



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Emilia Romagna³ TI

Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
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
2 Tutti i pazienti (N = 4793)	12
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
3 Pazienti infetti (N = 1783)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 2987)	19
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

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	26
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 1445)	27
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
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 217)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriémica	37
6.4 Infezioni multisito	38
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	38
6.6 Mortalità in TI	39
6.7 Mortalità ospedaliera *	39
6.8 Degenza in TI (giorni)	40
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	40
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	40
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 529)	46
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	46
7.4 Infezione batteriémica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	47
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	48
7.9 Degenza in TI (giorni)	49
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	49
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	49
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	55
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	61
8 Pazienti infetti in degenza (N = 535)	62
8.1 Sesso	62
8.2 Età	62
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	63
8.4 Provenienza (reparto)	63
8.5 Trauma	64
8.6 Stato Chirurgico	64
8.7 Motivo di ammissione	64
8.8 Insufficienza neurologica	65
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	65
8.10 Insufficienza neurologica insorta	66
8.11 Mortalità in TI	66
8.12 Mortalità ospedaliera *	66
8.13 Degenza in TI (giorni)	67
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	67

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	68
8.16	Infezione multisito	69
8.17	Infezioni in degenza	69
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	69
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	70
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	71
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	72
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 197)	79
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	79
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 338)	86
10.1	Gravità massima dell'infezione	86
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	87
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	87
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	93
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 219)	94
11.1	Trauma	94
11.2	Stato Chirurgico	94
11.3	Infezione batteriémica	95
11.4	Infezioni multisito	95
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	95
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	96
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 193)	96
12.1	VAP precoce	96
12.2	Diagnosi	97
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	97
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 4793)	98
12.5	Giorni di VM pre-VAP	99
12.6	Incidenza di VAP	99
12.7	Mortalità in TI	101
12.8	Mortalità ospedaliera *	101
12.9	Degenza in TI (giorni)	102
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	102
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	102
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	107
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	111
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 137)	115
13.1	Trauma	115
13.2	Stato Chirurgico	115
13.3	Tipologia	115
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	116
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	116
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 39)	121
14.1	Infezioni multisito	121
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	121
14.3	Mortalità in TI	122
14.4	Mortalità ospedaliera *	122
14.5	Degenza in TI (giorni)	123
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	123
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	124

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 31)	128
15.1	Infezione multitisito	128
15.2	Fattori di rischio	128
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	130
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	130
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	131
15.6	Mortalità in TI	131
15.7	Mortalità ospedaliera *	132
15.8	Degenza in TI (giorni)	132
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	133
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	133
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 81)	138
16.1	Infezioni associate (top 10)	138
16.2	Mortalità in TI	139
16.3	Mortalità ospedaliera *	139
16.4	Degenza in TI (giorni)	140
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	140
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	140
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 14)	146
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	146
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 36)	149
18.1	Catetere urinario (N = 4793)	149
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	149
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	151
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	151
18.5	Mortalità in TI	152
18.6	Mortalità ospedaliera *	152
18.7	Degenza in TI (giorni)	153
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	153
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	154
Appendice		158
	Definizione di MDR	158
	Raggruppamento Microrganismi	158

Petalo Infectionlight

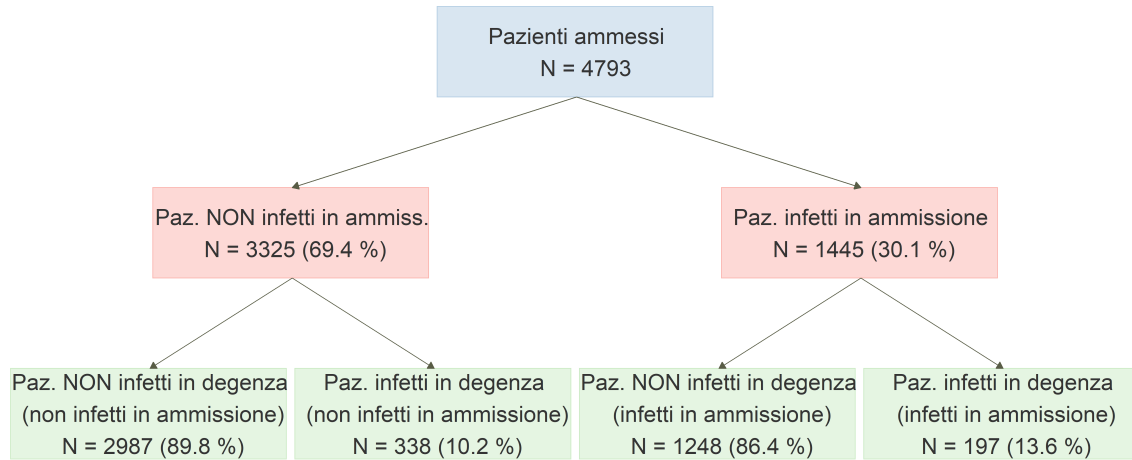
Anno 2022

Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

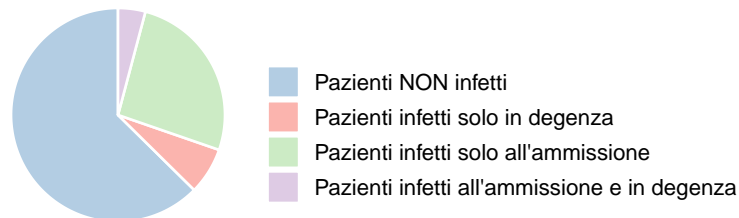
Popolazione complessiva: 13 TI

TI Emilia Romagna

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



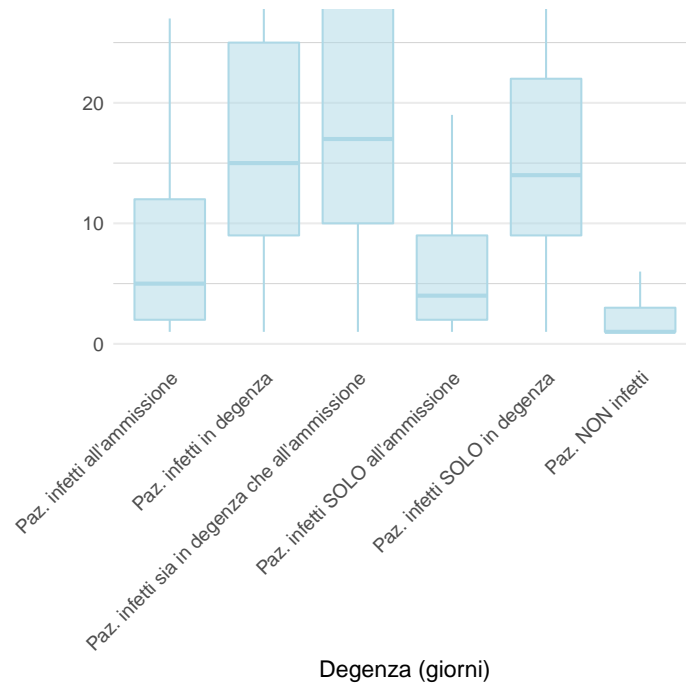
Per N = 23 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	2987	62.6
Pazienti infetti solo in degenza	338	7.1
Pazienti infetti solo all'ammissione	1248	26.2
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	197	4.1

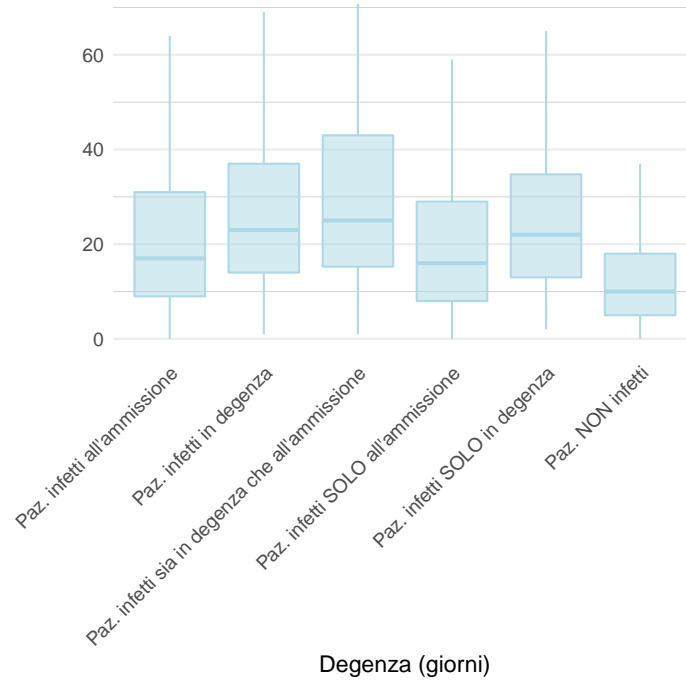
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 4770).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	2987	62.3	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1248	26.0	4	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	197	4.1	17	(10 - 33)
Pazienti infetti SOLO in degenza	338	7.1	14	(9 - 22)
Pazienti infetti all'ammissione	1445	30.1	5	(2 - 12)
Pazienti infetti in degenza	535	11.2	15	(9 - 25)

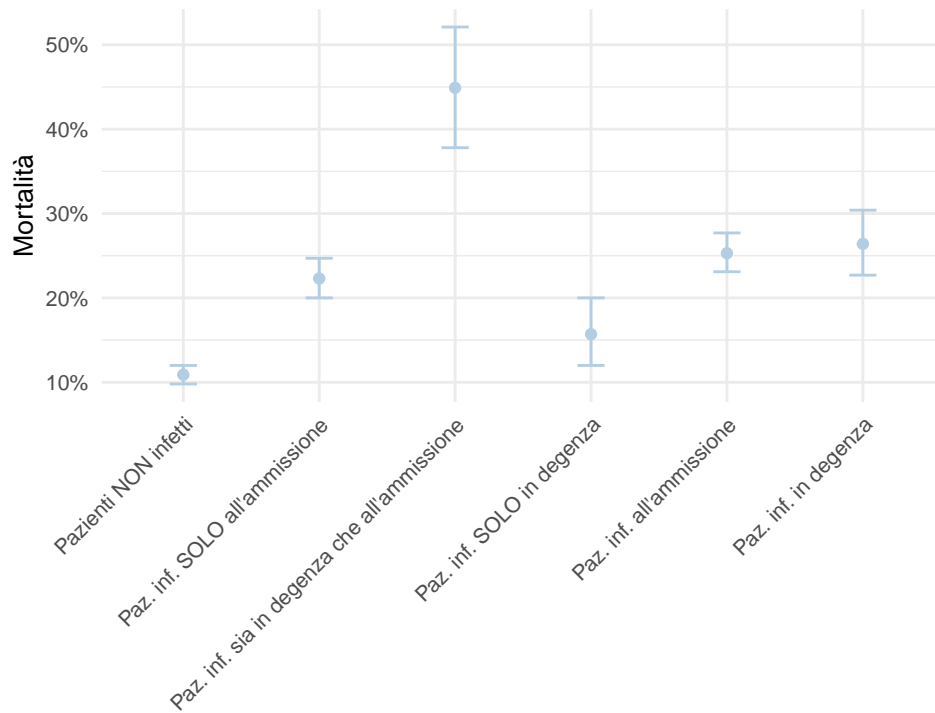
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	2987	62.3	10	(5 - 18)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1248	26.0	16	(8 - 29)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	197	4.1	25	(15 - 43)
Pazienti infetti SOLO in degenza	338	7.1	22	(13 - 35)
Pazienti infetti all'ammissione	1445	30.1	17	(9 - 31)
Pazienti infetti in degenza	535	11.2	23	(14 - 37)

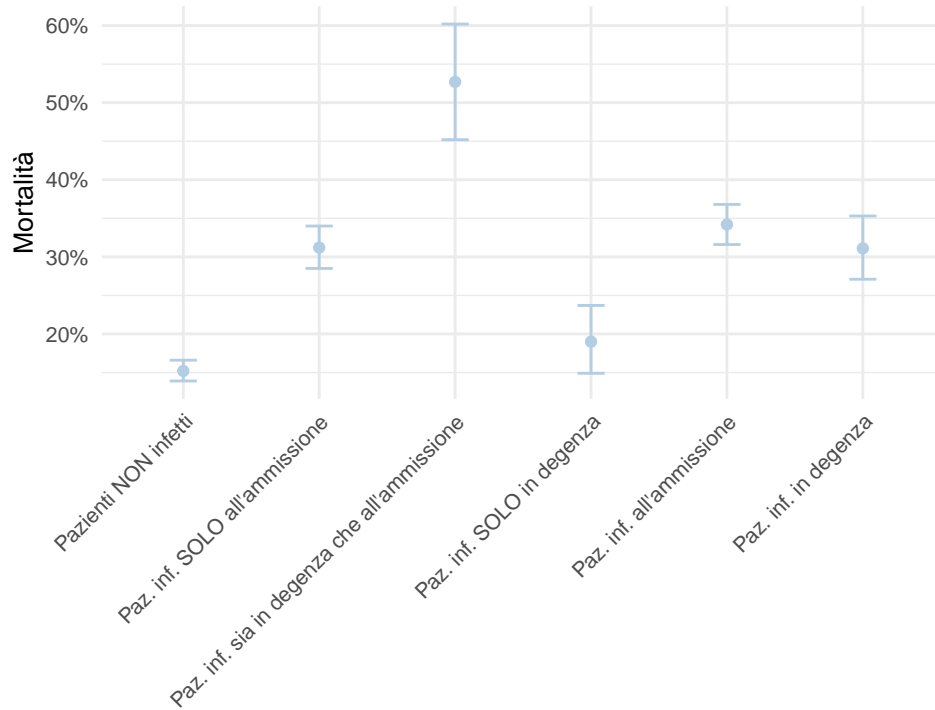
* escluse le riammissioni (N = 169)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	2987	324	10.9	(9.8 - 12)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1248	278	22.3	(20 - 24.7)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	197	88	44.9	(37.8 - 52.1)
Pazienti infetti SOLO in degenza	338	53	15.7	(12 - 20)
Pazienti infetti all'ammissione	1445	366	25.3	(23.1 - 27.7)
Pazienti infetti in degenza	535	141	26.4	(22.7 - 30.4)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

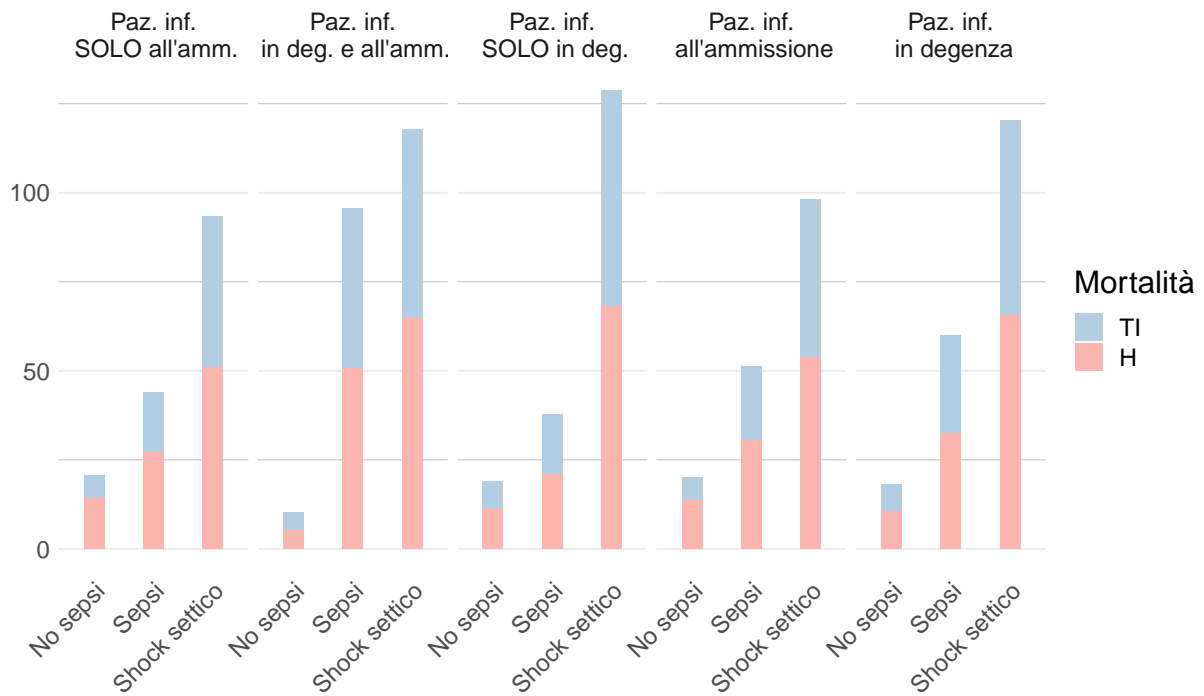


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	2987	439	15.2	(13.9 - 16.6)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1248	356	31.2	(28.5 - 34)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	197	96	52.7	(45.2 - 60.2)
Pazienti infetti SOLO in degenza	338	62	19.0	(14.9 - 23.7)
Pazienti infetti all'ammissione	1445	452	34.2	(31.6 - 36.8)
Pazienti infetti in degenza	535	158	31.1	(27.1 - 35.3)

* escluse le riammissioni (N = 169)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1248	356	483	409	28.5	38.7	32.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	197	21	78	98	10.7	39.6	49.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	338	186	124	28	55.0	36.7	8.3
Pazienti infetti all'ammissione	1445	377	561	507	26.1	38.8	35.1
Pazienti infetti in degenza	535	207	202	126	38.7	37.8	23.6



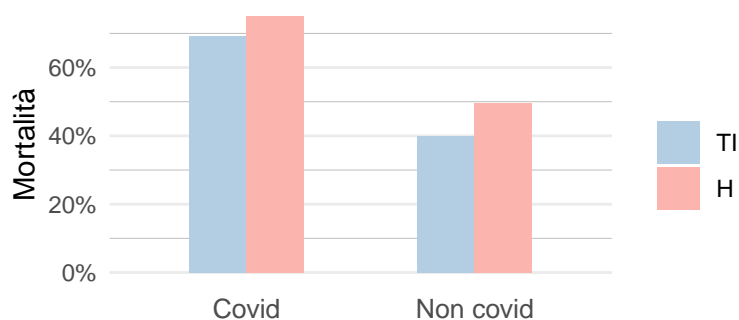
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliere (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	356	24	6.7	336	47	14.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	21	1	5.0	21	1	5.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	186	15	8.1	182	20	11.0
Pazienti infetti all'ammissione	377	25	6.6	357	48	13.6
Pazienti infetti in degenza	207	16	7.8	203	21	10.5

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	483	81	16.8	448	118	27.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	78	35	44.9	75	38	50.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	124	21	16.9	121	25	20.8
Pazienti infetti all'ammissione	561	116	20.7	523	156	30.6
Pazienti infetti in degenza	202	56	27.7	196	63	32.3

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	409	173	42.3	385	191	51.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	98	52	53.1	91	57	64.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	28	17	60.7	27	17	68.0
Pazienti infetti all'ammissione	507	225	44.4	476	248	53.7
Pazienti infetti in degenza	126	69	54.8	118	74	65.5

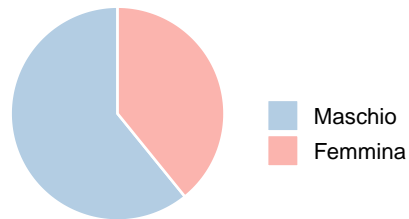
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	78	54	69.2	78	57	75.0
Non covid	429	171	39.9	398	191	49.5

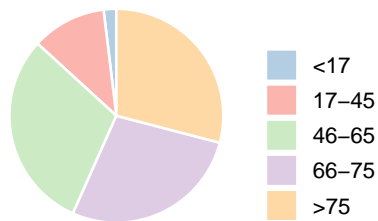
2 Tutti i pazienti (N = 4793)

2.1 Sesso



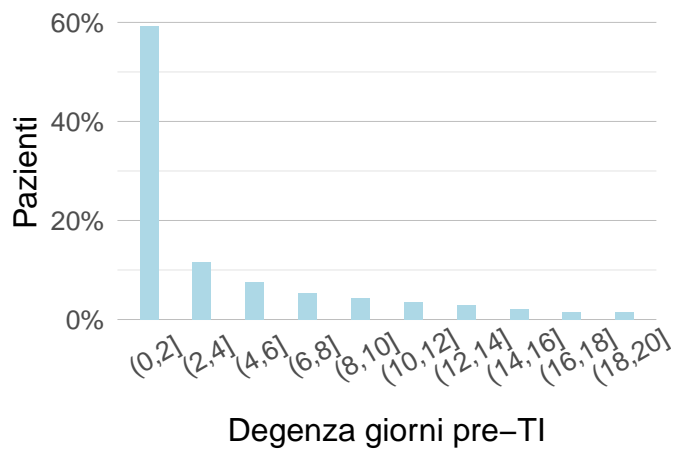
Sesso	N	%
Maschio	2916	60.9
Femmina	1876	39.1
Missing	1	0

2.2 Età



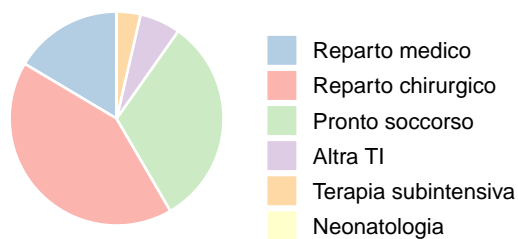
Range età	N	%
<17	92	1.9
17-45	541	11.3
46-65	1444	30.1
66-75	1323	27.6
>75	1393	29.1
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



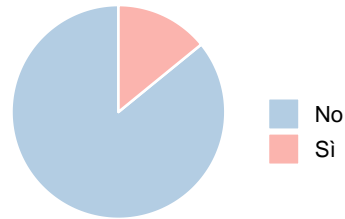
Indicatore	Valore
Media	4.5
DS	13.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	18

2.4 Provenienza (reparto)



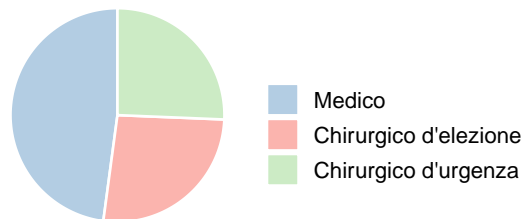
Provenienza	N	%
Reparto medico	783	16.4
Reparto chirurgico	1997	42.0
Pronto soccorso	1515	31.8
Altra TI	293	6.2
Terapia subintensiva	172	3.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	33	0

2.5 Trauma



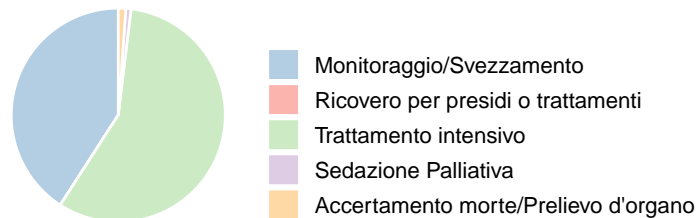
Trauma	N	%
No	4102	85.9
Sì	674	14.1
Missing	17	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	2287	47.9
Chirurgico d'elezione	1264	26.5
Chirurgico d'urgenza	1225	25.6
Missing	17	0

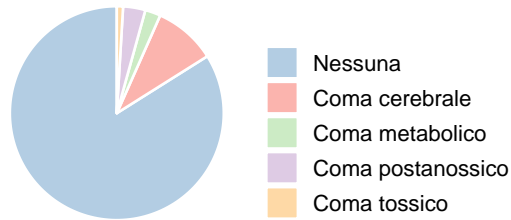
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1950	40.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

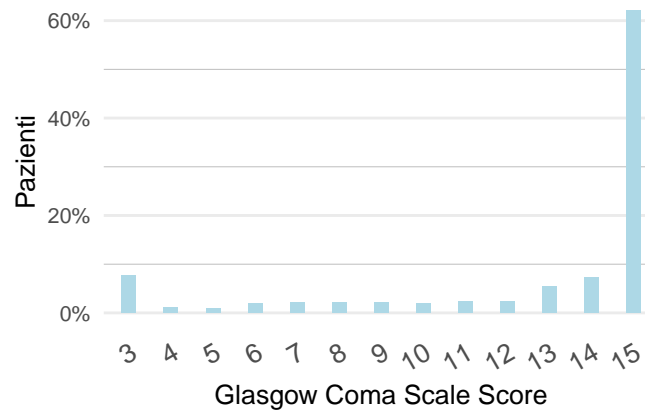
Trattamento intensivo	2729	57.2
Sedazione Palliativa	37	0.8
Accertamento morte/Prelievo d'organo	54	1.1
Missing	23	0

2.8 Insufficienza neurologica



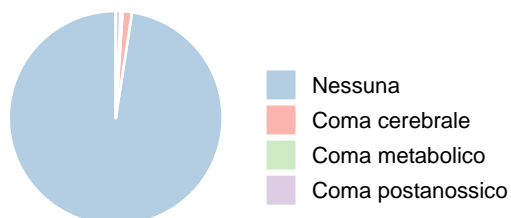
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3219	83.9
Coma cerebrale	361	9.4
Coma metabolico	90	2.3
Coma postanossico	129	3.4
Coma tossico	36	0.9
Missing	958	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



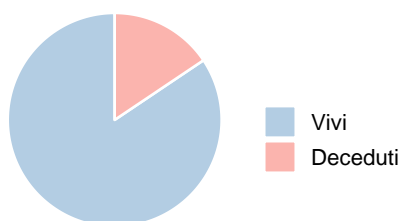
Indicatore	Valore
Media	12.8
DS	3.8
Mediana	15
Q1-Q3	12-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



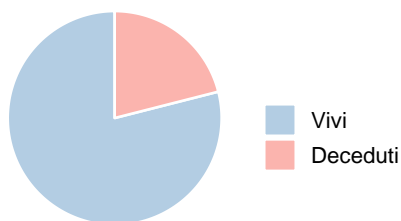
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4654	97.6
Coma cerebrale	67	1.4
Coma metabolico	15	0.3
Coma postanossico	34	0.7
Missing	23	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4023	84.4
Deceduti	743	15.6
Missing	27	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

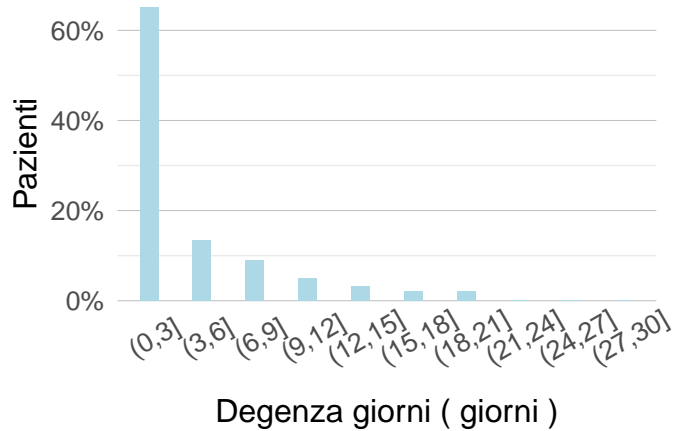


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3578	79.0
Deceduti	943	21.0

Deceduti	953	21.0
Missing	82	0

* Statistiche calcolate su 4613 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 180).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.8 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	27

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

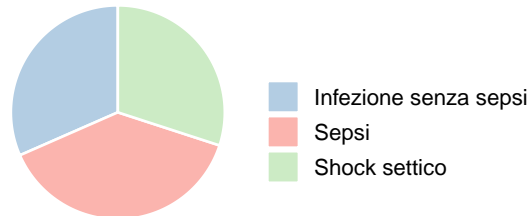


Indicatore	Valore
Media (DS)	18.5 (20.4)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-23)
Missing	82

* Statistiche calcolate su 4613 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 180).

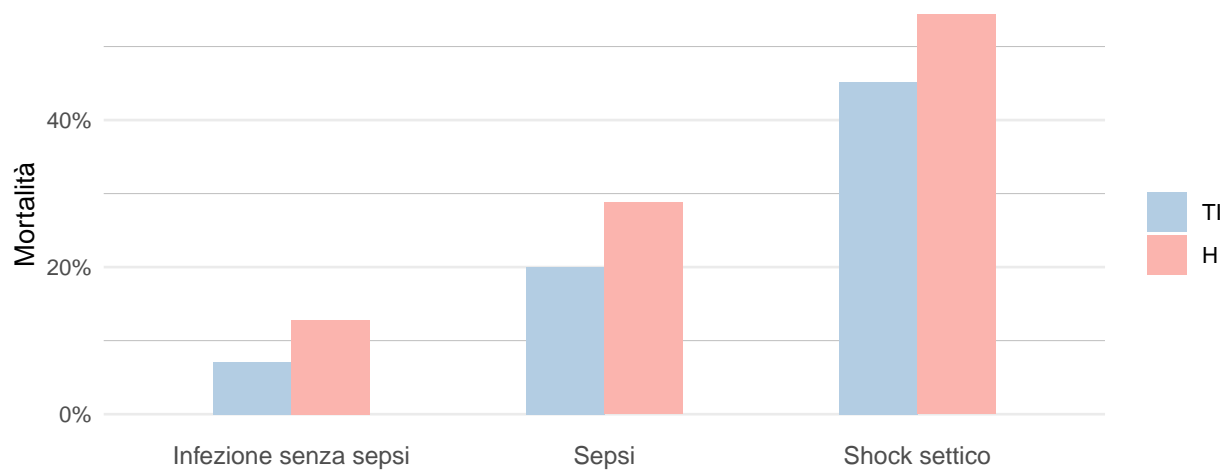
3 Pazienti infetti (N = 1783)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	563	31.6
Sepsi	685	38.4
Shock settico	535	30.0
Missing	0	0

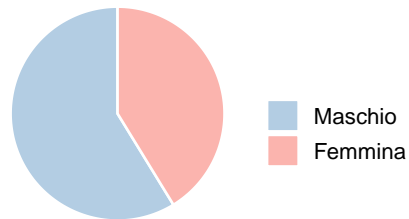
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	7.1	12.8
Sepsi	20.0	28.8
Shock settico	45.2	54.4

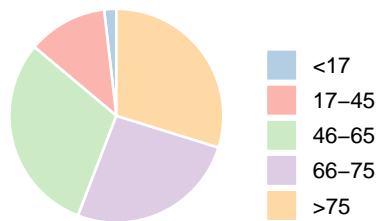
4 Pazienti non infetti (N = 2987)

4.1 Sesso



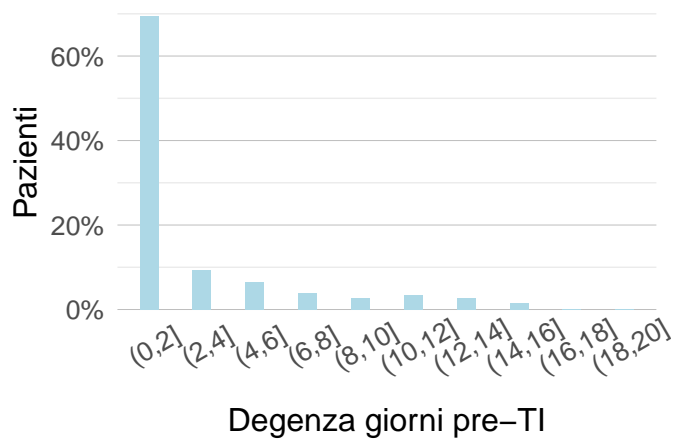
Sesso	N	%
Maschio	1755	58.8
Femmina	1232	41.2
Missing	0	0

4.2 Età



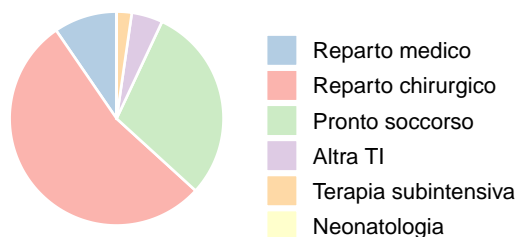
Range età	N	%
<17	55	1.8
17-45	360	12.1
46-65	904	30.3
66-75	778	26.0
>75	890	29.8
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



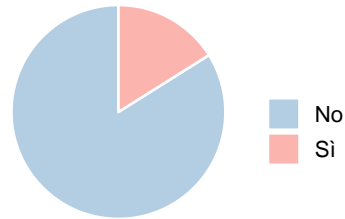
Indicatore	Valore
Media	3.4
DS	9.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	1

4.4 Provenienza (reparto)



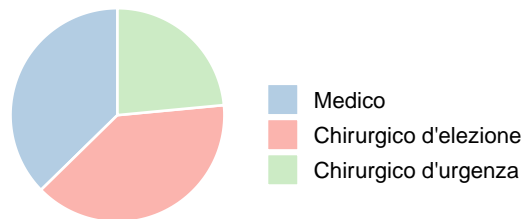
Provenienza	N	%
Reparto medico	285	9.6
Reparto chirurgico	1598	53.7
Pronto soccorso	887	29.8
Altra TI	140	4.7
Terapia subintensiva	68	2.3
Neonatologia	0	0.0
Missing	9	0

4.5 Trauma



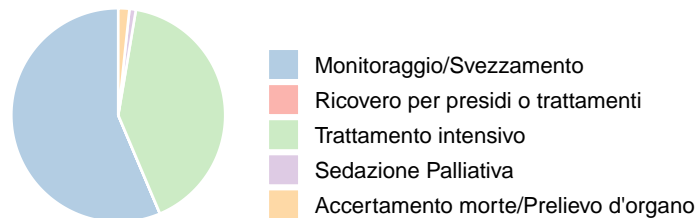
Trauma	N	%
No	2507	83.9
Sì	480	16.1
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	1115	37.3
Chirurgico d'elezione	1170	39.2
Chirurgico d'urgenza	702	23.5
Missing	0	0

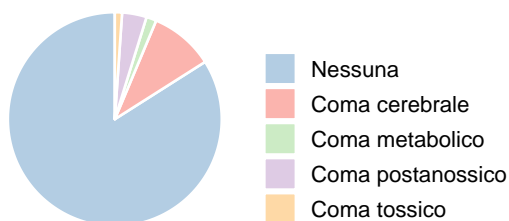
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1684	56.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

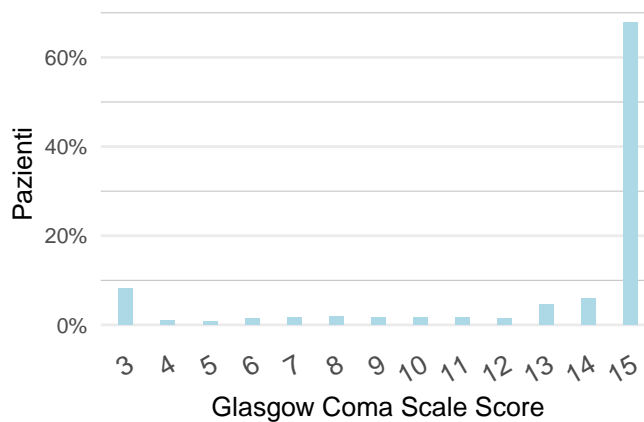
Trattamento intensivo	1224	41.0
Sedazione Palliativa	29	1.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	50	1.7
Missing	0	0

4.8 Insufficienza neurologica



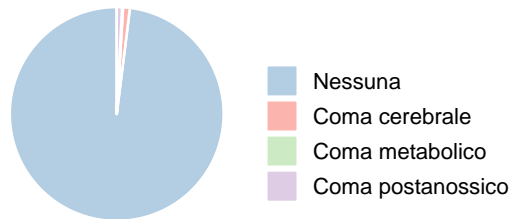
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1927	84.0
Coma cerebrale	222	9.7
Coma metabolico	35	1.5
Coma postanossico	85	3.7
Coma tossico	25	1.1
Missing	693	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



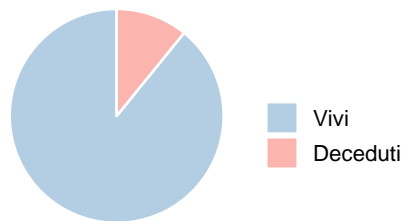
Indicatore	Valore
Media	11.0
DS	3.8
Mediana	13
Q1-Q3	11-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



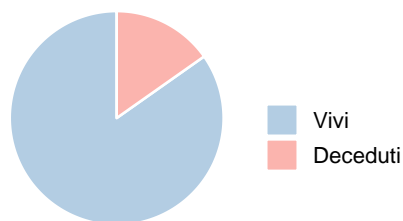
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	2928	98.0
Coma cerebrale	31	1.0
Coma metabolico	4	0.1
Coma postanossico	24	0.8
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2660	89.1
Deceduti	324	10.9
Missing	3	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

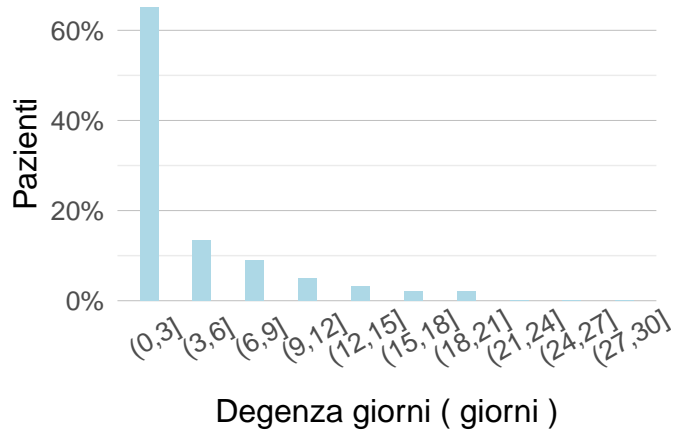


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	2443	84.8

Deceduti	439	15.2
Missing	23	0

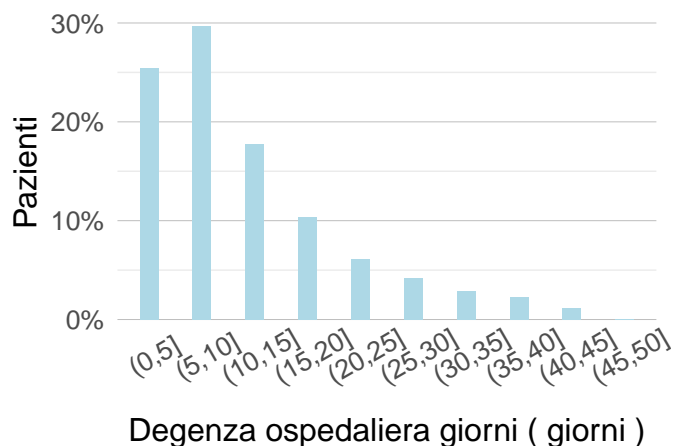
* Statistiche calcolate su 2905 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 82).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.7 (3.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	3

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

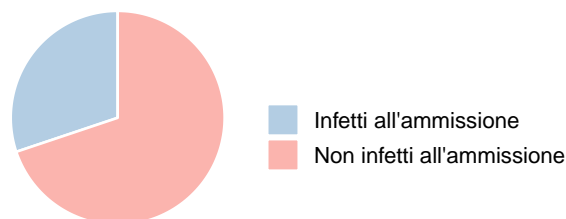


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.0 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-18)
Missing	23

* Statistiche calcolate su 2905 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 82$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

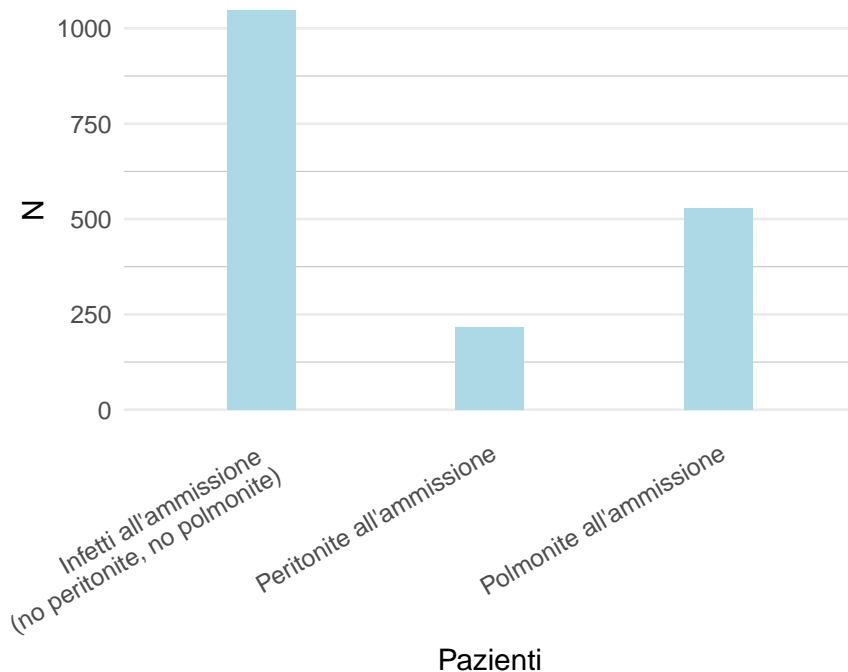
Sono presenti 1445 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 30.15% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	1445	30.15
Non infetti all'ammissione	3348	69.85

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 4793).

