



OmicaLabs · Laboratorio de

Genómica

www.omicalabs.es · info@omicalabs.es ·

Informe Microbioma Intestinal — Humano

Paciente: Homo sapiens · M4 **Edad:** 12 años **Sexo:** M **Fecha muestra:** 2026-05-20 **Fecha informe:** 2026-07-05 **Lab:** OmicaLabs SL — **Pipeline:** GenePortal Microbioma Humano v2.1 (shotgun metagenómica)

Aviso: Reporte de soporte clínico. No constituye diagnóstico médico. La interpretación clínica requiere correlación con el cuadro clínico completo y pruebas complementarias.

1. Cuadro clínico principal (12a, M)

Evaluación pre-intervención en contexto metabólico: perfil microbiómico con disbiosis leve; interpretar junto a parámetros metabólicos y antecedente de antibioterapia reciente si aplica. Sin patógenos bacterianos ni eucariotas de prioridad clínica alta detectados. Perfil con disbiosis leve (banda levemente alterado).

2. Datos clínicos del paciente

Campo	Valor
Especie	human
Edad	12
Sexo	M
Peso (kg)	87.0
Dieta	omnivorous (dieta familiar kazaja, alta en carne/grasa, baja en fibra)
Antibióticos últimos 30 d	True
Antibiótico (fármaco)	amoxicilina-clavulánico (7 días, finalizado 10 días antes de la

Campo	Valor
	muestra)
Probióticos	False
Fecha muestra	2026-05-20
Almacenamiento	—
Geografía (ISO)	KZ

2.1 Contexto clínico

Motivo del test: Evaluación de disbiosis intestinal en obesidad infantil severa como parte de estudio metabólico integral. Valoración pre-intervención dietética estructurada y posible derivación a unidad de obesidad infantil.

Síntomas principales: - Obesidad progresiva desde los 6 años (IMC actual 37.7, >p99 para edad y sexo) - Acantosis nigricans cervical (marcador de insulinorresistencia) - Ronquido nocturno (sospecha de apnea obstructiva del sueño) - Dolor abdominal recurrente inespecífico - Estreñimiento crónico (Bristol 1-2, 3 deposiciones/semana)

Historial relevante: - Obesidad infantil de inicio precoz (6 años), aceleración tras confinamiento COVID - Ganancia de 12 kg en los últimos 12 meses - Insulinorresistencia confirmada (HOMA-IR 5.2, glucemia basal 102 mg/dL) - ALT elevada 68 U/L (esteatosis hepática en ecografía, grado I-II) - TSH normal (descartado hipotiroidismo) - Test de apnea del sueño: IAH 6.2/hora (apnea obstructiva leve) - Antibioterapia reciente: amoxicilina-clavulánico por faringoamigdalitis estreptocócica (hace 10 días) - Escasa actividad física (<2 h/semana de ejercicio)

Medicación actual: - Ninguna de forma crónica

Comorbilidades: - Obesidad infantil severa (IMC >p99) - Insulinorresistencia (pre-diabetes) - Esteatosis hepática no alcohólica (NAFLD pediátrico) - Apnea obstructiva del sueño leve - Estreñimiento funcional crónico

Antecedentes familiares: - Madre: obesidad (IMC 34), diabetes gestacional en embarazo del paciente - Padre: sobrepeso (IMC 28), hipercolesterolemia - Abuela materna: diabetes tipo 2

3. Calidad de la muestra (QC)

Métrica	Valor	Estado
Lecturas totales	12,320,442	—

Métrica	Valor	Estado
Lecturas del huésped	0.2%	OK
Lecturas post-filtro	12,289,640	—
Lecturas clasificadas	2,991,829	—
NTC	—	—
Mock community	—	—
Batch QC	No evaluado	—

4. Composición taxonómica

4.1 Top 5 phyla

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

4.2 Top 10 genera

Genus	Abundancia %
Bacteroides	35.36
Phocaeicola (reclasificación GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	4.66
Parabacteroides	12.78
Alistipes	4.32
Butyricimonas	0.61

Genus	Abundancia %
Odoribacter	0.45
Segatella (reclasificación GTDB de Prevotella copri)	0.29
Prevotella	0.11
Paraprevotella	0.03
Hoylesella (Bacteroidaceae)	0.01

4.3 Géneros de interés clínico

- **Phocaeicola** (4.66%): Reclasificado desde Bacteroides (GTDB). Implicado en metabolismo de ácidos biliares. Género común en microbiota intestinal humana.
- **Mediterraneibacter** (0.36%): Reclasificado desde Ruminococcus (GTDB). Productor de acetato. Parte del grupo Lachnospiraceae, común en microbiota sana.

