



**GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA**



Progetto Sorveglianza Infezioni

**Petalo Infection Light**



Anno 2023

Nazionale 118 TI

Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalò 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 = 35410 )</b>	<b>13</b>
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI ( giorni )	13
2.4 Provenienza ( reparto )	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
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 = 13648 )</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 = 21549 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni )	19
4.4 Provenienza ( reparto )	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI ( giorni )	23
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	23

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>24</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 11701)</b>	<b>25</b>
5.1 Provenienza ( reparto ) . . . . .	25
5.2 Trauma . . . . .	25
5.3 Stato Chirurgico . . . . .	25
5.4 Motivo di ammissione . . . . .	26
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 ) . . . . .	26
5.6 Infezione multisito . . . . .	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione . . . . .	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione . . . . .	27
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 2240)</b>	<b>33</b>
6.1 Tipologia di peritonite . . . . .	33
6.2 Tipo di infezione . . . . .	33
6.3 Infezione batteriémica . . . . .	33
6.4 Infezioni multisito . . . . .	34
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	34
6.6 Mortalità in TI . . . . .	34
6.7 Mortalità ospedaliera * . . . . .	34
6.8 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	35
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	35
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione . . . . .	36
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 3851)</b>	<b>41</b>
7.1 Trauma . . . . .	41
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	41
7.3 Tipo di infezione . . . . .	41
7.4 Infezione batteriémica . . . . .	42
7.5 Infezioni multisito . . . . .	42
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	42
7.7 Mortalità in TI . . . . .	43
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	43
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	43
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	44
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	44
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	49
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>55</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 3351)</b>	<b>56</b>
8.1 Sesso . . . . .	56
8.2 Età . . . . .	56
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	56
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	57
8.5 Trauma . . . . .	57
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	57
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	58
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	58
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	58
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	59
8.11 Mortalità in TI . . . . .	59
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	59
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	60
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	60

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	61
8.16	Infezione multisito . . . . .	61
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	62
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	62
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	62
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	63
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	65
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 1404)</b>	<b>71</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	71
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 1947)</b>	<b>77</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	77
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	77
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	77
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>83</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 1225)</b>	<b>84</b>
11.1	Trauma . . . . .	84
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	84
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	84
11.4	Infezioni multisito . . . . .	85
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	85
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	85
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	86
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 1019)</b>	<b>89</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	89
12.2	Diagnosi . . . . .	89
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	90
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 35410 ) . . . . .	91
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	92
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	92
12.7	Mortalità in TI . . . . .	93
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	94
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	94
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	94
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	95
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	98
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	102
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 1169)</b>	<b>106</b>
13.1	Trauma . . . . .	106
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	106
13.3	Tipologia . . . . .	106
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	107
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	107
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 420)</b>	<b>112</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	112
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	112
14.3	Mortalità in TI . . . . .	113
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	113
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	113
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	114

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	114
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 330)</b>	<b>119</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	119
15.2	Fattori di rischio . . . . .	119
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	120
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	121
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	121
15.6	Mortalità in TI . . . . .	122
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	122
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	122
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	123
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	123
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 538)</b>	<b>128</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	128
16.2	Mortalità in TI . . . . .	128
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	129
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	129
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	129
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	130
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 80)</b>	<b>134</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	134
<b>Appendice</b>		<b>138</b>
	Definizione di MDR . . . . .	138
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	138

## Petalo Infectionlight

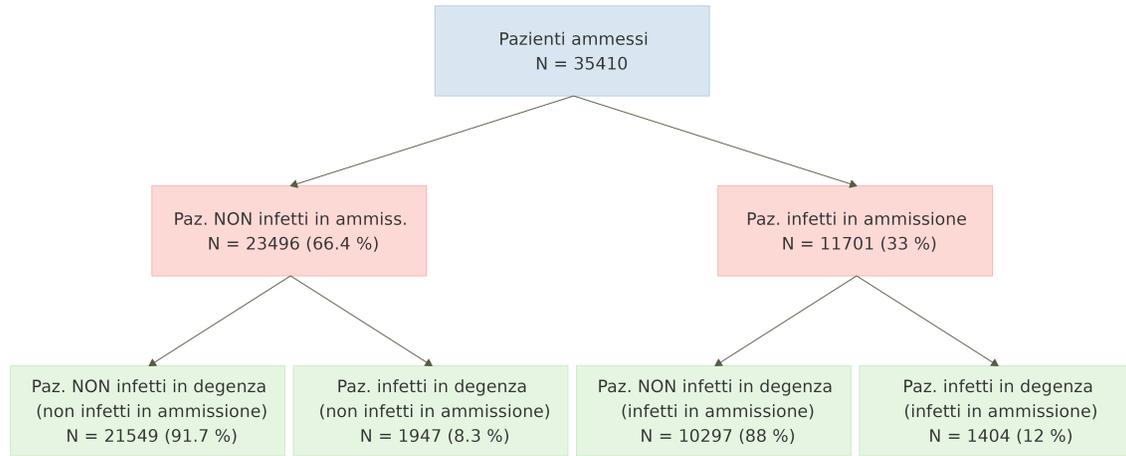
Anno 2023

Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

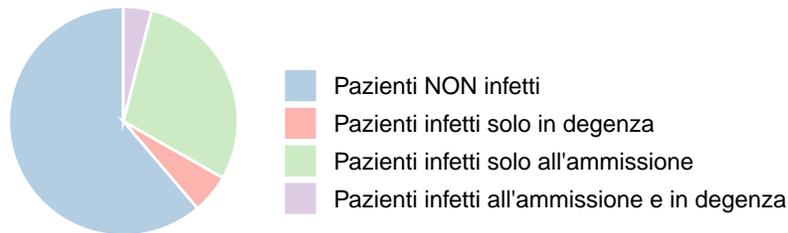
Popolazione complessiva: 118 TI

TI Nazionale

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



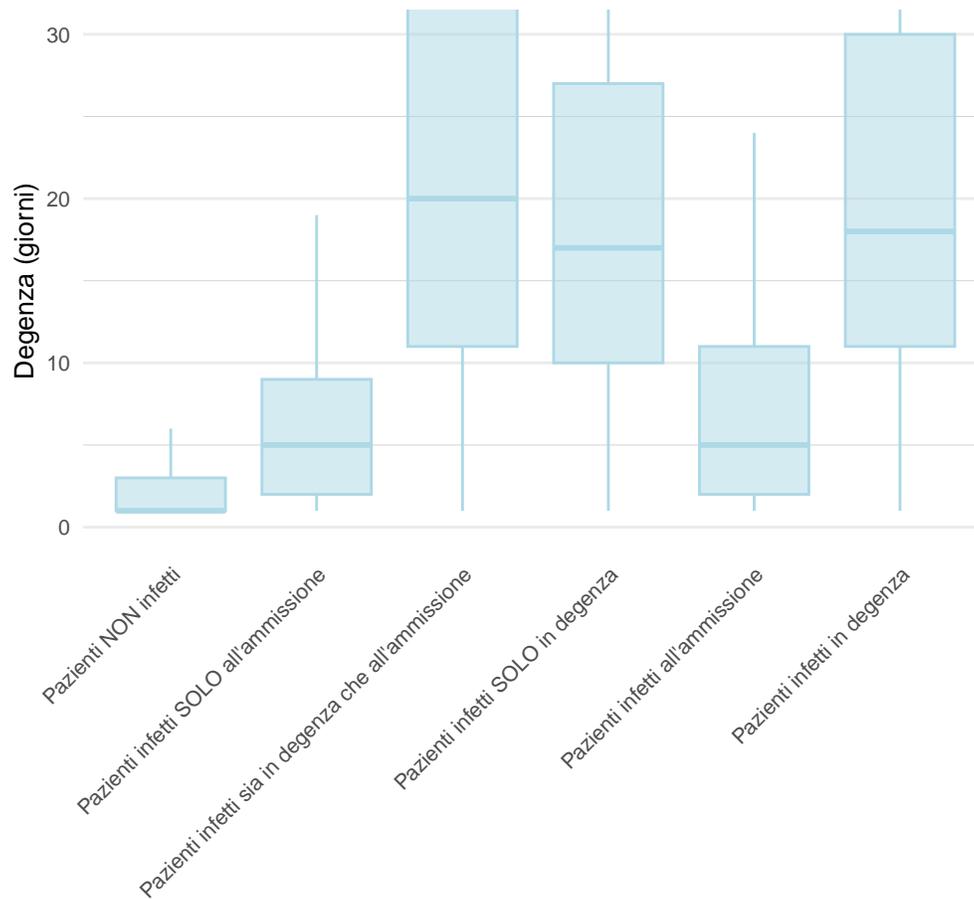
Per N = 213 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	21549	61.2
Pazienti infetti solo in degenza	1947	5.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	10297	29.3
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	1404	4.0

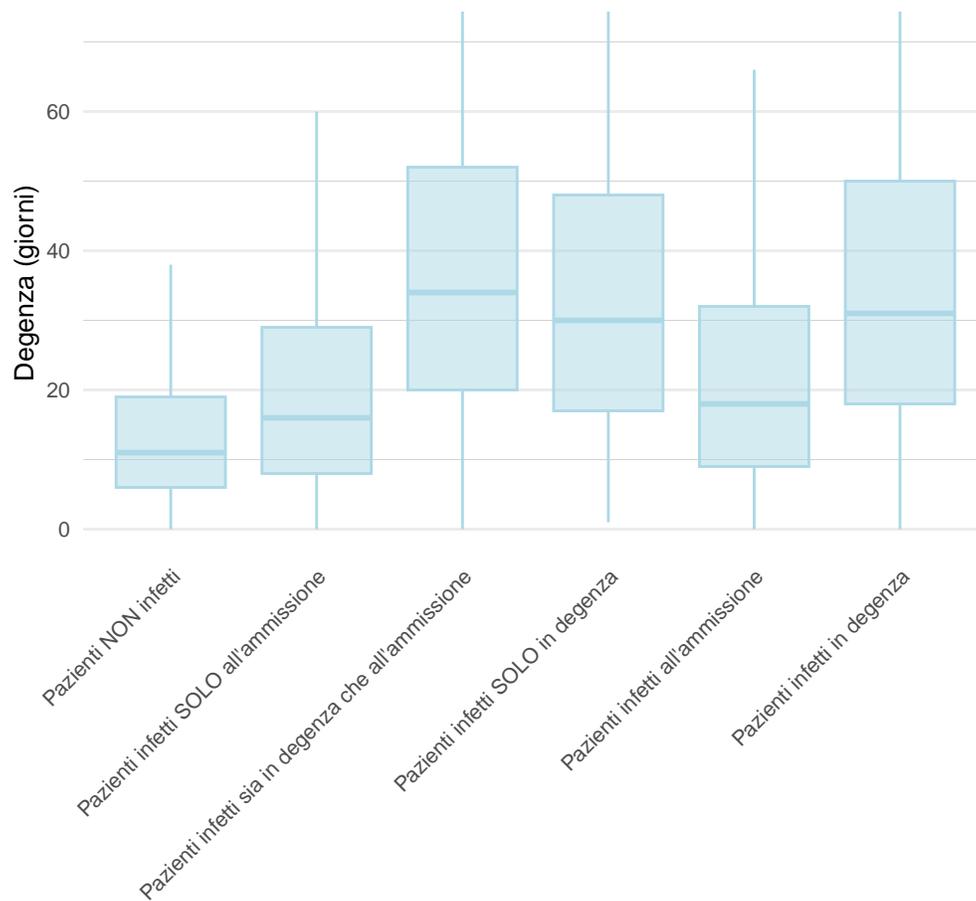
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 35197).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	21549	60.9	1	( 1 - 3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10297	29.1	5	( 2 - 9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1404	4.0	20	( 11 - 33 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1947	5.5	17	( 10 - 27 )
Pazienti infetti all'ammissione	11701	33.0	5	( 2 - 11 )
Pazienti infetti in degenza	3351	9.5	18	( 11 - 30 )

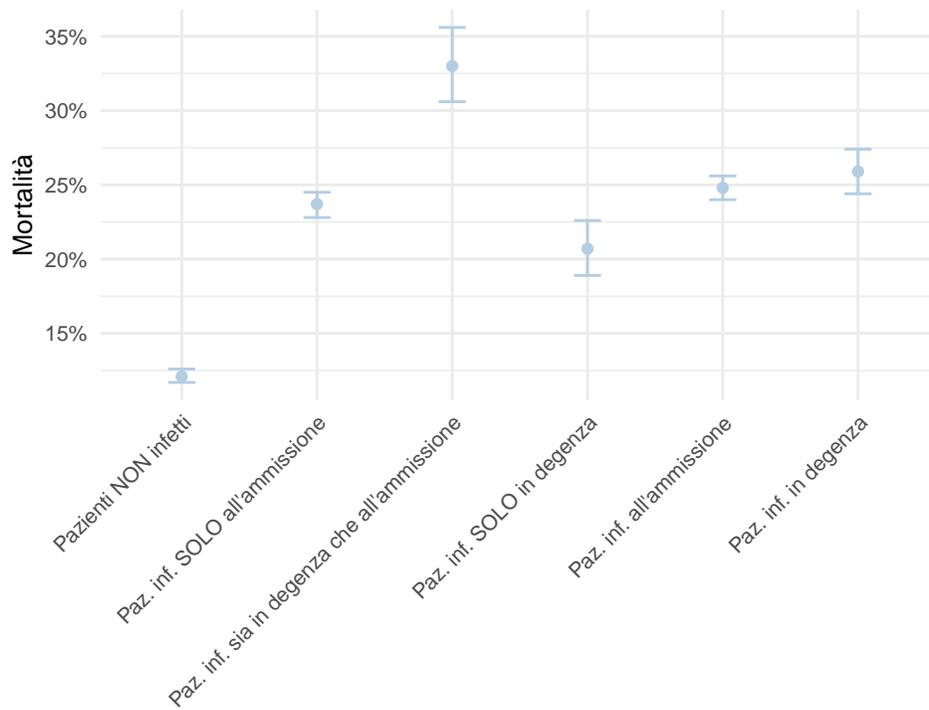
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	21549	60.9	11	( 6 - 19 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10297	29.1	16	( 8 - 29 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1404	4.0	34	( 20 - 52 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1947	5.5	30	( 17 - 48 )
Pazienti infetti all'ammissione	11701	33.0	18	( 9 - 32 )
Pazienti infetti in degenza	3351	9.5	31	( 18 - 50 )

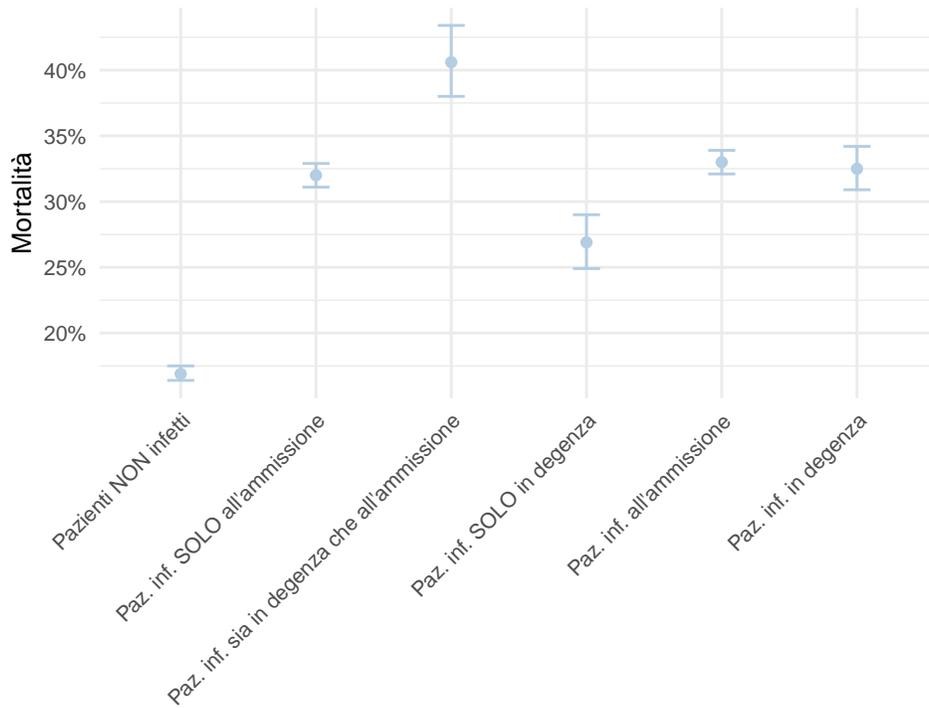
\* escluse le riammissioni (N = 1031)

## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	21549	2616	12.1	( 11.7 - 12.6 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10297	2434	23.7	( 22.8 - 24.5 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1404	462	33.0	( 30.6 - 35.6 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1947	402	20.7	( 18.9 - 22.6 )
Pazienti infetti all'ammissione	11701	2896	24.8	( 24 - 25.6 )
Pazienti infetti in degenza	3351	864	25.9	( 24.4 - 27.4 )

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

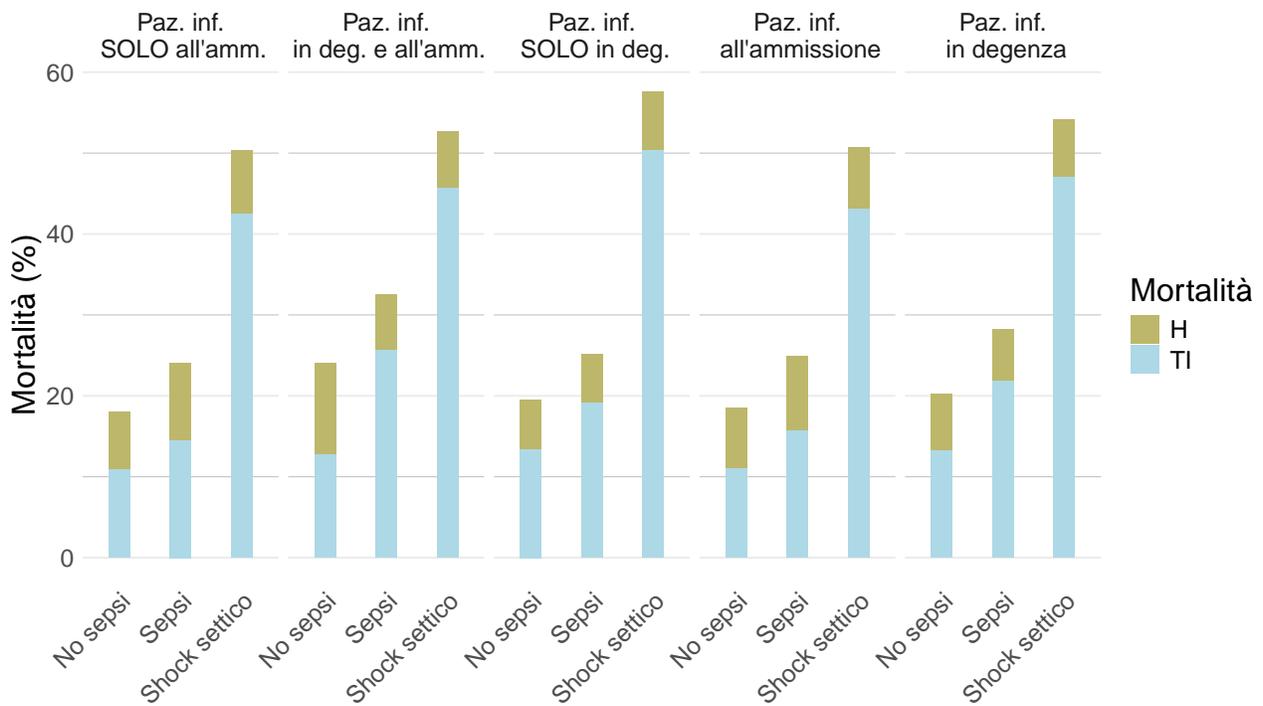


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	21549	3561	16.9	( 16.4 - 17.5 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10297	3126	32.0	( 31.1 - 32.9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1404	530	40.6	( 38 - 43.4 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	1947	502	26.9	( 24.9 - 29 )
Pazienti infetti all'ammissione	11701	3656	33.0	( 32.1 - 33.9 )
Pazienti infetti in degenza	3351	1032	32.5	( 30.9 - 34.2 )

\* escluse le riammissioni (N = 1031)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	10297	2601	4003	3687	25.3	38.9	35.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	1404	220	531	653	15.7	37.8	46.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	1947	944	725	274	48.6	37.3	14.1
Pazienti infetti all'ammissione	11701	2821	4534	4340	24.1	38.8	37.1
Pazienti infetti in degenza	3351	1164	1256	927	34.8	37.5	27.7



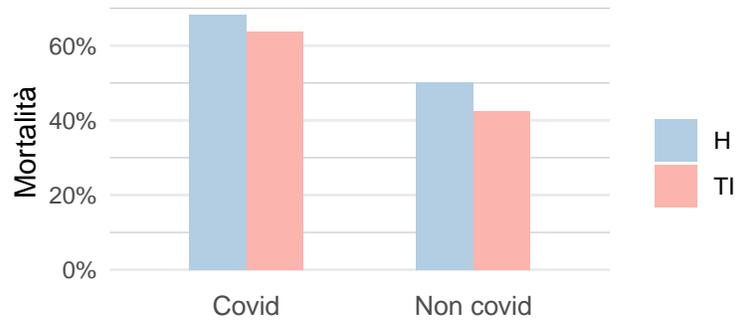
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2601	286	11.0	2470	447	18.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	220	28	12.8	204	49	24.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	944	126	13.4	912	178	19.5
Pazienti infetti all'ammissione	2821	314	11.1	2674	496	18.5
Pazienti infetti in degenza	1164	154	13.3	1116	227	20.3

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	4003	579	14.5	3783	908	24.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	531	136	25.7	489	159	32.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	725	139	19.2	690	173	25.1
Pazienti infetti all'ammissione	4534	715	15.8	4272	1067	25.0
Pazienti infetti in degenza	1256	275	21.9	1179	332	28.2

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	3687	1566	42.6	3511	1768	50.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	653	298	45.8	611	322	52.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	274	137	50.4	262	151	57.6
Pazienti infetti all'ammissione	4340	1864	43.1	4122	2090	50.7
Pazienti infetti in degenza	927	435	47.1	873	473	54.2

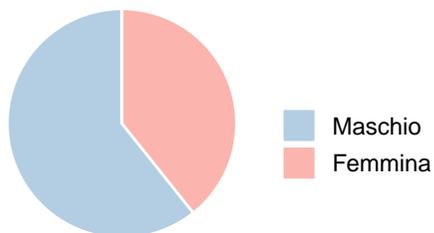
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	114	72	63.7	112	75	68.2
Non covid	4226	1792	42.5	4045	2015	50.2

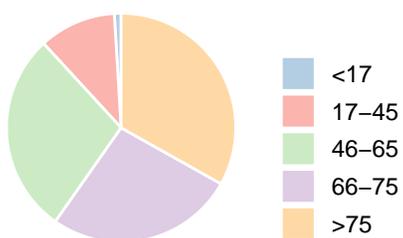
## 2 Tutti i pazienti ( N = 35410 )

### 2.1 Sesso



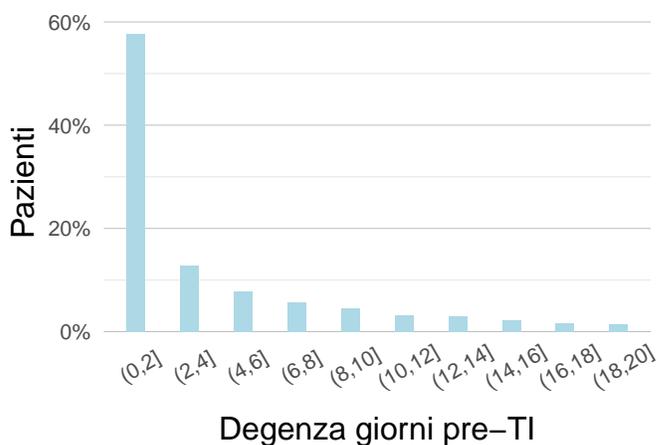
Sesso	N	%
Maschio	21414	60.7
Femmina	13859	39.3
Missing	137	0

### 2.2 Età



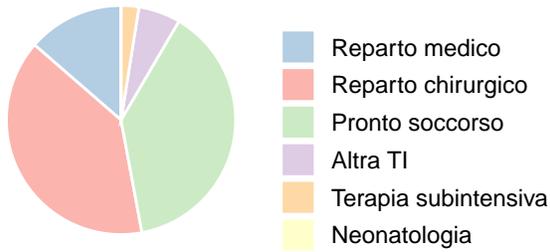
Range età	N	%
<17	339	1.0
17-45	3849	10.9
46-65	10073	28.4
66-75	9414	26.6
>75	11735	33.1
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



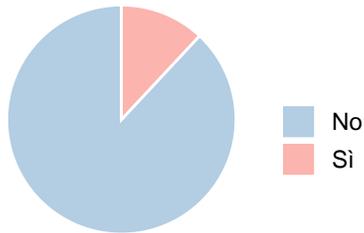
Indicatore	Valore
Media	4.2
DS	11.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	134

## 2.4 Provenienza ( reparto )



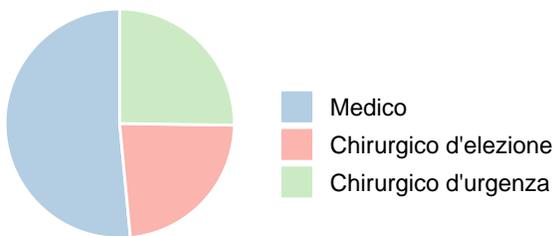
Provenienza	N	%
Reparto medico	4784	13.6
Reparto chirurgico	13823	39.3
Pronto soccorso	13582	38.6
Altra TI	2082	5.9
Terapia subintensiva	882	2.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	257	0

## 2.5 Trauma



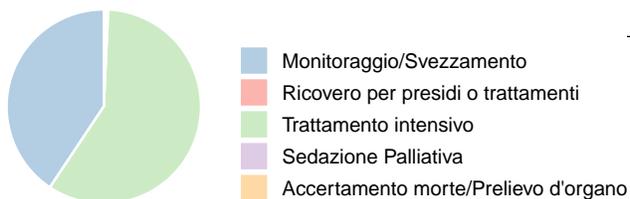
Trauma	N	%
No	31050	88.1
Si	4213	11.9
Missing	147	0

## 2.6 Stato Chirurgico



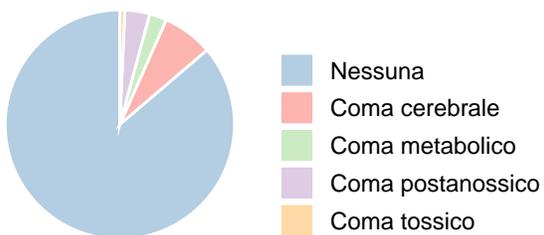
Stato chirurgico	N	%
Medico	18159	51.5
Chirurgico d'elezione	8206	23.3
Chirurgico d'urgenza	8897	25.2
Missing	148	0

## 2.7 Motivo di ammissione



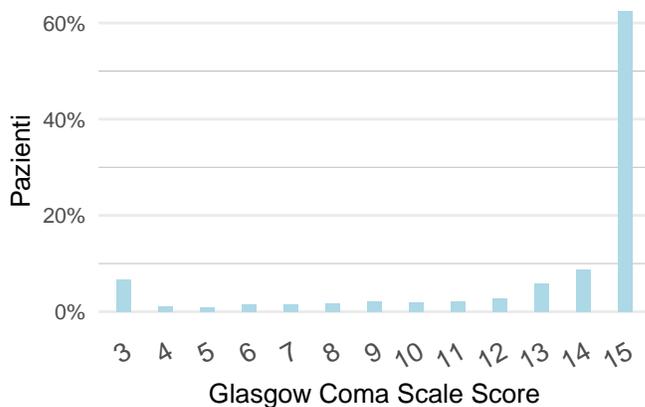
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	14299	40.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	20612	58.6
Sedazione Palliativa	141	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	116	0.3
Missing	242	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



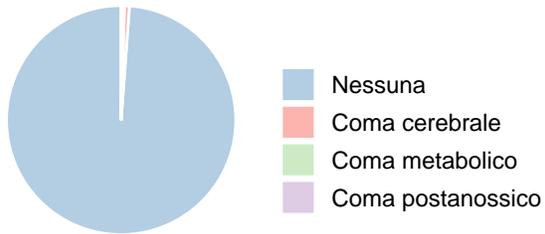
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	24776	86.3
Coma cerebrale	2037	7.1
Coma metabolico	701	2.4
Coma postanossico	1008	3.5
Coma tossico	201	0.7
Missing	6687	0

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



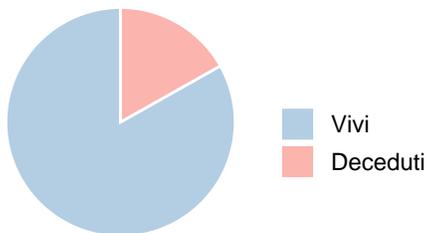
Indicatore	Valore
Media	13.0
DS	3.6
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



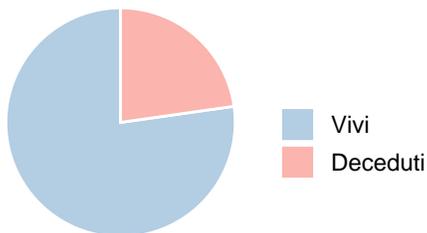
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	34803	98.9
Coma cerebrale	247	0.7
Coma metabolico	78	0.2
Coma postanossico	82	0.2
Missing	208	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	29267	83.2
Deceduti	5925	16.8
Missing	218	0

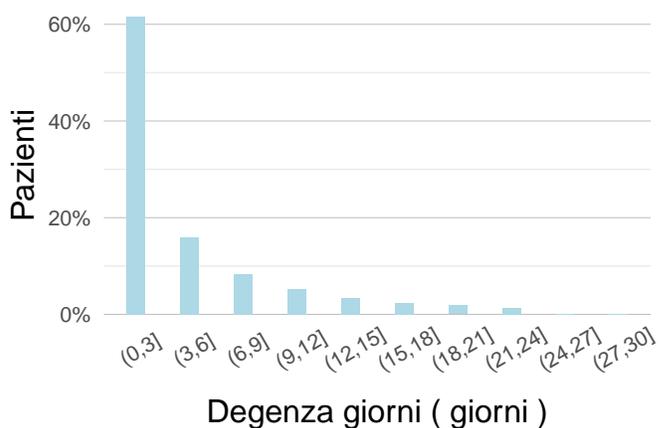
## 2.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	26250	77.2
Deceduti	7731	22.8
Missing	379	0

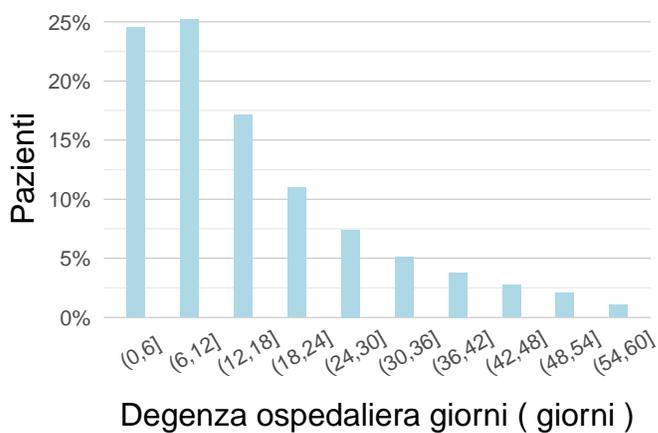
\* Statistiche calcolate su 34360 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1050 ).

## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.2 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	209

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

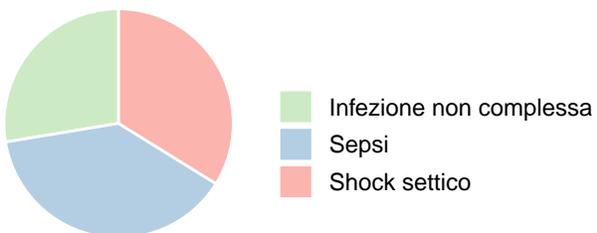


Indicatore	Valore
Media (DS)	19.6 (21.9)
Mediana (Q1-Q3)	13 (7-25)
Missing	377

\* Statistiche calcolate su 34360 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1050 ).

