



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Nazionale01 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 = 30391)	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 = 12304)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 17926)	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 = 10411)	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 = 1846)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriémica	38
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 = 3504)	47
7.1 Trauma	47
7.2 Stato Chirurgico	47
7.3 Tipo di infezione	48
7.4 Infezione batteriémica	48
7.5 Infezioni multisito	48
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	49
7.7 Mortalità in TI	49
7.8 Mortalità ospedaliera *	50
7.9 Degenza in TI (giorni)	50
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	51
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	51
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	58
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	65
8 Pazienti infetti in degenza (N = 3480)	66
8.1 Sesso	66
8.2 Età	66
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	67
8.4 Provenienza (reparto)	67
8.5 Trauma	68
8.6 Stato Chirurgico	68
8.7 Motivo di ammissione	68
8.8 Insufficienza neurologica	69
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	69
8.10 Insufficienza neurologica insorta	70
8.11 Mortalità in TI	70
8.12 Mortalità ospedaliera *	70
8.13 Degenza in TI (giorni)	71
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	71

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	72
8.16	Infezione multisito	73
8.17	Infezioni in degenza	73
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	73
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	74
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	75
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	76
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 1587)	83
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	83
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 1893)	90
10.1	Gravità massima dell'infezione	90
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	91
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	91
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	98
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 1391)	99
11.1	Trauma	99
11.2	Stato Chirurgico	99
11.3	Infezione batteriémica	100
11.4	Infezioni multisito	100
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	101
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	101
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 1215)	101
12.1	VAP precoce	101
12.2	Diagnosi	102
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	102
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 30391)	103
12.5	Giorni di VM pre-VAP	104
12.6	Incidenza di VAP	105
12.7	Mortalità in TI	106
12.8	Mortalità ospedaliera *	106
12.9	Degenza in TI (giorni)	107
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	107
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	107
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	112
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	118
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 1182)	122
13.1	Trauma	122
13.2	Stato Chirurgico	122
13.3	Tipologia	123
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	123
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	123
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 383)	130
14.1	Infezioni multisito	130
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	130
14.3	Mortalità in TI	131
14.4	Mortalità ospedaliera *	131
14.5	Degenza in TI (giorni)	132
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	132
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	133

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 379)	137
15.1	Infezione multisito	137
15.2	Fattori di rischio	137
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	139
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	139
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	140
15.6	Mortalità in TI	140
15.7	Mortalità ospedaliera *	141
15.8	Degenza in TI (giorni)	141
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	142
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	142
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 566)	148
16.1	Infezioni associate (top 10)	148
16.2	Mortalità in TI	149
16.3	Mortalità ospedaliera *	149
16.4	Degenza in TI (giorni)	150
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	150
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	150
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 98)	157
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	157
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 489)	162
18.1	Catetere urinario (N = 30391)	162
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	163
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	164
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	164
18.5	Mortalità in TI	166
18.6	Mortalità ospedaliera *	166
18.7	Degenza in TI (giorni)	167
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	167
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	167
Appendice		172
	Definizione di MDR	172
	Raggruppamento Microrganismi	173

Petalo Infectionlight

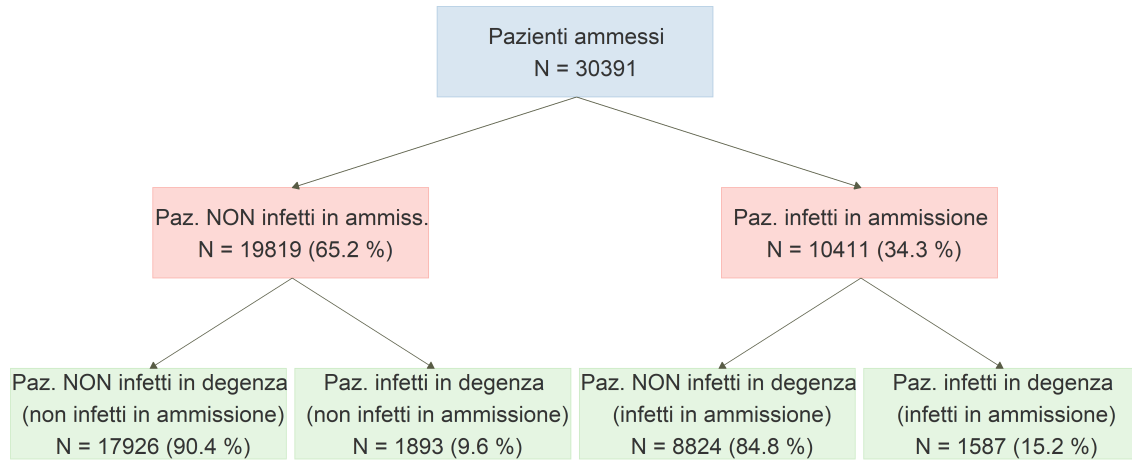
Anno 2022

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

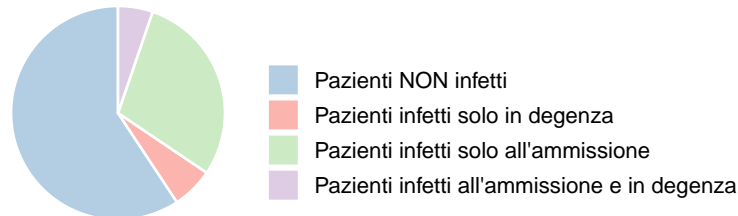
Popolazione complessiva: 101 TI

TI Nazionale

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



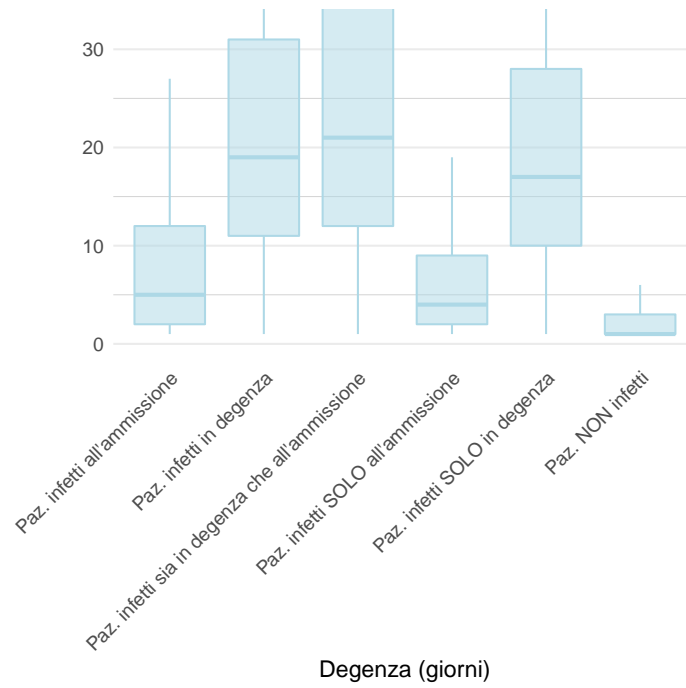
Per N = 161 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	17926	59.3
Pazienti infetti solo in degenza	1893	6.3
Pazienti infetti solo all'ammissione	8824	29.2
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	1587	5.2

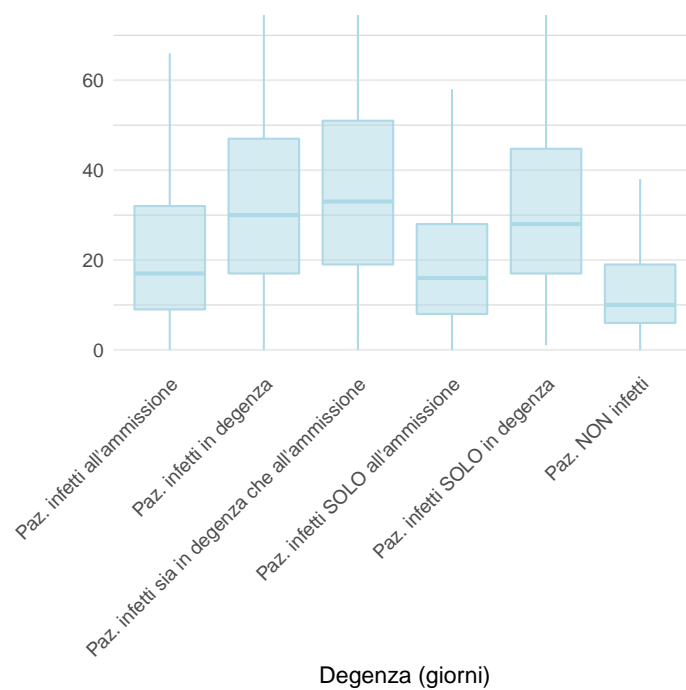
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 30230).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	17926	59.0	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	8824	29.0	4	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1587	5.2	21	(12 - 35)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1893	6.2	17	(10 - 28)
Pazienti infetti all'ammissione	10411	34.3	5	(2 - 12)
Pazienti infetti in degenza	3480	11.5	19	(11 - 31)

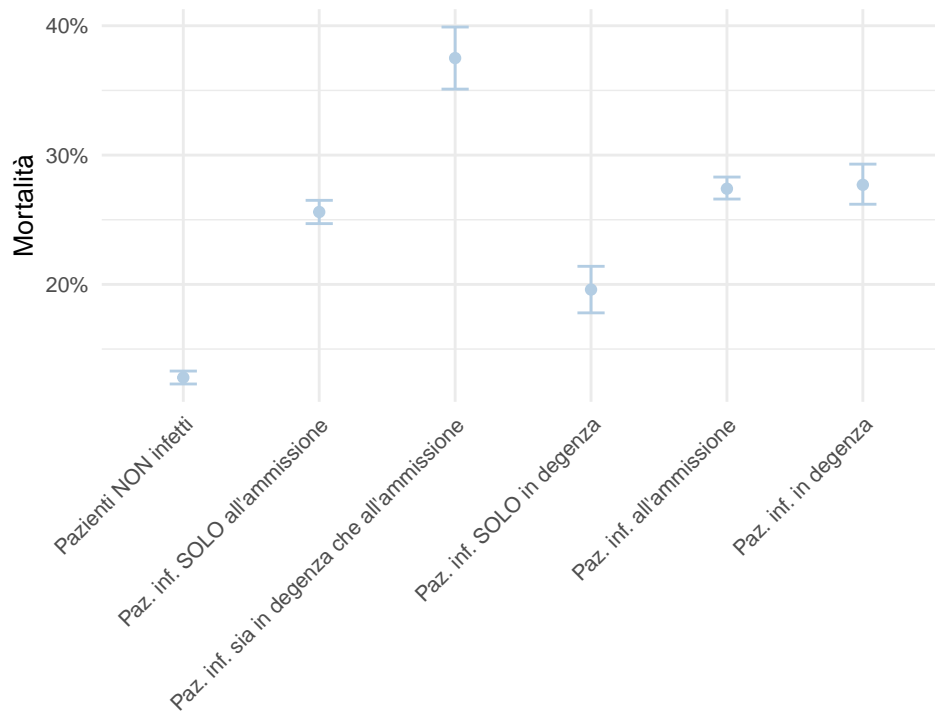
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	17926	59.0	10	(6 - 19)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	8824	29.0	16	(8 - 28)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1587	5.2	33	(19 - 51)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1893	6.2	28	(17 - 45)
Pazienti infetti all'ammissione	10411	34.3	17	(9 - 32)
Pazienti infetti in degenza	3480	11.5	30	(17 - 47)

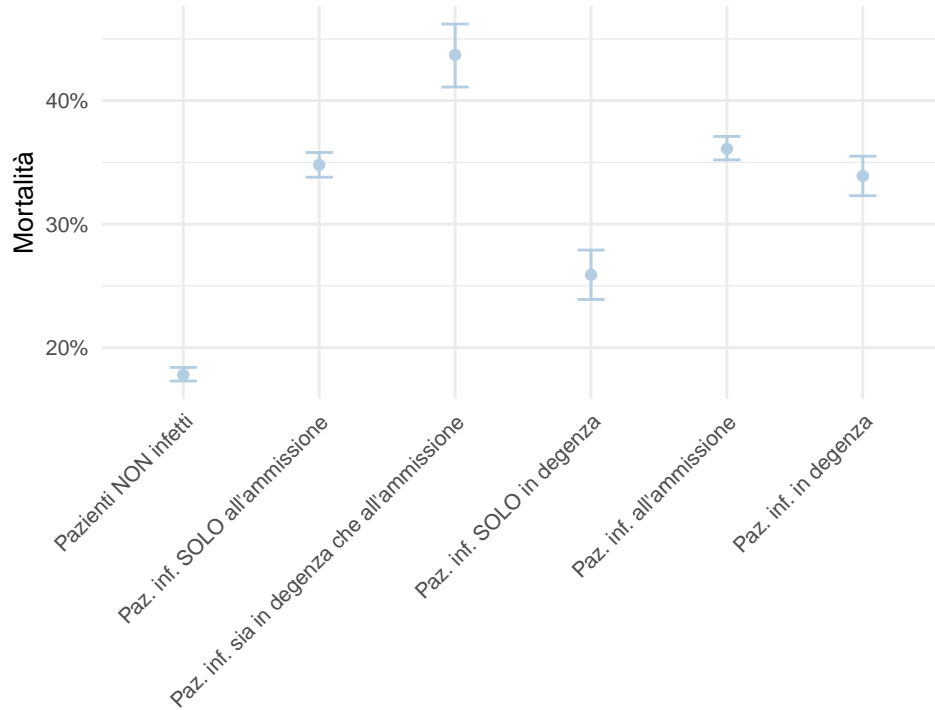
* escluse le riammissioni (N = 922)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	17926	2289	12.8	(12.3 - 13.3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	8824	2257	25.6	(24.7 - 26.5)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1587	593	37.5	(35.1 - 39.9)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1893	369	19.6	(17.8 - 21.4)
Pazienti infetti all'ammissione	10411	2850	27.4	(26.6 - 28.3)
Pazienti infetti in degenza	3480	962	27.7	(26.2 - 29.3)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

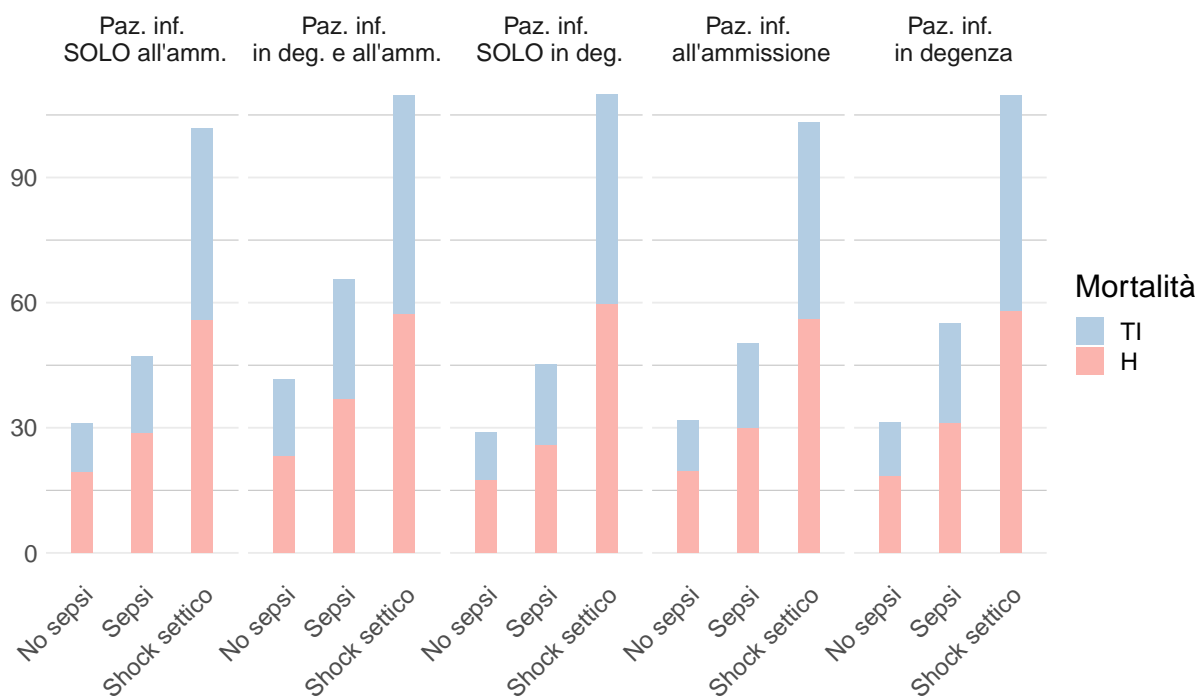


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	17926	3111	17.8	(17.3 - 18.4)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	8824	2898	34.8	(33.8 - 35.8)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1587	652	43.7	(41.1 - 46.2)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1893	471	25.9	(23.9 - 27.9)
Pazienti infetti all'ammissione	10411	3550	36.1	(35.2 - 37.1)
Pazienti infetti in degenza	3480	1123	33.9	(32.3 - 35.5)

* escluse le riammissioni (N = 922)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	8824	2569	3360	2890	29.1	38.1	32.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1587	231	670	685	14.6	42.2	43.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	1893	939	711	243	49.6	37.6	12.8
Pazienti infetti all'ammissione	10411	2800	4030	3575	26.9	38.7	34.4
Pazienti infetti in degenza	3480	1170	1381	928	33.6	39.7	26.7



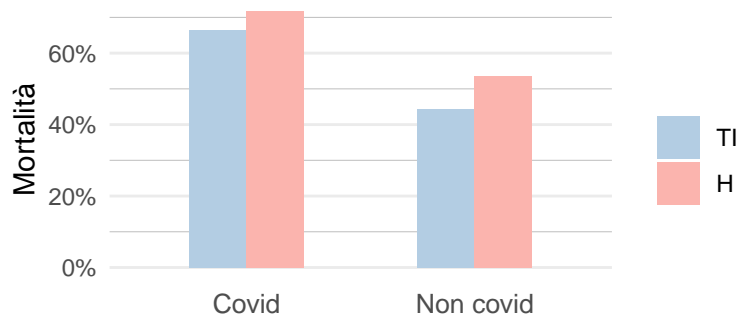
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2569	302	11.8	2456	467	19.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	231	42	18.3	222	51	23.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	939	109	11.6	923	157	17.3
Pazienti infetti all'ammissione	2800	344	12.3	2678	518	19.5
Pazienti infetti in degenza	1170	151	13.0	1145	208	18.4

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	3360	628	18.7	3174	899	28.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	670	193	28.8	636	230	36.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	711	138	19.5	690	176	25.8
Pazienti infetti all'ammissione	4030	821	20.4	3810	1129	29.9
Pazienti infetti in degenza	1381	331	24.0	1326	406	31.1

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	2890	1326	45.9	2771	1531	55.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	685	358	52.3	652	371	57.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	243	122	50.4	237	138	59.5
Pazienti infetti all'ammissione	3575	1684	47.2	3423	1902	56.1
Pazienti infetti in degenza	928	480	51.8	889	509	57.9

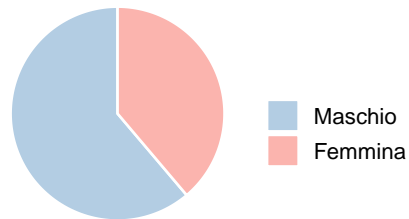
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	453	300	66.4	449	319	71.7
Non covid	3122	1384	44.4	2974	1583	53.7

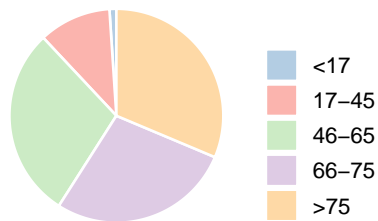
2 Tutti i pazienti (N = 30391)

2.1 Sesso



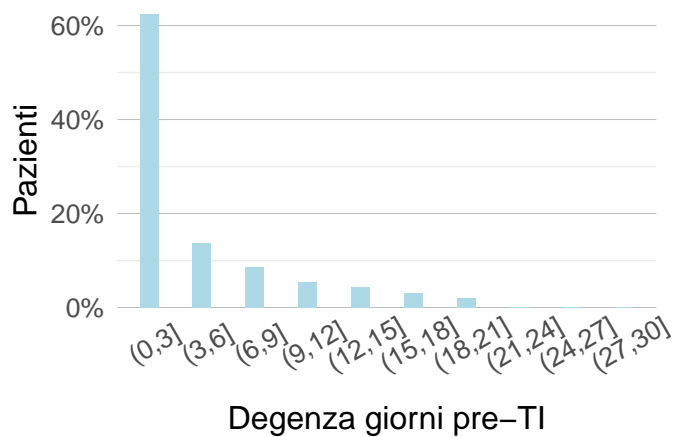
Sesso	N	%
Maschio	18595	61.2
Femmina	11792	38.8
Missing	4	0

2.2 Età



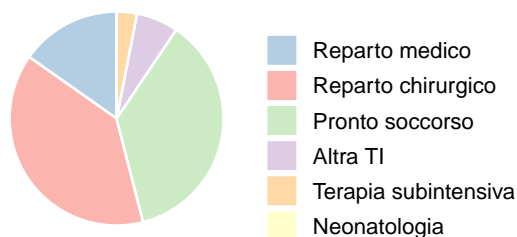
Range età	N	%
<17	316	1.0
17-45	3327	10.9
46-65	8806	29.0
66-75	8420	27.7
>75	9522	31.3
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



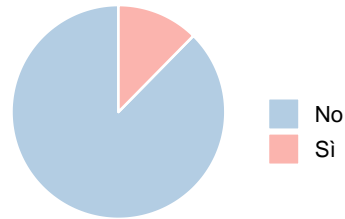
Indicatore	Valore
Media	4.5
DS	11.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	119

2.4 Provenienza (reparto)



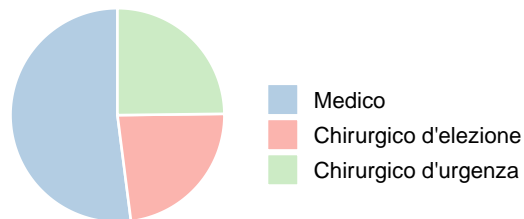
Provenienza	N	%
Reparto medico	4598	15.2
Reparto chirurgico	11692	38.8
Pronto soccorso	11041	36.6
Altra TI	1913	6.3
Terapia subintensiva	925	3.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	222	0

2.5 Trauma



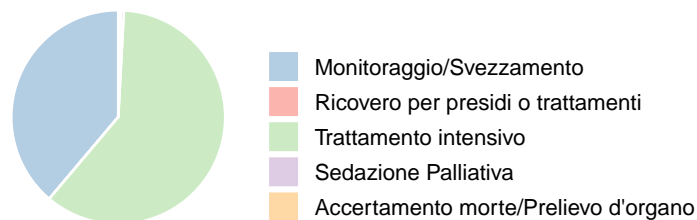
Trauma	N	%
No	26544	87.6
Si	3747	12.4
Missing	100	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	15759	52.0
Chirurgico d'elezione	7018	23.2
Chirurgico d'urgenza	7514	24.8
Missing	100	0

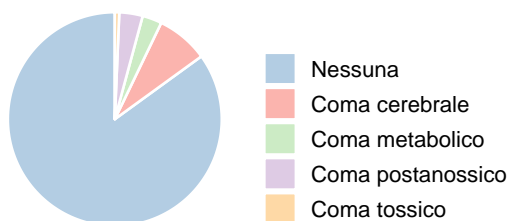
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	11749	38.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

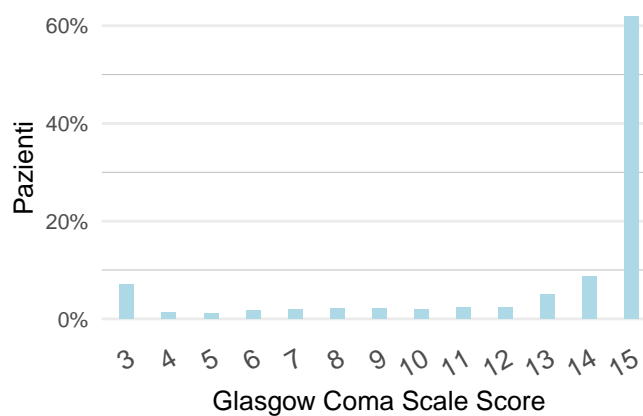
Trattamento intensivo	18250	60.3
Sedazione Palliativa	136	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	116	0.4
Missing	140	0

2.8 Insufficienza neurologica



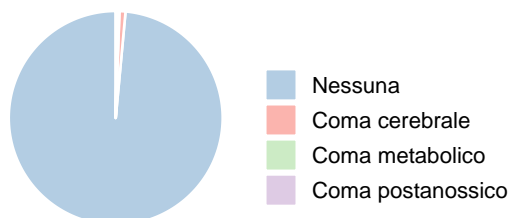
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	21509	85.0
Coma cerebrale	1989	7.9
Coma metabolico	746	2.9
Coma postanossico	894	3.5
Coma tossico	169	0.7
Missing	5084	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



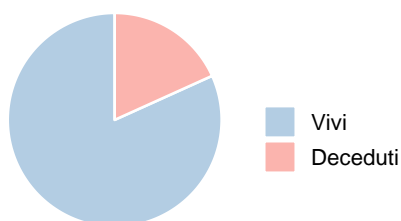
Indicatore	Valore
Media	12.9
DS	3.7
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



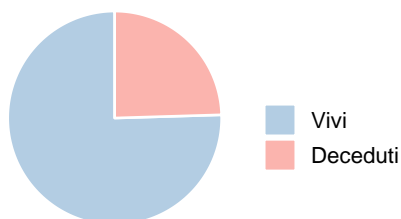
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	29795	98.5
Coma cerebrale	275	0.9
Coma metabolico	81	0.3
Coma postanossico	88	0.3
Missing	155	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	24717	81.8
Deceduti	5515	18.2
Missing	159	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

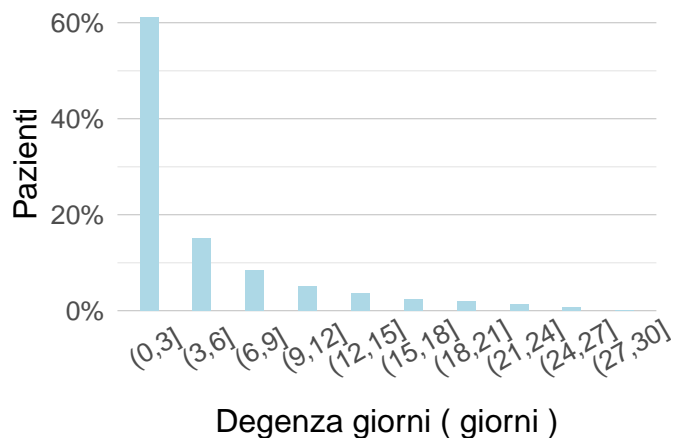


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	21982	75.5
Deceduti		
Missing		

Deceduti	7142	24.5
Missing	324	0

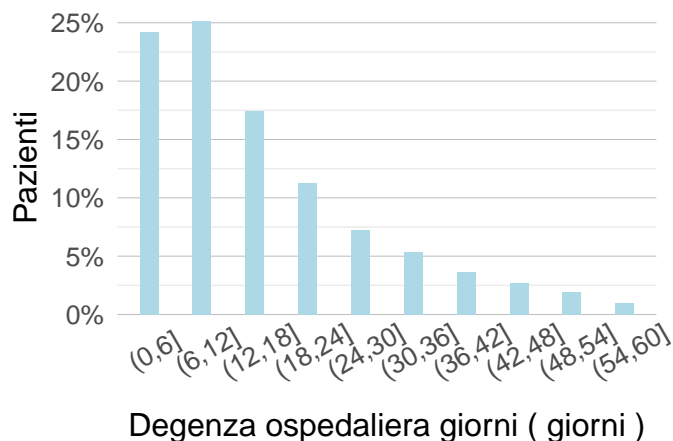
* Statistiche calcolate su 29448 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 943).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.6 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	156

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

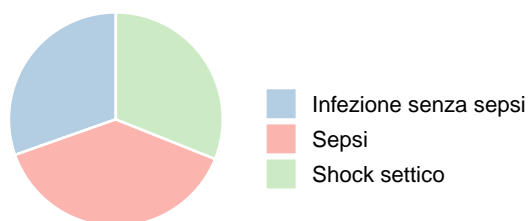


Indicatore	Valore
Media (DS)	19.6 (22.0)
Mediana (Q1-Q3)	13 (7-25)
Missing	329

* Statistiche calcolate su 29448 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 943).

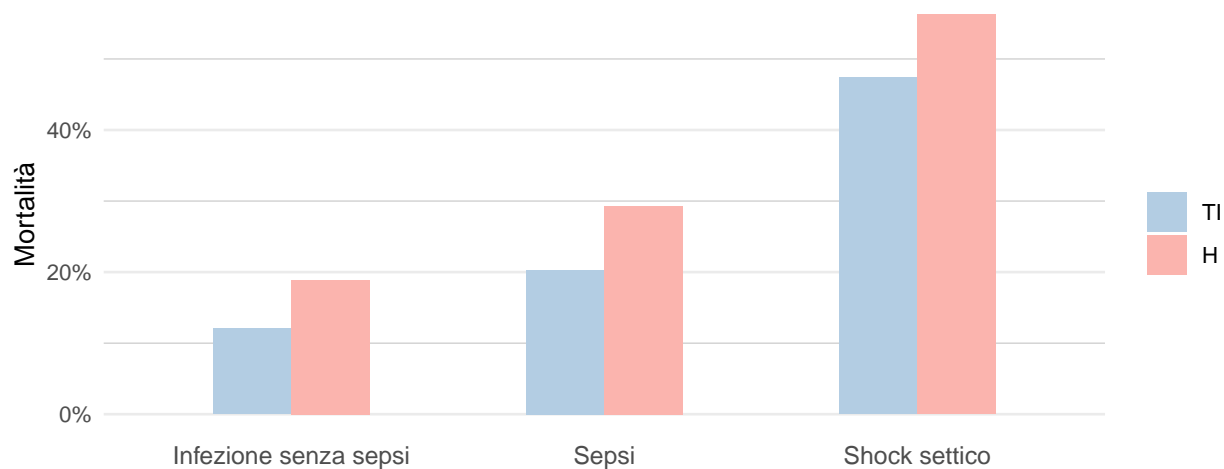
3 Pazienti infetti (N = 12304)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	3739	30.4
Sepsi	4741	38.6
Shock settico	3818	31.0
Missing	6	0

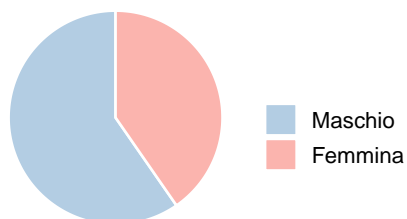
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	12.1	18.9
Sepsi	20.3	29.3
Shock settico	47.4	56.3

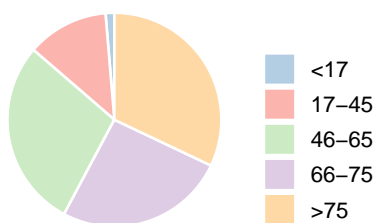
4 Pazienti non infetti (N = 17926)

4.1 Sesso



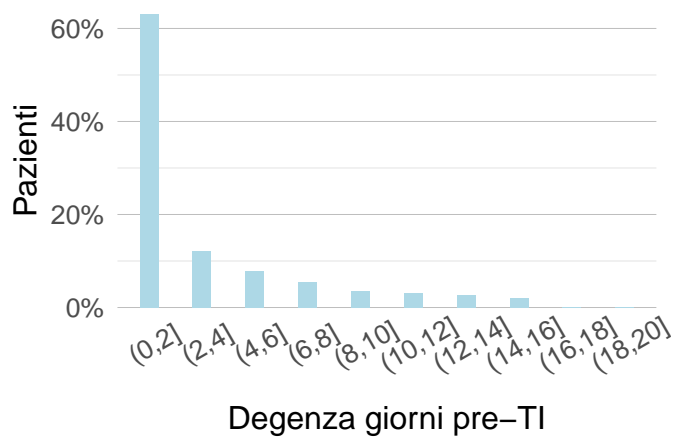
Sesso	N	%
Maschio	10692	59.7
Femmina	7232	40.3
Missing	2	0

4.2 Età



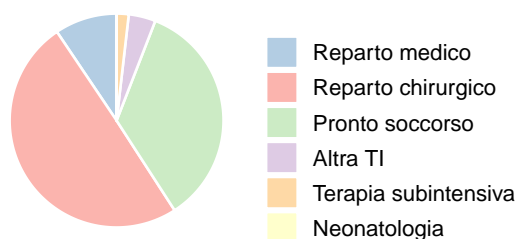
Range età	N	%
<17	238	1.3
17-45	2212	12.3
46-65	5116	28.5
66-75	4616	25.8
>75	5744	32.0
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



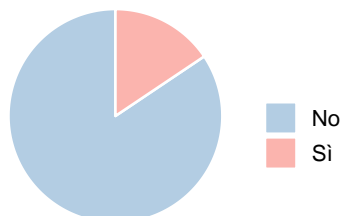
Indicatore	Valore
Media	3.3
DS	8.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	17

4.4 Provenienza (reparto)



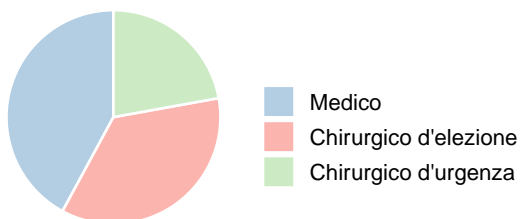
Provenienza	N	%
Reparto medico	1683	9.4
Reparto chirurgico	8876	49.7
Pronto soccorso	6242	35.0
Altra TI	727	4.1
Terapia subintensiva	326	1.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	72	0

4.5 Trauma



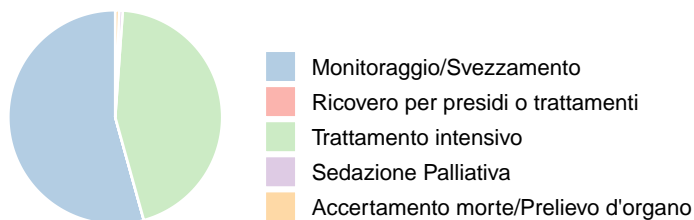
Trauma	N	%
No	15131	84.4
Si	2795	15.6
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	7546	42.1
Chirurgico d'elezione	6408	35.7
Chirurgico d'urgenza	3971	22.2
Missing	1	0

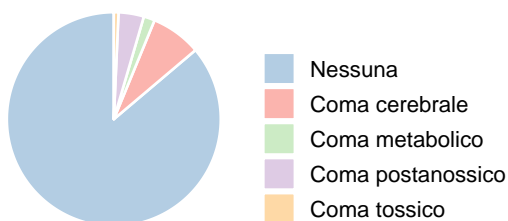
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	9721	54.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

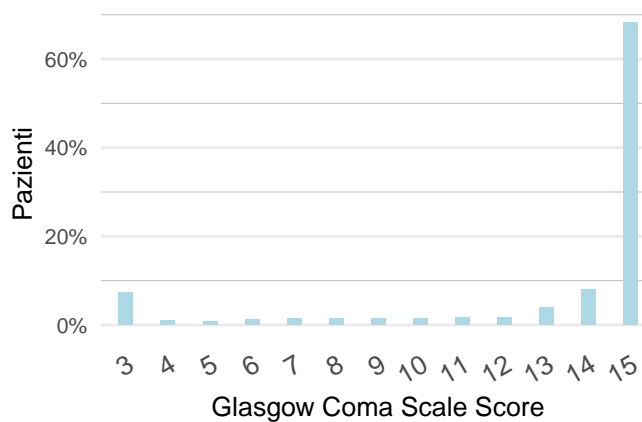
Trattamento intensivo	7977	44.6
Sedazione Palliativa	96	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	105	0.6
Missing	27	0

4.8 Insufficienza neurologica



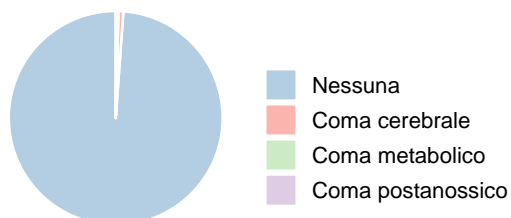
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	12958	86.2
Coma cerebrale	1144	7.6
Coma metabolico	253	1.7
Coma postanossico	576	3.8
Coma tossico	106	0.7
Missing	2889	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



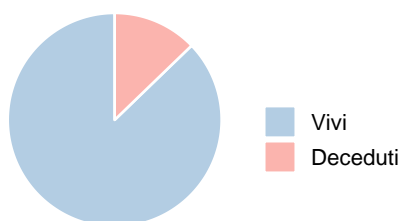
Indicatore	Valore
Media	11.1
DS	3.7
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



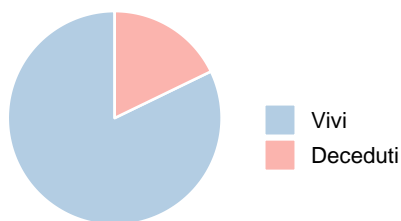
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	17725	98.9
Coma cerebrale	130	0.7
Coma metabolico	21	0.1
Coma postanossico	52	0.3
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	15629	87.2
Deceduti	2289	12.8
Missing	8	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

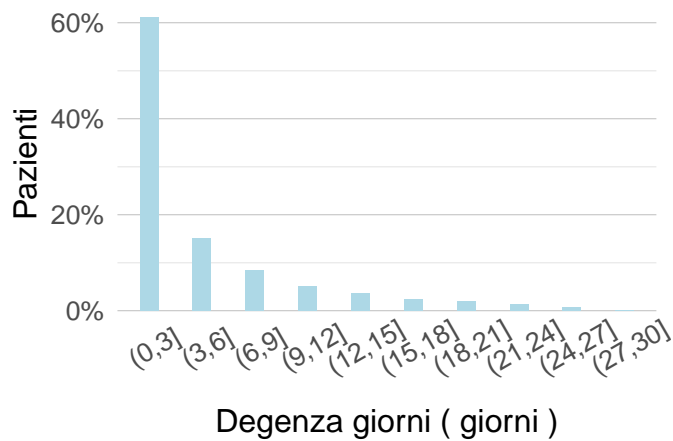


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	14346	82.2

Deceduti	3111	17.8
Missing	66	0

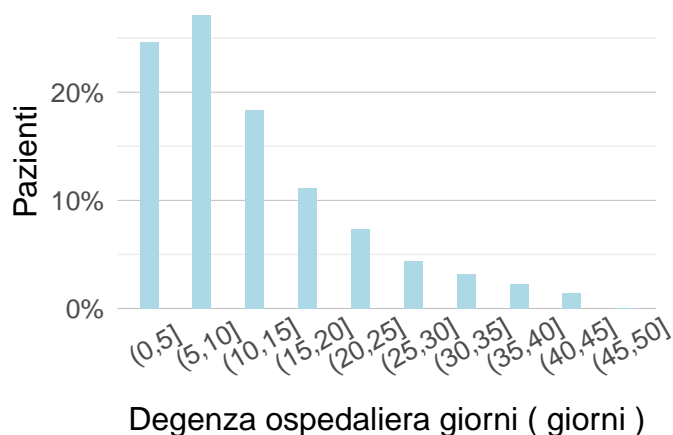
* Statistiche calcolate su 17523 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 403).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.1 (4.8)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	8

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

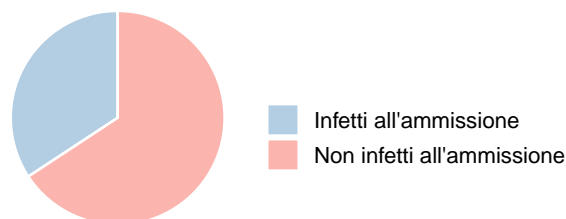


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.3 (17.5)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-19)
Missing	66

* Statistiche calcolate su 17523 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 403$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

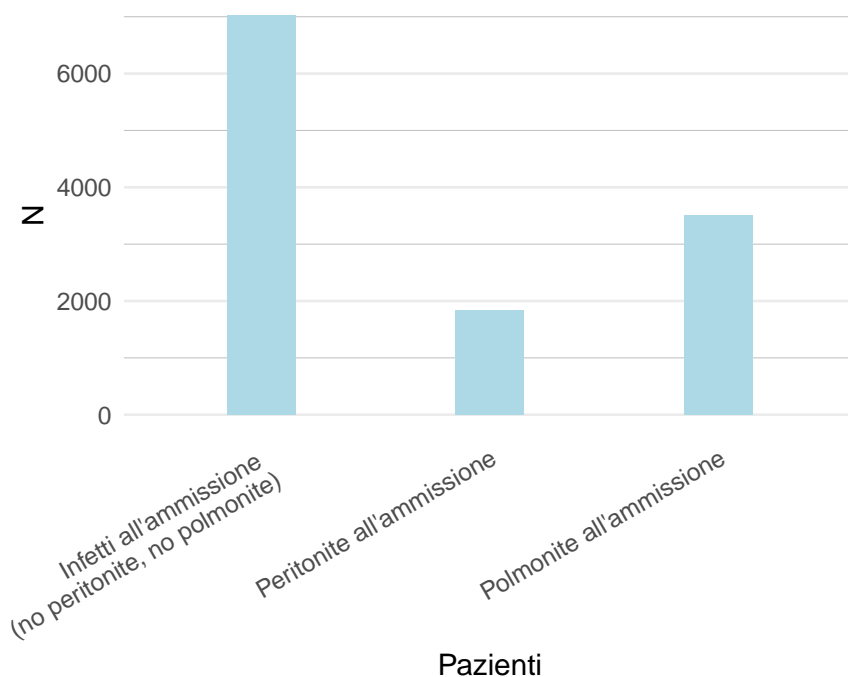
Sono presenti 10411 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 34.26% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	10411	34.26
Non infetti all'ammissione	19980	65.74

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 30391).