4.4 Diversidad alfa

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

5. Dysbiosis Index (iHMP HMP2 proxy)

- **Dysbiosis Index (z-score sum): 1.281** (levemente alterado)
- **Bacillota / Bacteroidota ratio:** 1.196 (normal)
- **Distancia β (Bray-Curtis vs centroide sano):** 0.8726
- **Distancia β (Euclidean, log10):** 0.6965
- **Método:** iHMP_HMP2_zscore_proxy_human_v2
- **Referencia:** iHMP_HMP2_2019 + Gevers2014_CellHostMicrobe + Gupta2020_NatureComms + Toto2024_PedIBD

Aviso:; no equivale al DI clínico por qPCR.

5.1 Contribución por taxón

Taxón	Abundancia %	z-score	Dirección	Contribución
Faecalibacterium	7.13	-0.34	salud	+0.34
Roseburia	0.74	-0.53	salud	+0.53
Alistipes	4.32	0.07	salud	-0.07
Prevotella	0.11	0.69	salud	-0.69
Ruminococcus	0.11	0.07	salud	-0.07
Coprococcus	0.16	0.44	salud	-0.44
Subdoligranulum	0.38	-1.36	salud	+1.36
Akkermansia	1.08	0.87	salud	-0.87
Escherichia coli	7.43	1.19	disbiosis	+1.19
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (no detectado)	0.00	disbiosis	0.00

- **1/10 taxones del panel no detectados** — el DI debe interpretarse con cautela.
- ⚠ Centroide calibrado contra referencia poblacional europea (DMP europeo (Gacesa 2022, n=8.208)); pendiente cohorte española local. La distancia β y el DI derivado tienen precisión reducida para poblaciones no europeas; interpretar como orientativo.

6. Indicator species (SCFA producers)

Genus	Detectado %	Rango sano	Estado
Faecalibacterium	7.13	—	normal
Roseburia	0.74	—	normal
Alistipes	4.32	—	normal
Prevotella	0.11	—	normal
Ruminococcus	0.11	—	normal

Genus	Detectado %	Rango sano	Estado
Coprococcus	0.16	—	normal
Subdoligranulum	0.38	—	normal
Akkermansia	1.08	—	normal
Escherichia coli	7.43	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (no detectado)	—	low

SCFA producers total: 57.35 % (sano > 12 %)

7. Biomarcadores especie-específicos (clinical enrichment)

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 (no sano (predicho))
- **GMWI2 (Chang/Gupta 2024):** -0.123 (no sano) [43S/29NS taxones detectados]
- **ICB = 7.5% (optimo). Derivado de suma ponderada de géneros productores (Faecalibacterium, Agathobacter, Roseburia, Eubacterium, Anaerobutyricum, Anaerostipes, Coprococcus, Butyricicoccus, Subdoligranulum). NO es concentración fecal de SCFA; correlación cualitativa con producción butirogénica.**
- **Riesgo C. difficile:** moderado
- **Firmas de enfermedad:**
 - Ulcerative Colitis (Zheng 2024 panel): 1 spp enriquecidas, AUC=0.9 — 2 depletadas detectadas. SOLO CRIBADO — NO diagnóstico.

CRC / EII — Cribado (NO diagnóstico)

- **Panel EII Zheng 2024:** CU score=-4.28 | EC score=N/D | Score continuo, sin umbral diagnóstico validado.
 - Panel CU: 1 spp enriquecidas + 2 spp depletadas detectadas
 - Panel EC: 0 spp enriquecidas + 0 spp depletadas detectadas

- Nota: 2 especies del panel no detectables con MetaPhlAn 4
- Ref: Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567, PMID: 39367251
- **LIMITACIÓN:** panel m-ddPCR validado (AUC=0.88 CU, 0.87 EC). La aproximación metagenómica NO está validada externamente para diagnóstico clínico.