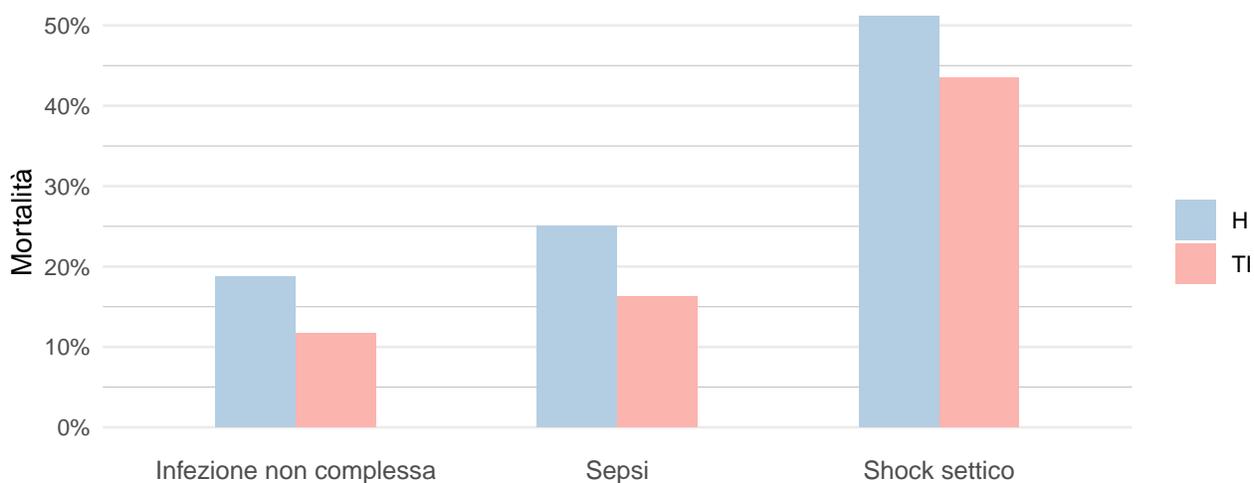
### 3 Pazienti infetti ( N = 13648 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	3765	27.6
Sepsi	5259	38.6
Shock settico	4614	33.8
Missing	10	0

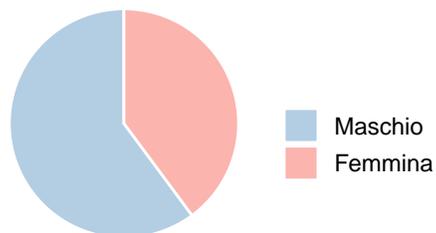
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	11.7	18.8
Sepsi	16.3	25.0
Shock settico	43.5	51.1

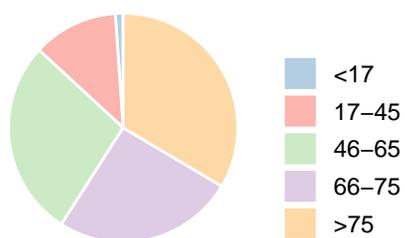
## 4 Pazienti non infetti ( N = 21549 )

### 4.1 Sesso



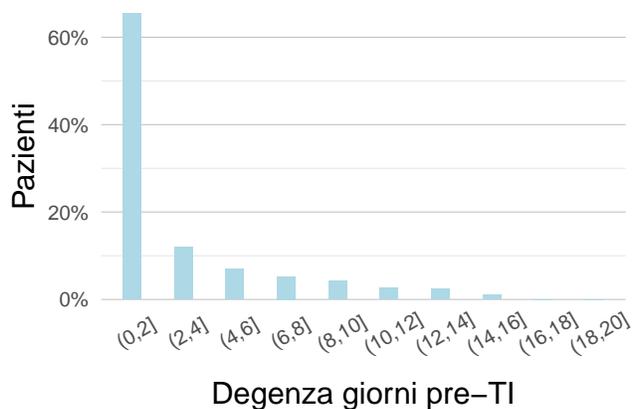
Sesso	N	%
Maschio	12910	60.1
Femmina	8558	39.9
Missing	81	0

### 4.2 Età



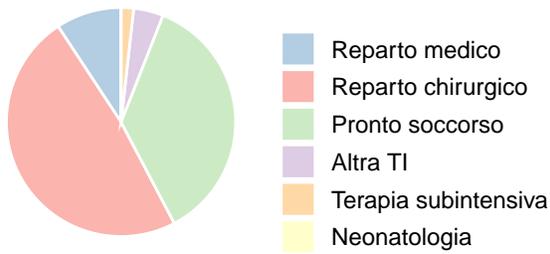
Range età	N	%
<17	237	1.1
17-45	2590	12.0
46-65	5998	27.8
66-75	5502	25.5
>75	7222	33.5
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



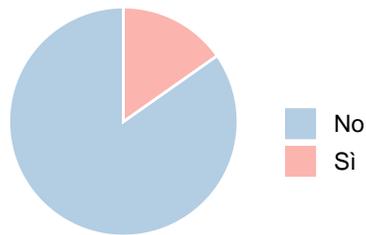
Indicatore	Valore
Media	3.3
DS	9.9
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	16

## 4.4 Provenienza ( reparto )



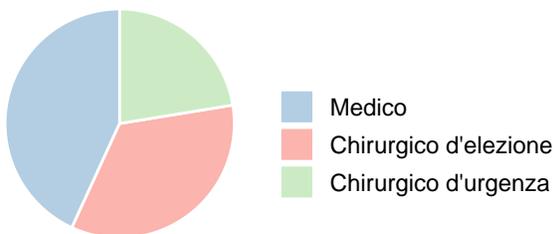
Provenienza	N	%
Reparto medico	1987	9.3
Reparto chirurgico	10400	48.5
Pronto soccorso	7798	36.3
Altra TI	900	4.2
Terapia subintensiva	380	1.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	84	0

## 4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	18264	84.8
Si	3284	15.2
Missing	1	0

## 4.6 Stato Chirurgico



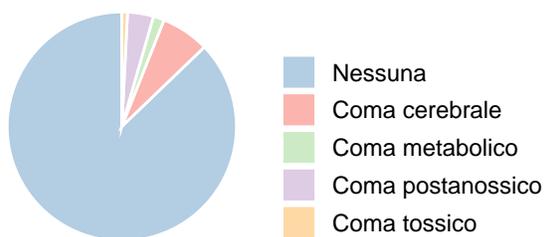
Stato chirurgico	N	%
Medico	9298	43.2
Chirurgico d'elezione	7418	34.4
Chirurgico d'urgenza	4832	22.4
Missing	1	0

## 4.7 Motivo di ammissione



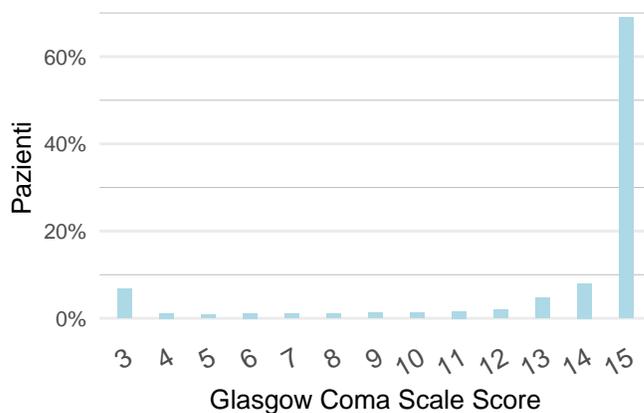
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	11990	55.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	9294	43.3
Sedazione Palliativa	103	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	97	0.5
Missing	65	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



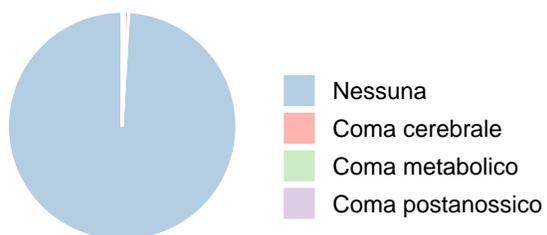
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	15427	87.2
Coma cerebrale	1203	6.8
Coma metabolico	274	1.5
Coma postanossico	647	3.7
Coma tossico	141	0.8
Missing	3857	0

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



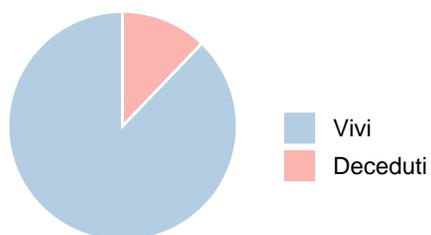
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.5
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



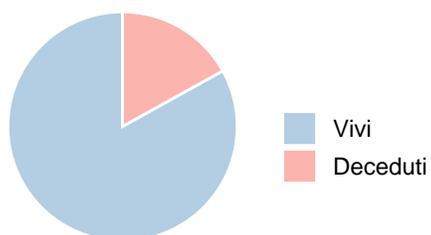
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	21357	99.1
Coma cerebrale	121	0.6
Coma metabolico	26	0.1
Coma postanossico	52	0.2
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18919	87.9
Deceduti	2616	12.1
Missing	14	0

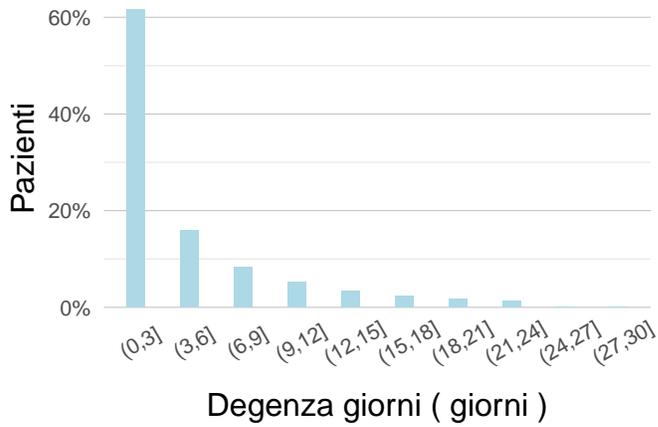
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	17461	83.1
Deceduti	3561	16.9
Missing	76	0

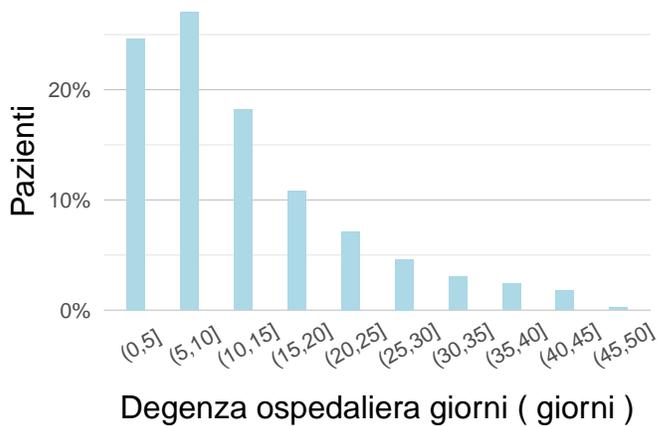
\* Statistiche calcolate su 21098 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 451 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.2 (4.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	11

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

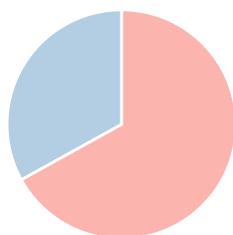


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.7 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-19)
Missing	78

\* Statistiche calcolate su 21098 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 451 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

Sono presenti 11701 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 33.04% della popolazione totale ammessa in TI.

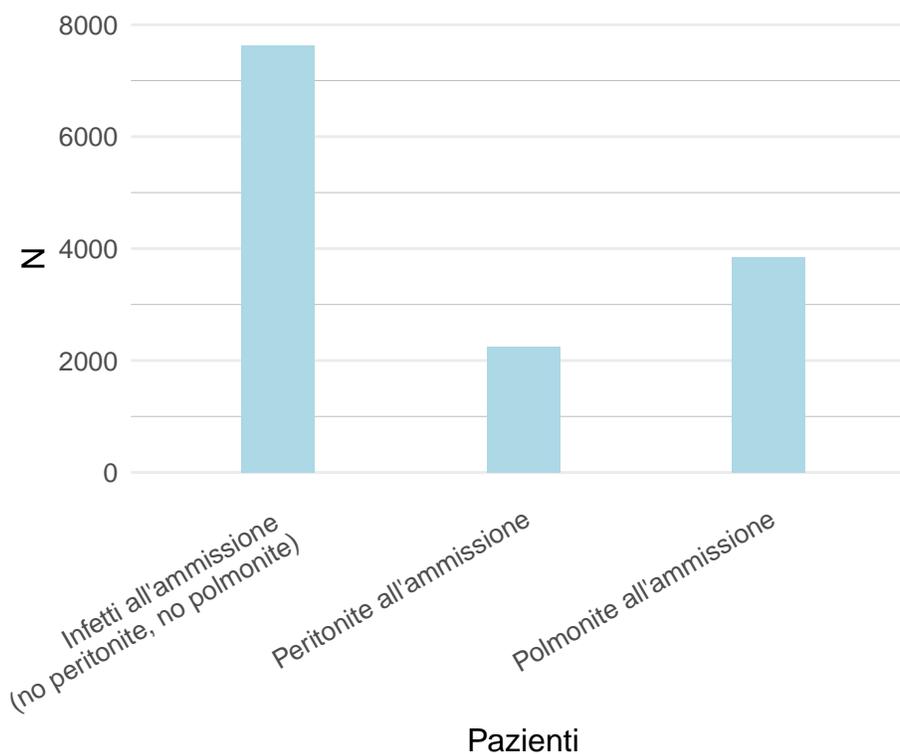


■ Infetti all'ammissione  
■ Non infetti all'ammissione

Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	11701	33.04
Non infetti all'ammissione	23709	66.96

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 35410).

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

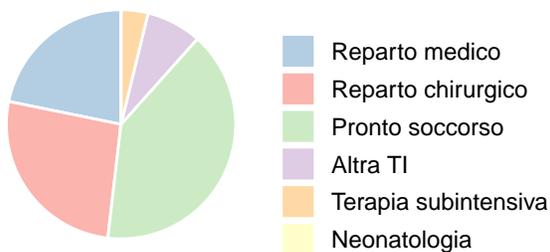


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	7639	65.29
Peritonite all'ammissione	2240	19.14
Polmonite all'ammissione	3851	32.91

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 11701).

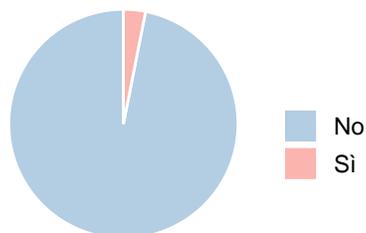
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 11701)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



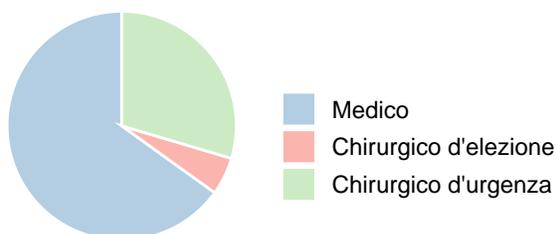
Provenienza	N	%
Reparto medico	2536	21.8
Reparto chirurgico	3065	26.4
Pronto soccorso	4681	40.2
Altra TI	906	7.8
Terapia subintensiva	443	3.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	70	0

### 5.2 Trauma



Trauma	N	%
No	11337	96.9
Si	363	3.1
Missing	1	0

### 5.3 Stato Chirurgico



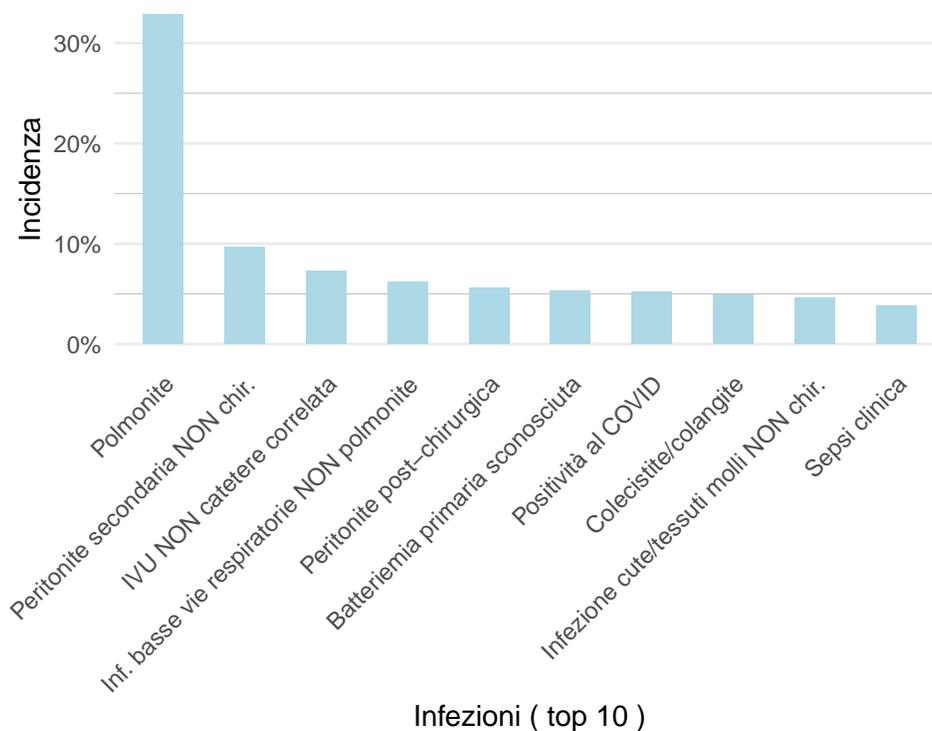
Stato chirurgico	N	%
Medico	7614	65.1
Chirurgico d'elezione	623	5.3
Chirurgico d'urgenza	3464	29.6
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2070	17.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	9564	81.8
Sedazione Palliativa	37	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	15	0.1
Missing	15	0

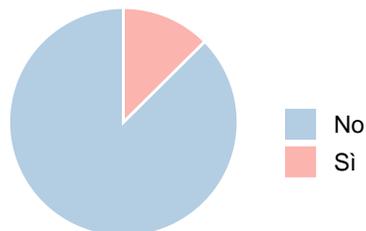
## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



Infezione	N	%
Polmonite	3851	32.9
Peritonite secondaria NON chir.	1136	9.7
IVU NON catetere correlata	857	7.3
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	723	6.2
Peritonite post-chirurgica	652	5.6
Batteriemia primaria sconosciuta	621	5.3
Positivita al COVID	607	5.2

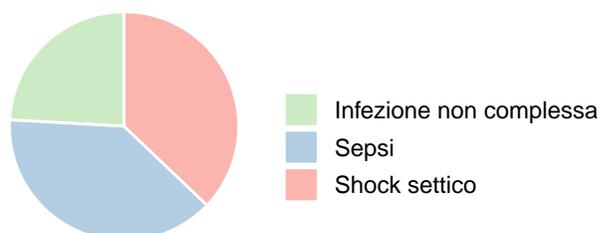
Colecistite/colangite	572	4.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	541	4.6
Sepsi clinica	446	3.8
Missing	0	NA

### 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	10230	87.4
Si	1471	12.6
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	2821	24.1
Sepsi	4534	38.8
Shock settico	4340	37.1
Missing	6	0

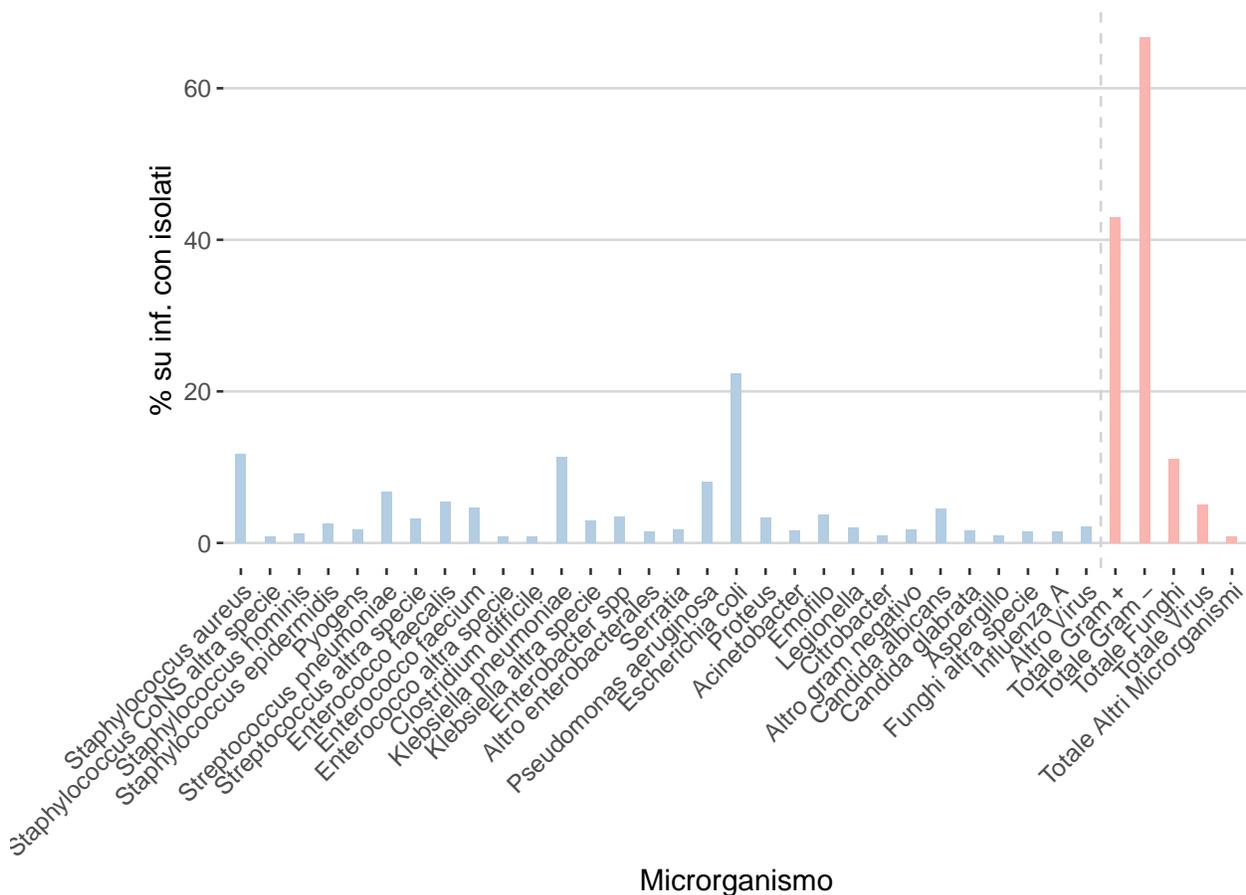
### 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4159	34.9
Si	7742	65.1
Missing	51	
<b>Totale infezioni</b>	<b>11952</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>10107</b>	

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa cat-

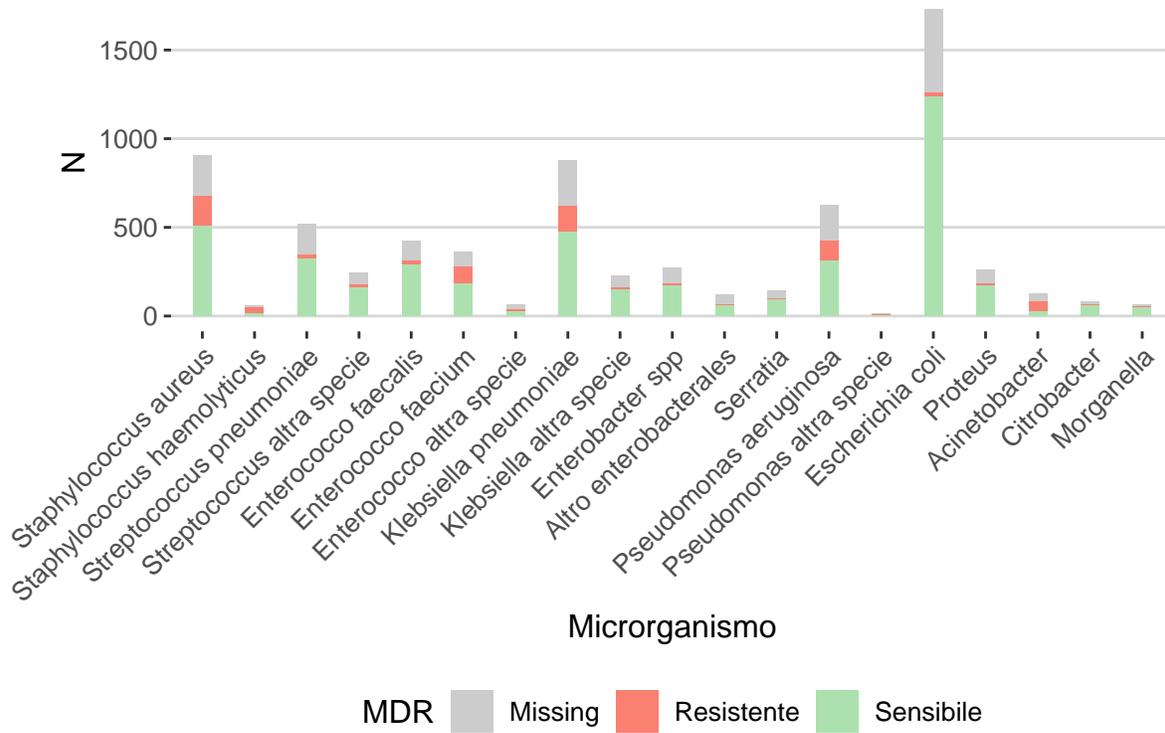
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



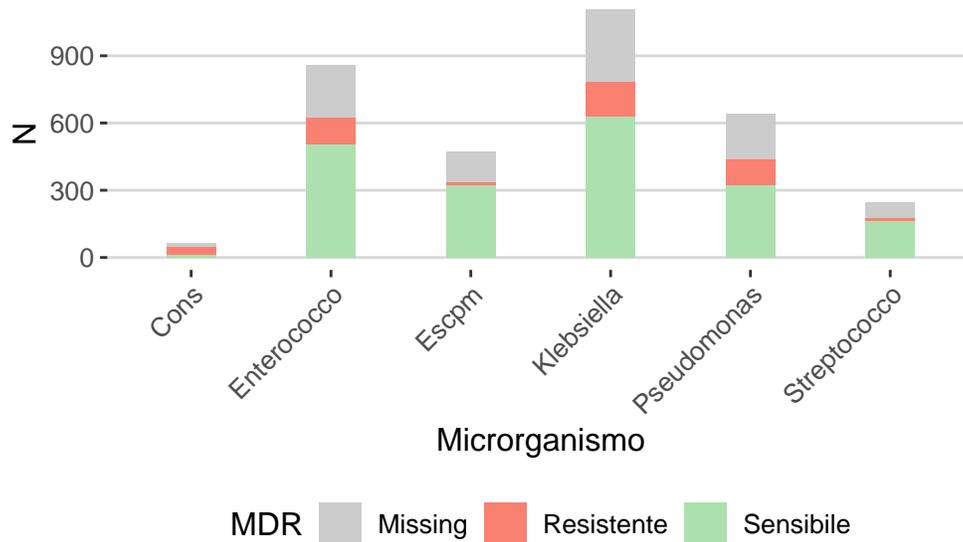
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	906	11.7	679	166	24.4
Staphylococcus capitis	42	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	66	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	63	0.8	47	33	70.2
Staphylococcus hominis	102	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	15	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	205	2.6	0	0	0
Pyogens	136	1.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	65	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	522	6.7	344	18	5.2
Streptococcus altra specie	245	3.2	176	13	7.4
Enterococcus faecalis	423	5.5	310	19	6.1
Enterococcus faecium	365	4.7	278	93	33.5
Enterococcus altra specie	68	0.9	37	7	18.9
Clostridium difficile	69	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	37	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>3329</b>	<b>43.0</b>	<b>1871</b>	<b>349</b>	<b>18.7</b>
Klebsiella pneumoniae	876	11.3	621	143	23
Klebsiella altra specie	229	3.0	163	9	5.5

Enterobacter spp	272	3.5	185	10	5.4
Altro enterobacterales	120	1.5	65	4	6.2
Serratia	143	1.8	99	3	3
Pseudomonas aeruginosa	627	8.1	426	108	25.4
Pseudomonas altra specie	16	0.2	10	3	30
Escherichia coli	1732	22.4	1258	21	1.7
Proteus	263	3.4	186	9	4.8
Acinetobacter	126	1.6	82	56	68.3
Emofilo	289	3.7	0	0	0
Legionella	151	2.0	0	0	0
Citrobacter	80	1.0	62	0	0
Morganella	66	0.9	52	1	1.9
Providencia	15	0.2	0	0	0
Clamidia	15	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	142	1.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>5162</b>	<b>66.7</b>	<b>3209</b>	<b>367</b>	<b>11.4</b>
Candida albicans	352	4.5	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	130	1.7	0	0	0
Candida krusei	29	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	44	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	43	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	10	0.1	0	0	0
Candida altra specie	22	0.3	0	0	0
Aspergillo	81	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	35	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	115	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>862</b>	<b>11.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	119	1.5			
Influenza AH3N2	5	0.1			
Influenza altro A	6	0.1			
Influenza B	14	0.2			
Influenza tipo non specificato	10	0.1			
Citomegalovirus	42	0.5			
Herpes simplex	38	0.5			
Altro Virus	162	2.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>396</b>	<b>5.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	22	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	32	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	10	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>64</b>	<b>0.8</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 20 microrganismi.



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	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	611	Ertapenem	99	16.20
Klebsiella pneumoniae	620	Meropenem	124	20.00
Klebsiella altra specie	160	Ertapenem	8	5.00
Klebsiella altra specie	163	Meropenem	5	3.07
Enterobacter spp	177	Ertapenem	10	5.65
Enterobacter spp	185	Meropenem	1	0.54
Altro enterobacterales	64	Ertapenem	4	6.25
Escherichia coli	1236	Ertapenem	18	1.46
Escherichia coli	1256	Meropenem	11	0.88
Morganella	51	Ertapenem	1	1.96
Morganella	52	Meropenem	1	1.92
Proteus	184	Ertapenem	7	3.80
Proteus	185	Meropenem	5	2.70
Serratia	97	Ertapenem	3	3.09
Acinetobacter	81	Imipenem	47	58.02
Acinetobacter	82	Meropenem	56	68.29
Pseudomonas aeruginosa	413	Imipenem	95	23.00
Pseudomonas aeruginosa	424	Meropenem	65	15.33
Pseudomonas altra specie	10	Imipenem	3	30.00
Pseudomonas altra specie	10	Meropenem	3	30.00
Staphylococcus haemolyticus	47	Meticillina	33	70.21
Staphylococcus aureus	679	Meticillina	166	24.45
Streptococcus pneumoniae	344	Penicillina	18	5.23
Streptococcus altra specie	176	Penicillina	13	7.39
Enterococco faecalis	310	Vancomicina	19	6.13
Enterococco faecium	278	Vancomicina	93	33.45
Enterococco altra specie	37	Vancomicina	7	18.92

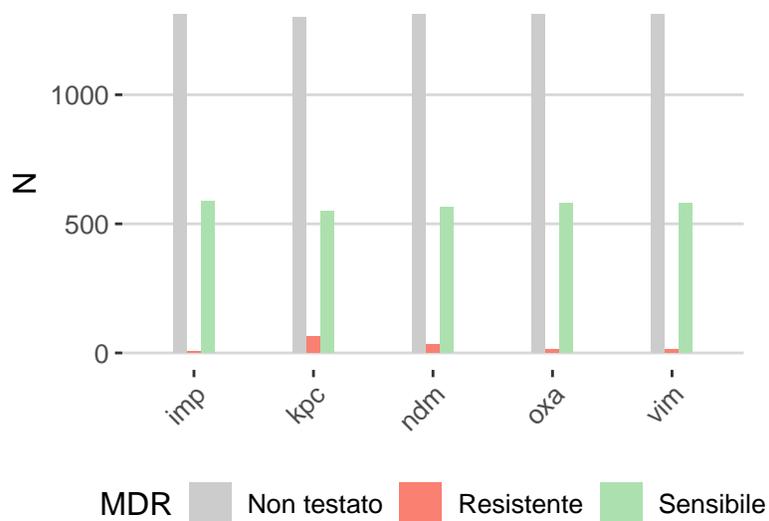
### 5.8.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

	N	%
Sì	104	5.41
No	509	26.5
Non testato	1308	68.09

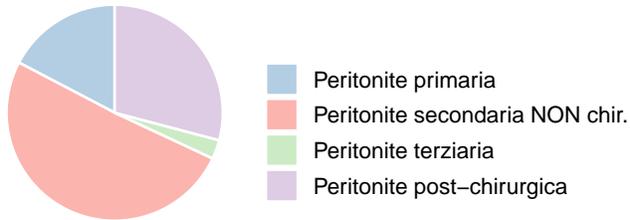
Missing 1875

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	5	3.9	586	1312
kpc	63	49.6	549	1301
ndm	32	25.2	565	1311
oxa	14	11.0	579	1311
vim	13	10.2	580	1312



## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 2240)

### 6.1 Tipologia di peritonite



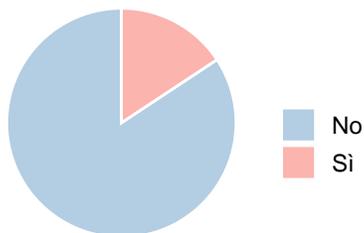
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	388	17.3
Peritonite secondaria NON chir.	1136	50.7
Peritonite terziaria	64	2.9
Peritonite post-chirurgica	652	29.1
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



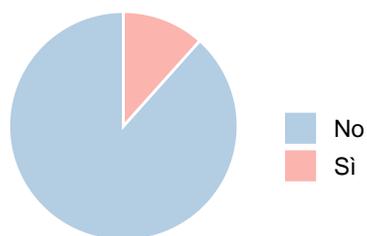
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	1491	66.7
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	729	32.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	16	0.7
Missing	4	0

### 6.3 Infezione batteriemica



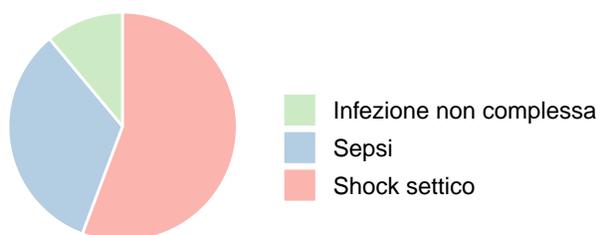
Batteriemica	N	%
No	1884	84.3
Si	351	15.7
Missing	5	0

## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	1980	88.4
Si	260	11.6
Missing	0	0

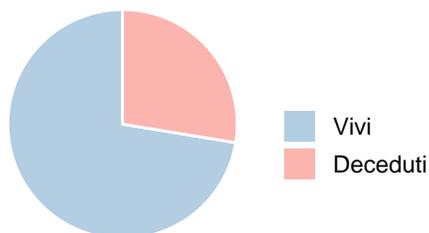
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	219	11.1
Sepsi	658	33.2
Shock settico	1103	55.7
Missing	0	0

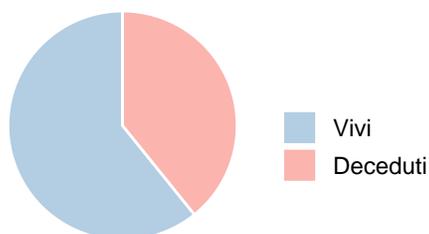
\* Statistiche calcolate su 1980 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 260 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1620	72.4
Deceduti	617	27.6
Missing	3	0

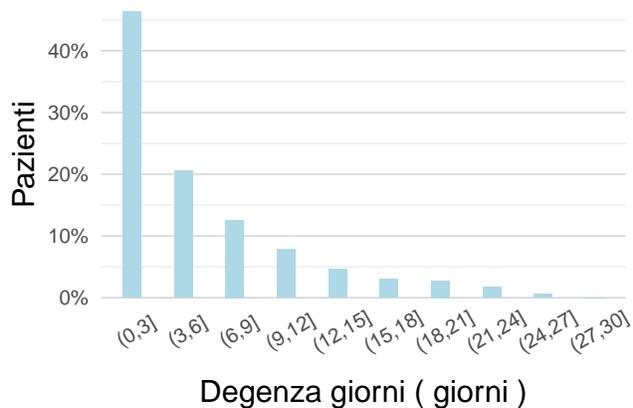
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	1246	60.8
Deceduti	803	39.2
Missing	14	0

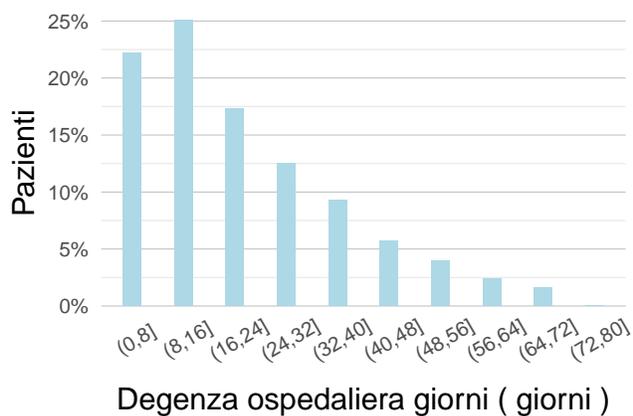
\* Statistiche calcolate su 2063 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 177 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.7 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	2

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.3 (23.8)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10-34)
Missing	14

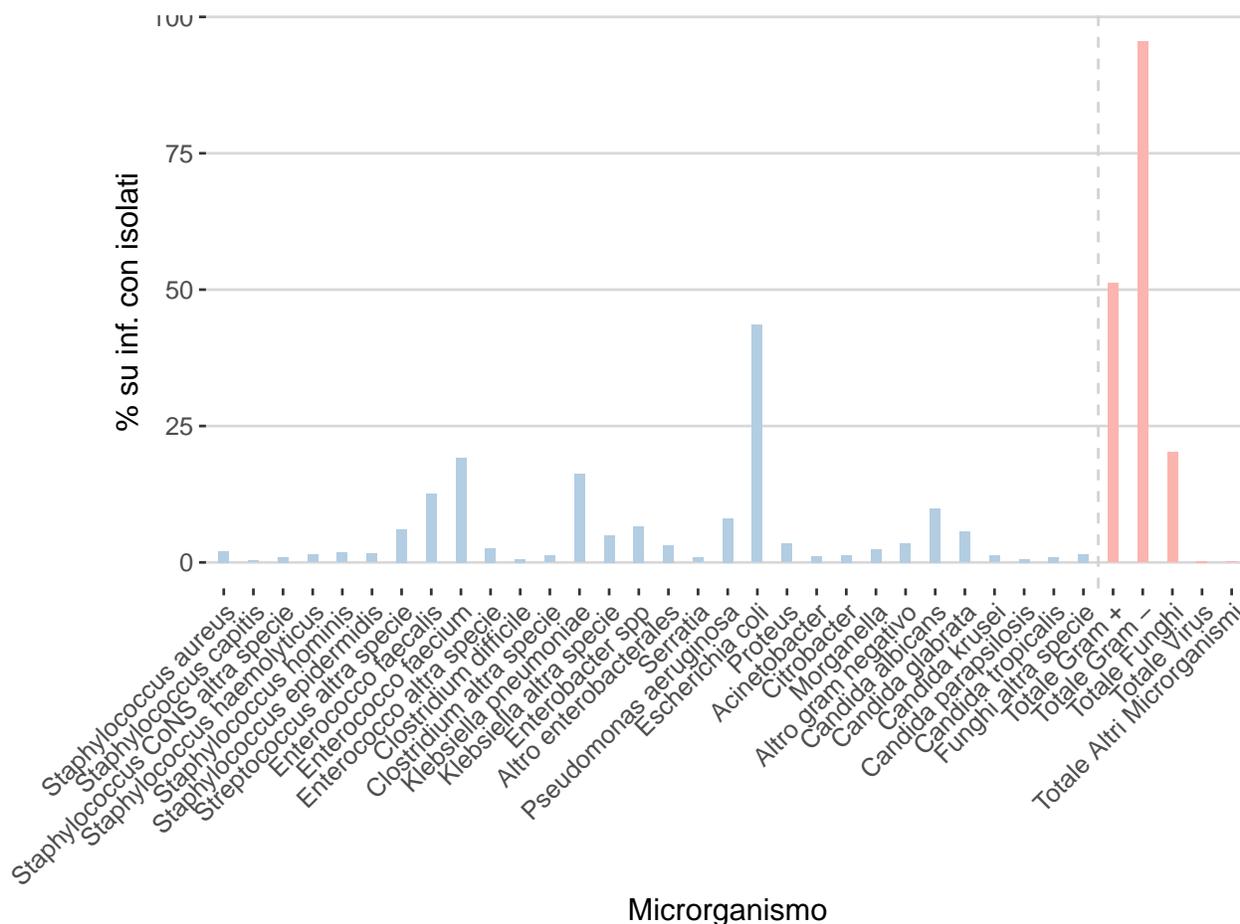
\* Statistiche calcolate su 2063 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 177 ).