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

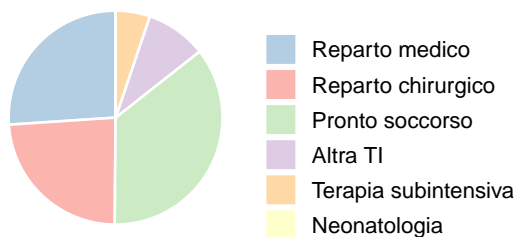


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	7023	67.46
Peritonite all'ammissione	1846	17.73
Polmonite all'ammissione	3504	33.66

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 10411).

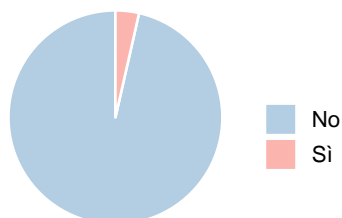
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 10411)

5.1 Provenienza (reparto)



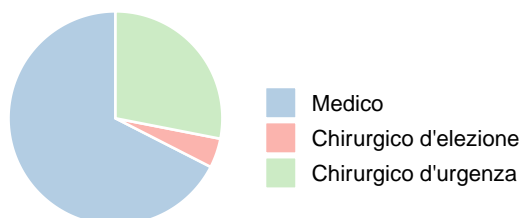
Provenienza	N	%
Reparto medico	2696	26.1
Reparto chirurgico	2464	23.8
Pronto soccorso	3698	35.7
Altra TI	951	9.2
Terapia subintensiva	537	5.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	65	0

5.2 Trauma



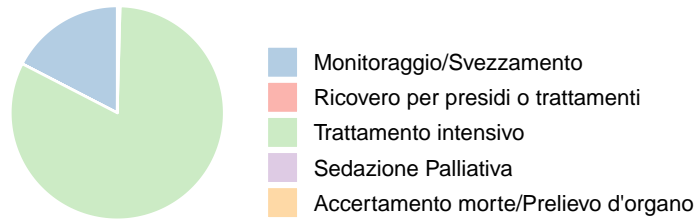
Trauma	N	%
No	10041	96.4
Si	370	3.6
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



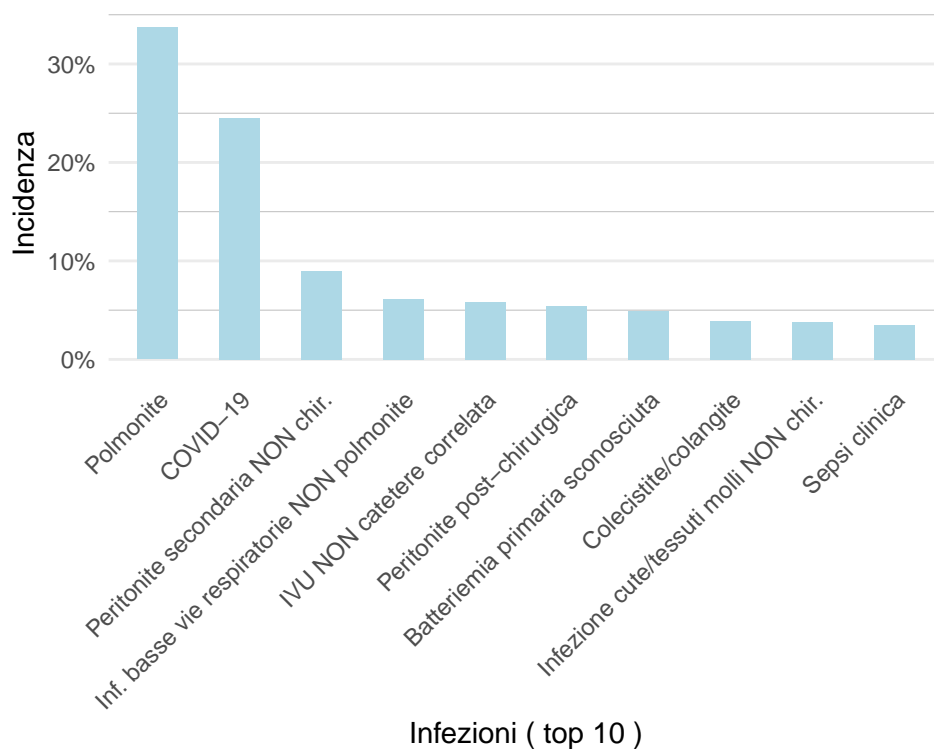
Stato chirurgico	N	%
Medico	7026	67.5
Chirurgico d'elezione	463	4.4
Chirurgico d'urgenza	2922	28.1
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



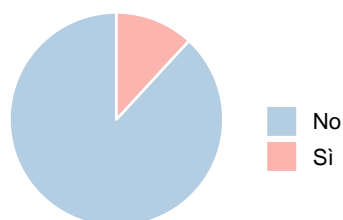
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1812	17.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	8546	82.1
Sedazione Palliativa	39	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	6	0.1
Missing	8	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



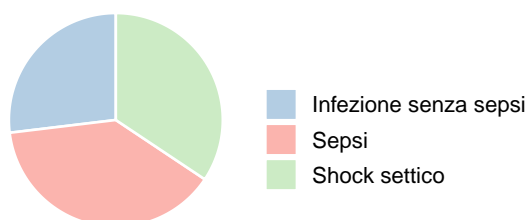
Infezione	N	%
Polmonite	3504	33.7
COVID-19	2554	24.5
Peritonite secondaria NON chir.	942	9.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	638	6.1
IVU NON catetere correlata	599	5.8
Peritonite post-chirurgica	565	5.4
Batteriemia primaria sconosciuta	515	4.9
Colecistite/colangite	407	3.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	393	3.8
Sepsi clinica	360	3.5
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	9177	88.1
Sì	1234	11.9
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	2800	26.9
Sepsi	4030	38.7
Shock settico	3575	34.4
Missing	6	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.

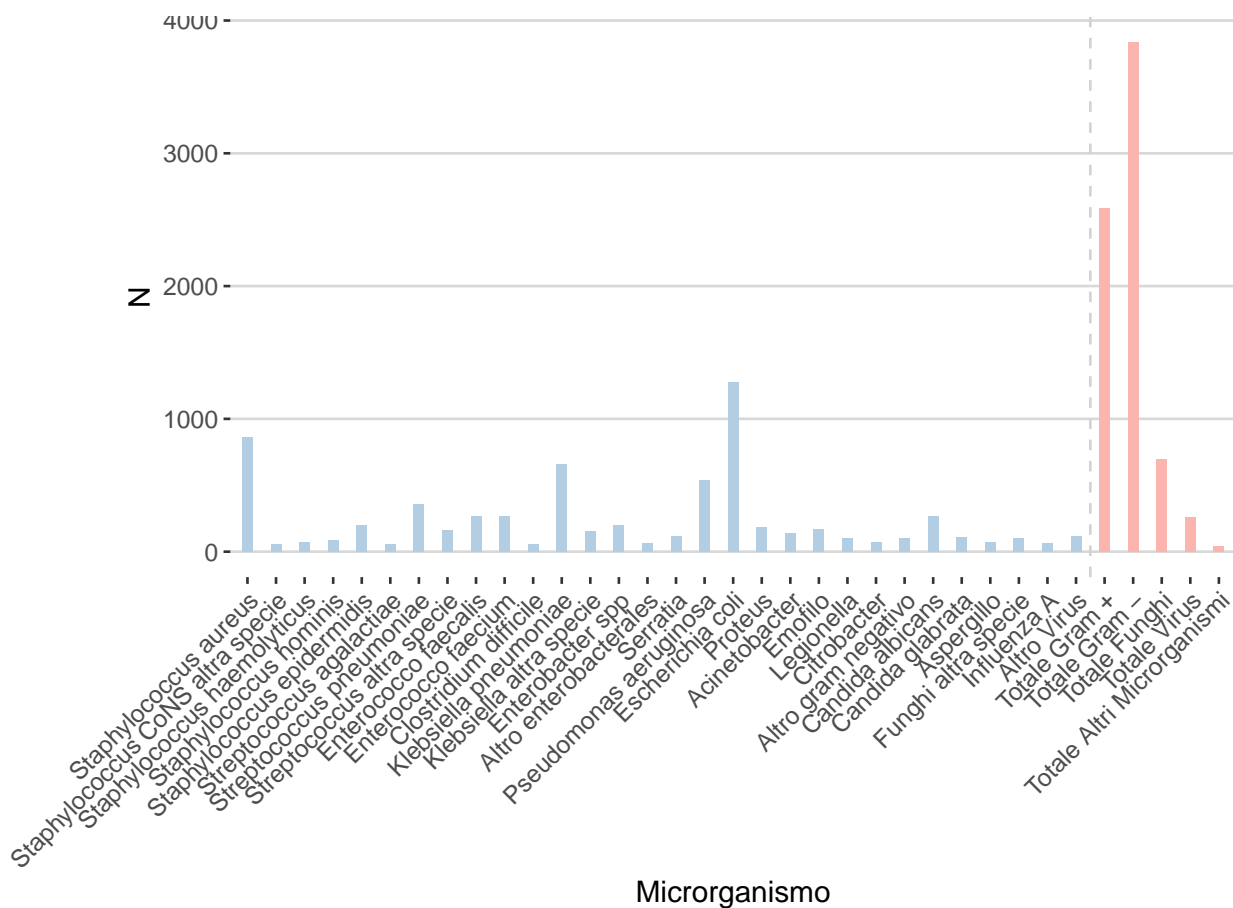
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	3281	33.1
Sì	6621	66.9
Missing	41	
Totale infezioni	9943	
Totale microrganismi isolati	8416	

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	865	13.1	713	165	23.1
Staphylococcus capitis	39	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	55	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	74	1.1	60	34	56.7
Staphylococcus hominis	85	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	13	0.2	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	202	3.1	0	0	0
Pyogens	19	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	53	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	358	5.4	269	13	4.8
Streptococcus altra specie	161	2.4	121	8	6.6
Enterococco faecalis	270	4.1	223	4	1.8
Enterococco faecium	264	4.0	220	69	31.4
Enterococco altra specie	38	0.6	28	2	7.1
Clostridium difficile	56	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	33	0.5	0	0	0
Totale Gram +	2585	39.0	1634	295	18.1
Klebsiella pneumoniae	659	10.0	507	113	22.3
Klebsiella altra specie	153	2.3	122	4	3.3
Enterobacter spp	201	3.0	154	19	12.3
Altro enterobacterales	63	1.0	39	1	2.6
Serratia	115	1.7	88	2	2.3
Pseudomonas aeruginosa	542	8.2	424	85	20
Pseudomonas altra specie	9	0.1	6	0	0
Escherichia coli	1277	19.3	1006	14	1.4
Proteus	183	2.8	142	5	3.5
Acinetobacter	137	2.1	107	84	78.5
Emofilo	171	2.6	0	0	0
Legionella	105	1.6	0	0	0
Citrobacter	69	1.0	47	3	6.4
Morganella	41	0.6	24	0	0
Providencia	6	0.1	0	0	0
Clamidia	5	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	100	1.5	0	0	0
Totale Gram -	3836	57.9	2666	330	12.4
Candida albicans	271	4.1	0	0	0
Candida auris	5	0.1	0	0	0
Candida glabrata	107	1.6	0	0	0
Candida krusei	20	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	39	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	31	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.1	0	0	0
Candida altra specie	21	0.3	0	0	0
Aspergillo	71	1.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	28	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	98	1.5	0	0	0
Totale Funghi	695	10.5	0	0	0
Influenza A	63	1.0			
Influenza AH3N2	23	0.3			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	5	0.1			
Citomegalovirus	30	0.5			
Herpes simplex	22	0.3			
Altro Virus	114	1.7			
Totale Virus	258	3.9	0	0	0
Mycoplasma	12	0.2	0	0	0

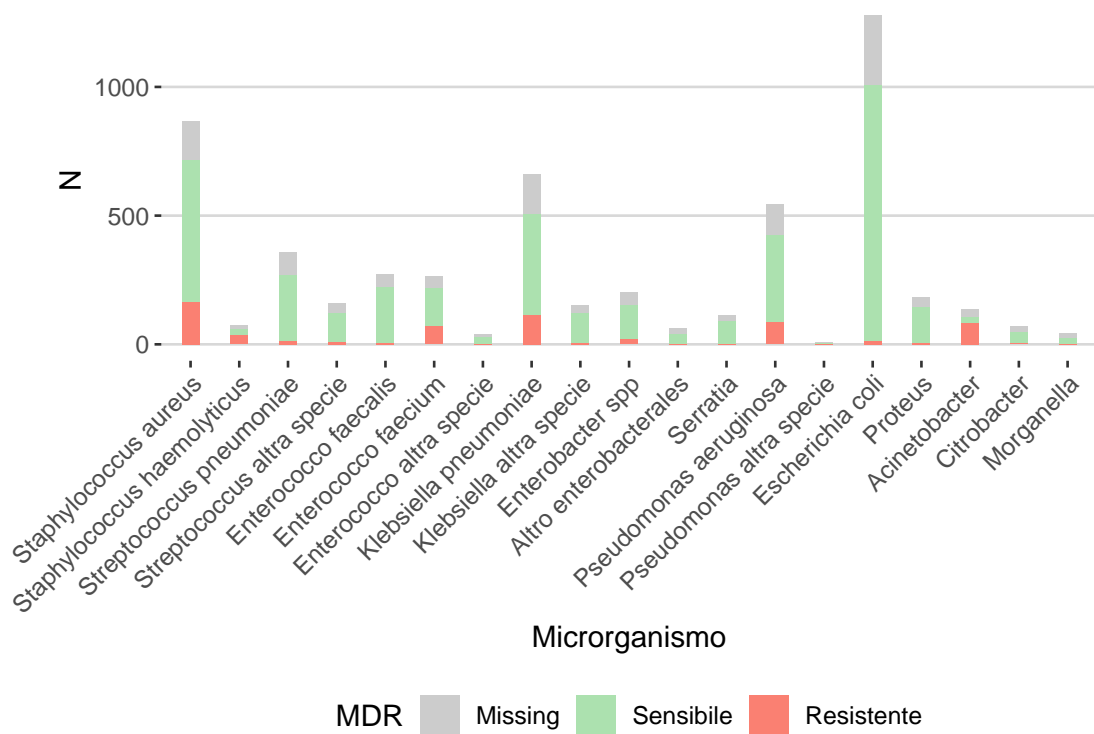
Mycobacterium tuberculosis	17	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	12	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	41	0.6	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	865	13.1	713	165	23.1
Staphylococcus capitis	39	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	55	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	74	1.1	60	34	56.7
Staphylococcus hominis	85	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	13	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	202	3.1	0	0	0
Pyogens	19	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	53	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	358	5.4	269	13	4.8
Streptococcus altra specie	161	2.4	121	8	6.6
Enterococco faecalis	270	4.1	223	4	1.8
Enterococco faecium	264	4.0	220	69	31.4
Enterococco altra specie	38	0.6	28	2	7.1
Clostridium difficile	56	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	33	0.5	0	0	0
Totale Gram +	2585	39.0	1634	295	18.1

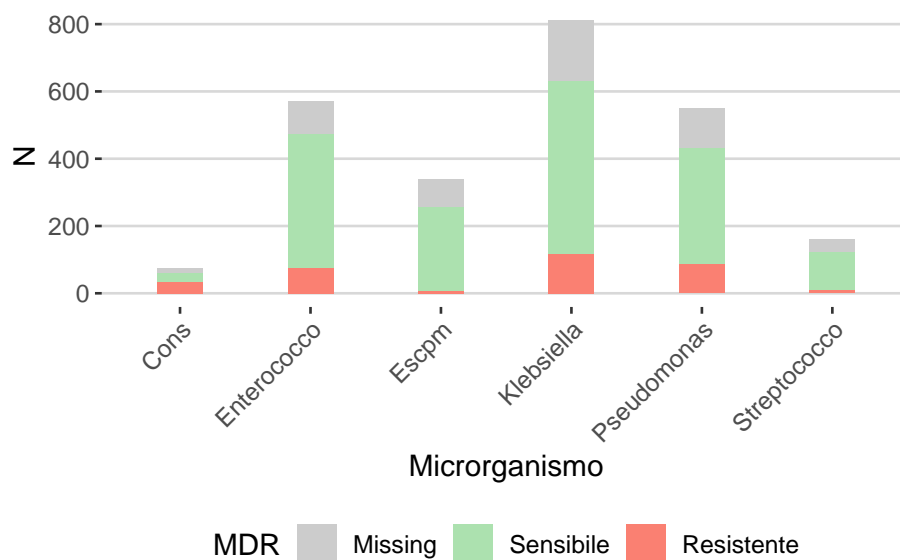
Klebsiella pneumoniae	659	10.0	507	113	22.3
Klebsiella altra specie	153	2.3	122	4	3.3
Enterobacter spp	201	3.0	154	19	12.3
Altro enterobacterales	63	1.0	39	1	2.6
Serratia	115	1.7	88	2	2.3
Pseudomonas aeruginosa	542	8.2	424	85	20
Pseudomonas altra specie	9	0.1	6	0	0
Escherichia coli	1277	19.3	1006	14	1.4
Proteus	183	2.8	142	5	3.5
Acinetobacter	137	2.1	107	84	78.5
Emofilo	171	2.6	0	0	0
Legionella	105	1.6	0	0	0
Citrobacter	69	1.0	47	3	6.4
Morganella	41	0.6	24	0	0
Providencia	6	0.1	0	0	0
Clamidia	5	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	100	1.5	0	0	0
Totale Gram -	3836	57.9	2666	330	12.4
Candida albicans	271	4.1	0	0	0
Candida auris	5	0.1	0	0	0
Candida glabrata	107	1.6	0	0	0
Candida krusei	20	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	39	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	31	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.1	0	0	0
Candida altra specie	21	0.3	0	0	0
Aspergillo	71	1.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	28	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	98	1.5	0	0	0
Totale Funghi	695	10.5	0	0	0
Influenza A	63	1.0			
Influenza AH3N2	23	0.3			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	5	0.1			
Citomegalovirus	30	0.5			
Herpes simplex	22	0.3			
Altro Virus	114	1.7			
Totale Virus	258	3.9	0	0	0
Mycoplasma	12	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	17	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	12	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	41	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 (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	74	60	26	34	56.67	14
Enterococco	572	471	396	75	15.92	101
Escpm	339	254	247	7	2.76	85
Klebsiella	812	629	512	117	18.60	183
Pseudomonas	551	430	345	85	19.77	121
Streptococco	161	121	113	8	6.61	40

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	496	Ertapenem	86	17.34
Klebsiella pneumoniae	507	Meropenem	106	20.91
Klebsiella altra specie	119	Ertapenem	3	2.52
Klebsiella altra specie	122	Meropenem	2	1.64
Citrobacter	47	Meropenem	3	6.38

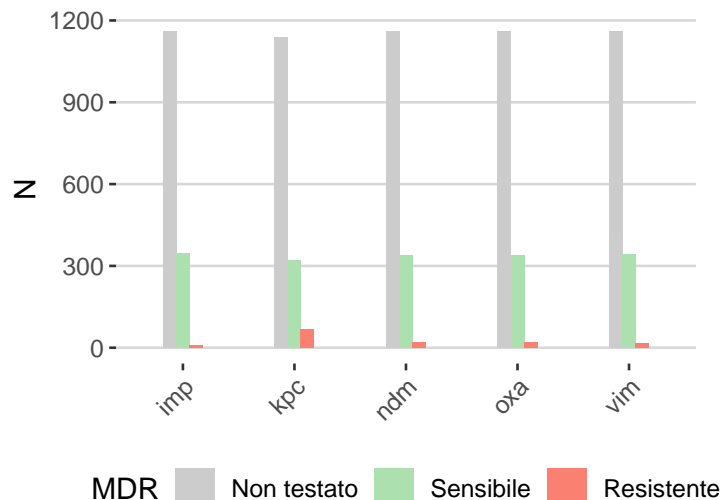
Enterobacter spp	151	Ertapenem	15	9.93
Enterobacter spp	154	Meropenem	8	5.19
Altro enterobacterales	37	Ertapenem	1	2.70
Altro enterobacterales	39	Meropenem	1	2.56
Escherichia coli	991	Ertapenem	13	1.31
Escherichia coli	1003	Meropenem	10	1.00
Proteus	137	Ertapenem	5	3.65
Proteus	142	Meropenem	2	1.41
Serratia	87	Ertapenem	2	2.30
Serratia	87	Meropenem	1	1.15
Acinetobacter	104	Imipenem	59	56.73
Acinetobacter	107	Meropenem	84	78.50
Pseudomonas aeruginosa	416	Imipenem	79	18.99
Pseudomonas aeruginosa	423	Meropenem	59	13.95
Staphylococcus haemolyticus	60	Meticillina	34	56.67
Staphylococcus aureus	713	Meticillina	165	23.14
Streptococcus pneumoniae	269	Penicillina	13	4.83
Streptococcus altra specie	121	Penicillina	8	6.61
Enterococco faecalis	223	Vancomicina	4	1.79
Enterococco faecium	220	Vancomicina	69	31.36
Enterococco altra specie	28	Vancomicina	2	7.14

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.

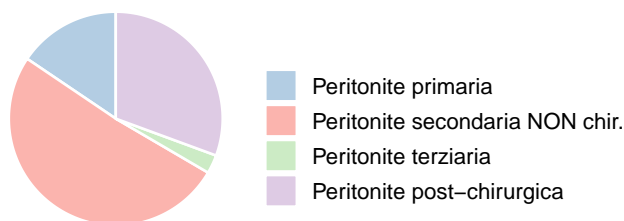
	N	%
Sì	88	5.74
No	285	18.6
Non testato	1159	75.65
Missing	1235	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	10	7.5	346	1160
kpc	69	51.9	322	1139
ndm	20	15.0	339	1159
oxa	19	14.3	340	1159
vim	15	11.3	342	1160



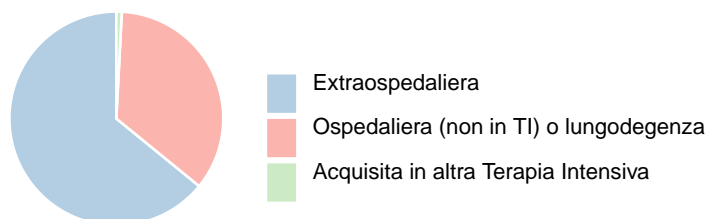
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 1846)

6.1 Tipologia di peritonite



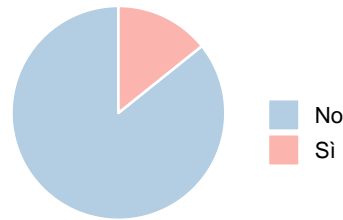
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	287	15.5
Peritonite secondaria NON chir.	942	51.0
Peritonite terziaria	52	2.8
Peritonite post-chirurgica	565	30.6
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



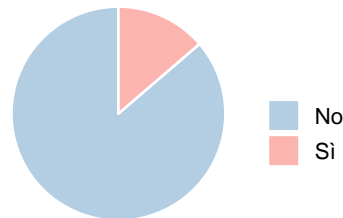
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	1179	64.1
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	645	35.1
Acquisita in altra Terapia Intensiva	15	0.8
Missing	7	0

6.3 Infezione batteriemia



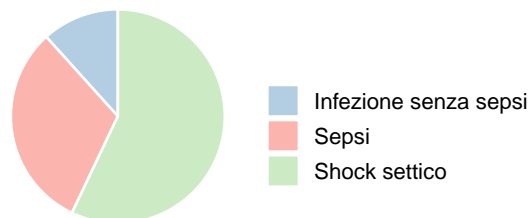
Batteriemia	N	%
No	1577	85.8
Si	262	14.2
Missing	7	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	1593	86.3
Si	253	13.7
Missing	0	0

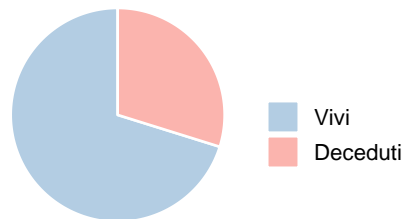
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	186	11.7
Sepsi	498	31.3
Shock settico	909	57.1
Missing	0	0

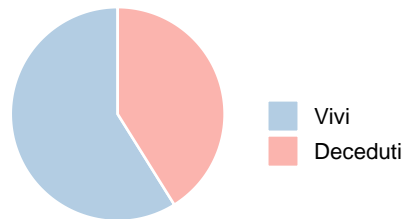
* Statistiche calcolate su 1593 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 253).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1295	70.2
Deceduti	550	29.8
Missing	1	0

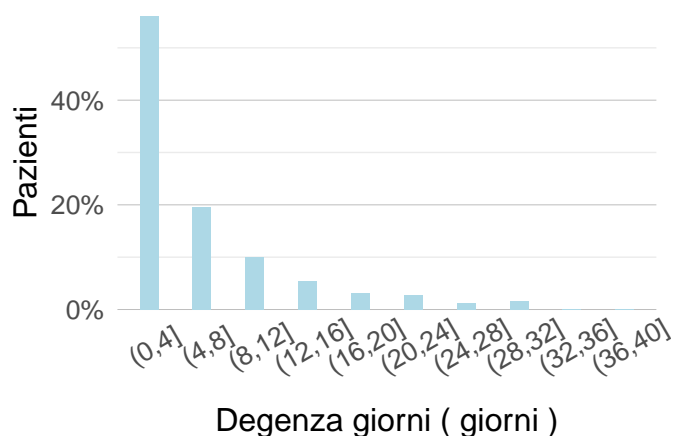
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	977	58.9
Deceduti	682	41.1
Missing	19	0

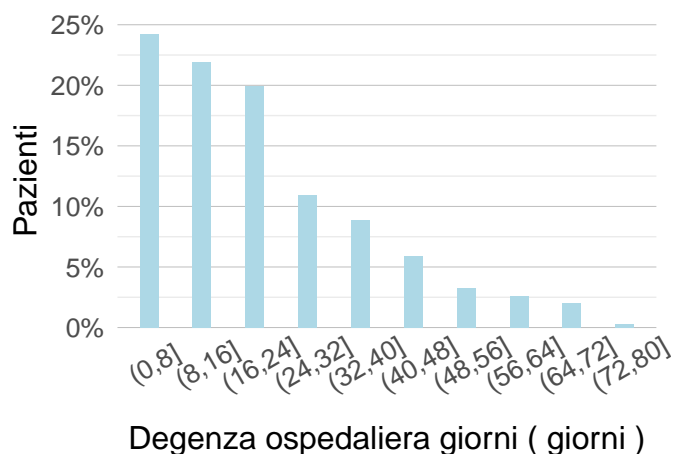
* Statistiche calcolate su 1678 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 168).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.5 (13.4)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	2

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.5 (26.5)
Mediana (Q1-Q3)	19 (9-33)
Missing	19

* Statistiche calcolate su 1678 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 168).

6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

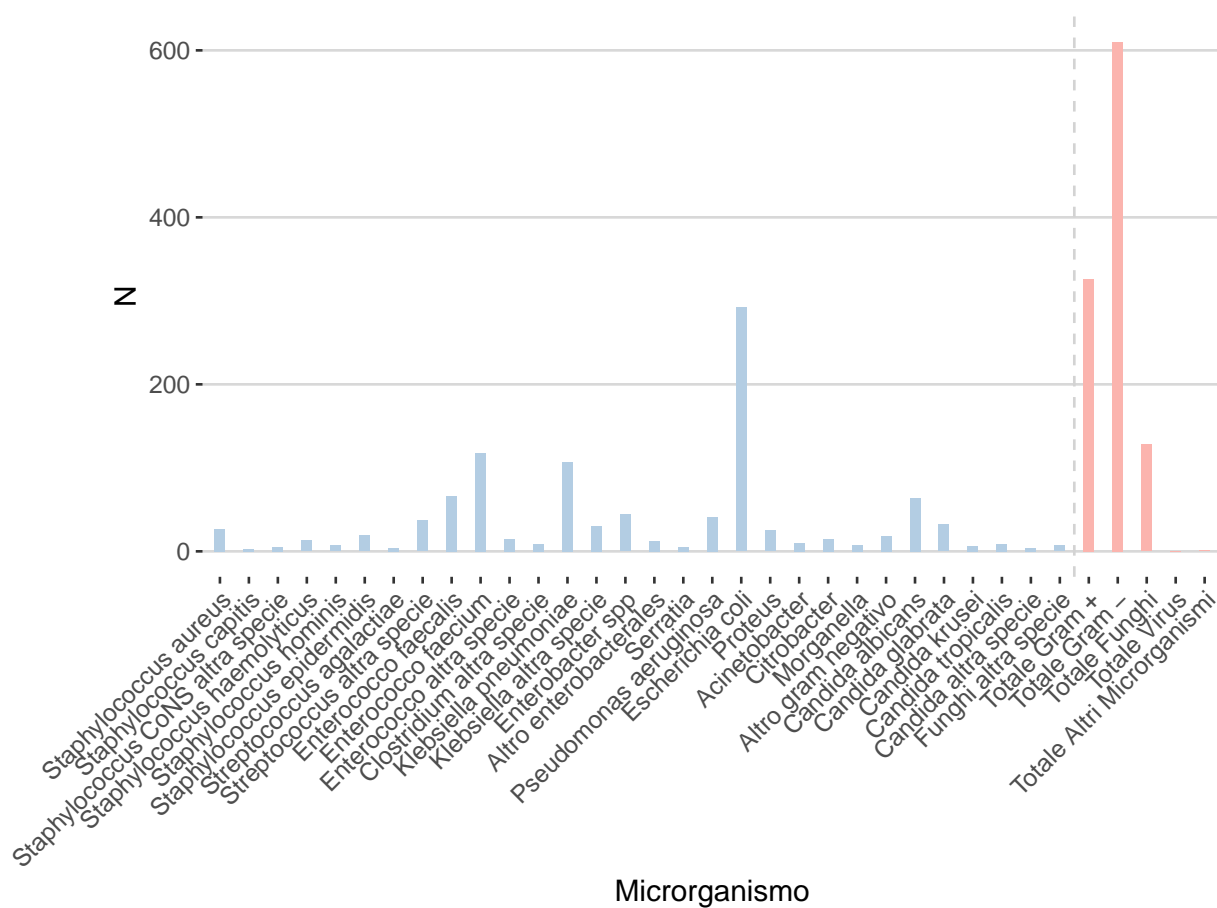
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1164	63.4
Sì	672	36.6
Missing	10	
Totale infezioni	1846	
Totale microrganismi isolati	1068	

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	27	4.0	23	10	43.5
Staphylococcus capitis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	1.9	12	7	58.3
Staphylococcus hominis	7	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	19	2.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	37	5.5	27	1	3.7
Enterococco faecalis	66	9.8	56	1	1.8
Enterococco faecium	118	17.6	98	30	30.6
Enterococco altra specie	15	2.2	12	1	8.3
Clostridium altra specie	9	1.3	0	0	0
Totale Gram +	326	48.5	229	50	21.8
Klebsiella pneumoniae	107	15.9	81	24	29.6
Klebsiella altra specie	30	4.5	24	0	0
Enterobacter spp	44	6.5	33	3	9.1
Altro enterobacterales	12	1.8	8	1	12.5
Serratia	5	0.7	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	41	6.1	35	5	14.3
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	0	0
Escherichia coli	292	43.5	238	2	0.8
Proteus	25	3.7	16	2	12.5
Acinetobacter	10	1.5	7	7	100
Emofilo	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	15	2.2	9	0	0
Morganella	8	1.2	5	0	0
Altro gram negativo	18	2.7	0	0	0
Totale Gram -	610	90.8	463	44	9.5
Candida albicans	64	9.5	0	0	0
Candida glabrata	32	4.8	0	0	0
Candida krusei	6	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	9	1.3	0	0	0

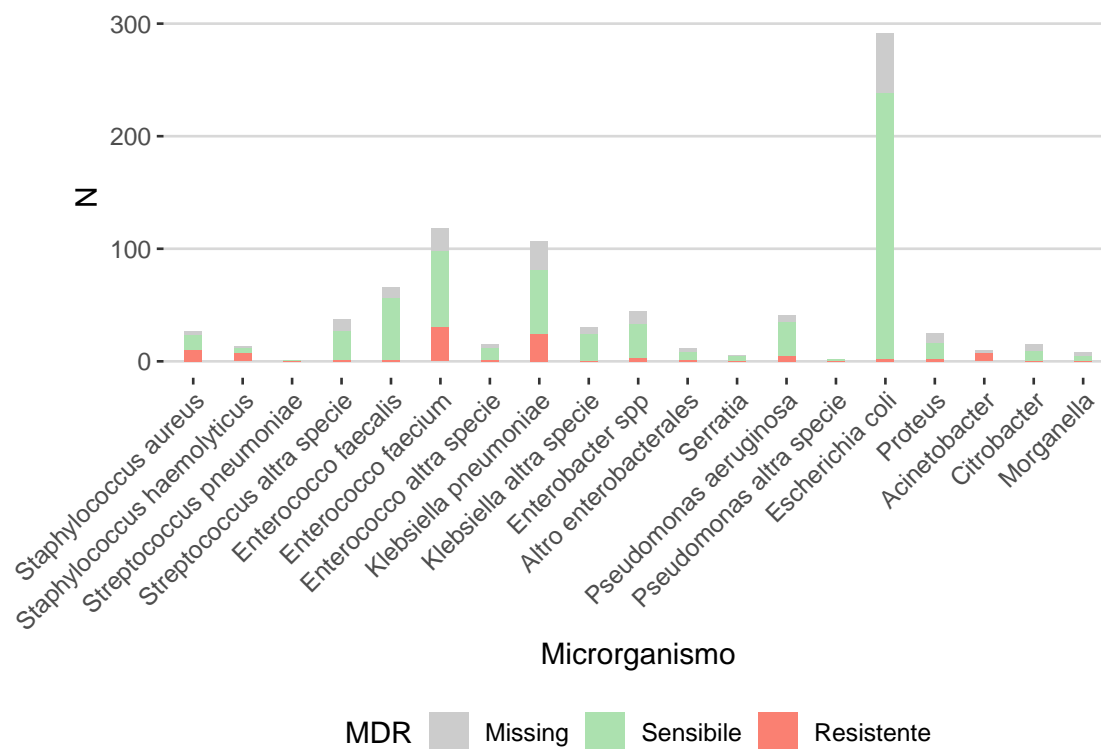
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	4	0.6	0	0	0
Aspergillo	2	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	7	1.0	0	0	0
Totale Funghi	128	19.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	4.0	23	10	43.5
Staphylococcus capitis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	1.9	12	7	58.3
Staphylococcus hominis	7	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	19	2.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	37	5.5	27	1	3.7
Enterococcus faecalis	66	9.8	56	1	1.8
Enterococcus faecium	118	17.6	98	30	30.6

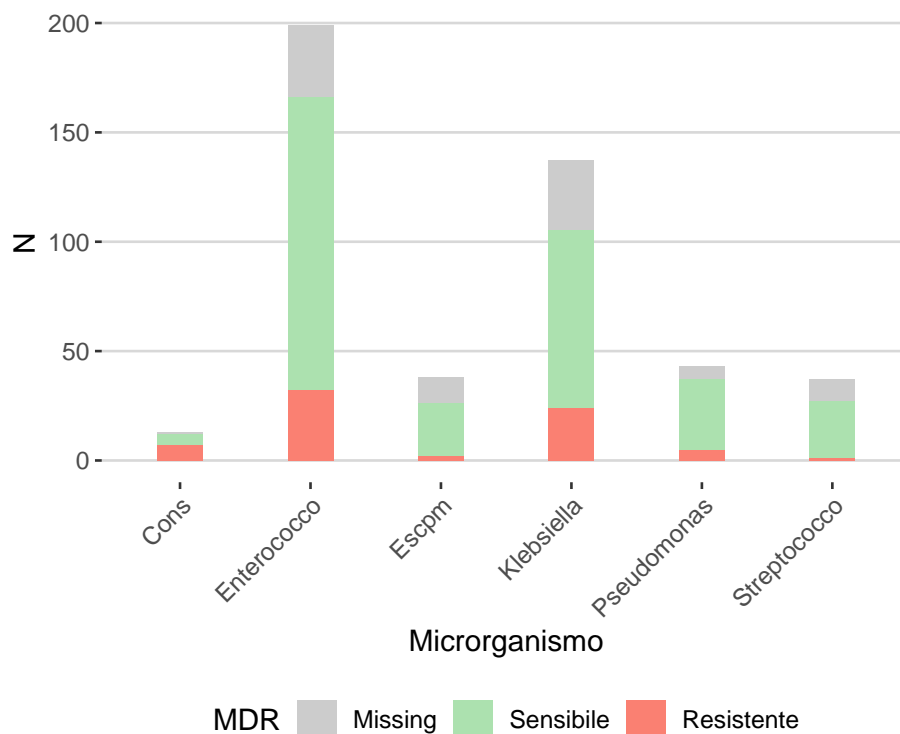
Enterococco altra specie	15	2.2	12	1	8.3
Clostridium altra specie	9	1.3	0	0	0
Totale Gram +	326	48.5	229	50	21.8
Klebsiella pneumoniae	107	15.9	81	24	29.6
Klebsiella altra specie	30	4.5	24	0	0
Enterobacter spp	44	6.5	33	3	9.1
Altro enterobacterales	12	1.8	8	1	12.5
Serratia	5	0.7	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	41	6.1	35	5	14.3
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	0	0
Escherichia coli	292	43.5	238	2	0.8
Proteus	25	3.7	16	2	12.5
Acinetobacter	10	1.5	7	7	100
Emofilo	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	15	2.2	9	0	0
Morganella	8	1.2	5	0	0
Altro gram negativo	18	2.7	0	0	0
Totale Gram -	610	90.8	463	44	9.5
Candida albicans	64	9.5	0	0	0
Candida glabrata	32	4.8	0	0	0
Candida krusei	6	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	9	1.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	4	0.6	0	0	0
Aspergillo	2	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	7	1.0	0	0	0
Totale Funghi	128	19.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	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, Pyogens, Clamidia, Legionella, Providencia, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	199	166	134	32	19.28	33
Escpm	38	26	24	2	7.69	12
Klebsiella	137	105	81	24	22.86	32
Pseudomonas	43	37	32	5	13.51	6
Streptococco	37	27	26	1	3.70	10

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

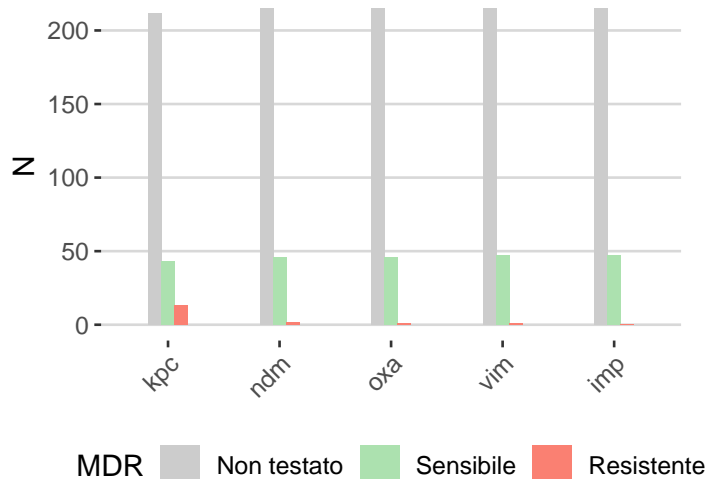
Klebsiella pneumoniae	80	Ertapenem	18	22.50
Klebsiella pneumoniae	81	Meropenem	22	27.16
Enterobacter spp	32	Ertapenem	3	9.38
Altro enterobacterales	8	Ertapenem	1	12.50
Altro enterobacterales	8	Meropenem	1	12.50
Escherichia coli	234	Ertapenem	2	0.85
Escherichia coli	237	Meropenem	1	0.42
Proteus	16	Ertapenem	2	12.50
Proteus	16	Meropenem	1	6.25
Acinetobacter	7	Imipenem	3	42.86
Acinetobacter	7	Meropenem	7	100.00
Pseudomonas aeruginosa	33	Imipenem	4	12.12
Pseudomonas aeruginosa	35	Meropenem	3	8.57
Staphylococcus haemolyticus	12	Meticillina	7	58.33
Staphylococcus aureus	23	Meticillina	10	43.48
Streptococcus altra specie	27	Penicillina	1	3.70
Enterococco faecalis	56	Vancomicina	1	1.79
Enterococco faecium	98	Vancomicina	30	30.61
Enterococco altra specie	12	Vancomicina	1	8.33

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.

