**“*Who is there?” -* Metagenómica no conceito “*One Health”* – identificar o invisível**

João Paulo Gomes1,2

1 Faculdade de Medicina Veterinária de Lisboa, Universidade Lusófona, Lisboa, Portugal

2 Núcleo de Genómica e Bioinformática, Departamento de Doenças Infeciosas, Instituto [Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal](https://www.insa.min-saude.pt/)

É, nos dias de hoje, perfeitamente aceite que é fundamental não dissociar as vertentes humana, animal e ambiental quando se fala em Saúde. Em termos de doenças infeciosas, é por demais sabido que os agentes microbianos patogénicos, sejam eles bactérias, vírus, fungos ou parasitas, e respectivos genes de resistência a fármacos, circulam frequentemente nestes três “ambientes hospedeiros”, causando doença animal ou humana. Assim, nestes últimos anos têm-se encetado esforços no sentido de “mapear”, com a exactidão possível, a circulação destes agentes microbianos e marcadores de resistência, por forma a melhor controlar a infecção animal e humana.

O desenvolvimento da metodologia de sequenciação de nova geração (NGS) veio precisamente permitir, dado descodificar a sequência genética total de qualquer microrganismo, identificar com a máxima precisão os microrganismos isolados e os seus genes de resistência. No entanto, este procedimento requer a utilização prévia de meios de cultura selectivos por forma à obtenção de culturas puras de determinados microrganismos. Tratando-se por vezes de amostras complexas e não havendo qualquer pista sobre o tipo de microrganismo a pesquisar, isto implica a utilização de múltiplos meios de cultura por exemplo para bactérias e fungos e perde-se a informação dos microrganismos não cultiváveis em meios artificiais, como o caso dos vírus, que requerem métodos moleculares para a sua identificação.

A metagenómica, uma das mais importantes e promissoras vertentes da metodologia de NGS, surge assim como uma ferramenta com potencial para ultrapassar os obstáculos acima referidos. Trata-se de um método de detecção de material genómico de toda a comunidade microbiana em qualquer amostra, independentemente do seu grau de complexidade, não estando sujeita ao carácter cultivável dos microrganismos existentes. Permite, além disso, a detecção independente de genes de resistência a fármacos que a amostra possa conter. Este metodologia tendo sofrido, nos últimos anos, avanços consideráveis em termos de aumento de sensibilidade e redução de custos.

A metagenómica constitui assim uma das “metodologias de ponta” em maior desenvolvimento dado o seu potencial de detecção virtualmente ilimitado, sendo, por isso, frequentemente caracterizada com a expressão “*Who is there*?”.

Nesta apresentação, serão explicados os fundamentos da metagenómica, os seus avanços científicos e serão apresentados múltiplos exemplos da sua aplicação prática na detecção de bactérias, vírus, fungos e parasitas em amostras complexas como as fezes, biópsias e solos.

**Palavras-Chave:** Metagenómica;*One Health*;Bactérias; Vírus; NGS.

**Financiamento:** Projecto financiado pela Comissão Europeia ao abrigo do 4º Programa da Saúde (EU4H-2022-DGA-MS-IBA-1), Proposal ID-101113460.