

Rezistența la antimicrobiene (RAM) constituie o amenințare tot mai mare pentru sănătate la nivel mondial și necesită o abordare complexă prin prisma *O singură sănătate*. Evaluarea genotipurilor și grupurilor filogenetice de a 28 tulpini BGN multirezistenți circulante pe teritoriul țării au demonstrat prezența genelor responsabile pentru mecanismele rezistență. La izolatele de *A. baumannii* sunt prezente genele: blaOXA-511, blaOXA-72, floR, aadA5, msr(E), sul2, aadA5, blaOXA-69, blaOXA-72, catA1, aph (3') - VIa, tet(B) și altele. *E. coli* - blaOXA-1: β-lactamaze de clasa D; blaTEM-214: β-lactamaze clasa A; dfrA17: macrolid fosfotransferaza; qacE: pompă de eflux de chinolone; qnrB4: gena de rezistență la chinolone; sul1, sul3: rezistent la sulfonamide; tet(A): pompă de eflux de tetraciclină, sitABCD, blaCTX-M-15. *Klebsiella pneumoniae* - gene care oferă rezistență la β-lactame (blaSHV-55, blaKPC-2, blaKPC-3, blaOXA-1, blaOXA-48, blaCTX-M-15, blaNDM-1, blaTEM-1B), aminoglicozide (aac (3)-IIa, aac(6)-Ib, aadA), aph(6)-Id, aph(3')-VIa și rmtC), tetraciline (tet(A)), fenicoli (catA1), fluorochinolone (qnrS1), amine cuaternare (qacE), sulfonamide (sul1, sul2) și diaminopirimidine (familia dfrA1, dfrA12) și OmpK36. Supravegherea RAM conform principiului *O singură sănătate* este crucială pentru atenuarea transmiterii genelor de rezistență între oameni, animale și mediu. Secvențierea întregului genom (WGS) a probelor de ape reziduale pe teritoriul țării a permis identificarea prezenței a 5035 de gene de rezistență. Rezultatele denotă că cel mai frecvent întâlnite sunt genele ce codifică rezistența la beta-lactamice, macrolide, streptogramine, aminoglicozide și tetraciline. Evaluarea profilul clinic al pacienților cu septicemie provocată de BGN s-a identificat că în hemoculturi a predominat *K. pneumoniae* (50,0%), urmată de *Escherichia coli* (20,8%), *Pseudomonas aeruginosa* (16,7%) și *Acinetobacter spp.* (12,5%). Majoritatea septicemiilor s-au dezvoltat la persoane cu teren imun compromis, iar vârsta medie a lor a fost de 50,4±3,1 ani, predominând persoane de sex masculin (66,7%). Septicemiile provocate de BGN au avut sfârșit letal în 41,7 % din cazuri, indice fiind mai înalt la cele provocate de *K. pneumoniae* (50,0%). Evaluarea impactului economic a rezistenței la antimicrobiene a BGN prioritari s-a realizat printr-un studiu integral care cuprinde toate cazurile de infecții invazive cauzate de *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *A. baumannii* cu mecanisme de rezistență, din perioada 2019-2021. Au fost analizate 172 cazuri de infecții invazive. S-a identificat că în structura etiologică a infecțiilor determinate de microorganisme rezistente predomină *K. pneumoniae* cu o pondere de 44,2%. Cele mai mari cheltuieli au fost înregistrate pentru tratamentul pacienților cu infecții determinate de *A. baumannii*, inclusiv costul antibioticelor pentru caz de infecție. S-a constatat că rezistența la antimicrobiene a speciilor *A. baumannii* și *K. pneumoniae* și contribuie în cea mai mare parte la creșterea poverii economice a RAM. Datele au servit ca dovezi la elaborarea propunerilor pentru actualizarea politicilor și ghidurilor în vederea consolidării sistemului național de supraveghere a RAM, în special la elaborarea Programului național pentru supravegherea și combaterea rezistenței la antimicrobiene pentru anii 2023-2027.

Antimicrobial resistance (AMR) is a growing global health threat and requires a comprehensive *One Health* approach. The assessment of genotypes and phylogenetic groups of 28 circulating multidrug resistant GNB strains across the country demonstrated the presence of genes responsible for resistance mechanisms. In *A. baumannii* isolates, the following genes were present: blaOXA-511, blaOXA-72, floR, aadA5, msr(E), sul2, aadA5, blaOXA-69, catA1, aph(3') - VIa, tet(B) and others. *E. coli* - blaOXA-1: class D β -lactamase; blaTEM-214: class A β -lactamase; dfrA17: macrolide phosphotransferase; qacE: quinolone efflux pump; qnrB4: quinolone resistance gene; sul1, sul3: sulphonamide resistance; tet(A): tetracycline efflux pump, sitABCD, blaCTX-M-15. *Klebsiella pneumoniae* - genes providing resistance to β -lactams (blaSHV-55, blaKPC-2, blaKPC-3, blaOXA-1, blaOXA-48, blaCTX-M-15, blaNDM-1, blaTEM-1B), to aminoglycosides (aac(3)-IIa, aac(6)-Ib, aadA), aph(6)-Id, aph(3')-VIa and rmtC), to tetracyclines (tet(A)), to phenolics (catA1), to fluoroquinolones (qnrS1), to quaternary amines (qacE), to sulphonamides (sul1, sul2) and diaminopyrimidines (dfrA1, dfrA12 family) and OmpK36. *One Health* AMR surveillance is crucial to mitigate the transmission of resistance genes between humans, animals and the environment. Whole genome sequencing (WGS) of waste water samples across the country identified the presence of 5035 resistance genes. The results show that the most common genes encoding resistance to beta-lactams, macrolides, streptogramins, aminoglycosides and tetracyclines are the most common. Evaluation of the clinical profile of patients with sepsis caused by GNB identified that *K. pneumoniae* (50.0%) was predominant in blood cultures, followed by *Escherichia coli* (20.8%), *Pseudomonas aeruginosa* (16.7%) and *Acinetobacter spp.* (12.5%). The majority of cases developed in people with compromised immune status, and the average age was 50.4 \pm 3.1 years, with a predominance of males (66.7%). GNB sepsis was fatal in 41.7% of cases, with a higher rate for *K. pneumoniae* (50.0%). The assessment of antimicrobial resistance's economic burden of priority GNBs was conducted through a comprehensive study covering all cases of invasive infections caused by *E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *A. baumannii* presenting resistance mechanisms from 2019-2021. A total of 172 cases of invasive infections were analysed. It was identified that in the etiological structure of infections caused by resistant microorganisms *K. pneumoniae* was the most common with a share of 44.2%. The highest expenses were recorded for the treatment of patients with infections caused by *A. baumannii*, including the cost of antibiotics per case of infection. Antimicrobial resistance of *A. baumannii* and *K. pneumoniae* species was found to contribute most to the increased economic burden of AMR. The data served as evidence in the development of recommendations for updating policies and guidelines to strengthen the national AMR surveillance system, in particular in the development of the National Programme for Surveillance and Control of Antimicrobial Resistance for the years 2023-2027.