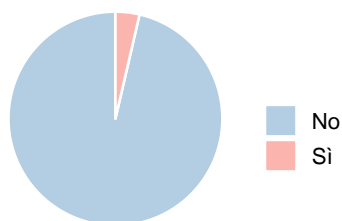
	N	%
Sì	15	5.6
No	39	14.55
Non testato	214	79.85
Missing	181	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	47	215
kpc	13	76.5	43	212
ndm	2	11.8	46	215
oxa	1	5.9	46	215
vim	1	5.9	47	215



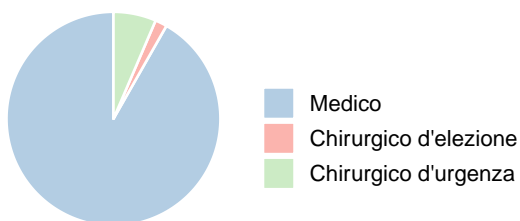
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 3504)

7.1 Trauma



Trauma	N	%
No	3377	96.4
Sì	127	3.6
Missing	0	0

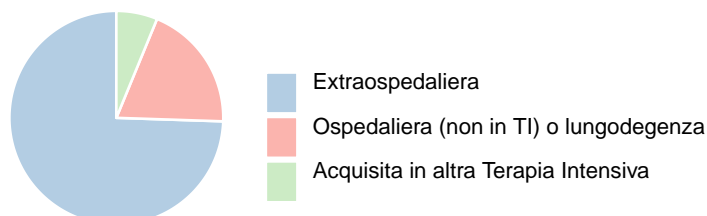
7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	3215	91.8

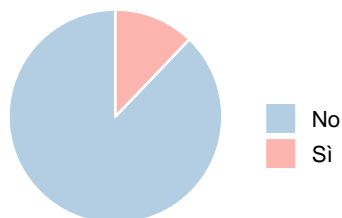
Chirurgico d'elezione	63	1.8
Chirurgico d'urgenza	226	6.4
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



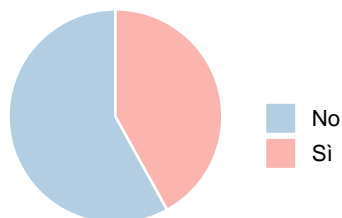
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	2600	74.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	674	19.3
Acquisita in altra Terapia Intensiva	217	6.2
Missing	13	0

7.4 Infezione batteriemic



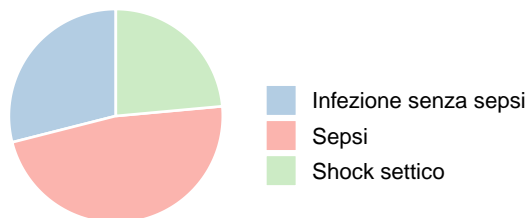
Batteriemic	N	%
No	3066	87.9
Sì	424	12.1
Missing	14	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	2034	58.0
Sì	1470	42.0
Missing	0	0

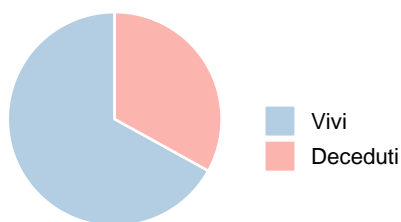
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	589	29.0
Sepsi	966	47.5
Shock settico	479	23.5
Missing	0	0

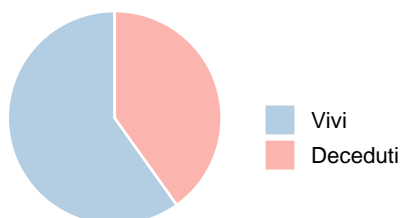
* Statistiche calcolate su 2034 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 1470).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2342	67.0
Deceduti	1155	33.0
Missing	7	0

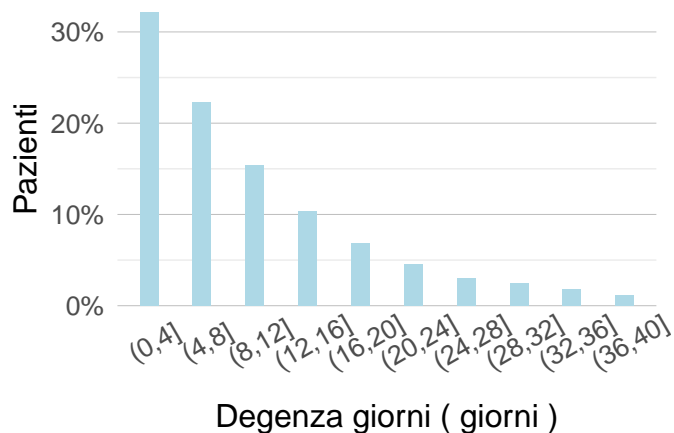
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	1995	59.9
Deceduti	1337	40.1
Missing	32	0

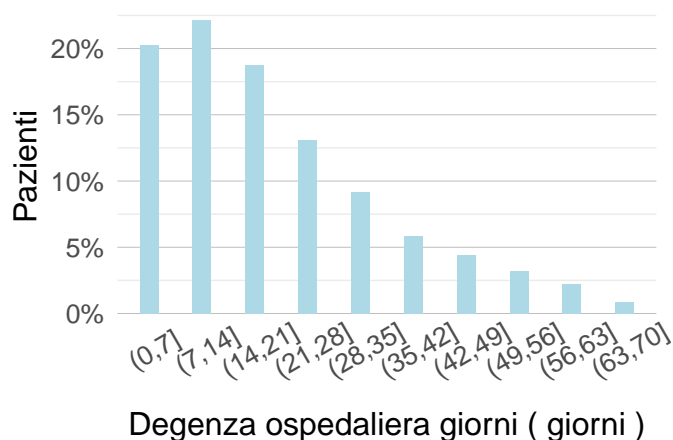
* Statistiche calcolate su 3364 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 140).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.6 (14.3)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-16)
Missing	7

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.1 (22.6)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-32)
Missing	32

* Statistiche calcolate su 3364 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 140).

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.

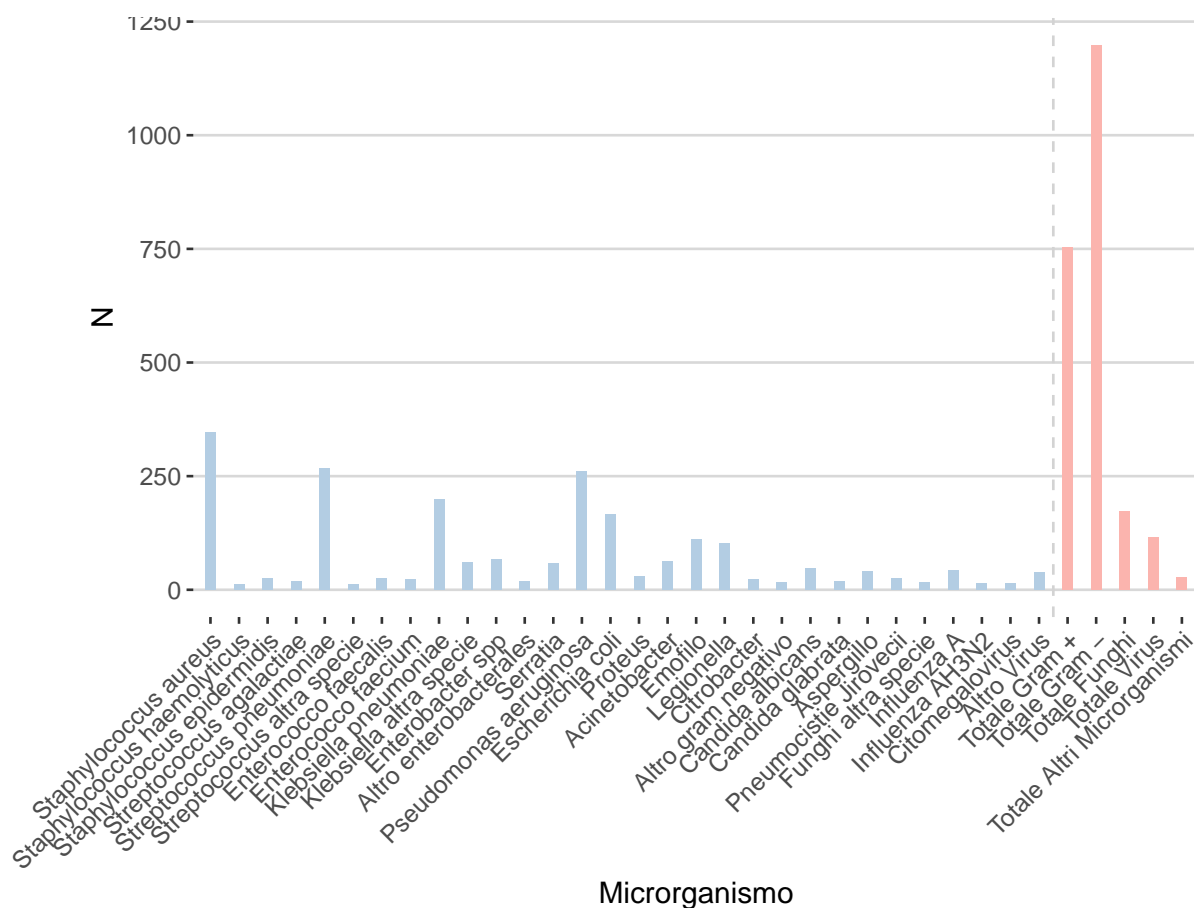
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	986	28.3
Sì	2504	71.7
Missing	14	
Totale infezioni	3504	
Totale microrganismi isolati	3155	

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	347	13.9	287	65	22.6
Staphylococcus capitis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.5	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	7	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	1.0	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 3504)

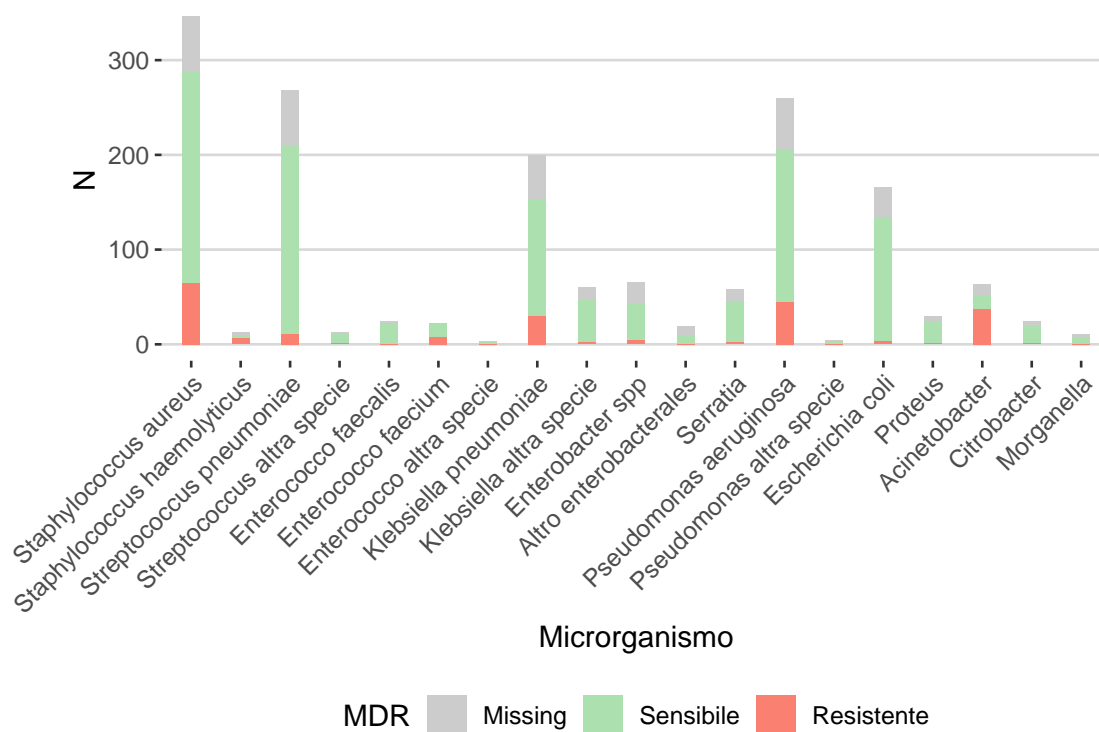
Pyogens	5	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	18	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	268	10.7	209	11	5.3
Streptococcus altra specie	13	0.5	11	1	9.1
Enterococco faecalis	25	1.0	22	0	0
Enterococco faecium	22	0.9	22	8	36.4
Enterococco altra specie	3	0.1	2	0	0
Totale Gram +	753	30.1	562	91	16.2
Klebsiella pneumoniae	200	8.0	153	30	19.6
Klebsiella altra specie	60	2.4	47	2	4.3
Enterobacter spp	66	2.6	44	4	9.1
Altro enterobacterales	19	0.8	10	0	0
Serratia	58	2.3	46	2	4.3
Pseudomonas aeruginosa	260	10.4	205	45	22
Pseudomonas altra specie	5	0.2	2	0	0
Escherichia coli	166	6.6	134	3	2.2
Proteus	30	1.2	25	1	4
Acinetobacter	63	2.5	52	37	71.2
Emofilo	112	4.5	0	0	0
Legionella	103	4.1	0	0	0
Citrobacter	24	1.0	19	1	5.3
Morganella	11	0.4	6	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	17	0.7	0	0	0
Totale Gram -	1198	47.8	743	125	16.8
Candida albicans	47	1.9	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	18	0.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.0	0	0	0
Candida parapsilosis	9	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	5	0.2	0	0	0
Aspergillo	41	1.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	26	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	16	0.6	0	0	0
Totale Funghi	172	6.9	0	0	0
Influenza A	43	1.7			
Influenza AH3N2	15	0.6			
Influenza tipo non specificato	5	0.2			
Citomegalovirus	14	0.6			
Herpes simplex	1	0.0			
Altro Virus	38	1.5			
Totale Virus	116	4.6	0	0	0
Mycoplasma	9	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	10	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	9	0.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	28	1.1	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	347	13.9	287	65	22.6
Staphylococcus capitis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.5	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	7	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	1.0	0	0	0
Pyogens	5	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	18	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	268	10.7	209	11	5.3
Streptococcus altra specie	13	0.5	11	1	9.1
Enterococcus faecalis	25	1.0	22	0	0
Enterococcus faecium	22	0.9	22	8	36.4
Enterococcus altra specie	3	0.1	2	0	0
Totale Gram +	753	30.1	562	91	16.2
Klebsiella pneumoniae	200	8.0	153	30	19.6
Klebsiella altra specie	60	2.4	47	2	4.3
Enterobacter spp	66	2.6	44	4	9.1
Altro enterobacterales	19	0.8	10	0	0
Serratia	58	2.3	46	2	4.3
Pseudomonas aeruginosa	260	10.4	205	45	22
Pseudomonas altra specie	5	0.2	2	0	0
Escherichia coli	166	6.6	134	3	2.2

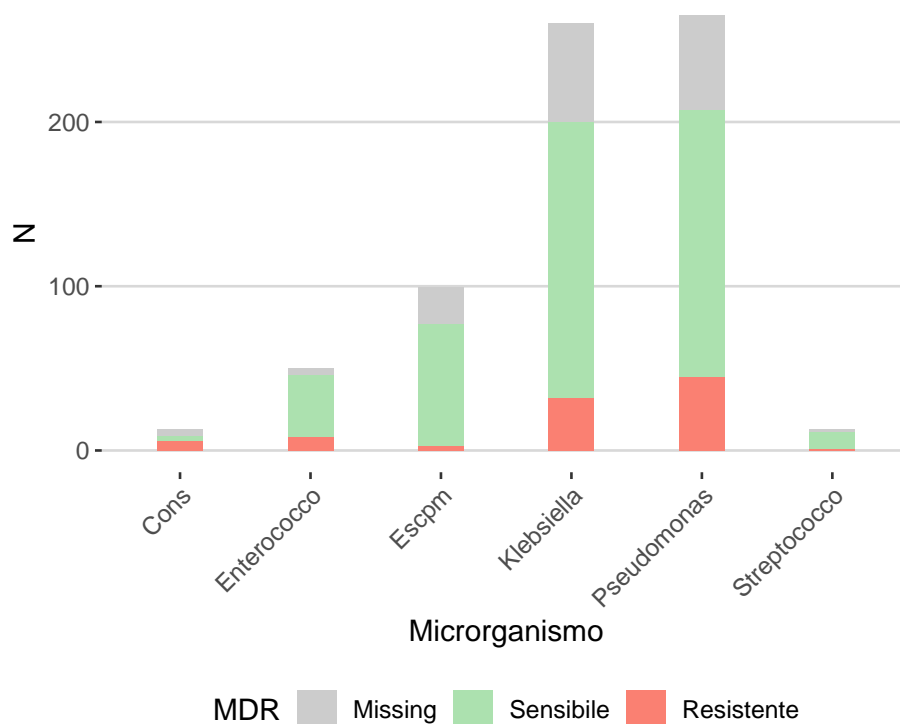
Proteus	30	1.2	25	1	4
Acinetobacter	63	2.5	52	37	71.2
Emofilo	112	4.5	0	0	0
Legionella	103	4.1	0	0	0
Citrobacter	24	1.0	19	1	5.3
Morganella	11	0.4	6	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	17	0.7	0	0	0
Totale Gram -	1198	47.8	743	125	16.8
Candida albicans	47	1.9	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	18	0.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.0	0	0	0
Candida parapsilosis	9	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	5	0.2	0	0	0
Aspergillo	41	1.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	26	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	16	0.6	0	0	0
Totale Funghi	172	6.9	0	0	0
Influenza A	43	1.7			
Influenza AH3N2	15	0.6			
Influenza tipo non specificato	5	0.2			
Citomegalovirus	14	0.6			
Herpes simplex	1	0.0			
Altro Virus	38	1.5			
Totale Virus	116	4.6	0	0	0
Mycoplasma	9	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	10	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	9	0.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	28	1.1	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, Providencia, Influenza altro A, Influenza B). 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	13	9	3	6	66.67	4
Enterococco	50	46	38	8	17.39	4
Escpm	99	77	74	3	3.90	22
Klebsiella	260	200	168	32	16.00	60
Pseudomonas	265	207	162	45	21.74	58
Streptococco	13	11	10	1	9.09	2

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

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

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

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

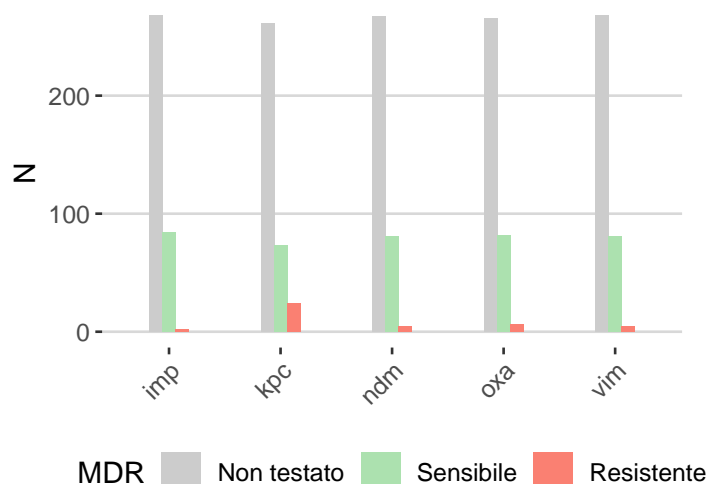
Klebsiella pneumoniae	148	Ertapenem	20	13.51
Klebsiella pneumoniae	153	Meropenem	26	16.99
Klebsiella altra specie	46	Ertapenem	1	2.17
Klebsiella altra specie	47	Meropenem	2	4.26
Citrobacter	19	Meropenem	1	5.26
Enterobacter spp	42	Ertapenem	3	7.14
Enterobacter spp	44	Meropenem	2	4.55
Escherichia coli	133	Ertapenem	3	2.26
Escherichia coli	134	Meropenem	3	2.24
Proteus	25	Ertapenem	1	4.00
Serratia	45	Ertapenem	2	4.44
Serratia	45	Meropenem	1	2.22
Acinetobacter	50	Imipenem	25	50.00
Acinetobacter	52	Meropenem	37	71.15
Pseudomonas aeruginosa	203	Imipenem	43	21.18
Pseudomonas aeruginosa	204	Meropenem	33	16.18
Staphylococcus haemolyticus	9	Meticillina	6	66.67
Staphylococcus aureus	287	Meticillina	65	22.65
Streptococcus pneumoniae	209	Penicillina	11	5.26
Streptococcus altra specie	11	Penicillina	1	9.09
Enterococco faecium	22	Vancomicina	8	36.36

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

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

	N	%
Sì	31	8.64
No	59	16.43
Non testato	269	74.93
Missing	275	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	4.8	84	268
kpc	24	57.1	73	261
ndm	5	11.9	81	267
oxa	6	14.3	82	266
vim	5	11.9	81	268



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.

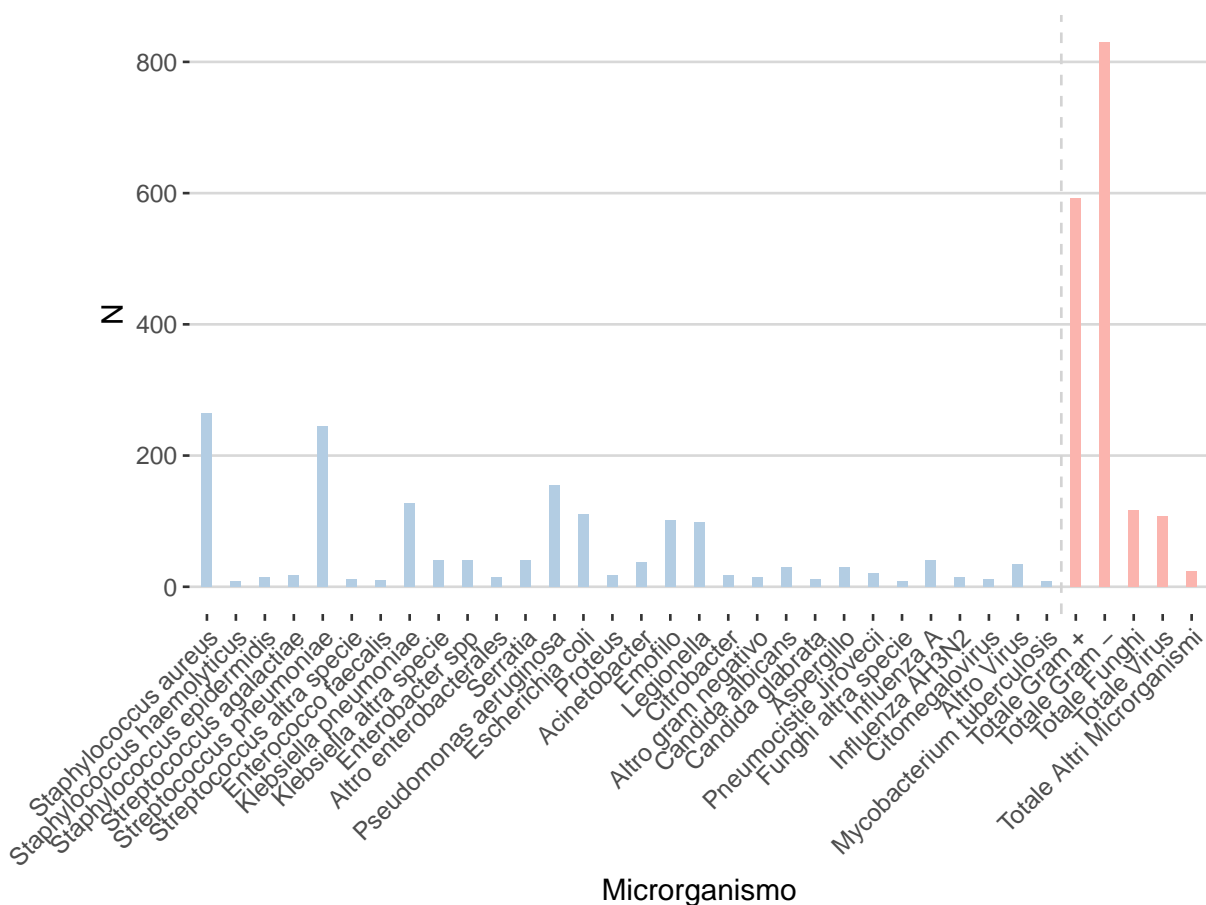
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	783	27.8
Sì	2033	72.2
Missing	1	
Totale infezioni	2817	
Totale microrganismi isolati	2516	

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	265	13.0	216	40	18.5
Staphylococcus capitis	1	0.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.4	5	3	60
Staphylococcus hominis	6	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	0.7	0	0	0
Pyogens	5	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	18	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	245	12.1	192	9	4.7
Streptococcus altra specie	12	0.6	10	1	10
Enterococco faecalis	10	0.5	8	0	0
Enterococco faecium	4	0.2	4	0	0
Enterococco altra specie	1	0.0	1	0	0
Totale Gram +	592	29.1	436	53	12.2

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 3504)

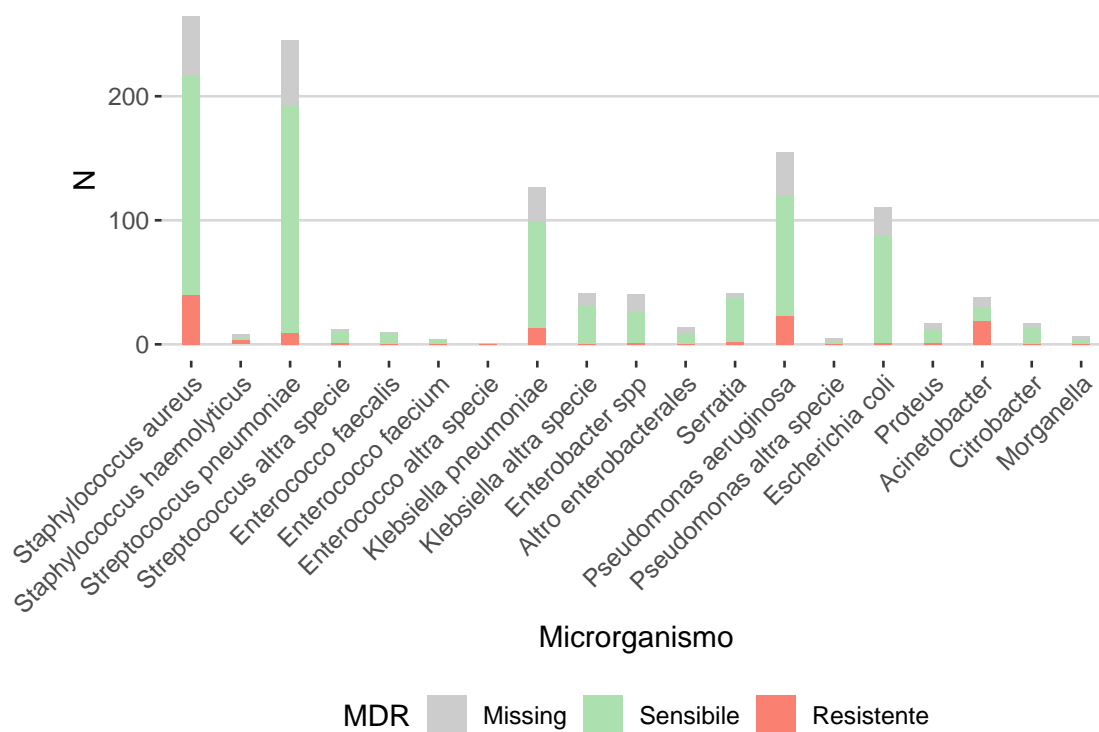
Klebsiella pneumoniae	127	6.2	99	13	13.1
Klebsiella altra specie	41	2.0	31	0	0
Enterobacter spp	40	2.0	26	1	3.8
Altro enterobacterales	14	0.7	9	0	0
Serratia	41	2.0	37	2	5.4
Pseudomonas aeruginosa	155	7.6	119	23	19.3
Pseudomonas altra specie	5	0.2	2	0	0
Escherichia coli	111	5.5	87	1	1.1
Proteus	17	0.8	12	1	8.3
Acinetobacter	38	1.9	30	19	63.3
Emofilo	101	5.0	0	0	0
Legionella	98	4.8	0	0	0
Citrobacter	17	0.8	14	0	0
Morganella	7	0.3	4	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	14	0.7	0	0	0
Totale Gram -	830	40.8	470	60	12.8
Candida albicans	30	1.5	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	11	0.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.0	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	30	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	20	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	9	0.4	0	0	0
Totale Funghi	116	5.7	0	0	0
Influenza A	41	2.0			
Influenza AH3N2	15	0.7			
Influenza tipo non specificato	4	0.2			
Citomegalovirus	12	0.6			
Herpes simplex	1	0.0			
Altro Virus	35	1.7			
Totale Virus	108	5.3	0	0	0
Mycoplasma	8	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	9	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	7	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	24	1.2	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	265	13.0	216	40	18.5
Staphylococcus capitis	1	0.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.4	5	3	60
Staphylococcus hominis	6	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	0.7	0	0	0
Pyogens	5	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	18	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	245	12.1	192	9	4.7
Streptococcus altra specie	12	0.6	10	1	10
Enterococco faecalis	10	0.5	8	0	0
Enterococco faecium	4	0.2	4	0	0
Enterococco altra specie	1	0.0	1	0	0
Totale Gram +	592	29.1	436	53	12.2
Klebsiella pneumoniae	127	6.2	99	13	13.1
Klebsiella altra specie	41	2.0	31	0	0
Enterobacter spp	40	2.0	26	1	3.8
Altro enterobacterales	14	0.7	9	0	0
Serratia	41	2.0	37	2	5.4
Pseudomonas aeruginosa	155	7.6	119	23	19.3
Pseudomonas altra specie	5	0.2	2	0	0
Escherichia coli	111	5.5	87	1	1.1

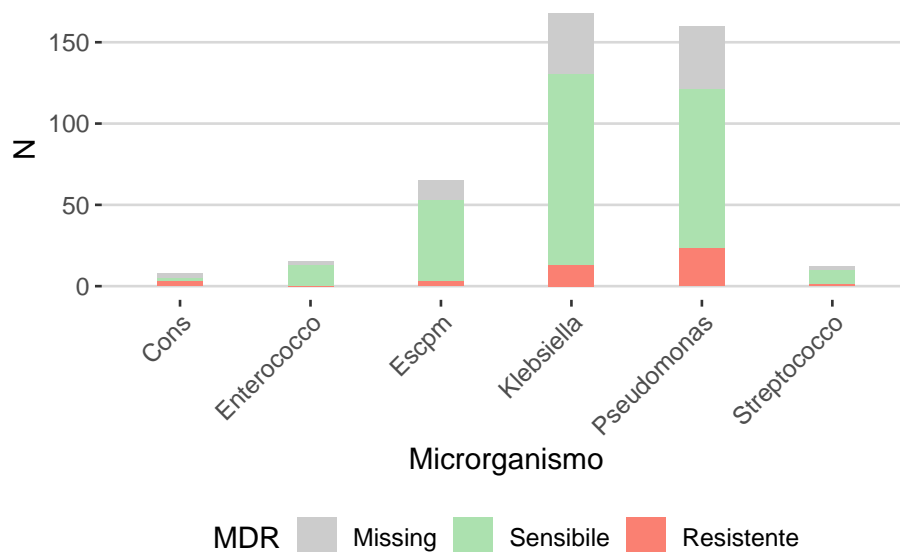
Proteus	17	0.8	12	1	8.3
Acinetobacter	38	1.9	30	19	63.3
Emofilo	101	5.0	0	0	0
Legionella	98	4.8	0	0	0
Citrobacter	17	0.8	14	0	0
Morganella	7	0.3	4	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	14	0.7	0	0	0
Totale Gram -	830	40.8	470	60	12.8
Candida albicans	30	1.5	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	11	0.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.0	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	30	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	20	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	9	0.4	0	0	0
Totale Funghi	116	5.7	0	0	0
Influenza A	41	2.0			
Influenza AH3N2	15	0.7			
Influenza tipo non specificato	4	0.2			
Citomegalovirus	12	0.6			
Herpes simplex	1	0.0			
Altro Virus	35	1.7			
Totale Virus	108	5.3	0	0	0
Mycoplasma	8	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	9	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	7	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	24	1.2	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 (Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Providencia, Influenza altro A, Influenza B). 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	8	5	2	3	60.00	3
Enterococco	15	13	13	0	0.00	2
Escpm	65	53	50	3	5.66	12
Klebsiella	168	130	117	13	10.00	38
Pseudomonas	160	121	98	23	19.01	39
Streptococco	12	10	9	1	10.00	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	97	Ertapenem	11	11.34
Klebsiella pneumoniae	99	Meropenem	11	11.11
Enterobacter spp	25	Ertapenem	1	4.00
Escherichia coli	87	Ertapenem	1	1.15
Escherichia coli	87	Meropenem	1	1.15

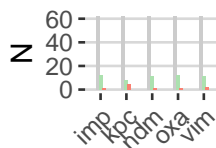
Proteus	12	Ertapenem	1	8.33
Serratia	37	Ertapenem	2	5.41
Serratia	36	Meropenem	1	2.78
Acinetobacter	28	Imipenem	13	46.43
Acinetobacter	30	Meropenem	19	63.33
Pseudomonas aeruginosa	117	Imipenem	22	18.80
Pseudomonas aeruginosa	118	Meropenem	15	12.71
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Staphylococcus aureus	216	Meticillina	40	18.52
Streptococcus pneumoniae	192	Penicillina	9	4.69
Streptococcus altra specie	10	Penicillina	1	10.00

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

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

	N	%
Si	6	8
No	7	9.33
Non testato	62	82.67
Missing	129	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	10	12	62
kpc	5	50	8	62
ndm	1	10	11	62
oxa	1	10	12	62
vim	2	20	11	62

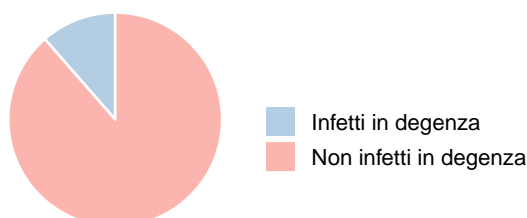


MDR Non testato Sensibile Resistente

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.

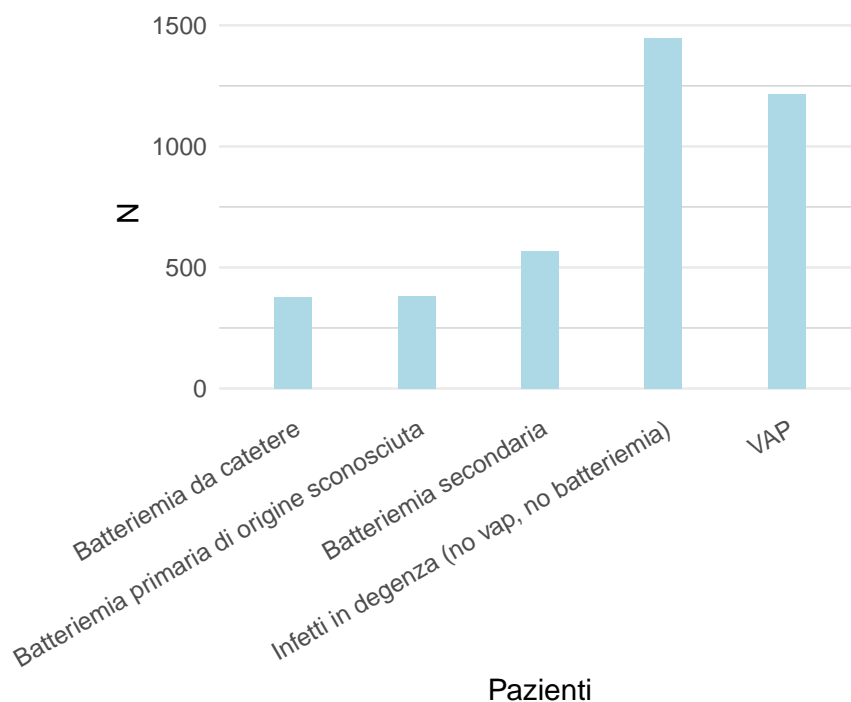
Sono presenti 3480 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.5% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	3480	11.5
Non infetti in degenza	26911	88.5

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 30391).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



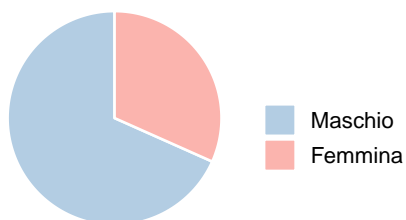
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	1446	41.6
VAP	1215	34.9

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	383	11.0
Batteriemia da catetere	379	10.9
Batteriemia secondaria	566	16.3

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 3480)

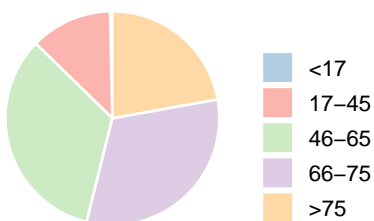
8 Pazienti infetti in degenza (N = 3480)

8.1 Sesso



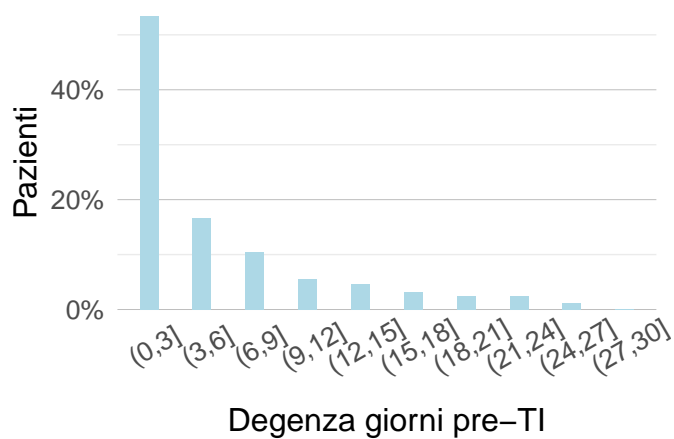
Sesso	N	%
Maschio	2378	68.3
Femmina	1102	31.7
Missing	0	0

8.2 Età



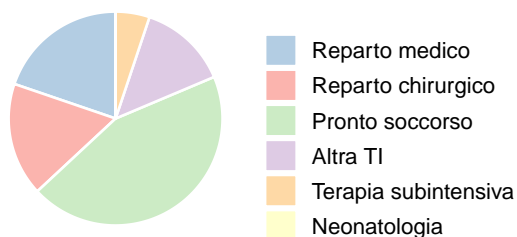
Range età	N	%
<17	12	0.3
17-45	430	12.4
46-65	1163	33.4
66-75	1103	31.7
>75	772	22.2
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



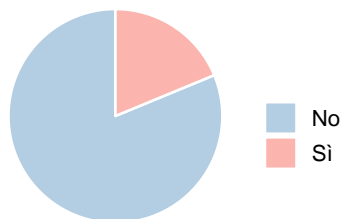
Indicatore	Valore
Media	5.7
DS	13.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	3

8.4 Provenienza (reparto)



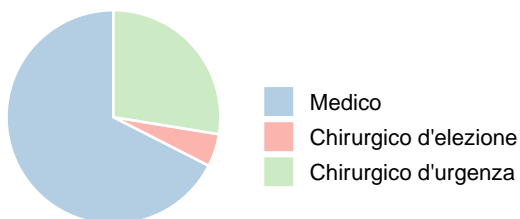
Provenienza	N	%
Reparto medico	685	19.8
Reparto chirurgico	595	17.2
Pronto soccorso	1540	44.4
Altra TI	468	13.5
Terapia subintensiva	178	5.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	14	0

8.5 Trauma



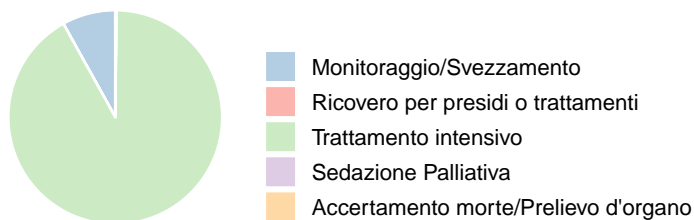
Trauma	N	%
No	2827	81.2
Sì	653	18.8
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	2349	67.5
Chirurgico d'elezione	172	4.9
Chirurgico d'urgenza	959	27.6
Missing	0	0

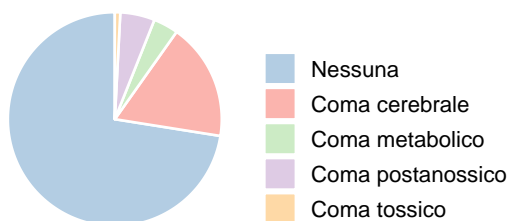
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	281	8.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

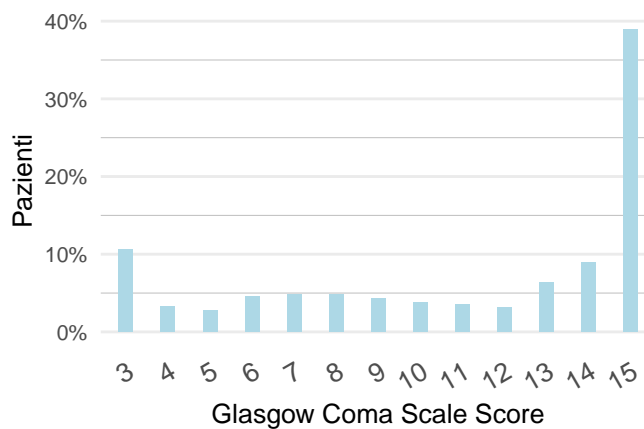
Trattamento intensivo	3192	91.8
Sedazione Palliativa	1	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	5	0.1
Missing	1	0

8.8 Insufficienza neurologica



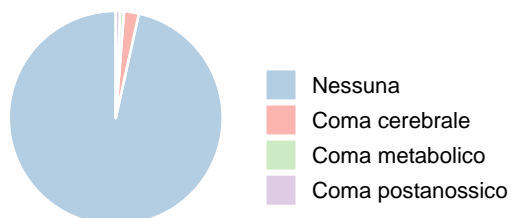
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1945	72.5
Coma cerebrale	475	17.7
Coma metabolico	101	3.8
Coma postanossico	140	5.2
Coma tossico	22	0.8
Missing	797	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



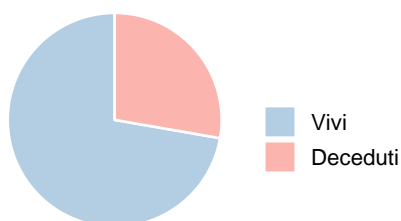
Indicatore	Valore
Media	9.0
DS	4.4
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



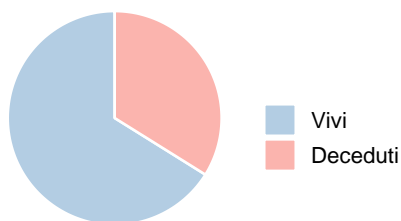
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3360	96.6
Coma cerebrale	78	2.2
Coma metabolico	21	0.6
Coma postanossico	22	0.6
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2507	72.3
Deceduti	962	27.7
Missing	11	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

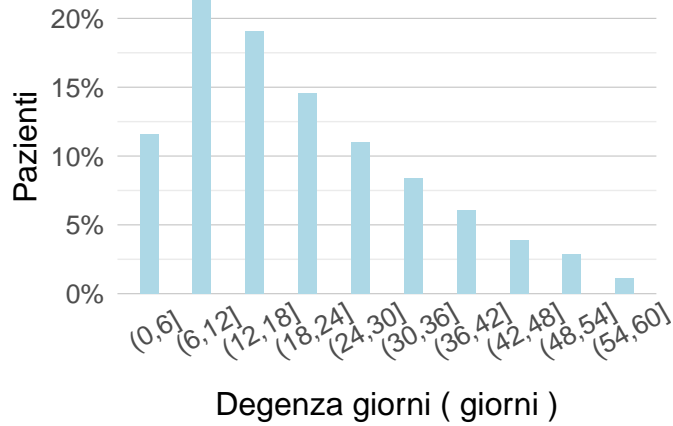


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	2192	66.1

Deceduti	1123	33.9
Missing	46	0

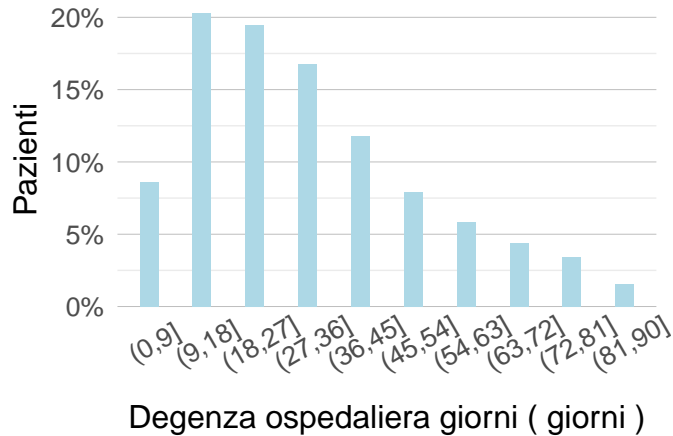
* Statistiche calcolate su 3361 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 119).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.5 (18.7)
Mediana (Q1-Q3)	19 (11-31)
Missing	9

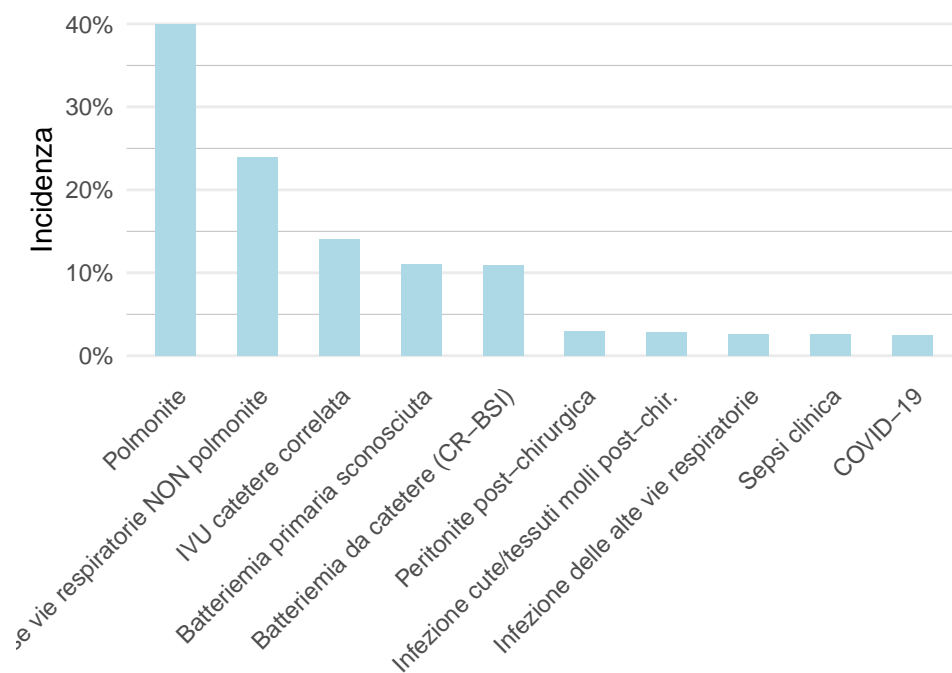
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.8 (28.6)
Mediana (Q1-Q3)	30 (17-47)
Missing	46

* Statistiche calcolate su 3361 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 119).