Control de Calidad

- **Estado QC del lote:** No evaluado
- **Géneros beneficiosos:** detectados
 - Roseburia alterado (0.74%) — Productor de butirato (*R. intestinalis*), deplecionado en EI
 - Ruminococcus alterado (0.11%) — Degradador de almidón resistente (*R. bromii*), clave para fibra
 - Prevotella alterado (0.11%) — Fermentador de fibra, saludable en dietas no occidentales (*P. copri*)
 - Lactobacillus alterado (0.00%) — Probiótico, productor de lactato; soporte de barrera intestinal
- **Alertas patogénicas (2):**
 - [MODERADO] Clostridioides elevado (0.10% > 0.1%) — *C. difficile* detectado — significación clínica según toxinas (tcdA/tcdB), no por abundancia; toxinotipado requerido
 - [MODERADO] Escherichia coli elevado (7.43% > 3.0%) — Sobrecrecimiento comensal sin genes de virulencia detectados (patotipos STEC/EPEC/EIEC solo si stx1/stx2/eae/ipaH presentes en VFDB)
 - ⚠ Shigella detectado (0.33%) probablemente es cross-mapping de *E. coli* enteroinvasiva (EIEC, ipaH+). *E. coli* está 22.7x más abundante. Confirmar con PCR específica ipaH + MLST si hay clínica compatible.

ALERTAS MODERADAS (5 alertas)

- Diversidad alfa baja (Shannon=2.50, límite inferior rango sano 2.5) — correlacionar con dieta, antibioterapia reciente o inflamación crónica de bajo grado
- Índice de disbiosis=1.3 — levemente alterado
- [MODERADO] Clostridioides elevado (0.10% > 0.1%) — *C. difficile* detectado — significación clínica según toxinas (tcdA/tcdB), no por abundancia; toxinotipado requerido
- [MODERADO] Escherichia coli elevado (7.43% > 3.0%) — Sobrecrecimiento comensal sin genes de virulencia detectados (patotipos STEC/EPEC/EIEC solo si stx1/stx2/eae/ipaH

presentes en VFDB)

- DI levemente alterado
- **Edad estimada:** 12 años (declarada) (según datos del paciente)

Interpretación clínica

Enterotipo ES-B (Bacteroides-dominant) con membresía fuerte (0.71). Perfil compatible con Bacteroides-dominant. Los enterotipos representan tendencias continuas, no categorías discretas (Bulygin 2023). Riesgo moderado de *C. difficile*. Monitorizar evolución clínica.

Limitaciones (12)

- NO existe equivalente ACMG para interpretación de microbioma. Estas métricas son orientativas y deben integrarse con el cuadro clínico completo.
- Enterotipos: NO son categorías discretas (Costea 2018, Bulygin 2023). Representan tendencias continuas en una variedad no-lineal.
- GMHI requiere datos a nivel de especie. MetaPhlAn 4 usa taxonomía GTDB (SGBs) mientras GMHI usa NCBI. El mapeo SGB→NCBI es aproximado.
- Panel DI V2 (10 géneros): asimétrico 8:2, AUC=0.745, validación externa: cohorte independiente en curso.
- El ratio F/B NO es un biomarcador fiable independiente (Finucane 2014 PLOS ONE; Magne 2020 Nutrients). Interpretar con DI, diversidad y contexto clínico.
- La detección de ARGs desde metagenoma NO equivale a resistencia fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% en solo 44% de antibióticos.
- Las firmas de enfermedad (IBD/CRC/T2D/obesidad) son HERRAMIENTAS DE CRIBADO — NO diagnósticas.
- Los rangos de referencia provienen principalmente del Dutch Microbiome Project (n=8,208, población europea). Su aplicabilidad a otras poblaciones requiere validación.
- La diversidad alfa (Shannon) es una medida ecológica gruesa que NO predice outcomes clínicos por sí sola.
- Q2PD (Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015) es un índice funcional basado en rutas metabólicas de MetaCyc. Actualmente NO DISPONIBLE.
- Fármacos que alteran el tránsito intestinal (loperamida, opioides) o el pH gástrico (IBP/PPI) pueden modificar la composición del microbioma por cambios en el tiempo de residencia y la acidez luminal. Interpretar con cautela si el paciente los recibió en las 2 semanas previas a la toma de muestra.
- Este informe es para uso en investigación y contexto clínico. No constituye diagnóstico médico. ISO/TS 24420:2023 cubre procesamiento de datos metagenómicos.

