



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

## **Petalo Infection Light**



Anno 2022

Toscana3 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 = 7025 )</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 = 3100 )</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 = 3893 )</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 = 2692)</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 = 489)</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 = 803)</b>	<b>46</b>
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	46
7.4 Infezione batteriémica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	47
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	48
7.9 Degenza in TI ( giorni )	49
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )*	49
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	49
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	56
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>63</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 786)</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 = 378)</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 = 408)</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 = 297)</b>	<b>97</b>
11.1	Trauma . . . . .	97
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	97
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	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 = 253)</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 = 7025 ) . . . . .	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) . . . . .	114
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 281)</b>	<b>118</b>
13.1	Trauma . . . . .	118
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	118
13.3	Tipologia . . . . .	118
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	119
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	119
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 72)</b>	<b>125</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	125
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	125
14.3	Mortalità in TI . . . . .	126
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	126
14.5	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	127
14.6	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	127
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	128

<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 122)</b>	<b>132</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	132
15.2	Fattori di rischio . . . . .	132
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	134
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	134
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	135
15.6	Mortalità in TI . . . . .	135
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	136
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	136
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	137
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	137
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 125)</b>	<b>143</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	143
16.2	Mortalità in TI . . . . .	144
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	144
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	145
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	145
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	145
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 22)</b>	<b>151</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	151
<b>18</b>	<b>Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 124)</b>	<b>154</b>
18.1	Catetere urinario ( N = 7025 ) . . . . .	154
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata . . . . .	154
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU . . . . .	156
18.4	Incidenza IVU catetere correlata . . . . .	156
18.5	Mortalità in TI . . . . .	157
18.6	Mortalità ospedaliera * . . . . .	157
18.7	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	158
18.8	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	158
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata . . . . .	159
<b>Appendice</b>		<b>163</b>
	Definizione di MDR . . . . .	163
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	164

## Petalo Infectionlight

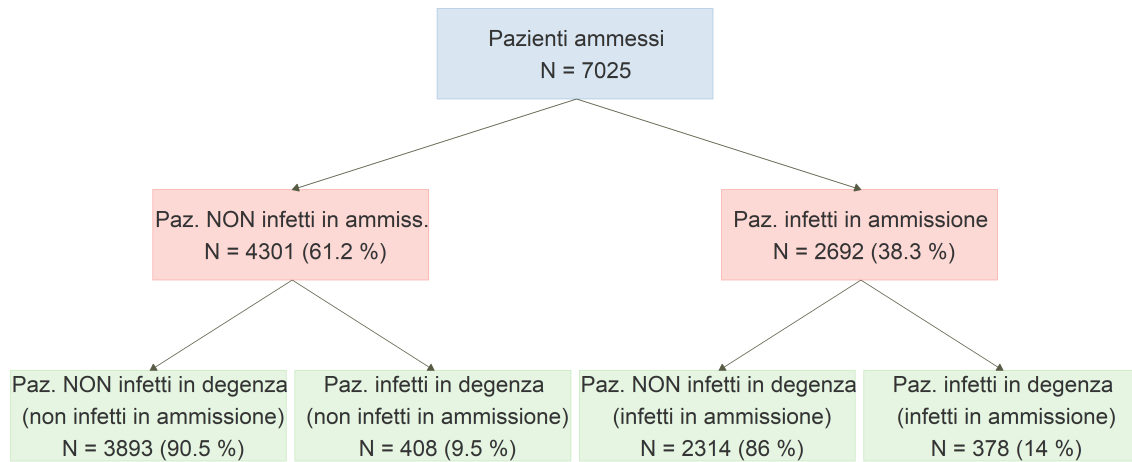
Anno 2022

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

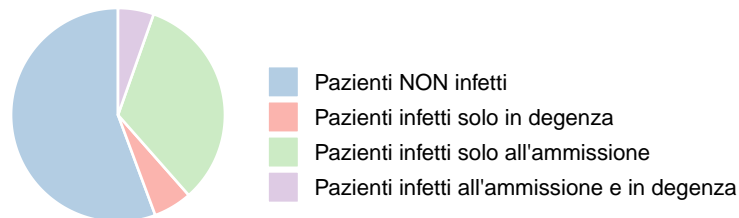
Popolazione complessiva: 23 TI

TI Toscana

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



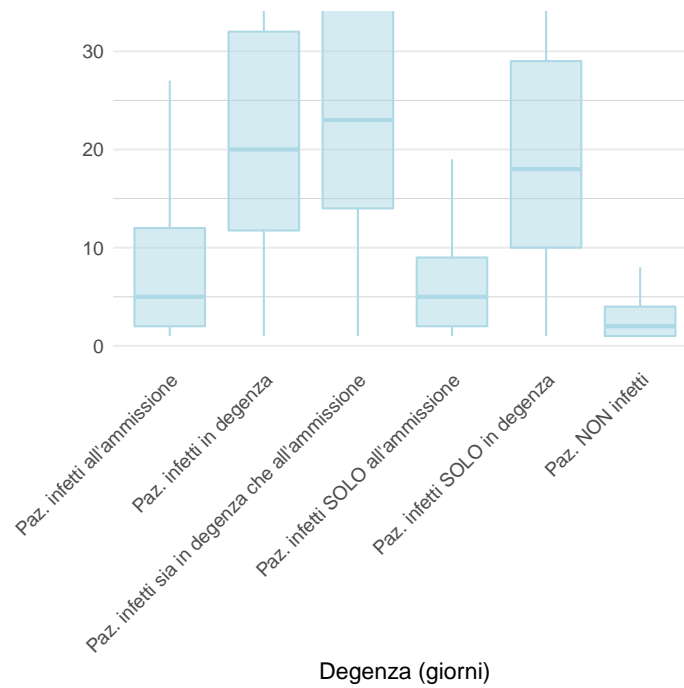
Per N = 32 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	3893	55.7
Pazienti infetti solo in degenza	408	5.8
Pazienti infetti solo all'ammissione	2314	33.1
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	378	5.4

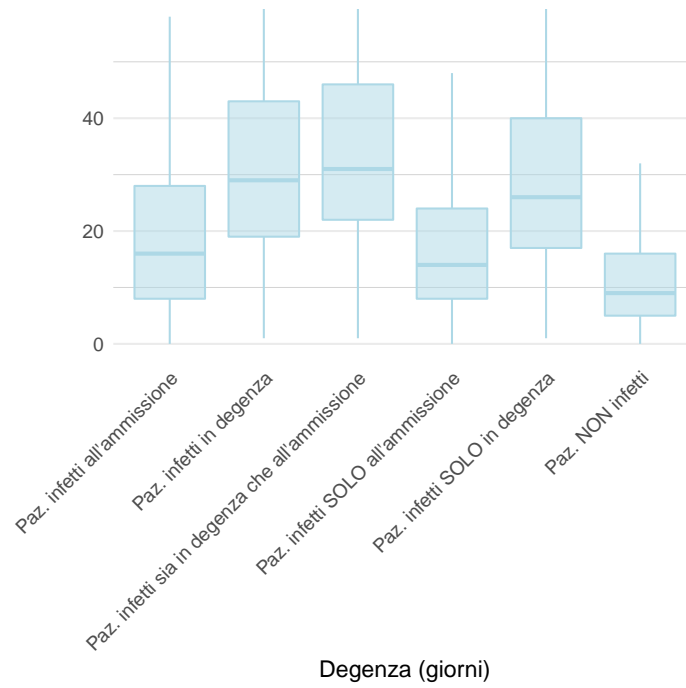
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 6993).

### 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Pazienti	Degenza in TI ( giorni )			
	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	3893	55.4	2	( 1 - 4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2314	32.9	5	( 2 - 9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	378	5.4	23	( 14 - 35 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	408	5.8	18	( 10 - 29 )
Pazienti infetti all'ammissione	2692	38.3	5	( 2 - 12 )
Pazienti infetti in degenza	786	11.2	20	( 12 - 32 )

1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

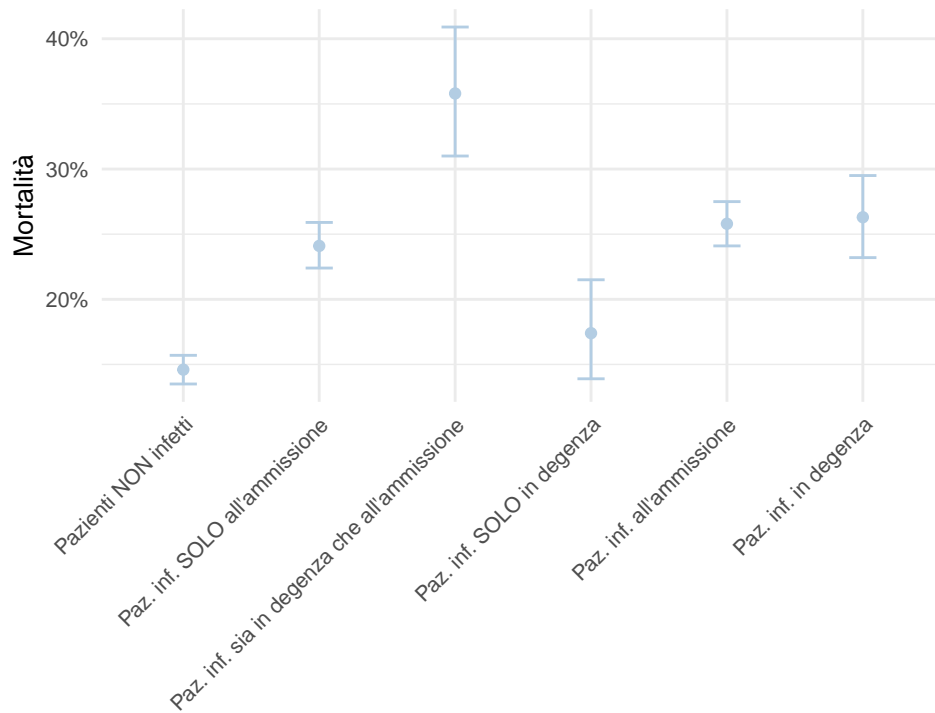


Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	3893	55.4	9	( 5 - 16 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2314	32.9	14	( 8 - 24 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	378	5.4	31	( 22 - 46 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	408	5.8	26	( 17 - 40 )
Pazienti infetti all'ammissione	2692	38.3	16	( 8 - 28 )
Pazienti infetti in degenza	786	11.2	29	( 19 - 43 )

\* escluse le riammissioni (N = 172)

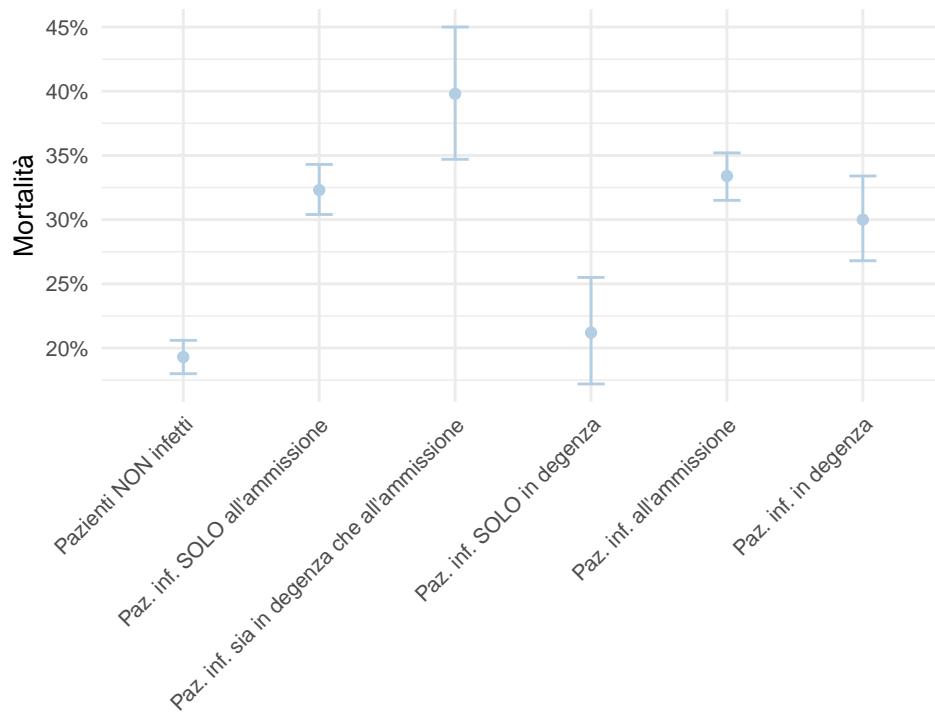


## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3893	567	14.6	( 13.5 - 15.7 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2314	557	24.1	( 22.4 - 25.9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	378	135	35.8	( 31 - 40.9 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	408	71	17.4	( 13.9 - 21.5 )
Pazienti infetti all'ammissione	2692	692	25.8	( 24.1 - 27.5 )
Pazienti infetti in degenza	786	206	26.3	( 23.2 - 29.5 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

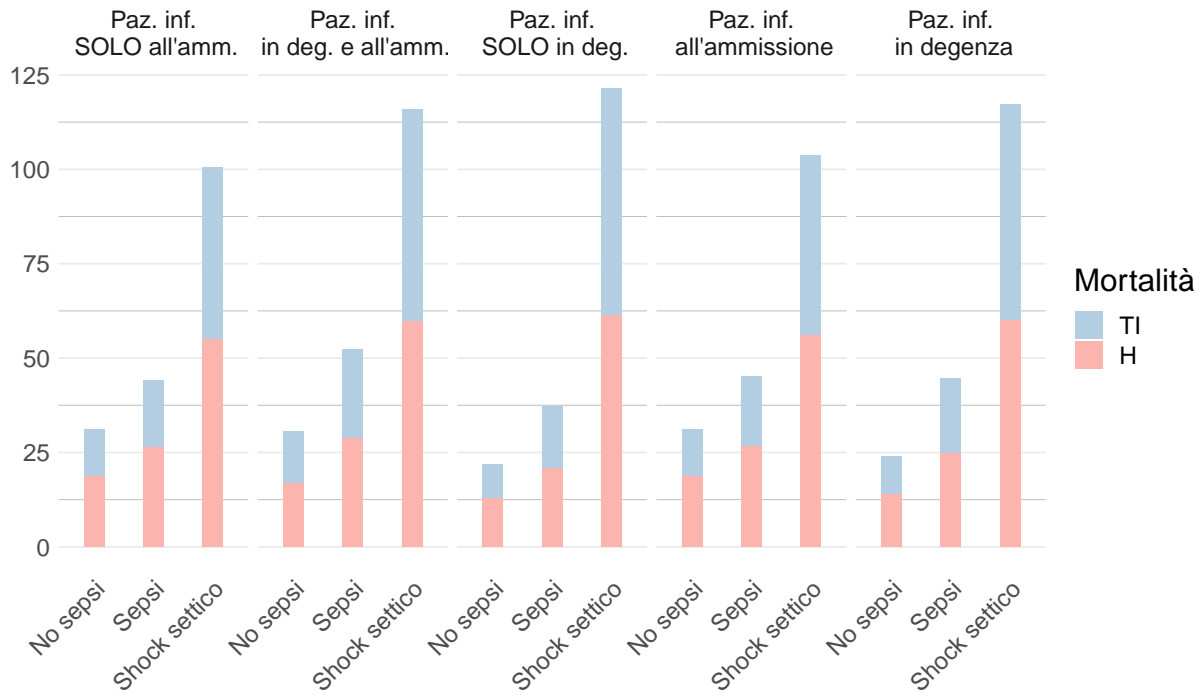


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3893	735	19.3	( 18 - 20.6 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2314	718	32.3	( 30.4 - 34.3 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	378	144	39.8	( 34.7 - 45 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	408	84	21.2	( 17.2 - 25.5 )
Pazienti infetti all'ammissione	2692	862	33.4	( 31.5 - 35.2 )
Pazienti infetti in degenza	786	228	30.0	( 26.8 - 33.4 )

\* escluse le riammissioni (N = 172)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2314	728	912	673	31.5	39.4	29.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	378	66	151	160	17.5	40.1	42.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	408	210	153	45	51.5	37.5	11.0
Pazienti infetti all'ammissione	2692	794	1063	833	29.5	39.5	31.0
Pazienti infetti in degenza	786	276	304	205	35.2	38.7	26.1



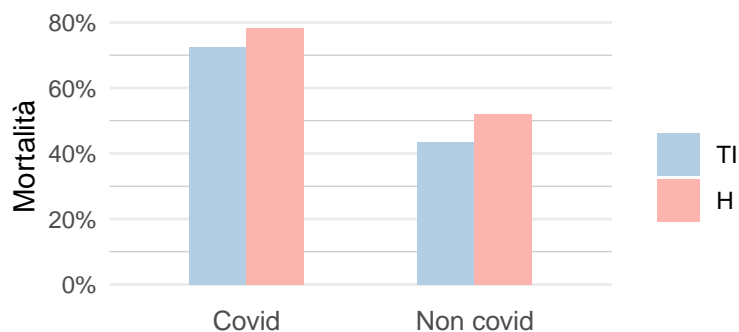
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	728	90	12.4	706	131	18.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	66	9	13.6	65	11	16.9
Pazienti infetti SOLO in degenza	210	19	9.0	209	27	12.9
Pazienti infetti all'ammissione	794	99	12.5	771	142	18.6
Pazienti infetti in degenza	276	28	10.1	274	38	13.9

## 1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	912	161	17.7	877	231	26.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	151	36	23.8	143	41	28.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	153	25	16.4	148	30	20.8
Pazienti infetti all'ammissione	1063	197	18.5	1020	272	26.7
Pazienti infetti in degenza	304	61	20.1	291	71	24.7

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	673	306	45.6	649	356	55.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	160	90	56.2	154	92	59.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	45	27	60.0	44	27	61.4
Pazienti infetti all'ammissione	833	396	47.7	803	448	55.9
Pazienti infetti in degenza	205	117	57.1	198	119	60.1

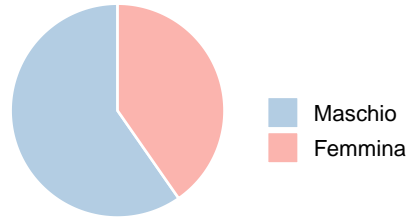
### 1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	121	87	72.5	120	93	78.2
Non covid	712	309	43.5	683	355	52.1

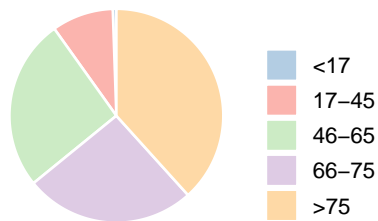
## 2 Tutti i pazienti ( N = 7025 )

### 2.1 Sesso



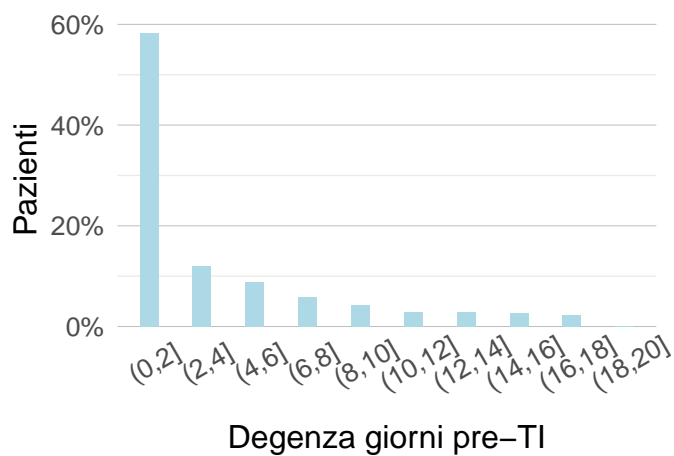
Sesso	N	%
Maschio	4193	59.7
Femmina	2832	40.3
Missing	0	0

### 2.2 Età



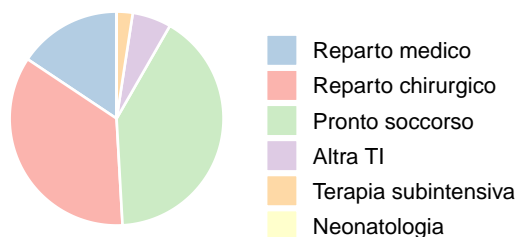
Range età	N	%
<17	38	0.5
17-45	655	9.3
46-65	1827	26.0
66-75	1814	25.8
>75	2691	38.3
Missing	0	0

## 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



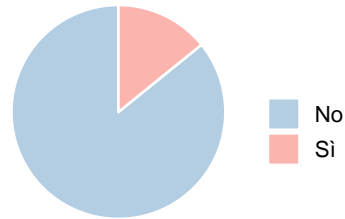
Indicatore	Valore
Media	3.8
DS	9.2
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	32

## 2.4 Provenienza ( reparto )



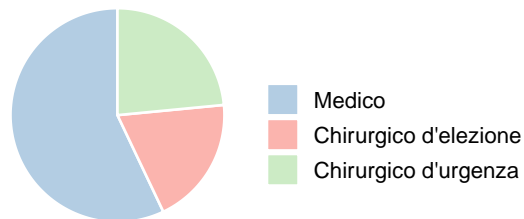
Provenienza	N	%
Reparto medico	1089	15.6
Reparto chirurgico	2454	35.2
Pronto soccorso	2841	40.8
Altra TI	409	5.9
Terapia subintensiva	169	2.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	63	0

## 2.5 Trauma



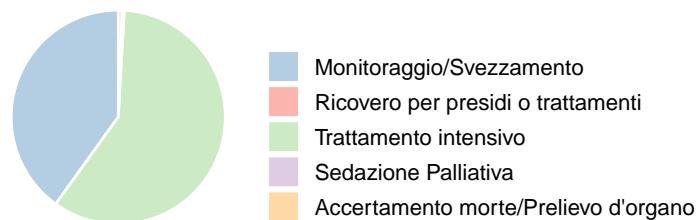
Trauma	N	%
No	6010	85.8
Sì	992	14.2
Missing	23	0

## 2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	3996	57.1
Chirurgico d'elezione	1363	19.5
Chirurgico d'urgenza	1644	23.5
Missing	22	0

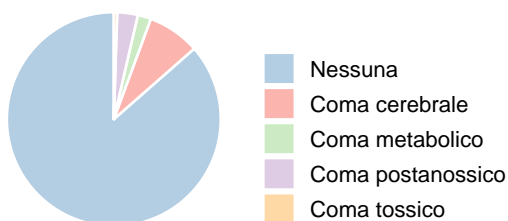
## 2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2799	40.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

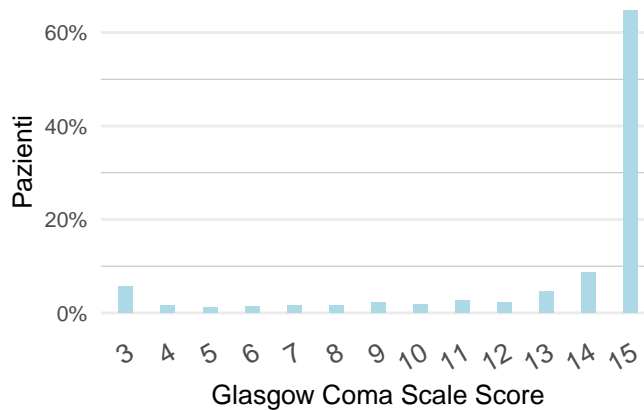
Trattamento intensivo	4121	59.0
Sedazione Palliativa	25	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	38	0.5
Missing	42	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	5026	86.5
Coma cerebrale	460	7.9
Coma metabolico	117	2.0
Coma postanossico	181	3.1
Coma tossico	29	0.5
Missing	1212	0

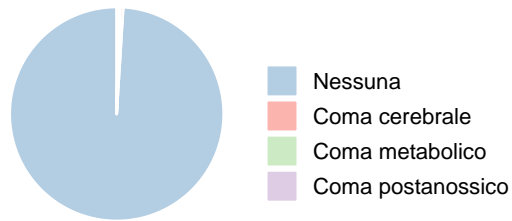
## 2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



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

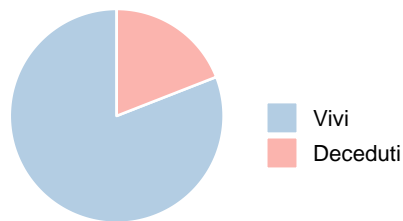


## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



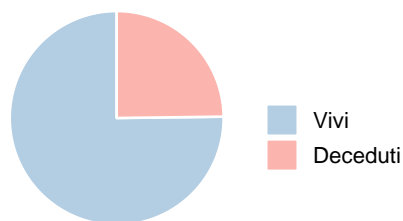
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	6926	99.0
Coma cerebrale	32	0.5
Coma metabolico	18	0.3
Coma postanossico	18	0.3
Missing	31	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	5658	80.9
Deceduti	1333	19.1
Missing	34	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

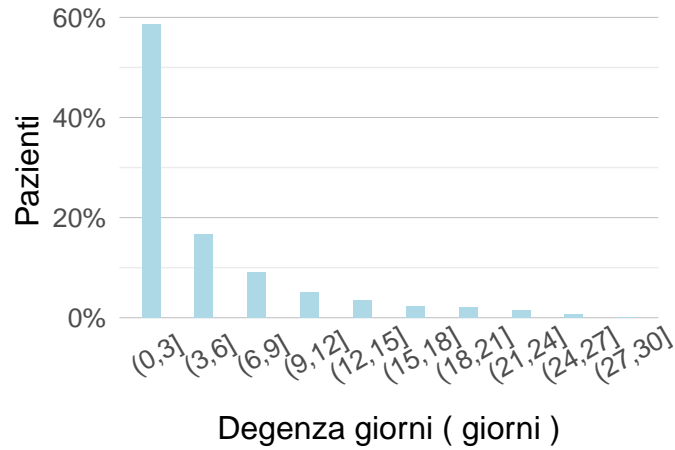


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	5111	75.2

Deceduti	1685	24.8
Missing	53	0

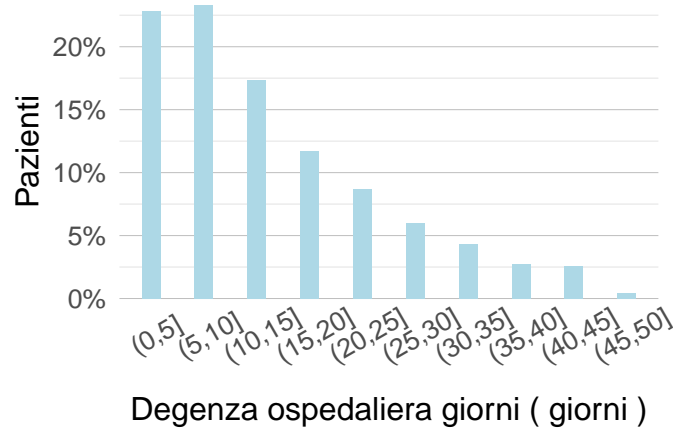
\* Statistiche calcolate su 6849 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 176 ).

### 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.8 (10.2)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	32

### 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

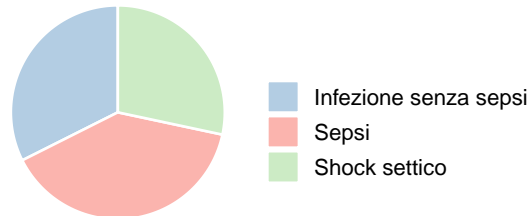


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.0 (19.4)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-22)
Missing	54

\* Statistiche calcolate su 6849 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 176 ).

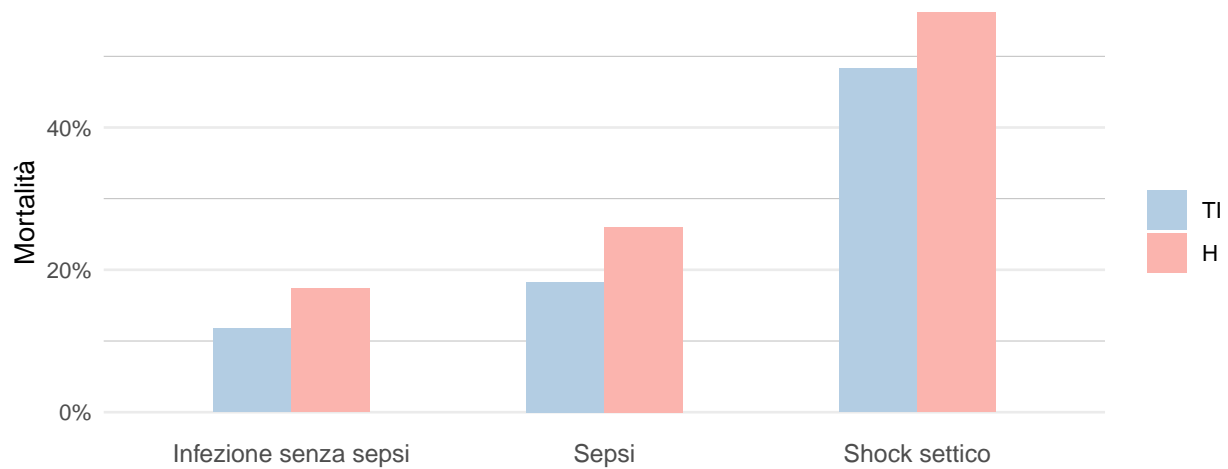
### 3 Pazienti infetti ( N = 3100 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	1004	32.4
Sepsi	1216	39.3
Shock settico	878	28.3
Missing	2	0

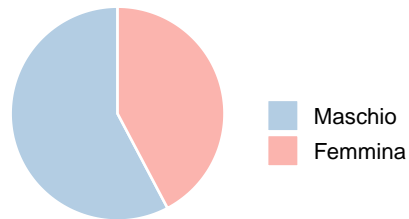
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	11.8	17.4
Sepsi	18.3	26.0
Shock settico	48.3	56.2

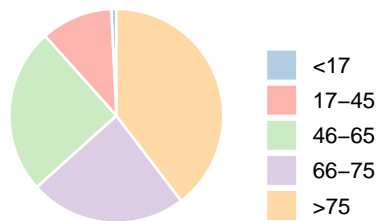
## 4 Pazienti non infetti ( N = 3893 )

### 4.1 Sesso



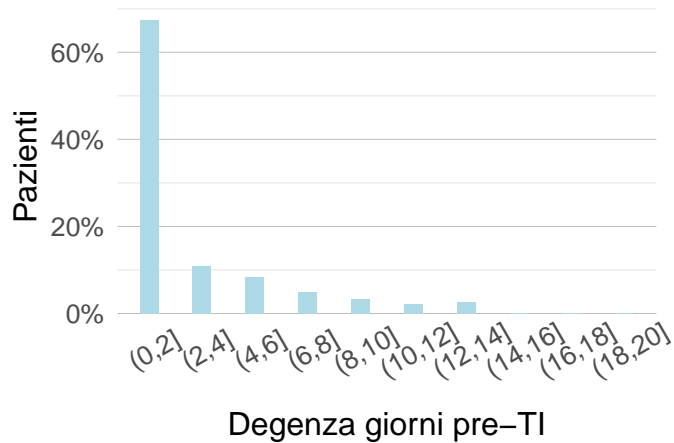
Sesso	N	%
Maschio	2248	57.7
Femmina	1645	42.3
Missing	0	0

### 4.2 Età



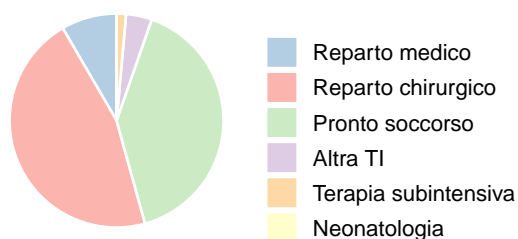
Range età	N	%
<17	30	0.8
17-45	422	10.8
46-65	975	25.0
66-75	923	23.7
>75	1543	39.6
Missing	0	0

## 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



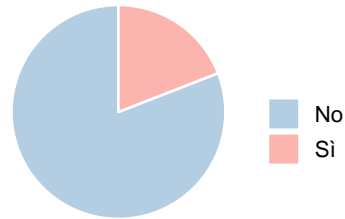
Indicatore	Valore
Media	2.8
DS	7.6
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	4

## 4.4 Provenienza ( reparto )



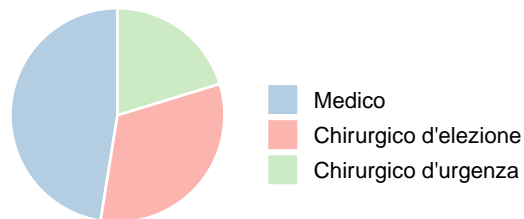
Provenienza	N	%
Reparto medico	325	8.4
Reparto chirurgico	1775	45.9
Pronto soccorso	1562	40.4
Altra TI	151	3.9
Terapia subintensiva	55	1.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	25	0

## 4.5 Trauma



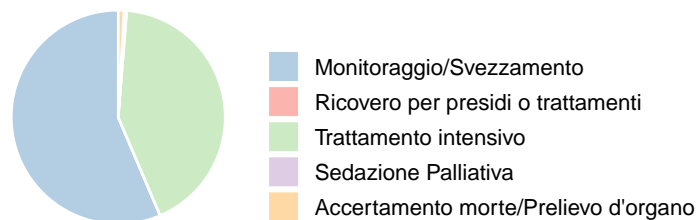
Trauma	N	%
No	3150	80.9
Sì	743	19.1
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	1848	47.5
Chirurgico d'elezione	1256	32.3
Chirurgico d'urgenza	789	20.3
Missing	0	0

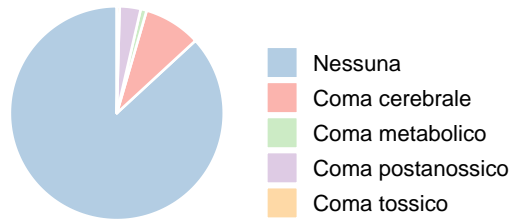
## 4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2189	56.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

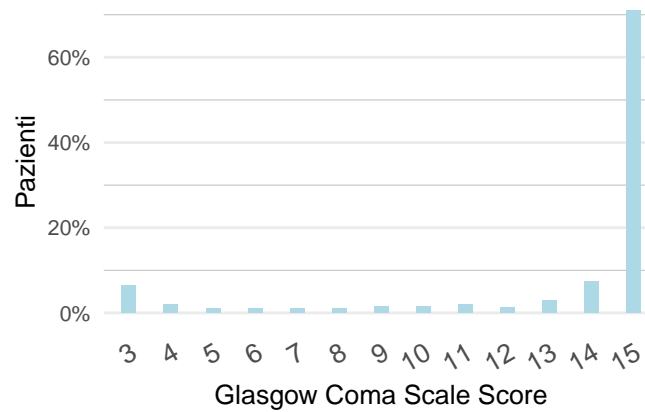
Trattamento intensivo	1642	42.3
Sedazione Palliativa	16	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	33	0.9
Missing	13	0

#### 4.8 Insufficienza neurologica



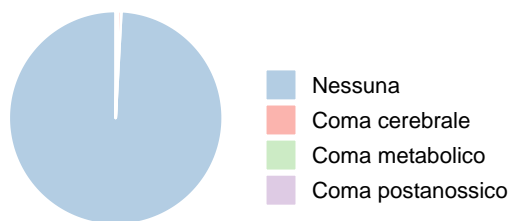
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	2875	86.9
Coma cerebrale	286	8.6
Coma metabolico	30	0.9
Coma postanossico	105	3.2
Coma tossico	14	0.4
Missing	583	0

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



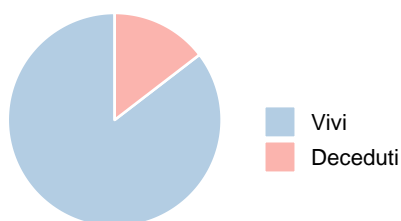
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.6
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



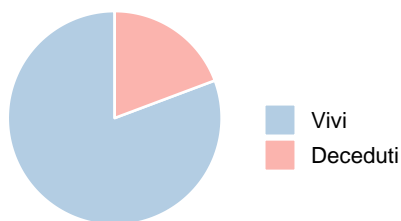
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3860	99.2
Coma cerebrale	19	0.5
Coma metabolico	4	0.1
Coma postanossico	10	0.3
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3324	85.4
Deceduti	567	14.6
Missing	2	0

## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



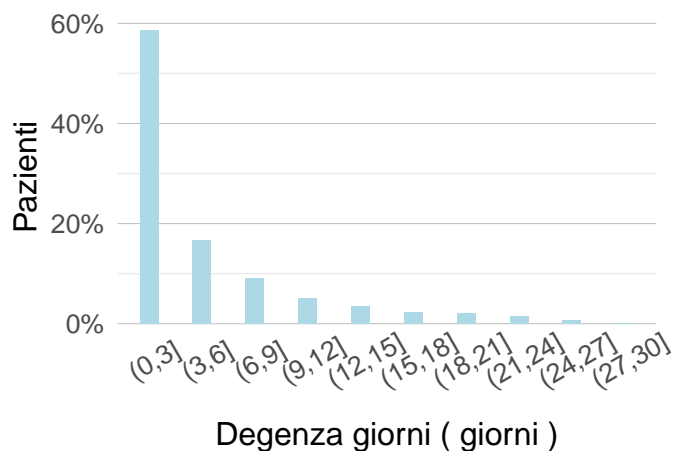
Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3075	80.7



Deceduti	735	19.3
Missing	11	0

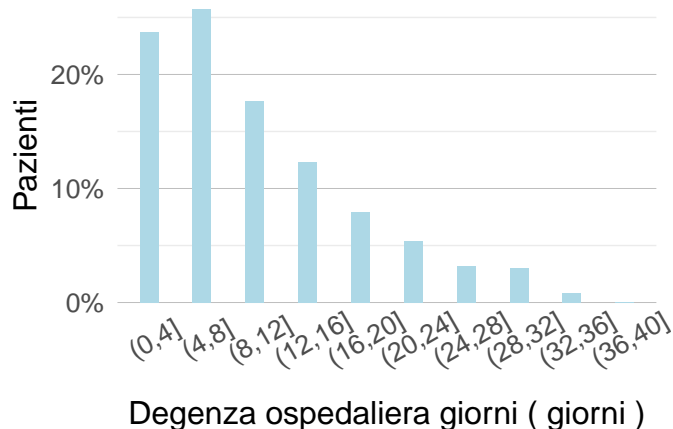
\* Statistiche calcolate su 3821 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 72 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.2 (4.2)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-4)
Missing	2

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

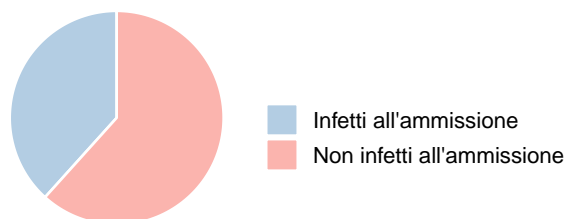


Indicatore	Valore
Media (DS)	12.5 (13.2)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-16)
Missing	13

\* Statistiche calcolate su 3821 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (  $N = 72$  ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

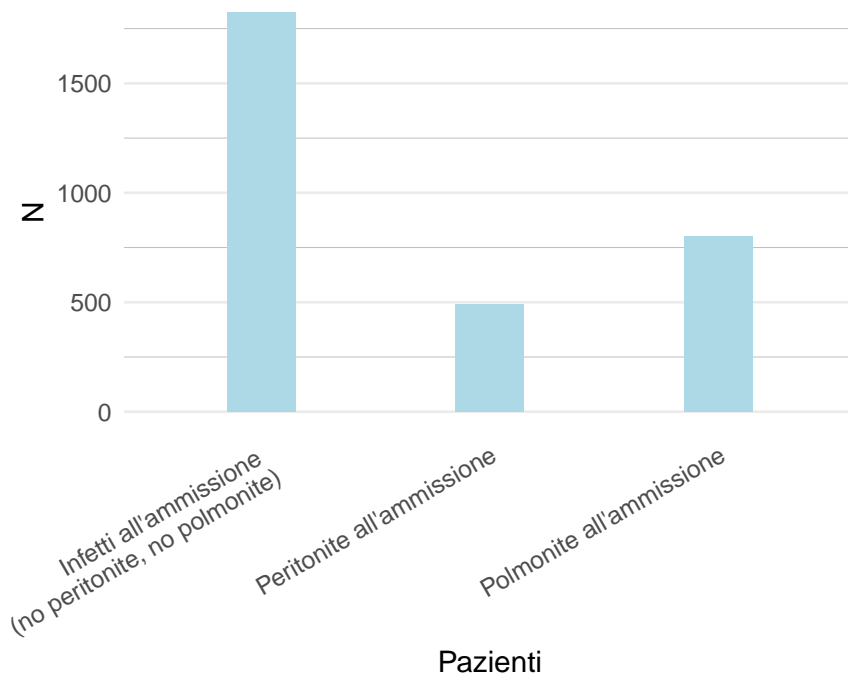
Sono presenti 2692 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 38.32% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	2692	38.32
Non infetti all'ammissione	4333	61.68

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 7025).