## 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	1303	58.3
Sì	931	41.7
Missing	6	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2240</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1561</b>	

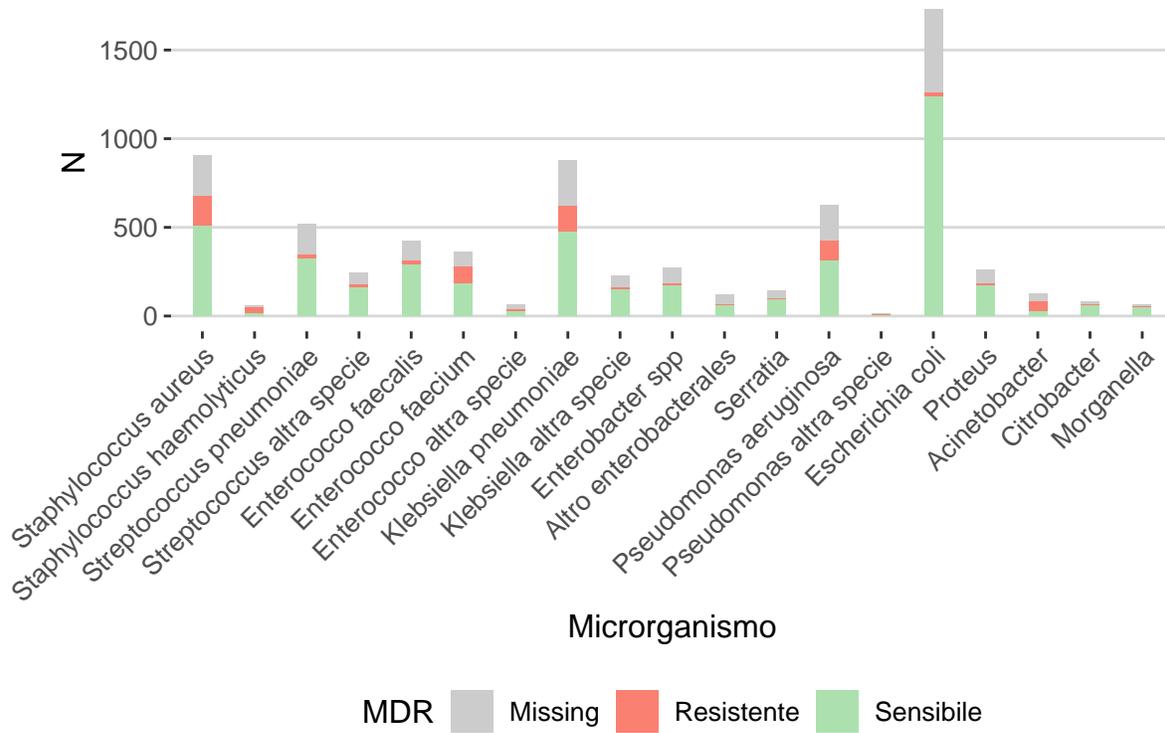
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



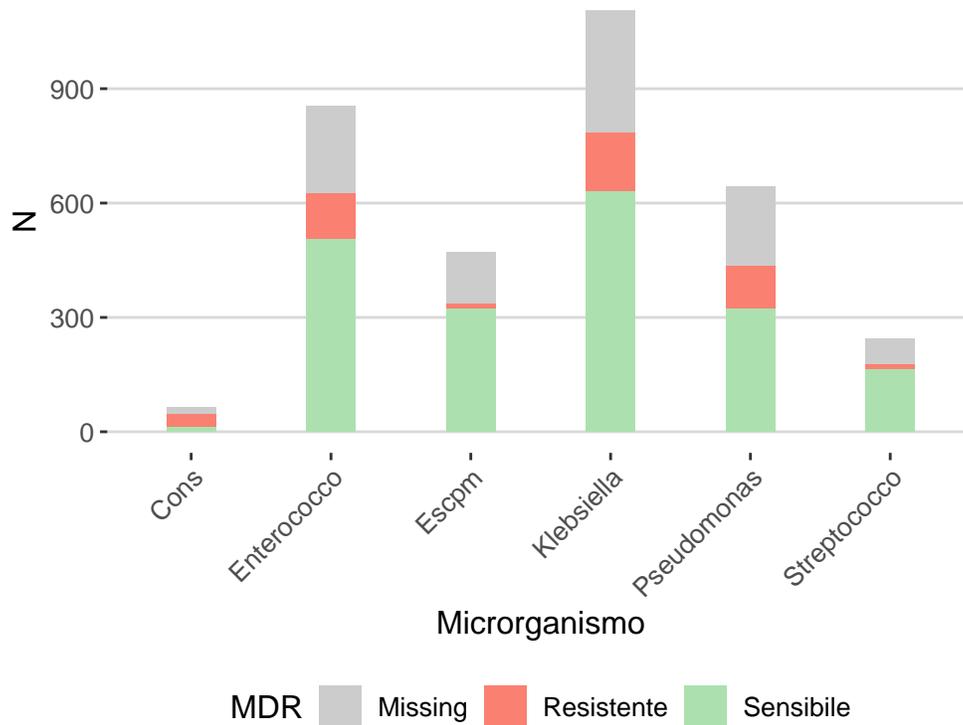
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	20	2.1	12	3	25
Staphylococcus capitis	3	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	1.0	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	13	1.4	8	6	75
Staphylococcus hominis	17	1.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	15	1.6	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	57	6.1	43	0	0
Enterococco faecalis	116	12.5	90	7	7.8
Enterococco faecium	179	19.2	142	46	32.4
Enterococco altra specie	24	2.6	17	5	29.4
Clostridium difficile	6	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	11	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>477</b>	<b>51.2</b>	<b>313</b>	<b>67</b>	<b>21.4</b>
Klebsiella pneumoniae	151	16.2	106	12	11.3
Klebsiella altra specie	47	5.0	33	3	9.1
Enterobacter spp	61	6.6	37	3	8.1
Altro enterobacterales	29	3.1	17	3	17.6
Serratia	8	0.9	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	75	8.1	53	15	28.3
Pseudomonas altra specie	2	0.2	2	1	50
Escherichia coli	405	43.5	286	3	1
Proteus	32	3.4	25	1	4
Acinetobacter	10	1.1	9	7	77.8
Emofilo	2	0.2	0	0	0
Citrobacter	12	1.3	10	0	0
Morganella	22	2.4	18	0	0
Altro gram negativo	33	3.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>889</b>	<b>95.5</b>	<b>601</b>	<b>48</b>	<b>8</b>
Candida albicans	92	9.9	0	0	0
Candida glabrata	52	5.6	0	0	0
Candida krusei	11	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	6	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	9	1.0	0	0	0
Candida altra specie	2	0.2	0	0	0
Aspergillo	2	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	14	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>188</b>	<b>20.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	2	0.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16

Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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

### 6.10.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	106	Ertapenem	7	6.60
Klebsiella pneumoniae	106	Meropenem	11	10.38
Klebsiella altra specie	32	Ertapenem	3	9.38
Klebsiella altra specie	33	Meropenem	1	3.03
Enterobacter spp	36	Ertapenem	3	8.33
Enterobacter spp	37	Meropenem	1	2.70
Altro enterobacterales	17	Ertapenem	3	17.65
Escherichia coli	281	Ertapenem	3	1.07
Escherichia coli	285	Meropenem	2	0.70
Proteus	25	Meropenem	1	4.00
Acinetobacter	9	Imipenem	7	77.78
Acinetobacter	9	Meropenem	7	77.78
Pseudomonas aeruginosa	52	Imipenem	15	28.85
Pseudomonas aeruginosa	52	Meropenem	5	9.62
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	8	Meticillina	6	75.00
Staphylococcus aureus	12	Meticillina	3	25.00
Enterococco faecalis	90	Vancomicina	7	7.78
Enterococco faecium	142	Vancomicina	46	32.39
Enterococco altra specie	17	Vancomicina	5	29.41

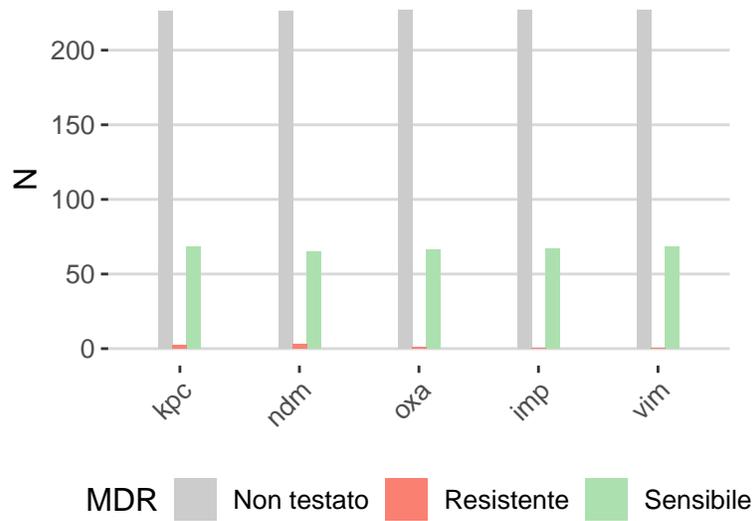
### 6.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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	%
Si	6	2.02
No	64	21.55

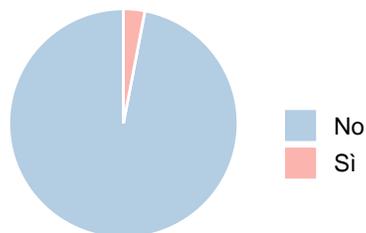
Non testato	227	76.43
Missing	342	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	67	227
kpc	2	33.3	68	226
ndm	3	50.0	65	226
oxa	1	16.7	66	227
vim	0	0.0	68	227



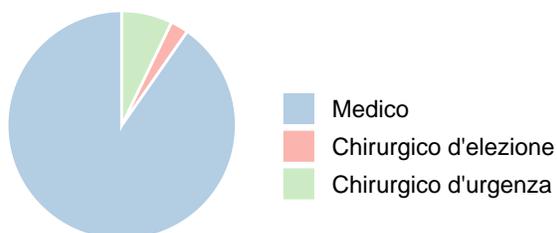
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 3851)

### 7.1 Trauma



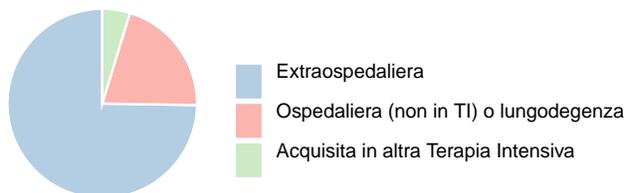
Trauma	N	%
No	3735	97.0
Si	116	3.0
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



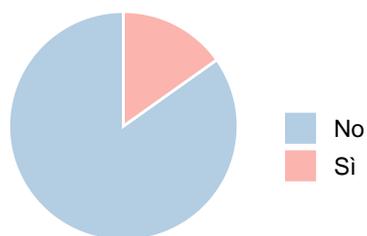
Stato chirurgico	N	%
Medico	3478	90.3
Chirurgico d'elezione	97	2.5
Chirurgico d'urgenza	276	7.2
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



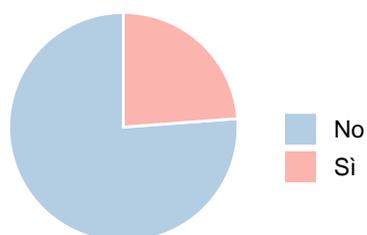
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	2869	74.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	788	20.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	181	4.7
Missing	13	0

## 7.4 Infezione batteriemica



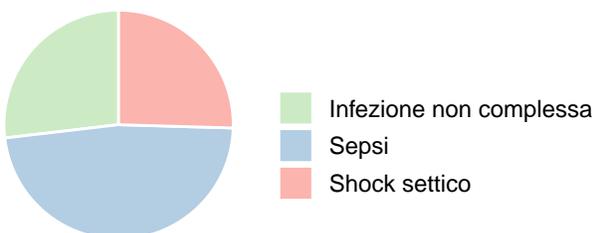
Batteriemica	N	%
No	3254	84.8
Si	582	15.2
Missing	15	0

## 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	2934	76.2
Si	917	23.8
Missing	0	0

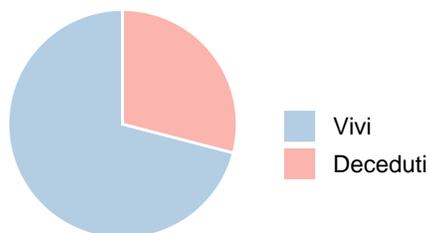
## 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	788	26.9
Sepsi	1399	47.7
Shock settico	747	25.5
Missing	0	0

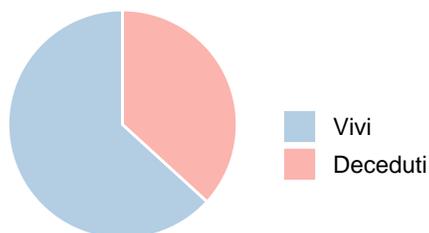
\* Statistiche calcolate su 2934 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 917 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2728	70.9
Deceduti	1117	29.1
Missing	6	0

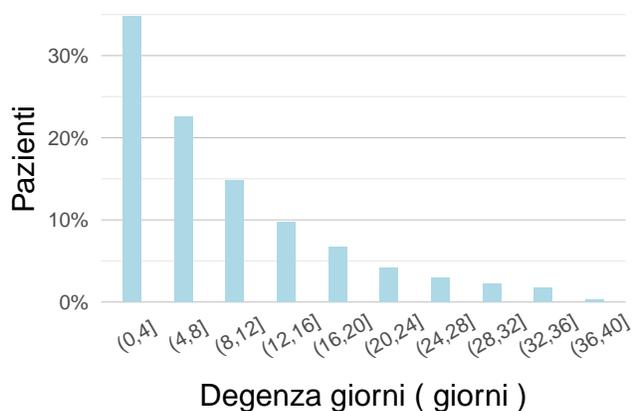
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	2310	63.2
Deceduti	1344	36.8
Missing	39	0

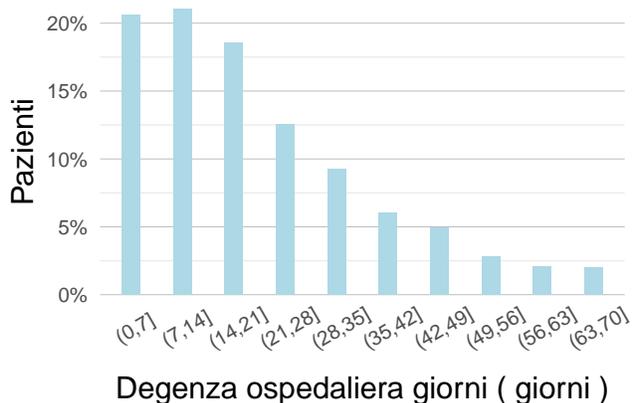
\* Statistiche calcolate su 3693 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 158 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.9 (13.4)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3-15)
Missing	6

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.5 (23.0)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-32)
Missing	39

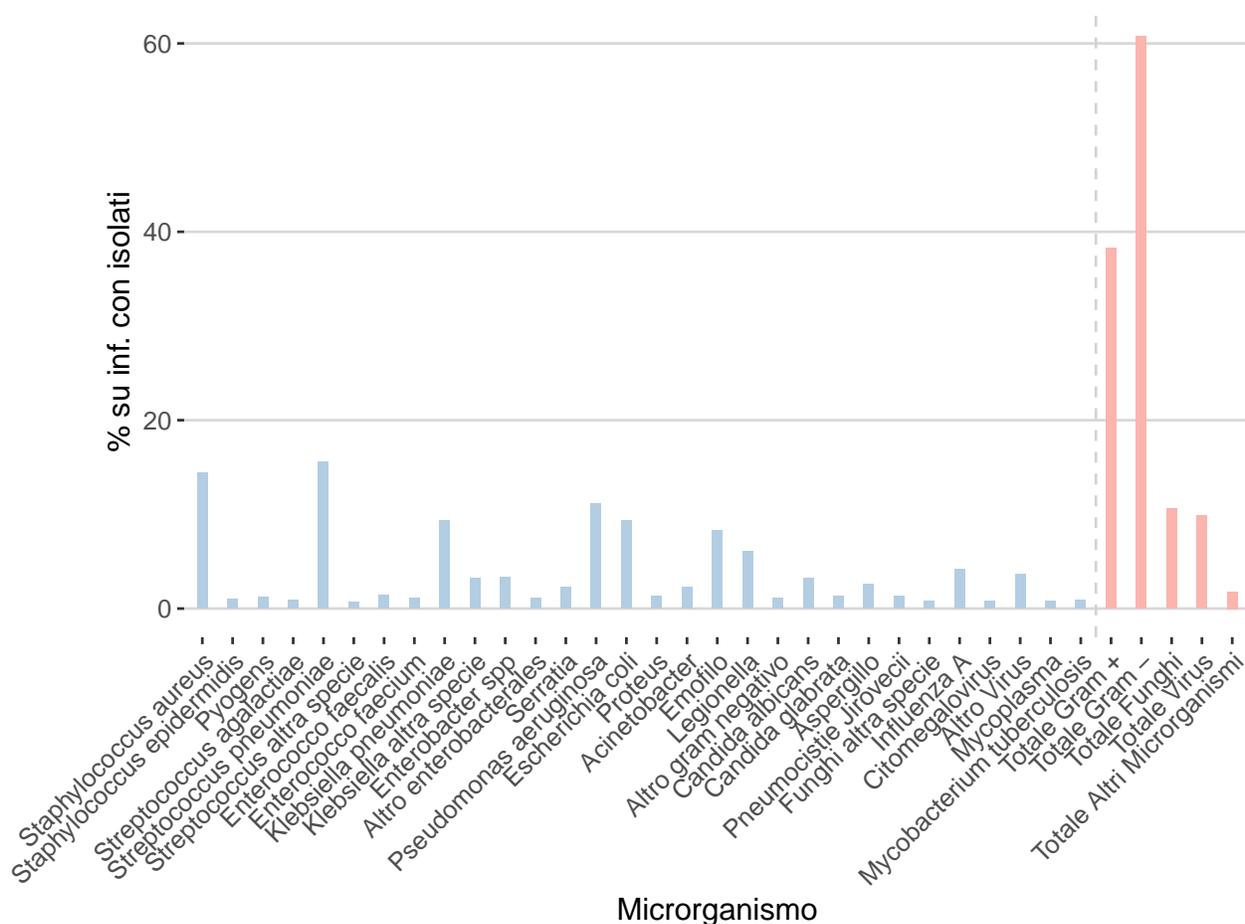
\* Statistiche calcolate su 3693 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 158 ).

## 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	1399	36.5
Sì	2437	63.5
Missing	15	
<b>Totale infezioni</b>	<b>3851</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>3201</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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

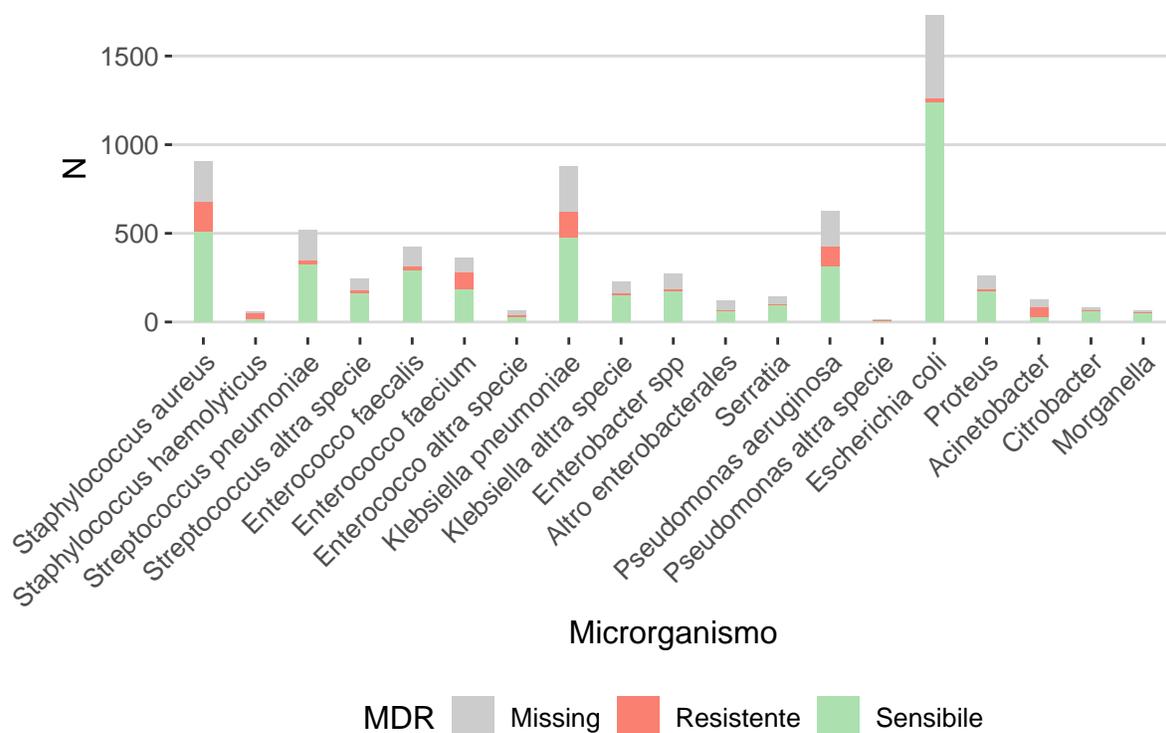


Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	350	14.4	261	74	28.4
Staphylococcus capitis	3	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	11	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	0.3	8	8	100
Staphylococcus hominis	11	0.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	1.0	0	0	0
Pyogens	30	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	23	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	381	15.6	245	11	4.5
Streptococcus altra specie	18	0.7	12	1	8.3
Enterococcus faecalis	33	1.4	19	3	15.8
Enterococcus faecium	27	1.1	17	8	47.1
Enterococcus altra specie	9	0.4	4	0	0
Clostridium difficile	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>934</b>	<b>38.3</b>	<b>566</b>	<b>105</b>	<b>18.6</b>
Klebsiella pneumoniae	226	9.3	160	34	21.2
Klebsiella altra specie	78	3.2	55	4	7.3
Enterobacter spp	80	3.3	54	3	5.6
Altro enterobacterales	26	1.1	18	1	5.6
Serratia	57	2.3	38	2	5.3

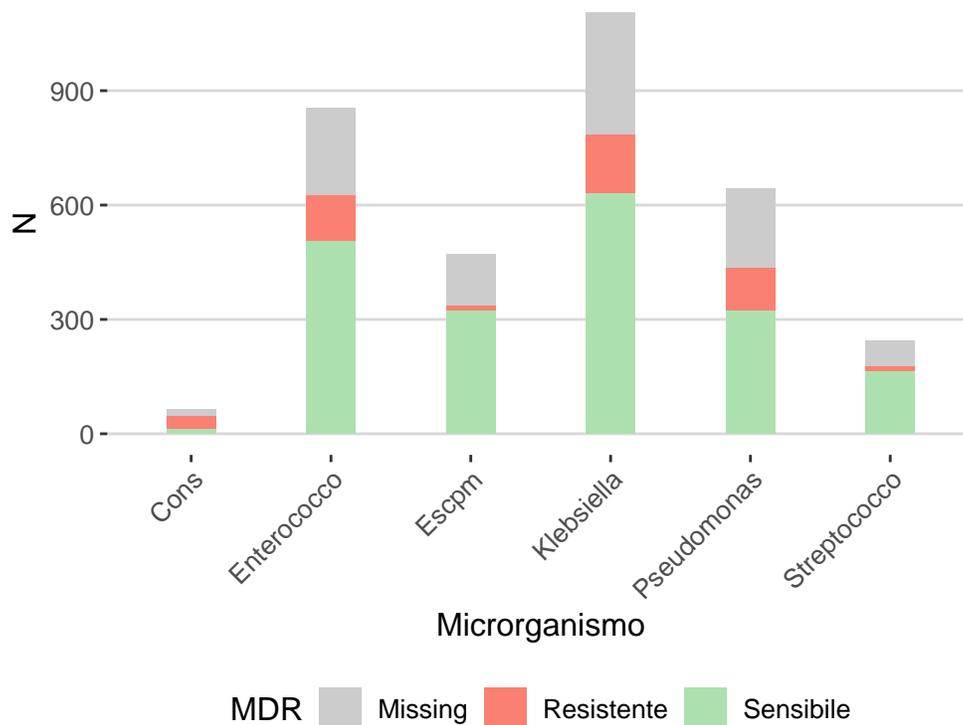
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 3851)

Pseudomonas aeruginosa	270	11.1	173	43	24.9
Pseudomonas altra specie	7	0.3	6	2	33.3
Escherichia coli	226	9.3	172	2	1.2
Proteus	32	1.3	24	1	4.2
Acinetobacter	55	2.3	33	22	66.7
Emofilo	203	8.3	0	0	0
Legionella	148	6.1	0	0	0
Citrobacter	16	0.7	11	0	0
Morganella	12	0.5	8	0	0
Providencia	3	0.1	0	0	0
Clamidia	15	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	27	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1481</b>	<b>60.8</b>	<b>752</b>	<b>114</b>	<b>15.2</b>
Candida albicans	77	3.2	0	0	0
Candida glabrata	32	1.3	0	0	0
Candida krusei	7	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	7	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	12	0.5	0	0	0
Candida altra specie	7	0.3	0	0	0
Aspergillo	64	2.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	32	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	20	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>258</b>	<b>10.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	102	4.2			
Influenza AH3N2	4	0.2			
Influenza altro A	5	0.2			
Influenza B	12	0.5			
Influenza tipo non specificato	7	0.3			
Citomegalovirus	19	0.8			
Herpes simplex	6	0.2			
Altro Virus	87	3.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>242</b>	<b>9.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	19	0.8	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	22	0.9	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>43</b>	<b>1.8</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 20 microrganismi.



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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16

Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	157	Ertapenem	24	15.29
Klebsiella pneumoniae	160	Meropenem	29	18.12
Klebsiella altra specie	55	Ertapenem	3	5.45
Klebsiella altra specie	55	Meropenem	3	5.45
Enterobacter spp	51	Ertapenem	3	5.88
Altro enterobacterales	18	Ertapenem	1	5.56
Escherichia coli	170	Ertapenem	1	0.59
Escherichia coli	172	Meropenem	1	0.58
Proteus	23	Ertapenem	1	4.35
Proteus	24	Meropenem	1	4.17
Serratia	38	Ertapenem	2	5.26
Acinetobacter	32	Imipenem	16	50.00
Acinetobacter	33	Meropenem	22	66.67
Pseudomonas aeruginosa	167	Imipenem	36	21.56
Pseudomonas aeruginosa	173	Meropenem	28	16.18
Pseudomonas altra specie	6	Imipenem	2	33.33
Pseudomonas altra specie	6	Meropenem	2	33.33
Staphylococcus haemolyticus	8	Meticillina	8	100.00
Staphylococcus aureus	261	Meticillina	74	28.35
Streptococcus pneumoniae	245	Penicillina	11	4.49
Streptococcus altra specie	12	Penicillina	1	8.33
Enterococco faecalis	19	Vancomicina	3	15.79
Enterococco faecium	17	Vancomicina	8	47.06

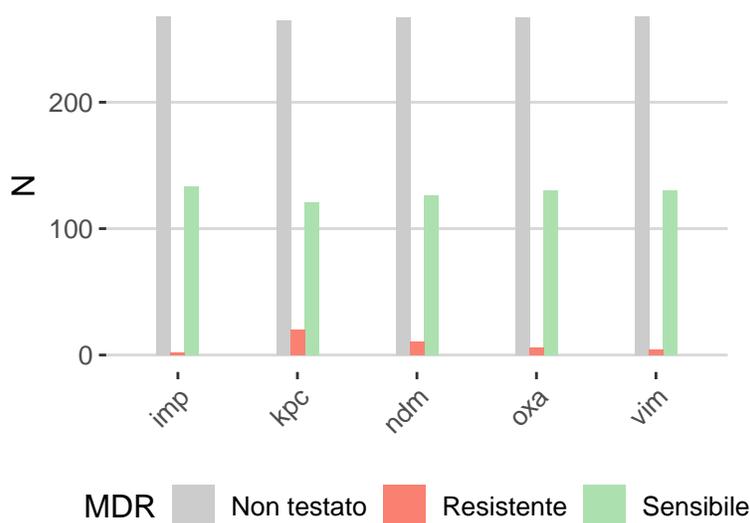
### 7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

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

N	%
---	---

Sì	34	8.35
No	106	26.04
Non testato	267	65.6
Missing	349	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	4.7	133	268
kpc	20	46.5	121	265
ndm	11	25.6	126	267
oxa	6	14.0	130	267
vim	4	9.3	130	268

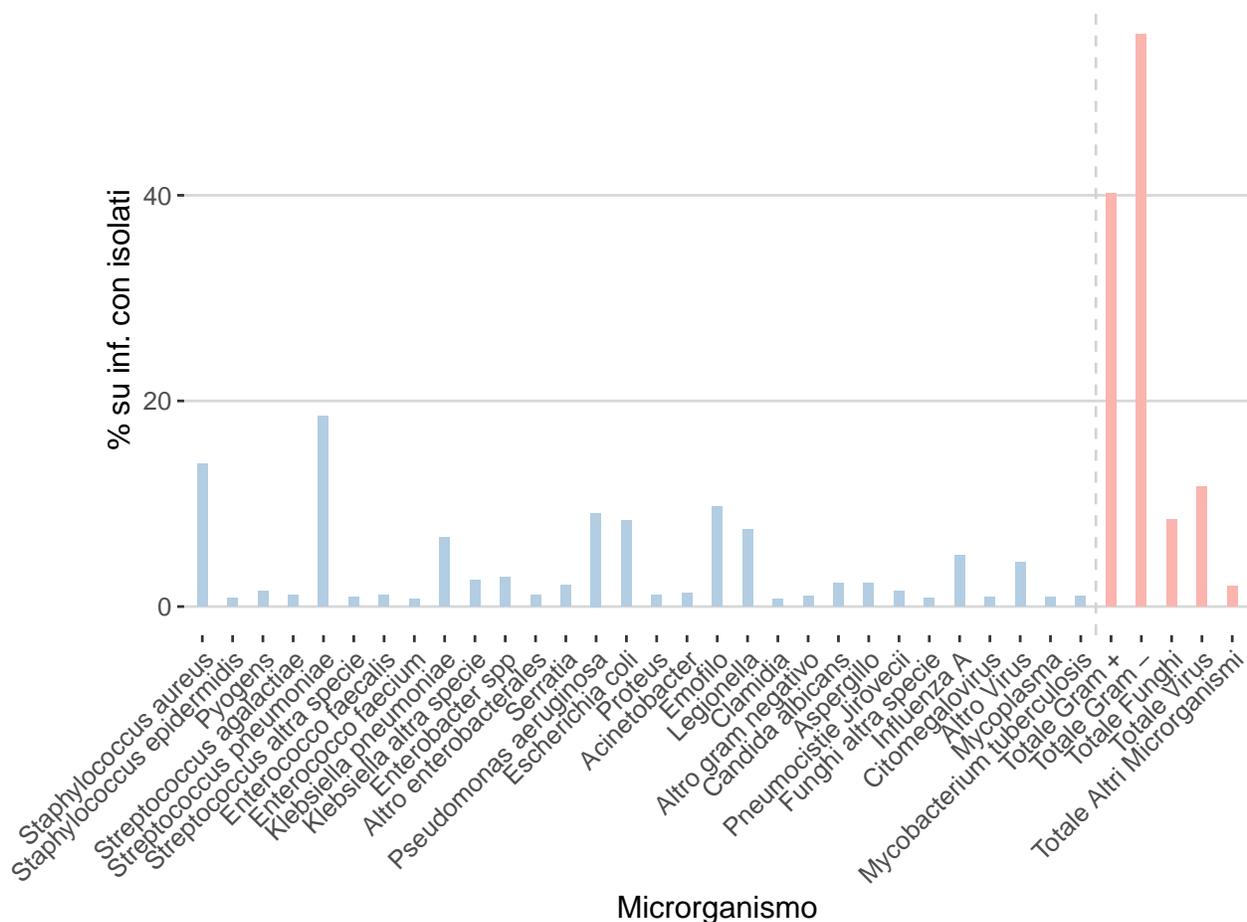


## 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1108	36.3
Sì	1942	63.7
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>3050</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>2508</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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

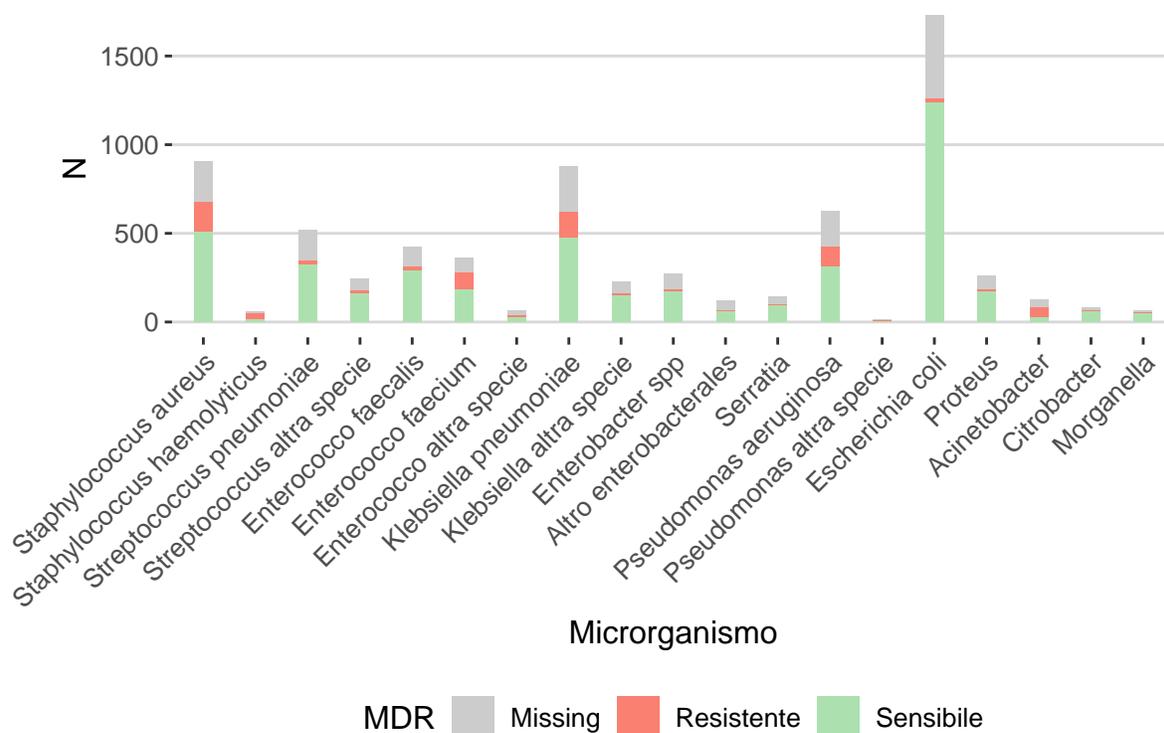


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	270	13.9	207	58	28
Staphylococcus capitis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	0.3	5	5	100
Staphylococcus hominis	6	0.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	16	0.8	0	0	0
Pyogens	30	1.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	22	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	359	18.5	231	10	4.3
Streptococcus altra specie	17	0.9	11	1	9.1
Enterococcus faecalis	21	1.1	12	3	25
Enterococcus faecium	14	0.7	10	3	30
Enterococcus altra specie	5	0.3	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>781</b>	<b>40.2</b>	<b>477</b>	<b>80</b>	<b>16.8</b>
Klebsiella pneumoniae	131	6.7	95	14	14.7
Klebsiella altra specie	50	2.6	37	2	5.4
Enterobacter spp	56	2.9	37	1	2.7
Altro enterobacterales	22	1.1	15	0	0
Serratia	40	2.1	27	0	0

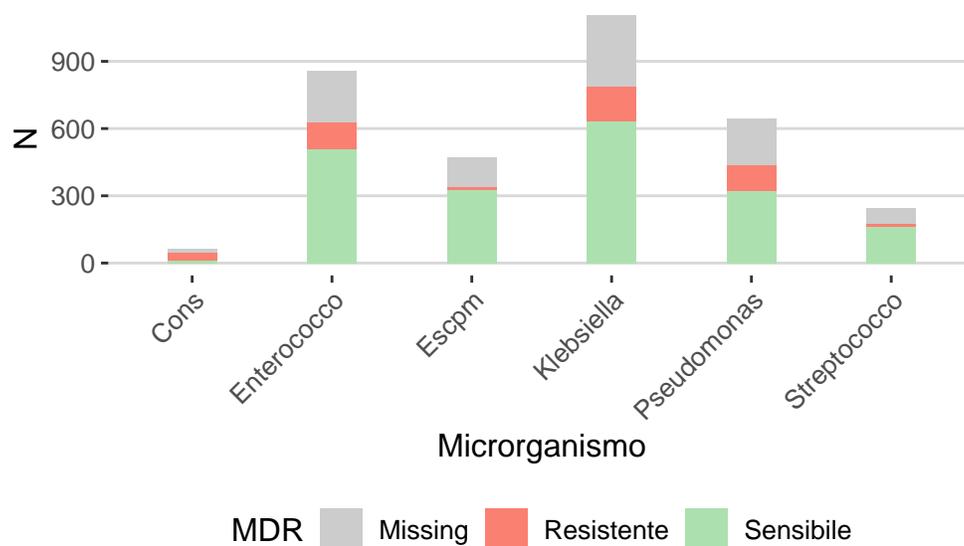
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 3851)

Pseudomonas aeruginosa	176	9.1	113	28	24.8
Pseudomonas altra specie	5	0.3	4	2	50
Escherichia coli	163	8.4	123	2	1.6
Proteus	22	1.1	16	1	6.2
Acinetobacter	25	1.3	11	7	63.6
Emofilo	188	9.7	0	0	0
Legionella	145	7.5	0	0	0
Citrobacter	12	0.6	8	0	0
Morganella	11	0.6	7	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Clamidia	14	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	19	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1081</b>	<b>55.7</b>	<b>493</b>	<b>57</b>	<b>11.6</b>
Candida albicans	45	2.3	0	0	0
Candida glabrata	14	0.7	0	0	0
Candida krusei	3	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.1	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.4	0	0	0
Candida altra specie	5	0.3	0	0	0
Aspergillo	45	2.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	29	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	15	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>165</b>	<b>8.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	98	5.0			
Influenza AH3N2	4	0.2			
Influenza altro A	5	0.3			
Influenza B	9	0.5			
Influenza tipo non specificato	6	0.3			
Citomegalovirus	17	0.9			
Herpes simplex	5	0.3			
Altro Virus	83	4.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>227</b>	<b>11.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	17	0.9	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	20	1.0	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>39</b>	<b>2.0</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 20 microrganismi.



