



OmicaLabs · Laboratorio de

Genómica

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

Informe Microbioma Intestinal — Humano

Paciente: Homo sapiens · M5 **Edad:** 32 años **Sexo:** M **Fecha muestra:** 2026-04-15 **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 (32a, M)

Veredicto principal: Donante FMT: NO APTO — Clostridium perfringens (1607 reads), Clostridioides difficile (7433 reads), Giardia intestinalis (G. duodenalis) (807 reads). Cualquier patógeno intestinal excluye o requiere aclaración previa a la donación.

Perfil con disbiosis leve (banda levemente alterado).

2. Datos clínicos del paciente

Campo	Valor
Especie	human
Edad	32
Sexo	M
Peso (kg)	76.0
Dieta	mediterránea/omni (alta en fibra, fruta, verdura, pescado, legumbres)
Antibióticos últimos 30 d	False

Campo	Valor
Antibiótico (fármaco)	—
Probióticos	False
Fecha muestra	2026-04-15
Almacenamiento	—
Geografía (ISO)	AU-QLD

2.1 Contexto clínico

Motivo del test: Control sano para establecimiento de línea base personal de microbioma intestinal. Donante cribado para programa de trasplante de microbiota fecal (FMT).

Síntomas principales: - Asintomático gastrointestinal. Deposiciones Bristol 3-4, 1-2/día, sin molestias abdominales.

Historial relevante: - Sin antecedentes de enfermedad gastrointestinal - Colonoscopia de cribado FMT: mucosa endoscópicamente normal en todos los segmentos - Biopsias colónicas: sin hallazgos histopatológicos (sin inflamación, sin displasia) - Serologías negativas: VIH, VHB, VHC, sífilis, Strongyloides, CMV, VEB - Coprocultivo + parásitos: negativo (incluyendo microsporidios, Cyclospora, Cystoisospora) - PCR toxina A/B C. difficile: negativa - Toxina A/B C. difficile en heces: negativa - Calprotectina fecal < 50 µg/g - Sin viajes a zonas tropicales en los últimos 12 meses - Sin tatuajes ni piercings en los últimos 6 meses - Ejercicio regular: running 3-4 veces/semana + natación

Medicación actual: - Ninguna

Antecedentes familiares: - Sin antecedentes familiares de EII, cáncer colorrectal ni enfermedad celíaca

3. Calidad de la muestra (QC)

Métrica	Valor	Estado
Lecturas totales	42,015,912	—
Lecturas del huésped	0.0%	OK
Lecturas post-filtro	42,011,710	—
Lecturas clasificadas	12,633,594	—

Métrica	Valor	Estado
NTC	—	—
Mock community	—	—
Batch QC	No evaluado	—

4. Composición taxonómica

4.1 Top 5 phyla

Phylum	Abundancia %
Bacillota (Firmicutes)	58.33
Bacteroidota (Bacteroidetes)	36.06
Pseudomonadota (Proteobacteria)	2.29
Actinomycetota (Actinobacteria)	1.97
Thermodesulfobacteriota	0.75

4.2 Top 10 genera

Genus	Abundancia %
Bacteroides	29.18
Phocaeicola (reclasificación GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	16.70
Alistipes	5.67
Parabacteroides	3.23
Odoribacter	0.90
Butyricimonas	0.06
Muribaculum (Muribaculaceae)	0.04

Genus	Abundancia %
Paramuribaculum	0.04
Duncaniella	0.02
Sodaliphilus	0.00

4.3 Géneros de interés clínico

- **Phocaeicola** (16.70%): Reclasificado desde Bacteroides (GTDB). Implicado en metabolismo de ácidos biliares. Género común en microbiota intestinal humana.
- **Mediterraneibacter** (1.83%): Reclasificado desde Ruminococcus (GTDB). Productor de acetato. Parte del grupo Lachnospiraceae, común en microbiota sana.

