ASOCIAȚIA MEDICALĂ ROMÂNĂ
SOCIETATEA ROMÂNĂ DE MICROBIOLOGIE
în colaborare cu
SOCIETATEA ROMÂNĂ DE EPIDEMIOLOGIE

Bacteriologia Virusologia Parazitologia Epidemiologia

PROGRAM / VOLUM DE REZUMATE

A X-A CONFERINȚĂ NAȚIONALĂ DE MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE

2–4 Noiembrie 2017

Microbiologia și Epidemiologia, în slujba sănătății publice

Volumul 62
IULIE – DECEMBRIE
3–4 / 2017
ISSN: 1220 – 3696

ASOCIAŢIA MEDICALĂ ROMÂNĂ
SOCIETATEA ROMÂNĂ DE MICROBIOLOGIE
în colaborare cu
SOCIETATEA ROMÂNĂ DE EPIDEMIOLOGIE

COLEGIUL DE REDACȚIE

Redactor-şef: Alexandru Rafila
Redactor-şef adjunct: Gabriel Ionescu
Daniela Pițigoi
Gabriel Popescu
Secretar de redacție: Alexandra Năşcuțiu

MEMBRI

Irina Codiță (B)
Maria Damian (B)
Olga Dorobăț (B)
Mirela Flonta (CJ)
Maria Ghelberg-Tălmacel (CT)
Luminița Smaranda Iancu (IS)
Monica Licker (TM)
Emilia Lupulescu (B)
Simona Ruță (B)
Edit Szekely (M)
Codruța-Romanița Usein (B)
Doina Azoicăi (IS)
Grațiana Chicin (TM)
Dorina Crăciun (B)
Geza Molnar (CJ)
Adriana Pistol (B)
Carmen Sima (MM)

MEMBRI DE ONOARE

Marian Neguț
Dumitru Buiuc

Redacţia: Str. Ionel Perlea 10, sectorul 1, Bucureşti
Tel. 021 314.10.62, 021 314.10.71
Fax. 021 312.13.57

A 10-a Conferință Națională de MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE

2-4 noiembrie 2017, București

Microbiologia și Epidemiologia, în slujba sănătății publice

PROGRAM / VOLUM DE REZUMATE

A 10-a Conferință Națională de MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE

2-4 noiembrie 2017, Hotel Crowne Plaza, București

PREŞEDINȚI CONFERINȚĂ

Prof. Dr. Alexandru Rafila

Conf. Dr. Emilian Damian Popovici

COMITET DE ORGANIZARE CONFERINȚĂ

SRM:
Conf. Dr. Irina Codiță
Șef Lucrări Dr. Gabriel Ionescu
Asist. Univ. Dr. Alexandra-Maria Nășcuțiu

SRE:
Conf. Dr. Adrian Băncescu
Dr. Radu Cucuiu
Dr. Lorena Angheluș

COMITET ŞTIINȚIFIC CONFERINȚĂ

SRM:
Prof. Dr. Marian Neguț
Prof. Dr. Simona Ruță
Prof. Dr. Luminița Smaranda Iancu
Prof. Dr. Monica Licker
Prof. Dr. Victoria Aramă
Prof. Dr. Gabriel Popescu
Conf. Dr. Edit Szekely
Asist. Univ. Dr. Codruța-Romanița Usein

SRE:
Prof. Dr. Doina Azoicăi
Conf. Dr. Geza Molnar
Conf. Dr. Daniela Pițigoi
Dr. Grațiana Ghicin
Dr. Florin Popovici
Dr. Adriana Pistol

INVITAȚI CONFERINȚĂ:

Prof. Dr. Florian Bodog *(Ministrul Sănătății)*

Conf. Dr. Diana Loreta Păun *(Consilier de Stat, Departamentul de Sănătate Publică din cadrul Administrației Prezidențiale)*

Conf. Dr. Florin Buicu *(Președinte Comisia pentru sănătate și familie a Camerei Deputaților)*

Dr. Laszlo Attila *(Președintele Comisiei de Sănătate Publică din Senatul României)*

Dr. Amalia Șerban *(Ministerul Sănătății)*

Prof. Dr. Xavier Bosch *(Institut Catala d'Oncologia)*

Prof. Dr. Adrian Streinu-Cercel *(Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș“)*

Prof. Dr. Victoria Aramă *(Societatea de Boli Infecțioase și HIV/SIDA)*

Prof. Dr. Emanoil Ceaușu *(Spitalul Clinic de Boli Infecțioase și Tropicale „Dr. Victor Babeș“)*

Conf. Dr. Patriciu Achimaș-Cadariu *(Institutul Oncologic „Prof. Dr. Ion Chiricuță“)*

Dr. Anca Drăgănescu *(Asociația Pro Imunizare)*

Dr. Val Vîlcu *(Asociația Jurnaliștilor din Domeniul Medical)*

Ovidiu Covaciu (*Președinte al Societății Raționaliste Române*)

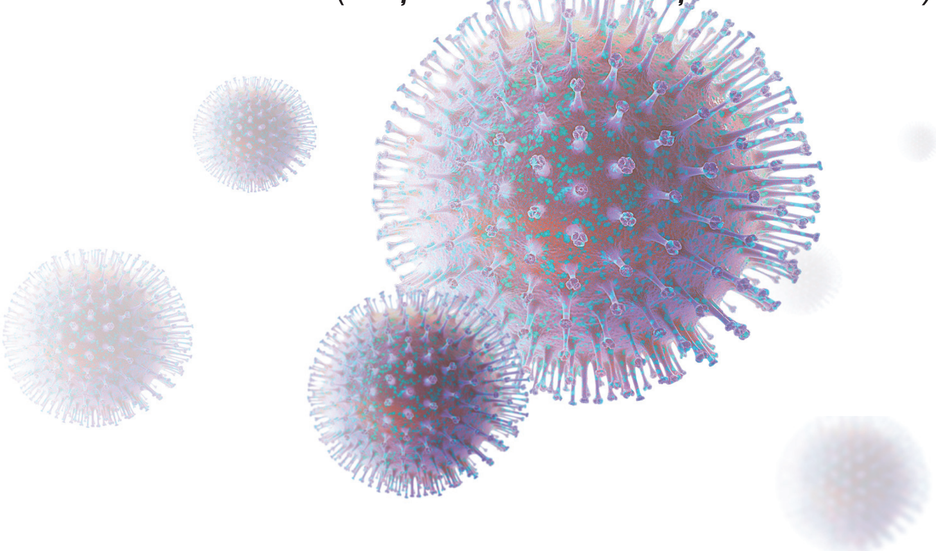
Prof. Dr. Viorel Jinga *(Spitalul Clinic „Prof. Dr. Theodor Burghele“)*

Dr. Gilda Popescu (*Institutul de Pneumoftiziologie „Prof. Dr. Marius Nasta“)*

Dr. Adriana Socaci (*Coordonator Național al Programului Național de Control al TB)*

Dr. Sandra Alexiu (*Vicepreședinte al Societății Naționale de Medicina Familiei)*

Prof. Radu Vlădăreanu (Președinte al Societății Române HPV)



Mesajul Preşedintelui Societății Române de Microbiologie

Dragi colegi,

Ne reîntâlnim la București, la a 10-a ediție a CNME. Conferința comună a celor două societăți profesionale - SRM și SRE - a devenit în ultimii ani un eveniment științific de referință pentru profesioniștii care lucrează în domeniul diagnosticului, supravegherii și controlul bolilor infecțioase din țara noastră, la care participă în mod constant peste 500 de specialiști și invitați, membrii ai celor două societăți, dar și mulți medici din alte specialități.

Interesul arătat conferinței noastre este evident deoarece abordează teme de interes pentru sănătatea publică, nivelul științific este ridicat și permite dobândirea de noi cunoștințe. Am reușit să invităm la fiecare ediție speakeri prestigioși, internaționali și din România, ceea ce a consolidat poziționarea CNME ca unul dintre evenimentele medicale importante în calendarul manifestărilor științifice din țara noastră.

Pentru prima dată la ediția din acest an se organizează o sesiune specială pentru tinerii medici și medici rezidenți, care au depus numeroase comunicări și postere aprobate pentru susținere de către Comitetul științific al CNME, ceea ce este încurajator pentru viitorul specialităților noastre.

Mă bucur că activitatea susținută a unui mic grup de specialiști din cadrul celor două societăți a putut aduce și menține conferința comună la acest nivel, realizat însa cu mari eforturi organizatorice și de timp. Sper, alături de colegii cu care am lucrat pentru organizare, să avem sprjinul întregii comunități a microbiologilor și epidemiologilor pentru a duce mai departe acest proiect.

Vă așteptăm cu drag și sunt convins că ediția jubiliară a CNME va fi un succes și o ocazie de revedere a profesioniștilor din microbiologie, epidemiologie și alte specialități medicale.

Cu multă prețuire și respect colegial,

Prof. Dr. Alexandru Rafila,
Președintele Societății Române de Microbiologie

Mesajul Preşedintelui Societăţii Române de Epidemiologie

Cu ocazia celei de a X-a Conferințe Naționale de Microbiologie și Epidemiologie din acest an de la București, pe lângă bucuria de a fi din nou împreună epidemiologi, microbiologi și colegi din alte specialități care au în portofoliu preocupări profesionale legate de prevenție, avem oportunitatea de a realiza din nou o manifestare științifică de prestigiu și de a aduce o contribuție importantă la dezvoltarea unor idei și elaborarea unor soluții care să susțină temeinic sănătatea populației din țara noastră!

Am convingerea că numărul mare de participanți din acest an, precum și profesionalismul lor incontestabil va genera succesul lucrărilor conferinței, astfel încât la final să simțim cu toții satisfacția generată de un lucru bine făcut!

Doresc succes și o frumoasă revedere participanților la conferința noastră națională!

Conf. Dr. Emilian Damian Popovici,
Președintele Societății Române de Epidemiologie

F. Xavier Bosch

SCIENTIFIC DIRECTOR AT: PROGRESS AND CHALLENGES ON HPV VACCINATION AND SCREENING IN DEVELOPED AND DEVELOPED COUNTRIES
March, 22nd-24th, 2012, Barcelona

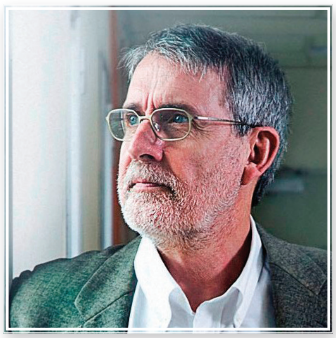
Xavier Bosch, MD., PhD., MPH. Director of the Cancer Epidemiology Research Program and Chief of International Affairs at the Catalan Institute of Oncology (ICO). CEO of the WHO/ICO Information Centre on HPV and Cancer

Dr. F. Xavier Bosch conducts epidemiological research on cancers linked to infectious agents notably on cancer of the liver, of the cervix, of the skin, of the vagina, of the anus, of the penis and of the oral cavity. He has also carried on research studies on diet and colorectal cancer and lead a program of implementation and methodological research in cancer registration.

These various research projects have been instrumental in demonstrating the causal role of Human Papilloma Virus (HPV) in cervical cancer and on the opportunities for liver cancer prevention using Hepatitis B Virus (HBV) vaccines in rural Africa. Some of these studies have played a catalytic role for the initiation of the first vaccine trials for HBV and HPV and for the evaluation of HPV tests as screening tools. Dr. F. Xavier Bosch has worked in what is now called molecular epidemiology. His research work has been characterized by the integration of the latest biological assays to determine exposure to carcinogens with epidemiological field studies carried out in about 35 countries around the world, particularly in Spain, Latin America, Africa and Asia. The final goal of his research has been the application of the aetiological knowledge derived from it, to the primary prevention of cancer.

Dr. Bosch graduated in Medicine at the Universitat de Barcelona, in 1972; he specialized in Internal Medicine and Clinical Oncology at the Universitat Autònoma de Barcelona in 1978 and 1982; followed a Master of Public Health (University of California Los Angeles, US 1978), and holds a PhD from the Universitat Autònoma de Barcelona (1991). He served as Epidemiologist at the International Agency for Research on Cancer (Lyon, France 1982-1993), visiting scientist at the National Cancer Institute (Washington, USA 2002). Dr. F.X. Bosch is also a member of the WHO Advisory Group for HPV vaccines.

Prof. Dr. Xavier Bosch,
Director of the Cancer Epidemiology Research Program
and Chief of International Affairs at the Catalan Institute of Oncology



INFORMAȚII GENERALE CONFERINȚĂ

Locul de desfășurare:

Hotel Crowne Plaza, București

Secretariat:

Biroul de secretariat va fi deschis pe durata conferinței, după următorul program:

Joi, 2 noiembrie 2017: 09.00 – 18.15

Vineri, 3 noiembrie 2017: 08.30 – 18.00

Sâmbătă, 4 noiembrie 2017: 08.30 – 14.00

Înscrierile se fac în următoarele intervale orare:

Joi, 2 noiembrie 2017: 09.00 – 10.00 (pentru Curs)

Joi, 2 noiembrie 2017: 09.00 – 14.00 (pentru Conferință)

Regulament înscrieri

Înscrierile pentru A X-a Conferință Națională de Microbiologie și Epidemiologie se fac la punctele de înregistrare din cadrul manifestării, în intervalul stabilit și menționat.

Prin completarea datelor dumneavoastră la înscriere vă manifestați dorința de a participa la acest eveniment și vă dați consimțământul ca toate datele cu caracter personal furnizate de către dumneavoastră să fie prelucrate, înregistrate și ulterior trimise de S.C. Sănătatea Press Group SRL (organizator logistic) către Societatea Romană de Microbiologie (organizator științific) pentru a le transmite către Colegiul Medicilor din România / Ordinul Biochimiștilor, Biologilor și Chimiștilor în Sistemul Sanitar din România, pentru validarea creditării cu puncte E.M.C.

S.C. Sănătatea Press Group SRL este operator de date cu caracter personal înregistrată la Autoritatea Națională de Supraveghere a Prelucrării Datelor cu Caracter Personal din România sub numărul 18526 / 2010.

Menționăm faptul că inscrierea online preliminară la acest eveniment FĂRĂ participarea efectivă NU este suficientă pentru primirea unui certificat de participare. Vor primi certificatul de participare numai medicii care participă efectiv la lucrările conferinței.

IMPORTANT! Medicii rezidenți trebuie să aibă asupra lor carnetul de rezident în momentul înregistrării.

Certificatele de participare:

Toți participanții la Conferință vor primi la sfârșitul manifestării un certificat de participare cu mențiunea orelor de educație medicală continuă cu care a fost creditat evenimentul, de către Colegiul Medicilor din România / Ordinul Biochimiștilor, Biologilor și Chimiștilor în Sistemul Sanitar din România. Vor primi certificat de participare doar persoanele care au semnat formularul de înregistrare. Eliberarea certificatelor de participare se va face sâmbătă, 4 noiembrie 2017, începând cu ora 13.30.

Lucrări poster:

Posterele vor fi expuse și vor fi susținute:
Vineri, 3 noiembrie 2017: 16.15 - 18.00

Rezumate:

Rezumatele comunicărilor sunt integrate în acest program științific.

Limbile oficiale ale conferinței:

Limba oficială a Conferinței este româna.

Prezentări:

Prezentările vor fi aduse responsabilului tehnic din sală cu minim 3 ore înainte de începerea prezentării.

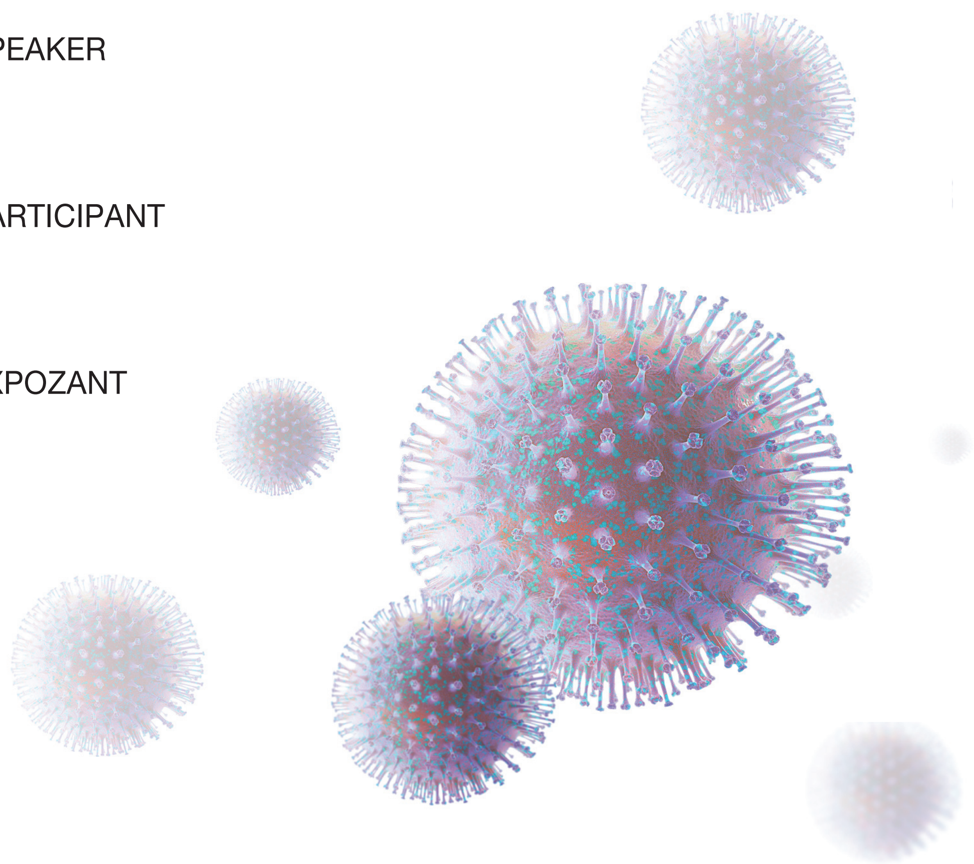
Ecuson de participare:

Ecusonul trebuie purtat pe toată perioada manifestării și va permite intrarea la toate activitățile ofi ciale din cadrul conferinței (lucrările conferinței, mesele ofi ciale ale evenimentului). Ecusonul împreună cu toate materialele manifestării se vor ridica de la Secretariat.


ECUSON SPEAKER


ECUSON PARTICIPANT


ECUSON EXPOZANT



Ceremonie de Deschidere Oficială a Conferinței

Deschiderea oficială a Conferinței

Prof. Dr. Marian Neguț, Conf. Dr. Geza Molnar

(Preşedinţii de onoare ai SRM şi SRE)

Invitați:

Prof. Dr. Florian Bodog, Conf. Dr. Diana Loreta Păun,
Conf. Dr. Florin Buicu, Dr. Laszlo Attila

Moment aniversar Academician Ștefan Nicolau

Prof. Dr. Simona Ruță

Joi, 2 Noiembrie 2017

Sala Crowne Ballroom,

Ora 18.15

JOI, 2 NOIEMBRIE 2017

SALA CROWNE BALLROOM A + B + C + D

09.00 – 10.00 **Înscrierea participanților la cursul pre–conferință**

10.00 – 13.00 **Curs pre–conferință**

10.00 – 10.45 **Reacții adverse postvaccinale – evaluare, investigare, clasificare**
Adriana Pistol

10.45 – 12.30 **10 ani de vaccinare anti HPV – evaluarea impactului asupra sănătății publice**
Xavier Bosch, Barcelona – Institut Catala d'Oncologia
- **Epidemiologia HPV și povara bolilor HPV/ Epidemiology of HPV and burden of HPV diseases**
- **Importanța vaccinării anti–HPV în contextul celei mai mari incidențe a bolilor HPV din România în UE/ Importance of anti–HPV vaccination in the context of Romania's highest incidence of HPV diseases in the EU**
- **Implicații de sănătate și economice ale vaccinării anti–HPV / Health and Economic Implications of anti–HPV Vaccination**
- **Date privind siguranța și abordări convingatoare pentru a face față ezitării la vaccinare/ Safety data and persuasive approaches to deal with vaccine hesitancy**
- **Soluție care ar putea avea un impact rapid asupra bolilor HPV/Solution that could have a prompt impact on HPV diseases**

12.30 – 13.00 **Panel de discuții**
Patriciu Achimaș–Cadariu, Adriana Pistol, Alexandru Rafila, Radu Vlădăreanu

09.00 – 14.00 **Înscrierea participanților la conferință**

14.00 – 14.15 **Deschiderea lucrărilor**
Alexandru Rafila, Emilian Popovici

14.15 – 16.15 **SESIUNEA I**
SUPRAVEGHEREA ȘI CONTROLUL INFECȚIILOR ASOCIATE ASISTENȚEI MEDICALE ȘI A EMERGENȚEI REZISTENȚEI LA ANTIMICROBIENE; CĂI DE ÎMBUNĂTĂȚIRE A PROGRAMELOR DIN DOMENIU
Moderatori: Alexandru Rafila, Daniela Pitigoi

14.15 – 15.45 **Prezentări:**

14.15 – 14.25 **CO1 – Profilul de rezistență al germenilor implicați în infecțiile asociate asistenței medicale în secțiile ATI /Antimicrobial resistance of Germs identified in healthcare–associated infections acquired in intensive care units**
Adriana Roșca, Emilian Damian Popovici, Melania Arion

14.25 – 14.35 **CO2 – Studiu de prevalență de moment a infecțiilor asociate îngrijirilor medicale și consumului de antibiotice – România 2017 /Point prevalence surveys of healthcare–associated infections, microbial and antimicrobial use in Romania acute care hospitals 2017**
Roxana Șerban, Andreea Niculcea, Ionel Iosif

14.35 – 14.45 **CO3 – Utilizarea de antimicrobiene într–un spital clinic de urgență pentru**

copii din municipiul București– analiza comparativă a rezultatelor anchetelor de prevalență punctuală 2017 și 2012 /The use of antimicrobials in a children's clinical emergency hospital in Bucharest – the comparative analysis of the results from point prevalence surveys (2017 and 2012)**
Maria Dorina Crăciun, Cristina Nadia Tudose, Alexandra Radu, Adriana Iliescu

14.45 – 15.05 **PO1 – Managementul pacienților cu IBAPSE: Considerații microbiologice și terapeutice/ ABSSSI patient management: microbiological and clinical aspects**
Victoria Aramă, Alexandru Rafila (Simpozion Angelini)

15.05 – 15.15 **CO4 – Mortalitatea atribuibilă infecțiilor asociate asistenței medicale într–o secție de terapie intensivă medicală /Estimating attributable mortality due to healthcare associated infections acquired in a medical intensive care unit**
Amanda Rădulescu, Lucia Herbel, Adrian Dicea, Adriana Slavcovici

15.15 – 15–35 **PO2 – Utilizarea judicioasă a antibioticelor: Abordarea multidisciplinară, succes garantat/Antibiotic stewartship**
Victoria Aramă (Simpozion MSD)

15.35 – 15.55 **CO5 – Îngrijirea infecțiilor asociate asistenței medicale – rolul infecționistului / The management of healthcare associated infections and infectious diseases – physicians' involvement**
Gabriel Adrian Popescu

15.55 – 16.15 **Panel de discuții**
Gabriel Adrian Popescu, Monica Licker, Geza Molnar, Roxana Șerban

16.15 – 16.30 **Pauză de cafea**

16.30 – 18.15 **SESIUNEA A II–A**

ÎMBUNĂTĂȚIREA PERFORMANȚELOR PENTRU DETECȚIA RAPIDĂ A BACTERIILOR MULTIREZISTENTE ȘI IMPORTANȚA DETERMINĂRII PROFILULUI DE REZISTENȚĂ LA ANTIMICROBIENE
Moderatori: Gabriel Adrian Popescu, Irina Codiță

16.30 – 17.30 **Prezentări**

16.30 – 16.40 **CO6 – Profiluri de rezistență la antimicrobiene a tulpinilor de Klebsiella pneumoniae izolate la INBI „Prof. dr. Matei Balș", 2014–2016 /Patterns of resistance to antimicrobials of Klebsiella pneumoniae strains isolated in NIID „Prof. dr. Matei Bals", 2014–2016**
Olga Dorobăț, Daniela Tălăpan, Alexandru Mihai, Alexandru Rafila

16.40 – 16.50 **CO7 – MALDI–TOF și rezistența la carbapeneme /MALDI–TOF and resistance to carbapenemes**
Mirela Flonta, Ariana Almaș, Cătălina Hăpăianu, Lavinia Rad

16.50 – 17.00 **CO8 – Identificarea fenotipică și moleculară a Enterobacteriaceaelor producătoare de carbapenemaze – provocări în diagnostic și tratament / Phenotypic and molecular identification of carbapenemase–producing Enterobacteriaceae – challenges in diagnosis and treatment**
Annamária Főldes, Doina–Veronica Bilca, Lavinia Pop – Muntean, Edit Székely

17.00 – 17.10 **CO9 – Emergența multirezistenței bacteriene în rândul bacililor Gram negativi izo–lați în secții cu risc: actualități și perspective /Emergence of multidrug resistance among Gram negative bacilli from risk departments: actualities and perspectives**

Monica Licker, Maria Rus, Alina Tămaș, Natalia Cîrlea, Elena Tănase, Florin Horhat, Corina Georgescu, Ovidiu Bedreag, Delia Muntean, Luminița Băditoiu

17.10 – 17.30 **R1 – Provocări în testarea sensibilității față de colistin /Challenges in susceptibility testing to colistin**
Edit Székely

17.30 – 18.15 **Panel de discuții**
Irina Codiță, Gabriel Ionescu, Emanoil Ceaușu, Camelia Ghiță

18.15 – 18.45 **CEREMONIE DESCHIDERE**
Prof. Dr. Marian Neguț, Conf. Dr. Geza Molnar – Presedinții de onoare ai SRM și SRE
Invitați: Prof. Dr. Florian Bodog, Conf. Dr. Diana Loreta Păun, Conf. Dr. Florin Buicu, Dr. Laszlo Attila
Moment aniversar Academician Ștefan Nicolau
Prof. Dr. Simona Ruță

19.00 – 21.00 **Cină (Hotel Crowne Plaza)**

VINERI, 3 NOIEMBRIE 2017

SALA CROWNE BALLROOM B + C + D

09.00 – 10.45 **SESIUNEA A III–A**
INFECȚIILE RESPIRATORII ȘI ALTE PATOLOGII INFECȚIOASE RELEVANTE PENTRU SĂNĂTATEA PUBLICĂ
Moderatori: Luminița Smaranda Iancu, Grațiana Chicin

09.00 – 10.20 **Prezentări:**

09.00 – 09.10 **CO10 – Caracterizarea antigenică și genetică a tulpinilor de virus gripal circulante în România, în sezonul 2016/17 /Antigenic and genetic characterization of influenza viruses circulating in Romania in 2016/17 season**
Alina Elena Ivanciuc, Mihaela Lazăr, Carmen Maria Cherciu, Maria Elena Mihai, Cristina Țecu, Daniela Pițigoi, Teodora Vremera, Dana Brehar–Cioflec, Rodica Popescu, Odette Popovici, Emilia Lupulescu

09.10 – 09.30 **PO3 Vaccinul gripal tetravalent/Influenza quadrivalent vaccine**
Victoria Aramă (Simpozion Sanofi Pasteur)

09.30 – 09.40 **CO11 – Circulația virusurilor gripale în sezonul 2016–2017 în zona de Nord–Est a României / Circulation of influenza viruses during the 2016–2017 season in North–East of Romania**
Cătălina Luncă, Teodora Vremeră, Luminița Manuela Minea, Angela Romaniuc, Luminița Smaranda Iancu

09.40 – 09.50 **CO12 – Importanța supravegherii infecțiilor virale datorate virusurilor respiratorii non–gripale /The importance of monitoring viral infections due to non–influenza respiratory viruses**
Cristina Țecu, Maria–Elena Mihai, Mihaela Lazăr, Carmen–Maria Cherciu, Alina–Elena Ivanciuc, Carmen Zapucioiu, Alexis Cochino, Tatiana Ciomîrtan

09.50 – 10.10 **R2 – Noi ținte terapeutice în infecția cu virusul hepatitic B /New therapeutic targets in hepatitis B virus infection**
Simona Ruță

10.10 – 10.20	**CO13 – Analiza situației epidemiologice a infecției cu virus West Nile, România sezonul 2016 și 2017 /Analysis of the epidemiological situation of West Nile virus infection, Romania, season 2016 and 2017** Anca Sîrbu, Alina Zaharia, Cornelia Ceianu, Ani Cotar, Romana Rebreanu, Ionel Iosif
10.20 – 10.45	**Panel de discuții** Adrian Streinu Cercel, Anca Drăgănescu, Simona Ruță, Florin Popovici
10.45 – 11.15	**Pauză de cafea**
11.15 – 13.00	**SESIUNEA A IV–A** **BOLILE PREVENIBILE PRIN VACCINARE; EVOLUȚIA PROGRAMULUI NAȚIONAL DE VACCINARE ÎN ROMÂNIA** Moderatori: Alexandru Rafila, Molnar Geza
11.15 – 12.45	**Prezentări:**
11.15 – 11.25	**CO14 – Evoluția epidemiei de rujeolă – România 2016–2017 /Evolution of measles epidemics – Romania 2016–2017** Alexandru Rafila, Adriana Pistol, Aurora Stănescu
11.25 – 11.35	**CO15 – Supravegherea rujeolei prin diagnosticul de laborator în România / Laboratory surveillance of measles in Romania** Mihaela Lazăr, Aurora Stănescu, Adriana Năstase, Romana Rebreanu, Dana Sânziana Brehar–Cioflec, Iuliana Radu, Alina Ivanciuc, Adriana Pistol, Emilia Lupulescu
11.35 – 11.55	**PO4 – Vaccinarea antipneumococică – ce contează cu adevărat? / Pneumococcal vaccination – what really matters?** Otavio Cintra – Global Medical Affairs GSK (Simpozion GSK)
11.55 – 12.05	**CO16 – Rezultatele studiului privind ezitarea la vaccinare desfășurat în perioada iulie–august 2017, în România /Findings of vaccination hesitancy study conducted in Romania during July – August, 2017** Adriana Pistol, Aurora Stănescu, Ionel Iosif
12.05 – 12.15	**CO17 – Evaluarea rezultatelor anchetelor de acoperire vaccinală la nivel regional în anul 2017 /The evaluation of the results of immunization coverage surveys at regional level in 2017** Anca Nistor, Dana Zagnat, Anca Dancău, Irina Alecu, Mariana Ioan, Corina Nistor, Roxana Pipirigeanu, Cătălina Zorescu, Luminița Costache, Marina Maiorov
12.15 – 12.35	**PO5 – Vaccinarea antipneumococică – impactul asupra sănătății publice după 17 ani de utilizare / Pneumococcal vaccination – Impact for public health after 17 years of utilization** Alexandru Rafila (Simpozion Pfizer)
12.35 – 12.45	**CO18 – Reacții adverse post–vaccinale; manifestări și clasificare pe tip de vaccin – România ianuarie–octombrie 2017 /Adverse events following immunization – symptoms and classification by vaccine type, Romania January–October 2017** Denisa Jantă, Aurora Stănescu, Adriana Pistol
12.45 – 13.00	**Panel de discuții** Adrian Streinu Cercel, Adriana Pistol, Emilian Popovici
13.00 – 14.00	**Masă de Prânz**

14.00 – 16.00 SESIUNEA A V–A

INFECȚII ENTERICE, EMERGENȚA INFECȚIILOR CU CLOSTRIDIUM DIFFICILE

Moderatori: Gabriel Ionescu, Emilian Popovici

14.00 – 15.20 Prezentări:

14.00 – 14.10 CO19 – Evaluarea indicatorilor de susținere a statusului de țară liberă de poliomielită în județele cu supraveghere de mediu, România, 2014–2017 / Evaluation of indicators that support the status of polio free in districts with environmental surveillance, 2014–2017, Romania

Teodora Solomon, Denisa Jantă

14.10 – 14.20 CO20 – Evaluarea riscului de import a tulpinilor de poliovirus prin supravegherea combinată a circulației enterovirusurilor în ape uzate și la copii sănătoși /Risk assessment for poliovirus importation by rapid detection of the enterovirus circulation in the sewage water and in healthy children

Anda Băicuș, Marie Line Joffret, Francis Delpeyroux, Amrish Baidjoe, Camelia Truică, Rodica Pop, Cătălina Zorescu, Maël Bessaud

14.20 – 14.40 R3 – Microbiomul – prieten sau dușman? /Microbiome – friend or enemy?

Luminița Smaranda Iancu

14.40 – 15.00 R4 – Un test, două teste… câte teste pentru un patogen precum Escherichia coli enterohemoragic? /One test, two tests...how many tests for a pathogen such as enterohemorragic Escherichia coli?

Codruța–Romanița Usein

15.00 – 15.20 R5 – Algoritmul de diagnostic în infecția cu Clostidium difficile / Laboratory assays for the diagnosis of Clostridium difficile infection – an updated algorithm

Dragoș Florea, Gabriel Popescu, Daniela Tălăpan, Alexandru Rafila

15.30 – 16.00 Panel de discuții

Gabriel Adrian Popescu, Daniela Pițigoi, Alexandra–Maria Năşcuțiu, Dragoș Florea

16.00 – 16.15 – Pauză de cafea

16.15 – 17.30 SESIUNEA A VI–A

TUBERCULOZA – PROGRAMUL NAȚIONAL ȘI ÎMBUNĂTĂȚIREA PERFORMANȚELOR DIAGNOSTICULUI MICROBIOLOGIC ÎN CONTEXTUL NEVOILOR SĂNĂTĂȚII PUBLICE

Moderatori: Daniela Homorodean, Amanda Rădulescu

16.15 – 17.15 Prezentări:

16.15 – 16.35 R6 – Politici de sănătate pentru asigurarea controlului TB în România / Health politics for the insurance of tuberculosis control in Romania

Gilda Popescu

16.35 – 16.55 R7 – Tuberculoza în situații speciale: clinică și laborator Tuberculosis in special situations: clinical and laboratory

Daniela Homorodean, Adriana Socaci

16.55 – 17.15 R8 – Tuberculoza la pacienții HIV /Tuberculosis in people living with HIV

Adriana Hristea

17.15 – 17.30 Panel de discuții

Gilda Popescu, Adriana Socaci, Adriana Hristea, Alexandru Rafila

SALA CROWNE BALLROOM A

14.00 – 16.00 Simpozioane tematice, sesiune specială pentru tineri medici
Moderatori: Edit Szekely, Mirela Flonta, Amanda Rădulescu, Daniela Pițigoi

14.00 – 15.00 Prezentări:

14.00 – 14.30 PO6 – Rapid diagnostic methods in laboratory setting
Prof. Vittorio Sambri – Universitatea Bologna (Simpozion Synttergy)

14.30 – 15.00 PO7 – Soluția completă pentru identificarea rapidă din sânge a infecțiilor cu Candida și a infecțiilor bacteriene
Regina Gellert, Biomedica Medizinprodukte (Simpozion Biomedica)

15.00 – 16.00 SESIUNE SPECIALĂ TINERI MEDICI

COTM1 – Rolul testării Western Blot în algoritmul de diagnostic al bolii Lyme /The role of Western Blot test in the diagnostic algorithm of the Lyme disease
Simona Stoica, Ana Maria Bunoiu, Daniela Bădescu, Ani Ioana Cotar, Irina Codiță

COTM2 – Caracterizarea unor tulpini de Salmonella spp. implicate în infecții extraintestinale/ Characterization of Salmonella spp. strains involved in extraintestinal infections
Oana Pocol, Doina Veronica Bilca, Izabella Szász, Andreea Truță, Krisztina Eszter Vas, Andrei Romanschi, Edit Székely

COTM3 – Infecțiile bacteriene – complicații ale transplantului /Bacterial infections – complications of transplantation
Marina Manea, Gabriela Nedelcu, Irina Codiță

COTM4 – Infecții invazive pneumococice – serotipuri prevalente, rezistența antimicrobiană și impactul acesteia asupra terapiei antibiotice administrate în clinică/Invasive pneumococcal disease – prevalent serotypes and antimicrobial resistance with its impact on the antimicrobial therapy
Alina Ioana Andrei, Alexandru Rafila, Olga Mihaela Dorobăț, Alexandru Mihai, Gabriel Adrian Popescu

COTM5 – Factorii de risc pentru Boala Cardiacă Ischemică ai populației din trei zone rurale din România /Identified ischaemic cardiac disease risk factors among population of 3 rural areas in Romania
Larisa Alexandra Gugulici, Daniela Pițigoi, Maria-Dorina Crăciun

COTM6 – Experiența unei epidemii de boală prevenibilă prin vaccinare / The experience of an outbreak of vaccine-preventable disease
Ștefania Onciu, Răzvan Grecu, Doina Azoicăi

COTM7 – Studiul frecvenței infecțiilor cu Clostridium difficile diagnosticate la Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș /Study of the Clostridium difficile infections diagnosed at the Emergency County Hospital Târgu Mureș
Tibor Gergelyfi, Doina Veronica Bilca, Izabella Szász, Krisztina Eszter Vas, Andreea Truță, Oana Pocol, Edit Székely

16.00 – 16.15 Pauză de cafea

16.15 – 18.00 Sesiune vizionare/prezentări de postere

SESIUNE VIZIONARE/PREZENTĂRI DE POSTERE

16.15 – 18.00

P1 – Activitatea in vitro a ciclinelor împotriva bacteriilor rezistente la carbapeneme /In vitro activity of cyclines against carbapenem – resistant bacterial strains

Mihaela Botnarciuc, Lavinia Daba

P2 – Prevalența și profilul sensibilității la antibiotice ale tulpinilor de Campylobacter, Salmonella, Shigella și Yersinia izolate de la copiii cu diaree infecțioasă acută /Prevalence and antibiotic susceptibility profile of Campylobacter, Salmonella, Shigella and Yersinia strains isolated from children with acute infectious diarrhea

Mirela-Victoria Tătaru, Maria Daskalaki, Mihaela Botnarciuc, Efi Staikou, Alkibiadis Batopoulos, Antonia Makri

P3 – Bacterii Gram-negative multidrug rezistente implicate în etiologia infecțiilor de tract respirator inferior la pacienți spitalizați /Multidrug-resistant Gram-negative bacteria involved in the etiology of lower respiratory tract infections in hospitalized patients

Stanca-Lucia Pandrea, Stanca-Maria Pandrea, Lia Sorina Pepelea, Luminița Matroș

P4 – Evaluarea ponderii rezistenței la carbapeneme a tulpinilor de Klebsiella spp., Pseudomonas spp. și Acinetobacter spp. izolate de la pacienți spitalizați și din mediu spitalicesc /Evaluation of the Carbapenem Resistance of Klebsiella spp., Pseudomonas spp. and Acinetobacter spp. isolates from hospitalized and hospital patients

Mariana Mintenas

P5 – Screening-ul pentru determinarea bacteriilor multidrogrezistente (MDR) în Spitalul Clinic de Urgență Craiova /Screening for determining the multidrugresistant bacteria in the County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Romania

Maria Bălășoiu, Ovidiu Zlatian, Oana Ionete, Adela Boroghină, Manuela Băcănoiu, Andrei-Theodor Bălășoiu, Elena Leocadia Popescu, Carmen Avrămescu, Sorin Dinescu

P6 – Multidrogrezistența tulpinilor de Escherichia coli producătoare de ESBL /Multidrug resistant strains of ESBL-producing Escherichia coli

Adriana Turculeanu, Alice Găman, Ovidiu Zlatian, Spyros Pournara, Sophia Vourli

P7 – Caracterizarea unor tulpini de Shigella sonnei producătoare de betalactamaze cu spectru extins /Characterization of Shigella sonnei strains producing extended-spectrum betalactamases

Daniela Cristea, Maria Nica, Adriana Simona Ciontea, Melania Mihaela Andrei, Andrei Popa, Mihaela Oprea, Mădălina Militaru, Codruța- Romanița Usein

P8 – Izolat intestinal de Escherichia coli din serotipul O157:H7 vtx negativ /O157:H7 vtx-negative Escherichia coli intestinal isolate

Codruța-Romanița Usein, Adriana Simona Ciontea, Mădălina Militaru, Daniela Cristea, Melania Mihaela Andrei, Andrei Popa, Diana Iliescu, Coralia Stanciu

P9 – Caracteristici ale listeriozei umane în România /Features of human listeriosis in Romania

Dana Magdalena Caplan, Marius Eduard Caplan

P10 – Analiza genetică a polimorfismului și omogenității genelor lpsB, dacE și amiC la izolate de Brucella melitensis din West Bank, Palestina /Genetic polymorphism and homogeneity analysis of lpsB, dacE and amiC cell envelope genes among field strain of Brucella melitensis isolated in West Bank, Palestine

Elena Awwad, Stelian Bărăităreanu, Maria Rodica Gurău, Kamel Adwan, Mohammed Farraj, Tamer Essawi, Doina Daneș

P11 – Infecția cu Bacillus anthracis într-o gospodărie agricolă din județul Dolj /Infection with Bacillus anthracis in an agricultural household from Dolj county

Maria Bălășoiu, Rumy Anghel, Mircea Eugen Frumosu, Ovidiu Zlatian, Oana Ionete, Adela Boroghină, Manuela Băcănoiu, Andrei-Theodor Bălășoiu, Carmen Avrămescu, Sorin Dinescu

P12 – Sepsis cu Erysipelotrix rhusiopatiae: raport de caz /Sepsis due to Erysipelotrix rhusiopatiae: case report

Mihaela Brebenariu, Iasmina Hancu, Eleonora Gheorghiu, Monica Licker

P13 – Supravegherea infectiilor cu Clostridium difficile intr-un institut clinic din Municipiul București / Oversight of Clostridium difficile in a Clinical Institute in Bucharest

Lorena Angheluș, Camelia Ghiță

P14 – Diagnosticul de laborator al infecțiilor fungice superficiale ale tegumentului /Laboratory diagnosis of superficial fungal infections of the skin

Teodora Vremeră, Cătălina Luncă, Luminița Smaranda Iancu, Cristina Gabriela Tuchiluș

P15 – Studiul microbiologic al unor tulpini bacteriene izolate din infecții cutaneo-mucoase / Microbiologycal study of some bacterial strains isolated from skin and mucosal infections

Delia Berceanu Văduva, Matilda Rădulescu, Livia Stângă, Craciunescu Mihaela, Marcel Berceanu Văduva, Dana Velimirovici, Maria Rada, Bianca Berceanu Văduva, Silviu Bircea, Roxana Moldovan

P16 – Investigarea modificărilor produse în flora subgingivală la un pacient cu parodontită marginală cronică și periimplantită, în urma tratamentului de specialitate /Investigation of the changes produced in the subgingival flora in a patient with chronic periodontitis and periimplantitis, following specialized treatment

Lidia Ciobanu, Andreea Cristiana Didilescu, Adrian Băncescu, Gabriela Băncescu

P17 – Serodiagnosticul sifilisului: TPHA vs. TP-ELISA /Serodiagnosis of syphilis: TPHA vs. TP-ELISA

Adrian Băncescu, Ionelia Ristache, Lavinia Marinescu, Dan Ionescu

P18 – Aspecte privind sensibilitatea virusurilor gripale la antivirale /Aspects of influenza virus sensitivity to antivirals

Maria-Elena Mihai, Carmen-Maria Cherciu, Cristina Țecu, Mihaela Lazăr, Viorel Alexandrescu, Alina-Elena Ivanciuc, Grigore Mihăescu

P19 – Evaluarea activității antivirale a HLP1–9, un peptid derivat de lactoferină umană /Evaluation of Anti-herpetic Activity of HLP1–9, a Human Lactoferrin-Derived Peptide

Camelia Sultana, Coralia Bleotu, Adelina Roșca, Claudia Diță, Camelia Grancea, Simona Ruță

P20 – Peptide derivate din lactoferină cu proprietăți anti-virus hepatitic B /Anti-hepatitis B virus properties of lactoferrin-derived peptides

Paula E. Florian, Cătălin Lazăr, Robert W. Evans, Adina I. Milac, Norica Nichita, Anca Roșeanu

P21 – Supravegherea infecțiilor enterovirale în contextul epidemiologic actual /Surveillance of enteroviruses infections in the actual epidemiological context

Angela Romaniuc, Anca Nistor, Cătălina Luncă, Cecilia Durnea, Dana Zagnat

P22 – Aspecte epidemiologice descriptive ale paraliziei acute flasce în regiunea Moldovei în perioada 2016- 2017 / Descriptive epidemiological aspects of acute flaccid paralysis in the region of Moldova between 2016 and 2017

Simona Ifrim, Anca Nistor, Mariana Dumbravă, Dana Zagnat

P23 – Detecția enterovirusurilor (EV) în sezonul cald 2017 prin Real-time Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) /Detection of enteroviruses (EV) in the warm season 2017 by Real-time Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)

Carmen-Maria Cherciu, Maria-Elena Mihai, Mihaela Lazăr, Alina-Elena Ivanciuc, Carmen Zapucioiu, Tatiana Ciomîrtan, Cristina Țecu

P24 – Infecții virale acute ale sistemului nervos central – diferențe între copii și adulți /Acute viral infections of the central nervous system – differences between children and adults

Corneliu Petru Popescu, Simin Aysel Florescu, Mihaela Zaharia, Grațiela Țârdei, Maria Nica, Daniel Codreanu, Emanoil Ceaușu, Simona Ruță

P25 – mHealth – promisiuni și limite /mHealth – Promises and Limits

Anamaria Molnar, Rodica Radu

P26 – Etnicitatea și stilul de viață ca determinanți ai stării de sănătate a populației roma din sudul României /Ethnicity and lifestyle as health determinants in roma population from southern Romania

Violeta Calotă, Irma Eva Csiki, Cătălin Alexandru Staicu, Nicoleta Suciu, Angelica Voinoiu, Cristian Paleru, Olga Dănăilă, Daniel Vasile Balaban, Ioan Nicolae Mates, Ștefan Rașcu, Viorel Jinga, Ion Daniel, Andrei Manolescu, Paul Iordache, Mariana Jinga,Dana Mates

P27 – Factori genetici de risc pentru cancerul mamar în Romania /Genetic Risk Factors Associated with breast cancer in Romania

Radu-Ioan Ursu, Paul Iordache, V. Radoi, N. Cucu, G.F. Ursu, Roxana Bohîltea, Ileana Crăciunescu, I. Focsa, I. I. Iordanescu, A.T. Mocanu, N. Suciu, C. Strugaru, Cătălin Staicu, Violeta Calotă, Angelica Voinoiu, Irma Eva Csiki, Dana Mates, Elena Poenaru, Gabriel Rosoga, Daniel Rădăvoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Camil Laurențiu Bohîltea, Andrei Manolescu, Viorel Jinga

P28 – Variante genetice in genele JAZF1, CENTD2 si IGF2BP2 asociate cu diabetul zaharat un lot de barbati romani /Genetic variants in JAZF1, CENTD2 and IGF2BP2 associated with diabetes mellitus in a cohort of Romanian men

Silvia Costin, Ionut Adrian Olaru, Radu-Ioan Ursu, Paul Iordache, V. Radoi, N. Cucu, Georgeta Florentina Ursu, Roxana Bohîltea, Ileana Crăciunescu, Cătălin Staicu, Violeta Calotă, Angelica Voinoiu, Irma Eva Csiki, Dana Mates, Elena Poenaru, Gabriel Rosoga, Daniel Radavoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Camil Laurențiu Bohîltea, Andrei Manolescu, Viorel Jinga

P29 – Genomica hipertensiunii arteriale – studiu de asociere evidențiază căi de risc pentru bolile pulmonare obstructive cronice /Pathway analysis of hypertension genome – wide association study highlights risk pathways for chronic obstructive pulmonary disease

Ștefan Busnatu, Paul Iordache, Radu-Ioan Ursu, Cristian Ene, Dana Mates, Gabriel Rosoga, Daniel Rădăvoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Viorel Jinga

P30 – Nivelul de cunoaștere privind screeningul în cancerul de col uterin într-un grup populațional din România. Rezultatele chestionarului aplicat /The level of knowledge regarding cervical cancer screening in a general population group of Romania. Results of the applied questionnaire

Alina Manole, Georgiana Frunzuc, Raluca Filimon, Liliana Chelaru, Mugur Manole, Mioara Matei

P31 – Sisteme informatice de integrare a datelor genetice și clinice bazate pe datele ROMCAN /A framework for integrating genetic and clinical data based on the ROMCAN data

Elena Poenaru, Paul Iordache, Mariana Jinga, C. Poenaru, Dana Mates, Ștefan Rașcu, Viorel Jinga

POSTERE TINERI MEDICI

P32 – Vaccinarea BCG – principalele repere istorice /The BCG vaccination – main historical milestones

Maria Dorina Crăciun, Iulia-Monica Mustață, Dana-Florentina Margine, Daniela Pițigoi

P33 – Rujeola – o boală inofensivă a copilăriei, sau o problemă de sănătate publică? Principalele caracteristici ale cazurilor internate într-un spital de boli infecțioase din București, mai 2016 – septembrie 2017 /Measles – a harmless childhood disease or a public health issue? The main characteristics of cases admitted in an infectious disease hospital in Bucharest, May 2016 – September 2017

Daniela Pițigoi, Maria Dorina Crăciun, Anca Drăgănescu, Oana Săndulescu, Constanța Angelica Vișan, Alina Mihaela Căzănaru, Andreea Georgiana Birca, Olivia Galita, Elena Teodora Beatrice Stoian, Andreea Silvia Ioaneș, Mihaela Lazăr, Cristina Andreea Moldovan, Monica Luminița Luminos, Adrian Streinu-Cercel

P34 – Rezistența la antibiotice a microorganismelor izolate în anul 2016 de la pacienții unui spital clinic de urgență pentru copii din București /Antibiotic resistance of microorganisms isolated in a clinical emergency hospital for children from Bucharest, 2016

Irina Nistor, Adriana Iliescu, Alexandra Radu, Maria Dorina Crăciun

P35 – Distribuția și rezistența la antimicrobiene a tulpinilor izolate din secții de terapie intensivă și cu profil chirurgical /Distribution and antimicrobial resistance of bacteria isolated from intensive care units and and surgical departments

Maria Rus, Alina Tămaș, Natalia Cîrlea, Elena Tănase, Delia Muntean, Florin Horhat, Monica Licker

P36 – Model de detecție rapidă a producerii de carbapenemaze direct din hemoculturi pozitive /Rapid detection model of carbapenemases directly from positive blood cultures

Alexandru Mihai, Daniela Tălăpan, Alexandru Rafila

P37 – Utilitatea programului HelicsWin.Net în realizarea studiului de prevalență de moment al infecțiilor asociate asistenței medicale /The usefulness of HelicsWin.Net program to carry out the point prevalence study of healthcare associated infections

Adrian Matei, Daniela Pițigoi, Maria Dorina Crăciun

P38 – Studiu de prevalență de moment a infecțiilor asociate asistenței medicale într-un spital de boli infecțioase din București, iulie – august 2017 /Point prevalence survey of healthcare-associated infections in an infectious disease hospital from Bucharest, July – August 2017

Daniela Pițigoi, Elena Teodora Beatrice Stoian, Adriana Ana-Maria Iliescu, Aura Dumitrescu, Elena Ianosik, Delia Azamfire, Andreea Silvia Ioaneș, Alina Mihaela Căzănaru, Tiberiu Marius Marin, Rodica Bacruban

P39 – Aspecte microbiologice și sezonalitatea în infecțiile de tract respirator superior / Microbiological aspects and trends in respiratory tract infections

Emilia-Ruxandra Gârlău, Alexandru Rafila

P40 – Provocări ale diagnosticului genetic și screeningului folosind secvențierea genetica a populației Roma din România / Challenges of genetic diagnostic and screening using

sequencing in the Roma population from Romania

Paul Iordache, Radu-Ioan Ursu, Gabriel Rosoga, Daniel Rădăvoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Dana Mates, Viorel Jinga

P41 – Asocierea polimorfismelor genelor AGTR1 și WNK1 cu hipertensiunea la un lot de bărbați români /AGTR1 and WNK1 polymorphisms in association with hypertension in a cohort of Romanian men

Ionuț Adrian Olaru, Silvia Costin, Radu-Ioan Ursu, Paul Iordache, V. Radoi, N. Cucu, Georgeta Florentina Ursu, Roxana Bohîltea, Ileana Crăciunescu, Cătălin Staicu, Violeta Calotă, Angelica Voinoiu, Irma Eva Csiki, Dana Mates, Elena Poenaru, Gabriel Rosoga, Daniel Rădăvoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Camil Laurențiu Bohîltea, Andrei Manolescu, Viorel Jinga

18.00 – 19.00 **Ședința Societății Române de Microbiologie (Sala Crowne Ballroom B + C + D)**
Ședința Societății Române de Epidemiologie (Sala Crowne Ballroom A)

SÂMBĂTĂ, 4 NOIEMBRIE 2017

SALA CROWNE BALLROOM B + C + D

09.00 – 11.00 **SESIUNEA A VII–A**
Moderatori: Doina Azoicăi, Monica Licker

09.00 – 09.50 **Prezentări**
Epidemiologia bolilor netransmisibile

09.00 – 09.20 **R9 – Oncogenetica – un beneficiu pentru cunoașterea particularităților epidemiologice ale cancerului ereditar în Romania și abordarea cu succes a medicinei personalizate /Oncogenetics – a tool for understanding epidemiological peculiarities of hereditary cancer in Romania and a successful approach to personalized medicine**
Doina Azoicăi

09.20 – 09.30 **CO21 – Identificarea variantelor genetice pentru Sindromul Lynch în populația din România prin secvențierea întregului genom uman /Next-generation sequencing identifies rare pathogenic variants in Lynch syndrome related genes in the Romanian population**
Paul Iordache, Radu-Ioan Ursu, Gabriel Rosoga, Daniel Radavoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Dana Mates, Viorel Jinga

09.30 – 09.40 **CO22 – Bolile cronice și frecvența spitalizărilor asociate la persoanele vârstnice / Non communicable diseases and associated hospitalizations in the elderly**
Maria Nițescu, Georgeta Popovici, Dana Popescu Spineni, Daniela Pițigoi

09.40 – 09.50 **CO23 – Obezitatea, diabetul și hipertensiunea - variante genetice de risc / Obesity, diabetes and hypertension - genetic risk factors**
Radu-Ioan Ursu, Paul Iordache, V. Radoi, N. Cucu, Georgeta Florentina Ursu, Roxana Bohîltea, Ileana Crăciunescu, Cătălin Staicu, Violeta Calotă, Angelica Voinoiu, Irma Eva Csiki, Dana Mates, Elena Poenaru, Gabriel Rosoga, Daniel Radavoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Camil Laurențiu Bohîltea, Andrei Manolescu, Viorel Jinga

09.50 – 10.20 **Prezentări: Conceptul „One Health“ – dezvoltări și aplicații**

09.50 – 10.10	**R10 – Rezistența la antibiotice din perspectiva „One Health“: orientări la nivel european și global versus alerte și inițiative la nivel național /„One health“ approach of antimicrobial resistance: EU and global trends versus national alerts and initiatives** Irina Codiță, Elena-Carmina Drăgulescu, Ileana Luminița Coldea, Brîndușa-Elena Lixandru, Gabriel Ionescu
10.10 – 10.20	**CO24 – Recomandări pentru reducerea utilizării substanțelor antimicrobiene în medicina veterinară: o analiză critică /Recommendations for reducing antimicrobial substances use in veterinary medicine: a critical review** Stelian Bărăităreanu, Maria Rodica Gurău, Marius Dan, Doina Daneș
10.20 – 10.30	**Panel de discuții** Viorel Jinga, Daniela Pițigoi, Irina Strâmbu, Mioara Matei, Gabriel Ionescu
10.30 – 10.50	**Pauză de cafea**
10.50 – 13.00	**SESIUNEA A VIII-A** Moderatori: Alexandru Rafila, Adriana Pistol
10.50 – 11.30	**Prezentări** **Comunicarea în Sănătatea Publică**
10.50 – 11.10	**R11 - Rolul educației medicale în epoca Social media /To be or not to be? A concise perspective on Romanian medical education in Social Media** Sandra Adalgiza Alexiu, Mihai Craiu
11.10 – 11.20	**PO8 - Prezentarea de noi căi de comunicare pentru informarea pacienților** Ovidiu Covaciu
11.20 – 11.30	**PO9 - Experți versus jurnalisti, cine este influencer în mass-media?** Val Vîlcu
11.30 – 11.50	**Panel de discuții** Val Vîlcu, Sandra Alexiu
11.50 – 12.30	**Prezentări:** **Pregătirea profesională a medicilor rezidenți: evoluția curriculară a microbiologiei și epidemiologiei în context național și european**
11.50 – 12.10	**Evoluții în curriculum de microbiologie** Alexandru Rafila
12.10 – 12.30	**Evoluții in curriculum de epidemiologie** Doina Azoicăi
12.30 - 13.00	**Panel de discuții** Daniela Pițigoi, Luminița Smaranda Iancu, Simona Ruță, Amanda Rădulescu
13.00 - 13.30	**DECERNAREA PREMIILOR PENTRU TINERII MEDICI** **ÎNCHIDEREA CONFERINȚEI** Alexandru Rafila, Emilian Popovici

REFERATE

R1 - PROVOCĂRI ÎN TESTAREA SENSIBILITĂȚII FAȚĂ DE COLISTIN

Edit Székely
UMF Târgu Mureș, Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș

Colistinul, un antibotic introdus în terapie în anul 1959 dar folosit mai rar de-a lungul deceniilor datorită efectelor secundare, a ajuns în centrul atenției în ultimii ani datorită răspândirii tulpinilor de enterobacterii producătoare de carbapenemaze și a altor Gram-negativi multidrog rezistenți (MDR). A devenit antibioticul de salvare, însă odată cu creșterea consumului acestuia s-au semnalat tulpini rezistente, iar în unele centre rata rezistenței a crescut alarmant. Deși în majoritatea cazurilor rezistența este determinată cromosomial, apariția genelor mcr mediate plasmidic este îngrijorătoare, deoarece prin acestea riscul transmiterii orizontale și a răspândirii între variate specii de Gram-negativi devine o amenințare reală.

Determinarea corectă a sensibilității este crucială pentru tratamentul pacienților cu infecții cauzate de Gram-negativi MDR. Există mai multe metode de testare, însă cea a microdiluțiilor este singura recomandată de recentul ghid EUCAST emis în iulie 2017. Metoda difuzimetrică și cea a testelor gradient este ferm descurajată, deoarece acestea frecvent duc la erori majore. Metodele colorimetrice de determinare a rezistenței pot fi o alternativă, însă necesită mai multe studii pentru evaluarea performanțelor. La fel și metodele automate necesită mai multe evaluări.

Presați de nevoia unor rezultate corecte pe de o parte și dificultățile de a găsi metoda de testare acceptabilă adaptată nevoilor laboratorului clinic pe de altă parte, microbiologul se află în fața unei adevărate provocări.

R1 - CHALLENGES IN SUSCEPTIBILITY TESTING TO COLISTIN

Edit Székely
Târgu Mureș University of Medicine and Pharmacy, Mureș County
Emergency Clinical Hospital

Colistin, an antibiotic first used in therapy in 1959 but avoided for several decades due to its adverse effects, came into the spotlight again in recent years with the emergence and spread of carbapenemase producing Enterobacteriaceae and other multidrug resistant (MDR) Gram-negatives. It became a salvage antibiotic, nevertheless once its consumption increased, resistant strains were detected and in certain centers the rate of resistance reached alarmingly high levels. Although most frequently the resistance is chromosomally determined, the discovery of the plasmid mediated mcr genes is worrisome, as their horizontal transmission and spread between various species of Gram-negatives becomes highly predictable.

