Societatea Romana de EPIdemiologie

ÎN PARTENERIAT CU:

# A XIX-a Conferință Națională de Microbiologie și Epidemiologie




## 5-7 noiembrie, Palatul Patriarhiei București

## Volum rezumate

**SESIUNEA I – IAAM PROVOCĂRI ȘI POSIBILE SOLUȚII**

Co1 - De la strategie la acțiune: prevenirea și controlul infecțiilor asociate asistenței medicale în România – prezentarea proiectului „Strategii eficiente pentru Managementul Infecțiilor Asociate Asistenței Medicale în Sistemul de Sănătate" (SEMISS, cod SMIS 347555) ---- 10

Oc1 - From strategy to action: prevention and control of healthcare-associated infections in Romania – Project Presentation "Effective Strategies for the Management of Healthcare-Associated Infections in the Healthcare System" (SEMISS, SMIS code 347555). ---- 11

CO2 - Rolul profesioniștilor din domeniul sănătății în prevenirea, supravegherea și controlul infecțiilor asociate asistenței medicale (IAAM) ---- 12

Oc2 - The role of healthcare professionals in the prevention, surveillance and control of healthcare-associated infections (HAIs) ---- 13

CO3 - Tendințe ale IAAM-urilor în Sud-Estul României: Analiza retrospectivă a primului an de monitorizare CRSPG ---- 14

Oc3 - Trends in Healthcare-Associated Infections in Southeastern Romania: A Retrospective Analysis of the First Year of CRSPG Surveillance ---- 15

R1 - iSTRIDE: o rețea doctorală europeană MSCA care abordează infecțiile asociate dispozitivelor medicale menținute *in situ* prin cercetare interdisciplinară ---- 16

R1 - iSTRIDE: A European MSCA Doctoral Network Addressing Indwelling Device-Associated Infections through Interdisciplinary Research ---- 17

Co4 - Determinanți de rezistență la antibiotice la bacterii izolate din fântâni publice din județul Ialomița: relevanță pentru infecțiile comunitare ---- 18

OC4 - Antibiotic resistance determinants in bacteria isolated from public wells in Ialomița County, Romania: relevance to community-acquired infections ---- 19

CO5 - Bacterii rare întâlnite în patologia tractului urinar ---- 20

Oc5 - Rare bacteria encountered in urinary tract pathology ---- 21

R2 - Colonizare, infecție sau contaminare? Una dintre cele mai dificile decizii din microbiologia clinică ---- 22

R2 - Colonization, infection, or contamination? One of the most challenging decisions in clinical microbiology ---- 23

**SESIUNEA a II-a — AMR 2026: DE LA SUPRAVEGHERE LA ACȚIUNE**

CO6 - Concordanța Genotip–Fenotip între Carbapenemaze și Rezistența Fenotipică ---- 24

Oc6 - Genotype–Phenotype Concordance between Carbapenemase Genes and Phenotypic resistance ---- 25

Co7 - Dincolo de microbiologia convențională: este metagenomica pregătită pentru practica curentă? 26

Oc7 - Clinical metagenomics: are we there yet? 27

Co8 - Detecția producerii de carbapenemază la *Acinetobacter baumannii* izolate in perioada 2023-2026 în Institutul Național de Boli Infecțioase "Prof Dr. Matei Balș" 27

Oc8 - Detection of carbapenemase production in *Acinetobacter baumannii* isolates collected between 2023 and 2026 at the National Institute for Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș" 28

CO9 - Planul succesului: cum a transformat METAGEN o idee de grant într-o infrastructură științifică regională 29

OC9 - Blueprint for Success: How METAGEN Turned a Grant Idea into a Regional Scientific Infrastructure 30

Co10 - EUCAST Pocket – Ghidul EUCAST mereu la îndemână 31

Oc10 - EUCAST Pocket – EUCAST Guidance at Your Fingertips 32

Co11 - *Klebsiella pneumoniae* hipervirulentă: o nouă provocare pentru patologia infecțioasă 33

Oc11 - Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: a new challenge for infectious disease pathology 34

CO12 - Infecționistul și microbiologul ca parteneri în decizia clinică 36

OC-12 - The Infectious Diseases Specialist and the Microbiologist as Partners in Clinical Decision-Making 36

CO13 - Rolul microbiologului clinic în diagnosticul și stewardship-ul antimicrobian 37

OC 13 - The Role of the Clinical Microbiologist in Diagnosis and Antimicrobial Stewardship 38

Co14 - ARES (AntiRESistance) - Centru Național Multidisciplinar de Excelență în Cercetare pentru Infecțiile Rezistente la Medicamente 39

Oc14 - ARES (AntiRESistance) - National Multidisciplinary Center of Excellence in Research for Drug-Resistant Infections 40

**SESIUNEA a III-a — IAAM ȘI SIGURANȚA PACIENTULUI**

CO15 - Antibiograma: între tradiții și tratament 41

OC15 - Antibiogram: Between Tradition and Treatment 42

CO16 - *Candidozyma auris:* date microbiologice și evoluția epidemiologică a cazurilor din Spitalul Județean de Urgență Bacău 43

OC16 - *Candidozyma auris*: Microbiological Data and Epidemiological Trends of Cases at the Bacău County Emergency Hospital (SJU Bacău) 44

CO17 - Perspective genomice asupra diversității și rezistenței la antifungice a izolatelor de *Candidozyma auris* în România ..... 44

OC17 - Genomic perspectives on *Candidozyma auris* diversity and antifungal resistance in Romania ..... 45

Co18 - Emergența unei amenințări pentru sănătatea publică: *Candidozyma auris* ..... 47

Oc18 - The emergence of a public health threat: *Candidozyma auris* ..... 48

Co19 - Emergența și diseminarea *Acinetobacter baumannii* ST3609 ..... 48

Oc19 - Emergence and dissemination of *Acinetobacter baumannii* ST3609 ..... 49

**SESIUNEA a V-a — STRATEGII PENTRU CREȘTEREA ACOPERIRII VACCINALE**

Co20 - Percepții privind vaccinarea antigripală în rândul farmaciștilor înscriși la cursul postuniversitar Vaccinarea împotriva gripei sezoniere la nivelul farmaciilor comunitare, organizat în București, România ..... 50

Oc20 - Perceptions towards influenza vaccination among pharmacists enrolled in the postgraduate course on Influenza vaccination in community pharmacies organized in Bucharest, Romania ..... 52

Co21 - Diferențe de gen privind percepțiile studenților la medicină asupra vaccinării împotriva papilomavirusului uman în București, România ..... 53

Oc21 - Gender-based differences in medical students' perceptions of human papillomavirus vaccination in Bucharest, Romania ..... 54

Co22 – Declinul acoperirii vaccinale în Prahova: obstacole și intervenții din perspectiva medicilor de familie, analizate prin Modelul Orbitelor (ECDC) ..... 56

Oc22 - Declining Vaccination Coverage in Prahova: Obstacles and Interventions from the Family Physicians Perspective, Analysed through the Orbit Model (ECDC) ..... 56

**SESIUNEA a VI-a — INFECȚII CU IMPACT MAJOR ÎN SĂNĂTATEA PUBLICĂ**

R3 – Estimate ale mortalității atribuibile hepatitelor B și C, România, anul 2022 ..... 57

R3 - Estimates of Mortality Attributable to Hepatitis B and C, Romania, 2022 ..... 58

CO23 - Detecția și genotiparea extinsă a HPV în salivă – Un flux de lucru neinvaziv pentru screening-ul oral în cadrul proiectului ORALERT ..... 59

Oc23 - Detection and Extended Genotyping of HPV in Saliva – A Non-Invasive Workflow for Oral Screening within the ORALERT Project ..... 60

CO24 - Noi biomarkeri pentru stratificarea riscului în leziunile cervicale induse de HPV ..... 61

Oc24 - New biomarkers for risk stratification in HPV-induced cervical lesions ..... 62

CO25 - Prevalența mutației CCR5-Δ32 și asocierea cu afectarea neurocognitivă la adulți tineri cu infecție HIV cronică ..... 63

OC25 - Prevalence of the CCR5-Δ32 mutation and its association with neurocognitive impairment in young adults with chronic HIV infection ..... 64

CO26 - Epidemia HIV-1 în România – diversitatea virală și rezistența transmisă ..... 65

OC26 - HIV-1 epidemics in Romania – ongoing viral diversity and transmitted drug resistance ..... 66

CO27 - Promotorul viral al HIV-1 subtip F1 - particularități de secvență și potențiale implicații în reglarea transcrierii ..... 67

Oc27 - The HIV-1 subtype F1 promoter - sequence features and potential implications for transcriptional regulation ..... 69

CO28 - Infecțiile cu transmitere sexuală în rândul persoanelor cu factori de risc: testăm asimptomaticii? ..... 70

OC28 - Sexually transmitted infections among people with risk factors: do we test the asymptomatic? ..... 71

**SESIUNEA a VII-a — DIRECȚII DE VIITOR ÎN MICROBIOLOGIE ȘI EPIDEMIOLOGIE**

CO29 - Influența factorilor climatici și de mediu asupra bolilor transmise prin țânțari în Uniunea Europeană și în România ..... 73

OC29 - The influence of climatic and environmental factors on mosquito-borne diseases in the European Union and in Romania ..... 74

CO30 - Produse patologice utilizate in diagnosticul infectiilor acute virale ale SNC ..... 75

OC30 - Clinical specimens used in the diagnosis of acute viral infections of the CNS ..... 76

CO31 - Cryoconservarea tulpinilor bacteriene în azot lichid. Experiența I.N.C.D.M.M. „Cantacuzino" ..... 77

Oc31 - Cryoconservation of bacterial strains in liquid nitrogen. The experience of the "Cantacuzino" N.M.M.I.R.D. ..... 78

CO32 - Ingineria virală: progresul viroterapiei oncolitice ..... 79

OC32 - Viral engineering: progress in oncolytic virotherapy ..... 80

CO33 - De la rezultat la sens: diagnostic stewardship și dubla responsabilitate a microbiologului ..... 81

OC33 - From Result to Meaning: Diagnostic Stewardship and the Microbiologist's Dual Responsibility ..... 82

CO34 - De la microscopie la microbiologia de precizie – 100 de ani după Victor Babeș ..... 83

Oc34 - From Microscopy to Precision Microbiology – 100 Years After Victor Babeș ..... 83

CO35 - Genomica în bolile infecțioase: de la diagnostic la sănătate publică ..... 84

OC35 - Genomics in infectious diseases: from diagnosis to public health ..... 85

R4 - Între compartiment și externalizare: organizarea microbiologiei în spitalele publice din România ..... 86

R4 - Between integrated units and outsourcing: the organisation of microbiology in Romanian public hospitals ..... 87

**SESIUNEA a VIII-a - INFECȚII RESPIRATORII: NOUA NORMALITATE**

CO36 - Vaccinarea împotriva gripei în farmacii - de la implementare la succes ..... 88

OC36 - Influenza vaccination in pharmacies – from implementation to success ..... 89

Co37 - Transmiterea rujeolei în România, 2005–2025: structura valurilor epidemice, distribuția spațială și susceptibilitatea acumulată ..... 90

OC37 - Measles Transmission in Romania, 2005–2025: Epidemic Wave Structure, Spatial Distribution, and Accumulated Susceptibility ..... 91

CO38 - De la epidemia de rujeolă la PESS: consecințe neurologice tardive și implicații pentru sănătatea publică ..... 92

OC38 - From the measles epidemic to PESS: late neurological consequences and implications for public health ..... 93

CO39 - Sezonul gripal 2025-2026 în România: perspectivă virologică și moleculară ..... 94

OC39 - The 2025-2026 Influenza Season in Romania: A Virological and Molecular Perspective ..... 95

CO40 - Analiza filogenetică a tulpinilor de *Bordetella pertussis* izolate în anul 2024, prin secvențierea întregului genom ..... 97

OC40 - Phylogenetic analysis of *Bordetella pertussis* strains isolated in 2024 using whole-genome sequencing ..... 97

CO41 - O banală pneumonie comunitară? Sau de ce nu ne oprim la primul răspuns ..... 98

OC41 - An ordinary community-acquired pneumonia? Or why we don't stop at the first answer ..... 99

CO 42 - Vaccinarea antipneumococică a adulților în contextul legislativ actual ..... 100

OC42 - Pneumococcal vaccination for adults in the current legislative context ..... 101

R5 - Importanța laboratorului de microbiologie - de la diagnostic la impact asupra sănătății publice ..... 102

R5 - The Importance of the Microbiology Laboratory – From Diagnosis to Impact on Public Health ..... 103

**SESIUNEA DE POSTERE**

P1 - Rezistența la antibiotice a tulpinilor de *Klebsiella pneumoniae* implicate în colonizare și/sau infecție la pacienții dintr-o secție de Terapie Intensivă ..... 105

P1 - Antibiotic Resistance of *Klebsiella pneumoniae* Strains Involved in Colonization and/or Infection in Patients in an Intensive Care Unit ..... 106

P2 - *Acinetobacter baumannii* și *Klebsiella pneumoniae* XDR: provocări majore în managementul infecțiilor din unitatea de arși ..... 107

P2 - XDR *Acinetobacter baumannii* and *Klebsiella pneumoniae*: major challenges in infection management in a burn unit ..... 107

P3 - Dincolo de cultură: evaluarea moleculară a portajului genelor de rezistență la antimicrobiene în probe fecale ..... 108

P3 - Beyond Culture: Molecular Assessment of Antimicrobial Resistance Gene Carriage in Fecal Samples ..... 109

P4 - Capacitatea de formare a biofilmului la izolatele bacteriene conjunctivale și relația cu rezistența la antimicrobiene ..... 110

P4 - Biofilm Formation in Conjunctival Bacterial Isolates and Its Association with Antimicrobial Susceptibility ..... 111

P5 - Dezvoltarea KlebScope, un program digital de cartografiere a tulpinilor de *Klebsiella* spp. multidrog rezistente din Nord-Estul României ..... 112

P5 - Development of KlebScope, a digital program for mapping multidrug-resistant *Klebsiella* spp. strains in North-Eastern Romania ..... 113

P6 - Testarea rapidă a sensibilității la antimicrobiene cu ASTar direct din hemoculturi pozitive: timpul de răspuns în condiții reale și concordanța cu metodele convenționale în bacteriemiile cu bacterii Gram-negative ..... 114

P6 - ASTar Rapid Antimicrobial Susceptibility Testing Directly from Positive Blood Cultures: Real-World Turnaround Time and Agreement with Conventional Methods in Gram-Negative Bacteraemia ..... 115

P7 - Optimizarea extracției ADN din probe de suprafață cu biomasă redusă pentru supravegherea genomică a bacteriilor patogene și a genelor de rezistență la antibiotice într-un campus universitar ..... 116

P7 - Optimising DNA extraction from low-biomass surface swabs for genomic surveillance of bacterial pathogens and antibiotic resistance genes on a university campus ..... 118

P8 - Profilul rezistenței antimicrobiene la bacilii Gram-negativi izolați în mediul spitalicesc ..... 119

P8 - Antimicrobial resistance profiles of Gram-negative bacilli isolated in hospital settings ..... 119

P9 - Monitorizarea portajului bacteriologic (MRSA, CPE, ESBL) în secțiile la risc ale unui spital oncohematologic: analiză privind complianța și evaluarea valorii predictive în apariția IAAM ..... 120

P9 - Monitoring Bacteriological Carriage (MRSA, CPE, ESBL) in High-Risk Wards of an Onco-Hematology Hospital: Compliance Analysis and Evaluation of the Predictive Value in the Occurrence of HAIs ..... 121

P10 - Colonizarea cu *Staphylococcus aureus* meticilino-rezistent în primul an de viață: particularități epidemiologice și implicații pentru supravegherea infecțiilor nosocomiale ..... 122

P10 - Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* colonization during the first year of life: epidemiological characteristics and implications for nosocomial infection surveillance ..... 123

P11 - Panencefalita sclerozantă subacută (PESS) – aspecte de laborator în diagnosticul unei complicații neurologice tardive a infecției cu virusul rujeolei ..... 124

P11 - Subacute Sclerosing Panencephalitis (SSPE) – laboratory aspects in the diagnosis of a late neurological complication of measles virus infection ..... 125

P12 - Meningitele acute pediatrice: tendințe actuale și perspective etiologice în context național și internațional ..... 126

P12 - Acute Pediatric Meningitis: Current Trends and Etiological Perspectives in National and International Contexts ..... 127

P13 - Infecția cu *Ochrobactrum anthropi* la pacienții oncologici ..... 128

P13 - *Ochrobactrum anthropi* infection in oncological patients ..... 129

P14 - Evoluția spectrului etiologic al infecțiilor virale respiratorii ..... 130

P14 - Evolution of the etiological spectrum of respiratory viral infections ..... 131

P15 - Testarea sindromică versus diagnosticul microbiologic convențional al aspiratelor bronșice ..... 132

P15 - Syndromic Testing versus Conventional Microbiological Diagnosis of Endotracheal Aspirates ..... 133

P16 - Caracterizarea moleculară a virusului West Nile circulant în populațiile de vectori din București, în anul 2026 ..... 134

P16 - Molecular characterization of West Nile virus circulating in vector populations in Bucharest in 2026 ..... 135

P17 - Dincolo de tiparul clasic: infecție neuroinvazivă cu virus West Nile la o pacientă tânără - prezentare de caz ..... 136

P17 - Beyond The Classic Pattern: West Nile Virus Neuroinvasive Disease In A Young Patient - A Case Report ..... 137

P18 - Actinomicoză cervicofacială manifestată printr-o formațiune tumorală la nivelul gâtului fistulizată în timpul sarcinii - prezentare de caz ..... 138

P18 - Cervicofacial Actinomycosis Presenting as a Fistulized Neck Mass During Pregnancy - A Case Report ..... 139

P19 - Diversitatea tulpinilor de *Escherichia coli* producătoare de toxine Shiga aparținând serogrupurilor non-O157 și non-O26 – caracterizare fenotipică și moleculară ..... 140

P19 - Genomic Characterization of Shiga Toxin-Producing Escherichia coli (STEC) Strains Belonging to Non- Classical Serogroups Isolated in Romania Between 2019 and 2026 ..... 141

P20 - Utilizarea mouse molecular pentru identificarea leucocidinei Panton-Valentine la tulpinile de *Staphylococcus aureus* izolate în Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș" ..... 142

P20 - Use of molecular methods for the detection of Panton-Valentine leukocidin in *Staphylococcus aureus* strains isolated at the National Institute of Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș" ..... 143

P21 - Susceptibilitatea la rubeolă la femeile gravide din sud-vestul României: studiu serologic ..... 144

P21 - Rubella Susceptibility in Pregnant Women from South-Western Romania: Serological Evidence ..... 145

P22 - Distribuția *Candida albicans* și a speciilor non-albicans la pacientele obstetricale și ginecologice ..... 146

P22 - Distribution of *Candida albicans* and non-albicans *Candida* species in obstetric and gynecological patients ..... 147

P23 - Impactul asupra sănătății publice și impactul economic al extinderii vaccinării antigripale pediatrice în România ..... 148

P23 - Public Health and Economic Impact of Expanding Paediatric Influenza Vaccination in Romania ..... 149

# SESIUNEA I
# IAAM PROVOCĂRI ŞI POSIBILE SOLUȚII

## Co1 - De la strategie la acțiune: prevenirea și controlul infecțiilor asociate asistenței medicale în România – prezentarea proiectului „Strategii eficiente pentru Managementul Infecțiilor Asociate Asistenței Medicale în Sistemul de Sănătate" (SEMISS, cod SMIS 347555)

**Amalia Lucia Luca[1], Roxana Șerban[2], Monica Slăvulete[1], Lavinia Cipriana Rusu[1], Adriana Pistol[1,3]**

1 - Institutul Național de Sănătate Publică

2 - Societatea Română de Epidemiologie

3 - Departamentul de Epidemiologie II, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București

**Obiective**: Prezentarea modului în care obiectivele Strategiei naționale privind prevenirea și limitarea infecțiilor asociate asistenței medicale (IAAM) și a rezistenței la antimicrobiene (AMR) 2023–2030 sunt transpuse în măsuri concrete la nivelul sistemului de sănătate din România, cu accent pe proiectul SEMISS.

**Metode utilizate**: Analiza documentară a cadrului strategic și legislativ național (Strategia națională IAAM și AMR 2023–2030, Legea nr. 3/2021 modificată prin Legea nr. 184/2024, Ordinul MS nr. 1101/2016 și proiectul de ordin aflat în consultare publică în 2026), corelată cu datele de supraveghere a IAAM raportate la nivel național și cu planul de implementare al proiectului „Strategii Eficiente pentru Managementul Infecțiilor Asociate Asistenței Medicale în Sistemul de Sănătate" (SEMISS), finanțat prin Programul Sănătate 2021–2027 (FSE+).

**Rezultate**: Proiectul SEMISS (cod SMIS 347555), implementat pe o perioadă de 32 de luni de Institutul Național de Sănătate Publică în parteneriat cu Spitalul Universitar de Urgență București și Asociația CREST, operaționalizează obiectivele strategiei prin: actualizarea și standardizarea metodologiilor de supraveghere a IAAM, formarea profesională a personalului implicat în prevenirea și controlul infecțiilor, elaborarea de instrumente și ghiduri de bune practici și consolidarea capacității de raportare a unităților sanitare. Obiectivele specifice ale proiectului sunt reprezentate de: 1. Elaborarea/ actualizarea unui număr de 4 instrumente de lucru - 1 procedură și 3 ghiduri de prevenire și control al IAAM, care stau la baza formării personalului implicat în Acțiunea A2. 2. Instruirea unui număr de 5.528 de persoane din sistemul de sănătate – personal medico sanitar provenit din Direcțiile de Sănătate Publică, Centrele Regionale de Sănătate Publică, INSP (inclusiv CNSCBT) și unități sanitare publice din toată țara — cu

accent pe secțiile cu risc infecțios crescut (ATI, UPU, bloc operator, ORL, oftalmologie, chirurgie, gastroenterologie, transplant).

**Concluzii**: Trecerea de la strategie la acțiune necesită, pe lângă un cadru legislativ adecvat, instrumente operaționale standardizate, resurse umane formate și un sistem de supraveghere funcțional, care să reflecte amploarea reală a IAAM. Proiectul SEMISS reprezintă un vehicul de implementare a strategiei naționale, iar rezultatele sale vor contribui la creșterea calității raportării, la detectarea și limitarea în timp util a focarelor și, în final, la creșterea siguranței pacientului.

**OC1 - From strategy to action: prevention and control of healthcare-associated infections in Romania – Project Presentation "Effective Strategies for the Management of Healthcare-Associated Infections in the Healthcare System" (SEMISS, SMIS code 347555).**

**Amalia Lucia Luca[1], Roxana Șerban[2], Monica Slăvulete[1], Lavinia Cipriana Rusu[1], Adriana Pistol[1,3]**

1 - Institutul Național de Sănătate Publică

2 - Societatea Română de Epidemiologie

3 - Departamentul de Epidemiologie II, Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

**Objectives:** To present how the objectives of the National Strategy for the Prevention and Containment of Healthcare-Associated Infections (HAIs) and Antimicrobial Resistance (AMR) 2023–2030 are translated into concrete measures within the Romanian healthcare system, with a focus on the SEMISS project.

**Methods**: A documentary analysis of the national strategic and legislative framework (National Strategy for HAIs and AMR 2023–2030; Law no. 3/2021, as amended by Law no. 184/2024; Ministry of Health Order no. 1101/2016; and a draft order under public consultation in 2026), correlated with nationally reported HAI surveillance data and the implementation plan for the project "Effective Strategies for the Management of Healthcare-Associated Infections in the Healthcare System" (SEMISS), funded through the Health Programme 2021–2027 (ESF+).

**Results**: The SEMISS project (SMIS code 347555)—implemented over a 32-month period by the National Institute of Public Health in partnership with the Bucharest University Emergency Hospital and the CREST Association—operationalizes the strategy's objectives by: updating and standardizing HAI surveillance methodologies; providing professional training for staff involved in infection prevention and control; developing tools and best-practice guidelines; and strengthening the reporting capacity of healthcare facilities. The

specific objectives of the project include: 1. The development/updating of 4 working tools—1 procedure and 3 guidelines for HAI prevention and control—which serve as the basis for training the personnel involved under Action A2. 2. The training of 5,528 individuals within the healthcare system—medical and healthcare staff from Public Health Directorates, Regional Public Health Centers, the National Institute of Public Health (including the National Center for Communicable Disease Surveillance and Control), and public healthcare facilities nationwide—with a focus on departments at high risk for infections (intensive care units, emergency departments, operating rooms, ENT, ophthalmology, surgery, gastroenterology, and transplantation units).

**Conclusions**: Moving from strategy to action requires—in addition to an appropriate legislative

framework—standardized operational tools, trained human resources, and a functional surveillance system capable of reflecting the true scale of healthcare-associated infections (HAIs). The SEMISS project serves as a vehicle for implementing the national strategy; its outcomes will contribute to improved reporting quality, the timely detection and containment of outbreaks, and, ultimately, enhanced patient safety.

***

**CO2 - Rolul profesioniștilor din domeniul sănătății în prevenirea, supravegherea și controlul infecțiilor asociate asistenței medicale (IAAM)**

**Iulia Monica Slăvulete[1], Amalia Luca[1], Adriana Pistol[1,2]**

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

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

**Obiective**: Evidențierea rolului profesioniștilor din domeniul sănătății în prevenirea, supravegherea și controlul IAAM și identificarea factorilor comportamentali și cognitivi care pot influența transpunerea responsabilităților profesionale în practici sigure și consecvente.

**Metode utilizate**: A fost realizată o analiză descriptivă a cadrului normativ național privind prevenirea și controlul IAAM, cu accent pe responsabilitățile diferitelor categorii profesionale, completată de analiza conceptelor și mecanismelor comportamentale relevante pentru aplicarea recomandărilor de prevenire și control al infecțiilor. Au fost analizate responsabilitățile individuale, rolurile complementare în cadrul echipei și barierele care pot influența comportamentul profesional.

**Concluzii**: Prevenirea IAAM presupune responsabilitatea coordonată a managementului, medicilor, asistenților medicali, personalului auxiliar, structurilor de prevenire a infecțiilor, specialiștilor în boli infecțioase, microbiologie, farmacie și sterilizare. Analiza evidențiază că existența responsabilităților și cunoașterea procedurilor nu garantează aplicarea lor consecventă. Factori precum economia cognitivă, disonanța cognitivă, optimismul nerealist, atribuirea responsabilității, autonomia percepută, influența echipei și obișnuințele pot contribui la apariția unor discrepanțe între intenție și comportamentul real. De asemenea, comportamentul corect depinde nu doar de motivație, ci și de capacitatea și oportunitatea de a-l pune în practică.

**OC2 - The role of healthcare professionals in the prevention, surveillance and control of healthcare-associated infections (HAIs)**

**Iulia Monica Slăvulete[1], Amalia Luca[1], Adriana Pistol[1,2]**

1 - National Institute of Public Health, National Center for Surveillance and Control of Communicable Diseases

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

**Objectives:** To highlight the role of healthcare professionals in the prevention, surveillance and control of healthcare-associated infections (HAIs), and to identify behavioural and cognitive factors that may influence the translation of professional responsibilities into safe and consistent practices.

**Methods:** A descriptive analysis of the national regulatory framework for HAI prevention and control was conducted, focusing on the responsibilities of different professional groups, complemented by an analysis of behavioural concepts and mechanisms relevant to the implementation of infection prevention and control recommendations. Individual responsibilities, complementary team roles and barriers that may influence professional behaviour were analysed.

**Conclusions:** HAI prevention requires coordinated responsibility among management, physicians, nurses, auxiliary staff, infection prevention and control structures, infectious disease specialists, microbiologists, pharmacists and sterilisation personnel. The analysis highlights that the existence of defined responsibilities and knowledge of procedures does not guarantee their consistent implementation. Factors such as cognitive economy, cognitive dissonance, unrealistic optimism, attribution of responsibility, perceived autonomy, team influence and habits may contribute to discrepancies between intention and actual behaviour. Furthermore, appropriate behaviour depends not only on motivation, but also on the capability and opportunity to put it into practice.

***

**CO3 - Tendințe ale IAAM-urilor în Sud-Estul României: Analiza retrospectivă a primului an de monitorizare CRSPG**

**Valerian Stoian[1,2], Mihaela Debita[2]**

1 - Institutul Național de Sănătate Publică, Centrul Regional de Sănătate Publică Galați

2 - Universitatea „Dunărea de Jos" din Galați

**Obiective**: Infecțiile asociate asistenței medicale reprezintă o amenințare majoră pentru siguranța pacientului, însă datele raportate în Europa Centrală și de Est pot fi influențate de subdiagnosticare și subraportare. Studiul a urmărit descrierea profilului infecțiilor raportate în anul 2024 către Centrul Regional de Sănătate Publică Galați care cuprinde spitalele din sud-estul României, identificarea factorilor asociați mortalității intraspitalicești și evaluarea variației calității supravegherii.

**Metode utilizate**: A fost realizată o analiză retrospectivă, observațională și transversală a 2.878 de cazuri raportate în anul 2024 de 32 de spitale din cinci județe (Brăila, Buzău, Călărași, Constanța, Galați, Ialomița, Tulcea). Infecțiile au fost grupate în infecții cu *Clostridioides difficile* (CDI) și infecții non-CDI. Au fost utilizate regresia logistică pentru mortalitate, modele Cox și de riscuri competitive pentru timpul până la deces, regresia binomială negativă pentru durata spitalizării și diagrama pâlnie Spiegelhalter pentru variația interspitalicească.

**Rezultate**: CDI a reprezentat 56,3% dintre cazurile raportate. Pacienții cu CDI au fost mai vârstnici și au prezentat mai frecvent imunosupresie și spitalizare anterioară, dar au avut o mortalitate mai redusă decât cei cu infecții non-CDI (14,9% față de 26,1%) și o durată mediană de spitalizare mai scurtă. Vârsta, sexul masculin și imunosupresia au fost asociate independent cu mortalitatea, în timp ce CDI a rămas asociată cu un risc mai mic de deces. Incidența cumulativă a decesului la 30 de zile a fost de 12,6% pentru CDI și 22,3% pentru infecțiile non-CDI. Proporția CDI a variat între aproximativ 1% și 93% la nivelul spitalelor, majoritatea instituțiilor situându-se în afara limitelor de control.

**Concluzii**: Predominanța CDI în raportările regionale sugerează o identificare selectivă și posibila subdetectare a infecțiilor non-CDI, nu neapărat o povară excepțională a CDI. Raportul CDI/total poate fi utilizat ca indicator orientativ al dezechilibrelor de supraveghere, dar interpretarea sa necesită prudență în absența numitorilor privind internările sau zilele-pacient. Pentru eficientizarea supravegherii sunt necesare definiții standardizate, personal dedicat, capacitate microbiologică și sisteme automatizate de supraveghere.

**OC3 - Trends in Healthcare-Associated Infections in Southeastern Romania: A Retrospective Analysis of the First Year of CRSPG Surveillance**

**Valerian Stoian[1,2], Mihaela Debita[2]**

1 - National Institute of Public Health, Regional Public Health Center Galați

2 - "Dunărea de Jos" University Galați

**Objectives:** Healthcare-associated infections pose a major threat to patient safety; however, data reported in Central and Eastern Europe may be affected by underdiagnosis and underreporting. This study aimed to describe the profile of infections reported in 2024 to the Galați Regional Public Health Center, covering hospitals in southeastern Romania, identify factors associated with in-hospital mortality, and assess variation in surveillance quality.

**Methods**: A retrospective, observational, cross-sectional analysis was conducted on 2,878 cases reported in 2024 by 32 hospitals across seven counties (Brăila, Buzău, Călărași, Constanța, Galați, Ialomița, and Tulcea). Infections were grouped into *Clostridioides difficile* infections (CDI) and non-CDI infections. Logistic regression was used to assess mortality; Cox and competing-risks models were used for time to death; negative binomial regression was used for length of hospital stay; and Spiegelhalter funnel plots were used to evaluate interhospital variation.

**Results:** CDI accounted for 56.3% of reported cases. Patients with CDI were older and more frequently had immunosuppression and previous hospitalization, but had lower mortality than patients with non-CDI infections (14.9% vs. 26.1%) and a shorter median hospital stay. Age, male sex, and immunosuppression were independently associated with mortality, whereas CDI remained associated with a lower risk of death. The 30-day cumulative incidence of death was 12.6% for CDI and 22.3% for non-CDI infections. The proportion of CDI ranged from approximately 1% to 93% across hospitals, with most institutions falling outside the control limits.

**Conclusions**: The predominance of CDI in regional reports suggests selective detection and possible underdetection of non-CDI infections rather than an exceptionally high burden of CDI. The CDI-to-total-infections ratio may serve as an indicative marker of surveillance imbalances, but it should be interpreted cautiously in the absence of denominator data on hospital admissions or patient-days.

***

**R1 - iSTRIDE: o rețea doctorală europeană MSCA care abordează infecțiile asociate dispozitivelor medicale menținute *in situ* prin cercetare interdisciplinară**

**Florin-George Horhat[1], Annette Moter[2], Martijn Riool[3], Filipe Mergulhão[4], Ines Mandić Mulec[5], Kathleen Marchal[6], Michiel Stock[6], Judith Kikhney[7], João Cabral[8], Hans Steenackers[9]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, România

2 - Universitatea din Leipzig, Germania

3 - Spitalul Universitar Regensburg, Germania

4 - Universitatea din Porto, Portugalia

5 - Universitatea din Ljubljana, Slovenia

6 - Universitatea din Ghent, Belgia

7 - MoKi Analytics GmbH, Germania

8 – Colegiul Imperial Londra, Regatul Unit al Marii Britanii

9 - KU Leuven, Belgia

Infecțiile asociate dispozitivelor medicale menținute *in situ* reprezintă în continuare o provocare majoră pentru medicina modernă. Aceste dispozitive, precum cateterele urinare, cateterele venoase centrale și dispozitivele cardiovasculare, sunt frecvent colonizate de biofilme microbiene, determinând infecții persistente, dificil de diagnosticat și tratat. Creșterea rezistenței antimicrobiene complică suplimentar managementul clinic al acestor infecții.

Rețeaua doctorală iSTRIDE, finanțată prin programul Horizon Europe – Marie Skłodowska- Curie Actions, reunește universități, spitale și parteneri industriali din întreaga Europă pentru a aborda aceste provocări printr-un program integrat de cercetare interdisciplinară și formare doctorală, la interfața dintre microbiologie, biomateriale și tehnologiile de diagnostic.

Programul științific este structurat în jurul a patru obiective de cercetare complementare. În primul rând, iSTRIDE urmărește dezvoltarea unor modele *in vitro* și *in vivo* relevante clinic pentru infecțiile asociate dispozitivelor medicale, utilizând probe clinice și comunități microbiene reprezentative. În al doilea rând, rețeaua investighează fiziopatologia infecției, cu accent deosebit pe interacțiunile dintre microorganisme și pe cele dintre microorganisme și gazdă. În al treilea rând, iSTRIDE dezvoltă și evaluează acoperiri inovatoare cu efect antibiofilm pentru dispozitivele urinare și cardiovasculare. În final, consorțiul dezvoltă metode avansate de diagnostic independente de cultivare, incluzând hibridizarea fluorescentă *in situ* (FISH) și analiza imaginilor asistată de inteligența artificială.

Prin colaborarea dintre microbiologi, clinicieni, ingineri și parteneri industriali, iSTRIDE urmărește aprofundarea cunoștințelor privind infecțiile asociate dispozitivelor medicale și accelerarea dezvoltării unor noi strategii de prevenție și diagnostic. În același timp, rețeaua asigură formare doctorală interdisciplinară pentru următoarea generație de cercetători care activează la interfața dintre biologia infecției, biomateriale și tehnologia medicală.

**R1 - iSTRIDE: A European MSCA Doctoral Network Addressing Indwelling Device-Associated Infections through Interdisciplinary Research**

**Florin-George Horhat[1], Annette Moter[2], Martijn Riool[3], Filipe Mergulhão[4], Ines Mandić Mulec[5], Kathleen Marchal[6], Michiel Stock[6], Judith Kikhney[7], João Cabral[8], Hans Steenackers[9]**

1 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Romania

2 - Leipzig University, Germany

3 - University Hospital Regensburg, Germany

4 - University of Porto, Portugal

5 - University of Ljubljana, Slovenia

6 - Ghent University, Belgium

7 - MoKi Analytics GmbH, Germany

8 - Imperial College London, United Kingdom

9 - KU Leuven, Belgium

Indwelling device-associated infections (IDAIs) remain a major challenge in modern healthcare. These indwelling devices, such as urinary catheters, central venous catheters and cardiovascular devices, are frequently colonized by microbial biofilms, resulting in persistent infections that are difficult to diagnose and treat. Increasing antimicrobial resistance further complicates their clinical management.

The Horizon Europe MSCA Doctoral Network iSTRIDE brings together universities, hospitals and industry partners from across Europe to address these challenges through an integrated programme of interdisciplinary research and doctoral training at the interface of microbiology, biomaterials and diagnostic technology.

The scientific programme is organized around four complementary research objectives. First, iSTRIDE aims to establish clinically relevant *in vitro* and *in vivo* models of device-associated infections based on clinical samples and representative microbial communities. Second, the network investigates the pathophysiology of infection, with a

particular focus on microbe-microbe and microbe-host interactions. Third, iSTRIDE develops and evaluates innovative anti-biofilm coatings for urinary and cardiovascular devices. Finally, the consortium is developing advanced culture-independent diagnostic approaches, including fluorescence *in situ* hybridization (FISH) and artificial intelligence-assisted image analysis.

Through the collaboration of microbiologists, clinicians, engineers and industrial stakeholders, iSTRIDE seeks to improve our understanding of device-associated infections and accelerate the development of novel prevention and diagnostic strategies. At the same time, the network provides interdisciplinary doctoral training for the next generation of researchers working at the interface of infection biology, biomaterials and medical technology.

***

**Co4 - Determinanți de rezistență la antibiotice la bacterii izolate din fântâni publice din județul Ialomița: relevanță pentru infecțiile comunitare**

**Florența-Oana Moise, Rareș Ionuț Dragomir, Cristin Măiță, Diana Malai, Grigore Mihăescu, Ilda Barbu Czobor**

Departament Botanică și Microbiologie, Facultatea de Biologie, Universitatea din București, email flormat@yahoo.com, telefon 0763214217

**Obiective**: Studiul a urmărit investigarea prezenței bacteriilor cu determinanți de rezistență la antibiotice în apa fântânilor publice din județul Ialomița. Caracterizarea genomică a evaluat genele de rezistență, asocierea acestora cu elemente genetice mobile și prezența factorilor de virulență cu relevanță clinică.

**Materiale și metode**: Au fost analizate 21 de izolate obținute în 2024–2025 din 100 probe recoltate din 95 fântâni publice rurale. Genomurile au fost secvențiate Illumina, asamblate de novo și tipizate prin MLST. Serotipurile și patotipurile *Escherichia coli* au fost evaluate cu ECTyper. Genele de rezistență, factorii de virulență și replicazele plasmidiale au fost detectate cu ABRicate, iar elementele genetice mobile cu MGEfinder.

**Rezultate**: Izolatele au inclus 8 *Enterococcus faecalis*, 5 *E. faecium* și opt *Enterobacterales* (4 *E. coli*, 2 *E. cloacae*, 1 *Klebsiella oxytoca*, 1 *K. aerogenes*). *E. coli* ST657 purta blaCTX-M-1, genă care codifică o β-lactamază cu spectru extins (ESBL), relevantă pentru rezistența la cefalosporine; tet(A) și sul2 se aflau pe un contig cu replicon IncI1. *E. coli* ST685 prezenta blaTEM-1, tet(A), aph(3'')-Ib și aph(6)-Id pe un contig cu replicon IncF, precum și qnrS1 și operonul hemolizinei alfa. Un izolat O136 prezenta eae și gene ale locusului LEE, fără stx, profil compatibil cu *E. coli* enteropatogen (EPEC). EPEC și ST685

proveneau din două fântâni distincte din aceeași localitate. Au fost identificate și *E. coli* ST410 și *Klebsiella oxytoca* cu gene ale locusului yersiniabactinei.

**Concluzii:** În apa investigată au fost identificate bacterii cu determinanți de rezistență relevanți clinic, inclusiv o genă ESBL, alături de un patotip diareigen. Rezultatele susțin monitorizarea rezistenței antimicrobiene în fântânile publice și consemnarea consumului acestei ape în investigația epidemiologică a gastroenteritelor și a infecțiilor comunitare cu *Enterobacterales* rezistente.

**Oc4 - Antibiotic resistance determinants in bacteria isolated from public wells in Ialomița County, Romania: relevance to community-acquired infections**

**Florența-Oana Moise, Rareș Ionuț Dragomir, Cristin Măiță, Diana Malai, Grigore Mihăescu, Ilda Barbu Czobor**

Departament for Botanics and Microbiology, Faculty of Biologu, University of Bucharest

**Objectives**: The study aimed to investigate the presence of bacteria carrying antibiotic resistance determinants in public well water from Ialomița County, Romania. Genomic characterisation assessed resistance genes, their association with mobile genetic elements and virulence factors of clinical relevance.

**Materials and methods:** Twenty-one isolates recovered in 2024–2025 from 100 samples collected from 95 rural public wells were analysed. Genomes were sequenced using Illumina, assembled de novo and typed by MLST. *Escherichia coli* serotypes and pathotypes were assessed using ECTyper. Resistance genes, virulence factors and plasmid replicons were detected using ABRicate, and mobile genetic elements using MGEfinder.

**Results:** The isolates included 8 *Enterococcus faecalis*, 5 *E. faecium* and 8 *Enterobacterales* (4 *E. coli*, 2 *E. cloacae*, 1 *Klebsiella oxytoca*, 1 *K. aerogenes*). *E. coli* ST657 carried blaCTX-M-1, encoding an extended-spectrum β-lactamase (ESBL) relevant to cephalosporin resistance; tet(A) and sul2 were located on a contig bearing an IncI1 replicon. *E. coli* ST685 carried blaTEM-1, tet(A), aph(3'')-Ib and aph(6)-Id on a contig bearing an IncF replicon, together with qnrS1 and the alpha-haemolysin operon. One O136 isolate carried eae and LEE-associated genes but lacked stx, consistent with enteropathogenic *E. coli* (EPEC). EPEC and ST685 originated from two distinct wells within the same locality. *E. coli* ST410 and *Klebsiella oxytoca* carrying yersiniabactin-associated genes were also identified.

**Conclusions**: The investigated water contained bacteria carrying clinically relevant resistance determinants, including an ESBL gene, alongside a diarrhoeagenic pathotype. These findings support antimicrobial resistance monitoring in public wells and documenting consumption of this water during epidemiological investigations of gastroenteritis and community-acquired infections caused by resistant *Enterobacterales*.

***

**CO5 - Bacterii rare întâlnite în patologia tractului urinar**

**Gabriel Ionescu[1,2], Adriana Dumitru[1], Doris Ionescu[1,2], Daniela Cristea[1], Mihaela Oprea[1], Sorin Dinu[1]**

1 - Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

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

**Obiective:** Aducerea în atenția profesioniștilor din laboratoarele de microbiologie clinică a unor bacterii mai rar întâlnite în patologia tractului urinar, circumstanțele în care acestea apar și pot fi identificate cu tehnologiile de astăzi.

**Materiale și metode:** Un număr de 3000 uroculturi efectuate în Laboratorul de analize medicale între 01.01.2025-30.09.2026 prin cultivare pe geloză sânge, CLED și Brilliance UTI agar, urmată de teste biochimice clasice, VITEK 2Compact și MALDI-TOF. Studierea literaturii de specialitate în baza de date Medline utilizînd cuvinte cheie: urinary tract, UTI, rare pathogens, unusual bacteria.

**Rezultate și discuții:** Au fost izolate tulpini ale unor specii care nu se întâlnesc în mod obișnuit în infecții urinare: *Achromobacter xylosoxidans*, *Aerococcus urinae*, *Alcaligenes faecalis*, *Burcholderia cepacia*, *Citrobacter*, *Morganella*, *Providencia*, *Serratia*, sub 1% din totalul probelor analizate. Pe lângă acestea, în literatură au fost descrise cazuri rare, dintre care unele fastidioase sau anaerobe precum: *Actinotignum schaalii*, *Actinomyces urogenitalis*, *Alloscardovia omnicolens*, *Corynebacterium urealyticum*, *C. glucuronolyticum*, *C. riegelii*, *C. aurimucosum*, *C. amycolatum*, *C. minutissimum*, *Dermabacter hominis*, *Facklamia hominis*, *Globicatella sanguinis*, *Gleimia europaea/G. hominis*, *Hoylesella timonensis*, *Oligella urethralis/O. ureolytica*, *Pantoea agglomerans*, *Peptostreptococcus anaerobius*, *Prevotella bivia*, *Pseudoglutamicibacter* (*P. cumminsii*, *P. albus*), *Schaalia turicensis/S. radingae*, *Thomasclavelia ramosa* (fost *Clostridium ramosum*), *Trueperella bernardiae*, *Varibaculum cambriense*, *Winkia neuii*. Discuțiile se concentrează pe următoarele aspecte:

- analiza condițiilor preexistente (imunosupresia, diabetul, vârstnici, pacienți cu uropatii, prezența cateterelor urinare etc.);
- subdiagnosticarea din cauza limitării la cultura standard, multe laboratoare neavând metode sensibile de cultură îmbogățită (metaculturomică) și bazate pe AND (metagenomică);
- unele specii au fost greșit identificate inițial sau au fost reconsiderate ca și contaminanți după repetarea uroculturii și analiza mai atentă a contextului clinic.

**Concluzie:** În absența unor metode sensibile de izolare și identificare și fără cunoașterea contextului clinic, încadrarea într-una din categoriile contaminare, colonizare sau infecție rămâne o decizie dificilă.

**OC5 - Rare bacteria encountered in urinary tract pathology**

**Gabriel Ionescu[1,2], Adriana Dumitru[1], Doris Ionescu[1,2], Daniela Cristea[1], Mihaela Oprea[1], Sorin Dinu[1]**

1 - "Cantacuzino" National Medico-Military Institute for Research and Development

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

**Objectives:** Bringing to the attention of clinical microbiology laboratory professionals some bacteria that are more rarely encountered in urinary tract pathology, the circumstances in which they occur, and how they can be identified with today's technologies.

