metodológico, el estudio empleó una revisión metagenómica de muestras fecales para evaluar virus intestinales, y la correlación entre bacterias y bacteriófagos. Los hallazgos encontrados revelaron que la población pediátrica con diagnóstico de TEA reflejaba una disminución de diversidad del viroma intestinal e irregularidades relevantes dentro de la composición microbiana, resaltando un aumento de bacteriófagos correspondientes a *Clostridium*, *Bacillus* y *Enterobacteria* (Wan et al., 2024).

Del mismo modo, se detectaron desórdenes en cuanto a las redes de correlación entre bacterias y virus intestinales, así como un impacto en mecanismos metabólicos asociados con la biosíntesis de los metabolitos neuroactivos y aminoácidos comprometidos en el desarrollo neurológico. Los investigadores llegan a la conclusión de que la disbiosis intestinal dentro del TEA comprende alteraciones

significativas en el viroma intestinal y en la interacción microbiota-intestino-cerebro, y no involucra únicamente bacterias (Wan et al., 2024).

La información planteada es de gran relevancia para el presente objetivo de investigación, este artículo contribuye a definir de forma más integral las diversas alteraciones en la microbiota intestinal en niños con TEA, integrando los hallazgos sobre el papel del viroma y las conexiones microbianas. El aspecto favorable reside en la utilización de procedimientos metagenómicos especializadas y en la evaluación integral del ecosistema microbiano intestinal (Wan et al., 2024). No obstante, los autores han referido limitaciones en base al tamaño muestral y la dificultad de determinar interrelaciones causales entre alteraciones en la microbiota y desarrollo de sintomatología del TEA.

Yu y colaboradores (2024), analizaron la correlación entre el trastorno del espectro autista y alteraciones en la microbiota intestinal en niños y adolescentes, basándose en la progresiva evidencia científica, la cual expone la participación del eje microbiota-intestino-cerebro dentro del mecanismo fisiopatológico del trastorno. Los referentes mencionan que los niños con TEA manifiestan con recurrencia síntomas gastrointestinales, como diarrea, alteraciones digestivas, estreñimiento, los mismos que podrían estar relacionados a desequilibrios microbianos intestinales. Bajo esta perspectiva, dicha investigación busca sistematizar y explorar integralmente la evidencia científica existente respecto a las alteraciones en la composición microbiana detectadas en la población infanto juvenil con TEA, así como los presuntos fundamentos neurobiológicos involucrados dentro de esta interacción.

En cuanto a la metodología, se considera una revisión comprehensiva de evidencia científica, en la cual los investigadores reunieron y analizaron estudios actualizados que se relacionan con microbiota y permeabilidad intestinal, neuroinflamación, además de síntomas conductuales en niños con diagnóstico de TEA. Este estudio incluye estudios de casos, investigaciones científicas y análisis microbiológicos, los cuales son desarrollados en población pediátrica, esto va a permitir incorporar los diferentes resultados, los cuales son derivados de múltiples metodologías y contextos clínicos (Yu et al., 2024).

Por medio de este análisis, se pudo identificar que la población infanto juvenil

con TEA revela variaciones significativas dentro de la composición de la microbiota intestinal, haciéndose notable una disminución de bacterias que benefician al organismo, tales como *Bifidobacterium* y *Prevotella*, en compañía de un aumento de microorganismos, los cuales son patógenos de forma potencial, unas de las especies son *Clostridium* y *Desulfovibrio*. Los cuales los autores subrayan la influencia en procesos inmunológicos, inflamatorios y neurológicos que son relacionados con la exacerbación de sintomatología conductual y social perteneciente al TEA (Yu et al., 2024).

Los resultados previamente analizados demuestran alteraciones intestinales que podrían tener implicaciones sobre el desarrollo neurológico y comportamental por medio de alteraciones en neurotransmisores, desarrollo disfuncional de metabolitos microbianos y permeabilidad intestinal. Bajo esta perspectiva los autores concluyen la correlación entre la disbiosis y TEA, no obstante, no se identifica una relación causal concluyente en razón a la heterogeneidad metodológica de los diversos estudios revisados (Yu et al., 2024). Se destaca la necesidad de realizar diferentes investigaciones longitudinales y ensayos clínicos que puedan permitir comprender el papel específico de la microbiota en la evolución del trastorno.

Este artículo es relevante para el primer objetivo específico de la investigación, puesto que aporta una síntesis en base a las alteraciones de la microbiota intestinal reportadas en niños con TEA. En cuanto a su valor disciplinar, reside en incorporar resultados procedentes de gastroenterología, neurociencia, y salud mental, lo cual fortalece la percepción multidimensional del TEA, desde un enfoque intestino-cerebro. Aunque una de las principales limitaciones concierne a la fluctuación metodológica, tales como la relación con muestras, análisis de secuencia microbiana, en conjunto de criterios diagnósticos, lo cual obstaculiza la extrapolación uniforme de resultados.

Su et al. (2024) realizaron un análisis la cual está enfocada a marcadores microbianos que podrían diferenciar a niños con TEA de aquellos con neurodesarrollo típico, se parte de la hipótesis de que las alteraciones en la microbiota no se limitan únicamente a la comunidad bacteriana, sino participan diversos componentes del ecosistema intestinal. En comparación con diferentes estudios analizados

específicamente en la microbiota bacteriana, este análisis consiste en un enfoque polimicrobiano, el cual analiza conjuntamente bacterias, hongos, arqueas, virus, además de funciones metabólicas de la microbiota intestinal. Con este fin, se emplearon muestras fecales de niños con TEA, y controles de niños neurotípicos, se emplearon técnicas de secuenciación metagenómica de alta resolución, permitió analizar la composición de la microbiota así como el funcionamiento.

En cuanto a los resultados encontrados en dicha investigación reportaron alteraciones significativas dentro de la estructura global de la microbiota intestinal en niños con TEA. Se observaron diferencias comparables en grupos microbianos, se observa una disminución de microorganismos que se asocian al mantenimiento de la salud intestinal, así como un aumento de especies que se relacionan a los procesos inflamatorios y manifestaciones metabólicas.

En conjunto, se reportan las modificaciones taxonómicas, Su y colaboradores (2024) refieren diversas alteraciones dentro de procesos metabólicos que son relacionadas con la síntesis de aminoácidos, en cuanto al metabolismo energético y el proceso de producción de compuestos neuroactivos. Los resultados encontrados sugieren que la disbiosis intestinal que se reporta en el TEA, no solamente implica alteraciones en la abundancia en la comunidad bacteriana, sino además alteraciones en las funciones que pueden modificar la comunicación entre intestino y sistema nervioso central.

Uno de los estudios recientes que ha contribuido a comprender las alteraciones de la microbiota intestinal en niños con trastorno del espectro autista (TEA) es el realizado por Zhang et al. (2023), cuyo objetivo fue caracterizar la composición de la microbiota intestinal en niños con TEA que presentaban síntomas gastrointestinales crónicos y compararla con la de niños con desarrollo típico.

Los autores plantearon que la alta frecuencia de trastornos gastrointestinales en esta población podría estar asociada con una disbiosis intestinal específica, capaz de influir tanto en el funcionamiento digestivo como en las manifestaciones conductuales del trastorno. Para ello desarrollaron un estudio de casos y controles en el que analizaron muestras fecales mediante secuenciación del gen 16S rRNA, técnica ampliamente utilizada para identificar y comparar comunidades bacterianas intestinales (Zhang et al.,

2023).

Los resultados evidenciaron diferencias significativas en la composición y diversidad de la microbiota intestinal entre ambos grupos. En los niños con TEA se observó una disminución de bacterias consideradas beneficiosas, especialmente aquellas productoras de ácidos grasos de cadena corta, junto con un incremento de microorganismos potencialmente asociados a procesos inflamatorios y alteraciones metabólicas (Zhang et al., 2023)..