The correct assessment of colistin susceptibility is crucial for the management of critically ill patients with infections due to MDR Gram-negatives. There are several testing methods, however broth microdilution is the only one recommended by the latest EUCAST guideline published in July 2017. Gradient tests and disk diffusion methods are highly discouraged as these methods are frequently associated with major and very major errors. Colorimetric methods seem to be promising but were not sufficiently evaluated. Automated methods need further evaluations as well.

Pressed by the urgent need for correct results on one hand and difficulties in finding a proper testing method feasible for the daily routine on the other hand, microbiologists face a real challenge.

R2 - NOI ȚINTE TERAPEUTICE ÎN INFECȚIA CU VIRUSUL HEPATITIC B

Simona Ruță
Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau“

În ciuda existenței unui vaccin eficient anti VHB, hepatita B cronică rămâne o problemă importantă de sănătate publică. Tratamentul actual constă fie în administrarea de interferon alfa pegylat, mai ales la pacienții tineri, cu fibroză moderată, fie pe administrarea pe termen lung a analogilor nucleoz(t)idici inhibitori ai reverstranscrierii cu barieră ridicată de rezistență (entecavir, tenofovir sub forma de disoproxil fumarat TDF sau alafenamida TAF). Aceste strategii urmăresc supresia de durată a replicării virale, însă nu reușesc eradicarea rezervoarelor virale intrahepatocitare și obținerea unui cleareance viral complet (pierderea AgHBs) decât într-un procent foarte mic de cazuri.

Noi terapii vizează diferite etape ale ciclului replicativ viral:

(a) inhibiția fazei de eclipsă: Myrcludex B - un lipopeptid ce mimează domeniul preS1. VHB acționeaza prin blocarea receptorului celular comun al virusurilor hepatitic B și hepatitic delta -NTCP (polipeptidul cotransportator pentru sodiu și taurocolat)

(b) degradarea sau inhibiția expresiei rezervorului viral ADNccc - nucleaze specifice pot degrada ADNccc, iar enzime celulare pot induce modificări epigenetice pentru silențierea ADNccc

(c) blocarea expresiei transcriptelor virale prin utilizarea unor oligonucleotide antisens

(d) blocarea încapsidării ARN pregenomic și a morfogenezei noilor virioni prin molecule non-nucleozidice - modulatori ai asamblării proteinei core

(e) reducerea nivelului de particule virale circulante prin scăderea secreției AgHBs cu polimeri de acizi nucleici (REP 2055; REP 2139) sau cu anticorpi monoclonali cu acțiune neutralizantă largă.
Sunt testate și combinații cu diferiți imunomodulatori ce ar putea restaura un răspuns imun înnăscut intrahepatic (agoniști de TLR7 sau RIG1) sau ar putea bloca punctele de control ce duc la epuizarea funcțională a limfocitelor T specifice.
Aceste noi terapii urmăresc obținerea unei vindecări funcționale, care ar permite stoparea tratamentului fără riscul reactivării și apariției carcinomului hepatocelular.

R2 - NEW THERAPEUTIC TARGETS IN HEPATITIS B VIRUS INFECTION

Simona Ruță
„Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, „Ștefan S. Nicolau“ Institute of Virology

Despite the existence of an efficient anti HBV vaccine, Chronic Hepatitis B (CHB) remains an important public health problem worldwide. The present management of CHB is based on either pegylated interferon alpha, especially in young patients with mild fibrosis, or, more frequently, on long term administration of nucleos(t)idic analogues with high barrier to resistance directed toward the reverstranscriptase activity of the viral DNA polymerase (entecavir; tenofovir disoproxil fumarate - TDF or teneofovir alafenamide - TAF). These treatments do not ensure eradication of the viral reservoir (cccDNA in hepatocytes) and do not achive complete viral clearence (HBsAg loss). New therapeutic strategies involve agents directly targeting the viral replication cycle by:
(a) inhibition of the early replication phases of HBV: - an entry inhibitor- Myrcludex B -a lipopeptide that mimics the pre-S1 domain is targeting the sodium taurocholate co-transporting polypeptide (NTCP) receptor shared by HBV and HDV;
(b) functional elimination of the cccDNA viral reservoir: silencing using enzymes that can induce epigenetic modifications or destruction by specific nucleases;
(c) blocking the expression of viral transcripts using antisense oligonucleotides;
(d) blocking assembly of pgRNA with the nucleocapsid by non-nucleoside molecules -core protein assembly modulators;
(e) reducing the level of circulating viral particles by targeting HBsAg secretion with nucleic acid polymers (REP 2055, REP 2139) or broadly neutralizing monoclonal antibodies.
Combinations with immnune-modulators that can restore the innate intrahepatic immune response (TLR7 or RIG 1 agonists) and/or an efficient T-cytotoxic specific immune response are also tested.
These new therapies hold the promise of a functional cure, allowing stopping treatment without the risk of viral reactivation or progression to hepatocellular carcinoma.

R3 - MICROBIOMUL – PRIETEN SAU DUȘMAN?

Luminița Smaranda Iancu, Aida-Corina Bădescu
Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa“ Iași

Noile metode de biologie moleculară au permis redefinirea microbiotei indigene, atât calitativ cât și cantitativ. În referat se prezintă noul concept, microbiomul, cu beneficii pentru organismul gazdă, dar și rolul acestuia în diverse patologii. Dintre beneficiile notabile fac parte: funcțiile metabolice, protective, dar și structurale. Definirea disbiozei și efectele negative asupra gazdei, cu sublinierea relației acesteia cu bolile infecțioase (ex. boala diareică, colita hemoragică pseudomembranoasă determinată de Clostridium difficile, achiziția de gene de rezistență, etc.) și perspectivele pe care le deschide studierea microbiomului (metagenomică, metatranscriptomică, metaproteomică, metabolomică) pentru schemele terapeutice personalizate.

R3 - MICROBIOME - FRIEND OR ENEMY?

Luminița Smaranda Iancu, Aida-Corina Bădescu
„Grigore T. Popa“ University of Medicine and Pharmacy Iași

The new methods of molecular biology have allowed redefinition of indigenous microbiota, both qualitatively and quantitatively. The report presents the new concept, the microbiome, with benefits for the host organism, but also its role in various pathologies. Notable benefits include: metabolic, protective and structural functions. The definition of dysbosis and the negative effects on the host, emphasizing its relation to infectious diseases (eg diarrheal disease, pseudomembranous hemorrhagic colitis caused by Clostridium difficile, acquisition of resistance genes, etc.) and the perspective to the study of microbiome (metagenomics, metatranscriptomics, metaproteomics, metabolomics) for personalized therapeutic regimens.

R4 - UN TEST, DOUĂ TESTE ... CÂTE TESTE PENTRU UN PATOGEN PRECUM ESCHERICHIA COLI ENTEROHEMORAGIC?

Codruța-Romanița Usein[1,2]
1 - Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino“, București
2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

Decizia privind oportunitatea implementării unui nou test de diagnostic în laboratorul clinic este cel mai adesea dificilă. Ea se bazează pe aspecte legate de performanța testului, costuri, relevanța analizei pentru populația țintă, expertiza personalului care-l folosește, recomandările primite de la diverse instituții guvernamentale sau solicitările specifice compartimentelor medicale pe care laboratorul le deservește.
Pornind de la faptul că nu există încă o procedură standard de diagnostic pentru membrii patogeni ai speciei Escherichia coli, studiul de față face referire generală la logistica utilizării unor metode bazate pe teste moleculare și prezintă, în subsidiar, experiența acumulată de laboratorul național de referință pentru identificarea grupului E. coli enterohemoragic (EHEC). Rezultatele generate de diferitele protocoale care se adresează amplificării acizilor nucleici sunt analizate prin comparație cu diagnosticul microbiologic tradițional, efectuat prin cultivarea agentului infecțios.
Concluzia studiului este că o mai bună coordonare a clinicienilor și epidemiologilor pentru evidențierea fondului autohton de infecții cu EHEC sprijină și facilitează diagnosticul microbiologic, influențând pozitiv deciziile privind îmbunătățirea serviciilor medicale oferite de laboratoarele clinice și de sănătate publică.

R4 - ONE TEST, TWO TESTS...HOW MANY TESTS FOR A PATHOGEN SUCH AS ENTEROHEMORRAGIC ESCHERICHIA COLI?

Codruța-Romanița Usein[1,2]
1 - „Cantacuzino“ National Institute of Research, Bucharest
2 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

The decision regarding the feasibility of implementing a new laboratory test is almost always dificult to make. Such a decision is based on the test's performance characteristics, associated costs, clinical relevance for target population, staff expertize, recommendations from governmental institutions or specific requests from medical departments.
Considering the fact that there are no standard protocols for identification of pathogenic Escherichia coli, the study makes general reference to the logistics of using molecular methods and subsidiarily presents the experience gained by the National Reference Laboratory for Identification of Enterohemorragic E. coli (EHEC). The results generated by the various protocols addressing nucleic acid amplification are analyzed by comparison with the traditional microbiological diagnosis based on culture.
The study conclusion is that a better coordination of clinicians and epidemiologists for revealing the autochthonous background of EHEC infections supports and facilitates the microbiological diagnosis and positively impacts the laboratory decisions regarding the improvement of their medical services.

R5 - ALGORITM DE DIAGNOSTIC ÎN INFECTIA CU CLOSTRIDIUM DIFFICILE

Dragoș Florea, Gabriel Popescu, Daniela Tălăpan, Alexandru Rafila
Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof Dr M. Balș“, București

Infecția cu Clostridium difficile (ICD) reprezintă principala cauză de diaree asociată îngrijirilor medicale și contribuie la creșterea morbidității, mortalității și a costurilor îngrijirilor, în special la persoanele vârstnice. Există însă un număr în creștere de raportări care evidențiază că ICD poate să apară și la persoane tinere, fără un istoric recent de spitalizare. În ultima decadă incidența ICD este în creștere, la aceasta contribuind mai mulți factori: emergența și diseminarea globală a tulpinilor hipervirulente de C. difficile, în special din ribotipul 027, utilizarea extinsă a antibioticelor cu spectru larg, precum fluorochinolonele, creșterea numărului pacienților vârstnici sau imunocompromiși, nerespectarea în totalitate a măsurilor de control al infecțiilor. Mai mult, deși sunt disponibile comercial numeroase teste, printre care cele imunoenzimatice (EIA) care detectează glutamat dehidrogenaza, cele care detectează toxinele A și B și teste moleculare care detectează variate gene, în special tcdB, valoarea lor diagnostică este variabilă. De aceea nu este încă stabilită o strategie optimă de diagnostic al ICD, la aceasta contribuind și rezultatele discordante ale unor studii de evaluare a performanțelor unor teste de diagnostic. În ultimii ani au fost elaborate mai multe ghiduri de diagnostic și management al ICD. Ghidul cel mai recent este cel al Societății Europene de Microbiologie Clinică și Boli Infecțioase (2016), care recomandă ameliorarea diagnosticului ICD prin utilizarea unui algoritm de diagnostic în două etape. Se pot utiliza mai multe variante ale algoritmului dar trebuie avut în vedere că sensibilitatea și specificitatea acestora sunt influențate în mare măsură de performanțele testelor utilizate. Testarea unor probe consecutive după un prim rezultat negativ oferă rareori beneficii, iar monitorizarea prin teste de laborator a eficienței tratamentului nu este recomandată.

R5 - LABORATORY ASSAYS FOR THE DIAGNOSIS OF CLOSTRIDIUM DIFFICILE INFECTION – AN UPDATED ALGORITHM

Dragoș Florea, Gabriel Popescu, Daniela Tălăpan, Alexandru Rafila
„Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
National Institute for Infectious Diseases „Prof Dr M. Balș", Bucharest

Clostridium difficile infection (CDI) is the main cause of healthcare associated diarrhoea and is associated with increased morbidity and mortality and higher medical costs, especially in the elderly. However a growing body of reports demonstrates that CDI might also occur in young, non-hospitalized patients. The incidence of CDI has been increasing in the last decade as a result of several factors: the emergence and global dissemination of hypervirulent C. difficile strains, belonging mainly to ribotype 027, the extensive use of broad spectrum antibiotics, such as fluoroquinolones, the growing number of aged or immune compromised patients, a less than optimal use of infection control procedures. Moreover, many commercial tests are currently available, including enzyme immunoassays (EIAs) designed to detect glutamate dehydrogenase, EIAs detecting C. difficile toxins A and B and nucleic acid amplification tests (NAAT) targeting different genes, mainly tcdB, but their diagnostic accuracy is variable. Therefore the best diagnostic strategy is still under debate. Another possible explanation for the lack of consensus in CDI diagnosis is the impact of several studies designed to evaluate the diagnostic accuracy of CDI diagnostic assays which provided discordant results, most probably due to different methodologies (including, but not limited to study populations, CDI definition and reference tests). Several national and international guidelines for the diagnosis and management of CDI were issued in the last years; the most recently published is the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases guideline (2016), which recommends a two-step algorithm to optimize the diagnosis of CDI. More than one option might be used but the overall sensitivity and specificity of different algorithms is largely influenced by the assays that are included. Submission of multiple samples after a first negative test is rarely beneficial and testing for cure is not recommended.

R6 - POLITICILE DE SĂNĂTATE PENTRU ASIGURAREA CONTROLULUI TUBERCULOZEI ÎN ROMÂNIA

Gilda Popescu
Institutul de Pneumoftiziologie „Marius Nasta"

Au trecut mai mult de 20 ani de când OMS a declarat TB urgență mondială de sănătate publică și a început implementarea Programelor pentru Controlul TB. Cu toate aceste măsuri, în 2016 la nivel global se înregistrau:

• 10.400.000 CN și Retratamente TB din care 5,4 milioane cazuri incidente la bărbați și 3,2 milioane la femei)

• 3,5% din cazurile noi și 11% din retratamente sunt MDR/XDR TB. La nivel global se remarcă extinderea fenomenului chimiorezistenței TB, cu concentrarea atenției internaționale asupra acestei problemei ce pune serioase obstacole în controlul TB în lume.

• Pentru România, în comparație cu 2002, anul maximei incidențe (142,9%000 de locuitori), în 2016 valoarea indicatorului înregistra o scădere de 54,7% , iar numărul celor notificați a scăzut de la 30.985 la 12.836 pacienți.

Concordant cu scăderea incidenței TB la adulți (64,5%000), incidența TB la copii a scăzut cu 59,7% de la 48,1%000 în 2002 la 19,4%000 în 2006.

Ca expresie a atenuării valorii endemiei, rata mortalității a scăzut și ea cu 49% de la 10,8%000 în 2002 la 4,4%000 în 2015. Nimic din toate acestea nu ar fi fost posibil fără atingerea unei rate de succes terapeutic de 86,5%, la cazurile TB chimiosensibilitate.

Progresele înregistrate în ceea ce privește diagnosticul rapid fenotipic și genotipic, precum și în terapia cu medicație conform ghidurilor internaționale, s-au bazat în mare parte pe finanțare externă și în prezent ar trebui asumate de către statul român pentru a fi sustenabile.

Concluzii. În contextul actual legal, organizatoric și financiar, principala problemă o reprezintă lipsa accesului universal la diagnosticul rapid, precum și a unei rate înalte de succes terapeutic a cazurilor cu chimiorezistență.

Cauzele țin de absența unei abordări programatice a domeniului, de existența unui decalaj diagnostic și terapeutic de două generații, absența finanțării și accesul la medicația validată internațional și, în consecință, imposibilitatea unui diagnostic precoce și a unei terapii acoperitoare și continue.

R6 - HEALTH POLITICS FOR THE INSURANCE OF TUBERCULOSIS CONTROL IN ROMANIA

Gilda Popescu
„Marius Nasta" Institute for Pneumophtysiology

More than 20 years ellapsed since the WHO declared tuberculosis a world public health emergency and started the implementation of the Programs for Tuberculosis Control. Despite all these measures, in 2016, globally we were confronted to:

• 10.400.000 new TB cases and re-treatments, of which 5,4 million cases in men and 3.2 millions in women)

• 3.5% of the new cases and 11% of the re-treatments are MDR/XDR TB. Globally, the extension of TB chemoresistance is noted, international awareness focussing on this problem that seriously hinders TB control worldwide.

• For Romania, compared to 2002, year of the maximum incidence (142.9%000 inhabitants), in 2016 a decrease of 54.7% was noted, and the number of notified decreased from 30,985 to 12,836 pacients.

In concordancy with the decrease of TB incidence in adults (64.5%000), the incidence of TB in childrendecreased with 59.7% from 48,1%000 in 2002 to 19.4%000 in 2006.

Accordingly, mortality rate alsodecreased with 49% from 10.8%000 in 2002 to 4.4%000 in 2015. None of these would have been possible without hiting a rate of therapeutical successs of 86.5% for the chemosensitive TB cases.

Progresses registered regarding rapid phenotypic and genotypic diagnostic, as well as therapy according to the international guidances, relied essentially on external financial support, and now these should be taken in the care of the Romanian State for achieving sustainability.

Conclusions. In the present legal, organizing and financial frame, the main problem is the lack of universal access to rapid diagnostic and to a higher rate of therapeutic succes in the case of chemoresistant cases.

The causes are related to the lack of a programatic approach in the field, to the existence of a two-generation delay in diagnostic and therapy,to the lack of financing and of accesibility to internationally approved medication and, thus, to the impossibility of achieving a precocious diagnostic and a covering and continuous therapy.

R7 - TUBERCULOZA ÎN SITUAȚII SPECIALE: CLINICĂ ȘI LABORATOR

Daniela Homorodean, Adriana Socaci

Spitalul Clinic de Pneumoftiziologie „Leon Daniello“ Cluj Napoca, Laboratorul Național de Referință

Accesul universal la metodele de diagnostic modern și rapid al tuberculozei (TB) a devenit realitate în România prin aprobarea Strategiei Naționale pentru Controlul Tuberculozei, fiind susținut prin proiectele cu finanțare externă, dar și din bugetul național - prin achiziția centralizată de reactivi.

Indiferent ce metode sunt folosite, ele trebuie să fie efectuate în condiții de biosiguranță, de personal calificat și instruit, în laboratoare care pot oferi rezultate cu calitate asigurată. Identificarea rapidă a cazurilor bacilifere, cu identificarea simultană a complexului Mycobacterium tuberculosis (CMTB) și a rezistenței la rifampicină sau/și a rezistenței la rifampicină și izoniazidă constituie prioritate de diagnostic în cadrul programului de control al TB.

Diagnosticul rapid se poate realiza prin metode fenotipice și metode de biologie moleculară: cultivarea și testarea sensibilității mycobacteriilor în mediul lichid în sisteme automate, respectiv amplificare în lanț – GeneXpertMTB/RIF, sau hibridizare liniară - GenoType (HAIN-MTBDRplus, HAIN-MTBDRsl). Metodele fenotipice reduc timpul de obținere a rezultatelor la jumătate comparativ cu metodele clasice (la 15-20 zile), iar cele moleculare reduc timpul de confirmare a TB sau/și a TB MDR la 24-48 de ore.

Metodele de biologie moleculară nu înlocuiesc metodele actuale standardizate pentru detectarea CMTB și a profilului de rezistență, doar le completează, fără a se exclude reciproc. Sunt utile doar pentru investigarea cazurilor noi și sunt costisitoare.

Toate metodele de diagnostic al TB disponibile în țară se aplică în conformitate cu algoritmul de diagnostic recomandat de ghidurile naționale în vigoare.

Cuvinte cheie: tuberculoză, diagnostic rapid.

R7 - TUBERCULOSIS IN SPECIAL SITUATIONS: CLINICAL AND LABORATORY

Daniela Homorodean, Adriana Socaci

„Leon Daniello“ Clinical Hospital of Pneumology Cluj Napoca, National Reference Laboratory

Universal access to modern and rapid diagnostic methods for tuberculosis (TB) has become a reality in Romania through the approval of the National Strategy for the Control of Tuberculosis, being supported through external funding projects and national budget meaning centralized purchase of reagents.

No matter what methods are used, they must be carried out in biosafety conditions by skilled and trained staff, in laboratories that can provide quality assured results. Rapid identification of infectious cases with simultaneous identification of Mycobacterium tuberculosis complex (MTBC) and resistance to rifampicin and/or resistance to rifampin and isoniazid are priorities for TB control programme.

Rapid diagnostic can be achieved by phenotypic methods and molecular biology methods: culture and drug susceptibility testing of Mycobacteria in the liquid medium in automated systems, and PCR-GeneXpertMTB/RIF, or LPA GenoType (HAIN-MTBDRplus, HAIN-MTBDRsl). Phenotypic methods reduce diagnostic time to half when compare to the classical methods (at 15-20 days), and the time for molecular confirmation of TB and/or of MDR/XDR TB at 24-48 hours.

Molecular biology methods do not replace current standardized methods for detecting MTBC and drug resistance pattern, only complete them, without however ruling out each other, are useful only for investigating new TB cases and are expensive.

All TB diagnostic methods in the country shall be applied in accordance with the diagnostic algorithm recommended by national guidelines.

Keywords: tuberculosis, rapid diagnosis.

R8 - TUBERCULOZA LA PACIENȚII HIV

Adriana Hristea
Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș“
Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“

Tuberculoza (TB) și infecția HIV sunt probleme majore de sănătate publică în lume, cu o interacțiune mutuală considerabilă. TB este cea mai frecventă infecție oportunistă la pacienții infectați cu HIV, asociată cu rate ridicate de morbiditate și mortalitate. Conform OMS, în România în 2015, 273(3%) pacienți diagnosticați cu TB erau infectați cu HIV (TB/HIV). Mortalitatea la pacienții TB/HIV a fost 0.32(0.02-1)/100.000.

Infecția cu HIV reprezintă o provocare pentru programul de controlul TB. La persoanele infectate cu HIV (PIHIV), probabilitatea de a dezvolta TB este mult mai mare față de subiecții neinfectați din aceeași țară.

TB este responsabilă de o treime din decesele în rândul PIHIV și un sfert din toate decesele prin TB. Pe de altă parte, TB reprezintă o cauză de deces prevenibilă. Aceste date subliniază necesitatea unui diagnostic precoce și a unui tratament adecvat al TB la toți pacienții infectați cu HIV.

Într-o analiză retrospectivă a pacienților cu TB/HIV diagnosticați între ianuarie și decembrie 2015 în 6 centre din România a fost diagnosticată o mortalitate mai mare la utilizatorii de droguri intravenoase și la pacienții cu TB multirezistentă. Numărul de CD4 în momentul diagnosticării TB a fost mic și s-a asociat cu mortalitate mai mare. Acoperirea cu antiretrovirale a fost suboptimală, ceea ce s-a asociat cu un risc crescut de TB.

R8 - TUBERCULOSIS IN PEOPLE LIVING WITH HIV

Adriana Hristea
National Institute for Infectious Diseases „Prof. Dr. Matei Balș“
„Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy

Tuberculosis (TB) and HIV infection are major problems of public health worldwide with a reciprocal influence. Tuberculosis (TB) is the most common opportunistic infection in HIV-infected patients, associated with high rates of morbidity and mortality. According to WHO, in Romania, in 2015, 273(3%) patients diagnosed with TB were HIV-infected (TB/HIV). The mortality rate of TB/HIV patients was 0.32(0.02-1)/100.000 population.

HIV infection represents a challenge for the TB control program. In people living with HIV (PLHIV) the possibility to develop TB is much higher compared to the HIV non-infected subjects in the same country.

TB is responsible for one third of all PLHIV deaths and one fourth of all TB deaths. On the other hand, TB represents a preventable cause of death. These data underline the need of an early diagnostic and of adequate TB treatment of all patients infected with HIV.

In a retrospective analysis of TB/HIV patients diagnosed between January and December 2015 in six tertiary care facilities in Romania we found a higher mortality in intravenous drug-users and in patients with multidrug-resistant (MDR) TB. CD4 cell count at TB diagnosis was low, and was associated with higher in-hospital mortality. Antiretroviral therapy coverage was suboptimal, which is likely associated with an increased TB risk.

R9 - ONCOGENETICA - UN BENEFICIU PENTRU CUNOAȘTEREA PARTICULA-RITĂȚILOR EPIDEMIOLOGICE ALE CANCERULUI EREDITAR ÎN ROMANIA ȘI ABORDAREA CU SUCCES A MEDICINEI PERSONALIZATE

Doina Azoicăi
Departamentul de Oncogenetică - Universitatea de Medicină și Farmacie „Gr. T. Popa“ Iași

Introducere. Incidența anuală a cancerelor în România este în continuă creștere. Dintre factorii de risc pentru cancer, predispoziția ereditară este singurul factor care atinge pragul de valoare predictivă, care să justifice o monitorizare medicală specifică, personalizată.

Scopul studiului este de evaluare a factorului de risc ereditar pentru cancer, prin integrarea oncogeneticii românești într-o rețea epidemiologică, clinică și de laborator, care să permită armonizarea strategiilor de monitorizăre oncogenetică între țările europene și să asigure o mai bună înțelegere a particularităților populaționale în ceea ce privește genetica cancerelor.

Obiectivele studiului. Aprecierea beneficiului oncogeneticii prin dezvoltarea componentelor clinice de monitorizare a pacienților cu risc ereditar, cele moleculare de laborator și a componentei interpretative epidemiologice.

Material și metode. Informații cu privire la mutațiile, variantele de secvență ori polimorfismele comune ale genelor BRCA și BRCA2 în populația României sunt puțin numeroase, ceea ce limitează caracterizarea epidemiologică a particularităților privind riscul ereditar de cancer mamar, ovarian sau colorectal. Înființarea în anul 2014 a Departamentului de Oncogenetică în cadrul Universității de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa“ Iași a permis o evaluare prospectivă a acestor mutații care este utilă în aprecierea predispozitiei ereditare pentru acest tip de cancer și în stabilirea strategiilor de monitorizare personalizată a familiilor cu astfel de risc. Au fost utilizate metodologii specifice de identificare a persoanelor cu un potențial risc ereditar (anamneza epidemiologică și genetică pe baza arborelui genetic); calcularea riscului ereditar pe baza unui scor (metoda Gaataca); analiza moleculară prin metode de separare ADN, amplificare PCR și secvențiere ADN;

aplicarea Programului de Supraveghere Oncogenetică Personalizată (PSOP) la pacienții cu cancer ereditar și familiile acestora.
Rezultate. În perioada 2014 - 2017 s-au adresat Departamentului de Oncogenetică UMF „Grigore T. Popa" Iași, un număr de peste 300 pacienți diagnosticați cu cancer sau persoane aparent sănătoase dar cu antecedente familiale de cancer. Dintre pacienții luați în evidență de către epidemiologul oncogenetician, 20% prezentau o valoare a scorului de risc ereditar care să recomande efectuarea diagnosticului molecular. Formele clinice întâlnite la acești pacienți au fost: cancer de sân, cancer de ovar, cancer de colon și polipoză. Au fost incluse în evaluarea oncogenetică și persoane sănătoase cu antecedente familiale relevante. Analiza moleculară a identificat mutații BRCA1 și BRCA2 cu identificarea unor polimorfisme specifice care vor permite caracterizarea profilului mutațional al populației din România, comparativ cu populația europeană.
Concluzii. Evaluările oncogenetice vor contribui semnificativ la cunoașterea profilului epidemiologic de risc ereditar pentru cancer în populația din România cât și la promovarea strategiilor de monitorizare personalizată a pacienților și familiilor acestora în scopul salvării a cât mai multe vieți.

R9 - ONCOGENETICS - A TOOL FOR UNDERSTANDING EPIDEMIOLOGICAL PECULIARITIES OF HEREDITARY CANCER IN ROMANIA AND A SUCCESSFUL APPROACH TO PERSONALIZED MEDICINE

Doina Azoicăi

Oncogenetics Department, „Gr. T. Popa" University of Medicine and Pharmacy, Iași

Introduction. The annual incidence of cancers in Romania is growing steadily. Of the risk factors for cancer, hereditary predisposition is the only one who can be considered to hold predictive value, justifying specific personalized medical monitoring.
The aim of the study is the assessment of the hereditary risk factor for cancer, by integrating Romanian oncogenetics in a clinical and laboratory epidemiologic control network, to harmonize oncogenetic monitoring strategies between European countries and to allow a better understanding of population characteristics in terms of cancer genetics.
Study objectives. Appreciation of the tool role of oncogenetics, by developing components related to clinical monitoring in patients with hereditary risk, molecular laboratory, and epidemiological interpretation.
Material and methods. Information on mutations, variants of sequence for common polymorphisms in BRCA1 and BRCA2 genes in the Romanian population is scarce, limiting epidemic characterization of particularities concerning the hereditary risk for breast, ovarian or colorectal cancer. The establishment in the year 2014 of the Oncogenetics Department at the „Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy in Iași has allowed a prospective evaluation of these mutations that is useful in the assessment of increased genetic susceptibility to this type of cancer and in establishing personalized monitoring strategies for families with such risk. Specific methodologies were used to identify subjects with potential genetic risk (epidemiologic and genetic anamnesis based on the genetic tree) such as: calculation of hereditary risk based on a score (Gaataca method), molecular analysis by DNA separation methods, PCR amplification and DNA sequencing, implementation of the Personalized Oncogenetic Monitoring Programme (POMP/PSOP) in patients with hereditary cancer and their families.
Results. During the period from 2014 to 2017, the Oncogenetics Department of „Grigore T. Popa" University in Iași received requests from more than 300 patients diagnosed with cancer or apparently healthy people but with family a history of cancer. Of the patients taken under observation by the oncogeneticist and epidemiologist, 20% presented a hereditary risk score that recommend undergoing a molecular diagnosis. Clinical forms found in these patients were the following: breast cancer, cancer of the ovary, colon cancer and polyposis. Oncogenetic evaluation also included healthy persons with relevant family history. Molecular analysis identified BRCA1 and BRCA2 mutations with specific polymorphisms which will allow characterization of the mutational profile in the Romanian population, compared to the European population.
Conclusions. Oncogenetic evaluations will contribute significantly to the knowledge of the epidemiological profile of hereditary risk for breast cancer in the population of Romania as well as the promotion of personalized monitoring strategies of patients and their families in order to save as many lives as possible.

R10 - REZISTENȚA LA ANTIBIOTICE DIN PERSPECTIVA „ONE HEALTH": ORIENTĂRI LA NIVEL EUROPEAN ȘI GLOBAL VERSUS ALERTE ȘI INIȚIATIVE LA NIVEL NAȚIONAL

Irina Codiță[1,2], Elena-Carmina Drăgulescu[1], Ileana Luminița Coldea[3], Brîndușa-Elena Lixandru[1], Gabriel Ionescu [1,2]

1 – Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București

3 – Spitalul Clinic de Urgență „Floreasca"

Obiective. Actualizarea datelor privind abordarea „One health" la nivel european și global versus semnale și inițiative la nivel național.
Material și metode. Au fost consultate publicațiile și luările de poziție ale OMS, CE, ECDC, OIE, FAO, EMA etc. privind

abordarea „One health“, publicațiile disponibile la nivel național și băncile de date ale LNR pentru Infecții Nosocomiale și Rezistență la Antibiotice din Institutul Cantacuzino.

Rezultate. Din inițiativa președintelui Asociației de Medicină Veterinară din SUA și a Președintelui Asociației Medicale Americane, în 2007 a luat naștere o nouă perspectivă integratoare, care reunește preocupările celor două sectoare de activitate sub semnul sintagmei „One health“. Organizația Mondială pentru Sănătatea Animală (OIE), OMS și FAO au elaborat un document de consens asupra măsurilor globale care se impun pentru coordonarea mai eficientă a politicilor medicale și veterinare de sănătate. În Comunicatul de presă al Consiliului Europei din 17.06.2016 este promovată implementarea concluziilor Conferinței ministeriale a UE din 9 - 10 Februarie 2016, care au consemnat voința politică de adresare a problemei RAB printr-o abordare „One health“, incluzând crearea unei rețele „One health“ la nivel European.

Tradiția catedrelor de medicină comparată este continuată în România de Asociația Academică „One health“ din România, membru asociat al Federației Europene a Academiilor de Medicină, care publică și revista „One health“ și care a primit invitația de a organiza Congresul global „One health“ din 2018 în România.

Publicațiile unor autori români, precum și baza de date a LNR documentează existența unor relații strânse între tulpinile/factorii de rezistență ai bacteriilor de proveniență animală și cele umane, ex. tulpini de MRSA CC-398 sau spa t127 etc.

Concluzii. Evoluțiile recente, precum și semnalele existente la nivel național, european și global pledează pentru necesitatea implicării active a specialiștilor microbiologi și epidemiologi în abordarea practică și în cercetarea rezistenței la antibiotice din perspectiva „One health“.

R10 - „ONE HEALTH“ APPROACH OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE: EU AND GLOBAL TRENDS VERSUS NATIONAL ALERTS AND INITIATIVES

Irina Codiță[1,2], Elena-Carmina Drăgulescu[1], Ileana Luminița Coldea[3], Brîndușa-Elena Lixandru[1], Gabriel Ionescu[1,2]

1 – Cantacuzino National Research Institute

2 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy Bucharest

3 – „Floreasca“ Clinical Emergency Hospital

Objectives. Updating data on the „One health“ approach at European and global level versus national signals and initiatives.

Materials and methods. Publications and position papers on the „One Health“ approach of WHO, EC, ECDC, OIE, FAO, EMA, etc. have been consulted, as well as nationally available publications and the LNR data bases of Nosocomial Infections and Antibiotic Resistance at the Cantacuzino Institute.

Results. At the initiative of the President of the US Veterinary Medicine Association and the President of the American Medical Association, a new integrative perspective was born in 2007, bringing together the work of the two sectors of activity under the sign of „One health“ syntagma.

The World Organization for Animal Health (OIE), WHO and FAO have produced a consensus document on the global measures required for more effective coordination of health and veterinary health policies.

The Council of Europe press release of 17.06.2016 promotes the implementation of the conclusions of the EU Ministerial Conference held on February 9-10th 2016, which set out the political will to address the RAB issue through a One Health approach, including the creation of a „One Health“ network at EU level.

The tradition of the comparative medicine departments is continued in Romania by the „One health“ Academic Association, an associate member of the European Federation of Medical Academies, which also publishes the „One health“ magazine and has been invited to organize the „One health“ global Congress in Romania, in 2018. The publications of several Romanian authors as well as the NRL database document the existence of close relationships between strains / resistance factors of animal and human bacteria, eg. strains of MRSA CC-398 or spa t127, etc.

Conclusions. The recent developments, as well as the existing national, European and global signals, call for the active involvement of microbiologists and epidemiologists in the practical approach and research into antibiotic resistance from the One Health perspective.

R11 - ROLUL EDUCAȚIEI MEDICALE ÎN EPOCA SOCIAL MEDIA

(1) Mihai Craiu

Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Marie Curie“

Comportamentul parental a început să se modifice semnificativ în ultimul deceniu în România. Accesul mult mai facil la surse (de valoare diferită, din păcate) a dus la modificarea abordării practice a părinților în fața bolilor copiilor lor. Părinții vor și pot să se implice mult mai mult în deciziile legate de sănătatea copiilor lor și uneori interferă activ atât cu actul de diagnosticare cât și cu actul terapeutic.

Drepturile legale conferite de cadrul Acordului Informat ce ar trebui să preceadă orice procedură destinată unui minor au conferit o altă dimensiune a comunicării medic-pacient în ultimii ani. Părintele român a început să își cunoască mult mai bine drepturile, dar, din neferice, o interpretare unilaterală a cadrului legal (reglementările în domeniul sănătății s-au aflat într-o constantă modificare în ultima vreme) a dus la adevărate fenomene îngrijorătoare. Numesc „fenomene“ mișcarea anti vaccinală din Romania, curentele care interferă cu nutriția copilului, strategiile de parenting. Personalități fără pregătire medicală, de obicei figuri de prim rang ale Mass Media, artelor, culturii sau sportului au început să își aroge rolul de formatori de opinie privind sănătatea.

Aceste derapaje cu depășirea evidentă a competențelor personale, precum și nivelul scăzut de înțelegere al fenomenelor complexe pe care le implică strategiile de Sănătate a Populației au dus la apariția unor fenomene extrem de negative, sesizate de către experții INSP. Epidemiologii din România au semnalat autorităților o constantă și drastică scădere a acoperirii vaccinale a copiilor și au anticipat apariția actualei epidemii de rujeolă. Pe lângă necesarele acțiuni de reglementare de natură juridică, pe lângă intervenția fermă a autorităților în procesul de aprovizionare și distribuire a vaccinurilor, este necesară o schimbare a paradigmei de comunicare medic-pacient și o schimbare a jucătorilor ce se exprimă în Social Media. A desconsidera acest uriaș forum de informare al părinților în teme legate de nutriție, vaccinare, creștere și dezvoltare, etc înseamnă a rata un ultim moment în care ar putea fi salvată starea de sănătate a copiilor din România.

Medicii de toate specialitățile trebuie să își unească eforturile pentru a aduce o voce competentă acolo unde părinții caută informațiile legate de aspecte de boală sau de sănătate. Un studiu recent GfK a arătat ca 74% din români apelează întâi la Social media și la „Dr Google“ apoi la medicul real.

Un astfel de efort de comunicare ce aparține medicilor din Institutul Național pentru Sănătatea Mamei și Copilului a fost dezvoltat într-o platformă de educație parentală numită SVC (Spitalul Virtual de Copii) recunoscută (peste 53 000 de persoane urmăresc SVC) și cu impact asupra unor comportamente legate de sănătatea copiilor. Printre cele mai dezbătute teme sunt cele legate de infecții și vaccinare, o recentă postare privind Laringita acută și infecția cu Haemophillus influenzae tip b având impact asupra 600 000 persoane.

Intervențiile în Social Media reprezintă o arie de comunicare pentru care medicul român trebuie să fie din ce în ce mai pregătit în viitorul apropiat.

(2) Sandra Adalgiza Alexiu
Societatea Națională de Medicina Familiei

Comunicarea medic - pacient capătă în acest nou context digital și informațional un cu totul alt rol. Obișnuit să folosească un limbaj cumva criptat, medicul de astăzi nu mai poate păstra tradiționala distanță de limbaj între el și pacient, explozia de informație existentă riscând să deturneze aproape complet conceptul de medicină bazată pe dovezi în România.

Lipsa de aplicabilitate a ghidurilor de practică, neutilizarea dovezilor medicale, controlul insuficient al realizării educației medicale continue, lipsa oricărei strategii de educație medicală a populației, împreună cu un sistem de sănătate complet dezorganizat, cu un deficit uriaș de personal, au determinat pacienții să caute surse alternative de informare din surse accesibile, dar nevalidate și fără sprijin științific, puse la dispoziție de nespecialiști, mai degrabă din rațiuni dovedit în final comerciale. Ofensiva medicală firavă în spațiul imens virtual, fie din lipsa de timp, fie din lipsa de adecvare a limbajului folosit, fie din lipsa de preocupare pentru dialogul real cu pacientul a avut ca urmare o balanță complet dezechilibrată între știință și pseudoștiință.

Suntem convinși că este nevoie de o schimbare majoră în comunicarea medic - pacient. Credem că numai printr-un limbaj adaptat, dedicat părintelui, putem contracara avalanșa de informație fără baze științifice. De aceea, conștienți că suntem pionieri în acest domeniu, am pornit nuclee de informație adaptată pacienților noștri.

În prezentare vă vom vorbi despre câteva modele noi: Spitalul Virtual pentru copii, Platforma Edumedical.ro, Grupul Vaccinuri și vaccinare - sprijin pentru părinți și cursurile online pentru medici pe platforma formaremedicala.ro. Există și alte câteva firave începuturi. De aceea, cu o experiență de câțiva ani în acest sens, credem că a venit vremea să vă invităm la schimbare.

R11 - TO BE OR NOT TO BE? A CONCISE PERSPECTIVE ON ROMANIAN MEDICAL EDUCATION IN SOCIAL MEDIA

Sandra Adalgiza Alexiu1, Mihai Craiu[2]
1 - National Society of Family Medicine
2 - Children Clinical Emergency Hospital „Marie Curie“

In the currently changing paradigm on medical communication, doctors and nurses are facing a complete different landscape than a decade ago, worldwide. In Romania there has been a constant decrease in immunization coverage, due to different reasons, part of them generated by poor communication or because of extremely vocal opponents from anti-vaxx movement.

Authors of this paper are documenting some of the first approaches in Romania to a significant change in lay-people's perspective on medical education. Many had experienced a significant suboptimal communication in a medical environment, so „alternative“ leaders rose up in last decades, mainly in Social Media of Romanian expression. These people with barely no medical knowledge [most of them artists, media figures or athletes] have been validated as stewards of medical education by a huge mass of disappointed parents. Such an approach generated a big wave of fake news and immunization coverage decreased further more.

A solid team of experts from National GP Association (Grupul Vaccinuri și Vaccinare – Sprijin pentru Părinți) and Platform EduMedical.ro were first structured efforts to improve, in a friendly and professional manner, medical education in Social Media environment. A complex group of physicians (GP's, pediatricians, microbiologists, infectious diseases specialists and epidemiologists) and communication experts were able to provide a platform for Continuous Medical Education (Formaremedicala.ro). A new tool for parents is Virtual Children's Hospital (a Facebook page) that has been providing education in various areas regarding child health. With more than 50 000 followers this FB page can set a standard for efficient non-conventional communication in this new era of medical coverage in Social Media.

COMUNICĂRI ORALE

CO1 - PROFILUL DE REZISTENȚĂ AL GERMENILOR IMPLICAȚI IN INFECȚIILE ASOCIATE ASISTENȚEI MEDICALE ÎN SECȚIILE ATI

Adriana Roșca[1], Emilian Damian Popovici[2,3], Melania Arion[4]

1 – Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brânzeu" Timișoara

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

3 – Centrul Regional de Sănătate Publică Timișoara

4 – Direcția de Sănătate Publică Timiș

Obiective. Determinarea incidenței reale a infecțiilor asociate asistenței medicale, precum și a principalelor fenotipuri circulante în secțiile ATI.

Material și metode. Criteriile de includere în studiu: toți pacienții spitalizați cu peste 2 zile de spitalizare în perioada 2015-2016. Cazurile au fost analizate conform criteriilor de definiție pentru infecția asociată asistenței medicale în sistemul european de supraveghere (decizia 2119/98/CE). Identificarea germenilor, testele de sensibilitate și încadrarea în fenotipuri de rezistență au fost efectuate de laboratorul de microbiologie.

Rezultate. În anul 2016 incidența a fost cea mai mare pentru pneumonie la pacienții care sunt intubați: 16,65%, urmată de bacteriemie cu 12,92%, și infecțiile tractului urinar cu 2,99%. Principalii germeni identificați au fost: Staphylococcus aureus, 10% în pneumonii, din care MRSA 26%, în bacteriemii 18,5% din care MRSA 24%, Klebsiella pneumoniae 29% în pneumonii, din care MDR 13%, în bacteriemii 8,5% din care 17% MDR, în infecțiile urinare 18,6%, din care MDR 7%, Escherichia coli 6,7% în pneumonii, din care MDR 17%, în bacteriemii 3,4%, din care MDR 22%, în infecțiile urinare 14,1% din care MDR 14%, Pseudomonas aeruginosa 19,7% în pneumonii, din care MDR 24%, în bacteriemii 5,58% din care MDR 27%, în infecțiile urinare 15,3%, din care MDR 9%, Acinetobacter baumanii complex 18, 5% în pneumonii, din care MDR 33%, în bacteriemii 7%, din care MDR 26%, în infecțiile urinare 3,2%, din care MDR 40% .

Concluzie. Infecțiile asociate asistenței medicale constituie o problemă importantă de sănătate publică reliefată de prevalența crescută a tulpinilor multirezistente la pacienții din ATI purtători de dispozitive invazive.

OC1 - ANTIMICROBIAL RESISTANCE OF GERMS IDENTIFIED IN HEALTHCARE-ASSOCIATED INFECTIONS ACQUIRED IN INTENSIVE CARE UNITS

Adriana Roșca1, Emilian Damian Popovici2,3, Melania Arion4

1 – County Emergency Clinical Hospital „Pius Brânzeu" Timișoara

2 – University of Medicine and Pharmacy „Victor Babeș" Timișoara

3 – Regional Center of Public Health Timișoara

4 – Public Health Department Timiș

Objectives. Determining the actual incidence of healthcare-associated infections as well as the main circulating phenotypes in the ICU units.

Material and methods. Criteria for inclusion in the study: all patients hospitalized with more than 2 days of hospitalization over the period 2015-2016. Cases have been analyzed according to the definition criteria for healthcare-associated infection in the European Surveillance System (Decision 2119/98 / EC). Identification of germs, susceptibility tests and determining the resistance phenotypes were performed by the microbiology laboratory.

Results. In 2016, the highest incidence for intubation-associated pneumonia (IAP) was 16.65%, followed by bloodstream infection (BSI) with 12.92%, and urinary tract infections (UTI) by 2.99%. The main identified germs were: Staphylococcus aureus - 10% in IAP of which 26% MRSA, in BSI – 18.5% of which 24% MRSA, Klebsiella pneumoniae - 29% in IAP of which 13% MDR, in BSI - 8.5% of which 17% MDR, in UTI - 18.6% of which 7% MDR, Escherichia coli - 6.7% in IAP of which 17% MDR, in BSI - 3.4% of which 22% MDR, in UTI - 14.1% of which 14% MDR, Pseudomonas aeruginosa -19.7% in IAP of which 24% MDR, in BSI - 5.58% of which 27% MDR, in UTI - 15.3% of which 9% MDR, Acinetobacter baumanii complex - 18.5% in IAP of which 33% MDR, in BSI - 7% of which 26% MDR, in UTI – 3.2% of which 40% MDR.

Conclusion. Healthcare-associated infections are an important public health issue highlighted by the increased prevalence of multidrug-resistant strains in patients carrying invasive devices.

CO2 – STUDIU DE PREVALENȚĂ DE MOMENT A INFECȚIILOR ASOCIATE ÎNGRIJIRILOR MEDICALE ȘI CONSUMULUI DE ANTIBIOTICE – ROMÂNIA 2017

Roxana Șerban, Andreea Niculcea, Ionel Iosif
Institutul Național de Sănătate Publică București

Obiective. 1. Estimarea prevalenței IAAM, a rezistenței microbiene și a utilizării antibioticelor; 2. Evaluarea procedurilor care necesită îmbunătățirea calității; 3. Diseminarea rezultatelor în vederea creșterii conștientizării și identificării nevoilor de training pentru consolidarea supravegherii acestora; 4. Furnizarea unui instrument standardizat necesar identificării țintelor necesare îmbunătățirii calității serviciilor și siguranței pacientului.

Material și metode. Studiu epidemiologic transversal care s-a desfășurat în perioada iulie-august 2017 în 40 spitale, datele pacienților fiind colectate pe o fișă standard. Datele au fost prelucrate în Helics.Win.

Rezultate și discuții. Analiza este efectuată pentru 19 spitale. Numărul de pacienți care au intrat în studiu a fost de 6968 din care 179 au prezentat IAAM (rata de incidență de 2,57% pacienți). 41,7% dintre pacienți primeau antibiotice 89,1% (pentru profilaxie, tratament pentru boli comunitare) și 7,7% pentru IAAM. Au fost consemnate 300 de tulpini microbiene din care cele mai frecvente au fost tulpinile de stafilococ auriu (14%), Klebsiella pneumoniae (13%). 16% din IAAM –uri au avut etiologie cu Clostridium difficile. Antibioticele cele mai utilizate au fost carbapenemele (30,7%), cefalosporinele de generația a 3a (17%) și oxacilina (6,4%). Factorii de risc evidențiați au fost în proporție de: 3,7% prezența cateterului venos central , 67% prezența cateterului venos periferic , 13% prezența sondei urinare. Din cele 179 de IAAM-uri identificate 72,6% aveau identificată prezența unui dispozitiv medical semnificativ înainte de debutul infecției. Structura infecțiilor asociate îngrijirilor medicale a fost reprezentată în principal de: 19% infecții de plagă chirurgicală, 17,3% pneumonii, 13% septicemii și 12,8% infecții urinare

Concluzii. Rezultatele studiului reprezintă un prim pas în evaluarea supravegherii IAAM, rezistenței microbiene și utilizării antibioticelor.

OC2 – POINT PREVALENCE SURVEYS OF HEALTHCARE-ASSOCIATED INFECTIONS, MICROBIAL AND ANTIMICROBIAL USE IN ROMANIA ACUTE CARE HOSPITALS 2017

Roxana Șerban, Andreea Niculcea, Ionel Iosif
National Institute of Public Health

Objectives. 1 E stimation of HAI prevalence, microbial resistance and antibiotic use; 2. Evaluating procedures that require improvement in quality; 3. Dissemination of results to raise awareness and identify training needs to strengthen their oversight; 4 Providing a standardized tool to identify the targets needed to improve the quality of patient services and safety.

Material and method. Cross-over epidemiological study that took place between July and August 2017 in 40 hospitals by applying to all admitted patients a stadard protocol. The data was processed with Helics.Win.

Results and discussions. The analysis is performed for 19 hospitals. The number of patients to whom the standard protocol was applied was 6968 of which 179 had HAI (incidence rate of 2.57% patients). 41.7% of patients received antibiotics (89.1% for prophylaxis, community-acquired illness) and 7.7 % for HAI). 300 microbial strains were recorded, the most common of which was 14% Staphylococcus aureus, 13% Klebsiella pneumoniae. 16% of HAIs had etiology with Clostridium difficile. The most commonly used antibiotics were carbapenems (30.7%), third generation cephalosporin (17%) and oxacillin (6.4%). The high risk factors were: 3.7% the central vascular catheter, 67% the peripheral vascular catheter, 12.9% the urinary catheter. Of the 179 HAIs identified, 72.6% had identified the presence of a significant medical device before the onset of the infection. The structure of healthcare-associated infections was mainly represented by: 19% surgical site infections. 17.3% pneumonia, 13% bloodstream infection and 12.8% urinary tract infections.

Conclusions. The results of the study represent a first step in the assessment of surveillance of HAI, microbial resistance and antibiotic use.

CO3 - UTILIZAREA DE ANTIMICROBIENE ÎNTR-UN SPITAL CLINIC DE URGENȚĂ PENTRU COPII DIN MUNICIPIUL BUCUREȘTI - ANALIZA COMPARATIVĂ A REZULTATELOR ANCHETELOR DE PREVALENȚĂ PUNCTUALĂ 2017 ȘI 2012

Maria Dorina Crăciun[1,2], Cristina Nadia Tudose[2], Alexandra Radu[3], Adriana Iliescu[4]
1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București
2 – Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Grigore Alexandrescu" București
3 – Spitalul de Psihiatrie „Eftimie Diamandescu", Bălăceanca
4 – Spitalul Județean Giurgiu

Introducere. Utilizarea prudentă a antibioticelor trebuie să reprezinte o preocupare permanentă în scopul prevenirii antibiorezistenței.

Obiectiv. Descrierea rezultatelor studiului de prevalență punctuală privind utilizarea antimicrobienelor din 2017 și compararea cu valorile observate în 2012 într-un spital clinic de urgență pentru copii din București.

Metode. S-a utilizat metodologia ECDC/ESAC a studiului de prevalență punctuală. Au fost incluși toți pacienții internați în ziua studiului, la care au fost înregistate datele privind antimicrobienele prescrise și indicațiile de administrare. Pentru analiza rezultatelor s-a utilizat programul Epi Info7.2.

Rezultate. În 2017 au fost incluși 147 pacienți din care 105 (71,4%) au primit cel puțin un antibimicrobian, valoare similară cu cea din 2012 (71,0%). 55,2% dintre prescripții au fost în scop terapeutic, valoare de asemenea similară cu cea din 2012 (50,2%). În ambele studii cea mai frecventă indicație a fost terapia infecțiilor comunitare (52,4% în 2017, respectiv 44,5% în 2012). Ponderea cea mai mare a pacienților care primeau antimicrobiene a fost în ATI atât în 2012 (100%) cât și în 2017 (77,8%), urmată în 2017 de secțiile cu profil chirurgical (76,3%) respectiv 61,7% în 2012 ($p<0.05$). Frecvența profilaxiei chirurgicale de >1 zi a scăzut de la 41,4.% în 2012 la 32,2% în 2017. Cele mai frecvent prescrise clase de antibiotice au fost cefalosporinele de generația a 3-a (J01DD) (32,2 % în 2012, respectiv 33,9% în 2017) urmate de aminoglicozide (J01GB) (24 % în 2012, respectiv 21,9% în 2017).

Concluzii. Ponderea pacienților care primeau cel puțin un antimicrobian la data studiului se menține la valori ridicate. Se observă o creștere a ponderii pacienților care primesc antimicrobiene în secțiile cu profil chirurgical. Nu au existat schimbări în privința principalelor clase de antibiotice utilizate. Măsuri de educare a personalului, utilizarea de ghiduri, colaborarea multidisciplinară infecționist-microbiolog-farmacist sunt măsuri care trebuie implementate în scopul îmbunătățirii practicilor de prescriere.

OC3 - THE USE OF ANTIMICROBIALS IN A CHILDREN'S CLINICAL EMERGENCY HOSPITAL IN BUCHAREST – THE COMPARATIVE ANALYSIS OF THE RESULTS FROM POINT PREVALENCE SURVEYS (2017 AND 2012)

Maria Dorina Crăciun[1,2], Cristina Nadia Tudose[2], Alexandra Radu[3], Adriana Iliescu[4]

1 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy Bucharest

2 - „Grigore Alexandrescu“ Emergency Clinical Hospital for Children Bucharest

3 - „Eftimie Diamandescu“ Psychiatric Hospital, Bălăceanca

4 - Giurgiu County Hospital

Introduction. The prudent use of antibiotics must represent a permanent preoccupation in order to prevent antibiotic-resistance.

Objective. The description of the results of the antimicrobial use point prevalence survey (PPS) in the year 2017 and comparison with the observed values of 2012 survey in a children's clinical emergency hospital in Bucharest.

Methods. The ECDC/ESAC methodology of PPS has been used. All patients admitted in the day of the survey have been included, for which data was recorded regarding prescribed antimicrobials and indications. The Epi Info7.2 software was used for the analysis of results.

Results. In the 2017 study 147 patients were included, out of which 105 (71.4%) had received antimicrobials, the value being similar to that of 2012 (71.0%). 55.2% of prescriptions in 2017 were for therapeutic purposes, similarly to 2012 (50.2%). In both studies the most frequent indication was the therapy of community acquired infections (52.4% in 2017 and 44.5% in 2012, respectively). The greatest proportion of patients to which antimicrobials were being administered was in ICU both in 2012 (100%) as well as 2017 (77.8%), followed in 2017 by the patients from surgical wards (76.3%) versus 61.7% in 2012 ($p<0.05$). The frequency of surgical prophylaxis for more than 1 day has dropped from 41.4% in 2012 to 32.2% in 2017. The most frequently prescribed classes of antibiotics were 3rd generation cephalosporins (J01DD) (32.2 % in 2012 and 33.9% in 2017, respectively) followed by aminoglycosides (J01GB) (24 % in 2012, respectively 21.9% in 2017).

Conclusions. The percentage of patients receiving at least one antimicrobial at the time of the study is still at a high value. There is an increase in the proportion of patients receiving antimicrobials in the surgical wards. There were no changes regarding the main classes of antibiotics being used. The education of hospital staff, the use of guides, the multidisciplinary collaboration between infectious disease physicians, microbiologist and pharmacist are measures which must be implemented with the goal of improving prescription practices.

CO4 - MORTALITATEA ATRIBUIBILĂ INFECȚIILOR ASOCIATE ASISTENȚEI MEDICALE ÎNTR-O SECȚIE DE TERAPIE INTENSIVĂ MEDICALĂ

Amanda Rădulescu[1], Lucia Herbel[2], Adrian Dicea[2], Adriana Slavcovici[1]

1 – „Universitatea de Medicină și Farmacie, Cluj-Napoca

2 – Spitalul Clinic de Boli Infecțioase, Cluj-Napoca

Obiective. Este dificilă discriminarea dintre consecințele infecțiilor asociate asistenței medicale (IAAM) și manifestările bolilor preexistente la pacienți critici din secții de terapie intensivă (TI) medicală unde predomină vârstnicii. Scopul studiului a fost evaluarea asocierii dintre IAAM și mortalitate.

Metode. Am efectuat un studiu observațional retrospectiv în perioada 2014-2016 care a inclus toate cazurile consecutive internate cel puțin 7 zile în secția de TI a Spitalului Clinic de Boli Infecțioase, Cluj-Napoca. Am estimat mortalitatea atribuibilă (MA) asociată IAAM într-un studiu caz-martor. Analiza statistică s-a efectuat cu software statistic IBM SPSS versiunea 20.0.

Rezultate. Am inclus 351 pacienți, vârsta mediană 68 ani (IQR 58-77), durata spitalizării în TI (DS) 15 zile (IQR 11-24), număr similar de comorbidități decedați și supraviețuitori (>7, p-0.6). Rata brută a deceselor a fost 32,4% (114 cazuri); 129 pacienți au fost diagnosticați cu IAAM de gravitate variabilă, la aceștia mortalitatea a fost 44% (57) și MA de 18,5%. Riscul decesului s-a asociat cu vârsta peste 60 ani (OR 1.82, 2.25 95%CI 1.42-3.56), IAAM (OR 2.29, 95%CI 1.44-3.6), scorul APACHE II la internare >25 (OR 2.38 95%CI 1.58-3.71), agenți vasoactivi (OR 22.1 95%CI 12.39-39.46) și ventilația mecanică invazivă (OR 12.7 95%CI 7.24-22.28). În regresie logistică s-a identificat asociere semnificativă a decesului cu vârsta (OR 1.03 95%CI 1.012-1.058), ventilația mecanică (OR 2.4895%CI 1.68-3.65) și agenți vasoactivi (OR 3.94 95%CI 2.68-5.78). Mortalitatea atribuibilă populațională pentru cea mai importantă IAAM, pneumonia asociată ventilației mecanice cauzată de patogeni majori (Acinetobacter, Pseudomonas, Klebsiella spp.) a fost 30,8%. Nu s-a evidențiat creșterea mortalității cu DS mai mare de 14 sau 21 zile dar s-a asociat cu creșterea IAAM (OR 2.8 95%CI 1.8-4.5, OR 3.5 95%CI 2.2-5.6, p<0.0001).

Concluzie. IAAM din secțiile de TI au un important efect asupra mortalității. Prelungirea spitalizării se asociază cu creșterea riscului de apariție a IAAM.

Cuvinte cheie: mortalitatea atribuibilă, durata spitalizării, terapie intensivă.

OC4 - ESTIMATING ATTRIBUTABLE MORTALITY DUE TO HEALTHCARE ASSOCIATED INFECTIONS ACQUIRED IN A MEDICAL INTENSIVE CARE UNIT

Amanda Rădulescu[1], Lucia Herbel[2], Adrian Dicea[2], Adriana Slavcovici[1]

1 – „Iuliu Hațieganu“ University of Medicine and Pharmacy, Cluj-Napoca

2 – University Hospital of Infectious Diseases, Cluj-Napoca

Objective. It might be difficult to distinguish the consequences of healthcare associated infections (HAI) from manifestations of the underlying illnesses mainly in medical intensive care units (ICU). The aim of the study was to assess the association between ICU-acquired HAI and mortality.

Methods. We conducted a retrospective observational study from 2014 to 2016 including patients with severe infections admitted for at least 7 days in a medical intensive care unit (ICU) of the University Hospital of Infectious Diseases, Cluj-Napoca. An unmatched case-control study was performed to assess attributable mortality (AM) due to HAI. We used IBM SPSS version 20.0 for statistical analysis.