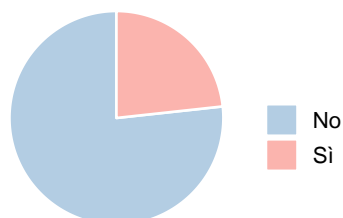
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	1391	40.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	831	23.9
IVU catetere correlata	488	14.0
Batteriemia primaria sconosciuta	383	11.0
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	379	10.9
Peritonite post-chirurgica	105	3.0
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	97	2.8
Sepsi clinica	91	2.6
Infezione delle alte vie respiratorie	90	2.6
COVID-19	88	2.5
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



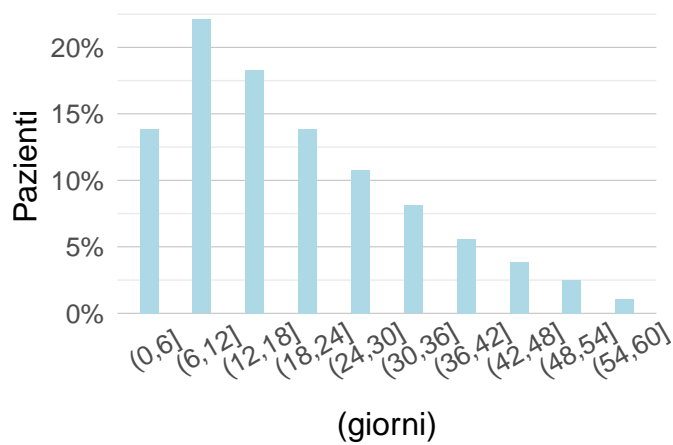
Infezione multisito	N	%
No	2670	76.7
Si	810	23.3
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	4360
Numero totale di microrganismi isolati	5174

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	22.7
DS	18.7
Mediana	18
Q1-Q3	10-30
Missing	10

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	1.0	0.7 %
CI (95%)	0.9 - 1.2	0.6 - 0.8

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

Il primo:

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

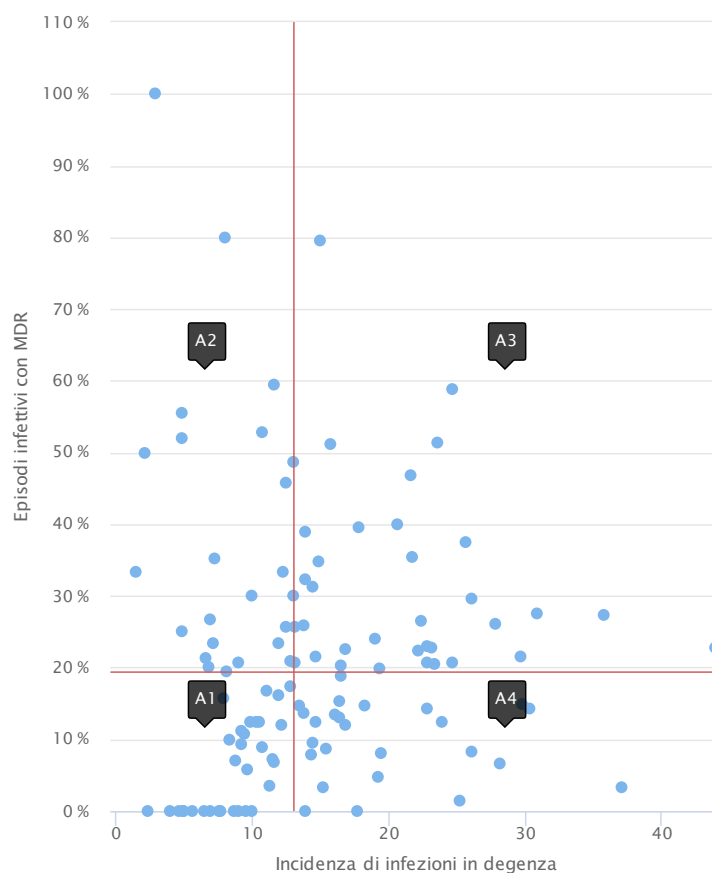
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

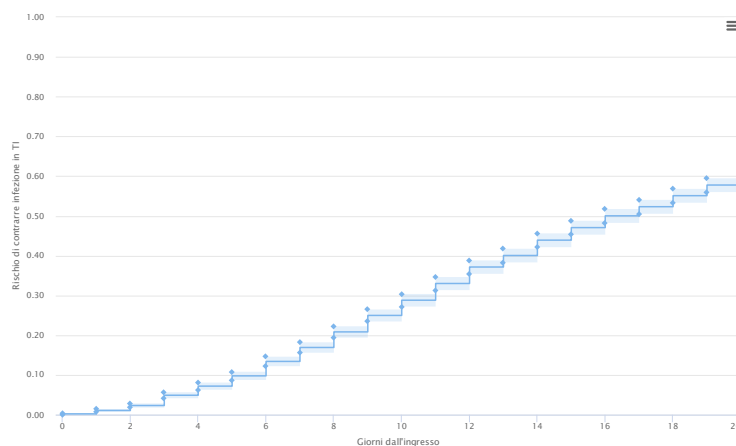
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

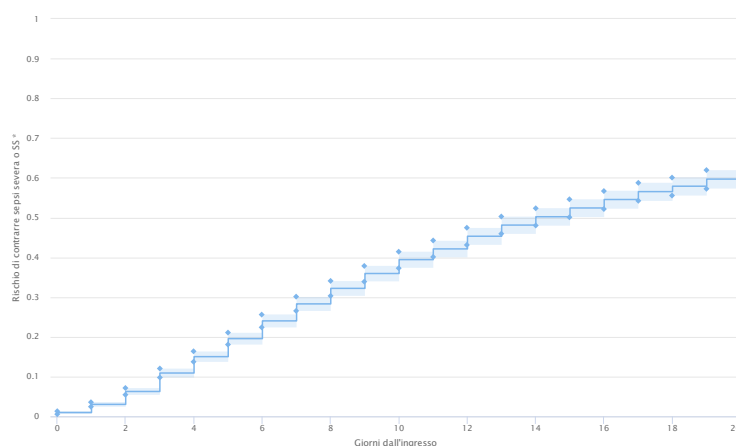


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

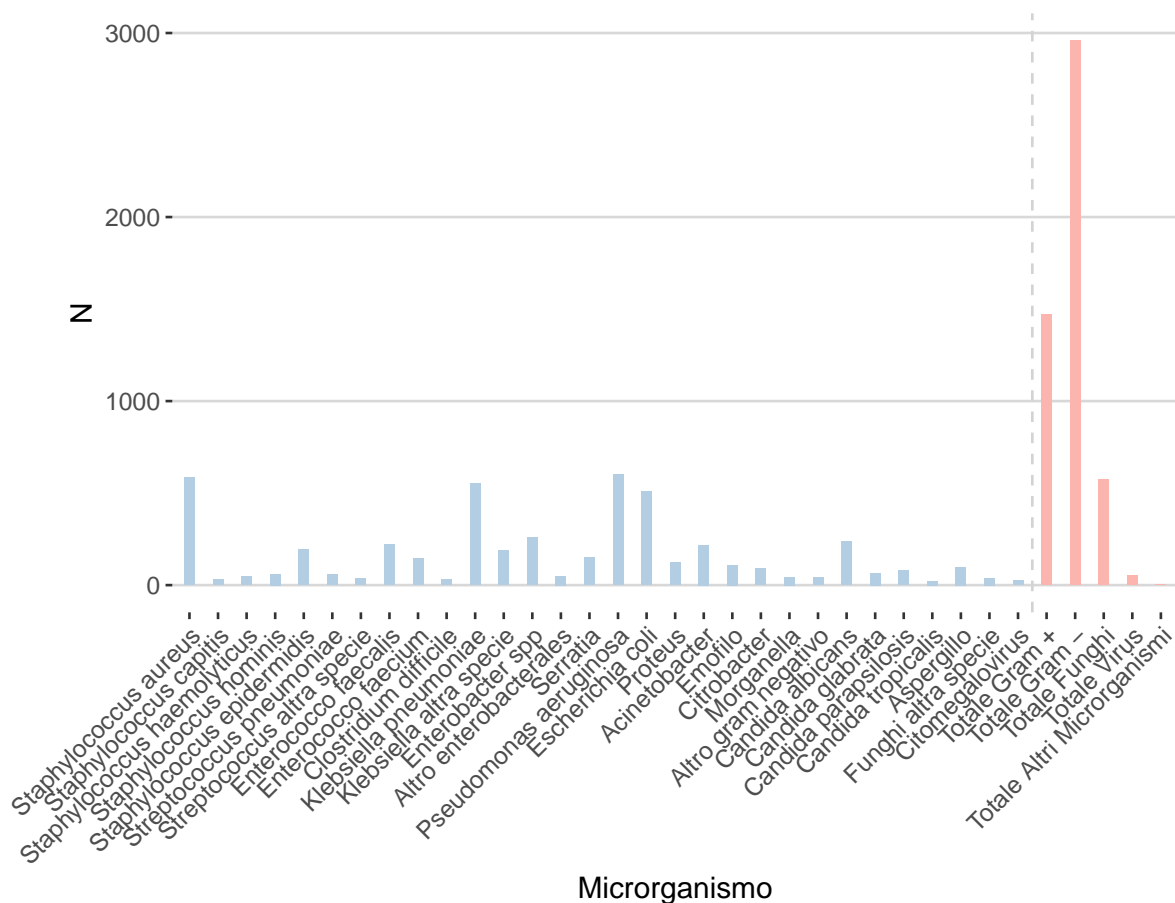
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	381	8.8
Sì	3962	91.2
Missing	17	

Totale infezioni 4360
Totale microrganismi isolati 5174

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	583	14.7	445	87	19.6
Staphylococcus capitis	29	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	15	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	45	1.1	36	28	77.8
Staphylococcus hominis	61	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	5	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	193	4.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	15	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	59	1.5	44	3	6.8
Streptococcus altra specie	38	1.0	29	1	3.4
Enterococco faecalis	222	5.6	175	3	1.7
Enterococco faecium	146	3.7	124	45	36.3
Enterococco altra specie	22	0.6	8	2	25
Clostridium difficile	32	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	6	0.2	0	0	0
Totale Gram +	1471	37.1	861	169	19.6
Klebsiella pneumoniae	553	13.9	389	89	22.9
Klebsiella altra specie	187	4.7	150	7	4.7
Enterobacter spp	259	6.5	192	17	8.9
Altro enterobacterales	50	1.3	36	1	2.8
Serratia	152	3.8	122	0	0
Pseudomonas aeruginosa	603	15.2	504	131	26
Pseudomonas altra specie	12	0.3	10	4	40
Escherichia coli	508	12.8	374	8	2.1
Proteus	122	3.1	98	4	4.1
Acinetobacter	218	5.5	163	131	80.4
Emofilo	109	2.7	0	0	0
Citrobacter	91	2.3	65	1	1.5
Morganella	44	1.1	30	0	0
Providencia	10	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	41	1.0	0	0	0
Totale Gram -	2959	74.6	2133	393	18.4
Candida albicans	235	5.9	0	0	0
Candida glabrata	66	1.7	0	0	0
Candida krusei	9	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	78	2.0	0	0	0
Candida tropicalis	23	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	6	0.2	0	0	0
Candida altra specie	16	0.4	0	0	0
Aspergillo	98	2.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.1	0	0	0

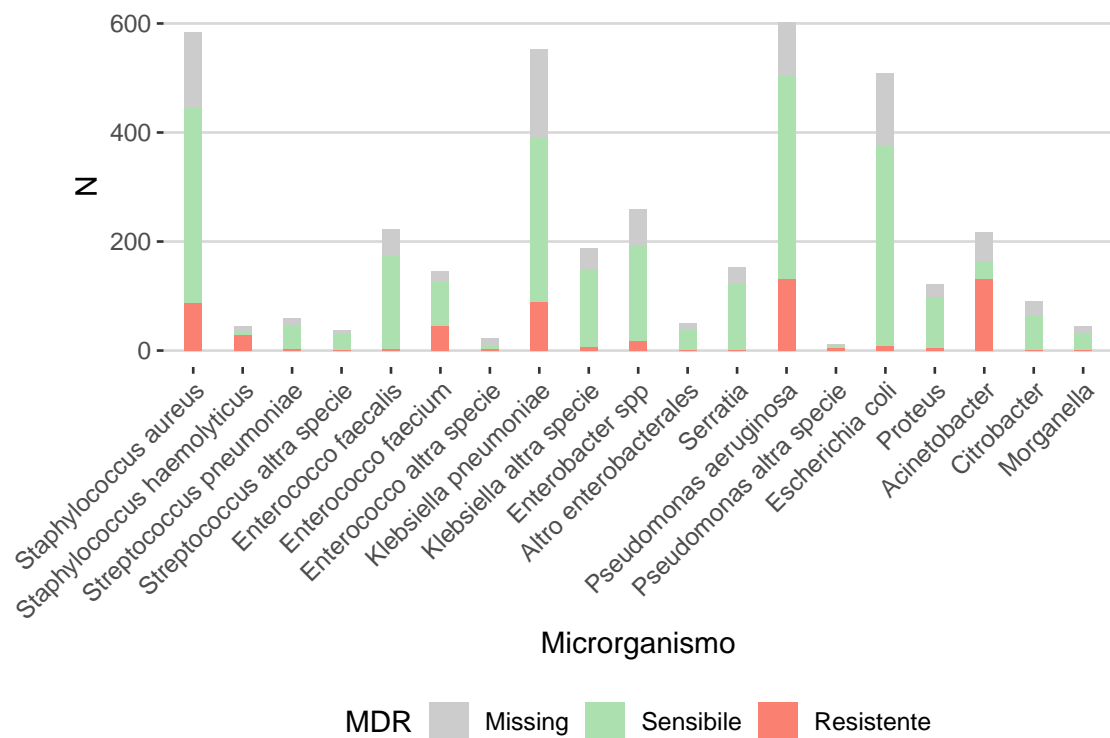
Funghi altra specie	39	1.0	0	0	0
Totale Funghi	572	14.4	0	0	0
Influenza A	1	0.0			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	1	0.0			
Citomegalovirus	26	0.7			
Herpes simplex	13	0.3			
Altro Virus	12	0.3			
Totale Virus	54	1.4	0	0	0
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	0.1	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	583	14.7	445	87	19.6
Staphylococcus capitis	29	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	15	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	45	1.1	36	28	77.8
Staphylococcus hominis	61	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	5	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	193	4.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	15	0.4	0	0	0

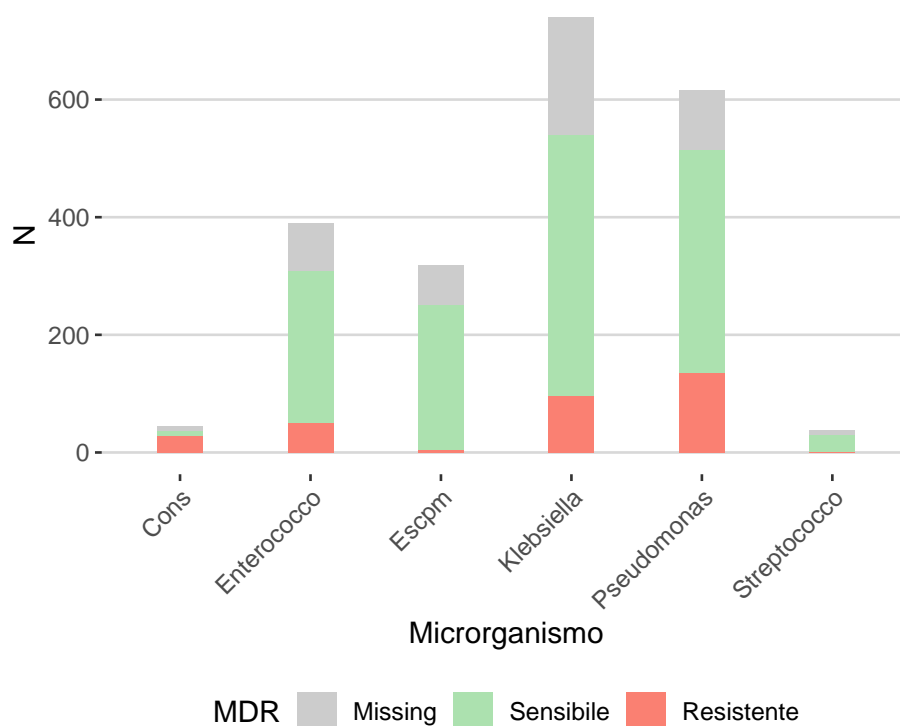
Streptococcus pneumoniae	59	1.5	44	3	6.8
Streptococcus altra specie	38	1.0	29	1	3.4
Enterococco faecalis	222	5.6	175	3	1.7
Enterococco faecium	146	3.7	124	45	36.3
Enterococco altra specie	22	0.6	8	2	25
Clostridium difficile	32	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	6	0.2	0	0	0
Totale Gram +	1471	37.1	861	169	19.6
Klebsiella pneumoniae	553	13.9	389	89	22.9
Klebsiella altra specie	187	4.7	150	7	4.7
Enterobacter spp	259	6.5	192	17	8.9
Altro enterobacterales	50	1.3	36	1	2.8
Serratia	152	3.8	122	0	0
Pseudomonas aeruginosa	603	15.2	504	131	26
Pseudomonas altra specie	12	0.3	10	4	40
Escherichia coli	508	12.8	374	8	2.1
Proteus	122	3.1	98	4	4.1
Acinetobacter	218	5.5	163	131	80.4
Emofilo	109	2.7	0	0	0
Citrobacter	91	2.3	65	1	1.5
Morganella	44	1.1	30	0	0
Providencia	10	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	41	1.0	0	0	0
Totale Gram -	2959	74.6	2133	393	18.4
Candida albicans	235	5.9	0	0	0
Candida glabrata	66	1.7	0	0	0
Candida krusei	9	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	78	2.0	0	0	0
Candida tropicalis	23	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	6	0.2	0	0	0
Candida altra specie	16	0.4	0	0	0
Aspergillo	98	2.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	39	1.0	0	0	0
Totale Funghi	572	14.4	0	0	0
Influenza A	1	0.0			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	1	0.0			
Citomegalovirus	26	0.7			
Herpes simplex	13	0.3			
Altro Virus	12	0.3			
Totale Virus	54	1.4	0	0	0
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	0.1	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, Influenza AH3N2, Influenza B, 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	45	36	8	28	77.78	9
Enterococco	390	307	257	50	16.29	83
Escpm	318	250	246	4	1.60	68
Klebsiella	740	539	443	96	17.81	201
Pseudomonas	615	514	379	135	26.26	101
Streptococco	38	29	28	1	3.45	9

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

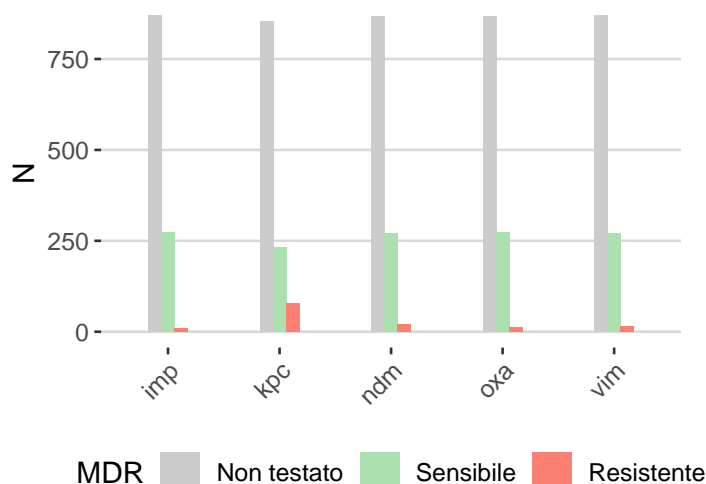
Klebsiella pneumoniae	383	Ertapenem	69	18.02
Klebsiella pneumoniae	389	Meropenem	82	21.08
Klebsiella altra specie	148	Ertapenem	6	4.05
Klebsiella altra specie	150	Meropenem	4	2.67
Citrobacter	64	Ertapenem	1	1.56
Enterobacter spp	187	Ertapenem	15	8.02
Enterobacter spp	192	Meropenem	8	4.17
Altro enterobacterales	36	Ertapenem	1	2.78
Escherichia coli	370	Ertapenem	8	2.16
Escherichia coli	374	Meropenem	3	0.80
Proteus	96	Ertapenem	3	3.12
Proteus	98	Meropenem	2	2.04
Acinetobacter	159	Imipenem	104	65.41
Acinetobacter	163	Meropenem	130	79.75
Pseudomonas aeruginosa	493	Imipenem	115	23.33
Pseudomonas aeruginosa	501	Meropenem	91	18.16
Pseudomonas altra specie	10	Imipenem	3	30.00
Pseudomonas altra specie	10	Meropenem	2	20.00
Staphylococcus haemolyticus	36	Meticillina	28	77.78
Staphylococcus aureus	445	Meticillina	87	19.55
Streptococcus pneumoniae	44	Penicillina	3	6.82
Streptococcus altra specie	29	Penicillina	1	3.45
Enterococco faecalis	175	Vancomicina	3	1.71
Enterococco faecium	124	Vancomicina	45	36.29
Enterococco altra specie	8	Vancomicina	2	25.00

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	96	8.45
No	207	18.22
Non testato	833	73.33
Missing	969	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	9	6.8	275	870
kpc	77	57.9	233	853
ndm	20	15.0	272	868
oxa	13	9.8	273	869
vim	14	10.5	270	870



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 1587)

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

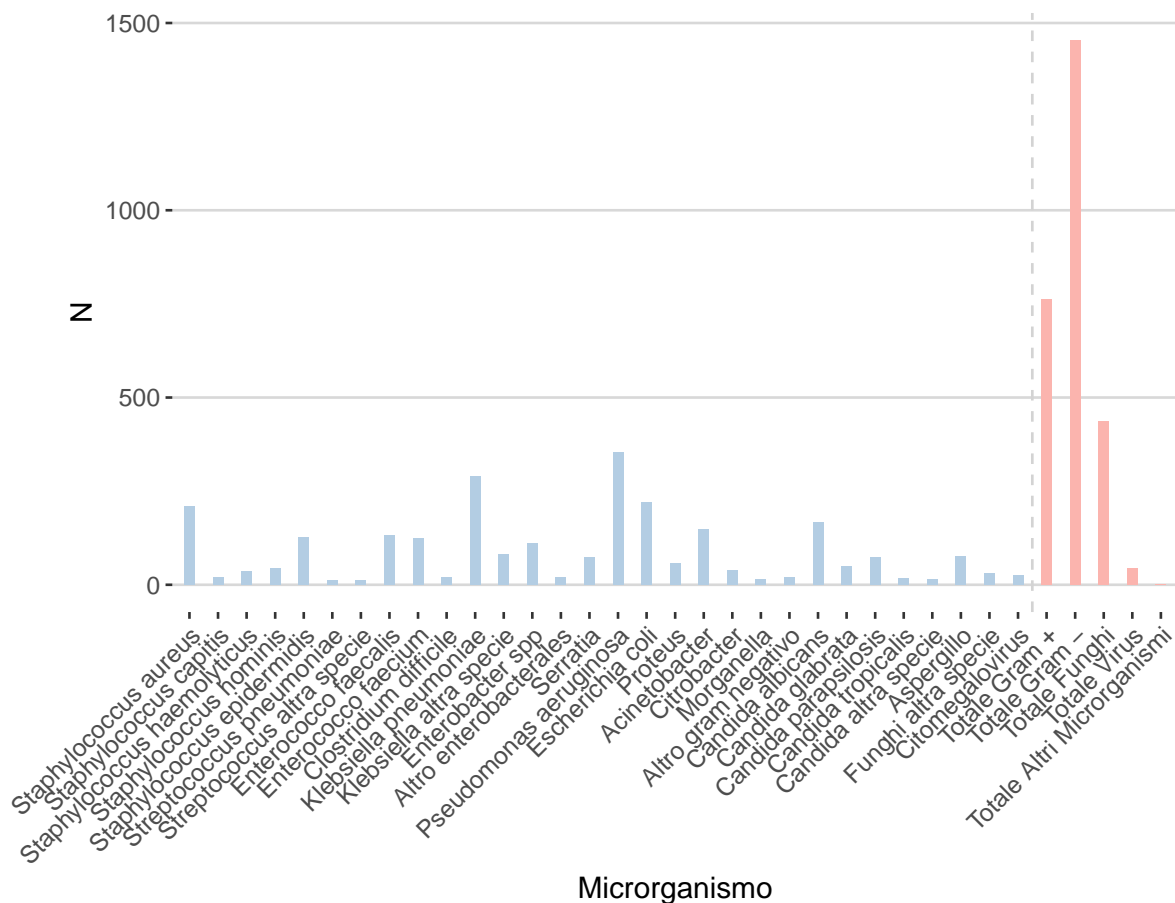
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	503	12.9
Sì	3384	87.1
Missing	11	
Totale infezioni	3898	
Totale microrganismi isolati	4399	

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	209	11.0	171	46	26.9
Staphylococcus capitis	21	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	10	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	37	1.9	30	24	80
Staphylococcus hominis	44	2.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	126	6.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	0.7	10	2	20
Streptococcus altra specie	12	0.6	9	0	0
Enterococco faecalis	132	6.9	108	3	2.8
Enterococco faecium	123	6.5	104	41	39.4

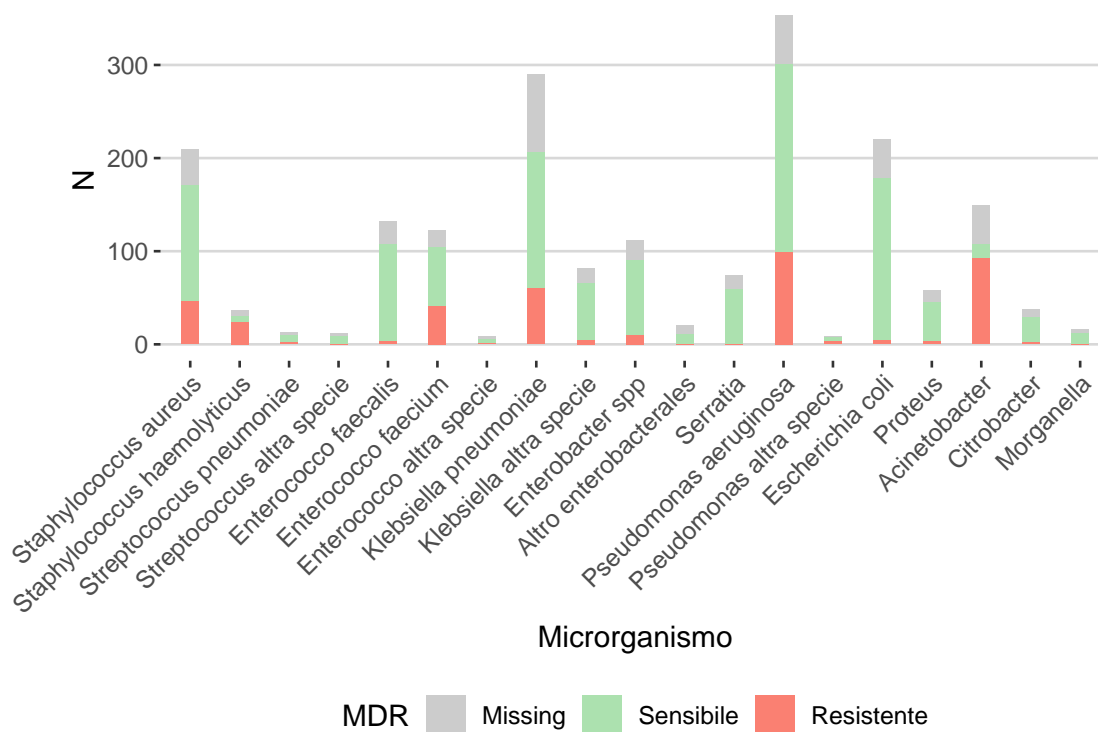
Enterococco altra specie	9	0.5	6	1	16.7
Clostridium difficile	19	1.0	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
Totale Gram +	763	40.1	438	117	26.7
Klebsiella pneumoniae	290	15.2	207	60	29
Klebsiella altra specie	82	4.3	66	5	7.6
Enterobacter spp	112	5.9	90	10	11.1
Altro enterobacterales	20	1.1	11	0	0
Serratia	74	3.9	59	0	0
Pseudomonas aeruginosa	353	18.6	301	99	32.9
Pseudomonas altra specie	9	0.5	8	3	37.5
Escherichia coli	220	11.6	178	4	2.2
Proteus	58	3.0	45	3	6.7
Acinetobacter	149	7.8	108	92	85.2
Emofilo	12	0.6	0	0	0
Citrobacter	38	2.0	29	2	6.9
Morganella	16	0.8	12	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	19	1.0	0	0	0
Totale Gram -	1454	76.4	1114	278	25
Candida albicans	166	8.7	0	0	0
Candida glabrata	50	2.6	0	0	0
Candida krusei	2	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	73	3.8	0	0	0
Candida tropicalis	17	0.9	0	0	0
Candida specie non determinata	5	0.3	0	0	0
Candida altra specie	14	0.7	0	0	0
Aspergillo	77	4.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	3	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	30	1.6	0	0	0
Totale Funghi	437	23.0	0	0	0
Citomegalovirus	26	1.4			
Herpes simplex	11	0.6			
Altro Virus	8	0.4			
Totale Virus	45	2.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	209	11.0	171	46	26.9
Staphylococcus capitis	21	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	10	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	37	1.9	30	24	80
Staphylococcus hominis	44	2.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	126	6.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	0.7	10	2	20
Streptococcus altra specie	12	0.6	9	0	0
Enterococcus faecalis	132	6.9	108	3	2.8
Enterococcus faecium	123	6.5	104	41	39.4
Enterococcus altra specie	9	0.5	6	1	16.7
Clostridium difficile	19	1.0	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
Totale Gram +	763	40.1	438	117	26.7
Klebsiella pneumoniae	290	15.2	207	60	29
Klebsiella altra specie	82	4.3	66	5	7.6
Enterobacter spp	112	5.9	90	10	11.1
Altro enterobacterales	20	1.1	11	0	0
Serratia	74	3.9	59	0	0
Pseudomonas aeruginosa	353	18.6	301	99	32.9

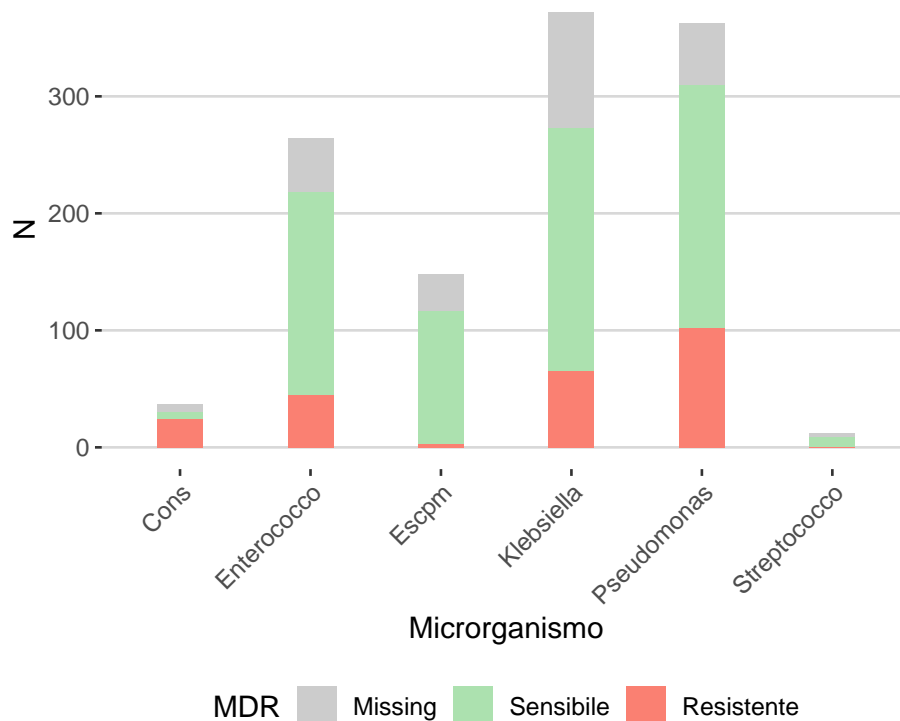
Pseudomonas altra specie	9	0.5	8	3	37.5
Escherichia coli	220	11.6	178	4	2.2
Proteus	58	3.0	45	3	6.7
Acinetobacter	149	7.8	108	92	85.2
Emofilo	12	0.6	0	0	0
Citrobacter	38	2.0	29	2	6.9
Morganella	16	0.8	12	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	19	1.0	0	0	0
Totale Gram -	1454	76.4	1114	278	25
Candida albicans	166	8.7	0	0	0
Candida glabrata	50	2.6	0	0	0
Candida krusei	2	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	73	3.8	0	0	0
Candida tropicalis	17	0.9	0	0	0
Candida specie non determinata	5	0.3	0	0	0
Candida altra specie	14	0.7	0	0	0
Aspergillo	77	4.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	3	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	30	1.6	0	0	0
Totale Funghi	437	23.0	0	0	0
Citomegalovirus	26	1.4			
Herpes simplex	11	0.6			
Altro Virus	8	0.4			
Totale Virus	45	2.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	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, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, 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	37	30	6	24	80.00	7
Enterococco	264	218	173	45	20.64	46
Escpm	148	116	113	3	2.59	32
Klebsiella	372	273	208	65	23.81	99
Pseudomonas	362	309	207	102	33.01	53
Streptococco	12	9	9	0	0.00	3

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

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

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

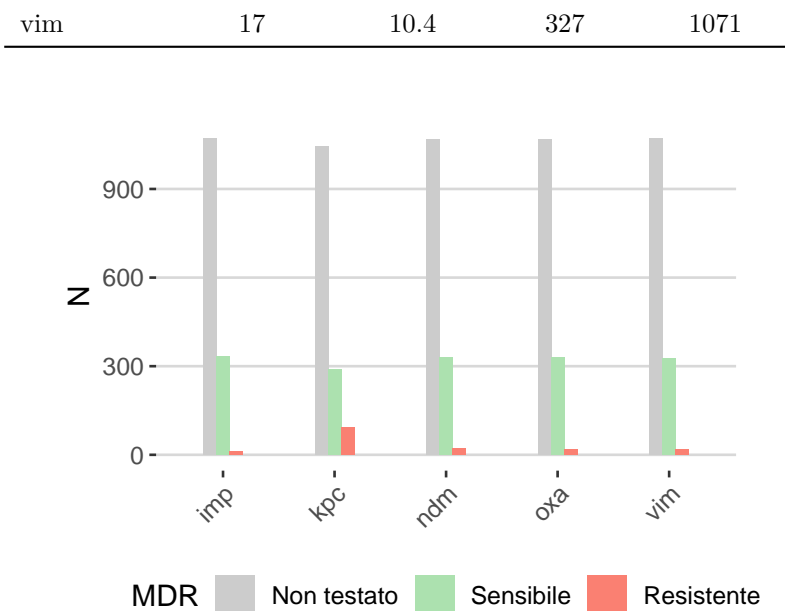
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	295	Ertapenem	69	23.39
Klebsiella pneumoniae	297	Meropenem	81	27.27
Klebsiella altra specie	89	Ertapenem	5	5.62
Klebsiella altra specie	91	Meropenem	2	2.20
Citrobacter	34	Ertapenem	2	5.88
Citrobacter	34	Meropenem	3	8.82
Enterobacter spp	118	Ertapenem	9	7.63
Enterobacter spp	119	Meropenem	7	5.88
Escherichia coli	323	Ertapenem	6	1.86
Escherichia coli	325	Meropenem	5	1.54
Proteus	64	Ertapenem	4	6.25
Proteus	65	Meropenem	4	6.15
Serratia	76	Ertapenem	1	1.32
Serratia	75	Meropenem	1	1.33
Acinetobacter	127	Imipenem	84	66.14
Acinetobacter	130	Meropenem	110	84.62
Pseudomonas aeruginosa	375	Imipenem	106	28.27
Pseudomonas aeruginosa	380	Meropenem	74	19.47
Pseudomonas altra specie	8	Imipenem	2	25.00
Pseudomonas altra specie	8	Meropenem	2	25.00
Staphylococcus haemolyticus	42	Meticillina	30	71.43
Staphylococcus aureus	308	Meticillina	75	24.35
Streptococcus pneumoniae	47	Penicillina	6	12.77
Enterococco faecalis	149	Vancomicina	3	2.01
Enterococco faecium	143	Vancomicina	54	37.76
Enterococco altra specie	10	Vancomicina	1	10.00

9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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.