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

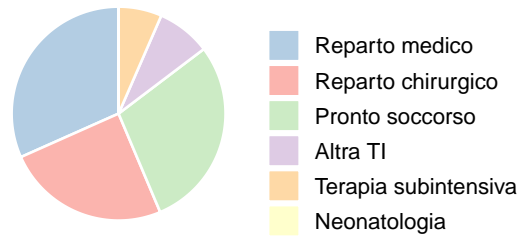


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1047	72.46
Peritonite all'ammissione	217	15.02
Polmonite all'ammissione	529	36.61

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 1445).

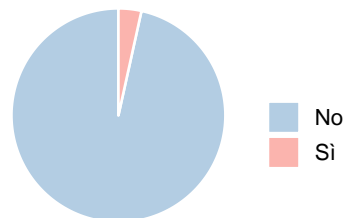
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 1445)

5.1 Provenienza (reparto)



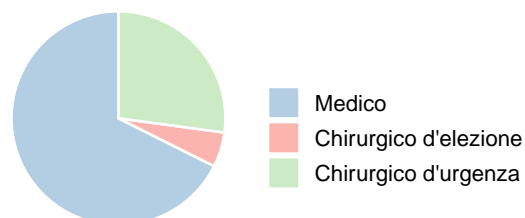
Provenienza	N	%
Reparto medico	455	31.7
Reparto chirurgico	355	24.7
Pronto soccorso	416	28.9
Altra TI	117	8.1
Terapia subintensiva	94	6.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	8	0

5.2 Trauma



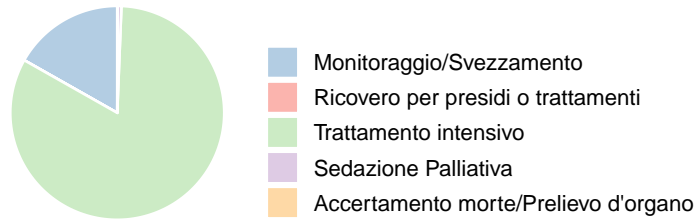
Trauma	N	%
No	1395	96.5
Sì	50	3.5
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



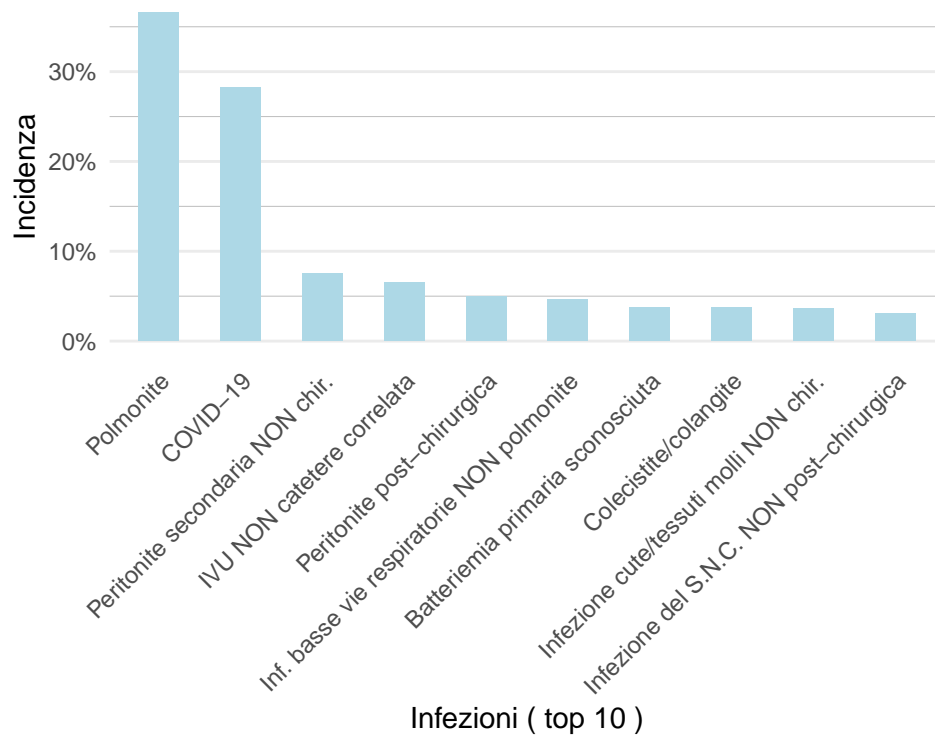
Stato chirurgico	N	%
Medico	977	67.6
Chirurgico d'elezione	76	5.3
Chirurgico d'urgenza	392	27.1
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



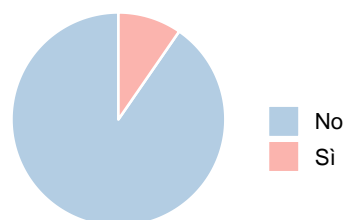
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	242	16.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1189	82.6
Sedazione Palliativa	8	0.6
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.1
Missing	5	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



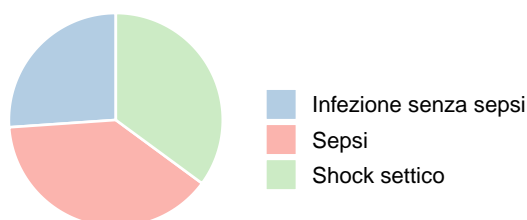
Infezione	N	%
Polmonite	529	36.6
COVID-19	408	28.2
Peritonite secondaria NON chir.	109	7.5
IVU NON catetere correlata	94	6.5
Peritonite post-chirurgica	72	5.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	67	4.6
Batteriemia primaria sconosciuta	53	3.7
Colecistite/colangite	53	3.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	52	3.6
Infezione del S.N.C. NON post-chirurgica	45	3.1
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	1306	90.4
Sì	139	9.6
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	377	26.1
Sepsi	561	38.8
Shock settico	507	35.1
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

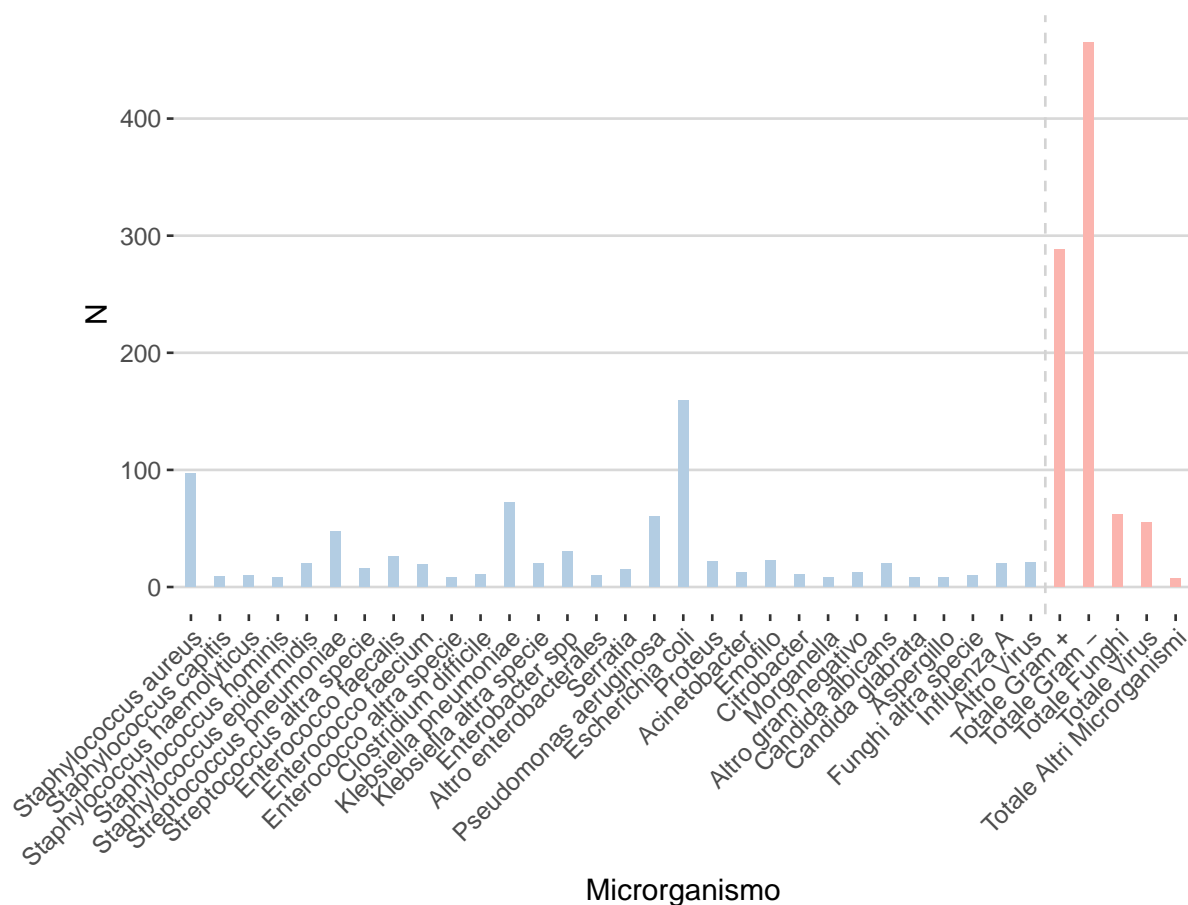
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	501	36.7
Sì	865	63.3
Missing	9	
Totale infezioni	1375	
Totale microrganismi isolati	1080	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	97	11.2	81	10	12.3
Staphylococcus capitis	9	1.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	1.2	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	8	0.9	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0

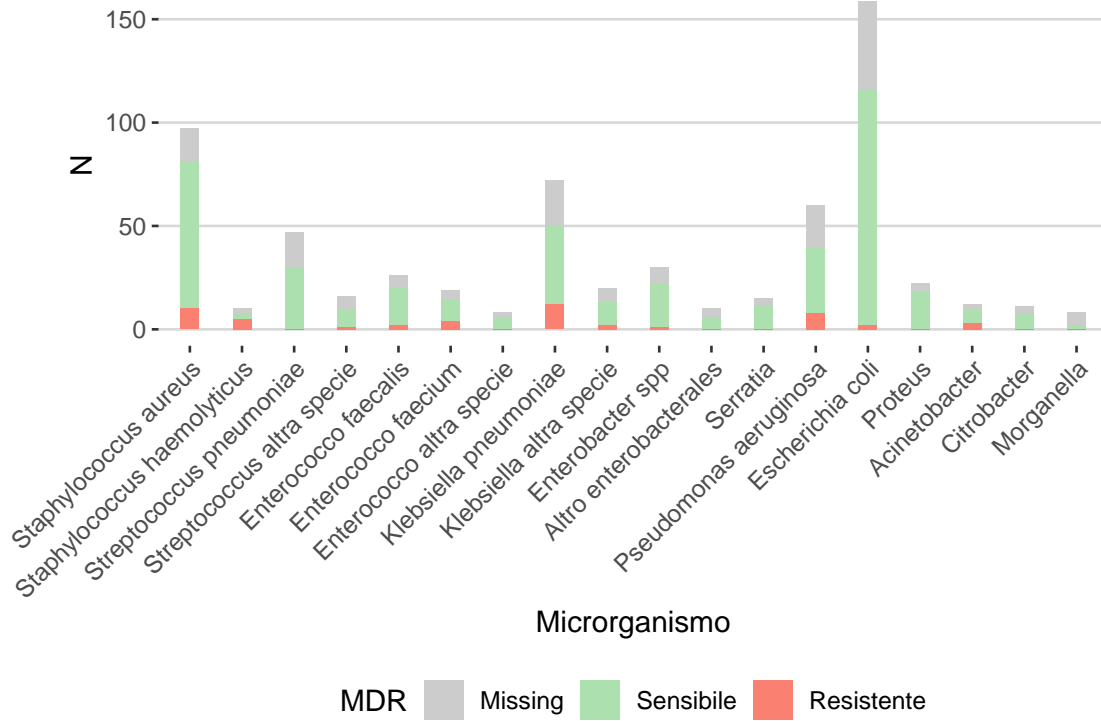
Staphylococcus epidermidis	20	2.3	0	0	0
Pyogens	3	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	47	5.4	30	0	0
Streptococcus altra specie	16	1.8	9	1	11.1
Enterococco faecalis	26	3.0	20	2	10
Enterococco faecium	19	2.2	14	4	28.6
Enterococco altra specie	8	0.9	6	0	0
Clostridium difficile	11	1.3	0	0	0
Clostridium altra specie	5	0.6	0	0	0
Totale Gram +	288	33.3	167	22	13.2
Klebsiella pneumoniae	72	8.3	50	12	24
Klebsiella altra specie	20	2.3	13	2	15.4
Enterobacter spp	30	3.5	22	1	4.5
Altro enterobacterales	10	1.2	6	0	0
Serratia	15	1.7	11	0	0
Pseudomonas aeruginosa	60	6.9	39	8	20.5
Escherichia coli	159	18.4	116	2	1.7
Proteus	22	2.5	18	0	0
Acinetobacter	12	1.4	9	3	33.3
Emofilo	23	2.7	0	0	0
Legionella	7	0.8	0	0	0
Citrobacter	11	1.3	8	0	0
Morganella	8	0.9	2	0	0
Providencia	3	0.3	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	12	1.4	0	0	0
Totale Gram -	465	53.8	294	28	9.5
Candida albicans	20	2.3	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	8	0.9	0	0	0
Candida krusei	4	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	8	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	10	1.2	0	0	0
Totale Funghi	62	7.2	0	0	0
Influenza A	20	2.3			
Influenza AH3N2	5	0.6			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	4	0.5			
Herpes simplex	4	0.5			
Altro Virus	21	2.4			
Totale Virus	55	6.4	0	0	0
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	7	0.8	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	97	11.2	81	10	12.3
Staphylococcus capitis	9	1.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	1.2	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	8	0.9	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	2.3	0	0	0
Pyogens	3	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	47	5.4	30	0	0
Streptococcus altra specie	16	1.8	9	1	11.1
Enterococco faecalis	26	3.0	20	2	10
Enterococco faecium	19	2.2	14	4	28.6
Enterococco altra specie	8	0.9	6	0	0
Clostridium difficile	11	1.3	0	0	0
Clostridium altra specie	5	0.6	0	0	0
Totale Gram +	288	33.3	167	22	13.2
Klebsiella pneumoniae	72	8.3	50	12	24
Klebsiella altra specie	20	2.3	13	2	15.4
Enterobacter spp	30	3.5	22	1	4.5
Altro enterobacterales	10	1.2	6	0	0

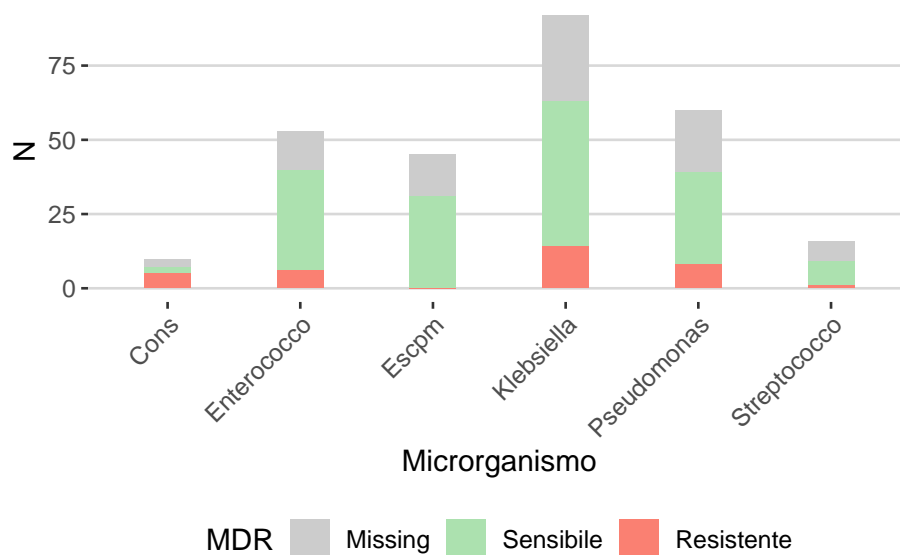
Serratia	15	1.7	11	0	0
Pseudomonas aeruginosa	60	6.9	39	8	20.5
Escherichia coli	159	18.4	116	2	1.7
Proteus	22	2.5	18	0	0
Acinetobacter	12	1.4	9	3	33.3
Emofilo	23	2.7	0	0	0
Legionella	7	0.8	0	0	0
Citrobacter	11	1.3	8	0	0
Morganella	8	0.9	2	0	0
Providencia	3	0.3	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	12	1.4	0	0	0
Totale Gram -	465	53.8	294	28	9.5
Candida albicans	20	2.3	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	8	0.9	0	0	0
Candida krusei	4	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	8	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	10	1.2	0	0	0
Totale Funghi	62	7.2	0	0	0
Influenza A	20	2.3			
Influenza AH3N2	5	0.6			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	4	0.5			
Herpes simplex	4	0.5			
Altro Virus	21	2.4			
Totale Virus	55	6.4	0	0	0
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	7	0.8	0	0	0

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 (Pseudomonas altra specie, Candida altra specie, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B). 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	10	7	2	5	71.43	3
Enterococco	53	40	34	6	15.00	13
Escpm	45	31	31	0	0.00	14
Klebsiella	92	63	49	14	22.22	29
Pseudomonas	60	39	31	8	20.51	21
Streptococco	16	9	8	1	11.11	7

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	47	Ertapenem	10	21.28
Klebsiella pneumoniae	50	Meropenem	11	22.00
Klebsiella altra specie	12	Ertapenem	2	16.67
Enterobacter spp	22	Ertapenem	1	4.55
Escherichia coli	115	Ertapenem	2	1.74

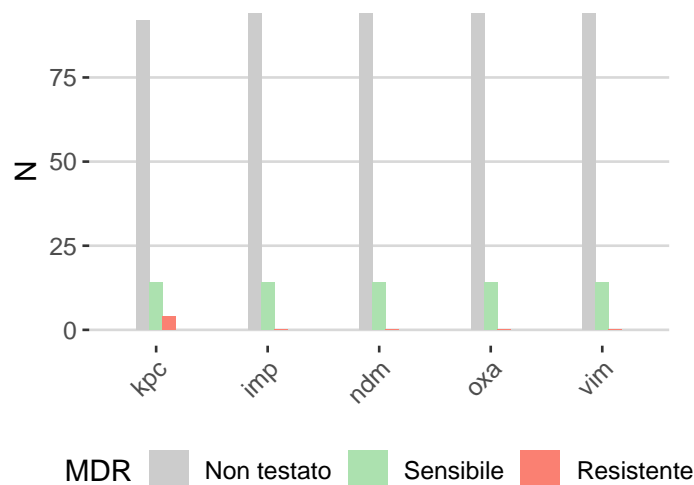
Escherichia coli	116	Meropenem	1	0.86
Acinetobacter	9	Imipenem	2	22.22
Acinetobacter	9	Meropenem	3	33.33
Pseudomonas aeruginosa	38	Imipenem	8	21.05
Pseudomonas aeruginosa	39	Meropenem	6	15.38
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	81	Meticillina	10	12.35
Streptococcus altra specie	9	Penicillina	1	11.11
Enterococco faecalis	20	Vancomicina	2	10.00
Enterococco faecium	14	Vancomicina	4	28.57

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

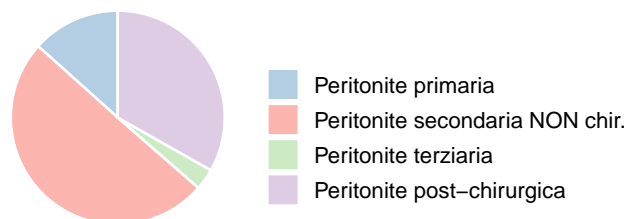
	N	%
Si	4	3.64
No	13	11.82
Non testato	93	84.55
Missing	240	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	14	94
kpc	4	100	14	92
ndm	0	0	14	94
oxa	0	0	14	94
vim	0	0	14	94



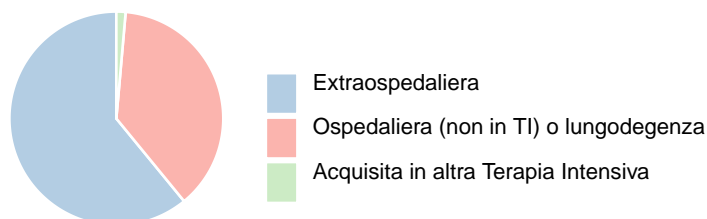
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 217)

6.1 Tipologia di peritonite



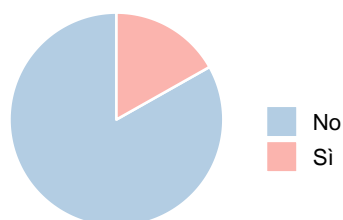
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	29	13.4
Peritonite secondaria NON chir.	109	50.2
Peritonite terziaria	7	3.2
Peritonite post-chirurgica	72	33.2
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



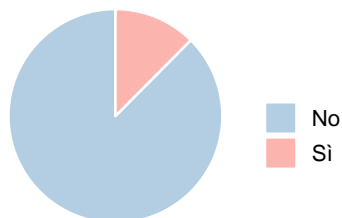
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	131	60.9
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	81	37.7
Acquisita in altra Terapia Intensiva	3	1.4
Missing	2	0

6.3 Infezione batteriemica



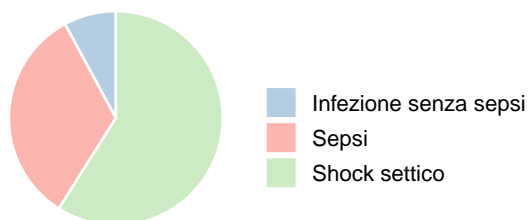
Batteriemica	N	%
No	178	83.2
Sì	36	16.8
Missing	3	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	190	87.6
Sì	27	12.4
Missing	0	0

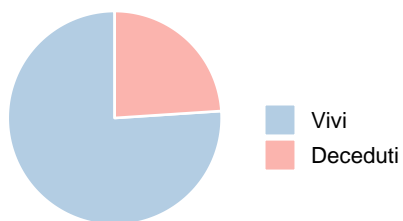
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	15	7.9
Sepsi	63	33.2
Shock settico	112	58.9
Missing	0	0

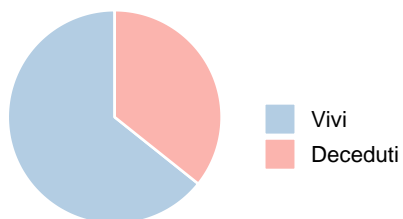
* Statistiche calcolate su 190 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 27).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	165	76.0
Deceduti	52	24.0
Missing	0	0

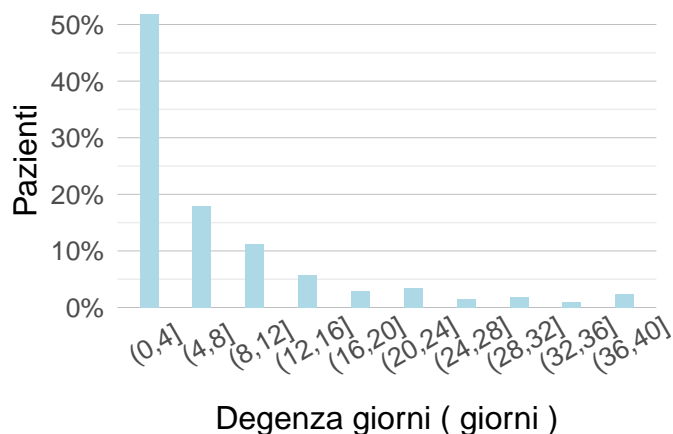
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	117	64.3
Deceduti	65	35.7
Missing	11	0

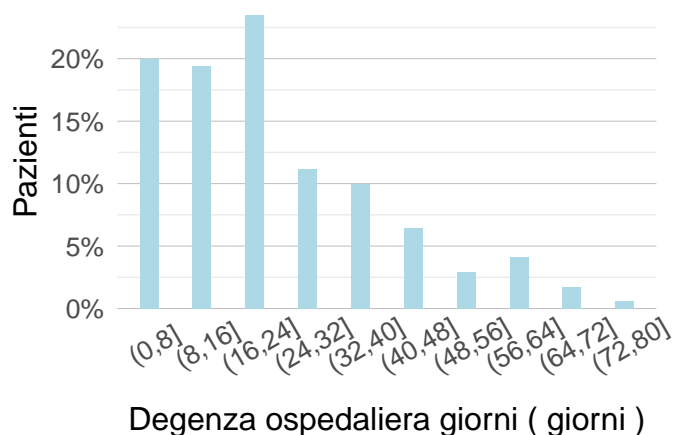
* Statistiche calcolate su 193 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 24).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.1 (20.4)
Mediana (Q1-Q3)	5 (2-11)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (25.6)
Mediana (Q1-Q3)	21 (11-37)
Missing	11

* Statistiche calcolate su 193 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 24).

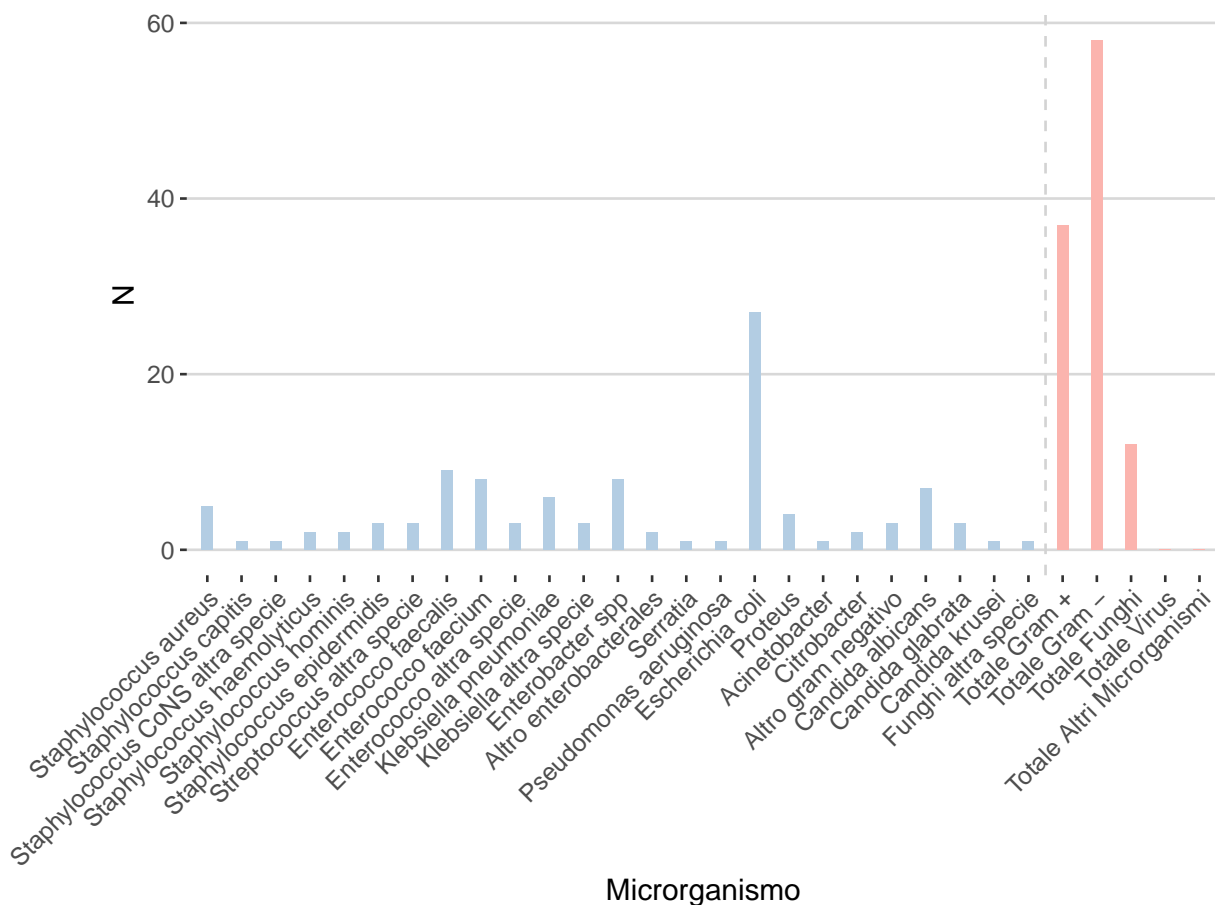
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	140	65.7
Sì	73	34.3
Missing	4	
Totale infezioni	217	
Totale microrganismi isolati	108	

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 30 microrganismi.

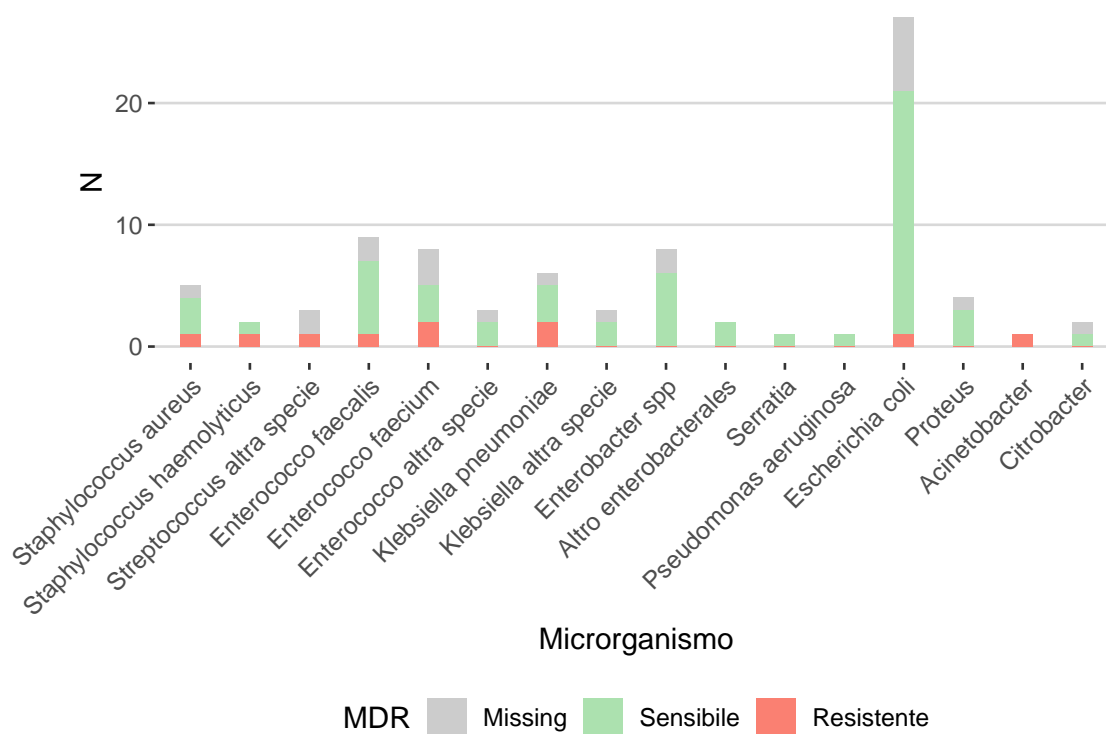
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	6.8	4	1	25
Staphylococcus capitis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.7	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	2.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	4.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	4.1	1	1	100
Enterococco faecalis	9	12.3	7	1	14.3
Enterococco faecium	8	11.0	5	2	40
Enterococco altra specie	3	4.1	2	0	0
Totale Gram +	37	50.7	21	6	28.6
Klebsiella pneumoniae	6	8.2	5	2	40
Klebsiella altra specie	3	4.1	2	0	0
Enterobacter spp	8	11.0	6	0	0
Altro enterobacterales	2	2.7	2	0	0
Serratia	1	1.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	1.4	1	0	0
Escherichia coli	27	37.0	21	1	4.8
Proteus	4	5.5	3	0	0
Acinetobacter	1	1.4	1	1	100
Citrobacter	2	2.7	1	0	0
Altro gram negativo	3	4.1	0	0	0
Totale Gram -	58	79.5	43	4	9.3
Candida albicans	7	9.6	0	0	0
Candida glabrata	3	4.1	0	0	0
Candida krusei	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.4	0	0	0
Totale Funghi	12	16.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	6.8	4	1	25
Staphylococcus capitis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.7	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	2.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	4.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	4.1	1	1	100
Enterococco faecalis	9	12.3	7	1	14.3
Enterococco faecium	8	11.0	5	2	40
Enterococco altra specie	3	4.1	2	0	0
Totale Gram +	37	50.7	21	6	28.6
Klebsiella pneumoniae	6	8.2	5	2	40
Klebsiella altra specie	3	4.1	2	0	0
Enterobacter spp	8	11.0	6	0	0
Altro enterobacteriales	2	2.7	2	0	0
Serratia	1	1.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	1.4	1	0	0
Escherichia coli	27	37.0	21	1	4.8
Proteus	4	5.5	3	0	0
Acinetobacter	1	1.4	1	1	100
Citrobacter	2	2.7	1	0	0
Altro gram negativo	3	4.1	0	0	0

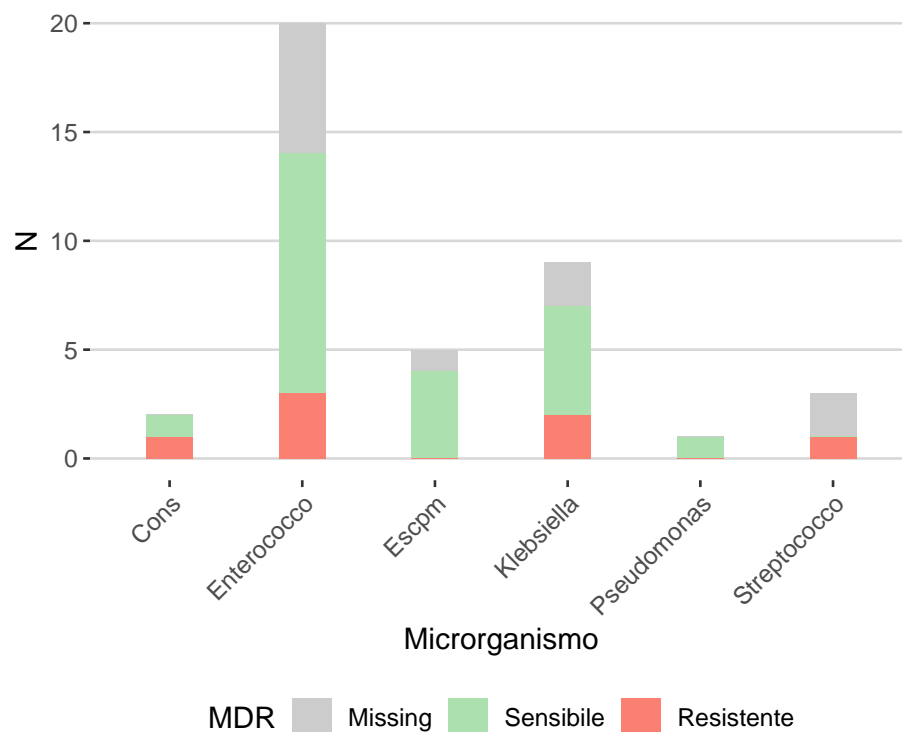
Totale Gram -	58	79.5	43	4	9.3
Candida albicans	7	9.6	0	0	0
Candida glabrata	3	4.1	0	0	0
Candida krusei	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.4	0	0	0
Totale Funghi	12	16.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida altra specie, Candida parapsilosis, 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.