Results. We included 351 patients, median age 68 years (IQR 58 to 77), median length of stay (LOS) 15 days (IQR 11 to 24), similar number of comorbidities in deceased and survivors. The overall death rate was 32.4% (114); 129 patients were diagnosed with HAI of variable severity, crude death rate 44% and AM of 18.5%. The risk of death was associated with age over 60 years (OR 1.82, 2.25 95%CI 1.42 to 3.56), HAI (OR 2.29, 95%CI 1.44 to 3.6), APACHE II severity score at admission >25 (OR 2.38 95%CI 1.58-3.71), vasoactive agents (OR 22.1 95%CI 12.39-39.46) and mechanical ventilation (OR 12.7 95%CI 7.24-22.28). In logistic regression we found a positive association for the risk of death with age (OR 1.03 95%CI 1.012-1.058), mechanical ventilation (OR 2.4895%CI 1.68-3.65) and vasoactive agents (OR 3.94 95%CI 2.68-5.78). Population attributable fraction for the most important HAI, ventilator-associated pneumonia due to the major pathogens was 30.8%. No increased risk of death was associated with LOS in the ICU longer than 14 or 21 days but with increased risk of HAI (p<0.0001).

Conclusions. HAI acquired in ICU had an important effect on mortality. Prolonged LOS is associated with increased risk of HAI.

Key words. attributable mortality, length of stay, ICU.

CO5 - ÎNGRIJIREA INFECȚIILOR ASOCIATE ASISTENȚEI MEDICALE – ROLUL INFECȚIONISTULUI

Gabriel Adrian Popescu

Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș“ București

Infecțiile nosocomiale reprezintă o problemă majoră de siguranță a pacienților internați în spitalele de pretutindeni; ele au o severitate mai ridicată decât cea a infecțiilor comunitare întrucât afectează mai frecvent pacienți cu imunitate scăzută și sunt mai frecvent determinate de germeni multirezistenți la antibiotice. Incidența reală a acestora este imposibil de cunoscut în prezent în România, ele fiind evident subraportate (incidență de 15-20 de ori mai redusă decât media europeană); doar rezultatele studiului de prevalență de moment efectuat în 2012 oferă o imagine mai apropiată de ceea ce se întâmplă în mod real în spitalele noastre. Medicul infecționist poate contribui la îmbunătățirea managementului infecțiilor nosocomiale în privința diagnosticării, tratamentului dar și prevenirii acestora. Pentru a putea realiza acest rol, medicul infecționist trebuie să fie o prezență constantă în spitalele de diverse categorii/specialități; un rol major pe care îl poate îndeplini în mai bine decât colegii din alte specialități este cel de prescriere judicioasă a antibioticelor (antimicrobial stewardship), inclusiv coordonarea unui program dedicat acestei activități în spitale multidisciplinare.

OC5 – THE MANAGEMENT OF HEALTHCARE ASSOCIATED INFECTIONS AND INFECTIOUS DISEASES - PHYSICIANS' INVOLVEMENT

Gabriel Adrian Popescu
„Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy
„Prof. Dr. Matei Balș“ National Institute for Infectious Diseases

Worldwide, the healthcare-associated infections (HAI) are the major problem of patient safety. In HAI, the causative agents are more frequent (multi)resistant to antibiotics and the involved patients had often impaired immunity. The real incidence of HAI in Romania is still unknown, being largely underreported; only point prevalence studies (2012 and ongoing 2017 study) provided more realistic data from our hospitals. The Infectious Diseases physicians could participate to the improvement of the diagnosis, treatment and prevention of HAI. However, in order to fulfill their roles, Infectious Diseases consultants need to be a permanent presence in each hospital; one of their's major assets should be the better capacity to coordinate and to perform the antimicrobial stewardship activities in a general hospital.

CO6 – PROFILURI DE REZISTENȚĂ LA ANTIMICROBIENE A TULPINILOR DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE IZOLATE LA INBI „PROF. DR. MATEI BALȘ“ 2014-2016.

Olga Dorobăț[1], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Mihai[1], Alexandru Rafila[1,2]
1 – Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș“ București
2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

Obiectiv. Determinarea profilului de rezistență, a multirezistenței (MDR), rezistenței extinse (XDR) și a pan-rezistenței (PDR) la antimicrobiene a tulpinilor de Klebsiella pneumoniae izolate la INBI „Prof. dr. Matei Balș“.

Materiale și metode. Un număr total de 1033 tulpini de K. pneumoniae ne-duplicate au fost izolate din diverse produse patologice: 315 în 2014, 343 în 2015 și 375 în 2016. Testarea rezistenței la antimicrobiene a fost realizată cu Vitek2C, MicroScan, Sensititre și Etest. Rezultatele au fost interpretate conform ghidului EUCAST. Aprecierea tulpinilor ca MDR, XDR și PDR a fost realizată conform recomandărilor ECDC și CDC.

Rezultate. S-a înregistrat rezistență la ≥3 categorii de antibiotice la 181 (57,4%) tulpini în 2014, 221 (64,4%) în 2015 și 226 (60,2%) în 2016. Dintre acestea, tulpinile MDR au reprezentat 158 (50,1%) în 2014, 170 (49,5%) în 2015 și 169 (45,0%) în 2016. Tulpinile posibil XDR au reprezentat 23 (7,3%) în 2014, 49 (14,3%) în 2015 și 56 (14,9%) în 2016; cele posibil PDR au fost 2 (0,6%) în 2015 și 1 (0,2%) în 2016. A crescut incidența tulpinilor posibil XDR izolate din: urină de la 7,8% în 2014 la 12,8% în 2015 și 14,1% în 2016; sânge de la 3,2% (2014) la 5,7% (2015) și 17,0% (2016). Proporția tulpinilor producătoare de ESBL a fost de 44,4% în 2014, 51,6% în 2015 și 48,8% în 2016. Tulpinile producătoare de ESBL și carbapenemaze au variat de la 9,2% (2014) la 18,3% (2015) și 18,9% (2016). Incidența tulpinilor producătoare de carbapenemaze a fost foarte diferită în funcție de an și produsul patologic din care au fost izolate: 12,5% pentru urină, 31,7% sânge, 33,3% secreții din plagă, 31,0% izolate din tractul respirator inferior (2016), respectiv urină și sânge 9,6%, secreții din plagă 6,4%, secreții din tractul respirator inferior 5,5% (2014). Proporția MDR a variat în categoria ESBL non-producătoare de carbapenemaze între 21,8% și 24,7%.

Concluzii. Tulpinile ESBL producătoare de carbapenemaze au crescut semnificativ de la 9,2% (2014) la 18,9% (2016). Tulpinile posibil XDR izolate din sânge au crescut rapid de la 3,2% în 2014 la 17,0% în 2016.

OC6 – PATTERNS OF RESISTANCE TO ANTIMICROBIALS OF KLEBSIELLA PNEUMONIAE STRAINS ISOLATED IN NIID „PROF. DR. MATEI BALS“, 2014-2016

Olga Dorobăț[1], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Mihai[1], Alexandru Rafila[1,2]
1 - National Institute for Infectious Diseases „Prof. Dr. Matei Balș“ Bucharest
2 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy Bucharest

Objectives. To determine antibiotic resistance profiles, multidrug-resistance(MDR), extensively drug-resistance (XDR) and pan-drug resistance (PDR) of Klebsiella pneumoniae strains isolated in NIID „Prof. Dr. Matei Balș“.

Materials and methods. A total of 1033 non-duplicated K. pneumoniae strains were isolated from various types of clinical samples: 315 in 2014, 343 in 2015 and 375 in 2016. Antimicrobial susceptibility testing was carried out with Vitek2C, MicroScan, Sensititre and Etest. Results were interpreted according to EUCAST guidelines. Appreciation as MDR, XDR and PDR was done according to the ECDC and CDC recommendations.

Results. Resistance to ≥ 3 antimicrobial categories was registred for 181 (57.4%) strains in 2014, 221 (64.4%) in 2015 and 226 (60.2%) in 2016. From these, MDR represented 158 strains (50.1%) in 2014, 170 (49.5%) in 2015 and 169 (45.0%) in 2016. Possible XDR isolated strains were 23 (7.3%) in 2014, 49 (14.3%) in 2015 and 56 (14.9%) in 2016; possible PDR 2 (0.6%) in 2015 and 1 (0.2%) in 2016. An increase in the incidence of possible XDR strains in certains samples was noticed: urine from 7.8% in 2014 to 12.8% in 2015 and 14.1% in 2016; blood from 3.2% (2014) to 5.7% (2015) and 17.0% (2016). Proportion of strains producing ESBL was 44.4% in 2014, 51.6% in 2015 and 48.8% in 2016. ESBL and carbapenemase producing strains varied from 9.2% (2014) to 18.3% (2015) and 18.9% (2016). The incidence of carbapenemase-producing strains largely varied upon year and type of clinical samples: 12.5% for urine, 31.7% for blood, 33.3% for wounds, 31.0% for lower respiratory samples (2016), respectively urine and blood 9.6%, for wounds 6.4%, 5.5% for lower respiratory samples (2014). Among ESBL and carbapenemase non-producing strains, MDR varied between 21.8% and 24.7% .

Conclusions. ESBL and carbapenemase-producing strains significantly increased from 9.2% in 2014 to 18.9% in 2016. Possible XDR strains isolated from blood have rapid increased from 3.2% in 2014 to 17.0% in 2016.

CO7 – MALDI-TOF ȘI REZISTENȚA LA CARBAPENEMI

Mirela Flonta, Ariana Almaș, Cătălina Hăpăianu, Lavinia Rad

Spitalul Clinic de Boli Infecțioase Cluj-Napoca

Rezistența la antibiotice a bacteriilor este o amenințare importantă pentru medicina modernă. Rolul laboratorului de microbiologie este identificarea și detecția mecanismelor de rezistență specifice. Rezistența la carbapenemi și multidrog rezistența în cazul Enterobacteriilor reprezintă astăzi o provocare în spitale. Diagnosticul rapid este necesar pentru a avea informații pentru terapia antimicrobiană și aplicarea măsurilor de control ale infecțiilor.

Detecția rapidă a beta-lactamazelor cu importanță clinică în cadrul laboratoarelor de diagnostic de rutină este crucială pentru o terapie antibiotică corectă.

În cursul ultimilor ani au fost dezvoltate diverse metode specifice pentru detecția carbapenemazelor. Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF) a fost introdus recent în laboratoarele de microbiologie. Dincolo de utilizarea pentru identificarea bacteriilor și fungilor această tehnică poate fi folosită pentru detecția rezistenței la antibiotice atât în cazul bacteriilor Gram pozitive cât și pentru Gram negativi.

Pentru a analiza activitatea carbapenemazelor am incubat bacteriile cu un carbapenem. Bacteriile rezistente la acest carbapenem îl vor hidroliza iar hidroliza poate fi măsurată prin spectrometrie de masă.

În cazul culturilor unde nu este prezentă carbapenemaza vom avea un peak corespunzător antibioticului intact, iar în cazul culturilor unde avem carbapenemaze se pot observa peak-uri corespunzătoare produsului de hidroliză al antibioticului. Raportul între metabolit și antibioticul intact indică prezența sau absența carbapenemazei.

Metoda pe care am validat-o poate să confirme în interval de o oră prezența carbapenemazei și să ofere astfel informații pentru terapie și o intervenție rapidă în limitarea răspândirii bacteriilor producătoare de carbapenemaze.

Cuvinte cheie. Rezistență, carbapenemaze, MALDI-TOF.

OC7 – MALDI-TOF AND CARBAPENEM RESISTANCE

Mirela Flonta, Ariana Almaș, Cătălina Hăpăianu, Rad Lavinia

Infectious Diseases Clinical Hospital Cluj-Napoca

Antibiotic resistance in bacteria is an important threat to modern medicine. The role of the microbiology lab is the identification and detection of specific resistance mechanisms in bacteria. Carbapenem and multidrug resistance in Enterobacteriaceae represent a challenge in hospitals nowadays. Rapid diagnostic tests are necessary to provide immediate information for antimicrobial treatment and infection control measures.

The rapid detection of clinically important beta-lactamases (e.g. carbapenemases) in routine diagnostic laboratories is crucial for initial antibiotic therapy for patients.

During the last years, several specific methods for detection of carbapenemase-producing bacteria were developed. Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) has been recently introduced in microbiology laboratories. Besides the identification of bacteria and fungi, this technique can be used for the detection of antimicrobial resistance, in both Gram-positive and Gram-negative bacteria.

To analyze carbapenemase activity, we incubated bacteria with a carbapenem. Bacteria resistant to this carbapenem is able to hydrolyze the antibiotic. This hydrolyzation can be measured using mass spectrometry.

In cultures where no β-lactamase activity is present, peaks corresponding to the intact antibiotic will be present in the mass spectrum. In cultures where β-lactamase activity is present, peaks corresponding to hydrolyzation products of the antibiotic will also be seen. The ratio of hydrolyzed to intact antibiotic indicates the presence of carbapenemases activity.

The method we validated is able to confirm carbapenemases within 1 hour and is important to provide information for the therapy and fast intervention to limit the spread of carbapenemase-producing bacteria.

Key words. Resistance, carbapenemases, MALDI-TOF.

CO8 – IDENTIFICAREA FENOTIPICĂ ȘI MOLECULARĂ A ENTERO-BACTERIA-CEAELOR PRODUCĂTOARE DE CARBAPENEMAZE – PROVOCĂRI ÎN DIAGNOSTIC ȘI TRATAMENT

Annamária Főldes[1], Doina-Veronica Bilca[2], Lavinia Pop-Muntean[3], Edit Székely[2,4]

1 – Departamenul de Microbiologie, Laboratorul de Analize Medicale, Spitalul Județean de Urgență „Dr. Constantin Opriș“ Baia Mare;

2 – Departamenul de Microbiologie, Laboratorul Clinic Central, Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu-Mureș;

3 – Departamentul de Hematologie, Spitalul Județean de Urgență „Dr. Constantin Opriș“ Baia Mare;

4 – Departamenul de Microbiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie Târgu-Mureș

Introducere. Infecțiile cauzate de Enterobacteriaceae producătoare de carbapenemaze (CPE) reprezintă o amenințare emergentă a sănătății publice globale. Evaluarea retrospectivă a caracteristicilor fenotipice și moleculare ale tulpinilor CPE este importantă pentru optimizarea diagnosticului, tratamentului și implementarea rapidă a procedurilor de control al infecțiilor intraspitalicești.

Material și metode. În perioada 01.01. - 01.07.2017 în Departamentul de Microbiologie din Spitalul Județean de Urgență „Dr. Constatin Opriș“ Baia Mare s-au izolat 1110 tulpini de Enterobacteriaceae din secreții bronșice, urini, plăgi și hemoculturi. Identificarea bacteriană și testarea susceptibilității la antibiotice s-au efectuat prin metode convenționale, Vitek 2 Compact și stripuri M.I.C.E. Screening-ul pentru CPE s-a realizat prin metoda difuzimetrică EUCAST 2017. Testul Hodge modificat (MHT), metoda de inactivare a carbapenemelor modificată (mCIM) și testul discurilor combinate (KPC, MBL, OXA-48 Confirm kit, Rosco Diagnostica) au fost utilizate pentru confirmare fenotipică, iar confirmarea genetică prin multiplex-PCR (genele blaKPC, blaNDM și blaOXA-48).

Rezultate. 19 tulpini non-duplicat de Enterobacteriaceae izolate de la 16 pacienți au fost identificate ca fiind CPE: Klebsiella pneumoniae (n=14), Providencia stuartii (n=2), Escherichia coli (n=2) și Serratia marcescens (n=1). Cele mai multe tulpini au provenit din secreții bronșice (n=9). Carbapenemazele detectate prin testul discurilor combinate au fost: KPC (n=9), OXA-48-like (n=5) și MBL (n=5). Confirmarea moleculară s-a realizat la 18 izolate pozitive fenotipic cu 100% rezultate concordante cu mCIM și testul discurilor combinate. Rezultate discordante ale MHT s-au obținut la 4 tulpini NDM confirmate prin PCR. Toate tulpinile CPE au fost rezistente la cefalosporinele din generațiile 3 și 4. Am detectat 3 tulpini din 9 testate de K. pneumoniae cu rezistență la colistin.

Concluzii. Cea mai frecventă carbapenemază detectată a fost KPC. Opțiunile terapeutice au fost limitate în toate cazurile. Detecția rapidă și sigură a CPE este de importanța majoră pentru prevenirea răspândirii acestor patogeni.

Cuvinte cheie. Carbapenemaze, Enterobacteriaceae, rezistență la carbapeneme.

OC8 – PHENOTYPIC AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF CARBAPENE-MASE-PRODUCING ENTEROBACTERIACEAE – CHALLENGES IN DIAGNOSIS AND TREATMENT

Annamária Főldes[1], Doina-Veronica Bilca[2], Lavinia Pop-Muntean[3], Edit Székely[2,4]

1 – Department of Microbiology, Laboratory of Medical Analysis, „Dr. Constantin Opriș“ County Emergency Hospital Baia Mare,

2 – Department of Microbiology, Central Clinical Laboratory, Târgu-Mureș County Emergency Hospital Clinics

3 – Department of Haematology, „Dr. Constantin Opriș“ County Emergency Hospital Baia Mare;

4 – Department of Microbiology, University of Medicine and Pharmacy Târgu-Mureș

Introduction. Infections due to carbapenemase-producing carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CP-CRE) are an emerging global public health threat. Retrospective evaluation of phenotypic and molecular features of CP-CRE strains is crucial for the optimisation of the diagnosis, treatment and rapid implementation of hospital infection control procedures.

Material and methods. Between 1st of January – 1st of July 2017, in the Department of Microbiology, „Dr. Constatin Opriș“ County Emergency Hospital Baia Mare, 1110 strains of Enterobacteriaceae were isolated from bronchial secretions, urine, wounds and blood cultures. Bacterial identification and antimicrobial susceptibility tests were perfomed by conventional methods, Vitek 2 Compact and M.I.C.E. strips. Screening for CP-CRE was performed by disk-diffusion methods according to EUCAST 2017. The modified Hodge test (MHT), the modified carbapenem inactivation method (mCIM) and the combination disks test (KPC, MBL, OXA-48 Confirm kit, Rosco Diagnostica) were used for phenotypic confirmation, whereas a multiplex PCR assay for genes blaKPC, blaNDM and blaOXA-48 was used for genetic confirmation.

Results. 19 non-duplicate strains from 16 patients were phenotypically identified as CP-CRE: Klebsiella pneumoniae (n=14), Providencia stuartii (n=2), Escherichia coli (n=2) and Serratia marcescens (n=1). Most strains were isolated from bronchial secretions (n=9). The carbapenem-hydrolizing enzymes were identified by the combination disks test as: KPC (n=9), OXA-48-like (n=5) and MBL (n=5). Molecular confirmation was performed in 18 phenotypically positive isolates with 100% concordant results with mCIM and combination disks test. Discrepant results were noticed with the MHT in case of 4 NDM producing strains confirmed by PCR. All carbapenemase-positive strains were resistant to 3rd and 4th generation cephalosporins. Three out of 9 K. pneumoniae strains tested against colistin were found resistant.

Conclusions. The most common carbapenemase detected was KPC. Therapeutic options were limited in all positive cases. Rapid and reliable detection of CP-CRE is critical for preventing the spread of these pathogens.

Keywords. Carbapenemases, Enterobacteriaceae, carbapenem resistance.

CO9 – EMERGENȚA MULTIREZISTENȚEI BACTERIENE ÎN RÂNDUL BACILILOR GRAM NEGATIVI IZOLAȚI ÎN SECȚII CU RISC: ACTUALITĂȚI ȘI PERSPECTIVE

Monica Licker[1,2], Maria Rus[1,2], Alina Tămaș[2], Natalia Cîrlea[2], Elena Tănase[2], Florin Horhat[1], Corina Georgescu[2], Ovidiu Bedreag[1,2], Delia Muntean[1,2], Luminița Băditoiu[1]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș“ Timișoara

2 – Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brînzeu“ Timișoara

Obiectiv. Studiul de față își propune să evidențieze prevalența crescută a bacililor Gram negativi (BGN) multirezistenți (MDR) și a principalelor pattern-uri locale de rezistență din secții de terapie intensivă (TI) și cu profil chirurgical ale Spitalului Clinic Județean de Urgență „Pius Brînzeu“ din Timișoara.

Material și metodă. Studiul a fost efectuat în perioada ianuarie-septembrie 2017. S-au luat în considerare toate probele pozitive, din care s-au izolat BGN-MDR. Identificarea tulpinilor și testarea sensibilității germenilor s-a realizat pe carduri Vitek 2C (bio-Mérieux, Marcy-L'Etoile, France). Citirea interpretativă a antibiogramelor și încadrarea în fenotipuri de rezistență s-au realizat conform CLSI. Confirmarea genotipică a unora dintre tulpinile carbapenem-rezistente s-a efectuat pe sistemul GeneXpert.

Rezultate. Din numărul total de 3250 germeni izolați, 2251 (69,26%) au fost reprezentați de BGN, dintre care 543 (24,12%) au fost tulpini MDR, care au cumulat peste 3 mecanisme de rezistență dobândită la antimicrobiene. Cele mai frecvent izolate tulpini MDR au fost cele de Klebsiella spp. în uroculturi (40,47%) și culturi de vârf de cateter (34%) și de Acinetobacter baumannii în aspiratele bronșice (43,51%), hemoculturi (38,88%) și secreții de plagă (38,65%). Remarcăm de asemenea, izolarea tot mai frecventă a unor tulpini extensiv rezistente de Providencia stuartii (din aspiratele bronșice, secreții de plagă, hemoculturi și culturi de vârf de cateter), precum și a unei serii de 4 tulpini extensiv rezistente de Myroides odoratimimus din uroculturi. Din totalul tulpinilor încadrate în categoria MDR, 484 (89,13%) au prezentat rezistență fenotipică la carbapeneme. La 11 dintre ele a fost identificată enzima care hidrolizează carbapenemele: tip NDM (n=6), OXA-48 (n=3), OXA-48 +NDM (n=1), OXA-48 + NDM +VIM (n=1).

Concluzii. Emergența alarmantă a BGN-MDR din secțiile studiate impune up-datarea și eficientizarea continuă a terapiei empirice, dar și a celei țintite, adaptate microorganismului identificat.

OC9 – EMERGENCE OF MULTIDRUG RESISTANCE AMONG GRAM NEGATIVE BACILLI FROM RISK DEPARTMENTS: ACTUALITIES AND PERSPECTIVES

Monica Licker[1,2], Maria Rus[1,2], Alina Tămaș[2], Natalia Cîrlea[2], Elena Tănase[2], Florin Horhat[1], Corina Georgescu[2], Ovidiu Bedreag[1,2], Delia Muntean[1,2], Luminița Băditoiu[1]

1 – „Victor Babeș“ University of Medicine and Pharmacy Timișoara

2 – „Pius Brînzeu“ County Emergency Clinical Hospital Timișoara

Aim. This study aims to highlight the increased prevalence of multidrug resistant (MDR) Gram negative bacilli (GNB) and the main local resistance patterns from the intensive care unit (ICU) and surgical departments of the „Pius Brînzeu“ County Emergency Clinical Hospital in Timișoara.

Material and method. The study was conducted between January and September 2017. All the positive samples with MDR-GNB were considered. Bacterial identification and antimicrobial sensitivity tests were performed using the Vitek 2 automated system (bio-Mérieux, Marcy-L'Etoile, France). Susceptibility categories have been identified according to the CLSI breakpoints. Genotypic confirmation of some of the carbapenem-non-susceptible strains was performed on the GeneXpert system.

Results. Of the total 3250 isolates, 2251 (69.26%) have been represented by GNB, of which 543 (24.12%) were MDR strains, which combined over 3 mechanisms of acquired resistance. The most frequently isolated MDR strains were Klebsiella spp. in urine cultures (40.47%) and catheter tip cultures (34%) and Acinetobacter baumannii in bronchial aspirates (43.51%), blood cultures (38.88%) and wound secretions (38.65%). We also noticed the more frequent isolation of highly resistant Providencia stuarti strains (from bronchial aspiration, wound secretions, blood cultures and catheter tips) as well as a series of 4 extensively resistant Myroides odoratimimus strains from urine cultures. Of the MDR category, 484 (89.13%) showed phenotypic resistance to carbapenems. In 11 of these, the carbapenem-hydrolizing enzyme has been identified: NDM type (n = 6), OXA-48 (n = 3), OXA-48 + NDM (n = 1), OXA-48 + NDM +VIM (n=1).

Conclusions. The alarming emergence of MDR-GNB in the studied departments requires the up-dating and the continuous improvement of the empirical and targeted therapy adapted to the identified microorganism.

CO10 - CARACTERIZAREA ANTIGENICĂ ȘI GENETICĂ A TULPINILOR DE VIRUS GRIPAL CIRCULANTE ÎN ROMÂNIA, ÎN SEZONUL 2016/17

Alina-Elena Ivanciuc[1,2], Mihaela Lazăr[1], Carmen-Maria Cherciu[1], Maria-Elena Mihai[1], Cristina Țecu[1], Daniela Pițigoi[1,3], Teodora Vremeră[4], Dana Brehar-Cioflec[5], Rodica Popescu[6], Odette Popovici[6], Emilia Lupulescu[1]

1 – Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino“

2 – Facultatea de Biologie, Universitatea București

3 – Facultatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“

4 – Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Regional de Sănătate Publică Iași, U.M.F. „Grigore T. Popa“ Iași, Disciplina Microbiologie

5 – Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Regional de Sănătate Publică Timișoara

6 – Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Național de Supraveghere și Control al Bolilor Transmisibile

Introducere. În România, debutul sezonului gripal 2016-2017 s-a înregistrat în săptămâna 01/2017, probe pozitive au fost detectate încă din săptămâna 45/2016. Virusul gripal A(H3N2) a fost dominant de la începutul sezonului și a fost detectat la 81.9% din cazurile ILI/SARI investigate. Virusul gripal tip B a fost detectat la 17.7 % din cazuri și a predominat începând cu săptămâna 07/2017.

Obiectiv. Scopul studiului a fost analiza antigenică și filogenetică a tulpinilor reprezentative de virus gripal circulante în Romania, în sezonul 2016/17, precum și identificarea variațiilor minore, comparativ cu tulpinile de referință.

Metode. Izolarea virusurilor gripale a fost facută pe MDCK/ MDCK SIAT1. Multiplicarea virală a fost evidențiată prin hemaglutinare, RT-PCR sau testarea activității neuraminidazice. Genele HA au fost analizate prin tehnica clasică de secvențiere.

Rezultate. Un număr de 70 tulpini au fost izolate în cultură celulară: 62 (88,6%) A(H3N2), 6 tip B similare antigenic cu B/Brisbane/60/08 și 2 A(H1N1)pdm09 similare antigenic cu A/California/7/2009. Multiplicarea tulpinilor A(H3N2) a fost evidențiată prin HI doar la 4 tulpini similare antigenic cu A/HK/4801/2014. Toate virusurile caracterizate au fost asemănătoare cu tulpinile vaccinale. Multiplicarea virală la 58 izolate A(H3N2) a fost pusă în evidență prin teste complementare iar tulpinile au fost încadrate ca H3 necaracterizat.

Gena completă a hemaglutininei a fost secvențiată la 66 probe biologice și izolate. Un număr de 62 probe A(H3N2) au aparținut cladei genetice 3C.2a (A/HK/4801/2014) și subgrupului genetic 3C.2a1 (A/Bolzano/7/2016). Cele 3 tulpini tip B secvențiate au fost încadrate în grupul genetic 1A (B/Brisbane/60/2008). Secvența A(H1N1)pdm09 a fost încadrată în subgupul 6B.1 (A/Slovenia/2903/2015).

Concluzii. Provocările la care am fost supuși în caracterizarea antigenică a virusurilor gripale sugerează necesitatea introducerii unei alte metode pe lângă testul HI. Caracterizarea antigenică și genetică reprezintă o sarcină fundamentală a centrelor de referință deoarece contribuie la stabilirea formulei vaccinului gripal și la elaborarea măsurilor preventive.

OC10 – ANTIGENIC AND GENETIC CHARACTERIZATION OF INFLUENZA VIRUSES CIRCULATING IN ROMANIA IN 2016/17 SEASON

Alina-Elena Ivanciuc[1,2], Mihaela Lazăr[1], Carmen-Maria Cherciu[1], Maria-Elena Mihai[1], Cristina Țecu[1], Daniela Pițigoi[1,3], Teodora Vremeră[4], Dana Brehar-Cioflec[5], Rodica Popescu[6], Odette Popovici[6], Emilia Lupulescu[1]

1 – National Institute for Research „Cantacuzino“

2 – Faculty of Biology, Bucharest University

3 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy

4 – National Institute for Public Health – Regional Centre for Public Health Iași, „Grigore T. Popa“ Faculty of Medicine and Pharmacy, Department of Microbiology

5 – National Institute for Public Health – Regional Centre for Public Health Timișoara

6 – National Institute for Public Health – National Centre for Prevention and Control of Communicable Diseases

Background. In Romania, the 2016-2017 influenza activity started in week 01/2017, positive cases were detected since week 45/2016. Influenza virus A(H3N2) was dominant for the beginning of the season and was detected in 81.9% ILI/SARI cases investigated. Influenza virus type B was detected in 17.7% cases and was dominant starting with week 07/2017.

Objective. The aim of the study was the antigenic and phylogenetic analysis of representative influenza strains that circulated in 2016/17 season, as well as the identification of minor variations when compared with reference strains.

Methods. Isolation was performed on MDCK /MDCK SIAT1. The multiplied virus was revealed by hemagglutination, RT-PCR or neuraminidase activity testing. HA genes were examined by traditional sequencing technique.

Results. A total of 70 strains were isolated on tissue culture: 62 (88.6%) A(H3N2) strains, 6 type B strains antigenically similar to B/Brisbane/60/08 and 2 A(H1N1)pdm09 strains antigenically similar to A/California/7/2009. Only 4 A(H3N2) viruses were antigenically characterize by HI assay, similar to A/HK/4810/2014. All characterized viruses were similar to the vaccine strains. The remaining 58 A(H3N2) stains were reported as H3 uncharacterized and the viral multiplication was shown by other tests.

Full hemagglutinin gene was sequenced from 66 original specimens and isolates. A total number of 62 A(H3N2) sequences belonged to genetic clade 3C.2a (A/HK/4801/2014) and genetic subgroup 3C.2a1 (A/Bolzano/7/2016). The 3 type B sequences fell into genetic group 1A (B/Brisbane/60/2008). The A(H1N1)pdm09 sequence belonged to subgroup 6B.1 (A/Slovenia/2903/2015).

Conclusions. Challenges experienced in the antigenic characterization of influenza viruses suggest the need to introduce a new characterization assay beside the HI test. Antigenic and genetic characterization represents a fundamental task of reference centers in their contribution to develop seasonal vaccines and elaborate preventive measures.

CO11 – CIRCULAȚIA VIRUSURILOR GRIPALE ÎN SEZONUL 2016-2017 ÎN ZONA DE NORD-EST A ROMÂNIEI

Cătălina Luncă[1,2], Teodora Vremeră[1,2], Luminița Manuela Minea[2], Angela Romaniuc[2], Luminița Smaranda Iancu[1,2]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa" – Iași, Disciplina Microbiologie

2 – Institutul Național de Sănătate Publică – Centrul Regional de Sănătate Publică Iași

Introducere. Monitorizarea circulației virusurilor gripale permite instituirea măsurilor adecvate de profilaxie și tratament ale infecțiilor respiratorii.
Obiective. Caracterizarea moleculară a tulpinilor de virus gripal (tip și subtip) circulante în zona de nord-est a României în scopul supravegherii epidemiologice la nivel național și european.
Material și metodă. Am inclus în studiu 138 de probe (136 exsudate nazale și faringiene și 2 aspirate traheo-bronșice), recoltate în perioada octombrie 2016 - mai 2017, provenind de la pacienți diagnosticați cu infecții respiratorii acute (ARI) sau infecții respiratorii acute severe (SARI) din județele Iași, Bacău, Galați, Botoșani, Vaslui, Neamț, Vrancea și Suceava. În scopul detecției moleculare a virusurilor gripale până la nivel de subtip am utilizat o tehnică multiplex qRT-PCR in house cu sonde TaqMan.
Rezultate. Analiza probelor a arătat predominanța circulației virusului gripal A, subtip H3 (31 probe pozitive din 138, respectiv 22,46%), în timp ce doar 4 probe (2,89%) au fost pozitive pentru virusul gripal B. Frecvența cea mai mare a cazurilor investigate (40), precum și a celor pozitive (22) a fost înregistrată în luna ianuarie. Majoritatea cazurilor de la care s-au prelevat probe pozitive au aparținut sexului masculin (20/35) și au provenit din județul Iași (26/35). Un sfert dintre cazurile pozitive (8/35) au fost diagnosticate cu SARI, iar 10 cazuri au asociat boli cronice. Vaccinarea antigripală sezonieră nu a fost efectuată la niciunul dintre cazurile pozitive. Doar șase pacienți au primit proflaxie cu oseltamivir la internare.
Concluzii. Datele obținute au arătat căîn sezonul 2016-2017, în zona de nord-est a României, circulația virusurilor gripale a fost dominatăde virusul gripal A subtip H3, profil diferit de cel din sezonul anterior caracterizat prin circulația virusului gripal A subtip H1. Rezultatele noastre sunt concordante cu datele obținute la nivel național și european.

OC11 - CIRCULATION OF INFLUENZA VIRUSES DURING THE 2016-2017 SEASON IN NORTH-EAST OF ROMANIA

Cătălina Luncă[1,2], Teodora Vremeră[1,2], Luminița Manuela Minea[2], Angela Romaniuc[2], Luminița Smaranda Iancu[1,2]

1 – „Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy Iași, Discipline Microbiology

2 – National Institute of Public Health - Regional Center of Public Health Iași

Introduction. Monitoring of influenza viruses circulation allows for appropriate measures for the prophylaxis and treatment of respiratory infections.
Objectives. Molecular characterization of influenza virus strains (type and subtype) circulating in the northeast of Romania for the purpose of epidemiological surveillance at national and European level.
Material and method. We included in our study 138 samples (136 nasal and pharyngeal exudates and 2 tracheo-bronchial aspirates) collected between October 2016 and May 2017 from patients diagnosed with acute respiratory infections (ARI) or severe acute respiratory infections (SARI) in the Counties of Iași, Bacău, Galați, Botoșani, Vaslui, Neamț, Vrancea and Suceava. For the purpose of molecular detection of influenza viruses' type and subtypes, we have applied a multiplex qRT-PCR technique using TaqMan probes.
Results. Sample analysis showed the prevalence of influenza A virus, subtype H3 (31 positive samples from 138 and 22.46% respectively), while only 4 samples (2.89%) were positive for influenza B. The highest frequency of investigated (40) and positive cases (22) was recorded in January. Most positive cases originated from Iași County (26/35) and were collected from male patients (20/35). A quarter of the positive cases (8/35) were diagnosed with SARI, and 10 cases were associated with chronic disease. None of the positive cases had received vaccination against seasonal influenza. Only six patients received prophylaxis with oseltamivir at hospital admission.
Conclusions. The data obtained showed that in the 2016-2017 season, the influenza virus circulation in our region was dominated by influenza A subtype H3, a profile different from the previous season characterized by the circulation of influenza A subtype H1. Our results are in line with national and European data.

CO12 – IMPORTANȚA SUPRAVEGHERII INFECȚIILOR VIRALE DATORATE VIRUSURILOR RESPIRATORII NON-GRIPALE

Cristina Țecu[1], Maria-Elena Mihai[1], Mihaela Lazăr[1], Carmen-Maria Cherciu[1], Alina-Elena Ivanciuc[1], Carmen Zapucioiu[2], Alexis Cochino[3], Tatiana Ciomîrtan[3]

1 – Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino"

2 – SCUC „Grigore Alexandrescu"

3 – INSMC „Alfred Rusescu"

Obiective. Demonstrarea importanței supravegherii infecțiilor datorate virusurilor respiratorii non-gripale, unele dintre ele cauzând forme grave de boală respiratorie acută și chiar decesul pacienților. Demonstrarea importanței diagnosticului molecular al acestor infecții.

Materiale și metode. Probele prelevate de la pacienți (copii sub 7 ani și adulți peste 50 ani) au fost exsudate nazale, faringiene, nazo-faringiene , aspirate traheo-bronșice și fragmente de plămâni de la decedați. Metodele folosite pentru detecția acestor virusuri au fost: Duplex Reverse Transciption Polymerase Chain Reaction (RT-PCR), Multiplex RT-PCR, Real –time PCR și Secvențierea Sanger.

Rezultate. S-au analizat cu predilecție cazurile internate în Secțiile de Terapie Intensivă, precum și detecția virusurilor non-gripale la decedați și s-au observant următoarele: în urma studiilor de cercetare efectuate între anii 2008-2017, s-a semnalat faptul ca Rhinovirusul poate determina pneumonii și bronșiolite și mai rar o simplă răceală: există posibilitatea de deces la copii datorită Virusului Paragripal1, iar la adulți apariția de forme grave de insuficiență respiratorie acută determinate de Virusurile Paragripal1 sau Paragripal 3; apariția de forme grave de insuficiență respiratorie acută asociată cu encefalita demielinizantă ce se pot datora Adenovirusului. Însă ce este mai important sunt formele grave de bronșiolite și pneumonii datorate Virusului Respirator Sincițial (în 2015 - un deces la un copil de 2,9 ani, în sezonul 2015-2016 - 3 decese, iar în sezonul 2016-2017 - un deces la un adult de 75 ani).

Concluzii. Forme grave de insuficiență respiratorie acută pot apărea atât la copii cât și la adulți datorate virusurilor respiratorii non-gripale. Rhinovirusul nu este un „banal" virus, provocând în mare parte pneumonii, cât și bronșiolite în special la copii. Prezența VRS este majoritară la copiii sub 2 ani ducând la infecții grave și deces, iar la mulți dintre ei evoluând în timp la astm bronsic.

OC12 – THE IMPORTANCE OF MONITORING VIRAL INFECTIONS DUE TO NON-INFLUENZA RESPIRATORY VIRUSES

Cristina Țecu[1], Maria-Elena Mihai[1], Mihaela Lazăr[1], Carmen-Maria Cherciu[1], Alina-Elena Ivanciuc[1], Carmen Zapucioiu[2], Alexis Cochino[3], Tatiana Ciomîrtan[3]

1 – Cantacuzino National Research Institute

2 – „Grigore Alexandrescu" Children Emergency Clinical Hospital

3 – „Alfred Rusescu" National Institute for Mother and Child Health

Objectives. Demonstration of the importance of surveillance of infections due to non-influenza respiratory viruses, some of which causing serious forms of acute respiratory disease and even death of patients. Demonstration of the importance of the molecular diagnosis of these infections.

Materials and methods. Samples taken from patients (children under 7 years and adults over 50 years of age) were exudates nasal, pharyngeal, nasopharyngeal, tracheo-bronchial aspirates and fragments of lungs from the deceased.

Methods used to detect these viruses were: Duplex Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR), Multiplex RT-PCR, Real-Time PCR and Sanger Sequencing.

Results. In particular, cases of inpatients in Intensive Care Units, as well as detection of non-influenza viruses in deceased patients, were observed, and the research studies conducted to the following results: between 2008-2017, it was reported that Rhinovirus can cause pneumonia and bronchiolitis, and rarely a simple cold: there is the possibility of death in children due to Parainfluenza Virus1, and in adults the appearance of severe forms of acute respiratory failure caused by Parainfluenza 1 or Parainfluenza 3 Viruses; the occurrence of severe forms of acute respiratory failure associated with demyelinating encephalitis due to Adenovirus. But what is more important is the severe bronchiolitis and pneumonia due to Respiratory Syncytial Virus (2015 - a death in a child of 2.9 years, 2015-2016 - 3 deaths, and 2016 -2017 - a death in a adult of 75 years old).

Conclusions. Serious forms of acute respiratory failure can occur in both children and adults due to non-influenza respiratory viruses. Rhinovirus is not a „common" virus, causing mainly pneumonia and bronchiolitis, especially in children. The presence of RSV is the majority in children under 2 years of age leading to serious infections and death, and many of them progressing over time to asthma.

CO13 – ANALIZA SITUAȚIEI EPIDEMIOLOGICE A INFECȚIEI CU VIRUS WEST NILE, ROMÂNIA SEZON 2016 ȘI 2017

Anca Sîrbu[1], Alina Zaharia[1], Cornelia Ceianu[2], Ani Ioana Cotar[2], Romana Rebreanu[3], Ionel Iosif[1]

1 – Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Național de Supraveghere și Control al Bolilor Transmisibile

2 – Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino" - Laboratorul de Infecții Transmise prin Vectori

3 – Institutul Național de Sănătate Publică - Laboratorul Centrului Regional de Sănătate Publică Cluj

Introducere. România are o lungă experiență privind infecția cu virus West Nile (WNv): în 1996 s-a înregistrat cea mai mare epidemie de neuroinfecție cu WNv din Europa, iar în 2010 o altă epidemie de mai mici dimensiuni care a cuprins și alte arii geografice decât cele cunoscute a fi afectate până atunci. În perioadele interepidemice s-au înregistrat cazuri sporadice. În ultimii doi ani s-a constatat o creștere a numărului de cazuri de infecție neuroinvazivă și totodată o creștere a numărului de decese de această cauză.

Obiective. Prezentarea situației epidemiologice a infecției cu WNv la om în ultimele două sezoane cu scopul de a informa și a atrage atenția specialiștilor în sănătatea publică privind necesitatea aplicării măsurilor de prevenire a îmbolnăvirii la om și totodată a aplicării susținute a măsurilor de control a populației de țânțari de către autoritățile responsabile.

Material și metodă. Analiza descriptivă a cazurilor de neuroinfecție cu WNv înregistrate în sezoanele 2016 și 2017, precum și analiza multivariată a posibilelor cauze ale deceselor înregistrate în această perioadă, utilizând programul SPSS.

Rezultate. În sezoanele 2016-2017 s-au înregistrat 155 de cazuri de neuroinfecție WNv (93 în 2016 și 62 în 2017) dintre care 31 au decedat. Vârsta medie a cazurilor a fost 62,2 ani, distribuția pe genuri este aproximativ egală (F/M= 0,9) ca dealtfel și distribuția pe medii de proveniență (U/R=1,2). Distribuția geografică a cazurilor a arătat că majoritatea cazurilor s-au înregistrat în zona de sud, sud-est și est a țării cunoscută a fi endemică, dar și în zona nordică și centrală a țării, județul Satu Mare (în 2016) și Hunedoara (în 2017) fiind zone nou afectate. Majoritatea deceselor s-au înregistrat în București (11). Exceptând un caz, toate celelalte cazuri decedate au avut cel puțin o boală asociată. S-a constatat că vârsta înaintată și prezența bolilor asociate sunt factori de risc pentru deces. De asemenea bolile cardiovasculare și neoplasmul au o pondere semnificativă în determinarea decesului. Rezultatele obținute în urma utilizării metodelor moleculare pentru diagnosticul infecției cu WNv indică pătrunderea unei tulpini de WNv din linia genetică 2, care nu a mai fost anterior semnalată în țara noastră, dar și circulația concomitentă a tulpinii din linia genetică 2 Volgograd 2007, tulpină semnalată pentru prima dată în cursul epidemiei din 2010 și ulterior, până în 2013.

Concluzii. Vârsta înaintată (>65 ani) și prezența bolilor asociate sunt factori de risc pentru deces. Intrarea în circulație a unei noi linii genetice a WNv asociată condițiilor meteo, poate fi corelată cu înregistrarea unui număr mare de cazuri umane și cu rata mare a deceselor, dată fiind patogenitatea crescută a acestei linii genetice a WNv.

OC13 – ANALYSIS OF THE EPIDEMIOLOGICAL SITUATION OF WEST NILE VIRUS INFECTION, ROMANIA, SEASON 2016 AND 2017

Anca Sîrbu[1], Alina Zaharia[1], Cornelia Ceianu[2], Ani Ioana Cotar[2], Romana Rebreanu[3], Ionel Iosif[1]

1 – National Centre for Communicable Diseases Surveillance and Control – National Institute of Public Health

2 – National Institute of Research „Cantacuzino" – Emerging Vector Borne Diseases Laboratory

3 – Cluj Regional Public Health Laboratory - National Institute of Public Health

Introduction. Our country has a long experience with the West Nile virus infection: in 1996, in Romania the biggest West Nile virus (WNv) epidemic from Europe occurred, and in 2010 another one, of smaller size, which included other geographic areas than those already known to be affected.

In the periods between outbreaks only sporadic cases were registered. Over the past two years an increase in the number of neuro-infection cases was noticed and also an increase in the number of deaths due to this.

Our objective is presenting the epidemiological situation of WNV infection in humans, in the last two seasons, in order to inform and draw the attention of the public health specialists on the necessity to apply the right measures to prevent human illness and, at the same time, to apply sustained control measures of the mosquito population by responsible authorities.

Material and methods. We performed a descriptive analysis of the WNv cases recorded in the last two seasons, as well as a multivariable analysis of the possible causes of deaths recorded during this period, using the SPSS program.

Results. In 2016-2017 155 cases with WNv neuro-infection were registered (93 in 2016 and 62 in 2017) with 31 deaths. The average age of cases was 62.2 years; the distribution by gender was almost equal (F/M= 0.9), as well as the distribution by place of residence (U/R = 1.2). The geographical distribution of cases showed that most cases were registered in the southern, southeast and eastern parts of the country, known to be endemic, but also in the northern and central area of the country, Satu Mare (in 2016) and Hunedoara (in 2017) being newly affected areas. Most deaths were recorded in Bucharest (11). Except for one, all deceased cases had at least one associated disease. It has been proved that age and the presence of associated diseases are risk factors for death. Also, cardiovascular diseases and neoplasm have a significant weight in causing the death. The results obtained using the molecular methods for the diagnosis of WNv infection indicate the penetration of a strain from the genetic line 2, which was not previously reported in our country, but also the concomitant

circulation of the strain from the genetic line 2 Volgograd 2007, which was signaled for the first time during the 2010 epidemic and later, until 2013.

Conclusions. Older age (>65 years) and the presence of associated diseases are death risk factors. The entry of a new WNv genetic line associated with weather conditions can be correlated with the record of a large number of human cases and the high fatality rate due to the increased pathogenesis of this WNv genetic line.

CO14 – EVOLUȚIA EPIDEMIEI DE RUJEOLĂ – ROMÂNIA 2016-2017

Alexandru Rafila[1,2], Adriana Pistol[3], Aurora Stănescu[3]

1 – Institul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș“

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“

3 – Institutul Național de Sănătate Publică

Situația actuală. În România evoluează o importantă epidemie de rujeolă începând din ianuarie 2016. Noi cazuri continuă să fie înregistrate în ciuda măsurilor implementate la nivel național de întărire a activității de vaccinare (scăderea vârstei la vaccinare la 9 luni, recuperarea copiilor nevaccinați sau vaccinați incomplet până la vârsta de 10 ani).

Material și metode. În intervalul 1 ianuarie 2016 - 6 octombrie 2017 în România au fost raportate 9539 de cazuri de rujeolă confirmate de laborator sau având link epidemiologic cu un caz confirmat și 34 de decese. În 2016 au fost raportate 2435 cazuri și 7104 în 2017 în baza de date a CNSCBT. Analizarea acestor date s-a făcut ținând cont de statusul vaccinal al persoanelor infectate, distribuția pe grupuri de vârstă și mortalitatea comparată cu cea așteptată. A fost de asemenea analizată situația la nivel European.

Rezultate. Lipsa vaccinării a fost înregistrată la majoritatea cazurilor, 9158(96%), inclusiv la 1820 (19%) copii sub un an. Numai 95 cazuri (<1%) au fost vaccinate complet cu 2 doze de RRO. Cei mai afectați au fost copiii ≤1 an (948,6%000), apoi cei de 1-4 ani (481,8%000) și de 5-9 ani (159,3%000). Mortalitatea înregistrată a fost de 3%0 față de cea așteptată de 1%0. Cele mai multe cazuri au fost înregistrate în partea de vest a țării (Arad - 1014, Caraș-Severin - 1111, Timiș - 1228) cu acoperiri vaccinale reduse în ultimii ani. Toate țările din UE/EEA au raportat cazuri de rujeolă cu excepția Letoniei, Liechtenstein, Maltei și Norvegiei. Rujeola a produs 42 de decese în țările UE în 2016-2017. Cazurile au fost raportate în România (34), Italia (3), Marea Britanie (1), Bulgaria (1), Germania (1), Portugalia (1) și Franța (1).

Concluzii. Riscul pentru epidemia de rujeolă rămâne atât timp cât acoperirea vaccinală descrește continuu. Vaccinarea cu două doze de RRP rămâne cea mai eficientă măsură și previne aproape în proporție de 100% rujeola. Reacțiile adverse ușoare, temporare cum sunt durerea și roșeața la locul administrării se înregistrează rar. Nu există nici o legătură cunoscută între vaccinul rujeolic și autism.

OC14 – EVOLUTION OF MEASLES EPIDEMICS – ROMANIA 2016-2017

Alexandru Rafila[1,2], Adriana Pistol[3], Aurora Stănescu[3]

1 – National Institute of Infectious diseases „Prof. Dr. Matei Balș“

2 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy

3 – National Institute of Public Health

Background. Romania is experiencing a large outbreak of measles since January 2016. Cases continue to be reported despite ongoing measures implemented at national level through supplementary vaccination activities (decrease of vaccination age at 9 month, recovery of none or incomplete vaccinated children until 10 years of age).

Materials and methods. Since 1 January 2016 and until 6 October 2017, Romania reported 9539 cases laboratory confirmed or having epidemiological link with a confirmed case and 34 deaths. Of these, 2435 cases were reported during 2016 and 7104 cases in 2017 in the database of NCSCID. We performed the analysis of these data in terms of vaccination status of infected persons, distribution by age groups and mortality compared with the expected one. European situation was also analyzed.

Results: Lack of vaccination was recorded to most cases, 9158 (96 %), including 1820 (19%) children below 1 year of age. Only 95 cases (<1%) were vaccinated with complete 2 doses regimen of MMR. The most affected were the children belonging to age group ≤1 year old (948.6%000), then 1-4 years old (481.8%000) and 5-9 years old (159.3%000). Mortality rate was 3%0 compared with the expected one of 1%0. Most cases were registered in western part of the country (Arad - 1014, Caraș-Severin - 1111, Timiș - 1228) with low vaccination coverage rates in the last years. All EU/EEA countries have reported measles cases this year, except for Latvia, Liechtenstein, Malta and Norway. Measles caused 42 deaths in EU countries in 2016-2017. Cases were reported from Romania (34), Italy (3), UK (1), Bulgaria (1), Germany (1), Portugal (1) and France (1).

Conclusions. The risk of measles epidemic still remains increased as long as vaccination coverages decreasing continuously. Vaccination with two doses MMR remains the most effective measure and is nearly 100% effective for preventing measles. Rare mild, temporary side effects, such as pain and redness at the administration site may be recorded. There is no known link between measles vaccines and autism.

CO15 - SUPRAVEGHEREA RUJEOLEI PRIN DIAGNOSTICUL DE LABORATOR ÎN ROMÂNIA

Mihaela Lazăr[1], Aurora Stănescu[6], Adriana Năstase[2], Cecilia Iuliana Durnea[2], Romana Rebreanu[3], Dana Sânziana Brehar-Cioflec[4], Iuliana Radu[5], Alina-Elena Ivanciuc[1], Adriana Pistol[6], Emilia Lupulescu[1]

1 – Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino“ – Centrul Național de Referință
2 – Institutul Național de Sănătate Publică – Centrul Regional de Sănătate Publică Iași
3 – Institutul Național de Sănătate Publică – Centrul Regional de Sănătate Publică Cluj
4 – Institutul Național de Sănătate Publică – Centrul Regional de Sănătate Publică Timișoara
5 – Institutul Național de Sănătate Publică – Centrul Regional de Sănătate Publică Bucuresti
6 – Institutul Național de Sănătate Publică – Centrul Național de Supraveghere și Control al Bolilor Transmisibile

Statele membre ale Regiunii Europene a OMS au stabilit ținta de eliminare a rujeolei cu mai bine de 10 ani în urmă, în acest timp doar 21 dintre 53 țări au reușit să atingă această țintă. România se confruntă cu a treia epidemie de rujeolă în ultimii 10 ani cu peste 9500 cazuri confirmate (laborator și link epidemiologic). Datele clinice, de laborator și de epidemiologie sunt esențiale pentru clasificarea și investigarea căilor de transmitere a virusului rujeolei.

Din februarie 2016 până în prezent au fost testate 5317 seruri pentru detectarea anticorpilor IgM specifici prin ELISA (metoda standard de confirmare a rujeolei), 4162 au fost pozitive. ARN viral extras din 185 probe clinice (exsudate nazofaringiene, fragmente pulmonare, lichid cefalorahidian, urină și salivă) a fost identificat prin real-time RT-PCR. Pentru genotipizare a fost amplificat, prin one-step RT-PCR, un fragment care cuprinde regiunea variabilă de 450 nucleotide (C-terminală a nucleoproteinei) de la 139 cazuri (decese, importuri, focare noi, RAPI). Au fost identificate genotipurile B3 (n=135), D8 (n=1) și A-vaccine (n=3). Analiza filogenetică a evidențiat diferite căi de transmitere a virusului rujeolei. Genotipurile D4 si D8 au fost identificate în epidemiile trecute în Romania. Începând cu 2014 genotipul B3 prezintă o distribuție globală.

Epidemia de rujeolă amintește de riscurile de infecții severe și decese asociate acestei boli. Prin atingerea și menținerea unei acoperiri vaccinale înalte riscul de transmitere și de apariție a foscarelor scade. Acoperirea vaccinală de 95% sau mai mare este considerată de OMS necesară pentru eliminarea rujeolei. Întarirea sistemului de supraveghere prin detectarea tuturor cazurilor, confirmarea cu laboratorul și analiza informațiilor genetice pentru stabilirea căilor de transmitere a virusului sunt foarte importante mai ales în etapa de eliminare a rujeolei.

OC15 - LABORATORY SURVEILLANCE OF MEASLES IN ROMANIA

Mihaela Lazăr[1], Aurora Stănescu[6], Adriana Năstase[2], Cecilia Iuliana Durnea[2], Romana Rebreanu[3], Dana Sânziana Brehar-Cioflec[4], Iuliana Radu[5], Alina-Elena Ivanciuc[1], Adriana Pistol[6], Emilia Lupulescu[1]

1 – National Institute for Research „Cantacuzino“ – National Reference Centre
2 – National Institute for Public Health – Regional Centre for Public Health Iasi
3 – National Institute for Public Health – Regional Centre for Public Health Cluj
4 – National Institute for Public Health – Regional Centre for Public Health Timișoara
5 – National Institute for Public Health – Regional Centre for Public Health Bucharest
6 – National Institute for Public Health – National Centre of Communicable Diseases Surveillance and Control

The Member States of the WHO European Region adopted the goal of measles elimination more than 10 years ago; so far only 21 of 53 countries have reached this target. Romania is experiencing a large measles outbreak (third in the last 10 years) with more than 9,500 cases (laboratory and epidemiologically confirmed). Clinical, laboratory, and epidemiological data are essential for case classification and investigation of chains of transmission.

From the beginning of 2016 5,317 serum sample were tested to detect the IgM specific antibody by ELISA (the reference standard for the confirmation of measles), 4,162 were positive. The viral RNA extracted directly from 185 clinical samples (swab, lung fragments, urine, CSF and saliva) was identified by real-time RT-PCR. Sequencing of the 450 nucleotides (C-terminal part of the measles virus nucleoprotein gene) was attempted to determine the genotype from 139 samples (selected samples from decreased people, imports, new outbreaks and vaccine-related reactions) by one-step RT-PCR. The genotypes were classified as B3 (n=135), D8 (n=1) and A-vaccine (n=3). Phylogenetic analysis indicated that the source of genotype B3 identified in 2016-2017 outbreak is from different chains of transmission. Genotype D4 and D8 were identified in previous outbreaks in Romania. From 2014 genotype B3 has a worldwide distribution.

The reemergence of measles in Romania is a reminder of the forgotten risk for severe illness and death associated with this disease. Through sustained and high vaccination coverage rates the risks of transmission and outbreaks can decrease. To eliminate measles is important to achieve and maintain routine measles vaccination coverage at greater than or equal to 95% (OMS). The presence of a strong national surveillance system is essential to detect all measles cases, conduct detailed case investigation, laboratory confirm suspected cases and collect genotypic information on the chains of transmission especially important in the elimination stage.

CO16 - REZULTATELE STUDIULUI PRIVIND EZITAREA LA VACCINARE DESFĂȘURAT ÎN PERIOADA IULIE-AUGUST 2017 ÎN ROMÂNIA

Adriana Pistol[1], Aurora Stănescu[1], Ionel Iosif[1], Katrine Bach Habersaat[2]

1 – Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Național de Supraveghere și Control al Bolilor Transmisibile

2 – Biroul Regional pentru Europa al Organizației Mondiale a Sănătății.

Introducere. Epidemiile de rujeolă din România sunt mărturii ale existenței unor grupuri populaționale cu acoperiri vaccinale suboptimale. Actuala epidemie de rujeolă a debutat în 2016 și, până în luna iunie, 2017 au fost raportate peste 6743 din care 30 de decese.

Obiective. Perspectiva asupra barierelor de ordin individual, social și instituțional privind vaccinarea în rândul populației afectate de epidemia de rujeolă.

Material și metodă. Selectare eșantion reprezentativ (baza națională de date rujeolă/rubeolă, 2016-2017). Chestionar individual aplicat telefonic. Analiza datelor a fost facută utilizând SPSS_v20.

Rezultate. Cele mai multe persoane chestionate (96%) erau înscrise la medic de familie fără diferențe între medii de rezidență, etnii, venit și nivel de educație. Pentru 83% din respondenți obținerea unei programări pentru vaccinare nu este dificilă, dar populația de etnie rromă are o accesibilitate mai scăzută (p=0.00959). Proporția în care populația de etnie rromă a fost informată cu privire la data planificată pentru vaccinare este mai mică în comparație cu populația non-rromă (p=0.0035). Un procent de 28% nu știu dacă există risc de efecte adverse, inclusiv cei cu studii universitare. Într-o proporție mai mică populația rromă știe unde să meargă pentru vaccinare (p=0.02) și a fost mai puțin sfătuită (p= 0.008). Pentru 92% dintre respondenți principala sursă de informație este medicul de familie. Internetul este utilizat de către 27% fără diferență pe medii de rezidență, ci doar pe etnii (p= 0.008). Doar un procent de 69% a primit de la medicul de familie informații despre efectele adverse.

Concluzii. Majoritatea respondenților a declarat că este înscrisă la un medic de familie. Accesibilitatea la vaccinare a populației rroma este mai scăzută decât a restului populației. Peste jumătate din respondenți cred că efectele adverse sunt reduse, dar medicul de familie furnizează astfel de informații doar în 30% din cazuri. Medicii de familie rămân principala sursă de informație privind vaccinarea.

Mulțumiri tuturor celor care au susținut studiul furnizând datele necesare identificării cazurilor selectate din eșantion.

OC16 - FINDINGS OF VACCINATION HESITANCY STUDY CONDUCTED IN ROMANIA DURING JULY – AUGUST, 2017

Adriana Pistol[1], Aurora Stănescu[1], Ionel Iosif[1], Katrine Bach Habersaat[2]

1 – National Institute of Public Health - National Centre for Communicable Diseases Surveillance and Control Romania

2 – WHO Regional Office for Europe

Background. Measles outbreak in Romania bears witness to the existence of sub-optimally vaccinated population groups. The most recent measles outbreak, starting in 2016, has caused more than 6743 measles cases and 30 deaths until June, 2017.