Asimismo, el estudio encontró modificaciones en la diversidad beta, indicando que la estructura global de la comunidad microbiana difiere entre los niños con TEA y los controles sanos. Estas alteraciones fueron más marcadas en aquellos participantes que presentaban síntomas gastrointestinales persistentes, lo que respalda la existencia de una relación entre la disbiosis intestinal y las manifestaciones digestivas observadas en el autismo. Los autores concluyeron que la microbiota intestinal podría constituir un biomarcador potencial del TEA y un posible objetivo para futuras estrategias terapéuticas dirigidas a restaurar el equilibrio microbiano (Zhang et al., 2023).

En conjunto, la evidencia resulta valiosa para comprender las principales alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal reportadas en población infanto-juvenil con TEA, objetivo central de la presente revisión bibliográfica. La integración de este y otros estudios permitirá identificar los patrones microbianos que se repiten con mayor frecuencia, reconocer las discrepancias existentes en la literatura y ofrecer una síntesis actualizada que facilite el desarrollo de futuras investigaciones sobre el eje microbiota-intestino-cerebro y sus implicaciones en la fisiopatología del trastorno del espectro autista.

Mecanismos propuestos mediante los cuales las alteraciones en la microbiota intestinal podrían influir en los procesos neurológicos y emocionales de niños y adolescentes con trastorno del espectro autista.

Liu et al. (2019) realizaron un análisis sistemático con la finalidad de poder determinar modelos sólidos en cuanto a la alteración en la microbiota intestinal en población infanto juvenil con TEA. Esta revisión comprende 16 artículos analizados, los cuales equiparan las manifestaciones de la microbiota en niños con TEA, y controles

sanos, esto se dió por medio de técnicas independientes de cultivo, este análisis permitió una valoración más concisa en cuanto a las bacterias intestinales. El objetivo de este artículo se basa en la progresiva evidencia que relaciona las manifestaciones gastrointestinales en niños con TEA con los patrones biológicos relacionados con el proceso cognitivo y comportamental.

En cuanto a los resultados se evidenció una diferencia significativa dentro de la composición de la microbiota intestinal en los individuos con TEA. Una de las principales manifestaciones que se encontraron fue una disminución de bacterias consideradas beneficiosas como *Protovella*, *Bifidobacterium*, en conjunto de un incremento de *Clostridium*, *Desulfovibrio*, además de especies que pertenecen al conjunto bacteriano de *Proteobacteria*. Estas variaciones se tornan relevantes debido a que esta comunidad bacteriana participa dentro del desarrollo de metabolitos los cuales son capaces de repercutir sobre procesos inflamatorios, neurológicos e inmunológicos. Los investigadores destacan el aumento de la bacteria *Clostridium*, el cual fue reportado en diferentes estudios analizados en la revisión, lo que podría sugerir una relación con los síntomas presentes en el TEA (Liu et al., 2019).

Los investigadores reportan que la disbiosis intestinal reportadas en el TEA podrían tener una relación con las manifestaciones en vías metabólicas las cuales están implicadas en la relación entre el intestino-cerebro, lo que favorece a la regulación en el comportamiento y procesos neuroinflamatorios. La evidencia analizada de los diversos estudios refiere una asociación entre la microbiota intestinal y sintomatología del TEA, no obstante, la metodología de los estudios, así como también la síntomas gastrointestinales, dieta, y diferencias en cuanto a la geografía entre las muestras, limita la posibilidad de instaurar conclusiones causales concretas. Pese a ello, esta revisión comprende una referencia importante para poder entender cómo las alteraciones de la microbiota pueden repercutir en procesos biológicos asociado al neurodesarrollo además de la conducta en niños con TEA (Liu et al., 2019).

El estudio realizado por Yang y colaboradores (2020) analiza la relación entre la microbiota intestinal y las manifestaciones clínicas que se evidencian en el TEA, estas se centran en las consecuencias de diversas intervenciones que fueron dirigidas a cambiar la composición microbiana intestinal. Mediante una revisión sistemática de diversos estudios clínicos que fueron realizados en niños con TEA, los investigadores

examinaron tratamientos que fueron basados en prebióticos, probióticos, trasplante de microbiota fecal, además de otras estrategias complementarias que son destinadas a restaurar el equilibrio de la microbiota. La importancia de estas intervenciones se da a raíz del indicio que relaciona las manifestaciones intestinales con la modificación dentro del funcionamiento cerebral y el comportamiento, mediante el eje microbiota-intestino-cerebro.

Los resultados evidenciaron que la modulación en la microbiota intestinal ocasionó una variación considerada positiva tanto a nivel gastrointestinal como comportamental. Estudios reportaron una significativa reducción de síntomas digestivos, en conjunto de una mejoría en la interacción social, comportamiento repetitivo, además de la comunicación. Los investigadores refieren que estas manifestaciones se pueden explicar por la capacidad que presenta la microbiota para repercutir en el proceso de producción de neurotransmisores, procesos inflamatorios, así como la regulación inmunológica. De esta forma se resalta que las alteraciones de la microbiota pueden modificar la síntesis de compuestos neuroactivos, lo que repercute en los mecanismos que están relacionados al proceso cognitivo, la conducta, y la regulación emocional (Yang et al., 2020).

En síntesis, este análisis favorece la hipótesis de que las alteraciones de la microbiota podrían alterarse tanto en los procesos neurológicos como emocionales de la población infantil con TEA, lo que conlleva al microbioma en un principal objetivo terapéutico para futuras intervenciones. Esta investigación relata la importancia para entender los mecanismos biológicos que vinculan el intestino con el cerebro, fortaleciendo el análisis sobre nuevas planificaciones de tratamiento en el TEA. No obstante, Yang y colaboradores (2020) sugieren que la heterogeneidad en la metodología de los ensayos clínicos analizados y la disminución del tamaño muestral de investigaciones restringen la posibilidad de determinar conclusiones acerca de la eficacia de estas intervenciones, así como de los mecanismos implicados.

Davies y colaboradores (2021) relatan cómo las diversas manifestaciones de la microbiota intestinal puede repercutir en procesos emocionales neurológicos a través del eje microbiota-intestino cerebro. Los investigadores manifiestan que la disbiosis intestinal es capaz de incrementar permeabilidad de la barrera intestinal, lo cual permite el paso de moléculas proinflamatorias con dirección hacia la

circulación sistémica. La reacción inflamatoria producida puede alterar más adelante el funcionamiento de la permeabilidad de la barrera hematoencefálica, incidiendo en mecanismos de sinaptogénesis cerebral, provocando cambios dentro del desarrollo y función neurológica vinculados al TEA.

De igual manera, los autores resaltan que la microbiota intestinal está involucrada en la generación de metabolitos neuroactivos, los cuales tienen capacidad de afectar al sistema nervioso central. Destacando los ácidos grasos de cadena corta (SCFAs), como el triptófano, el cual es el precursor principal de la serotonina, además del folato y vitamina B12. Los investigadores describen que las manifestaciones en el desarrollo de estos metabolitos podrían beneficiar procesos neuro inflamatorios, así como estrés oxidativo y manifestaciones inmunológicas que inciden en el neurodesarrollo y regulación emocional (Davies et al., 2021).

