



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Nord 62 TI

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

Le regioni appartenenti all'area Nord sono: Emilia Ro-

magna, Friuli Venezia Giulia, Liguria, Lombardia, Piemonte,
Trentino Alto Adige, Valle d'Aosta, Veneto.

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 = 20764)	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 = 8172)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 12483)	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 = 6858)	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 = 1170)	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 = 2401)	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 = 2377)	66
8.1 Sesso	66
8.2 Etá	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 = 1063)	83
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	83
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 1314)	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 = 975)	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 = 852)	101
12.1	VAP precoce	101
12.2	Diagnosi	102
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	102
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 20764)	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)	117
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 797)	121
13.1	Trauma	121
13.2	Stato Chirurgico	121
13.3	Tipologia	122
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	122
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	122
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 282)	128
14.1	Infezioni multisito	128
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	128
14.3	Mortalità in TI	129
14.4	Mortalità ospedaliera *	129
14.5	Degenza in TI (giorni)	130
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	130
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	131

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 226)	135
15.1	Infezione multisito	135
15.2	Fattori di rischio	135
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	137
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	137
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	138
15.6	Mortalità in TI	138
15.7	Mortalità ospedaliera *	139
15.8	Degenza in TI (giorni)	139
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	140
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	140
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 391)	146
16.1	Infezioni associate (top 10)	146
16.2	Mortalità in TI	147
16.3	Mortalità ospedaliera *	147
16.4	Degenza in TI (giorni)	148
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	148
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	148
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 69)	155
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	155
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 312)	159
18.1	Catetere urinario (N = 20764)	159
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	160
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	161
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	161
18.5	Mortalità in TI	163
18.6	Mortalità ospedaliera *	163
18.7	Degenza in TI (giorni)	164
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	164
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	164
Appendice		169
	Definizione di MDR	169
	Raggruppamento Microrganismi	170

Petalo Infectionlight

Anno 2022

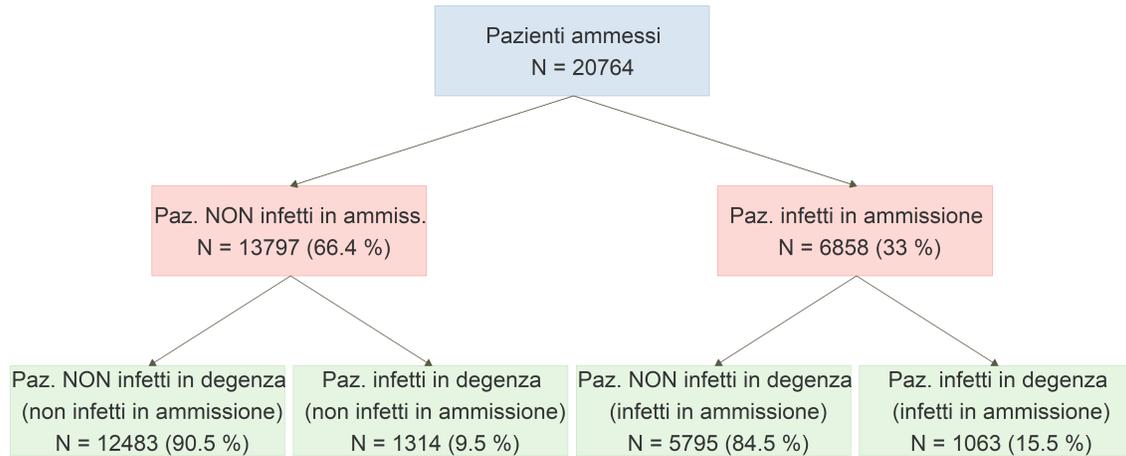
Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

Popolazione complessiva: 62 TI

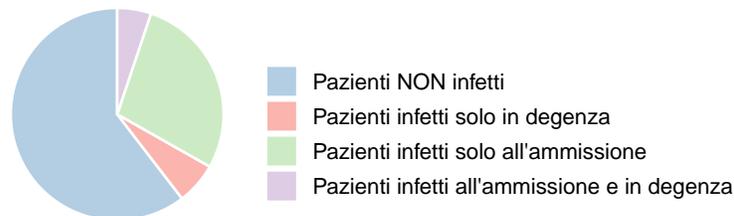
TI Nord

Le regioni appartenenti all'area Nord sono: Emilia Romagna, Friuli Venezia Giulia, Liguria, Lombardia, Piemonte, Trentino Alto Adige, Valle d'Aosta, Veneto.

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



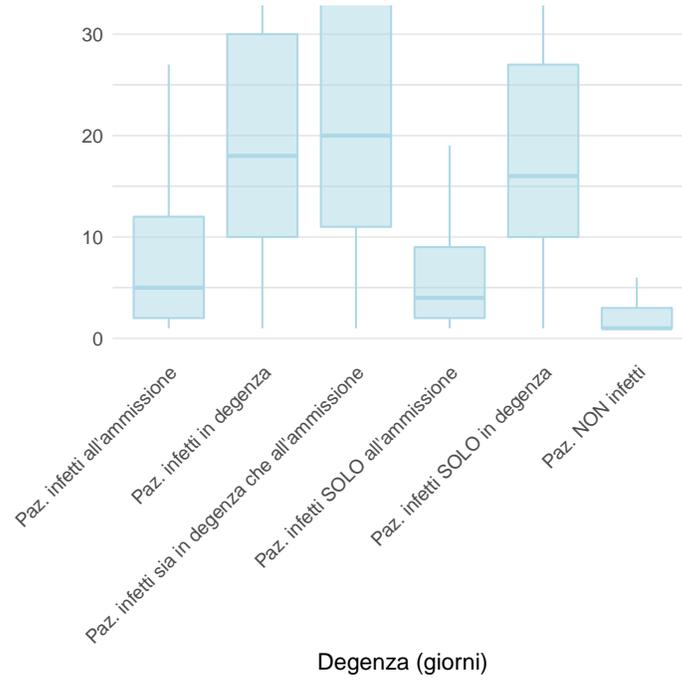
Per N = 109 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	12483	60.4
Pazienti infetti solo in degenza	1314	6.4
Pazienti infetti solo all'ammissione	5795	28.1
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	1063	5.1

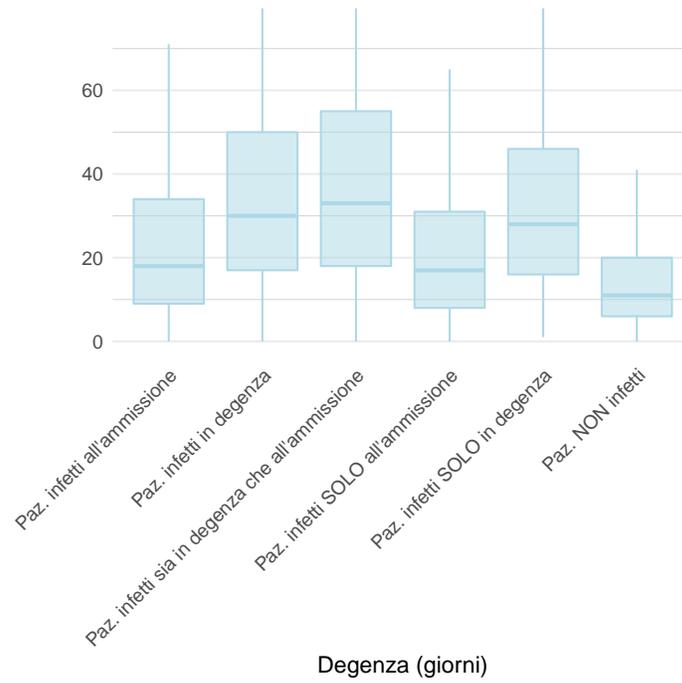
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 20655).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Pazienti	Degenza in TI (giorni)			
	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	12483	60.1	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	5795	27.9	4	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1063	5.1	20	(11 - 35)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1314	6.3	16	(10 - 27)
Pazienti infetti all'ammissione	6858	33.0	5	(2 - 12)
Pazienti infetti in degenza	2377	11.4	18	(10 - 30)

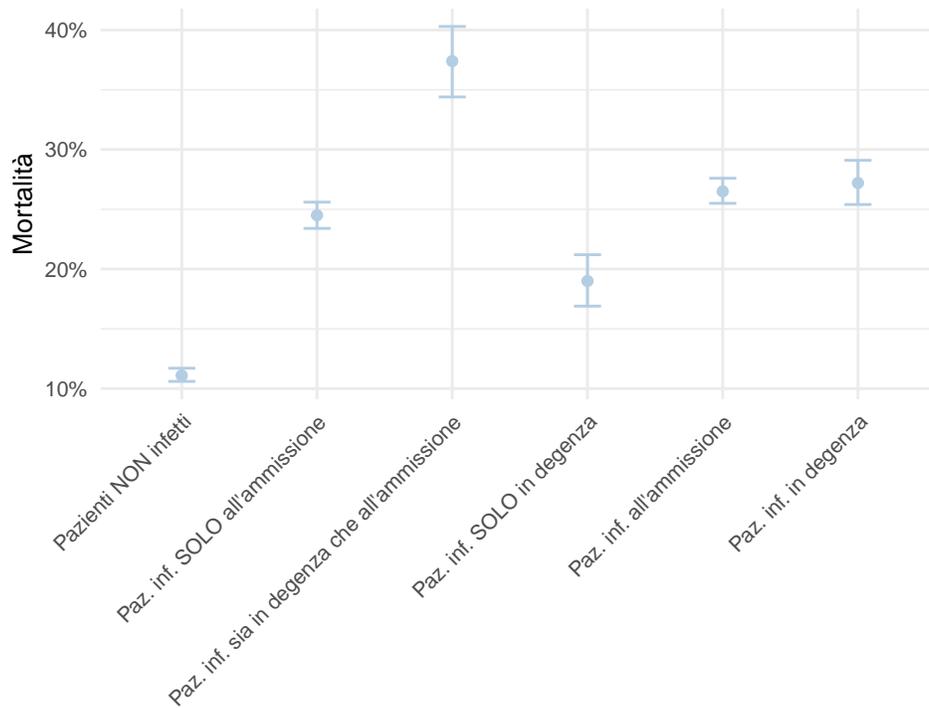
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	12483	60.1	11	(6 - 20)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	5795	27.9	17	(8 - 31)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1063	5.1	33	(18 - 55)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1314	6.3	28	(16 - 46)
Pazienti infetti all'ammissione	6858	33.0	18	(9 - 34)
Pazienti infetti in degenza	2377	11.4	30	(17 - 50)

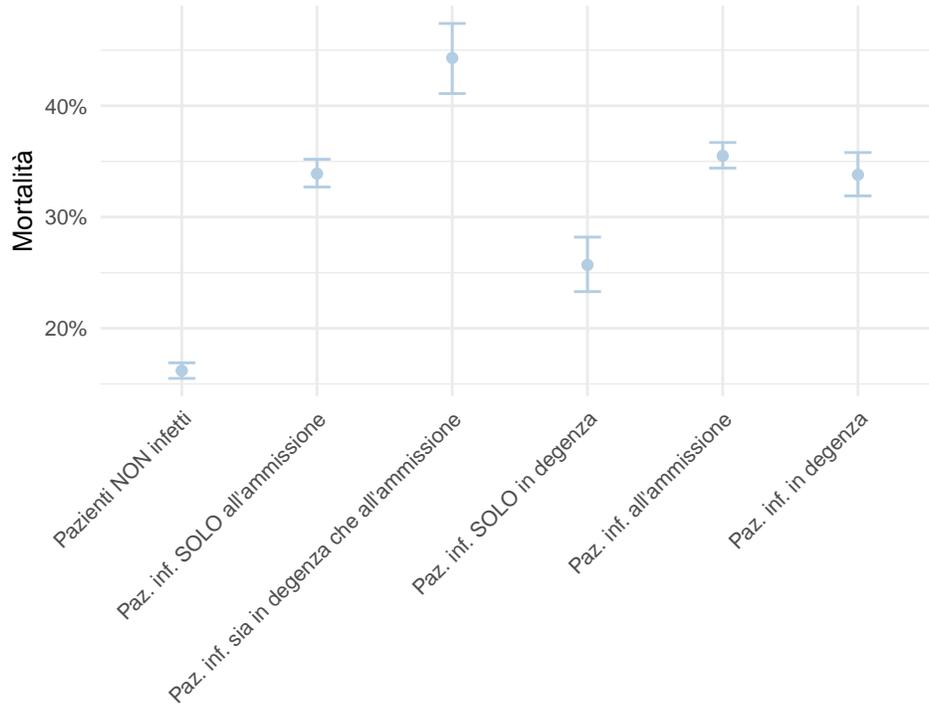
* escluse le riammissioni (N = 694)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	12483	1389	11.1	(10.6 - 11.7)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	5795	1419	24.5	(23.4 - 25.6)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1063	396	37.4	(34.4 - 40.3)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1314	249	19.0	(16.9 - 21.2)
Pazienti infetti all'ammissione	6858	1815	26.5	(25.5 - 27.6)
Pazienti infetti in degenza	2377	645	27.2	(25.4 - 29.1)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

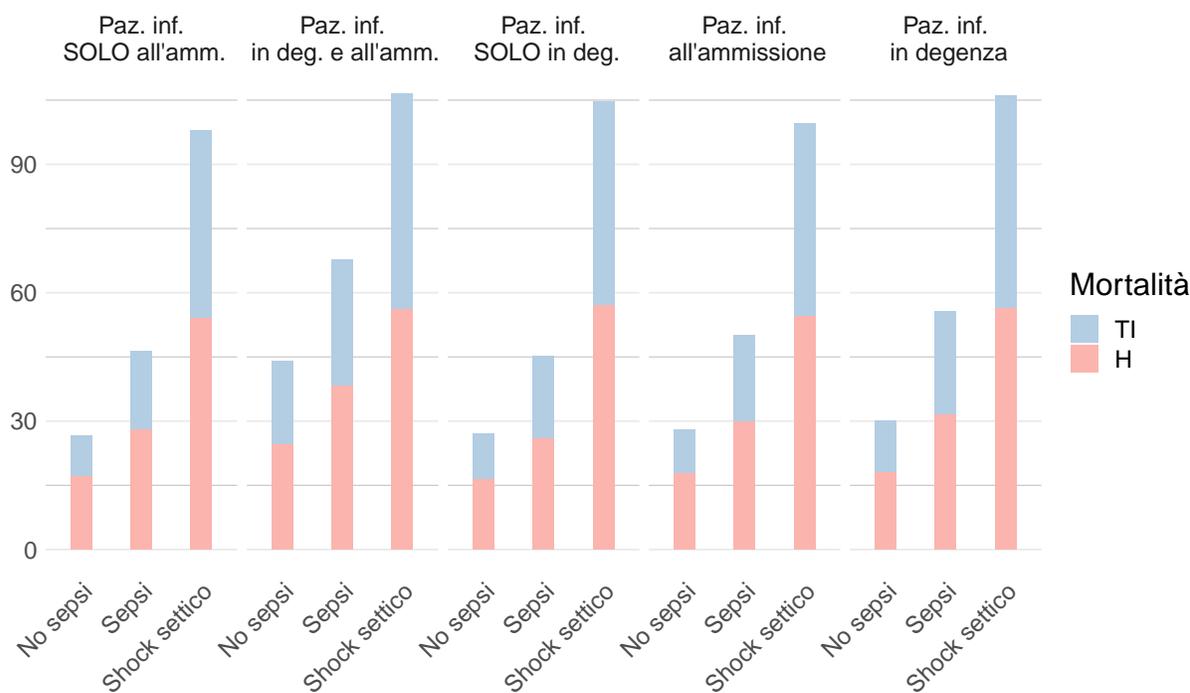


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	12483	1963	16.2	(15.5 - 16.9)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	5795	1842	33.9	(32.7 - 35.2)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1063	439	44.3	(41.1 - 47.4)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1314	324	25.7	(23.3 - 28.2)
Pazienti infetti all'ammissione	6858	2281	35.5	(34.4 - 36.7)
Pazienti infetti in degenza	2377	763	33.8	(31.9 - 35.8)

* escluse le riammissioni (N = 694)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	5795	1598	2238	1955	27.6	38.6	33.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1063	140	460	463	13.2	43.3	43.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	1314	621	514	179	47.3	39.1	13.6
Pazienti infetti all'ammissione	6858	1738	2698	2418	25.4	39.4	35.3
Pazienti infetti in degenza	2377	761	974	642	32.0	41.0	27.0



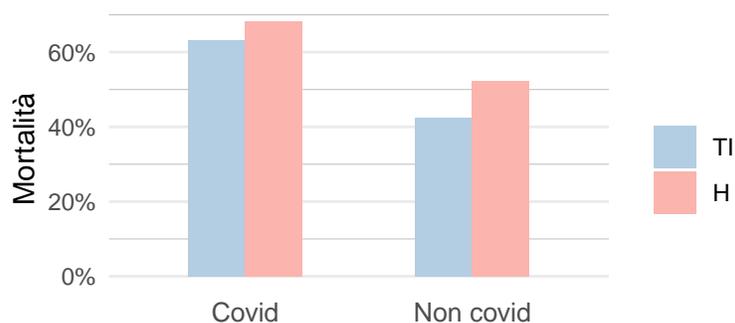
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1598	153	9.6	1513	257	17.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	140	27	19.4	132	32	24.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	621	66	10.7	609	98	16.4
Pazienti infetti all'ammissione	1738	180	10.4	1645	289	17.7
Pazienti infetti in degenza	761	93	12.3	741	130	17.9

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	2238	407	18.2	2090	582	28.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	460	136	29.6	438	164	38.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	514	98	19.1	502	129	26.0
Pazienti infetti all'ammissione	2698	543	20.1	2528	746	29.9
Pazienti infetti in degenza	974	234	24.1	940	293	31.6

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	1955	858	43.9	1873	1002	54.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	463	233	50.4	438	243	56.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	179	85	47.5	174	97	57.1
Pazienti infetti all'ammissione	2418	1091	45.2	2311	1245	54.5
Pazienti infetti in degenza	642	318	49.6	612	340	56.4

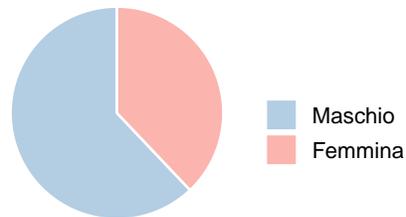
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	305	193	63.3	302	204	68.2
Non covid	2113	898	42.5	2009	1041	52.4

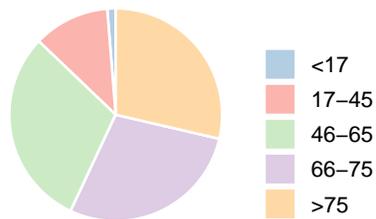
2 Tutti i pazienti (N = 20764)

2.1 Sesso



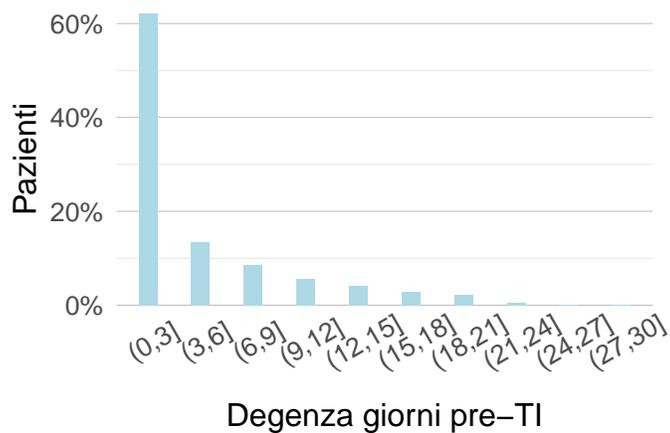
Sesso	N	%
Maschio	12886	62.1
Femmina	7875	37.9
Missing	3	0

2.2 Età



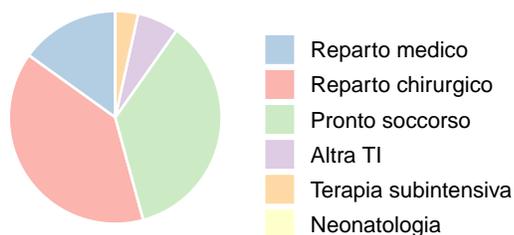
Range età	N	%
<17	264	1.3
17-45	2406	11.6
46-65	6266	30.2
66-75	5882	28.3
>75	5946	28.6
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



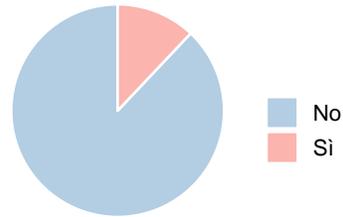
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	12.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	74

2.4 Provenienza (reparto)



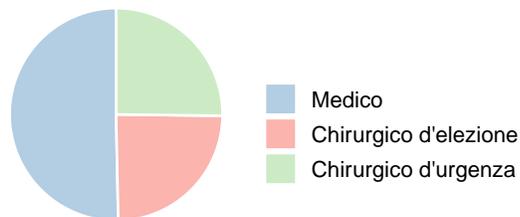
Provenienza	N	%
Reparto medico	3112	15.1
Reparto chirurgico	8083	39.2
Pronto soccorso	7427	36.0
Altra TI	1299	6.3
Terapia subintensiva	716	3.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	127	0

2.5 Trauma



Trauma	N	%
No	18207	88.0
Si	2492	12.0
Missing	65	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	10416	50.3
Chirurgico d'elezione	5066	24.5
Chirurgico d'urgenza	5216	25.2
Missing	66	0

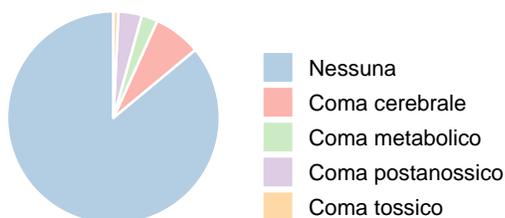
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	8111	39.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

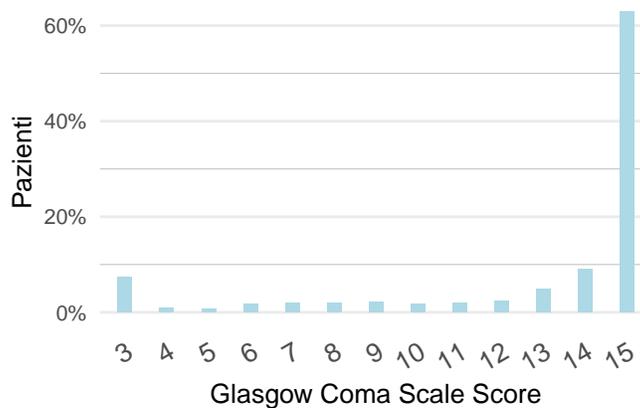
Trattamento intensivo	12403	60.0
Sedazione Palliativa	90	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	75	0.4
Missing	85	0

2.8 Insufficienza neurologica



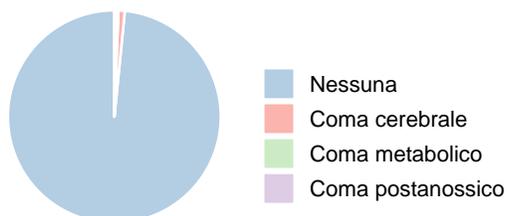
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	14899	86.0
Coma cerebrale	1249	7.2
Coma metabolico	426	2.5
Coma postanossico	617	3.6
Coma tossico	129	0.7
Missing	3444	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



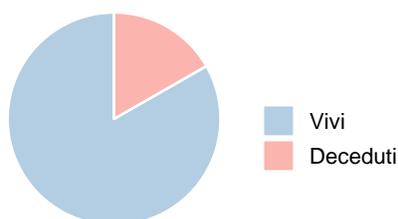
Indicatore	Valore
Media	12.9
DS	3.7
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



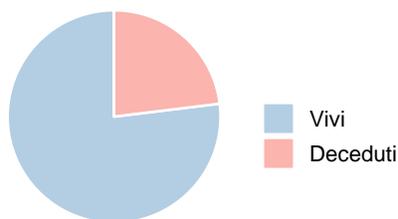
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	20337	98.4
Coma cerebrale	201	1.0
Coma metabolico	57	0.3
Coma postanossico	67	0.3
Missing	104	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	17199	83.3
Deceduti	3454	16.7
Missing	111	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

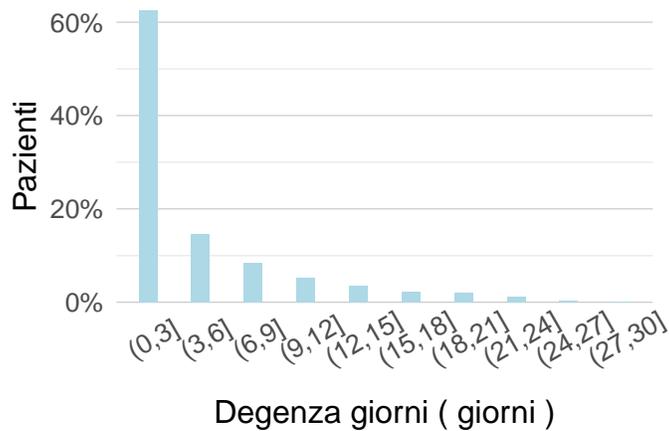


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	15249	76.9

Deceduti	4570	23.1
Missing	237	0

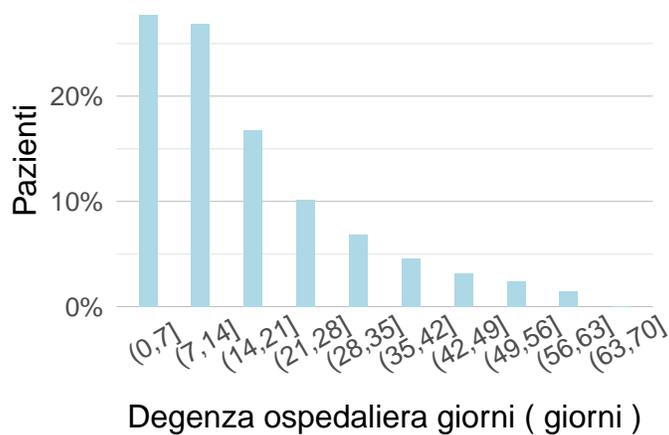
* Statistiche calcolate su 20056 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 708).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.4 (10.5)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	110

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

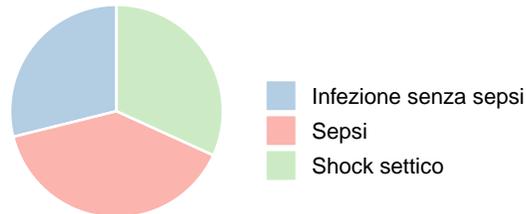


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.5 (22.6)
Mediana (Q1-Q3)	14 (7-26)
Missing	237

* Statistiche calcolate su 20056 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 708).

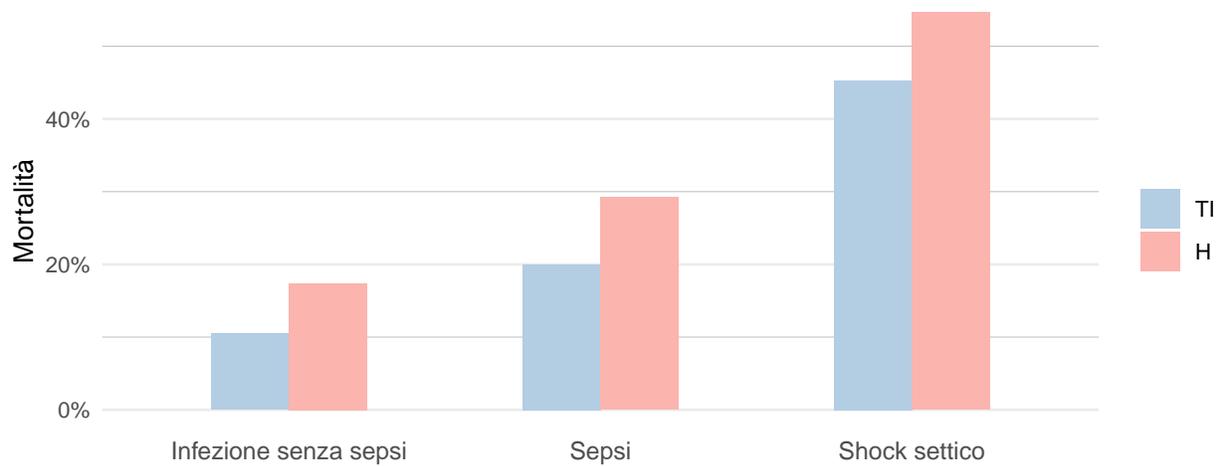
3 Pazienti infetti (N = 8172)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	2359	28.9
Sepsi	3212	39.3
Shock settico	2597	31.8
Missing	4	0

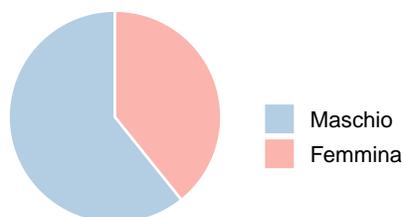
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	10.5	17.4
Sepsi	20.0	29.2
Shock settico	45.3	54.7

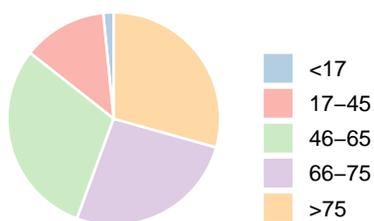
4 Pazienti non infetti (N = 12483)

4.1 Sesso



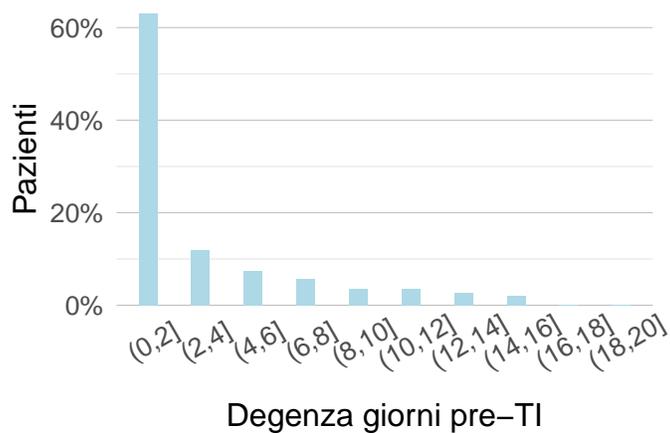
Sesso	N	%
Maschio	7585	60.8
Femmina	4897	39.2
Missing	1	0

4.2 Età



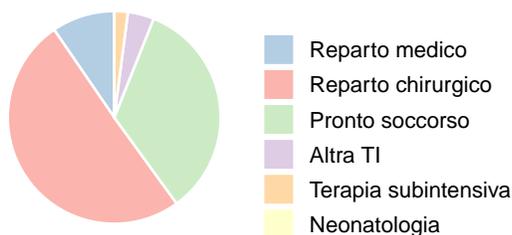
Range età	N	%
<17	198	1.6
17-45	1597	12.8
46-65	3747	30.0
66-75	3278	26.3
>75	3663	29.3
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



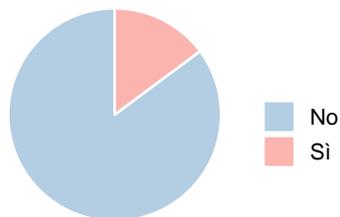
Indicatore	Valore
Media	3.5
DS	9.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	12

4.4 Provenienza (reparto)



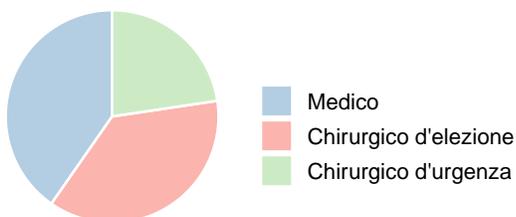
Provenienza	N	%
Reparto medico	1189	9.6
Reparto chirurgico	6277	50.4
Pronto soccorso	4228	34.0
Altra TI	495	4.0
Terapia subintensiva	257	2.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	37	0

4.5 Trauma



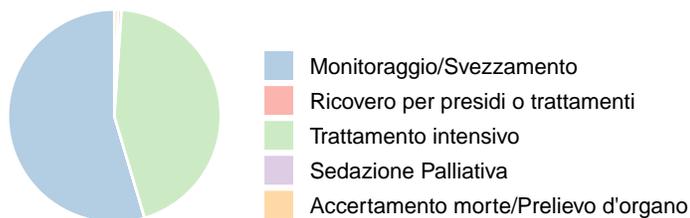
Trauma	N	%
No	10634	85.2
Si	1849	14.8
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	5034	40.3
Chirurgico d'elezione	4622	37.0
Chirurgico d'urgenza	2826	22.6
Missing	1	0

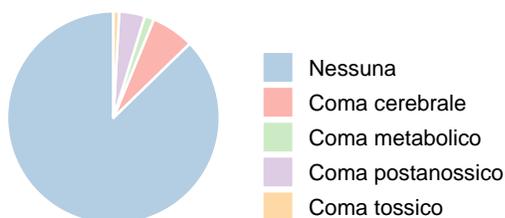
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	6808	54.6
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

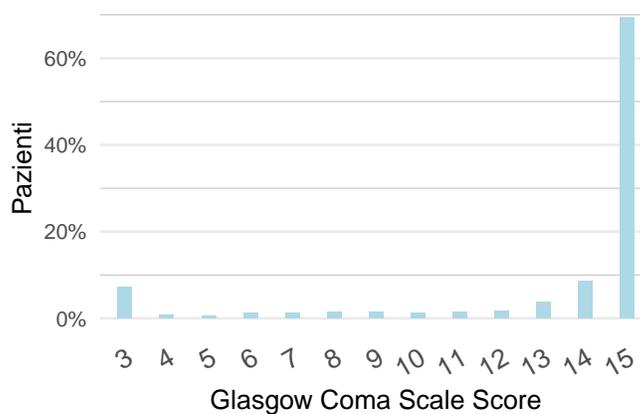
Trattamento intensivo	5529	44.3
Sedazione Palliativa	64	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	69	0.6
Missing	13	0

4.8 Insufficienza neurologica



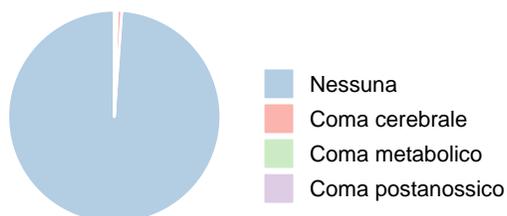
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	9068	87.3
Coma cerebrale	678	6.5
Coma metabolico	148	1.4
Coma postanossico	407	3.9
Coma tossico	89	0.9
Missing	2093	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



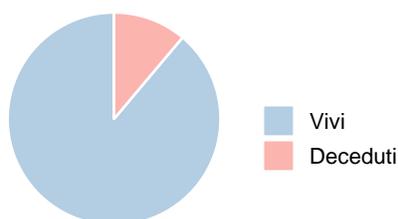
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.6
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



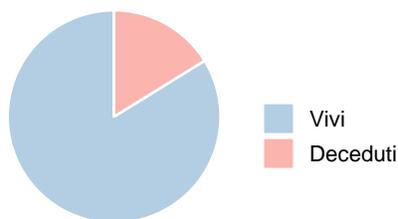
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	12345	98.9
Coma cerebrale	86	0.7
Coma metabolico	13	0.1
Coma postanossico	40	0.3
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	11088	88.9
Deceduti	1389	11.1
Missing	6	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

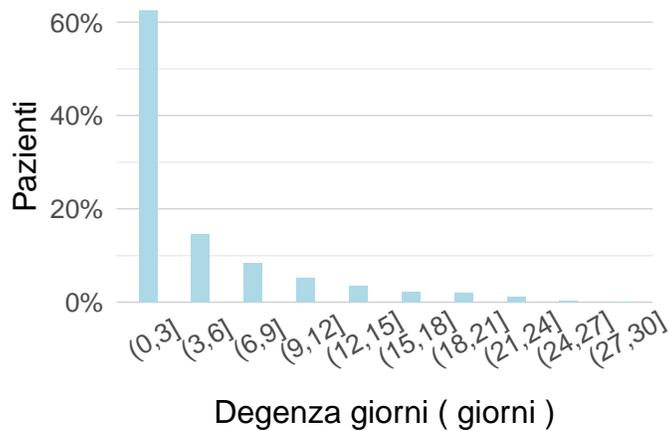


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	10165	83.8

Deceduti	1963	16.2
Missing	48	0

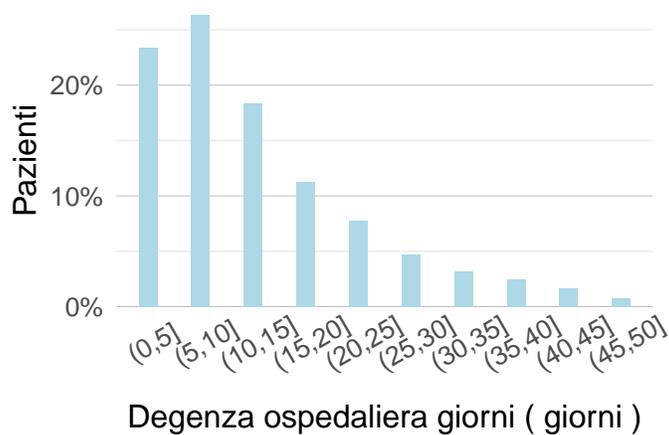
* Statistiche calcolate su 12176 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 307).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.9 (4.5)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	6

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

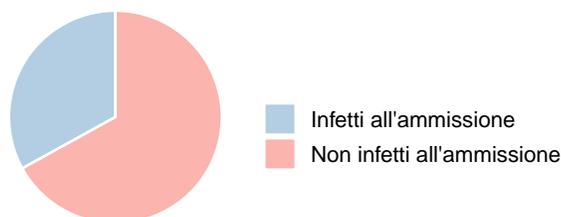


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.2 (18.8)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-20)
Missing	47

* Statistiche calcolate su 12176 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 307$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

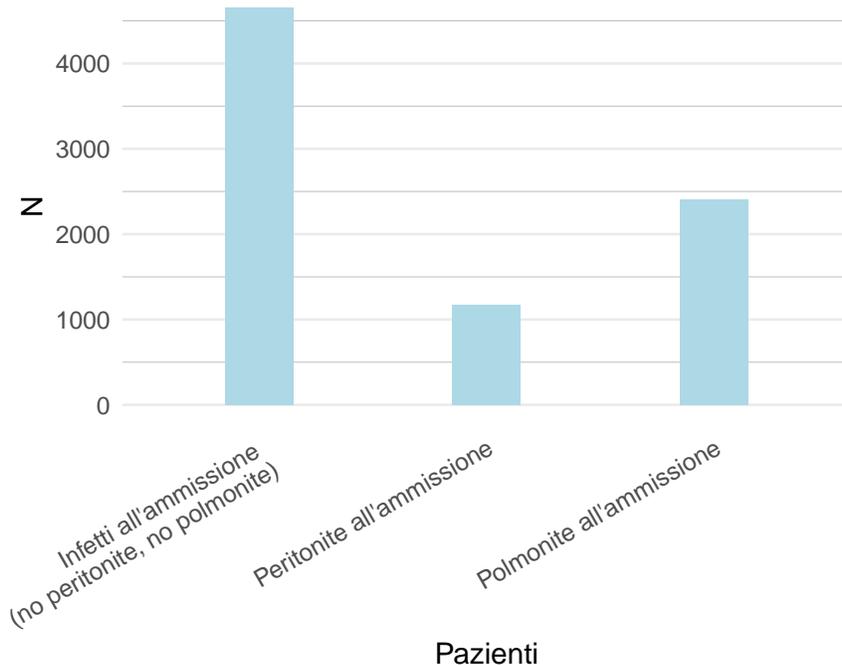
Sono presenti 6858 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 33.03% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	6858	33.03
Non infetti all'ammissione	13906	66.97

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 20764).

