



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

## **Petalo Infection Light**



Anno 2021

Nazionale

114 TI

Periodo analizzato 2021-01-01 - 2021-12-31



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

## **Petalo Infection Light**



Anno 2021

Nazionale 114 TI Periodo analizzato 2021-01-01 -

2021-12-31

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalo Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 34030 )</b>	<b>12</b>
2.1 Sesso	12
2.2 Età	12
2.3 Degenza Pre TI ( giorni )	13
2.4 Provenienza ( reparto )	13
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	14
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI ( giorni )	17
2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	17
<b>3 Pazienti infetti ( N = 15580 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 18377 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni )	20
4.4 Provenienza ( reparto )	20
4.5 Trauma	21
4.6 Stato Chirurgico	21
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	22
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	22
4.10 Insufficienza neurologica insorta	23
4.11 Mortalità in TI	23
4.12 Mortalità ospedaliera *	23
4.13 Degenza in TI ( giorni )	24
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	24

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>26</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 13719)</b>	<b>27</b>
5.1 Provenienza ( reparto ) . . . . .	27
5.2 Trauma . . . . .	27
5.3 Stato Chirurgico . . . . .	27
5.4 Motivo di ammissione . . . . .	28
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 ) . . . . .	29
5.6 Infezione multisito . . . . .	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione . . . . .	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione . . . . .	30
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 1725)</b>	<b>36</b>
6.1 Tipologia di peritonite . . . . .	36
6.2 Tipo di infezione . . . . .	36
6.3 Infezione batteriemica . . . . .	36
6.4 Infezioni multisito . . . . .	37
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	37
6.6 Mortalità in TI . . . . .	38
6.7 Mortalità ospedaliera * . . . . .	38
6.8 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	39
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	39
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione . . . . .	39
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 6214)</b>	<b>45</b>
7.1 Trauma . . . . .	45
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	45
7.3 Tipo di infezione . . . . .	45
7.4 Infezione batteriemica . . . . .	46
7.5 Infezioni multisito . . . . .	46
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	46
7.7 Mortalità in TI . . . . .	47
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	47
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	48
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	48
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	48
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	53
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>59</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 5038)</b>	<b>60</b>
8.1 Sesso . . . . .	60
8.2 Età . . . . .	60
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	61
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	61
8.5 Trauma . . . . .	62
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	62
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	62
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	63
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	63
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	64
8.11 Mortalità in TI . . . . .	64
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	64
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	65
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	65

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	66
8.16	Infezione multisito . . . . .	67
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	67
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	67
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	68
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	69
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	70
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 3177)</b>	<b>76</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	76
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 1861)</b>	<b>81</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	81
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	81
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	81
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>87</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 2299)</b>	<b>88</b>
11.1	Trauma . . . . .	88
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	88
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	88
11.4	Infezioni multisito . . . . .	89
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	89
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	89
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 2066)</b>	<b>90</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	90
12.2	Diagnosi . . . . .	90
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	91
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 34030 ) . . . . .	91
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	93
12.6	Indicatori di incidenza di VAP . . . . .	93
12.7	Mortalità in TI . . . . .	94
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	94
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	95
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	95
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	96
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	100
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	105
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 2025)</b>	<b>109</b>
13.1	Trauma . . . . .	109
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	109
13.3	Tipologia . . . . .	110
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	110
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	110
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 680)</b>	<b>116</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	116
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	116
14.3	Mortalità in TI . . . . .	116
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	117
14.5	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	117
14.6	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	118
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	118

<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 714)</b>	<b>122</b>
15.1	Infezione multitisito . . . . .	122
15.2	Fattori di rischio . . . . .	122
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	124
15.4	Indicatori di incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	124
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	125
15.6	Mortalità in TI . . . . .	125
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	125
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	126
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	126
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	127
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 907)</b>	<b>132</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	132
16.2	Mortalità in TI . . . . .	133
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	133
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	134
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	134
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	134
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 185)</b>	<b>139</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	139
<b>18</b>	<b>Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 747)</b>	<b>143</b>
18.1	Catetere urinario ( N = 34030 ) . . . . .	143
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata . . . . .	144
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU . . . . .	145
18.4	Incidenza IVU catetere correlata . . . . .	145
18.5	Mortalità in TI . . . . .	147
18.6	Mortalità ospedaliera * . . . . .	147
18.7	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	148
18.8	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	148
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata . . . . .	148
<b>Appendice</b>		<b>153</b>
	Definizione di MDR . . . . .	153
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	154

## Petalo Infectionlight

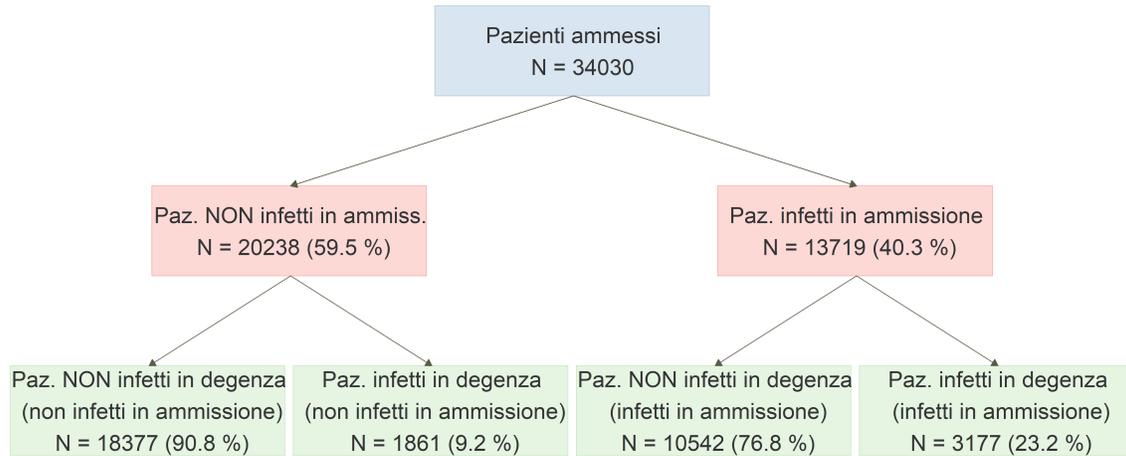
Anno 2021

Periodo analizzato 2021-01-01 - 2021-12-31

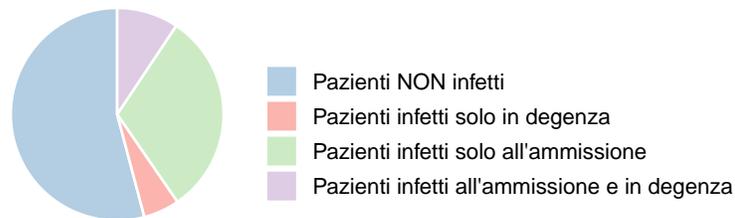
Popolazione complessiva: 114 TI

TI Nazionale

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



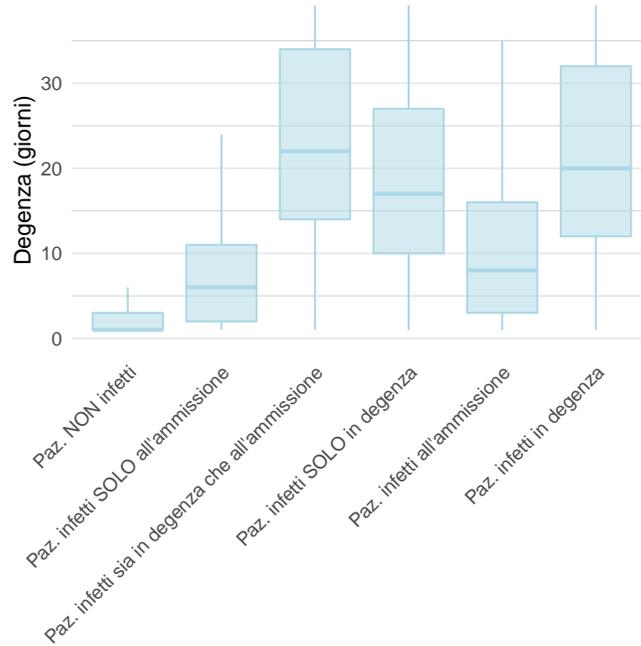
Per N = 73 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	18377	54.0
Pazienti infetti solo in degenza	1861	5.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	10542	31.0
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	3177	9.3

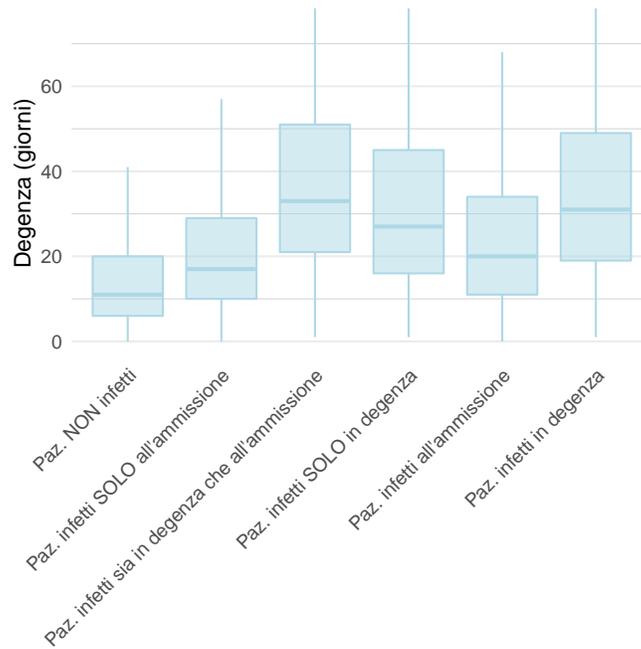
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi (N = 34030).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	18377	54.0	1	( 1 - 3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10542	31.0	6	( 2 - 11 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3177	9.3	22	( 14 - 34 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1861	5.5	17	( 10 - 27 )
Pazienti infetti all'ammissione	13719	40.3	8	( 3 - 16 )
Pazienti infetti in degenza	5038	14.8	20	( 12 - 32 )

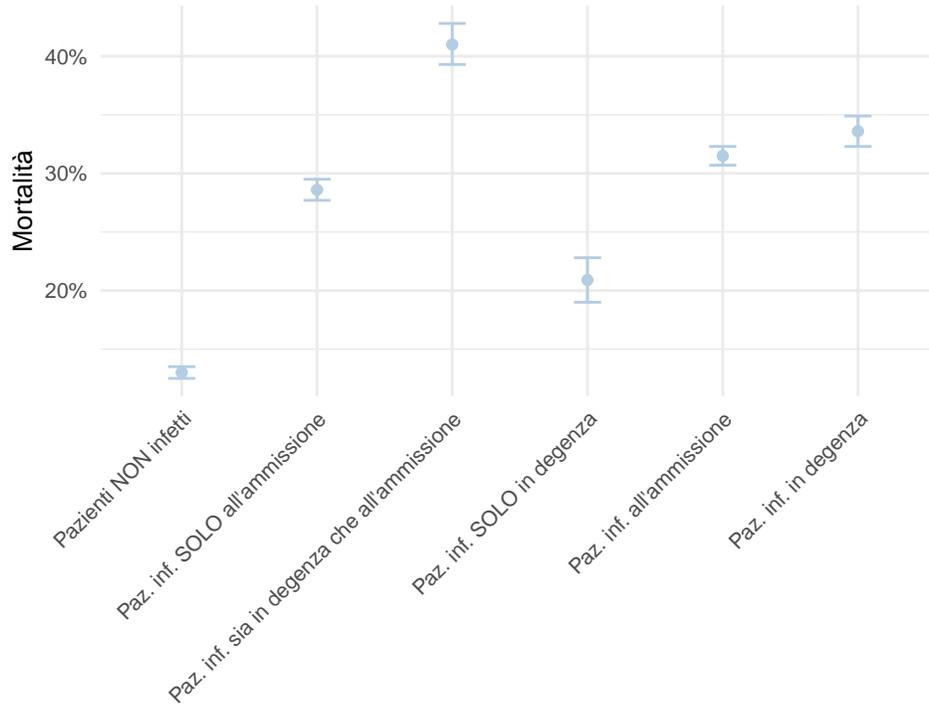
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Pazienti	Degenza ospedaliera ( giorni )			
	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	18377	54.0	11	( 6 - 20 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10542	31.0	17	( 10 - 29 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3177	9.3	33	( 21 - 51 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1861	5.5	27	( 16 - 45 )
Pazienti infetti all'ammissione	13719	40.3	20	( 11 - 34 )
Pazienti infetti in degenza	5038	14.8	31	( 19 - 49 )

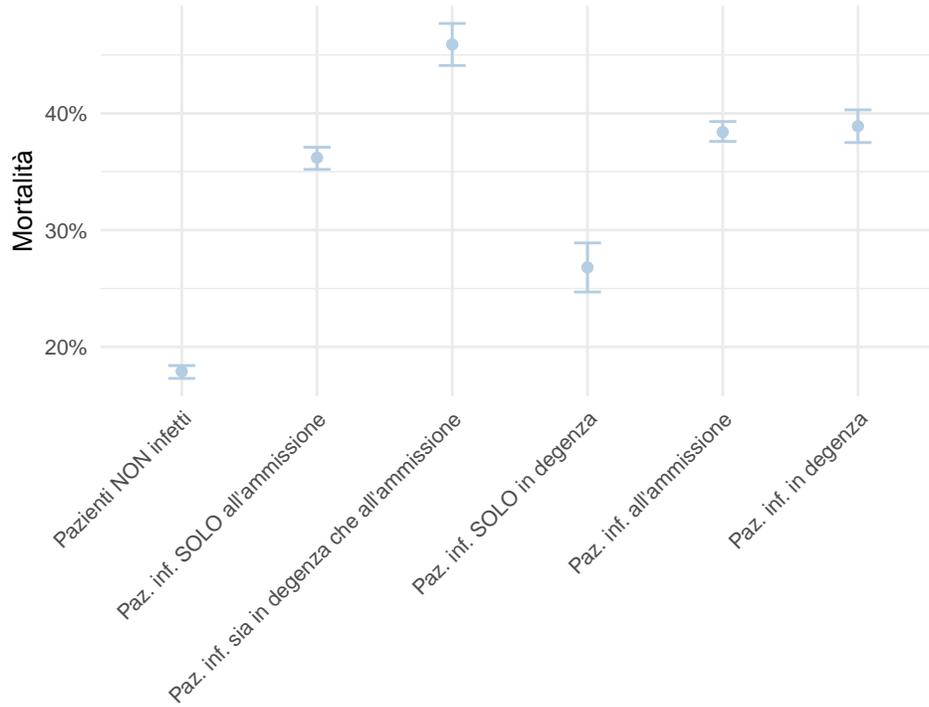
\* escluse le riammissioni (N = 994)

## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	18377	2392	13.0	( 12.5 - 13.5 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10542	3012	28.6	( 27.7 - 29.5 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3177	1301	41.0	( 39.3 - 42.8 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1861	387	20.9	( 19 - 22.8 )
Pazienti infetti all'ammissione	13719	4313	31.5	( 30.7 - 32.3 )
Pazienti infetti in degenza	5038	1688	33.6	( 32.3 - 34.9 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

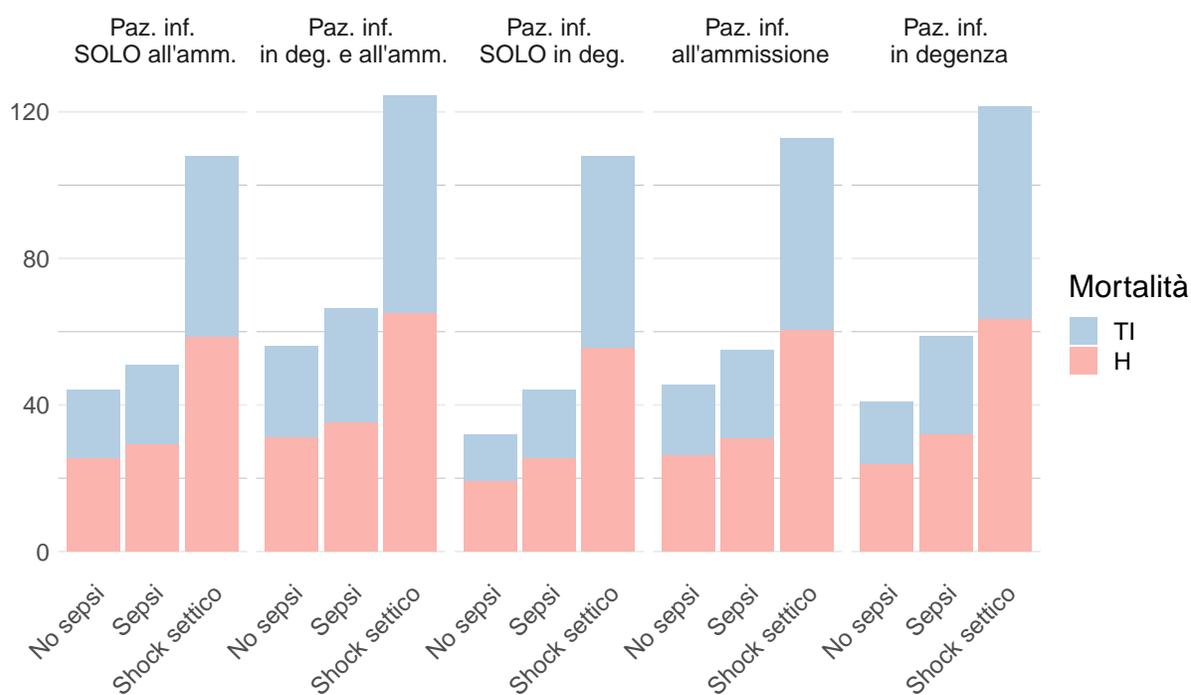


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	18377	3193	17.9	( 17.3 - 18.4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10542	3640	36.2	( 35.2 - 37.1 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3177	1409	45.9	( 44.1 - 47.7 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1861	479	26.8	( 24.7 - 28.9 )
Pazienti infetti all'ammissione	13719	5049	38.4	( 37.6 - 39.3 )
Pazienti infetti in degenza	5038	1888	38.9	( 37.5 - 40.3 )

\* escluse le riammissioni (N = 994)

## 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10542	3436	4134	2970	32.6	39.2	28.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3177	502	1454	1220	15.8	45.8	38.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	1861	856	738	267	46.0	39.7	14.3
Pazienti infetti all'ammissione	13719	3938	5588	4190	28.7	40.7	30.5
Pazienti infetti in degenza	5038	1358	2192	1487	27.0	43.5	29.5



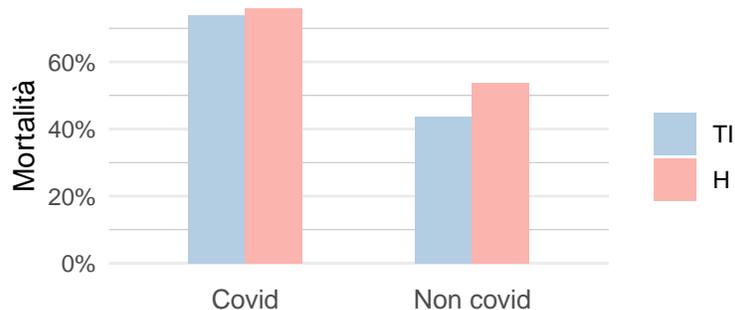
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	3436	641	18.7	3317	841	25.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	502	124	24.7	494	153	31.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	856	108	12.6	837	159	19.2
Pazienti infetti all'ammissione	3938	765	19.4	3811	994	26.2
Pazienti infetti in degenza	1358	232	17.1	1331	312	23.7

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	4134	903	21.9	3958	1146	29.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1454	452	31.2	1419	496	35.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	738	139	18.9	715	179	25.3
Pazienti infetti all'ammissione	5588	1355	24.3	5377	1642	30.7
Pazienti infetti in degenza	2192	591	27.0	2134	675	31.9

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2970	1467	49.5	2842	1652	58.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1220	724	59.4	1177	759	65.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	267	140	52.4	256	141	55.5
Pazienti infetti all'ammissione	4190	2191	52.4	4019	2411	60.3
Pazienti infetti in degenza	1487	864	58.2	1433	900	63.3

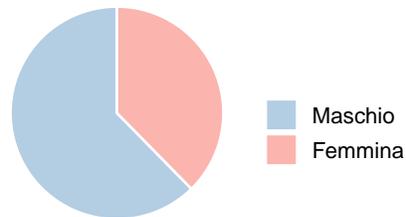
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	1199	883	73.8	1180	892	75.9
Non covid	2991	1308	43.8	2839	1519	53.8

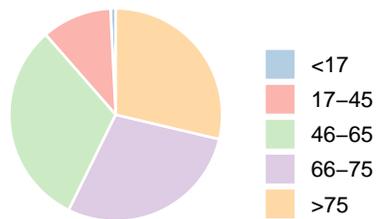
## 2 Tutti i pazienti ( N = 34030 )

### 2.1 Sesso



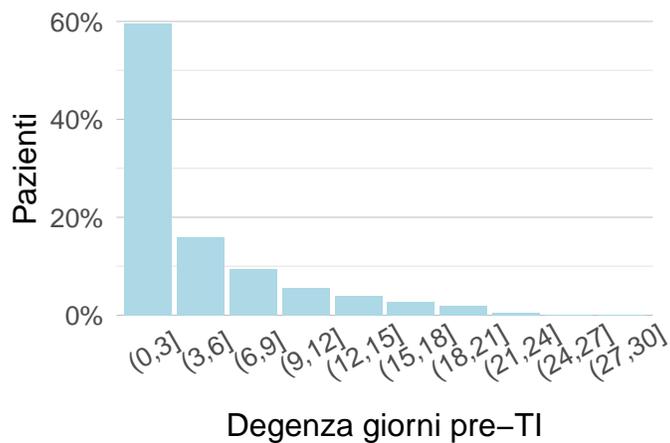
Sesso	N	%
Maschio	21154	62.3
Femmina	12775	37.7
Missing	101	0

### 2.2 Età



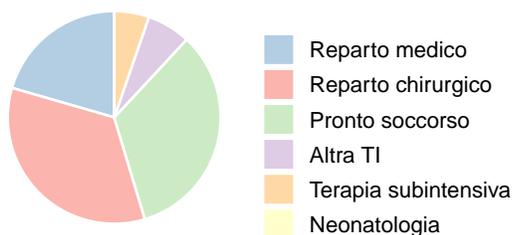
Range età	N	%
<17	269	0.8
17-45	3623	10.6
46-65	10647	31.3
66-75	9728	28.6
>75	9763	28.7
Missing	0	0

## 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



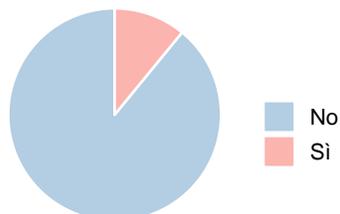
Indicatore	Valore
Media	4.8
DS	11.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	69

## 2.4 Provenienza ( reparto )



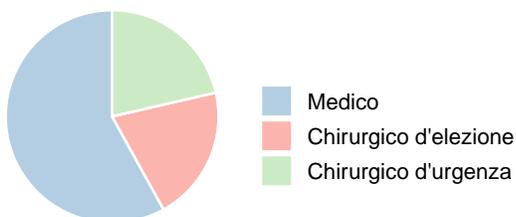
Provenienza	N	%
Reparto medico	6955	20.5
Reparto chirurgico	11564	34.1
Pronto soccorso	11329	33.4
Altra TI	2244	6.6
Terapia subintensiva	1794	5.3
Neonatologia	0	0.0
Missing	144	0

## 2.5 Trauma



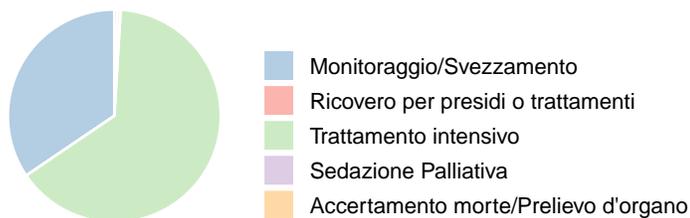
Trauma	N	%
No	30272	89.1
Si	3712	10.9
Missing	46	0

## 2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	19723	58.0
Chirurgico d'elezione	6988	20.6
Chirurgico d'urgenza	7271	21.4
Missing	48	0

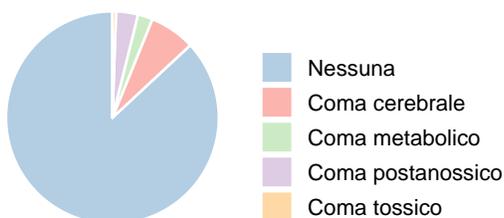
## 2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	11708	34.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

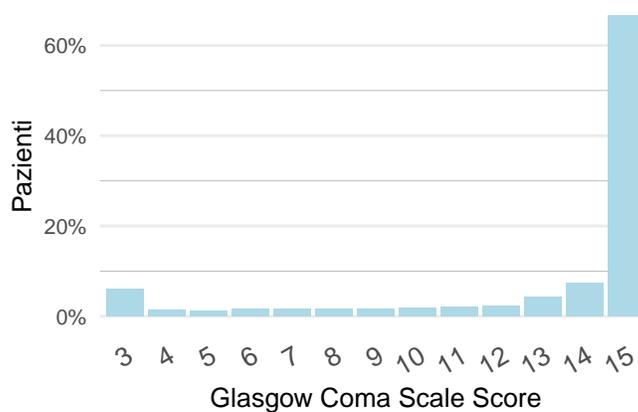
Trattamento intensivo	21932	64.6
Sedazione Palliativa	162	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	159	0.5
Missing	69	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



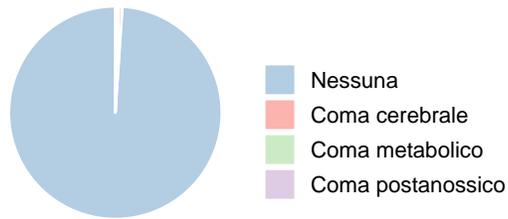
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	24846	86.9
Coma cerebrale	1981	6.9
Coma metabolico	646	2.3
Coma postanossico	950	3.3
Coma tossico	155	0.5
Missing	5452	0

## 2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



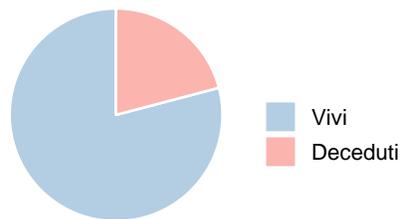
Indicatore	Valore
Media	13.1
DS	3.6
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



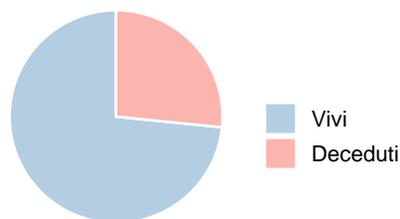
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	33607	99.0
Coma cerebrale	178	0.5
Coma metabolico	85	0.3
Coma postanossico	92	0.3
Missing	71	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	26846	79.1
Deceduti	7095	20.9
Missing	89	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

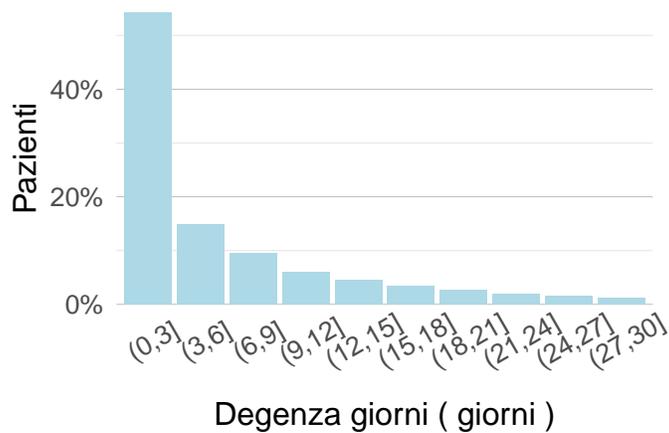


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	24079	73.4

Deceduti	8724	26.6
Missing	215	0

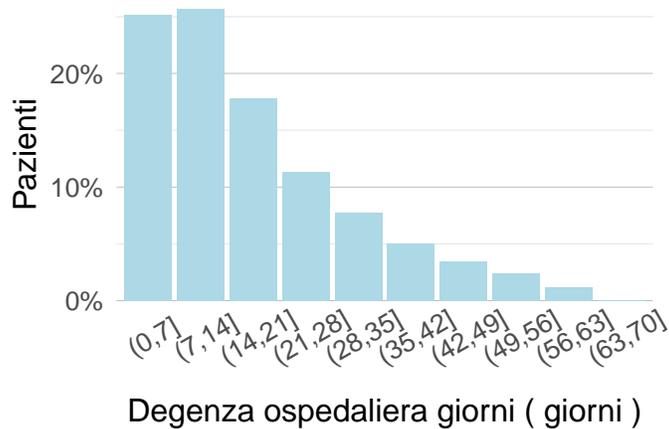
\* Statistiche calcolate su 33018 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1012 ).

### 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.9 (11.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-10)
Missing	84

### 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

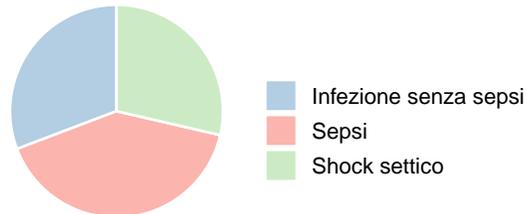


Indicatore	Valore
Media (DS)	21.1 (22.1)
Mediana (Q1-Q3)	15 (8-27)
Missing	221

\* Statistiche calcolate su 33018 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1012 ).

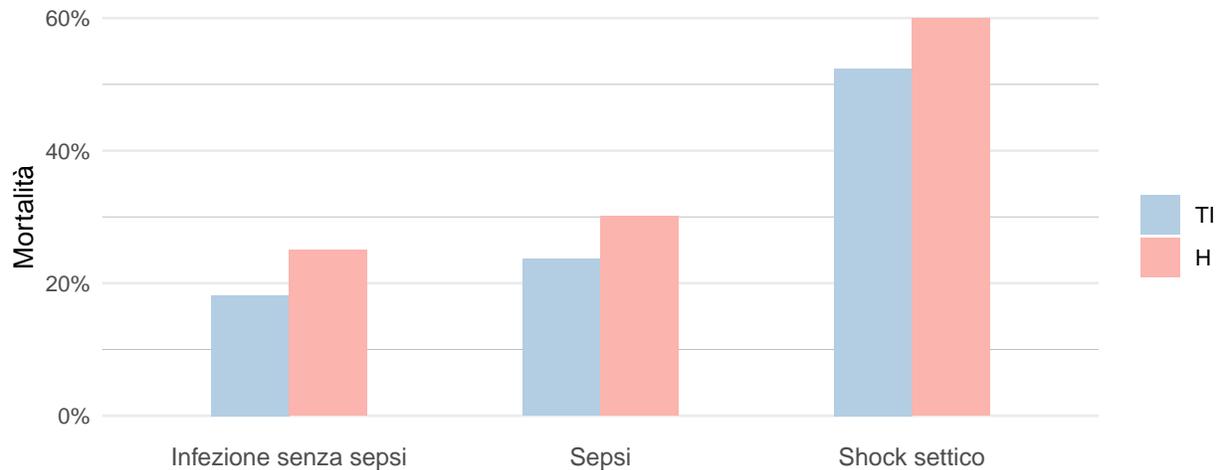
### 3 Pazienti infetti ( N = 15580 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	4794	30.8
Sepsi	6326	40.6
Shock settico	4457	28.6
Missing	3	0

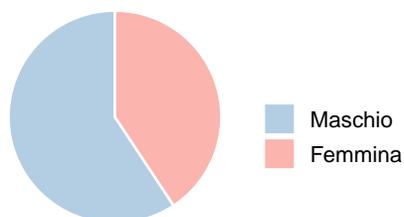
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	18.2	25.0
Sepsi	23.7	30.1
Shock settico	52.4	60.0

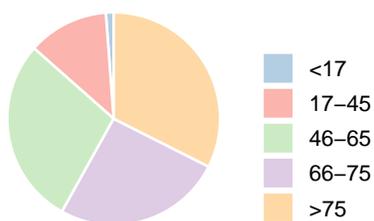
## 4 Pazienti non infetti ( N = 18377 )

### 4.1 Sesso



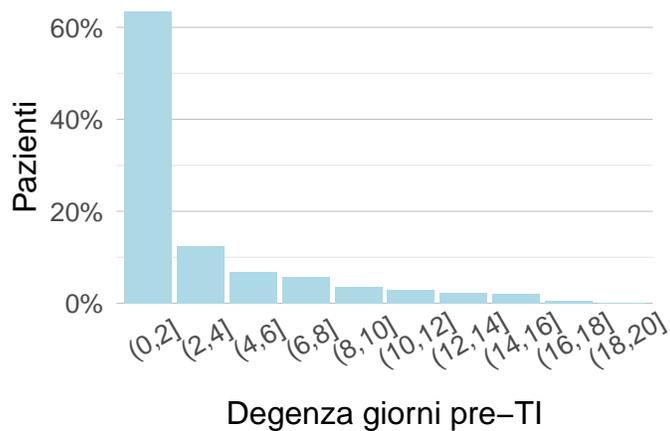
Sesso	N	%
Maschio	10869	59.3
Femmina	7456	40.7
Missing	52	0

### 4.2 Età



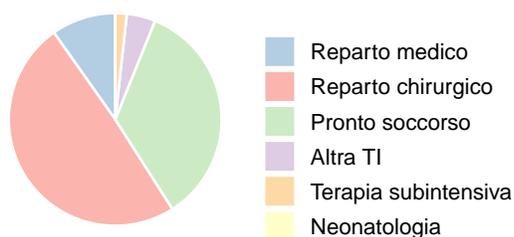
Range età	N	%
<17	217	1.2
17-45	2259	12.3
46-65	5227	28.4
66-75	4712	25.6
>75	5962	32.4
Missing	0	0

## 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



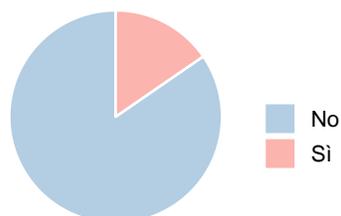
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	9.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	9

## 4.4 Provenienza ( reparto )



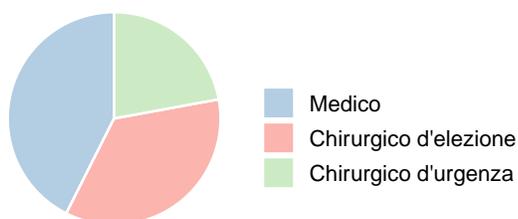
Provenienza	N	%
Reparto medico	1793	9.8
Reparto chirurgico	9025	49.3
Pronto soccorso	6387	34.9
Altra TI	797	4.3
Terapia subintensiva	320	1.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	55	0

## 4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	15547	84.6
Si	2830	15.4
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	7823	42.6
Chirurgico d'elezione	6490	35.3
Chirurgico d'urgenza	4064	22.1
Missing	0	0

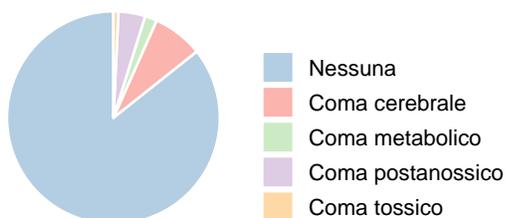
## 4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	10059	54.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Treatmento intensivo	0	0.0
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0

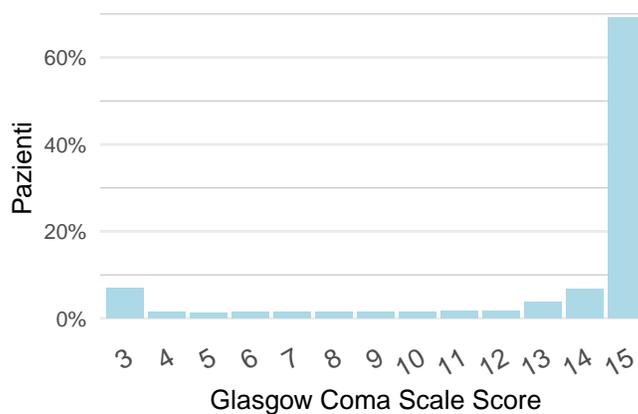
Trattamento intensivo	8062	43.9
Sedazione Palliativa	104	0.6
Accertamento morte/Prelievo d'organo	134	0.7
Missing	18	0

#### 4.8 Insufficienza neurologica



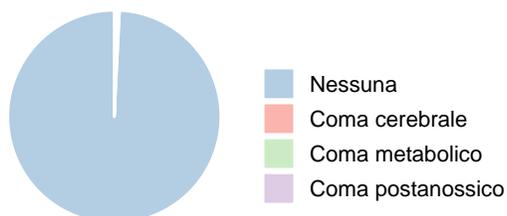
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	13141	85.7
Coma cerebrale	1173	7.6
Coma metabolico	283	1.8
Coma postanossico	622	4.1
Coma tossico	116	0.8
Missing	3042	0

#### 4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



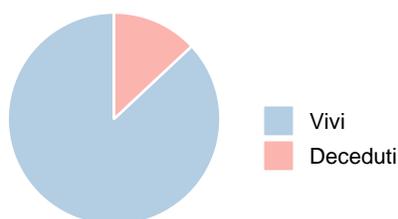
Indicatore	Valore
Media	11.1
DS	3.7
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



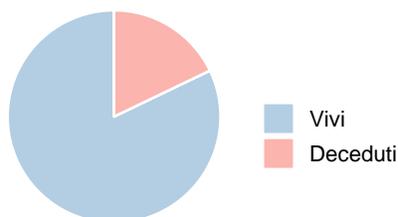
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	18236	99.2
Coma cerebrale	72	0.4
Coma metabolico	17	0.1
Coma postanossico	55	0.3
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	15979	87.0
Deceduti	2392	13.0
Missing	6	0

## 4.12 Mortalità ospedaliera \*

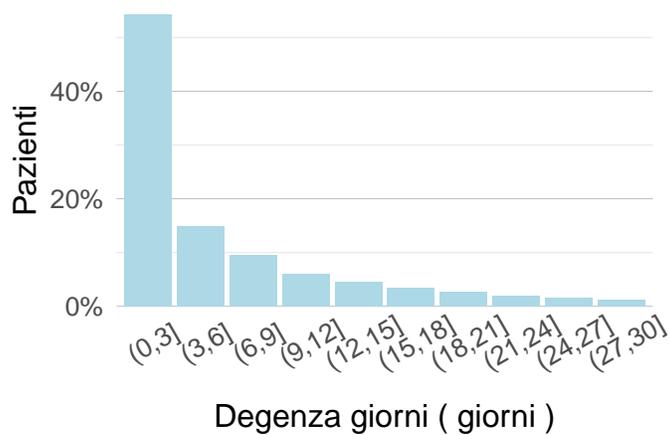


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	14675	82.1

Deceduti	3193	17.9
Missing	64	0

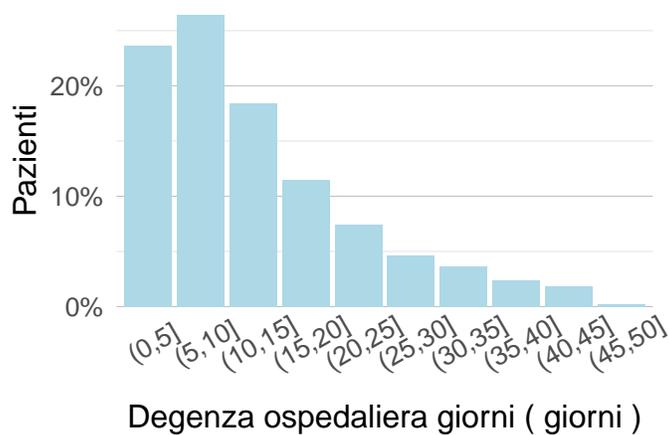
\* Statistiche calcolate su 17932 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 445 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.2 (5.1)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	6

#### 4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

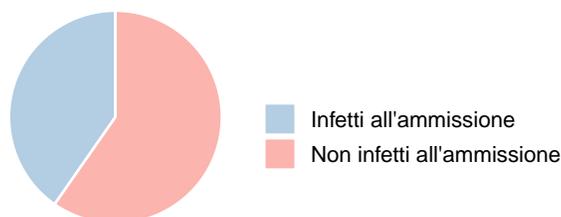


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.8 (18.0)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-20)
Missing	65

\* Statistiche calcolate su 17932 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (  $N = 445$  ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

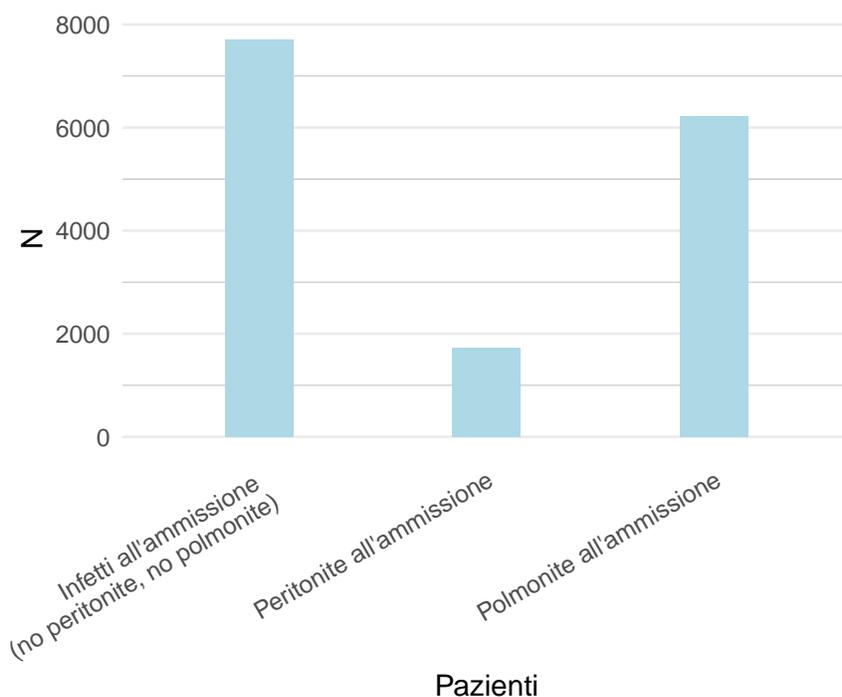
Sono presenti 13719 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 40.31% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	13719	40.31
Non infetti all'ammissione	20311	59.69

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 34030).