4.4 Diversidad alfa

Índice	Valor	Rango sano
Shannon	2.538	2.5 - 4.5 (sano)
Simpson	0.852	0.8 - 0.98 (sano)
Chao1	799.1	—
Observed ASVs	—	—
Pielou evenness	0.436	—

5. Dysbiosis Index (iHMP HMP2 proxy)

- **Dysbiosis Index (z-score sum): 0.602** (levemente alterado)
- **Bacillota / Bacteroidota ratio:** 1.618 (normal)
- **Distancia β (Bray-Curtis vs centroide sano):** 0.7643
- **Distancia β (Euclidean, log10):** 0.5974
- **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	16.06	0.01	salud	-0.01
Roseburia	1.43	-0.25	salud	+0.25
Alistipes	5.67	0.12	salud	-0.12
Prevotella	0.010	0.37	salud	-0.37
Ruminococcus	1.40	0.49	salud	-0.49
Coprococcus	0.41	0.59	salud	-0.59
Subdoligranulum	0.07	-2.31	salud	+2.31
Akkermansia	0.21	0.65	salud	-0.65
Escherichia coli	0.03	0.28	disbiosis	+0.28
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.
- $\triangle$ 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	16.06	—	normal
Roseburia	1.43	—	normal
Alistipes	5.67	—	normal
Prevotella	0.01	—	normal
Ruminococcus	1.40	—	normal
Coprococcus	0.41	—	normal

Genus	Detectado %	Rango sano	Estado
Subdoligranulum	0.07	—	low
Akkermansia	0.21	—	normal
Escherichia coli	0.03	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (no detectado)	—	low

SCFA producers total: 60.96 % (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=66%, ES-P=0%, ES-F=31%, ES-Bf=2%, ES-Ec=0%
- **EDS (Enterotype Dysbiosis Score):** 0.34 (enterotipo mixto)
- **GMHI (Gut Microbiome Health Index):** 0.36 (sano (predicho))
- **GMWI2 (Chang/Gupta 2024):** -0.740 (fuertemente no sano) [43S/31NS taxones detectados]
- **ICB = 12.1% (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:** bajo
- **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=-6.19 | 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
 - Prevotella alterado (0.01%) — Fermentador de fibra, saludable en dietas no occidentales (P. copri)
 - Lactobacillus alterado (0.00%) — Probiótico, productor de lactato; soporte de barrera intestinal

ALERTAS MODERADAS (2 alertas)

- Índice de disbiosis=0.6 — levemente alterado
- DI levemente alterado
- **Edad estimada:** 32 años (declarada) (según datos del paciente)

Interpretación clínica

Enterotipo ES-B (Bacteroides-dominant) con membresía fuerte (0.66). Perfil compatible con Bacteroides-dominant. Los enterotipos representan tendencias continuas, no categorías discretas (Bulygin 2023).

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 ≠ 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	27,840	Metabolismo de carbohidratos — Biosíntesis de sacarosa. Indica actividad glucolítica bacteriana activa.
PWY-1042: glycolysis IV	23,237	Glucólisis — Glucólisis (glicolisis EMP). Vía central del metabolismo energético bacteriano.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	21,461	Síntesis de aminoácidos — Biosíntesis de valina. Actividad metabólica basal.
DTDPRHAMSYN-PWY: dTDP-β-L-rhamnose biosynthesis	21,021	Síntesis de pared celular — Biosíntesis de dTDP-L-ramnosa (componente de LPS y pared).
PWY-5686: UMP biosynthesis I	20,900	Síntesis de nucleótidos — Biosíntesis de UMP (uridina). Actividad proliferativa bacteriana basal.
PWY-7790: UMP biosynthesis II	20,900	Síntesis de nucleótidos — Biosíntesis de UMP (vía alternativa). Actividad proliferativa bacteriana.
PWY-7791: UMP biosynthesis III	20,900	Síntesis de nucleótidos — Biosíntesis de UMP (vía alternativa). Actividad proliferativa bacteriana.
PWY66-429: fatty acid biosynthesis initiation (mitochondria)	20,593	Actividad metabólica bacteriana — Vía metabólica bacteriana — parte del metabolismo basal del microbioma intestinal.
PWY-6163: chorismate biosynthesis	20,541	Síntesis de aminoácidos — Biosíntesis de

Vía metabólica	Abundancia (RPKM)	Interpretación clínica
from 3-dehydroquinate		corismato (precursor de aminoácidos aromáticos).
GLYCOGENSYNTH-PWY: glycogen biosynthesis I (from ADP-D-Glucose)	10,256	Metabolismo de glucógeno — Biosíntesis de glucógeno bacteriano. Reserva energética.