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	2	2	1	1	50.00	0
Enterococco	20	14	11	3	21.43	6
Escpm	5	4	4	0	0.00	1
Klebsiella	9	7	5	2	28.57	2
Pseudomonas	1	1	1	0	0.00	0
Streptococco	3	1	0	1	100.00	2

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	%
---------------	---	------------	--------------	---

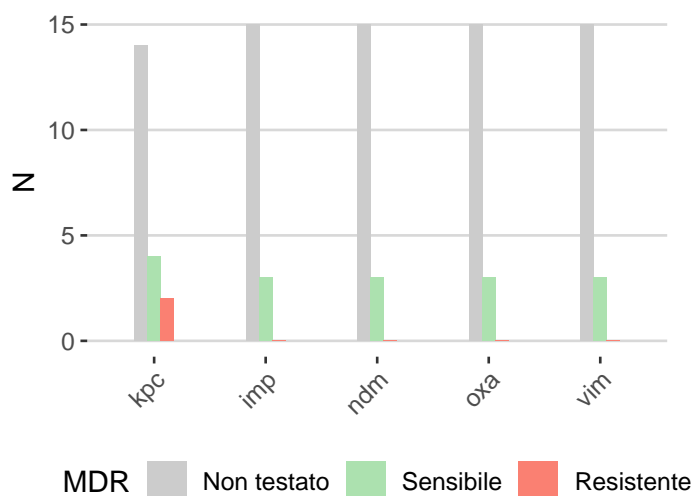
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	2	40.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40.00
Escherichia coli	21	Ertapenem	1	4.76
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	1	25.00
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecalis	7	Vancomicina	1	14.29
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	40.00

6.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales 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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

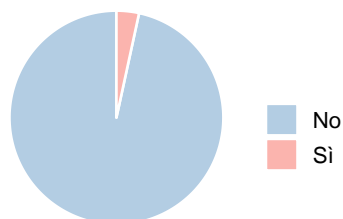
	N	%
Sì	2	10
No	3	15
Non testato	15	75
Missing	22	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	15
kpc	2	100	4	14
ndm	0	0	3	15
oxa	0	0	3	15
vim	0	0	3	15



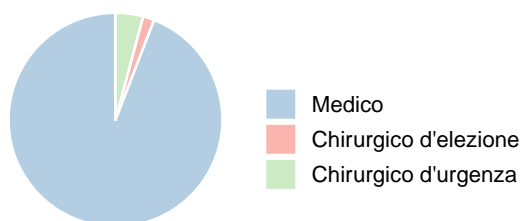
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 529)

7.1 Trauma



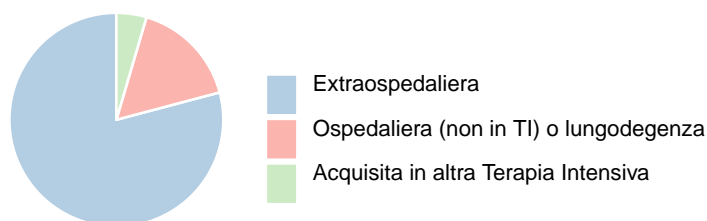
Trauma	N	%
No	511	96.6
Si	18	3.4
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	498	94.1
Chirurgico d'elezione	9	1.7
Chirurgico d'urgenza	22	4.2
Missing	0	0

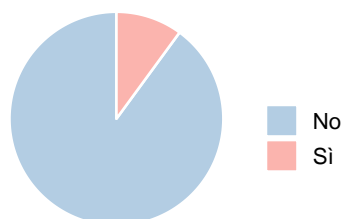
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
-------------------	---	---

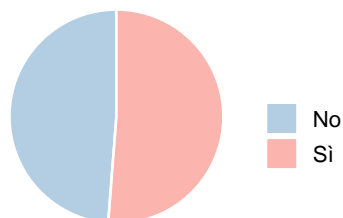
Extraospedaliera	417	79.1
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	86	16.3
Acquisita in altra Terapia Intensiva	24	4.6
Missing	2	0

7.4 Infezione batteriemicca



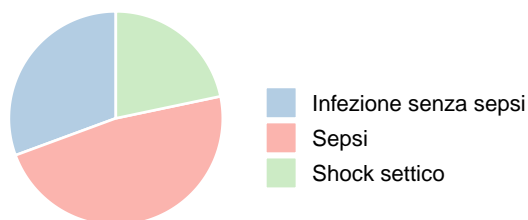
Batteriemicca	N	%
No	474	89.9
Si	53	10.1
Missing	2	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	258	48.8
Si	271	51.2
Missing	0	0

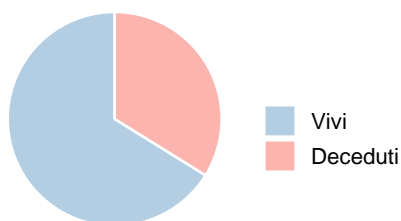
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	79	30.6
Sepsi	123	47.7
Shock settico	56	21.7
Missing	0	0

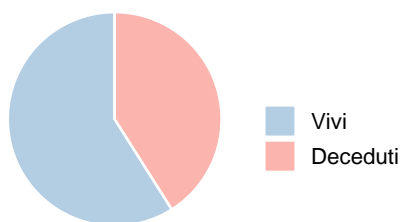
* Statistiche calcolate su 258 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 271).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	350	66.2
Deceduti	179	33.8
Missing	0	0

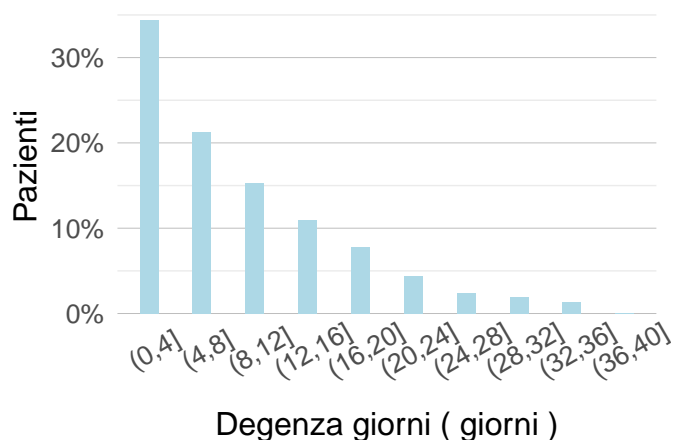
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	289	59.0
Deceduti	201	41.0
Missing	10	0

* Statistiche calcolate su 500 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 29).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.8 (13.7)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3-15)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.6 (20.7)
Mediana (Q1-Q3)	17 (10-32)
Missing	11

* Statistiche calcolate su 500 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 29).

7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

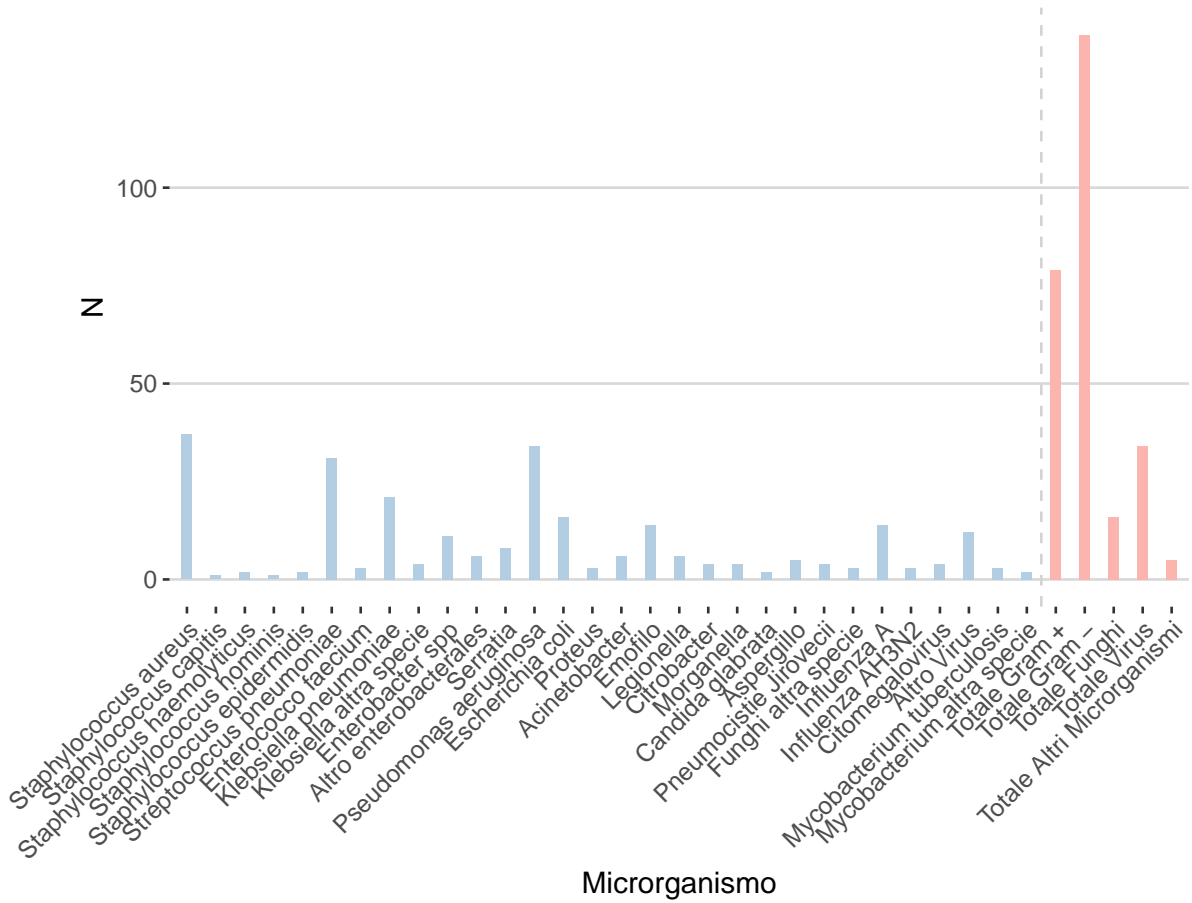
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	157	29.8
Sì	370	70.2
Missing	2	
Totale infezioni	529	
Totale microrganismi isolati	462	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	37	10.0	33	4	12.1
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.5	2	1	50
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.5	0	0	0
Pyogens	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	31	8.4	19	0	0
Enterococco faecium	3	0.8	3	0	0
Totale Gram +	79	21.4	57	5	8.8
Klebsiella pneumoniae	21	5.7	17	4	23.5
Klebsiella altra specie	4	1.1	2	0	0
Enterobacter spp	11	3.0	6	1	16.7
Altro enterobacterales	6	1.6	2	0	0
Serratia	8	2.2	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	34	9.2	20	4	20
Escherichia coli	16	4.3	12	0	0
Proteus	3	0.8	3	0	0
Acinetobacter	6	1.6	5	1	20
Emofilo	14	3.8	0	0	0
Legionella	6	1.6	0	0	0
Citrobacter	4	1.1	3	0	0
Morganella	4	1.1	1	0	0
Clamidia	1	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	139	37.6	78	10	12.8
Candida albicans	1	0.3	0	0	0
Candida glabrata	2	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	5	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.8	0	0	0
Totale Funghi	16	4.3	0	0	0
Influenza A	14	3.8			
Influenza AH3N2	3	0.8			

Influenza tipo non specificato	1	0.3			
Citomegalovirus	4	1.1			
Altro Virus	12	3.2			
Totale Virus	34	9.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.8	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	5	1.4	0	0	0

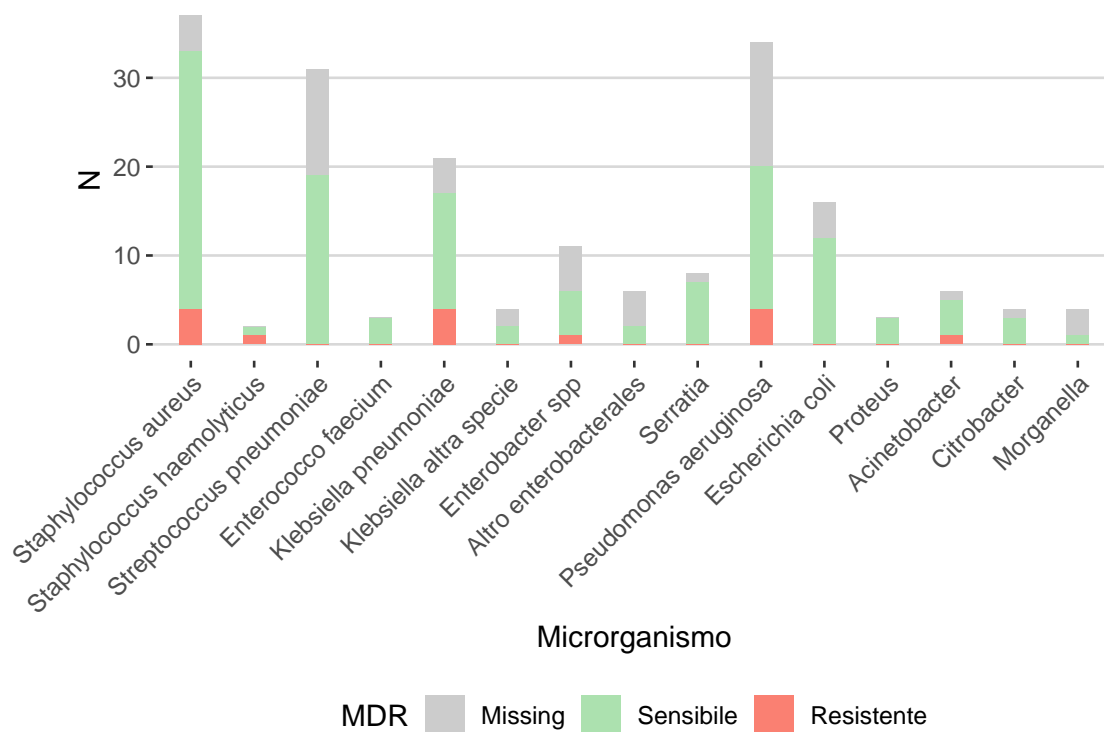


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	37	10.0	33	4	12.1
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.5	2	1	50
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.5	0	0	0
Pyogens	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	31	8.4	19	0	0
Enterococco faecium	3	0.8	3	0	0
Totale Gram +	79	21.4	57	5	8.8
Klebsiella pneumoniae	21	5.7	17	4	23.5
Klebsiella altra specie	4	1.1	2	0	0
Enterobacter spp	11	3.0	6	1	16.7

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 529)

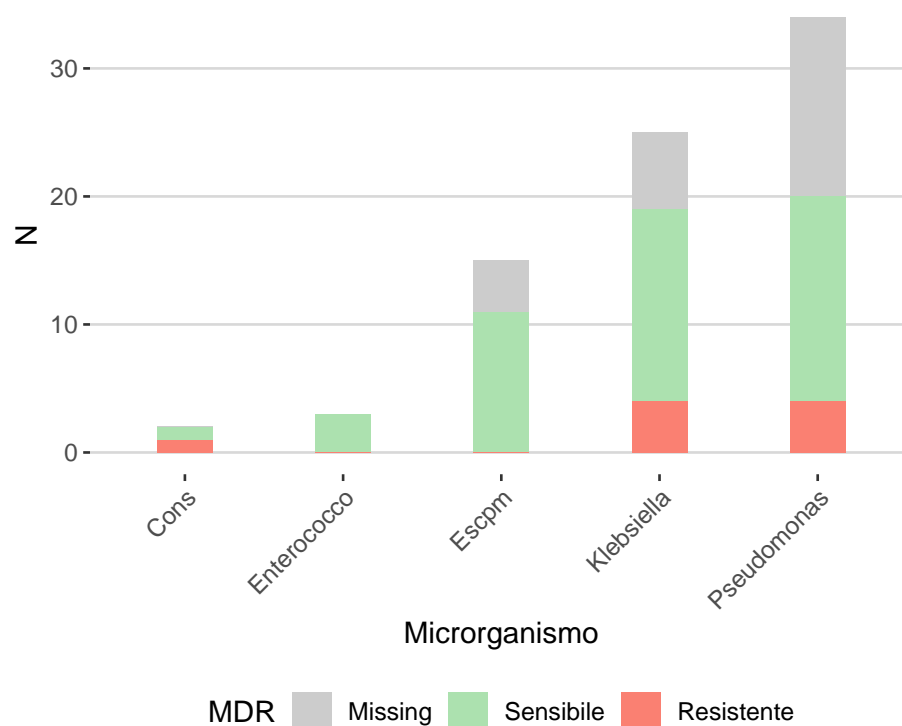
Altro enterobacterales	6	1.6	2	0	0
Serratia	8	2.2	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	34	9.2	20	4	20
Escherichia coli	16	4.3	12	0	0
Proteus	3	0.8	3	0	0
Acinetobacter	6	1.6	5	1	20
Emofilo	14	3.8	0	0	0
Legionella	6	1.6	0	0	0
Citrobacter	4	1.1	3	0	0
Morganella	4	1.1	1	0	0
Clamidia	1	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	139	37.6	78	10	12.8
Candida albicans	1	0.3	0	0	0
Candida glabrata	2	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	5	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.8	0	0	0
Totale Funghi	16	4.3	0	0	0
Influenza A	14	3.8			
Influenza AH3N2	3	0.8			
Influenza tipo non specificato	1	0.3			
Citomegalovirus	4	1.1			
Altro Virus	12	3.2			
Totale Virus	34	9.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.8	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	5	1.4	0	0	0

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, Enterococcus faecalis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Mycoplasma). 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	2	2	1	1	50.00	0
Enterococco	3	3	3	0	0.00	0
Escpm	15	11	11	0	0.00	4
Klebsiella	25	19	15	4	21.05	6
Pseudomonas	34	20	16	4	20.00	14

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	16	Ertapenem	4	25.00
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	3	17.65

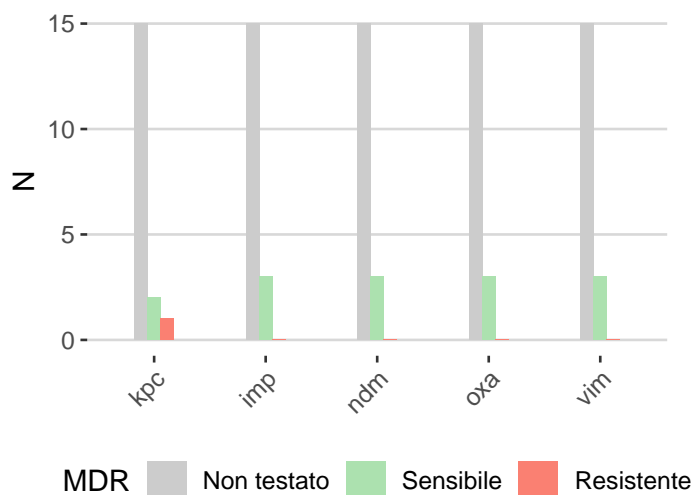
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	5	Meropenem	1	20.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Imipenem	4	20.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	3	15.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	33	Meticillina	4	12.12

7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales 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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	1	5.56
No	2	11.11
Non testato	15	83.33
Missing	59	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	15
kpc	1	100	2	15
ndm	0	0	3	15
oxa	0	0	3	15
vim	0	0	3	15



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

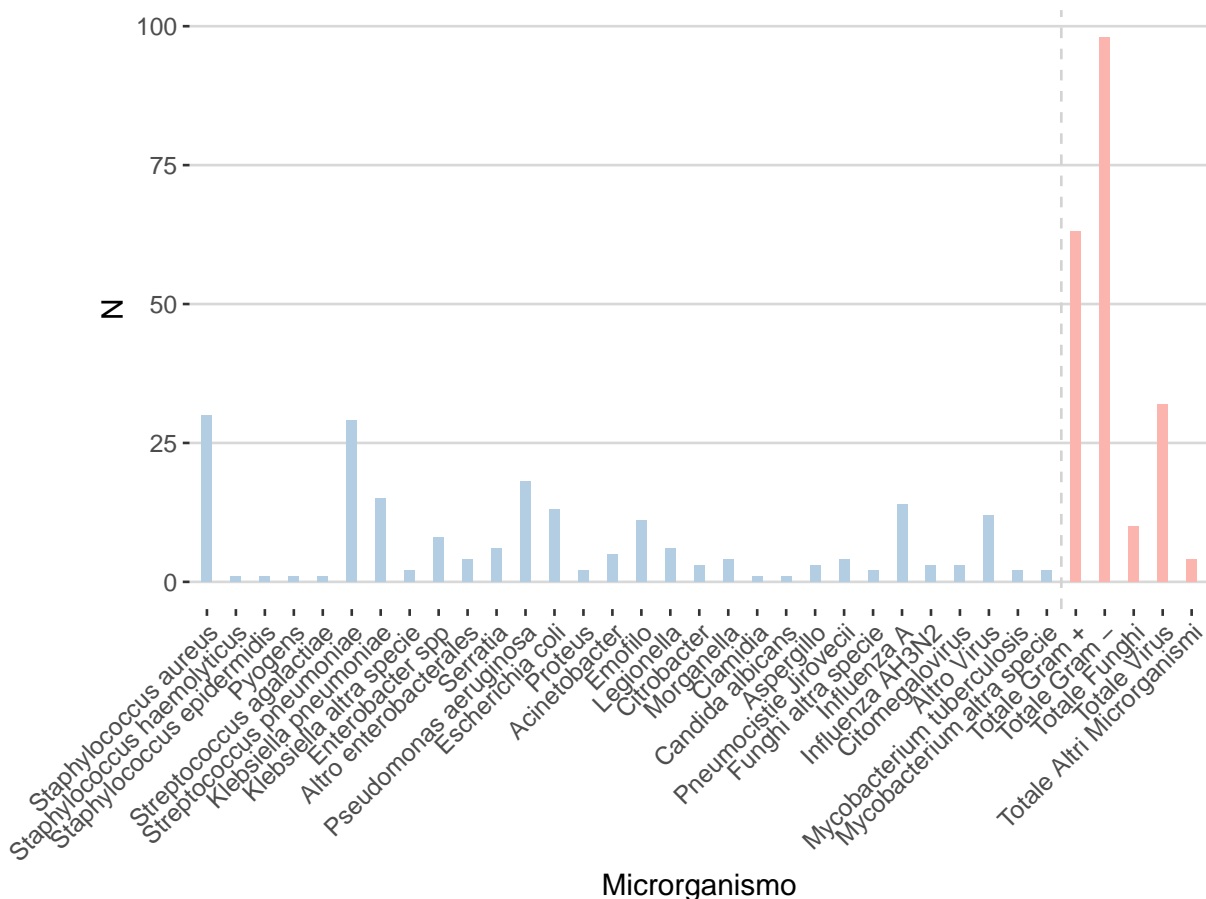
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	128	29.0
Sì	313	71.0
Missing	0	
Totale infezioni	441	
Totale microrganismi isolati	386	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	30	9.6	27	3	11.1
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.3	0	0	0
Pyogens	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	29	9.3	17	0	0
Totale Gram +	63	20.1	45	3	6.7
Klebsiella pneumoniae	15	4.8	13	4	30.8
Klebsiella altra specie	2	0.6	0	0	0
Enterobacter spp	8	2.6	5	0	0
Altro enterobacterales	4	1.3	2	0	0
Serratia	6	1.9	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	18	5.8	11	1	9.1
Escherichia coli	13	4.2	10	0	0
Proteus	2	0.6	2	0	0
Acinetobacter	5	1.6	4	0	0
Emofilo	11	3.5	0	0	0
Legionella	6	1.9	0	0	0
Citrobacter	3	1.0	2	0	0
Morganella	4	1.3	1	0	0
Clamidia	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	98	31.3	55	5	9.1
Candida albicans	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	3	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Funghi	10	3.2	0	0	0
Influenza A	14	4.5			
Influenza AH3N2	3	1.0			
Citomegalovirus	3	1.0			
Altro Virus	12	3.8			
Totale Virus	32	10.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.6	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.6	0	0	0

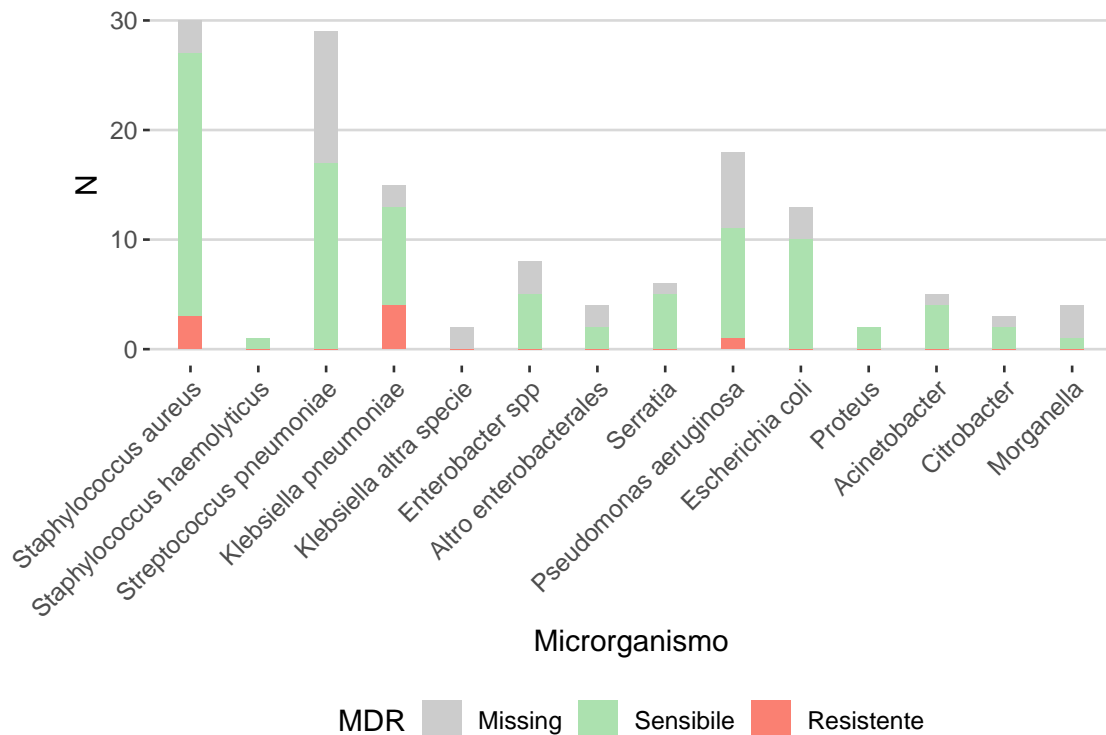
Totale Altri Microrganismi	4	1.3	0	0	0
-----------------------------------	----------	------------	----------	----------	----------



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	30	9.6	27	3	11.1
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.3	0	0	0
Pyogens	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	29	9.3	17	0	0
Totale Gram +	63	20.1	45	3	6.7
Klebsiella pneumoniae	15	4.8	13	4	30.8
Klebsiella altra specie	2	0.6	0	0	0
Enterobacter spp	8	2.6	5	0	0
Altro enterobacteriales	4	1.3	2	0	0
Serratia	6	1.9	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	18	5.8	11	1	9.1
Escherichia coli	13	4.2	10	0	0
Proteus	2	0.6	2	0	0
Acinetobacter	5	1.6	4	0	0
Emofilo	11	3.5	0	0	0
Legionella	6	1.9	0	0	0
Citrobacter	3	1.0	2	0	0

Morganella	4	1.3	1	0	0
Clamidia	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	98	31.3	55	5	9.1
Candida albicans	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	3	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Funghi	10	3.2	0	0	0
Influenza A	14	4.5			
Influenza AH3N2	3	1.0			
Citomegalovirus	3	1.0			
Altro Virus	12	3.8			
Totale Virus	32	10.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.6	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	4	1.3	0	0	0

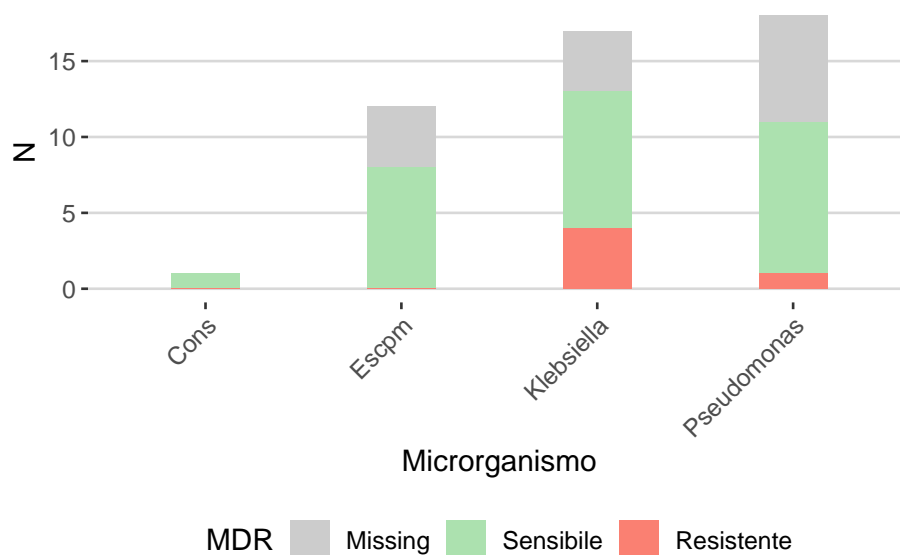
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus hominis,

Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Candida parapsilosis, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma). 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	1	1	1	0	0.00	0
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	17	13	9	4	30.77	4
Pseudomonas	18	11	10	1	9.09	7

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	13	Ertapenem	4	30.77

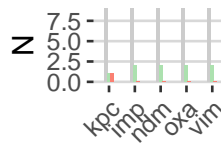
Klebsiella pneumoniae	13	Meropenem	3	23.08
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	1	9.09
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	1	9.09
Staphylococcus aureus	27	Meticillina	3	11.11

7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	1	9.09
No	1	9.09
Non testato	9	81.82
Missing	31	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	9
kpc	1	100	1	9
ndm	0	0	2	9
oxa	0	0	2	9
vim	0	0	2	9

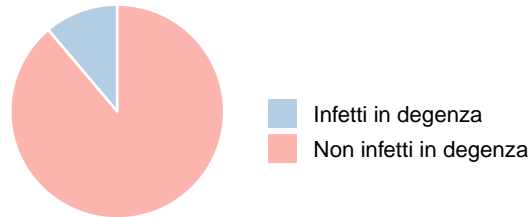


MDR Non testato Sensibile Resistente

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.

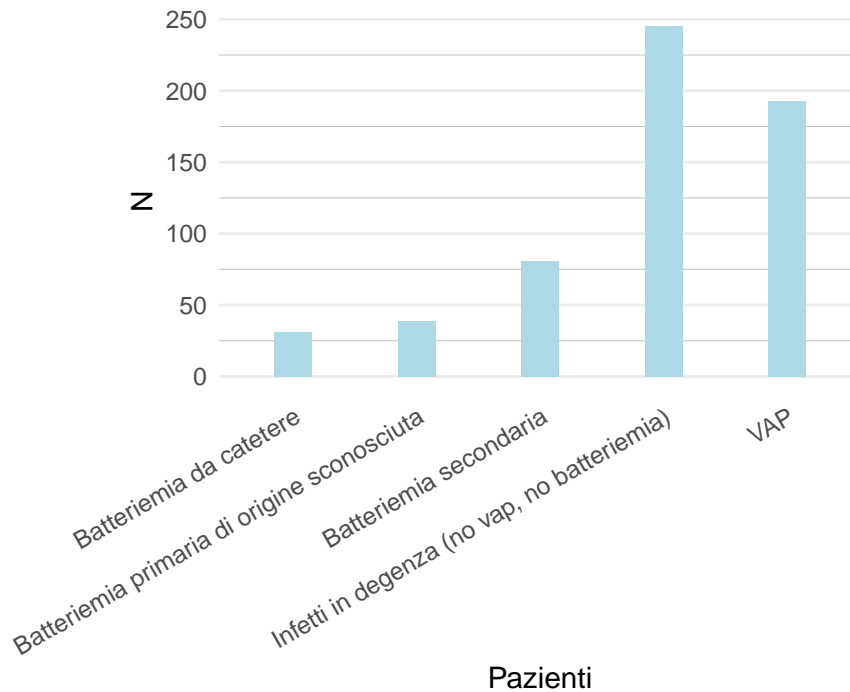
Sono presenti 535 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.2% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	535	11.2
Non infetti in degenza	4258	88.8

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 4793).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



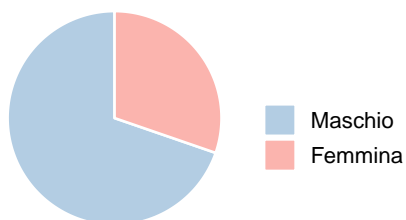
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	245	45.8
VAP	193	36.1

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	39	7.3
Batteriemia da catetere	31	5.8
Batteriemia secondaria	81	15.1

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 535)

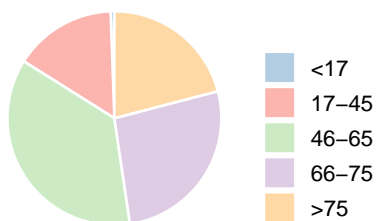
8 Pazienti infetti in degenza (N = 535)

8.1 Sesso



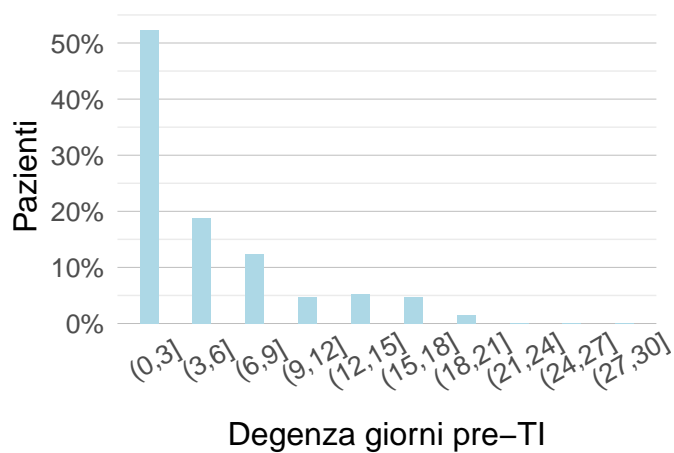
Sesso	N	%
Maschio	373	69.7
Femmina	162	30.3
Missing	0	0

8.2 Età



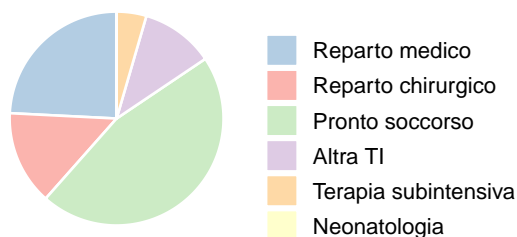
Range età	N	%
<17	3	0.6
17-45	83	15.5
46-65	194	36.3
66-75	143	26.7
>75	112	20.9
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



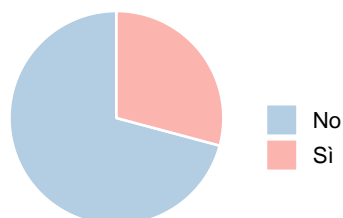
Indicatore	Valore
Media	5.2
DS	16.0
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



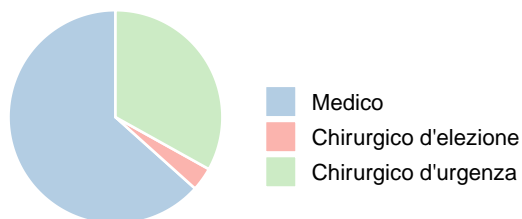
Provenienza	N	%
Reparto medico	129	24.2
Reparto chirurgico	76	14.3
Pronto soccorso	245	46.0
Altra TI	59	11.1
Terapia subintensiva	24	4.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	2	0