I pazienti infetti all'ammissione possono presentare peritonite o polmonite:

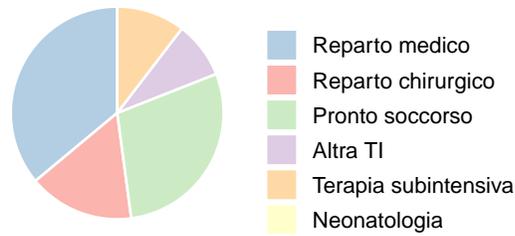


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	7701	56.13
Peritonite all'ammissione	1725	12.57
Polmonite all'ammissione	6214	45.29

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 13719).

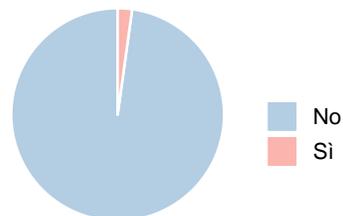
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 13719)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



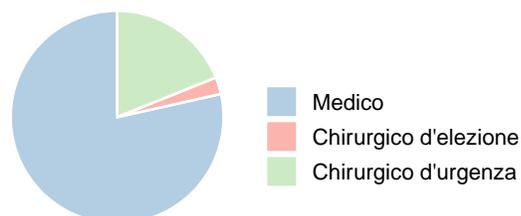
Provenienza	N	%
Reparto medico	4931	36.0
Reparto chirurgico	2198	16.1
Pronto soccorso	3949	28.9
Altra TI	1178	8.6
Terapia subintensiva	1423	10.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	40	0

### 5.2 Trauma



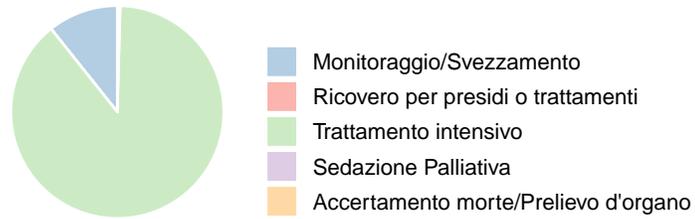
Trauma	N	%
No	13419	97.8
Si	300	2.2
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



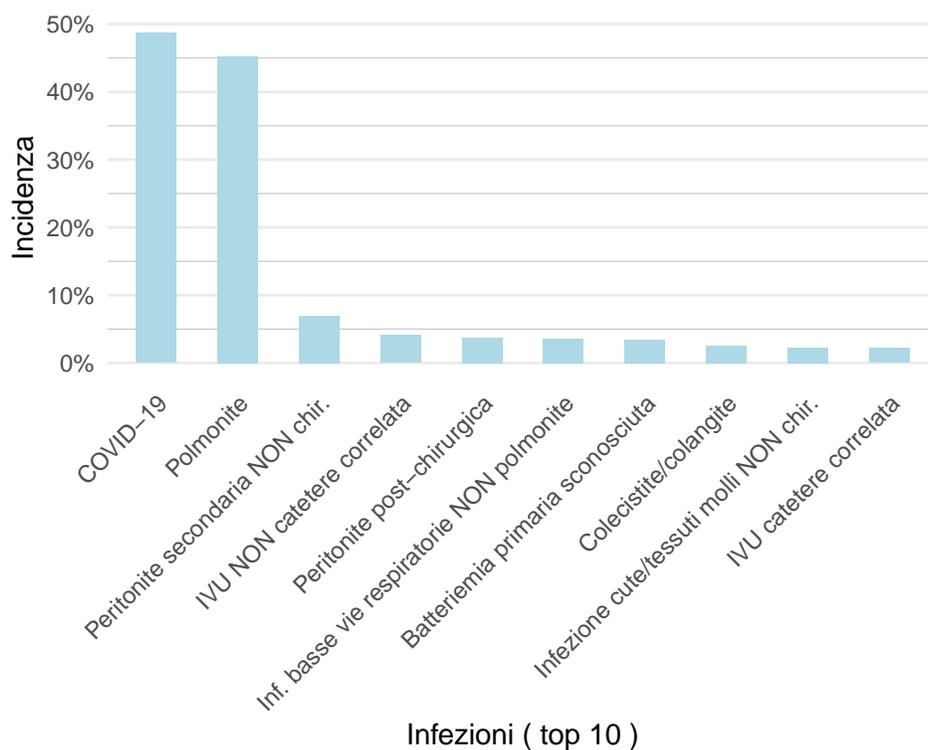
Stato chirurgico	N	%
Medico	10770	78.5
Chirurgico d'elezione	353	2.6
Chirurgico d'urgenza	2595	18.9
Missing	1	0

#### 5.4 Motivo di ammissione



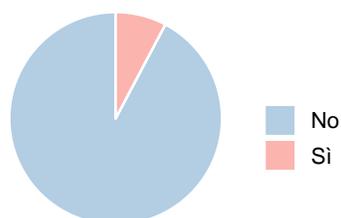
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1468	10.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	12190	88.9
Sedazione Palliativa	48	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	10	0.1
Missing	3	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



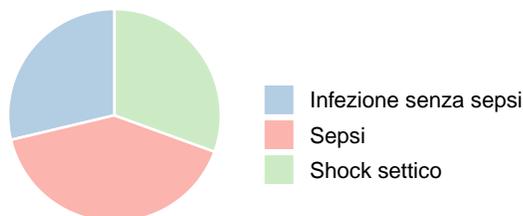
Infezione	N	%
COVID-19	6687	48.7
Polmonite	6214	45.3
Peritonite secondaria NON chir.	940	6.9
IVU NON catetere correlata	569	4.1
Peritonite post-chirurgica	506	3.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	500	3.6
Batteriemia primaria sconosciuta	465	3.4
Colecistite/colangite	362	2.6
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	312	2.3
IVU catetere correlata	301	2.2
Missing	0	NA

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	12657	92.3
Sì	1062	7.7
Missing	0	0

### 5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione



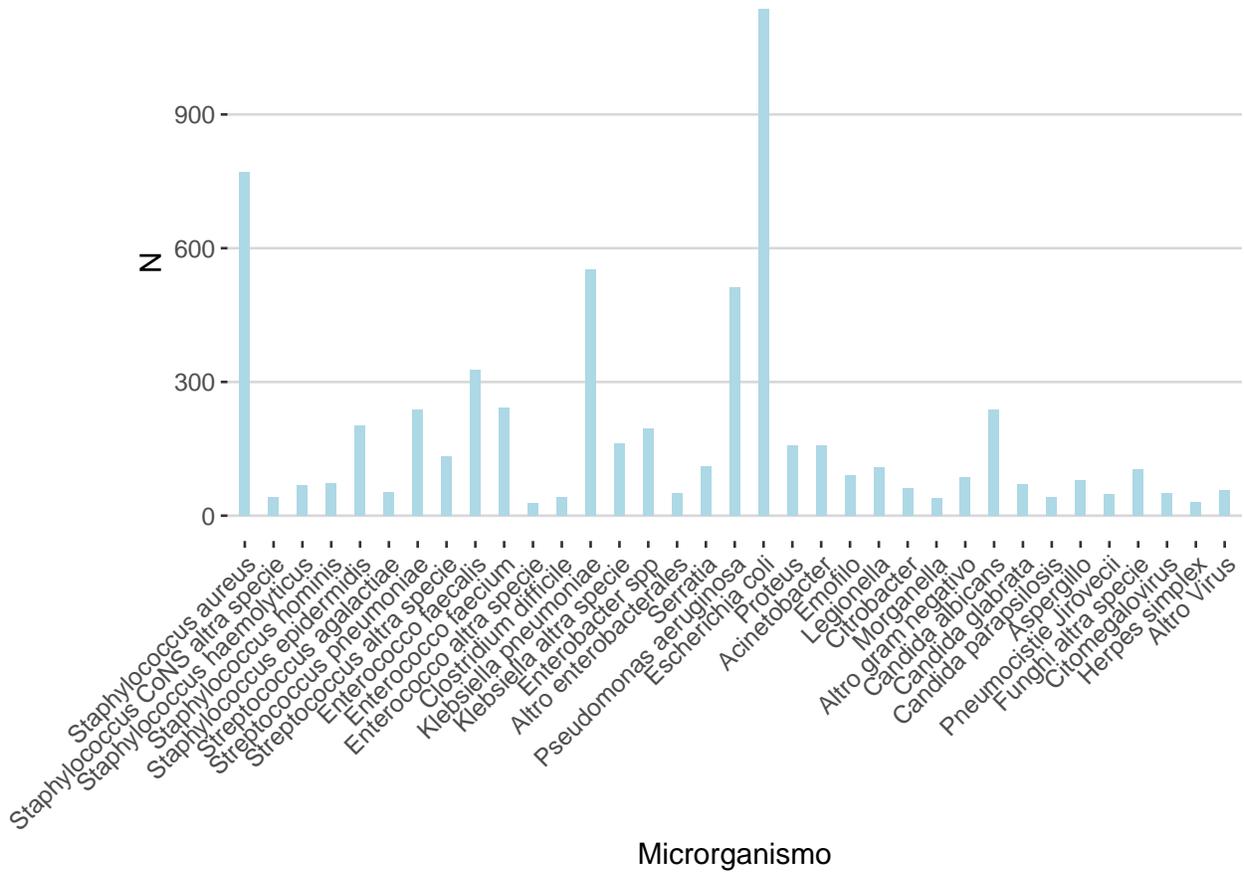
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	3938	28.7
Sepsi	5588	40.7
Shock settico	4190	30.5
Missing	3	0

### 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	3146	26.9
Sì	8550	73.1
Missing	69	
<b>Totale infezioni</b>	<b>11765</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>10172</b>	

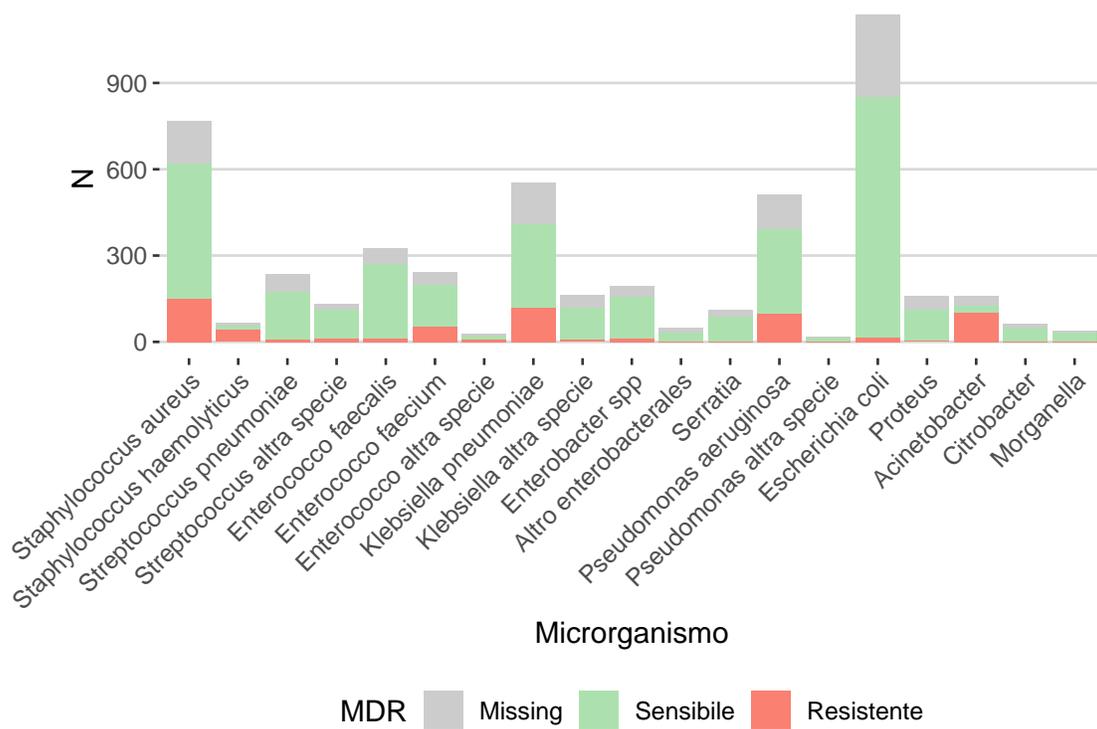
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	770	9.0	618	150	24.3
Staphylococcus capitis	24	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	42	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	67	0.8	58	41	70.7
Staphylococcus hominis	72	0.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	7	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	201	2.4	0	0	0
Pyogens	9	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	53	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	237	2.8	172	7	4.1
Streptococcus altra specie	132	1.5	109	12	11
Enterococcus faecalis	326	3.8	269	11	4.1
Enterococcus faecium	243	2.8	197	52	26.4
Enterococcus altra specie	27	0.3	22	7	31.8
Clostridium difficile	42	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	26	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>2278</b>	<b>26.6</b>	<b>1445</b>	<b>280</b>	<b>19.4</b>
Klebsiella pneumoniae	553	6.5	409	119	29.1
Klebsiella altra specie	161	1.9	118	6	5.1
Enterobacter spp	195	2.3	155	12	7.7
Altro enterobacterales	50	0.6	31	1	3.2
Serratia	110	1.3	87	2	2.3

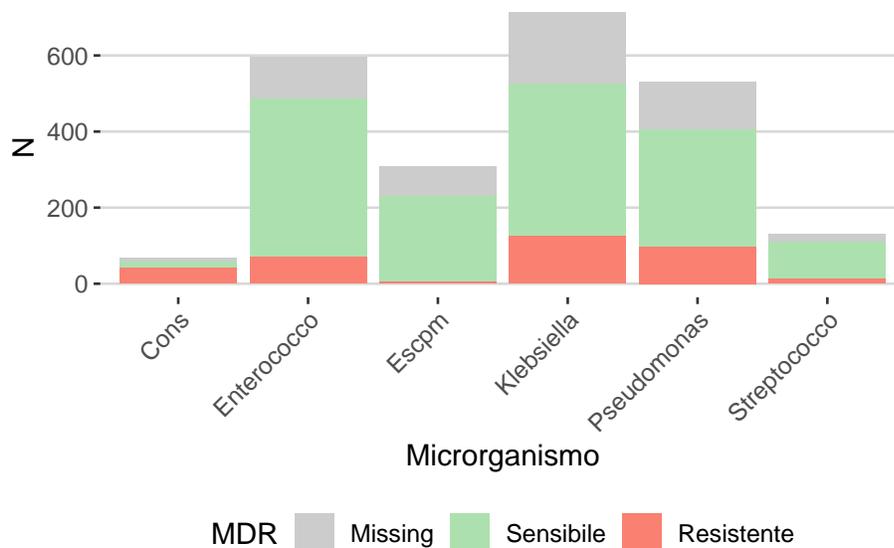
Pseudomonas aeruginosa	512	6.0	392	97	24.7
Pseudomonas altra specie	17	0.2	14	1	7.1
Escherichia coli	1136	13.3	849	15	1.8
Proteus	158	1.8	113	3	2.7
Acinetobacter	158	1.8	126	102	81
Emofilo	90	1.1	0	0	0
Legionella	108	1.3	0	0	0
Citrobacter	62	0.7	48	0	0
Morganella	40	0.5	30	0	0
Providencia	6	0.1	0	0	0
Clamidia	5	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	85	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>3446</b>	<b>40.3</b>	<b>2372</b>	<b>358</b>	<b>15.1</b>
Candida albicans	237	2.8	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	70	0.8	0	0	0
Candida krusei	10	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	42	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	20	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	10	0.1	0	0	0
Candida altra specie	14	0.2	0	0	0
Aspergillo	79	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	48	0.6	0	0	0
Funghi altra specie	103	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>634</b>	<b>7.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.0			
Influenza B	1	0.0			
Citomegalovirus	51	0.6			
Herpes simplex	29	0.3			
Altro Virus	57	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>139</b>	<b>1.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	19	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	25	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	6	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>50</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza tipo non specificato ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	67	58	17	41	70.69	9
Enterococco	596	488	418	70	14.34	108
Escpm	308	230	225	5	2.17	78
Klebsiella	714	527	402	125	23.72	187
Pseudomonas	529	406	308	98	24.14	123
Streptococco	132	109	97	12	11.01	23

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 5.8.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti all'ammissione

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	394	Ertapenem	104	26.40
Klebsiella pneumoniae	408	Meropenem	102	25.00
Klebsiella altra specie	114	Ertapenem	4	3.51
Klebsiella altra specie	118	Meropenem	4	3.39
Enterobacter spp	152	Ertapenem	11	7.24

Enterobacter spp	153	Meropenem	4	2.61
Altro enterobacterales	30	Ertapenem	1	3.33
Altro enterobacterales	31	Meropenem	1	3.23
Escherichia coli	827	Ertapenem	13	1.57
Escherichia coli	843	Meropenem	8	0.95
Proteus	110	Ertapenem	3	2.73
Proteus	113	Meropenem	2	1.77
Serratia	83	Ertapenem	2	2.41
Serratia	87	Meropenem	1	1.15
Acinetobacter	123	Imipenem	71	57.72
Acinetobacter	126	Meropenem	101	80.16
Pseudomonas aeruginosa	374	Imipenem	81	21.66
Pseudomonas aeruginosa	389	Meropenem	68	17.48
Pseudomonas altra specie	14	Meropenem	1	7.14
Staphylococcus haemolyticus	58	Meticillina	41	70.69
Staphylococcus aureus	618	Meticillina	150	24.27
Streptococcus pneumoniae	172	Penicillina	7	4.07
Streptococcus altra specie	109	Penicillina	12	11.01
Enterococco faecalis	269	Vancomicina	11	4.09
Enterococco faecium	197	Vancomicina	52	26.40
Enterococco altra specie	22	Vancomicina	7	31.82

### 5.8.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti all'ammissione

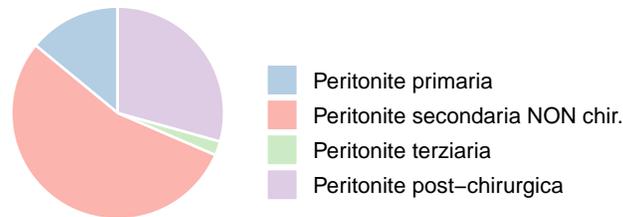
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	80	5.99
No	204	15.28
Non testato	1051	78.73

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	13	9.5	243	1064
kpc	52	38.0	236	1042
ndm	31	22.6	231	1061
oxa	21	15.3	238	1063
vim	20	14.6	240	1062

## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 1725)

### 6.1 Tipologia di peritonite



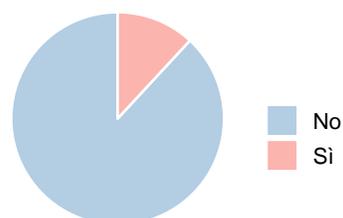
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	242	14.0
Peritonite secondaria NON chir.	940	54.5
Peritonite terziaria	37	2.1
Peritonite post-chirurgica	506	29.3
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



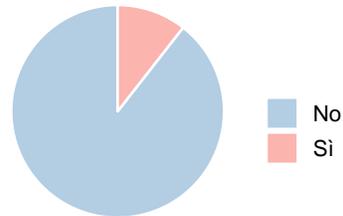
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	1128	65.7
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	579	33.7
Acquisita in altra Terapia Intensiva	10	0.6
Missing	7	0

### 6.3 Infezione batteriemica



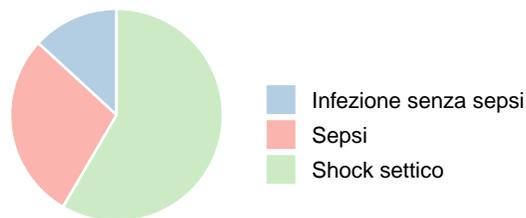
Batteriemica	N	%
No	1513	88.1
Sì	204	11.9
Missing	7	0

#### 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	1543	89.4
Sì	182	10.6
Missing	0	0

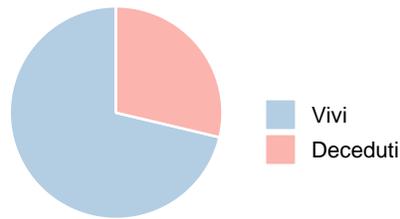
#### 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	203	13.2
Sepsi	439	28.5
Shock settico	901	58.4
Missing	0	0

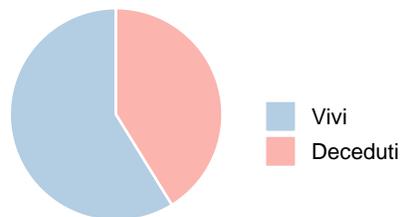
\* Statistiche calcolate su 1543 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 182 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1229	71.3
Deceduti	495	28.7
Missing	1	0

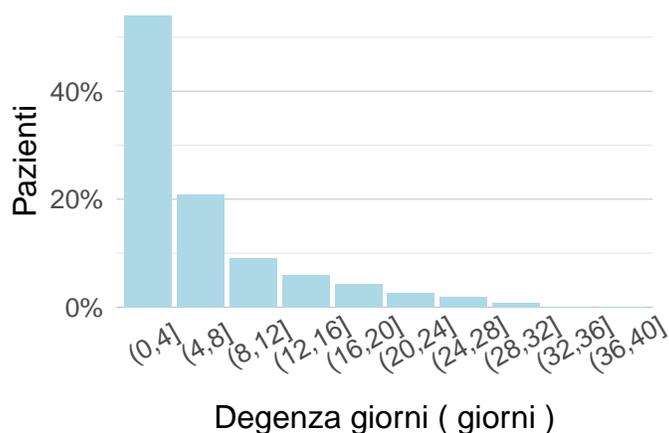
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	921	58.8
Deceduti	645	41.2
Missing	11	0

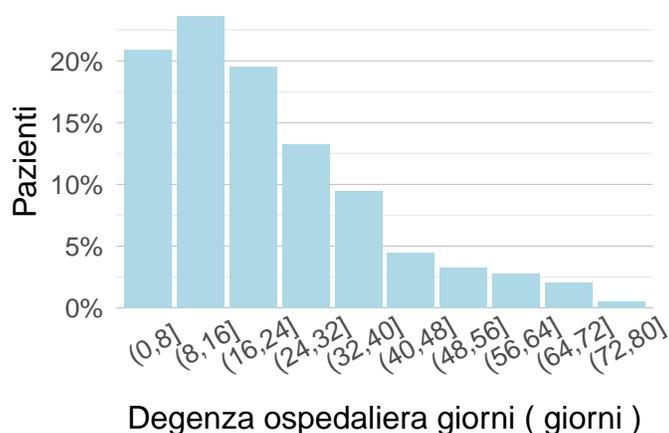
\* Statistiche calcolate su 1577 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 148 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.6 (12.0)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	1

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.2 (26.4)
Mediana (Q1-Q3)	19 (10-33)
Missing	11

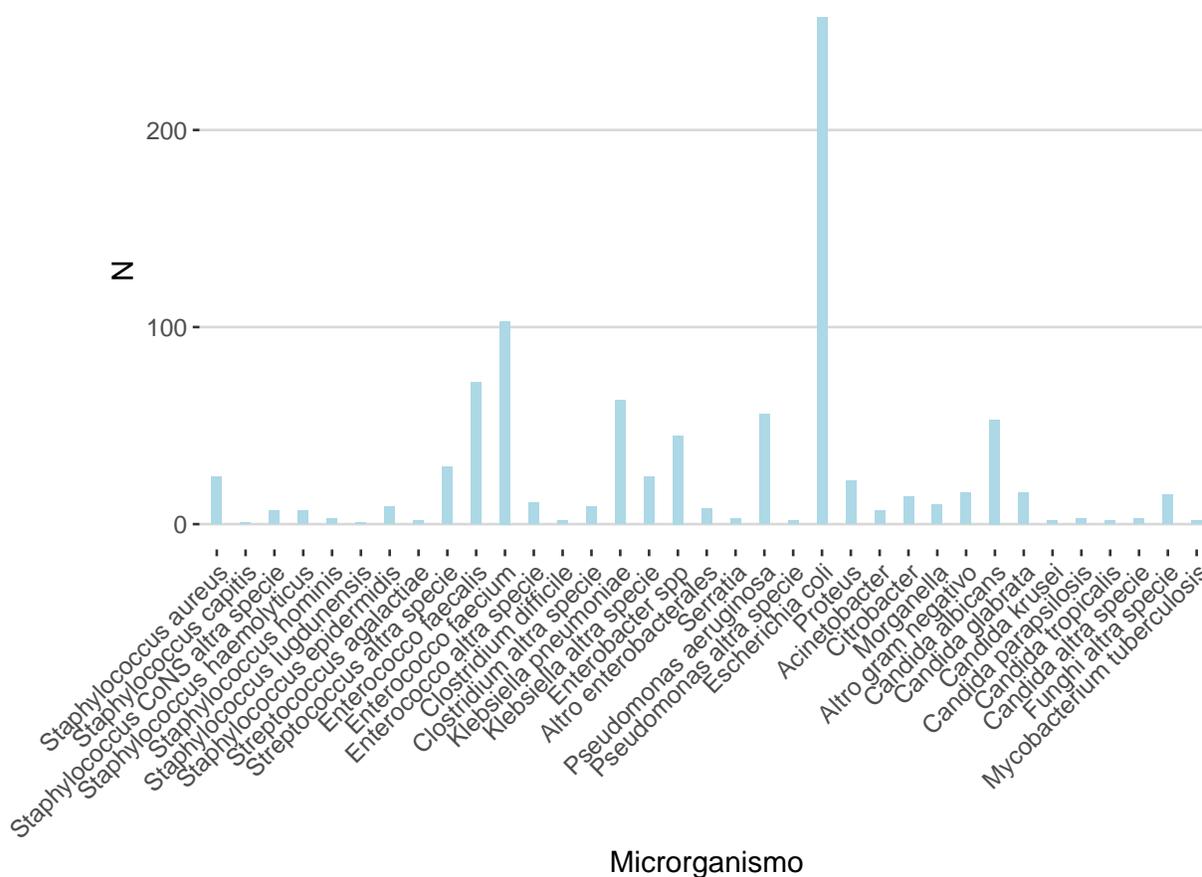
\* Statistiche calcolate su 1577 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 148 ).

### 6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1114	64.9
Sì	603	35.1
Missing	7	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1724</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>914</b>	

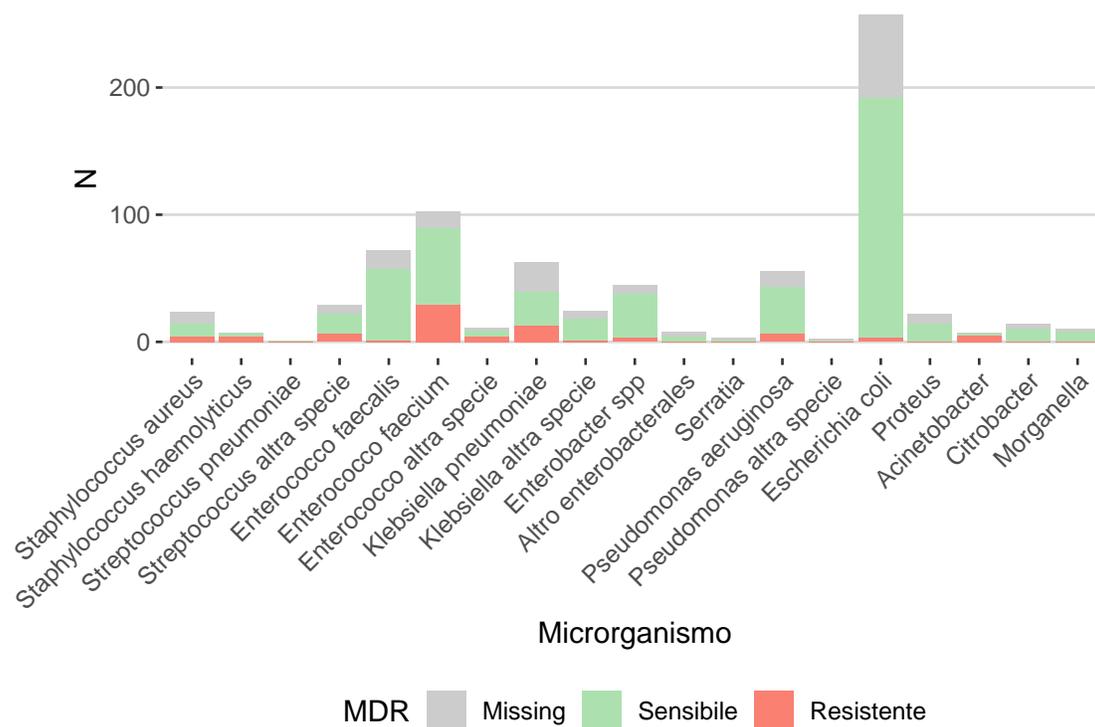
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	24	4.0	14	4	28.6
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	7	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.2	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	1.5	0	0	0

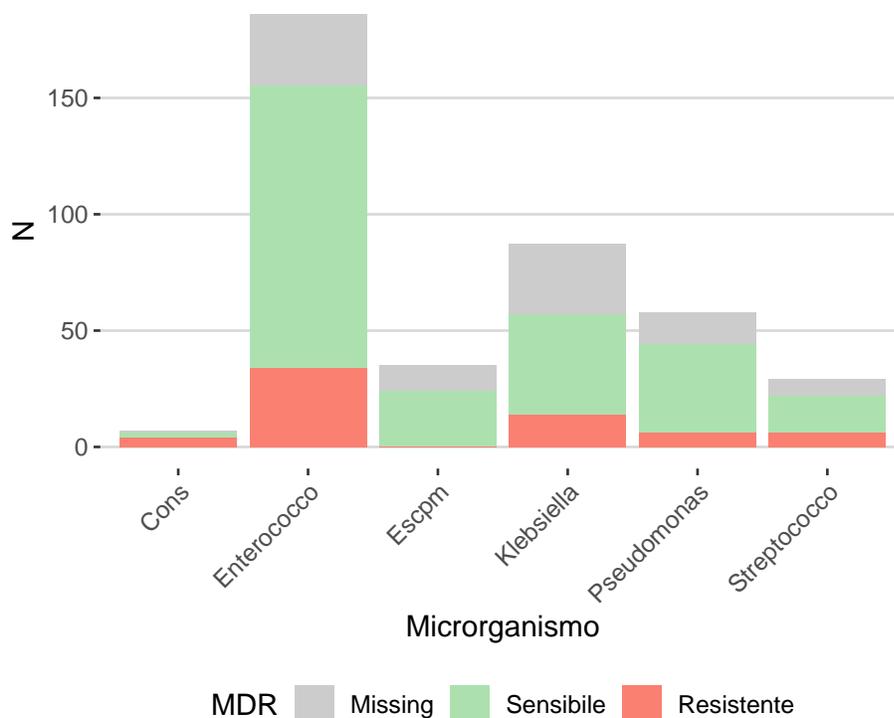
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	29	4.8	22	6	27.3
Enterococco faecalis	72	11.9	57	1	1.8
Enterococco faecium	103	17.1	89	29	32.6
Enterococco altra specie	11	1.8	9	4	44.4
Clostridium difficile	2	0.3	0	0	0
Clostridium altra specie	9	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>282</b>	<b>46.8</b>	<b>198</b>	<b>48</b>	<b>24.2</b>
Klebsiella pneumoniae	63	10.4	39	13	33.3
Klebsiella altra specie	24	4.0	18	1	5.6
Enterobacter spp	45	7.5	38	3	7.9
Altro enterobacterales	8	1.3	4	0	0
Serratia	3	0.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	56	9.3	43	6	14
Pseudomonas altra specie	2	0.3	1	0	0
Escherichia coli	257	42.6	192	3	1.6
Proteus	22	3.6	14	0	0
Acinetobacter	7	1.2	6	5	83.3
Emofilo	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	14	2.3	10	0	0
Morganella	10	1.7	8	0	0
Altro gram negativo	16	2.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>528</b>	<b>87.6</b>	<b>375</b>	<b>31</b>	<b>8.3</b>
Candida albicans	53	8.8	0	0	0
Candida glabrata	16	2.7	0	0	0
Candida krusei	2	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	3	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	15	2.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>95</b>	<b>15.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	0.3	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clamidia, Legionella, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 6.10.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	6	2	4	66.67	1
Enterococco	186	155	121	34	21.94	31
Escpm	35	24	24	0	0.00	11
Klebsiella	87	57	43	14	24.56	30
Pseudomonas	58	44	38	6	13.64	14
Streptococco	29	22	16	6	27.27	7

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 6.10.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

Klebsiella pneumoniae	35	Ertapenem	11	31.43
Klebsiella pneumoniae	39	Meropenem	10	25.64
Klebsiella altra specie	18	Meropenem	1	5.56
Enterobacter spp	37	Ertapenem	2	5.41
Enterobacter spp	38	Meropenem	2	5.26
Escherichia coli	183	Ertapenem	3	1.64
Escherichia coli	192	Meropenem	1	0.52
Acinetobacter	5	Imipenem	1	20.00
Acinetobacter	6	Meropenem	5	83.33
Pseudomonas aeruginosa	40	Imipenem	5	12.50
Pseudomonas aeruginosa	43	Meropenem	4	9.30
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	4	66.67
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	4	28.57
Streptococcus altra specie	22	Penicillina	6	27.27
Enterococco faecalis	57	Vancomicina	1	1.75
Enterococco faecium	89	Vancomicina	29	32.58
Enterococco altra specie	9	Vancomicina	4	44.44