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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207

Streptococco	245	176	163	13	7.39	69
--------------	-----	-----	-----	----	------	----

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.

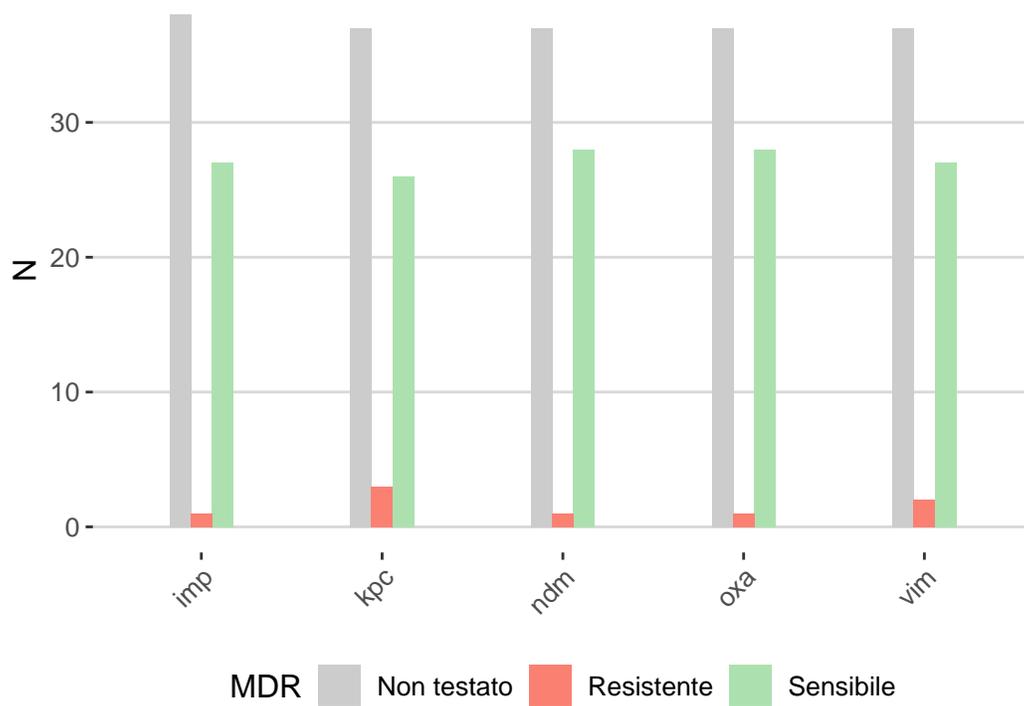
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	93	Ertapenem	10	10.75
Klebsiella pneumoniae	95	Meropenem	12	12.63
Klebsiella altra specie	37	Ertapenem	1	2.70
Klebsiella altra specie	37	Meropenem	2	5.41
Enterobacter spp	35	Ertapenem	1	2.86
Escherichia coli	123	Ertapenem	1	0.81
Escherichia coli	123	Meropenem	1	0.81
Proteus	15	Ertapenem	1	6.67
Proteus	16	Meropenem	1	6.25
Acinetobacter	11	Imipenem	6	54.55
Acinetobacter	11	Meropenem	7	63.64
Pseudomonas aeruginosa	110	Imipenem	23	20.91
Pseudomonas aeruginosa	113	Meropenem	16	14.16
Pseudomonas altra specie	4	Imipenem	2	50.00
Pseudomonas altra specie	4	Meropenem	2	50.00
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	5	100.00
Staphylococcus aureus	207	Meticillina	58	28.02
Streptococcus pneumoniae	231	Penicillina	10	4.33
Streptococcus altra specie	11	Penicillina	1	9.09
Enterococco faecalis	12	Vancomicina	3	25.00
Enterococco faecium	10	Vancomicina	3	30.00

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

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

	N	%
Sì	4	6.06
No	24	36.36
Non testato	38	57.58
Missing	99	

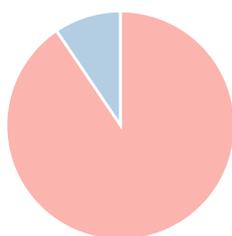
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	12.5	27	38
kpc	3	37.5	26	37
ndm	1	12.5	28	37
oxa	1	12.5	28	37
vim	2	25.0	27	37



## 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 3351 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 9.5% della popolazione totale ammessa in TI.

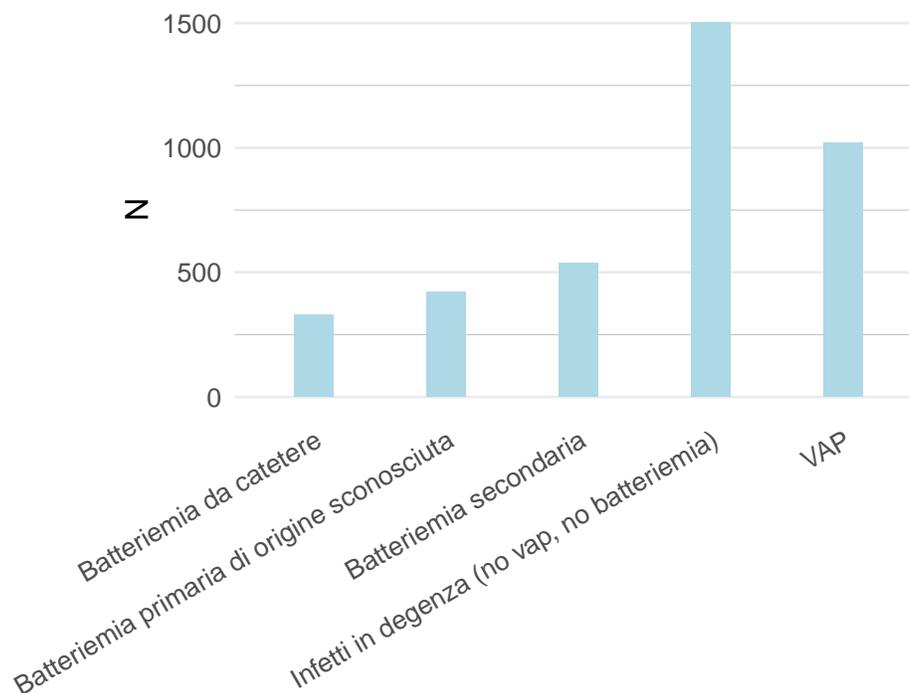


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	3351	9.5
Non infetti in degenza	32059	90.5

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 35410).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



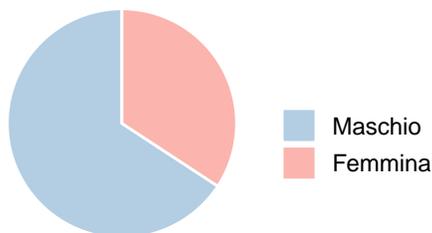
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	1504	44.9
VAP	1019	30.4
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	420	12.5
Batteriemia da catetere	330	9.8
Batteriemia secondaria	538	16.1

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 3351)

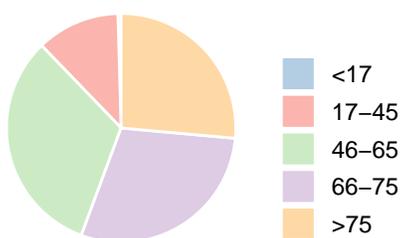
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 3351)

### 8.1 Sesso



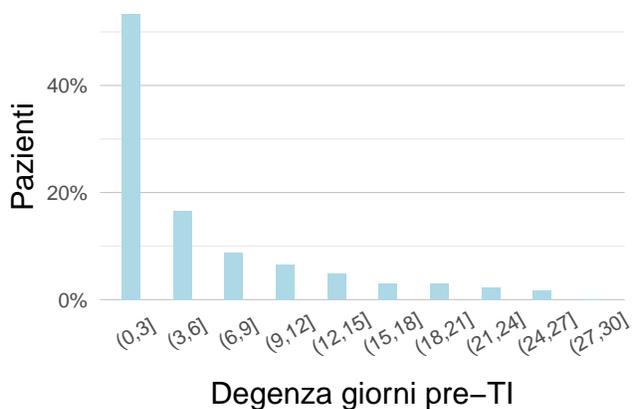
Sesso	N	%
Maschio	2186	65.8
Femmina	1138	34.2
Missing	27	0

### 8.2 Età



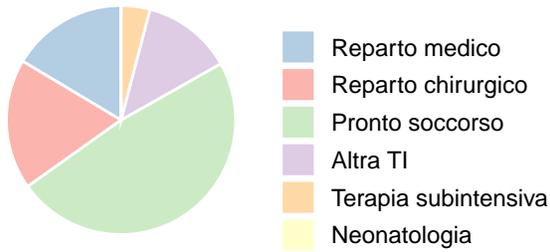
Range età	N	%
<17	15	0.4
17-45	394	11.8
46-65	1077	32.1
66-75	979	29.2
>75	886	26.4
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



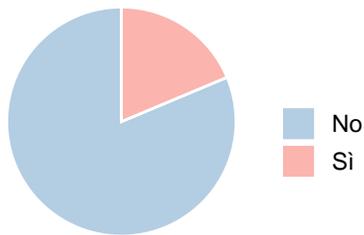
Indicatore	Valore
Media	5.5
DS	12.9
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	2

## 8.4 Provenienza ( reparto )



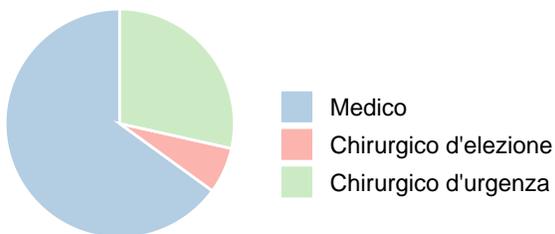
Provenienza	N	%
Reparto medico	548	16.4
Reparto chirurgico	615	18.4
Pronto soccorso	1613	48.3
Altra TI	425	12.7
Terapia subintensiva	136	4.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	14	0

## 8.5 Trauma



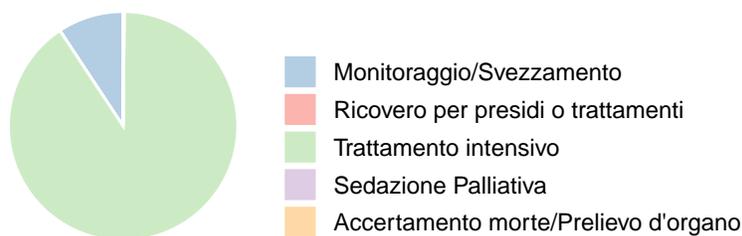
Trauma	N	%
No	2725	81.3
Si	626	18.7
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



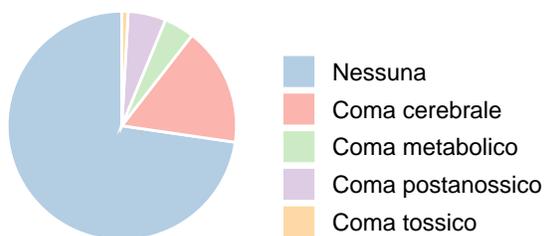
Stato chirurgico	N	%
Medico	2178	65.0
Chirurgico d'elezione	218	6.5
Chirurgico d'urgenza	955	28.5
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



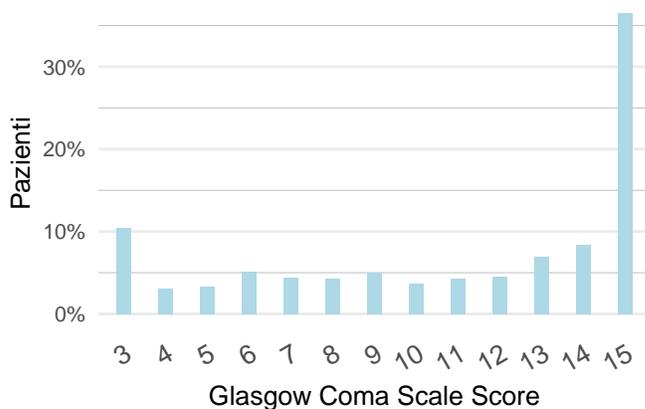
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	311	9.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	3026	90.5
Sedazione Palliativa	2	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	4	0.1
Missing	8	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



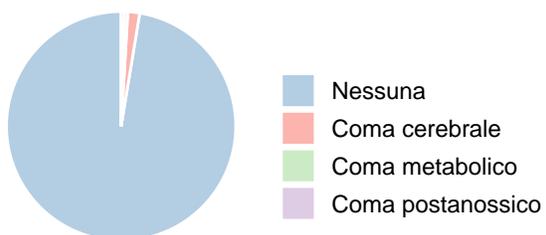
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1800	72.7
Coma cerebrale	416	16.8
Coma metabolico	106	4.3
Coma postanossico	132	5.3
Coma tossico	22	0.9
Missing	875	0

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



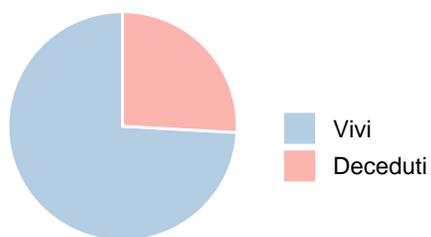
Indicatore	Valore
Media	8.9
DS	4.4
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



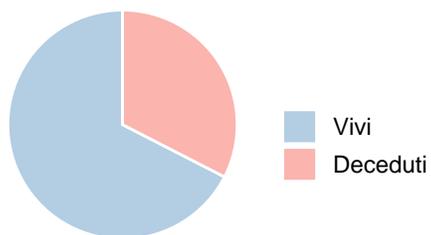
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3264	97.4
Coma cerebrale	56	1.7
Coma metabolico	16	0.5
Coma postanossico	15	0.4
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2476	74.1
Deceduti	864	25.9
Missing	11	0

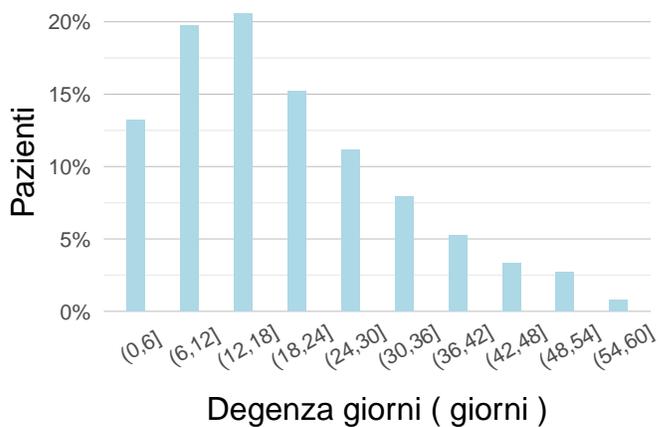
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	2139	67.5
Deceduti	1032	32.5
Missing	56	0

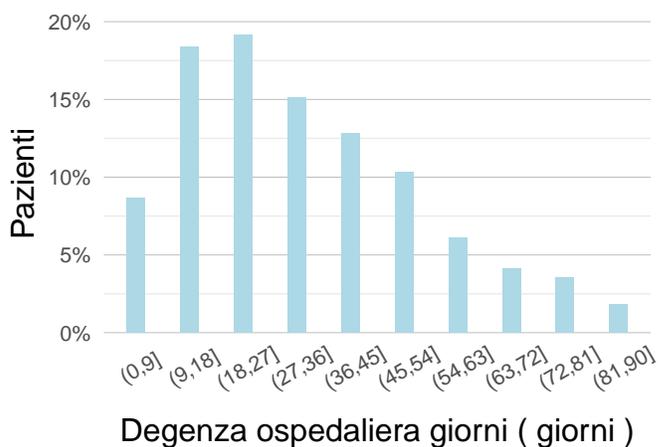
\* Statistiche calcolate su 3227 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 124 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.8 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	18 (11-30)
Missing	11

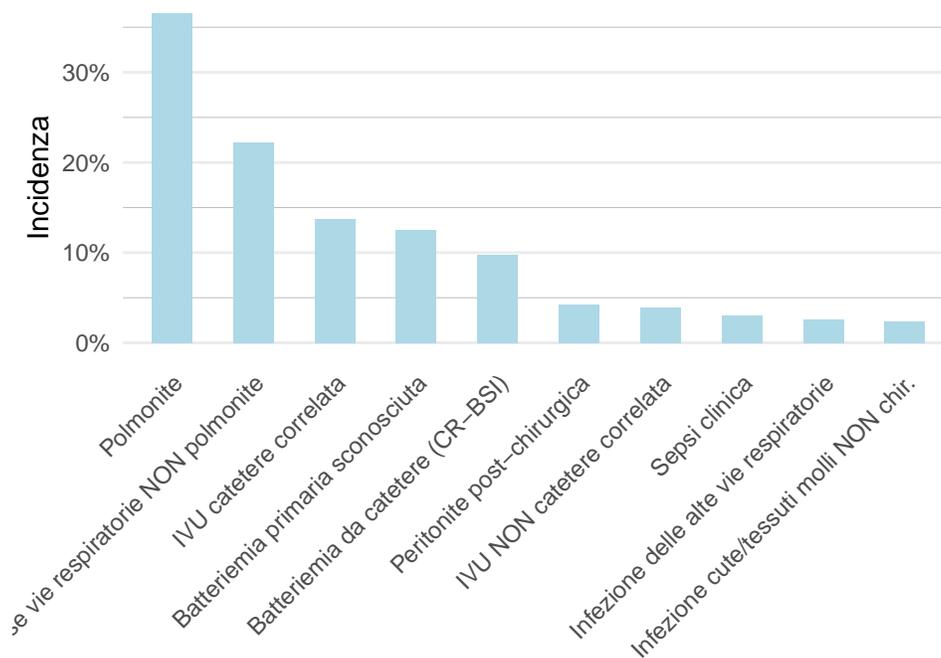
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.9 (28.8)
Mediana (Q1-Q3)	31 (18-50)
Missing	56

\* Statistiche calcolate su 3227 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 124 ).

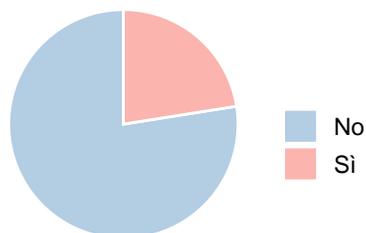
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	1225	36.6
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	744	22.2
IVU catetere correlata	458	13.7
Batteriemia primaria sconosciuta	420	12.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	330	9.8
Peritonite post-chirurgica	140	4.2
IVU NON catetere correlata	132	3.9
Sepsi clinica	102	3.0
Infezione delle alte vie respiratorie	87	2.6
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	82	2.4
Missing	0	NA

### 8.16 Infezione multisito



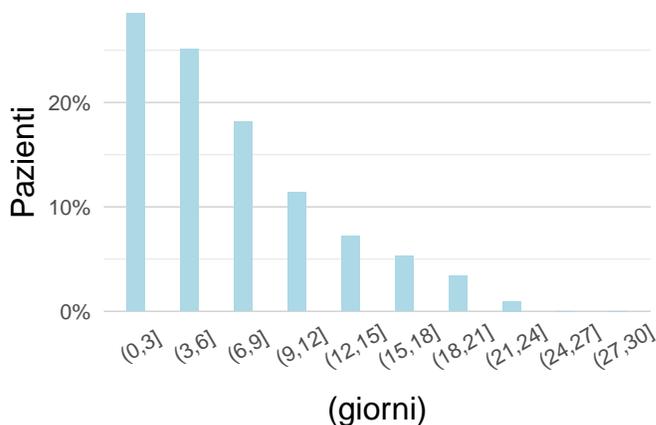
Infezione multisito	N	%
No	2597	77.5
Si	754	22.5
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	4128
Numero totale di microrganismi isolati	4803

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.1
DS	7.8
Mediana	6
Q1-Q3	3-11
Missing	22

## 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	19.1	13.4 %
CI ( 95% )	18.4 - 19.8	12.9 - 13.8

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

Il primo:

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

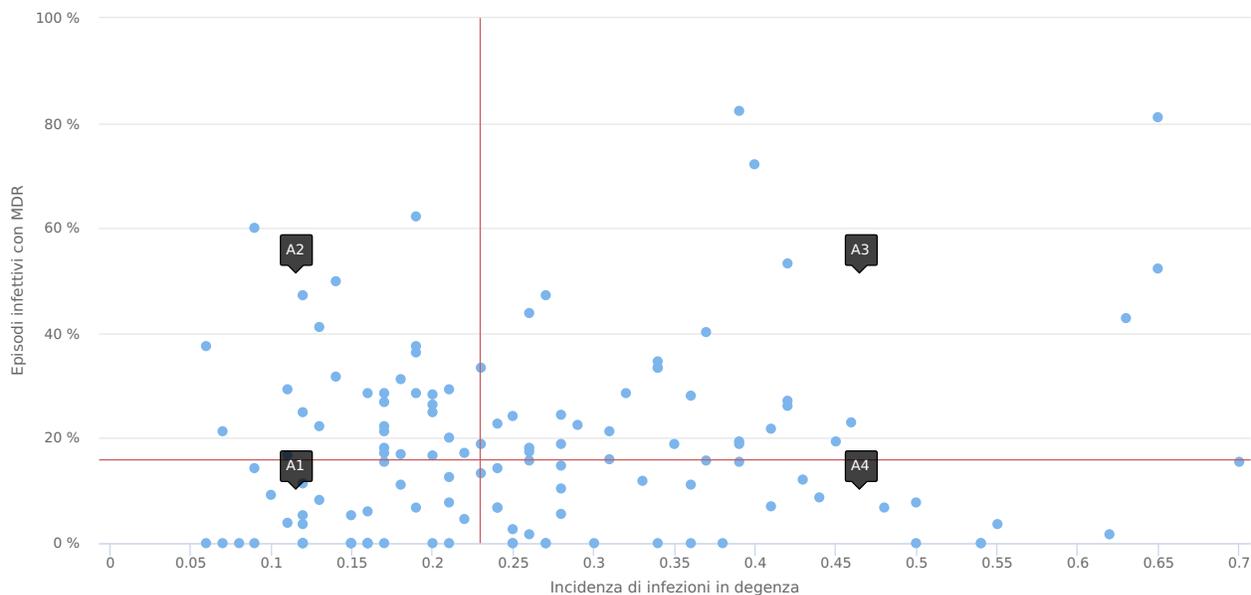
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

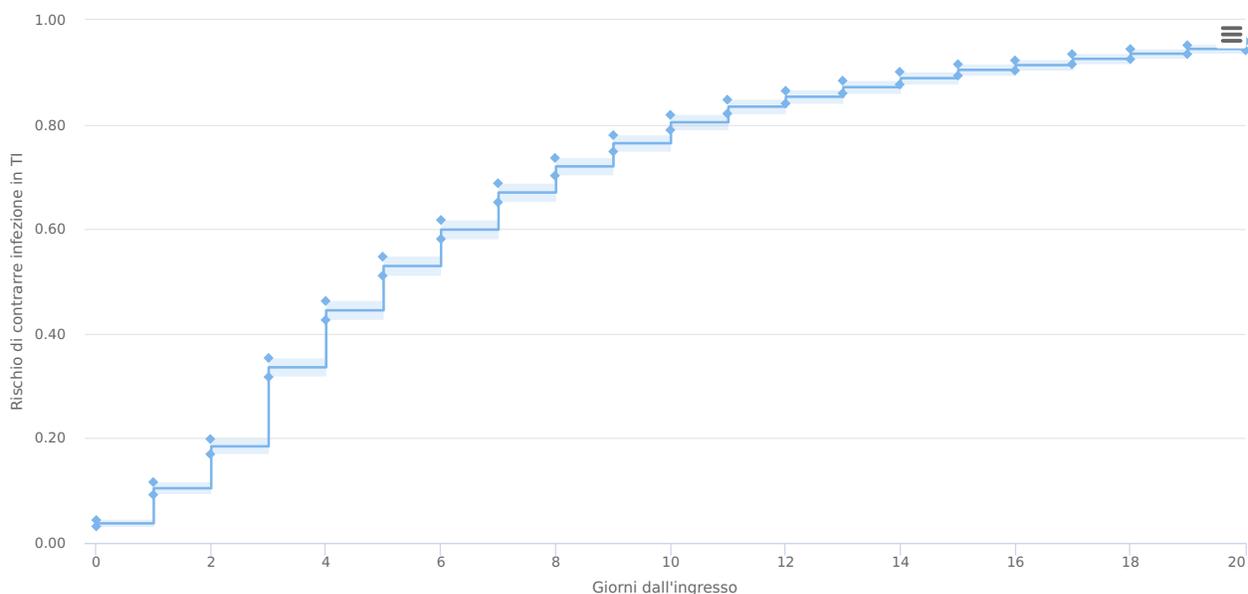
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

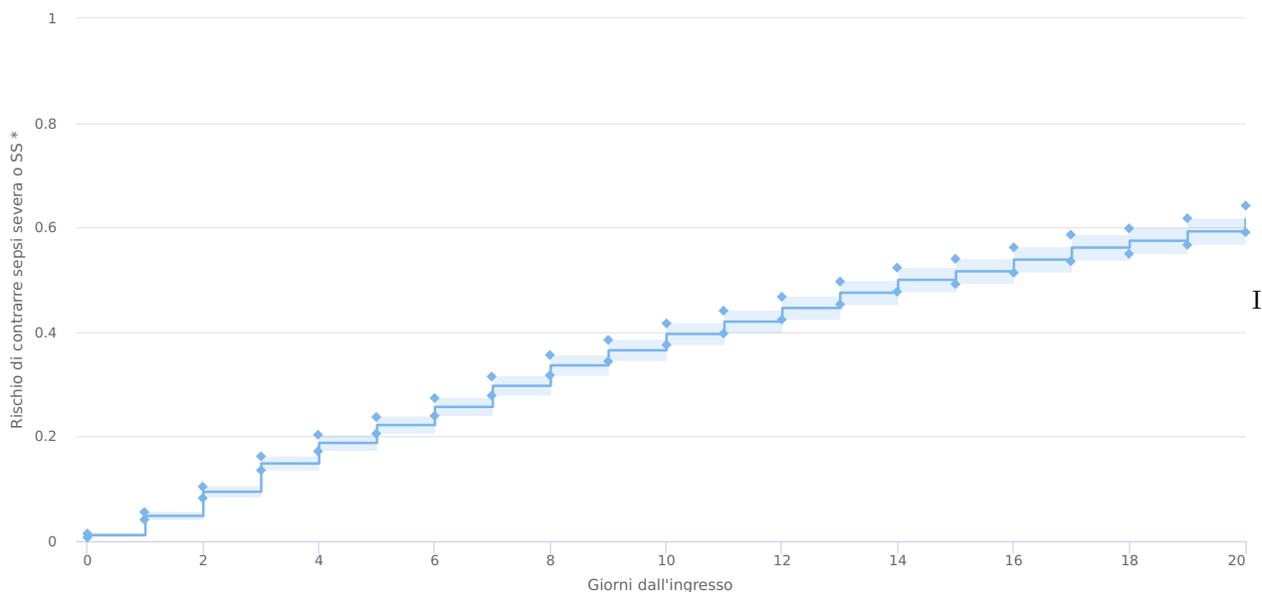


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. Le due linee rosse intersecano il grafico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



### Rischio 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.

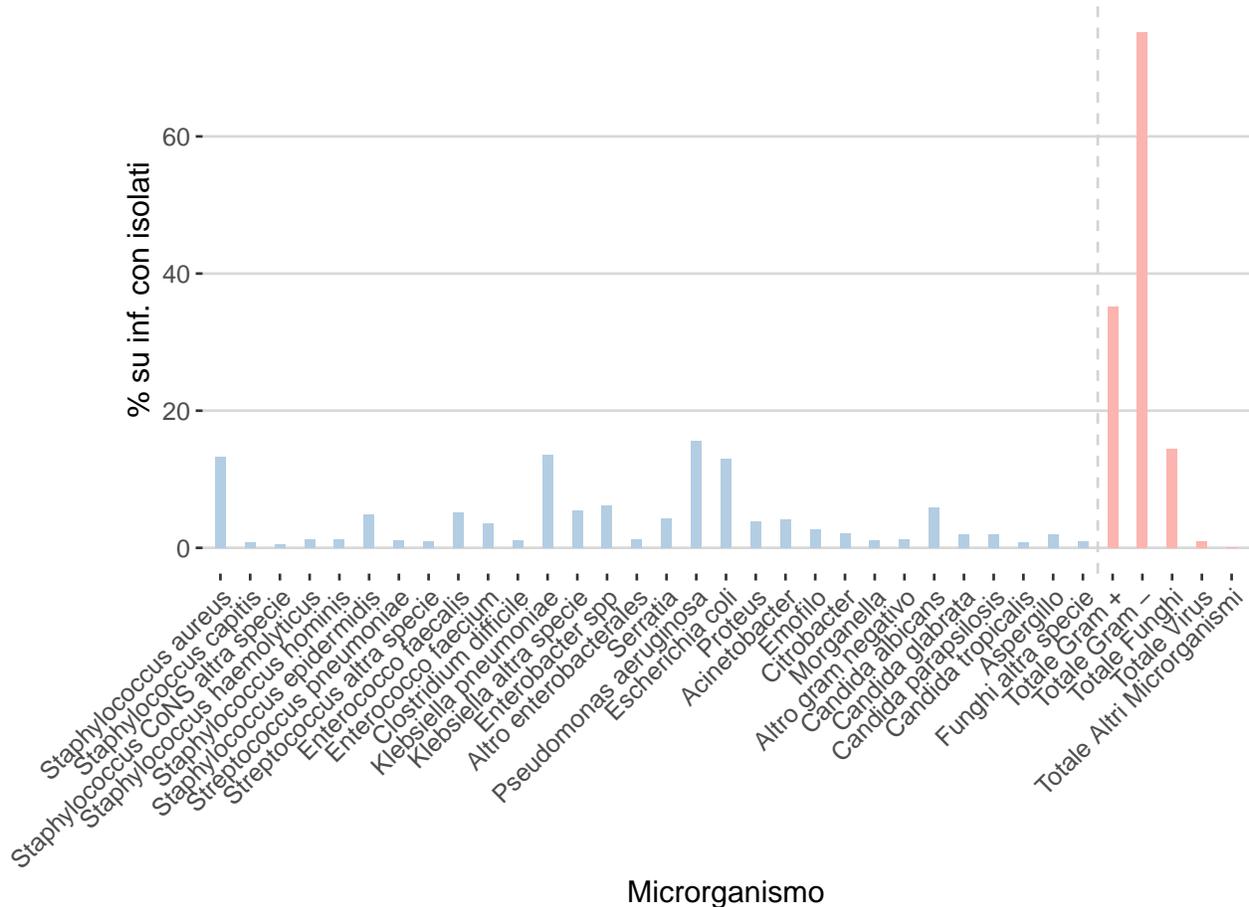
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime 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	385	9.4
Sì	3715	90.6
Missing	28	
<b>Totale infezioni</b>	<b>4128</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>4803</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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

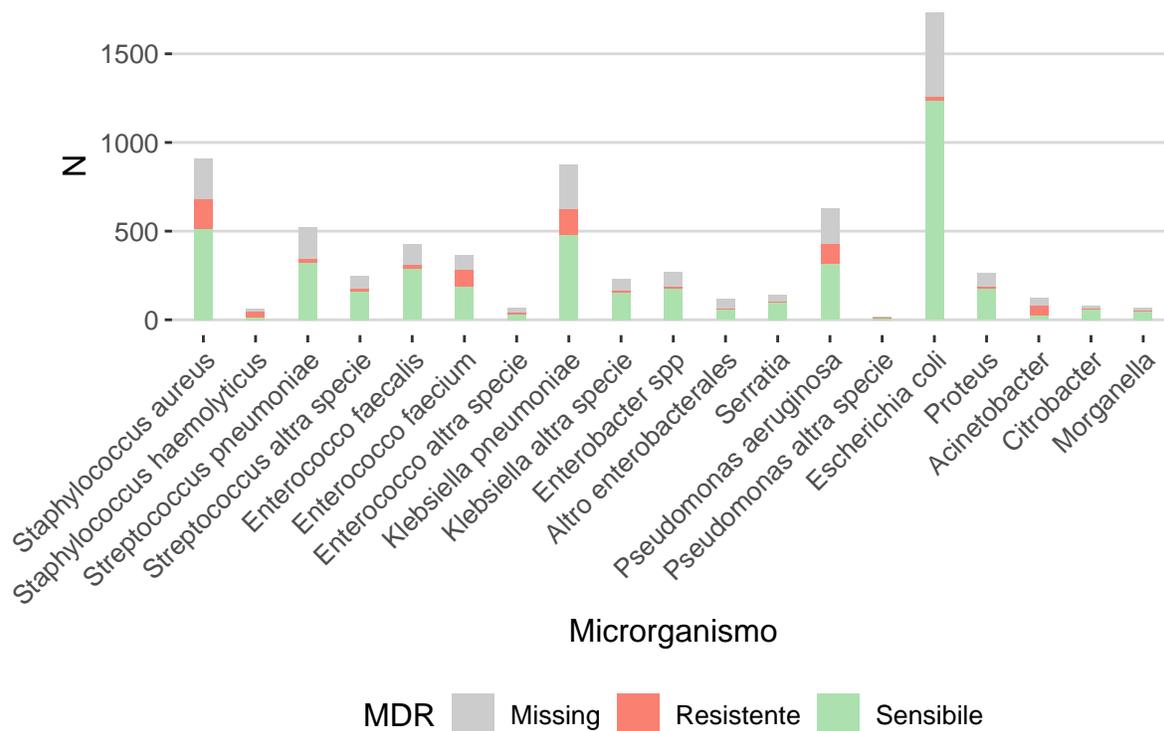


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	497	13.3	357	75	21
Staphylococcus capitis	30	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	18	0.5	0	0	0

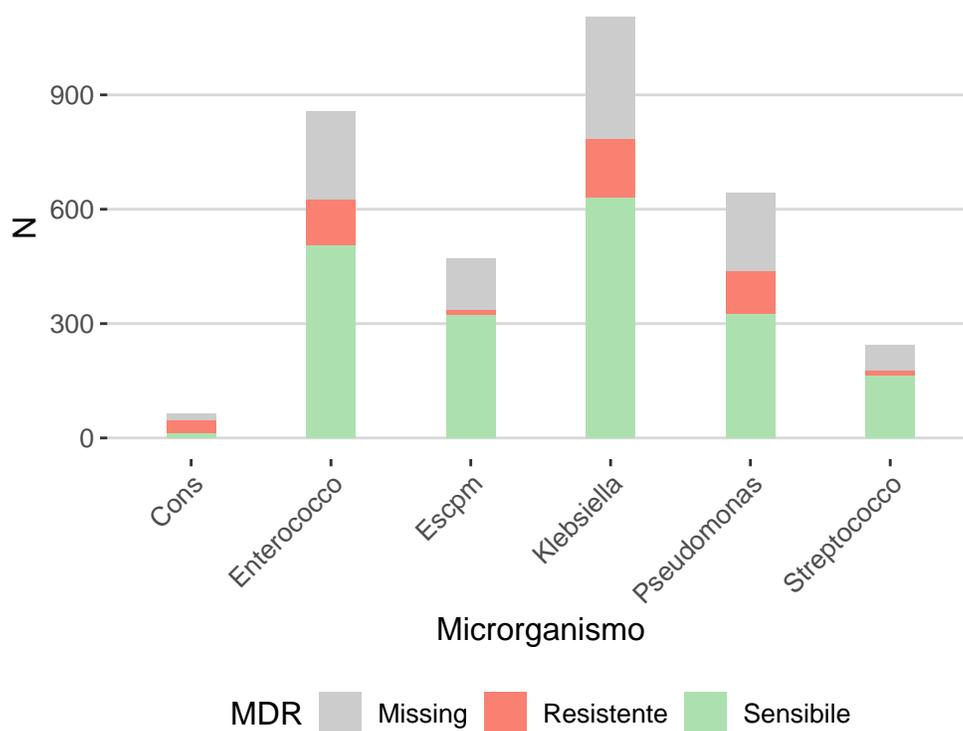
Staphylococcus haemolyticus	43	1.2	33	22	66.7
Staphylococcus hominis	50	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	183	4.9	0	0	0
Pyogens	8	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	12	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	40	1.1	24	0	0
Streptococcus altra specie	32	0.9	22	2	9.1
Enterococco faecalis	195	5.2	138	6	4.3
Enterococco faecium	133	3.6	105	34	32.4
Enterococco altra specie	18	0.5	8	2	25
Clostridium difficile	42	1.1	0	0	0
Clostridium altra specie	12	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>1315</b>	<b>35.2</b>	<b>687</b>	<b>141</b>	<b>20.5</b>
Klebsiella pneumoniae	504	13.5	345	93	27
Klebsiella altra specie	203	5.4	143	5	3.5
Enterobacter spp	226	6.1	166	10	6
Altro enterobacterales	48	1.3	28	0	0
Serratia	160	4.3	114	3	2.6
Pseudomonas aeruginosa	584	15.6	401	103	25.7
Pseudomonas altra specie	17	0.5	9	2	22.2
Escherichia coli	486	13.0	323	6	1.9
Proteus	142	3.8	104	6	5.8
Acinetobacter	155	4.2	112	78	69.6
Emofilo	102	2.7	0	0	0
Legionella	3	0.1	0	0	0
Citrobacter	79	2.1	51	0	0
Morganella	40	1.1	22	0	0
Providencia	6	0.2	0	0	0
Clamidia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	50	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>2807</b>	<b>75.2</b>	<b>1818</b>	<b>306</b>	<b>16.8</b>
Candida albicans	221	5.9	0	0	0
Candida auris	3	0.1	0	0	0
Candida glabrata	75	2.0	0	0	0
Candida krusei	17	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	73	2.0	0	0	0
Candida tropicalis	28	0.8	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.1	0	0	0
Candida altra specie	10	0.3	0	0	0
Aspergillo	71	1.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	34	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>538</b>	<b>14.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.1			
Citomegalovirus	13	0.3			
Herpes simplex	7	0.2			
Altro Virus	12	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>34</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0