**Materials and methods:** A total of 3000 urine cultures performed in the Medical Analysis Laboratory between 01.01.2025-30.09.2026, by culture on blood agar, CLED and Brilliance UTI agar, followed by classical biochemical tests, VITEK 2 Compact and MALDI-TOF. Review of the literature in the Medline database using the keywords: urinary tract, UTI, rare pathogens, unusual bacteria.

**Results and discussion:** Strains of species not commonly encountered in urinary infections were isolated: *Achromobacter xylosoxidans*, *Aerococcus urinae*, *Alcaligenes faecalis*, *Burcholderia cepacia*, *Citrobacter*, *Morganella*, *Providencia*, *Serratia*, less than 1% of the total samples analyzed. In addition, the literature has described rare cases involving species such as fastidious or anaerobic species: *Actinotignum schaalii*, *Actinomyces urogenitalis*, *Alloscardovia omnicolens*, *Corynebacterium urealyticum*, *C. glucuronolyticum*, *C. riegelii*, *C. aurimucosum*, *C. amycolatum*, *C. minutissimum*, *Dermabacter hominis*, *Facklamia hominis*, *Globicatella sanguinis*, *Gleimia europaea/G. hominis*, *Hoylesella timonensis*, *Oligella urethralis/O. ureolytica*, *Pantoea agglomerans*, *Peptostreptococcus anaerobius*, *Prevotella bivia*, *Pseudoglutamicibacter* (*P. cumminsii*, *P. albus*), *Schaalia turicensis/S. radingae*, *Thomasclavelia ramosa* (fost *Clostridium ramosum*), *Trueperella bernardiae*, *Varibaculum cambriense*, *Winkia neuii*. The discussion focuses on the following aspects:

- analysis of pre-existing conditions (immunosuppression, diabetes, advanced age, patients with uropathies, presence of urinary catheters, etc.);
- underdiagnosis due to the limitation to standard culture, as many laboratories lack sensitive enriched culture methods (metaculturomics) and DNA-based methods (metagenomics);

- some species were initially misidentified or were reconsidered as contaminants after repeating the urine culture and analyzing the clinical context more closely.

**Conclusion:** In the absence of sensitive isolation and identification methods, and without knowledge of the clinical context, classifying a finding as contamination, colonization or infection remains a difficult decision.

***

**R2 - Colonizare, infecție sau contaminare? Una dintre cele mai dificile decizii din microbiologia clinică**

**Monica Licker[1,2], Corina Mușuroi[1,2], Andreea Hărăguș[2,3], Delia Muntean[1,2]**

1 - Centrul multidisciplinar de cercetare a rezistenței la antibiotice (MULTIREZ), Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

2 - Laboratorul de Microbiologie, Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brânzeu", Timișoara

3 - Școala doctorală, Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș", Timișoara

**Obiective**: Interpretarea unui rezultat microbiologic pozitiv poate reprezenta uneori una dintre provocările majore din microbiologia clinică. Detectarea unui microorganism într-o probă clinică nu indică neapărat o infecție și trebuie diferențiată de colonizare sau contaminare. Această distincție este deosebit de dificilă în cazul pacienților spitalizați, al celor cu dispozitive medicale implantate, al pacienților imunocompromiși și al cazurilor care implică organisme multirezistente. Scopul acestei lucrări este de a evidenția criteriile microbiologice și clinice necesare diferențierii dintre colonizare, infecție și contaminare și de a sublinia rolul microbiologului în interpretarea și comunicarea corectă a rezultatelor.

**Metode utilizate**: Această lucrare oferă o prezentare practică a principalilor factori implicați în interpretarea rezultatelor microbiologice pozitive, inclusiv tipul și calitatea probei, localizarea anatomică, microorganismul identificat, încărcătura microbiană, creșterea monomicrobiană sau polimicrobiană și contextul clinic. Sunt utilizate cazuri clinice selectate pentru a ilustra provocările diagnostice frecvente care implică probele de urină, sânge, tract respirator sau cele prelevate din plăgi.

**Concluzii**: Același rezultat microbiologic poate avea o semnificație clinică diferită în funcție de pacient și de probă. Bacteriuria la pacienții cateterizați, izolarea stafilococilor coagulazo negativi din hemoculturi, izolarea *Pseudomonas aeruginosa* din probele respiratorii și creșterea polimicrobiană din rănile provocate de arsuri ilustrează dificultatea de a distinge între colonizare, infecție și contaminare. O atenție deosebită

trebuie acordată organismelor multi drog sau extensiv rezistente (MDR/XDR), subliniindu-se faptul că rezistența la antimicrobiene nu constituie, în sine, un criteriu pentru stabilirea diagnosticului de infecție clinică. O interpretare corectă necesită integrarea rezultatelor microbiologice cu semnele clinice, calitatea probelor și sursa presupusă a infecției. Rolul microbiologului depășește identificarea microorganismelor și testarea sensibilității la antimicrobiene. Interpretarea corectă a rezultatelor microbiologice și comunicarea eficientă cu medicii clinicieni sunt esențiale pentru a distinge colonizarea de infecție, a recunoaște o posibilă contaminare, a evita terapia antimicrobiană inutilă și a sprijini gestionarea adecvată a pacientului.

**R2 - Colonization, infection, or contamination? One of the most challenging decisions in clinical microbiology**

**Monica Licker[1,2], Corina Mușuroi[1,2], Andreea Hărăguș[2,3], Delia Muntean[1,2]**

1 - Multidisciplinary Centre for antibiotic resistance research (MULTIREZ), "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

2 - Microbiology Laboratory, "Pius Brânzeu" Clinical County Emergency Hospital Timișoara

3 - Doctoral School, "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: Interpretation of a positive microbiological result may sometimes represent one of the major challenges in clinical microbiology. Detection of a microorganism in a clinical specimen does not necessarily indicate infection and must be differentiated from colonization or contamination. This distinction is particularly challenging in hospitalized patients, those with indwelling medical devices, immunocompromised patients, and cases involving multidrug-resistant organisms. The aim of this presentation is to highlight the microbiological and clinical criteria required to distinguish between colonisation, infection and contamination, and to emphasise the role of the microbiology specialist in the correct interpretation and communication of results.

**Methods**: This presentation provides a practical review of the main factors involved in the interpretation of positive microbiological results, including specimen type and quality, anatomical site, microorganism identified, bacterial burden, mono- or polymicrobial growth, and clinical context. Selected clinical scenarios are used to illustrate common diagnostic challenges involving urine, blood, respiratory specimens, and wound samples.

**Conclusions**: The same microbiological finding may have different clinical significance depending on the patient and specimen. Bacteriuria in catheterized patients, isolation of coagulase-negative staphylococci from blood cultures, recovery of *Pseudomonas*

*aeruginosa* from respiratory specimens, and polymicrobial growth from burn wounds illustrate the difficulty of distinguishing colonization, infection, and contamination. Particular attention is given to multidrug or extensively drug-resistant (MDR/XDR) organisms, emphasizing that antimicrobial resistance alone does not establish clinical infection. Appropriate interpretation requires integration of microbiological findings with clinical signs, specimen quality, and the suspected source of infection. The microbiologist's role extends beyond microorganism identification and antimicrobial susceptibility testing. Accurate interpretation of microbiological results and effective communication with clinicians are essential to distinguish colonization from infection, recognize probable contamination, avoid unnecessary antimicrobial therapy, and support appropriate patient management.

## SESIUNEA a II-a
## AMR 2026: DE LA SUPRAVEGHERE LA ACȚIUNE

### CO6 - Concordanța Genotip-Fenotip între Carbapenemaze și Rezistența Fenotipică

**Alice Ghenea, Alexandra Bucătaru, Lidia Boldeanu, Mihail Eugen Arnăutu, Ovidiu Zlatian, Oana Mariana Cristea, Maria Bălășoiu**

Disciplina Microbiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie Craiova

**Obiective**: Detecția moleculară rapidă a determinanților rezistenței antimicrobiene poate optimiza terapia antimicrobiană înainte ca testarea convențională a sensibilității să fie disponibilă. Totuși, utilitatea clinică depinde de concordanța dintre genele de rezistență detectate și sensibilitatea fenotipică. Acest studiu a evaluat concordanța genotip–fenotip a genelor carbapenemazelor și beta-lactamazelor detectate prin platforma multiplex-PCR față de profilurile de sensibilitate bazate pe CMI, obținute prin metoda fenotipică a microdiluțiilor.

**Metode utilizate**: Au fost analizate 117 tulpini bacteriene neduplicate, de la pacienți internați în Spitalul Clinic Județean de Urgență Craiova. Genele de rezistență la beta-lactamine (blaKPC, blaOXA-48, blaOXA-23, blaCTX-M, blaTEM) și la aminoglicozide, fluorochinolone și sulfonamide au fost identificate cu Unyvero multiplex-PCR. Testarea fenotipică a fost efectuată cu sistemul VITEK®2, conform criteriilor EUCAST. Concordanța a fost evaluată prin sensibilitate, specificitate, VPP, VPN și coeficientul kappa al lui Cohen.

**Rezultate și concluzii**: În total, 78,8% (78/99) dintre izolate au fost non-susceptibile la carbapeneme. Gena cel mai frecvent detectată a fost blaOXA-48 (n = 12), urmată de blaKPC (n = 9) și blaOXA-23 (n = 3). blaKPC a avut o sensibilitate de 100% pentru rezistența la imipenem la *Enterobacterales*, cu coeficient moderat (κ = 0,58), iar blaOXA-23 a avut performanță diagnostică completă (100%) pentru rezistența la carbapeneme la

*Acinetobacter baumannii*. Toate izolatele blaOXA-48-pozitive au rămas sensibile fenotipic la carbapeneme, indicând o concordanță slabă. blaCTX-M, gyrA83/87 și qnrA/B/S au avut, de asemenea, performanță diagnostică limitată. Concordanța genotip–fenotip variază în funcție de genă și specie bacteriană. Detecția blaKPC și blaOXA-23 poate sprijini optimizarea precoce a terapiei, iar blaOXA-48 trebuie interpretată împreună cu testarea fenotipică convențională. Integrarea diagnosticului molecular rapid cu testarea fenotipică poate îmbunătăți administrarea antimicrobienelor și managementul infecțiilor Gram-negative multidrog-rezistente.

**Genotype-Phenotype Concordance between Carbapenemase Genes and Phenotypic resistance**

**Alice Ghenea, Alexandra Bucătaru, Lidia Boldeanu, Mihail Eugen Arnăutu, Ovidiu Zlatian, Oana Mariana Cristea, Maria Bălășoiu**

Chair of Microbiology, University of Medicine and Pharmacy Craiova

**Objectives**: Rapid molecular detection of antimicrobial resistance determinants may optimize antimicrobial therapy before conventional susceptibility testing is available. However, clinical utility depends on concordance between detected resistance genes and phenotypic susceptibility. This study evaluated the genotype–phenotype concordance of carbapenemase and β-lactamase genes detected by the Unyvero multiplex-PCR platform against MIC-based susceptibility profiles obtained by phenotypic microdilution method in Gram-negative clinical isolates.

**Methods**: A total of 117 non-duplicate Gram-negative clinical isolates from patients hospitalized in County Clinical Emergency Hospital of Craiova were analyzed. Resistance determinants (blaKPC, blaOXA-48, blaOXA-23, blaCTX-M, blaTEM) along with aminoglycoside, fluoroquinolone, and sulfonamide resistance markers were identified using Unyvero multiplex-PCR. Phenotypic susceptibility testing was performed with the VITEK®2 automated system per EUCAST criteria. Concordance was assessed using sensitivity, specificity, PPV, NPV, and Cohen's κ.

**Results and conclusions**: Overall, 78.8% (78/99) of isolates were non-susceptible. blaOXA-48 was the most frequently detected carbapenemase gene (n = 12), followed by blaKPC (n = 9) and blaOXA-23 (n = 3). blaKPC showed 100% sensitivity for predicting imipenem resistance in *Enterobacterales*, with moderate agreement (κ = 0.58), while blaOXA-23 showed complete diagnostic performance (100% sensitivity and PPV) for carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii*. All blaOXA-48-positive Enterobacterales remained phenotypically susceptible to carbapenems, indicating poor concordance. blaCTX-M, gyrA83/87, and qnrA/B/S likewise showed limited diagnostic performance. Genotype–phenotype concordance varies across resistance determinants

and Gram-negative species. Detection of blaKPC and blaOXA-23 may support early optimization of antimicrobial therapy, whereas blaOXA-48 should be interpreted alongside conventional phenotypic testing. Integrating rapid molecular diagnostics with phenotypic susceptibility testing may improve antimicrobial stewardship and the management of multidrug-resistant Gram-negative infections.

***

**CO7 - Dincolo de microbiologia convențională: este metagenomica pregătită pentru practica curentă?**

**Ovidiu Sîrbu**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Obiective**: Analiza metagenomică a datelor de secvențiere de nouă generație (mNGS) promite detecția fără ipoteză prealabilă a bacteriilor, fungilor, virusurilor, paraziților și genelor de rezistență direct din probele clinice. Platformele long-reads adaugă în plus generarea informațiilor în timp real și asocierea genelor de rezistență cu organismul purtător. În acest studiu am evaluat stadiul implementării mNGS în rutina clinică, pe patru dimensiuni distincte - performanța analitică, implementarea operațională, utilitatea clinică și statutul reglementar - și am raportat barierele identificate la experiența centrului regional de metagenomică în curs de dezvoltare la Timișoara.

**Metode utilizate**: Prin interogări PubMed structurate am identificat 265 de înregistrări care au fost supuse extracției structurate: design, platformă, probă, comparator, sensibilitate, specificitate, timp de răspuns, conduită, limitări. Pentru 47 de studii cu date pereche (aceleași probe), diferențele de sensibilitate au fost analizate cu testul Wilcoxon. Serviciile acreditate au fost verificate în documentația oficială și datele de acreditare accesibile online.

**Concluzii**: În toate cele 47 de comparații, mNGS a detectat mai mult (sensibilitate mediană 88,5% vs. 47,6%; +39,3 p.p., IQR 24,5–50,6; $p = 2{,}4\times10^{-9}$), maxim în infecțiile sanguine. Conduita s-a modificat în 43% din cazuri (mediană). Problematica legată de interpretare (129 de studii), utilitatea clinică (123) și lipsa standardizării/EQA (119) au fost citate mai des decât costul (20).

Există doar patru servicii acreditate/de rutină, toate de linia a doua; primul studiu randomizat adecvat dimensionat a ratat obiectivul primar. Dacă detecția per se prin mNGS este în mare parte rezolvată, rămân încă deficitare interpretarea, standardizarea și dovada beneficiului clinic.

**OC7 - Clinical metagenomics: are we there yet?**

**Ovidiu Sîrbu**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: Metagenomic next-generation sequencing (mNGS) promises hypothesis-free detection of bacteria, fungi, viruses, parasites and resistance genes directly from clinical specimens, independently of culture. Long-read (nanopore) platforms add real-time data delivery and linkage of resistance genes to their host organism. We assessed whether clinical mNGS is ready for routine microbiology practice across four distinct dimensions – analytical performance, operational implementation, clinical utility and regulatory status – and mapped the identified barriers onto the experience of the regional metagenomics centre under development in Timișoara.

**Methods**: We performed structured PubMed queries and retrieved 265 unique records with usable data, which underwent structured extraction: design, platform, specimen, comparator, sensitivity, specificity, turnaround, management change, limitations. Forty-seven studies reported paired mNGS and comparator sensitivity on the same specimens; differences were tested with the Wilcoxon signed-rank test. Accredited or routine services were verified against service documentation and accreditation records.

**Conclusions**: In all 47 paired comparisons mNGS detected more (median sensitivity 88.5% vs 47.6%; gain 39.3 percentage points, IQR 24.5–50.6; $p = 2.4\times10^{-9}$), most markedly in bloodstream infection. Management changed in a median 43% of cases. Interpretation (129 studies), unproven clinical utility (123) and absent standardization/EQA (119) were cited far more often than cost (20). Only four accredited or routine services were identified, all second-line, and the first adequately powered randomized trial missed its primary endpoint. Detection is largely solved; interpretation, standardization and proof of patient benefit remain.

***

**CO8 - Detecția producerii de carbapenemază la *Acinetobacter baumannii* izolate in perioada 2023-2026 în Institutul Național de Boli Infecțioase "Prof Dr. Matei Balș"**

**Alexandru Mihai [1,2], Cristina Badea[2], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Rafila[1,2], Gabriel Adrian Popescu[1,2]**

1 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof Dr. Matei Balș"

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”

**Obiective**: Detectarea prezenței și a tipurilor de carbapenemază la tulpinile de *A. baumannii* rezistente la carbapeneme, izolate din probele biologice ale pacienților

internați în I.N.B.I. "Prof. Dr. Matei Bals" în perioada 01.07.2023 – 30.06.2026.

**Metode utilizate**: Identificarea tulpinilor bacteriene s-a realizat prin spectrometrie de masă Microflex Biotyper (Bruker Daltonics) și VITEK® MS PRIME (bioMérieux) iar testarea susceptibilității la antimicrobiene a fost efectuată prin determinarea concentrației minime inhibitorii utilizând sistemul Micronaut (MERLIN Diagnostika GmbH) sau Vitek 2 Compact (bioMérieux). După eliminarea dublurilor ți aplicarea criteriilor de includere în studiu s-au selectat 131 de tulpini unice de *A. baumannii* cu CMI la meropenem > 8 mg/L și/sau la imipenem > 4 mg/L și s-a determinat producerea de carbapenemază utilizând teste imunocromatografice – kit-ul Resist Acineto (CORIS BioConcept).

**Rezultate:** Cele 131 de tulpinile rezistente la carbapeneme au fost testate pentru determinarea producerii de carbapenemază, 129 fiind pozitive și două negative. Dintre tulpinile producatoare de carbapenemaze, 54,9% au fost pozitive pentru 2 tipuri de carbapenemaze (32,8% NDM+OXA-23 și 22,1% OXA-23+OXA-40/58), 41,2% producatoare de o singură carbapenemază (24,4% OXA-40/58 și 16,8% OXA-23) si doar 2,3% de tripla carbapenemază (NDM+OXA-23+OXA-40/58).

**Concluzii**: Cele mai multe tulpini, 74% au fost producatoare de OXA-23 (singură sau în asociere) urmata de OXA-40/58 (41.2% - singură sau în asociere) pe ultimul loc NDM (35.1% - doar in combrinatie cu OXA-23). La 55,2% dintre tulpini s-a detectat producerea a două carbapenemaze si intr-un procent mic de 2,3% s-a detectat prezenta celor trei carbapenemaze simulan. Nicio tulpină nu a fost producatoare a combinației OXA-40/58 cu NDM.

**OC8 - Detection of carbapenemase production in *Acinetobacter baumannii* isolates collected between 2023 and 2026 at the National Institute for Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș"**

**Alexandru Mihai [1,2], Cristina Badea[2], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Rafila[1,2], Gabriel Adrian Popescu[1,2]**

1 - National Institute for Infectious Diseases "Prof Dr. Matei Balș"

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

**Objectives**: Detect the presence and determine the types of carbapenemases in carbapenem-resistant *A. baumannii* strains isolated from clinical specimens collected from patients hospitalized at the National Institute for Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș" between July 1, 2023, and June 30, 2026.

**Methods**: Bacterial strains were identified using Microflex Biotyper mass spectrometry (Bruker Daltonics) and VITEK® MS PRIME (bioMérieux). Antimicrobial susceptibility testing was performed by determining the minimum inhibitory concentration (MIC)

using either the Micronaut system (MERLIN Diagnostika GmbH) or VITEK® 2 Compact (bioMérieux). After removing duplicate isolates and applying the study inclusion criteria, 131 unique A. baumannii isolates with a meropenem MIC > 8 mg/L and/or an imipenem MIC > 4 mg/L were selected. Carbapenemase production was assessed using an immunochromatographic assay (Resist Acineto kit, CORIS BioConcept).

**Results:** All 131 carbapenem-resistant isolates were tested for carbapenemase production; 129 tested positive and two tested negative. Among the carbapenemase-producing isolates, 54.9% were positive for two carbapenemase types (32.8% NDM + OXA-23 and 22.1% OXA-23 + OXA-40/58), 41.2% produced a single carbapenemase (24.4% OXA-40/58 and 16.8% OXA-23), and only 2.3% produced three carbapenemases (NDM + OXA-23 + OXA-40/58).

**Conclusions**: Most isolates (74%) produced OXA-23, either alone or in combination with other carbapenemases, followed by OXA-40/58 (41.2%), either alone or in combination. NDM ranked third (35.1%) and was detected only in combination with OXA-23. Two carbapenemases were detected in 55.2% of the isolates, while the simultaneous presence of all three carbapenemases was detected in a small proportion (2.3%). No isolate co-produced OXA-40/58 and NDM.

***

**CO9 - Planul succesului: cum a transformat METAGEN o idee de grant într-o infrastructură științifică regională**

**Iulia-Andreea Pînzaru**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Obiective**: Pandemia COVID-19 a accelerat dezvoltarea expertizei în secvențiere genomică la Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" din Timișoara (UMFVBT), confirmând utilitatea acestei tehnologii în supravegherea agenților patogeni. Competențele dobândite au generat ideea extinderii aplicațiilor secvențierii către metagenomică și investigarea rezistenței la antimicrobiene (AMR). Lucrarea prezintă parcursul de la această idee la elaborarea și implementarea proiectului transfrontalier METAGEN (ROHU00049, Interreg VI-A România–Ungaria) și înființarea Metagenomic Reference Center (MRC), o infrastructură științifică regională dedicată cercetării metagenomice și supravegherii genomice a AMR.

**Metode utilizate**: Sunt prezentate etapele transformării expertizei existente într-o infrastructură științifică regională: identificarea nevoii, elaborarea conceptului,

constituirea parteneriatului cu Universitatea din Szeged și Asociația OncoHelp, planificarea investiției, reconversia spațiilor, dotarea, organizarea instituțională și autorizarea sanitară. MRC integrează un flux analitic unidirecțional, cu spații distincte pentru recepția probelor, extracția acizilor nucleici, PCR, secvențiere Oxford Nanopore (MinION, GridION, PromethION), analiză bioinformatică, completate de facilități pentru conservarea probelor și cercetarea bacteriofagilor. Activitățile includ caracterizarea genomică a izolatelor bacteriene, analiza probelor biologice clinice și monitorizarea prospectivă a apelor uzate spitalicești, prin prelevare săptămânală și secvențiere metagenomică shotgun.

**Rezultate**: În mai puțin de un an de la demararea proiectului METAGEN, un spațiu universitar dezafectat a fost reconvertit într-un centru specializat de metagenomică. MRC a fost înființat ca structură independentă a UMFVBT, cu laboratoare funcționale din aprilie 2026 și autorizație sanitară de funcționare obținută în august 2026. Dincolo de investiția în echipamente, proiectul a consolidat o echipă multidisciplinară de microbiologi, specialiști în metagenomică și diagnostic molecular, bioinformaticieni și tineri cercetători, implicați inclusiv ca formatori în instruirile transfrontaliere. MRC desfășoară activități de cercetare și supraveghere genomică a AMR, iar monitorizarea apelor uzate spitalicești creează premisele corelării rezistomului de mediu cu datele microbiologice clinice. În abordare One Health, colaborările s-au extins dincolo de parteneriatul inițial, incluzând Aquatim S.A. și Agenția Națională pentru Sănătate Publică din Republica Moldova.

**Concluzii**: Experiența METAGEN arată că expertiza acumulată într-un context de criză sanitară poate genera o viziune de dezvoltare instituțională, transpusă într-un proiect european și materializată într-o infrastructură funcțională. Identificarea unei nevoi reale, complementaritatea partenerilor și managementul riguros al implementării au fost factori-cheie ai acestui parcurs. MRC reprezintă astfel o capacitate științifică regională cu perspective de sustenabilitate dincolo de perioada finanțării, oferind un model replicabil de dezvoltare a infrastructurii de cercetare.

**OC9 - Blueprint for Success: How METAGEN Turned a Grant Idea into a Regional Scientific Infrastructure**

**Iulia-Andreea Pînzaru**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: The COVID-19 pandemic accelerated the development of genomic sequencing expertise at the "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara (UMFVBT), confirming the value of this technology in pathogen surveillance. The competencies acquired gave rise to the idea of extending sequencing applications to

metagenomics and the investigation of antimicrobial resistance (AMR). This paper outlines the path from this idea to the design and implementation of the cross-border project METAGEN (ROHU00049, Interreg VI-A Romania–Hungary) and the establishment of the Metagenomic Reference Center (MRC), a regional scientific infrastructure dedicated to metagenomic research and genomic surveillance of AMR.

**Methods**: The stages of transforming existing expertise into an institutionalised scientific research infrastructure are presented: needs assessment, concept development, partnership building with the University of Szeged and the OncoHelp Association, investment planning, facility conversion, equipping, institutional organisation and health authority licensing. The MRC integrates a unidirectional analytical workflow, with dedicated areas for sample reception, nucleic acid extraction, PCR, Oxford Nanopore sequencing (MinION, GridION, PromethION) and bioinformatic analysis, complemented by facilities for sample biobanking and bacteriophage research. Activities include genomic characterisation of bacterial isolates, analysis of clinical biological samples and prospective monitoring of hospital wastewater through weekly sampling and shotgun metagenomic sequencing.

**Results**: Within less than a year of the start of the METAGEN project, a disused university space was converted into a specialised metagenomics centre. The MRC was established as an independent structure of UMFVBT, with laboratories operational since April 2026 and a health authority operating licence obtained in August 2026. Beyond the investment in equipment, the project consolidated a multidisciplinary team of microbiologists, specialists in metagenomics and molecular diagnostics, bioinformaticians and early-career researchers, who also served as trainers in the cross-border training sessions. The MRC conducts research and genomic surveillance of AMR, while hospital wastewater monitoring lays the groundwork for correlating the environmental resistome with clinical microbiological data. Following a One Health approach, collaborations have extended beyond the original partnership to include Aquatim S.A. and the National Agency for Public Health of the Republic of Moldova.

**Conclusions:** The METAGEN experience shows that expertise gained in the context of a public health crisis can generate a vision for institutional development, translated into a European project and materialised as a functional infrastructure. Identification of a genuine need, complementarity of partners and rigorous implementation management were key factors along this path. The MRC thus represents a regional scientific capacity with prospects for sustainability beyond the funding period, offering a replicable model for research infrastructure development.

***

**CO10 - EUCAST Pocket – Ghidul EUCAST mereu la îndemână**

**Florin George Horhat, Larisa Marusca, Cristina Blaga, Iulia Bagiu**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Introducere**: Interpretarea corectă a testării sensibilității la antimicrobiene necesită consultarea tabelelor de breakpoint-uri clinice, a notelor explicative, a recomandărilor privind expunerea, a regulilor de interpretare și a documentelor metodologice EUCAST. Actualizarea periodică a acestor resurse și distribuirea informației în documente diferite pot îngreuna identificarea rapidă a recomandării relevante în activitatea curentă.

**Obiectiv**: Prezentarea conceptului EUCAST Pocket, un instrument digital destinat accesului rapid și structurat la informațiile necesare interpretării și raportării rezultatelor testării sensibilității la antimicrobiene.

**Conținut**: EUCAST Pocket este conceput pentru căutarea informației în funcție de microorganism, agent antimicrobian, metodă de testare și context clinic. Instrumentul urmărește afișarea breakpoint-urilor relevante, a categoriilor S, I și R, a notelor asociate și a informațiilor privind expunerea necesară. Sunt avute în vedere și situațiile care necesită utilizarea unor documente dedicate, precum testarea rapidă direct din hemoculturi pozitive, breakpoint-urile dependente de indicație și combinațiile microorganism-antimicrobian pentru care nu există breakpoint clinic. Utilizarea va fi ilustrată prin cazuri practice, cu accent pe semnificația categoriei I – susceptibil la expunere crescută – și pe riscurile interpretării unui rezultat fără consultarea notelor EUCAST.

**Concluzii:** EUCAST Pocket poate reduce timpul necesar identificării informației relevante și poate facilita aplicarea consecventă a recomandărilor EUCAST. Instrumentul trebuie să asigure trasabilitatea sursei, afișarea versiunii utilizate și semnalarea situațiilor care nu permit interpretarea. Acesta nu înlocuiește documentele oficiale EUCAST, validarea metodei sau responsabilitatea profesională a microbiologului. Utilitatea sa depinde de actualizarea continuă a conținutului și de integrarea rezultatului în contextul microbiologic și clinic.

**Cuvinte-cheie**: EUCAST; sensibilitate la antimicrobiene; breakpoint clinic; antibiogramă; microbiologie clinică; instrument digital.

**OC10 - EUCAST Pocket – EUCAST Guidance at Your Fingertips**

**Florin George Horhat, Larisa Marusca, Cristina Blaga, Iulia Bagiu**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Introduction**: Accurate interpretation of antimicrobial susceptibility testing requires consultation of EUCAST clinical breakpoint tables, explanatory notes, exposure

recommendations, interpretive rules and methodological guidance. Regular updates and the distribution of relevant information across multiple documents may make it difficult to retrieve the appropriate recommendation rapidly during routine laboratory work.

**Objective**: To present the concept of EUCAST Pocket, a digital tool designed to provide rapid and structured access to information required for the interpretation and reporting of antimicrobial susceptibility testing results.

**Content:** EUCAST Pocket is designed to retrieve information according to the microorganism, antimicrobial agent, testing method and clinical context. The tool aims to display the relevant clinical breakpoints, S, I and R categories, associated notes and exposure requirements. It also addresses situations requiring dedicated EUCAST documents, including rapid antimicrobial susceptibility testing directly from positive blood culture bottles, indication-specific breakpoints and organism–antimicrobial combinations for which no clinical breakpoint is available. Practical cases will illustrate its use, with particular emphasis on the meaning of category I – susceptible, increased exposure – and on the risks of interpreting results without reviewing the corresponding EUCAST notes.

**Conclusions**: EUCAST Pocket may shorten the time required to identify relevant information and support consistent application of EUCAST recommendations. The tool should provide source traceability, clearly display the version in use and identify situations in which interpretation cannot be performed. It does not replace official EUCAST documents, method validation or the professional responsibility of the clinical microbiologist. Its utility depends on continuous content updates and on integrating susceptibility results with the microbiological and clinical context.

**Keywords**: EUCAST; antimicrobial susceptibility testing; clinical breakpoint; antibiogram; clinical microbiology; digital tool.

***

**CO11 - *Klebsiella pneumoniae* hipervirulentă: o nouă provocare pentru patologia infecțioasă**

**Maria Nica[1,2], Mihaela Oprea[3], Raluca Iurea[1], Sorin Dinu[3], Corina Oprișan[1,2], Amalia Dascălu[1], Maricela Vlasie[2], Ștefan Lazăr[1,2]**

1 - Spitalul Clinic de boli infecțioase și tropicale „Victor Babeș”

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

3 - Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino",

Laboratorul de Epidemiologie Moleculară pentru Boli Transmisibile

**Obiective**: Analiza fenotipică și genotipică a 15 tulpini nerepetitive de *Klebsiella pneumoniae* hipervirulenta/ hvKp, izolate din prelevate patologice, recoltate de la pacienți internați în Spitalul Clinic de Boli Infecțioase și Tropicale „Dr. V. Babeș" (SVB) în perioada 01.01.2025- 31.03.2026.

**Metode utilizate**: Diagnosticul microbiologic standard conform procedurilor Laboratorului de Microbiologie (izolare, identificare de specie, antibiogramă, string test), utilizând sisteme automate de diagnostic (Bact/ Alert, MALDITOF, Micronaut), Ghidul EUCAST. Izolatele au fost analizate prin secvențierea întregului genom (whole genome sequencing / WGS) în Laboratorul de Epidemiologie Moleculară pentru Boli Transmisibile, Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino", București. ADN-ul genomic a fost secvențiat utilizând platforma Illumina MiSeq. Bibliotecile ADN au fost obținute utilizând Nextera XTDNA Library Preparation Kit și IDT-ILMN Nextera DNA UD Indexes Set A-96. Secvențierea a fost efectuată cu cartușul MiSeqReagent Kit v3, 600 cycles (Illumina).

**Rezultate**: Au fost analizate 15 tulpini de *Klebsiella pneumoniae*/ hvKp (string test pozitiv, screening fenotipic) izolate din: hemocultură/9, urocultură/3, spută/2, puroi abces hepatic/1. 4/15 pacienti au prezentat sepsis cu abcese hepatice, alți 4/15 pacienți sepsis cu abcese hepatice și endoftalmită endogenă. Analiza celor 15 izolate a evidențiat: 4 serotipuri capsulare (K1 la 9/15 izolate), 5 tipuri de secvență (ST23 la 9/15 izolate). 9 izolate ST23-K1 și unul ST380-K2 au prezentat scor Kleborate 5: markeri implicați în hiperproducția de polizaharid capsular, transportor membranar peg-344, genele asociate aerobactinei, salmochelinei, yersiniabactinei și colibactinei. Analiza plasmidială a evidențiat prezența plasmidelor asociate virulenței tip IncFIB- IncHI1B. 5 hvKp care au aparținut scorurilor Kleborate 1 și 3 au prezentat plasmide de rezistență (blaSHV-1, blaSHV-2, blaCTX-M15, blaOXA-1 etc).

**Concluzii**: Rezultatele evidențiază utilitatea WGS pentru caracterizarea simultană a virulenței, rezistenței antimicrobiene, a conținutului în plasmide și evidențierea relațiilor clonale ale izolatelor de *Klebsiella pneumoniae* hvKp cu potențial clinic de gravitate și risc epidemiologic crescut.

**OC11 - Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: a new challenge for infectious disease pathology**

**Maria Nica[1,2], Mihaela Oprea[3], Raluca Iurea[1], Sorin Dinu[3], Corina Oprișan[1,2], Amalia Dascălu[1], Maricela Vlasie[2], Ștefan Lazăr[1,2]**

1 - "Victor Babeș" Clinical Hospital for Infectious and Tropical Diseases

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

3 - "Cantacuzino" National Medical-Military Institute for Research and Development, Laboratory of Molecular Epidemiology of Communicable Diseases

**Objectives**: Phenotypic and genotypic analysis of 15 non-duplicate strains of hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*/ hvKp isolated from clinical samples collected from patients admitted to the "Dr. V. Babeș" Clinical Hospital of Infectious and Tropical Diseases between January 1, 2025, and March 31, 2026.

**Methods**: Standard microbiological diagnosis was performed according to the Microbiology Laboratory's procedures (isolation, species identification, antimicrobial susceptibility testing, string test) using automated diagnostic systems (Bact/Alert, MALDI-TOF, Micronaut) and EUCAST guidelines. The isolates were analyzed via whole-genome sequencing (WGS) at the Laboratory of Molecular Epidemiology for Communicable Diseases, "Cantacuzino" National Military-Medical Research and Development Institute, Bucharest. Genomic DNA was sequenced using the Illumina MiSeq platform. DNA libraries were prepared using the Nextera XT DNA Library Preparation Kit and the IDT-ILMN Nextera DNA UD Indexes Set A- 96. Sequencing was performed using the MiSeq Reagent Kit v3, 600 cycles (Illumina).

**Results:** 15 *Klebsiella pneumoniae*/hvKp strains (positive string test, phenotypic screening) were analyzed, isolated from: blood culture/9, urine culture/3, sputum/2, and hepatic abscess pus/1. 4/15 patients presented with sepsis and hepatic abscesses, another 4 presented with sepsis, hepatic abscesses, and endogenous endophthalmitis. Analysis of the 15 isolates revealed: 4 capsular serotypes (K1 in 9/15 isolates) and 5 sequence types (ST23 in 9/15 isolates). Nine ST23-K1 isolates and one ST380-K2 isolate showed a Kleborate score of 5, exhibiting markers involved in capsular polysaccharide hyperproduction, the peg-344 membrane transporter, and genes associated with aerobactin, salmochelin, yersiniabactin, and colibactin. Plasmid analysis revealed the presence of virulence- associated plasmids of the IncFIB-IncHI1B type. Five hvKp isolates with Kleborate scores of 1 and 3 carried resistance plasmids (e.g., blaSHV-1, blaSHV-2, blaCTX- M15, blaOXA-1).

**Conclusions:** The results highlight the utility of WGS for the simultaneous characterization of virulence, antimicrobial resistance, and plasmid content, as well as for elucidating the clonal relationships of *Klebsiella pneumoniae* hvKp isolates associated with severe clinical potential and increased epidemiological risk.

***

**CO12 - Infecționistul și microbiologul ca parteneri în decizia clinică**

**Norberth-Istvan Varga, Iulia Bagiu, Cristina Blaga, Florin George Horhat**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Obiective**: Relația dintre clinicianul infectionist și medicul microbiolog depășește modelul tradițional în care laboratorul furnizează identificarea agentului etiologic și antibiograma. Integrarea interpretării microbiologice în decizia clinică poate transforma rapiditatea diagnosticului în intervenții terapeutice relevante pentru pacient.

**Metode utilizate**: A fost realizată o sinteză narativă a literaturii recente privind intervențiile colaborative infectionist–microbiolog: comunicarea activă a rezultatelor critice, interpretarea contextuală a rezultatelor, raportarea selectivă a susceptibilității, diagnostic stewardship, intervențiile echipelor de antimicrobial stewardship și modelele de consult sau rond comun.

**Concluzii**: Datele disponibile arată că asocierea diagnosticului microbiologic rapid cu intervenția clinică activă reduce timpul până la terapia optimă, favorizează de-escaladarea și crește proporția tratamentelor definitive adecvate. În bacteriemii, integrarea rezultatelor rapide cu stewardship-ul a fost asociată cu scurtarea timpului până la tratamentul optim și, în meta-analize, cu reducerea mortalității. Intervențiile bazate pe comentarii interpretative, raportare selectivă sau contact direct cu echipa curantă reduc utilizarea inutilă a antibioticelor cu spectru larg și tratamentul contaminanților, pot facilita conversia intravenos–oral și pot limita toxicitatea. Beneficiile asupra duratei spitalizării și mortalității nu sunt însă uniforme între studii.

**OC-12 - The Infectious Diseases Specialist and the Microbiologist as Partners in Clinical Decision-Making**

**Norberth-Istvan Varga, Iulia Bagiu, Cristina Blaga, Florin George Horhat**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: The relationship between the infectious diseases specialist and the clinical microbiologist extends beyond the traditional model in which the laboratory provides pathogen identification and antimicrobial susceptibility testing results. Integrating microbiological interpretation into clinical decision-making can translate rapid diagnostic results into clinically meaningful therapeutic interventions.

**Methods**: A narrative review of recent literature was conducted, focusing on collaborative interventions between infectious diseases specialists and clinical microbiologists, including active communication of critical results, contextual interpretation of microbiological findings, selective antimicrobial susceptibility reporting,

diagnostic stewardship, antimicrobial stewardship team interventions, and joint consultation or ward-round models.

**Conclusions**: Available evidence indicates that combining rapid microbiological diagnostics with active clinical intervention reduces the time to optimal antimicrobial therapy, facilitates de-escalation, and increases the proportion of patients receiving appropriate definitive treatment. In bloodstream infections, integrating rapid diagnostic results with antimicrobial stewardship interventions has been associated with a shorter time to optimal therapy and, in meta-analyses, reduced mortality. Interventions involving interpretive comments, selective susceptibility reporting, or direct communication with the treating team reduce unnecessary broad-spectrum antibiotic use and inappropriate treatment of contaminants, may facilitate intravenous-to-oral antibiotic switching, and may limit treatment-related toxicity. However, benefits regarding hospital length of stay and mortality have not been consistent across studies.

***

**CO13 - Rolul microbiologului clinic în diagnosticul și stewardship-ul antimicrobian**

**Florin George Horhat, Norberth-Istvan Varga, Iulia Bagiu**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Introducere:** Creșterea rezistenței antimicrobiene impune integrarea diagnosticului microbiologic în programele de utilizare judicioasă a antimicrobienelor. Valoarea clinică a laboratorului nu depinde numai de acuratețea și rapiditatea identificării microorganismului, ci și de selecția adecvată a testului, calitatea probei, interpretarea rezultatului și comunicarea sa într- un interval care permite optimizarea tratamentului.

**Obiectiv**: Analiza rolului microbiologului clinic de-a lungul traseului diagnostic și identificarea intervențiilor prin care laboratorul poate contribui la inițierea precoce a terapiei active, de- escaladarea tratamentului empiric și reducerea utilizării nejustificate a antimicrobienelor. **Material și metodă**: A fost realizată o sinteză narativă a ghidurilor profesionale, revizuirilor sistematice, studiilor randomizate și studiilor de implementare privind stewardship-ul diagnostic, metodele rapide de identificare și testare a sensibilității, raportarea selectivă a antibiogramei și utilizarea datelor microbiologice locale.

**Rezultate**: Dovezile disponibile arată că metodele rapide au cel mai mare impact atunci când sunt asociate cu interpretare și comunicare activă. O meta-analiză de rețea care a inclus 88 de studii și 25.682 de episoade de infecție de sânge a asociat diagnosticul rapid combinat cu intervenția programului de stewardship cu reducerea timpului până la

terapia optimă și cu o mortalitate mai mică față de diagnosticul convențional. Studiile randomizate confirmă reducerea timpului până la escaladarea sau de-escaladarea adecvată, dar efectele asupra mortalității și duratei spitalizării sunt mai puțin constante. Intervențiile preanalitice și postanalitice au, de asemenea, efecte măsurabile: cultura reflexă condiționată poate reduce utilizarea antibioticelor pentru infecțiile urinare, iar raportarea selectivă a sensibilității poate limita prescrierea carbapenemelor. Panelurile moleculare sindromice necesită însă interpretare în raport cu probabilitatea pretest, colonizarea, calitatea probei și epidemiologia locală.

**Concluzii**: Microbiologul clinic trebuie implicat în întregul traseu dintre suspiciunea de infecție și decizia terapeutică. Contribuția sa include stewardship-ul solicitării și recoltării, alegerea metodei, interpretarea EUCAST, comunicarea activă, raportarea orientată clinic, elaborarea antibiogramelor și evaluarea indicatorilor de proces și siguranță. Performanța relevantă nu este numai timpul până la rezultat, ci timpul până la acțiunea terapeutică adecvată.

**Cuvinte-cheie**: microbiologie clinică; stewardship antimicrobian; stewardship diagnostic; diagnostic rapid; rezistență antimicrobiană.

**OC 13 - The Role of the Clinical Microbiologist in Diagnosis and Antimicrobial Stewardship**

**Florin George Horhat, Norberth-Istvan Varga, Iulia Bagiu**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Introduction**: The increasing burden of antimicrobial resistance requires microbiological diagnosis to be integrated into antimicrobial stewardship programmes. The clinical value of the laboratory depends not only on accurate and rapid organism identification, but also on appropriate test selection, specimen quality, result interpretation and timely communication capable of influencing antimicrobial treatment.

**Objective**: To examine the role of the clinical microbiologist throughout the diagnostic pathway and to identify laboratory interventions that can support earlier active therapy, appropriate de- escalation of empirical treatment and reduced unnecessary antimicrobial exposure.

**Materials and methods**: A narrative synthesis of professional guidelines, systematic reviews, randomised trials and implementation studies addressing diagnostic stewardship, rapid organism identification and susceptibility testing, selective antimicrobial susceptibility reporting and the use of local microbiological data was performed.

**Results**: Available evidence indicates that rapid diagnostic methods have the greatest impact when combined with active interpretation and communication. A network meta-

analysis including 88 studies and 25,682 bloodstream infection episodes associated rapid diagnostics combined with antimicrobial stewardship intervention with a shorter time to optimal therapy and lower mortality compared with conventional diagnosis. Randomised trials confirm reductions in the time to appropriate escalation or de-escalation, although effects on mortality and length of hospital stay are less consistent. Pre-analytical and post-analytical interventions also produce measurable effects: conditional reflex urine culturing can reduce antibiotic use for suspected urinary tract infection, while selective susceptibility reporting may limit unnecessary carbapenem prescribing. Syndromic molecular panels require cautious interpretation according to pre-test probability, colonisation, specimen quality and local epidemiology.

**Conclusions:** The clinical microbiologist should be involved throughout the pathway from suspected infection to therapeutic decision. This role includes stewardship of test ordering and specimen collection, method selection, EUCAST interpretation, active communication, clinically oriented reporting, cumulative antibiogram development and assessment of process and safety indicators. The most relevant measure of laboratory performance is therefore not merely time to result, but time to appropriate therapeutic action.

**Keywords**: clinical microbiology; antimicrobial stewardship; diagnostic stewardship; rapid diagnostics; antimicrobial resistance.

***

**CO14 - ARES (AntiRESistance) - Centru Național Multidisciplinar de Excelență în Cercetare pentru Infecțiile Rezistente la Medicamente**

**Simona Ruță[1], Lăcrămioara Popa[1], Cristina Pîrvu[1], Valentina Anuța[1], Carmen Chifiriuc[2]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila"

2 - Universitatea București

Rezistența antimicrobiană (AMR) este încadrată de OMS ca una dintre primele zece amenințări globale pentru sănătate, fiind asociată cu peste 4,95 milioane de decese în 2019. România are printre cele mai ridicate rate de AMR din Europa și ocupă primul loc în consumul uman de antibiotice. Proiectul ARES (AntiRESistance) va înființa un Centru Național Multidisciplinar de Excelență în Cercetare pentru Infecțiile Rezistente la Medicamente, într-o abordare integrată One Health.

**Obiectivele** principale sunt legate de îmbunătățirea (a) posibilităților terapeutice prin dezvoltarea de noi compuși antimicrobieni și inhibitori de biofilm și prin ameliorarea sistemelor de livrare (b) opțiunilor de diagnostic prin dezvoltarea de teste rapide point-

of-care și noi aplicații de secvențiere genetică și analiză bioinformatică; (c) modalităților de supraveghere a AMR prin colectarea și analiza unor date longitudinale din sectoarele uman, veterinar și de mediu, cu cartografierea rezistenței în ape uzate, ape de suprafață și gunoi de grajd, dar și în ecosisteme extreme și situri arheologice, urmata de generarea unor modele de învățare automată pentru predicția rezistenței (d) identificarea modalităților de transmitere a AMR, utilizând analize multi-omice gazdă–microbiom privind persistența rezistenței și creșterea susceptibilității la infecții odată cu vârsta. ARES va reuni expertiza existentă într-un centru conectat internațional, cu o rețea deschisă de laboratoare, ce vor dezvolta tehnologii transferabile industriei și vor forma o nouă generație de cercetători, întărind capacitatea României de a preveni, diagnostica și trata infecțiile rezistente.

