



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

## **Petalo Infection Light**



Anno 2022

Piemonte0 TI

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

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalo Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti . . . . .	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti . . . . .	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione . . . . .	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 4948 )</b>	<b>12</b>
2.1 Sesso . . . . .	12
2.2 Età . . . . .	12
2.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	13
2.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	13
2.5 Trauma . . . . .	14
2.6 Stato Chirurgico . . . . .	14
2.7 Motivo di ammissione . . . . .	14
2.8 Insufficienza neurologica . . . . .	15
2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	16
2.11 Mortalità in TI . . . . .	16
2.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	16
2.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	17
2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	17
<b>3 Pazienti infetti ( N = 2328 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione . . . . .	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 2570 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso . . . . .	19
4.2 Età . . . . .	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	20
4.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	20
4.5 Trauma . . . . .	21
4.6 Stato Chirurgico . . . . .	21
4.7 Motivo di ammissione . . . . .	21
4.8 Insufficienza neurologica . . . . .	22
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	22
4.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	23
4.11 Mortalità in TI . . . . .	23
4.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	23
4.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	24
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	24

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>26</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 1962)</b>	<b>27</b>
5.1 Provenienza ( reparto )	27
5.2 Trauma	27
5.3 Stato Chirurgico	27
5.4 Motivo di ammissione	28
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )	29
5.6 Infezione multisito	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	30
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 385)</b>	<b>37</b>
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
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 712)</b>	<b>46</b>
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	47
7.4 Infezione batteriémica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	48
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	49
7.9 Degenza in TI ( giorni )	49
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )*	50
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	50
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	57
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>63</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 690)</b>	<b>64</b>
8.1 Sesso	64
8.2 Età	64
8.3 Degenza Pre TI ( giorni )	65
8.4 Provenienza ( reparto )	65
8.5 Trauma	66
8.6 Stato Chirurgico	66
8.7 Motivo di ammissione	66
8.8 Insufficienza neurologica	67
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	67
8.10 Insufficienza neurologica insorta	68
8.11 Mortalità in TI	68
8.12 Mortalità ospedaliera *	68
8.13 Degenza in TI ( giorni )	69
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )*	69

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	70
8.16	Infezione multisito . . . . .	71
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	71
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	71
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	72
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	73
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	74
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 324)</b>	<b>81</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	81
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 366)</b>	<b>88</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	88
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	89
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	89
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>96</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 330)</b>	<b>97</b>
11.1	Trauma . . . . .	97
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	97
11.3	Infezione batteriemia . . . . .	98
11.4	Infezioni multisito . . . . .	98
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	99
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	99
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 283)</b>	<b>99</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	99
12.2	Diagnosi . . . . .	100
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	100
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 4948 ) . . . . .	101
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	102
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	103
12.7	Mortalità in TI . . . . .	104
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	104
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	105
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	105
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	105
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	110
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	115
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriemia in degenza (N = 305)</b>	<b>119</b>
13.1	Trauma . . . . .	119
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	119
13.3	Tipologia . . . . .	120
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	120
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza . . . . .	120
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 110)</b>	<b>126</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	126
14.2	Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta ) . . . . .	126
14.3	Mortalità in TI . . . . .	127
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	127
14.5	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	128
14.6	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	128
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	129

<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 104)</b>	<b>133</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	133
15.2	Fattori di rischio . . . . .	133
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	135
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	135
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	136
15.6	Mortalità in TI . . . . .	136
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	137
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	137
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	138
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	138
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 147)</b>	<b>144</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	144
16.2	Mortalità in TI . . . . .	145
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	145
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	146
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	146
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	146
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 31)</b>	<b>152</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	152
<b>18</b>	<b>Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 103)</b>	<b>155</b>
18.1	Catetere urinario ( N = 4948 ) . . . . .	155
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata . . . . .	156
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU . . . . .	157
18.4	Incidenza IVU catetere correlata . . . . .	157
18.5	Mortalità in TI . . . . .	159
18.6	Mortalità ospedaliera * . . . . .	159
18.7	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	160
18.8	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	160
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata . . . . .	160
<b>Appendice</b>		<b>165</b>
	Definizione di MDR . . . . .	165
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	166

## Petalo Infectionlight

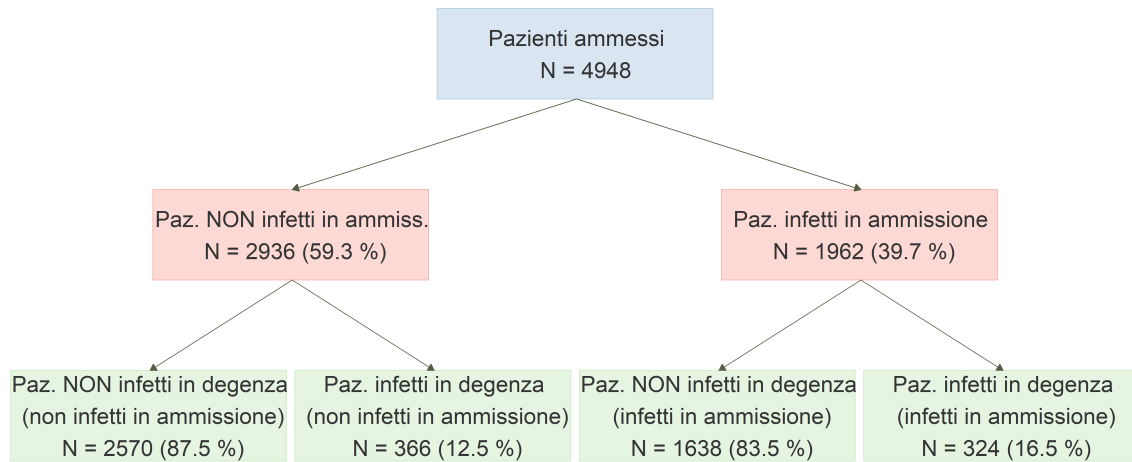
Anno 2022

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

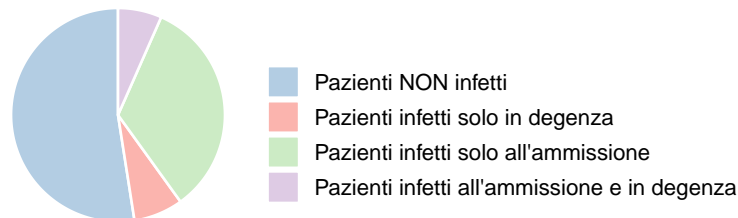
Popolazione complessiva: 20 TI

TI Piemonte

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



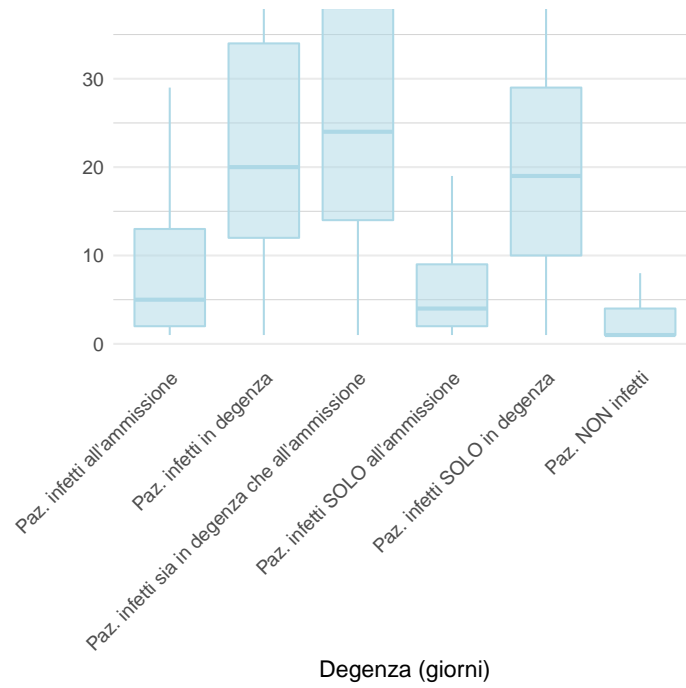
Per N = 50 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	2570	52.5
Pazienti infetti solo in degenza	366	7.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	1638	33.4
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	324	6.6

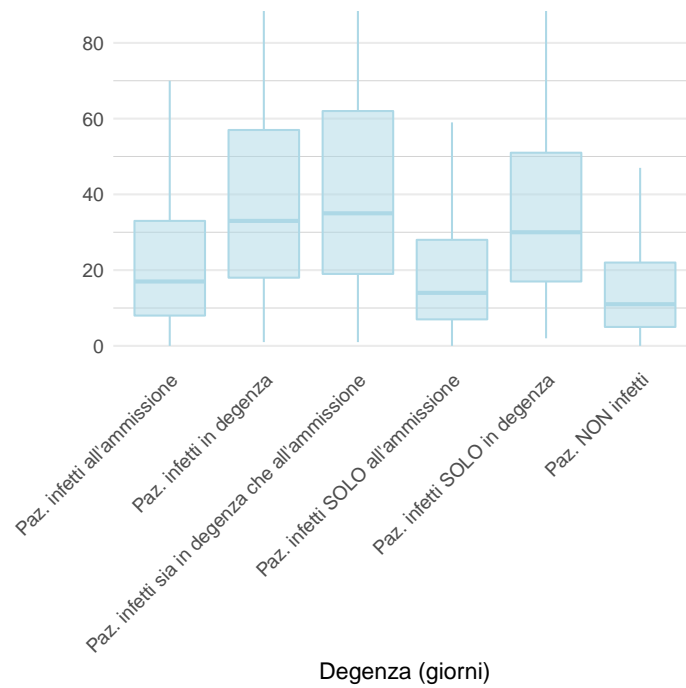
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 4898).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	2570	51.9	1	( 1 - 4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1638	33.1	4	( 2 - 9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	324	6.5	24	( 14 - 38 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	366	7.4	19	( 10 - 29 )
Pazienti infetti all'ammissione	1962	39.7	5	( 2 - 13 )
Pazienti infetti in degenza	690	13.9	20	( 12 - 34 )

1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

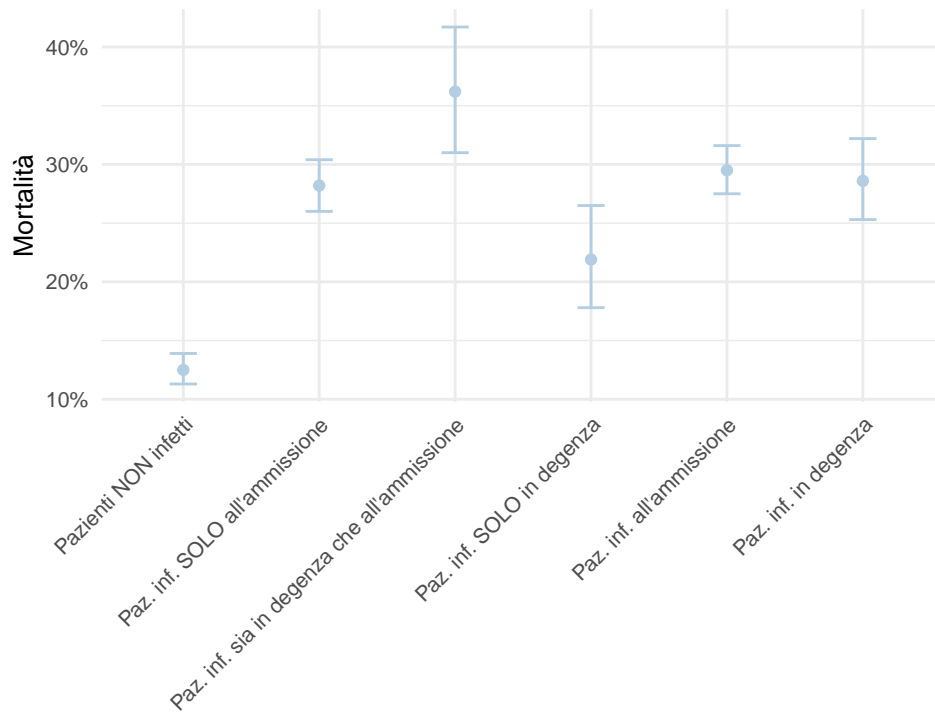


Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	2570	51.9	11	( 5 - 22 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1638	33.1	14	( 7 - 28 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	324	6.5	35	( 19 - 62 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	366	7.4	30	( 17 - 51 )
Pazienti infetti all'ammissione	1962	39.7	17	( 8 - 33 )
Pazienti infetti in degenza	690	13.9	33	( 18 - 57 )

\* escluse le riammissioni (N = 136)

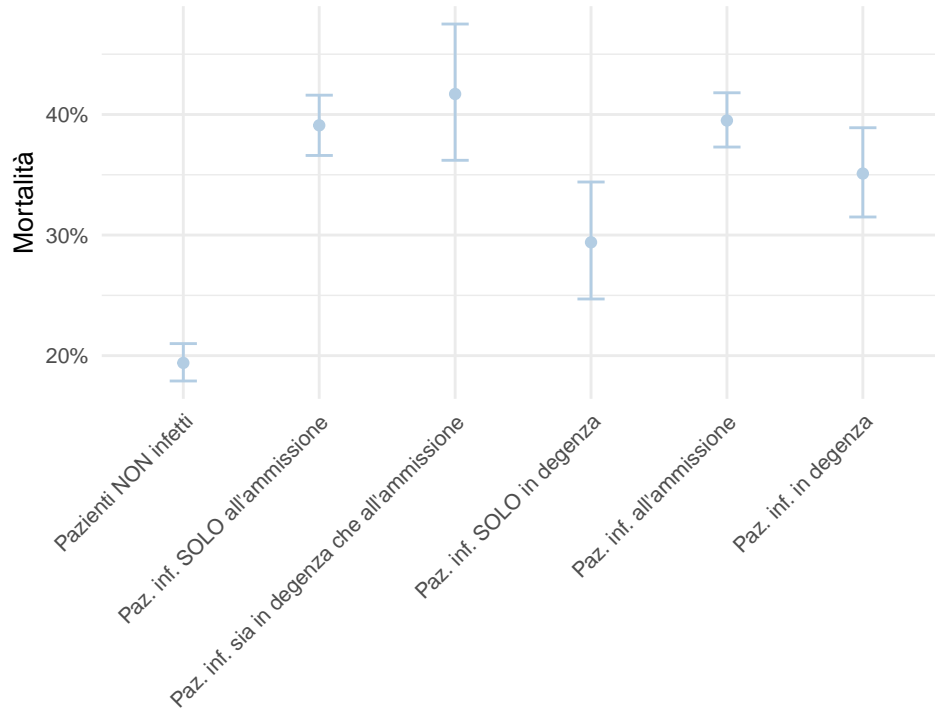


## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	2570	322	12.5	( 11.3 - 13.9 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1638	461	28.2	( 26 - 30.4 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	324	117	36.2	( 31 - 41.7 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	366	80	21.9	( 17.8 - 26.5 )
Pazienti infetti all'ammissione	1962	578	29.5	( 27.5 - 31.6 )
Pazienti infetti in degenza	690	197	28.6	( 25.3 - 32.2 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

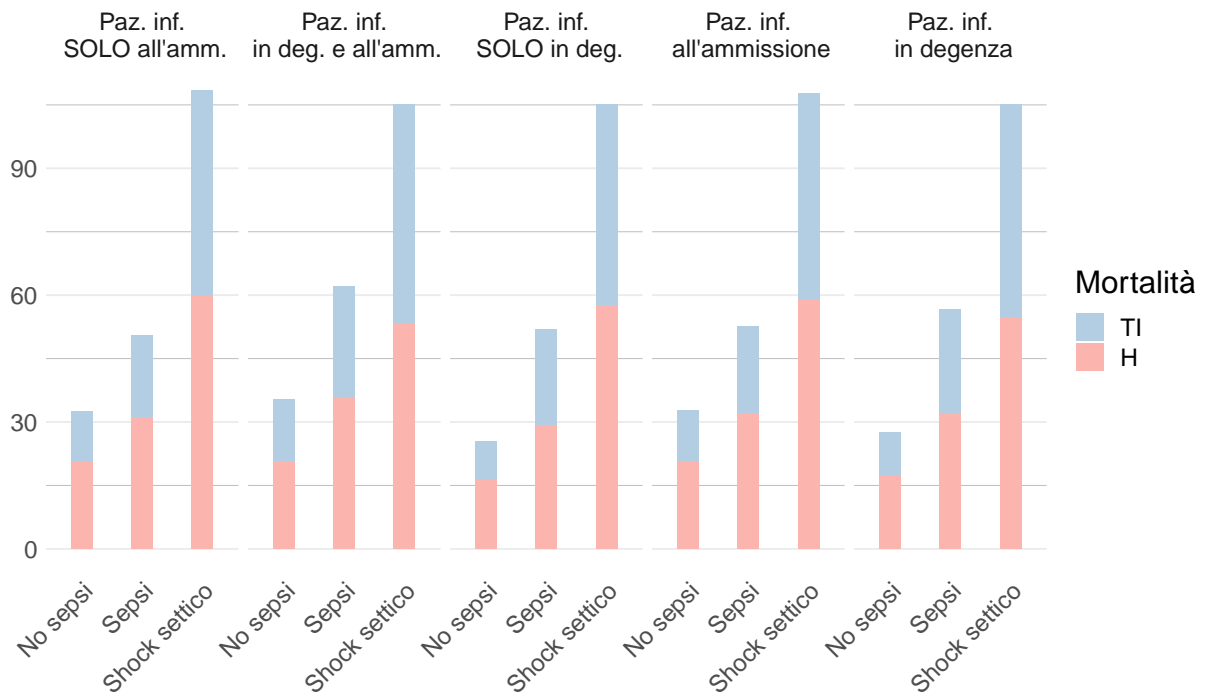


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	2570	488	19.4	( 17.9 - 21 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1638	606	39.1	( 36.6 - 41.6 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	324	129	41.7	( 36.2 - 47.5 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	366	104	29.4	( 24.7 - 34.4 )
Pazienti infetti all'ammissione	1962	735	39.5	( 37.3 - 41.8 )
Pazienti infetti in degenza	690	233	35.1	( 31.5 - 38.9 )

\* escluse le riammissioni (N = 136)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1638	390	655	591	23.8	40.0	36.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	324	34	148	142	10.5	45.7	43.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	366	133	172	61	36.3	47.0	16.7
Pazienti infetti all'ammissione	1962	424	803	733	21.6	41.0	37.4
Pazienti infetti in degenza	690	167	320	203	24.2	46.4	29.4



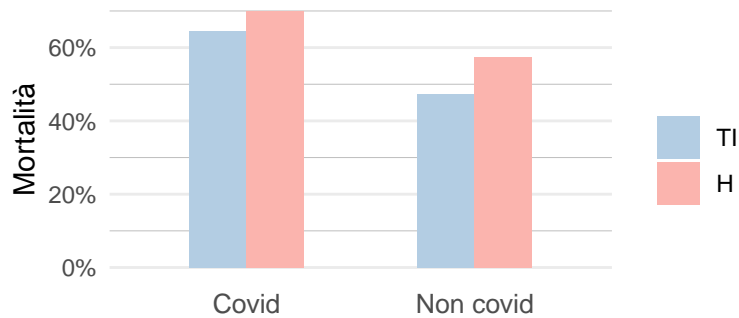
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	390	47	12.1	379	77	20.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	5	14.7	34	7	20.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	133	12	9.0	131	21	16.5
Pazienti infetti all'ammissione	424	52	12.3	413	84	20.4
Pazienti infetti in degenza	167	17	10.2	165	28	17.4

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	655	127	19.4	612	190	31.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	148	39	26.4	145	50	35.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	172	39	22.8	170	49	29.2
Pazienti infetti all'ammissione	803	166	20.7	757	240	32.0
Pazienti infetti in degenza	320	78	24.5	315	99	32.1

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	591	286	48.4	568	338	60.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	142	73	51.8	136	72	53.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	61	29	47.5	60	34	57.6
Pazienti infetti all'ammissione	733	359	49.0	704	410	58.7
Pazienti infetti in degenza	203	102	50.5	196	106	54.6

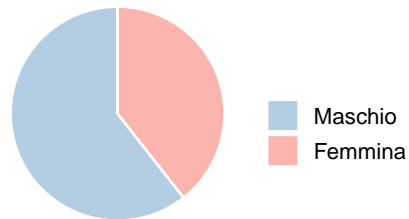
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	73	47	64.4	73	51	69.9
Non covid	660	312	47.3	631	359	57.4

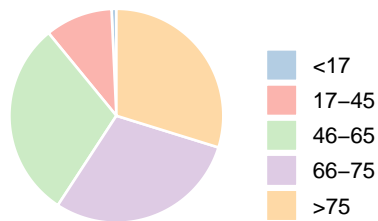
## 2 Tutti i pazienti ( N = 4948 )

### 2.1 Sesso



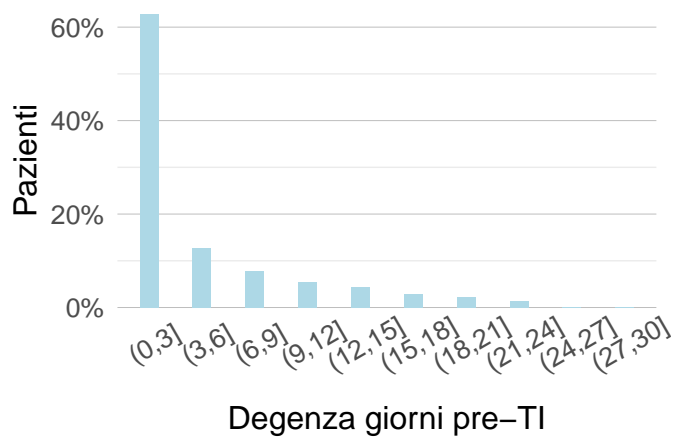
Sesso	N	%
Maschio	2998	60.6
Femmina	1949	39.4
Missing	1	0

### 2.2 Età



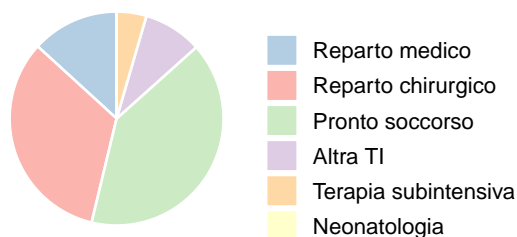
Range età	N	%
<17	36	0.7
17-45	505	10.2
46-65	1477	29.9
66-75	1456	29.4
>75	1474	29.8
Missing	0	0

## 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



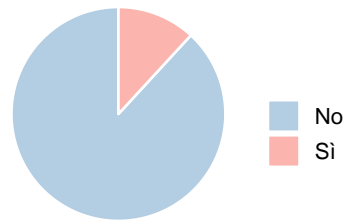
Indicatore	Valore
Media	5.2
DS	12.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	29

## 2.4 Provenienza ( reparto )



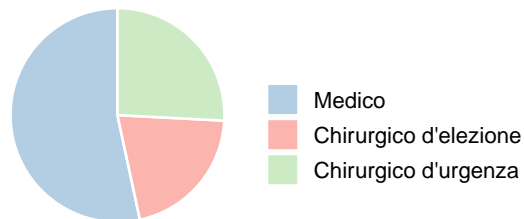
Provenienza	N	%
Reparto medico	648	13.2
Reparto chirurgico	1620	33.0
Pronto soccorso	1980	40.4
Altra TI	435	8.9
Terapia subintensiva	221	4.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	44	0

## 2.5 Trauma



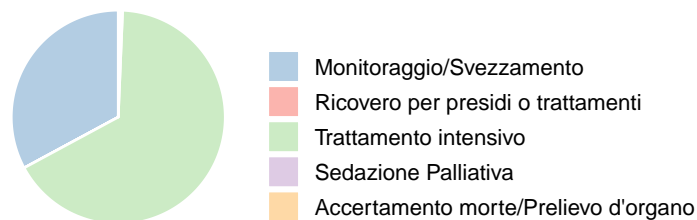
Trauma	N	%
No	4339	88.2
Sì	583	11.8
Missing	26	0

## 2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	2627	53.4
Chirurgico d'elezione	1024	20.8
Chirurgico d'urgenza	1271	25.8
Missing	26	0

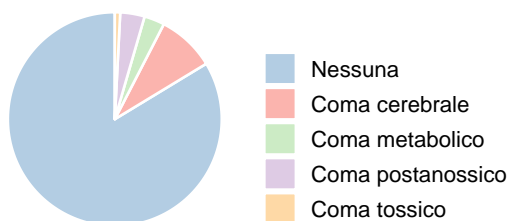
## 2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1617	32.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

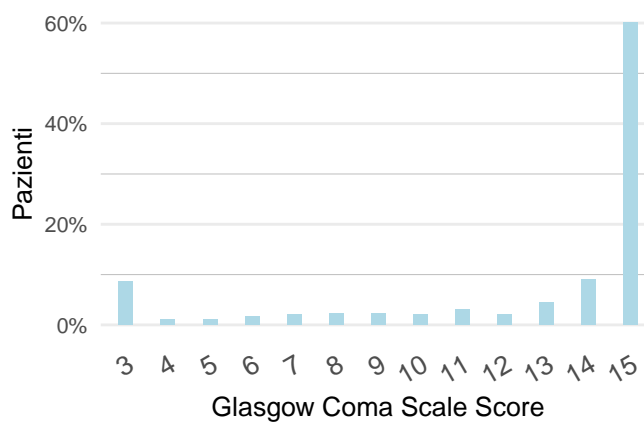
Trattamento intensivo	3270	66.5
Sedazione Palliativa	20	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	12	0.2
Missing	29	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3312	83.7
Coma cerebrale	346	8.7
Coma metabolico	122	3.1
Coma postanossico	146	3.7
Coma tossico	32	0.8
Missing	990	0

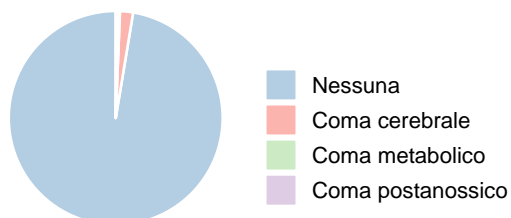
## 2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



Indicatore	Valore
Media	12.6
DS	3.9
Mediana	15
Q1-Q3	12-15

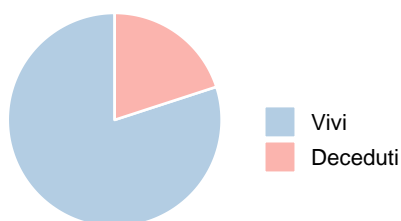


## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



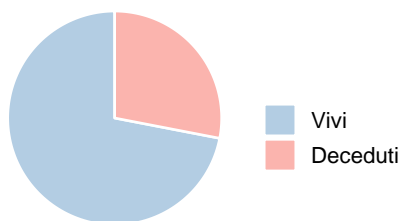
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4775	97.4
Coma cerebrale	97	2.0
Coma metabolico	15	0.3
Coma postanossico	16	0.3
Missing	46	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3925	80.0
Deceduti	981	20.0
Missing	42	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

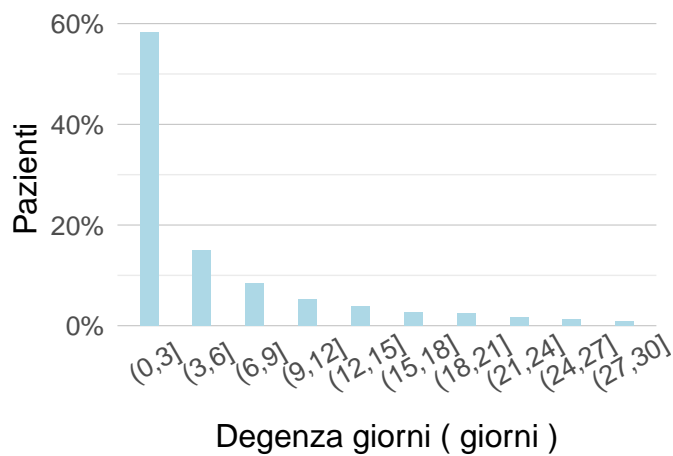


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3409	72.0

Deceduti	1328	28.0
Missing	75	0

\* Statistiche calcolate su 4812 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 136 ).

### 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.5 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	44

### 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

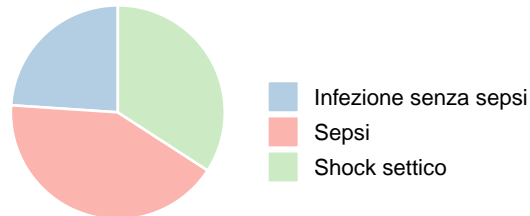


Indicatore	Valore
Media (DS)	22.0 (25.8)
Mediana (Q1-Q3)	14 (7-28)
Missing	76

\* Statistiche calcolate su 4812 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 136 ).

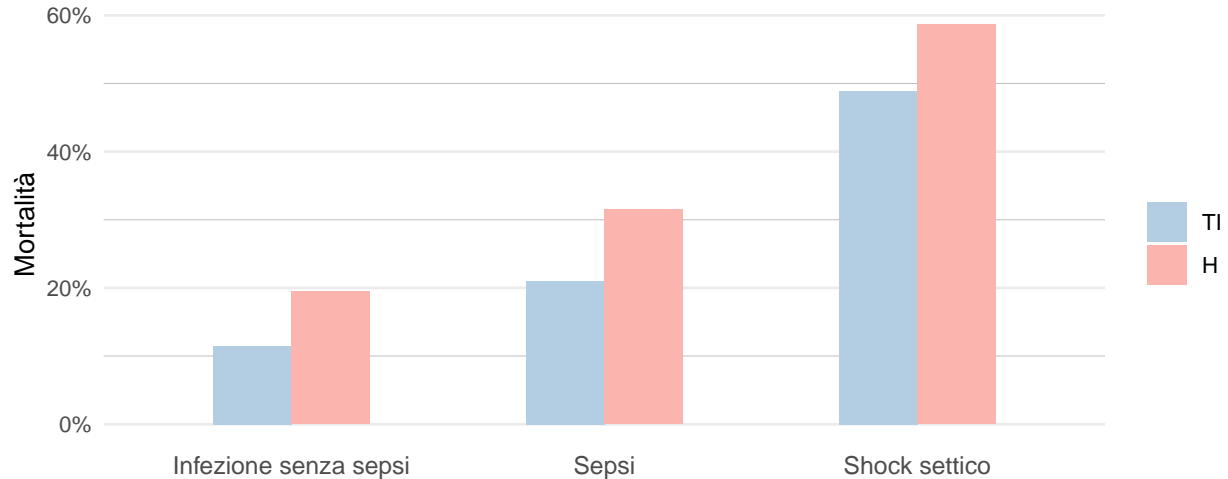
### 3 Pazienti infetti ( N = 2328 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	557	23.9
Sepsi	975	41.9
Shock settico	794	34.1
Missing	2	0

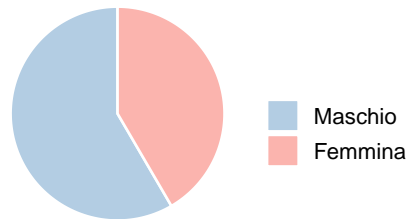
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	11.5	19.5
Sepsi	21.0	31.5
Shock settico	48.9	58.7

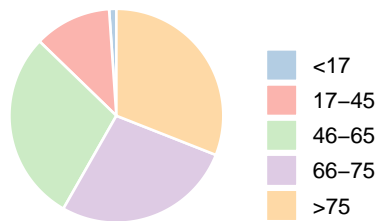
## 4 Pazienti non infetti ( N = 2570 )

### 4.1 Sesso



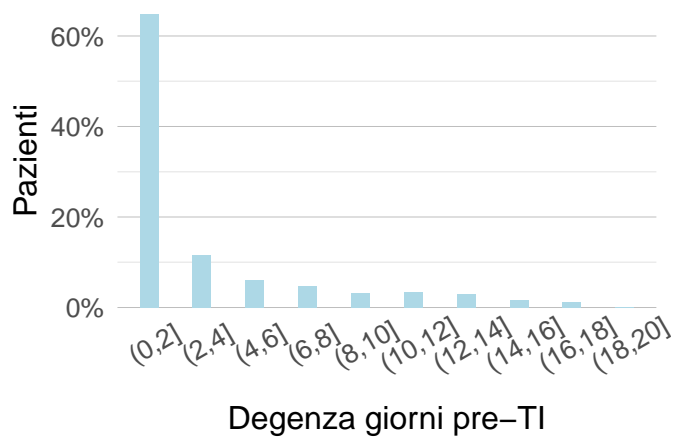
Sesso	N	%
Maschio	1501	58.4
Femmina	1069	41.6
Missing	0	0

### 4.2 Età



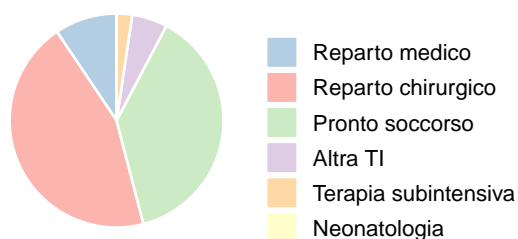
Range età	N	%
<17	28	1.1
17-45	300	11.7
46-65	745	29.0
66-75	701	27.3
>75	796	31.0
Missing	0	0

## 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



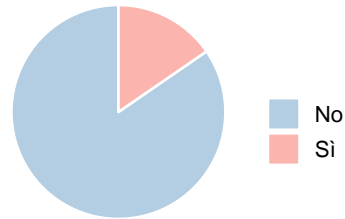
Indicatore	Valore
Media	3.7
DS	9.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	4

## 4.4 Provenienza ( reparto )



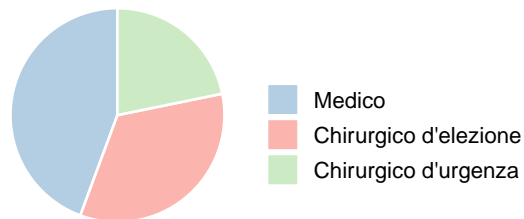
Provenienza	N	%
Reparto medico	241	9.4
Reparto chirurgico	1141	44.6
Pronto soccorso	978	38.2
Altra TI	137	5.4
Terapia subintensiva	60	2.3
Neonatologia	0	0.0
Missing	13	0

## 4.5 Trauma



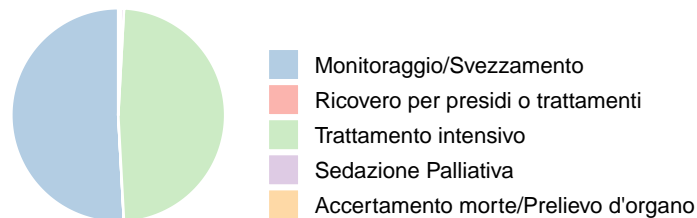
Trauma	N	%
No	2174	84.6
Sì	396	15.4
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	1140	44.4
Chirurgico d'elezione	870	33.9
Chirurgico d'urgenza	560	21.8
Missing	0	0

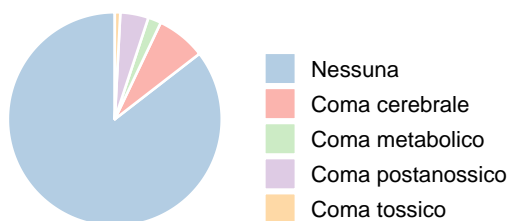
## 4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1306	50.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

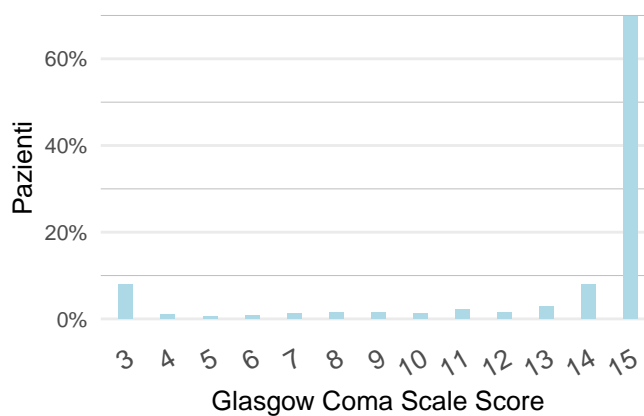
Trattamento intensivo	1240	48.3
Sedazione Palliativa	12	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	10	0.4
Missing	2	0

#### 4.8 Insufficienza neurologica



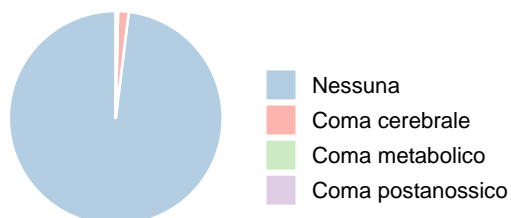
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1766	85.5
Coma cerebrale	154	7.5
Coma metabolico	41	2.0
Coma postanossico	88	4.3
Coma tossico	17	0.8
Missing	504	0

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



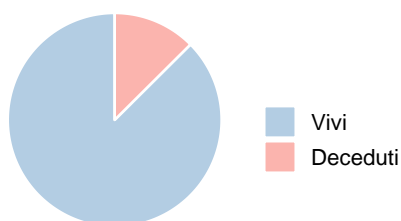
Indicatore	Valore
Media	11.2
DS	3.7
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



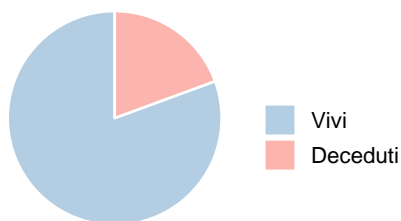
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	2521	98.1
Coma cerebrale	41	1.6
Coma metabolico	2	0.1
Coma postanossico	7	0.3
Missing	0	0

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2246	87.5
Deceduti	322	12.5
Missing	2	0

## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



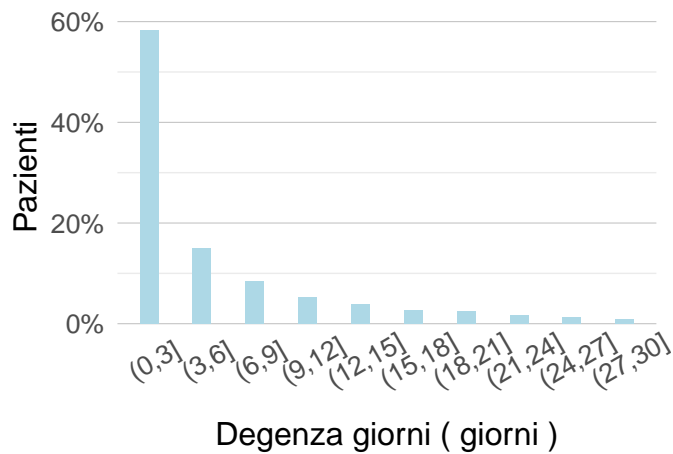
Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	2027	80.6



Deceduti	488	19.4
Missing	11	0

\* Statistiche calcolate su 2526 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 44 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.2 (4.6)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-4)
Missing	2

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

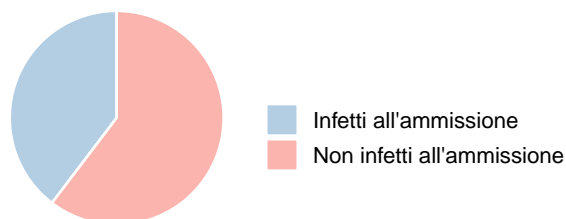


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.4 (22.8)
Mediana (Q1-Q3)	11 (5-22)
Missing	9

\* Statistiche calcolate su 2526 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (  $N = 44$  ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

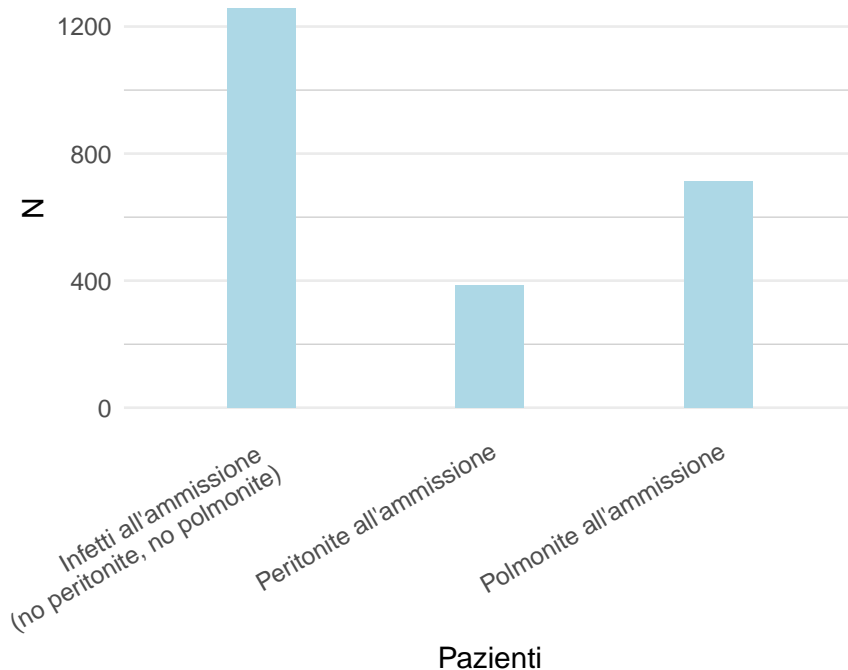
Sono presenti 1962 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 39.65% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	1962	39.65
Non infetti all'ammissione	2986	60.35

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 4948).