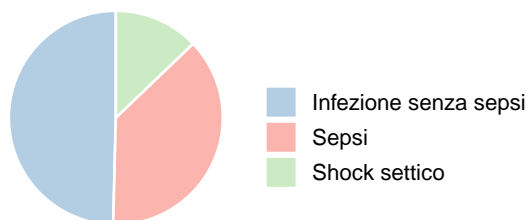
	N	%
Sì	112	8.12
No	245	17.77
Non testato	1022	74.11
Missing	1096	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	12	7.4	332	1071
kpc	93	57.1	289	1045
ndm	23	14.1	330	1067
oxa	18	11.0	331	1068



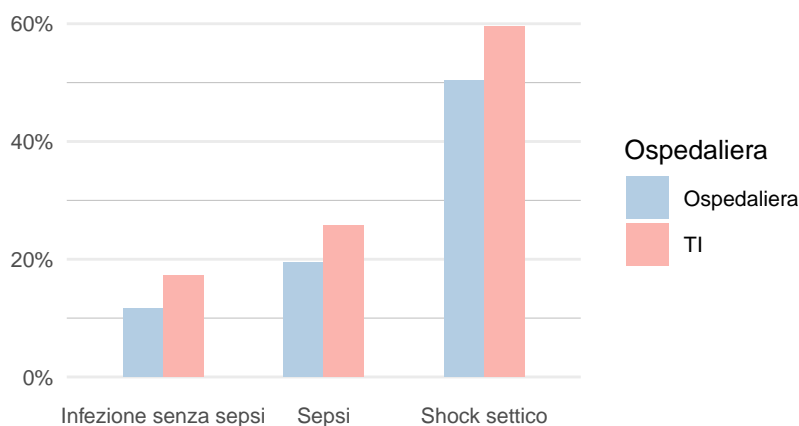
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 1893)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	939	49.6
Sepsi	711	37.6
Shock settico	243	12.8
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	11.6	17.3
Sepsi	19.5	25.8
Shock settico	50.4	59.5

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

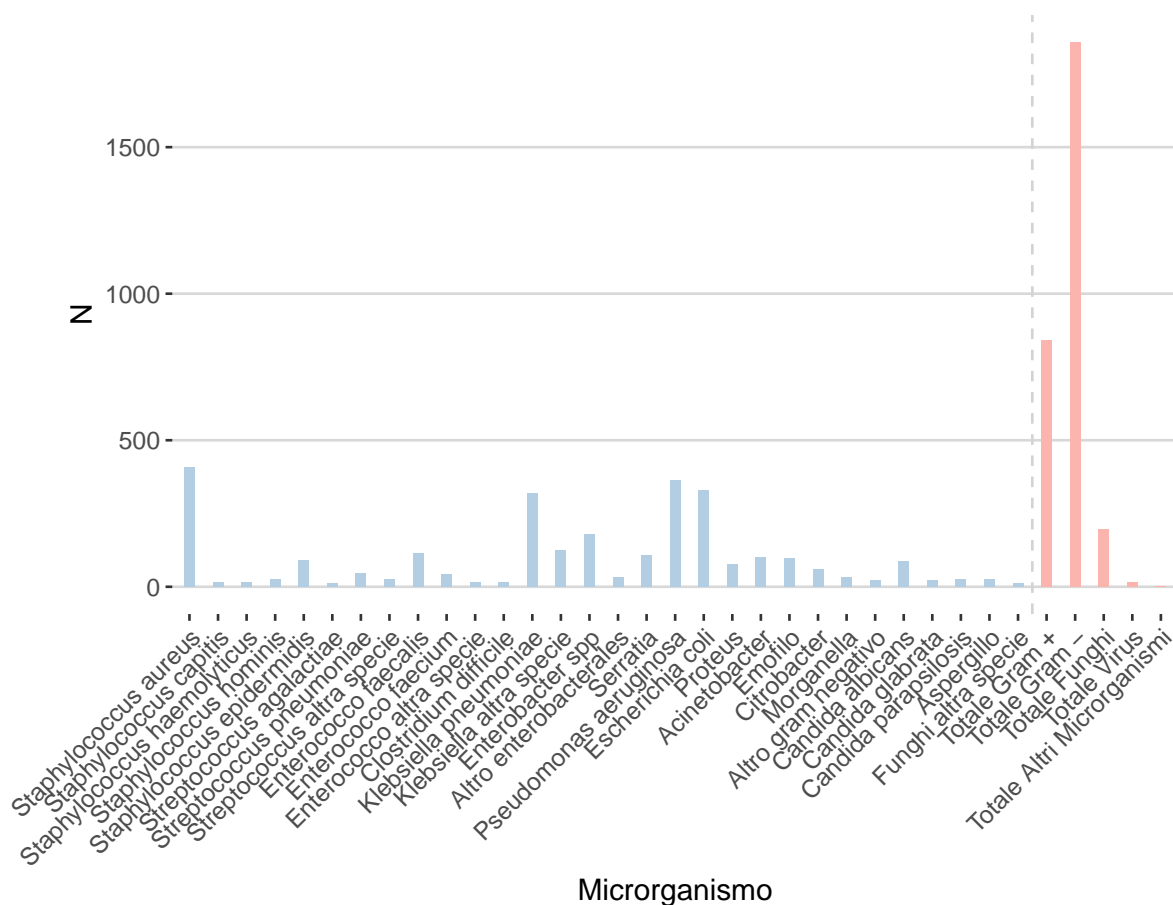
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	228	9.2
Sì	2247	90.8
Missing	10	
Totale infezioni	2485	
Totale microrganismi isolati	2954	

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	408	19.8	301	50	16.6
Staphylococcus capitis	15	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	7	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	17	0.8	14	10	71.4
Staphylococcus hominis	24	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	92	4.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	13	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	47	2.3	35	1	2.9

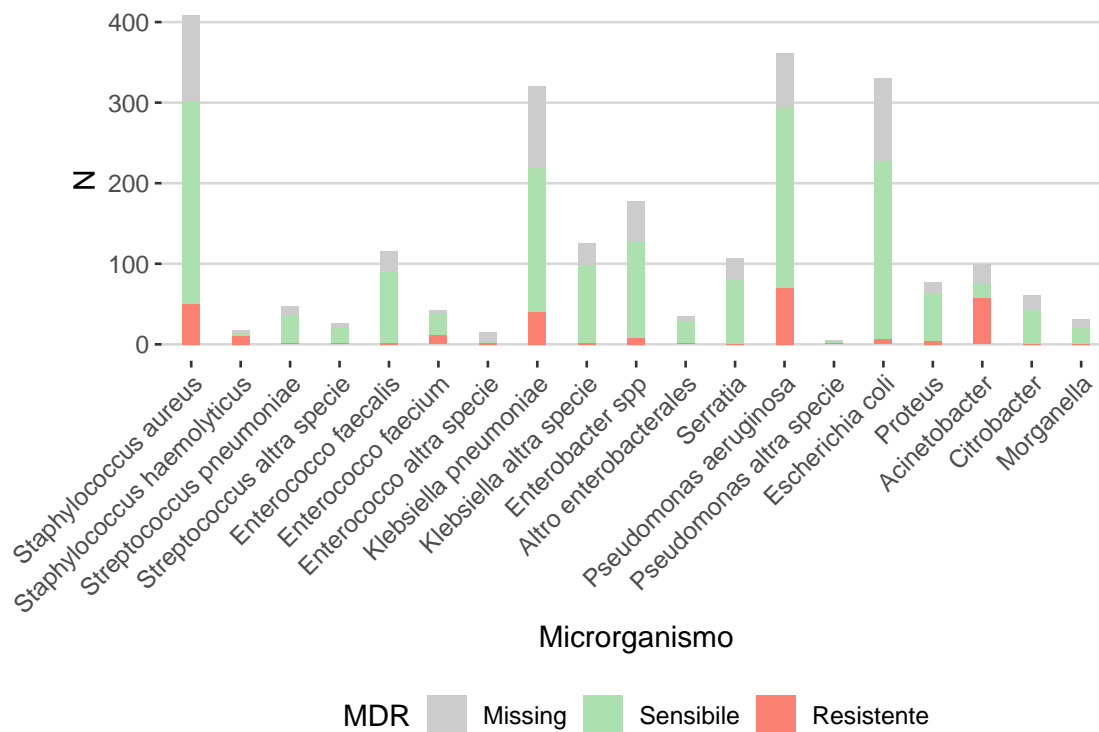
Streptococcus altra specie	26	1.3	20	1	5
Enterococco faecalis	116	5.6	89	2	2.2
Enterococco faecium	43	2.1	37	11	29.7
Enterococco altra specie	15	0.7	4	2	50
Clostridium difficile	14	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.1	0	0	0
Totale Gram +	842	40.9	500	77	15.4
Klebsiella pneumoniae	320	15.5	218	40	18.3
Klebsiella altra specie	126	6.1	98	2	2
Enterobacter spp	178	8.6	126	8	6.3
Altro enterobacterales	34	1.6	29	1	3.4
Serratia	106	5.1	81	0	0
Pseudomonas aeruginosa	362	17.6	294	70	23.8
Pseudomonas altra specie	5	0.2	4	1	25
Escherichia coli	330	16.0	228	6	2.6
Proteus	77	3.7	63	4	6.3
Acinetobacter	99	4.8	75	57	76
Emofilo	98	4.8	0	0	0
Citrobacter	61	3.0	42	0	0
Morganella	31	1.5	20	0	0
Providencia	8	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	23	1.1	0	0	0
Totale Gram -	1858	90.2	1278	189	14.8
Candida albicans	88	4.3	0	0	0
Candida glabrata	21	1.0	0	0	0
Candida krusei	7	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	26	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	9	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	27	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	13	0.6	0	0	0
Totale Funghi	195	9.5	0	0	0
Influenza A	1	0.0			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	1	0.0			
Citomegalovirus	4	0.2			
Herpes simplex	3	0.1			
Altro Virus	5	0.2			
Totale Virus	15	0.7	0	0	0
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	408	19.8	301	50	16.6
Staphylococcus capitis	15	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	7	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	17	0.8	14	10	71.4
Staphylococcus hominis	24	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	92	4.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	13	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	47	2.3	35	1	2.9
Streptococcus altra specie	26	1.3	20	1	5
Enterococco faecalis	116	5.6	89	2	2.2
Enterococco faecium	43	2.1	37	11	29.7
Enterococco altra specie	15	0.7	4	2	50
Clostridium difficile	14	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.1	0	0	0
Totale Gram +	842	40.9	500	77	15.4
Klebsiella pneumoniae	320	15.5	218	40	18.3
Klebsiella altra specie	126	6.1	98	2	2
Enterobacter spp	178	8.6	126	8	6.3
Altro enterobacterales	34	1.6	29	1	3.4
Serratia	106	5.1	81	0	0
Pseudomonas aeruginosa	362	17.6	294	70	23.8

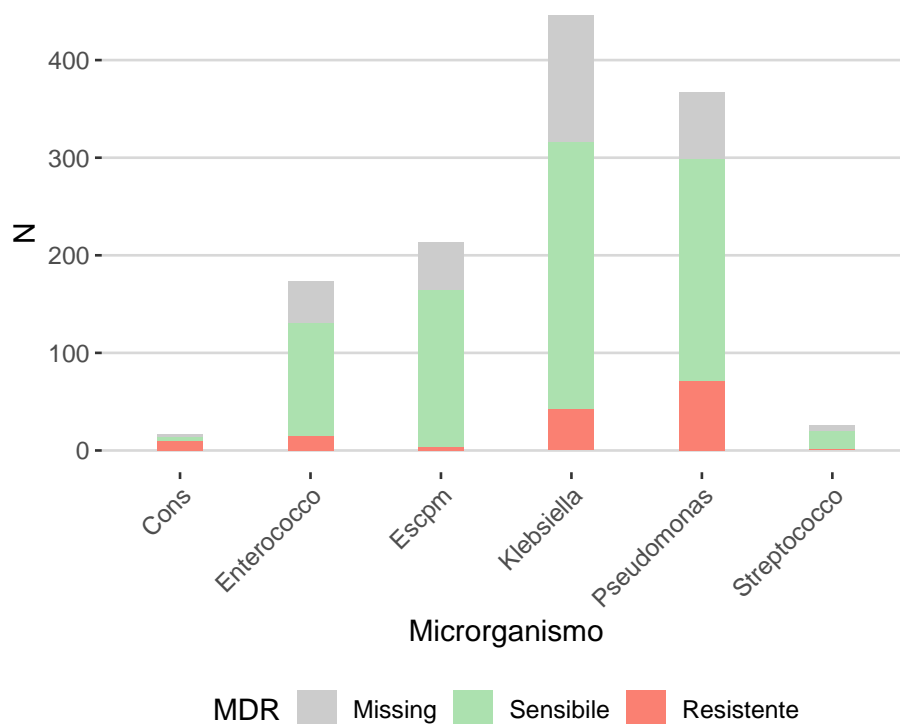
Pseudomonas altra specie	5	0.2	4	1	25
Escherichia coli	330	16.0	228	6	2.6
Proteus	77	3.7	63	4	6.3
Acinetobacter	99	4.8	75	57	76
Emofilo	98	4.8	0	0	0
Citrobacter	61	3.0	42	0	0
Morganella	31	1.5	20	0	0
Providencia	8	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	23	1.1	0	0	0
Totale Gram -	1858	90.2	1278	189	14.8
Candida albicans	88	4.3	0	0	0
Candida glabrata	21	1.0	0	0	0
Candida krusei	7	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	26	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	9	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.0	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	27	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	13	0.6	0	0	0
Totale Funghi	195	9.5	0	0	0
Influenza A	1	0.0			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	1	0.0			
Citomegalovirus	4	0.2			
Herpes simplex	3	0.1			
Altro Virus	5	0.2			
Totale Virus	15	0.7	0	0	0
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	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 (Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Influenza AH3N2, Influenza B, Mycobacterium tuberculosis, 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	17	14	4	10	71.43	3
Enterococco	174	130	115	15	11.54	44
Escpm	214	164	160	4	2.44	50
Klebsiella	446	316	274	42	13.29	130
Pseudomonas	367	298	227	71	23.83	69
Streptococco	26	20	19	1	5.00	6

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

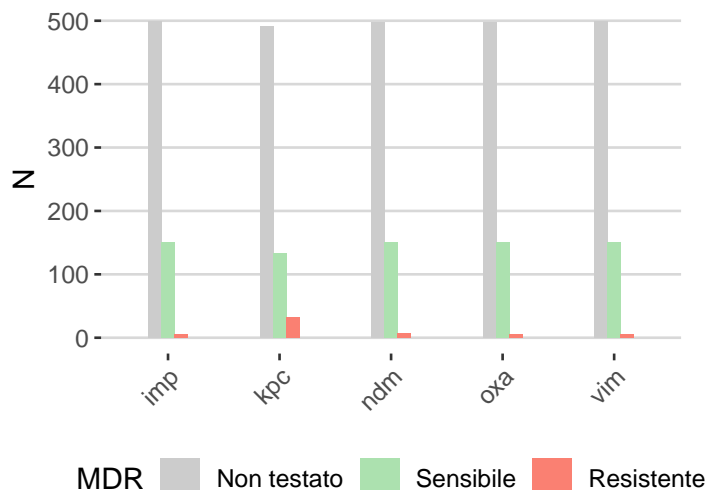
Klebsiella pneumoniae	213	Ertapenem	29	13.62
Klebsiella pneumoniae	218	Meropenem	35	16.06
Klebsiella altra specie	98	Ertapenem	2	2.04
Klebsiella altra specie	98	Meropenem	2	2.04
Enterobacter spp	122	Ertapenem	8	6.56
Enterobacter spp	126	Meropenem	2	1.59
Altro enterobacterales	29	Ertapenem	1	3.45
Escherichia coli	225	Ertapenem	6	2.67
Escherichia coli	228	Meropenem	1	0.44
Proteus	62	Ertapenem	4	6.45
Acinetobacter	74	Imipenem	46	62.16
Acinetobacter	75	Meropenem	56	74.67
Pseudomonas aeruginosa	286	Imipenem	57	19.93
Pseudomonas aeruginosa	291	Meropenem	53	18.21
Pseudomonas altra specie	4	Imipenem	1	25.00
Staphylococcus haemolyticus	14	Meticillina	10	71.43
Staphylococcus aureus	301	Meticillina	50	16.61
Streptococcus pneumoniae	35	Penicillina	1	2.86
Streptococcus altra specie	20	Penicillina	1	5.00
Enterococco faecalis	89	Vancomicina	2	2.25
Enterococco faecium	37	Vancomicina	11	29.73
Enterococco altra specie	4	Vancomicina	2	50.00

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

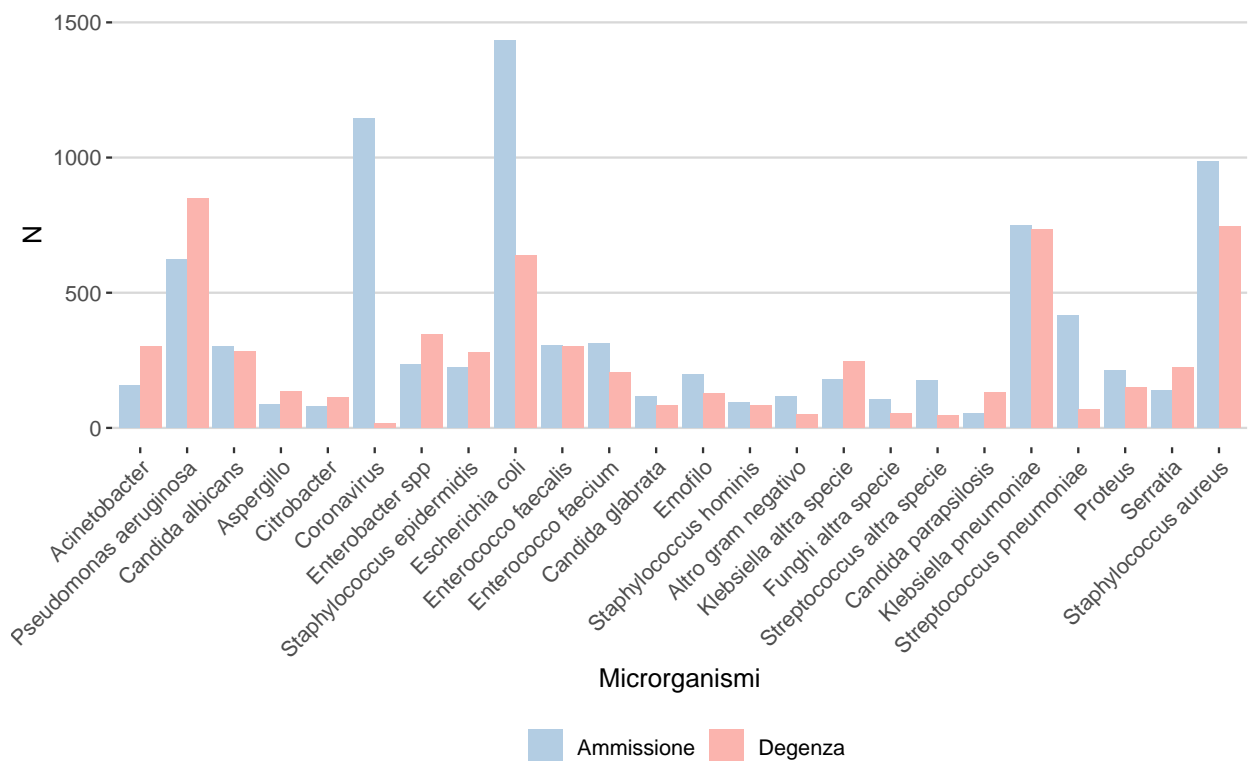
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	35	5.47
No	126	19.69
Non testato	479	74.84
Missing	591	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	5	8.9	151	499
kpc	33	58.9	134	492
ndm	7	12.5	150	498
oxa	6	10.7	151	498
vim	5	8.9	151	499



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

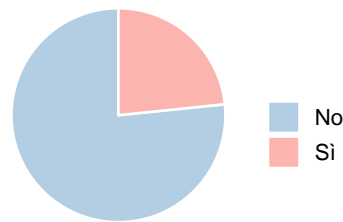


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	459	159	34.6	300	65.4
Pseudomonas aeruginosa	1472	623	42.3	849	57.7
Candida albicans	582	300	51.5	282	48.5
Aspergillo	224	88	39.3	136	60.7
Citrobacter	193	79	40.9	114	59.1
Coronavirus	1160	1145	98.7	15	1.3

Enterobacter spp	581	235	40.4	346	59.6
Staphylococcus epidermidis	500	222	44.4	278	55.6
Escherichia coli	2071	1433	69.2	638	30.8
Enterococco faecalis	605	304	50.2	301	49.8
Enterococco faecium	520	314	60.4	206	39.6
Candida glabrata	198	116	58.6	82	41.4
Emofilo	324	197	60.8	127	39.2
Staphylococcus hominis	176	93	52.8	83	47.2
Altro gram negativo	165	116	70.3	49	29.7
Klebsiella altra specie	426	179	42	247	58
Funghi altra specie	158	106	67.1	52	32.9
Streptococcus altra specie	224	177	79	47	21
Candida parapsilosis	183	53	29	130	71
Klebsiella pneumoniae	1484	749	50.5	735	49.5
Streptococcus pneumoniae	483	415	85.9	68	14.1
Proteus	363	212	58.4	151	41.6
Serratia	362	140	38.7	222	61.3
Staphylococcus aureus	1730	986	57	744	43

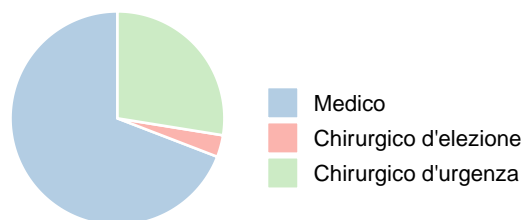
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 1391)

11.1 Trauma



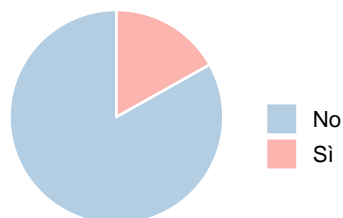
Trauma	N	%
No	1066	76.6
Sì	325	23.4
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



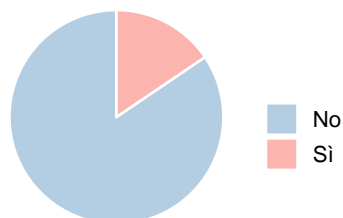
Stato chirurgico	N	%
Medico	962	69.2
Chirurgico d'elezione	46	3.3
Chirurgico d'urgenza	383	27.5
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



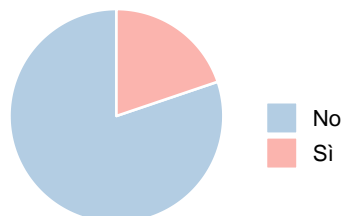
Batteriémica	N	%
No	1149	83.1
Si	233	16.9
Missing	9	0

11.4 Infezioni multisito



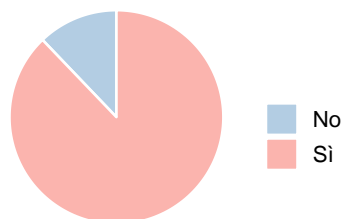
Infezione multisito	N	%
No	1175	84.5
Si	216	15.5
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	1105	80.2
Si	273	19.8
Missing	13	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

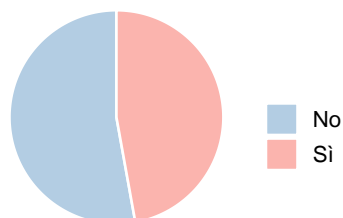


Polmonite associata a VAP	N	%
No	168	12.1
Si	1215	87.9
Missing	8	0

* 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).

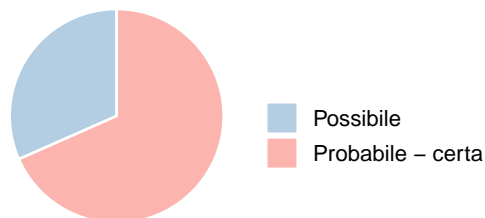
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 1215)

12.1 VAP precoce



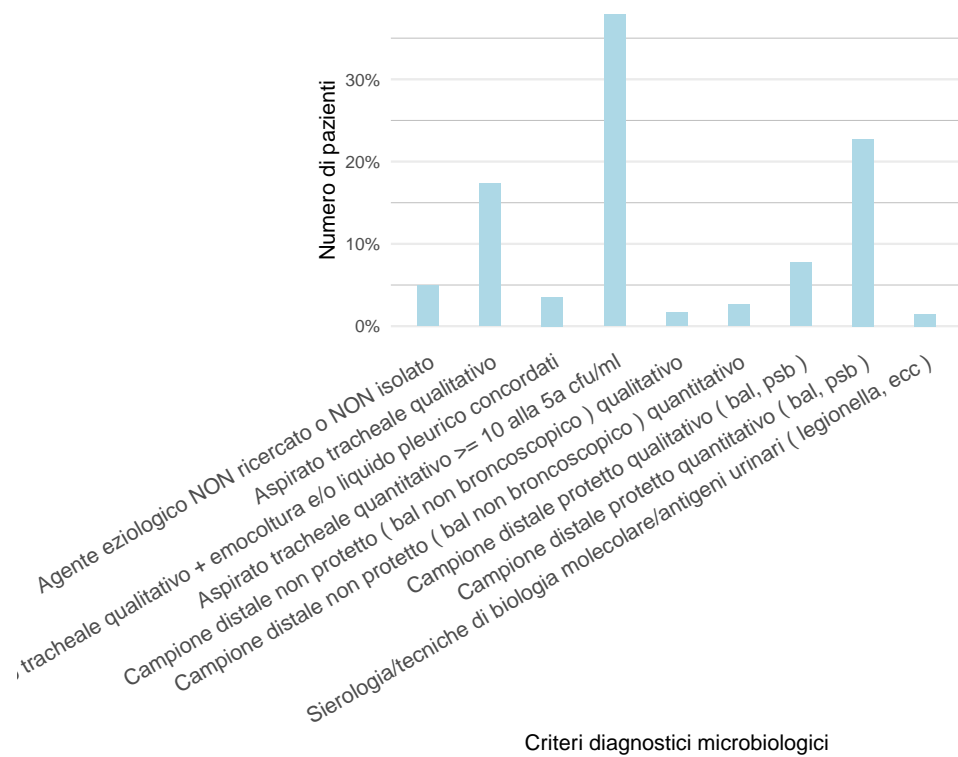
VAP precoce	N	%
No	642	52.8
Sì	573	47.2
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	382	31.6
Probabile - certa	826	68.4
Missing	7	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

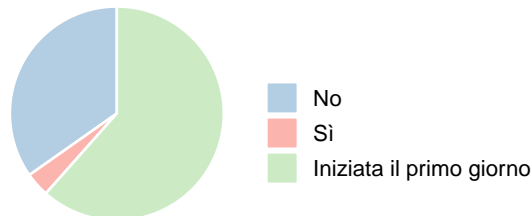


Criteri diagnostici microbiologici

Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	18	1.5
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	32	2.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	20	1.7
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	93	7.7
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	275	22.8
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	458	37.9
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	43	3.6
Aspirato tracheale qualitativo	209	17.3
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	60	5.0
Missing	7	0

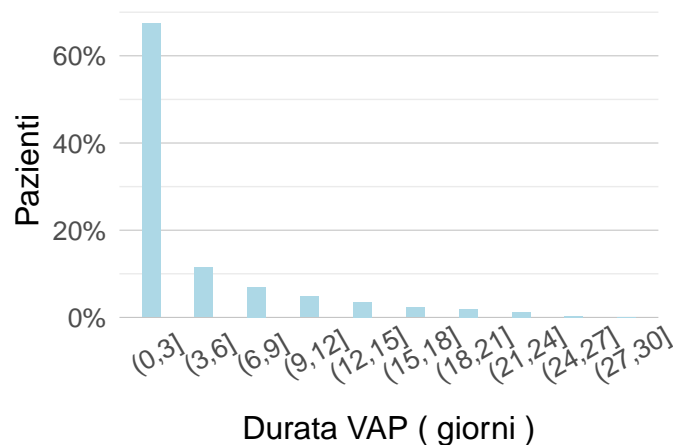
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 30391)

12.4.1 Ventilazione invasiva



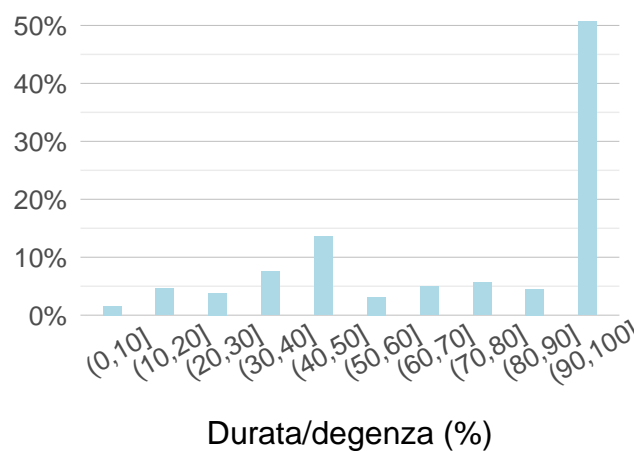
Ventilazione invasiva	N	%
No	10525	34.8
Sì	19755	65.2
Iniziata il primo giorno	18639	61.3
Missing	111	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



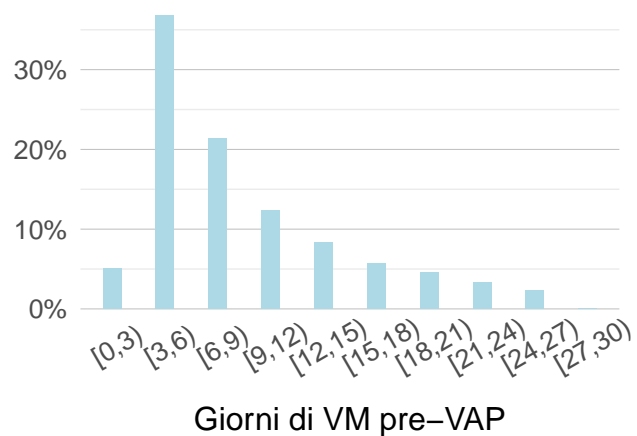
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.0 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-7)
Missing	43

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	74.9 (29.4)
Mediana (Q1-Q3)	92.3 (50-100)
Missing	55

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	1215
Media (DS)	9.8 (8.6)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-13)

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	12.8	8.9 %
CI (95%)	12.1 - 13.5	8.4 - 9.4

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.

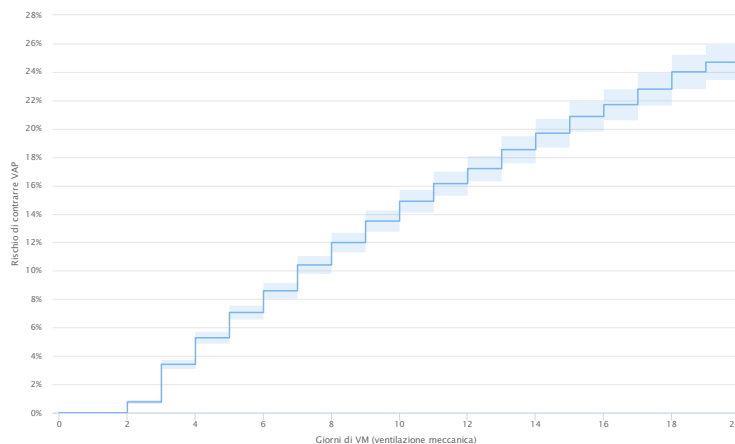
Il secondo invece:

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

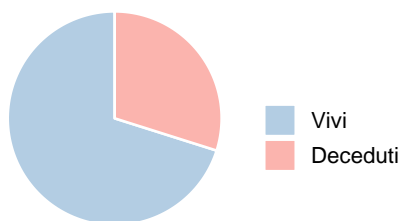
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

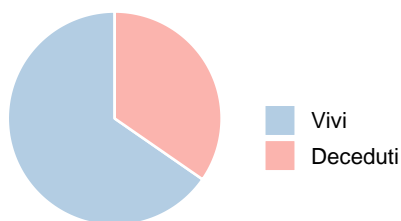


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	852	70.1
Deceduti	363	29.9
Missing	0	0

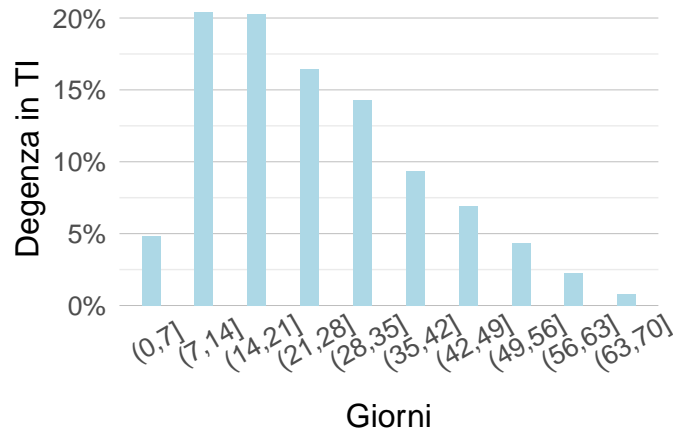
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	766	65.4
Deceduti	406	34.6
Missing	14	0

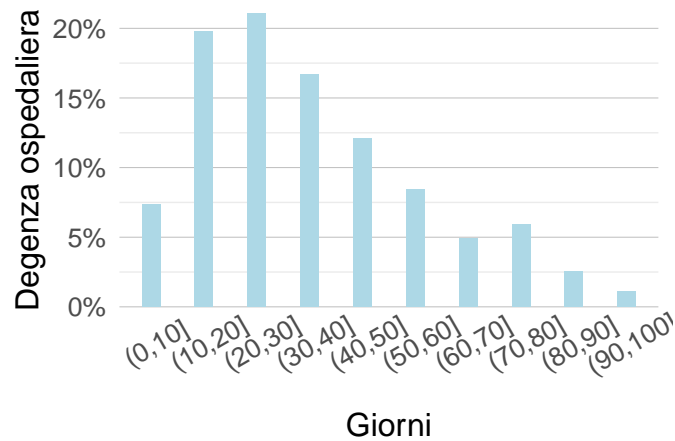
* Statistiche calcolate su 1186 escludendo le riammissioni da reparto (N = 29).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.2 (20.6)
Mediana (Q1-Q3)	24 (15-37.5)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.8 (30.4)
Mediana (Q1-Q3)	33 (20-52.2)
Missing	14

* Statistiche calcolate su 1186 escludendo le riammissioni da reparto (N = 29).

12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

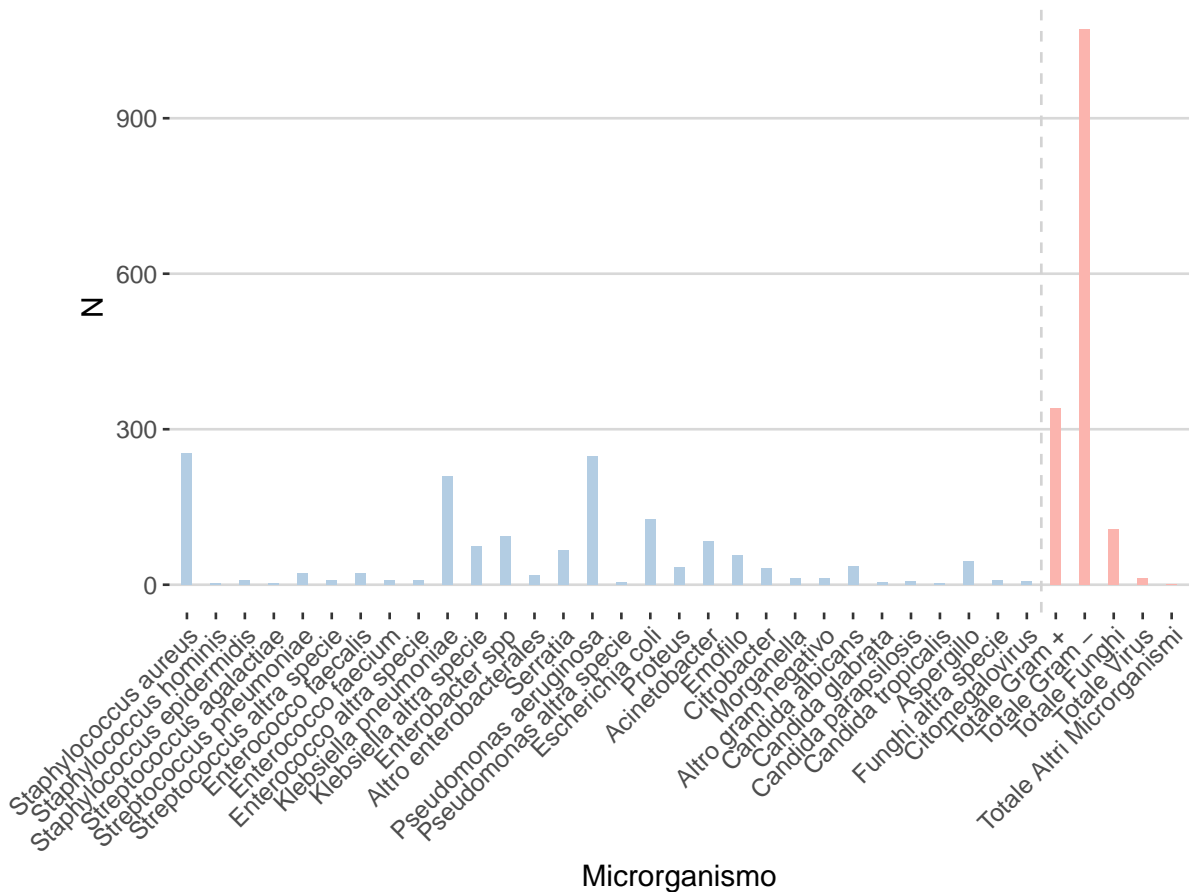
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	60	5.0
Sì	1150	95.0
Missing	5	
Totale infezioni	1215	
Totale microrganismi isolati	1573	

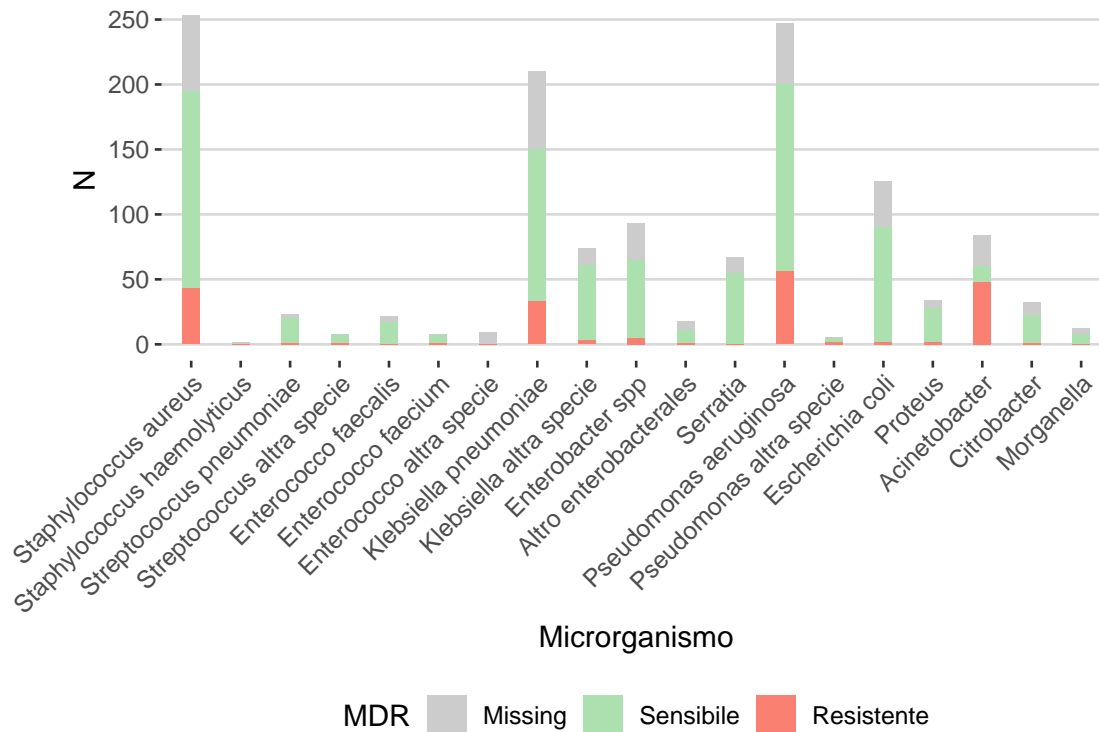
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	253	21.9	195	43	22.1
Staphylococcus capitis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	23	2.0	20	1	5
Streptococcus altra specie	8	0.7	7	1	14.3
Enterococco faecalis	22	1.9	17	0	0
Enterococco faecium	8	0.7	7	1	14.3
Enterococco altra specie	9	0.8	0	0	0
Totale Gram +	340	29.5	246	46	18.7
Klebsiella pneumoniae	210	18.2	150	33	22
Klebsiella altra specie	74	6.4	61	3	4.9
Enterobacter spp	93	8.1	65	5	7.7
Altro enterobacterales	18	1.6	11	1	9.1
Serratia	67	5.8	55	0	0
Pseudomonas aeruginosa	247	21.4	200	56	28
Pseudomonas altra specie	5	0.4	5	2	40
Escherichia coli	126	10.9	90	2	2.2
Proteus	34	2.9	28	2	7.1
Acinetobacter	84	7.3	60	48	80
Emofilo	57	4.9	0	0	0
Citrobacter	32	2.8	22	1	4.5
Morganella	12	1.0	8	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	12	1.0	0	0	0
Totale Gram -	1072	92.9	755	153	20.3
Candida albicans	35	3.0	0	0	0
Candida glabrata	4	0.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0

