

Relatório Microbioma Intestinal — Humano

Paciente: Homo sapiens · M1 Idade: 71 anos Sexo: M Data da amostra: 2026-05-12 Data do relatório: 2026-07-05 Lab: OmicaLabs SL — Pipeline: GenePortal Microbioma Humano v2.1 (metagenómica shotgun)

Aviso: Relatório de suporte clínico. Não constitui diagnóstico médico. A interpretação clínica requer correlação com o quadro clínico completo e exames complementares.

1. Quadro clínico principal (71a, M)

Rastreio pré-decisão terapêutica em cancro colorretal: não se detetam patógenos de prioridade alta nem uma assinatura microbiómica que, por si só, guie a decisão de quimioterapia adjuvante. Sem patógenos bacterianos nem eucariotas de prioridade clínica alta detetados. Perfil com disbiose ligeira (faixa ligeiramente alterada).

2. Dados clínicos do paciente

Campo	Valor
Espécie	human
Idade	71
Sexo	M
Peso (kg)	74.0
Dieta	omnivorous (ocidental, modificada por sintomas)
Antibióticos últimos 30 dias	False
Antibiótico (fármaco)	—
Probióticos	False
Data da amostra	2026-05-12

Campo	Valor
Armazenamento	—
Geografia (ISO)	AT

2.1 Contexto clínico

Motivo do teste: Rastreio de microbioma intestinal em paciente com adenocarcinoma colorretal estágio II (pT3N0M0) pendente de decisão terapêutica sobre quimioterapia adjuvante.

Sintomas principais: - Alteração recente do hábito intestinal (obstipação alternando com diarreia, 3 meses) - Retorragia intermitente autolimitada - Dor abdominal difusa ligeira - Perda de 6 kg em 6 meses (IMC 23.5 → 21.8)

Historial relevante: - Adenocarcinoma do cólon sigmoide, moderadamente diferenciado (G2), pT3N0M0, estágio IIA - Ressecção cirúrgica (sigmoidectomia laparoscópica) há 6 semanas - Margens livres (R0), MSI estável (MSS), sem mutação BRAF V600E - Colonoscopia índice: pólipos sessil de 3 cm no sigma, biópsia diagnóstica - Antecedentes de pólipos adenomatosos em colonoscopia de rastreio há 7 anos (2 pólipos tubulares <1 cm, removidos) - PCR 12 mg/L pré-cirurgia, CEA 4.2 ng/mL pós-cirurgia (em descida)

Medicação atual: - AINE ocasional (ibuprofeno 600 mg, suspenso 2 semanas antes da amostra)

Comorbilidades: - Hipertensão arterial grau 1 controlada com dieta - Ex-fumador (25 maços-ano, deixou há 15 anos)

Antecedentes familiares: - Pai: cancro colorretal aos 68 anos - Irmã: pólipos adenomatosos aos 55 anos

3. Qualidade da amostra (QC)

Métrica	Valor	Estado
Leituras totais	42,989,316	—
Leituras do hospedeiro	0.1%	OK
Leituras pós-filtro	42,967,821	—
Leituras classificadas	8,011,239	—
NTC	—	—

Métrica	Valor	Estado
Mock community	—	—
Batch QC	Não avaliado	—

4. Composição taxonómica

4.1 Top 5 phyla

Phylum	Abundância %
Bacillota (Firmicutes)	66.09
Bacteroidota (Bacteroidetes)	22.26
Actinomycetota (Actinobacteria)	8.78
Methanobacteriota	1.41
Verrucomicrobiota	0.65

4.2 Top 10 géneros

Género	Abundância %
Faecalibacterium	11.60
Ruminococcus	2.08
Vescimonas (Lachnospiraceae)	1.46
Ruthenibacterium	0.48
Oscillibacter (Oscillospiraceae)	1.23
Flavonifractor	0.42
Subdoligranulum	0.28
Lawsonibacter	0.25
Pusillibacter (Bacteroidaceae)	0.25
Dysosmobacter	0.86

Gênero	Abundância %

4.3 Gêneros de interesse clínico

- Phocaeicola (2.93%): Reclassificado de Bacteroides (GTDB). Implicado no metabolismo de ácidos biliares. Gênero comum na microbiota intestinal humana.
- Mediterraneibacter (0.79%): Reclassificado de Ruminococcus (GTDB). Produtor de acetato. Parte do grupo Lachnospiraceae, comum em microbiota saudável.
- Lachnoclostridium (0.38%): Lachnospiraceae implicado na fermentação de fibra e produção de AGCC. Gênero comum em microbiota saudável; algumas espécies com potencial pró-inflamatório em contexto de DII.