**OC14 - ARES (AntiRESistance) - National Multidisciplinary Center of Excellence in Research for Drug-Resistant Infections**

**Simona Ruță[1], Lăcrămioara Popa[1], Cristina Pîrvu[1], Valentina Anuta[1], Carmen Chifiriuc[2]**

1 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

2 - University of Bucharest

Antimicrobial resistance (AMR) is ranked by the WHO as one of the top ten global health threats, being associated with over 4.95 million deaths in 2019. Romania is one of the European countries with the highest AMR rates, correlated with high antibiotic consumption, both in humans and in the veterinary and agricultural sectors. The ARES (AntiRESistance) project will establish a National Multidisciplinary Research Center of Excellence for Drug-Resistant Infections, in an integrated One Health approach.

The main **aims** are to improve (a) therapeutics through the development of new antimicrobial compounds and biofilm inhibitors and by improving delivery systems (b) diagnostic options through the development of point-of-care rapid tests and new applications of genetic sequencing and bioinformatics analysis; (c) AMR monitoring by collecting and analysing longitudinal data from the human, veterinary and environmental sectors, with resistance mapping in wastewater, surface water and manure, but also in extreme ecosystems and archaeological sites, followed by the generation of machine learning models for predicting resistance (d) AMR transmission ways, using multi-omics host-microbiome analyses on the persistence of resistance and increasing susceptibility to infection with age. ARES will bring together existing expertise in an internationally connected hub, with an open network of laboratories, which will develop technologies transferable to industry and train a new generation of researchers, strengthening Romania's capacity to prevent, diagnose and treat resistant infections.

# SESIUNEA a III-a
# IAAM ŞI SIGURANȚA PACIENTULUI

## CO15 - Antibiograma: între tradiții și tratament

**Cristina-Miriam Blaga, Florin-George Horhat, Iulia-Cristina Bagiu, Dan Vulcănescu, Norbert Varga**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

Spitalul clinic de urgență pentru copii „Louis Țurcanu" Timișoara

**Obiective**: Analizarea relației dintre practicile actuale de prescriere și utilizare a antibioticelor și dezvoltarea rezistenței antimicrobiene. Identificarea factorilor comportamentali, culturali și sociali care pot favoriza utilizarea necorespunzătoare a antibioticelor. Explorarea rolului acestor factori în eficientizarea programelor de antibiotic stewardship și formularea unor direcții de cercetare adaptate contextului sanitar românesc, cu aplicabilitate în pediatrie.

**Metode utilizate**: A fost realizată o analiză narativă a literaturii științifice și a documentelor publicate de Organizația Mondială a Sănătății și Centrul European de Prevenire și Control al Bolilor privind rezistența antimicrobiană, consumul de antibiotice și antibiotic stewardship. Au fost explorate practicile de prescriere, automedicația, păstrarea și reutilizarea antibioticelor, așteptările pacienților și influența normelor sociale asupra deciziilor terapeutice. Analiza a urmărit identificarea barierelor comportamentale și culturale care pot limita utilizarea judicioasă a antibioticelor.

**Rezultate și concluzii**: Rezistența antimicrobiană este favorizată nu doar de mecanismele biologice de adaptare bacteriană, ci și de practicile umane care determină expunerea microorganismelor la antibiotice. Prescrierea inutilă, utilizarea antibioticelor fără recomandare medicală, păstrarea și reutilizarea acestora, precum și așteptările privind obținerea unui tratament rapid pot contribui la utilizarea necorespunzătoare a antimicrobienelor. Aceste comportamente pot fi influențate de experiențe anterioare, percepția riscului, nivelul de informare, normele sociale și relația medic–pacient. În consecință, combaterea rezistenței antimicrobiene necesită intervenții care să depășească transmiterea de informații și să abordeze factorii care influențează deciziile cotidiene. Antibiograma reprezintă un instrument esențial pentru orientarea tratamentului, însă interpretarea sa trebuie corelată cu datele clinice și epidemiologice. Rezultatul de laborator nu substituie raționamentul clinic, ci îl susține. Se conturează astfel necesitatea unei abordări interdisciplinare a antibiotic stewardship, care să integreze microbiologia clinică, epidemiologia și științele comportamentale. Investigarea practicilor și credințelor actuale privind antibioticele ar putea permite identificarea unor intervenții adaptate contextului local, inclusiv în pediatrie. Înțelegerea

și modificarea comportamentelor care favorizează utilizarea necorespunzătoare a antibioticelor reprezintă o direcție importantă pentru limitarea rezistenței antimicrobiene și promovarea unui tratament responsabil.

**OC15 - Antibiogram: Between Tradition and Treatment**

**Cristina-Miriam Blaga, Florin-George Horhat, Iulia-Cristina Bagiu, Dan Vulcănescu, Norbert Varga**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy, Timișoara

"Louis Țurcanu" Clinical Emergency Hospital for children, Timișoara

**Objectives**: To analyze the relationship between current antibiotic prescribing and use practices and the development of antimicrobial resistance. To identify behavioral, cultural, and social factors that may contribute to the inappropriate use of antibiotics. To explore the role of these factors in improving antibiotic stewardship programs and to propose research directions tailored to the Romanian healthcare context, with a particular focus on pediatric care.

**Methods**: A narrative review of the scientific literature and documents published by the World Health Organization and the European Centre for Disease Prevention and Control on antimicrobial resistance, antibiotic consumption, and antibiotic stewardship was conducted. Antibiotic prescribing practices, self-medication, antibiotic storage and reuse, patient expectations, and the influence of social norms on therapeutic decisions were explored. The analysis aimed to identify behavioral and cultural barriers that may hinder the judicious use of antibiotics.

**Results and conclusions**: Antimicrobial resistance is driven not only by bacterial adaptation mechanisms but also by human practices that expose microorganisms to antibiotics. Unnecessary prescribing, antibiotic use without medical advice, antibiotic storage and reuse, and expectations of rapid treatment may contribute to inappropriate antimicrobial use. These behaviors may be influenced by previous experiences, risk perception, knowledge, social norms, and the doctor–patient relationship. Therefore, addressing antimicrobial resistance requires interventions that go beyond information provision and target the factors shaping everyday decisions. Antimicrobial susceptibility testing is an essential tool for guiding treatment; however, its interpretation must be correlated with clinical and epidemiological data. Laboratory results do not replace clinical judgment but support it. An interdisciplinary approach to antibiotic stewardship is therefore needed, integrating clinical microbiology, epidemiology, and behavioral sciences. Investigating current antibiotic-related practices and beliefs may help identify interventions tailored to local healthcare settings, including pediatric care.

Understanding and modifying behaviors that contribute to inappropriate antibiotic use is an important step toward limiting antimicrobial resistance and promoting responsible treatment.

***

**CO16 - *Candidozyma auris:* date microbiologice și evoluția epidemiologică a cazurilor din Spitalul Județean de Urgență Bacău**

**Marina Indreaș, Brîndușa Hurdubei, Diana Chiriță**

Spitalul Județean de Urgență Bacău

**Obiective**: Lucrarea analizează caracteristicile biologice ale patogenului și evaluează retrospectiv managementul epidemiologic implementat timp de 21 de luni la SJU Bacău, evidențiind brețele critice în controlul transmiterii și propunând măsuri fundamentale pentru limitarea endemicității.

**Metode utilizate**: Studiul retrospectiv a evaluat dinamica infecțiilor într-un interval de 21 de luni (decembrie 2024 – August 2026). Screeningul activ a inclus 2.019 pacienți. Sensibilitatea la antifungice a fost testată pe 37 de izolate clinice prin metoda microdiluției în mediu lichid (conform standardelor EUCAST).

**Rezultate:** S-au obținut 126 de probe pozitive (majoritatea din ATI). S-au înregistrat 20 de cazuri de infecții invazive sistemice, soldate cu 10 decese (mortalitate brută de 50%). Doar 5 din cei 20 de pacienți cu infecții invazive avuseseră screening pozitiv anterior, subliniind o fereastră scurtă de oportunitate clinică, cu un timp mediu de alertă (lead time) de 22 de zile (interval: 2–120 zile). Testarea EUCAST a relevat un arsenal îngrijorător de mecanisme de rezistență ce confirmă datele internaționale și constituie un semnal de alarmă.

**Concluzii:** Datele confirmă o dinamică endemică de spital la SJU Bacău, caracterizată prin micro-izbucniri independente de sezonalitate și o mortalitate severă (50%) aliniată la statisticile CDC și OMS. Eradicarea transmiterii impune trecerea de la măsuri reactive la un protocol permanent, proactiv, ce îmbină screeningul activ, izolarea și dezinfecția sporicidă sistematică la patul bolnavului.

**Cuvinte-cheie:** *Candidozyma auris*, *Candida auris*, infecție nozomială, rezistență la antifungice, EUCAST, secție de terapie intensivă, supraveghere epidemiologică.

**Oc16 - *Candidozyma auris*: Microbiological Data and Epidemiological Trends of Cases at the Bacău County Emergency Hospital (SJU Bacău)**

**Marina Indreaș, Brîndușa Hurdubei, Diana Chiriță**

Bacău County Emergency Hospital

**Objectives**: This study analyzes the pathogen's biological characteristics and retrospectively evaluates the 21-month epidemiological management at SJU Bacău, highlighting critical transmission breaches and proposing measures to limit endemicity.

**Methods**: A retrospective case study assessed infection dynamics over a 21-month interval (December 2024 – August 2026). Active screening involved 2,019 patients. Antifungal susceptibility testing was performed on 37 isolates using the broth microdilution method according to EUCAST standards.

**Results:** Out of 2,019 screened patients, 126 positive samples were identified, mostly from the Intensive Care Unit (ICU). Twenty systemic invasive infections occurred, resulting in 10 deaths (50% crude mortality rate). Only 5 of these 20 patients had a prior positive screening, underscoring a narrow window of clinical opportunity, with a mean lead time of 22 days (range: 2–120 days). EUCAST testing revealed a concerning arsenal of resistance mechanisms, mirroring international data and signaling a critical epidemiological alert.

**Conclusion:** The data confirm established endemic hospital dynamics at SJU Bacău, characterized by non-seasonal micro-outbreaks and a severe 50% mortality rate aligned with CDC and WHO data. Eradicating transmission requires shifting from reactive measures to a permanent, proactive protocol combining active screening, strict isolation, and systematic bedside sporicidal disinfection.

**Keywords:** *Candidozyma auris*, *Candida auris*, nosocomial infection, antifungal resistance, EUCAST, intensive care unit, epidemiological surveillance.

***

**CO17 - Perspective genomice asupra diversității și rezistenței la antifungice a izolatelor de *Candidozyma auris* în România**

**Mihaela Oprea[1], Oana-Claudia Albu[1], Elena-Carmina Drăgulescu[1], Sorin Dinu[1], Laura-Ioana Popa[1], Maria Nica[2], Liliana-Cătălina Iorga[2], Corina Oprișan[2], Codruța-Georgiana Carp[3], Crina Duca[3], Constantin-Florin Ghiațău[3], Daniela Ionescu[4], Veronica Hunyadi[4], Maria Condei[1], Ramona-Ionela Iordache[1], Cornelia-Mădălina Militaru[1], Cristiana-Cerasella Dragomirescu[1], Ani-Ioana Cotar[1]**

1 - Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino", București

2 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase și Tropicale „dr. Victor Babeș", București

3 - Spitalul Universitar de Urgenţă Militar Central "Dr. Carol Davila", București

4 - Institutul Regional de Gastroenterologie „Prof. Dr. Octavian Fodor", Cluj-Napoca

**Obiective:** *Candidozyma (Candida) auris* este un patogen fungic emergent, caracterizat prin transmitere nosocomială și rezistență la antifungice. Studiul a urmărit caracterizarea diversității genomice a populației de *C. auris* din România și identificarea determinanților moleculari asociați rezistenței la antifungice.

**Materiale și metode:** Au fost analizate 98 de genomuri de *C. auris*, izolate în perioada 2022–2025 din mai multe unități sanitare din București și Cluj-Napoca, incluzând izolate secvențiate în Institutul Cantacuzino (72) și genomuri disponibile în baze de date publice (26). Relațiile genetice au fost investigate prin cgMLST (3538 loci) și prin comparație cu genomuri reprezentative ale celor 3 subclade ale cladei I. De asemenea, au fost analizate gene implicate în rezistența la antifungice.

**Rezultate:** Analiza cgMLST a evidențiat predominanța unei populații românești omogene genetic, aparținând cladei I, dar distincte de cele trei subclade de referință. Toate genomurile au prezentat substituția Y132F în ERG11, asociată rezistenței la azoli, iar varianta K691E în TAC1b a fost identificată în 96/98 genomuri, fiind absentă în două izolate divergente, dar și în genomurile reprezentative ale subcladelor 1a, 1b și 1c. În FKS1 au fost identificate mutațiile R1354H, F635del și L638W, localizate în regiuni hot-spot implicate în rezistența la echinocandine (7/98). O mutație stop prematur, E59*, a fost identificată în FUR1 (1/98), cu relevanță pentru rezistența la flucitozină.

**Concluzii:** Datele indică predominanța în România a unei linii de *C. auris* din clada I, distinctă genomic și caracterizată printr-un profil molecular de rezistență la antifungice relativ stabil. Rezultatele susțin utilitatea supravegherii genomice integrate cu testarea susceptibilității la antifungice pentru monitorizarea circulației și a rezistenței izolatelor de *C. auris*.

Datele din această lucrare au fost obținute în cadrul Programului-nucleu din cadrul Planului Naţional de Cercetare-Dezvoltare și Inovare 2022-2027, derulat cu sprijinul ANC, proiect nr. 23 44 și în cadrul Planului Sectorial de Cercetare-Dezvoltare al MApN, proiect EMERGENT 2021-2025.

**OC17 - Genomic perspectives on *Candidozyma auris* diversity and antifungal resistance in Romania**

**Mihaela Oprea[1], Oana-Claudia Albu[1], Elena-Carmina Drăgulescu[1], Sorin Dinu[1], Laura-Ioana Popa[1], Maria Nica[2], Liliana-Cătălina Iorga[2], Corina Oprișan[2],**

**Codruța-Georgiana Carp[3], Crina Duca[3], Constantin-Florin Ghiațău[3], Daniela Ionescu[4], Veronica Hunyadi[4], Maria Condei[1], Ramona-Ionela Iordache[1], Cornelia-Mădălina Militaru[1], Cristiana-Cerasella Dragomirescu[1], Ani-Ioana Cotar[1]**

1 - "Cantacuzino" National Military Medical Institute for Research and Development, Bucharest

2 – "Dr. Victor Babeș" Clinical Hospital for Infectious and Tropical Diseases, Bucharest

3 - "Dr. Carol Davila" Central Military Emergency University Hospital, Bucharest

4 - "Prof. Dr. Octavian Fodor" Regional Institute of Gastroenterology, Cluj-Napoca

**Objectives**: *Candidozyma (Candida) auris* is an emerging fungal pathogen characterized by nosocomial transmission and antifungal resistance. This study aimed to characterize the genomic diversity of the C. auris population in Romania and to identify molecular determinants associated with antifungal resistance.

**Material and Methods:** A total of 98 *C. auris* genomes from isolates recovered between 2022 and 2025 from several healthcare facilities in Bucharest and Cluj-Napoca were analyzed, including isolates sequenced at the Cantacuzino Institute (n = 72) and genomes available in public databases (n = 26). Genetic relationships were investigated using cgMLST (3,538 loci) and by comparison with representative genomes of the three established subclades of clade I. Genes involved in antifungal resistance were also analyzed.

**Results**: cgMLST analysis revealed the predominance of a genetically homogeneous Romanian population belonging to clade I but distinct from the three reference subclades. All genomes carried the Y132F substitution in ERG11, associated with azole resistance, while the TAC1B K691E variant was identified in 96/98 genomes, being absent from two divergent isolates as well as from representative genomes of subclades Ia, Ib, and Ic. Mutations in FKS1, including R1354H, F635del, and L638W, were identified in hotspot regions associated with echinocandin resistance (7/98 genomes). A premature stop codon, E59*, was identified in FUR1 (1/98), with potential relevance to flucytosine resistance.

**Conclusions:** The data indicate the predominance in Romania of a clade I *C. auris* lineage that is genomically distinct and characterized by a relatively stable molecular antifungal resistance profile. These findings support the utility of genomic surveillance integrated with antifungal susceptibility testing for monitoring the circulation and resistance of *C. auris* isolates.

The data presented in this study were generated within the Core Program within the National Research, Development and Innovation Plan 2022-2027, with the support of National Research Authority (ANC), project no. 23 44, and within the Sectoral Research

and Development Plan of the Romanian Ministry of National Defence, EMERGENT project 2021–2025.

***

**CO18 - Emergența unei amenințări pentru sănătatea publică: *Candidozyma auris***

**Dragoș Florea, Adriana Stanciu, Simona Paraschiv, Daniela Tălăpan, Dan Oțelea, Gabriel Adrian Popescu**

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

Universitatea de Medicină și Farmacie Carol Davila, București

*C. auris* este un patogen emergent care poate determina infecții invazive severe la pacienții critici, fiind asociat cu prelungirea duratei de spitalizare, creșterea morbidității și mortalității. Este unul dintre cei patru fungi încadrați de OMS în grupul critic, care reprezintă cel mai mare risc pentru sănătatea umană. Este foarte frecvent rezistent la azoli și poate prezenta rezistență variabilă la poliene și echinocandine, ceea ce limitează opțiunile terapeutice. *C. auris* multirezistent a fost clasificat de CDC ca amenințare urgentă, fiind singurul fung din această categorie de risc maxim pentru sănătatea publică.

Spre deosebire de alte specii de *Candida*, *C. auris* poate coloniza pentru perioade prelungite tegumentele pacienților, ceea ce crește atât riscul de producere a infecțiilor invazive, cât și cel de diseminare în mediul de spital. Mai mult, nu au fost identificate până în prezent strategii eficiente de decolonizare pentru această specie fungică. Persistența acestui fung în mediul de spital este favorizată de toleranța semnificativă la condiții de osmolaritate și temperatură crescute, de capacitatea de a forma biofilm, precum și de rezistența la dezinfectanți uzuali, precum sărurile cuaternare de amoniu. Creșterea ratei infecțiilor și colonizărilor cu *C. auris* și limitarea eficienței măsurilor de prevenire și control al infecțiilor sunt favorizate și de subdiagnosticarea determinată de identificarea eronată prin unele teste biochimice; pentru identificarea corectă a acestei specii sunt necesare metode bazate pe spectrometrie de masă sau pe metode moleculare. Toți acești factori favorizează atât persistența prelungită a *C. auris* în mediul de spital, cât și diseminarea acestei specii în cadrul unui spital și de la un spital la altul, cu posibilitatea producerii de epidemii.

Impactul acestui patogen emergent asupra sănătății publice poate fi diminuat prin intervenții coordonate care să vizeze creșterea capacității de diagnosticare a *C. auris*, supravegherea adecvată, respectarea măsurilor de prevenire a transmiterii și utilizarea judicioasă a antibioticelor și antifungicelor.

**Oc18 - The emergence of a public health threat: *Candidozyma auris***

**Dragoș Florea, Adriana Stanciu, Simona Paraschiv, Daniela Tălăpan, Dan Oțelea, Gabriel Adrian Popescu**

"Prof. Dr. Matei Balș" National Institute for Infectious Diseases, Bucharest

"Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

*Candidozyma auris* (formerly *Candida auris*), an emerging pathogen classified by the WHO as a critical risk to human health, can cause severe invasive infections in critically ill patients and is associated with prolonged hospital stays, increased morbidity and mortality. It is almost always resistant to azoles and may also be resistant to polyenes and echinocandins, significantly limiting treatment options for these severe infections. Multidrug-resistant *C. auris* is the only fungus classified by the CDC as an urgent threat, the highest-risk category for public health.

Unlike other *Candida* species, *C. auris* can colonise patients' skin for extended periods, increasing the risk of invasive infections and transmission within the hospital environment. To date, no effective decolonisation strategies for *C. auris* have been identified. *C. auris* has a high tolerance for elevated osmolarity and temperature, is able to form biofilms, and is resistant to common disinfectants, such as quaternary ammonium compounds, further explaining the persistence of this fungus in healthcare settings. Moreover, inaccurate identification of this fungus may also contribute to the rising incidence of *C. auris* infections and colonisation and limit the effectiveness of infection prevention and control measures; accurate identification requires techniques such as mass spectrometry or molecular-based methods. Together, these factors facilitate prolonged persistence of *C. auris* in the hospital environment, its transmission within and between healthcare settings and the potential to cause hospital outbreaks.

Coordinated interventions are needed to mitigate this emerging pathogen's impact on public health by enhancing diagnostic capacity for *C. auris*, ensuring adequate surveillance, adhering to transmission-prevention measures, and promoting the judicious use of antibiotics and antifungals.

***

**CO19 - Emergența și diseminarea *Acinetobacter baumannii* St3609**

**Andrei-Alexandru Muntean[1,2], Brîndușa-Elena Lixandru[1], Mădălina-Maria Muntean[1,2], Valeriu Gheorghiță[2,3], Cerasella-Cristiana Dragomirescu[1,2], Mircea-Ioan Popa[1,2]**

1 - Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila"

3 - Spitalul Clinic de Urgență „Prof. Dr. Agrippa Ionescu”

**Obiective.** Caracterizarea genomică a unui nou MLST de *Acinetobacter baumannii*, St3609 (schema Pasteur), cu răspândire în două spitale bucureștene, comparând patternul de diseminare din centre naționale și internaționale.

**Materiale și metode**. Au fost analizate 47 de genomuri complete ale liniei ST570/ST3609 din șase centre românești, secvențiate prin Oxford Nanopore în 2025–2026, și 197 de genomuri publice ST570 și variante cu modificare de un locus. S-a efectuat cgMLST, analiză SNP, filogenie și analiza genelor de rezistență și a contextului molecular.

**Rezultate**. Într-o colecție de 87 de tulpini retipizarea a identificat 18 izolate cu alela gltA-682 (Agrippa Ionescu, n=12; Sf. Pantelimon, n=6). Alela diferă de gltA-2 printr-o singură substituție
(c.383G>A, p.Arg128His); profilul 2-2-682-2-2-2-4 a fost desemnat în PubMLST ca St3609, variantă la un singur locus a ST570 din clona internațională 2. Niciun instrument MLST online sau offline nu a putut tipiza aceste izolate (anterior înregistrării noului genotip). Dintre cele 244 de genomuri, 91 din cinci țări (România, Spania, Egipt, Italia, Danemarca) au format o clonă compactă (max. 36 SNP), în care ST3609 este monofiletic. În datele publice am găsit două izolate ST3609 nerecunoscute, din studiul ECDC în România (2025) și din Roma (2024), la 6, respectiv 11 SNP față de cromozomul de referință bucureștean. În cohortă, blaOXA-23 și blaNDM-1 ocupă câte un singur situs cromozomial ancestral; blaNDM-1 s-a pierdut în trei evenimente independente, prin recombinare între repetițiile directe ISAba14. Cele 12 genomuri de la Agrippa Ionescu poartă o a doua copie a blaOXA-23, obținute printr-o transpoziție Tn2006 comună.
**Concluzii.** ST3609 este o subclonă purtătoare de carbapenemaze a unei linii ST570 internaționale, prezentă în două spitale bucureștene și printre izolatele publice din România și Italia, rămasă nerecunoscută până în acest moment.

## OC19 - Emergence and dissemination of *Acinetobacter baumannii* St3609

**Andrei-Alexandru Muntean[1,2], Brîndușa-Elena Lixandru[1], Mădălina-Maria Muntean[1,2], Valeriu Gheorghiță[2,3], Cerasella-Cristiana Dragomirescu[1,2], Mircea-Ioan Popa[1,2]**

1 - "Cantacuzino" National Medico-Military Institute for Research and Development

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

3 - "Prof. Dr. Agrippa Ionescu" Clinical Emergency Hospital

**Objectives.** Genomic characterisation of a new *Acinetobacter baumannii* sequence type, ST3609 (Pasteur scheme), from two Bucharest hospitals, and description of its local and international dissemination.

**Materials and methods**. We analysed 47 complete genomes of the ST570/ST3609 lineage from six Romanian sites, sequenced with Oxford Nanopore in 2025–2026, and 197 public ST570/ST3609 genomes. We performed exact-allele MLST, cgMLST, SNP analysis on a masked core genome, maximum-likelihood phylogeny and resistome analysis.

**Results.** Within our collection of 87 specimens, re-typing identified 18 isolates with the gltA-682 allele (Agrippa Ionescu, n=12; Sf. Pantelimon, n=6). The allele differs from gltA-2 by a single substitution (c.383G>A, p.Arg128His); the profile 2-2-682-2-2-2-4 was designated in PubMLST as ST3609, a single-locus variant of ST570 within international clone 2. No online/offline MLST tool could type these isolates (before submission to pubMLST). Of the 244 genomes, 91 that came from five countries (Romania, Spain, Egypt, Italy, Denmark) formed a tight clone (max 36 SNPs), within which ST3609 was monophyletic. In public data we found two unrecognised ST3609 isolates, from the ECDC survey in Romania (2025) and from Rome (2024), 6 and 11 SNPs, respectively, from the Bucharest reference chromosome. In the cohort, blaOXA-23 and blaNDM-1 each occupy a single ancestral chromosomal site; blaNDM-1 was lost independently three times, by recombination between ISAba14 direct repeats. The 12 Agrippa Ionescu genomes carry a second blaOXA-23 copy from one shared Tn2006 transposition.

**Conclusions**. ST3609 is a carbapenemase-encoding subclone of an international ST570 lineage, present in two Bucharest hospitals and among public isolates from Romania and Italy.

## SESIUNEA a V-a
## STRATEGII PENTRU CREŞTEREA ACOPERIRII VACCINALE

### CO20 - Percepții privind vaccinarea antigripală în rândul farmaciștilor înscriși la cursul postuniversitar Vaccinarea împotriva gripei sezoniere la nivelul farmaciilor comunitare, organizat în București, România

**Bianca Georgiana Enciu[1], Maria Dorina Crăciun[2], Andreea Marilena Păuna[2], Carmen-Daniela Chivu[2], Anca Sîrbu[1], Aurora Stănescu[1], Alina Zaharia[1], Carmen Cristina Vasile[2], Paul Iordache[2], Adrian Matei[2], Oana Săndulescu[3], Daniela Pițigoi[2], Adriana Pistol[1]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", Disciplina Epidemiologie 2

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", Disciplina Epidemiologie 1

3 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", Disciplina Boli Infecțioase 1

**Obiective**: În vederea sprijinirii implementării Ordinului Ministerului Sănătății nr. 3262/2022, care reglementează vaccinarea antigripală în farmaciile comunitare, cele

două Discipline de Epidemiologie din cadrul Universității de Medicină și Farmacie „Carol Davila" s-au implicat activ în pregătirea farmaciștilor pentru administrarea vaccinurilor gripale. În acest context, au fost organizate, până în prezent, șase sesiuni ale cursului postuniversitar Vaccinarea împotriva gripei sezoniere în farmaciile comunitare, fiind formați 329 farmaciști.

Totodată, a fost elaborat un manual dedicat, aflat în prezent la cea de-a doua ediție. Pentru a adapta activitățile de formare la nevoile specifice ale participanților, în cadrul ultimelor două sesiuni ale cursului (septembrie 2025 și octombrie 2026), a fost realizată o evaluare a nevoilor educaționale înainte prelegerilor dedicate vaccinării.

**Metode utilizate**: Farmaciștii participanți au fost invitați să completeze, în mod voluntar și anonim, un chestionar electronic elaborat în KoboCollect, care a vizat percepțiile privind vaccinarea antigripală. Datele colectate au fost analizate descriptiv, utilizând facilitățile oferite de Microsoft Excel pentru Microsoft 365 și JASP (versiunea 0.98.1).

**Rezultate**: Chestionarul a fost completat de 101 participanți (rată răspuns: 92,7%, 89/88,1% sex feminin, 81/80,2% mediul urban, vârsta mediană 37 ani, IQR:31-43). Riscul infecției gripale a fost perceput ca moderat/înalt de 43/42,6% participanți, iar 42/41,6% au raportat preocupări similare privind severitatea. Atitudinile au fost pozitive: 94/93,1% au considerat vaccinarea antigripală importantă pentru propria persoană, 98/97,0% au considerat vaccinul moderat/foarte eficient și sigur. Un nivel moderat/înalt de îngrijorare privind transmiterea gripei către pacienți a fost raportat de 59/58,4% participanți, în timp ce 64/63,4% au raportat preocupări similare privind transmiterea virusului către membrii familiei. 94/93,1% participanți au considerat că au responsabilitatea de a se vaccina pentru a-i proteja pe cei din jur.

Absorbția vaccinală în ultimele două sezoane a fost limitată: 35/34,7% participanți s-au vaccinat de două ori și 22/21,8% o dată. La momentul completării chestionarului, 69/68,3 participanți intenționau să se vaccineze antigripal în sezonul curent, iar 3/3,0% erau deja vaccinați. Toți participanții auziseră despre vaccinul gripal, dar doar 14/13,9% participaseră anterior la cursuri de vaccinologie/ vaccinare antigripală; 63/62,4% au raportat că se simt foarte încrezători în capacitatea de a răspunde tuturor preocupărilor pacienților referitoare la vaccinarea antigripală.

**Concluzii**: Rezultatele evidențiază o discrepanță între percepția pozitivă privind vaccinarea antigripală și absorbția vaccinală. Studiul evidențiază nevoile de creștere a gradului de conștientizare cu privire la riscurile gripei, de continuare a programului de formare și de integrare a pregătirii specifice în domeniul vaccinologiei în programa de studii universitare pentru farmacie.

**OC20 - Perceptions towards influenza vaccination among pharmacists enrolled in the postgraduate course on Influenza vaccination in community pharmacies organized in Bucharest, Romania**

**Bianca Georgiana Enciu[1], Maria Dorina Crăciun[2], Andreea Marilena Păuna[2], Carmen-Daniela Chivu[2], Anca Sîrbu[1], Aurora Stănescu[1], Alina Zaharia[1], Carmen Cristina Vasile[2], Paul Iordache[2], Adrian Matei[2], Oana Săndulescu[3], Daniela Pițigoi[2], Adriana Pistol[1]**

1 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Chair of Epidemiology 2

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Chair of Epidemiology 1

3 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Chair of Infectious Diseases 1

**Objectives**: To support the implementation of the Romanian Ministry of Health Order no. 3262/2022, regulating influenza vaccination in community pharmacies, the two Departments of Epidemiology at Carol Davila University of Medicine and Pharmacy have been involved in training pharmacists to administer influenza vaccines. Six sessions of the postgraduate course Influenza vaccination in community pharmacies have been conducted, training 329 pharmacists and leading to the publication of a dedicated training manual, now in its second edition. To ensure that the training adequately addresses participants' specific learning needs, an educational needs assessment was conducted prior to the dedicated vaccination lectures in the two most recently organized sessions (September 2025 and October 2026).

**Methods**: Pharmacists have been invited to voluntarily and anonymously complete an electronic questionnaire developed in Kobocollect, addressing perceptions towards influenza vaccination. A descriptive analysis of the data collected has been conducted, using the facilities offered by Microsoft Excel for 365 and JASP (version 0.98.1).

**Results**: The questionnaire was completed by 101 participants (response rate=92.7%), mostly female (89/88.1%), from urban areas (81/80.2%), with a median age of 37 years (IQR:31-43). Moderate or high levels of concern about influenza risk and disease severity were reported by 43/42.6% and 42/41.6% participants, respectively. Attitudes toward influenza vaccination were positive: 94/93.1% considered influenza vaccination important for themselves, and 98/97.0% perceived the vaccine as moderately or highly effective and safe. Moderate or high concern about transmitting influenza to patients was expressed by 59/58.4% participants, while 64/63.4% reported similar concerns about transmission to family members. Furthermore, 94/93.1% agreed that they had a responsibility to get vaccinated to protect the community. In contrast, influenza vaccine uptake during the previous two seasons was limited: 35/34.7% participants reported having been vaccinated twice and 22/21.8% once. At the time of the survey, 69/68.3% participants intended to receive the influenza vaccine for the current season, and 3/3.0% had already been vaccinated. Although all participants have heard about influenza

vaccine, only 14/13.9% had attended previous courses on vaccinology/influenza vaccination and 63/62.4% reported confidence in their ability to address all patients' concerns regarding influenza vaccination.

**Conclusions**: Our findings highlight a gap between pharmacists' generally positive attitudes toward influenza vaccination and their actual vaccine uptake. The study underscores the need to improve awareness of influenza-related risks and disease severity. Furthermore, our results emphasize the need to sustain this training initiative and to integrate dedicated training into undergraduate pharmacy curricula.

***

**CO21 - Diferențe de gen privind percepțiile studenților la medicină asupra vaccinării împotriva papilomavirusului uman în București, România**

**Andreea Marilena Păuna[1], Bianca-Georgiana Enciu[2], Carmen-Daniela Chivu[1,3], Carmen Cristina Vasile[1], Adrian Matei[1,4], Luisa Andreea Gheorghe[1], Maria Dorina Crăciun[1,3], Daniela Pițigoi[1,5]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București, Disciplina Epidemiologie1

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București, Disciplina Epidemiologie II

3 - Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Grigore Alexandrescu" București, Serviciul de Prevenire și Control al Infecțiilor Asociate Asistenței Medicale

4 - Institutul Oncologic București „Prof. Dr. Alexandru Trestioreanu" București, Serviciul de Prevenire și Control al Infecțiilor Asociate Asistenței Medicale

5 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș" București, Serviciul de Prevenire și Control al Infecțiilor Asociate Asistenței Medicale

**Obiective**: Vaccinarea împotriva papilomavirusului uman (HPV) reprezintă cea mai eficientă metodă de prevenire a infecțiilor și a cancerelor asociate, la ambele sexe. În România, începând din decembrie 2023, vaccinul HPV a fost oferit în regim de compensare 100% (ambele sexe,11-18 ani) sau 50% (femei,19-45 ani). În octombrie 2025, compensarea integrală a fost extinsă pentru ambele sexe până la 27 ani. Scopul studiului a fost evaluarea comparativă a percepțiilor privind vaccinarea împotriva HPV în funcție de sex în rândul studenților la medicină din București, România.

**Metode utilizate**: Pe parcursul anului universitar 2025-2026, studenții înscriși la Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", care au participat la modulul de

Epidemiologie la Disciplina I de Epidemiologie, au fost invitați să completeze un chestionar electronic privind percepțiile referitoare la vaccinare. Prezenta analiză comparativă s-a concentrat asupra întrebărilor privind infecția cu HPV.

**Rezultate**: Analiza a inclus 608 participanți (vârsta mediană 24 ani, interval intercuartil (IQR):23-25), majoritatea de sex feminin (440/72,4%). Într-o proporție semnificativ mai mare, studentele au raportat un nivel moderat/înalt de îngrijorare privind riscul infecției cu HPV (360/81,8% vs. 106/63,1%) și posibilitatea evoluției severe (331/75,2% vs 108/64,3%) (p<0,001). S-au constatat diferențe în funcție de sex privind percepțiile referitoare la eficacitatea prezervativului în prevenirea infecției: studenții au considerat într-o proporție mai mare prezervativul o metodă eficientă (42/25.0% vs 72/16,4%; p=0,012). Vârsta optimă pentru vaccinarea împotriva HPV a fost considerată a fi 14 ani de către studente (IQR:12-16), respectiv 16 ani de către studenți (IQR:14-18) (p<0,001). La momentul completării chestionarului, o proporție mai mare de studente se vaccinaseră (250/56,8% vs. 43/25,6%; p<0,001) sau intenționau să se vaccineze împotriva HPV (151/79,5% vs. 76/60,8%; p=0,001). Vârsta mediană la care a fost inițiată vaccinarea a fost 23 ani (IQR:21-24) în rândul studentelor comparativ cu 24 ani (IQR:23-24) în rândul studenților (p=0,006). Studentele au primit o mediană de 3 doze de vaccin, comparativ cu 2 doze în rândul studenților (p<0,001).

**Concluzii:** Nivelul de cunoștințe și absorbția vaccinală în rândul participanților par a fi influențate de implementarea și extinderea ulterioară a politicilor de compensare a vaccinului HPV. Rezultatele obținute în rândul studentelor reflectă programele de vaccinare împotriva HPV adresate femeilor, implementate de-a lungul timpului. Sunt necesare eforturi suplimentare pentru îmbunătățirea cunoștințelor și a percepției riscurilor asociate infecției cu HPV, în special în rândul studenților de sex masculin.

**OC21 - Gender-based differences in medical students' perceptions of human papillomavirus vaccination in Bucharest, Romania**

**Andreea Marilena Păuna[1], Bianca-Georgiana Enciu[2], Carmen-Daniela Chivu[1,3], Carmen Cristina Vasile[1], Adrian Matei[1,4], Luisa Andreea Gheorghe[1], Maria Dorina Crăciun[1,3], Daniela Pițigoi[1,5]**

1 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest, Chair of Epidemiology1

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest, Chair of EpidemiologyII

3 - "Grigore Alexandrescu" Clinical Emergency Hospital for Children Bucharest, Healthcare-Associated Infection Prevention and Control Service

4 - "Prof. Dr. Alexandru Trestioreanu" Onchologic Institute Bucharest, Healthcare-Associated Infection Prevention and Control Service

5 - "Prof. Dr. Matei Balș" National Institute for Infectious Diseases Bucharest, Healthcare-Associated Infection Prevention and Control Service

**Objectives**: Human papillomavirus (HPV) vaccination represents the most effective intervention for preventing infections and HPV-related cancers in both sexes. Since December 2023, HPV vaccine has been 100% reimbursed for girls and boys aged 11-18 years and 50% reimbursed for women aged 19-45 years in Romania. In October 2025, full reimbursement was extended to both sexes up to the age of 27. We aimed to comparatively assess gender-based perceptions towards HPV vaccination among medical students in Bucharest, Romania.

**Methods**: During the 2025–2026 academic year, students enrolled at the Carol Davila University of Medicine and Pharmacy who attended the Epidemiology module within the Department I of Epidemiology were invited to complete an electronic questionnaire addressing vaccination-related topics. The present comparative analysis focused on items concerning HPV.

**Results**: The analysis included 608 students (median age 24 years, IQR:23-25), predominantly female (440/72.4%). Female students were significantly more likely to report moderate or high concern about the risk of HPV infection (360/81.8% vs 106/63.1%) and its severe evolution (331/75.2% vs 108/64.3%) (p<0.001). Perceptions of condom effectiveness against HPV differed significantly by sex: male students were more likely than female students to consider condoms protective (42/25.0% vs 72/16.4%; p=0.012). Female participants reported 14 years (IQR:12-16) as the optimal age for vaccination, while male participants 16 years (IQR:14-18) (p<0.001). More female participants were already vaccinated (250/56.8% vs 43/25.6%; p<0.001) or intended to get vaccinated (151/79.5% vs 76/60.8%; p=0.001) at the time of the survey. Vaccination was started at a younger age by female participants (median 23 years, IQR:21-24) than by male participants (24 years, IQR:23-24) (p=0.006). Female participants also received more doses, with a median of 3 versus 2 among male participants (p<0.001).

**Conclusions**: Participants' knowledge and vaccination uptake may have been influenced by the implementation, and later expansion, of fully reimbursed vaccination. The higher awareness and vaccination uptake among female participants may reflect long-standing vaccination programmes targeting women. Additional efforts are needed to improve HPV-related knowledge and risk perception, especially among male participants.

***

**CO22 – Declinul acoperirii vaccinale în Prahova: obstacole și intervenții din perspectiva medicilor de familie, analizate prin Modelul Orbitelor (ECDC)**

**Silvana Dan, Decebal Teodor Dan**

Direcția de Sănătate Publică Prahova

**Obiective**: Identificarea, din perspectiva medicilor de familie din județul Prahova, a obstacolelor actuale în vaccinarea copiilor și a intervențiilor care ar putea îmbunătăți acceptarea vaccinării.

**Metode utilizate**: Pentru a planifica intervenții eficiente, am realizat o analiză de situație a factorilor care influențează astăzi decizia părinților, folosind Modelul Orbitelor (individuală, a societății, a mediului și informațională) în contextul scăderii acoperirii vaccinale în Prahova. In acest scop am realizat un studiu transversal, descriptiv, cu chestionar online pentru medicii de familie, structurat pe cele patru orbite.

**Rezultate**: Rata de răspuns a fost 67,2% (195/290). Refuzul și amânarea vaccinării vizează întregul calendar, dar sunt mai frecvente pentru ROR (69,2%), chiar dacă doar 45,1% dintre medici percep o scădere a acoperirii vaccinale față de perioada pre-pandemică. Orbita individuală: domină teama de reacții adverse (65,6%), mai ales pe termen lung (40,5%); numai 33,3% cred că părinții pot distinge sursele credibile. Orbita societății: opinia influencerilor (32,3%) și normele comunității (21,1%) influențează frecvent decizia. Orbita mediului: barierele de acces sunt minore; problema principală este neprezentarea la programare (27,7%). Orbita informațională: cele mai auzite mituri sunt legătura cu autismul (87,2%) și substanțele toxice (62,6%), iar doar 36,9% apreciază că mesajele oficiale răspund temerilor părinților. Transversal, 69,7% raportează un impact negativ al controverselor anti-COVID-19, iar 44,6% percep scăderea încrederii în instituțiile publice. Intervențiile cele mai solicitate: instruirea în comunicarea cu părinții ezitanți (43,1%), campaniile mass-media (41,5%) și colaborarea cu școlile (40,0%).

**Concluzii**: Obstacolele percepute țin mai ales de teamă, de anturaj și de dezinformare, nu de accesul la vaccinare, iar pandemia a scăzut încrederea părinților. Sprijinul familiei și al comunității și accesul la surse credibile reprezintă factori facilitatori importanți, de aceea pregătirea medicilor pentru dialogul cu părinții ezitanți și informarea comunității trebuie să fie prioritare.

**OC22 - Declining Vaccination Coverage in Prahova: Obstacles and Interventions from the Family Physicians Perspective, Analysed through the Orbit Model (ECDC)**

**Silvana Dan, Decebal Teodor Dan**

Public Health Authority Prahova

**Objectives**: To identify, from the perspective of family physicians in Prahova County, the

current obstacles to childhood vaccination and the interventions that could improve vaccine acceptance.

**Methods**: In order to plan effective interventions, we conducted a situational analysis of the factors currently shaping parents' decisions, using the Orbit Model (individual, societal, environmental and information orbits), amid declining vaccination coverage in Prahova.

**Results**: The response rate was 67.2% (195/290). Refusal and delay affect the entire schedule but are most frequent for MMR (69.2%), although only 45.1% of physicians perceive a decline in coverage compared with the pre-pandemic period. Individual orbit: fear of adverse reactions predominates (65.6%), especially long-term effects (40.5%); only 33.3% believe parents can distinguish credible sources. Societal orbit: the opinions of influencers (32.3%) and community norms (21.1%) frequently shape the decision. Environmental orbit: access barriers are minor; the main problem is missed vaccination appointments (27.7%). Information orbit: the most frequently heard myths are the link with autism (87.2%) and toxic ingredients (62.6%), while only 36.9% consider that official messages address parents concerns. Cross-cutting: 69.7% report a negative impact of COVID-19 vaccine controversies, and 44.6% perceive declining trust in public institutions. The most requested interventions are training in communication with hesitant parents (43.1%), mass-media campaigns (41.5%) and collaboration with schools (40.0%).

**Conclusions:** Perceived obstacles relate mainly to fear, social environment and misinformation rather than access to vaccination, and the pandemic has reduced parents trust. Family and community support and access to credible sources are important facilitating factors; therefore, preparing physicians for dialogue with hesitant parents and informing the community should be priorities.

## SESIUNEA a VI-a
## Infecții cu impact major în sănătatea publică

### R3 – Estimate ale mortalității atribuibile hepatitelor B și C, România, anul 2022

**Odette Popovici[1], Denisa Janță[1], Cristian Calomfirescu[2]**

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

2 - Institutul Național de Sănătate Publică, Centrul Național de Statistică în Sănătate Publică

**Obiective**: Prezentarea contextului eliminării hepatitelor B și C, ca amenințare de sănătate publică, până în anul 2030, a scopului și obiectivelor studiului multicentric, a

metodelor, rezultatelor și concluziilor.

**Metode utilizate**: Au fost selectate spitale care gestionează pacienți cu ciroză hepatică decompensată (CHD) și/sau carcinom hepatocellular (CHC). Au fost estimate fracțiile etiologice ale CHD și CHC cauzate de VHB și VHC, a fost cuantificat numărul total de decese cauzate de ciroză și CHC, precum și al deceselor atribuite direct infecțiilor cu aceste virusuri, au fost ponderate fracțiile etiologice brute în funcție de distribuția pe sexe și grupe de vârstă a mortalității, au fost ajustate fracțiile etiologice ponderate pe baza riscului relativ de apariție a sechelelor la persoanele infectate cu VHB și VHC, iar acestea au fost aplicate asupra datelor de mortalitate.

**Rezultate și concluzii**: România a intrat în studiu cu un număr de 855 cazuri, dintre care 58,5% cu CHD și 41,5% cu CHC. Mortalitatea atribuibilă VHB, corespunzătoare anului 2022, a fost de 12% locuitori, iar cea atribuibilă VHC, de 13,80, față de obiectivele intermediare ale OMS pentru anul 2025, de ≤ 7 decese la 100.000 de locuitori pentru VHB și ≤ 3 decese la 100.000 de locuitori pentru VHC. Rezultatele studiului subliniază importanța unor eforturi susținute pentru consolidarea prevenirii și controlului hepatitelor virale.