El papel que cumple la serotonina es otro hallazgo relevante en la interacción entre la microbiota y comportamiento. Los investigadores relatan que aproximadamente el 90% de la serotonina que se encuentra en el organismo es producida en el intestino con bacterias intestinales involucradas, las cuales participan en el metabolismo del triptófano. En presencia de disbiosis, se puede presentar un desequilibrio en la concentración disponible de triptófano y serotonina, lo que posiblemente promueve a la desregulación emocional, manifestaciones cognitivas, además de problemas en la conducta evidenciados en niños con TEA. De igual manera, en investigaciones experimentales analizadas indicaron que la reducción de triptófano se vinculó con comportamientos semejante a la depresión, disminución de serotonina en el cerebro y alteraciones neuroquímicas significativas para la regulación emocional (Davies et al., 2021).

En definitiva, los investigadores Davies y colaboradores (2021) refieren que la microbiota intestinal repercute sobre estructuras neurológicas, las cuales están relacionadas con la cognición y las emociones, esta incluye el sistema límbico, el hipotálamo y la corteza prefrontal. El vínculo que se presenta entre el intestino y el cerebro se da a través de mecanismos metabólicos, neurológicos e inmunológicos, específicamente mediante el nervio vago, el sistema nervioso autónomo y el eje hipotálamo-hipófisis-adrenal. En virtud a esto, las manifestaciones microbianas se pueden vincular con las alteraciones que se evidencian en el TEA, tales como ansiedad,

aislamiento social, alteraciones del procesamiento emocional y conductas repetitivas.

Diversas investigaciones han demostrado que los niños con trastorno del espectro autista presentan alteraciones tanto en la composición de la microbiota intestinal como en la respuesta inflamatoria del organismo. No obstante, aún no existe una explicación definitiva de cómo estos cambios pueden afectar en el desarrollo de las manifestaciones neurológicas y conductuales del trastorno. Continuando con esta problemática, Zarimeidani et al. (2025) realizaron una revisión de la literatura con el propósito de estudiar la participación de la neuroinflamación como mecanismo que conecta la disbiosis intestinal con el desarrollo y el avance del TEA, también para identificar biomarcadores y alternativas terapéuticas basadas en la modulación de la microbiota.

Entre los principales mecanismos que se han descrito, se encuentran los destacados de diversas citocinas y biomarcadores neuroinflamatorios, como BDNF, HMGB-1, S100B, RANTES, eotaxina, GM-CSF y algunos microARN, esta alteración se relaciona con la activación de vías inflamatorias y cambios en la plasticidad cerebral. Los autores indican que la reducción de bacterias beneficiosas y el aumento de microorganismos asociados a disbiosis modifican la producción de ácidos grasos de cadena corta y otros metabolitos que son capaces de alterar la señalización neuronal, la respuesta inmunitaria y la regulación emocional. Estos descubrimientos respaldan la hipótesis de que la neuroinflamación representa un puente biológico entre la microbiota intestinal y las alteraciones neurológicas observadas en niños con TEA (Zarimeidani et al., 2025).

Finalmente, los autores dan como conclusión que la disbiosis intestinal podría aportar al desarrollo del TEA mediante mecanismos neuroinflamatorios, inmunológicos y metabólicos, los cuales pueden perjudicar el sistema nervioso central. Asimismo, proponen que la restauración del equilibrio de la microbiota a través de probióticos representa una estrategia prometedora para disminuir la inflamación y mejorar algunos síntomas del trastorno. Sin embargo, enfatizan que todavía se requieren estudios clínicos de mejor calidad para poder confirmar estos mecanismos y establecer biomarcadores confiables que puedan trasladarse a la práctica clínica.

Jimenez-Arenas et al. (2026) realizaron una revisión sistemática para analizar la

relación que existe entre la microbiota intestinal y procesos neurológicos y comportamentales en niños y adolescentes. Esta revisión incluyó 78 estudios de los cuales se evaluó la composición de la microbiota por medio de técnicas de secuenciación, analizando así la relación con los trastornos del neurodesarrollo, como el trastorno del espectro autista, además de procesos cognitivos, emocionales y conductuales.

Dentro de los resultados evidenciados, se mostraron alteraciones dentro de la comunidad bacteriana que son relacionadas con el comportamiento y neurodesarrollo, no obstante, los investigadores refieren que no existe un único patrón consistente de diversidad microbiana. En los análisis realizados sobre TEA, se evidenciaron aumentos de *Clostridium*, *Sutterella* y *Megamonas*, en conjunto de una disminución de *Bifidobacterium*, *Lactobacillus* y *Blautia*. Diferentes investigaciones demostraron una asociación entre determinadas bacterias intestinales y sintomatología emocional y conductual. Para ilustrar un caso, el aumento de *Veillonella* se relaciona con un comportamiento mayormente agresivo, además de ansiedad y depresión, por otro lado, niveles más elevados de *Bifidobacterium* se vincula con una mejor habilidad adaptativa con una reducción de problemas internalizantes (Jimenez-Arenas et al., 2026).

Los investigadores reportan que la variedad de bacterias las cuales fueron identificadas para la participación de procesos biológicos significativos para el funcionamiento cerebral. Especialmente, *Bifidobacterium* participa en la producción de compuestos neuroactivos como lo es el ácido gamma-aminobutírico (GABA), lo que aporta a la regulación inmunológica intestinal, en cambio, diferentes microorganismos repercuten en la producción de ácidos de cadena corta (SCFAs), estos metabolitos están involucrados en la comunicación intestino-cerebro. Estos resultados proponen que las alteraciones de la microbiota repercuten dentro de procesos relacionados con la autorregulación emocional, comportamiento, cognición y neurodesarrollo, por medio de mecanismos inmunológicos, metabólicos y neuroquímicos (Jimenez-Arenas et al., 2026).

Esta investigación integra la posibilidad de participación de la microbiota en procesos neurológicos y emocionales en niños con TEA, lo cual se considera evidencia relevante para la comprensión del mismo. No obstante, los investigadores consideran que la heterogeneidad de la metodología entre los estudios, en conjunto de

la presencia de variables de confusión insuficientemente controladas, puede limitar el establecimiento de relaciones causales consideradas definitivas (Jimenez-Arenas et al., 2026). En base a lo anteriormente mencionado, los autores recomiendan realizar estudios longitudinales que permitan comprender con mayor rigor los mecanismos biológicos que están vinculados dentro de la interacción de la microbiota y neurodesarrollo.

Con el propósito de comprender los mecanismos mediante los cuales la microbiota intestinal puede influir en el desarrollo de las alteraciones neurológicas y emocionales asociadas al trastorno del espectro autista (TEA), Sharon et al. (2019) realizaron una investigación experimental que buscó establecer una relación causal entre la microbiota intestinal y las manifestaciones conductuales del trastorno.

A diferencia de estudios observacionales previos, los autores utilizaron un modelo de trasplante de microbiota fecal humana, transfiriendo muestras obtenidas de niños con TEA y de niños con desarrollo típico a ratones libres de gérmenes. Posteriormente, evaluaron cambios en el comportamiento, el perfil metabólico y la expresión génica cerebral mediante pruebas conductuales, análisis metabolómicos y estudios moleculares (Sharon et al., 2019).

Los resultados demostraron que los ratones colonizados con microbiota proveniente de niños con TEA desarrollaron alteraciones conductuales similares a las observadas en el trastorno, incluyendo disminución de la interacción social, incremento de comportamientos repetitivos y cambios en la comunicación. Además, se identificaron diferencias significativas en la composición de metabolitos producidos por la microbiota intestinal, especialmente una reducción de compuestos derivados del metabolismo bacteriano capaces de modular la actividad neuronal (Sharon et al., 2019).

Estas modificaciones se asociaron con alteraciones en la expresión de genes relacionados con el neurodesarrollo y la función sináptica, así como con cambios en la excitabilidad neuronal. De manera relevante, la administración de determinados metabolitos microbianos restauró parcialmente las alteraciones conductuales observadas en los modelos animales, lo que respalda la existencia de un mecanismo funcional entre la microbiota intestinal y el cerebro mediado por el eje microbiota-intestino-cerebro (Sharon et al., 2019).

