

## **Mejorar la vigilancia genómica de la resistencia a antimicrobianos en entornos de salud pública utilizando la herramienta y la especificación de hAMRonization de PHA4GE**

### **Contexto**

La resistencia a los antimicrobianos (RAM), es decir, la capacidad de los microorganismos de replicarse a pesar de la exposición a estos agentes, representa una problemática de salud pública actual y creciente en todo el mundo. Mejorar la vigilancia de la RAM, tanto en entornos clínicos como ambientales y también en animales, para comprender mejor la evolución y transmisión de la RAM, es un componente central de los planes de acción nacionales e internacionales para mitigar esta crisis. La detección de determinantes de RAM a partir de datos genómicos se ha convertido en un procedimiento estándar en la vigilancia de la salud pública, con una gran cantidad de herramientas bioinformáticas disponibles para realizar esta tarea (por ejemplo, ABRicate, AMRFinderPlus, RGI, ResFinder, etc.). Estas herramientas, aunque implementan principios similares, difieren en los archivos de entrada, los algoritmos de búsqueda, los parámetros y las bases de datos utilizadas.

### **El desafío**

Cada una de estas herramientas de detección de genes de RAM genera informes de salida correspondientes a los genes de RAM detectados en formatos distintos y no estandarizados. Esta es una gran barrera para la comparación de resultados entre las distintas herramientas y para la comunicación de los mismos entre los usuarios posteriores y los programas de vigilancia de RAM.

### **Paquete de especificaciones de salida para la detección de genes de RAM de la Alianza de Salud Pública para la Epidemiología Genómica (PHA4GE)**

La Alianza de Salud Pública para la Epidemiología Genómica (Public Health Alliance for Genomic Epidemiology - PHA4GE) (<https://pha4ge.org>) es una coalición global que trabaja activamente para establecer estándares de consenso; documentar y compartir las mejores prácticas; mejorar la disponibilidad de herramientas bioinformáticas; y abogar por una mayor apertura, interoperabilidad, accesibilidad y reproducibilidad de la bioinformática microbiana aplicada a la salud pública.

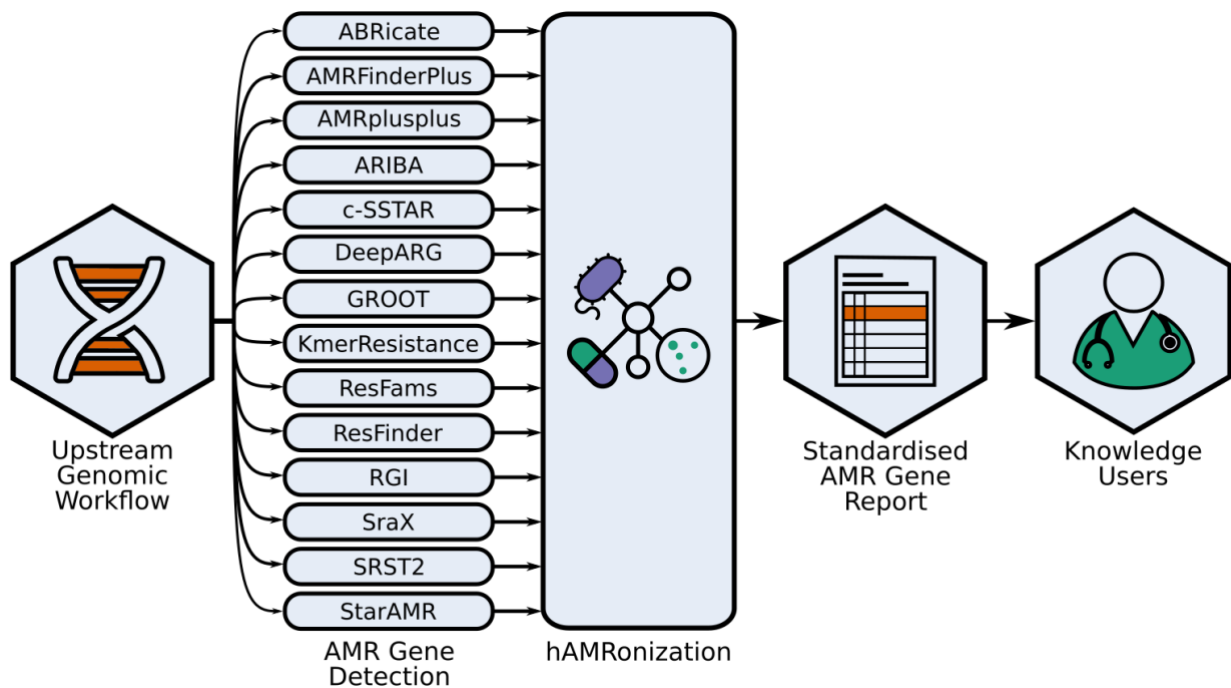


Figura 1: *hAMRonization* de PHA4GE dentro de un flujo de trabajo de análisis genómico de RAM típico. Sin *hAMRonization*, cada herramienta de detección de genes de RAM generaría resultados con formatos diferentes y, por lo tanto, se necesitarían flujos de trabajo posteriores específicos para cada herramienta que requerirían de su explicación a los distintos usuarios. *hAMRonization* permite cambiar (y comparar) el software de detección de genes de RAM sin afectar el resto del flujo de trabajo o la difusión de la información resultante.