Referencias (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 $\neq$ 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. Perfilado funcional (HUMAnN 3 + dbCAN 3)

Vías metabólicas más representadas (top 10)

Vía metabólica	Abundancia (RPKM)	Interpretación clínica
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	6,144	Metabolismo de carbohidratos — Biosíntesis de sacarosa. Indica actividad glucolítica bacteriana activa.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	5,506	Síntesis de aminoácidos — Biosíntesis de valina. Actividad metabólica basal.
PWY-6386: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis II (lysine-containing)	5,450	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de peptidoglicano (componente de pared bacteriana).
PWY-6385: peptidoglycan biosynthesis III (mycobacteria)	5,406	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de peptidoglicano (micobacterias).
PWY-6387: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	5,373	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de peptidoglicano (componente de pared bacteriana).
PEPTIDOGLYCANSYN-PWY: peptidoglycan biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	5,236	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de peptidoglicano. Estructura fundamental bacteriana.
PWY-7953: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis III (meso-diaminopimelate containing)	5,120	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de peptidoglicano (variante).
DTDPRHAMSYN-PWY: dTDP-β-L-rhamnose biosynthesis	5,103	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de dTDP-L-ramnosa (componente de LPS y pared).
TRNA-CHARGING-PWY: tRNA charging	5,093	Síntesis proteica — Carga de tRNA. Actividad traduccional basal; presente en toda bacteria activa.
NONMEVIPP-PWY: methylerythritol phosphate pathway I	2,528	Actividad metabólica bacteriana — Vía metabólica bacteriana — parte del metabolismo basal del microbioma intestinal.

777 vías detectadas en total por HUMAnN 3. Se muestran las 10 con mayor abundancia (RPKM) excluyendo lecturas no clasificadas.

Nota: Las vías más representadas corresponden principalmente a actividad metabólica basal (housekeeping) de la microbiota comensal — glucólisis, síntesis de aminoácidos, nucleótidos y pared celular. La relevancia clínica es global (indica actividad metabólica del microbioma), no individual. Alteraciones en la abundancia relativa de vías específicas (butirato, ácidos biliares, LPS) son más informativas que la presencia de vías housekeeping.

8.1 Valoración funcional global

De las 10 vías más abundantes, **9 son vías housekeeping** (metabolismo basal: glucólisis, aminoácidos, nucleótidos, pared celular) y **1 son vías de metabolismo especializado** (fermentación, reserva energética, isoprenoides).

Interpretación: La diversidad de vías metabólicas activas indica una microbiota **metabólicamente competente**. La presencia de múltiples vías housekeeping a alta abundancia es **lo esperado en un microbioma metabólicamente activo** — significa que las bacterias están vivas, reproduciéndose y procesando nutrientes.

Relevancia clínica de las vías funcionales: la presencia de vías housekeeping es necesaria pero no suficiente para un microbioma sano. Lo clínicamente relevante es la **depleción** de vías específicas de producción de butirato (vía butiril-CoA acetato CoA-transferasa) y la **elevación** de vías pro-inflamatorias (síntesis de LPS, flagelos). Estas alteraciones funcionales se reflejan ya en los biomarcadores de la sección 7 (capacidad butirogénica, riesgo de *C. difficile*) y son más accionables clínicamente que la abundancia individual de cada vía housekeeping.