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

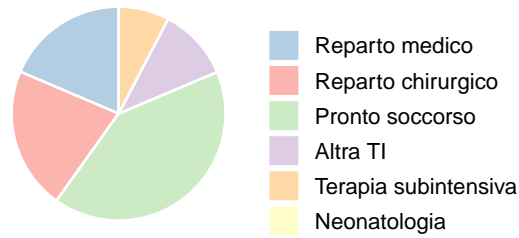


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1257	64.07
Peritonite all'ammissione	385	19.62
Polmonite all'ammissione	712	36.29

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 1962).

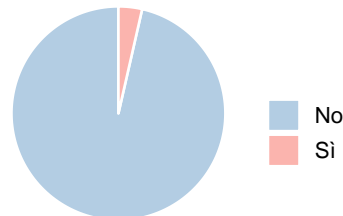
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 1962)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



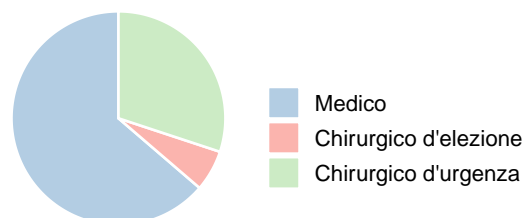
Provenienza	N	%
Reparto medico	363	18.6
Reparto chirurgico	421	21.6
Pronto soccorso	805	41.2
Altra TI	214	11.0
Terapia subintensiva	150	7.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	9	0

### 5.2 Trauma



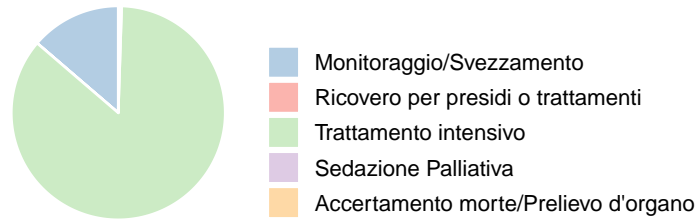
Trauma	N	%
No	1892	96.4
Sì	70	3.6
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



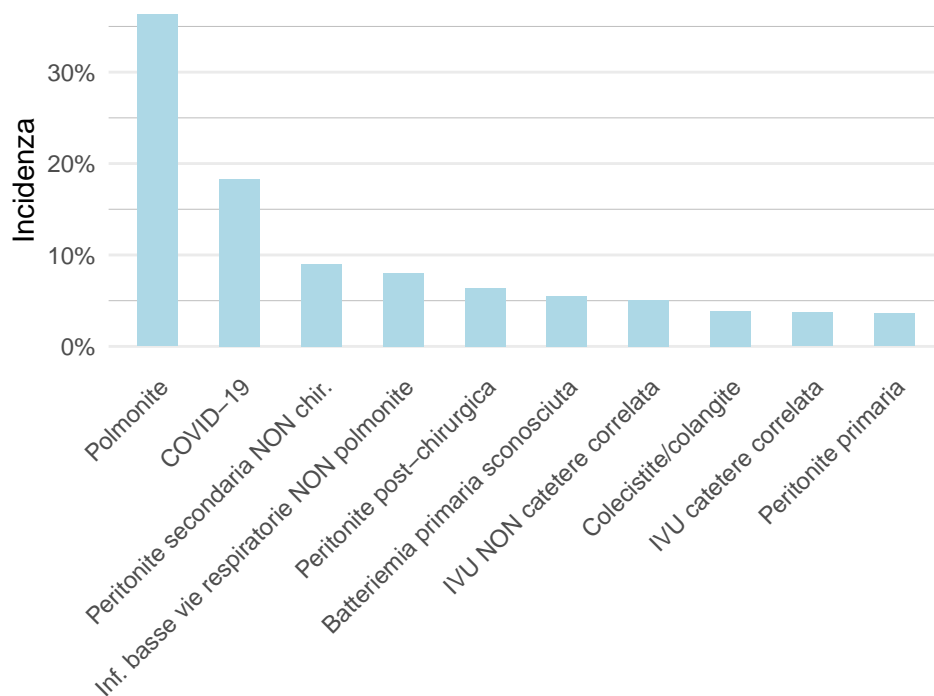
Stato chirurgico	N	%
Medico	1250	63.7
Chirurgico d'elezione	122	6.2
Chirurgico d'urgenza	590	30.1
Missing	0	0

#### 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	269	13.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1683	85.8
Sedazione Palliativa	8	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	2	0.1
Missing	0	0

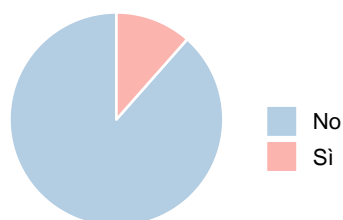
## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



Infezioni ( top 10 )

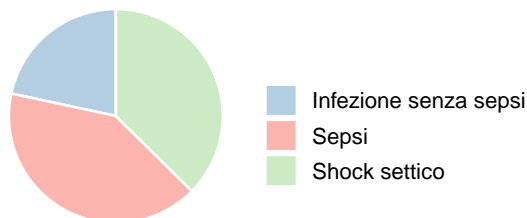
Infezione	N	%
Polmonite	712	36.3
COVID-19	359	18.3
Peritonite secondaria NON chir.	176	9.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	156	8.0
Peritonite post-chirurgica	125	6.4
Batteriemia primaria sconosciuta	108	5.5
IVU NON catetere correlata	100	5.1
Colecistite/colangite	76	3.9
IVU catetere correlata	72	3.7
Peritonite primaria	70	3.6
Missing	0	NA

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	1736	88.5
Sì	226	11.5
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	424	21.6
Sepsi	803	41.0
Shock settico	733	37.4
Missing	2	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	617	31.6
Sì	1338	68.4
Missing	11	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1966</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1765</b>	

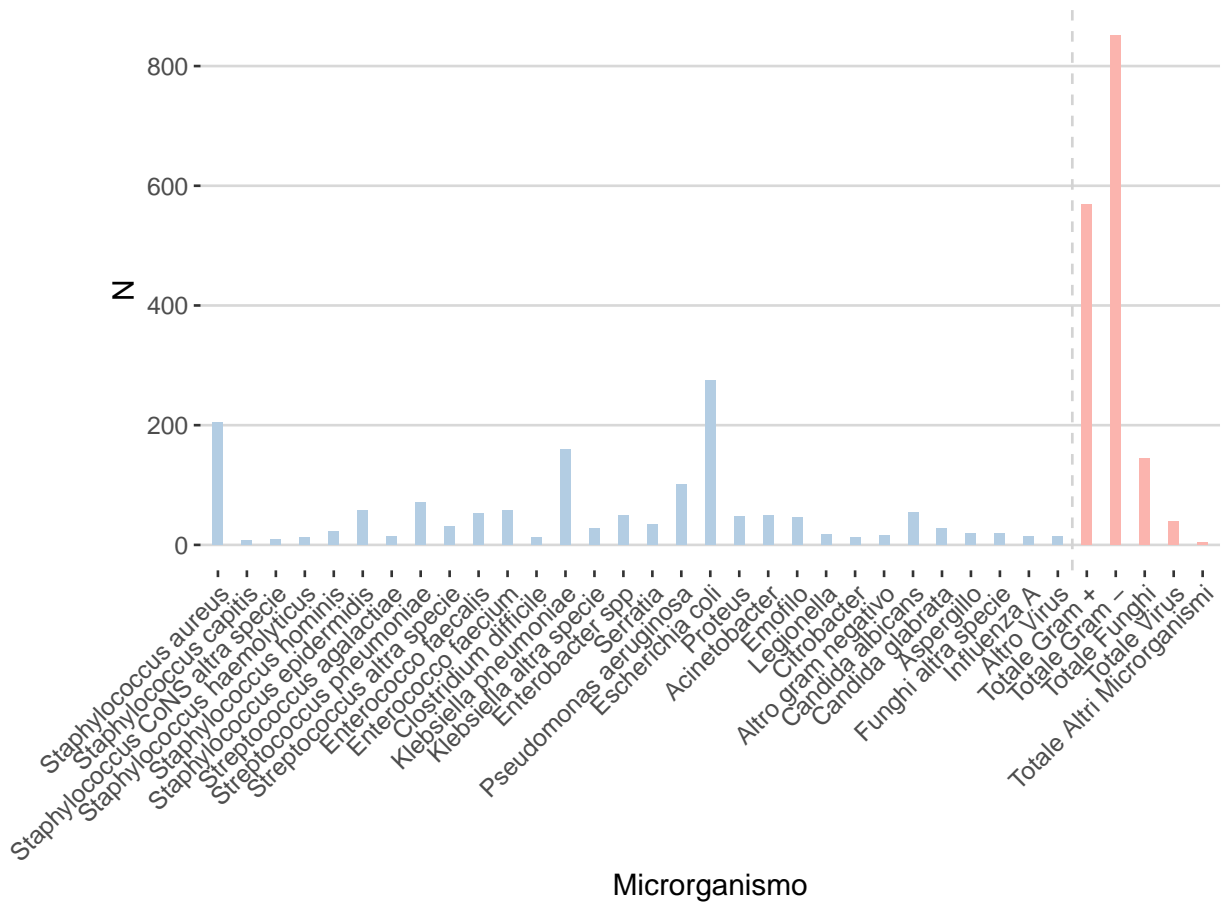
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	204	15.2	177	51	28.8
Staphylococcus capitis	8	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	1.0	13	8	61.5
Staphylococcus hominis	23	1.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	58	4.3	0	0	0
Pyogens	6	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	14	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	71	5.3	59	3	5.1
Streptococcus altra specie	31	2.3	28	3	10.7
Enterococco faecalis	52	3.9	49	1	2
Enterococco faecium	57	4.3	54	22	40.7
Enterococco altra specie	6	0.4	6	1	16.7
Clostridium difficile	12	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>569</b>	<b>42.5</b>	<b>386</b>	<b>89</b>	<b>23.1</b>
Klebsiella pneumoniae	160	12.0	133	36	27.1
Klebsiella altra specie	28	2.1	25	0	0
Enterobacter spp	49	3.7	42	4	9.5
Altro enterobacterales	7	0.5	4	0	0
Serratia	35	2.6	28	1	3.6
Pseudomonas aeruginosa	101	7.5	90	17	18.9
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	0	0
Escherichia coli	274	20.5	239	6	2.5
Proteus	48	3.6	36	1	2.8
Acinetobacter	49	3.7	40	39	97.5
Emofilo	46	3.4	0	0	0
Legionella	18	1.3	0	0	0
Citrobacter	12	0.9	10	1	10
Morganella	7	0.5	6	0	0
Altro gram negativo	16	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>851</b>	<b>63.6</b>	<b>654</b>	<b>105</b>	<b>16.1</b>
Candida albicans	55	4.1	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	27	2.0	0	0	0
Candida krusei	5	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.1	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	20	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	3	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	20	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>144</b>	<b>10.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	15	1.1			
Influenza AH3N2	3	0.2			
Influenza tipo non specificato	2	0.1			
Citomegalovirus	2	0.1			
Herpes simplex	3	0.2			
Altro Virus	15	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>40</b>	<b>3.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0



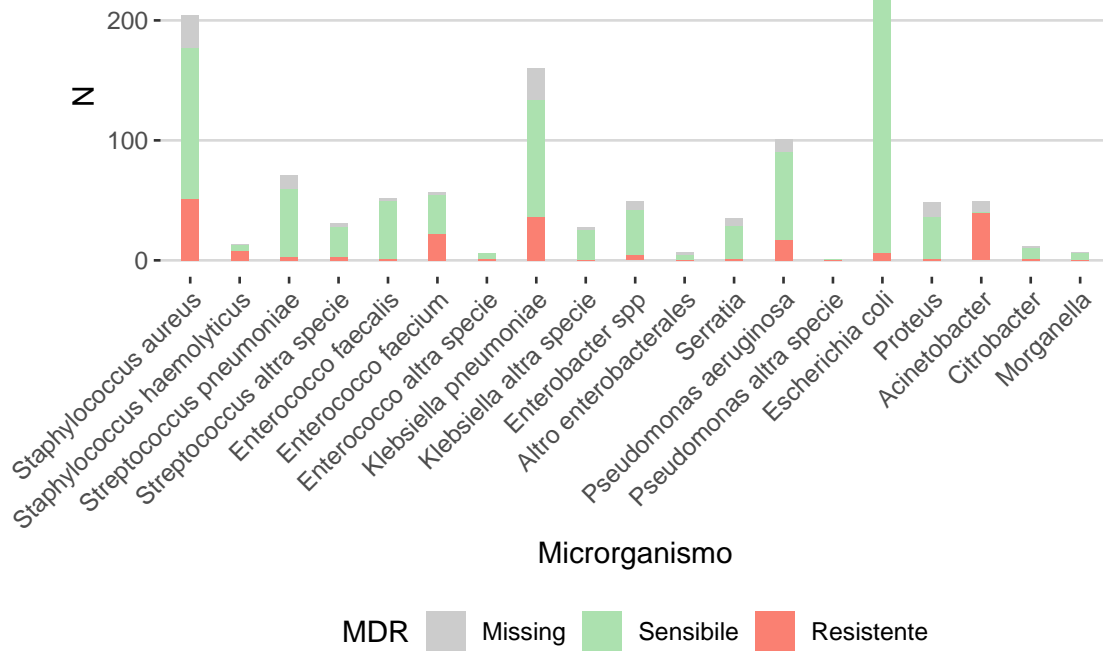
Totale Altri Microrganismi	4	0.3	0	0	0
----------------------------	---	-----	---	---	---



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	204	15.2	177	51	28.8
Staphylococcus capitis	8	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	1.0	13	8	61.5
Staphylococcus hominis	23	1.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	58	4.3	0	0	0
Pyogens	6	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	14	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	71	5.3	59	3	5.1
Streptococcus altra specie	31	2.3	28	3	10.7
Enterococco faecalis	52	3.9	49	1	2
Enterococco faecium	57	4.3	54	22	40.7
Enterococco altra specie	6	0.4	6	1	16.7
Clostridium difficile	12	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>569</b>	<b>42.5</b>	<b>386</b>	<b>89</b>	<b>23.1</b>
Klebsiella pneumoniae	160	12.0	133	36	27.1
Klebsiella altra specie	28	2.1	25	0	0

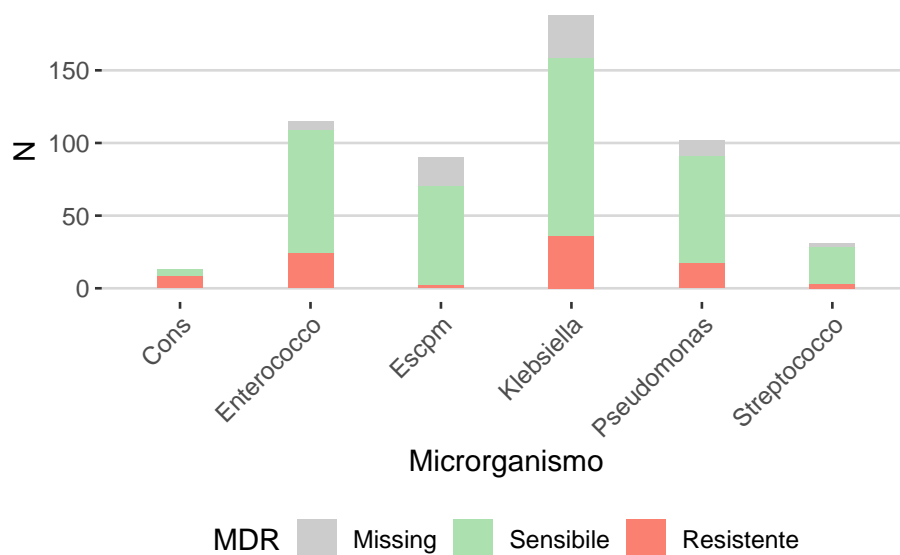
Enterobacter spp	49	3.7	42	4	9.5
Altro enterobacterales	7	0.5	4	0	0
Serratia	35	2.6	28	1	3.6
Pseudomonas aeruginosa	101	7.5	90	17	18.9
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	0	0
Escherichia coli	274	20.5	239	6	2.5
Proteus	48	3.6	36	1	2.8
Acinetobacter	49	3.7	40	39	97.5
Emofilo	46	3.4	0	0	0
Legionella	18	1.3	0	0	0
Citrobacter	12	0.9	10	1	10
Morganella	7	0.5	6	0	0
Altro gram negativo	16	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>851</b>	<b>63.6</b>	<b>654</b>	<b>105</b>	<b>16.1</b>
Candida albicans	55	4.1	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	27	2.0	0	0	0
Candida krusei	5	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.1	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	20	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	3	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	20	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>144</b>	<b>10.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	15	1.1			
Influenza AH3N2	3	0.2			
Influenza tipo non specificato	2	0.1			
Citomegalovirus	2	0.1			
Herpes simplex	3	0.2			
Altro Virus	15	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>40</b>	<b>3.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>4</b>	<b>0.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	13	5	8	61.54	0
Enterococco	115	109	85	24	22.02	6
Escpm	90	70	68	2	2.86	20
Klebsiella	188	158	122	36	22.78	30
Pseudomonas	102	91	74	17	18.68	11
Streptococco	31	28	25	3	10.71	3

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	133	Ertapenem	26	19.55
Klebsiella pneumoniae	133	Meropenem	36	27.07
Citrobacter	10	Meropenem	1	10.00
Enterobacter spp	40	Ertapenem	3	7.50
Enterobacter spp	42	Meropenem	1	2.38

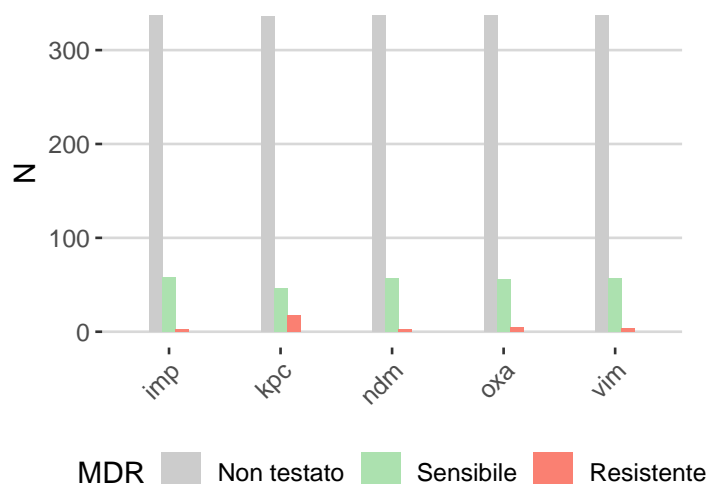
Escherichia coli	237	Ertapenem	6	2.53
Escherichia coli	239	Meropenem	5	2.09
Proteus	36	Ertapenem	1	2.78
Proteus	36	Meropenem	1	2.78
Serratia	28	Ertapenem	1	3.57
Acinetobacter	39	Imipenem	26	66.67
Acinetobacter	40	Meropenem	39	97.50
Pseudomonas aeruginosa	90	Imipenem	16	17.78
Pseudomonas aeruginosa	90	Meropenem	13	14.44
Staphylococcus haemolyticus	13	Meticillina	8	61.54
Staphylococcus aureus	177	Meticillina	51	28.81
Streptococcus pneumoniae	59	Penicillina	3	5.08
Streptococcus altra specie	28	Penicillina	3	10.71
Enterococco faecalis	49	Vancomicina	1	2.04
Enterococco faecium	54	Vancomicina	22	40.74
Enterococco altra specie	6	Vancomicina	1	16.67

### 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.

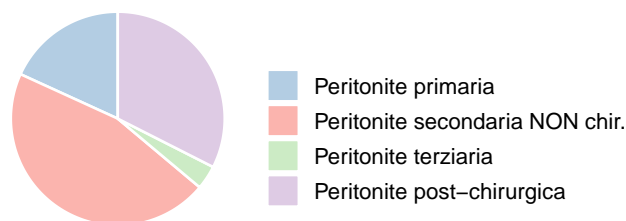
	N	%
Si	21	5.25
No	42	10.5
Non testato	337	84.25
Missing	220	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	9.1	58	337
kpc	18	54.5	46	336
ndm	3	9.1	57	337
oxa	5	15.2	56	337
vim	4	12.1	57	337



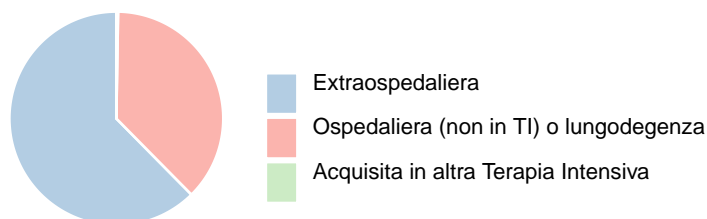
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 385)

### 6.1 Tipologia di peritonite



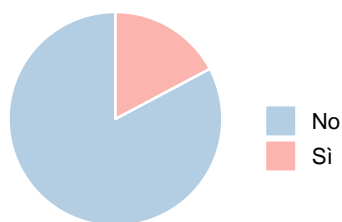
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	70	18.2
Peritonite secondaria NON chir.	176	45.7
Peritonite terziaria	14	3.6
Peritonite post-chirurgica	125	32.5
Missing	0	0

### 6.2 Tipo di infezione



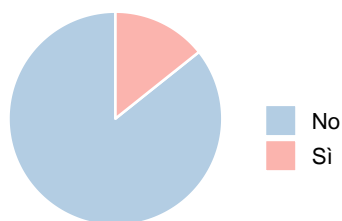
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	239	62.4
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	143	37.3
Acquisita in altra Terapia Intensiva	1	0.3
Missing	2	0

### 6.3 Infezione batteriemicca



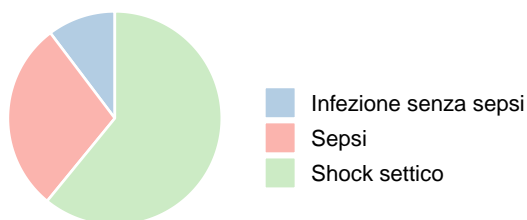
Batteriemicca	N	%
No	317	82.8
Si	66	17.2
Missing	2	0

### 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	330	85.7
Si	55	14.3
Missing	0	0

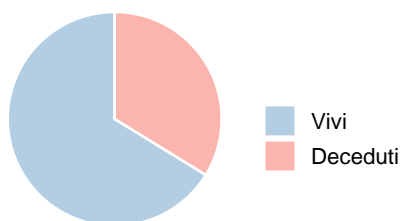
### 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	34	10.3
Sepsi	95	28.8
Shock settico	201	60.9
Missing	0	0

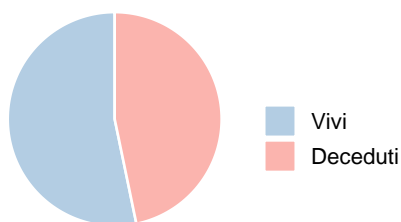
\* Statistiche calcolate su 330 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 55 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	255	66.2
Deceduti	130	33.8
Missing	0	0

## 6.7 Mortalità ospedaliera \*

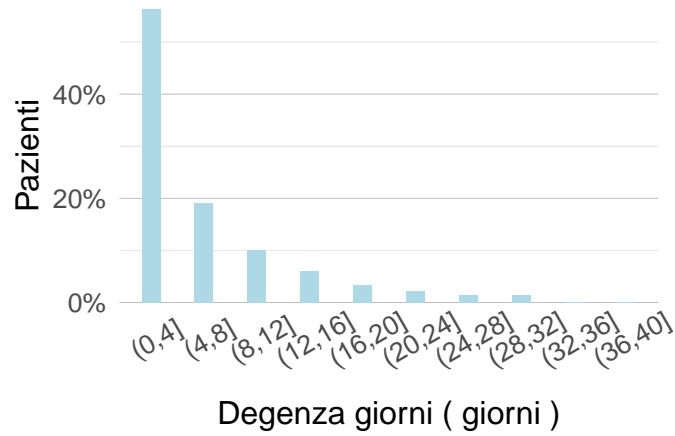


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	188	53.3
Deceduti	165	46.7
Missing	1	0

\* Statistiche calcolate su 354 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 31 ).



### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.3 (12.7)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.7 (26.9)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-35)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 354 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 31 ).

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

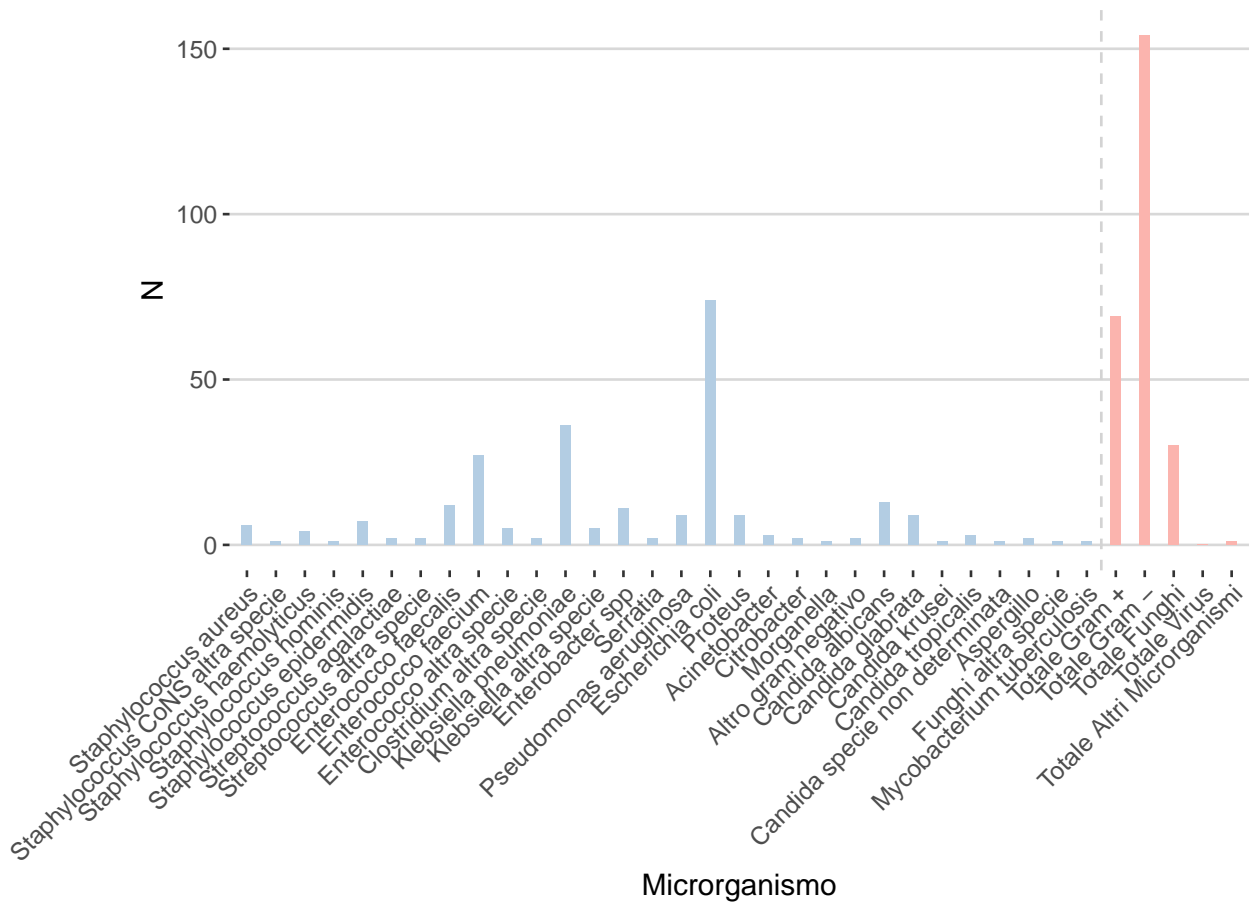
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	227	59.3
Sì	156	40.7
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>385</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>254</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	3.8	5	3	60
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	2.6	4	4	100
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	4.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	1.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.3	2	0	0
Enterococco faecalis	12	7.7	11	0	0
Enterococco faecium	27	17.3	25	7	28
Enterococco altra specie	5	3.2	5	1	20
Clostridium altra specie	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>69</b>	<b>44.2</b>	<b>52</b>	<b>15</b>	<b>28.8</b>
Klebsiella pneumoniae	36	23.1	29	9	31
Klebsiella altra specie	5	3.2	5	0	0
Enterobacter spp	11	7.1	8	1	12.5
Serratia	2	1.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	5.8	8	3	37.5
Escherichia coli	74	47.4	63	1	1.6
Proteus	9	5.8	6	1	16.7
Acinetobacter	3	1.9	3	3	100
Citrobacter	2	1.3	2	0	0
Morganella	1	0.6	1	0	0
Altro gram negativo	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>154</b>	<b>98.7</b>	<b>127</b>	<b>18</b>	<b>14.2</b>
Candida albicans	13	8.3	0	0	0
Candida glabrata	9	5.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.9	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.6	0	0	0
Aspergillo	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>30</b>	<b>19.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	0.6	0	0	0

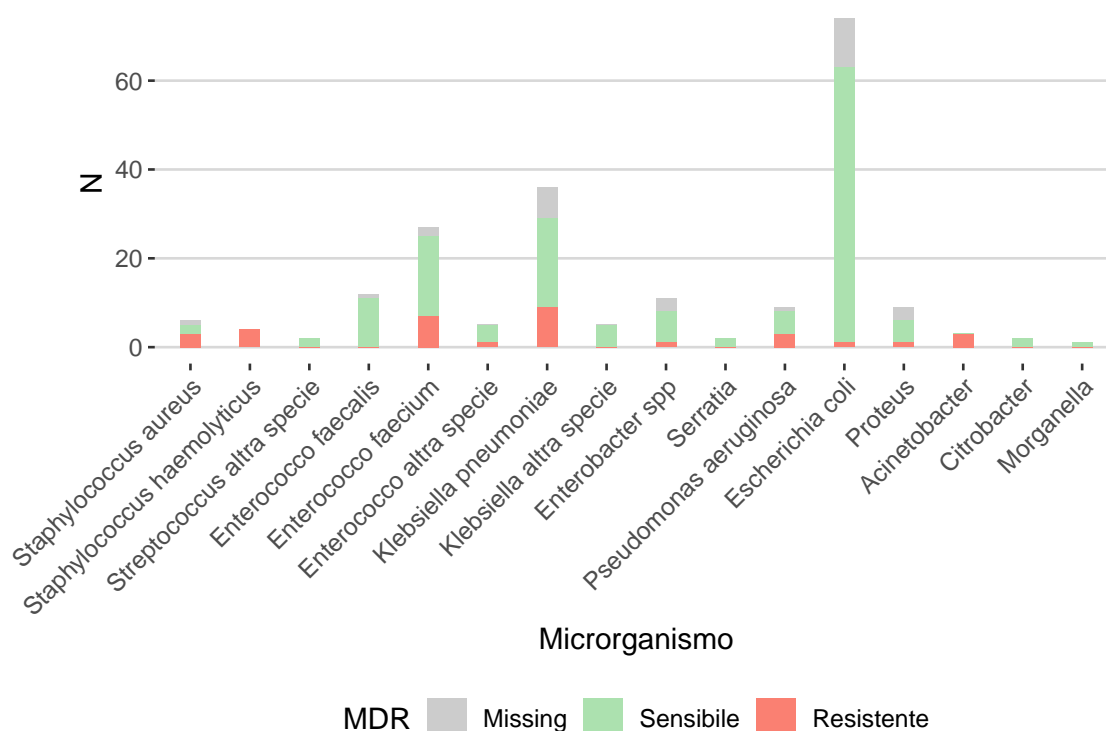
Totale Altri Microrganismi 1 0.6 0 0 0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	3.8	5	3	60
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	2.6	4	4	100
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	4.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	1.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.3	2	0	0
Enterococco faecalis	12	7.7	11	0	0
Enterococco faecium	27	17.3	25	7	28
Enterococco altra specie	5	3.2	5	1	20
Clostridium altra specie	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>69</b>	<b>44.2</b>	<b>52</b>	<b>15</b>	<b>28.8</b>
Klebsiella pneumoniae	36	23.1	29	9	31
Klebsiella altra specie	5	3.2	5	0	0
Enterobacter spp	11	7.1	8	1	12.5
Serratia	2	1.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	5.8	8	3	37.5
Escherichia coli	74	47.4	63	1	1.6
Proteus	9	5.8	6	1	16.7

Acinetobacter	3	1.9	3	3	100
Citrobacter	2	1.3	2	0	0
Morganella	1	0.6	1	0	0
Altro gram negativo	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>154</b>	<b>98.7</b>	<b>127</b>	<b>18</b>	<b>14.2</b>
Candida albicans	13	8.3	0	0	0
Candida glabrata	9	5.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.9	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.6	0	0	0
Aspergillo	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>30</b>	<b>19.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

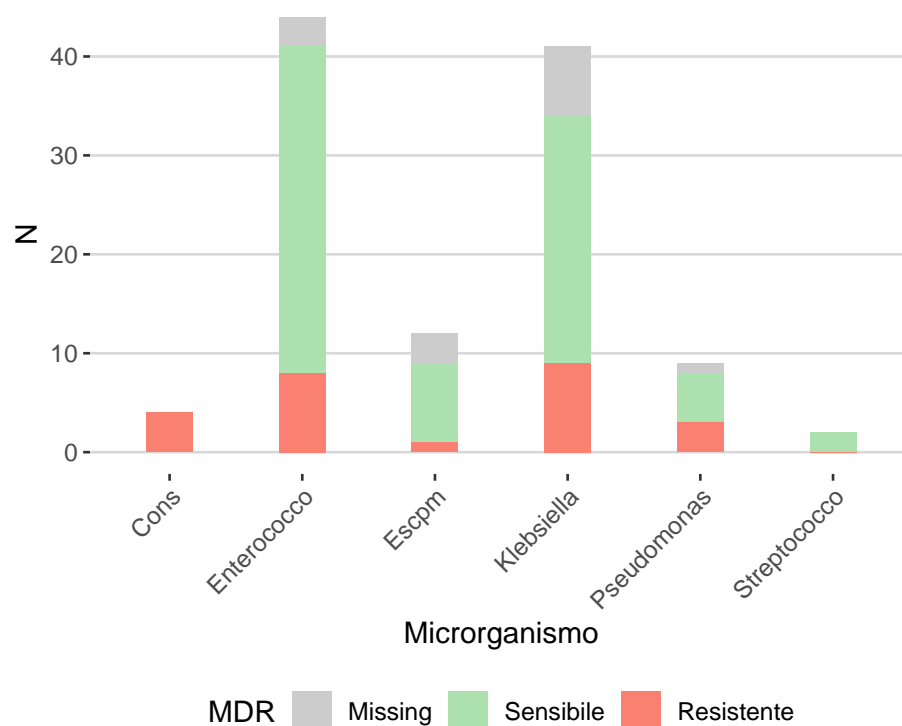
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia,

Emofilo, Legionella, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida altra specie, Candida parapsilosis, 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	4	4	0	4	100.00	0
Enterococco	44	41	33	8	19.51	3
Escpm	12	9	8	1	11.11	3
Klebsiella	41	34	25	9	26.47	7
Pseudomonas	9	8	5	3	37.50	1
Streptococco	2	2	2	0	0.00	0

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.