### 6.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

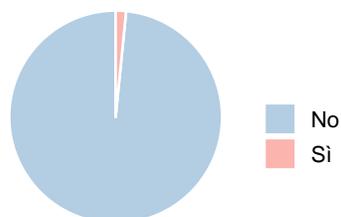
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	6	2.87
No	36	17.22
Non testato	167	79.90

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	10	40	167
kpc	2	20	42	165
ndm	3	30	38	167
oxa	1	10	40	167
vim	3	30	38	167

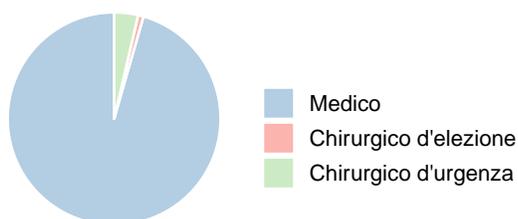
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 6214)

### 7.1 Trauma



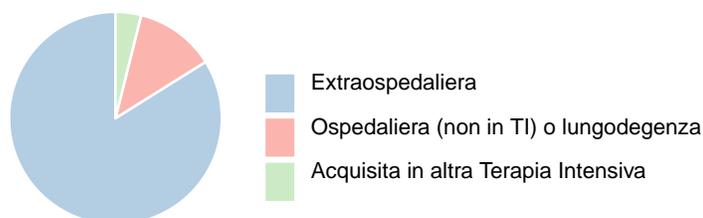
Trauma	N	%
No	6116	98.4
Sì	98	1.6
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	5938	95.6
Chirurgico d'elezione	51	0.8
Chirurgico d'urgenza	225	3.6
Missing	0	0

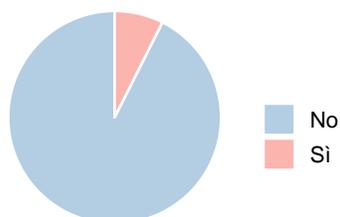
### 7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	5938	95.6
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	225	3.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	51	0.8

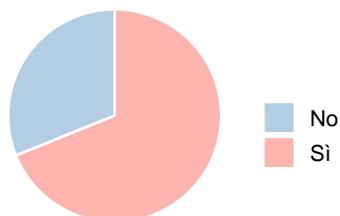
Extraospedaliera	5085	83.9
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	740	12.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	236	3.9
Missing	29	0

#### 7.4 Infezione batteriemicca



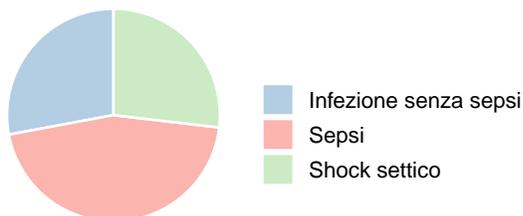
Batteriemicca	N	%
No	5610	92.6
Si	449	7.4
Missing	31	0

#### 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	1933	31.1
Si	4281	68.9
Missing	0	0

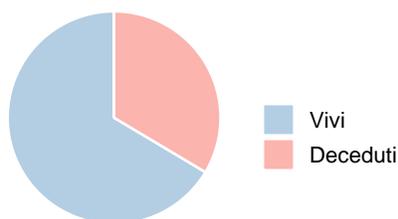
#### 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	540	27.9
Sepsi	874	45.2
Shock settico	519	26.8
Missing	0	0

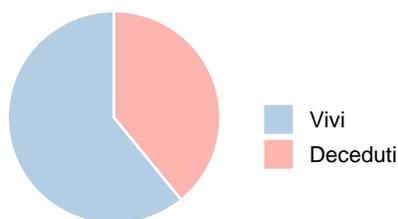
\* Statistiche calcolate su 1933 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 4281 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4123	66.4
Deceduti	2082	33.6
Missing	9	0

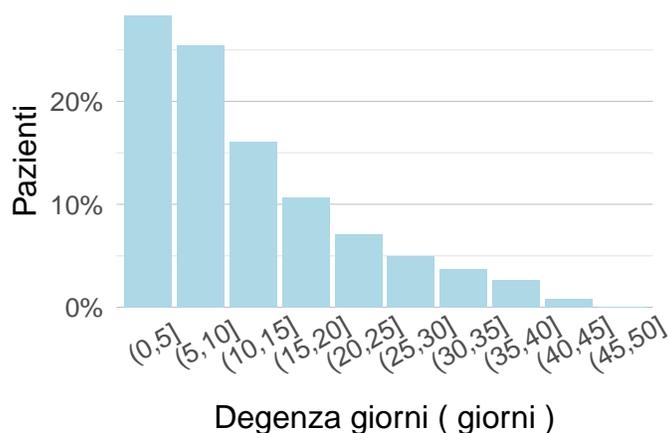
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	3661	60.9
Deceduti	2351	39.1
Missing	26	0

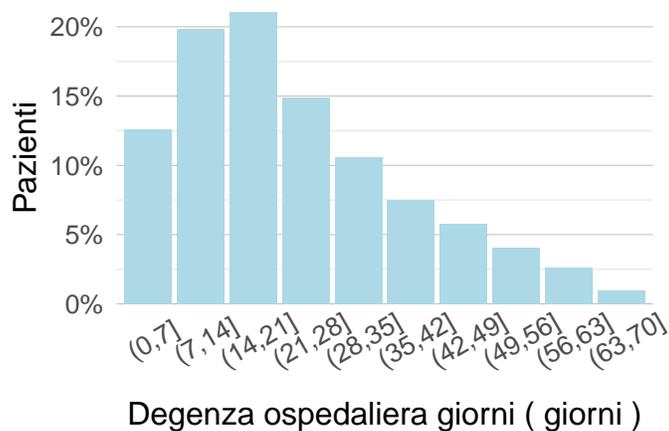
\* Statistiche calcolate su 6038 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 176 ).

## 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	14.7 (14.3)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-20)
Missing	9

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.9 (22.3)
Mediana (Q1-Q3)	21 (12-35)
Missing	25

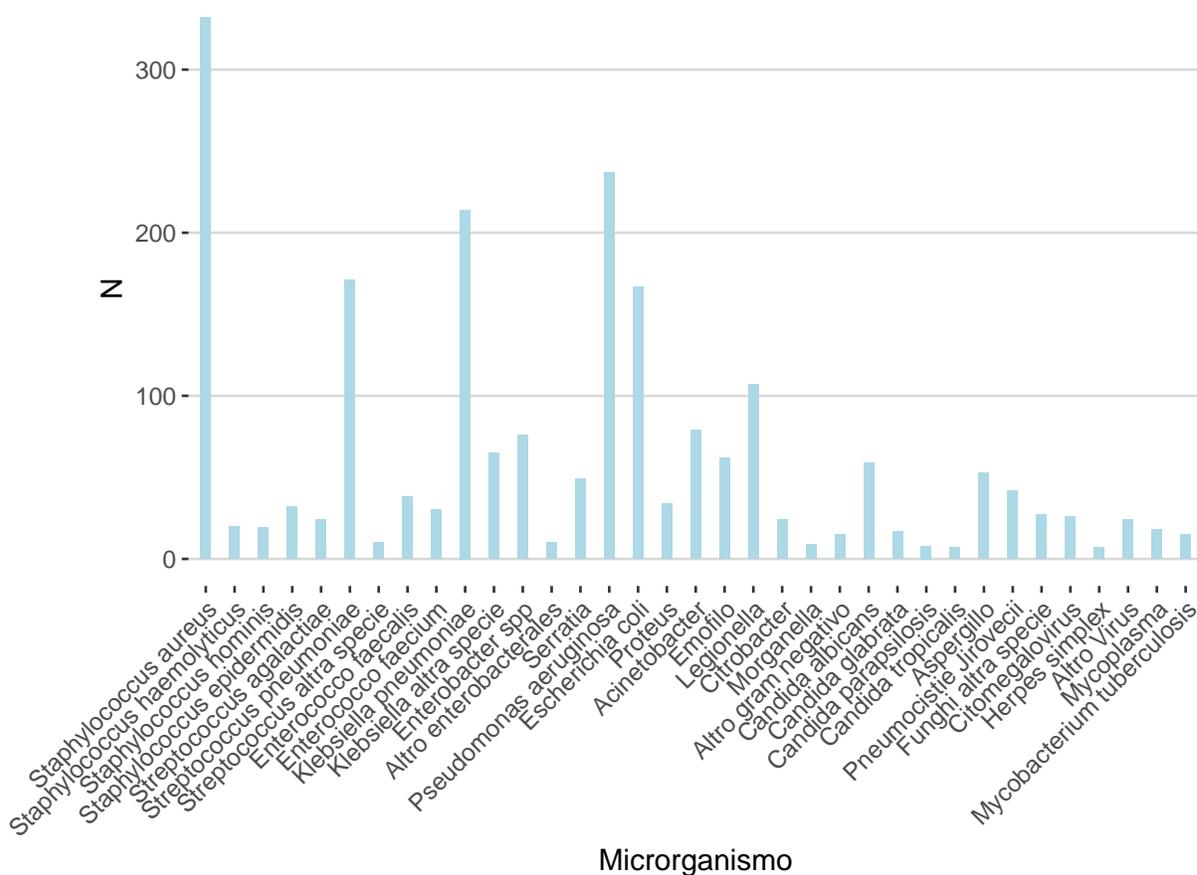
\* Statistiche calcolate su 6038 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 176 ).

## 7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1029	17.0
Sì	5032	83.0
Missing	29	
<b>Totale infezioni</b>	<b>6090</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>5727</b>	

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.

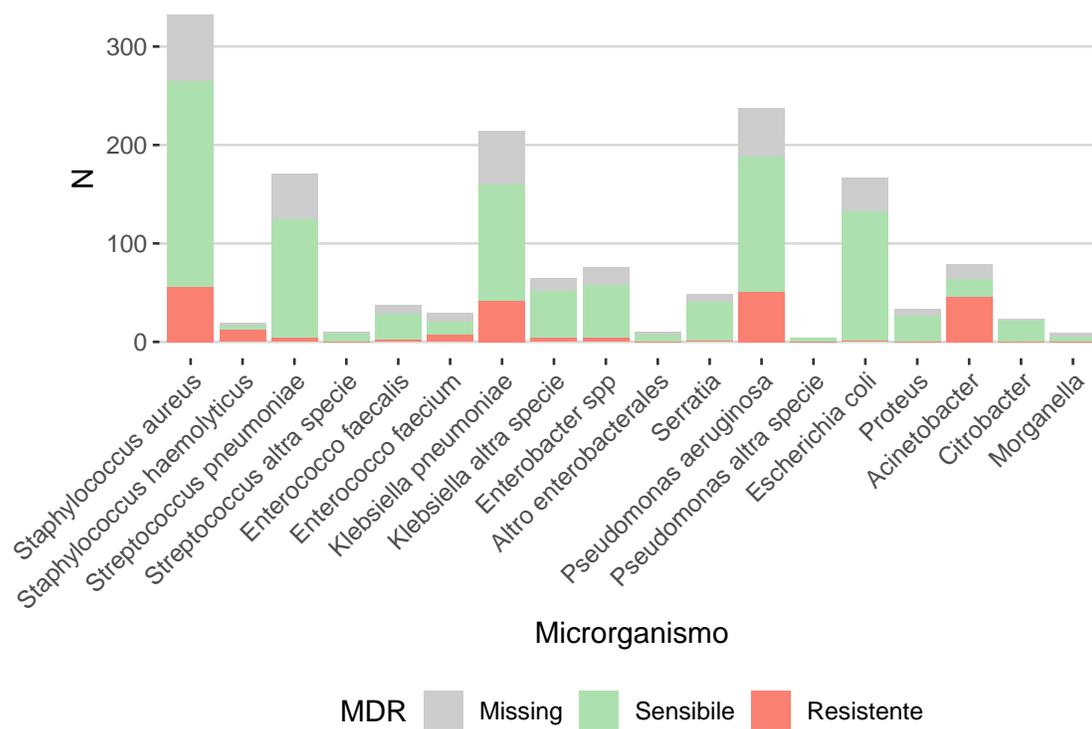


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	332	6.6	265	56	21.1
Staphylococcus capitis	6	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	20	0.4	16	12	75
Staphylococcus hominis	19	0.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	32	0.6	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 6214)

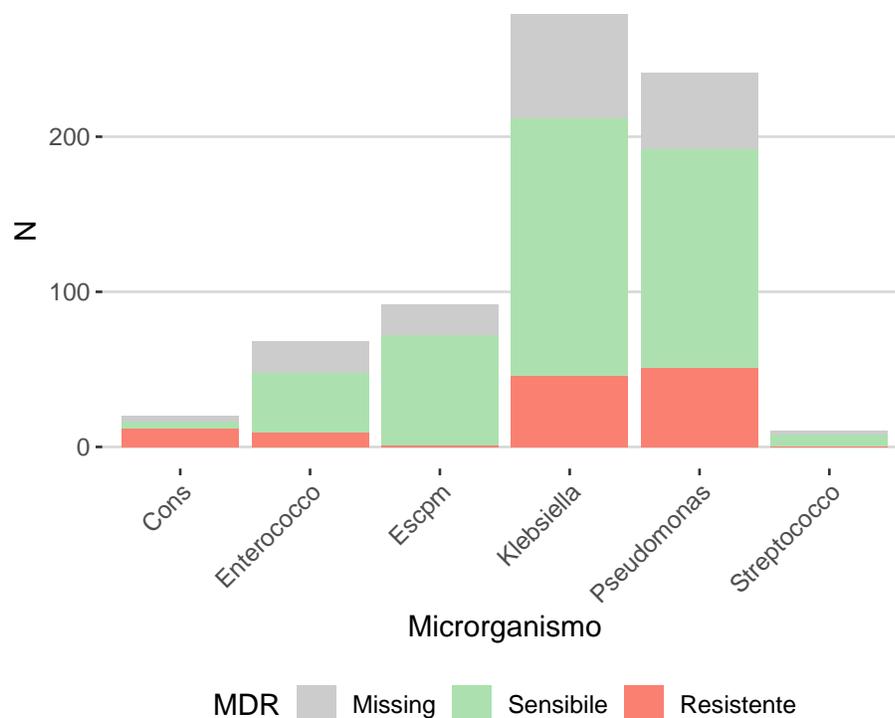
Pyogens	1	0.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	24	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	171	3.4	124	4	3.2
Streptococcus altra specie	10	0.2	8	0	0
Enterococco faecalis	38	0.8	28	2	7.1
Enterococco faecium	30	0.6	20	7	35
<b>Totale Gram +</b>	<b>690</b>	<b>13.7</b>	<b>461</b>	<b>81</b>	<b>17.6</b>
Klebsiella pneumoniae	214	4.3	160	42	26.2
Klebsiella altra specie	65	1.3	52	4	7.7
Enterobacter spp	76	1.5	58	4	6.9
Altro enterobacterales	10	0.2	7	0	0
Serratia	49	1.0	41	1	2.4
Pseudomonas aeruginosa	237	4.7	188	51	27.1
Pseudomonas altra specie	4	0.1	4	0	0
Escherichia coli	167	3.3	132	1	0.8
Proteus	34	0.7	26	0	0
Acinetobacter	79	1.6	64	46	71.9
Emofilo	62	1.2	0	0	0
Legionella	107	2.1	0	0	0
Citrobacter	24	0.5	21	0	0
Morganella	9	0.2	5	0	0
Clamidia	4	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	15	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1156</b>	<b>23.0</b>	<b>758</b>	<b>149</b>	<b>19.7</b>
Candida albicans	59	1.2	0	0	0
Candida glabrata	17	0.3	0	0	0
Candida krusei	5	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	8	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	53	1.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	42	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	27	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>222</b>	<b>4.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza B	1	0.0			
Citomegalovirus	26	0.5			
Herpes simplex	7	0.1			
Altro Virus	24	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>58</b>	<b>1.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	18	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	15	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.0	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>35</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Providencia, Candida auris, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altra A, Influenza tipo non specificato ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 7.11.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	20	16	4	12	75.00	4
Enterococco	68	48	39	9	18.75	20
Escpm	92	72	71	1	1.39	20
Klebsiella	279	212	166	46	21.70	67
Pseudomonas	241	192	141	51	26.56	49
Streptococco	10	8	8	0	0.00	2

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 7.11.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

Klebsiella pneumoniae	157	Ertapenem	38	24.20
Klebsiella pneumoniae	160	Meropenem	36	22.50
Klebsiella altra specie	52	Ertapenem	4	7.69
Klebsiella altra specie	52	Meropenem	2	3.85
Enterobacter spp	57	Ertapenem	4	7.02
Enterobacter spp	56	Meropenem	1	1.79
Escherichia coli	129	Ertapenem	1	0.78
Serratia	38	Ertapenem	1	2.63
Acinetobacter	63	Imipenem	32	50.79
Acinetobacter	64	Meropenem	46	71.88
Pseudomonas aeruginosa	178	Imipenem	42	23.60
Pseudomonas aeruginosa	185	Meropenem	38	20.54
Staphylococcus haemolyticus	16	Meticillina	12	75.00
Staphylococcus aureus	265	Meticillina	56	21.13
Streptococcus pneumoniae	124	Penicillina	4	3.23
Enterococco faecalis	28	Vancomicina	2	7.14
Enterococco faecium	20	Vancomicina	7	35.00

### 7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	28	7.49
No	54	14.44
Non testato	292	78.07

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	7.7	67	295
kpc	16	41.0	65	290
ndm	10	25.6	62	296
oxa	4	10.3	66	296
vim	6	15.4	67	294

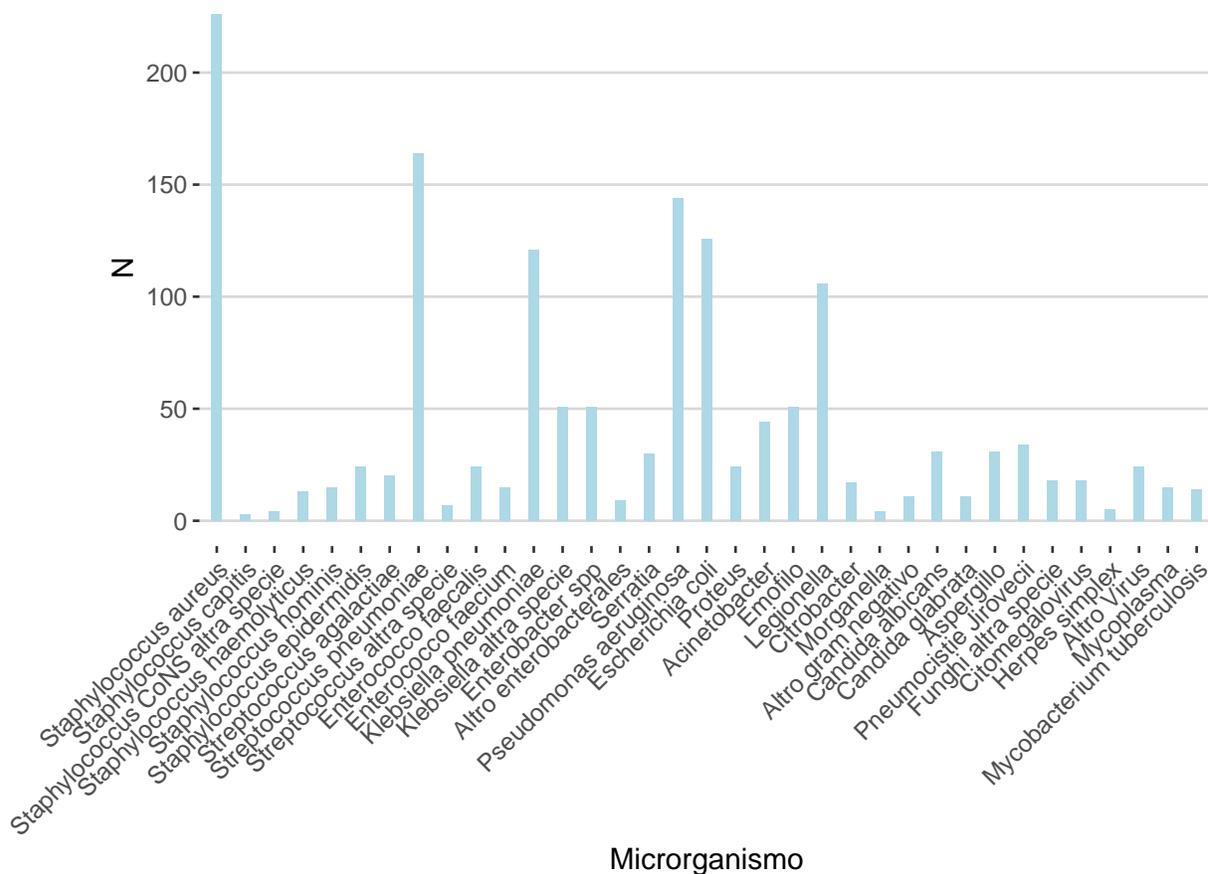
## 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati			
	N	%	
No	801	15.1	
Sì	4520	84.9	

Missing	0
<b>Totale infezioni</b>	<b>5321</b>
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>5015</b>

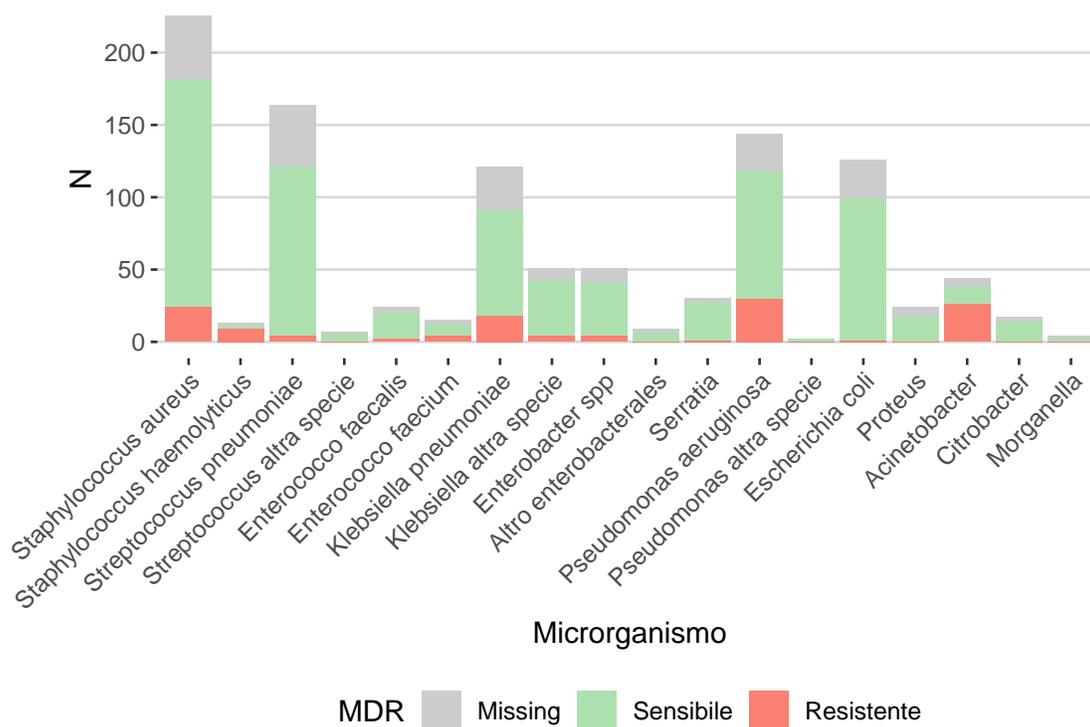
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	226	5.0	182	24	13.2
Staphylococcus capitis	3	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.3	11	9	81.8
Staphylococcus hominis	15	0.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	0.5	0	0	0
Pyogens	1	0.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	20	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	164	3.6	121	4	3.3
Streptococcus altra specie	7	0.2	5	0	0
Enterococco faecalis	24	0.5	20	2	10
Enterococco faecium	15	0.3	12	4	33.3

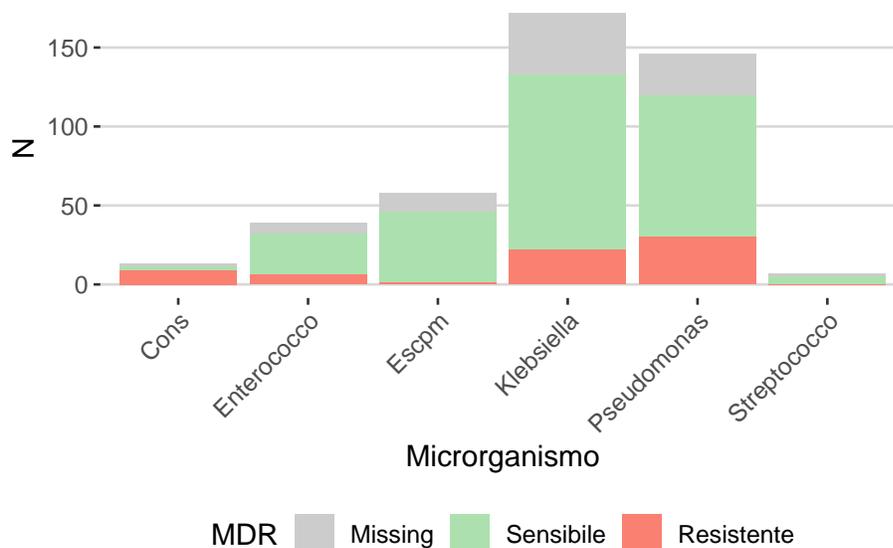
<b>Totale Gram +</b>	<b>518</b>	<b>11.5</b>	<b>351</b>	<b>43</b>	<b>12.3</b>
Klebsiella pneumoniae	121	2.7	91	18	19.8
Klebsiella altra specie	51	1.1	42	4	9.5
Enterobacter spp	51	1.1	41	4	9.8
Altro enterobacterales	9	0.2	6	0	0
Serratia	30	0.7	27	1	3.7
Pseudomonas aeruginosa	144	3.2	118	30	25.4
Pseudomonas altra specie	2	0.0	2	0	0
Escherichia coli	126	2.8	99	1	1
Proteus	24	0.5	17	0	0
Acinetobacter	44	1.0	38	26	68.4
Emofilo	51	1.1	0	0	0
Legionella	106	2.3	0	0	0
Citrobacter	17	0.4	14	0	0
Morganella	4	0.1	2	0	0
Clamidia	3	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	11	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>794</b>	<b>17.6</b>	<b>497</b>	<b>84</b>	<b>16.9</b>
Candida albicans	31	0.7	0	0	0
Candida glabrata	11	0.2	0	0	0
Candida krusei	2	0.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.0	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	2	0.0	0	0	0
Aspergillo	31	0.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	34	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	18	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>134</b>	<b>3.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza B	1	0.0			
Citomegalovirus	18	0.4			
Herpes simplex	5	0.1			
Altro Virus	24	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>48</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	15	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	14	0.3	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>29</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Providencia, Candida auris, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 7.12.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	11	2	9	81.82	2
Enterococco	39	32	26	6	18.75	7
Escpm	58	46	45	1	2.17	12
Klebsiella	172	133	111	22	16.54	39
Pseudomonas	146	120	90	30	25.00	26
Streptococco	7	5	5	0	0.00	2

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 7.12.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	89	Ertapenem	16	17.98
Klebsiella pneumoniae	91	Meropenem	16	17.58
Klebsiella altra specie	42	Ertapenem	4	9.52
Klebsiella altra specie	42	Meropenem	2	4.76
Enterobacter spp	41	Ertapenem	4	9.76

Enterobacter spp	39	Meropenem	1	2.56
Escherichia coli	96	Ertapenem	1	1.04
Serratia	26	Ertapenem	1	3.85
Acinetobacter	37	Imipenem	17	45.95
Acinetobacter	38	Meropenem	26	68.42
Pseudomonas aeruginosa	113	Imipenem	27	23.89
Pseudomonas aeruginosa	115	Meropenem	21	18.26
Staphylococcus haemolyticus	11	Meticillina	9	81.82
Staphylococcus aureus	182	Meticillina	24	13.19
Streptococcus pneumoniae	121	Penicillina	4	3.31
Enterococco faecalis	20	Vancomicina	2	10.00
Enterococco faecium	12	Vancomicina	4	33.33

### 7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

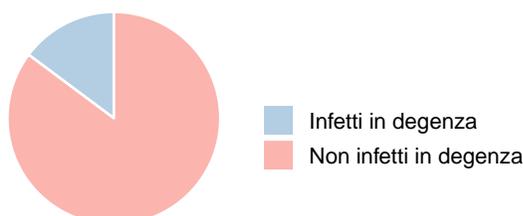
	N	%
Sì	4	4.76
No	14	16.67
Non testato	66	78.57

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	17	65
kpc	1	20	18	64
ndm	1	20	15	66
oxa	1	20	15	66
vim	2	40	16	65

## PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA

I pazienti infetti in degenza comprendono tutti i pazienti che contraggono un'infezione durante la loro degenza a prescindere dal fatto che siano infetti all'ammissione o meno.

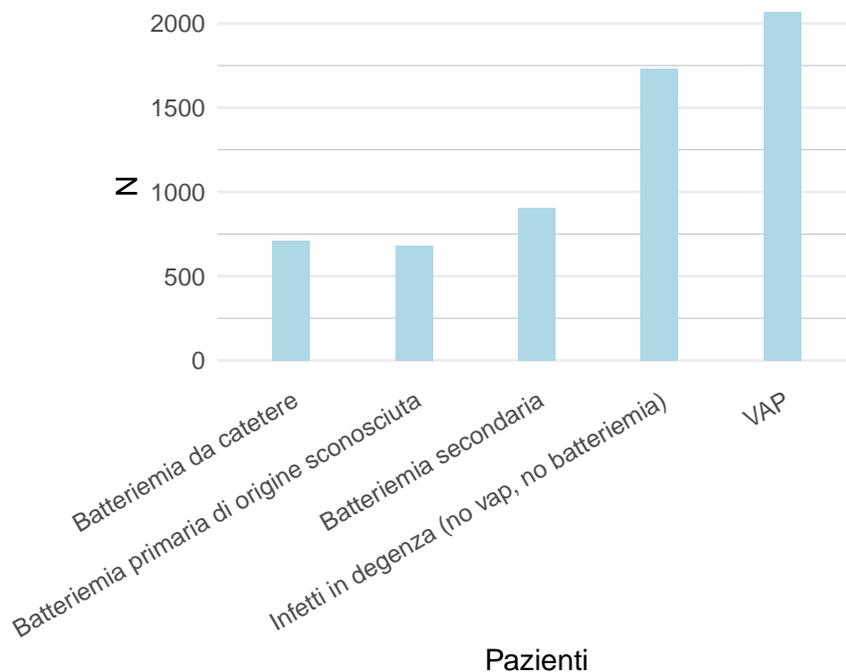
Sono presenti 5038 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 14.8% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	5038	14.8
Non infetti in degenza	28992	85.2

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 34030).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



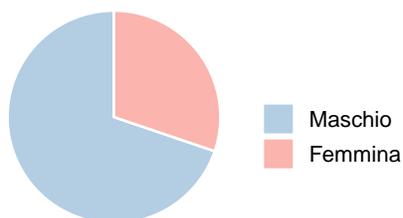
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	1732	34.4
VAP	2066	41.0

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	680	13.5
Batteriemia da catetere	714	14.2
Batteriemia secondaria	907	18.0

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 5038)

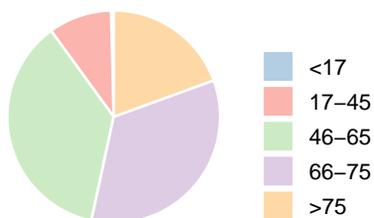
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 5038)

### 8.1 Sesso



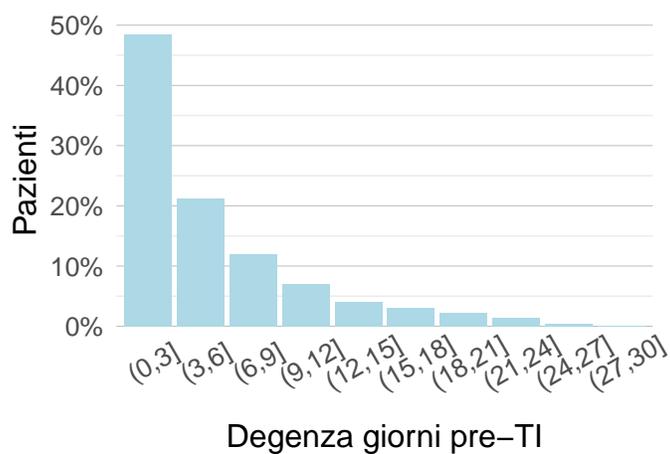
Sesso	N	%
Maschio	3507	69.8
Femmina	1518	30.2
Missing	13	0

### 8.2 Età



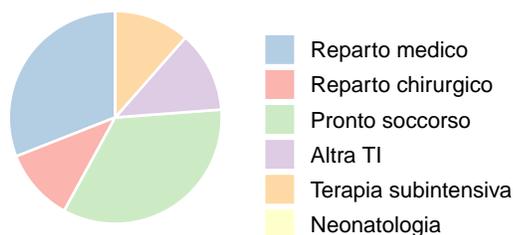
Range età	N	%
<17	20	0.4
17-45	484	9.6
46-65	1845	36.6
66-75	1710	33.9
>75	979	19.4
Missing	0	0

## 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



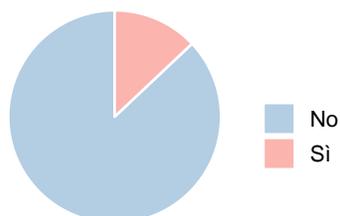
Indicatore	Valore
Media	5.9
DS	11.6
Mediana	2
Q1-Q3	0-6
Missing	4

## 8.4 Provenienza ( reparto )



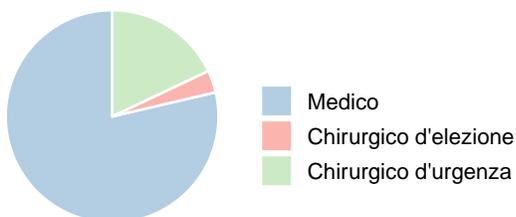
Provenienza	N	%
Reparto medico	1555	31.0
Reparto chirurgico	556	11.1
Pronto soccorso	1715	34.1
Altra TI	620	12.3
Terapia subintensiva	576	11.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	16	0

## 8.5 Trauma



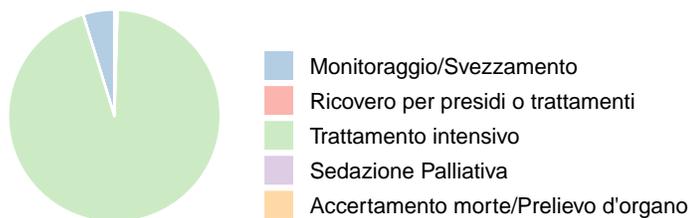
Trauma	N	%
No	4385	87.0
Sì	653	13.0
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	3962	78.7
Chirurgico d'elezione	170	3.4
Chirurgico d'urgenza	905	18.0
Missing	1	0

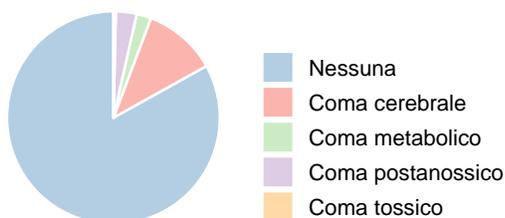
## 8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	240	4.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

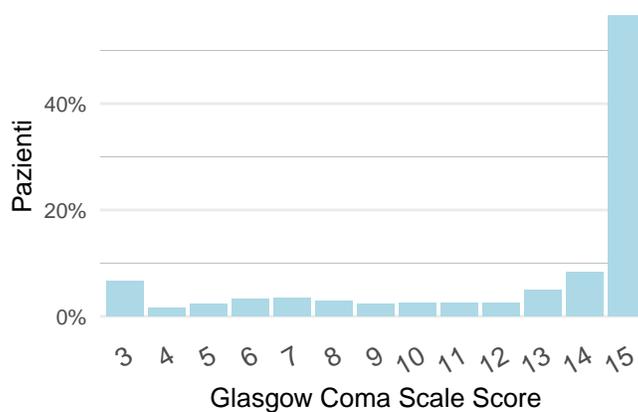
Trattamento intensivo	4773	94.8
Sedazione Palliativa	9	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	15	0.3
Missing	1	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



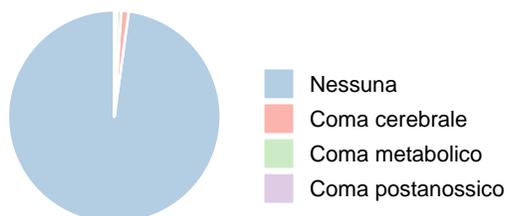
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3477	83.1
Coma cerebrale	468	11.2
Coma metabolico	93	2.2
Coma postanossico	132	3.2
Coma tossico	15	0.4
Missing	853	0

## 8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



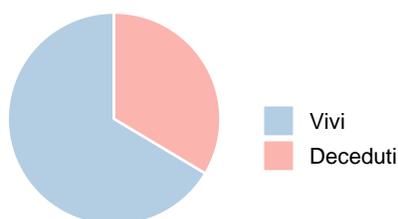
Indicatore	Valore
Media	10.4
DS	4.0
Mediana	13
Q1-Q3	8-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



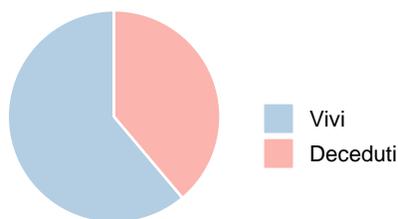
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4929	97.8
Coma cerebrale	57	1.1
Coma metabolico	31	0.6
Coma postanossico	21	0.4
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3340	66.4
Deceduti	1688	33.6
Missing	10	0

## 8.12 Mortalità ospedaliera \*

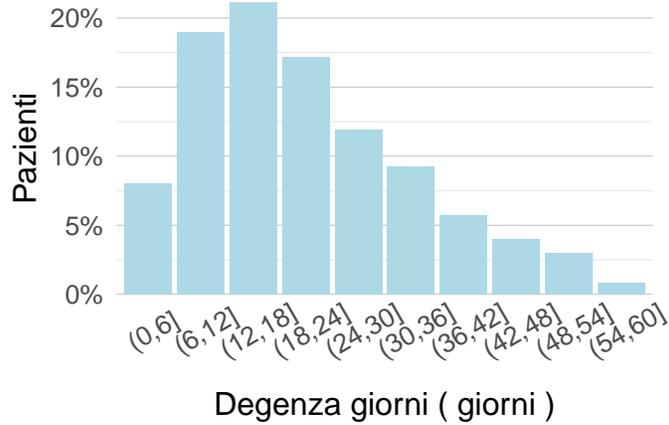


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	2970	61.1

Deceduti	1888	38.9
Missing	41	0

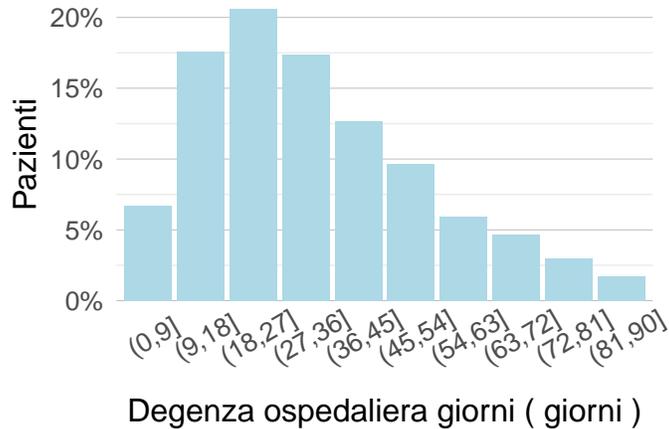
\* Statistiche calcolate su 4899 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 139 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.4 (18.0)
Mediana (Q1-Q3)	20 (12-32)
Missing	9

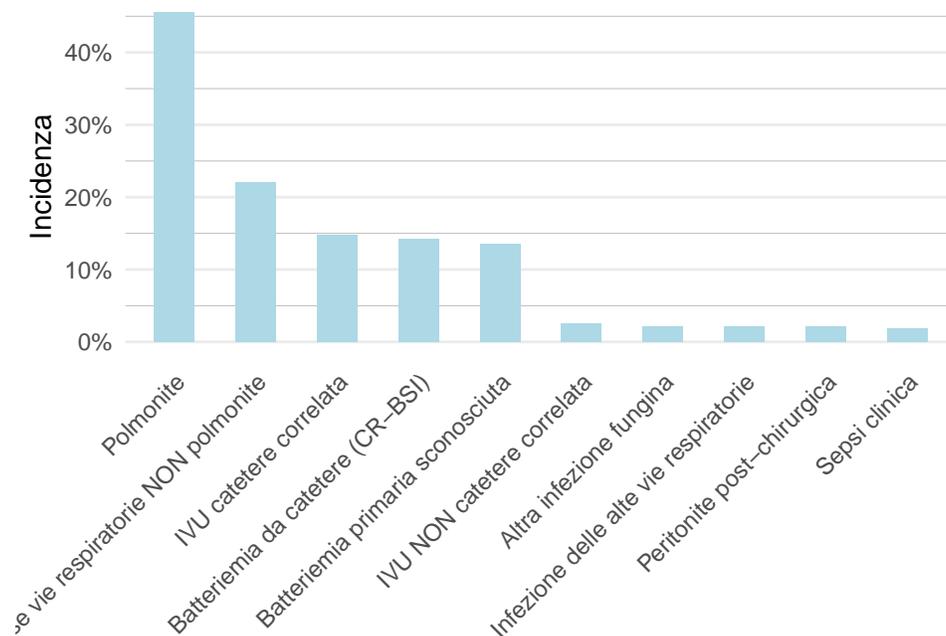
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.8 (27.9)
Mediana (Q1-Q3)	31 (19-49)
Missing	42

\* Statistiche calcolate su 4899 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 139 ).