**R3 - Estimates of Mortality Attributable to Hepatitis B and C, Romania, 2022**

**Odette Popovici[1], Denisa Janță[1], Cristian Calomfirescu[2]**

1 - National Institute of Public Health, National Center for Surveillance and Control of Communicable Diseases

2 - National Institute of Public Health, National Center for Statistics in Public Health

**Objectives**: To present the context regarding the elimination of hepatitis B and C as a public health threat by 2030, the aim and objectives of the multicenter study, the methods, results, and conclusions.

**Methods**: Three hospitals managing patients with decompensated liver cirrhosis (DLC) and/or hepatocellular carcinoma (HCC) were selected. The etiological fractions of DLC and HCC caused by HBV and HCV were estimated; the total number of deaths caused by cirrhosis and HCC, as well as deaths directly attributed to HBV and HCV infections, were quantified; crude etiological fractions were weighted according to the sex and age-group distribution of mortality totals; weighted etiological fractions were adjusted based on the relative risk of sequelae in individuals infected with HBV and HCV; and these were applied to mortality data.

**Results and conclusions**: Romania entered the study with 855 cases, 58.5% being CHD and 41.5% CHC. HBV-attributable mortality in 2022 was 12 per 100,000 inhabitants, and HCV-attributable mortality was 13.8 per 100,000 inhabitants, compared to the WHO

interim targets for 2025 of ≤ 7 deaths per 100,000 inhabitants for HBV and ≤ 3 deaths per 100,000 inhabitants for HCV. The study results highlight the importance of sustained efforts to strengthen the prevention and control of viral hepatitis.

***

**CO23 - Detecția și genotiparea extinsă a HPV în salivă – Un flux de lucru neinvaziv pentru screening-ul oral în cadrul proiectului ORALERT**

**Cosmin Sinescu [1], Liviu Athos Tamaș[2], Florin Horhat[3], George Drăghici[4], Meda Lavinia Negruțiu[5], Cristina Dehelean[6]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Departamentul de Tehnologie Protetică și Materiale dentare

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Departamentul de Biochimie și Farmacologie

3 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Departamentul de Microbiologie

4 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Facultatea de Farmacie

5 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Facultatea de medicină dentară

6 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Clinica Universitară de Toxicologie, Industria Medicamentului, Management, Legislație și Dermatofarmacie

**Obiective**: Infecția orală cu virusul papiloma uman (HPV) reprezintă principalul factor etiologic al cancerelor orofaringiene asociate cu HPV, a căror incidență este în creștere. Cu toate acestea, în prezent nu există un program de screening la nivel populațional, deoarece metodele convenționale se bazează pe biopsii sau prelevări prin periaj ale leziunilor deja confirmate. În cadrul proiectului transfrontalier ORALERT (RORS00267), am implementat un flux de lucru inovator pentru detectarea moleculară a HPV direct din salivă — un fluid biologic care poate fi recoltat în mod neinvaziv, fără a fi necesar personal specializat, printr-o procedură simplă de recoltare bine acceptată de populația țintă, ceea ce îl face extrem de potrivit pentru campaniile de screening la nivel comunitar.

**Metode utilizate**: Noutatea constă în adaptarea unei metodologii dezvoltate inițial pentru screeningul cervical la matricea salivară, utilizând un protocol optimizat care implică concentrarea celulelor prin centrifugare, resuspendarea sedimentului într-un

mediu lichid de conservare și, ulterior, efectuarea unei extracții automate a acidului nucleic, urmată de amplificarea prin PCR multiplex în timp real. Tehnologia „Multiple Detection Temperatures" (MuDT) permite discriminarea a până la trei ținte moleculare într-un singur canal de fluorescență; în consecință, 28 de genotipuri de HPV (19 cu risc ridicat și 9 cu risc scăzut) pot fi identificate și genotipate individual printr-o singură determinare Real Time PCR în mai puțin de 2 ore. Analiza furnizează, de asemenea, o valoare Ct pentru fiecare genotip identificat — un parametru semicantitativ util pentru estimarea încărcăturii virale și monitorizarea persistenței infecției.

**Concluzii**: Fluxul de lucru integrează controlul intern al calității probelor (validarea celularității), interpretarea automată a rezultatelor și generarea unui raport de analiză cu raportare individuală pentru fiecare genotip, asigurând trasabilitatea completă de la recoltarea probei până la rezultatul final. Dincolo de screening, această abordare permite caracterizarea profilului genotipic oral la nivel de populație, identificarea coinfecțiilor și evaluarea dinamicii genotipurilor în contextul vaccinării. Aceasta oferă o platformă standardizată și transferabilă pentru detectarea precoce a infecției cu HPV oral în rândul populațiilor din regiunea transfrontalieră România–Serbia.

**OC23 - Detection and Extended Genotyping of HPV in Saliva – A Non-Invasive Workflow for Oral Screening within the ORALERT Project**

**Sinescu Cosmin[1], Liviu Athos Tamaș[2], Florin Horhat[3], George Draghici[4], Meda Lavinia Negruțiu[5], Cristina Dehelean[6]**

1 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Department of Prosthetic Technology and Dental Materials

2 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Department of Biochemistry and Pharmacology

3 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Department of Microbiology

4 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Faculty of Pharmacy

5 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, School of Dentistry

6 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, University Clinic of Toxicology, Drug Industry, Management, Legislation, and Dermatopharmacy

**Objectives**: Oral infection with human papillomavirus (HPV) is the primary etiological factor for HPV-associated oropharyngeal cancers, whose incidence is rising. However, population-level screening is currently lacking, as conventional methods rely on biopsies or brushings of already established lesions. As part of the cross-border project ORALERT

(RORS00267), we have implemented an innovative workflow for the molecular detection of HPV directly from saliva—a biological fluid that can be collected non-invasively, without the need for specialized personnel, and with an easy collecting procedure that is well accepted by the target population, making it highly suitable for community-based screening campaigns.

**Methods**: The novelty lies in adapting a methodology originally developed for cervical screening to the salivary matrix, using an optimized protocol that involves concentrating cells via centrifugation, resuspending the sediment in a liquid preservation medium, and subsequently performing automated nucleic acid extraction followed by multiplex real-time PCR amplification. Multiple Detection Temperatures technology (MuDT) enables the discrimination of up to three targets within a single fluorescence channel; consequently, 28 HPV genotypes (19 high-risk and 9 low-risk) can be individually identified and genotyped in a single analytical run of under two hours.

**Conclusions**: The process also provides a Ct value for each genotype—a semi-quantitative parameter useful for estimating viral load and monitoring the persistence of infection. The workflow integrates internal sample quality control (validation of cellularity), automated interpretation of results, and the generation of an analysis report with individual reporting for each genotype, ensuring complete traceability from sample collection to the final result. Beyond screening, this approach enables the characterization of the oral genotypic profile at the population level, the identification of co-infections, and the assessment of genotype dynamics in the context of vaccination. It provides a standardized and transferable platform for the early detection of oral HPV infection within populations in the Romania–Serbia cross-border region.

***

**CO24 - Noi biomarkeri pentru stratificarea riscului în leziunile cervicale induse de HPV**

**Camelia Sultana[1,2], Anca Botezatu[1], Alina Fudulu[1], Monica Cîrstoiu[2,3], Diana Iacob[2,3], Camelia Grancea[1], Daniela Chiriac[1], Simona Ruţă[1,2]**

1 - Institutul de Virusologie „Stefan S. Nicolau", Bucureşti

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

3 - Spitalul Universitar de Urgență Bucureşti

**Obiective**: Riscul de progresie a leziunilor cervicale induse de infecția persistentă cu HPV este un element important pentru predicţia de evoluţie spre cancerului de col uterin, în special în contextul limitelor metodelor clasice de diagnostic. Obiectivul studiului este integrarea de noi biomarkeri implicați în progresia leziunilor cervicale, incluzând markerii

de metilare ADN şi expresia genelor asociate, ca şi corelarea acestora cu severitatea leziunilor cervicale şi cu profilul serologic indus de infecţia sau vaccinarea HPV.

**Metode utilizate**: A fost realizat un studiu prospectiv pe 56 femei cu leziuni displazice de col uterin, anterior conizatiei, cu si fără vaccinare, investigate secvențial cu citologie Babeș-Papanicolau, colposcopie si biopsie, izolare de acizi nucleici şi detecția genotipului HPV din probele de lavaj cervico-vaginal şi analiza gradului de metilare prin qMS-PCR pe probele ADN tratate cu bisulfit pentru genele miR124-a, FAM19A4 şi PRDM14.

**Rezultate:** Pacientele investigate (vârsta medie 42.1± 12.5 ani) au prezentat leziuni displazice de col uterin în procent de 85,7%, predominant leziuni severe (29,8% HSIL). 39,3% dintre pacientele testate au fost vaccinate, cu o perioadă după vaccinare de 1,5 ± 0,97 ani. Genele pentru şi FAM19A4 au fost subexprimate în probele de la pacientele cu citologie alterată, mai ales HSIL şi ASC-H ($p<0.05$). A fost observată o corelație liniară semnificativă statistic între hipermetilarea promoterului pentru miR-124 și nivelul redus de expresie a genei corespunzatoare ($p=0,043$). A fost detectată o corelaţie clară între gradul de metilare si severitatea leziunilor cervicale, cazurile cu leziuni avansate având valori de metilare semnificativ mai ridicate.

**Concluzii**: Aceste rezultate susțin aplicabilitatea testelor de metilare ca metodă complementară în diagnosticul pacientelor HPV pozitive, contribuind la o mai bună stratificare a riscului și la optimizarea conduitei clinice. Prin corelarea datelor citologice, serologice și epigenetice se poate face detecţia precoce a leziunilor cervicale cu potențial evolutiv sever.

**OC24 - New biomarkers for risk stratification in HPV-induced cervical lesions**

**Camelia Sultana[1,2], Anca Botezatu[1], Alina Fudulu[1], Monica Cîrstoiu[2,3], Diana Iacob[2,3], Camelia Grancea[1], Daniela Chiriac[1], Simona Ruţă[1,2]**

1 - "Stefan S. Nicolau" Institute for Virology Bucharest

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

3 - University Emergency Hospital Bucharest

**Objectives**: The progression of cervical lesions produced by persistent HPV infections represents a critical step toward cervical carcinogenesis, and highlights the limitations of classical diagnostic methods. This study aims to integrate novel biomarkers, including DNA methylation and gene expression profile, as well as their correlation with the severity of cervical lesions and serological profiles induced by HPV infection or vaccination.

**Methods**: A prospective study was conducted on 56 women with dysplastic lesions of the cervix, prior to conization with and without vaccination, who were sequentially

investigated with Pap smear cytology, colposcopy and biopsy, nucleic acids detection and genotyping from cervico-vaginal swabs, and analysis of methylation levels of miR124-a, FAM19A4 and PRDM14 genes, using qMS-PCR.

**Results**: 85.7% of the investigated patients (mean age 42.1± 12.5 years) had dysplastic lesions of the cervix, mainly severe lesions (29.8% HSIL). 22 out of 56 tested patients were vaccinated (39.3%), all of them with nonavalent vaccine, with a period after vaccination of 1.5 ± 0.97 years. MiR-124-2 gene had the lowest expression values in samples from patients with altered cytology, especially with HSIL and ASC-H ($p<0.05$). A statistically significant linear correlation was identified between the hypermethylation of the miR-124 promoter and its reduced expression level ($p=0.043$).

**Conclusions**: These results support the applicability of methylation tests as a complementary method in HPV diagnosis, contributing to a better risk stratification and optimization of clinical management. By correlating cytological, serological and epigenetic data, early detection of cervical lesions with possible severe evolution can be completed.

***

**CO25 - Prevalența mutației CCR5-Δ32 și asocierea cu afectarea neurocognitivă la adulți tineri cu infecție HIV cronică**

**Aura Temereancă[1,2], Luminita Ene[3], Iulia Virginia Iancu[2], Leontina Bănică[1,4], Ana Neagu[1,2], Nicholas Andrew Ivan[1,5], Dimitri Apostol[1], Marian Neculae[6], Simona Ruță[1,2]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

2 - Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau", Bucureşti

3 - Spitalul Clinic de Boli infecțioase și tropicale „Dr. Victor Babeș", Bucuresti,

4 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș", Bucuresti,

5 - Universitatea din Indiana Bloomington, USA

6 - Universitatea București

**Obiective**: CCR5- principalul co-receptor implicat în pătrunderea HIV în monocite și microglie, este un mediator important al neuroinflamației și leziunilor neuronale asociate tulburărilor neurocognitive din infecția HIV (HAND). Polimorfismul CCR5-Δ32 determină alterarea funcției receptorului și poate influența susceptibilitatea la afectarea neurocognitivă asociată HIV, însă rolul său în HAND rămâne insuficient caracterizat. Am investigat prevalența variantei CCR5-Δ32 și asocierea acesteia cu afectarea

neurocognitivă intr-o cohorta de adulți tineri infectați parenteral cu HIV în primii ani de viață.

**Material și metode:** 100 de adulți tineri cu infecție HIV cronică (vârsta mediană: 24 de ani; bărbați: 48%; încărcătura virală plasmatică mediană: 2,11 $log_{10}$ copii ARN HIV-1/mL; valoarea mediana CD4: 478 celule/µL) au fost inclusi in studiu. ADN-ul extras din celulele mononucleare din sângele periferic a fost analizat prin PCR convențional pentru identificarea alelei CCR5 de tip sălbatic și a variantei cu deleția de 32 pb. Evaluarea neurocognitivă a inclus o baterie standardizată de teste neuropsihologice, iar pentru fiecare pacient s-a calculat un scor global de deficit neurocognitiv (GDS; cut off ≥0,5).

**Rezultate:** Varianta CCR5-Δ32 in forma heterozigota a fost identificata la 15% din pacienti; nu au fost semnalate cazuri homozigote. Afectarea neurocognitivă a fost prezentată la 33% dintre participanții la studiu, cu o prevalență semnificativ mai redusă la heterozigoții CCR5-Δ32 comparativ cu purtătorii alelei de tip sălbatic (p=0,023). Subiectii heterozigoți CCR5-Δ32 au prezentat, de asemenea, o performanța neurocognitiva globala mai buna, reflectata prin valori semnificativ mai reduse ale scorului GDS (p=0,006). Dintre cele șapte domenii neurocognitive evaluate, heterozigoții CCR5-Δ32 au obținut performanțe semnificativ mai bune în funcțiile executive (p=0,003), fluența verbală (p=0,011) și viteza de procesare a informației (p=0,030).

**Concluzii:** Genotipul CCR5-Δ32/WT s-a asociat cu o performanță neurocognitivă mai bună la adulții tineri cu infecție HIV cronică, evidențiind rolul potențial al variației genetice CCR5 în modularea si patogeneza tulburărilor neurocognitive asociate infecției HIV.

**OC25 - Prevalence of the CCR5-Δ32 mutation and its association with neurocognitive impairment in young adults with chronic HIV infection**

**Aura Temereancă[1,2], Luminita Ene[3], Iulia Virginia Iancu[2], Leontina Bănică[1,4], Ana Neagu[1,2], Nicholas Andrew Ivan[1,5], Dimitri Apostol[1], Marian Neculae[6], Simona Ruță[1,2]**

1 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

2 - "Ștefan S. Nicolau" Institute for Virology Bucharest

3 - "Dr. Victor Babeș" Clinical Hospital for Infectious and tropical diseases, Bucharest

4 - "Prof. Dr. Matei Balș" National Institute for Infectious Diseases, Bucharest

5 - Bloomington University, Indiana, USA

6 - University of Bucharest

**Objectives**: CCR5 is the major co-receptor mediating HIV entry into monocytes and microglia and plays an important role in neuroinflammation and neuronal injury

associated with HIV-related neurocognitive disorders (HAND). The CCR5-Δ32 polymorphism results in impaired CCR5 receptor function and may modulate susceptibility to HIV-associated neurocognitive impairment; however, its role in HAND remains incompletely understood. We investigated the prevalence of the CCR5-Δ32 variant and its association with neurocognitive impairment in young adults who acquired HIV parenterally during early childhood.

**Material and methods:** 100 young adults with chronic HIV infection (median age: 24 years; 48% male; median plasma HIV-1 RNA: 2.11 $log_{10}$ copies/mL; median CD4 count: 478 cells/μ; median duration of combination antiretroviral therapy: 12 years) were included in the study. Genomic DNA extracted from peripheral blood mononuclear cells was analyzed by conventional PCR to identify wild-type and 32-bp-deleted CCR5 alleles. Neurocognitive function was evaluated using a comprehensive neuropsychological test battery, and a global deficit score (GDS) was calculated for each patient (cutoff ≥0.5).

**Results:** The CCR5-Δ32 variant was detected in 15% of participants in the heterozygous state, with no homozygous carriers identified. The two genotype groups did not differ significantly with respect to demographic characteristics, plasma HIV-1 RNA levels, or CD4+ T-cell counts. Neurocognitive impairment was identified in 33% of the study population and was significantly less prevalent among CCR5- Δ32 heterozygotes compared with patients carrying the wild-type genotype (p=0.023). Moreover, participants with the CCR5-Δ32/WT genotype had significantly better global neurocognitive performance, with lower median GDS values. Across the seven neurocognitive domains assessed, CCR5Δ32 heterozygotes performed significantly better in executive function (p=0.003), verbal fluency (p=0.011), and speed of information processing (p=0.030).

**Conclusions**: The CCR5-Δ32/WT genotype was associated with better cognitive performance in young adults with chronic HIV infection, highlighting the potential role of CCR5 genetic variation in regulating neurocognitive outcomes and HAND pathogenesis.

***

**CO26 - Epidemia HIV-1 în România – diversitatea virală și rezistența transmisă**

**Leontina Bănică[1,2], Robert Hohan[1], Ionelia Nicolae[1], Anca Negru[1,2], Anca Streinu Cercel[1,2], Victor Miron[1,2], Oana Săndulescu[1,2], Adrian Abagiu[1], Cristian Niculae[1,2], Cristiana Oprea[2,3], Adrian Păun[2,3], Ana Neagu[2,4], Simona Ruță[2,4], Simona Paraschiv[1,2]**

1 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Matei Balș", București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

3 - Spitalul Clinic de boli infecțioase și tropicale „Dr. Victor Babeș" București

4 - Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau" București

Diversitatea HIV-1 joacă un rol important în persistența rezervorului viral și în răspunsul la potențiale vaccinuri profilactice. Deși regimurile antiretrovirale moderne, caracterizate printr-o barieră genetică înaltă, reduc impactul clinic al mutațiilor de rezistență transmise (TDRM), supravegherea acestora rămâne importantă pentru menținerea eficienței terapiei de primă linie. Acest studiu a evaluat diversitatea HIV-1 și rezistența transmisă la medicamente în rândul persoanelor nou diagnosticate cu infectie HIV în România.

**Metode**: Au fost incluși 49 de subiecți nou diagnosticați cu infecție HIV-1. Gene pol a HIV-1 a fost secvențiată utilizând tehnologia Illumina. Mutațiile de rezistență pentru supraveghere (SDRM) au fost identificate folosind algoritmul Stanford HIV Drug Resistance Database. Subtiparea HIV-1 a fost realizată cu Geno2pheno, iar analiza filogenetică cu FastTree.

**Rezultate**: Lotul studiat a fost alcătuit predominant din bărbați, cu o vârstă mediană de 37 de ani (IQR: 28-45,5). Majoritatea au fost diagnosticați tardiv și au prezentat încărcături virale crescute (mediană: 5 $\log_{10}$ copii/mL). Subtipul F1 a fost predominant (39/49; 79,6%), urmat de subtipul B (5/49; 10,2%), forme recombinante (4/49; 8,2%) și subtipul A6 (1/49; 2,0%). Prevalența globală a TDRM a fost de 14,3% (7/49), similară datelor raportate anterior în România. Majoritatea mutațiilor au fost asociate inhibitorilor de protează (IP), cinci secvențe prezentând mutația M46L/I. O secvență a prezentat mutații asociate inhibitorilor nucleozidici ai revers-transcriptazei (D67N, T69D, T215S), iar alta mutația G140A în integrază. Secvențele cu mutații asociate IP au format un cluster de transmitere împreună cu tulpini raportate anterior în România.

**Concluzii**: Subtipul F1 rămâne dominant în România, reflectând un efect fondator istoric. Prevalența crescută a rezistenței transmise la IP reflectă utilizarea extensivă in ultima decada a acestei clase terapeutice. Clusterele filogenetice identificate sugerează transmitere locală activă.

**OC26 - HIV-1 epidemics in Romania – ongoing viral diversity and transmitted drug resistance**

**Leontina Bănică[1,2], Robert Hohan[1], Ionelia Nicolae[1], Anca Negru[1,2], Anca Streinu Cercel[1,2], Victor Miron[1,2], Oana Săndulescu[1,2], Adrian Abagiu[1], Cristian Niculae[1,2], Cristiana Oprea[2,3], Adrian Păun[2,3], Ana Neagu[2,4], Simona Ruță[2,4], Simona Paraschiv[1,2]**

1 - National Institute for Infectious Diseases "Matei Balș", Bucharest

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

3 - Clinical hospital of Infectios and tropical diseases "Dr. Victor Babeș", Bucharest

4 - "Ștefan S. Nicolau" Institute of Virology, Bucharest

HIV-1 genetic diversity influences viral reservoir persistence and vaccine responsiveness. Although contemporary antiretroviral regimens with a high genetic barrier have reduced the clinical impact of transmitted drug resistance mutations (TDRMs), continued surveillance remains essential to ensure the effectiveness of first-line therapies. This study evaluated HIV-1 diversity and transmitted drug resistance among newly diagnosed people with HIV-1 (PWH) in Romania.

**Methods:** Forty-nine newly diagnosed PWH were enrolled between June 2025 and June 2026. The HIV-1 pol region was sequenced using Illumina technology. Surveillance drug resistance mutations (SDRMs) were identified using the Stanford HIV Drug Resistance Database algorithm. HIV-1 subtypes were assigned with Geno2pheno, and phylogenetic analysis was performed using FastTree.

**Results:** The study population consisted predominantly of men, with a median age of 37 years (IQR: 28-45.5 years). Most participants were diagnosed as late presenters and had high plasma viral loads (median: 5 $\log_{10}$ copies/mL). Subtype F1 predominated (39/49, 79.6%), followed by subtype B (5/49, 10.2%), recombinant forms (4/49, 8.2%), and subtype A6 (1/49, 2.0%). The overall prevalence of TDRMs was 14.3% (7/49), consistent with previous Romanian reports. Most mutations were associated with protease inhibitors (PIs), with five sequences carrying the M46L/I mutation. One sequence harboured NRTI-associated mutations (D67N, T69D, T215S), while another contained the integrase-associated mutation G140A. Sequences carrying PI-associated mutations clustered within a single transmission network together with strains previously reported in Romania.

**Conclusions:** Subtype F1 remains dominant among newly diagnosed PWH in Romania, reflecting a historical founder effect. The relatively high prevalence of PI-associated transmitted drug resistance likely reflects widespread use of PI-based regimens. Phylogenetic clustering suggests ongoing local transmission across multiple epidemiological networks in Romania.

***

**CO27 - Promotorul viral al HIV-1 subtip F1 - particularități de secvență și potențiale implicații în reglarea transcrierii**

**Marian Neculae[1,2,3,4], Leontina Bănică[2,5], Liviu Rotaru[5,6], Marius Surleac[5,7], Ionelia Nicolae[5], Simona Paraschiv[2,5], Petronela Ancuța[1,3,4,7], Simona Maria Ruță[2,8]**

1 - Departamentul de Botanică și Microbiologie, Facultatea de Biologie, Universitatea din București

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" din București

3 - Département de Microbiologie, Infectiologie et Immunologie, Faculté de Médecine, Université de Montréal, Québec, Canada

4 - Centre de Recherche du Centre Hospitalier de l'Université de Montréal (CRCHUM), Montréal, Québec, Canada

5 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș", București

6 - Departamentul de Anatomie, Fiziologie Animală și Biofizică, Facultatea de Biologie, Universitatea din București

7 - Institutul de Cercetare al Universității din București (ICUB)

8 - Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau" al Academiei Române, București

**Introducere și obiective:** Transcrierea HIV-1, o etapă esențială a ciclului de replicare virală, încă nu este țintită de medicamentele antiretrovirale aprobate în prezent. Reglarea acesteia este realizată de factori celulari ai gazdei, de transactivatorul Tat și de elemente reglatorii cis localizate în regiunea 5' long terminal repeat (5'LTR), a căror secvență și organizare variază între subtipurile virale. Deși subtipul F1 al HIV-1 este foarte prevalent în România, arhitectura promotorului său rămâne insuficient caracterizată.

**Scopul** studiului nostru a fost optimizarea unui flux de lucru bazat pe secvențiere de nouă generație pentru obținerea regiunii U3-R a LTR HIV-1 din ARN viral plasmatic și caracterizarea preliminară a intervalului genomic acoperit, a variabilității și a elementelor reglatoare conservate ale secvențelor obținute.

**Materiale și metode**: Au fost analizate probe de plasmă de la 12 persoane cu HIV viremice, clasificate anterior ca subtip F1 prin secvențiere pol. ARN-ul viral a fost extras, revers-transcris, amplificat cu primeri corespunzători pozițiilor HXB2 1-20 și 522-548 și secvențiat folosind platforma Illumina MiSeq. Citirile au fost asamblate utilizând referințele HXB2 și AB485659. Pozițiile LTR au fost atribuite conform numerotării HXB2, iar analizele ulterioare s-au realizat folosind un flux Python/Biopython personalizat. Identitatea nucleotidică regională între perechile de secvențe a fost calculată, motivele canonice κB și caseta TATA au fost evaluate prin potrivire exactă, iar repetițiile upstream, prin k-meri suprapuși de 6-12 nucleotide.

**Rezultate:** Au fost obținute secvențe consens pentru toate cele 12 probe, cu lungimi de 546-592 de nucleotide neambigue (mediana: 581). Acestea sunt cuprinse aproximativ între pozițiile 3 și 547 ale HXB2, acoperind aproape integral regiunile U3 și R, fără extindere în U5. Identitatea nucleotidică medie între perechile de secvențe a fost de 86,5% în regiunea modulatoare, 96,8% în enhancer, 92,6% în promotorul central și 93,8% în R. Imediat în amonte de enhancer a fost observat un segment cu lungime variabilă, bogat în secvențe repetitive. Ambele motive canonice κB, precum și caseta TATA, au fost conservate în toate cele 12 secvențe.

**Concluzii**: Rezultatele preliminare susțin utilizarea ARN-ului viral din plasmă pentru caracterizarea secvenței regiunii U3-R a HIV-1 subtip F1. Variabilitatea secvenței nu a fost uniform distribuită în U3: regiunea modulatoare a prezentat cea mai mare heterogenitate, în timp ce enhancer-ul și promotorul central au prezentat un grad mai ridicat de conservare. În ciuda variabilității, ambele motive canonice κB și caseta TATA au fost conservate în toate probele. Experimentele ulterioare vor viza secvențierea și caracterizarea întregii regiuni 5'LTR din AND proviral, în vederea identificării unor noi ținte terapeutice pentru modularea transcrierii HIV-1.

**OC27 - The HIV-1 subtype F1 promoter - sequence features and potential implications for transcriptional regulation**

**Marian Neculae[1,2,3,4], Leontina Bănică[2,5], Liviu Rotaru[5,6], Marius Surleac[5,7], Ionelia Nicolae[5], Simona Paraschiv[2,5], Petronela Ancuta[1,3,4,7], Simona Maria Ruță[2,8]**

1 - Department of Botany and Microbiology, Faculty of Biology, University of Bucharest

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

3 - Département de Microbiologie, Infectiologie et Immunologie, Faculté de Médecine, Université de Montréal, Québec, Canada

4 - Centre de Recherche du Centre Hospitalier de l'Université de Montréal (CRCHUM), Montréal, Québec, Canada

5 - National Institute for Infectious Disease "Prof. Dr. Matei Balș", Bucharest

6 - Department of Anatomy, Animal Physiology and Biophysics, Faculty of Biology, University of Bucharest,

7 - The Research Institute of the University of Bucharest (ICUB), Bucharest

8 - "Ștefan S. Nicolau" Institute of Virology, Romanian Academy, Bucharest

**Background and objectives**: HIV-1 transcription, an essential step of the viral replication cycle, is still not targeted by currently approved antiretroviral drugs. Regulation of this process involves host cellular factors, the transactivator Tat, and cis-regulatory elements within the 5' long terminal repeat (5'LTR), whose sequence and organization vary across viral subtypes. Although HIV-1 subtype F1 is highly prevalent in Romania, its promoter architecture remains insufficiently characterized. Our aim was to optimize a next-generation sequencing workflow for recovering the HIV-1 LTR U3-R region from plasma viral RNA and to perform a preliminary characterization of recovered sequence span, variability, and conserved regulatory elements.

**Materials and methods**: Plasma samples from 12 viremic people with HIV-1, previously classified as subtype F1 by pol sequencing, were analyzed. Viral RNA was extracted,

reverse- transcribed, amplified with primers corresponding to HXB2 positions 1-20 and 522-548, and sequenced on the Illumina MiSeq platform. Reads were assembled against the HXB2 and AB485659 references. LTR positions were assigned according to HXB2 numbering and downstream analyses used a custom Python/Biopython workflow. Regional pairwise nucleotide identity was calculated, canonical κB motifs and the TATA box were assessed by exact sequence matching, and the upstream repeat structure was analyzed using overlapping 6-12-nucleotide k- mers.

**Results**: Consensus sequences were obtained from all 12 samples and contained 546-592 unambiguous nucleotides (median: 581). They spanned approximately HXB2 positions 3-547, covering nearly all U3 and R, with no sequence extending into U5. Mean inter-sample pairwise nucleotide identity was 86.5% in the modulatory region, 96.8% in the enhancer, 92.6% in the core promoter, and 93.8% in R. A length-variable, repeat-rich segment was observed immediately upstream of the enhancer. Both canonical κB motifs and the TATA box were conserved across all 12 sequences.

**Conclusions:** Our preliminary results support plasma viral RNA as a source for sequence characterization of the HIV-1 subtype F1 U3-R region. Sequence variability was non-uniform across U3, with the modulatory region showing the greatest heterogeneity, whereas the enhancer and core promoter were more conserved. Despite this variability, both canonical κB motifs and the TATA-box motif were preserved across all samples. Future experiments will focus on sequencing and characterizing the complete proviral DNA-derived 5′ LTR, in an effort to identify new potential targets for modulating HIV-1 transcription.

***

**CO28 - Infecțiile cu transmitere sexuală în rândul persoanelor cu factori de risc: testăm asimptomaticii?**

**Adrian Păun[1,2], Ana Neagu[1,3], Cristiana Oprea[1,2], Leontina Banică[1,4], Simona Paraschiv[1,4], Aura Temereancă[1,3], Corneliu Popescu[1,2], Camelia Sultana[1,3], Simona Ruță[1,3]**

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

4 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș", București

**Introducere**: Infecțiile cu transmitere sexuală (ITS) evoluează frecvent asimptomatic, iar datele privind prevalența lor în grupurile cu risc crescut din România sunt minime. Utilitatea screeningului este însă controversată: GonoScreen, primul studiu randomizat

controlat la bărbați care întrețin relații sexuale cu bărbați (MSM) aflați pe profilaxie pre-expunere, a arătat că screeningul trimestrial nu a redus incidența gonoreei, dar a crescut consumul de antibiotice cu 21–45%. Ne-am propus să evaluăm prezența ITS la persoane asimptomatice care trăiesc cu HIV (PLWH), în relație cu profilul de risc sexual.

**Materiale și metode**: Studiu pilot transversal pe 46 de PLWH: 31 recent diagnosticați (25 MSM) și 15 din cohorta pediatrică HIV. S-a aplicat un chestionar de risc sexual. Urina a fost testată pentru 14 patogeni prin multiplex Real-Time PCR (Allplex STI Essential și Genital Ulcer, Seegene).

**Rezultate**: Au fost pozitive 26 probe (56,5%), 9 (34,6%) cu infecții multiple. Au predominat citomegalovirusul (CMV; 32,6%), *Ureaplasma urealyticum* (17,4%), *Mycoplasma hominis* (MH; 10,9%), *Ureaplasma parvum* (10,9%) și *Mycoplasma genitalium* (8,7%). CMV a fost semnificativ mai frecvent la cei recent diagnosticați decât în cohorta pediatrică (45,2% vs. 6,7%; p = 0,017). Deși MSM au declarat semnificativ mai frecvent chemsex, sex în grup și contacte sexuale cu persoane necunoscute (p = 0,001), pozitivitatea a fost similară la MSM și non-MSM (60,0% vs. 52,9%; p = 0,75).

**Concluzii**: Peste jumătate dintre PLWH asimptomatici au avut cel puțin un agent asociat ITS, predominant microorganisme pentru care ghidurile nu recomandă testarea la asimptomatici (CMV, *Ureaplasma* spp., MH), fără detecția *Neisseria gonorrhoeae* sau în urină. Rezultatele pledează pentru testarea țintită, nu multiplex extinsă, a asimptomaticilor, limitând antibioterapia nejustificată și selecția rezistenței antimicrobiene.

**OC28 - Sexually transmitted infections among people with risk factors: do we test the asymptomatic?**

**Adrian Păun[1,2], Ana Neagu[1,3], Cristiana Oprea[1,2], Leontina Banică[1,4], Simona Paraschiv[1,4], Aura Temereancă[1,3], Corneliu Popescu[1,2], Camelia Sultana[1,3], Simona Ruță[1,3]**

1 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

2 - "Dr. Victor Babeș" Clinical Hospital for Infectious and Tropical Diseases, Bucharest

3 - "Ștefan S. Nicolau" Institute of Virology, Bucharest

4 - National Institute of Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș", Bucharest

**Introduction**: Sexually transmitted infections (STIs) frequently evolve asymptomatically, data on their prevalence in high-risk groups in Romania are minimal. However, the usefulness of screening is controversial: GonoScreen, the first randomized controlled trial in men who have sex with men (MSM) on pre-exposure prophylaxis, showed that quarterly screening did not reduce the incidence of gonorrhea, but increased antibiotic consumption by 21–45%. The aim of the present study is to evaluate the presence of STIs in asymptomatic people living with HIV (PLWH), in relation to the sexual risk profile.

**Materials and methods**: A cross-sectional pilot study on 46 PLWHs: 31 newly diagnosed (25 MSM) and 15 from the pediatric HIV cohort. A sexual risk questionnaire was applied. Urine was tested for 14 pathogens by multiplex Real-Time PCR (Allplex STI Essential and Genital Ulcer, Seegene).

**Results**: 26 samples (56.5%), 9 (34.6%) with multiple infections were positive. Cytomegalovirus (CMV; 32.6%), *Ureaplasma urealyticum* (17.4%), *Mycoplasma hominis* (MH; 10.9%), *Ureaplasma parvum* (10.9%) and *Mycoplasma genitalium* (8.7%) predominated. CMV was significantly more common in newly diagnosed patients than in the pediatric cohort (45.2% vs. 6.7%; p = 0.017). Although MSM reported chemsex, group sex, and sexual contact with unknown persons significantly more frequently (p = 0.001), positivity was similar in MSM and non-MSM (60.0% vs. 52.9%; p = 0.75).

**Conclusions**: More than half of the asymptomatic PLWHs had at least one STI-associated agent, predominantly microorganisms for which the guidelines do not recommend testing for asymptomatic patients (CMV, *Ureaplasma* spp., MH), without detection of *Neisseria gonorrhoeae* or *Chlamydia trachomatis* in urine. The results argue for targeted, not extensive, testing of asymptomatic patients, limiting unwarranted antibiotic therapy and the selection of antimicrobial resistance.

# SESIUNEA a VII-a
# DIRECȚII DE VIITOR ÎN MICROBIOLOGIE ŞI EPIDEMIOLOGIE

## Co29 - Influența factorilor climatici și de mediu asupra bolilor transmise prin țânțari în Uniunea Europeană și în România

**Anca Mirela Sîrbu[1,2], Raluca Gâtej[3], Monica Aanei[4], Ani Ioana Cotar[5]**

1 - Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Național de Supraveghere și Control al bolilor transmisibile

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

3 - Institutul Național de Sănătate Publică - Laboratorul Național de Sănătate Publică

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

5 - Institutul Național de Cercetare Dezvoltare Medico-Militară Cantacuzino – Laboratorul Infecții Transmise prin Vectori

**Obiective**: Schimbările climatice și modificările mediului influențează distribuția geografică a țânțarilor, densitatea populațiilor acestora și transmiterea agenților patogeni. Creșterea temperaturilor, modificarea regimului precipitațiilor, fenomenele meteorologice extreme și urbanizarea pot favoriza extinderea zonelor cu risc epidemiologic și apariția focarelor de boală. Lucrarea urmărește analiza comparativă a situației epidemiologice din Uniunea Europeană și România, identificarea asocierilor dintre factorii climatici și de mediu și evoluția bolilor transmise prin țânțari, precum și evidențierea implicațiilor pentru sănătatea publică.

**Metode utilizate**: Studiul se bazează pe analiza datelor epidemiologice și climatice provenite din surse oficiale, evaluarea tendințelor temporale și geografice și investigarea relațiilor dintre variabilele meteorologice și incidența bolilor. Sunt avute în vedere infecția cu virusul West Nile, dengue, chikungunya și malaria, precum și distribuția vectorilor, inclusiv a speciei invazive Aedes albopictus.

**Rezultate**: Analiza evidențiază importanța interacțiunii dintre condițiile climatice, caracteristicile habitatelor și dinamica populațiilor de țânțari în modificarea riscului de transmitere. În Uniunea Europeană, extinderea unor vectori invazivi și apariția transmiterii locale a unor arboviroze subliniază necesitatea consolidării supravegherii. În România, infecția cu virusul West Nile reprezintă un indicator relevant al relației dintre condițiile meteorologice și riscul epidemiologic. Totuși, intensitatea acestor asocieri variază în funcție de specie, regiune și context.

**Concluzii**: Integrarea datelor climatice, de mediu, epidemiologice și entomologice poate contribui la identificarea zonelor și perioadelor cu risc crescut și la îmbunătățirea strategiilor de prevenire și control. Consolidarea supravegherii integrate, dezvoltarea sistemelor de avertizare timpurie și aplicarea abordării One Health sunt esențiale pentru prevenirea și controlul bolilor transmise prin țânțari și pentru adaptarea sănătății publice la schimbările climatice.

**OC29 - The influence of climatic and environmental factors on mosquito-borne diseases in the European Union and in Romania**

**Anca Mirela Sîrbu[1,2], Raluca Gâtej[3], Monica Aanei[4], Ani Ioana Cotar[5]**

1 - National Institute of Public Health – National Center for Surveillance and Control of communicable diseases

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

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

4 - National Institute of Public Health – Laboratory of the RegionalCenter of Public Health Cluj

5 - "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and Development – Laboratory for Vector-borne diseases

**Objectives**: Climate change and environmental modifications influence the geographic distribution of mosquitoes, their population density, and the transmission of pathogens. Rising temperatures, shifts in precipitation patterns, extreme weather events, and urbanization can facilitate the expansion of areas at epidemiological risk and the emergence of disease outbreaks. This study aims to provide a comparative analysis of the epidemiological situation in the European Union and Romania, identify associations between climatic and environmental factors and the progression of mosquito-borne diseases, and highlight the implications for public health.

**Methods:** The study is based on the analysis of epidemiological and climatic data from official sources, the assessment of temporal and geographical trends, and an investigation into the relationships between meteorological variables and disease incidence.

It covers West Nile virus infection, dengue, chikungunya, and malaria, as well as the distribution of vectors, including the invasive species Aedes albopictus

**Results**: The analysis highlights the importance of the interaction between climatic conditions, habitat characteristics and mosquito population dynamics in modifying transmission risk. In the European Union, the spread of invasive vectors and the

emergence of local transmission of certain arboviruses highlight the need to strengthen surveillance. In Romania, West Nile virus infection serves as a relevant indicator of the relationship between meteorological conditions and epidemiological risk. However, the strength of these associations varies depending on the species, region, and ecological context.

**Conclusions:** Integrating climate, environmental, epidemiological, and entomological data can help identify areas and periods of increased risk, as well as improve prevention and control strategies. Strengthening integrated surveillance, developing early warning systems, and applying the One Health approach are essential for the prevention and control of mosquito-borne diseases and for adapting public health to climate change.

***

**CO30 - Produse patologice utilizate in diagnosticul infectiilor acute virale ale SNC**

**Corneliu Petru Popescu[1,2], Alexandru Marin[1], Corina Oprișan[1], Maria Nica[1,2], Grațiela Țârdei[1,2], Simin Aysel Florescu[1,2], Simona Ruță[1,2]**

1 - Spitalul Clinic de boli infecțioase și tropicale „Dr. Victor Babeș", București

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

Infecțiile acute virale ale sistemului nervos central (SNC), manifestate clinic sub formă de meningite, encefalite sau mielite, reprezintă urgențe medicale cu evoluție potențial severă. Identificarea rapidă a agentului etiologic este esențială pentru optimizarea managementului clinic și evitarea utilizării inutile de antibiotice și antivirale. Va fi analizată valoarea diagnostică a produselor patologice utilizate în confirmarea infecțiilor virale ale SNC.

Lichidul cefalorahidian (LCR) obținut prin puncție lombară reprezintă standardul de aur. Utilizarea tehnicilor de diagnostic molecular din LCR a devenit azi metoda de elecție datorită sensibilității și specificității înalte, permițând detecția rapidă a virusurilor herpetice sau a enterovirusurilor. Totuși, deoarece cantitatea de virus din LCR poate scădea rapid după primele zile de la debut, utilizarea altor produse patologice devine importantă în stabilirea diagnosticului etiologic.

În acest sens, sângele, exudatele nazo-faringiene, materiile fecale sau urina constituie produse patologice complementare extrem de importante în suspiciunile de infecții acute SNC cu enterovirusuri, virusuri gripale, virus urlian, virus rubeolos sau arbovirusuri. Testarea PCR din scaun prezintă o sensibilitate de peste 90% și o fereastră de detecție extinsă, virusul fiind eliminat la acest nivel timp de câteva săptămâni, la pacienții imunosupresați chiar luni de zile. Corelativ, urina este recunoscută ca un produs

patologic valoros în neuroinfecțiile determinate de arbovirusuri (în România de interes național virusul West Nile) oferind titruri virale detectabile mai mari și o persistență mai îndelungată a acizilor nucleici decât în sânge sau LCR. Prezența virusurilor gripale în LCR este extrem de rară astfel încât recoltarea exudatului nazo-faringian poate orienta diagnosticul etiologic în context clinic și epidemiologic.

În concluzie, diagnosticul în infecțiile virale acute ale SNC impune o strategie variată, integrând analiza LCR cu diagnosticul molecular din sânge, materii fecale, urină sau exudat nazo-faringian maximizând astfel capacitatea laboratorului de a oferi un diagnostic etiologic.

**OC30 - Clinical specimens used in the diagnosis of acute viral infections of the CNS**

**Corneliu Petru Popescu[1,2], Alexandru Marin[1], Corina Oprișan[1], Maria Nica[1,2], Grațiela Țârdei[1,2], Simin Aysel Florescu[1,2], Simona Ruță[1,2]**

1 - "Dr. Victor Babeș" Clinical Hospital for infectious and tropical diseases Bucharest

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

Acute viral infections of the central nervous system (CNS), clinically manifested as meningitis, encephalitis, or myelitis, represent medical emergencies with a potentially severe progression. Rapid identification of the etiologic agent is essential for optimizing clinical management and avoiding the unnecessary use of antibiotics and antivirals. The diagnostic value of pathological specimens used to confirm viral CNS infections will be analyzed. Cerebrospinal fluid (CSF) obtained via lumbar puncture remains the gold standard. The use of molecular diagnostic techniques from CSF has become the method of choice today due to their high sensitivity and specificity, allowing for the rapid detection of herpesviruses or enteroviruses. However, since the viral load in the CSF can decrease rapidly after the first few days from onset, the use of other pathological specimens becomes important in establishing the etiologic diagnosis. In this regard, blood, nasopharyngeal swabs, stool, or urine constitute extremely important complementary specimens in suspected acute CNS infections caused by enteroviruses, influenza viruses, mumps virus, rubella virus, or arboviruses. PCR testing from stool samples shows a sensitivity of over 90% and an extended detection window, as the virus is shed at this level for several weeks, and in immunosuppressed patients, even for months. Correlatively, urine is recognized as a valuable pathological specimen in neuroinfections caused by arboviruses (in Romania, the West Nile virus is of national interest), offering higher detectable viral titers and longer persistence of nucleic acids than in blood or CSF. The presence of influenza viruses in the CSF is extremely rare; therefore, collecting a nasopharyngeal swab can guide the etiologic diagnosis within a clinical and epidemiological context.

In conclusion, the diagnosis of acute viral CNS infections requires a multifaceted strategy, integrating CSF analysis with molecular diagnostics from blood, stool, urine, or nasopharyngeal swabs, thereby maximizing the laboratory's capacity to provide an etiologic diagnosis.

***

**CO31 - Cryoconservarea tulpinilor bacteriene în azot lichid. Experiența I.N.C.D.M.M. „Cantacuzino"**

**Daniela Cristea[1], Andreea Ghiță[1], Mădălina Zamfir[1], Andrei Popa[1], Alexandra-Maria Năsăcuțiu[1,2]**

1 - Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”

**Context:** Conservarea tulpinilor bacteriene, cu precădere a celor care prezintă particularități deosebite (tulpini rare, tulpini emergente-reemergente, tulpini cu mecanisme variate de rezistență la antibiotice) este un proces important atât în contextul cercetărilor ulterioare, dar și al programelor de supraveghere epidemiologică. Există numeroase variante de conservare pe termen scurt și, respectiv, lung a tulpinilor bacteriene, printre care și cea mai puțin uzitată de cryoconservare în azot lichid.

**Material și metode:** Studiul preliminar desfășurat prin colaborarea dintre Laboratorul de Infecții enterice bacteriene și Biobanca INCDMM Cantacuzino a fost făcut pe tulpini de referință, respectiv izolate clinice de *Escherichia coli* – diverse patotipuri -, *Shigella flexneri* și *Salmonella* ser. Panama care au fost prelucrate în vederea stocării pe termen lung în azot lichid, utilizând fie glicerol, fie dimetilsulfoxid (DMSO), folosind recomandările din protocolul ATCC Bacteriological Culture Guide. Toate tulpinile luate în studiu au fost în prealabil caracterizate fenotipic și genotipic. Conservarea în azot lichid s-a făcut pe o perioadă de 6 luni, după care tulpinile au fost reluate în BHI și pe geloză sânge pentru vitalizare.