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

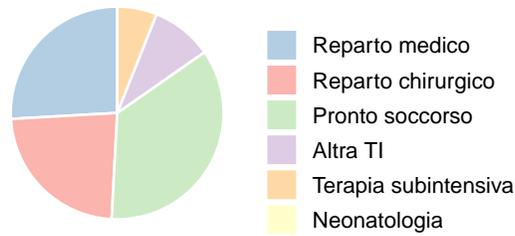


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	4652	67.83
Peritonite all'ammissione	1170	17.06
Polmonite all'ammissione	2401	35.01

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 6858).

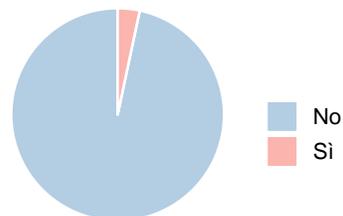
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 6858)

5.1 Provenienza (reparto)



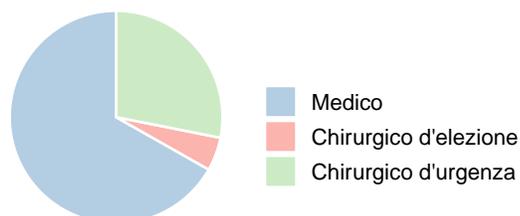
Provenienza	N	%
Reparto medico	1767	25.9
Reparto chirurgico	1587	23.3
Pronto soccorso	2424	35.5
Altra TI	633	9.3
Terapia subintensiva	411	6.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	36	0

5.2 Trauma



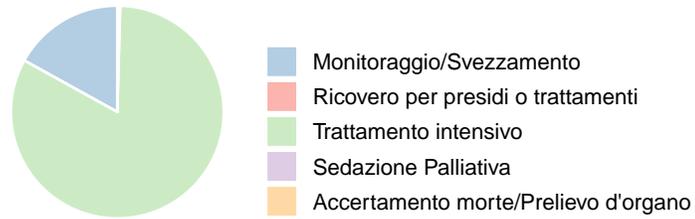
Trauma	N	%
No	6629	96.7
Si	229	3.3
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



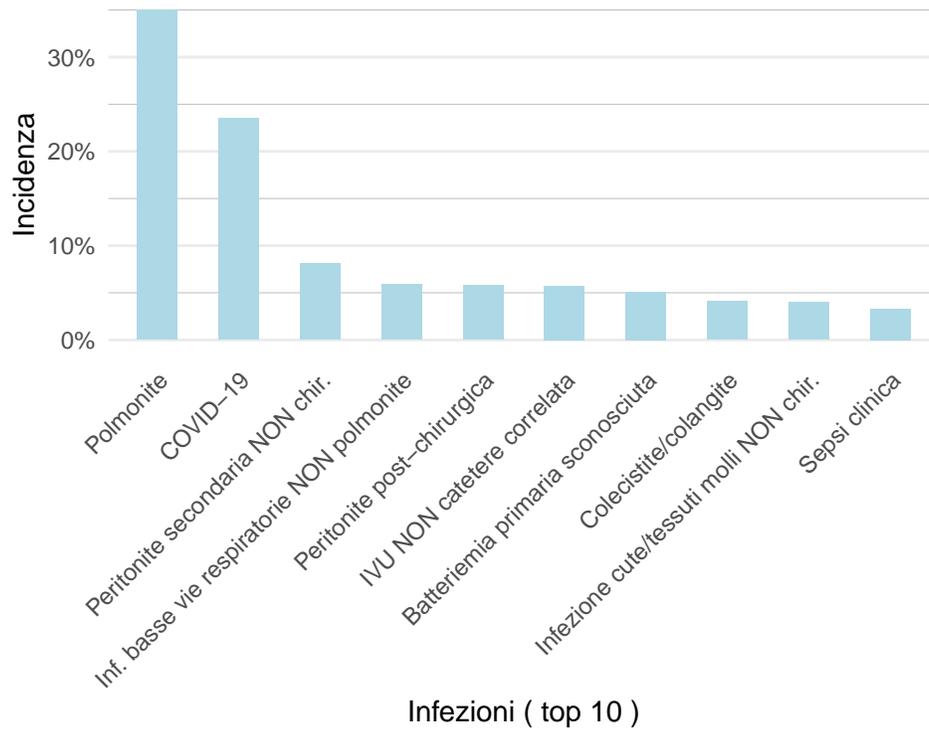
Stato chirurgico	N	%
Medico	4581	66.8
Chirurgico d'elezione	349	5.1
Chirurgico d'urgenza	1928	28.1
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



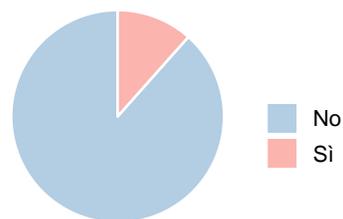
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1162	17.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	5662	82.6
Sedazione Palliativa	26	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.0
Missing	5	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



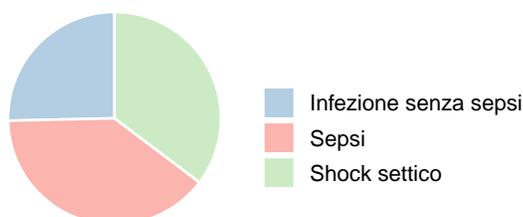
Infezione	N	%
Polmonite	2401	35.0
COVID-19	1609	23.5
Peritonite secondaria NON chir.	555	8.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	403	5.9
Peritonite post-chirurgica	395	5.8
IVU NON catetere correlata	393	5.7
Batteriemia primaria sconosciuta	351	5.1
Colecistite/colangite	280	4.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	272	4.0
Sepsi clinica	228	3.3
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	6065	88.4
Sì	793	11.6
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	1738	25.4
Sepsi	2698	39.4
Shock settico	2418	35.3
Missing	4	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.

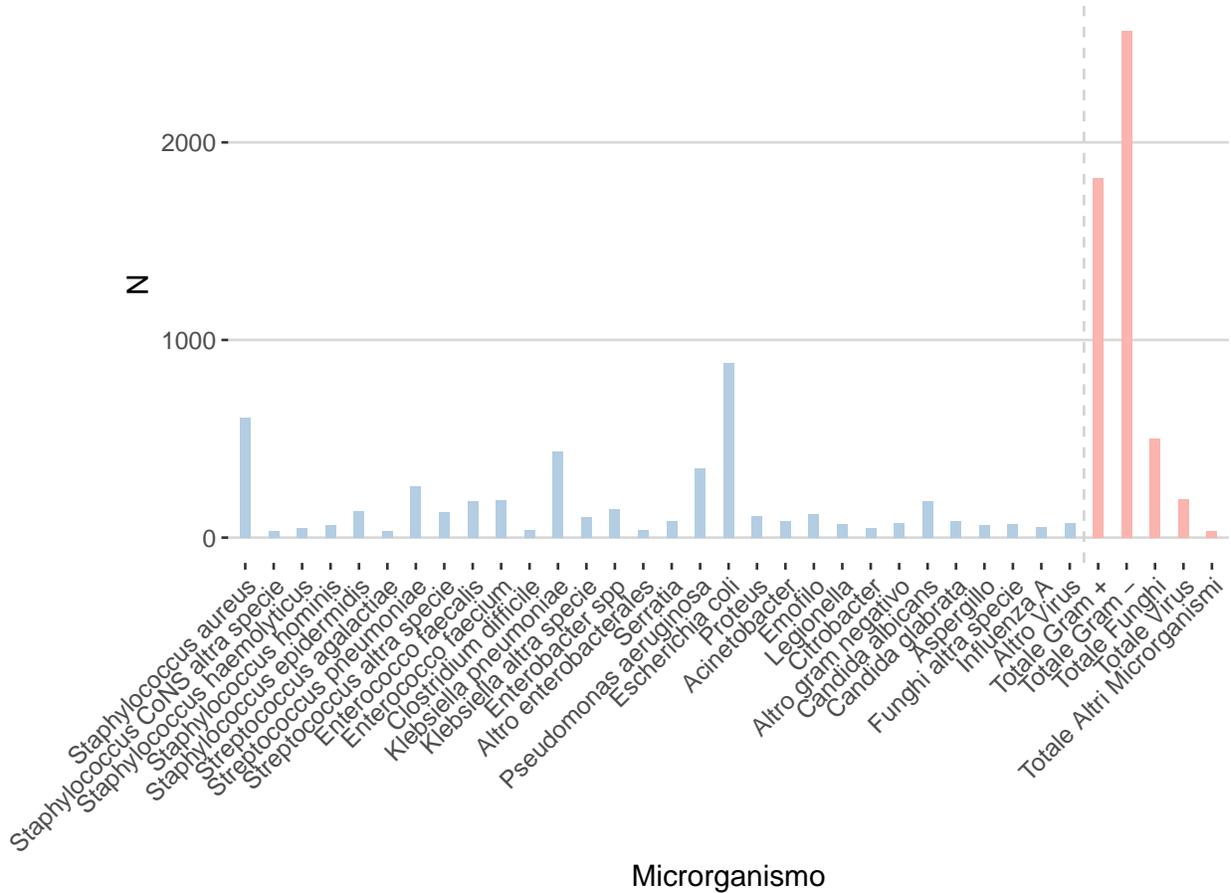
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2161	32.4
Sì	4502	67.6
Missing	24	
Totale infezioni	6687	
Totale microrganismi isolati	5822	

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	604	13.4	507	119	23.5
Staphylococcus capitis	30	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	34	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	48	1.1	39	24	61.5
Staphylococcus hominis	65	1.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	9	0.2	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	135	3.0	0	0	0
Pyogens	15	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	34	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	258	5.7	197	12	6.1
Streptococcus altra specie	127	2.8	100	7	7
Enterococco faecalis	182	4.0	150	3	2
Enterococco faecium	189	4.2	157	45	28.7
Enterococco altra specie	31	0.7	23	2	8.7
Clostridium difficile	39	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	21	0.5	0	0	0
Totale Gram +	1821	40.4	1173	212	18.1
Klebsiella pneumoniae	433	9.6	345	76	22
Klebsiella altra specie	103	2.3	82	2	2.4
Enterobacter spp	141	3.1	110	14	12.7
Altro enterobacterales	36	0.8	23	1	4.3
Serratia	82	1.8	62	2	3.2
Pseudomonas aeruginosa	349	7.8	279	53	19
Pseudomonas altra specie	4	0.1	4	0	0
Escherichia coli	881	19.6	702	10	1.4
Proteus	110	2.4	86	1	1.2
Acinetobacter	83	1.8	70	55	78.6
Emofilo	117	2.6	0	0	0
Legionella	66	1.5	0	0	0
Citrobacter	49	1.1	35	2	5.7
Morganella	30	0.7	19	0	0
Providencia	3	0.1	0	0	0
Clamidia	5	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	71	1.6	0	0	0
Totale Gram -	2563	56.9	1817	216	11.9
Candida albicans	185	4.1	0	0	0
Candida auris	5	0.1	0	0	0
Candida glabrata	82	1.8	0	0	0
Candida krusei	16	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	27	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	19	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.1	0	0	0
Candida altra specie	13	0.3	0	0	0
Aspergillo	61	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	20	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	68	1.5	0	0	0
Totale Funghi	500	11.1	0	0	0
Influenza A	52	1.2			
Influenza AH3N2	21	0.5			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	4	0.1			
Citomegalovirus	23	0.5			
Herpes simplex	18	0.4			
Altro Virus	74	1.6			
Totale Virus	193	4.3	0	0	0
Mycoplasma	9	0.2	0	0	0

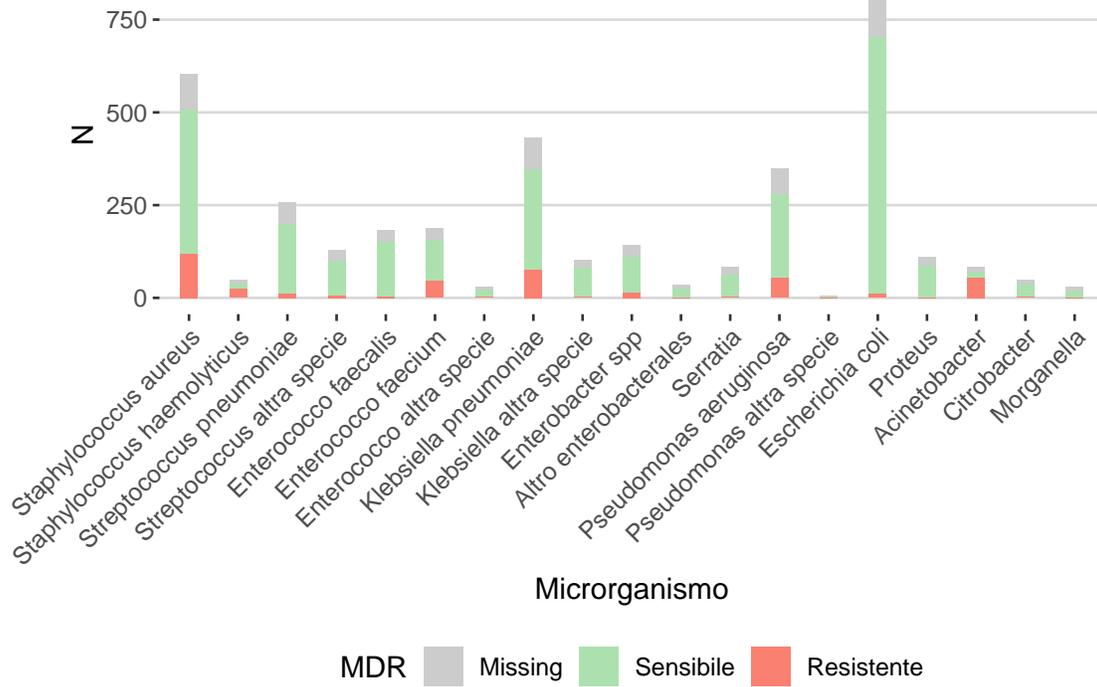
Mycobacterium tuberculosis	14	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	8	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	31	0.7	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	604	13.4	507	119	23.5
Staphylococcus capitis	30	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	34	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	48	1.1	39	24	61.5
Staphylococcus hominis	65	1.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	9	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	135	3.0	0	0	0
Pyogens	15	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	34	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	258	5.7	197	12	6.1
Streptococcus altra specie	127	2.8	100	7	7
Enterococcus faecalis	182	4.0	150	3	2
Enterococcus faecium	189	4.2	157	45	28.7
Enterococcus altra specie	31	0.7	23	2	8.7
Clostridium difficile	39	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	21	0.5	0	0	0
Totale Gram +	1821	40.4	1173	212	18.1

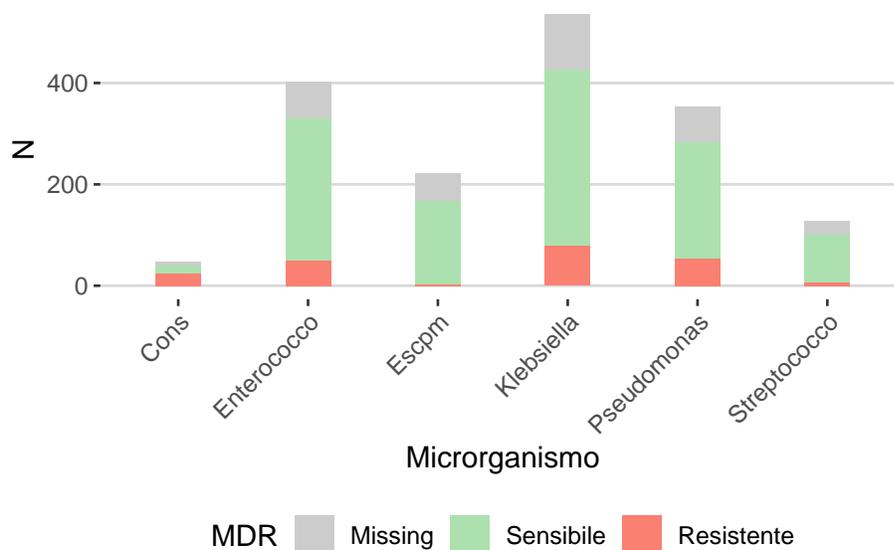
Klebsiella pneumoniae	433	9.6	345	76	22
Klebsiella altra specie	103	2.3	82	2	2.4
Enterobacter spp	141	3.1	110	14	12.7
Altro enterobacterales	36	0.8	23	1	4.3
Serratia	82	1.8	62	2	3.2
Pseudomonas aeruginosa	349	7.8	279	53	19
Pseudomonas altra specie	4	0.1	4	0	0
Escherichia coli	881	19.6	702	10	1.4
Proteus	110	2.4	86	1	1.2
Acinetobacter	83	1.8	70	55	78.6
Emofilo	117	2.6	0	0	0
Legionella	66	1.5	0	0	0
Citrobacter	49	1.1	35	2	5.7
Morganella	30	0.7	19	0	0
Providencia	3	0.1	0	0	0
Clamidia	5	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	71	1.6	0	0	0
Totale Gram -	2563	56.9	1817	216	11.9
Candida albicans	185	4.1	0	0	0
Candida auris	5	0.1	0	0	0
Candida glabrata	82	1.8	0	0	0
Candida krusei	16	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	27	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	19	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.1	0	0	0
Candida altra specie	13	0.3	0	0	0
Aspergillo	61	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	20	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	68	1.5	0	0	0
Totale Funghi	500	11.1	0	0	0
Influenza A	52	1.2			
Influenza AH3N2	21	0.5			
Influenza altro A	1	0.0			
Influenza tipo non specificato	4	0.1			
Citomegalovirus	23	0.5			
Herpes simplex	18	0.4			
Altro Virus	74	1.6			
Totale Virus	193	4.3	0	0	0
Mycoplasma	9	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	14	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	8	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	31	0.7	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	48	39	15	24	61.54	9
Enterococco	402	330	280	50	15.15	72
Escpm	222	167	164	3	1.80	55
Klebsiella	536	427	349	78	18.27	109
Pseudomonas	353	283	230	53	18.73	70
Streptococco	127	100	93	7	7.00	27

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	340	Ertapenem	58	17.06
Klebsiella pneumoniae	345	Meropenem	73	21.16
Klebsiella altra specie	80	Ertapenem	2	2.50
Citrobacter	35	Meropenem	2	5.71
Enterobacter spp	108	Ertapenem	11	10.19

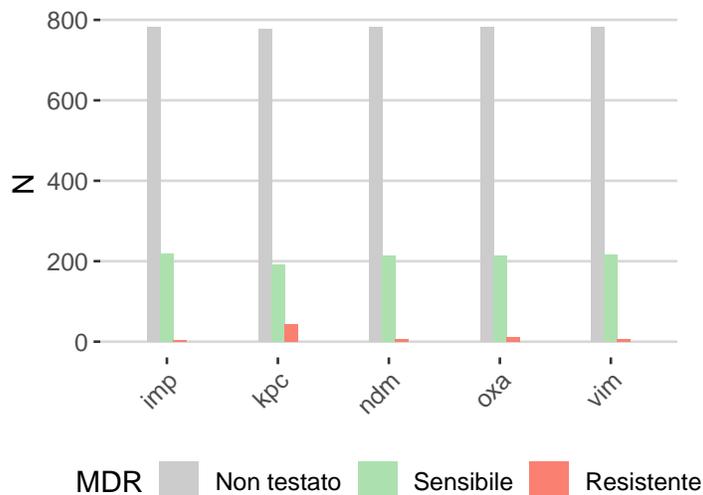
Enterobacter spp	110	Meropenem	6	5.45
Altro enterobacterales	23	Ertapenem	1	4.35
Altro enterobacterales	23	Meropenem	1	4.35
Escherichia coli	693	Ertapenem	10	1.44
Escherichia coli	700	Meropenem	8	1.14
Proteus	83	Ertapenem	1	1.20
Proteus	86	Meropenem	1	1.16
Serratia	61	Ertapenem	2	3.28
Serratia	61	Meropenem	1	1.64
Acinetobacter	69	Imipenem	41	59.42
Acinetobacter	70	Meropenem	55	78.57
Pseudomonas aeruginosa	276	Imipenem	51	18.48
Pseudomonas aeruginosa	279	Meropenem	38	13.62
Staphylococcus haemolyticus	39	Meticillina	24	61.54
Staphylococcus aureus	507	Meticillina	119	23.47
Streptococcus pneumoniae	197	Penicillina	12	6.09
Streptococcus altra specie	100	Penicillina	7	7.00
Enterococco faecalis	150	Vancomicina	3	2.00
Enterococco faecium	157	Vancomicina	45	28.66
Enterococco altra specie	23	Vancomicina	2	8.70

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

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

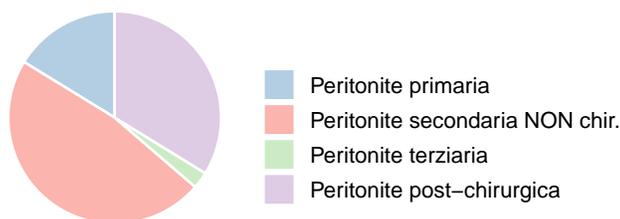
	N	%
Si	55	5.42
No	178	17.55
Non testato	781	77.02
Missing	854	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	4	5.6	219	782
kpc	44	62.0	192	778
ndm	7	9.9	215	782
oxa	10	14.1	214	782
vim	6	8.5	217	782



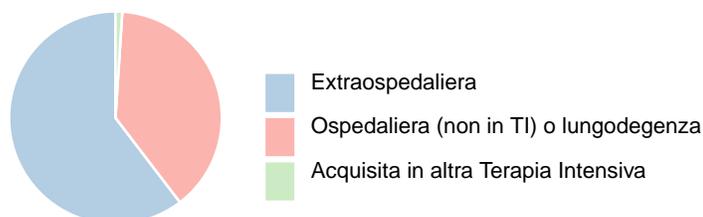
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 1170)

6.1 Tipologia di peritonite



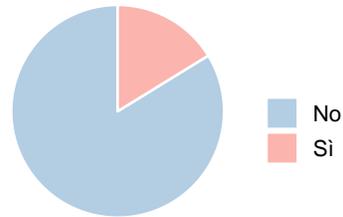
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	190	16.2
Peritonite secondaria NON chir.	555	47.4
Peritonite terziaria	30	2.6
Peritonite post-chirurgica	395	33.8
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



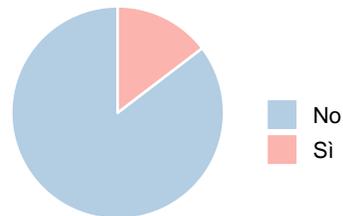
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	704	60.4
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	450	38.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	12	1.0
Missing	4	0

6.3 Infezione batteriemic



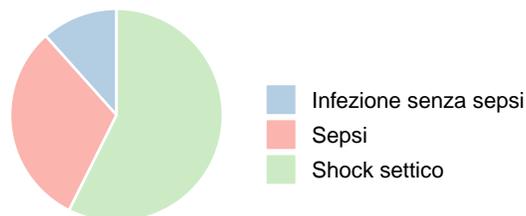
Batteriemic	N	%
No	976	83.8
Si	189	16.2
Missing	5	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	999	85.4
Si	171	14.6
Missing	0	0

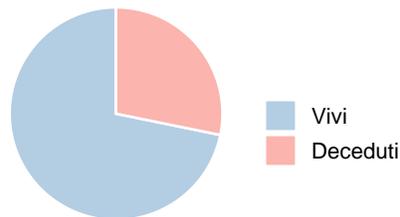
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	116	11.6
Sepsi	310	31.0
Shock settico	573	57.4
Missing	0	0

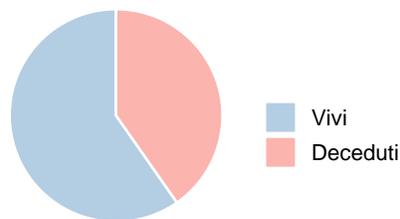
* Statistiche calcolate su 999 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 171).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	840	71.8
Deceduti	330	28.2
Missing	0	0

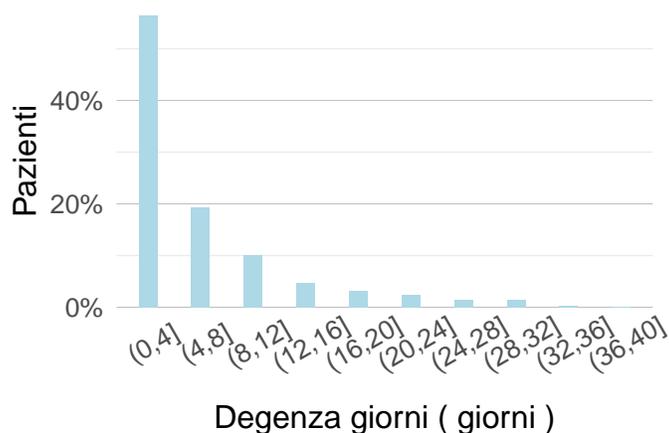
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	618	59.7
Deceduti	417	40.3
Missing	15	0

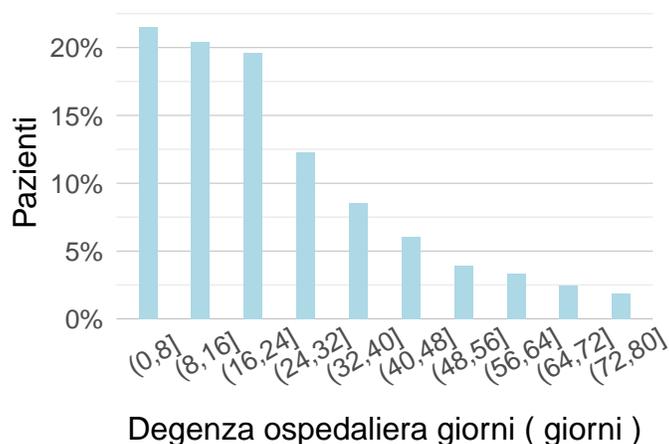
* Statistiche calcolate su 1050 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 120).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.6 (13.9)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (27.1)
Mediana (Q1-Q3)	20 (10-36.5)
Missing	15

* Statistiche calcolate su 1050 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 120).

6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

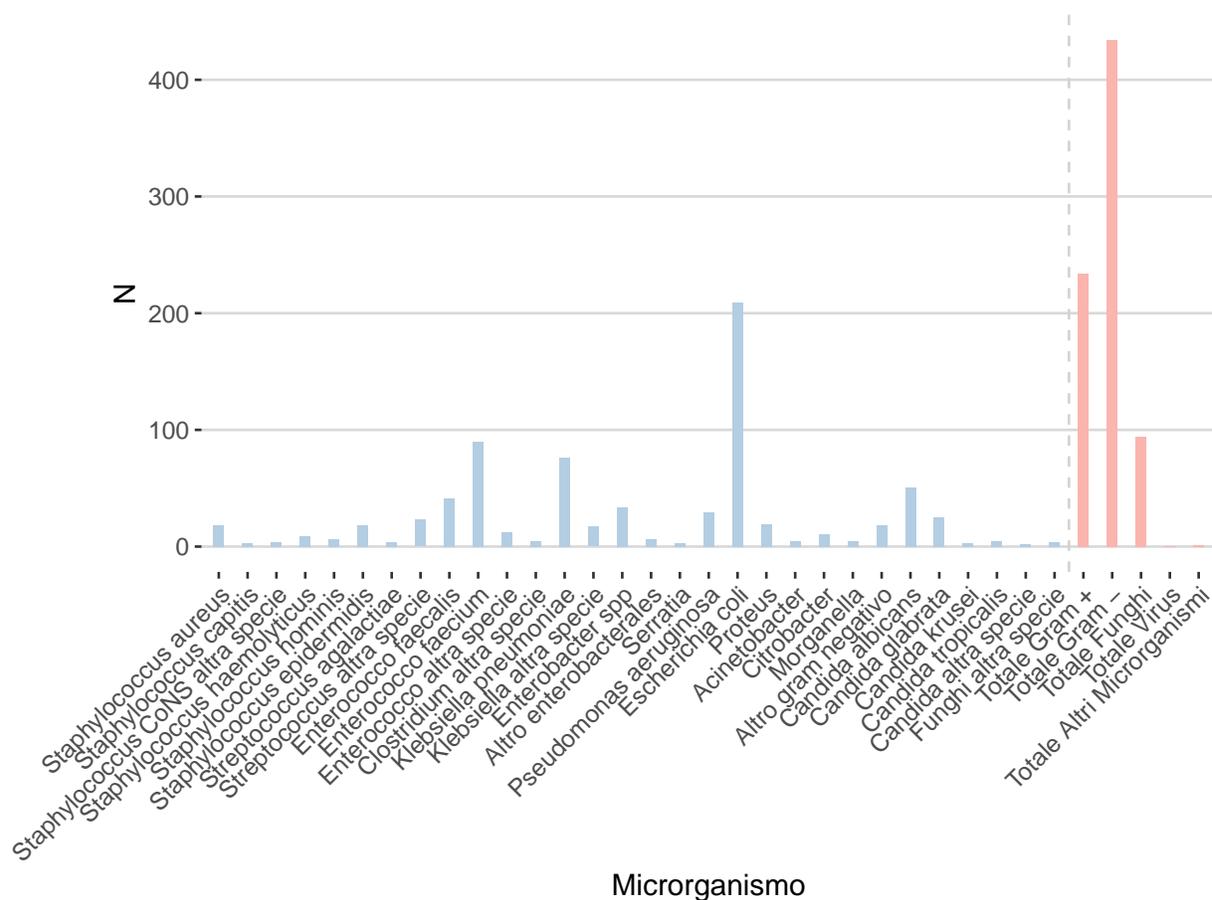
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	698	60.0
Sì	465	40.0
Missing	7	
Totale infezioni	1170	
Totale microrganismi isolati	765	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	3.9	16	7	43.8
Staphylococcus capitis	3	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	1.9	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	6	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	3.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	23	4.9	17	1	5.9
Enterococco faecalis	41	8.8	34	1	2.9
Enterococco faecium	90	19.4	77	20	26
Enterococco altra specie	12	2.6	10	1	10
Clostridium altra specie	5	1.1	0	0	0
Totale Gram +	234	50.3	164	36	22
Klebsiella pneumoniae	76	16.3	60	18	30
Klebsiella altra specie	17	3.7	13	0	0
Enterobacter spp	34	7.3	24	3	12.5
Altro enterobacterales	6	1.3	5	1	20
Serratia	3	0.6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	6.2	24	5	20.8
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	209	44.9	176	2	1.1
Proteus	19	4.1	12	1	8.3
Acinetobacter	5	1.1	5	5	100
Emofilo	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	11	2.4	7	0	0
Morganella	5	1.1	4	0	0
Altro gram negativo	18	3.9	0	0	0
Totale Gram -	434	93.3	334	35	10.5
Candida albicans	51	11.0	0	0	0
Candida glabrata	25	5.4	0	0	0
Candida krusei	3	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0

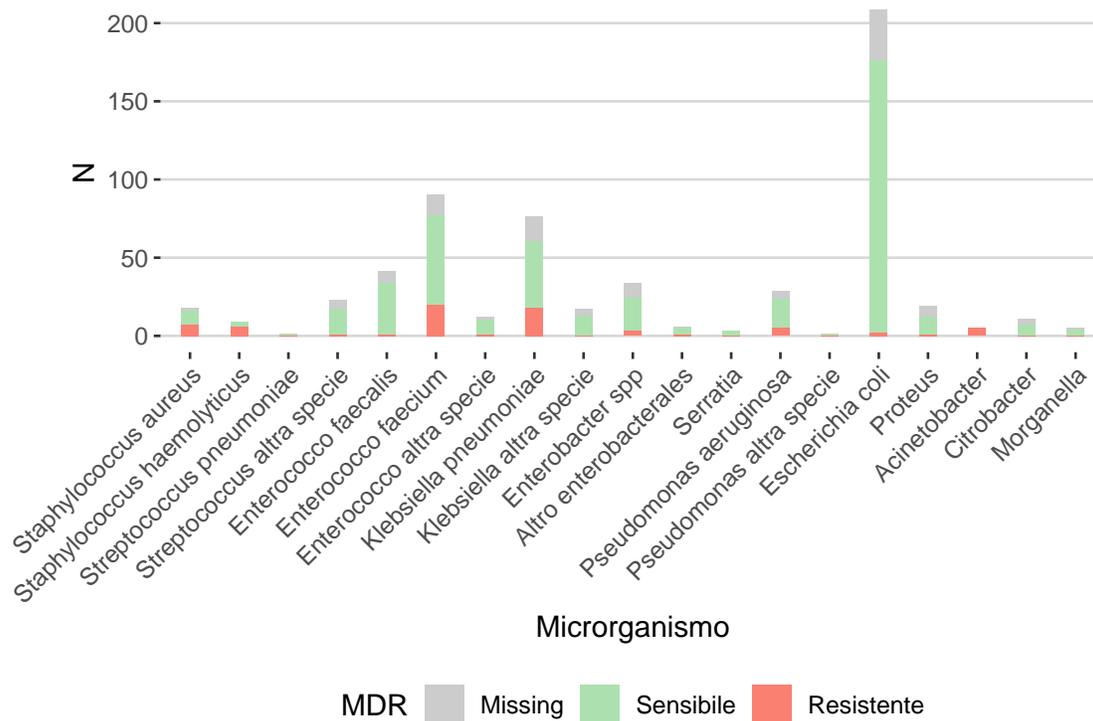
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	2	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.9	0	0	0
Totale Funghi	94	20.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	3.9	16	7	43.8
Staphylococcus capitis	3	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	1.9	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	6	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	3.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	23	4.9	17	1	5.9
Enterococcus faecalis	41	8.8	34	1	2.9
Enterococcus faecium	90	19.4	77	20	26
Enterococcus altra specie	12	2.6	10	1	10
Clostridium altra specie	5	1.1	0	0	0

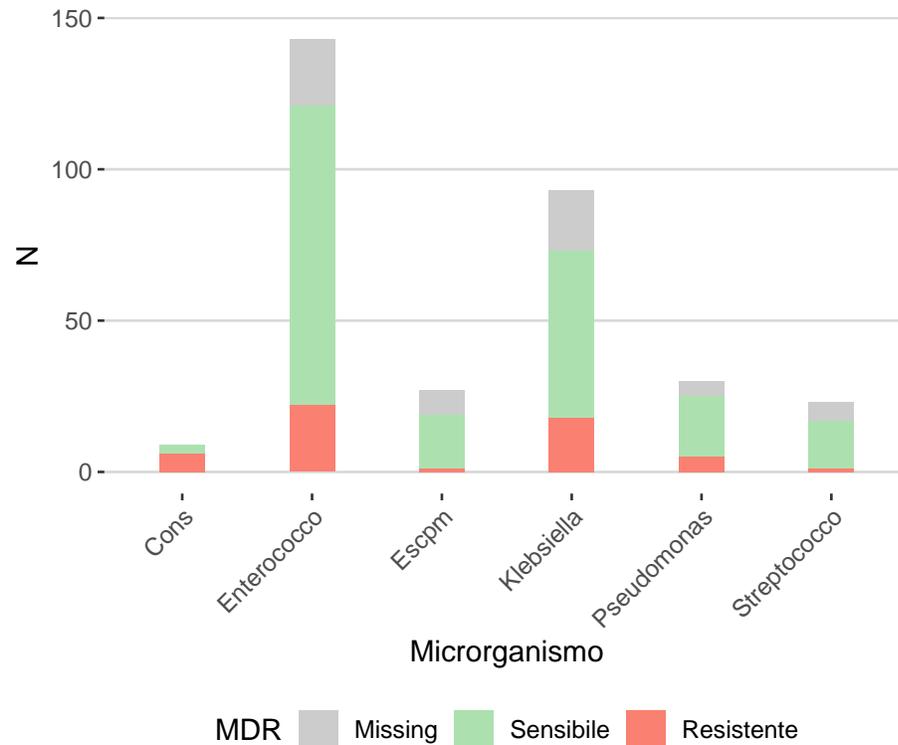
Totale Gram +	234	50.3	164	36	22
Klebsiella pneumoniae	76	16.3	60	18	30
Klebsiella altra specie	17	3.7	13	0	0
Enterobacter spp	34	7.3	24	3	12.5
Altro enterobacterales	6	1.3	5	1	20
Serratia	3	0.6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	6.2	24	5	20.8
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	209	44.9	176	2	1.1
Proteus	19	4.1	12	1	8.3
Acinetobacter	5	1.1	5	5	100
Emofilo	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	11	2.4	7	0	0
Morganella	5	1.1	4	0	0
Altro gram negativo	18	3.9	0	0	0
Totale Gram -	434	93.3	334	35	10.5
Candida albicans	51	11.0	0	0	0
Candida glabrata	25	5.4	0	0	0
Candida krusei	3	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	2	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.9	0	0	0
Totale Funghi	94	20.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, 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	9	9	3	6	66.67	0
Enterococco	143	121	99	22	18.18	22
Escpm	27	19	18	1	5.26	8
Klebsiella	93	73	55	18	24.66	20
Pseudomonas	30	25	20	5	20.00	5
Streptococco	23	17	16	1	5.88	6

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

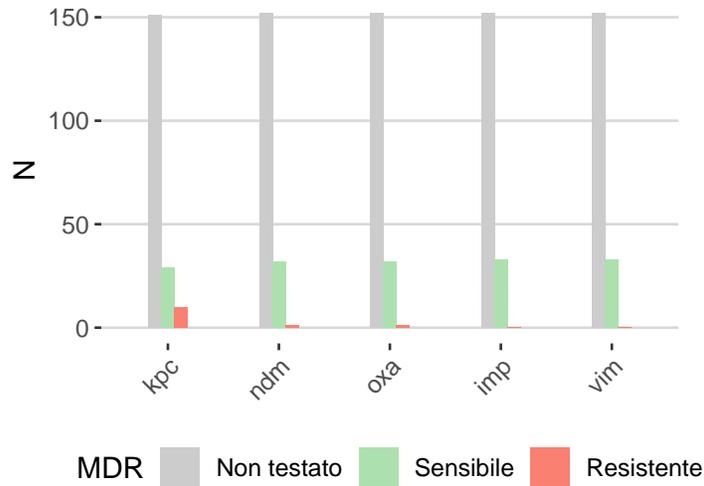
Klebsiella pneumoniae	60	Ertapenem	14	23.33
Klebsiella pneumoniae	60	Meropenem	18	30.00
Enterobacter spp	23	Ertapenem	3	13.04
Altro enterobacterales	5	Ertapenem	1	20.00
Altro enterobacterales	5	Meropenem	1	20.00
Escherichia coli	175	Ertapenem	2	1.14
Escherichia coli	175	Meropenem	1	0.57
Proteus	12	Ertapenem	1	8.33
Proteus	12	Meropenem	1	8.33
Acinetobacter	5	Imipenem	3	60.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	23	Imipenem	4	17.39
Pseudomonas aeruginosa	24	Meropenem	3	12.50
Staphylococcus haemolyticus	9	Meticillina	6	66.67
Staphylococcus aureus	16	Meticillina	7	43.75
Streptococcus altra specie	17	Penicillina	1	5.88
Enterococco faecalis	34	Vancomicina	1	2.94
Enterococco faecium	77	Vancomicina	20	25.97
Enterococco altra specie	10	Vancomicina	1	10.00

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

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

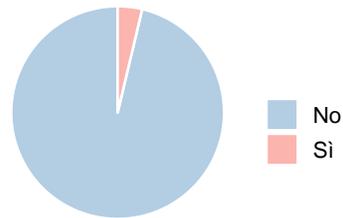
	N	%
Sì	12	6.32
No	26	13.68
Non testato	152	80
Missing	124	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	33	152
kpc	10	83.3	29	151
ndm	1	8.3	32	152
oxa	1	8.3	32	152
vim	0	0.0	33	152



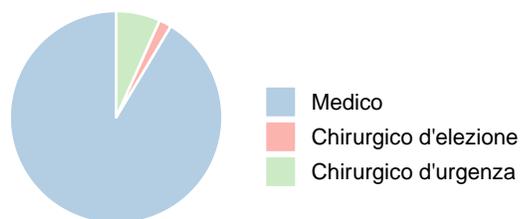
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 2401)

7.1 Trauma



Trauma	N	%
No	2312	96.3
Si	89	3.7
Missing	0	0

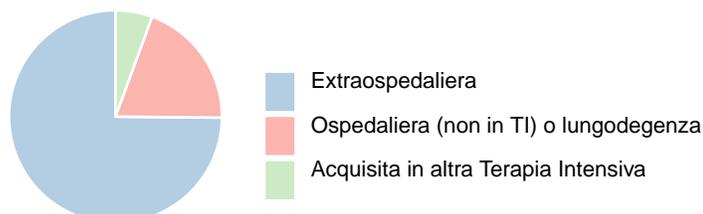
7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	2195	91.4

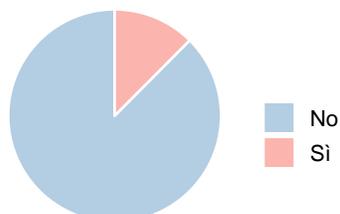
Chirurgico d'elezione	45	1.9
Chirurgico d'urgenza	161	6.7
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



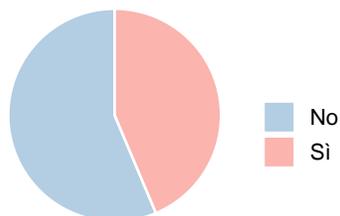
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	1791	74.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	468	19.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	134	5.6
Missing	8	0

7.4 Infezione batteriemic



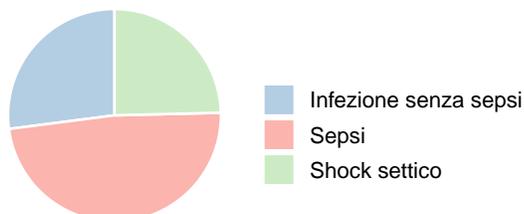
Batteriemic	N	%
No	2094	87.5
Sì	298	12.5
Missing	9	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	1353	56.4
Sì	1048	43.6
Missing	0	0

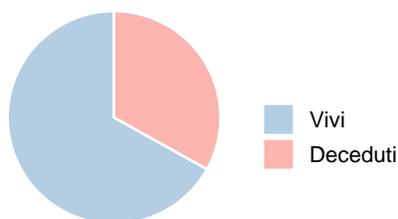
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	366	27.1
Sepsi	654	48.3
Shock settico	333	24.6
Missing	0	0

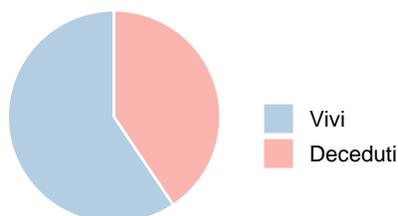
* Statistiche calcolate su 1353 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 1048).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1604	66.9
Deceduti	793	33.1
Missing	4	0

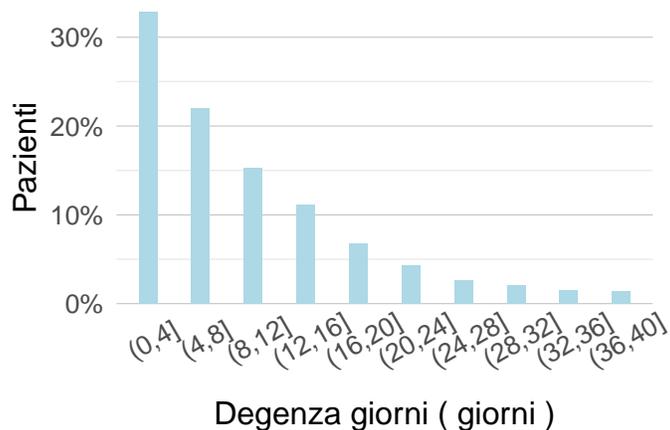
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	1345	59.4
Deceduti	919	40.6
Missing	24	0

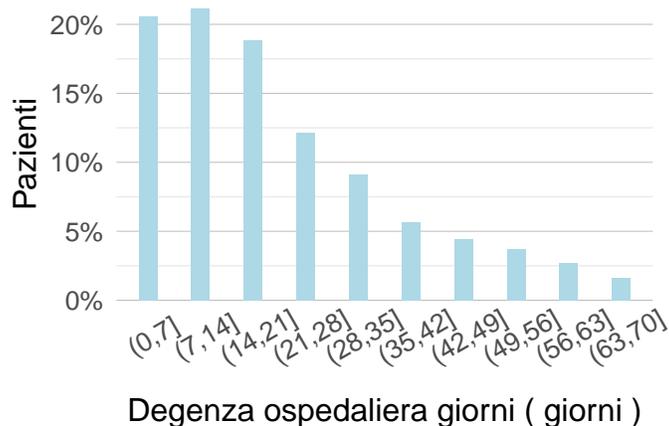
* Statistiche calcolate su 2288 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 113).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.4 (14.2)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-16)
Missing	4

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.9 (23.5)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-33)
Missing	24

* Statistiche calcolate su 2288 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 113).