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

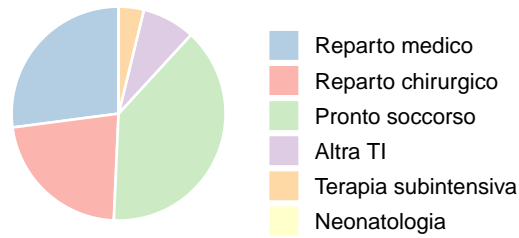


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1824	67.76
Peritonite all'ammissione	489	18.16
Polmonite all'ammissione	803	29.83

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 2692).

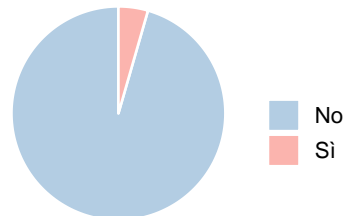
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2692)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



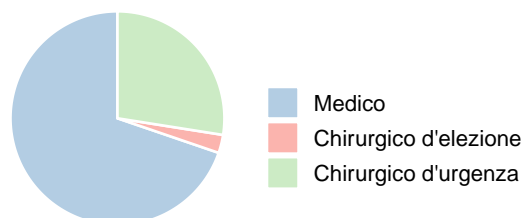
Provenienza	N	%
Reparto medico	724	27.1
Reparto chirurgico	594	22.2
Pronto soccorso	1040	38.9
Altra TI	214	8.0
Terapia subintensiva	102	3.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	18	0

### 5.2 Trauma



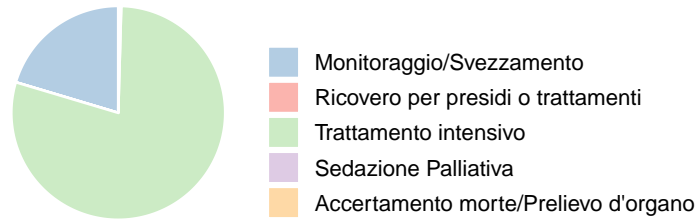
Trauma	N	%
No	2572	95.5
Sì	120	4.5
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



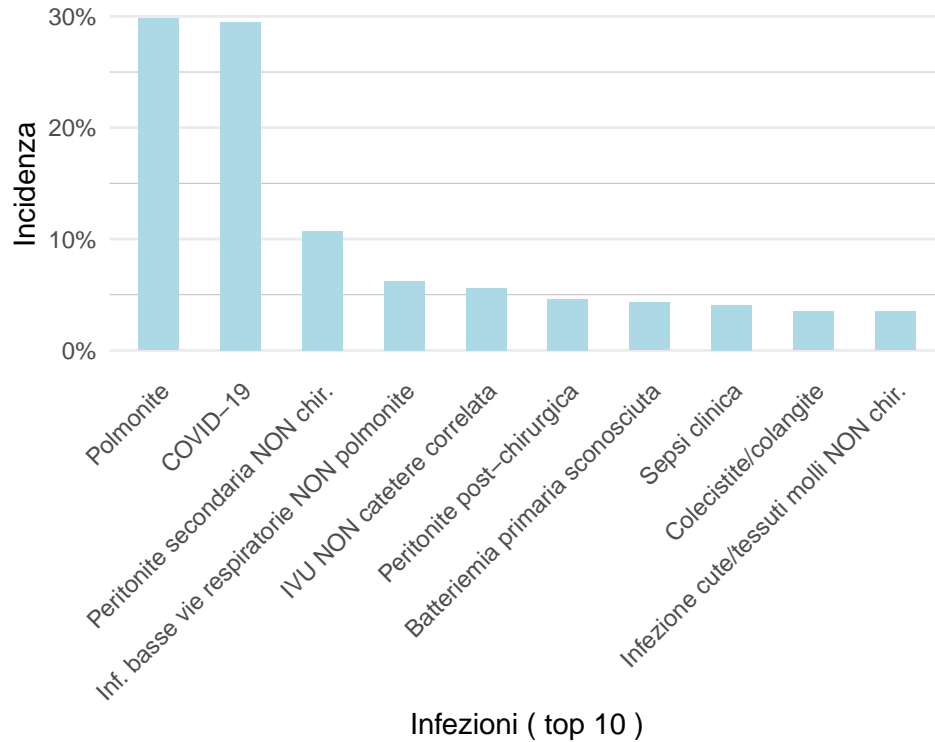
Stato chirurgico	N	%
Medico	1878	69.8
Chirurgico d'elezione	74	2.7
Chirurgico d'urgenza	740	27.5
Missing	0	0

#### 5.4 Motivo di ammissione



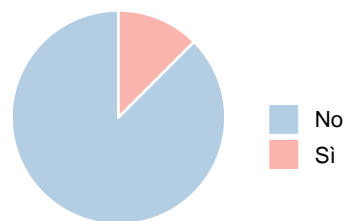
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	548	20.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2129	79.2
Sedazione Palliativa	9	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	3	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



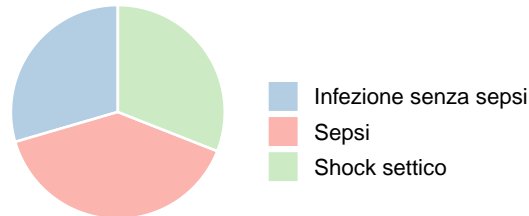
Infezione	N	%
Polmonite	803	29.8
COVID-19	795	29.5
Peritonite secondaria NON chir.	287	10.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	168	6.2
IVU NON catetere correlata	151	5.6
Peritonite post-chirurgica	125	4.6
Batteriemia primaria sconosciuta	116	4.3
Sepsi clinica	110	4.1
Colecistite/colangite	93	3.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	93	3.5
Missing	0	NA

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2356	87.5
Sì	336	12.5
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	794	29.5
Sepsi	1063	39.5
Shock settico	833	31.0
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.

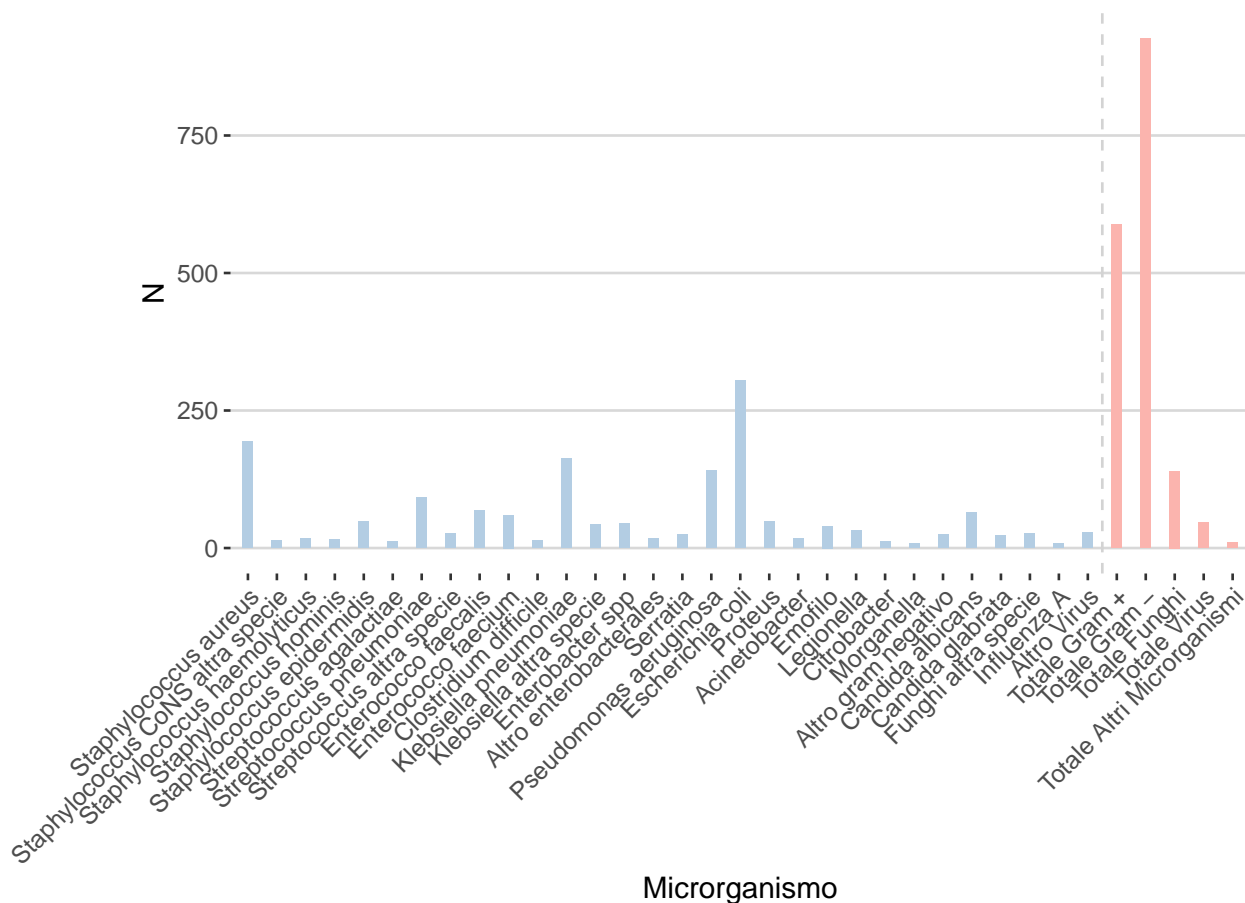
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	830	35.0
Sì	1540	65.0
Missing	9	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2379</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1927</b>	

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	194	12.6	163	34	20.9
Staphylococcus capitis	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	13	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	17	1.1	14	7	50
Staphylococcus hominis	15	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.3	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	49	3.2	0	0	0
Pyogens	4	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	12	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	92	6.0	65	1	1.5
Streptococcus altra specie	27	1.8	17	1	5.9
Enterococco faecalis	68	4.4	58	1	1.7
Enterococco faecium	60	3.9	53	21	39.6
Enterococco altra specie	6	0.4	4	0	0
Clostridium difficile	14	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	7	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>588</b>	<b>38.2</b>	<b>374</b>	<b>65</b>	<b>17.4</b>
Klebsiella pneumoniae	162	10.5	117	23	19.7
Klebsiella altra specie	43	2.8	36	2	5.6
Enterobacter spp	45	2.9	36	2	5.6
Altro enterobacterales	17	1.1	13	0	0
Serratia	24	1.6	19	0	0
Pseudomonas aeruginosa	141	9.2	112	26	23.2
Pseudomonas altra specie	4	0.3	2	0	0
Escherichia coli	304	19.7	242	2	0.8
Proteus	48	3.1	37	2	5.4
Acinetobacter	18	1.2	12	7	58.3
Emofilo	40	2.6	0	0	0
Legionella	32	2.1	0	0	0
Citrobacter	12	0.8	8	0	0
Morganella	9	0.6	4	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	25	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>926</b>	<b>60.1</b>	<b>638</b>	<b>64</b>	<b>10</b>
Candida albicans	64	4.2	0	0	0
Candida glabrata	22	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.3	0	0	0
Candida altra specie	4	0.3	0	0	0
Aspergillo	7	0.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	26	1.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>140</b>	<b>9.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	9	0.6			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	5	0.3			
Herpes simplex	2	0.1			
Altro Virus	29	1.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>47</b>	<b>3.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.3	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>10</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

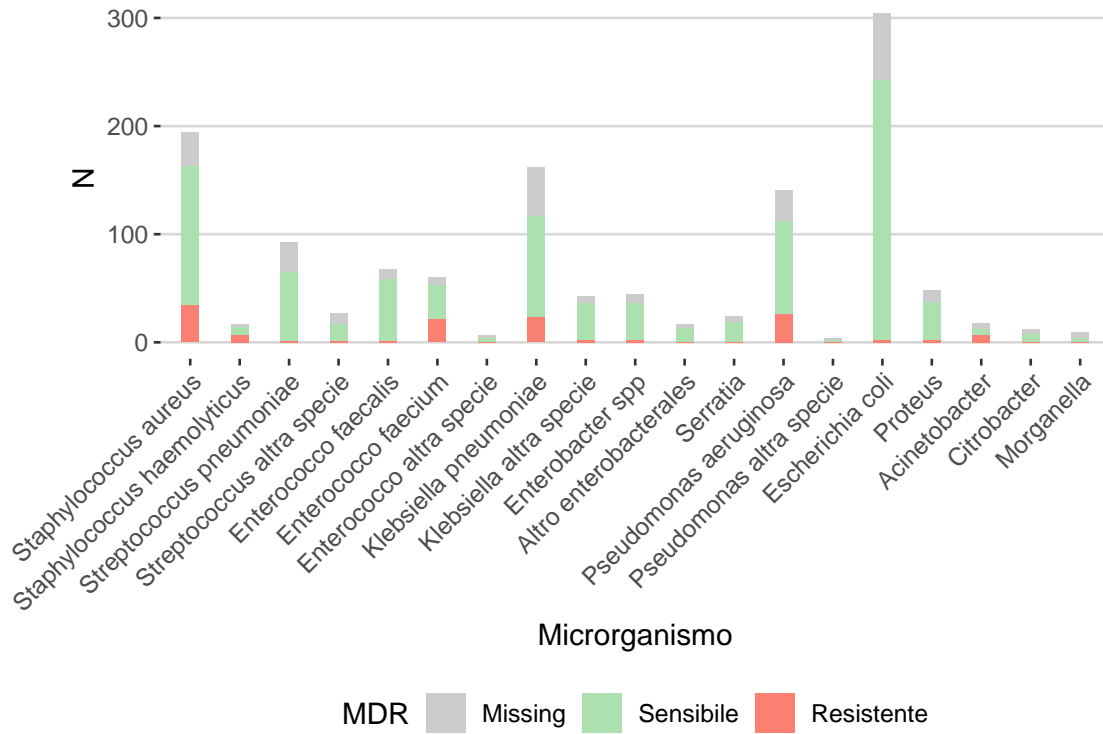




Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	194	12.6	163	34	20.9
Staphylococcus capitis	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	13	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	17	1.1	14	7	50
Staphylococcus hominis	15	1.0	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	49	3.2	0	0	0
Pyogens	4	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	12	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	92	6.0	65	1	1.5
Streptococcus altra specie	27	1.8	17	1	5.9
Enterococco faecalis	68	4.4	58	1	1.7
Enterococco faecium	60	3.9	53	21	39.6
Enterococco altra specie	6	0.4	4	0	0
Clostridium difficile	14	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	7	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>588</b>	<b>38.2</b>	<b>374</b>	<b>65</b>	<b>17.4</b>
Klebsiella pneumoniae	162	10.5	117	23	19.7
Klebsiella altra specie	43	2.8	36	2	5.6
Enterobacter spp	45	2.9	36	2	5.6
Altro enterobacterales	17	1.1	13	0	0

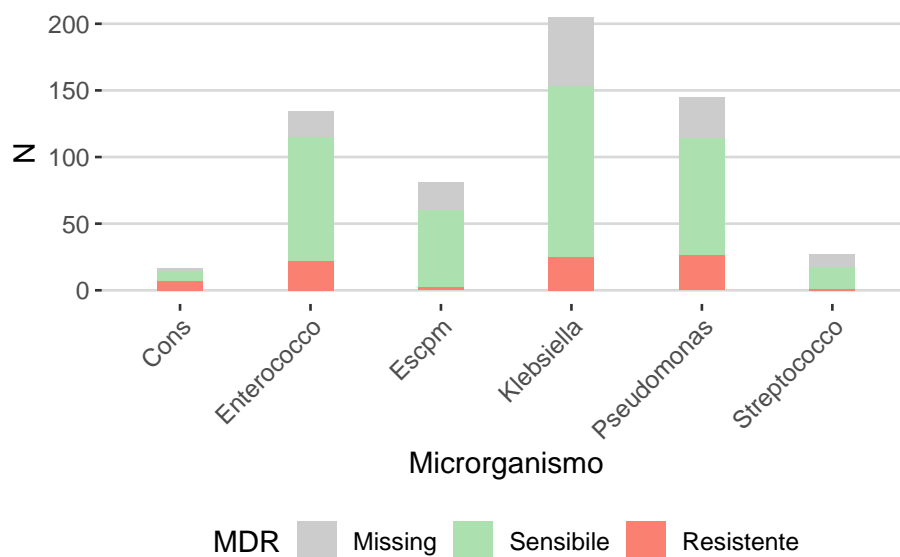
Serratia	24	1.6	19	0	0
Pseudomonas aeruginosa	141	9.2	112	26	23.2
Pseudomonas altra specie	4	0.3	2	0	0
Escherichia coli	304	19.7	242	2	0.8
Proteus	48	3.1	37	2	5.4
Acinetobacter	18	1.2	12	7	58.3
Emofilo	40	2.6	0	0	0
Legionella	32	2.1	0	0	0
Citrobacter	12	0.8	8	0	0
Morganella	9	0.6	4	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	25	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>926</b>	<b>60.1</b>	<b>638</b>	<b>64</b>	<b>10</b>
Candida albicans	64	4.2	0	0	0
Candida glabrata	22	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.3	0	0	0
Candida altra specie	4	0.3	0	0	0
Aspergillo	7	0.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	26	1.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>140</b>	<b>9.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	9	0.6			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	5	0.3			
Herpes simplex	2	0.1			
Altro Virus	29	1.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>47</b>	<b>3.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.3	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>10</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 ( Clamidia, Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	17	14	7	7	50.00	3
Enterococco	134	115	93	22	19.13	19
Escpm	81	60	58	2	3.33	21
Klebsiella	205	153	128	25	16.34	52
Pseudomonas	145	114	88	26	22.81	31
Streptococco	27	17	16	1	5.88	10

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	113	Ertapenem	16	14.16
Klebsiella pneumoniae	117	Meropenem	21	17.95
Klebsiella altra specie	35	Ertapenem	1	2.86
Klebsiella altra specie	36	Meropenem	2	5.56
Enterobacter spp	36	Ertapenem	2	5.56

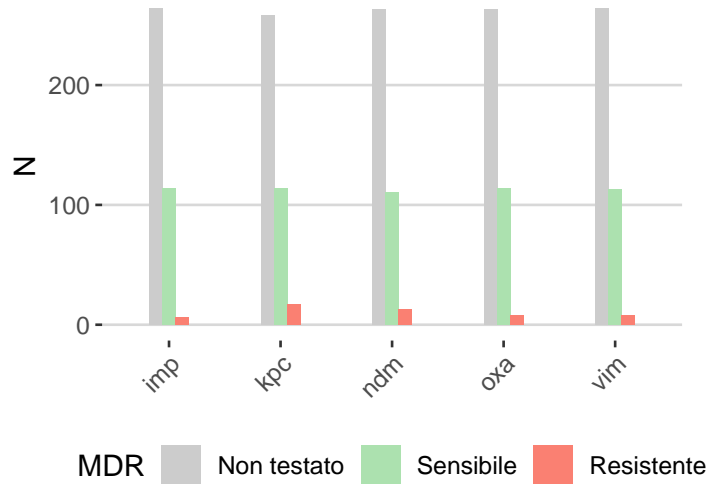
Escherichia coli	239	Ertapenem	2	0.84
Escherichia coli	241	Meropenem	1	0.41
Proteus	36	Ertapenem	2	5.56
Proteus	37	Meropenem	1	2.70
Acinetobacter	12	Imipenem	3	25.00
Acinetobacter	12	Meropenem	7	58.33
Pseudomonas aeruginosa	111	Imipenem	25	22.52
Pseudomonas aeruginosa	111	Meropenem	15	13.51
Staphylococcus haemolyticus	14	Meticillina	7	50.00
Staphylococcus aureus	163	Meticillina	34	20.86
Streptococcus pneumoniae	65	Penicillina	1	1.54
Streptococcus altra specie	17	Penicillina	1	5.88
Enterococco faecalis	58	Vancomicina	1	1.72
Enterococco faecium	53	Vancomicina	21	39.62

### 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.

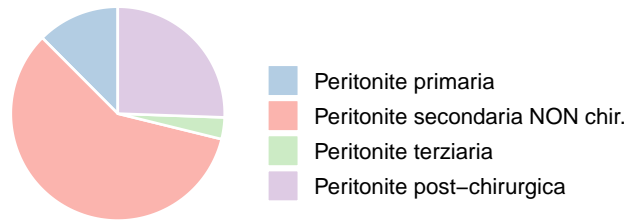
	N	%
Si	23	5.88
No	102	26.09
Non testato	266	68.03
Missing	275	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	6	11.5	114	264
kpc	17	32.7	114	258
ndm	13	25.0	111	263
oxa	8	15.4	114	263
vim	8	15.4	113	264



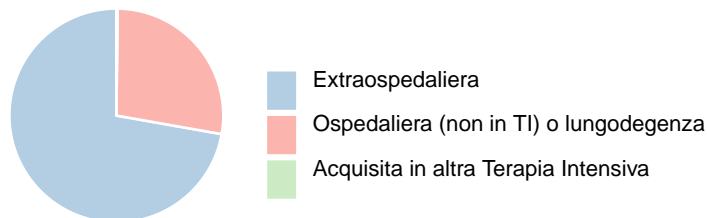
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 489)

### 6.1 Tipologia di peritonite



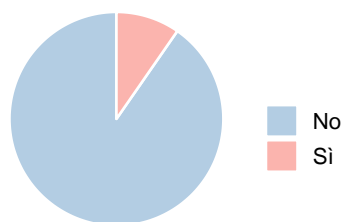
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	61	12.5
Peritonite secondaria NON chir.	287	58.7
Peritonite terziaria	16	3.3
Peritonite post-chirurgica	125	25.6
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



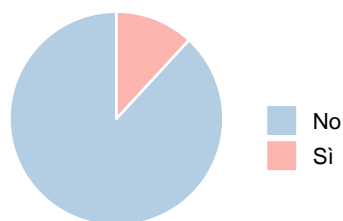
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	351	72.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	134	27.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	1	0.2
Missing	3	0

### 6.3 Infezione batteriemicca



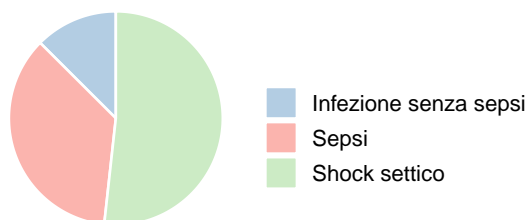
Batteriemicca	N	%
No	440	90.3
Si	47	9.7
Missing	2	0

### 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	431	88.1
Si	58	11.9
Missing	0	0

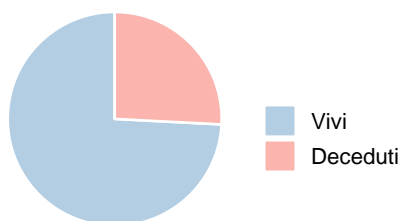
### 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	54	12.5
Sepsi	154	35.7
Shock settico	223	51.7
Missing	0	0

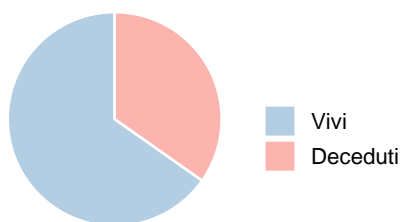
\* Statistiche calcolate su 431 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 58 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	362	74.2
Deceduti	126	25.8
Missing	1	0

## 6.7 Mortalità ospedaliera \*

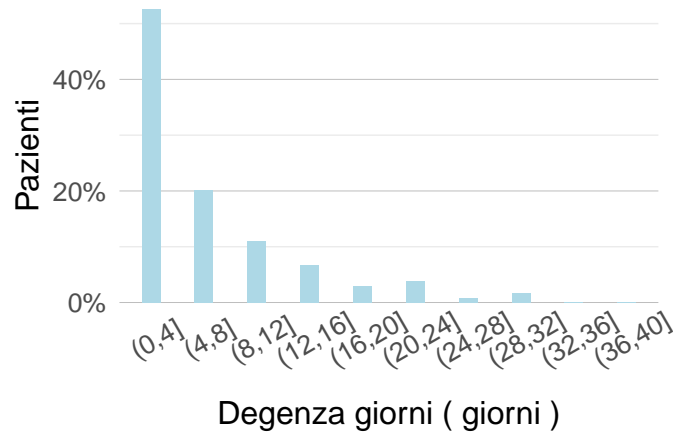


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	291	65.2
Deceduti	155	34.8
Missing	1	0

\* Statistiche calcolate su 447 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 42 ).

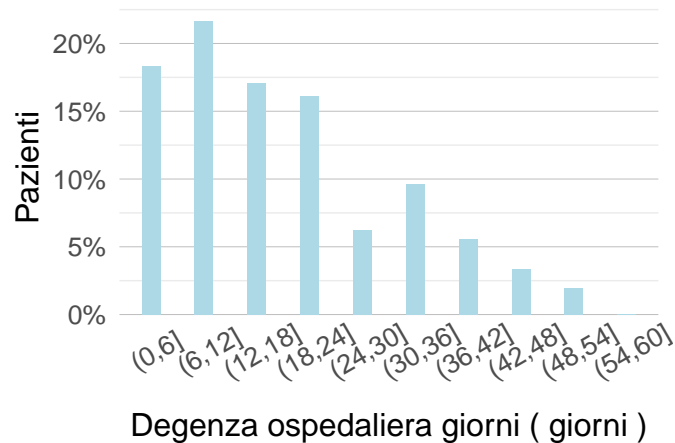


### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.9 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	4.5 (2-11)
Missing	1

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.6 (19.8)
Mediana (Q1-Q3)	17 (8-30)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 447 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 42 ).

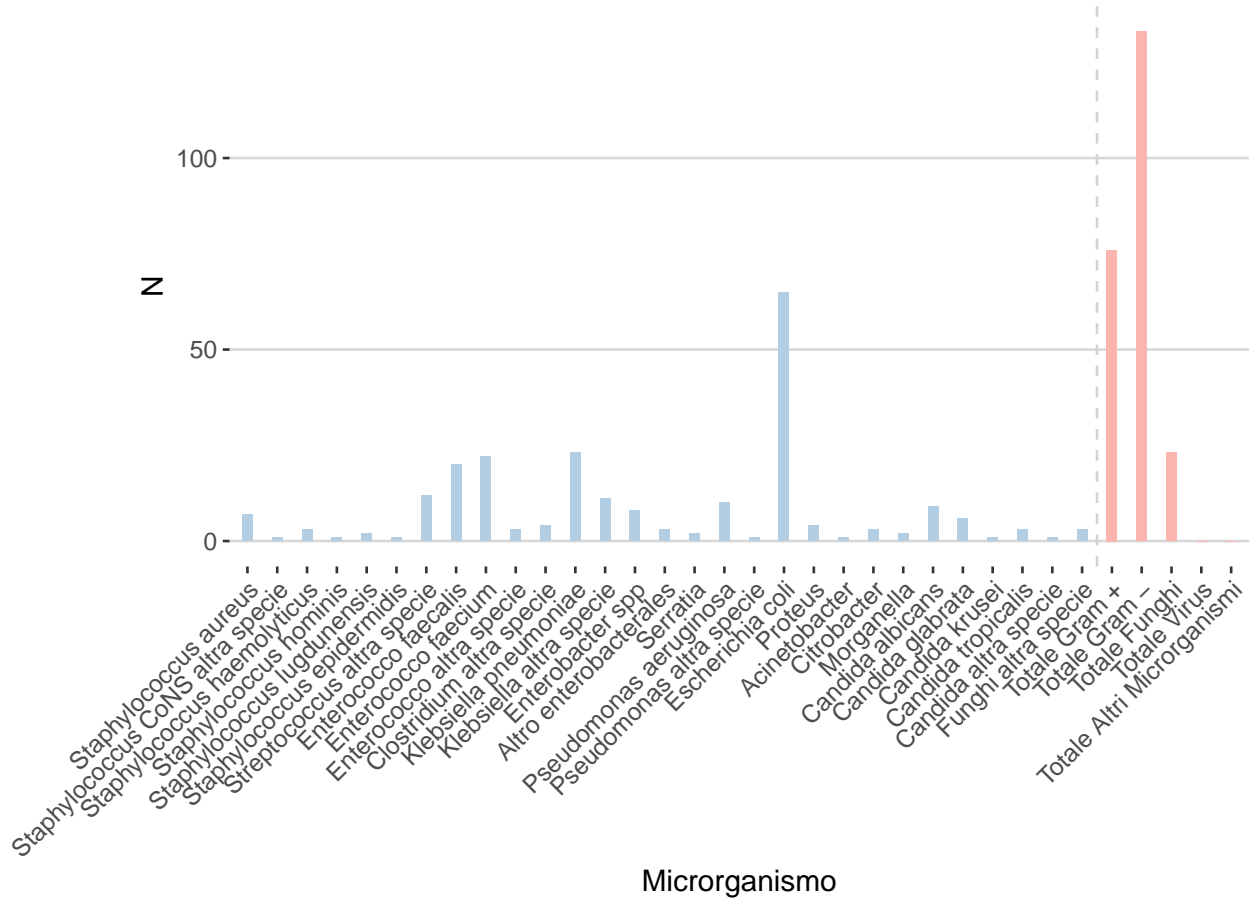
### 6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	336	69.1
Sì	150	30.9
Missing	3	
<b>Totale infezioni</b>	<b>489</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>232</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.

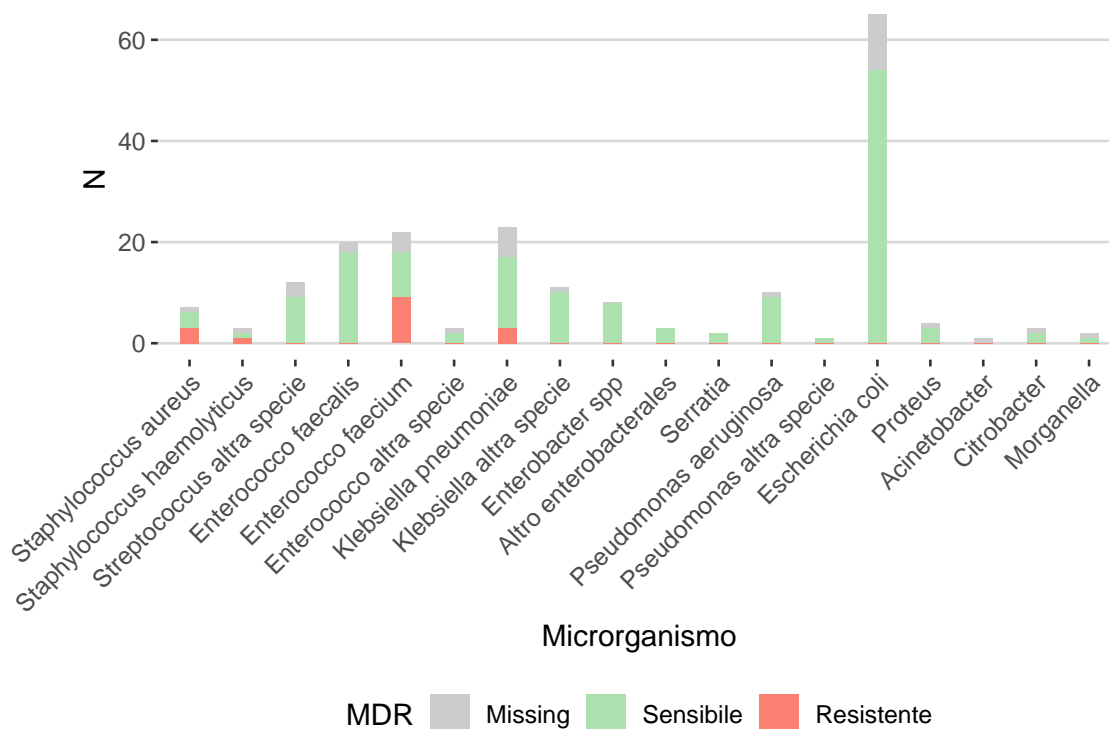
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	4.7	6	3	50
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	2.0	2	1	50
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	12	8.0	9	0	0
Enterococco faecalis	20	13.3	18	0	0
Enterococco faecium	22	14.7	18	9	50
Enterococco altra specie	3	2.0	2	0	0
Clostridium altra specie	4	2.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>76</b>	<b>50.7</b>	<b>55</b>	<b>13</b>	<b>23.6</b>
Klebsiella pneumoniae	23	15.3	17	3	17.6
Klebsiella altra specie	11	7.3	10	0	0
Enterobacter spp	8	5.3	8	0	0
Altro enterobacterales	3	2.0	3	0	0
Serratia	2	1.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	6.7	9	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0
Escherichia coli	65	43.3	54	0	0
Proteus	4	2.7	3	0	0
Acinetobacter	1	0.7	0	0	0
Citrobacter	3	2.0	2	0	0
Morganella	2	1.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>133</b>	<b>88.7</b>	<b>110</b>	<b>3</b>	<b>2.7</b>
Candida albicans	9	6.0	0	0	0
Candida glabrata	6	4.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	3	2.0	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>23</b>	<b>15.3</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>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	4.7	6	3	50
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	2.0	2	1	50
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	12	8.0	9	0	0
Enterococco faecalis	20	13.3	18	0	0
Enterococco faecium	22	14.7	18	9	50
Enterococco altra specie	3	2.0	2	0	0
Clostridium altra specie	4	2.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>76</b>	<b>50.7</b>	<b>55</b>	<b>13</b>	<b>23.6</b>
Klebsiella pneumoniae	23	15.3	17	3	17.6
Klebsiella altra specie	11	7.3	10	0	0
Enterobacter spp	8	5.3	8	0	0
Altro enterobacterales	3	2.0	3	0	0
Serratia	2	1.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	6.7	9	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0
Escherichia coli	65	43.3	54	0	0
Proteus	4	2.7	3	0	0

Acinetobacter	1	0.7	0	0	0
Citrobacter	3	2.0	2	0	0
Morganella	2	1.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>133</b>	<b>88.7</b>	<b>110</b>	<b>3</b>	<b>2.7</b>
Candida albicans	9	6.0	0	0	0
Candida glabrata	6	4.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	3	2.0	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>23</b>	<b>15.3</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>

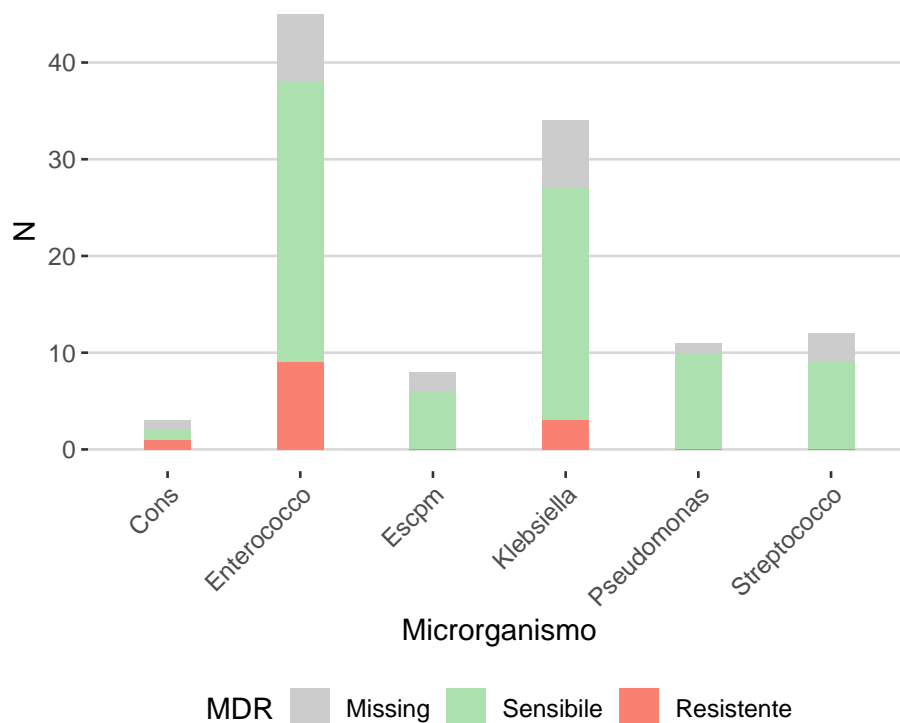
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Providencia, Aspergillo, Candida auris, 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.