Objectives. Gain insights into the individual, social and institutional barriers to vaccination among populations affected by the measles outbreak.

Material and method. A representative sample of measles cases in the current outbreak has been selected. An individual telephonic questionnaire applied by a call center operator. Data were analyzed using SPSS_v20.

Results. Most of the measles cases interviewed were registered to a family doctor (96%) with no significant difference by ethnicity, place of residence, income and education level. A proportion of 83% responders declared that is easy to get an appointment for vaccination but rroma population has a lower accessibility than non-rroma population(p=0.00959). The proportion of the rroma population which received information about planned dates for vaccination is lower than non-rroma population (p=0.0035). A percent of 28% don't know what to believe about side effects, including those with university education. Rroma population knows in a lower proportion where to go for vaccination (p=0.02) and was advised less than non-rroma population (p= 0.008). As main source of information 92% use the family doctor. Internet is used by 27% with no difference by place of residence but with significant difference by ethnicity (p= 0.008).Only 69% of the responders received information about vaccines side-effects from their family doctor.

Conclusions. Majority of responders declared that they are registered to family doctor. Rroma population has a lower accessibility to vaccination than non-rroma population. More than half of responders believe that side effect is small, but family doctor do not inform about in more than 30% of the cases. Family doctros remaines the main source of information about vaccination.

Acknoledgements. To all of those whom supported the study by providing needed data for identifying sample selected cases.

CO17 - EVALUAREA REZULTATELOR ANCHETELOR DE ACOPERIRE VACCINALĂ LA NIVEL REGIONAL ÎN ANUL 2017

Anca Nistor[1], Dana Zagnat[1], Anca Dancău[2], Irina Alecu[3], Mariana Ioan[4], Corina Nistor[5], Roxana Pipirigeanu[6], Cătălina Zorescu[7], Luminița Costache[8], Marina Maiorov[9]

1 – INSP – Centrul Regional de Sănătate Publică Iași
2 – DSP Bacău
3 – DSP Botoșani
4 – DSP Galați
5 – DSP Iași
6 – DSP Neamț
7 – DSP Suceava
8 – DSP Vaslui
9 – DSP Vrancea

Introducere. În contextul mondial de reemergență a unor boli prevenibile prin vaccinare, scăderea acoperirii vaccinale reprezintă o problemă actuală de sănătate publică în România.
Obiectiv. Evaluarea rezultatelor de acoperire vaccinală la nivel regional, pe cohorte de copii, din mediul urban și rural, conform metodologiei de estimare a acoperirii vaccinale.
Material și metodă. Centralizarea datelor din formularele standard de raportare a activității de estimare a acoperirii vaccinale în județele arondate CRSP Iasi și analiza epidemiologică descriptivă la nivel regional, a rezultatelor celor două anchete de acoperire vaccinală desfășurate în anul 2017.
Rezultate. Pentru ancheta din luna februarie, ce a estimat acoperirea vaccinală la copiii în vârstă de 18 luni și a reevaluat acoperirea cu două doze ROR la vârsta de 5, respectiv 7 ani și dT la vârsta de 14 ani, rezultatele sunt:
18 luni: vaccinare BCG: 95,6%; HB: 92,2%; DTPa-VPI-Hib:82,1%; ROR: 86%
5 ani: ROR(două doze): 73,9%
7 ani: ROR(două doze): 73,6%
14 ani: dT: 70%.
Neprezentarea la medic constituie cauza principală a nevaccinării.
Pentru ancheta desfășurată în luna august la vârsta de 12, respectiv 24 luni rezultatele sunt:
12 luni: vaccinare BCG: 93,26%; HB: 89,4%; DTPa-VPI-Hib:65,59%; ROR: 78%
24 luni: vaccinare BCG: 95,53%; HB: 92,3%; DTPa-VPI-Hib:85,5%; ROR: 89,7%
Analizând motivele nevaccinării, pe primul loc la vârsta de 12 luni se află contraindicația medicală, urmată de neprezentarea la medic.
La vârsta de 24 luni, rezultatele s-au îmbunătățit, fără a realiza însă ținta din program decât pentru vaccinarea BCG. Rămân nevaccinați conform vârstei 18,1% din totalul cohortei, cu pondere mai mare în mediul rural (55,5%).
Concluzii. Pentru toate tipurile de vaccin, acoperirile vaccinale sunt sub ținta programului de imunizări. La vaccinarea cu vaccin DTPa-VPI-Hib sunt cele mai mici acoperiri vaccinale.

OC17 - THE EVALUATION OF THE RESULTS OF IMMUNIZATION COVERAGE SURVEYS AT REGIONAL LEVEL IN 2017

Anca Nistor[1], Dana Zagnat[1], Anca Dancău[2], Irina Alecu[3], Mariana Ioan[4], Corina Nistor[5], Roxana Pipirigeanu[6], Cătălina Zorescu[7], Luminița Costache[8], Marina Maiorov[9]

1 – National Institute of Public Health – CRSP Iasi
2 – Public Health Authority Bacău
3 – Public Health Authority Botoșani
4 – Public Health Authority Galați
5 – Public Health Authority Iași
6 – Public Health Authority Neamț
7 – Public Health Authority Suceava
8 – Public Health Authority Vaslui
9 – Public Health Authority Vrancea

Introduction. In the global context of reemergence of vaccine preventable diseases, the decrease in immunization coverage represents a current public health problem in Romania.
Objective. The evaluation of immunization coverage at regional level, on cohorts of children, in urban and rural areas, according to the vaccine coverage methodology.
Methods. The data centralization from the standard reporting forms of the immunization coverage estimation activity

in the CRSP Iași counties and the descriptive epidemiological analysis of the results of the two immunization coverage surveys conducted in 2017 at the regional level.

Results. For the February survey, which estimated immunization coverage at 18 months old children and reevaluated the coverage with two doses MMR at the age of 5 years, respectively 7 years and dT at the age of 14, the results are:

18 months: BCG vaccination: 95.6%; HB: 92.2%; DTPa-Hib: 82.1%; MMR: 86%

5 years: MMR (two doses): 73.9%

7 years: MMR (two doses): 73.6%

14 years: dT: 70%

Not presenting to the doctor is the main cause of unvaccinated children .

For the survey conducted in August at the age of 12 and 24 months, the results are:

12 months: BCG vaccination: 93.26%; HB: 89.4%; DTPa-VPI-Hib:65.59%; MMR: 78%

24 months: BCG vaccination: 95.53%; HB: 92.3%; DTPa-VPI-Hib:85.5%; MMR: 89.7%

Analyzing the reasons for unvaccinated children, the first place at the age of 12 months is the medical contraindication, followed by the lack of presentation to the doctor.

At the age of 24 months, the results improved without achieving the target of the immunization only for BCG vaccination. 18.1% of the total cohort remained unvaccinated according to the age, with a higher percentage in the rural area (55.5%)

Conclusion. For all types of vaccine, the immunization coverages are under the target of the immunization program. The lowest immunization coverage is for the DTPa-VPI-Hib vaccine.

Key words: immunization coverage, vaccine.

CO18 – REACȚII ADVERSE POST-VACCINALE- MANIFESTĂRI ȘI CLASIFICARE PE TIP DE VACCIN, ROMÂNIA IANUARIE-OCTOMBRIE 2017

Denisa Jantă, Aurora Stănescu, Adriana Pistol

Centrul Național de Supraveghere și Control al Bolilor Transmisibile, Institutul Național de Sănătate Publică

Introducere. O componentă importantă în monitorizarea siguranței vaccinului este supravegherea și investigarea reacțiilor adverse în vederea înțelegerii modului de producere și a reducerii la minim a erorilor programatice.

Material și metodă. Analiza descriptivă a cazurilor de RAPI raportate în sistemul de supraveghere în perioada ianuarie–octombrie 2017 în funcție de: manifestări, rezultatul investigațiilor, rata RAPI pe tipul de vaccin utilizat și indicatorul de performanță al sistemului de supraveghere. Pentru culegerea datelor s-au folosit fișele de raportare și rapoartele de investigare.

Rezultate. Din cele 94 de cazuri raportate, 82 au fost clasificate RAPI, dintre care 91,5% au apărut în urma administrării vaccinurilor: DTPa-VPI (61%), respectiv ROR (30,5%). În rândul cazurilor confirmate RAPI principalele manifestări s-au referit la febră (36 cazuri), reacție locală severă (16 cazuri) și febră însoțită de reacție locală severă (16 cazuri). Investigarea a fost efectuată pentru 16 cazuri, dintre care 15 au fost confirmate. S-au investigat 4 clustere cu 14 cazuri confirmate apărute după administrarea de DTPa-VPI în cabinetele medicilor de familie din județele Brăila, Călărași, Iași și municipiul București; rezultatul investigațiilor a arătat că 10 cazuri au fost asociate cu componentele vaccinului și 4 cazuri s-au datorat unor erori programatice. Două cazuri au manifestat convulsii, iar investigația clasifică: un caz asociat cu componentele vaccinului DTPa-VPI, iar celălalt-coincidență. Rata RAPI a fost de: 28,5 la 100000 doze utilizate de DTPa-VPI, respectiv de 5,5 la 100000 doze ROR utilizate. Indicatorul de performanță al sistemului de supraveghere a fost de 45 RAPI raportate la 100000 nou născuți vii.

Concluzii. Reacțiile post vaccinale înregistrate au fost minore, fiind în limita ratelor raportate pe tip de vaccin. Chiar dacă indicatorul de performanță este peste valoarea minimă recomandată de OMS (10 RAPI raportate /100000 nou născuți vii), este important ca fișele de raportare și de investigare să fie completate cu responsabilitate și personalul vaccinator să fie instruit.

OC18 – ADVERSE EVENTS FOLLOWING IMMUNIZATION - SYMPTOMS AND CLASSIFICATION BY VACCINE TYPE, ROMANIA JANUARY-OCTOBER 2017

Denisa Jantă, Aurora Stănescu, Adriana Pistol

National Centre for Communicable Diseases Surveillance and Control, National Institute of Public Health

Introduction An important component in monitoring vaccine safety is surveillance and investigation of the adverse events following immunization in order to understand how they produce and to minimize programmatic errors.

Material and Methods. A descriptive analysis was used for AEFI cases reported in the surveillance system between January and October 2017. We took into account for AEFI cases: symtomps, investigation outcomes, AEFI rates by vaccine types used and the performance indicator of the surveillance system. For data collection, reporting and investigation filles were used.

Results. Out of the 94 reported cases, 82 were AEFI. From AEFI cases 91.5% were given after vaccination with: DTPa-VPI (61%) and ROR (30.5%). Among the AEFI cases, the main manifestations were fever (36 cases), severe local reaction (16 cases) and fever accompanied by severe local reaction (16 cases). Investigation was performed for 16 cases, of which 15 were confirmed. Four clusters from Brăila, Călărași, Iași districts and Bucharest family doctors offices were investigated. Investigations results showed that 14 AEFI cases from those clusters occurred after administration of DTPa-VPI vaccine: 10 cases were associated with vaccine components and 4 cases were due to programmatic errors. Two cases with seizures were investigated: the first case was associated with the DTPa-VPI vaccine components, and the second was a coincidence. AEFI rates were: 28.5 per 100,000 DTPa-VPI doses used and 5.5 per 100,000 ROR doses used. The performance indicator of surveillance system was 45 AEFI cases reported per 100,000 surviving infants.

Conclusions. The post vaccination reactions were minor, being within the limits of the vaccine-type rates. Even if the performance indicator is above the minimum recommended by the WHO (10 AEFI cases reported / 100,000 surviving infants), it is important the reporting and investigation files are filled with responsibility and the vaccinated staff are trained.

CO19 – EVALUAREA INDICATORILOR DE SUSȚINERE A STATUSULUI DE ȚARĂ LIBERĂ DE POLIOMIELITĂ ÎN JUDEȚELE CU SUPRAVEGHERE DE MEDIU, ROMÂNIA, 2014-2017

Teodora Solomon, Denisa Jantă

Institutul National de Sănătate Publică, Centrul Național de Supraveghere și Control al bolilor transmisibile

Introducere. Începând cu anul 2012 România este considerată de către OMS ca fiind țară la risc pentru importul de virusuri polio cât și de menținere a acestora în circulație. Pentru evaluarea gradului de risc și a statusului de țară fără virus polio, OMS ține cont de acoperirea vaccinală, calitatea supravegherii PAF, existența datelor despre enterovirusuri din supravegherea de mediu.

Obiective. Am măsurat și comparat indicatorii cu recomandările OMS pentru județele cu supraveghere de mediu.

Material și metode. A fost realizată analiza descriptivă a indicatorilor din perioada 2014-2017 pentru județele la risc în care a fost introdusă supravegherea de mediu. Astfel au fost selectate 6 județe care sunt la granița terestră sau navală cu Ucraina (Satu Mare, Maramureș, Suceava, Botoșani, Tulcea, Constanța) și municipiul București. OMS recomandă ca: acoperirea vaccinală cu 3 doze VPI să fie de minim 90%; rata PAF să fie de minim 2 cazuri /100000 persoane cu vârsta sub 15 ani; procentul de pozitivitate pentru enterovirusuri în supravegherea de mediu să fie peste 10%.

Rezultate. Acoperirea vaccinală peste 90% a fost atinsă: în anul 2014 în toate județele selectate, în anul 2015 în 3 județe (Maramureș, Tulcea, Constanța) și municipiul București, în anul 2016 2 județe (Tulcea și Constanța) și în anul 2017 doar în municipiul București. Ratele anuale medii de raportare PAF pentru fiecare județ în perioada studiată au avut un minim de 0 (Tulcea) și maxim de 1.02/100000 (Botoșani). Indicatorul supravegherii de mediu a depăsit pragul de 10% pozitivitate pentru fiecare județ, principalele enterovirusuri serotipate fiind Coxsackie, în anii 2014-2015. Nu a fost izolat virus polio în probe biologice sau mediu.

Concluzii. În perioada analizată s-a observat că acoperirea vaccinală pentru componenta polio a fost în continuă scădere, supravegherea PAF este sub parametrii recomandați, supravegherea de mediu a atins recomandările OMS, de aceea se impune întărirea sistemelor de supraveghere.

OC19 - EVALUATION OF INDICATORS THAT SUPPORT THE STATUS OF POLIO FREE IN DISTRICTS WITH ENVIRONMENTAL SURVEILLANCE, 2014-2017, ROMANIA

Teodora Solomon, Denisa Jantă

National Institute of Public Health, National Centre of Communicable Disease Surveillance and Control

Introduction. Since 2012, Romania is considered by the WHO to be a country at risk for the import of polioviruses and also to maintain their circulation. The vaccine coverage, AFP surveillance, environmental surveillance, and enteroviruses data from the environmental surveillance are taken into account by WHO into computing the degree of risk of import polio and status of polio free country.

Objectives. Measure and compare the indicators from the districts with environmental surveillance with WHO's recommendations for supporting the status of polio free.

Material and methods. Descriptive analysis has been carried out of the indicators from 2014-September 2017 for districts at risk in which environmental surveillance was put in place. There were selected 6 districts and Bucharest that have a the border with Ukraine: on land, naval or by air (Satu Mare, Maramureș, Suceava, Botoșani, Tulcea, Constanța, Bucharest). WHO's recommendations are: at least 90% vaccination coverage; AFP rate to be at least 2 AFP cases for 100000 people under 15 years old; the percentage of positivity for environmental surveillance is over 10%; the existence of other enterovirus surveillance.

Results. Vaccine coverage over 90% was: in 2014 for all districts, in 2015 for 4 districts (Maramures, Tulcea, Constanta and Bucharest), in 2016 for Tulcea and Constanta districts and in 2017 only for Bucharest. In the study period the average reporting AFP's rates had a minimum of 0 (Tulcea) and a maximum of 1.02/100000 (Botoșani). The 10% threshold for each district has been exceeded for each period, with principal serotyping Coxsackie virus in 2014-2015. Polio virus was not isolated in human or environmental samples.

Conclusions. In the study period, the polio vaccine coverage has been steadily declining; The AFP surveillance has poor quality compared with the WHO's recommendation, environmental surveillance respects the above recommendations, so surveillance systems need to be strengthened.

CO20 – EVALUAREA RISCULUI DE IMPORT A TULPINILOR DE POLIOVIRUS PRIN SUPRAVEGHEREA COMBINATĂ A CIRCULAȚIEI ENTEROVIRUSURILOR ÎN APE UZATE ȘI LA COPII SĂNĂTOȘI

Anda Băicuș[1,2], Marie Line Joffret[3], Francis Delpeyroux[3] , Amrish Baidjoe[3], Camelia Truică[4], Rodica Pop[5], Cătălina Zorescu[6], Maël Bessaud[3]

1 – Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

3 – Institutul Pasteur, Paris, Franța

4 – Direcția de Sănătate Publică, Călărași

5 – Direcția de Sănătate Publică, Maramureș

6 – Direcția de Sănătate Publică, Suceava

Introducere. Două cazuri de paralizie acută flască, produse de o tulpină circulantă de poliovirus de tip 1, derivată din vaccin, au fost confirmate în anul 2015 în sud vestul Ukrainei, la granița cu România. Supravegherea circulației enterovirusurilor în mediu a fost intensificată. În perioada 2015-2016, au fost investigate 642 probe de apă uzată recoltate din nordul și sud-estul României (Botoșani, Maramureș, Satu Mare, Suceava, București, Constanța, Tulcea) și au fost izolate 189 tulpini de enterovirusuri nonpolio (29,4%).

Material și metode. Pentru detectarea rapidă a importului de poliovirus, a fost evaluată supravegherea combinată a circulației enterovirusurilor în apa uzată și la copiii sănătoși. În anul 2016 au fost investigate în Laboratorul Infecții Enterice Virale, Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino“, 186 probe de apă reziduală colectate din Călărași (4), Suceava (102), Maramureș (80) și 155 probe de scaun, colectate de la copii cu vârste cuprinsă între 6 luni - 6 ani, din aceleași județe, Călărași (56), Suceava (25) și Maramureș (74). O parte din virusurile izolate pe culturi celulare au fost analizate prin secvențiere la Centrului Regional de Referință pentru Enterovirusuri, Institutul Pasteur, Paris, Franța.

Rezultate și concluzii. 50 de enterovirusuri nonpolio au fost izolate din apa uzată, serotipurile identificate au fost Coxsakievirus B2 (CVB 2) în Suceava, Echovirus 7 (EcoV 7), EcoV 11, CVB 3, CVB 5 în Maramureș și CVB 5, EcoV 7, EcoV 6 , EcoV 18 în Călărași. 32 tulpini de enterovirus nonpolio au fost izolate de la copii sănătoși din Călărași, iar serotipurile identificate au fost CV B5, EcoV7, EcoV6, EcoV13, EcoV30, CVA 10. În probele investigate au fost izolate enterovirusurilor nonpolio din grupele A și B. Monitorizarea combinată a enterovirusurilor în zonele cu risc ar putea fi o soluție pentru detectarea rapidă a importului de poliovirus.

Finanțare: Autoritatea Națională de Cercetare Științifică și Inovare, România, Proiect Nucleu, PN 16 39 01 03, „Evaluarea riscului de import a tulpinilor de poliovirus prin detectarea rapidă a circulației enterovirusurilor în apa uzată și la copii sănătoși“.

Mulțumim colegilor noștri din cadrul Institutului Național de Sănătate Publică București și din cadrul Direcțiilor de Sănătate Publică Botoșani, Constanța, Satu Mare, Tulcea pentru supravegherea epidemiologică a circulației enterovirusurilor în mediu (Pistol A, Chear Solomon T, Beleca F, Ibrahim S , Leahu D, Secărea A).

OC20 – RISK ASSESSMENT FOR POLIOVIRUS IMPORTATION BY RAPID DETECTION OF THE ENTEROVIRUS CIRCULATION IN THE SEWAGE WATER AND IN HEALTHY CHILDREN

Anda Băicuș[1,2], Marie Line Joffret[3], Francis Delpeyroux[3] , Amrish Baidjoe[3], Camelia Truică[4], Rodica Pop[5], Cătălina Zorescu[6], Maël Bessaud[3]

1 – Cantacuzino National Institute of Research, Bucharest

2 – Carol Davila University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

3 – Pasteur Institute, Paris, France

4 – Public Health Authority Călărași, Romania

5 – Public Health Authority Maramureș, Romania

6 – Public Health Authority Suceava, Romania

Introduction. Two acute flaccid paralysis cases of circulating vaccine-derived poliovirus type 1(cVDPV1) were confirmed in 2015 in southwestern Ukraine, bordering Romania. The environmental enterovirus surveillance was enhanced in our country. 642 sewage water samples were investigated between 2015-2016 from north and southeast Romania, (Botoșani, Maramureș, Satu Mare, Suceava, București, Constanța, Tulcea) and 189 nonpolio enteroviruses strains were detected (29.4%).

Material and Methods. A combined surveillance of enteroviruses in the sewage water and in healthy children was evaluated for the rapid detection of poliovirus importation. In 2016, 186 sewage water samples collected from Călărași (4), Suceava (102), Maramureș (80) and 155 stool samples collected from children aged between 6 months – 6 years old, from the same counties, Călărași (56), Suceava (25), and Maramureș (74) were investigated at the Enteric Viral Infections Laboratory from Cantacuzino National Institute of Research. Some of the strains isolated on cell culture lines were analysed by sequencing at the Regional Reference Laboratory for Enteroviruses from Pasteur Institute, Paris, France.

Results and conclusions. 50 nonpolio enteroviruses were isolated from the sewage water, the serotypes identified were

Coxsakievirus B2 (CVB 2), for Suceava, Echovirus 7 (EcoV 7), EcoV 11, CVB 3, CVB 5 for Maramureș and CVB 5, EcoV 7, EcoV 6, EcoV 18 for Călărași. 28 nonpolio enteroviruses were isolated from healthy children from Călărași and the serotypes identified were CV B5, EcoV 7, EcoV 6, EcoV 13, EcoV 30, CVA 10. Nonpolio enteroviruses group A and B were isolated from samples investigated. The combined surveillance of enteroviruses in at risk areas could be a solution for the rapid detection of poliovirus importation.

Funding. National Authority of Scientific Research and Innovation, Romania, Core project PN 16 39 01 03, „Risk assessment for poliovirus importation by rapid detection of the enterovirus circulation in the sewage water and in healthy children“

Acknowledgements. We thank our colleagues from the National Institute of Public Health Bucharest and from the Public Health Authorities: Botoșani, Constanța, Satu Mare, Tulcea for the epidemiological support in the environmental enterovirus surveillance in Romania (Pistol A, Chear Solomon T, Beleca F, Ibrahim S, Leahu D, Secărea A).

CO21 – IDENTIFICAREA VARIANTELOR GENETICE PENTRU SINDROMUL LYNCH ÎN POPULAȚIA DIN ROMÂNIA PRIN SECVENȚIEREA ÎNTREGULUI GENOM UMAN

Paul Iordache[1], Radu Ursu[2], Gabriel Rosoga[3], Daniel Radavoi[3], Răzvan Dănău[3], Ștefan Rașcu[3], Cristian Toma[3], Bogdan Sandu[3], Cristian Sima[3], Dana Mates[4], Viorel Jinga[3]

1 – Departamentul de epidemiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

2 – Departamentul de Genetică, Universitatea de Medicină și Farmacie Carol Davila, București

3 – Spitalul Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele“, Departamentul de Urologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

4 – Institutul Național de Sănătate Publică, București

Introducere. Cancerul colorectal este al treilea cancer ca frecvență la nivel mondial, cu o mortalitate globală estimată la 8% din totalul deceselor provocate de cancer, devenind astfel cea de-a patra dintre cele mai frecvente cauze de deces din cauza cancerului. Sindromul Lynch (LS) sau cancerul colorectal nonpolipozic ereditar este un sindrom dominant autosomal care reprezintă aproximativ 1 până la 3% din totalul cazurilor de cancer colorectal (CRC).

Material și metode. Am selectat pentru secvențierea completă a genomului 80 de pacienți diagnosticați cu cancer colorectal din proiectul ROMCAN, o cohortă colectată în cadrul a 5 spitale din București între 2014 și 2017. Cele 80 de cazuri de cancer colorectal au fost selectate din cohorta ROMCAN utilizând următoarele criterii de includere: vârstă la diagnostic mai mică de 40 de ani sau antecedente heredo-colaterale de CRC, tumori endometriale sau gastrointestinale.

Rezultate. Analiza mutației pentru MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, APC și MUTYH a fost finalizată pentru 80 de pacienți cu CRC care îndeplinesc criteriile de includere. După secvențiere am observat 16 variante rare de codificare: 3 variante în APC3, 6 variante în varianta MLH1, 1 în MSH2, 2 variante în MSH6, 2 variante în MUYH și 2 variante în PMS2. Examinând datele din literatura de specialitate și din studiile clinice referitoare la patogenitatea mutațiilor identificate, am confirmat 10 din cele 16 variante care au fost raportate anterior în ClinVar. În plus, folosind testele de genotipare, determinăm frecvențele tuturor celor 16 variante din cohorta ROMCAN; 688 caz colorectal și 4567 controale.

Concluzie. Sindromul Lynch este cauzat de mutațiile germline în gene de „mismatch repair“ (MMR). Semnificația clinică a variantelor LS este o problemă dezbătută frecvența datorată naturii complexe a modificării proteinei, studiului nostru prezent investigând mecanismul molecular de dezvoltare al sindromului Lynch în populația din România.

Mulțumiri: Cercetarea actuală face parte din proiectele UE ProMark FP7 și ROMCAN coordonate de Prof. Dr. V. Jinga.

OC21 - NEXT-GENERATION SEQUENCING IDENTIFIES RARE PATHOGENIC VARIANTS IN LYNCH SYNDROME RELATED GENES IN THE ROMANIA POPULATION

Paul Iordache[1], Radu Ursu[2], Gabriel Rosoga[3], Daniel Radavoi[3], Răzvan Dănău[3], Ștefan Rașcu[3], Cristian Toma[3], Bogdan Sandu[3], Cristian Sima[3], Dana Mates[4], Viorel Jinga[3]

1 – Epidemiology Department, University of Medicine and Pharmacy Carol Davila, Bucharest

2 – Genetics Department, University of Medicine and Pharmacy Carol Davila, Bucharest

3 – „Prof. Dr. Th. Burghele“ Clinical Hospital, Urology Department, University of Medicine and Pharmacy „Carol Davila“, Bucharest

4 – National Institute of Public Health, Bucharest

Background. Colorectal cancer is the third most common cancer worldwide, with an estimated worldwide mortality of 8% of all cancer deaths, making it the fourth most common cause of death from cancer. Lynch syndrome (LS) or hereditary nonpolyposis colorectal cancer is an autosomal dominant syndrome that accounts for about 1 to 3% of all colorectal cancer (CRC) cases.

Material and methods. We selected for whole genome sequencing 80 patients diagnosed with colorectal cancer from the ROMCAN project chort, a cohort collected from 5 major hospitals in Bucharest admitted between 2014 to 2017. The 80 colorectal cancer cases were selected from the ROMCAN cohort using the following inclusion criteria: age at diagnosis lower than 40 years or family history of CRC, endometrial or gastrointestinal tumors.

Results. Mutation analysis of MLH1, MSH2, MSH6, PMS2, APC and MUTYH was completed for 80 CRC patients meeting the inclusion criteria. After sequencing we observed 16 rare coding variants: 3 variants in APC3, 6 variants in the MLH1, 1 variant in the MSH2, 2 variants in the MSH6 , 2 variants in MUYH and 2 variants in PMS2. Examining the literature and clinical trial submission data regarding the patogenicity of the identified mutations, we confirmed 10 out of the 16 variants as being previously reported in ClinVar. In additon, using genotyping assays we determine the frequencies of all 16 variants in the ROMCAN cohort; 688 colorectal case and 4567 controls.

Conclusion. Lynch syndrome is caused by germline mutations in the mismatch repair (MMR) genes. The clinical significance of LS variants is a matter of debate due to the complex nature of protein change our present study investigating the molecular mechanism of development for Lynch syndrome in Romania.

Acknowledgements: The current research is part of the EU FP7 ProMark and ROMCAN projects coordinated by Prof. Dr V. Jinga.

CO22 – BOLILE CRONICE ȘI FRECVENȚA SPITALIZĂRILOR ASOCIATE LA PERSOANELE VÂRSTNICE

Maria Nițescu[1,2], Georgeta Popovici[3], Dana Popescu Spineni[1,4], Daniela Pițigoi[1,2]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“ București

2 – INBI „Prof Dr Matei Balș“

3 – Institutul de Geriatrie și Gerontologie „Ana Aslan“

4 – Institutul de Antropologie al Academiei Române „Francisc Rainer“

Introducere. Creșterea speranței de viață din ultimul deceniu aduce cu ea nevoia de dezvoltare a serviciilor medicale pentru îngrijirea persoanelor vârstnice. În anul 2013, în România, speranța de viață a fost de 78,7 ani pentru femei și 71,6 ani pentru bărbați, cu 7-8 ani mai scăzută față de statele din Europa de Vest.

Scop. Estimarea frecvenței bolilor cronice și spitalizărilor asociate la persoanele cu vârsta ≥ 65 de ani.

Metodologie. Studiu descriptiv transversal pe un eșantion de 300 persoane cu vârsta ≥ 65 ani, internate în Institutul de Geriatrie și Gerontologie „Ana Aslan“ în intervalul septembrie 2016 - mai 2017. Datele au fost colectate din foile de observație clinică și prin administrarea unui chestionar prin metoda interviului.

Rezultate. Vârsta medie pe eșantion a fost de 75,1 ani, cu o vârsta medie la bărbați semnificativ mai crescută decât la femei (76,93 ani vs. 74,63 ani, p = 0.0264). 80% dintre subiecții înrolați au fost femei și 61,3% au fost din mediul urban. Evaluarea stării de nutriție a evidențiat o medie a indicelui de masa corporală (IMC) de 29,2 Kg/m² și doar 38,7% dintre subiecți au avut IMC > 25Kg/m (supraponderali și obezi). Analiza frecvenței bolilor cronice arată pe primul loc bolile cardiovasculare (29,8%), urmate de bolile reumatismale (29,2%), diabet zaharat (10,8%), osteoporoză și proteză de șold (7,9%), depresie (7,9%) și tulburări cognitive (7%). Cel mai rar întâlnite au fost bolile endocrine (0,6%), reno-urinare (0,4%) și digestive (0,2%). 47,67% din subiecți prezentau 2 patologii asociate, iar 6,33% au avut 3 patologii asociate. 48,3% nu au avut spitalizări în ultimul an, dar 49 % au avut între 10 și 14 spitalizări.

Concluzii. Creșterea speranței de viață și schimbarea profilului morbidității la persoanele vârstnice implică adaptarea serviciilor de sănătate și extinderea serviciilor specifice necesare îngrijirii acestora.

OC22 – NON COMMUNICABLE DISEASES AND ASSOCIATED HOSPITALIZATIONS IN THE ELDERLY

Maria Nițescu[1,2], Georgeta Popovici[3], Dana Popescu Spineni[1,4], Daniela Pițigoi[1,2]

1 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

3 – „Prof Dr Matei Balș“ National Institute forInfectious Diseases, Bucharest

3 – „Ana Aslan“ Institute of Geriatrics and Gerontology, Bucharest

4 – „Francisc Rainer“ Institute of Anthropology of the Romanian Academy

Background. Increasing life expectancy in the last decade brings the need to develop healthcare services for the elderly. In 2013, life expectancy in Romania was 78.7 years for women and 71.6 years for males, with 7-8 years lower than Western Europe.

Aim. To assess the frequency of non communicable diseases and associated hospitalizations in people ≥ 65 years old.

Methods. A transversal descriptive study on a sample of 300 people ≥ 65 years old admitted to Ana Aslan Institute of Geriatrics and Gerontology between September 2016 and May 2017. The data were collected from the clinical patient forms and by a questionnaire administering through the interview method.

Results. The mean age on the sample was 75.1 years, with a mean age for men significantly higher than for women (76.93 years vs. 74.63 years, with p = 0.0264). 80% of the enrolled patients were women and 61,3% of were from urban areas. The assessment of the nutritional status showed an average body mass index (BMI) of 29.2 Kg / m² and only 38.7% of the subjects had BMI> 25 Kg / m² (overweight and obese). The analysis of the frequency of chronic diseases shows cardiovascular disease (29.8%), followed by rheumatic diseases (29.2%), diabetes mellitus (10.8%), osteoporosis and hip prosthesis (7.9%), depression (7.9) and cognitive impairment (7%). The least common were endocrine (0.6%), renal (0.4%) and digestive (0.2%). 47.67% of subjects presented 2 associated pathologies, and 6.33% had 3 associated pathologies. 48.3% did not have hospitalizations in the last year, but 49% of them had between 10 and 14 hospitalizations.

Conclusions. Increasing life expectancy and changing the morbidity profile in older people involve adapting healthcare services and expanding the specific services needed to care for them.

CO23 – OBEZITATEA, DIABETUL ȘI HIPERTENSIUNEA – VARIANTE GENETICE DE RISC

Radu-Ioan Ursu, Paul Iordache, V. Radoi, N. Cucu, Georgeta Florentina Ursu, Roxana Bohîltea, Ileana Crăciunescu, Cătălin Staicu, Violeta Calotă, Angelica Voinoiu, Irma Eva Csiki, Dana Mates, Elena Poenaru, Gabriel Rosoga, Daniel Radavoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Camil Laurențiu Bohîltea, Andrei Manolescu, Viorel Jinga

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Facultatea de Medicină Generală, Departamentul de Genetică Medicală, București, România

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Departamentul de Epidemiologie

3 – Universitatea București, Facultatea de Biologie, Departamentul de Genetică

4 – Spitalul Militar de Urgență „Prof. Dr. Agrippa Ionescu“, Departamentul de Cardiologie

5 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila„, Spitalul Universitar de Urgență, Departamentul de Obstetrică-Ginecologie

6 – Institutul Național de Sănătate Publică

7 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Departamentul de Informatică Medicală, Biostatistică, Marketing și Tehnologie Medicală

8 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Clinica de Urologie Spital Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele“

9 – Universitatea din Reykjavik, Școala de Științe și Inginerie, Reykjavik, Islanda

Introducere. Studiul de față reprezintă o continuare a unei cercetări anterioare referitoare la identificarea variantelor genetice corelate cu obezitatea, diabetul (DZ) și hipertensiunea (HTA). Analiza markerilor a fost efectuată printr-un studiu GWAS (Genome-Wide-Associated-Study).

Material. Metodă. Lotul analizat a inclus 2024 de bărbați români (1302 obezi/supraponderali, 250 diabetici, 694 hipertensivi), criteriile de includere fiind prezența afecțiunilor studiate (obezitate, DZ, HTA) și sexul masculin. Cercetarea a presupus analiza a 716503 markeri (polimorfisme - SNV, Single Nucleotide Variant). Au fost utilizate kitul Chemagic DNA Blood10k kit, echipament Chemagic Magnetic Separation Module MSMI, prin metoda Chemagen Biopolymer-Technologies AG în laboratorul DeCode Genetics, Reykjavik, Islanda pentru genotipare. Analiza statistică a fost efectuată prin utilizarea programelor informatice Plink! v1.07, IBM SPSS Statistics și R.

Rezultate. Rezultatele au evidențiat markeri genetici asociați atât individual cu obezitatea, DZ sau HTA cât și simultan cu toate cele 3 patologii. SNVuri în genele PIK3C2G (12p12.3), PCDH17 (13q21.1), ADCY9 (16p13.3), BVES (6q21), SLC7A7 (14q11.2), MBOAT (6p22.3), NID1 (1q24.3) și TBX20 (7p14.3) au arătat asocieri statistice puternice cu DZ (p=10-5-10-6). Polimorfisme pe cromozomii 2, 9, 4, 12 și 13 (genele BANK1, PPP3CA, ATB2A, FRY) au prezentat corelații cu HTA, fără o mediere aparentă a obezității și DZ. Semnale din vecinătatea genelor TMEM108 (3q23) și IREB2 (15q25.1) au fost comune pentru toate cele 3 patologii. Obezitatea și DZ au fost corelate cu variante în genele SPATA3, NQO2, WIP11, NRG1, FTO. SNVuri în genele TBX20 și ANK2 au prezentat asocieri atât cu HTA cât și cu DZ.

Concluzii. Studiul a permis identificarea de markeri genetici de susceptibilitate pentru obezitate, DZ și HTA. Mecanismele moleculare care ar explica asocierea acestor variante cu patologiile analizate sunt încă neclare. Pentru confirmarea variantelor de susceptibilitate pentru afecțiunile studiate sunt necesare studii de replicare.

Cercetarea este parte din proiectele UE FP7 ProMark și ROMCAN, coordonator prof. Dr. V. Jinga.

OC23 - OBESITY, DIABETES AND HYPERTENSION - GENETIC RISK FACTORS

Radu-Ioan Ursu, Paul Iordache, V. Radoi, N. Cucu, Georgeta Florentina Ursu, Roxana Bohîltea, Ileana Crăciunescu, Cătălin Staicu, Violeta Calotă, Angelica Voinoiu, Irma Eva Csiki, Dana Mates, Elena Poenaru, Gabriel Rosoga, Daniel Radavoi, Răzvan Dănău, Ștefan Rașcu, Cristian Toma, Bogdan Sandu, Cristian Sima, Camil Laurențiu Bohîltea, Andrei Manolescu, Viorel Jinga

1 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Department of Medical Genetics

2 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Department of Epidemiology

3 – University of Bucharest, Faculty of Biology, Department of Genetics

4 – „Prof. Dr. Agrippa Ionescu“ Military Emergency Hospital, Department of Cardiology

5 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Univesitary Emergency Hospital, Department of Gynecology and Obstetrics,

6 – National Institute for Public Health

7 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Department of Medical Informatics, Biostatistics, Marketing and Medical Technology
8 „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Faculty of General Medicine, „Prof. Dr. Th. Burghele“ Clinical Hospital, Department of Urology
9 – University of Reykjavik, School of Science and Engineering, Reykjavik, Iceland

Background. The current research wishes to determine high risk polymorphisms (Single-Nucleotide-Polymorphisms,SNPs) associated with obesity, diabetes (DM) and hypertension (HTA) for the Romanian population. It is the first large obesity-related genome-wide-association study (GWAS) in Romania and the follow-up of a previous research upon 2 polymorphisms correlated with obesity, DM and HTA (FTO-re9939609, ADRB3-rs4994)

Materials. Methods. A GWAS was performed on2024 Romanian men (1302 obese/overweight, 250 diabetic, 694 with hypertension. The research included 716503 SNVs using the Chemagic DNA Blood10k kit, Chemagic Magnetic Separation Module MSMI, the Chemagen Biopolymer-Technologies AG method and was performed at DeCode Genetics Reykjavik. Statistical analysis was performed using the Plink! v1.07, IBM SPSS Statistics si R. Softwares. Genotyping results were analyzed in correlation with obesity (weight, BMI), DM and HTA.

Results. The results revealed genetic markers correlated individually with obesity, DM and HTA separatly and in common. SNVs in the PIK3C2G (12p12.3), PCDH17 (13q21.1), ADCY9 (16p13.3), BVES (6q21), SLC7A7 (14q11.2), MBOAT (6p22.3), NID1 (1q24.3) and TBX20 (7p14.3) genes showed strong statistical correlations with DM (p=10-5-10-6). Polymorphisms on chromosomes 2, 9, 4, 12 and 13 (BANK1, PPP3CA, ATB2A, FRY genes) revealed associations with HTA, without an obesity and DM mediation. Signals near the TMEM108 (3q23) and IREB2 (15q25.1) genes were in common of risk for all 3 pathologies. Obesity and DM were correlated with variants in the SPATA3, NQO2, WIP11, NRG1, FTO genes. SNVs in the TBX20 and ANK2 genes revealed correlations both with HTA and DM. Conclusions. The results revealed several gene clusters correlated with obesity and t2D. The implications of these variants for the Romanian population need to be further analyzed, replication studies having to be undertaken for confirmation.

The research is part of EU FP7 ProMark and ROMCAN projects, coord. Prof. Dr. V. Jinga..

CO24 – RECOMANDĂRI PENTRU REDUCEREA UTILIZĂRII SUBSTANȚELOR ANTIMICROBIENE ÎN MEDICINA VETERINARĂ: O ANALIZĂ CRITICĂ

Stelian Bărăităreanu[1], Maria Rodica Gurău[1], Marius Dan[2], Doina Daneș[1]
1 – Facultatea de Medicină Veterinară, București
2 – Institutul pentru Controlul Produselor Biologice și Medicamentelor de Uz Veterinar, București

Emergența fenomenului de antibiorezistență, semnalată la sfârșitul anilor 1990, a culminat în anul 2003 cu decizia Uniunii Europene, care a interzis utilizarea antibioticelor ca aditivi pentru hrana animalelor, iar la nivel mondial s-au intensificat eforturile de a controla fenomenul rezistenței la antimicrobiene. Cea mai accesibilă abordare pentru limitarea fenomenului a fost și rămâne utilizarea antimicrobienelor exclusiv pentru situații imperative, care nu au soluții alternative.

Rezistența antimicrobiană este considerată una dintre cele mai mari amenințări pentru sănătatea ecosistemului, iar previziunile prezentului sugerează că omenirea va fi pusă la grea încercare și în deceniile următoare datorită acestui fenomen.

În acest context, analiza critică a studiilor a avut ca scop identificarea direcțiilor majore de acțiune și a celor mai eficiente instrumente pentru limitarea utilizării antimicrobienelor în medicina veterinară, precum și evaluarea posibilităților de implementare a acestora.

Pentru reducerea presiunii pe care o generează utilizarea antimicrobienelor în tratamentul patologiilor la animalele de fermă, studiile actuale promovează respectarea bunelor practici de creștere. Astfel, recomandările fac referire la: (1) îmbunătățirea igienei și prevenirea răspândirii infecțiilor; (2) monitorizarea sensibilității/rezistenței la antimicrobiene a izolatelor bacteriene; (3) limitarea utilizării antimicrobienelor în agricultură; (4) neutralizarea deșeurilor contaminate cu antimicrobiene; (5) descoperirea de noi instrumente de diagnostic, vaccinuri și produse terapeutice.

Nivelul utilizării substanțelor antimicrobiene în medicina veterinară se corelează cu condițiile de biosecuritate, cu respectarea bunelor practici zootehnice și cu aplicarea programelor integrate de control al bolilor la animale.

Cuvinte cheie: antibiorezistență, biosecuritate, medicină preventivă.

OC24 – RECOMMENDATIONS FOR REDUCING ANTIMICROBIAL SUBSTANCES USE IN VETERINARY MEDICINE: A CRITICAL REVIEW

Stelian Bărăităreanu[1], Maria Rodica Gurău[1], Marius Dan[2], Doina Daneș[1]
1 – Faculty of Veterinary Medicine, Bucharest
2 – Institute for Control of Biological Products and Veterinary Medicines, Bucharest

The emergence of antibiotic resistance, signalled at the end of 1990s, has led up in 2003 to the ban of the antibiotics use as feed additives by the European Union. Worldwide, diligent efforts have been made to prevent the emergence of antimicrobial resistance. The most reasonable approach to prevent or keep within acceptable limits the phenomenon was and still remains to restrict the use of antimicrobials for clearly designated pathologies, which do not have alternate solutions.

Antimicrobial resistance is considered one of the greatest threats to the ecosystem health, and current forecasts suggest that this issue will put humanity at test for the coming decades.

In this context, the critical analysis of the studies aimed at identifying the main directions of action and the most effective tools to limit the use of antimicrobials in veterinary medicine, as well as the assessment of their feasibility.

In order to reduce the pressure generated by the use of antimicrobials in the treatment of farm animal pathologies, current studies promote the compliance with good growth practices. Thus, the recommendations refer to: (1) improving the hygiene and the prevention of spreading infections; (2) monitoring the sensitivity / resistance to antimicrobial bacterial isolates; (3) limiting the unnecessary use of antimicrobials in agriculture; (4) neutralizing antimicrobial contaminated waste and proper disposal; (5) finding of new diagnostic tools, vaccines and therapeutic products.

The level of use of the antimicrobials in veterinary medicine correlates with the biosecurity conditions, with good breeding practices and implementing integrated disease control programs for animals.

Keywords: antibiotic resistance, biosecurity, preventive medicine.

POSTERE

P1. ACTIVITATEA IN VITRO A CICLINELOR ÎMPOTRIVA BACTERIILOR REZISTENTE LA CARBAPENEME

Mihaela Botnarciuc[1,2], Lavinia Daba[1,2]

1 – Universitatea Ovidius Constanța

2 – Spitalul Clinic Județean de Urgență „Sf Apostol Andrei“ Constanța

Introducere. Rezistența antimicrobiană este critică și o preocupare crescândă pentru domeniul sănătate. Lupta împotriva rezistenței necesită acțiuni de la elaborarea strategiei la fiecare analiză a pacientului. Sensibilitatea la cicline a fost studiată comparativ cu carbapenemele, la tulpinile rezistente la meropenem și imipenem.

Material și metodă. Studiul a fost efectuat pe tulpini bacteriene izolate în decurs de un an (2016). Au fost izolate 212 tulpini de la pacienți internați în spital și 112 tulpini izolate de la pacienți ambulatori. Sensibilitatea a fost testată prin metoda microdiluției (Vitek).

Rezultate și discuții. Majoritatea izolatelor de Staphylococcus aureus din spital au fost rezistente la carbapeneme. Doar 24 de tulpini de 100 au fost sensibile la carbapeneme și cicline. În 14 cazuri, stafilococii au fost rezistenți la meropenem, dar sensibili la cicline. Pentru Enterococcus spp, 6 tulpini din 10 au fost rezistente la meropenem, dar sensibile la ciclină. Pentru tulpinile Gram pozitive izolate de la pacienții din ambulator, numărul tulpinilor rezistente a fost semnificativ mai mic decât în tulpinile de spital. Staphylococcus aureus rezistent la meropenem a fost sensibil la cicline în majoritatea cazurilor.

Pentru bacilii Gram negativi, rezultatele sunt foarte diferite între speciile din familia Enterobacteriaceae. E. coli (38 de tulpini) a fost foarte sensibil la carbapeneme, Dimpotrivă, s-au găsit 24 de tulpini rezistente la cicline. Pentru Klebsiella (42 de cazuri), situația este diferită. Klebsiella a fost adesea rezistentă la imipenem și meropenem, dar sensibil la tetraciclină, tigeciclină. În 12 cazuri din 42 au prezentat rezistență multiplă. Tulpinile Gram negative izolate de la pacienții din ambulator (52 de cazuri) au fost sensibile atât la cicline, cât și la carbapeneme.

Concluzii. Tetraciclinele (Tetraciclină și Tigeciclină) pot avea o bună activitate in vitro împotriva unor bacterii Gram-pozitive rezistente, în special a tulpinilor izolate de Staphylococcus aureus și Enterococcus spp.

Tetraciclina și Tigeciclina pot avea o bună activitate in vitro împotriva bacteriilor Gram-negative, inclusiv tulpini izolate în spital rezistente la carbapenem în special Klebsiella pneumoniae.

P1. IN VITRO ACTIVITY OF CYCLINES AGAINST CARBAPENEM-RESISTANT BACTERIAL STRAINS.

Mihaela Botnarciuc[1,2], Lavinia Daba[1,2]

1 – „Ovidius“ University Constanța

2 – „Sf. Apostol Andrei“ Emergency County Clinical Hospital Constanța

Introduction. Antimicrobial resistance is a rising and critical health concern. The fight against resistance requires actions from strategy development to every patient analysis. The sensitivity to cyclines was studied comparative to carbapenemes, specially in those strains that showed resistance to meropenem and imipenem.

Material and method. The study was performed on bacterial strains, isolated during one year (2016). There were 212 strains isolated from hospitalised patients and 112 strains isolated from ambulatory patients. The sensitivity was tested by microdilution method (Vitek).

Results and discussion. Most hospital Staphylococcus aureus were resistant to carbapenemes. Only 24 strains of 100 were sensitive to carbapenemes and cyclines. In 14 cases, staphylococci were resistant to meropenem but sensitive to cyclines. For Enterococcus spp, 6 strains of 10 were resistant to meropenem but sensitive to cyclines. For Gram positive strains isolated from ambulatory patients, the number of resistant strains was significantly smaller than in hospital strains. Staphylococcus aureus resistant to meropenem was sensitive to cyclines in most cases.

For Gram negative bacilli, the results are very different among species of the Enterobacteriaceae family. E. coli (38 strains) was very sensitive to carbapenemes, no case of resistance found. On the contrary, 24 strains were found resistant to cyclines. For Klebsiella (42 cases) the situation is different. Klebsiella is often resistant to imipenem, meropenem, but sensitive to tetracycline, tigecycline. 12 cases out of 42 were multi-drug resistant. Gram negative strains isolated from ambulatory patients (52 cases) were sensitive both to cyclines and carbapenemes.

Conclusions. Tetracyclines (Tetracyclin and Tigecycline) can have a good in vitro activity against some resistant Gram-positive bacteria, specially hospital isolated strains of Staphylococcus aureus and Enterococcus spp. Tetracyclin and Tigecycline can have a good in vitro activity against Gram-negative bacteria, including carbapenem-resistant hospital isolated pathogens, mainly Klebsiella pneumoniae.

P2. PREVALENȚA ȘI PROFILUL SENSIBILITĂȚII LA ANTIBIOTICE ALE TULPINILOR DE CAMPYLOBACTER, SALMONELLA, SHIGELLA ȘI YERSINIA IZOLATE DE LA COPIII CU DIAREE INFECȚIOASĂ ACUTĂ

Mirela-Victoria Tătaru[1], Maria Daskalaki[1], Mihaela Botnarciuc[2], Efi Staikou[1], Alkibiadis Batopoulos[3], Antonia Makri[1]

1 - Laborator Clinic de Microbiologie, Spitalul de Copii Pentelis, Atena, Grecia

2 - Facultatea de Medicină, Universitatea „Ovidius“,Constanța

3 - Centrul Național de Referință al Salmonelelor, Școala Națională de Sănătate Publică, Atena, Grecia

Gastroenterita bacteriană rămâne o cauză majoră de morbiditate și mortalitate la nivel mondial, în special la copii, în ciuda progreselor condițiilor sanitare.

Obiectiv. Scopul studiului nostru a fost determinarea prevalenței și a profilului sensibilității la antibiotice ale speciilor de Campylobacter, Salmonella, Shigella și Yersinia izolate de la copiii spitalizați cu diaree infecțioasă acută în Spitalul de Copii Penteli, Atena, Grecia.

Material și metodă. 4933 probe de materii fecale, colectate în perioada ianuarie 2014 - decembrie 2016, au fost evaluate microscopic și cultivate pe medii convenționale. Identificarea microorganismelor și testarea sensibilității la antibiotice au fost efectuate prin metode clasice sau automate (sistem Vitek 2 Compact). Interpretarea rezultatelor a fost efectuată în conformitate cu standardele CLSI și EUCAST.

Rezultate. Din 245 probe pozitive, neduplicate, 149 tulpini de Campylobacter spp. (60,82%), 77 tulpini de Salmonella spp. (31,43%), 10 tulpini de Shigella spp. (4,08%) și 9 tulpini de Yersinia enterocolitica (3,67%) au fost izolate și testate pentru sensibilitatea la antibiotice. În 63,67% din cazuri au fost afectați copii cu vârsta sub 5 ani. Infecția simultană cu doi agenți patogeni a fost observată la 9 copii. Campylobacter jejuni a fost identificat în majoritatea culturilor de Campylobacter spp. (94,63%). Salmonella enteritidis (48,05%) și Salmonella typhimurium (14,28%) au fost speciile de Salmonella cel mai frecvent izolate. Izolatele Shigella au fost dominate de Shigella flexneri (60%). Campylobacter a prezentat rezistență înaltă la cefalotină, acid nalidixic și ciprofloxacină (> 80%); numai 2,01% dintre izolate au fost rezistente la eritromicină. Toate tulpinile de Salmonella au fost sensibile la cefotaximă, cloramfenicol și meropenem. Ciprofloxacina și cefotaxima au fost agenții cei activi împotriva Shigella spp. (100%).

Concluzii. Monitorizarea periodică și evaluarea sensibilității la antimicrobiene a microorganismelor izolate de la copiii cu diaree infecțioasă sunt necesare pentru o implementare corespunzătoare a protocoalelor de terapie.

P2. PREVALENCE AND ANTIBIOTIC SUSCEPTIBILITY PROFILE OF CAMPYLOBACTER, SALMONELLA, SHIGELLA AND YERSINIA STRAINS ISOLATED FROM CHILDREN WITH ACUTE INFECTIOUS DIARRHEA

Mirela-Victoria Tătaru[1], Maria Daskalaki[1], Mihaela Botnarciuc[2], Efi Staikou[1], Alkibiadis Batopoulos[3], Antonia Makri[1]

1 - Clinical Microbiology Laboratory, Penteli Children's Hospital, Athens, Greece

2 - Faculty of Medicine, „Ovidius“ University, Constanța

3 - National Reference Centre for Salmonella, National School for Public Health, Athens, Greece

Bacterial gastroenteritis remains a major cause of morbidity and mortality worldwide, especially in children, despite advances in sanitary conditions.

Objective. The aim of our study was to determinate the prevalence and antimicrobial susceptibility profile of Campylobacter, Salmonella, Shigella and Yersinia species isolated from children hospitalized with acute infectious diarrhea in Penteli Children's Hospital, Athens, Greece.

Material and method. 4933 fecal samples collected between January 2014 and December 2016 were microscopically evaluated and cultured on conventional media. Identification of microorganisms and antibiotic susceptibility testing were performed by classical or automated (Vitek 2 Compact system) methods. Interpretation of the results was done according to CLSI and EUCAST standards.

Results. From 245 non-duplicated positive samples, 149 strains of Campylobacter spp. (60.82%), 77 strains of Salmonella spp. (31.43%), 10 strains of Shigella spp. (4.08%), and 9 strains of Yersinia enterocolitica (3.67%) were isolated and tested for antimicrobial sensitivity. In 63.67% cases children under 5 years of age were affected. Simultaneous infection with two pathogens was observed in 9 children. Campylobacter jejuni was identified in the majority of Campylobacter spp. cultures (94.63%). Salmonella enteritidis (48.05%) and Salmonella typhimurium (14.28%) were the most frequent Salmonella spp. isolated. Shigella isolates were dominated by Shigella flexneri (60%). Campylobacter species presented high resistance to cephalothin, nalidixic acid and ciprofloxacin (>80%); only 2.01% of isolates were resistant to erythromycin. All Salmonella isolates were sensitive (100%) to cefotaxime, chloramphenicol and meropenem. Ciprofloxacin and cefotaxime were the most active agents against Shigella spp. (100%).

Conclusions. Periodic surveillance and evaluation of sensitivity to antimicrobials of microorganisms isolated from children with infectious diarrhea are necessary for an appropriate implementation of therapy protocols.

P3. BACTERII GRAM-NEGATIVE MULTIDRUG REZISTENTE IMPLICATE ÎN ETIOLOGIA INFECȚIILOR DE TRACT RESPIRATOR INFERIOR LA PACIENȚI SPITALIZAȚI

Stanca-Lucia Pandrea[1,2], Stanca-Maria Pandrea[3], Lia Sorina Pepelea[2], Luminița Matroș[2]

1 - Institutul Regional de Gastroenterologie-Hepatologie „Prof. Dr. O. Fodor“ Cluj-Napoca

2 - Catedra de Microbiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Iuliu Hațieganu“ Cluj-Napoca

3 - Studentă Facultatea de Medicină, Universitatea de Medicină și Farmacie „Iuliu Hațieganu“ Cluj-Napoca

Introducere. Frecvența izolării bacteriilor Gram-negative (BGN) multidrug rezistente (MDR) și mai ales a celor cu rezistență la carbapeneme (R-CARBA) a crescut foarte mult în ultimii ani.

Obiective. Analiza asocierilor tulpinilor de Pseudomonas aeruginosa (PA)-MDR cu alte BGN implicate în etiologia infecțiilor de tract respirator inferior (ITRI).

Material și metodă. În perioada ianuarie - decembrie 2014 am analizat etiologia ITRI la pacienți internați în Institutul Regional de Gastroenterologie-Hepatologie „Prof. Dr. O. Fodor“, Cluj-Napoca. Tulpinile au fost izolate din produse patologice ale tractului respirator inferior. Identificarea tulpinilor s-a făcut prin metode convenționale și sistemul Vitek®2 Compact. Testarea sensibilității la antibiotice s-a realizat prin sistemul Vitek®2 Compact, conform normelor CLSI.

Rezultate. Din 133 de tulpini de PA izolate, 66 au fost tulpini MDR. Doar în 3 cazuri, PA a fost izolat ca unic agent etiologic. În restul cazurilor, PA-MDR s-a izolat în asociere cu unul (69,7%) sau chiar doi BGN-MDR (25,8%). În 36 din cazuri (54,5%) s-a asociat cu Acinetobacter baumannii-MDR. Asocierea dintre PA-MDR, A. baumannii-MDR și o enterobacterie s-a întâlnit în 13 cazuri (19,7%). În trei dintre aceste asocieri s-a izolat câte o tulpină de Klebsiella pneumoniae, Providencia stuartii și Proteus mirabilis, toate cu fenotip R-CARBA. Asocierea PA-MDR cu enterobacteriile s-a întâlnit în 16 cazuri (24,2%). Enterobacteriile izolate au prezentat fenotip ESBL (beta-lactamaze cu spectru extins) (6 tulpini), alături de R-CARBA (10 tulpini). Se remarcă apariția tulpinilor de K. pneumoniae R-CARBA (6 tulpini), de Escherichia coli, P. stuartii, P. mirabilis, Seratia marcescens, cu fenotip R-CARBA (1 tulpină din fiecare). 55 de tulpini de PA-MDR au provenit din secția de terapie intensivă.

Concluzii. Principalul mecanism de rezistență la carbapeneme al BGN este impermeabilitatea asociată cu producția de carbapenemaze. Tulpinile de BGN-MDR izolate în asociere sugerează posibilitatea transmiterii unor gene de rezistență între diferite specii bacteriene, în special în ceea ce privește rezistența la carbapeneme.

Cuvinte cheie. Bacili Gram-negativi, Pseudomonas aeruginosa, multidrug rezistență, rezistență la carbapeneme.

P3. MULTIDRUG-RESISTANT GRAM-NEGATIVE BACTERIA INVOLVED IN THE ETIOLOGY OF LOWER RESPIRATORY TRACT INFECTIONS IN HOSPITALIZED PATIENTS

Stanca-Lucia Pandrea[1,2], Stanca-Maria Pandrea[3], Lia Sorina Pepelea[2], Luminița Matroș[2]

1 - Regional Institute of Gastroenterology and Hepatology „Prof. Dr. O. Fodor „ Cluj-Napoca

2 - Microbiology Department, „Iuliu Hațieganu“ University of Medicine and Pharmacy Cluj-Napoca

3 - Medical student, „Iuliu Hațieganu“ University of Medicine and Pharmacy Cluj-Napoca

Background. The frequency of Gram-negative bacteria (GNB) multi-drug resistant (MDR) especially carbapenem resistant (R-CARBA) has increased significantly in the past years.

Objectives. The analysis of Pseudomonas aeruginosa (PA)-MDR strains association with other BGN implicated in the etiology of lower respiratory tract infections (LRTI).