4.4 Diversidade alfa

Índice	Valor	Intervalo saudável
Shannon	3.227	2.5 - 4.5 (saudável)
Simpson	0.931	0.8 - 0.98 (saudável)
Chao1	801.3	—
ASVs observados	—	—
Equitabilidade de Pielou	0.540	—

5. Índice de Disbiose (proxy iHMP HMP2)

- Índice de Disbiose (soma de z-score): -0.498 (ligeiramente alterado)
- Rácio Bacillota / Bacteroidota: 2.969 (normal)
- Distância β (Bray-Curtis vs centroide saudável): 0.7428
- Distância β (Euclidiana, log10): 0.5612
- Método: iHMP_HMP2_zscore_proxy_human_v2
- Referência: iHMP_HMP2_2019 + Gevers2014_CellHostMicrobe + Gupta2020_NatureComms + Toto2024_PedIBD

| Aviso:; não equivale ao DI clínico por qPCR.

5.1 Contribuição por táxon

Táxon	Abundância %	z-score	Direção	Contribuição
Faecalibacterium	11.60	-0.13	saúde	+0.13
Roseburia	1.77	-0.17	saúde	+0.17
Alistipes	12.22	0.27	saúde	-0.27
Prevotella	0.09	0.66	saúde	-0.66
Ruminococcus	2.08	0.56	saúde	-0.56
Coprococcus	0.45	0.60	saúde	-0.60
Subdoligranulum	0.28	-1.53	saúde	+1.53
Akkermansia	1.12	0.88	saúde	-0.88
Escherichia coli	0.25	0.65	disbiose	+0.65
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (não detetado)	0.00	disbiose	0.00

- 1/10 táxones do painel não detetados — o DI deve ser interpretado com cautela.
- ⚠ Centroide calibrado contra referência populacional europeia (DMP europeu (Gacesa 2022, n=8.208)); pendente coorte espanhola local. A distância β e o DI derivado têm precisão reduzida para populações não europeias; interpretar como orientativo.

6. Espécies indicadoras (produtoras de SCFA)

Género	Detetado %	Intervalo saudável	Estado
Faecalibacterium	11.60	—	normal
Roseburia	1.77	—	normal
Alistipes	12.22	—	normal
Prevotella	0.09	—	normal
Ruminococcus	2.08	—	normal

Género	Detetado %	Intervalo saudável	Estado
Coprococcus	0.45	—	normal
Subdoligranulum	0.28	—	low
Akkermansia	1.12	—	normal
Escherichia coli	0.25	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (não detetado)	—	low

Total de produtoras de SCFA: 59.12 % (saudável > 12 %)

7. Biomarcadores espécie-específicos (enriquecimento clínico)

Biomarcadores clínicos humanos (SoTA 2020-2025 — Gupta 2020 + Frioux 2023 + Zheng 2024)

- Enterosignatures (NMF soft): ES-B=56%, ES-P=0%, ES-F=26%, ES-Bf=17%, ES-Ec=0%
- EDS (Enterotype Dysbiosis Score): 0.44 (enterótipo misto)
- GMHI (Gut Microbiome Health Index): -0.16 (não saudável (previsto))
- GMW12 (Chang/Gupta 2024): -1.356 (fortemente não saudável) [43S/37NS táxones detetados]
- ICB = 10.1% (ótimo). Derivado de soma ponderada de géneros produtores (Faecalibacterium, Agathobacter, Roseburia, Eubacterium, Anaerobutyricum, Anaerostipes, Coprococcus, Butyricicoccus, Subdoligranulum). NÃO é concentração fecal de SCFA; correlação qualitativa com produção butiragénica.
- Risco de C. difficile: moderado
- Assinaturas de doença:
 - Doença de Crohn (painel Zheng 2024): 2 spp enriquecidas, AUC=0.9 — 4 depletadas detetadas. APENAS RASTREIO — NÃO diagnóstico.
 - Colite Ulcerosa (painel Zheng 2024): 2 spp enriquecidas, AUC=0.9 — 2 depletadas detetadas. APENAS RASTREIO — NÃO diagnóstico.

CRC / DII — Rastreio (NÃO diagnóstico)

- Painel DII Zheng 2024: CU score=-5.77 | DC score=-1.04 | Score contínuo, sem limiar

diagnóstico validado.