### 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	3	2	1	1	50.00	1
Enterococco	45	38	29	9	23.68	7
Escpm	8	6	6	0	0.00	2
Klebsiella	34	27	24	3	11.11	7
Pseudomonas	11	10	10	0	0.00	1
Streptococco	12	9	9	0	0.00	3

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.

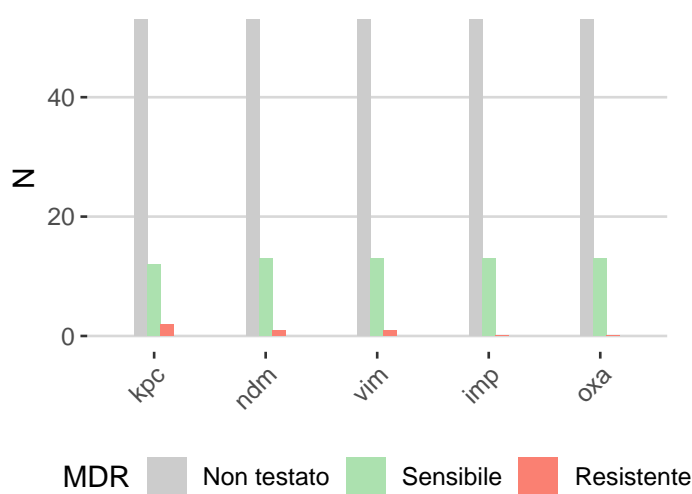
Microorganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	1	6.25
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	3	17.65
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	3	50.00
Enterococco faecium	18	Vancomicina	9	50.00

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

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

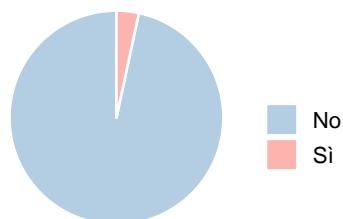
	N	%
Sì	2	2.99
No	12	17.91
Non testato	53	79.1
Missing	38	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	53
kpc	2	50	12	53
ndm	1	25	13	53
oxa	0	0	13	53
vim	1	25	13	53



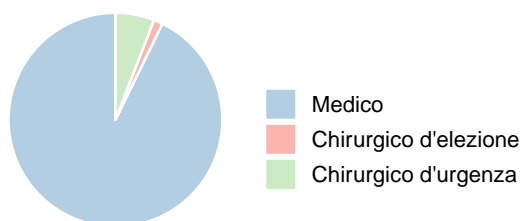
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 803)

### 7.1 Trauma



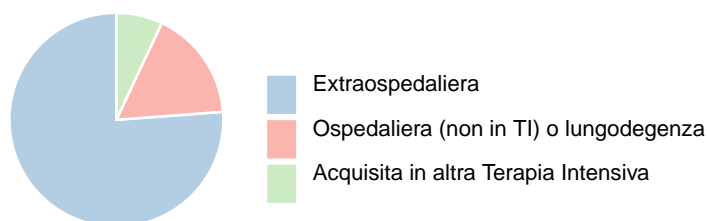
Trauma	N	%
No	776	96.6
Si	27	3.4
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	745	92.8
Chirurgico d'elezione	11	1.4
Chirurgico d'urgenza	47	5.9
Missing	0	0

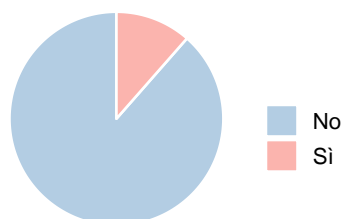
### 7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	745	92.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	47	5.9
Acquisita in altra Terapia Intensiva	11	1.4

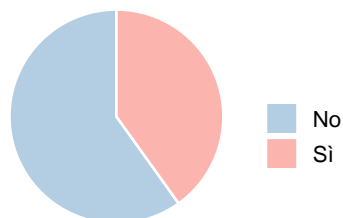
Extraospedaliera	611	76.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	135	16.8
Acquisita in altra Terapia Intensiva	56	7.0
Missing	1	0

#### 7.4 Infezione batteriemica



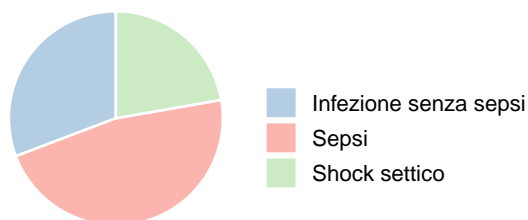
Batteriemica	N	%
No	710	88.5
Si	92	11.5
Missing	1	0

#### 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	481	59.9
Si	322	40.1
Missing	0	0

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

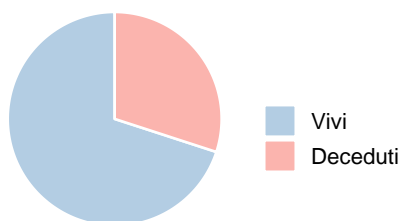




Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	148	30.8
Sepsi	226	47.0
Shock settico	107	22.2
Missing	0	0

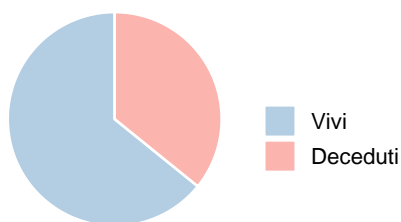
\* Statistiche calcolate su 481 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 322 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	560	70.0
Deceduti	240	30.0
Missing	3	0

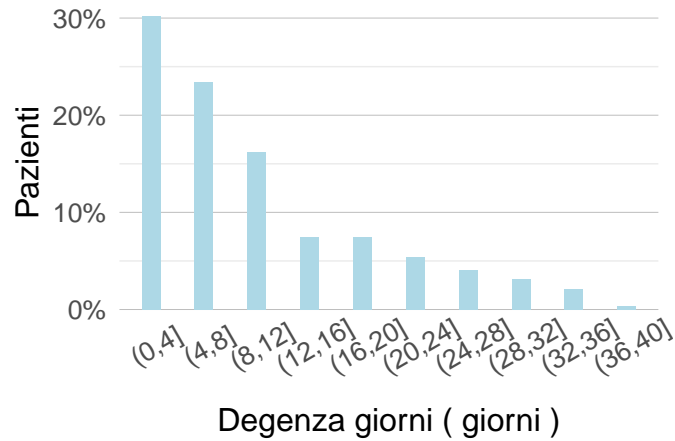
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	498	64.2
Deceduti	278	35.8
Missing	6	0

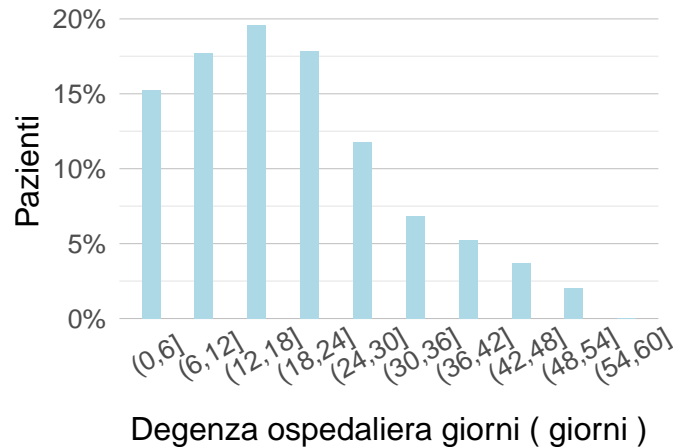
\* Statistiche calcolate su 782 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 21 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.6 (12.9)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-17)
Missing	3

### 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.0 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10.8-29)
Missing	6

\* Statistiche calcolate su 782 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 21 ).

### 7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

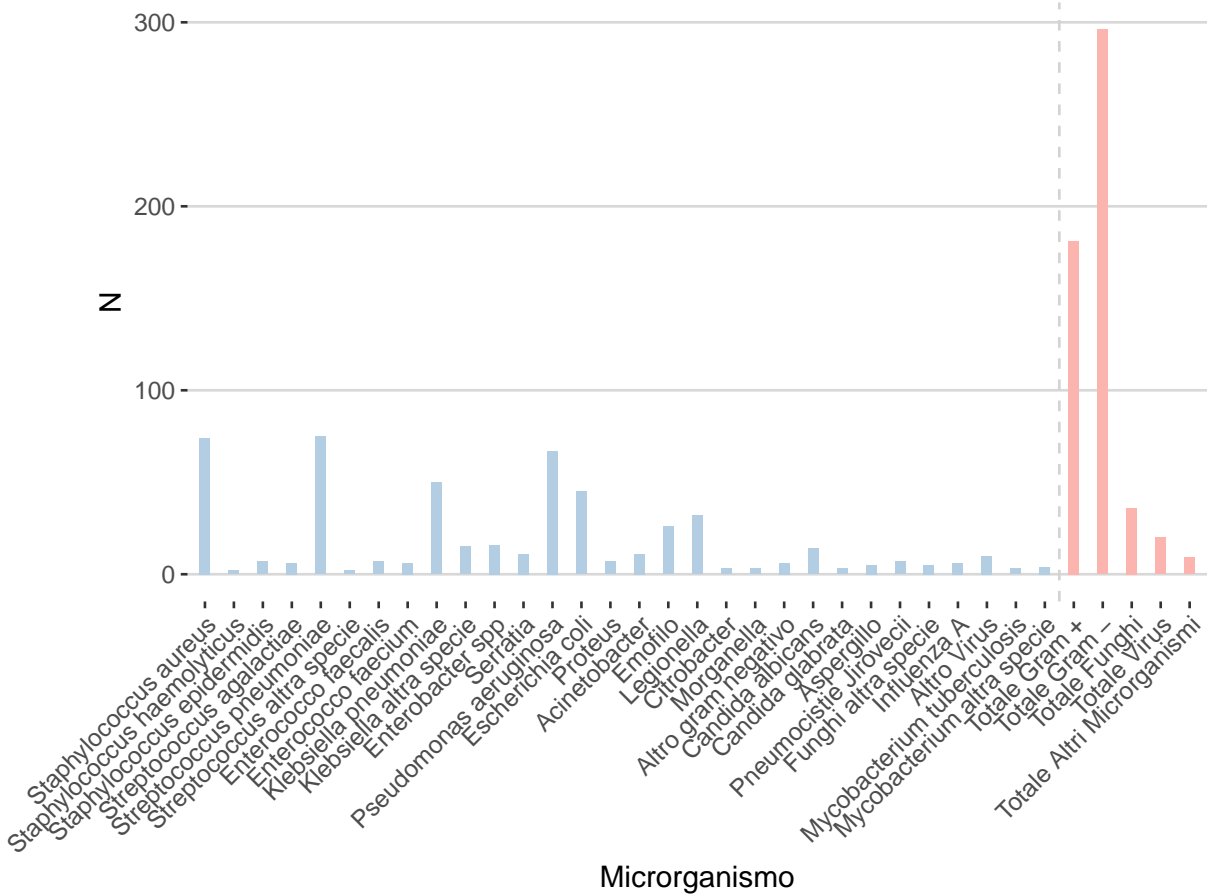
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	223	27.8
Sì	579	72.2
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>803</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>719</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	74	12.8	63	11	17.5
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.3	2	2	100
Staphylococcus epidermidis	7	1.2	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	75	13.0	55	1	1.8
Streptococcus altra specie	2	0.3	1	1	100
Enterococco faecalis	7	1.2	6	0	0
Enterococco faecium	6	1.0	6	3	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>181</b>	<b>31.3</b>	<b>133</b>	<b>18</b>	<b>13.5</b>
Klebsiella pneumoniae	50	8.6	38	8	21.1
Klebsiella altra specie	15	2.6	12	2	16.7
Enterobacter spp	16	2.8	10	0	0
Altro enterobacterales	2	0.3	2	0	0
Serratia	11	1.9	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	67	11.6	55	12	21.8
Pseudomonas altra specie	2	0.3	0	0	0
Escherichia coli	45	7.8	39	1	2.6
Proteus	7	1.2	6	0	0
Acinetobacter	11	1.9	7	3	42.9
Emofilo	26	4.5	0	0	0
Legionella	32	5.5	0	0	0
Citrobacter	3	0.5	1	0	0
Morganella	3	0.5	2	0	0
Altro gram negativo	6	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>296</b>	<b>51.1</b>	<b>180</b>	<b>26</b>	<b>14.4</b>
Candida albicans	14	2.4	0	0	0
Candida glabrata	3	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>36</b>	<b>6.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

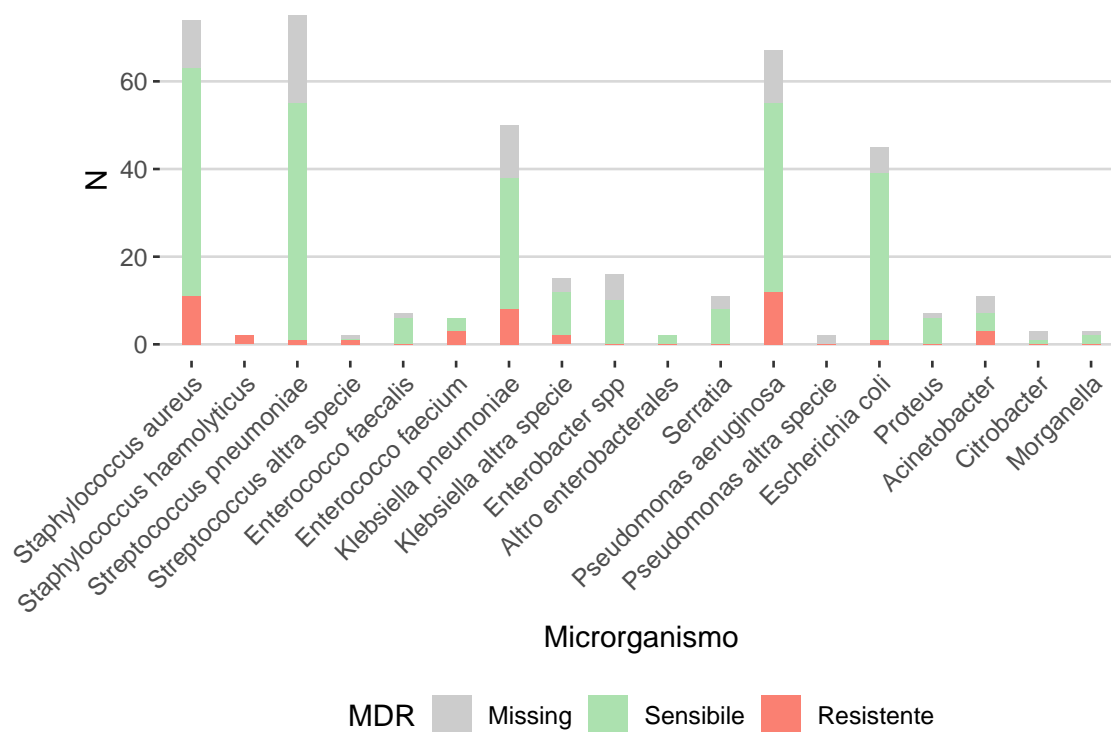
Influenza A	6	1.0			
Influenza AH3N2	1	0.2			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	10	1.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>20</b>	<b>3.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	2	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.5	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.7	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>9</b>	<b>1.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	74	12.8	63	11	17.5
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.3	2	2	100
Staphylococcus epidermidis	7	1.2	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	75	13.0	55	1	1.8
Streptococcus altra specie	2	0.3	1	1	100
Enterococcus faecalis	7	1.2	6	0	0

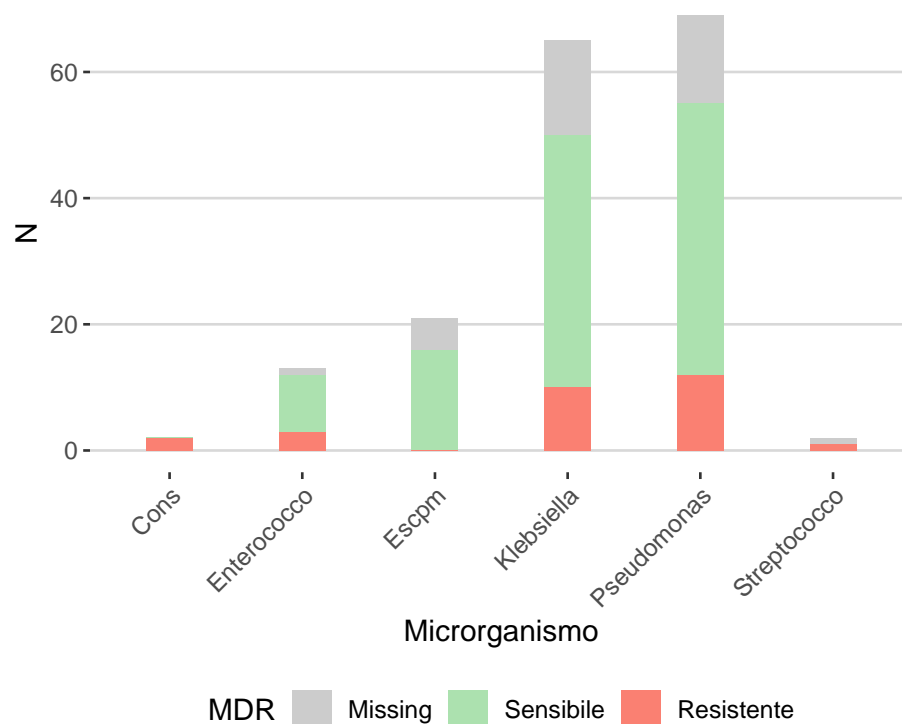
Enterococco faecium	6	1.0	6	3	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>181</b>	<b>31.3</b>	<b>133</b>	<b>18</b>	<b>13.5</b>
Klebsiella pneumoniae	50	8.6	38	8	21.1
Klebsiella altra specie	15	2.6	12	2	16.7
Enterobacter spp	16	2.8	10	0	0
Altro enterobacterales	2	0.3	2	0	0
Serratia	11	1.9	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	67	11.6	55	12	21.8
Pseudomonas altra specie	2	0.3	0	0	0
Escherichia coli	45	7.8	39	1	2.6
Proteus	7	1.2	6	0	0
Acinetobacter	11	1.9	7	3	42.9
Emofilo	26	4.5	0	0	0
Legionella	32	5.5	0	0	0
Citrobacter	3	0.5	1	0	0
Morganella	3	0.5	2	0	0
Altro gram negativo	6	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>296</b>	<b>51.1</b>	<b>180</b>	<b>26</b>	<b>14.4</b>
Candida albicans	14	2.4	0	0	0
Candida glabrata	3	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>36</b>	<b>6.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	6	1.0			
Influenza AH3N2	1	0.2			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	10	1.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>20</b>	<b>3.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	2	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.5	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.7	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>9</b>	<b>1.6</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 hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	0	2	100.00	0
Enterococco	13	12	9	3	25.00	1
Escpm	21	16	16	0	0.00	5
Klebsiella	65	50	40	10	20.00	15
Pseudomonas	69	55	43	12	21.82	14
Streptococco	2	1	0	1	100.00	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	36	Ertapenem	4	11.11
Klebsiella pneumoniae	38	Meropenem	6	15.79
Klebsiella altra specie	12	Ertapenem	1	8.33
Klebsiella altra specie	12	Meropenem	2	16.67
Escherichia coli	39	Ertapenem	1	2.56
Escherichia coli	39	Meropenem	1	2.56
Acinetobacter	7	Imipenem	2	28.57
Acinetobacter	7	Meropenem	3	42.86
Pseudomonas aeruginosa	55	Imipenem	11	20.00
Pseudomonas aeruginosa	54	Meropenem	7	12.96
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	63	Meticillina	11	17.46
Streptococcus pneumoniae	55	Penicillina	1	1.82
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecium	6	Vancomicina	3	50.00

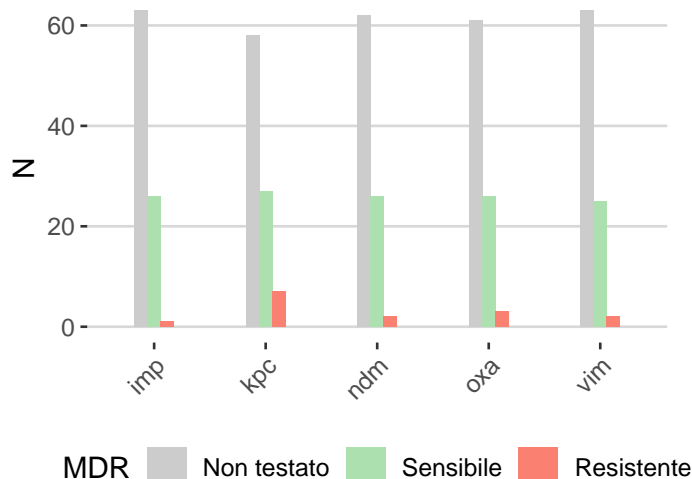
### 7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

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	%
Sì	8	8.6
No	21	22.58
Non testato	64	68.82
Missing	59	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	6.7	26	63
kpc	7	46.7	27	58
ndm	2	13.3	26	62
oxa	3	20.0	26	61
vim	2	13.3	25	63





### 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.

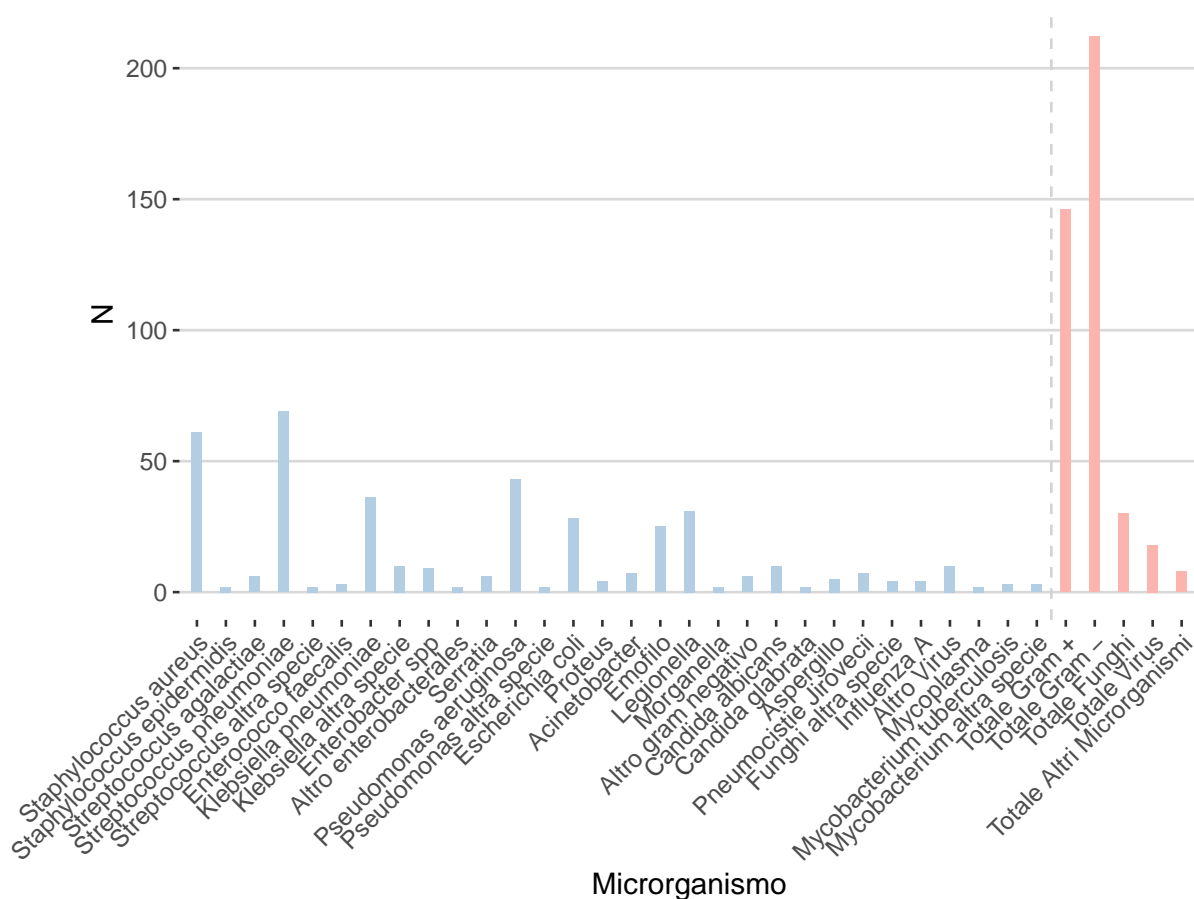
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	189	28.3
Sì	478	71.7
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>667</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>585</b>	

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	61	12.8	51	8	15.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.4	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	69	14.4	51	1	2
Streptococcus altra specie	2	0.4	1	1	100
Enterococco faecalis	3	0.6	2	0	0
Enterococco faecium	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>146</b>	<b>30.5</b>	<b>106</b>	<b>10</b>	<b>9.4</b>
Klebsiella pneumoniae	36	7.5	26	2	7.7
Klebsiella altra specie	10	2.1	8	0	0
Enterobacter spp	9	1.9	5	0	0
Altro enterobacterales	2	0.4	2	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 803)

Serratia	6	1.3	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	43	9.0	34	5	14.7
Pseudomonas altra specie	2	0.4	0	0	0
Escherichia coli	28	5.9	24	0	0
Proteus	4	0.8	3	0	0
Acinetobacter	7	1.5	5	2	40
Emofilo	25	5.2	0	0	0
Legionella	31	6.5	0	0	0
Citrobacter	1	0.2	1	0	0
Morganella	2	0.4	2	0	0
Altro gram negativo	6	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>212</b>	<b>44.4</b>	<b>116</b>	<b>9</b>	<b>7.8</b>
Candida albicans	10	2.1	0	0	0
Candida glabrata	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>30</b>	<b>6.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	4	0.8			
Influenza AH3N2	1	0.2			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	10	2.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>18</b>	<b>3.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	2	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.6	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.6	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>8</b>	<b>1.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

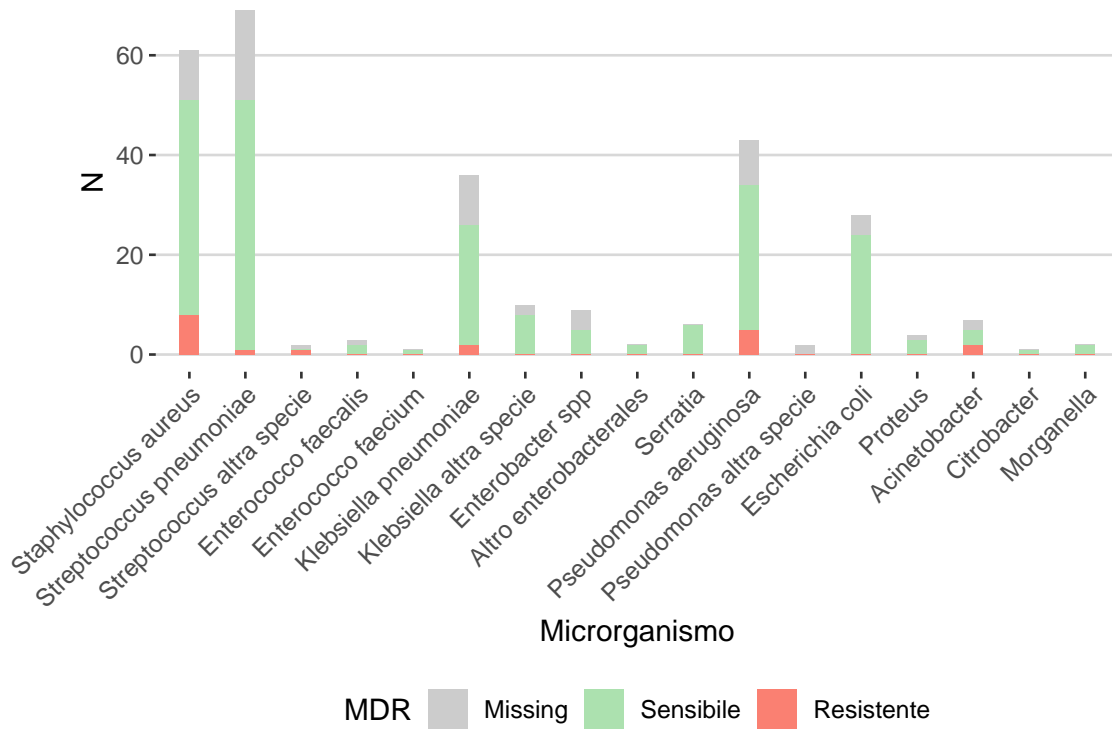


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	61	12.8	51	8	15.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.4	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	69	14.4	51	1	2
Streptococcus altra specie	2	0.4	1	1	100
Enterococcus faecalis	3	0.6	2	0	0
Enterococcus faecium	1	0.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>146</b>	<b>30.5</b>	<b>106</b>	<b>10</b>	<b>9.4</b>
Klebsiella pneumoniae	36	7.5	26	2	7.7
Klebsiella altra specie	10	2.1	8	0	0
Enterobacter spp	9	1.9	5	0	0
Altro enterobacterales	2	0.4	2	0	0
Serratia	6	1.3	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	43	9.0	34	5	14.7
Pseudomonas altra specie	2	0.4	0	0	0
Escherichia coli	28	5.9	24	0	0
Proteus	4	0.8	3	0	0
Acinetobacter	7	1.5	5	2	40
Emofilo	25	5.2	0	0	0
Legionella	31	6.5	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 803)

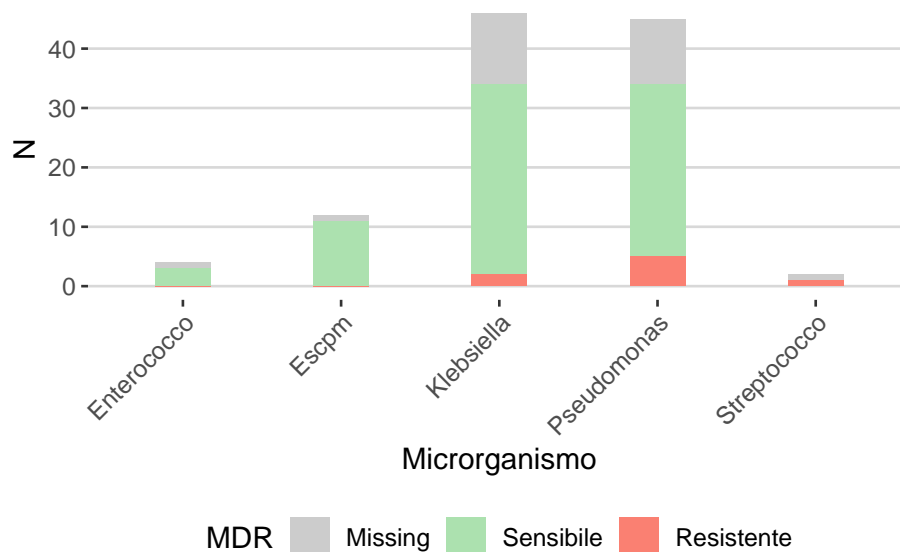
Citrobacter	1	0.2	1	0	0
Morganella	2	0.4	2	0	0
Altro gram negativo	6	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>212</b>	<b>44.4</b>	<b>116</b>	<b>9</b>	<b>7.8</b>
Candida albicans	10	2.1	0	0	0
Candida glabrata	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>30</b>	<b>6.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	4	0.8			
Influenza AH3N2	1	0.2			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	10	2.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>18</b>	<b>3.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	2	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.6	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.6	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>8</b>	<b>1.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	4	3	3	0	0.00	1
Escpm	12	11	11	0	0.00	1
Klebsiella	46	34	32	2	5.88	12
Pseudomonas	45	34	29	5	14.71	11
Streptococco	2	1	0	1	100.00	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	25	Ertapenem	1	4.00
Klebsiella pneumoniae	26	Meropenem	1	3.85
Acinetobacter	5	Imipenem	1	20.00
Acinetobacter	5	Meropenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	34	Imipenem	5	14.71
Pseudomonas aeruginosa	33	Meropenem	2	6.06

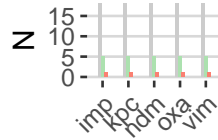
Staphylococcus aureus	51	Meticillina	8	15.69
Streptococcus pneumoniae	51	Penicillina	1	1.96
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	1	4.17
No	5	20.83
Non testato	18	75
Missing	32	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	20	5	18
kpc	1	20	5	18
ndm	1	20	5	18
oxa	1	20	5	18
vim	1	20	5	18

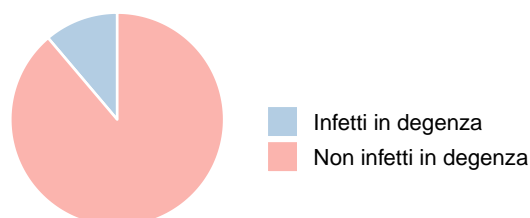


MDR    Non testato    Sensibile    Resistente

## 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.

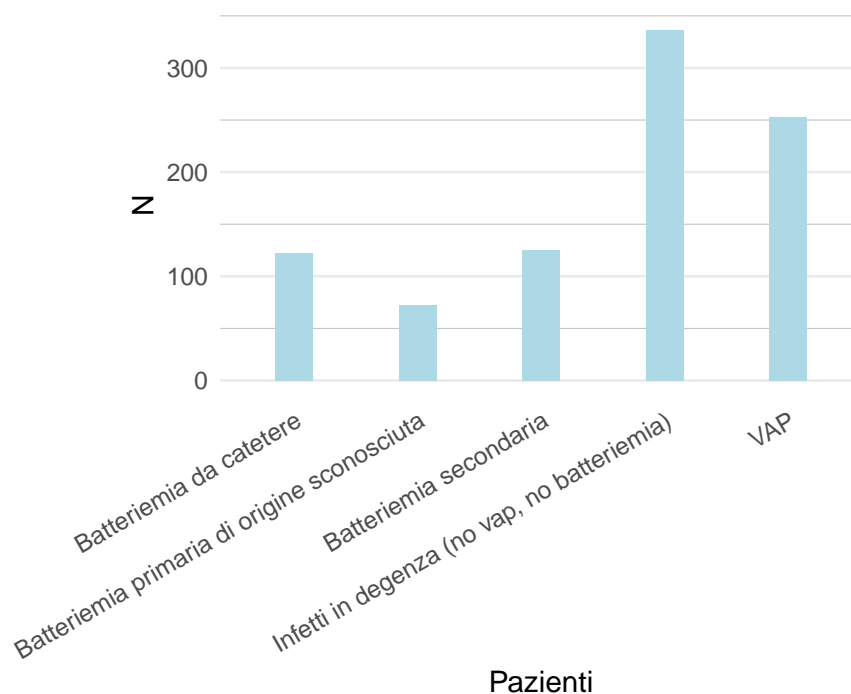
Sono presenti 786 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.2% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	786	11.2
Non infetti in degenza	6239	88.8

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 7025).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	336	42.7
VAP	253	32.2

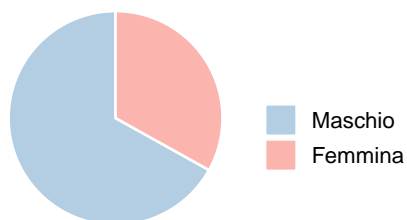


Batteriemia primaria di origine sconosciuta	72	9.2
Batteriemia da catetere	122	15.5
Batteriemia secondaria	125	15.9

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 786)

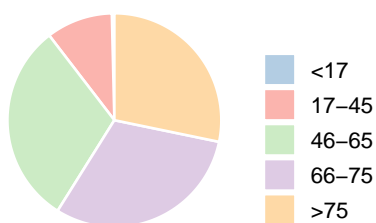
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 786)

### 8.1 Sesso



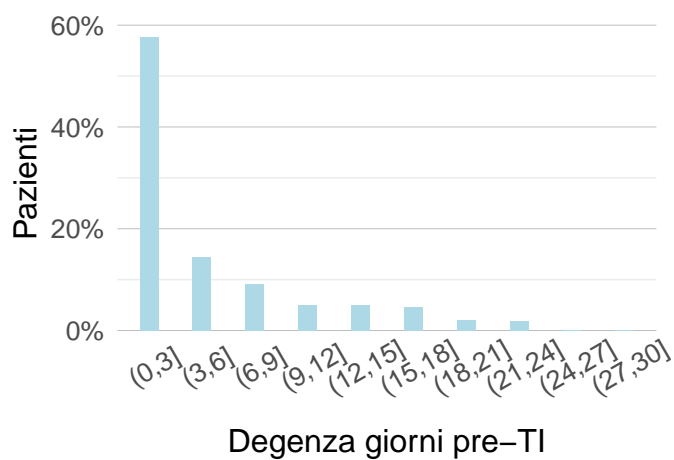
Sesso	N	%
Maschio	526	66.9
Femmina	260	33.1
Missing	0	0

### 8.2 Età



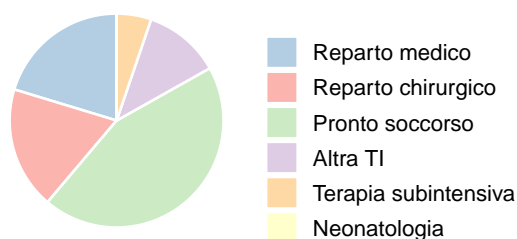
Range età	N	%
<17	3	0.4
17-45	79	10.1
46-65	241	30.7
66-75	241	30.7
>75	222	28.2
Missing	0	0

## 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



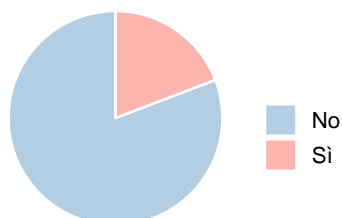
Indicatore	Valore
Media	4.9
DS	10.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	1

## 8.4 Provenienza ( reparto )



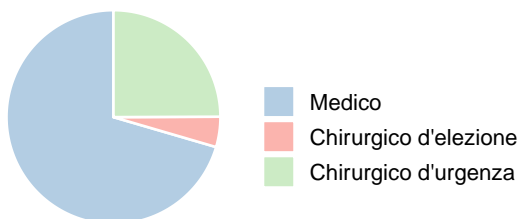
Provenienza	N	%
Reparto medico	159	20.3
Reparto chirurgico	145	18.5
Pronto soccorso	347	44.3
Altra TI	91	11.6
Terapia subintensiva	41	5.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