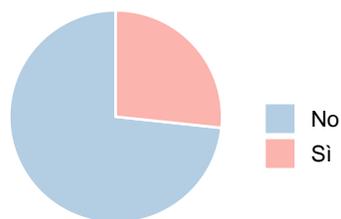
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	2299	45.6
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	1109	22.0
IVU catetere correlata	747	14.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	714	14.2
Batteriemia primaria sconosciuta	680	13.5
IVU NON catetere correlata	126	2.5
Altra infezione fungina	112	2.2
Infezione delle alte vie respiratorie	106	2.1
Peritonite post-chirurgica	105	2.1
Sepsi clinica	95	1.9
Missing	0	NA

## 8.16 Infezione multisito



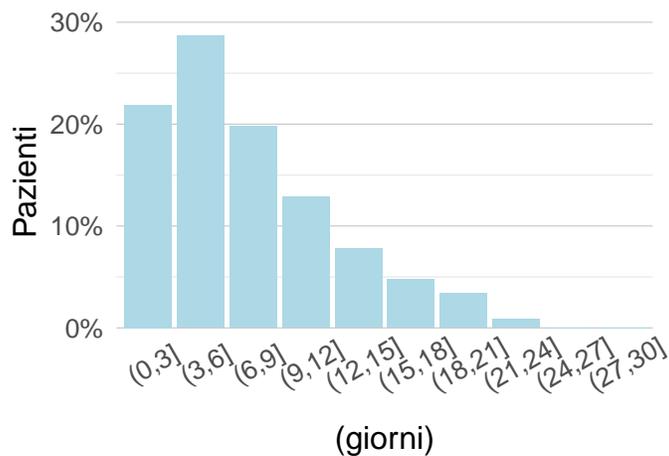
Infezione multisito	N	%
No	3694	73.3
Si	1344	26.7
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	6518
Numero totale di microrganismi isolati	7665

\* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.7
DS	8.0
Mediana	7
Q1-Q3	4-11
Missing	18

## 8.19 Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2

Indicatore	Incidenza 1	Incidenza 2
Stima	69.18	17.94
CI ( 95% )	24.92 - 26.36	17.45 - 18.45

È possibile calcolare due indicatori di incidenza per le infezioni in degenza, completati con i rispettivi intervalli di confidenza al 95%.

Il primo:

$$\text{Incidenza infezioni in degenza 1} = \frac{\text{Numero di pazienti con infezioni in degenza}}{\text{Giornate di degenza pre-infezione}} \times 1000$$

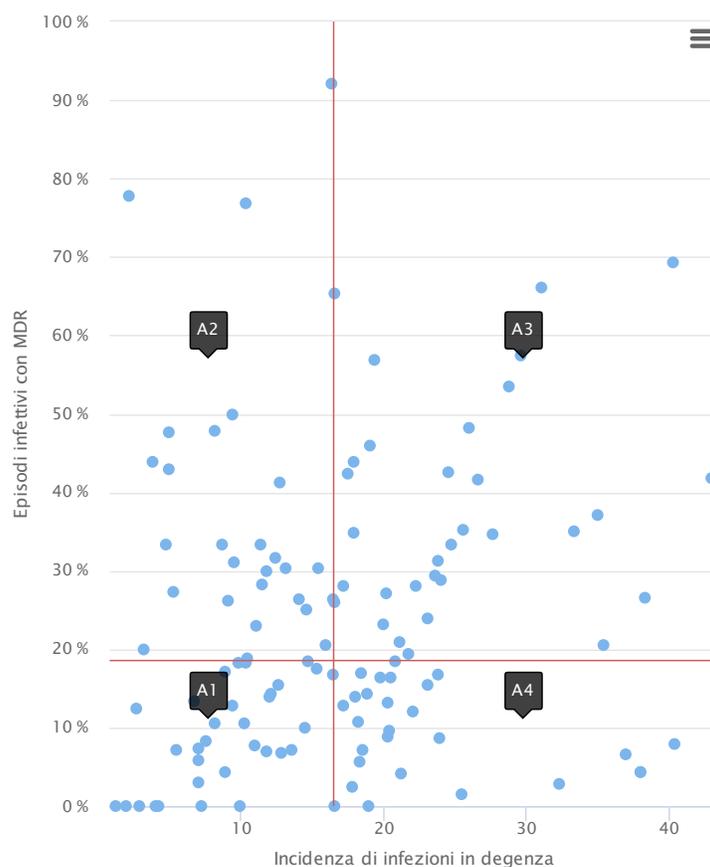
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza tra la data di insorgenza dell'infezione e la data di ingresso in TI se il paziente è infetto.

Il secondo:

$$\text{Incidenza infezioni in degenza 2} = \frac{\text{Numero di pazienti con infezioni in degenza}}{(\text{Giornate di degenza pre-infezione})/7} \times 100$$

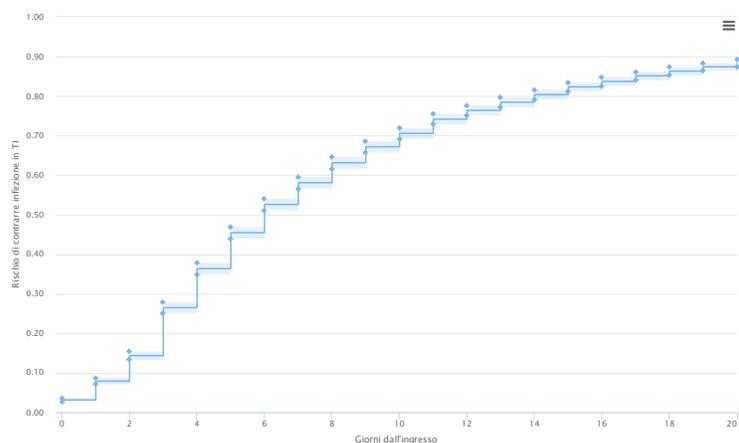
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

## 8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

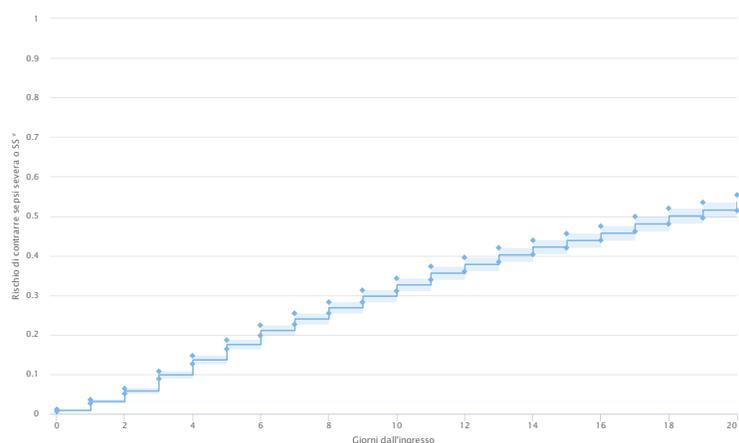


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali, mentre i centri rossi rappresentano le TI incluse nell'analisi. Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza dei valori mediani nazionali e delineano 4 aree. L'area **A1** identifica i centri che sembrano praticare un'efficace prevenzione delle infezioni e una buona gestione dell'antibiotico terapia. Per contro a cadere nell'area **A4** sono i centri che, osservando un'elevata incidenza di infezioni in degenza ed un'alta percentuale di multiresistenze, paiono non riuscire a controllare efficacemente i fenomeni. È bene sottolineare che ad influire notevolmente su tali statistiche sono i case-mix delle TI. È pertanto importante valutare con estrema cautela tale grafico e tenere in considerazione che quella appena fornita è solo una delle tante possibili chiavi di lettura.

**Rischio di contrarre infezione in TI**



### di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



due grafici sovrastanti mostrano le curve di rischio di contrarre infezione e sepsi/shock settico in TI all'aumentare dei giorni trascorsi in reparto. Come è logico, il rischio aumenta all'aumentare della degenza del paziente.

Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 79% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

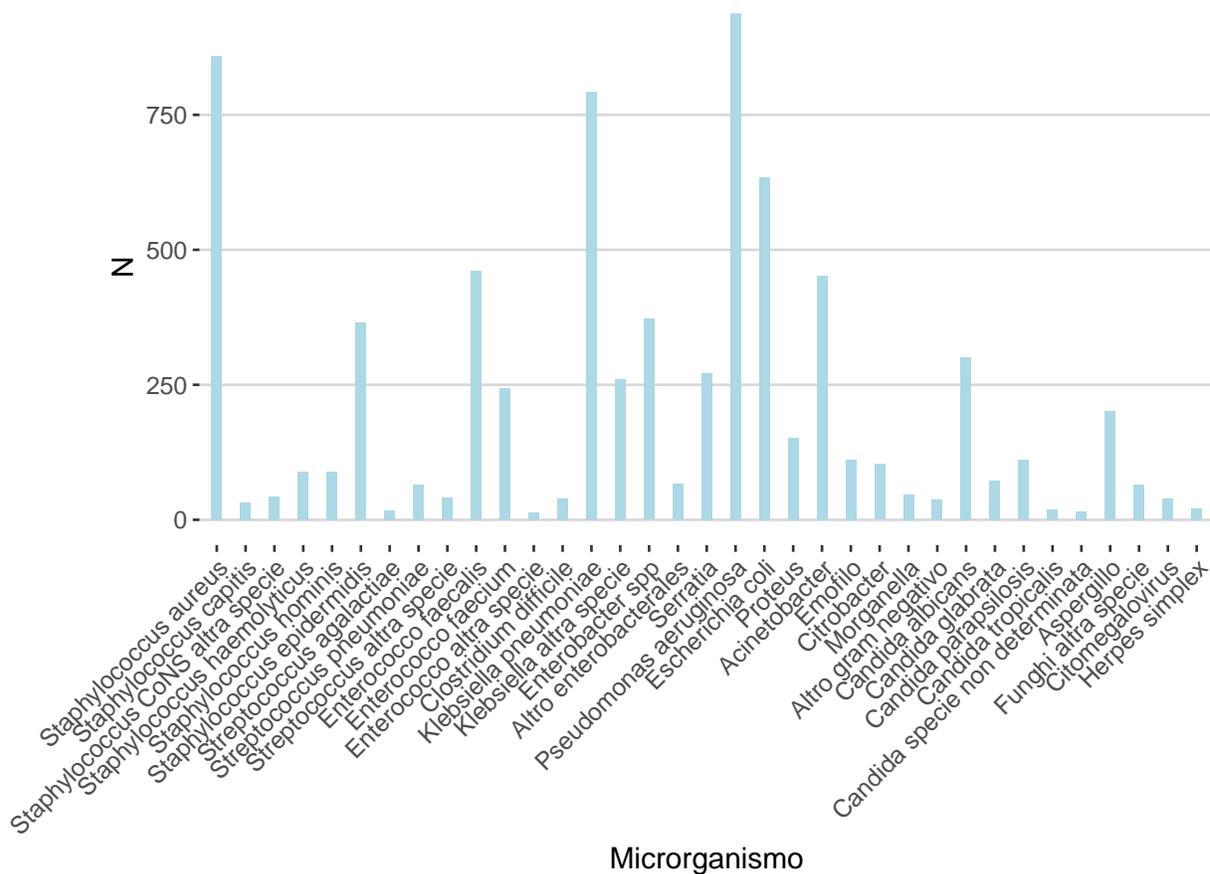
### 8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	462	7.1
Sì	6021	92.9
Missing	35	

**Totale infezioni 6518**  
**Totale microrganismi isolati 7665**

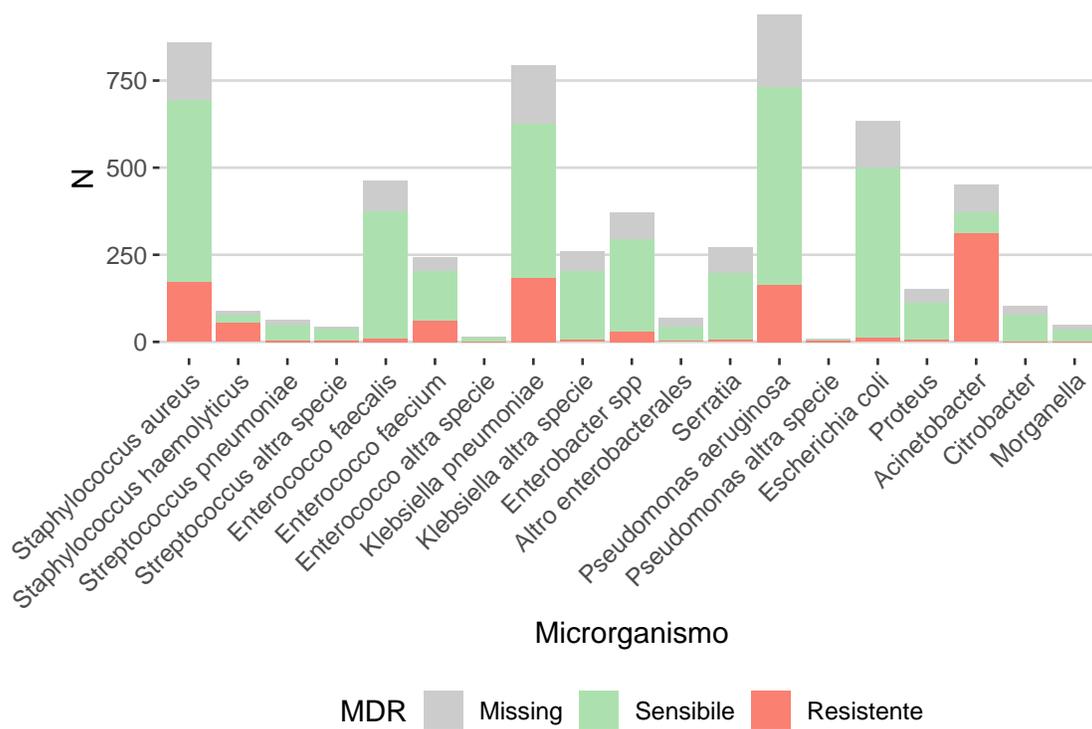
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	859	14.2	695	171	24.6
Staphylococcus capitis	32	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	44	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	89	1.5	77	54	70.1
Staphylococcus hominis	89	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	7	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	366	6.1	0	0	0
Pyogens	6	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	18	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	65	1.1	48	4	8.3
Streptococcus altra specie	42	0.7	38	4	10.5
Enterococco faecalis	462	7.6	373	10	2.7
Enterococco faecium	244	4.0	203	61	30
Enterococco altra specie	14	0.2	11	1	9.1

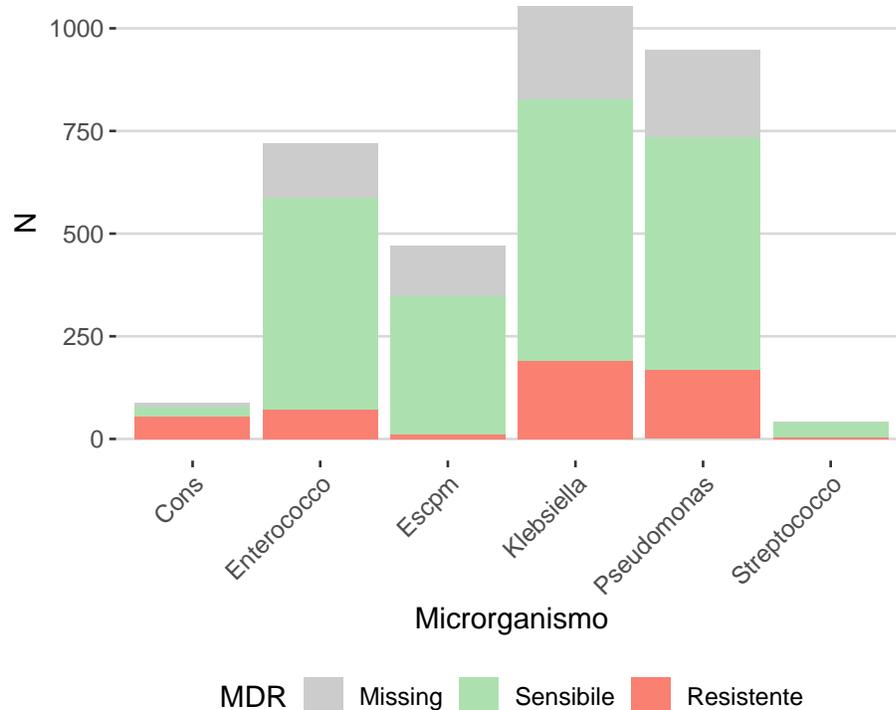
Clostridium difficile	39	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>2379</b>	<b>39.4</b>	<b>1445</b>	<b>305</b>	<b>21.1</b>
Klebsiella pneumoniae	793	13.1	625	184	29.4
Klebsiella altra specie	261	4.3	202	5	2.5
Enterobacter spp	372	6.2	294	29	9.9
Altro enterobacterales	68	1.1	43	2	4.7
Serratia	272	4.5	199	5	2.5
Pseudomonas aeruginosa	938	15.5	729	164	22.5
Pseudomonas altra specie	9	0.1	7	3	42.9
Escherichia coli	634	10.5	499	11	2.2
Proteus	152	2.5	113	5	4.4
Acinetobacter	452	7.5	370	311	84.1
Emofilo	111	1.8	0	0	0
Legionella	3	0.0	0	0	0
Citrobacter	103	1.7	76	1	1.3
Morganella	47	0.8	35	1	2.9
Providencia	6	0.1	0	0	0
Clamidia	3	0.0	0	0	0
Altro gram negativo	37	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>4261</b>	<b>70.5</b>	<b>3192</b>	<b>721</b>	<b>22.6</b>
Candida albicans	301	5.0	0	0	0
Candida auris	3	0.0	0	0	0
Candida glabrata	72	1.2	0	0	0
Candida krusei	8	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	111	1.8	0	0	0
Candida tropicalis	20	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	16	0.3	0	0	0
Candida altra specie	14	0.2	0	0	0
Aspergillo	201	3.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.0	0	0	0
Funghi altra specie	66	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>814</b>	<b>13.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.0			
Citomegalovirus	39	0.6			
Herpes simplex	21	0.3			
Altro Virus	5	0.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>66</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	5	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.0	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>6</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Mycobacterium tuberculosis ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	89	77	23	54	70.13	12
Enterococco	720	587	515	72	12.27	133
Escpm	471	347	336	11	3.17	124
Klebsiella	1054	827	638	189	22.85	227
Pseudomonas	947	736	569	167	22.69	211
Streptococco	42	38	34	4	10.53	4

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 8.21.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

Klebsiella pneumoniae	615	Ertapenem	155	25.20
Klebsiella pneumoniae	623	Meropenem	160	25.68
Klebsiella altra specie	201	Ertapenem	5	2.49
Klebsiella altra specie	202	Meropenem	3	1.49
Citrobacter	74	Ertapenem	1	1.35
Enterobacter spp	289	Ertapenem	29	10.03
Enterobacter spp	290	Meropenem	4	1.38
Altro enterobacterales	43	Ertapenem	1	2.33
Altro enterobacterales	43	Meropenem	1	2.33
Escherichia coli	487	Ertapenem	11	2.26
Escherichia coli	497	Meropenem	5	1.01
Morganella	35	Ertapenem	1	2.86
Proteus	109	Ertapenem	5	4.59
Proteus	112	Meropenem	1	0.89
Serratia	195	Ertapenem	5	2.56
Serratia	198	Meropenem	2	1.01
Acinetobacter	368	Imipenem	264	71.74
Acinetobacter	369	Meropenem	308	83.47
Pseudomonas aeruginosa	702	Imipenem	146	20.80
Pseudomonas aeruginosa	728	Meropenem	113	15.52
Pseudomonas altra specie	7	Imipenem	2	28.57
Pseudomonas altra specie	7	Meropenem	3	42.86
Staphylococcus haemolyticus	77	Meticillina	54	70.13
Staphylococcus aureus	695	Meticillina	171	24.60
Streptococcus pneumoniae	48	Penicillina	4	8.33
Streptococcus altra specie	38	Penicillina	4	10.53
Enterococco faecalis	373	Vancomicina	10	2.68
Enterococco faecium	203	Vancomicina	61	30.05
Enterococco altra specie	11	Vancomicina	1	9.09

### 8.21.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti in degenza

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	178	10.63
No	290	17.32
Non testato	1206	72.04

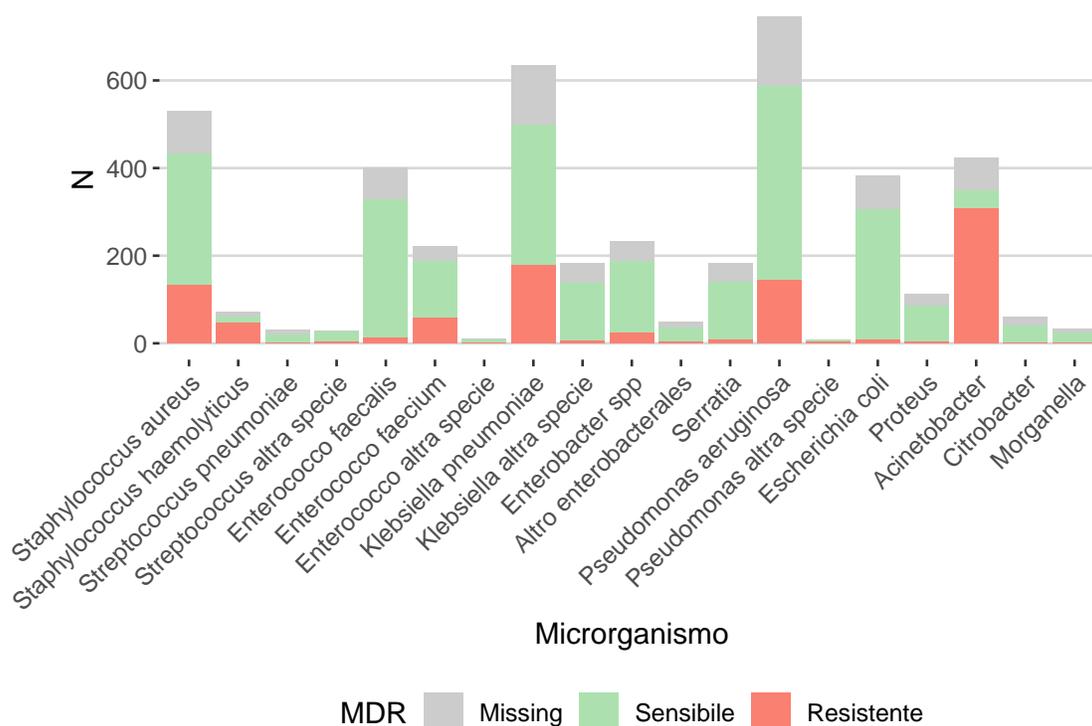
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	9	4.0	413	1259
kpc	144	63.4	346	1217
ndm	29	12.8	406	1253
oxa	20	8.8	406	1259



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	530	13.2	432	133	30.8
Staphylococcus capitis	30	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	32	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	72	1.8	60	47	78.3
Staphylococcus hominis	73	1.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	304	7.6	0	0	0
Pyogens	2	0.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	12	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	32	0.8	19	2	10.5
Streptococcus altra specie	29	0.7	26	3	11.5
Enterococco faecalis	401	10.0	328	12	3.7
Enterococco faecium	222	5.5	187	57	30.5
Enterococco altra specie	11	0.3	9	1	11.1
Clostridium difficile	28	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>1782</b>	<b>44.4</b>	<b>1061</b>	<b>255</b>	<b>24</b>
Klebsiella pneumoniae	635	15.8	499	177	35.5
Klebsiella altra specie	182	4.5	138	5	3.6
Enterobacter spp	234	5.8	187	24	12.8
Altro enterobacterales	50	1.2	35	3	8.6
Serratia	184	4.6	140	8	5.7
Pseudomonas aeruginosa	746	18.6	587	143	24.4
Pseudomonas altra specie	8	0.2	7	4	57.1
Escherichia coli	383	9.5	306	9	2.9
Proteus	111	2.8	86	3	3.5
Acinetobacter	424	10.6	349	307	88
Emofilo	38	0.9	0	0	0
Legionella	1	0.0	0	0	0
Citrobacter	60	1.5	41	1	2.4
Morganella	33	0.8	24	1	4.2
Providencia	7	0.2	0	0	0
Clamidia	3	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	25	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>3124</b>	<b>77.8</b>	<b>2399</b>	<b>685</b>	<b>28.6</b>
Candida albicans	271	6.7	0	0	0
Candida glabrata	59	1.5	0	0	0
Candida krusei	6	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	104	2.6	0	0	0
Candida tropicalis	16	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	14	0.3	0	0	0
Candida altra specie	11	0.3	0	0	0
Aspergillo	208	5.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.0	0	0	0
Funghi altra specie	50	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>741</b>	<b>18.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	53	1.3			
Herpes simplex	24	0.6			

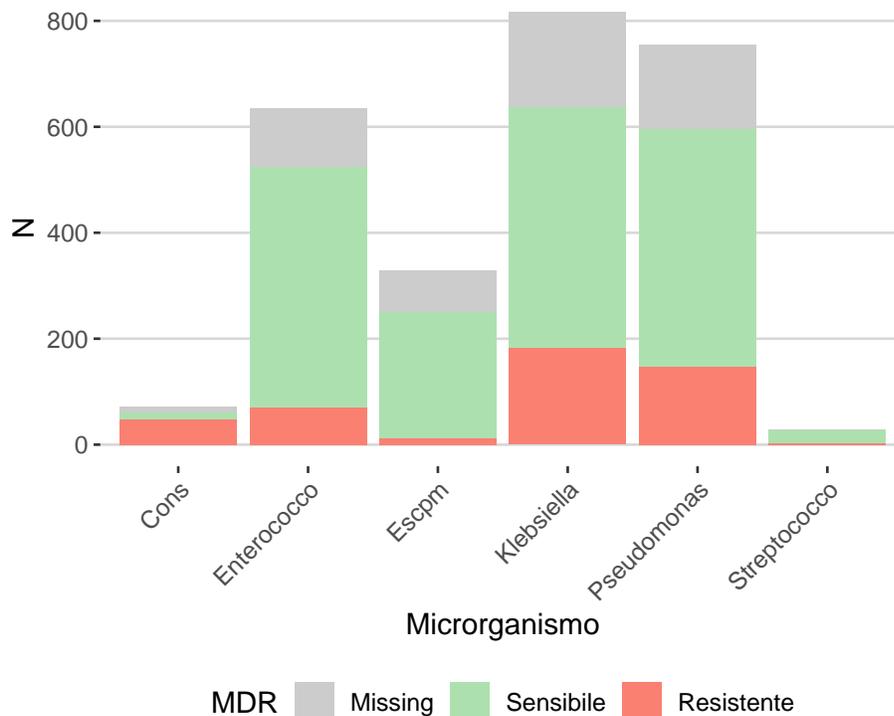
Altro Virus	6	0.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>83</b>	<b>2.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	5	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.0	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>7</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 9.1.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	72	60	13	47	78.33	12
Enterococco	634	524	454	70	13.36	110
Escpm	328	250	238	12	4.80	78
Klebsiella	817	637	455	182	28.57	180
Pseudomonas	754	594	447	147	24.75	160
Streptococco	29	26	23	3	11.54	3

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

### 9.1.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	552	Ertapenem	166	30.07
Klebsiella pneumoniae	564	Meropenem	169	29.96
Klebsiella altra specie	160	Ertapenem	5	3.12
Klebsiella altra specie	162	Meropenem	4	2.47
Citrobacter	52	Ertapenem	1	1.92
Enterobacter spp	220	Ertapenem	27	12.27
Enterobacter spp	219	Meropenem	3	1.37
Altro enterobacterales	41	Ertapenem	2	4.88
Altro enterobacterales	41	Meropenem	1	2.44
Escherichia coli	412	Ertapenem	10	2.43
Escherichia coli	416	Meropenem	3	0.72
Morganella	32	Ertapenem	1	3.12
Proteus	106	Ertapenem	3	2.83
Proteus	108	Meropenem	1	0.93
Serratia	156	Ertapenem	8	5.13
Serratia	158	Meropenem	2	1.27
Acinetobacter	387	Imipenem	268	69.25
Acinetobacter	387	Meropenem	335	86.56
Pseudomonas aeruginosa	645	Imipenem	153	23.72
Pseudomonas aeruginosa	658	Meropenem	117	17.78
Pseudomonas altra specie	10	Imipenem	2	20.00
Pseudomonas altra specie	10	Meropenem	5	50.00
Staphylococcus haemolyticus	77	Meticillina	59	76.62
Staphylococcus aureus	561	Meticillina	163	29.06
Streptococcus pneumoniae	44	Penicillina	3	6.82
Streptococcus altra specie	41	Penicillina	4	9.76
Enterococco faecalis	401	Vancomicina	16	3.99
Enterococco faecium	225	Vancomicina	70	31.11
Enterococco altra specie	11	Vancomicina	1	9.09

### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

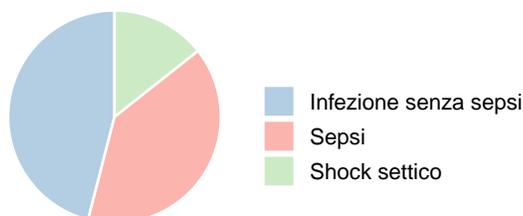
	N	%
Sì	192	10.21
No	319	16.96
Non testato	1370	72.83

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	13	5.0	451	1441
kpc	155	59.4	388	1391
ndm	35	13.4	443	1434

oxa	26	10.0	443	1440
vim	32	12.3	440	1437

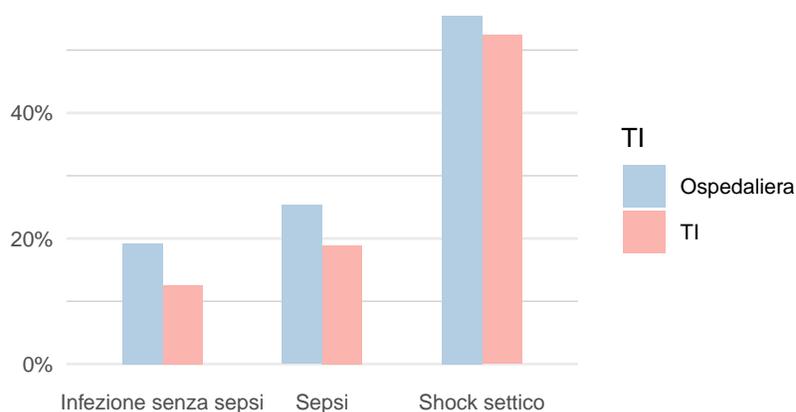
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 1861)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	856	46.0
Sepsi	738	39.7
Shock settico	267	14.3
Missing	0	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



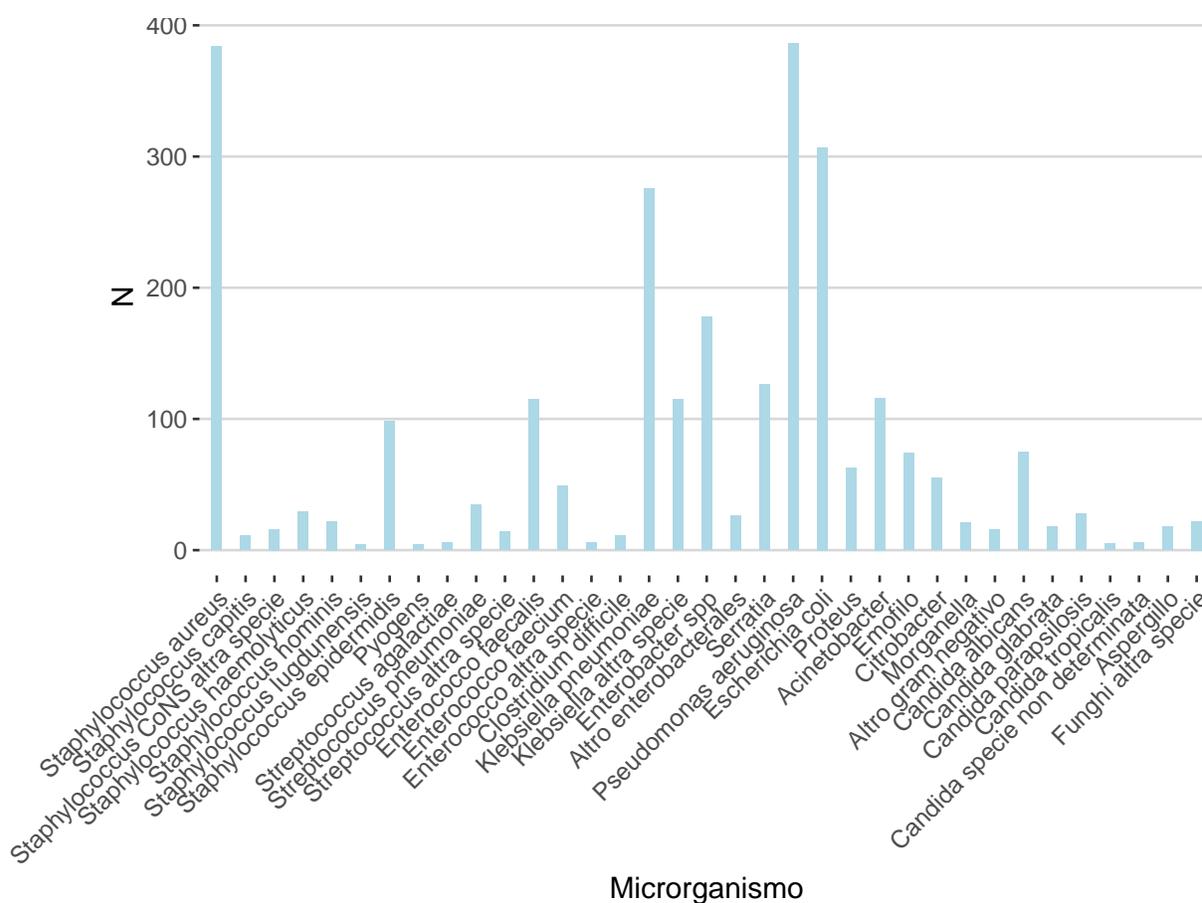
Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	12.6	19.2
Sepsi	18.9	25.3
Shock settico	52.4	55.5

### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	251	10.4
Sì	2174	89.6
Missing	17	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2442</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>2806</b>	

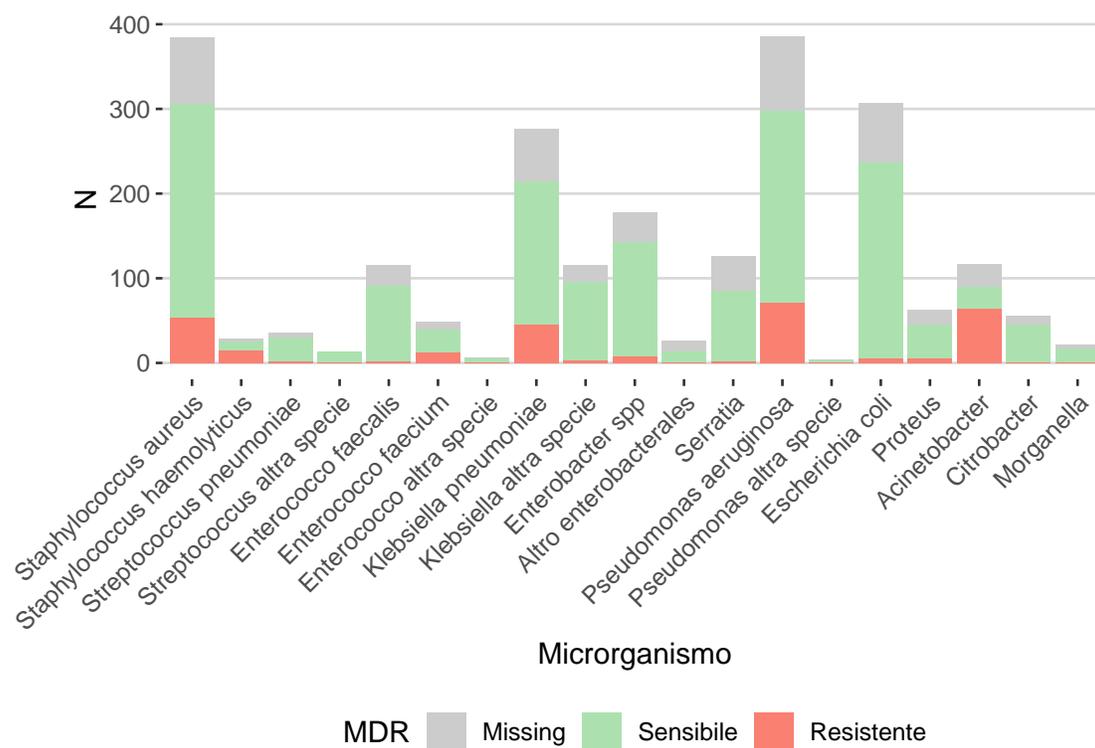
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	384	19.0	306	54	17.6
Staphylococcus capitis	11	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	16	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	29	1.4	25	15	60
Staphylococcus hominis	22	1.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	98	4.8	0	0	0

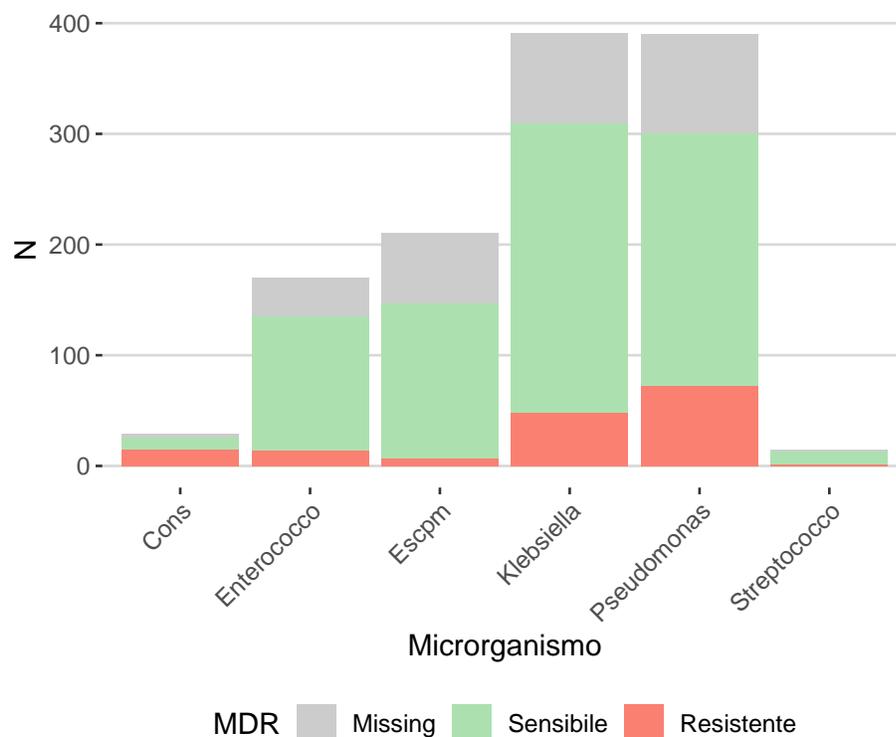
Pyogens	4	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	35	1.7	30	2	6.7
Streptococcus altra specie	14	0.7	13	1	7.7
Enterococco faecalis	115	5.7	91	2	2.2
Enterococco faecium	49	2.4	39	12	30.8
Enterococco altra specie	6	0.3	5	0	0
Clostridium difficile	11	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>806</b>	<b>39.8</b>	<b>509</b>	<b>86</b>	<b>16.9</b>
Klebsiella pneumoniae	276	13.6	214	45	21
Klebsiella altra specie	115	5.7	95	3	3.2
Enterobacter spp	178	8.8	142	8	5.6
Altro enterobacterales	26	1.3	14	0	0
Serratia	126	6.2	85	2	2.4
Pseudomonas aeruginosa	386	19.1	297	71	23.9
Pseudomonas altra specie	4	0.2	3	1	33.3
Escherichia coli	307	15.2	236	5	2.1
Proteus	63	3.1	45	5	11.1
Acinetobacter	116	5.7	89	64	71.9
Emofilo	74	3.7	0	0	0
Legionella	2	0.1	0	0	0
Citrobacter	55	2.7	45	0	0
Morganella	21	1.0	17	0	0
Providencia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	16	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1769</b>	<b>87.4</b>	<b>1282</b>	<b>204</b>	<b>15.9</b>
Candida albicans	75	3.7	0	0	0
Candida auris	3	0.1	0	0	0
Candida glabrata	18	0.9	0	0	0
Candida krusei	3	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	28	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	6	0.3	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	18	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.0	0	0	0
Funghi altra specie	22	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>182</b>	<b>9.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.0			
Citomegalovirus	4	0.2			
Herpes simplex	4	0.2			
Altro Virus	1	0.0			
<b>Totale Virus</b>	<b>10</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clamidia, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	29	25	10	15	60.00	4
Enterococco	170	135	121	14	10.37	35
Escpm	210	147	140	7	4.76	63
Klebsiella	391	309	261	48	15.53	82
Pseudomonas	390	300	228	72	24.00	90
Streptococco	14	13	12	1	7.69	1

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 10.3.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti solo in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

Klebsiella pneumoniae	211	Ertapenem	36	17.06
Klebsiella pneumoniae	212	Meropenem	42	19.81
Klebsiella altra specie	95	Ertapenem	3	3.16
Klebsiella altra specie	95	Meropenem	1	1.05
Enterobacter spp	140	Ertapenem	8	5.71
Enterobacter spp	141	Meropenem	2	1.42
Escherichia coli	228	Ertapenem	5	2.19
Escherichia coli	235	Meropenem	3	1.28
Proteus	42	Ertapenem	5	11.90
Serratia	83	Ertapenem	2	2.41
Serratia	84	Meropenem	1	1.19
Acinetobacter	87	Imipenem	57	65.52
Acinetobacter	88	Meropenem	63	71.59
Pseudomonas aeruginosa	285	Imipenem	61	21.40
Pseudomonas aeruginosa	295	Meropenem	48	16.27
Pseudomonas altra specie	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus haemolyticus	25	Meticillina	15	60.00
Staphylococcus aureus	306	Meticillina	54	17.65
Streptococcus pneumoniae	30	Penicillina	2	6.67
Streptococcus altra specie	13	Penicillina	1	7.69
Enterococco faecalis	91	Vancomicina	2	2.20
Enterococco faecium	39	Vancomicina	12	30.77

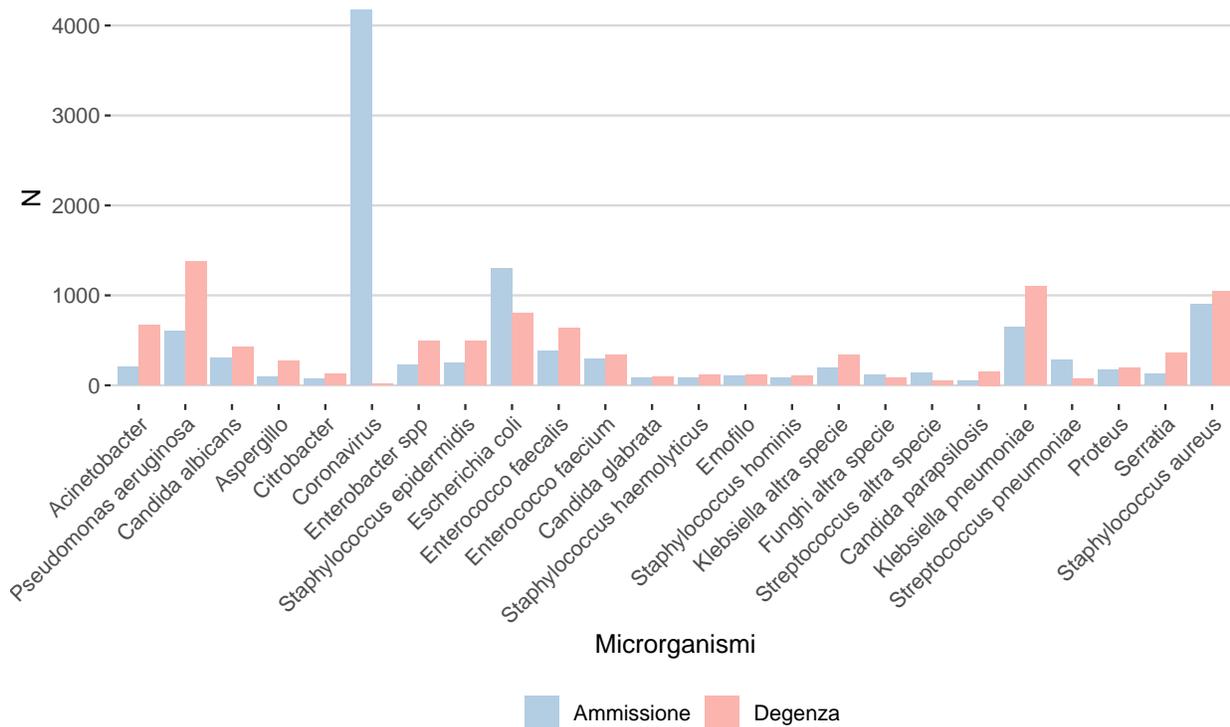
### 10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	32	5.05
No	98	15.46
Non testato	504	79.50

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	6.5	115	522
kpc	19	41.3	111	513
ndm	12	26.1	110	521
oxa	5	10.9	114	522
vim	7	15.2	114	521

## 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microorganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	880	207	23.5	673	76.5
Pseudomonas aeruginosa	1977	600	30.3	1377	69.7
Candida albicans	732	306	41.8	426	58.2
Aspergillo	362	95	26.2	267	73.8
Citrobacter	204	72	35.3	132	64.7
Coronavirus	4193	4175	99.6	18	0.4
Enterobacter spp	721	224	31.1	497	68.9
Staphylococcus epidermidis	741	254	34.3	487	65.7
Escherichia coli	2108	1304	61.9	804	38.1
Enterococco faecalis	1013	377	37.2	636	62.8
Enterococco faecium	634	292	46.1	342	53.9
Candida glabrata	173	83	48	90	52
Staphylococcus haemolyticus	206	85	41.3	121	58.7
Emofilo	218	102	46.8	116	53.2
Staphylococcus hominis	188	79	42	109	58
Klebsiella altra specie	532	193	36.3	339	63.7
Funghi altra specie	198	118	59.6	80	40.4
Streptococcus altra specie	196	143	73	53	27
Candida parapsilosis	200	45	22.5	155	77.5
Klebsiella pneumoniae	1740	643	37	1097	63
Streptococcus pneumoniae	359	285	79.4	74	20.6
Proteus	376	177	47.1	199	52.9
Serratia	486	126	25.9	360	74.1

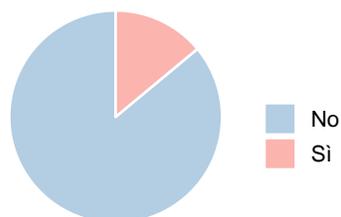
---

Staphylococcus aureus	1939	896	46.2	1043	53.8
-----------------------	------	-----	------	------	------

---

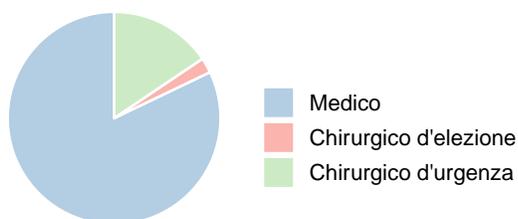
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 2299)

### 11.1 Trauma



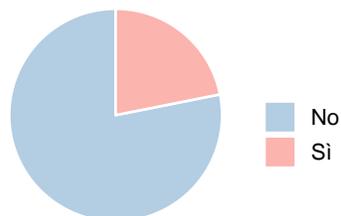
Trauma	N	%
No	1978	86.0
Si	321	14.0
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



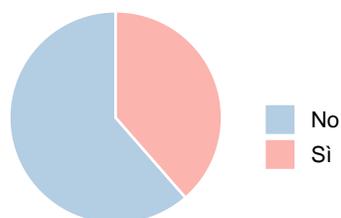
Stato chirurgico	N	%
Medico	1888	82.1
Chirurgico d'elezione	53	2.3
Chirurgico d'urgenza	358	15.6
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



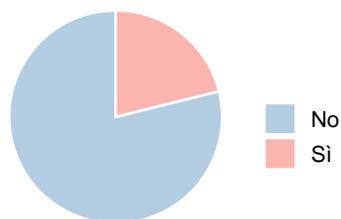
Batteriemica	N	%
No	1772	78.1
Sì	496	21.9
Missing	14	0

#### 11.4 Infezioni multisito



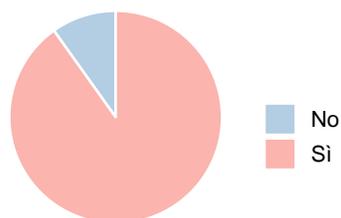
Infezione multisito	N	%
No	1412	61.4
Sì	887	38.6
Missing	0	0

#### 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	1781	78.9
Sì	477	21.1
Missing	24	0

#### 11.6 Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) \*

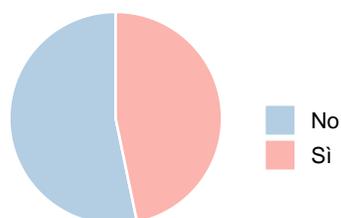


Polmonite associata a VAP	N	%
No	226	9.9
Sì	2066	90.1
Missing	7	0

\* VAP: polmonite associata a ventilazione invasiva ( polmonite con esordio successivo al secondo giorno di ventilazione o sviluppata entro i due giorni dal termine della ventilazione ).

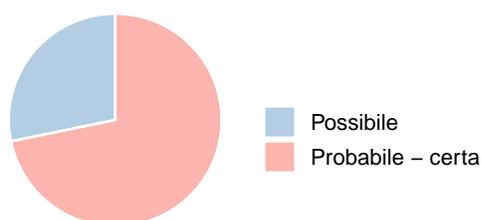
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 2066)

### 12.1 VAP precoce



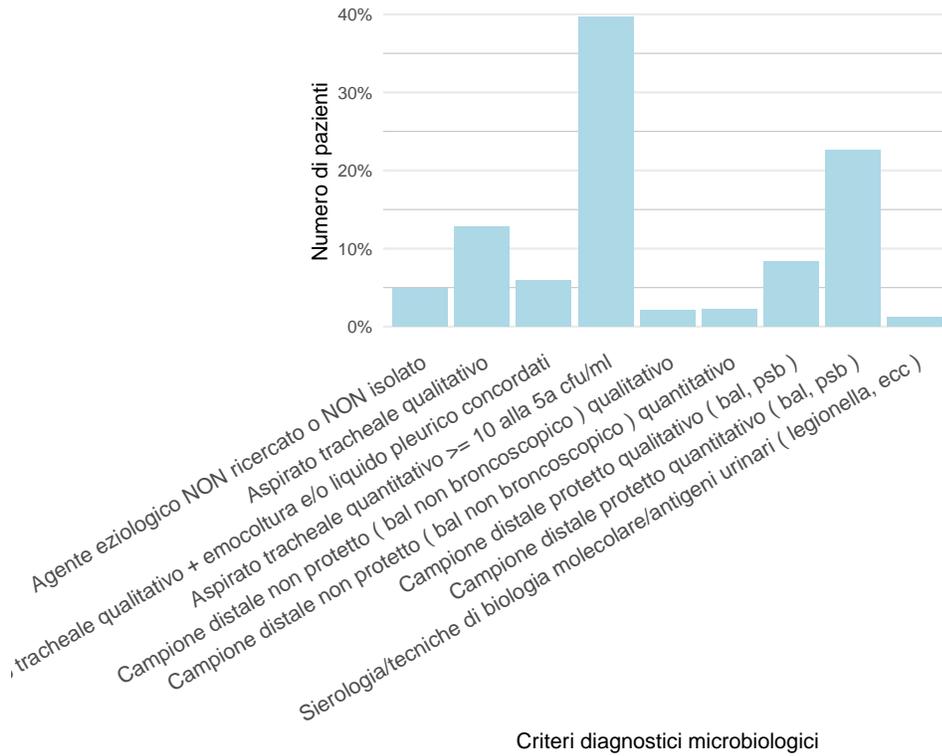
VAP precoce	N	%
No	1100	53.2
Sì	966	46.8
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



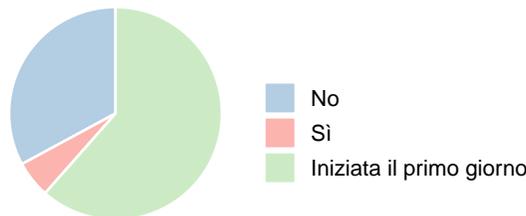
Diagnosi	N	%
Possibile	574	28.2
Probabile - certa	1460	71.8
Missing	16	0

### 12.3 Criteri diagnostici microbiologici



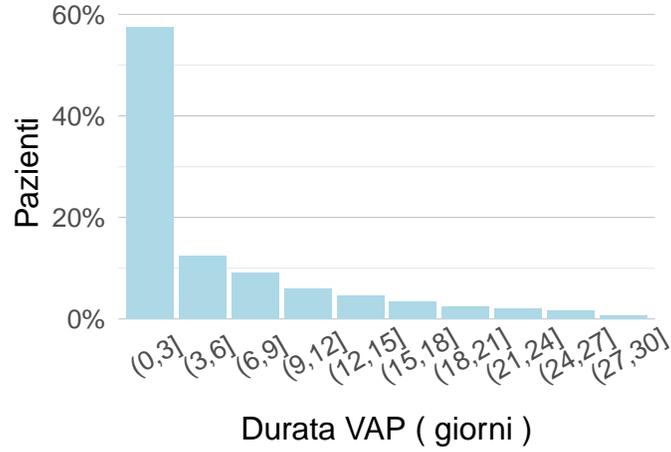
### 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 34030 )

#### 12.4.1 Ventilazione invasiva



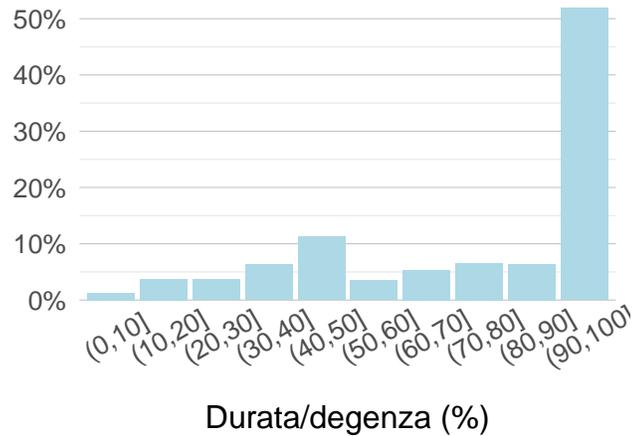
Ventilazione invasiva	N	%
No	11180	32.9
Sì	22799	67.1
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>20899</b>	<b>61.4</b>
Missing	51	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.7 (12.3)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-10)
Missing	21

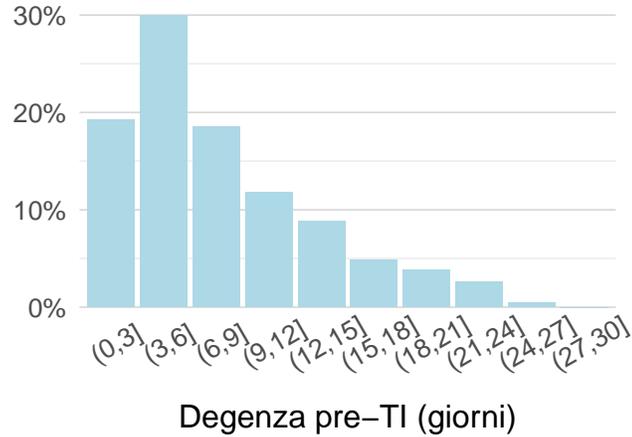
12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	77.0 (28.1)
Mediana (Q1-Q3)	93.3 (50-100)

Missing 38

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	2066
Media (DS)	9.7 (8.4)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-12)
Missing	0

## 12.6 Indicatori di incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP 1 (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP)	Incidenza VAP 2 (Paz. con VAP/paz. ventilati per 8 gg.)
Stima	14.72	11.78
CI ( 95% )	14.09 - 15.37	11.28 - 12.3

È possibile calcolare due indicatori di incidenza per i casi di VAP.

Il primo:

$$\text{Incidenza VAP}^1 = \frac{\text{Numero di pazienti con VAP in degenza}}{\text{Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP}} \times 1000$$

dove la variabile *Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP* è pari alla somma delle giornate di ventilazione meccanica pre-VAP di tutti i pazienti ammessi in reparto. È pari alla durata totale della ventilazione meccanica per i pazienti che non sviluppano VAP e alla differenza tra la data di insorgenza della VAP e la data di inizio della ventilazione meccanica per i pazienti infetti. Sono esclusi dal denominatore i giorni di ventilazione meccanica dei pazienti dimessi o deceduti entro 2 giorni dall'inizio della ventilazione.

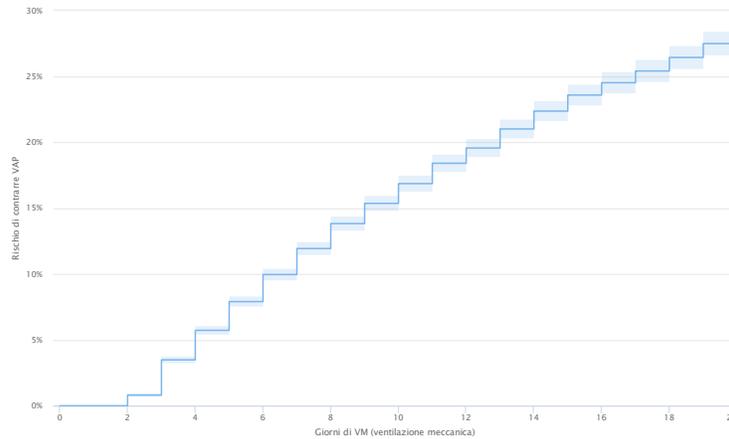
Il secondo invece:

$$\text{Incidenza VAP}^2 = \frac{\text{Numero di pazienti con VAP in degenza}}{(\text{Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP})/8} \times 100$$

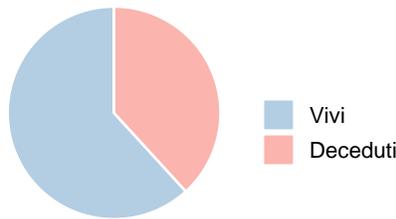
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti ventilati per 8 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?’*. Il cutoff di 8 giorni è stato stabilito per convenzione.

I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

**Rischio di contrarre VAP in TI**

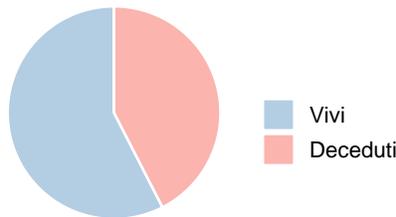


**12.7 Mortalità in TI**



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1276	61.8
Deceduti	789	38.2
Missing	1	0

**12.8 Mortalità ospedaliera \***

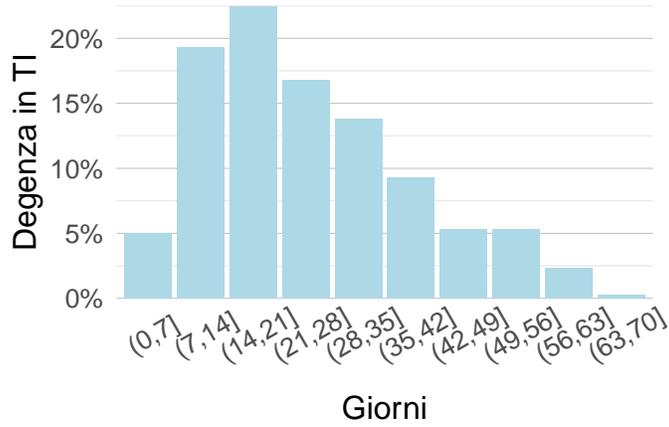


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1161	57.5

Deceduti	857	42.5
Missing	13	0

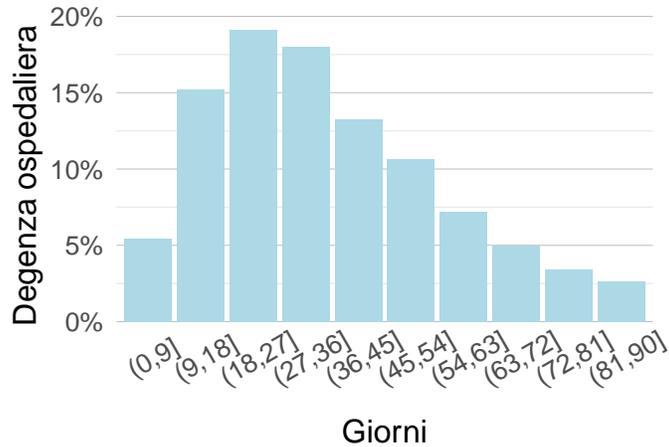
\* Statistiche calcolate su 2031 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 35 ).

### 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.6 (19.5)
Mediana (Q1-Q3)	24 (15-36.8)
Missing	0

### 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.2 (28.8)
Mediana (Q1-Q3)	33.5 (21-52)
Missing	13

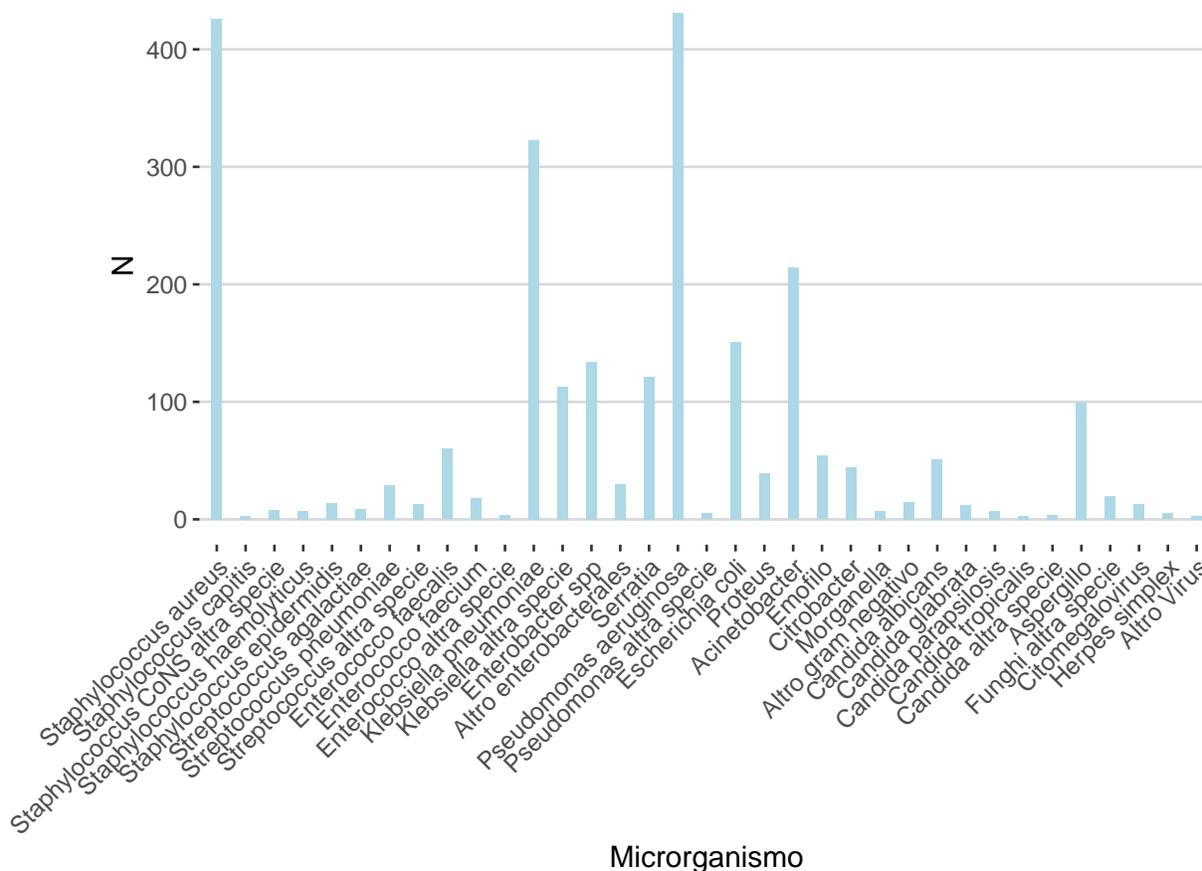
\* Statistiche calcolate su 2031 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 35 ).

### 12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	100	4.9
Sì	1939	95.1
Missing	11	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2050</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>2572</b>	

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.

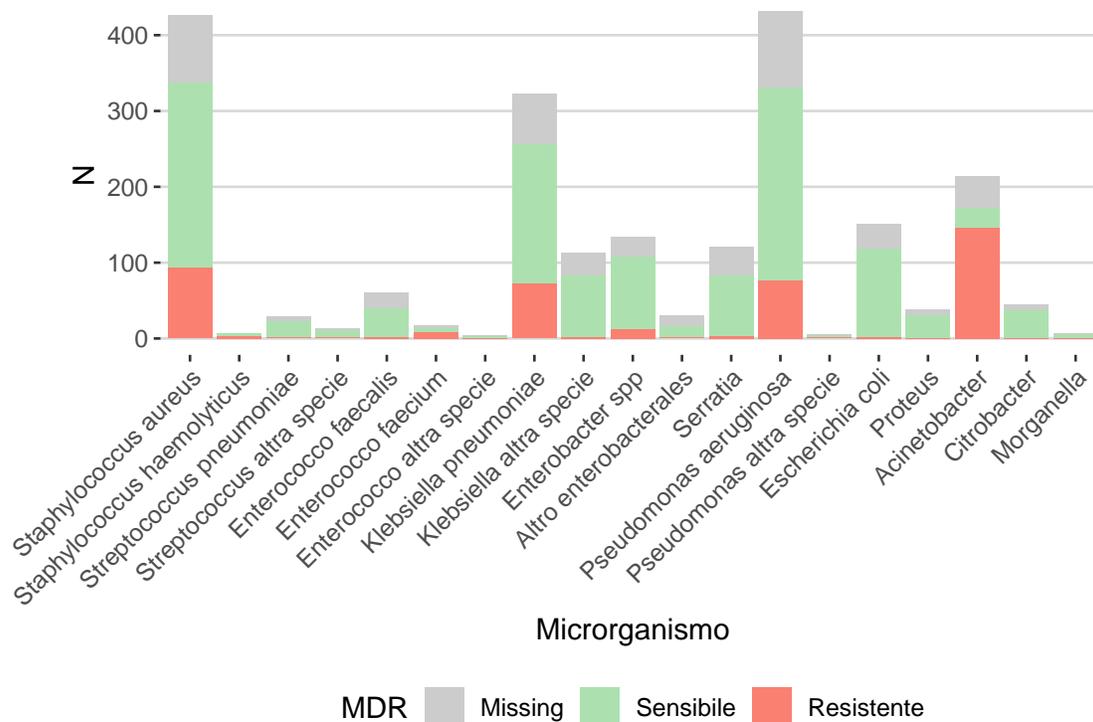


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	426	21.8	337	93	27.6
Staphylococcus capitis	3	0.2	0	0	0

Staphylococcus CoNS altra specie	8	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	0.4	6	3	50
Staphylococcus hominis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	0.7	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	9	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	29	1.5	22	1	4.5
Streptococcus altra specie	13	0.7	11	1	9.1
Enterococco faecalis	60	3.1	39	2	5.1
Enterococco faecium	18	0.9	13	8	61.5
Enterococco altra specie	4	0.2	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>596</b>	<b>30.5</b>	<b>431</b>	<b>108</b>	<b>25.1</b>
Klebsiella pneumoniae	323	16.5	256	72	28.1
Klebsiella altra specie	113	5.8	82	2	2.4
Enterobacter spp	134	6.9	108	12	11.1
Altro enterobacterales	30	1.5	16	1	6.2
Serratia	121	6.2	83	3	3.6
Pseudomonas aeruginosa	431	22.1	331	77	23.3
Pseudomonas altra specie	5	0.3	4	1	25
Escherichia coli	151	7.7	118	2	1.7
Proteus	39	2.0	30	0	0
Acinetobacter	214	11.0	172	146	84.9
Emofilo	54	2.8	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	44	2.3	37	0	0
Morganella	7	0.4	5	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Clamidia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	15	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1686</b>	<b>86.3</b>	<b>1242</b>	<b>316</b>	<b>25.4</b>
Candida albicans	51	2.6	0	0	0
Candida glabrata	12	0.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.2	0	0	0
Candida altra specie	4	0.2	0	0	0
Aspergillo	99	5.1	0	0	0
Funghi altra specie	20	1.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>197</b>	<b>10.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	13	0.7			
Herpes simplex	5	0.3			
Altro Virus	3	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>21</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

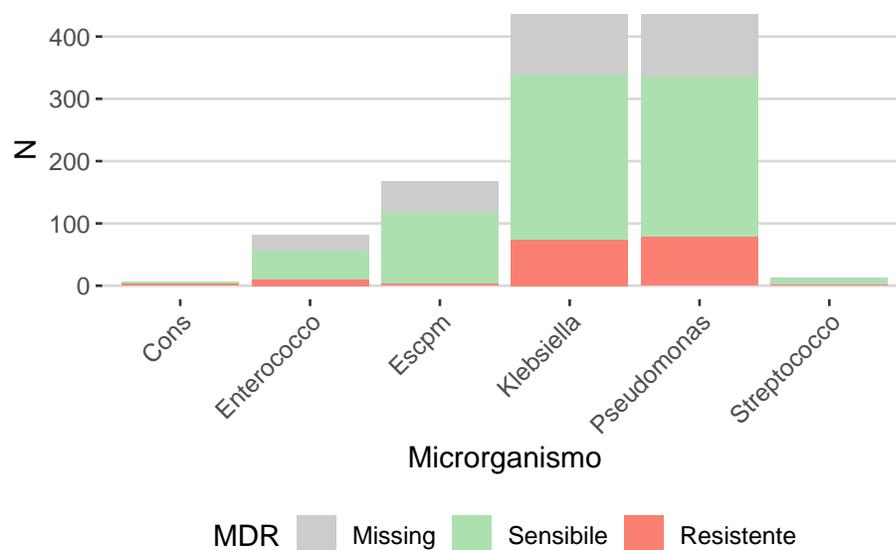
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati

fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 12.11.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	6	3	3	50.00	1
Enterococco	82	55	45	10	18.18	27
Escpm	167	118	115	3	2.54	49
Klebsiella	436	338	264	74	21.89	98
Pseudomonas	436	335	257	78	23.28	101
Streptococco	13	11	10	1	9.09	2

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 12.11.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	248	Ertapenem	54	21.77
Klebsiella pneumoniae	254	Meropenem	66	25.98
Klebsiella altra specie	82	Ertapenem	2	2.44
Klebsiella altra specie	82	Meropenem	1	1.22
Enterobacter spp	107	Ertapenem	12	11.21

