



Curso Teórico-Práctico

# EPIDEMIOLOGÍA GENÓMICA



UNA HERRAMIENTA PARA  
FORTALECER LA VIGILANCIA DE  
AGENTES INFECCIOSOS



---

Día 3: *Bases de datos para resistencia antimicrobiana*  
Bogotá / Septiembre 25 del 2024



# Bases de datos para resistencia antimicrobiana

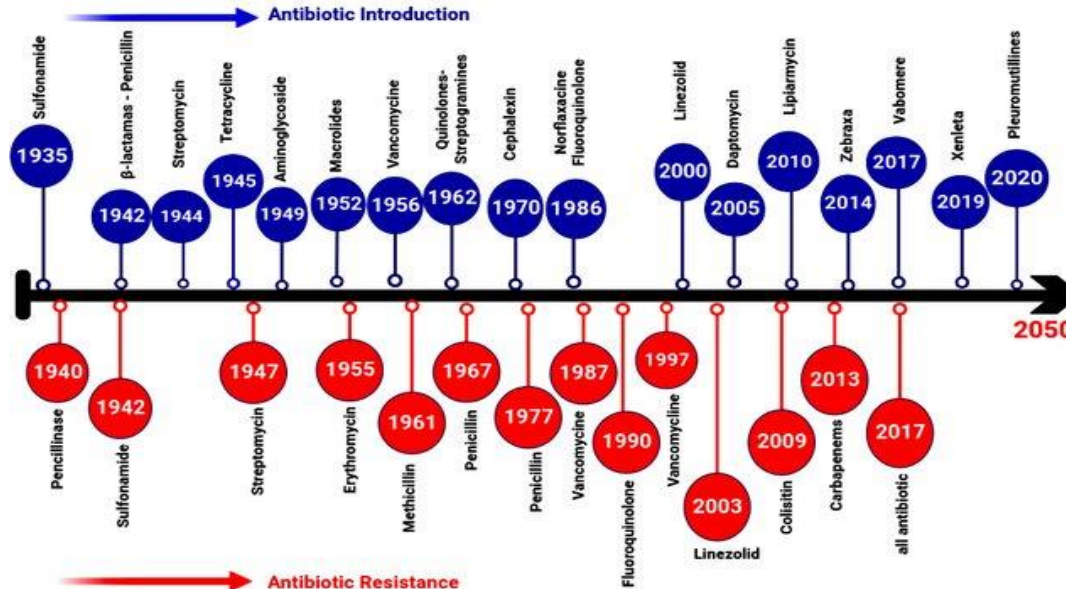
Diego Prada  
Biólogo, M.Sc.  
Grupo de Microbiología  
Instituto Nacional de Salud

## Resistencia Antimicrobiana (RAM)

La resistencia antimicrobiana (RAM) es la capacidad de microorganismos como bacterias, virus y hongos para resistir los efectos de los medicamentos que normalmente los matarían.

