

Relatório de Microbioma Intestinal — Humano

Paciente: Homo sapiens · M4 Idade: 12 anos Sexo: M Data amostra: 2026-05-20 Data 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 (12a, M)

Avaliação pré-intervenção em contexto metabólico: perfil microbiómico com disbiose ligeira; interpretar em conjunto com parâmetros metabólicos e antecedente de antibioterapia recente, se aplicável. Sem patogénios bacterianos nem eucariotas de prioridade clínica alta detetados. Perfil com disbiose ligeira (banda ligeiramente alterada).

2. Dados clínicos do paciente

Campo	Valor
Espécie	human
Idade	12
Sexo	M
Peso (kg)	87.0
Dieta	omnivorous (dieta familiar cazaque, rica em carne/gordura, pobre em fibra)
Antibióticos últimos 30 d	True
Antibiótico (fármaco)	amoxicilina-clavulânico (7 dias, terminado 10 dias antes da amostra)
Probióticos	False
Data amostra	2026-05-20

Campo	Valor
Armazenamento	—
Geografia (ISO)	KZ

2.1 Contexto clínico

Motivo do teste: Avaliação de disbiose intestinal em obesidade infantil grave como parte de estudo metabólico integral. Avaliação pré-intervenção dietética estruturada e possível referenciação para unidade de obesidade infantil.

Sintomas principais: - Obesidade progressiva desde os 6 anos (IMC atual 37.7, >p99 para idade e sexo) - Acantose nigricans cervical (marcador de insulinoresistência) - Ressonância noturna (suspeita de apnéia obstrutiva do sono) - Dor abdominal recorrente inespecífica - Obstipação crónica (Bristol 1-2, 3 defecções/semana)

Antecedentes relevantes: - Obesidade infantil de início precoce (6 anos), aceleração após confinamento COVID - Ganho de 12 kg nos últimos 12 meses - Insulinoresistência confirmada (HOMA-IR 5.2, glicemia basal 102 mg/dL) - ALT elevada 68 U/L (esteatose hepática na ecografia, grau I-II) - TSH normal (excluído hipotireoidismo) - Teste de apnéia do sono: IAH 6.2/hora (apnéia obstrutiva ligeira) - Antibioterapia recente: amoxicilina-clavulânico por faringoamigdalite estreptocócica (há 10 dias) - Atividade física escassa (<2 h/semana de exercício)

Medicação atual: - Nenhuma de forma crónica

Comorbilidades: - Obesidade infantil grave (IMC >p99) - Insulinoresistência (pré-diabetes) - Esteatose hepática não alcoólica (NAFLD pediátrico) - Apnéia obstrutiva do sono ligeira - Obstipação funcional crónica

Antecedentes familiares: - Mãe: obesidade (IMC 34), diabetes gestacional na gravidez do paciente - Pai: excesso de peso (IMC 28), hipercolesterolemia - Avó materna: diabetes tipo 2

3. Qualidade da amostra (QC)

Métrica	Valor	Estado
Leituras totais	12,320,442	—
Leituras do hospedeiro	0.2%	OK
Leituras pós-filtro	12,289,640	—

Métrica	Valor	Estado
Leituras classificadas	2,991,829	—
NTC	—	—
Mock community	—	—
Batch QC	Não avaliado	—

4. Composição taxonómica

4.1 Top 5 filas

Filo	Abundância %
Bacillota (Firmicutes)	43.47
Bacteroidota (Bacteroidetes)	36.35
Candidatus Melainabacteria	8.26
Pseudomonadota (Proteobacteria)	6.05
Actinomycetota (Actinobacteria)	5.17

4.2 Top 10 géneros

Género	Abundância %
Bacteroides	35.36
Phocaeicola (reclassificação GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	4.66
Parabacteroides	12.78
Alistipes	4.32
Butyricimonas	0.61
Odoribacter	0.45

Gênero	Abundância %
Segatella (reclassificação GTDB de Prevotella copri)	0.29
Prevotella	0.11
Paraprevotella	0.03
Hoylesella (Bacteroidaceae)	0.01

4.3 Gêneros de interesse clínico

- Phocaeicola (4.66%): Reclassificado a partir de Bacteroides (GTDB). Implicado no metabolismo de ácidos biliares. Gênero comum na microbiota intestinal humana.
- Mediterraneibacter (0.36%): Reclassificado a partir de Ruminococcus (GTDB). Produtor de acetato. Parte do grupo Lachnospiraceae, comum em microbiota saudável.