- Painel CU: 2 spp enriquecidas + 2 spp depletadas detetadas
- Painel DC: 2 spp enriquecidas + 4 spp depletadas detetadas
- Nota: 2 espécies do painel não detetáveis com MetaPhlAn 4
- Ref: Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567, PMID: 39367251
- LIMITAÇÃO: painel m-ddPCR validado (AUC=0.88 CU, 0.87 EC). A abordagem metagenômica NÃO está validada externamente para diagnóstico clínico.

Controlo de Qualidade

- Estado QC do lote: Não avaliado
- Géneros benéficos: detetados
 - Prevotella alterado (0.09%) — Fermentador de fibra, saudável em dietas não ocidentais (P. copri)
 - Lactobacillus alterado (0.09%) — Probiótico, produtor de lactato; suporte da barreira intestinal
- Alertas patogénicos (1):
 - [MODERADO] Clostridioides elevado (0.13% > 0.1%) — C. difficile detetado — significado clínico segundo toxinas (tcdA/tcdB), não por abundância; toxinotipagem necessária

ALERTAS MODERADOS (3 alertas)

- Índice de disbiose=-0.5 — ligeiramente alterado
- [MODERADO] Clostridioides elevado (0.13% > 0.1%) — C. difficile detetado — significado clínico segundo toxinas (tcdA/tcdB), não por abundância; toxinotipagem necessária
- DI ligeiramente alterado

INFORMATIVO (1 alertas)

- Assinatura de doença (Doença de Crohn, AUC=0.9): 2 spp enriquecidas — NÃO diagnóstico
- Idade estimada: 71 anos (declarada) (segundo dados do paciente)

Interpretação clínica

Enterótipo ES-B (Bacteroides-dominant) com pertença forte (0.56). Perfil compatível com Bacteroides-dominant. Os enterótipos representam tendências contínuas, não categorias discretas (Bulygin 2023). Risco moderado de C. difficile. Monitorizar a evolução clínica.

Limitações (12)

- NÃO existe equivalente ACMG para interpretação de microbioma. Estas métricas são orientativas e devem integrar-se com o quadro clínico completo.
- Enterótipos: NÃO são categorias discretas (Costea 2018, Bulygin 2023). Representam tendências contínuas numa variedade não linear.
- GMHI requer dados ao nível da espécie. MetaPhlAn 4 usa taxonomia GTDB (SGBs) enquanto GMHI usa NCBI. O mapeamento SGB→NCBI é aproximado.
- Painel DI V2 (10 géneros): assimétrico 8:2, AUC=0.745, validação externa: coorte independente em curso.
- O rácio F/B NÃO é um biomarcador fiável independente (Finucane 2014 PLOS ONE; Magne 2020 Nutrients). Interpretar com DI, diversidade e contexto clínico.
- A deteção de ARGs a partir de metagenoma NÃO equivale a resistência fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% em apenas 44% dos antibióticos.
- As assinaturas de doença (IBD/CRC/T2D/obesidade) são FERRAMENTAS DE RASTREIO — NÃO diagnósticas.
- Os intervalos de referência provêm principalmente do Dutch Microbiome Project (n=8,208, população europeia). A sua aplicabilidade a outras populações requer validação.
- A diversidade alfa (Shannon) é uma medida ecológica grosseira que NÃO prediz desfechos clínicos por si só.
- Q2PD (Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015) é um índice funcional baseado em vias metabólicas de MetaCyc. Atualmente NÃO DISPONÍVEL.
- Fármacos que alteram o trânsito intestinal (loperamida, opioides) ou o pH gástrico (IBP/PPI) podem modificar a composição do microbioma por alterações no tempo de residência e na acidez luminal. Interpretar com cautela se o paciente os recebeu nas 2 semanas anteriores à colheita da amostra.
- Este relatório é para uso em investigação e contexto clínico. Não constitui diagnóstico médico. ISO/TS 24420:2023 abrange o processamento de dados metagenómicos.
- Fatores de confusão farmacológicos detetados na medicação do paciente: AINE: pode aumentar a permeabilidade intestinal e alterar a composição do microbioma.