**Rezultate:** Tulpinile au fost recuperate foarte rapid, cu creștere foarte bună după 18 h de incubare. Identificarea fenotipică și cea genotipică au confirmat menținerea caracterelor la toate tulpinile : morfologie tipică a coloniilor (colonii bine dezvoltate, fără fenomen de rafizare), caracterele biochimice și serologice confirmate, prezența anumitor gene de interes confirmate prin PCR. Nu au existat diferențe între tulpinile stocate în glicerol și cele stocate în DMSO.

**Concluzii:** Rezultatele studiului preliminar fiind promițătoare, ne îndreptățesc să propunem ca soluție de backup cryoconservarea tulpinilor bacteriene de interes, în felul

acesta Biobanca putând sprijini activitatea de supraveghere și cercetare efectuată în INCDMM Cantacuzino. Studiul a fost efectuat în cadrul proiectului „Dezvoltarea biobăncii INCDMM Cantacuzino în scopul asigurării unui management performant al materialului biologic disponibil pentru cercetarea biomedicală" (ACRONIM: PSCD ResB-Bank), proiect finanțat în cadrul Planului Sectorial de Cercetare și Dezvoltare (PSCD) al Ministerului Apărării Naționale (2022-2025, prelungit în 2026).

**OC31 - Cryoconservation of bacterial strains in liquid nitrogen. The experience of the "Cantacuzino" N.M.M.I.R.D.**

**Daniela Cristea[1], Andreea Ghiță[1], Mădălina Zamfir[1], Andrei Popa[1], Alexandra-Maria Năşcuţiu[1,2]**

1 - "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and development

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

**Context:** Preserving bacterial strains - particularly those with distinctive characteristics (rare strains, emerging or re-emerging strains, and strains with diverse antibiotic resistance mechanisms) - is a crucial process for both future research and epidemiological surveillance programs. Various methods exist for the short- and long-term preservation of bacterial strains, including the less commonly used technique of cryopreservation in liquid nitrogen.

**Materials and Methods:** This preliminary study, conducted through a collaboration between the Laboratory of Bacterial Enteric Infections and the Biobank of the Cantacuzino National Medical Military Institute for Research and Development, used reference strains and clinical isolates of *Escherichia coli* (various pathotypes), *Shigella flexneri*, and *Salmonella* ser. Panama. These were processed for long-term storage in liquid nitrogen using either glycerol or dymethilsulfoxide (DMSO), in accordance with the ATCC Bacteriological Culture Guide protocol. All strains included in the study had been previously characterized both phenotypically and genotypically. Preservation in liquid nitrogen was maintained for six months, after which the strains were revived in BHI broth and on blood agar.

**Results:** The strains were recovered rapidly, showing excellent growth after 18 hours of incubation. Phenotypic and genotypic identification confirmed the retention of characteristics across all strains: typical colony morphology (well-developed colonies with no rough-variant formation), confirmed biochemical and serological traits, and the presence of specific genes of interest verified by PCR. No differences were observed between strains stored in glycerol and those stored in DMSO.

**Conclusions:** Given the promising results of the preliminary study, we propose the cryopreservation of bacterial strains of interest as a backup solution; in this way, the Biobank can support the surveillance and research activities carried out at the Cantacuzino National Medical Military Institute for Research and Development. The study was performed in the frame of the project "Development of the biobank of the Cantacuzino NMMIRD in order to ensure efficient management of biological material available for biomedical research" (ACRONYM: PSCD ResB-Bank), project financed in the frame of the Sectorial Plan of Research and Development of the Ministry of National Defense (2022-2025, prolonged in 2026).

***

**CO32 - Ingineria virală: progresul viroterapiei oncolitice**

**Costin Dămian, Ramona Gabriela Ursu, Luminița Smaranda Iancu**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa" Iași

Virusurile oncolitice naturale sau modificate genetic se replică preferențial în celulele maligne, le distrug și expun antigenele tumorale sistemului imun. Prin inginerie genetică pot fi controlate tropismul viral, replicarea și expresia locală de molecule imunostimulatoare. Din 2005 au fost autorizate produse derivate din patru familii virale, însă încă rămân întrebări deschise privitoare la beneficiul adus supraviețuirii pe termen lung.

**Obiectiv**: Stabilirea nivelului de certitudine al dovezilor clinice care susțin viroterapia oncolitică, prin analiza rezultatelor studiilor randomizate și a celor de cohortă.

**Material și metode**: Am realizat o analiză comparativă a studiilor clinice și a articolelor de sinteză publicate până în prezent, împreună cu documentele de reglementare emise de FDA și EMA. Pentru fiecare studiu au fost extrase designul, populația, obiectivul principal și limitele de interpretare.

**Rezultate**: Am identificat un total de 22 de surse: studii clinice de fază I–III, articole de sinteză și documente oficiale de autorizare. Studiul randomizat OPTiM (n=436) a demonstrat o rată a răspunsului durabil de 16,3% pentru talimogene laherparepvec, față de 2,1% pentru GM-CSF (p<0,001). În august 2026, FDA a acordat aprobare accelerată asocierii RP1 cu nivolumab, în melanomul refractar la terapia anti-PD-1, pe baza unei rate de răspuns obiectiv de 24,2% (IC 95%: 15,8–34,3), obținută într-un studiu cu un singur braț. În contrast, studiile randomizate de fază III MASTERKEY-265 și PHOCUS nu au demonstrat beneficiu de supraviețuire.

**Concluzii**: Viroterapia oncolitică a depășit stadiul conceptual, însă rezultatele diferă substanțial între platforme și între indicații. Neutralizarea prin anticorpi antivirali, captarea hepatosplenică a particulelor virale și imunosupresia intratumorală rămân barierele principale, iar selecția pacienților pe baza biomarkerilor și validarea prin studii randomizate rămân condițiile esențiale pentru progresul domeniului.

**Cuvinte-cheie**: viroterapie oncolitică, inginerie genetică virală, imunoterapie, melanom, talimogene laherparepvec

**OC32 - Viral engineering: progress in oncolytic virotherapy**

**Costin Dămian, Ramona Gabriela Ursu, Luminița Smaranda Iancu**

"Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy Iași

Natural or genetically modified oncolytic viruses replicate preferentially in malignant cells, destroy them and expose tumour antigens to the immune system. Genetic engineering allows control of viral tropism, replication and the local expression of immunostimulatory molecules. Products derived from four viral families have been authorised since 2005, but questions remain open regarding the benefit to long-term survival.

**Objective**: To establish the level of certainty of the clinical evidence supporting oncolytic virotherapy, by analysing the results of randomised trials and of cohort studies.

**Material and methods**: We performed a comparative analysis of the clinical trials and review articles published to date, together with the regulatory documents issued by the FDA and the EMA. For each study we extracted the design, population, primary endpoint and limits of interpretation.

**Results**: We identified a total of 22 sources: phase I–III clinical trials, review articles and official authorisation documents. The randomised OPTiM trial (n=436) demonstrated a durable response rate of 16.3% for talimogene laherparepvec versus 2.1% for GM-CSF (p<0.001). In August 2026 the FDA granted accelerated approval to RP1 combined with nivolumab, in melanoma refractory to anti-PD-1 therapy, based on an objective response rate of 24.2% (95% CI: 15.8–34.3) obtained in a single-arm trial. By contrast, the randomised phase III trials MASTERKEY-265 and PHOCUS showed no survival benefit.

**Conclusions**: Oncolytic virotherapy has moved beyond the conceptual stage, but results differ substantially between platforms and between indications. Neutralisation by antiviral antibodies, hepatosplenic uptake of viral particles and intratumoural immunosuppression remain the principal barriers, while biomarker-based patient selection and validation in randomised trials remain the essential conditions for progress in the field.

**Keywords**: oncolytic virotherapy, viral genetic engineering, immunotherapy, melanoma, talimogene laherparepvec.

***

**CO33 - De la rezultat la sens: diagnostic stewardship și dubla responsabilitate a microbiologului**

**Irina Codiță**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila" București

Binafarm S.R.L.

**Obiective**: Evidențierea rolului diagnostic stewardship în utilizarea adecvată a investigațiilor microbiologice și transformarea rezultatelor de laborator în decizii fundamentate clinic și epidemiologic, prin integrarea contextului și a discernământului profesional.

**Metode utilizate**: Analiza conceptuală se bazează pe recomandările OMS (2016) și IDSA/ASM (2024) și utilizează patru scenarii ilustrative: bacteriurie asimptomatică, hemoculturi, detecția moleculară a *Clostridioides difficile* și interpretarea antibiogramei. Sunt examinate etapele preanalitică, analitică și postanalitică, inclusiv colaborarea microbiolog-clinician în stabilirea indicației, alegerea investigației și recoltarea corectă a probei.

**Rezultate**: Scenariile arată că exactitatea analitică nu garantează adecvarea deciziei clinice. Testarea nejustificată, recoltarea insuficientă, confundarea colonizării cu infecția și interpretarea antibiogramei fără context clinic pot determina decizii eronate. Dialogul dintre clinician și microbiolog trebuie să înceapă înaintea recoltării și să continue după raportarea rezultatului. Informațiile microbiologice au totodată valoare epidemiologică: selecția pacienților testați, calitatea probelor și practicile de raportare influențează reprezentativitatea datelor de supraveghere.

Rezultă o dublă responsabilitate a microbiologului, față de pacientul individual și față de populație. Utilizarea judicioasă a testelor poate limita consumul inutil de reactivi, energie și timp profesional, contribuind la sustenabilitatea laboratorului.

În **concluzie**, diagnostic stewardship nu urmărește reducerea indiscriminată a testelor, ci efectuarea investigațiilor necesare, la pacientul potrivit și la momentul potrivit. Sensul rezultatului se construiește prin integrarea contextului, discernământului profesional și colaborării interdisciplinare, în beneficiul deciziei clinice și al supravegherii epidemiologice.

**OC33 - From Result to Meaning: Diagnostic Stewardship and the Microbiologist's Dual Responsibility**

**Irina Codiță**

"Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

Binafarm S.R.L.

**Objectives**: To highlight the role of diagnostic stewardship in the appropriate use of microbiological investigations and the transformation of laboratory results into clinically and epidemiologically informed decisions through the integration of context and professional judgement.

**Methods**: This conceptual analysis draws on WHO (2016) and IDSA/ASM (2024) recommendations and uses four illustrative scenarios: asymptomatic bacteriuria, blood cultures, molecular detection of *Clostridioides difficile*, and antimicrobial susceptibility interpretation. Preanalytical, analytical, and postanalytical phases are examined, including microbiologist–clinician collaboration in establishing indications, selecting investigations, and ensuring proper specimen collection.

**Results**: The scenarios show that analytical accuracy does not guarantee appropriate clinical decisions. Unjustified testing, insufficient specimen collection, confusing colonization with infection, and interpreting susceptibility results without clinical context may lead to erroneous decisions. Dialogue between clinicians and microbiologists should begin before specimen collection and continue after results are reported.

Microbiological information also has epidemiological value: patient selection for testing, specimen quality, and reporting practices influence the representativeness of surveillance data. This establishes the microbiologist's dual responsibility toward individual patients and populations. Judicious testing can limit unnecessary consumption of reagents, energy, and professional time, contributing to laboratory sustainability.

In **conclusion**, diagnostic stewardship does not seek indiscriminate reductions in testing, but the performance of necessary investigations for the right patient at the right time. The meaning of a result emerges through integrating context, professional judgement, and interdisciplinary collaboration, benefiting clinical decisions and epidemiological surveillance.

***

**Co34 - De la microscopie la microbiologia de precizie – 100 de ani după Victor Babeș**

**Iulia-Cristina Bagiu, Florin-George Horhat, Norbert Varga, Dan Vulcănescu**

Spitalul clinic de urgență pentru copii „Louis Țurcanu", Timișoara

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș", Timișoara

**Obiective**: Prezentarea își propune să evidențieze evoluția microbiologiei de la metodele clasice de observație și identificare a microorganismelor la tehnologiile moderne de diagnostic; să identifice principiile fundamentale ale activității științifice promovate de Victor Babeș, care rămân actuale în practica contemporană; și să sublinieze rolul microbiologului în interpretarea rezultatelor, optimizarea diagnosticului și sprijinirea deciziilor clinice.

**Metode utilizate**: Prezentarea are caracter narativ, documentar și educațional, fiind fundamentată pe analiza contribuțiilor științifice ale lui Victor Babeș, a literaturii istorice relevante și a principiilor actuale ale microbiologiei clinice. Sunt abordate comparativ metodele clasice și tehnologiile moderne, incluzând identificarea rapidă a microorganismelor, diagnosticul molecular, caracterizarea mecanismelor de rezistență antimicrobiană și secvențierea genomică. Exemplele practice ilustrează importanța corelării rezultatelor de laborator cu datele clinice și epidemiologice, precum și aplicarea principiilor de diagnostic stewardship.

**Concluzii**: Evoluția tehnologică a extins considerabil capacitatea laboratorului de a identifica și caracteriza agenții patogeni. Totuși, performanța diagnostică nu depinde exclusiv de tehnologie, ci și de calitatea probei, alegerea adecvată a testului, interpretarea critică a rezultatelor și comunicarea eficientă cu clinicianul. Microbiologul contemporan devine astfel un partener esențial în diagnosticul infecțiilor, supravegherea rezistenței antimicrobiene și utilizarea judicioasă a investigațiilor microbiologice. La un secol de la dispariția lui Victor Babeș, moștenirea sa rămâne actuală prin rigoare, curiozitate științifică și responsabilitate profesională. Viitorul microbiologiei depinde de capacitatea de a transforma datele generate de tehnologiile moderne în informații relevante pentru decizia medicală și beneficiul pacientului.

**OC34 - From Microscopy to Precision Microbiology – 100 Years After Victor Babeș**

**Iulia-Cristina Bagiu, Florin-George Horhat, Norbert Varga, Dan Vulcănescu**

"Louis Țurcanu" Clinical Emergency Hospital for children, Timișoara

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: This presentation aims to highlight the evolution of microbiology from classical methods of observation and microorganism identification to modern diagnostic

technologies; to identify the fundamental principles of scientific practice promoted by Victor Babeș that remain relevant in contemporary clinical practice; and to emphasize the microbiologist's role in result interpretation, diagnostic optimization, and support for clinical decision-making.

**Methods**: This presentation has a narrative, documentary, and educational approach, based on an analysis of Victor Babeș's scientific contributions, relevant historical literature, and current principles of clinical microbiology. Classical methods are compared with modern technologies, including rapid microorganism identification, molecular diagnostics, characterization of antimicrobial resistance mechanisms, and genomic sequencing. Practical examples illustrate the importance of correlating laboratory results with clinical and epidemiological data, as well as applying the principles of diagnostic stewardship.

**Conclusions**: Technological progress has considerably expanded the laboratory's capacity to identify and characterize pathogens. However, diagnostic performance depends not only on technology but also on specimen quality, appropriate test selection, critical interpretation of results, and effective communication with clinicians. The contemporary microbiologist thus becomes an essential partner in the diagnosis of infections, antimicrobial resistance surveillance, and the appropriate use of microbiological investigations. One hundred years after Victor Babeș's death, his legacy remains relevant through scientific rigor, curiosity, and professional responsibility. The future of microbiology depends on our ability to transform the data generated by modern technologies into clinically meaningful information that supports medical decision-making and benefits patients.

***

**CO35 - Genomica în bolile infecțioase: de la diagnostic la sănătate publică**

**Simona Ruță[1,2], Camelia Sultana[1,2], Corneliu Petru Popescu[1,3], Simin Aysel Florescu[1,3], Maria Nica[1,3], Cristiana Oprea[1,3], Ana Neagu[1,2], Aura Temereancă[1,2], Simona Paraschiv[1,4], Leontina Bănică[1,4], Simona Dima[1,5]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

2 - Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau", București

3 - Spitalul Clinic de boli infecțioase și tropicale „Dr. Victor Babeș", București

4 - Institutul Național de Boli Infecțioase „Matei Balș", București

Genomica a schimbat profund modul în care înțelegem, diagnosticăm și controlăm bolile infecțioase. Tehnologiile de secvențiere de nouă generație au devenit în prezent

accesibile, iar genomurile complete ale bacteriilor, virusurilor, fungilor și paraziților pot fi secvențiate rapid, atât în cercetare, cât și în practica clinică.

În diagnostic, secvențierea întregului genom (WGS) poate monitoriza patogenii circulanti, poate prezice rezistența la antimicrobiene prin detectarea genelor și mutațiilor asociate, influențând direct alegerea terapiei, așa cum s-a demonstrat în tuberculoza multidrog-rezistentă sau în infecția HIV. Metagenomica clinică identifică agenții patogeni direct din probele biologice, fără cultivare prealabilă, fiind utilă mai ales în infecțiile cu etiologie neclară, la pacienții imunocompromiși, în encefalite și în sepsis. În epidemiologie, genomica oferă o rezoluție fără precedent în investigarea focarelor, reconstituind lanțurile de transmitere din spitale și din comunitate. Pandemia de COVID-19 a arătat cât de importantă este supravegherea genomică la scară globală, prin detectarea timpurie a variantelor SARS-CoV-2 , ghidând măsurile de sănătate publică și actualizarea vaccinurilor. Genomica gazdei completează această perspectivă, identificând variante genetice și potențiale semnături genice ce influențează susceptibilitatea, severitatea bolii și răspunsul la tratament. În plus, abordările genomice accelerează descoperirea de noi ținte terapeutice și dezvoltarea vaccinurilor.

Proiectul ROGEN project (SMIS cod 324809, finantat prin Programul operational santate, 2021–2027, prioritatea 5) aduce o schimbare majoră în cercetarea în medicina genomică în România, inclusiv în bolile infecțioase, reducând o serie de factori care limitau implementarea pe scară largă: costurile infrastructurii, nevoia de expertiză bioinformatică, standardizarea insuficientă a fluxurilor de analiză, interpretarea dificilă a variantelor cu semnificație incertă și aspectele etice ale partajării datelor. Integrarea genomicii în practica clinică de rutină în boli infecțioase și în rețelele de supraveghere necesită în continuare investiții susținute, colaborare internațională și cadre de reglementare adecvate.

**OC35 - Genomics in infectious diseases: from diagnosis to public health**

**Simona Ruță[1,2], Camelia Sultana[1,2], Corneliu Petru Popescu[1,3], Simin Aysel Florescu[1,3], Maria Nica[1,3], Cristiana Oprea[1,3], Ana Neagu[1,2], Aura Temereancă[1,2], Simona Paraschiv[1,4], Leontina Bănică[1,4], Simona Dima[1,5]**

1 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy, Bucharest

2 - "Ștefan S. Nicolau" Institute of Virology, Bucharest

3 - "Dr. Victor Babeș" Clinical hospital of Infectious and tropical diseases, Bucharest

4 - National Institute for Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș", Bucharest

Genomics has profoundly changed the way we understand, diagnose, and control infectious diseases. Next-generation sequencing technologies have now become

accessible, and complete genomes of bacteria, viruses, fungi, and parasites can be sequenced quickly, both in research and clinical practice. In diagnosis, whole-genome sequencing (WGS) can monitor circulating pathogens, predict antimicrobial resistance by detecting genes and associated mutations, directly influencing the choice of therapy, as demonstrated in multidrug-resistant tuberculosis or HIV infection. Clinical metagenomics identifies pathogens directly from biological samples, without prior culture, being especially useful in infections with unclear etiology, in immunocompromised patients, in encephalitis and in sepsis. In epidemiology, genomics provides unprecedented resolution in investigating outbreaks, reconstructing chains of transmission in hospitals and in the community. The COVID-19 pandemic has shown the importance of genomic surveillance on a global scale, through the early detection of SARS-CoV-2 variants, guiding public health measures and updating vaccines. Host genomics complements this perspective, identifying genetic variants and potential gene signatures that influence susceptibility, disease severity, and response to treatment. In addition, genomic approaches accelerate the discovery of new therapeutic targets and vaccine development.

The ROGEN project (SMIS code 324809, financed through Priority 5 of the Health Programme 2021–2027) brings a major change in genomic medicine research in Romania, including in infectious diseases, reducing a number of factors that limited large-scale deployment: infrastructure costs, the need for bioinformatics expertise, insufficient standardization of analysis flows, the difficult interpretation of variants of uncertain significance, and the ethical aspects of data sharing. Integrating genomics into routine clinical practice in infectious diseases and surveillance networks still requires sustained investment, international collaboration, and appropriate regulatory frameworks.

***

**R4 - Între compartiment și externalizare: organizarea microbiologiei în spitalele publice din România**

**Edit Szekely[1,2], Avian Pop[3]**

1- Disciplina de Microbiologie, Universitatea de Medicină, Farmacie, Științe și Tehnologie „G. E. Palade", Târgu Mureș

2- Laboratorul de Microbiologie Medicală, Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș

3 - Direcția Generală Asistență Medicală și Sănătate Publică, Ministerul Sănătății

**Obiective**: Evaluarea organizării microbiologiei în spitalele publice, a resurselor de personal și a capacității diagnostice.

**Metode utilizate**: Studiu transversal în două etape, prin chestionare transmise spitalelor de Ministerul Sănătății: (1) chestionar detaliat, completat de 199 din 373 de spitale publice (53,4%); (2) chestionar scurt privind laboratorul (propriu sau externalizat) și furnizorul (public sau privat), cu date pentru 325 de spitale.

**Rezultate**: Din 321 de spitale cu răspuns valid, 232 (72%) au laborator propriu, 37 (12%) externalizează parțial și 52 (16%) integral, predominant către furnizori privați (67 din 88). Laboratorul distinct, acolo unde este obligatoriu, există la 27 din 82 de spitale (33%). Volumul de analize nu a fost proporțional cu mărimea spitalului (mediana analizelor/ pat/ an: 25 sub 150 de paturi, 48 peste 400, 61 la boli infecțioase/pneumoftiziologie), cu variații mari în fiecare categorie și a crescut cu 9,3% față de 2024. Preluarea și procesarea 24/7 sunt asigurate de 65% dintre spitalele cu peste 400 de paturi. Lipsa de personal a fost semnalată de 64% dintre spitale pentru medici, 59% pentru biologi și 69% pentru asistenți (91% în spitalele cu peste 400 de paturi). Capacitatea diagnostică crește cu mărimea spitalului: MALDI-TOF 17% vs. 65%, teste moleculare 8% vs. 44% (sub 150 vs. peste 400 de paturi). Doar 145 din 189 de laboratoare (77%) declară aplicarea exclusivă a EUCAST. Microbiologul lipsește adesea din activitatea clinică: 141 din 199 (71%) nu participă niciodată la vizita medicală, iar consultanța telefonică zilnică este declarată de doar 111 (56%).

**Concluzii:** Principalele probleme organizatorice sunt lipsa laboratorului distinct acolo unde este obligatoriu, continuitatea 24/7 incompletă, deficitul de personal, capacitatea diagnostică inegală și comunicarea deficitară cu clinicienii. Aproape un sfert dintre laboratoare declară că nu aplică standardul EUCAST, iar despre serviciile externalizate nu există date. Sunt necesare norme de personal specifice microbiologiei, reguli pentru externalizare și rețele regionale de referință.

**R4 - Between integrated units and outsourcing: the organisation of microbiology in Romanian public hospitals**

**Edit Szekely[1,2], Avian Pop[3]**

1- Microbiology Department, "G. E. Palade" University of Medicine, Pharmacy, Science and Technology, Târgu Mureș

2- Medical Microbiology Laboratory, Târgu Mureș County Emergency Clinical Hospital

3 - General Directorate for Medical Assistance and Public Health, Ministry of Health

**Objectives**: To assess the organisation of microbiology in public hospitals, together with staffing and diagnostic capacity.

**Methods**: Two-stage cross-sectional study based on questionnaires sent to hospitals by the Ministry of Health: (1) a detailed questionnaire, completed by 199 of 373 public

hospitals (53.4%); (2) a short questionnaire on the laboratory (in-house or outsourced) and the provider (public or private), with data for 325 hospitals.

**Results**: Of 321 hospitals with a valid response, 232 (72%) have hospital-based laboratory, 37 (12%) partially and 52 (16%) fully outsourced microbiology, mainly to private providers (67 of 88). A separate microbiology laboratory, where mandatory, exists in 27 of 82 hospitals (33%). Test volume was not proportional to hospital size (median tests/bed/year: 25 below 150 beds, 48 above 400 beds, 61 in infectious disease/pulmonology hospitals), varied widely within each category, and overall increased by 9.3% compared with 2024. Continuous (24/7) specimen reception and processing is provided by 65% of hospitals with more than 400 beds. Staff shortages were reported by 64% of hospitals for physicians, 59% for biologists and 69% for laboratory technicians (91% in hospitals with more than 400 beds). Diagnostic capacity increases with hospital size: MALDI-TOF 17% vs. 65%, molecular tests 8% vs. 44% (below 150 vs. above 400 beds). Only 145 of 189 laboratories (77%) report using EUCAST exclusively. Microbiologists are often absent from clinical activity: 141 of 199 (71%) never take part in ward rounds, and daily telephone consultation is reported by only 111 (56%).

**Conclusions:** The main organisational problems are the absence of a separate laboratory where it is mandatory, incomplete 24/7 coverage, staff shortage, uneven diagnostic capacity and poor communication with clinicians. Almost a quarter of laboratories report that they do not apply the EUCAST standard and data is not available on outsources services. Microbiology-specific staffing norms, rules for outsourcing and regional interference networks are needed.

## SESIUNEA a VIII-a
## INFECȚII RESPIRATORII: NOUA NORMALITATE

### CO36 - Vaccinarea împotriva gripei în farmacii - de la implementare la succes

**Alina-Daniela Zaharia[1,2], Rodica Popescu[1], Anca Sîrbu[1,2], Adriana Pistol[1,2], Florentina Furtunescu[1,2]**

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

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

**Obiective**: Vaccinarea antigripală reprezintă o intervenție esențială de sănătate publică, însă atingerea unor niveluri adecvate de acoperire vaccinală rămâne o provocare. În România, participarea farmaciștilor la serviciile de vaccinare a fost susținută prin

dezvoltarea unui cadru legislativ care permite extinderea accesului populației la vaccinarea antigripală. Farmaciile comunitare pot contribui la: îmbunătățirea accesibilității serviciilor preventive, creșterea nivelului de informare și reducerea ezitării față de vaccinare. Obiectivul acestei lucrări este de a analiza evoluția vaccinării antigripale în farmaciile comunitare din România, rolul farmaciștilor și principalele bariere și oportunități asociate implementării acestui serviciu.

**Metode utilizate**: A fost realizată o analiză descriptivă a cadrului legislativ și a documentelor de referință privind organizarea și desfășurarea vaccinării antigripale în farmaciile comunitare din România, cu accent pe măsurile de reglementare, cerințele de formare profesională și provocările identificate în implementare.

**Concluzii**: Introducerea programului-pilot de vaccinare antigripală în farmaciile comunitare, a reprezentat un pas important în diversificarea serviciilor de prevenție. Modificările legislative din 2023 au contribuit la consolidarea cadrului de prescriere, eliberare și compensare a vaccinurilor și la includerea farmaciștilor în categoria profesioniștilor care pot administra vaccinul gripal. Implementarea serviciului presupune formare postuniversitară certificată, respectarea ghidurilor de bună practică și înregistrarea vaccinărilor în Registrul Electronic Național de Vaccinări. Cu toate acestea, utilizarea serviciului în farmaciile comunitare rămâne limitată în raport cu potențialul rețelei farmaceutice și al personalului calificat. Doar 0.5% dintre dozele înregistrate în ultimul sezon au fost administrate în farmacii, în marile orașe.Farmaciile comunitare reprezintă o resursă importantă pentru extinderea accesului la vaccinarea antigripală în România. Valorificarea acestui potențial necesită creșterea numărului de farmaciști instruiți, extinderea capacității programelor de formare, intensificarea campaniilor de informare privind siguranța și accesibilitatea vaccinării și consolidarea încrederii populației. O abordare coordonată, care să combine măsurile legislative cu intervenții operaționale și de comunicare, poate contribui la creșterea utilizării serviciilor de vaccinare și la îmbunătățirea acoperirii vaccinale antigripale.

**OC36 - Influenza vaccination in pharmacies – from implementation to success**

**Alina-Daniela Zaharia[1,2], Rodica Popescu[1], Anca Sîrbu[1,2], Adriana Pistol[1,2], Florentina Furtunescu[1,2]**

1 - National Institute of Public Health – National Center for Surveillance and Control of communicable diseases

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

**Objectives**: Influenza vaccination is a key public health intervention, but achieving adequate vaccination coverage remains a challenge. In Romania, pharmacists' involvement in vaccination services has been supported by the development of a

legislative framework that enables wider public access to influenza vaccination. Community pharmacies can contribute to: improving the accessibility of preventive services, raising awareness and reducing vaccine hesitancy. The aim of this paper is to analyse trends in influenza vaccination in community pharmacies in Romania, the role of pharmacists, and the main barriers and opportunities associated with the implementation of this service.

**Methods**: A descriptive analysis was carried out of the legislative framework and reference documents concerning the organisation and delivery of the flu vaccination programme in community pharmacies in Romania, with a focus on regulatory measures, professional training requirements and the challenges identified during implementation.

**Conclusions**: The introduction of the pilot flu vaccination programme in community pharmacies represented an important step towards diversifying preventative services. Legislative changes in 2023 helped to strengthen the framework for the prescription, dispensing and reimbursement of vaccines, and to include pharmacists among the professionals authorised to administer the flu vaccine. The implementation of this service requires certified postgraduate training, compliance with good practice guidelines and the recording of vaccinations in the National Electronic Vaccination Register. However, the use of this service in community pharmacies remains limited compared to the potential of the pharmacy network and its qualified staff. Only 0.5 per cent of the doses recorded during the last season were administered in pharmacies in major cities. Community pharmacies are an important resource for expanding access to flu vaccination in Romania. Realising this potential requires increasing the number of trained pharmacists, expanding the capacity of training programmes, stepping up information campaigns on the safety and accessibility of vaccination, and building public confidence. A coordinated approach, combining legislative measures with operational and communication interventions, can help to increase the uptake of vaccination services and improve influenza vaccination coverage.

***

**CO37 - Transmiterea rujeolei în România, 2005–2025: structura valurilor epidemice, distribuția spațială și susceptibilitatea acumulată**

**Oleksii Liskevych[1], Ionel Iosif[1], Aurora Violeta Stănescu[1,2], Adriana Pistol[1,2]**

1 - Institutul Național de Sănătate Publică,

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București

**Obiective**: Caracterizarea dinamicii rujeolei în România în perioada 2005–2025,

evaluarea heterogenității spațiale a incidenței și analiza relației dintre susceptibilitatea acumulată în cohorte și incidența specifică vârstei în anul epidemic 2024.

**Metode utilizate**: A fost realizat un studiu ecologic retrospectiv utilizând datele naționale de supraveghere INSP–CNSCBT, populația rezidentă și datele privind acoperirea vaccinală. Au fost analizate seriile temporale naționale și datele celor 42 de județe. Dinamica temporală a fost evaluată prin cazuri lunare și medii mobile. Autocorelația spațială a incidenței județene a fost evaluată prin Global Moran's I și LISA. Pentru 2024 au fost calculate incidențe specifice vârstei și au fost analizate asocierile dintre acoperirea vaccinală, susceptibilitatea acumulată și incidență prin coeficientul Spearman.

**Rezultate**: În perioada 2005–2025 au fost raportate 75.562 cazuri, cu valuri epidemice recurente și un maxim în 2024. În 2024 s-a evidențiat autocorelație spațială pozitivă semnificativă (Moran's I=0,145; p=0,046), cu tipare locale distincte. Incidența specifică vârstei a fost maximă la sugarii sub un an, urmată de copiii de un an. La copiii de 5–9 ani, susceptibilitatea acumulată s-a asociat pozitiv cu incidența în aceeași grupă de vârstă (ρ=0,487; p=0,001), iar numărul estimat de susceptibili s-a asociat puternic cu numărul de cazuri (ρ=0,689; p<0,001).

**Concluzii**: Dinamica rujeolei în România este caracterizată prin valuri recurente, heterogenitate spațială și acumularea susceptibilității în mai multe cohorte. Rezultatele susțin monitorizarea subnațională a susceptibilității și strategiile de recuperare vaccinală adresate simultan mai multor cohorte.

**OC37 - Measles Transmission in Romania, 2005–2025: Epidemic Wave Structure, Spatial Distribution, and Accumulated Susceptibility**

**Oleksii Liskevych[1], Ionel Iosif[1], Aurora Violeta Stănescu[1,2], Adriana Pistol[1,2]**

1 - National Institute of Public Health

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

**Objectives**: To characterise measles dynamics in Romania during 2005–2025, assess the spatial heterogeneity of county-level incidence, and evaluate the relationship between accumulated cohort susceptibility and age-specific incidence during the 2024 epidemic year.

**Methods**: We conducted a retrospective ecological study using national measles surveillance data from INSP–CNSCBT, resident population denominators, and vaccination coverage data. National time series and data from all 42 counties were analysed. Temporal dynamics were assessed using monthly case counts and moving averages. Spatial autocorrelation of county-level incidence was evaluated using Global Moran's I and Local Indicators of Spatial Association (LISA). For 2024, age-specific incidence was calculated and associations between vaccination coverage, accumulated susceptibility,

and incidence were evaluated using Spearman correlation coefficients.

**Results:** A total of 75,562 measles cases were reported during 2005–2025, with recurrent epidemic waves and the largest peak occurring in 2024. Significant positive spatial autocorrelation was detected in 2024 (Moran's I=0.145; p=0.046), with distinct local spatial patterns. Age-specific incidence was highest among infants aged <1 year, followed by children aged 1 year. Among children aged 5–9 years, accumulated susceptibility was positively associated with measles incidence in the same age group (ρ=0.487; p=0.001), while the estimated absolute number of susceptible children was strongly associated with case counts (ρ=0.689; p<0.001).

**Conclusions:** Measles transmission in Romania is characterised by recurrent epidemic waves, spatial heterogeneity, and susceptibility accumulated across multiple birth cohorts. These findings support subnational susceptibility monitoring and multi-cohort catch-up vaccination strategies rather than focusing exclusively on the current infant cohort.

***

**CO38 - De la epidemia de rujeolă la PESS: consecințe neurologice tardive și implicații pentru sănătatea publică**

**Grațiana Nicoleta Chicin[1], Nicoleta Sebin[1], Elena-Roxana Lupu[1], Mirela Manea[2], Alexandra Vatavu[1], Dana Brehar-Cioflec[1]**

1 - Institutul Național de Sănătate Publică - Centrul Regional de Sănătate Publică Timișoara

2 - Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Louis Țurcanu" Timișoara

**Obiective**: 1. Descrierea epidemiilor de rujeolă care au evoluat în perioada 2016-2020 si 2023-2024, în teritoriul CRSP Timișoara 2. Descrierea caracteristicilor epidemiologice ale cazurilor de PESS identificate în Regiunea de Vest și evaluarea relației temporale cu circulația intensă a virusului rujeolic, în special în contextual epidemiei din perioada 2016–2020.

**Metode utilizate**: A fost realizat un studiu descriptiv retrospectiv al cazurilor confirmate de PESS identificate în Regiunea de Vest. Au fost analizate vârsta, domiciliul, antecedentele de rujeolă și vârsta la infecția rujeolică, statusul vaccinal, perioada diagnosticului/internării, modificările RMN și prezența anticorpilor IgGantirujeolă în lichidul cefalorahidian. Cazul cu suspiciune clinică de PESS, decedat înainte de obținerea confirmării de laborator, a fost analizat separat și nu a fost inclus în seria cazurilor confirmate. De asemenea, s-a făcut analiza descriptivă a cazurilor de rujeolă.

**Rezultate**: În România, epidemia de rujeolă începută în anul 2016 a reprezentat unul dintre cele mai importante evenimente epidemiologice ale perioadei recente. Creșterea numărului de cazuri a fost semnalată începând din februarie 2016, primele focare importante fiind înregistrate în vestul țării (1679 cazuri în județele AR, CS, HD, TM, în anul 2016). Au fost identificate 8 cazuri confirmate de PESS, diagnosticate/internate în perioada 2021–2026, provenind din județele Arad, Bihor, Caraș-Severin, Timiș și Hunedoara. Pentru șase dintre cele opt cazuri a fost disponibilă informația privind vârsta la episodul clinic de rujeolă. Dintre acestea, cinci au prezentat rujeolă la vârsta de ≤1 an și 1 caz a prezentat rujeolă la 4–5 ani. Pentru celelalte două cazuri, antecedentele nu permit stabilirea cu precizie a vârstei la infecția rujeolică. Astfel, 83,3% (5/6) dintre cazurile pentru care vârsta la rujeolă a fost cunoscută au contractat infecția până la vârsta de un an. Un caz suplimentar, cu suspiciune clinică de PESS, a avut evoluție fatală fără confirmare de laborator.

**Concluzii**: Seria de cazuri evidențiază impactul neurologic tardiv al rujeolei și asocierea PESS cu infecția rujeolică dobândită la vârste foarte mici. Apariția cazurilor de PESS în perioada 2021–2026, după epidemia majoră începută în 2016, susține necesitatea monitorizării pe termen lung a consecințelor epidemiilor de rujeolă. Epidemia din 2023–2024, caracterizată printr-un număr foarte mare de cazuri și o afectare importantă a sugarilor și copiilor mici, ridică problema posibilității apariției unor noi cazuri de PESS în anii următori. Menținerea unei acoperiri vaccinale adecvate împotriva rujeolei reprezintă principala modalitate de prevenire atât a bolii acute, cât și a acestei complicații neurologice tardive severe.

**OC38 - From the measles epidemic to PESS: late neurological consequences and implications for public health**

**Grațiana Nicoleta Chicin[1], Nicoleta Sebin[1], Elena-Roxana Lupu[1], Mirela Manea[2], Alexandra Vatavu[1], Dana Brehar-Cioflec[1]**

1 - National Institute of Public Health - Regional Center of Public Health Timișoara

2 - "Louis Țurcanu" Clinical Emergency Hospital for children Timișoara

**Objectives:** 1. To describe the measles outbreaks that occurred between 2016 and 2020 and between 2023 and 2024. 2. To describe the epidemiological characteristics of PESS cases identified in the Western Region and to assess the temporal relationship with the intense circulation of the measles virus, particularly in the context of the 2016–2020 epidemic.

**Methods**: A retrospective descriptive study was conducted of confirmed cases of PESS identified in the Western Region. The following were analysed: age, place of residence, history of measles and age at the time of measles infection, vaccination status, period of

diagnosis/hospitalisation, MRI findings and the presence of anti-measles IgG antibodies in the cerebrospinal fluid. The case with clinically suspected PESS, who died before laboratory confirmation was obtained, was analysed separately and was not included in the series of confirmed cases. A descriptive analysis was also carried out of the measles cases detected during the two outbreaks.

**Results**: In Romania, the measles epidemic that began in 2016 was one of the most significant epidemiological events of recent times. An increase in the number of cases was reported from February 2016 onwards, with the first major outbreaks recorded in the Western region (1,679 cases in 2016). Eight confirmed cases of PESS were identified, diagnosed or admitted to hospital between 2021 and 2026, originating from the counties of Arad, Bihor, Caraș-Severin, Timiș and Hunedoara. For six of the eight cases, information was available regarding the age at the time of the clinical episode of measles. Of these, five contracted measles at the age of ≤1 year and one case contracted measles at the age of 4–5 years. For the other two cases, the medical history does not allow the age at the time of measles infection to be determined with precision. Thus, 83.3% (5/6) of the cases for which the age at the time of measles was known contracted the infection before the age of one. One additional case, with clinical suspicion of PESS, had a fatal outcome without laboratory confirmation.

**Conclusions**: This series of cases highlights the long-term neurological impact of measles and the association between PESS and measles infection acquired at a very young age. The emergence of PESS cases between 2021 and 2026, following the major epidemic that began in 2016, underscores the need for long-term monitoring of the consequences of measles epidemics. The 2023–2024 epidemic, characterised by a very high number of cases and significant impact on infants and young children, raises the concern that new cases of PESS may emerge in the coming years. Maintaining adequate measles vaccination coverage is the primary means of preventing both the acute disease and this severe late-onset neurological complication.

***

**CO39 - Sezonul gripal 2025-2026 în România: perspectivă virologică și moleculară**

**Maria Elena Mihai, Iulia Bistriceanu, Carmen Maria Cherciu, Alina Elena Ivanciuc, Sorin Dinu, Mihaela Lazăr**

Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

**Obiective**: Infecțiile respiratorii virale rămân o problemă importantă de sănătate publică, necesitând o supraveghere continuă de laborator pentru detectarea și caracterizarea virusurilor circulante, monitorizarea sensibilității la antivirale și identificarea variantelor genetice emergente.

**Metode utilizate**: Probe biologice umane au fost analizate utilizând metode de detecție moleculară, metode virologice clasice, caracterizare antigenică, teste de sensibilitate la antivirale și abordări genomice. Izolarea virusului a fost realizată în culturi celulare, fiind urmată de caracterizarea antigenică și fenotipică. Pentru detecția virală, caracterizarea genetică și analiza filogenetică au fost utilizate tehnici de RT-PCR și secvențiere.

**Rezultate:** Între săptămânile 40/2025 și 20/2026, la Centrul Național de Gripă din cadrul INCDMM „Cantacuzino" au fost recepționate și analizate 860 de probe respiratorii. Virusurile gripale au fost identificate în 464 probe, ceea ce corespunde unei rate globale de pozitivare pentru gripă de 53,9%. Virusurile gripale de tip A au reprezentat 463 dintre probele pozitive, predominând subtipul A(H3N2), identificat în 349 de probe (75,4%). O caracteristică virologică notabilă a sezonului din România a fost identificarea virusurilor A(H3N2) aparținând subcladei K în aproape toate virusurile A(H3N2) secvențiate și analizate în cadrul INCDMM „Cantacuzino". Testele HI au demonstrat o reactivitate antigenică bună a virusurilor A(H3N2) față de tulpina de referință A/Darwin/1415/2025, reprezentativă pentru subclada K. Majoritatea izolatelor gripale au prezentat o sensibilitate normală la inhibitorii antivirali; substituția NA H275Y, asociată cu o sensibilitate redusă la oseltamivir în cazul virusului A(H1N1)pdm09, a fost identificată într-o singură secvență. Alte virusuri respiratorii frecvent identificate au inclus: SARS-CoV-2, rinovirusul uman, coronavirusurile umane sezoniere, metapneumovirusul uman și virusul sincițial respirator.

**Concluzii:** Sezonul gripal 2025/2026 din România a debutat timpuriu și a fost marcat de o predominanță a virusului gripal A(H3N2) și o circulație extinsă a virusurilor A(H3N2) subclada K. Integrarea metodelor de laborator clasice și moderne consolidează supravegherea prin combinarea datelor antigenice, fenotipice și genetice. Diseminarea acestor rezultate în rândul profesioniștilor din domeniul sănătății, contribuie la actualizarea cunoștințelor privind circulația virală, rezistența emergentă la antivirale și progresele în domeniul supravegherii de laborator. Această lucrare a fost realizată prin Programul-Nucleu din cadrul Planului Național de Cercetare, Dezvoltare și Inovare 2022-2027, derulat cu sprijinul ANC, proiect nr. 23 44 și "Vaccine Effectiveness, Burder and Impact Studies (VEBIS)"

**OC39 - The 2025-2026 Influenza Season in Romania: A Virological and Molecular Perspective**

**Maria Elena Mihai, Iulia Bistriceanu, Carmen Maria Cherciu, Alina Elena Ivanciuc, Sorin Dinu, Mihaela Lazăr**

"Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and Development

**Objectives**: Viral respiratory infections remain an important public health concern, requiring continuous laboratory surveillance for the detection and characterization of

circulating viruses, monitoring of antiviral susceptibility, and identification of emerging genetic variants.

**Methods**: Human biological specimens were investigated using molecular detection, classical virological methods, antigenic characterization, antiviral susceptibility testing, and genomic approaches. Virus isolation was performed in cell culture, followed by antigenic and phenotypic characterization. RT-PCR and sequencing were used for viral detection, genetic characterization, and phylogenetic analysis.

**Results:** Between epidemiological weeks 40/2025 and 20/2026, a total of 860 respiratory specimens were received and tested at the National Influenza Centre, NIRDMM "Cantacuzino". Influenza viruses were detected in 464 specimens, corresponding to an overall influenza positivity rate of 53.9%. Influenza A viruses accounted for 463 positive specimens, with A(H3N2) predominating and detected in 349 specimens (75.4%). A notable virological characteristic of the Romanian 2025/2026 season was the detection of A(H3N2) viruses belonging to subclade K in almost all sequenced A(H3N2) viruses investigated at NIRDMM "Cantacuzino". HI assays demonstrated good antigenic reactivity of A(H3N2) viruses to the reference strain A/Darwin/1415/2025, representative of subclade K. Most influenza isolates showed normal inhibition by antiviral susceptibility testing.

The NA H275Y substitution, associated with reduced oseltamivir susceptibility in A(H1N1)pdm09 viruses, was detected in one sequence. Other frequently detected respiratory viruses included SARS-CoV-2, human rhinovirus, seasonal human coronaviruses, human metapneumovirus, and respiratory syncytial virus.

**Conclusions:** The Romanian 2025/2026 influenza season was characterized by an early epidemic onset, marked predominance of influenza A(H3N2), and widespread circulation of genetically drifted subclade K viruses. The integration of classical and modern laboratory approaches strengthens surveillance by combining antigenic, phenotypic, and genetic data. Dissemination of these findings among healthcare and laboratory professionals contributes to up-to-date knowledge of viral circulation, emerging antiviral resistance, and advances in laboratory surveillance.

This work was carried out through the Core Program within the National Research, Development and Innovation Plan 2022-2027, with the support of National Research Authority (ANC), project no. 23 44 and "Vaccine Effectiveness, Burder and Impact Studies (VEBIS)".