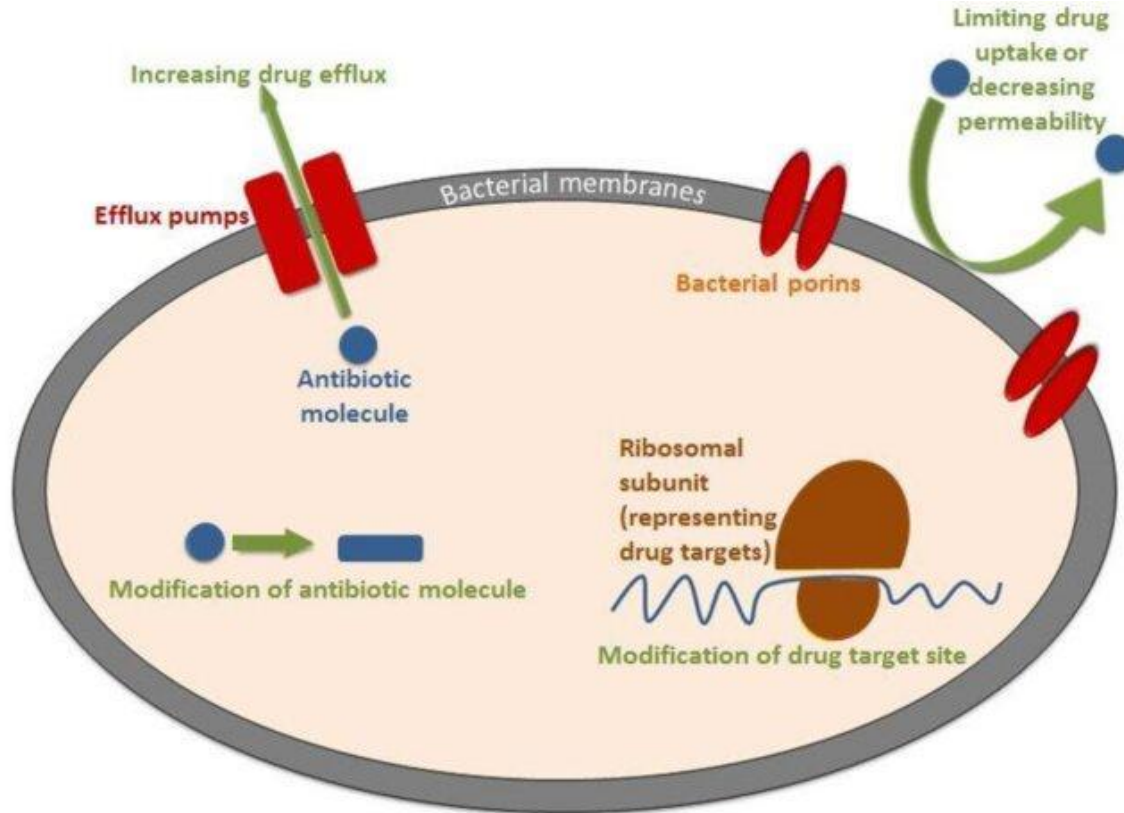
### Impacto Global:

- Aumento en la mortalidad por infecciones.
- Incremento en los costos de la atención médica.
- Retorno a la era pre-antibiótica.



## Mecanismos de Resistencia Antimicrobiana (RAM)

En bacterias existen varios mecanismos de resistencia y pueden estar presentes al mismo tiempo.



## Monitoreo de la propagación:

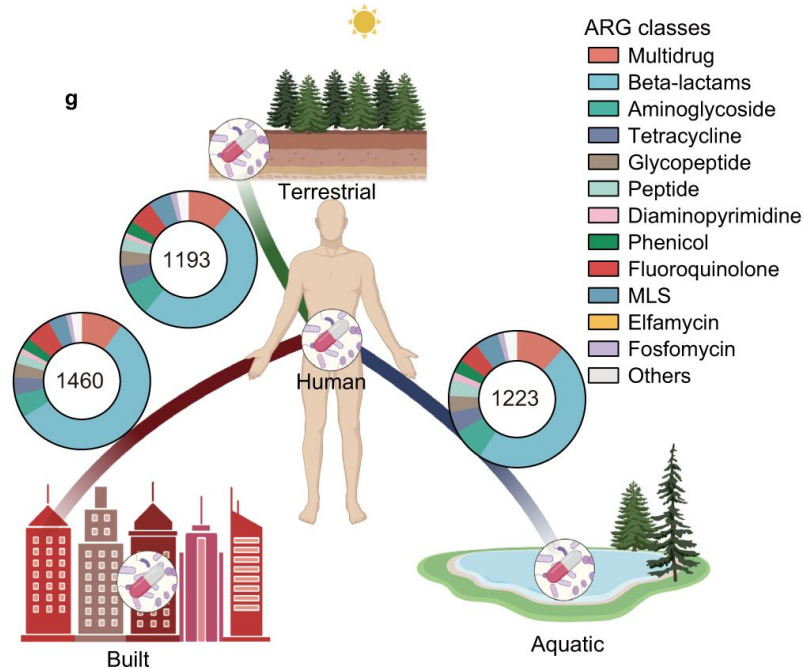
- 



# Importancia de las Bases de Datos en RAM

## Investigación y desarrollo de tratamientos:

- Ayudan a encontrar nuevas opciones terapéuticas.
- Proporcionan datos para crear políticas de salud pública.