Referências (25)

- Frioux et al. 2023, Cell Host & Microbe 31:1111-1125 (5 ES, 5,230 metagenomas)
- Keller et al. 2024, bioRxiv 2024.08.13.607711 (fuzzy enterotyping, EDS, 16,772 metagenomas)
- Bulygin et al. 2023, PeerJ 11:e15764 (no discrete clusters — manifold learning)
- Gupta et al. 2020, Nature Comms 11:4635 (GMHI, 50 species, AUC=0.73)

- Sun et al. 2024, npj Biofilms 10:96 (GMHI validation, 6,314 metagenomas, AUC=0.825)
- Gevers et al. 2014, Cell Host Microbe 15:382-392 (MD-index)
- Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567 (IBD panels, 5,979 metagenomas)
- Piccinno/Segata/Huttenhower 2025, Nature Medicine (CRC pooled 3,741, AUC=0.85)
- Mei/Huttenhower et al. 2024, Nature Medicine 30:2265-2276 (T2D, 8,117 metagenomas)
- Chanda & De 2024, Gut Microbes 16:2304900 (obesity 25 spp, AUC=0.85)
- Gacesa et al. 2022, Nature 604:732-739 (DMP, n=8,208, 9 core species)
- Asnicar et al. 2021, Nature Medicine 27:321-332 (PREDICT 1, n=1,098)
- Andreu-Sanchez/Segata/Fu et al. 2025, Cell (32,152 metagenomes, 42 countries)
- Mancabelli et al. 2024, mSystems (6,653 samples, 5 life stages)
- Shao et al. 2024, Nature Microbiology (1,288 UK neonates, 3 community states)
- Vaiserman et al. 2020, BMC Microbiol 20:114 (F/B age-stratified, n=1,550)
- Finucane et al. 2014, PLOS ONE 9:e84689 (F/B NOT reliable standalone biomarker)
- Magne et al. 2020, Nutrients 12:1474 (F/B critical review)
- Vital et al. 2017, mBio 8:e01492-17 (butyrate producers)
- Dong et al. 2024, Nature Comms (VFDB 2.0 + MetaVF, 62,332 VFGs)
- Lessa et al. 2015, NEJM 372:825-834 (C. difficile epidemiology)
- EUCAST 2024: metagenomic ARG ≠ phenotypic AST
- Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015 (Q2PD, PMID: 40117176, pathway-based dysbiosis, >8,000 samples, outperforms GMHI/hiPCA for IBD)
- ISO/TS 24420:2023 — shotgun metagenomic data processing
- STROBE-Metagenomics, Lancet Infect Dis, Oct 2025

8. Perfilagem funcional (HUMAnN 3 + dbCAN 3)

Vias metabólicas mais representadas (top 10)

Via metabólica	Abundância (RPKM)	Interpretação clínica
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	24,483	Metabolismo de hidratos de carbono — Biossíntese de sacarose. Indica atividade glicolítica bacteriana ativa.
PWY-5686: UMP biosynthesis I	23,492	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de UMP (uridina). Atividade proliferativa bacteriana basal.

Via metabólica	Abundância (RPKM)	Interpretação clínica
PWY-7790: UMP biosynthesis II	23,492	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de UMP (via alternativa). Atividade proliferativa bacteriana.
PWY-7791: UMP biosynthesis III	23,492	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de UMP (via alternativa). Atividade proliferativa bacteriana.
TRNA-CHARGING-PWY: tRNA charging	21,582	Síntese proteica — Carregamento de tRNA. Atividade de tradução basal; presente em toda a bactéria ativa.
PWY-1042: glycolysis IV	21,429	Glicólise — Glicólise (glicólise EMP). Via central do metabolismo energético bacteriano.
PWY-7221: guanosine ribonucleotides de novo biosynthesis	20,885	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de guanosina. Atividade proliferativa bacteriana.
PWY-6386: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis II (lysine-containing)	20,758	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano (componente da parede bacteriana).
PWY-6387: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	20,385	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano (componente da parede bacteriana).
PWY-6122: 5-aminoimidazole ribonucleotide biosynthesis II	10,103	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de purinas. Atividade proliferativa bacteriana.

741 vias detetadas no total por HUMAnN 3. Mostram-se as 10 com maior abundância (RPKM), excluindo leituras não classificadas.

Nota: As vias mais representadas correspondem principalmente a atividade metabólica basal (housekeeping) da microbiota comensal — glicólise, síntese de aminoácidos, nucleótidos e parede celular. A relevância clínica é global (indica atividade metabólica do microbioma), não individual. Alterações na abundância relativa de vias específicas (butirato, ácidos biliares, LPS) são mais informativas do que a presença de vias housekeeping.

8.1 Avaliação funcional global

Das 10 vias mais abundantes, 9 são vias housekeeping (metabolismo basal: glicólise, aminoácidos, nucleótidos, parede celular) e 1 são vias de metabolismo especializado (fermentação, reserva energética, isoprenoides).