## 8.5 Trauma



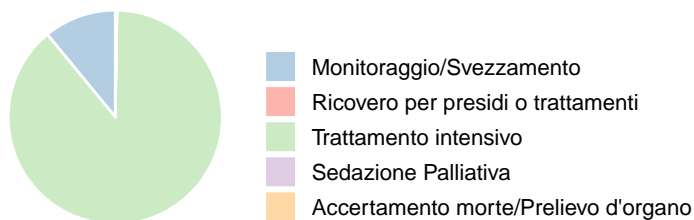
Trauma	N	%
No	635	80.8
Si	151	19.2
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	554	70.5
Chirurgico d'elezione	36	4.6
Chirurgico d'urgenza	196	24.9
Missing	0	0

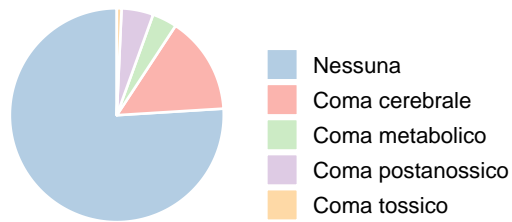
## 8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	86	11.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

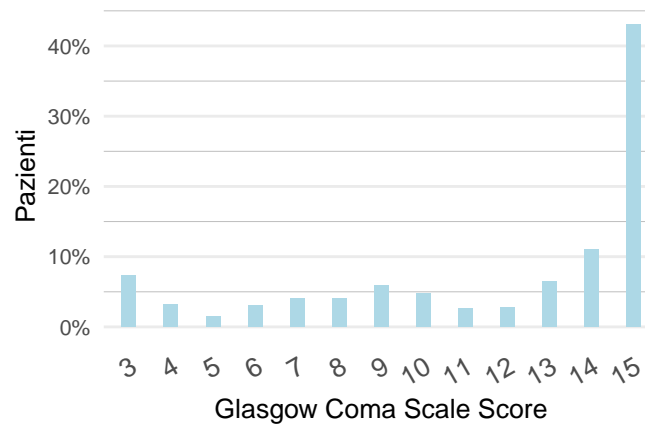
Trattamento intensivo	697	88.8
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	2	0.3
Missing	1	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



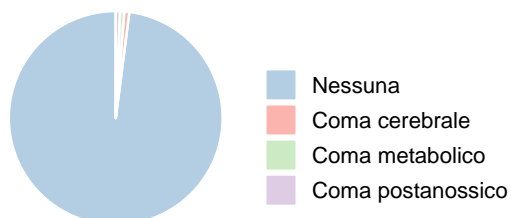
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	427	76.0
Coma cerebrale	83	14.8
Coma metabolico	21	3.7
Coma postanossico	27	4.8
Coma tossico	4	0.7
Missing	224	0

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



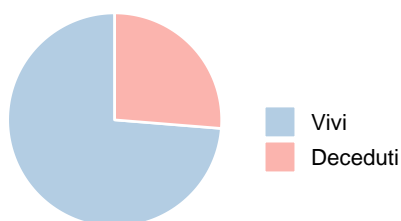
Indicatore	Valore
Media	9.7
DS	4.1
Mediana	12
Q1-Q3	7-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



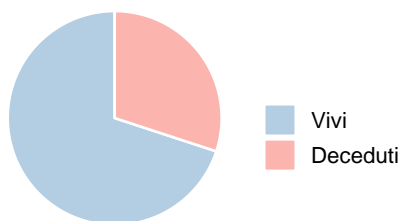
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	770	98.0
Coma cerebrale	6	0.8
Coma metabolico	5	0.6
Coma postanossico	5	0.6
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	578	73.7
Deceduti	206	26.3
Missing	2	0

## 8.12 Mortalità ospedaliera \*

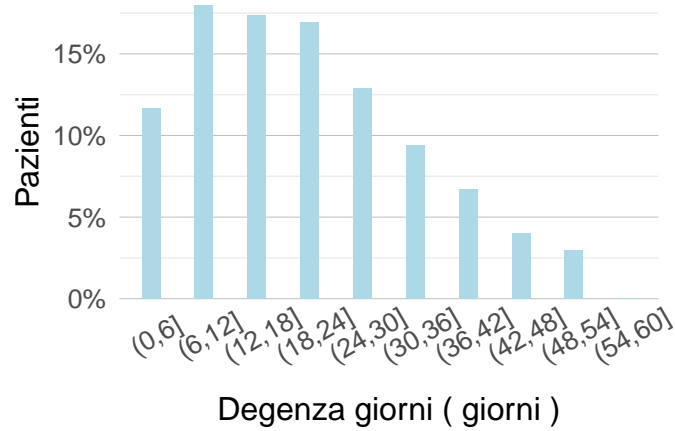


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	531	70.0

Deceduti	228	30.0
Missing	5	0

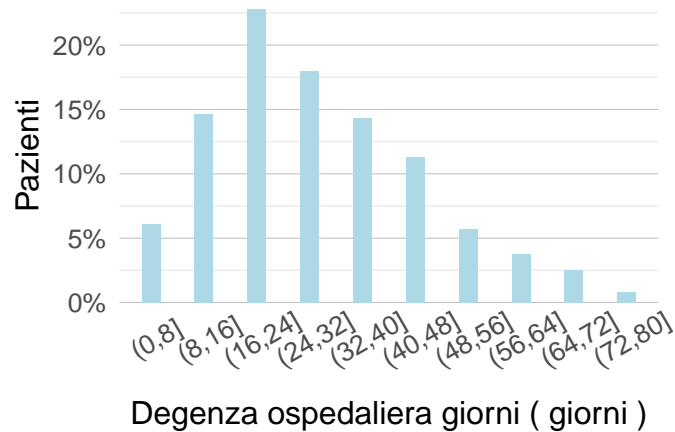
\* Statistiche calcolate su 764 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 22 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.7 (17.1)
Mediana (Q1-Q3)	20 (11.8-32)
Missing	2

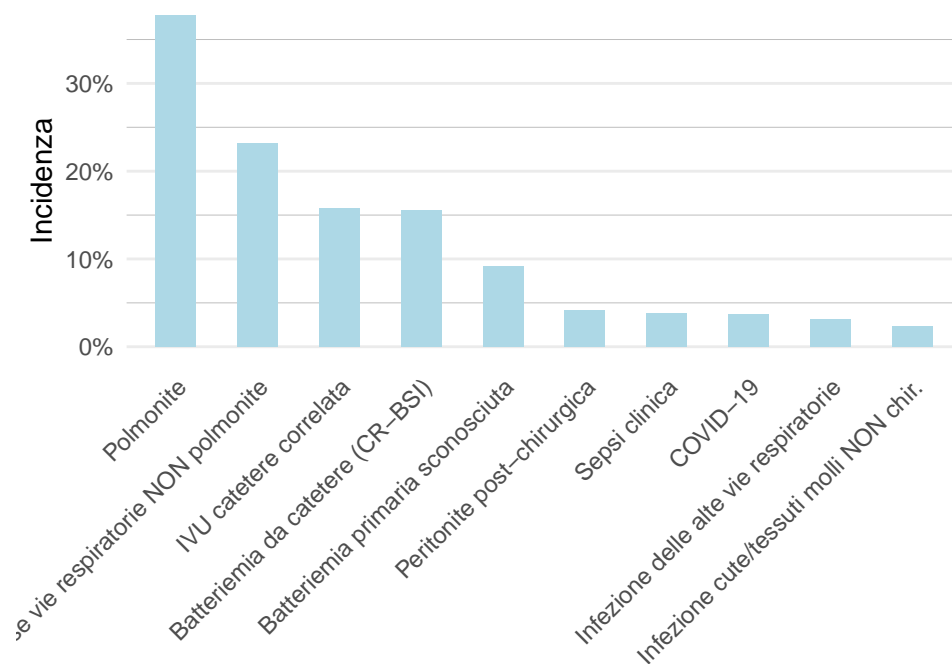
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.0 (26.5)
Mediana (Q1-Q3)	29 (19-43)
Missing	5

\* Statistiche calcolate su 764 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 22 ).

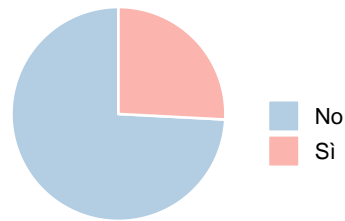
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



#### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	297	37.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	182	23.2
IVU catetere correlata	124	15.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	122	15.5
Batteriemia primaria sconosciuta	72	9.2
Peritonite post-chirurgica	33	4.2
Sepsi clinica	30	3.8
COVID-19	29	3.7
Infezione delle alte vie respiratorie	24	3.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	18	2.3
Missing	0	NA

## 8.16 Infezione multisito



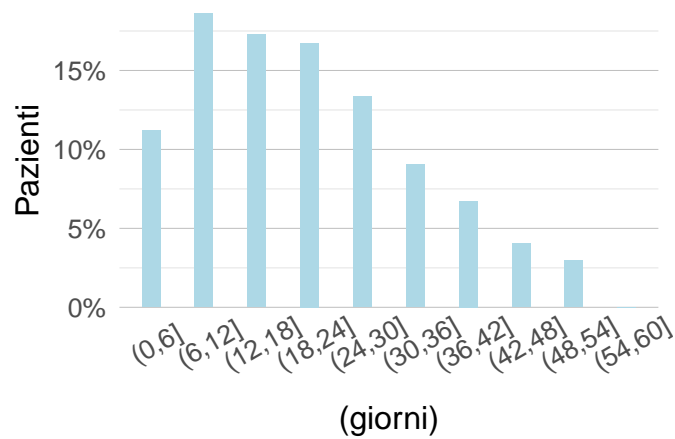
Infezione multisito	N	%
No	583	74.2
Si	203	25.8
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	989
Numero totale di microrganismi isolati	1118

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	23.8
DS	17.2
Mediana	20
Q1-Q3	11.8-32
Missing	2



## 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:

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

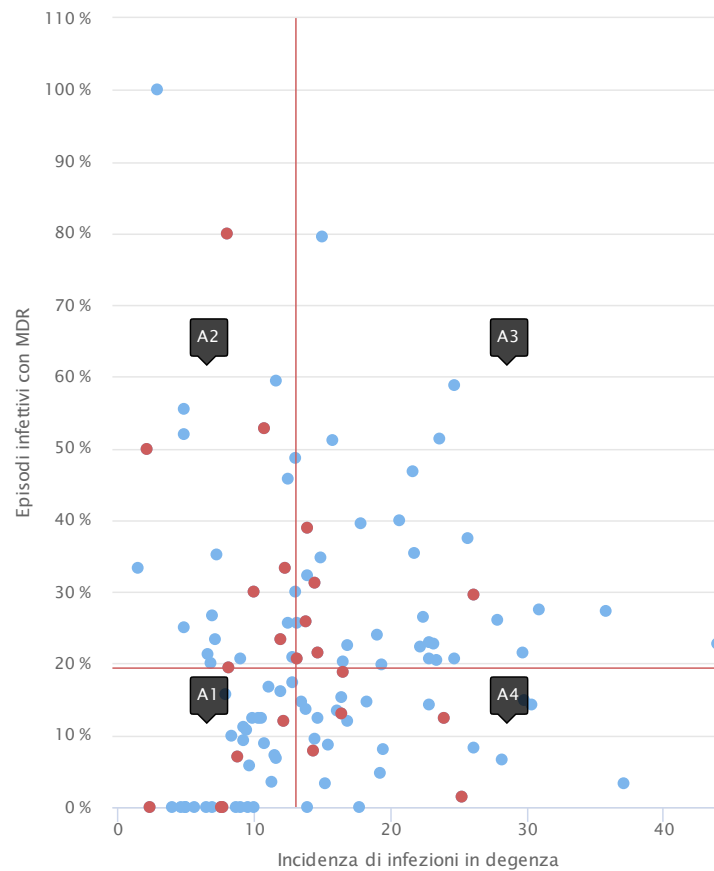
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

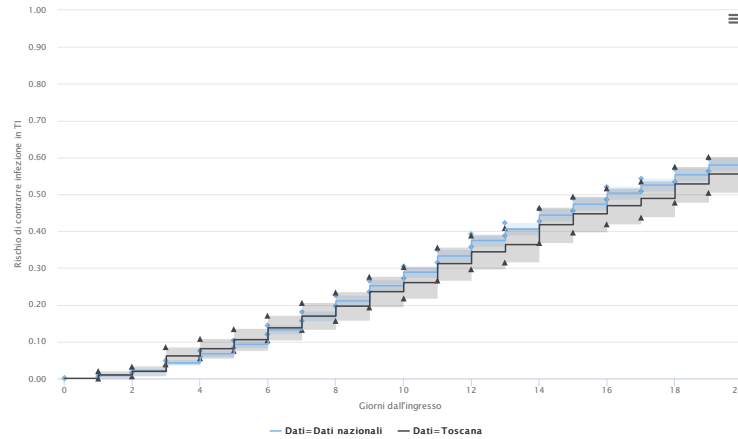
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

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

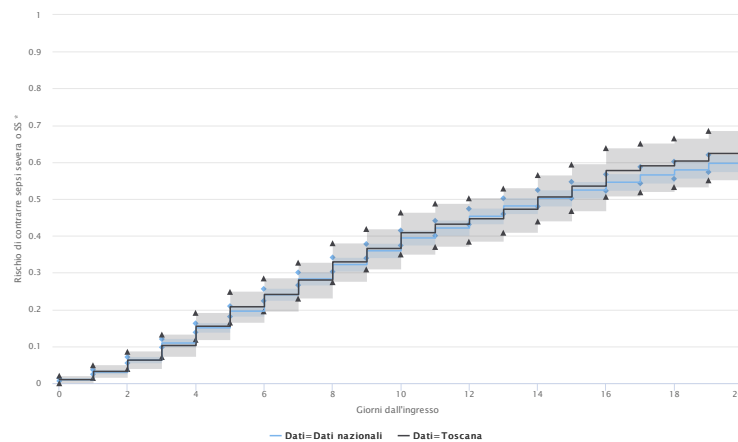


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

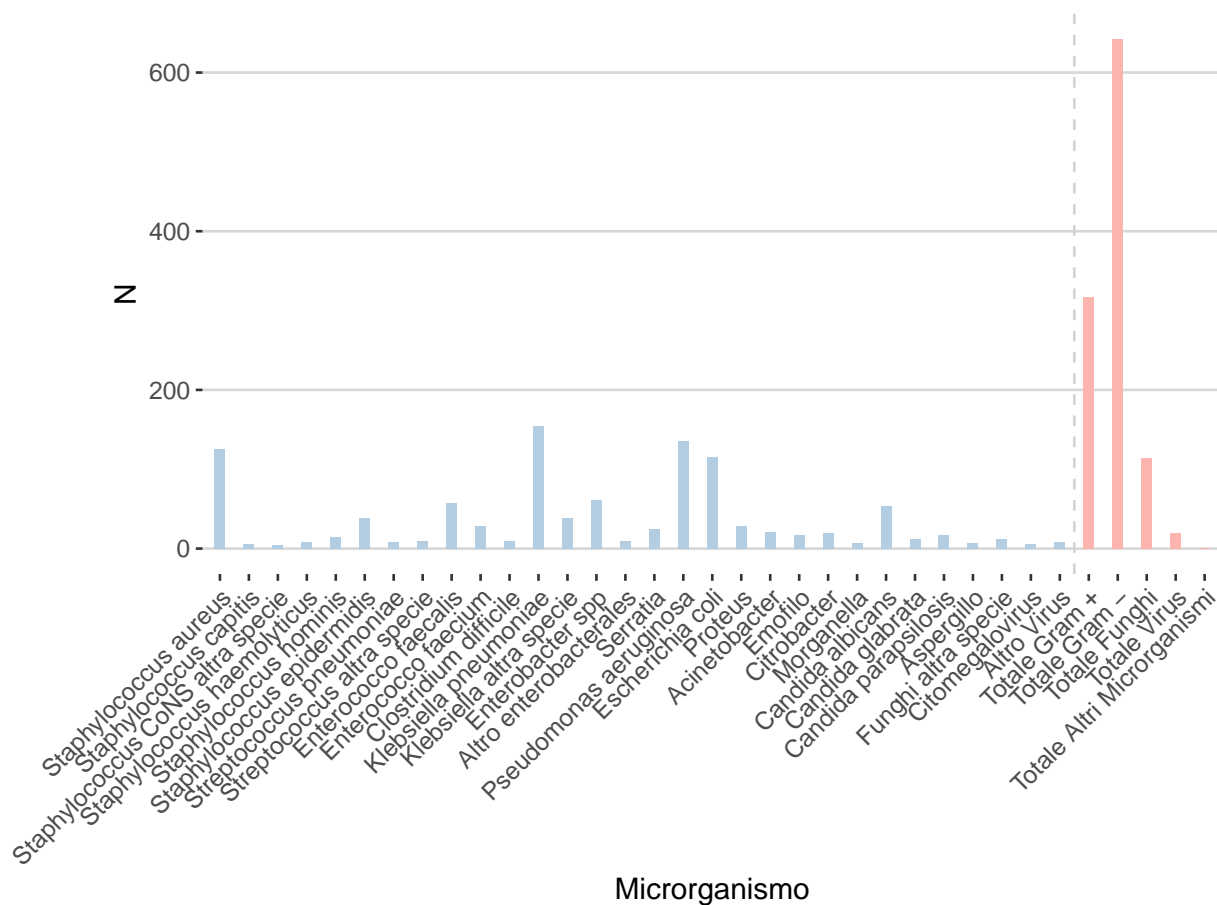
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	80	8.1
Sì	909	91.9
Missing	0	

**Totale infezioni 989**  
**Totale microrganismi isolati 1118**

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	125	13.8	77	13	16.9
Staphylococcus capitis	6	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.9	5	5	100
Staphylococcus hominis	15	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	39	4.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	8	0.9	6	0	0
Streptococcus altra specie	10	1.1	8	0	0
Enterococco faecalis	57	6.3	42	0	0
Enterococco faecium	28	3.1	25	8	32
Enterococco altra specie	5	0.6	0	0	0
Clostridium difficile	9	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>317</b>	<b>34.9</b>	<b>163</b>	<b>26</b>	<b>16</b>
Klebsiella pneumoniae	154	17.0	68	25	36.8
Klebsiella altra specie	38	4.2	26	2	7.7
Enterobacter spp	61	6.7	39	3	7.7
Altro enterobacterales	10	1.1	7	1	14.3
Serratia	25	2.8	17	0	0
Pseudomonas aeruginosa	135	14.9	106	31	29.2
Pseudomonas altra specie	5	0.6	3	0	0
Escherichia coli	115	12.7	66	1	1.5
Proteus	28	3.1	17	0	0
Acinetobacter	21	2.3	11	4	36.4
Emofilo	17	1.9	0	0	0
Citrobacter	19	2.1	9	0	0
Morganella	7	0.8	4	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>642</b>	<b>70.7</b>	<b>373</b>	<b>67</b>	<b>18</b>
Candida albicans	54	5.9	0	0	0
Candida glabrata	12	1.3	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	17	1.9	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.2	0	0	0
Aspergillo	7	0.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	12	1.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>114</b>	<b>12.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

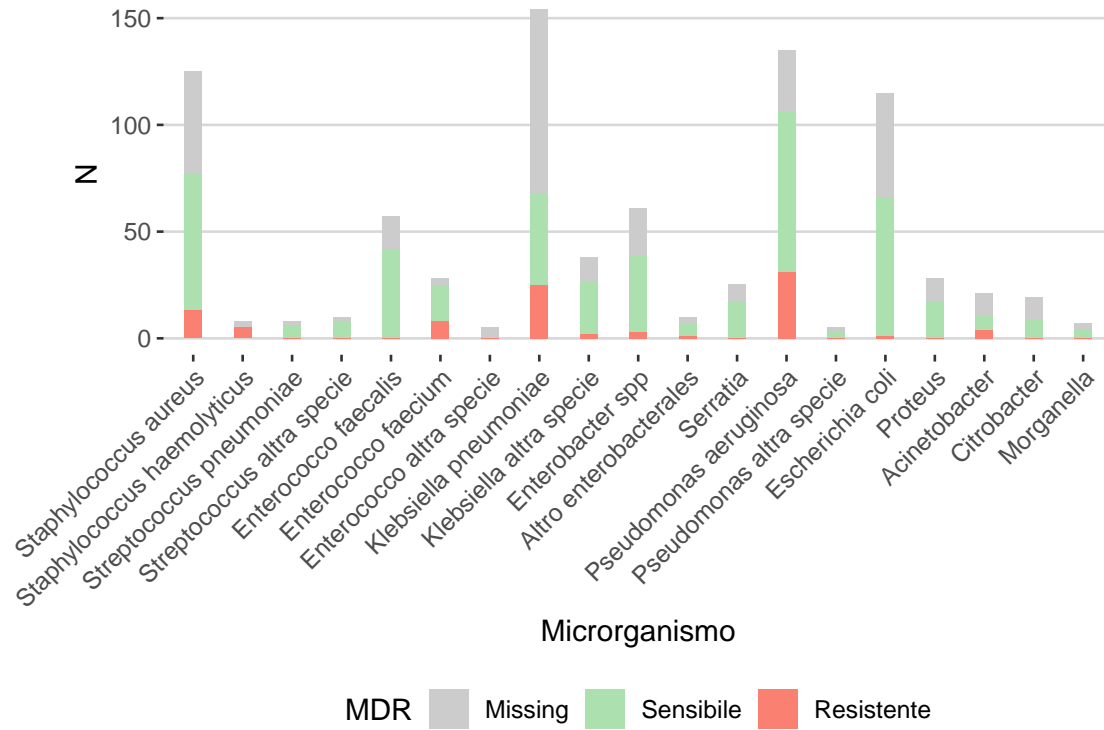
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	6	0.7			
Herpes simplex	4	0.4			
Altro Virus	8	0.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>19</b>	<b>2.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	125	13.8	77	13	16.9
Staphylococcus capitis	6	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.9	5	5	100
Staphylococcus hominis	15	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	39	4.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	8	0.9	6	0	0
Streptococcus altra specie	10	1.1	8	0	0
Enterococco faecalis	57	6.3	42	0	0
Enterococco faecium	28	3.1	25	8	32
Enterococco altra specie	5	0.6	0	0	0
Clostridium difficile	9	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>317</b>	<b>34.9</b>	<b>163</b>	<b>26</b>	<b>16</b>
Pseudomonas aeruginosa	163	19.5	163	16	10
Escherichia coli	125	15.9	125	13	10
Acinetobacter	10	1.3	10	2	20
Citrobacter	26	3.3	26	26	100
Ermofoilo	2	0.3	2	0	0
Morganella	2	0.3	2	0	0
Candida albicans	1	0.1	1	0	0
Candida parapsilosis	1	0.1	1	0	0
Aspergillo	1	0.1	1	0	0
Funghi altra specie	1	0.1	1	0	0
Citomegalovirus	6	0.7	0	0	0
Altro Virus	8	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>163</b>	<b>20.7</b>	<b>163</b>	<b>26</b>	<b>16</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>0.3</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>19</b>	<b>2.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

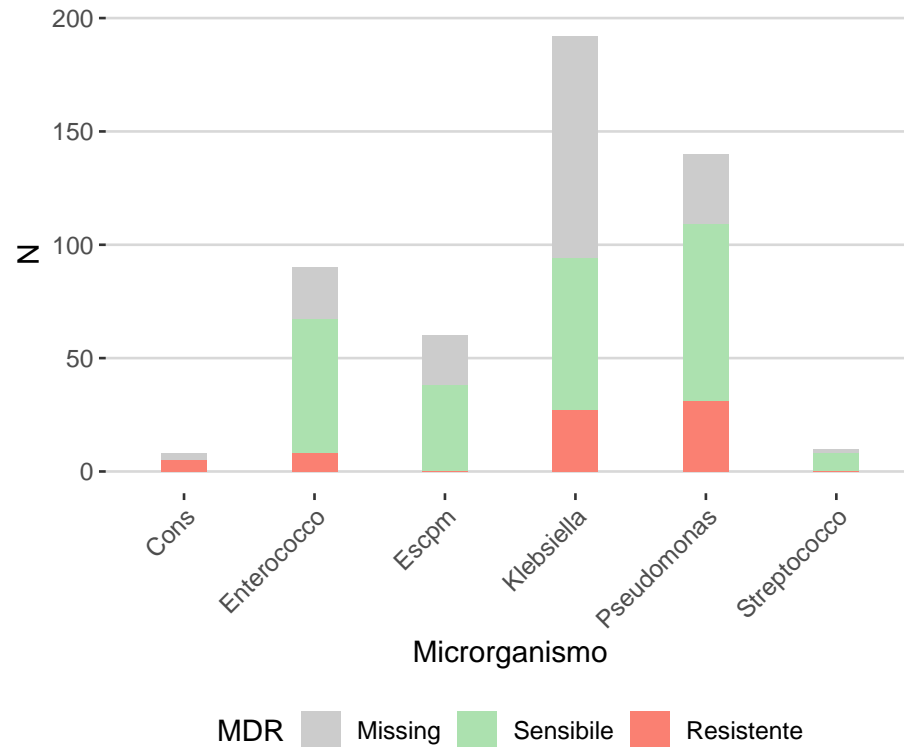
Klebsiella pneumoniae	154	17.0	68	25	36.8
Klebsiella altra specie	38	4.2	26	2	7.7
Enterobacter spp	61	6.7	39	3	7.7
Altro enterobacterales	10	1.1	7	1	14.3
Serratia	25	2.8	17	0	0
Pseudomonas aeruginosa	135	14.9	106	31	29.2
Pseudomonas altra specie	5	0.6	3	0	0
Escherichia coli	115	12.7	66	1	1.5
Proteus	28	3.1	17	0	0
Acinetobacter	21	2.3	11	4	36.4
Emofilo	17	1.9	0	0	0
Citrobacter	19	2.1	9	0	0
Morganella	7	0.8	4	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>642</b>	<b>70.7</b>	<b>373</b>	<b>67</b>	<b>18</b>
Candida albicans	54	5.9	0	0	0
Candida glabrata	12	1.3	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	17	1.9	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.2	0	0	0
Aspergillo	7	0.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	12	1.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>114</b>	<b>12.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	6	0.7			
Herpes simplex	4	0.4			
Altro Virus	8	0.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>19</b>	<b>2.1</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, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Candida auris*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 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	8	5	0	5	100.00	3
Enterococco	90	67	59	8	11.94	23
Escpm	60	38	38	0	0.00	22
Klebsiella	192	94	67	27	28.72	98
Pseudomonas	140	109	78	31	28.44	31
Streptococco	10	8	8	0	0.00	2

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

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

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

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



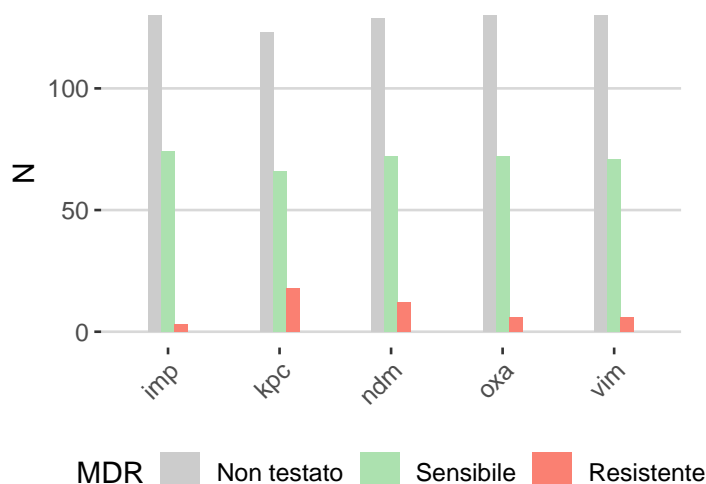
Klebsiella pneumoniae	68	Ertapenem	17	25.00
Klebsiella pneumoniae	68	Meropenem	24	35.29
Klebsiella altra specie	26	Ertapenem	2	7.69
Klebsiella altra specie	26	Meropenem	1	3.85
Enterobacter spp	38	Ertapenem	3	7.89
Altro enterobacterales	7	Ertapenem	1	14.29
Escherichia coli	66	Ertapenem	1	1.52
Acinetobacter	11	Imipenem	3	27.27
Acinetobacter	11	Meropenem	3	27.27
Pseudomonas aeruginosa	104	Imipenem	27	25.96
Pseudomonas aeruginosa	106	Meropenem	15	14.15
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	5	100.00
Staphylococcus aureus	77	Meticillina	13	16.88
Enterococco faecium	25	Vancomicina	8	32.00

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

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

	N	%
Si	32	15.17
No	56	26.54
Non testato	123	58.29
Missing	283	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	6.7	74	130
kpc	18	40.0	66	123
ndm	12	26.7	72	129
oxa	6	13.3	72	130
vim	6	13.3	71	130



## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 378)

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

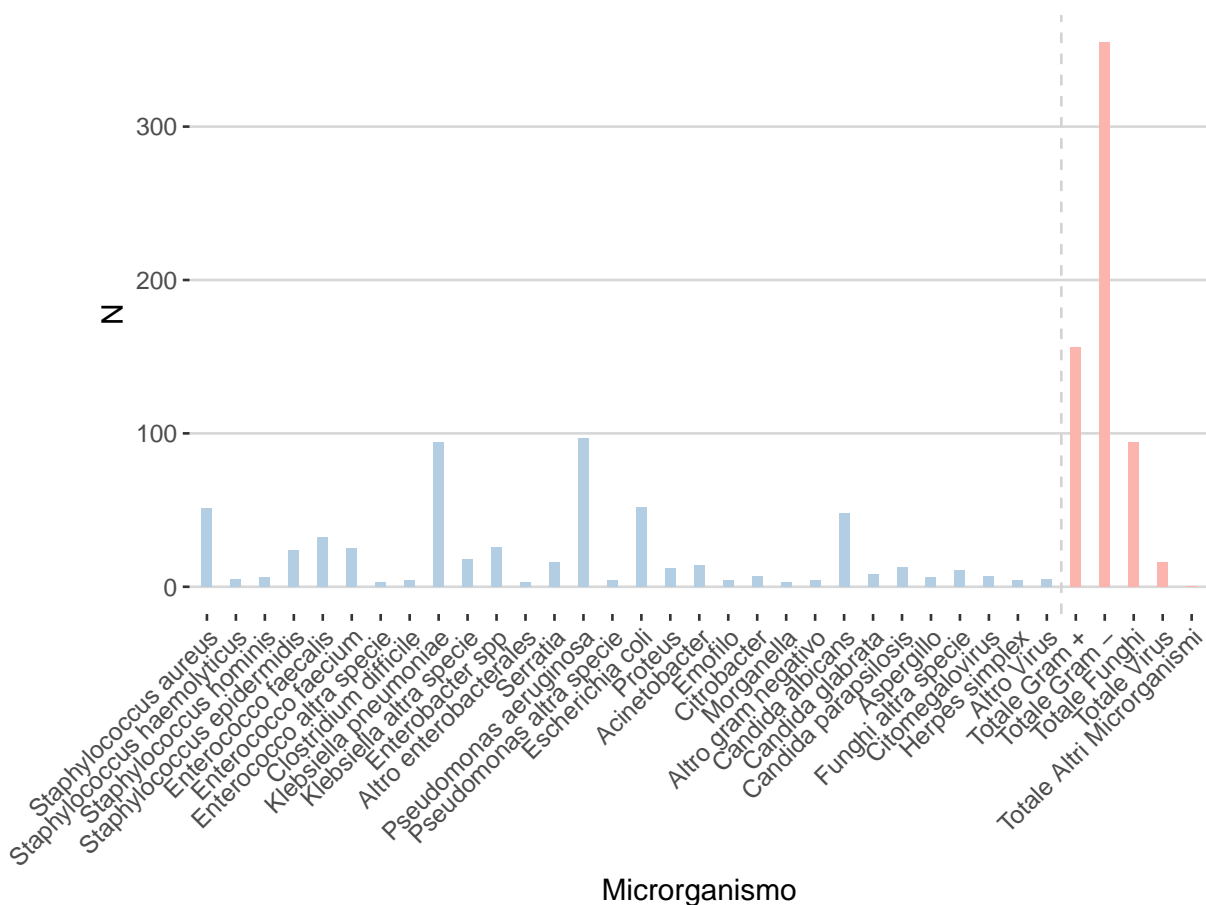
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	139	15.1
Sì	779	84.9
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>918</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1005</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	11.3	40	10	25
Staphylococcus capitis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	1.1	4	4	100
Staphylococcus hominis	6	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	5.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Enterococco faecalis	32	7.1	25	0	0
Enterococco faecium	25	5.5	22	9	40.9
Enterococco altra specie	3	0.7	1	1	100
Clostridium difficile	4	0.9	0	0	0

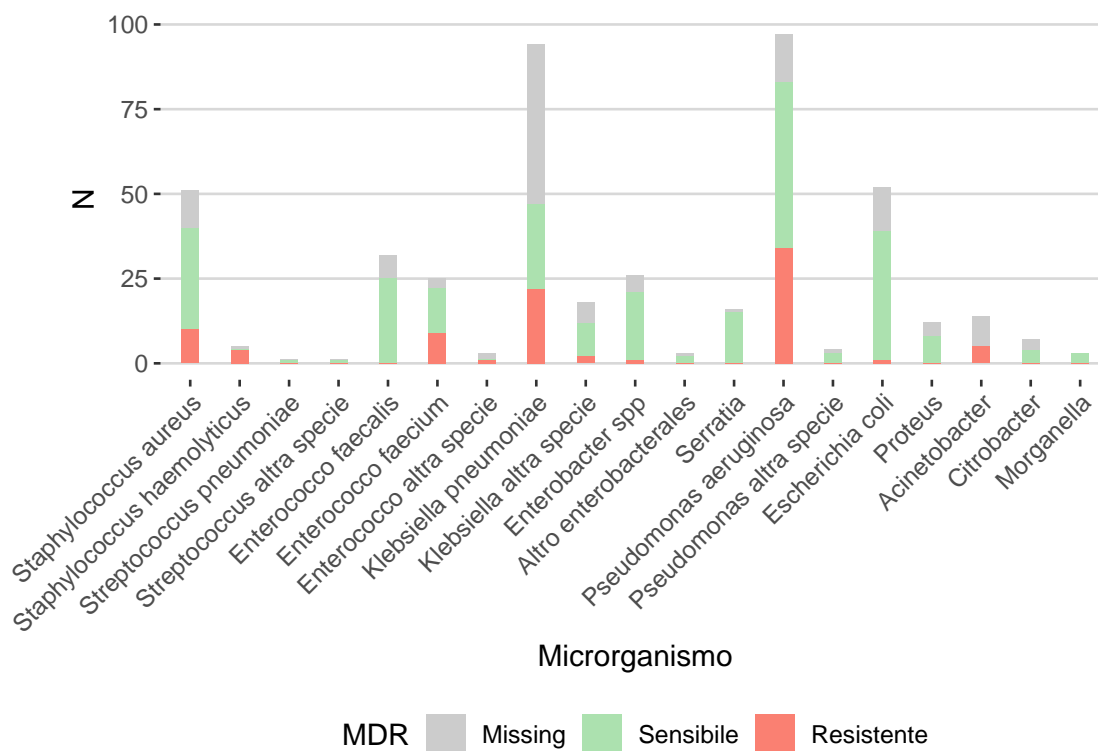
<b>Totale Gram +</b>	<b>156</b>	<b>34.4</b>	<b>94</b>	<b>24</b>	<b>25.5</b>
Klebsiella pneumoniae	94	20.8	47	22	46.8
Klebsiella altra specie	18	4.0	12	2	16.7
Enterobacter spp	26	5.7	21	1	4.8
Altro enterobacterales	3	0.7	2	0	0
Serratia	16	3.5	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	97	21.4	83	34	41
Pseudomonas altra specie	4	0.9	3	0	0
Escherichia coli	52	11.5	39	1	2.6
Proteus	12	2.6	8	0	0
Acinetobacter	14	3.1	5	5	100
Emofilo	4	0.9	0	0	0
Citrobacter	7	1.5	4	0	0
Morganella	3	0.7	3	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>355</b>	<b>78.4</b>	<b>242</b>	<b>65</b>	<b>26.9</b>
Candida albicans	48	10.6	0	0	0
Candida glabrata	8	1.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	13	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.7	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	6	1.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	11	2.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>94</b>	<b>20.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	7	1.5			
Herpes simplex	4	0.9			
Altro Virus	5	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>16</b>	<b>3.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	51	11.3	40	10	25
Staphylococcus capitis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	1.1	4	4	100
Staphylococcus hominis	6	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	5.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Enterococcus faecalis	32	7.1	25	0	0
Enterococcus faecium	25	5.5	22	9	40.9
Enterococcus altra specie	3	0.7	1	1	100
Clostridium difficile	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>156</b>	<b>34.4</b>	<b>94</b>	<b>24</b>	<b>25.5</b>
Klebsiella pneumoniae	94	20.8	47	22	46.8
Klebsiella altra specie	18	4.0	12	2	16.7
Enterobacter spp	26	5.7	21	1	4.8
Altro enterobacterales	3	0.7	2	0	0
Serratia	16	3.5	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	97	21.4	83	34	41
Pseudomonas altra specie	4	0.9	3	0	0
Escherichia coli	52	11.5	39	1	2.6
Proteus	12	2.6	8	0	0