En conjunto, la investigación aporta evidencia de alta calidad para comprender los mecanismos biológicos que sustentan la comunicación entre la microbiota intestinal y el sistema nervioso central en el trastorno del espectro autista. La presente revisión bibliográfica integra estos hallazgos con investigaciones clínicas recientes para analizar cómo las alteraciones microbianas pueden influir en procesos neurológicos y emocionales durante la infancia y la adolescencia, contribuyendo a una mejor comprensión del eje microbiota-intestino-cerebro y proporcionando una base científica para futuras estrategias terapéuticas dirigidas a modular la microbiota intestinal como complemento en el manejo del TEA.

Relación entre las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal y el trastorno del espectro autista en población infanto-juvenil

Según los autores Lewandowska-Pietruszka et al. (2023) se realizó una revisión sistemática para lograr analizar la conexión entre las alteraciones presentadas de la microbiota intestinal y el trastorno del espectro autista (TEA) en niños, iniciando de la demostración que indica una mayor prevalencia de trastorno gastrointestinales en esta población y su posible relación con el eje intestino-cerebro. En dicha revisión se integraron 44 estudios científicos (entre ellos 6 metaanálisis, 9 revisiones sistemáticas y 29 estudios originales), agrupando información de 1123 niños con TEA y 816 controles sanos, con el objetivo de identificar microbiológicos vinculados al trastorno y evaluar la posibilidad de su influencia en la sintomatología clínica.

Se logró evidenciar que los niños con TEA muestran alteraciones significativas en la composición de la microbiota intestinal en relación con los niños neurotípicos. Además, se pudo observar un incremento de los filos Firmicutes y Pseudomonadota (Proteobacteria), así mismo, se evidenció una disminución de Bacteroides, Bifidobacterium y Akkermansia. A su vez, la correlación de Bacteroidetes y Firmicutes fue en general, menor en los participantes que presentan TEA. Estas transformaciones microbiológicas se asocian con una mayor incidencia de síntomas en el tracto digestivo y con una mayor severidad de desórdenes comportamentales y sociales que son cualidades del trastorno, proponiendo que la disbiosis intestinal puede desempeñar un papel significativo en la manifestación clínica del TEA (Lewandowska-Pietruszka et al., 2023).

Los autores establecen que se ha demostrado la evidencia de una correlación entre las alteraciones de la microbiota intestinal y el TEA en niños. Aún así, no se ha evidenciado un perfil microbiológico exclusivo debido a la diversidad de los estudios, los resultados avalan la hipótesis de que la disbiosis intestinal participa en los mecanismos fisiopatológicos del trastorno a través del eje intestino-cerebro. Asimismo, las participaciones orientadas a modificar la microbiota presentaron resultados favorables en la disminución de síntomas gastrointestinales y de la conducta, lo que coloca a la microbiota intestinal como un objetivo terapéutica de suma importancia para una mejora en la calidad de vida de los niños con TEA (Lewandowska-Pietruszka et al., 2023).

Korteniemi et al. (2024) ejecutaron una revisión sistemática con el propósito de sintetizar la evidencia científica sobre el vínculo entre la microbiota intestinal y niños con TEA, dado que, si bien diversas investigaciones han documentado comparaciones entre la estructura de la microbiota y las manifestaciones del TEA, aún no se observa una transparencia sobre el papel en concreto de los microorganismos involucrados. En esta revisión se incluyó 51 estudios publicados entre los años 2005 y 2022, en el cuál, participaron niños desde los 2 hasta los 18 años que fueron diagnosticados con TEA. La mayor parte corresponden a estudios de controles y casos, asimismo de ensayos clínicos aleatorizados y estudios de cohorte que evaluaron la composición de la microbiota intestinal y sus posibles intervenciones terapéuticas (Korteniemi et al., 2024).

Los resultados evidenciaron que los niños con TEA presentan una composición de la microbiota intestinal notablemente distinta a la de los niños con un desarrollo neurotípico. Las investigaciones más sólidas fueron un incremento en Proteobacteria Actinobacteria y el género Sutterella, tomando en cuenta las alteraciones microbiológicas más frecuentes entre los estudios. A su vez, se determinó que estos cambios se relacionan con síntomas gastrointestinales y de la conducta propias del TEA (Korteniemi et al., 2024).

Además, las intervenciones sobre el trasplante de microbiota fecal, probióticos y prebióticos lograron poner en evidencia mejoras en los síntomas gastrointestinales y, en ciertos casos, se presenta también en la conducta e interacción social, acompañadas por un aumento de bacterias beneficiosas como *Bifidobacterium longum*. Dando como

conclusión que la microbiota intestinal representa un componente importante en la manifestación de los síntomas gastrointestinales y, seguramente, de los síntomas de la conducta del TEA (Korteniemi et al., 2024).

Sin embargo, todavía no puede establecerse una conexión como motivo entre microorganismos específicos y el trastorno, la evidencia respalda que alteraciones como el aumento de *Proteobacteria* y *Sutterella*, junto con la disminución de metabolitos como el butirato, muestran características microbiológicas recurrentes en niños con TEA. No obstante, se requieren investigaciones con metodologías más homogéneas para determinar si estos hallazgos pueden utilizarse como biomarcadores o como objetivos terapéuticos en el tratamiento del TEA (Korteniemi et al., 2024).

A pesar de que múltiples investigaciones han vinculado la disbiosis intestinal con (TEA), los resultados continúan siendo irregulares debido al impacto de factores genéticos, ambientales y dietéticos que no siempre son monitoreados adecuadamente en los estudios. Debido a esta limitación, los autores planearon equiparar la microbiota intestinal de niños con TEA con las de sus hermanos neurotípicos y padres con el objetivo de identificar alteraciones microbianas relacionadas específicamente al trastorno y reducir el efecto de las características compartidas dentro del ambiente familiar (Chen et al., 2025).

Dicha investigación incluyó una cohorte familiar que se encuentra conformado por 63 participantes: 19 niños diagnosticados con TEA, 8 hermanos neurotípicos y 36 padres pertenecientes a 17 familias. Se efectuó un estudio de manera observacional mediante secuenciación metagenómica de muestras fecales, empleando un análisis de diversidad microbiana, composición taxonómica y funciones metabólicas. Para minimizar sesgos, se les indicó una dieta a seguir a todos los participantes durante aproximadamente 3 meses antes de la recolección de muestras y se excluyeron aquellos que habían sido tratados con antibióticos, probióticos u otros tratamientos que fueran capaces de modificar la microbiota intestinal (Chen et al., 2025).

Los resultados obtenidos evidenciaron variaciones relevantes en la composición de la microbiota intestinal entre niños con TEA y sus hermanos sanos. Los niños con TEA presentaron una menor abundancia de bacterias consideradas

favorables, en especial *Bifidobacterium breve* y *Bifidobacterium longum*, así como un aumento de especies oportunas a los géneros *Bacteroides* y *Clostridium*, microorganismos anteriormente vinculados con procesos inflamatorios, síntomas gastrointestinales y alteraciones del eje microbiota-intestino-cerebro. De igualmente, el análisis de diversidad beta confirmó que la estructura microbiana de los niños con TEA era notablemente diferente de la observada en los familiares neurotípicos, lo que respalda la existencia de una disbiosis intestinal característica del trastorno (Chen et al., 2025).