7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

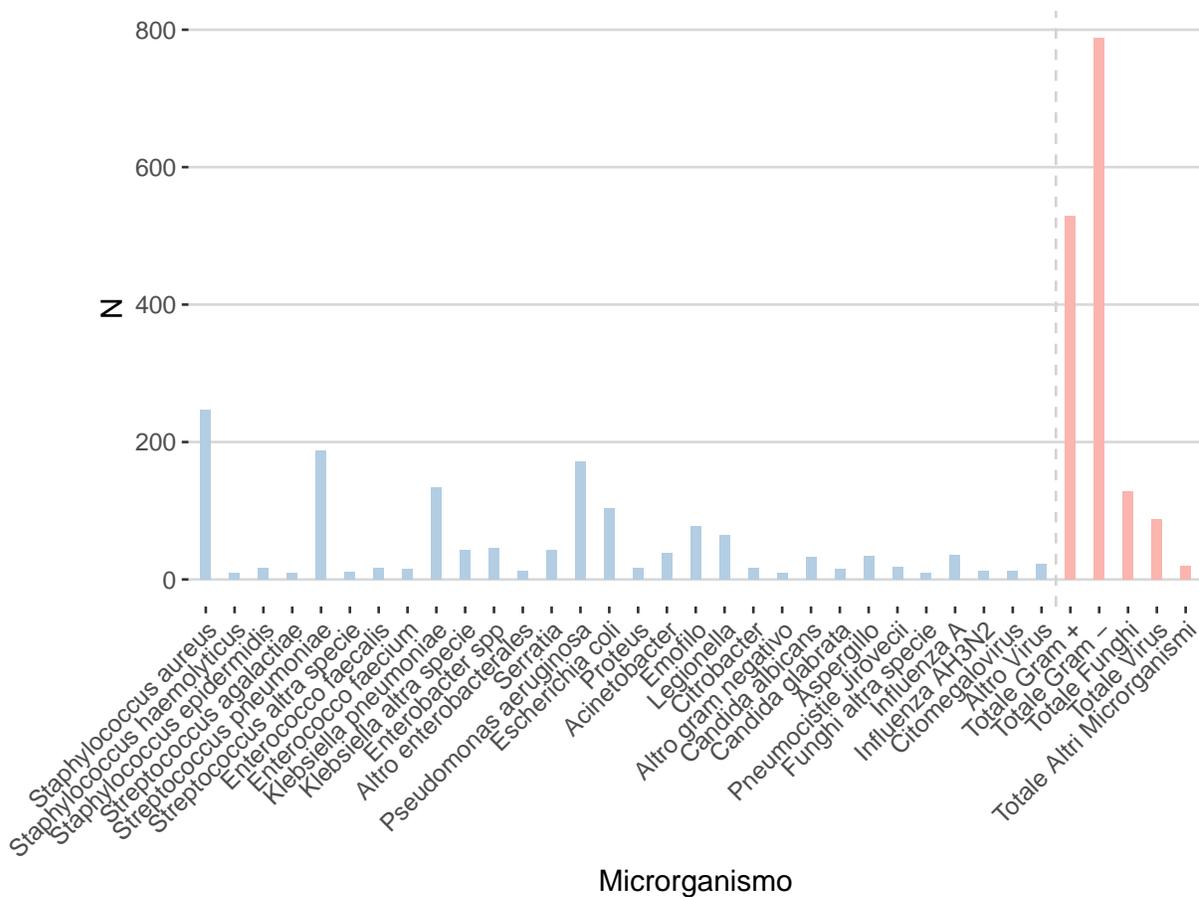
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	673	28.1
Sì	1719	71.9
Missing	9	
Totale infezioni	2401	
Totale microrganismi isolati	2200	

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	247	14.4	208	49	23.6
Staphylococcus capitis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	0.5	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	6	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	16	0.9	0	0	0

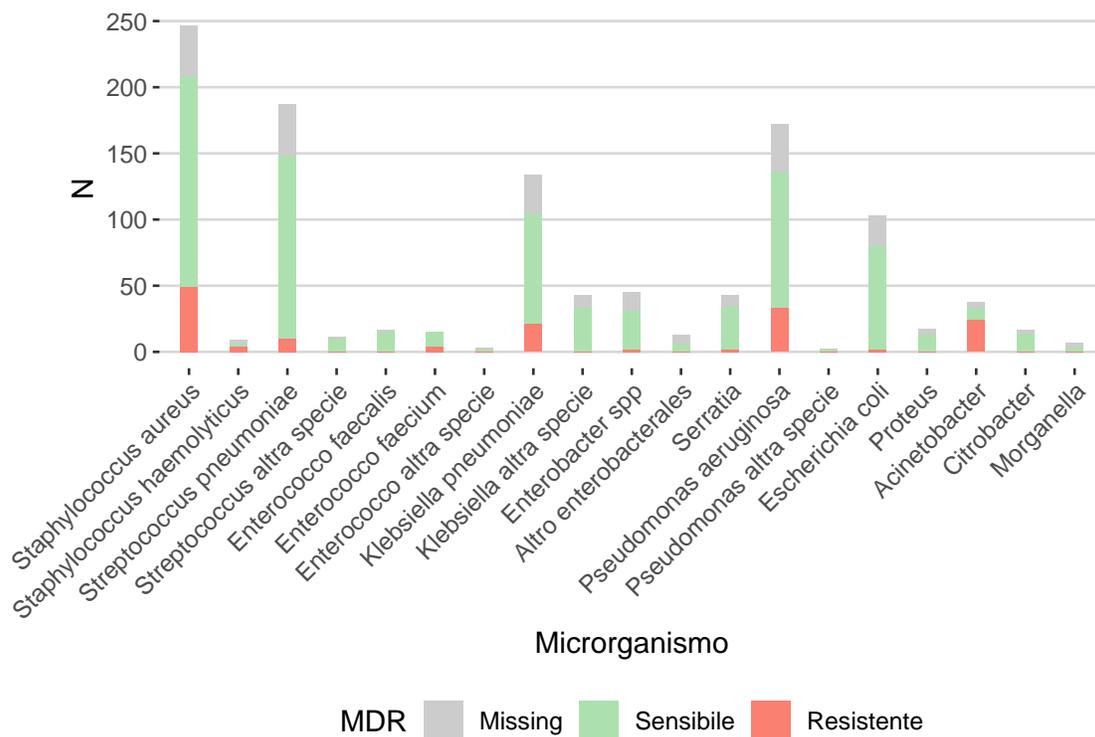
Pyogens	4	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	10	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	187	10.9	148	10	6.8
Streptococcus altra specie	11	0.6	10	0	0
Enterococco faecalis	17	1.0	15	0	0
Enterococco faecium	15	0.9	15	4	26.7
Enterococco altra specie	3	0.2	2	0	0
Totale Gram +	529	30.8	404	67	16.6
Klebsiella pneumoniae	134	7.8	104	21	20.2
Klebsiella altra specie	43	2.5	33	0	0
Enterobacter spp	45	2.6	31	2	6.5
Altro enterobacterales	13	0.8	6	0	0
Serratia	43	2.5	34	2	5.9
Pseudomonas aeruginosa	172	10.0	136	33	24.3
Pseudomonas altra specie	2	0.1	2	0	0
Escherichia coli	103	6.0	80	2	2.5
Proteus	17	1.0	13	0	0
Acinetobacter	38	2.2	33	24	72.7
Emofilo	77	4.5	0	0	0
Legionella	64	3.7	0	0	0
Citrobacter	17	1.0	14	0	0
Morganella	7	0.4	3	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	9	0.5	0	0	0
Totale Gram -	788	45.8	489	84	17.2
Candida albicans	32	1.9	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	15	0.9	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	4	0.2	0	0	0
Aspergillo	34	2.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	18	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	10	0.6	0	0	0
Totale Funghi	128	7.4	0	0	0
Influenza A	35	2.0			
Influenza AH3N2	13	0.8			
Influenza tipo non specificato	4	0.2			
Citomegalovirus	13	0.8			
Altro Virus	23	1.3			
Totale Virus	88	5.1	0	0	0
Mycoplasma	7	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	5	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	19	1.1	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	247	14.4	208	49	23.6
Staphylococcus capitis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	0.5	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	6	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	16	0.9	0	0	0
Pyogens	4	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	10	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	187	10.9	148	10	6.8
Streptococcus altra specie	11	0.6	10	0	0
Enterococco faecalis	17	1.0	15	0	0
Enterococco faecium	15	0.9	15	4	26.7
Enterococco altra specie	3	0.2	2	0	0
Totale Gram +	529	30.8	404	67	16.6
Klebsiella pneumoniae	134	7.8	104	21	20.2
Klebsiella altra specie	43	2.5	33	0	0
Enterobacter spp	45	2.6	31	2	6.5
Altro enterobacterales	13	0.8	6	0	0
Serratia	43	2.5	34	2	5.9
Pseudomonas aeruginosa	172	10.0	136	33	24.3
Pseudomonas altra specie	2	0.1	2	0	0
Escherichia coli	103	6.0	80	2	2.5

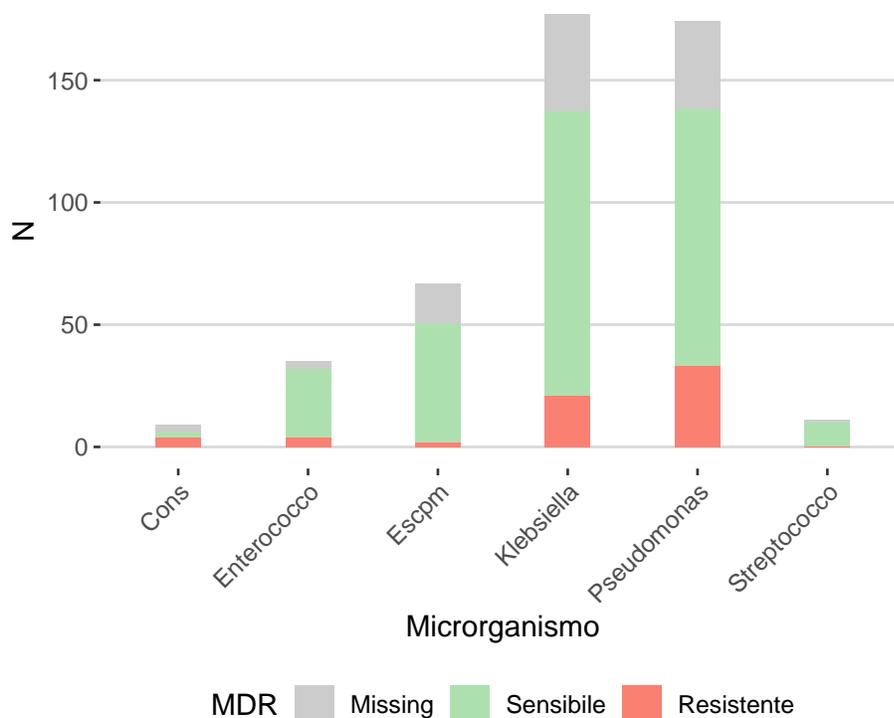
Proteus	17	1.0	13	0	0
Acinetobacter	38	2.2	33	24	72.7
Emofilo	77	4.5	0	0	0
Legionella	64	3.7	0	0	0
Citrobacter	17	1.0	14	0	0
Morganella	7	0.4	3	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	9	0.5	0	0	0
Totale Gram -	788	45.8	489	84	17.2
Candida albicans	32	1.9	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	15	0.9	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	4	0.2	0	0	0
Aspergillo	34	2.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	18	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	10	0.6	0	0	0
Totale Funghi	128	7.4	0	0	0
Influenza A	35	2.0			
Influenza AH3N2	13	0.8			
Influenza tipo non specificato	4	0.2			
Citomegalovirus	13	0.8			
Altro Virus	23	1.3			
Totale Virus	88	5.1	0	0	0
Mycoplasma	7	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	5	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	19	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, Herpes simplex, 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	9	6	2	4	66.67	3
Enterococco	35	32	28	4	12.50	3
Escpm	67	50	48	2	4.00	17
Klebsiella	177	137	116	21	15.33	40
Pseudomonas	174	138	105	33	23.91	36
Streptococco	11	10	10	0	0.00	1

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

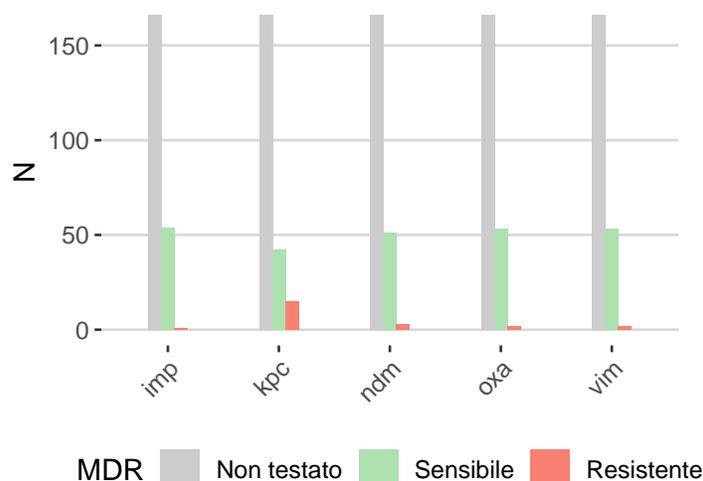
Klebsiella pneumoniae	101	Ertapenem	15	14.85
Klebsiella pneumoniae	104	Meropenem	19	18.27
Enterobacter spp	30	Ertapenem	2	6.67
Enterobacter spp	31	Meropenem	1	3.23
Escherichia coli	79	Ertapenem	2	2.53
Escherichia coli	80	Meropenem	2	2.50
Serratia	33	Ertapenem	2	6.06
Serratia	33	Meropenem	1	3.03
Acinetobacter	33	Imipenem	18	54.55
Acinetobacter	33	Meropenem	24	72.73
Pseudomonas aeruginosa	136	Imipenem	32	23.53
Pseudomonas aeruginosa	136	Meropenem	26	19.12
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	4	66.67
Staphylococcus aureus	208	Meticillina	49	23.56
Streptococcus pneumoniae	148	Penicillina	10	6.76
Enterococco faecium	15	Vancomicina	4	26.67

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	%
Si	19	8.52
No	38	17.04
Non testato	166	74.44
Missing	199	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	4.3	54	166
kpc	15	65.2	42	166
ndm	3	13.0	51	166
oxa	2	8.7	53	166
vim	2	8.7	53	166



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.

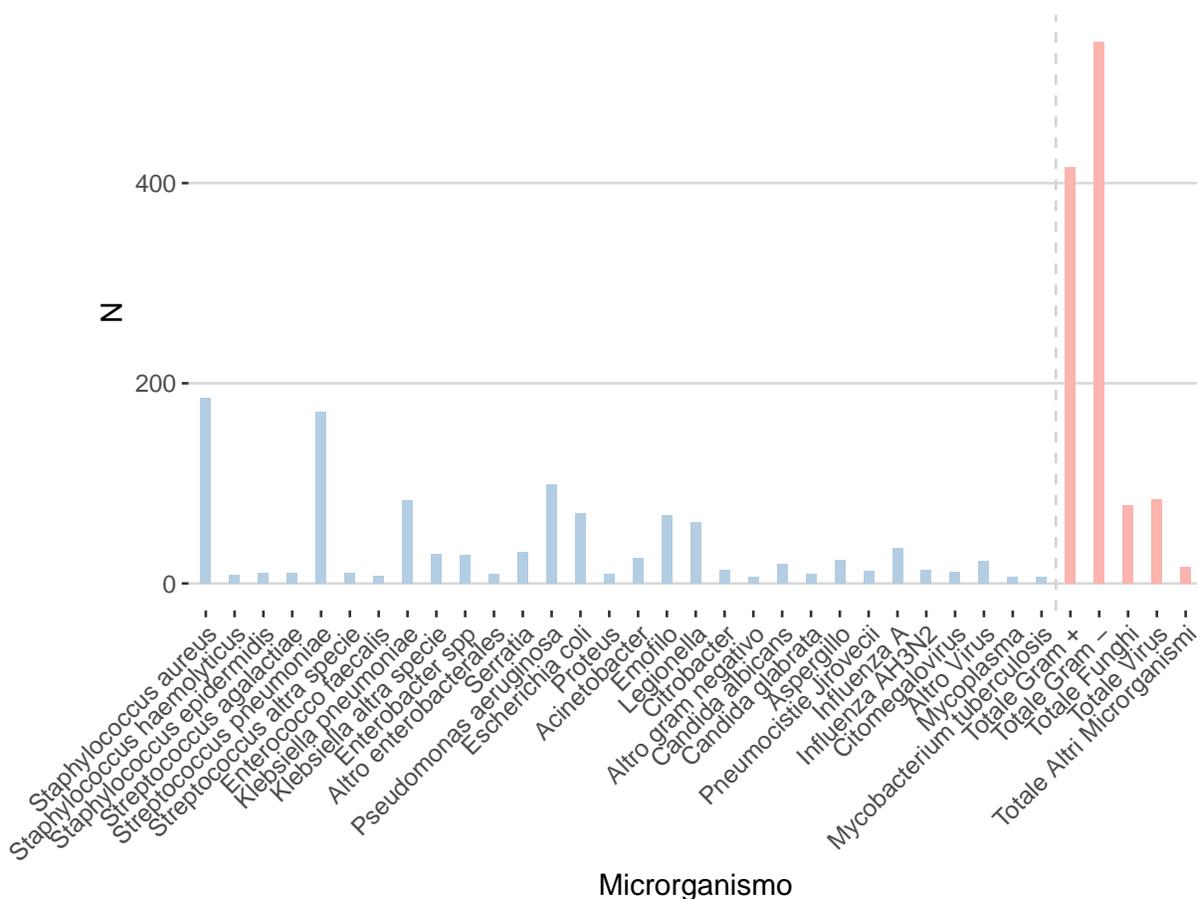
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	527	27.4
Sì	1397	72.6
Missing	1	
Totale infezioni	1925	
Totale microrganismi isolati	1750	

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	185	13.2	154	30	19.5
Staphylococcus capitis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.6	5	3	60
Staphylococcus hominis	5	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	0.7	0	0	0
Pyogens	4	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	10	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	171	12.2	136	8	5.9
Streptococcus altra specie	10	0.7	9	0	0
Enterococco faecalis	7	0.5	6	0	0
Enterococco faecium	3	0.2	3	0	0
Enterococco altra specie	1	0.1	1	0	0
Totale Gram +	416	29.8	314	41	13.1

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 2401)

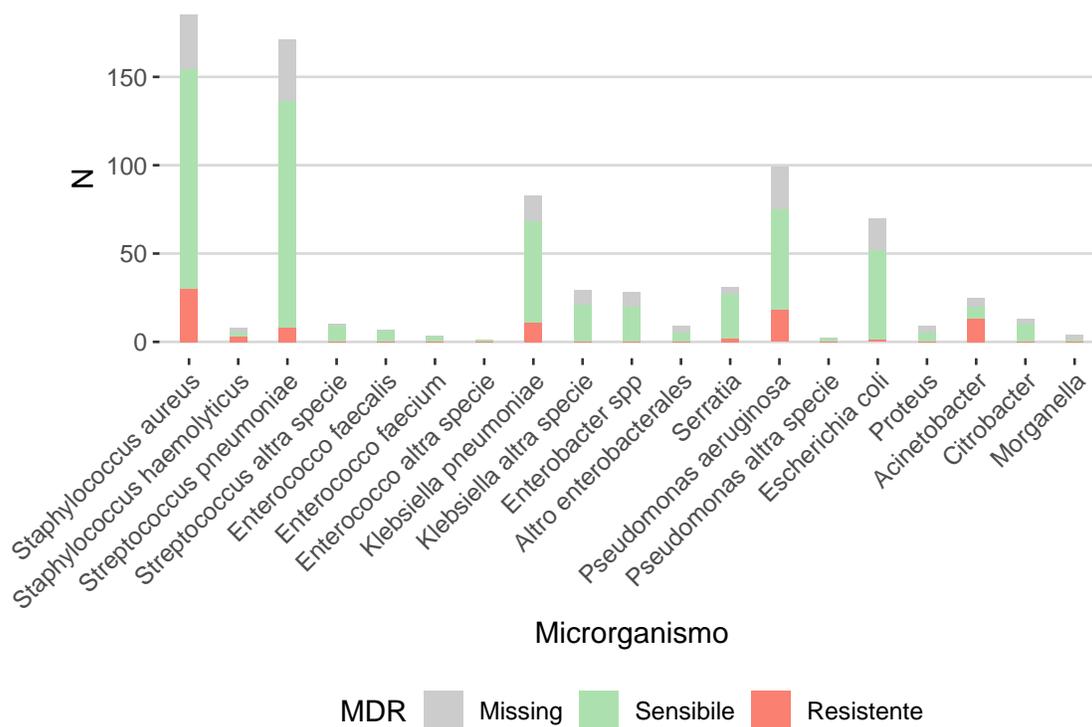
Klebsiella pneumoniae	83	5.9	68	11	16.2
Klebsiella altra specie	29	2.1	21	0	0
Enterobacter spp	28	2.0	20	0	0
Altro enterobacterales	9	0.6	5	0	0
Serratia	31	2.2	27	2	7.4
Pseudomonas aeruginosa	99	7.1	75	18	24
Pseudomonas altra specie	2	0.1	2	0	0
Escherichia coli	70	5.0	52	1	1.9
Proteus	9	0.6	5	0	0
Acinetobacter	25	1.8	20	13	65
Emofilo	68	4.9	0	0	0
Legionella	61	4.4	0	0	0
Citrobacter	13	0.9	10	0	0
Morganella	4	0.3	1	0	0
Clamidia	4	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	6	0.4	0	0	0
Totale Gram -	541	38.7	306	45	14.7
Candida albicans	19	1.4	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	9	0.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	23	1.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	12	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.3	0	0	0
Totale Funghi	78	5.6	0	0	0
Influenza A	35	2.5			
Influenza AH3N2	13	0.9			
Influenza tipo non specificato	3	0.2			
Citomegalovirus	11	0.8			
Altro Virus	22	1.6			
Totale Virus	84	6.0	0	0	0
Mycoplasma	6	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	6	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	16	1.1	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	185	13.2	154	30	19.5
Staphylococcus capitis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.6	5	3	60
Staphylococcus hominis	5	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	0.7	0	0	0
Pyogens	4	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	10	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	171	12.2	136	8	5.9
Streptococcus altra specie	10	0.7	9	0	0
Enterococco faecalis	7	0.5	6	0	0
Enterococco faecium	3	0.2	3	0	0
Enterococco altra specie	1	0.1	1	0	0
Totale Gram +	416	29.8	314	41	13.1
Klebsiella pneumoniae	83	5.9	68	11	16.2
Klebsiella altra specie	29	2.1	21	0	0
Enterobacter spp	28	2.0	20	0	0
Altro enterobacterales	9	0.6	5	0	0
Serratia	31	2.2	27	2	7.4
Pseudomonas aeruginosa	99	7.1	75	18	24
Pseudomonas altra specie	2	0.1	2	0	0
Escherichia coli	70	5.0	52	1	1.9

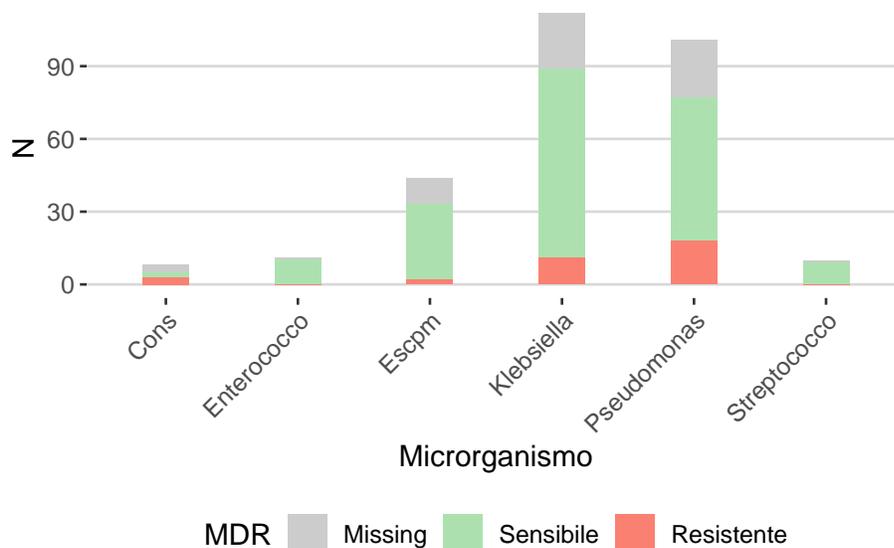
Proteus	9	0.6	5	0	0
Acinetobacter	25	1.8	20	13	65
Emofilo	68	4.9	0	0	0
Legionella	61	4.4	0	0	0
Citrobacter	13	0.9	10	0	0
Morganella	4	0.3	1	0	0
Clamidia	4	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	6	0.4	0	0	0
Totale Gram -	541	38.7	306	45	14.7
Candida albicans	19	1.4	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	9	0.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	23	1.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	12	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.3	0	0	0
Totale Funghi	78	5.6	0	0	0
Influenza A	35	2.5			
Influenza AH3N2	13	0.9			
Influenza tipo non specificato	3	0.2			
Citomegalovirus	11	0.8			
Altro Virus	22	1.6			
Totale Virus	84	6.0	0	0	0
Mycoplasma	6	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	6	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	16	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, Herpes simplex, 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	11	10	10	0	0.00	1
Escpm	44	33	31	2	6.06	11
Klebsiella	112	89	78	11	12.36	23
Pseudomonas	101	77	59	18	23.38	24
Streptococco	10	9	9	0	0.00	1

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	67	Ertapenem	10	14.93
Klebsiella pneumoniae	68	Meropenem	10	14.71
Escherichia coli	52	Ertapenem	1	1.92
Escherichia coli	52	Meropenem	1	1.92
Serratia	27	Ertapenem	2	7.41

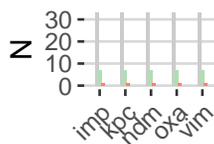
Serratia	26	Meropenem	1	3.85
Acinetobacter	20	Imipenem	9	45.00
Acinetobacter	20	Meropenem	13	65.00
Pseudomonas aeruginosa	75	Imipenem	17	22.67
Pseudomonas aeruginosa	75	Meropenem	13	17.33
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Staphylococcus aureus	154	Meticillina	30	19.48
Streptococcus pneumoniae	136	Penicillina	8	5.88

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	%
Sì	1	2.44
No	7	17.07
Non testato	33	80.49
Missing	76	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	20	7	33
kpc	1	20	7	33
ndm	1	20	7	33
oxa	1	20	7	33
vim	1	20	7	33

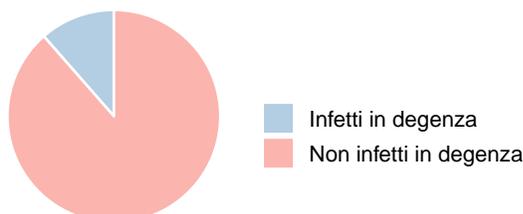


MDR Non testato Sensibile Resistente

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.

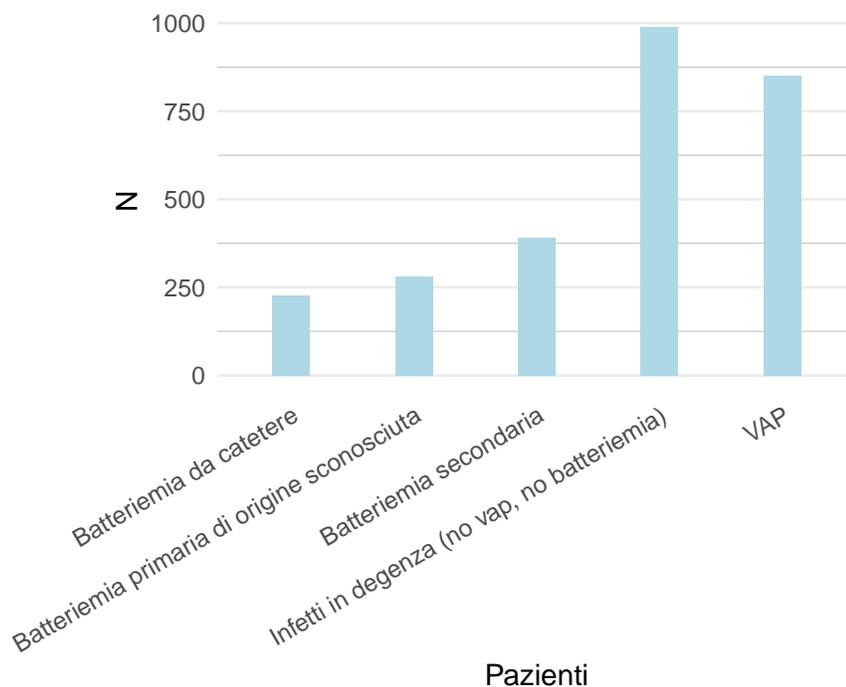
Sono presenti 2377 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.4% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	2377	11.4
Non infetti in degenza	18387	88.6

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 20764).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



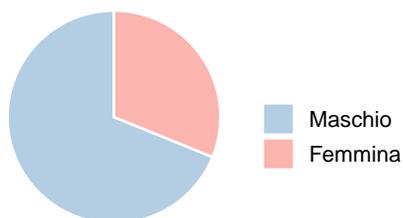
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	988	41.6
VAP	852	35.8

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	282	11.9
Batteriemia da catetere	226	9.5
Batteriemia secondaria	391	16.4

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 2377)

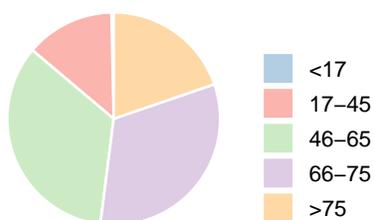
8 Pazienti infetti in degenza (N = 2377)

8.1 Sesso



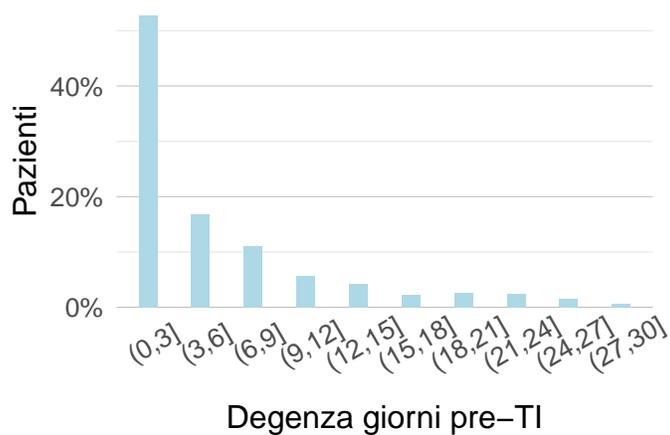
Sesso	N	%
Maschio	1637	68.9
Femmina	740	31.1
Missing	0	0

8.2 Età



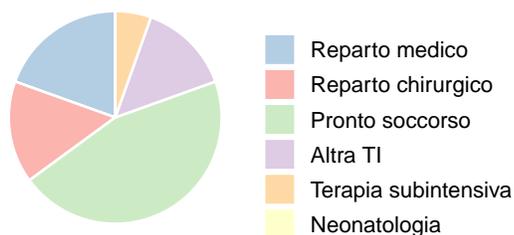
Range età	N	%
<17	8	0.3
17-45	321	13.5
46-65	812	34.2
66-75	767	32.3
>75	469	19.7
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



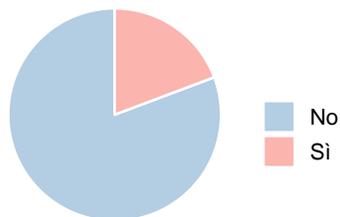
Indicatore	Valore
Media	6.0
DS	14.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	2

8.4 Provenienza (reparto)



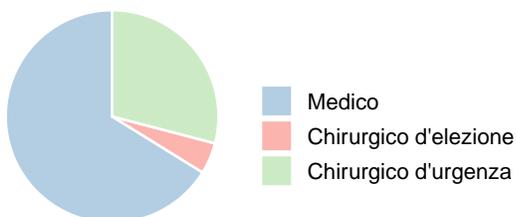
Provenienza	N	%
Reparto medico	462	19.5
Reparto chirurgico	368	15.5
Pronto soccorso	1075	45.4
Altra TI	333	14.1
Terapia subintensiva	129	5.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	10	0

8.5 Trauma



Trauma	N	%
No	1919	80.7
Sì	458	19.3
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	1573	66.2
Chirurgico d'elezione	113	4.8
Chirurgico d'urgenza	691	29.1
Missing	0	0

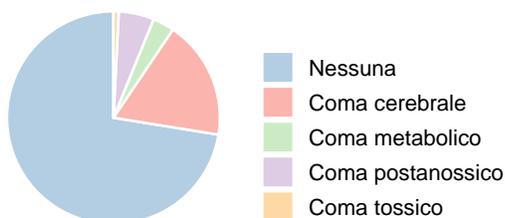
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	177	7.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

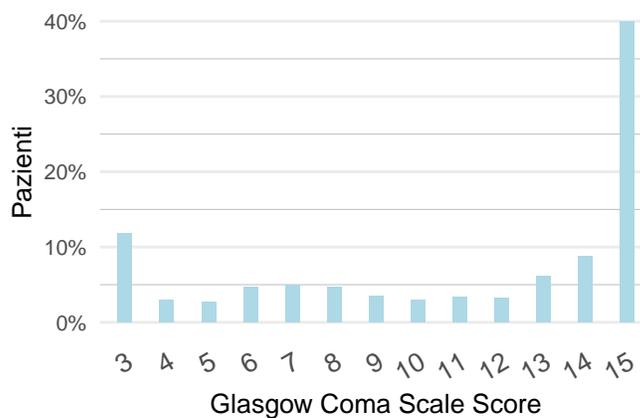
Trattamento intensivo	2196	92.4
Sedazione Palliativa	1	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



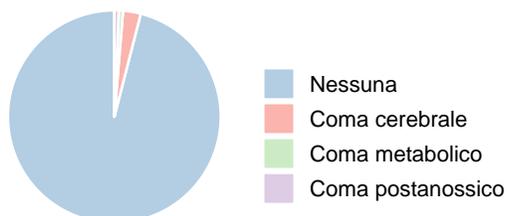
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1365	72.5
Coma cerebrale	341	18.1
Coma metabolico	62	3.3
Coma postanossico	101	5.4
Coma tossico	15	0.8
Missing	493	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



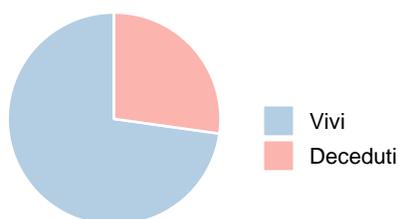
Indicatore	Valore
Media	9.0
DS	4.5
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



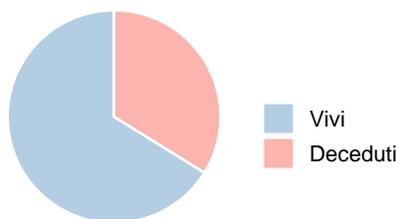
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	2283	96.0
Coma cerebrale	64	2.7
Coma metabolico	15	0.6
Coma postanossico	16	0.7
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1725	72.8
Deceduti	645	27.2
Missing	7	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

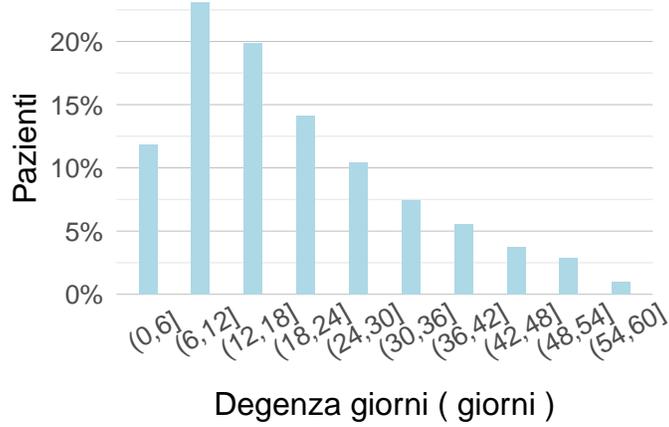


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	1492	66.2

Deceduti	763	33.8
Missing	38	0

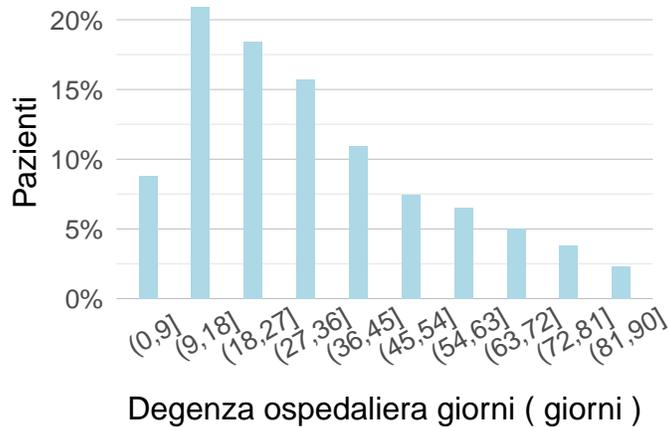
* Statistiche calcolate su 2293 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 84).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.9 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10-30)
Missing	6

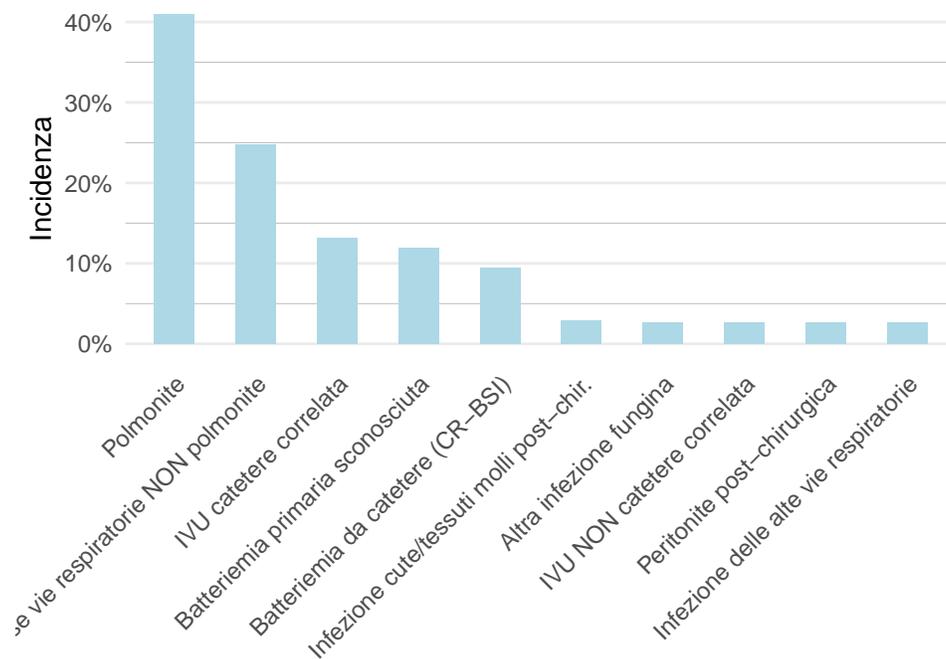
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.6 (29.2)
Mediana (Q1-Q3)	30 (17-50)
Missing	37

* Statistiche calcolate su 2293 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 84).