## Bases de Datos en RAM

### CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database):

- Contiene información detallada sobre genes de resistencia antimicrobiana.
- Útil para la predicción de la resistencia.



**The Comprehensive Antibiotic Resistance Database**

A bioinformatic database of resistance genes, their products and associated phenotypes.

7253 Ontology Terms, 5230 Reference Sequences, 1960 SNPs, 3310 Publications, 5278 AMR Detection Models

Resistome predictions: 413 pathogens, 24291 chromosomes, 2662 genomic islands, 48212 plasmids, 172216 WGS assemblies, 276270 alleles

YouTube: [Canadian Bioinformatics Workshops 2024: Antimicrobial Resistant Gene \(AMR\) Analysis](#)

#### Browse

The CARD is a rigorously curated collection of characterized, peer-reviewed resistance determinants and associated antibiotics, organized by the Antibiotic Resistance Ontology (ARO) and AMR gene detection models.

#### Analyze

The CARD includes tools for analysis of molecular sequences, including BLAST and the Resistance Gene Identifier (RGI) software for prediction of resistome based on homology and SNP models.

#### Download

CARD data and ontologies can be downloaded in a number of formats. RGI software is available as a command-line tool. CARD Bait Capture Platform sequences and protocols available for download. Extensive notes on updates provided.

## Bases de Datos en RAM

### CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database):

Download CARD Data (see README), use <https://card.mcmaster.ca/latest/data> for automated downloads

NAME	INFO	VERSION	FILE FORMAT	DATE	ACTION
Data	August 2024 release - Housekeeping update in preparation for major Mycobacterium tuberculosis and beta-lactamase updates. New VIM, RATA, GES, CARD, & SIM beta-lactamase and aminoglycoside N-acetyltransferase genes. Updates to SHV beta-lactamase gene:drug relationships. Improved documentation of historical Lahey beta-lactamase gene names. Harmonization of all Mycobacterium tuberculosis reference sequences to the M. tuberculosis H37Rv complete genome. Review of 16S mutations for numerous pathogens.	3.3.0	JSON, TAB , FASTA	2024-08-26 19:21:26.482292	<a href="#">DOWNLOAD</a>

[More data downloads...](#)

#### RGI Conda install


```
# searches rgi package and show available versions
$ conda search --channel bioconda rgi
# install rgi package
$ conda install --channel bioconda rgi
# install rgi specific version
$ conda install --channel bioconda rgi=3.1.1
# remove rgi package
$ conda remove --channel bioconda rgi
```





## Bases de Datos en RAM

### ResFinder:

- Herramienta de búsqueda de genes de resistencia.
- Analiza secuencias genómicas para identificar genes específicos de resistencia.


 **Center for Genomic Epidemiology**

ServicesContact

 **Info:** The service may be unavailable due to maintenance on 2024-09-26 between 09:00 and 17:00. 

### ResFinder

Version

4.6.0 

ResFinder identifies acquired genes and/or finds chromosomal mutations mediating antimicrobial resistance in total or partial DNA sequence of bacteria.

ResFinder software: (2024-03-22)  
ResFinder database: (2024-03-22)  
PointFinder database: (2024-03-08)  
DisinFinder database: (2023-05-31)

## Bases de Datos en RAM

### ResFinder:

**Chromosomal point mutations:**

Threshold for %ID

90% ▼

Minimum length

60% ▼

☐ Show unknown mutations

☐ Ignore premature stop codons:

☐ Ignore frameshift indels:

**Acquired antimicrobial resistance genes:**

Threshold for %ID

90% ▼

Minimum length

60% ▼

**Species and input data type:**

Select species

Other ▼

Select input type

FASTA (Assembled Genome/Contigs) ▼

## Bases de Datos en RAM

**NDARO** (National Database of Antibiotic Resistant Organisms):

- Base de datos pública de los CDC en Estados Unidos.
- Proporciona acceso a datos de cepas resistentes recolectadas en hospitales y laboratorios.