4.4 Diversidade alfa

Índice	Valor	Intervalo saudável
Shannon	2.499	2.5 - 4.5 (saudável)
Simpson	0.835	0.8 - 0.98 (saudável)
Chao1	1449.1	—
Observed ASVs	—	—
Pielou evenness	0.404	—

5. Índice de Disbiose (proxy iHMP HMP2)

- Índice de Disbiose (soma z-score): 1.281 (ligeiramente alterado)
- Rácio Bacillota / Bacteroidota: 1.196 (normal)
- Distância β (Bray-Curtis vs centroide saudável): 0.8726
- Distância β (Euclidiana, log10): 0.6965
- 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	7.13	-0.34	saúde	+0.34
Roseburia	0.74	-0.53	saúde	+0.53
Alistipes	4.32	0.07	saúde	-0.07
Prevotella	0.11	0.69	saúde	-0.69
Ruminococcus	0.11	0.07	saúde	-0.07
Coprococcus	0.16	0.44	saúde	-0.44
Subdoligranulum	0.38	-1.36	saúde	+1.36
Akkermansia	1.08	0.87	saúde	-0.87
Escherichia coli	7.43	1.19	disbiose	+1.19
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (não detetado)	0.00	disbiose	0.00

- 1/10 taxa 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 de 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	7.13	—	normal
Roseburia	0.74	—	normal
Alistipes	4.32	—	normal
Prevotella	0.11	—	normal
Ruminococcus	0.11	—	normal

Género	Detetado %	Intervalo saudável	Estado
Coprococcus	0.16	—	normal
Subdoligranulum	0.38	—	normal
Akkermansia	1.08	—	normal
Escherichia coli	7.43	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (não detetado)	—	baixo

Total de produtores de SCFA: 57.35 % (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=71%, ES-P=0%, ES-F=10%, ES-Bf=9%, ES-Ec=10%
- EDS (Enterotype Dysbiosis Score): 0.29 (enterotipo definido)
- GMHI (Gut Microbiome Health Index): -0.46 (não saudável (previsto))
- GMW12 (Chang/Gupta 2024): -0.123 (não saudável) [43S/29NS taxa detetados]
- ICB = 7.5% (ótimo). Derivado da soma ponderada de géneros produtores (Faecalibacterium, Agathobacter, Roseburia, Eubacterium, Anaerobutyricum, Anaerostipes, Coprococcus, Butyricicoccus, Subdoligranulum). NÃO é concentração fecal de SCFA; correlação qualitativa com produção butirogénica.
- Risco de C. difficile: moderado
- Assinaturas de doença:
 - Ulcerative Colitis (painel Zheng 2024): 1 spp enriquecidas, AUC=0.9 — 2 depletadas detetadas. APENAS RASTREIO — NÃO diagnóstico.

CRC / DII — Rastreio (NÃO diagnóstico)

- Painel DII Zheng 2024: score CU=-4.28 | score EC=N/D | Score contínuo, sem limiar diagnóstico validado.
 - Painel CU: 1 spp enriquecidas + 2 spp depletadas detetadas
 - Painel EC: 0 spp enriquecidas + 0 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 metagenómica NÃO está validada externamente para diagnóstico clínico.

Controlo de Qualidade

- Estado QC do lote: Não avaliado
- Géneros benéficos: detetados
 - Roseburia alterado (0.74%) — Produtor de butirato (*R. intestinalis*), depletado em DII
 - Ruminococcus alterado (0.11%) — Degradador de amido resistente (*R. bromii*), essencial para a fibra
 - Prevotella alterado (0.11%) — Fermentador de fibra, saudável em dietas não ocidentais (*P. copri*)
 - Lactobacillus alterado (0.00%) — Probiótico, produtor de lactato; suporte da barreira intestinal
- Alertas patogénicos (2):
 - [MODERADO] Clostridioides elevado (0.10% > 0.1%) — *C. difficile* detetado — significado clínico segundo toxinas (tcdA/tcdB), não por abundância; toxinotipagem necessária
 - [MODERADO] Escherichia coli elevado (7.43% > 3.0%) — Sobrecrecimento comensal sem genes de virulência detetados (patotipos STEC/EPEC/EIEC apenas se stx1/stx2/eae/ipaH presentes em VFDB)
 - ⚠ Shigella detetado (0.33%) é provavelmente cross-mapping de *E. coli* enteroinvasiva (EIEC, ipaH+). *E. coli* está 22.7x mais abundante. Confirmar com PCR específica ipaH + MLST se houver clínica compatível.