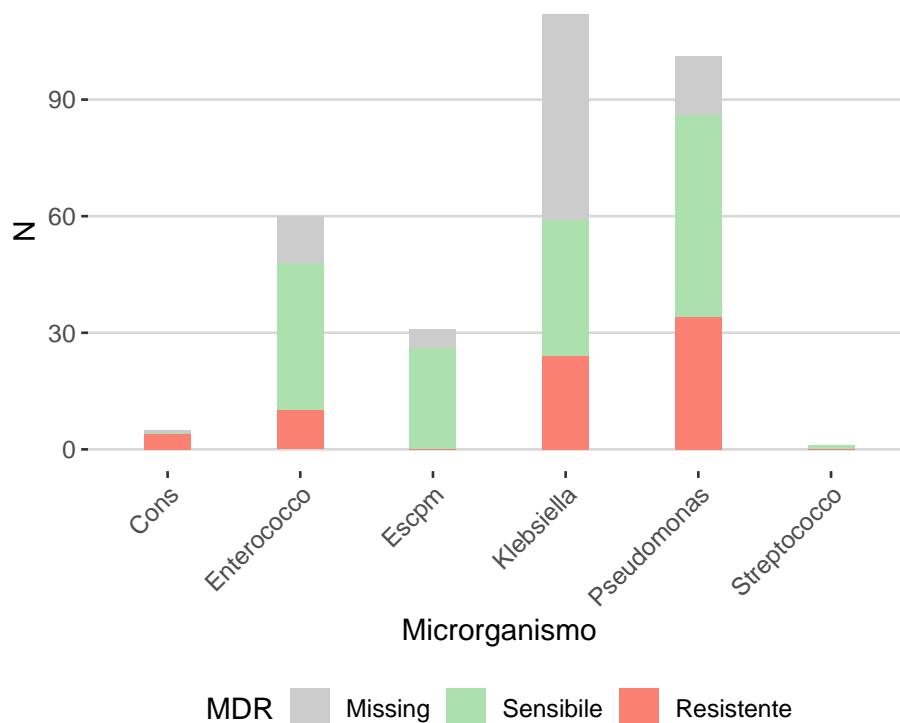
Acinetobacter	14	3.1	5	5	100
Emofilo	4	0.9	0	0	0
Citrobacter	7	1.5	4	0	0
Morganella	3	0.7	3	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>355</b>	<b>78.4</b>	<b>242</b>	<b>65</b>	<b>26.9</b>
Candida albicans	48	10.6	0	0	0
Candida glabrata	8	1.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	13	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.7	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	6	1.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	11	2.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>94</b>	<b>20.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	7	1.5			
Herpes simplex	4	0.9			
Altro Virus	5	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>16</b>	<b>3.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, 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	5	4	0	4	100.00	1
Enterococco	60	48	38	10	20.83	12
Escpm	31	26	26	0	0.00	5
Klebsiella	112	59	35	24	40.68	53
Pseudomonas	101	86	52	34	39.53	15
Streptococco	1	1	1	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	68	Ertapenem	19	27.94
Klebsiella pneumoniae	68	Meropenem	25	36.76
Klebsiella altra specie	19	Ertapenem	2	10.53
Klebsiella altra specie	19	Meropenem	1	5.26
Enterobacter spp	24	Ertapenem	1	4.17
Escherichia coli	71	Ertapenem	1	1.41
Proteus	13	Ertapenem	1	7.69
Proteus	13	Meropenem	1	7.69
Acinetobacter	8	Imipenem	4	50.00
Acinetobacter	8	Meropenem	6	75.00
Pseudomonas aeruginosa	99	Imipenem	35	35.35
Pseudomonas aeruginosa	99	Meropenem	17	17.17
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	70	Meticillina	16	22.86
Enterococco faecium	31	Vancomicina	13	41.94
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

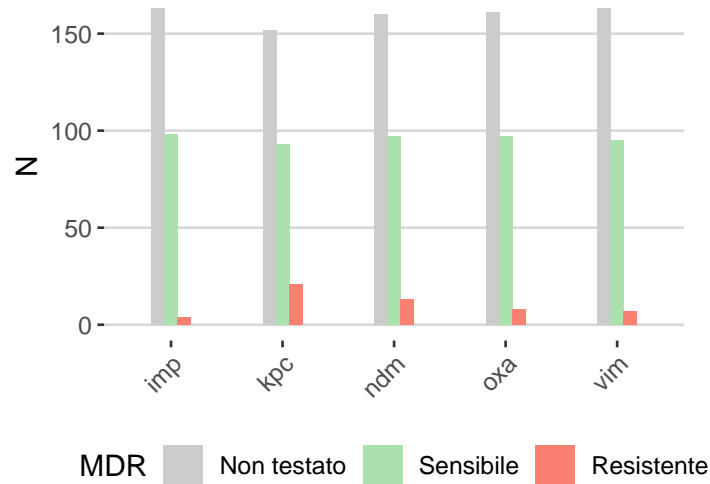
### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

	N	%
Sì	35	13.21
No	78	29.43
Non testato	152	57.36
Missing	311	

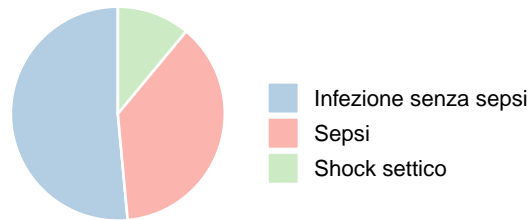
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	4	7.5	98	163
kpc	21	39.6	93	152
ndm	13	24.5	97	160
oxa	8	15.1	97	161
vim	7	13.2	95	163





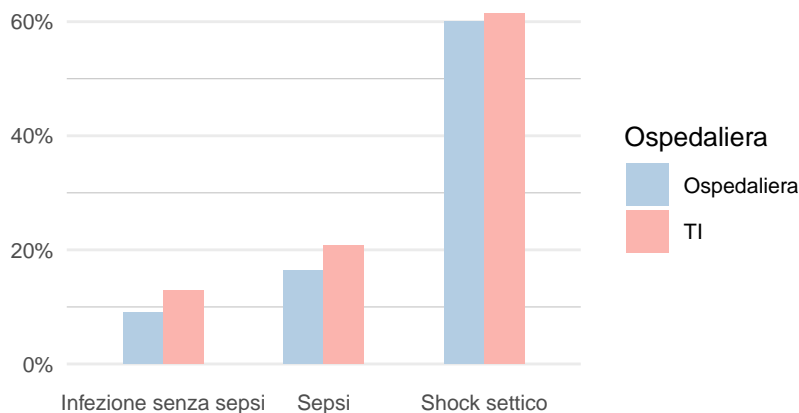
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 408)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	210	51.5
Sepsi	153	37.5
Shock settico	45	11.0
Missing	0	0

## 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	9.0	12.9
Sepsi	16.4	20.8
Shock settico	60.0	61.4

## 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

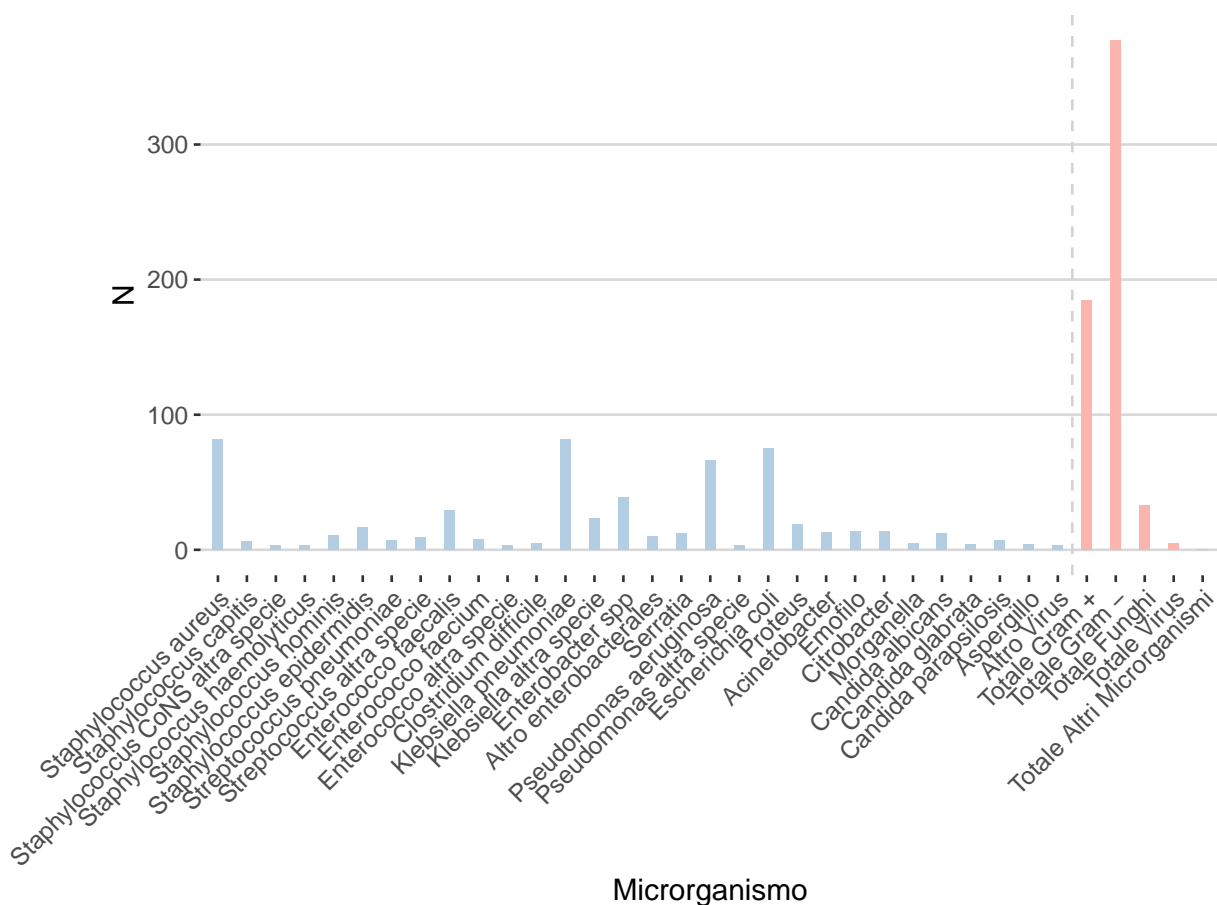
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	37	6.8
Sì	511	93.2
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>548</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>608</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	82	18.0	41	4	9.8
Staphylococcus capitis	6	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	11	2.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	3.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	1.5	5	0	0
Streptococcus altra specie	9	2.0	7	0	0

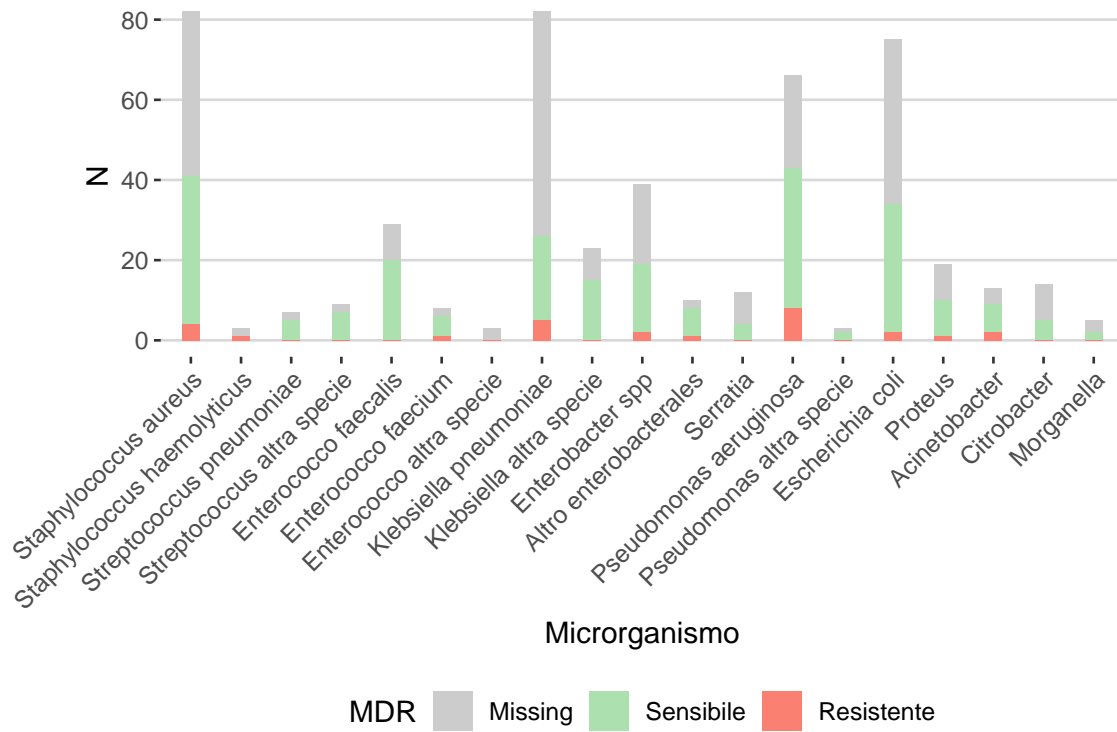
Enterococco faecalis	29	6.4	20	0	0
Enterococco faecium	8	1.8	6	1	16.7
Enterococco altra specie	3	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	5	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>185</b>	<b>40.7</b>	<b>80</b>	<b>6</b>	<b>7.5</b>
Klebsiella pneumoniae	82	18.0	26	5	19.2
Klebsiella altra specie	23	5.1	15	0	0
Enterobacter spp	39	8.6	19	2	10.5
Altro enterobacterales	10	2.2	8	1	12.5
Serratia	12	2.6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	66	14.5	43	8	18.6
Pseudomonas altra specie	3	0.7	2	0	0
Escherichia coli	75	16.5	34	2	5.9
Proteus	19	4.2	10	1	10
Acinetobacter	13	2.9	9	2	22.2
Emofilo	14	3.1	0	0	0
Citrobacter	14	3.1	5	0	0
Morganella	5	1.1	2	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>377</b>	<b>82.9</b>	<b>177</b>	<b>21</b>	<b>11.9</b>
Candida albicans	12	2.6	0	0	0
Candida glabrata	4	0.9	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	7	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	4	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>33</b>	<b>7.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	3	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>1.1</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	82	18.0	41	4	9.8
Staphylococcus capitis	6	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	11	2.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	3.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	1.5	5	0	0
Streptococcus altra specie	9	2.0	7	0	0
Enterococcus faecalis	29	6.4	20	0	0
Enterococcus faecium	8	1.8	6	1	16.7
Enterococcus altra specie	3	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	5	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>185</b>	<b>40.7</b>	<b>80</b>	<b>6</b>	<b>7.5</b>
Klebsiella pneumoniae	82	18.0	26	5	19.2
Klebsiella altra specie	23	5.1	15	0	0
Enterobacter spp	39	8.6	19	2	10.5
Altro enterobacterales	10	2.2	8	1	12.5
Serratia	12	2.6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	66	14.5	43	8	18.6
Pseudomonas altra specie	3	0.7	2	0	0
Escherichia coli	75	16.5	34	2	5.9

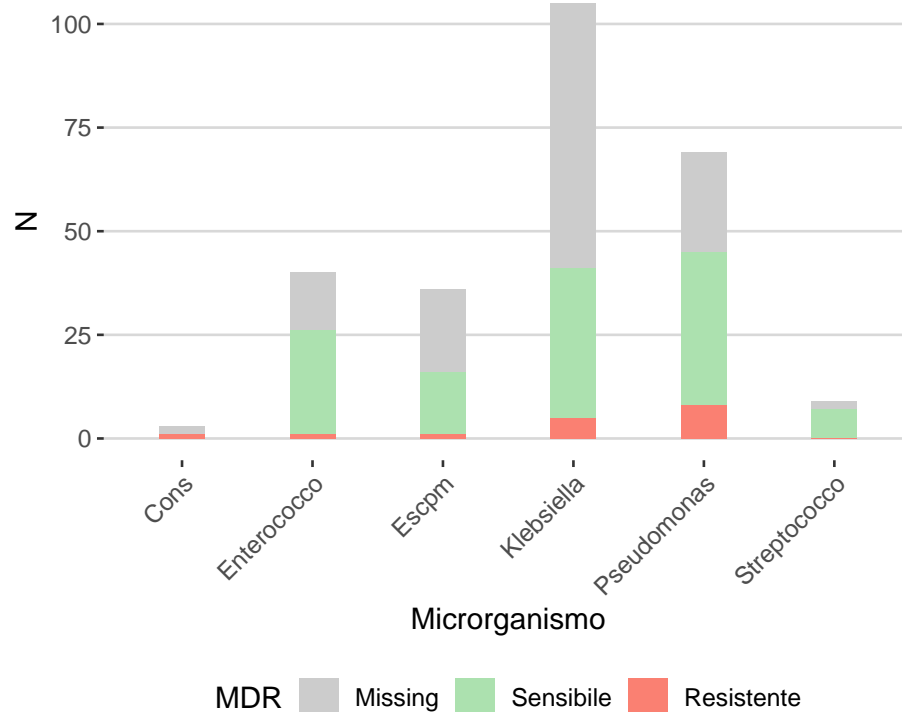
Proteus	19	4.2	10	1	10
Acinetobacter	13	2.9	9	2	22.2
Emofilo	14	3.1	0	0	0
Citrobacter	14	3.1	5	0	0
Morganella	5	1.1	2	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>377</b>	<b>82.9</b>	<b>177</b>	<b>21</b>	<b>11.9</b>
Candida albicans	12	2.6	0	0	0
Candida glabrata	4	0.9	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	7	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	4	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>33</b>	<b>7.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	3	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>1.1</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, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	3	1	0	1	100.00	2
Enterococco	40	26	25	1	3.85	14
Escpm	36	16	15	1	6.25	20
Klebsiella	105	41	36	5	12.20	64
Pseudomonas	69	45	37	8	17.78	24
Streptococco	9	7	7	0	0.00	2

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	26	Ertapenem	4	15.38
Klebsiella pneumoniae	26	Meropenem	4	15.38
Enterobacter spp	18	Ertapenem	2	11.11
Altro enterobacterales	8	Ertapenem	1	12.50
Escherichia coli	34	Ertapenem	2	5.88
Escherichia coli	34	Meropenem	1	2.94
Proteus	10	Ertapenem	1	10.00
Acinetobacter	9	Imipenem	2	22.22
Acinetobacter	9	Meropenem	1	11.11
Pseudomonas aeruginosa	41	Imipenem	6	14.63
Pseudomonas aeruginosa	43	Meropenem	4	9.30
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	41	Meticillina	4	9.76
Enterococco faecium	6	Vancomicina	1	16.67

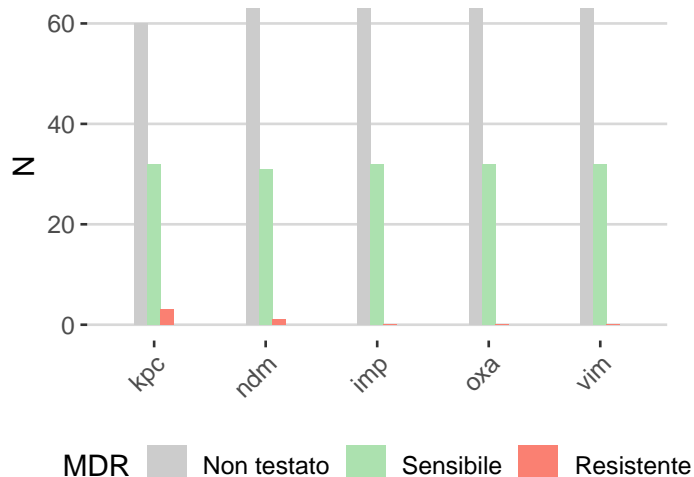
### 10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

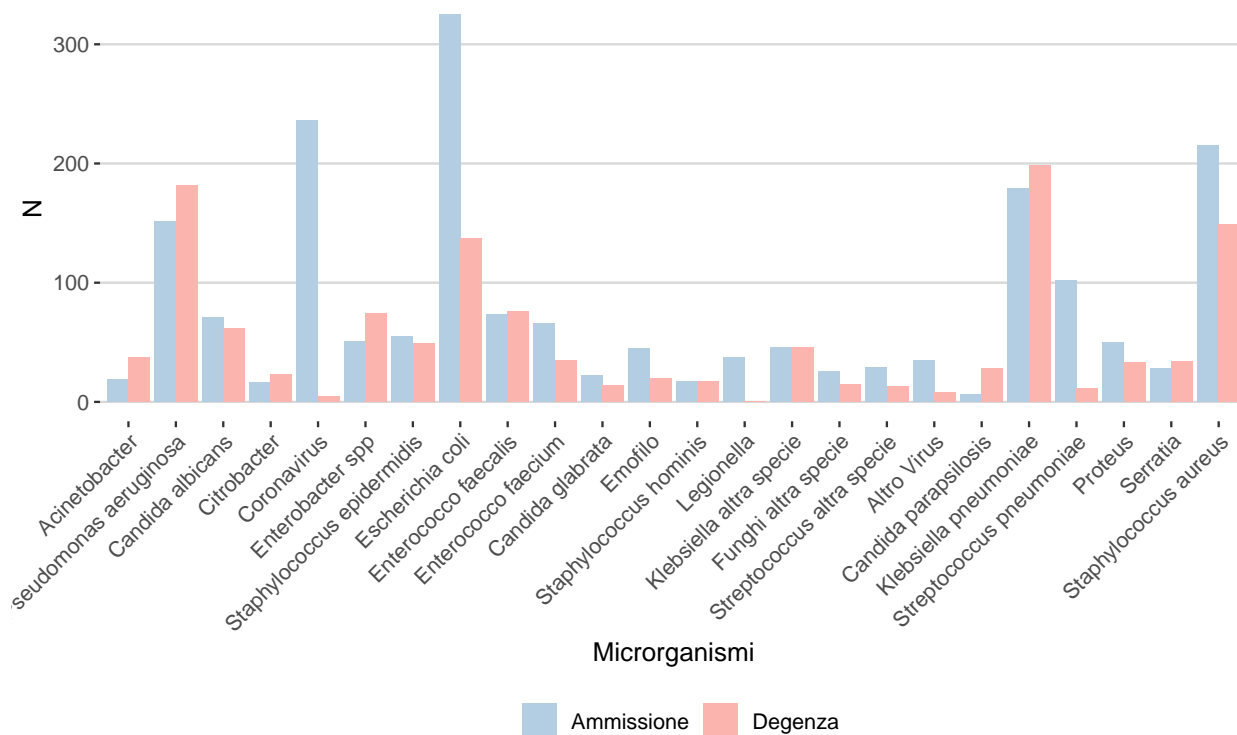
	N	%
Si	3	3.26
No	28	30.43
Non testato	61	66.3
Missing	176	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	32	63
kpc	3	75	32	60
ndm	1	25	31	63
oxa	0	0	32	63
vim	0	0	32	63





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

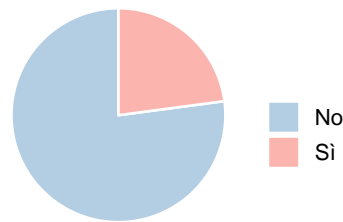


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	56	19	33.9	37	66.1
Pseudomonas aeruginosa	333	151	45.3	182	54.7
Candida albicans	133	71	53.4	62	46.6
Citrobacter	39	16	41	23	59
Coronavirus	241	236	97.9	5	2.1
Enterobacter spp	125	51	40.8	74	59.2

Staphylococcus epidermidis	104	55	52.9	49	47.1
Escherichia coli	462	325	70.3	137	29.7
Enterococco faecalis	149	73	49	76	51
Enterococco faecium	101	66	65.3	35	34.7
Candida glabrata	36	22	61.1	14	38.9
Emofilo	65	45	69.2	20	30.8
Staphylococcus hominis	34	17	50	17	50
Legionella	37	37	100	0	0
Klebsiella altra specie	92	46	50	46	50
Funghi altra specie	41	26	63.4	15	36.6
Streptococcus altra specie	42	29	69	13	31
Altro Virus	43	35	81.4	8	18.6
Candida parapsilosis	34	6	17.6	28	82.4
Klebsiella pneumoniae	377	179	47.5	198	52.5
Streptococcus pneumoniae	113	102	90.3	11	9.7
Proteus	83	50	60.2	33	39.8
Serratia	62	28	45.2	34	54.8
Staphylococcus aureus	364	215	59.1	149	40.9

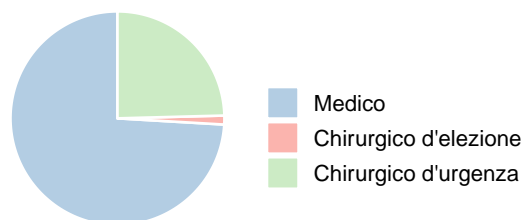
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 297)

### 11.1 Trauma



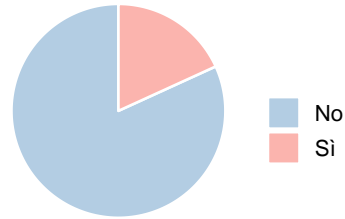
Trauma	N	%
No	229	77.1
Si	68	22.9
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



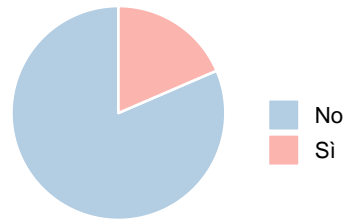
Stato chirurgico	N	%
Medico	220	74.1
Chirurgico d'elezione	4	1.3
Chirurgico d'urgenza	73	24.6
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



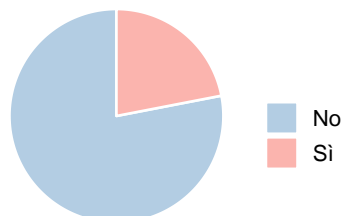
Batteriémica	N	%
No	243	81.8
Si	54	18.2
Missing	0	0

### 11.4 Infezioni multisito



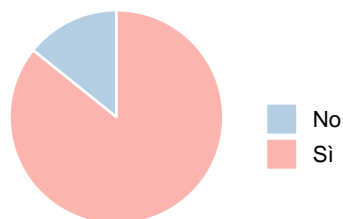
Infezione multisito	N	%
No	242	81.5
Si	55	18.5
Missing	0	0

### 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	231	78.0
Si	65	22.0
Missing	1	0

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

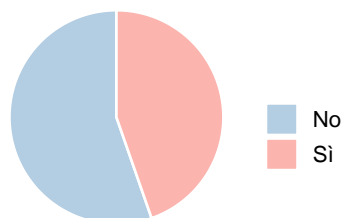


Polmonite associata a VAP	N	%
No	42	14.2
Si	253	85.8
Missing	2	0

\* 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 ).

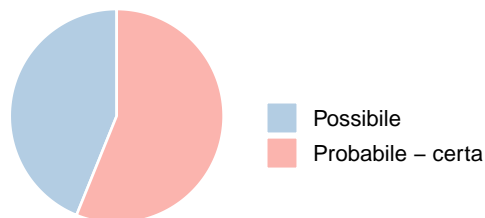
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 253)

### 12.1 VAP precoce



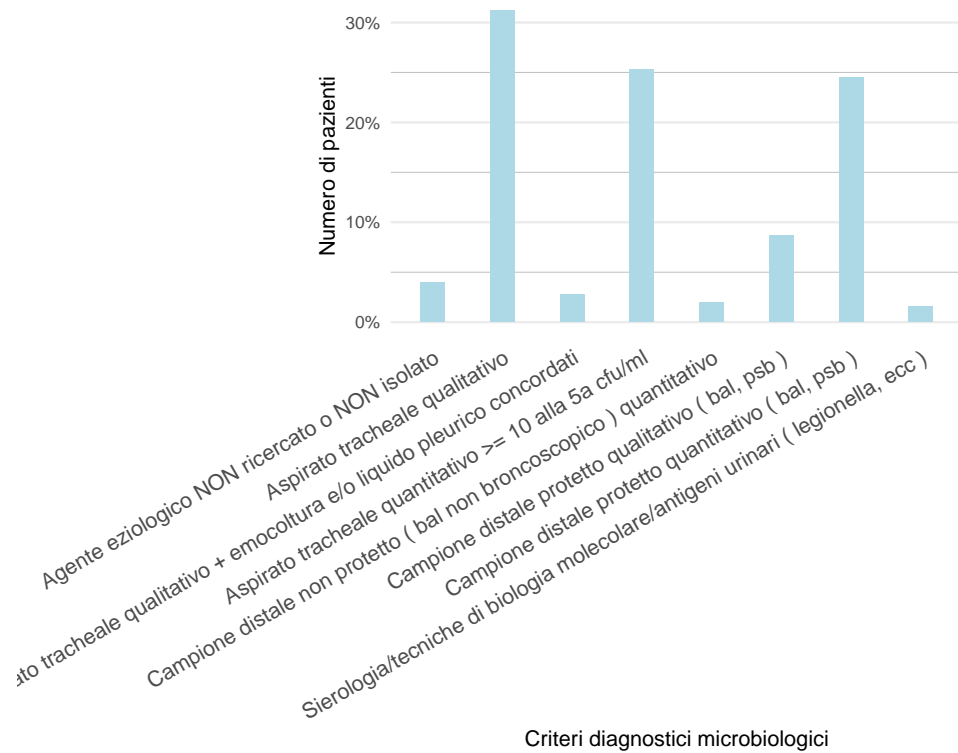
VAP precoce	N	%
No	140	55.3
Sì	113	44.7
Missing	0	0

## 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	111	43.9
Probabile - certa	142	56.1
Missing	0	0

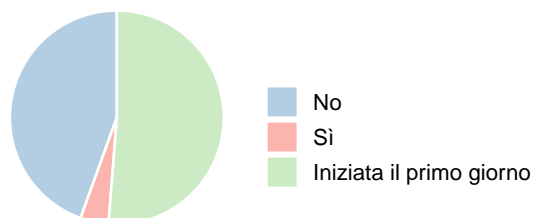
## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	4	1.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	5	2.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	0	0.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	22	8.7
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	62	24.5
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	64	25.3
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	7	2.8
Aspirato tracheale qualitativo	79	31.2
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	10	4.0
Missing	0	0

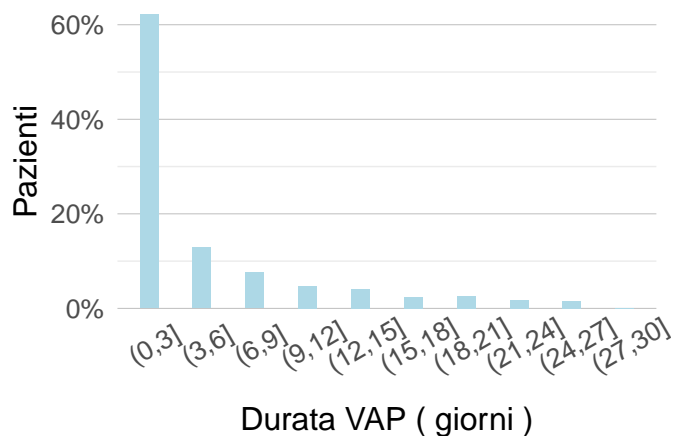
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 7025 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



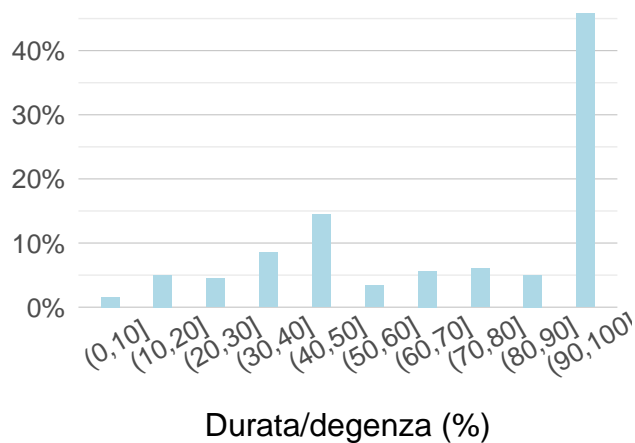
Ventilazione invasiva	N	%
No	3115	44.5
Si	3887	55.5
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>3588</b>	<b>51.1</b>
Missing	23	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



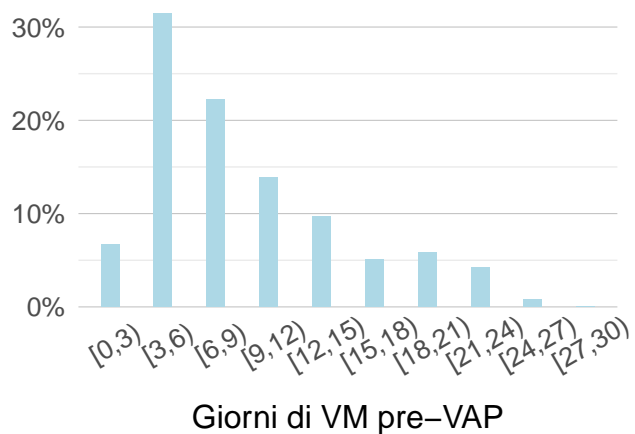
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.8 (10.6)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	10

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



Indicatore	Valore
Media (DS)	72.4 (29.8)
Mediana (Q1-Q3)	83.3 (50-100)
Missing	13

### 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	253
Media (DS)	9.9 (7.9)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-13)

---

Missing                      0

---

## 12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	11.5	8.1 %
CI ( 95% )	10.1 - 13.0	7.1 - 9.1

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:

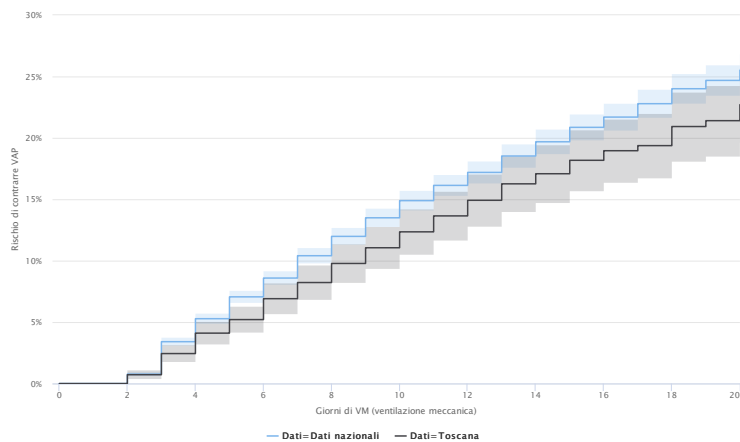
$$** \text{ Incidenza VAP} = \frac{\text{Numero di pazienti con VAP in degenza}}{(\text{Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP})/7} \times 100$$

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.