***

**Co40 - Analiza filogenetică a tulpinilor de *Bordetella pertussis* izolate în anul 2024, prin secvențierea întregului genom**

**Georgeta-Cristina Oprea[1], Maria Condei[1], Sorin Dinu[1], Laura-Ioana Popa[1], Odette Popovici[2], Mihaela Oprea[1]**

1 – Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

2 - Institutul Național de Sănătate Publică

**Obiective**: Obiectivul studiului a fost reprezentat de analiza filogenetică a tulpinilor de *Bordetella pertussis* circulante în țara noastră și gruparea lor în clustere, în scopul stabilirii gradului de înrudire dintre acestea.

**Metode utilizate**: În anul 2024, în INCDMM Cantacuzino, pentru confirmarea tusei convulsive, au fost testate exsudate nazofaringiene prin tehnica Real-Time PCR multiplex. S-a obținut cultură din probe PCR-pozitive pentru *Bordetella pertussis*, apoi a fost extras ADN folosind kitul de extracție acizi nucleici QuickGene DNA și extractorul QuickGene-Mini 80. ADN-ul a fost cuantificat și utilizat pentru secvențierea întregului genom prin tehnica Illumina, iar gruparea în clustere de înrudire s-a realizat prin analiza a 2983 locusuri genice folosind tehnica cgMLST și software-ul MBioSEQ Ridom Typer.

**Rezultate**: Au fost izolate 15 tulpini de *Bordetella pertussis*, dintre care 5 au fost încadrate în clusterul 1 și 3 în clusterul 2 de înrudire filogenetică. Restul tulpinilor nu au fost încadrate în clustere de înrudire. Distanța alelică din cadrul clusterelor a fost ≤ 6 alele, ceea ce demonstrează un grad ridicat de înrudire filogenetică. Tulpinile din cadrul clusterelor au provenit din județe diferite, fapt care explică expansiunea acestora la nivelul întregii țări.

**Concluzii**: Gradul ridicat de înrudire a tulpinilor analizate filogenetic explică numărul crescut de cazuri și demonstrează propagarea rapidă a agentului patogen în țara noastră în anul 2024. Rezultatele obținute sunt importante pentru identificarea focarelor de transmitere a tusei convulsive.

**OC40 - Phylogenetic analysis of *Bordetella pertussis* strains isolated in 2024 using whole-genome sequencing**

**Georgeta-Cristina Oprea[1], Maria Condei[1], Sorin Dinu[1], Laura-Ioana Popa[1], Odette Popovici[2], Mihaela Oprea[1]**

1 - "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and Development

2 – National Institute of Public Health

**Objectives**: The objective of the sudy was to perform phylogenetic analysis of *Bordetella pertussis* strains circulating in our country and group them into clusters, in order to

determine the degree of relatedness among the strains.

**Methods**: In 2024, at Cantacuzino NMMIRD, for pertussis confirmation, nasopharyngeal swabs were tested using multiplex Real-Time PCR. Culture was obtained from PCR-positive *B. pertussis* samples and subsequently DNA was extracted using QuickGene DNA nucleic acid extraction kit and QuickGene Mini-80 extractor. DNA was quantified and used for Illumina whole-genome sequencing, phylogeny being performed by analysing 2983 gene loci using cgMLST technique and Ridom Typer MBioSEQ software.

**Results**: Fifteen *Bordetella pertussis* strains were isolated, 5 being included in cluster 1 and 3 in cluster 2 in terms of phylogeny. The remaining strains were not assigned to any clusters. The allelic distance within clusters was ≤ 6 alleles, demonstrating a high degree of phylogenetic relatedness. The strains within the clusters were isolated from different counties, explaining their expansion across the entire country.

**Conclusions**: The high degree of relatedness among the analyzed strains explains the increased number of cases and demonstrates the rapid expansion of the pathogen in our country in 2024. The obtained results are important for identifying outbreaks of whooping cough transmission.

***

**CO41 - O banală pneumonie comunitară? Sau de ce nu ne oprim la primul răspuns**

**Cristiana-Monica Matasariu[1], Daniela Diculencu[2], Olivia Simona Dorneanu[1,3]**

1 - Spitalul Clinic de Boli Infectioase „Sf. Parascheva" Iași

2 - Spitalul Clinic de Pneumoftiziologie Iași

3 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Gr. T. Popa" Iași

**Obiective**: Evidențierea dificultăților de diagnostic al tuberculozei pulmonare la un pacient cu infecție respiratorie concomitentă și tratament antimicrobian empiric anterior, precum și a rolului anchetei epidemiologice în depistarea activă a cazurilor.

**Metode utilizate**: Un pacient de 64 de ani, fumător (40 pachete-an), s-a prezentat în urgență pentru tuse cu expectorație mucopurulentă, durere în hemitoracele stâng și scădere ponderală de cca 6 kg în 2 săptămâni. Biologic s-a evidențiat sindrom inflamator (CRP 137.9 mg/L, leucocite 15.17*$10^3$/µL), iar radiografic o opacitate în lobul superior drept. A refuzat internarea și a primit cefiximă și levofloxacină, timp de 7 zile. La revenire, după 14 zile, pentru persistența simptomelor, i-au fost recoltate probe de spută pentru examen microscopic și culturi (agar-sânge cu striu de *Staphylococcus aureus* și mediu Löwenstein-Jensen). Ulterior, i s-a efectuat bronhoscopie, cu testare Xpert

MTB/RIF Ultra și MTB/XDR din aspiratul bronșic, și a fost realizată ancheta epidemiologică familială.

**Concluzii**: Din spută s-a izolat *Haemophilus influenzae*. Examenele microscopice repetate pentru BAAR și culturile pe mediu Löwenstein-Jensen au fost negative. Xpert Ultra a detectat ADN de *Mycobacterium tuberculosis* (low), fără rezistență la antituberculoase, ceea ce a declanșat ancheta epidemiologică. Fiul pacientului, asimptomatic respirator, a prezentat numeroși BAAR la microscopie și încărcătura mare la Xpert, fiind identificat ca sursă probabilă de infecție. Negativitatea testelor convenționale la pacient a fost atribuită, cel puțin parțial, expunerii anterioare la levofloxacină. Izolarea *H. influenzae* și raspunsul clinic parțial la tratamentul empiric pot închide prematur raționamentul diagnostic, iar administrarea de fluorochinolone poate negativa testele convenționale pentru tuberculoză. Persistența suspiciunii clinico-radiologice impune continuarea investigațiilor, inclusiv prin teste moleculare, chiar când rezultatele bacteriologice inițiale sunt negative. Ancheta epidemiologică este esențială, putând identifica surse de infecție asimptomatice.

## OC41 - An ordinary community-acquired pneumonia? Or why we don't stop at the first answer

**Cristiana-Monica Matasariu[1], Daniela Diculencu[2], Olivia Simona Dorneanu[1,3]**

1 - "St. Parascheva" Clinical Hospital for Infectious Diseases Iași

2 - Clinical Hospital for Pneumophtysiology Iași

3 - "Gr. T. Popa" University of Medicine and Pharmacy Iași

**Objectives**: To make obvious the difficulties of diagnosing pulmonary tuberculosis in a patient with concomitant respiratory infection and previous empirical antimicrobial treatment, as well as to advocate the role of the epidemiological investigation for the active detection of cases.

**Methods**: A 64-year-old smoker (40 packs/year) patient, presented urgently for cough with mucopurulent expectoration, pain in the left hemithorax and weight loss of about 6 kg in 2 weeks. Biologically, an inflammatory syndrome was evidence (CRP 137.9 mg/L, leukocytes 15.17*$10^3$/µL), while radiographically, an opacity in the right upper lobe was revealed. He refused hospitalization and was prescribed cefixime and levofloxacin for 7 days. On his return, after 14 days, for the persistence of symptoms, sputum samples were collected for microscopic examination and cultures (blood agar with strains of *Staphylococcus aureus* and Löwenstein-Jensen medium). Subsequently, he underwent bronchoscopy, with Xpert MTB/RIF Ultra and MTB/XDR testing from the bronchial aspirate, and the epidemiological investigation of his family was carried out.

**Conclusions**: *Haemophilus influenzae* was isolated from the sputum. Repeated microscopic examinations for AFB and on Löwenstein-Jensen medium cultures were negative. Xpert Ultra detected DNA of *Mycobacterium tuberculosis*, without antituberculosis drug resistance, which triggered the epidemiological investigation. The patient's son, who was respiratory asymptomatic, had numerous AFB under microscopy and the high load on Xpert, being identified as a probable source of infection. The negative results of conventional tests in the patient was attributed, at least in part, to previous exposure to levofloxacin. The isolation of *H. influenzae* and the partial clinical response to empirical treatment may prematurely end the diagnostic reasoning, while the administration of fluoroquinolones may negatively affect conventional tuberculosis tests. The persistence of clinical-radiological suspicion requires further investigations, including molecular tests, even when the initial bacteriological results are negative. The epidemiological investigation is essential, being able to identify asymptomatic sources of infection.

***

**CO 42 - Vaccinarea antipneumococică a adulților în contextul legislativ actual**

**Nina-Elena Necula[1], Alina-Daniela Zaharia[1,2], Irina-Magdalena Dumitru[3,4], Simona-Maria Ruță[2,5], Adriana Pistol[1,2], Florentina-Ligia Furtunescu[1,2]**

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

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

3 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase Constanța

4 - Universitatea Ovidius Constanța

5 - Institutul de Virusologie „Ștefan S. Nicolau”

**Obiective**: Vaccinarea antipneumococică este disponibilă în România în regim de compensare 100% de la 1 decembrie 2023 pentru persoanele care fac parte din grupele la risc de a dezvolta o formă severă de infecție pneumococică. Determinarea numărului de persoane adulte care au beneficiat de vaccinare antipneumococică în regim de compensare de la implementarea mecanismului (1 decembrie 2023) și până la 30 septembrie 2026.

**Metode utilizate**: Am extras din RENV două tipuri de rapoarte, pentru a putea identifica atât distribuția pe grupe la risc a persoanelor care au beneficiat de vaccinare antipneumococică în regim de compensare, pe tipuri de produs vaccinal, cât și grupa de

vârstă, genul și județul de proveniență al persoanelor vaccinate. Datele au fost analizate utilizând programul Microsoft Excel.

**Concluzii**: În RENV am identificat mai puțin de 80.000 de persoane adulte înregistrate ca fiind vaccinate antipneumococic prin mecanismul de compensare, din care aproximativ 57% sunt femei și aproximativ 43% sunt bărbați. Cele mai multe persoane vaccinate sunt din municipiul București și județele Cluj, Dolj și Constanța, însumând aproximativ o treime din totalul persoanelor vaccinate. Se observă tendința de vaccinare în special în sezonul rece. Raportul din RENV prin care se poate identifica grupa de risc relevă că aproximativ 62% din totalul dozelor au fost administrate la persoane cu vârsta minimă de 65 de ani, 14% la persoane cu boli respiratorii cronice, mai puțin de 12% la persoane cu boli cardiovasculare, iar restul la alte categorii de persoane eligibile. Cele două rapoarte extrase din RENV nu sunt complet superpozabile ca urmare a unor modificări legislative, dar și a unor potențiale erori de înregistrate de către medicii vaccinatori, însă ne permit să ne conturăm o imagine asupra accesării vaccinarea antipneumococice de către populația adultă. Deși populația eligibilă pentru compensare este numeroasă având în vedere categoriile de boli cronice cuprinse în actele legislative, interesul pentru vaccinarea antipneumococică se menține scăzut, luând în considerare datele folosite.

**OC42 - Pneumococcal vaccination for adults in the current legislative context**

**Nina-Elena Necula[1], Alina-Daniela Zaharia[1,2], Irina-Magdalena Dumitru[3,4], Simona-Maria Ruță[2,5], Adriana Pistol[1,2], Florentina-Ligia Furtunescu[1,2]**

1 - National Institute of Public Health, National Center for Surveillance and Control of Communicable Diseases

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

3 - Clinical Hospital for Infectious Diseases Constanța

4 - Ovidius University Constanța

5 - "Ștefan S. Nicolau" Institute of Virology

**Objectives**: Pneumococcal vaccination has been available in Romania with 100% reimbursement since December 1, 2023, for individuals belonging to groups at risk of developing a severe form of pneumococcal infection. Determining the number of adults who have received the pneumococcal vaccine under the reimbursement scheme between the implementation of the mechanism (December 1, 2023) and September 30, 2026.

**Methods:** We exported two types of reports from RENV to identify the distribution of individuals who received subsidized pneumococcal vaccination—categorized by risk group and vaccine product type—as well as the age group, gender, and county of origin

of the vaccinated individuals. The data were analyzed using Microsoft Excel.

**Conclusions**: Data from the RENV (National Electronic Register of Vaccinations) shows fewer than 80,000 adults registered as having received the pneumococcal vaccine through the reimbursement scheme; approximately 57% of these individuals are women and 43% are men. The highest numbers of vaccinated individuals are found in Bucharest and the counties of Cluj, Dolj, and Constanța, together accounting for about one-third of the total. A trend of vaccination is observed particularly during the cold season. Analysis of the RENV data by risk group reveals that approximately 62% of all doses were administered to individuals aged 65 and older, 14% to those with chronic respiratory diseases, and less than 12% to those with cardiovascular diseases, with the remainder going to other eligible categories. While the two reports extracted from the RENV do not perfectly align—due to legislative changes and potential recording errors by administering physicians—they nonetheless allow us to form a picture of pneumococcal vaccine uptake among the adult population. Although the population eligible for reimbursement is large—given the chronic disease categories defined in the legislation—interest in pneumococcal vaccination remains low, based on the data analyzed.

***

**R5 - Importanța laboratorului de microbiologie - de la diagnostic la impact asupra sănătății publice**

**Alexandru Rafila**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila”

Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș”

Laboratoarele de microbiologie medicală reprezintă o infrastructură de sănătate publică, nu doar un serviciu de diagnostic. Laboratorul acționează la trei niveluri: pacient (diagnostic microbiologic, terapie țintită), spital (detectarea transmiterii germenilor MDR, controlul focarelor de IAAM) și populațional (date epidemiologice despre AMR). Un laborator sub- dimensionat produce o epidemiologie falsă, nu numai „mai puține date".

**Context global**: Rezistența la antimicrobiane a provocat 1,14 milioane de decese atribuibile în 2021, cu o prognoză de 2 milioane în 2050; mai ales la adulții peste 70 de ani. Conform OMS, una din șase infecții confirmate bacteriologic este produsă de bacterii multirezistente. Țările care testează mai puțin raportează date inconsistente și au mai puține mijloace de reacție.

**România**: În 2024, țara a avut cea mai mare incidență din UE a infecțiilor sanguine cu *K.*

*pneumoniae* rezistentă la carbapeneme (20,31/100.000, față de media UE de 3,51), dar raportează dintr-o acoperire de doar 15% din spitale. „Paradoxul românesc": cele mai puține infecții asociate asistenței medicale raportate și cea mai mare rezistență la antibiotice! Explicația este testarea redusă: 14,6 hemoculturi la 1.000 de zile-pacient, față de media UE de 44,7. Nu testarea produce rezistență, ci o face vizibilă. Capacitatea laboratoarelor de microbiologie ține de organizare (program în weekend, personal dedicat), dar și de cultura medicală.

**Impact clinic și epidemiologic**: Întârzierea terapiei eficace în șocul septic scade supraviețuirea cu 7,6% pe oră; diagnosticul molecular rapid reduce mortalitatea, dar doar împreună cu un program de antibiotic stewardship. Studiile de caz (*Providencia stuartii* NDM-1, *Candidozyma auris*) arată că harta rezistenței reflectă în mare măsură harta capacității de detecție.

**Cadru normativ**: Obligațiile există deja: Declarația ONU 2024, Recomandarea UE 2023/C 220/01, Ordinul MS 465/2025 și proiectul de Ordin privind normele IAAM. Lipsesc încă în multe locuri finanțarea, personalul calificat și infrastructura.

**Cereri concrete**: Realizarea în spital a minimum 45 de hemoculturi la 1.000 de zile-pacient până în 2030, program în weekend, identificare rapidă în max. 24 de ore, comunicare activă a rezultatelor critice, antibiogramă cumulativă anuală. La nivel național: audit al conformității, acoperire EARS-Net de minimum 50%, acces la secvențiere genomică, sisteme informatice interoperabile, normarea posturilor de microbiolog.

**Concluzii**: Laboratorul de microbiologie este structura în care îngrijirea pacientului devine acțiune eficientă și informație epidemiologică, iar aceasta devine acțiune de sănătate publică.

**The Importance of the Microbiology Laboratory – From Diagnosis to Impact on Public Health**

**Alexandru Rafila**

"Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy

"Prof. Dr. Matei Balș" National Institute of Infectious Diseases

Medical microbiology laboratories constitute a public health infrastructure, rather than merely a diagnostic service. The laboratory operates at three levels: the patient level (microbiological diagnosis, targeted therapy), the hospital level (detecting the transmission of multidrug-resistant [MDR] pathogens, controlling healthcare-associated infection [HAI] outbreaks), and the population level (epidemiological data on antimicrobial resistance [AMR]). An under-resourced laboratory results in a distorted

epidemiological picture - it is not simply a matter of having "less data."

**Global context**: In 2021, antimicrobial resistance was responsible for 1.14 million deaths, with a projected figure of 2 million by 2050 - affecting primarily adults over the age of 70. According to the WHO, one in six bacteriologically confirmed infections is caused by multidrug-resistant bacteria. Countries with lower testing rates report inconsistent data and possess fewer resources to mount an effective response.

**Romania:** In 2024, the country recorded the highest incidence in the EU of bloodstream infections caused by carbapenem-resistant *K. pneumoniae* (20.31 per 100,000, compared to an EU average of 3.51); however, this figure is based on data from only 15% of hospitals. This presents a "Romanian paradox": the lowest reported rate of healthcare-associated infections alongside the highest level of antibiotic resistance! The explanation lies in low testing rates: 14.6 blood cultures per 1,000 patient-days, compared to an EU average of 44.7. Testing does not cause resistance; rather, it makes it visible. The capacity of microbiology laboratories depends on organizational factors - such as weekend operating hours and dedicated staff - as well as on the prevailing medical culture.

**Clinical and epidemiological impact**: Delaying effective therapy in cases of septic shock reduces survival by 7.6% for every hour of delay. Rapid molecular diagnostics can lower mortality, but only when implemented alongside an antibiotic stewardship program. Case studies (involving *Providencia stuartii* NDM-1 and *Candidozyma auris*) demonstrate that the map of antibiotic resistance largely mirrors the map of detection capacity.

**Regulatory Framework:** Obligations already exist - the 2024 UN Declaration, EU Recommendation 2023/C 220/01, Ministry of Health Order 465/2025, and the draft Order regarding IAAM (Infection, Antimicrobial Resistance, and Microbiology) standards. However, funding, qualified personnel, and infrastructure are still lacking in many areas.

**Specific Requirements**: At the hospital level, a minimum of 45 blood cultures per 1,000 patient days by 2030; weekend service; rapid identification within a maximum of 24 hours; active communication of critical results; and an annual cumulative antibiogram. At the national level: compliance audits; at least 50% EARS-Net coverage; access to genomic sequencing; interoperable information systems; and the establishment of standardized staffing levels for microbiologists.

**Conclusions**: The microbiology laboratory is the setting where patient care is transformed into effective action and epidemiological data, which in turn informs public health interventions.

# SESIUNEA DE POSTERE

**P1 - Rezistența la antibiotice a tulpinilor de *Klebsiella pneumoniae* implicate în colonizare și/sau infecție la pacienții dintr-o secție de Terapie Intensivă**

**Alexandru Duhaniuc[1,2], Cristina Mihaela Sima[1,3], Georgiana Buruiană[1,3], Cătălina Luncă[1], Roxana Elena Buzilă[1,2], Monica Miclăuș[1,3], Olivia Simona Dorneanu[1,3]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa", Iași

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

3 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase „Sfânta Parascheva", Iași

**Obiective**: Evaluarea profilurilor de rezistență la antibiotice ale tulpinilor de *Klebsiella pneumoniae* implicate în colonizarea și/sau infecția pacienților internați într-o secție de Terapie Intensivă (TI) și investigarea relației dintre colonizare și infecția ulterioară.

**Metode utilizate**: S-a realizat un studiu prospectiv observațional (ianuarie-octombrie 2024) în secția de TI a Spitalului Clinic de Boli Infecțioase Sfânta Parascheva Iași, pe 118 pacienți adulți. Screeningul colonizării (nazal, faringian și rectal) s-a efectuat la internare și ulterior la intervale de 7 zile. Au fost incluse și tulpinile izolate din infecțiile dobândite pe parcursul spitalizării în TI. Identificarea s-a realizat prin MALDI-TOF, iar testarea sensibilității la antibiotice a fost efectuată prin metoda microdiluțiilor în bulion, cu interpretare conform EUCAST (versiunea 15.0).

**Rezultate:** Au fost izolate 165 de tulpini de *K. pneumoniae* de la 62 de pacienți: 146 (88,5%) implicate în colonizare și 19 (11,5%) din infecții. Dintre tulpinile colonizatoare, 65 (44,5%) au fost prezente la internare și 81 (55,5%) au fost dobândite în TI. Rezistența a depășit 90% pentru cefalosporinele de generația a III-a, fluorochinolone, gentamicină și trimetoprim-sulfametoxazol. Ratele de rezistență la carbapeneme au fost ridicate (colonizare vs. infecție): ertapenem 87,7% vs. 100%, imipenem 69,9% vs. 73,7% și meropenem 47,9% vs. 63,1%. Rate mai reduse au fost înregistrate pentru ceftazidim-avibactam (41,1% vs. 52,6%), amikacină (41,1% vs. 47,4%) și colistin (14,4% vs. 31,6%). S-au identificat 43 de antibiotipuri, dintre care 4 predominante. Nouăsprezece tulpini (14 colonizatoare și 5 din infecții) au fost rezistente la toate antibioticele testate. La 10 din 19 pacienți cu infecție, tulpina infectantă a prezentat același antibiotip cu tulpina colonizatoare izolată anterior de la același pacient.

**Concluzii:** Tulpinile de *K. pneumoniae* din TI au prezentat rate ridicate de rezistență, inclusiv la carbapeneme și antibiotice de rezervă. Concordanța antibiotipurilor sugerează că acestea pot preceda infecția, aspect ce necesită confirmare prin tipare moleculară. Rezultatele susțin screeningul periodic și supravegherea microbiologică în secția de TI.

**P1 - Antibiotic Resistance of *Klebsiella pneumoniae* Strains Involved in Colonization and/or Infection in Patients in an Intensive Care Unit**

**Alexandru Duhaniuc[1,2], Cristina Mihaela Sima[1,3], Georgiana Buruiană[1,3], Cătălina Luncă[1], Roxana Elena Buzilă[1,2], Monica Miclăuș[1,3], Olivia Simona Dorneanu[1,3]**

1 - "Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy, Iași

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

3 - "St. Parascheva" Clinical Hospital of Infectious Diseases, Iași

**Objectives**: To evaluate the antibiotic resistance profiles of *Klebsiella pneumoniae* strains involved in colonization and/or infection of patients admitted to an Intensive Care Unit (ICU) and to investigate the relationship between colonization and subsequent infection.

**Methods**: A prospective observational study (January–October 2024) was conducted in the ICU of the Sfânta Parascheva Clinical Hospital for Infectious Diseases in Iași, involving 118 adult patients. Screening for colonization (nasal, pharyngeal, and rectal) was performed upon admission and subsequently at 7-day intervals. Strains isolated from infections acquired during hospitalization in the ICU were also included. Identification was performed using MALDI-TOF, and antibiotic susceptibility testing was conducted using the broth microdilution method, with interpretation according to EUCAST (version 15.0).

**Results:** A total of 165 *K. pneumoniae* strains were isolated from 62 patients: 146 (88.5%) were associated with colonization and 19 (11.5%) with infections. Of the colonizing strains, 65 (44.5%) were present at admission and 81 (55.5%) were acquired in the ICU. Resistance exceeded 90% for third-generation cephalosporins, fluoroquinolones, gentamicin, and trimethoprim-sulfamethoxazole. Resistance rates to carbapenems were high (colonization vs. infection): ertapenem 87.7% vs. 100%, imipenem 69.9% vs. 73.7%, and meropenem 47.9% vs. 63.1%. Lower rates were recorded for ceftazidime-avibactam (41.1% vs. 52.6%), amikacin (41.1% vs. 47.4%), and colistin (14.4% vs. 31.6%). Forty-three antibiotypes were identified, of which four were predominant. Nineteen strains (14 colonizing and 5 from infections) were resistant to all tested antibiotics. In 10 of the 19 patients with infection, the infecting strain shared the same antibiotype as the colonizing strain previously isolated from the same patient.

**Conclusions:** *K. pneumoniae* strains from the ICU exhibited high rates of resistance, including to carbapenems and reserve antibiotics. The concordance of antibiotypes suggests that they may precede infection, a finding that requires confirmation by molecular typing. The results support periodic screening and microbiological surveillance in the ICU.

***

**P2 - *Acinetobacter baumannii* și *Klebsiella pneumoniae* XDR: provocări majore în managementul infecțiilor din unitatea de arși**

**Oana Magiar, Silvana Vulpie, Petrinela Ceachir, Adela Voinescu, Beatrice-Sarah Zembrod, Corina Mușuroi, Delia Muntean, Monica Licker**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Obiective**: Pacienții cu arsuri majore dezvoltă frecvent infecții cu microorganisme multidrog-rezistente (MDR), iar datele locale de rezistență sunt necesare pentru orientarea terapiei empirice. Studiul a urmărit caracterizarea profilului microbiologic și a rezistenței la antibiotice într-o unitate de arși, elaborarea unei antibiograme cumulative locale și identificarea factorilor asociați cu izolarea microorganismelor extensiv rezistente (XDR).

**Metode utilizate**: Am realizat un studiu observațional retrospectiv, unicentric, care a inclus pacienții adulți cu cel puțin o cultură clinică pozitivă în cursul anului 2024; culturile de screening au fost excluse. Identificarea microorganismelor s-a realizat prin MALDI-TOF MS și VITEK 2, iar sensibilitatea la antibiotice a fost interpretată conform EUCAST. Fenotipurile de rezistență au fost analizate separat de antibiograma cumulativă, elaborată conform CLSI M39. Factorii asociați cu izolarea XDR au fost evaluați prin regresie logistică multivariată.

**Rezultate:** Dintre cei 180 de pacienți internați, 128 (71,1%) au avut cel puțin o cultură pozitivă, fiind identificate 643 de izolate microbiene. La nivelul pacienților, 59,4% au prezentat cel puțin un izolat MDR, iar 26,6% cel puțin un izolat XDR. Dintre speciile dominante, proporțiile cele mai mari de rezistență extinsă au fost observate la *Acinetobacter baumannii* (84,3%) și *Klebsiella pneumoniae* (56,1%), cele două reprezentând împreună 93,8% dintre izolatele XDR. În antibiograma cumulativă, *A. baumannii* (n = 31) nu a prezentat sensibilitate la imipenem sau meropenem.

**Concluzii**: Analiza multivariabilă a evidențiat asocieri independente între izolarea microorganismelor XDR și scorul ABSI la internare, durata spitalizării și creșterea polimicrobiană. Predominanța *Acinetobacter baumannii* și *Klebsiella pneumoniae* în rândul izolatelor XDR subliniază necesitatea consolidării supravegherii microbiologice și a măsurilor de prevenire și control al infecțiilor. Utilizarea antibiogramei cumulative locale poate contribui la optimizarea terapiei empirice și la utilizarea judicioasă a antibioticelor.

**P2 - XDR *Acinetobacter baumannii* and *Klebsiella pneumoniae*: major challenges in infection management in a burn unit**

**Oana Magiar, Silvana Vulpie, Petrinela Ceachir, Adela Voinescu, Beatrice-Sarah Zembrod, Corina Mușuroi, Delia Muntean, Monica Licker**

"Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: Patients with major burns frequently develop infections with multidrug-resistant organisms (MDR), and local resistance data are needed to guide empirical therapy. The study aimed to characterise the microbiological profile and antimicrobial resistance of a burn unit, to compile a local cumulative antibiogram, and to identify factors associated with the isolation of extensively drug-resistant (XDR) organisms.

**Methods**: We conducted a retrospective, single-centre, observational study including adult patients with at least one positive clinical culture during 2024; screening cultures were excluded. Organisms were identified by MALDI-TOF MS and VITEK 2, and antimicrobial susceptibility was interpreted according to EUCAST. Resistance phenotypes were analysed separately from the cumulative antibiogram, which was compiled according to CLSI M39. Factors associated with XDR isolation were assessed by multivariable logistic regression.

**Results:** Of 180 admitted patients, 128 (71.1%) had at least one positive culture, yielding 643 microbial isolates. At the patient level, 59.4% had at least one MDR isolate and 26.6% had at least one XDR isolate. Among the dominant species, the highest proportions of extensive resistance were observed in *Acinetobacter baumannii* (84.3%) and *Klebsiella pneumoniae* (56.1%), the two together accounting for 93.8% of XDR isolates. In the cumulative antibiogram, *A. baumannii* (n = 31) showed no susceptibility to imipenem or meropenem.

**Conclusions**: Multivariable analysis identified independent associations between XDR isolation and ABSI score at admission, length of hospital stay, and polymicrobial growth. The predominance of *Acinetobacter baumannii* and *Klebsiella pneumoniae* among XDR isolates highlights the need for strengthened microbiological surveillance and infection prevention and control measures. Local cumulative antibiograms may help guide empirical antimicrobial therapy and support antimicrobial stewardship efforts.

***

**P3 - Dincolo de cultură: evaluarea moleculară a portajului genelor de rezistență la antimicrobiene în probe fecale**

**Angela Monica Ionică[1], Violeta Briciu[2], Mihaela Lupșe[2], Mirela Flonta[1]**

1 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase Cluj-Napoca

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Iuliu Hațieganu" Cluj-Napoca

**Obiective**: Rezistența la antimicrobiene reprezintă o amenințare majoră pentru sănătatea publică, colonizarea intestinală fiind un rezervor cheie pentru patogenii multirezistenți (MDR) și o potențială sursă de transmisie nosocomială. Studiul a evaluat o abordare

moleculară pentru detectarea genelor de rezistență (ARG) din probe fecale.

**Metode utilizate**: În perioada februarie–aprilie 2026, au fost analizate 87 de tampoane fecale, prin screening conventional (cultură) și qPCR (Bosphore ABR Screening Kit, Anatolia Geneworks) pentru detecția a 10 ARG (NDM, OXA-48, KPC, IMP, VIM, CTX-M, MCR-1, VanA, VanB, mecA).

**Rezultate**: Per total, 78/87 din probe (89,7%) au fost pozitive pentru cel puțin o genă (1–5 gene/probă, mediana: 3). Genele de carbapenemaze au fost cele mai frecvente (60/87; 69,0%), urmate de CTX-M (51/87; 58,6%), mecA (48/87; 55,2%) și gene de rezistență la vancomicină (44/87; 50,6%). Dintre probele cu carbapenemaze, 29/60 (48,3%) au prezentat două gene, toate fiind combinații ale NDM cu OXA-48 (22/60; 36,7%), VIM (4/60; 6,7%) sau KPC (3/60; 5,0%). Genele IMP și MCR-1 nu au fost detectate. Prin cultură au fost identificate bacterii rezistente în 43/87 din probe (49,4%): *K. pneumoniae* producătoare de carbapenemaze în 22 de probe, 21 având și fenotip ESBL. *E. coli* a fost detectată în 13 probe, 7 în co-colonizare cu *K. pneumoniae*. Enterococi rezistenți la vancomicină au fost detectați în 25 de probe, 12 în co-colonizare cu *K. pneumoniae*, şi 3 cu *K. pneumoniae* și *E. coli*.

**Concluzii**: Screeningul molecular a evidențiat o prevalență mult mai ridicată a determinanților de rezistență comparativ cu cultura, subliniind potențialul qPCR de a detecta portajul subclinic de ARG și de a îmbunătăți supravegherea colonizării intestinale cu patogeni MDR.

Mulţumiri: Această lucrare a fost susținută printr-un grant al Ministerului Educației și Cercetării – Autoritatea Națională pentru Cercetare și UEFISCDI, proiectul nr. PN-IV-P6-6.1-CoEx-2024-0196-ARES, contractul nr. 17/2.03.2026, în cadrul PNCDI IV, şi de către Anatolia Geneworks.

**P3 - Beyond Culture: Molecular Assessment of Antimicrobial Resistance Gene Carriage in Fecal Samples**

**Angela Monica Ionică[1], Violeta Briciu[2], Mihaela Lupșe[2], Mirela Flonta[1]**

1 – Clinical Hospital for Infectious Diseases Cluj-Napoca

2 - "Iuliu Haţieganu" University of Medicine and Pharmacy Cluj-Napoca

**Objectives**: Antimicrobial resistance poses a major public health threat, with intestinal colonization representing an important reservoir for multidrug-resistant (MDR) pathogens and a potential source of nosocomial transmission. This study aimed to evaluate a molecular screening approach for the detection of antimicrobial resistance gene (ARG) carriage in fecal samples.

**Methods**: Between February and April 2026, 87 fecal swab samples were investigated using conventional culture-based screening and molecular testing. Bacterial DNA was extracted using a commercial kit (Anatolia Geneworks), followed by qPCR detection of 10 ARGs (NDM, OXA-48, KPC, IMP, VIM, CTX-M, MCR-1, VanA, VanB, and mecA) using the Bosphore ABR Screening Kit (Anatolia Geneworks).

**Results:** Overall, 78/87 samples (89.7%) were positive for at least one ARG, with 1–5 genes detected per sample (median: 3). Carbapenemase genes were the most frequently detected (60/87; 69.0%), followed by CTX-M (51/87; 58.6%), mecA (48/87; 55.2%), and vancomycin-resistance genes (44/87; 50.6%). Among carbapenemase-positive samples, 29/60 (48.3%) harbored two carbapenemase genes, all representing combinations of NDM with OXA-48 (22/60; 36.7%), VIM (4/60; 6.7%), or KPC (3/60; 5.0%). No IMP or MCR-1 genes were detected. In contrast, culture-based screening identified resistant bacteria in only 43/87 samples (49.4%). Carbapenemase-producing *K. pneumoniae* accounted for 22 samples, with 21 also carrying ESBL phenotypes. *E. coli* was detected in 13 samples, including seven with *K. pneumoniae* co-colonization. Vancomycin-resistant Enterococci were detected in 25 samples, of which 12 in co-colonization with *K. pneumoniae*, and 3 with both *K. pneumoniae* and *E. coli*.

**Conclusions:** Molecular screening identified a substantially higher prevalence of antimicrobial resistance determinants than culture-based screening, highlighting the potential of qPCR-based approaches to reveal otherwise undetected ARG carriage and improve surveillance of intestinal colonization by MDR pathogens.

Acknowledgement: This work was supported by a grant of the Ministry of Education and |Research – National Authority for Research and UEFISCDI, project no. PN-IV-P6-6.1-CoEx-2024-0196-ARES, contract no. 17/2.03.2026, within PNCDI IV, and by Anatolia Geneworks.

***

**P4 - Capacitatea de formare a biofilmului la izolatele bacteriene conjunctivale și relația cu rezistența la antimicrobiene**

**Adela Voinescu[1,2], Oana Magiar[1,2], Andrei Cosnita[1,3], Monica Licker[1,2,4], Delia Muntean[1,2,4], Corina Mușuroi[1,2,4], Silvia Mușuroi[1,3], Silvana Vulpie[1,2]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș", Timișoara

2 - Centrul multidisciplinar de cercetare a rezistenței la antibiotic (MULTIREZ), Timișoara

3 - Spitalul Municipal de Urgență, Timișoara

4 - Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brînzeu", Timișoara

**Obiective**: Biofilmul poate favoriza persistența bacteriană și reducerea sensibilității la antibiotice în infecțiile suprafeței oculare. Evaluarea comportamentului bacterian în biofilm poate completa informațiile oferite de antibiograma standard, care caracterizează în principal bacteriile în formă planctonică. Scopul studiului a fost evaluarea capacității de formare a biofilmului la izolate bacteriene conjunctivale și analiza relației acesteia cu sensibilitatea la antimicrobiene.

**Metode utilizate**: Au fost analizate 78 de izolate bacteriene conjunctivale provenite de la pacienți cu conjunctivită acută. Biofilmul a fost cuantificat prin metoda plăcii de microtitrare cu 96 de godeuri, utilizând cristal violet 1%, și clasificat ca slab, moderat sau puternic. Sensibilitatea bacteriilor în biofilm a fost evaluată prin sistemul Calgary pentru amikacină și levofloxacină, în concentrații de 0,125–128 µg/mL, în triplicat. Valorile MIC ale formelor planctonice au fost comparate cu $BMIC_{50}$, utilizând testul Wilcoxon Signed-Rank, cu prag de semnificație $p \leq 0,05$.

**Rezultate:** Dintre cele 78 de izolate, SCN au reprezentat 64,10%, S. aureus 15,38%, BGN 15,39%, iar alți coci Gram-pozitivi 5,13%. Toate izolatele stafilococice analizate au prezentat capacitate de formare a biofilmului. Biofilmul moderat/puternic a fost identificat la 75% dintre tulpinile de *S. aureus* și la 46% dintre SCN, fără diferență semnificativă statistic ($p = 0,108$). Pentru S. aureus, raportul $BMIC_{50}$/MIC a fost 3,054 pentru amikacină ($p = 0,003$) și 2,366 pentru levofloxacină ($p = 0,067$). Pentru *S. epidermidis*, raportul a fost 2,276 pentru amikacină și 1,712 pentru levofloxacină, ambele diferențe fiind semnificative statistic ($p < 0,001$).

**Concluzii**: Izolatele stafilococice conjunctivale au demonstrat o capacitate importantă de formare a biofilmului. Formarea biofilmului s-a asociat cu reducerea sensibilității la antibiotice, evidențiată prin creșterea $BMIC_{50}$ comparativ cu MIC. Efectul a fost semnificativ pentru amikacină la *S. aureus* și *S. epidermidis* și pentru levofloxacină la *S. epidermidis*, subliniind importanța biofilmului în interpretarea susceptibilității antimicrobiene a izolatelor conjunctivale.

**P4 - Biofilm Formation in Conjunctival Bacterial Isolates and Its Association with Antimicrobial Susceptibility**

**Adela Voinescu[1,2], Oana Magiar[1,2], Andrei Coșniță[1,3], Monica Licker[1,2,4], Delia Muntean[1,2,4], Corina Mușuroi[1,2,4], Silvia Mușuroi[1,3], Silvana Vulpie[1,2]**

1 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharm acy Timișoara

2 - Multidisciplinary research center for antibiotic resistance (MULTIREZ), Timișoara

3 - Municipal Emergency Hospital, Timișoara

4 - "Pius Brînzeu" County Clinical Emergency Hospital Timișoara

**Objectives**: Biofilm formation may promote bacterial persistence and reduced antibiotic susceptibility in ocular surface infections. Assessment of bacterial behavior in biofilm may complement standard antimicrobial susceptibility testing, which mainly characterizes bacteria in their planktonic state. This study aimed to evaluate the biofilm-forming capacity of conjunctival bacterial isolates and to investigate its association with antimicrobial susceptibility.

**Methods**: A total of 78 conjunctival bacterial isolates obtained from patients with acute conjunctivitis were analyzed. Biofilm formation was quantified using a 96-well microtiter plate assay with 1% crystal violet and classified as weak, moderate, or strong. Biofilm antimicrobial susceptibility was assessed using the Calgary system for amikacin and levofloxacin at concentrations ranging from 0.125 to 128 µg/mL, tested in triplicate. Planktonic MIC values were compared with $BMIC_{50}$ values using the Wilcoxon Signed-Rank test, with statistical significance set at $p \leq 0.05$.

**Results:** Coagulase-negative staphylococci accounted for 64.10% of isolates, *S. aureus* for 15.38%, Gram-negative bacilli for 15.39%, and other Gram-positive cocci for 5.13%. All analyzed staphylococcal isolates demonstrated biofilm-forming capacity. Moderate/strong biofilm formation was observed in 75% of *S. aureus* isolates and 46% of coagulase-negative staphylococci, with no statistically significant difference between the groups ($p = 0.108$). In *S. aureus*, the $BMIC_{50}$/MIC ratio was 3.054 for amikacin ($p = 0.003$) and 2.366 for levofloxacin ($p = 0.067$). In *S. epidermidis*, the ratios were 2.276 for amikacin and 1.712 for levofloxacin, with both differences reaching statistical significance ($p < 0.001$).

**Conclusions:** Conjunctival staphylococcal isolates showed substantial biofilm-forming capacity. Biofilm formation was associated with reduced antimicrobial susceptibility, reflected by increased $BMIC_{50}$ values compared with planktonic MIC values. The effect was significant for amikacin in both *S. aureus* and *S. epidermidis* and for levofloxacin in *S. epidermidis*, highlighting the potential relevance of biofilm assessment when interpreting antimicrobial susceptibility in conjunctival isolates.

***

**P5 - Dezvoltarea KlebScope, un program digital de cartografiere a tulpinilor de *Klebsiella* spp. multidrog rezistente din Nord-Estul României**

**Sebastian Dumitriu**[1], **Cristina-Gabriela Tuchiluș**[1,2]

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa" Iași

2 - Spitalul Clinic de Urgență „Sf. Spiridon" Iași

**Obiective**: Scopul lucrării este prezentarea dezvoltării unui program digital de cartografiere a tulpinilor de *Klebsiella* spp. multidrog-rezistente (MDR) din Nord-Estul României.

**Metode utilizate**: Am dezvoltat KlebScope, un program digital de raportare și analiză a tulpinilor de *Klebsiella* spp. MDR. Programul clasifică tulpinile în non-MDR/MDR/XDR/PDR, calculează scorul de virulență Kleborate și oferă un instrument interactiv: hartă pe județe a focarelor de convergență a tulpinilor MDR și hipervirulente (hvKp), grafice de corelație între rezistență și virulență și teste statistice integrate (asociere Fisher, regresie temporală).

**Concluzii**: Programul oferă o vizualizare a distribuției regionale a tulpinilor de *Klebsiella* spp. MDR și permite oricărui laborator de microbiologie să introducă datele individual sau în bulk, prin import de fișiere CSV, TSV (rapoarte Kleborate) și AST (antibiogramă), asociate automat tulpinii pe baza ID-ului. Datele sunt sincronizate live într-o bază de date, astfel încât mai multe laboratoare pot lucre simultan, vizualizând tabloul regional sau național și editându-și datele proprii.

**P5 - Development of KlebScope, a digital program for mapping multidrug-resistant *Klebsiella* spp. strains in North-Eastern Romania**

**Sebastian Dumitriu**[1], **Cristina-Gabriela Tuchiluș**[1,2]

1 - "Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy Iași

2 - "St. Spiridon" Clinical Emergency Hospital Iași

**Objectives**: The purpose of the paper is to present the development of a digital program for mapping multidrug-resistant (MDR) *Klebsiella* spp. strains in North- Eastern Romania.

**Methods**: We have developed KlebScope, a digital program for reporting and analyzing MDR *Klebsiella* spp. strains. The program classifies strains into non-MDR/MDR/XDR/PDR, calculates the Kleborate virulence score and offers an interactive tool: county-by-county map of MDR and hypervirulent (hvKp) strain convergence hotspots, correlation graphs between resistance and virulence and integrated statistical tests (Fisher association, temporal regression).

**Conclusions:** The program provides a visualization of the regional distribution of *Klebsiella* spp. MDR strains and allows any microbiology laboratory to enter data individually or in bulk, by importing CSV, TSV (Kleborate reports) and AST (antibiogram) files, automatically associated with the strain based on the ID. The data is synchronized live in a database, so that multiple laboratories can work simultaneously, viewing the regional or national picture and editing their own data.

***

**P6 - Testarea rapidă a sensibilității la antimicrobiene cu ASTar direct din hemoculturi pozitive: timpul de răspuns în condiții reale și concordanța cu metodele convenționale în bacteriemiile cu bacterii Gram-negative**

**Endre Csaba Pál[1], Izabella Éva Szász[2], Leonóra Szép[2], Ioana Miklosik[2], Katinka Ágnes Hollanda[2], Edit Székely[2,3]**

1- Școala Doctorală de Medicină și Farmacie, Universitatea de Medicină, Farmacie, Științe și Tehnologie „George Emil Palade" din Târgu Mureș

2 - Laboratorul de Microbiologie Medicală, Spitalul Clinic Județean de Urgență Târgu Mureș

3 - Disciplina de Microbiologie, Universitatea de Medicină, Farmacie, Științe și Tehnologie „George Emil Palade" din Târgu Mureș

**Introducere:** Identificarea promptă a microorganismelor și testarea sensibilității la antimicrobiene (AST) sunt esențiale în managementul infecțiilor sistemice cauzate de bacterii Gram-negative. Fluxurile de diagnostic convenționale bazate pe subcultivare pot avea o durată prelungită față de testarea fenotipică rapidă a sensibilității la antibiotice, efectuată direct din hemoculturi pozitive, care poate reduce timpul de diagnostic microbiologic.

**Scop**: Compararea timpului de răspuns (TAT) în condiții reale de lucru pentru fluxul diagnostic conventional cu cel al unui flux bazat pe testarea rapidă a sensibilității la antibiotice cu sistemul ASTar și evaluarea concordanței dintre rezultatele acestuia și cele obținute prin metodele convenționale.

**Materiale și metode:** În cadrul acestui studiu prospectiv au fost evaluate 33 de cazuri de bacteriemie cu bacterii Gram- negative din perioada septembrie–octombrie 2026, în Laboratorului de Microbiologie al Spitalului Clinic Județean de Urgență Mureș, România. Pentru fiecare caz, au fost utilizate fluxul diagnostic convențional, care a inclus testarea sensibilității la antibiotice prin metoda difuzimetrică și prin Vitek2C (BioMérieux), precum și sistemul ASTar (Q-linea), pentru testarea fenotipică rapidă a sensibilității la antibiotice direct din flacoanele de hemocultură pozitive. ASTar utilizează imagistică microscopică accelerată, de tip time-lapse, pentru monitorizarea microorganismelor în mediu lichid, prin metoda microdiluțiilor în bulion, permițând determinarea concentrației minime inhibitorii (CMI). Identificarea microorganismelor a fost realizată prin MALDI-TOF (Autof MS2600, Autobio) din suspensia bacteriană preparată cu sistemul ASTar. TAT a fost calculat din momentul recoltării probei de sânge până la disponibilitatea unui rezultat interpretabil privind identificarea microorganismului și rezultatul antibiogramei.