Methods and Materials. Between January and December 2014 we analyzed the LRTI etiology in patients admitted to the „Prof. Dr. O. Fodor“ Regional Institute of Gastroenterology and Hepatology Cluj-Napoca. The strains were isolated from different pathological products of the lower respiratory tract. The strains identification was made by conventional methods using the Vitek 2 Compact system. Antibiotic testing was performed by Vitek 2 Compact system, according to CLSI standards.

Results. From 133 isolates of PA, 66 were MDR strains. In only 3 cases, PA was isolated as single etiological agent. In the remaining cases PA-MDR was associated with one (69,7%) or two GNB-MDR (25.8%). In 36 cases (54.5%), it was associated with Acinetobacter baumannii-MDR. The association between PA-MDR, A. baumannii-MDR and an enterobacteria was found in 13 cases (19.7%). In 3 associations, in each case a strain of Klebsiella pneumoniae, Providencia stuartii and Proteus mirabilis was isolated, all of them presenting the R-CARBA phenotype. The PA-MDR and enterobacteria association was also presented in 16 cases (24.2%). Isolated enterobacteria have presented ESBL phenotype (extended spectrum of beta-lactamases) (6 strains) as well as R-CARBA phenotype (10 strains). The emergence of R-CARBA phenotype (1 strain each) Escherichia coli, P. stuartii, P. mirabilis, Seratia marcescens and K. pneumoniae (6 strains) was distinguished. 55 PA-MDR strains resulted from the Intensive Care Unit.

Conclusion. The main mechanism associated with GNB carbapenem resistance represents the production of carbapenemase combined with impermeability. GNB-MDR strains isolated together suggest the possibility of resistant genes transmission between different bacterial species, especially those regarding the carbapenem resistance.

Keywords. Gram-negative bacilli, Pseudomonas aeruginosa, multidrug resistance, carbapenem resistance.

P4. EVALUAREA PONDERII REZISTENȚEI LA CARBAPENEME A TULPINILOR DE KLEBSIELLA SPP., PSEUDOMONAS SPP. ȘI ACINETOBACTER SPP. IZOLATE DE LA PACIENȚI SPITALIZAȚI ȘI DIN MEDIU SPITALICESC

Mariana Mintenas

INSP, CRSP - Iași

Scop. Identificarea aspectelor de sensibilitate/ rezistență la antibiotice a tulpinilor izolate din surse potențiale de infecție și din mediul de îngrijiri medico-chirurgicale arată producerea și fenotipul de carbapenemază implicat.

Material și metodă. Au fost analizate 251 tulpini de la pacienți spitalizați din 15 unități spitalicești din zona Moldovei, în perioada octombrie 2016-iunie 2017, acestea provenind de la o gamă diversă de produse patologice: urină 27,49%, secreție traheală 9,16%, plagă chirurgicală 8,37%, spută 5,18%, aspirat bronșic și lichid peritoneal 4,48%, hemoculturi 3,98%, aspirat gastric 3,98%, lohicultură 3,59%.

Structura tulpinilor izolate a fost realizată pe spitale Județene: Spitalul Clinic de Obstetrică și Ginecologie „Cuza Vodă" Iași 16,33%, Spitalul Județean de Urgență Bacău 15,54%, Spitalul Județean de Urgență Botoșani 14,34%, Spitalul Județean de Urgență Galați 13,15%, IRO Iași 8,57%, Spitalul Clinic Județean de Urgențe „Sf. Spiridon" Iasi 7,17% și Municipale: Spitalul Municipal Moinești Bacău 4,38%, Spitalul Orășenesc Tg. Neamț 3,98%, Spitalul Municipal Huși 2,79%, Spitalul Municipal Bârlad 0,8%.

S-a realizat testarea sensibilității/rezistenței la antibiotice prin metoda difuzimetrică, iar valoarea CMI la carbapeneme s-a evidențiat prin benzi E-test.

Cercetarea mecanismelor de rezistență a impus efectuarea testului Hodge modificat, testului de sinergie cu EDTA, testului CarbaNP ca metode de confirmare fenotipică a producerii de carbapenemază.

Rezultate. Tulpinile de K. pneumoniae – 165 au prezentat un nivel de sensibilitate crescută la peniciline, cefalosporine de generațiile I, IV, quinolone, aminoglicozide, însă variabilă la carbapeneme (55 tulpini).

Confirmarea fenotipică s-a efectuat la numărul de variabile, însă doar rezistențele majore au elaborat fenotipul oxacilinază (4 OXA48) și fenotipul metalo-betalactamază (una MBL).

Gram negativii nonfermentativi au nivel înalt de rezistență la cefalosporine, quinolone, aminoglicozide, carbapeneme (25 P. aeruginosa prezintă fenotip MBL și 15 A. baumannii fenotipul OXA48).

Concluzii. Structura tulpinilor cercetate este: K. pneumoniae - 67%, P. aeruginosa 20,31%, A. baumanii - 0,9%, însă fenotipurile responsabile cu producerea de carbapenemaze sunt: metalo-betalactamazele (26 MBL: 25 MBL P. aeruginosa și una MBL K. pneumoniae) și oxacilinazele (19 OX48: 15 OX48 A. baumannii și 4 OX48 K.pneumoniae).

Se impune continuarea studiului pentru investigarea suportului genetic al acestor mecanisme de rezistență pentru o bună supraveghere epidemiologică și înțelegere a aplicării corecte a antibioticoterapiei realizate.

P4. EVALUATION OF THE CARBAPENEM RESISTANCE OF KLEBSIELLA SPP., PSEUDOMONAS SPP. AND ACINETOBACTER SPP. ISOLATES FROM HOSPITALIZED AND HOSPITAL PATIENTS

Mariana Mintenas

NIPH - RCPH Iași

Purpose. The identification of antibiotic susceptibility / antibiotic resistance aspects of isolated strains from potential sources of infection and from the medical-surgical environment shows the production and phenotype of the carbapenemase involved.

Material and Method. 251 strains were analyzed from hospitalized patients from 15 hospital units in the Moldovan area, from October 2016 to June 2017, from a wide range of pathological products: urine 27.49%, tracheal secretion 9.16 %, surgical wound 8.37%, sputum 5.18%, bronchial aspiration and peritoneal fluid 4.48%, blood culture 3.98%, gastric aspiration 3.98%, lochia culture 3.59%.

Distribution of the isolated strains was done on County hospitals: „Cuza Vodă" Clinical Hospital of Obstetrics and Gynecology Iași 16.33%, Bacău Emergency County Hospital 15.54%, Botoșani County Emergency Hospital 14.34%, County Emergency Hospital Galați 13,15%, IRO Iași 8,57%, County Clinical Emergency Hospital „Sf. Spiridon" Iași 7.17% and Municipal: Moinești Municipal Hospital Bacău 4.38%, Tg. Neamț Hospital 3.98%, Huși Municipal Hospital 2.79%, Municipal Bârlad Hospital 0.8%.

Antibiotic sensitivity / resistance testing was performed by diffusion method and the carbapenem CMI value was revealed by E-test strips.

Investigation of resistance mechanisms required the modified Hodge test, the synergy test with EDTA, the CarbaNP assay as methods of phenotypical confirmation of carbapenemase production.

Results. K. pneumoniae - 165 strains showed increased susceptibility to penicillins, cephalosporins of generations I, IV, quinolones, aminoglycosides but variable carbapenems (55 strains).

Confirmation phenotype was performed on the number of variables, but only the major resistances developed the phenotype oxacilinase (four OXA 48) and the phenotype metalo-betalactamase (one MBL).

Gram-negatives non-fermentatives have a high level of resistance to cephalosporins, quinolones, aminoglycosides, carbapenems (25 P. aeruginosa shows MBL phenotype and 15 A. baumannii OXA 48phenotype).

Conclusions. The structure of the studied strains is: K. pneumoniae - 67%, P. aeruginosa 20.31%, A. baumannii- 0.9%, but the phenotypes responsible for the production of carbapenemases are: metalo-betalactamases (26 MBL: 25 MBL P. aeruginosa and one MBL K. pneumoniae) and oxacilinases (19 OXA 48: 15 OX48 A. baumannii and 4 OX48 K.pneumoniae). It requires further study to investigate the genetic support of these resistance mechanisms for good epidemiological surveillance and understanding of the correct application of antibiotic therapy.

P5. SCREENING-UL PENTRU DETERMINAREA BACTERIILOR MULTIDROGREZISTENTE (MDR) ÎN SPITALUL CLINIC DE URGENȚĂ CRAIOVA

Maria Bălășoiu[1,2], Ovidiu Zlatian[1,2], Oana Ionete[1,2], Adela Boroghină[2], Manuela Băcănoiu[2], Andrei-Theodor Bălășoiu[3], Elena Leocadia Popescu[1,2], Carmen Avrămescu[1,2]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie Craiova, Disciplina Microbiologie

2 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova, Laborator de analize medicale

3 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova, Clinica de Oftalmologie

Introducere. În România este în desfășurare Programul Național de Supraveghere și Control al Infecțiilor Nosocomiale. Conform Ordinului MS 931/2016, începând cu august 2016 a început derularea activităților din Programul Național de Supraveghere și Control al Infecțiilor Nosocomiale și Antibiorezistenței prin efectuarea screening-ului activ pentru depistarea colonizării/infecției cu germeni cu risc crescut: MRSA, VRE, BLSE, CPE.

Material și metode. Au fost recoltate de la fiecare pacient nou internat în secțiile cu risc (ATI, secții chirurgicale și Urologie) probe pentru screening bacteriologic al bacteriilor multidrogrezistente (MDR): exsudat faringian, exsudat nazal, tampon cutanat (axilă), urocultură, secreții traheo-bronșice, tampon rectal. În total au fost recoltate 3500 probe: 845 exsudate faringiene, 813 exsudate nazale, 825 tampoane cutanate (axilă), 599 tampoane perianale, 255 uroculturi de la pacienți cu sondaj vezical, 163 secreții traheo-bronșice la persoanele intubate orotraheal. Izolarea s-a efectuat pe mediile cromogene pentru screening, iar probele suspecte au fost supuse examenului microbiologic complet. Rezistența la antibiotice și detecția mecanismelor de rezistență au fost determinate prin metode difuzimetrice și confirmate cu ajutorul metodei microdiluțiilor (analizor automat Vitek2 Compact), conform standardului CLSI, ediția 2016.

Rezultate. Din totalul de 3500 probe recoltate, 120 au fost pozitive (3,43%) și au fost izolate 138 tulpini bacteriene. Din 1658 probe de exsudat faringian și nazal au fost izolate 51 tulpini bacteriene (3,07%): 30 MRSA, 9 MSSA, 3 Escherichia coli, 6 Proteus, 3 bacili Gram negativ glucozo-nefermentativi. Din 825 probe de tampon cutanat s-au izolat 12 tulpini bacteriene (1,45%), 9 MRSA, 3 Enterobacteriaceae producătoare ESBL, 3 CPE. Din 163 secreții traheobronșice s-au izolat 21 tulpini bacteriene (12,88%), 3 MSSA, 6 MRSA, 3 Enterobacteriaceae producătoare ESBL, 3 CPE, 3 Acinetobacter. Din 255 uroculturi s-au izolat 6 tulpini bacteriene (2,35%), 2 Enterobacteriaceae producătoare ESBL, 1 CPE, 2 Pseudomonas, 2 VRE. Din 599 tampoane perianale s-au izolat 48 tulpini bacteriene (8,01%), 6 VRE, 15 Enterobacteriaceae producătoare ESBL, 9 CPE, 7 Enterobacteriaceae cu mecanism dublu de rezistență ESBL+Carbapenemaze, 6 Pseudomonas, 1 Acinetobacter.

Concluzii. Screeningul reprezintă o imagine fidelă a prezenței bacteriilor MDR în secțiile cu risc. Deși costisitor și laborios, rezultatele au dovedit prezența în spital a unui număr important de bacterii MDR circulante și au contribuit la luarea măsurilor de prevenire a răspândirii infecțiilor de spital. Folosirea abundentă a antibioticelor din clasa beta-lactaminelor, în special a carbapenemelor în secțiile de ATI și chirurgicale a condus la selecția tulpinilor de spital multidrogrezistente.

P5. SCREENING FOR DETERMINING THE MULTIDRUGRESISTANT BACTERIA IN THE COUNTY CLINICAL EMERGENCY HOSPITAL OF CRAIOVA, ROMANIA

Maria Bălășoiu[1,2], Ovidiu Zlatian[1,2], Oana Ionete[1,2], Adela Boroghină[2], Manuela Băcănoiu[2], Andrei-Theodor Bălășoiu[3], Elena Leocadia Popescu[1,2], Carmen Avrămescu[1,2]

1 - University of Medicine and Pharmacy of Craiova, Department of Microbiology

2 - County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Medical analysis laboratory

3 - County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Ophtalmology Clinic

Introduction. In Romania there is an ongoing National Program for Nosocomial Infections Surveillance and Control. According to MS 931/2016, since August 2016, the activities of the National Program for Surveillance and Control of

Nosocomial Infections and Antibiotic Infections have been started by performing active screening for colonization / infection with high risk germs: MRSA, VRE, BLSE, CPE.

Material and methods. From each newly hospitalized patient in risk areas (ICU, Surgery and Urology), we collected samples for bacteriological screening of multidrug-resistant bacteria (MDR): pharyngeal exsudate, nasal exsudate, cutaneous (axillary) swab, urine culture, tracheo-bronchial secretions, rectal swab. Altogether, 3500 samples were collected: 845 pharyngeal exsudates, 813 nasal exsudates, 825 skin pads (axillary), 599 perianal swabs, 255 urine cultures from vesicular cateter, 163 tracheo-bronchial secretions in orotraheal intubates. Isolation was performed on chromogenic media for screening, and suspicious samples were subjected to complete microbiological examination. Resistance to antibiotics and detection of resistance mechanisms were determined by diffusimetric methods and confirmed by the microdilution method (Vitek2 Compact automatic analyzer), according to the CLSI standard, 2016 edition.

Results. Of the 3500 harvested samples, 120 were positive (3.43%) and 138 strains were isolated. From 1658 specimens of pharyngeal and nasal exsudation, 51 bacterial strains (3.07%) were isolated: 30 MRSA, 9 MSSA, 3 Escherichia coli, 6 Proteus, 3 Gram negative glucose non-fermentative bacilli. From 825 skin buffer samples 12 bacterial strains (1.45%), 9 MRSA, 3 Enterobacteriaceae producing ESBL, 3 CPE were isolated. Of 163 tracheobronchial secretions, 21 bacterial strains (12.88%), 3 MSSA, 6 MRSA, 3 Enterobacteriaceae producing ESBL, 3 CPE, 3 Acinetobacter were isolated. Of 255 urine cultures, 6 bacterial strains (2.35%), 2 Enterobacteriaceae producing ESBL, 1 CPE, 2 Pseudomonas, 2 VREs were isolated. From 599 perianal swabs, 48 bacterial strains (8.01%), 6 VRE, 15 Enterobacteriaceae producing ESBL, 9 CPE, 7 Enterobacteriaceae with double resistance mechanism ESBL + Carbapenemase, 6 Pseudomonas, 1 Acinetobacter were isolated.

Conclusions. Screening is a true picture of the presence of MDR bacteria in risk areas. Although costly and laborious, the results have demonstrated the presence of a significant number of circulating MDRs in our hospital and have contributed to the measures to prevent the spread of hospital infections. The abundant use of beta-lactam antibiotics, especially carbapenems in the ATI and surgical sections, has led to the selection of multi-drug-resistant hospital strains.

P6. MULTIDROGREZISTENȚA TULPINILOR DE ESCHERICHIA COLI PRODUCĂTOARE DE ESBL

Adriana Turculeanu[1], Alice Găman[1], Ovidiu Zlatian[1], Spyros Pournaras[2], Sophia Vourli[3]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie Craiova, Departamentul II Științe funcționale, Disciplina Bacteriologie, Virusologie, Parazitologie

2 - Universitatea din Atena, Grecia, Școala de Microbiologie Medicală Clinică

3 – Laboratorul de Microbiologie Clinică, Spitalul Universitar ATTIKON, Atena, Grecia

Premize. Antibioticele β-lactamice, în special cefalosporinele din a treia generație, sunt o clasă majoră de medicamente utilizate pentru a trata infecțiile grave cauzate de E. coli. β-lactamazele secretate de E. coli sunt enzime bacteriene care inactivează antibioticele β-lactamice prin hidroliză, ceea ce duce la instalarea rezistenței la antibioticele respective sau a multidrogrezistenței.

Material. 32 tulpini de germeni izolate din diverse produse patologice provenite din secții ale Spitalului Clinic Județean de Urgență Craiova.

Metode. Studiul fenotipic al producției de ESBL (β-lactamaze cu spectru extins) de către Escherichia coli studiate: metoda difuzimetrică Kirby- Bauer; suspiciunea producției de ESBL: diametrul de inhibiție ≤ 22 mm pentru ceftazidim (30 µg), ≤ 25 mm pentru ceftriaxon (30 µg) și ≤ 27 mm pentru cefotaxim (30 µg). Studiul genotipic: PCR standard.

Rezultate. 10 tulpini identificate ca Escherichia coli. 40% dintre aceste tulpini au fost CTX-M- pozitive, 10% TEM-pozitive. Multidrogrezistența asociată tulpinilor CTX-M pozitive: una dintre tulpini - rezistentă la toate clasele de antibiotice utilizate: cefalosporine, carbapeneme, inhibitori de β-lactamaze, aminoglicozide, fluorochinolone; 2 tulpini - rezistente la: β-lactamine, aminoglicozide, fluorochinolone. Tulpina TEM pozitivă – rezistentă la β-lactamine și aminoglicozide.

Concluzii. 30% dintre izolatele de Escherichia coli testate au prezentat multidrogrezistență cu implicarea profilului CTX-M ESBL. Una dintre tulpinile cu profil CTX-M a fost extensiv drogrezistentă. Profilul TEM s-a asociat numai cu rezistență la β-lactamine și aminoglicozide.

P6. MULTIDRUG RESISTANT STRAINS OF ESBL PRODUCING ESCHERICHIA COLI

Adriana Turculeanu[1], Alice Găman[1], Ovidiu Zlatian[1], Spyros Pournaras[2], Sophia Vourli[3]

1 – University of Medicine and Pharmacology, Department II Functional Sciences, Bacteriology, Virology, Parasitology Craiova

2 - University of Athens, Greece, Clinical Microbiology Medical School

3 - Laboratory of Clinical Microbiology ATTIKON University Hospital, Athens, Greece

Premises. β-lactam antibiotics, especially third-generation cephalosporins, are a major class of drugs used to treat serious infections caused by E. coli. E. coli secreted β-lactamases are bacterial enzymes that inactivate β-lactam antibiotics by hydrolysis, resulting in resistance to these antibiotics or multi-drug resistance.

Material. 32 strains of germs isolated from various pathological products from the departments of the County Clinical

Emergency Hospital of Craiova.

Methods. The phenotypic study of the production of ESBL (extended-spectrum lactamases) by studied Escherichia coli: the Kirby-Bauer diffusion method; suspicion of ESBL production: inhibition diameter ≤ 22 mm for ceftazidime (30 µg), ≤ 25 mm for ceftriaxone (30 µg) and ≤ 27 mm for cefotaxime (30 µg). Genotypic: Standard PCR.

Results. 10 strains identified as Escherichia coli. 40% of these strains were CTX-M-positive, 10% TEM-positive. Multidrug resistance associated with CTX-M positive strains: 1 of the strains - resistant to all classes of antibiotics used: cephalosporins, carbapenems, β-lactamases inhibitors, aminoglycosides, fluoroquinolones; 2 strains - resistant to β-lactam, aminoglycosides, fluoroquinolones. The positive TEM strain - resistant to β-lactam and aminoglycosides.

Conclusions. 30% of the Escherichia coli isolates tested showed multidrug resistance with involvement of the CTX-M ESBL profile. 1 of the CTX-M strains was extensively drug-resistant. The TEM profile was associated with β-lactam and aminoglycoside resistance only.

P7. CARACTERIZAREA UNOR TULPINI DE SHIGELLA SONNEI PRODUCĂTOARE DE BETALACTAMAZE CU SPECTRU EXTINS

Daniela Cristea[1], Maria Nica[2], Adriana Simona Ciontea[1], Melania Mihaela Andrei[1], Andrei Popa[1], Mihaela Oprea[1], Mădălina Militaru[1], Codruța-Romanița Usein[1]

1 - Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

2 - Spitalul de Boli Infecțioase și Tropicale „Dr. Victor Babeș“

Scopul acestui studiu a fost să analizeze baza moleculară a rezistenței tulpinilor de Shigella sonnei la cefalosporinele cu spectru de acțiune extins și să stabilească gradul de înrudire genetică a acestor tulpini.

Materiale și metode. Un număr de 15 tulpini de S. sonnei, primite pentru confirmare și caracterizare la Centrul de Referință pentru Enterobacteriaceae din INC Cantacuzino, izolate în anii 2016-2017, au fost testate biochimic, serologic (aglutinare pe lamă cu seruri monovalente anti S. sonnei S și R) și pentru stabilirea sensibilității la antibiotice (metoda disc-difuzimetrică Kirby Bauer, testul dublu-disc și Etest). Analiza bazei moleculare a rezistenței la cefalosporine cu spectru extins a fost realizată folosind un protocol bazat pe amplificarea genei ctxM, urmată de secvențierea ampliconilor. Gradul de înrudire genetică s-a stabilit prin electroforeză în câmp pulsator (PFGE).

Rezultate. Toate tulpinile analizate s-au dovedit a fi producătoare de BLSE, fiind rezistente la cefotaxim (100%), ceftazidim (85%) și ampicilină (100%). Suplimentar, s-a remarcat rezistența la acțiunea următoarelor antibiotice: trimetoprim-sulfametoxazol (80%), acid nalidixic (60%), ciprofloxacin (53%), tetraciclină (60%) și streptomicină (60%). Toate tulpinile analizate au prezentat gene codante pentru betalactamazele de tip CTX. S-au identificat genele blaCTX- M-15 (10 tulpini); blaCTX- M-1 (4 tulpini) și blaCTX- M-3 (1 tulpină). Dendrograma rezultată din compararea profilurilor de benzi PFGE a indicat două clustere cu o similaritate de 77%. Tulpinile producătoare de CTX-M-15 s-au grupat la un nivel de similaritate de 91% (corespunzător cu o diferență de 3 benzi).

Concluzii. Creșterea rezistenței la antibiotice a tulpinilor de S. sonnei și diseminarea unor clone autohtone de tulpini producătoare de BLSE reprezintă un aspect îngrijorător pentru sănătatea publică și necesită o întărire a supravegherii epidemiologice și microbiologice la nivel național.

P7. CHARACTERIZATION OF SHIGELLA SONNEI STRAINS PRODUCING EXTENDED-SPECTRUM BETALACTAMASES

Daniela Cristea[1], Maria Nica[2], Adriana Simona Ciontea[1], Melania Mihaela Andrei[1], Andrei Popa[1], Mihaela Oprea[1], Mădălina Militaru[1], Codruța-Romanița Usein[1]

1 - Cantacuzino National Research Institute

2 – „Dr. Victor Babeș“ Infectious and Tropical Diseases Hospital

The purpose of this study was to analizyze the molecular basis of extended spectrum cephalosporin resistance of Shigella sonei strains and to establish the degree of genetic kinship between these strains.

Material and methods. A number of 15 S. Sonnei isolated between 2016-2017 were recieved to The Reference Center for Enterobacteriaceae at Cantacuzino Institute for confirmation and characterization. The strains were tested using biochemical and serological methods (agglutination on slide with monovalent serum anti S. sonnei S and R) and for the antibiotic sensitivity testing (Kirby Bauer disk diffusion method, Double Disc test and Etest). The analysis of the molecular basis of antibiotic resistance to extended spectrum cephalosporins was done using a protocol based on the amplification of the ctxM gene, followed by the amplicon sequencing. The genetic kinship was established using pulse field gel electrophoresis (PFGE).

Results. All of the analyzed strains were ESBL producers, being resistant to cefotaxime (100%), ceftazidime (85%) and ampicilin (100%). In addtion, resistance to the following antibiotics was shown: sulphamethoxazole (80%), nalidixic acid (60%), ciprofloxacin (53%), tetracicline (60%) and streptomicin (60%). All the strains presented coding genes of CTX beta-lactamases. The genes BlaCTX- M-15 (10 strains); blaCTX- M-1 (4 strains) and blaCTX- M-3 (1 strain) were identified. The dendrogram resulted from comparison of the PFGE bands profiles indicated 2 clusters with 77% similarity. The CTX-M-15 producing strains had 91% similarity level (corresponding to differences in 3 bands).

Conclusions. The increasing of antibiotic resistance level of S. sonnei strains and spreading of authotone clones of ESBL producing strains represents a concerning aspect for the public health and demands consolidation of epidemiological and microbiological surveillance on a national level.

P8. IZOLAT INTESTINAL DE ESCHERICHIA COLI DIN SEROTIPUL O157:H7 VTX NEGATIV

Codruța-Romanița Usein[1], Adriana Simona Ciontea[1], Mădălina Militaru[1], Daniela Cristea[1], Manuela Mihaela Andrei[1], Andrei Popa1, Diana Iliescu[2], Coralia Stanciu[2]

1 - Institutul National de Cercetare „Cantacuzino“, București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

Obiectiv. Potențialul de patogenitate al tulpinilor de Escherichia coli din serotipul O157:H7 este asociat cu numeroși factori de virulență, mulți dintre aceștia codificați de gene localizate pe elemente genetice mobile (EGM). Între EGM se află bacteriofagii lambdoizi lizogeni care poartă genele vtx, responsabile de sinteza verocitotoxinelor VT 1 (vtx1) și VT2 (vtx2). Considerate critice pentru declanșarea leziunilor celulare asociate formelor severe de infecție, precum colita hemoragică și sindromul hemolitico-uremic (SHU), aceste gene pot fi pierdute odată cu bacteriofagii, in vivo, pe parcursul infecției sau in vitro, prin pasaje repetate de cultivare. Studiul de față prezintă o tulpină autohtonă de E. coli O157:H7 lipsită de gene vtx, izolată de la un caz pediatric de gastroenterocolită.

Materiale și metode. Izolatul intestinal de E. coli a fost cultivat pe medii selective și diferențiale pentru enterobacterii (agar MacConkey și agar MacConkey cu sorbitol), serotipat convențional (aglutinare pe lamă cu anticorpi pentru antigenul somatic O157 și antigenul flagelar H7) și molecular (PCR pentru genele rfbEO157 și fliCH7) și testat pentru markerii genetici specifici grupului de E. coli producător de verocitotoxine (VTEC). Genotipul de virulență a fost definit pe baza genelor pentru toxinele VT1 (vtx1) și VT2 (vtx2), intimină (eae) și enterohemolizină (ehxA). Grupul filogenetic din care derivă izolatul a fost stabilit cu ajutorul unui protocol bazat pe tehnica PCR multiplex.

Rezultate. Analiza moleculară a confirmat că izolatul de E. coli, incapabil să fermenteze sorbitolul, aparține clonei O157:H7 și derivă din grupul filogenetic E și a indicat că posedă genele eae și ehxA, dar nu și markerul vtx.

Concluzie. Pentru o cât mai corectă identificare a cauzelor de diaree și SHU, algoritmul de analiză microbiologică trebuie să se concentreze pe izolarea/cultivarea agenților infecțioși și pe o caracterizare cât mai detaliată atât a fenotipului cât și a conținutului lor de determinanți genetici.

P8. O157:H7 VTX-NEGATIVE ESCHERICHIA COLI INTESTINAL ISOLATE

Codruța-Romanița Usein[1], Adriana Simona Ciontea[1], Mădălina Militaru[1], Daniela Cristea[1], Manuela Mihaela Andrei[1], Andrei Popa1, Diana Iliescu[2], Coralia Stanciu[2]

1 - „Cantacuzino“ National Institute of Research, Bucharest

2 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

Objective. The pathogenic potential of Escherichia coli O157:H7 strains is associated with several virulence factors, many of them encoded by genes residing on mobile genetic elements (MGE). Lysogenic lambdoid bacteriophages are MGEs which carry vtx genes encoding verocytotoxins VT1 and VT2. These genes are crucial for the initiation of the cellular lesions associated with severe infections complicated with hemolytic uremic syndrome (HUS). Loss of vtx genes along with the bacteriophages may occur in vivo, during the course of infection or in vitro during subculture. The study presents an autochthonous O157:H7 E. coli strain isolated from a pediatric case of gastroenterocolitis devoid of vtx genes.

Materials and methods. The E. coli intestinal isolate was cultivated on selective and differential media for enterobacteria (MacConkey agar and sorbitol MacConkey agar), serotyped conventionally (slide agglutination with antisera against somatic O157 antigen and flagellar H7 antigens) and by a molecular protocol (rfbEO157 and fliCH7 PCRs), and tested for Verocytotoxin-producing E. coli (VTEC) genetic markers. The virulence genotype was defined based on the presence of genes coding for VT1 (vtx1) and VT2 (vtx2), intimin (eae), and enterohemolysin (ehxA). The phylogenetic background was determined by using a multiplex PCR approach.

Results. The molecular analysis confirmed that the sorbitol-negative E. coli isolate belonged to serotype O157:H7, derived from phylogenetic group E, possessed eae and ehxA genes but lacked the vtx marker.

Conclusion. For an accurate identification of diarrhea and HUS etiology, the algorithm of microbiological analysis should focus on isolation/cultivation of infectious agents and on a detailed characterization of their phenotype and genomic content.

P9. CARACTERISTICI ALE LISTERIOZEI UMANE ÎN ROMÂNIA

Dana Magdalena Caplan[1], Marius Eduard Caplan[2]

1 - Institutul Național de Cercetare Cantacuzino, București

2 - SN Institutul Pasteur SA, București

Listerioza umana are ca agent etiologic Listeria monocytogenes și se produce prin consumul alimentelor contaminate cu acest microorganism de către populația cu risc: vârstnicii, pacienții imunocompromiși, femeile însărcinate și fetușii sau nou-născuții acestora.

Scopul acestui studiu a fost investigarea caracterelor a 33 tulpini L. monocytogenes, izolate din produse patologice umane, privind caracterele de patogenitate, virulență și antibiorezistență.

Metodele au vizat evidențierea potențialului de virulență și patogenitate prin testarea aderenței la celulele Hep-2 și investigarea a trei pattern-uri de aderență – localizată / difuză / agregativă, ilustrând abilitatea la colonizare și rezistența la factorii de apărare (fagocitoză, complement), precum și evidențierea capacității de invazie, studiind abilitatea de supraviețuire și diseminare în organismul uman, prin expresia factorilor solubili de virulență: lipaza, lecitinaza (enzime implicate în producerea de pori, favorizând invazia bacteriană), cazeinaza, gelatinaza (implicate în hidroliza proteică, favorizând progresia procesului infecțios și multiplicarea rapidă), DNaza (induce dezintegrarea ADN celular, generând leziuni în celula gazdă), esculinaza (prin esculetina formată furnizează ioni de Fe), amilaza (degradează polizaharidele, conferind avantaje competitive nutriționale). Pentru confirmarea moleculară a speciei L. monocytogenes s-a efectuat tehnica PCR în detectarea genei hlyA (codifică listeriolizina O). Testarea sensibilității la antibiotice s-a efectuat prin metoda difuzimetrică Kirby-Bauer și prin metoda cantitativă E-test, pentru confirmarea producerii de β-lactamaze la tulpinile rezistente.

Rezultate. Tulpinile investigate au fost confirmate ca L. monocytogenes prin acțiunea biochimică și prin detectarea genei hlyA (prezența listeriolizinei O). Peste 80% din tulpinile testate au colonizat substratul reprezentat de celulele Hep-2. Au fost decelați ca factori de virulență cazeinaza, esculinaza, listeriolizina. Toate tulpinile L. monocytogenes au relevat rezistență naturală la cefalosporinele de generația a III-a și la acidul nalidixic. Toate tulpinile au fost sensibile la aminoglicozide, tetraciclină, cloramfenicol și SXT. Cu excepția a două tulpini, a fost remarcată sensibilitatea la peniciline, fapt pentru care terapia cu antibiotice standard recomandată pentru listerioză este reprezentată de penicilină sau ampicilină cu gentamicină.

Cuvinte cheie: Listeria monocytogenes, celule HEp-2, factori de virulență, antibiosusceptibilitate.

P9. FEATURES OF HUMAN LISTERIOSIS IN ROMANIA

Dana Magdalena Caplan[1], Marius Eduard Caplan[2]

1 – Cantacuzino National Research Institute Bucharest

2 – Pasteur Institute, Bucharest

Listeria monocytogenes is the etiologic agent of human listeriosis, which occurs by eating contaminated food with this microorganism by risk populations: elderly, immunocompromised patients, pregnant women and their fetuses or newborns.

The aim of this study was to investigate 33 strains of L. monocytogenes isolated from human pathological products about their pathogenicity, virulence characters and antibiosusceptibility.

Methods aimed to reveal the potential virulence and pathogenicity by testing adherence to HEp-2 cells and the investigation of three adhesion patterns - localized / distributed / aggregative, depicting colonization ability and resistance to defense factors (phagocytosis, complement), as well as to reveal the capacity of invasion, studying the ability of survival and dissemination in human body by the expression of the soluble virulence factors: lipase, lecithinase (enzymes involved in the production of pores, favoring bacterial invasion), caseinase, gelatinase (involved in protein hydrolysis, favoring rapid progression of the infection and multiplication), DNase (disintegration of cellular DNA, resulting in damage to the host cell), esculinase (providing Fe^{3+} by esculetin formation), amylase (degrades polysaccharides, conferring a competitive advantage nutrition). To confirm by molecular testing the L. monocytogenes strains, there was carried out PCR assay in the detection of hlyA gene (encoding listeriolysin O). Antibiotic susceptibility testing was performed by Kirby-Bauer disk diffusion method and the E-test quantitative method in order to confirm β-lactamase producing by resistant strains.

Results. The investigated strains were confirmed as L. monocytogenes species by biochemical reactions and hlyA gene detecting (listeriolysin O). More than 80% of the tested strains colonized the substrate represented by HEp-2 cells. There were found as virulence factors caseinase, esculinase, listeriolysin. All L. monocytogenes strains showed natural resistance to the IIIrd generation cephalosporins and nalidixic acid. All strains were susceptible to aminoglycosides, tetracycline, chloramphenicol and SXT. With the exception of two strains, there was noticed sensitivity to penicillins, for which the standard antibiotic therapy recommended for listeriosis is represented by penicillin or ampicillin with gentamicin.

Key words: Listeria monocytogenes, HEp-2 cells, virulence factors, antibiosusceptibility.

P14. ANALIZA GENETICĂ A POLIMORFISMULUI ȘI OMOGENITĂȚII GENELOR LPSB, DACE ȘI AMIC LA IZOLATE DE BRUCELLA MELITENSIS DIN WEST BANK, PALESTINA

Elena Awwad[1,2], Stelian Bărăităreanu[1], Maria Rodica Gurău[1], Kamel Adwan[4], Mohammed Farraj[3], Tamer Essawi[3], Doina Daneș[1]

1 - Universitatea de Științe Agronomice și Medicină Veterinară din București, Facultatea de Medicină Veterinară

2 - Ministerul Agriculturii, Direcția Generală de Servicii Veterinare și Sănătate Animală, Laboratorul Veterinar Central, Ramallah, Palestina

3 - Master în Laborator Clinic, Universitatea Birzeit, Birzeit, Palestina

4 - Departamentul de Biologie și Biotehnologie, Universitatea Națională Na-Nabah, Palestina

Brucella melitensis este o bacterie facultativ-intracelulară a cărei abilitate de a supraviețui și multiplica în interiorul macrofagelor animalelor gazdă este o caracteristică esențială a virulenței lor. Principalul obiectiv al acestui studiu a fost determinarea nivelului de omologie al biovarurilor palestiniene de Brucella melitensis și răspândirea acestora. În acest scop s-a efectuat analiza moleculară prin secvențierea parțială a unora din genele învelișului celular lpsB (manoziltransferaza, biosinteza nucleului), dacE (D-aminopeptidaza, sinteza peptidoglicanului) și amiC (N-acetilmuramil-L-alanin amidază, hidroliza celulară-perete), pentru nouă tulpini de Brucella melitensis izolate din probe de lapte, recoltate de la oi, crescute în diferite districte palestiniene. Analiza tulpinilor de teren a evidențiat prezența unui grad înalt de omologie cu alte secvențe ADN: 98% pentru lpsB (GenBank accession nr. KT357498, KT357499), 99% pentru dacE (GenBank accession nr. KT3575500 - KT357506) și 100% pentru amiC (GenBank accession nr. KT357497). Secvențele genei lpsB au prezentat diferite mutații, dar gena amiC a fost similară cu cea a secvenței de referință, confirmând faptul că peptidoglicanul bacterian este un caracter înalt conservat și stabil, în timp ce lipopolizaharidul bacterian prezintă diversitate genetică. Analiza filogenetică a arătat că izolatele studiate sunt strâns înrudite cu Brucella meliensis biovar 1, ceea ce a fost, de asemenea, în acord cu proprietățile morfologice și biochimice ale bacteriilor. Această analiză ar putea fi utilă studiilor epidemiologice, gestionării focarelor și implementării măsurilor de control și prevenire irefutabile pentru sănătatea animală și umană în Palestina.

Cuvinte cheie: Brucella melitensis biovar 1, gene asociate anvelopei celulare, lipopolizaharide, peptidoglican.

P10. GENETIC POLYMORPHISM AND HOMOGENEITY ANALYSIS OF LPSB, DACE AND AMIC CELL ENVELOPE GENES AMONG FIELD STRAIN OF BRUCELLA MELITENSIS ISOLATED IN WEST BANK, PALESTINE

Elena Awwad[1,2], Stelian Bărăităreanu[1], Maria Rodica Gurău[1], Kamel Adwan[4], Mohammed Farraj[3], Tamer Essawi[3], Doina Daneș[1]

1 - University of Agronomic Science and Veterinary Medicine, Faculty of Veterinary Medicine, Bucharest, Romania

2 - Ministry of Agriculture, General Directorate of Veterinary Services and Animal Health, Central Veterinary Laboratory, Ramallah, Palestine

3 - Master Programs in Clinical Laboratory Science, Birzeit University, Birzeit, Palestine

4 - Department of Biology and Biotechnology, An-Najah National University, Nablus, Palestine

Brucella melitensis is a facultative intracellular bacterium and ability to survive and multiply in the environment of host macrophages is essential to its virulence. The main objective this study was to determine homology level and circulated biovar Palestinian Brucella melitensis field isolates. The partial sequencing of lpsB (mannosyltransferase, core biosynthesis), dacE (D-aminopeptidase, peptidoglycan synthesis) and amiC (N-acetylmuramyl-L-alanine amidase cell-wall hydrolysis) cell envelope genes of nine Brucella melitensis positive milk specimen from different districts have been molecularly characterized. Nucleotide analysis revealed that field strains genes have a high degree homology among another similar DNA sequences: lpsB (our accession nr. KT357498, KT357499) 98%, dacE (our accession nr. KT3575500 - KT357506) 99% and amiC (accession nr. KT357497) 100% respectively. Sequences of an lpsB gene were mutated at various degree, but the amiC gene was similar to reference sequence confirming the fact that peptidoglycan layer in bacteria highly conserved and stable, but the layer of lipopolysaccharide has genetic diversity. Tree distance analysis showed that studied field isolates have been closely related with Brucella meliensis biovar 1, fitting with the morphological and biochemical properties of bacteria. This analysis found to be efficient for epidemiological studies, management of the outbreaks and implementing control and preventive measures which important for animal and human health in Palestine.

Keywords: Brucella melitensis biovar 1, cell envelope associated genes, lipopolysaccharides, peptidoglycan.

P11. INFECȚIA CU BACILLUS ANTHRACIS ÎNTR-O GOSPODĂRIE AGRICOLĂ DIN JUDEȚUL DOLJ

Maria Bălășoiu[1,2], Rumy Anghel[3], Mircea Eugen Frumosu[4], Ovidiu Zlatian[1,2], Oana Ionete[1,2], Adela Boroghină[2], Manuela Băcănoiu[2], Andrei-Theodor Bălășoiu[5], Carmen Avrămescu[1,2], Sorin Dinescu[6,7]

1 - UMF Craiova, Disciplina Microbiologie

2 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova, Laborator de analize medicale

3 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova, Clinica de Chirurgie plastică

4 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase „Victor Babeș“, Craiova, Clinica de Terapie Intensivă

5 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova, Clinica de Oftalmologie

6 - UMF Craiova, Disciplina Epidemiologie

7 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova, Departament Epidemiologie.

Anual vaccinarea animalelor împotriva antraxului se efectuează prin Programul Național de Supraveghere a Zoonozelor. Infecția cu Bacillus anthracis (BA) apare în focare izolate, frecvent în gospodăriile agricole private.

Prezentăm trei cazuri de antrax, la doi pacienți soț și soție și un văr al acestora dintr-o gospodărie de la periferia orașului Craiova, cu condiții sanitare improprii și o stare de igienă precară. Cei doi pacienți s-au prezentat inițial la Spitalul de Boli Infecțioase „Victor Babeș“ Craiova.

Pacienții s-au prezentat cu febră, frison, stare generală mediu alterată, bărbatul prezentând pustulă malignă la nivelul antebrațului, iar femeia edem malign al brațului și adenopatie axilară și supraclaviculară. Nu s-a identificat BA în pustulă. Ambii pacienți au fost trimiși la secția de Chirurgie Plastică din cadrul Spitalului Clinic Județean de Urgență Craiova.

Se intervine chirurgical pentru decompresia edemului malign. S-a identificat BA în lichidul din edem, dar nu în pustula malignă. Ulterior, în cadrul anchetei epidemiologice a fost identificat un al treilea caz la un bărbat din aceeași gospodărie cu pustulă malignă la antebraț, cu stare generală nemodificată. Nu s-au identificat animale bolnave, concluzia anchetei fiind că sursa este telurică.

S-a recoltat de la ambii pacienți ser pentru determinarea de anticorpi anti-BA. Probele de ser și plăcile de geloză-sânge au fost trimise la Centrul Național pentru Antrax, Brucella, Listeria din cadrul Institutului Național de Cercetare „Cantacuzino“, București. S-a confirmat prezența BA pe plăcile de geloză-sânge trimise, confirmat prin două teste de patogenitate in vivo și in vitro (inoculare la șoarece, capsulogeneză), însă nu au fost detectați anticorpi anti-BA în serurile trimise. După 2 săptămâni s-a repetat recoltarea serurilor, detectându-se anticorpi anti-BA.

Antraxul poate fi considerat o boală emergentă în Sud-Vestul României, necesitând o întărire a supravegherii sanitar-veterinare a efectivelor de animale și o colaborare strânsă între medicii epidemiologi umani și medicii veterinari.

P11. INFECTION WITH BACILLUS ANTHRACIS IN AN AGRICULTURAL HOUSEHOLD FROM DOLJ COUNTY

Maria Bălășoiu[1,2], Rumy Anghel[3], Mircea Eugen Frumosu[4], Ovidiu Zlatian[1,2], Oana Ionete[1,2], Adela Boroghină[2], Manuela Băcănoiu[2], Andrei-Theodor Bălășoiu[5], Carmen Avrămescu[1,2], Sorin Dinescu[6,7]

1 - University of Medicine and Pharmacy of Craiova, Department of Microbiology

2 - County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Medical analysis laboratory

3 - County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Plastic Surgery Clinic

4 – „Victor Babeș“ Clinical Infectious Diseases Hospital, Craiova, Intensive Care Clinic

5 - County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Ophtalmology Clinic

6 - University of Medicine and Pharmacy, Craiova, Discipline of Epidemiology

7 - County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Department of Epidemiology

Every year, animal vaccination against anthrax is performed through the National Zoonos Surveillance Program. Bacillus anthracis (BA) infection occurs in isolated outbreaks in Romania, frequently in private households.

We present three cases of anthrax, husband and wife, and one cousin from a household outskirts of Craiova city with poor sanitary conditions and poor hygiene. The two patients initially presented at the „Victor Babeș“ Hospital of Infectious Diseases Craiova.

The patients presented with fever, chills, general malaise, the man had malignant pustule on the forearm and the woman malignant edema of the arm and axillary and supraclavicular adenopathy. BA was not identified in the pustule fluid. Both patients were sent to Plastic Surgery Department of Craiova County Emergency Clinical Hospital.

Surgery is performed in woman for edema decompression procedure. BA was identified in the edema liquid but not in the man's malignant pustule. Subsequently, a third male case was identified in the epidemiological investigation in the same household, who also had malignant pustule on forearm but unchanged general state. No diseased animals were identified, the conclusion being that the source is telluric.

Both sera of the patients were collected for the determination of anti-BA antibodies. Serum samples and blood-agar plates were sent to the National Center for Anthrax, Brucella, Listeria of the Cantacuzino National Research Institute, Bucharest, Romania. The presence of BA on blood-sentinated blood platelets confirmed by two in vivo and in vitro pathogenicity tests (mouse inoculation, capsulogenesis) was confirmed, but no anti-BA antibodies were detected in the sent sera. Two weeks later, sera were collected again, this time anti-BA antibodies were detected in all samples.

Anthrax can be considered an emerging disease in the Southwest of Romania, requiring a reinforcement of veterinary sanitary veterinary supervision and a close collaboration between human epidemiologists and veterinarians.

P12. SEPSIS CU ERYSIPELOTRIX RHUSIOPATIAE: RAPORT DE CAZ

Mihaela Brebenariu[1], Iasmina Hancu[2], Eleonora Gheorghiu[3], Monica Licker[2,4]

1 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Reșița

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș“ Timișoara

3 - Laboratoarele S.C.Bioclinica S.A., Timișoara

4 - Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brînzeu“ Timișoara

Lucrarea de față prezintă cazul unui pacient în vârstă de 64 de ani, provenind din mediul rural, crescător de animale, care s-a internat pe secția Medicină Internă a Spitalului Clinic Județean de Urgență Reșița pentru sepsis, stare generală alterată, febră 38,5°C, insuficiență respiratorie, hipotensiune, astenie. Anamneza pacientului a relevat un detaliu care s-a dovedit definitor în evoluția ulterioară a cazului: pacientul a prezentat în urmă cu 2 luni de zile o plagă la nivelul toracelui, care s-a contaminat și a avut o evoluție trenantă.

Investigațiile de laborator au evidențiat un sindrom inflamator accentuat și anemie severă. S-au recoltat repetate hemoculturi, pentru izolarea agentului etiologic. După pozitivarea hemoculturii însămânțarea s-a efectuat pe mai multe medii de cultură solide, creșterea fiind semnalată doar pe geloză sânge. Examenul microscopic a semnalat prezența unor bacili Gram

pozitivi nesporulați, iar pe sistem MALDI-TOF a fost identificat agentul etiologic: Erysipelotrix rhusiopatiae. Testele de sensibilitate efectuate pe sistem VITEK și interpretate conform Eucast 2017, au evidențiat sensibilitate la penicilină, linezolid și ciprofloxacină și rezistență la clindamicină și vancomicină. S-a inițiat tratament empiric cu vancomicină, după care s-a instituit tratamentul cu ciprofloxacin, conform antibiogramei.

Starea clinică a pacientului s-a deteriorat progresiv, prezentând accidente vasculare cerebrale multiple cu hemipareză stângă, decompensare cardiacă, pleurezie bilaterală. Pacientul a fost transferat pe secția de ATI și ulterior a decedat prin stop cardio-respirator.

Această lucrare dorește să evidențieze importanța anamnezei, coroborate cu un diagnostic bacteriologic corect, în cazul unor patogeni mai putin frecvenți, de tipul Erysipelotrix rhusiopatiae, în infecții comunitare, survenite într-un context profesional.

P12. SEPSIS DUE TO ERYSIPELOTRIX RHUSIOPATIAE: CASE REPORT

Mihaela Brebenariu[1], Iasmina Hancu[2], Eleonora Gheorghiu[3], Monica Licker[2,4]

1 – County Emergency Clinical Hospital Reșița

2 – „Victor Babeș“ University of Medicine and Pharmacy Timișoara

3 - S.C.Bioclinica S.A. Laboratories, Timișoara

4 - „Pius Brînzeu“ County Emergency Clinical Hospital, Timișoara

The present paper presents the case of a 64-year-old farmer coming from the rural livestock area, who was hospitalised at the Reșita Clinical County Emergency Hospital, Internal Medicine Department, for sepsis, altered general condition, fever 38.5°C, respiratory insufficiency, hypotension, asthenia. The patient's history revealed a detail that proved to be defining in the later evolution of the case: the patient presented a toracic wound 2 months ago, which was contaminated and had a tremendous evolution.

Laboratory investigations have revealed an inflammatory syndrome and severe anemia. Repeated blood cultures have been colected to isolate the etiologic agent. After the blood culture was positive, isolation was performed on several solid culture media, with positive growth being only signaled on blood agar. The microscopical examination revealed the presence of unsporulated Gram positive bacilli and on the MALDI-TOF system the etiological agent was identified: Erysipelotrix rhusiopatiae. The antimicrobial sensitivity test (AST) was performed on the VITEK system and interpreted according to Eucast 2017, revealing susceptibility to penicillin, linezolid and ciprofloxacin, and resistance to clindamycin and vancomycin. Empiric treatment with vancomycin was initiated, followed by ciprofloxacin treatment according with the AST.

The clinical condition of the patient progressively deteriorated, showing multiple strokes with left hemiparesis, cardiac decompensation, bilateral pleural effusion. The patient was transferred to the ICU department and subsequently died by cardio-respiratory arrest.

This paper wishes to highlight the importance of anamnesis, corroborated with a correct bacteriological diagnosis, in the case of uncommon pathogens, such as Erysipelotrix rhusiopatiae, for community acquired infections occurring in a professional context.

P13. SUPRAVEGHEREA INFECȚIILOR CU CLOSTRIDIUM DIFFICILE ÎNTR-UN INSTITUT CLINIC DIN MUNICIPIUL BUCUREȘTI

Lorena Angheluș[1], Camelia Ghiță[1], Daniela Pițigoi[2]

1 - Institutul Clinic Fundeni

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“

Clostridium difficile a fost descoperit în 1953 de Hall și O'Toole, numit „difficult Clostridium“ datorită caracteristicilor legate de izolare. Astăzi reprezintă cauza cea mai importantă de colită și diaree la pacienții expuși la antibiotice.

Obiective. Estimarea incidenței ICD în anul 2016 și prioritizarea măsurilor de intervenție.

Material și metodă. Studiul a fost efectuat în IC Fundeni, spital universitar cu 1100 de paturi. Au fost incluși în studiu toți pacienții admiși în spital care au îndeplinit criteriile de eligibilitate conform definiției de caz: scaun diareic sau megacolon toxic și test pozitiv de detecție toxină A și/sau B sau colon cu aspect de colită pseudomembranoasă. Au fost colectate date demografice, data admisiei, durata de spitalizare, date clinice de laborator, tratament antibiotic, inhibitori de pompă de protoni. Pentru fiecare pacient s-a stabilit severitatea bolii.

Rezultate. Au fost confirmați 180 de pacienți cu infecție digestivă din 950 de cazuri suspecte. 58,33% din cazuri au fost de sex masculin. Factorii de risc asociați infecției cu Clostridium difficile cu frecvența cea mai mare sunt tratamentul cu antibiotice (78,88%) și cu anti-secretorii gastrice (68,88%). Din 180 de probe de scaun pozitive, 152 (84,44%) de cazuri au fost ICD asociate asistenței medicale, 13 (7,2%) cazuri ICD comunitare, 10 (5,55%) cazuri ICD de origine nedeterminată și 5 (2,77%) cazuri ICD recurente. Precauții izolare de contact au fost aplicate la un număr de 175 din pacienți, în ziua confirmării diagnosticului.

Concluzii. Infecția cu Clostridium difficile a avut o evoluție endemică în IC Fundeni, cu risc de focare epidemice, ce a necesitat măsuri de intervenție adresate limitării căilor de transmitere și reducerii consumului de antibiotice cu spectru larg.

Cuvinte cheie: Clostridium difficile, supraveghere epidemiologică.

P13. OVERSIGHT OF CLOSTRIDIUM DIFFICULTIES IN A CLINICAL INSTITUTE IN BUCHAREST

Lorena Angheluș[1], Camelia Ghiță[1], Daniela Pițigoi[2]

1 - Fundeni Clinical Institute

2 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy

Clostridium difficile was discovered in 1953 by Hall and O'Toole, called "difficult Clostridium" due to isolation-related characteristics. Today it is the most important cause of colitis and diarrhea in patients exposed to antibiotics.

Objectives. Estimation of ICD incidence in 2016 and prioritization of intervention measures.

Material and method. The study was conducted in IC Fundeni, a 1100-bed university hospital. All hospital admitted patients who met the eligibility criteria according to the case definition were included in the study: diarrheal stool or toxic megacolon and positive toxin A and/or B detection or colon pseudomembranous colitis. Demographics, admission date, hospitalization duration, clinical laboratory data, antibiotic treatment, proton pump inhibitors were collected. The severity of the disease was established for each patient.

Results. 180 patients with digestive infection were confirmed from 950 suspected cases. 58.33% of cases were male. Risk factors associated with Clostridium infection with the highest frequency are antibiotic treatment (78.88%) and gastric antisecretory (68.88%). Of 180 positive stool samples, 152 (84.44%) of cases were ICD associated with nursing, 13 (7.2%) community ICD cases, 10 (5.55%) ICD cases of undetermined origin and 5 (2.77%) recurrent ICD cases. Contact isolation precautions were applied to 175 patients on the day of confirmation of the diagnosis.

Conclusions. Infection with Clostridium difficile had an endemic evolution in IC Fundeni at risk of epidemic outbreaks requiring interventional measures to limit transmission routes and reduce broad-spectrum antibiotic use.

P14. DIAGNOSTICUL DE LABORATOR AL INFECȚIILOR FUNGICE SUPERFICIALE ALE TEGUMENTULUI

Teodora Vremeră[1,2], Cătălina Luncă[1], Luminița Smaranda Iancu[1], Cristina Gabriela Tuchiluș[1,2]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa“ Iași

2 - Spitalului Clinic Județean de Urgențe „Sfântul Spiridon“ Iași

Introducere. Diagnosticul corect al infecțiilor fungice superficiale permite instituirea unei terapii optime și este justificat în contextul incidenței crescute și a răspândirii largi la nivel global, cu afectarea calității vieții indivizilor afectați.

Obiective. Studiul își propune o analiză a cazurilor de infecții fungice ale tegumentului din regiunea de Nord Est a României care au fost investigate în cadrul Laboratorului de Micologie al Spitalului Clinic Județean de Urgențe „Sfântul Spiridon“ Iași, în scopul actualizării datelor privind incidența și particularitățile acestor infecții.

Material și metode. În acest studiu au fost incluși 271 de pacienți cu vârste cuprinse între 1 lună și 90 de ani care s-au adresat Laboratorului de Micologie, în perioada ianuarie 2013-decembrie 2015. Diagnosticul a fost stabilit pe baza examenului microscopic direct cu KOH 20% și a culturii.

Rezultate. Diagnosticul clinic de infecție fungică a fost confirmat la aproximativ 33% dintre cazurile investigate. Nu s-au remarcat diferențe semnificative privind frecvența detecției infecțiilor fungice de la un an la altul. La majoritatea pacienților infecțiile au fost determinate de fungii filamentoși (88,64%) și doar la 11,36% dintre cazurile pozitive a fost detectată prezența levurilor din genul Candida, asociat cu infecții ale pliului inghinal.

Concluzii. Analiza micologică furnizează clinicianului informațiile necesare pentru un diagnostic precis și un tratament adecvat, permițând conturarea unei imagini mai ample asupra incidenței infecțiilor fungice în afecțiunile dermatologice.

P14. LABORATORY DIAGNOSIS OF SUPERFICIAL FUNGAL INFECTIONS OF THE SKIN (POSTER)

Teodora Vremeră[1,2], Cătălina Luncă[1], Luminița Smaranda Iancu[1], Cristina Gabriela Tuchiluș[1,2]

1 - „Grigore T. Popa“ University of Medicine and Pharmacy Iași, Microbiology Department

2 - „St. Spiridon“ Clinical Emergency County Hospital Iasi

Introduction. The correct diagnosis of superficial fungal infections allows the initiation of optimal therapy and is justified in the context of increased incidence and wide spread at global level, affecting the quality of life of the patients.

Objective. The study aims to analyze the cases of fungal infections of the skin from the North-Eastern region of Romania that have been investigated in the Mycology Laboratory of „St. Spiridon" Clinical Emergency County Hospital Iasi, in order to update the data on the incidence and particularities of these infections.

Material and methods. This study included 271 patients aged between 1 month and 90 years diagnosed in the Mycology Laboratory from January 2013 to December 2015. The diagnosis was done by direct microscopic examination with 20% KOH and fungal culture.

Results. The clinical diagnosis of fungal infection was confirmed in approximately 33% of the investigated cases. There were no significant differences from one year to another regarding the frequency of detection of fungal infections. In most patients, infections were caused by filamentous fungi (88.64%) and only 11.36% of positive cases had Candida infections, with predominantly inguinal localization.

Conclusions. Mycological analysis provides the clinician with the necessary information for a precise diagnosis and appropriate treatment, allowing for a wider picture on the incidence of fungal infections in dermatological conditions.

P15. STUDIUL MICROBIOLOGIC AL UNOR TULPINI BACTERIENE IZOLATE DIN INFECTII CUTANEO-MUCOASE

Delia Berceanu Văduva[1,2], Matilda Rădulescu[1,2], Livia Stângă[1], Mihaela Crăciunescu[1], Marcel Berceanu Văduva[1], Dana Velimirovici[1], Maria Rada[1], Bianca Berceanu Văduva[1], Silviu Bircea[1], Roxana Moldovan[1]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

2 - Laborator Clinic Dr. Berceanu

Obiective. Infecțiile cutaneo-mucoase, în special cele purulente, pot pune deseori probleme de diagnostic și tratament. De aceea, ne-am propus să realizăm un studiu microbiologic al tulpinilor bacteriene izolate din diferite infecții cutaneo-mucoase, să determinăm sensibilitatea lor la antibiotice și să stabilim fenotipurile de rezistență în care se încadrează aceste tulpini.

Material și metodă. S-au luat în studiu 98 tulpini izolate în cadrul unui laborator privat din Timișoara, în perioada ianuarie 2015-decembrie 2016. După identificarea germenilor, testarea sensibilității la antibiotice s-a realizat prin metoda difuzimetrică Kirby-Bauer, conform standardului CLSI. Antibiograma s-a efectuat la toate tulpinile, cu excepția Streptococcus pyogenes. Prin analiza interpretativă a antibiogramelor s-a făcut încadrarea în fenotipuri de rezistență.

Rezultate. Majoritatea infecțiilor au fost produse de Staphylococcus aureus. În ordinea frecvenței s-au izolat: Staphylococcus aureus (75,52%), Streptococcus pyogenes (11,22%), Pseudomonas aeruginosa (7,14%), E. coli (4,08%) și Enterobacter spp. (2,04%). Tulpinile de S. aureus au fost rezistente la penicilină în 94,60% din cazuri. O sensibilitate crescută s-a înregistrat la oxacilină (87,84%), tobramicină (86,49%), gentamicină (87,84%), ciprofloxacin (83,78%) și clindamicină (89,20%). Majoritatea tulpinilor de S. aureus s-au încadrat în fenotipul Peni-R Meti-S (82,44%). 12,16% s-au încadrat în fenotipul Peni-R Meti-R (MRSA) și doar 5,40% au fost sensibile la betalactamine (Peni-S Meti-S). Tulpinile de bacili Gram-negativi (Pseudomonas aeruginosa, E. coli, Enterobacter spp.) au fost mai puțin rezistente, toate fiind tulpini sălbatice.