Aspergillo	46	4.0	0	0	0
Funghi altra specie	9	0.8	0	0	0
Totale Funghi	107	9.3	0	0	0
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	7	0.6			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	3	0.3			
Totale Virus	12	1.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	0	0	0

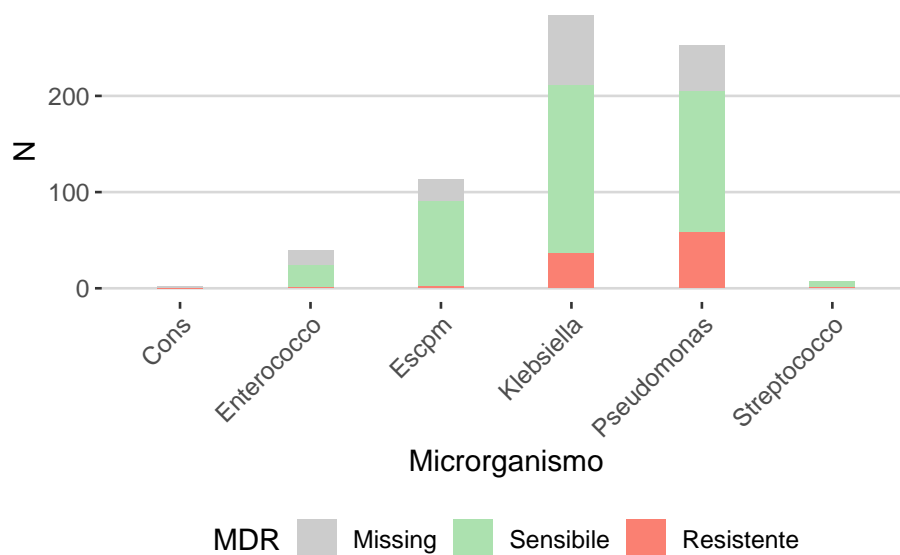


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, 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
Cons	2	0	0	0	NaN	2
Enterococco	39	24	23	1	4.17	15
Escpm	113	91	89	2	2.20	22
Klebsiella	284	211	175	36	17.06	73
Pseudomonas	252	205	147	58	28.29	47
Streptococco	8	7	6	1	14.29	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	%
Klebsiella pneumoniae	146	Ertapenem	24	16.44
Klebsiella pneumoniae	150	Meropenem	31	20.67
Klebsiella altra specie	61	Ertapenem	3	4.92
Klebsiella altra specie	61	Meropenem	1	1.64
Citrobacter	22	Ertapenem	1	4.55

Enterobacter spp	63	Ertapenem	4	6.35
Enterobacter spp	65	Meropenem	2	3.08
Altro enterobacterales	11	Ertapenem	1	9.09
Escherichia coli	90	Ertapenem	2	2.22
Escherichia coli	90	Meropenem	1	1.11
Proteus	27	Ertapenem	2	7.41
Proteus	28	Meropenem	1	3.57
Acinetobacter	58	Imipenem	36	62.07
Acinetobacter	60	Meropenem	47	78.33
Pseudomonas aeruginosa	192	Imipenem	48	25.00
Pseudomonas aeruginosa	199	Meropenem	40	20.10
Pseudomonas altra specie	5	Imipenem	2	40.00
Staphylococcus aureus	195	Meticillina	43	22.05
Streptococcus pneumoniae	20	Penicillina	1	5.00
Streptococcus altra specie	7	Penicillina	1	14.29
Enterococco faecium	7	Vancomicina	1	14.29

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

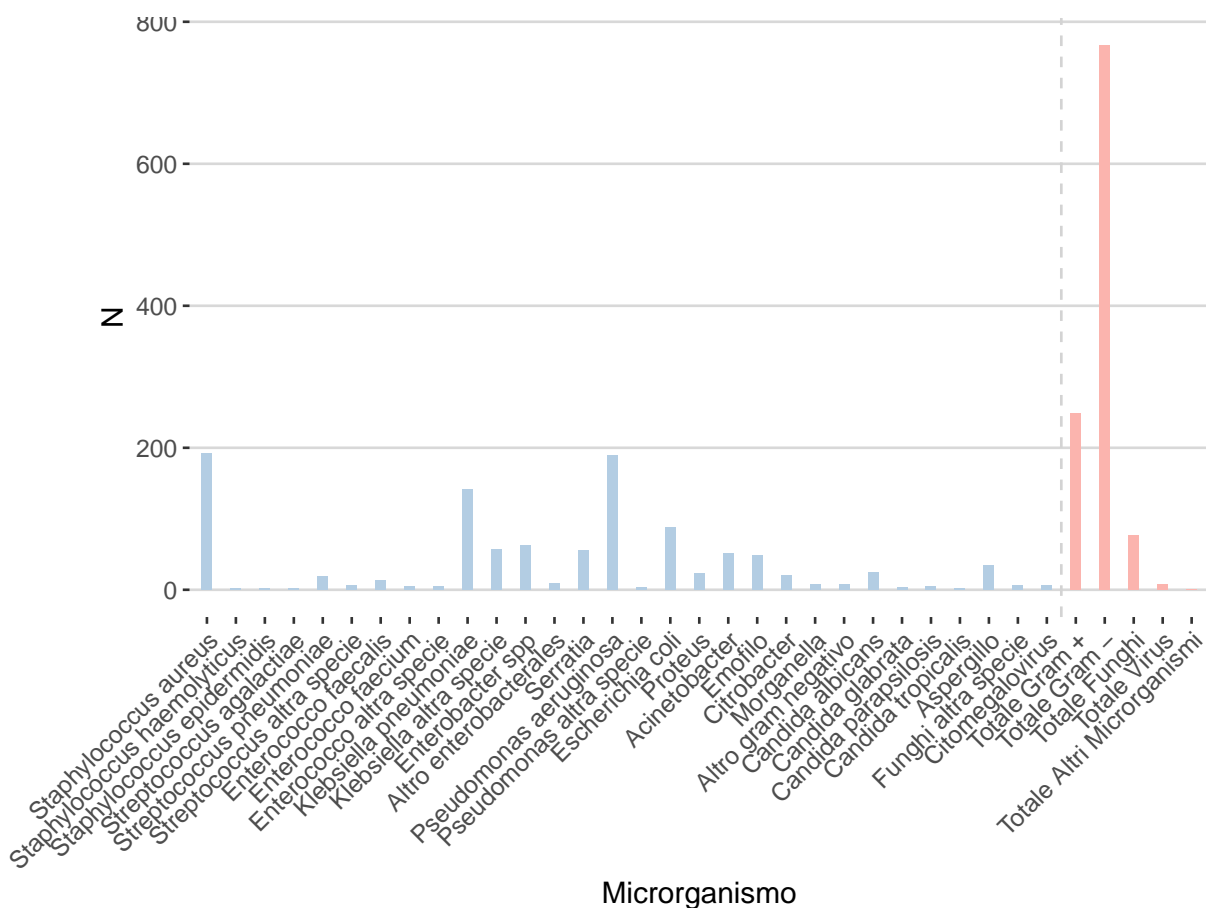
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Si	826	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	826	
Totale microrganismi isolati	1130	

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	192	23.2	152	31	20.4
Staphylococcus haemolyticus	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	19	2.3	18	1	5.6
Streptococcus altra specie	7	0.8	6	1	16.7
Enterococco faecalis	14	1.7	12	0	0
Enterococco faecium	5	0.6	5	1	20
Enterococco altra specie	5	0.6	0	0	0
Totale Gram +	249	30.1	193	34	17.6
Klebsiella pneumoniae	141	17.1	111	24	21.6
Klebsiella altra specie	57	6.9	48	3	6.2

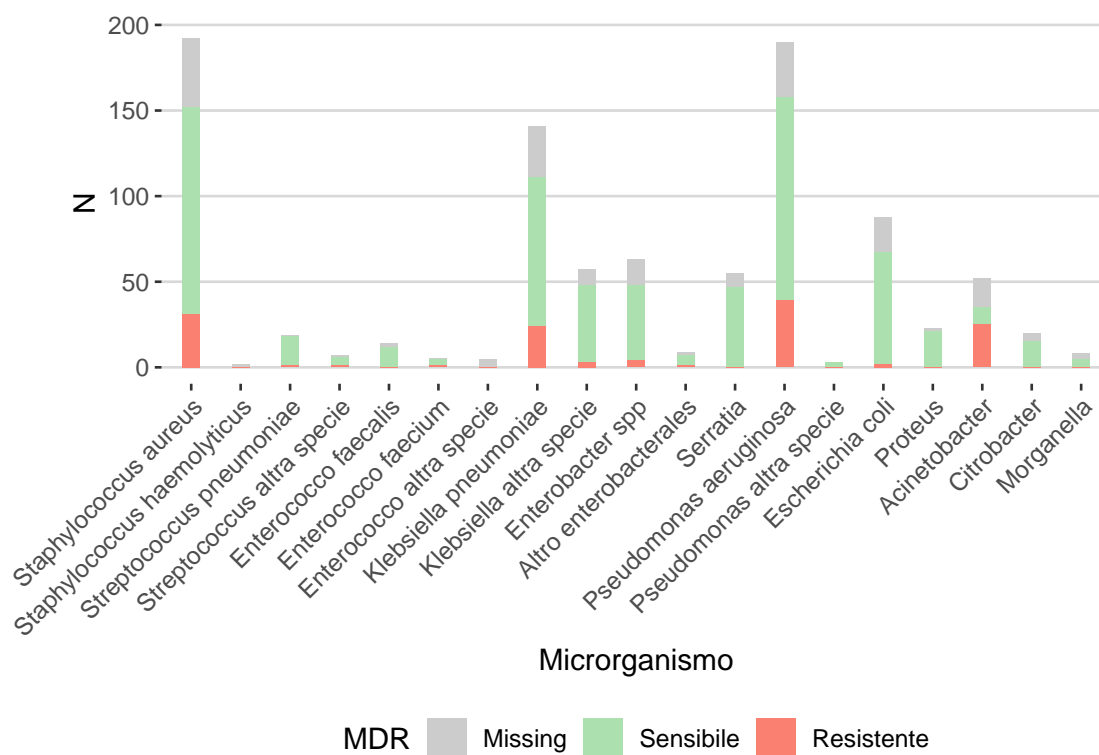
Enterobacter spp	63	7.6	48	4	8.3
Altro enterobacterales	9	1.1	7	1	14.3
Serratia	55	6.7	47	0	0
Pseudomonas aeruginosa	190	23.0	158	39	24.7
Pseudomonas altra specie	3	0.4	3	0	0
Escherichia coli	88	10.7	67	2	3
Proteus	23	2.8	21	0	0
Acinetobacter	52	6.3	35	25	71.4
Emofilo	49	5.9	0	0	0
Citrobacter	20	2.4	15	0	0
Morganella	8	1.0	5	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	8	1.0	0	0	0
Totale Gram -	767	92.9	565	98	17.3
Candida albicans	24	2.9	0	0	0
Candida glabrata	4	0.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.2	0	0	0
Aspergillo	35	4.2	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.7	0	0	0
Totale Funghi	77	9.3	0	0	0
Citomegalovirus	6	0.7			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	1	0.1			
Totale Virus	8	1.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	192	23.2	152	31	20.4
Staphylococcus haemolyticus	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	19	2.3	18	1	5.6
Streptococcus altra specie	7	0.8	6	1	16.7
Enterococco faecalis	14	1.7	12	0	0
Enterococco faecium	5	0.6	5	1	20
Enterococco altra specie	5	0.6	0	0	0
Totale Gram +	249	30.1	193	34	17.6
Klebsiella pneumoniae	141	17.1	111	24	21.6
Klebsiella altra specie	57	6.9	48	3	6.2
Enterobacter spp	63	7.6	48	4	8.3
Altro enterobacterales	9	1.1	7	1	14.3
Serratia	55	6.7	47	0	0
Pseudomonas aeruginosa	190	23.0	158	39	24.7
Pseudomonas altra specie	3	0.4	3	0	0
Escherichia coli	88	10.7	67	2	3
Proteus	23	2.8	21	0	0
Acinetobacter	52	6.3	35	25	71.4
Emofilo	49	5.9	0	0	0

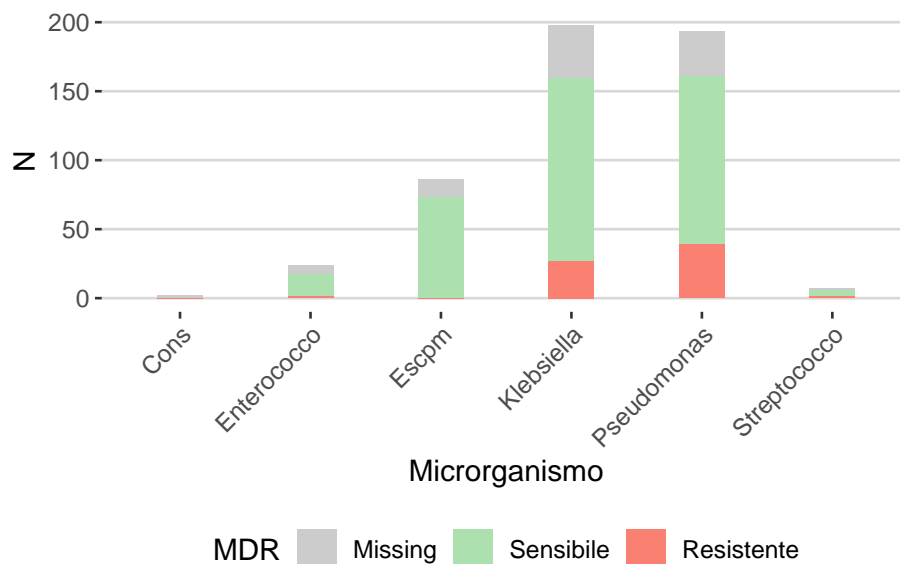
Citrobacter	20	2.4	15	0	0
Morganella	8	1.0	5	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	8	1.0	0	0	0
Totale Gram -	767	92.9	565	98	17.3
Candida albicans	24	2.9	0	0	0
Candida glabrata	4	0.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.2	0	0	0
Aspergillo	35	4.2	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.7	0	0	0
Totale Funghi	77	9.3	0	0	0
Citomegalovirus	6	0.7			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	1	0.1			
Totale Virus	8	1.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	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, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	0	0	0	NaN	2
Enterococco	24	17	16	1	5.88	7
Escpm	86	73	73	0	0.00	13
Klebsiella	198	159	132	27	16.98	39
Pseudomonas	193	161	122	39	24.22	32
Streptococco	7	6	5	1	16.67	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	%
Klebsiella pneumoniae	110	Ertapenem	17	15.45
Klebsiella pneumoniae	111	Meropenem	22	19.82
Klebsiella altra specie	48	Ertapenem	3	6.25
Klebsiella altra specie	48	Meropenem	1	2.08
Enterobacter spp	46	Ertapenem	3	6.52

Enterobacter spp	48	Meropenem	2	4.17
Altro enterobacterales	7	Ertapenem	1	14.29
Escherichia coli	67	Ertapenem	2	2.99
Escherichia coli	67	Meropenem	1	1.49
Acinetobacter	34	Imipenem	23	67.65
Acinetobacter	35	Meropenem	25	71.43
Pseudomonas aeruginosa	155	Imipenem	35	22.58
Pseudomonas aeruginosa	158	Meropenem	32	20.25
Staphylococcus aureus	152	Meticillina	31	20.39
Streptococcus pneumoniae	18	Penicillina	1	5.56
Streptococcus altra specie	6	Penicillina	1	16.67
Enterococco faecium	5	Vancomicina	1	20.00

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

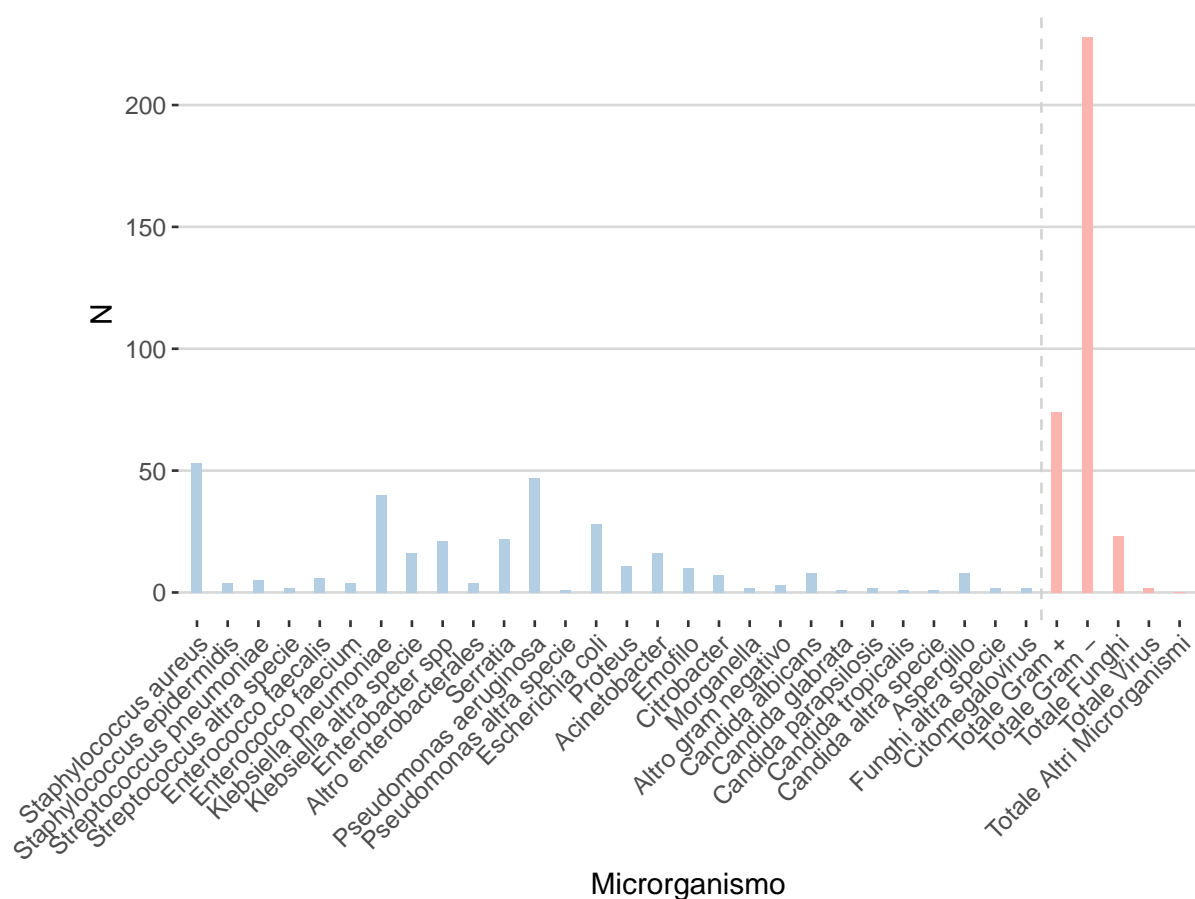
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4	1.6
Sì	239	98.4
Missing	0	
Totale infezioni	243	
Totale microrganismi isolati	335	

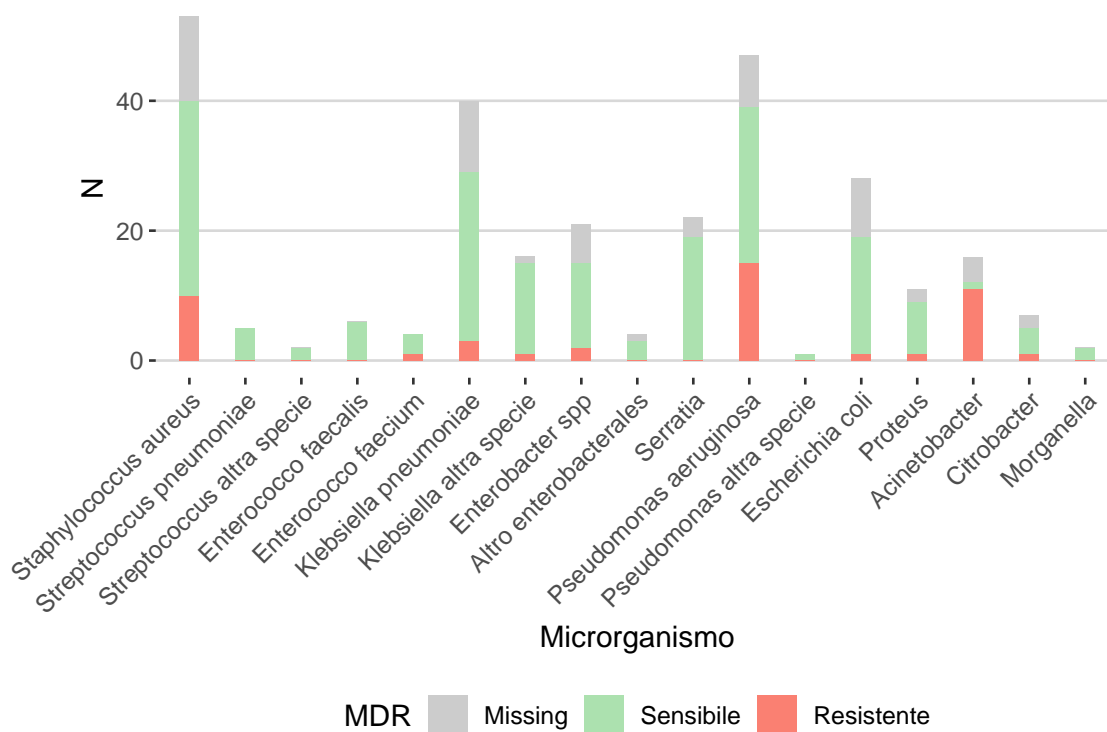
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	53	21.8	40	10	25
Staphylococcus epidermidis	4	1.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	2.1	5	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.8	2	0	0
Enterococco faecalis	6	2.5	6	0	0
Enterococco faecium	4	1.6	4	1	25
Totale Gram +	74	30.5	57	11	19.3
Klebsiella pneumoniae	40	16.5	29	3	10.3
Klebsiella altra specie	16	6.6	15	1	6.7
Enterobacter spp	21	8.6	15	2	13.3
Altro enterobacterales	4	1.6	3	0	0
Serratia	22	9.1	19	0	0
Pseudomonas aeruginosa	47	19.3	39	15	38.5
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	0	0
Escherichia coli	28	11.5	19	1	5.3
Proteus	11	4.5	9	1	11.1

Acinetobacter	16	6.6	12	11	91.7
Emofilo	10	4.1	0	0	0
Citrobacter	7	2.9	5	1	20
Morganella	2	0.8	2	0	0
Altro gram negativo	3	1.2	0	0	0
Totale Gram -	228	93.8	168	35	20.8
Candida albicans	8	3.3	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.8	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	8	3.3	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.8	0	0	0
Totale Funghi	23	9.5	0	0	0
Citomegalovirus	2	0.8			
Totale Virus	2	0.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

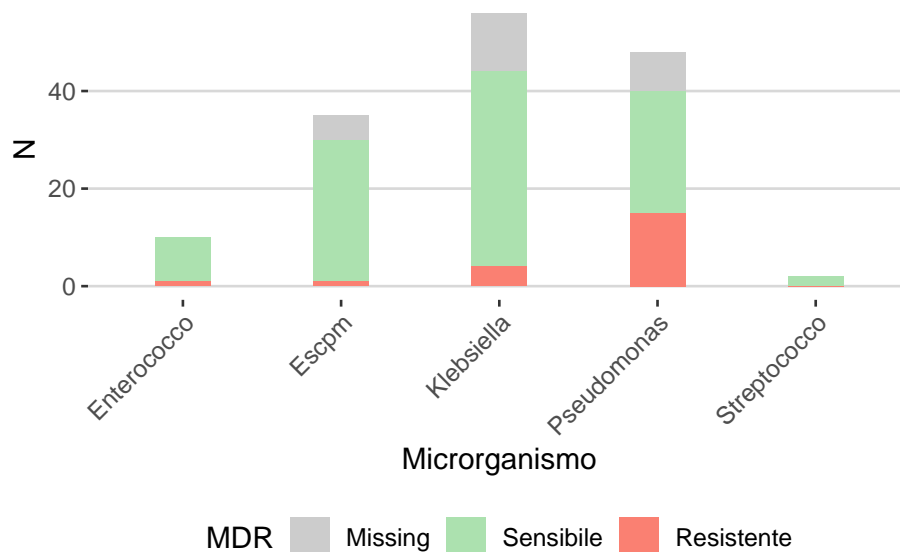


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *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
Enterococco	10	10	9	1	10.00	0
Escpm	35	30	29	1	3.33	5
Klebsiella	56	44	40	4	9.09	12
Pseudomonas	48	40	25	15	37.50	8
Streptococco	2	2	2	0	0.00	0

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

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

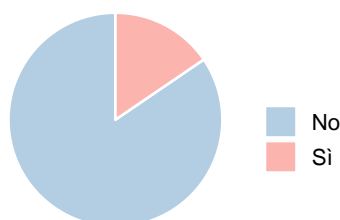
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	28	Ertapenem	2	7.14
Klebsiella pneumoniae	29	Meropenem	3	10.34
Klebsiella altra specie	15	Ertapenem	1	6.67
Klebsiella altra specie	15	Meropenem	1	6.67
Citrobacter	5	Ertapenem	1	20.00
Enterobacter spp	14	Ertapenem	2	14.29

Enterobacter spp	15	Meropenem	1	6.67
Escherichia coli	19	Ertapenem	1	5.26
Escherichia coli	19	Meropenem	1	5.26
Proteus	8	Ertapenem	1	12.50
Acinetobacter	12	Imipenem	8	66.67
Acinetobacter	12	Meropenem	11	91.67
Pseudomonas aeruginosa	38	Imipenem	14	36.84
Pseudomonas aeruginosa	39	Meropenem	9	23.08
Staphylococcus aureus	40	Meticillina	10	25.00
Enterococco faecium	4	Vancomicina	1	25.00

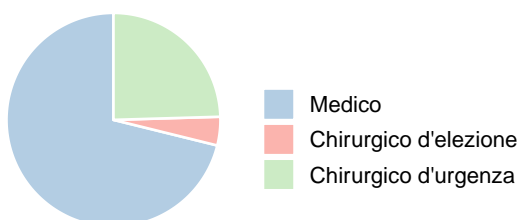
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 1182)

13.1 Trauma



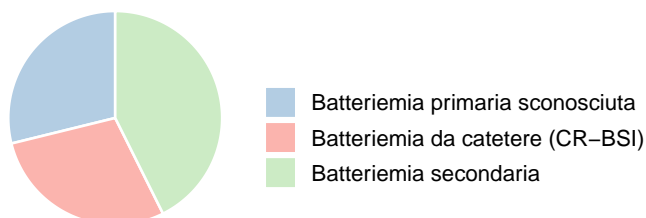
Trauma	N	%
No	999	84.5
Si	183	15.5
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



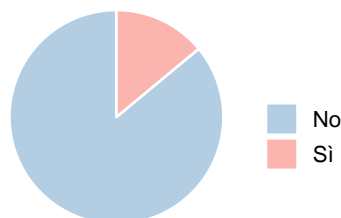
Stato chirurgico	N	%
Medico	841	71.2
Chirurgico d'elezione	51	4.3
Chirurgico d'urgenza	290	24.5
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	383	32.4
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	379	32.1
Batteriemia secondaria	566	47.9
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



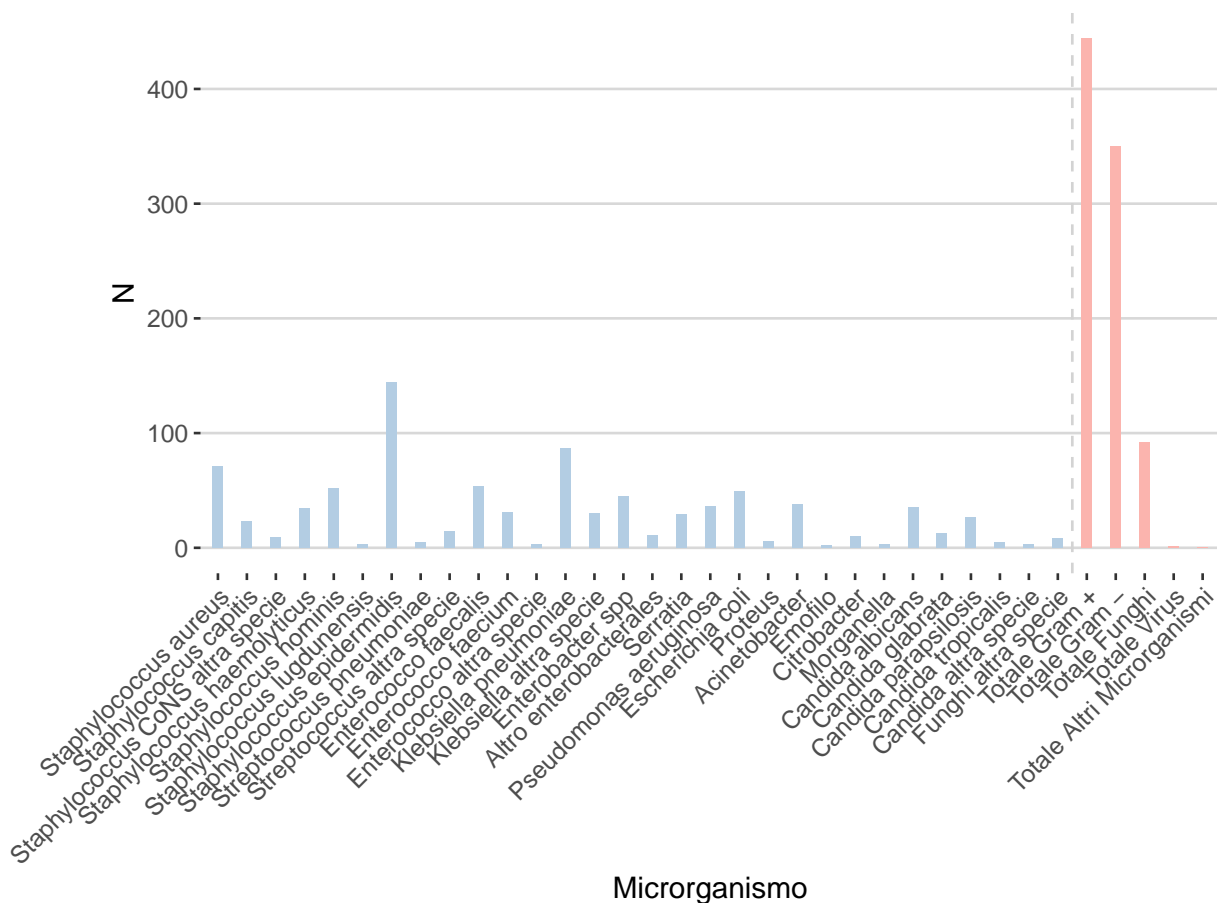
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	646	86.0
Sì	105	14.0
Missing	11	0

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	71	9.3	48	11	22.9
Staphylococcus capitis	23	3.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	34	4.5	30	23	76.7
Staphylococcus hominis	52	6.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	144	18.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.1	0	0	0

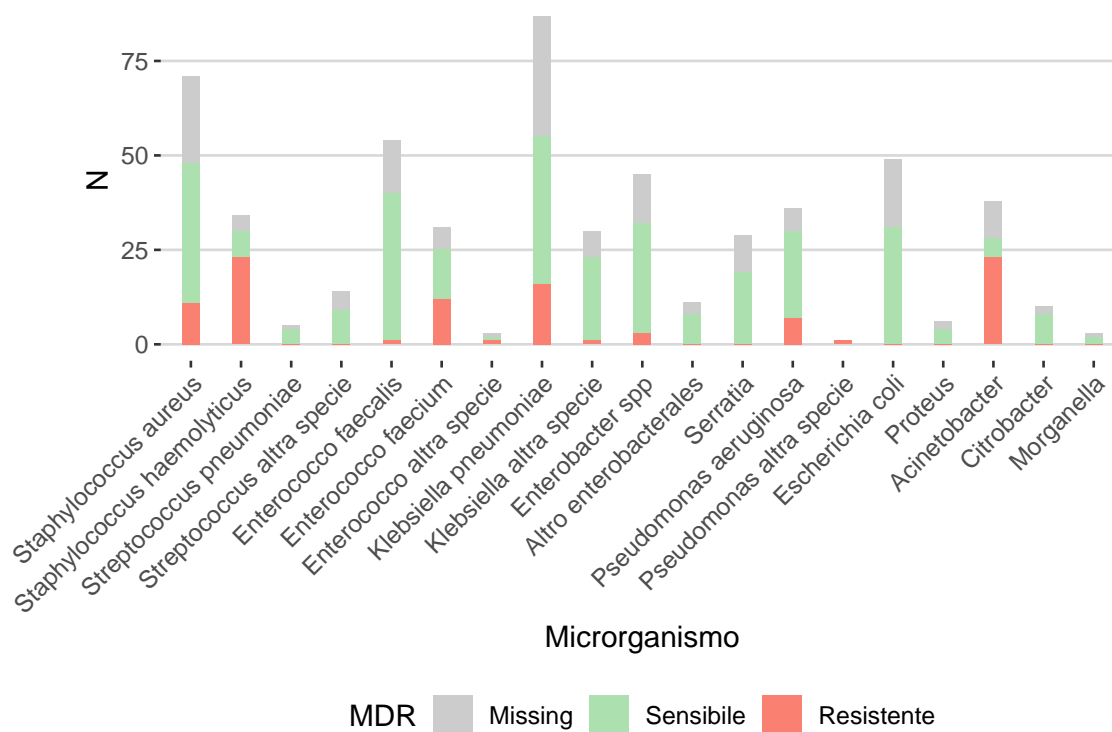
Streptococcus pneumoniae	5	0.7	4	0	0
Streptococcus altra specie	14	1.8	9	0	0
Enterococco faecalis	54	7.1	40	1	2.5
Enterococco faecium	31	4.1	25	12	48
Enterococco altra specie	3	0.4	2	1	50
Totale Gram +	444	58.3	158	48	30.4
Klebsiella pneumoniae	87	11.4	55	16	29.1
Klebsiella altra specie	30	3.9	23	1	4.3
Enterobacter spp	45	5.9	32	3	9.4
Altro enterobacterales	11	1.4	8	0	0
Serratia	29	3.8	19	0	0
Pseudomonas aeruginosa	36	4.7	30	7	23.3
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	1	100
Escherichia coli	49	6.4	31	0	0
Proteus	6	0.8	4	0	0
Acinetobacter	38	5.0	28	23	82.1
Emofilo	2	0.3	0	0	0
Citrobacter	10	1.3	8	0	0
Morganella	3	0.4	2	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.3	0	0	0
Totale Gram -	350	46.0	241	51	21.2
Candida albicans	35	4.6	0	0	0
Candida glabrata	13	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	27	3.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.7	0	0	0
Candida altra specie	3	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	8	1.1	0	0	0
Totale Funghi	92	12.1	0	0	0
Herpes simplex	1	0.1	0	0	0
Totale Virus	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	71	9.3	48	11	22.9
Staphylococcus capitis	23	3.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	34	4.5	30	23	76.7
Staphylococcus hominis	52	6.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	144	18.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	0.7	4	0	0
Streptococcus altra specie	14	1.8	9	0	0
Enterococco faecalis	54	7.1	40	1	2.5
Enterococco faecium	31	4.1	25	12	48
Enterococco altra specie	3	0.4	2	1	50
Totale Gram +	444	58.3	158	48	30.4
Klebsiella pneumoniae	87	11.4	55	16	29.1
Klebsiella altra specie	30	3.9	23	1	4.3
Enterobacter spp	45	5.9	32	3	9.4
Altro enterobacterales	11	1.4	8	0	0
Serratia	29	3.8	19	0	0
Pseudomonas aeruginosa	36	4.7	30	7	23.3
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	1	100
Escherichia coli	49	6.4	31	0	0

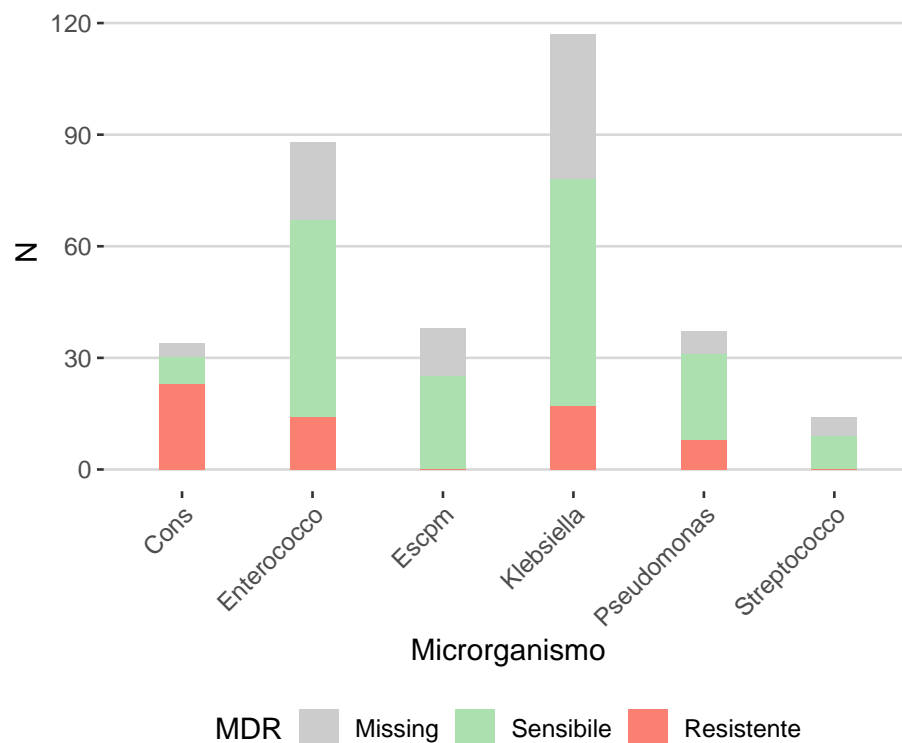
Proteus	6	0.8	4	0	0
Acinetobacter	38	5.0	28	23	82.1
Emofilo	2	0.3	0	0	0
Citrobacter	10	1.3	8	0	0
Morganella	3	0.4	2	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.3	0	0	0
Totale Gram -	350	46.0	241	51	21.2
Candida albicans	35	4.6	0	0	0
Candida glabrata	13	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	27	3.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.7	0	0	0
Candida altra specie	3	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	8	1.1	0	0	0
Totale Funghi	92	12.1	0	0	0
Herpes simplex	1	0.1			
Totale Virus	1	0.1	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, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, 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	34	30	7	23	76.67	4
Enterococco	88	67	53	14	20.90	21
Escpm	38	25	25	0	0.00	13
Klebsiella	117	78	61	17	21.79	39
Pseudomonas	37	31	23	8	25.81	6
Streptococco	14	9	9	0	0.00	5

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

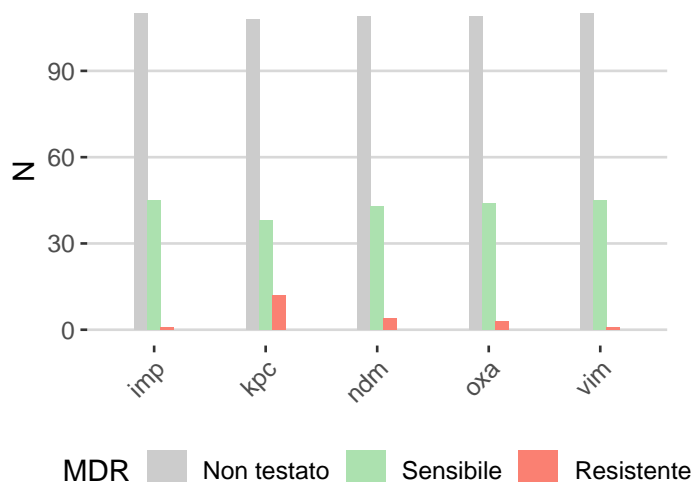
Klebsiella pneumoniae	53	Ertapenem	13	24.53
Klebsiella pneumoniae	55	Meropenem	16	29.09
Klebsiella altra specie	23	Meropenem	1	4.35
Enterobacter spp	32	Ertapenem	3	9.38
Enterobacter spp	32	Meropenem	1	3.12
Acinetobacter	28	Imipenem	18	64.29
Acinetobacter	28	Meropenem	23	82.14
Pseudomonas aeruginosa	29	Imipenem	6	20.69
Pseudomonas aeruginosa	30	Meropenem	6	20.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	30	Meticillina	23	76.67
Staphylococcus aureus	48	Meticillina	11	22.92
Enterococco faecalis	40	Vancomicina	1	2.50
Enterococco faecium	25	Vancomicina	12	48.00
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

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.

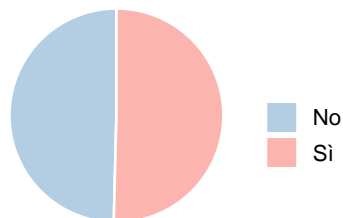
	N	%
Si	16	10.32
No	34	21.94
Non testato	105	67.74
Missing	144	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	4.8	45	110
kpc	12	57.1	38	108
ndm	4	19.0	43	109
oxa	3	14.3	44	109
vim	1	4.8	45	110



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 383)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	190	49.6
Si	193	50.4
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	2.0	1.4 %
CI (95%)	1.8 - 2.2	1.3 - 1.5

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.