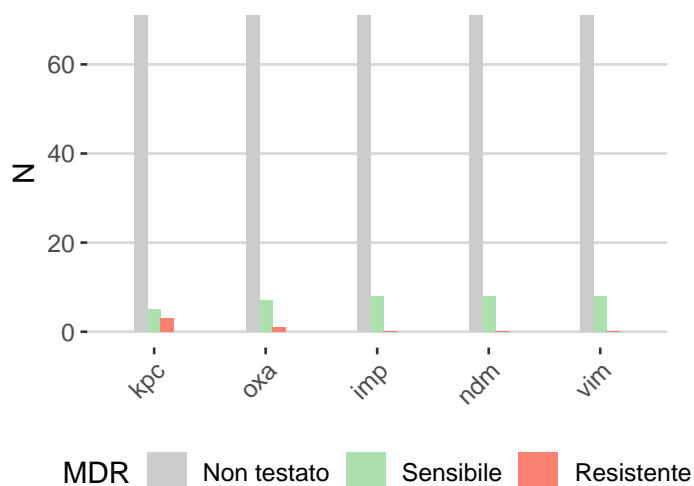
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	29	Ertapenem	6	20.69
Klebsiella pneumoniae	29	Meropenem	9	31.03
Enterobacter spp	7	Ertapenem	1	14.29
Escherichia coli	62	Ertapenem	1	1.61
Escherichia coli	63	Meropenem	1	1.59
Proteus	6	Ertapenem	1	16.67
Proteus	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	2	25.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	2	25.00
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	4	100.00
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	3	60.00
Enterococco faecium	25	Vancomicina	7	28.00
Enterococco altra specie	5	Vancomicina	1	20.00

### 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.

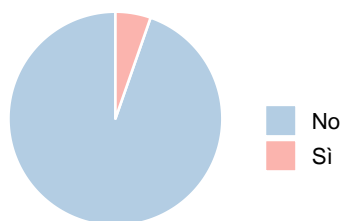
	N	%
Sì	4	5.06
No	4	5.06
Non testato	71	89.87
Missing	37	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	8	71
kpc	3	75	5	71
ndm	0	0	8	71
oxa	1	25	7	71
vim	0	0	8	71



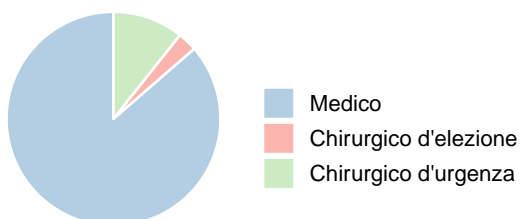
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 712)

### 7.1 Trauma



Trauma	N	%
No	674	94.7
Si	38	5.3
Missing	0	0

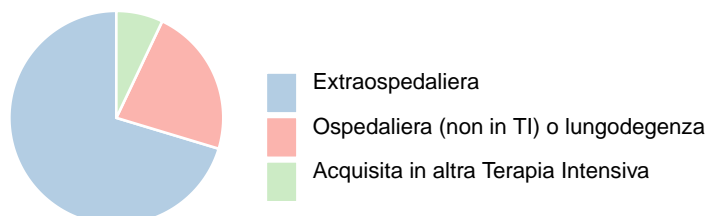
### 7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	615	86.4

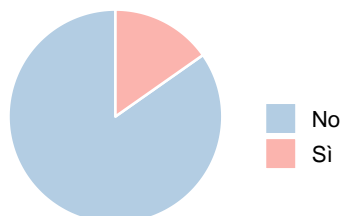
Chirurgico d'elezione	21	2.9
Chirurgico d'urgenza	76	10.7
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



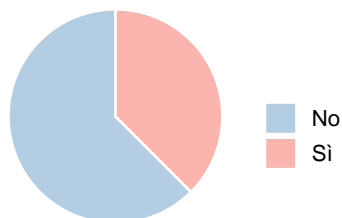
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	498	70.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	160	22.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	50	7.1
Missing	4	0

### 7.4 Infezione batteriemic



Batteriemic	N	%
No	600	84.7
Si	108	15.3
Missing	4	0

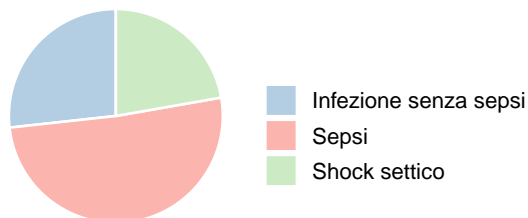
### 7.5 Infezioni multisito





Infezione multisito	N	%
No	445	62.5
Sì	267	37.5
Missing	0	0

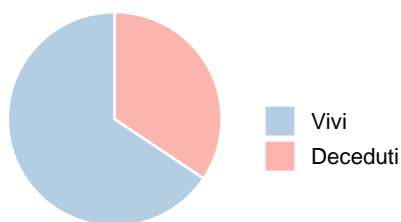
### 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	119	26.7
Sepsi	227	51.0
Shock settico	99	22.2
Missing	0	0

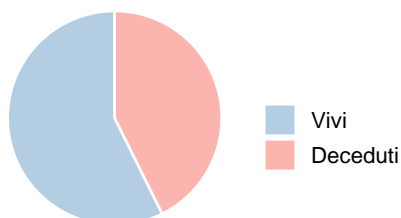
\* Statistiche calcolate su 445 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 267 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	466	65.6
Deceduti	244	34.4
Missing	2	0

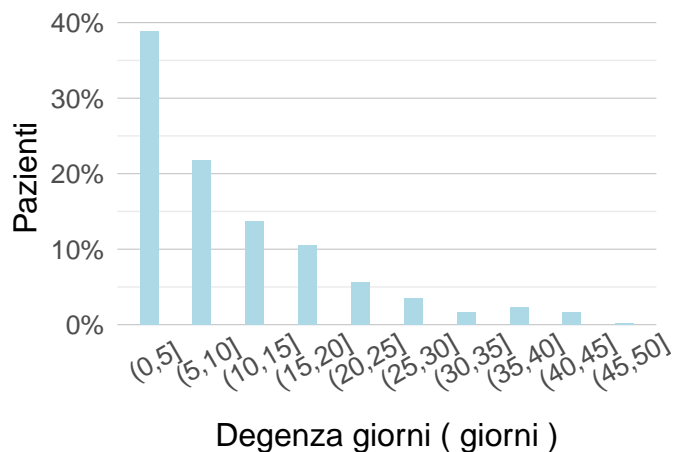
## 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	387	57.3
Deceduti	288	42.7
Missing	4	0

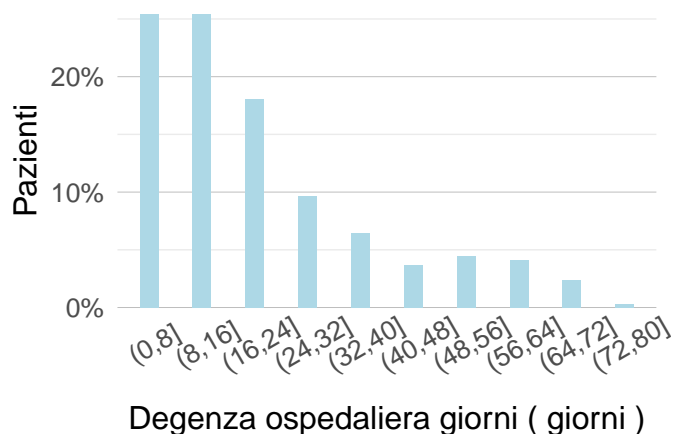
\* Statistiche calcolate su 679 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 33 ).

## 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	13.7 (16.5)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3.2-18)
Missing	2

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.1 (25.3)
Mediana (Q1-Q3)	17 (8.5-33)
Missing	4

\* Statistiche calcolate su 679 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 33 ).

## 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.

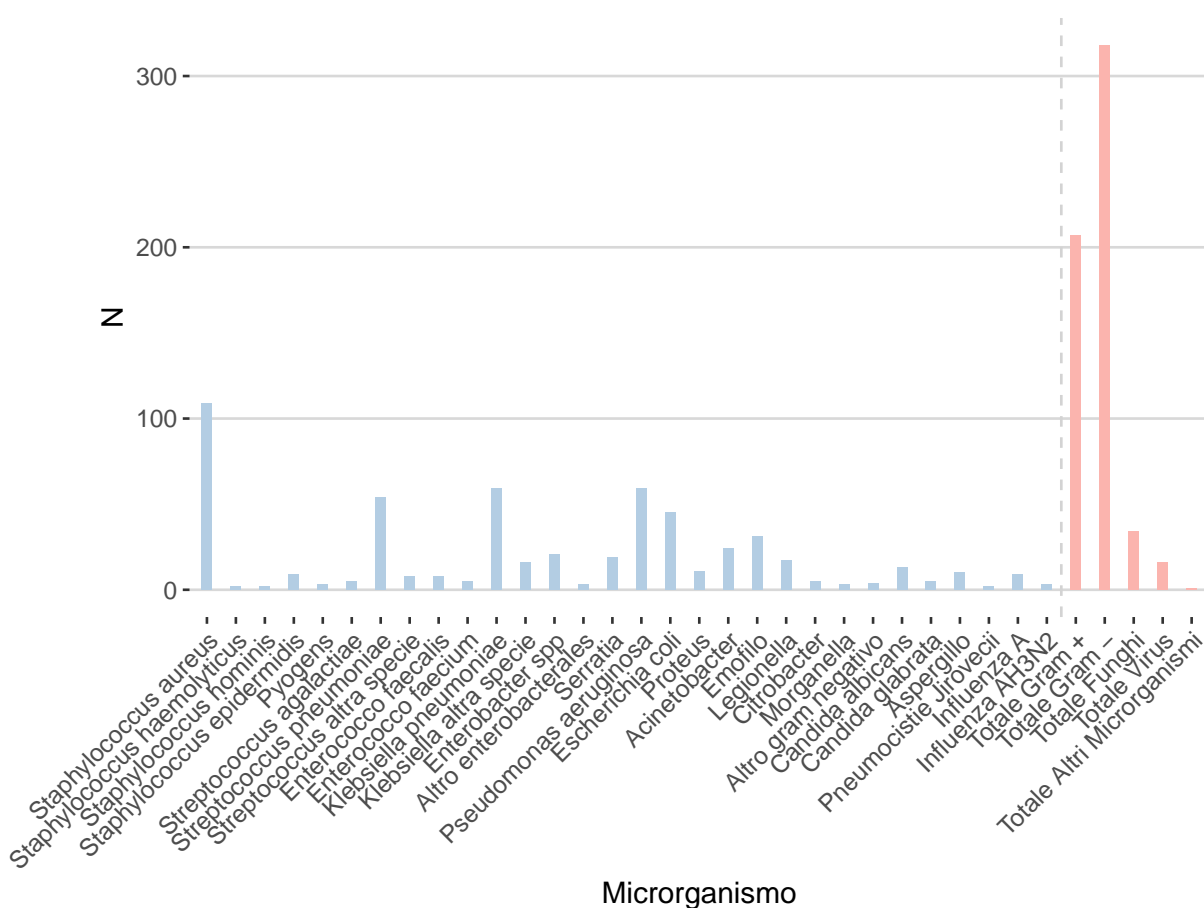
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	183	25.8
Sì	525	74.2
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>712</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>722</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	109	20.8	94	27	28.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.4	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	1.7	0	0	0
Pyogens	3	0.6	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 712)

Streptococcus agalactiae	5	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	54	10.3	48	3	6.2
Streptococcus altra specie	8	1.5	7	0	0
Enterococco faecalis	8	1.5	7	0	0
Enterococco faecium	5	1.0	5	2	40
Enterococco altra specie	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>207</b>	<b>39.4</b>	<b>164</b>	<b>34</b>	<b>20.7</b>
Klebsiella pneumoniae	59	11.2	46	8	17.4
Klebsiella altra specie	16	3.0	14	0	0
Enterobacter spp	21	4.0	18	0	0
Altro enterobacterales	3	0.6	1	0	0
Serratia	19	3.6	14	1	7.1
Pseudomonas aeruginosa	59	11.2	55	10	18.2
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	45	8.6	35	1	2.9
Proteus	11	2.1	8	0	0
Acinetobacter	24	4.6	20	19	95
Emofilo	31	5.9	0	0	0
Legionella	17	3.2	0	0	0
Citrobacter	5	1.0	5	0	0
Morganella	3	0.6	2	0	0
Altro gram negativo	4	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>318</b>	<b>60.6</b>	<b>219</b>	<b>39</b>	<b>17.8</b>
Candida albicans	13	2.5	0	0	0
Candida glabrata	5	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	10	1.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>34</b>	<b>6.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	9	1.7			
Influenza AH3N2	3	0.6			
Influenza tipo non specificato	2	0.4			
Altro Virus	2	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>16</b>	<b>3.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

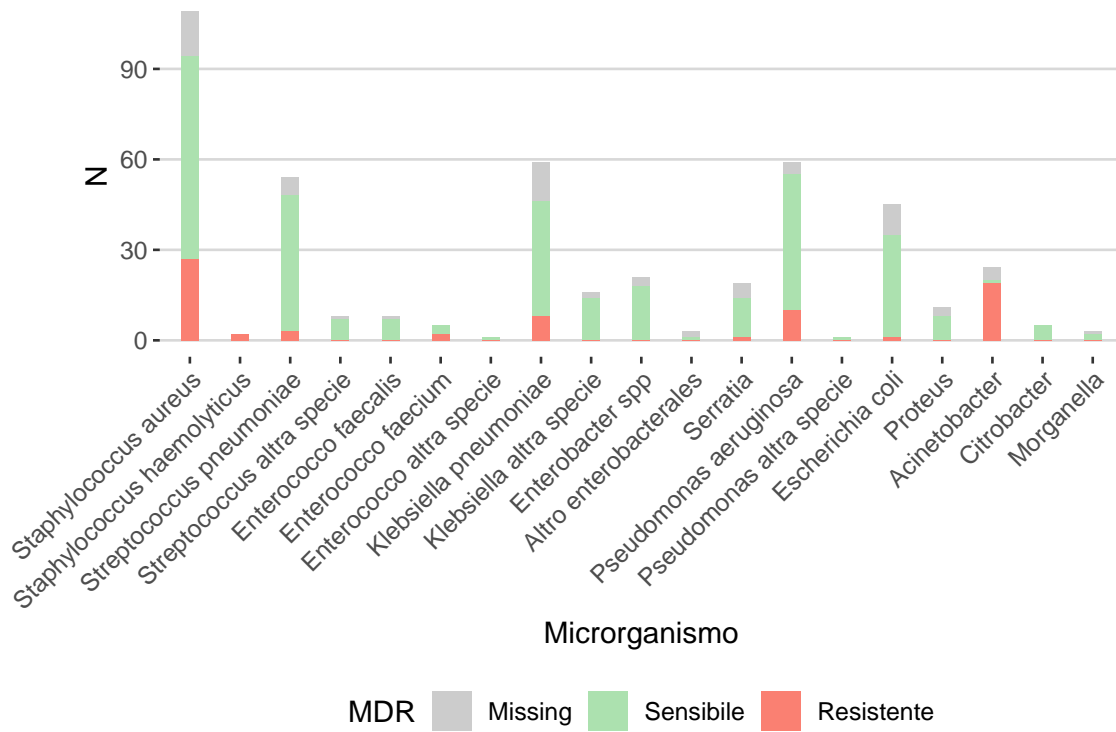


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	109	20.8	94	27	28.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.4	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	1.7	0	0	0
Pyogens	3	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	5	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	54	10.3	48	3	6.2
Streptococcus altra specie	8	1.5	7	0	0
Enterococco faecalis	8	1.5	7	0	0
Enterococco faecium	5	1.0	5	2	40
Enterococco altra specie	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>207</b>	<b>39.4</b>	<b>164</b>	<b>34</b>	<b>20.7</b>
Klebsiella pneumoniae	59	11.2	46	8	17.4
Klebsiella altra specie	16	3.0	14	0	0
Enterobacter spp	21	4.0	18	0	0
Altro enterobacterales	3	0.6	1	0	0
Serratia	19	3.6	14	1	7.1
Pseudomonas aeruginosa	59	11.2	55	10	18.2
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	45	8.6	35	1	2.9
Proteus	11	2.1	8	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 712)

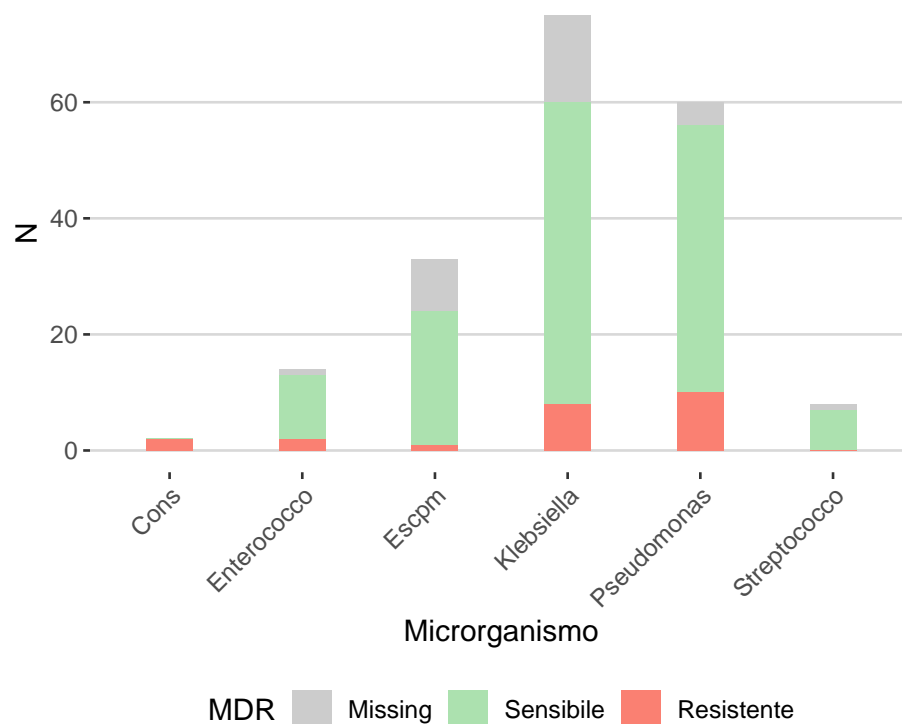
Acinetobacter	24	4.6	20	19	95
Emofilo	31	5.9	0	0	0
Legionella	17	3.2	0	0	0
Citrobacter	5	1.0	5	0	0
Morganella	3	0.6	2	0	0
Altro gram negativo	4	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>318</b>	<b>60.6</b>	<b>219</b>	<b>39</b>	<b>17.8</b>
Candida albicans	13	2.5	0	0	0
Candida glabrata	5	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	10	1.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>34</b>	<b>6.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	9	1.7			
Influenza AH3N2	3	0.6			
Influenza tipo non specificato	2	0.4			
Altro Virus	2	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>16</b>	<b>3.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Mycobacterium tuberculosis, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	0	2	100.00	0
Enterococco	14	13	11	2	15.38	1
Escpm	33	24	23	1	4.17	9
Klebsiella	75	60	52	8	13.33	15
Pseudomonas	60	56	46	10	17.86	4
Streptococco	8	7	7	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	%
---------------	---	------------	--------------	---



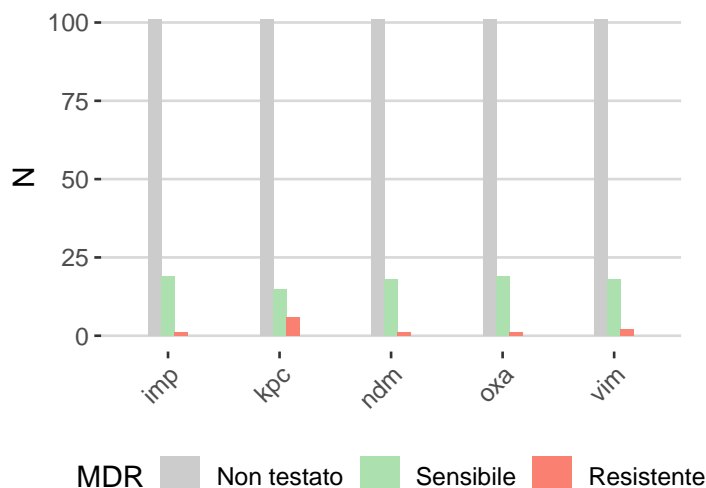
Klebsiella pneumoniae	46	Ertapenem	5	10.87
Klebsiella pneumoniae	46	Meropenem	8	17.39
Escherichia coli	35	Ertapenem	1	2.86
Escherichia coli	35	Meropenem	1	2.86
Serratia	14	Ertapenem	1	7.14
Acinetobacter	20	Imipenem	14	70.00
Acinetobacter	20	Meropenem	19	95.00
Pseudomonas aeruginosa	55	Imipenem	10	18.18
Pseudomonas aeruginosa	55	Meropenem	9	16.36
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	94	Meticillina	27	28.72
Streptococcus pneumoniae	48	Penicillina	3	6.25
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	40.00

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

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

	N	%
Si	7	5.74
No	14	11.48
Non testato	101	82.79
Missing	60	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	9.1	19	101
kpc	6	54.5	15	101
ndm	1	9.1	18	101
oxa	1	9.1	19	101
vim	2	18.2	18	101



### 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.

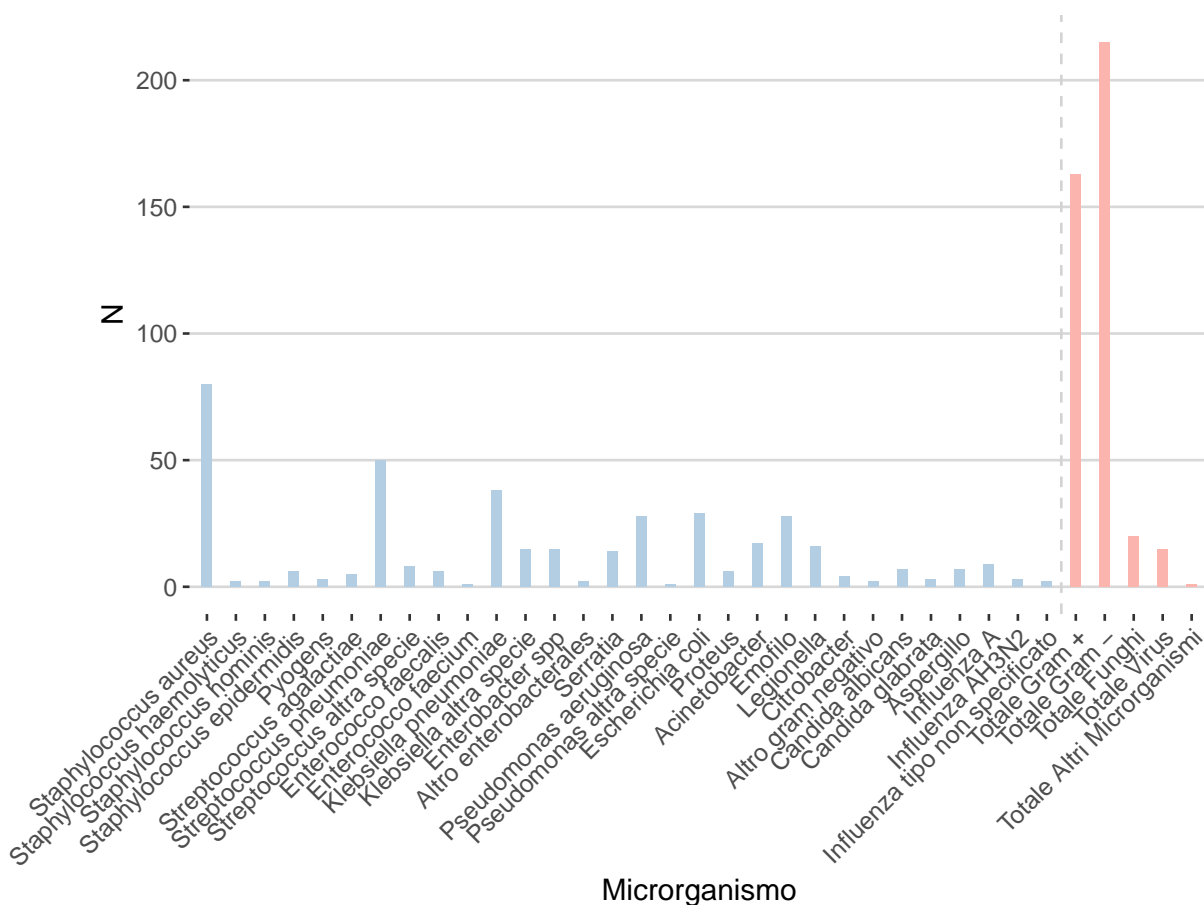
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	139	25.4
Sì	409	74.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>548</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>554</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	80	19.6	68	16	23.5
Staphylococcus haemolyticus	2	0.5	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	1.5	0	0	0
Pyogens	3	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	5	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	50	12.2	45	2	4.4
Streptococcus altra specie	8	2.0	7	0	0
Enterococco faecalis	6	1.5	5	0	0
Enterococco faecium	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>163</b>	<b>39.9</b>	<b>128</b>	<b>20</b>	<b>15.6</b>
Klebsiella pneumoniae	38	9.3	30	3	10
Klebsiella altra specie	15	3.7	13	0	0
Enterobacter spp	15	3.7	13	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 712)

Altro enterobacterales	2	0.5	1	0	0
Serratia	14	3.4	12	1	8.3
Pseudomonas aeruginosa	28	6.8	25	4	16
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	29	7.1	20	1	5
Proteus	6	1.5	3	0	0
Acinetobacter	17	4.2	13	13	100
Emofilo	28	6.8	0	0	0
Legionella	16	3.9	0	0	0
Citrobacter	4	1.0	4	0	0
Altro gram negativo	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>215</b>	<b>52.6</b>	<b>135</b>	<b>22</b>	<b>16.3</b>
Candida albicans	7	1.7	0	0	0
Candida glabrata	3	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	7	1.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>4.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	9	2.2			
Influenza AH3N2	3	0.7			
Influenza tipo non specificato	2	0.5			
Altro Virus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>15</b>	<b>3.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

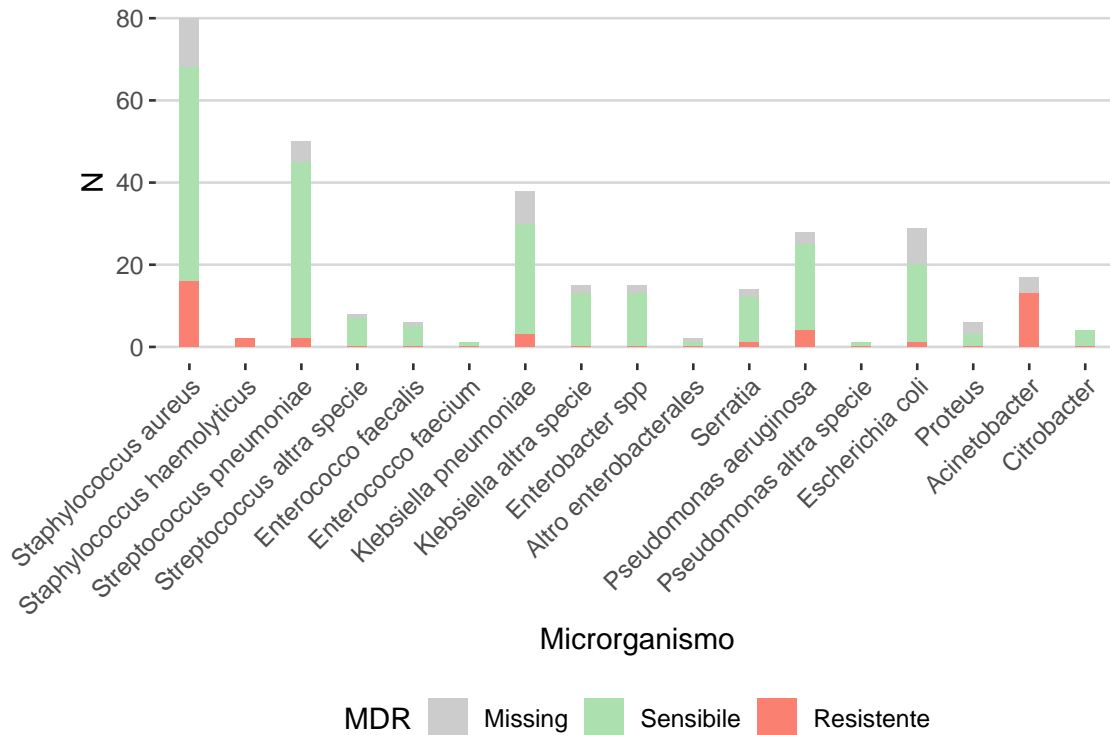


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	80	19.6	68	16	23.5
Staphylococcus haemolyticus	2	0.5	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	1.5	0	0	0
Pyogens	3	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	5	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	50	12.2	45	2	4.4
Streptococcus altra specie	8	2.0	7	0	0
Enterococco faecalis	6	1.5	5	0	0
Enterococco faecium	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>163</b>	<b>39.9</b>	<b>128</b>	<b>20</b>	<b>15.6</b>
Klebsiella pneumoniae	38	9.3	30	3	10
Klebsiella altra specie	15	3.7	13	0	0
Enterobacter spp	15	3.7	13	0	0
Altro enterobacterales	2	0.5	1	0	0
Serratia	14	3.4	12	1	8.3
Pseudomonas aeruginosa	28	6.8	25	4	16
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	29	7.1	20	1	5
Proteus	6	1.5	3	0	0
Acinetobacter	17	4.2	13	13	100
Emofilo	28	6.8	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 712)

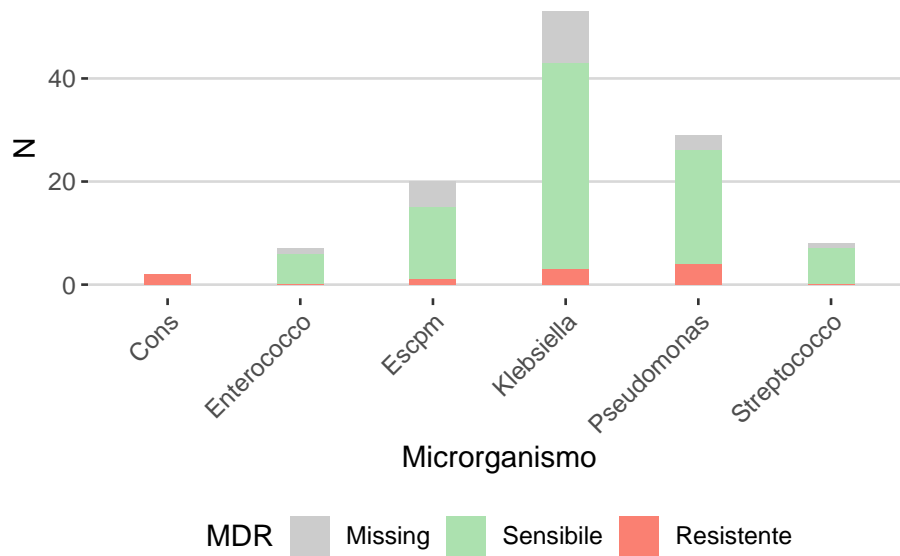
Legionella	16	3.9	0	0	0
Citrobacter	4	1.0	4	0	0
Altro gram negativo	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>215</b>	<b>52.6</b>	<b>135</b>	<b>22</b>	<b>16.3</b>
Candida albicans	7	1.7	0	0	0
Candida glabrata	3	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	7	1.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>4.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	9	2.2			
Influenza AH3N2	3	0.7			
Influenza tipo non specificato	2	0.5			
Altro Virus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>15</b>	<b>3.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Morganella, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida tropicalis, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Mycobacterium tuberculosis, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	0	2	100.00	0
Enterococco	7	6	6	0	0.00	1
Escpm	20	15	14	1	6.67	5
Klebsiella	53	43	40	3	6.98	10
Pseudomonas	29	26	22	4	15.38	3
Streptococco	8	7	7	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.

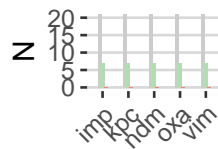
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	30	Ertapenem	3	10.00
Klebsiella pneumoniae	30	Meropenem	3	10.00
Escherichia coli	20	Ertapenem	1	5.00
Escherichia coli	20	Meropenem	1	5.00
Serratia	12	Ertapenem	1	8.33
Acinetobacter	13	Imipenem	9	69.23
Acinetobacter	13	Meropenem	13	100.00
Pseudomonas aeruginosa	25	Imipenem	4	16.00
Pseudomonas aeruginosa	25	Meropenem	3	12.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	68	Meticillina	16	23.53
Streptococcus pneumoniae	45	Penicillina	2	4.44

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	7	25
Non testato	21	75
Missing	19	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	7	21
kpc	0	0	7	21
ndm	0	0	7	21
oxa	0	0	7	21
vim	0	0	7	21

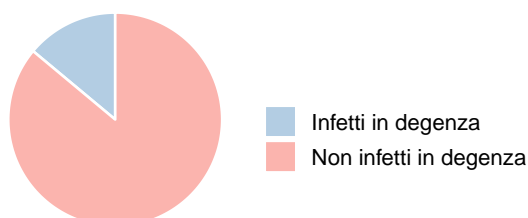


MDR Non testato Sensibile Resistente

## 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.

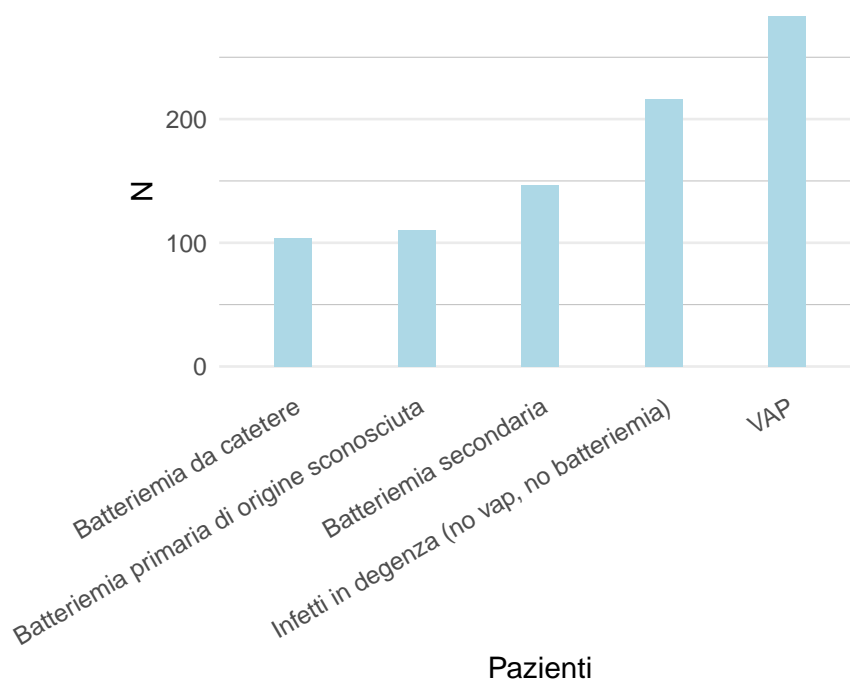
Sono presenti 690 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 13.9% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	690	13.9
Non infetti in degenza	4258	86.1

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 4948).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	216	31.3
VAP	283	41.0

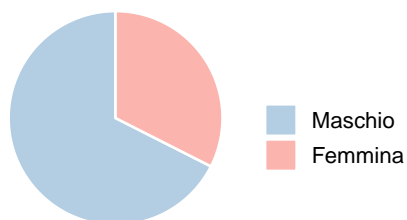


Batteriemia primaria di origine sconosciuta	110	15.9
Batteriemia da catetere	104	15.1
Batteriemia secondaria	147	21.3

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 690)

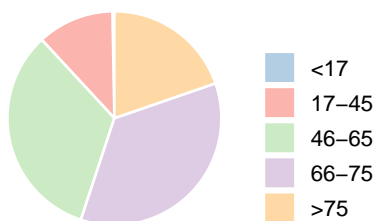
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 690)

### 8.1 Sesso



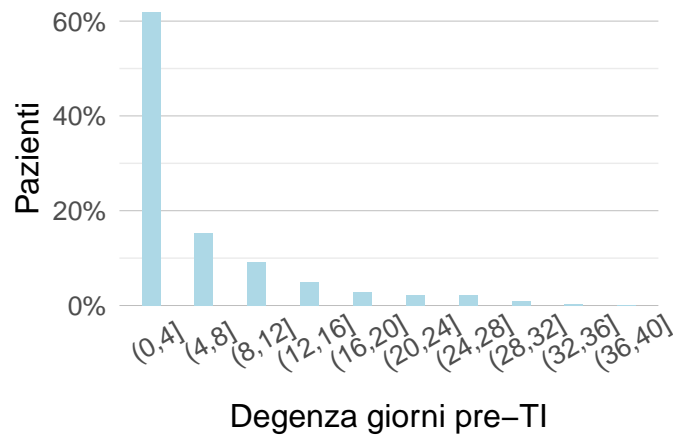
Sesso	N	%
Maschio	466	67.5
Femmina	224	32.5
Missing	0	0

### 8.2 Età



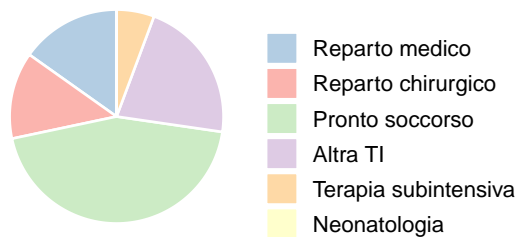
Range età	N	%
<17	2	0.3
17-45	80	11.6
46-65	228	33.0
66-75	244	35.4
>75	136	19.7
Missing	0	0

## 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



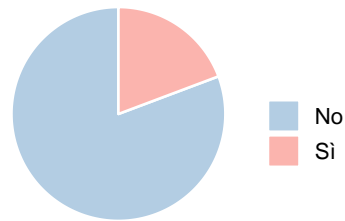
Indicatore	Valore
Media	7.0
DS	16.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-6
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



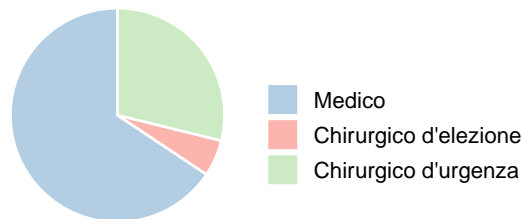
Provenienza	N	%
Reparto medico	104	15.2
Reparto chirurgico	90	13.1
Pronto soccorso	304	44.4
Altra TI	148	21.6
Terapia subintensiva	39	5.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

## 8.5 Trauma



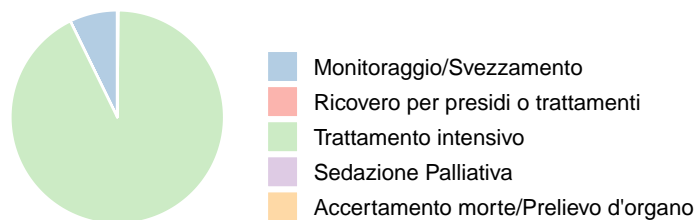
Trauma	N	%
No	557	80.7
Si	133	19.3
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	453	65.7
Chirurgico d'elezione	38	5.5
Chirurgico d'urgenza	199	28.8
Missing	0	0

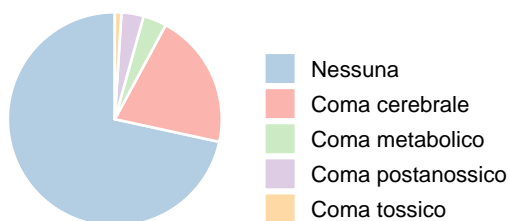
## 8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	50	7.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

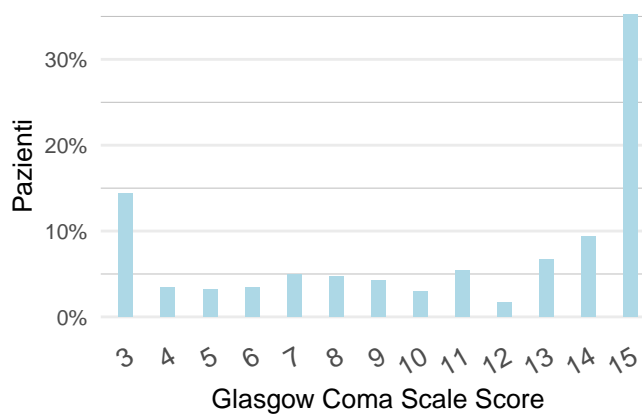
Trattamento intensivo	639	92.6
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



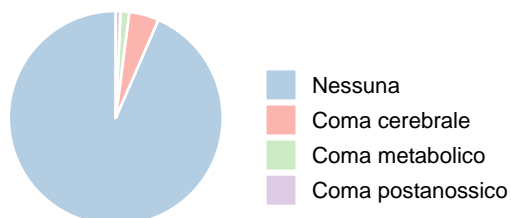
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	363	71.6
Coma cerebrale	104	20.5
Coma metabolico	18	3.6
Coma postanossico	17	3.4
Coma tossico	5	1.0
Missing	183	0

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



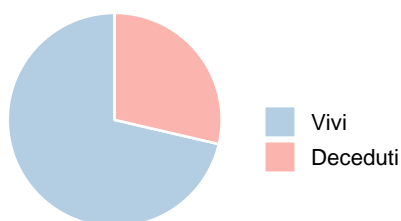
Indicatore	Valore
Media	8.6
DS	4.6
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



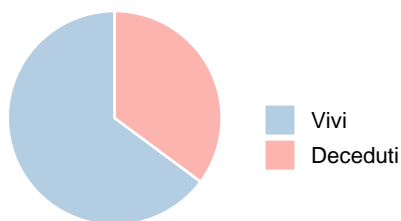
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	645	93.5
Coma cerebrale	31	4.5
Coma metabolico	9	1.3
Coma postanossico	5	0.7
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	491	71.4
Deceduti	197	28.6
Missing	2	0

## 8.12 Mortalità ospedaliera \*

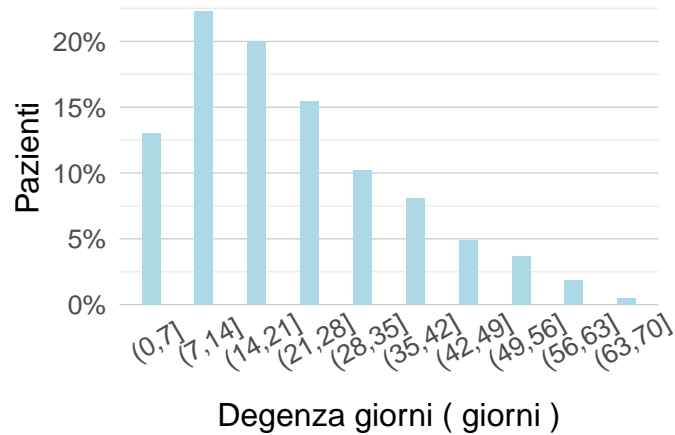


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	430	64.9

Deceduti	233	35.1
Missing	13	0

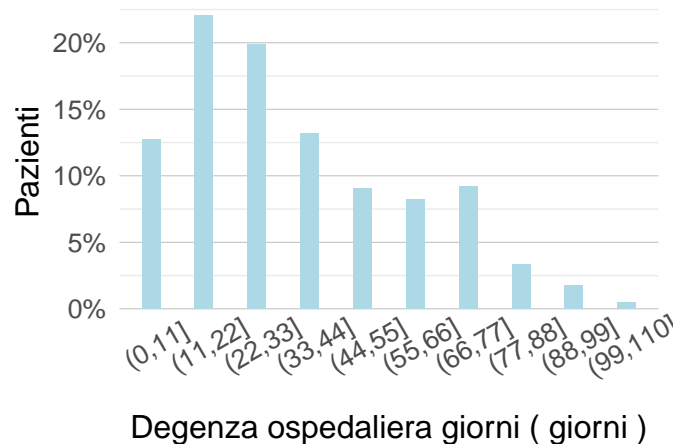
\* Statistiche calcolate su 676 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 14 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.8 (20.9)
Mediana (Q1-Q3)	20 (12-34)
Missing	1

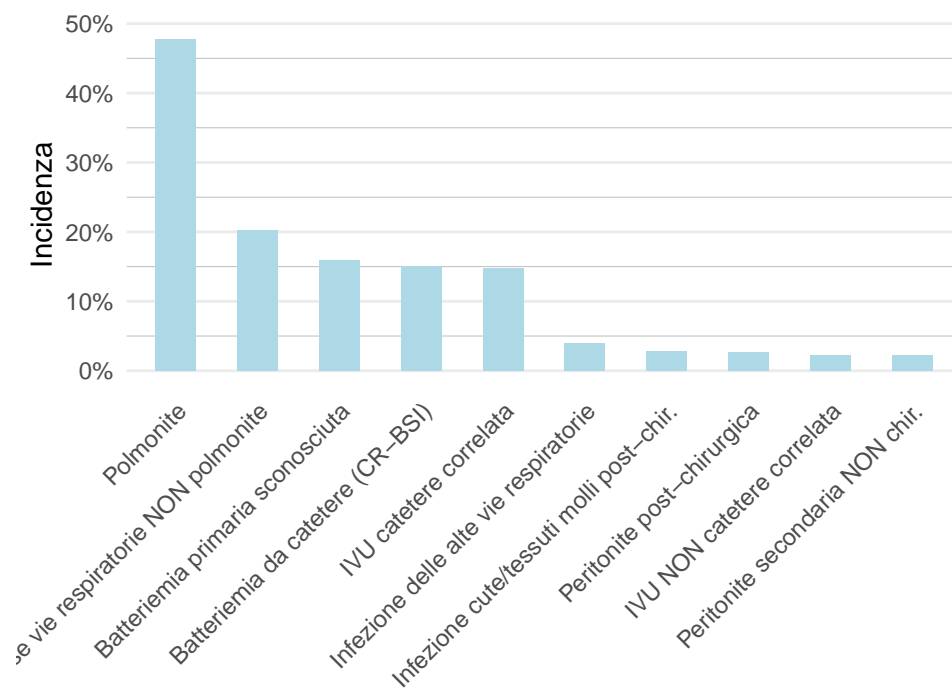
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.5 (32.0)
Mediana (Q1-Q3)	33 (18-57)
Missing	13

\* Statistiche calcolate su 676 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 14 ).