## National Database of Antibiotic Resistant Organisms (NDARO)

Welcome to the NCBI National Database of Antibiotic Resistant Organisms (NDARO), a collaborative, cross-agency, centralized hub for researchers to access AMR data to facilitate real-time surveillance of pathogenic organisms.



### **Klebsiella pneumoniae blaKPC gene for carbapenem-hydrolyzing class A beta-lactamase KPC-2, complete CDS**

NCBI Reference Sequence: NG\_049253.1

[GenBank](#) [FASTA](#)

[Link To This View](#) | [Feedback](#)



## Bases de Datos en RAM

**NDARO** (National Database of Antibiotic Resistant Organisms):



[Health](#) > [Pathogen Detection](#) > [Antimicrobial Resistance](#) > AMRFinderPlus

Search page ^ v

# AMRFinderPlus

NCBI has developed AMRFinderPlus, a tool that identifies AMR genes, resistance-associated point mutations, and select other classes of genes using protein annotations and/or assembled nucleotide sequence. AMRFinderPlus is used in the [Pathogen Detection pipeline](#), and these data are displayed in [NCBI's Isolate Browser](#). AMRFinderPlus relies on NCBI's curated [Reference Gene Database](#) and curated collection of [Hidden Markov Models](#). For more information on how AMRFinderPlus operates, please see the [Methods section](#) of the [AMRFinderPlus documentation](#). See our [documentation](#) for a description of all our [NCBI antimicrobial resistance resources](#).

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/antimicrobial-resistance/AMRFinderPlus/>

## Bases de Datos en RAM

### ARG-ANNOT (Antibiotic Resistance Gene-ANNOTation):

- Interfaz amigable que facilita la carga de datos y la interpretación de resultados.



L'INSTITUT SOINS DIAGNOSTIC VEILLE ÉPIDÉMIOLOGIQUE RECHERCHE VALORISATION VIDÉOS & COURS COMMUNICATION

### ARG-ANNOT

[Accueil](#) / [Accès ressources](#) / [Base de données](#) / [ARG-ANNOT](#)