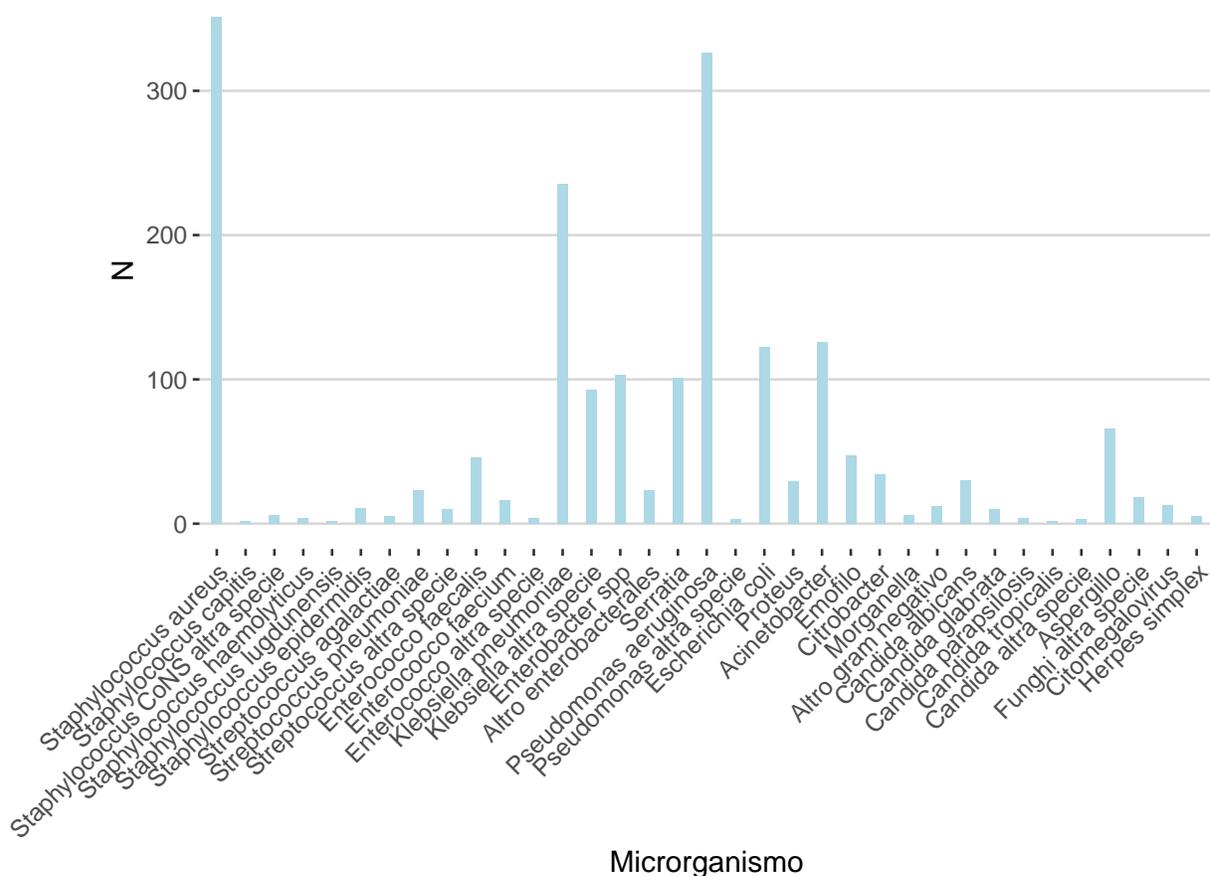
Altro enterobacterales	16	Ertapenem	1	6.25
Escherichia coli	116	Ertapenem	2	1.72
Escherichia coli	118	Meropenem	2	1.69
Serratia	82	Ertapenem	3	3.66
Serratia	82	Meropenem	1	1.22
Acinetobacter	170	Imipenem	117	68.82
Acinetobacter	172	Meropenem	146	84.88
Pseudomonas aeruginosa	316	Imipenem	69	21.84
Pseudomonas aeruginosa	331	Meropenem	51	15.41
Pseudomonas altra specie	4	Imipenem	1	25.00
Pseudomonas altra specie	4	Meropenem	1	25.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	3	50.00
Staphylococcus aureus	337	Meticillina	93	27.60
Streptococcus pneumoniae	22	Penicillina	1	4.55
Streptococcus altra specie	11	Penicillina	1	9.09
Enterococco faecalis	39	Vancomicina	2	5.13
Enterococco faecium	13	Vancomicina	8	61.54

### 12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	1460	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1460</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1952</b>	

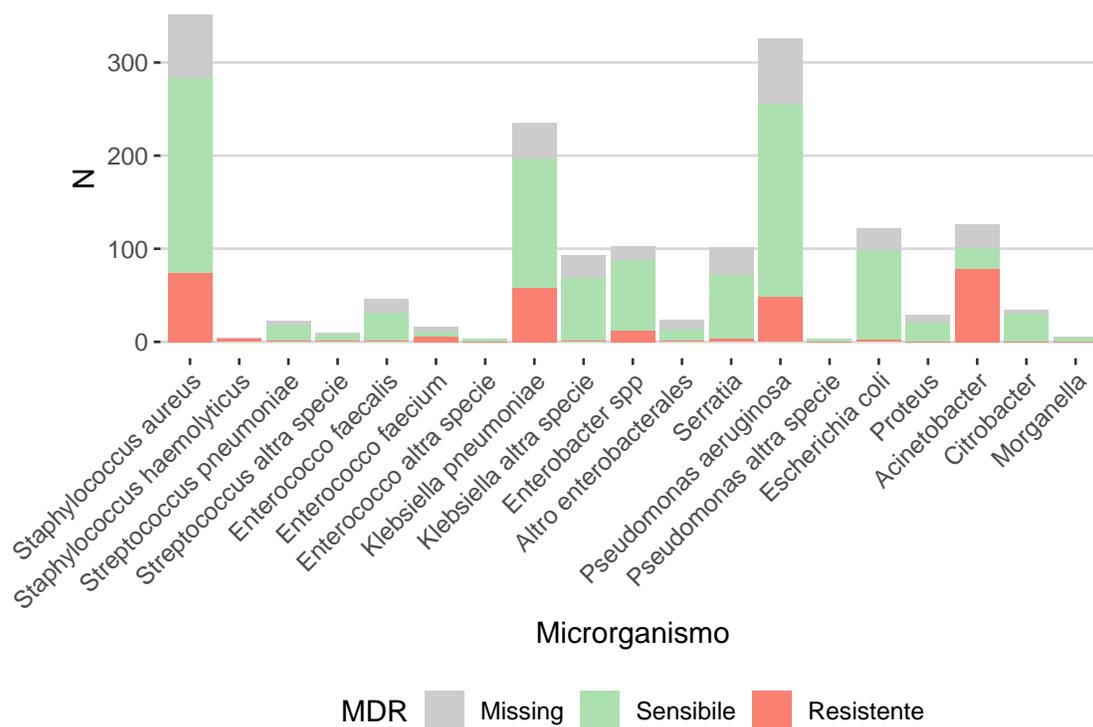
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	351	24.0	283	74	26.1
Staphylococcus capitis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	0.3	4	3	75
Staphylococcus hominis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	11	0.8	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	5	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	23	1.6	17	1	5.9
Streptococcus altra specie	10	0.7	8	1	12.5
Enterococco faecalis	46	3.2	31	1	3.2
Enterococco faecium	16	1.1	11	6	54.5
Enterococco altra specie	4	0.3	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>482</b>	<b>33.0</b>	<b>357</b>	<b>86</b>	<b>24.1</b>
Klebsiella pneumoniae	235	16.1	196	58	29.6
Klebsiella altra specie	93	6.4	69	1	1.4
Enterobacter spp	103	7.1	87	12	13.8
Altro enterobacterales	23	1.6	13	1	7.7
Serratia	101	6.9	72	3	4.2
Pseudomonas aeruginosa	326	22.3	255	48	18.8
Pseudomonas altra specie	3	0.2	3	0	0

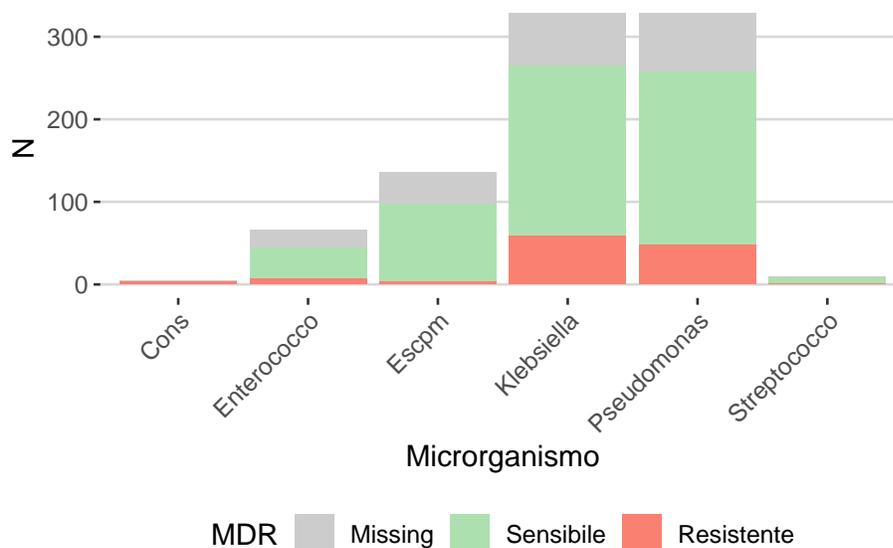
Escherichia coli	122	8.4	99	2	2
Proteus	29	2.0	21	0	0
Acinetobacter	126	8.6	101	78	77.2
Emofilo	47	3.2	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	34	2.3	30	0	0
Morganella	6	0.4	4	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	12	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1263</b>	<b>86.5</b>	<b>950</b>	<b>203</b>	<b>21.4</b>
Candida albicans	30	2.1	0	0	0
Candida glabrata	10	0.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.1	0	0	0
Candida altra specie	3	0.2	0	0	0
Aspergillo	66	4.5	0	0	0
Funghi altra specie	18	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>134</b>	<b>9.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	13	0.9			
Herpes simplex	5	0.3			
Altro Virus	2	0.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>20</b>	<b>1.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 12.12.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	4	4	1	3	75.00	0
Enterococco	66	45	38	7	15.56	21
Escpm	136	97	94	3	3.09	39
Klebsiella	328	265	206	59	22.26	63
Pseudomonas	329	258	210	48	18.60	71
Streptococco	10	8	7	1	12.50	2

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

### 12.12.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	190	Ertapenem	44	23.16
Klebsiella pneumoniae	195	Meropenem	52	26.67
Klebsiella altra specie	69	Ertapenem	1	1.45
Enterobacter spp	86	Ertapenem	12	13.95
Altro enterobacterales	13	Ertapenem	1	7.69

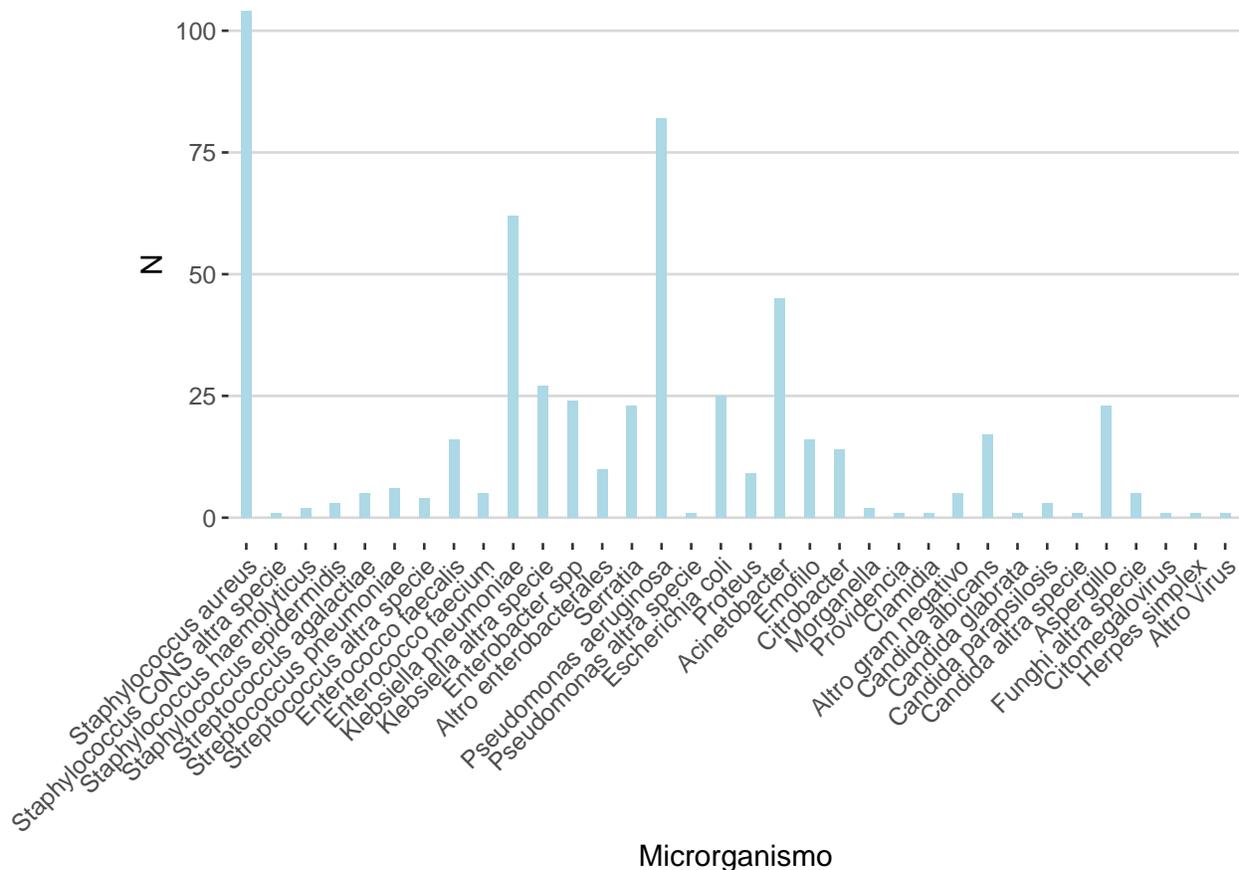
Escherichia coli	97	Ertapenem	2	2.06
Escherichia coli	99	Meropenem	2	2.02
Serratia	71	Ertapenem	3	4.23
Serratia	71	Meropenem	1	1.41
Acinetobacter	100	Imipenem	70	70.00
Acinetobacter	101	Meropenem	78	77.23
Pseudomonas aeruginosa	246	Imipenem	43	17.48
Pseudomonas aeruginosa	255	Meropenem	32	12.55
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	3	75.00
Staphylococcus aureus	283	Meticillina	74	26.15
Streptococcus pneumoniae	17	Penicillina	1	5.88
Streptococcus altra specie	8	Penicillina	1	12.50
Enterococco faecalis	31	Vancomicina	1	3.23
Enterococco faecium	11	Vancomicina	6	54.55

### 12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	15	3.4
Sì	426	96.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>441</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>565</b>	

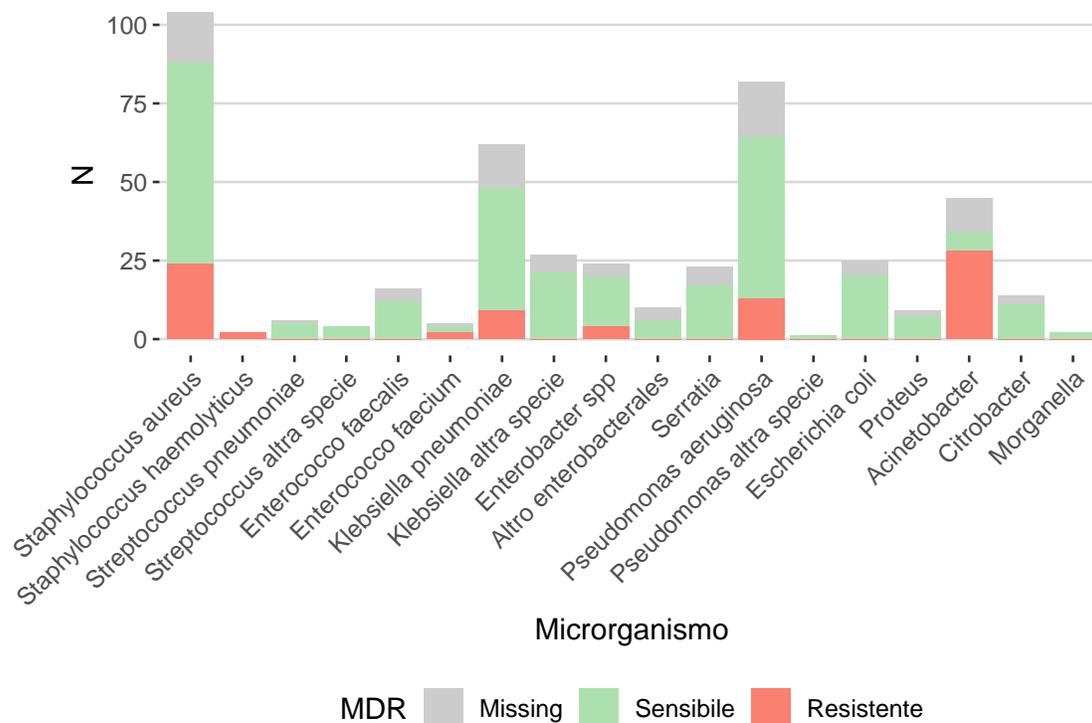
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	104	23.6	88	24	27.3
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.5	2	2	100
Staphylococcus epidermidis	3	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	5	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	1.4	5	0	0
Streptococcus altra specie	4	0.9	4	0	0
Enterococco faecalis	16	3.6	12	0	0
Enterococco faecium	5	1.1	4	2	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>146</b>	<b>33.1</b>	<b>115</b>	<b>28</b>	<b>24.3</b>
Klebsiella pneumoniae	62	14.1	48	9	18.8
Klebsiella altra specie	27	6.1	21	0	0
Enterobacter spp	24	5.4	20	4	20
Altro enterobacterales	10	2.3	6	0	0
Serratia	23	5.2	17	0	0
Pseudomonas aeruginosa	82	18.6	64	13	20.3
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	25	5.7	20	0	0
Proteus	9	2.0	7	0	0
Acinetobacter	45	10.2	34	28	82.4
Emofilo	16	3.6	0	0	0
Citrobacter	14	3.2	11	0	0

Morganella	2	0.5	2	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Clamidia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>347</b>	<b>78.7</b>	<b>251</b>	<b>54</b>	<b>21.5</b>
Candida albicans	17	3.9	0	0	0
Candida glabrata	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	23	5.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>50</b>	<b>11.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

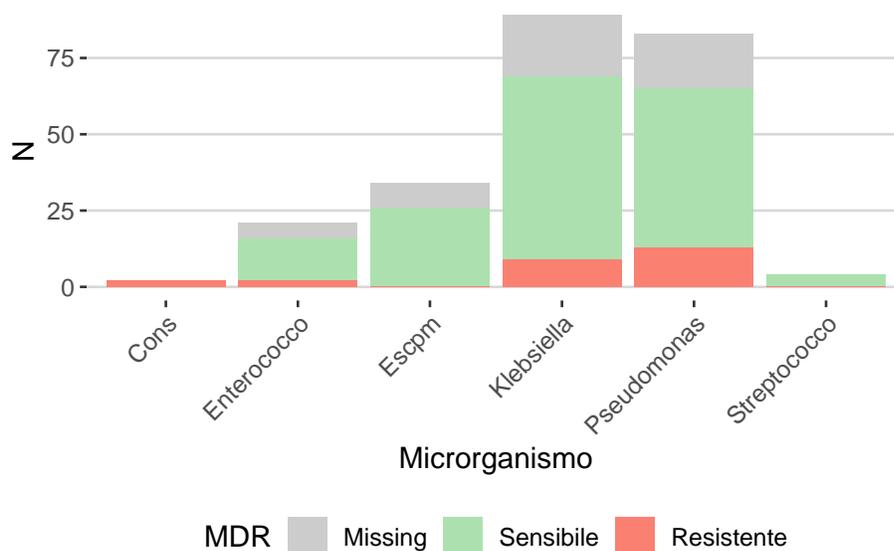
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus

capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Legionella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 12.13.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	0	2	100.00	0
Enterococco	21	16	14	2	12.50	5
Escpm	34	26	26	0	0.00	8
Klebsiella	89	69	60	9	13.04	20
Pseudomonas	83	65	52	13	20.00	18
Streptococco	4	4	4	0	0.00	0

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

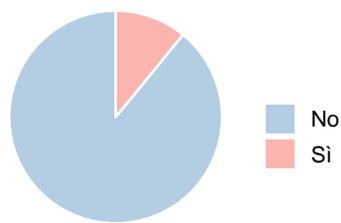
### 12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	48	Ertapenem	7	14.58
Klebsiella pneumoniae	48	Meropenem	8	16.67
Enterobacter spp	19	Ertapenem	4	21.05
Acinetobacter	34	Imipenem	16	47.06
Acinetobacter	34	Meropenem	28	82.35
Pseudomonas aeruginosa	60	Imipenem	13	21.67
Pseudomonas aeruginosa	64	Meropenem	8	12.50
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	88	Meticillina	24	27.27
Enterococco faecium	4	Vancomicina	2	50.00

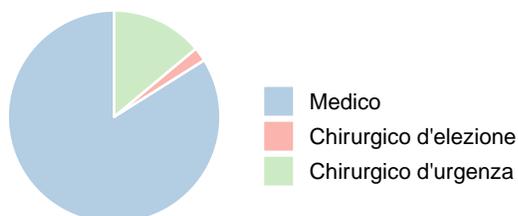
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 2025)

### 13.1 Trauma



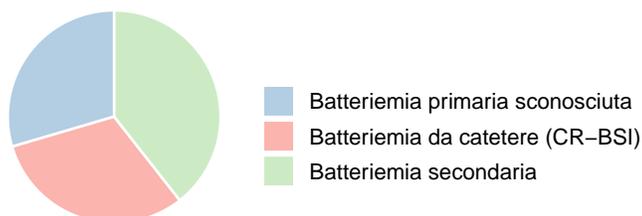
Trauma	N	%
No	1804	89.1
Sì	221	10.9
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



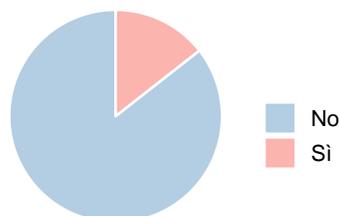
Stato chirurgico	N	%
Medico	1699	83.9
Chirurgico d'elezione	43	2.1
Chirurgico d'urgenza	282	13.9
Missing	1	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	680	33.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	714	35.3
Batteriemia secondaria	907	44.8
Missing	0	0.0

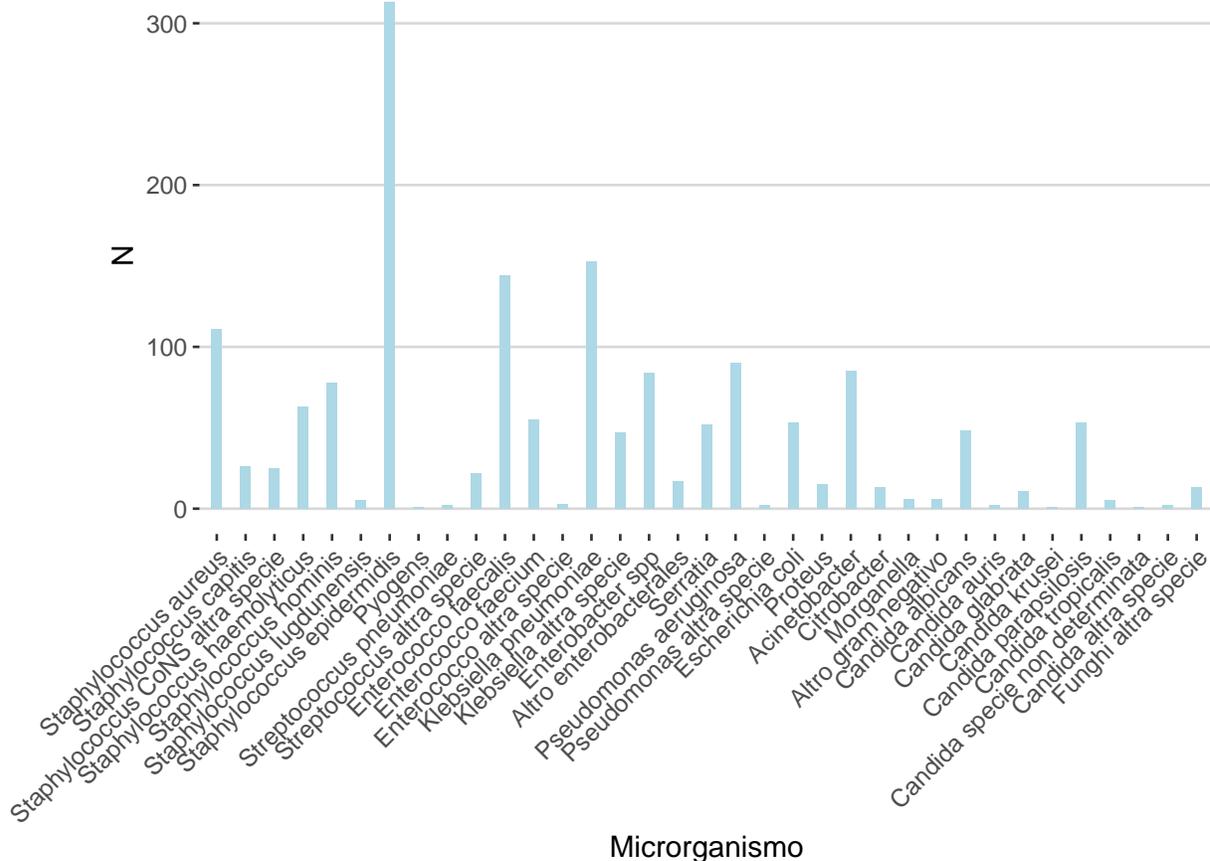
### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	1164	85.6
Sì	196	14.4
Missing	15	0

### 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

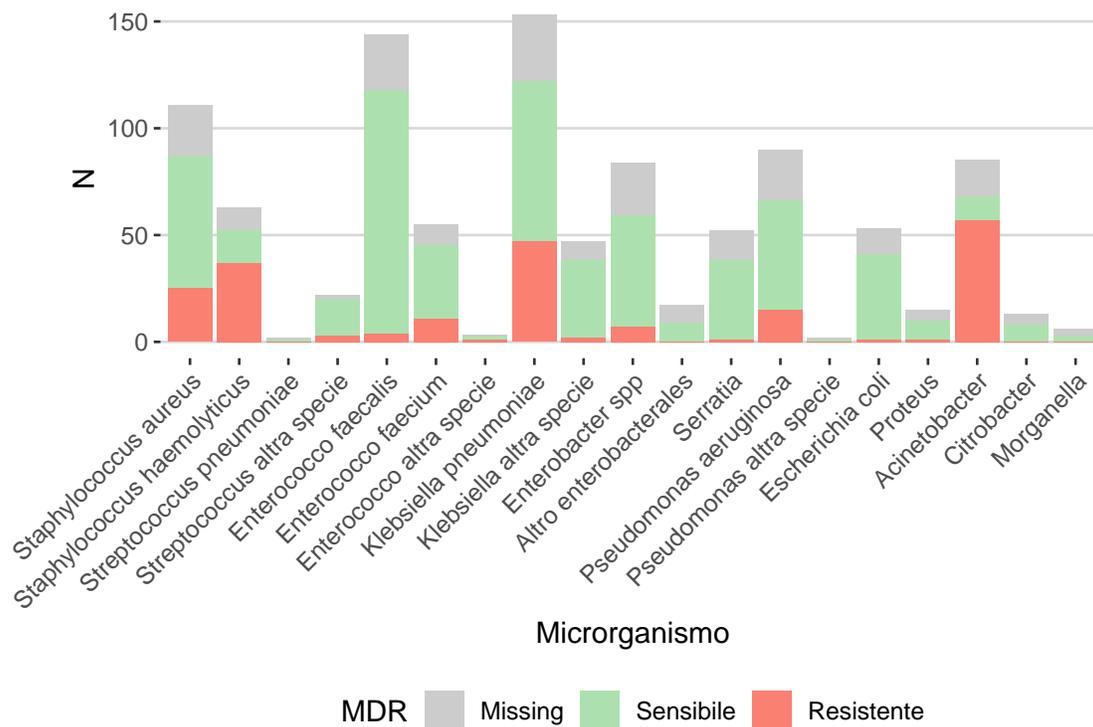
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	111	8.1	87	25	28.7
Staphylococcus capitis	26	1.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	25	1.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	63	4.6	52	37	71.2
Staphylococcus hominis	78	5.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	5	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	313	23.0	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	22	1.6	20	3	15
Enterococco faecalis	144	10.6	118	4	3.4
Enterococco faecium	55	4.0	45	11	24.4
Enterococco altra specie	3	0.2	3	1	33.3
<b>Totale Gram +</b>	<b>848</b>	<b>62.2</b>	<b>326</b>	<b>81</b>	<b>24.8</b>
Klebsiella pneumoniae	153	11.2	122	47	38.5
Klebsiella altra specie	47	3.4	38	2	5.3
Enterobacter spp	84	6.2	59	7	11.9
Altro enterobacterales	17	1.2	9	0	0
Serratia	52	3.8	38	1	2.6
Pseudomonas aeruginosa	90	6.6	66	15	22.7
Pseudomonas altra specie	2	0.1	1	0	0
Escherichia coli	53	3.9	41	1	2.4

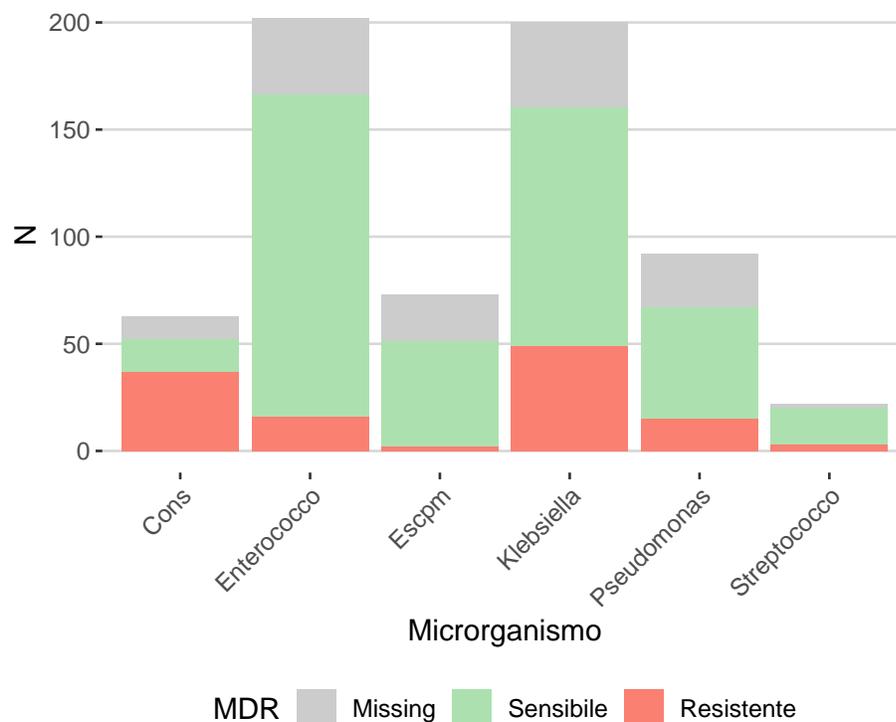
Proteus	15	1.1	10	1	10
Acinetobacter	85	6.2	68	57	83.8
Citrobacter	13	1.0	8	0	0
Morganella	6	0.4	3	0	0
Altro gram negativo	6	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>623</b>	<b>45.7</b>	<b>463</b>	<b>131</b>	<b>28.3</b>
Candida albicans	48	3.5	0	0	0
Candida auris	2	0.1	0	0	0
Candida glabrata	11	0.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	53	3.9	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	13	1.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>137</b>	<b>10.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Streptococcus agalactiae*, *Clostridium difficile*, *Clostridium altra specie*, *Chlamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Providencia*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium altra specie* ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	52	15	37	71.15	11
Enterococco	202	166	150	16	9.64	36
Escpm	73	51	49	2	3.92	22
Klebsiella	200	160	111	49	30.63	40
Pseudomonas	92	67	52	15	22.39	25
Streptococco	22	20	17	3	15.00	2

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 13.5.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

Klebsiella pneumoniae	121	Ertapenem	44	36.36
Klebsiella pneumoniae	122	Meropenem	37	30.33
Klebsiella altra specie	38	Ertapenem	2	5.26
Klebsiella altra specie	38	Meropenem	2	5.26
Enterobacter spp	59	Ertapenem	7	11.86
Enterobacter spp	58	Meropenem	2	3.45
Escherichia coli	40	Ertapenem	1	2.50
Escherichia coli	41	Meropenem	1	2.44
Proteus	10	Ertapenem	1	10.00
Serratia	37	Ertapenem	1	2.70
Acinetobacter	68	Imipenem	53	77.94
Acinetobacter	68	Meropenem	56	82.35
Pseudomonas aeruginosa	63	Imipenem	11	17.46
Pseudomonas aeruginosa	66	Meropenem	12	18.18
Staphylococcus haemolyticus	52	Meticillina	37	71.15
Staphylococcus aureus	87	Meticillina	25	28.74
Streptococcus altra specie	20	Penicillina	3	15.00
Enterococco faecalis	118	Vancomicina	4	3.39
Enterococco faecium	45	Vancomicina	11	24.44
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

### 13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

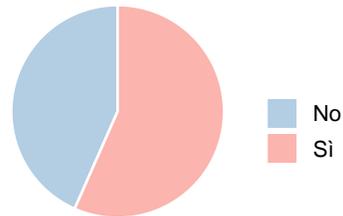
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	47	17.47
No	50	18.59
Non testato	172	63.94

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	1.9	84	182
kpc	38	73.1	59	173
ndm	4	7.7	83	181
oxa	3	5.8	84	182
vim	6	11.5	81	181

## 14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 680)

### 14.1 Infezioni multisito



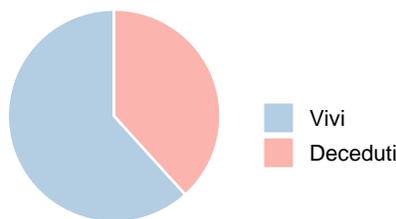
Infezione multisito	N	%
No	295	43.4
Sì	385	56.6
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Valore
Stima	1.86 %
CI ( 95% )	1.72 - 2.01

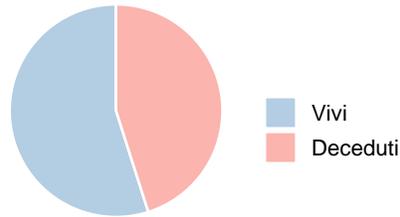
\* La percentuale viene calcolata come *pazienti infetti in degenza / pazienti ricoverati per 7 giorni*

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	419	61.7
Deceduti	260	38.3
Missing	1	0

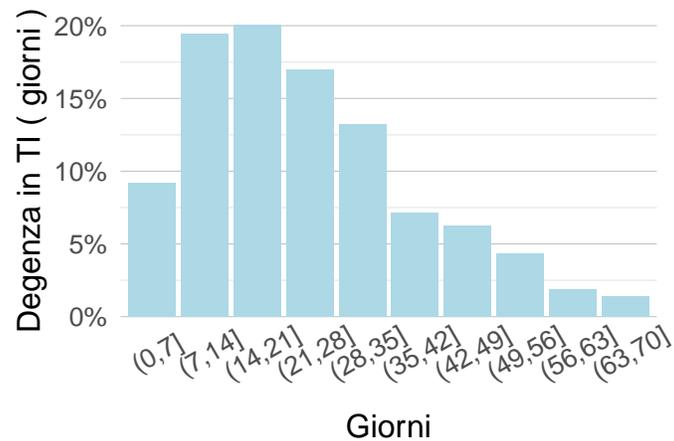
#### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	358	54.9
Deceduti	294	45.1
Missing	10	0

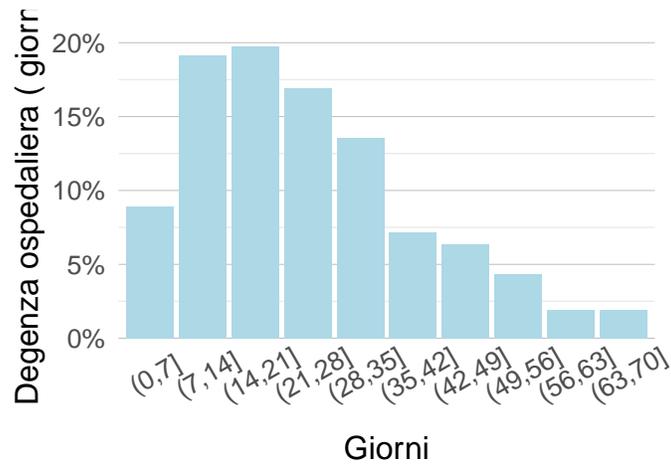
\* Statistiche calcolate su 662 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 18 ).