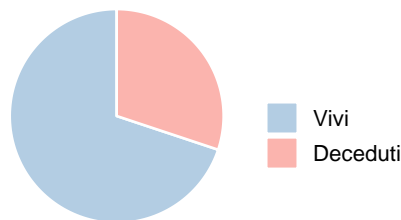
Il secondo:

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

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.

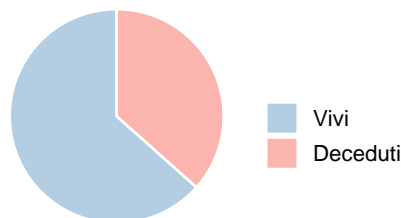
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	267	69.9
Deceduti	115	30.1
Missing	1	0

14.4 Mortalità ospedaliera *

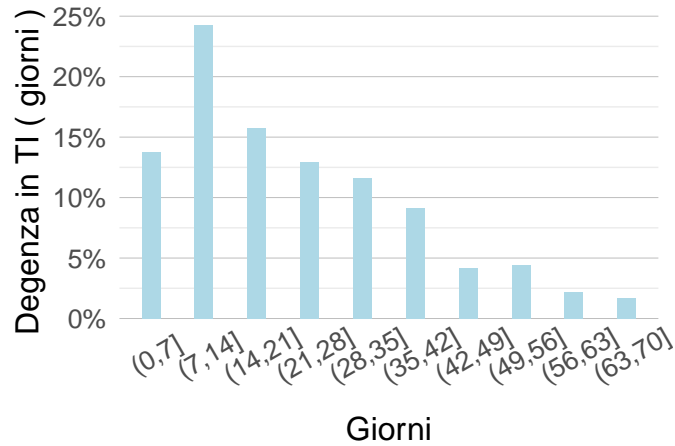


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	234	63.4
Deceduti	135	36.6

Missing	1	0
---------	---	---

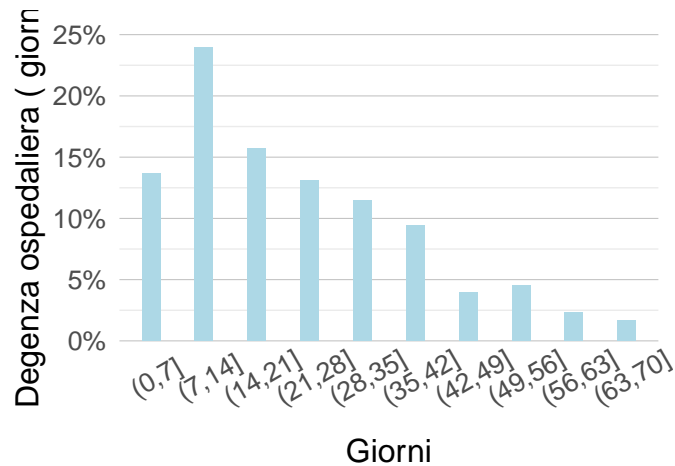
* Statistiche calcolate su 370 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 13).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.2 (20.0)
Mediana (Q1-Q3)	21 (12-36)
Missing	1

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



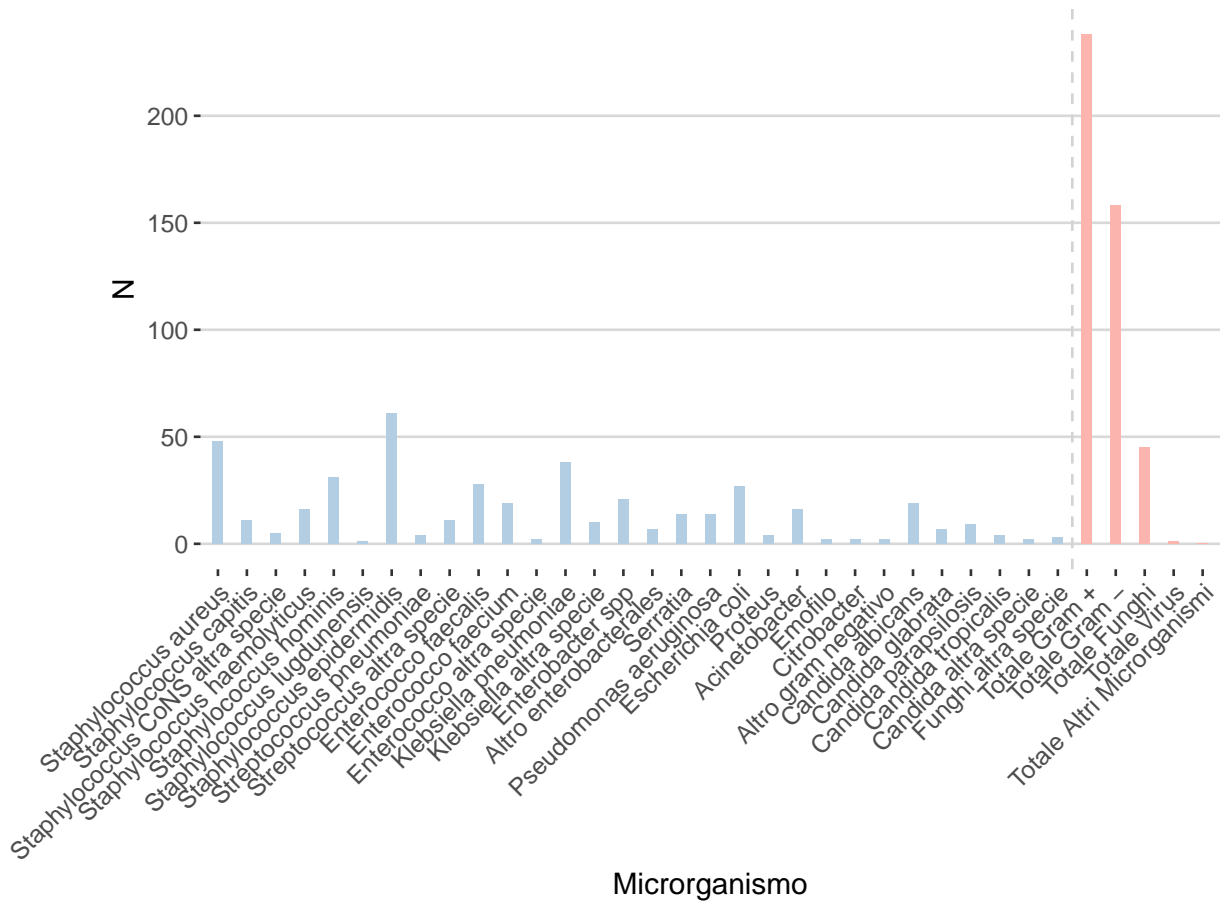
Indicatore	Valore
Media (DS)	40.7 (30.6)
Mediana (Q1-Q3)	34 (20-56)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 370 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 13).

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	48	12.5	34	8	23.5
Staphylococcus capitis	11	2.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	16	4.2	14	10	71.4
Staphylococcus hominis	31	8.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	61	15.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.0	4	0	0
Streptococcus altra specie	11	2.9	7	0	0
Enterococco faecalis	28	7.3	20	1	5
Enterococco faecium	19	5.0	18	8	44.4
Enterococco altra specie	2	0.5	2	1	50
Totale Gram +	238	62.1	99	28	28.3
Klebsiella pneumoniae	38	9.9	26	6	23.1
Klebsiella altra specie	10	2.6	8	0	0
Enterobacter spp	21	5.5	15	2	13.3
Altro enterobacterales	7	1.8	5	0	0
Serratia	14	3.7	11	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	3.7	12	3	25
Escherichia coli	27	7.0	18	0	0
Proteus	4	1.0	3	0	0
Acinetobacter	16	4.2	12	10	83.3
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	2	0.5	1	0	0
Morganella	1	0.3	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.5	0	0	0
Totale Gram -	158	41.3	112	21	18.8
Candida albicans	19	5.0	0	0	0
Candida glabrata	7	1.8	0	0	0
Candida parapsilosis	9	2.3	0	0	0
Candida tropicalis	4	1.0	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.8	0	0	0
Totale Funghi	45	11.7	0	0	0
Herpes simplex	1	0.3	0	0	0
Totale Virus	1	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

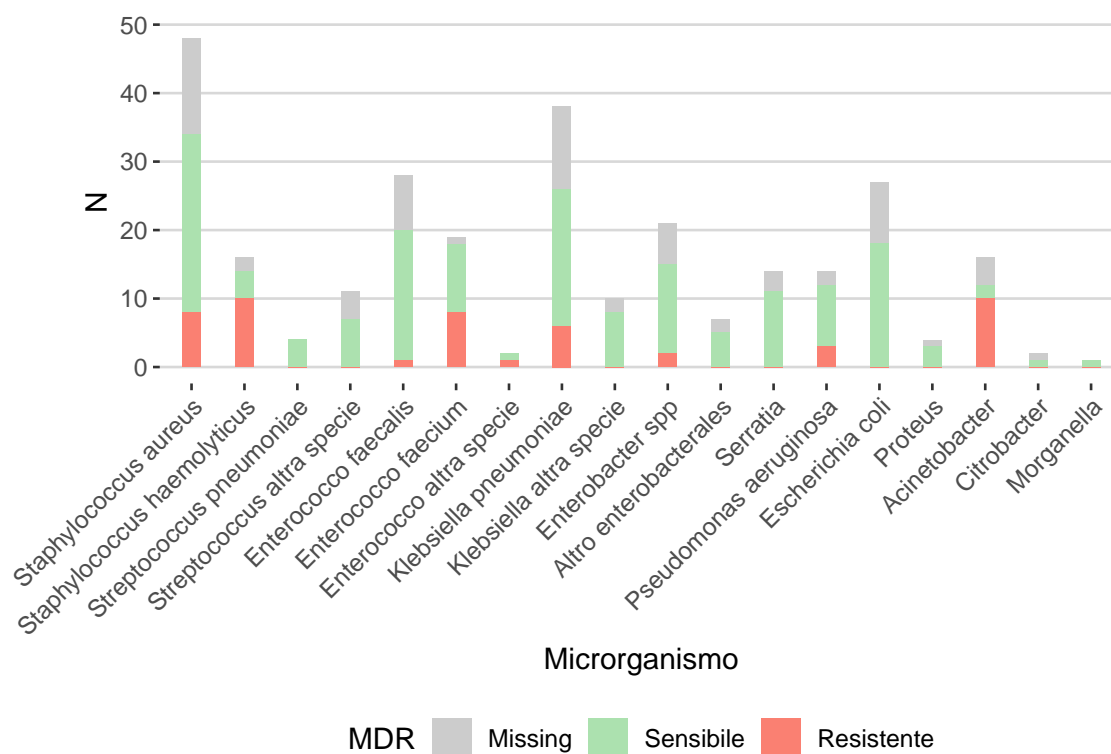


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	48	12.5	34	8	23.5
Staphylococcus capitis	11	2.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	16	4.2	14	10	71.4
Staphylococcus hominis	31	8.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	61	15.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.0	4	0	0
Streptococcus altra specie	11	2.9	7	0	0
Enterococco faecalis	28	7.3	20	1	5
Enterococco faecium	19	5.0	18	8	44.4
Enterococco altra specie	2	0.5	2	1	50
Totale Gram +	238	62.1	99	28	28.3
Klebsiella pneumoniae	38	9.9	26	6	23.1
Klebsiella altra specie	10	2.6	8	0	0
Enterobacter spp	21	5.5	15	2	13.3
Altro enterobacterales	7	1.8	5	0	0
Serratia	14	3.7	11	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	3.7	12	3	25
Escherichia coli	27	7.0	18	0	0
Proteus	4	1.0	3	0	0
Totale Gram -	99	25.7	28	0	0

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 383)

Acinetobacter	16	4.2	12	10	83.3
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	2	0.5	1	0	0
Morganella	1	0.3	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.5	0	0	0
Totale Gram -	158	41.3	112	21	18.8
Candida albicans	19	5.0	0	0	0
Candida glabrata	7	1.8	0	0	0
Candida parapsilosis	9	2.3	0	0	0
Candida tropicalis	4	1.0	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.8	0	0	0
Totale Funghi	45	11.7	0	0	0
Herpes simplex	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 (Clostridium

difficile, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, 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.

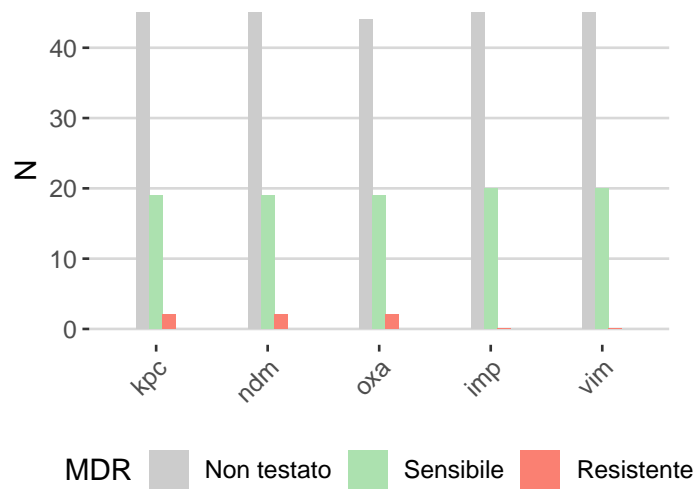
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	25	Ertapenem	5	20.00
Klebsiella pneumoniae	26	Meropenem	6	23.08
Enterobacter spp	15	Ertapenem	2	13.33
Enterobacter spp	15	Meropenem	1	6.67
Acinetobacter	12	Imipenem	9	75.00
Acinetobacter	12	Meropenem	10	83.33
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	3	27.27
Pseudomonas aeruginosa	12	Meropenem	3	25.00
Staphylococcus haemolyticus	14	Meticillina	10	71.43
Staphylococcus aureus	34	Meticillina	8	23.53
Enterococco faecalis	20	Vancomicina	1	5.00
Enterococco faecium	18	Vancomicina	8	44.44
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

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.

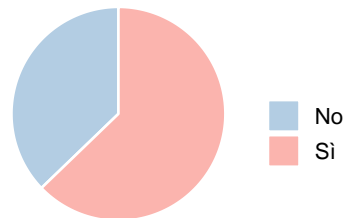
	N	%
Sì	6	9.38
No	16	25
Non testato	42	65.62
Missing	73	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	20	45
kpc	2	33.3	19	45
ndm	2	33.3	19	45
oxa	2	33.3	19	44
vim	0	0.0	20	45



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 379)

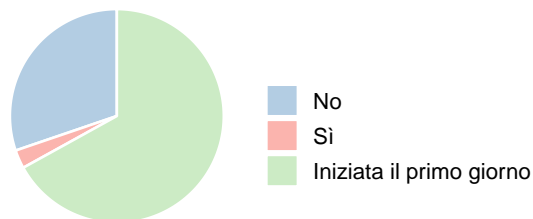
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	141	37.2
Si	238	62.8
Missing	0	0

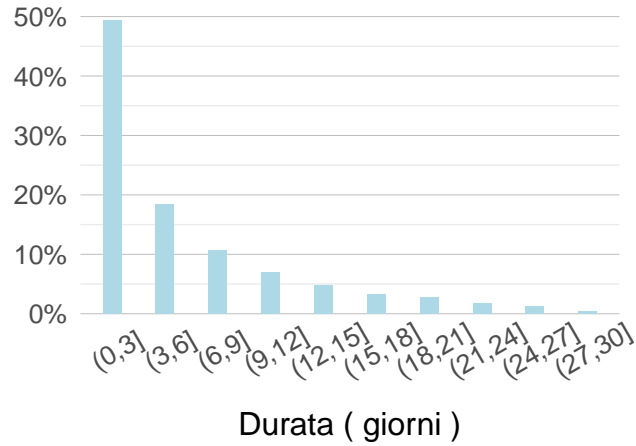
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 30391)



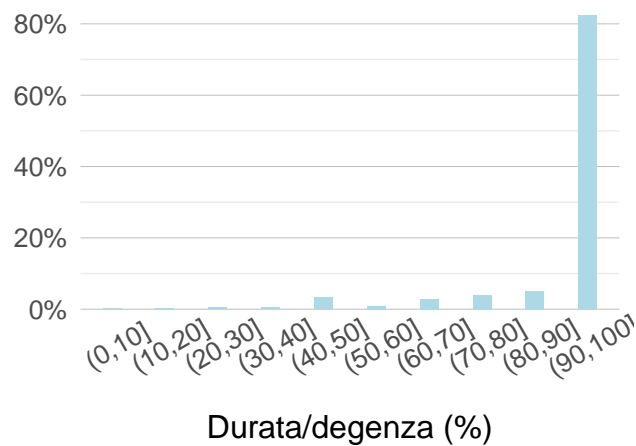
Cvc	N	%
No	9153	30.2
Sì	21127	69.8
Iniziata il primo giorno	20277	66.7
Missing	111	

15.2.2 Durata (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.9 (11.2)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	50

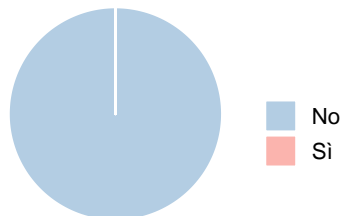
15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	94.0 (14.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)

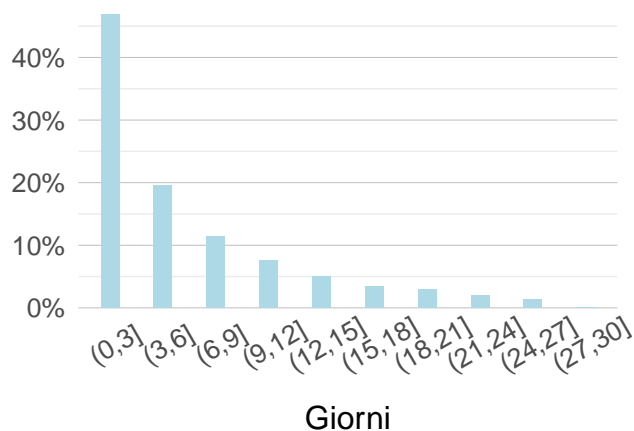
Missing 55

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 30391)



Infezione locale da catetere	N	%
No	30265	100.0
Sì	11	0.0
Missing	115	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	361
Media (DS)	13.6 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-19)
Missing	18

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	2.3	1.6 %

CI (95%)

2.1 - 2.6

1.5 - 1.8

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.

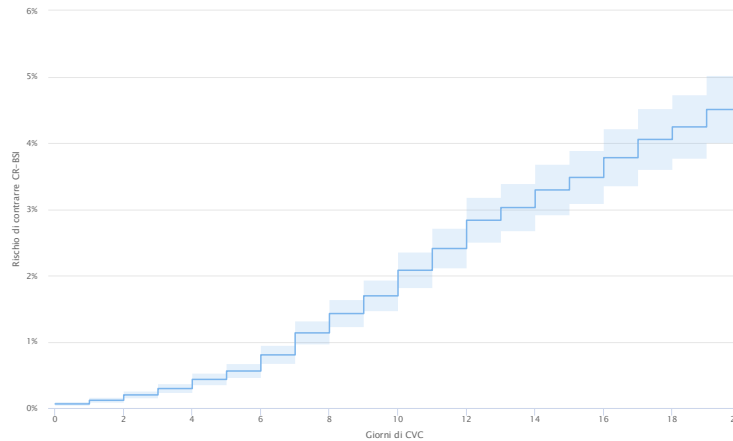
Il secondo invece:

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

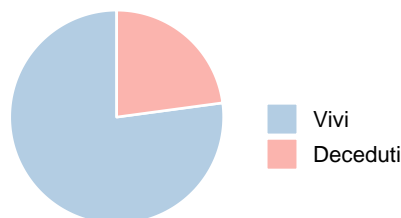
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

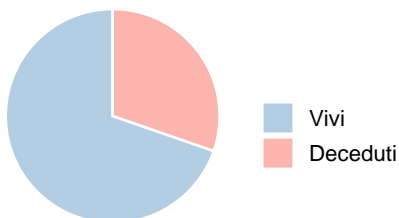


15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	290	77.1
Deceduti	86	22.9
Missing	3	0

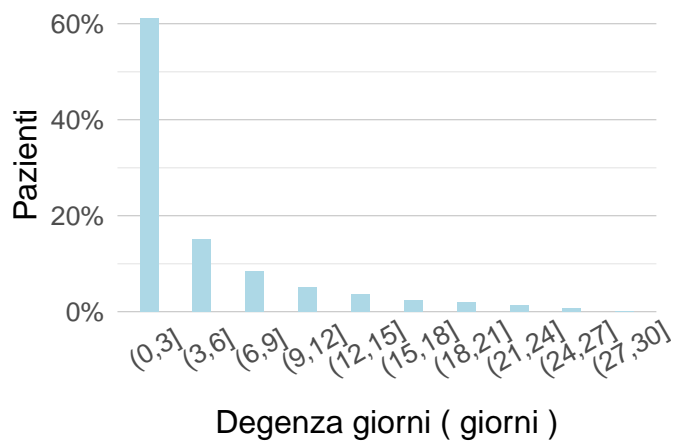
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	253	69.7
Deceduti	110	30.3
Missing	6	0

* Statistiche calcolate su 369 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.0 (23.8)
Mediana (Q1-Q3)	28 (16-42)
Missing	2

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.3 (29.8)
Mediana (Q1-Q3)	38 (25.5-60)
Missing	6

* Statistiche calcolate su 369 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

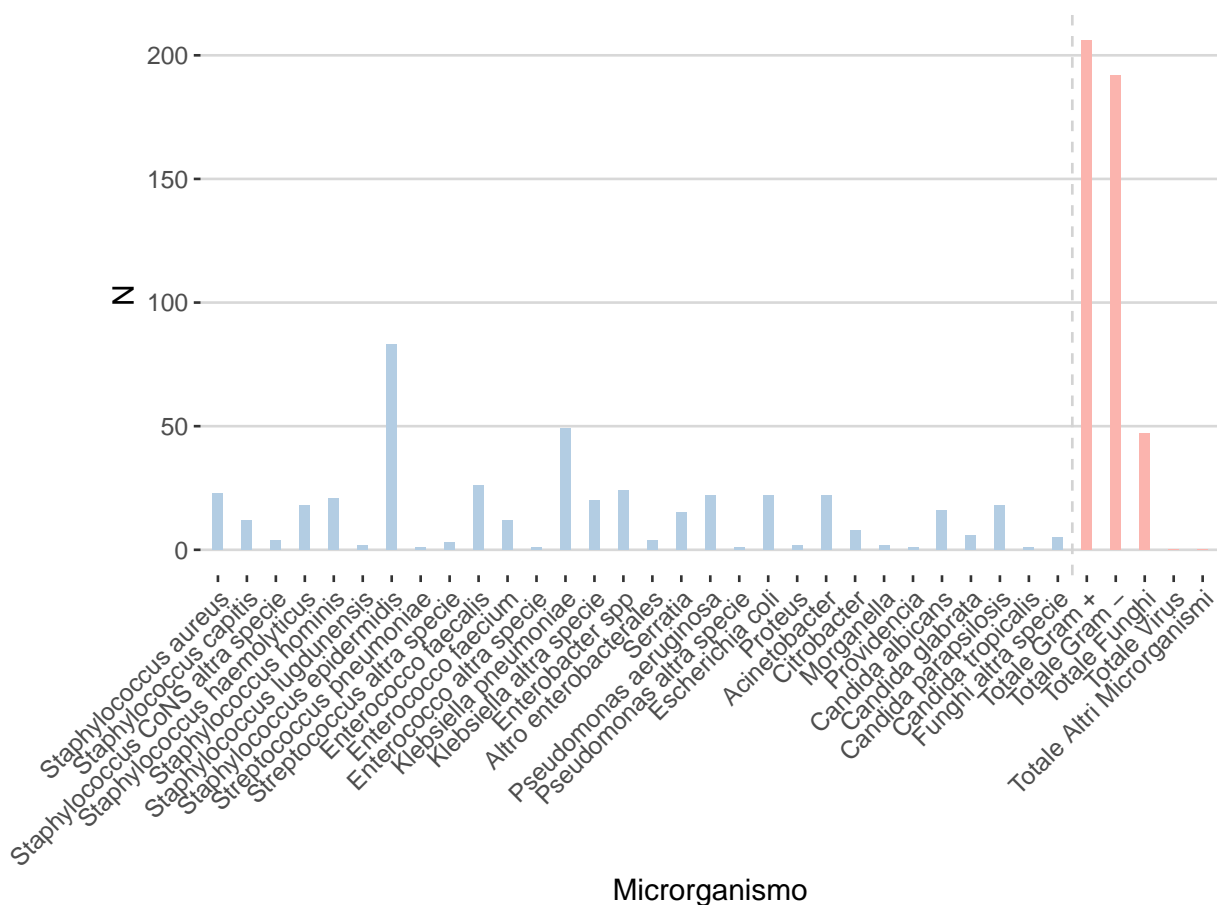
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	378	100.0
Missing	1	
Totale infezioni	379	
Totale microrganismi isolati	447	

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	23	6.1	14	3	21.4
Staphylococcus capitis	12	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	18	4.8	16	13	81.2
Staphylococcus hominis	21	5.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.5	0	0	0

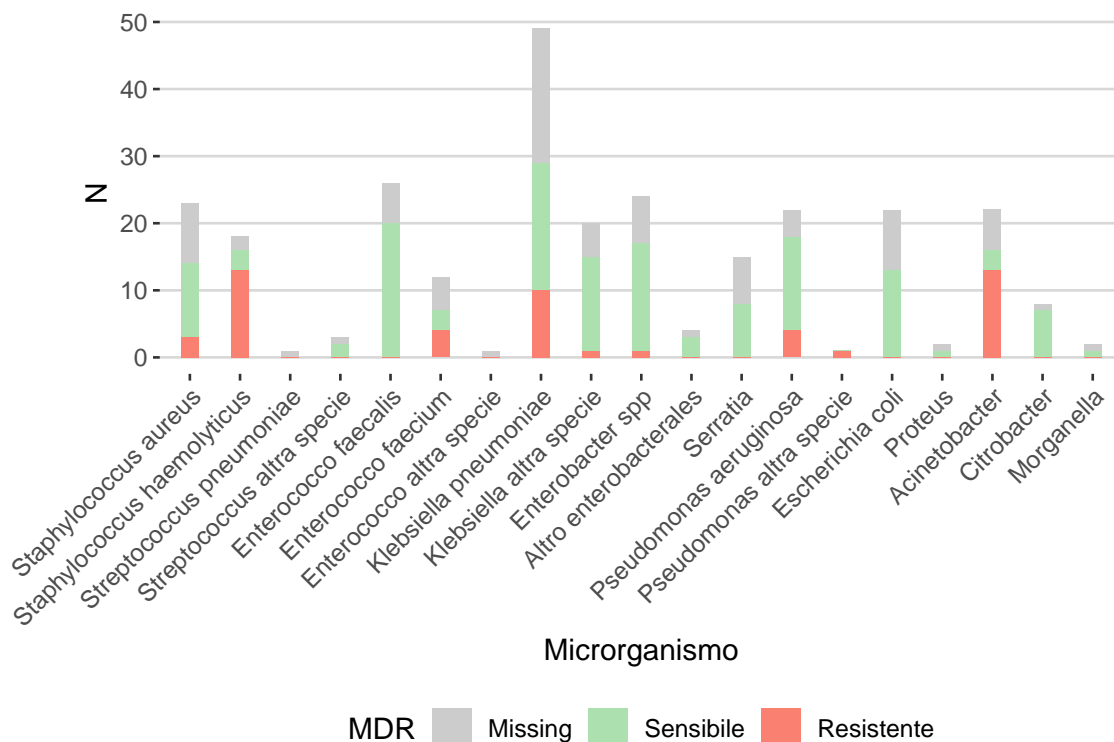
Staphylococcus epidermidis	83	22.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	0.8	2	0	0
Enterococco faecalis	26	6.9	20	0	0
Enterococco faecium	12	3.2	7	4	57.1
Enterococco altra specie	1	0.3	0	0	0
Totale Gram +	206	54.5	59	20	33.9
Klebsiella pneumoniae	49	13.0	29	10	34.5
Klebsiella altra specie	20	5.3	15	1	6.7
Enterobacter spp	24	6.3	17	1	5.9
Altro enterobacterales	4	1.1	3	0	0
Serratia	15	4.0	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	5.8	18	4	22.2
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	1	100
Escherichia coli	22	5.8	13	0	0
Proteus	2	0.5	1	0	0
Acinetobacter	22	5.8	16	13	81.2
Citrobacter	8	2.1	7	0	0
Morganella	2	0.5	1	0	0
Providencia	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	192	50.8	129	30	23.3
Candida albicans	16	4.2	0	0	0
Candida glabrata	6	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	18	4.8	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0
Candida altra specie	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.3	0	0	0
Totale Funghi	47	12.4	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
<i>Staphylococcus aureus</i>	23	6.1	14	3	21.4
<i>Staphylococcus capitis</i>	12	3.2	0	0	0
<i>Staphylococcus CoNS altra specie</i>	4	1.1	0	0	0
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	18	4.8	16	13	81.2
<i>Staphylococcus hominis</i>	21	5.6	0	0	0
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	2	0.5	0	0	0
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	83	22.0	0	0	0
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1	0.3	0	0	0
<i>Streptococcus altra specie</i>	3	0.8	2	0	0
<i>Enterococcus faecalis</i>	26	6.9	20	0	0
<i>Enterococcus faecium</i>	12	3.2	7	4	57.1
<i>Enterococcus altra specie</i>	1	0.3	0	0	0
Totale Gram +	206	54.5	59	20	33.9
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	49	13.0	29	10	34.5
<i>Klebsiella altra specie</i>	20	5.3	15	1	6.7
<i>Enterobacter spp</i>	24	6.3	17	1	5.9
Altro enterobacterales	4	1.1	3	0	0
<i>Serratia</i>	15	4.0	8	0	0
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	22	5.8	18	4	22.2
<i>Pseudomonas altra specie</i>	1	0.3	1	1	100
<i>Escherichia coli</i>	22	5.8	13	0	0
<i>Proteus</i>	2	0.5	1	0	0

Acinetobacter	22	5.8	16	13	81.2
Citrobacter	8	2.1	7	0	0
Morganella	2	0.5	1	0	0
Providencia	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	192	50.8	129	30	23.3
Candida albicans	16	4.2	0	0	0
Candida glabrata	6	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	18	4.8	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0
Candida altra specie	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.3	0	0	0
Totale Funghi	47	12.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

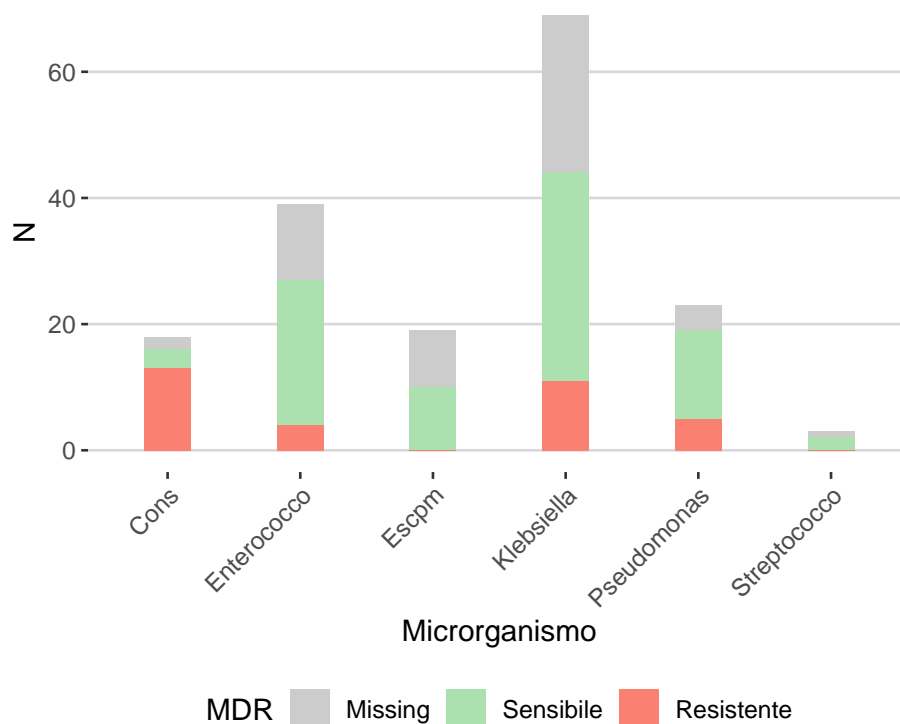
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza

tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	18	16	3	13	81.25	2
Enterococco	39	27	23	4	14.81	12
Escpm	19	10	10	0	0.00	9
Klebsiella	69	44	33	11	25.00	25
Pseudomonas	23	19	14	5	26.32	4
Streptococco	3	2	2	0	0.00	1

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

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

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

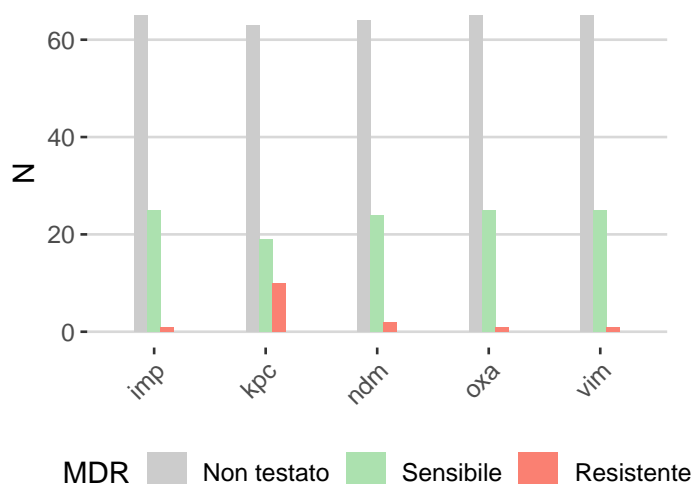
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	28	Ertapenem	8	28.57
Klebsiella pneumoniae	29	Meropenem	10	34.48
Klebsiella altra specie	15	Meropenem	1	6.67
Enterobacter spp	17	Ertapenem	1	5.88
Acinetobacter	16	Imipenem	9	56.25
Acinetobacter	16	Meropenem	13	81.25
Pseudomonas aeruginosa	18	Imipenem	3	16.67
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	3	16.67
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	16	Meticillina	13	81.25
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	3	21.43
Enterococco faecium	7	Vancomicina	4	57.14

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. É sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-meccanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

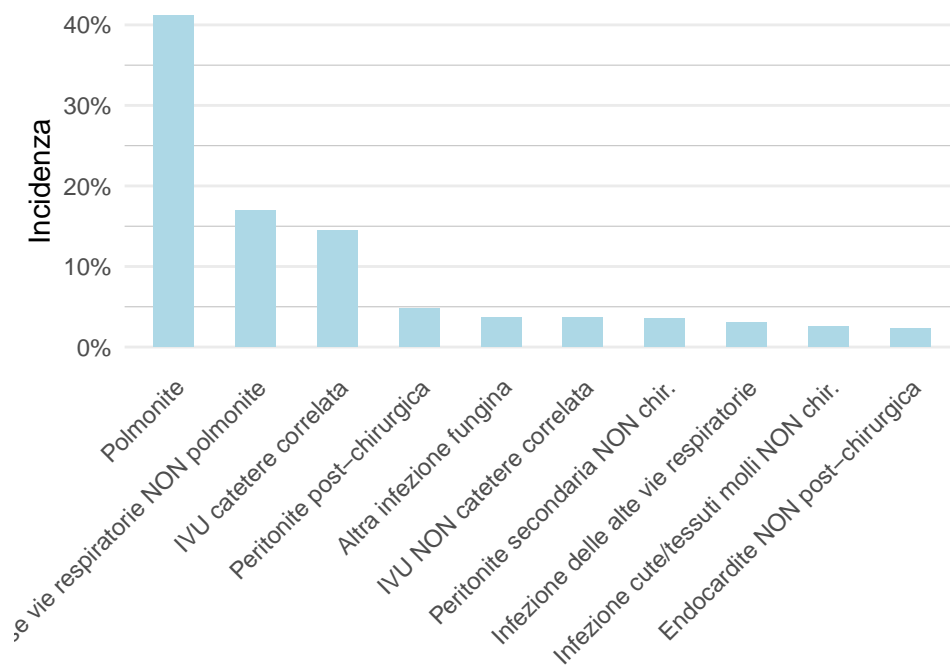
	N	%
Sì	10	10.99
No	18	19.78
Non testato	63	69.23
Missing	71	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	6.7	25	65
kpc	10	66.7	19	63
ndm	2	13.3	24	64
oxa	1	6.7	25	65
vim	1	6.7	25	65



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 566)

16.1 Infezioni associate (top 10)

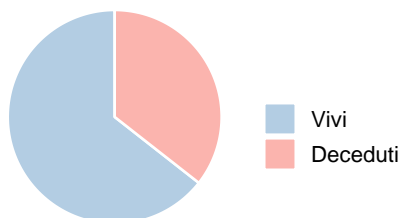


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	233	41.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	96	17
IVU catetere correlata	82	14.5
Peritonite post-chirurgica	27	4.8
IVU NON catetere correlata	21	3.7

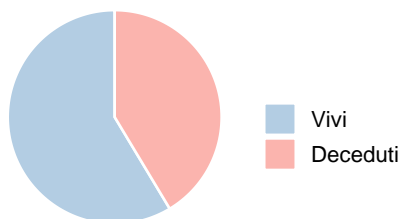
Altra infezione fungina	21	3.7
Peritonite secondaria NON chir.	20	3.5
Infezione delle alte vie respiratorie	17	3
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	14	2.5
Endocardite NON post-chirurgica	13	2.3
Missing	22	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	364	64.4
Deceduti	201	35.6
Missing	1	0

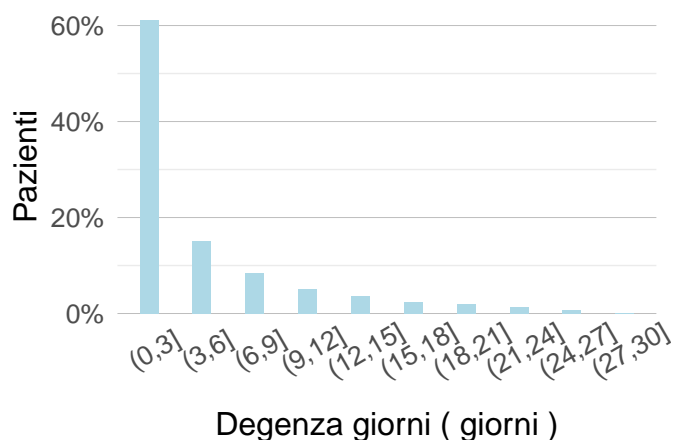
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	313	58.6
Deceduti	221	41.4
Missing	7	0

* Statistiche calcolate su 541 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 25).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (20.8)
Mediana (Q1-Q3)	23 (13-39)
Missing	1

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.2 (30.8)
Mediana (Q1-Q3)	33 (20-55)
Missing	7

* Statistiche calcolate su 541 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 25).