Los autores terminan definiendo que los niños con TEA presentan una firma microbiana específica inclusive al relacionarlos con familiares que comparten gran parte del entorno y la carga genética, lo que refuerza la evidencia de una conexión entre la alteración de la microbiota intestinal y el trastorno. Asimismo, plantearon que la reducción de bacterias beneficiosas y el aumento de microorganismos potencialmente oportunistas podrían aportar a la fisiopatología del TEA mediante mecanismos relacionados con la regulación del sistema inmunológico. Estos resultados garantizan la capacidad de la microbiota intestinal como biomarcador y como posible objetivo terapéutico en futuras intervenciones.

Aunque existe evidencia cada vez con mayor impacto sobre la participación de la microbiota intestinal en la fisiopatología del TEA por medio del eje microbiota-intestino-cerebro, aún no se han identificado biomarcadores microbianos consistentes que logren caracterizar la disbiosis asociada al trastorno. Por lo tanto, el objetivo del estudio fue analizar las diferencias en tres razones bacterianas (*Firmicutes/Bacteroidetes*, *Actinobacteria/Proteobacteria* y *Prevotella/Bacteroidetes*) entre niños con TEA y valores referentes de poblaciones neurotípicas europeas, con el fin de determinar su utilidad como posibles biomarcadores del TEA (Kadiyska et al., 2025).

En la investigación se incluyeron a 301 niños y adolescentes de entre 2 y 19 años con un diagnóstico confirmado de TEA según los criterios del DSM-V. Se recogieron muestras fecales para estudiar la microbiota intestinal mediante técnicas de PCR cuantificando el ADN bacteriano. Además, se emplearon pruebas paramétricas y no paramétricas para determinar la significancia estadística de las diferencias encontradas (Kadiyska., 2025).

Se pudo evidenciar una disbiosis intestinal consistente en los niños con TEA y una disminución durante los primeros cuatro años de vida, lo que muestra una reducción de bacterias beneficiosas y un incremento relativo de Proteobacteria, grupo relacionado con procesos inflamatorios. En general, estos descubrimientos indican que los niños con TEA presentan perfiles bacterianos compatibles con un estado persistente de disbiosis intestinal (Kadiyska et al., 2025).

Los autores dan como conclusión que las alteraciones que se lograron observar en las razones bacterianas respaldan la existencia de una relación entre el TEA y disbiosis intestinal, en particular durante la primera infancia que es una etapa crítica para el neurodesarrollo. La disminución bacteriana y el aumento de microorganismos eventualmente proinflamatorios podrían beneficiar alteraciones inmunológicas, metabólicas y neuroconductuales mediadas por el eje microbiota-intestino-cerebro. Aunque el diseño transversal no permite establecer una relación causal, los resultados respaldan el uso continuo de estas razones bacterianas como biomarcadores y proponen la modulación de la microbiota intestinal como una estrategia terapéutica prometedora para los niños con TEA (Kadiyska et al., 2025).

El trastorno del espectro autista (TEA) se relaciona con reiteración a alteraciones de la microbiota intestinal y síntomas gastrointestinales; No obstante, las investigaciones muestran resultados heterogéneos que dificultan reconocer patrones microbianos sólidos. Frente a esta situación, los autores desarrollaron una revisión sistemática donde el objetivo era identificar biomarcadores de la microbiota intestinal y fisiopatología del TEA (Tao et al., 2025).

Para este estudio se llevó a cabo una revisión sistemática continuando la guía PRISMA. Se presentaron 64 estudios de casos y controles, reuniendo a 3.359 pacientes con TEA y 2.632 controles sanos. Los estudios examinaron la microbiota intestinal mediante secuenciación 16S rRNA o metagenómica, esos resultados fueron sintetizados a través del método de vote counting para lograr observar y analizar de mejor manera las alteraciones microbianas maps consistentes (Tao et al., 2025).

Esta revisión sistemática identificó 189 taxones bacterianos con disparidad entre niños con TEA y controles. No hubo cambios consistentes en la diversidad alfa, pero sí encontraron diferencias importantes en la diversidad beta. Asimismo se contempló un aumento de Clostridium, Klebsiella y Eubacteriales, junto con una

reducción de bacterias de mayor beneficio como *Akkermansia*, *Streptococcus*, *Coprococcus* y *Dialister*, estos cambios muestran un desequilibrio de la microbiota intestinal definido por mayor inflamación, disminución de probióticos naturales y alteración de bacterias productoras de butirato, metabolito indispensable para la homeostasis intestinal (Tao et al., 2025).

Los autores dan como conclusión que las alteraciones de la microbiota intestinal en el TEA se caracterizan por un aumento de bacterias proinflamatorias y una disminución de microorganismos con funciones protectoras. Estos descubrimientos respaldan la presencia de una relación entre la disbiosis intestinal y el TEA en niños, asimismo de indicar que determinados microorganismos podrían emplearse como biomarcadores para el diagnóstico y como posibles blancos terapéuticos. Sin embargo, la heterogeneidad metodológica entre los estudios hace necesario realizar investigaciones más estandarizadas para confirmar estos resultados (Tao et al., 2025).

El trastorno del espectro autista (TEA) no se caracteriza sólo por alteraciones en la conducta y comunicación, sino que también muestra una alta frecuencia de trastornos gastrointestinales asociados a cambios en la microbiota intestinal. Siendo así, Petropoulos et al. (2025) plantean que el eje microbiota-intestino-cerebro representa una vía de comunicación bidireccional, la cual, es capaz de influir en el funcionamiento y desarrollo del sistema nervioso central. Los autores desarrollaron una revisión narrativa para analizar los mecanismos mediante los cuales las alteraciones de la microbiota podrían intervenir en la fisiopatología del TEA y evaluar las estrategias terapéuticas dirigidas a este eje.

Los resultados muestran que la disbiosis intestinal puede influir en los procesos neurológicos y emocionales mediante múltiples vías interrelacionadas. La disminución de bacterias beneficiosas y el aumento de microorganismos eventualmente patógenos benefician la producción de citocinas proinflamatorias, aumentan la permeabilidad intestinal y posibilitan el paso de lipopolisacáridos entre otros metabolitos hacia la circulación sistémica. Estos componentes pueden activar la microglía y promover procesos de neuroinflamación, incluso, de modificar la producción de neurotransmisores como serotonina y GABA, además de ácidos grasos de cadena corta, la regulación emocional, sustancias importantes para la maduración

cerebral, la respuesta al estrés y el comportamiento social. Es así, que las alteraciones de la microbiota podrían influir en el desarrollo y mantenimiento de las manifestaciones conductuales y emocionales observadas en niños y adolescentes con TEA (Petropoulos et al., 2025).

Los autores concluyeron con que los resultados actuales respaldan la participación del eje microbiota-intestino-cerebro en la fisiopatología del TEA y sugiere que la modulación de la microbiota a través de probióticos, prebióticos, trasplante de microbiota fecal y estrategias nutricionales representaría una alternativa como complemento para mejorar los síntomas gastrointestinales como neuroconductuales. No obstante, reconocen que aún se encuentran limitaciones metodológicas y heterogeneidad entre los estudios, por consiguiente, consideran importante desarrollar investigaciones longitudinales y ensayos clínicos de mayor calidad para poder confirmar estos mecanismos y su aplicación terapéutica.

En conjunto, los estudios analizados evidencian una tendencia consistente al describir alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en niños con trastorno del espectro autista, caracterizadas principalmente por la disminución de microorganismos beneficiosos y el incremento de bacterias asociadas a procesos inflamatorios y metabólicos. Si bien existen diferencias en las poblaciones estudiadas y en las metodologías empleadas, la mayoría de las investigaciones coincide en señalar que estas alteraciones podrían desempeñar un papel importante en la fisiopatología del TEA mediante su interacción con el eje microbiota-intestino-cerebro.