#### 14.5 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.1 (21.3)
Mediana (Q1-Q3)	23 (14-36)
Missing	2

14.6 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

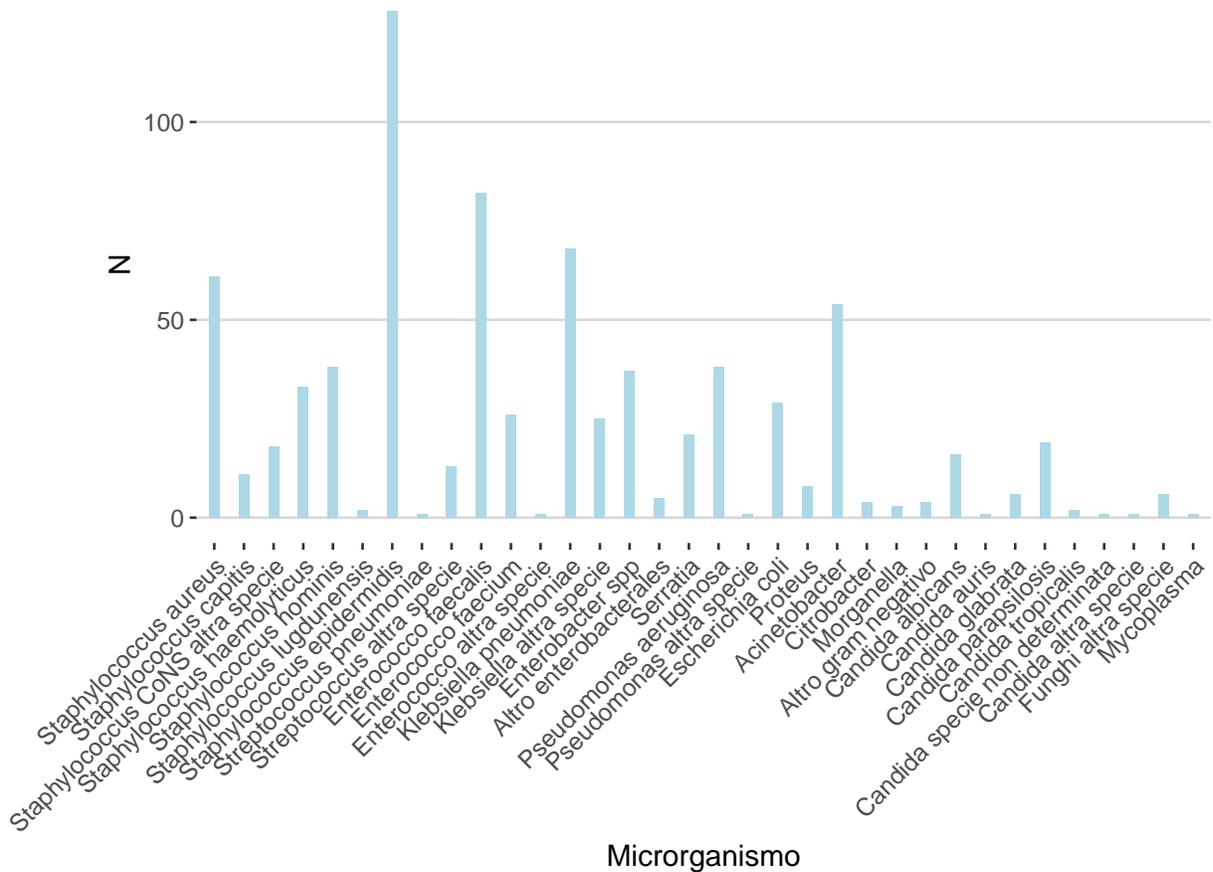


Indicatore	Valore
Media (DS)	42.0 (31.5)
Mediana (Q1-Q3)	34 (20-53)
Missing	10

\* Statistiche calcolate su 662 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 18 ).

14.7 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.

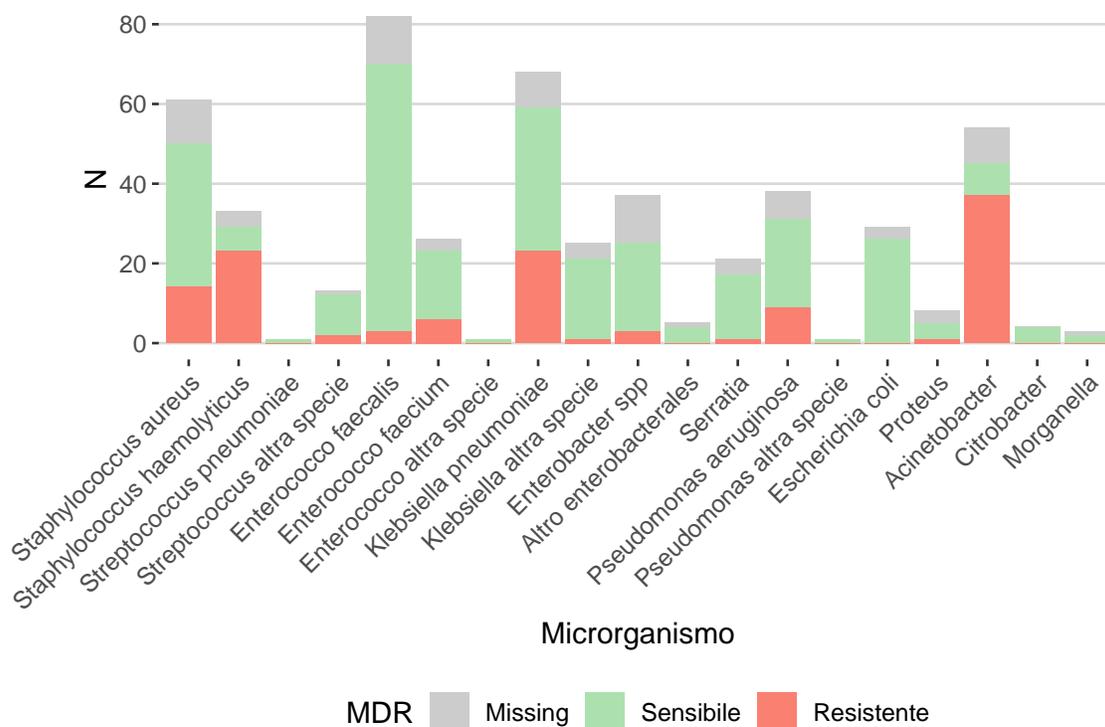


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	61	9.3	50	14	28
Staphylococcus capitis	11	1.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	18	2.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	33	5.0	29	23	79.3
Staphylococcus hominis	38	5.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	128	19.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	13	2.0	12	2	16.7
Enterococcus faecalis	82	12.4	70	3	4.3
Enterococcus faecium	26	3.9	23	6	26.1
Enterococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>414</b>	<b>62.8</b>	<b>186</b>	<b>48</b>	<b>25.8</b>
Klebsiella pneumoniae	68	10.3	59	23	39
Klebsiella altra specie	25	3.8	21	1	4.8
Enterobacter spp	37	5.6	25	3	12
Altro enterobacterales	5	0.8	4	0	0
Serratia	21	3.2	17	1	5.9
Pseudomonas aeruginosa	38	5.8	31	9	29
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	29	4.4	26	0	0
Proteus	8	1.2	5	1	20

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 680)

Acinetobacter	54	8.2	45	37	82.2
Citrobacter	4	0.6	4	0	0
Morganella	3	0.5	2	0	0
Altro gram negativo	4	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>297</b>	<b>45.1</b>	<b>240</b>	<b>75</b>	<b>31.2</b>
Candida albicans	16	2.4	0	0	0
Candida auris	1	0.2	0	0	0
Candida glabrata	6	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	19	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>52</b>	<b>7.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus

agalactiae, Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Providencia, Aspergillo, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

#### 14.7.1 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	59	Ertapenem	21	35.59
Klebsiella pneumoniae	59	Meropenem	19	32.20
Klebsiella altra specie	21	Ertapenem	1	4.76
Klebsiella altra specie	21	Meropenem	1	4.76
Enterobacter spp	25	Ertapenem	3	12.00
Enterobacter spp	25	Meropenem	1	4.00
Proteus	5	Ertapenem	1	20.00
Serratia	17	Ertapenem	1	5.88
Acinetobacter	45	Imipenem	36	80.00
Acinetobacter	45	Meropenem	37	82.22
Pseudomonas aeruginosa	30	Imipenem	6	20.00
Pseudomonas aeruginosa	31	Meropenem	7	22.58
Staphylococcus haemolyticus	29	Meticillina	23	79.31
Staphylococcus aureus	50	Meticillina	14	28.00
Streptococcus altra specie	12	Penicillina	2	16.67
Enterococco faecalis	70	Vancomicina	3	4.29
Enterococco faecium	23	Vancomicina	6	26.09

#### 14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. É sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	25	20.33
No	30	24.39
Non testato	68	55.28

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	3.4	49	71
kpc	18	62.1	37	67
ndm	4	13.8	48	70
oxa	2	6.9	50	70

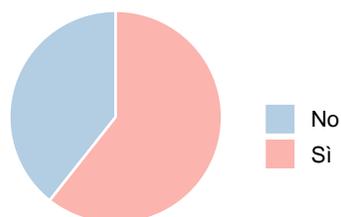
---

vim	4	13.8	47	70
-----	---	------	----	----

---

## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 714)

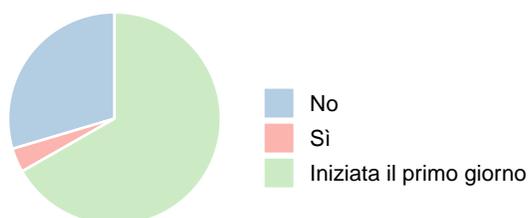
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	281	39.4
Sì	433	60.6
Missing	0	0

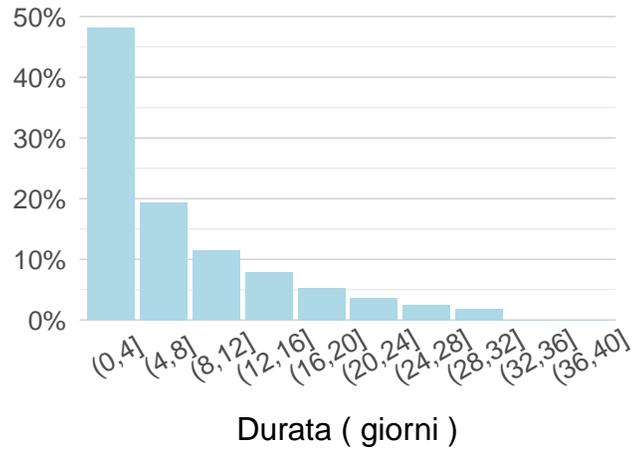
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 34030 )



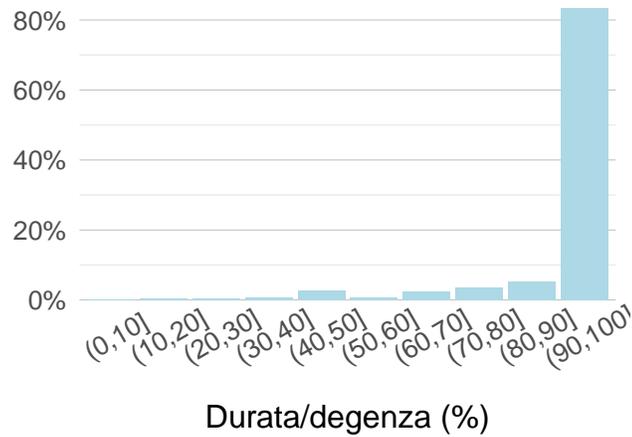
Cvc	N	%
No	10054	29.6
Sì	23925	70.4
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>22680</b>	<b>66.6</b>
Missing	51	

15.2.2 Durata (giorni)



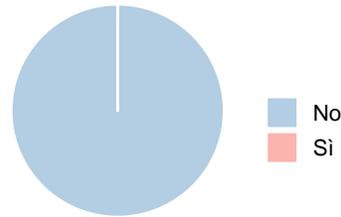
Indicatore	Valore
Media (DS)	9.6 (12.6)
Mediana (Q1-Q3)	5 (2-13)
Missing	34

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



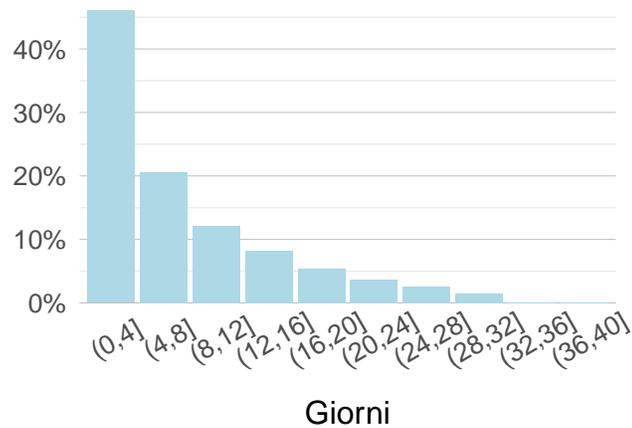
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.3 (14.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	38

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 34030 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	33963	100.0
Si	16	0.0
Missing	51	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	683
Media (DS)	13.8 (12.9)
Mediana (Q1-Q3)	11 (5.5-18)
Missing	31

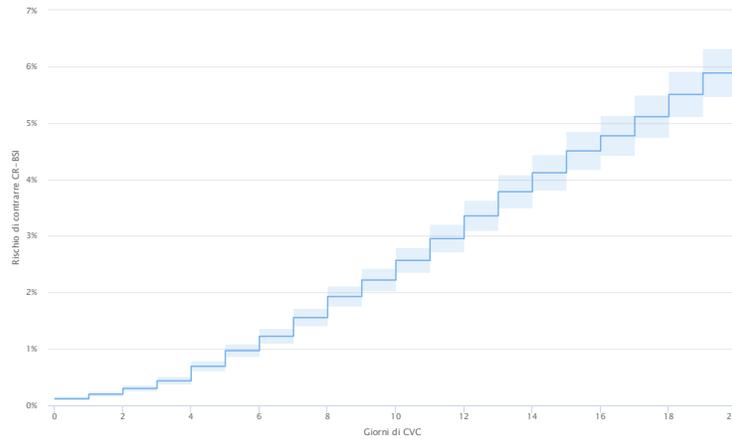
15.4 Indicatori di incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)

Indicatore	Incidenza1	Incidenza2
Stima	3.2	3.9
CI ( 95% )	3.0 - 3.5	3.6 - 4.2

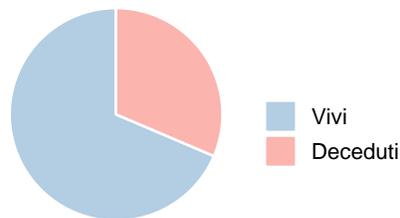
È possibile calcolare due indicatori di incidenza per i casi di VAP:

- Incidenza di CR-BSI 1 = Pazienti con CR-BSI/1000 giorni di CVC pre-CR-BSI;
- Incidenza di CR-BSI 2 = Pazienti con CR-BSI/pazienti con catetere per 12 giorni.

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

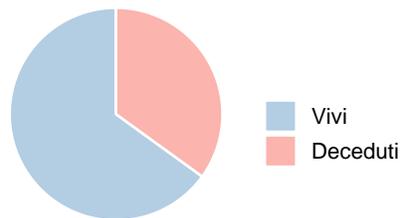


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	489	68.6
Deceduti	224	31.4
Missing	1	0

### 15.7 Mortalità ospedaliera \*

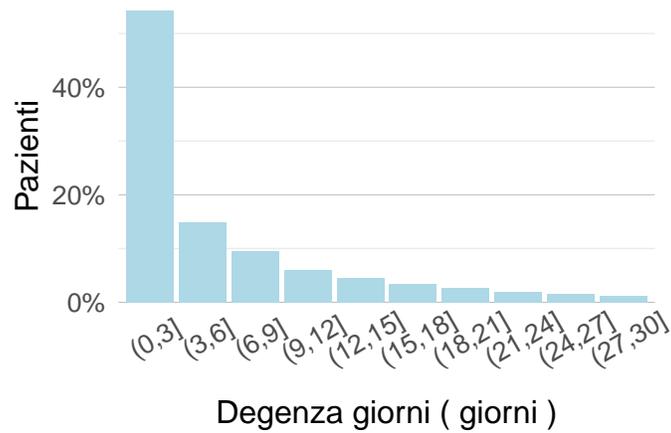


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	448	65.0
Deceduti	241	35.0

Missing 6 0

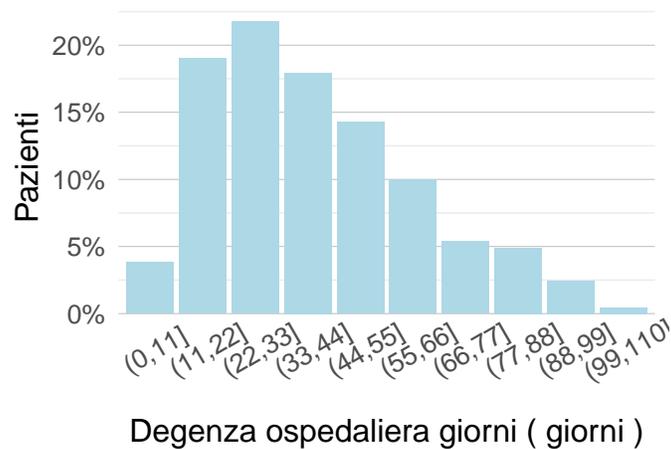
\* Statistiche calcolate su 695 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 19 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.7 (21.7)
Mediana (Q1-Q3)	27 (17-41)
Missing	1

### 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.4 (29.4)
Mediana (Q1-Q3)	39 (25-58)
Missing	6

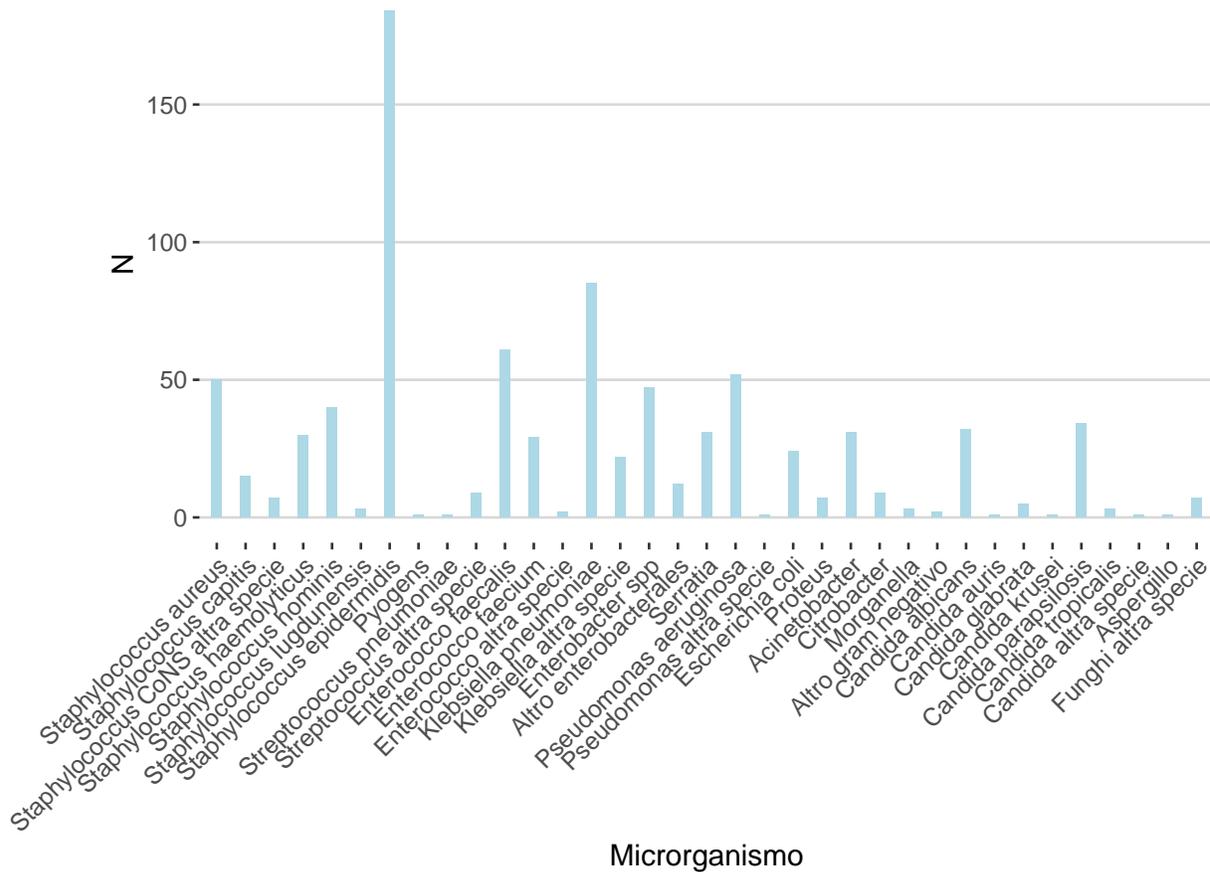
\* Statistiche calcolate su 695 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 19 ).

### 15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	704	100.0
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>708</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>852</b>	

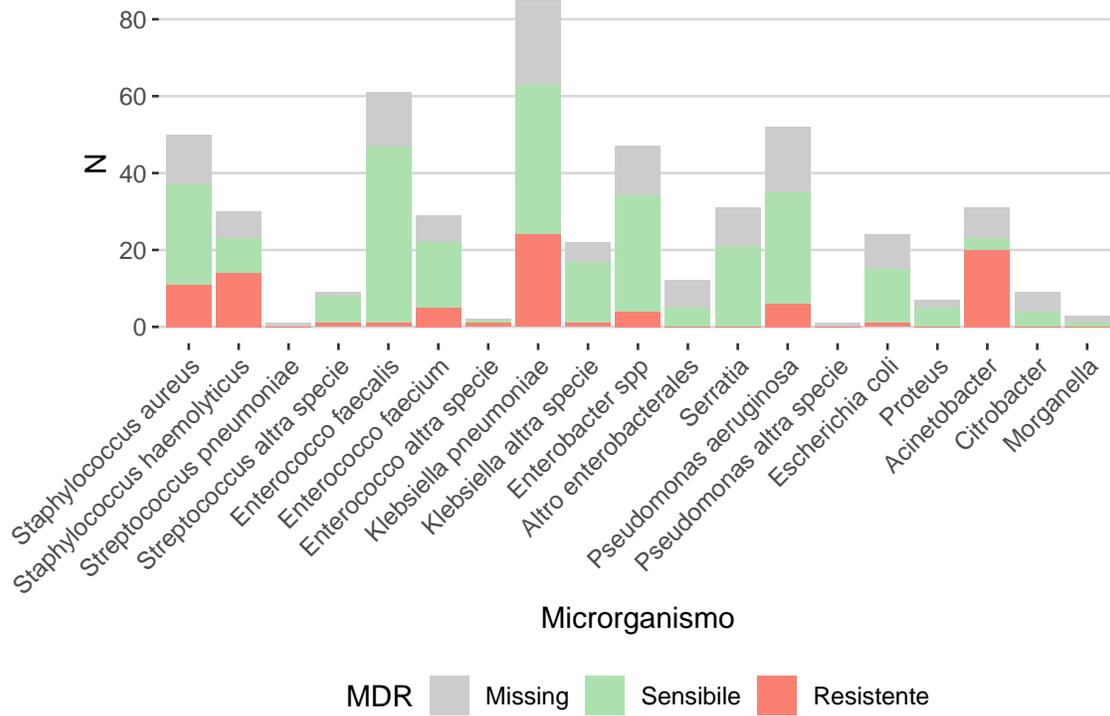
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	50	7.1	37	11	29.7
Staphylococcus capitis	15	2.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	7	1.0	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	30	4.3	23	14	60.9

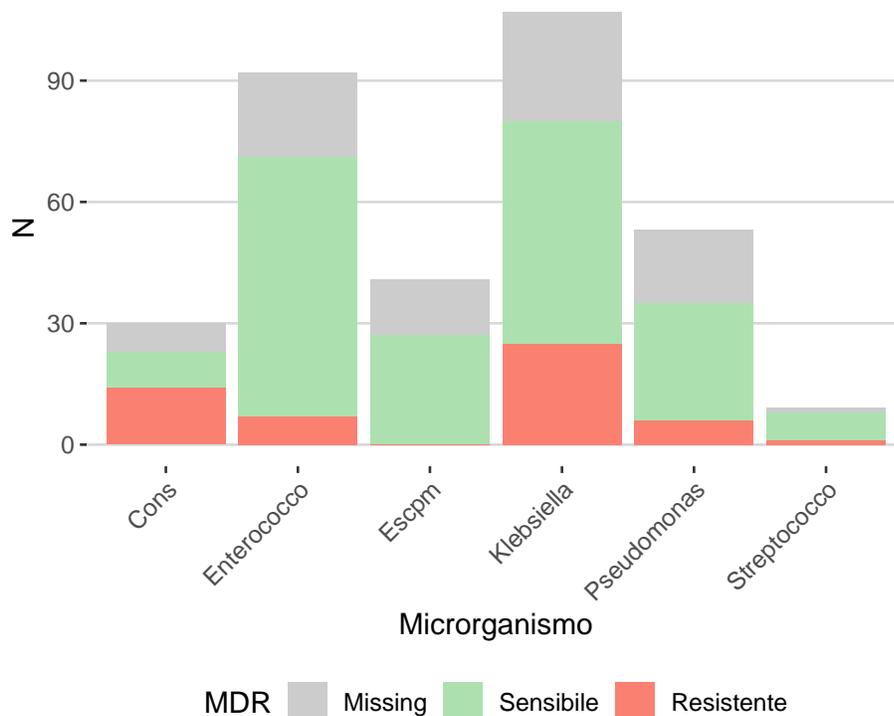
Staphylococcus hominis	40	5.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	184	26.1	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	9	1.3	8	1	12.5
Enterococco faecalis	61	8.7	47	1	2.1
Enterococco faecium	29	4.1	22	5	22.7
Enterococco altra specie	2	0.3	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>432</b>	<b>61.4</b>	<b>139</b>	<b>33</b>	<b>23.7</b>
Klebsiella pneumoniae	85	12.1	63	24	38.1
Klebsiella altra specie	22	3.1	17	1	5.9
Enterobacter spp	47	6.7	34	4	11.8
Altro enterobacterales	12	1.7	5	0	0
Serratia	31	4.4	21	0	0
Pseudomonas aeruginosa	52	7.4	35	6	17.1
Pseudomonas altra specie	1	0.1	0	0	0
Escherichia coli	24	3.4	15	1	6.7
Proteus	7	1.0	5	0	0
Acinetobacter	31	4.4	23	20	87
Citrobacter	9	1.3	4	0	0
Morganella	3	0.4	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>326</b>	<b>46.3</b>	<b>223</b>	<b>56</b>	<b>25.1</b>
Candida albicans	32	4.5	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	5	0.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	34	4.8	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	7	1.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>85</b>	<b>12.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Clamidia, Emofilo, Legionella, Providencia, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 15.10.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	30	23	9	14	60.87	7
Enterococco	92	71	64	7	9.86	21
Escpm	41	27	27	0	0.00	14
Klebsiella	107	80	55	25	31.25	27
Pseudomonas	53	35	29	6	17.14	18
Streptococco	9	8	7	1	12.50	1

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

### 15.10.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	62	Ertapenem	23	37.10
Klebsiella pneumoniae	63	Meropenem	18	28.57
Klebsiella altra specie	17	Ertapenem	1	5.88
Klebsiella altra specie	17	Meropenem	1	5.88
Enterobacter spp	34	Ertapenem	4	11.76
Enterobacter spp	33	Meropenem	1	3.03
Escherichia coli	15	Ertapenem	1	6.67
Escherichia coli	15	Meropenem	1	6.67
Acinetobacter	23	Imipenem	17	73.91
Acinetobacter	23	Meropenem	19	82.61
Pseudomonas aeruginosa	33	Imipenem	5	15.15
Pseudomonas aeruginosa	35	Meropenem	5	14.29
Staphylococcus haemolyticus	23	Meticillina	14	60.87
Staphylococcus aureus	37	Meticillina	11	29.73
Streptococcus altra specie	8	Penicillina	1	12.50
Enterococco faecalis	47	Vancomicina	1	2.13
Enterococco faecium	22	Vancomicina	5	22.73
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

### 15.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

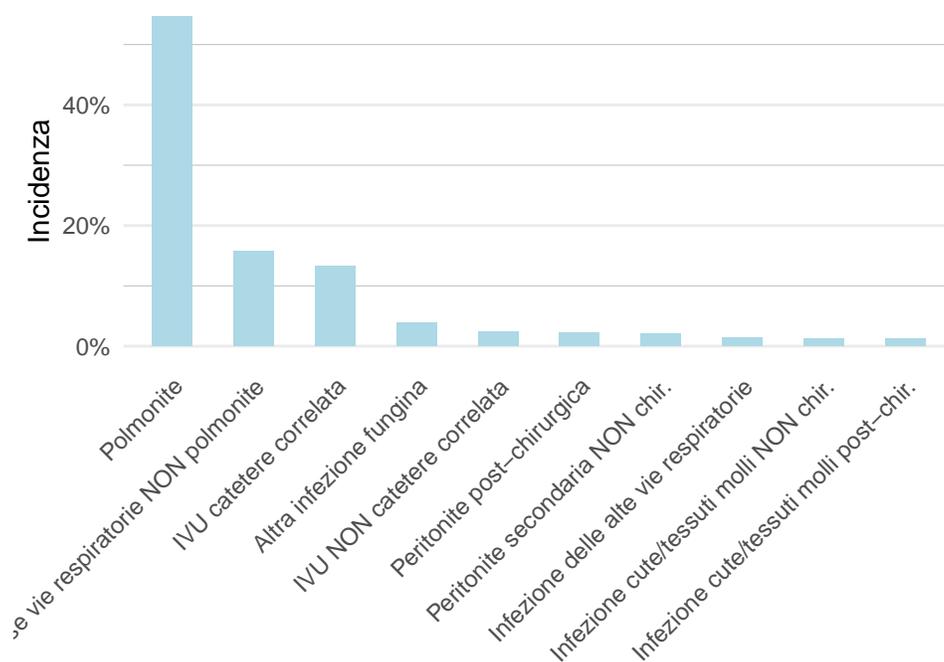
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

	N	%
Sì	22	15.07
No	20	13.70
Non testato	104	71.23

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	35	111
kpc	20	87.0	22	106
ndm	0	0.0	35	111
oxa	1	4.3	34	112
vim	2	8.7	34	111

## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 907)

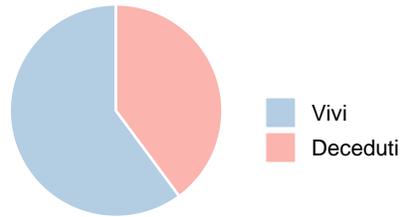
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



Infezioni ( top 10 )

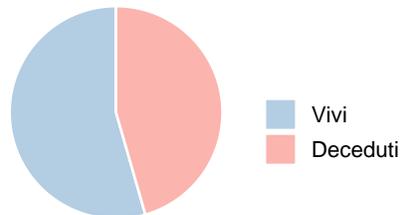
Infezione	N	%
Polmonite	496	54.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	142	15.7
IVU catetere correlata	121	13.3
Altra infezione fungina	35	3.9
IVU NON catetere correlata	22	2.4
Peritonite post-chirurgica	20	2.2
Peritonite secondaria NON chir.	18	2
Infezione delle alte vie respiratorie	13	1.4
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	11	1.2
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	11	1.2
Missing	18	

## 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	543	60.1
Deceduti	360	39.9
Missing	4	0

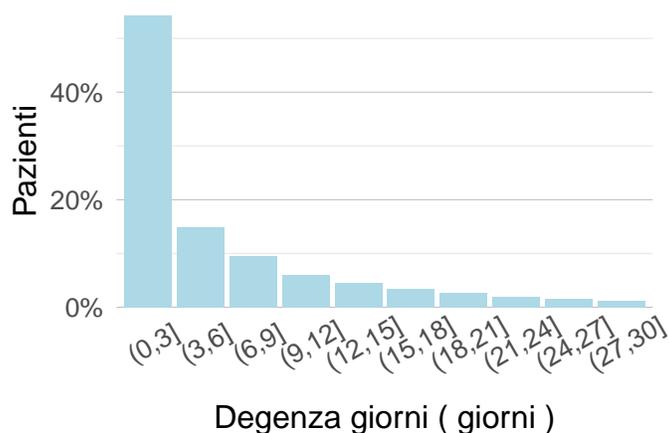
## 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	471	54.5
Deceduti	394	45.5
Missing	11	0

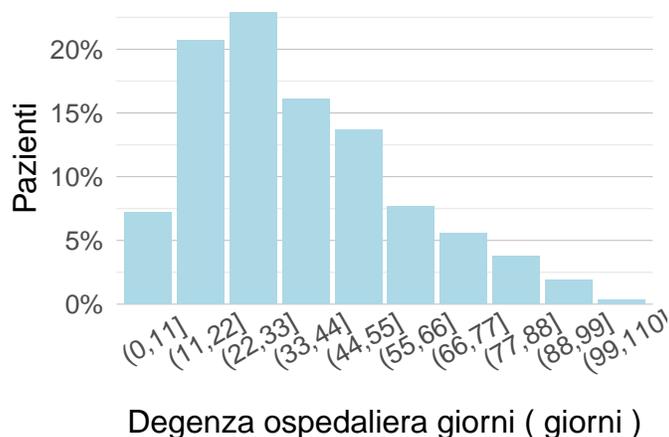
\* Statistiche calcolate su 876 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 31 ).

## 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.9 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	25 (15-37)
Missing	3

## 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.8 (32.6)
Mediana (Q1-Q3)	35 (22-54)
Missing	11

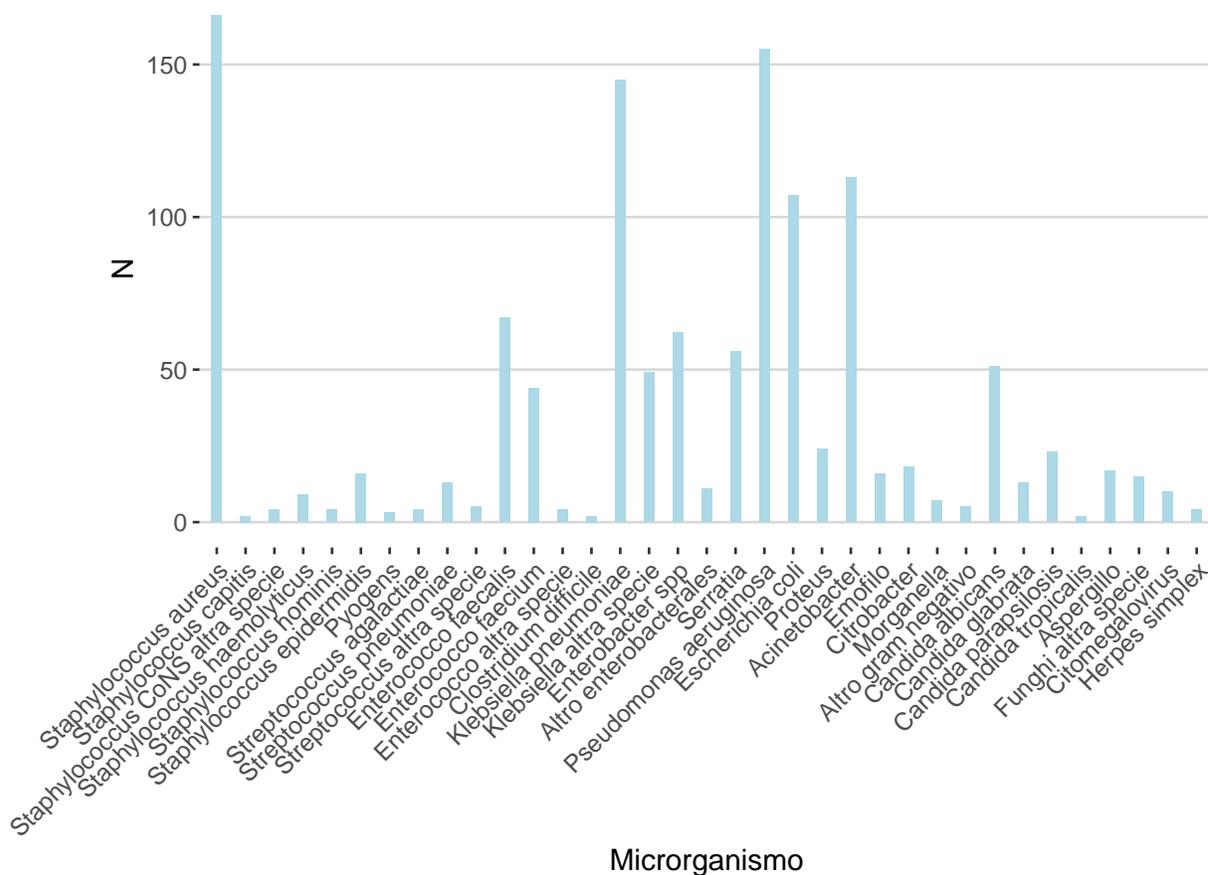
\* Statistiche calcolate su 876 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 31 ).