Para facilitar la vigilancia de la RAM en salud pública, PHA4GE ha desarrollado una herramienta de estandarización para la detección bioinformática de genes de RAM a partir de datos genómicos a través de pruebas iterativas y consultas con expertos. Dicha herramienta proporciona campos estandarizados para informar los resultados de detección de genes de RAM junto con definiciones e identificadores de ontología para validar los datos proporcionados en todos los campos. *hAMRonization* convierte automáticamente los diversos resultados obtenidos a partir de las 14 herramientas de detección de genes de RAM (Figura 1), en un informe unificado estandarizado. Esta herramienta también permite la creación de informes resumidos para distintas herramientas y conjuntos de datos en una variedad de formatos (tabular, JSON o un archivo HTML interactivo visible en un navegador). *hAMRonization* es de código abierto y está disponible gratuitamente en <https://github.com/pha4ge/hAMRonization>.

### Prueba piloto: ReLAVRA y PulseNet América Latina y el Caribe

Se ha propuesto una prueba piloto del paquete de especificaciones de detección de genes de RAM de PHA4GE, con el fin de explorar su utilidad para la mejora de la comunicación en la vigilancia de RAM basada en genómica y el intercambio de datos entre ReLAVRA y PulseNet América Latina y las redes del Caribe. En esta prueba piloto, los participantes pueden realizar lo siguiente:

1. Instalar *hAMRonization* (consultar las instrucciones a continuación o la documentación de *hAMRonization* en GitHub).

2. Analizar el/los archivo/s de interés utilizando la herramienta y examinar los resultados en los formatos tsv (tabular) y html que han sido armonizados con *hAMRonization*.
3. Responda las preguntas a continuación y envíe sus respuestas a María Sol Haim ([solhaim@gmail.com](mailto:solhaim@gmail.com)) con copia a Josefina Campos ([jocampos05@gmail.com](mailto:jocampos05@gmail.com)) y Marcelo Galas ([galasmar@paho.org](mailto:galasmar@paho.org)).

#### *Preguntas de retroalimentación:*

1. ¿Cuál es su papel en el análisis de datos de RAM (por ejemplo, bioinformático y/o científico de datos, administrador de laboratorio, epidemiólogo, técnico de laboratorio, otro)?
2. ¿Qué tan fácil fue instalar la herramienta *hAMRonization* usando las instrucciones en GitHub? Si tuvo alguna dificultad, descríbala brevemente. Si alguien más lo instaló, escriba “No aplicable”.
3. ¿Qué campos del archivo armonizado (generado por *hAMRonization*) fueron los más útiles para su trabajo?
4. ¿Pudo encontrar toda la información que necesitaba para interpretar los resultados? Si no es así, ¿qué tipo de información le ayudaría a hacer esto?
5. ¿Prefiere el resumen de salida tabular (.tsv) o html? ¿Por qué?
6. ¿Encontró algo sorprendente o extraño en los resultados armonizados? En caso afirmativo, describa brevemente lo que esperaba frente a lo que observó.

#### **Instrucciones para la implementación**

Para obtener instrucciones completas, opciones de instalación alternativas (por ejemplo, Galaxy, docker y conda) y detalles de todas las opciones disponibles, consulte la documentación de *hAMRonization* en GitHub (<https://github.com/pha4ge/hAMRonization>).

- *Requerimientos del sistema:* python instalado (versión 3.7 u otra posterior)
- *Instalación:* `python -m pip install hAMRonization`
- *Comando básico de uso:* `hamronize <nombre_herramienta> <archivos_output_de_la_herramienta> <metadata_solicitada>`

*Ejemplo:* `hamronize abricate abricate_genome1.tsv abricate_genome2.tsv --reference_database_version v3.1.1 --analysis_software_version v1.0.1 > abricate_hamronized_output.tsv`

El ejecutable `hamronize` se instalará en su ruta o “path” y se puede utilizar en los archivos de salida de cualquiera de las 14 herramientas de detección de genes de RAM (figura 1) para aplicar automáticamente la especificación de *hAMRonization* y generar un informe estandarizado. Cada herramienta tiene diferentes metadatos adicionales requeridos que deben proporcionarse en la línea de comandos (consulte el mensaje de ayuda de cada herramienta para obtener detalles, por ejemplo, `hamronize abricate -h`)

Se puede generar un informe único recopilando los resultados *hAMRonizados* de varias herramientas utilizando `hamronize summarize`.

**Ejemplo:**        hamronize        summarize        abricate\_hamronized\_output.tsv  
rgi\_hamronized\_output.tsv > combined\_report.tsv