8.5 Trauma



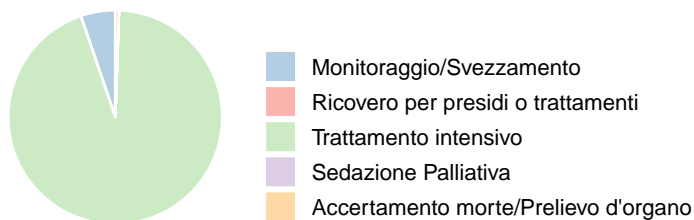
Trauma	N	%
No	379	70.8
Si	156	29.2
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	339	63.4
Chirurgico d'elezione	19	3.6
Chirurgico d'urgenza	177	33.1
Missing	0	0

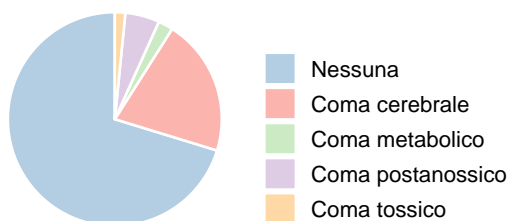
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	28	5.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

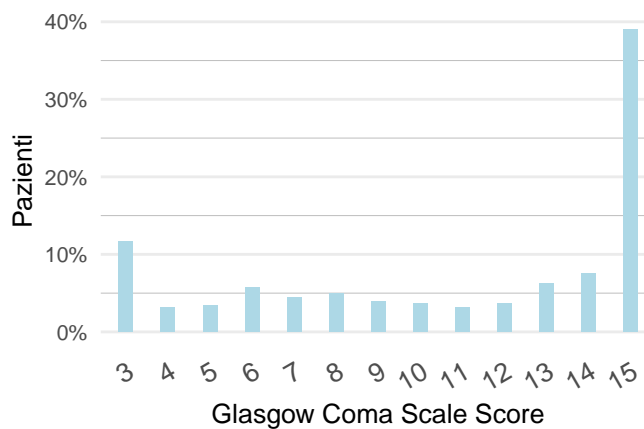
Trattamento intensivo	504	94.2
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.6
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



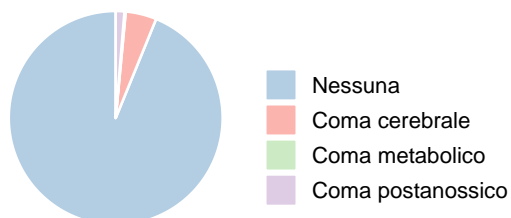
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	312	70.3
Coma cerebrale	92	20.7
Coma metabolico	10	2.3
Coma postanossico	23	5.2
Coma tossico	7	1.6
Missing	91	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



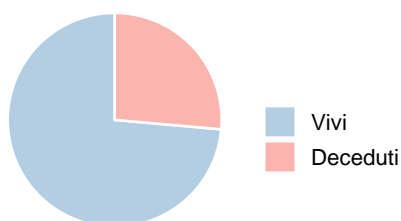
Indicatore	Valore
Media	8.9
DS	4.5
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



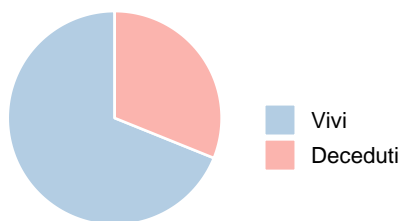
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	502	93.8
Coma cerebrale	25	4.7
Coma metabolico	1	0.2
Coma postanossico	7	1.3
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	393	73.6
Deceduti	141	26.4
Missing	1	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

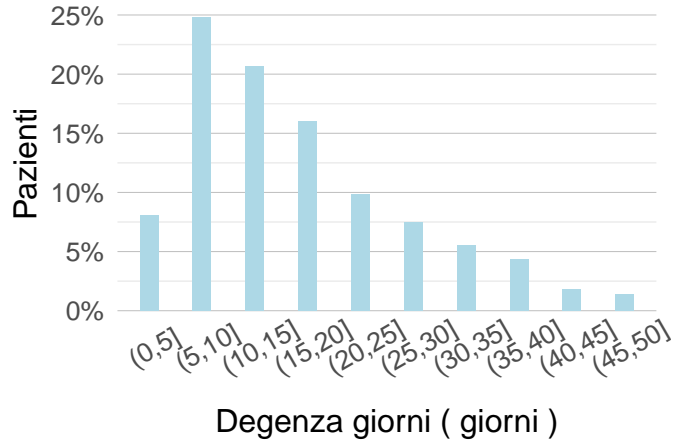


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	350	68.9

Deceduti	158	31.1
Missing	9	0

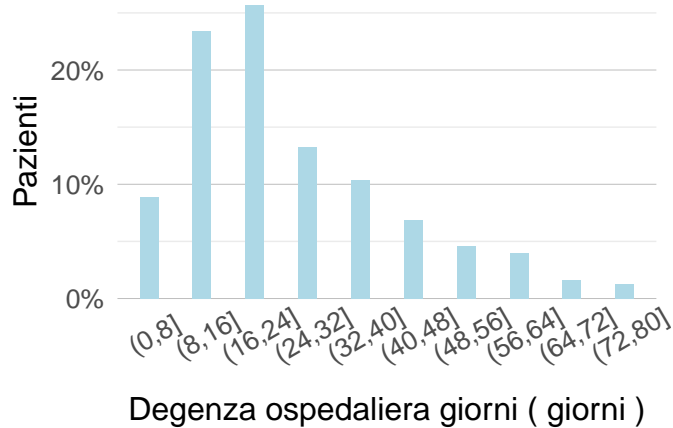
* Statistiche calcolate su 517 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 18).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.2 (17.8)
Mediana (Q1-Q3)	15 (9-25)
Missing	1

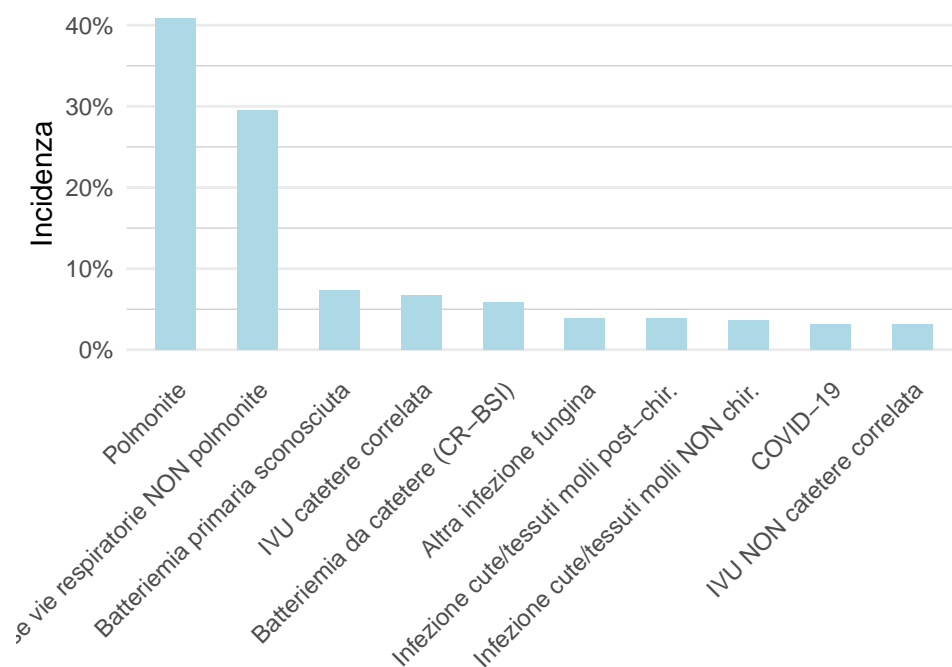
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.4 (25.3)
Mediana (Q1-Q3)	23 (14-37)
Missing	9

* Statistiche calcolate su 517 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 18).

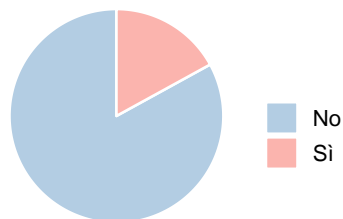
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	219	40.9
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	158	29.5
Batteriemia primaria sconosciuta	39	7.3
IVU catetere correlata	36	6.7
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	31	5.8
Altra infezione fungina	21	3.9
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	21	3.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	19	3.6
COVID-19	17	3.2
IVU NON catetere correlata	17	3.2
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



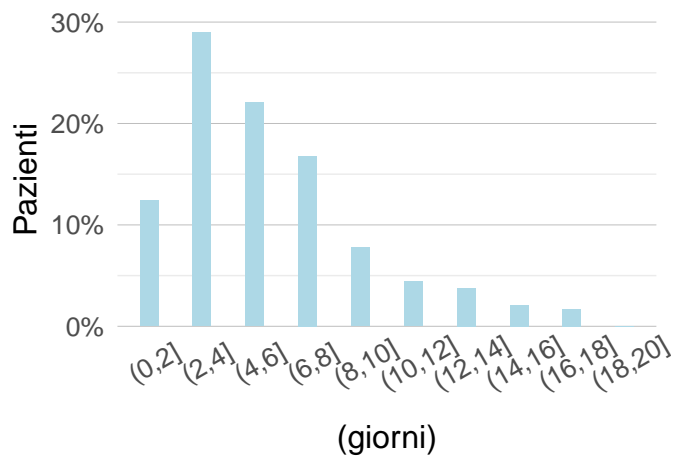
Infezione multisito	N	%
No	444	83.0
Si	91	17.0
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	633
Numero totale di microrganismi isolati	761

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	6.7
DS	5.9
Mediana	5
Q1-Q3	3-8
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	25.7	18.0 %
CI (95%)	23.5 - 28.0	16.5 - 19.6

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

Il primo:

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

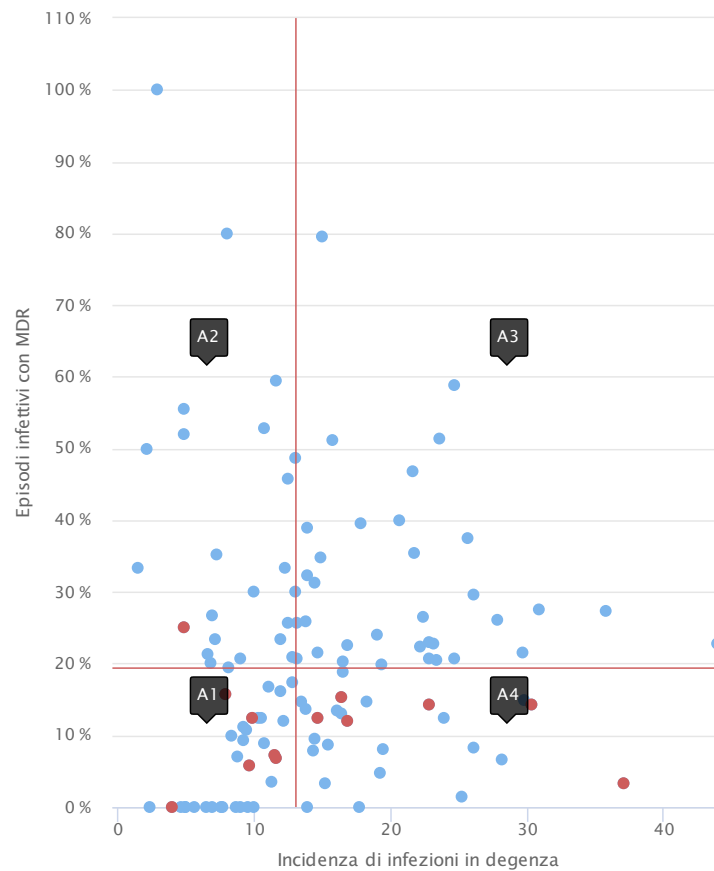
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

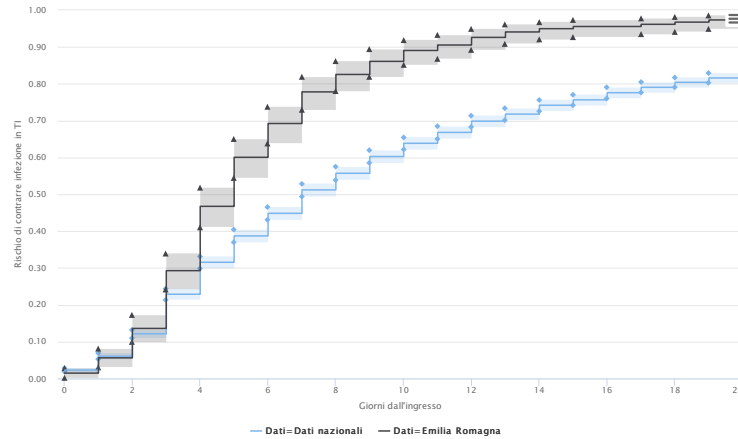
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

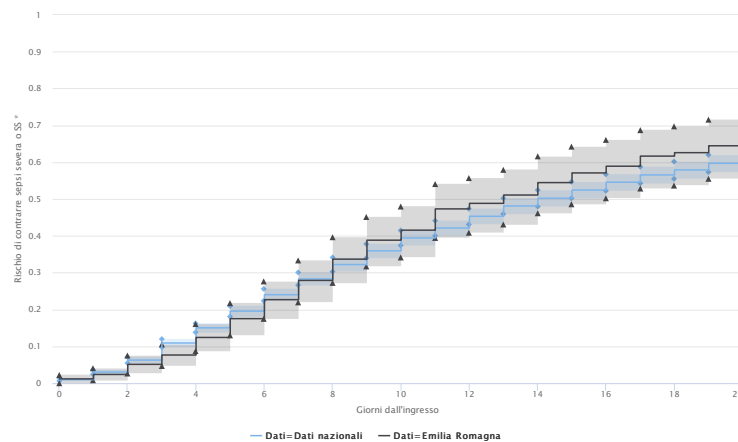


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza dei valori medi nazionali e delimitano 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 **A3** 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 80% 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.

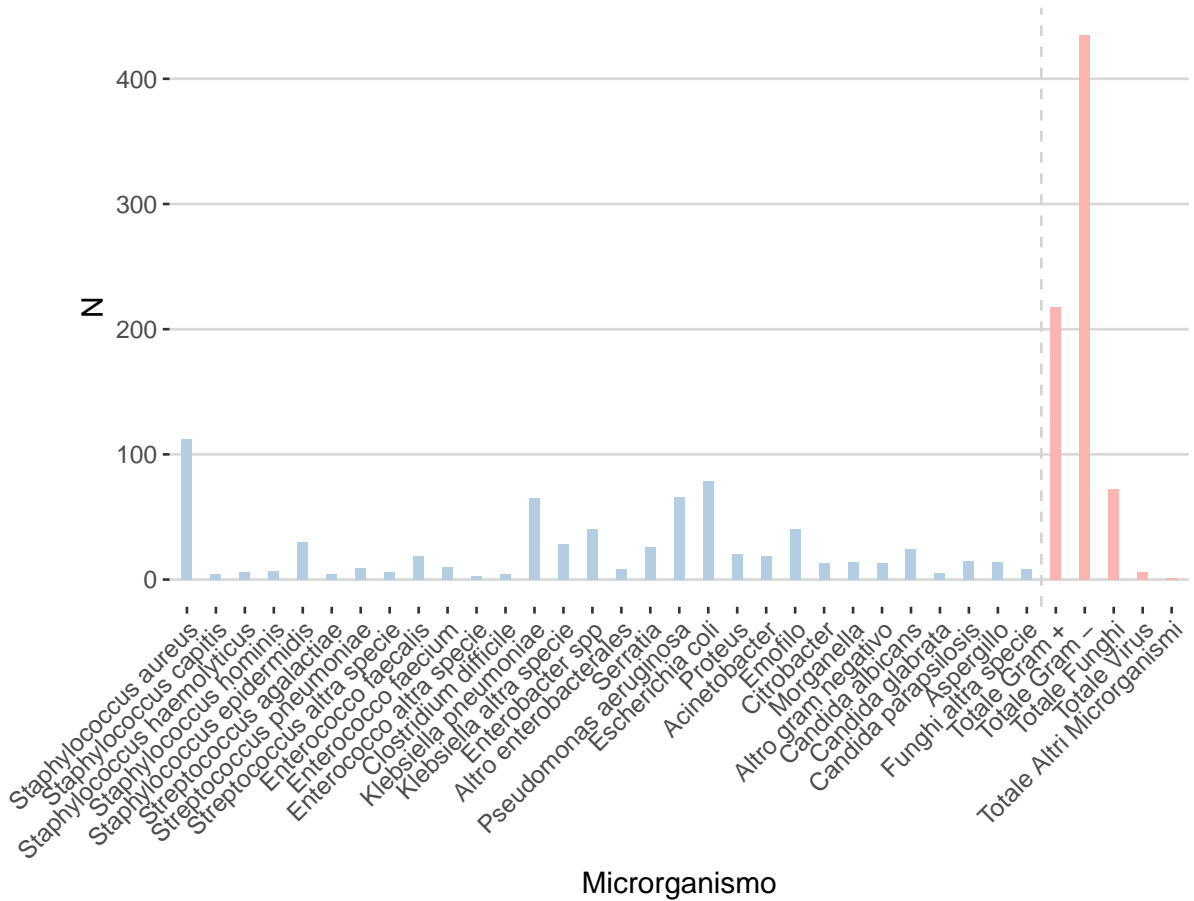
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	90	14.3
Sì	541	85.7
Missing	2	

Totale infezioni 633
Totale microrganismi isolati 761

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	112	20.7	89	10	11.2
Staphylococcus capitis	4	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	1.1	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	7	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	30	5.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	9	1.7	8	0	0
Streptococcus altra specie	6	1.1	4	0	0
Enterococco faecalis	19	3.5	15	0	0
Enterococco faecium	10	1.8	8	3	37.5
Enterococco altra specie	3	0.6	1	1	100
Clostridium difficile	4	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.4	0	0	0
Totale Gram +	218	40.2	128	16	12.5
Klebsiella pneumoniae	65	12.0	54	6	11.1
Klebsiella altra specie	28	5.2	26	0	0
Enterobacter spp	40	7.4	29	2	6.9
Altro enterobacterales	8	1.5	5	0	0
Serratia	26	4.8	21	0	0
Pseudomonas aeruginosa	66	12.2	53	11	20.8
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	79	14.6	56	1	1.8
Proteus	20	3.7	17	0	0
Acinetobacter	19	3.5	9	5	55.6
Emofilo	40	7.4	0	0	0
Citrobacter	13	2.4	10	0	0
Morganella	14	2.6	9	0	0
Providencia	3	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	13	2.4	0	0	0
Totale Gram -	435	80.3	290	25	8.6
Candida albicans	24	4.4	0	0	0
Candida glabrata	5	0.9	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	15	2.8	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	14	2.6	0	0	0
Funghi altra specie	8	1.5	0	0	0
Totale Funghi	72	13.3	0	0	0

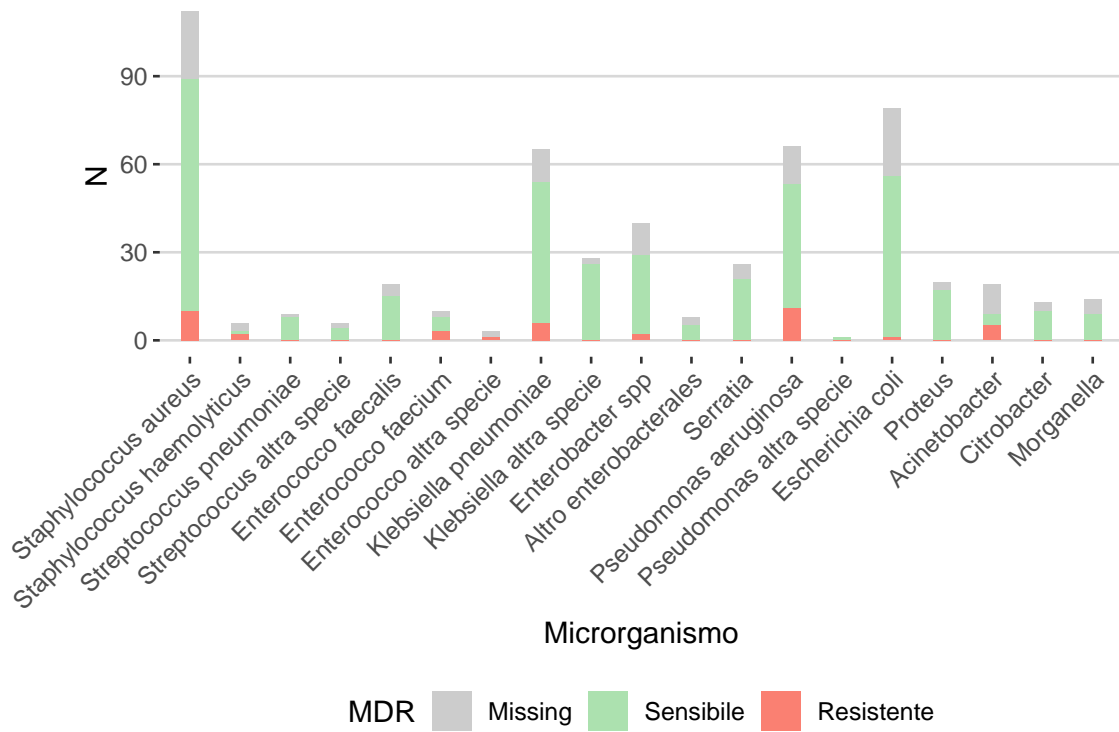
Influenza altro A	1	0.2			
Citomegalovirus	3	0.6			
Herpes simplex	2	0.4			
Totale Virus	6	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	112	20.7	89	10	11.2
Staphylococcus capitis	4	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	1.1	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	7	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	30	5.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	9	1.7	8	0	0
Streptococcus altra specie	6	1.1	4	0	0
Enterococcus faecalis	19	3.5	15	0	0
Enterococcus faecium	10	1.8	8	3	37.5
Enterococcus altra specie	3	0.6	1	1	100
Clostridium difficile	4	0.7	0	0	0

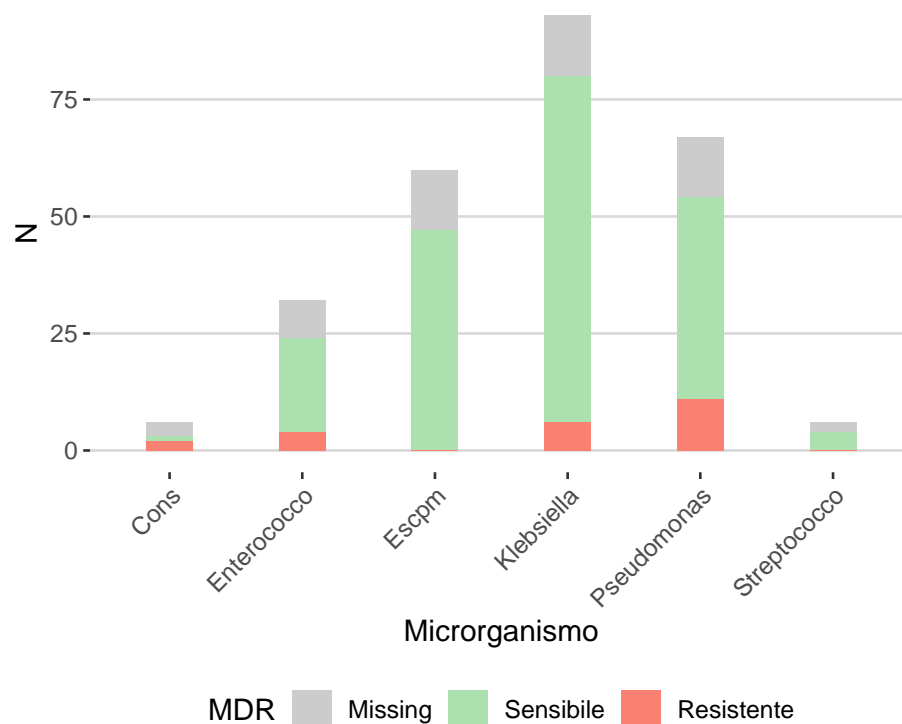
Clostridium altra specie	2	0.4	0	0	0
Totale Gram +	218	40.2	128	16	12.5
Klebsiella pneumoniae	65	12.0	54	6	11.1
Klebsiella altra specie	28	5.2	26	0	0
Enterobacter spp	40	7.4	29	2	6.9
Altro enterobacterales	8	1.5	5	0	0
Serratia	26	4.8	21	0	0
Pseudomonas aeruginosa	66	12.2	53	11	20.8
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	79	14.6	56	1	1.8
Proteus	20	3.7	17	0	0
Acinetobacter	19	3.5	9	5	55.6
Emofilo	40	7.4	0	0	0
Citrobacter	13	2.4	10	0	0
Morganella	14	2.6	9	0	0
Providencia	3	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	13	2.4	0	0	0
Totale Gram -	435	80.3	290	25	8.6
Candida albicans	24	4.4	0	0	0
Candida glabrata	5	0.9	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	15	2.8	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	14	2.6	0	0	0
Funghi altra specie	8	1.5	0	0	0
Totale Funghi	72	13.3	0	0	0
Influenza altro A	1	0.2			
Citomegalovirus	3	0.6			
Herpes simplex	2	0.4			
Totale Virus	6	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0

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 (Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). 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	6	3	1	2	66.67	3
Enterococco	32	24	20	4	16.67	8
Escpm	60	47	47	0	0.00	13
Klebsiella	93	80	74	6	7.50	13
Pseudomonas	67	54	43	11	20.37	13
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	%
---------------	---	------------	--------------	---

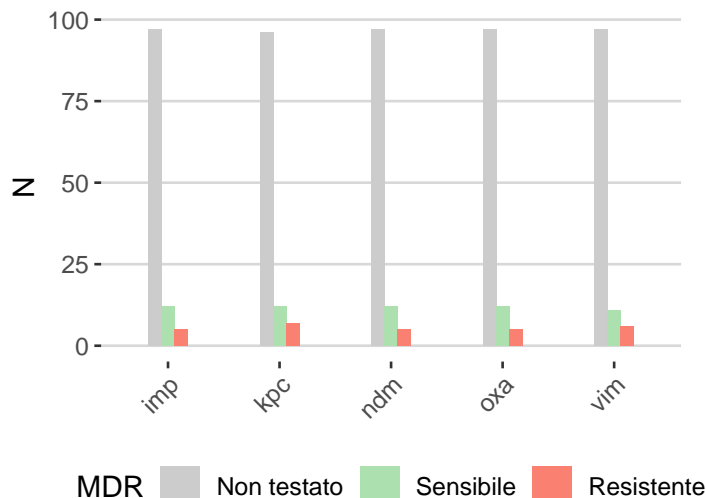
Klebsiella pneumoniae	54	Ertapenem	5	9.26
Klebsiella pneumoniae	54	Meropenem	5	9.26
Enterobacter spp	28	Ertapenem	2	7.14
Enterobacter spp	29	Meropenem	1	3.45
Escherichia coli	55	Ertapenem	1	1.82
Acinetobacter	8	Imipenem	4	50.00
Acinetobacter	9	Meropenem	5	55.56
Pseudomonas aeruginosa	53	Imipenem	10	18.87
Pseudomonas aeruginosa	52	Meropenem	7	13.46
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	89	Meticillina	10	11.24
Enterococco faecium	8	Vancomicina	3	37.50
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Si	8	7.27
No	9	8.18
Non testato	93	84.55
Missing	198	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	5	17.9	12	97
kpc	7	25.0	12	96
ndm	5	17.9	12	97
oxa	5	17.9	12	97
vim	6	21.4	11	97



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 197)

9.1 Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

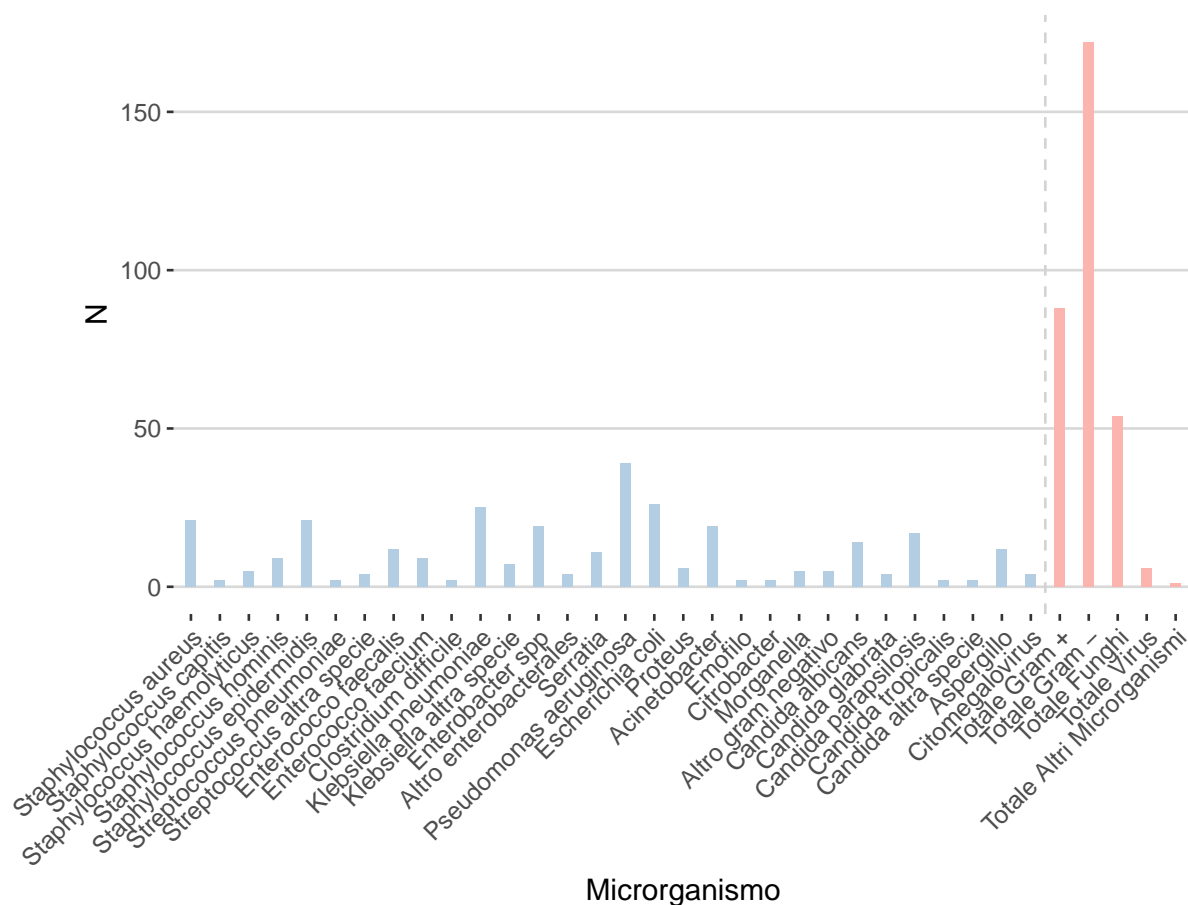
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	64	13.6
Sì	408	86.4
Missing	2	
Totale infezioni	474	
Totale microrganismi isolati	535	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	21	9.5	15	4	26.7
Staphylococcus capitis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	2.3	2	1	50
Staphylococcus hominis	9	4.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	9.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.9	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.8	3	0	0
Enterococco faecalis	12	5.4	9	0	0
Enterococco faecium	9	4.1	7	2	28.6
Clostridium difficile	2	0.9	0	0	0
Totale Gram +	88	39.6	37	7	18.9

9 PAZIENTI INFETTI SIA ALL'AMMISSIONE CHE IN DEGENZA (N = 197)

Klebsiella pneumoniae	25	11.3	19	5	26.3
Klebsiella altra specie	7	3.2	5	0	0
Enterobacter spp	19	8.6	14	1	7.1
Altro enterobacterales	4	1.8	2	0	0
Serratia	11	5.0	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	39	17.6	26	8	30.8
Pseudomonas altra specie	1	0.5	1	0	0
Escherichia coli	26	11.7	18	0	0
Proteus	6	2.7	4	0	0
Acinetobacter	19	8.6	7	4	57.1
Emofilo	2	0.9	0	0	0
Citrobacter	2	0.9	1	0	0
Morganella	5	2.3	2	0	0
Providencia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	5	2.3	0	0	0
Totale Gram -	172	77.5	106	18	17
Candida albicans	14	6.3	0	0	0
Candida glabrata	4	1.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	17	7.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.9	0	0	0
Candida altra specie	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	12	5.4	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.9	0	0	0
Totale Funghi	54	24.3	0	0	0
Citomegalovirus	4	1.8			
Herpes simplex	2	0.9			
Totale Virus	6	2.7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.5	0	0	0

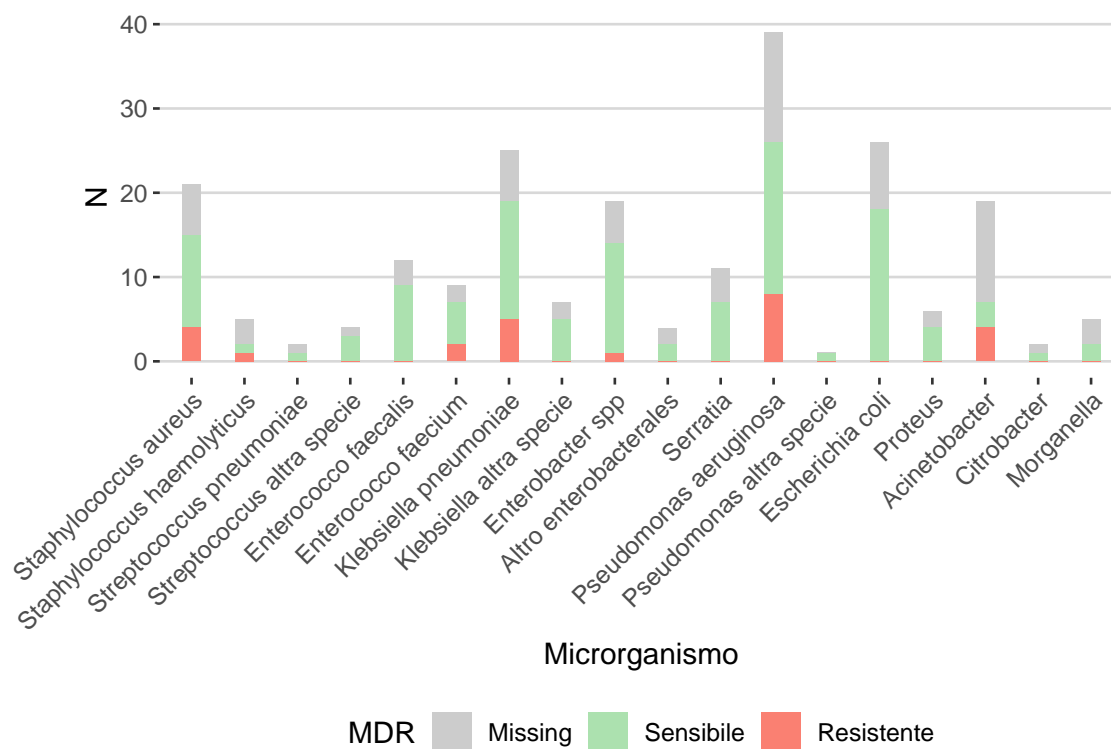


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	21	9.5	15	4	26.7
Staphylococcus capitis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	2.3	2	1	50
Staphylococcus hominis	9	4.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	9.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.9	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.8	3	0	0
Enterococcus faecalis	12	5.4	9	0	0
Enterococcus faecium	9	4.1	7	2	28.6
Clostridium difficile	2	0.9	0	0	0
Totale Gram +	88	39.6	37	7	18.9
Klebsiella pneumoniae	25	11.3	19	5	26.3
Klebsiella altra specie	7	3.2	5	0	0
Enterobacter spp	19	8.6	14	1	7.1
Altro enterobacterales	4	1.8	2	0	0
Serratia	11	5.0	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	39	17.6	26	8	30.8
Pseudomonas altra specie	1	0.5	1	0	0
Escherichia coli	26	11.7	18	0	0
Proteus	6	2.7	4	0	0
Acinetobacter	19	8.6	7	4	57.1

9 PAZIENTI INFETTI SIA ALL'AMMISSIONE CHE IN DEGENZA (N = 197)

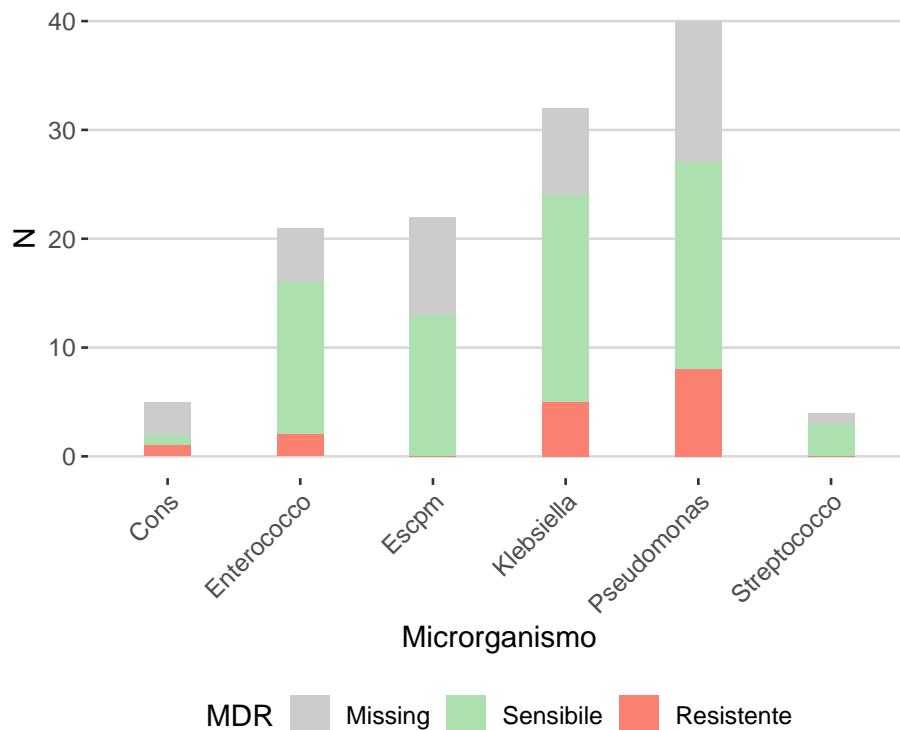
Emofilo	2	0.9	0	0	0
Citrobacter	2	0.9	1	0	0
Morganella	5	2.3	2	0	0
Providencia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	5	2.3	0	0	0
Totale Gram -	172	77.5	106	18	17
Candida albicans	14	6.3	0	0	0
Candida glabrata	4	1.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	17	7.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.9	0	0	0
Candida altra specie	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	12	5.4	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.9	0	0	0
Totale Funghi	54	24.3	0	0	0
Citomegalovirus	4	1.8			
Herpes simplex	2	0.9			
Totale Virus	6	2.7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.5	0	0	0

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, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, 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.