Interpretação: A diversidade de vias metabólicas ativas indica uma microbiota metabolicamente competente. A presença de múltiplas vias housekeeping em alta abundância é o esperado num microbioma metabolicamente ativo — significa que as bactérias estão vivas, a reproduzir-se e a processar nutrientes.

Relevância clínica das vias funcionais: a presença de vias housekeeping é necessária mas não suficiente para um microbioma saudável. O clinicamente relevante é a depleção de vias específicas de produção de butirato (via butiril-CoA acetato CoA-transferase) e a elevação de vias pró-inflamatórias (síntese de LPS, flagelos). Estas alterações funcionais já se refletem nos biomarcadores da secção 7 (capacidade butirogénica, risco de *C. difficile*) e são mais acionáveis clinicamente do que a abundância individual de cada via housekeeping.

9. Patógenos detetados (bacterianos + eucariotas + fungos)

9.1 Patógenos bacterianos

[MODERADO] *Escherichia coli* (patotipos) — MODERADO - Abundância: 0.00% | Leituras: 2,363 - Significado clínico: Genes de virulência de *E. coli* enteropatogénica (stx1/stx2/eae/ipaH/elt/est/aggR/afa) NÃO detetados por metagenómica. *E. coli* é comensal ubíquo do intestino humano. A patogenicidade depende do patotipo determinado por genes de virulência específicos: STEC/STEC (stx1/stx2+eae), EPEC (eae), ETEC (elt/est), EIEC (ipaH), EAEC (aggR/afa). Sem estes determinantes, a estirpe detetada provavelmente representa colonização comensal não patogénica. Interpretar em contexto clínico: se houver diarreia aguda ou SUH, confirmar com PCR multiplex de patotipos + toxina Shiga nas fezes. A declaração obrigatória (RD 1054/2002) aplica-se apenas a STEC confirmado por laboratório.

[MODERADO] *Clostridioides difficile* — MODERADO - Abundância: 0.00% | Leituras: 8,418 - Significado clínico: tcdA/tcdB NÃO detetados por metagenómica — estirpe NÃO toxigénica. Colonização assintomática, não requer tratamento com vancomicina oral nem fidaxomicina. Confirmar com PCR de toxinas A/B se houver clínica compatível (diarreia, febre, leucocitose). McDonald 2018 IDSA/SHEA Clin Infect Dis 66:e1.

9.3 Fungos (micobioma)

Nota sobre deteção fúngica por metagenómica shotgun: A biomassa fúngica nas fezes é tipicamente <0.1% do metagenoma total (Nash et al. 2017, Microbiome). A sensibilidade do shotgun para fungos é inferior à das bactérias devido à baixa abundância, parede celular resistente à lise (quitina/glucanos) e genomas grandes com menor cobertura por

profundidade de sequenciação. Um resultado negativo NÃO descarta infecção fúngica clinicamente relevante. Interpretar sempre no contexto clínico e dietético do paciente.

Metodologia de classificação: Os fungos são classificados segundo a matriz BugID/BugSeq (2026): classificação clínica da espécie (segundo listas de prioridade WHO/ECDC) × limiar universal de sinal. O limiar foi calibrado relativamente à distribuição natural de abundância fúngica em metagenoma fecal humano: o ponto de corte a 10 RPM separa o fundo micobiótico normal do sinal elevado, de forma consistente com o limiar mínimo de reporte da MetaMIC. Um limiar absoluto de 30 reads filtra o ruído de cross-mapping. **IMPORTANTE:** Não existem limiares validados por espécie na literatura para fungos nas fezes por shotgun — estes limiares são de rastreio, não diagnósticos. Toda a deteção ao nível de traços requer confirmação ortogonal (cultura + PCR ITS) antes de tomar decisões clínicas.

Micobioma — traços sem significado clínico

- Detetaram-se traços de ADN fúngico ambiental/dietético (12 espécies: *Aspergillus flavus*, *Candida albicans*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*...; 1299 reads totais) em paciente ambulatorio imunocompetente. Sem significado clínico. Confirmar com cultura + PCR ITS apenas se houver fatores de risco (imunossupressão, hospitalização, NPT, antifúngicos prévios).

Padrão de referência confirmatório para fungos: Cultura em meio CHROMagar/Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2. A identificação taxonómica por shotgun tem valor de rastreio; a confirmação da espécie e o antifungigrama requerem isolamento em cultura.