Mycobacterium tuberculosis	3	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.0	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>5</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



## 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	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	333	Ertapenem	65	19.52
Klebsiella pneumoniae	345	Meropenem	82	23.77
Klebsiella altra specie	142	Ertapenem	5	3.52
Klebsiella altra specie	142	Meropenem	3	2.11
Enterobacter spp	165	Ertapenem	10	6.06
Enterobacter spp	166	Meropenem	1	0.60

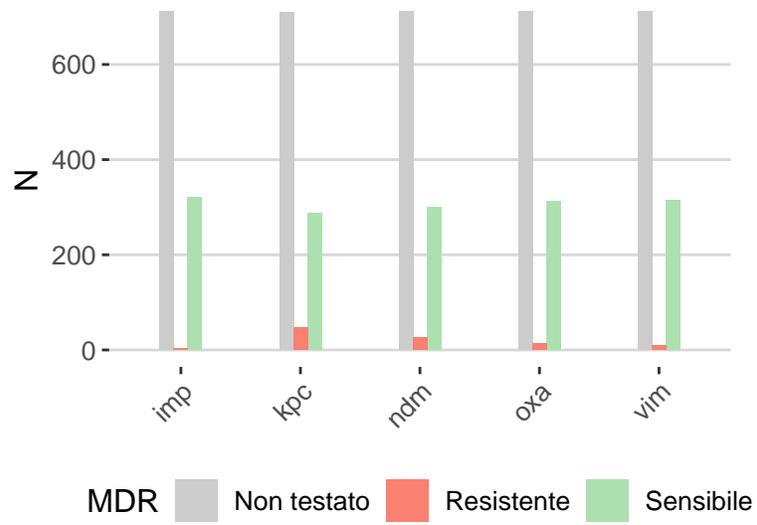
Escherichia coli	317	Ertapenem	4	1.26
Escherichia coli	323	Meropenem	4	1.24
Proteus	103	Ertapenem	6	5.83
Proteus	104	Meropenem	4	3.85
Serratia	112	Ertapenem	3	2.68
Serratia	114	Meropenem	1	0.88
Acinetobacter	110	Imipenem	66	60.00
Acinetobacter	111	Meropenem	77	69.37
Pseudomonas aeruginosa	385	Imipenem	89	23.12
Pseudomonas aeruginosa	401	Meropenem	68	16.96
Pseudomonas altra specie	9	Imipenem	2	22.22
Pseudomonas altra specie	9	Meropenem	2	22.22
Staphylococcus haemolyticus	33	Meticillina	22	66.67
Staphylococcus aureus	357	Meticillina	75	21.01
Streptococcus altra specie	22	Penicillina	2	9.09
Enterococco faecalis	138	Vancomicina	6	4.35
Enterococco faecium	105	Vancomicina	34	32.38
Enterococco altra specie	8	Vancomicina	2	25.00

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

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

	N	%
Si	80	7.81
No	248	24.22
Non testato	696	67.97
Missing	992	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	3	321	712
kpc	48	48	288	709
ndm	26	26	300	711
oxa	13	13	312	712
vim	10	10	315	712



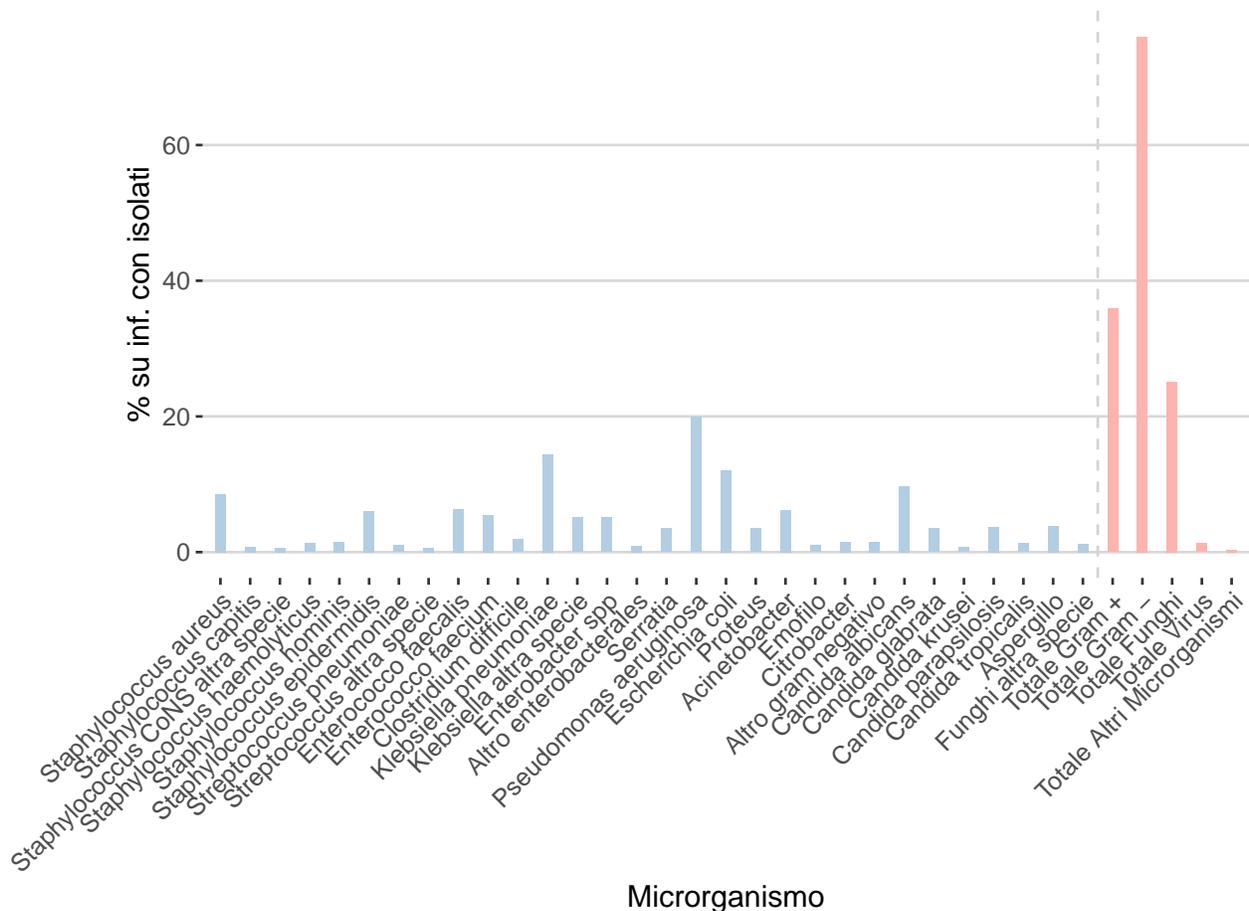
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 1404)

### 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	542	16.0
Sì	2853	84.0
Missing	19	
<b>Totale infezioni</b>	<b>3414</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>3789</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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

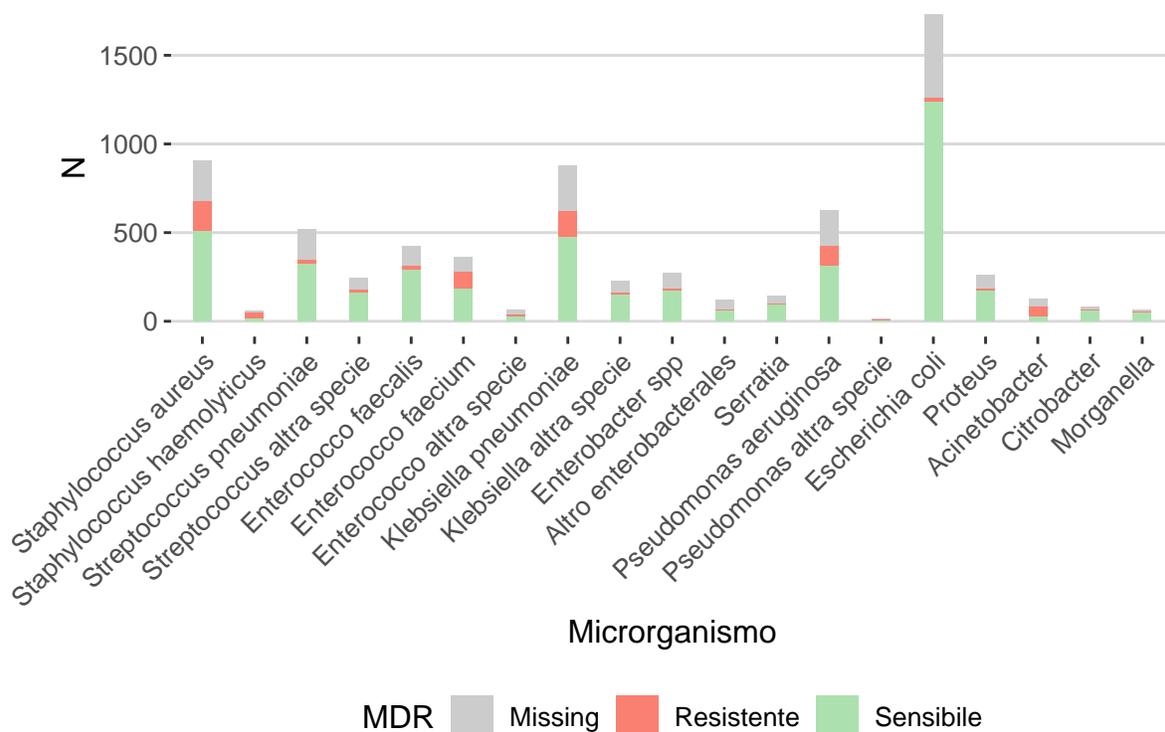


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	134	8.6	100	32	32

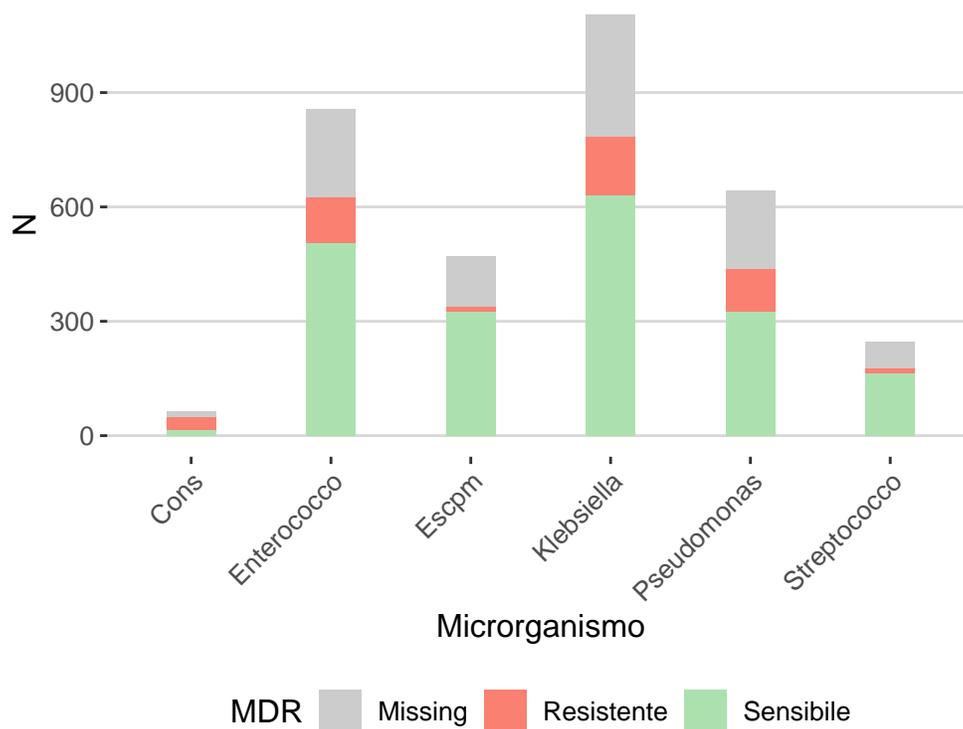
Staphylococcus capitis	12	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	20	1.3	13	11	84.6
Staphylococcus hominis	23	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	95	6.1	0	0	0
Pyogens	7	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	16	1.0	10	1	10
Streptococcus altra specie	10	0.6	4	0	0
Enterococco faecalis	100	6.4	76	3	3.9
Enterococco faecium	86	5.5	76	31	40.8
Enterococco altra specie	7	0.4	2	1	50
Clostridium difficile	30	1.9	0	0	0
Clostridium altra specie	6	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>560</b>	<b>35.9</b>	<b>281</b>	<b>79</b>	<b>28.1</b>
Klebsiella pneumoniae	225	14.4	156	53	34
Klebsiella altra specie	80	5.1	55	4	7.3
Enterobacter spp	80	5.1	62	9	14.5
Altro enterobacterales	14	0.9	9	0	0
Serratia	55	3.5	40	1	2.5
Pseudomonas aeruginosa	311	19.9	213	64	30
Pseudomonas altra specie	6	0.4	3	2	66.7
Escherichia coli	188	12.1	125	6	4.8
Proteus	54	3.5	43	2	4.7
Acinetobacter	97	6.2	73	57	78.1
Emofilo	16	1.0	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	24	1.5	13	0	0
Morganella	5	0.3	4	0	0
Providencia	5	0.3	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	23	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1185</b>	<b>76.0</b>	<b>796</b>	<b>198</b>	<b>24.9</b>
Candida albicans	151	9.7	0	0	0
Candida auris	4	0.3	0	0	0
Candida glabrata	55	3.5	0	0	0
Candida krusei	11	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	58	3.7	0	0	0
Candida tropicalis	20	1.3	0	0	0
Candida specie non determinata	3	0.2	0	0	0
Candida altra specie	8	0.5	0	0	0
Aspergillo	61	3.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	19	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>392</b>	<b>25.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	8	0.5			
Herpes simplex	4	0.3			
Altro Virus	8	0.5			

<b>Totale Virus</b>	<b>21</b>	<b>1.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>4</b>	<b>0.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



### 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	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	234	Ertapenem	48	20.51
Klebsiella pneumoniae	239	Meropenem	66	27.62
Klebsiella altra specie	91	Ertapenem	8	8.79
Klebsiella altra specie	91	Meropenem	7	7.69
Enterobacter spp	88	Ertapenem	11	12.50

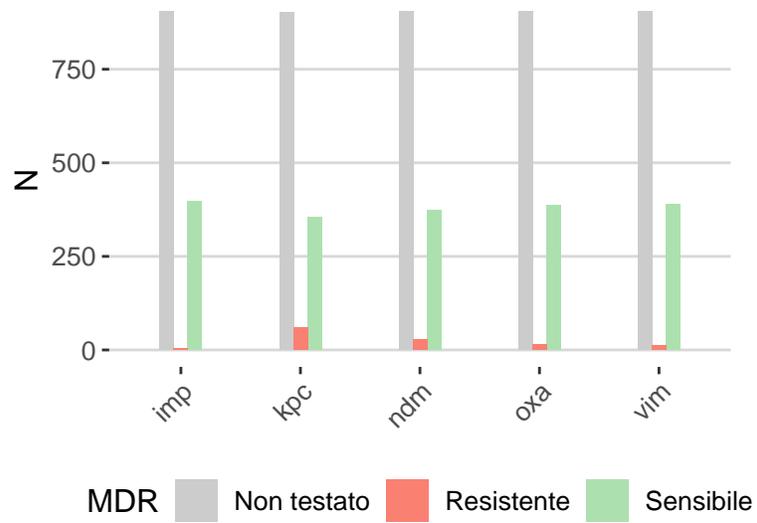
Enterobacter spp	88	Meropenem	1	1.14
Altro enterobacterales	17	Ertapenem	1	5.88
Escherichia coli	274	Ertapenem	7	2.55
Escherichia coli	280	Meropenem	6	2.14
Proteus	68	Ertapenem	2	2.94
Proteus	69	Meropenem	2	2.90
Serratia	53	Ertapenem	2	3.77
Acinetobacter	87	Imipenem	55	63.22
Acinetobacter	87	Meropenem	67	77.01
Pseudomonas aeruginosa	283	Imipenem	75	26.50
Pseudomonas aeruginosa	291	Meropenem	49	16.84
Pseudomonas altra specie	4	Imipenem	2	50.00
Pseudomonas altra specie	4	Meropenem	2	50.00
Staphylococcus haemolyticus	22	Meticillina	18	81.82
Staphylococcus aureus	203	Meticillina	48	23.65
Streptococcus pneumoniae	60	Penicillina	3	5.00
Streptococcus altra specie	26	Penicillina	1	3.85
Enterococco faecalis	123	Vancomicina	9	7.32
Enterococco faecium	127	Vancomicina	45	35.43
Enterococco altra specie	6	Vancomicina	2	33.33

### 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.

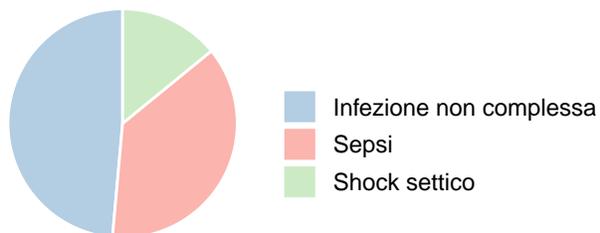
	N	%
Sì	91	7.23
No	304	24.15
Non testato	864	68.63
Missing	1207	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	4	3.4	396	905
kpc	61	51.3	354	901
ndm	29	24.4	373	905
oxa	14	11.8	387	905
vim	11	9.2	389	905



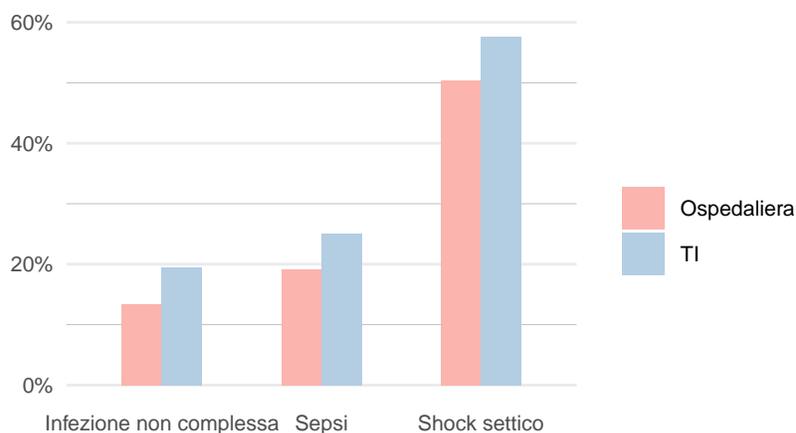
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 1947)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	944	48.6
Sepsi	725	37.3
Shock settico	274	14.1
Missing	4	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



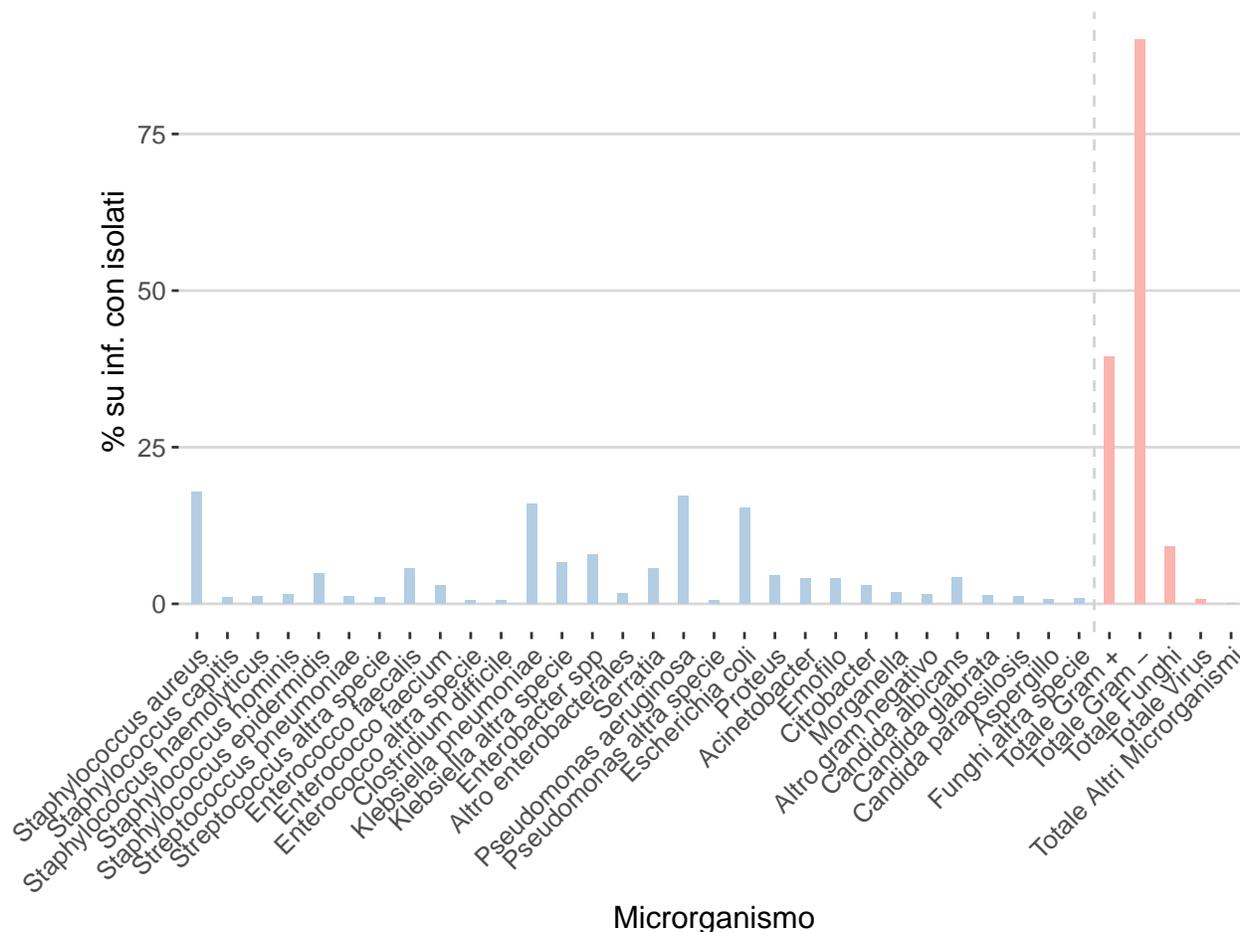
Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	13.4	19.5
Sepsi	19.2	25.1
Shock settico	50.4	57.6

### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	225	8.7
Sì	2352	91.3
Missing	15	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2592</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>3084</b>	

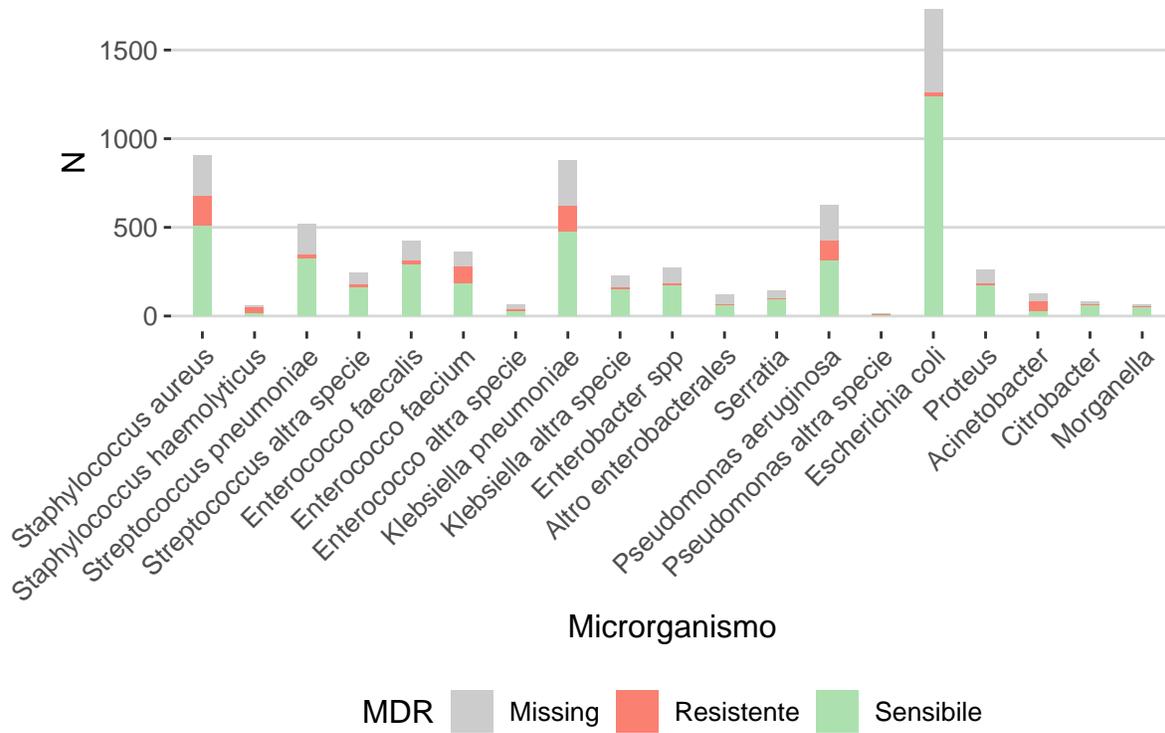
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



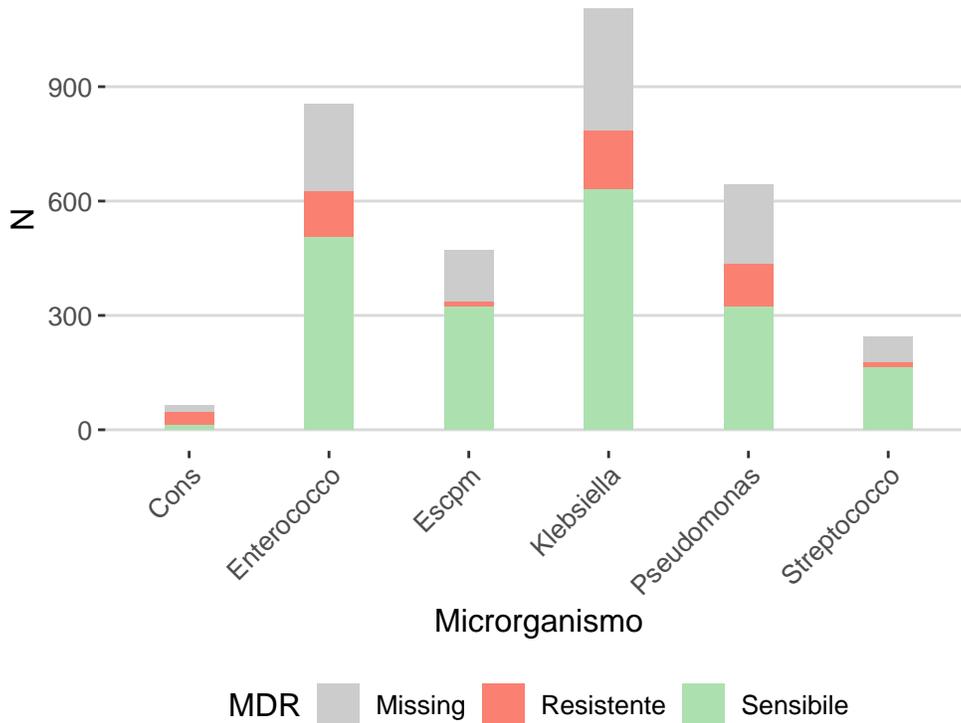
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	390	17.9	276	50	18.1
Staphylococcus capitis	21	1.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	10	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	26	1.2	21	12	57.1
Staphylococcus hominis	32	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	104	4.8	0	0	0
Pyogens	1	0.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	9	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	27	1.2	17	0	0
Streptococcus altra specie	24	1.1	18	2	11.1
Enterococcus faecalis	121	5.6	77	3	3.9
Enterococcus faecium	63	2.9	43	9	20.9
Enterococcus altra specie	11	0.5	6	1	16.7
Clostridium difficile	12	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	6	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>859</b>	<b>39.5</b>	<b>458</b>	<b>77</b>	<b>16.8</b>
Klebsiella pneumoniae	346	15.9	236	61	25.8

Klebsiella altra specie	143	6.6	101	2	2
Enterobacter spp	171	7.9	123	3	2.4
Altro enterobacterales	38	1.7	22	1	4.5
Serratia	121	5.6	85	2	2.4
Pseudomonas aeruginosa	375	17.3	250	62	24.8
Pseudomonas altra specie	11	0.5	6	0	0
Escherichia coli	333	15.3	216	1	0.5
Proteus	100	4.6	71	4	5.6
Acinetobacter	90	4.1	61	38	62.3
Emofilo	88	4.0	0	0	0
Legionella	2	0.1	0	0	0
Citrobacter	63	2.9	43	0	0
Morganella	39	1.8	22	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Clamidia	1	0.0	0	0	0
Altro gram negativo	33	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1956</b>	<b>90.0</b>	<b>1236</b>	<b>174</b>	<b>14.1</b>
Candida albicans	91	4.2	0	0	0
Candida glabrata	29	1.3	0	0	0
Candida krusei	6	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	25	1.2	0	0	0
Candida tropicalis	11	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.1	0	0	0
Candida altra specie	3	0.1	0	0	0
Aspergillo	15	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	17	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>199</b>	<b>9.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.0			
Citomegalovirus	5	0.2			
Herpes simplex	3	0.1			
Altro Virus	7	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>16</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.0	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16

Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	227	Ertapenem	44	19.38
Klebsiella pneumoniae	236	Meropenem	54	22.88
Klebsiella altra specie	100	Ertapenem	2	2.00
Enterobacter spp	122	Ertapenem	3	2.46
Enterobacter spp	123	Meropenem	1	0.81
Altro enterobacterales	22	Meropenem	1	4.55
Escherichia coli	213	Ertapenem	1	0.47
Proteus	69	Ertapenem	4	5.80
Proteus	71	Meropenem	2	2.82
Serratia	85	Ertapenem	2	2.35
Serratia	85	Meropenem	1	1.18
Acinetobacter	60	Imipenem	34	56.67
Acinetobacter	61	Meropenem	38	62.30
Pseudomonas aeruginosa	237	Imipenem	50	21.10
Pseudomonas aeruginosa	250	Meropenem	44	17.60
Staphylococcus haemolyticus	21	Meticillina	12	57.14
Staphylococcus aureus	276	Meticillina	50	18.12
Streptococcus altra specie	18	Penicillina	2	11.11
Enterococco faecalis	77	Vancomicina	3	3.90
Enterococco faecium	43	Vancomicina	9	20.93
Enterococco altra specie	6	Vancomicina	1	16.67

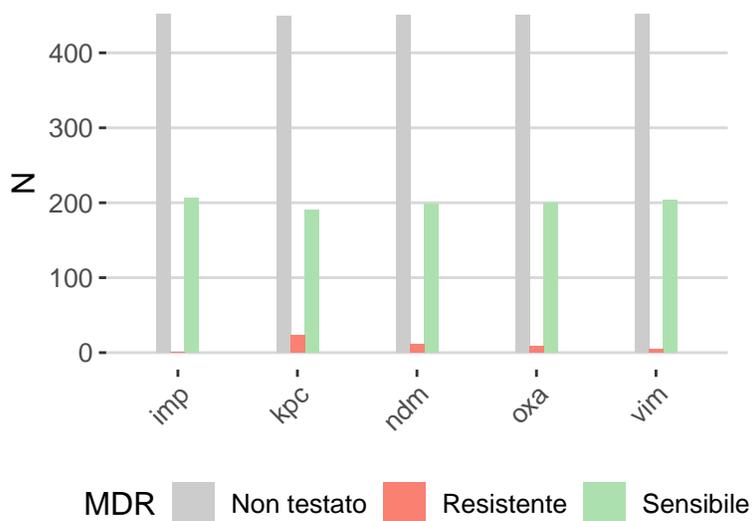
### 10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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.