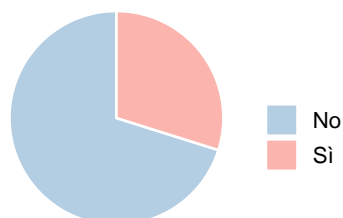
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	330	47.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	140	20.3
Batteriemia primaria sconosciuta	110	15.9
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	104	15.1
IVU catetere correlata	102	14.8
Infezione delle alte vie respiratorie	27	3.9
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	19	2.8
Peritonite post-chirurgica	18	2.6
Peritonite secondaria NON chir.	16	2.3
IVU NON catetere correlata	16	2.3
Missing	0	NA

## 8.16 Infezione multisito



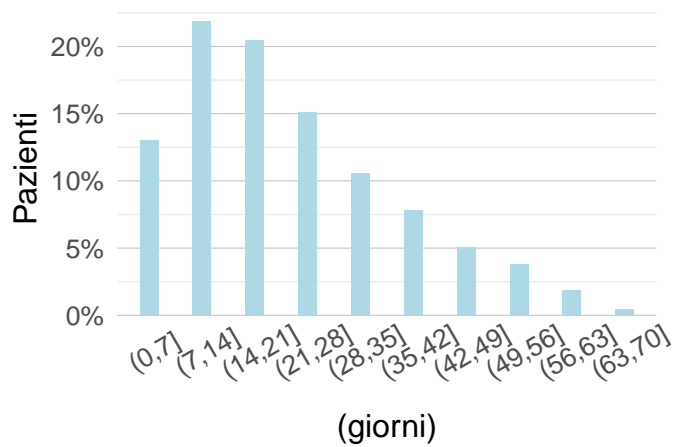
Infezione multisito	N	%
No	484	70.1
Sì	206	29.9
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	947
Numero totale di microrganismi isolati	1196

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	25.9
DS	21.0
Mediana	21
Q1-Q3	12-34
Missing	1



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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	0.0	0.0 %
CI ( 95% )	0.0 - 0.1	0.0 - 0.1

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

Il primo:

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

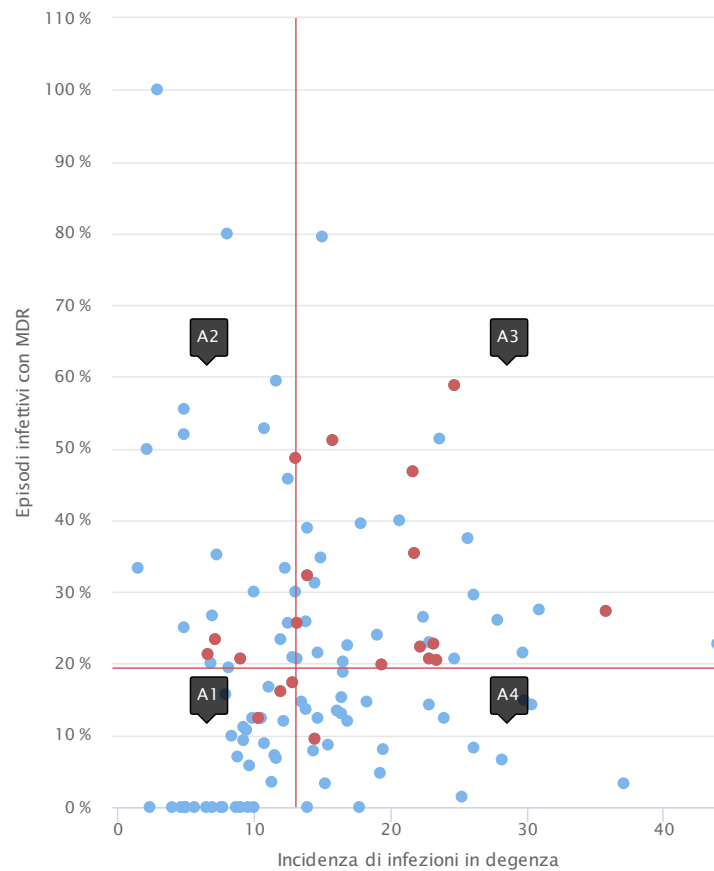
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

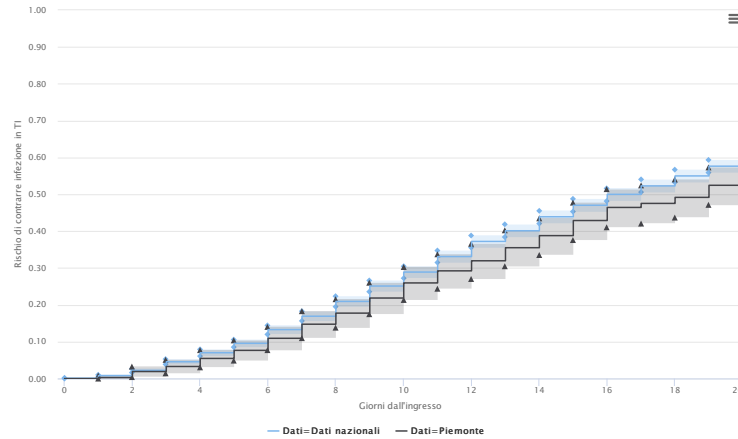
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

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

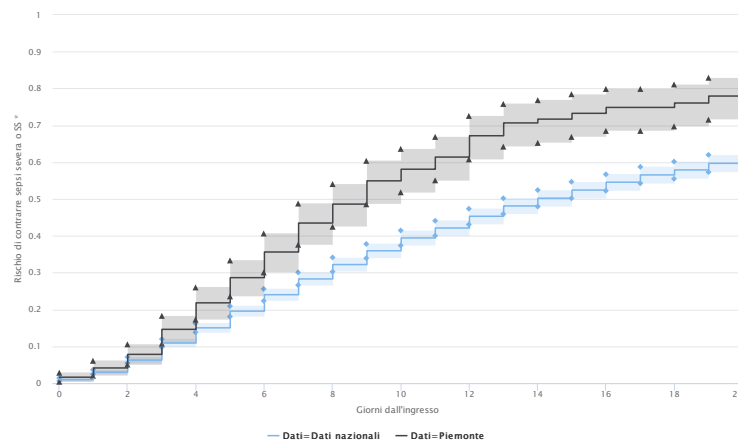


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

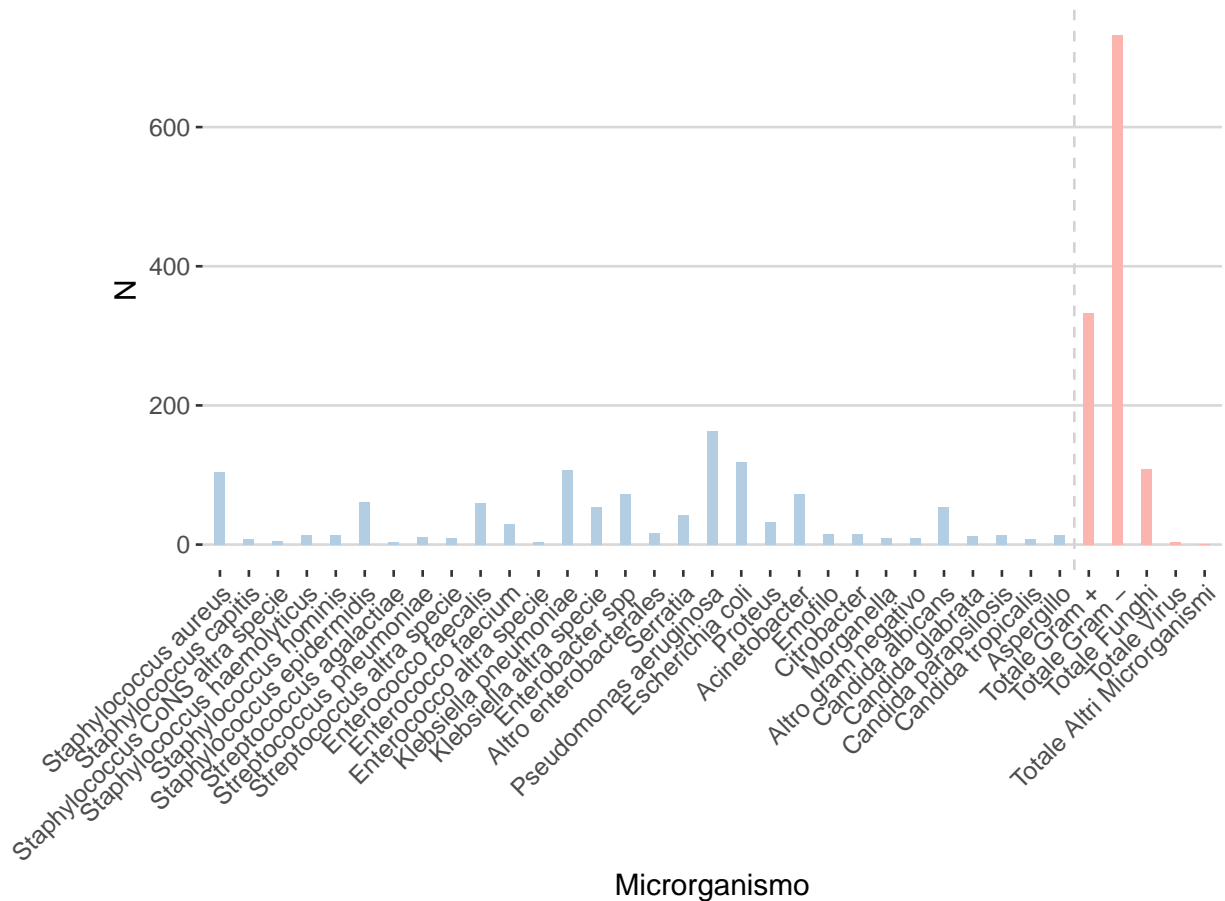
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	60	6.4
Sì	878	93.6
Missing	9	

**Totale infezioni 947**  
**Totale microrganismi isolati 1196**

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	104	11.8	88	23	26.1
Staphylococcus capitis	8	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	1.5	11	8	72.7
Staphylococcus hominis	14	1.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	61	6.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	1.2	8	2	25
Streptococcus altra specie	10	1.1	9	0	0
Enterococco faecalis	60	6.8	52	0	0
Enterococco faecium	30	3.4	27	12	44.4
Enterococco altra specie	4	0.5	4	1	25
Clostridium difficile	4	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>333</b>	<b>37.8</b>	<b>199</b>	<b>46</b>	<b>23.1</b>
Klebsiella pneumoniae	107	12.2	83	17	20.5
Klebsiella altra specie	54	6.1	46	3	6.5
Enterobacter spp	72	8.2	61	3	4.9
Altro enterobacterales	16	1.8	13	0	0
Serratia	42	4.8	33	0	0
Pseudomonas aeruginosa	163	18.5	146	42	28.8
Pseudomonas altra specie	4	0.5	4	2	50
Escherichia coli	118	13.4	105	2	1.9
Proteus	33	3.8	31	1	3.2
Acinetobacter	72	8.2	56	52	92.9
Emofilo	15	1.7	0	0	0
Citrobacter	15	1.7	13	1	7.7
Morganella	10	1.1	9	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	9	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>732</b>	<b>83.2</b>	<b>600</b>	<b>123</b>	<b>20.5</b>
Candida albicans	54	6.1	0	0	0
Candida glabrata	12	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	14	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	8	0.9	0	0	0
Candida altra specie	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	13	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>109</b>	<b>12.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

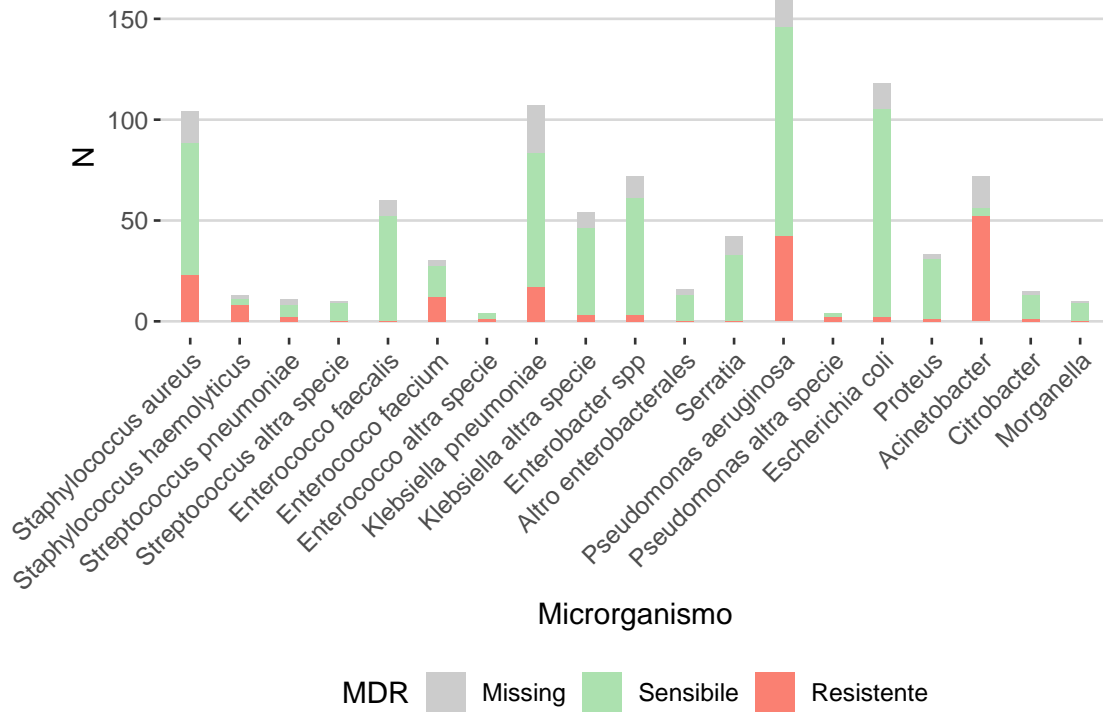
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	2	0.2			
Altro Virus	1	0.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	104	11.8	88	23	26.1
Staphylococcus capitis	8	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	1.5	11	8	72.7
Staphylococcus hominis	14	1.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	61	6.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	1.2	8	2	25
Streptococcus altra specie	10	1.1	9	0	0
Enterococco faecalis	60	6.8	52	0	0
Enterococco faecium	30	3.4	27	12	44.4
Enterococco altra specie	4	0.5	4	1	25
Clostridium difficile	4	0.5	0	0	0

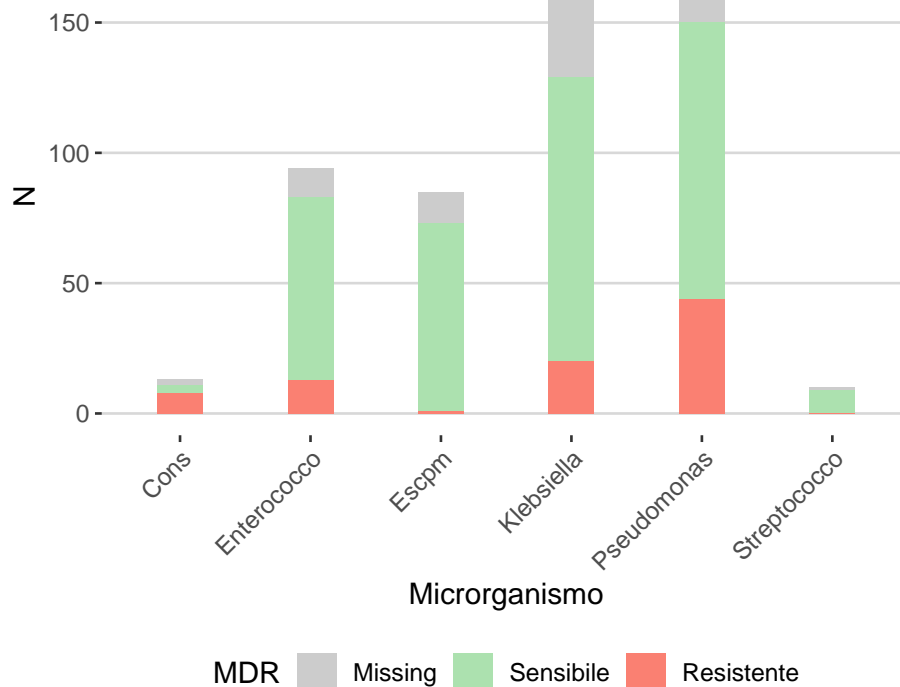
Clostridium altra specie	3	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>333</b>	<b>37.8</b>	<b>199</b>	<b>46</b>	<b>23.1</b>
Klebsiella pneumoniae	107	12.2	83	17	20.5
Klebsiella altra specie	54	6.1	46	3	6.5
Enterobacter spp	72	8.2	61	3	4.9
Altro enterobacterales	16	1.8	13	0	0
Serratia	42	4.8	33	0	0
Pseudomonas aeruginosa	163	18.5	146	42	28.8
Pseudomonas altra specie	4	0.5	4	2	50
Escherichia coli	118	13.4	105	2	1.9
Proteus	33	3.8	31	1	3.2
Acinetobacter	72	8.2	56	52	92.9
Emofilo	15	1.7	0	0	0
Citrobacter	15	1.7	13	1	7.7
Morganella	10	1.1	9	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	9	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>732</b>	<b>83.2</b>	<b>600</b>	<b>123</b>	<b>20.5</b>
Candida albicans	54	6.1	0	0	0
Candida glabrata	12	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	14	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	8	0.9	0	0	0
Candida altra specie	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	13	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>109</b>	<b>12.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	2	0.2			
Altro Virus	1	0.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

## 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	13	11	3	8	72.73	2
Enterococco	94	83	70	13	15.66	11
Escpm	85	73	72	1	1.37	12
Klebsiella	161	129	109	20	15.50	32
Pseudomonas	167	150	106	44	29.33	17
Streptococco	10	9	9	0	0.00	1

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



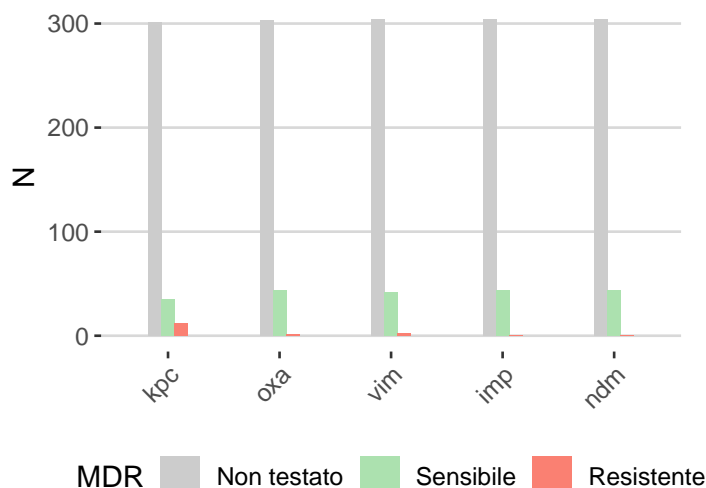
Klebsiella pneumoniae	83	Ertapenem	17	20.48
Klebsiella pneumoniae	83	Meropenem	14	16.87
Klebsiella altra specie	46	Ertapenem	3	6.52
Klebsiella altra specie	46	Meropenem	2	4.35
Citrobacter	13	Ertapenem	1	7.69
Enterobacter spp	59	Ertapenem	3	5.08
Enterobacter spp	61	Meropenem	2	3.28
Escherichia coli	105	Ertapenem	2	1.90
Escherichia coli	105	Meropenem	1	0.95
Proteus	30	Ertapenem	1	3.33
Proteus	31	Meropenem	1	3.23
Acinetobacter	56	Imipenem	33	58.93
Acinetobacter	56	Meropenem	52	92.86
Pseudomonas aeruginosa	146	Imipenem	41	28.08
Pseudomonas aeruginosa	145	Meropenem	31	21.38
Pseudomonas altra specie	4	Imipenem	2	50.00
Staphylococcus haemolyticus	11	Meticillina	8	72.73
Staphylococcus aureus	88	Meticillina	23	26.14
Streptococcus pneumoniae	8	Penicillina	2	25.00
Enterococco faecium	27	Vancomicina	12	44.44
Enterococco altra specie	4	Vancomicina	1	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	%
Sì	13	3.86
No	30	8.9
Non testato	294	87.24
Missing	177	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	44	304
kpc	12	80.0	35	301
ndm	0	0.0	44	304
oxa	1	6.7	44	303
vim	2	13.3	42	304



## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 324)

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

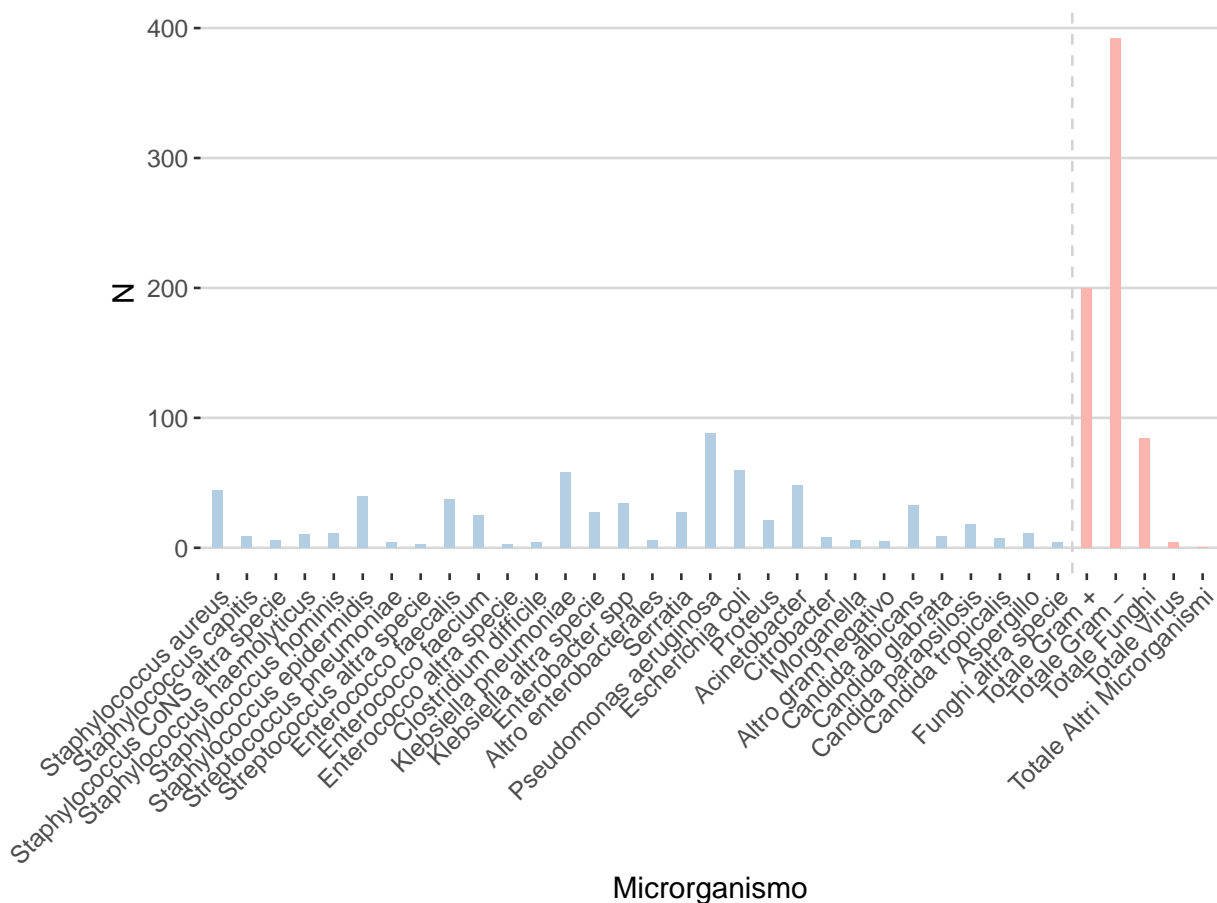
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	95	11.0
Sì	769	89.0
Missing	5	
<b>Totale infezioni</b>	<b>869</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1042</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	44	10.1	38	12	31.6
Staphylococcus capitis	9	2.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	2.3	8	7	87.5
Staphylococcus hominis	11	2.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	40	9.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	0.9	3	1	33.3
Streptococcus altra specie	3	0.7	3	0	0
Enterococco faecalis	37	8.5	31	2	6.5
Enterococco faecium	25	5.7	21	10	47.6
Enterococco altra specie	3	0.7	3	0	0

Clostridium difficile	4	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>200</b>	<b>45.9</b>	<b>107</b>	<b>32</b>	<b>29.9</b>
Klebsiella pneumoniae	58	13.3	48	13	27.1
Klebsiella altra specie	27	6.2	24	1	4.2
Enterobacter spp	34	7.8	30	1	3.3
Altro enterobacterales	6	1.4	5	0	0
Serratia	27	6.2	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	88	20.2	83	27	32.5
Pseudomonas altra specie	2	0.5	2	1	50
Escherichia coli	60	13.8	55	1	1.8
Proteus	21	4.8	19	1	5.3
Acinetobacter	48	11.0	40	39	97.5
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	8	1.8	8	2	25
Morganella	6	1.4	6	0	0
Altro gram negativo	5	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>392</b>	<b>89.9</b>	<b>340</b>	<b>86</b>	<b>25.3</b>
Candida albicans	33	7.6	0	0	0
Candida glabrata	9	2.1	0	0	0
Candida parapsilosis	18	4.1	0	0	0
Candida tropicalis	7	1.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	11	2.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>84</b>	<b>19.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	0.7			
Altro Virus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

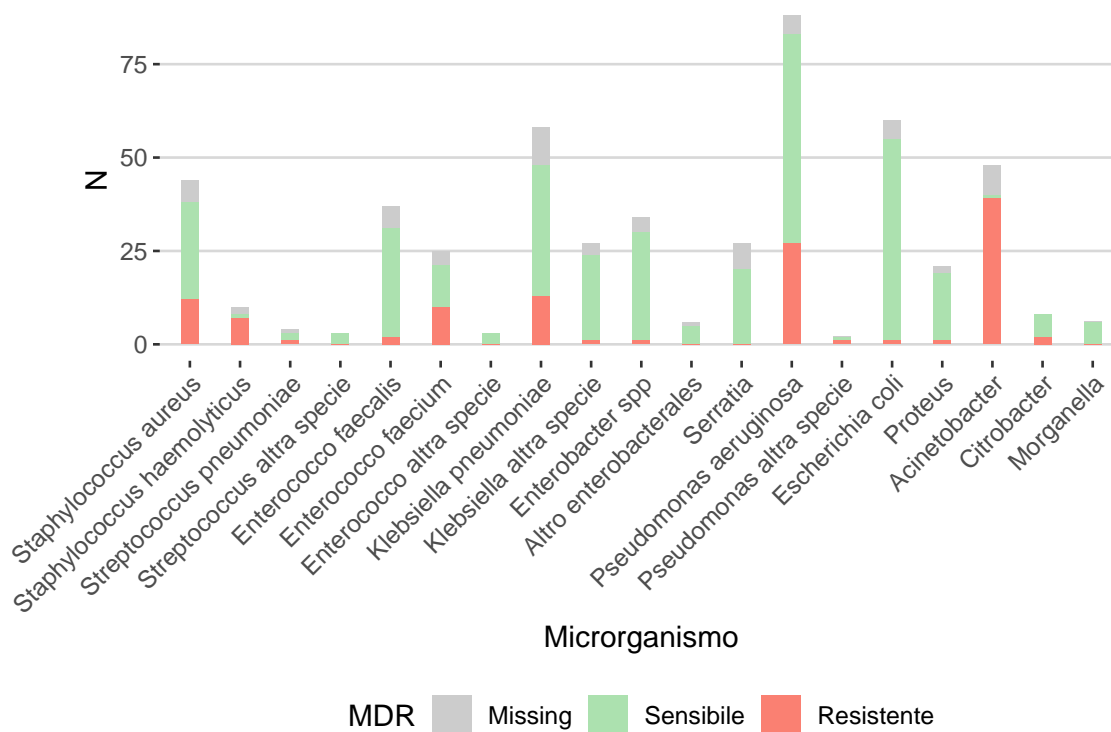


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	44	10.1	38	12	31.6
Staphylococcus capitis	9	2.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	2.3	8	7	87.5
Staphylococcus hominis	11	2.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	40	9.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	0.9	3	1	33.3
Streptococcus altra specie	3	0.7	3	0	0
Enterococcus faecalis	37	8.5	31	2	6.5
Enterococcus faecium	25	5.7	21	10	47.6
Enterococcus altra specie	3	0.7	3	0	0
Clostridium difficile	4	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>200</b>	<b>45.9</b>	<b>107</b>	<b>32</b>	<b>29.9</b>
Klebsiella pneumoniae	58	13.3	48	13	27.1
Klebsiella altra specie	27	6.2	24	1	4.2
Enterobacter spp	34	7.8	30	1	3.3
Altro enterobacterales	6	1.4	5	0	0
Serratia	27	6.2	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	88	20.2	83	27	32.5
Pseudomonas altra specie	2	0.5	2	1	50

9 PAZIENTI INFETTI SIA ALL'AMMISSIONE CHE IN DEGENZA (N = 324)

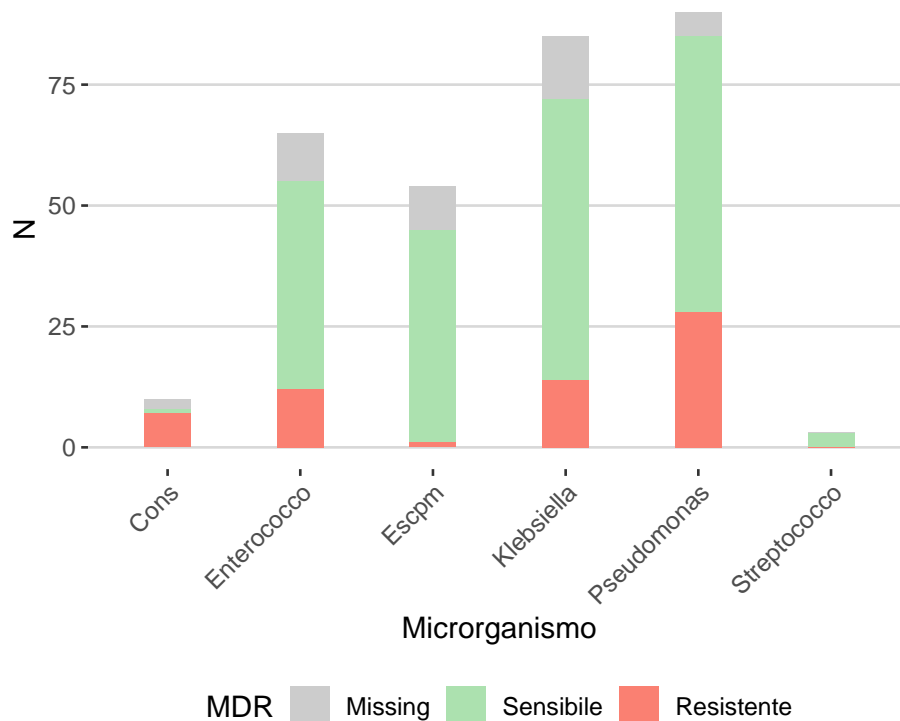
Escherichia coli	60	13.8	55	1	1.8
Proteus	21	4.8	19	1	5.3
Acinetobacter	48	11.0	40	39	97.5
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	8	1.8	8	2	25
Morganella	6	1.4	6	0	0
Altro gram negativo	5	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>392</b>	<b>89.9</b>	<b>340</b>	<b>86</b>	<b>25.3</b>
Candida albicans	33	7.6	0	0	0
Candida glabrata	9	2.1	0	0	0
Candida parapsilosis	18	4.1	0	0	0
Candida tropicalis	7	1.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	11	2.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>84</b>	<b>19.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	0.7			
Altro Virus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Pyogens, Clamidia, Legionella, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, 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	10	8	1	7	87.50	2
Enterococco	65	55	43	12	21.82	10
Escpm	54	45	44	1	2.22	9
Klebsiella	85	72	58	14	19.44	13
Pseudomonas	90	85	57	28	32.94	5
Streptococco	3	3	3	0	0.00	0

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	75	Ertapenem	18	24.00
Klebsiella pneumoniae	75	Meropenem	21	28.00
Klebsiella altra specie	30	Ertapenem	1	3.33
Citrobacter	9	Ertapenem	2	22.22
Citrobacter	8	Meropenem	2	25.00
Enterobacter spp	39	Ertapenem	1	2.56
Escherichia coli	93	Ertapenem	3	3.23
Escherichia coli	93	Meropenem	3	3.23
Proteus	23	Ertapenem	1	4.35
Proteus	24	Meropenem	1	4.17
Acinetobacter	47	Imipenem	28	59.57
Acinetobacter	47	Meropenem	46	97.87
Pseudomonas aeruginosa	104	Imipenem	29	27.88
Pseudomonas aeruginosa	104	Meropenem	26	25.00
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	12	Meticillina	9	75.00
Staphylococcus aureus	72	Meticillina	21	29.17
Streptococcus pneumoniae	11	Penicillina	1	9.09
Enterococco faecalis	40	Vancomicina	2	5.00
Enterococco faecium	25	Vancomicina	12	48.00

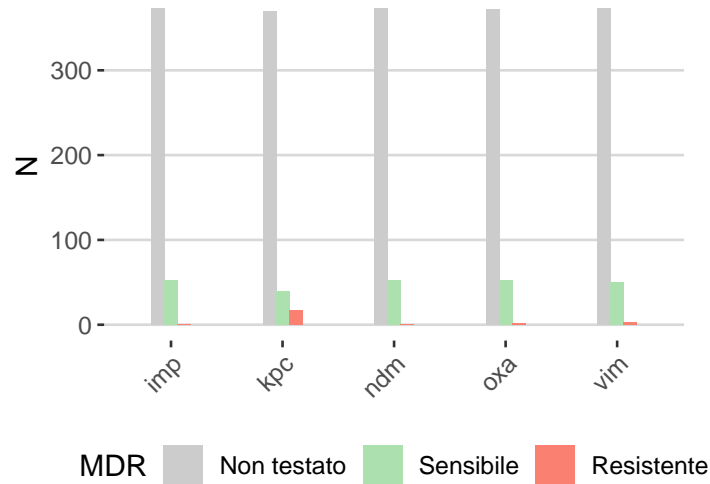
### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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	18	4.39
No	32	7.8
Non testato	360	87.8
Missing	200	