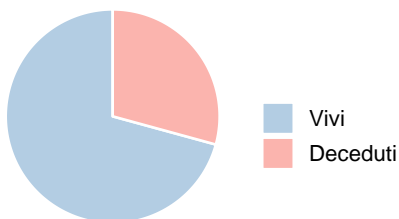
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### Rischio di contrarre VAP in TI



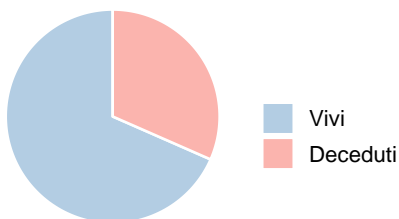


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	179	70.8
Deceduti	74	29.2
Missing	0	0

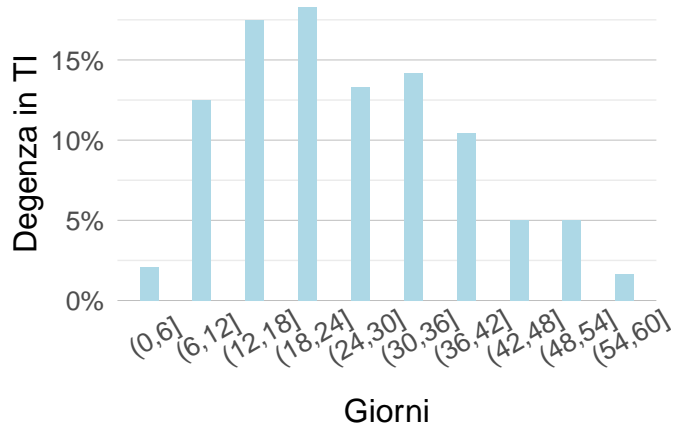
### 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	169	68.4
Deceduti	78	31.6
Missing	1	0

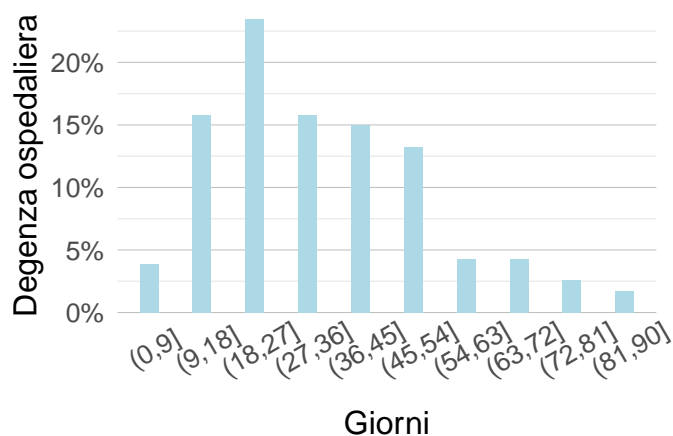
\* Statistiche calcolate su 248 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.4 (18.7)
Mediana (Q1-Q3)	25 (18-38)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.0 (34.3)
Mediana (Q1-Q3)	32 (21.5-47)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 248 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

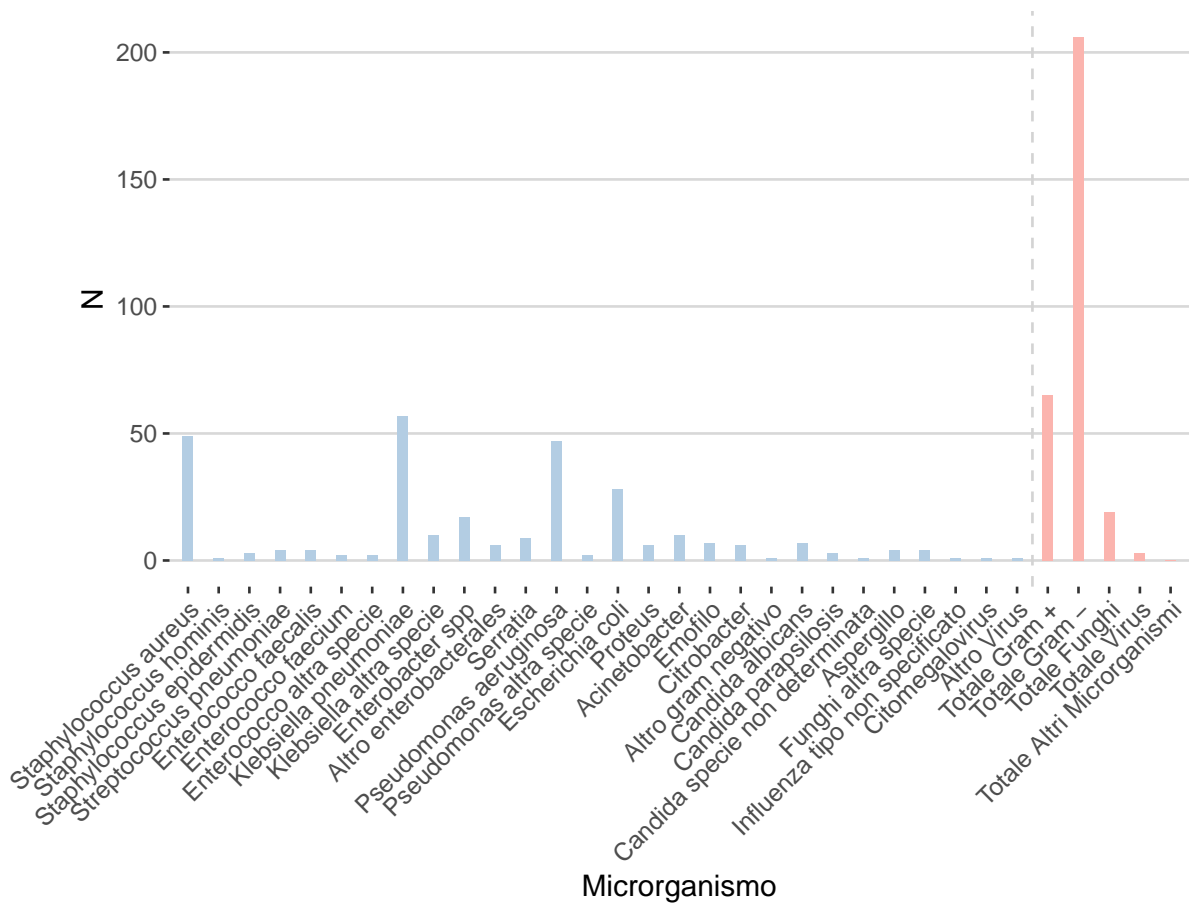
## 12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

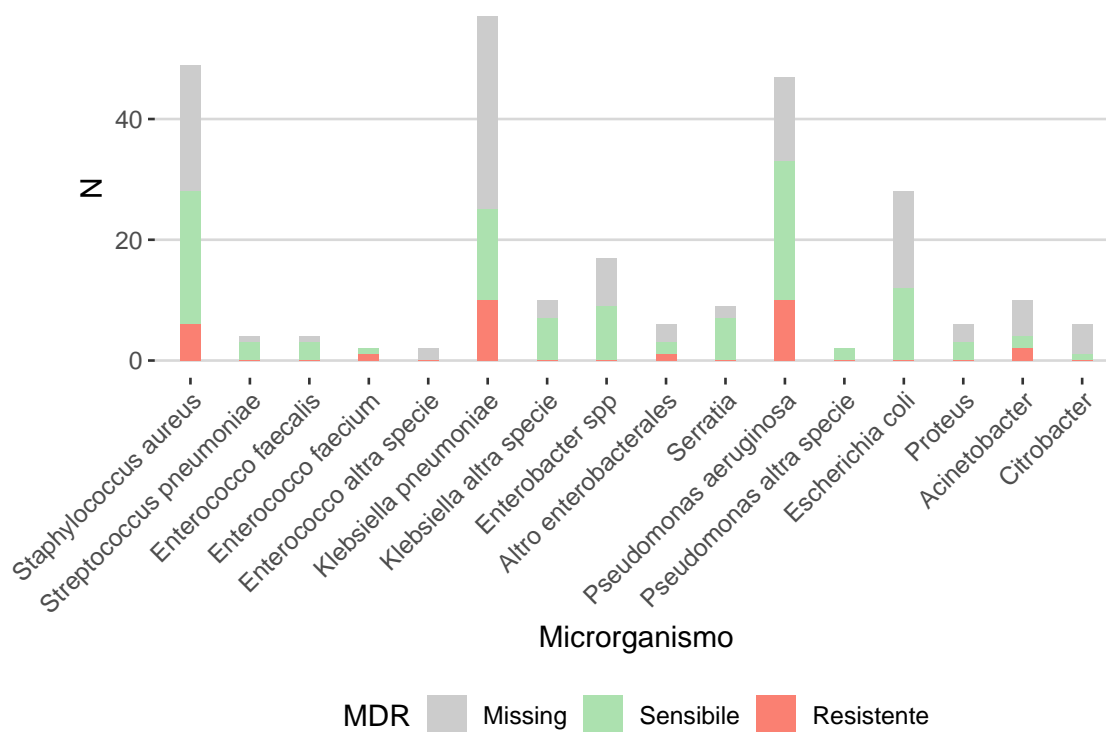
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	10	4.0
Sì	243	96.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>253</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>297</b>	

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	49	20.1	28	6	21.4
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.6	3	0	0
Enterococco faecalis	4	1.6	3	0	0
Enterococco faecium	2	0.8	2	1	50
Enterococco altra specie	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>65</b>	<b>26.6</b>	<b>36</b>	<b>7</b>	<b>19.4</b>
Klebsiella pneumoniae	57	23.4	25	10	40
Klebsiella altra specie	10	4.1	7	0	0
Enterobacter spp	17	7.0	9	0	0
Altro enterobacterales	6	2.5	3	1	33.3
Serratia	9	3.7	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	47	19.3	33	10	30.3
Pseudomonas altra specie	2	0.8	2	0	0
Escherichia coli	28	11.5	12	0	0
Proteus	6	2.5	3	0	0
Acinetobacter	10	4.1	4	2	50
Emofilo	7	2.9	0	0	0
Citrobacter	6	2.5	1	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>206</b>	<b>84.4</b>	<b>106</b>	<b>23</b>	<b>21.7</b>
Candida albicans	7	2.9	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	4	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	4	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>19</b>	<b>7.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza tipo non specificato	1	0.4			
Citomegalovirus	1	0.4			
Altro Virus	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>1.2</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>

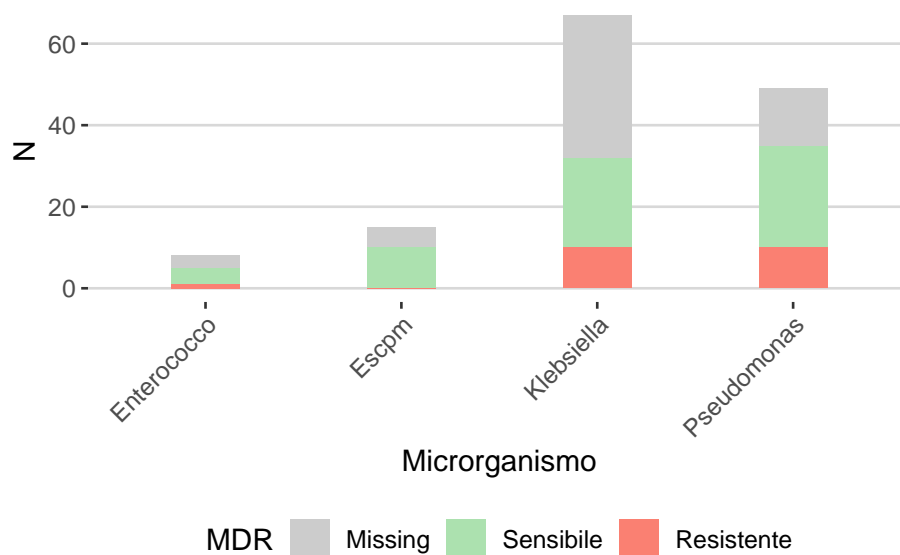


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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 lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Morganella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie* ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	8	5	4	1	20.00	3
Escpm	15	10	10	0	0.00	5
Klebsiella	67	32	22	10	31.25	35
Pseudomonas	49	35	25	10	28.57	14

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	25	Ertapenem	6	24.00
Klebsiella pneumoniae	25	Meropenem	10	40.00
Altro enterobacterales	3	Ertapenem	1	33.33
Acinetobacter	4	Imipenem	2	50.00
Acinetobacter	4	Meropenem	1	25.00
Pseudomonas aeruginosa	32	Imipenem	8	25.00
Pseudomonas aeruginosa	33	Meropenem	5	15.15
Staphylococcus aureus	28	Meticillina	6	21.43

Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00
---------------------	---	-------------	---	-------

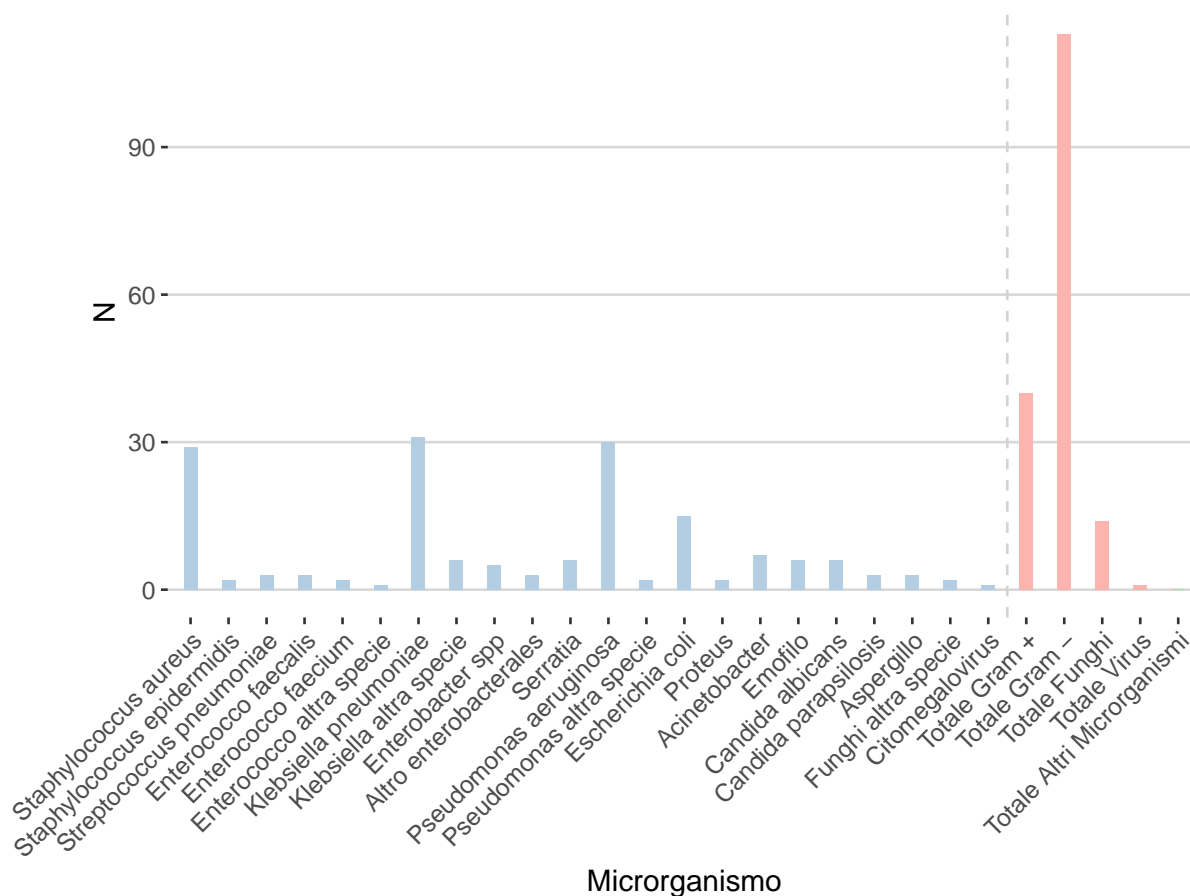
### 12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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	142	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>142</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>169</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	29	20.4	20	5	25
Staphylococcus epidermidis	2	1.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.1	3	0	0
Enterococco faecalis	3	2.1	3	0	0
Enterococco faecium	2	1.4	2	1	50
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>40</b>	<b>28.2</b>	<b>28</b>	<b>6</b>	<b>21.4</b>
Klebsiella pneumoniae	31	21.8	18	7	38.9
Klebsiella altra specie	6	4.2	5	0	0
Enterobacter spp	5	3.5	5	0	0
Altro enterobacterales	3	2.1	2	1	50
Serratia	6	4.2	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	30	21.1	26	8	30.8
Pseudomonas altra specie	2	1.4	2	0	0
Escherichia coli	15	10.6	8	0	0
Proteus	2	1.4	2	0	0
Acinetobacter	7	4.9	3	1	33.3
Emofilo	6	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>113</b>	<b>79.6</b>	<b>77</b>	<b>17</b>	<b>22.1</b>
Candida albicans	6	4.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.1	0	0	0
Aspergillo	3	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>14</b>	<b>9.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

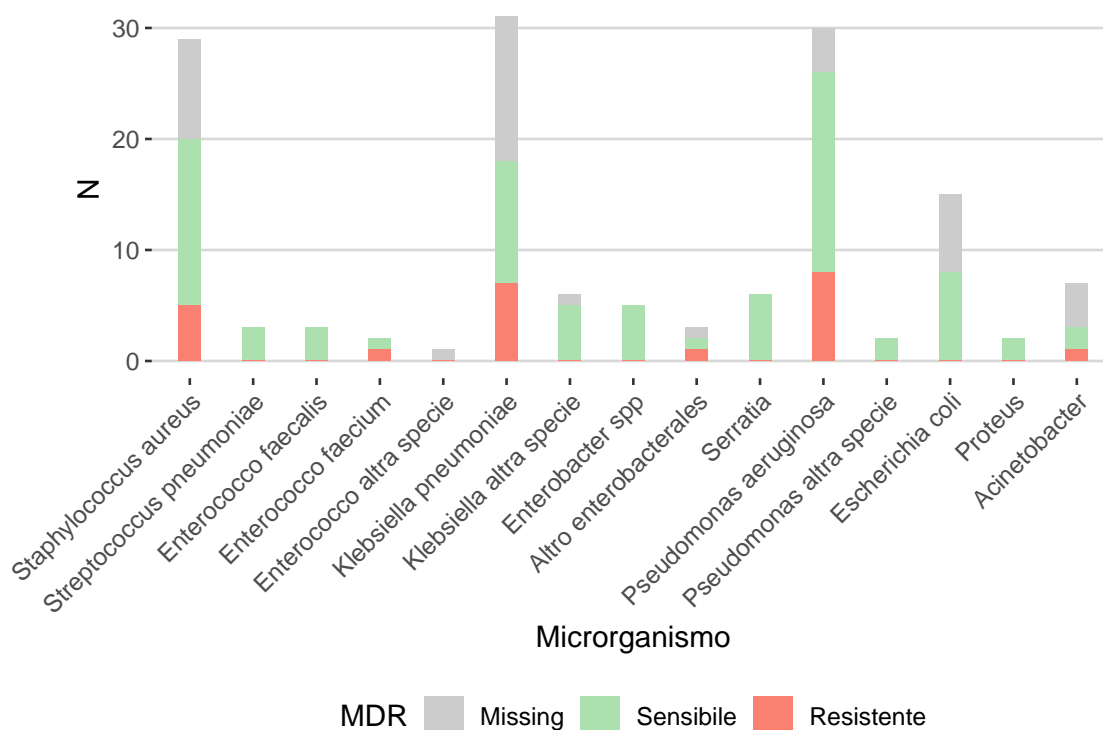


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	29	20.4	20	5	25
Staphylococcus epidermidis	2	1.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.1	3	0	0
Enterococcus faecalis	3	2.1	3	0	0
Enterococcus faecium	2	1.4	2	1	50
Enterococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>40</b>	<b>28.2</b>	<b>28</b>	<b>6</b>	<b>21.4</b>
Klebsiella pneumoniae	31	21.8	18	7	38.9
Klebsiella altra specie	6	4.2	5	0	0
Enterobacter spp	5	3.5	5	0	0
Altro enterobacterales	3	2.1	2	1	50
Serratia	6	4.2	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	30	21.1	26	8	30.8
Pseudomonas altra specie	2	1.4	2	0	0
Escherichia coli	15	10.6	8	0	0
Proteus	2	1.4	2	0	0
Acinetobacter	7	4.9	3	1	33.3
Emofilo	6	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>113</b>	<b>79.6</b>	<b>77</b>	<b>17</b>	<b>22.1</b>
Candida albicans	6	4.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.1	0	0	0



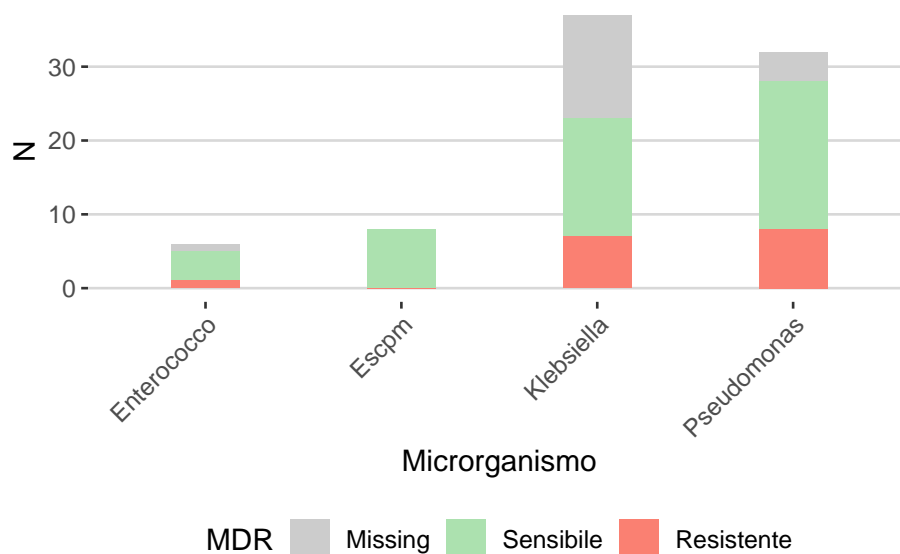
Aspergillo	3	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>14</b>	<b>9.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	6	5	4	1	20.00	1
Escpm	8	8	8	0	0.00	0
Klebsiella	37	23	16	7	30.43	14
Pseudomonas	32	28	20	8	28.57	4

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	18	Ertapenem	3	16.67
Klebsiella pneumoniae	18	Meropenem	7	38.89
Altro enterobacterales	2	Ertapenem	1	50.00
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	26	Imipenem	6	23.08
Pseudomonas aeruginosa	26	Meropenem	5	19.23

Staphylococcus aureus	20	Meticillina	5	25.00
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

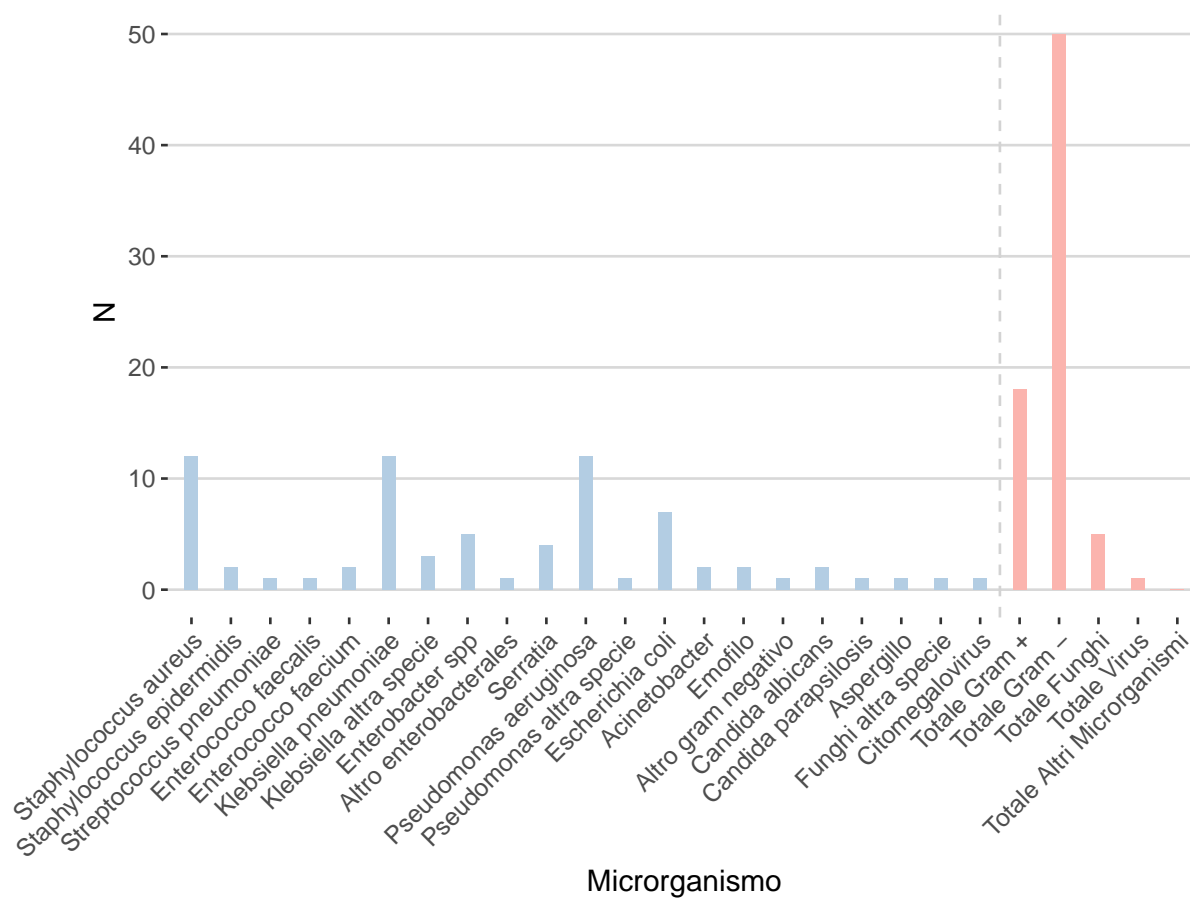
### 12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

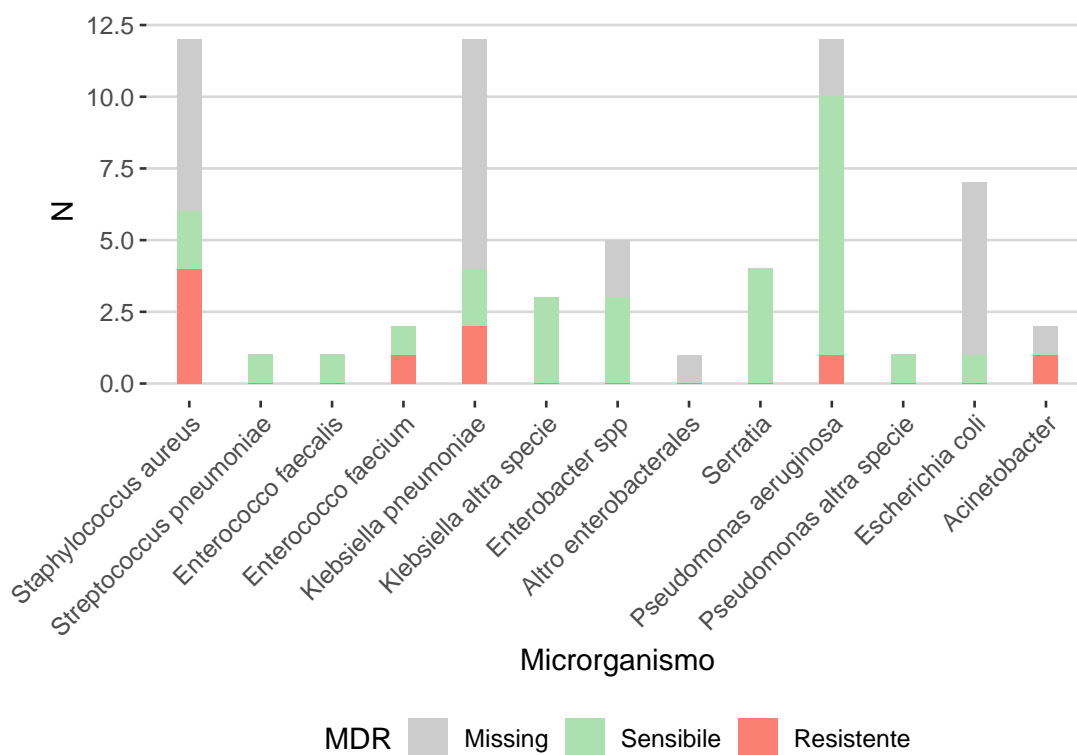
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	1.7
Sì	59	98.3
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>60</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>75</b>	

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	12	20.0	6	4	66.7
Staphylococcus epidermidis	2	3.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.7	1	0	0
Enterococco faecalis	1	1.7	1	0	0
Enterococco faecium	2	3.3	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>18</b>	<b>30.0</b>	<b>10</b>	<b>5</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	12	20.0	4	2	50
Klebsiella altra specie	3	5.0	3	0	0
Enterobacter spp	5	8.3	3	0	0
Altro enterobacterales	1	1.7	0	0	0
Serratia	4	6.7	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	20.0	10	1	10
Pseudomonas altra specie	1	1.7	1	0	0
Escherichia coli	7	11.7	1	0	0
Acinetobacter	2	3.3	1	1	100
Emofilo	2	3.3	0	0	0
Altro gram negativo	1	1.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>50</b>	<b>83.3</b>	<b>27</b>	<b>4</b>	<b>14.8</b>
Candida albicans	2	3.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.7	0	0	0
Aspergillo	1	1.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>8.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	1.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

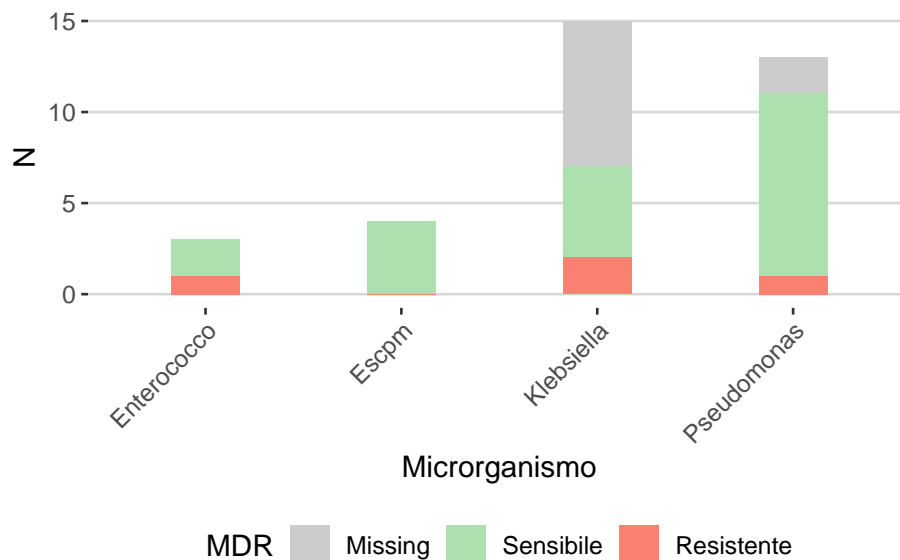


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	3	3	2	1	33.33	0
Escpm	4	4	4	0	0.00	0
Klebsiella	15	7	5	2	28.57	8
Pseudomonas	13	11	10	1	9.09	2

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

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

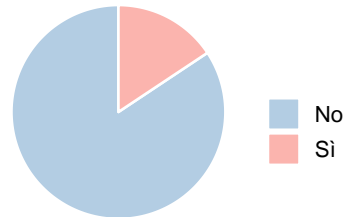
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Ertapenem	2	50.00
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	2	50.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	1	10.00
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	4	66.67

Enterococco faecium      2    Vancomicina      1    50.00

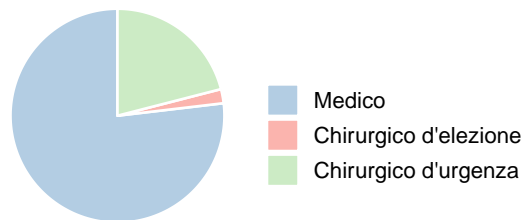
### 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 281)

#### 13.1 Trauma



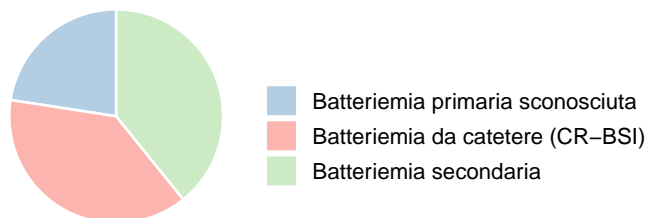
Trauma	N	%
No	237	84.3
Si	44	15.7
Missing	0	0

#### 13.2 Stato Chirurgico



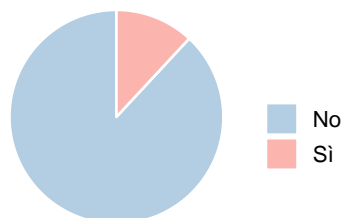
Stato chirurgico	N	%
Medico	216	76.9
Chirurgico d'elezione	6	2.1
Chirurgico d'urgenza	59	21.0
Missing	0	0

#### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	72	25.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	122	43.4
Batteriemia secondaria	125	44.5
Missing	0	0.0

### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	170	88.1
Sì	23	11.9
Missing	1	0

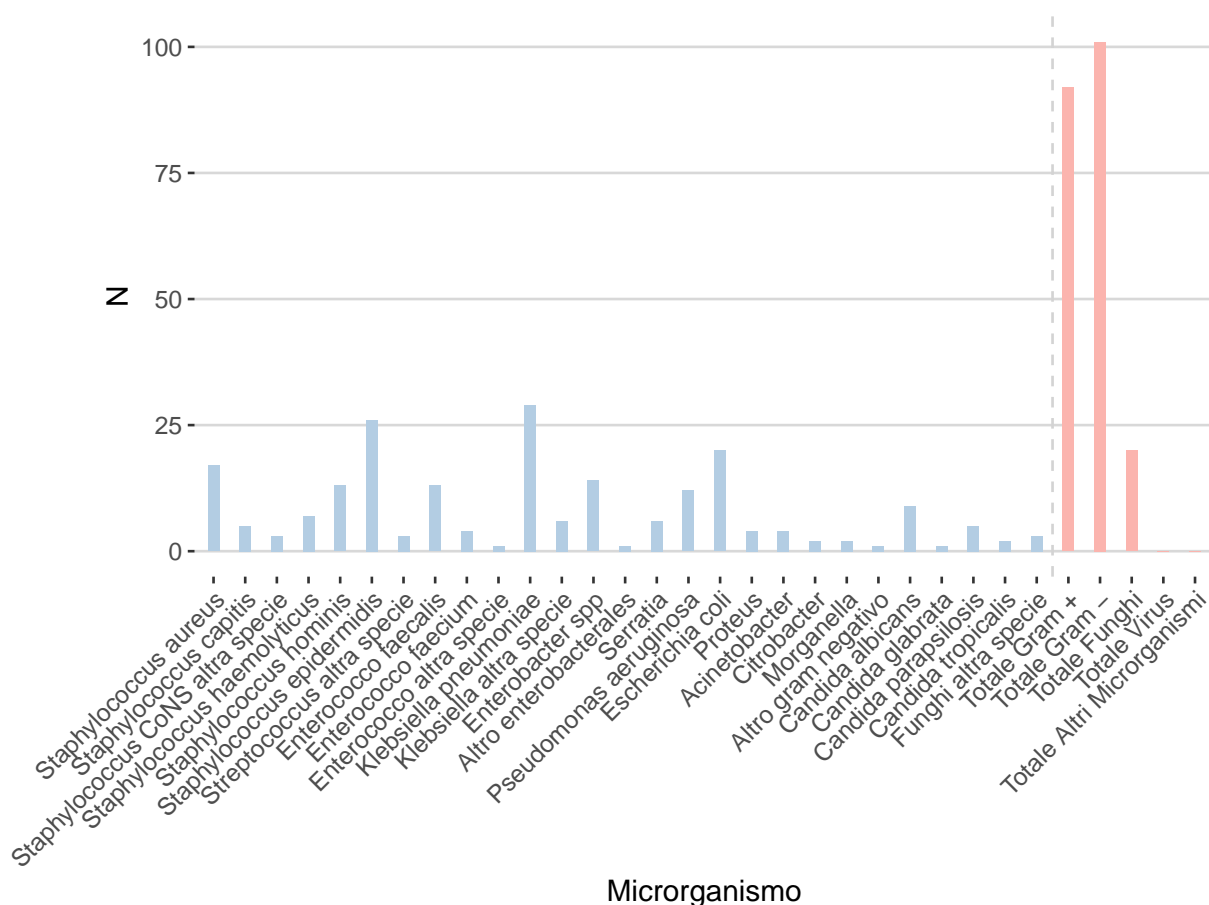
### 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	17	8.8	9	1	11.1
Staphylococcus capitis	5	2.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	3.6	5	5	100
Staphylococcus hominis	13	6.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	13.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.5	2	0	0
Enterococco faecalis	13	6.7	8	0	0
Enterococco faecium	4	2.1	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>92</b>	<b>47.4</b>	<b>27</b>	<b>7</b>	<b>25.9</b>
Klebsiella pneumoniae	29	14.9	10	5	50
Klebsiella altra specie	6	3.1	6	0	0
Enterobacter spp	14	7.2	8	1	12.5
Altro enterobacterales	1	0.5	1	0	0
Serratia	6	3.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	6.2	10	3	30
Escherichia coli	20	10.3	9	0	0



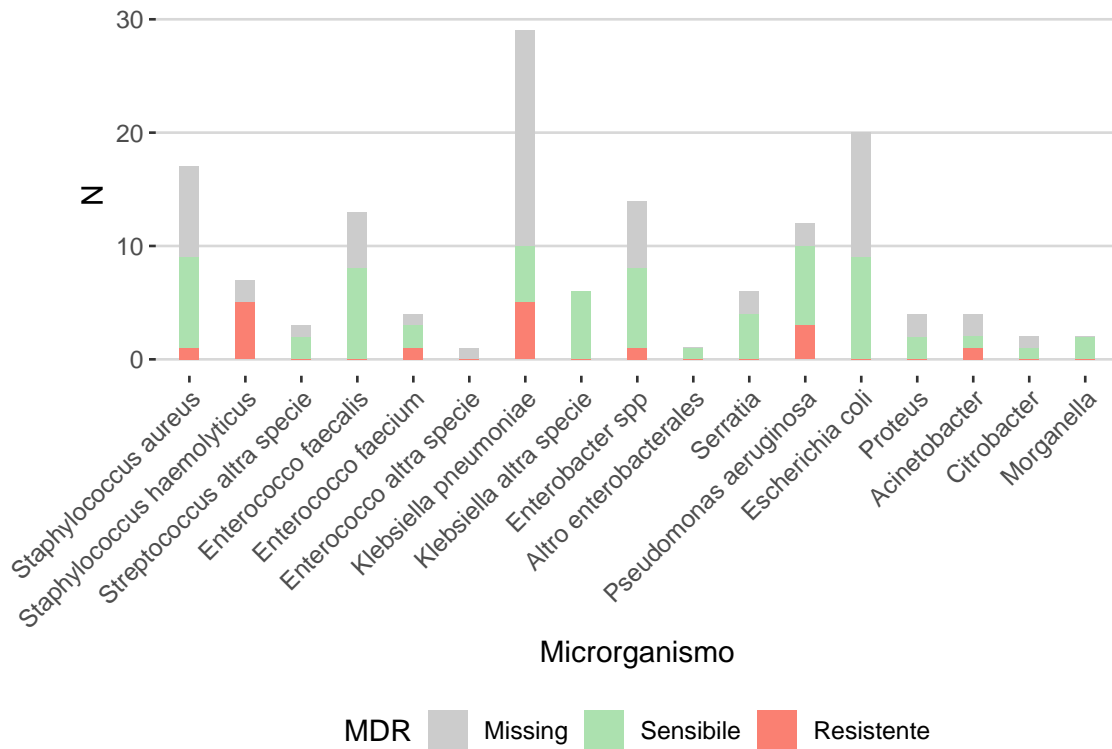
Proteus	4	2.1	2	0	0
Acinetobacter	4	2.1	2	1	50
Citrobacter	2	1.0	1	0	0
Morganella	2	1.0	2	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>101</b>	<b>52.1</b>	<b>55</b>	<b>10</b>	<b>18.2</b>
Candida albicans	9	4.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	2.6	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>10.3</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>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	17	8.8	9	1	11.1
Staphylococcus capitis	5	2.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	3.6	5	5	100
Staphylococcus hominis	13	6.7	0	0	0

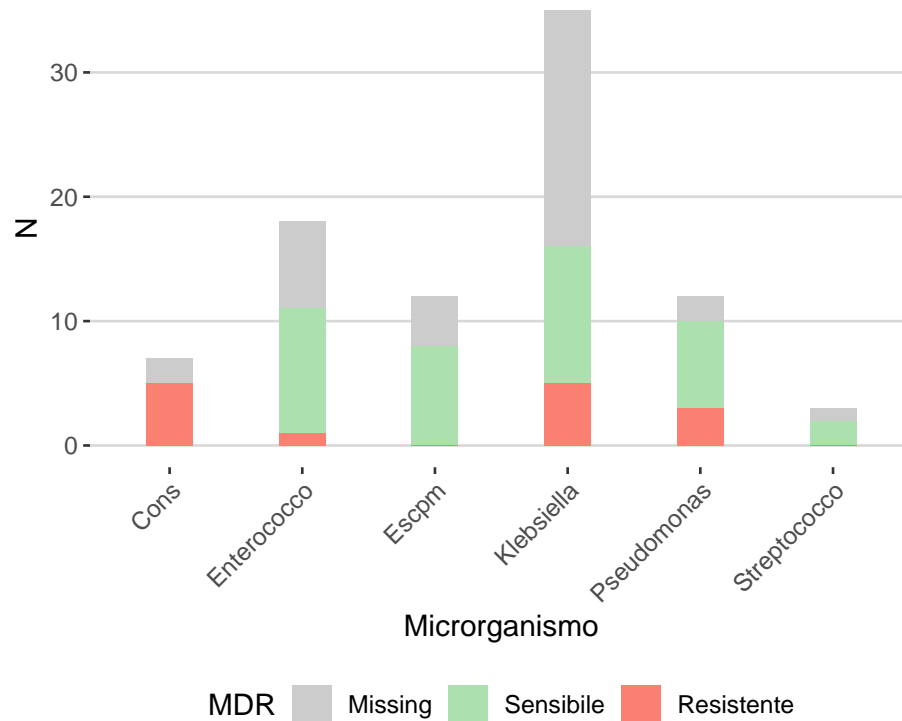
Staphylococcus epidermidis	26	13.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.5	2	0	0
Enterococco faecalis	13	6.7	8	0	0
Enterococco faecium	4	2.1	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>92</b>	<b>47.4</b>	<b>27</b>	<b>7</b>	<b>25.9</b>
Klebsiella pneumoniae	29	14.9	10	5	50
Klebsiella altra specie	6	3.1	6	0	0
Enterobacter spp	14	7.2	8	1	12.5
Altro enterobacterales	1	0.5	1	0	0
Serratia	6	3.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	6.2	10	3	30
Escherichia coli	20	10.3	9	0	0
Proteus	4	2.1	2	0	0
Acinetobacter	4	2.1	2	1	50
Citrobacter	2	1.0	1	0	0
Morganella	2	1.0	2	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>101</b>	<b>52.1</b>	<b>55</b>	<b>10</b>	<b>18.2</b>
Candida albicans	9	4.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	2.6	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>10.3</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 ( *Streptococcus agalactiae*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie* ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 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	7	5	0	5	100.00	2
Enterococco	18	11	10	1	9.09	7
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	35	16	11	5	31.25	19
Pseudomonas	12	10	7	3	30.00	2
Streptococco	3	2	2	0	0.00	1