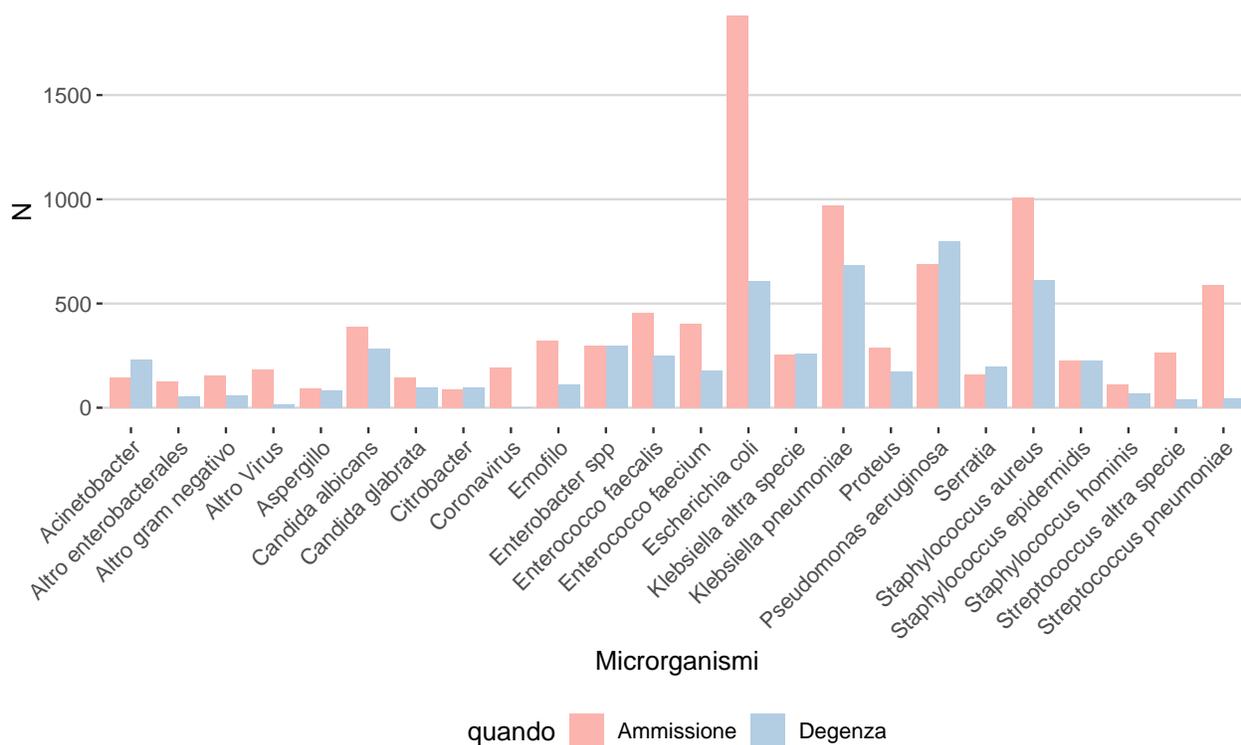
	N	%
Si	39	5.97
No	170	26.03

Non testato	444	67.99
Missing	664	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	2.1	206	452
kpc	23	48.9	190	449
ndm	11	23.4	198	451
oxa	8	17.0	200	451
vim	4	8.5	204	452



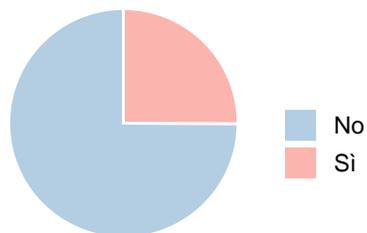
## 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	374	145	38.8	229	61.2
Pseudomonas aeruginosa	1491	690	46.3	801	53.7
Candida albicans	674	391	58	283	42
Aspergillo	178	94	52.8	84	47.2
Citrobacter	187	87	46.5	100	53.5
Coronavirus	195	191	97.9	4	2.1
Enterobacter spp	594	296	49.8	298	50.2
Staphylococcus epidermidis	452	226	50	226	50
Escherichia coli	2490	1881	75.5	609	24.5
Enterococco faecalis	709	457	64.5	252	35.5
Enterococco faecium	583	402	69	181	31
Candida glabrata	243	144	59.3	99	40.7
Emofilo	438	324	74	114	26
Staphylococcus hominis	178	110	61.8	68	38.2
Altro gram negativo	214	153	71.5	61	28.5
Altro enterobacterales	182	126	69.2	56	30.8
Klebsiella altra specie	513	255	49.7	258	50.3
Streptococcus altra specie	308	267	86.7	41	13.3
Altro Virus	202	185	91.6	17	8.4
Klebsiella pneumoniae	1653	970	58.7	683	41.3
Streptococcus pneumoniae	636	591	92.9	45	7.1
Proteus	460	288	62.6	172	37.4
Serratia	358	158	44.1	200	55.9
Staphylococcus aureus	1622	1008	62.1	614	37.9

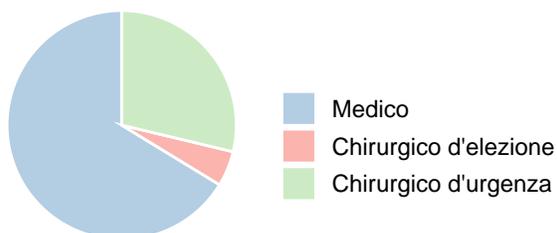
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 1225)

### 11.1 Trauma



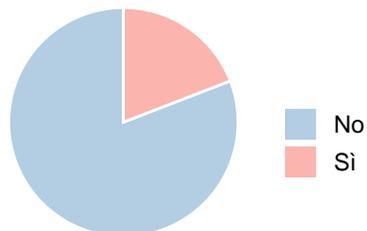
Trauma	N	%
No	918	74.9
Si	307	25.1
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



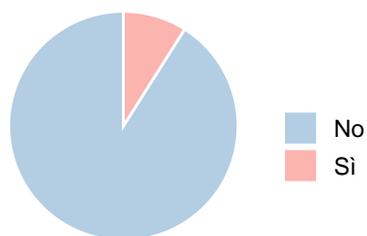
Stato chirurgico	N	%
Medico	812	66.3
Chirurgico d'elezione	61	5.0
Chirurgico d'urgenza	352	28.7
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriemica



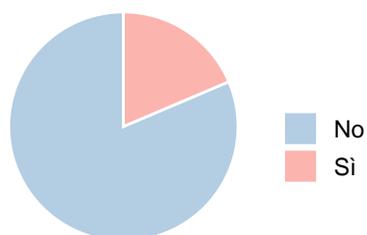
Batteriemica	N	%
No	985	80.9
Si	233	19.1
Missing	7	0

## 11.4 Infezioni multisito



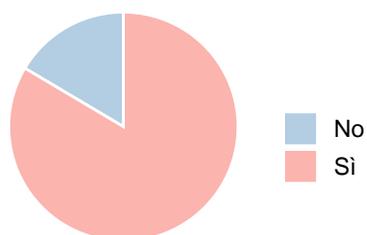
Infezione multisito	N	%
No	1115	91.0
Si	110	9.0
Missing	0	0

## 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	989	81.4
Si	226	18.6
Missing	10	0

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

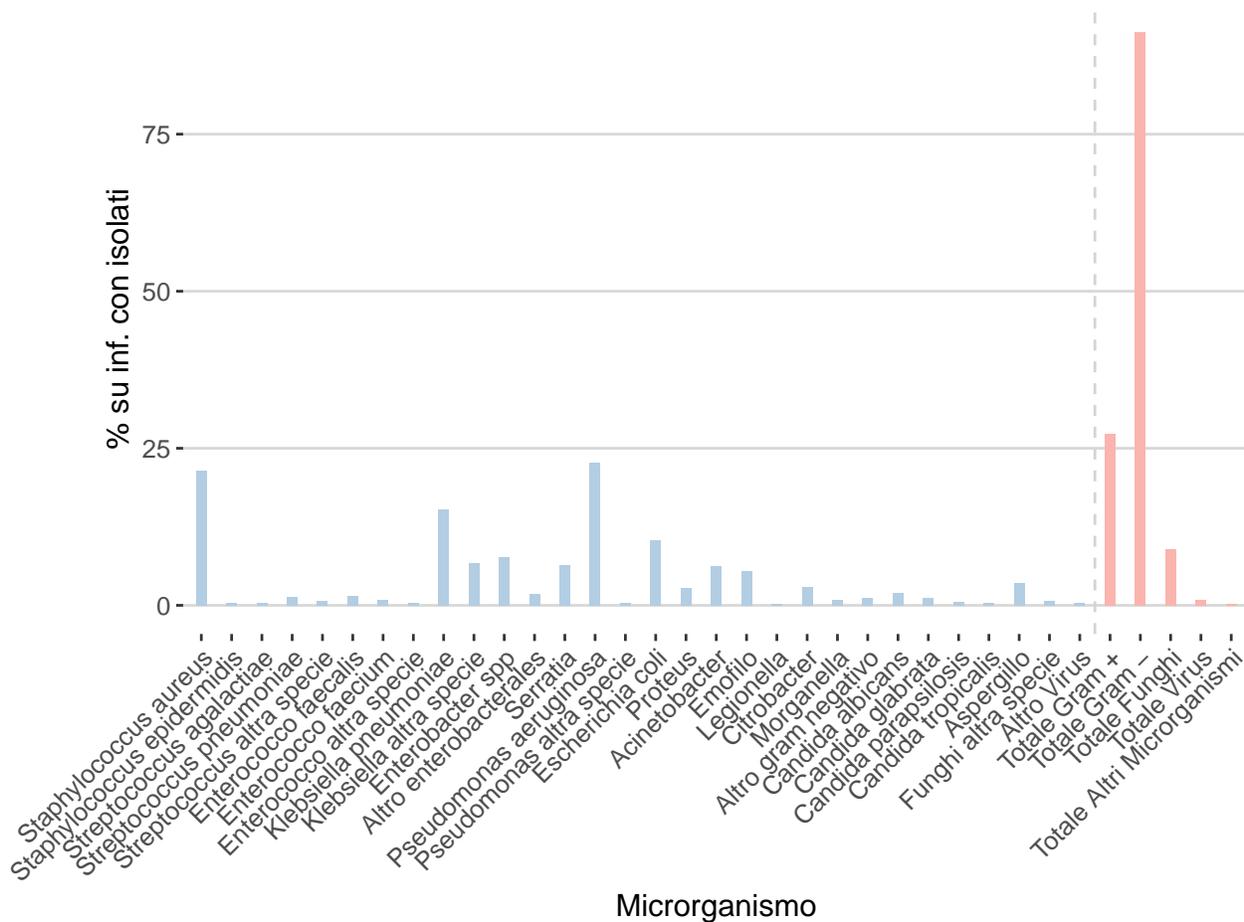


Polmonite associata a VAP	N	%
No	201	16.5
Si	1019	83.5
Missing	5	0

\* 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 ).

### 11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

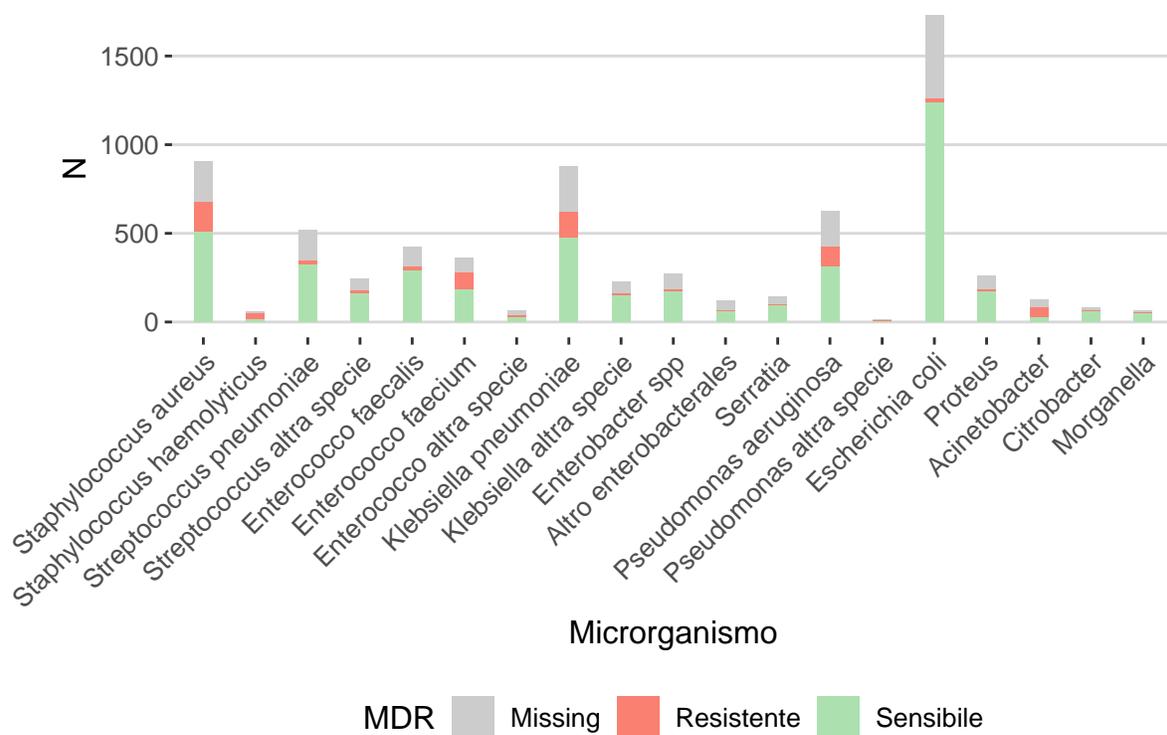
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	244	21.4	169	34	20.1
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	0.4	0	0	0
Pyogens	2	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	15	1.3	10	0	0
Streptococcus altra specie	8	0.7	5	2	40
Enterococcus faecalis	17	1.5	15	0	0
Enterococcus faecium	9	0.8	7	2	28.6
Enterococcus altra specie	5	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>311</b>	<b>27.3</b>	<b>207</b>	<b>38</b>	<b>18.4</b>
Klebsiella pneumoniae	174	15.3	115	31	27

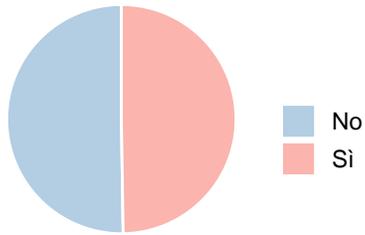
Klebsiella altra specie	77	6.8	54	0	0
Enterobacter spp	87	7.6	56	0	0
Altro enterobacterales	21	1.8	13	0	0
Serratia	73	6.4	47	1	2.1
Pseudomonas aeruginosa	259	22.7	171	53	31
Pseudomonas altra specie	4	0.4	2	0	0
Escherichia coli	118	10.4	72	1	1.4
Proteus	32	2.8	23	1	4.3
Acinetobacter	71	6.2	50	32	64
Emofilo	61	5.4	0	0	0
Legionella	3	0.3	0	0	0
Citrobacter	33	2.9	22	0	0
Morganella	9	0.8	3	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Clamidia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	14	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1039</b>	<b>91.2</b>	<b>628</b>	<b>119</b>	<b>18.9</b>
Candida albicans	23	2.0	0	0	0
Candida glabrata	14	1.2	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	6	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	41	3.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	8	0.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>102</b>	<b>9.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.2			
Citomegalovirus	2	0.2			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	5	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>10</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



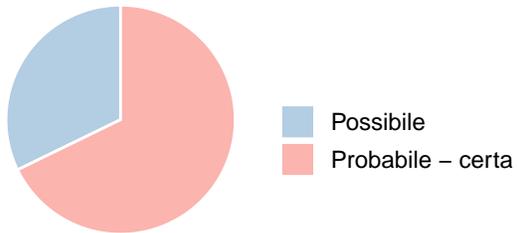
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 1019)

### 12.1 VAP precoce



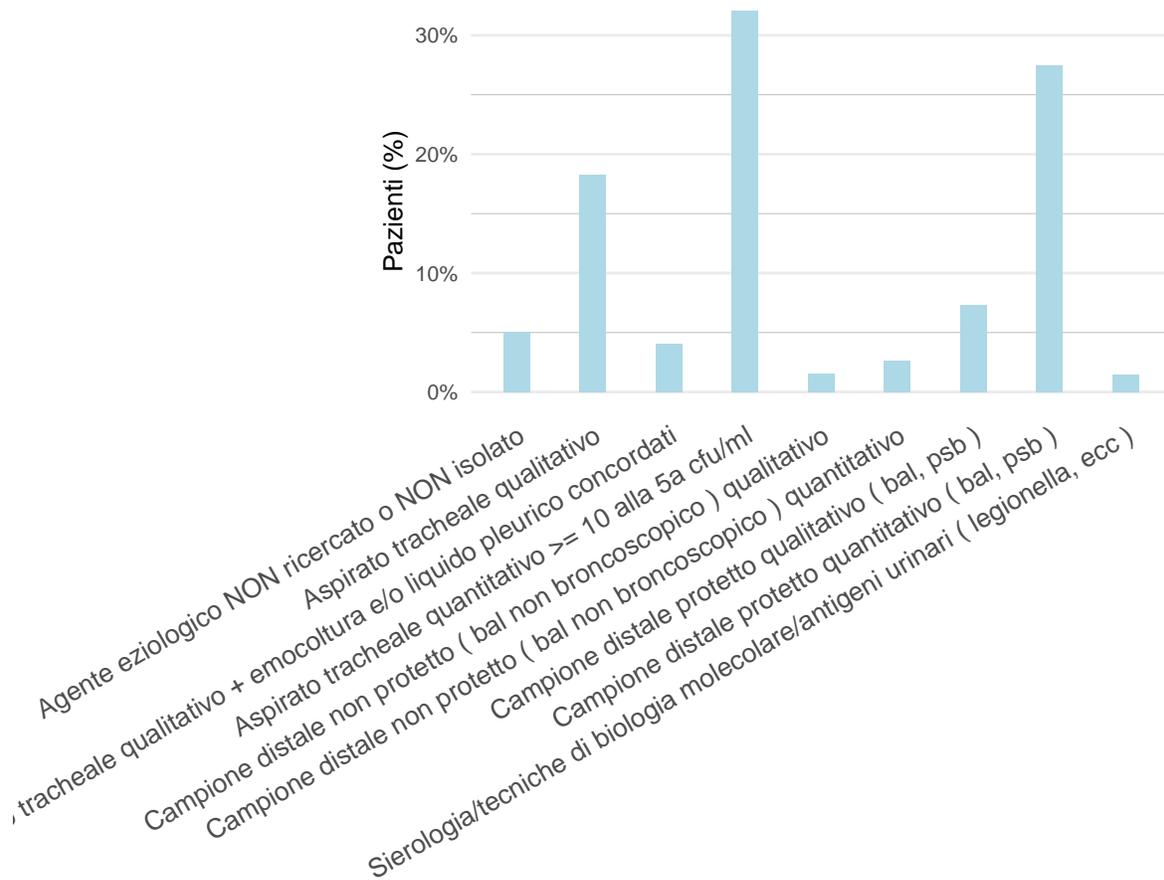
VAP precoce	N	%
No	512	50.2
Sì	507	49.8
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	326	32.2
Probabile - certa	686	67.8
Missing	462	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

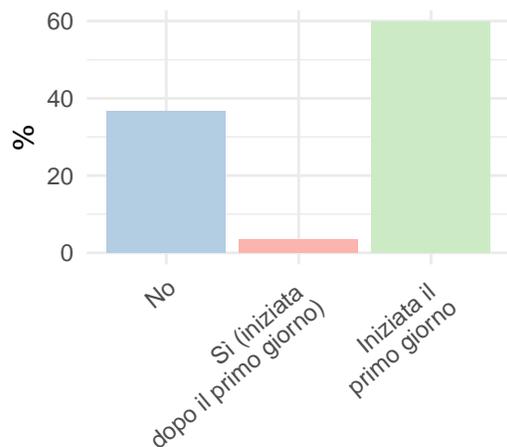


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari ( legionella, ecc )	15	1.5
Campione distale non protetto ( bal non broncoscopico ) quantitativo	27	2.7
Campione distale non protetto ( bal non broncoscopico ) qualitativo	16	1.6
Campione distale protetto qualitativo ( bal, psb )	74	7.3
Campione distale protetto quantitativo ( bal, psb )	278	27.5
Aspirato tracheale quantitativo >= 10 alla 5a cfu/ml	325	32.1
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	41	4.1
Aspirato tracheale qualitativo	185	18.3
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	51	5.0
Missing	462	0

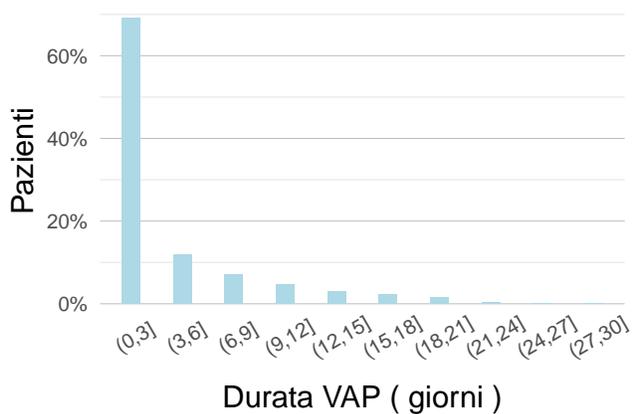
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 35410 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



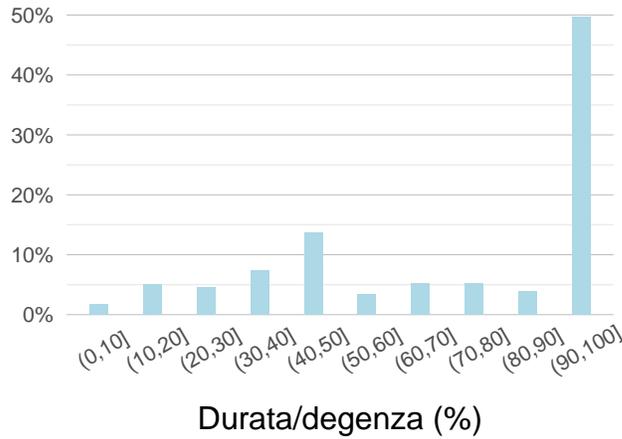
Ventilazione invasiva	N	%
No	12883	36.6
Si	22364	63.4
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>21182</b>	<b>59.8</b>
Missing	163	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



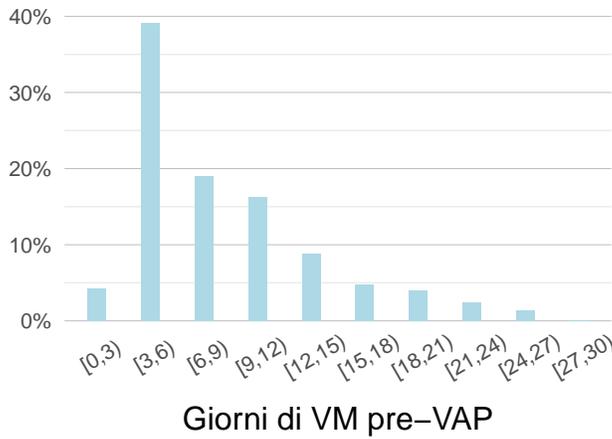
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.4 (10.0)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-6)
Missing	46

12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.8 (30.0)
Mediana (Q1-Q3)	90 (50-100)
Missing	50

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	1019
Media (DS)	9.4 (8.5)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-12)
Missing	0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	10.1	7.1 %
CI ( 95% )	9.5 - 10.7	6.6 - 7.5

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

Il primo:

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

dove la variabile *Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP* è pari alla somma delle giornate di ventilazione meccanica pre-VAP di tutti i pazienti ammessi in reparto. E grave; 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.

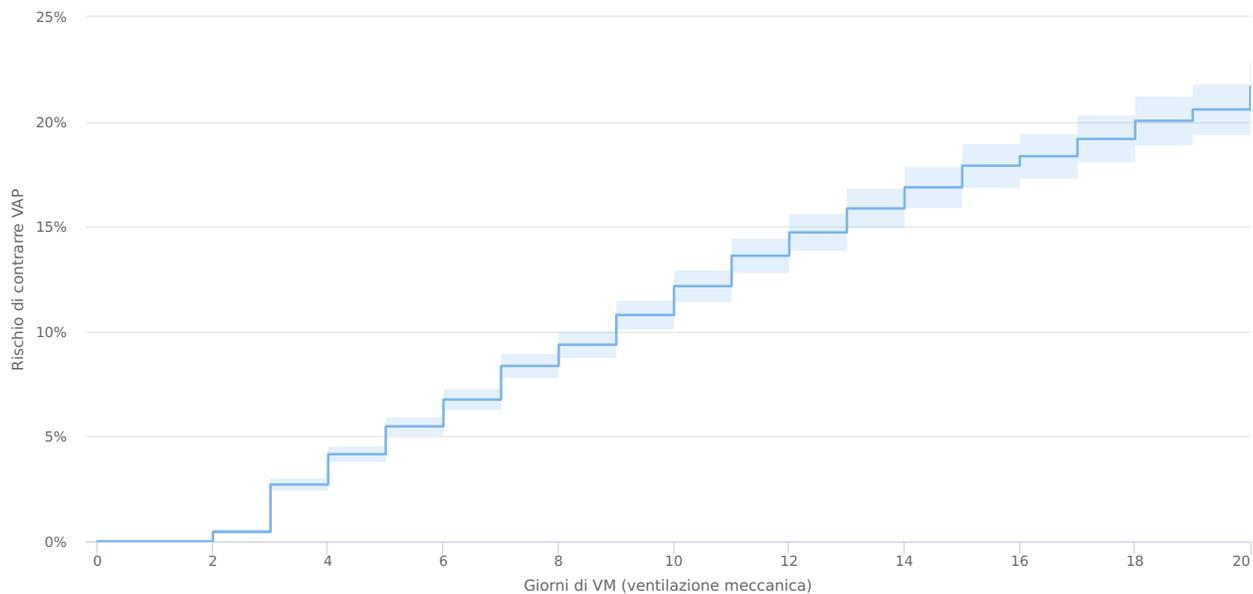
Il secondo invece:

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

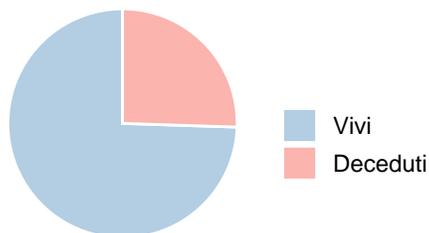
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: 'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

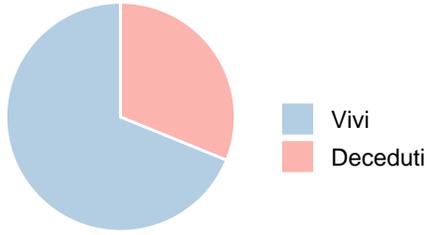


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	759	74.5
Deceduti	260	25.5
Missing	0	0

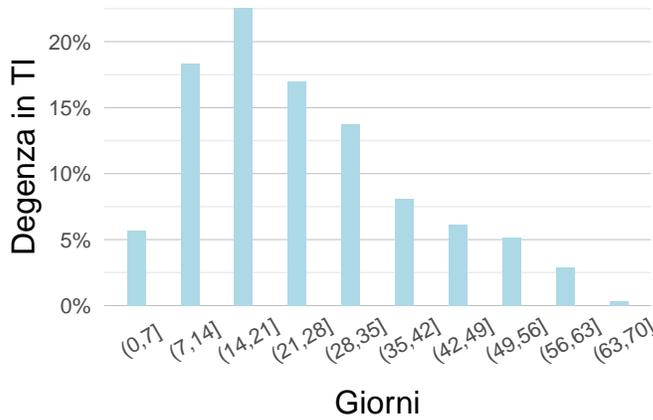
12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	676	68.8
Deceduti	306	31.2
Missing	16	0

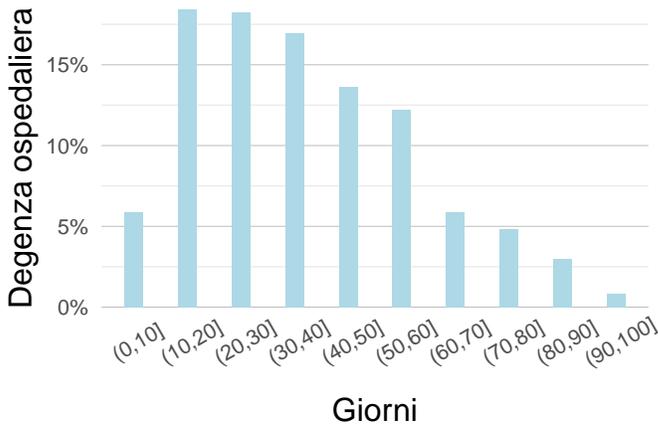
\* Statistiche calcolate su 998 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 21 ).

12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.7 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	24 (15-37)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.8 (27.3)
Mediana (Q1-Q3)	36 (22-54)
Missing	16

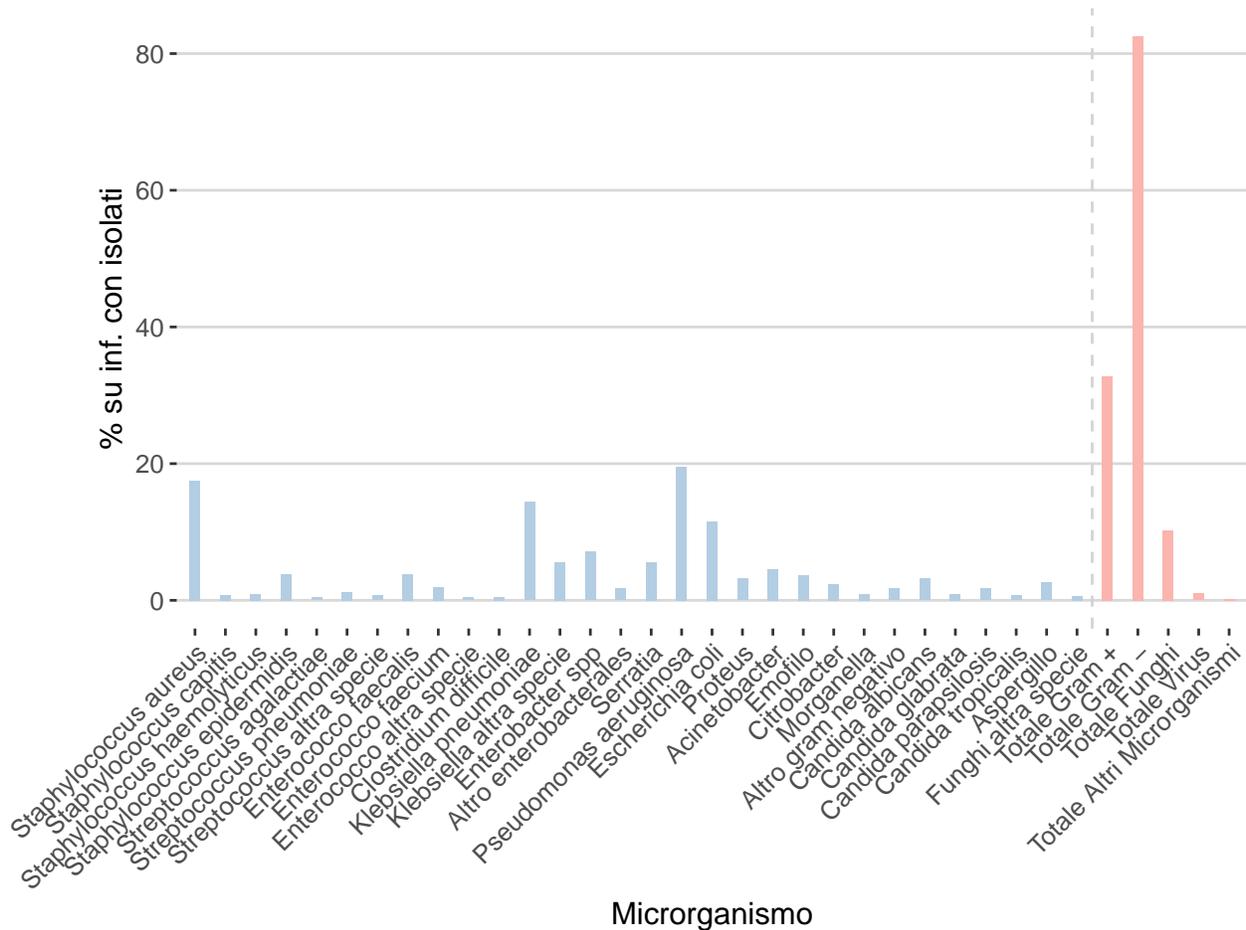
\* Statistiche calcolate su 998 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 21 ).

### 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	92	6.3
Sì	1378	93.7
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1474</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1812</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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

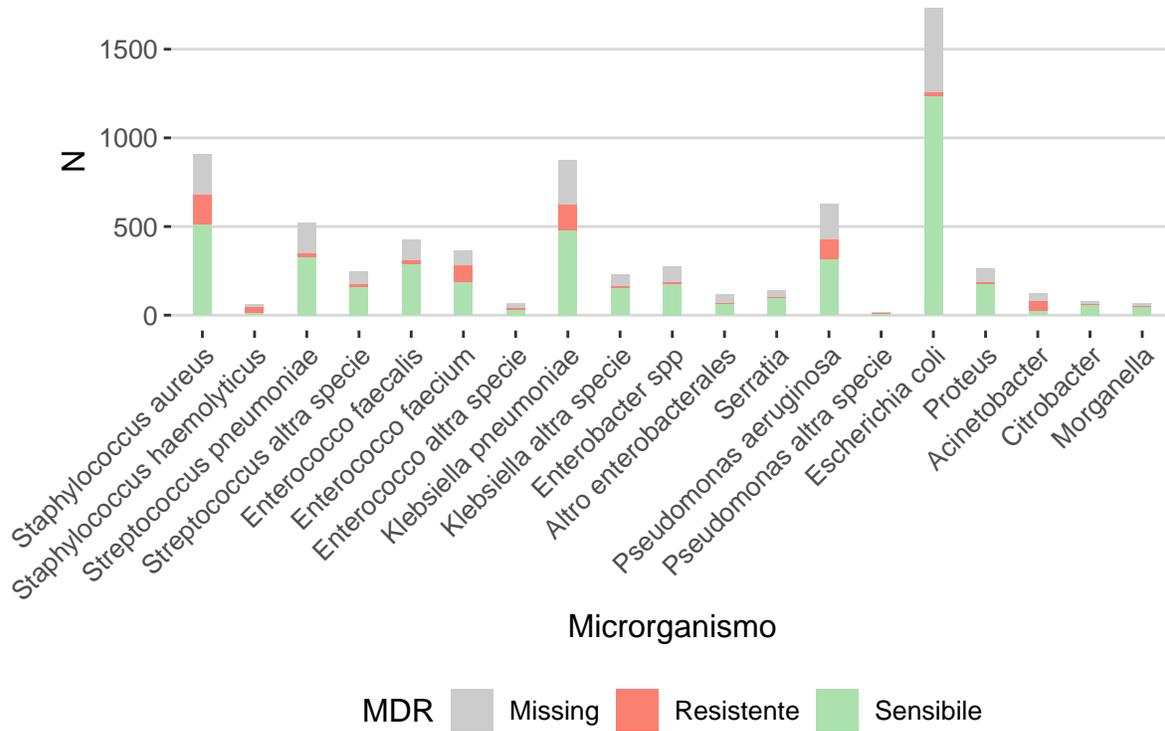


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	243	17.5	170	32	18.8
Staphylococcus capitis	11	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.1	0	0	0

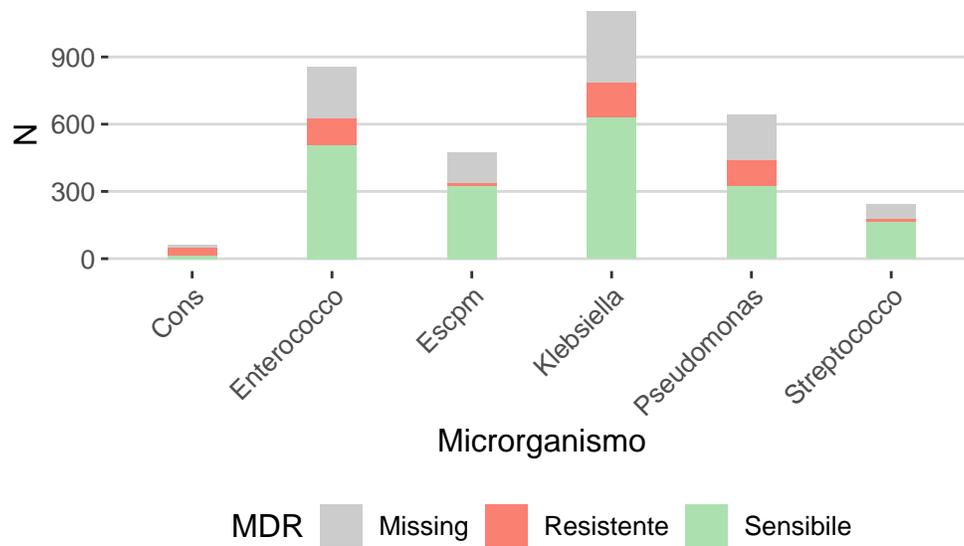
Staphylococcus haemolyticus	12	0.9	10	7	70
Staphylococcus hominis	4	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	52	3.8	0	0	0
Pyogens	3	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	16	1.2	8	0	0
Streptococcus altra specie	10	0.7	7	2	28.6
Enterococco faecalis	53	3.8	42	3	7.1
Enterococco faecium	27	1.9	23	8	34.8
Enterococco altra specie	6	0.4	2	0	0
Clostridium difficile	7	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>454</b>	<b>32.8</b>	<b>262</b>	<b>52</b>	<b>19.8</b>
Klebsiella pneumoniae	199	14.4	132	35	26.5
Klebsiella altra specie	78	5.6	57	0	0
Enterobacter spp	98	7.1	66	2	3
Altro enterobacterales	23	1.7	15	0	0
Serratia	78	5.6	51	1	2
Pseudomonas aeruginosa	270	19.5	183	58	31.7
Pseudomonas altra specie	4	0.3	1	0	0
Escherichia coli	160	11.5	94	1	1.1
Proteus	45	3.2	30	2	6.7
Acinetobacter	64	4.6	51	35	68.6
Emofilo	51	3.7	0	0	0
Legionella	2	0.1	0	0	0
Citrobacter	33	2.4	23	0	0
Morganella	13	0.9	3	0	0
Providencia	2	0.1	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	23	1.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1144</b>	<b>82.5</b>	<b>706</b>	<b>134</b>	<b>19</b>
Candida albicans	44	3.2	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	12	0.9	0	0	0
Candida krusei	3	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	24	1.7	0	0	0
Candida tropicalis	10	0.7	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	36	2.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	8	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>142</b>	<b>10.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.1			
Citomegalovirus	2	0.1			
Herpes simplex	4	0.3			
Altro Virus	6	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>14</b>	<b>1.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.1	0	0	0

**Totale Altri Microrganismi      3                      0.2                      0                      0                      0**

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
---------------	---	------------------------	------------------	-------	-------	-----------

Cons	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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.