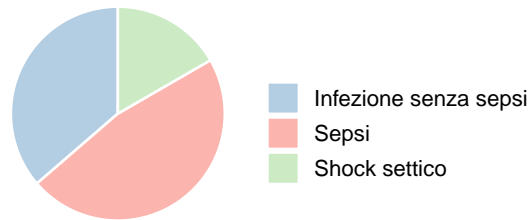
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	4.2	52	373
kpc	17	70.8	39	370
ndm	1	4.2	52	373
oxa	2	8.3	52	372
vim	3	12.5	50	373





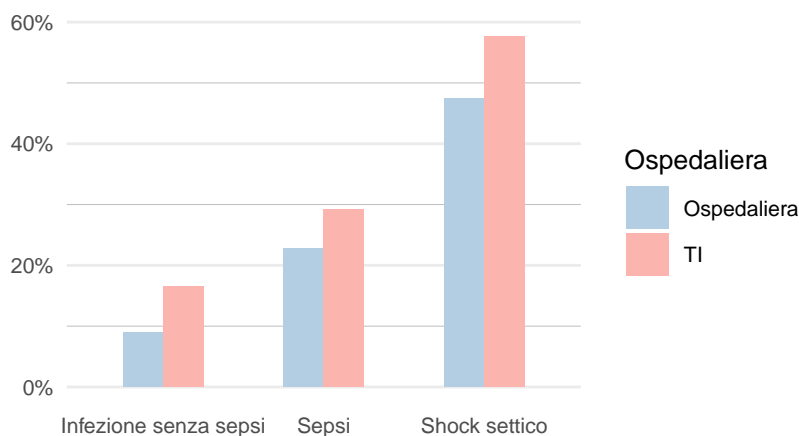
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 366)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	133	36.3
Sepsis	172	47.0
Shock settico	61	16.7
Missing	0	0

## 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	9.0	16.5
Sepsi	22.8	29.2
Shock settico	47.5	57.6

## 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

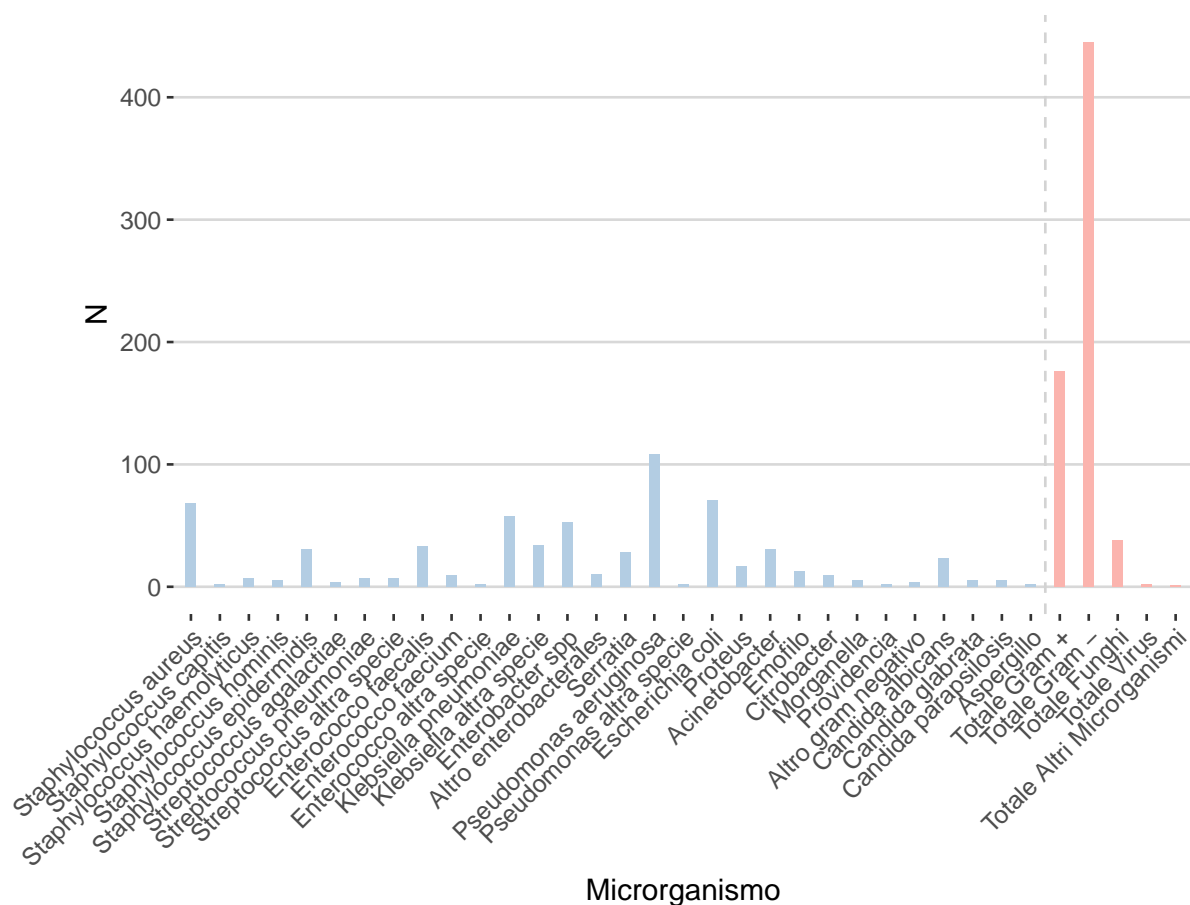
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	37	7.2
Sì	480	92.8
Missing	6	
<b>Totale infezioni</b>	<b>523</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>668</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	68	15.3	58	12	20.7
Staphylococcus capitis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.6	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	5	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	31	7.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	1.6	5	1	20
Streptococcus altra specie	7	1.6	6	0	0
Enterococco faecalis	33	7.4	30	0	0

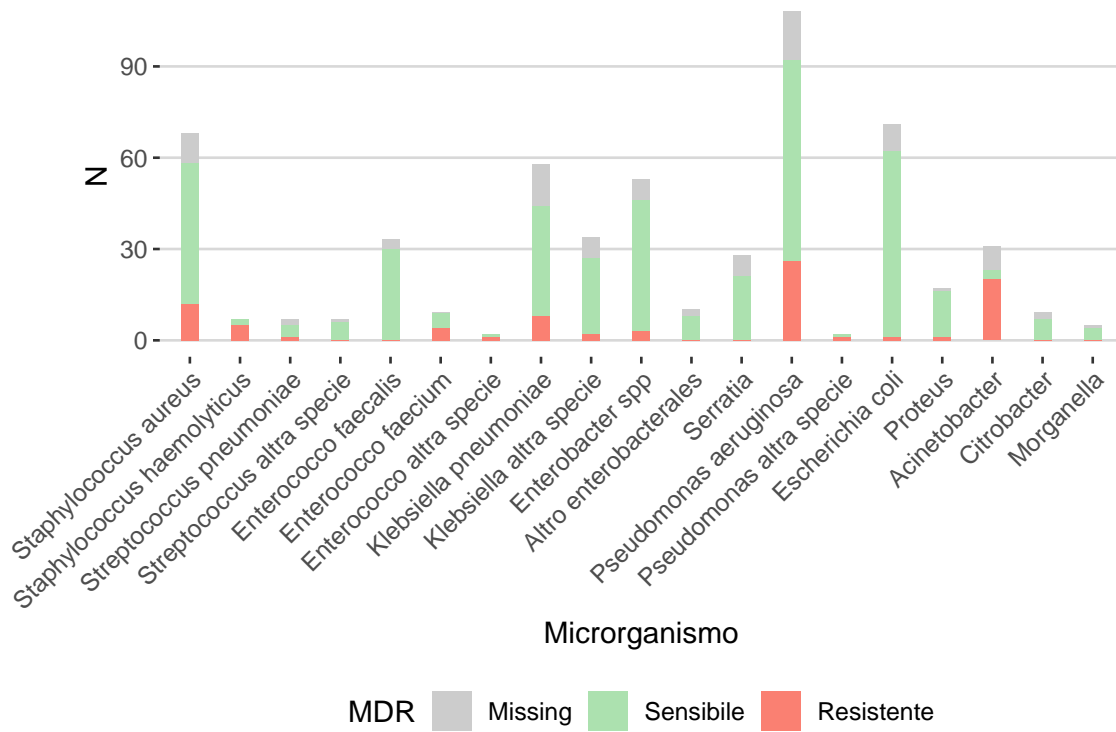
Enterococco faecium	9	2.0	9	4	44.4
Enterococco altra specie	2	0.5	2	1	50
Clostridium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>176</b>	<b>39.6</b>	<b>117</b>	<b>23</b>	<b>19.7</b>
Klebsiella pneumoniae	58	13.1	44	8	18.2
Klebsiella altra specie	34	7.7	27	2	7.4
Enterobacter spp	53	11.9	46	3	6.5
Altro enterobacterales	10	2.3	8	0	0
Serratia	28	6.3	21	0	0
Pseudomonas aeruginosa	108	24.3	92	26	28.3
Pseudomonas altra specie	2	0.5	2	1	50
Escherichia coli	71	16.0	62	1	1.6
Proteus	17	3.8	16	1	6.2
Acinetobacter	31	7.0	23	20	87
Emofilo	13	2.9	0	0	0
Citrobacter	9	2.0	7	0	0
Morganella	5	1.1	4	0	0
Providencia	2	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>445</b>	<b>100.2</b>	<b>352</b>	<b>62</b>	<b>17.6</b>
Candida albicans	23	5.2	0	0	0
Candida glabrata	5	1.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>38</b>	<b>8.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	68	15.3	58	12	20.7
Staphylococcus capitis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.6	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	5	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	31	7.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	1.6	5	1	20
Streptococcus altra specie	7	1.6	6	0	0
Enterococco faecalis	33	7.4	30	0	0
Enterococco faecium	9	2.0	9	4	44.4
Enterococco altra specie	2	0.5	2	1	50
Clostridium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>176</b>	<b>39.6</b>	<b>117</b>	<b>23</b>	<b>19.7</b>
Klebsiella pneumoniae	58	13.1	44	8	18.2
Klebsiella altra specie	34	7.7	27	2	7.4
Enterobacter spp	53	11.9	46	3	6.5
Altro enterobacterales	10	2.3	8	0	0
Serratia	28	6.3	21	0	0
Pseudomonas aeruginosa	108	24.3	92	26	28.3
Pseudomonas altra specie	2	0.5	2	1	50
Escherichia coli	71	16.0	62	1	1.6
Proteus	17	3.8	16	1	6.2

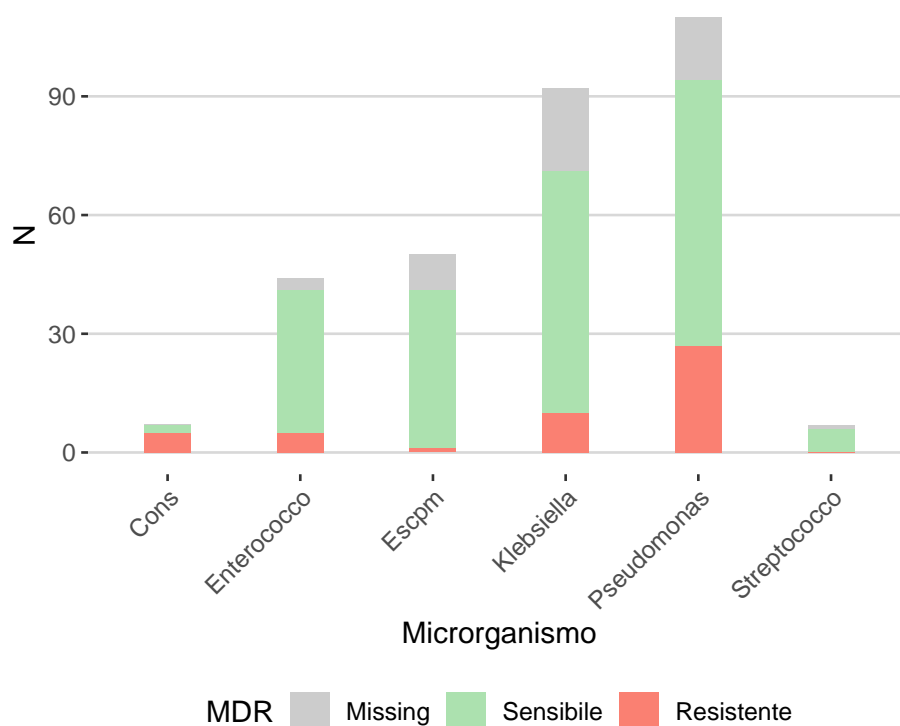
Acinetobacter	31	7.0	23	20	87
Emofilo	13	2.9	0	0	0
Citrobacter	9	2.0	7	0	0
Morganella	5	1.1	4	0	0
Providencia	2	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>445</b>	<b>100.2</b>	<b>352</b>	<b>62</b>	<b>17.6</b>
Candida albicans	23	5.2	0	0	0
Candida glabrata	5	1.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>38</b>	<b>8.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

## 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	7	7	2	5	71.43	0
Enterococco	44	41	36	5	12.20	3
Escpm	50	41	40	1	2.44	9
Klebsiella	92	71	61	10	14.08	21
Pseudomonas	110	94	67	27	28.72	16
Streptococco	7	6	6	0	0.00	1

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

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

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

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

Klebsiella pneumoniae	44	Ertapenem	7	15.91
Klebsiella pneumoniae	44	Meropenem	5	11.36
Klebsiella altra specie	27	Ertapenem	2	7.41
Klebsiella altra specie	27	Meropenem	2	7.41
Enterobacter spp	44	Ertapenem	3	6.82
Enterobacter spp	46	Meropenem	2	4.35
Escherichia coli	62	Ertapenem	1	1.61
Proteus	16	Ertapenem	1	6.25
Acinetobacter	23	Imipenem	12	52.17
Acinetobacter	23	Meropenem	20	86.96
Pseudomonas aeruginosa	92	Imipenem	25	27.17
Pseudomonas aeruginosa	91	Meropenem	18	19.78
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	58	Meticillina	12	20.69
Streptococcus pneumoniae	5	Penicillina	1	20.00
Enterococco faecium	9	Vancomicina	4	44.44
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

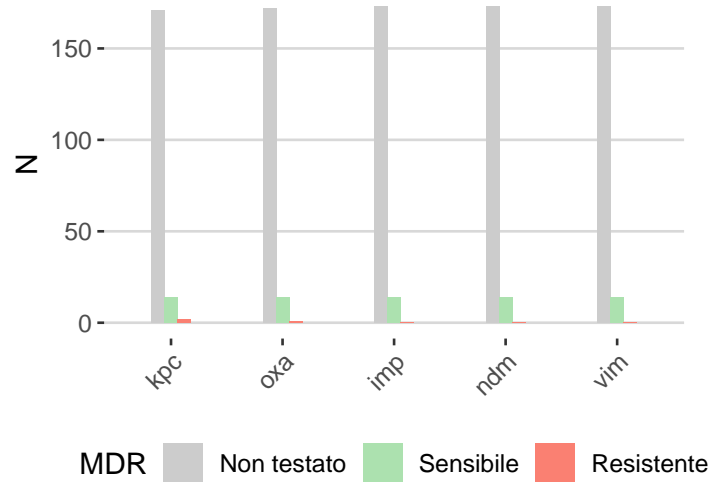
### 10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

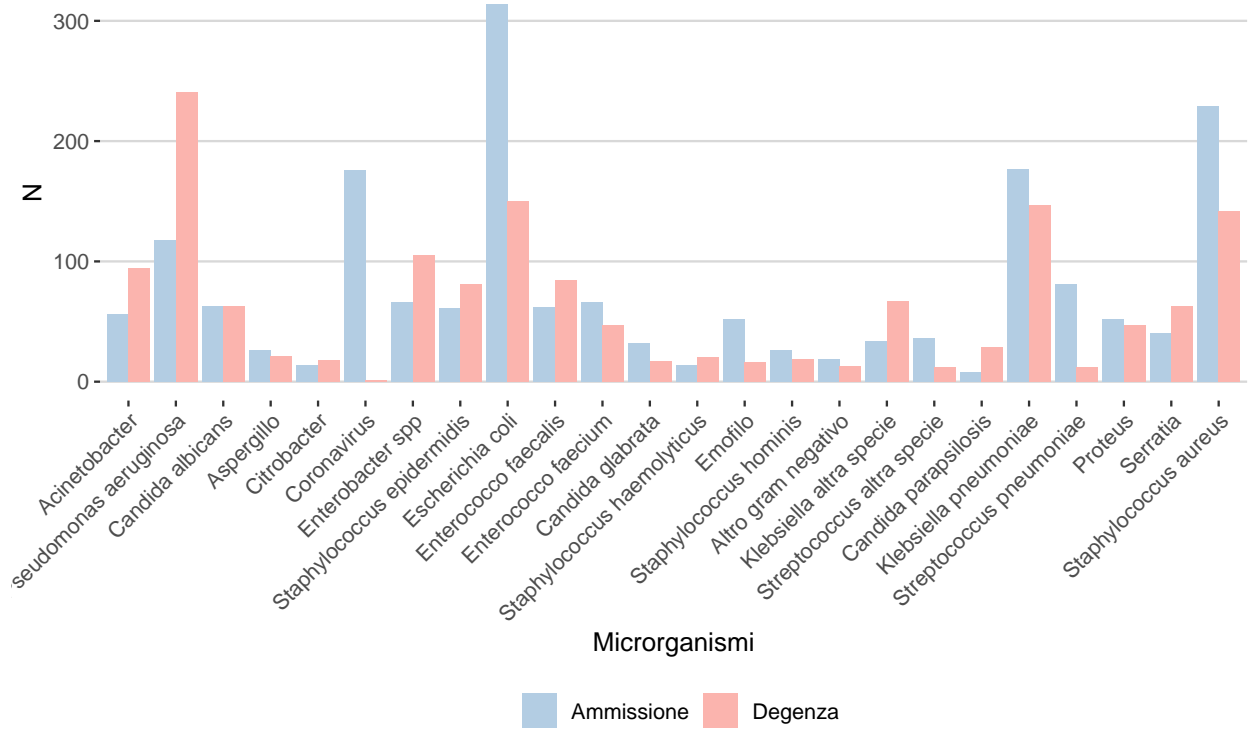
	N	%
Sì	3	1.64
No	14	7.65
Non testato	166	90.71
Missing	98	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	14	173
kpc	2	66.7	14	171
ndm	0	0.0	14	173
oxa	1	33.3	14	172
vim	0	0.0	14	173





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

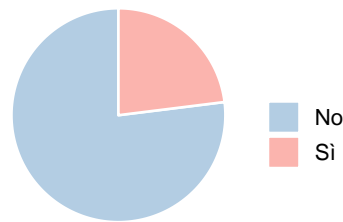


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	150	56	37.3	94	62.7
Pseudomonas aeruginosa	359	118	32.9	241	67.1
Candida albicans	126	63	50	63	50
Aspergillo	47	26	55.3	21	44.7
Citrobacter	32	14	43.8	18	56.2
Coronavirus	177	176	99.4	1	0.6

Enterobacter spp	171	66	38.6	105	61.4
Staphylococcus epidermidis	142	61	43	81	57
Escherichia coli	464	314	67.7	150	32.3
Enterococco faecalis	146	62	42.5	84	57.5
Enterococco faecium	113	66	58.4	47	41.6
Candida glabrata	49	32	65.3	17	34.7
Staphylococcus haemolyticus	34	14	41.2	20	58.8
Emofilo	68	52	76.5	16	23.5
Staphylococcus hominis	45	26	57.8	19	42.2
Altro gram negativo	32	19	59.4	13	40.6
Klebsiella altra specie	101	34	33.7	67	66.3
Streptococcus altra specie	48	36	75	12	25
Candida parapsilosis	37	8	21.6	29	78.4
Klebsiella pneumoniae	324	177	54.6	147	45.4
Streptococcus pneumoniae	93	81	87.1	12	12.9
Proteus	99	52	52.5	47	47.5
Serratia	103	40	38.8	63	61.2
Staphylococcus aureus	371	229	61.7	142	38.3

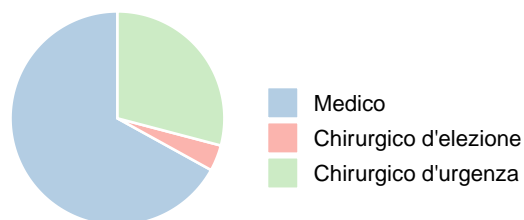
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 330)

### 11.1 Trauma



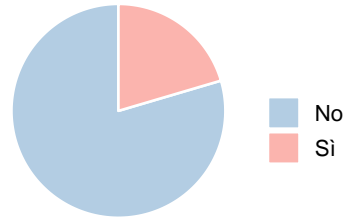
Trauma	N	%
No	254	77.0
Si	76	23.0
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



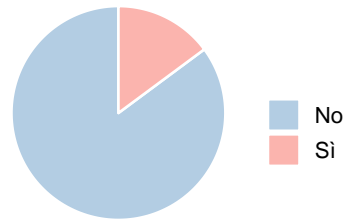
Stato chirurgico	N	%
Medico	221	67.0
Chirurgico d'elezione	13	3.9
Chirurgico d'urgenza	96	29.1
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



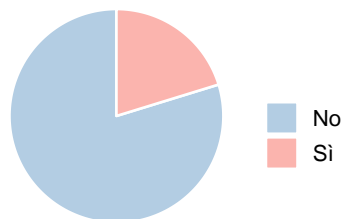
Batteriémica	N	%
No	257	79.6
Si	66	20.4
Missing	7	0

### 11.4 Infezioni multisito



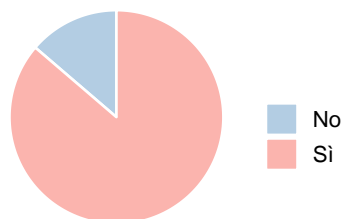
Infezione multisito	N	%
No	281	85.2
Si	49	14.8
Missing	0	0

### 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	256	79.8
Si	65	20.2
Missing	9	0

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

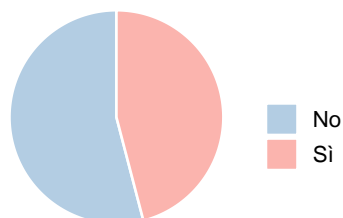


Polmonite associata a VAP	N	%
No	45	13.7
Si	283	86.3
Missing	2	0

\* 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 ).

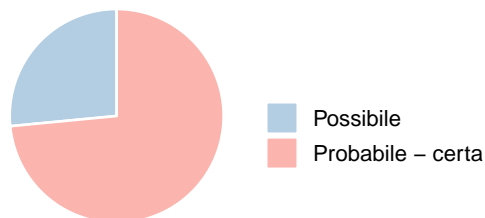
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 283)

### 12.1 VAP precoce



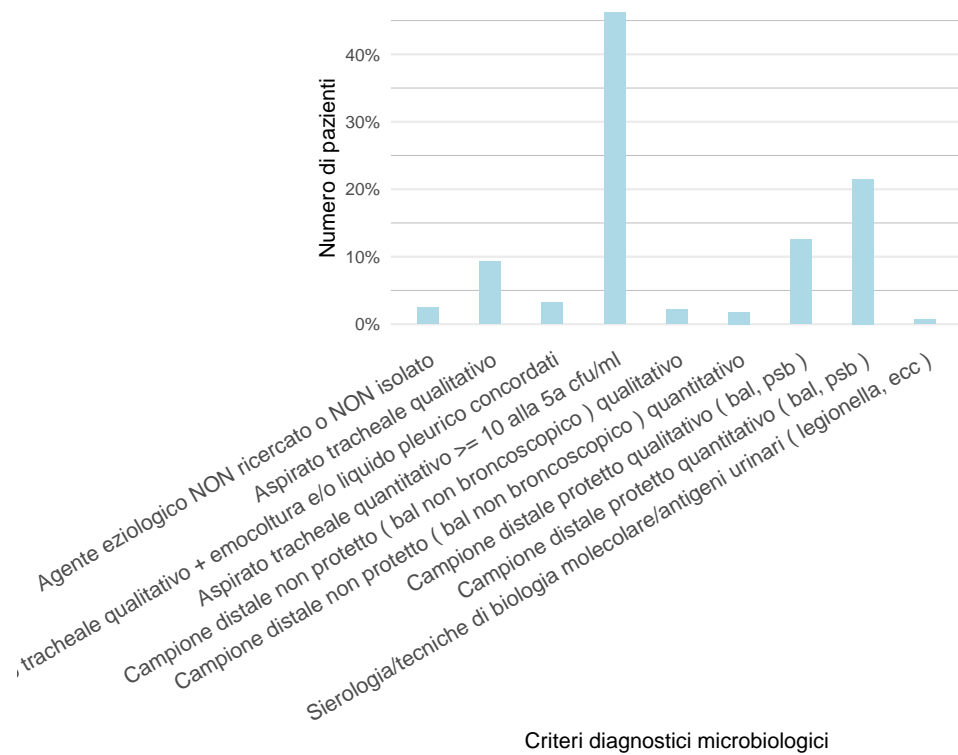
VAP precoce	N	%
No	153	54.1
Sì	130	45.9
Missing	0	0

## 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	74	26.5
Probabile - certa	205	73.5
Missing	4	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

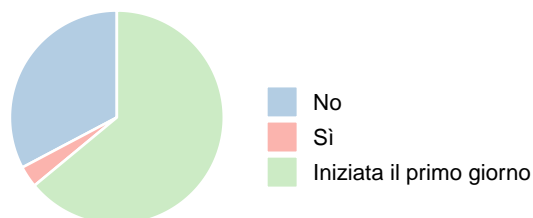


Criteri diagnostici microbiologici

Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	2	0.7
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	5	1.8
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	6	2.2
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	35	12.5
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	60	21.5
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	129	46.2
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	9	3.2
Aspirato tracheale qualitativo	26	9.3
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	7	2.5
Missing	4	0

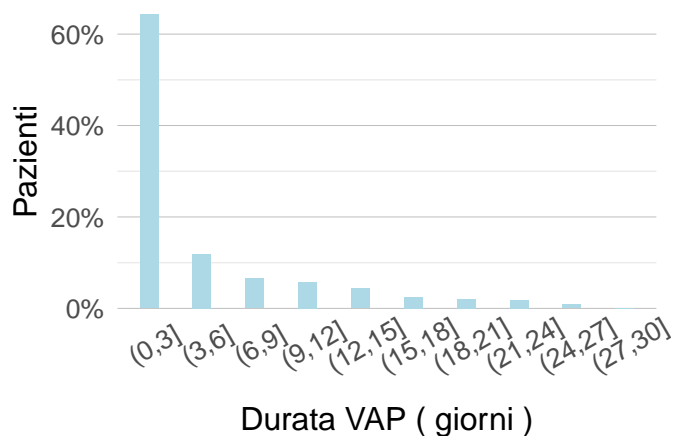
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 4948 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



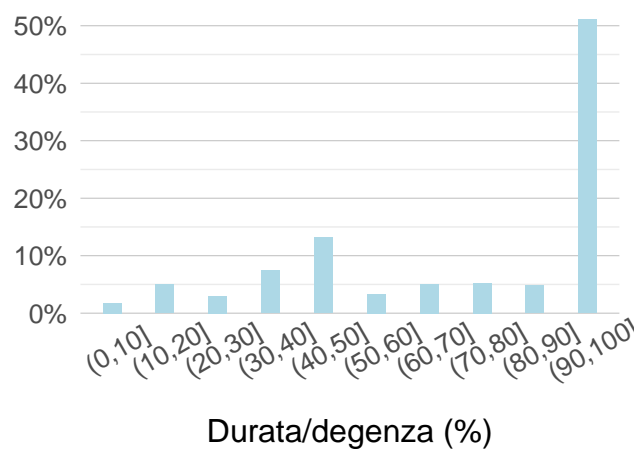
Ventilazione invasiva	N	%
No	1610	32.7
Si	3307	67.3
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>3147</b>	<b>63.6</b>
Missing	31	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



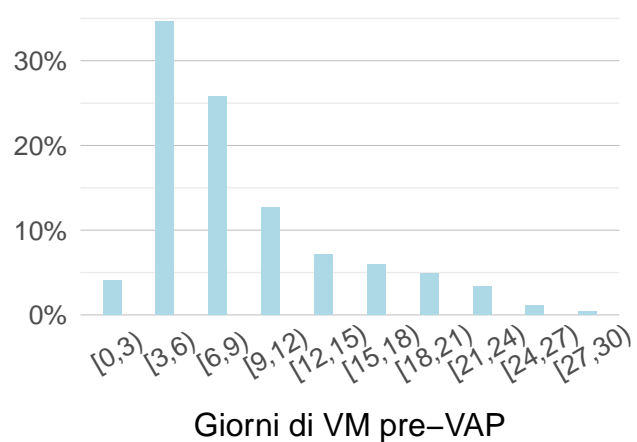
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.7 (11.3)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	16

### 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	75.1 (29.6)
Mediana (Q1-Q3)	93.3 (50-100)
Missing	18

### 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	283
Media (DS)	10.0 (9.3)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-12.5)

---

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	16.7	11.7 %
CI ( 95% )	14.8 - 18.8	10.4 - 13.2

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:

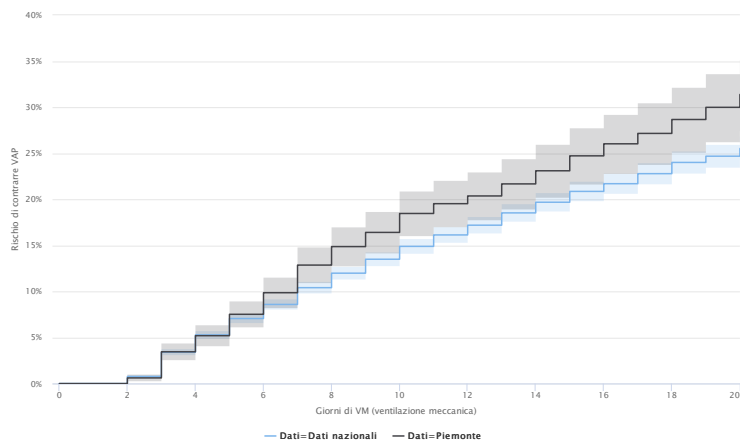
$$** \text{ Incidenza VAP} = \frac{\text{Numero di pazienti con VAP in degenza}}{(\text{Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP})/7} \times 100$$

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.

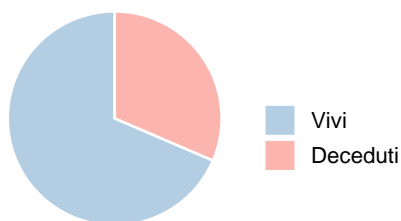
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### Rischio di contrarre VAP in TI



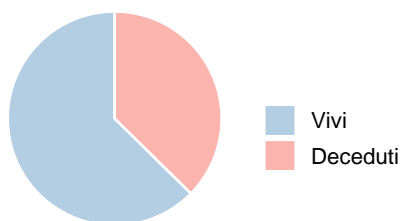


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	194	68.6
Deceduti	89	31.4
Missing	0	0

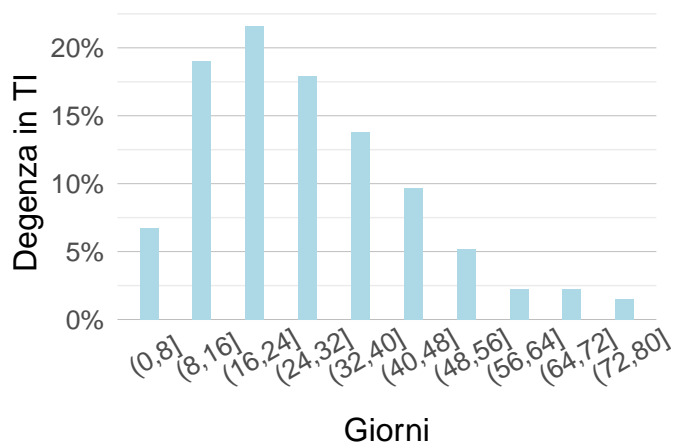
### 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	171	62.6
Deceduti	102	37.4
Missing	7	0

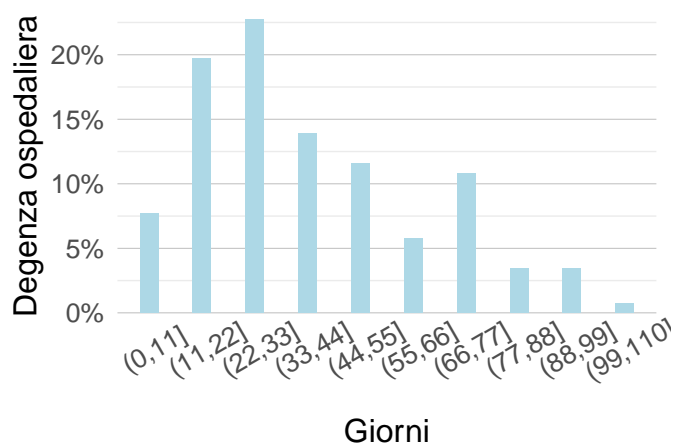
\* Statistiche calcolate su 280 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

### 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.4 (23.4)
Mediana (Q1-Q3)	27 (17-40.5)
Missing	0

### 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	44.5 (30.7)
Mediana (Q1-Q3)	35 (22-61)
Missing	7

\* Statistiche calcolate su 280 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

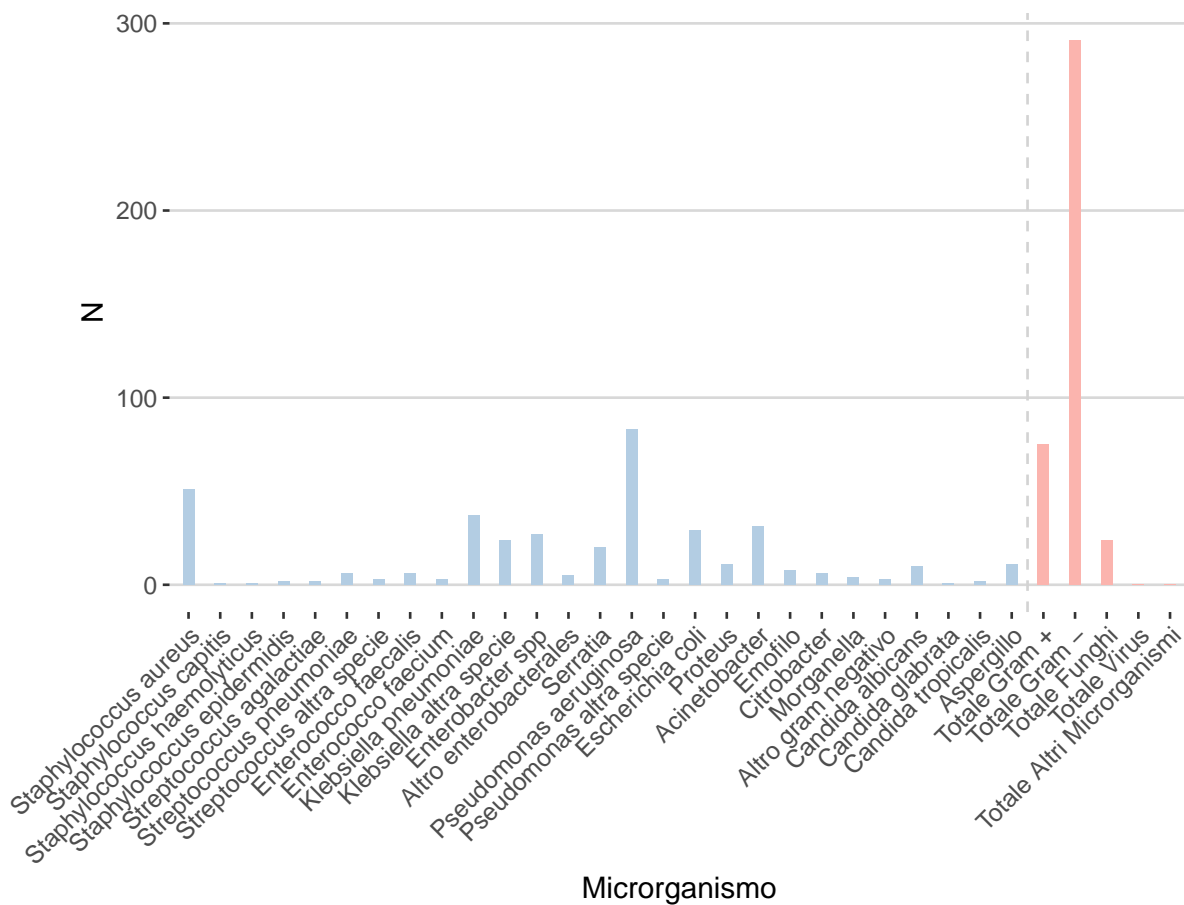
### 12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

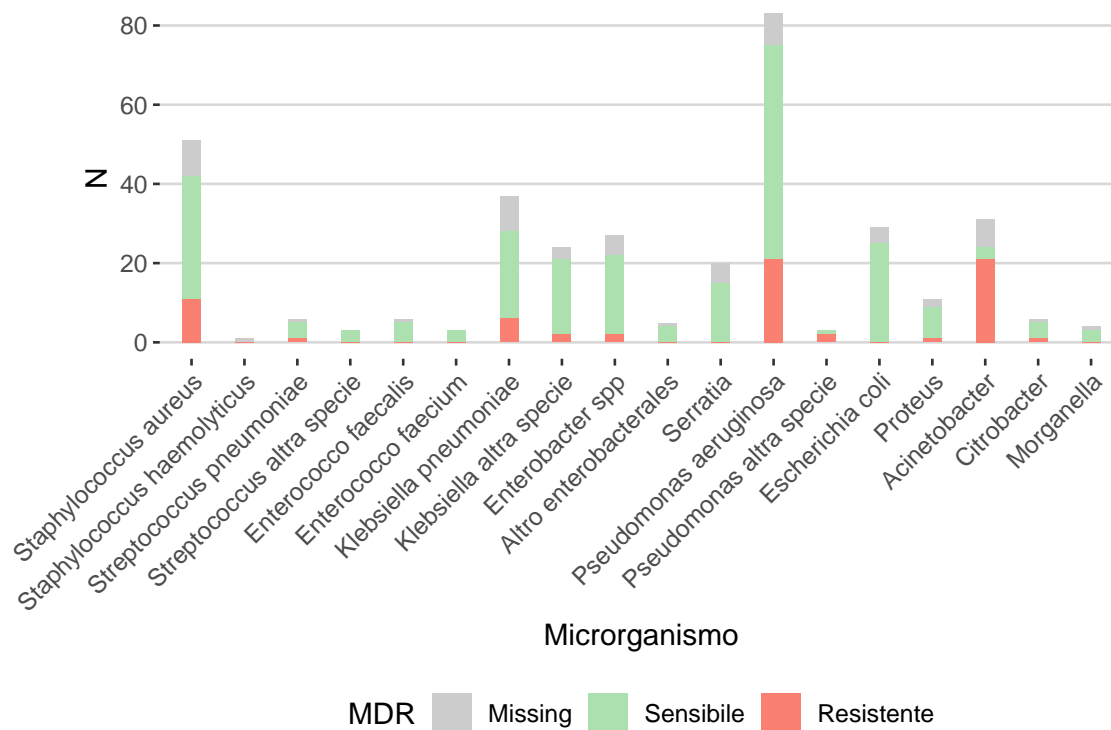
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	7	2.5
Sì	273	97.5
Missing	3	
<b>Totale infezioni</b>	<b>283</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>399</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	51	18.6	42	11	26.2
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	2.2	5	1	20
Streptococcus altra specie	3	1.1	3	0	0
Enterococco faecalis	6	2.2	5	0	0
Enterococco faecium	3	1.1	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>75</b>	<b>27.4</b>	<b>58</b>	<b>12</b>	<b>20.7</b>
Klebsiella pneumoniae	37	13.5	28	6	21.4
Klebsiella altra specie	24	8.8	21	2	9.5
Enterobacter spp	27	9.9	22	2	9.1
Altro enterobacterales	5	1.8	4	0	0
Serratia	20	7.3	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	83	30.3	75	21	28
Pseudomonas altra specie	3	1.1	3	2	66.7
Escherichia coli	29	10.6	25	0	0
Proteus	11	4.0	9	1	11.1
Acinetobacter	31	11.3	24	21	87.5
Emofilo	8	2.9	0	0	0
Citrobacter	6	2.2	5	1	20
Morganella	4	1.5	3	0	0
Altro gram negativo	3	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>291</b>	<b>106.2</b>	<b>234</b>	<b>56</b>	<b>23.9</b>
Candida albicans	10	3.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.7	0	0	0
Aspergillo	11	4.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>24</b>	<b>8.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

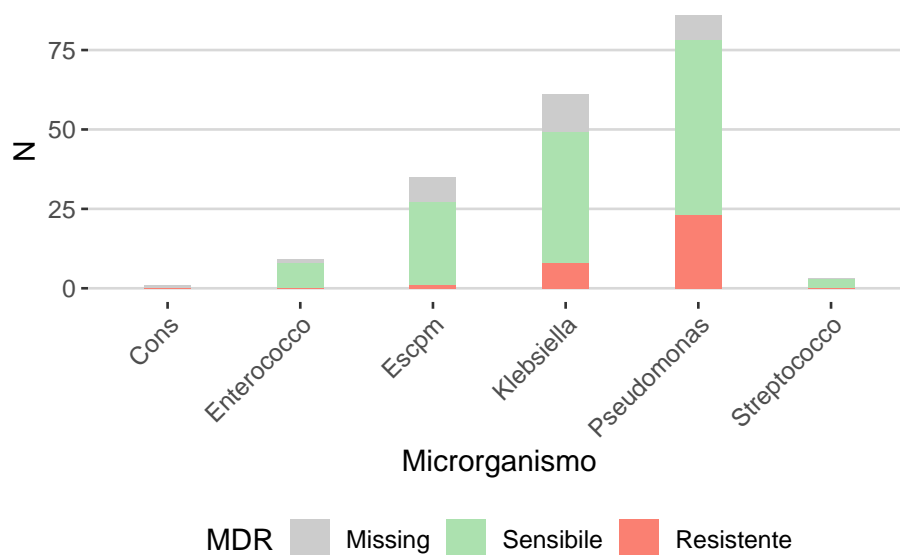


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, 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.