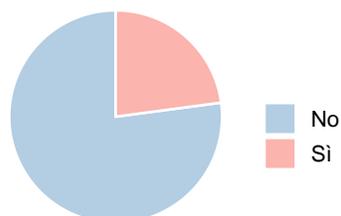
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	975	41.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	589	24.8
IVU catetere correlata	311	13.1
Batteriemia primaria sconosciuta	282	11.9
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	226	9.5
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	70	2.9
IVU NON catetere correlata	65	2.7
Altra infezione fungina	63	2.7
Peritonite post-chirurgica	63	2.7
Infezione delle alte vie respiratorie	61	2.6
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



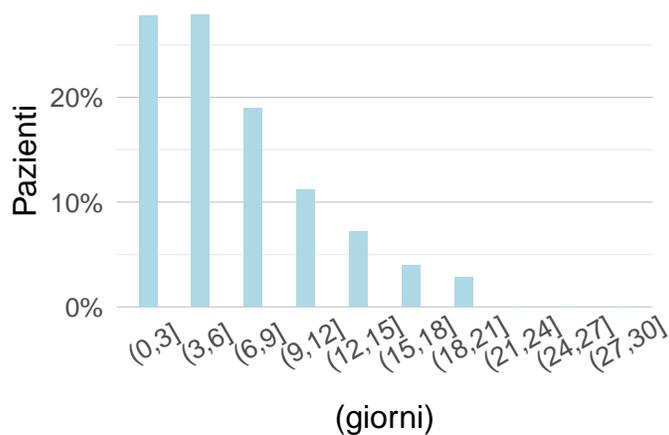
Infezione multisito	N	%
No	1833	77.1
Si	544	22.9
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	2995
Numero totale di microrganismi isolati	3649

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	7.8
DS	7.1
Mediana	6
Q1-Q3	3-10
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	24.3	17.0 %
CI (95%)	23.3 - 25.3	16.3 - 17.7

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

Il primo:

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

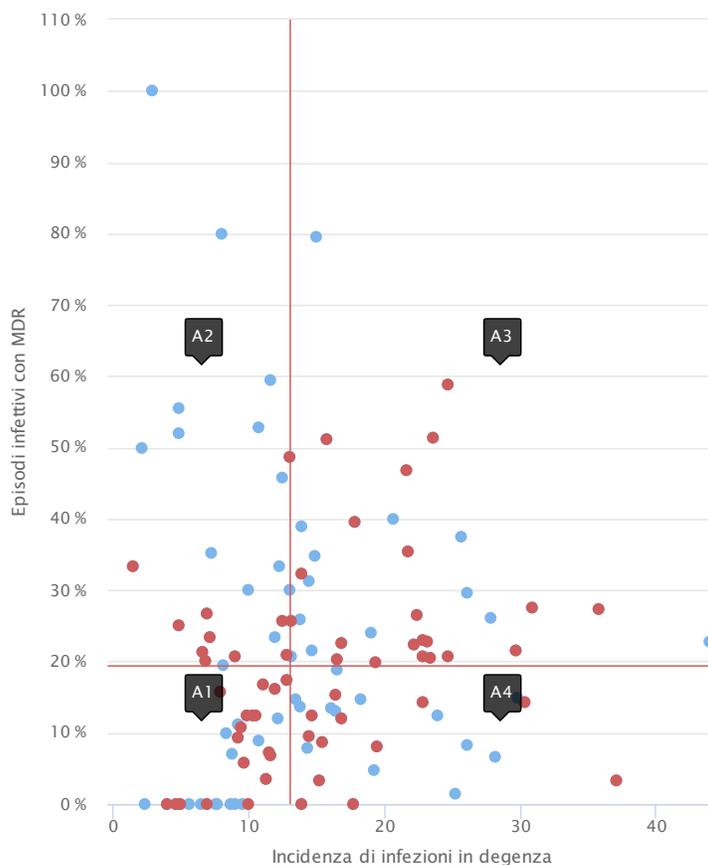
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

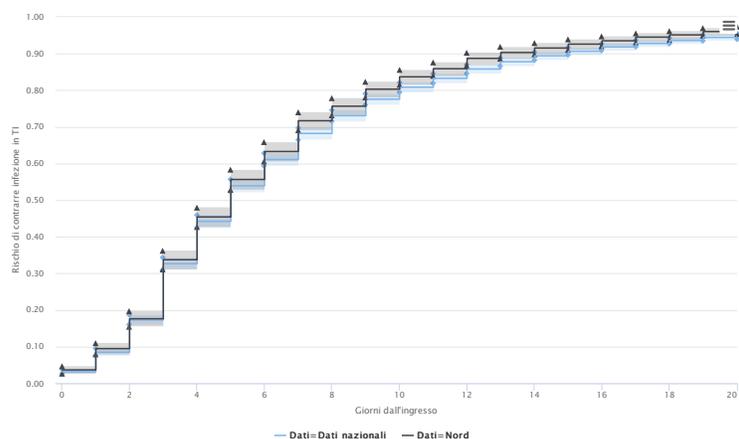
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

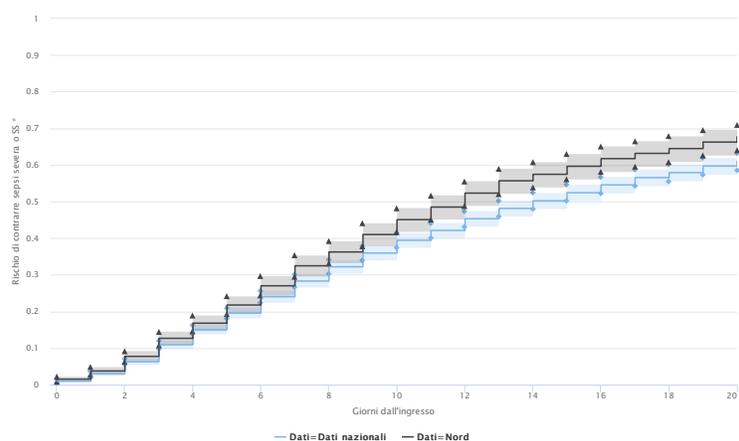


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza dei valori medi nazionali e delimitano 4 aree. L'area **A1** identifica i centri che sembrano praticare un'efficace prevenzione delle infezioni e una buona gestione dell'antibiotico terapia. Per contro a cadere nell'area **A3** sono i centri che, osservando un'elevata incidenza di infezioni in degenza ed un'alta percentuale di multiresistenze, paiono non riuscire a controllare efficacemente i fenomeni. È bene sottolineare che ad influire notevolmente su tali statistiche sono i case-mix delle TI. È pertanto importante valutare con estrema cautela tale grafico e tenere in considerazione che quella appena fornita è solo una delle tante possibili chiavi di lettura.

Rischio di contrarre infezione in TI



di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



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

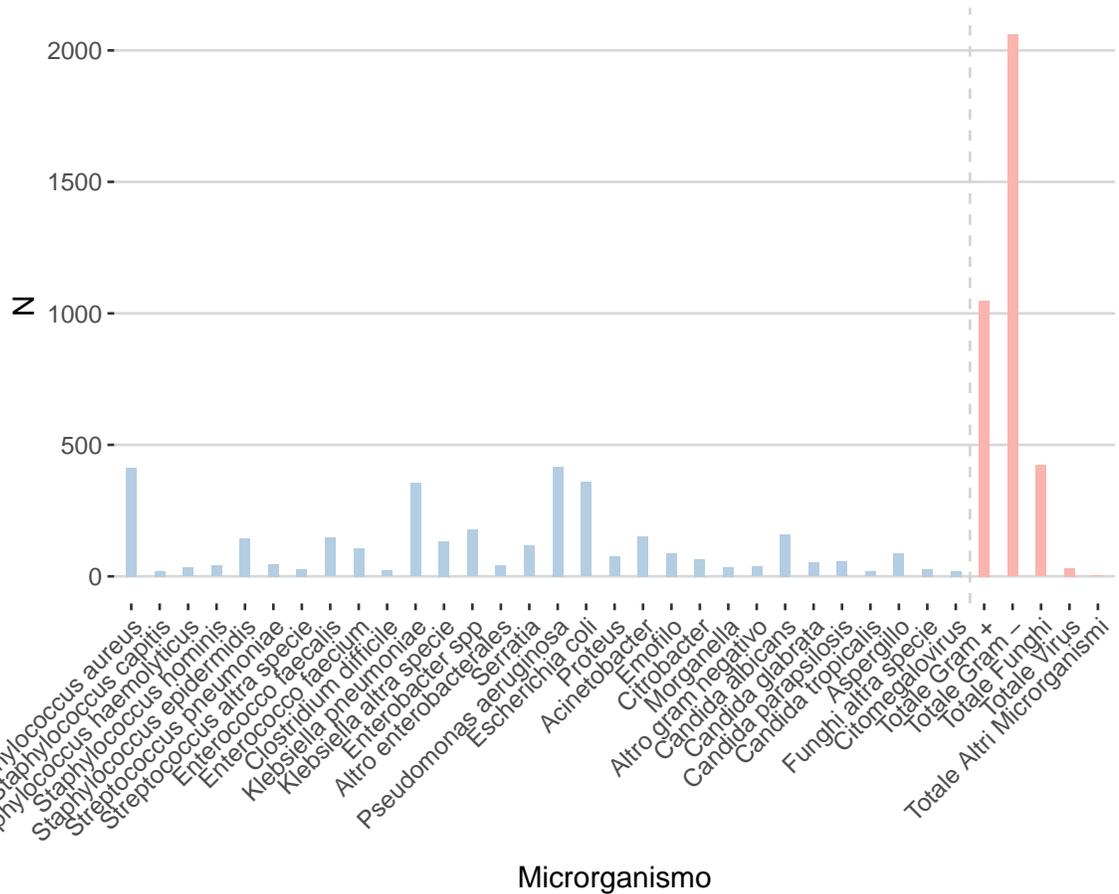
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 80% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	268	9.0
Sì	2713	91.0
Missing	14	

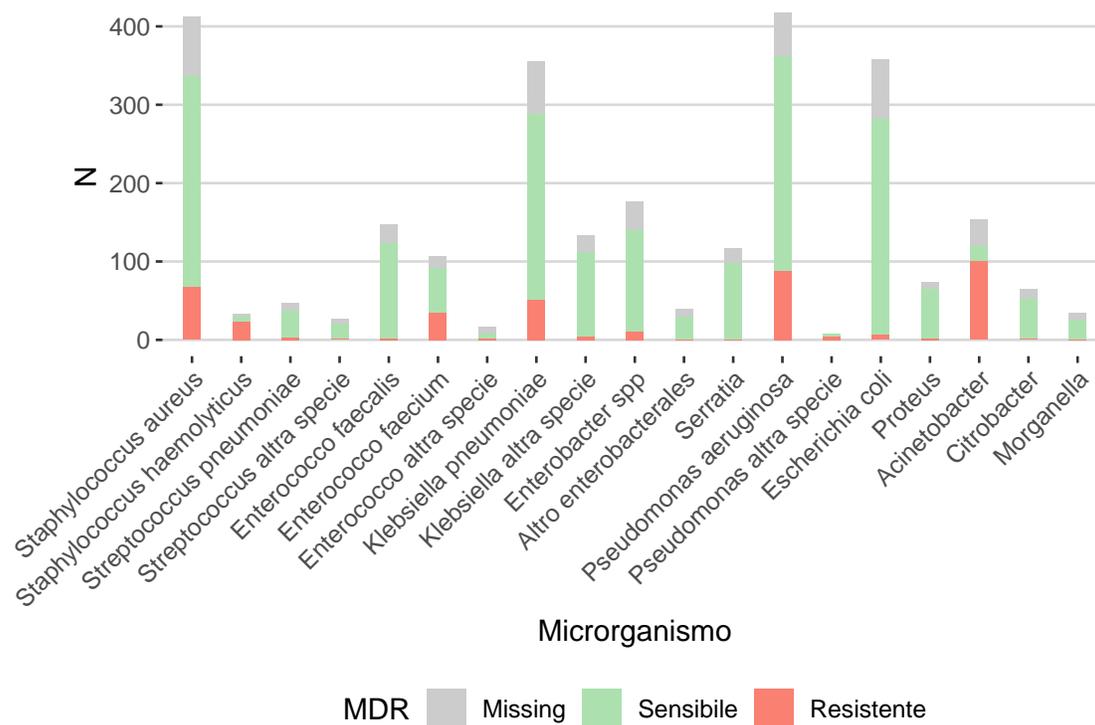
Funghi altra specie	27	1.0	0	0	0
Totale Funghi	423	15.6	0	0	0
Influenza A	1	0.0			
Influenza altro A	1	0.0			
Citomegalovirus	19	0.7			
Herpes simplex	8	0.3			
Altro Virus	3	0.1			
Totale Virus	32	1.2	0	0	0
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	0.1	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	413	15.2	337	67	19.9
Staphylococcus capitis	20	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	34	1.3	29	23	79.3
Staphylococcus hominis	40	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	5	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	145	5.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	12	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	47	1.7	36	3	8.3

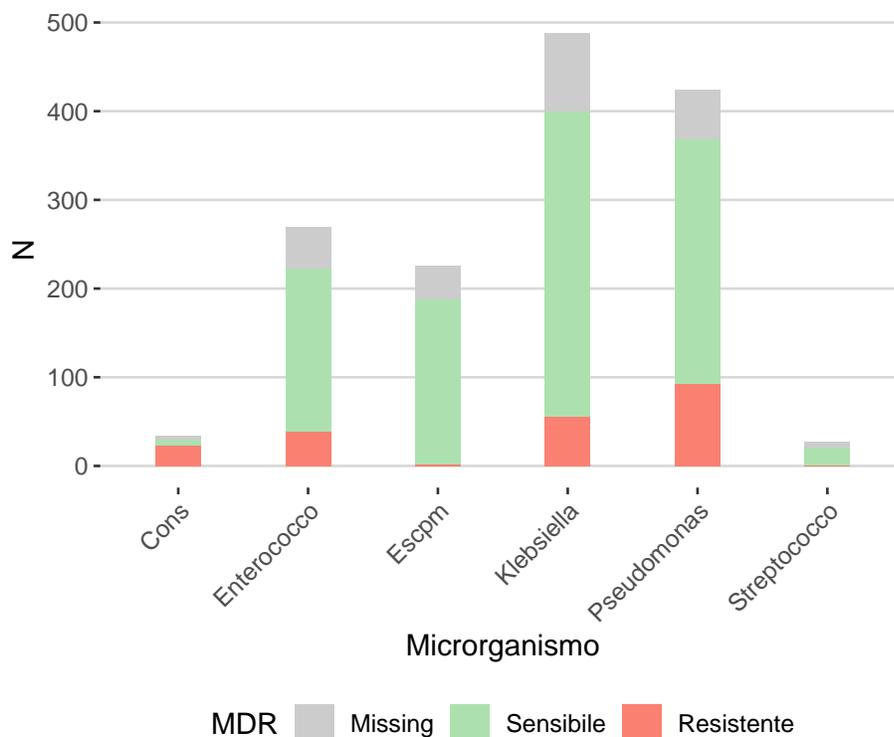
Streptococcus altra specie	27	1.0	21	1	4.8
Enterococco faecalis	147	5.4	123	2	1.6
Enterococco faecium	107	3.9	91	35	38.5
Enterococco altra specie	16	0.6	8	2	25
Clostridium difficile	22	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	5	0.2	0	0	0
Totale Gram +	1049	38.6	645	133	20.6
Klebsiella pneumoniae	355	13.1	288	51	17.7
Klebsiella altra specie	133	4.9	112	4	3.6
Enterobacter spp	176	6.5	140	11	7.9
Altro enterobacterales	40	1.5	29	0	0
Serratia	117	4.3	98	0	0
Pseudomonas aeruginosa	417	15.4	361	88	24.4
Pseudomonas altra specie	7	0.3	7	4	57.1
Escherichia coli	358	13.2	282	6	2.1
Proteus	74	2.7	65	2	3.1
Acinetobacter	153	5.6	120	100	83.3
Emofilo	87	3.2	0	0	0
Citrobacter	65	2.4	53	1	1.9
Morganella	35	1.3	25	0	0
Providencia	6	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	36	1.3	0	0	0
Totale Gram -	2059	75.8	1580	267	16.9
Candida albicans	160	5.9	0	0	0
Candida glabrata	51	1.9	0	0	0
Candida krusei	6	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	56	2.1	0	0	0
Candida tropicalis	18	0.7	0	0	0
Candida specie non determinata	5	0.2	0	0	0
Candida altra specie	13	0.5	0	0	0
Aspergillo	86	3.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.0	0	0	0
Funghi altra specie	27	1.0	0	0	0
Totale Funghi	423	15.6	0	0	0
Influenza A	1	0.0			
Influenza altro A	1	0.0			
Citomegalovirus	19	0.7			
Herpes simplex	8	0.3			
Altro Virus	3	0.1			
Totale Virus	32	1.2	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, Influenza tipo non specificato, 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	34	29	6	23	79.31	5
Enterococco	270	222	183	39	17.57	48
Escpm	226	188	186	2	1.06	38
Klebsiella	488	400	345	55	13.75	88
Pseudomonas	424	368	276	92	25.00	56
Streptococco	27	21	20	1	4.76	6

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

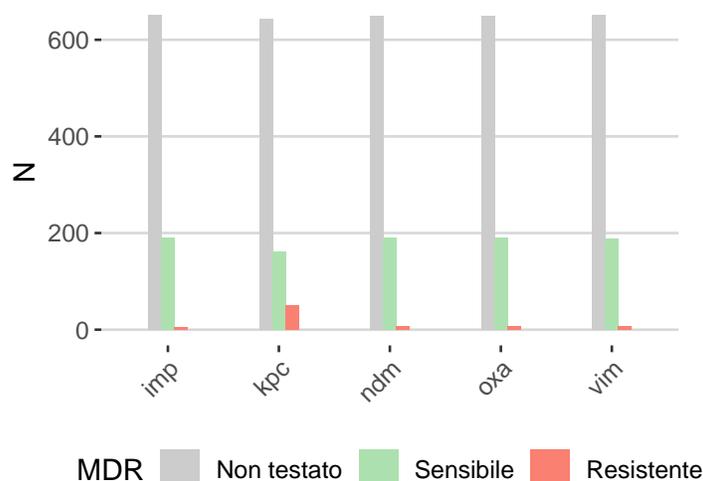
Klebsiella pneumoniae	286	Ertapenem	46	16.08
Klebsiella pneumoniae	288	Meropenem	45	15.62
Klebsiella altra specie	112	Ertapenem	4	3.57
Klebsiella altra specie	112	Meropenem	2	1.79
Citrobacter	52	Ertapenem	1	1.92
Enterobacter spp	137	Ertapenem	10	7.30
Enterobacter spp	140	Meropenem	7	5.00
Escherichia coli	281	Ertapenem	6	2.14
Escherichia coli	282	Meropenem	2	0.71
Proteus	64	Ertapenem	2	3.12
Proteus	65	Meropenem	1	1.54
Acinetobacter	119	Imipenem	80	67.23
Acinetobacter	120	Meropenem	100	83.33
Pseudomonas aeruginosa	359	Imipenem	82	22.84
Pseudomonas aeruginosa	358	Meropenem	66	18.44
Pseudomonas altra specie	7	Imipenem	3	42.86
Pseudomonas altra specie	7	Meropenem	2	28.57
Staphylococcus haemolyticus	29	Meticillina	23	79.31
Staphylococcus aureus	337	Meticillina	67	19.88
Streptococcus pneumoniae	36	Penicillina	3	8.33
Streptococcus altra specie	21	Penicillina	1	4.76
Enterococco faecalis	123	Vancomicina	2	1.63
Enterococco faecium	91	Vancomicina	35	38.46
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	57	6.83
No	149	17.87
Non testato	628	75.3
Missing	612	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	6	7.6	191	651
kpc	51	64.6	162	644
ndm	7	8.9	191	650
oxa	7	8.9	191	650
vim	8	10.1	189	651



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 1063)

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

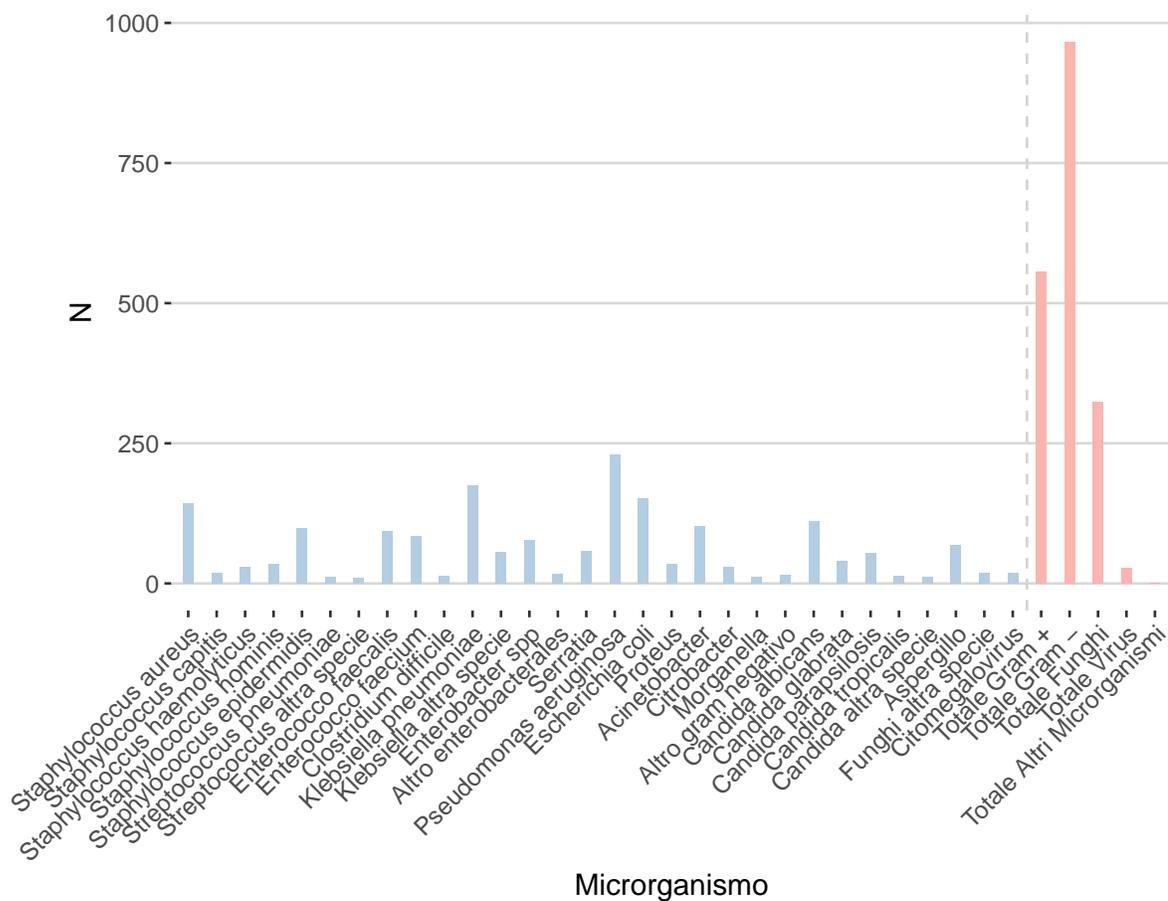
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	310	11.9
Sì	2301	88.1
Missing	10	
Totale infezioni	2621	
Totale microrganismi isolati	3042	

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	143	11.1	121	34	28.1
Staphylococcus capitis	19	1.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	8	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	29	2.2	23	19	82.6
Staphylococcus hominis	34	2.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	98	7.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	0.9	9	2	22.2
Streptococcus altra specie	10	0.8	8	0	0
Enterococco faecalis	93	7.2	77	2	2.6
Enterococco faecium	85	6.6	72	29	40.3

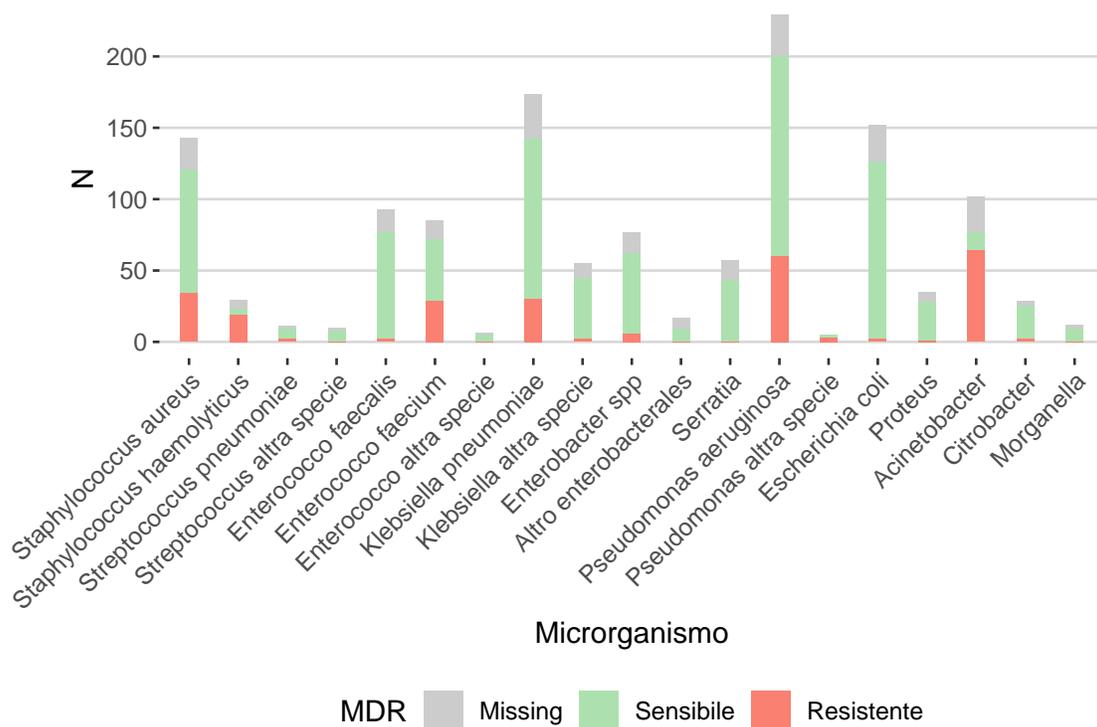
Enterococco altra specie	6	0.5	5	0	0
Clostridium difficile	14	1.1	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.2	0	0	0
Totale Gram +	556	43.0	315	86	27.3
Klebsiella pneumoniae	174	13.4	142	30	21.1
Klebsiella altra specie	55	4.3	45	2	4.4
Enterobacter spp	77	6.0	62	6	9.7
Altro enterobacterales	17	1.3	9	0	0
Serratia	57	4.4	43	0	0
Pseudomonas aeruginosa	229	17.7	200	60	30
Pseudomonas altra specie	5	0.4	5	3	60
Escherichia coli	152	11.7	126	2	1.6
Proteus	35	2.7	28	1	3.6
Acinetobacter	102	7.9	77	64	83.1
Emofilo	6	0.5	0	0	0
Citrobacter	29	2.2	25	2	8
Morganella	12	0.9	9	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	15	1.2	0	0	0
Totale Gram -	966	74.7	771	170	22
Candida albicans	111	8.6	0	0	0
Candida glabrata	40	3.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	54	4.2	0	0	0
Candida tropicalis	13	1.0	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.3	0	0	0
Candida altra specie	12	0.9	0	0	0
Aspergillo	68	5.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	19	1.5	0	0	0
Totale Funghi	324	25.0	0	0	0
Citomegalovirus	19	1.5			
Herpes simplex	6	0.5			
Altro Virus	2	0.2			
Totale Virus	27	2.1	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	143	11.1	121	34	28.1
Staphylococcus capitis	19	1.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	8	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	29	2.2	23	19	82.6
Staphylococcus hominis	34	2.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	98	7.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	0.9	9	2	22.2
Streptococcus altra specie	10	0.8	8	0	0
Enterococco faecalis	93	7.2	77	2	2.6
Enterococco faecium	85	6.6	72	29	40.3
Enterococco altra specie	6	0.5	5	0	0
Clostridium difficile	14	1.1	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.2	0	0	0
Totale Gram +	556	43.0	315	86	27.3
Klebsiella pneumoniae	174	13.4	142	30	21.1
Klebsiella altra specie	55	4.3	45	2	4.4
Enterobacter spp	77	6.0	62	6	9.7
Altro enterobacterales	17	1.3	9	0	0
Serratia	57	4.4	43	0	0
Pseudomonas aeruginosa	229	17.7	200	60	30

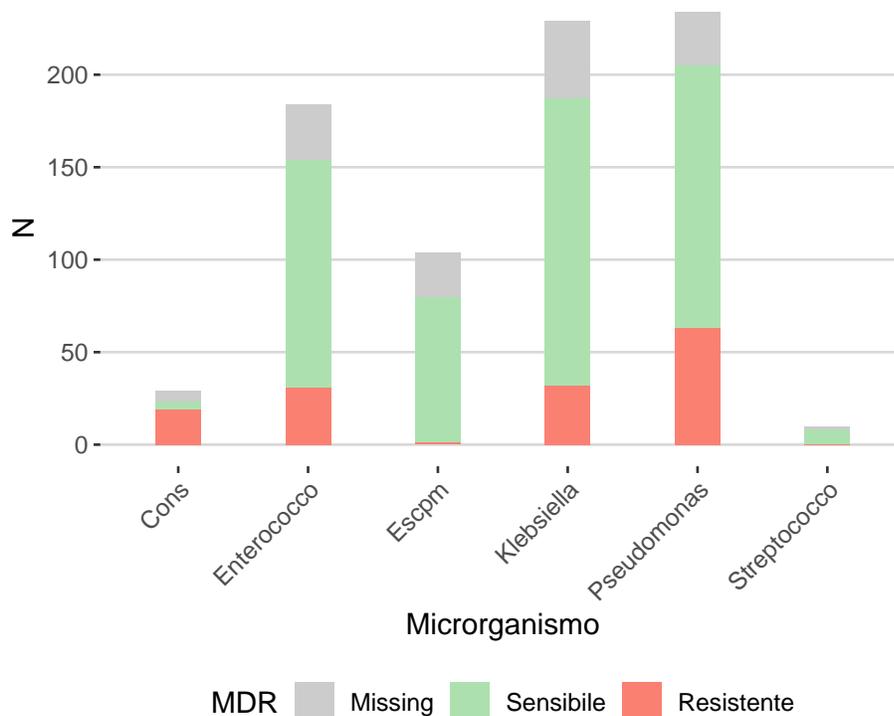
Pseudomonas altra specie	5	0.4	5	3	60
Escherichia coli	152	11.7	126	2	1.6
Proteus	35	2.7	28	1	3.6
Acinetobacter	102	7.9	77	64	83.1
Emofilo	6	0.5	0	0	0
Citrobacter	29	2.2	25	2	8
Morganella	12	0.9	9	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	15	1.2	0	0	0
Totale Gram -	966	74.7	771	170	22
Candida albicans	111	8.6	0	0	0
Candida glabrata	40	3.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	54	4.2	0	0	0
Candida tropicalis	13	1.0	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.3	0	0	0
Candida altra specie	12	0.9	0	0	0
Aspergillo	68	5.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	19	1.5	0	0	0
Totale Funghi	324	25.0	0	0	0
Citomegalovirus	19	1.5			
Herpes simplex	6	0.5			
Altro Virus	2	0.2			
Totale Virus	27	2.1	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	29	23	4	19	82.61	6
Enterococco	184	154	123	31	20.13	30
Escpm	104	80	79	1	1.25	24
Klebsiella	229	187	155	32	17.11	42
Pseudomonas	234	205	142	63	30.73	29
Streptococco	10	8	8	0	0.00	2

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.

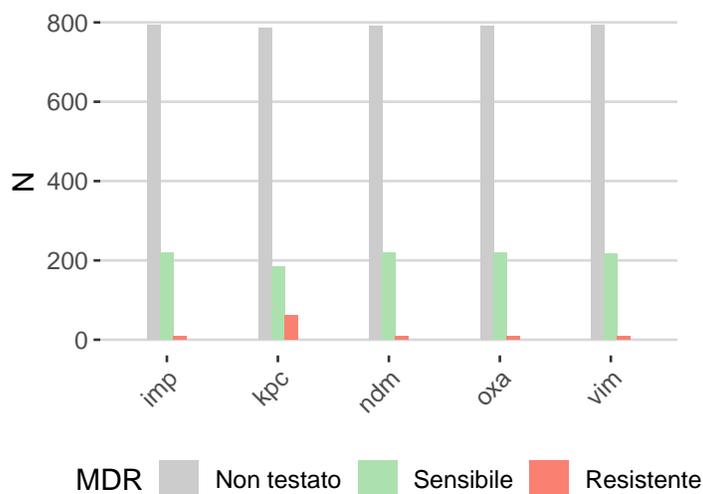
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	196	Ertapenem	37	18.88
Klebsiella pneumoniae	198	Meropenem	41	20.71
Klebsiella altra specie	61	Ertapenem	3	4.92
Citrobacter	27	Ertapenem	2	7.41
Citrobacter	26	Meropenem	2	7.69
Enterobacter spp	85	Ertapenem	5	5.88
Enterobacter spp	85	Meropenem	6	7.06
Escherichia coli	230	Ertapenem	4	1.74
Escherichia coli	230	Meropenem	4	1.74
Proteus	39	Ertapenem	1	2.56
Proteus	40	Meropenem	1	2.50
Serratia	57	Ertapenem	1	1.75
Serratia	56	Meropenem	1	1.79
Acinetobacter	91	Imipenem	57	62.64
Acinetobacter	92	Meropenem	77	83.70
Pseudomonas aeruginosa	255	Imipenem	65	25.49
Pseudomonas aeruginosa	256	Meropenem	52	20.31
Pseudomonas altra specie	5	Imipenem	2	40.00
Pseudomonas altra specie	5	Meropenem	2	40.00
Staphylococcus haemolyticus	31	Meticillina	24	77.42
Staphylococcus aureus	217	Meticillina	54	24.88
Streptococcus pneumoniae	35	Penicillina	6	17.14
Enterococco faecalis	107	Vancomicina	2	1.87
Enterococco faecium	100	Vancomicina	38	38.00

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.