⚠ Abundância muito baixa (<0.01%). A deteção de fungos ao nível de traços em metagenómica shotgun pode refletir: (1) colonização subclínica real, (2) contaminação ambiental (esporos ubíquos), ou (3) origem dietética (pão, cerveja, queijo, probióticos). A parede celular fúngica (quitina/glucanos) é resistente à lise padrão da extração de ADN, o que subestima a abundância real. Correlacionar com a clínica e considerar cultura dirigida se houver fatores de risco (imunossupressão, hospitalização prolongada, nutrição parentérica, antibioterapia de largo espetro).

ADVERTÊNCIA — Falsos positivos dietéticos: A deteção de ADN de *Saccharomyces cerevisiae* (levedura de panificação/cerveja) é frequente em shotgun fecal e quase sempre reflete consumo dietético recente (pão, cerveja, vinho, queijo, probióticos *S. boulardii*), NÃO infecção. Interpretar SEMPRE em contexto dietético antes de atribuir significado clínico.

9.4 Vírus / fagos

- Fago: Carjivirus communis: 0.08%
- Fago: uncultured phage cr99_1: 0.03%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Epona: 0.0098%

- Fago: uncultured phage cr17_1: 0.0078%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Brigit: 0.0042%

Nota clínica: Os vírus detetados são bacteriófagos comensais, componentes normais do microbioma intestinal sem implicação clínica conhecida. Não se detetaram vírus de ADN humanos patogénicos acima dos limiares de relatório.

10. Resistência antibiótica (genes AMR)

[OK] Não se detetaram genes de resistência adquirida nos contigs montados (AMRFinderPlus + VFDB).

Nota: A ausência de ARGs em metagenoma NÃO garante sensibilidade fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% em apenas 44% dos antibióticos. Requer cultura + antibiograma.

11. Recomendações priorizadas

Prioridade	Ação	Justificação	Padrão de referência	Prazo
ACOMPANHAMENTO	Acompanhamento clínico habitual. Re-teste do microbioma apenas se persistirem sintomas ou mudarem fatores (antibioterapia, dieta, FMT).	Decidido pela gravidade Monitorização	Acompanhamento clínico habitual	Apenas se sintomas

12. Conclusões clínicas

- Índice de disbiose: -0.498 (faixa ligeiramente alterada).
- Enterotype Dysbiosis Score: 0.44 (enterótipo misto).
- Expansão comensal reativa de Escherichia coli, Clostridioides difficile sem genes de virulência (VFDB negativo) — não sugere infeção aguda. Sem ação clínica específica necessária.
- Não se detetaram genes de resistência antibiótica adquirida.
- Aviso: relatório de. Não constitui diagnóstico médico. A interpretação requer correlação clínica completa.

13. Metodologia e limitações — conformidade normativa

- STORMS guidelines, Mirzayi et al. Nat Med 2021
- MlxS-Human v6.3.0 (Genomic Standards Consortium)
-

- EUCAST 2025 + IDSA/SHEA antimicrobial stewardship
- Pipeline: GenePortal Microbioma Humano v2.1 (metagenómica shotgun)
- Gerado: 2026-07-05 22:57

Limitações:

- O shotgun de ADN não deteta vírus de ARN (coronavírus, rotavírus, calicivírus, astrovírus); requer RNA-seq ou PCR específica.
- A abundância relativa não equivale a viabilidade nem a contagem absoluta de UFC; o DI numérico oficial requer qPCR quantitativa.
- O shotgun fornece genótipo AMR mas não perfil fenotípico (CMI); requer cultura dirigida + antibiograma.
- Patógenos críticos eucariotas (p. ex. Giardia, Cryptosporidium) requerem PCR específica como padrão de referência — a sensibilidade do shotgun a ~3-6M leituras é limitada.
- A interpretação clínica requer correlação com o quadro clínico, dieta, tratamentos prévios e outros exames complementares.

14. Validação

Função	Nome	Nº de cédula profissional
Responsável de análise (bioinformática)	_____	OmicaLabs SL — Pipeline GenePortal Microbioma Humano v2.1
Responsável de validação clínica	Juan Carlos Barba Carretero	Nº Col. 002395189P

OmicaLabs SL — Relatório de suporte à decisão clínica. Processamento, análise e interpretação realizados em conformidade com STORMS (Mirzayi 2021), MixS-Human v6.3.0 e ISO/TS 24420:2023 para processamento de dados metagenómicos shotgun.