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	5	2	1	1	50.00	3
Enterococco	21	16	14	2	12.50	5
Escpm	22	13	13	0	0.00	9
Klebsiella	32	24	19	5	20.83	8
Pseudomonas	40	27	19	8	29.63	13
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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.

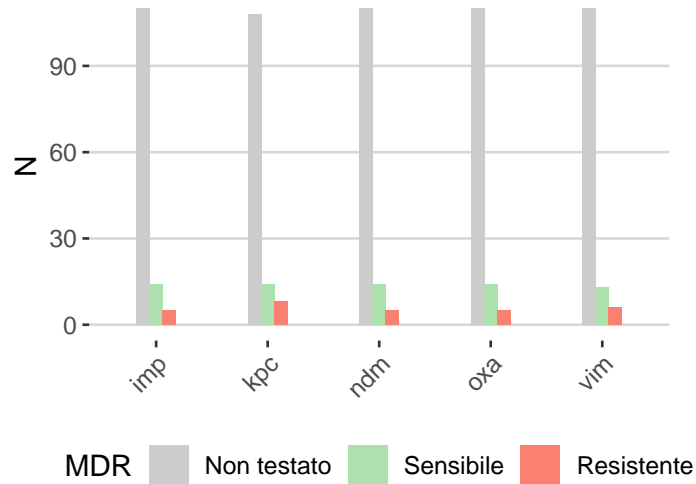
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	26	Ertapenem	7	26.92
Klebsiella pneumoniae	26	Meropenem	7	26.92
Klebsiella altra specie	6	Ertapenem	1	16.67
Enterobacter spp	21	Ertapenem	1	4.76
Enterobacter spp	21	Meropenem	1	4.76
Acinetobacter	10	Imipenem	5	50.00
Acinetobacter	11	Meropenem	7	63.64
Pseudomonas aeruginosa	34	Imipenem	11	32.35
Pseudomonas aeruginosa	34	Meropenem	6	17.65
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	28	Meticillina	5	17.86
Enterococco faecium	11	Vancomicina	3	27.27

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

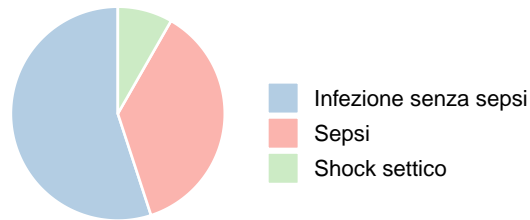
	N	%
Sì	9	7.44
No	9	7.44
Non testato	103	85.12
Missing	230	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	5	17.2	14	110
kpc	8	27.6	14	108
ndm	5	17.2	14	110
oxa	5	17.2	14	110
vim	6	20.7	13	110



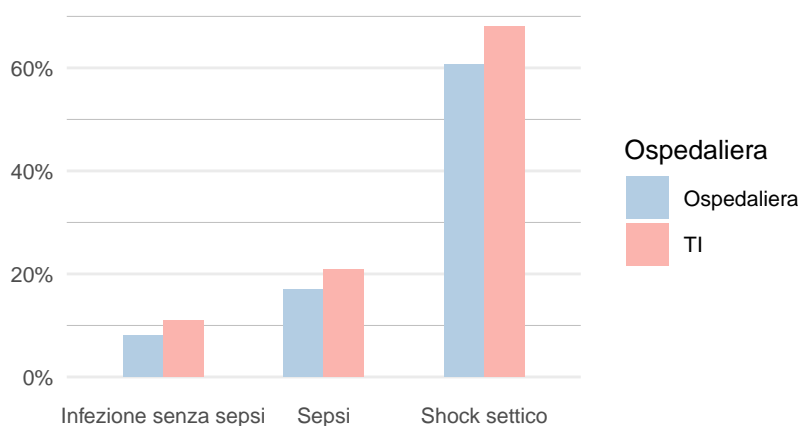
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 338)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	186	55.0
Sepsis	124	36.7
Shock settico	28	8.3
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	8.1	11.0
Sepsi	16.9	20.8
Shock settico	60.7	68.0

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

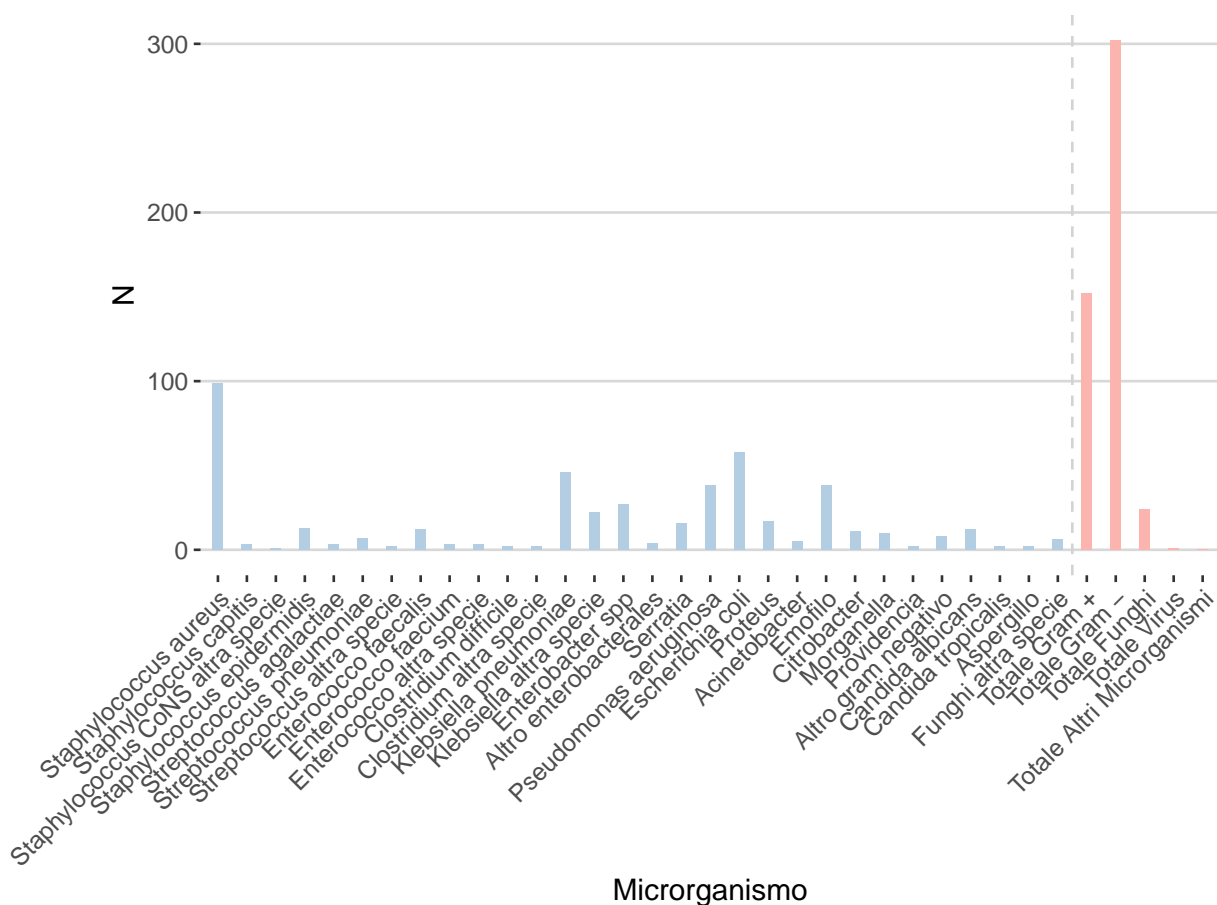
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	62	15.5
Sì	337	84.5
Missing	1	
Totale infezioni	400	
Totale microrganismi isolati	492	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	99	30.9	80	8	10
Staphylococcus capitis	3	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	1	100
Staphylococcus lugdunensis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	4.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	2.2	7	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.6	1	0	0

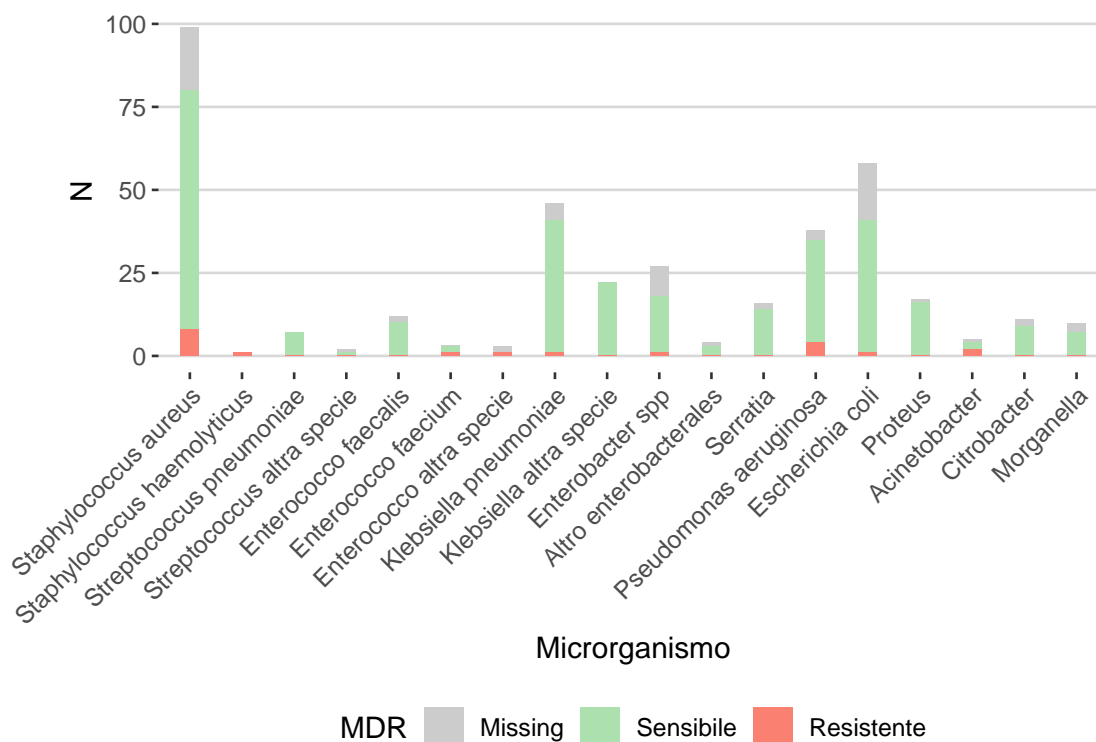
Enterococco faecalis	12	3.8	10	0	0
Enterococco faecium	3	0.9	3	1	33.3
Enterococco altra specie	3	0.9	1	1	100
Clostridium difficile	2	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Gram +	152	47.5	103	11	10.7
Klebsiella pneumoniae	46	14.4	41	1	2.4
Klebsiella altra specie	22	6.9	22	0	0
Enterobacter spp	27	8.4	18	1	5.6
Altro enterobacterales	4	1.2	3	0	0
Serratia	16	5.0	14	0	0
Pseudomonas aeruginosa	38	11.9	35	4	11.4
Escherichia coli	58	18.1	41	1	2.4
Proteus	17	5.3	16	0	0
Acinetobacter	5	1.6	4	2	50
Emofilo	38	11.9	0	0	0
Citrobacter	11	3.4	9	0	0
Morganella	10	3.1	7	0	0
Providencia	2	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	8	2.5	0	0	0
Totale Gram -	302	94.4	210	9	4.3
Candida albicans	12	3.8	0	0	0
Candida glabrata	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.6	0	0	0
Aspergillo	2	0.6	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.9	0	0	0
Totale Funghi	24	7.5	0	0	0
Influenza altro A	1	0.3			
Totale Virus	1	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	99	30.9	80	8	10
Staphylococcus capitis	3	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	1	100
Staphylococcus lugdunensis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	4.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	2.2	7	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.6	1	0	0
Enterococcus faecalis	12	3.8	10	0	0
Enterococcus faecium	3	0.9	3	1	33.3
Enterococcus altra specie	3	0.9	1	1	100
Clostridium difficile	2	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Gram +	152	47.5	103	11	10.7
Klebsiella pneumoniae	46	14.4	41	1	2.4
Klebsiella altra specie	22	6.9	22	0	0
Enterobacter spp	27	8.4	18	1	5.6
Altro enterobacterales	4	1.2	3	0	0
Serratia	16	5.0	14	0	0
Pseudomonas aeruginosa	38	11.9	35	4	11.4
Escherichia coli	58	18.1	41	1	2.4

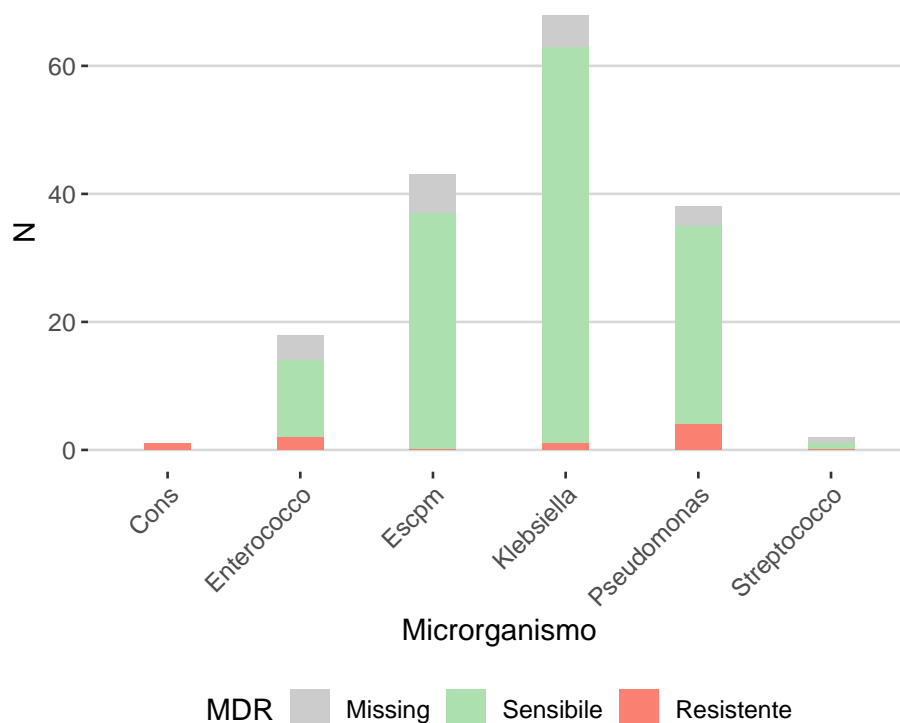
Proteus	17	5.3	16	0	0
Acinetobacter	5	1.6	4	2	50
Emofilo	38	11.9	0	0	0
Citrobacter	11	3.4	9	0	0
Morganella	10	3.1	7	0	0
Providencia	2	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	8	2.5	0	0	0
Totale Gram -	302	94.4	210	9	4.3
Candida albicans	12	3.8	0	0	0
Candida glabrata	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.6	0	0	0
Aspergillo	2	0.6	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.9	0	0	0
Totale Funghi	24	7.5	0	0	0
Influenza altro A	1	0.3			
Totale Virus	1	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 hominis*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Pseudomonas* altra specie, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *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.

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	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	18	14	12	2	14.29	4
Escpm	43	37	37	0	0.00	6
Klebsiella	68	63	62	1	1.59	5
Pseudomonas	38	35	31	4	11.43	3
Streptococco	2	1	1	0	0.00	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.

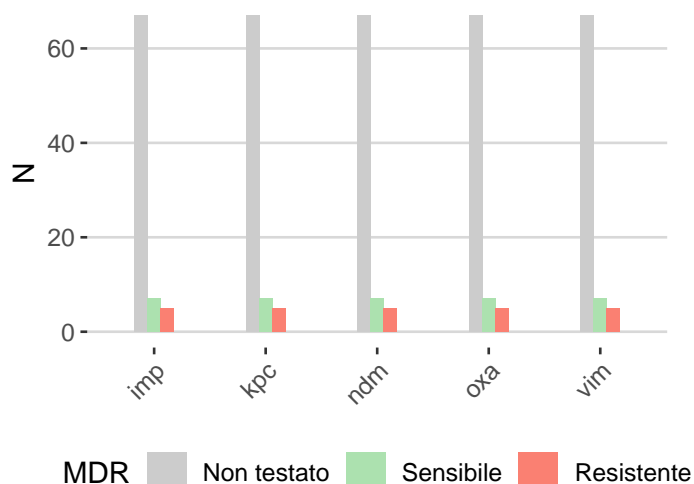
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	41	Ertapenem	1	2.44
Klebsiella pneumoniae	41	Meropenem	1	2.44
Enterobacter spp	17	Ertapenem	1	5.88
Escherichia coli	40	Ertapenem	1	2.50
Acinetobacter	4	Imipenem	2	50.00
Acinetobacter	4	Meropenem	2	50.00
Pseudomonas aeruginosa	35	Imipenem	3	8.57
Pseudomonas aeruginosa	34	Meropenem	3	8.82
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	80	Meticillina	8	10.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

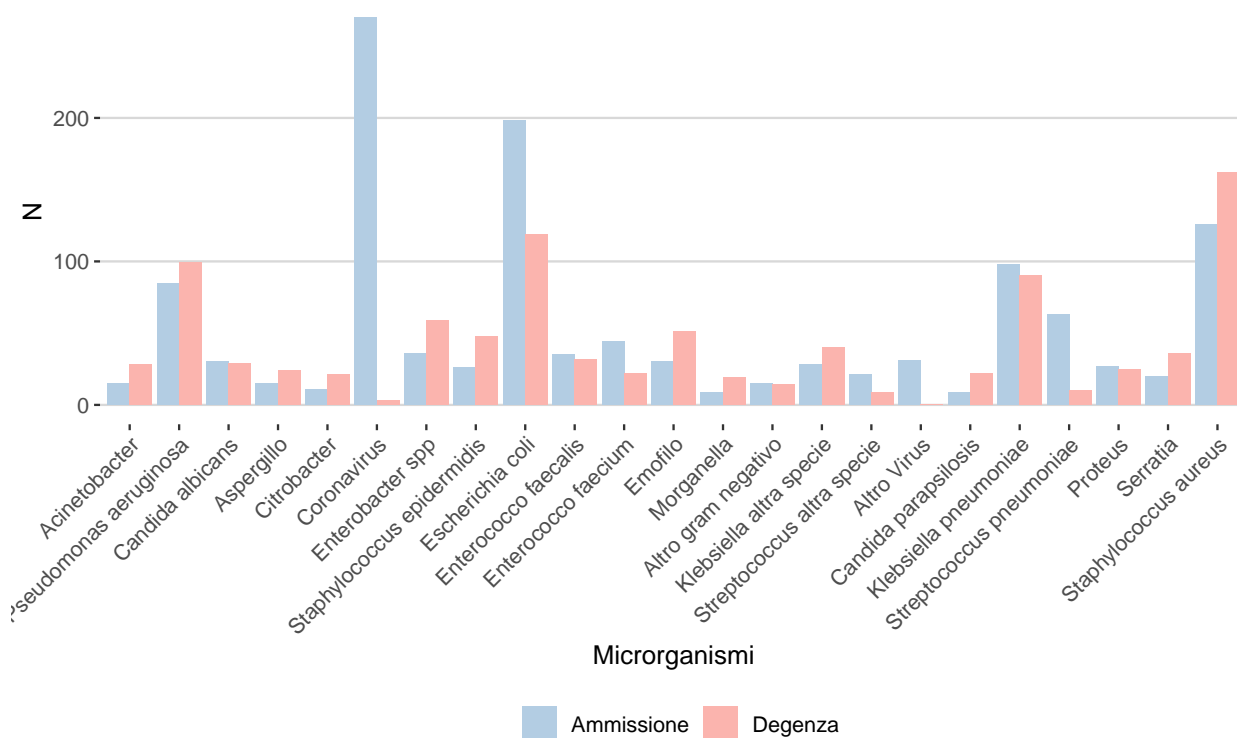
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. É sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	5	6.67
No	5	6.67
Non testato	65	86.67
Missing	133	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	5	20	7	67
kpc	5	20	7	67
ndm	5	20	7	67
oxa	5	20	7	67
vim	5	20	7	67



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

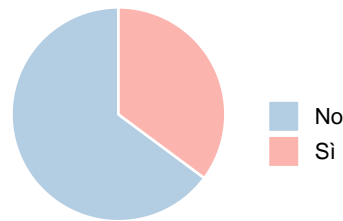


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	43	15	34.9	28	65.1
Pseudomonas aeruginosa	184	85	46.2	99	53.8
Candida albicans	59	30	50.8	29	49.2
Aspergillo	39	15	38.5	24	61.5
Citrobacter	32	11	34.4	21	65.6
Coronavirus	273	270	98.9	3	1.1

Enterobacter spp	95	36	37.9	59	62.1
Staphylococcus epidermidis	74	26	35.1	48	64.9
Escherichia coli	317	198	62.5	119	37.5
Enterococco faecalis	67	35	52.2	32	47.8
Enterococco faecium	66	44	66.7	22	33.3
Emofilo	81	30	37	51	63
Morganella	28	9	32.1	19	67.9
Altro gram negativo	29	15	51.7	14	48.3
Klebsiella altra specie	68	28	41.2	40	58.8
Streptococcus altra specie	30	21	70	9	30
Altro Virus	31	31	100	0	0
Candida parapsilosis	31	9	29	22	71
Klebsiella pneumoniae	188	98	52.1	90	47.9
Streptococcus pneumoniae	73	63	86.3	10	13.7
Proteus	52	27	51.9	25	48.1
Serratia	56	20	35.7	36	64.3
Staphylococcus aureus	288	126	43.8	162	56.2

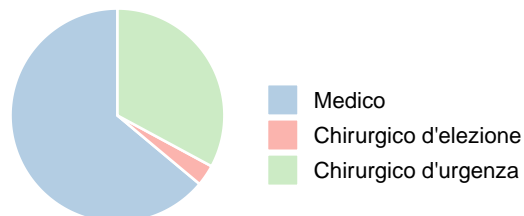
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 219)

11.1 Trauma



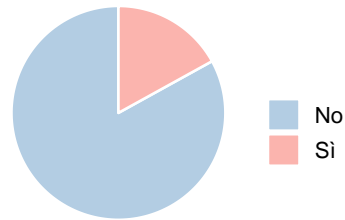
Trauma	N	%
No	142	64.8
Si	77	35.2
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



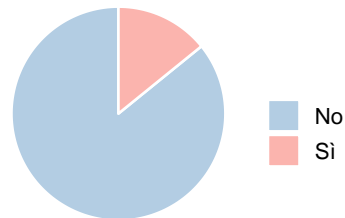
Stato chirurgico	N	%
Medico	140	63.9
Chirurgico d'elezione	7	3.2
Chirurgico d'urgenza	72	32.9
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



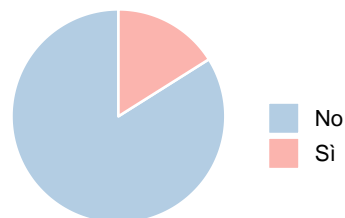
Batteriémica	N	%
No	181	83.0
Si	37	17.0
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



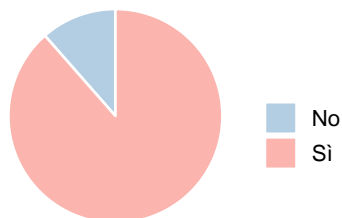
Infezione multisito	N	%
No	188	85.8
Si	31	14.2
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	183	83.9
Sì	35	16.1
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

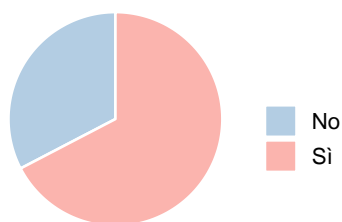


Polmonite associata a VAP	N	%
No	25	11.5
Sì	193	88.5
Missing	1	0

* 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).

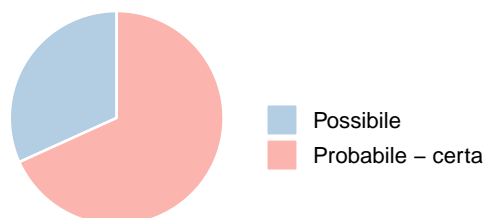
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 193)

12.1 VAP precoce



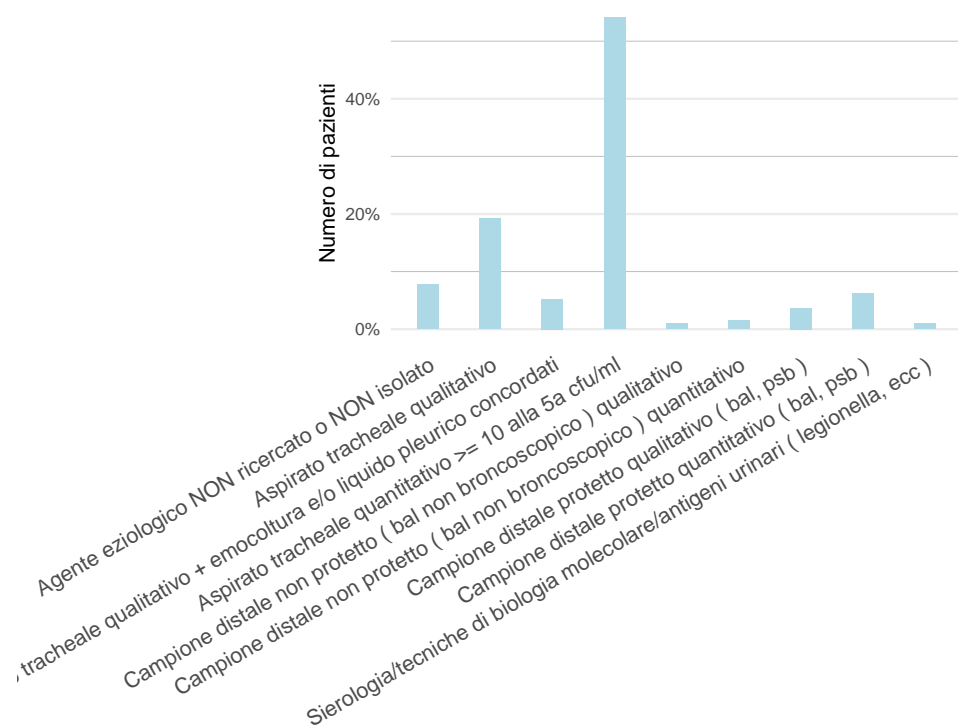
VAP precoce	N	%
No	63	32.6
Sì	130	67.4
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	61	31.8
Probabile - certa	131	68.2
Missing	1	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici



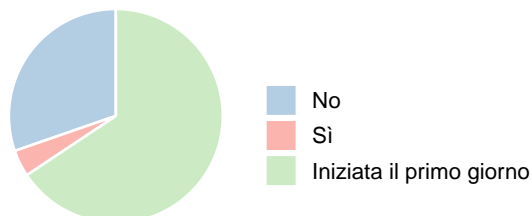
Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	2	1.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	3	1.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	2	1.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	7	3.6
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	12	6.2
Aspirato tracheale quantitativo >= 10 alla 5a cfu/ml	104	54.2

Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	10	5.2
Aspirato tracheale qualitativo	37	19.3
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	15	7.8
Missing	1	0

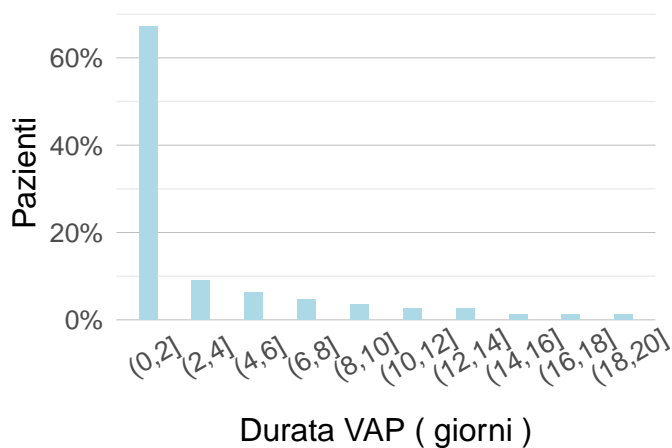
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 4793)

12.4.1 Ventilazione invasiva



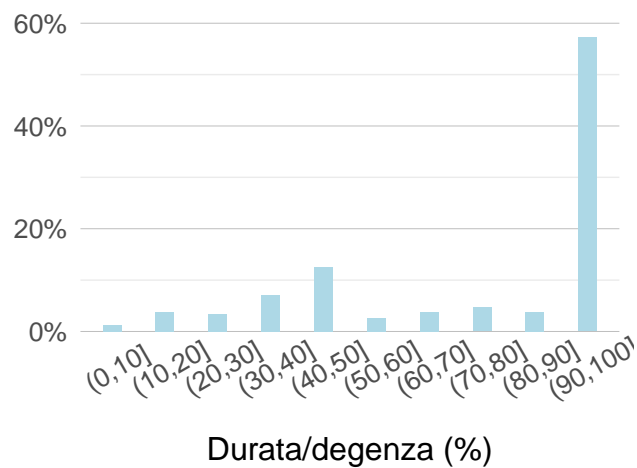
Ventilazione invasiva	N	%
No	1446	30.3
Si	3326	69.7
Iniziata il primo giorno	3133	65.4
Missing	21	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



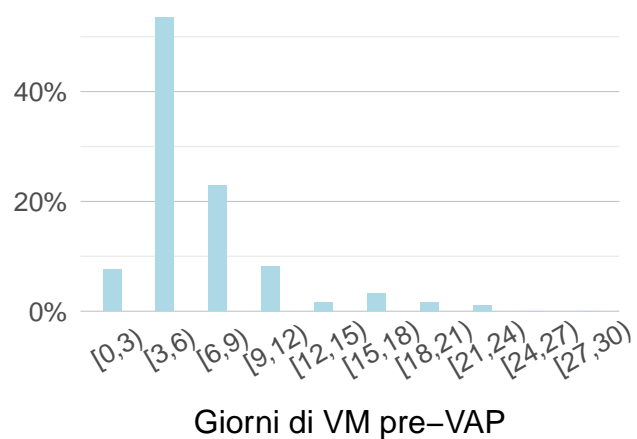
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.1 (9.3)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-5)
Missing	3

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	78.0 (28.8)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	4

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	193
Media (DS)	7.0 (6.2)
Mediana (Q1-Q3)	5 (4-7)
Missing	0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	14.7	10.3 %
CI (95%)	12.7 - 17.0	8.9 - 11.9

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

Il primo:

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

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.

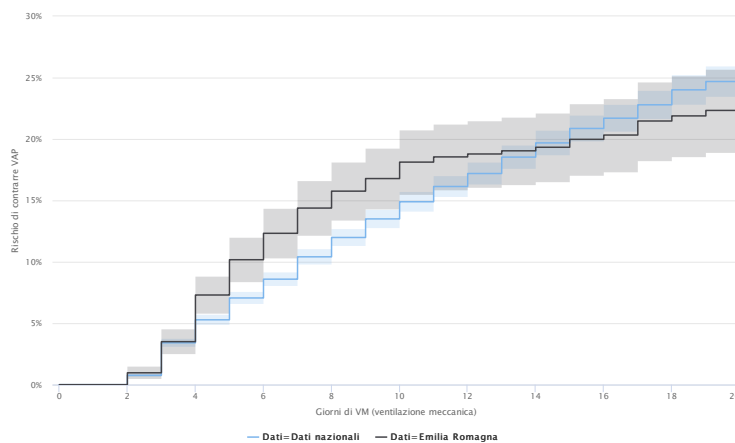
Il secondo invece:

$$** \text{ Incidenza VAP} = \frac{\text{Numero di pazienti con VAP in degenza}}{(\text{Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP})/7} \times 100$$

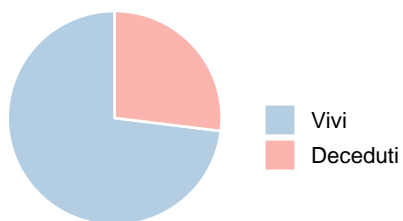
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

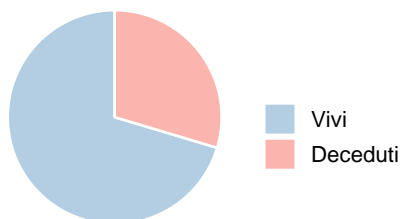


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	141	73.1
Deceduti	52	26.9
Missing	0	0

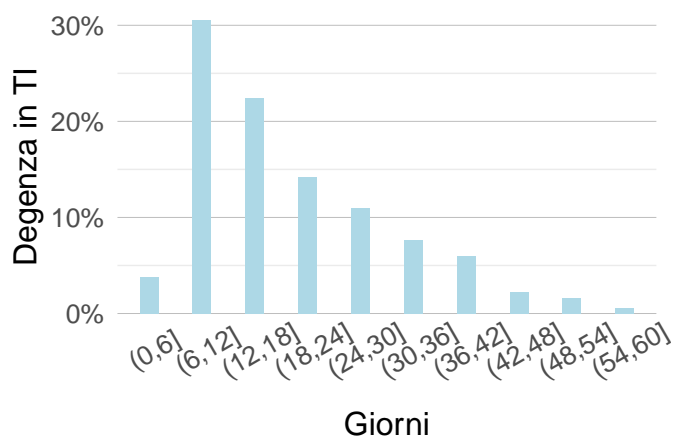
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	133	70.4
Deceduti	56	29.6
Missing	0	0

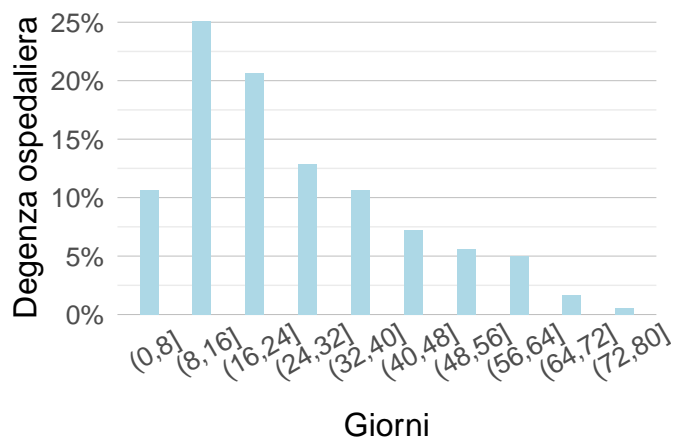
* Statistiche calcolate su 189 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.2 (21.0)
Mediana (Q1-Q3)	17 (10-30)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.9 (25.8)
Mediana (Q1-Q3)	23 (13-39)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 189 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

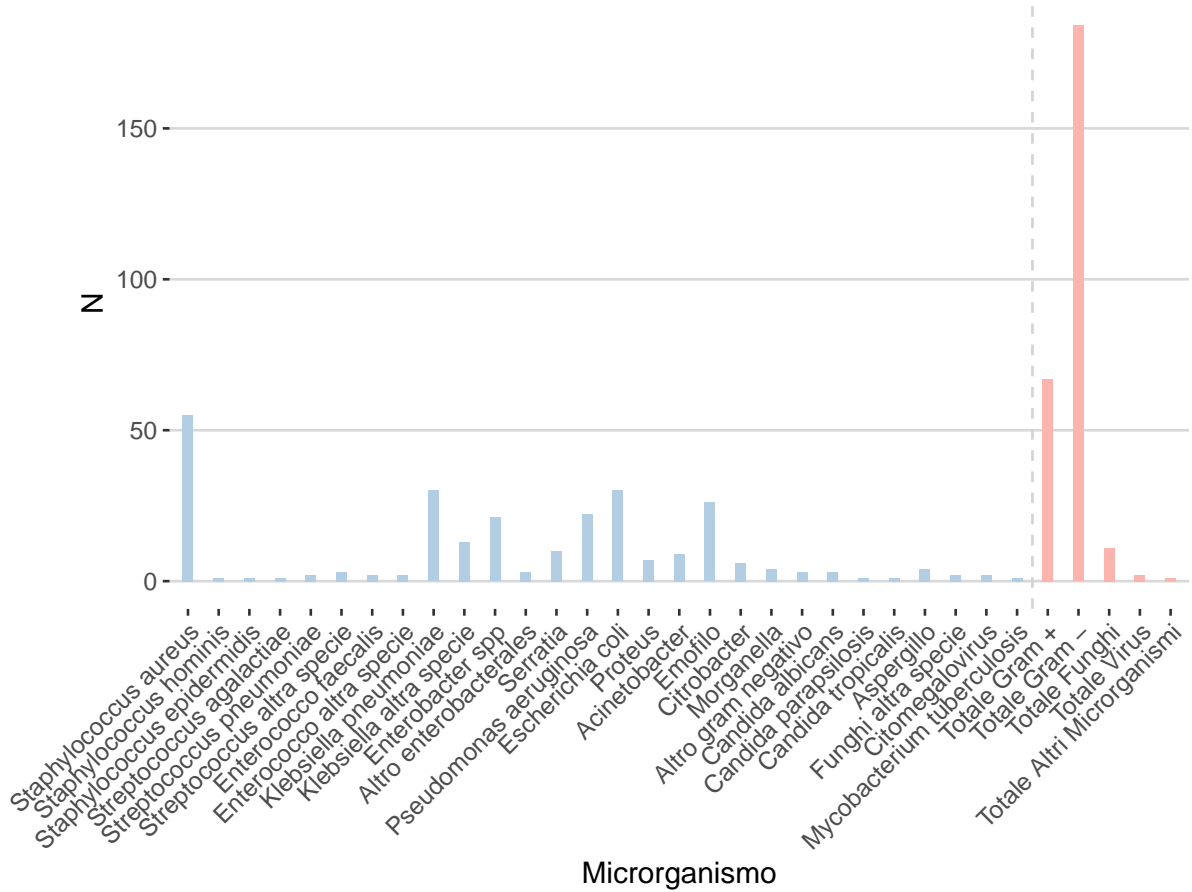
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