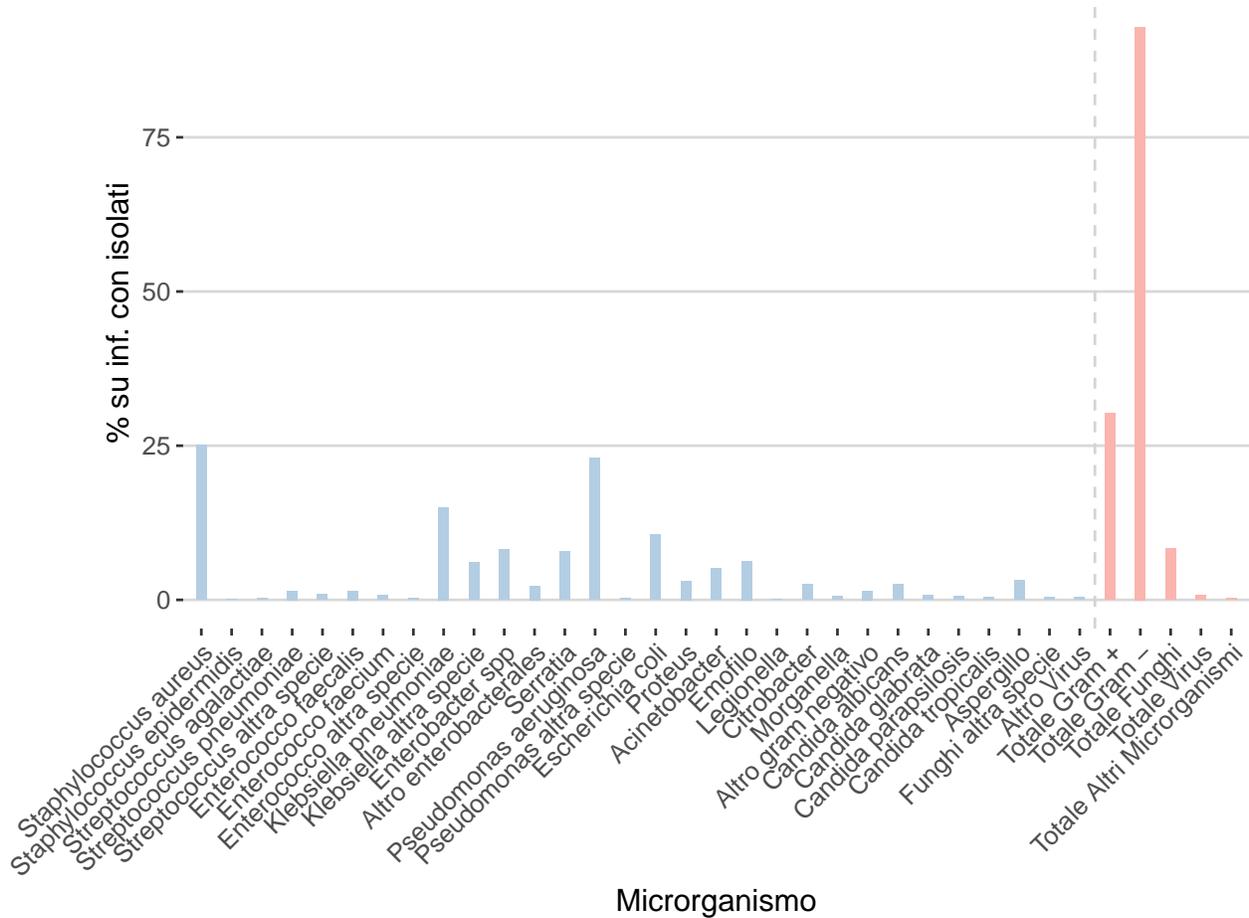
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	129	Ertapenem	22	17.05
Klebsiella pneumoniae	132	Meropenem	32	24.24
Enterobacter spp	65	Ertapenem	2	3.08
Escherichia coli	94	Meropenem	1	1.06
Proteus	30	Ertapenem	2	6.67
Proteus	30	Meropenem	2	6.67
Serratia	49	Ertapenem	1	2.04
Acinetobacter	49	Imipenem	28	57.14
Acinetobacter	51	Meropenem	35	68.63
Pseudomonas aeruginosa	176	Imipenem	52	29.55
Pseudomonas aeruginosa	183	Meropenem	35	19.13
Staphylococcus haemolyticus	10	Meticillina	7	70.00
Staphylococcus aureus	170	Meticillina	32	18.82
Streptococcus altra specie	7	Penicillina	2	28.57
Enterococco faecalis	42	Vancomicina	3	7.14
Enterococco faecium	23	Vancomicina	8	34.78

### 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	686 100.0
Missing	0
<b>Totale infezioni</b>	<b>686</b>
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>945</b>

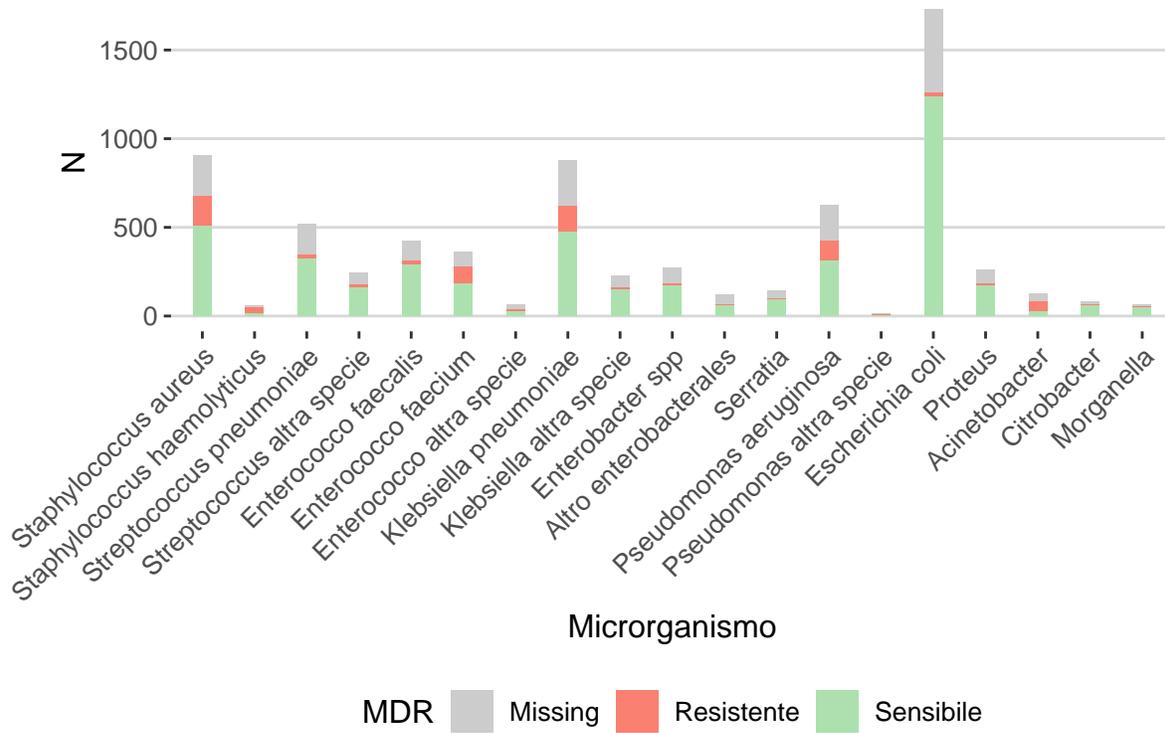
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



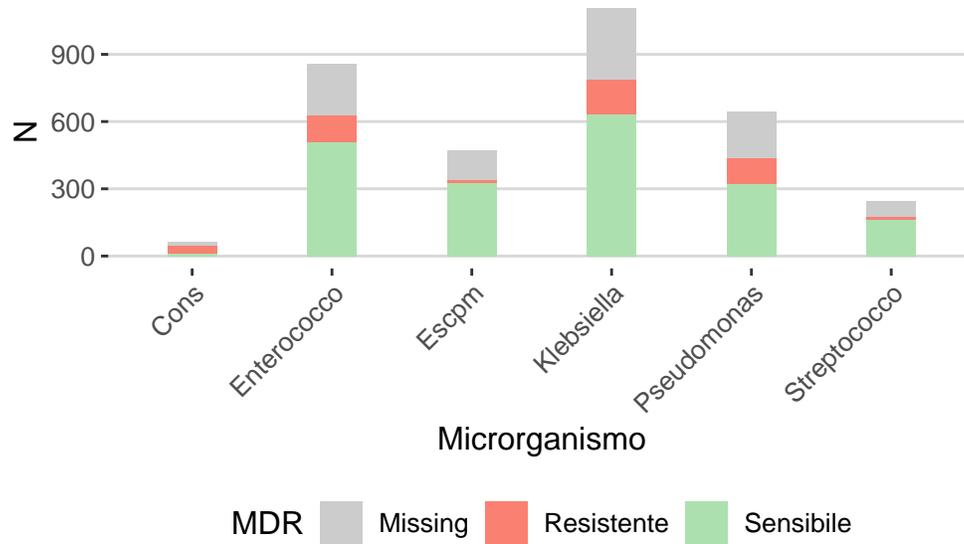
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	172	25.1	133	29	21.8
Staphylococcus epidermidis	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	10	1.5	6	0	0
Streptococcus altra specie	6	0.9	4	1	25
Enterococco faecalis	10	1.5	10	0	0
Enterococco faecium	5	0.7	5	1	20
Enterococco altra specie	2	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>208</b>	<b>30.3</b>	<b>158</b>	<b>31</b>	<b>19.6</b>
Klebsiella pneumoniae	103	15.0	72	18	25
Klebsiella altra specie	42	6.1	32	0	0
Enterobacter spp	56	8.2	42	0	0
Altro enterobacteriales	16	2.3	11	0	0
Serratia	54	7.9	35	1	2.9
Pseudomonas aeruginosa	158	23.0	107	31	29
Pseudomonas altra specie	2	0.3	1	0	0
Escherichia coli	73	10.6	45	0	0

Proteus	21	3.1	17	0	0
Acinetobacter	35	5.1	28	17	60.7
Emofilo	43	6.3	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	17	2.5	13	0	0
Morganella	4	0.6	0	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	10	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>637</b>	<b>92.9</b>	<b>403</b>	<b>67</b>	<b>16.6</b>
Candida albicans	17	2.5	0	0	0
Candida glabrata	5	0.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	22	3.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>57</b>	<b>8.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	1	0.1			
Altro Virus	3	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207

Streptococco	245	176	163	13	7.39	69
--------------	-----	-----	-----	----	------	----

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.

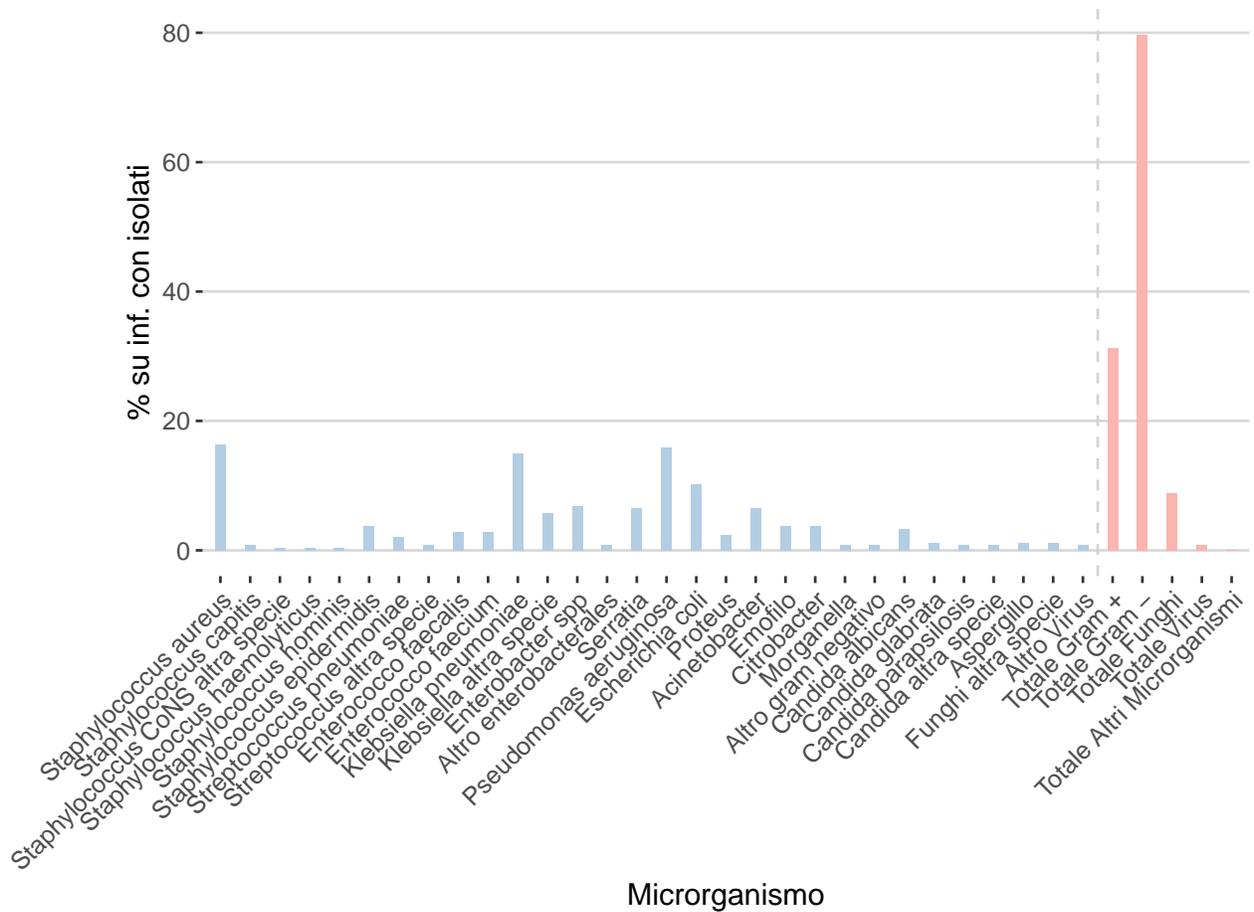
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	71	Ertapenem	10	14.08
Klebsiella pneumoniae	72	Meropenem	16	22.22
Serratia	35	Ertapenem	1	2.86
Acinetobacter	28	Imipenem	15	53.57
Acinetobacter	28	Meropenem	17	60.71
Pseudomonas aeruginosa	104	Imipenem	29	27.88
Pseudomonas aeruginosa	107	Meropenem	21	19.63
Staphylococcus aureus	133	Meticillina	29	21.80
Streptococcus altra specie	4	Penicillina	1	25.00
Enterococco faecium	5	Vancomicina	1	20.00

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	8	3.3
Sì	238	96.7
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>246</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>310</b>	

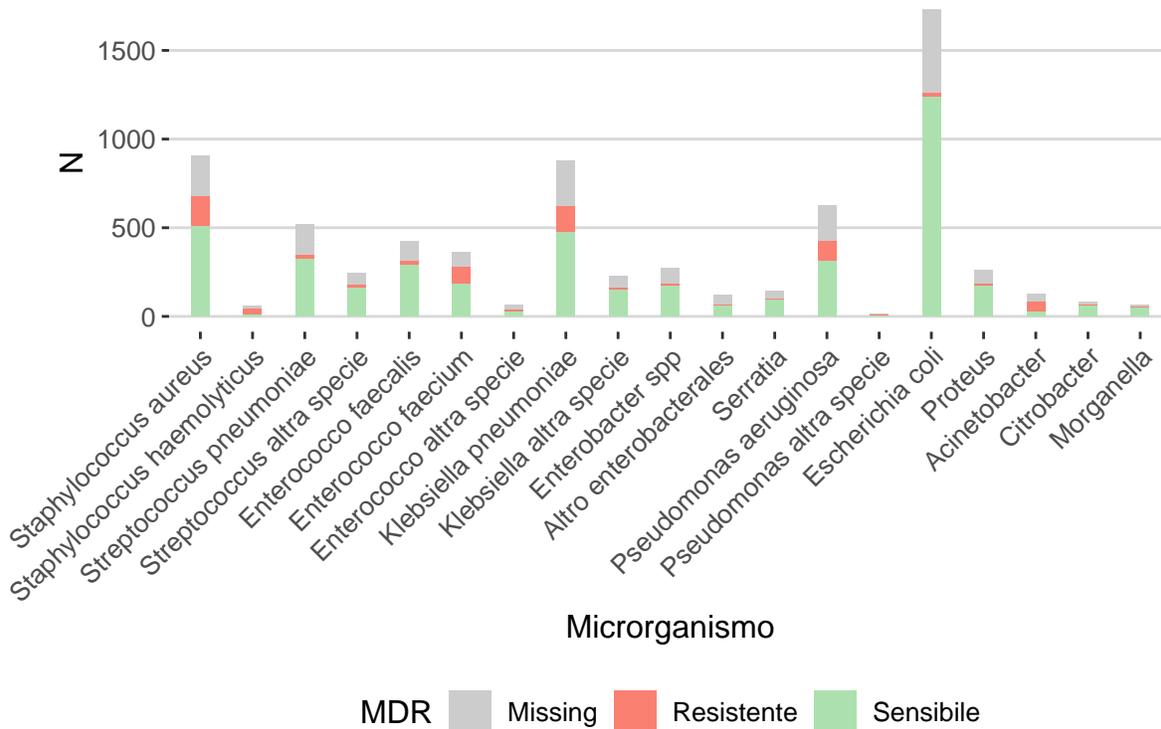
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



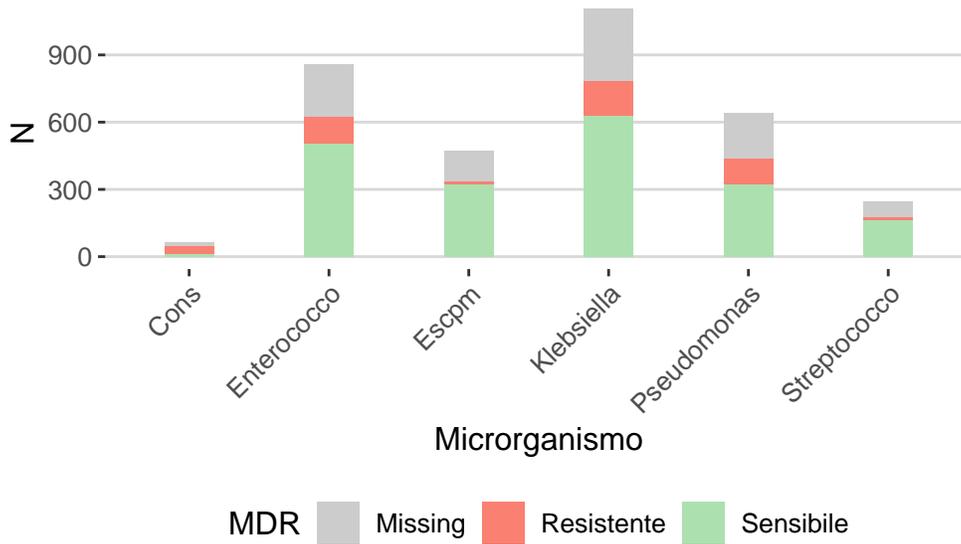
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	40	16.3	29	4	13.8
Staphylococcus capitis	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	3.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	2.0	5	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.8	1	1	100
Enterococcus faecalis	7	2.8	5	0	0
Enterococcus faecium	7	2.8	6	3	50
Enterococcus altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>77</b>	<b>31.3</b>	<b>46</b>	<b>8</b>	<b>17.4</b>
Klebsiella pneumoniae	37	15.0	26	10	38.5
Klebsiella altra specie	14	5.7	10	0	0
Enterobacter spp	17	6.9	10	0	0
Altro enterobacteriales	2	0.8	1	0	0
Serratia	16	6.5	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	39	15.9	29	10	34.5
Pseudomonas altra specie	1	0.4	0	0	0
Escherichia coli	25	10.2	19	0	0

Proteus	6	2.4	1	0	0
Acinetobacter	16	6.5	13	9	69.2
Emofilo	9	3.7	0	0	0
Legionella	1	0.4	0	0	0
Citrobacter	9	3.7	6	0	0
Morganella	2	0.8	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>196</b>	<b>79.7</b>	<b>125</b>	<b>29</b>	<b>23.2</b>
Candida albicans	8	3.3	0	0	0
Candida glabrata	3	1.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.8	0	0	0
Candida altra specie	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	3	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>22</b>	<b>8.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	2	0.8			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>0.8</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 20 microrganismi.



**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
Cons	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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

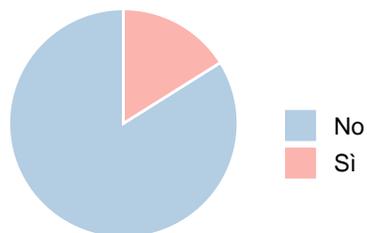
**12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)**

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	26	Ertapenem	6	23.08
Klebsiella pneumoniae	26	Meropenem	10	38.46
Acinetobacter	13	Imipenem	6	46.15
Acinetobacter	13	Meropenem	9	69.23
Pseudomonas aeruginosa	27	Imipenem	7	25.93
Pseudomonas aeruginosa	29	Meropenem	8	27.59
Staphylococcus aureus	29	Meticillina	4	13.79
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecium	6	Vancomicina	3	50.00

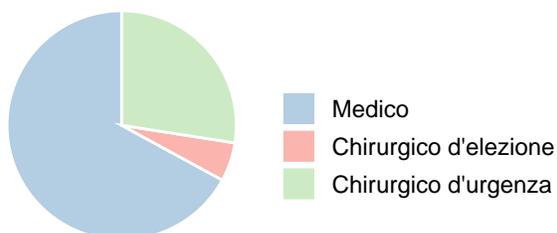
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 1169)

### 13.1 Trauma



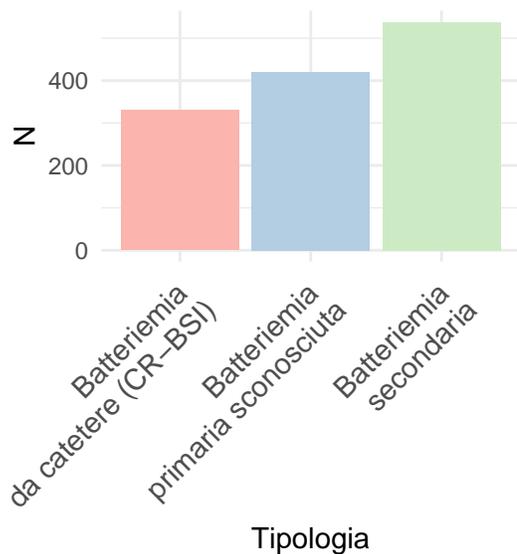
Trauma	N	%
No	981	83.9
Si	188	16.1
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



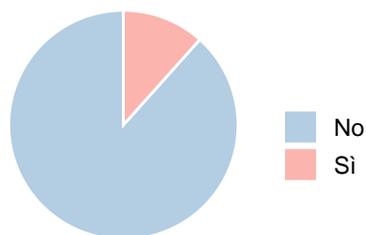
Stato chirurgico	N	%
Medico	784	67.1
Chirurgico d'elezione	64	5.5
Chirurgico d'urgenza	321	27.5
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	420	32.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	330	25.6
Batteriemia secondaria	538	41.8
Missing	0	0.0

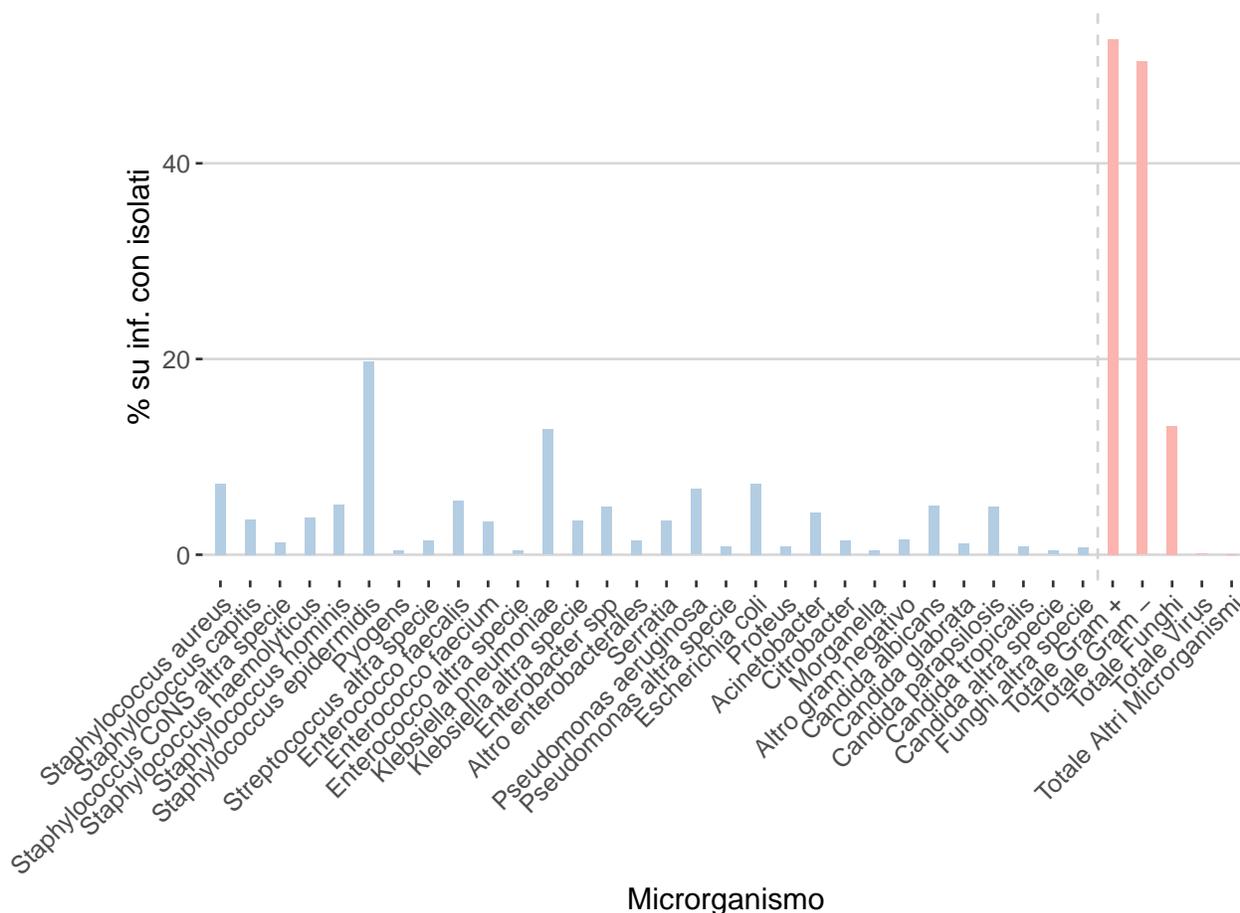
## 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	654	88.4
Si	86	11.6
Missing	10	0

## 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

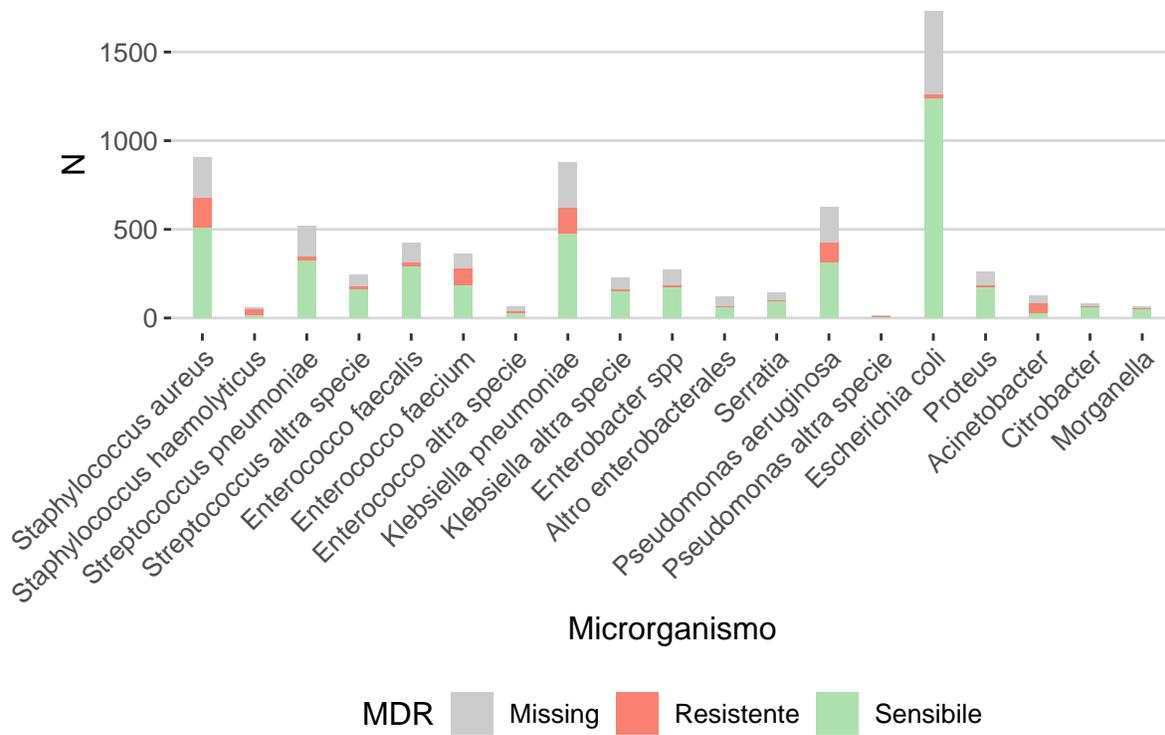
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



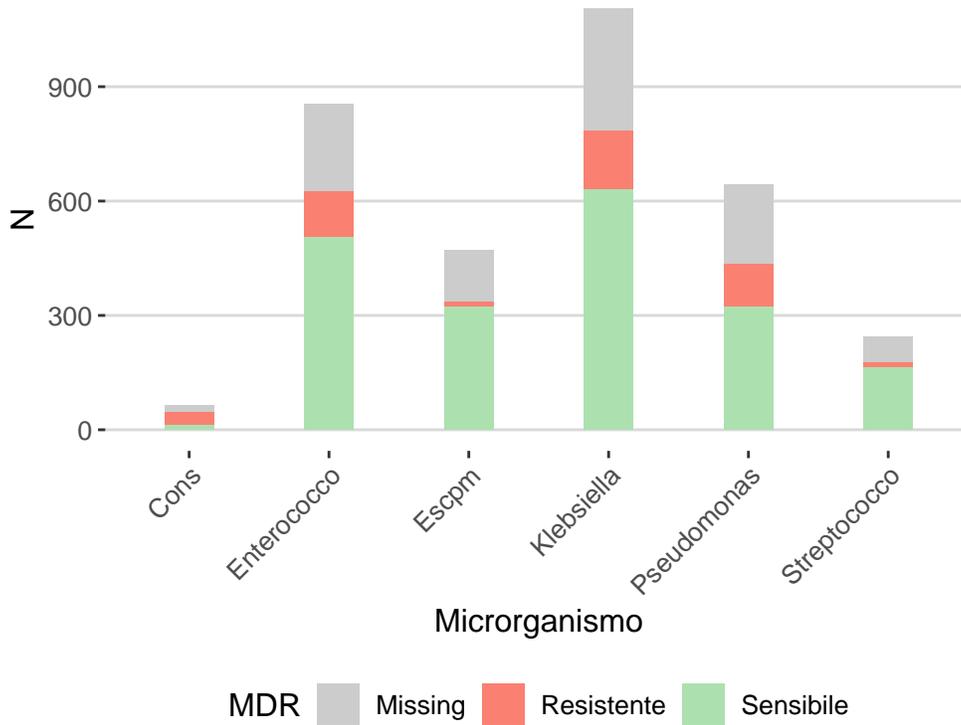
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	54	7.3	36	11	30.6
Staphylococcus capitis	27	3.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	10	1.3	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	28	3.8	23	15	65.2
Staphylococcus hominis	38	5.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	147	19.8	0	0	0
Pyogens	3	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	11	1.5	9	0	0
Enterococco faecalis	41	5.5	25	3	12
Enterococco faecium	25	3.4	18	7	38.9
Enterococco altra specie	3	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>391</b>	<b>52.7</b>	<b>113</b>	<b>36</b>	<b>31.9</b>
Klebsiella pneumoniae	95	12.8	64	26	40.6
Klebsiella altra specie	26	3.5	19	0	0
Enterobacter spp	36	4.9	26	3	11.5
Altro enterobacterales	11	1.5	5	0	0
Serratia	26	3.5	22	2	9.1
Pseudomonas aeruginosa	50	6.7	33	9	27.3
Pseudomonas altra specie	7	0.9	3	0	0
Escherichia coli	54	7.3	29	0	0
Proteus	7	0.9	4	0	0
Acinetobacter	32	4.3	20	15	75
Emofilo	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	11	1.5	6	0	0
Morganella	4	0.5	2	0	0
Providencia	2	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	12	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>374</b>	<b>50.4</b>	<b>233</b>	<b>55</b>	<b>23.6</b>
Candida albicans	37	5.0	0	0	0
Candida glabrata	9	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	36	4.9	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.9	0	0	0
Candida altra specie	3	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>98</b>	<b>13.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.1</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 20 microrganismi.



13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16

Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	58	Ertapenem	16	27.59
Klebsiella pneumoniae	64	Meropenem	24	37.50
Enterobacter spp	26	Ertapenem	3	11.54
Serratia	22	Ertapenem	2	9.09
Serratia	22	Meropenem	1	4.55
Acinetobacter	20	Imipenem	14	70.00
Acinetobacter	20	Meropenem	15	75.00
Pseudomonas aeruginosa	32	Imipenem	8	25.00
Pseudomonas aeruginosa	33	Meropenem	4	12.12
Staphylococcus haemolyticus	23	Meticillina	15	65.22
Staphylococcus aureus	36	Meticillina	11	30.56
Enterococco faecalis	25	Vancomicina	3	12.00
Enterococco faecium	18	Vancomicina	7	38.89

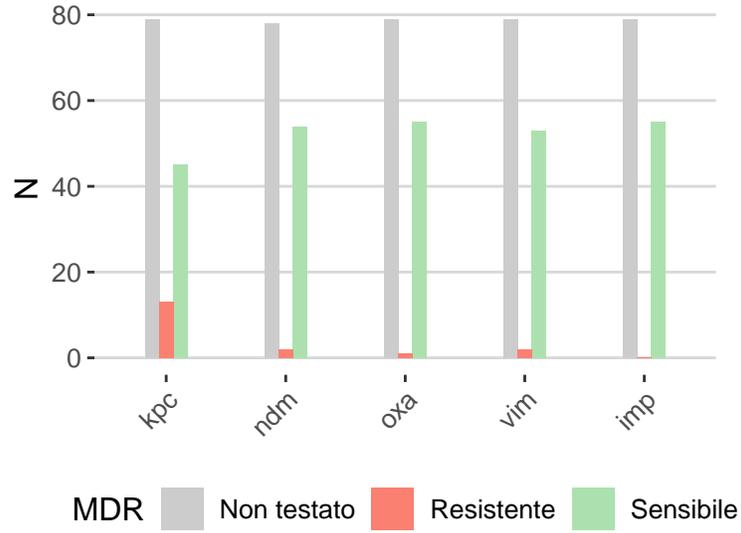
### 13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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	18	13.33
No	41	30.37
Non testato	76	56.3
Missing	154	

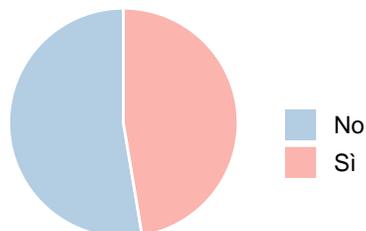
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	55	79
kpc	13	72.2	45	79
ndm	2	11.1	54	78

oxa	1	5.6	55	79
vim	2	11.1	53	79



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 420)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	221	52.6
Si	199	47.4
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	2.0	1.4 %
CI ( 95% )	1.8 - 2.2	1.3 - 1.5

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

Il primo:

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

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

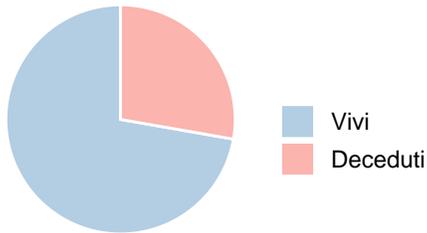
Il secondo:

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

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

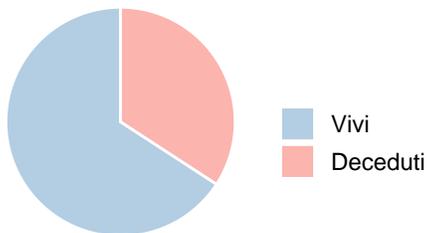
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	302	72.2
Deceduti	116	27.8
Missing	2	0

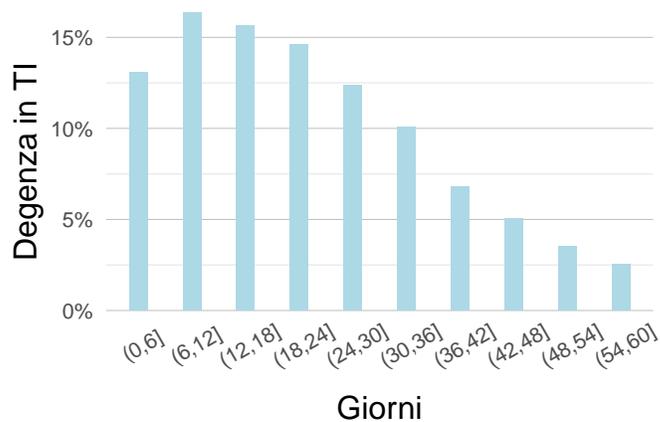
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	258	65.8
Deceduti	134	34.2
Missing	14	0

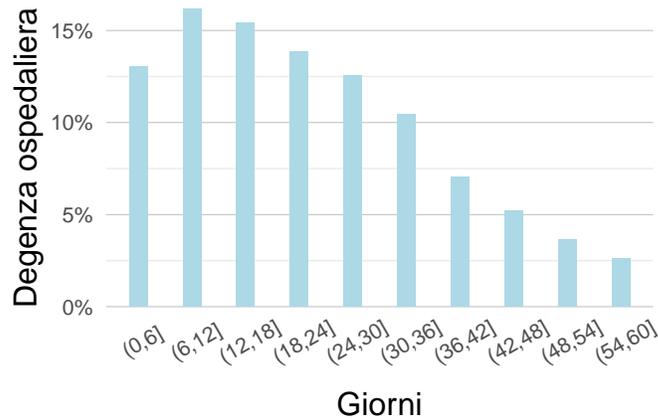
\* Statistiche calcolate su 406 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 14 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.5 (19.1)
Mediana (Q1-Q3)	22 (11.2-34.8)
Missing	2

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*



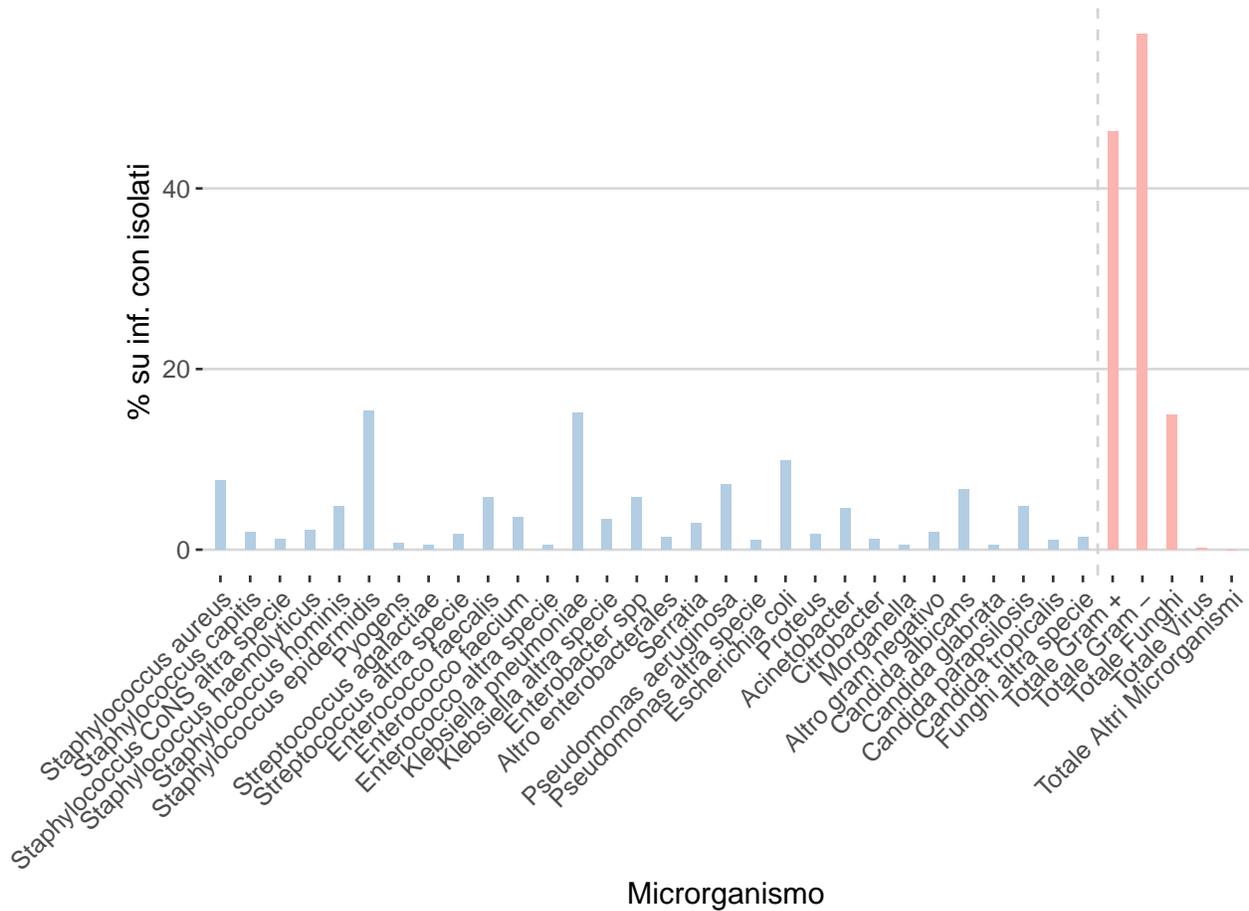
Indicatore	Valore
Media (DS)	40.6 (31.4)
Mediana (Q1-Q3)	35 (21-51)
Missing	14

\* Statistiche calcolate su 406 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 14 ).