Concordanța categorială (CA), erorile foarte majore (VME) și erorile majore (ME) au fost evaluate prin raportare la ambele metode comparative.

**Rezultate**: Pe parcursul perioadei de studiu de șapte săptămâni, mediana TAT a fost de 33,5 ore (IQR 29,5–37,0) pentru metodele convenționale și de 12,5 ore (IQR 11,0–17,0) pentru fluxul bazat pe sistemul ASTar, corespunzând unei reduceri cu 21 de ore a medianei TAT. Datorită fluxului continuu de lucru a laboratorului, nu s-au observat diferențe ale TAT între timpul zilei sau ziua săptămânii (zi lucrătoare versus weekend) și momentul pozitivării hemoculturii. Concordanța categorială a fost de 94,8% (404/426 perechi de rezultate pentru antimicrobiene) față de metoda difuzimetrică și de 94,4% (458/485 perechi de rezultate pentru antimicrobiene) față de sistemul Vitek 2C. Ratele erorilor foarte majore au fost de 4,7% (10/212) și, respectiv, 2,2% (5/226), iar ratele erorilor majore au fost de 2,1% (4/195) și, respectiv, 3,0% (7/230).

**Concluzii**: Fluxul bazat pe ASTar s-a asociat cu reducerea considerabilă a timpului median de răspuns pentru obținerea rezultatelor AST. Concordanța categorială a fost ridicată, însă ratele erorilor foarte mari (VME) a depășit limita de ≤1,5%, uzual acceptată. Dimensiunea redusă a eșantionului limitează generalizabilitatea concluziilor statistice. Sunt necesare metode AST de referință pentru clarificarea rezultatelor discordante și pentru o evaluare mai precisă a performanței diagnostice.

**P6 - ASTar Rapid Antimicrobial Susceptibility Testing Directly from Positive Blood Cultures: Real-World Turnaround Time and Agreement with Conventional Methods in Gram-Negative Bacteraemia**

**Endre Csaba Pál[1], Izabella Éva Szász[2], Leonóra Szép[2], Ioana Miklosik[2], Katinka Ágnes Hollanda[2], Edit Székely[2,3]**

1- Doctoral School of Medicine and Pharmacy, University of Medicine, Pharmacy, Science and Technology "G.E. Palade" from Târgu Mureș

2- Medical Microbiology Laboratory, Târgu Mureș County Emergency Clinical Hospital

3- Microbiology Department, University of Medicine, Pharmacy, Science and Technology "G.E. Palade" from Târgu Mureș

**Introduction:** Timely organism identification and antimicrobial susceptibility testing (AST) are essential for managing Gram-negative bloodstream infections. Conventional culture-based workflows can delay actionable susceptibility results. Rapid AST performed directly from positive blood cultures may shorten diagnostic turnaround time.

**Aim:** To compare the real-world turnaround time (TAT) of the conventional workflow with an ASTar-based rapid AST pathway and assess agreement between ASTar and conventional antimicrobial susceptibility testing methods.

**Methods:** Between September and October 2026, 33 consecutive episodes of monomicrobial Gram-negative bacteraemia occurring at the Microbiology Laboratory of Mureș County Emergency Clinical Hospital, Romania, were tested in parallel by two workflows: the conventional subculture-based workflow (including disk diffusion and VITEK 2 Compact, bioMérieux) and rapid phenotypic antimicrobial susceptibility testing (AST) directly from positive blood cultures with the ASTar system (Q-linea). ASTar uses accelerated time-lapse microscopic imaging to monitor microorganism growth in liquid medium using the broth microdilution method, enabling minimum inhibitory concentration (MIC) determination. Rapid organism identification was performed by MALDI-TOF (Autof MS2600, Autobio) on a bacterial pellet obtained from the suspension prepared by the ASTar system. TAT was measured from blood collection to the availability of an interpretable identification and AST result  Categorical agreement (CA), very major errors (VME), and major errors (ME) were assessed against both comparator methods.

**Results:** Over the seven-week study period, median TAT was 33.5 hours (IQR 29.5–37.0) with conventional methods and 12.5 hours (IQR 11.0–17.0) with the ASTar-based pathway, corresponding to a 21-hour reduction in median TAT. Because the laboratory operated continuously, TAT did not differ by weekday versus weekend or by time of blood culture positivity. Categorical agreement was 94.8% (404/426) versus disk diffusion and 94.4% (458/485) versus Vitek 2C. Very major error rates were 4.7% (10/212) and 2.2% (5/226), and major error rates were 2.1% (4/195) and 3.0% (7/230), respectively. The most frequent discrepancies involved piperacillin/tazobactam. Further clustering of major errors occurred in Proteus mirabilis bacteremia.

**Conclusion:** The ASTar based pathway was associated with a substantially shorter median turnaround time for actionable AST results. The observed categorical agreement was high, but with VME rates exceeding commonly accepted limit of ≤1,5%, although the small sample size limits the strength and generalizability of the statistical conclusions. Reference AST methods are needed to resolve discrepant AST results and better assess diagnostic performance.

***

**P7 - Optimizarea extracției ADN din probe de suprafață cu biomasă redusă pentru supravegherea genomică a bacteriilor patogene și a genelor de rezistență la antibiotice într-un campus universitar**

**Elena Iorgu[1], Gabriela Alina Ștefan[1], Liliana Anchidin-Norocel[1], Viorel Munteanu[2], Inna Rastimešina[2], Eugeniu Catlabuga[2], Dumitru Ciorbă[2], Roxana Filip[1]**

1 - Universitatea „Ștefan cel Mare" din Suceava

2 - Universitatea Tehnică a Moldovei, Chișinău, Moldova

**Obiective**: Campusurile universitare sunt spații dense, cu suprafețe atinse frecvent, care pot contribui la circulația bacteriilor patogene și a genelor de rezistență la antibiotice (ARG). Proiectul UPGRADE urmărește supravegherea genomică a bacteriilor patogene și a ARG de pe suprafețele frecvent atinse din campusul USV Suceava, prin secvențiere metagenomică Oxford Nanopore, într-o abordare One Health. Prima etapă presupune obținerea unui ADN cantitativ și calitativ adecvat din probe cu biomasă foarte redusă.

**Metode utilizate**: Timp de un an, o dată la două săptămâni, s-au prelevat cu tampoane sterile probe de pe patru suprafețe (bancomat, bare de sprijin, blaturi de cantină, clanțe ale cabinetului medical), conservate în DNA/RNA Shield. Într-o etapă pilot s-au comparat, pe câte cinci probe, un protocol pe coloane de silice optimizat în laborator, kitul ISOLATE II Genomic DNA (Bioline) și kitul MagMAX CORE (Applied Biosystems). Kitul ZymoBIOMICS DNA Miniprep (Zymo Research) a fost aplicat apoi probelor longitudinale. ADN-ul a fost evaluat prin NanoDrop, Qubit și amplificare PCR a regiunii V3–V4 și a genei 16S ARNr complete (~1500 pb).

**Rezultate:** ADN-ul dublu catenar a fost foarte redus la toate metodele, fiind detectabil în 1/5 probe (protocol optimizat), 2/5 (Bioline), 5/5 (MagMAX; 0,08–0,12 ng/µL) și 18/25 (Zymo; mediana 0,04 ng/µL, maximum 2,5 ng/µL). Spectrofotometria a supraestimat concentrațiile de zeci până la ~100 de ori (A260/230 ≤ 0,07). Gena 16S completă s-a amplificat la 4/5, 0/5, 5/5 și, respectiv, 24/25 probe. Bancomatul a furnizat cel mai mult ADN (mediana 0,24 ng/µL, față de 0,02–0,05 ng/µL pe celelalte suprafețe).

**Concluzii**: La probele cu biomasă redusă, amplificarea genei 16S complete și cuantificarea fluorometrică sunt indicatori mai fiabili decât spectrofotometria. Conservarea în DNA/RNA Shield urmată de extracția Zymo, care a furnizat ADN amplificabil de pe toate suprafețele, a fost adoptată pentru secvențierea Nanopore și identificarea ARG.

**Mulțumiri:** Această lucrare a fost realizată cu sprijinul unui grant al Ministerului Educației și Cercetării, CCCDI – UEFISCDI, număr proiect PN-IV-PCB-RO-MD-2024-0555, „Supravegherea Genomică a Patogenilor Urbani pentru Protecția Mediului și a Sănătății Publice: O abordare „One Health" – acronim UPGRADE.

**P7 - Optimising DNA extraction from low-biomass surface swabs for genomic surveillance of bacterial pathogens and antibiotic resistance genes on a university campus**

**Elena Iorgu[1], Gabriela Alina Ștefan[1], Liliana Anchidin-Norocel[1], Viorel Munteanu[2], Inna Rastimešina[2], Eugeniu Catlabuga[2], Dumitru Ciorbă[2], Roxana Filip[1]**

1 - "Ștefan cel Mare" University Suceava

2 - Technical University of Moldova, Chișinău, Moldova

**Objectives**: University campuses are densely populated spaces with frequently touched surfaces that may contribute to the circulation of pathogenic bacteria and antibiotic resistance genes (ARGs). The UPGRADE project aims at the genomic surveillance of pathogenic bacteria and ARGs on frequently touched surfaces of the USV Suceava campus by Oxford Nanopore metagenomic sequencing, within a One Health framework. The first step requires obtaining DNA of adequate quantity and quality from very low-biomass samples.

**Methods**: Sterile swabs were collected twice monthly for one year from four surfaces (ATM keypads, handrails, canteen counters, medical-office door handles) and preserved in DNA/RNA Shield. In a pilot step, an in-house silica-column protocol, the ISOLATE II Genomic DNA kit (Bioline) and the MagMAX CORE kit (Applied Biosystems) were compared on five samples each. The ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit (Zymo Research) was then applied to the longitudinal samples. DNA was assessed by NanoDrop, Qubit and PCR amplification of the V3–V4 region and the full-length 16S rRNA gene (~1500 bp).

**Results**: Double-stranded DNA concentrations were very low with all methods, being detectable in 1/5 samples (in-house protocol), 2/5 (Bioline), 5/5 (MagMAX; 0.08–0.12 ng/µL) and 18/25 (Zymo; median 0.04 ng/µL, maximum 2.5 ng/µL). Spectrophotometry overestimated concentrations tens to ~100-fold (A260/230 ≤ 0.07). Full-length 16S was amplified in 4/5, 0/5, 5/5 and 24/25 samples, respectively. ATM swabs contained the most DNA (median 0.24 ng/µL vs. 0.02–0.05 ng/µL on the other surfaces).

**Conclusions:** For low-biomass surface swabs, full-length 16S amplification and fluorometric quantification are more reliable indicators than spectrophotometry. The workflow combining DNA/RNA Shield preservation and Zymo extraction, which yielded amplifiable DNA from all surfaces, was adopted for Nanopore sequencing and ARG identification.

**Acknowledgements:** This work was supported by a grant of the Ministry of Education and Research, CCCDI – UEFISCDI, project number PN-IV-PCB-RO-MD-2024-0555, „Genomic Surveillance of Urban Pathogens for Environmental and Public Health Protection: A "One Health" Approach" – Acronym: UPGRADE.

***

**P8 - Profilul rezistenței antimicrobiene la bacilii Gram-negativi izolați în mediul spitalicesc**

**Lavinia Daba, Mihaela Botnarciuc, Bogdan Nițu, Andreea Badea, Ioana Dinuț**

Universitatea „Ovidius", Facultatea de Medicină, Constanța

**Obiective**: Studiul urmărește caracterizarea profilurilor de rezistență la principalele specii de bacilli Gram negativi izolati într-un spital de boli infectioase, cu accent pe identificarea mecanismelor ESBL, AmpC și carbapenemazelor.

**Metode utilizate**: S-a realizat un studiu retrospectiv, observațional și descriptiv, în perioada iulie–decembrie 2025, prin analiza rezultatelor microbiologice provenite din probe clinice și de screening. Au fost evaluate tulpini de *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas* spp. și *Acinetobacter* spp., utilizând antibiograma și teste fenotipice complementare D72C și D73C. Rezultatele au fost analizate în funcție de specie, mecanismul de rezistență (ESBL, MDR, XDR, OXA-48, AmpC, carbapenemaze, rezistență la polipeptide, rezistență la colistin).

**Rezultate:** *Klebsiella pneumoniae* a prezentat cel mai complex profil de rezistență, cu 73,5% pentru MDR, din care 41,2% ESBL, 64,7% rezultate pozitive pentru carbapenemaze. Rezistența la colistin a fost consemnată în 31,2% din tulpinile testate. La *Escherichia coli*, fenotipul AmpC a fost identificat în 50% din cazuri, iar ESBL în 13,3%. *Pseudomonas* spp. a prezentat 37,5% rezultate pozitive pentru carbapenemaze, în timp ce la *Acinetobacter* spp. proporția a fost de 16,7%.

**Concluzii**: Rezultatele evidențiază diversitatea mecanismelor de rezistență la bacilii Gram-negativi, cu predominanța profilurilor complexe la *Klebsiella pneumoniae*. Identificarea fenotipică a ESBL, AmpC și carbapenemazelor contribuie la caracterizarea rezistenței bacteriene și la orientarea antibioterapiei. Integrarea testării microbiologice în programele de supraveghere epidemiologică este esențială pentru prevenirea transmiterii tulpinilor multirezistente și optimizarea utilizării antibioticelor.

**P8 - Antimicrobial resistance profiles of Gram-negative bacilli isolated in hospital settings**

**Lavinia Daba, Mihaela Botnarciuc, Bogdan Nitu, Andreea Badea, Ioana Dinut**

"Ovidius" University, Faculty of Medicine, Constanța

**Objectives**: This study aims to characterize the antimicrobial resistance profiles of major bacterial species isolated in hospital settings, focusing on the identification of ESBL,

AmpC, and carbapenemase resistance mechanisms and their implications for microbiological surveillance.

**Methods**: A retrospective, observational, and descriptive study was conducted between July and December 2025, analyzing microbiological results obtained from clinical and screening specimens. Isolates of *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas* spp., and *Acinetobacter* spp. were evaluated using antimicrobial susceptibility testing and complementary phenotypic assays (D72C and D73C). Results were analyzed according to bacterial species, resistance mechanisms

**Results**: *Klebsiella pneumoniae* presented the most complex resistance profile, with 73.5% for MDR, of which 41.2% ESBL, 64.7% positive results for carbapenemases. Resistance to colistin was recorded in 31.2% of the strains tested. In *Escherichia coli*, the AmpC phenotype was identified in 50% of cases, and ESBL in 13.3%. *Pseudomonas* spp. showed 37.5% positive results for carbapenemases, while in *Acinetobacter* spp. the proportion was 16.7%. The results highlight the diversity of resistance mechanisms in Gram-negative bacilli, with the predominance of complex profiles in *Klebsiella pneumoniae*. The phenotypic identification of ESBL, AmpC and carbapenemases contributes to the characterization of bacterial resistance and the orientation of antibiotic therapy. Integrating microbiological testing into epidemiological surveillance programs is essential to prevent transmission of multidrug-resistant strains and optimize antibiotic use.

***

**P9 - Monitorizarea portajului bacteriologic (MRSA, CPE, ESBL) în secțiile la risc ale unui spital oncohematologic: analiză privind complianța și evaluarea valorii predictive în apariția IAAM**

**Alina Andreea Tănase[1], Florentina Bunta[1], Andreea Cezara Vasiliu[2], Raluca Papagheorghe[2]**

1 - Spital Clinic Colțea, Compartimentul SPLIAAM

2 - Spital Clinic Colțea, Laborator Central

**Obiective**: Determinarea utilității epidemiologice a programului de screening în secțiile cu risc crescut, ca instrument predictiv în strategia de prevenire a infecțiilor asociate asistenței medicale (IAAM).

**Metode utilizate**: S-au analizat complianța și rezultatele screeningului bacteriologic pentru *Staphylococcus aureus* meticilino-rezistent (MRSA) în portaj nazal și pentru *Enterobacterales* producătoare de carbapenemaze (CPE), respectiv de beta-lactamaze cu

spectru extins (ESBL) în portaj rectal. (Medii Thermo Fisher, discuri oxoid). Studiul a fost realizat în secțiile cu risc crescut (terapie intensivă, sectii oncologice) ale unui spital oncohematologic din București, în perioada 1 iulie 2025 – 30 iunie 2026.

**Rezultate:** Rata trimestrială a screeningului nazal s-a menținut peste 75%, în timp ce rata screeningului rectal a variat între 54.47% și 73.45%. Prevalența portajului MRSA a variat între 1.08 și 2.51 la 100 de pacienți spitalizați; 92.75% dintre cazurile pozitive au fost identificate în primele două zile de la internare. Nu s-au înregistrat pacienți cu portaj MRSA care să dezvolte IAAM cu această tulpină. Portajul rectal CPE a variat între 0.81 și 1.15 la 100 de pacienți spitalizați, 53.19% fiind identificat în primele două zile. S-au înregistrat 5 pacienți cu portaj CPE și IAAM cu o tulpină CPE, însă screeningul nu a precedat diagnosticul infecției (2 cazuri depistate în ziua diagnosticului IAAM, 3 ulterior). Portajul rectal ESBL a atins 2.12 la 100 de pacienți spitalizați, 68.52% fiind decelat în primele două zile. S-au identificat 2 pacienți cu portaj ESBL și IAAM cu tulpina ESBL, însă în ambele cazuri portajul a fost confirmat post-diagnostic IAAM.

**Concluzii**: Screeningul activ nu a demonstrat o utilitate predictivă directă în lotul studiat, nicio IAAM nefiind precedată cronologic de screening pozitiv pe parcursul aceleiași internări. Această limitare epidemiologică este corelată cu complianța suboptimală pentru screeningul rectal. În schimb, screeningul nazal pentru MRSA a beneficiat de o complianță net superioară, identificarea fiind realizată precoce, în primele zile de la internare.

**P9 - Monitoring Bacteriological Carriage (MRSA, CPE, ESBL) in High-Risk Wards of an Onco-Hematology Hospital: Compliance Analysis and Evaluation of the Predictive Value in the Occurrence of HAIs**

**Alina Andreea Tănase[1], Florentina Bunta[1], Andreea Cezara Vasiliu[2], Raluca Papagheorghe[2]**

1 - Colțea Clinical Hospital, SPLIAAM Compartment

2 - Spital Clinic Colțea, Laborator Central

**Objectives**: To determine the epidemiological utility of the active screening program in high-risk wards as a predictive tool within the prevention strategy for healthcare-associated infections (HAIs).

**Methods**: Compliance and results of bacteriological active screening were analyzed for nasal carriage of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) and rectal carriage of carbapenemase-producing *Enterobacterales* (CPE) and extended-spectrum beta-lactamase-producing *Enterobacterales* (ESBL). (Thermo Fisher media, oxoid discs) The study was conducted in high-risk wards (intensive care units, oncology departments) of

an onco-hematology hospital in Bucharest between July 1, 2025, and June 30, 2026.

**Results**: The quarterly rate of nasal screening remained above 75%, whereas the rectal screening rate ranged between 54.47% and 73.45%. MRSA carriage prevalence varied between 1.08 and 2.51 per 100 hospitalized patients; 92.75% of positive cases were identified within the first two days of admission. No patients with MRSA carriage developed a subsequent HAI. Rectal CPE carriage ranged between 0.81 and 1.15 per 100 hospitalized patients, with 53.19% identified within the first two days. Five patients presented both CPE carriage and a CPE-related HAI; however, positive screening did not precede the diagnosis of infection (2 cases were detected on the day of HAI diagnosis, 3 cases thereafter). Rectal ESBL carriage reached 2.12 per 100 hospitalized patients, with 68.52% detected within the first two days. Two patients were identified with ESBL carriage and an ESBL-related HAI, but in both cases, carriage was confirmed post-HAI diagnosis.

**Conclusions**: Active screening did not demonstrate a direct predictive utility in the studied cohort, as no HAI was chronologically preceded by a positive screening result during the same hospital stay. This epidemiological limitation is closely linked to the suboptimal compliance observed for rectal screening. Conversely, nasal screening for MRSA benefited from significantly higher compliance, with identification achieved early during the first days of admission.

***

**P10 - Colonizarea cu *Staphylococcus aureus* meticilino-rezistent în primul an de viață: particularități epidemiologice și implicații pentru supravegherea infecțiilor nosocomiale**

**Ioana Dinuț[1,2], Lavinia Carmen Daba[1,2], Mihaela Botnarciuc[1,2], Elena Șapte[1], Andreea Iulia Badea (Costea)[1], Mariana Alexandra Creangă[2]**

1 - Universitatea Ovidius, Facultatea de Medicină, Constanța

2 - Spitalul Clinic Județean de Urgență Sfântul Apostol Andrei, Constanța

**Obiective**: Colonizarea cu *Staphylococcus aureus* meticilino-rezistent (MRSA) reprezintă o problemă epidemiologică importantă în populația pediatrică, în special în primul an de viață, când imaturitatea mecanismelor de apărare și expunerea la mediul spitalicesc pot favoriza transmiterea bacteriană. Studiul urmărește caracterizarea distribuției colonizării axilare cu MRSA la nou-născuți și sugari, evidențiind particularitățile epidemiologice și implicațiile pentru supravegherea infecțiilor asociate asistenței medicale.

**Metode utilizate**: S-a realizat un studiu retrospectiv, observațional, în perioada 1 februarie – 22 aprilie 2025, incluzând 86 de pacienți pediatrici internați în Spitalul Clinic

Județean de Urgență „Sf. Apostol Andrei" Constanța. Au fost analizate rezultatele screeningului microbiologic axilar, prelucrate în laboratorul Spitalului Clinic de Boli Infecțioase Constanța. Evaluarea a urmărit identificarea colonizării cu MRSA și distribuția rezultatelor în funcție de grupele de vârstă, cu accent pe primul an de viață.

**Rezultate:** Din totalul celor 86 de pacienți, nou-născuții au reprezentat 51,2%, sugarii 34,9%, iar copiii peste un an 13,9%. Colonizarea axilară cu MRSA a fost identificată la 2 pacienți (2,3%), ambele cazuri fiind înregistrate la sugari, cu vârste de aproximativ 2–3 luni. Nu au fost identificate rezultate pozitive în grupul nou-născuților sau la copiii peste un an. Distribuția observată evidențiază concentrarea cazurilor pozitive în perioada postneonatală timpurie, fără a permite stabilirea unei asocieri semnificative statistic între vârstă și colonizare.

**Concluzii:** Colonizarea axilară cu MRSA a fost rar întâlnită în lotul investigat, cazurile pozitive fiind identificate exclusiv la sugari. Rezultatele susțin importanța supravegherii microbiologice în primul an de viață și necesitatea monitorizării epidemiologice adaptate populațiilor pediatrice vulnerabile. Extinderea screeningului la multiple situsuri anatomice și evaluarea factorilor de expunere ar putea contribui la identificarea mai precisă a purtătorilor și la optimizarea strategiilor de prevenire a transmiterii nosocomiale.

**P10 - Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* colonization during the first year of life: epidemiological characteristics and implications for nosocomial infection surveillance**

**Ioana Dinuț[1,2], Lavinia Carmen Daba[1,2], Mihaela Botnarciuc[1,2], Elena Șapte[1], Andreea Iulia Badea (Costea)[1], Mariana Alexandra Creangă[2]**

1 - Ovidius University, Faculty of Medicine, Constanța

2 - Emergency County Clinical Hospital "Saint Apostle Andrei", Constanța

**Objectives**: Colonization with methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) represents an important epidemiological concern in pediatric populations, particularly during the first year of life, when immature host defense mechanisms and exposure to healthcare environments may facilitate bacterial transmission. This study aims to characterize the age-related distribution of axillary MRSA colonization among neonates and infants, highlighting epidemiological patterns and implications for healthcare-associated infection surveillance.

**Methods**: A retrospective observational study was conducted between February 1 and April 22, 2025, involving 86 pediatric patients admitted to the "Sf. Apostol Andrei" County Emergency Clinical Hospital in Constanța. Axillary microbiological screening

results processed at the Constanța Clinical Infectious Diseases Hospital laboratory were retrospectively analyzed. The assessment focused on MRSA colonization and its distribution across age groups, with particular emphasis on the first year of life.

**Results:** Among the 86 patients, neonates accounted for 51.2%, infants for 34.9%, and children older than one year for 13.9%. Axillary MRSA colonization was detected in 2 patients (2.3%), both infants approximately 2–3 months of age. No positive results were identified among neonates or children older than one year. The observed distribution indicates that positive cases occurred during early postneonatal infancy, although the limited number of cases does not allow a statistically reliable association between age and colonization to be established.

**Conclusions:** Axillary MRSA colonization was uncommon in the study population, with positive cases identified exclusively among infants. These findings support the importance of microbiological surveillance during the first year of life and age-appropriate epidemiological monitoring in vulnerable pediatric populations. Expanding screening to multiple anatomical sites and assessing exposure-related factors may improve carrier identification and help optimize strategies for preventing nosocomial transmission.

***

**P11 - Panencefalita sclerozantă subacută (PESS) – aspecte de laborator în diagnosticul unei complicații neurologice tardive a infecției cu virusul rujeolei**

**Carmen-Maria Cherciu, Cătălina Pascu, Iulia Bistriceanu, Maria Elena Mihai, Alina Ivanciuc, Mihaela Lazăr**

Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară "Cantacuzino”

**Obiective**: Panencefalita sclerozantă subacută (PESS) este o complicație neurologică rară, progresivă și fatală a infecției cu virusul rujeolei, care apare la ani după infecția acută. Diagnosticul precoce poate fi dificil, deoarece manifestările clinice inițiale sunt adesea nespecifice, iar antecedentele de rujeolă pot fi neclare. În România, PESS a redevenit o preocupare în contextul epidemiilor de rujeolă din perioada 2016-2019, fiind raportate 13 cazuri la nivel național în intervalul 2021-2025. Evidențierea principalelor aspecte de laborator relevante pentru diagnosticul PESS și a importanței corelării rezultatelor microbiologice cu datele clinice și epidemiologice.

**Metode utilizate**: Investigațiile de laborator au urmărit identificarea anticorpilor specifici anti-virus rujeolic în ser și lichid cefalorahidian (LCR). ARN-ul viral a fost detectat prin RT-PCR, iar regiunea N-450 a genei nucleoproteinei a fost amplificată și secvențiată. Analiza

filogenetică a fost realizată prin compararea secvențelor obținute cu tulpini de referință și secvențe ale virusului rujeolic identificate anterior în România.

**Rezultate**: La un copil în vârstă de 8 ani, cu suspiciune de PESS, au fost detectați anticorpi IgG specifici virusului rujeolic în LCR, iar ARN-ul viral a fost detectat și secvențiat. Analiza filogenetică a regiunii N-450 a identificat genotipul B3, secvența fiind identică cu cea a tulpinii de referință MVs/Dublin.IRL/8.16 și cu alte secvențe ale virusului rujeolic detectate în România în perioada 2016-2018. Aceste rezultate evidențiază valoarea complementară a investigațiilor serologice și moleculare în evaluarea diagnostică a cazurilor suspecte de PESS.

**Concluzii:** Diagnosticul PESS necesită o abordare integrată, clinică, neurologică și de laborator. Cunoașterea particularităților de laborator ale acestei complicații tardive și utilizarea complementară a metodelor serologice și moleculare sunt esențiale pentru susținerea diagnosticului.

Această lucrare a fost realizată prin Programul-Nucleu din cadrul Planului Național de Cercetare, Dezvoltare și Inovare 2022-2027, derulat cu sprijinul ANC, proiect nr. 23 44.

**P11 - Subacute Sclerosing Panencephalitis (SSPE) – laboratory aspects in the diagnosis of a late neurological complication of measles virus infection**

**Carmen-Maria Cherciu, Cătălina Pascu, Iulia Bistriceanu, Maria Elena Mihai, Alina Ivanciuc, Mihaela Lazăr**

"Cantacuzino" National Medical-Military Institute for Research and Development

**Objectives**: Subacute sclerosing panencephalitis (SSPE) is a rare, progressive and fatal neurological complication of measles virus infection, occurring years after the acute infection. Early diagnosis may be challenging because initial clinical manifestations are often nonspecific, while the history of previous measles infection may be unclear. Although historically considered a rare complication in the post-vaccination era, SSPE has re-emerged in Romania following the large measles outbreaks of 2016-2019, with 13 cases notified nationally during 2021-2025. To highlight the main laboratory aspects relevant to the diagnosis of SSPE and the importance of correlating microbiological findings with clinical and epidemiological data.

**Methods**: Detection of anti-measles virus IgG antibodies in serum and cerebrospinal fluid (CSF) represents a key diagnostic approach. Measles virus RNA was detected by RT-PCR, and the N-450 region of the nucleoprotein gene was amplified and sequenced. Phylogenetic analysis was performed by comparison with reference strains and measles virus sequences previously detected in Romania.

**Results**: In a child aged 8 years with suspected SSPE, laboratory investigation

demonstrated evidence of measles virus infection. Measles virus-specific IgG was detected in CSF, and measles virus RNA was detected and sequenced, supporting the diagnosis of SSPE. Phylogenetic analysis based on the N-450 region identified genotype B3, with a sequence identical to the reference strain MVs/Dublin.IRL/8.16 and to other measles virus sequences detected in Romania during 2016–2018. The molecular findings, together with the serological evidence of measles virus-specific antibody production, supported the diagnosis of SSPE.

**Conclusions:** The diagnosis of SSPE requires an integrated clinical, neurological and laboratory approach. Awareness of the specific laboratory features of this late complication is essential for timely investigation and diagnostic support.

This work was carried out through the Core Program within the National Research, Development and Innovation Plan 2022-2027, with the support of National Research Authority (ANC), project no. 23 44.

***

**P12 - Meningitele acute pediatrice: tendințe actuale și perspective etiologice în context național și internațional**

**Dan Dumitru Vulcănescu[1], Florin George Horhat[1], Cristina Ciortuz[2], Norberth Istvan Varga[2], Iulia Cristina Bagiu[1]**

1 - Disciplina de Microbiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș", Timișoara, România.

2 - Școala Doctorală, Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș", Timișoara, România.

**Obiective**: Contextualizarea tendințelor etiologice ale meningitei acute pediatrice dintr-un centru terțiar românesc prin comparație descriptivă cu studii naționale și internaționale.

**Metode utilizate**: A fost efectuată o analiză secundară a datelor agregate privind episoadele investigate la Spitalul Clinic de Urgență pentru Copii „Louis Țurcanu" din Timișoara, în perioada 2023–2025. Confirmarea locală s-a bazat pe identificarea unui agent relevant în lichidul cefalorahidian prin cultură și/sau metode moleculare. A fost realizată o căutare bibliografică orientată, fiind prioritizate publicațiile internaționale din ultimii zece ani, fără limită cronologică pentru studiile românești. Au fost calculate proporții și diferențe descriptive, cu păstrarea numitorilor și definițiilor originale. Comparația internațională a vizat enterovirusul între cazurile sau detecțiile virale, iar cea românească a avut caracter exploratoriu.

**Rezultate:** Dintre 641 de episoade investigate, 58 (9,0%) au fost confirmate: 30 virale (51,7%), 22 bacteriene (37,9%) și 6 fungice (10,3%). Ponderea virală între confirmări a crescut de la 22,2% în 2023 la 77,8% în 2025. Enterovirusul a reprezentat 19/30 (63,3%) cazuri virale, comparativ cu 52/80 (65,0%) meningite virale certe în Germania, 315/423 (74,5%) meningite virale certe/probabile în Marea Britanie și 21/49 (42,9%) detecții virale reținute în tabelul studiului japonez. În Japonia, parechovirusul a reprezentat 22/49 (44,9%). Restrângerea la categoriile bacteriană și virală a indicat 30/52 (57,7%) cazuri virale local, versus 63/89 (70,8%) în studiul românesc din Mureș, care includea toate vârstele și diagnostice paraclinice.

**Concluzii:** Cohorta locală evidențiază creșterea ponderii virale între confirmări și o pondere enterovirală numeric apropiată de cea germană. Diferențele de vârstă, recrutare, testare și definiție a cazului limitează comparațiile și împiedică extrapolarea la epidemiologia națională. Standardizarea definițiilor și a raportării diagnosticului molecular ar facilita supravegherea etiologică pediatrică.

**P12 - Acute Pediatric Meningitis: Current Trends and Etiological Perspectives in National and International Contexts**

**Dan Dumitru Vulcănescu[1], Florin George Horhat[1], Cristina Ciortuz[2], Norberth Istvan Varga[2], Iulia Cristina Bagiu[1]**

1 – Chair of Microbiology, "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy, Timișoara

2 – Doctoral School, "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy, Timișoara

**Objectives**: To contextualize etiological trends in acute pediatric meningitis at a Romanian tertiary center through descriptive comparison with Romanian and international studies.

**Methods**: A secondary analysis of aggregated data on episodes investigated at the "Louis Țurcanu" Emergency Clinical Hospital for Children in Timișoara between 2023 and 2025 was performed. Local confirmation was based on the identification of a relevant pathogen in cerebrospinal fluid by culture and/or molecular methods. A targeted literature search was conducted, prioritizing international publications from the last ten years, with no time restriction for Romanian studies. Proportions and descriptive differences were calculated while preserving the original denominators and case definitions. The international comparison focused on enterovirus among viral cases or detections, whereas the Romanian comparison was exploratory.

**Results:** Among 641 investigated episodes, 58 (9.0%) were confirmed: 30 viral (51.7%), 22 bacterial (37.9%), and 6 fungal (10.3%). The viral proportion among confirmed

episodes increased from 22.2% in 2023 to 77.8% in 2025. Enterovirus accounted for 19/30 (63.3%) viral cases, compared with 52/80 (65.0%) definite viral meningitis cases in Germany, 315/423 (74.5%) definite/probable viral meningitis cases in the United Kingdom, and 21/49 (42.9%) viral detections retained in the Japanese study table. Parechovirus accounted for 22/49 (44.9%) in Japan. Restricting the Romanian comparison to bacterial and viral categories yielded 30/52 (57.7%) viral cases locally versus 63/89 (70.8%) in the Mureș study, which included all ages and diagnoses based on paraclinical findings.

**Conclusions:** The local cohort shows an increasing viral proportion among confirmed episodes and an enterovirus proportion numerically close to the German cohort. Differences in age, recruitment, testing, and case definitions limit comparisons and preclude extrapolation to national epidemiology. Standardized definitions and molecular diagnostic reporting would facilitate pediatric etiological surveillance.

***

**P13 - Infecția cu *Ochrobactrum anthropi* la pacienții oncologici**

**Andreea-Cezara Vasiliu, Andra Raluca Rusea-Houghton, Constantin Cătălin Matei, Mircea Moisă, Raluca Papagheorghe**

Spitalul Clinic Colțea, Laborator Central

**Obiective**: *Ochrobactrum anthropi* reprezintă bacili Gram negativi ce se întâlnesc în mediul înconjurător. Deși au virulență scăzută, pot determina infecții oportuniste, în special în cazul pacienților imunodeprimați ce prezintă dispozitive implantabile. Informațiile despre *Ochrobactrum anthropi* sunt limitate și provin majoritar din studii de caz.

**Metode utilizate**: Au fost selectate 9 tulpini de la pacienți imunodeprimați, cu tumori solide, internați în perioada 2019-2026 în cadrul Spitalului Clinic Colțea. Produsele bacteriologice au fost însămânțate pe medii solide. Culturile au fost evaluate la 18 ore: s-a observat prezența coloniilor cenușii, oxidazo-pozitive. Pe frotiurile colorate Gram s-a observat prezența bacililor Gram negativi. Microorganismul a fost identificat prin metoda colorimetrică și/sau spectrometrie de masă.

**Rezultate și concluzii**: Din cele 9 tulpini, 8 au fost izolate în hemoculturi și 1 în secreție purulentă (plagă mamară). Pacienții au avut vârste cuprinse între 38-79 ani, dintre care 8 femei și 1 bărbat. Cele 9 tulpini au fost izolate la pacienți cu tumori solide, internați în secția Oncologie Medicală din cadrul Spitalului Clinic Colțea. În toate cele 9 cazuri, *Ochrobactrum anthropi* a fost singurul patogen izolat în produs și singurul patogen izolat

la pacienți pe toată durata internării. Toate hemoculturile au fost recoltate de la nivelul camerelor implantabile pentru chimioterapie și 3 din acestea sunt considerate infecții nosocomiale întrucât au fost recoltate la 3, respectiv 4 zile de la internare. În toate cazurile, pacienții au fost febrili și stabili hemodinamic. Biologic notăm leucocitoză cu neutrofilie și sindrom inflamator. Întrucât nu există un standard specific de interpretare a antibiogramei pentru *Ochrobactrum anthropi*, pacienții au fost tratați pe baza datelor din literatura de specialitate cu ciprofloxacin și meropenem. Camerele implantabile pentru chimioterapie au fost extrase la 4 din cei 8 pacienți cu hemoculturi pozitive. Toți pacienții au evoluție clinică lent favorabilă sub tratament, cu dispariția sindromului inflamator și obținerea de hemoculturi negative. Deși *Ochrobactrum anthropi* este un microorganism cu virulență scăzută, acesta poate determina sepsis la pacienții imunodeprimați. Managementul unui astfel de pacient presupune extragerea dispozitivului implantabil (cateter venos central, cameră chimioterapie) și tratament antibiotic cu fluoroqinolone, carbapeneme, aminoglicozide, trimetoprim-sulfametoxazol.

**P13 - *Ochrobactrum anthropi* infection in oncological patients**

**Andreea-Cezara Vasiliu, Andra Raluca Rusea-Houghton, Constantin Cătălin Matei, Mircea Moisă, Raluca Papagheorghe**

Colțea Clinical Hospital, Central Laboratory

**Objectives**: *Ochrobactrum anthropi* are Gram-negative rods found in the environment. Although it has low virulence, it can cause opportunistic infections, particularly in immunocompromised patients with implantable devices. Information regarding *Ochrobactrum anthropi* is limited and stems primarily from case studies.

**Methods**: Nine strains were selected from immunocompromised patients with solid tumors admitted to Colțea Clinical Hospital between 2019 and 2026. Bacteriological samples were inoculated onto solid media. Cultures were evaluated after 18 hours; the presence of gray, oxidase-positive colonies was observed. Gram-negative rods were identified on Gram-stained smears. Colorimetric methods and mass spectrometry were used for bacterial identification.

**Results and conclusions**: Of the nine strains, eight were isolated from blood cultures and one from breast wound. The patients ranged in age from 38 to 79 years; the group comprised eight women and one man. The nine strains were isolated from patients with solid tumors admitted to the Medical Oncology Department at Colțea Clinical Hospital. In all nine cases, *Ochrobactrum anthropi* was the only pathogen isolated from the sample and the only pathogen isolated from the patients throughout their hospital stay. All blood cultures were collected via implantable chemotherapy ports; three of these cases were classified as healthcare-associated infections, as the samples were obtained three

and four days, respectively, after admission. In all cases, the patients were febrile but hemodynamically stable. Laboratory findings showed leukocytosis with neutrophilia and signs of systemic inflammation. As there is no specific standard for interpreting *Ochrobactrum anthropic* antibiotic susceptibility testing, patients were treated with ciprofloxacin and meropenem, based on data from the medical literature. The implantable chemotherapy ports were removed in four of the eight patients with positive blood cultures. All patients showed a slow clinical recovery, with resolution of the inflammatory syndrome and subsequent negative blood cultures. Although *Ochrobactrum anthropi* is a microorganism of low virulence, it can cause sepsis in immunocompromised patients. Management involves removing the implanted device (central venous catheter or chemotherapy port) and administering antibiotic therapy with fluoroquinolones, carbapenems, aminoglycosides, or trimethoprim-sulfamethoxazole.

***

**P14 - Evoluția spectrului etiologic al infecțiilor virale respiratorii**

**Lavinia Daba[1], Mihaela Botnarciuc[1], Andreea Badea[1], Anca Dumitrescu[2]**

1 - Universitatea „Ovidius", Facultatea de Medicină, Constanța

2 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase, Constanta

**Obiective(ro)**: În studiul realizat în cursul anului 2025, am încercat să urmărim frecvența determinării de virusuri cu tropism respirator, cu distribuția lor sezonieră, la pacienți din variate categorii de vârstă .

**Metode utilizate**: În cadrul Laboratorului de Microbiologie al Spitalului Clinic de Boli Infecțioase Constanța realizăm teste pentru identificarea următoarelor virusuri cu tropism respirator: Rhinovirus, Coronavirus, Metapneumovirus, Influenza, Parainfluenza, Virus Respirator Sincitial, Adenovirus. Variabilitatea antigenică poate afecta performanța testelor imunocromatografice, în timp ce metodele moleculare, precum PCR, rămân gold standard. Testele multiplex PCR permit detectarea simultană a mai multor agenți patogeni respiratori, fiind utile în identificarea coinfecțiilor și în stabilirea unui diagnostic diferențial corect.

**Rezultate**: Rhinovirusul este constant prezent de-a lungul anului, dar valorile sale cele mai mari sunt regăsite în sezonul de toamna. Pe perioada sezonului rece, cazurile de gripa depasesc pe cele de infectie cu Rhinovirus. Adenovirusul este întotdeauna prezent, deși numărul de cazuri diagnosticate este considerabil mai mic decat virusurile ARN. Adenovirusurile si Coronavirusurile au fost identificate pe tot parcursul anului, cu valori

considerabil mai ridicate toamna și iarna. În schimb, virusul respirator sincitial determină infecții numai iarna si primavara. Virusurile Parainfluenza au valorile cele mai mari vara. Metapneumovirusul a fost identificat în primăvara anului 2025.

**Concluzii**: Infecțiile virale respiratorii continuă să reprezinte una dintre cele mai importante probleme de sanatate publica la nivel mondial, datorită frecvenței ridicate, transmiterii rapide și impactului semnificativ asupra tuturor categoriilor de populație. În ultimii ani, dezvoltarea metodelor moderne de diagnostic molecular a modificat considerabil modul de identificare a agenților etiologici implicați, oferind posibilitatea unui diagnostic rapid, sensibil și specific. Frecventa și distribuția virusurilor ARN si ADN identificate au variat semnificativ în funcție de sezon și vârsta pacienților.

**P14 - Evolution of the etiological spectrum of respiratory viral infections**

**Lavinia Daba[1], Mihaela Botnarciuc[1], Andreea Badea[1], Anca Dumitrescu[2]**

1 – "Ovidius" University, Faculty of Medicine, Constanța

2 – Clinical Hospital for Infectious Diseases, Constanța

**Objectives**: In the study conducted during 2025, we tried to track the frequency of detection of different viruses throughout different seasons, which show specificity.

**Methods**: Within the Microbiology Laboratory of the Clinical Hospital for Infectious Diseases Constanta, we perform tests to identify the following viruses with respiratory tropism: Rhinovirus, Coronavirus, Metapneumovirus, Influenza, Parainfluenza, Respiratory Syncytial Virus, Adenovirus. Antigenic variability can affect the performance of immunochromatographic tests, while molecular methods, such as PCR, remain the gold standard. Multiplex PCR tests allow the simultaneous detection of multiple respiratory pathogens, being useful in identifying coinfections and establishing a correct differential diagnosis.

**Results**: Rhinovirus is constantly present throughout the year, but its highest values are found in the autumn season. During the cold season, cases of influenza exceed those of Rhinovirus infection. Adenovirus is always present, although the number of diagnosed cases is considerably lower than RNA viruses. Adenoviruses and Coronaviruses have been identified throughout the year, with considerably higher values in autumn and winter. In contrast, respiratory syncytial virus causes infections only in winter and spring. Parainfluenza viruses have the highest values in summer. Metapneumovirus was identified in the spring of 2025.

**Conclusions**: Respiratory viral infections continue to represent one of the most important public health problems worldwide, due to their high frequency, rapid transmission and significant impact on all categories of the population. In recent years,

the development of modern molecular diagnostic methods has considerably changed the way of identifying the etiological agents involved, offering the possibility of a rapid, sensitive and specific diagnosis. The frequency and distribution of identified RNA and DNA viruses varied significantly depending on the season and age of the patients.

***

**P15 - Testarea sindromică versus diagnosticul microbiologic convențional al aspiratelor bronșice**

**Ionică Văran[1,2], Alexandru Mihai Crăciun[2], Silvana Vulpie[3,4], Monica Licker[2,3,4], Oana Izmendi[1,3,4], Maria Iasmina Ilinca[1,2]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Școala doctorală

2 - Spitalului Clinic Județean de Urgență „Pius Brânzeu" Timișoara, Laboratorul Clinic Central

3 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara, Catedra de Microbiologie

4 - Centrul multidisciplinar de cercetare a rezistenței la antibiotice, Universitatea de Medicină și Farmacie „Victor Babeș" Timișoara

**Obiective**: Compararea performanței testării moleculare sindromice prin PCR multiplex (Unyvero HPN) cu metodele convenționale de diagnostic microbiologic pentru identificarea microorganismelor din aspiratele bronșice.

**Metode utilizate**: S-a realizat un studiu retrospectiv pe 100 de aspirate bronșice de la 98 de pacienți internați în ATI, Spitalul Clinic Județean de Urgență „Pius Brînzeu" Timișoara, în perioada august 2021 - iulie 2023. Rezultatele Unyvero au fost comparate cu cele ale metodelor microbiologice convenționale.