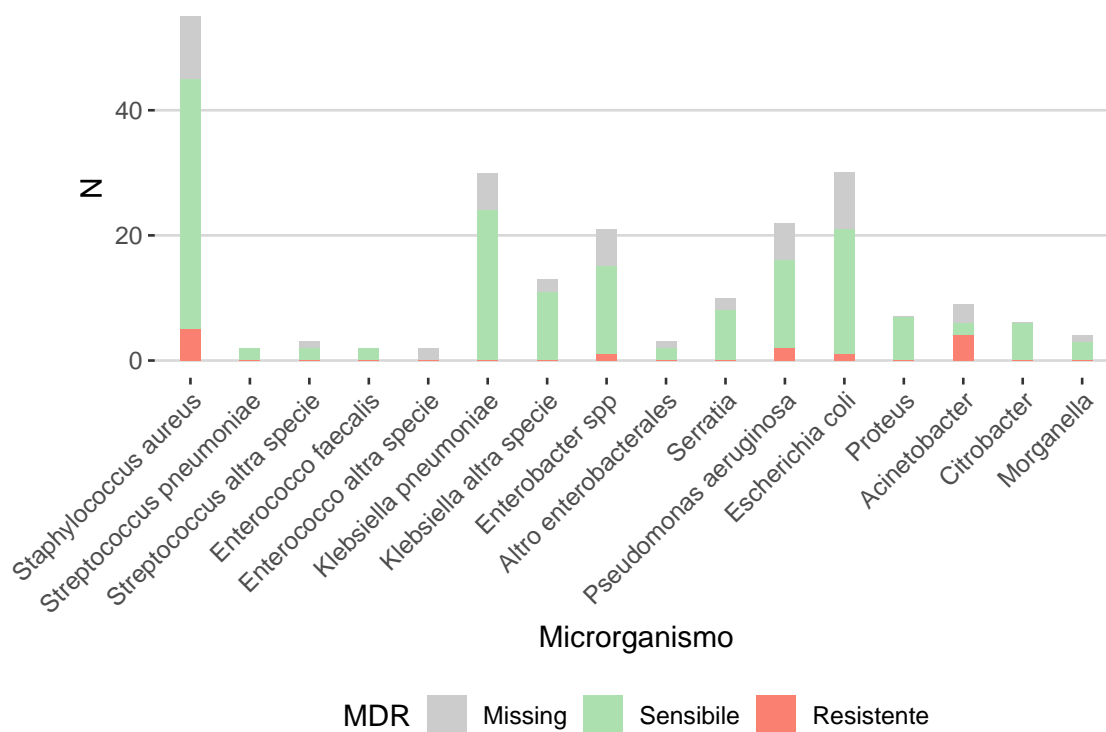
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	15	7.8
Sì	177	92.2
Missing	1	
Totale infezioni	193	
Totale microrganismi isolati	273	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	55	30.9	45	5	11.1
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.1	2	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.7	2	0	0
Enterococco faecalis	2	1.1	2	0	0
Enterococco altra specie	2	1.1	0	0	0
Totale Gram +	67	37.6	51	5	9.8
Klebsiella pneumoniae	30	16.9	24	0	0
Klebsiella altra specie	13	7.3	11	0	0
Enterobacter spp	21	11.8	15	1	6.7
Altro enterobacterales	3	1.7	2	0	0
Serratia	10	5.6	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	12.4	16	2	12.5
Escherichia coli	30	16.9	21	1	4.8
Proteus	7	3.9	7	0	0
Acinetobacter	9	5.1	6	4	66.7
Emofilo	26	14.6	0	0	0
Citrobacter	6	3.4	6	0	0
Morganella	4	2.2	3	0	0
Altro gram negativo	3	1.7	0	0	0
Totale Gram -	184	103.4	119	8	6.7
Candida albicans	3	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.6	0	0	0
Aspergillo	4	2.2	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.1	0	0	0
Totale Funghi	11	6.2	0	0	0
Citomegalovirus	2	1.1			
Totale Virus	2	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.6	0	0	0

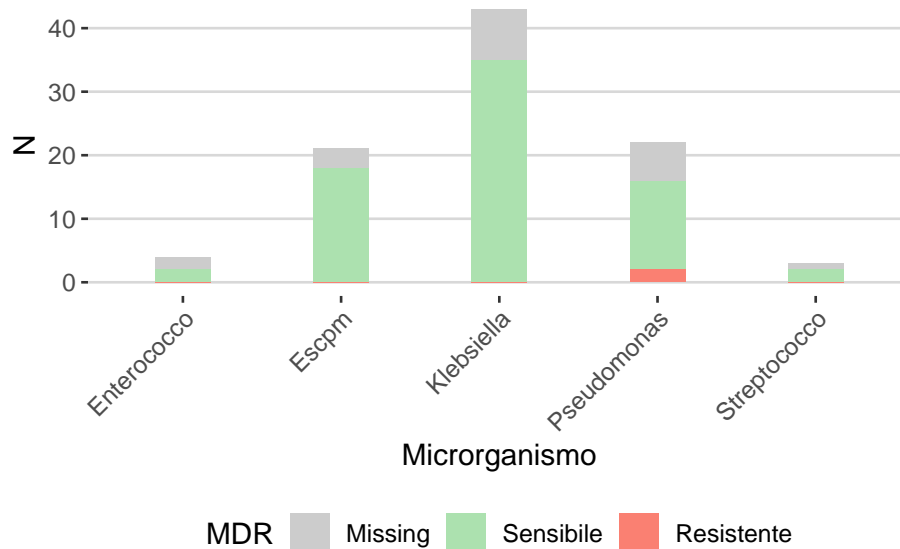


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Enterococco faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *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.

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
Enterococco	4	2	2	0	0.0	2
Escpm	21	18	18	0	0.0	3
Klebsiella	43	35	35	0	0.0	8
Pseudomonas	22	16	14	2	12.5	6
Streptococco	3	2	2	0	0.0	1

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	%
Enterobacter spp	14	Ertapenem	1	7.14
Escherichia coli	21	Ertapenem	1	4.76
Acinetobacter	6	Imipenem	3	50.00
Acinetobacter	6	Meropenem	4	66.67
Pseudomonas aeruginosa	16	Imipenem	2	12.50
Staphylococcus aureus	45	Meticillina	5	11.11

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

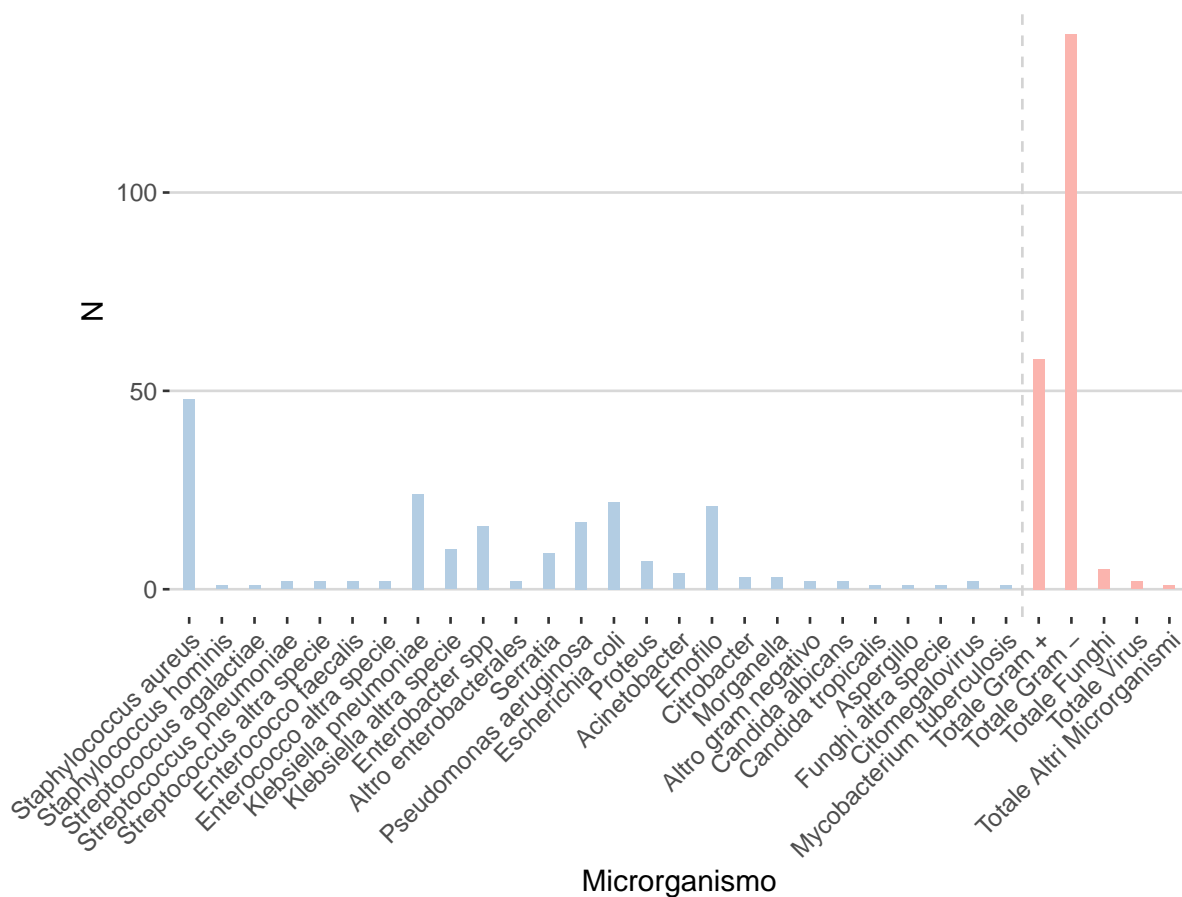
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	131	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	131	
Totale microrganismi isolati	212	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	48	36.6	39	5	12.8
Staphylococcus hominis	1	0.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.5	2	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.5	1	0	0
Enterococco faecalis	2	1.5	2	0	0
Enterococco altra specie	2	1.5	0	0	0
Totale Gram +	58	44.3	44	5	11.4
Klebsiella pneumoniae	24	18.3	20	0	0
Klebsiella altra specie	10	7.6	9	0	0
Enterobacter spp	16	12.2	11	1	9.1
Altro enterobacterales	2	1.5	2	0	0
Serratia	9	6.9	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	13.0	12	0	0
Escherichia coli	22	16.8	16	1	6.2
Proteus	7	5.3	7	0	0
Acinetobacter	4	3.1	2	1	50
Emofilo	21	16.0	0	0	0
Citrobacter	3	2.3	3	0	0
Morganella	3	2.3	2	0	0
Altro gram negativo	2	1.5	0	0	0
Totale Gram -	140	106.9	91	3	3.3
Candida albicans	2	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
Aspergillo	1	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Funghi	5	3.8	0	0	0
Citomegalovirus	2	1.5			
Totale Virus	2	1.5	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.8	0	0	0

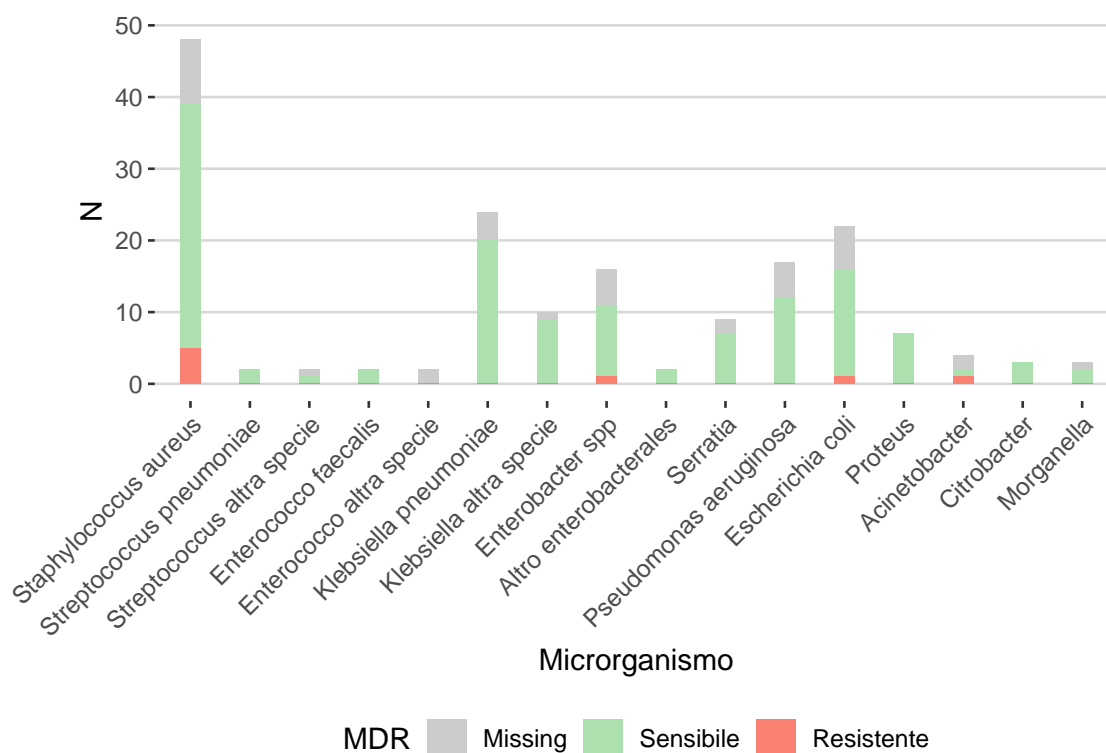
Totale Altri Microrganismi	1	0.8	0	0	0
-----------------------------------	----------	------------	----------	----------	----------



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	48	36.6	39	5	12.8
Staphylococcus hominis	1	0.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.5	2	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.5	1	0	0
Enterococco faecalis	2	1.5	2	0	0
Enterococco altra specie	2	1.5	0	0	0
Totale Gram +	58	44.3	44	5	11.4
Klebsiella pneumoniae	24	18.3	20	0	0
Klebsiella altra specie	10	7.6	9	0	0
Enterobacter spp	16	12.2	11	1	9.1
Altro enterobacterales	2	1.5	2	0	0
Serratia	9	6.9	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	13.0	12	0	0
Escherichia coli	22	16.8	16	1	6.2
Proteus	7	5.3	7	0	0
Acinetobacter	4	3.1	2	1	50
Emofilo	21	16.0	0	0	0
Citrobacter	3	2.3	3	0	0

Morganella	3	2.3	2	0	0
Altro gram negativo	2	1.5	0	0	0
Totale Gram -	140	106.9	91	3	3.3
Candida albicans	2	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
Aspergillo	1	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Funghi	5	3.8	0	0	0
Citomegalovirus	2	1.5			
Totale Virus	2	1.5	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.8	0	0	0

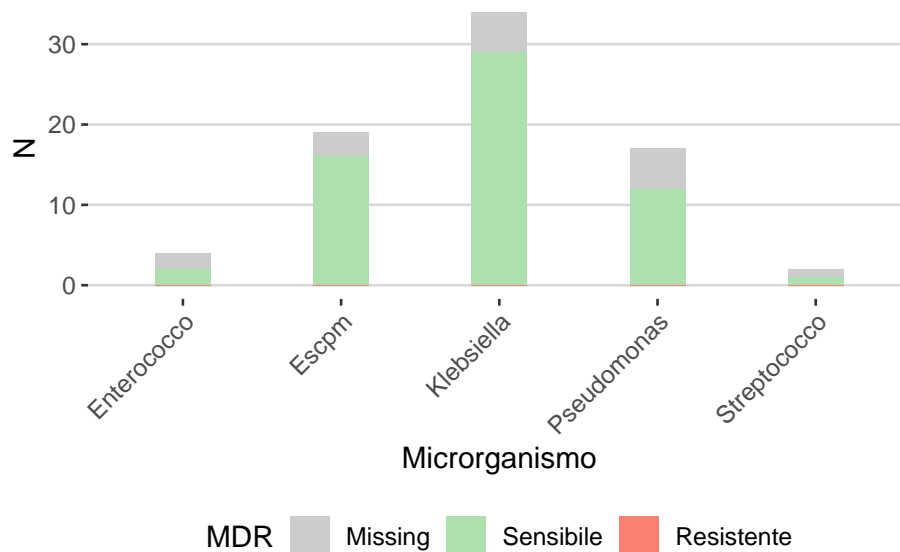
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococcus faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, 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.

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
Enterococco	4	2	2	0	0	2
Escpm	19	16	16	0	0	3
Klebsiella	34	29	29	0	0	5
Pseudomonas	17	12	12	0	0	5
Streptococco	2	1	1	0	0	1

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	%
Enterobacter spp	10	Ertapenem	1	10.00
Escherichia coli	16	Ertapenem	1	6.25
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00

Staphylococcus aureus 39 Meticillina 5 12.82

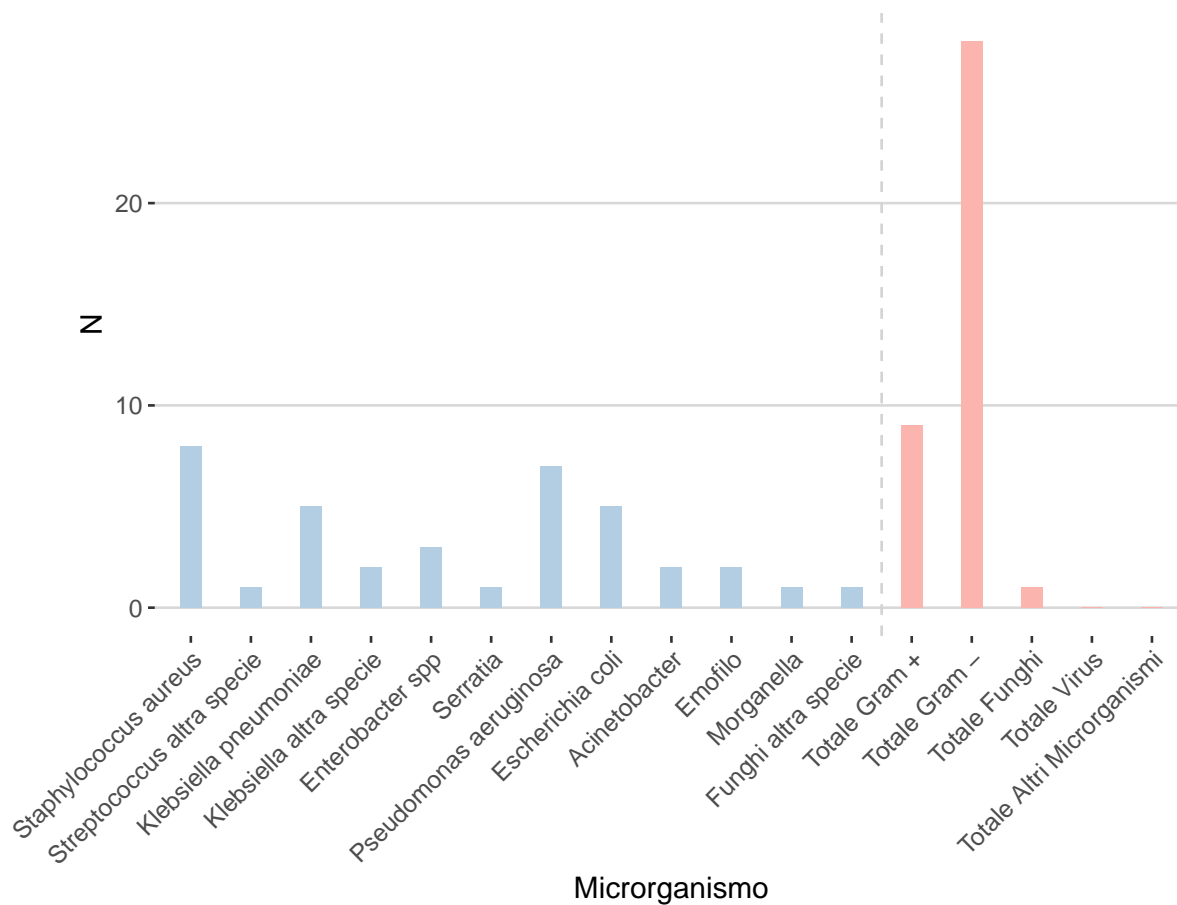
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

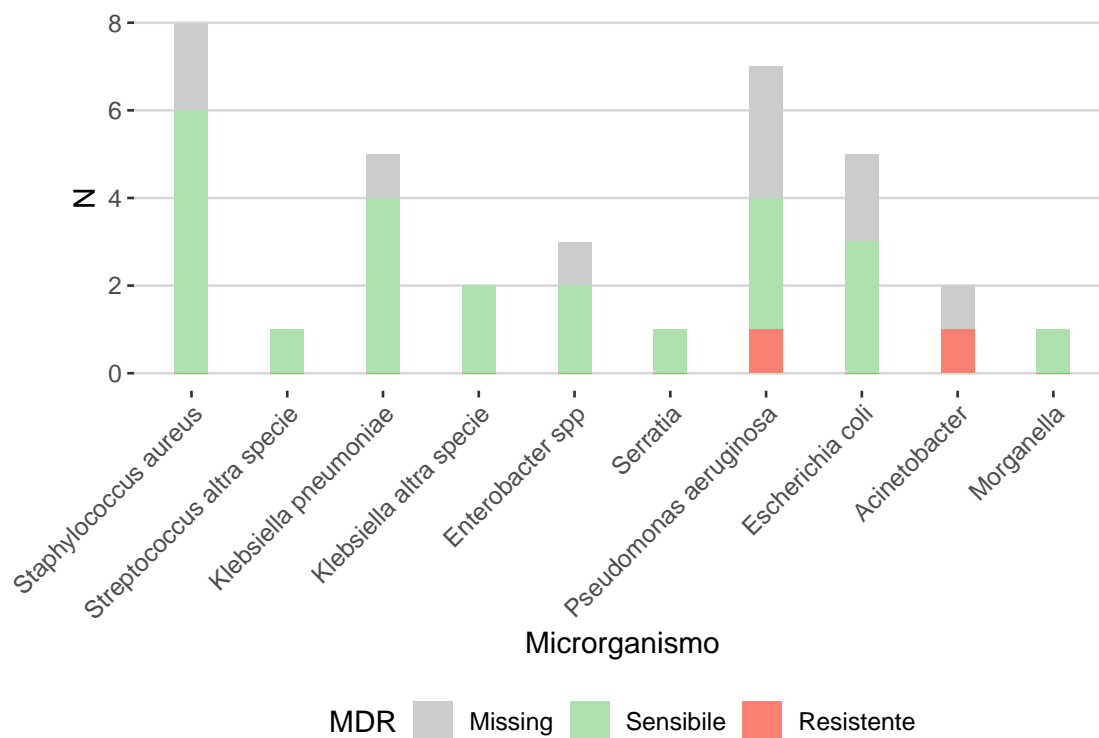
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	3.6
Sì	27	96.4
Missing	0	
Totale infezioni	28	
Totale microrganismi isolati	38	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	28.6	6	0	0
Streptococcus altra specie	1	3.6	1	0	0
Totale Gram +	9	32.1	7	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	17.9	4	0	0
Klebsiella altra specie	2	7.1	2	0	0
Enterobacter spp	3	10.7	2	0	0
Serratia	1	3.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	25.0	4	1	25
Escherichia coli	5	17.9	3	0	0
Acinetobacter	2	7.1	1	1	100
Emofilo	2	7.1	0	0	0
Morganella	1	3.6	1	0	0
Totale Gram -	28	100.0	18	2	11.1
Funghi altra specie	1	3.6	0	0	0
Totale Funghi	1	3.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

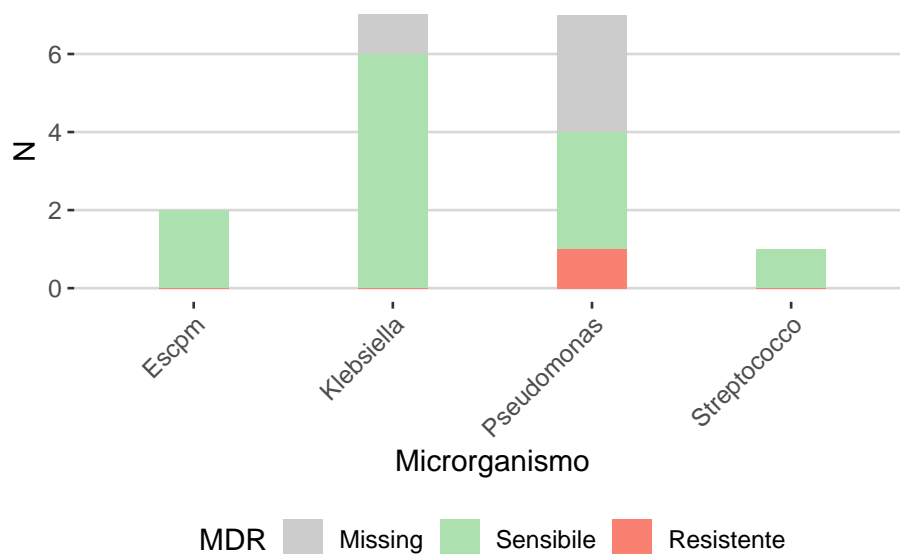


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Legionella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Candida albicans*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Candida parapsilosis*, *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.

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
Escpm	2	2	2	0	0	0
Klebsiella	7	6	6	0	0	1
Pseudomonas	7	4	3	1	25	3
Streptococco	1	1	1	0	0	0

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

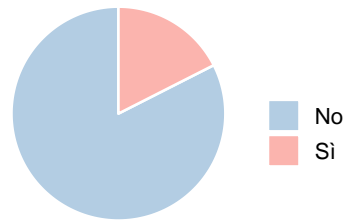
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25

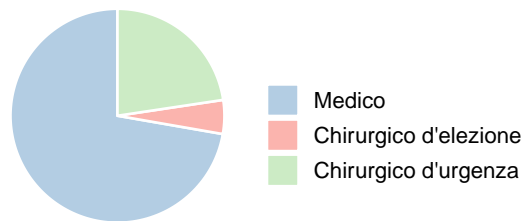
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 137)

13.1 Trauma



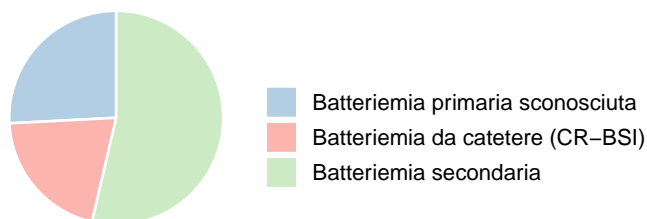
Trauma	N	%
No	113	82.5
Si	24	17.5
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	99	72.3
Chirurgico d'elezione	7	5.1
Chirurgico d'urgenza	31	22.6
Missing	0	0

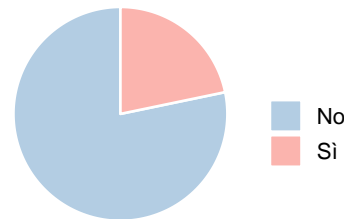
13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
-----------	---	---

Batteriemia primaria sconosciuta	39	28.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	31	22.6
Batteriemia secondaria	81	59.1
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



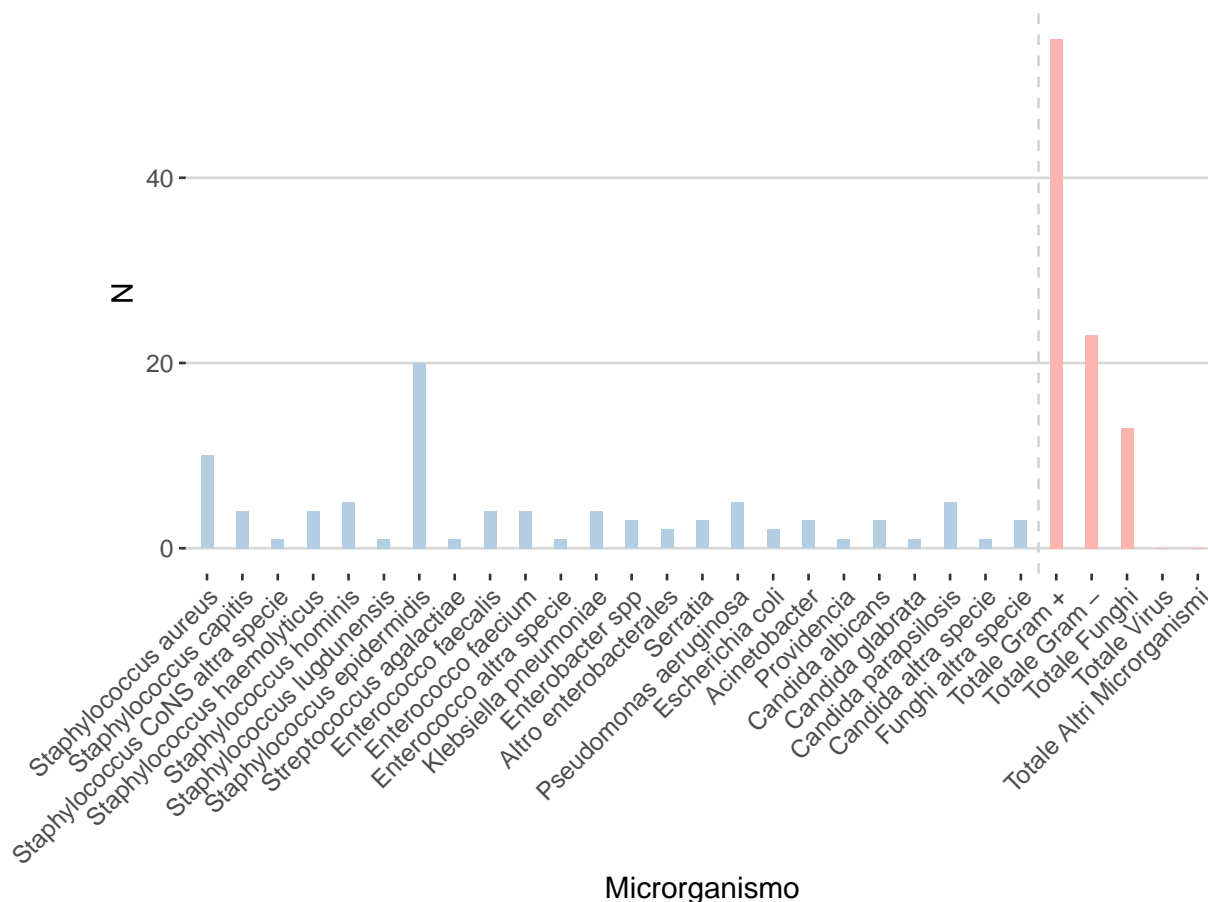
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	54	78.3
Si	15	21.7
Missing	1	0

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	14.3	8	2	25
Staphylococcus capitis	4	5.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	5.7	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	5	7.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	28.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.4	0	0	0
Enterococco faecalis	4	5.7	2	0	0
Enterococco faecium	4	5.7	2	0	0
Enterococco altra specie	1	1.4	1	1	100
Totale Gram +	55	78.6	16	5	31.2
Klebsiella pneumoniae	4	5.7	4	1	25
Enterobacter spp	3	4.3	2	0	0
Altro enterobacterales	2	2.9	2	0	0
Serratia	3	4.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	7.1	4	1	25
Escherichia coli	2	2.9	2	0	0
Acinetobacter	3	4.3	1	1	100
Providencia	1	1.4	0	0	0

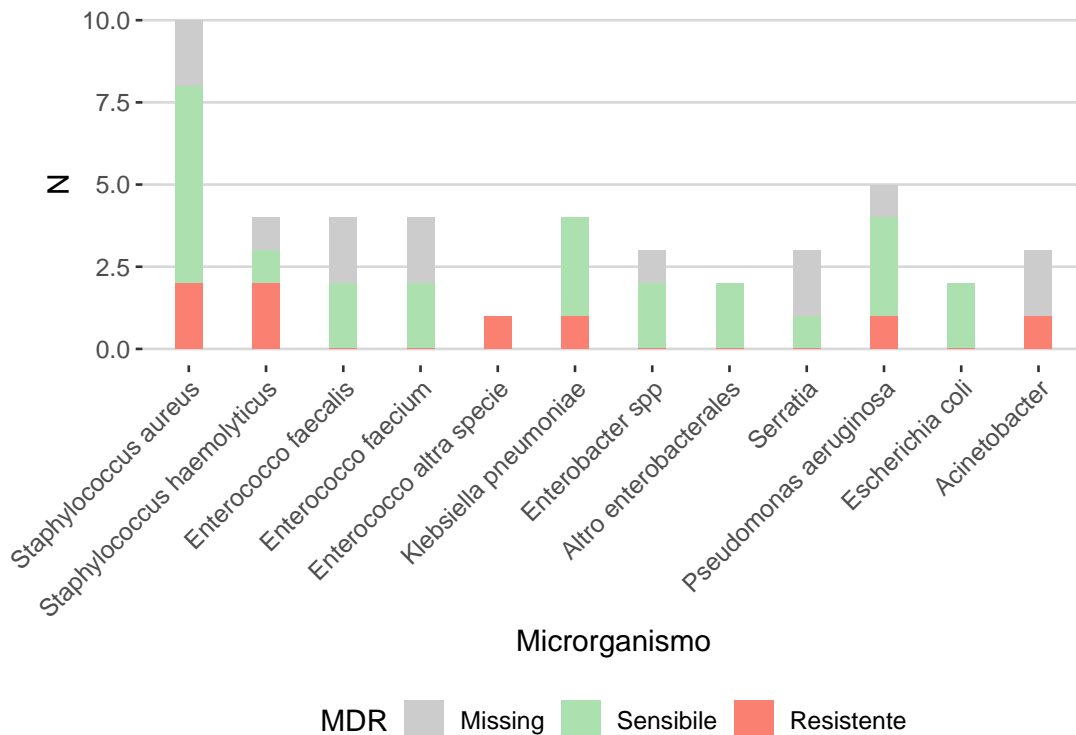
Totale Gram -	23	32.9	16	3	18.8
Candida albicans	3	4.3	0	0	0
Candida glabrata	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	7.1	0	0	0
Candida altra specie	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	3	4.3	0	0	0
Totale Funghi	13	18.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	14.3	8	2	25
Staphylococcus capitis	4	5.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	5.7	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	5	7.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	28.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.4	0	0	0
Enterococco faecalis	4	5.7	2	0	0
Enterococco faecium	4	5.7	2	0	0
Enterococco altra specie	1	1.4	1	1	100

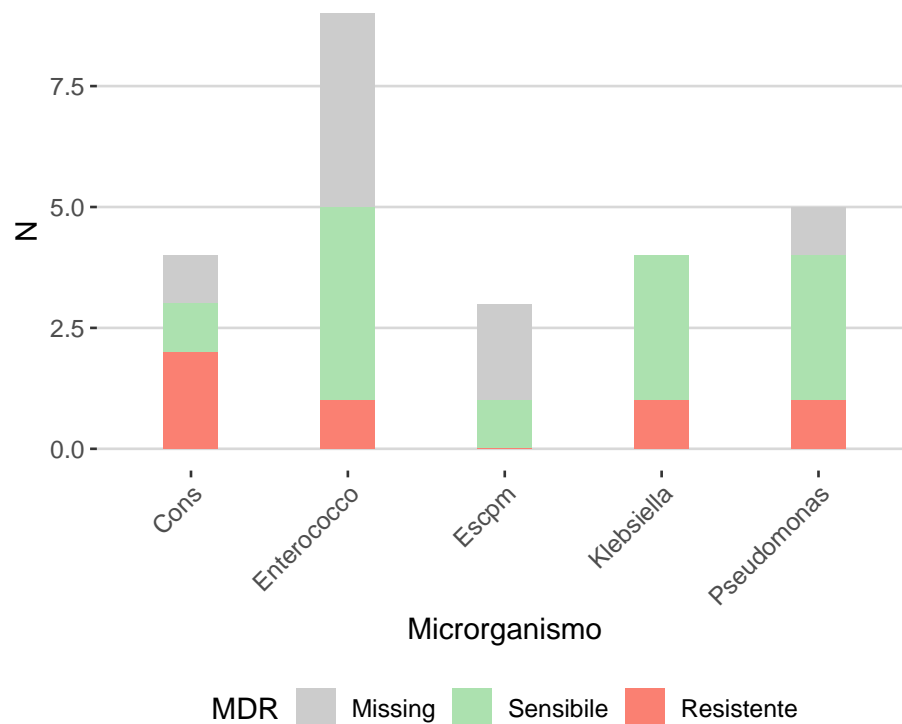
Totale Gram +	55	78.6	16	5	31.2
Klebsiella pneumoniae	4	5.7	4	1	25
Enterobacter spp	3	4.3	2	0	0
Altro enterobacterales	2	2.9	2	0	0
Serratia	3	4.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	7.1	4	1	25
Escherichia coli	2	2.9	2	0	0
Acinetobacter	3	4.3	1	1	100
Providencia	1	1.4	0	0	0
Totale Gram -	23	32.9	16	3	18.8
Candida albicans	3	4.3	0	0	0
Candida glabrata	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	7.1	0	0	0
Candida altra specie	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	3	4.3	0	0	0
Totale Funghi	13	18.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Proteus, 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.