## 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	9	8	8	0	0.00	1
Escpm	35	27	26	1	3.70	8
Klebsiella	61	49	41	8	16.33	12
Pseudomonas	86	78	55	23	29.49	8
Streptococco	3	3	3	0	0.00	0

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	28	Ertapenem	6	21.43
Klebsiella pneumoniae	28	Meropenem	5	17.86
Klebsiella altra specie	21	Ertapenem	2	9.52
Klebsiella altra specie	21	Meropenem	1	4.76
Citrobacter	5	Ertapenem	1	20.00

Enterobacter spp	21	Ertapenem	2	9.52
Enterobacter spp	22	Meropenem	1	4.55
Proteus	9	Ertapenem	1	11.11
Proteus	9	Meropenem	1	11.11
Acinetobacter	24	Imipenem	12	50.00
Acinetobacter	24	Meropenem	21	87.50
Pseudomonas aeruginosa	75	Imipenem	20	26.67
Pseudomonas aeruginosa	75	Meropenem	16	21.33
Pseudomonas altra specie	3	Imipenem	2	66.67
Staphylococcus aureus	42	Meticillina	11	26.19
Streptococcus pneumoniae	5	Penicillina	1	20.00

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

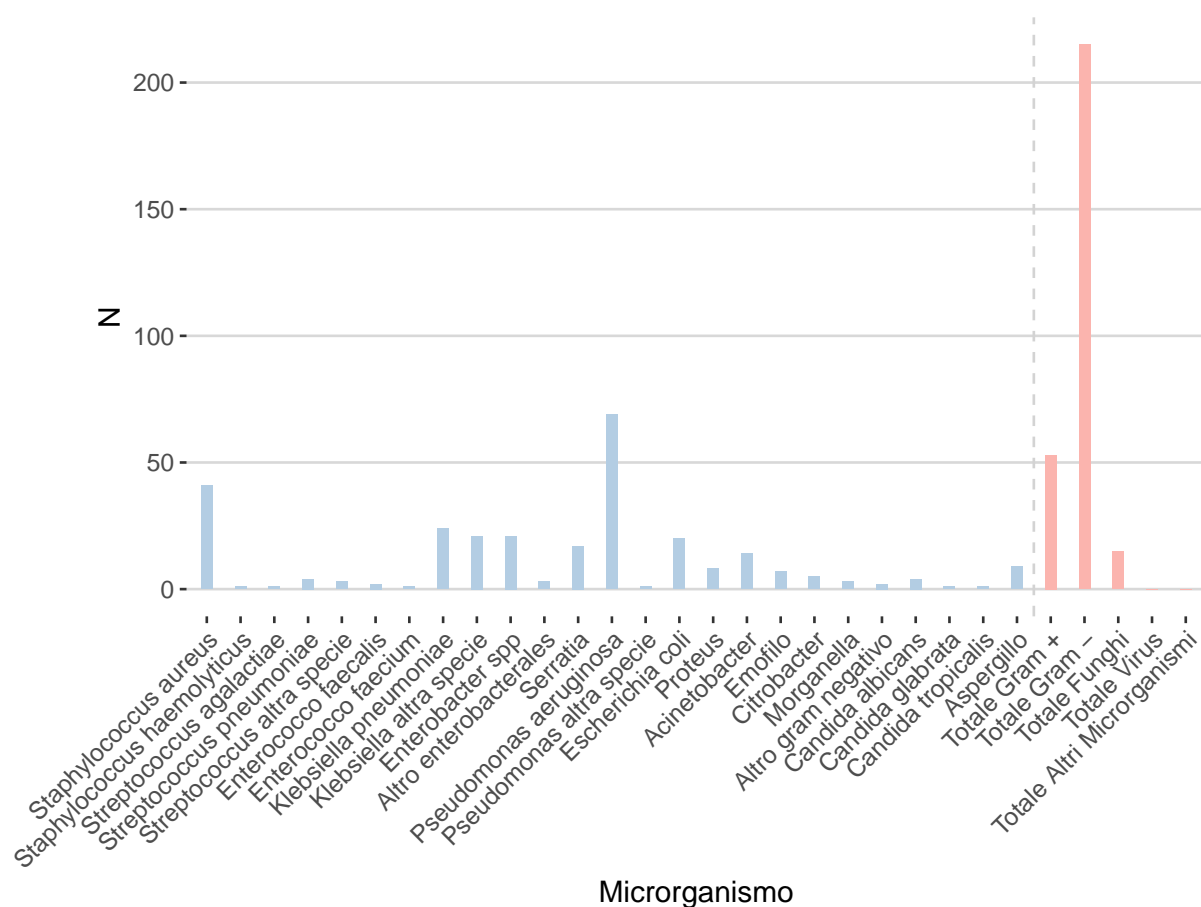
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	205	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>205</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>290</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	41	20.0	34	7	20.6
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.0	4	1	25
Streptococcus altra specie	3	1.5	3	0	0
Enterococco faecalis	2	1.0	2	0	0
Enterococco faecium	1	0.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>53</b>	<b>25.9</b>	<b>44</b>	<b>8</b>	<b>18.2</b>
Klebsiella pneumoniae	24	11.7	20	3	15
Klebsiella altra specie	21	10.2	18	2	11.1
Enterobacter spp	21	10.2	18	2	11.1
Altro enterobacterales	3	1.5	2	0	0
Serratia	17	8.3	13	0	0
Pseudomonas aeruginosa	69	33.7	62	16	25.8
Pseudomonas altra specie	1	0.5	1	0	0
Escherichia coli	20	9.8	17	0	0
Proteus	8	3.9	7	0	0
Acinetobacter	14	6.8	9	7	77.8

Emofilo	7	3.4	0	0	0
Citrobacter	5	2.4	4	0	0
Morganella	3	1.5	2	0	0
Altro gram negativo	2	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>215</b>	<b>104.9</b>	<b>173</b>	<b>30</b>	<b>17.3</b>
Candida albicans	4	2.0	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Aspergillo	9	4.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>15</b>	<b>7.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

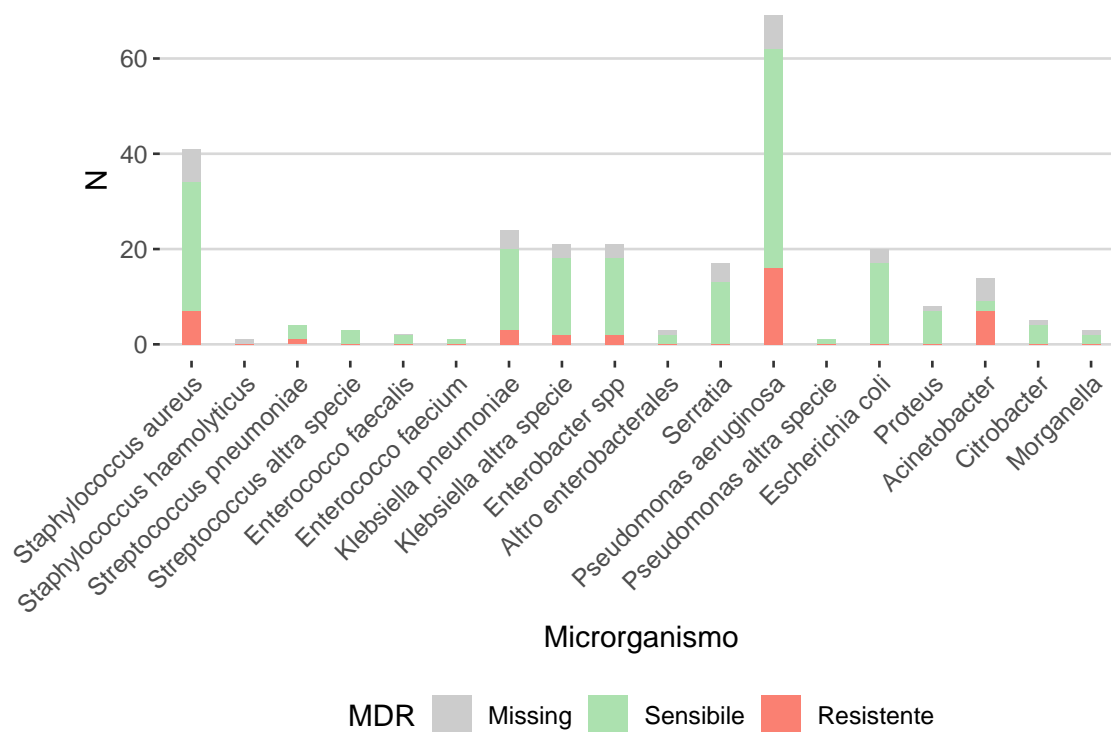


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	41	20.0	34	7	20.6
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.0	4	1	25
Streptococcus altra specie	3	1.5	3	0	0
Enterococcus faecalis	2	1.0	2	0	0
Enterococcus faecium	1	0.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>53</b>	<b>25.9</b>	<b>44</b>	<b>8</b>	<b>18.2</b>



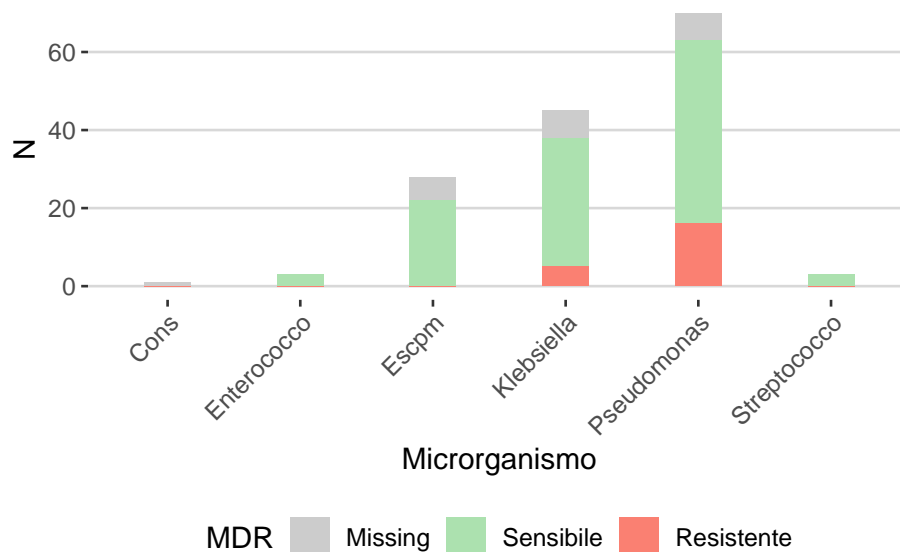
Klebsiella pneumoniae	24	11.7	20	3	15
Klebsiella altra specie	21	10.2	18	2	11.1
Enterobacter spp	21	10.2	18	2	11.1
Altro enterobacterales	3	1.5	2	0	0
Serratia	17	8.3	13	0	0
Pseudomonas aeruginosa	69	33.7	62	16	25.8
Pseudomonas altra specie	1	0.5	1	0	0
Escherichia coli	20	9.8	17	0	0
Proteus	8	3.9	7	0	0
Acinetobacter	14	6.8	9	7	77.8
Emofilo	7	3.4	0	0	0
Citrobacter	5	2.4	4	0	0
Morganella	3	1.5	2	0	0
Altro gram negativo	2	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>215</b>	<b>104.9</b>	<b>173</b>	<b>30</b>	<b>17.3</b>
Candida albicans	4	2.0	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Aspergillo	9	4.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>15</b>	<b>7.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Candida parapsilosis*, *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.

### 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	3	3	3	0	0.00	0
Escpm	28	22	22	0	0.00	6
Klebsiella	45	38	33	5	13.16	7
Pseudomonas	70	63	47	16	25.40	7
Streptococco	3	3	3	0	0.00	0

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	20	Ertapenem	3	15.00
Klebsiella pneumoniae	20	Meropenem	2	10.00
Klebsiella altra specie	18	Ertapenem	2	11.11
Klebsiella altra specie	18	Meropenem	1	5.56
Enterobacter spp	17	Ertapenem	2	11.76

Enterobacter spp	18	Meropenem	1	5.56
Acinetobacter	9	Imipenem	7	77.78
Acinetobacter	9	Meropenem	7	77.78
Pseudomonas aeruginosa	62	Imipenem	15	24.19
Pseudomonas aeruginosa	62	Meropenem	14	22.58
Staphylococcus aureus	34	Meticillina	7	20.59
Streptococcus pneumoniae	4	Penicillina	1	25.00

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

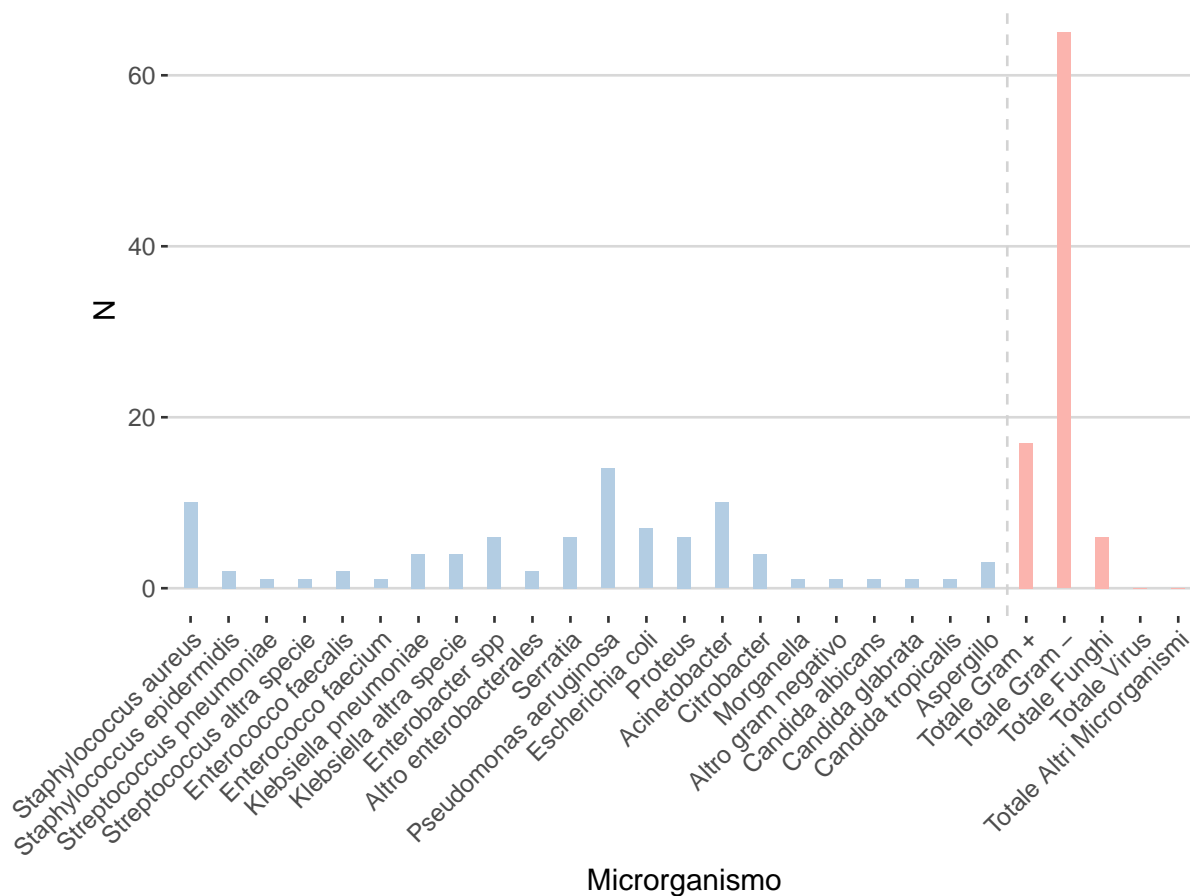
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	1.7
Sì	58	98.3
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>59</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>89</b>	

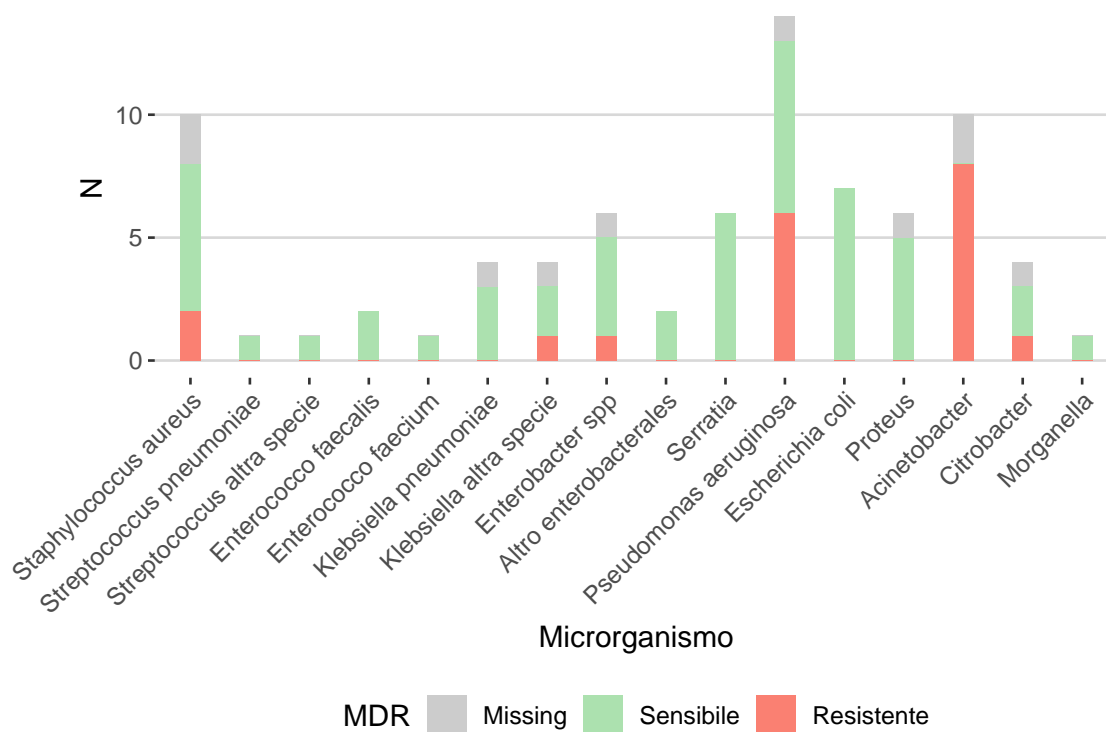
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	16.9	8	2	25
Staphylococcus epidermidis	2	3.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.7	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.7	1	0	0
Enterococco faecalis	2	3.4	2	0	0
Enterococco faecium	1	1.7	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>17</b>	<b>28.8</b>	<b>13</b>	<b>2</b>	<b>15.4</b>
Klebsiella pneumoniae	4	6.8	3	0	0
Klebsiella altra specie	4	6.8	3	1	33.3
Enterobacter spp	6	10.2	5	1	20
Altro enterobacterales	2	3.4	2	0	0
Serratia	6	10.2	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	23.7	13	6	46.2
Escherichia coli	7	11.9	7	0	0
Proteus	6	10.2	5	0	0
Acinetobacter	10	16.9	8	8	100
Citrobacter	4	6.8	3	1	33.3
Morganella	1	1.7	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>65</b>	<b>110.2</b>	<b>56</b>	<b>17</b>	<b>30.4</b>
Candida albicans	1	1.7	0	0	0

Candida glabrata	1	1.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.7	0	0	0
Aspergillo	3	5.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>10.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

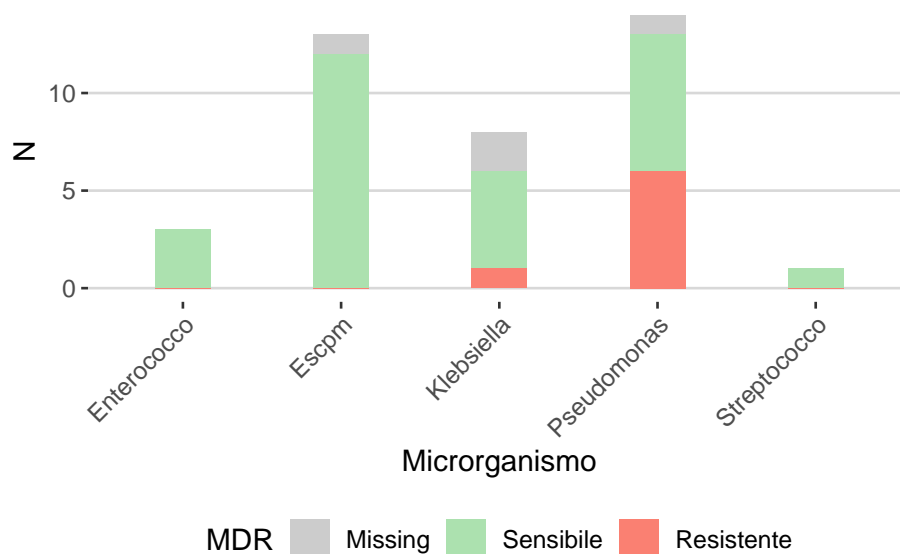


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Candida parapsilosis*, *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.

### 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	3	3	3	0	0.00	0
Escpm	13	12	12	0	0.00	1
Klebsiella	8	6	5	1	16.67	2
Pseudomonas	14	13	7	6	46.15	1
Streptococco	1	1	1	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)

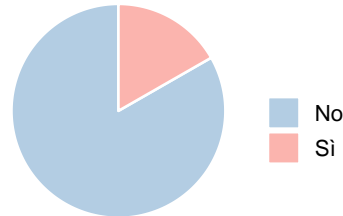
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella altra specie	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella altra specie	3	Meropenem	1	33.33
Citrobacter	3	Ertapenem	1	33.33
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Enterobacter spp	5	Meropenem	1	20.00
Acinetobacter	8	Imipenem	5	62.50

Acinetobacter	8	Meropenem	8	100.00
Pseudomonas aeruginosa	13	Imipenem	6	46.15
Pseudomonas aeruginosa	13	Meropenem	5	38.46
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	2	25.00

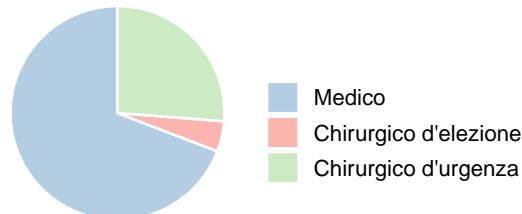
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 305)

### 13.1 Trauma



Trauma	N	%
No	254	83.3
Si	51	16.7
Missing	0	0

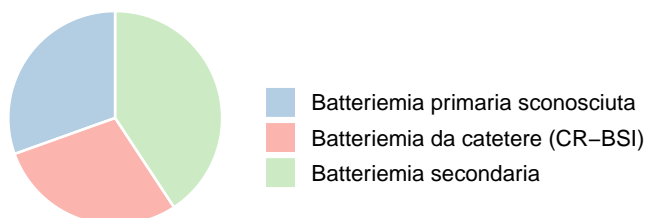
### 13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	211	69.2
Chirurgico d'elezione	14	4.6
Chirurgico d'urgenza	80	26.2
Missing	0	0

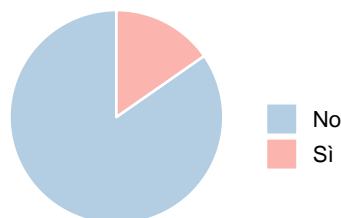


### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	110	36.1
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	104	34.1
Batteriemia secondaria	147	48.2
Missing	0	0.0

### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	177	84.7
Sì	32	15.3
Missing	5	0

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

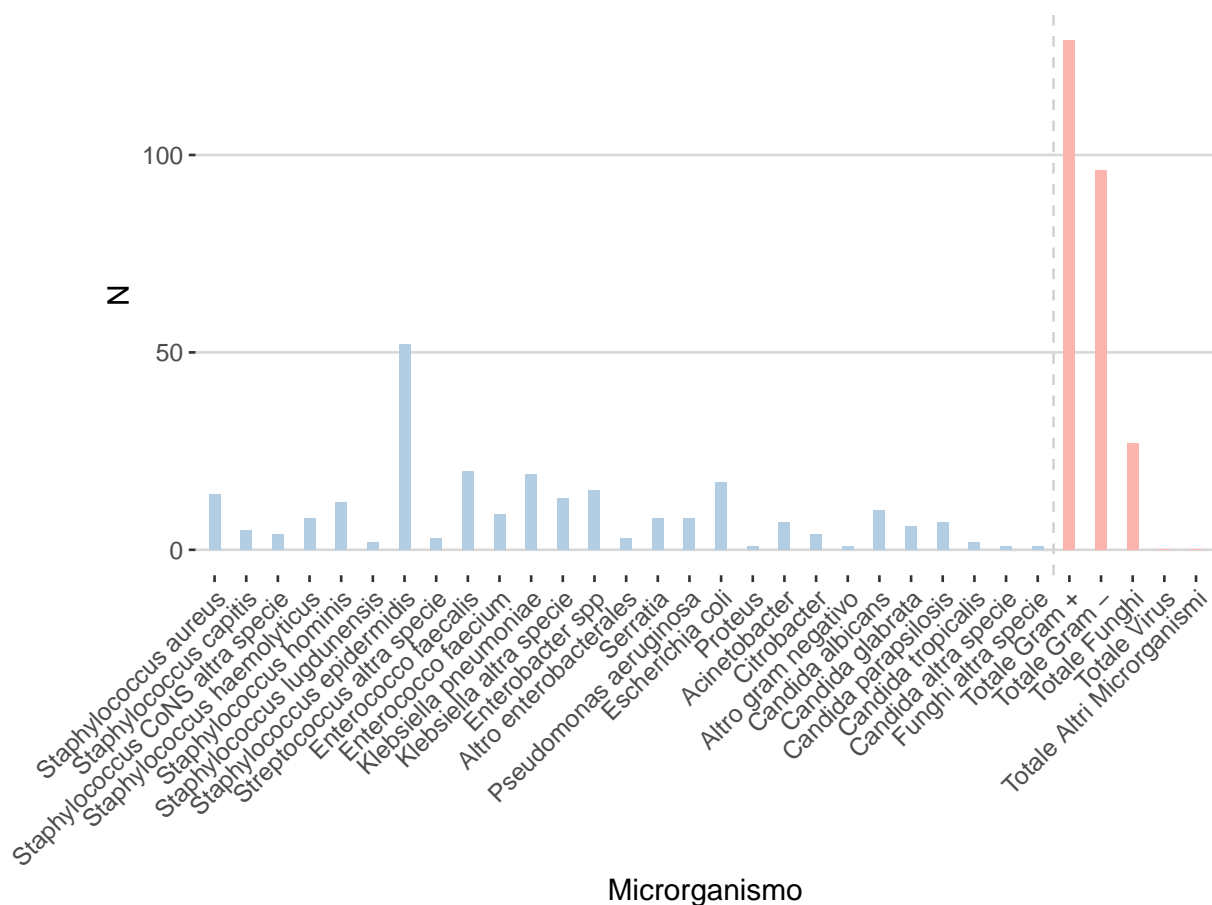
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	6.6	13	3	23.1
Staphylococcus capitis	5	2.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	3.8	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	12	5.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	52	24.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.4	3	0	0

---

Enterococco faecalis	20	9.4	19	0	0
Enterococco faecium	9	4.2	8	4	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>129</b>	<b>60.6</b>	<b>50</b>	<b>12</b>	<b>24</b>
Klebsiella pneumoniae	19	8.9	15	4	26.7
Klebsiella altra specie	13	6.1	10	0	0
Enterobacter spp	15	7.0	14	0	0
Altro enterobacterales	3	1.4	2	0	0
Serratia	8	3.8	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	3.8	7	3	42.9
Escherichia coli	17	8.0	14	0	0
Proteus	1	0.5	1	0	0
Acinetobacter	7	3.3	5	5	100
Citrobacter	4	1.9	4	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>96</b>	<b>45.1</b>	<b>77</b>	<b>12</b>	<b>15.6</b>
Candida albicans	10	4.7	0	0	0
Candida glabrata	6	2.8	0	0	0
Candida parapsilosis	7	3.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>27</b>	<b>12.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

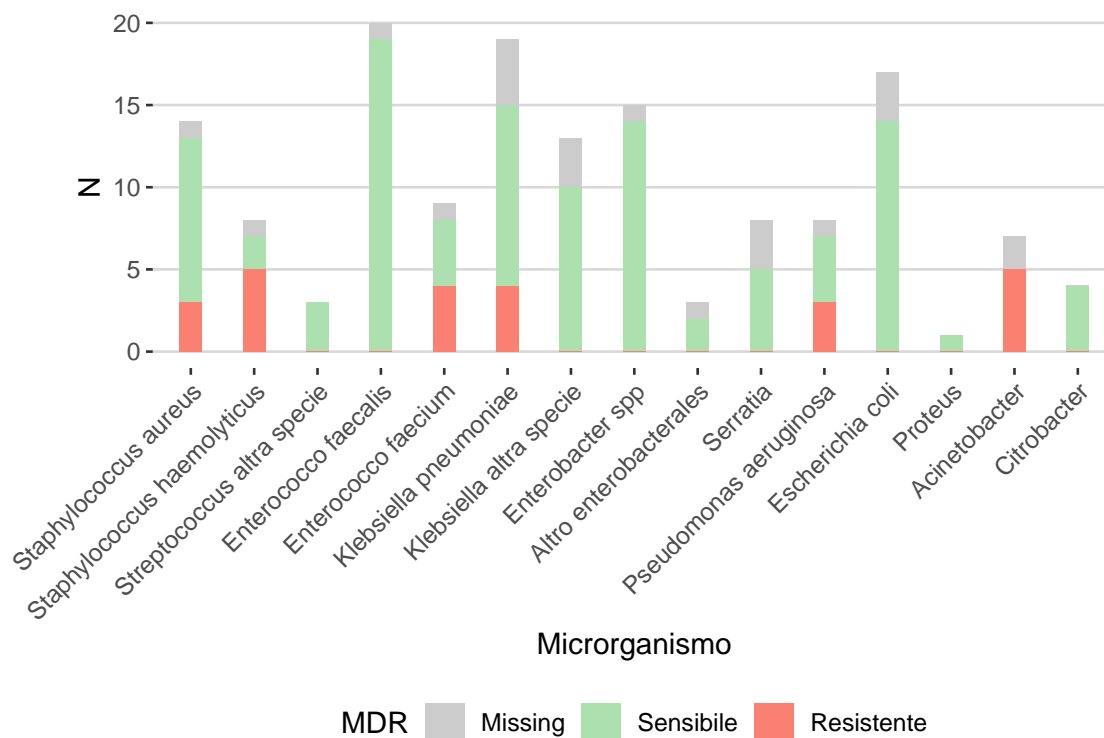
---



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	6.6	13	3	23.1
Staphylococcus capitis	5	2.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	3.8	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	12	5.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	52	24.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.4	3	0	0
Enterococco faecalis	20	9.4	19	0	0
Enterococco faecium	9	4.2	8	4	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>129</b>	<b>60.6</b>	<b>50</b>	<b>12</b>	<b>24</b>
Klebsiella pneumoniae	19	8.9	15	4	26.7
Klebsiella altra specie	13	6.1	10	0	0
Enterobacter spp	15	7.0	14	0	0
Altro enterobacterales	3	1.4	2	0	0
Serratia	8	3.8	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	3.8	7	3	42.9
Escherichia coli	17	8.0	14	0	0
Proteus	1	0.5	1	0	0
Acinetobacter	7	3.3	5	5	100
Citrobacter	4	1.9	4	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0

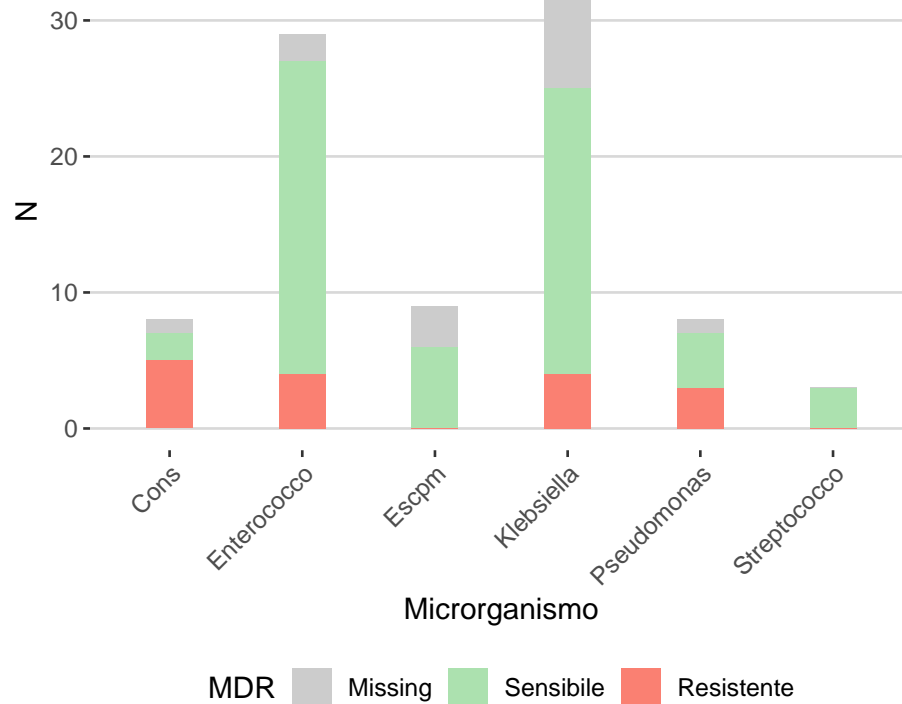
<b>Totale Gram -</b>	<b>96</b>	<b>45.1</b>	<b>77</b>	<b>12</b>	<b>15.6</b>
Candida albicans	10	4.7	0	0	0
Candida glabrata	6	2.8	0	0	0
Candida parapsilosis	7	3.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>27</b>	<b>12.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

## 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	8	7	2	5	71.43	1
Enterococco	29	27	23	4	14.81	2
Escpm	9	6	6	0	0.00	3
Klebsiella	32	25	21	4	16.00	7
Pseudomonas	8	7	4	3	42.86	1
Streptococco	3	3	3	0	0.00	0

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

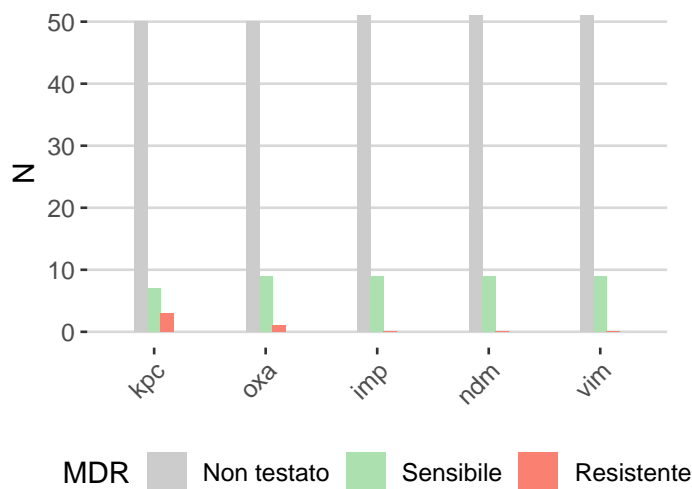
Klebsiella pneumoniae	15	Ertapenem	4	26.67
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	4	26.67
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	7	Imipenem	3	42.86
Pseudomonas aeruginosa	7	Meropenem	3	42.86
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	13	Meticillina	3	23.08
Enterococco faecium	8	Vancomicina	4	50.00

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

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

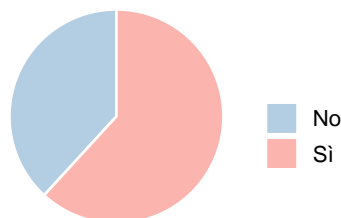
	N	%
Sì	4	6.67
No	7	11.67
Non testato	49	81.67
Missing	31	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	9	51
kpc	3	75	7	50
ndm	0	0	9	51
oxa	1	25	9	50
vim	0	0	9	51



## 14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 110)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	42	38.2
Sì	68	61.8
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	3.2	2.2 %
CI ( 95% )	2.6 - 3.8	1.8 - 2.7

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.