Concluzii. Stabilirea fenotipurilor de rezistență la antibiotice este necesară pentru a putea lua o hotărâre corectă în alegerea tratamentului antiinfecțios, dar și pentru a preveni selectarea unor tulpini bacteriene multirezistente. Prezența MRSA într-un procent de 12,16% reprezintă un semnal de alarmă deoarece tulpinile de MRSA sunt multirezistente la antibiotice, cu rezistență încrucișată la ansamblul de betalactamine. Rezistența se extinde de obicei și la alte clase de antibiotice. Pentru stabilirea diagnosticului și a atitudinii terapeutice, rezultatele examenului bacteriologic se coroborează cu tabloul clinic.

P15. MICROBIOLOGICAL STUDY OF SOME BACTERIAL STRAINS ISOLATED FROM SKIN- AND MUCOSAL INFECTIONS

Delia Berceanu Văduva[1,2], Matilda Rădulescu[1,2], Livia Stângă[1], Mihaela Crăciunescu[1], Marcel Berceanu Văduva[1], Dana Velimirovici[1], Maria Rada[1], Bianca Berceanu Văduva[1], Silviu Bircea[1], Roxana Moldovan[1]

1 - „Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

2 - Dr. Berceanu Clinical Laboratoy

Objectives. Skin- and mucosal infections, especially the pus producing ones frequently imply difficulties in diagnosis and treatment. Therefore we conducted a microbiological study of the isolated bacterial strains, by determining their susceptibility to antibiotics and their resistance phenotypes.

Material and method. We took in account 98 strains isolated by a private laboratory in Timisoara between January 2015 and December 2016. After bacterial identification, sensitivity testing to antibiotics was realized using Kirby-Bauer disc diffusion according to CLSI standard. Antibiogram was performed for all strains except Streptococcus pyogenes. By interpreting the antibiograms, the phenotypes of resistance were determined.

Results. Most infections were caused by Staphylococcus aureus. In order of frequency following strains were isolated:

Staphylococcus aureus (75.52%), Streptococcus pyogenes (11.22%), Pseudomonas aeruginosa (7.14%), E. coli (4.08%) and Enterobacter spp. (2.04%). S. aureus strains were resistant to penicillin in 94.60% of cases. We observed a higher sensitivity to oxacillin (87.84%), tobramycin (86.49%), gentamycin (87.84%), ciprofloxacin (83.78%) and clindamycin (89.20%). Most strains of S. aureus were of phenotype Peni-R Meti-S (82.44%). 12.16% were of phenotype Peni-R Meti-R (MRSA) and only 5,40% were sensitive to betalactams (Peni-S Meti-S). Gram-negative bacilli strains (Pseudomonas aeruginosa, E. coli, Enterobacter spp.) were less resistant, all being wild strains.

Conclusions. Determining antibiotic resistance phenotypes is necessary in order to be able to make the right decision when choosing anti-infectious treatment, but also to prevent the selection of multi-resistant bacterial strains.The presence of MRSA at a rate of 12,16% is an alarm signal because the MRSA strains are multi-resistant to antibiotics with cross-resistance to the betalactams. Resistance usualy extends also to other classes of antibiotics. For a correct diagnosis and treatment, the results of the bacteriological testing need to be corroborated with the clinical signs.

P16. INVESTIGAREA MODIFICĂRILOR PRODUSE ÎN FLORA SUBGINGIVALĂ LA UN PACIENT CU PARODONTITĂ MARGINALĂ CRONICĂ ȘI PERIIMPLANTITĂ, ÎN URMA TRATAMENTULUI DE SPECIALITATE

Lidia Ciobanu, Andreea Cristiana Didilescu, Adrian Băncescu, Gabriela Băncescu
Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

Obiective. Investigarea modificării florei subgingivale asociate parodontitei și periimplantitei, în urma administrării de amoxicilină-acid clavulanic (timp de 10 zile) și prednison (30 zile), ce a însoțit tratamentul chirurgical, în cazul unui pacient diagnosticat cu aceste afecțiuni la un cabinet privat de medicină dentară din București, în 2017.

Materiale și metode. Cu ansa de 0,001ml au fost recoltate probe de biofilm subgingival dintr-o pungă parodontală (proba A) și din jurul implantului dentar (proba B), înainte și după tratament, respectiv la timpul: t1 și t2. Din fiecare probă au fost realizate frotiuri Gram și însămânțări pe: agar-sânge Columbia și agar chocolat + PolyViteX (BioMérieux, France), incubate în atmosferă cu 5% CO_2, cât și pe agar Schaedler neselectiv și agar Schaedler selectiv (BioMérieux, France), incubate în anaerobioză. Interpretarea semicantitativă a creșterii microbiene pe agarul Schaedler neselectiv s-a bazat pe un sistem de cuantificare cu scor: 1+ - 4+.

Rezultate. Frotiurile din probele A și B-t2 au indicat scăderea semnificativă a numărului de polimorfonucleare și a încărcăturii microbiene, cu diminuarea preponderentă a numărului de spirochete și de bacili Gram-negativi. Din proba A-t1 au fost izolate: P. intermedia, Capnocytophaga spp., S. constellatus, S. mitis, S. sanguinis și A. viscosus, predominând creșterea primelor 2 specii (scor 3+), iar din proba A-t2: P. intermedia (scor 1+), P. buccae, S. anginosus și S. oralis, predominând ultima specie (scor 3+). Din proba B-t1 au fost izolate: Capnocytophaga spp., S. intermedius, P. oralis, S. gordonii, Veillonella spp. și H. parainfluenzae, cu predominarea primei specii (scor 4+), iar din proba B-t2: P. buccae, S. constellatus, N. mucosa și S. mitis, cu predominarea ultimei specii (scor 3+).

Concluzii. Investigarea microbiologică este utilă în monitorizarea pacienților tratați pentru astfel de infecții, iar rezultatele studiului coroborate cu examenul clinic au indicat o evoluție favorabilă a ambelor afecțiuni.

P16. INVESTIGATION OF THE CHANGES PRODUCED IN THE SUBGINGIVAL FLORA IN A PATIENT WITH CHRONIC PERIODONTITIS AND PERIIMPLANTITIS, FOLLOWING SPECIALIZED TREATMENT

Lidia Ciobanu, Andreea Cristiana Didilescu, Adrian Băncescu, Gabriela Băncescu
„Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

Objective. Investigation of the subgingival flora associated with periodontitis and periimplantatitis, after the administration of amoxicillin-clavulanic acid (10 days) and prednisone (30 days) which accompanied the surgical treatment in a patient diagnosed with these diseases in a private dental office from Bucharest, in 2017.

Materials and methods. Sublingival biofilm from periodontal pocket and around the dental implant (A and B sample, respectively) were collected by 0.001ml loop, before and after treatment (t1 and t2 time, respectively). We performed from each sample Gram smears and cultures on: Columbia blood agar and chocolate agar + PolyViteX, incubated in 5% CO_2 atmosphere, and non-selective and selective Schaedler agar (BioMérieux, France), incubated in anaerobiosis. The interpretation of microbial growth on non-selective Schaedler agar was based on a quantification system with a score of 1+ - 4+.

Results. A and B samples at t2 indicated a significant decrease of the polymorphonuclear leukocytes number and microbial load, with the predominant reduction of spirochetes and Gram-negative bacilli number. P. intermedia, Capnocytophaga spp., S. constellatus, S. mitis, S. sanguinis and A. viscosus were isolated from A sample at t1, with the first 2 species predominating (score 3+), and P. intermedia (score 1+), P. buccae, S. anginosus and S. oralis were isolated from A sample at t2, with the predominance of the last species (score 3+). Capnocytophaga spp., S. intermedius, P. oralis, S. gordonii, Veillonella spp. and H. parainfluenzae were isolated from B sample at t1, with the first species predominating (score 4+), and P. buccae, S. constellatus, N. mucosa and S. mitis were isolated from B sample at t2, with the predominance of the last species (score 3+).

Conclusions. Microbiological investigation is useful in monitoring patients treated for such infections, and the study results corroborated with the clinical examination indicated a favorable evolution for both diseases.

P17. SERODIAGNOSTICUL SIFILISULUI: TPHA VS. TP-ELISA

Adrian Băncescu[1,2], Ionelia Ristache[1], Lavinia Marinescu[1], Dan Ionescu[1]

1 - Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“

Principalul test cu utilizare generalizată pentru depistarea și confirmarea infecției treponemice, alături de VDRL/ RPR, este testul TPHA (IgG, IgA, IgM). În ultimii ani a fost introdus testul TP-ELISA cu antigene recombinante (IgG, IgA, IgM). Prin testarea paralelă TPHA / TP-ELISA a unui număr de 243 probe ser de la persoane cu sau fără infecție treponemică (testate în prealabil cu VDRL/RPR) s-au obținut următoarele rezultate: în cazul a 230 probe de ser (193 pozitive și 37 negative) rezultatele sunt concordante. La restul de 13 probe, rezultatele sunt discordante: 11 probe sunt pozitive la TP-ELISA și negative la TPHA și 2 probe negative la TP-ELISA și pozitive la TPHA. Se discută posibilitatea de interpretare a rezultatelor discordante, în scopul orientării diagnosticului. În concluzie se recomandă utilizarea TP-ELISA, de preferință în asociere cu TPHA, pentru precizarea diagnosticului la probe cu rezultate neconcordante, fiecare test aducând informații complementare.

P17. SERODIAGNOSIS OF SYPHILIS: TPHA VS. TP-ELISA

Adrian Băncescu[1,2], Ionelia Ristache[1], Lavinia Marinescu[1], Dan Ionescu[1]

1 - Cantacuzino Institute for Research

2 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

The main test for generalized use for the detection and confirmation of treponemic infection, along with VDRL / RPR, is the TPHA test (IgG, IgA, IgM). In recent years the TP-ELISA (IgG, IgA, IgM) with recombinant antigens has been introduced. By parallel testing TPHA / TP-ELISA of 243 serum samples from people with or without treponemic infection (pre-tested with VDRL / RPR), the following results were obtained: 230 serum samples (193 positive and 37 negative) results are consistent. In the remaining 13 samples, the results are discordant: 11 samples are TP-ELISA-positive and negative for TPHA and 2 samples are TP-ELISA negative and TPHA positive. We discuss the possibility of interpreting discordant results in order to get a diagnosis. In conclusion, it is recommended to use TP-ELISA, preferably in combination with TPHA, to specify the diagnosis in samples with inconsistent results, each test providing complementary information.

P18. ASPECTE PRIVIND SENSIBILITATEA VIRUSURILOR GRIPALE LA ANTIVIRALE

Maria-Elena Mihai[1], Carmen-Maria Cherciu[1], Cristina Țecu[1], Mihaela Lazăr[1], Viorel Alexandrescu[1], Alina-Elena Ivanciuc[1], Grigore Mihăescu[2]

1 - Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

2 - Facultatea de Biologie, Universitatea București

Introducere. Virusurile gripale se schimbă în permanență: • anual prin drift antigenic- modificări antigenice minore, treptate în proteinele hemaglutinină (HA) și neuraminidază (NA); • și la 10-39 de ani prin shift antigenic- reasortarea între virusuri de origine animală și umană, cu schimbări majore antigenice prin care pot apărea tulpini gripale distincte imunologic de tulpinile circulante anterior (HA nouă, cu/fără subtip nou NA). Aceste noi virusuri determină rate ridicate de infecție în populația naivă imunologic cu apariția unor epidemii sau pandemii.

Susceptibilitatea la antivirale se poate schimba în timp, fiind necesară monitorizarea continuă pentru depistarea tulpinilor rezistente. Centrul Național de Gripă din Institutul Cantacuzino realizează diagnosticul de laborator și analiza virologică a virusurilor gripale circulante – elemente cheie în selecția tulpinilor vaccinale și detecția timpurie a virusurilor emergente.

Caracterizarea antigenică a virusurilor gripale subtip H3N2 continuă să fie dificilă prin teste de hemaglutinoinhibare (HI), fiind necesare tehnici alternative de confirmare a virusurilor izolate.

Obiective. Determinarea sensibilității la antivirale a virusurilor gripale izolate în sezonul epidemic 2016/2017; confirmarea tulpinilor de virus gripal H3N2 izolate prin metode alternative.

Materiale și metode. Au fost testate 43 tulpini de virus gripal izolate pe cultură celulară din sezonul epidemic 2016/2017; tehnici: fenotipice (analiza activității neuraminidazei (NA), determinarea sensibilității la inhibitorii neuraminidazei) și moleculare: RT-PCR (ReverseTranscription-Polymerase Chain Reaction), secvențiere Sanger.

Rezultate. Din cele 43 de tulpini de virus gripal tip H3N2, 33 au prezentat activitate enzimatică NA. Dintre acestea 12 au fost testate fenotipic pentru determinarea sensibilității la oseltamivir și s-au dovedit a fi sensibile, iar prin teste RT-PCR, 11 tulpini au fost confirmate aparținând subtipului N2.

Concluzie. Sensibilitatea la antivirale în sezonul precedent se încadrează în base-line-ul ultimilor ani, iar monitorizarea continuă a sensibilității la antivirale, împreună cu analiza genotipică, asigură depistarea precoce a eventualelor tulpini rezistente.

P18. ASPECTS OF INFLUENZA VIRUS SENSITIVITY TO ANTIVIRALS

Maria-Elena Mihai[1], Carmen-Maria Cherciu[1], Cristina Țecu[1], Mihaela Lazăr[1], Viorel Alexandrescu[1], Alina-Elena Ivanciuc[1], Grigore Mihăescu[2]

1 - National Institute of Research Cantacuzino

2 - Faculty of Biology, University of Bucharest

Background. Influenza viruses are constantly changing: • yearly by antigenic drift - minor antigenic changes, gradual, in haemagglutinin (HA) and neuraminidase (NA) proteins; • and at 10-39 years by antigenic shift - reassortment between animal and human viruses, major antigenic changes that may been distinct immunologically strains from previously circulating influenza strains (HA new, with / without new subtype NA). These new viruses cause high rates of infection in the naïve immunological population with outbreaks of epidemics or pandemics.

Susceptibility to antivirals drugs may change over time and continuous monitoring is needed to detect resistant strains. The National Influenza Center at the Cantacuzino Institute performs laboratory diagnosis and virological analysis of circulating influenza viruses - key elements in the selection of vaccine strains and early detection of emerging viruses.

Characterization of the antigenic H3N2 subtype influenza viruses continue to be difficult by HI assays (hemagglutination inhibition) and alternative techniques are required for confirmation of isolated viruses.

Objectives. Determination of antiviral susceptibility of isolated influenza viruses in epidemic season 2016/2017; confirmation of H3N2 influenza strains isolated by alternative methods.

Materials and methods. We analyzed 43 influenza virus strains isolated on cell culture in epidemic season 2016/2017; phenotypic techniques (neuraminidase activity (NA) assay, determination of susceptibility to neuraminidase inhibitors) and molecular assays (Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction-RT-PCR, sequencing).

Results. Of the 43 H3N2 influenza strains, 33 had NA enzyme activity. Of these 12 were tested to determine the phenotypic susceptibility to oseltamivir and have been shown to be sensitive, and by RT-PCR, 11 strains were confirmed belonging to subtype N2.

Conclusion. Sensitivity to antivirals in the previous season has been in the base line of recent years, and continuous monitoring sensitivity to antiviral with genotypic analysis, provides early detection of potential resistant strains.

P19. EVALUAREA ACTIVITĂȚII ANTIVIRALE A HLP1–9, UN PEPTID DERIVAT DE LACTOFERINĂ UMANĂ

Camelia Sultana[1,2], Coralia Bleotu[1], Adelina Roșca[1,2], Claudia Diță[1], Camelia Grancea[1], Simona Ruță[1,2]

1 – Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau“, București

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

Obiective. În tratamentul actual al infecției cu herpesvirusuri se utilizează Acyclovir și derivații săi, care inhibă selectiv ADN-polimeraza virală, dar nu pot elimina infecția latentă. Lactoferina umană (HLf) este o glicoproteină multifuncțională din familia transferinei prezentă în majoritatea secrețiilor umane; activitatea sa antivirală a fost recent descrisă, fără a se cunoaște dacă efectul antiviral este corelat cu HLf completă sau cu regiuni active ale acesteia. Obiectivul studiului a fost determinarea activității antiherpetice a unui peptid sintetic derivat din lactoferina umană care conține aminoacizii 1–9 ai moleculei (HLP1-9).

Materiale și metode. Tulpina HSV-1 KOS (0.3 MOI) a fost propagată în culturi de celule HeLa (densitate celulară 3x105 celule/mL); replicarea virală a fost observată timp de 7 zile urmărind efectul citopatic. HLP1–9 (concentrații peptid: 500 µM; 250 µM; 125 µM; 62,5 µM) sau martorii pozitivi (Acyclovir și HLf) au fost adăugați în trei momente diferite: înainte, în timpul și după inocularea virală. Viabilitatea celulară a fost determinată cu colorație supravitală albastru de tripan. Activitatea antivirală a fost urmărită prin testarea ADN-HSV prin Real-TimePCR (HSV1/2 Real-TM QuantKit, Sacace, Italia) în supernatantul culturii de celule în prezența și în absența peptidului.

Rezultate. HLP1-9 nu a fost toxic pentru cultura de celule; pretratarea celulelor cu HLP1-9 nu pare să modifice semnificativ replicarea HSV-1 în celulele țintă (reducerea concentrației de ADN-HSV în supernatantul culturii celulare la 78% și, respectiv, 84%, dacă HLP1-9 a fost adăugat înaintea și în momentul inoculării virale). Scăderea semnificativă a replicării virale pare să fie realizată doar atunci când HLP1-9 a fost adăugat după adsorbția virusului (37% ADN-HSV comparativ cu martorul neinoculat).

Concluzii. HLP1-9 inhibă moderat replicarea in vitro a tulpinilor HSV-1, efect ce nu pare a interfera cu primele etape ale replicării virale. Derivații de lactoferină pot reprezenta o abordare terapeutică nouă în tratarea infecțiilor herpetice.

Rezultatele au fost obținute în cadrul Proiectului PN-III-P2-2.1 /PED nr. 150/3.01.2017 „Peptide derivate din Lactoferina umană cu activitate antivirală de spectru larg“ (2017-2018)

P19. EVALUATION OF ANTI-HERPETIC ACTIVITY OF HLP1–9, A HUMAN LACTOFERRIN-DERIVED PEPTIDE

Camelia Sultana[1,2], Coralia Bleotu[1], Adelina Roșca[1,2], Claudia Diță[1], Camelia Grancea[1], Simona Ruță[1,2]

1 – „Ștefan S. Nicolau“ Institute of Virology, Bucharest

2 – „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

Objectives. The current therapy in herpes infection is based on Acyclovir derivates that selectively inhibit the viral DNA polymerase, but cannot determine viral clearance. Human lactoferrin (HLf), an immunomodulatory iron-binding glycoprotein present in most biological fluids, was reported to efficiently inhibit viral infections but it is not sure if this property depends on its structural integrity or is restricted to certain regions of the molecule. We aimed to test the anti-herpetic activity of an HLf-derived synthetic peptide, containing amino-acids from 1 to 9 of HLf (HLP1-9), and its mode of action.

Material and methods. HeLa cells were seeded in 6-well plates at a density of 3x105 cells/mL and infected with HSV-1 KOS strain at 0.3 MOI. The HLP1–9 (500 µM; 250 µM; 125 µM; 62,5 µM concentrations) and corresponding positive controls (Acyclovir or HLf) were added either before, during and after the viral inoculation. The cythopathic effect was established by daily observation of cell culture. Cell supernatants were analyzed for HSV-1 viral load using quantitative real-time PCR (HSV 1/2 Real-TM QuantKit, Sacace, Italy). Cell viability was monitored using Trypan blue exclusion test.

Results. HLP 1-9 was nontoxic for HeLa cells; Cell culture preconditioning with HLP1-9 does not appear to prevent or markedly diminish entry of HSV-1 into the target cells (HSV-DNA concentration was reduced to 78% and 84% of the initial value, when HLP 1-9 was added before or during viral inoculation). A more important decrease in viral replication was demonstrated only when HLP 1-9 was added after viral adsorption (37% of the initial HSV-DNA value).

Conclusions. The results indicate that HLP 1-9 moderately inhibits in vitro replication of HSV-1 strains, without interfering with the early stages of the viral life cycle. HLf derivates HLP1–9 can represent a non-toxic approach for potential clinical applications in inhibiting HSV-1 replication.

Acknowledgement. This study was supported by PN-III-P2-2.1 Grant/PED nr. 150/3.01.2017 „Human Lactoferin-derived peptides with broad spectrum antiviral activity“ (20017-2018).

P20. PEPTIDE DERIVATE DIN LACTOFERINĂ CU PROPRIETĂȚI ANTI - VIRUS HEPATIC B

Paula E. Florian[1], Cătălin Lazăr[2], Robert W. Evans[3], Adina L. Milac[4], Norica Nichita[2], Anca Roșeanu[1]

1 - Institutul de Biochimie al Academiei Române, Dept. Interacții Ligand-Receptor, București

2 - Institutul de Biochimie al Academiei Române, Dept. Glicoproteine Virale, București

3 - Universitatea Brunel, Grupul de Cercetare Metaloproteine, Divizia de Bioștiințe, Uxbridge, Middlesex, Marea Britanie

4 - Institutul de Biochimie al Academiei Române, Dept. Bioinformatică și Biochimie Structurală, București

Lactoferina (Lf) este o glicoproteină din familia transferinelor care leagă fierul și care are un rol cheie în sistemul imun înnăscut. Lf are o activitate antivirală în faza timpurie de infecție atât cu virusuri anvelopate cât și neanvelopate. S-a arătat anterior că două situs-uri de legare a glicozaminoglicanilor (GAGs) din regiunea N-terminală (N-t) a Lf sunt implicate în activitatea antivirală, unul din ele fiind un „cluster“ cationic (GRRRR).

S-au investigat șapte peptide derivate din Lf umană (HLf), HLPs, corespunzătoare domeniului N-t al proteinei native (secvența de aminoacizi 1-47) pentru abilitatea de a inhiba infecția cu virus hepatic B (VHB) precum și replicarea VHB. Pentru sistemul de infectivitate s-au folosit celule HepaRG diferențiate, care sunt capabile să susțină întreg ciclul de viață al VHB, iar pentru sistemul de replicare s-au folosit celule HepG2.2.2.15, transfectate stabil cu două copii ale genomului viral.

Patru peptide au inhibat infecția VHB în proporție de 40 până la 80%. Cel mai potent inhibitor a fost HLP1-23, un peptid care conține „clusterul“ GRRRR și care la concentrația de 250 µM a prevenit infecția VHB prin neutralizarea particulelor virale.

Scopul acestui studiu a fost să îmbunătățim activitatea antivirală a HLP1-23 și pentru aceasta am investigat un nou peptid derivat din N-t a HLf nativă: HLP1-9, un peptid scurt, cu sarcina pozitivă generală crescută, care conține primul situs de legare a GAGs din HLf, presupunând că va prezenta o afinitate îmbunătățită pentru celula hepatică.

Peptidul a fost testat pentru potențiala citotoxicitate în sistem de infectivitate utilizând celule HepaRG și HepG2.2.2.15. Rezultatele au arătat că HLP1-9 inhibă infecția cu VHB la o etapă timpurie. Totuși, HLP1-9 a arătat o inhibiție modestă a infecției cu VHB de 30% la concentrația 500µM. Nu a fost detectată nici o inhibiție a replicării virale în HepG2.2.2.15 chiar și după o incubare de 6 zile cu peptidele testate. Studii referitoare la o inhibiție mai puternică a infectiei cu VHB de către alte HLPs sunt în curs de investigare.

Mulțumiri: Autorii doresc să mulțumească Prof. Simona Ruță pentru peptidul HLP1-9. Această lucrare a fost finanțată din grant PED_150/ 2017 de la UEFISCDI, câștigat de Dr. Cătălin Lazăr și din Proiectul 4/2017 al Institutului de Biochimie – Programul de Cercetare al Academiei Române.

P20. ANTI-HEPATITIS B VIRUS PROPERTIES OF LACTOFERRIN-DERIVED PEPTIDES

Paula E. Florian[1], Cătălin Lazăr[2], Robert W. Evans[3], Adina L. Milac[4], Norica Nichita[2], Anca Roșeanu[1]

1 - Institute of Biochemistry of the Romanian Academy, Ligand-Receptor Interactions Dept., Bucharest

2 - Institute of Biochemistry of the Romanian Academy, Viral Glycoproteins Dept., Bucharest

3 - Brunel University, Metalloprotein Research Group, Division of Biosciences, Uxbridge, Middlesex, UK

4 - Institute of Biochemistry of the Romanian Academy, Bioinformatics and Structural Biochemistry Dept., Bucharest

Lactoferrin (Lf) is an iron binding glycoprotein of the transferrin family and a key player of the innate immune system. Lf exhibits antiviral activity against both naked and enveloped viruses at an early phase of infection. It was previously shown that two glycosaminoglycans (GAGs) binding sites from the N-terminal (N-t) region of Lf are involved in its antiviral activity, one of them being a cationic cluster (GRRRR).

We have investigated seven human Lf (HLf)-derived peptides (HLPs), corresponding to the N-t domain of the native protein (1-47 amino acids sequence) for their ability to inhibit hepatitis B virus (HBV) infection and replication. We used differentiated HepaRG cells, which are able to support the full HBV life cycle, for infection system and HepG2.2.2.15 cells, which are stably transfected with two copies of the HBV genome, for replication system.

Four HLPs inhibited HBV infection between 40 to 80%. The most potent inhibitor was HLP1-23, a peptide containing the GRRRR cluster which prevented HBV infection at 250 μM by neutralizing the viral particles.

We aimed to improve the antiviral activity of the HLP1-23 and investigated another peptide derived from N-t of native HLf: HLP1-9, a short peptide with increased overall positive charge containing the first GAGs binding site of HLf, thus supposedly displaying improved affinity for hepatic cell.

The peptide was assayed for potential cytotoxicity and infectivity tests in HepaRG and HepG2.2.2.15 cells. The data have shown that HLP1-9 exhibited inhibition of HBV infection at an early step. However, only modest inhibition of HBV infection in HepaRG cells by 30 % at 500 μM concentration of the peptide was obtained. No inhibition of viral replication in HepG2.2.2.15 cells was detected after 6 days of incubation with the peptide tested. Further studies regarding a more potent inhibition of HBV infection by other HLPs are under investigation.

Acknowledgements: The authors would like to thank Prof. Simona Ruță for kindly providing the HLP1-9 peptide. This work was supported by PED_150/2017 grant awarded by UEFISCDI to Dr. Cătălin Lazăr and by Project 4/2017 of the Institute of Biochemistry – Romanian Academy Research Program.

P21. SUPRAVEGHEREA INFECȚIILOR ENTEROVIRALE ÎN CONTEXTUL EPIDEMIOLOGIC ACTUAL

Angela Romaniuc, Anca Nistor, Cătălina Lunca, Cecilia Durnea, Dana Zagnat

Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Regional de Sănătate Publică Iași

Introducere. Virusuri umane asociate cu diferite sindroame clinice, de la boli febrile minore la afecțiuni severe, potențial letale (meningită aseptică, paralizie, miocardită) cu multiple serotipuri, enterovirusurile (ENV) au diferite modele temporale de circulație. Modificarea structurii serotipurilor circulante poate fi însoțită de focare.

Obiectiv. Descrierea rezultatelor activităților de supraveghere desfășurate în teritoriul Moldovei (R), precum și a posibilităților de laborator utilizate în investigarea de rutină, pentru cunoașterea circulației ENV care poate furniza date, înainte de apariția bolii într-o comunitate.

Material și metode - studiu descriptiv al caracteristicilor epidemiologice ale infecțiilor enterovirale meningite/ meningoencefalite, PAF, gastroenterite; - diagnosticul de laborator al infecției cu ENV prin RT-PCR și ELISA, bazat pe detectarea virusului (Ac, Ag, ARN) în probe biologice: seruri, lichid cefalorahidian, exsudate nazofaringiene și probe de materii fecale.

Rezultate și discuții. În regiunea Moldovei (R) meningitele virale au înregistrat în ultimii 10 ani o incidență medie pe interval de 2,7%ooo cu trei vârfuri, în anii 2007, 2008 și 2012. În primele 9 luni din 2017 s-au înregistrat 95 cazuri de meningite virale din care s-au confirmat 23 de cazuri cu ENV (Coxsackievirus). Nivelul mediu regional de incidență a fost de 2,3 %ooo, în creștere față de 0,87%ooo în aceeași perioadă a anului 2016. Distribuția cazurilor pe grupe de vârstă indică predominant afectate grupele 5-9 ani și 1-4 ani, cu proveniență din mediul rural.

S-a optimizat diagnosticul infecției enterovirale la cazuri cu manifestări clinice caracteristice prin: detecția serologică a Ac IgM anti enterovirus, Coxsackie, ECHO prin ELISA; detectarea calitativă a ARN-ului enteroviral prin RT- PCR, cu diferențierea tulpinilor de enterovirusuri de grup C (HEV- C), (Sabin 1, Sabin 2, Sabin 3);

Rezultate. Evidențierea Ac anti enterovirus prin ELISA (126 probe cu pozitivitate de 26,9%, pentru Ac IgM antiCoxsackievirus și a ARN enteroviral prin RT-PCR, în materii fecale (31 probe) cu 16,1% pozitive pentru ENVT(1- HEV- C).

Concluzii. Situația epidemiologică din județele Moldovei corespunde caracteristicilor evolutive ale infecției enterovirale în regiunea noastră. Supravegherea continuă a enterovirusurilor este importantă pentru alertarea specialiștilor din domeniul sănătății publice la schimbările în tendințele bolii specifice.

P21. SURVEILLANCE OF ENTEROVIRUSES INFECTIONS IN THE ACTUAL EPIDEMIOLOGICAL CONTEXT

Angela Romaniuc, Anca Nistor, Cătălina Luncă, Cecilia Durnea, Dana Zagnat
National Institute of Public Health - Regional Center of Public Health Iași

Introduction. Human viruses associated with various clinical syndromes, from minor febrile illness to severe, potentially lethal (aseptic meningitis, paralysis, myocarditis) multiple enteroviral serotypes, have different temporal circulation patterns. Changes in circulating serotypes may be accompanied by outbreaks.

Objective. Description of the results of the surveillance activities carried out on the territory of Moldova (R), as well as the laboratory possibilities used in the routine investigation for the knowledge of ENV circulation. which can provide data before the disease occurs in a community.

Material and methods. Descriptive study of the epidemiological characteristics of enterovirus meningitis/ meningoencephalitis, PAF, gastroenteritis; laboratory diagnosis of ENV infection by RT-PCR and ELISA, based on virus detection (Ab, Ag, RNA) in biological specimens: serums, cerebrospinal fluid, throat swabs and stool samples.

Results. In the region of Moldova, viral meningitis has recorded an average incidence of 2.7%ooo, with three peaks in the last 10 years in the years 2007, 2008 and 2012. In the first 9 months of 2017, 95 cases of viral meningitis were recorded, of which 23 cases with ENV (Coxsackievirus) were confirmed. The regional mean incidence rate was 2.3%ooo, up from 0.87%ooo in the same period of 2016. The distribution of cases by age group indicates that predominantly affected groups 5-9 and 1-4 years old, coming from rural areas.

The diagnosis of enterovirus infection in cases with characteristic clinical manifestations has been optimized by: serological detection of anti-enterovirus IgM antibodies, Coxsackie /ECHOvirus by ELISA and RNA-ENV detection with differentiation of group C enteroviruses (HEV-C), (Sabin 1, Sabin 2, Sabin 3) by RT-PCR.

Results. Detection of antibodies anti enterovirus IgM by ELISA (126 samples with 26.9% positive for Coxsackievirus and RNA enteroviral by RT-PCR in faeces (31 samples) with 16.1 % positive for ENVT (1-HEV-C).

Conclusions. The epidemiological situation in the counties of Moldova (R) corresponds to the evolutionary characteristics of the enterovirus infection in our region. Continued surveillance of enteroviruses is important to alert public health specialists to changes in specific disease trends.

P22. ASPECTE EPIDEMIOLOGICE DESCRIPTIVE ALE PARALIZIEI ACUTE FLASCE ÎN REGIUNEA MOLDOVEI ÎN PERIOADA 2016- 2017

Simona Ifrim, Anca Nistor, Mariana Dumbravă, Dana Zagnat
Institutul Național de Sănătate Publică- CRSP Iași

Introducere. Depistarea, raportarea și investigarea tuturor cazurilor de PAF reprezintă „cheia“ capacității de detectare a unui caz suspect de poliradiculonevrită și/sau detectării unui poliovirus sălbatic sau derivat din vaccin.

Obiective. Evaluarea rezultatelor din sistemul de supraveghere al PAF la nivel regional.

Material și metode. Analiza epidemiologică descriptivă a cazurilor de PAF intrate în sistemul de supraveghere în perioada 2016-2017 (9 luni), din cele 8 județe arondate CRSP Iași.

Rezultate. În anul 2016 au intrat în sistemul de supraveghere 10 cazuri de PAF cu o rată a incidenței pe Moldova de 1,29%ooo la populația sub 15 ani, iar în anul 2017 (9 luni) s-au înregistrat 12 cazuri de PAF, cu o incidență regională de 1,55%ooo. Atât în anul 2016, cât și în 2017 cele mai multe cazuri de PAF au fost înregistrate în județul Iași (3, respectiv 5 cazuri); cea mai afectată fiind grupa de vârstă 1-4 ani cu o incidență specifică de 5,2%ooo, urmată de grupa de vârstă 5-9 ani (3,27%ooo). Din numărul total de cazuri înregistrate, 83% au prezentat antecedente vaccinale corespunzătoare. Diagnosticul clinic predominant al cazurilor a fost de poliradiculonevrită.

La cazurile PAF investigate serologic s-au evidențiat Ac IgM pentru Mycoplasma pneumoniae la 2 cazuri și Ac IgM pentru enterovirusuri non-polio la 1 caz.

Concluzii. Indicatorul PAF > 1 caz/100000 populație 0-15 ani este realizat la nivel regional. 95% din cazuri au fost investigate prin recoltarea a două probe de materii fecale la interval de 24-48 h, în primele 14 zile de la debutul paraliziei.

Cuvinte cheie: PAF, vaccinare, supraveghere epidemiologică.

P22. DESCRIPTIVE EPIDEMIOLOGICAL ASPECTS OF ACUTE FLACCID PARALYSIS IN THE MOLDAVIAN REGION BETWEEN 2016 AND 2017

Simona Ifrim, Anca Nistor, Mariana Dumbravă, Dana Zagnat
National Institute of Public Health - CRSP Iasi

Introduction. Detecting, reporting and investigating all cases of PAF is the key to detecting a suspected case of polyradiculoneuritis and/or detecting a wild or vaccine derived poliovirus.

Objectives. Evaluating PAF surveillance system results at regional level.

Material and methods. Descriptive epidemiological analysis of PAF cases entering the surveillance system during the period 2016-2017 (9 months), out of the eight counties of CRSP Iași.

Results. In the year 2016, 10 cases of PAF were introduced into the surveillance system with a rate of incidence on Moldova of 1.29%ooo for the population under 15, and in 2017 (9 months) there were 12 cases of PAF, with a regional incidence of 1.55%ooo. Both in 2016 and in 2017 most cases of PAF were recorded in Iași County (3 and 5 cases respectively); the most affected being the age group of 1-4 years with a specific incidence of 5.2%ooo, followed by the age group of 5-9 years (3.27%ooo). Of the total number of reported cases, 83% had an appropriate vaccine history. The predominant clinical diagnosis of the cases was polyradiculoneuritis.

For the PAF cases investigated serologically, IgM was detected for Mycoplasma pneumoniae in 2 cases and IgM for non-polio enteroviruses in 1 case.

Conclusions. PAF indicator > 1 case / 100000 population 0-15 years is achieved at regional level. 95% of the cases were investigated by harvesting two samples of faeces at 24-48 hours within the first 14 days of onset of paralysis.

Key words: PAF, vaccination, epidemiological surveillance.

P23. DETECȚIA ENTEROVIRUSURILOR (EV) ÎN SEZONUL CALD 2017 PRIN REAL-TIME POLYMERASE CHAIN REACTION (RT-PCR)

Carmen-Maria Cherciu[1], Maria-Elena Mihai[1], Mihaela Lazăr[1], Alina-Elena Ivanciuc[1], Carmen Zapucioiu[2], Tatiana Ciomîrtan[3] , Cristina Țecu[1]

1 – Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

2 – SCUC „Grigore Alexandrescu“

3 – INSMC „Alessandrescu. Rusescu“

Introducere. Clima temperat-continentală a României asigură o circulație sezonieră a diferiților agenți virali ce determină o simptomatologie respiratorie, cel mai reprezentativ fiind virusul gripal, care circulă frecvent în sezonul rece, alături de alte virusuri respiratorii non-gripale. Sezonul cald este cunoscut însă pentru infecțiile gastro-intestinale provocate de enterobacterii și de unele virusuri cu tropism enteric. La copii, EV pot declanșa un tablou clinic ce cuprinde atât simptome respiratorii și gastrointestinale, dar în formele grave se pot asocia și simptome neurologice (așa cum se întâmplă deseori cu EV D68).

Obiective. I.Introducerea unei noi tehnici rapide de laborator pentru detecția EV. II. Identificarea EV în exsudate nazo-faringiene provenite de la copii spitalizați cu simptomatologie respiratorie acută asociată/sau nu, cu semne gastro-intestinale.

Materiale și metode. Pacienții - 29 copii cu vârste între 6 săptămâni și 16 ani, cu simptomatologie respiratorie și cu/fără tulburări digestive și uneori cu erupții cutanate, internați în Spitalele de Pediatrie „Grigore Alexandrescu“ și „Alessandrescu. Rusescu“. Detecția s-a efectuat cu Kit-ul comercial Enterovirus ELITe MGB, protocolul fiind cel recomandat de producător. Anterior detecției enterovirusurilor, din exsudatele nazo-faringiene s-a realizat un screening pentru determinarea etiologiei unor eventuale infecții datorate virusurilor respiratorii utilizând reacția clasică de Reverse-Transcription Polymerase Chain Reaction, utilizând Kit-ul comercial Seeplex RV15 ACE Detection-Seegene.

Rezultate. Prin reacția RT-PCR Multiplex Seegene s-au detectat 7 probe pozitive: 2 datorate Virusurilor Paragripale (VPG) tip 2, 1 Metapneumovirusului, 1 Adenovirusului, 1 VPG tip 3, 1 VPG tip 4 și 2 Rhinovirusurilor. Din cele 29 de probe testate, doar 2 probe au fost pozitive pentru grupul Enterovirus (nici una nu a fost pozitivă la EV D68).

Concluzii Perioada sezonului cald nu este lipsită de activitatea virusurilor respiratorii. Detecția rapidă a EV și altor virusuri respiratorii ar putea ajuta clinicienii în deciderea unui tratament corect, diminuând astfel consumul de antibiotice.

P23. DETECTION OF ENTEROVIRUSES (EV) IN THE WARM SEASON 2017 BY REAL-TIME POLYMERASE CHAIN REACTION (RT-PCR)

Carmen-Maria Cherciu[1], Maria-Elena Mihai[1], Mihaela Lazăr[1], Alina-Elena Ivanciuc[1], Carmen Zapucioiu[2], Tatiana Ciomîrtan[3] , Cristina Țecu[1]

1 – National Research Institute Cantacuzino

2 – Clinical Emergency Hospital for Children „Grigore Alexandrescu“

3 – National Institute for Maternal and Child Health „Alessandrescu. Rusescu“

Introduction. The temperate-continental climate of Romania ensures a seasonal circulation of the different viral agents that cause a respiratory symptomatology, the most representative of them is influenza virus, which circulates together with other non-influenza viruses. The warm season is known for gastrointestinal infections caused by enterobacteria and some viruses with enteric tropism. In children, EV can cause a clinically aspect that includes both respiratory and gastrointestinal symptoms, but neurological symptoms can also be associated with serious forms (as is often the case of EV D68).

Objectives. I. Introduction of a new rapid technique for EV detection. II.Identification of EV in nasopharyngeal exudates from hospitalized children with acute respiratory symptoms with/without gastrointestinal signs.

Materials and Methods. Patients - 29 children aged 6 weeks to 16 years with respiratory symptomatology and with / without gastrointestinal symptoms and sometimes with skin rash, hospitalized in the two Pediatric Hospitals from Bucharest. Detection was performed with the Enterovirus ELITe MGB commercial Kit according to the manufacturer's recommendations. Prior to detection of enteroviruses, nasopharyngeal exudates were tested to determine the etiology of possible respiratory virus infections using the classic Reverse-Transcription Polymerase Chain Reaction reaction with the Seeplex RV15 ACE Detection-Seegene commercial kit.

Results. Multiplex Seegene RT-PCR reactions detected 7 positive samples: 2 due to Parainfluenza vius Type 2 , 1 Metapneumovirus, 1 Adenovirus, 1 Parainfluenza virus Type 3, 1 Parainfluenza virus Type 4, and 2 Rhinoviruses. Only 2 from 29 samples tested, were positive for the Enterovirus group (none were positive for EV D68).

Conclusions. The warm season is not devoid of respiratory virus activity. Rapid detection of EV and other respiratory viruses could help clinicians decide the right treatment, thus reducing the consumption of antibiotics

P24. INFECȚII VIRALE ACUTE ALE SISTEMULUI NERVOS CENTRAL - DIFERENȚE ÎNTRE COPII ȘI ADULȚI

Corneliu Petru Popescu[1,2], Simin Aysel Florescu[1,2], Mihaela Zaharia[2], Grațiela Țârdei[2], Maria Nica[1,2], Daniel Codreanu[2], Emanoil Ceaușu[1,2], Simona Ruță[1]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

2 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase și Tropicale „Dr. Victor Babeș“, București

3 - Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau“, București

Obiective. Scopul studiului a fost de a evalua diferențele dintre copii și adulți în ceea ce privește infecțiile virale acute ale sistemului nervos central (SNC).

Material și metodă. Am efectuat o analiză prospectivă a pacienților spitalizați cu infecții virale acute ale SNC în Spitalul Clinic de Boli Infecțioase și Tropicale „Dr Victor Babeș“ din București, perioada ianuarie 2014 - decembrie 2016.

Rezultate. Au fost incluși 296 de pacienți (55% bărbați, vârsta medie 31 ani). Cele mai multe cazuri (73,6%, 218/296) provin din mediul urban, din care 69,3% (151/218) din București. Caracteristicile clinice au fost sugestive pentru meningită aseptică (48,6% - 144 cazuri), encefalită (30% - 89) și meningo-encefalită (19,9% - 59). Etiologia a fost confirmată în 87 (29,4%) cazuri. Agenții etiologici identificați cel mai frecvent au fost: enterovirusuri - 26 cazuri (toate la copii), virusul West Nile - 21 (toate cazurile au fost adulți), virusuri gripale - 15, virusul Herpes Simplex 1 - 8, virusul Varicelo Zosterian - 7, virusul Epstein Barr - 6. Am observat diferențe semnificative statistic între copiii cu vârsta sub 18 ani (147 cazuri) și adulți (149 de cazuri) pentru gen, valori ale lichidului cefalo-rahidian, forma clinică de boală, evoluție și tratament. Astfel, copiii au fost în majoritate băieți (62,3%), meningita a fost mai frecvent diagnosticată la copii (112/18/16 cazuri); pentru adulți, majoritatea au fost de sex feminin (52,3%) cu implicare encefalitică mai frecventă (32/71/43 cazuri). Valoarea albuminorahiei la copii (0,36g/l) a fost mai mică decât la adulți (0,52g/l). Rata mortalității la adulți a fost semnificativ mai mare (16,2% față de 1,4%). 108 copii au primit antibiotic ca tratament unic comparativ cu doar 49 de adulți.

Concluzii. Afectarea SNC este comună în timpul infecțiilor virale pentru copii și adulți, dar evoluția este mai severă la adulți și tratamentul empiric cu antibiotice la copii este mai frecvent.

P24. ACUTE VIRAL INFECTIONS OF THE CENTRAL NERVOUS SYSTEM – DIFFERENCES BETWEEN CHILDREN AND ADULTS

Corneliu Petru Popescu[1,2], Simin Aysel Florescu[1,2], Mihaela Zaharia[2], Grațiela Țârdei[2], Maria Nica[1,2], Daniel Codreanu[2], Emanoil Ceaușu[1,2], Simona Ruță[1]

1 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

2 - „Dr Victor Babeș“ Clinical Hospital of Infectious and Tropical Diseases, Bucharest

3 - „Ștefan S. Nicolau“ Institute of Virology, Bucharest

Objectives. The aim of our study was to evaluate the differences between children and adults concerning acute viral infections of central nervous system (CNS).

Material and method. We conducted a prospective analysis of patients hospitalized in „Dr Victor Babeș“ Clinical Hospital of Infectious and Tropical Diseases, Bucharest with acute viral CNS infections between January 2014 and December 2016.

Results. 296 patients (55% males, average age 31 years) were admitted. Most cases (73.6%, 218/296) were from urban areas, out of which 69.3% (151/218) came from the capital city, Bucharest. The clinical features were suggestive for aseptic meningitis (48.6%- 144 cases), encephalitis (30%- 89 cases) and meningo-encephalitis (19.9%- 59 cases). The etiology was confirmed in 87 (29.4%) cases. The most frequently identified etiological agents were: Enteroviruses – 26 cases (all in children), West Nile virus – 21 (all in adults), Influenza viruses – 15, Herpes Simplex 1 virus – 8, Varicella Zoster virus – 7 cases, Epstein Barr virus – 6. We noticed statistically significant differences between children under 18 years (147 cases) and adults (149 cases) for gender, cerebro-spinal fluid (CSF) values, type of clinical features, evolution and treatment. Thus, children were males (62.3%), meningitis was more frequently diagnosed in children (112/18/16 cases);

for adults, female (52.3%) with more encephalitic involvement (32/71/43 cases). CSF albumin level in children (0.36 g/l) was lower than in adults (0.52 g/l). The mortality rate in adults was significantly higher (16.2% vs. 1.4%). 108 children received antibiotic as a single treatment compared to only 49 adults.

Conclusions. CNS involvement is common during viral infections for children and adults, but evolution is more severe in adults and empirical treatment with antibiotics in more frequently in children.

P25. mHEALTH – PROMISIUNI ȘI LIMITE

Anamaria Molnar, Rodica Radu
INSP – CRSP CLUJ

Introducere. mHealth (Mobile Health) reprezintă o componentă a eHealth și se referă la practica medicală și sănătatea publică susținute de dispozitivele mobile. Acesta include utilizarea dispozitivelor de comunicații mobile pentru serviciile de sănătate și informare și aplicațiile mobile pentru sănătate.

Obiectiv. Studiul și-a propus să evidențieze locul acestui instrument în sănătatea publică, cu avantajele și dezavantajele unui domeniu care încă este în curs de reglementare.

Material și metodă. A fost realizată o analiză a legislației și a literaturii, pentru perioada cuprinsă între 2010 și 2017. Aceasta a inclus căutarea în: documentele Comisiei Europene, ale Organizației Mondiale a Sănătății, site-uri ale organizațiilor ce realizează cercetări de piață privind aplicațiile mobile, site-uri ale organizațiilor ce dezvoltă standarde privind informațiile electronice de sănătate, Pubmed.

Rezultate. La nivel global aplicațiile mHealth au ajuns în 2016 la aproape 260000. Din punct de vedere economic, potențialul pieței aplicațiilor mobile este de creștere rapidă în următorii cinci ani în Europa. Iar potențialul în ceea ce privește îngrijirea sănătății se datorează faptului că mHealth ar putea fi un instrument de rezolvare a unor probleme datorate îmbătrânirii populației și a presiunii bugetare sporite; prin contribuția la o asistență medicală mai centrată pe pacienți, sprijinirea trecerii la prevenție, îmbunătățirea eficienței sistemelor de sănătate. Cartea verde privind mHealth a Comisiei Europene precizează o serie de probleme de interes ce trebuie dezbătute în continuare, spre exemplu: protecția și securitatea datelor privind sănătatea, cadrul juridic al UE, siguranța pacientului, transparența informațiilor, rolul mHealth în sistemele de sănătate, interoperabilitatea, răspunderea, cercetarea în mHealth, cooperarea internațională. Organizatia Mondială a Sănătății a elaborat un ghid pentru cei ce vor să evalueze fezabilitatea și eficacitatea intervențiilor mHealth.

Concluzii. Cu potențialul său complet deblocat, mHealth ar putea economisi miliarde de euro anual în costurile de asistență medicală în UE.

P25. mHEALTH – PROMISES AND LIMITS

Anamaria Molnar, Rodica Radu
NIPH – RCPH-Cluj

Background. mHealth (Mobile Health) is a component of eHealth and refers to medical practice and public health supported by mobile devices. This includes the use of mobile communications devices for health and information services and mobile health applications.

Objective. The study is intended to highlight the place of this tool in the field of public health, with the advantages and disadvantages of an area that is not yet supervised by regulations.

Materials and Methods. An analysis of legislation and literature for the period: 2010 - 2017 was conducted. The search was performed on documents of: European Commission, World Health Organization, organizations conducting market research on mobile apps, organizations developing standards for electronic health information, Pubmed.

Results. At global level, mHealth applications reached nearly 260,000 in 2016. Economically, the potential of the mobile applications market will rise rapidly over the next five years in Europe. And the potential for health care is due to the fact that mHealth could be a tool for solving problems due to aging population and increased budgetary pressure; by contributing to more patient-centered healthcare, supporting the shift to prevention, improving the efficiency of health systems. The European Commission's mHealth Green Paper outlines a number of issues of interest to be further debated, for example: health data protection and security, the EU legal framework, patient safety, transparency of information, the role of mHealth in health systems, interoperability, liability, mHealth research, international cooperation. The World Health Organization has developed a guide for those who assess the feasibility and effectiveness of mHealth interventions.

Conclusion. With its full potential unlocked, mHealth could save billions of euros a year in healthcare costs in the EU.

P26. ETNICITATEA ȘI STILUL DE VIAȚĂ CA DETERMINANȚI AI STĂRII DE SĂNĂTATE A POPULAȚIEI ROME DIN SUDUL ROMÂNIEI

Violeta Calota[1], Irma Eva Csiki[1], Cătălin Alexandru Staicu[1], Nicoleta Suciu[1], Angelica Voinoiu[1], Cristian Paleru[2], Olga Dănăilă[3], Daniel Vasile Balaban[4], Ioan Nicolae Mateș[5], Ștefan Rașcu[6], Viorel Jinga[6], Ion Daniel[7], Andrei Manolescu[8], Paul Iordache[8], Mariana Jinga[4], Dana Mateș[1]
1 - Institutul Național de Sănătate Publică, București

2 - Clinica de Chirurgie Toracică, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
3 - Departmentul de Chirurgie Toracică, Institutul de Pneumologie „Marius Nasta“, București
4 - Spitalul Militar Central de Urgență „Dr. Carol Davila“, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
5 - Clinica de Chirurgie Generală „Sf. Maria“, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
6 - Clinica de Urologie „Th. Burghele“, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
7 - Spitalul Clinic Universitar de Urgență, Clinica Generală de Chirurgie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
8 - Școala de Știință și Inginerie, Universitatea din Reykjavik, Reykjavik, Islanda

Introducere. Literatura de specialitate a evidențiat că etnicii romi, în comparație cu populația non-roma din Europa, au o sănătate mai precară, o speranță de viață mai scăzută și întâmpină inegalități specifice în domeniul sănătății. Se constată lipsa unei cercetări riguroase privind starea de sănătate a acestui mare grup etnic.

Metode. Studiul caz-control prezentat face parte din proiectul ROMCAN și își propune să descrie determinanții majori ai stării de sănătate (stil de viață, status socio-economic, istoric al reproducerii și al stării de sănătate) într-un grup de romi spitalizați (n=323) și să investigheze dacă etnicitatea duce la diferențe în starea de sănătate autoapreciată, în comparație cu pacienții non-romi (n=651). Informațiile au fost colectate pe baza unui interviu față în față efectuat de intervievatori instruiti, folosind chestionarul standardizat ROMCAN. Rezultate. BMI a fost semnificativ mai mare la populația romă comparativ cu populatia non-romă (media: 27,6 vs. 26,4 kg/m2). Vârsta medie la care subiecții au început să fumeze este 17,6 ani pentru romi și 19,6 ani pentru non-romi (P=0.0024). 10% din subiecții romi au început să fumeze înainte de 10 ani și 50% înainte de 16 ani. Rezultatele arată un risc crescut pentru tuberculoză la populația romă, semnificativ statistic (OR=2.18; P=0.047) și un risc crescut dar nesemnificativ pentru astm (OR=1.91) și pentru diabet (OR=1.38).

Concluzie. Aceste date sugerează că politicile orientate către promovarea unui stil de viață sănătos pot duce la diminuarea inegalității dintre populația romă și non-romă. Riscul crescut de tuberculoză este un argument în plus pentru concentrarea cercetării asupra bolilor infecțioase în cadrul populației rome.

Acest studiu a fost finanțat prin mecanismul SEE (EEA grant contract 7SEE, ROMCAN project RO14-0017; EEA-JRP-RO-NO20131-10191).

P26. ETHNICITY AND LIFESTYLE AS HEALTH DETERMINANTS IN ROMA POPULATION FROM SOUTHERN ROMANIA

Violeta Calota[1], Irma Eva Csiki[1], Cătălin Alexandru Staicu[1], Nicoleta Suciu[1], Angelica Voinoiu[1], Cristian Paleru[2], Olga Dănăilă[3], Daniel Vasile Balaban[4], Ioan Nicolae Mateș[5], Ștefan Rașcu[6], Viorel Jinga[6], Ion Daniel[7], Andrei Manolescu[8], Paul Iordache[8], Mariana Jinga[4], Dana Mateș[1]

1 - National Institute of Public Health, Bucharest
2 - Clinic of Thoracic Surgery, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
3 - Department of Thoracic Surgery, „Marius Nasta“ Institute of Pneumology, Bucharest
4 - „Dr. Carol Davila“ Central Military Emergency University Hospital, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
5 - „St. Mary“ General Surgery Clinic, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
6 - „Th. Burghele“ Urology Clinic, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
7 - University Emergency Clinic Hospital, General Surgery Clinic, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
8 - School of Science and Engineering, Reykjavik University, Reykjavik, Iceland

Background. Scientific literature on the health of Roma ethnics revealed that, compared with the non-Roma population in Europe, they have poorer health, lower life expectancy and experience specific health inequalities. However, there is a lack of reliable research on the health of this large ethnic group.

Methods: We conducted a case-control study, nested in the ROMCAN project, aiming to describe several major health determinants (lifestyle, socio-economic status, reproductive history and personal medical history) in a Roma sample of hospitalized patients (n=323) and to investigate if the ethnicity leads to differences in the self-reported health status compared to non-Roma patients (n=651). Data were collected by face-to-face interview performed by trained interviewers, using the ROMCAN standardized questionnaire.

Results. BMI was significantly higher in Roma compared to non-Roma (mean: 27.6 vs. 26.4 kg/m2). The mean age for starting smoking is 17.6 years for Roma versus 19.6 years non-Roma (P=0.0024). 10% of Roma subjects start smoking before the age of ten and 50% before the age of 16. The results show a statistically significant increase of risk for tuberculosis among Roma subjects (OR=2.18; P=0.047), and non-significant increase in risk for asthma (OR=1.91) and diabetes (OR=1.38).

Conclusion. These data suggest that policies oriented to improve healthy lifestyle may serve to mitigate the inequality

between the Roma and non-Roma population. The high risk of tuberculosis is a supporting argument for an increased focus on infectious diseases in Roma health research.

This study was funded by the EEA grant contract 7SEE (ROMCAN project RO14-0017; EEA-JRP-RO-NO20131-10191).

P27. FACTORI GENETICI DE RISC PENTRU CANCERUL MAMAR ÎN ROMÂNIA

Radu-Ioan Ursu[1], Paul Iordache[2], V. Radoi[1], N. Cucu[3], Georgeta Florentina Ursu[4], Roxana Bohîltea[5], Ileana Crăciunescu[4], I. Focsa[1], I. I. Iordanesc[6], A.T. Mocan[6], N. Suciu[7], C. Strugaru[1], Cătălin Staicu[7], Violeta Calotă[7], Angelica Voinoiu[7], Irma Eva Csiki[7], Dana Mates[7], Elena Poenaru[8], Gabriel Rosoga[9], Daniel Rădăvoi[9], Răzvan Dănău[9], Ștefan Rașcu[9], Cristian Toma[9], Bogdan Sandu[9], Cristian Sima[9], Camil Laurențiu Bohîltea[1], Andrei Manolescu[10], Viorel Jinga[9]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Facultatea de Medicină Generală, Departamentul de Genetică Medicală, București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Facultatea de Medicină Generală, Departamentul de Epidemiologie, București

3 - Universitatea București, Facultatea de Biologie, Departamentul de Genetică

4 - Spitalul Militar de Urgență „Prof. Dr. Agrippa Ionescu“, Departamentul de Cardiologie, București

5 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Facultatea de Medicină Generală, Spitalul Universitar de Urgență, Departamentul de Obstetrică-Ginecologie SUUB, București

6 - Spitalul Clinic de Urgență Sf. Pantelimon, București

7 - Institutul Național de Sănătate Publică, București

8 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Facultatea de Medicină Generală, Departamentul de Informatică Medicală, Biostatistică, Marketing și Tehnologie Medicală, București

9 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Facultatea de Medicină Generală, Clinica de Urologie Spital Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele“, București

10 - University of Reykjavik, School of Science and Engineering, Reykjavik, Islanda

Introducere. Acest studiu a analizat pentru prima oară profilul genetic al variantelor de risc pentru cancerul de sân în populația din România.

Material. Metodă. Lotul de studiu a inclus 198 de indivizi neînrudiți cu diagnostic de cancer mamar și 1073 martori fără cancer de sân. ADN-ul a fost genotipat folosind SNP array-uri Illumina, fiind imputate 24.295.558 de variante prin utilizarea bazei de date 1000.

Rezultate. Un review sistematic de literatură referitor la variantele genetice asociate cu riscul de cancer de sân a dus la identificarea a 198 de markeri unici care au fost testați la lotul analizat. Prin utilizarea analizei la nivelul întregului genom (GWAS - Genome Wide Associated Study) au fost analizate 19 milioane de markeri. A fost observat un semnal puternic la nivelul cromozomului 10. Studiul de față este primul de amploare referitor la această patologie din România și Europa de Est. Majoritatea markerilor raportați în literatura de specialitate în asociere cu cancerul mamar au fost confirmați și în lotul din România.

Concluzii. Analiza atât a valorilor p cât și OR sugerează faptul că profilul genetic al cancerului de sân pentru populația din România este asemănător altor populații europene. Studii de replicare sunt necesare pentru confirmarea rezultatelor.

Prezentul studiu este parte a proiectelor EU FP7 ProMark si ROMCAN, coordonator prof. Dr. V. Jinga.