ALERTAS MODERADOS (5 alertas)

- Diversidade alfa baixa (Shannon=2.50, limite inferior do intervalo saudável 2.5) — correlacionar com dieta, antibioterapia recente ou inflamação crónica de baixo grau
- Índice de disbiose=1.3 — ligeiramente alterado
- [MODERADO] Clostridioides elevado (0.10% > 0.1%) — *C. difficile* detetado — significado clínico segundo toxinas (tcdA/tcdB), não por abundância; toxinotipagem necessária
- [MODERADO] Escherichia coli elevado (7.43% > 3.0%) — Sobrecrecimento comensal sem genes de virulência detetados (patotipos STEC/EPEC/EIEC apenas se stx1/stx2/eae/ipaH presentes em VFDB)

- DI ligeiramente alterado
- Idade estimada: 12 anos (declarada) (segundo dados do paciente)

Interpretação clínica

Enterotipo ES-B (Bacteroides-dominant) com pertença forte (0.71). Perfil compatível com Bacteroides-dominant. Os enterotipos representam tendências contínuas, não categorias discretas (Bulygin 2023). Risco moderado de *C. difficile*. Monitorizar a evolução clínica.

Limitações (12)

- NÃO existe equivalente ACMG para a interpretação do microbioma. Estas métricas são orientativas e devem ser integradas com o quadro clínico completo.
- Enterotipos: NÃO são categorias discretas (Costea 2018, Bulygin 2023). Representam tendências contínuas numa variedade não linear.
- O GMHI requer dados ao nível da espécie. O MetaPhlAn 4 usa taxonomia GTDB (SGBs) enquanto o 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 do 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, por si só, resultados clínicos.
- 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 destina-se a uso em investigação e contexto clínico. Não constitui diagnóstico médico. A ISO/TS 24420:2023 abrange o processamento de dados metagenómicos.

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 (sem clusters discretos — manifold learning)
- Gupta et al. 2020, Nature Comms 11:4635 (GMHI, 50 espécies, AUC=0.73)
- Sun et al. 2024, npj Biofilms 10:96 (validação do GMHI, 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 (painéis de IBD, 5,979 metagenomas)
- Piccinno/Segata/Huttenhower 2025, Nature Medicine (CRC agregado 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 (obesidade 25 spp, AUC=0.85)
- Gacesa et al. 2022, Nature 604:732-739 (DMP, n=8,208, 9 espécies core)
- Asnicar et al. 2021, Nature Medicine 27:321-332 (PREDICT 1, n=1,098)
- Andreu-Sanchez/Segata/Fu et al. 2025, Cell (32,152 metagenomas, 42 países)
- Mancabelli et al. 2024, mSystems (6,653 amostras, 5 fases da vida)
- Shao et al. 2024, Nature Microbiology (1,288 recém-nascidos do Reino Unido, 3 estados da comunidade)
- Vaiserman et al. 2020, BMC Microbiol 20:114 (F/B estratificado por idade, n=1,550)
- Finucane et al. 2014, PLOS ONE 9:e84689 (F/B NÃO é biomarcador fiável isolado)
- Magne et al. 2020, Nutrients 12:1474 (revisão crítica do F/B)
- Vital et al. 2017, mBio 8:e01492-17 (produtores de butirato)
- Dong et al. 2024, Nature Comms (VFDB 2.0 + MetaVF, 62,332 VFGs)
- Lessa et al. 2015, NEJM 372:825-834 (epidemiologia de C. difficile)
- EUCAST 2024: ARG metagenômico ≠ AST fenotípico
- Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015 (Q2PD, PMID: 40117176, disbiose baseada em vias, >8,000 amostras, superior ao GMHI/hiPCA para IBD)
- ISO/TS 24420:2023 — processamento de dados metagenômicos shotgun
- STROBE-Metagenomics, Lancet Infect Dis, out. 2025

8. Perfil funcional (HUMAnN 3 + dbCAN 3)

Vias metabólicas mais representadas (top 10)

Via metabólica	Abundância (RPKM)	Interpretação clínica
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	6,144	Metabolismo de hidratos de carbono — Biossíntese de sacarose. Indica atividade glicolítica bacteriana ativa.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	5,506	Síntese de aminoácidos — Biossíntese de valina. Atividade metabólica basal.
PWY-6386: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis II (lysine-containing)	5,450	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano (componente da parede bacteriana).
PWY-6385: peptidoglycan biosynthesis III (mycobacteria)	5,406	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano (micobactérias).
PWY-6387: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	5,373	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano (componente da parede bacteriana).
PEPTIDOGLYCANSYN-PWY: peptidoglycan biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	5,236	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano. Estrutura fundamental bacteriana.
PWY-7953: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis III (meso-diaminopimelate containing)	5,120	Síntese da parede celular — Biossíntese de peptidoglicano (variante).
DTDPRHAMSYN-PWY: dTDP-β-L-rhamnose biosynthesis	5,103	Síntese da parede celular — Biossíntese de dTDP-L-ramnose (componente de LPS e parede).
TRNA-CHARGING-PWY: tRNA charging	5,093	Síntese proteica — Carregamento de tRNA. Atividade traducional basal; presente em toda a bactéria ativa.
NONMEVIPP-PWY: methylerythritol phosphate pathway I	2,528	Atividade metabólica bacteriana —

Via metabólica	Abundância (RPKM)	Interpretação clínica
		Via metabólica bacteriana — parte do metabolismo basal do microbioma intestinal.