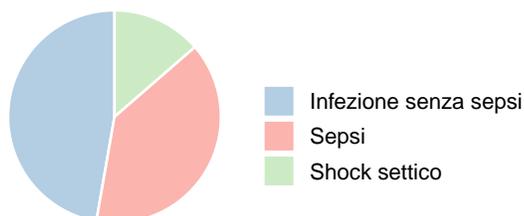
	N	%
Sì	68	6.83
No	164	16.47
Non testato	764	76.71
Missing	702	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	8	8.2	219	793
kpc	61	62.2	185	785
ndm	9	9.2	219	792
oxa	10	10.2	219	792
vim	10	10.2	217	793



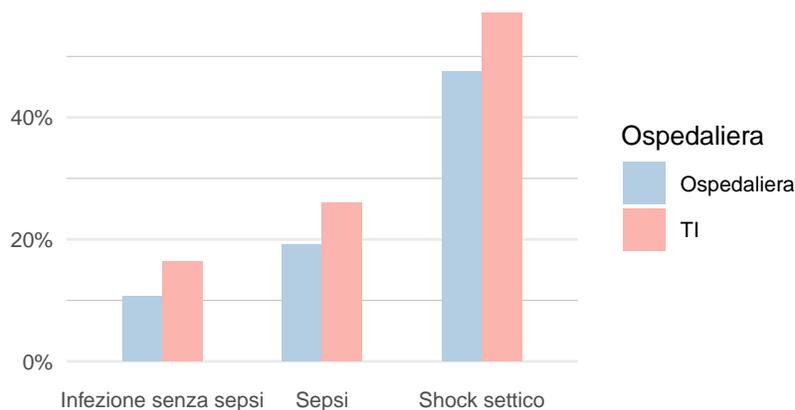
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 1314)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	621	47.3
Sepsi	514	39.1
Shock settico	179	13.6
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	10.7	16.4
Sepsi	19.1	26.0
Shock settico	47.5	57.1

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

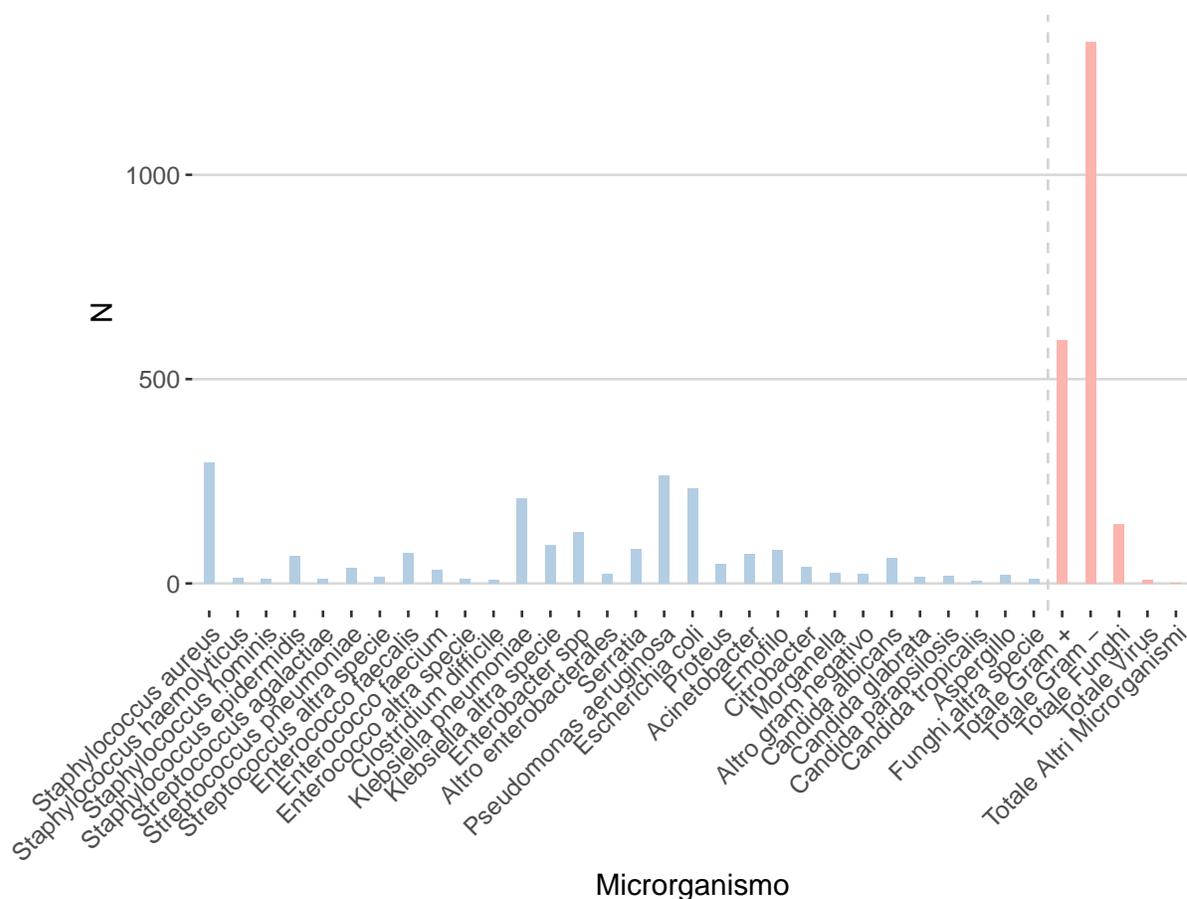
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	166	9.8
Sì	1534	90.2
Missing	8	
Totale infezioni	1708	
Totale microrganismi isolati	2106	

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	295	20.7	238	40	16.8
Staphylococcus capitis	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.9	13	9	69.2
Staphylococcus hominis	11	0.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	68	4.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	11	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	37	2.6	28	1	3.6

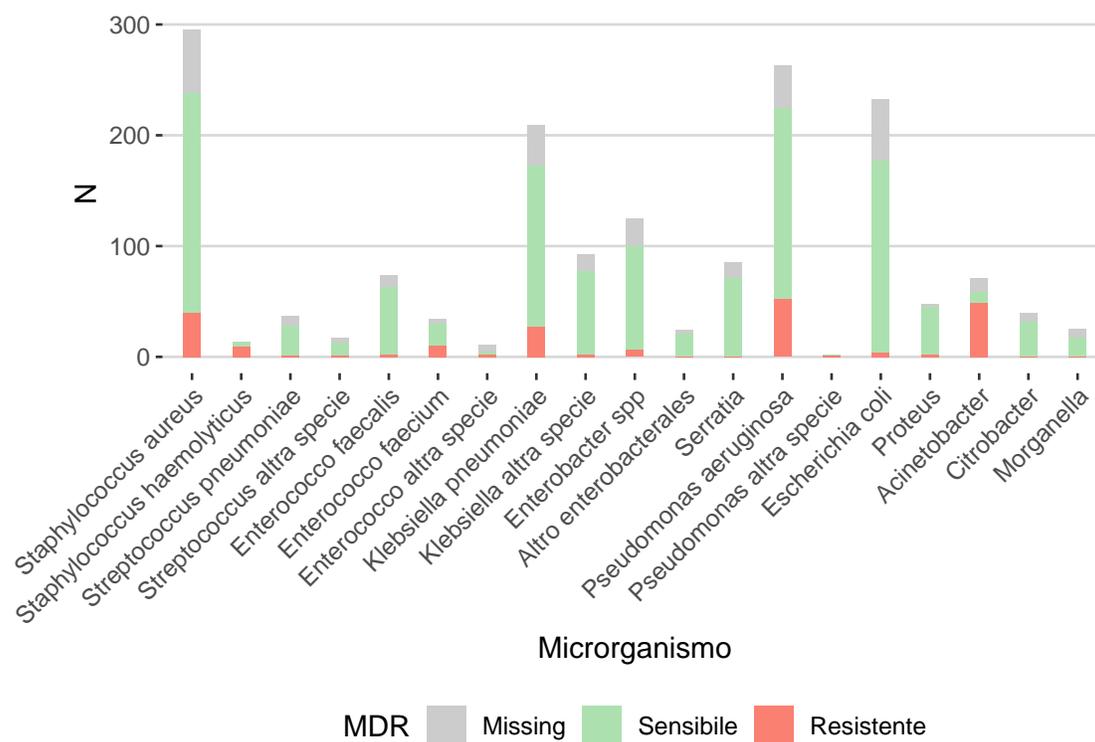
Streptococcus altra specie	17	1.2	13	1	7.7
Enterococco faecalis	74	5.2	63	2	3.2
Enterococco faecium	34	2.4	30	10	33.3
Enterococco altra specie	11	0.8	4	2	50
Clostridium difficile	9	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
Totale Gram +	594	41.8	389	65	16.7
Klebsiella pneumoniae	209	14.7	172	27	15.7
Klebsiella altra specie	93	6.5	77	2	2.6
Enterobacter spp	125	8.8	100	6	6
Altro enterobacterales	24	1.7	21	0	0
Serratia	85	6.0	71	0	0
Pseudomonas aeruginosa	263	18.5	225	52	23.1
Pseudomonas altra specie	2	0.1	2	1	50
Escherichia coli	232	16.3	177	4	2.3
Proteus	48	3.4	45	2	4.4
Acinetobacter	71	5.0	58	49	84.5
Emofilo	81	5.7	0	0	0
Citrobacter	40	2.8	32	0	0
Morganella	25	1.8	17	0	0
Providencia	5	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	22	1.5	0	0	0
Totale Gram -	1325	93.2	997	143	14.3
Candida albicans	63	4.4	0	0	0
Candida glabrata	16	1.1	0	0	0
Candida krusei	5	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	18	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	21	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	11	0.8	0	0	0
Totale Funghi	144	10.1	0	0	0
Influenza A	1	0.1			
Influenza altro A	1	0.1			
Citomegalovirus	3	0.2			
Herpes simplex	2	0.1			
Altro Virus	2	0.1			
Totale Virus	9	0.6	0	0	0
Mycoplasma	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	295	20.7	238	40	16.8
Staphylococcus capitis	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.9	13	9	69.2
Staphylococcus hominis	11	0.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	68	4.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	11	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	37	2.6	28	1	3.6
Streptococcus altra specie	17	1.2	13	1	7.7
Enterococcus faecalis	74	5.2	63	2	3.2
Enterococcus faecium	34	2.4	30	10	33.3
Enterococcus altra specie	11	0.8	4	2	50
Clostridium difficile	9	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
Totale Gram +	594	41.8	389	65	16.7
Klebsiella pneumoniae	209	14.7	172	27	15.7
Klebsiella altra specie	93	6.5	77	2	2.6
Enterobacter spp	125	8.8	100	6	6
Altro enterobacterales	24	1.7	21	0	0
Serratia	85	6.0	71	0	0
Pseudomonas aeruginosa	263	18.5	225	52	23.1

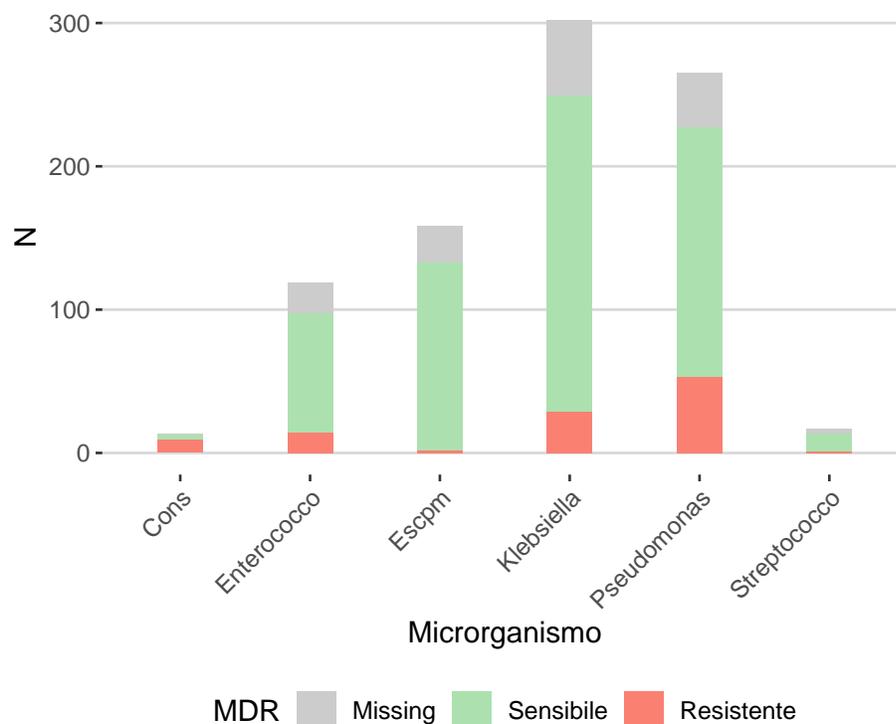
Pseudomonas altra specie	2	0.1	2	1	50
Escherichia coli	232	16.3	177	4	2.3
Proteus	48	3.4	45	2	4.4
Acinetobacter	71	5.0	58	49	84.5
Emofilo	81	5.7	0	0	0
Citrobacter	40	2.8	32	0	0
Morganella	25	1.8	17	0	0
Providencia	5	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	22	1.5	0	0	0
Totale Gram -	1325	93.2	997	143	14.3
Candida albicans	63	4.4	0	0	0
Candida glabrata	16	1.1	0	0	0
Candida krusei	5	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	18	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	21	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	11	0.8	0	0	0
Totale Funghi	144	10.1	0	0	0
Influenza A	1	0.1			
Influenza altro A	1	0.1			
Citomegalovirus	3	0.2			
Herpes simplex	2	0.1			
Altro Virus	2	0.1			
Totale Virus	9	0.6	0	0	0
Mycoplasma	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, Pneumocistie Jirovecii, Influenza AH3N2, Influenza B, Influenza tipo non specificato, 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	13	13	4	9	69.23	0
Enterococco	119	97	83	14	14.43	22
Escpm	158	133	131	2	1.50	25
Klebsiella	302	249	220	29	11.65	53
Pseudomonas	265	227	174	53	23.35	38
Streptococco	17	13	12	1	7.69	4

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

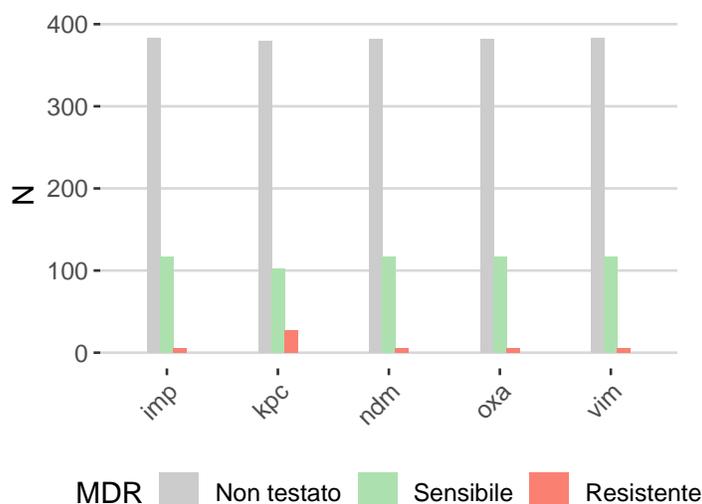
Klebsiella pneumoniae	172	Ertapenem	24	13.95
Klebsiella pneumoniae	172	Meropenem	23	13.37
Klebsiella altra specie	77	Ertapenem	2	2.60
Klebsiella altra specie	77	Meropenem	2	2.60
Enterobacter spp	97	Ertapenem	6	6.19
Enterobacter spp	100	Meropenem	2	2.00
Escherichia coli	176	Ertapenem	4	2.27
Proteus	45	Ertapenem	2	4.44
Acinetobacter	58	Imipenem	40	68.97
Acinetobacter	58	Meropenem	49	84.48
Pseudomonas aeruginosa	224	Imipenem	47	20.98
Pseudomonas aeruginosa	222	Meropenem	39	17.57
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	13	Meticillina	9	69.23
Staphylococcus aureus	238	Meticillina	40	16.81
Streptococcus pneumoniae	28	Penicillina	1	3.57
Streptococcus altra specie	13	Penicillina	1	7.69
Enterococco faecalis	63	Vancomicina	2	3.17
Enterococco faecium	30	Vancomicina	10	33.33
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

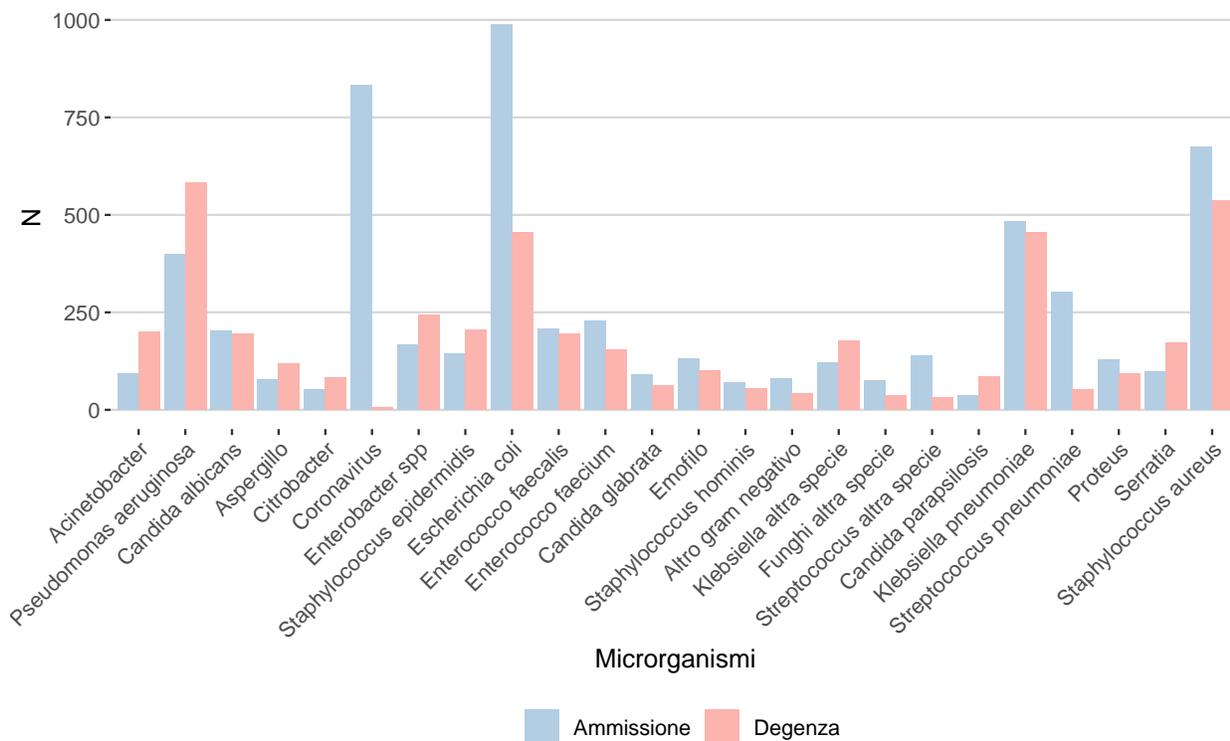
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	%
Si	29	5.84
No	98	19.72
Non testato	370	74.45
Missing	366	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	5	10.2	117	383
kpc	27	55.1	102	380
ndm	6	12.2	117	382
oxa	6	12.2	117	382
vim	5	10.2	117	383



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

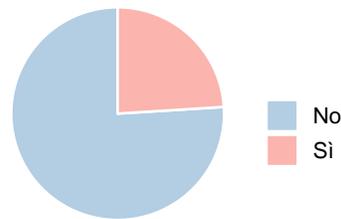


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	294	93	31.6	201	68.4
Pseudomonas aeruginosa	983	399	40.6	584	59.4
Candida albicans	399	204	51.1	195	48.9
Aspergillo	196	77	39.3	119	60.7
Citrobacter	135	53	39.3	82	60.7
Coronavirus	838	832	99.3	6	0.7

Enterobacter spp	411	167	40.6	244	59.4
Staphylococcus epidermidis	350	145	41.4	205	58.6
Escherichia coli	1444	988	68.4	456	31.6
Enterococco faecalis	405	209	51.6	196	48.4
Enterococco faecium	382	228	59.7	154	40.3
Candida glabrata	154	91	59.1	63	40.9
Emofilo	232	131	56.5	101	43.5
Staphylococcus hominis	125	70	56	55	44
Altro gram negativo	123	80	65	43	35
Klebsiella altra specie	298	120	40.3	178	59.7
Funghi altra specie	111	75	67.6	36	32.4
Streptococcus altra specie	172	139	80.8	33	19.2
Candida parapsilosis	121	36	29.8	85	70.2
Klebsiella pneumoniae	938	484	51.6	454	48.4
Streptococcus pneumoniae	354	301	85	53	15
Proteus	222	128	57.7	94	42.3
Serratia	269	97	36.1	172	63.9
Staphylococcus aureus	1212	675	55.7	537	44.3

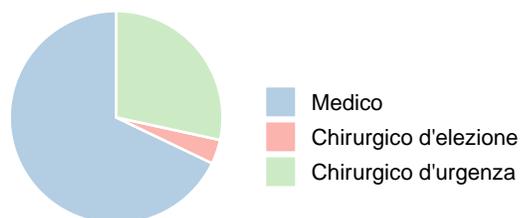
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 975)

11.1 Trauma



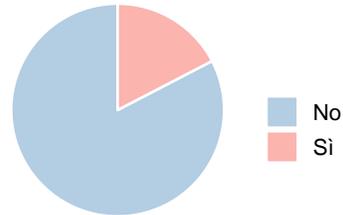
Trauma	N	%
No	741	76.0
Si	234	24.0
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



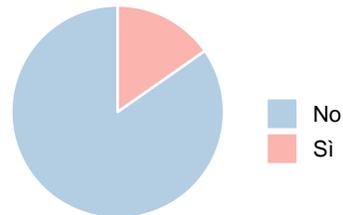
Stato chirurgico	N	%
Medico	662	67.9
Chirurgico d'elezione	36	3.7
Chirurgico d'urgenza	277	28.4
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



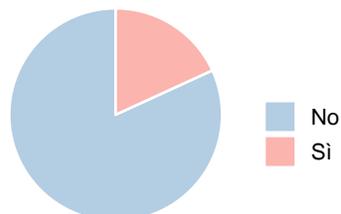
Batteriémica	N	%
No	799	82.6
Si	168	17.4
Missing	8	0

11.4 Infezioni multisito



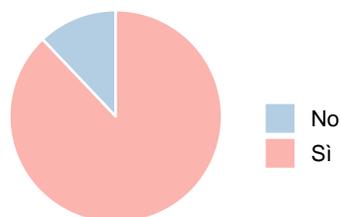
Infezione multisito	N	%
No	826	84.7
Si	149	15.3
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	789	81.8
Si	175	18.2
Missing	11	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

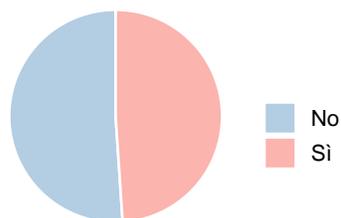


Polmonite associata a VAP	N	%
No	117	12.1
Si	852	87.9
Missing	6	0

* 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).

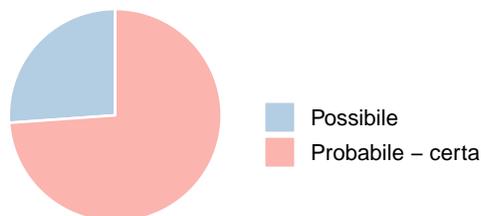
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 852)

12.1 VAP precoce



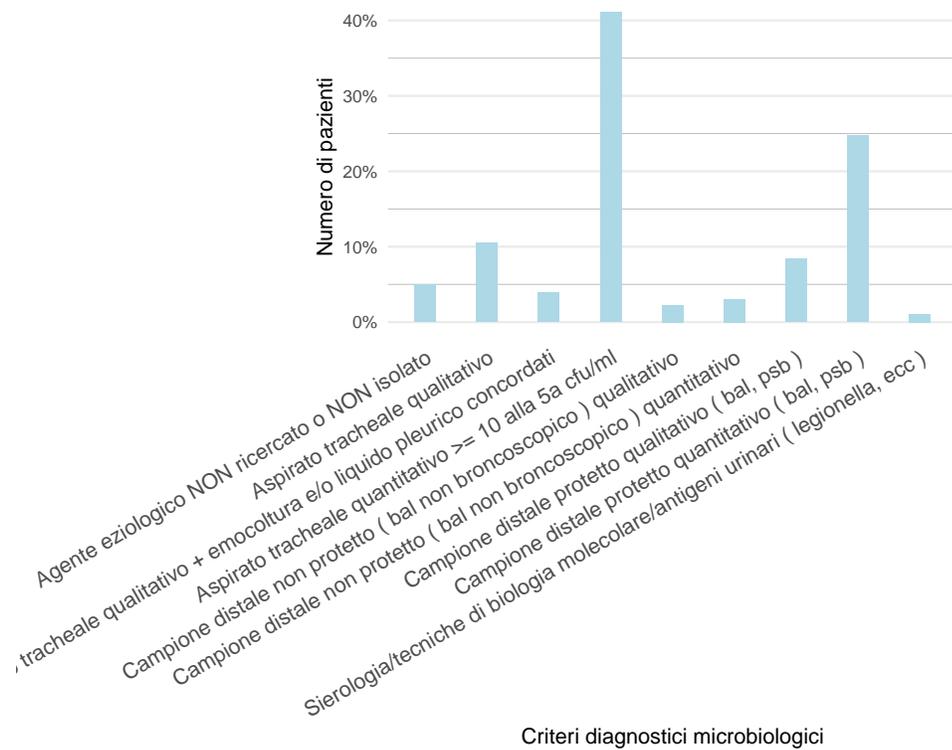
VAP precoce	N	%
No	435	51.1
Sì	417	48.9
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	221	26.1
Probabile - certa	625	73.9
Missing	6	0

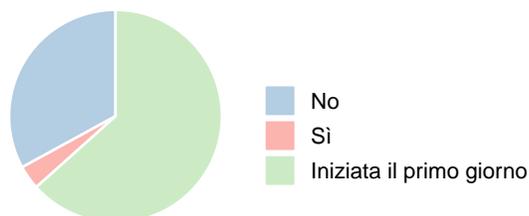
12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	9	1.1
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	26	3.1
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	19	2.2
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	71	8.4
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	209	24.7
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	348	41.1
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	33	3.9
Aspirato tracheale qualitativo	89	10.5
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	42	5.0
Missing	6	0

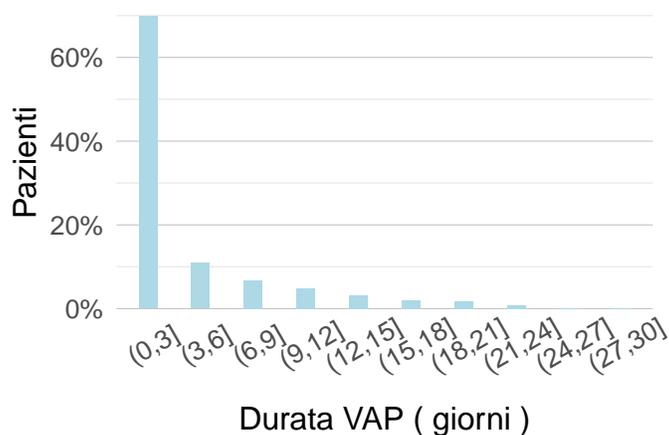
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 20764)

12.4.1 Ventilazione invasiva



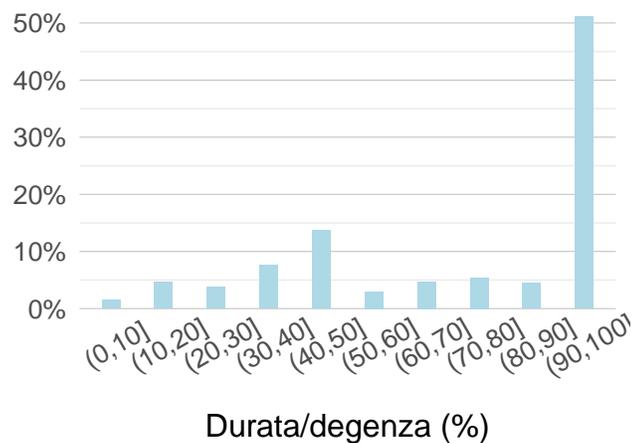
Ventilazione invasiva	N	%
No	6821	33.0
Sì	13868	67.0
Iniziata il primo giorno	13111	63.1
Missing	75	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



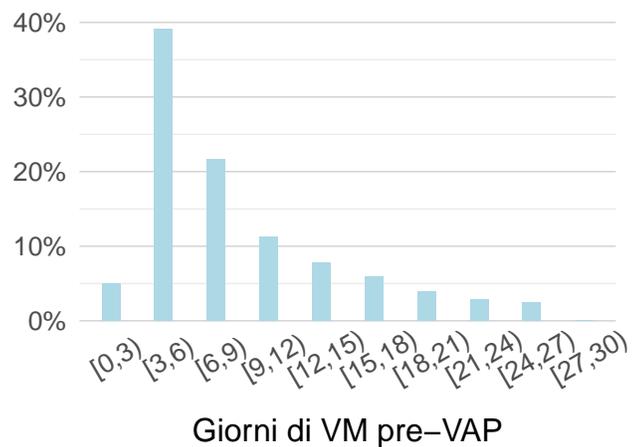
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.6 (9.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-6)
Missing	27

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	75.0 (29.5)
Mediana (Q1-Q3)	93 (50-100)
Missing	35

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	852
Media (DS)	9.6 (8.7)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-12)

Missing 0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	14.0	9.8 %
CI (95%)	13.1 - 14.9	9.1 - 10.5

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.

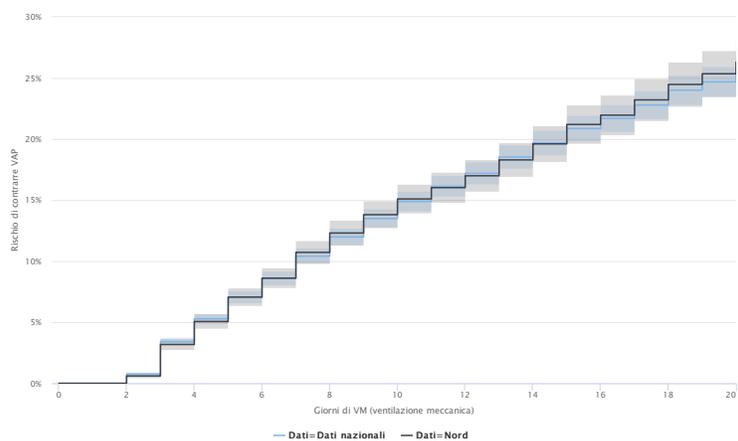
Il secondo invece:

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

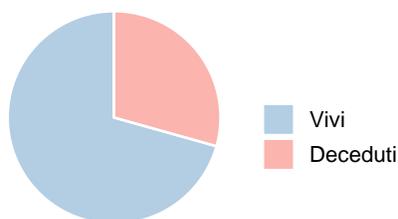
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

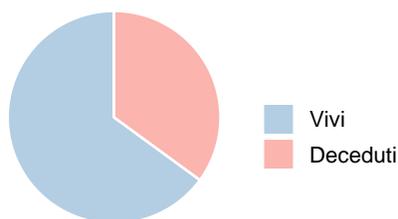


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	602	70.7
Deceduti	250	29.3
Missing	0	0

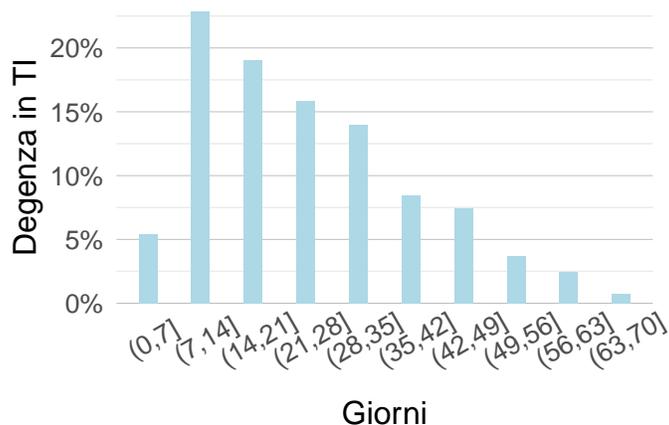
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	532	65.0
Deceduti	287	35.0
Missing	13	0

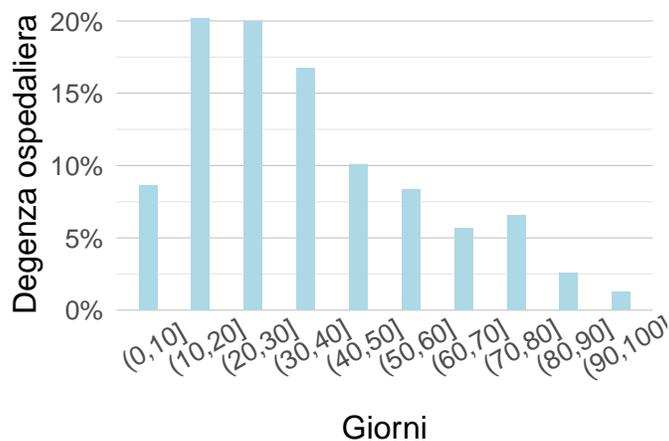
* Statistiche calcolate su 832 escludendo le riammissioni da reparto (N = 20).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.7 (21.0)
Mediana (Q1-Q3)	24 (14-37)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.8 (29.5)
Mediana (Q1-Q3)	33 (19-54)
Missing	13

* Statistiche calcolate su 832 escludendo le riammissioni da reparto (N = 20).

12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

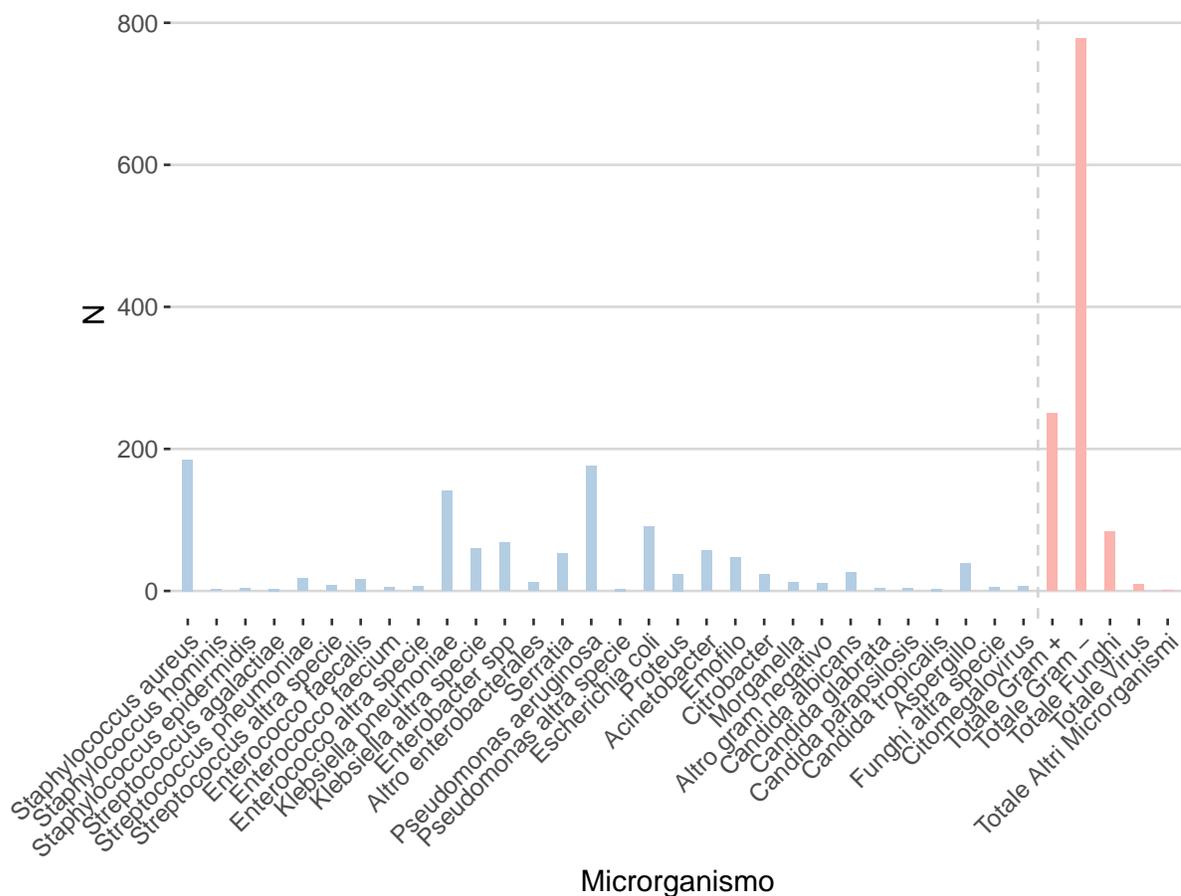
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	42	5.0
Sì	806	95.0
Missing	4	
Totale infezioni	852	
Totale microrganismi isolati	1155	

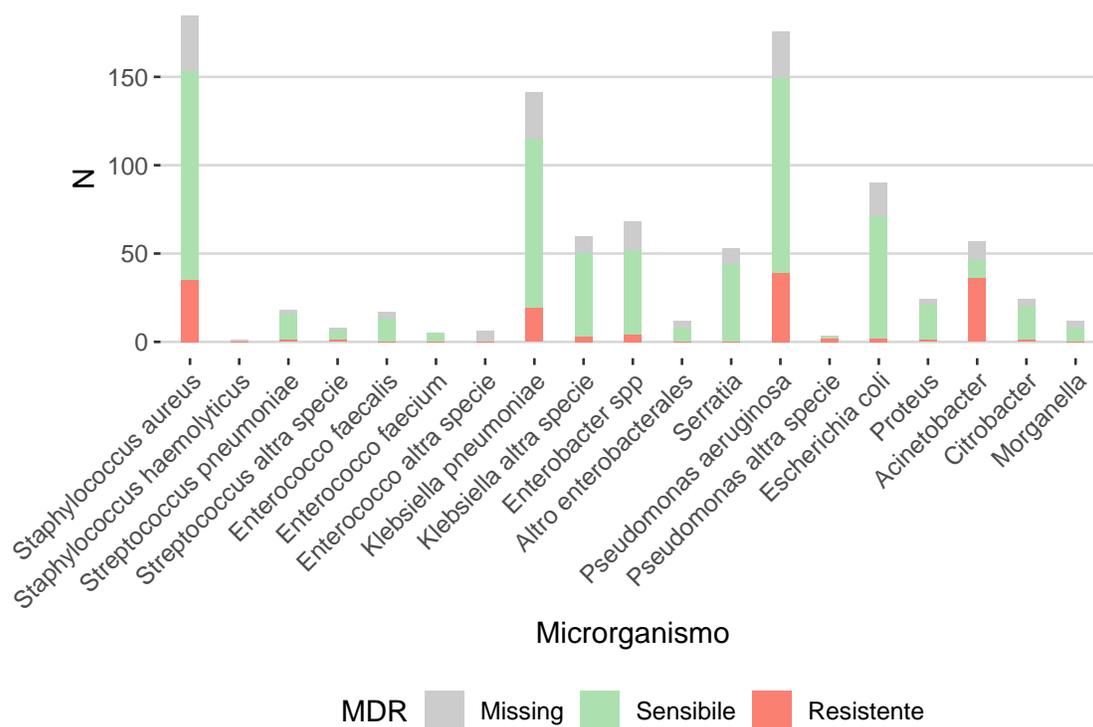
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	185	22.9	153	35	22.9
Staphylococcus capitis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	18	2.2	16	1	6.2
Streptococcus altra specie	8	1.0	7	1	14.3
Enterococco faecalis	17	2.1	13	0	0
Enterococco faecium	5	0.6	5	0	0
Enterococco altra specie	6	0.7	0	0	0
Totale Gram +	250	30.9	194	37	19.1
Klebsiella pneumoniae	141	17.5	115	19	16.5
Klebsiella altra specie	60	7.4	50	3	6
Enterobacter spp	68	8.4	52	4	7.7
Altro enterobacterales	12	1.5	8	0	0
Serratia	53	6.6	44	0	0
Pseudomonas aeruginosa	176	21.8	149	39	26.2
Pseudomonas altra specie	3	0.4	3	2	66.7
Escherichia coli	90	11.1	71	2	2.8
Proteus	24	3.0	21	1	4.8
Acinetobacter	57	7.1	46	36	78.3
Emofilo	47	5.8	0	0	0
Citrobacter	24	3.0	20	1	5
Morganella	12	1.5	8	0	0
Altro gram negativo	11	1.4	0	0	0
Totale Gram -	778	96.3	587	107	18.2
Candida albicans	26	3.2	0	0	0
Candida glabrata	4	0.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	39	4.8	0	0	0
Funghi altra specie	5	0.6	0	0	0

Totale Funghi	83	10.3	0	0	0
Citomegalovirus	6	0.7			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	2	0.2			
Totale Virus	9	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1			
Totale Altri Microrganismi	1	0.1	0	0	0

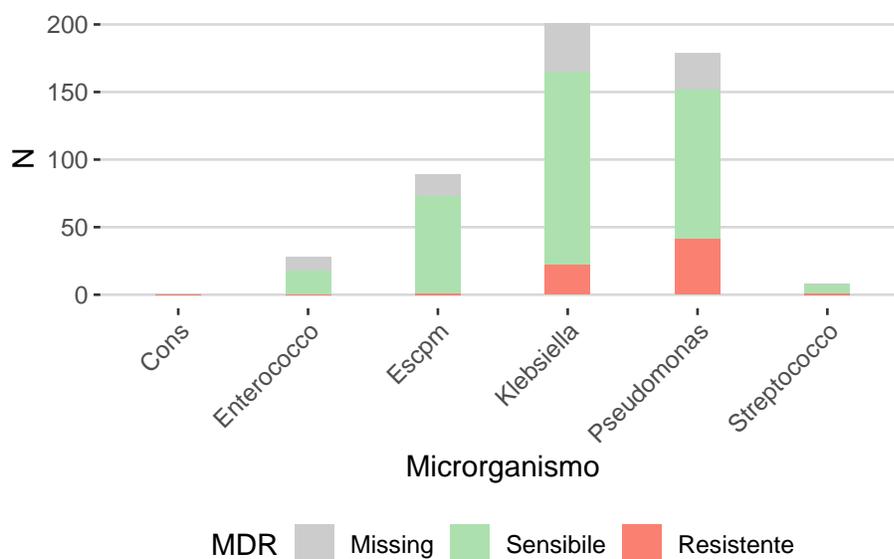


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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, Providencia, Candida auris, 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.