ARG-ANNOT NT V6 July 2019

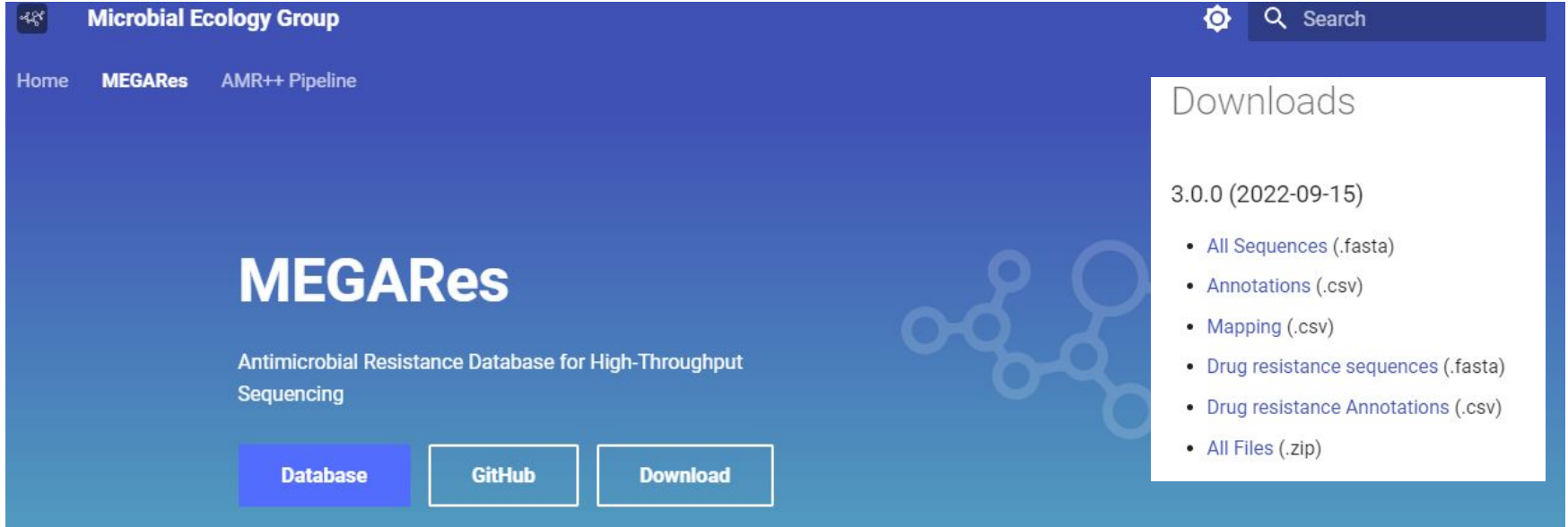


ARG-ANNOT AA V6 July 2019

## Bases de Datos en RAM

### **MEGARes** (Antimicrobial Resistance Database for High-Throughput Sequencing):

- Base de datos de resistencia antimicrobiana mediante la organización, categorización y anotación de genes.



The screenshot shows the MEGARes website interface. The header is dark blue with the 'Microbial Ecology Group' logo and name on the left, and a search bar on the right. Below the header, there are navigation links for 'Home', 'MEGARes', and 'AMR++ Pipeline'. The main content area has a large 'MEGARes' title and a subtitle 'Antimicrobial Resistance Database for High-Throughput Sequencing'. At the bottom of this section are three buttons: 'Database', 'GitHub', and 'Download'. On the right side, there is a 'Downloads' section showing the version '3.0.0 (2022-09-15)' and a list of downloadable files: 'All Sequences (.fasta)', 'Annotations (.csv)', 'Mapping (.csv)', 'Drug resistance sequences (.fasta)', 'Drug resistance Annotations (.csv)', and 'All Files (.zip)'.

Microbial Ecology Group

Home MEGARes AMR++ Pipeline

MEGARes

Antimicrobial Resistance Database for High-Throughput Sequencing

Database GitHub Download

Downloads

3.0.0 (2022-09-15)

- All Sequences (.fasta)
- Annotations (.csv)
- Mapping (.csv)
- Drug resistance sequences (.fasta)
- Drug resistance Annotations (.csv)
- All Files (.zip)

## Bases de Datos en RAM

**ABRicate** (Mass screening of contigs for antimicrobial resistance or virulence genes):

# ABRicate

---

Mass screening of contigs for antimicrobial resistance or virulence genes. It comes bundled with multiple databases: NCBI, CARD, ARG-ANNOT, Resfinder, MEGARES, EcoH, PlasmidFinder, Ecoli\_VF and VFDB.