Asimismo, la incorporación de enfoques más recientes, como el análisis del viroma, el microbioma y las funciones metabólicas del microbioma, ha permitido comprender que la disbiosis intestinal constituye un fenómeno complejo que trasciende los cambios en la abundancia bacteriana. En consecuencia, la evidencia revisada respalda la existencia de una relación entre las alteraciones de la microbiota intestinal y el TEA en población infanto-juvenil, aunque también pone de manifiesto la necesidad de continuar desarrollando investigaciones con metodologías más homogéneas que permitan esclarecer los mecanismos implicados y fortalecer la evidencia científica disponible.

Con el objetivo de sintetizar la evidencia científica disponible sobre la relación entre las alteraciones de la microbiota intestinal y el trastorno del espectro autista (TEA), Hung y Margolis (2024) realizaron una revisión narrativa de estudios clínicos y

experimentales publicados en los últimos años. Los autores analizaron investigaciones desarrolladas principalmente en población pediátrica y adolescente, centrándose en la interacción entre el tracto gastrointestinal, la microbiota intestinal y el sistema nervioso central.

Esta revisión representa una contribución importante para el campo disciplinar porque integra de manera crítica los principales hallazgos sobre la relación entre el sistema gastrointestinal y el trastorno del espectro autista, identificando tanto los avances alcanzados como las principales brechas del conocimiento. Entre sus fortalezas destacan la incorporación de evidencia clínica y experimental, así como el análisis de los mecanismos biológicos que sustentan la interacción entre la microbiota intestinal y el cerebro (Hung et al., 2024).

En conjunto, la evidencia sintetizada por Hung y Margolis (2024) permite comprender que la relación entre las alteraciones de la composición y diversidad de la microbiota intestinal y el trastorno del espectro autista es compleja y multifactorial. La presente revisión bibliográfica busca integrar de forma crítica los resultados de investigaciones recientes para identificar los hallazgos más consistentes, las discrepancias existentes y las perspectivas futuras en este campo de estudio. De esta manera, ofrece una base científica útil para investigadores y profesionales de la salud interesados en comprender el papel del eje microbiota-intestino-cerebro en la población infanto-juvenil con TEA y en orientar futuras estrategias de investigación e intervención clínica (Hung et al., 2024).

Tabla 1

Tabla Resumen

<i>Autor (Año)</i>	<i>Tipo de estudio</i>	<i>Objetivo principal</i>	<i>Hallazgos principales</i>	<i>Aporte a la tesis</i>
<i>Iglesias et al. (2020)</i>	<i>Revisión sistemática y metaanálisis</i>	<i>Comparar microbiota en niños con TEA y controles</i>	<i>Disbiosis con aumento de bacterias proinflamatorias y disminución de Bifidobacterium</i>	<i>Evidencia sólida de alteraciones microbiológicas</i>
<i>Wong et al.</i>	<i>Caso-control</i>	<i>Evaluar</i>	<i>Las alteraciones</i>	<i>La disbiosis es</i>

(2022)		microbiota considerando trastornos gastrointestinales	persisten incluso controlando FGID	independiente de los trastornos digestivos
Xie et al. (2022)	Caso-control	Analizar microbiota en niños chinos con TEA	Menor diversidad bacteriana y mayor	Confirma la presencia de disbiosis
Zhang et al. (2023)	Estudio observacional de casos y controles.	Comparar la microbiota intestinal en niños con TEA y controles.	Menor diversidad y cambios en bacterias beneficiosas y proinflamatorias.	Identifica las alteraciones de la microbiota en niños con TEA.
Wan et al. (2024)	Caso-control	Analizar microbiota y viroma intestinal	inflamación Alteraciones en bacterias y virus intestinales	Amplía el concepto de microbiota incluyendo el viroma
Yu et al. (2024)	Revisión narrativa	Sintetizar alteraciones microbianas en TEA	Disminución de bacterias beneficiosas y aumento de patógenas	Resume evidencia reciente de
Hung et al., (2024).	Revisión narrativa	Sintetizar la evidencia sobre microbiota intestinal y TEA.	Confirma la asociación entre disbiosis, inflamación y síntomas del TEA.	Resume la evidencia reciente y señala vacíos de investigación.
Sharon et al. (2019)	Experimental	Evaluar el efecto de la microbiota de niños con TEA sobre el comportamiento.	La microbiota del TEA indujo alteraciones conductuales y neurológicas en ratones.	Explica los mecanismos del eje microbiota-intestino-cerebro en el TEA.
Liu et al. (2019)	Revisión sistemática	Relacionar microbiota y procesos neurológicos	Disbiosis asociada con inflamación y neurodesarrollo	Explica mecanismos biológicos

Yang et al. (2020)	Revisión sistemática	Evaluar intervenciones sobre microbiota	Mejoría de síntomas GI y conductuales	Sustenta aplicaciones terapéuticas
Davies et al. (2021)	Revisión	Explicar eje microbiota-serotonina,	Alteración de serotonina,	Fundamenta mecanismos
Jiménez-Arenas et al. (2026)	Revisión sistemática	Analizar microbiota y neurodesarrollo	Asociación con regulación emocional y conducta	Relaciona microbiota con procesos psicológicos
Su et al. (2024)	Estudio metagenómico	Identificar biomarcadores microbianos	Alteraciones funcionales y metabólicas de la microbiota	Propone y posibles de biomarcadores
Lewandowska-Pietruszka et al. (2023)	Revisión sistemática	Evaluar relación microbiota-TEA	Asociación consistente, sin perfil único	Respalda la relación general
Kadiyska et al. (2025)	Estudio observacional transversal	Analizar las diferencias en las razones bacterianas en niños con TEA para evaluar su utilidad como posibles biomarcadores de disbiosis intestinal.	Se evidenció disbiosis intestinal mediante alteraciones en las razones bacterianas.	Confirma la asociación entre disbiosis intestinal y TEA, apoyando el uso de biomarcadores microbianos.
Korteniemi et al. (2024)	Revisión sistemática	Sintetizar evidencia microbiota-TEA	Beneficios potenciales de probióticos	Apoya el potencial terapéutico
Chen et al. (2025)	Cohorte familiar	Comparar niños con TEA y familiares	Menor trasplante fecal y abundancia de bacterias beneficiosas	Fortalece evidencia de disbiosis

Conclusiones

La presente revisión permitió identificar una asociación consistente entre el trastorno del espectro autista (TEA) y las alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en población infantil. Aunque la evidencia científica disponible aún no permite establecer una relación causal, la coincidencia de los hallazgos reportados en investigaciones desarrolladas en diferentes contextos geográficos y mediante distintas metodologías fortalece la hipótesis de que la disbiosis intestinal constituye un componente biológico relevante en el TEA. En la mayoría de los estudios se describió una disminución de bacterias beneficiosas, como *Bifidobacterium*, *Prevotella* y *Blautia*, acompañada por un incremento de microorganismos como *Clostridium*, *Desulfovibrio* y *Bacteroides*, los cuales han sido relacionados con procesos inflamatorios, alteraciones metabólicas y modificaciones en la comunicación entre el intestino y el sistema nervioso central. En este sentido, la evidencia revisada permite responder afirmativamente a la pregunta guía de investigación, indicando que el autismo se relaciona con alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal durante la infancia.

Los hallazgos obtenidos también permiten inferir que las alteraciones observadas en la microbiota intestinal no corresponden únicamente a cambios en la abundancia de determinados microorganismos, sino a modificaciones más amplias que afectan la diversidad, estabilidad y funcionalidad del ecosistema intestinal. Las investigaciones más recientes incorporan además el estudio del viroma, el microbioma y las funciones metabólicas del microbioma, evidenciando que la disbiosis involucra múltiples microorganismos y vías biológicas que interactúan entre sí. Esta perspectiva amplía la comprensión tradicional de la microbiota intestinal y sugiere que las alteraciones descritas en niños con TEA representan un fenómeno complejo, dinámico y multifactorial, más que una simple variación en la presencia o ausencia de ciertas bacterias.