12.11.1 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	1	0	0	0	NaN	1
Enterococco	28	18	18	0	0.00	10
Escpm	89	73	72	1	1.37	16
Klebsiella	201	165	143	22	13.33	36
Pseudomonas	179	152	111	41	26.97	27
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	114	Ertapenem	18	15.79
Klebsiella pneumoniae	115	Meropenem	17	14.78
Klebsiella altra specie	50	Ertapenem	3	6.00
Klebsiella altra specie	50	Meropenem	1	2.00
Citrobacter	20	Ertapenem	1	5.00

Enterobacter spp	50	Ertapenem	3	6.00
Enterobacter spp	52	Meropenem	2	3.85
Escherichia coli	71	Ertapenem	2	2.82
Escherichia coli	71	Meropenem	1	1.41
Proteus	21	Ertapenem	1	4.76
Proteus	21	Meropenem	1	4.76
Acinetobacter	46	Imipenem	26	56.52
Acinetobacter	46	Meropenem	36	78.26
Pseudomonas aeruginosa	148	Imipenem	38	25.68
Pseudomonas aeruginosa	148	Meropenem	30	20.27
Pseudomonas altra specie	3	Imipenem	2	66.67
Staphylococcus aureus	153	Meticillina	35	22.88
Streptococcus pneumoniae	16	Penicillina	1	6.25
Streptococcus altra specie	7	Penicillina	1	14.29

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

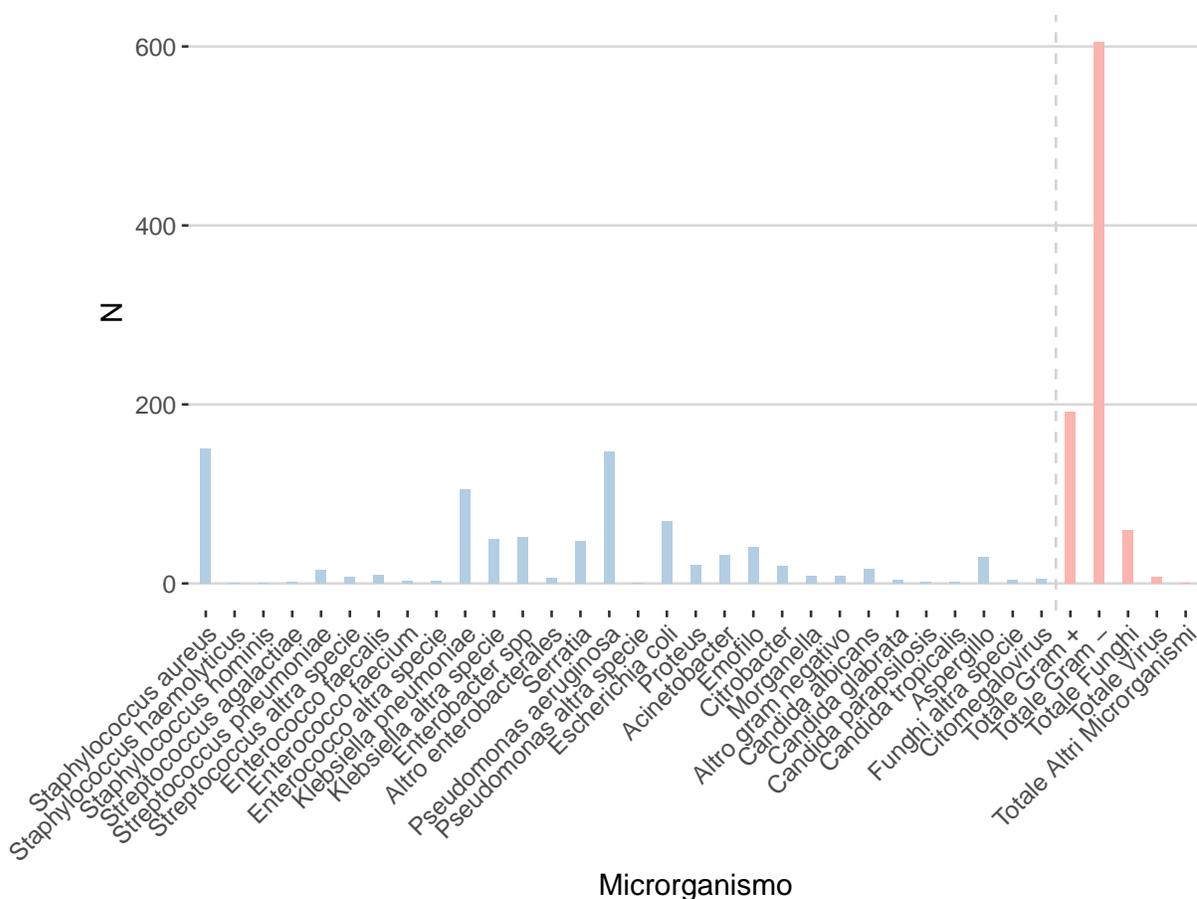
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	625	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	625	
Totale microrganismi isolati	890	

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	150	24.0	124	24	19.4
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	15	2.4	14	1	7.1
Streptococcus altra specie	7	1.1	6	1	16.7
Enterococco faecalis	10	1.6	8	0	0
Enterococco faecium	3	0.5	3	0	0
Enterococco altra specie	3	0.5	0	0	0
Totale Gram +	192	30.7	155	26	16.8
Klebsiella pneumoniae	105	16.8	90	15	16.7
Klebsiella altra specie	50	8.0	42	3	7.1
Enterobacter spp	52	8.3	41	4	9.8
Altro enterobacterales	6	1.0	5	0	0
Serratia	47	7.5	39	0	0

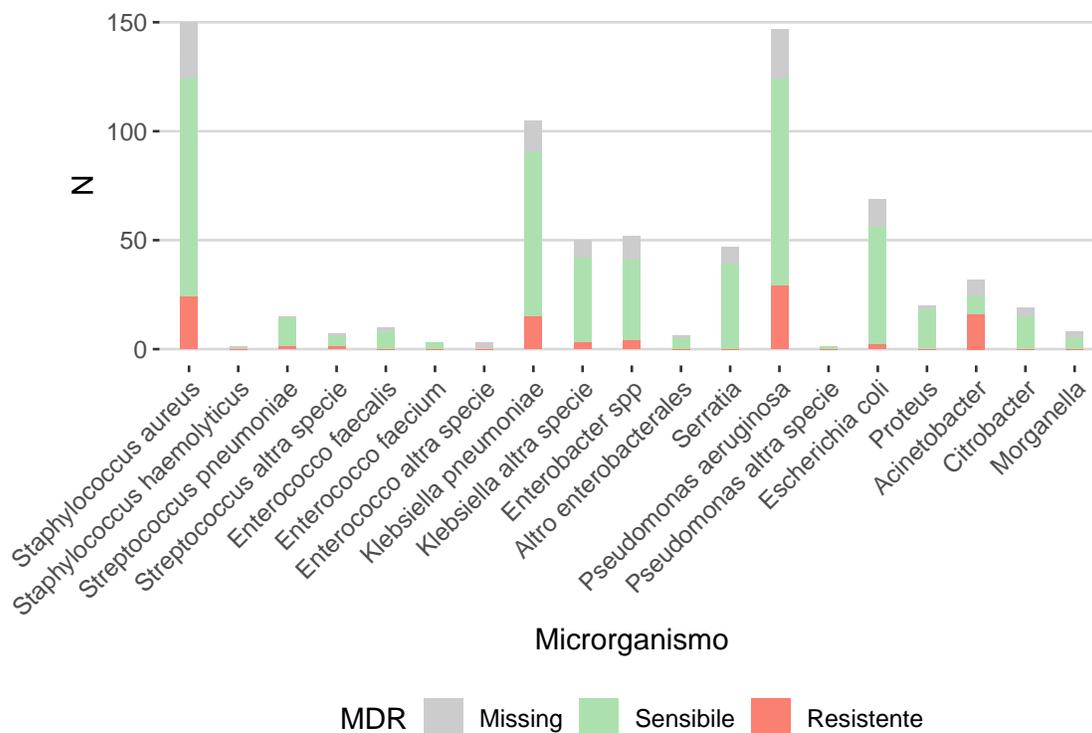
Pseudomonas aeruginosa	147	23.5	124	29	23.4
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	69	11.0	56	2	3.6
Proteus	20	3.2	18	0	0
Acinetobacter	32	5.1	24	16	66.7
Emofilo	41	6.6	0	0	0
Citrobacter	19	3.0	15	0	0
Morganella	8	1.3	5	0	0
Altro gram negativo	8	1.3	0	0	0
Totale Gram -	605	96.8	460	69	15
Candida albicans	16	2.6	0	0	0
Candida glabrata	4	0.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.3	0	0	0
Aspergillo	30	4.8	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.6	0	0	0
Totale Funghi	59	9.4	0	0	0
Citomegalovirus	5	0.8			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	1	0.2			
Totale Virus	7	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	150	24.0	124	24	19.4
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	15	2.4	14	1	7.1
Streptococcus altra specie	7	1.1	6	1	16.7
Enterococco faecalis	10	1.6	8	0	0
Enterococco faecium	3	0.5	3	0	0
Enterococco altra specie	3	0.5	0	0	0
Totale Gram +	192	30.7	155	26	16.8
Klebsiella pneumoniae	105	16.8	90	15	16.7
Klebsiella altra specie	50	8.0	42	3	7.1
Enterobacter spp	52	8.3	41	4	9.8
Altro enterobacterales	6	1.0	5	0	0
Serratia	47	7.5	39	0	0
Pseudomonas aeruginosa	147	23.5	124	29	23.4
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	69	11.0	56	2	3.6
Proteus	20	3.2	18	0	0
Acinetobacter	32	5.1	24	16	66.7
Emofilo	41	6.6	0	0	0
Citrobacter	19	3.0	15	0	0

Morganella	8	1.3	5	0	0
Altro gram negativo	8	1.3	0	0	0
Totale Gram -	605	96.8	460	69	15
Candida albicans	16	2.6	0	0	0
Candida glabrata	4	0.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.3	0	0	0
Aspergillo	30	4.8	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.6	0	0	0
Totale Funghi	59	9.4	0	0	0
Citomegalovirus	5	0.8			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	1	0.2			
Totale Virus	7	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0

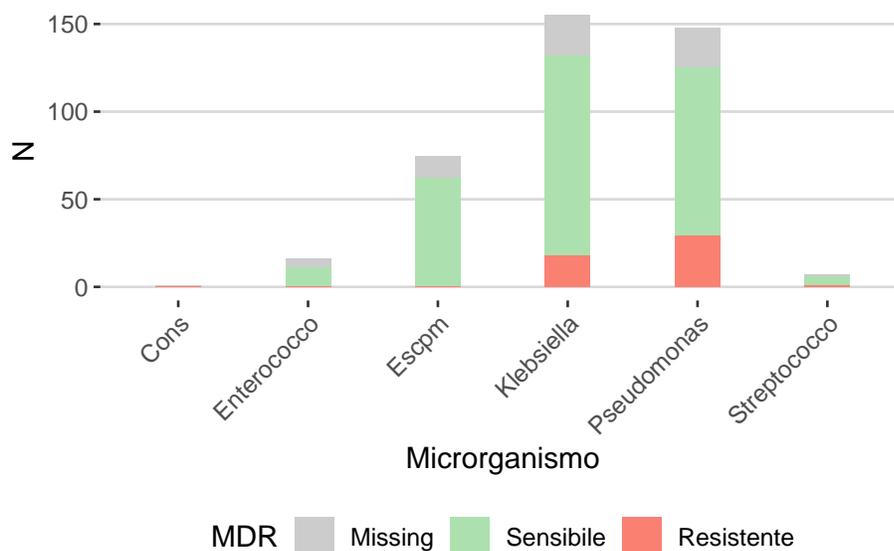
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Providencia, 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	1	0	0	0	NaN	1
Enterococco	16	11	11	0	0.00	5
Escpm	75	62	62	0	0.00	13
Klebsiella	155	132	114	18	13.64	23
Pseudomonas	148	125	96	29	23.20	23
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	90	Ertapenem	14	15.56
Klebsiella pneumoniae	90	Meropenem	13	14.44
Klebsiella altra specie	42	Ertapenem	3	7.14
Klebsiella altra specie	42	Meropenem	1	2.38
Enterobacter spp	39	Ertapenem	3	7.69
Enterobacter spp	41	Meropenem	2	4.88
Escherichia coli	56	Ertapenem	2	3.57
Escherichia coli	56	Meropenem	1	1.79
Acinetobacter	24	Imipenem	15	62.50
Acinetobacter	24	Meropenem	16	66.67
Pseudomonas aeruginosa	123	Imipenem	28	22.76
Pseudomonas aeruginosa	124	Meropenem	26	20.97
Staphylococcus aureus	124	Meticillina	24	19.35
Streptococcus pneumoniae	14	Penicillina	1	7.14
Streptococcus altra specie	6	Penicillina	1	16.67

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

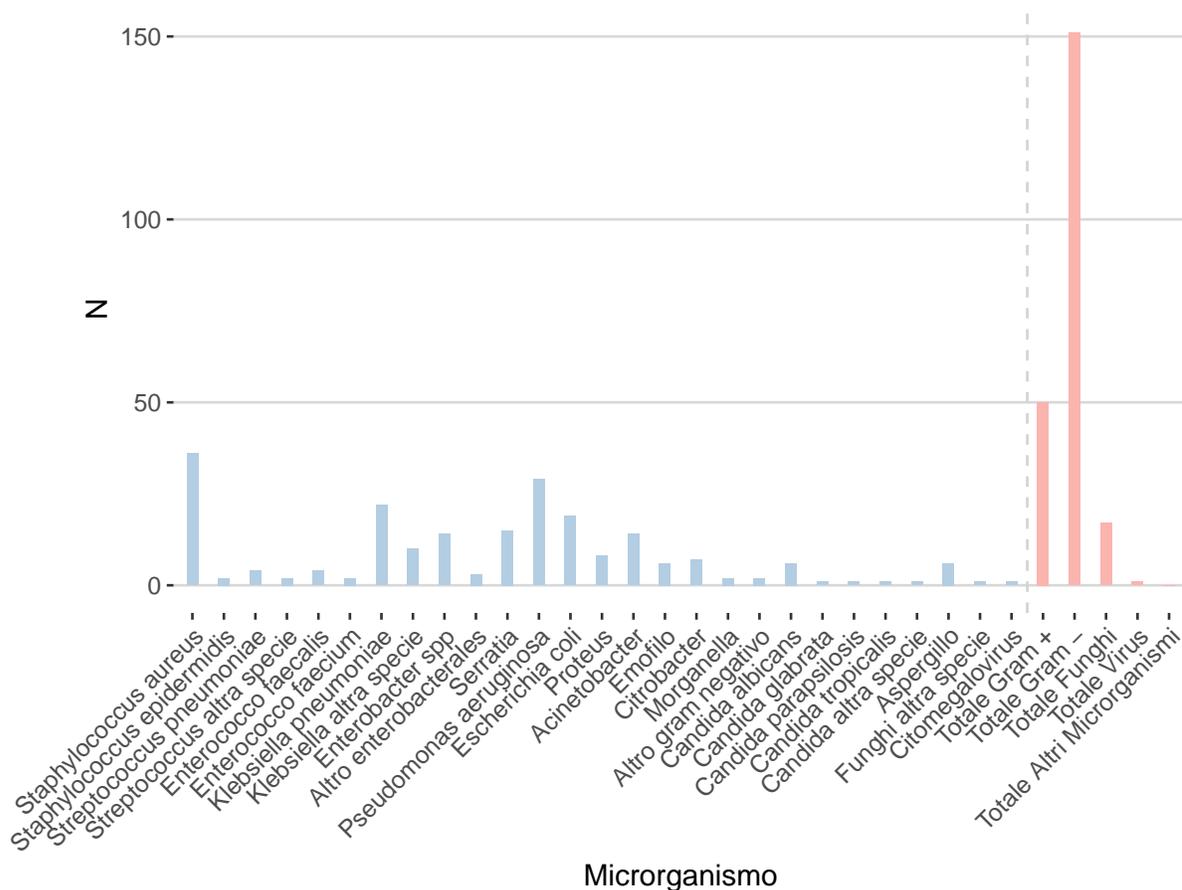
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	1.3
Sì	151	98.7
Missing	0	
Totale infezioni	153	
Totale microrganismi isolati	224	

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.

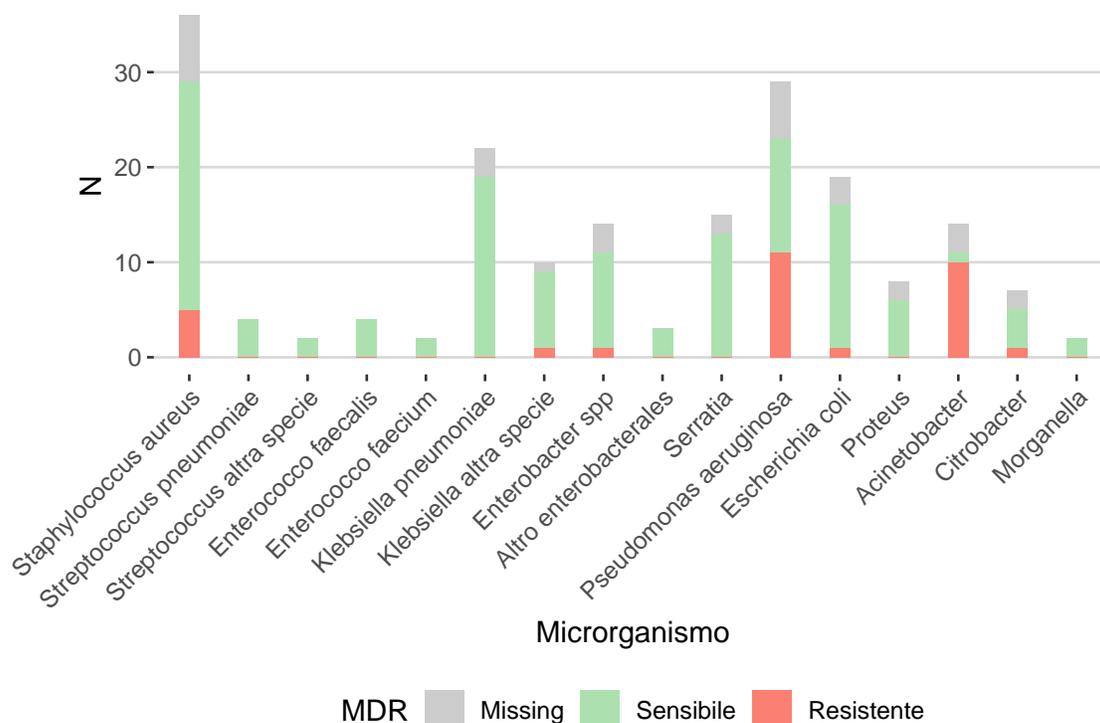
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	36	23.5	29	5	17.2
Staphylococcus epidermidis	2	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.6	4	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.3	2	0	0
Enterococco faecalis	4	2.6	4	0	0
Enterococco faecium	2	1.3	2	0	0
Totale Gram +	50	32.7	41	5	12.2
Klebsiella pneumoniae	22	14.4	19	0	0
Klebsiella altra specie	10	6.5	9	1	11.1
Enterobacter spp	14	9.2	11	1	9.1
Altro enterobacterales	3	2.0	3	0	0

Serratia	15	9.8	13	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	19.0	23	11	47.8
Escherichia coli	19	12.4	16	1	6.2
Proteus	8	5.2	6	0	0
Acinetobacter	14	9.2	11	10	90.9
Emofilo	6	3.9	0	0	0
Citrobacter	7	4.6	5	1	20
Morganella	2	1.3	2	0	0
Altro gram negativo	2	1.3	0	0	0
Totale Gram -	151	98.7	118	25	21.2
Candida albicans	6	3.9	0	0	0
Candida glabrata	1	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	6	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.7	0	0	0
Totale Funghi	17	11.1	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.7			
Totale Virus	1	0.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



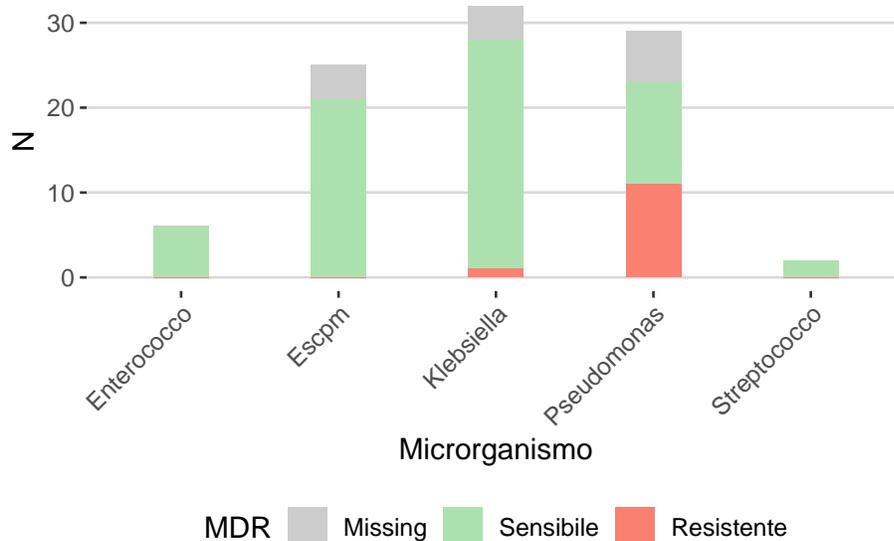
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti,

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*, *Pseudomonas altra specie*, *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	6	6	6	0	0.00	0
Escpm	25	21	21	0	0.00	4
Klebsiella	32	28	27	1	3.57	4
Pseudomonas	29	23	12	11	47.83	6
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)

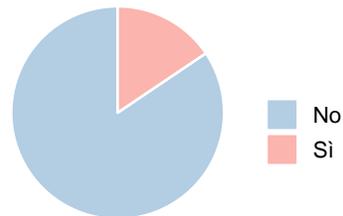
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella altra specie	9	Ertapenem	1	11.11
Klebsiella altra specie	9	Meropenem	1	11.11
Citrobacter	5	Ertapenem	1	20.00
Enterobacter spp	10	Ertapenem	1	10.00
Enterobacter spp	11	Meropenem	1	9.09
Escherichia coli	16	Ertapenem	1	6.25

Escherichia coli	16	Meropenem	1	6.25
Acinetobacter	11	Imipenem	7	63.64
Acinetobacter	11	Meropenem	10	90.91
Pseudomonas aeruginosa	23	Imipenem	11	47.83
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	8	34.78
Staphylococcus aureus	29	Meticillina	5	17.24

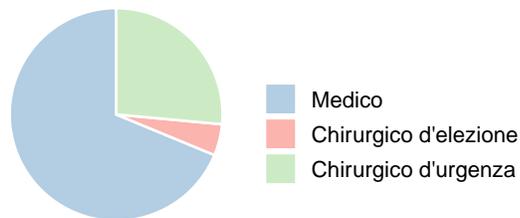
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 797)

13.1 Trauma



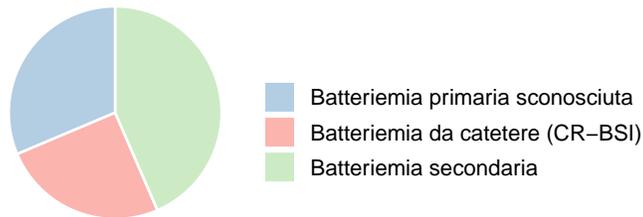
Trauma	N	%
No	673	84.4
Si	124	15.6
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



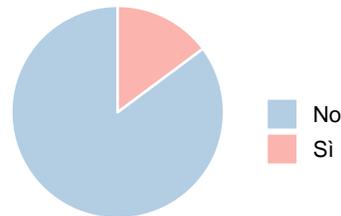
Stato chirurgico	N	%
Medico	548	68.8
Chirurgico d'elezione	38	4.8
Chirurgico d'urgenza	211	26.5
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	282	35.4
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	226	28.4
Batteriemia secondaria	391	49.1
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



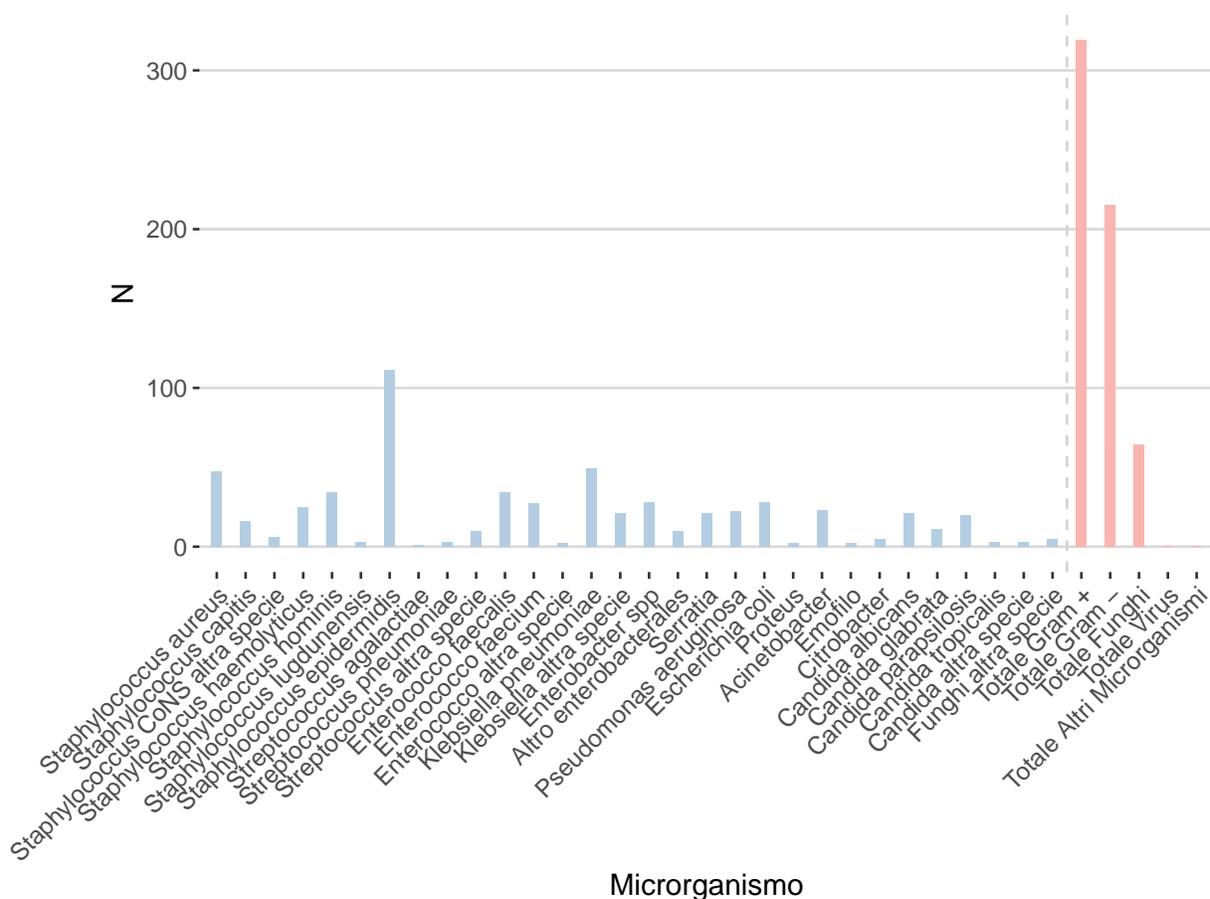
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	426	85.2
Sì	74	14.8
Missing	8	0

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	47	9.3	36	8	22.2
Staphylococcus capitis	16	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	25	4.9	23	18	78.3
Staphylococcus hominis	34	6.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	111	21.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0

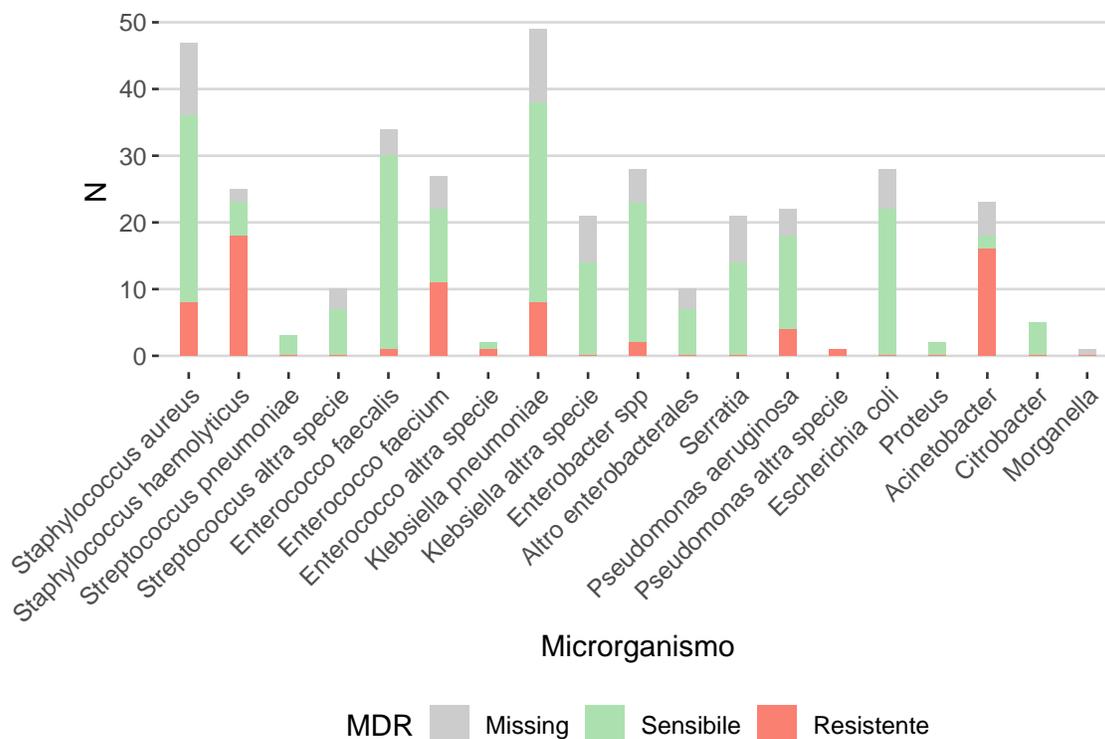
Streptococcus pneumoniae	3	0.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	10	2.0	7	0	0
Enterococco faecalis	34	6.7	30	1	3.3
Enterococco faecium	27	5.3	22	11	50
Enterococco altra specie	2	0.4	2	1	50
Totale Gram +	319	62.9	123	39	31.7
Klebsiella pneumoniae	49	9.7	38	8	21.1
Klebsiella altra specie	21	4.1	14	0	0
Enterobacter spp	28	5.5	23	2	8.7
Altro enterobacterales	10	2.0	7	0	0
Serratia	21	4.1	14	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	4.3	18	4	22.2
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	1	100
Escherichia coli	28	5.5	22	0	0
Proteus	2	0.4	2	0	0
Acinetobacter	23	4.5	18	16	88.9
Emofilo	2	0.4	0	0	0
Citrobacter	5	1.0	5	0	0
Morganella	1	0.2	0	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
Totale Gram -	215	42.4	162	31	19.1
Candida albicans	21	4.1	0	0	0
Candida glabrata	11	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	20	3.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida altra specie	3	0.6	0	0	0
Aspergillo	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.0	0	0	0
Totale Funghi	64	12.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	47	9.3	36	8	22.2
Staphylococcus capitis	16	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	25	4.9	23	18	78.3
Staphylococcus hominis	34	6.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	111	21.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	0.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	10	2.0	7	0	0
Enterococcus faecalis	34	6.7	30	1	3.3
Enterococcus faecium	27	5.3	22	11	50
Enterococcus altra specie	2	0.4	2	1	50
Totale Gram +	319	62.9	123	39	31.7
Klebsiella pneumoniae	49	9.7	38	8	21.1
Klebsiella altra specie	21	4.1	14	0	0
Enterobacter spp	28	5.5	23	2	8.7
Altro enterobacterales	10	2.0	7	0	0
Serratia	21	4.1	14	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	4.3	18	4	22.2
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	1	100
Escherichia coli	28	5.5	22	0	0

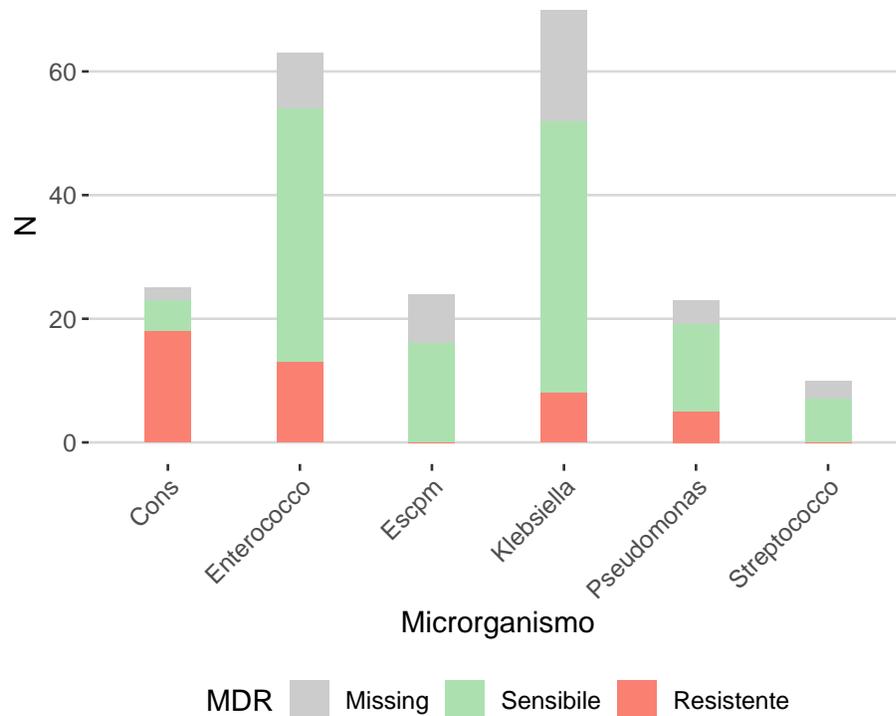
Proteus	2	0.4	2	0	0
Acinetobacter	23	4.5	18	16	88.9
Emofilo	2	0.4	0	0	0
Citrobacter	5	1.0	5	0	0
Morganella	1	0.2	0	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
Totale Gram -	215	42.4	162	31	19.1
Candida albicans	21	4.1	0	0	0
Candida glabrata	11	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	20	3.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida altra specie	3	0.6	0	0	0
Aspergillo	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.0	0	0	0
Totale Funghi	64	12.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, 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.

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	25	23	5	18	78.26	2
Enterococco	63	54	41	13	24.07	9
Escpm	24	16	16	0	0.00	8
Klebsiella	70	52	44	8	15.38	18
Pseudomonas	23	19	14	5	26.32	4
Streptococco	10	7	7	0	0.00	3

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	37	Ertapenem	7	18.92
Klebsiella pneumoniae	38	Meropenem	8	21.05
Enterobacter spp	23	Ertapenem	2	8.70
Enterobacter spp	23	Meropenem	1	4.35
Acinetobacter	18	Imipenem	13	72.22
Acinetobacter	18	Meropenem	16	88.89
Pseudomonas aeruginosa	18	Imipenem	4	22.22
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	3	16.67
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	23	Meticillina	18	78.26
Staphylococcus aureus	36	Meticillina	8	22.22
Enterococco faecalis	30	Vancomicina	1	3.33
Enterococco faecium	22	Vancomicina	11	50.00
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

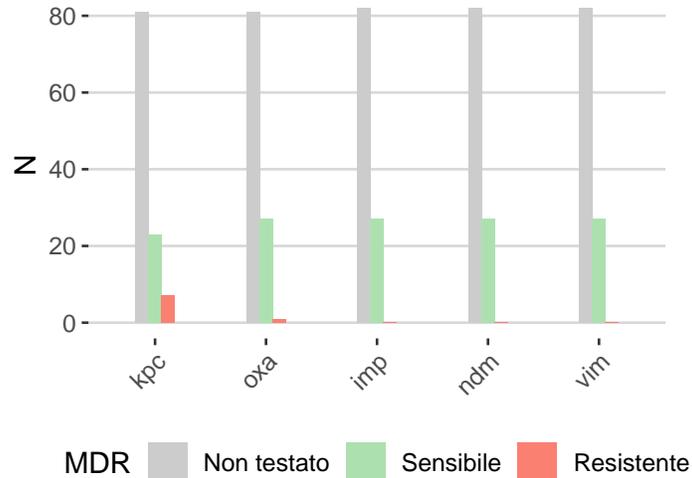
13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. 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	8	7.27
No	23	20.91
Non testato	79	71.82
Missing	75	

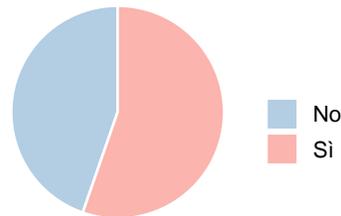
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	27	82
kpc	7	87.5	23	81
ndm	0	0.0	27	82
oxa	1	12.5	27	81
vim	0	0.0	27	82

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 282)



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 282)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	126	44.7
Si	156	55.3
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	2.3	1.6 %
CI (95%)	2.0 - 2.5	1.4 - 1.8

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.

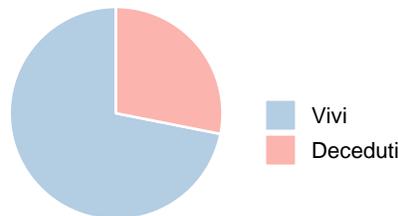
Il secondo:

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

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.