601 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, **8 son vías housekeeping** (metabolismo basal: glucólisis, aminoácidos, nucleótidos, pared celular) y **2 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] Clostridium perfringens — MODERADO - Abundancia: 0.00% | Reads: 1,607 - Significación clínica: Genes cpe/cpa/netE/netF NO detectados por metagenómica. cpe codifica la enterotoxina responsable de intoxicación alimentaria (tipo A) y enteritis necrotizante (tipo C). cpa (alfa-toxina) es el marcador de gangrena gaseosa. Si el paciente está asintomático, este aislado probablemente representa colonización comensal.

[MODERADO] Clostridioides difficile — MODERADO - Abundancia: 0.00% | Reads: 7,433 -
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.

[BAJO] Giardia intestinalis (G. duodenalis) — BAJO - Abundancia: 0.00% | Reads: 807 -
Significación clínica: Giardiasis — principal parasitosis intestinal con potencial notificable
(assemblages A y B). Diarrea crónica.

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.

Posibles trazas

- **Candida auris** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 209 | 5.0 RPM
 - Significación clínica: WHO CRITICAL Priority 1. Patógeno nosocomial MDR emergente. Resistente a azoles, frecuentemente equinocandinas, ocasional anfotericina B. Colonización intestinal = reservorio potencial de brotes UCI. La detección en paciente hospitalizado/inmunodeprimido requiere confirmación urgente y valorar activación de protocolo de control de infecciones. En paciente ambulatorio inmunocompetente, las detecciones de baja señal (<10 RPM) tienen alta probabilidad de ser cross-mapping de Kraken2 — confirmar siempre con cultivo antes de actuar.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo CHROMagar + MALDI-TOF (puede

confundirse con *C. haemulonii* en sistemas Vitek2) + PCR específica *C. auris* + secuenciación D1/D2

- **⚠ WHO CRITICAL PRIORITY 1 — detección a nivel de trazas.** Se detectan lecturas compatibles con *Candida auris* pero por debajo del umbral de señal clínica (10 RPM). En paciente ambulatorio inmunocompetente sin hospitalización reciente, la probabilidad de que sea un falso positivo por cross-mapping de Kraken2 es alta. **NO activar protocolo de control de infecciones sin confirmación previa por cultivo CHROMagar + MALDI-TOF + PCR específica.** Si el paciente está hospitalizado, en UCI, o inmunodeprimido, considerar confirmación urgente y activar protocolo si se confirma.
- ***Candida krusei* (hongo)** — Abundancia: 0.0000% | Reads: 69 | 1.6 RPM
 - Significación clínica: Resistente INTRÍNSECO a fluconazol. Emergente en onco-hematología con profilaxis azólica. Detección en heces + neutropenia + profilaxis fluconazol = ALTO valor clínico (presión selectiva). Mortalidad 40-60%.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS (colonias rosa pálido distintivas en CHROMagar)
- ***Cryptococcus neoformans* (hongo)** — Abundancia: 0.0000% | Reads: 235 | 5.6 RPM
 - Significación clínica: Levadura encapsulada oportunista. Meningoencefalitis en SIDA (CD4<100). Colonización intestinal documentada como puerta de entrada. Detección fecal + SIDA/inmunodepresión celular grave → despistaje sistémico (CrAg sérico urgente). En inmunocompetente: ambiental (heces paloma/eucalipto).
 - Gold standard confirmatorio: Tinta china LCR + cultivo Sabouraud + test ureasa + aglutinación látex (CrAg) + MALDI-TOF

Hallazgos incidentales

- ***Aspergillus flavus* (hongo)** — Abundancia: 0.0000% | Reads: 150 | 3.6 RPM
 - Significación clínica: 2º *Aspergillus* clínico. Productor de aflatoxinas (carcinógeno IARC Grupo 1). Sinusitis fúngica invasiva + queratitis. Detección fecal: posible colonización pre-invasiva en inmunodeprimido O exposición dietética a aflatoxinas (cereales/frutos secos).
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS/calmodulina + galactomanano
- ***Candida parapsilosis* (hongo)** — Abundancia: 0.0000% | Reads: 188 | 4.5 RPM
 - Significación clínica: 3ª *Candida* clínica. Asociada a neonatos UCIN, catéteres, NPT. Forma biofilms sobre dispositivos. Relevante en hospitalización prolongada. Generalmente sensible a azoles.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo + MALDI-TOF + PCR ITS