De igual manera, la evidencia analizada respalda la participación del eje microbiota-intestino-cerebro como un mecanismo potencialmente implicado en los procesos emocionales y neurológicos asociados al TEA. Diversos estudios señalaron que la disbiosis puede favorecer respuestas inflamatorias, incrementar la permeabilidad intestinal y modificar la producción de metabolitos y

neurotransmisores, entre ellos serotonina, ácido gamma-aminobutírico (GABA) y ácidos grasos de cadena corta, los cuales desempeñan un papel importante en el neurodesarrollo, la plasticidad cerebral y la regulación de la conducta. Si bien estos mecanismos continúan siendo objeto de investigación, la convergencia de los resultados permite inferir que la microbiota intestinal podría influir en la expresión de determinadas manifestaciones clínicas del TEA, especialmente aquellas relacionadas con la conducta, la interacción social y la regulación emocional.

Al integrar la evidencia disponible también fue posible identificar una tendencia común entre los estudios revisados. A pesar de las diferencias en las características de las muestras, las técnicas de secuenciación y los procedimientos de análisis, la mayoría coincide en reconocer patrones de disbiosis intestinal en niños con TEA y en destacar la relevancia del eje microbiota-intestino-cerebro como una línea de investigación con creciente respaldo científico. Esto permite concluir que el conocimiento generado durante los últimos años ha fortalecido la comprensión del TEA desde una perspectiva biológica complementaria, sin desplazar la importancia de los factores genéticos, psicológicos y ambientales que intervienen en su desarrollo.

No obstante, es necesario interpretar estos resultados con cautela. Una de las principales limitaciones identificadas en esta revisión corresponde a la heterogeneidad metodológica de los estudios incluidos, tanto en el tamaño y características de las muestras como en las técnicas utilizadas para analizar la microbiota intestinal. Así mismo, variables como la alimentación, el consumo de antibióticos o probióticos, la edad, las diferencias culturales y la presencia de trastornos gastrointestinales no fueron controladas de manera homogénea, lo que dificulta la comparación entre investigaciones. A ello se suma que gran parte de la evidencia proviene de estudios observacionales y transversales, por lo que aún no es posible determinar si las alteraciones de la microbiota constituyen un factor predisponente para el TEA o si representan una consecuencia de las características propias del trastorno.

Considerando estas limitaciones, resulta pertinente que futuras investigaciones desarrollen estudios longitudinales con muestras más amplias y representativas, incorporando metodologías estandarizadas que permitan comparar resultados entre diferentes poblaciones. Del mismo modo, sería importante profundizar en el estudio de otros componentes del microbioma, como el viroma y el micobioma, así como en los

mecanismos moleculares que intervienen en la comunicación entre el intestino y el cerebro. También se recomienda fortalecer la investigación sobre intervenciones dirigidas a modular la microbiota intestinal, evaluando mediante ensayos clínicos rigurosos el impacto de estrategias como probióticos, prebióticos, simbióticos y trasplante de microbiota fecal sobre los síntomas gastrointestinales, conductuales y emocionales presentes en niños con TEA.

Finalmente, los resultados de esta revisión tienen implicaciones relevantes para la práctica de la Psicología Clínica y para los profesionales de la salud mental en general. Comprender que el funcionamiento emocional y conductual puede estar influenciado por factores biológicos relacionados con la microbiota intestinal favorece una visión más integral del TEA y fortalece el abordaje biopsicosocial del trastorno. Desde esta perspectiva, el psicólogo clínico puede enriquecer su comprensión del caso al reconocer la interacción entre variables neurobiológicas, psicológicas y ambientales, promoviendo el trabajo coordinado con neuropediatras, psiquiatras, gastroenterólogos y nutricionistas. Este enfoque interdisciplinario no solo amplía las posibilidades de evaluación e intervención, sino que también contribuye a diseñar estrategias terapéuticas más completas y centradas en las necesidades individuales de cada niño y su familia.

Referencias

- Álvarez, J., Real, J. M. F., Guarner, F., Gueimonde, M., Rodríguez, J. M., de Pipaon, M. S., & Sanz, Y. (2021). Microbiota intestinal y salud. *Gastroenterología y Hepatología*, 44(7), 519-535.
<https://doi.org/10.1016/j.gastrohep.2021.01.009>
- Alvarado, P. F., & Hinchado, I. O. (2022). Perfil cognitivo del trastorno del espectro autista en población infantojuvenil: una revisión sistemática. *Revista de psicología clínica con niños y adolescentes*, 9(3), 4.
<https://doi.org/10.21134/rpcna.2022.09.3.3>
- Alharthi, A., Alhazmi, S., Alburae, N., & Bahieldin, A. (2022). The human gut microbiome as a potential factor in autism spectrum disorder. *International journal of molecular sciences*, 23(3), 1363.
<https://doi.org/10.3390/ijms23031363>
- Bustos-Fernández, L. M., & Hanna-Jairala, I. (2022). Eje cerebro intestino microbiota. Importancia en la práctica clínica. *Revista de Gastroenterología del Perú*, 42(2), 106-116. <https://doi.org/10.47892/rgp.2022.422.1438>
- Castañeda Guillot, C. (2020). Microbiota intestinal y trastornos del comportamiento mental. *Revista Cubana de Pediatría*, 92(2).
<http://scielo.sld.cu/pdf/ped/v92n2/1561-3119-ped-92-02-e1063.pdf>
- Chen, Q., Xu, J., Yang, J., Qin, X., Fan, J., Ke, H., Yang, Z., Zheng, W., Li, X., Huang, L., & Ning, W. (2025). Gut microbiota analysis in children with autism spectrum disorder and their family members. *Scientific Reports*, 15, 44282. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-27822-z>
- Chernikova, M. A., Flores, G. D., Kilroy, E., Labus, J. S., Mayer, E. A., & Aziz-Zadeh, L. (2021). The brain-gut-microbiome system: pathways and implications for autism spectrum disorder. *Nutrients*, 13(12), 4497.
<https://doi.org/10.3390/nu13124497>
- Di Vincenzo, F., Del Gaudio, A., Petito, V., Lopetuso, L. R., & Scaldaferri, F. (2024). Gut microbiota, intestinal permeability, and systemic inflammation: a narrative review. *Internal and emergency medicine*, 19(2), 275-293.

<https://doi.org/10.1007/s11739-023-03374-w>

Davies, C., Mishra, D., Eshraghi, R. S., Mittal, J., Sinha, R., Bulut, E., ... & Eshraghi, A. A. (2021). Altering the gut microbiome to potentially modulate behavioral manifestations in autism spectrum disorders: A systematic review. *Neuroscience & Biobehavioral Reviews*, 128, 549-557.