**Rezultate**: Din cele 100 de probe au fost raportate 150 de izolate microbiene. Concordanța identificării prin Unyvero cu rezultatele culturii a fost de 100% pentru *Klebsiella variicola* (2 izolate), 88% pentru *Pseudomonas aeruginosa* (25), 85,71% pentru *Proteus* spp. (7), 68,57% pentru *Acinetobacter baumannii* (35), 61,53% pentru *Staphylococcus aureus* (13), 57,14% pentru *Escherichia coli* (7), 41,37% pentru *Klebsiella pneumoniae* (29), 40% pentru *Streptococcus pneumoniae* (5) și *Enterobacter cloacae* (5), respectiv 21,47% pentru *Stenotrophomonas maltophilia* (14). Pentru *Citrobacter freundii* (1 izolat), *Klebsiella oxytoca* (4), *Moraxella catarrhalis* (2) și *Serratia marcescens* (1) nu s-a observat concordanță cu cultura. Prin cultura convențională au fost izolate suplimentar 5 tulpini de *Providencia stuartii*, neincluse în panelul Unyvero. Pentru markerii genetici

de rezistență, concordanța cu fenotipul a fost de 93,55% pentru tem/shv, 100% pentru ctx-M, 92,10% pentru markerii asociați rezistenței la carbapeneme și monobactame, 84,38% pentru sul1, 87,50% pentru gyrA83/gyrA87, 100% pentru mecA și 75% pentru ermB. În analiza globală, concordanța pozitivă a fost de 90,69%, iar 13,04% dintre markerii genetici identificați nu au fost confirmați fenotipic.

În **concluzie** testarea sindromică accelerează identificarea microorganismelor și a markerilor genetici de rezistență, sprijinind optimizarea terapiei antimicrobiene. Rezultatele necesită corelare clinică și confirmare prin metode convenționale.

**P15 - Syndromic Testing versus Conventional Microbiological Diagnosis of Endotracheal Aspirates**

**Ionică Văran[1,2], Alexandru Mihai Crăciun[2], Silvana Vulpie[3,4], Monica Licker[2,3,4], Oana Izmendi[1,3,4], Maria Iasmina Ilinca[1,2]**

1 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Doctoral School

2 – "Pius Brânzeu" County Clinical Emergency Hospital Timișoara, Central Clinical Laboratory

3 - "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara, Chair of Microbiology

4 - Multidisciplinary research center for antibiotic resistance, "Victor Babeș" University of Medicine and Pharmacy Timișoara

**Objectives**: To compare the performance of syndromic molecular testing using multiplex PCR (Unyvero HPN) with conventional microbiological diagnostic methods for the identification of microorganisms in endotracheal aspirates.

**Methods**: A retrospective study was conducted on 100 endotracheal aspirate samples from 98 patients admitted to the Intensive Care Unit of the "Pius Brînzeu" County Emergency Clinical Hospital, Timișoara, between August 2021 and July 2023. Unyvero results were compared with those obtained using conventional microbiological methods.

**Results**: A total of 150 microbial isolates were reported from the 100 samples. The concordance between Unyvero identification and culture results was 100% for *Klebsiella variicola* (2 isolates), 88% for *Pseudomonas aeruginosa* (25), 85.71% for *Proteus* spp. (7), 68.57% for *Acinetobacter baumannii* (35), 61.53% for *Staphylococcus aureus* (13), 57.14% for *Escherichia coli* (7), 41.37% for *Klebsiella pneumoniae* (29), 40% for *Streptococcus pneumoniae* (5) and *Enterobacter cloacae* (5), and 21.47% for *Stenotrophomonas maltophilia* (14). No concordance with culture was observed for *Citrobacter freundii* (1 isolate), *Klebsiella oxytoca* (4), *Moraxella catarrhalis* (2), and *Serratia marcescens* (1). Conventional culture additionally recovered 5 strains of *Providencia stuartii*, which are not included in the Unyvero panel. Regarding genetic

resistance markers, concordance with phenotypic resistance was 93.55% for tem/shv, 100% for ctx-M, 92.10% for markers associated with resistance to carbapenems and monobactams, 84.38% for sul1, 87.50% for gyrA83/gyrA87, 100% for mecA, and 75% for ermB. The overall positive concordance was 90.69%, while 13.04% of the detected genetic markers were not phenotypically confirmed.

In **conclusion** syndromic testing accelerates the identification of microorganisms and genetic resistance markers, supporting the optimization of antimicrobial therapy. Results require clinical correlation and confirmation using conventional methods.

***

**P16 - Caracterizarea moleculară a virusului West Nile circulant în populațiile de vectori din București, în anul 2026**

**Sorin Dinu[1], Aurelian Pintiliescu[2], Elena Fălcuță[3], Ramona-Ionela Iordache[1], Maria Condei[1], Laura-Ioana Popa[4], Mihaela Oprea[1], Florian-Liviu Prioteasa[3]**

1 - Laboratorul Epidemiologie Moleculară pentru Boli Transmisibile, Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

2 - Compania Municipală Eco Igienizare București S.A.

3 - Laboratorul Entomologie Medicală, Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

4 - Platforma de Genomică, Transcriptomică și Bioinformatică, Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

**Obiectivele** studiului au fost detecția și caracterizarea moleculară a izolatelor de virus West Nile (WNV) care au circulat în populațiile de țânțari vectori *Culex pipiens*, pe teritoriul Municipiului București, în sezonul de transmitere a virusului din anul 2026.

**Metode utilizate**: Au fost studiate șase situri în perioada iunie-septembrie, utilizând capcane entomologice. Țânțarii colectați au fost identificați taxonomic, folosind criterii morfologice. Femelele de Culex pipiens au fost grupate în probe constituite din maxim 40 de specimene, care au fost supuse extracției ARN. WNV a fost detectat prin real-time PCR. Secvențele genomice parțiale obținute prin tehnologia Sanger au fost utilizate pentru determinarea liniei genetice și a relațiilor filogenetice.

**Rezultate și concluzii**: Au fost analizate 120 probe de țânțari, însumând 4306 specimene. WNV a fost detectat în 30 de probe colectate în perioada iulie-septembrie, din toate cele șase situri studiate. Rata minimă de infecție (MIR) calculată pentru întreaga perioada de studiu și pentru toate siturile a fost 6,96‰, valorile MIR variind între situri în intervalul

4,17-11,57‰. Au fost obținute 11 secvențe genomice parțiale de WNV din probe colectate în cinci situri. Analiza filogenetică a indicat circulația izolatelor aparținând liniei genetice 2a, clusterul B, semnalate continuu în zona studiată începând cu perioada 2015-2016. Secvențele s-au grupat în două sub-clustere: unul care conține secvențe obținute din probe de țânțari colectate în 2025 în București, dar și secvențe care provin din probe colectate în ultimii ani din Polonia și Rusia, și un alt sub-cluster care conține secvențe din probe de țânțari obținute în 2023 și 2024 din București, dar și din probe din Grecia (2019-2025).

Această lucrare a fost realizată prin Programul-nucleu din cadrul Planului Naţional de Cercetare Dezvoltare și Inovare 2022-2027, derulat cu sprijinul ANC, proiect nr. 23 44.

**P16 - Molecular characterization of West Nile virus circulating in vector populations in Bucharest in 2026**

**Sorin Dinu[1], Aurelian Pintiliescu[2], Elena Fălcuță[3], Ramona-Ionela Iordache[1], Maria Condei[1], Laura-Ioana Popa[4], Mihaela Oprea[1], Florian-Liviu Prioteasa[3]**

1 – Laboratory for Molecular Epidemiology of Communicable Diseases, "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and Development

2 - Eco Igienizare Municipal Company Bucharest

3 - Laboratory for Medical Entomology, "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and Development

4 - Genomics, Transcriptomics and Bioinformatics Platform, "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research and Development

**Objectives**: The objectives of the study were the detection and molecular characterization of West Nile virus (WNV) isolates circulating in *Culex pipiens* mosquito vector populations in Bucharest city, during the 2026 WNV transmission season.

**Methods**: Six sites were investigated between June and September using entomological traps. The collected mosquitoes were taxonomically identified based on morphological criteria. Female Culex pipiens mosquitoes were grouped into pools of up to 40 specimens, which were subjected to RNA extraction. WNV was detected by real-time PCR. Partial genomic sequences were obtained through Sanger sequencing and used to determine the genetic lineage and phylogenetic relatedness.

**Results and conclusions**: A total of 120 mosquito pools, comprising 4,306 specimens, were analyzed. WNV was detected in 30 samples collected between July and September across all six sites investigated. The minimum infection rate (MIR) calculated for the entire study period across the investigated area was 6.96‰, with MIR values ranging from 4.17 to 11.57‰ among sites. Eleven partial WNV genomic sequences were

obtained from samples collected at five sites. Phylogenetic analysis indicated the circulation of isolates belonging to genetic lineage 2a, cluster B, continuously reported in the studied area since 2015-2016. The sequences grouped into two sub-clusters: one containing sequences from mosquito samples collected in Bucharest in 2025, as well as sequences originating from samples collected in Poland and Russia in recent years, and another sub-cluster containing sequences from mosquito samples obtained from Bucharest in 2023 and 2024, as well as from samples from Greece (2019-2025).

This work was carried out through the Core Program within the National Research, Development and Innovation Plan 2022-2027, with the support of National Research Authority (ANC), project no. 23 44.

***

**P17 - Dinolo de tiparul clasic: infecție neuroinvazivă cu virus West Nile la o pacientă tânără-prezentare de caz**

**Ioana Păltinel[1], Doina Azoicăi[1], Mihnea Eudoxiu Hurmuzache[1,2], Florin Emanuel Roșu[1,2]**

1 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa" Iași

2 - Spitalul Clinic de Boli Infecțioase „Sfânta Parascheva" Iași

**Obiective**: Infecția cu virusul West Nile (WNV) reprezintă o zoonoză transmisă prin vectori, cu circulație în creștere în Europa și potențial de apariție a formelor neuroinvazive. În 2026, România a raportat 95 de cazuri autohtone până la data de 18 septembrie, comparativ cu anul 2025, fiind înregistrate 49 cazuri umane. Prezentăm un caz de boală neuroinvazivă cu WNV diagnosticat la o pacientă tânără din mediul urban din regiunea Moldovei, evidențiind importanța diagnosticului etiologic precoce și a supravegherii epidemiologice.

**Metode utilizate**: Pacientă în vârstă de 22 de ani, studentă, fără antecedente patologice cunoscute, se prezintă în urgență pentru cefalee occipitală, vertij, diplopie, dizartrie și instabilitate posturală cu debut brusc. Evaluarea inițială prin CT cranio-cerebral nativ, angio-CT și RMN cerebral nu evidențiază modificări neurovasculare. Au fost efectuate investigații biologice, puncție lombară, PCR multiplex și teste serologice pentru agenți neuroinfecțioși, fiind ridicată suspiciunea de romboencefalită infecțioasă.

**Rezultate**: La internare, pacienta este afebrilă, prezentând redoare de ceafă, dizartrie, vertij și instabilitate posturală. LCR-ul evidențiază pleiocitoză, predominant mononucleară (155 celule/mm$^3$; 99% mononucleare) și hiperproteinorahie. PCR multiplex din LCR este negativ. Serologiile pentru EBV, CMV și HIV sunt negative. Diagnosticul de infecție neuroinvazivă cu WNV este susținut ulterior prin identificarea

anticorpilor IgM anti-WNV în LCR. Ancheta epidemiologică a evidențiat expunere la înțepături de țânțari, în ciuda utilizării plaselor de protecție la domiciliu. Evoluția clinică este favorabilă, cu ameliorarea progresivă a simptomatologiei neurologice.

**Concluzii** : Cazul subliniază posibilitatea apariției bolii neuroinvazive cu WNV la persoane tinere, chiar și în absența febrei. În contextul intensificării circulației WNV în România și Europa, recunoașterea precoce a manifestărilor neurologice, confirmarea etiologică și integrarea datelor clinice cu cele epidemiologice sunt esențiale pentru supravegherea și controlul infecției.

**P17 - Beyond The Classic Pattern: West Nile Virus Neuroinvasive Disease In A Young Patient-A Case Report**

**Ioana Păltinel[1], Doina Azoicăi[1], Mihnea Eudoxiu Hurmuzache[1,2], Florin Emanuel Roșu[1,2]**

1 – "Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy Iași

2 - "Saint Parascheva" Clinical Hospital for Infectious Diseases Iași

**Objectives**: West Nile virus (WNV) infection is a vector-borne zoonotic disease with increasing circulation in Europe and the potential to cause severe neuroinvasive disease. In 2026, Romania reported 95 autochthonous cases by September 18, compared with 49 human cases recorded in 2025. We present a case of West Nile neuroinvasive disease diagnosed in a young woman from an urban area in the Moldavia region of Romania, highlighting the importance of early etiological diagnosis and epidemiological surveillance.

**Methods**: A 22-year-old female university student with no known medical history presented to the emergency department with sudden-onset occipital headache, vertigo, diplopia, dysarthria, and postural instability. Initial neuroimaging, including non-contrast cranial computed tomography (CT), CT angiography, and brain magnetic resonance imaging (MRI), revealed no evidence of acute neurovascular abnormalities. Laboratory investigations, lumbar puncture, multiplex polymerase chain reaction (PCR), and serological testing for neuroinfectious pathogens were performed. Based on the clinical presentation, was suspected an infectious rhombencephalitis.

**Results**: On admission, the patient was afebrile and presented with nuchal rigidity, dysarthria, vertigo, and postural instability. Cerebrospinal fluid (CSF) analysis revealed pleocytosis with a marked mononuclear predominance (155 cells/mm$^3$; 99% mononuclear cells) and elevated protein levels. Multiplex PCR testing of the CSF was negative. Serological tests for Epstein-Barr virus (EBV), cytomegalovirus (CMV), and human immunodeficiency virus (HIV) were negative. The diagnosis of West Nile neuroinvasive disease was subsequently supported by the detection of WNV-specific IgM

antibodies in the CSF. Epidemiological investigation identified a history of mosquito-bite exposure despite the use of window screens at home. The clinical course was favorable, with progressive improvement in neurological symptoms.

**Conclusions**: Cazul subliniază posibilitatea apariției bolii neuroinvazive cu WNV la persoane tinere, chiar și în absența febrei. În contextul intensificării circulației WNV în România și Europa, recunoașterea precoce a manifestărilor neurologice, confirmarea etiologică și integrarea datelor clinice cu cele epidemiologice sunt esențiale pentru supravegherea și controlul infecției.

***

**P18 - Actinomicoză cervicofacială manifestată printr-o formațiune tumorală la nivelul gâtului fistulizată în timpul sarcinii: prezentare de caz.**

**Raluca Ioana Șerban, Aida-Corina Bădescu, Diana Costin, Elena-Roxana Buzilă, Florentina Severin**

Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa" Iași, Facultatea de Medicină,

**Obiective**: Actinomicoza cervicofacială este o infecție bacteriană cronică rară care poate mima o neoplazie, un abces rece tuberculos sau o boală granulomatoasă din cauza caracterului său infiltrativ. Diagnosticul este dificil, în special la femeile însărcinate la care utilizarea tehnicilor imagistice și a procedurilor invazive este limitată.

**Metode utilizate**: O femeie în vârstă de 25 de ani, aflată în săptămâna a 14-a de sarcină, s-a prezentat cu o formațiune tumorală latero-cervicală cu dimensiuni de 28/15/10 mm. Inițial, leziunea a fost diagnosticată drept furuncul și tratată topic cu unguent cu sulfat de neomicină și prednisolon, obținându-se o ameliorare temporară de câteva zile. După două săptămâni, au apărut multiple fistule, motiv pentru care pacienta s-a prezentat la serviciul de urgență a spitalului Sf. Spiridon din Iași.

**Rezultate:** Evaluarea ORL și ecografia au ridicat suspiciunea de actinomicoză cervicală sau de limfadenită tuberculoasă fistulizată. Au fost prelevate probe din leziune pentru examinare microscopică directă, detectarea ADN-ului de *Mycobacterium tuberculosis* și cultură bacteriologică (inclusiv cultură în condiții de anaerobioză). S-au efectuat culturi pentru micobacterii, dar rezultatele au fost negative. Având în vedere sarcina, s-a efectuat drenajul și evacuarea colecției sub anestezie locală și s-a prescris inițial un tratament antibiotic cu amoxicilină-acid clavulanic. Confirmarea microbiologică a prezenței *Actinomyces (Schaalia) georgiae* din proba recoltată chirurgical a impus continuarea aceleeași antibioterapii pe o perioadă de trei luni, cu monitorizarea siguranței fătului. Ameliorarea clinică a fost progresivă, cu rezoluție completă a leziunii.

Sarcina a evoluat fără complicații, iar morfologia fetală a rămas normală pe durata tratamentului.

**Concluzii**: Acest caz ilustrează complexitatea diagnosticului de actinomicoză cervicofacială cauzată de *Actinomyces georgiae* în timpul sarcinii, fiind prima raportare în literatura de specialitate de o astfel de infecție la o gravidă.

**P18 - Cervicofacial Actinomycosis Presenting as a Fistulized Neck Mass During Pregnancy: A Case Report**

**Raluca Ioana Șerban, Aida-Corina Bădescu, Diana Costin, Elena-Roxana Buzilă, Florentina Severin**

"Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy, Faculty of Medicine, Iași

**Objectives**: Cervicofacial actinomycosis is a rare chronic bacterial infection that can mimic neoplasia, a tuberculous cold abscess, or granulomatous disease due to its infiltrative nature. Diagnosis is challenging, particularly in pregnant women, for whom the use of imaging techniques and invasive procedures is limited.

**Methods**: A 25-year-old woman, 14 weeks pregnant, presented with a lateral cervical mass measuring 28 x 15 x 10 mm. Initially, the lesion was diagnosed as a cutaneous furuncle and treated topically with neomycin sulfate and prednisolone ointment, resulting in temporary improvement only for a few days. Two weeks later, multiple fistulas developed, prompting the patient to visit the emergency department at St. Spiridon Hospital in Iași.

**Results:** ENT evaluation and ultrasound exam raised the suspicion of cervical actinomycosis or fistulizing tuberculous lymphadenitis. Samples were collected from the lesion for direct microscopic examination, *Mycobacterium tuberculosis* DNA detection, and bacteriological culture (including anaerobic culture). Cultures for mycobacteria were performed, but the results were negative. Given the pregnancy, drainage and evacuation of the collection were made under local anesthesia, and antibiotic treatment with amoxicillin-clavulanic acid was initially prescribed. Microbiological confirmation of the presence of *Actinomyces (Schaalia) georgiae* in the surgically obtained sample necessitated continuing the same antibiotic regimen for three months, while monitoring fetal safety. Clinical improvement was progressive, resulting in complete resolution of the lesion. The pregnancy proceeded without complications, and fetal morphology remained normal throughout the treatment duration.

**Conclusions**: This case illustrates the diagnostic complexity of cervicofacial actinomycosis caused by *Actinomyces georgiae* during pregnancy, representing the first report in the medical literature of such an infection in a pregnant woman.

***

**P19 - Diversitatea tulpinilor de *Escherichia coli* producătoare de toxine Shiga aparținând serogrupurilor non-O157 și non-O26 – caracterizare fenotipică și moleculară**

**Daniela Cristea[1], Andreea Ghiță[1], Mihaela Oprea[1], Oana-Claudia Albu[1], Mădălina-Cornelia Militaru[1], Sorin Dinu[1], Laura-Ioana Popa[1], Maria Condei[1], Ramona-Ionela Iordache[1], Melania Mihaela Andrei[1], Andrei Popa[1], Mădălina Zamfir[1], Marilena Gabriela Zaharie[1], Ani Ioana Cotar[1], Cerasella Cristiana Dragomirescu[1,2], Codruța-Romanița Usein[1], Lavinia-Cipriana Rusu[3]**

1 - Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare Medico-Militară „Cantacuzino”

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

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

**Obiectiv**: Studiul a avut ca obiectiv caracterizarea profilului de virulență și de rezistență la antibiotice, precum și analiza distribuției serogrupurilor non-clasice ale tulpinilor de *Escherichia coli* producătoare de toxine Shiga (STEC) izolate în România în perioada 2019–2026.

**Materiale și metode:** Au fost analizate 33 de tulpini de *Escherichia coli* producătoare de toxine ShigaSTEC, izolate din produse biologice(materii fecale). Tulpinile au fost caracterizate inițial prin metode fenotipice și , incluzând teste biochimice și antigenice, precum și prin metode moleculare pentru( identificarea genelor asociate de virulenței virulență și rezistenței rezistență la antibiotice. Ulterior, tulpinile au fost supuse secvențierii întregului genom (WGS), utilizând platforma Illumina. Analiza datelor de secvențiere a fost realizată cu ajutorul programului MBioSeq Ridom Typer, versiunea 1112.0 (Bruker, Germania).

**Rezultate:** Tulpinile analizate au aparținut unui număr mare de serogrupuri, cele mai frecvente fiind O113 (5 tulpini), O43 (3 tulpini), O136 (2 tulpini), O91 (2 tulpini) și ONT (2 tulpini). Celelalte serogrupuri identificate au fost O181, O178, O174-like, O171, O146, O139, O125ac, O112, O111, O104, O100, O98, O78, O76, O24, O10, O9A și O5, fiecare fiind reprezentat de câte o tulpină. Analiza genomică a evidențiat o diversitate importantă ade factorilor de virulență:, fiind identificate gene codificatoare pentru toxine Â( stx1, stx2, sen și ehxA), precum și determinanți genetici implicați în adeziune și invazie, sisteme de secreție de tip III și motilitate. În ceea ce privește subtipurile genelor stx, au fost identificate stx1c la 6 tulpini, stx2a la 5 tulpini și stx2b la 6 tulpini, iar asocierea genelor stx1 și stx2 a fost identificată la 12 tulpini. Tulpina de *Escherichia coli* O181 prezintă un profil hibrid de virulență, caracteristic atât *E. coli* enteroagregativă (EAEC), cât și *E. coli* producătoare de toxine Shiga (STEC). De asemenea, au fost

identificați determinanți genetici asociați rezistenței la mai multe clase de antibiotice, inclusiv cefalosporine, chinolone, streptomicină, tetracicline și cloramfenicol.

**Concluzii:** Izolarea în cultură și caracterizarea aprofundată a tulpinilor STEC sunt esențiale pentru evaluarea corectă a profilului de virulență și pentru identificarea precisă a serogrupului, în special în cazul izolatelor aparținând unor serogrupuri non-clasice. Diversitatea serogrupurilor identificate evidențiază necesitatea caracterizării individuale a izolatelor și a utilizării unor metode complementare de diagnostic și tipizare. Caracterizarea genomică aprofundată a acestor tulpini contribuie la o mai bună înțelegere a potențialului lor patogen și a profilurilor de rezistență la antibiotice, furnizând informații relevante pentru supravegherea epidemiologică și pentru dezvoltarea unor strategii eficiente de prevenire și control al infecțiilor produse de STEC.

**Cuvinte-cheie**: *Escherichia coli* producătoare de toxine Shiga (STEC), serogrupuri non-clasice, factori de virulență, rezistență la antibiotice, secvențierea întregului genom (WGS).

**P19 - Genomic Characterization of Shiga Toxin-Producing Escherichia coli (STEC) Strains Belonging to Non- Classical Serogroups Isolated in Romania Between 2019 and 2026**

**Daniela Cristea[1], Andreea Ghiță[1], Mihaela Oprea[1], Oana-Claudia Albu[1], Mădălina-Cornelia Militaru[1], Sorin Dinu[1], Laura-Ioana Popa[1], Maria Condei[1], Ramona-Ionela Iordache[1], Melania Mihaela Andrei[1], Andrei Popa[1], Mădălina Zamfir[1], Marilena Gabriela Zaharie[1], Ani Ioana Cotar[1], Cerasella Cristiana Dragomirescu[1,2], Codruța-Romanița Usein[1], Lavinia-Cipriana Rusu[3]**

1 - "Cantacuzino" National Medical Military Institute for Research-Development

2 – "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

3 – National Institute for Public Health – National Center for Surveillance and Control of Communicable Diseases

**Objective:** The aim of this study was to characterize the virulence and antibiotic resistance profiles and to analyze the distribution of non-classical serogroups among Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) strains isolated in Romania between 2019 and 2026.

**Materials and Methods:** A total of 33 STEC strains isolated from fecal specimens were analyzed. Initial characterization involved phenotypic and molecular methods to identify genetic determinants of virulence and antibiotic resistance. Subsequently, the strains underwent whole-genome sequencing (WGS) using the Illumina platform. Genomic data analysis was performed using Ridom SeqSphere+Typer software, version 12.0 (Bruker, Germany).

**Results:** The analyzed strains exhibited considerable serogroup diversity. The most frequently identified serogroups were O113 (5 strains), O43 (3 strains), O136 (2 strains), O91 (2 strains), and ONT (2 strains). The remaining serogroups—O181, O178, O174-like, O171, O146, O139, O125ac, O112, O111, O104, O100, O98, O78, O76, O24, O10, O9A, and O5—were each represented by a single strain. Genomic analysis revealed a diverse repertoire of virulence determinants, including toxin-encoding genes and genes involved in adhesion, invasion, and motility. Regarding stx gene subtypes, stx1c was identified in 6 strains, stx2a in 5 strains, and stx2b in 6 strains. The co-occurrence of stx1 and stx2 genes was detected in 12 strains. Furthermore, the *E. coli* O181 strain exhibited a hybrid virulence profile, combining genetic characteristics associated with enteroaggregative *E. coli* (EAEC) and STEC.

**Conclusions:** Culture-based isolation and comprehensive phenotypic and molecular characterization of STEC strains are essential for their accurate identification and characterization, particularly for isolates belonging to less frequently reported serogroups. Whole-genome sequencing enables detailed assessment of serogroup diversity and the genetic determinants of virulence and antibiotic resistance. The identification of a strain with a hybrid EAEC/STEC profile highlights the genetic complexity of these isolates. The findings contribute to a better understanding of STEC genomic diversity and provide relevant data to support epidemiological surveillance and the development of strategies for the prevention and control of infections caused by these pathogens.

**Keywords:** Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC), non-classical serogroups, virulence factors, antibiotic resistance, whole-genome sequencing (WGS), hybrid EAEC/STEC profile.

***

**P20 - Utilizarea mouse molecular pentru identificarea leucocidinei Panton-Valentine la tulpinile de *Staphylococcus aureus* izolate în Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș"**

**Codruța-Viorica Bivolu[1], Alexandra Predoi[2], Mona Argentina Popoiu[1], Daniela Tache[1], Cristina Gheorghe[1], Alina-Maria Borcan[1,2], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Rafila[1,2]**

1 – Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș”

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

**Obiective**: Ientificarea leucocidinei Panton-Valentine (PVL) la tulpinile de *Staphylococcus aureus* izolate din Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș".

Determinarea prevalenței genei PVL în totalul tulpinilor analizate. Compararea prezenței PVL între tulpinile MRSA și MSSA. Investigarea asocierii dintre gena PVL și genele de virulență SCCmec-orfx, mecA și mecC.

**Metode utilizate**: Studiul a inclus 119 tulpini de *Staphylococcus aureus* izolate de la pacienți internați în INBI „Prof. Dr. Matei Balș" Tulpinile au fost analizate prin metode de biologie moleculară, utilizând real-time PCR pentru identificarea genei PVL și a markerilor genetici asociați rezistenței la meticilină (mecA, mecC și SCCmec-orfx) Prevalența PVL în tulpinile MRSA și MSSA.

**Rezultate:** Din totalul de 119 tulpini analizate de *Staphylococcus aureus*, 4 (3,4%) au fost pozitive pentru leucocidina Panton-Valentine (PVL), în timp ce 115 (96,6%) au fost negative. Dintre tulpinile PVL pozitive, una a fost clasificată ca MRSA, iar 3 ca MSSA. Analiza comparativă nu a evidențiat diferențe semnificative statistic privind prevalența PVL între tulpinile MRSA și MSSA (p= 0,564). De asemenea, nu s-a identificat o asociere semnificativă statistic între prevalența PVL și markerul SCCmec-orfx (p= 0,322)

În **concluzie**, prevalența PVL în lotul studiat a fost redusă (3,4%), gena fiind identificată atât la tulpini MRSA, cât și MSSA. Rezultatele subliniază importanța monitorizării markerilor genetici de virulență și a rezistenței la antibiotice pentru o mai bună caracterizare epidemiologică a infecțiilor stafilococice.

**P20 - Use of molecular methods for the detection of Panton-Valentine leukocidin in *Staphylococcus aureus* strains isolated at the National Institute of Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș"**

**Codruța-Viorica Bivolu[1], Alexandra Predoi[2], Mona Argentina Popoiu[1], Daniela Tache[1], Cristina Gheorghe[1], Alina-Maria Borcan[1,2], Daniela Tălăpan[1,2], Alexandru Rafila[1,2]**

1 - "Prof. Dr. Matei Balș" National Institute for Infectious Diseases

2 - "Carol Davila" University of Medicine and Pharmacy Bucharest

**Objectives**: To identify Panton-Valentine leukocidin (PVL) in *Staphylococcus aureus* strains isolated at the National Institute of Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Bals". To determine the prevalence of the PVL gene among the analyzed strains. To compare PVL prevalence between MRSA and MSSA strains. To investigate the association between PVL and the SCCmec-orfx, mecA and mecC genes.

**Methods**: A total of 119 *Staphylococcus aureus* isolates from the "Prof. Dr. Matei Bals" National Institute of Infectious Diseases were analyzed. The isolates were analyzed using molecular biology techniques, specifically real-time PCR, to detect the PVL gene and genetic markers associated with methicillin resistance ((mecA, mecC and SCCmec-orfx). Prevalence of PVL in MRSA and MSSA isolates

**Results**: Among the 119 *Staphylococcus aureus* isolates analyzed, 4 (3,4%) were positive for Panton-Valentine leukocidin (PVL), while 115 (96,6%) were negative. Of the PVL positive isolates, one was classified as MRSA and three as MSSA. Comparative analysis revealed no statistically significant difference in PVL prevalence between MRSA and MSSA isolates (p= 0,564). Furthermore, no statistically significant association was identified between PVL presence and the SCCmec-orfx marker (p= 0,322).

In **conclusion**, PVL prevalence in the studied sample was low (3,4%), with the gene detected in both MRSA and MSSA isolates. These findings highlight the importance of monitoring genetic markers associated with virulence and antibiotic resistance to improve the epidemiological characterization of staphylococcal infections.

***

**P21 - Susceptibilitatea la rubeolă la femeile gravide din sud-vestul României: studiu serologic**

**Alice Ghenea[1], Luiza Rădoi-Troacă[2], Elena Leocadia Plesea[1], Radu Razvan Mititelu[1], Dominic Iliescu[3], Mircea Vasile Popescu-Driga[1], Alina Cotelici[1], Ovidiu Zlatian[1]**

1 - Disciplina Microbiologie, Universitatea de Medicină și Farmacie Craiova

2 - Disciplina Boli Infectioase, Universitatea de Medicină și Farmacie Craiova

3 - Disciplina Ginecologie, Universitatea de Medicină și Farmacie Craiova

**Obiective**: Infecția cu rubeolă în timpul sarcinii prezintă riscuri semnificative, inclusiv sindromul rubeolei congenitale (SRC), avort spontan și deces fetal. Programele de vaccinare au redus incidența rubeolei la nivel global, dar persistă diferențe regionale în acoperirea vaccinală și imunitate. Obiectivul studiului a fost evaluarea seroprevalenței anticorpilor anti-rubeolă IgM și IgG la femeile gravide din Sud-Vestul României, cu accent pe diferențele temporale, factorii demografici și impactul eligibilității pentru vaccinare.

**Metode utilizate**: Acest studiu observațional, transversal a inclus femei gravide testate pentru infecții TORCH la Spitalul Clinic Județean de Urgență din Craiova, România, în două perioade: 2013–2016 și 2019–2022. Probele de ser au fost testate pentru anticorpi anti-rubeolă IgM și IgG. Participantele au fost stratificate în funcție de vârstă, mediul de reședință (rural/urban) și eligibilitatea pentru vaccinarea antirubeolică în funcție de anul nașterii.

**Rezultate**: Au fost analizate în total 3.268 de probe. Seroprevalența infecției acute cu rubeolă (IgM pozitiv) a fost scăzută și a scăzut ușor de la 0,54% (2013–2016) la 0,50% (2019–2022), cu cea mai semnificativă scădere în mediul rural și în rândul femeilor cu vârste între 21–25 de ani. Seroprevalența globală a anticorpilor protectori IgG a rămas

stabilă (88,28% față de 88,91%), dar sub ținta OMS de 95%. Seroprevalența IgG a crescut în grupele de vârstă sub 20 de ani și 31–35 de ani, în special în mediul rural, sugerând o îmbunătățire a acoperirii vaccinale și a imunității naturale dobândite în urma epidemiilor anterioare. Cartografierea în județul Dolj a evidențiat o seroprevalență ridicată în apropierea orașelor mari.

**Concluzii**: În ciuda îmbunătățirilor, seroprevalența relativ scăzută a IgG în sud-vestul României evidențiază necesitatea consolidării campaniilor de vaccinare, în special în mediul rural și în rândul medicilor de familie. Educația îmbunătățită și accesul la vaccinare sunt esențiale pentru atingerea țintei de eradicare stabilite de OMS și pentru prevenirea SRC.

**P21 - Rubella Susceptibility in Pregnant Women from South-Western Romania: Serological Evidence**

**Alice Ghenea[1], Luiza Rădoi-Troacă[2], Elena Leocadia Plesea[1], Radu Razvan Mititelu[1], Dominic Iliescu[3], Mircea Vasile Popescu-Driga[1], Alina Cotelici[1], Ovidiu Zlatian[1]**

1 – Chair of Microbiology, University of Medicine and Pharmacy Craiova

2 – Chair of Infectious Diseases, University of Medicine and Pharmacy Craiova

3 – Chair of Gynecology, University of Medicine and Pharmacy Craiova

**Objectives**: Rubella infection during pregnancy poses significant risks, including congenital rubella syndrome (CRS), miscarriage, and fetal death. Vaccination programs have reduced rubella incidence globally, but regional differences in coverage and immunity persist. The objective of the study was to assess the seroprevalence of anti-rubella IgM and IgG antibodies among pregnant women in South-Western Romania, with a focus on temporal trends, demographic factors, and the impact of vaccination eligibility.

**Methods**: This observational, cross-sectional study included pregnant women screened for TORCH infections at the County Clinical Emergency Hospital of Craiova, Romania, during two periods: 2013–2016 and 2019–2022. Serum samples were tested for anti-rubella IgM and IgG antibodies. Participants were stratified by age, area of residence (rural/urban), and eligibility for rubella vaccination based on birth year.

**Results:** A total of 3,268 samples were analyzed. The seroprevalence of acute rubella infection (IgM positive) was low and slightly decreased from 0.54% (2013–2016) to 0.50% (2019–2022), with the most notable decrease in rural areas and among women aged 21–25 years. The overall seroprevalence of protective IgG antibodies was stable (88.28% vs. 88.91%), but remained below the WHO target of 95%. IgG seroprevalence increased among the youngest (<20 years) and 31–35 years age groups, particularly in

rural areas, suggesting improved vaccination coverage and natural immunity from past outbreaks. Mapping in Dolj County revealed high seroprevalence near major cities.

**Conclusions**: Despite improvements, the relatively low IgG seroprevalence in South-Western Romania highlights the need to reinforce vaccination campaigns, especially in rural areas and among family physicians. Enhanced education and access to vaccination are essential to achieve the WHO eradication target and prevent CRS.

***

**P22 - Distribuția *Candida albicans* și a speciilor non-albicans la pacientele obstetricale și ginecologice**

**Silvia Gabriela Ionescu[1], Elena Teona Coșovanu[2], Costin Dămian[2], Diana Costin[2], Cristina Daniela Dimitriu[3], Irina Draga Căruntu[2], Luminița Smaranda Iancu[2,4], Ramona Gabriela Ursu[3]**

1 - Spitalul Clinic de Boli infecțioase, Iași

2 - Universitatea de Medicină și Farmacie „Grigore T. Popa", Iași

3 - Spitalul Clinic de Obstetrică-Ginecologie „Cuza Vodă" Iași

4 - Institutul Național de Sănătate Publică, Centrul Regional de Sănătate Publică Iași

**Obiective**: Evaluarea distribuției speciilor de *Candida* la pacientele obstetricale și ginecologice, cu analiza aprofundată a izolatelor din exsudate vaginale și a relației dintre speciile non-albicans și variabilele materne și obstetricale.

**Materiale și metode:** A fost realizat un studiu retrospectiv, unicentric, transversal comparativ, în cadrul Spitalului Clinic de Obstetrică-Ginecologie „Cuza Vodă" Iași, utilizând culturi pozitive pentru *Candida* obținute în anul 2024. Setul general de date a inclus izolate din exsudate vaginale, lichid amniotic și lohii, analiza detaliată prezentată fiind centrată pe cele 2020 de izolate din exsudate vaginale. Identificarea fungică s-a realizat prin cultivare pe medii Sabouraud și cromogene, cu identificare la nivel de specie în majoritatea cazurilor. Datele au fost analizate inclusiv prin stratificare în funcție de statusul de sarcină.

**Rezultate:** În exsudatele vaginale, *Candida albicans* a predominat, reprezentând 55,3% dintre izolate, fiind urmată de speciile non-albicans, predominant *Pichia kudriavzevii*. Au fost evidențiate asocieri semnificative între distribuția speciilor și anumite variabile materne și obstetricale. Asocierile aparent observate cu variabile fetale nu s-au menținut după analiza separată a pacientelor gravide.

Vârsta maternă mai înaintată a reprezentat singurul factor asociat independent în mod constant cu izolarea speciilor non-albicans. În ansamblul probelor analizate, *C. albicans* a rămas specia predominantă.

**Concluzii:** Analiza exsudatelor vaginale evidențiază o heterogenitate importantă a distribuției speciilor de *Candida*, cu predominanța *C. albicans* și o reprezentare relevantă a speciilor non- albicans. Identificarea la nivel de specie permite o caracterizare microbiologică mai precisă a izolatelor și contribuie la înțelegerea distribuției acestora în practica obstetricală și ginecologică.

**P22 - Distribution of *Candida albicans* and non-albicans *Candida* species in obstetric and gynecological patients**

**Silvia Gabriela Ionescu[1], Elena Teona Cosovanu[2], Costin Damian[2], Diana Costin[2], Cristina Daniela Dimitriu[3], Irina Draga Căruntu[2], Luminița Smaranda Iancu[2,4], Ramona Gabriela Ursu[3]**

1 - Clinical Hospital for infectious diseases, Iași

2 - "Grigore T. Popa" University of Medicine and Pharmacy Iași

3 - "Cuza Vodă" Clinical Hospital for Obstetrics-Gynecology Iași

4 - National Institute of Publică Health, Regional Center of Public Health Iași

**Objectives:** To evaluate the distribution of *Candida* species in obstetric and gynecological patients, with an in-depth analysis of isolates obtained from vaginal swab samples and of the relationship between non-albicans *Candida* species and maternal and obstetric variables.

**Materials and methods:** A retrospective, single-center, cross-sectional comparative study was conducted at the "Cuza Vodă" Clinical Hospital of Obstetrics and Gynecology, Iași, using *Candida*-positive cultures obtained in 2024. The overall dataset included isolates from vaginal swab samples, amniotic fluid, and lochia, while the detailed analysis presented here focused on the 2020 isolates obtained from vaginal swab samples. Fungal identification was performed using Sabouraud and chromogenic culture media, with species-level identification achieved in most cases. Data were also analyzed after stratification according to pregnancy status.

**Results:** In vaginal swab samples, *Candida albicans* was the predominant species, accounting for 55.3% of isolates, followed by non-albicans *Candida* species, predominantly *Pichia kudriavzevii*. Significant associations were identified between species distribution and certain maternal and obstetric variables.

Apparent associations with fetal variables were not retained after separate analysis of pregnant patients. Older maternal age was the only factor independently and consistently associated with the isolation of non-albicans *Candida* species. Across the overall set of samples analyzed, *C. albicans* remained the predominant species.

**Conclusions:** Analysis of vaginal swab samples revealed substantial heterogeneity in the distribution of *Candida* species, with predominance of *C. albicans* and a relevant proportion of non-albicans *Candida* species. Species-level identification enables more precise microbiological characterization of isolates and contributes to a better understanding of their distribution in obstetric and gynecological practice.

***

**Impactul asupra sănătății publice și impactul economic al extinderii vaccinării antigripale pediatrice în România**

**Laura Rosu[1], Teodor Blidaru[2], Luca Ricci-Pacifici[3], Fryderyk Wilczynski[3], Patricia Tulei[4], Lise Retat[5], Klas Bergenheim[6], Florina Birzan[7], Alexandru Rafila[2,8]**

1. Health Economics and Access Manager, AstraZeneca, București, România

2. Universitatea de Medicină și Farmacie „Carol Davila", București, România

3. Health Economics and Outcomes Research Ltd., Cardiff, Regatul Unit

4. Market Access Manager, AstraZeneca, București, România

5. HTA & Modelling Science Lead, AstraZeneca, Barcelona, Spania

6. Health Economics & Payer Evidence, Vaccine and Immune Therapies, AstraZeneca, Göteborg, Suedia

7. Market Access Director, AstraZeneca, București, România

8. Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Balș", București, România

**Obiective:** Acoperirea vaccinală antigripală în România rămâne redusă, inclusiv în rândul adulților cu risc crescut de forme severe de boală. Având în vedere rolul copiilor în transmiterea gripei în școli și gospodării, acest studiu a evaluat impactul asupra sănătății publice și impactul economic al extinderii acoperirii cu vaccinul antigripal viu atenuat (LAIV) în rândul copiilor cu vârste între 2 și 17 ani din România.

**Metode:** A fost utilizat un model de transmitere de tip susceptibil-expus-infectat-recuperat, stratificat pe grupe de vârstă, pentru a estima impactul la nivel populațional al creșterii acoperirii pediatrice cu LAIV cu 9 puncte procentuale comparativ cu practica actuală. Rezultatele modelului au fundamentat un model analitic decizional care a

estimat numărul de infecții, cazuri tratate în ambulatoriu, spitalizări și decese, precum și costurile și anii de viață ajustați în funcție de calitate (QALY). Parametrii modelului s-au bazat pe date epidemiologice și de vaccinare din România, inclusiv date din sezonul gripal anterior, completate cu dovezi publicate pentru a reflecta contextul epidemiologic, clinic și al sistemului de sănătate local. Analiza a luat în considerare atât costurile medicale directe, cât și impactul societal mai larg, pentru a surprinde consecințele economice extinse ale gripei. Analizele de scenariu au evaluat niveluri mai ridicate de acoperire pediatrică cu LAIV, variații ale severității sezonului gripal și diferite linii circulante de virus gripal B.

**Rezultate:** Creșterea acoperirii pediatrice cu LAIV cu 9 puncte procentuale a prevenit aproximativ 391.000 de infecții, ceea ce corespunde unei reduceri de 21% la nivelul populației. Aceasta a prevenit aproximativ 21.000 de cazuri tratate în ambulatoriu, 5.400 de spitalizări și 54 de decese, a generat 2.137 QALY și a produs economii societale nete de aproximativ 9,4 milioane EUR. Intervenția a fost dominantă, îmbunătățind rezultatele în sănătate și reducând, în același timp, costurile. În scenariile cu acoperire mai ridicată, creșterea acoperirii pediatrice cu LAIV la 25%, 35% și 50% a redus numărul total de cazuri care au necesitat îngrijiri medicale cu 55.430, 71.069 și, respectiv, 87.491. În toate scenariile privind severitatea sezonului și liniile de virus gripal B, extinderea vaccinării pediatrice cu LAIV a redus în mod constant numărul de infecții comparativ cu practica actuală.

**Concluzie:** Rezultatele susțin implementarea extinderii acoperirii pediatrice cu LAIV în România ca strategie cu valoare ridicată pentru reducerea poverii gripei, generarea de economii și sprijinirea alocării eficiente a resurselor limitate din sistemul de sănătate.

**Public Health and Economic Impact of Expanding Paediatric Influenza Vaccination in Romania**

**Laura Rosu[1], Teodor Blidaru[2], Luca Ricci-Pacifici[3], Fryderyk Wilczynski[3], Patricia Tulei[4], Lise Retat[5], Klas Bergenheim[6], Florina Birzan[7], Alexandru Rafila[2,8]**

1. Health Economics and Access Manager, AstraZeneca, Bucharest, Romania

2. Carol Davila University of Medicine and Pharmacy, Bucharest, Romania

3. Health Economics and Outcomes Research Ltd., Cardiff, United Kingdom

4. Market Access Manager, AstraZeneca, Bucharest, Romania

5. HTA & Modelling Science Lead, AstraZeneca, Barcelona, Spain

6. Health Economics & Payer Evidence, Vaccine and Immune Therapies, AstraZeneca, Gothenburg, Sweden

7. Market Access Director, AstraZeneca, Bucharest, Romania

8. National Institute of Infectious Diseases "Prof. Dr. Matei Balș", Bucharest, Romania

**Objectives:** Influenza vaccination coverage in Romania remains low, including among adults at increased risk of severe disease. Given the role of children in influenza transmission in schools and households, this study assessed the public health and economic impact of expanding live attenuated influenza vaccine (LAIV) coverage among children aged 2–17 years in Romania.

**Methods:** An age-stratified susceptible–exposed–infected–recovered (SEIR) transmission model was used to estimate the population-level impact of increasing paediatric LAIV coverage by 9 percentage points compared with current practice. The model outputs informed a decision-analytic model estimating the number of infections, outpatient-treated cases, hospitalisations, and deaths, as well as costs and quality-adjusted life years (QALYs). Model parameters were based on Romanian epidemiological and vaccination data, including data from the previous influenza season, supplemented by published evidence to reflect the local epidemiological, clinical, and healthcare system context. The analysis considered both direct medical costs and the broader societal impact to capture the wider economic consequences of influenza. Scenario analyses assessed higher levels of paediatric LAIV coverage, variations in influenza season severity, and different circulating influenza B lineages.

**Results:** Increasing paediatric LAIV coverage by 9 percentage points prevented approximately 391,000 infections, corresponding to a 21% reduction at the population level. This increase prevented approximately 21,000 outpatient-treated cases, 5,400 hospitalisations, and 54 deaths, generated 2,137 QALYs, and resulted in net societal savings of approximately EUR 9.4 million. The intervention was dominant, improving health outcomes while simultaneously reducing costs. In scenarios with higher coverage, increasing paediatric LAIV coverage to 25%, 35%, and 50% reduced the total number of cases requiring medical care by 55,430, 71,069, and 87,491, respectively. Across all scenarios involving influenza season severity and influenza B lineages, expanding paediatric LAIV vaccination consistently reduced the number of infections compared with current practice.

**Conclusions:** The findings support the implementation of expanded paediatric LAIV coverage in Romania as a high-value strategy to reduce the burden of influenza, generate cost savings, and support the efficient allocation of limited healthcare resources.