- **Candida tropicalis** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 106 | 2.5 RPM
 - Significación clínica: 4ª Candida clínica. Altamente virulenta (proteinasas, filamentación). Asociada a neutropenia profunda onco-hematológica. Mayor invasión tisular que otras Candida spp. Mortalidad 30-50% en candidemia.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS
- **Candida albicans** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 79 | 1.9 RPM
 - Significación clínica: Levadura comensal GI más frecuente. Patógeno oportunista en inmunodeprimidos (neutropenia, trasplante, SIDA). Candidiasis invasiva desde tracto GI. >0.1% en paciente con factores de riesgo = sobrecrecimiento relevante.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2
- **Saccharomyces cerevisiae** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 127 | 3.0 RPM
 - Significación clínica: Levadura panadería/cerveza. Mayoría de casos = DIETÉTICO (pan, cerveza, vino, queso, probióticos S. boulardii). En UCI/inmunodeprimido grave puede causar fungemia por translocación. ADVERTENCIA FP: dieta rica en pan/cerveza/queso → lecturas positivas sin infección real. Interpretar SIEMPRE en contexto dietético.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS
- **Candida glabrata** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 105 | 2.5 RPM
 - Significación clínica: 2ª Candida clínica. Resistencia a fluconazol frecuente (CIM elevada intrínseca). Emergente en UCI/onco-hematología/trasplante. Detección fecal relevante si profilaxis azólica previa. Candidemia con mortalidad 40-50%.
 - Gold standard confirmatorio: Cultivo CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS
- **Pneumocystis jirovecii** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 33 | 0.8 RPM
 - Significación clínica: Hongo atípico. Neumonía PCP en inmunodeprimidos graves (SIDA CD4<200, trasplante, corticoides, anti-TNF). Colonización intestinal documentada en VIH+ puede preceder infección pulmonar. CUALQUIER detección fecal + factores riesgo PCP + clínica respiratoria → despistaje urgente (beta-D-glucano + PCR BAL). En inmunocompetente: colonización subclínica autolimitada.
 - Gold standard confirmatorio: PCR específica P. jirovecii (mtLSU rRNA o beta-tubulina) en BAL/esputo inducido + beta-D-glucano sérico + inmunofluorescencia directa
- **Malassezia restricta** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 79 | 1.9 RPM
 - Significación clínica: Comensal lipofílico cutáneo. Asociación emergente con Crohn (Limon 2019 mBio) y CU — posible papel en inflamación intestinal vía inmunidad antifúngica Th17. En EI: biomarcador de disbiosis fúngica. En sano: contaminación cutánea o comensalismo sin significado.

- Gold standard confirmatorio: PCR ITS + cultivo en medio Dixon (requiere lípidos; no crece en Sabouraud estándar)
- **Malassezia globosa** (hongo) — Abundancia: 0.0000% | Reads: 60 | 1.4 RPM
 - Significación clínica: Comensal cutáneo lipofílico. Junto con M. restricta, asociado a microbioma intestinal EII (Crohn, CU). Posible desencadenante inflamación vía dectin-1/CARD9. En EII activa: marcador de microbioma pro-inflamatorio. En sano: sin significado clínico.
 - Gold standard confirmatorio: PCR ITS + cultivo en medio Dixon modificado

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

- Fago: uncultured phage cr2_1: 0.0051%
- Fago: uncultured phage cr13_1: 0.0047%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Brigit: 0.0024%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Taranis: 0.0022%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Epona: 0.0006%

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.

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
COMPLEMENTARIA	PCR confirmatoria Giardia intestinalis (G. duodenalis)	Detectado a 0.00%	PCR específica	1-2 semanas
URGENTE	Descartar al candidato para donación FMT	Clostridium perfringens, Clostridioides difficile, Giardia intestinalis (G. duodenalis) detectados	Protocolo de exclusión de donante FMT	Inmediato

12. Conclusiones clínicas

- Dysbiosis index: **0.602** (banda *levemente alterado*).
- Enterotype Dysbiosis Score: **0.34** (enterotipo mixto).
- Donante FMT: NO APTO** por detección de Clostridium perfringens, Clostridioides difficile, Giardia intestinalis (G. duodenalis). No procede la donación hasta confirmación/resolución según protocolo.
- 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.