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

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

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

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

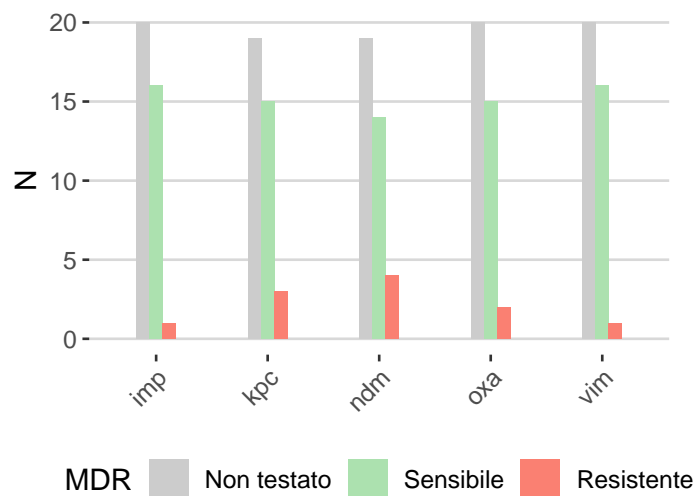
Klebsiella pneumoniae	10	Ertapenem	4	40.00
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	5	50.00
Enterobacter spp	8	Ertapenem	1	12.50
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	2	20.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	3	30.00
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	5	100.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	1	11.11
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

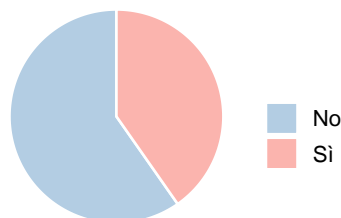
	N	%
Sì	7	18.92
No	11	29.73
Non testato	19	51.35
Missing	54	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	9.1	16	20
kpc	3	27.3	15	19
ndm	4	36.4	14	19
oxa	2	18.2	15	20
vim	1	9.1	16	20



## 14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 72)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	43	59.7
Sì	29	40.3
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.6	1.1 %
CI ( 95% )	1.2 - 2.0	0.9 - 1.4

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

Il primo:

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

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

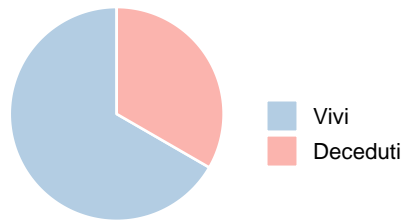
Il secondo:

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

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

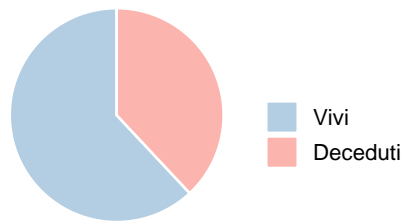
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	48	66.7
Deceduti	24	33.3
Missing	0	0

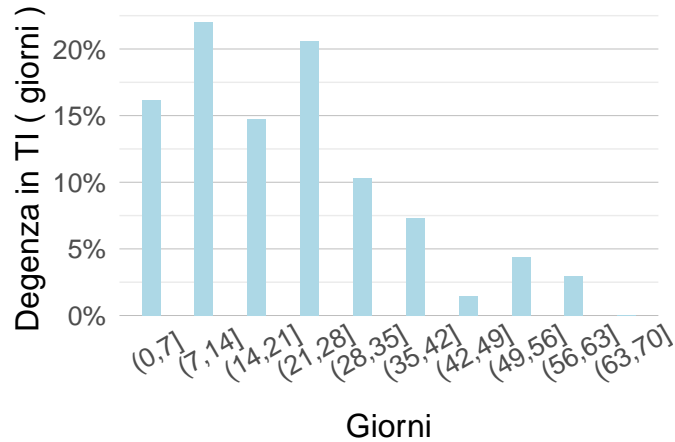
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	44	62.0
Deceduti	27	38.0
Missing	0	0

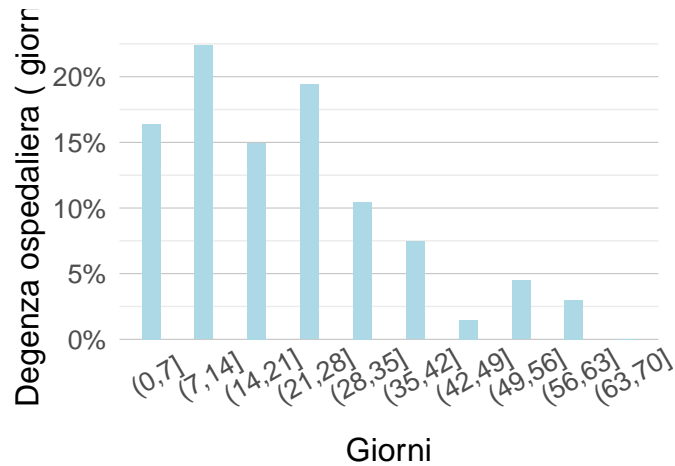
\* Statistiche calcolate su 71 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 14.5 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.9 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	21.5 (12-31.2)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.1 (26.6)
Mediana (Q1-Q3)	27 (17.5-42)
Missing	0

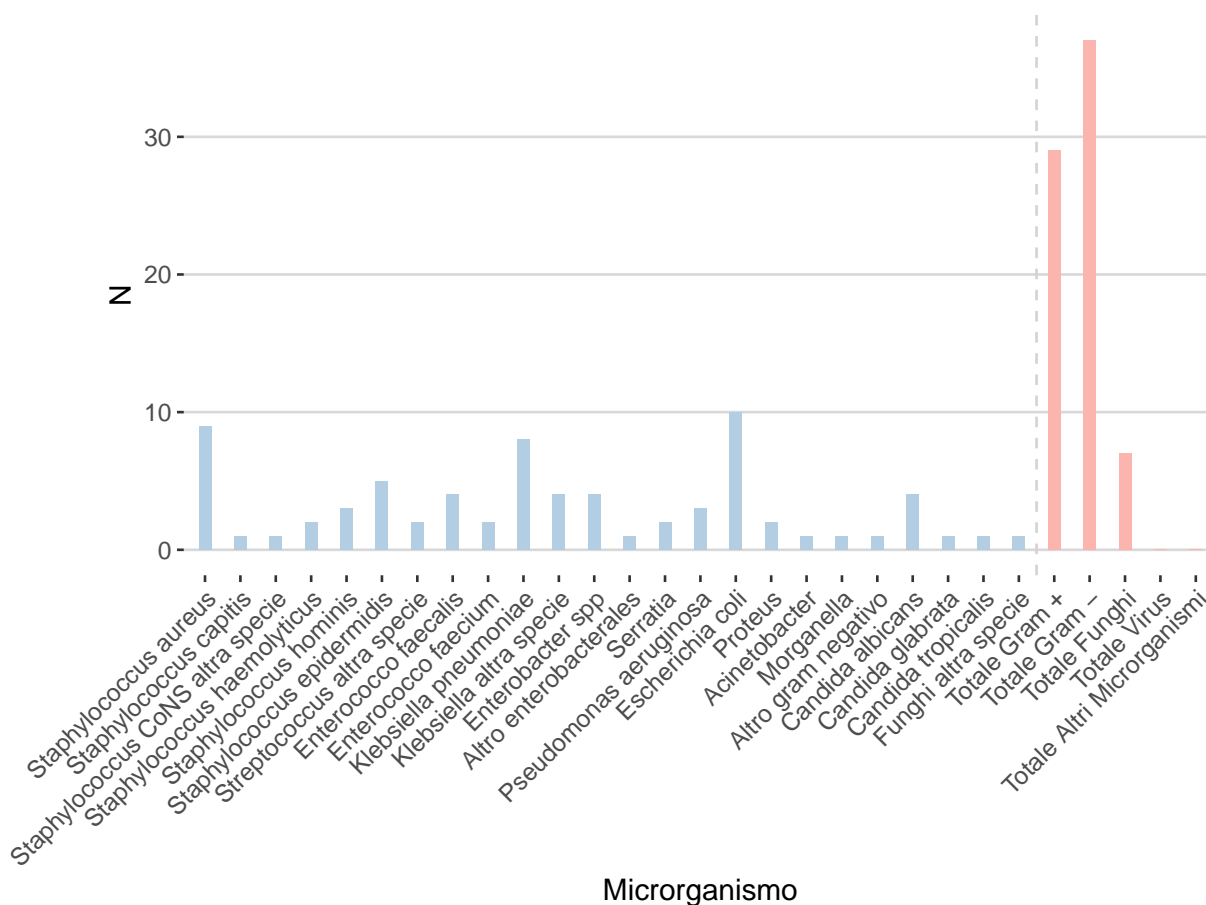
\* Statistiche calcolate su 71 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).



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

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	12.5	6	1	16.7
Staphylococcus capitis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.8	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	4.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	6.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.8	2	0	0
Enterococco faecalis	4	5.6	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.8	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>29</b>	<b>40.3</b>	<b>12</b>	<b>3</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	8	11.1	5	2	40
Klebsiella altra specie	4	5.6	4	0	0
Enterobacter spp	4	5.6	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.4	1	0	0
Serratia	2	2.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	4.2	2	1	50
Escherichia coli	10	13.9	5	0	0
Proteus	2	2.8	1	0	0
Acinetobacter	1	1.4	0	0	0
Morganella	1	1.4	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>37</b>	<b>51.4</b>	<b>23</b>	<b>3</b>	<b>13</b>
Candida albicans	4	5.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>9.7</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>

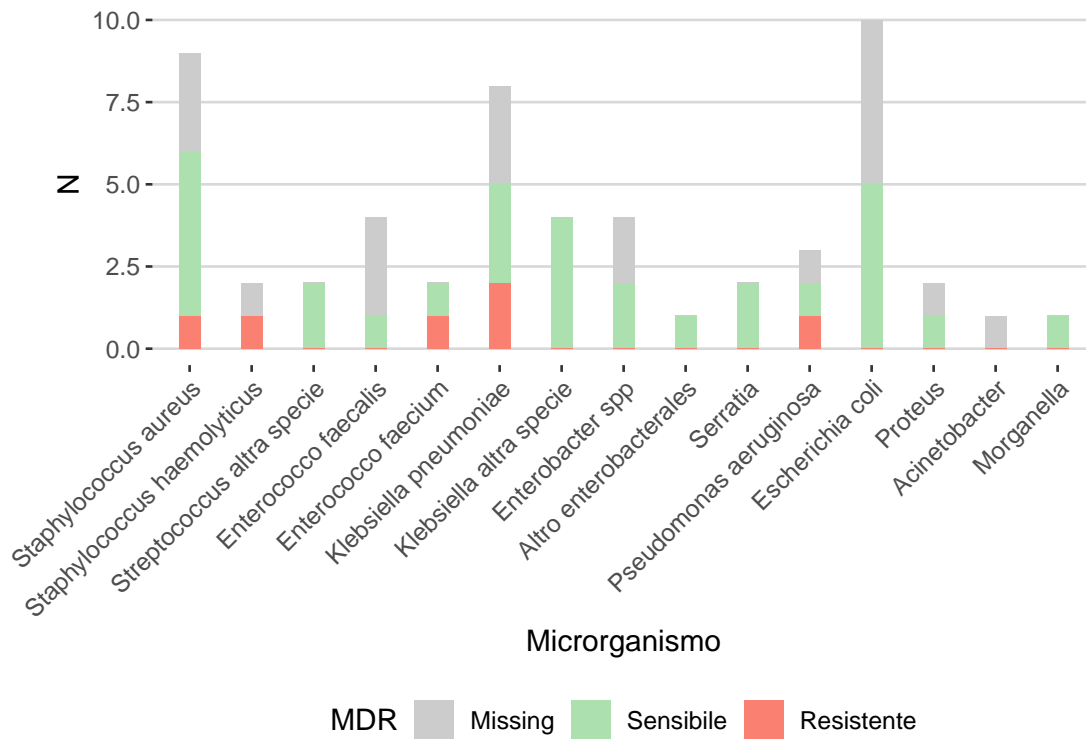


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	12.5	6	1	16.7
Staphylococcus capitis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.8	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	4.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	6.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.8	2	0	0
Enterococco faecalis	4	5.6	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.8	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>29</b>	<b>40.3</b>	<b>12</b>	<b>3</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	8	11.1	5	2	40
Klebsiella altra specie	4	5.6	4	0	0
Enterobacter spp	4	5.6	2	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.4	1	0	0
Serratia	2	2.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	4.2	2	1	50
Escherichia coli	10	13.9	5	0	0
Proteus	2	2.8	1	0	0
Acinetobacter	1	1.4	0	0	0
Morganella	1	1.4	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>37</b>	<b>51.4</b>	<b>23</b>	<b>3</b>	<b>13</b>

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 72)

Candida albicans	4	5.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>9.7</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, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida 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.

### 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.

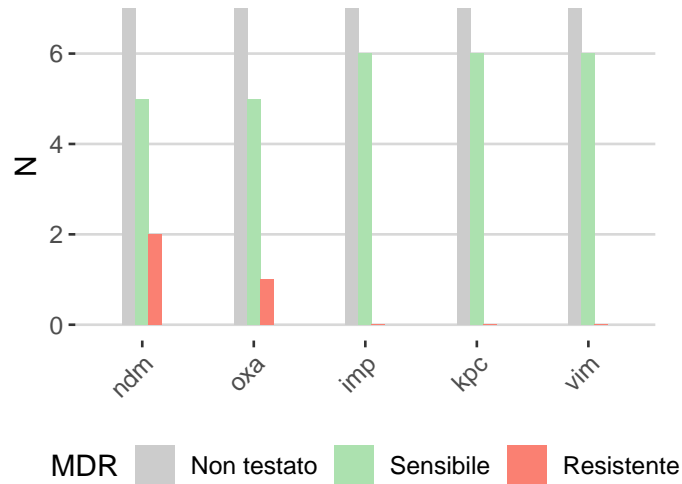
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	2	40.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	1	16.67
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

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

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

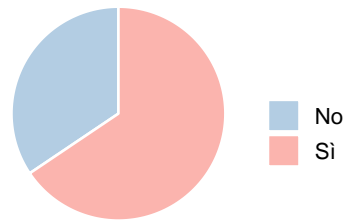
	N	%
Sì	3	23.08
No	3	23.08
Non testato	7	53.85
Missing	21	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	6	7
kpc	0	0.0	6	7
ndm	2	66.7	5	7
oxa	1	33.3	5	7
vim	0	0.0	6	7



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 122)

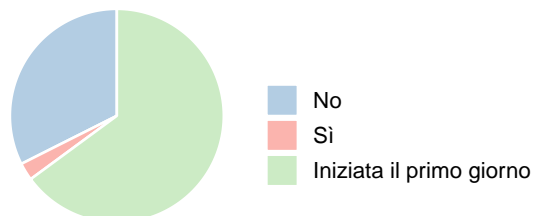
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	42	34.4
Si	80	65.6
Missing	0	0

### 15.2 Fattori di rischio

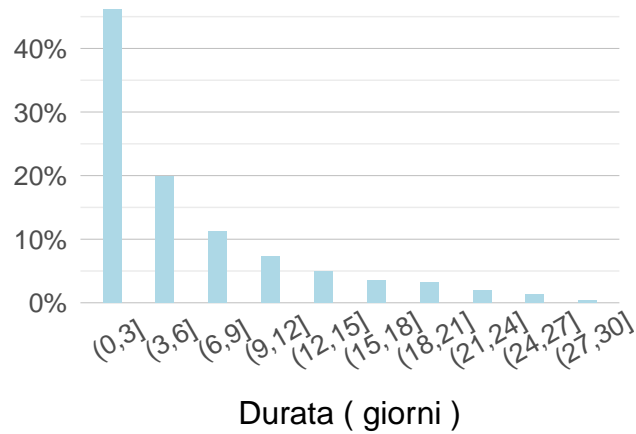
#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 7025 )



Cvc	N	%
-----	---	---

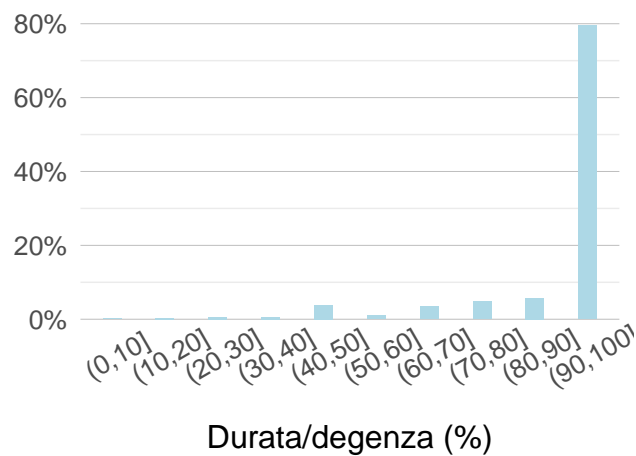
No	2270	32.4
Sì	4732	67.6
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>4545</b>	<b>64.7</b>
Missing	23	

15.2.2 Durata (giorni)



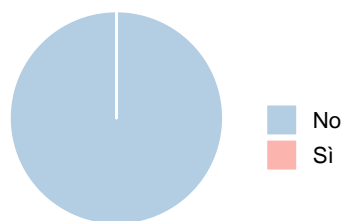
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.1 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	10

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



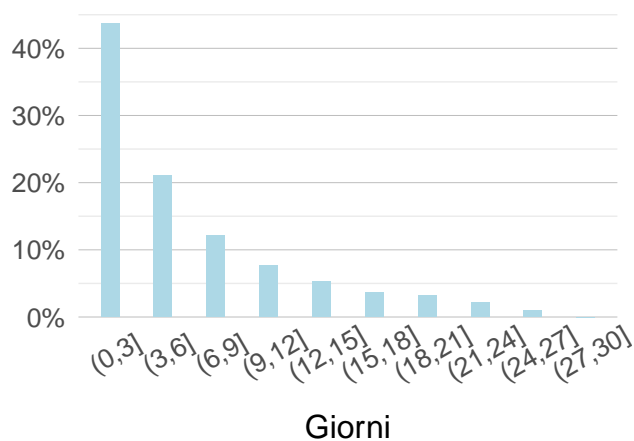
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.1 (15.5)
Mediana (Q1-Q3)	100 (97-100)
Missing	11

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 7025 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	6996	100.0
Si	1	0.0
Missing	28	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	116
Media (DS)	13.2 (11.3)
Mediana (Q1-Q3)	10.5 (6-17.2)
Missing	6

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	3.3	2.3 %
CI ( 95% )	2.8 - 4.0	1.9 - 2.8

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

Il primo:

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

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

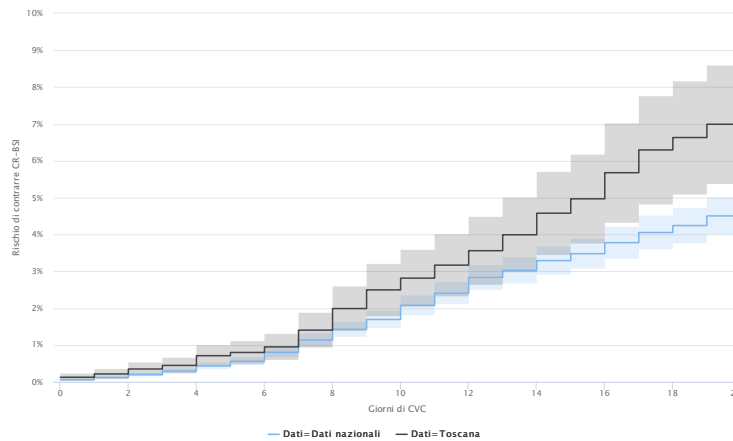
Il secondo invece:

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

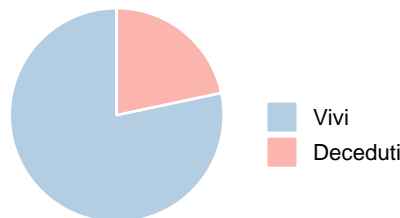
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



### 15.6 Mortalità in TI

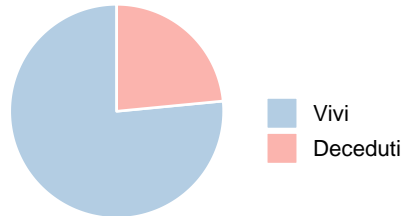


Mortalità in TI	N	%
Vivi	94	78.3
Deceduti	26	21.7



Missing 2 0

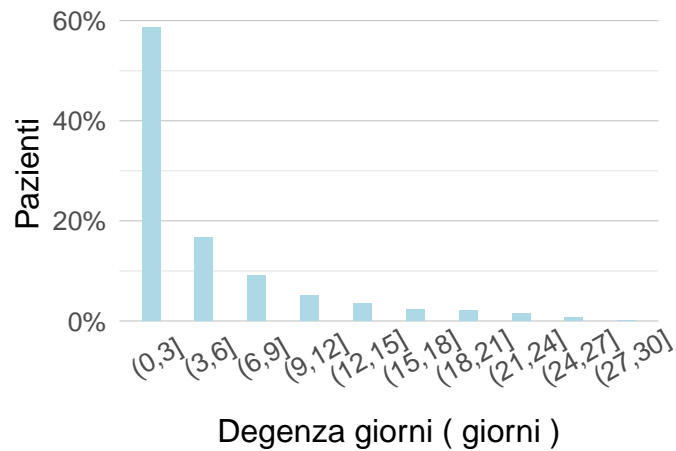
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	88	76.5
Deceduti	27	23.5
Missing	3	0

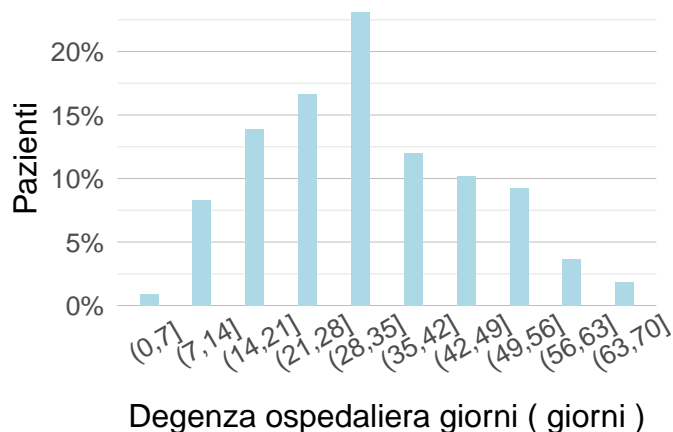
\* Statistiche calcolate su 118 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.1 (19.8)
Mediana (Q1-Q3)	28 (18.8-38)
Missing	2

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.3 (23.4)
Mediana (Q1-Q3)	32 (23-46)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 118 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

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

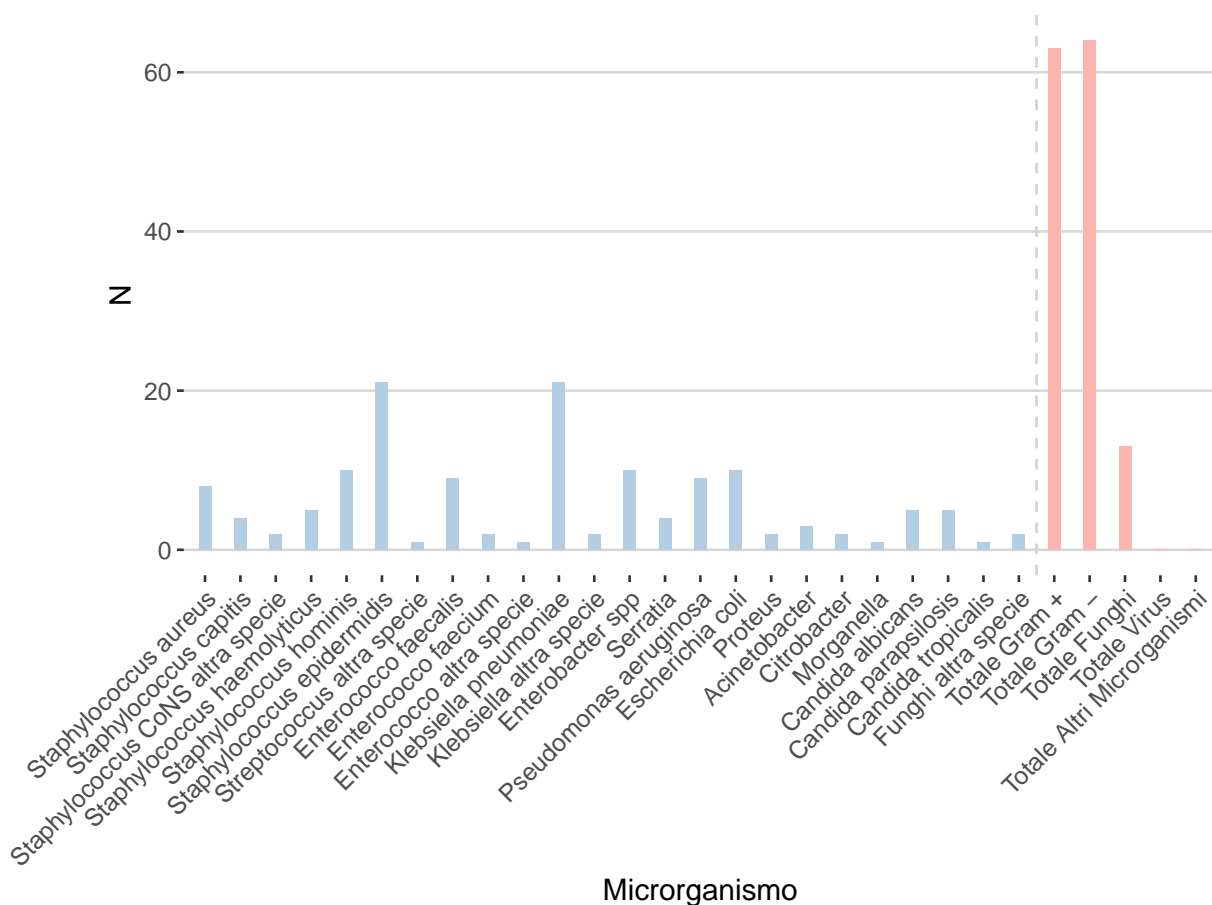
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	122	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>122</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>140</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	8	6.6	3	0	0
Staphylococcus capitis	4	3.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	4.1	4	4	100
Staphylococcus hominis	10	8.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	17.2	0	0	0

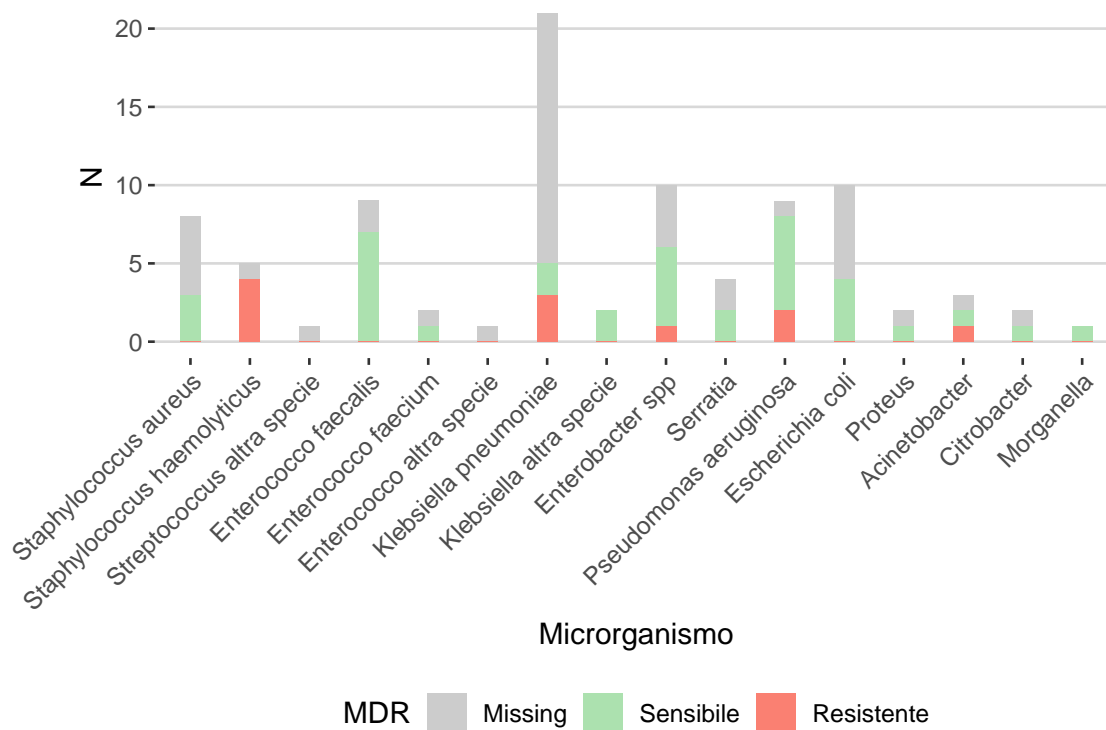
Streptococcus altra specie	1	0.8	0	0	0
Enterococco faecalis	9	7.4	7	0	0
Enterococco faecium	2	1.6	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>63</b>	<b>51.6</b>	<b>15</b>	<b>4</b>	<b>26.7</b>
Klebsiella pneumoniae	21	17.2	5	3	60
Klebsiella altra specie	2	1.6	2	0	0
Enterobacter spp	10	8.2	6	1	16.7
Serratia	4	3.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	7.4	8	2	25
Escherichia coli	10	8.2	4	0	0
Proteus	2	1.6	1	0	0
Acinetobacter	3	2.5	2	1	50
Citrobacter	2	1.6	1	0	0
Morganella	1	0.8	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>64</b>	<b>52.5</b>	<b>32</b>	<b>7</b>	<b>21.9</b>
Candida albicans	5	4.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	4.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>13</b>	<b>10.7</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	8	6.6	3	0	0
Staphylococcus capitis	4	3.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	4.1	4	4	100
Staphylococcus hominis	10	8.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	17.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.8	0	0	0
Enterococco faecalis	9	7.4	7	0	0
Enterococco faecium	2	1.6	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>63</b>	<b>51.6</b>	<b>15</b>	<b>4</b>	<b>26.7</b>
Klebsiella pneumoniae	21	17.2	5	3	60
Klebsiella altra specie	2	1.6	2	0	0
Enterobacter spp	10	8.2	6	1	16.7
Serratia	4	3.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	7.4	8	2	25
Escherichia coli	10	8.2	4	0	0
Proteus	2	1.6	1	0	0
Acinetobacter	3	2.5	2	1	50
Citrobacter	2	1.6	1	0	0
Morganella	1	0.8	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>64</b>	<b>52.5</b>	<b>32</b>	<b>7</b>	<b>21.9</b>

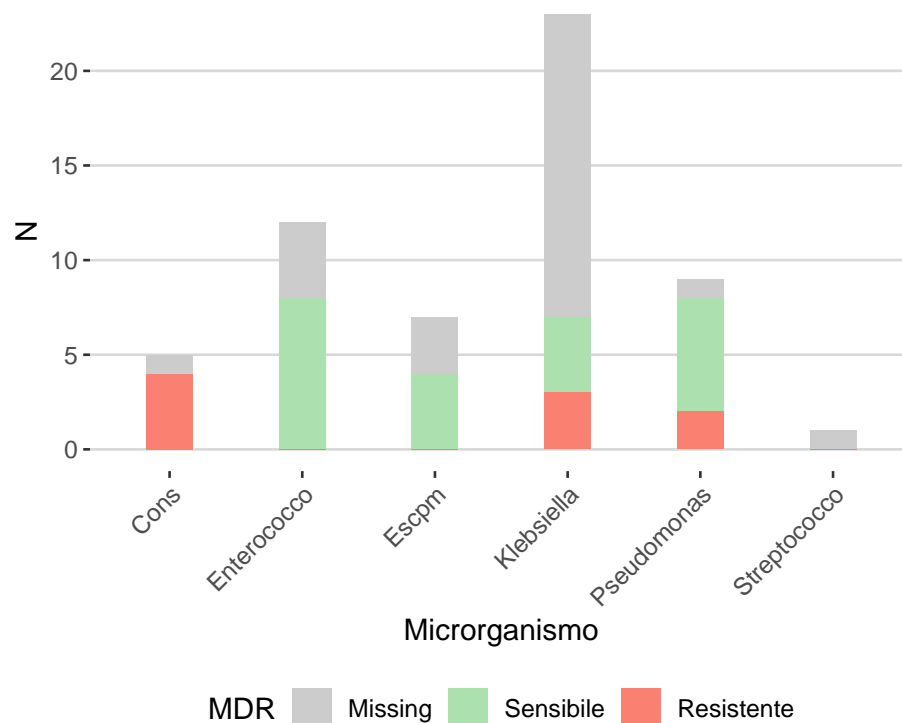
Candida albicans	5	4.1	0	0	0
Candida parapsilosis	5	4.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>13</b>	<b>10.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</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, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogenes, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 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	5	4	0	4	100.00	1
Enterococco	12	8	8	0	0.00	4
Escpm	7	4	4	0	0.00	3
Klebsiella	23	7	4	3	42.86	16
Pseudomonas	9	8	6	2	25.00	1
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

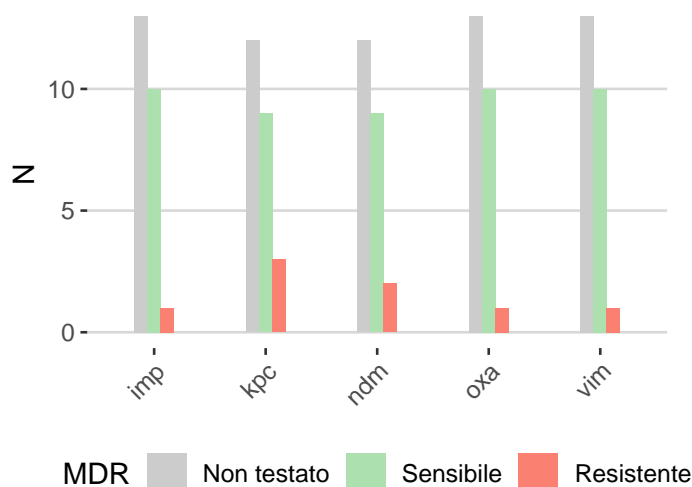
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	2	40.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	3	60.00
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	2	25.00
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	4	100.00

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

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

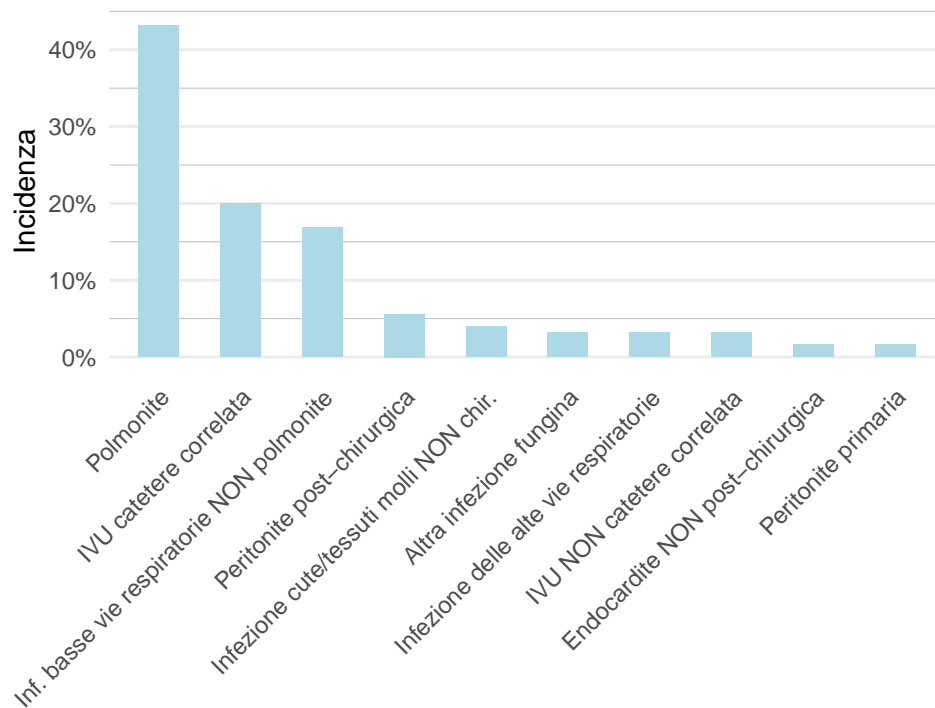
	N	%
Sì	4	16.67
No	8	33.33
Non testato	12	50
Missing	33	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	12.5	10	13
kpc	3	37.5	9	12
ndm	2	25.0	9	12
oxa	1	12.5	10	13
vim	1	12.5	10	13



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 125)

### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )

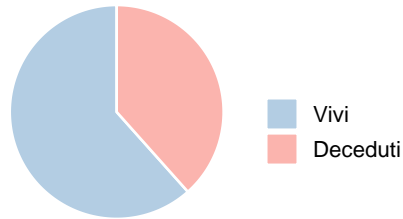


Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	54	43.2
IVU catetere correlata	25	20
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	21	16.8
Peritonite post-chirurgica	7	5.6
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	5	4
Infezione delle alte vie respiratorie	4	3.2
IVU NON catetere correlata	4	3.2
Altra infezione fungina	4	3.2
Endocardite NON post-chirurgica	2	1.6
Peritonite primaria	2	1.6
Missing	0	

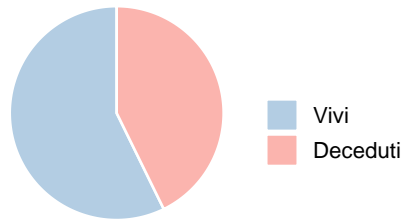


## 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	77	61.6
Deceduti	48	38.4
Missing	0	0

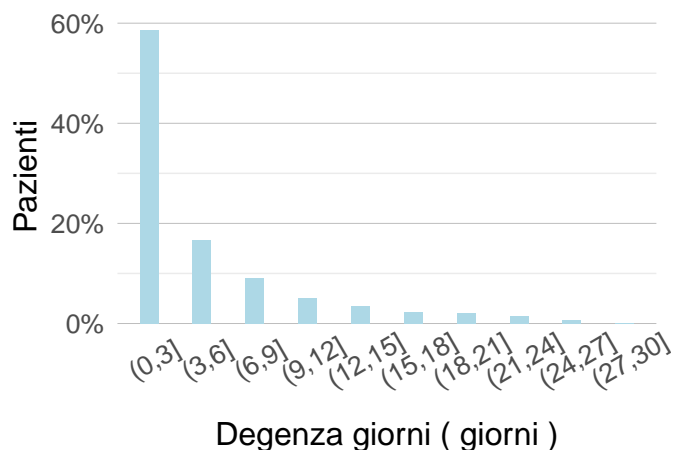
## 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	67	57.3
Deceduti	50	42.7
Missing	1	0

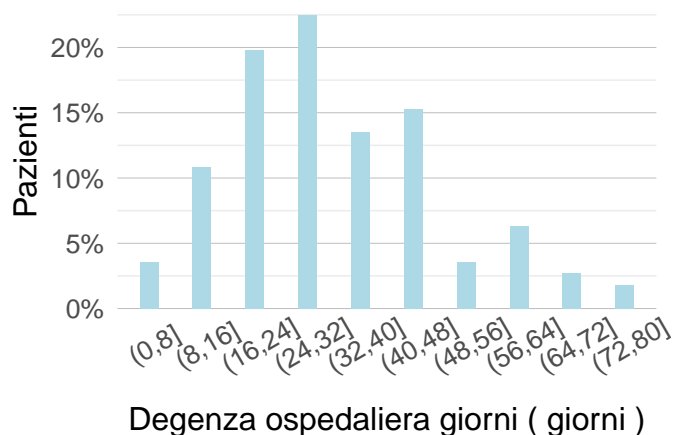
\* Statistiche calcolate su 118 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 7 ).

#### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.5 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	23 (15-36)
Missing	0

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



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.0 (22.1)
Mediana (Q1-Q3)	31 (22-46)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 118 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 7 ).

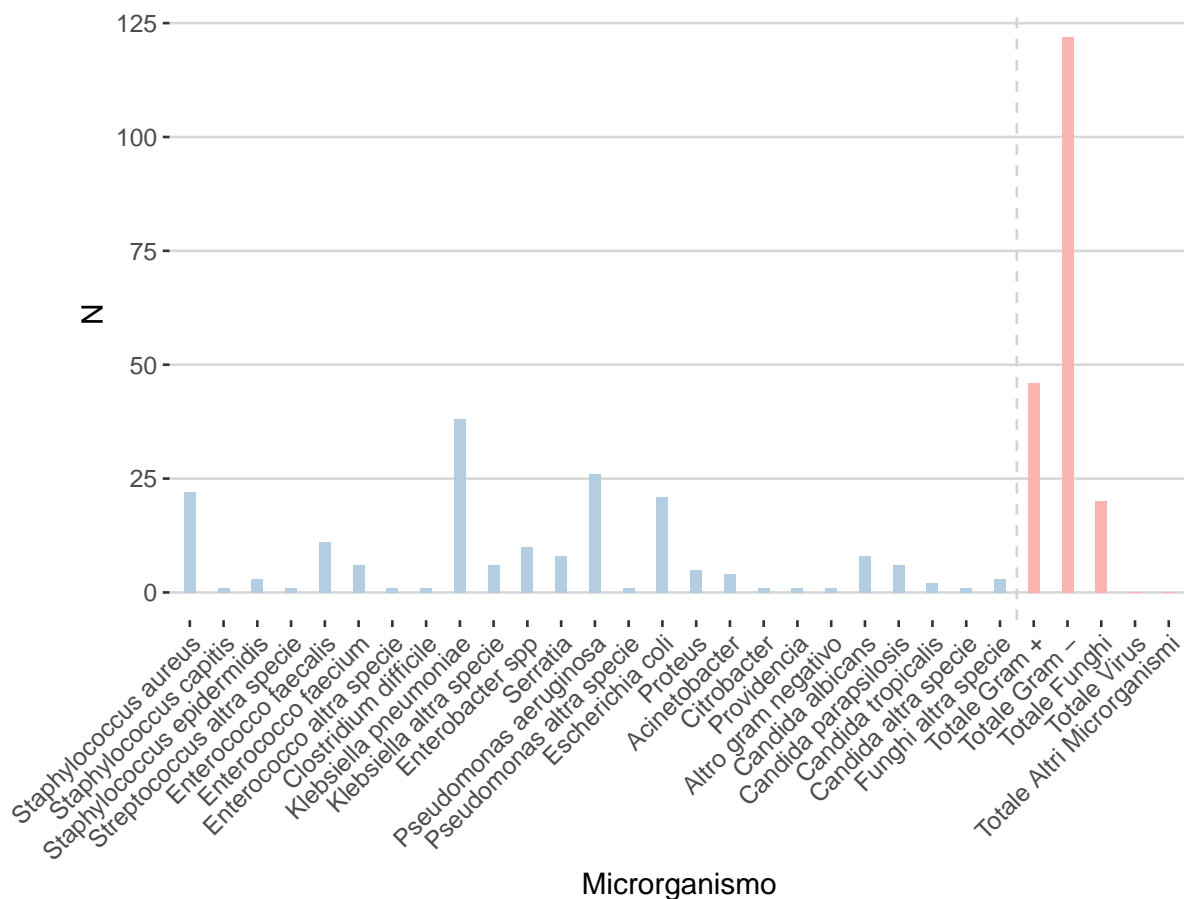
#### 16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	1.4
Sì	140	98.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>142</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>191</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.

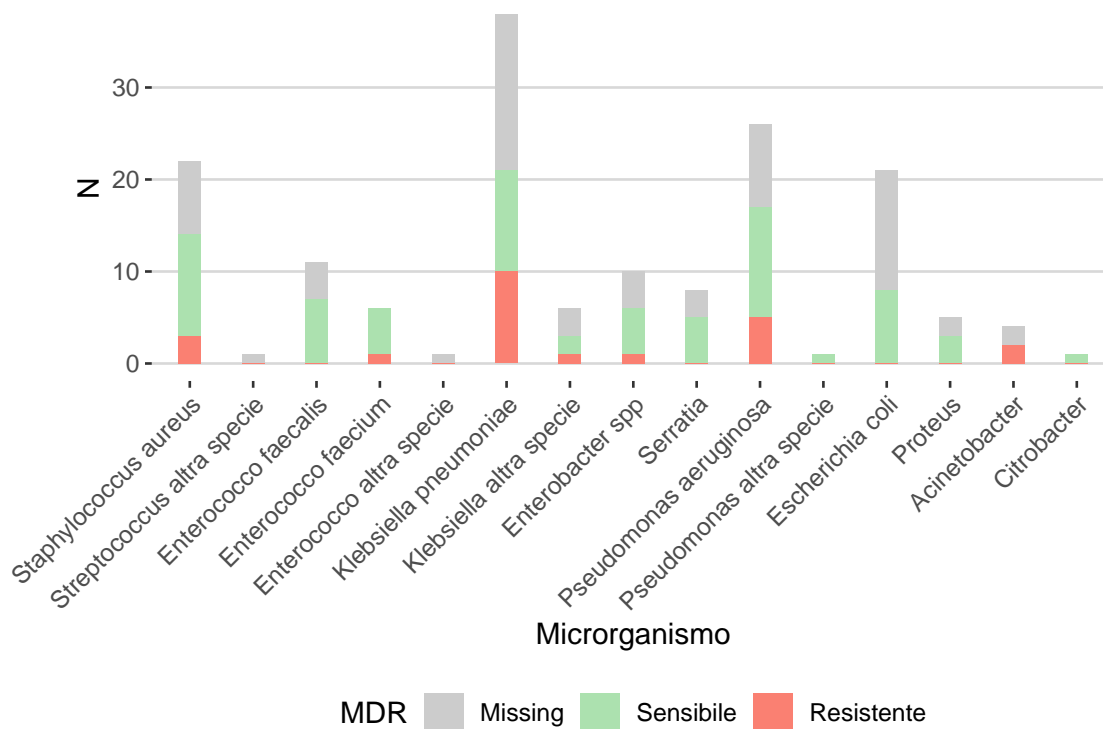
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	22	15.7	14	3	21.4
Staphylococcus capitis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	11	7.9	7	0	0
Enterococco faecium	6	4.3	6	1	16.7
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>46</b>	<b>32.9</b>	<b>27</b>	<b>4</b>	<b>14.8</b>
Klebsiella pneumoniae	38	27.1	21	10	47.6
Klebsiella altra specie	6	4.3	3	1	33.3
Enterobacter spp	10	7.1	6	1	16.7
Serratia	8	5.7	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	26	18.6	17	5	29.4
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0
Escherichia coli	21	15.0	8	0	0
Proteus	5	3.6	3	0	0
Acinetobacter	4	2.9	2	2	100
Citrobacter	1	0.7	1	0	0
Providencia	1	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>122</b>	<b>87.1</b>	<b>67</b>	<b>19</b>	<b>28.4</b>
Candida albicans	8	5.7	0	0	0
Candida parapsilosis	6	4.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>14.3</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>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	22	15.7	14	3	21.4
Staphylococcus capitis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	11	7.9	7	0	0
Enterococco faecium	6	4.3	6	1	16.7
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>46</b>	<b>32.9</b>	<b>27</b>	<b>4</b>	<b>14.8</b>
Klebsiella pneumoniae	38	27.1	21	10	47.6
Klebsiella altra specie	6	4.3	3	1	33.3
Enterobacter spp	10	7.1	6	1	16.7
Serratia	8	5.7	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	26	18.6	17	5	29.4
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0
Escherichia coli	21	15.0	8	0	0
Proteus	5	3.6	3	0	0
Acinetobacter	4	2.9	2	2	100
Citrobacter	1	0.7	1	0	0
Providencia	1	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>122</b>	<b>87.1</b>	<b>67</b>	<b>19</b>	<b>28.4</b>

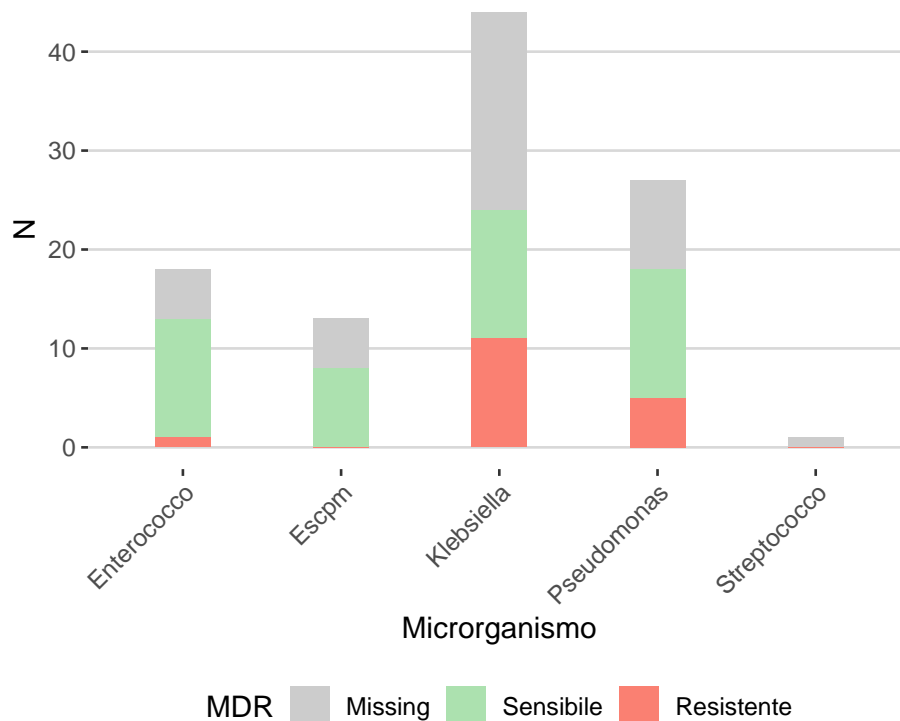
Candida albicans	8	5.7	0	0	0
Candida parapsilosis	6	4.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>14.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale 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 ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro enterobacterales, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, 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.

### 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
Enterococco	18	13	12	1	7.69	5
Escpm	13	8	8	0	0.00	5
Klebsiella	44	24	13	11	45.83	20
Pseudomonas	27	18	13	5	27.78	9
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	21	Ertapenem	7	33.33

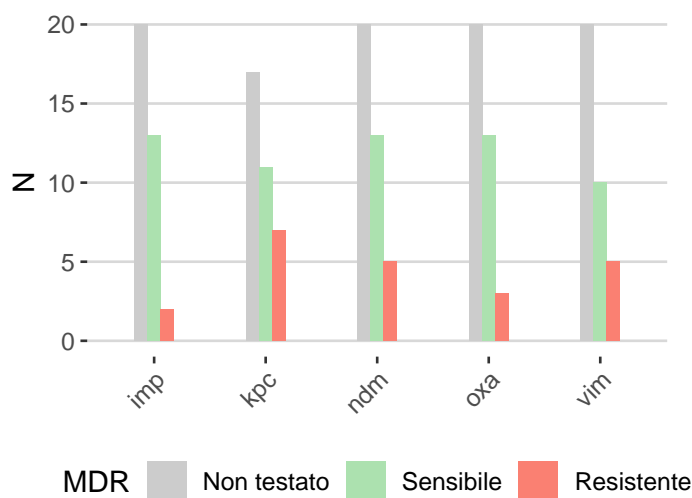
Klebsiella pneumoniae	21	Meropenem	10	47.62
Klebsiella altra specie	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella altra specie	3	Meropenem	1	33.33
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	2	Imipenem	2	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	5	29.41
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	3	21.43
Enterococco faecium	6	Vancomicina	1	16.67

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

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

	N	%
Sì	14	35.9
No	8	20.51
Non testato	17	43.59
Missing	51	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	9.1	13	20
kpc	7	31.8	11	17
ndm	5	22.7	13	20
oxa	3	13.6	13	20
vim	5	22.7	10	20



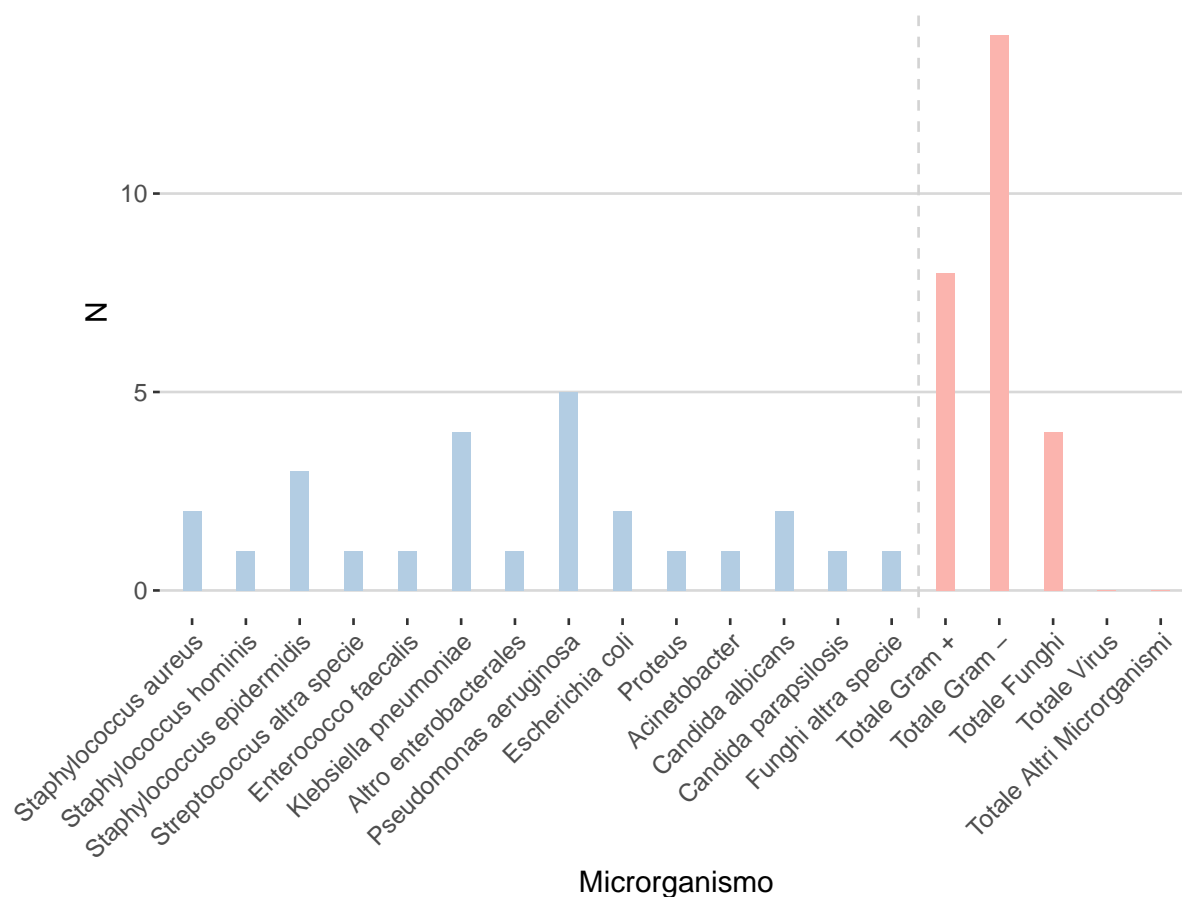
## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 22)

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

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	9.1	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	4.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	13.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.5	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>36.4</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	4	18.2	0	0	0
Altro enterobacterales	1	4.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	22.7	4	1	25
Escherichia coli	2	9.1	2	0	0
Proteus	1	4.5	1	0	0
Acinetobacter	1	4.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>14</b>	<b>63.6</b>	<b>8</b>	<b>1</b>	<b>12.5</b>
Candida albicans	2	9.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	4.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>18.2</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>

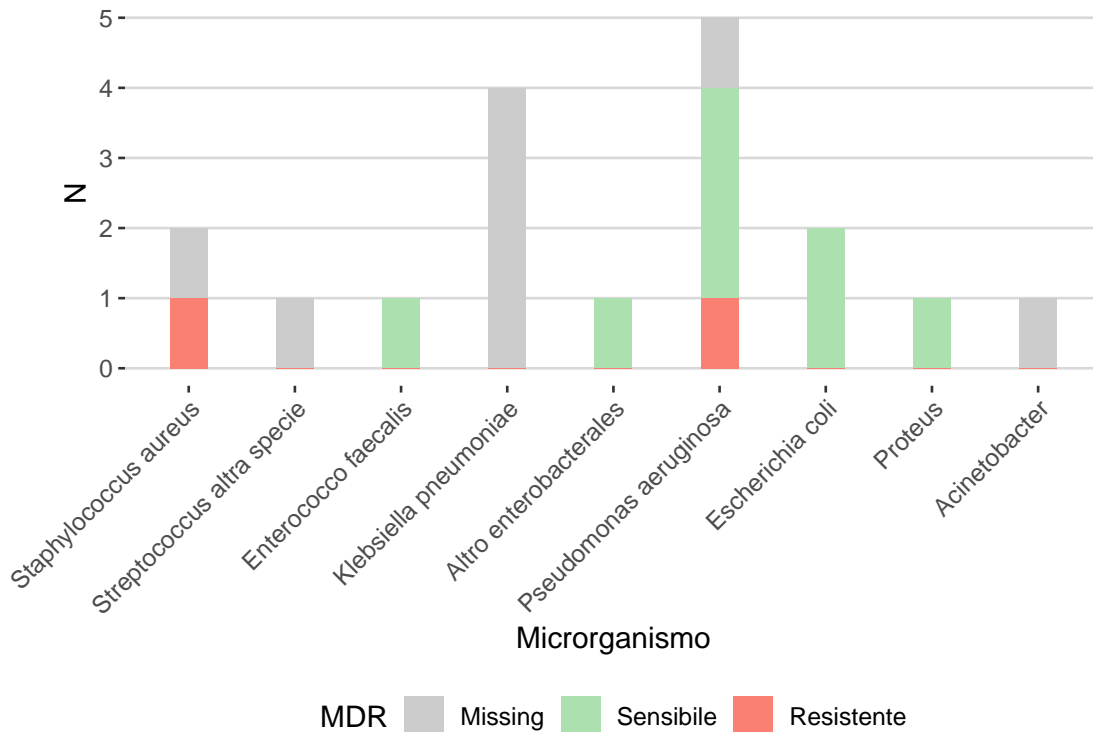




Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	9.1	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	4.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	13.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.5	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>36.4</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	4	18.2	0	0	0
Altro enterobacterales	1	4.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	22.7	4	1	25
Escherichia coli	2	9.1	2	0	0
Proteus	1	4.5	1	0	0
Acinetobacter	1	4.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>14</b>	<b>63.6</b>	<b>8</b>	<b>1</b>	<b>12.5</b>
Candida albicans	2	9.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	4.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>18.2</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 Microorganismi</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, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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

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

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

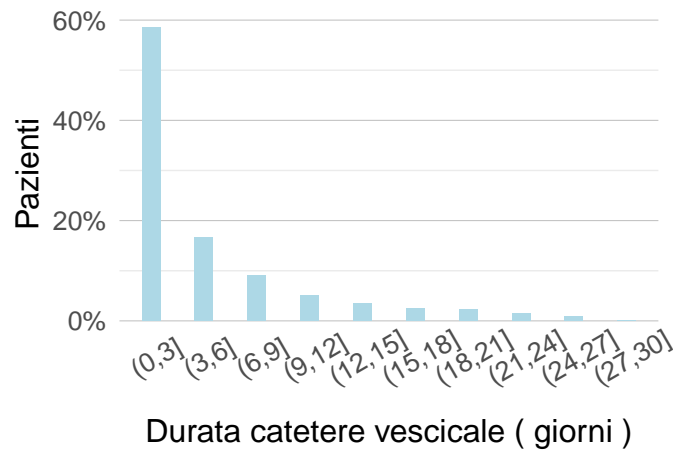
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	1	25



IVU catetere correlata	N	%
No	6870	98.2
Si	124	1.8
Missing	31	0

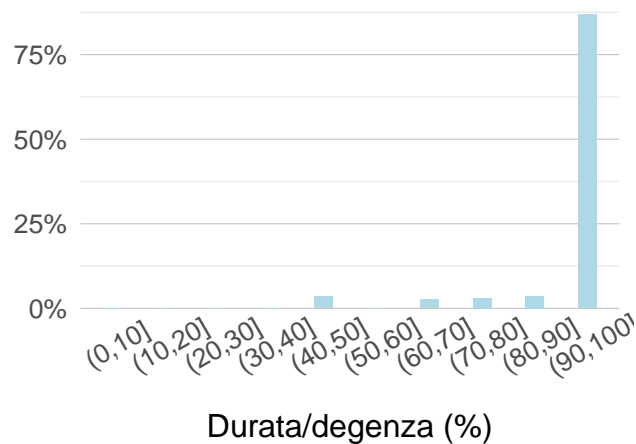
18.2.1 Durata catetere urinario ( giorni )



Durata catetere vescicale ( giorni )

Indicatore	Valore
Media (DS)	6.7 (10.0)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	12

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI ( % )

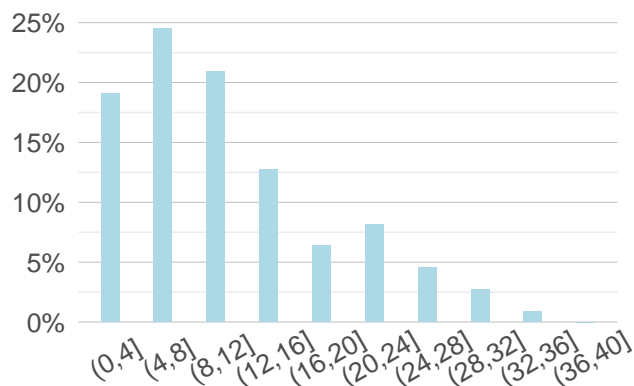


Durata/degenza (%)

Indicatore	Valore
Media (DS)	95.7 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)

Missing 13

### 18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Giorni di catetere urinario pre-IVU

Indicatore	Valore
N	122
Media (DS)	13.3 (13.1)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-17.8)
Missing	2

### 18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	2.8	2.0 %
CI ( 95% )	2.4 - 3.4	1.7 - 2.4

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.

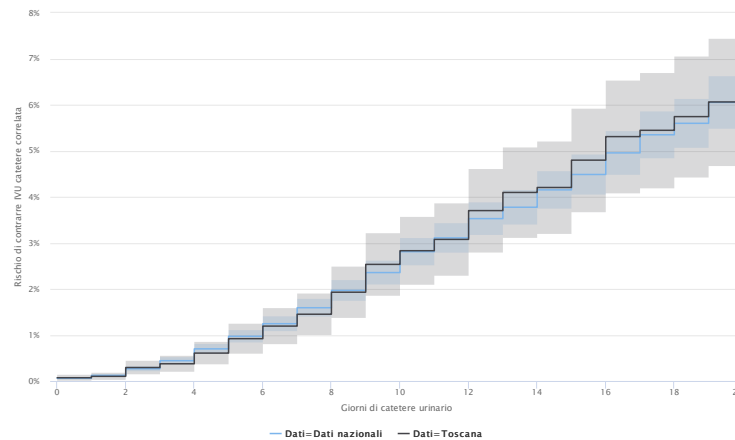
Il secondo invece:

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

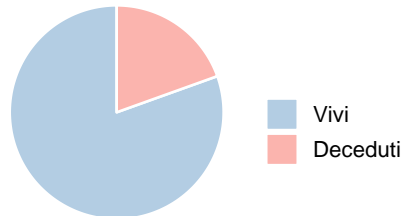
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

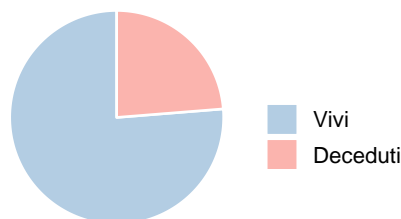


### 18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	99	80.5
Deceduti	24	19.5
Missing	1	0

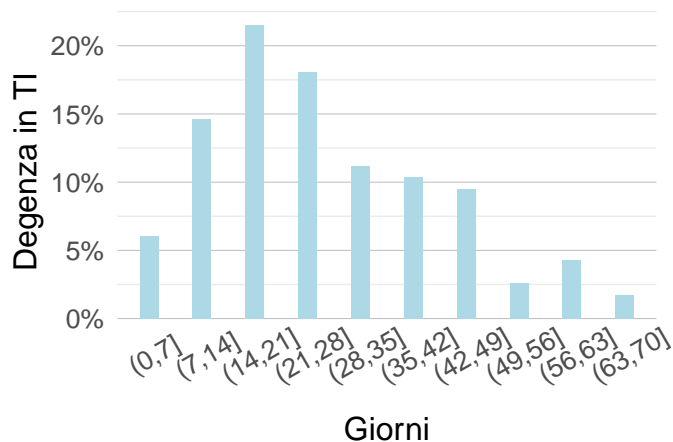
### 18.6 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	90	76.3
Deceduti	28	23.7
Missing	3	0

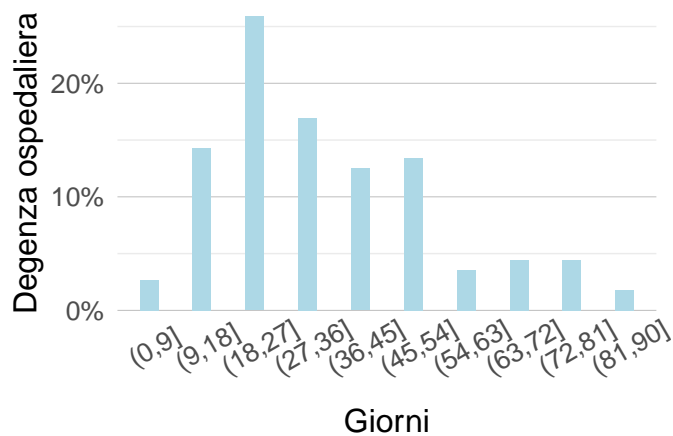
\* Statistiche calcolate su 121 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

### 18.7 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.7 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	25 (17-40)
Missing	1

### 18.8 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore

Media (DS)	40.3 (28.6)
Mediana (Q1-Q3)	32.5 (22-49)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 121 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

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

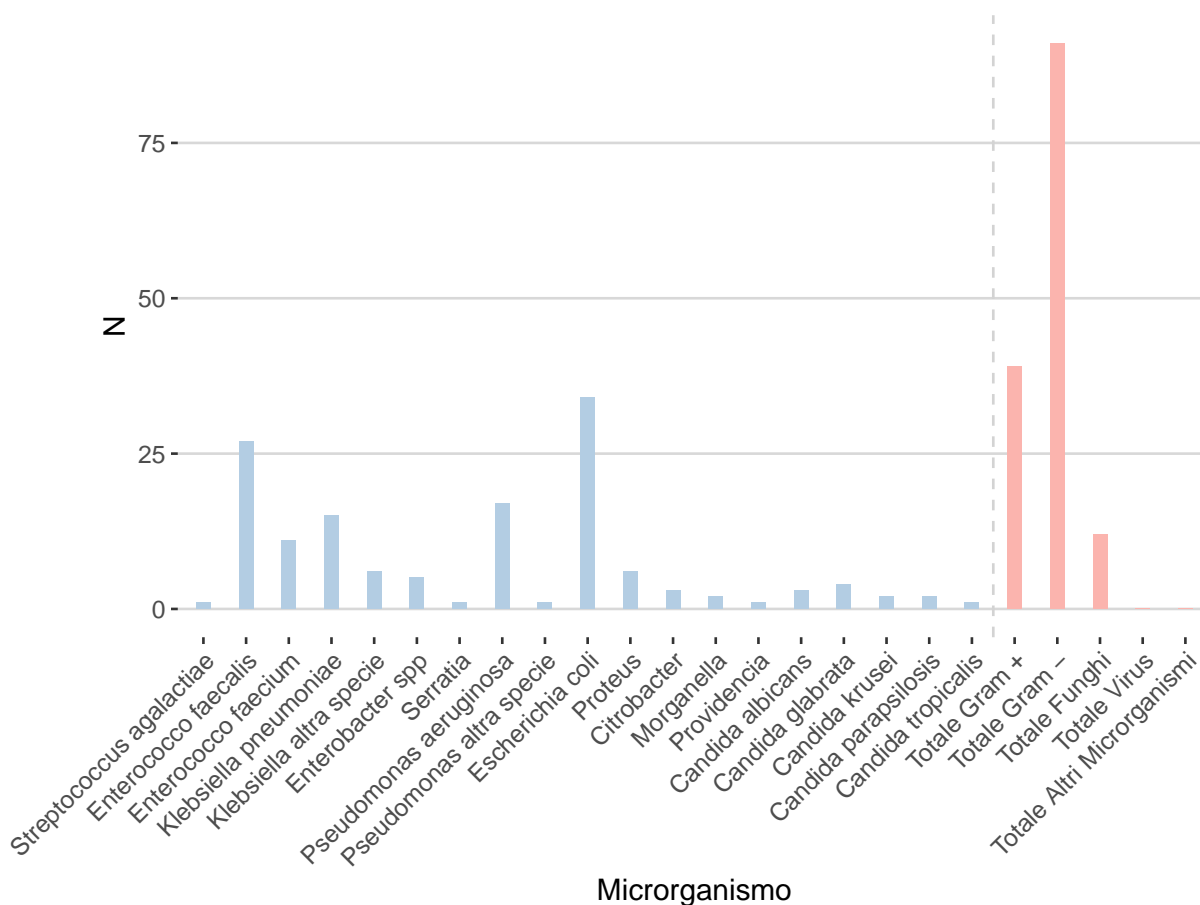
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	124	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>124</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>142</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
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Enterococco faecalis	27	21.8	20	0	0
Enterococco faecium	11	8.9	10	3	30
<b>Totale Gram +</b>	<b>39</b>	<b>31.5</b>	<b>30</b>	<b>3</b>	<b>10</b>
Klebsiella pneumoniae	15	12.1	6	2	33.3
Klebsiella altra specie	6	4.8	4	1	25
Enterobacter spp	5	4.0	4	1	25
Serratia	1	0.8	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	13.7	12	5	41.7
Pseudomonas altra specie	1	0.8	0	0	0
Escherichia coli	34	27.4	21	0	0
Proteus	6	4.8	4	0	0
Citrobacter	3	2.4	1	0	0
Morganella	2	1.6	0	0	0
Providencia	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>91</b>	<b>73.4</b>	<b>52</b>	<b>9</b>	<b>17.3</b>
Candida albicans	3	2.4	0	0	0
Candida glabrata	4	3.2	0	0	0
Candida krusei	2	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>9.7</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>

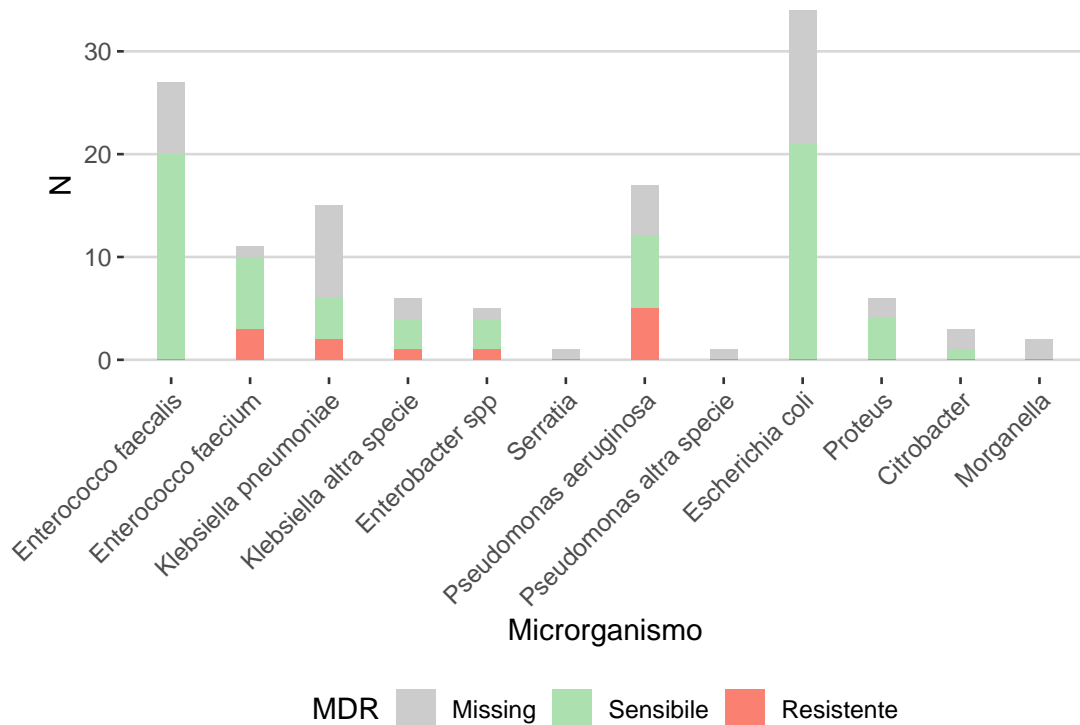




Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Enterococco faecalis	27	21.8	20	0	0
Enterococco faecium	11	8.9	10	3	30
<b>Totale Gram +</b>	<b>39</b>	<b>31.5</b>	<b>30</b>	<b>3</b>	<b>10</b>
Klebsiella pneumoniae	15	12.1	6	2	33.3
Klebsiella altra specie	6	4.8	4	1	25
Enterobacter spp	5	4.0	4	1	25
Serratia	1	0.8	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	13.7	12	5	41.7
Pseudomonas altra specie	1	0.8	0	0	0
Escherichia coli	34	27.4	21	0	0
Proteus	6	4.8	4	0	0
Citrobacter	3	2.4	1	0	0
Morganella	2	1.6	0	0	0
Providencia	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>91</b>	<b>73.4</b>	<b>52</b>	<b>9</b>	<b>17.3</b>
Candida albicans	3	2.4	0	0	0
Candida glabrata	4	3.2	0	0	0
Candida krusei	2	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0

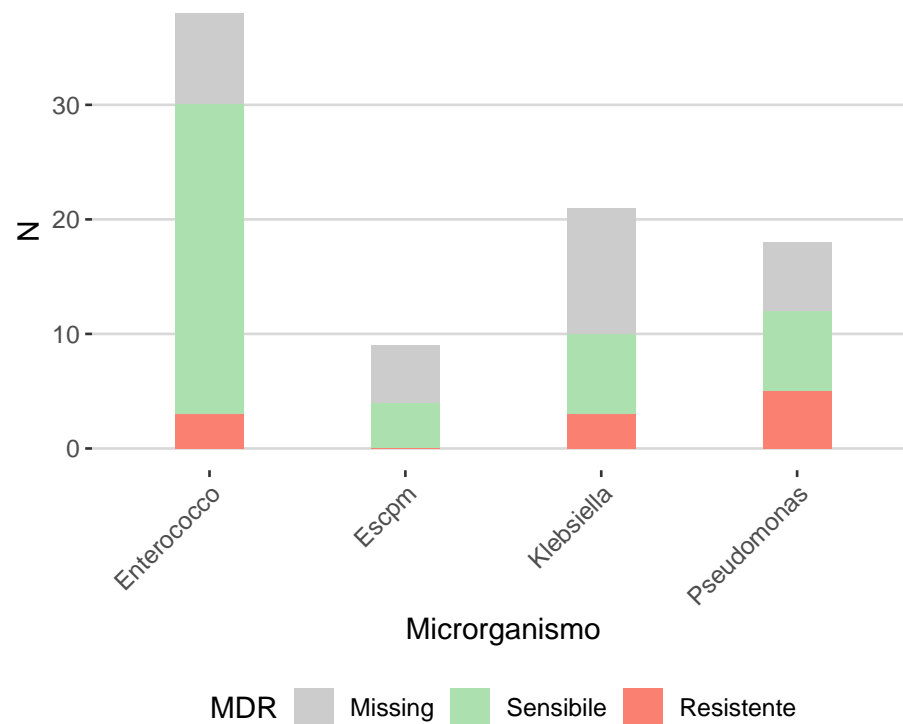
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>9.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Acinetobacter, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Aspergillo, Candida auris, 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.

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	38	30	27	3	10.00	8
Escpm	9	4	4	0	0.00	5
Klebsiella	21	10	7	3	30.00	11
Pseudomonas	18	12	7	5	41.67	6

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	2	33.33
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	2	33.33
Klebsiella altra specie	4	Ertapenem	1	25.00

Klebsiella altra specie	4	Meropenem	1	25.00
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Pseudomonas aeruginosa	12	Imipenem	5	41.67
Pseudomonas aeruginosa	12	Meropenem	3	25.00
Enterococco faecium	10	Vancomicina	3	30.00

### 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. 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	74	

## 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