777 vias detetadas no total pelo 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 clinicamente mais acionáveis do que a abundância individual de cada via housekeeping.

9. Patogénios detetados (bacterianos + eucariotas + fungos)

9.1 Patogénios bacterianos

[MODERADO] *Escherichia coli* (patotipos) — MODERADO - Abundância: 0.00% | Reads: 28,426 - 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 representa provavelmente

colonização comensal não patogénica. Interpretar em contexto clínico: se houver diarreia aguda ou SHU, confirmar com PCR multiplex de patótipos + 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% | Reads: 2,945 - 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.

9.1.x Ambiguidades taxonómicas (provável cross-mapping)

⚠ Nota: *Shigella* detetado (0.33%) é provavelmente cross-mapping de *E. coli* enteroinvasiva (EIEC, ipaH+). *E. coli* está 22.7x mais abundante. Confirmar com PCR específica ipaH + MLST se houver clínica compatível.

9.3 Fungos (micobioma)

Nota sobre a deteção fúngica por shotgun metagenómico: 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 exclui infeção fúngica clinicamente relevante. Interpretar sempre em 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 em relação 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 mínimo de reporting do MetaMIC. Um floor 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*...; 1748 reads totais) em paciente ambulatório imunocompetente. Sem significado clínico. Confirmar com cultura + PCR ITS apenas se houver fatores de risco (imunossupressão, hospitalização, NPT, antifúngicos prévios).

Gold standard confirmatório para fungos: Cultura em meio CHROMagar/Sabouraud + MALDI-

TOF + PCR ITS1/ITS2. A identificação taxonômica por shotgun tem valor de rastreio; a confirmação da espécie e o antifungigrama requerem isolamento em cultura.

△ Abundância muito baixa (<0.01%). A detecção de fungos ao nível de traços em shotgun metagenômico 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 espectro).

ADVERTÊNCIA — Falsos positivos dietéticos: A detecção de ADN de *Saccharomyces cerevisiae* (levedura de panificação/cerveja) é frequente em shotgun fecal e reflete quase sempre 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

- Carga total de fagos (325 leituras): 0.0050%

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.

9.x Ambiguidades taxonômicas (provável cross-mapping)

Os seguintes achados estão marcados como provável cross-mapping com um táxon mais abundante. Não devem ser interpretados como patógenos confirmados; requerem PCR/MLST específica antes de decisões clínicas.

- △ *Shigella* detetado (0.33%) é provavelmente cross-mapping de *E. coli* enteroinvasiva (EIEC, ipaH+). *E. coli* está 22.7x mais abundante. Confirmar com PCR específica ipaH + MLST se houver clínica compatível.

10. Resistência antibiótica (genes AMR)

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

Nota: A ausência de ARGs no metagenoma NÃO garante sensibilidade fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% em apenas 44% dos antibióticos. Requer cultura + antibiograma.

11. Recomendações priorizadas

Prioridade	Ação	Justificação	Gold standard	Prazo
SEGUIMENTO	Seguimento clínico habitual. Re-teste do microbioma apenas se persistirem sintomas ou mudarem fatores (antibioterapia, dieta, FMT).	Decidido pela gravidade Monitorização	Seguimento clínico habitual	Apenas se sintomas

12. Conclusões clínicas

- Índice de disbiose: 1.281 (banda ligeiramente alterada).
- Enterotype Dysbiosis Score: 0.29 (enterotipo definido).
- Expansão comensal reativa de Escherichia coli, Clostridioides difficile sem genes de virulência (VFDB negativo) — não sugere infecção 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

- Diretrizes STORMS, Mirzayi et al. Nat Med 2021
- MlxS-Human v6.3.0 (Genomic Standards Consortium)
-
- EUCAST 2025 + IDSA/SHEA gestão antimicrobiana
- 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 (CIM); requer cultura dirigida + antibiograma.
- Patogénios críticos eucariotas (p. ex. Giardia, Cryptosporidium) requerem PCR específica como gold standard — 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.