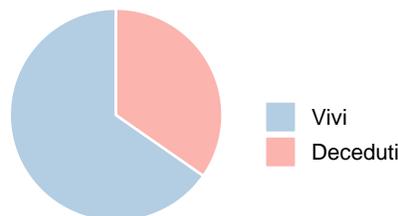
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	202	71.9
Deceduti	79	28.1
Missing	1	0

14.4 Mortalità ospedaliera *

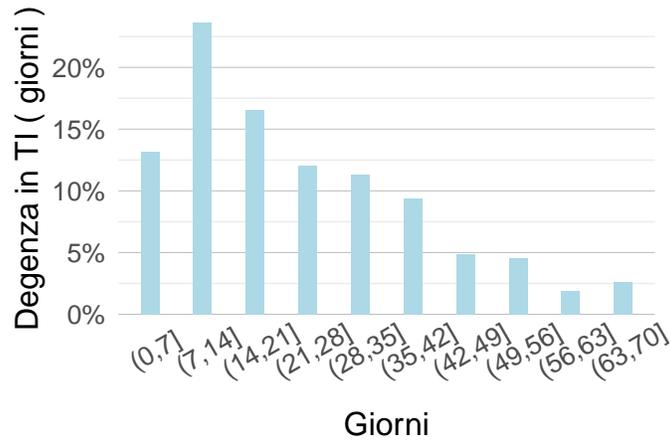


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	177	65.3
Deceduti	94	34.7

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

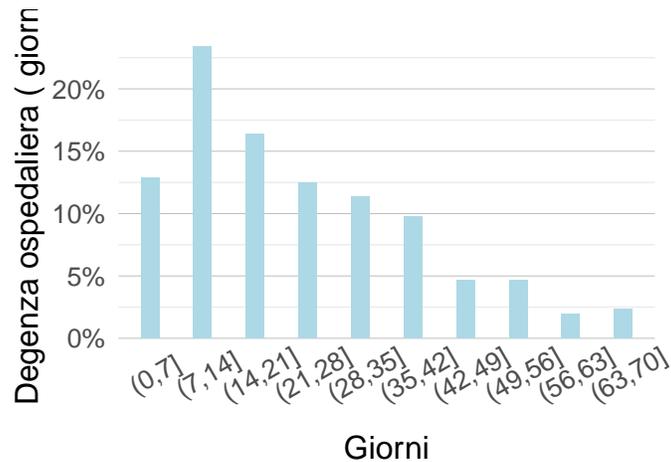
* Statistiche calcolate su 272 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.8 (20.3)
Mediana (Q1-Q3)	21 (12-37)
Missing	1

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



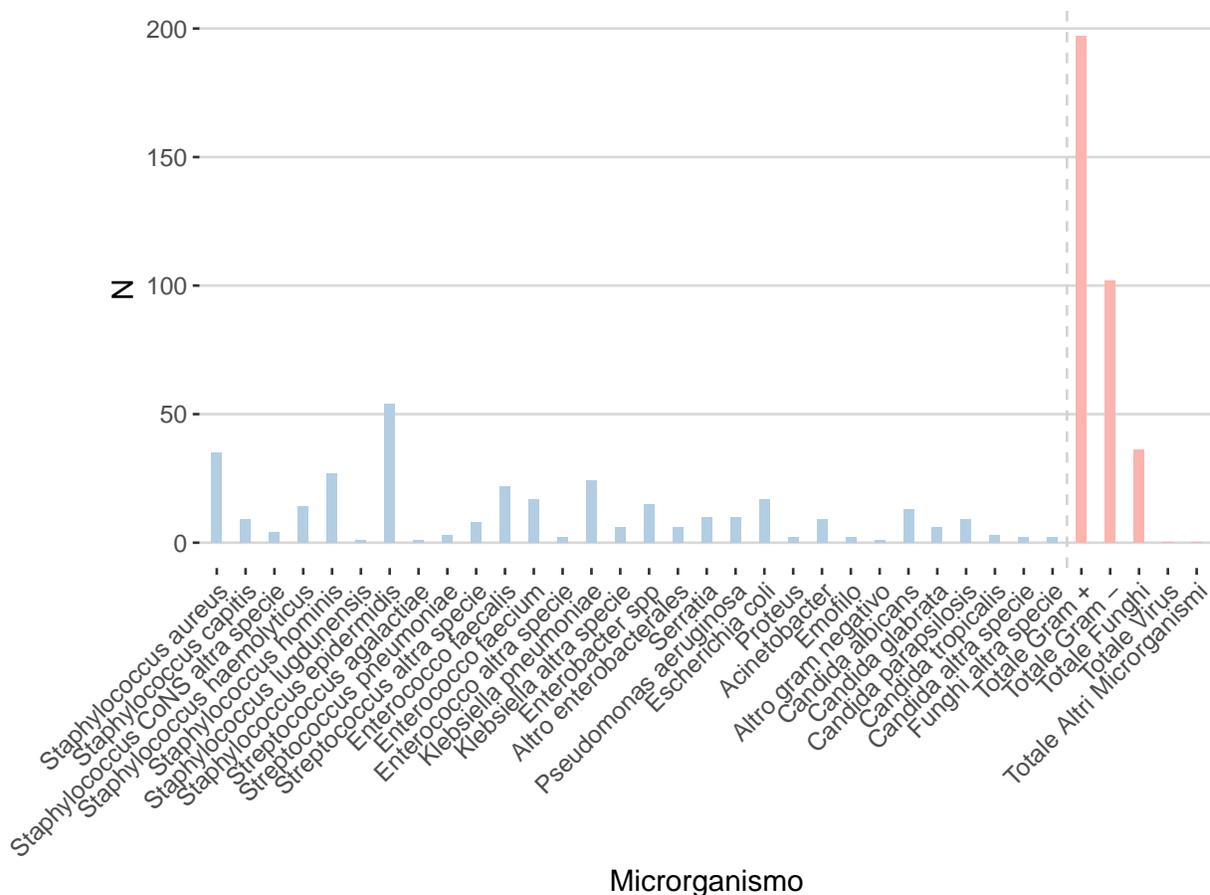
Indicatore	Valore
Media (DS)	43.5 (31.7)
Mediana (Q1-Q3)	37 (21-60)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 272 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

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.

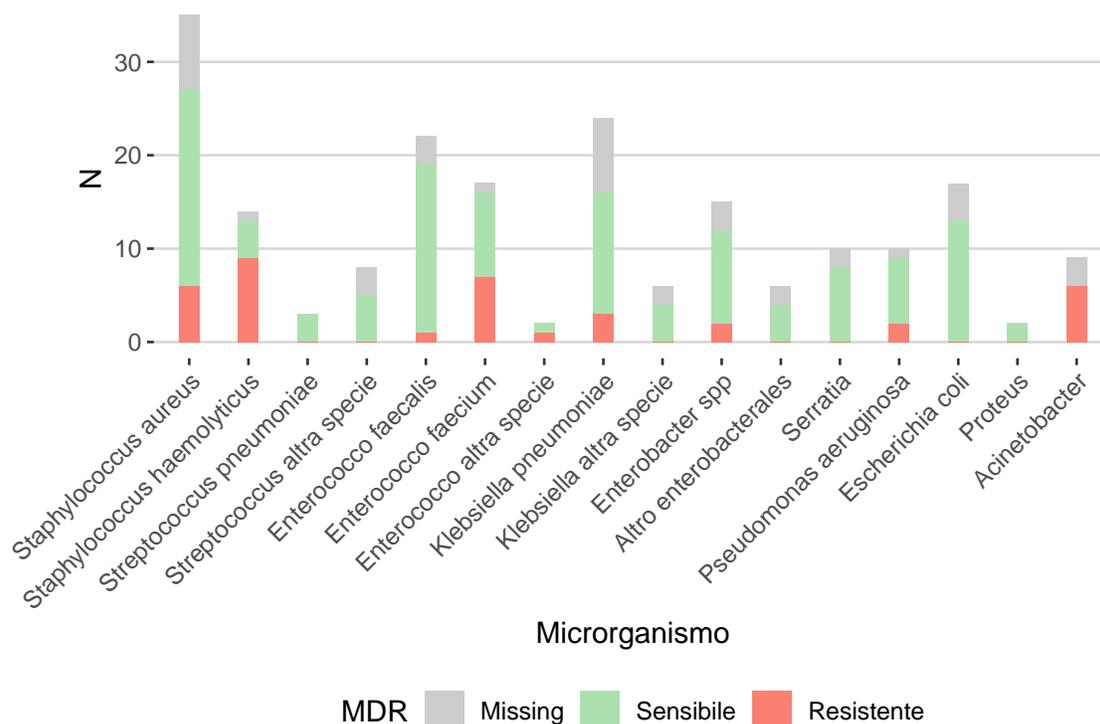
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	35	12.4	27	6	22.2
Staphylococcus capitis	9	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	14	5.0	13	9	69.2
Staphylococcus hominis	27	9.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	54	19.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.1	3	0	0
Streptococcus altra specie	8	2.8	5	0	0
Enterococco faecalis	22	7.8	19	1	5.3
Enterococco faecium	17	6.0	16	7	43.8
Enterococco altra specie	2	0.7	2	1	50
Totale Gram +	197	69.9	85	24	28.2
Klebsiella pneumoniae	24	8.5	16	3	18.8
Klebsiella altra specie	6	2.1	4	0	0
Enterobacter spp	15	5.3	12	2	16.7
Altro enterobacterales	6	2.1	4	0	0
Serratia	10	3.5	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	3.5	9	2	22.2
Escherichia coli	17	6.0	13	0	0
Proteus	2	0.7	2	0	0
Acinetobacter	9	3.2	6	6	100
Emofilo	2	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	102	36.2	74	13	17.6
Candida albicans	13	4.6	0	0	0
Candida glabrata	6	2.1	0	0	0
Candida parapsilosis	9	3.2	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.7	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.7	0	0	0
Totale Funghi	36	12.8	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	35	12.4	27	6	22.2
Staphylococcus capitis	9	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	14	5.0	13	9	69.2
Staphylococcus hominis	27	9.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	54	19.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.1	3	0	0
Streptococcus altra specie	8	2.8	5	0	0
Enterococcus faecalis	22	7.8	19	1	5.3
Enterococcus faecium	17	6.0	16	7	43.8
Enterococcus altra specie	2	0.7	2	1	50
Totale Gram +	197	69.9	85	24	28.2
Klebsiella pneumoniae	24	8.5	16	3	18.8
Klebsiella altra specie	6	2.1	4	0	0
Enterobacter spp	15	5.3	12	2	16.7
Altro enterobacteriales	6	2.1	4	0	0
Serratia	10	3.5	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	3.5	9	2	22.2
Escherichia coli	17	6.0	13	0	0
Proteus	2	0.7	2	0	0

Acinetobacter	9	3.2	6	6	100
Emofilo	2	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	102	36.2	74	13	17.6
Candida albicans	13	4.6	0	0	0
Candida glabrata	6	2.1	0	0	0
Candida parapsilosis	9	3.2	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.7	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.7	0	0	0
Totale Funghi	36	12.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Legionella, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, 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.

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.

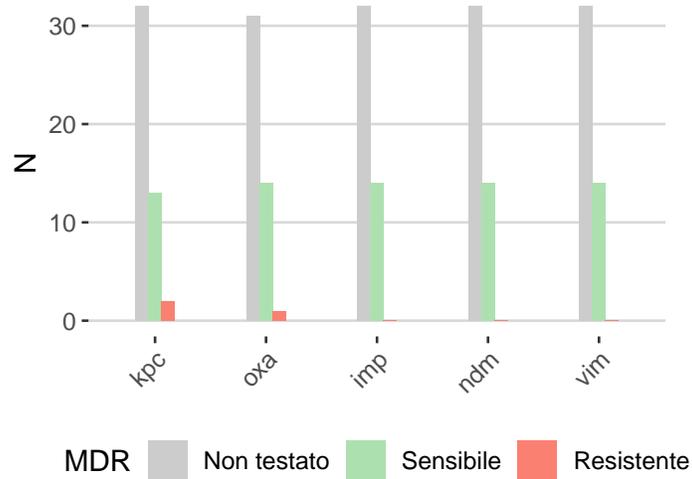
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	15	Ertapenem	2	13.33
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	3	18.75
Enterobacter spp	12	Ertapenem	2	16.67
Enterobacter spp	12	Meropenem	1	8.33
Acinetobacter	6	Imipenem	6	100.00
Acinetobacter	6	Meropenem	6	100.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	2	22.22
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	2	22.22
Staphylococcus haemolyticus	13	Meticillina	9	69.23
Staphylococcus aureus	27	Meticillina	6	22.22
Enterococco faecalis	19	Vancomicina	1	5.26
Enterococco faecium	16	Vancomicina	7	43.75
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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.

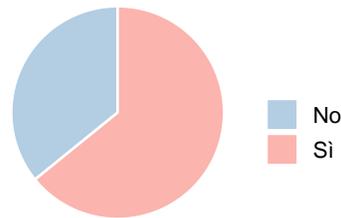
	N	%
Sì	3	6.52
No	13	28.26
Non testato	30	65.22
Missing	43	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	14	32
kpc	2	66.7	13	32
ndm	0	0.0	14	32
oxa	1	33.3	14	31
vim	0	0.0	14	32



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 226)

15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	81	35.8
Si	145	64.2
Missing	0	0

15.2 Fattori di rischio

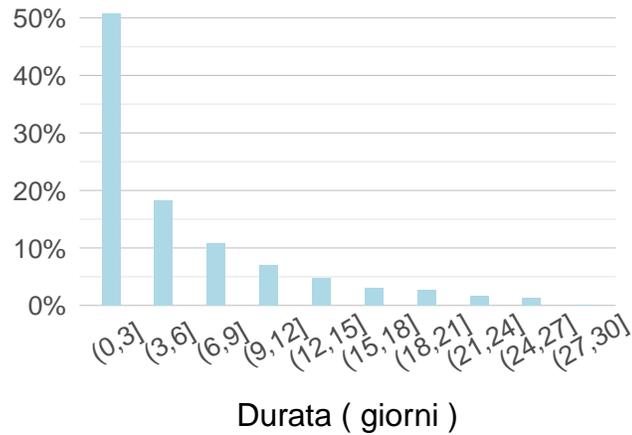
15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 20764)



Cvc	N	%
No	7000	33.7
Si	1000	4.8
Iniziata il primo giorno	12764	61.5

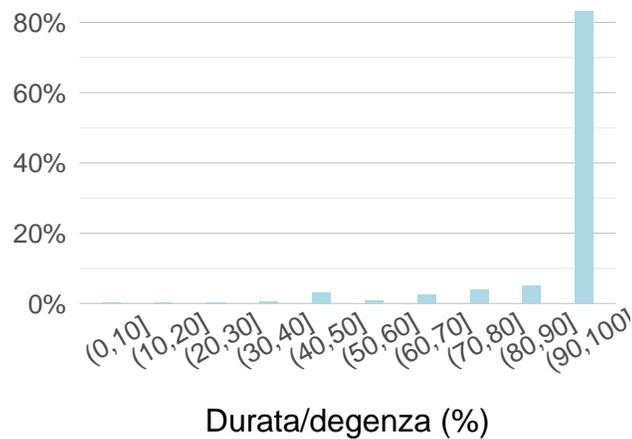
No	6247	30.2
Sì	14442	69.8
Iniziata il primo giorno	13851	66.7
Missing	75	

15.2.2 Durata (giorni)



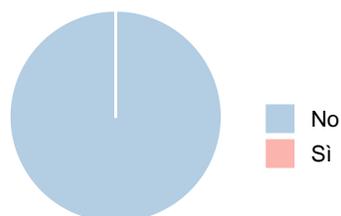
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-9)
Missing	34

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



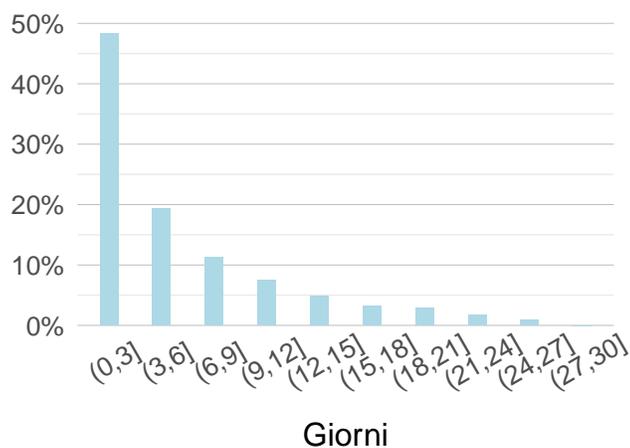
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.3 (14.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	37

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 20764)



Infezione locale da catetere	N	%
No	20681	100.0
Si	9	0.0
Missing	74	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	215
Media (DS)	14.0 (12.3)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-19.5)
Missing	11

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	2.1	1.5 %
CI (95%)	1.8 - 2.4	1.3 - 1.7

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.

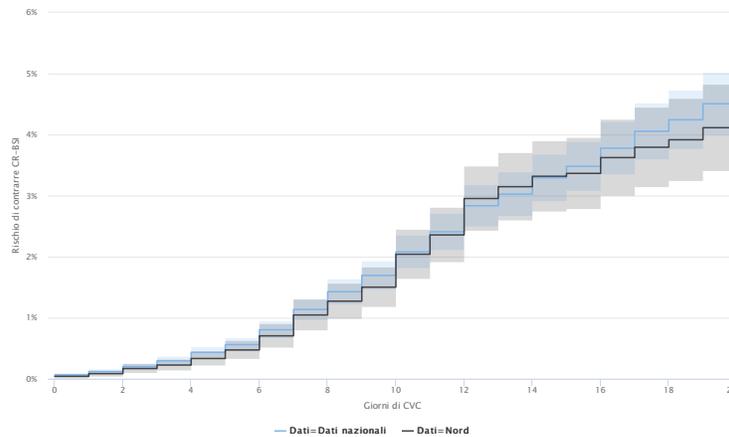
Il secondo invece:

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

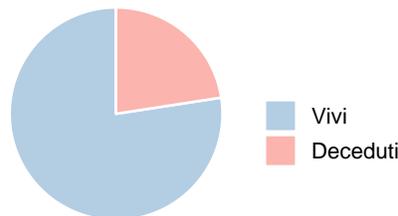
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



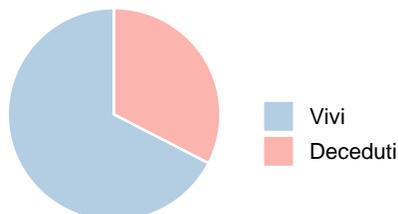
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	175	77.4
Deceduti	51	22.6

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

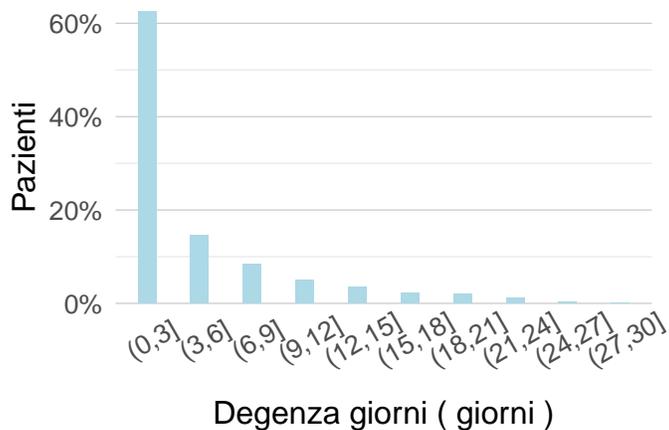
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	147	67.4
Deceduti	71	32.6
Missing	2	0

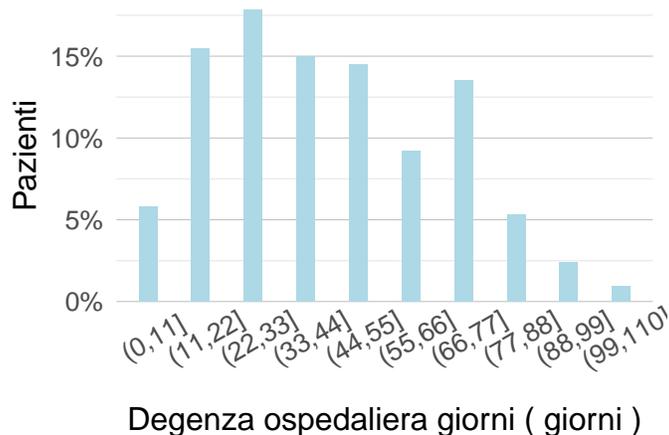
* Statistiche calcolate su 220 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.8 (23.6)
Mediana (Q1-Q3)	28.5 (16-44.8)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	48.4 (30.3)
Mediana (Q1-Q3)	42 (27-67)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 220 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

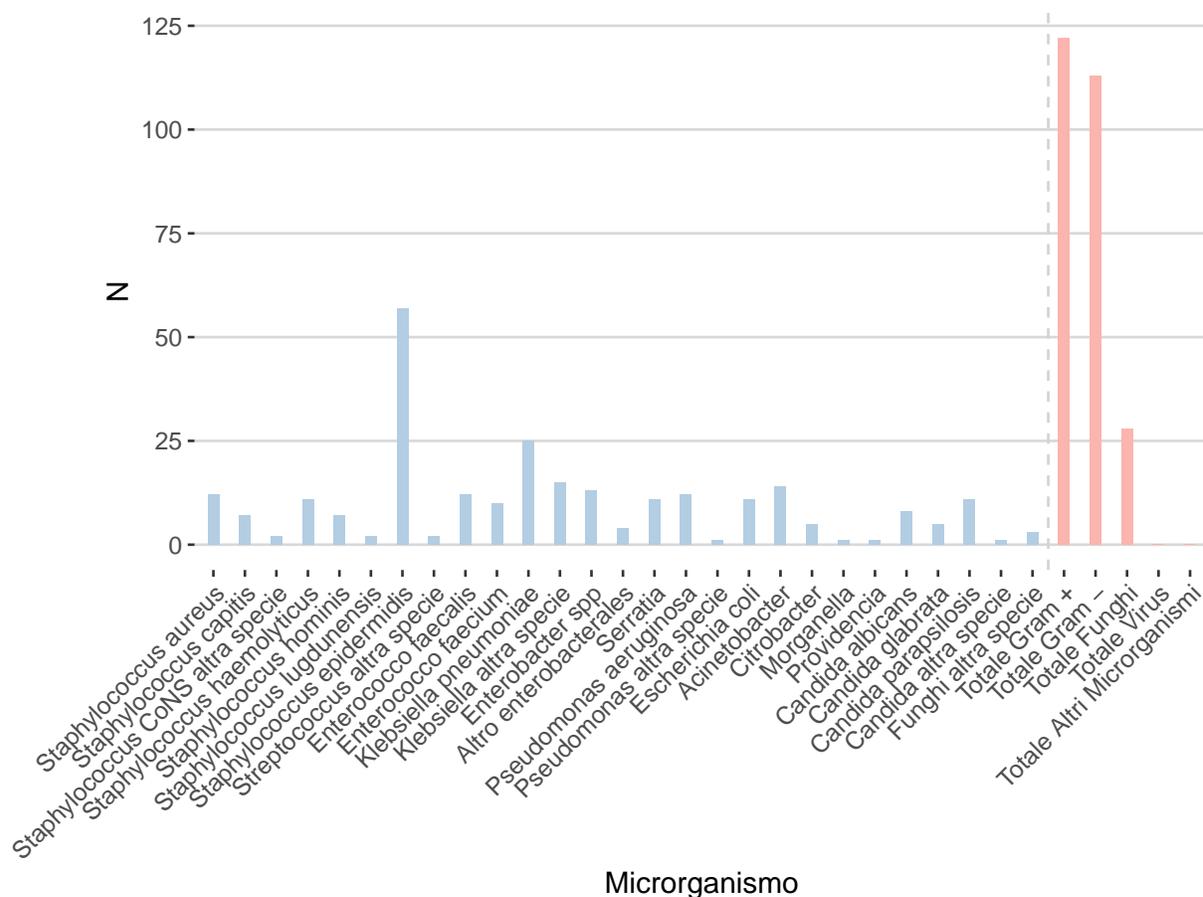
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	225	100.0
Missing	1	
Totale infezioni	226	
Totale microrganismi isolati	265	

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	12	5.3	9	2	22.2
Staphylococcus capitis	7	3.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	11	4.9	10	9	90
Staphylococcus hominis	7	3.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.9	0	0	0

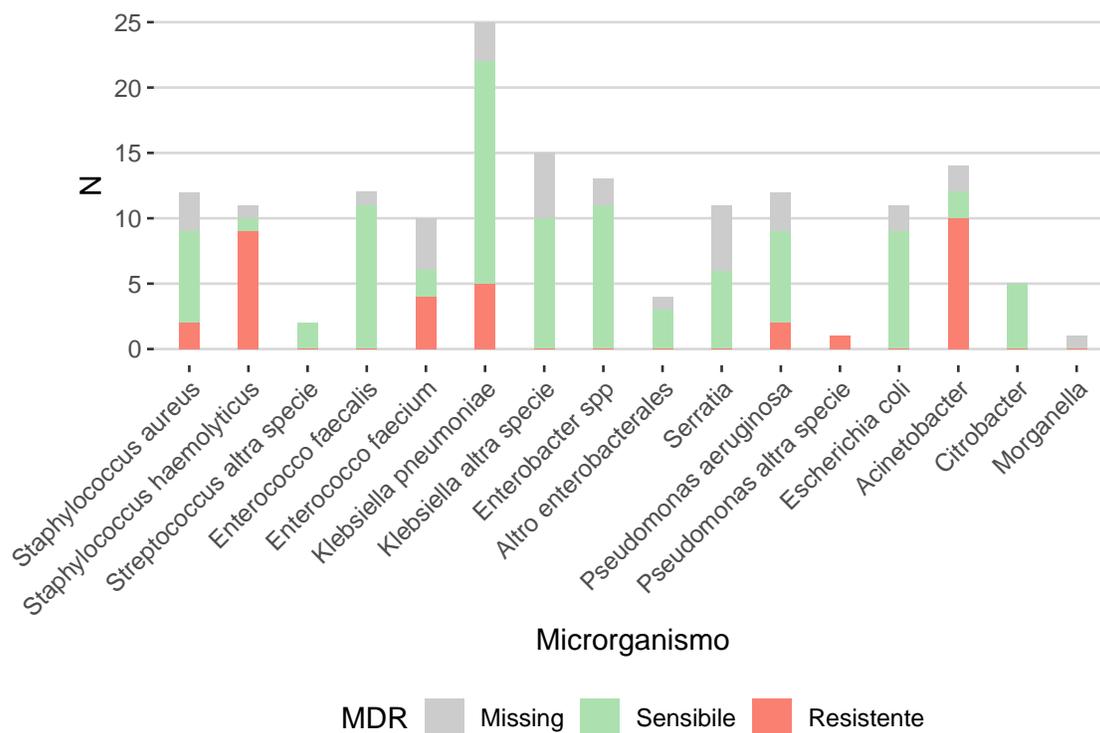
Staphylococcus epidermidis	57	25.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.9	2	0	0
Enterococco faecalis	12	5.3	11	0	0
Enterococco faecium	10	4.4	6	4	66.7
Totale Gram +	122	54.2	38	15	39.5
Klebsiella pneumoniae	25	11.1	22	5	22.7
Klebsiella altra specie	15	6.7	10	0	0
Enterobacter spp	13	5.8	11	0	0
Altro enterobacterales	4	1.8	3	0	0
Serratia	11	4.9	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	5.3	9	2	22.2
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	1	100
Escherichia coli	11	4.9	9	0	0
Acinetobacter	14	6.2	12	10	83.3
Citrobacter	5	2.2	5	0	0
Morganella	1	0.4	0	0	0
Providencia	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	113	50.2	88	18	20.5
Candida albicans	8	3.6	0	0	0
Candida glabrata	5	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	11	4.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.3	0	0	0
Totale Funghi	28	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
Staphylococcus aureus	12	5.3	9	2	22.2
Staphylococcus capitis	7	3.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	11	4.9	10	9	90
Staphylococcus hominis	7	3.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	57	25.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.9	2	0	0
Enterococco faecalis	12	5.3	11	0	0
Enterococco faecium	10	4.4	6	4	66.7
Totale Gram +	122	54.2	38	15	39.5
Klebsiella pneumoniae	25	11.1	22	5	22.7
Klebsiella altra specie	15	6.7	10	0	0
Enterobacter spp	13	5.8	11	0	0
Altro enterobacterales	4	1.8	3	0	0
Serratia	11	4.9	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	5.3	9	2	22.2
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	1	100
Escherichia coli	11	4.9	9	0	0
Acinetobacter	14	6.2	12	10	83.3
Citrobacter	5	2.2	5	0	0
Morganella	1	0.4	0	0	0
Providenceia	1	0.4	0	0	0
Candida albicans	1	0.4	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	110	49.8	10	9	90
Totale Funghi	5	2.2	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0	0	0	0

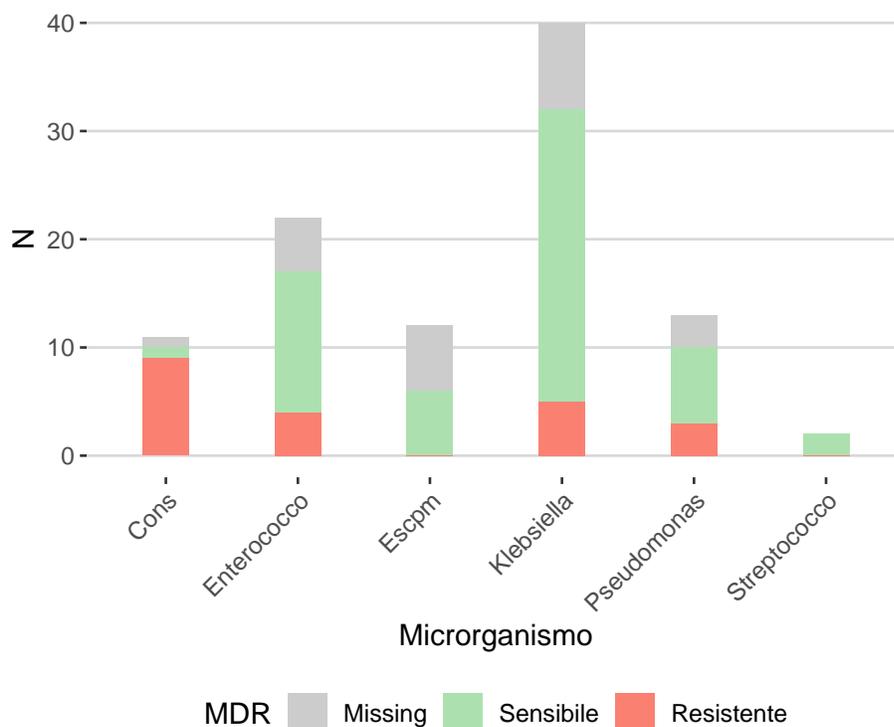
Providencia	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	113	50.2	88	18	20.5
Candida albicans	8	3.6	0	0	0
Candida glabrata	5	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	11	4.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.3	0	0	0
Totale Funghi	28	12.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	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, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Proteus, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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	11	10	1	9	90.00	1
Enterococco	22	17	13	4	23.53	5
Escpm	12	6	6	0	0.00	6
Klebsiella	40	32	27	5	15.62	8
Pseudomonas	13	10	7	3	30.00	3
Streptococco	2	2	2	0	0.00	0

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.

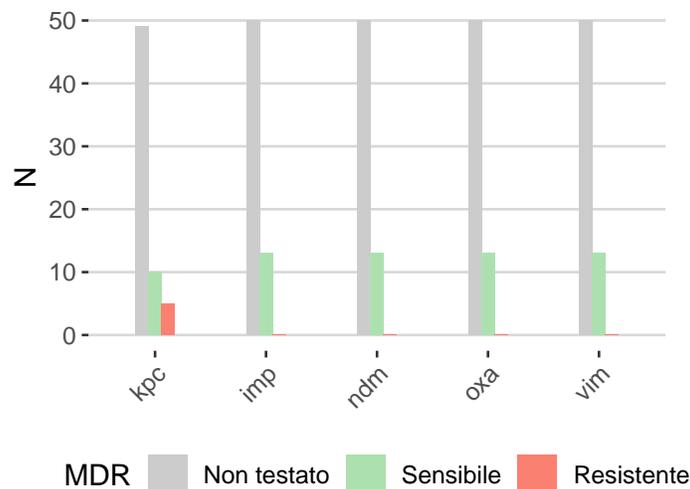
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	22	Ertapenem	5	22.73
Klebsiella pneumoniae	22	Meropenem	5	22.73
Acinetobacter	12	Imipenem	7	58.33
Acinetobacter	12	Meropenem	10	83.33
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	2	22.22
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	1	11.11
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	10	Meticillina	9	90.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	2	22.22
Enterococco faecium	6	Vancomicina	4	66.67

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

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

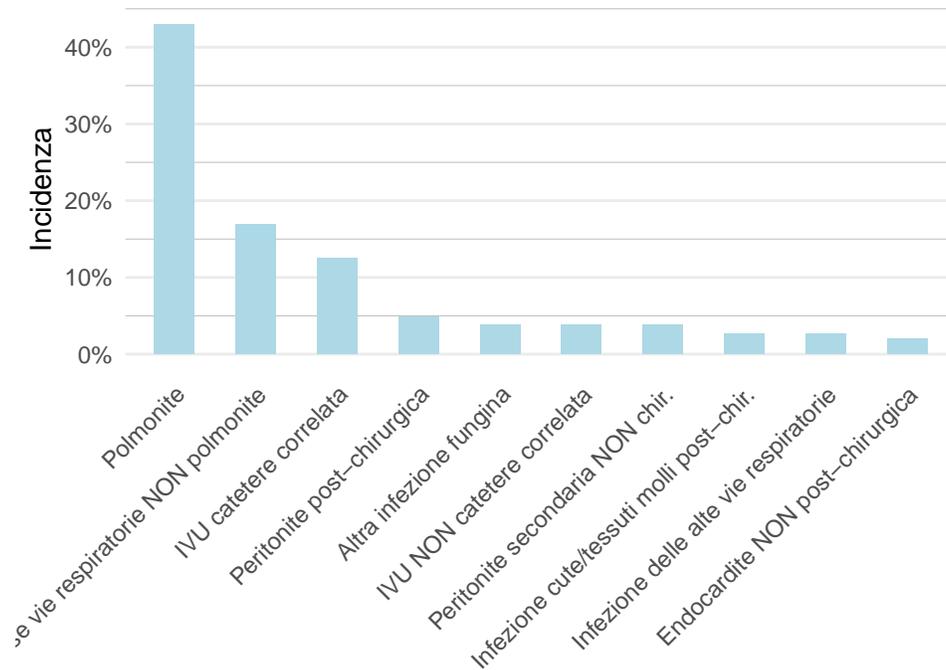
	N	%
Sì	5	7.81
No	10	15.62
Non testato	49	76.56
Missing	32	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	50
kpc	5	100	10	49
ndm	0	0	13	50
oxa	0	0	13	50
vim	0	0	13	50



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 391)

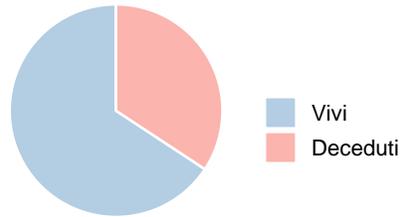
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

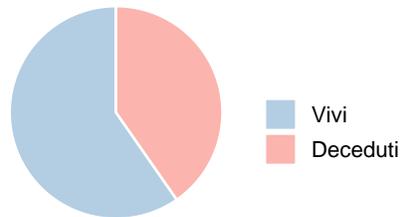
Infezione	N	%
Polmonite	168	43
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	66	16.9
IVU catetere correlata	49	12.5
Peritonite post-chirurgica	19	4.9
Peritonite secondaria NON chir.	15	3.8
IVU NON catetere correlata	15	3.8
Altra infezione fungina	15	3.8
Infezione delle alte vie respiratorie	10	2.6
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	10	2.6
Endocardite NON post-chirurgica	8	2
Missing	16	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	257	65.7
Deceduti	134	34.3
Missing	0	0

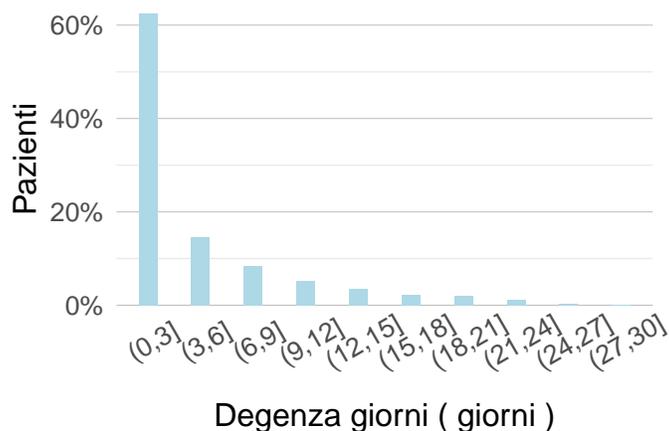
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	222	59.7
Deceduti	150	40.3
Missing	4	0

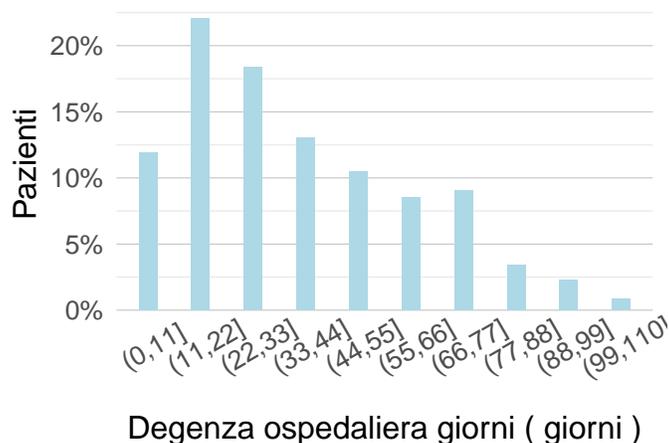
* Statistiche calcolate su 376 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 15).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (21.8)
Mediana (Q1-Q3)	22 (12-40)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.9 (33.5)
Mediana (Q1-Q3)	34 (19-57)
Missing	4

* Statistiche calcolate su 376 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 15).