P27. GENETIC RISK FACTORS ASSOCIATED WITH BREAST CANCER IN ROMANIA

Radu-Ioan Ursu[1], Paul Iordache[2], V. Radoi[1], N. Cucu[3], Georgeta Florentina Ursu[4], Roxana Bohîltea[5], Ileana Crăciunescu[4], I. Focsa[1], I. I. Iordanesc[6], A.T. Mocan[6], N. Suciu[7], C. Strugaru[1], Cătălin Staicu[7], Violeta Calotă[7], Angelica Voinoiu[7], Irma Eva Csiki[7], Dana Mates[7], Elena Poenaru[8], Gabriel Rosoga[9], Daniel Rădăvoi[9], Răzvan Dănău[9], Ștefan Rașcu[9], Cristian Toma[9], Bogdan Sandu[9], Cristian Sima[9], Camil Laurențiu Bohîltea[1], Andrei Manolescu[10], Viorel Jinga[9]

1 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Faculty of General Medicine, Department of Medical Genetics, Bucharest

2 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Faculty of General Medicine, Department of Epidemiology, Bucharest

3 - University of Bucharest, Faculty of Biology, Department of Genetics

4 - „Prof. Dr. Agrippa Ionescu“ Military Emergency Hospital, Department of Cardiology, Bucharest

5 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Faculty of General Medicine, SUUB Univesitary Emergency Hospital, Department of Gynecology and Obstetrics, Bucharest

6 - Clinical Emergency St. Pantelimon's Hospital, Bucharest
7 - National Institute for Public Health, Bucharest
8 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Faculty of General Medicine, Department of Medical Informatics, Biostatistics, Marketing and Medical Technology, Bucharest
9 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Faculty of General Medicine, „Prof. Dr. Th. Burghele“ Clinical Hospital, Department of Urology, Bucharest
10 - University of Reykjavik, School of Science and Engineering, Reykjavik, Iceland

Background. In this study we investigated for the first time the profile of common breast cancer risk variants in Romanian population.

Material. Methods. The study population consisted of 198 unrelated pathologically confirmed breast cancer cases and 1073 controls. DNA was genotyped using Illumina SNP arrays, 24.295.558 variants were imputed using the 1000 Genomes dataset.

Results. A systematic literature review for variants associated with breast cancer risk identified 198 unique variants that were tested in the Romanian sample set. Using the GWAS, 19 million markers were analyzed. A strong signal was observed on chromosome 10 (rs2912779, rs2981579, rs2912780). Our study is the first in Romania and Eastern Europe that uses a large sample size. We replicated the great majority of markers previously published for breast cancer.

Conclusions. The analysis of both p-value and OR suggests that breast cancer risk profile of the Romanian population is comparable to other European populations. Further studies need to be undertaken for confirmation.

The current research is part of the ProMark and ROMCAN EU FP7 projects, coord. Prof. Dr. V. Jinga.

P28 - VARIANTE GENETICE ÎN GENELE JAZF1, CENTD2 ȘI IGF2BP2 ASOCIATE CU DIABETUL ZAHARAT LA UN LOT DE BARBATI ROMÂNI

Silvia Costin[1], Radu-Ioan Ursu[2], Ionut Adrian Olaru[1], Paul Iordache[3], V. Radoi[2], N. Cucu[4], Georgeta Florentina Ursu[5], Roxana Bohîltea[6], Ileana Crăciunescu[5], Cătălin Staicu[7], Violeta Calotă[7], Angelica Voinoiu[7], Irma Eva Csiki[7], Dana Mates[7], Elena Poenaru[8], Gabriel Rosoga[9], Daniel Radavoi[9], Răzvan Dănău[9], Ștefan Rașcu[9], Cristian Toma[9], Bogdan Sandu[9], Cristian Sima[8], Camil Laurențiu Bohîltea[2], Andrei Manolescu[10], Viorel Jinga[9]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Bucuresti
2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Departamentul de Genetică Medicală
3 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Departamentul de Epidemiologie
4 - Universitatea București, Facultatea de Biologie, Departmentul de Genetică
5 - Spitalul Militar de Urgență „Prof. Dr. Agrippa Ionescu“, Departamentul de Cardiologie
6 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Spitalul Universitar de Urgență, Departamentul de Obstetrică-Ginecologie
7 - Institutul Național de Sănătate Publică, București
8 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Departamentul de Informatică Medicală, Biostatistică, Marketing și Tehnologie Medicală
9 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, Clinica de Urologie Spital Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele“
10 - Universitatea din Reykjavik, Școala de Științe și Inginerie, Reykjavik, Islanda

Introducere. Prezenta lucrare este parte a unui studiu extins de asociere la nivelul întregului genom (GWAS - Genome Wide Association Study) efectuat pe o cohortă de români caucazieni și continuarea unui studiu de asociere între anumite variante genetice FTO și ADRB3 și susceptibilitatea pentru hipertensiune, obezitate și diabet la un lot de indivizi români supraponderali și obezi. Este prima cercetare de amploare referitoare la markerii analizați în asociere cu diabetul zaharat (DZ) pentru populația din România.

Material. Metodă. Lotul analizat a inclus 2024 de bărbați români (250 cu DZ, 1302 obezi/supraponderali, 694 hipertensivi), criteriile de includere fiind prezența afecțiunii studiate (DZ) și sexul masculin. Cercetarea a presupus analiza a 716503 markeri (polimorfisme - SNV/SNP, Single Nucleotide Variant/Polymorphism). Au fost utilizate kitul Chemagic DNA Blood10k kit, echipament Chemagic Magnetic Separation Module MSMI, prin metoda Chemagen Biopolymer-Technologies AG în laboratorul DeCode Genetics, Reykjavik, Islanda pentru genotipare. Analiza statistică a fost efectuată prin utilizarea programelor informatice Plink! v1.07, IBM SPSS Statistics si R. Studiul a analizat markerii rs7790213 in gena IGF2BP2, rs10793039 JAZF1 și rs6766313 CENTD2 pentru prezența asocierii statistice cu DZ.

Rezultate. În lotul nostru, variantele alelice rs7790213 în gena IGF2BP2 p = 6,22 x 10 -4, rs10793039 JAZF1 p = 4,664 x 10-3 și rs6766313 p= 2,436 x 10-3, variantă intronică CENTD2 au prezentat semnificație statistică pentru suscebtibilitatea pentru DZ .

Concluzii. La momentul redactării acestei lucrări nu există raportări în literatura de specialitate care să susțină rezultatele pentru aceste SNP-uri. Astfel, putem presupune că variante ale genelor IGF2BP2, JAZF1, CENTD2 sunt implicate în riscul apariției DZ. Studii de replicare sunt necesare pentru confirmarea acestor rezultate (ROMCAN).

Prezenta cercetare este parte a proiectelor EU FP7 ProMark și ROMCAN, coordonator prof. Dr. V. Jinga.

P28 - GENETIC VARIANTS IN JAZF1, CENTD2 AND IGF2BP2 ASSOCIATED WITH DIABETES MELLITUS IN A COHORT OF ROMANIAN MEN

Silvia Costin[1], Radu-Ioan Ursu[2], Ionut Adrian Olaru[1], Paul Iordache[3], V. Radoi[2], N. Cucu[4], Georgeta Florentina Ursu[5], Roxana Bohîltea[6], Ileana Crăciunescu[5], Cătălin Staicu[7], Violeta Calotă[7], Angelica Voinoiu[7], Irma Eva Csiki[7], Dana Mates[7], Elena Poenaru[8], Gabriel Rosoga[9], Daniel Radavoi[9], Răzvan Dănău[9], Ștefan Rașcu[9], Cristian Toma[9], Bogdan Sandu[9], Cristian Sima[8], Camil Laurențiu Bohîltea[2], Andrei Manolescu[10], Viorel Jinga[9]

1 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

2 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Department of Medical Genetics, Bucharest

3 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Department of Epidemiology, Bucharest

4 - University of Bucharest, Faculty of Biology, Department of Genetics

5 - „Prof. Dr. Agrippa Ionescu“ Military Emergency Hospital, Department of Cardiology, Bucharest

6 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Univesitary Emergency Hospital, Department of Gynecology and Obstetrics, Bucharest

7 - National Institute for Public Health, Bucharest

8 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Department of Medical Informatics, Biostatistics, Marketing and Medical Technology, Bucharest

9 - „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, „Prof. Dr. Th. Burghele“ Clinical Hospital, Department of Urology, Bucharest

10 - University of Reykjavik, School of Science and Engineering, Reykjavik, Iceland

Background. The current research is part of a comprehensive genome-wide association study (GWAS) taken on a cohort of Romanian Caucasian men and the follow-up of a previous PhD association study on the effects of FTO and ADRB3 genes variants on the susceptibility for hypertension, obesity and diabetes in a Romanian overweight and obese individuals cohort.

Material. Methods. A GWAS was performed on2024 Romanian men (1302 obese/overweight, 250 diabetic, 694 with hypertension. The research included 716503 SNVs using the Chemagic DNA Blood10k kit, Chemagic Magnetic Separation Module MSMI, the Chemagen Biopolymer-Technologies AG method and was performed at DeCode Genetics Reykjavik. Statistical analysis was performed using the Plink! v1.07, IBM SPSS Statistics si R. Softwares. Genotyping results were analyzed in correlation with obesity (weight, BMI), DM and HTA. The current research was aimed at analyzing the IGF2BP2 rs7790213, JAZF1 rs10793039 and CENTD2 rs6766313 markers in correlation with diabetes mellitus.

Results. The results revealed statistical significance for all 3 analyzed variants:IGF2BP2 rs7790213 p = 6,22 x 10 -4, JAZF1 rs10793039 p = 4,664 x 10-3 and CENTD2 intron variant rs6766313 p= 2,436 x 10-3 in correlation with the studied phenotype (diabetes mellitus).

Conclusions. There are no current reports in literature at the moment to support the findings of our research for the analyzed genetic variants. Our results are indivative for an association between the IGF2BP2, JAZF1 and CENTD2 markers and the susceptibility for diabetes mellitus. Further replication studies need to be undertaken for the confirmation of these results (ROMCAN).

The current research is part of the EU FP7 ProMark and ROMCAN projects, coord. Prof. V. Jinga, MD, PhD.

P29. GENOMICA HIPERTENSIUNII ARTERIALE - STUDIU DE ASOCIERE EVIDENȚIAZĂ CĂI DE RISC PENTRU BOLILE PULMONARE OBSTRUCTIVE CRONICE

Ștefan Busnatu[1], Paul Iordache[2], Radu-Ioan Ursu[3], Cristian Ene[4], Dana Mates[5], Gabriel Rosoga[6], Daniel Rădăvoi[6], Răzvan Dănău[6], Ștefan Rașcu[6], Cristian Toma[6], Bogdan Sandu[6], Cristian Sima[6], Viorel Jinga[6]

1 - Spitalul Clinic de Urgență „Bagdasar-Arseni“, Departamentul Cardiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie “Carol Davila“, București

2 - Departamentul Epidemiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

3 - Departamentul Genetică, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

4 - Institutul Național pentru Sănătatea Mamei și Copilului „Alfred-Rusescu“, București

5 - Institutul Național de Sănătate Publică, București

6 - Spitalul Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele“, Departamentul Urologie, Universitatea de Medicină și Farmacie “Carol Davila“, București

Context. Numeroase cercetări au arătat că bolile pulmonare obstructive cronice (BPOC) și hipertensiunea arterială (HTA) sunt legate ca și comorbidități. Scopul acestei cercetări este de a analiza variantele IREB2 raportate anterior ca fiind strâns legate de BPOC și care prezintă și o asociere puternică cu HTA în cohorta Promark.

Material și metodă. Studiul a inclus 2024 persoane de sex masculin (694 cu HTA, 1302 sănătoși) cu vârste peste 50 de ani. Genotiparea (introducerea de cipuri) a fost efectuată pe 716.503 VSN (Variante Singulare de Nucleotide) la Institutul DeCode Genetics, Reykjavik. Rezultatele cu cele mai puternice asocieri pentru locusul 15q25 au fost corelate cu rezultatele raportate anterior în literatură pentru BPOC.

Rezultate. Gena IREB2 este localizată pe cromozomul 15q25 cu 13 variante observate în această gena, cu valori p cuprinse între 1e-6 și 0,05, toți cei 13 markeri situându-se într-o regiune de 100Kb. Compararea asocierilor publicate pentru BPOC cu rezultatele obținute de către noi de la HTA GWAS, se observă o direcție similară și consecventă pentru raportul celor 13 cote(OR). Gena IREB2 prezintă o asociere puternică cu BPOC. Expresia proteinei specifice țesuturilor a fost analizată pentru toate cele 13 variante, evaluând o posibilă explicație biologică a asocierii dintre aceste variante, HTA și BPOC. Trăsăturile expresiei canitative a locusurilor (eQTL) au fost evaluate pentru țesuturi multiple, indicând o influență puternică asupra a 10 din cei 13 markeri pentru țesuturi, cum ar fi: mușchii scheletici, inima și plămânii.

Concluzii. Studiul de față a descoperit o asociere puternică dintre un locus important și HTA de asemenea, corelat cu BPOC, care ar putea oferi perspective asupra arhitecturii genetice a celor două patologii.

Recunoaștere: Cercetarea actuală face parte din proiectele UE FP7 ProMark și ROMCAN coordonate de Prof. Dr. V. Jinga.

P29. PATHWAY ANALYSIS OF HYPERTENSION GENOME - WIDE ASSOCIATION STUDY HIGHLIGHTS RISK PATHWAYS FOR CHRONIC OBSTRUCTIVE PULMONARY DISEASE

Ștefan Busnatu[1], Paul Iordache[2], Radu-Ioan Ursu[3], Cristian Ene[4], Dana Mates[5], Gabriel Rosoga[6], Daniel Rădăvoi[6], Răzvan Dănău[6], Ștefan Rașcu[6], Cristian Toma[6], Bogdan Sandu[6], Cristian Sima[6], Viorel Jinga[6]

1 - Bagdasar Arseni Emergency Hospital, Cardiology Department, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

2 - Epidemiolgy Department, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

3 - Genetics Department, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

4 - INSMC "Alfred Rusescu" Institute for Mother and Child Care, Bucharest

5 - National Institute of Public Health, Bucharest

6 - „Prof. Dr. Th. Burghele“ Clinical Hospital, Urology Department, „Carol Davila“University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

Background. Multiple studies have shown that chronic obstructive pulmonary disease (COPD) and hypertension (HTA) are linked as comorbidities. The purpose of this research was to analyze previously reported IREB2 gene variants that are highly linked with COPD and their relation with HTA incidence in the Promark cohort.

Material and Methods. The study included 2024 male individuals (694 with HTA, 1302 healthy controls) with ages over 50 years old. Genotyping (chip-typing) was performed on 716.503 SNVs (Single Nucleotide Variants) at DeCode Genetics Institute, Reykjavik. The strongest association results for the 15q25 loci were correlated with previous reported results for COPD.

Results. The IREB2 gene is located on chromosome 15q25 with 13 variants observed in this gene with p-values ranging from then 1e-6 to 0.05, all 13 markers beeing located in a 100Kb region. Comparing the published associations for the COPD with our results from the HTA GWAS, we observed similar and consistent direction for all 13 odds ratios (OR). The IREB2 gene shows a strong association with COPD. Tissue-specific protein expression have been analyzed for all 13 variants assessing a possible biological explanation of the association between these variants HTA and COPD. Expression quantitative trait loci (eQTL) were assessed for multiple tissues indicating a strong influence of 10 out of the 13 markers for tissues like: skeletal muscle, heart and lung.

Conclusion. The present study found one important locus strongly associated with HTA and also corelated with COPD, which migh provide insights into the genetic architecture of the two pathologies.

Acknowledgements: The current research is part of the EU FP7 ProMark and ROMCAN projects coordinated by Prof. Dr V. Jinga.

P30. NIVELUL DE CUNOAȘTERE PRIVIND SCREENINGUL ÎN CANCERUL DE COL UTERIN ÎNTR-UN GRUP POPULAȚIONAL DIN ROMÂNIA. REZULTATELE CHESTIONARULUI APLICAT

Alina Manole[1], Georgiana Frunzuc[1], Raluca Filimon[2], Liliana Chelaru[3], Mugur Manole[4], Mioara Matei[1]

Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa“ Iași, Facultatea de Medicină

1 - Disciplina de Asistența Primară a Stării de Sănătate și Epidemiologie

2 - Institutul Regional de Oncologie - Iași

3 - Disciplina de Histologie
4 - Disciplina de Sănătate Publică și Management

Introducere. Cancerul de col uterin, cu valori ale incidenței și mortalității, reprezintă o problemă de sănătate populațională și în țara noastră. Depistarea permanentă și consecventă a cancerului de col uterin în stadii incipiente și participarea femeilor la screening sunt ținte ale programelor de prevenție și de educație pentru sănătate.
Scopul studiului a fost de a descrie nivelul de cunoaștere privind screeningul în cancerul de col uterin, într-un grup populațional general din România.
Material și metode. Studiul a fost derulat în perioada octombrie – decembrie 2016, pe un lot de 810 femei din populația generală, fără cunoștințe medicale, cu vârste de 20-35 ani, la care a fost aplicat un chestionar conceput după „Women's Health“, BioMed Central Ltd. 2011. Rezultate. 35.9% din participante au avut vârste de 26-30 ani, majoritatea din urban (70,4%), cu studii superioare (41.9%), 68,6% angajate. Testul Papanicolaou ca metodă de screening a fost considerat de 92,6% dintre participante, iar 93,7% au răspuns că scopul acțiunilor de screening este „detectarea în stadii precoce a cancerului de col uterin“. Referitor la necesitatea unui program de screening pentru cancerul de col uterin în România, 93% au răspuns că acest lucru este „necesar“, dar 6.5% că „nu, deoarece femeile nu vor participa“. La itemul referitor la ce anume ar împiedica femeile să participe la screening, 84,1% au răspuns că „aș participa deoarece este important pentru sănătatea mea“, 12,6% - „frica de a depista un cancer“, 3,1% - „teama de consultul ginecologic“. 21,7% dintre participante „nu au efectuat niciodată testul Papanicolaou“.
Concluzii. În urma aplicării chestionarului, am observat în populația generală feminină din România o receptivitate crescută pentru participarea la studiu. Rezultatele studiului au relevat probleme și lacune în educația pentru sănătate, referitoare la noțiunile de screening, factori de risc și prevenție.
Cuvinte-cheie: screening, cancer de col uterin, chestionar, prevenție.

P30. THE LEVEL OF KNOWLEDGE REGARDING CERVICAL CANCER SCREENING IN A GENERAL POPULATION GROUP OF ROMANIA. RESULTS OF THE APPLIED QUESTIONNAIRE

Alina Manole[1], Georgiana Frunzuc[1], Raluca Filimon[2], Liliana Chelaru[3], Mugur Manole[4], Mioara Matei[1]
University of Medicine and Pharmacy „Grigore T. Popa“ - Iași
Faculty of Medicine
1 - Discipline of Primary Health Care and Epidemiology
2 - Regional Institute of Oncology - Iași
3 - Discipline of Histology
4 - Discipline of Public Health and Management

Introduction. Cervical cancer, with high rates of incidence and mortality, is also a major problem of population health in our country. The permanent and consistent early detection of cervical cancer and the participation of women in screening are targets for prevention and health education programs.
The aim of the study was to describe the level of knowledge regarding cervical cancer screening in a general population group of Romania.
Material and methods. The study was conducted between October and December 2016 on a group of 810 women from general population, without medical knowledge, aged 20-35. The questionnaire was built from „Women's Health“ questionnaire, BioMed Central Ltd, 2011. Results. 35.9% of the participants were aged 26-30, most from the urban area (70.4%), with a superior education (41.9%), and employed (68.6%). The Papanicolaou test as a screening method was considered by 92.6% of the participants and 93.7% said that the purpose of screening is „early detection of cervical cancer“. Regarding the necessity of a cervical cancer screening program in Romania, 93% responded that „it is necessary“, but 6.5% - „no, because women would not participate“. For the item: „what would deter women from participating in screening“, 84.1% responded that „I would participate because it is important for my health“, 12.6% - „fear of cancer“, 3.1% - „fear of gynecological consultation“. 21.7% of participants „never did the Pap test“.
Conclusions. Applying the questionnaire, we noticed an increased receptivity to participate in the study in the general feminine population of Romania. The results of our study revealed problems and gaps in health education related to screening concepts, risk factors, and prevention.
Keywords: screening, cervical cancer, questionnaire, prevention.

P31. SISTEME INFORMATICE DE INTEGRARE A DATELOR GENETICE ȘI CLINICE BAZATE PE DATELE ROMCAN

Elena Poenaru [1], Paul Iordache[2], Mariana Jinga[3], C. Poenaru[4], Dana Mates[5], Ștefan Rașcu[6], Viorel Jinga[6]
1 - Disciplina Informatică Medicală și Biostatistică, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București

2 - Departamentul de Epidemiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila“, București
3 - Spitalul Universitar de Urgență Militar Central „Dr. Carol Davila“, București
4 - Exigia Medical, București
5 - Institutul Național de Sănătate Publică, București
6 - Departmentul de Urologie, Spitalul Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele“, București

Context. Datele genetice sunt acum disponibile pe scară largă, dar există un efort continuu și concertat pentru a produce sisteme integrate pentru analiza statistică a acestora în comparație cu alte domenii de aplicare a analizei statistice. Este adesea o sarcină dificilă pentru utilizatorii finali să adapteze diferite instrumente pentru anumite tipuri de date, în special atunci când datele genetice sunt analizate împreună cu un număr mare de covariante.

Material și metodă. Acest studiu prezintă modalitățile la care lucrăm în prezent pentru a integra un set de tehnici statistice și grafice recunoscute pe scară largă pentru a construi un mediu coerent pentru calculul statistic și de vizualizare a datelor adaptat tiparelor genetice ale populației din România. Acest cadru oferă instrumente multiple pentru diferite sarcini, cum ar fi modelarea liniară și neliniară, testarea statistică, analiza seriilor de timp, clasificare și clustering. Ne-am concentrat asupra unor caracteristici importante, relevante pentru medici, atunci când aceștia analizează datele genetice, cum sunt: prevenirea încălcărilor regulilor bioetice, accesul la date la distanță, compatibilitatea cu programe multiple cât și compatibilitatea și accesibilitatea către versiunile anterioare ale acestora.

Rezultate. Am început testarea acestui sistem cu rezultate preliminare bune în cadrul atelierului „Factori de risc genetici, de mediu și de etnie asociați cancerului în România“, folosind setul de date ROMCAN atât pentru studii de tip GWAS cât și date secvențiate. Am finalizat cu succes testele de asociere pentru 4 tipuri de cancer, cu dimensiuni ale eșantioanelor variind de la 1400 persoane la 2100 de persoane. Comparând rezultatele noastre cu cele obținute de partenerul nostru, DeCODE Genetics Islanda, am observat rezultate similare pentru 98,5% dintre markerii testați.

Concluzii: Acest studiu este bazat pe un cadru de analiză adaptat populației din Romania și împreuna cu setul de instrumente asociat necesar procesării datelor genomice are rezultate preliminare bune.

Mulțumiri: Cercetarea actuală face parte din proiectele UE ProMark FP7 și ROMCAN coordonate de Prof. Dr. V. Jinga.

P31. A FRAMEWORK FOR INTEGRATING GENETIC AND CLINICAL DATA BASED ON THE ROMCAN DATA

Elena Poenaru [1], Paul Iordache[2], Mariana Jinga[3], C. Poenaru[4], Dana Mates[5], Ștefan Rașcu[6], Viorel Jinga[6]
1 - Medical Informatics and Biostatistics Department „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
2 - Epidemiology Department, „Carol Davila“ University of Medicine and Pharmacy, Bucharest
3 - „Dr. Carol **Davila“ Central Military University Emergency Hospital, Bucharest**
4 - Exigia Medical, Bucharest
5 - National Institute of Public Health, Bucharest
6 - Department of Urology, „Prof. Dr. Th. Burghele“ Clinical Hospital, Bucharest

Background. Genetic data are now widely available, however there is a continuous effort and concerted effort to produce integrating systems for statistical analysis of genetic data, comparable with other fields of statistics. It is often a tremendous task for end-users to tailor different tools for particular type of data, especially when genetic data are analysed in conjunction with a large number of covariates.

Materials and Methods. We work to integrate a set of widely recognised statistical and graphical techniques to build a cohesive environment for statistical computing and data visualisation, tailored tor Romanian population genetic patterns. This framework provides multiple tools for different tasks like linear and nonlinear modelling, statistical testing, time series analysis, classification and clustering. We focused on some important features relevant for physicians when analysing genetic data as it follows: preventing the risk of bioethical breaches, remote access to data, compatibility with multiple available software and backward compatibility and accessibility.

Results. We have started testing our system during the workshop „Genetic, environment and ethnicity risk factors associated with cancer in Romania“, using the ROMCAN dataset for both GWAS studies and sequenced data with preliminary good results. We completed successfully association testing for 4 types of cancer, with cohort sample sizes ranging from 1400 to 2100 individuals. Comparing our results with the baseline from our partner, DeCODE Genetics Iceland, we observed similar results for 98.5% of the tested markers.

Conclusions. Our present study shows promising preliminary results for a framework and associated toolset dedicated to the genomic data processing in medical clinic environments, tuned for Romanian population.

Acknowledgements: The current research is part of the EU FP7 ProMark and ROMCAN projects coordinated by Prof. Dr V. Jinga.

SESIUNEA TINERILOR MEDICI

COMUNICĂRI ORALE TINERI MEDICI (COTM)
ORAL COMMUNICATIONS YOUNG MEDICAL DOCTORS (OCYMD)

COTM1. ROLUL TESTĂRII WESTERN BLOT ÎN ALGORITMUL DE DIAGNOSTIC AL BOLII LYME

Simona Stoica[1,2,4], Ana Maria Bunoiu[1,3,4], Daniela Bădescu[4], Ani Ioana Cotar[4], Irina Codiță[1,4]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

2 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș", București

3 - Spitalul de Pneumoftiziologie „Sfântul Andrei", Valea Iașului - Argeș

4 - Institutul Național de Cercetare „Cantacuzino", București

Boala Lyme (BL) este o afecțiune cu manifestări polimorfe cauzată de o spirochetă, Borrelia burgdoferi sensu lato, al cărei diagnostic presupune urmărirea unui algoritm complex, în care testul Western Blot (WB) are un rol important.

Obiective. Studiul importanței testării WB în diagnosticul BL, prin analiza rezultatelor testelor ELISA și Western Blot.

Materiale și metode. Studiul a fost efectuat pe un lot de 288 pacienți cu suspiciune de BL ale căror probe biologice (ser) au fost trimise de către DSP-uri pentru diagnostic la INC Cantacuzino, Laboratorul Infecții Transmise prin Vectori, în perioada 01.01.2015 – 31.12.2016. Tehnicile utilizate au fost ELISA (Mikrogen RecomWell Borrelia IgG și IgM) și Western Blot (Borrelia Line IgG/IgM Virotech). Analiza statistica s-a realizat în SPSS v20.

Rezultate. Din 272 pacienți (94.4%) testați prin ELISA IgM, 121 (44.5%) au avut rezultate pozitive. Dintre aceștia, 52 au fost testați prin WB, 37 (71.2%) având rezultate pozitive. Din 103 pacienți (35,7%) testați prin ELISA IgG, 22 (21,4%) au avut rezultate pozitive. Dintre aceștia, 10 au fost testați prin WB, 4 (40%) având rezultate pozitive. Rezultatele testelor ELISA și WB pentru IgM/IgG nu au coincis în toate cazurile chiar dacă s-au corelat semnificativ statistic ($p<0.05$).

Concluzie. Testul Western Blot se caracterizează printr-o specificitate crescută și se utilizează ca un al doilea test în diagnosticul serologic al diferitelor stadii de boală Lyme pentru pacienții cu test ELISA pozitiv sau neconcludent.

OCYMD1. THE ROLE OF WESTERN BLOT TEST IN THE DIAGNOSTIC ALGORITHM OF THE LYME DISEASE.

Simona Stoica[1,2,4], Ana Maria Bunoiu[1,3,4], Daniela Bădescu[4], Ani Ioana Cotar[4], Irina Codiță[1,4]

1 - University of Medicine and Pharmacy "Carol Davila", Bucharest

2 - National Institute for Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș", Bucharest

3 - Pneumophtisiology Hospital "Sfântul Andrei", Valea Iașului – Argeș

4 - "Cantacuzino" National Institute of Research, Bucharest

Lyme disease (LD) is an infectious disease with a wide range of symptoms caused by a spirochete, Borrelia burgdorferi sensu lato, whose diagnostic requires a complex algorithm, in which the Western Blot (WB) has an important role.

Objective. Study the importance of WB test in the LD diagnosis, by analyzing ELISA and Western Blot results.

Materials and methods. A lot comprised of 288 patients suspected of Lyme disease, whose biological specimens (serum) were investigated. These were sent by the Public Health Directions to "Cantacuzino" National Institute of Research, Vector Borne Diseases Laboratory, and were analyzed between 01.01.2015 and 31.12.2016 using ELISA (Mikrogen RecomWell Borrelia IgG and IgM) and WB (Borrelia Line IgG/IgM Virotech) techniques. The statistical analysis was performed in SPSS v20.

Results. From 272 patients (94.4%) tested through ELISA IgM test, 121 cases (44.5%) had positive results. From them, 52 patients requested the WB test which was positive for 37 of them (71.2%). From 103 patients (35.6%) tested through ELISA IgG test, 22 cases (21.4%) had positive results. From them, 10 patients requested the WB test which was positive for 4 of them (40%). The results of the ELISA and WB IgM/IgG tests didn't coincide in all cases even if there was a significant correlation ($p<0.05$) between them.

Conclusion. The WB test is characterized by a high specificity and it is used as a second test in the serologic diagnosis of different Lyme disease stages for patients with positive or borderline results of the ELISA test.

COTM2. CARACTERIZAREA UNOR TULPINI DE SALMONELLA SPP. IMPLICATE ÎN INFECȚII EXTRAINTESTINALE

Oana Pocol[1], Doina Veronica Bilca[1], Izabella Szász[1], Andreea Truță[1], Krisztina Eszter Vas[1], Andrei Romanschi[1], Edit Székely[1,2]

1 - Laborator de Analize Medicale Central, Departamentul de Microbiologie, Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie Târgu Mureș

Introducere. Infecția cu Salmonella non-typhi reprezintă o cauză importantă a diareei bacteriene. Aceasta poate determina însă și infecții invazive care, deși au o incidență mai scăzută, sunt severe și deseori letale. Scopul acestei lucrări este de a caracteriza tulpinile implicate în infecții extraintestinale în perioada ianuarie 2013-martie 2017 în Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș.

Materiale și metode. S-au analizat restrospectiv datele privind proveniența izolatelor de Salmonella spp. și sensibilitatea acestora la antibiotice. Tulpinile conservate prin congelare au fost analizate pentru determinarea serovarurilor și tipizate molecular prin metoda PFGE (pulsed-field gel electrophoresis).

Rezultate. În perioada vizată, s-au identificat 14 tulpini de Salmonella spp. din infecții extraintestinale. Acestea au fost izolate din sânge (7 izolate), abcese (3 izolate), urină (2 izolate), lichid pericardic (1 izolat) și lichid pleural (1 izolat). Toate au fost sensibile la cefalosporine de generația a 3-a, la trimetoprim/sulfametoxazol și la ampicilina. S-a notat rezistență față ciprofloxacin (1 izolat). Nouă tulpini au fost disponibile pentru identificarea serovarurilor și pentru PFGE. Serovarurile determinate au fost: S. Enteritidis (5 izolate), S. Typhimurium, S.Wirchow, S. Cremieu și unul neidentificabil. Prin tipizare moleculară 4 tulpini de S. Enteritidis au prezentat pulsotip identic (3 izolate din hemocultură și unul din lichid pericardic).

Concluzii. Cele mai multe izolate extraintestinale au provenit din hemoculturi. PFGE a demonstrat clonalitatea a 4 izolate, sugerând o posibilă sursă comună de infecție.

OCYMD2. CHARACTERIZATION OF SALMONELLA SPP. STRAINS INVOLVED IN EXTRAINTESTINAL INFECTIONS

Oana Pocol[1], Doina Veronica Bilca[1], Izabella Szász[1], Andreea Truță[1], Krisztina Eszter Vas[1], Andrei Romanschi[1], Edit Székely[1,2]

1 - Central laboratory of Medical Analysis, Department of Microbiology, County Emergency Clinical Hospital Târgu Mureș

2 - University of Medicine and Pharmacy Târgu Mureș

Introduction. Salmonella non-typhi infection is an important cause of bacterial diarrhea. This may also cause invasive infections that, although having a lower incidence, are severe and often lethal. The purpose of this paper is to characterize the strains involved in extraintestinal infections between January 2013 and March 2017 in the County Emergency Clinical Hospital Târgu Mureș.

Materials and methods. Data on the provenance of Salmonella spp isolates and their susceptibility to antibiotics were reviewed retrospectively. Available conserved strains were further analyzed by serotyping and molecular typing using pulsed-field gel electrophoresis (PFGE).

Results. In the target period, 14 strains of Salmonella spp. have been identified from extraintestinal infections. They were isolated from blood (7 isolates), abscesses (3 isolates), urine (2 isolates), pericardial fluid (1 isolate) and pleural fluid (1 isolate). All were sensitive to 3rd generation cephalosporins, to trimethoprim / sulfamethoxazole and to ampicillin. Resistance to ciprofloxacin was noted in one isolate. Nine strains were available for serotyping and PFGE. The determined serotypes were: S. Enteritidis (5 isolates), S. Typhimurium, S. Wirchow, S. Cremieu and one was unidentifiable. By molecular typing, 4 strains of S. Enteritidis showed identical pulsotypes (3 isolates from blood cultures and 1 from pericardial fluid).

Conclusions. Most extraintestinal isolates originated from blood cultures. PFGE demonstrated the clonality of 4 isolates, suggesting a possible common source of infection.

COTM3 - INFECȚIILE BACTERIENE- COMPLICAȚII ALE TRANSPLANTULUI

Marina Manea[1], Gabriela Nedelcu[1], Irina Codiță[1,2]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila"

2 – Institutul Național de Cercetare Cantacuzino

Obiective. Problematica infecțiilor bacteriene la pacienții transplantați, un subiect complex și insuficient dezbătut, a fost abordată în ultimii ani din mai multe perspective inovative. Lucrarea își propune să reliefeze noile tendințe de cercetare în acest domeniu încercând, totodată, creionarea unor viitoare direcții de studiu legate de etiologia, frecvența patologiei infecțioase bacteriene la pacienții transplantați, factorii de risc implicați în apariția bolii, precum și anumite aspecte de diagnostic și prevenție.

Materialele și metodele utilizate. Articolul este conceput sub forma unui review, înglobând informații obținute în urma studierii literaturii de specialitate din ultimii ani, sortată în principal din baze de date precum Pubmed, Wiley, Springer, Elsevier, Medscape.

Rezultate. Se remarcă etiologia diversă și uneori inedită a microorganismelor implicate în infecții bacteriene la transplantați, acestea putând cauza comorbidități importante, uneori chiar exitus. De asemenea, se constată o creștere a numărului pacienților afectați de bacterii cu rezis-tență multiplă la antibiotice, fapt ce constituie o provocare în terapia pacienților. Sunt discutați și factorii favorizanți ai infecțiilor bacteriene la pacienții transplantați, inclusiv cercetările științifice recente în ceea ce privește patologia infecțioasă a donatorilor. Nu în ultimul rând, lucrarea subliniază o serie de elemente legate de particularități de diagnostic și prevenție, acestea fiind încă un subiect de dezbatere în domeniu.

Concluzii. Se pot lansa o serie de idei de cercetare din perspectiva etiologiei și a factorilor favorizanți ai infecțiilor bacteriene la pacienții transplantați, precum și propuneri privind necesitatea urmăririi donatorilor de organe și a pacienților din România, din punct de vedere al factorului infecțios. De asemenea, este necesară elaborarea unor modalități mai bune de prevenire, din cauza implicațiilor pe care aceste afecțiuni le pot avea asupra evoluției pacienților transplantați.

OCYMD3 - BACTERIAL INFECTIONS- COMPLICATIONS OF TRANSPLANTATION

Marina Manea[1], Gabriela Nedelcu[1], Irina Codiță[1,2]

1 – "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

2 – Cantacuzino National Research Institute

Objectives. The challenge of bacterial infections among transplant recipients is a complex and not fully debated subject that has been approached from various creative perspectives in the last years. This current paper has the established goals of presenting the newest research tenden-cies in this field and further study directions concerning the etiology, frequency of the bacterial infectious pathology among transplant recipients and also the risc factors involved in the development of the illness together with some elements of diagnosis and prevention.

Materials and methods. This article has been written as a review, using the information gathered from the latest medical literature which has been browsed in databases such as Pubmed, Wiley, Springer, Elsevier, Medscape.

Results. The complex and sometimes unexpected etiology of microorganisms involved in bacterial infections of transplant recipients has been presented because such bacteria might be the cause of important comorbidities and sometimes even exitus. A growth in the number of patients affected by the multi-drug resistant bacteria is observed which might represent a cha-llenge in the options of treatment. The influencing factors in the development of these bacterial infections among transplant recipients are also mentioned together with a modern scientific approach regarding the infectious pathology of the donors. Last but not least, the current paper underlines a series of elements regarding some diagnosis and prevention issues which are still a subject of debate.

Conclusions. A series of further research ideas regarding the etiology and the influencing factors in the development of bacterial infections among transplant recipients can be considered and proposals on the need to follow organ donors and patients in Romania, in respect of infection factor, may also be set up. Establishing better ways of prevention is also essential because of the effects that these diseases might have in transplantation.

COTM4 - INFECȚII INVAZIVE PNEUMOCOCICE - SEROTIPURI PREVALENTE, REZISTENȚA ANTIMICROBIANĂ ȘI IMPACTUL ACESTEIA ASUPRA TERAPIEI ANTIBIOTICE ADMINISTRATE ÎN CLINICĂ. UN STUDIU RETROSPECTIV REALIZAT ÎN PERIOADA 2011-2017 LA INSTITUTUL NAȚIONAL DE BOLI INFECȚIOASE (INBI) "PROFESOR DR. MATEI BALȘ"

Alina Ioana Andrei[1], Alexandru Rafila[1,2], Olga Mihaela Dorobăț[1], Alexandru Mihai[1], Gabriel Adrian Popescu[1,2]

1 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof Dr Matei Balș", București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

Obiective. Identificarea celor mai frecvente serotipuri implicate în producerea infecțiilor invazive pneumococice, corelarea acestora cu serotipurile conținute în vaccinul pneumococic conjugat, evaluarea profilului de rezistență al acestora versus terapia antimicrobiană administrată.

Materiale și metode. Studiul cuprinde o analiză retrospectivă a infecțiilor invazive pneumococice, realizată în perioada Ianuarie 2011-Septembrie 2017, în cadrul INBI „Profesor Dr. Matei Balș". Terapia antimicrobiană a fost considerată adecvată dacă antibioticele alese au fost adaptate profilului de susceptibilitate al bacteriei izolate, cu un spectru cât mai îngust.

Rezultate. În perioada studiată au fost izolate din infecții invazive un număr de 121 de tulpini pneumococice, respectiv 49,6% de la pacienți cu bacteriemie și 50,4% de la pacienți cu meningită (cu sau fără bacteriemie). Dintre cele 103 tulpini serotipate, cele mai prevalente au fost serotipurile 19 (24,2%) și 3 (22,3%). Un procent de 57,2% din tulpinile serotipate sunt cuprinse în vaccinul pneumococic conjugat 13 și 26,2% în vaccinul pneumococic conjugat 10. Infecțiile invazive pneumococice au fost cel mai frecvent întâlnite în grupa de vârstă 45-64 ani (35,5%). Din tulpinile testate 72 (59,5%) au fost sensibile la penicilină (bacteriemie: 66,7%, meningită: 52,4%, $p = 0,11$), 90 (90%) au fost sensibile la ceftriaxonă (bacteriemie: 90,2%, meningită: 89,8%) și 74 (62,1%) au fost sensibile la eritromicină (bacteriemie: 76,7%, meningită: 47,5%, $p = 0,001$). O singură tulpină a fost rezistentă la moxifloxacin. Antibioterapia administrată a fost adecvată profilului de rezistență antimicrobiană într-un procent de 14% din cazuri (meningită: 18%, bacteriemie: 10%).

Concluzii. Prin utilizarea vaccinării antipneumococice numărul cazurilor de infecții invazive pneumococice s-ar fi redus semnificativ. Rezistența tulpinilor izolate a fost ridicată la penicilină și macrolide. În acest caz, se impune o administrare judicioasă a terapiei antimicrobiene și o mai bună corelare cu rezultatul antibiogramei.

OCYMD4. INVASIVE PNEUMOCOCCAL DISEASE - PREVALENT SEROTYPES AND ANTIMICROBIAL RESISTANCE WITH ITS IMPACT ON THE ANTIMICROBIAL THERAPY. A 2011-2017 RETROSPECTIVE STUDY AT THE NATIONAL INSTITUTE FOR INFECTIOUS DISEASES (NIID) "PROFESSOR DR. MATEI BALȘ"

Alina Ioana Andrei[1], Alexandru Rafila[1,2], Olga Mihaela Dorobăț[1], Alexandru Mihai[1], Gabriel Adrian Popescu[1,2]

1 - National Institute for Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș", Bucharest

2 – "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

Objectives. To identify the most frequent serotypes involved in invasive pneumococcal disease (IPD), to correlate them with the serotypes contained in the pneumococcal conjugated vaccine (PCV) and to evaluate their antimicrobial susceptibility versus the antimicrobial treatment changes.

Methods. We performed a retrospective analysis of IPD between January 2011 and September 2017, for NIID patients. The antimicrobial therapy was considered adequate if it corresponded or was adapted to the susceptibility profile of the bacterium, with the narrowest spectrum.

Results. A total of 121 pneumococcal strains were isolated from invasive infections: 49.6% from patients with bacteremia and 50.4% from patients with meningitis (with or without bacteremia). Of 103 serotyped strains, the most prevalent were serotypes 19 (24.2%) and 3 (22.3%). A percentage of 57.2% of the serotyped strains are contained in the PCV 13 and 26.2% in the PCV 10. IPD was most frequent in the 45-64 years age group (35.5%). From the tested strains 72 (59.5%) were susceptible to penicillin (bacteremia: 66.7%, meningitis: 52.4%, $p=0.11$), 90 (90%) were susceptible to ceftriaxone (bacteremia: 90.2%, meningitis: 89.8%, $p=0.94$) and 74 (62.1%) were susceptible to erythromycin (bacteremia: 76.7%, meningitis: 47.5%, $p=0.001$). A single strain was resistant to moxifloxacin. The antimicrobial therapy given was adequated to the antibiotic resistance profile in 14% of invasive infections (meningitis: 18%, bacteremia: 10%).

Conclusions. The use of pneumococcal vaccination would significantly reduce the number of IPD cases. Our study revealed a high level of antimicrobial resistance to penicillin and macrolides. This requires a more judicious use of antimicrobial therapy and a better adaptation to the antimicrobial susceptibility testing.

COTM5 - FACTORII DE RISC PENTRU BOALA CARDIACĂ ISCHEMICĂ AI POPULAȚIEI DIN TREI ZONE RURALE DIN ROMÂNIA

Larisa Alexandra Gugulici[1], Daniela Pițigoi[2,3], Maria Dorina Crăciun[3,4]

1 - Absolvent Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila"

2 - INBI „Prof. Dr. Matei Balș"

3 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila"

4 - Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Grigore Alexandrescu"

Introducere. Bolile cardiovasculare sunt principala cauză de mortalitate la nivel mondial, fiind recunoscute ca problemă de sănătate publică .Hipertensiunea arterială, dislipidemia, diabetul zaharat, obezitatea și tabagismul cronic sunt recunoscuți ca factori de risc pentru apariția leziunilor endoteliale ce favorizează aterogeneza. Împreună cu alți factori nemodificabili (predispoziția genetică, sexul masculin, vârsta înaintată), cresc riscul de evenimente coronariene acute.

Scop. Studiul are ca scop identificarea profilului de risc pentru Boala Cardiacă Ischemică (BCI) al populației din trei localități rurale (Brăești- Buzău, Partizani-Tulcea, Slănic Moldova – Bacău).

Metoda. Datele au fost obținute în urma unei activități de voluntariat din cadrul proiectului „Caravana cu Medici". Am inclus în studiu 377 pacienți peste 18 ani, 71% femei, cu vârsta medie 57 ani , care au fost investigați prin examen clinic, analize de laborator și chestionar alimentar.

Rezultate. 68,4% din pacienți sunt hipertensivi, predominând HTA grad I. 79,8% dintre bărbați și 63,8 % dintre femei au valori ridicate ale tensiunii arteriale ($p<0,01$). 66,68 % din pacienți sunt supraponderali sau obezi. 66,4% dintre femei și 39,5% dintre bărbați au circumferința abdominală peste limitele admise ($p<0,001$). 44,8% au antecedente heredocolaterale semnificative de boli cardiovasculare și 43,1% au hipercolesterolemie. Există particularități în funcție de localitate.Astfel ,populația din Partizani -Tulcea are o posibilă predispoziție genetică crescută și cel mai slab acces la serviciile de sănătate. Populația din Brăești- Buzău este mai bine investigată anterior, dar cu cel mai slab control al bolii.

Concluzii. Obezitatea, HTA, dislipidemia, antecedentele heredocolaterale semnificative de boli cardiovasculare au fost cei mai frecvenți factori de risc pentru BCI în populația studiată. Se recomandă măsuri de educare a populației pentru conștientizarea riscului de boală și deces și importanța respectării tratamentului. Cunoașterea factorilor de risc cardiovascular și informarea persoanelor din mediul rural sunt măsuri care pot contribui la îmbunătățirea sănătății populației din România, pe termen lung.

OCYMD5 - IDENTIFIED ISCHEMIC CARDIAC DISEASE RISK FACTORS AMONG THE POPULATION OF THREE RURAL AREAS IN ROMANIA

arisa Alexandra Gugulici[1], Daniela Pițigoi[2,3], Maria Dorina Crăciun[3,4]
1 – "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Graduate
2 – National Infectious Diseases Institute "Prof. Dr. Matei Balș"
3 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy
4 - "Grigore Alexandrescu" Pediatrics Hospital

Introduction. Cardiovascular disease is the leading cause of worldwide mortality, being recognized as a public health concern. Arterial hypertension, dyslipidemia, diabetes mellitus, obesity and chronic smoking are recognized as risk factors for the development of endothelial lesions.These and other non-modifiable factors (genetic predisposition, male gender, agedness) increase the risk of acute coronary events.

Purpose. The aim of this study is to identify the risk profile for Ischemic Cardiac Disease (ICD) among the population of three rural areas (Brăești - Buzău, Partizani - Tulcea, Slănic Moldova - Bacau).

Method. Data were obtained from a volunteer activity within the "Medical Caravan" project.I included 377 patients over 18 years of age, 71% women, with a mean of 57 years of age, who were investigated by clinical examination, laboratory tests and food questionnaire.

Results. 68.4% of patients are hypertensive, AHT grade I being the predominant form of the disease. 79.8% of men and 63.8% of women have high blood pressure ($p < 0.01$). 66.68% of patients are overweight or obese. 66.4% of women and 39.5% of men have abdominal circumference above the normal limits ($p < 0.001$). 44.8% have a significant heredocolateral history of cardiovascular disease and 43.1% have high colesterol levels. There are specific particularities amongst this three rural areas. Thus, the population of Partizani-Tulcea has a potential genetic predisposition and the lowest access to health services.Residents of Brăesti-Buzău are well preinvestigated but they have a very poor control of disease.

Conclusion. Obesity, dyslipidemia, significant heredocolateral history of cardiovascular disease were the most common risk factors for ICD revealed by the study. Educational measures should be implemented to raise awareness of the risk of illness or death and the importance of treatment. Knowing the cardiovascular risk factors and informing people in rural areas are measures that can contribute to improve long term health in Romania.

COTM6. EXPERIENȚA UNEI EPIDEMII DE BOALĂ PREVENIBILĂ PRIN VACCINARE

Ștefania Onciu, Răzvan Grecu, Doina Azoicăi
Universitatea de Medicină și Farmacie „Gr. T.Popa" Iași

Introducere. Deși rujeola este o boală prevenibilă prin vaccinare, în condițiile în care se înregistrează un procent crescut de persoane nevaccinate, riscul declanșării unor fenomene epidemice este inevitabil. Acest aspect a fost înregistrat în contextul epidemiei de rujeolă care s-a manifestat în România și a cuprins un număr total de 8982 cazuri confirmate în perioada ianuarie 2016 – septembrie 2017.

Scopul studiului. Evaluarea particularităților epidemiologice a cazurilor de rujeolă înregistrate în populația din județul Iași și evoluția clinică a pacienților proveniți din alte județe ale Moldovei și care au fost spitalizați în Spitalul de Boli Infecțioase Iași.

Obiectivele studiului. Au fost evaluate datele privind morbiditatea și mortalitatea prin rujeolă în jud. Iași în perioada derulării epidemiei de rujeolă în România, cât și caracteristicile clinice, paraclinice ale cazurilor, în contextul prognosticului nefavorabil la pacienții spitalizați.

Material și metode. Studiul transversal cuprinde aspecte ce relevă particularitățile epidemiologice (incidența, repartiția cazurilor pe grupe de vârstă/gen/localitate de origine, antecedentele vaccinale) și clinice (debutul bolii, semnele clinice de manifestare, evoluția) la cazurile de rujeolă înregistrate în jud. Iași și în alte județe care au fost spitalizate în unitatea de profil din Iași, în intervalul ianuarie 2016 - septembrie 2017.

Rezultate. βn perioada studiată au fost înregistrate 66 de cazuri de rujeolă la pacienții proveniți din jud. Iași, iar 30 de cazuri au fost dirijate din alte județe ale Moldovei către Spitalul de Boli Infecțioase Iași pentru monitorizare clinică. Incidența rujeolei a fost de 0,0000714 %, cu o fatalitate de 2,08%, precizându-se faptul că cele 2 cazuri decedate au provenit din jud. Vaslui și jud. Galați. Se remarcă faptul că numărul cel mai crescut de cazuri (13 bolnavi) a fost la grupa de vârstă sub 1 an, la sexul masculin, majoritatea (84%) provenind din mediul rural. Ca particularitate epidemiologica in teritoriul județului a evoluat un focar de colectivitate, în satul Crivești, comuna Vânători care a totalizat un număr 17 cazuri.

Concluzii. Deși vaccinarea anti rujeolă este accesibilă populației prin Programul Național de Imunizare, rata incidenței prin boală a înregistrat creșteri la nivel național. Consecința susceptibilității populației este consecutivă unei rate crescute de nevaccinați.

OCYMD6. THE EXPERIENCE OF AN OUTBREAK OF VACCINE-PREVENTABLE DISEASE

Ștefania Onciu, Răzvan Grecu, Doina Azoicăi
University of Medicine and Pharmacy "Grigore T. Popa" Iași

Introduction. Although measles is a preventable disease by vaccination, with an increased percentage of unvaccinated people, the risk of downgrading epidemic phenomena is inevitable. This aspect was recorded in the context of the measles epidemic that occurred in Romania and contained a total of 8982 confirmed cases between January 2016 and September 2017.

The purpose of the study. The evaluation of the epidemiological peculiarities of measles cases recorded in the population of Jud Iasi and the clinical evolution of patients from other counties of Moldova who have been hospitalized in Iasi Hospital for Infectious Diseases.

Objectives of the study. We evaluated the data on morbidity and mortality by measles in Jud. Iasi during the measles epidemic in Romania, as well as the clinical, paraclinical characteristics of the cases, in the context of unfavorable prognosis in hospitalized patients.

Materials and methods. The transversal study includes aspects that reveal the epidemiological peculiarities (incidence, distribution of cases by calendar months, age groups, genes, origin, vaccine history) and clinical (onset of disease, clinical signs of manifestation, evolution) of measles cases in Iasi county and in other counties that were hospitalized in the Iasi unit, between January 2016 and September 2017.

Results. During the studied period, 66 cases of measles were recorded in patients from Iasi County, and 30 cases were conducted from other counties of Moldova to Iași Infectious Diseases Hospital for clinical monitoring. The measles incidence was 0.0000714%, with a fatality of 2.08%, mentioning that the two deceased cases came from Vaslui County and Galați County. It is noted that the highest number of cases (13) was in the age group under 1 year, the majority (84%) coming from rural areas. As a peculiarity on the territory of the county there is a collective outbreak in the village of Crivești, Vânători commune, which numbered 17 cases.

Conclusions. Although anti-measles vaccination is available to the population through the National Immunization Program, the disease incidence rate has grown at national level. The consequence of population susceptibility is the result of an increased rate of unvaccinated.

COTM7 - STUDIUL FRECVENȚEI INFECȚIILOR CU CLOSTRIDIUM DIFFICILE DIAGNOSTICATE LA SPITALUL CLINIC JUDEȚEAN DE URGENȚĂ TÂRGU MUREȘ

Tibor Gergelyfi[1], Doina Veronica Bilca[1], Izabella Szász[1], Krisztina Eszter Vas[1], Andreea Truță[1], Oana Pocol[1], Edit Székely[1,2]

1 – Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie Târgu Mureș

Clostridium difficile este cauza principală a diareei asociate spitalizării. Este un bacil Gram pozitiv strict anaerob care persistă în mediu sub formă sporulată. Factorii principali de virulență sunt toxinele A și B. Evidențierea prezenței acestor toxine în scaunul diareic al pacientului stă la baza diagnosticului bacteriologic.

Scopul acestei lucrări este de a urmări frecvența infecțiilor de C. difficile (ICD) la pacienții spitalizați la SCJU Tg Mureș în perioada 01.01.-30.06.2017.

Material și metode. În vederea diagnosticului ICD s-a folosit metoda imuno-enzimatică pentru detectarea enzimei GDH și toxinele A+B din materiile fecale. În cazul rezultatelor negative obținute prin această metodă s-a continuat diagnosticul prin cultivare, din cultura de C. difficile repetându-se testul imuno-enzimatic.

Rezultate. În perioada amintită în laboratorul spitalului nostru au fost trimise 160 de probe biologice cu suspiciune de ICD de la 148 de pacienți. Din 68 (42.5 %) de probe s-a detectat prezența toxinelor de C. difficile : la 54 (33.75 %) direct din materii fecale, iar la 14 (8.75 %) probe după cultivare. Media de vârstă a celor cu teste pozitive a fost 66 ani. Cele mai multe dintre probele pozitive au provenit de pe secțiile de medicină internă (n=35, 51.47%) și cu profil chirurgical (n=26, 38.23%).

Concluzii. La aproape jumătate din cazurile suspicionate de ICD s-a documentat prezența C. difficile toxigene. Prin completarea diagnosticului rapid cu culturile toxigene rata de pozitivitate a crescut, însă relevanța clinică a acestora trebuie analizată în continuare.

OCYMD7 - STUDY OF THE CLOSTRIDIUM DIFFICILE INFECTIONS DIAGNOSED AT THE EMERGENCY COUNTY HOSPITAL TÂRGU MUREȘ

Tibor Gergelyfi[1], Doina Veronica Bilca[1], Izabella Szász[1], Krisztina Eszter Vas[1], Andreea Truță[1], Oana Pocol[1], Edit Székely[1,2]

1 – Emergency County Hospital Târgu Mureș

2 – University of Medicine and Pharmacy Târgu Mureș

Clostridium difficile is the main cause of hospital-acquired diarrhea. It is a Gram-positive, strictly anaerobic rod-shaped bacterium that survives in the environment due to its spores. Its primary virulence factors are toxin A and toxin B. The presence of these toxins in the patients' diarrheal stool is the key of the bacteriological diagnostics.

The purpose of this study is to determine the frequency of the infection with C. difficile at patients admitted to the Emergency County Hospital Târgu Mureș during 01.01.-30.06.2017.

Material and methods. An immunoenzymatic method was used to detect GDH and A+B toxins from diarrheal stool samples.

In case of negative results the sample was cultured and from the culture the immunoenzymatic tests were repeated.

Results. 160 biological samples from 148 patients were received in our laboratory with suspicion of ICD in the above mentioned period. C. difficile toxins were detected from 68 (42.5 %) samples: in 54 (33.75 %) cases directly from the stool and in 14 (8.75 %) cases after cultivation. The average age of the patients with positive tests was 66 years. Most of positive biological samples were requested from internal medicine (n=35, 51.47%) and surgical wards (n=26, 38.23%).

Conclusions. The presence of toxigenic C. difficile was documented in nearly half of the cases with clinical suspicion of ICD. Performing toxigenic cultures increased the positivity rate, but the clinical relevancy of these results should be further analysed.

POSTERE TINERI MEDICI

P32. VACCINAREA BCG – PRINCIPALELE REPERE ISTORICE

Maria Dorina Crăciun[1,2], Iulia-Monica Mustață[3], Dana-Florentina Margine[4], Daniela Pițigoi[1,5]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”

2 - SCUC „Grigore Alexandrescu”

3 - DSP Municipiul București

4 - SCC „Dr. Victor Gomoiu”

5 - INBI „Prof. Dr. Matei Balș”

Introducere. Vaccinul BCG rămâne cel mai utilizat vaccin la nivel mondial, fiind administrat la peste 4 miliarde de persoane. Politica de vaccinare BCG depinde de prevalența tuberculozei. Scopul lucrării este prezentarea principalelor repere istorice ale vaccinării BCG.

Material și metode. Revizuirea literaturii de specialitate în domeniu.

Rezultate. R. Koch a descoperit bacilul Koch în 1882, iar în1886 Vittorio Covagnis a inițiat folosirea Mycobacteriilor pentru obținerea unui vaccin. În 1905 Albert Calmette și Camille Guerin au început să dezvolte bacilul Calmette-Guerin (BCG), o tulpină vie de Mycobacterium bovis pentru utilizare sub forma unui vaccin viu atenuat pentru prevenirea tuberculozei, iar în 1921 l-au administrat pentru prima dată, pe cale orală. În1925 Profesorul Cantacuzino a introdus vaccinarea BCG în România, cu tulpina IC-65, produsă în Institutul „Cantacuzino” din tulpina preluată de la Albert Calmette și utilizată până în februarie 2010. În1930 se practica vaccinarea în 48 de orașe. Mortalitatea infantilă la vaccinați era 8% față de 20% la nevaccinați. România a fost a doua țară din lume, după Franța, care a introdus vaccinul BCG la nou-născuți. Schema consta în 3 doze administate oral la interval de 48 de ore, în primele 10 zile de la naștere, cu rapel la 12-18 luni și 3 ani. Odată cu trecerea la administrarea intradermică a fost descrisă și apariția reacțiilor adeverse locale, cu evoluție autolimitată. Schema de vaccinare cu administrare intradermică a constat în primovaccinare la nou-născut și revaccinări la cei anergici la PPD (la 7, 14, 18 ani). Din anul 1995 se recomandă schema actuală, cu o doză administrată la nou-născut în primele 4-7 zile, fără revaccinări.

Concluzii. Vaccinul BCG este singurul disponibil în prezent; administrat la nou-născut oferă protecție împotriva meningitei și tuberculozei diseminate și reduce mortalitatea de orice cauză la nou-născuți și sugari. Institutul Cantacuzino a produs până în 2010 întreaga cantitate de vaccin utilizată în PNI.

P32. The BCG vaccination – main historical milestones

Maria Dorina Crăciun[1,2], Iulia-Monica Mustață[3], Dana-Florentina Margine[4], Daniela Pițigoi[1,5]

1 - „Carol Davila”University of Medicine and Pharmacy

2 - „Grigore Alexandrescu” Clinical Emergency Hospital

3 – Public Health Authority, Bucharest

4 - „Dr Victor Gomoiu” Clinical Hospital

5 - National Infectious Diseases Institute „Prof Dr Matei Balș”

Introduction. The BCG vaccine remains the world's most widely used vaccine, being administered to over 4 billion people. BCG vaccination policy depends on the prevalence of tuberculosis. The purpose of this paper is to present the main historical milestones of BCG vaccination.