9. Patógenos detectados (bacterianos + eucariotas + hongos)

9.1 Patógenos bacterianos

[MODERADO] Escherichia coli (patotipos) — MODERADO - Abundancia: 0.00% | Reads: 28,426 - Significación clínica: Genes de virulencia de *E. coli* enteropatógena (stx1/stx2/eae/ipaH/elt/est/aggR/afa) NO detectados por metagenómica. *E. coli* es comensal ubicuo del intestino humano. La patogenicidad depende del patotipo determinado por genes de virulencia específicos: STEC/STEC (stx1/stx2+eae), EPEC (eae), ETEC (elt/est), EIEC (ipaH), EAEC (aggR/afa). Sin estos determinantes, la cepa detectada probablemente representa colonización comensal no patogénica. Interpretar en contexto clínico: si hay diarrea aguda o SUH, confirmar con PCR multiplex de patotipos + toxina Shiga en heces. La declaración obligatoria (RD 1054/2002) aplica solo a STEC confirmado por laboratorio.

[MODERADO] Clostridioides difficile — MODERADO - Abundancia: 0.00% | Reads: 2,945 - Significación clínica: tcdA/tcdB NO detectados por metagenómica — cepa NO toxigénica.

Colonización asintomática, no requiere tratamiento con vancomicina oral ni fidaxomicina. Confirmar con PCR de toxinas A/B si hay clínica compatible (diarrea, fiebre, leucocitosis). McDonald 2018 IDSA/SHEA Clin Infect Dis 66:e1.

9.1.x Ambigüedades taxonómicas (probable cross-mapping)

⚠ **Nota:** Shigella detectado (0.33%) probablemente es cross-mapping de E. coli enteroinvasiva (EIEC, ipaH+). E. coli está 22.7x más abundante. Confirmar con PCR específica ipaH + MLST si hay clínica compatible.

9.3 Hongos (microbioma)

Nota sobre detección fúngica por shotgun metagenómico: La biomasa fúngica en heces es típicamente <0.1% del metagenoma total (Nash et al. 2017, Microbiome). La sensibilidad del shotgun para hongos es inferior a la de bacterias debido a la baja abundancia, pared celular resistente a lisis (quitina/glucanos), y genomas grandes con menor cobertura por profundidad de secuenciación. Un resultado negativo NO descarta infección fúngica clínicamente relevante. Interpretar siempre en contexto clínico y dietético del paciente.

Metodología de clasificación: Los hongos se clasifican según la matriz BugID/BugSeq (2026): clasificación clínica de la especie (según listas de prioridad WHO/ECDC) × umbral universal de señal. El umbral se ha calibrado respecto a la distribución natural de abundancia fúngica en metagenoma fecal humano: el punto de quiebre a 10 RPM separa el fondo microbiótico normal de la señal elevada, de forma consistente con el mínimo de reporting de MetaMIC. Un floor absoluto de 30 reads filtra el ruido de cross-mapping.

IMPORTANTE: No existen umbrales validados por especie en literatura para hongos en heces por shotgun — estos umbrales son de cribado, no diagnósticos. Toda detección a nivel de trazas requiere confirmación ortogonal (cultivo + PCR ITS) antes de tomar decisiones clínicas.

Microbioma — trazas sin significación clínica

- Se detectaron trazas de ADN fúngico ambiental/dietético (12 especies: Aspergillus flavus, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei...; 1748 reads totales) en paciente ambulatorio inmunocompetente. Sin significación clínica. Confirmar con cultivo + PCR ITS solo si hay factores de riesgo (inmunodepresión, hospitalización, NPT, antifúngicos previos).

Gold estándar confirmatorio para hongos: Cultivo en medio CHROMagar/Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2. La identificación taxonómica por shotgun tiene valor de cribado; la confirmación de especie y el antifungigrama requieren aislamiento en cultivo.

⚠ **Abundancia muy baja (<0.01%).** La detección de hongos a nivel de trazas en shotgun

metagenómico puede reflejar: (1) colonización subclínica real, (2) contaminación ambiental (esporas ubicuas), o (3) origen dietético (pan, cerveza, queso, probióticos). La pared celular fúngica (quitina/glucanos) es resistente a la lisis estándar de extracción de ADN, lo que infraestima la abundancia real. Correlacionar con clínica y considerar cultivo dirigido si hay factores de riesgo (inmunodepresión, hospitalización prolongada, nutrición parenteral, antibioterapia de amplio espectro).