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	4	3	1	2	66.67	1
Enterococco	9	5	4	1	20.00	4
Escpm	3	1	1	0	0.00	2
Klebsiella	4	4	3	1	25.00	0
Pseudomonas	5	4	3	1	25.00	1

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.

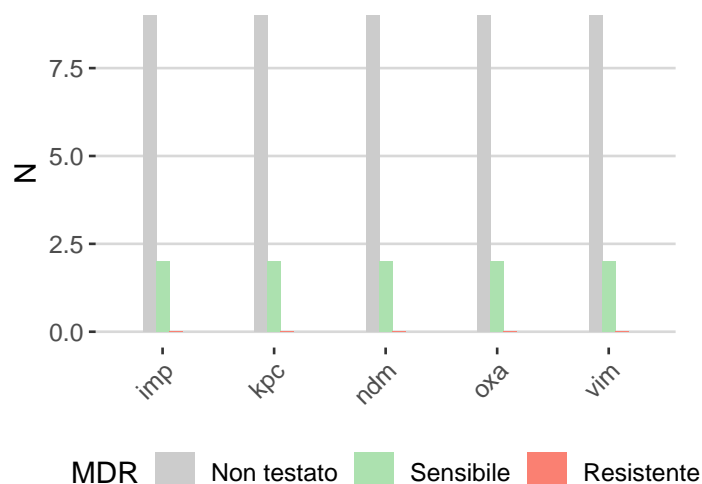
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25.00
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	2	25.00
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

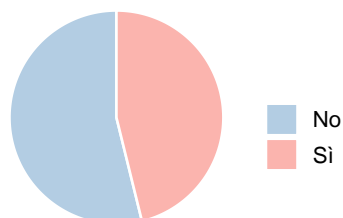
	N	%
Sì	0	0
No	2	18.18
Non testato	9	81.82
Missing	7	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	9
kpc	0	0	2	9
ndm	0	0	2	9
oxa	0	0	2	9
vim	0	0	2	9



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 39)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	21	53.8
Sì	18	46.2
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.4	1.0 %
CI (95%)	1.0 - 2.0	0.7 - 1.4

È possibile calcolare due indicatori di incidenza di batteriemia di origine sconosciuta, completati con i rispettivi intervalli di confidenza al 95%.

Il primo:

$$* \text{ Incidenza BO} = \frac{\text{Numero di pazienti con BO}}{\text{Giornate di degenza pre-batteriemia}} \times 1000$$

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

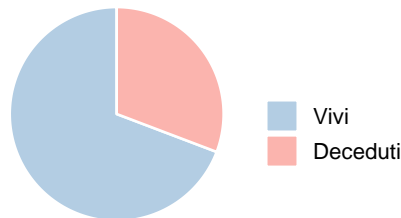
Il secondo:

$$* \text{ Incidenza BO} = \frac{\text{Numero di pazienti con BO}}{(\text{Numero pazienti ricoverati})/7} \times 100$$

corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano batteriemia di origine sconosciuta?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

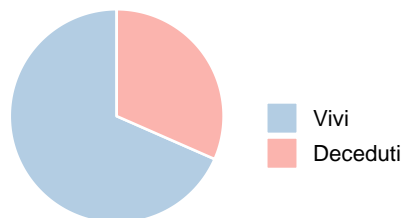
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	27	69.2
Deceduti	12	30.8
Missing	0	0

14.4 Mortalità ospedaliera *

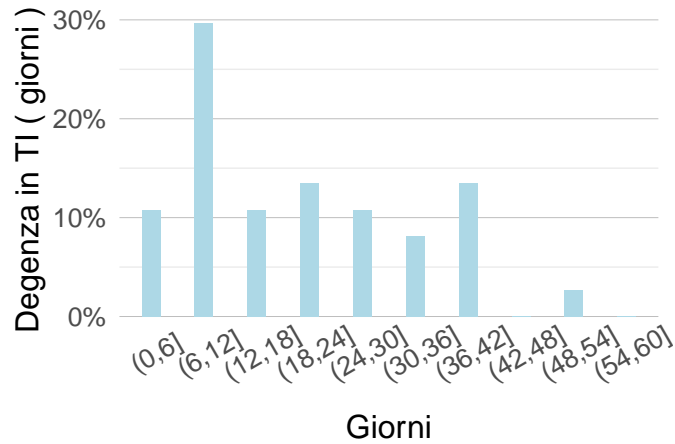


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	26	68.4
Deceduti	12	31.6

Missing	0	0
---------	---	---

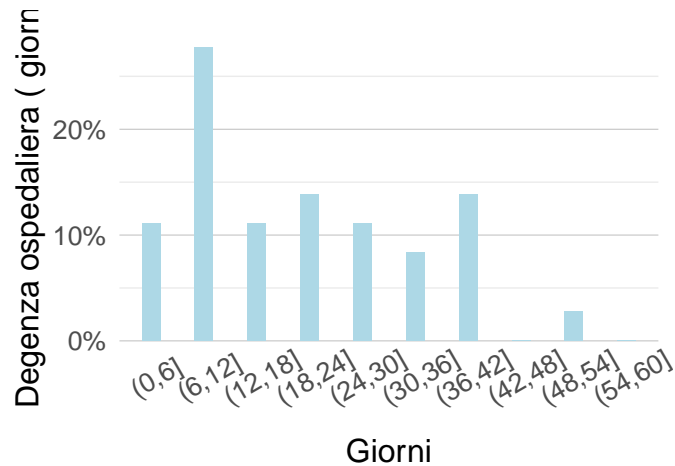
* Statistiche calcolate su 38 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.1 (17.6)
Mediana (Q1-Q3)	19 (10-32)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



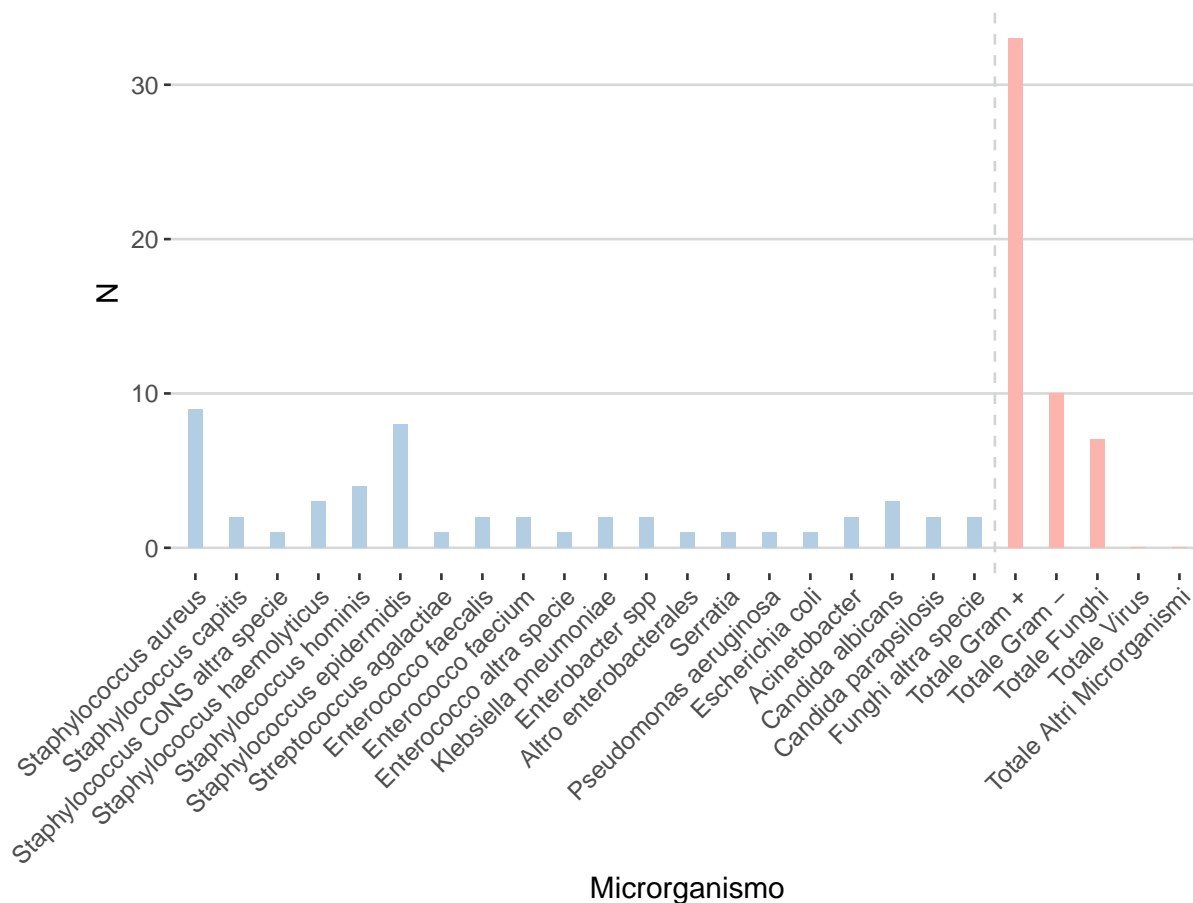
Indicatore	Valore
Media (DS)	39.7 (25.5)
Mediana (Q1-Q3)	35 (21.2-55.8)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 38 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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 30 microrganismi.

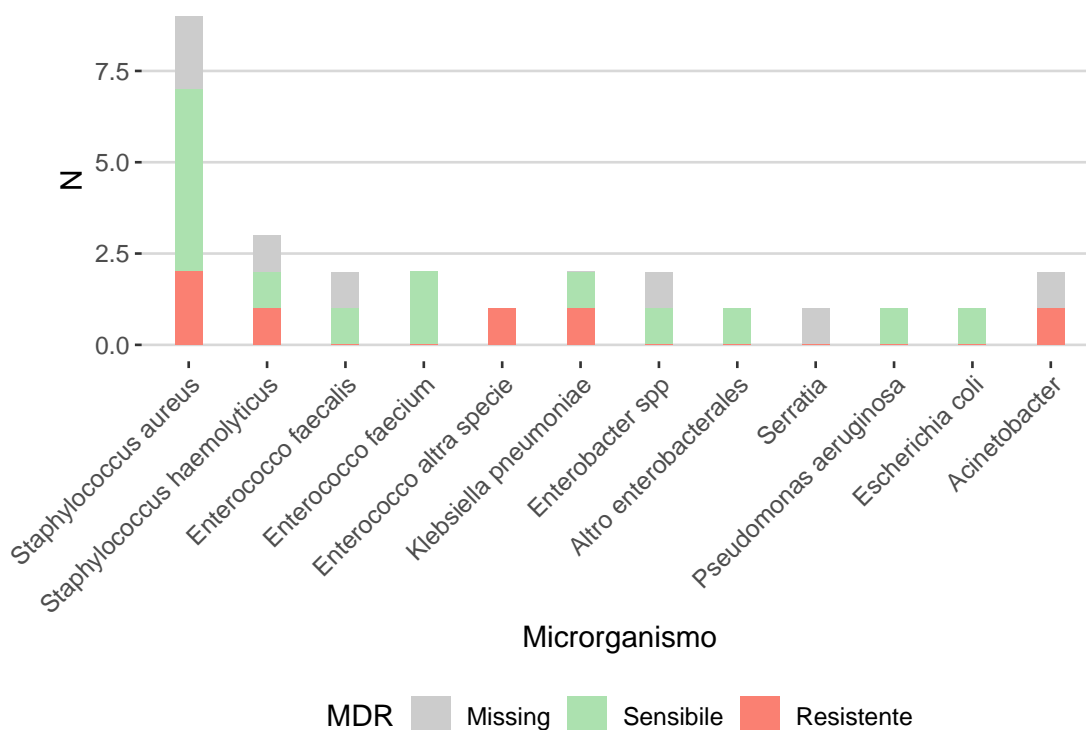
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	23.1	7	2	28.6
Staphylococcus capitis	2	5.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	7.7	2	1	50
Staphylococcus hominis	4	10.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	20.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	2.6	0	0	0
Enterococco faecalis	2	5.1	1	0	0
Enterococco faecium	2	5.1	2	0	0
Enterococco altra specie	1	2.6	1	1	100
Totale Gram +	33	84.6	13	4	30.8
Klebsiella pneumoniae	2	5.1	2	1	50
Enterobacter spp	2	5.1	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.6	1	0	0
Serratia	1	2.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	2.6	1	0	0
Escherichia coli	1	2.6	1	0	0
Acinetobacter	2	5.1	1	1	100
Totale Gram -	10	25.6	7	2	28.6
Candida albicans	3	7.7	0	0	0
Candida parapsilosis	2	5.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	5.1	0	0	0
Totale Funghi	7	17.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	23.1	7	2	28.6
Staphylococcus capitis	2	5.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	7.7	2	1	50
Staphylococcus hominis	4	10.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	20.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	2.6	0	0	0
Enterococco faecalis	2	5.1	1	0	0
Enterococco faecium	2	5.1	2	0	0
Enterococco altra specie	1	2.6	1	1	100
Totale Gram +	33	84.6	13	4	30.8
Klebsiella pneumoniae	2	5.1	2	1	50
Enterobacter spp	2	5.1	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.6	1	0	0
Serratia	1	2.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	2.6	1	0	0
Escherichia coli	1	2.6	1	0	0
Acinetobacter	2	5.1	1	1	100
Totale Gram -	10	25.6	7	2	28.6
Candida albicans	3	7.7	0	0	0
Candida parapsilosis	2	5.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	5.1	0	0	0

Totale Funghi	7	17.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, 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.

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.

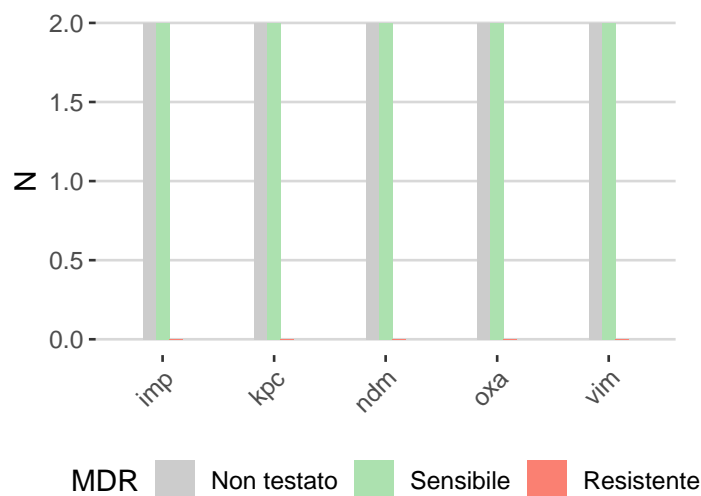
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50.00
Klebsiella pneumoniae	2	Meropenem	1	50.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	2	28.57
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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. 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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

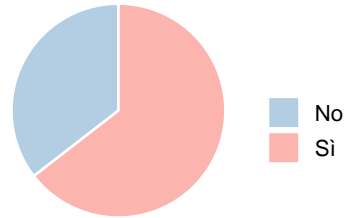
	N	%
Sì	0	0
No	2	50
Non testato	2	50
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	2
kpc	0	0	2	2
ndm	0	0	2	2
oxa	0	0	2	2
vim	0	0	2	2



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 31)

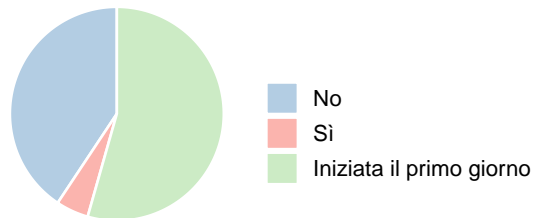
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	11	35.5
Sì	20	64.5
Missing	0	0

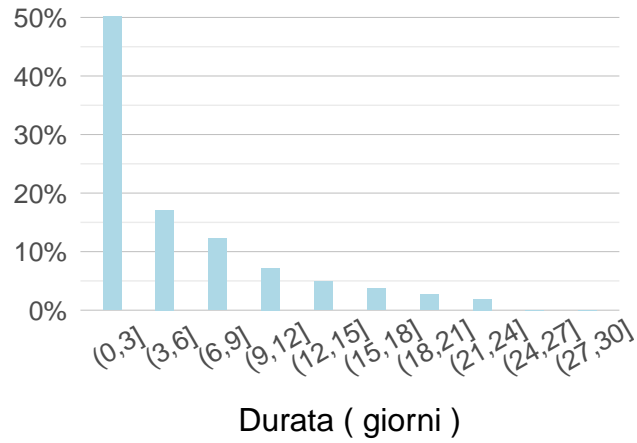
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 4793)



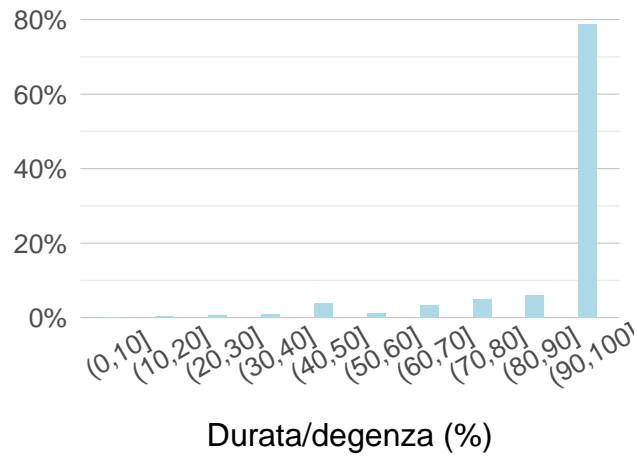
Cvc	N	%
No	1941	40.7
Sì	2831	59.3
Iniziata il primo giorno	2596	54.2
Missing	21	

15.2.2 Durata (giorni)



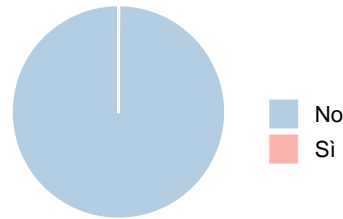
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (10.6)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-9)
Missing	3

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



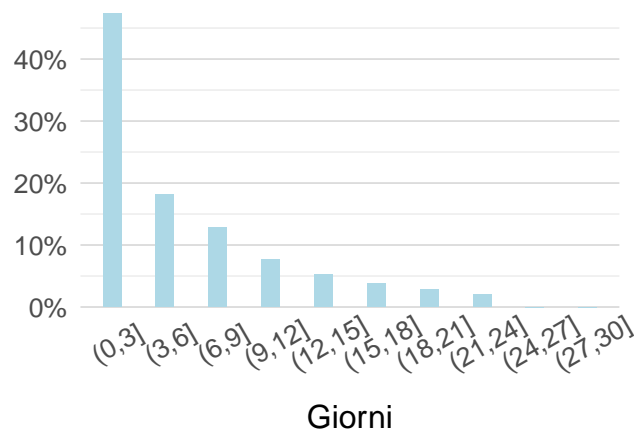
Indicatore	Valore
Media (DS)	92.8 (15.7)
Mediana (Q1-Q3)	100 (95.2-100)
Missing	4

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 4793)



Infezione locale da catetere	N	%
No	4770	99.9
Sì	3	0.1
Missing	20	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	30
Media (DS)	12.0 (9.3)
Mediana (Q1-Q3)	10.5 (5-13.8)
Missing	1

15.4 Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.5	1.0 %
CI (95%)	1.0 - 2.1	0.7 - 1.5

È possibile calcolare due indicatori di incidenza per i casi di CR-BSI:

Il primo:

$$* \text{ Incidenza CR-BSI} = \frac{\text{Numero di pazienti con CR-BSI in degenza}}{\text{Giornate con catetere pre-CR-BSI}} \times 1000$$

dove la variabile *Giornate con catetere pre-CR-BSI* è pari alla somma delle giornate di tutti i pazienti con catetere. È quindi pari alle giornate con catetere per i pazienti non infetti e alla differenza tra il giorno di insorgenza della CR-BSI e il primo giorno di catetere per i pazienti infetti.

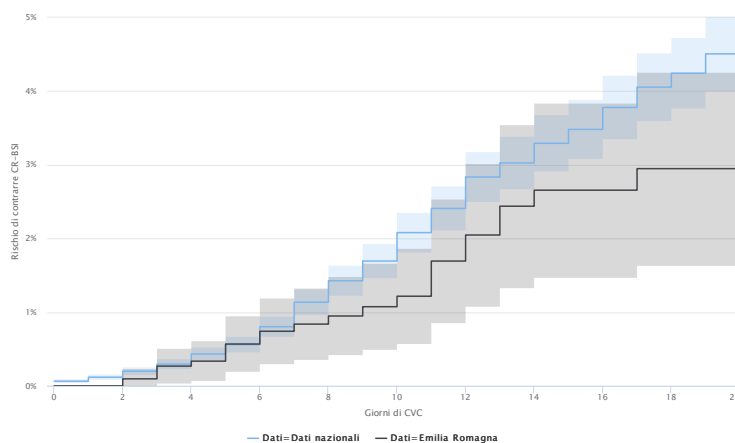
Il secondo invece:

$$** \text{ Incidenza CR-BSI} = \frac{\text{Numero di pazienti con CR-BSI in degenza}}{(\text{Giornate con catetere pre-CR-BSI})/7} \times 100$$

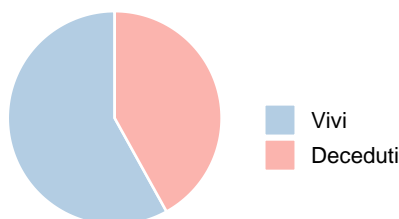
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



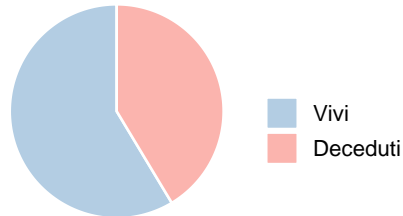
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	58.1
Deceduti	13	41.9

Missing 0 0

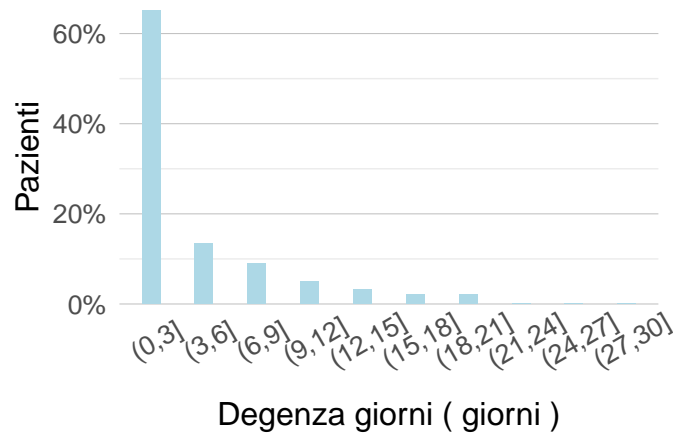
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	17	58.6
Deceduti	12	41.4
Missing	1	0

* Statistiche calcolate su 30 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.7 (36.2)
Mediana (Q1-Q3)	27 (14-41)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.9 (35.8)
Mediana (Q1-Q3)	30 (25-46)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 30 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

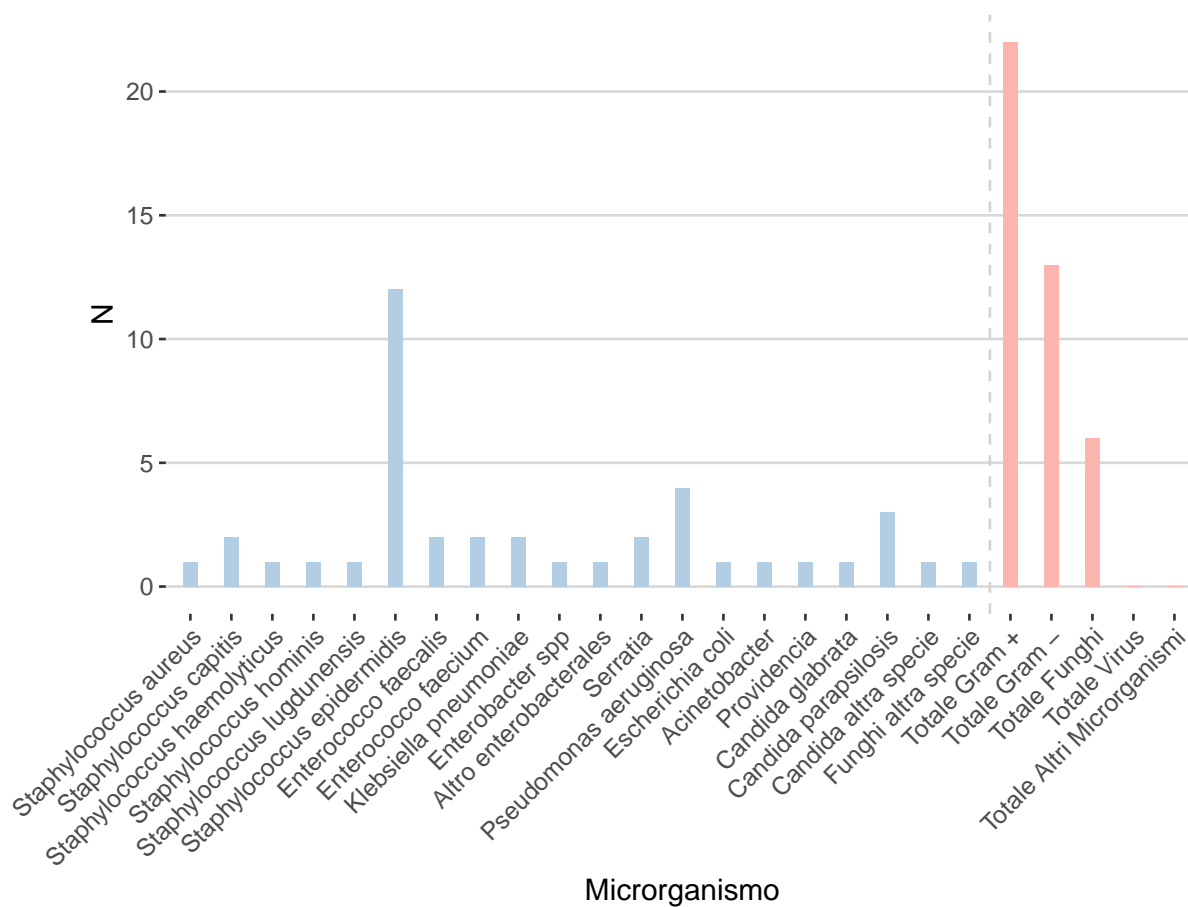
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	31	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	31	
Totale microrganismi isolati	41	

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 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	3.2	1	0	0
Staphylococcus capitis	2	6.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	3.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	38.7	0	0	0

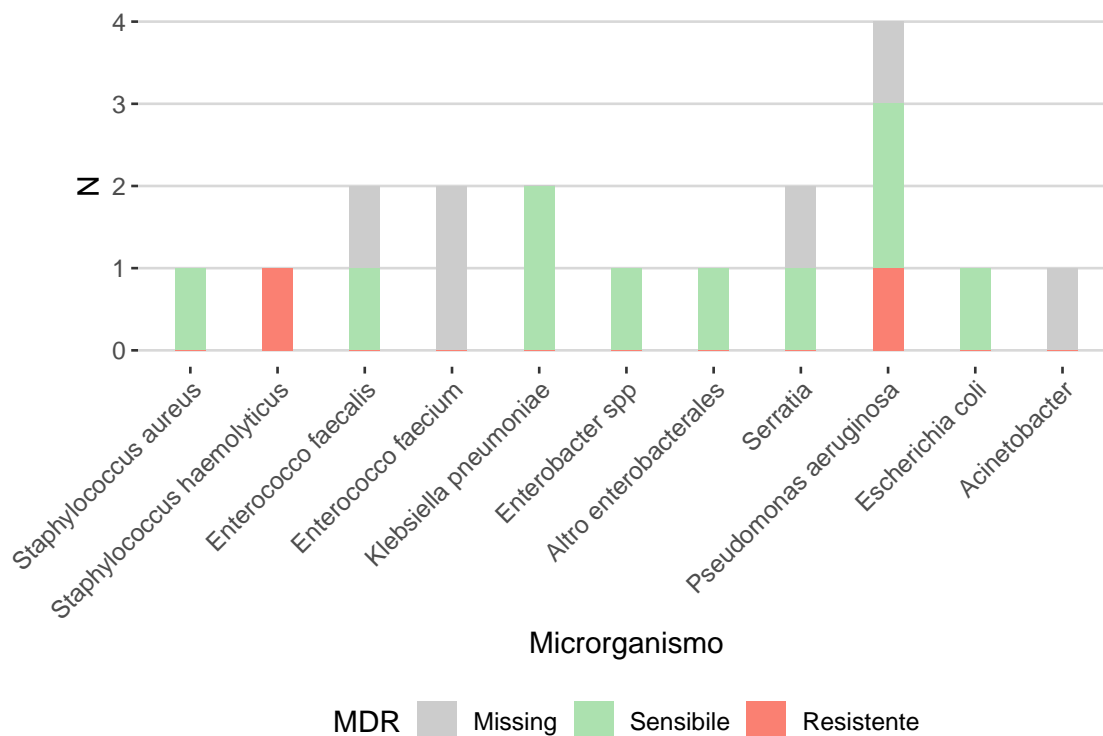
Enterococco faecalis	2	6.5	1	0	0
Enterococco faecium	2	6.5	0	0	0
Totale Gram +	22	71.0	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	2	6.5	2	0	0
Enterobacter spp	1	3.2	1	0	0
Altro enterobacterales	1	3.2	1	0	0
Serratia	2	6.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	12.9	3	1	33.3
Escherichia coli	1	3.2	1	0	0
Acinetobacter	1	3.2	0	0	0
Providencia	1	3.2	0	0	0
Totale Gram -	13	41.9	9	1	11.1
Candida glabrata	1	3.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	9.7	0	0	0
Candida altra specie	1	3.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	3.2	0	0	0
Totale Funghi	6	19.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	3.2	1	0	0

Staphylococcus capitis	2	6.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	3.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	38.7	0	0	0
Enterococco faecalis	2	6.5	1	0	0
Enterococco faecium	2	6.5	0	0	0
Totale Gram +	22	71.0	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	2	6.5	2	0	0
Enterobacter spp	1	3.2	1	0	0
Altro enterobacterales	1	3.2	1	0	0
Serratia	2	6.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	12.9	3	1	33.3
Escherichia coli	1	3.2	1	0	0
Acinetobacter	1	3.2	0	0	0
Providencia	1	3.2	0	0	0
Totale Gram -	13	41.9	9	1	11.1
Candida glabrata	1	3.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	9.7	0	0	0
Candida altra specie	1	3.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	3.2	0	0	0
Totale Funghi	6	19.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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, *Staphylococcus* CoNS altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, Altro gram negativo, *Klebsiella* altra specie, *Pseudomonas* altra specie, *Proteus*, *Candida albicans*, *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.

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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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.

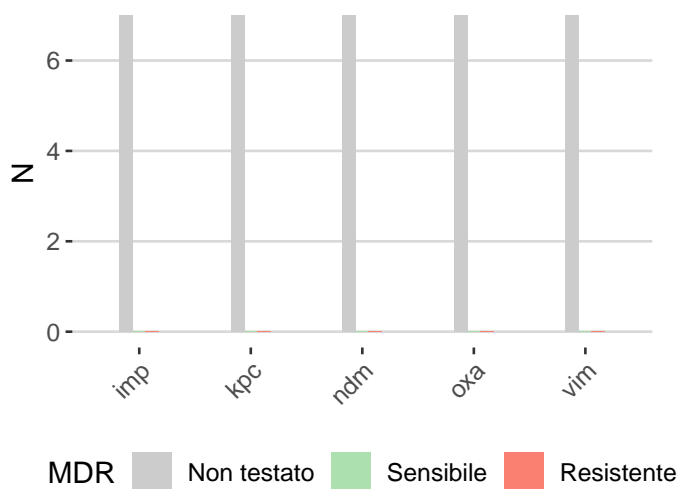
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	3	Imipenem	1	33.33
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	1	Meticillina	1	100.00

15.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

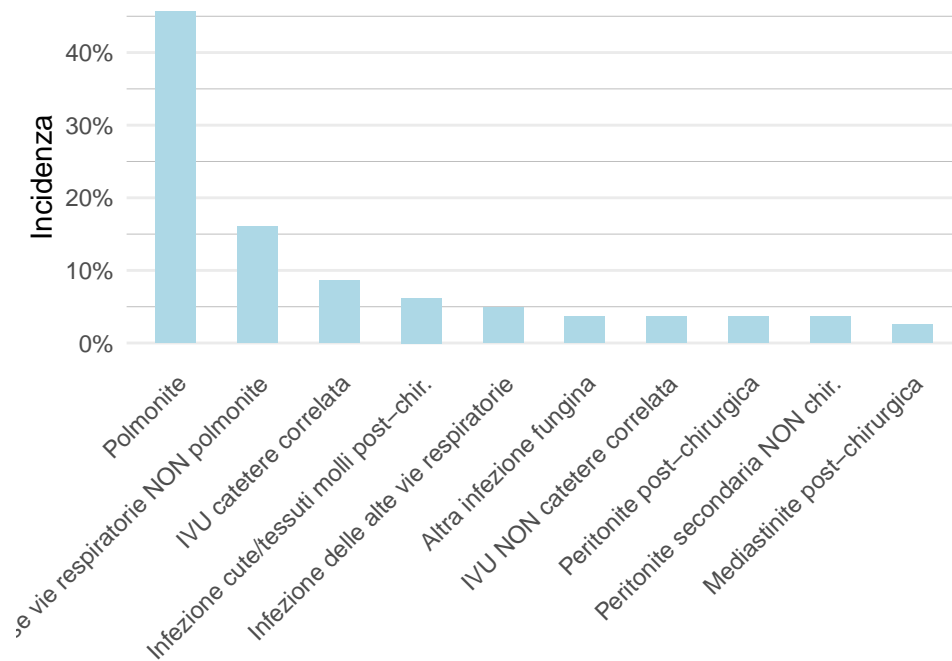
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	7	100
Missing	4	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	0	7
kpc	0	0	0	7
ndm	0	0	0	7
oxa	0	0	0	7
vim	0	0	0	7



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 81)

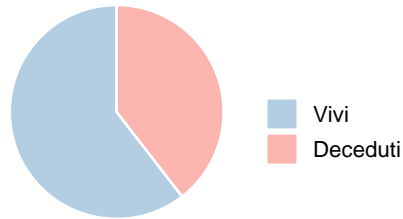
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

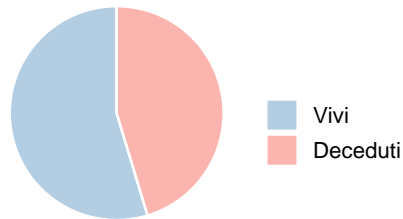
Infezione	N	%
Polmonite	37	45.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	13	16
IVU catetere correlata	7	8.6
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	5	6.2
Infezione delle alte vie respiratorie	4	4.9
Peritonite secondaria NON chir.	3	3.7
Peritonite post-chirurgica	3	3.7
IVU NON catetere correlata	3	3.7
Altra infezione fungina	3	3.7
Mediastinite post-chirurgica	2	2.5
Missing	1	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	49	60.5
Deceduti	32	39.5
Missing	0	0

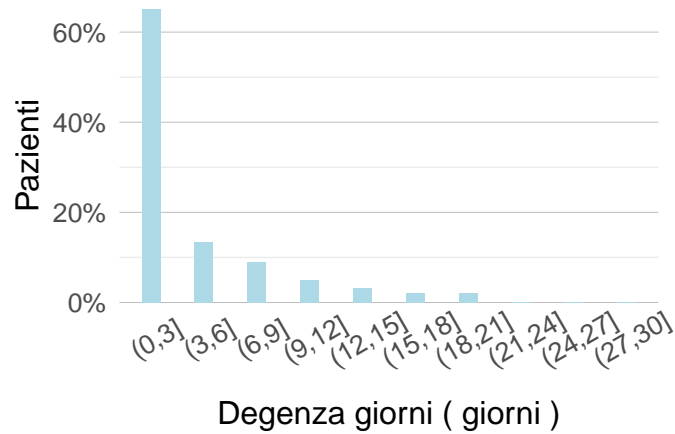
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	41	54.7
Deceduti	34	45.3
Missing	1	0

* Statistiche calcolate su 76 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.2 (26.6)
Mediana (Q1-Q3)	17 (11-38)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.3 (32.4)
Mediana (Q1-Q3)	25 (14.5-53.5)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 76 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

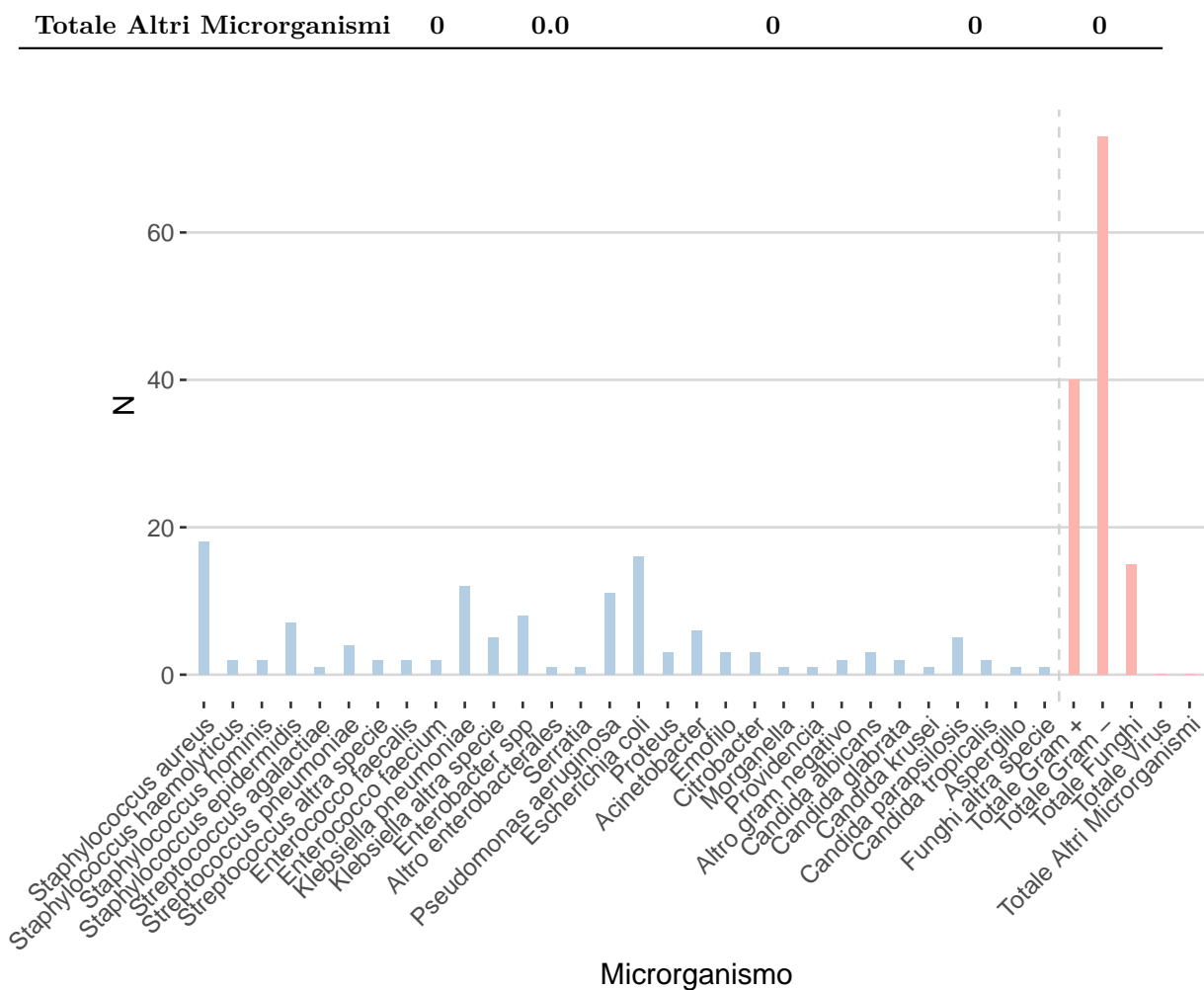
16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	2.2
Sì	87	97.8
Missing	0	
Totale infezioni	89	
Totale microrganismi isolati	135	

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 30 microrganismi.