Material and methods. Literature review of BCG vaccine history.

Results. R. Koch discovered the Koch bacillus in 1882 and in 1886 Vittorio Covagnis initiated the use of mycobacteria to obtain a vaccine. In1905, Albert Calmette and Camille Guerin began to develop the Calmette-Guerin (BCG) bacillus, a live strain of Mycobacterium bovis to use it as a live attenuated vaccine for the prevention of tuberculosis. The BCG vaccine was first administered in 1921, by oral route. In 1925, Professor Cantacuzino introduced BCG vaccination in Romania with the IC-65 strain, produced by the Cantacuzino Institute using the strain brought from Albert Calmette, and was used until February 2010. In 1930 vaccinations were practiced in 48 cities. Infant mortality in vaccinated patients was 8% versus 20% in non-vaccinated patients. Following France, Romania was the second country in the world that introduced the BCG vaccination to newborns. The schedule consisted of 3 doses administered by oral route at 48 hours, within the first 10 days of birth, and revaccination at 12-18 months, and 3 years. Along with the transition to intradermal administration, the occurrence of local side effects with self-limiting evolution was described. The intradermal vaccination schedule consisted of vaccination in newborns and revaccination of tuberculin-negative adolescents (at 7, 14, 18years). Since 1995 the current schedule is recommended ,with a single dose administered to the newborn in the first 4-7 days, without revaccination.

Conclusions. The BCG vaccine is the only available vaccine now; administered to the newborn provides protection against meningitis and disseminated tuberculosis and reduces the mortality of any cause in neonates and infants. Until 2010, The Cantacuzino Institute produced the entire amount of vaccine used in the National Immunization Program.

P33. RUJEOLA – O BOALĂ INOFENSIVĂ A COPILĂRIEI, SAU O PROBLEMĂ DE SĂNĂTATE PUBLICĂ? PRINCIPALELE CARACTERISTICI ALE CAZURILOR INTERNATE ÎNTR-UN SPITAL DE BOLI INFECȚIOASE DIN BUCUREȘTI, MAI 2016 - SEPTEMBRIE 2017

Daniela Pițigoi[1,2], Maria Dorina Crăciun[1,3], Anca Drăgănescu[2], Oana Săndulescu[1,2], Constanța Angelica Vișan[1,2], Alina Mihaela Căzănaru[4], Andreea Georgiana Bîrcă[2], Olivia Galita[5], Elena Teodora Beatrice Stoian[6], Andreea Silvia Ioaneş[7], Mihaela Lazăr[8], Cristina Andreea Moldovan[9], Monica Luminița Luminos[1,2], Adrian Streinu-Cercel[1,2] (toți autorii au avut contribuție egală)

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”
2 - INBI „Prof Dr Matei Balș”
3 - SCUC „Grigore Alexandrescu”
4 – Spitalul Clinic de Urgență „Sf. Ioan”
5 - Spitalul Clinic de Copii „Victor Gomoiu”
6 - Spitalul de Pneumoftiziologie Leordeni
7 - Spitalul Orășenesc „Sf. Spiridon”, Mioveni, Argeș
8 - Institutul Național de Cercetare Cantacuzino
9 - Spitalul Orășenesc Ștei, Bihor

Introducere. Rujeola este o boală virală prevenibilă prin vaccinare, cu mare contagiozitate și severitate. Epidemia actuală evoluează pe fondul scăderii acoperirii vaccinale înregistrând 9421 cazuri și 34 decese (rata de fatalitate 0,36%) până în septembrie 2017.

Obiectiv. Descrierea principalelor caracteristici ale cazurilor de rujeolă internate într-un spital de boli infecțioase din București în perioada mai 2016-septembrie 2017.

Metoda. Studiu retrospectiv, pe baza datelor culese din documentele medicale ale cazurilor internate. Au fost analizate caracteristicile demografice, clinice și antecedentele vaccinale ale cazurilor confirmate serologic (Ac IgM pentru rujeolă).

Rezultate. În perioada studiată s-au înregistat 238 de cazuri rujeolă confirmată cu laboratorul. Grupa de vârstă cea mai afectată a fost < 5 ani (60,1% din cazuri). 21% din cazuri s-au înregistrat la >18 ani. 43,4% din cazuri au provenit din alte județe, în afară de București și Ilfov. Numărul maxim de cazuri (61) a fost înregistrat în iulie 2017. Majoritatea (91,6%) cazurilor au prezentat cel puțin o complicație, cea mai frecventă fiind pneumonia (76%) urmată de enterocolită (46,6%) și trombocitopenie (21,8%). 50 de cazuri (21%) au prezentat insuficiența respiratorie acută, 3 necesitând suport ventilator și transfer către secția de terapie intensivă pediatrie. Durata medie de spitalizare a fost de 7,6 zile. 194 cazuri (81,5%) nu erau nevaccinate, doar 50 având vârsta < 9 luni. Au fost înregistrate 2 decese (rata fatalității 0.84%) la copii (în vârstă de 6 ani respectiv 1 an) cu condiții medicale preexistente, nevaccinați.

Concluzii. Marea majoritate a cazurilor au prezentat complicații, cea mai frecventă fiind pneumonia. Acestea au determinat creșterea duratei de spitalizare și uneori necesitatea transferului către secții de terapie intensivă pediatrie. Au fost afectate toate grupele de vârstă, cele mai multe cazuri nefiind vaccinate. Vaccinarea reprezintă mijlocul cel mai sigur de prevenire a bolii, complicațiilor și decesului prin rujeolă și implicit de reducere a numărului de cazuri spitalizate.

P33. MEASLES - A HARMLESS CHILDHOOD DISEASE OR A PUBLIC HEALTH ISSUE? THE MAIN CHARACTERISTICS OF CASES ADMITTED IN AN INFECTIOUS DISEASE HOSPITAL IN BUCHAREST, MAY 2016 - SEPTEMBER 2017

Daniela Pițigoi[1,2], Maria Dorina Crăciun[1,3], Anca Drăgănescu[2], Oana Săndulescu[1,2], Constanța Angelica Vișan[1,2], Alina Mihaela Căzănaru[4], Andreea Georgiana Bîrcă[2], Olivia Galita[5], Elena Teodora Beatrice Stoian[6], Andreea Silvia Ioaneş[7], Mihaela Lazăr[8], Cristina Andreea Moldovan[9], Monica Luminița Luminos[1,2], Adrian Streinu-Cercel[1,2] (toți autorii au avut contribuție egală)

(all authors had equal contributions).

1 - „Carol Davila”University of Medicine and Pharmacy
2 - National Infectious Diseases Institute „Prof Dr Matei Balș”
3 - „Grigore Alexandrescu” Clinical Emergency Hospital, Bucharest
4 - „Sf. Ioan” Clinical Emergency Hospital, Bucharest
5 - „Victor Gomoiu” Clinical Child Hospital, Bucharest
6 - Pneumophtisiology Hospital Leordeni
7 - „Sf. Spiridon” Hospital, Mioveni, Argeș
8 - Cantacuzino National Research Institute
9 - Ștei Hospital, Bihor

Introduction. Measles is a vaccine-preventable viral disease with great degrees of contagiousness and severity. The ongoing outbreak evolves against the backdrop of a decrease in vaccination coverage, with 9421 cases and 34 deaths (fatality case rate of 0.36%) having been recorded by September 2017.

Objective. The description of the main characteristics of the measles cases, admitted in an infectious disease hospital in Bucharest, between May 2016 and September 2017.

Method. Retrospective study, based on information collected from the medical files of the admitted cases. We analysed the clinical and demographic characteristics and the vaccination status of measles-specific IgM confirmed cases.

Results. Between May 2016-September 2017 there were registered 238 measles cases laboratory confirmed. The most affected age group was under 5 years (60.1%). 21% of the cases were over 18 years of age. 43.4% of the cases originated from other districts besides Bucharest and Ilfov. The highest number of cases (61) was registered in July 2017. The majority of cases (91.6%) developed at least one complication, the most frequent being pneumonia (76%) followed by enterocolitis (46.6%) and thrombocytopenia (21.8%). 50 cases (21%) developed acute respiratory failure, 3 of them requiring ventilator support and transfer to a paediatric intensive care unit. The average hospitalization duration was 7.6 days. 194 cases were unvaccinated, only 50 of them being under 9 months of age. There have been 2 deaths that were registered (case fatality rate 0.84%) in unvaccinated children (1 year old and 6 years old) with pre-existing medical conditions.

Conclusions. The majority of cases developed complications, the most frequent being pneumonia. These determined the increased hospitalization duration and the need for paediatric intensive care unit. All age groups were affected, most of them being unvaccinated.

Measles vaccination represents the most certain way to prevent the apparition of the disease and the development of complications and, ultimately, death, leading to a drop in the number of hospitalized cases.

P34. REZISTENȚA LA ANTIBIOTICE A MICROORGANISMELOR IZOLATE ÎN ANUL 2016 DE LA PACIENȚII UNUI SPITAL CLINIC DE URGENȚĂ PENTRU COPII DIN BUCUREȘTI

Irina Nistor[1], Adriana Iliescu[2], Alexandra Radu [3], Maria Dorina Crăciun[1,4]
1 - Spitalul Clinic de Urgență Copii „Grigore Alexandrescu” București
2 - Spitalul Județean Giurgiu
3 - Spitalul de Psihiatrie „Eftimie Diamandescu”, Bălăceanca
4 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila” București

Obiective. Descrierea antibiorezistenței pentru principalele tipuri de microorganisme izolate de la pacienții spitalizați într-un spital clinic de urgență pentru copii din București în anul 2016.

Material și metode. Izolarea și identificarea microorganismelor s-a făcut prin metode clasice și automate (Vitek 20plus). Testarea sensibilității s-a făcut prin metoda difuzimetrică și metoda automată (CMI-Vitek), în interpretarea rezultatelor utilizându-se standardele CLSI 2016. Pentru analiza datelor de antibiorezistență s-a utilizat programul WHONET 5.6.

Rezultate. În 2016 au fost izolate 4495 tulpini din diverse produse patologice (143 din hemoculturi). Pneumococul a fost cel mai frecvent germene izolat (764 tulpini / 2 invazive-LCR) cu 4.9% rezistență la penicilină, 68,8% la eritromicină. Din cele 578 tulpini de Staphyloccocus aureus izolate. 49,7% au fost meticilinorezistente (4 MRSA / 7 tulpini izolate din hemocultură). Au fost izolate 4 tulpini de Enterococcus faecium rezistente la vancomicină, una din hemocultură. Rezistența Klebsiella pneumoniae (302 tulpini) la cefalosporine de generația 3 (CG3) a fost de 60%, iar la carbapeneme a fost de 36%, în creștere față de 2015 (33%). Izolatele de E. coli (482) înregistrează 14,7% rezistență la fluorochinolone, 15% la CG3 și 1,2% la carbapeneme. Pseudomonas aeruginosa (188 tulpini) înregistrează 40% rezistență la carbapeneme, aceeași ca în 2015. Valori asemănătoare ale rezistenței la carbapeneme au fost observate și pentru Acinetobacter (37 tulpini, 35% rezistente).

Concluzii. Infecțiile cu germeni multirezistenți reprezintă o problemă de sănătate publică. Evoluția ascendentă a rezistenței la CG3 și carbapenene pentru Enterobacteriacee, menținerea rezistenței la carbapeneme a Pseudomonas aeruginosa și Acinetobacter la peste 30%, a meticilinorezistenței stafilococului auriu la 50% și izolarea de tulpini de Enterococcus faecium rezistente la vancomicină în populatia pediatrică reprezintă motive de îngrijorare. Tendințele observate se încadrează în valorile raportate de țara noastră, România situându-se în rândul țărilor europene cu un nivel ridicat de antibiorezistență.

P34. ANTIBIOTIC RESISTANCE OF MICROORGANISMS ISOLATED IN A CLINICAL EMERGENCY HOSPITAL FOR CHILDREN FROM BUCHAREST, 2016

Irina Nistor[1], Adriana Iliescu[2], Alexandra Radu [3], Maria Dorina Crăciun[1,4]

1 - „Grigore Alexandrescu" Children Emergency Clinic Bucharest

2 - Giurgiu County Hospital

3 – „Eftimie Diamandescu" Psychiatric Hospital, Bălăceanca

4 – „Carol Davila"University of Medicine and Pharmacy Bucharest

Objectives. The description of antibiotic resistance for the main types of isolated microorganisms from hospitalized patients in a clinical emergency hospital for children in Bucharest in 2016.

Material and methods. The isolation and identification of microorganisms was done by classical and automatic methods (Vitek 20plus). The sensitivity testing was done by diffusion method and automatic method (CMI-Vitek) and the CLSI 2016 standards were used for interpreting the results. To analyse antibiotic resistance data the WHONET 5.6 program was used.

Results. In 2016, 4495 strains from various pathological sample (143 from blood) were isolated. Streptococcus pneumoniae was the most commonly isolated germ (764 strains / 2 invasive-CSF) with 4.9% penicillin resistance and 70% erythromycin resistance. Of the 578 strains of Staphylococcus aureus, 49.7% were methicillin-resistant (4 MRSA of 7 isolates from haemoculture). Four strains of vancomycin-resistant Enterococcus faecium were isolated, one from the haemocultures. The resistance of Klebsiella pneumoniae (302 strains) to third generation cephalosporin was 60% and for carbapenems was 36%, higher than in 2015 (33%). E. coli isolates (482) recorded 14.7% resistance to fluoroquinolones, 15% to third generation cephalosporin and 1.2% to carbapenems. Pseudomonas aeruginosa (188 strains) recorded 40% resistance to carbapenems, the same as in 2015. Similar values for carbapenem resistance were observed for Acinetobacter (37 strains, 35% resistance).

Conclusions. The infections with multidrug resistant microorganisms represents a public health problem. The upward evolution of to third generation cephalosporin resistance and carbapenems resistance for Enterobacteriaceae, the maintenance of Pseudomonas aeruginosa and Acinetobacter resistance to carbapenems to over 30%, methicillin resistance over 50% of Staphylococcus aureus strains and the isolation of Enterococcus faecium vancomycin resistant in the paediatric population represents reasons for concern. The tendencies observed are similar with reported values in our country, one of the European countries with a high level of antibiotic resistance.

P35. DISTRIBUȚIA ȘI REZISTENȚA LA ANTIMICROBIENE A TULPINILOR IZOLATE DIN SECȚII DE TERAPIE INTENSIVĂ ȘI CU PROFIL CHIRURGICAL

Maria Rus[1,2], Alina Tămaș[2], Natalia Cîrlea[2], Elena Tănase[2], Delia Muntean[2], Florin Horhat[1], Monica Licker[1,2]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

2 - Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brinzeu" Timișoara

Obiective. Scopul acestui studiu a constat în evaluarea distribuției, prevalenței, rezistenței la antibiotice a bacteriilor izolate din produse patologice ale pacienților internați în secții cu risc.

Material și metodă. Studiul a fost efectuat pe toată perioada anului 2016, în cadrul Spitalului Clinic Județean de Urgență „Pius Brînzeu" Timișoara. S-au luat în considerare toate probele pozitive recoltate din secțiile de terapie intensivă (TI) și cele cu profil chirurgical. Identificarea tulpinilor s-a realizat pe carduri Vitek 2C și pe galerii API 10S (BioMerieux). Testarea sensibilității la chimioterapice s-a efectuat prin metoda automată (Vitek 2C) și difuzimetrică. Citirea interpretativă a antibiogramelor și încadrarea în fenotipuri de rezistență s-a realizat conform CLSI 2016.

Rezultate. Din numărul total de 8319 germeni izolați, 2805 (33,71%) au provenit de pe secțiile menționate. Dintre aceștia, 93,37% au fost bacterii, respectiv: 31,2% coci Gram-pozitivi (CGP) și 68,8% bacili Gram-negativi (BGN). Staphylococcus aureus a fost izolat cu o frecvență de 48,47% (din care 34,1% tulpini meticilino-rezistente), urmat de Enterococcus spp. și Streptococcus spp. Tulpinile de E. coli (28,41%) au fost izolate mai ales din urocultură (62,7%), Klebsiella spp. a predominat în urocultură (30,47%) și aspiratele bronșice (27,98%), iar Pseudomonas, Serratia spp., Acinetobacter baumannii, Proteus, în aspirate bronșice și cultură de plagă. Multirezistența BGN a fost evidențiată în special la tulpinile de A. baumannii (93,4% rezistente la cefalosporine de generația a III-a și 90,4% carbapeneme), urmate de Klebsiella spp. (42,9% secretoare de β-lactamaze cu spectru extins și 44,3% rezistente la carbapeneme). Rezistența la carbapeneme nu a fost confirmată genotipic.

Concluzii. Emergența multirezistenței germenilor izolați în secțiile de TI și cu profil chirurgical, în special la tulpinile de BGN, de tipul A. baumannii și Klebsiella spp., izolate din aspirate bronșice și secreții de plaga, necesită măsuri urgente în domeniul politicii de antibioterapie, optimizarea conduitei preventive și de control din unitatea sanitară.

Cuvinte cheie. Terapie intensivă, aspirat bronșic, multirezistență

P35. DISTRIBUTION AND ANTIMICROBIAL RESISTANCE OF BACTERIA ISOLATED FROM INTENSIVE CARE UNITS AND AND SURGICAL DEPARTMENTS

Maria Rus[1,2], Alina Tămaș[2], Natalia Cîrlea[2], Elena Tănase[2], Delia Muntean[2], Florin Horhat[1], Monica Licker[1,2]

1 - University of Medicine and Pharmacy „Victor Babeș" Timișoara

2 - County Emergency Clinical Hospital „Pius Brinzeu" Timișoara

Aim. The aim of this study was to evaluate of the distribution, prevalence and antimicrobial resistance of bacteria isolated from patients hospitalized in risk departments.

Materials and methods. The study was conducted over one year (2016) at the Emergency County Hospital "Pius Brînzeu" Timisoara. All positive samples from the intensive care unit (ICU) and surgical departments have been considered. The identification of strains was performed using Vitek 2C cards and on API 10S galleries (BioMerieux). Antimicrobial sensitivity tests were performed using automatic (Vitek 2C) and disk diffusion methods. The interpretation of antimicrobial susceptibility and classification into resistance phenotypes was performed according to CLSI 2016.

Results. From 8319 isolated germs, 2805 (33,71%) have come from the mentioned sections. From these, 93.37% were bacteria, respectively: 31.2% Gram-positive cocci and 68.8% Gram-negative bacilli (GNB). Staphylococcus aureus was isolated with a frequency of 48.47% (which 34.1% methicillin-resistant strains), followed by Enterococcus spp. and Streptococcus spp. The E. coli (28.41%) were isolated especially from urocultures (62.7%), Klebsiella spp. predominated in urocultures (30.47%) and bronchial aspirates (27.98%), and Pseudomonas, Serratia spp., Acinetobacter baumannii, Proteus, in bronchial aspirates and wound cultures. The multi-drugs resistance (MDR) of GNB was particularly highlighted in strains of A. baumannii (93.4% resistant to third-generation cephalosporins and 90.4% carbapenems), followed by Klebsiella spp. (42.9% β-lactamases with extended spectrum producers and 44,3% resistant to carbapenems). Resistance to carbapenems was unconfirmed genotypically.

Conclusions. The emergence of of MDR pathogens isolated from ICU and surgical departments, especially in strains of GNB such as A. baumannii și Klebsiella spp., isolated from bronchial aspirates and wound secretions, require urgent policy measures regarding use of antibiotics, as well as optimizing preventative conduct and control measures in the hospital setting.

Key words. Intensive care units, bronchial aspirates, multi-drugs resistance.

P36. MODEL DE DETECȚIE RAPIDĂ A PRODUCERII DE CARBAPENEMAZE DIRECT DIN HEMOCULTURI POZITIVE

Alexandru Mihai[1], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Rafila[1,2]

1 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof Dr Matei Balș", București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

Obiectiv. Identificarea concomitentă a tulpinilor și a producției de carbapenemaze în cazul hemoculturilor pozitive pentru Klebsiella pneumoniae.

Materiale și metodă. Am inoculat 22 de flacoane de hemocultură cu tulpini de Klebsiella pneumoniae (9 tulpini OXA-48, 3 KPC, 3 NDM, 5 tulpini rezistente la carbapeneme fară gene de rezistență și 2 tulpini sensibile la carbapeneme). Însămânțarea s-a facut cu un 1ml din suspensiei bacteriană 0.5 McFarland diluată 1/107 (~15 bacterii/inocul - concentrație echivalentă cu încărcătura medie bacteriană obținută prin recoltarea a 10ml sange în septicemii). Identificarea rapidă direct din baloanele de hemoculturăa după pozitivare în sistemul automat BactAlert3D s-a făcut cu spectrometrul de masă Bruker Maldi-TOF și kitul Sepsityper. În urma procedeului de extragere și separare a culturii a rezultat un pelet bacterian ce a fost folosit atât la identificare cât și la testarea producerii de carbapenemază prin utilizarea trusei Rapidec Carba NP(citirile s-au făcut la 30min respectiv 2h).

Rezultate. Producerea de carbapenemază pentru tulpinile OXA-48 nu a putut fi decelată la citirea de la 30 min ci la 2h pentru 8 din 9 tulpini (una fiind inderminată), pentru toate cele 3 tulpini KPC și 3 de NDM la citirea de la 30 min, pentru cele cinci tulpini rezistente la carbapeneme fără gene de rezistență, testarea a fost negativă pentru 4 tulpini la citirea de la 2h și una indeterminată. Pentru ambele tulpini sensibile la carbapeneme testul a fost negativ la citirea de la 2h.

Concluzii. Cele mai rapide rezultate au fost obținute la tulpinile producătoare de carbapenemază KPC și NDM. S-a obținut o corelație bună (90.9%) la 2h între determinarea producerii de carbapenemaze prin metoda rapidă propusă și prezența genelor cunoscute. Un rezultat negativ al testului nu exclude rezistența la carbapeneme dar un rezultat pozitiv permite inițierea antibioterapiei adecvate mult înaintea obținerii rezultatelor testării susceptibilității la antibiotice prin metode uzuale.

P36. RAPID DETECTION MODEL OF CARBAPENEMASES DIRECTLY FROM POSITIVE BLOOD CULTURES

Alexandru Mihai[1], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Rafila[1,2]

1 - National Institute for Infectious Diseases "Prof Dr Matei Bals", Bucharest

2 – „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

Objective. Concomitant identification of strains and carbapenemase production in the case of positive blood cultures for Klebsiella pneumoniae.
Methods. We inoculated 22 blood cultures with Klebsiella pneumoniae strains (9 OXA-48, 3 KPC, 3 NDM strains, 5 carbapenem resistant strains without resistance genes and 2 strains sensitive to carbapenems). Inoculation of blood culture bottle was done with 1 ml of 0.5 McFarland bacterial suspension diluted to 1/107 (~15 bacteria/inoculum - equivalent to the average bacterial charge obtained by collecting 10ml of blood in septicemia). Fast identification directly from the blood culture bottle after positivity in the BactAlert3D automated system, was done with the Bruker Maldi-TOF mass spectrometer and the Sepsityper kit. Following the culture extraction and separation process resulted a bacterial pellet that was used for identification and carbapenemase testing using the Rapidec Carba NP kit (readings were made at 30 min and 2h respectively).
Results. The production of carbapenemase for OXA-48 strains could not be detected at the 30 min reading, but it was posible for 8 out of 9 strains (one being undetermined) at the 2h reading. For all 3 KPC and 3 NDM strains the testing was positive at the 30 min reading, out of the five strains resistant to carbapenems without resistance genes, testing was negative for 4 strains at 2h and one indeterminate. For both carbapenem sensitive strains the test was negative at 2h reading.
Conclusions. The fastest results were obtained for the KPC and NDM carbapenemase producing strains. A good correlation (90.9%) was obtained at 2h between the determination of carbapenemases by the proposed rapid method and the presence of known genes. A negative test result does not exclude carbapenems resistance but a positive result allows appropriate antibiotherapy to be initiated well before the antibiotic susceptibility test results are found by common methods.

P37. UTILITATEA PROGRAMULUI HELICSWIN.NET ÎN REALIZAREA STUDIULUI DE PREVALENȚĂ DE MOMENT AL INFECȚIILOR ASOCIATE ASISTENȚEI MEDICALE

Adrian Matei[1], Daniela Pițigoi[2,3], Maria Dorina Crăciun[2,4]

1 – Institutul Oncologic București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie București

3 – INBI „Prof. Dr. Matei Balș”

4 - Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Grigore Alexandrescu”

Personalul cu atribuții în supravegherea, prevenirea și limitarea infecțiilor asociate asistenței medicale din fiecare spital trebuie sa deruleze anual, conform ordinului MS nr. 1101/2016, studiul de prevalență de moment (PPS) al infecțiilor asociate asistentei medicale și a consumului de antibiotice din unitatea sanitară. Obiectivul lucrării este de a prezenta modul în care a fost utilizat programul HelicsWin.Net în cadrul studiului de prevalență de moment în trei institute clinice din București pentru realizarea, transmiterea săptămânală și analiza bazei de date.
În perioada iulie-august 2017 am derulat sudiul de prevalență de moment în conformitate cu metodologia standard elaborată de ECDC. Pentru crearea și analiza bazei de date am utilizat programul HelicsWin.Net versiunea 2.3.7 recomandat de ECDC și Institutul Național de Sănătate Publică.
Înainte de începerea introducerii datelor este necesară setarea codului unității sanitare, definirea caracteristicilor unității sanitare la momentul realizării studiului și definirea secțiilor care participă.
Avantajele utilizării programului sunt reprezentate de reducerea timpului de completare a formularelor, posibilitatea de completare sau modificare ulterioară a datelor, timpul foarte scurt de transfer și raportare al bazei de date, posibilitatea de management al bazelor de date de la mai multe unități sanitare, analiza și crearea de rapoarte.
Limitele utilizării programului sunt reprezentate de necesitatea unor cunoștințe de operare calculator, limbă engleză și un laptop.
Conform criteriilor de includere s-au completat formularele pentru pacient, factorii de risc, antibiotice utilizate și infecții asociate asistenței medicale depistate conform definițiilor de caz. Raportarea săptămânală către Institutul Național de Sănătate Publică s-a facut în format Microsoft Access.
Programul HelicsWin.Net reprezintă un mijloc facil de realizare a studiului prin interfața inuitivă pentru o completare ușoară și rapidă a formularelor, flexibilitatea în modificarea și completarea datelor, posibilitatea creării de rapoarte și transfer a bazelor de date.

P37. THE USEFULNESS OF HELICSWIN.NET PROGRAM TO CARRY OUT THE POINT PREVALENCE STUDY OF HEALTHCARE ASSOCIATED INFECTIONS

Adrian Matei[1], Daniela Pițigoi[2,3], Maria Dorina Crăciun[2,4]

1 –Oncologic Institute Bucharest

2 - University of Medicine and Pharmacy Bucharest

3 – NIID „Prof. Dr. Matei Balș”

4 – „Grigore Alexandrescu” Emergency Children Clinical Hospital

The staff responsible with surveillance, prevention and limitation of healthcare associated infections from each hospital has to make anually, according to decree of Ministry of Health nr. 1101/2016, a point prevalence study of healthcare associated infections and antibiotics use in each heathcare unit. The objective of this work is to present the usefulness of HelicsWin.Net program in the point prevalence study in three clinical institutes from Bucharest to achieve, weekly transmition and analysis of the database.

Between July and August 2017 we did the point prevalence study in accordace with the standard methodology developed by ECDC. For database creation and analysis we used the program HelicsWin.Net version 2.3.7 recommended by ECDC and National Institute of Public Health.

Before entering the data, it is necessary to set up the healthcare unit code, to define the characteristics of the healthcare unit at the time of the study and to define the participating wards.

The advantages of using this program are represented by the reduction of the forms completion time, the possibility of addition or subsequent modification of data, the very short transfer and reporting time of the database, the possibility of managing the databases from several healthcare units, the analysis and issue reports.

The limitation of using the program are represented by the need of computer operation knowledge, english language and a laptop.

According to inclusion criteria, patient forms, risk factors, antibiotics used and healthcare associated infections identified according to case definitions have been completed. Weekly reporting to National Institute of Public Health was made in Microsoft Access format.

The HelicsWin.Net program is an easy way to carry out the study through the intuitive interface for easy and fast form filling, flexibility in modyfing and completing the data, the possibility to issue reports and database transfer.

P38. STUDIU DE PREVALENȚĂ DE MOMENT A INFECȚIILOR ASOCIATE ASISTENȚEI MEDICALE ÎNTR-UN SPITAL DE BOLI INFECȚIOASE DIN BUCUREȘTI, IULIE - AUGUST 2017

Daniela Pițigoi[1,2], Elena Teodora Beatrice Stoian[3], Adriana Ana-Maria Iliescu[4], Aura Dumitrescu[2], Elena Ianosik[2], Delia Azamfire[2], Andreea Silvia Ioaneș[5], Alina Mihaela Căzănaru[6], Tiberiu Marius Marin[7], Andreea Niculcea[8], Rodica Bacruban[2]

1 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”
2 - INBI Prof. Dr. Matei Balș
3 - Spitalul de Pneumoftiziologie Leordeni, Argeș
4 - Spitalul Județean Giurgiu
5 - Spitalul Orășenesc Sf. Spiridon Mioveni, Argeș
6 - Spitalul Clinic de Urgență Sf. Ioan, București
7 - Spitalul de Psihiatrie Cronici Dumbrăveni, Vrancea
8 – Institutul Național de Sănătate Publică

Studiile de prevalență de moment (PPS) a infecțiilor asociate asistenței medicale (IAAM) sunt utile pentru a cunoaște situația reală a IAAM.

Obiective. Estimarea prevalenței IAAM și descrierea caracteristicilor IAAM identificate într-un Institut de boli infecțioase din București.

Materiale și metode. Studiul PPS s-a derulat în toate secțiile, în perioada iulie-august 2017, conform protocolului standardizat elaborat de ECDC. Informațiile despre tipurile de infecții, microorganismele identificate, consumul de antibiotice au fost colectate într-o singură zi pentru fiecare secție. Au fost incluși în studiu 278 pacienți care au îndeplinit criteriile. Datele au fost introduse în programul Helics.Win.Net. pentru analiză.

Rezultate. Au fost identificate 26 IAAM la 21 de pacienți, 5 (19,2%) IAAM cu origine în spitalul nostru (interne) la 4 pacienți și 21 IAAM externe (19/73,1% din alte spitale și 2 /7,7% cu origine necunoscută). Cinci pacienți(23,8%) prezentau simultan 2 IAAM, iar un pacient prezenta o infecție internă și una externă. Rata prevalenței IAAM (interne) a fost 1,8%.

Cele 5 IAAM interne, identificate în secții de adulți, au avut diagnosticul de sepsis (2 cazuri), infecție asociată cateterului vascular central, infecție cu Clostridium difficile, infecție urinară (câte un caz). Au fost izolați următorii germeni: Clostridium difficile, Staphylococcus aureus, Escherichia coli, Enterococcus faecalis, Pseudomonas aeruginosa și Candida albicans.

Cele 21 IAAM externe au fost infecții cu Clostridium difficile (12 cazuri / 57,1%), infecții urinare (3 /14,3%), infecții ale pielii și țesutului moale (2 / 9,5%), infecție asociată cateterului vascular central (1 / 4,8%), infecție sistemică (1 / 4,8%), infecție ORL (1 / 4,8%), infecție la nou-născut (1 / 4,8%). Au fost izolați următorii germeni: Clostridium difficile, Pseudomonas aeruginosa, Klebsiella pneumoniae, Proteus mirabilis, Staphylococcus aureus, Enterococcus faecalis, Candida albicans.

Concluzii. Este primul studiu PPS derulat în spitalul nostru. Rata prevalenței este mai mică decât media națională, având în vedere specificul spitalului. Cele mai multe IAAM identificate au avut originea în altă unitate medicală, peste jumătate fiind infecții cu Clostridium difficile.

P38. POINT PREVALENCE SURVEY OF HEALTHCARE-ASSOCIATED INFECTIONS IN AN INFECTIOUS DISEASE HOSPITAL FROM BUCHAREST, JULY - AUGUST 2017

Daniela Piţigoi[1,2], Elena Teodora Beatrice Stoian[3], Adriana Ana-Maria Iliescu[4], Aura Dumitrescu[2], Elena Ianosik[2], Delia Azamfire[2], Andreea Silvia Ioaneş[5], Alina Mihaela Căzănaru[6], Tiberiu Marius Marin[7], Andreea Niculcea[8], Rodica Bacruban[2]

1 – „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

2 – National Institute for Infectious Diseases „Prof. Dr. Matei Balș"

3 - Pneumophtisiology Hospital Leordeni, Argeș

4 – Giurgiu County Hospital

5 – „Sf. Spiridon" Hospital Mioveni, Argeș

6 – „Sf. Ioan" Clinical Emergency Hospital, Bucharest

7 – Chronic Psychiatry Hospital Dumbrăveni, Vrancea

8 –National Institute for Public Health

Point prevalence surveys (PPS) of healthcare-associated infections (HAIs) are useful to know the real extent of HAIs.

Objectives. To estimate the HAIs prevalence and to describe the HAIs characteristics in an Institute of infectious disease from Bucharest

Methods. The PPS study was conducted in all wards, from July to August 2017, according to the standardized protocol developed by ECDC. Information on types of infections, identified microorganisms, antibiotic use was collected in one day for each ward. 278 patients who met the criteria were included in the study. Data was processed and analyzed using Helics.Win.Net. software.

Results. 26 HAIs were found in 21 patients, 5 (19.2%) HAIs started during the current hospital stay (intern) in 4 patients and 21 extern HAIs (19/73.1% linked to other hospital and 2/7.7% with unknown origin). Five patients (23.8%) had simultaneous 2 HAIs, of those one patient had an infection linked to other hospital and one to the current hospital. Prevalence rate of intern HAIs was 1.8%. The 5 intern HAIs identified in adult wards, had the diagnosis of sepsis (2 cases), central-venous-catheter-related bloodstream infection, Clostridium difficile infection, urinary tract infection (one case each). The following microorganisms were isolated: Clostridium difficile, Staphylococcus aureus, Escherichia coli, Enterococcus faecalis, Pseudomonas aeruginosa, Candida albicans.

P39. ASPECTE MICROBIOLOGICE ȘI SEZONALITATEA ÎN INFECȚIILE DE TRACT RESPIRATOR SUPERIOR

Emilia-Ruxandra Gârlău[1], Alexandru Rafila[1,2]

1 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Bal" București

2 – Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București

Obiective. Identificarea și cunoașterea particularităților agenților etiologici ai infecțiilor de tract respirator superior la pacienții care s-au adresat INBI Matei Balș atât spitalizați cât și ambulatoriu în perioada 01 ianuarie 2017-30 septembrie 2017.

Metode. Prelevatele examinate au fost exsudatele faringiene și nazale cultivate pe geloză sânge conform recomandărilor și s-au efectuat teste rapide pentru identificarea streptococului de grup A. Pentru exsudatele faringiene am comparat gradul de corelare între rezultatul culturii și cel al testului rapid. În exsudatele nazale s-a luat în considerare doar portajul de Staphylococcus aureus datorită producerii de beta-lactamază care în momentul prezenței concomitente cu streptococii beta-hemolitici în faringe poate predispune la eșecul penicilinoterapiei. Datorită creșterii frecvenței de izolare streptococului de grup F în exsudatele faringiene acesta a fost raportat către clinician.

Rezultate. Am observat că rata portajului nazal de Staphylococcus aureus este mai mare la grupele de vârstă 0-5 ani (48,72%) și la 6-14 ani (42,77%) în comparație cu grupa de vârstă peste 15 ani (8,51%). Dintre cei 475 purtători de Staphylococcus aureus 40 au asociat prezența streptococilor beta-hemolitici (grupurile A,C,G,F) în faringe. Distribuția pe luni a depistării prezenței streptococilor beta-hemolitici relevă o sezonalitate în raport cu scăderea temperaturilor, cei mai mulți fiind izolați în lunile martie (136), februarie (88), mai (87), aprilie (79), septembrie (74). Pentru grupele 0-5 ani și 6-14 ani s-a observat că streptococul de grup A a fost agentul etiologic în peste 90% din cazuri. Concordanța culturii cu testul rapid pentru detecția streptococului de grup A este de 40,91%. Procentul în care testul rapid a fost negativ iar cultura pozitivă cu streptococ de grup A este de 27,27%.

Concluzii. Rezultatele obținute confirmă datele din literatura de specialitate. Testul rapid este util atunci când faringita este cu streptococ de grup A însă diagnosticul cert se obține prin cultivare deoarece în 27,27% din cazurile întâlnite testul rapid a fost negativ iar cultura pozitivă cu streptococ de grup A. Deși doar 40 din 475 cazuri de purtători de Staphylococcus aureus au prezentat și faringita cu streptococi beta-hemolitici este important aspectul portajului de bacterii producătoare de beta-lactamază pentru adecvarea tratamentului. Cu toate că în literatură nu există foarte multe date despre infecția sau portajul de streptococ beta-hemolitic de grup F, în perioada examinată s-au identificat 27 cazuri.

P39. MICROBIOLOGICAL ASPECTS AND TRENDS IN RESPIRATORY TRACT INFECTIONS

Emilia-Ruxandra Gârlău[1], Alexandru Rafila[1,2]

1 – National Institute for Infectious Diseases „Prof. Dr. Matei Balș”

2 – „Carol Davila” Univeristy of Medicine and Pharmacy

Objectives. Identification and highlighting the features of pathogens involved in upper respiratory tract infections at patients from National Institute for Infectious Diseases Prof. Dr. Matei Balș, both hospitalized and outpatient for the period 01 January 2017- 30 September 2017.

Methods. Throat and nasal specimens we examined were plated on Columbia blood agar after a standard reference method and we also performed rapid test for detection of group A streptococcus. For pharyngeal samples we compared the correlation level between the results of the cultures and rapid tests. In nasal samples we took in consideration only the carriage of Staphylococcus aureus because of the production of beta-lactamase which in coexistence with beta-hemolytic streptococci in throat can lead to the failure of penicillin therapy. In our laboratory the frequency of isolation of group F streptococcus was increasing so we reported to the clinician.

Results. Based on the results we notice that the rate of nasal carriage for Staphylococcus aureus is greater for 0-5 years (48.72%) and for 6-14 years (42.77%) than the persons over 15 years (8.51%). From a total of 475 carriers of Staphylococcus aureus, 40 associated the presence of beta-hemolytic streptococci (A, C, G, F) in throat. The monthly results of detection of beta-hemolytic streptococci are concordant with the decreasing temperatures, most of them being isolated in March (136), February (88), May (87), April (79), September (74). Group A streptococcus is the main pathogen that affect in over 90% the children with 0-5 years and 6-14 years. The concordance of the culture with rapid test for detection of group A streptococcus is 40.91%. The situation when rapid test negative but the culture positive with group A streptococcus was 27.27%.

Conclusion. Our results are confirming the literature data. The chromatographic immunoassay is useful when pharyngitis is determined by Group A streptococcus because otherwise you can miss de real etiology, but the golden standard remain culture and as an argument 27,27% of double testing had rapid test negative and the culture it turned out to be positive with group A streptococci. Although only 40 from 475 cases of carriers of Staphylococcus aureus had also acute pharyngitis with beta-hemolytic streptococci, the fact is very important for treatment management. The literature is poor in informations about the involvement of group F streptococcus beta-hemolytic in acute pharyngitis, but we found 27 cases during the examined period.

P40. PROVOCĂRI ALE DIAGNOSTICULUI GENETIC ȘI SCREENINGULUI FOLOSIND SECVENȚIEREA GENETICĂ A POPULAȚIEI ROMA DIN ROMÂNIA

Paul Iordache[1], Radu-Ioan Ursu[2], Gabriel Rosoga[3], Daniel Rădăvoi[3], Răzvan Dănău[3], Ștefan Rașcu[3], Cristian Toma[3], Bogdan Sandu[3], Cristian Sima[3], Dana Mates[4], Viorel Jinga[3]

1 - Departamentul de epidemiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie Carol Davila, București

2 - Departamentul de Genetică, Universitatea de Medicină și Farmacie Carol Davila, București

3 - Spitalul Clinic „Prof. Dr. Th. Burghele”, Departamentul de Urologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”, București

4 - Institutul Național de Sănătate Publică, București

Introducere. În prezent, caracteristicile genetice ale minorității rome din România sunt în general necunoscute. Prin urmare, am examinat o cohortă de romi provenită din România în vederea evaluării parametrilor antropologici și genetici.

Material și metode. Cohorta de studiu include 323 de persoane de etnie romă cu vârsta peste 18 ani, cu reședință în România și 4480 persoane de etnie non-romă în calitate de grup de control. Toți participanții au completat un chestionar privind stilul de viață, au efectuat măsurătorile corporale, au fost cântăriți, au avut tensiunea arterială și frecvența cardiacă măsurate. ADN-ul a fost extras din salivă, genotipat utilizând matrice SNP disponibilă de la Illumina și 24.295.558 variante au fost imputate în populația de studiu utilizând setul de date 1000 Genomes.

Rezultate. Un număr de 27 de polimorfisme genetice unice reprezentative au fost identificate în 323 de persoane aparținând populației de etnie romă comparativ cu grupul de studiu format din non-romi. Analiza completă a tuturor variațiilor observate în polimorfismele genetice au arătat că o mare parte din aceste variante sunt comune ambelor grupuri studiate. Studiul structurii genetice a populației a arătat că peste 80% din populația romă are o linie genetică similară cu grupul de origine non-romă. Mai mult, analiza de tip „addmixture“ a identificat mai multe asemănări între grupurile de populație ale romilor și non-romi, sugerând o deviație genetică slabă.

Concluzie. Înțelegerea parametrilor genetici poate ajuta cercetătorii să depășească provocările diagnosticării genetice și screening-ului prin secvențierea genetică a populației de romi din România. Cu toate acestea, lipsa unor diferențe genetice semnificative între romi și non-romi poate iniția dezvoltarea unor panouri de screening genetice similare și creșterea eficacității intervențiilor de sănătate publică.

Mulțumiri. Cercetarea actuală face parte din proiectele UE ProMark FP7 și ROMCAN coordonate de Prof. Dr. V. Jinga

P40. CHALLENGES OF GENETIC DIAGNOSTIC AND SCREENING USING SEQUENCING IN THE ROMA POPULATION FROM ROMANIA

Paul Iordache[1], Radu-Ioan Ursu[2], Gabriel Rosoga[3], Daniel Rădăvoi[3], Răzvan Dănău[3], Ștefan Rașcu[3], Cristian Toma[3], Bogdan Sandu[3], Cristian Sima[3], Dana Mates[4], Viorel Jinga[3]

1 - Epidemiology Department, University of Medicine and Pharmacy Carol Davila, Bucharest

2 - Genetics Department, University of Medicine and Pharmacy Carol Davila, Bucharest

3 -„Prof. Dr. Th. Burghele" Clinical Hospital, Urology Department, University of Medicine and Pharmacy „Carol Davila", Bucharest

4 - National Institute of Public Health, Bucharest

Background. At present, genetic characteristics of Roma minority within Romania are generally unknown. Therefore we examined a Roma cohort originating from Romania for anthropologic and genetic parameters.

Material and methods. The study cohort include 323 Roma individuals with age above 18 years, with residence in Romania and 4480 individuals with a non-Roma ethnicity as a control group. All participants completed a life style questionnaire, had their body measurements taken, were weighed, had their blood pressure and heart rates measured. DNA was extracted from saliva, genotyped using Illumina SNP arrays and 24.295.558 variants were imputed into the study population using the 1000 Genomes dataset.

Results. A total of 27 representative single nucleotide polymorphisms were identified in 323 individuals belonging to the Roma population compared to the non-Roma study group. The complete analysis of all DNA single nucleotide polymorphism variation has shown that a large proportion of these variants are common to both studied groups. The study of genetic population structure has revealed that over 80% of the roma population shares similar genetic lineage with the non-roma group. Furthermore, admixture analysis identified several similarities between the Roma and non-Roma population clusters, suggesting a weak genetic drift.

Conclusion. Understanding the genetic parameters can help researchers to overcome the challenges of genetic diagnostic and screening using sequencing in the Roma population from Romania. However, the lack of significant difference between the Roma and non-Roma may initiate the development of similar genetic screening panels and increase the effectiveness of public health interventions.

Acknowledgements. The current research is part of the EU FP7 ProMark and ROMCAN projects coordinated by Prof. Dr V. Jinga

P41. ASOCIEREA POLIMORFISMELOR GENELOR AGTR1 ȘI WNK1 CU HIPERTENSIUNEA LA UN LOT DE BĂRBAȚI ROMÂNI

Ionut Adrian Olaru[1], Silvia Costin[1], Radu-Ioan Ursu[1], Paul Iordache[1], V. Radoi[1], N. Cucu[2], Georgeta Florentina Ursu[3], Roxana Bohîltea[1,4], Ileana Crăciunescu[3], Cătălin Staicu[5], Violeta Calotă[5], Angelica Voinoiu[5], Irma Eva Csiki[5], Dana Mates[5], Elena Poenaru[1], Gabriel Rosoga[1,6], Daniel Radavoi[1,6], Răzvan Dănău[1.6], Ștefan Rașcu[1.6], Cristian Toma[1.6], Bogdan Sandu[1,6], Cristian Sima[1], Camil Laurențiu Bohîltea[1], Andrei Manolescu[7], Viorel Jinga[9]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

2 - Universitatea București, Facultatea de Biologie, Departamentul de Genetică

3 - Spitalul Militar de Urgență „Prof. Dr. Agrippa Ionescu", Departamentul de Cardiologie, București

4 - Spitalul Universitar de Urgență București, Departamentul de Obstetrică-Ginecologie

5 - Institutul Național de Sănătate Publică, București

6 - Spitalul Clinic "Prof. Dr. Th. Burghele", Clinica de Urologie, București

7 - Universitatea din Reykjavik, Școala de Științe și Inginerie, Reykjavik, Islanda

Introducere. Prezenta lucrare este parte a unui studiu extins de asociere la nivelul întregului genom (GWAS - Genome-Wide-Association-Study) efectuat pe o cohortă de români caucazieni și continuarea unui studiu de asociere între anumite variante genetice FTO și ADRB3 și susceptibilitatea pentru hipertensiune, obezitate și diabet la un lot de români supraponderali și obezi. Este prima cercetare de amploare referitoare la markerii analizați în asociere cu hipertensiunea arterială (HTA) pentru populația română.

Material. Metodă. Lotul analizat a inclus 2024 de bărbați români (694 hipertensivi - 1302 obezi/supraponderali, 250 cu diabet zaharat), criteriile de includere fiind prezența afecțiunii studiate (HTA) și sexul masculin. Cercetarea a presupus analiza a 716503 markeri (polimorfisme - SNV/SNP, Single Nucleotide Variant/Polymorphism). Au fost utilizate kitul Chemagic DNA Blood10k kit, echipament Chemagic Magnetic Separation Module MSMI, prin metoda Chemagen Biopolymer-Technologies AG în laboratorul DeCode Genetics, Reykjavik, Islanda pentru genotipare. Analiza statistică a fost efectuată prin utilizarea programelor informatice Plink! v1.07, IBM SPSS Statistics și R.

Studiul a analizat markerii rs2131127, rs4681443, rs4681444, rs3772616, rs4524238 în gena AGTR1 și rs11064536, rs10774466, rs11064560, rs2240283, rs7305099, rs1012729, rs7953912, rs11832907, gena WNK1.

Rezultate. SNP-urile studiate au fost asociate statistic cu susceptibilitatea pentru HTA pentru lotul studiat. Conform literaturii de specialiate și rezultatelor studiului de față, genele analizate, și anume: AGTR1 (OMIM *106165) și WNK1 (OMIM *605232), prezintă anomalii genetice responsabile pentru susceptibilitatea de a dezvolta HTA esențială.

Concluzii. Pentru lotul studiat, variantele rs2131127, rs4681443, rs4681444, rs3772616 și rs4524238 ale genei AGTR1 au prezentat o corelație semnificativ statistică pentru susceptibilitatea de a dezvolta HTA. Pentru SNP-urile analizate de la nivelul genei WNK1 a fost evidențiată o asociere statistică semnificativă cu predizpoziția pentru dezvoltarea HTA.

Studii de replicare sunt necesare pentru confirmarea rezultatelor analizei de asociere (proiectul ROMCAN).

Prezenta cercetare este parte a proiectelor EU FP7 ProMark și ROMCAN, coordonator prof. Dr. V. Jinga.

P41. AGTR1 AND WNK1 POLYMORPHISMS IN ASSOCIATION WITH HYPERTENSION IN A COHORT OF ROMANIAN MEN

Ionut Adrian Olaru[1], Silvia Costin[1], Radu-Ioan Ursu[1], Paul Iordache[1], V. Radoi[1], N. Cucu[2], Georgeta Florentina Ursu[3], Roxana Bohîltea[1,4], Ileana Crăciunescu[3], Cătălin Staicu[5], Violeta Calotă[5], Angelica Voinoiu[5], Irma Eva Csiki[5], Dana Mates[5], Elena Poenaru[1], Gabriel Rosoga[1,6], Daniel Radavoi[1,6], Răzvan Dănău[1.6], Ștefan Rașcu[1.6], Cristian Toma[1.6], Bogdan Sandu[1,6], Cristian Sima[1], Camil Laurențiu Bohîltea[1], Andrei Manolescu[7], Viorel Jinga[9]

1 - „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy,

2 - „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Department of Medical Genetics

3 - „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Department of Epidemiology

4 - University of Bucharest, Faculty of Biology, Department of Genetics

5 - „Prof. Dr. Agrippa Ionescu" Military Emergency Hospital, Department of Cardiology

6 - „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Univesitary Emergency Hospital, Department of Gynecology and Obstetrics

7 - National Institute for Public Health

8 - „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Department of Medical Informatics, Biostatistics, Marketing and Medical Technology

9 - „Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, „Prof. Dr. Th. Burghele" Clinical Hospital, Department of Urology

10 - University of Reykjavik, School of Science and Engineering, Reykjavik, Iceland

Background. The current research is part of a comprehensive genome-wide association study (GWAS) taken on a cohort of Romanian Caucasian men and the follow-up of a previous PhD association study on the effects of FTO and ADRB3 genes variants on the susceptibility for hypertension, obesity and diabetes in a Romanian overweight and obese individuals cohort.

Material. Methods. A GWAS was performed on2024 Romanian men (1302 obese/overweight, 250 diabetic, 694 with hypertension. The research included 716503 SNVs using the Chemagic DNA Blood10k kit, Chemagic Magnetic Separation Module MSMI, the Chemagen Biopolymer-Technologies AG method and was performed at DeCode Genetics Reykjavik. Statistical analysis was performed using the Plink! v1.07, IBM SPSS Statistics si R. Softwares. Genotyping results were analyzed in correlation with obesity (weight, BMI), DM and HTA.

The current research was aimed at analyzing the AGTR1 rs2131127, rs4681443, rs4681444, rs3772616, rs4524238 and WNK1 rs11064536, rs10774466, rs11064560, markers in association with hypertension.

Results. The results revealed statistical correlation between the analyzed markers and the susceptibility for hypertension in the studied cohort. Literature describes associations between the AGTR1 and WNK1 genes and genetic anomalies responsible for hypertension predisposition, confirming the results of our study.

Conclusions. In our cohort the AGTR1 variants revealed important statistical significance in correlation with hypertension susceptibility. The same association was identified for the analyzed variants in the WNK1 gene. Further replication studies need to be undertaken for the confirmation of these results (ROMCAN).

The current research is part of the EU FP7 ProMark and ROMCAN projects, coord. Prof. V. Jinga, MD, PhD.


SOCIETATEA ROMÂNĂ DE MICROBIOLOGIE
Ş. R. M.
SOCIETATEA ROMÂNĂ DE MICROBIOLOGIE
Înființată în 1952, Societatea Română de Microbiologie este una dintre cele mai vechi societăți medicale științifice din țara noastră.
Scopul Societății Române de Microbiologie constă în crearea unui cadru organizatoric adecvat pentru toți specialiștii din domeniul microbiologiei, bolilor infecțioase și sănătații publice în vederea ridicării nivelului profesional și științific și a îmbunătățirii continue a cercetării și practicii medicale.
Societatea Română de Microbiologie își propune să devină un **liant între toți profesioniștii** implicați în domeniul patologiei infecțioase si un **partener de încredere** pentru instituții publice, private si organizații profesionale.
www.srm.ro

Aflată la a VI-a ediție,

CONFERINȚA NAȚIONALĂ ROVACCIN 2018

aduce la aceeași masă de discuții atât autorități și experți în domeniul vaccinologiei, cât și reprezentanți ai mass media și ai societății civile, inclusiv organizații ale părinților.

Evenimentul va fi creditat cu puncte EMC

Conferința Națională

ACTUALITĂȚI ÎN VACCINOLOGIE | RoVaccin 2018

- Unul dintre principalele obiective este de a informa corect opinia publică prin mesaje bazate pe dovezi venite din partea profesioniștilor, precum și încurajarea unei comunicări eficiente medic-pacient referitoare la vaccinare.

- De asemenea, manifestarea urmărește informarea, facilitarea schimbului de informații și propunerea de soluții concrete de către specialiștii implicați, cu privire la managementul eficient al Programului Național de Imunizare.

Organizator științific

Societatea Română de Microbiologie S.R.M.

www.rovaccin.ro

Management eveniment

Sănătatea Press Group

Expertul tău în comunicare pe domeniul medical

Prima platformă din România dedicată exclusiv publicării comunicatelor de presă din domeniul medical

ComunicateMedicale.ro

JURNALIȘTI, PRESĂ MEDICALĂ, CLINICI, SPITALE, CABINETE MEDICALE, ASOCIAȚII DE PACIENȚI, SOCIETĂȚI MEDICALE, COMPANII

Alăturați-vă profesioniștilor din domeniul medical!

Mai multe voci, o singură sursă de informare!

Prima televiziune online din România
dedicată exclusiv sănătății!

Știri

Emisiuni

Interviuri

Evenimente medicale

Acces comod și rapid — Structură accesibilă

www.sanatateatv.ro

/sanatateapressgroup

Sănătatea PRESS GROUP

Expertul tău în comunicare pe domeniul medical

STV
www.SănătateaTV.ro

Ro Health Review
Strategies, Economics & More

ComunicateMedicale.ro

www.sanatateapress.ro

Alăturați-vă profesioniștilor în microbiologie!

SOCIETATEA ROMÂNĂ DE MICROBIOLOGIE

S. R. M.

Înscrierile pot fi realizate şi online.
Vă aşteptăm pe website-ul SRM

www.srm.ro

www.facebook.com/srmicro

Alăturați-vă profesioniștilor în epidemiologie!

SOCIETATEA ROMÂNĂ DE EPIDEMIOLOGIE

A.M.R.

www.srepi.ro

www.facebook.com/srepidemio

A 10-a Conferință Națională de
MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE

2-4 noiembrie 2017, Hotel Crowne Plaza, București

Organizator Științific:

Co-Organizator Științific:

Parteneri Instituționali:

Parteneri Științifici:

Parteneri Media Strategici:

Partener Media Profesional:

Parteneri Media:

Management Eveniment:

A 10-a Conferință Națională de MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE

2-4 noiembrie 2017, Hotel Crowne Plaza, București

Sponsori Platinum:

gsk

MSD

Pfizer

SANOFI PASTEUR

Sponsori Gold:

ANGELINI

alphega farmacie
aproape de tine

janssen | PHARMACEUTICAL COMPANIES OF Johnson&Johnson

Sponsori Silver:

BIOMEDICA

MEDICLIM
siguranță și curaj în diagnostic

Mylan
Better Health for a Better World

RoTest

SYNTERGY consult

VIFOR PHARMA

Sponsori Bronze:

abbvie

AMS 2000
Analytical & Medical Solutions For All Laboratories

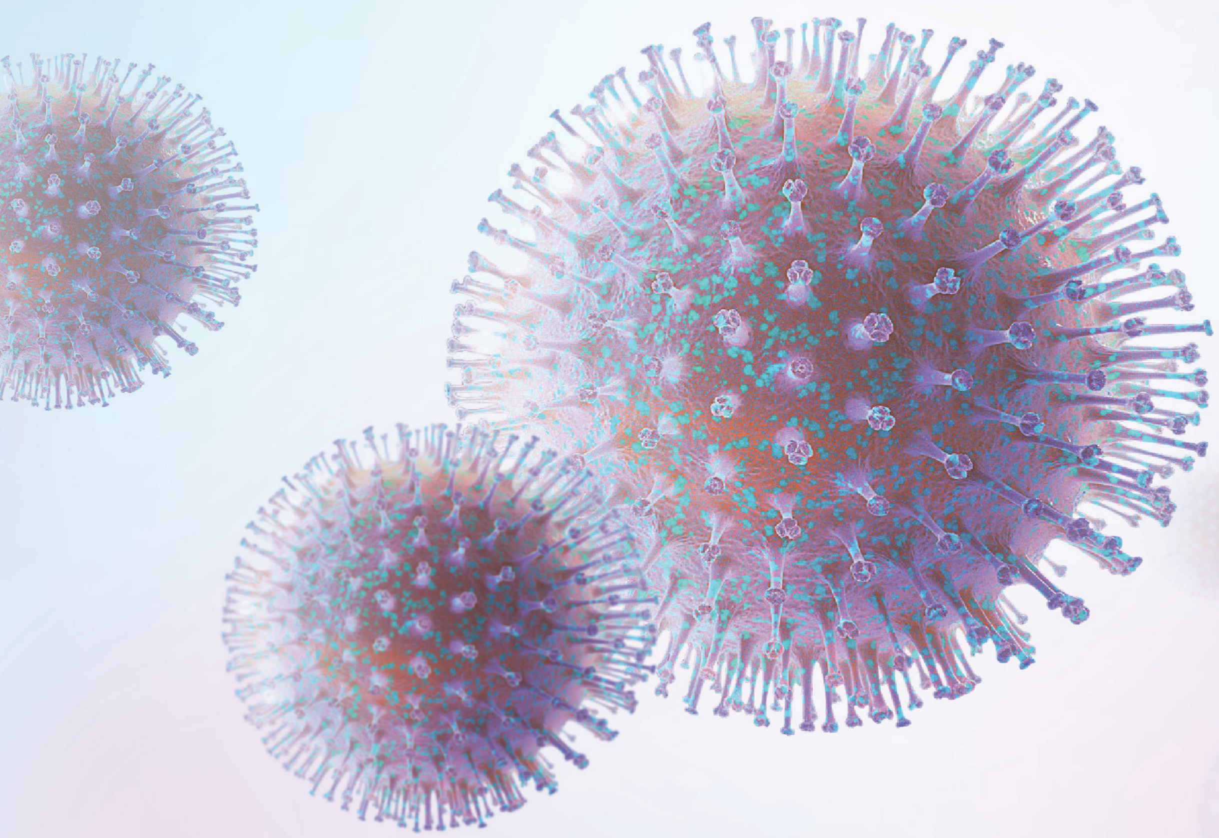
Antibiotice a+
Știință și suflet

clini-lab
www.clinilab.ro

A 10-a Conferință Națională de MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE

2-4 noiembrie 2017, București

Microbiologia și Epidemiologia, în slujba sănătății publice



Organizator științific:

SOCIETATEA ROMÂNĂ DE MICROBIOLOGIE S.R.M.

Co-Organizator științific:

SOCIETATEA ROMÂNĂ DE EPIDEMIOLOGIE A.M.R.

Management eveniment:

Sănătatea PRESS GROUP

Expertul tău în comunicare pe domeniul medical