<https://doi.org/10.1016/j.neubiorev.2021.07.001>

Fowlie, G., Cohen, N., & Ming, X. (2018). The perturbation of microbiome and gut-brain axis in autism spectrum disorders. *International journal of molecular sciences*, 19(8), 2251. <https://doi.org/10.3390/ijms19082251>

Iglesias-Vázquez, L., Van Ginkel Riba, G., Arija, V., & Canals, J. (2020). Composition of gut microbiota in children with autism spectrum disorder: a systematic review and meta-analysis. *Nutrients*, 12(3), 792. <https://doi.org/10.3390/nu12030792>

Jimenez-Arenas, P., Ferrer, M., Ruiz-Rivera, M., Júlvez, J., Bustamante, M., & Gascon, M. (2026). The relationship between the gut microbiota and neuropsychological development and behaviour during childhood and adolescence: a systematic review of epidemiological studies. *Brain, Behavior, & Immunity-Health*, 101212. <https://doi.org/10.1016/j.bbih.2026.101212>

Kadiyska, T., Vassilev, D., Tourtourikov, I., Ciurinskiene, S., Madzharova, D., Savcheva, M., Stoynev, N., Mileva-Popova, R., Tafradiiska-Hadjiolova, R., & Mitev, V. (2025). *Age-Dependent Gut Microbiome Dysbiosis in Autism Spectrum Disorder and the Role of Key Bacterial Ratios*. *Nutrients*, 17(11), 1775. <https://doi.org/10.3390/nu17111775>

Korteniemi, J., Karlsson, L., & Aatsinki, A. (2023). Systematic review: Autism spectrum disorder and the gut microbiota. *Acta psychiatrica Scandinavica*, 148(3), 242–254. <https://doi.org/10.1111/acps.13587>

Kushak, R. I., Sengupta, A., & Winter, H. S. (2022). Interactions between the intestinal microbiota and epigenome in individuals with autism spectrum disorder. *Developmental Medicine & Child Neurology*, 64(3), 296-304.

<https://doi.org/10.1111/dmcn.15052>

Lewandowska-Pietruszka, Z., Figlerowicz, M., & Mazur-Melewska, K. (2023).

Microbiota in autism spectrum disorder: a systematic review. *International journal of molecular sciences*, 24(23), 16660.

<https://doi.org/10.3390/ijms242316660>

López-Chávez, C., Larrea-Castelo, M. D. L., Breilh, J., & Tillería, Y. (2020). La determinación social del autismo en población infantil ecuatoriana. *Revista Ciencias de la Salud*, 18(SPE), 4-30.

<https://doi.org/10.12804/revistas.urosario.edu.co/revsalud/a.8993>

Liu, F., Li, J., Wu, F., Zheng, H., Peng, Q., & Zhou, H. (2019). Altered composition and function of intestinal microbiota in autism spectrum disorders: a systematic review. *Translational psychiatry*, 9(1), 43.

<https://doi.org/10.1038/s41398-019-0389-6>

Petropoulos, A., Stavropoulou, E., Tsigalou, C., & Bezirtzoglou, E. (2025).

Microbiota gut–brain axis and autism spectrum disorder: Mechanisms and therapeutic perspectives. *Nutrients*, 17(18), 2984.

<https://doi.org/10.3390/nu17182984>

Real-López, M., Peraire, M., Ramos-Vidal, C., Nath, D., Hervás, A., & Cortés, X. (2021). Implicación de la disbiosis intestinal en la etiopatogenia y el tratamiento del trastorno del espectro autista: una revisión bibliográfica. *Rev Neurol*, 73, 282-

295. <https://doi.org/10.33588/rn.7308.2021189>

Sharon, G., Cruz, N. J., Kang, D. W., Gandal, M. J., Wang, B., Kim, Y. M., Zink, E. M., Casey, C. P., Taylor, B. C., Lane, C. J., Bramer, L. M., Isern, N. G., Hoyt, D. W., Noecker, C., Sweredoski, M. J., Moradian, A., Borenstein, E., Janssen, S., Knight, R., ... Mazmanian, S. K. (2019). *Human gut microbiota from autism spectrum disorder promote behavioral symptoms in mice*. *Cell*, 177(6), 1600–1618.e17. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.05.004>

Su, Q., Wong, O. W., Lu, W., Wan, Y., Zhang, L., Xu, W., ... & Ng, S. C. (2024).

Multikingdom and functional gut microbiota markers for autism spectrum

- disorder. *Nature microbiology*, 9(9), 2344-2355. <https://doi.org/10.1038/s41564-024-01739-1>
- Tao, X., Li, Z., Wang, D., Pu, J., Liu, Y., Gui, S., Zhong, X., Yang, D., Zhou, H., Tao, W., Chen, W., Chen, X., Chen, Y., Chen, X., & Xie, P. (2025). *Perturbations in gut microbiota in autism spectrum disorder: A systematic review*. *Frontiers in Neuroscience*, 19, 1448478. <https://doi.org/10.3389/fnins.2025.1448478>
- Wan, Y., Zhang, L., Xu, Z., Su, Q., Leung, T. F., Chan, D., ... & Ng, S. C. (2024). Alterations in fecal virome and bacteriome virome interplay in children with autism spectrum disorder. *Cell Reports Medicine*, 5(2). <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2024.101409>
- Wong, O. W., Lam, A. M., Or, B. P., Mo, F. Y., Shea, C. K., Lai, K. Y., ... & Leung, P. W. (2022). Disentangling the relationship of gut microbiota, functional gastrointestinal disorders and autism: A case–control study on prepubertal Chinese boys. *Scientific Reports*, 12(1), 10659. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-14785-8>
- Xie, X., Li, L., Wu, X., Hou, F., Chen, Y., Shi, L., ... & Song, R. (2022). Alteration of the fecal microbiota in Chinese children with autism spectrum disorder. *Autism Research*, 15(6), 996-1007. <https://doi.org/10.1002/aur.2718>
- Yu, R., Hafeez, R., Ibrahim, M., Alonazi, W. B., & Li, B. (2024). The complex interplay between autism spectrum disorder and gut microbiota in children: A comprehensive review. *Behavioural Brain Research*, 473, 115177. <https://doi.org/10.1016/j.bbr.2024.115177>
- Yang, J., Fu, X., Liao, X., & Li, Y. (2020). Effects of gut microbial-based treatments on gut microbiota, behavioral symptoms, and gastrointestinal symptoms in children with autism spectrum disorder: A systematic review. *Psychiatry research*, 293, 113471. <https://doi.org/10.1016/j.psychres.2020.113471>
- Zarimeidani, F., Rahmati, R., Mostafavi, M., Darvishi, M., Khodadadi, S., Mohammadi, M., Shamlou, F., Bakhtiyari, S., & Alipourfard, I. (2025). *Gut microbiota and autism spectrum disorder: A*

neuroinflammatory mediated mechanism of pathogenesis?

Inflammation, 48(2), 501–519. <https://doi.org/10.1007/s10753-024-02061-y>

Zhang, X., Zhang, L., Duan, G., Song, C., Li, Z., Yang, Y., Wang, Y., Wang, X., & Zhu, C. (2023). *Gut microbiota signature in children with autism spectrum disorder who suffered from chronic gastrointestinal symptoms*. **Microbial Cell Factories**, 22, 184. <https://doi.org/10.1186/s12934-023-02194-4>

Zubiri, C., & Guzmán, L. (2024). Trastornos gastrointestinales en niños con trastornos del espectro autista. *Acta Gastroenterológica Latinoamericana*, 54(3), 231-238. <https://doi.org/10.52787/agl.v54i3.440>



Domenica González Tello portadora de la cédula de ciudadanía N° **0705229920** y **Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez** con cédula de ciudadanía N° **0706010113**. En calidad de autores y titulares de los derechos patrimoniales del trabajo de titulación **“Autismo y alteraciones en la composición y diversidad de la microbiota intestinal en población infanto-juvenil: Una revisión bibliográfica”** de conformidad a lo establecido en el artículo 114 Código Orgánico de la Economía Social de los Conocimientos, Creatividad e Innovación, reconozco a favor de la Universidad Católica de Cuenca una licencia gratuita, intransferible y no exclusiva para el uso no comercial de la obra, con fines estrictamente académicos y no comerciales. Autorizamos además a la Universidad Católica de Cuenca, para que realice la publicación de éste trabajo de titulación en el Repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior.

Cuenca, **14 de septiembre de 2026**

F: 

Domenica González Tello

C.I. 0705229920

F: 

Dayana Stephania Jaramillo Ordóñez

C.I. 0706010113