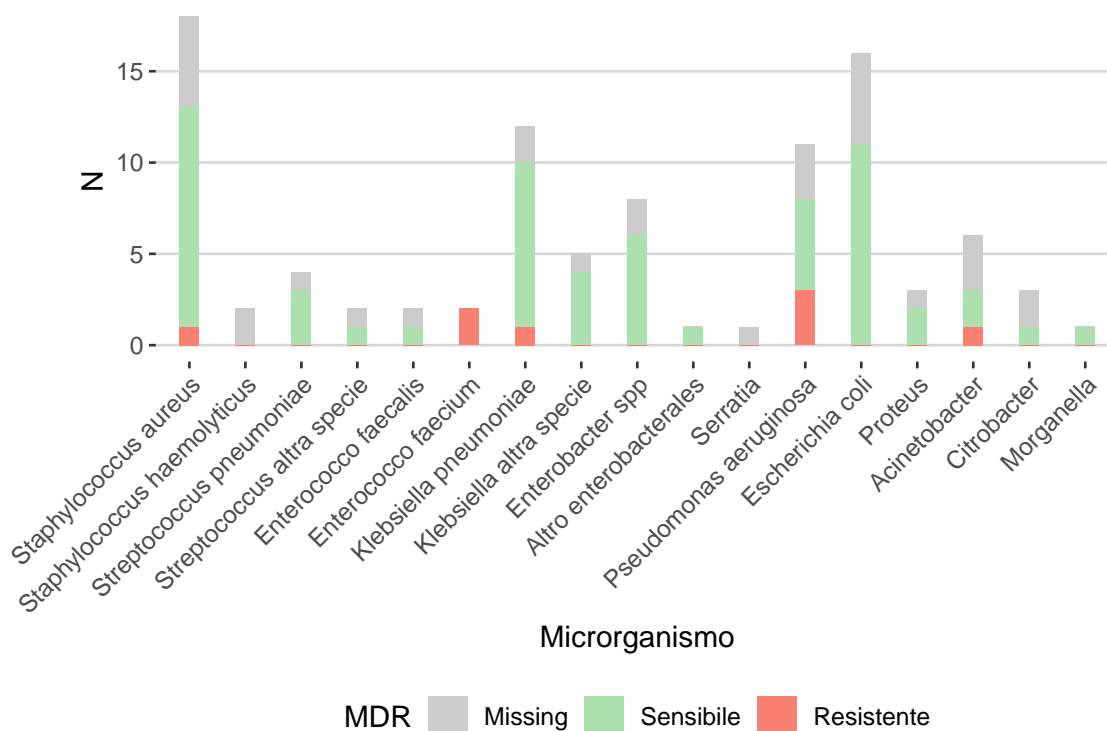
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	20.7	13	1	7.7
Staphylococcus haemolyticus	2	2.3	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	2.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	8.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	4.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.3	1	0	0
Enterococco faecalis	2	2.3	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.3	2	2	100
Totale Gram +	40	46.0	20	3	15
Klebsiella pneumoniae	12	13.8	10	1	10
Klebsiella altra specie	5	5.7	4	0	0
Enterobacter spp	8	9.2	6	0	0
Altro enterobacterales	1	1.1	1	0	0
Serratia	1	1.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	12.6	8	3	37.5
Escherichia coli	16	18.4	11	0	0
Proteus	3	3.4	2	0	0
Acinetobacter	6	6.9	3	1	33.3
Emofilo	3	3.4	0	0	0
Citrobacter	3	3.4	1	0	0
Morganella	1	1.1	1	0	0
Providencia	1	1.1	0	0	0
Altro gram negativo	2	2.3	0	0	0
Totale Gram -	73	83.9	47	5	10.6
Candida albicans	3	3.4	0	0	0
Candida glabrata	2	2.3	0	0	0
Candida krusei	1	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	5.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	2.3	0	0	0
Aspergillo	1	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	15	17.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	20.7	13	1	7.7
Staphylococcus haemolyticus	2	2.3	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	2.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	8.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	4.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.3	1	0	0
Enterococcus faecalis	2	2.3	1	0	0
Enterococcus faecium	2	2.3	2	2	100
Totale Gram +	40	46.0	20	3	15
Klebsiella pneumoniae	12	13.8	10	1	10
Klebsiella altra specie	5	5.7	4	0	0
Enterobacter spp	8	9.2	6	0	0
Altro enterobacterales	1	1.1	1	0	0
Serratia	1	1.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	12.6	8	3	37.5
Escherichia coli	16	18.4	11	0	0
Proteus	3	3.4	2	0	0
Acinetobacter	6	6.9	3	1	33.3
Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Emofilo	3	3.4	0	0	0
Citrobacter	3	3.4	1	0	0
Morganella	1	1.1	1	0	0
Providencia	1	1.1	0	0	0
Altro gram negativo	2	2.3	0	0	0
Totale Gram -	73	83.9	47	5	10.6
Candida albicans	3	3.4	0	0	0
Candida glabrata	2	2.3	0	0	0
Candida krusei	1	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	5.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	2.3	0	0	0
Aspergillo	1	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	15	17.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

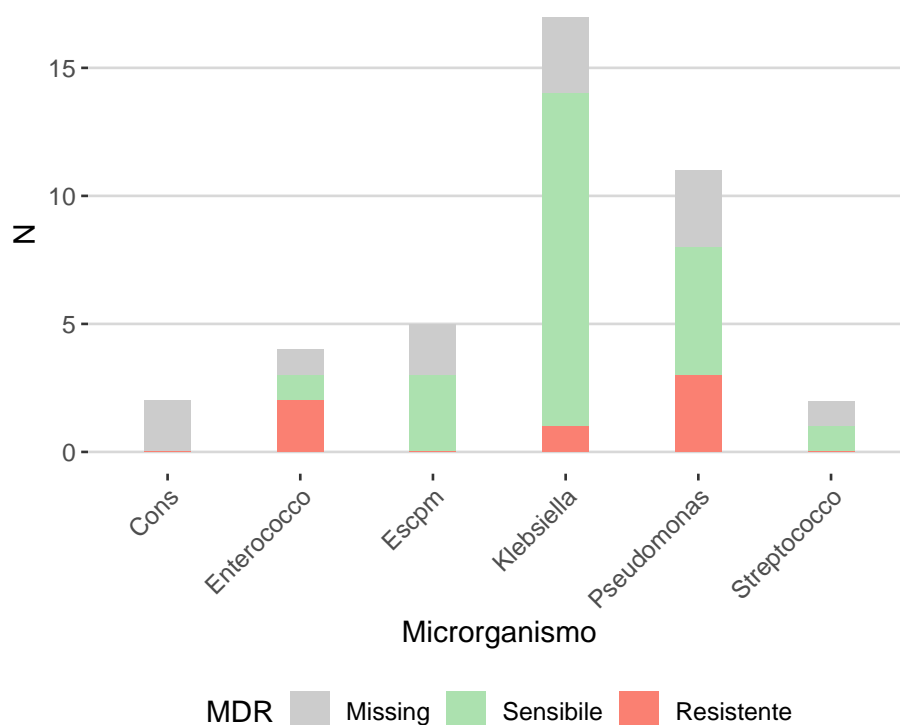
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS

altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Candida auris, Candida altra specie, 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.

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	2	0	0	0	NaN	2
Enterococco	4	3	1	2	66.67	1
Escpm	5	3	3	0	0.00	2
Klebsiella	17	14	13	1	7.14	3
Pseudomonas	11	8	5	3	37.50	3
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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.

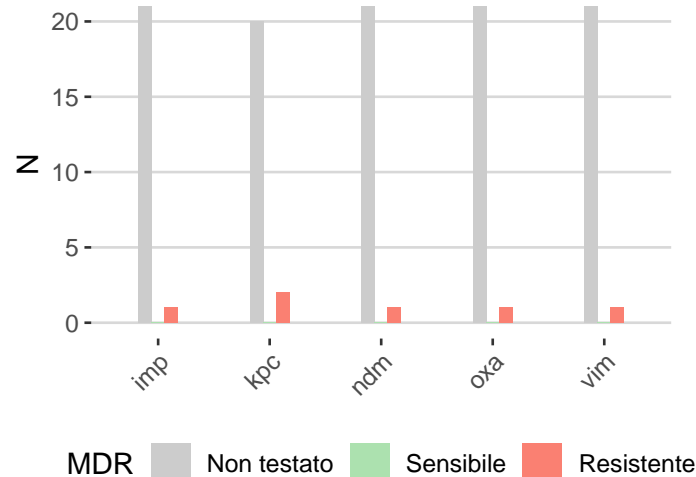
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	1	10.00
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	3	37.50
Pseudomonas aeruginosa	7	Meropenem	1	14.29
Staphylococcus aureus	13	Meticillina	1	7.69
Enterococco faecium	2	Vancomicina	2	100.00

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	2	9.09
No	0	0
Non testato	20	90.91
Missing	29	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	16.7	0	21
kpc	2	33.3	0	20
ndm	1	16.7	0	21
oxa	1	16.7	0	21
vim	1	16.7	0	21

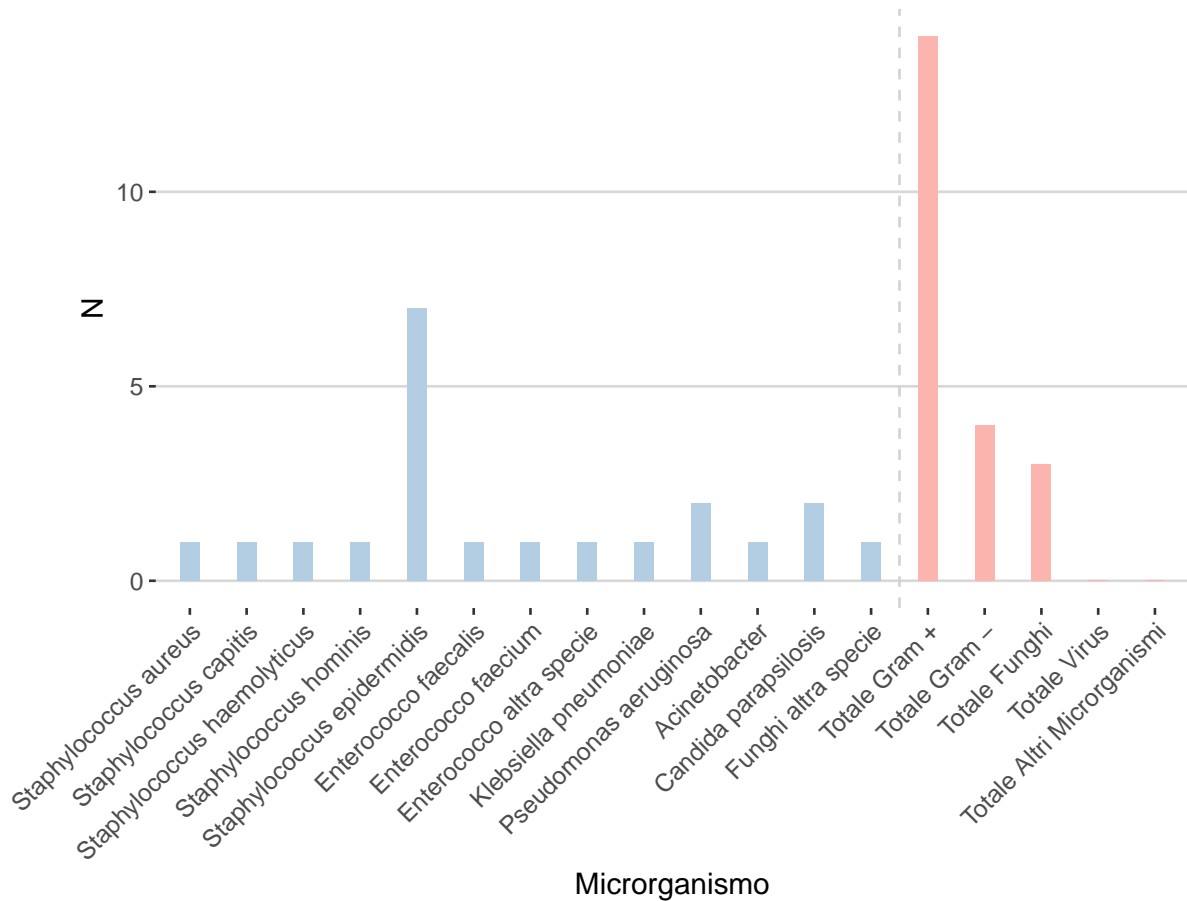


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 14)

17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

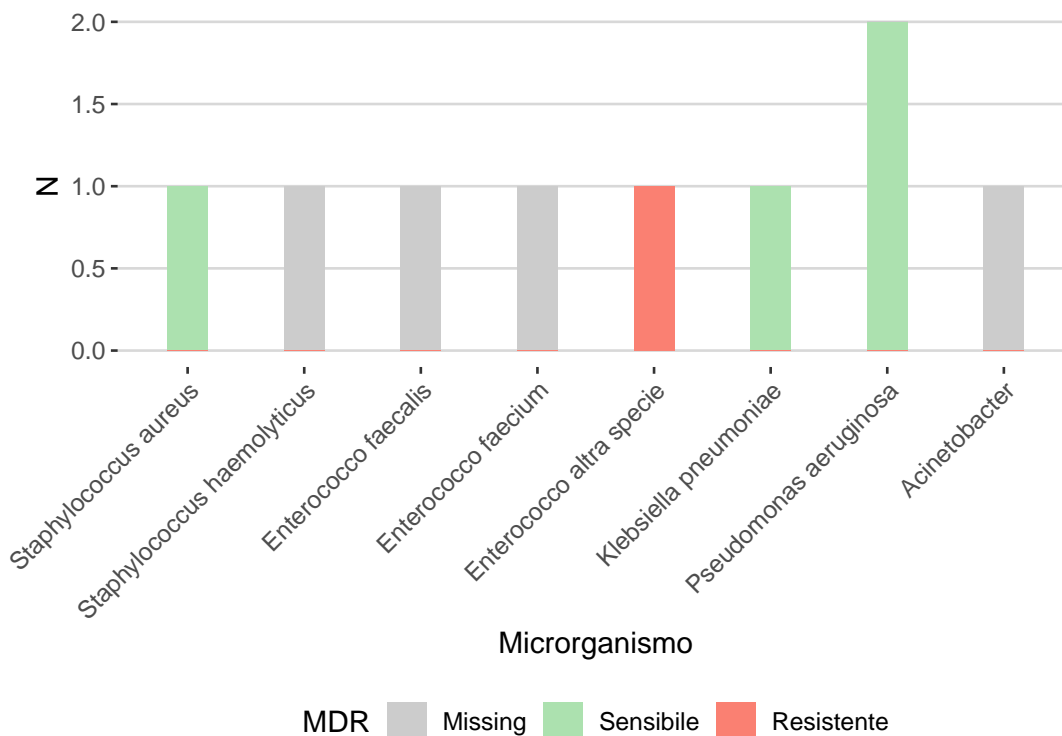
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	7.1	1	0	0
Staphylococcus capitis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	50.0	0	0	0
Enterococco faecalis	1	7.1	0	0	0
Enterococco faecium	1	7.1	0	0	0
Enterococco altra specie	1	7.1	1	1	100
Totale Gram +	14	100.0	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	1	7.1	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	14.3	2	0	0
Acinetobacter	1	7.1	0	0	0
Totale Gram -	4	28.6	3	0	0
Candida parapsilosis	2	14.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	7.1	0	0	0
Totale Funghi	3	21.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	7.1	1	0	0
Staphylococcus capitis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	50.0	0	0	0
Enterococco faecalis	1	7.1	0	0	0
Enterococco faecium	1	7.1	0	0	0
Enterococco altra specie	1	7.1	1	1	100
Totale Gram +	14	100.0	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	1	7.1	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	14.3	2	0	0
Acinetobacter	1	7.1	0	0	0
Totale Gram -	4	28.6	3	0	0
Candida parapsilosis	2	14.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	7.1	0	0	0
Totale Funghi	3	21.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Enterobacter spp*, *Escherichia coli*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Klebsiella altra specie*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Serratia*, *Candida albicans*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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	%
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100

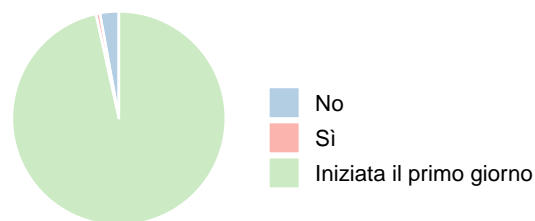
17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Si	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	3	

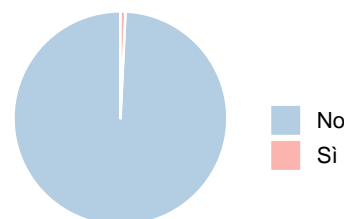
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate
(N = 36)

18.1 Catetere urinario (N = 4793)



Catetere urinario	N	%
No	136	2.8
Si	4636	97.2
Iniziativa il primo giorno	4607	96.1
Missing	21	

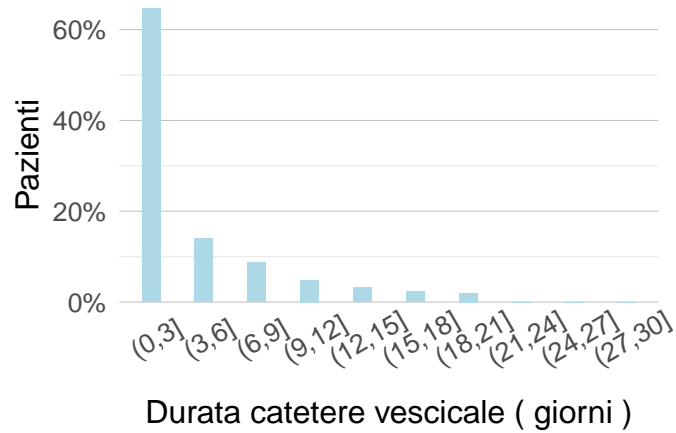
18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	4734	99.2

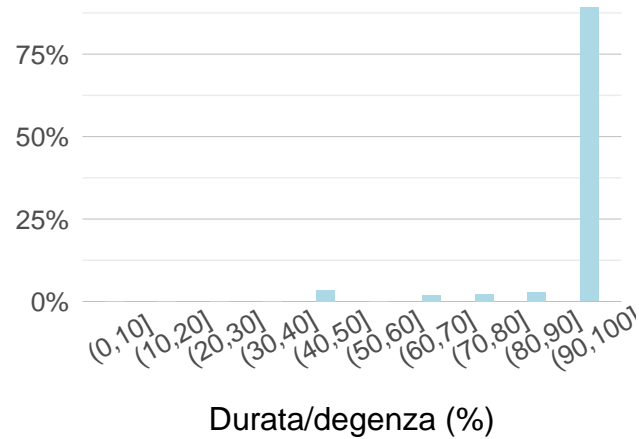
Si	36	0.8
Missing	23	0

18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



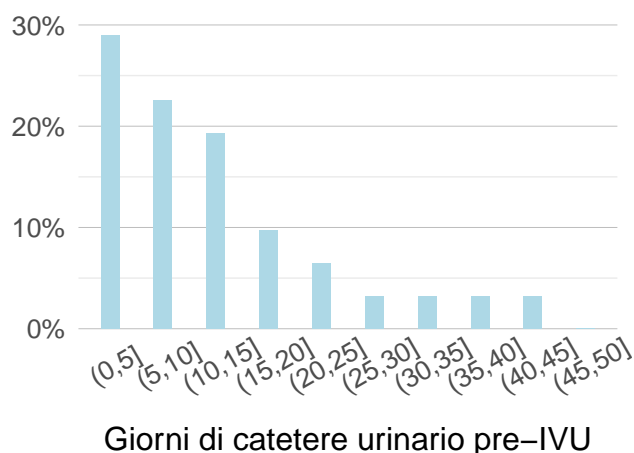
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.9 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	6

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	96.4 (11.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	6

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	36
Media (DS)	16.9 (24.0)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-19.2)
Missing	0

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	1.4	1.0 %
CI (95%)	1.0 - 1.9	0.7 - 1.3

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

Il primo:

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

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.

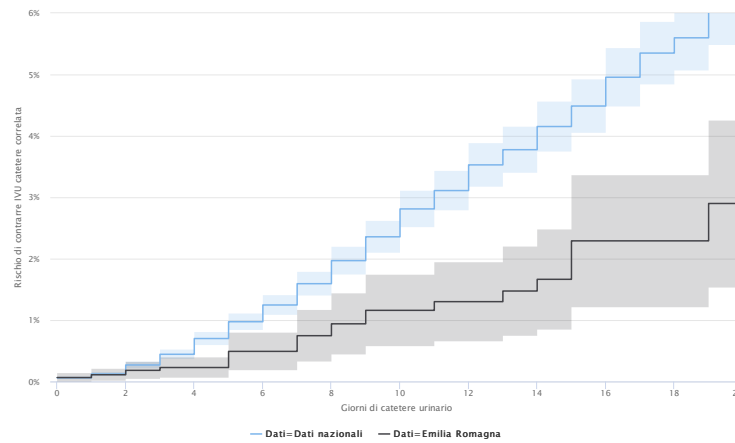
Il secondo invece:

$$** \text{ Incidenza IVU catetere correlata} = \frac{\text{Numero di pazienti con IVU in degenza}}{(\text{Giornate con catetere urinario pre-IVU})/7} \times 100$$

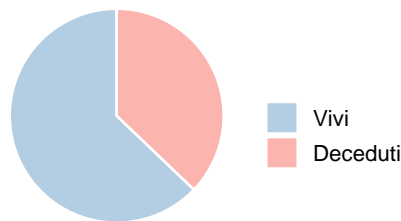
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

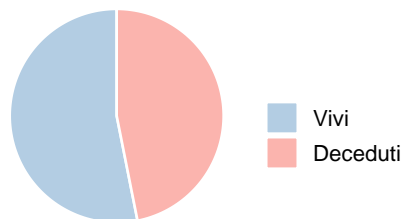


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	22	62.9
Deceduti	13	37.1
Missing	1	0

18.6 Mortalità ospedaliera *

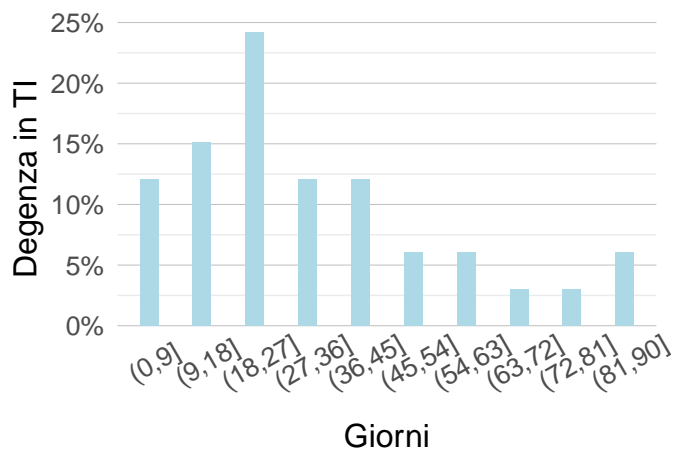


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	17	53.1

Deceduti	15	46.9
Missing	3	0

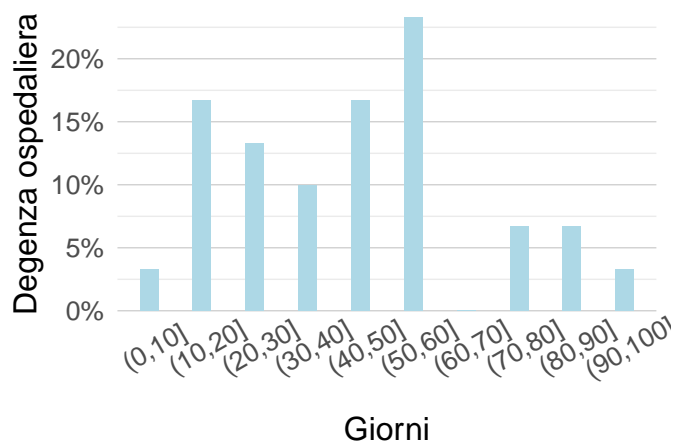
* Statistiche calcolate su 35 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.6 (34.8)
Mediana (Q1-Q3)	29 (18.5-51.5)
Missing	1

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.9 (33.6)
Mediana (Q1-Q3)	47 (25.5-59.2)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 35 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

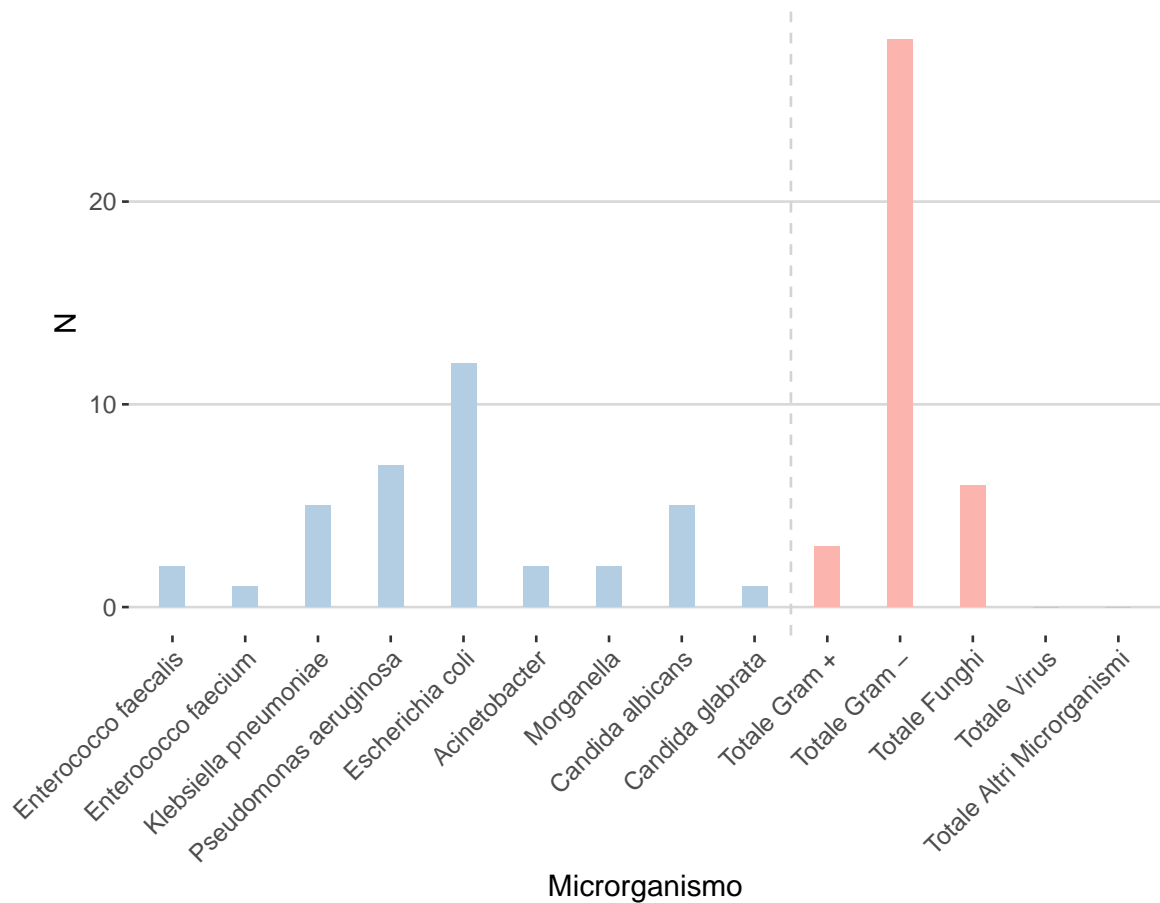
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	36	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	36	
Totale microrganismi isolati	38	

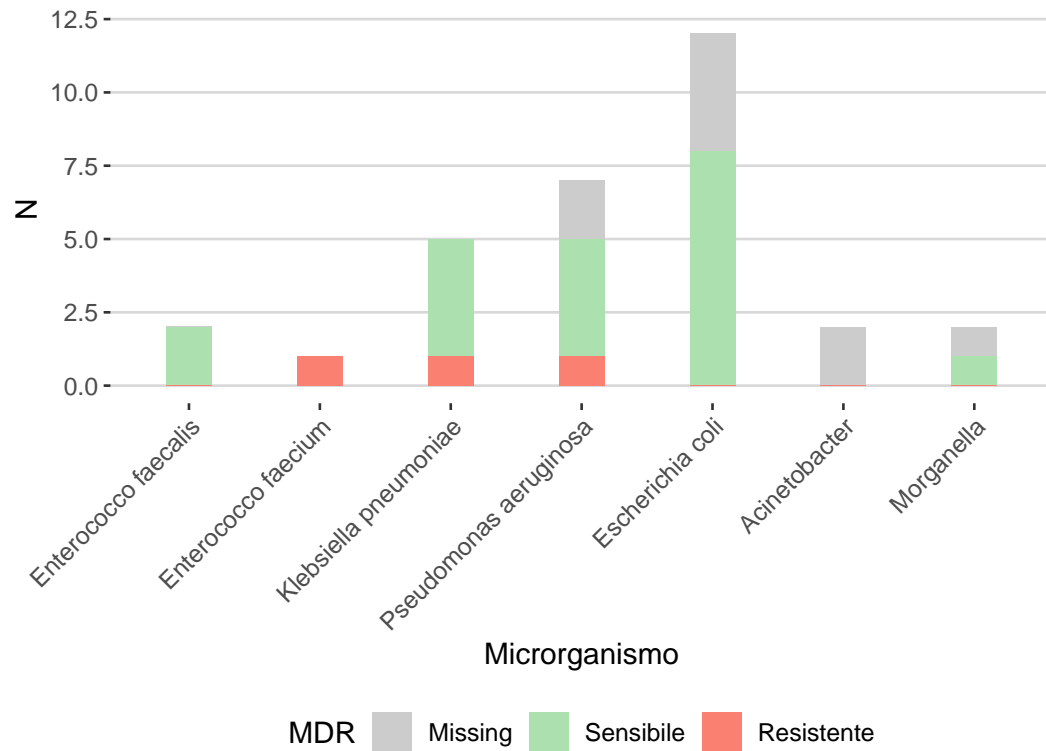
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	2	5.6	2	0	0
Enterococco faecium	1	2.8	1	1	100
Totale Gram +	3	8.3	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	5	13.9	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	7	19.4	5	1	20
Escherichia coli	12	33.3	8	0	0
Acinetobacter	2	5.6	0	0	0
Morganella	2	5.6	1	0	0
Totale Gram -	28	77.8	19	2	10.5
Candida albicans	5	13.9	0	0	0
Candida glabrata	1	2.8	0	0	0
Totale Funghi	6	16.7	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



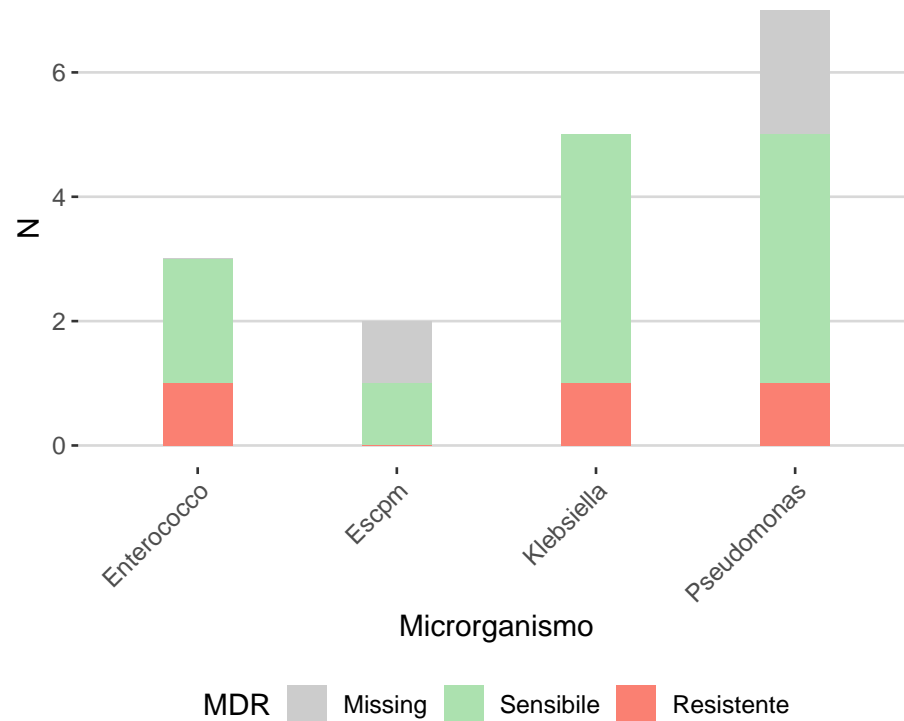
Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	2	5.6	2	0	0
Enterococco faecium	1	2.8	1	1	100
Totale Gram +	3	8.3	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	5	13.9	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	7	19.4	5	1	20
Escherichia coli	12	33.3	8	0	0
Acinetobacter	2	5.6	0	0	0
Morganella	2	5.6	1	0	0
Totale Gram -	28	77.8	19	2	10.5
Candida albicans	5	13.9	0	0	0
Candida glabrata	1	2.8	0	0	0
Totale Funghi	6	16.7	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, 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.

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	3	3	2	1	33.33	0
Escpm	2	1	1	0	0.00	1
Klebsiella	5	5	4	1	20.00	0
Pseudomonas	7	5	4	1	20.00	2

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	5	Ertapenem	1	20
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	1	20
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	1	20

Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100
---------------------	---	-------------	---	-----

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

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. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	22	

Appendice

Definizione di MDR

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

Microrganismo	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