ADVERTENCIA — Falsos positivos dietéticos: La detección de ADN de *Saccharomyces cerevisiae* (levadura de panadería/cerveza) es frecuente en shotgun fecal y casi siempre refleja consumo dietético reciente (pan, cerveza, vino, queso, probióticos *S. boulardii*), NO infección. Interpretar SIEMPRE en contexto dietético antes de atribuir significado clínico.

9.4 Virus / fagos

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

Nota clínica: Los virus detectados son bacteriófagos comensales, componentes normales del microbioma intestinal sin implicación clínica conocida. No se detectaron virus de ADN humanos patógenos por encima de los umbrales de informe.

9.x Ambigüedades taxonómicas (probable cross-mapping)

Los siguientes hallazgos están marcados como **probable cross-mapping** con un taxón más abundante. No deben interpretarse como patógenos confirmados; requieren PCR/MLST específica antes de decisiones clínicas.

- ⚠ *Shigella* detectado (0.33%) probablemente es cross-mapping de *E. coli* enteroinvasiva (EIEC, ipaH+). *E. coli* está 22.7x más abundante. Confirmar con PCR específica ipaH + MLST si hay clínica compatible.

10. Resistencia antibiótica (AMR genes)

[OK] No se detectaron genes de resistencia adquirida en los contigs ensamblados (AMRFinderPlus + VFDB).

Nota: La ausencia de ARGs en metagenoma NO garantiza sensibilidad fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% en solo 44% de antibióticos. Requiere cultivo + antibiograma.

11. Recomendaciones priorizadas

Prioridad	Acción	Justificación	Gold standard	Plazo
SEGUIMIENTO	Seguimiento clínico habitual. Re-test microbioma solo si persisten síntomas o cambian factores (antibioterapia,	Decidido por severidad Monitorización	Seguimiento clínico habitual	Solo si síntomas

Prioridad	Acción	Justificación	Gold standard	Plazo
	dieta, FMT).			

12. Conclusiones clínicas

- Dysbiosis index: **1.281** (banda *levemente alterado*).
- Enterotype Dysbiosis Score: **0.29** (enterotipo definido).
- Expansión comensal reactiva de *Escherichia coli*, *Clostridioides difficile* sin genes de virulencia (VFDB negativo) — no sugiere infección aguda. Sin acción clínica específica requerida.
- No se detectaron genes de resistencia antibiótica adquirida.
- **Aviso:** informe de. No constituye diagnóstico médico. La interpretación requiere correlación clínica completa.

13. Metodología y limitaciones — cumplimiento normativo

- 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 (shotgun metagenómica)
- Generado: 2026-07-05 22:57

Limitaciones:

- La shotgun DNA **no detecta virus ARN** (coronavirus, rotavirus, calicivirus, astrovirus); requiere RNA-seq o PCR específica.
- La abundancia relativa **no equivale a viabilidad ni recuento absoluto de UFC**; el DI numérico oficial requiere qPCR cuantitativa.
- La shotgun aporta genotipo AMR pero **no perfil fenotípico (CMI)**; requiere cultivo dirigido + antibiograma.
- Patógenos críticos eucariotas (p. ej. *Giardia*, *Cryptosporidium*) requieren **PCR específica como gold standard** — la sensibilidad shotgun a ~3-6M lecturas es limitada.
- La interpretación clínica requiere correlación con cuadro clínico, dieta, tratamientos previos y otras pruebas complementarias.

14. Validación

Rol	Nombre	Nº colegiado
Responsable de análisis (bioinformática)		OmicaLabs SL — Pipeline GenePortal Microbioma Humano v2.1
Responsable de validación clínica	Juan Carlos Barba Carretero	Nº Col. 002395189P

OmicaLabs SL — Informe de soporte a la decisión clínica. Procesado, análisis e interpretación realizados conforme a STORMS (Mirzayi 2021), MixS-Human v6.3.0 y ISO/TS 24420:2023 para procesamiento de datos metagenómicos shotgun.