16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

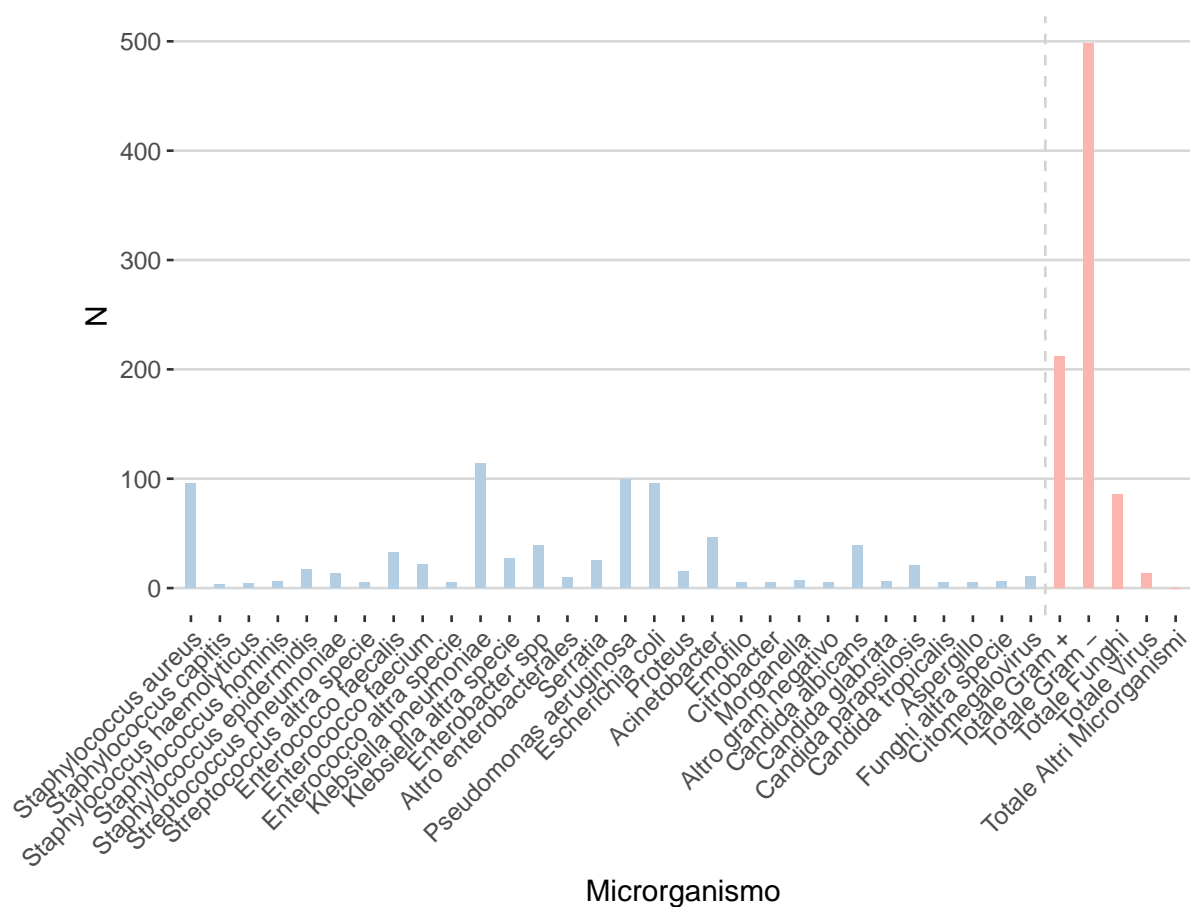
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	16	2.6
Sì	602	97.4
Missing	0	
Totale infezioni	618	
Totale microrganismi isolati	827	

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	96	15.9	72	15	20.8
Staphylococcus capitis	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	6	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	2.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	2.2	10	2	20
Streptococcus altra specie	5	0.8	3	0	0
Enterococco faecalis	33	5.5	22	1	4.5
Enterococco faecium	22	3.6	15	6	40
Enterococco altra specie	5	0.8	1	0	0
Clostridium difficile	3	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.2	0	0	0
Totale Gram +	212	35.2	124	25	20.2
Klebsiella pneumoniae	114	18.9	76	19	25
Klebsiella altra specie	27	4.5	17	1	5.9
Enterobacter spp	39	6.5	30	1	3.3
Altro enterobacterales	10	1.7	8	0	0
Serratia	25	4.1	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	99	16.4	74	20	27
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	0	0
Escherichia coli	96	15.9	61	2	3.3
Proteus	15	2.5	10	0	0
Acinetobacter	46	7.6	37	32	86.5
Emofilo	5	0.8	0	0	0
Citrobacter	5	0.8	2	0	0
Morganella	7	1.2	5	0	0
Providencia	3	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.8	0	0	0
Totale Gram -	498	82.6	342	75	21.9
Candida albicans	39	6.5	0	0	0
Candida glabrata	6	1.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0

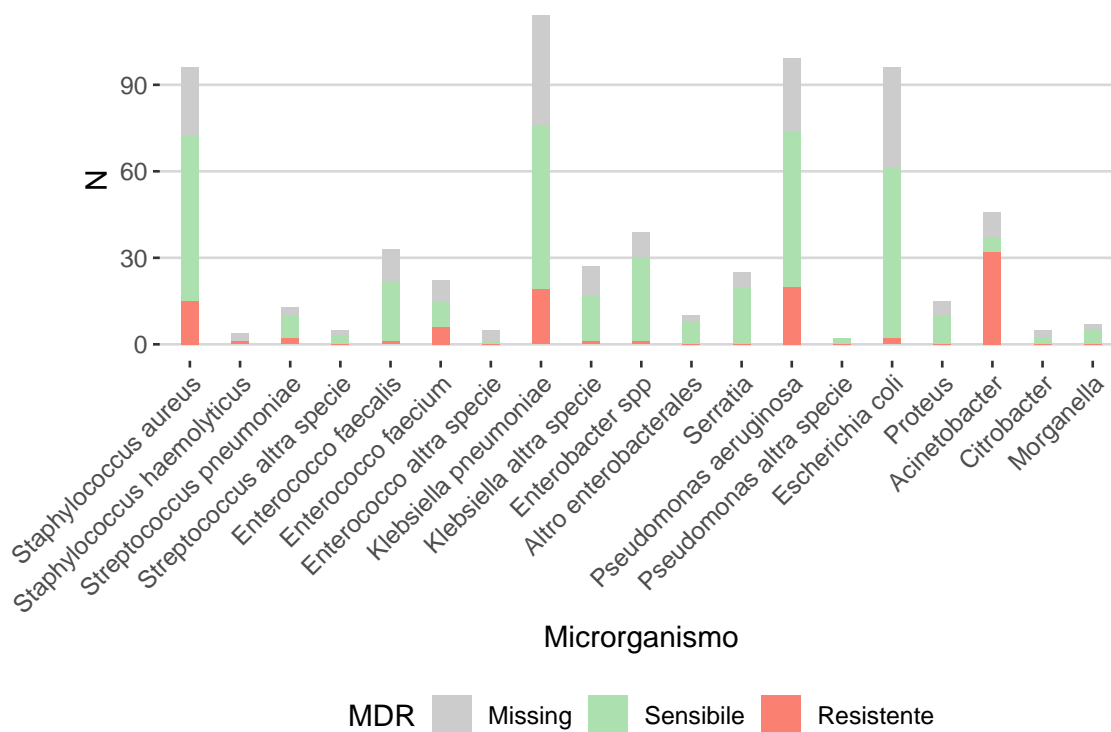
Candida parapsilosis	21	3.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.8	0	0	0
Candida altra specie	3	0.5	0	0	0
Aspergillo	5	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.0	0	0	0
Totale Funghi	86	14.3	0	0	0
Citomegalovirus	11	1.8			
Herpes simplex	2	0.3			
Totale Virus	13	2.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	96	15.9	72	15	20.8
Staphylococcus capitis	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	6	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	2.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	2.2	10	2	20
Streptococcus altra specie	5	0.8	3	0	0

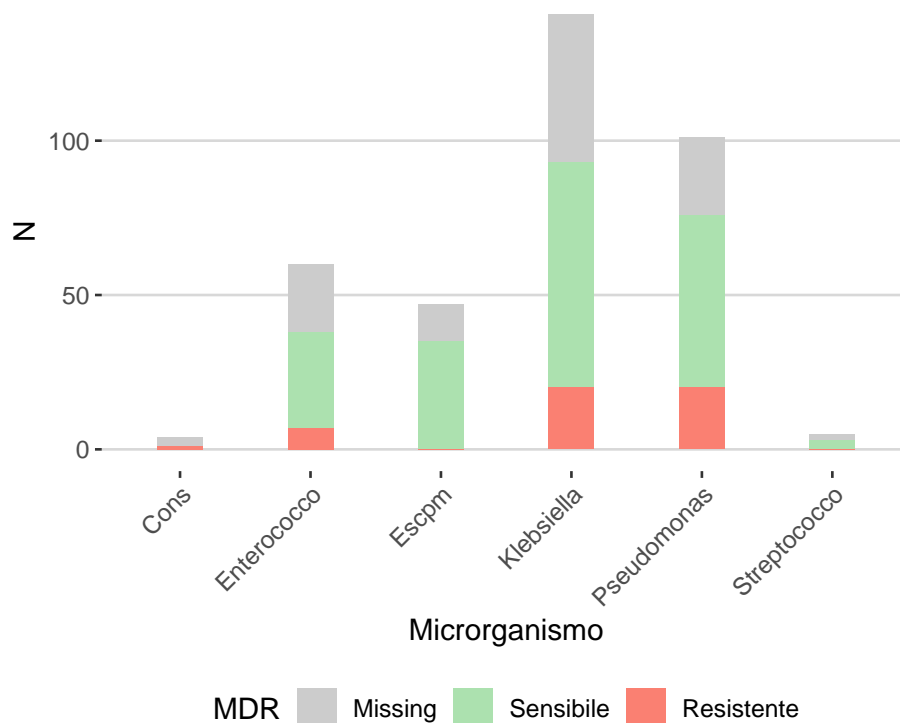
Enterococco faecalis	33	5.5	22	1	4.5
Enterococco faecium	22	3.6	15	6	40
Enterococco altra specie	5	0.8	1	0	0
Clostridium difficile	3	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.2	0	0	0
Totale Gram +	212	35.2	124	25	20.2
Klebsiella pneumoniae	114	18.9	76	19	25
Klebsiella altra specie	27	4.5	17	1	5.9
Enterobacter spp	39	6.5	30	1	3.3
Altro enterobacterales	10	1.7	8	0	0
Serratia	25	4.1	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	99	16.4	74	20	27
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	0	0
Escherichia coli	96	15.9	61	2	3.3
Proteus	15	2.5	10	0	0
Acinetobacter	46	7.6	37	32	86.5
Emofilo	5	0.8	0	0	0
Citrobacter	5	0.8	2	0	0
Morganella	7	1.2	5	0	0
Providencia	3	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.8	0	0	0
Totale Gram -	498	82.6	342	75	21.9
Candida albicans	39	6.5	0	0	0
Candida glabrata	6	1.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	21	3.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.8	0	0	0
Candida altra specie	3	0.5	0	0	0
Aspergillo	5	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.0	0	0	0
Totale Funghi	86	14.3	0	0	0
Citomegalovirus	11	1.8			
Herpes simplex	2	0.3			
Totale Virus	13	2.2	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 (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, 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	4	1	0	1	100.00	3
Enterococco	60	38	31	7	18.42	22
Escpm	47	35	35	0	0.00	12
Klebsiella	141	93	73	20	21.51	48
Pseudomonas	101	76	56	20	26.32	25
Streptococco	5	3	3	0	0.00	2

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.

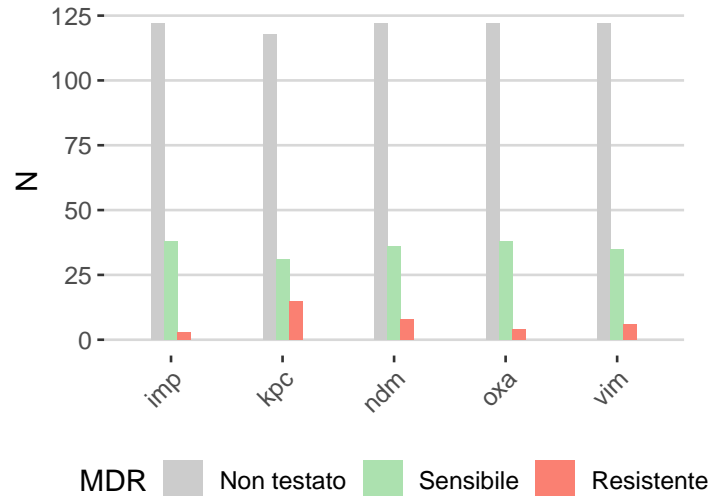
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	76	Ertapenem	14	18.42
Klebsiella pneumoniae	76	Meropenem	18	23.68
Klebsiella altra specie	17	Ertapenem	1	5.88
Klebsiella altra specie	17	Meropenem	1	5.88
Enterobacter spp	30	Ertapenem	1	3.33
Escherichia coli	59	Ertapenem	2	3.39
Escherichia coli	61	Meropenem	2	3.28
Acinetobacter	36	Imipenem	21	58.33
Acinetobacter	37	Meropenem	31	83.78
Pseudomonas aeruginosa	74	Imipenem	20	27.03
Pseudomonas aeruginosa	72	Meropenem	10	13.89
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	72	Meticillina	15	20.83
Streptococcus pneumoniae	10	Penicillina	2	20.00
Enterococco faecalis	22	Vancomicina	1	4.55
Enterococco faecium	15	Vancomicina	6	40.00

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	24	14.29
No	26	15.48
Non testato	118	70.24
Missing	173	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	8.3	38	122
kpc	15	41.7	31	118
ndm	8	22.2	36	122
oxa	4	11.1	38	122
vim	6	16.7	35	122



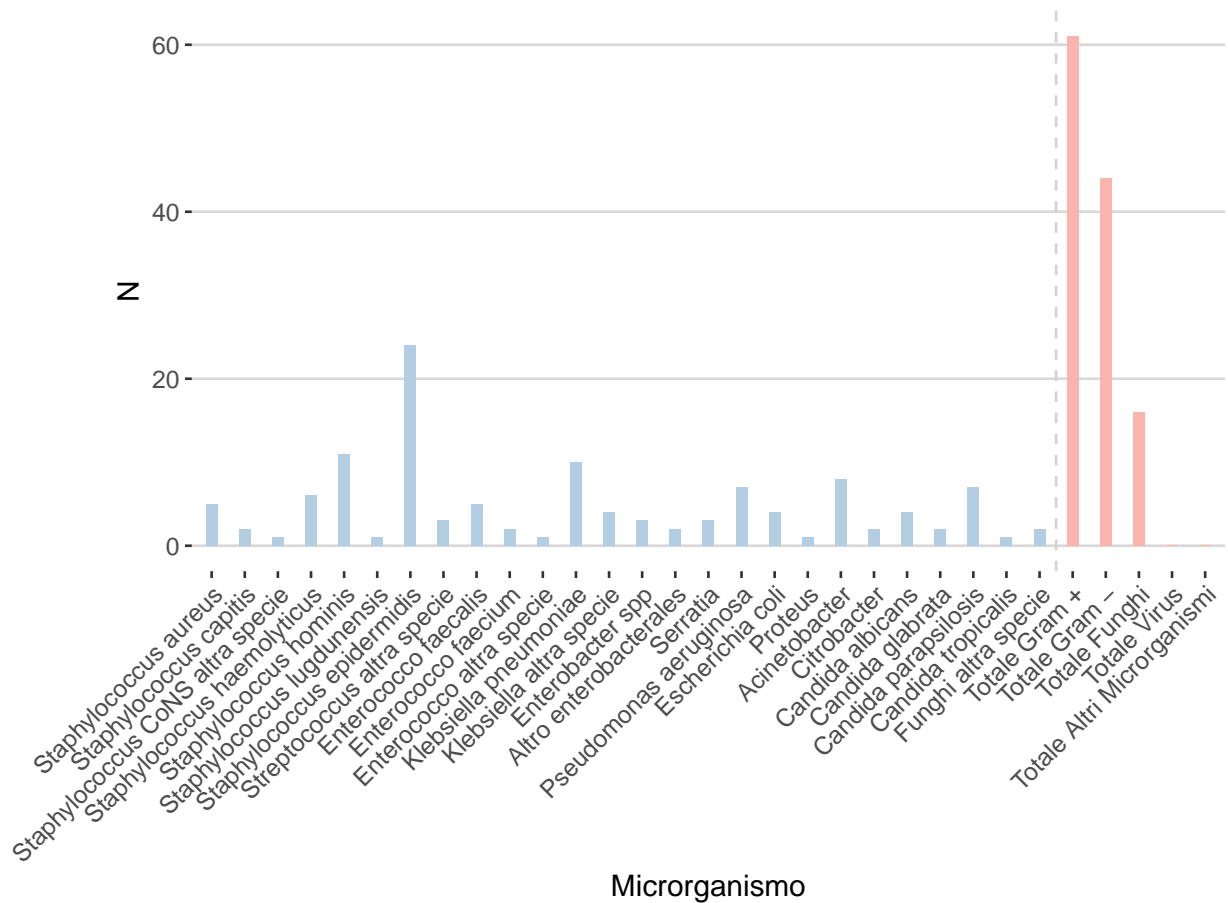
17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 98)

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	5	5.1	3	2	66.7
Staphylococcus capitis	2	2.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	6.1	5	3	60
Staphylococcus hominis	11	11.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	24.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	3.1	0	0	0
Enterococco faecalis	5	5.1	4	0	0
Enterococco faecium	2	2.0	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.0	1	1	100
Totale Gram +	61	62.2	14	6	42.9
Klebsiella pneumoniae	10	10.2	6	1	16.7
Klebsiella altra specie	4	4.1	3	0	0
Enterobacter spp	3	3.1	2	0	0
Altro enterobacterales	2	2.0	2	0	0
Serratia	3	3.1	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	7.1	6	1	16.7
Escherichia coli	4	4.1	4	0	0
Proteus	1	1.0	1	0	0
Acinetobacter	8	8.2	4	4	100
Citrobacter	2	2.0	2	0	0
Totale Gram -	44	44.9	33	6	18.2
Candida albicans	4	4.1	0	0	0

Candida glabrata	2	2.0	0	0	0
Candida parapsilosis	7	7.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	2	2.0	0	0	0
Totale Funghi	16	16.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

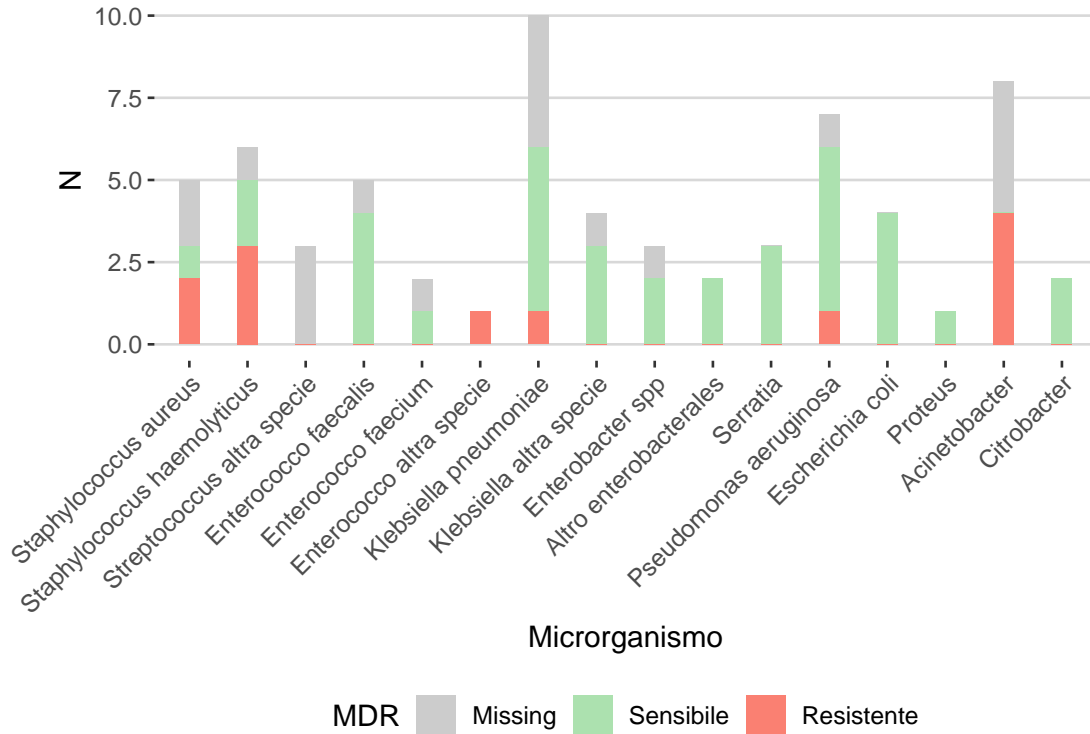


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	5.1	3	2	66.7
Staphylococcus capitis	2	2.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	6.1	5	3	60
Staphylococcus hominis	11	11.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	24.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	3.1	0	0	0
Enterococco faecalis	5	5.1	4	0	0
Enterococco faecium	2	2.0	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.0	1	1	100
Totale Gram +	61	62.2	14	6	42.9

17 PAZIENTI CON NUOVI EPISODI DI BATTERIEMIA IN DEGENZA (N = 98)

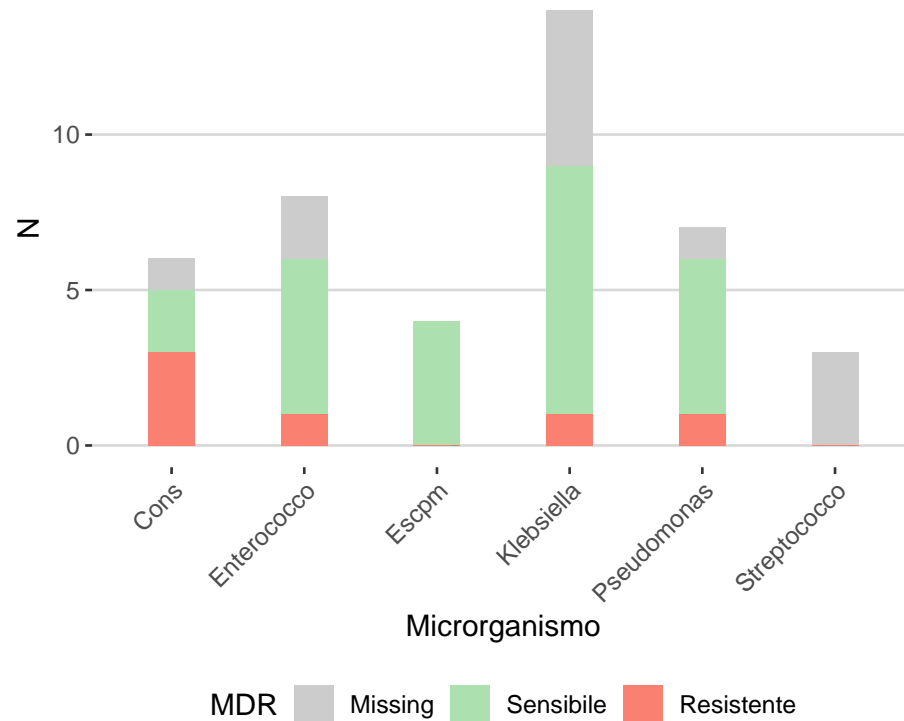
Klebsiella pneumoniae	10	10.2	6	1	16.7
Klebsiella altra specie	4	4.1	3	0	0
Enterobacter spp	3	3.1	2	0	0
Altro enterobacterales	2	2.0	2	0	0
Serratia	3	3.1	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	7.1	6	1	16.7
Escherichia coli	4	4.1	4	0	0
Proteus	1	1.0	1	0	0
Acinetobacter	8	8.2	4	4	100
Citrobacter	2	2.0	2	0	0
Totale Gram -	44	44.9	33	6	18.2
Candida albicans	4	4.1	0	0	0
Candida glabrata	2	2.0	0	0	0
Candida parapsilosis	7	7.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	2	2.0	0	0	0
Totale Funghi	16	16.3	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, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, 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.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	6	5	2	3	60.00	1
Enterococco	8	6	5	1	16.67	2
Escpm	4	4	4	0	0.00	0
Klebsiella	14	9	8	1	11.11	5
Pseudomonas	7	6	5	1	16.67	1
Streptococco	3	0	0	0	NaN	3

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

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

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

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

Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	1	20.00
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	4	Imipenem	2	50.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	6	Meropenem	1	16.67
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

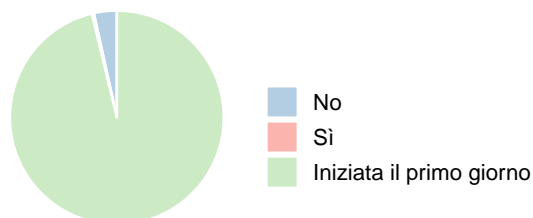
17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

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	28	

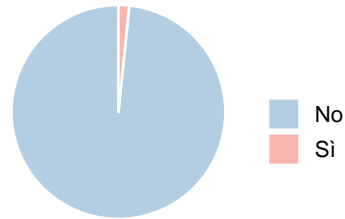
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 489)

18.1 Catetere urinario (N = 30391)



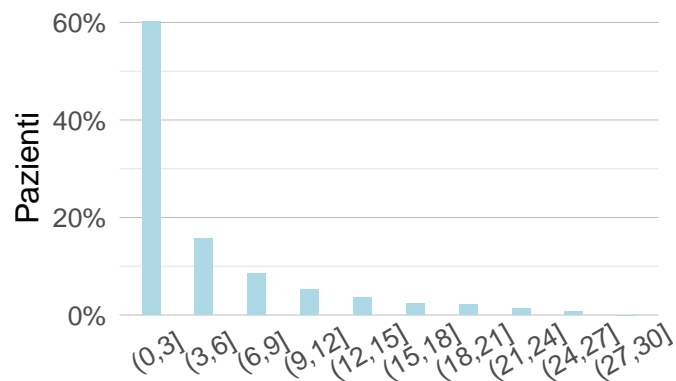
Catetere urinario	N	%
No	1050	3.5
Sì	29230	96.5
Iniziativa il primo giorno	29143	95.9
Missing	111	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	29747	98.4
Si	489	1.6
Missing	155	0

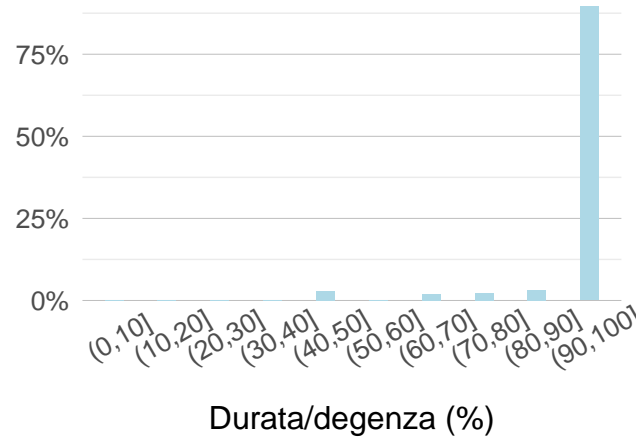
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

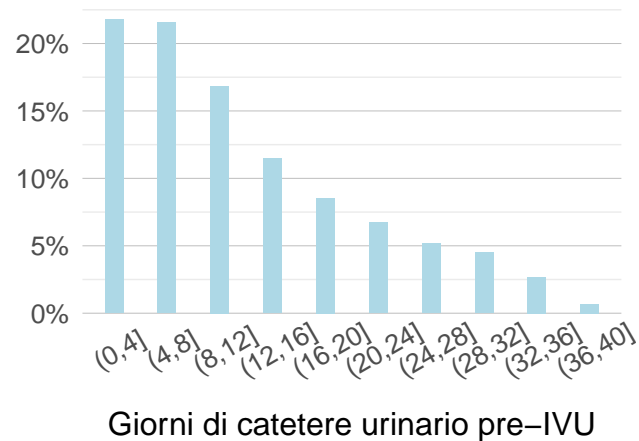
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.7 (10.9)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	66

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	96.6 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	70

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	487
Media (DS)	14.4 (14.7)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-19)
Missing	2

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	2.6	1.8 %
CI (95%)	2.4 - 2.9	1.7 - 2.0

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.

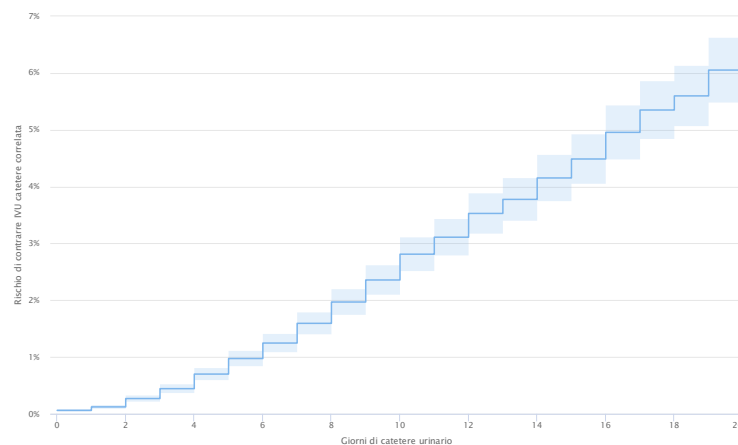
Il secondo invece:

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

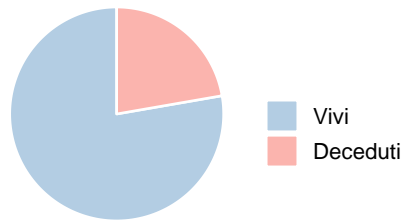
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

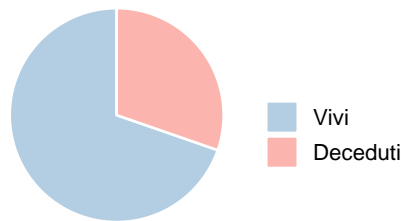


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	377	77.7
Deceduti	108	22.3
Missing	4	0

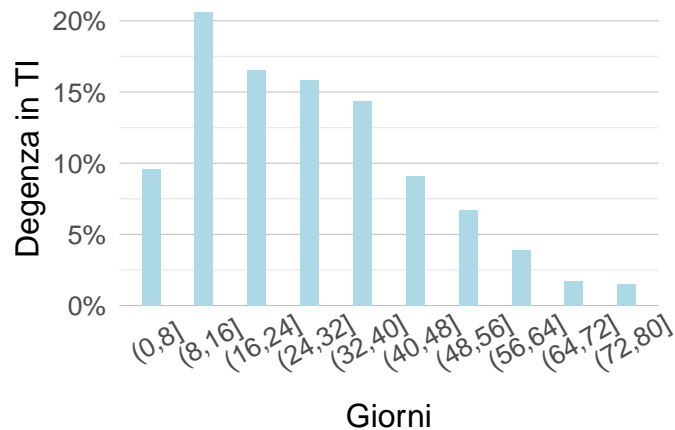
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	315	69.7
Deceduti	137	30.3
Missing	14	0

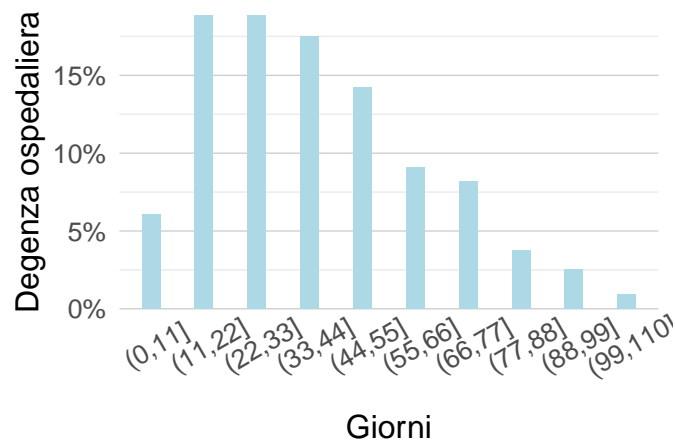
* Statistiche calcolate su 466 escludendo le riammissioni da reparto (N = 23).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.3 (24.9)
Mediana (Q1-Q3)	27 (15-42)
Missing	4

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.9 (31.9)
Mediana (Q1-Q3)	40 (23-60)
Missing	14

* Statistiche calcolate su 466 escludendo le riammissioni da reparto (N = 23).

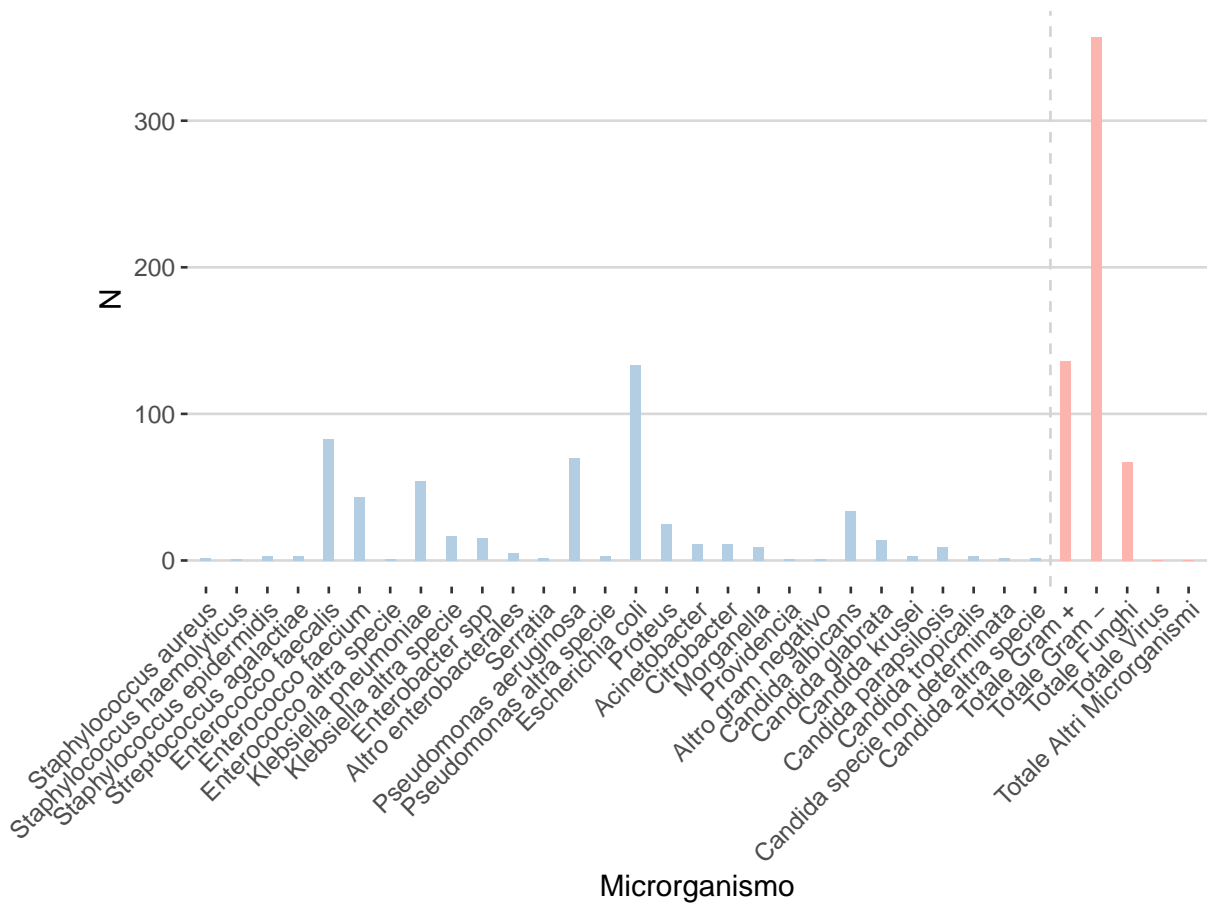
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	489	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	489	
Totale microrganismi isolati	561	

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.

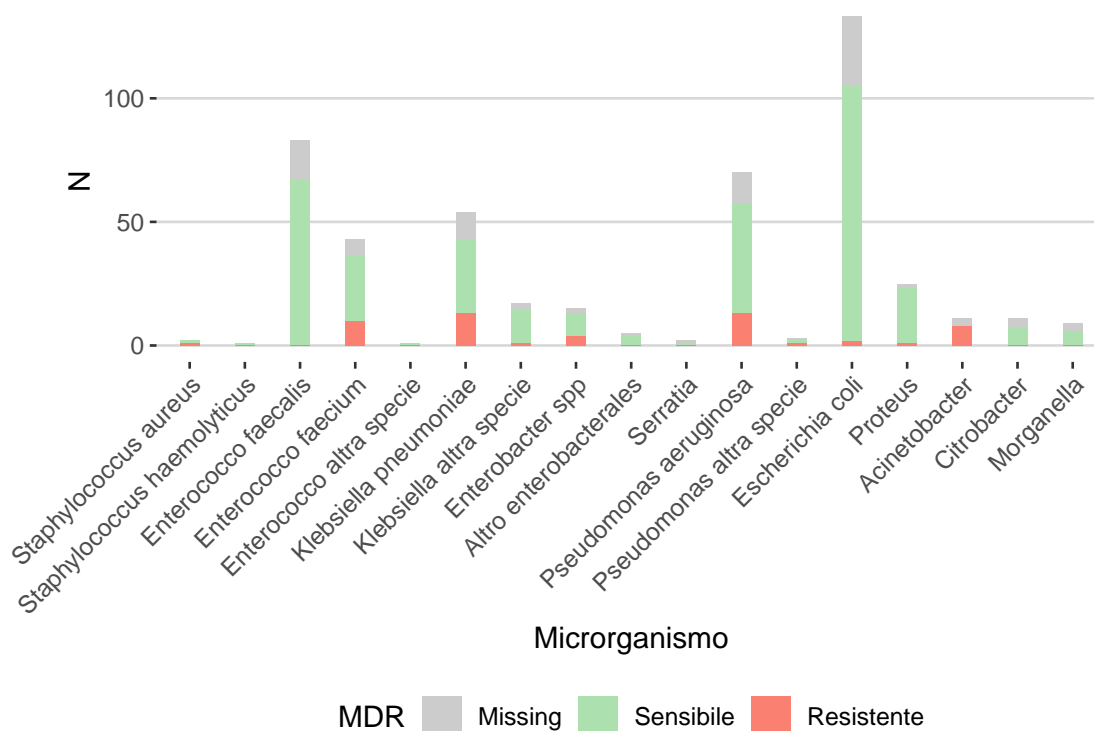
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	0.4	2	1	50
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	83	17.0	67	0	0
Enterococco faecium	43	8.8	36	10	27.8
Enterococco altra specie	1	0.2	1	0	0
Totale Gram +	136	27.8	107	11	10.3
Klebsiella pneumoniae	54	11.0	43	13	30.2
Klebsiella altra specie	17	3.5	14	1	7.1
Enterobacter spp	15	3.1	13	4	30.8
Altro enterobacterales	5	1.0	4	0	0
Serratia	2	0.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	70	14.3	57	13	22.8
Pseudomonas altra specie	3	0.6	2	1	50
Escherichia coli	133	27.2	105	2	1.9
Proteus	25	5.1	23	1	4.3
Acinetobacter	11	2.2	8	8	100
Citrobacter	11	2.2	7	0	0
Morganella	9	1.8	6	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
Totale Gram -	357	73.0	283	43	15.2
Candida albicans	34	7.0	0	0	0
Candida glabrata	14	2.9	0	0	0
Candida krusei	3	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	9	1.8	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Totale Funghi	67	13.7	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	2	0.4	2	1	50
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	83	17.0	67	0	0
Enterococco faecium	43	8.8	36	10	27.8
Enterococco altra specie	1	0.2	1	0	0
Totale Gram +	136	27.8	107	11	10.3
Klebsiella pneumoniae	54	11.0	43	13	30.2
Klebsiella altra specie	17	3.5	14	1	7.1
Enterobacter spp	15	3.1	13	4	30.8
Altro enterobacteriales	5	1.0	4	0	0
Serratia	2	0.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	70	14.3	57	13	22.8
Pseudomonas altra specie	3	0.6	2	1	50
Escherichia coli	133	27.2	105	2	1.9
Proteus	25	5.1	23	1	4.3
Acinetobacter	11	2.2	8	8	100
Citrobacter	11	2.2	7	0	0
Morganella	9	1.8	6	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0

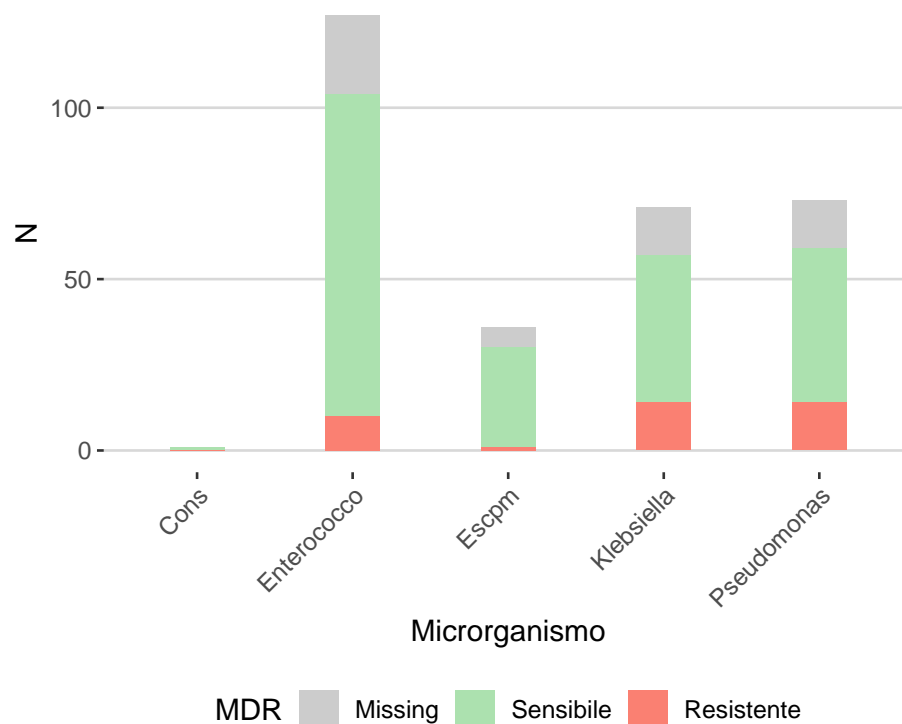
Totale Gram -	357	73.0	283	43	15.2
Candida albicans	34	7.0	0	0	0
Candida glabrata	14	2.9	0	0	0
Candida krusei	3	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	9	1.8	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Totale Funghi	67	13.7	0	0	0
Totale Virus	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 hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Aspergillo, Candida auris, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	1	0	0.00	0
Enterococco	127	104	94	10	9.62	23
Escpm	36	30	29	1	3.33	6
Klebsiella	71	57	43	14	24.56	14
Pseudomonas	73	59	45	14	23.73	14

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	43	Ertapenem	13	30.23
Klebsiella pneumoniae	43	Meropenem	11	25.58

Klebsiella altra specie	13	Ertapenem	1	7.69
Klebsiella altra specie	14	Meropenem	1	7.14
Enterobacter spp	12	Ertapenem	4	33.33
Enterobacter spp	13	Meropenem	2	15.38
Escherichia coli	103	Ertapenem	2	1.94
Proteus	23	Meropenem	1	4.35
Acinetobacter	7	Imipenem	4	57.14
Acinetobacter	8	Meropenem	8	100.00
Pseudomonas aeruginosa	57	Imipenem	12	21.05
Pseudomonas aeruginosa	56	Meropenem	7	12.50
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50.00
Enterococco faecium	36	Vancomicina	10	27.78

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-mechanismo 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	251	

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