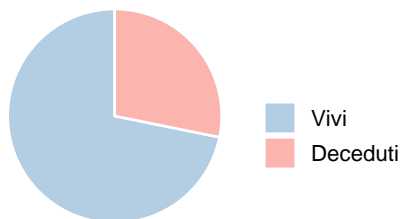
Il secondo:

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

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.

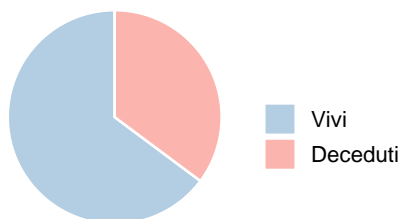
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	79	71.8
Deceduti	31	28.2
Missing	0	0

### 14.4 Mortalità ospedaliera \*

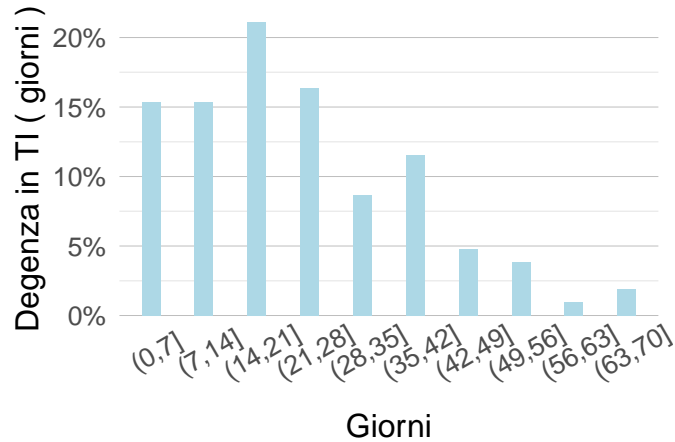


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	70	64.8
Deceduti	38	35.2
Missing	0	0

\* Statistiche calcolate su 108 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

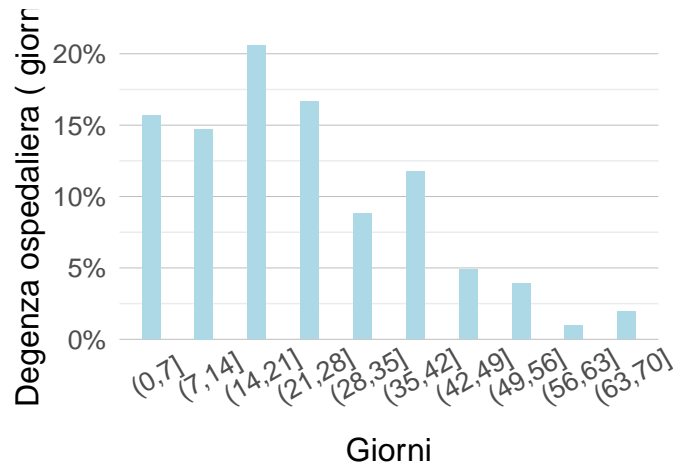


### 14.5 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.3 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	22 (11-36)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



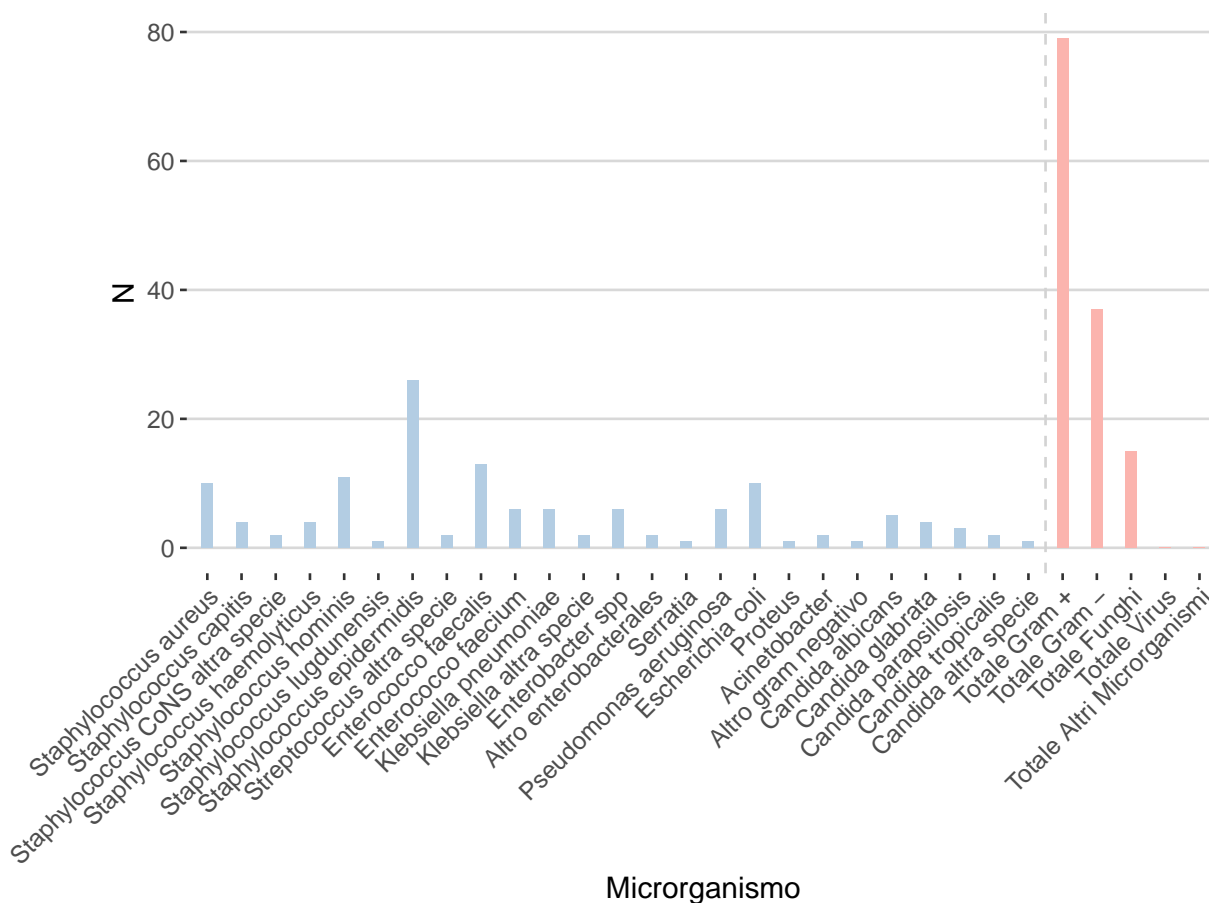
Indicatore	Valore
Media (DS)	40.4 (30.0)
Mediana (Q1-Q3)	32.5 (20-56)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 108 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 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	10	9.1	9	3	33.3
Staphylococcus capitis	4	3.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	3.6	4	3	75
Staphylococcus hominis	11	10.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	23.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.8	2	0	0
Enterococco faecalis	13	11.8	12	0	0
Enterococco faecium	6	5.5	5	2	40
<b>Totale Gram +</b>	<b>79</b>	<b>71.8</b>	<b>32</b>	<b>8</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	6	5.5	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	2	1.8	2	0	0
Enterobacter spp	6	5.5	6	0	0
Altro enterobacterales	2	1.8	2	0	0
Serratia	1	0.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	5.5	5	2	40
Escherichia coli	10	9.1	8	0	0
Proteus	1	0.9	1	0	0
Acinetobacter	2	1.8	1	1	100
Altro gram negativo	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>37</b>	<b>33.6</b>	<b>29</b>	<b>4</b>	<b>13.8</b>
Candida albicans	5	4.5	0	0	0
Candida glabrata	4	3.6	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.8	0	0	0
Candida altra specie	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>15</b>	<b>13.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

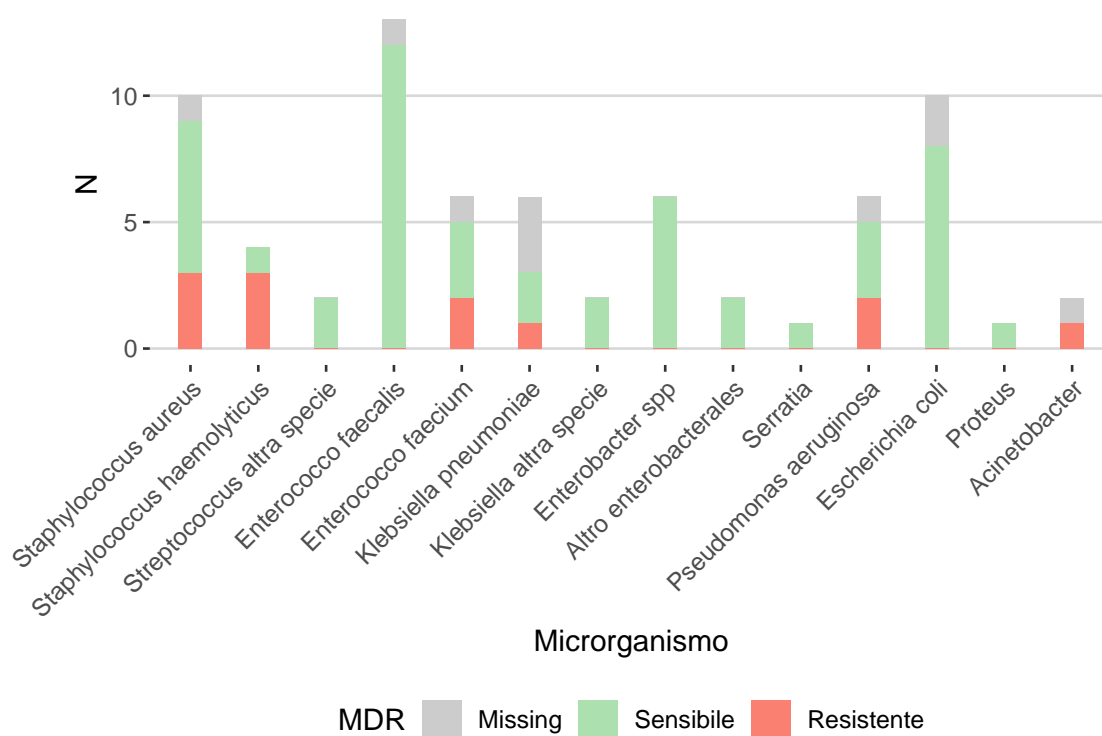


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	9.1	9	3	33.3
Staphylococcus capitis	4	3.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	3.6	4	3	75
Staphylococcus hominis	11	10.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	23.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.8	2	0	0
Enterococco faecalis	13	11.8	12	0	0
Enterococco faecium	6	5.5	5	2	40
<b>Totale Gram +</b>	<b>79</b>	<b>71.8</b>	<b>32</b>	<b>8</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	6	5.5	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	2	1.8	2	0	0
Enterobacter spp	6	5.5	6	0	0
Altro enterobacteriales	2	1.8	2	0	0
Serratia	1	0.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	5.5	5	2	40
Escherichia coli	10	9.1	8	0	0
Proteus	1	0.9	1	0	0
Acinetobacter	2	1.8	1	1	100
Altro gram negativo	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>37</b>	<b>33.6</b>	<b>29</b>	<b>4</b>	<b>13.8</b>

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 110)

Candida albicans	5	4.5	0	0	0
Candida glabrata	4	3.6	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.8	0	0	0
Candida altra specie	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>15</b>	<b>13.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Funghi 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.

### 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.

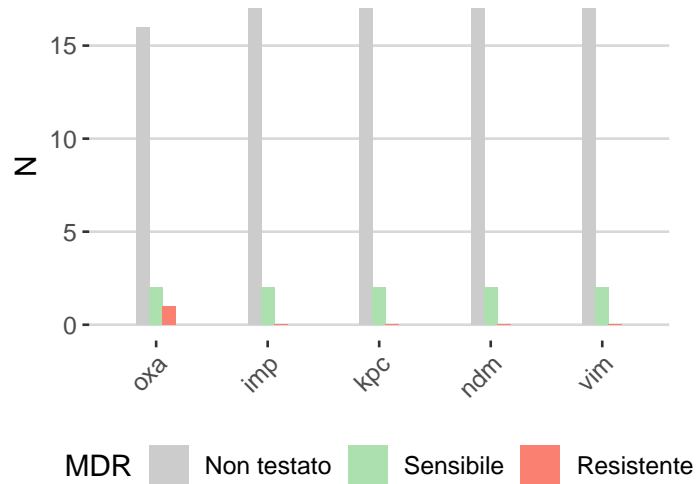
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	2	40.00
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	3	75.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	3	33.33
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	40.00

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

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

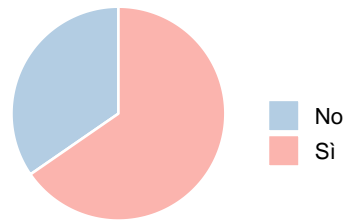
	N	%
Sì	1	5.26
No	2	10.53
Non testato	16	84.21
Missing	13	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	17
kpc	0	0	2	17
ndm	0	0	2	17
oxa	1	100	2	16
vim	0	0	2	17



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 104)

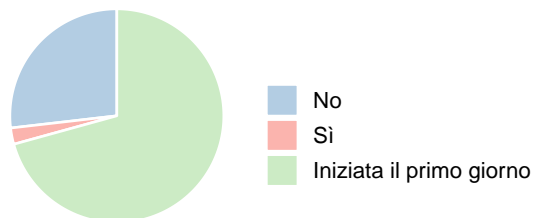
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	36	34.6
Si	68	65.4
Missing	0	0

### 15.2 Fattori di rischio

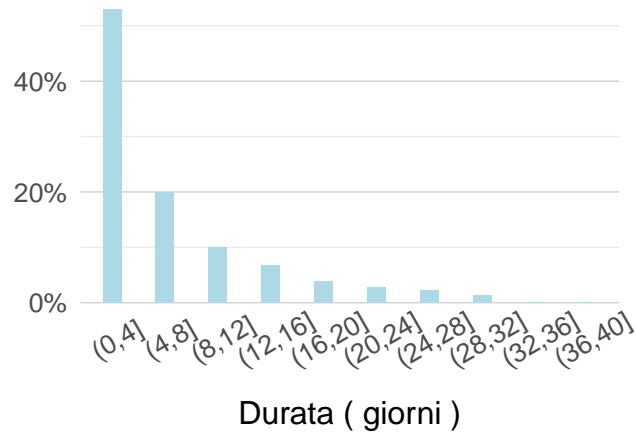
#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 4948 )



Cvc	N	%
No	15	3.0
Si	2	0.4
Iniziata il primo giorno	4931	99.6

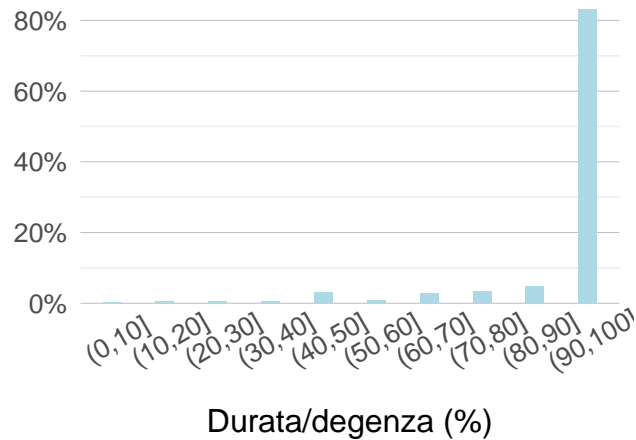
No	1319	26.8
Si	3598	73.2
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>3477</b>	<b>70.3</b>
Missing	31	

15.2.2 Durata (giorni)



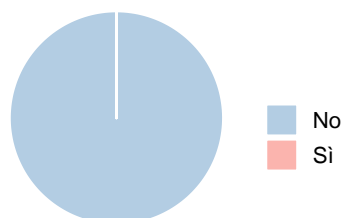
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.8 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-11)
Missing	17

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



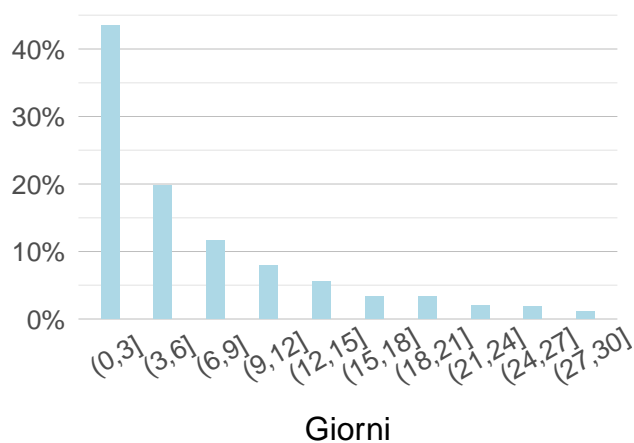
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.0 (15.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	17

## 15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 4948 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	4916	100.0
Si	1	0.0
Missing	31	0

## 15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	97
Media (DS)	13.7 (10.9)
Mediana (Q1-Q3)	10 (7-18)
Missing	7

## 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	3.4	2.4 %
CI ( 95% )	2.8 - 4.2	2.0 - 2.9

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.

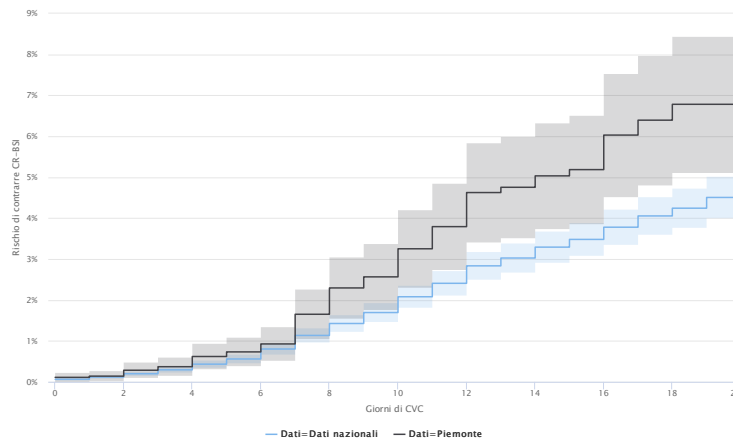
Il secondo invece:

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

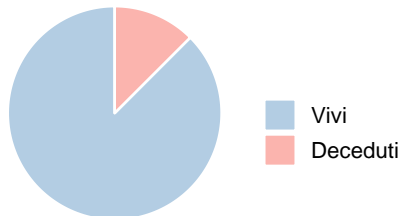
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



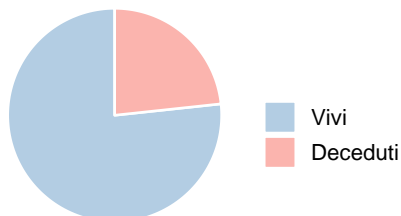
### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	91	87.5
Deceduti	13	12.5

Missing 0 0

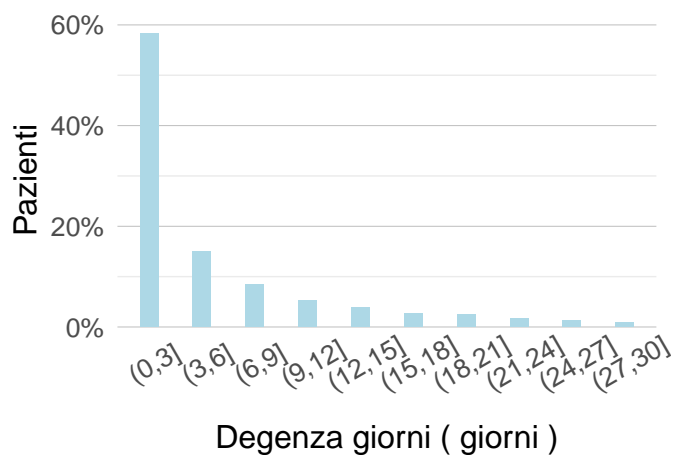
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	79	76.7
Deceduti	24	23.3
Missing	1	0

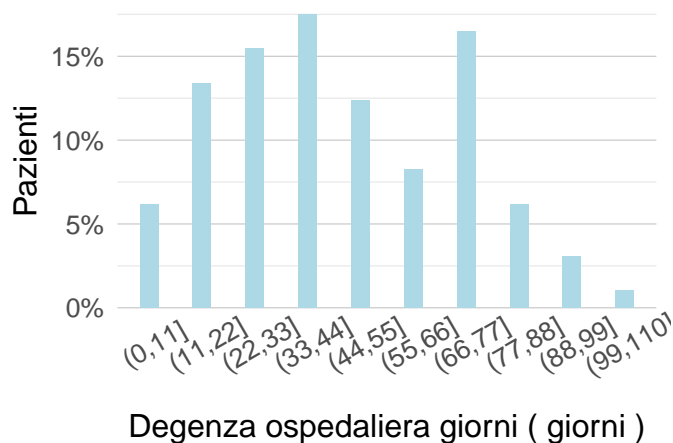
\* Statistiche calcolate su 104 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.8 (21.7)
Mediana (Q1-Q3)	30 (16-48)
Missing	0

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	51.2 (31.8)
Mediana (Q1-Q3)	45 (30-69.5)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 104 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

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

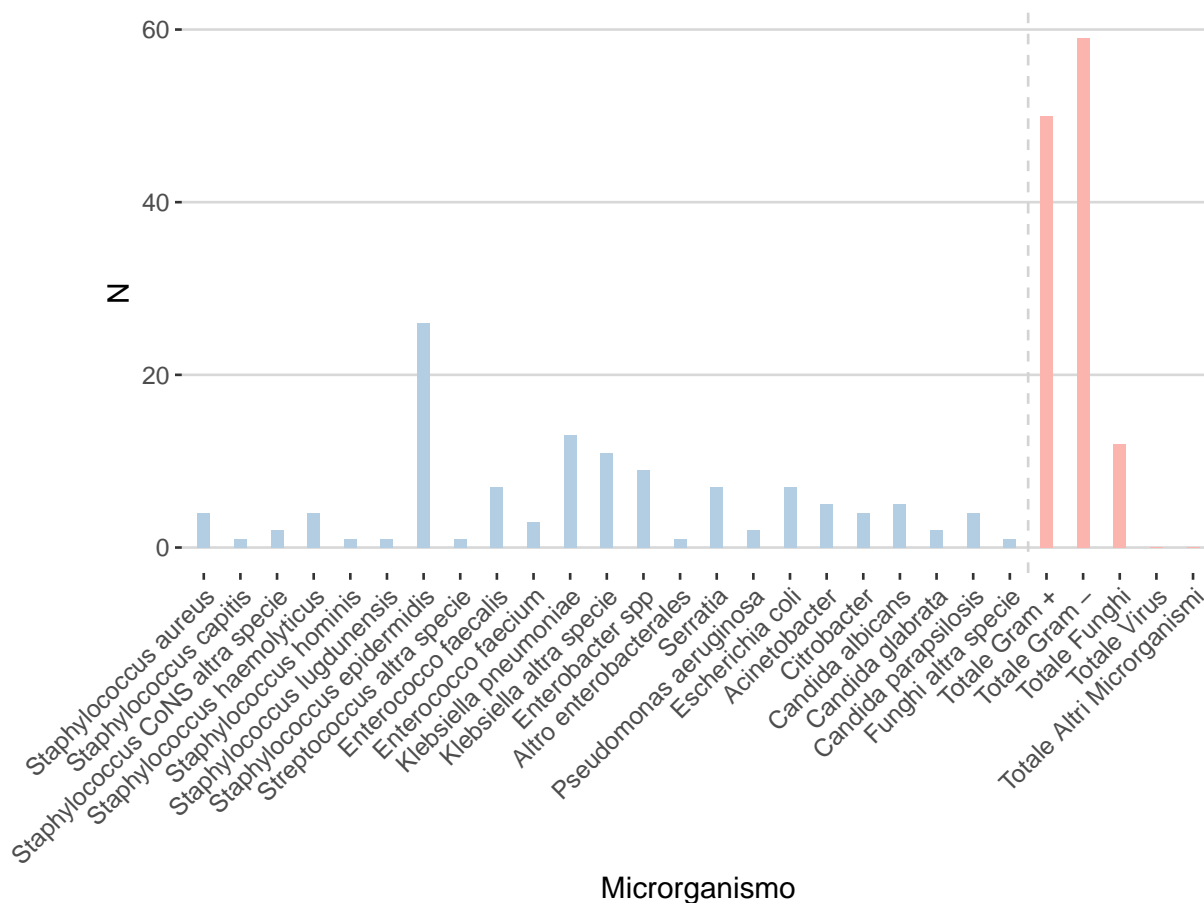
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	103	100.0
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>104</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>121</b>	

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

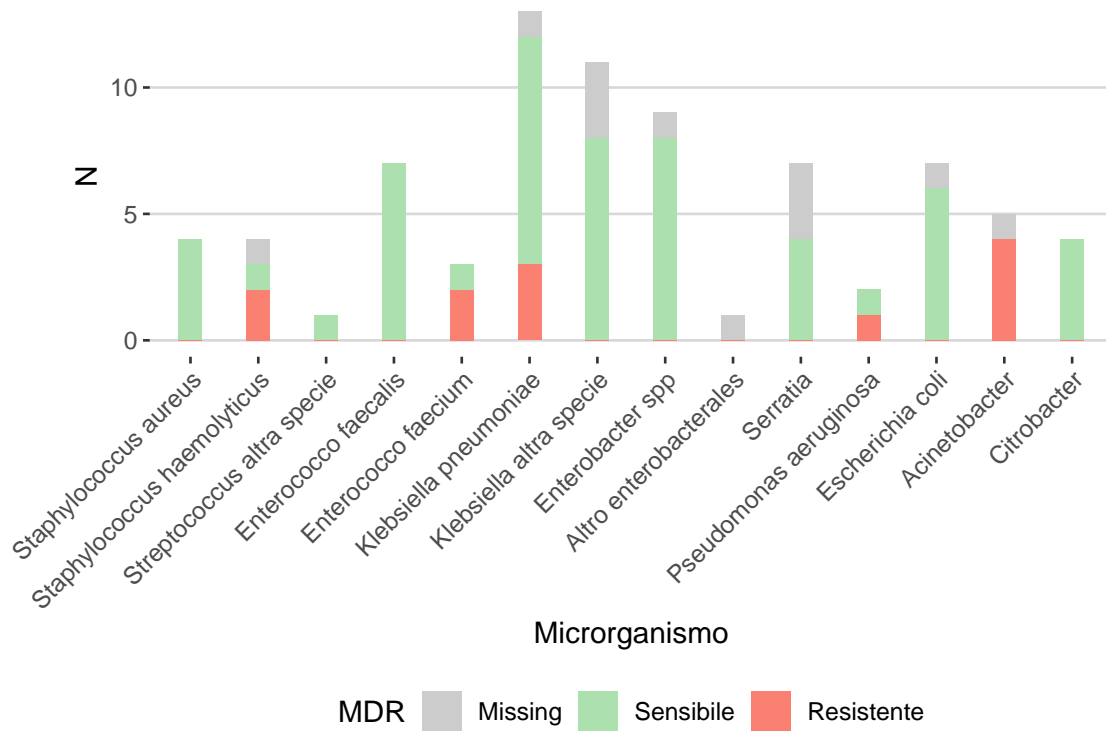
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	3.9	4	0	0
Staphylococcus capitis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	3.9	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.0	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	26	25.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.0	1	0	0
Enterococco faecalis	7	6.8	7	0	0
Enterococco faecium	3	2.9	3	2	66.7
<b>Totale Gram +</b>	<b>50</b>	<b>48.5</b>	<b>18</b>	<b>4</b>	<b>22.2</b>
Klebsiella pneumoniae	13	12.6	12	3	25
Klebsiella altra specie	11	10.7	8	0	0
Enterobacter spp	9	8.7	8	0	0
Altro enterobacterales	1	1.0	0	0	0
Serratia	7	6.8	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	1.9	2	1	50
Escherichia coli	7	6.8	6	0	0
Acinetobacter	5	4.9	4	4	100
Citrobacter	4	3.9	4	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>59</b>	<b>57.3</b>	<b>48</b>	<b>8</b>	<b>16.7</b>
Candida albicans	5	4.9	0	0	0
Candida glabrata	2	1.9	0	0	0
Candida parapsilosis	4	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>11.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



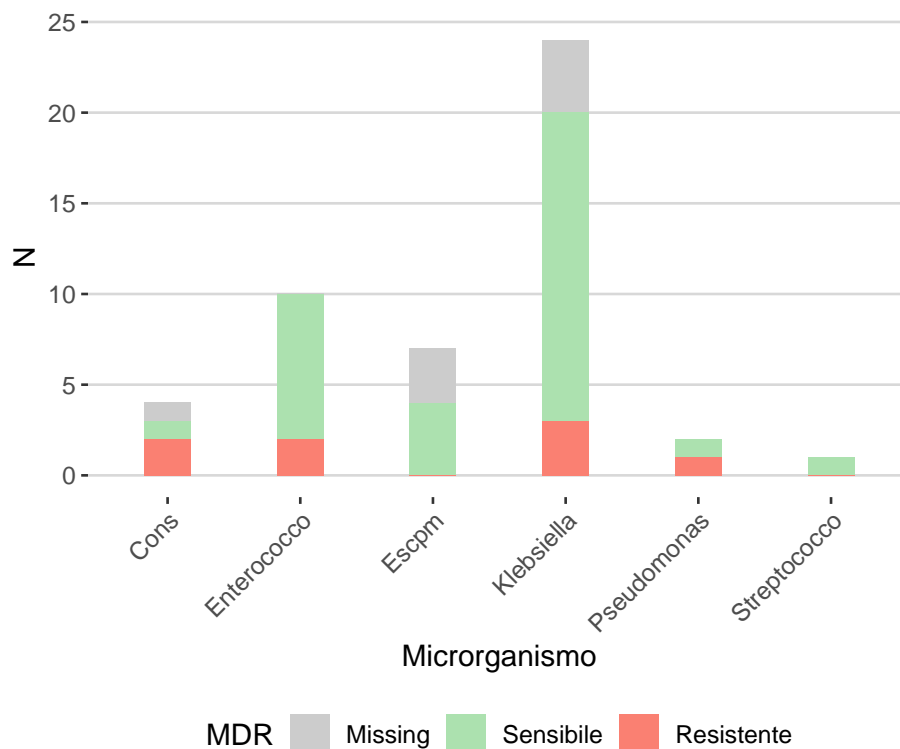
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	3.9	4	0	0
Staphylococcus capitis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	3.9	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	25.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.0	1	0	0
Enterococco faecalis	7	6.8	7	0	0
Enterococco faecium	3	2.9	3	2	66.7
<b>Totale Gram +</b>	<b>50</b>	<b>48.5</b>	<b>18</b>	<b>4</b>	<b>22.2</b>
Klebsiella pneumoniae	13	12.6	12	3	25
Klebsiella altra specie	11	10.7	8	0	0
Enterobacter spp	9	8.7	8	0	0
Altro enterobacterales	1	1.0	0	0	0
Serratia	7	6.8	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	1.9	2	1	50
Escherichia coli	7	6.8	6	0	0
Acinetobacter	5	4.9	4	4	100
Citrobacter	4	3.9	4	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>59</b>	<b>57.3</b>	<b>48</b>	<b>8</b>	<b>16.7</b>
Candida albicans	5	4.9	0	0	0
Candida glabrata	2	1.9	0	0	0
Candida parapsilosis	4	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>11.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Clostridium altra specie, Enterococco 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 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	4	3	1	2	66.67	1
Enterococco	10	10	8	2	20.00	0
Escpm	7	4	4	0	0.00	3
Klebsiella	24	20	17	3	15.00	4
Pseudomonas	2	2	1	1	50.00	0
Streptococco	1	1	1	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.

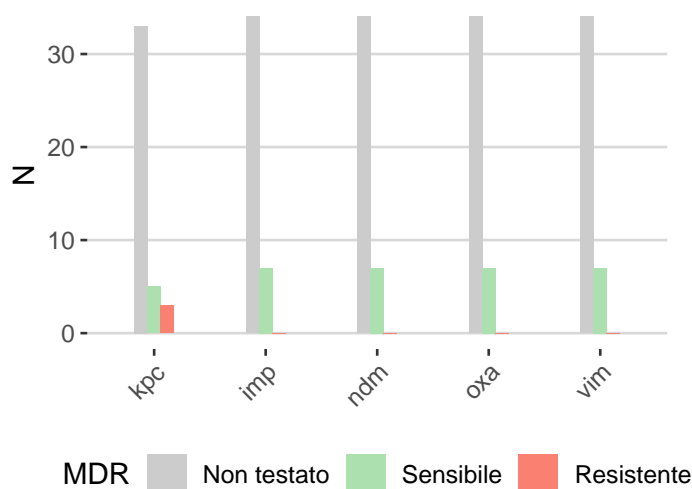
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	3	25.00
Klebsiella pneumoniae	12	Meropenem	3	25.00
Acinetobacter	4	Imipenem	1	25.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Enterococco faecium	3	Vancomicina	2	66.67

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

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

	N	%
Sì	3	7.32
No	5	12.2
Non testato	33	80.49
Missing	18	

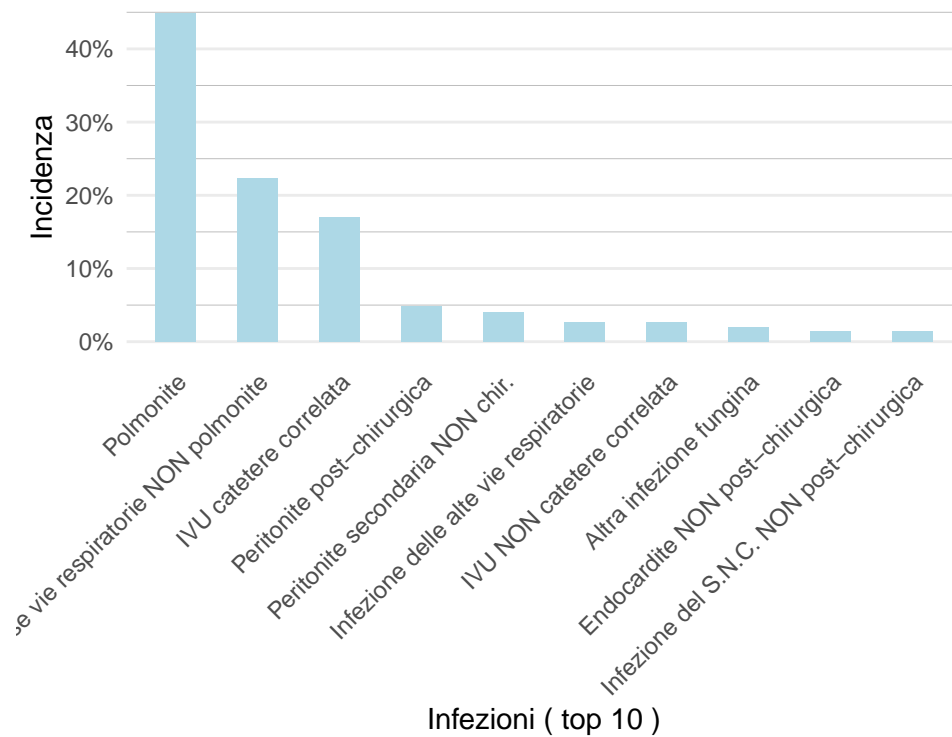
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	7	34
kpc	3	100	5	33
ndm	0	0	7	34
oxa	0	0	7	34
vim	0	0	7	34





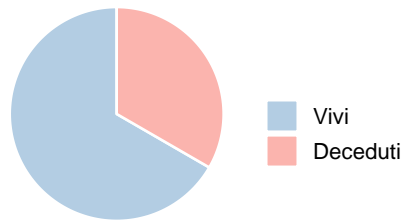
## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 147)

### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



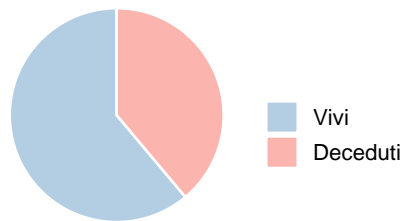
Infezione	N	%
Polmonite	66	44.9
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	33	22.4
IVU catetere correlata	25	17
Peritonite post-chirurgica	7	4.8
Peritonite secondaria NON chir.	6	4.1
Infezione delle alte vie respiratorie	4	2.7
IVU NON catetere correlata	4	2.7
Altra infezione fungina	3	2
Infezione del S.N.C. NON post-chirurgica	2	1.4
Endocardite NON post-chirurgica	2	1.4
Missing	0	

## 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	98	66.7
Deceduti	49	33.3
Missing	0	0

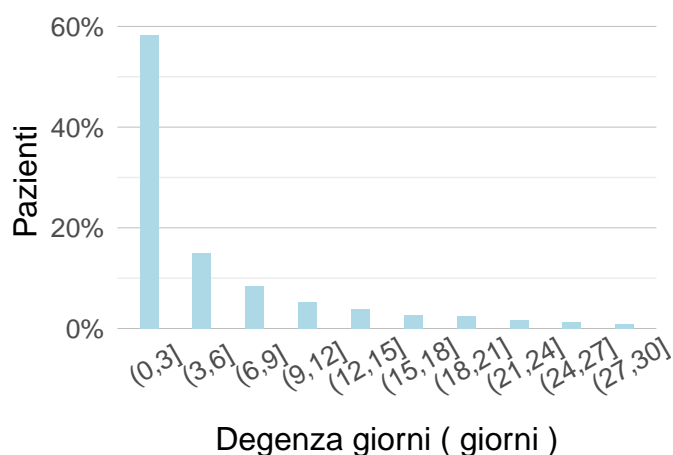
## 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	88	61.1
Deceduti	56	38.9
Missing	1	0

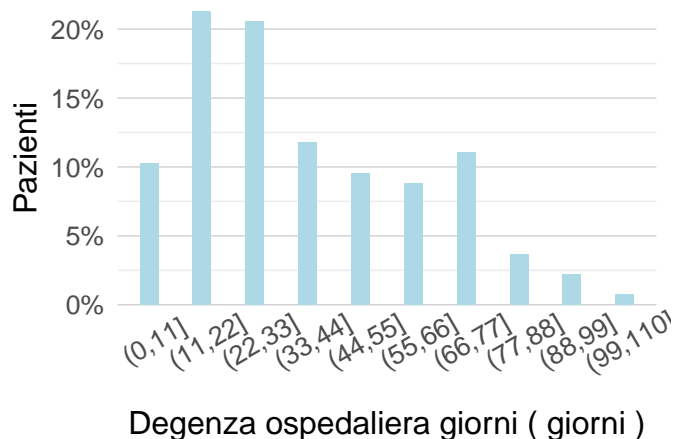
\* Statistiche calcolate su 145 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

## 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.6 (21.4)
Mediana (Q1-Q3)	24 (14-40.5)
Missing	0

## 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.1 (34.8)
Mediana (Q1-Q3)	34.5 (20.8-62)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 145 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