## 🔗 Is this the right tool for me?

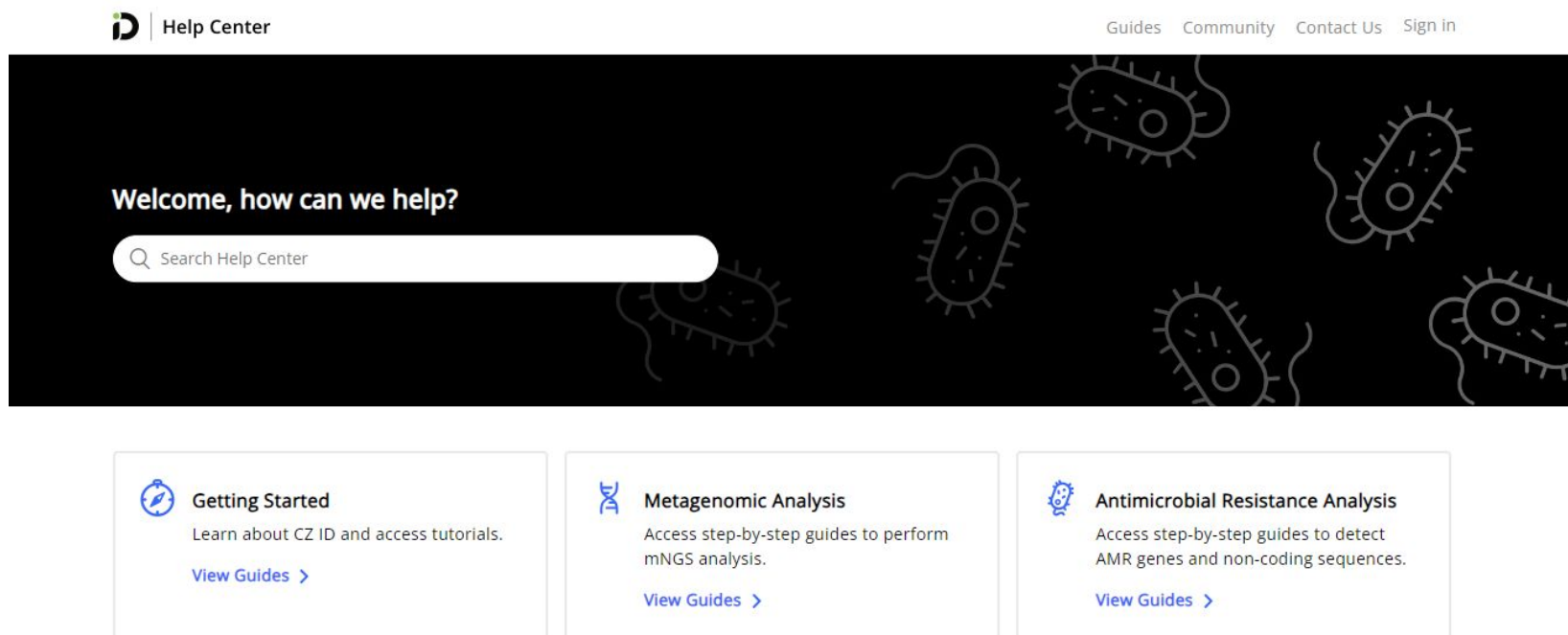
---

1. It only supports contigs, not FASTQ reads
2. It only detects acquired resistance genes, **NOT** point mutations
3. It uses a DNA sequence database, not protein
4. It needs BLAST+  $\geq 2.7$  and `any2fasta` to be installed
5. It's written in Perl 🐘

## Bases de Datos en RAM

### CZID AMR MODULE (Chan Zuckerberg ID):

- Detección de patógenos microbianos y genes RAM desde datos WGS y mNGS.
- Usa la base de datos CARD





## Desafíos de las Bases de Datos en RAM

- Falta de datos completos en muchas regiones.
- Estandarización de los datos: Diferentes metodologías dificultan comparaciones globales.

fosfomycin resistance glutathione transferase

CARD	NCBI	ARG-ANNOT	ResFinder	MEGARes
FosA6	fosA6	(Fcyn)FosA6	fosA6_1	FOSA

- Acceso limitado: Algunas bases de datos son restrictivas para el público general o requieren permisos.

## **Avances y Futuro de las Bases de Datos**

- Inteligencia artificial y análisis de Big Data: Predicción de patrones de resistencia futura.
- Colaboración internacional: Mejorar la interoperabilidad entre bases de datos.
- Secuenciación genética avanzada: Mejorar la precisión en la identificación de genes resistentes.

## Conclusiones

- Las bases de datos son esenciales en la lucha contra la resistencia antimicrobiana.
- La colaboración global y el acceso abierto a estos datos son cruciales para mitigar el impacto de la RAM.
- Es necesario seguir invirtiendo en la creación de herramientas más eficientes para la recopilación y análisis de datos.

# Gracias

Contacto:

[dprada@ins.gov.co](mailto:dprada@ins.gov.co)

[dpradacardozo@gmail.com](mailto:dpradacardozo@gmail.com)

Algunas de las diapositivas usadas en esta presentación hacen parte del material disponible en Help Center de CZID

<https://chanzuckerberg.zendesk.com/hc/en-us>