## 16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	18	1.9
Sì	946	98.1
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>964</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1274</b>	

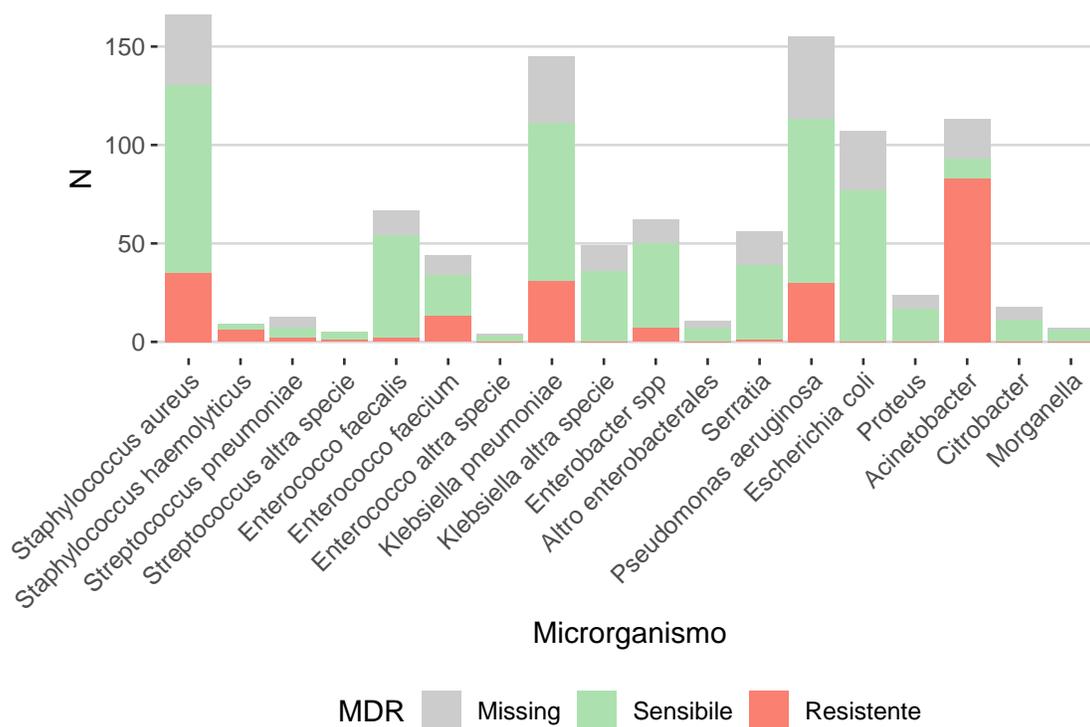
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	166	17.4	130	35	26.9
Staphylococcus capitis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	0.9	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	4	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	16	1.7	0	0	0
Pyogens	3	0.3	0	0	0

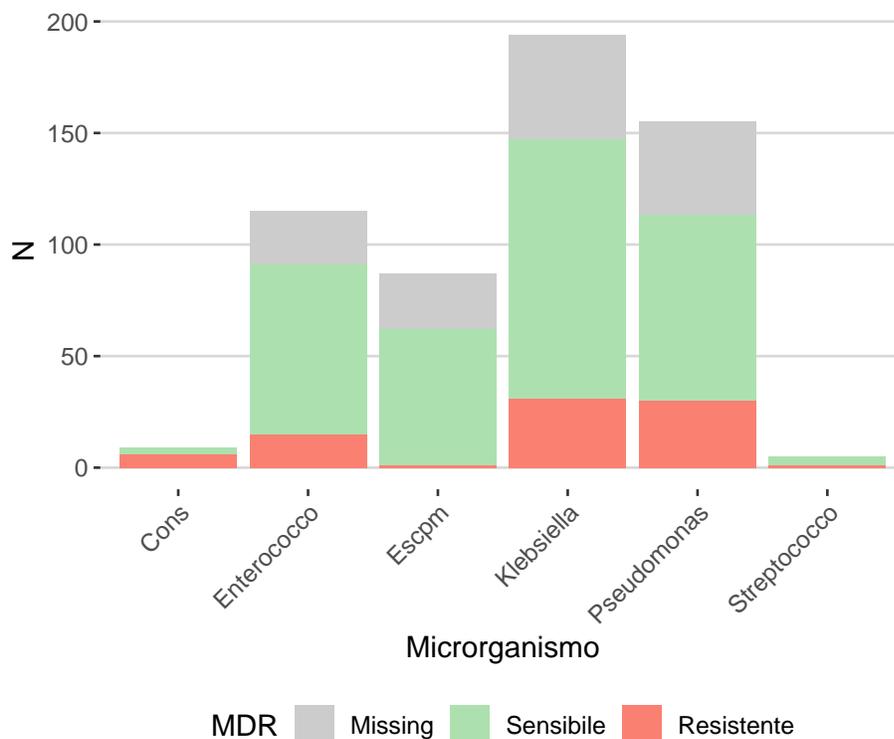
Streptococcus agalactiae	4	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	1.4	7	2	28.6
Streptococcus altra specie	5	0.5	5	1	20
Enterococco faecalis	67	7.0	54	2	3.7
Enterococco faecium	44	4.6	34	13	38.2
Enterococco altra specie	4	0.4	3	0	0
Clostridium difficile	2	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>343</b>	<b>36.0</b>	<b>242</b>	<b>59</b>	<b>24.4</b>
Klebsiella pneumoniae	145	15.2	111	31	27.9
Klebsiella altra specie	49	5.1	36	0	0
Enterobacter spp	62	6.5	50	7	14
Altro enterobacterales	11	1.2	7	0	0
Serratia	56	5.9	39	1	2.6
Pseudomonas aeruginosa	155	16.3	113	30	26.5
Escherichia coli	107	11.2	77	0	0
Proteus	24	2.5	17	0	0
Acinetobacter	113	11.9	93	83	89.2
Emofilo	16	1.7	0	0	0
Citrobacter	18	1.9	11	0	0
Morganella	7	0.7	6	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>769</b>	<b>80.8</b>	<b>560</b>	<b>152</b>	<b>27.1</b>
Candida albicans	51	5.4	0	0	0
Candida glabrata	13	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	23	2.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	17	1.8	0	0	0
Funghi altra specie	15	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>125</b>	<b>13.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	10	1.1			
Herpes simplex	4	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>15</b>	<b>1.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Clamidia*, *Legionella*, *Pseudomonas altra specie*, *Candida auris*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie* ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 16.6.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	9	9	3	6	66.67	0
Enterococco	115	91	76	15	16.48	24
Escpm	87	62	61	1	1.61	25
Klebsiella	194	147	116	31	21.09	47
Pseudomonas	155	113	83	30	26.55	42
Streptococco	5	5	4	1	20.00	0

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

### 16.6.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	109	Ertapenem	30	27.52
Klebsiella pneumoniae	110	Meropenem	27	24.55
Enterobacter spp	50	Ertapenem	7	14.00
Enterobacter spp	50	Meropenem	1	2.00
Serratia	38	Ertapenem	1	2.63
Acinetobacter	93	Imipenem	69	74.19
Acinetobacter	93	Meropenem	82	88.17
Pseudomonas aeruginosa	108	Imipenem	28	25.93
Pseudomonas aeruginosa	113	Meropenem	21	18.58
Staphylococcus haemolyticus	9	Meticillina	6	66.67
Staphylococcus aureus	130	Meticillina	35	26.92
Streptococcus pneumoniae	7	Penicillina	2	28.57
Streptococcus altra specie	5	Penicillina	1	20.00
Enterococco faecalis	54	Vancomicina	2	3.70
Enterococco faecium	34	Vancomicina	13	38.24

### 16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza.

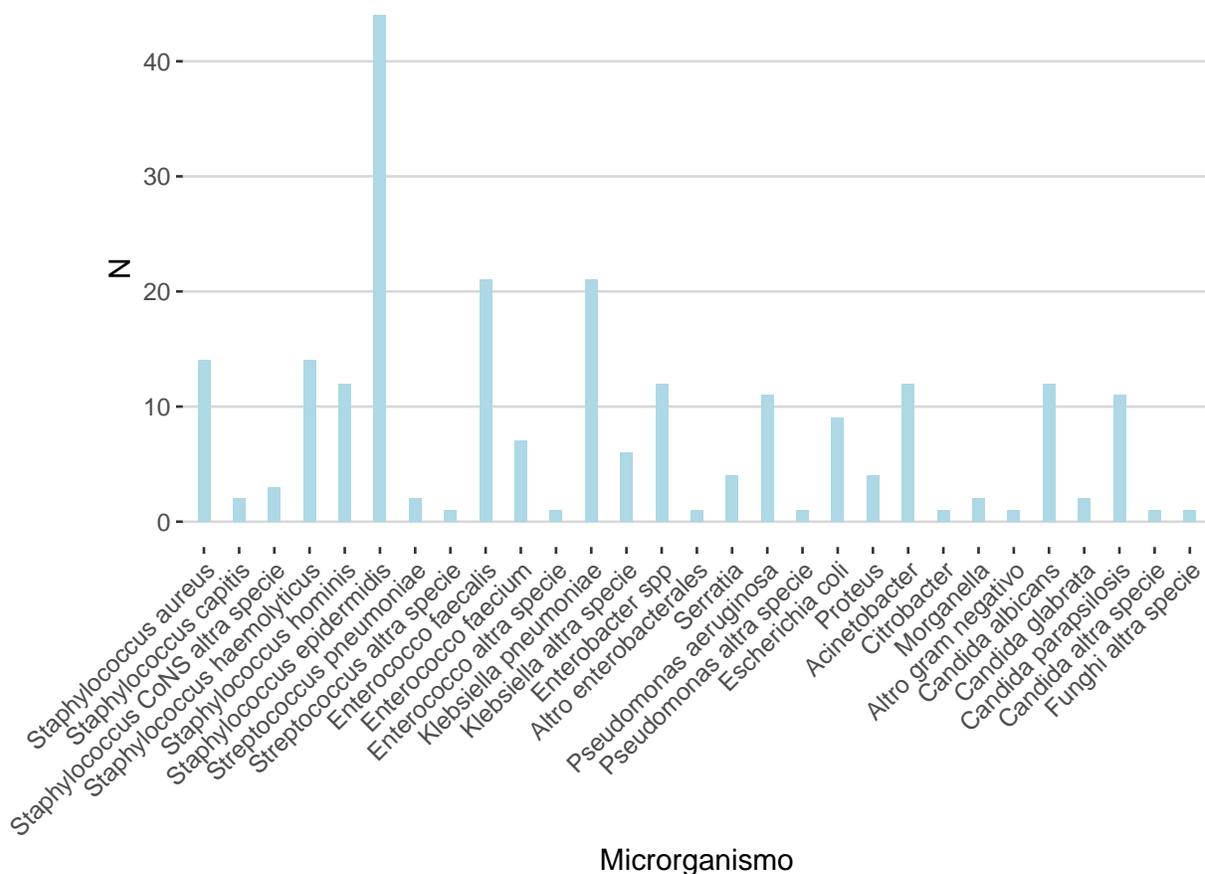
	N	%
Sì	31	12.25
No	44	17.39
Non testato	178	70.36

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	6.8	64	182
kpc	24	54.5	53	174
ndm	5	11.4	63	181
oxa	5	11.4	63	181
vim	7	15.9	63	181

## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 185)

### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

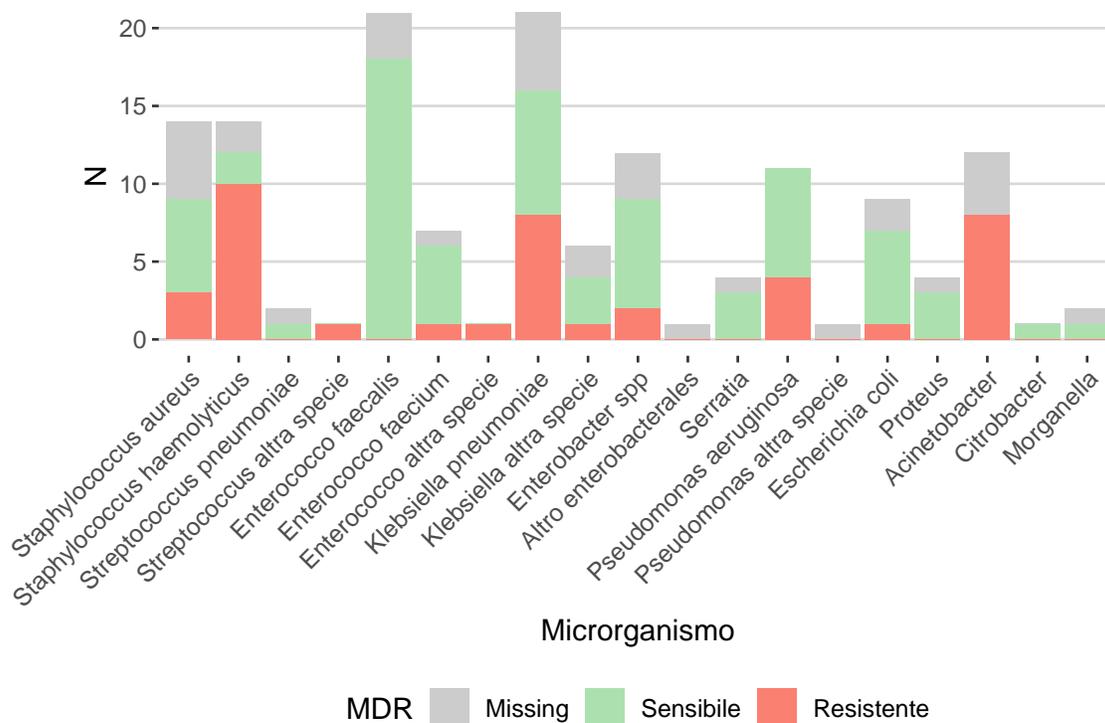
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	7.4	9	3	33.3
Staphylococcus capitis	2	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	14	7.4	12	10	83.3
Staphylococcus hominis	12	6.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	44	23.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.5	1	1	100
Enterococco faecalis	21	11.2	18	0	0
Enterococco faecium	7	3.7	6	1	16.7
Enterococco altra specie	1	0.5	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>121</b>	<b>64.4</b>	<b>48</b>	<b>16</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	21	11.2	16	8	50
Klebsiella altra specie	6	3.2	4	1	25
Enterobacter spp	12	6.4	9	2	22.2
Altro enterobacterales	1	0.5	0	0	0
Serratia	4	2.1	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	5.9	11	4	36.4
Pseudomonas altra specie	1	0.5	0	0	0
Escherichia coli	9	4.8	7	1	14.3
Proteus	4	2.1	3	0	0
Acinetobacter	12	6.4	8	8	100

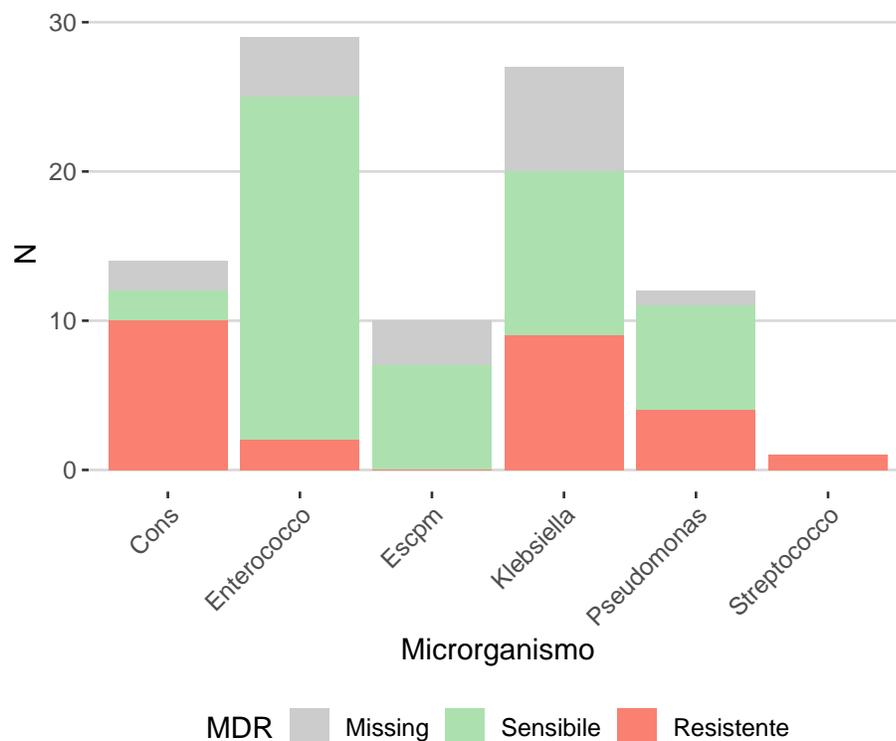
Citrobacter	1	0.5	1	0	0
Morganella	2	1.1	1	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>85</b>	<b>45.2</b>	<b>63</b>	<b>24</b>	<b>38.1</b>
Candida albicans	12	6.4	0	0	0
Candida glabrata	2	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	11	5.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>27</b>	<b>14.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 17.1.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	12	2	10	83.33	2
Enterococco	29	25	23	2	8.00	4
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	27	20	11	9	45.00	7
Pseudomonas	12	11	7	4	36.36	1
Streptococco	1	1	0	1	100.00	0

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

## 17.1.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

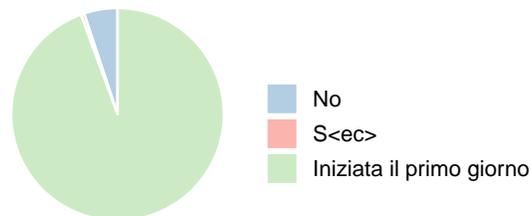
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	7	43.75
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	7	43.75
Klebsiella altra specie	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella altra specie	4	Meropenem	1	25.00
Enterobacter spp	9	Ertapenem	2	22.22
Enterobacter spp	9	Meropenem	1	11.11
Escherichia coli	7	Ertapenem	1	14.29
Escherichia coli	7	Meropenem	1	14.29
Acinetobacter	8	Imipenem	8	100.00
Acinetobacter	8	Meropenem	8	100.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	3	27.27
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	4	36.36
Staphylococcus haemolyticus	12	Meticillina	10	83.33
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	3	33.33
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecium	6	Vancomicina	1	16.67
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

### 17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

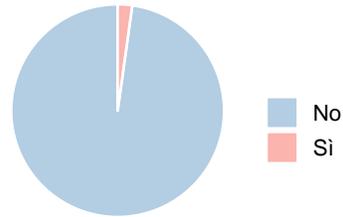
## 18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 747)

### 18.1 Catetere urinario ( N = 34030 )



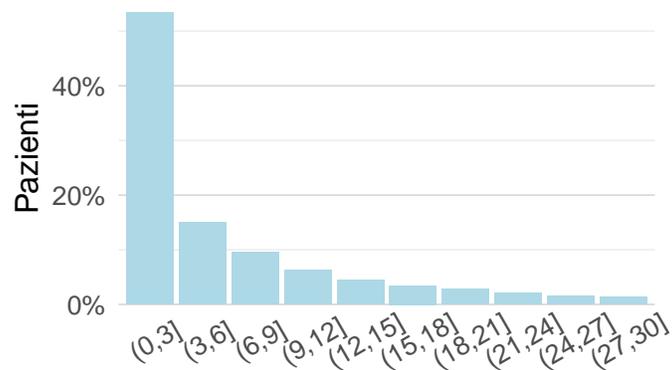
Catetere urinario	N	%
No	1737	5.1
S<ec>	32242	94.9
<b>Iniziativa il primo giorno</b>	<b>32074</b>	<b>94.3</b>
Missing	51	

## 18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	33212	97.8
Sì	747	2.2
Missing	71	0

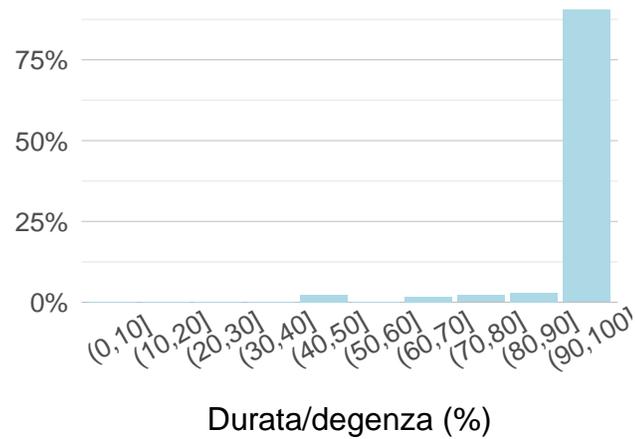
### 18.2.1 Durata catetere urinario ( giorni )



### Durata catetere vescicale ( giorni )

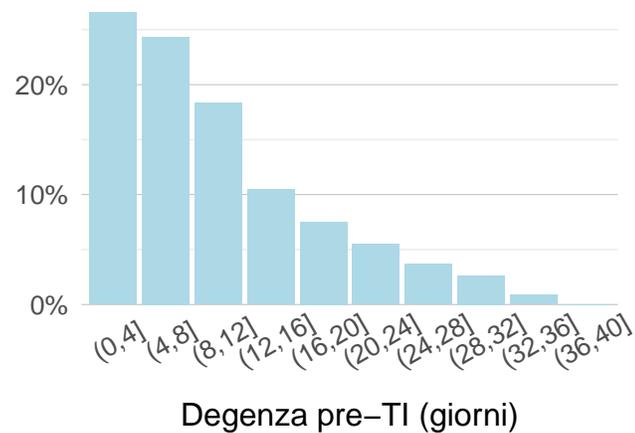
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.1 (12.1)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-10)
Missing	36

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	96.9 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	39

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	733
Media (DS)	12.0 (11.4)
Mediana (Q1-Q3)	9 (4-16)
Missing	14

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU 1 (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU)	Incidenza IVU 2 (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 12 gg.)
Stima	3.01	3.61
CI ( 95% )	2.79 - 3.23	3.35 - 3.87

È possibile calcolare due indicatori di incidenza per i casi di infezione alle vie urinarie catetere correlate.

Il primo:

$$\text{Incidenza IVU catetere correlata}^1 = \frac{\text{Numero di pazienti con catetere urinario in degenza}}{\text{Giornate con catetere urinario pre-IVU}} \times 1000$$

dove la variabile *Giornate con catetere urinario pre-IVU* è pari alla somma delle giornate di tutti i pazienti ammessi in reparto che hanno avuto catetere urinario. È quindi pari alle giornate con catetere urinario per i pazienti non infetti e alla differenza tra il giorno di insorgenza della IVU e il primo giorno di catetere urinario per i pazienti infetti.

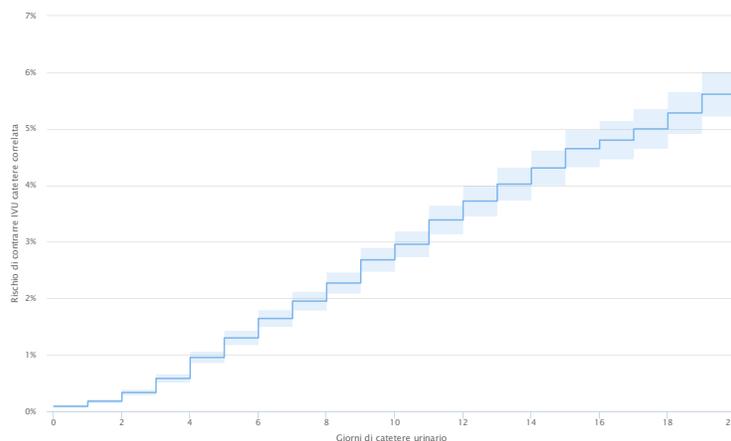
Il secondo invece:

$$\text{Incidenza IVU catetere correlata}^2 = \frac{\text{Numero di pazienti con catetere urinario in degenza}}{(\text{Giornate con catetere urinario pre-IVU})/12} \times 100$$

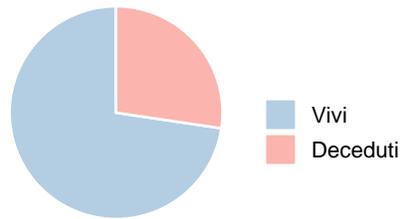
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 12 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di 12 giorni è stato stabilito per convenzione.

I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

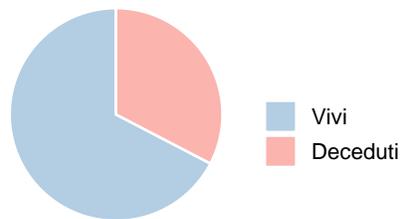


### 18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	542	72.7
Deceduti	204	27.3
Missing	1	0

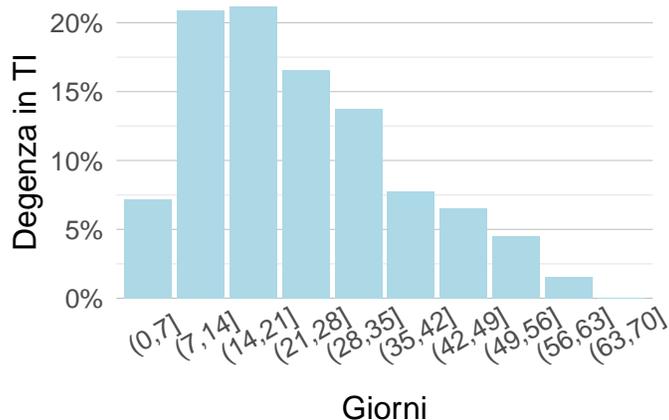
### 18.6 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	485	67.4
Deceduti	235	32.6
Missing	3	0

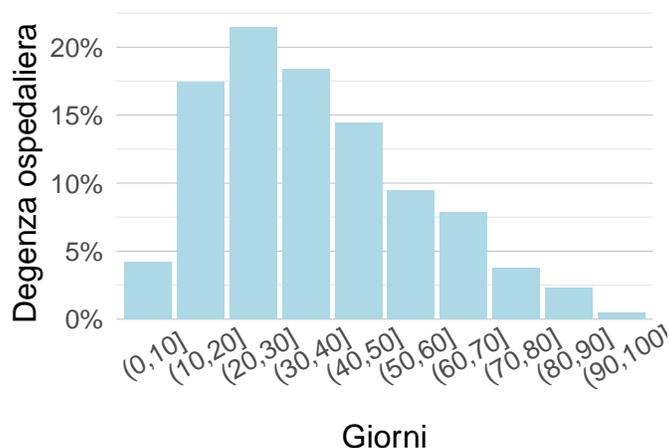
\* Statistiche calcolate su 723 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 24 ).

### 18.7 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.6 (20.4)
Mediana (Q1-Q3)	23 (14-35)
Missing	1

### 18.8 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.5 (27.6)
Mediana (Q1-Q3)	35 (23-53)
Missing	3

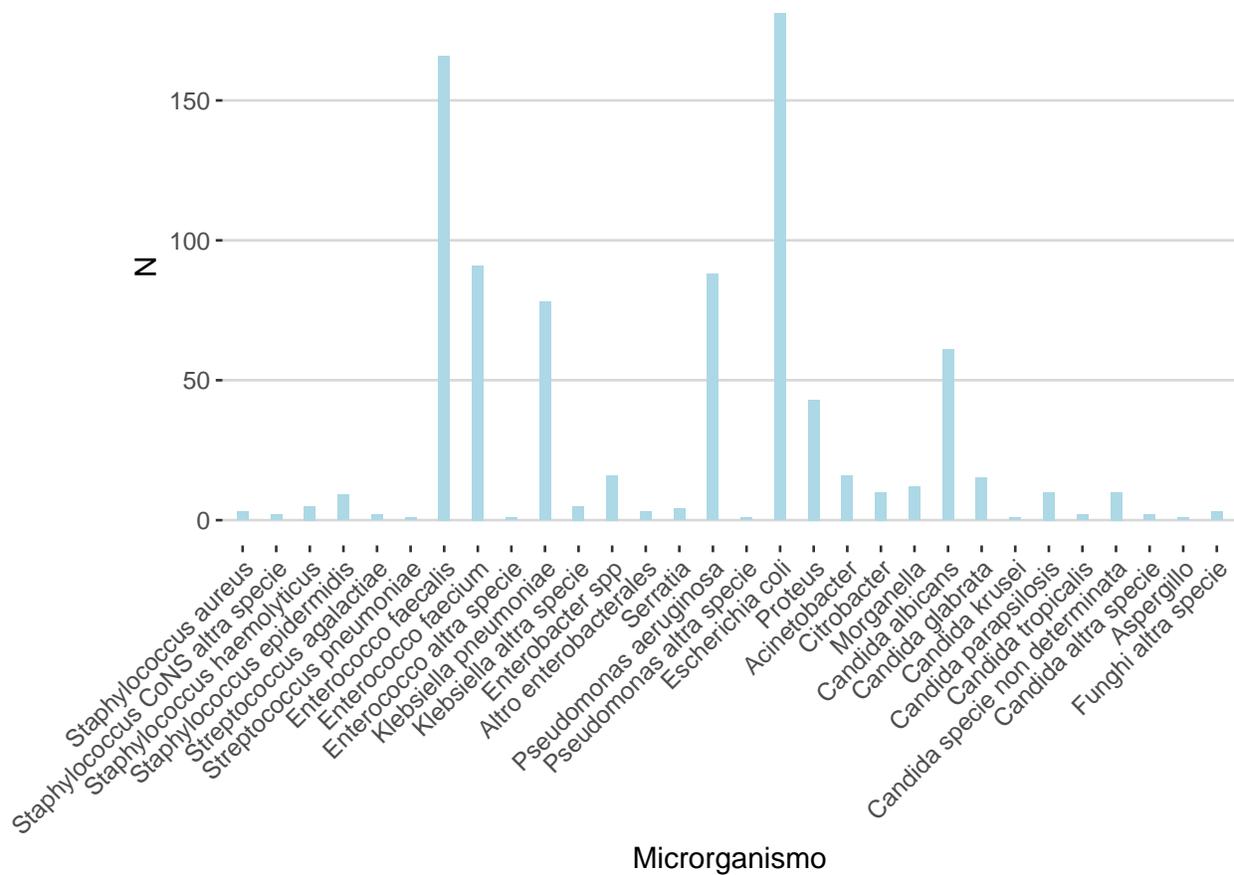
\* Statistiche calcolate su 723 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 24 ).

### 18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	0.1
Sì	738	99.9
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>743</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>844</b>	

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 35 microrganismi.

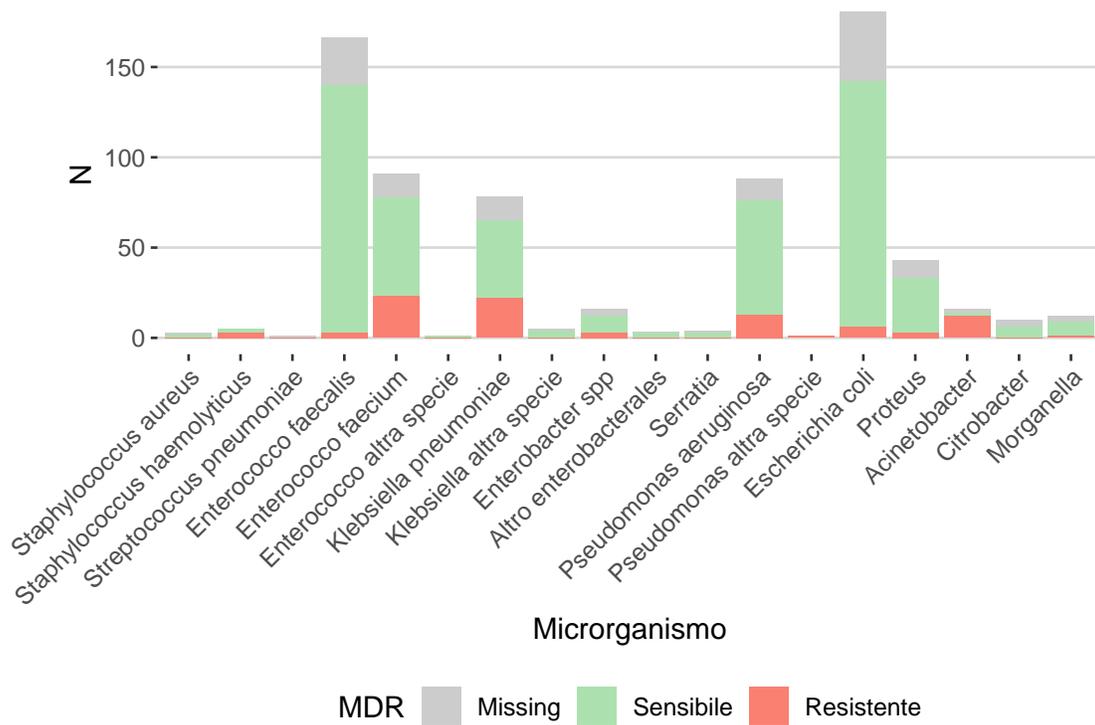


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	0.4	2	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	0.7	5	3	60
Staphylococcus epidermidis	9	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.1	0	0	0
Enterococcus faecalis	166	22.5	140	3	2.1

18 PAZIENTI CON INFEZIONI DELLE VIE URINARIE (IVU) CATETERE CORRELATE  
(N = 747)

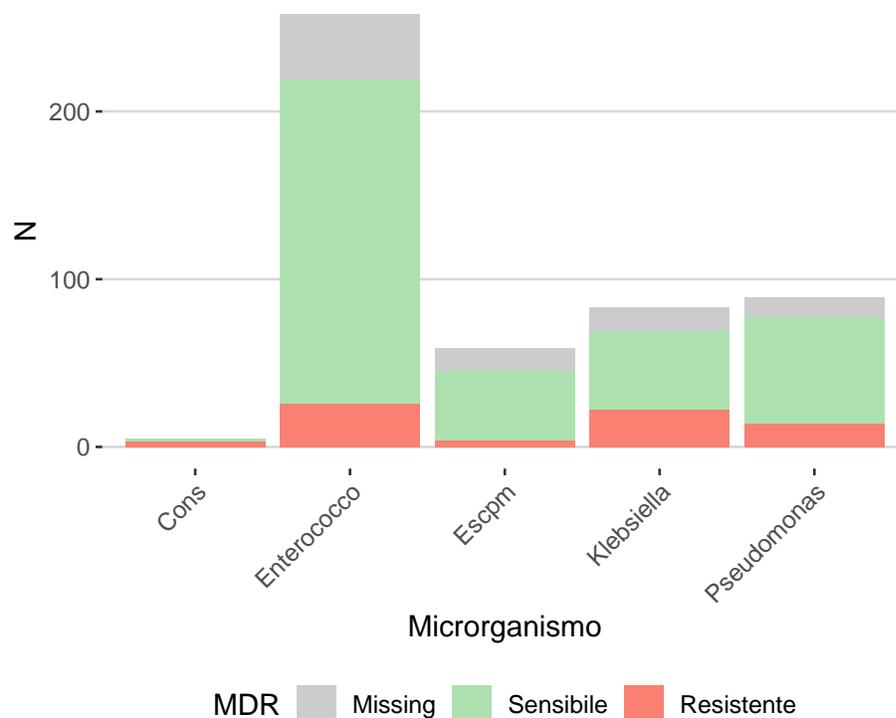
Enterococco faecium	91	12.3	78	23	29.5
Enterococco altra specie	1	0.1	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>280</b>	<b>37.9</b>	<b>226</b>	<b>29</b>	<b>12.8</b>
Klebsiella pneumoniae	78	10.6	65	22	33.8
Klebsiella altra specie	5	0.7	4	0	0
Enterobacter spp	16	2.2	12	3	25
Altro enterobacterales	3	0.4	3	0	0
Serratia	4	0.5	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	88	11.9	76	13	17.1
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	1	100
Escherichia coli	181	24.5	142	6	4.2
Proteus	43	5.8	33	3	9.1
Acinetobacter	16	2.2	14	12	85.7
Citrobacter	10	1.4	6	0	0
Morganella	12	1.6	9	1	11.1
<b>Totale Gram -</b>	<b>457</b>	<b>61.9</b>	<b>368</b>	<b>61</b>	<b>16.6</b>
Candida albicans	61	8.3	0	0	0
Candida glabrata	15	2.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	10	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	10	1.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.3	0	0	0
Aspergillo	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>105</b>	<b>14.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Providencia, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	5	5	2	3	60.00	0
Enterococco	258	219	193	26	11.87	39
Escpm	59	45	41	4	8.89	14
Klebsiella	83	69	47	22	31.88	14
Pseudomonas	89	77	63	14	18.18	12

Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

18.9.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con IVU catetere correlata

Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	64	Ertapenem	20	31.25
Klebsiella pneumoniae	65	Meropenem	19	29.23

Enterobacter spp	11	Ertapenem	3	27.27
Escherichia coli	141	Ertapenem	6	4.26
Escherichia coli	142	Meropenem	2	1.41
Morganella	9	Ertapenem	1	11.11
Proteus	31	Ertapenem	3	9.68
Proteus	33	Meropenem	1	3.03
Acinetobacter	14	Imipenem	10	71.43
Acinetobacter	14	Meropenem	12	85.71
Pseudomonas aeruginosa	72	Imipenem	12	16.67
Pseudomonas aeruginosa	75	Meropenem	6	8.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Enterococco faecalis	140	Vancomicina	3	2.14
Enterococco faecium	78	Vancomicina	23	29.49

### 18.9.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con IVU da catere

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

## Appendice

### Definizione di MDR

Per microorganismo MDR intendiamo un microorganismo che presenti almeno una delle resistenze ai relativi antibiotici elencati in tabella:

Microorganismo	Antibiotico
Klebsiella pneumoniae	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Klebsiella altra specie	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Citrobacter	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Enterobacter spp	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Altro enterobacterales	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Escherichia coli	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Morganella	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Proteus	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Serratia	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Acinetobacter	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Pseudomonas aeruginosa	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Pseudomonas altra specie	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Staphylococcus haemolyticus	Meticillina
Staphylococcus aureus	Meticillina
Streptococcus pneumoniae	Penicillina
Streptococcus altra specie	Penicillina
Enterococco faecalis	Vancomicina
Enterococco faecium	Vancomicina
Enterococco altra specie	Vancomicina

## Raggruppamento Microrganismi

Il seguente raggruppamento è stato pensato per fornire una visualizzazione delle categorie principali di microrganismi, che sono state così definite:

- **Cons:** Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis
- **Streptococco:** Streptococcus pyogenes, Streptococcus agalactiae, Streptococcus altra specie
- **Enterococco:** Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Enterococco altra specie
- **Klebsiella:** Klebsiella pneumoniae, Klebsiella altra specie
- **Escpm:** Proteus, Serratia, Providencia, Morganella
- **Pseudomonas:** Pseudomonas aeruginosa, Pseudomonas altra specie
- **Atipici:** Clamidia, Emofilo, Legionella
- **Candida:** Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida parapsilosis, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Candida altra specie