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

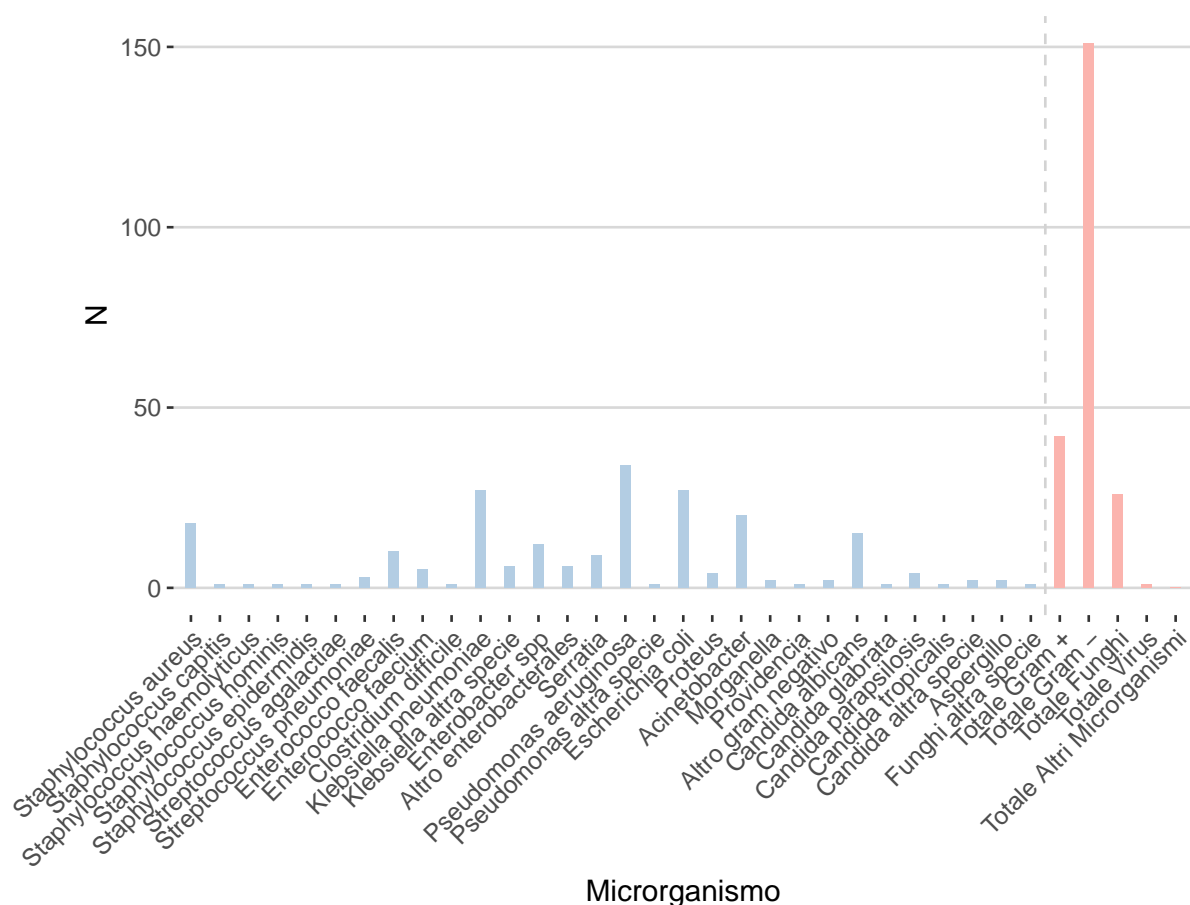
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4	2.5
Sì	156	97.5
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>160</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>224</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	11.5	14	4	28.6
Staphylococcus capitis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.9	2	1	50
Enterococco faecalis	10	6.4	7	0	0
Enterococco faecium	5	3.2	4	2	50
Clostridium difficile	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>42</b>	<b>26.9</b>	<b>28</b>	<b>8</b>	<b>28.6</b>
Klebsiella pneumoniae	27	17.3	20	1	5
Klebsiella altra specie	6	3.8	4	0	0
Enterobacter spp	12	7.7	12	0	0
Altro enterobacterales	6	3.8	5	0	0
Serratia	9	5.8	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	34	21.8	30	5	16.7
Pseudomonas altra specie	1	0.6	1	0	0
Escherichia coli	27	17.3	24	1	4.2
Proteus	4	2.6	4	0	0
Acinetobacter	20	12.8	18	17	94.4
Morganella	2	1.3	2	0	0
Providencia	1	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>151</b>	<b>96.8</b>	<b>129</b>	<b>24</b>	<b>18.6</b>
Candida albicans	15	9.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	4	2.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	1.3	0	0	0
Aspergillo	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>26</b>	<b>16.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

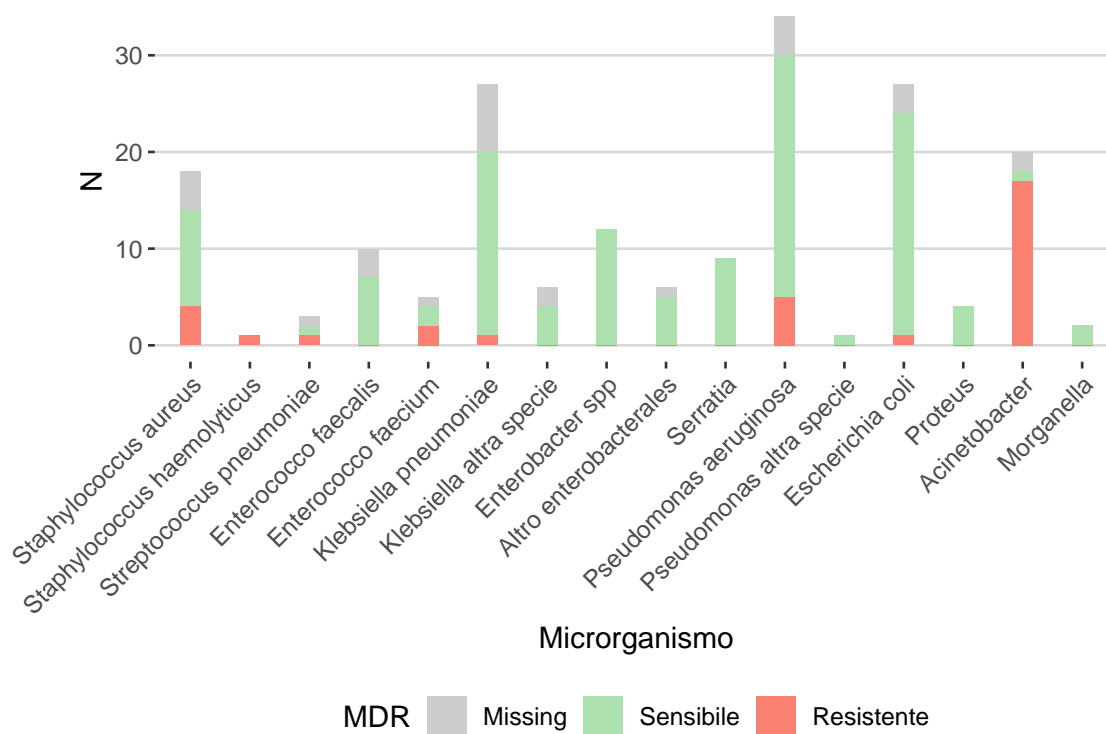
Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	11.5	14	4	28.6
Staphylococcus capitis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.9	2	1	50
Enterococcus faecalis	10	6.4	7	0	0
Enterococcus faecium	5	3.2	4	2	50
Clostridium difficile	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>42</b>	<b>26.9</b>	<b>28</b>	<b>8</b>	<b>28.6</b>
Klebsiella pneumoniae	27	17.3	20	1	5
Klebsiella altra specie	6	3.8	4	0	0
Enterobacter spp	12	7.7	12	0	0
Altro enterobacteriales	6	3.8	5	0	0
Serratia	9	5.8	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	34	21.8	30	5	16.7
Pseudomonas altra specie	1	0.6	1	0	0
Escherichia coli	27	17.3	24	1	4.2

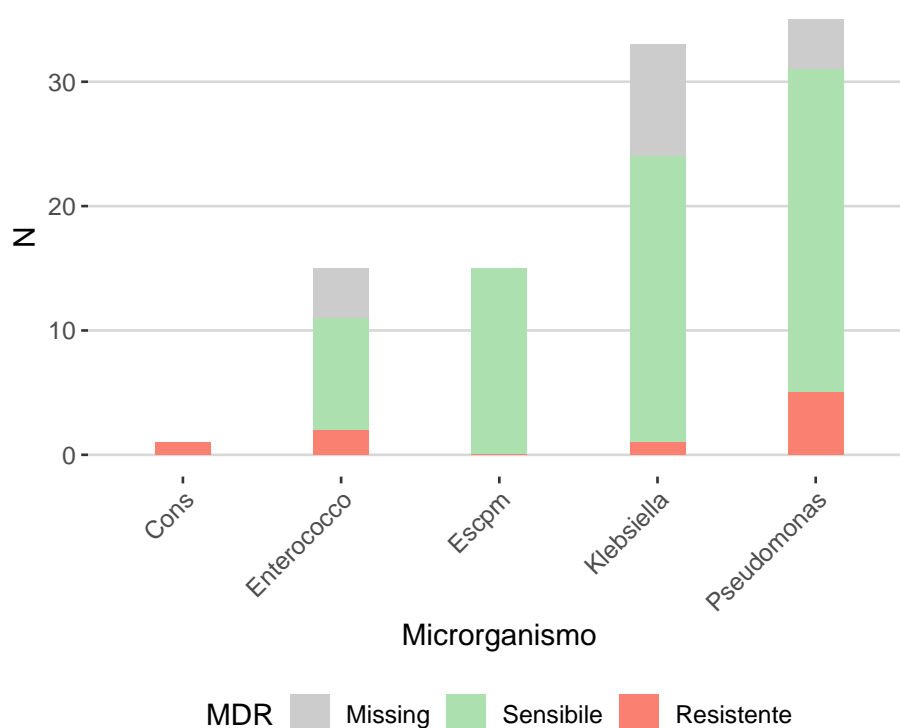
Proteus	4	2.6	4	0	0
Acinetobacter	20	12.8	18	17	94.4
Morganella	2	1.3	2	0	0
Providencia	1	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>151</b>	<b>96.8</b>	<b>129</b>	<b>24</b>	<b>18.6</b>
Candida albicans	15	9.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	4	2.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	1.3	0	0	0
Aspergillo	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>26</b>	<b>16.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus CoNS* altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Emofilo*, *Legionella*, *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.

### 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	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	15	11	9	2	18.18	4
Escpm	15	15	15	0	0.00	0
Klebsiella	33	24	23	1	4.17	9
Pseudomonas	35	31	26	5	16.13	4

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	20	Ertapenem	1	5.00
Klebsiella pneumoniae	20	Meropenem	1	5.00
Escherichia coli	24	Ertapenem	1	4.17
Escherichia coli	24	Meropenem	1	4.17
Acinetobacter	18	Imipenem	7	38.89
Acinetobacter	18	Meropenem	17	94.44
Pseudomonas aeruginosa	30	Imipenem	5	16.67
Pseudomonas aeruginosa	30	Meropenem	4	13.33
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	4	28.57
Streptococcus pneumoniae	2	Penicillina	1	50.00
Enterococco faecium	4	Vancomicina	2	50.00

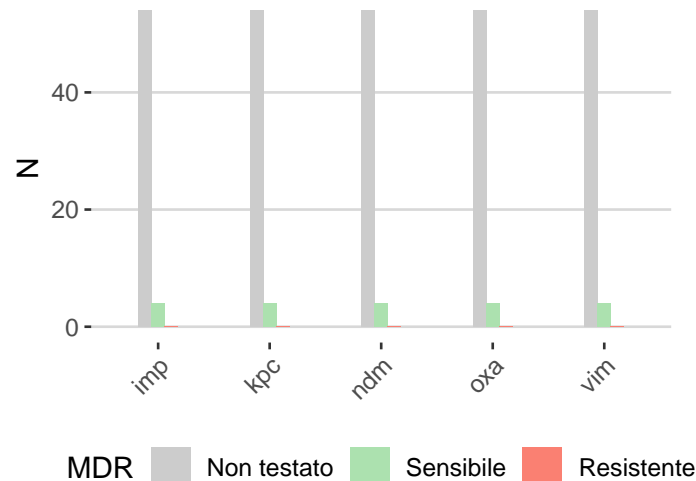
### 16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

	N	%
Sì	0	0
No	4	6.9
Non testato	54	93.1
Missing	36	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	54
kpc	0	0	4	54
ndm	0	0	4	54
oxa	0	0	4	54
vim	0	0	4	54



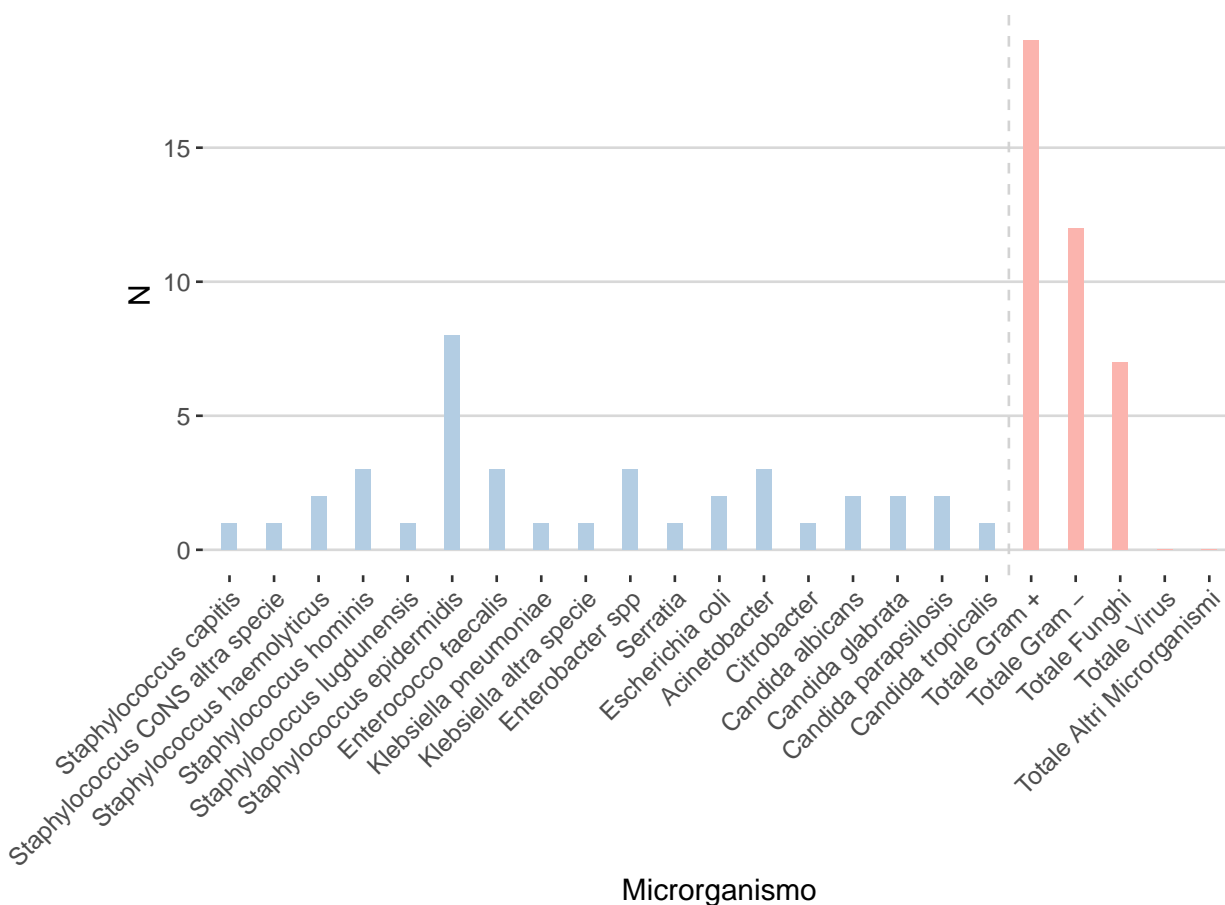


## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 31)

### 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.

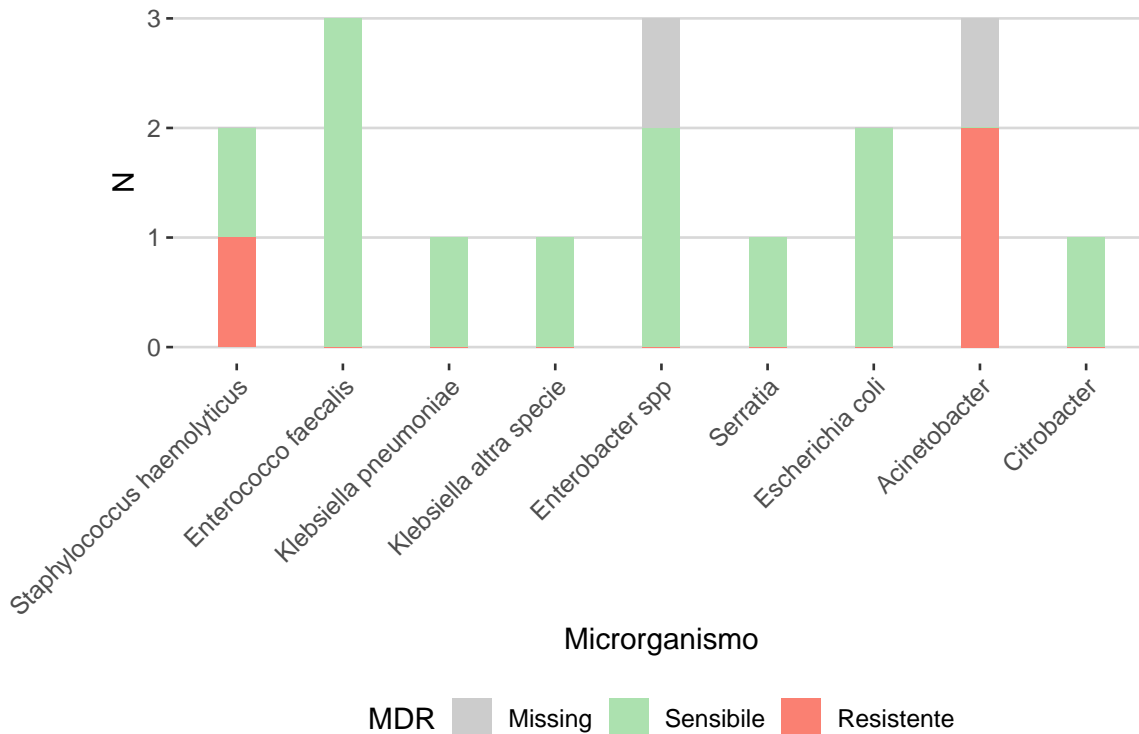
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	6.5	2	1	50
Staphylococcus hominis	3	9.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	25.8	0	0	0
Enterococco faecalis	3	9.7	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>19</b>	<b>61.3</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>20</b>
Klebsiella pneumoniae	1	3.2	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	3.2	1	0	0
Enterobacter spp	3	9.7	2	0	0
Serratia	1	3.2	1	0	0
Escherichia coli	2	6.5	2	0	0
Acinetobacter	3	9.7	2	2	100
Citrobacter	1	3.2	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>12</b>	<b>38.7</b>	<b>10</b>	<b>2</b>	<b>20</b>
Candida albicans	2	6.5	0	0	0
Candida glabrata	2	6.5	0	0	0
Candida parapsilosis	2	6.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	3.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>22.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	6.5	2	1	50
Staphylococcus hominis	3	9.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	25.8	0	0	0
Enterococco faecalis	3	9.7	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>19</b>	<b>61.3</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>20</b>
Klebsiella pneumoniae	1	3.2	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	3.2	1	0	0
Enterobacter spp	3	9.7	2	0	0
Serratia	1	3.2	1	0	0
Escherichia coli	2	6.5	2	0	0
Acinetobacter	3	9.7	2	2	100
Citrobacter	1	3.2	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>12</b>	<b>38.7</b>	<b>10</b>	<b>2</b>	<b>20</b>
Candida albicans	2	6.5	0	0	0
Candida glabrata	2	6.5	0	0	0
Candida parapsilosis	2	6.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	3.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>22.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

**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, Enterococco faecium, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi 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

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50

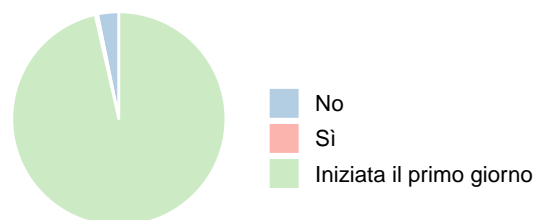
**17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia**

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	12	

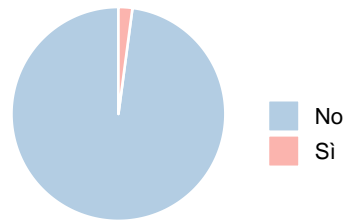
**18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 103)**

**18.1 Catetere urinario ( N = 4948 )**



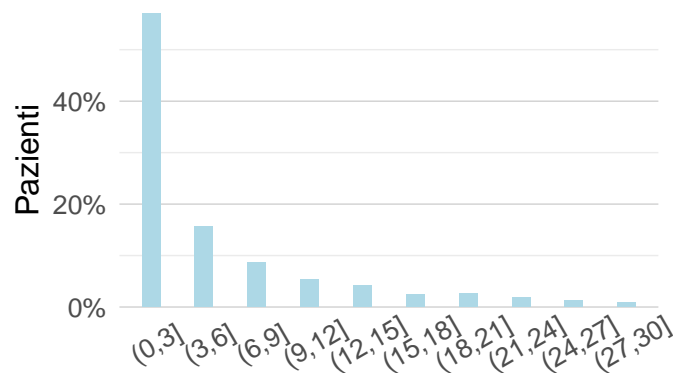
Catetere urinario	N	%
No	157	3.2
Sì	4760	96.8
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>4741</b>	<b>95.8</b>
Missing	31	

## 18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	4799	97.9
Si	103	2.1
Missing	46	0

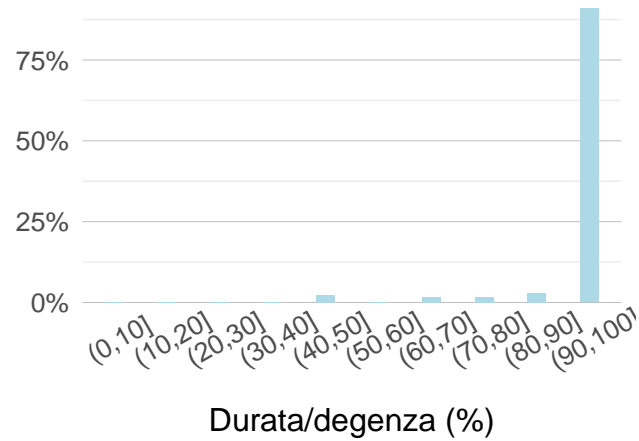
### 18.2.1 Durata catetere urinario ( giorni )



### Durata catetere vescicale ( giorni )

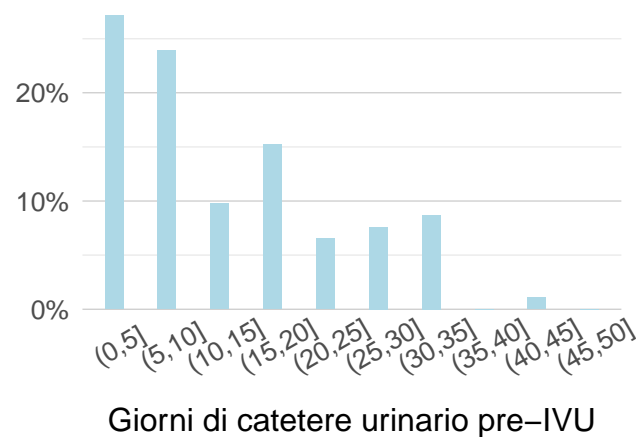
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.7 (12.3)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8.2)
Missing	20

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	97.0 (10.3)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	21

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	103
Media (DS)	16.7 (17.1)
Mediana (Q1-Q3)	12 (5-23.5)
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	3.0	2.1 %
CI ( 95% )	2.5 - 3.7	1.7 - 2.6

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.

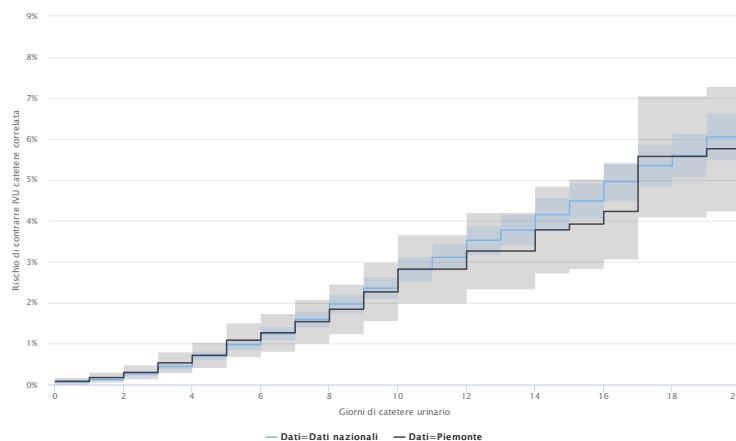
Il secondo invece:

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

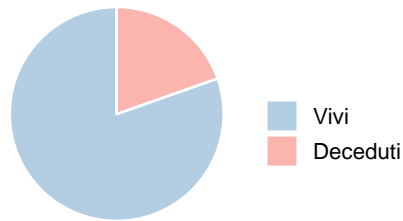
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

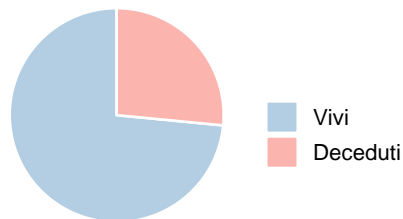


### 18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	82	80.4
Deceduti	20	19.6
Missing	1	0

### 18.6 Mortalità ospedaliera \*

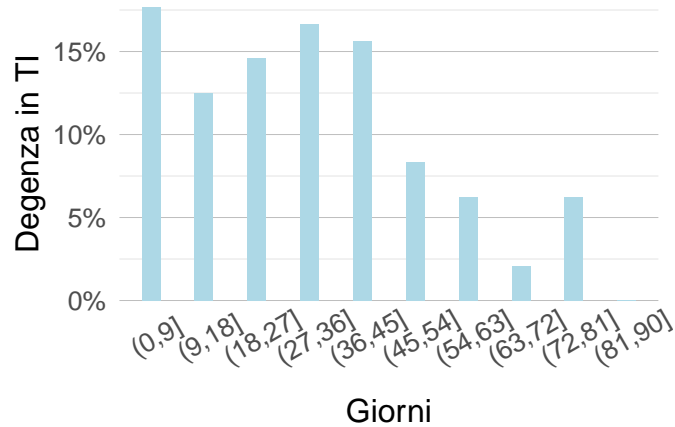


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	72	73.5
Deceduti	26	26.5
Missing	2	0

\* Statistiche calcolate su 100 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

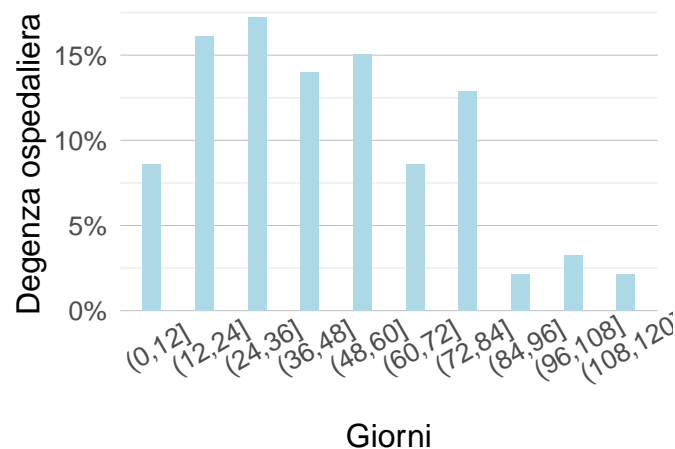


### 18.7 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.7 (29.7)
Mediana (Q1-Q3)	32 (15-47.8)
Missing	1

### 18.8 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	51.8 (36.4)
Mediana (Q1-Q3)	45 (27-71.8)
Missing	2

\* Statistiche calcolate su 100 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

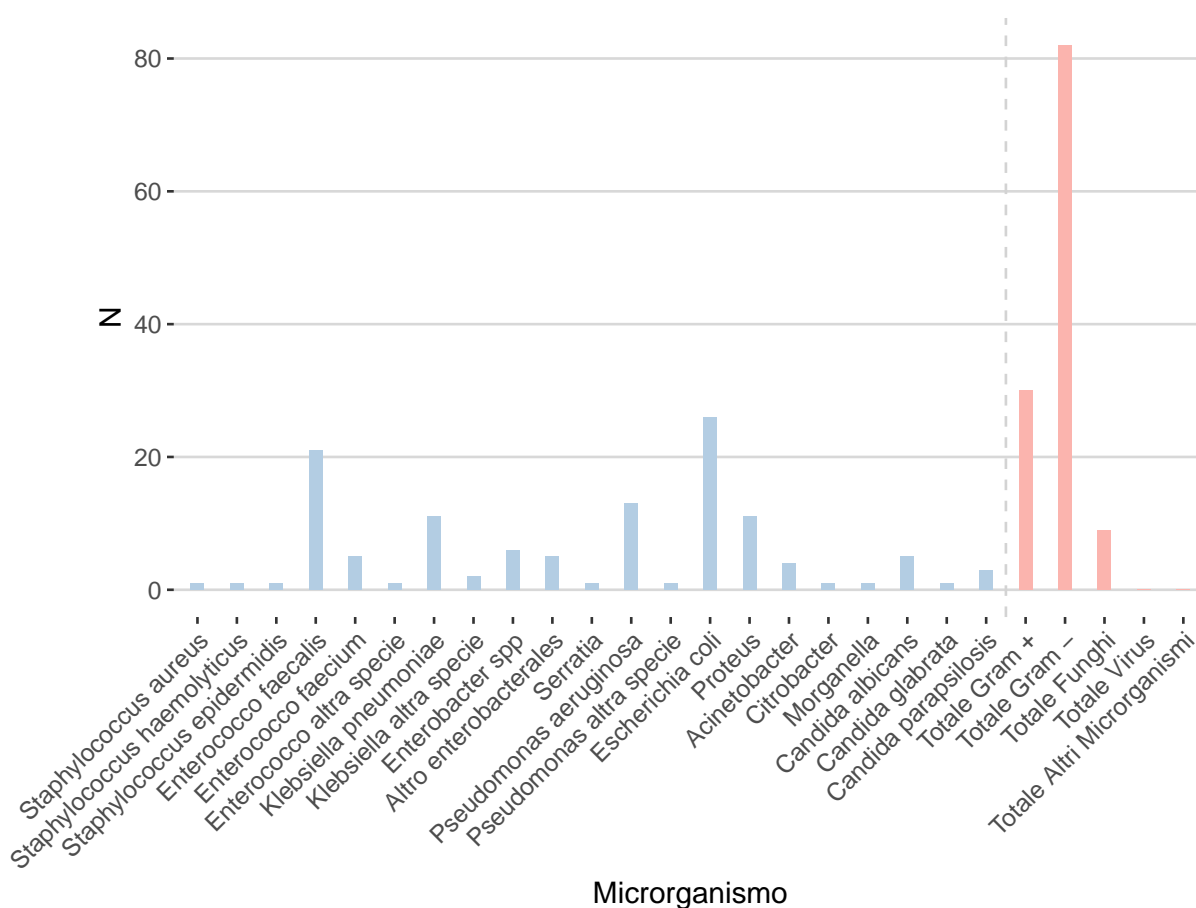
### 18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	103	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>103</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>121</b>	

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

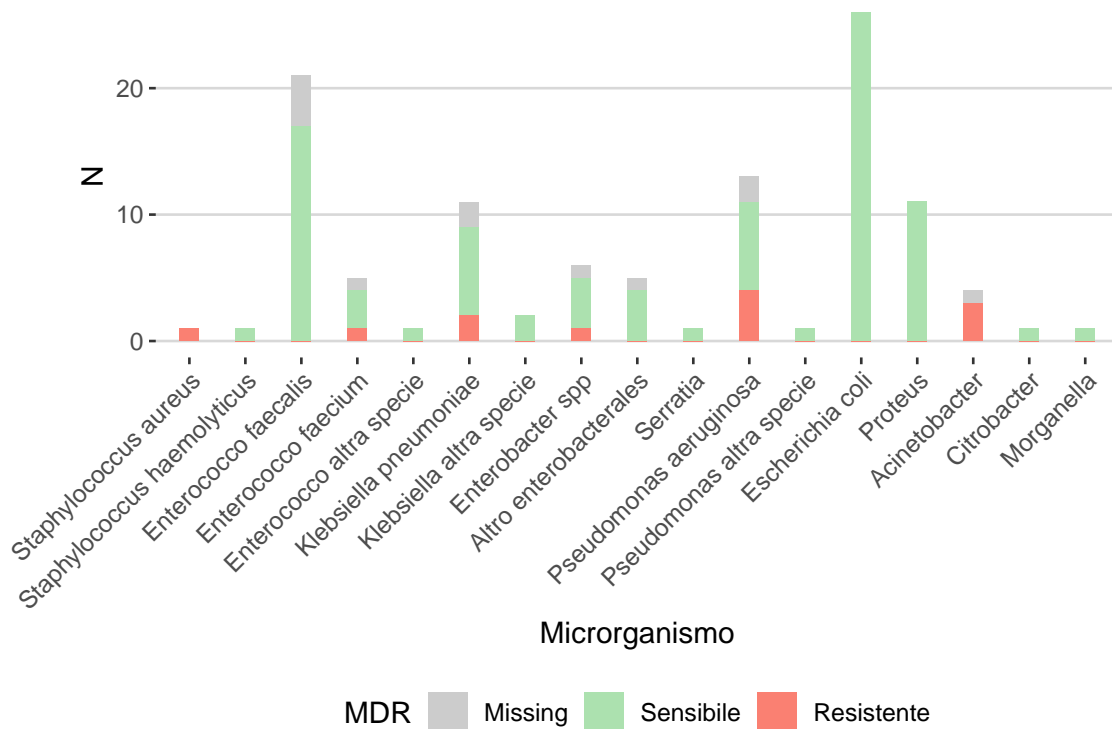
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.0	1	1	100
Staphylococcus haemolyticus	1	1.0	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.0	0	0	0
Enterococco faecalis	21	20.4	17	0	0
Enterococco faecium	5	4.9	4	1	25
Enterococco altra specie	1	1.0	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>30</b>	<b>29.1</b>	<b>24</b>	<b>2</b>	<b>8.3</b>
Klebsiella pneumoniae	11	10.7	9	2	22.2
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	0	0
Enterobacter spp	6	5.8	5	1	20
Altro enterobacterales	5	4.9	4	0	0
Serratia	1	1.0	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	12.6	11	4	36.4
Pseudomonas altra specie	1	1.0	1	0	0
Escherichia coli	26	25.2	26	0	0
Proteus	11	10.7	11	0	0
Acinetobacter	4	3.9	3	3	100
Citrobacter	1	1.0	1	0	0
Morganella	1	1.0	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>82</b>	<b>79.6</b>	<b>75</b>	<b>10</b>	<b>13.3</b>
Candida albicans	5	4.9	0	0	0
Candida glabrata	1	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>9</b>	<b>8.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.0	1	1	100
Staphylococcus haemolyticus	1	1.0	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.0	0	0	0
Enterococco faecalis	21	20.4	17	0	0
Enterococco faecium	5	4.9	4	1	25
Enterococco altra specie	1	1.0	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>30</b>	<b>29.1</b>	<b>24</b>	<b>2</b>	<b>8.3</b>
Klebsiella pneumoniae	11	10.7	9	2	22.2
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	0	0
Enterobacter spp	6	5.8	5	1	20
Altro enterobacterales	5	4.9	4	0	0
Serratia	1	1.0	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	12.6	11	4	36.4
Pseudomonas altra specie	1	1.0	1	0	0
Escherichia coli	26	25.2	26	0	0
Proteus	11	10.7	11	0	0
Acinetobacter	4	3.9	3	3	100
Citrobacter	1	1.0	1	0	0
Morganella	1	1.0	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>82</b>	<b>79.6</b>	<b>75</b>	<b>10</b>	<b>13.3</b>
Candida albicans	5	4.9	0	0	0
Candida glabrata	1	1.0	0	0	0

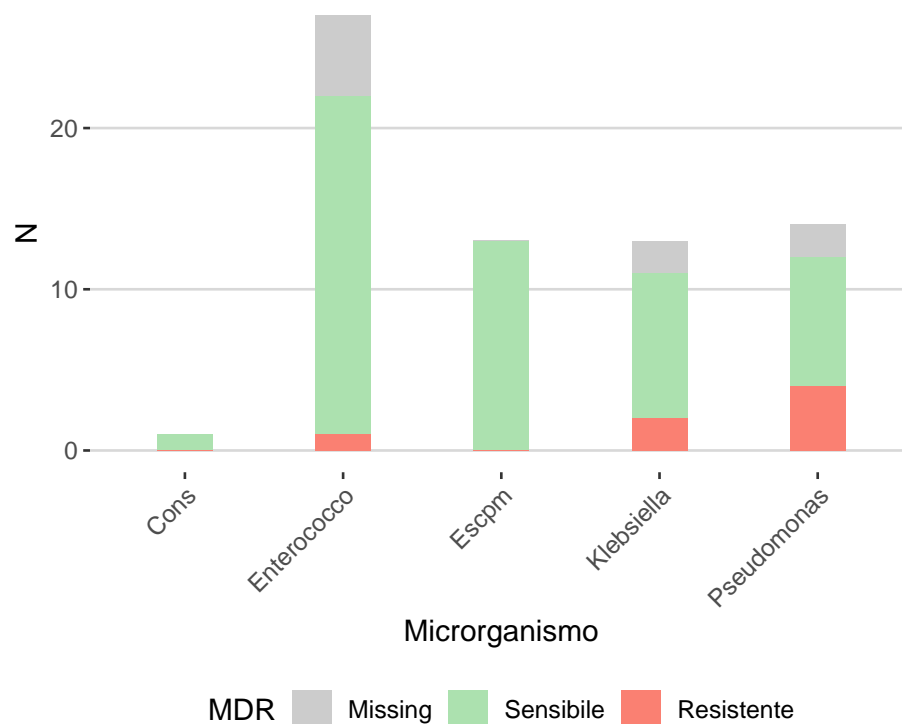
Candida parapsilosis	3	2.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>9</b>	<b>8.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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	27	22	21	1	4.55	5
Escpm	13	13	13	0	0.00	0
Klebsiella	13	11	9	2	18.18	2
Pseudomonas	14	12	8	4	33.33	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Ertapenem	2	22.22
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	1	11.11

Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Enterobacter spp	5	Meropenem	1	20.00
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	4	36.36
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	2	20.00
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecium	4	Vancomicina	1	25.00

### 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. 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	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	70	

## 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