16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

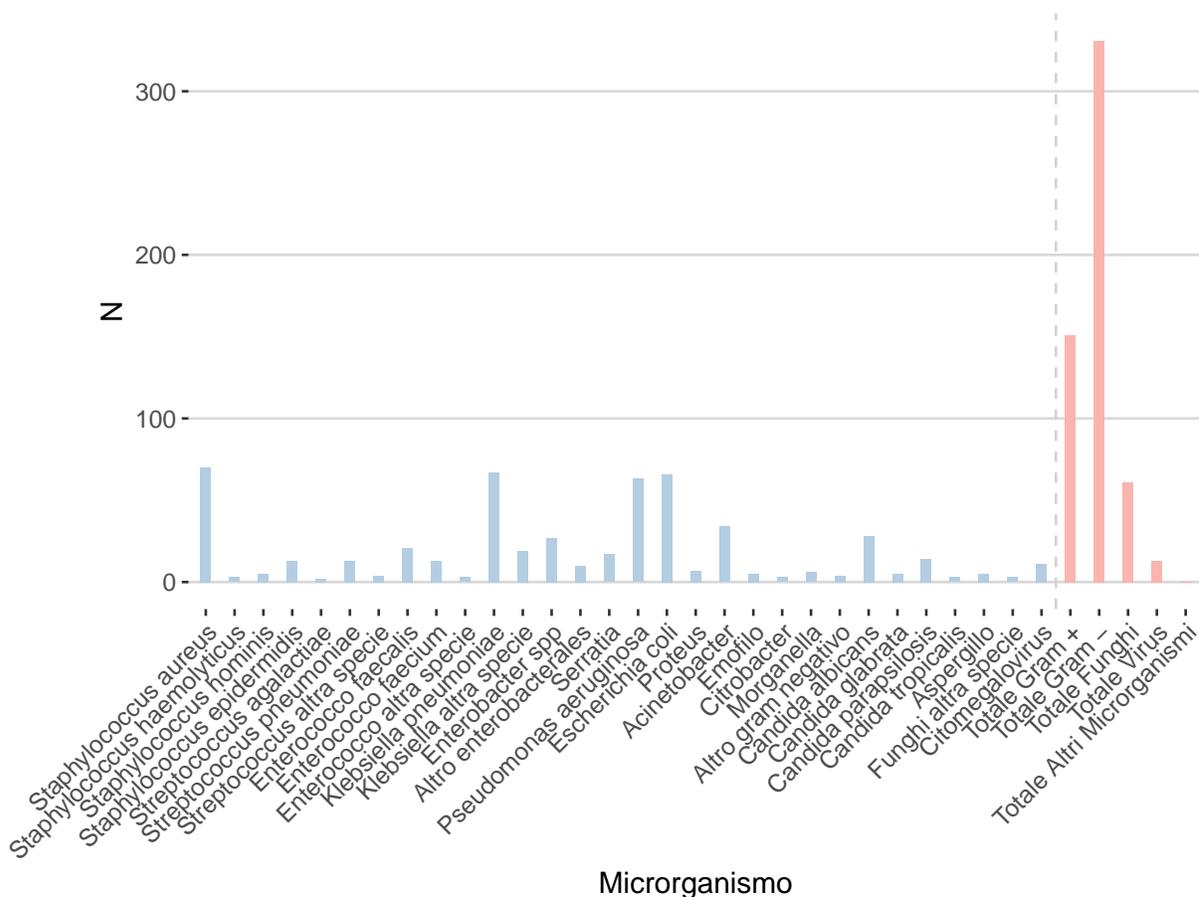
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	13	3.1
Sì	412	96.9
Missing	0	
Totale infezioni	425	
Totale microrganismi isolati	570	

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	70	17.0	56	12	21.4
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	5	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	3.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	3.2	10	2	20
Streptococcus altra specie	4	1.0	3	0	0
Enterococco faecalis	21	5.1	14	1	7.1
Enterococco faecium	13	3.2	8	5	62.5
Enterococco altra specie	3	0.7	1	0	0
Clostridium difficile	2	0.5	0	0	0
Totale Gram +	151	36.7	93	21	22.6
Klebsiella pneumoniae	67	16.3	49	6	12.2
Klebsiella altra specie	19	4.6	13	0	0
Enterobacter spp	27	6.6	23	0	0
Altro enterobacterales	10	2.4	8	0	0
Serratia	17	4.1	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	63	15.3	52	12	23.1
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	66	16.0	49	2	4.1
Proteus	7	1.7	6	0	0
Acinetobacter	34	8.3	29	24	82.8
Emofilo	5	1.2	0	0	0
Citrobacter	3	0.7	1	0	0
Morganella	6	1.5	5	0	0
Providencia	2	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.0	0	0	0
Totale Gram -	331	80.3	251	44	17.5
Candida albicans	28	6.8	0	0	0
Candida glabrata	5	1.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	14	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.7	0	0	0

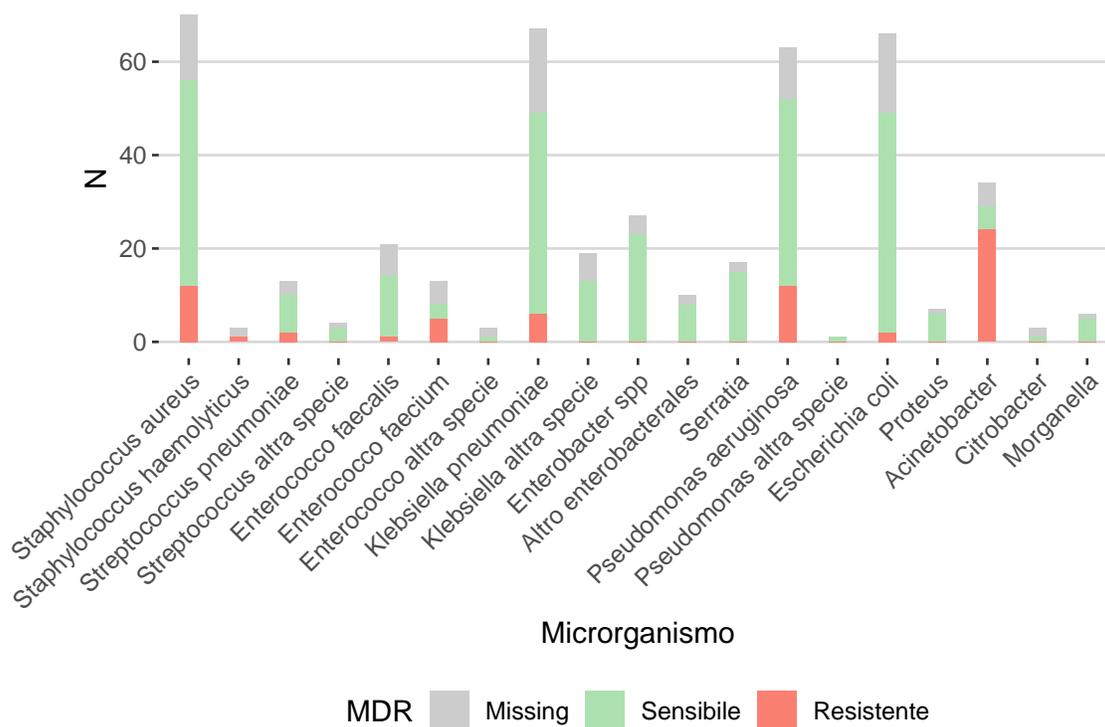
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	5	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.7	0	0	0
Totale Funghi	61	14.8	0	0	0
Citomegalovirus	11	2.7			
Herpes simplex	2	0.5			
Totale Virus	13	3.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	70	17.0	56	12	21.4
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	5	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	3.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	3.2	10	2	20
Streptococcus altra specie	4	1.0	3	0	0
Enterococcus faecalis	21	5.1	14	1	7.1
Enterococcus faecium	13	3.2	8	5	62.5
Enterococcus altra specie	3	0.7	1	0	0

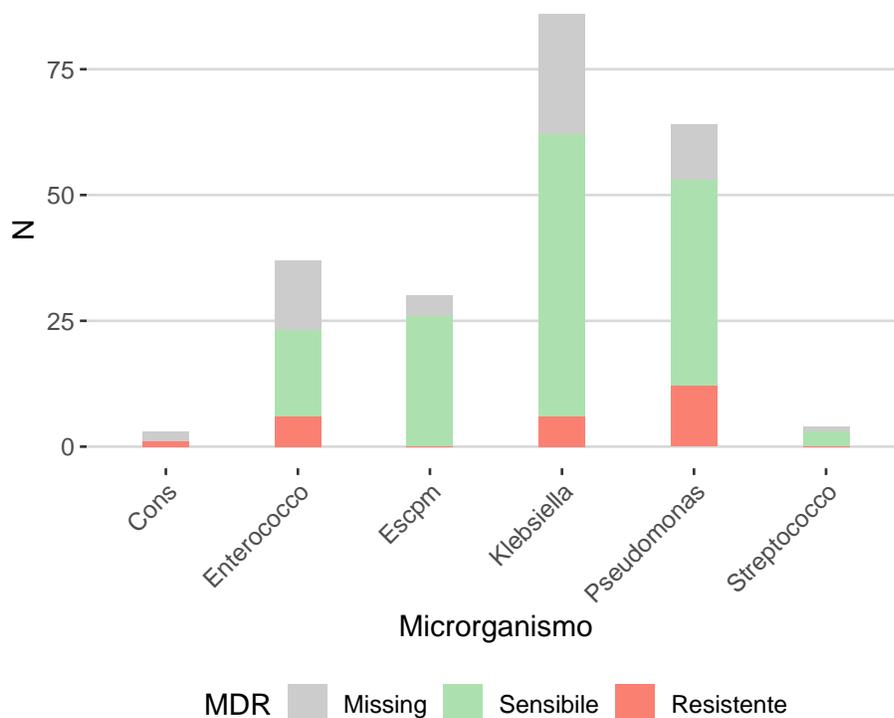
Clostridium difficile	2	0.5	0	0	0
Totale Gram +	151	36.7	93	21	22.6
Klebsiella pneumoniae	67	16.3	49	6	12.2
Klebsiella altra specie	19	4.6	13	0	0
Enterobacter spp	27	6.6	23	0	0
Altro enterobacterales	10	2.4	8	0	0
Serratia	17	4.1	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	63	15.3	52	12	23.1
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	66	16.0	49	2	4.1
Proteus	7	1.7	6	0	0
Acinetobacter	34	8.3	29	24	82.8
Emofilo	5	1.2	0	0	0
Citrobacter	3	0.7	1	0	0
Morganella	6	1.5	5	0	0
Providencia	2	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.0	0	0	0
Totale Gram -	331	80.3	251	44	17.5
Candida albicans	28	6.8	0	0	0
Candida glabrata	5	1.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	14	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.7	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	5	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.7	0	0	0
Totale Funghi	61	14.8	0	0	0
Citomegalovirus	11	2.7			
Herpes simplex	2	0.5			
Totale Virus	13	3.2	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 (Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altra 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	3	1	0	1	100.00	2
Enterococco	37	23	17	6	26.09	14
Escpm	30	26	26	0	0.00	4
Klebsiella	86	62	56	6	9.68	24
Pseudomonas	64	53	41	12	22.64	11
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

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

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

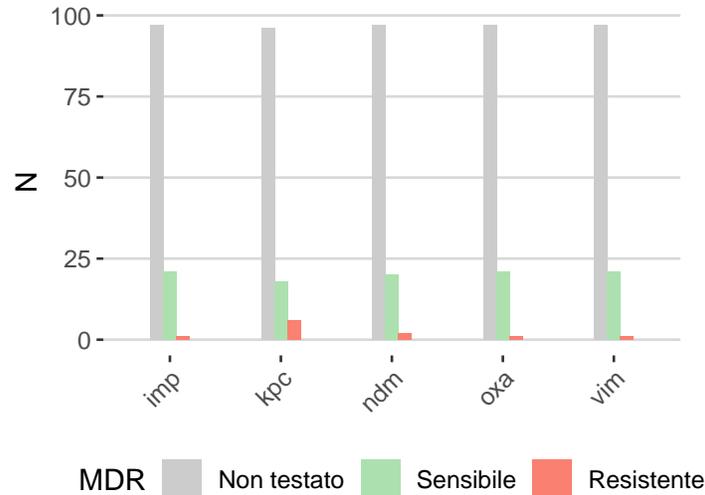
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	49	Ertapenem	5	10.20
Klebsiella pneumoniae	49	Meropenem	5	10.20
Escherichia coli	49	Ertapenem	2	4.08
Escherichia coli	49	Meropenem	2	4.08
Acinetobacter	28	Imipenem	14	50.00
Acinetobacter	29	Meropenem	24	82.76
Pseudomonas aeruginosa	52	Imipenem	12	23.08
Pseudomonas aeruginosa	50	Meropenem	8	16.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	56	Meticillina	12	21.43
Streptococcus pneumoniae	10	Penicillina	2	20.00
Enterococco faecalis	14	Vancomicina	1	7.14
Enterococco faecium	8	Vancomicina	5	62.50

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	%
Si	7	5.83
No	17	14.17
Non testato	96	80
Missing	104	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	9.1	21	97
kpc	6	54.5	18	96
ndm	2	18.2	20	97
oxa	1	9.1	21	97
vim	1	9.1	21	97



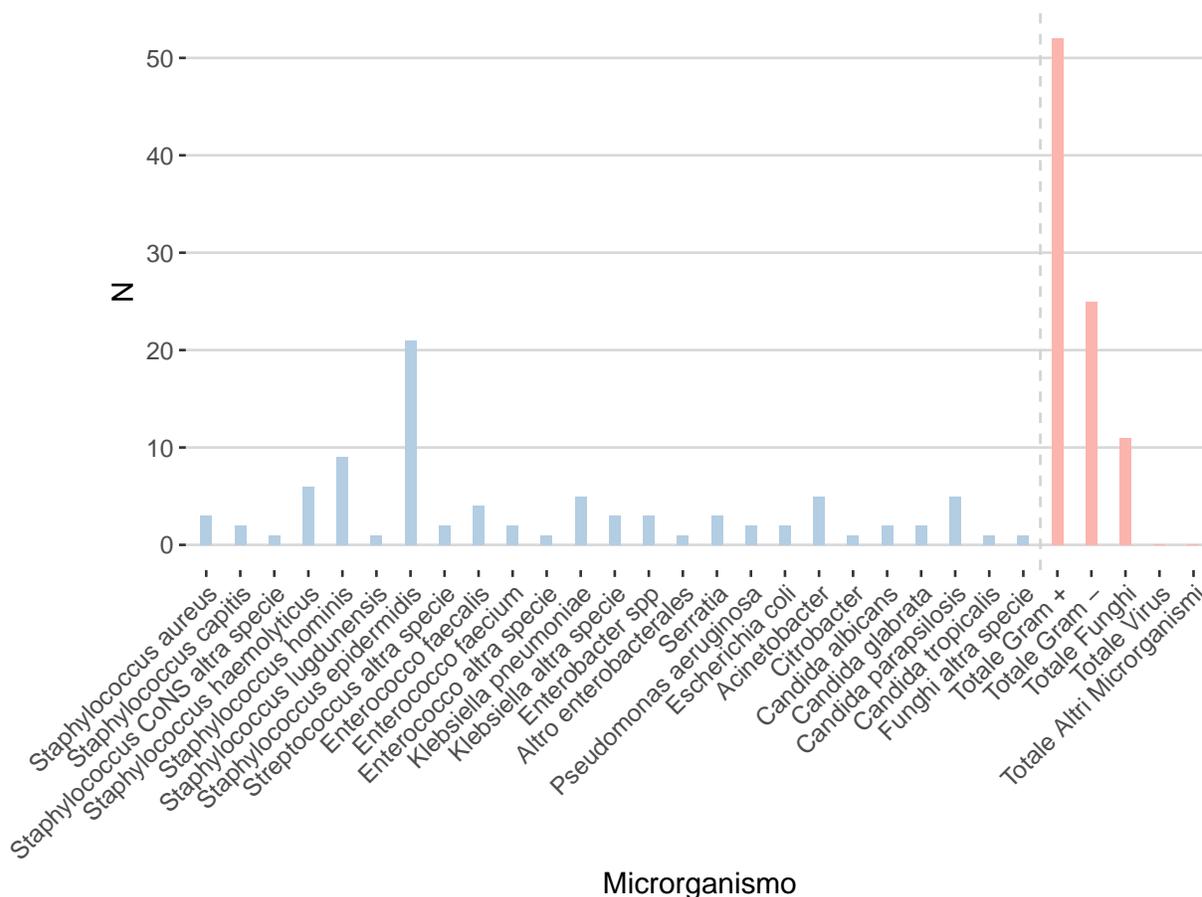
17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 69)

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	3	4.3	2	1	50
Staphylococcus capitis	2	2.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	8.7	5	3	60
Staphylococcus hominis	9	13.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	30.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.9	0	0	0
Enterococco faecalis	4	5.8	3	0	0
Enterococco faecium	2	2.9	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.4	1	1	100
Totale Gram +	52	75.4	12	5	41.7
Klebsiella pneumoniae	5	7.2	5	0	0
Klebsiella altra specie	3	4.3	2	0	0
Enterobacter spp	3	4.3	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.4	1	0	0
Serratia	3	4.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	2.9	2	0	0
Escherichia coli	2	2.9	2	0	0
Acinetobacter	5	7.2	3	3	100
Citrobacter	1	1.4	1	0	0
Totale Gram -	25	36.2	21	3	14.3
Candida albicans	2	2.9	0	0	0
Candida glabrata	2	2.9	0	0	0

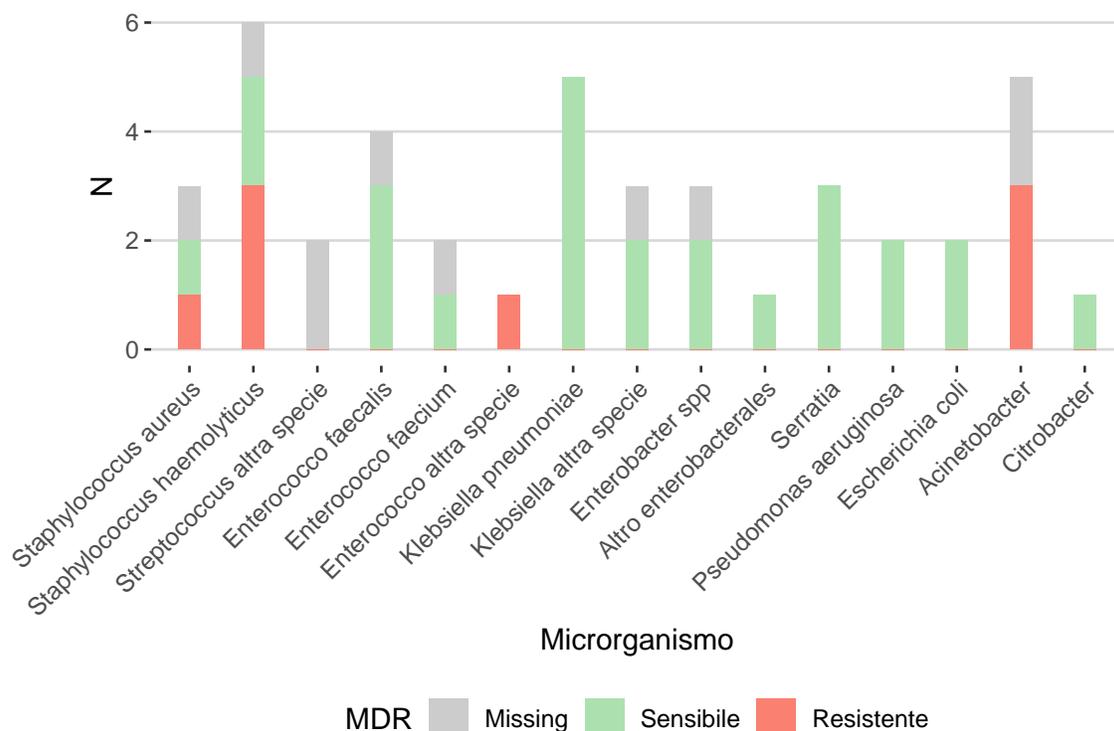
Candida parapsilosis	5	7.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.4	0	0	0
Totale Funghi	11	15.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	4.3	2	1	50
Staphylococcus capitis	2	2.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	8.7	5	3	60
Staphylococcus hominis	9	13.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	30.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.9	0	0	0
Enterococco faecalis	4	5.8	3	0	0
Enterococco faecium	2	2.9	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.4	1	1	100
Totale Gram +	52	75.4	12	5	41.7
Klebsiella pneumoniae	5	7.2	5	0	0
Klebsiella altra specie	3	4.3	2	0	0

Enterobacter spp	3	4.3	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.4	1	0	0
Serratia	3	4.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	2.9	2	0	0
Escherichia coli	2	2.9	2	0	0
Acinetobacter	5	7.2	3	3	100
Citrobacter	1	1.4	1	0	0
Totale Gram -	25	36.2	21	3	14.3
Candida albicans	2	2.9	0	0	0
Candida glabrata	2	2.9	0	0	0
Candida parapsilosis	5	7.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.4	0	0	0
Totale Funghi	11	15.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

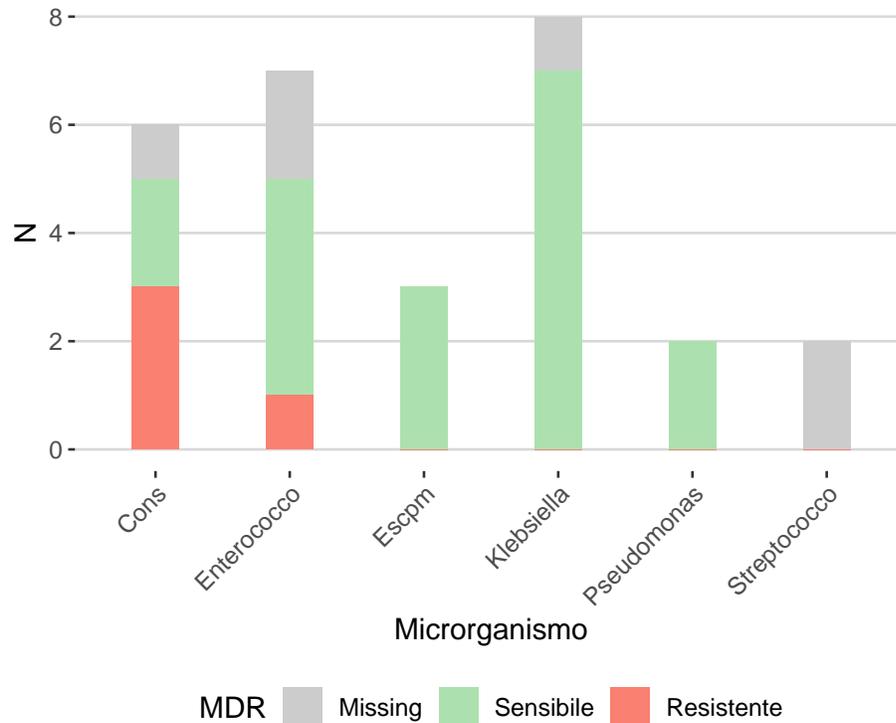
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia,

Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Proteus, 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	1
Enterococco	7	5	4	1	20	2
Escpm	3	3	3	0	0	0
Klebsiella	8	7	7	0	0	1
Pseudomonas	2	2	2	0	0	0
Streptococco	2	0	0	0	NaN	2

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	%
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50.00
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

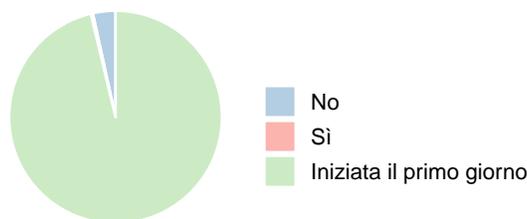
17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

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-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	19	

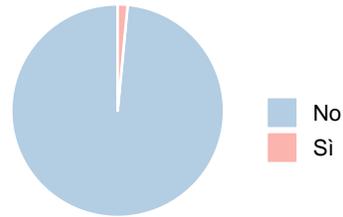
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 312)

18.1 Catetere urinario (N = 20764)



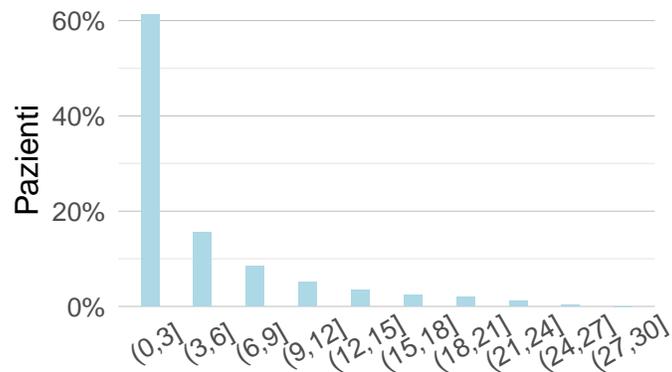
Catetere urinario	N	%
No	710	3.4
Sì	19979	96.6
Iniziata il primo giorno	19913	95.9
Missing	75	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	20348	98.5
Sì	312	1.5
Missing	104	0

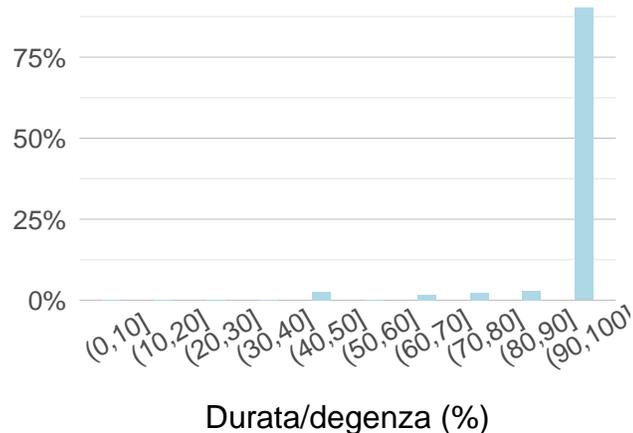
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

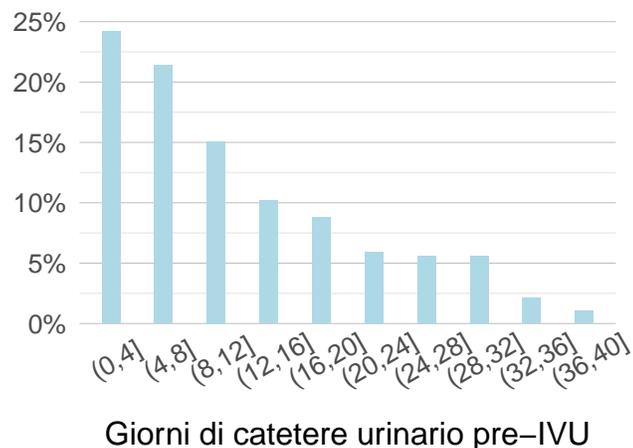
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.5 (10.5)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	46

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	96.8 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	48

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	312
Media (DS)	14.5 (15.4)
Mediana (Q1-Q3)	10 (4-20)
Missing	0

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	2.5	1.8 %
CI (95%)	2.3 - 2.8	1.6 - 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.

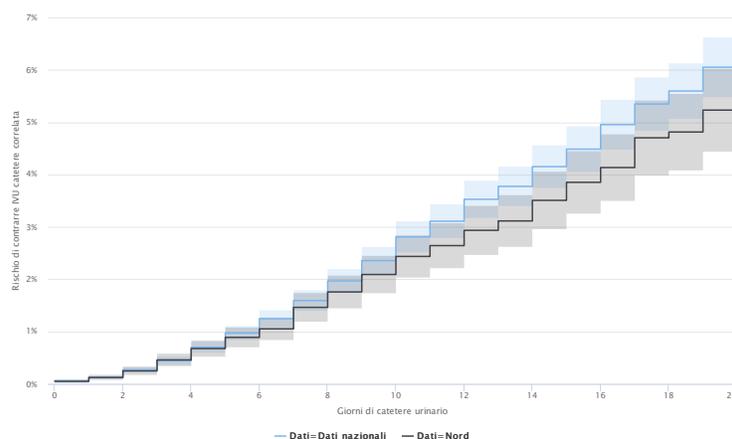
Il secondo invece:

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

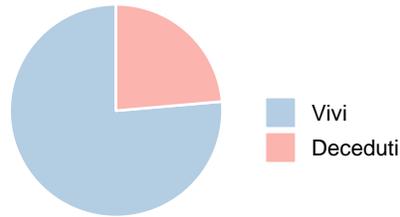
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

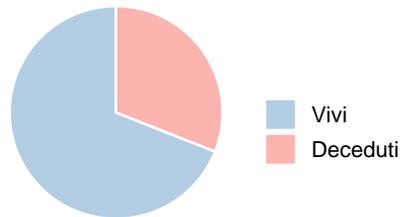


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	236	76.4
Deceduti	73	23.6
Missing	3	0

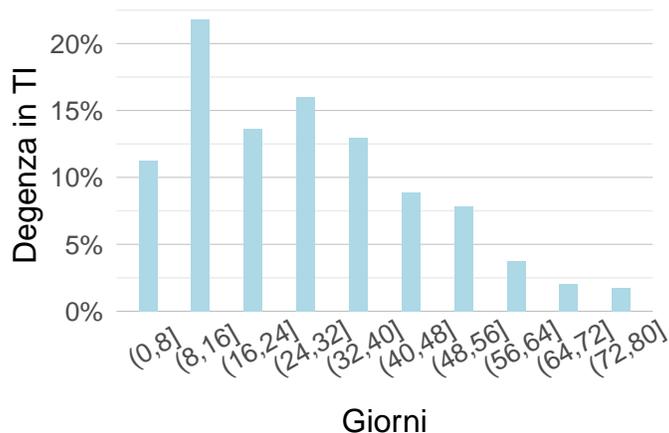
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	196	69.0
Deceduti	88	31.0
Missing	11	0

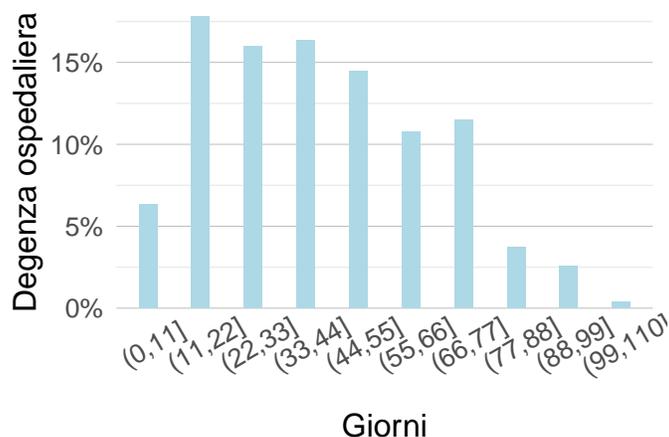
* Statistiche calcolate su 295 escludendo le riammissioni da reparto (N = 17).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.1 (25.3)
Mediana (Q1-Q3)	26 (14-42)
Missing	3

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	47.8 (32.1)
Mediana (Q1-Q3)	42 (24-65)
Missing	10

* Statistiche calcolate su 295 escludendo le riammissioni da reparto (N = 17).

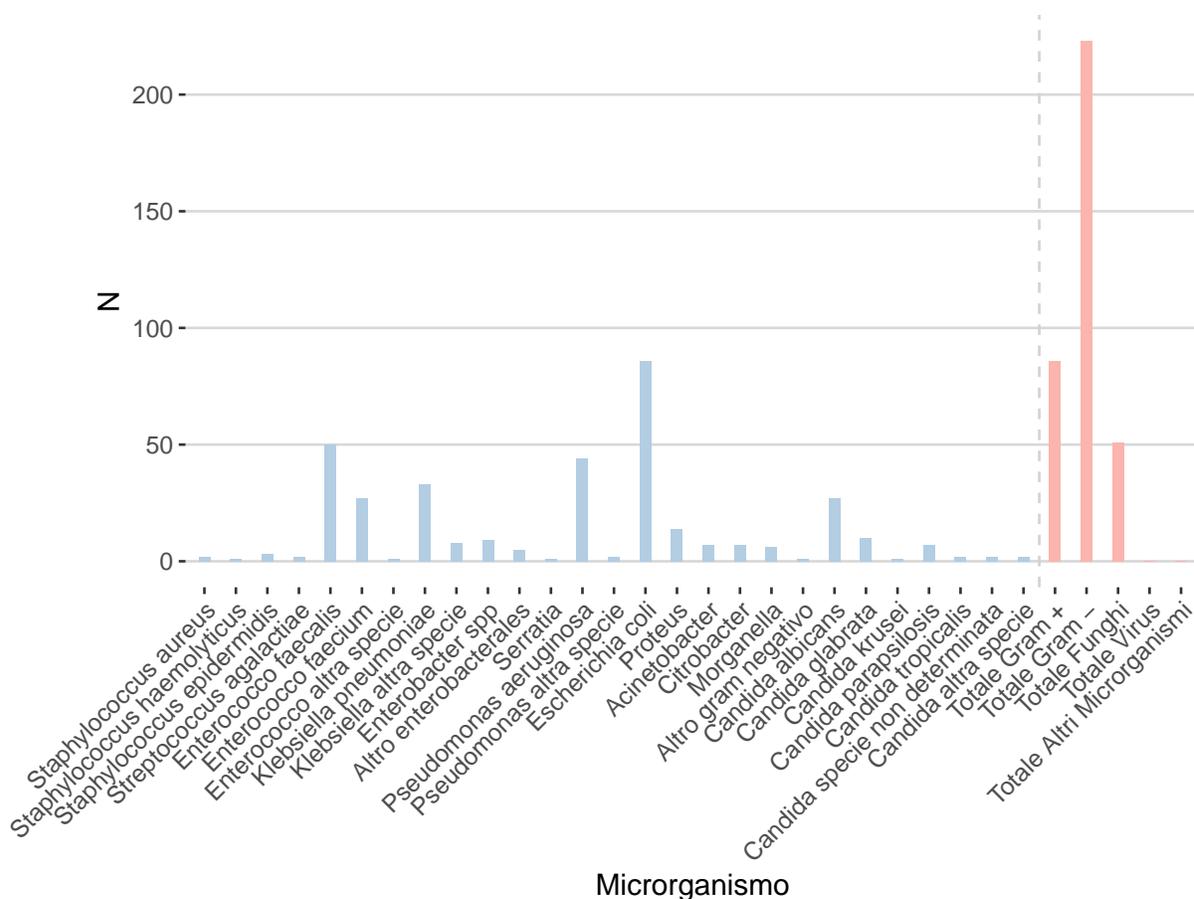
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	312	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	312	
Totale microrganismi isolati	361	

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.

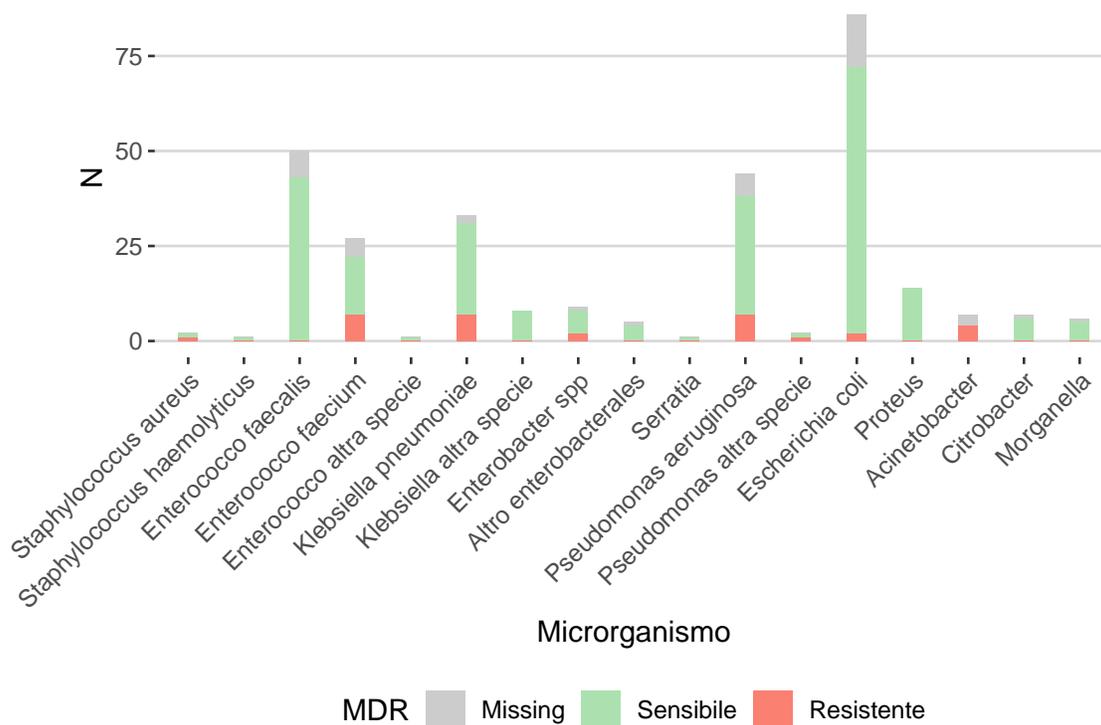
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	0.6	2	1	50
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	50	16.0	43	0	0
Enterococco faecium	27	8.7	22	7	31.8
Enterococco altra specie	1	0.3	1	0	0
Totale Gram +	86	27.6	69	8	11.6
Klebsiella pneumoniae	33	10.6	31	7	22.6
Klebsiella altra specie	8	2.6	8	0	0
Enterobacter spp	9	2.9	8	2	25
Altro enterobacterales	5	1.6	4	0	0
Serratia	1	0.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	44	14.1	38	7	18.4
Pseudomonas altra specie	2	0.6	2	1	50
Escherichia coli	86	27.6	72	2	2.8
Proteus	14	4.5	14	0	0
Acinetobacter	7	2.2	4	4	100
Citrobacter	7	2.2	6	0	0
Morganella	6	1.9	5	0	0
Altro gram negativo	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	223	71.5	193	23	11.9
Candida albicans	27	8.7	0	0	0
Candida glabrata	10	3.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	7	2.2	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Funghi	51	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	2	0.6	2	1	50
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	50	16.0	43	0	0
Enterococco faecium	27	8.7	22	7	31.8
Enterococco altra specie	1	0.3	1	0	0
Totale Gram +	86	27.6	69	8	11.6
Klebsiella pneumoniae	33	10.6	31	7	22.6
Klebsiella altra specie	8	2.6	8	0	0
Enterobacter spp	9	2.9	8	2	25
Altro enterobacteriales	5	1.6	4	0	0
Serratia	1	0.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	44	14.1	38	7	18.4
Pseudomonas altra specie	2	0.6	2	1	50
Escherichia coli	86	27.6	72	2	2.8
Proteus	14	4.5	14	0	0
Acinetobacter	7	2.2	4	4	100
Citrobacter	7	2.2	6	0	0
Morganella	6	1.9	5	0	0
Altro gram negativo	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	223	71.5	193	23	11.9

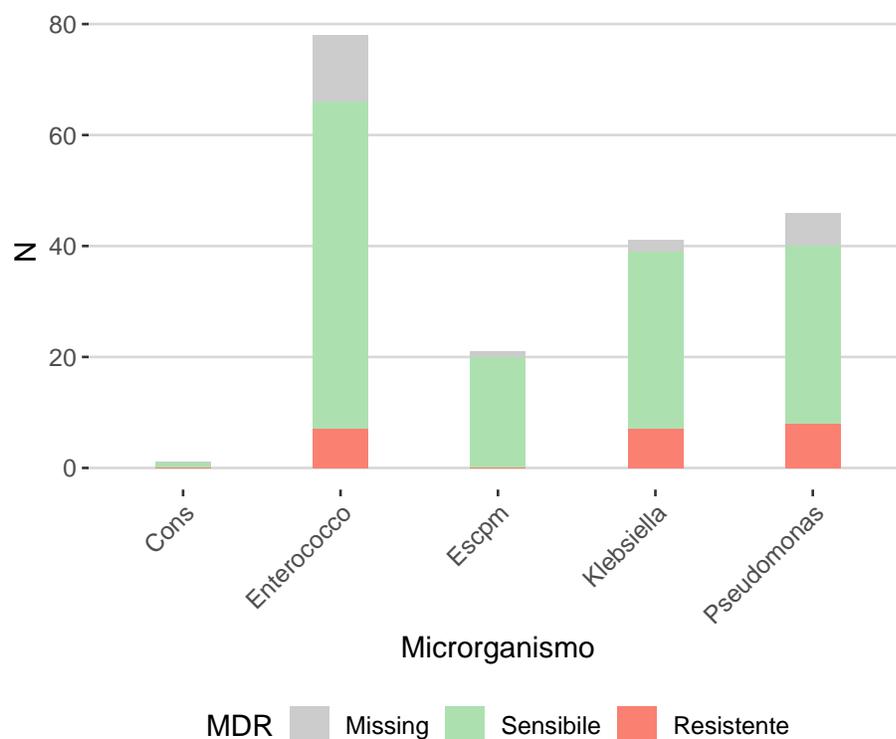
Candida albicans	27	8.7	0	0	0
Candida glabrata	10	3.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	7	2.2	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Funghi	51	16.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	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 (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Providencia, 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	78	66	59	7	10.61	12
Escpm	21	20	20	0	0.00	1
Klebsiella	41	39	32	7	17.95	2
Pseudomonas	46	40	32	8	20.00	6

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	31	Ertapenem	7	22.58
Klebsiella pneumoniae	31	Meropenem	5	16.13

Enterobacter spp	7	Ertapenem	2	28.57
Enterobacter spp	8	Meropenem	2	25.00
Escherichia coli	71	Ertapenem	2	2.82
Acinetobacter	4	Imipenem	1	25.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	38	Imipenem	7	18.42
Pseudomonas aeruginosa	37	Meropenem	3	8.11
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	22	Vancomicina	7	31.82

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	158	

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