### 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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 420)

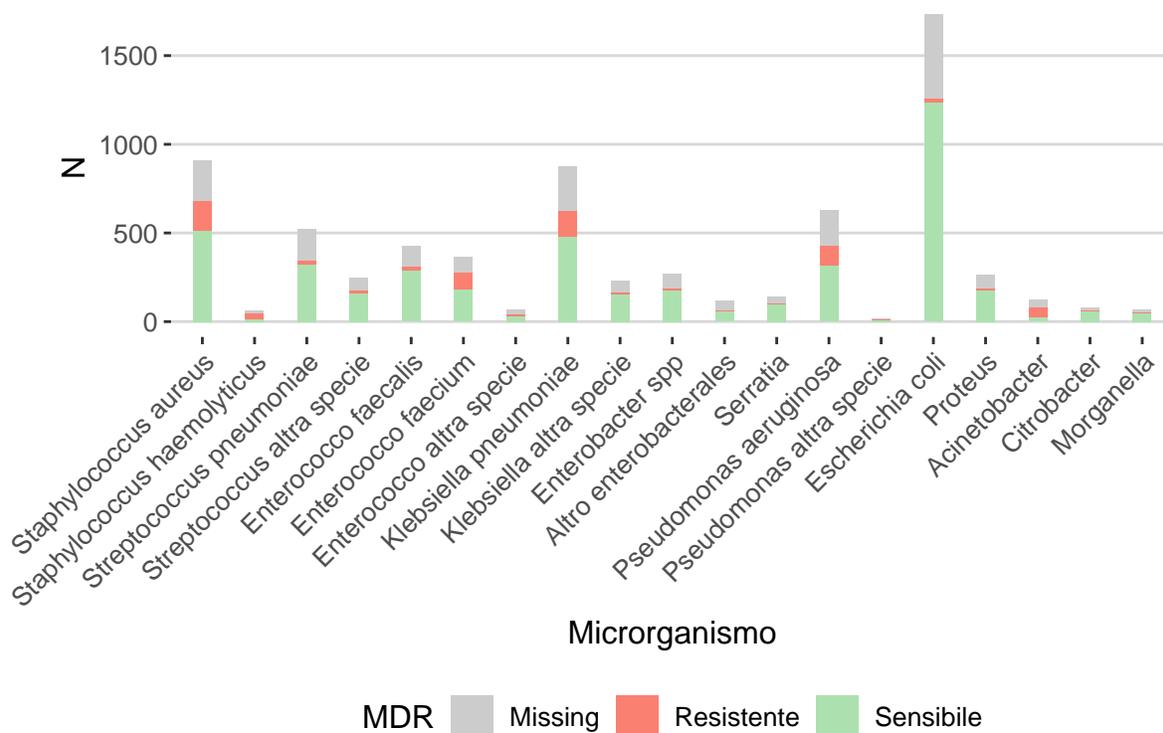


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	32	7.7	20	7	35
Staphylococcus capitis	8	1.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	2.2	6	2	33.3
Staphylococcus hominis	20	4.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	64	15.4	0	0	0
Pyogens	3	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	7	1.7	6	0	0
Enterococco faecalis	24	5.8	15	3	20
Enterococco faecium	15	3.6	12	6	50
Enterococco altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>192</b>	<b>46.3</b>	<b>59</b>	<b>18</b>	<b>30.5</b>
Klebsiella pneumoniae	63	15.2	42	19	45.2
Klebsiella altra specie	14	3.4	11	0	0
Enterobacter spp	24	5.8	17	3	17.6
Altro enterobacterales	6	1.4	3	0	0
Serratia	12	2.9	11	2	18.2
Pseudomonas aeruginosa	30	7.2	18	4	22.2
Pseudomonas altra specie	4	1.0	2	0	0

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 420)

Escherichia coli	41	9.9	21	0	0
Proteus	7	1.7	4	0	0
Acinetobacter	19	4.6	12	9	75
Emofilo	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	5	1.2	3	0	0
Morganella	2	0.5	1	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	8	1.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>237</b>	<b>57.1</b>	<b>145</b>	<b>37</b>	<b>25.5</b>
Candida albicans	28	6.7	0	0	0
Candida glabrata	2	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	20	4.8	0	0	0
Candida tropicalis	4	1.0	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>62</b>	<b>14.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.2</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 20 microrganismi.



#### 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	38	Ertapenem	12	31.58
Klebsiella pneumoniae	42	Meropenem	17	40.48
Enterobacter spp	17	Ertapenem	3	17.65
Serratia	11	Ertapenem	2	18.18
Serratia	11	Meropenem	1	9.09
Acinetobacter	12	Imipenem	8	66.67
Acinetobacter	12	Meropenem	9	75.00
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	4	23.53
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	1	5.56
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	2	33.33
Staphylococcus aureus	20	Meticillina	7	35.00
Enterococco faecalis	15	Vancomicina	3	20.00
Enterococco faecium	12	Vancomicina	6	50.00

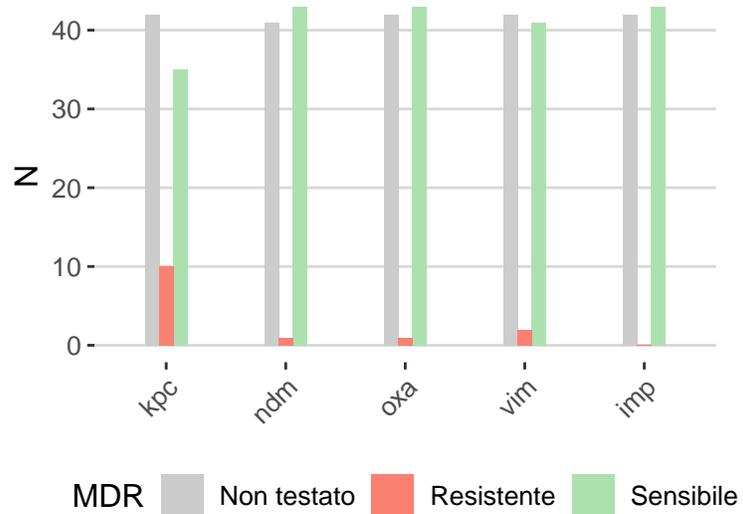
#### 14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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	14	16.47
No	32	37.65
Non testato	39	45.88
Missing	98	

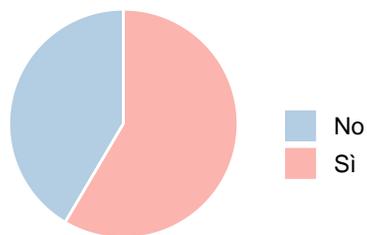
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	43	42
kpc	10	71.4	35	42
ndm	1	7.1	43	41
oxa	1	7.1	43	42
vim	2	14.3	41	42

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN  
DEGENZA (N = 420)



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 330)

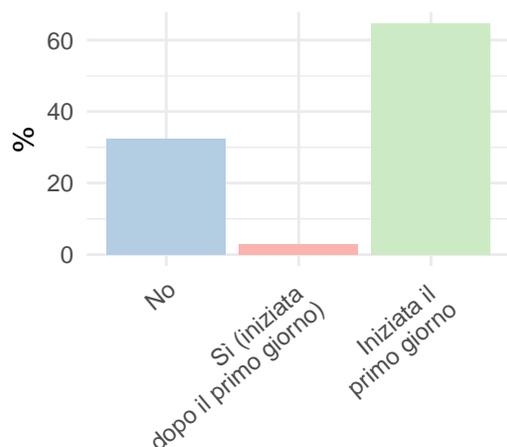
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	137	41.5
Sì	193	58.5
Missing	0	0

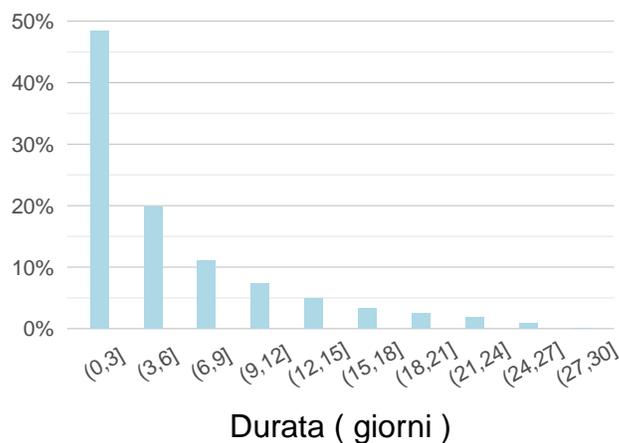
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 35410 )



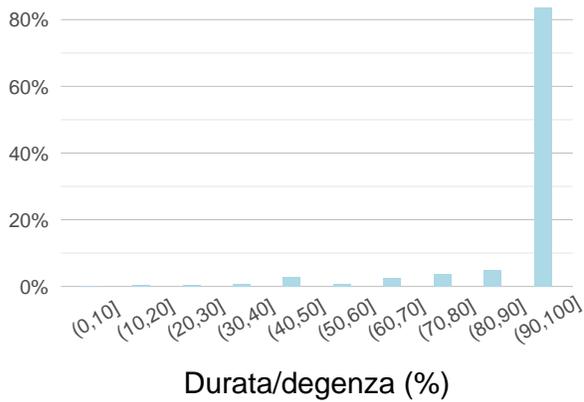
Cvc	N	%
No	11420	32.4
Sì	23827	67.6
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>22883</b>	<b>64.6</b>
Missing	163	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



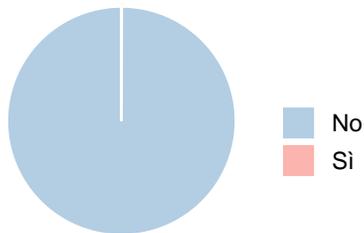
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (10.2)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	48

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



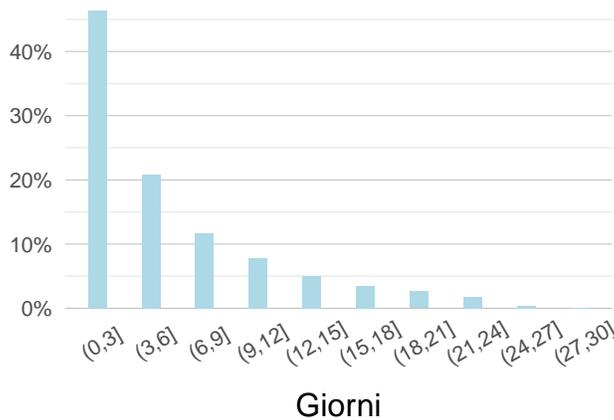
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.4 (14.3)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	56

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 35410 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	35242	100.0
Si	7	0.0
Missing	161	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	320
Media (DS)	13.5 (12.4)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-17)
Missing	10

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.9	1.3 %
CI ( 95% )	1.7 - 2.1	1.2 - 1.4

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.

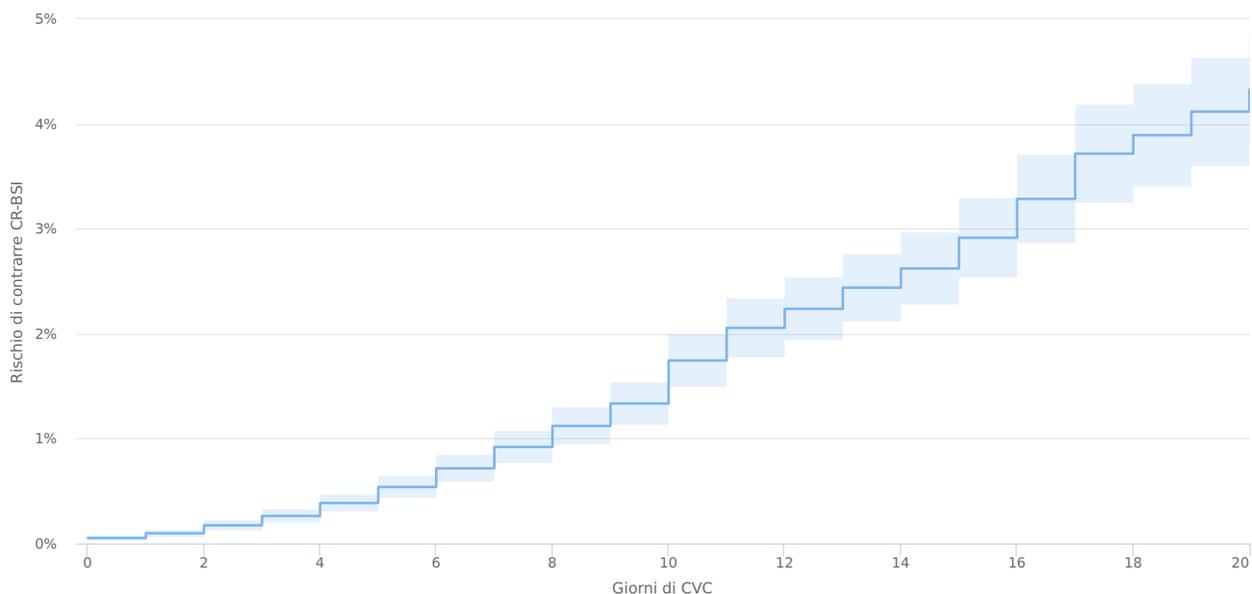
Il secondo invece:

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

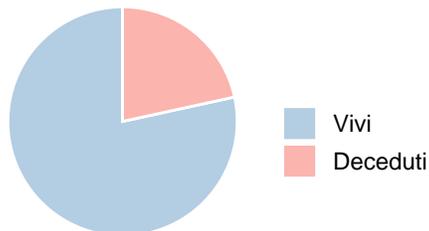
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

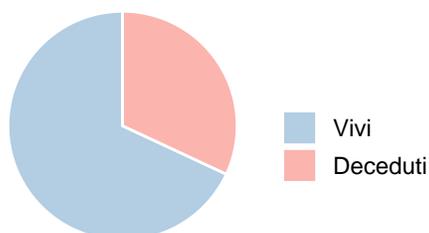


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	258	78.4
Deceduti	71	21.6
Missing	1	0

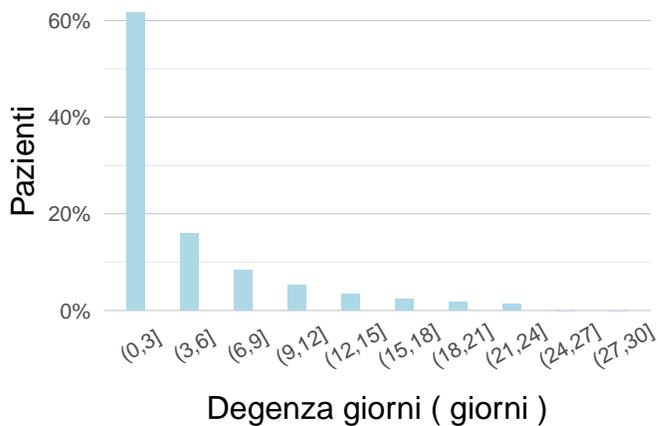
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	213	68.1
Deceduti	100	31.9
Missing	8	0

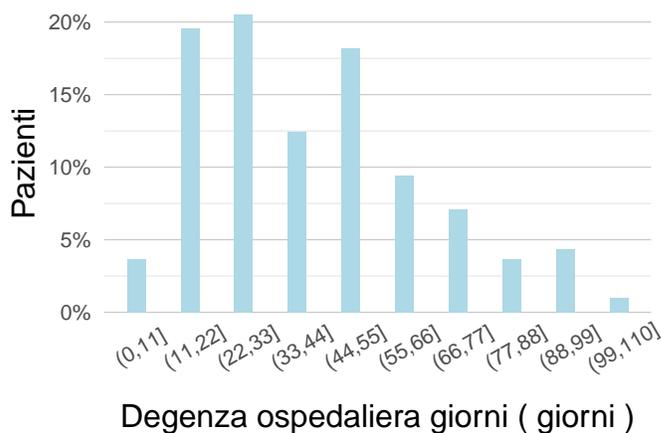
\* Statistiche calcolate su 321 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 9 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.5 (23.8)
Mediana (Q1-Q3)	26 (16-43)
Missing	1

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	47.1 (32.1)
Mediana (Q1-Q3)	41 (24-60)
Missing	8

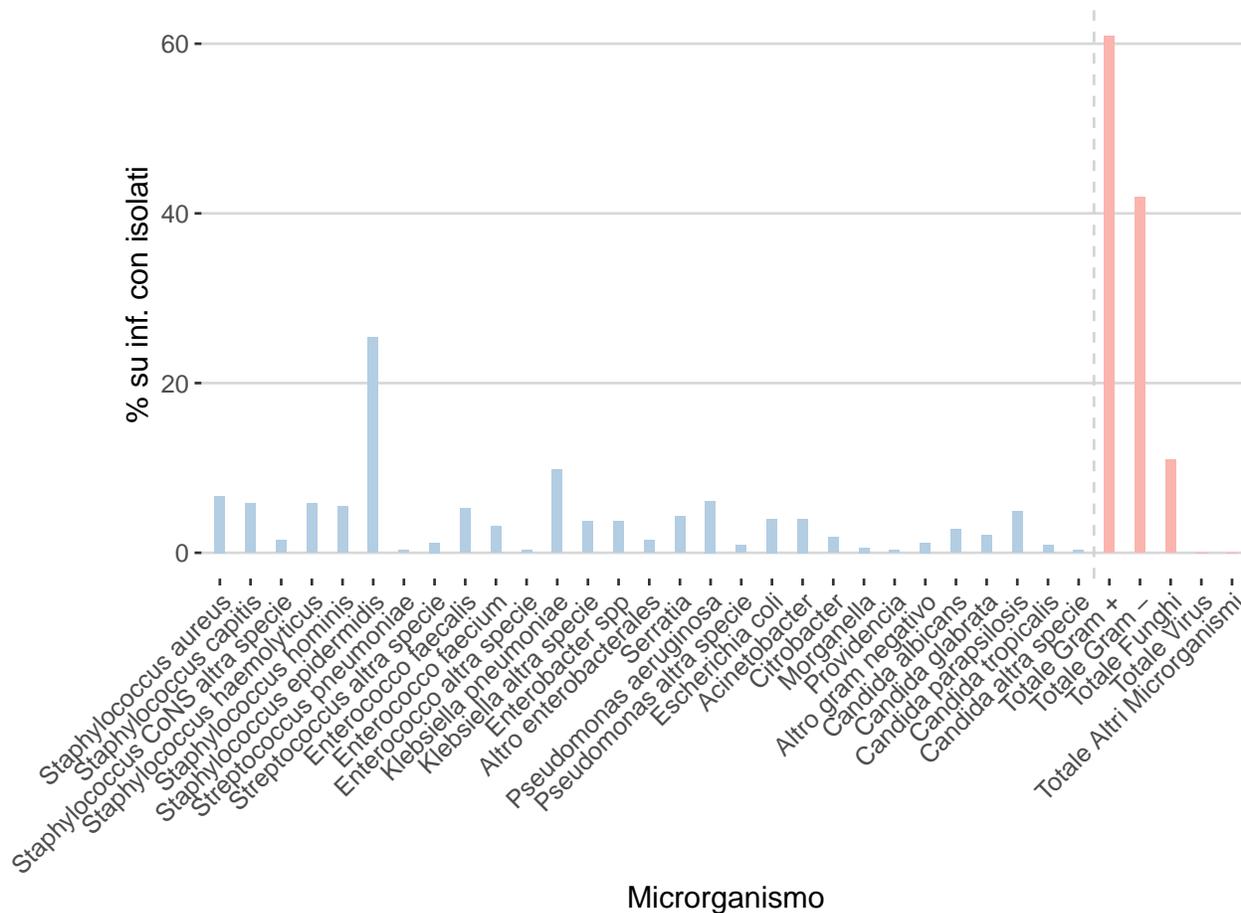
\* Statistiche calcolate su 321 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 9 ).

## 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	327	100.0
Missing	3	
<b>Totale infezioni</b>	<b>330</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>377</b>	

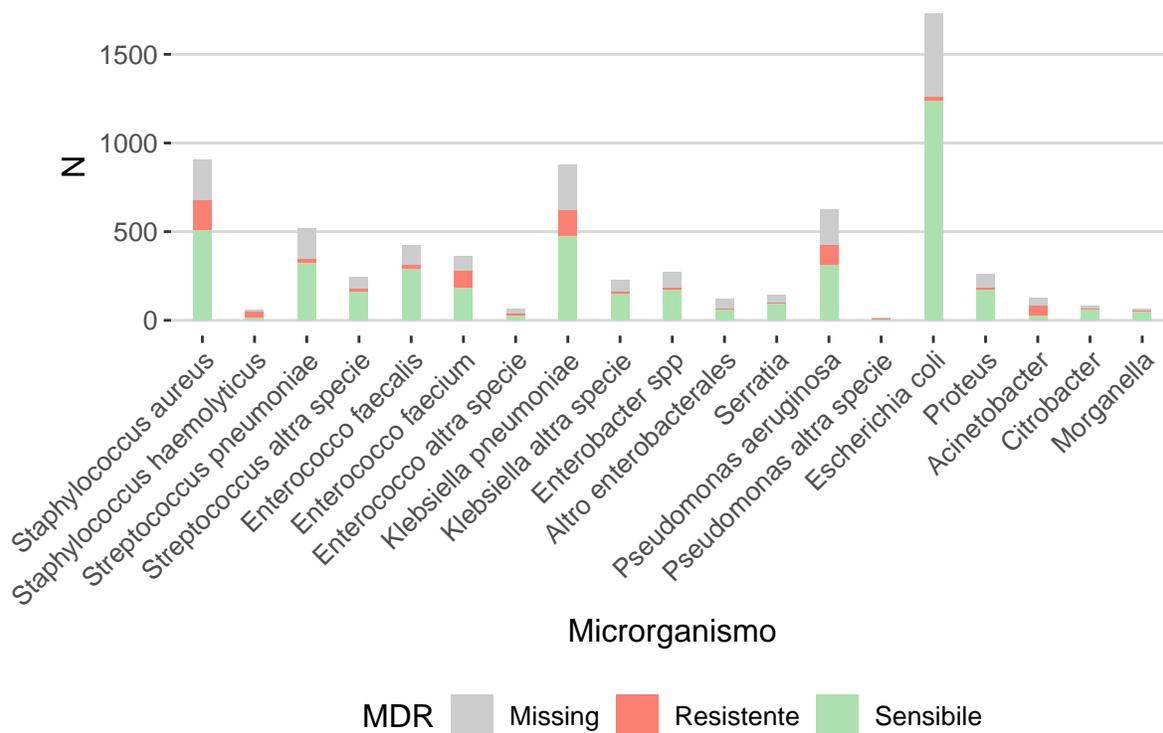
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



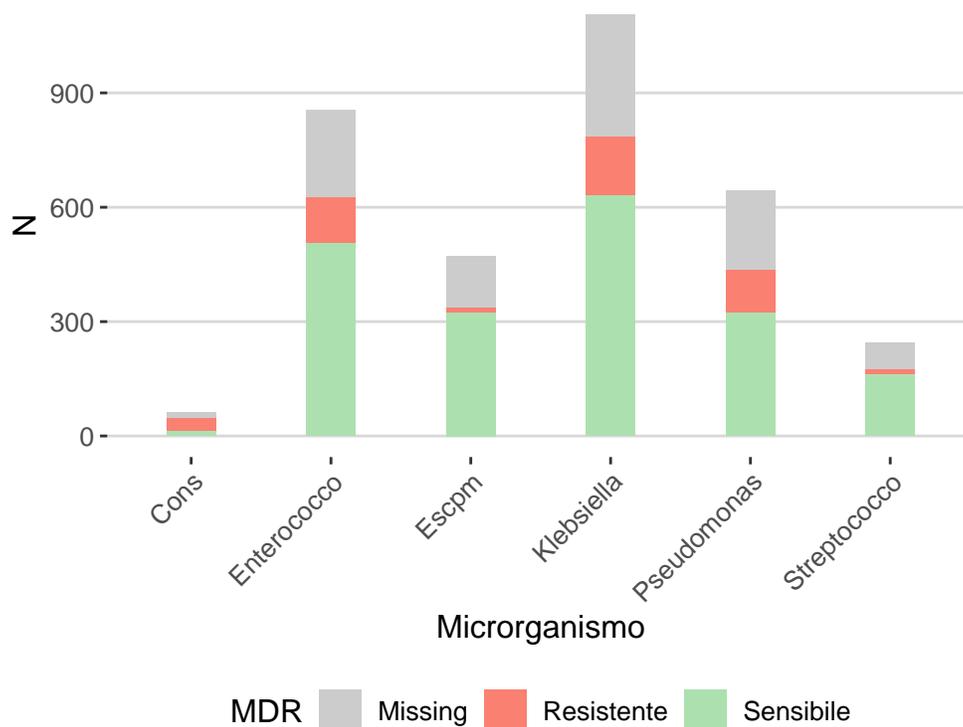
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	22	6.7	16	4	25
Staphylococcus capitis	19	5.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	19	5.8	17	13	76.5
Staphylococcus hominis	18	5.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	83	25.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.2	3	0	0
Enterococcus faecalis	17	5.2	10	0	0
Enterococcus faecium	10	3.1	6	1	16.7
Enterococcus altra specie	1	0.3	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>199</b>	<b>60.9</b>	<b>54</b>	<b>18</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	32	9.8	22	7	31.8
Klebsiella altra specie	12	3.7	8	0	0
Enterobacter spp	12	3.7	9	0	0
Altro enterobacteriales	5	1.5	2	0	0
Serratia	14	4.3	11	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	6.1	15	5	33.3
Pseudomonas altra specie	3	0.9	1	0	0
Escherichia coli	13	4.0	8	0	0
Acinetobacter	13	4.0	8	6	75

Citrobacter	6	1.8	3	0	0
Morganella	2	0.6	1	0	0
Providencia	1	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>137</b>	<b>41.9</b>	<b>88</b>	<b>18</b>	<b>20.5</b>
Candida albicans	9	2.8	0	0	0
Candida glabrata	7	2.1	0	0	0
Candida parapsilosis	16	4.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>36</b>	<b>11.0</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 20 microrganismi.



### 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	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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	20	Ertapenem	4	20.00
Klebsiella pneumoniae	22	Meropenem	7	31.82
Acinetobacter	8	Imipenem	6	75.00
Acinetobacter	8	Meropenem	6	75.00
Pseudomonas aeruginosa	15	Imipenem	4	26.67

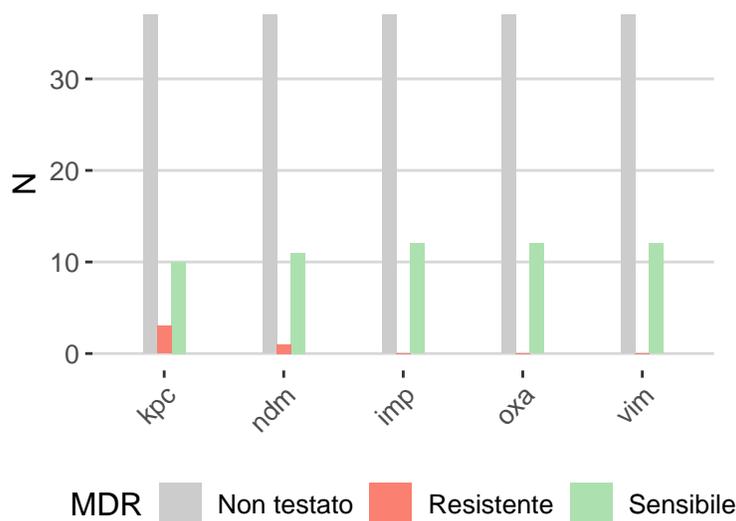
Pseudomonas aeruginosa	15	Meropenem	3	20.00
Staphylococcus haemolyticus	17	Meticillina	13	76.47
Staphylococcus aureus	16	Meticillina	4	25.00
Enterococco faecium	6	Vancomicina	1	16.67

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

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

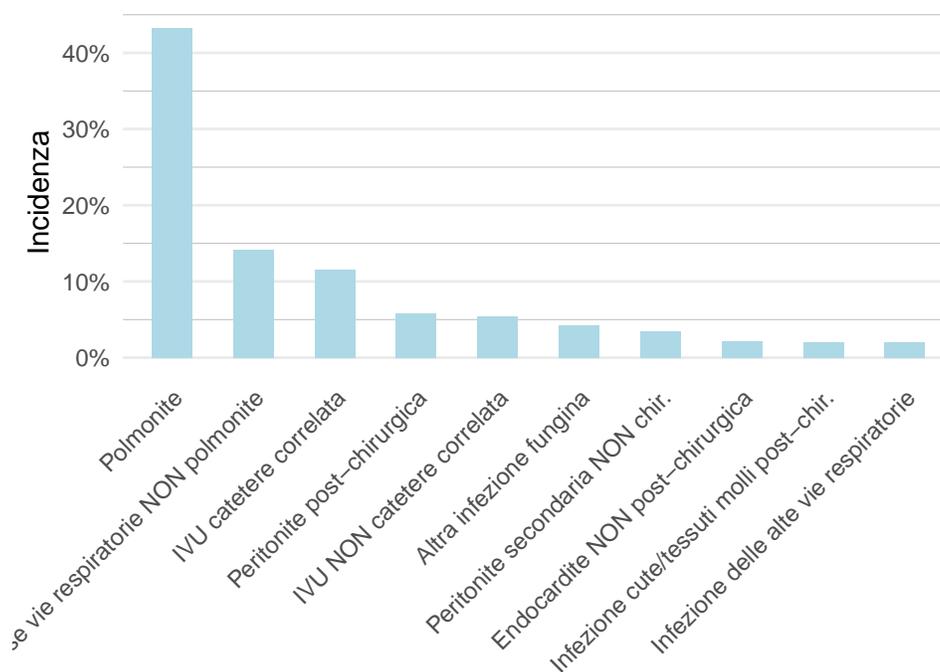
	N	%
Sì	4	8
No	9	18
Non testato	37	74
Missing	56	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	12	37
kpc	3	75	10	37
ndm	1	25	11	37
oxa	0	0	12	37
vim	0	0	12	37



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 538)

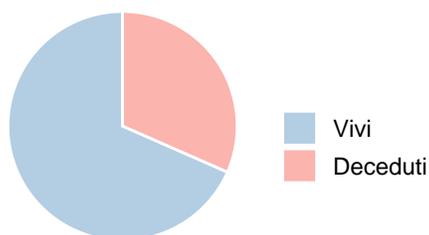
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

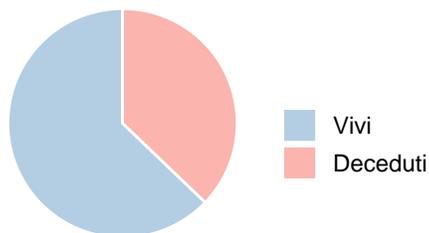
Infezione	N	%
Polmonite	233	43.3
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	76	14.1
IVU catetere correlata	62	11.5
Peritonite post-chirurgica	31	5.8
IVU NON catetere correlata	29	5.4
Altra infezione fungina	23	4.3
Peritonite secondaria NON chir.	19	3.5
Endocardite NON post-chirurgica	12	2.2
Infezione delle alte vie respiratorie	11	2
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	11	2
Missing	31	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	366	68.4
Deceduti	169	31.6
Missing	3	0

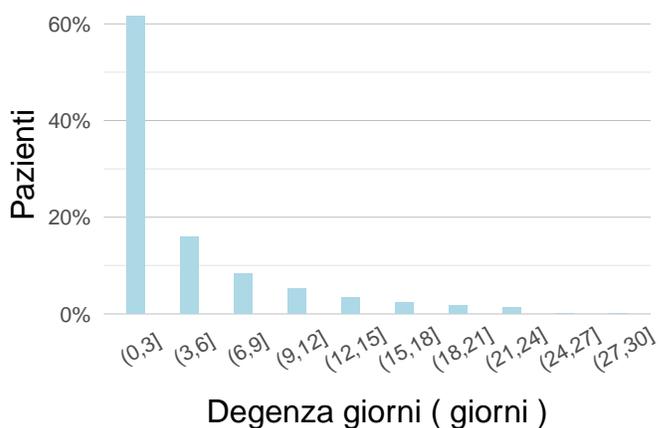
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	323	62.8
Deceduti	191	37.2
Missing	12	0

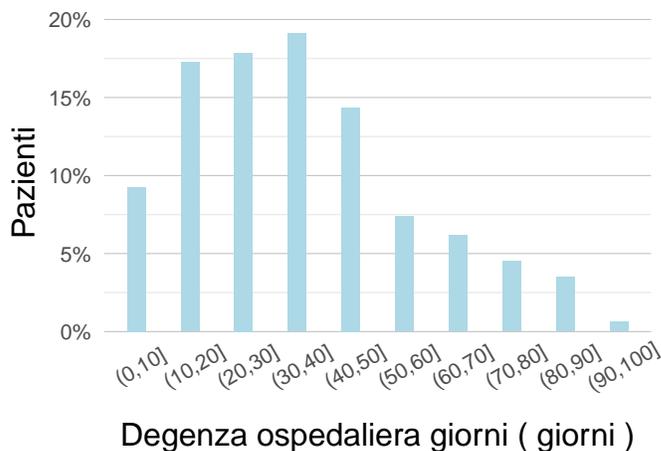
\* Statistiche calcolate su 526 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 12 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.4 (21.3)
Mediana (Q1-Q3)	22 (13-36)
Missing	3

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.3 (30.6)
Mediana (Q1-Q3)	35 (20-51)
Missing	12

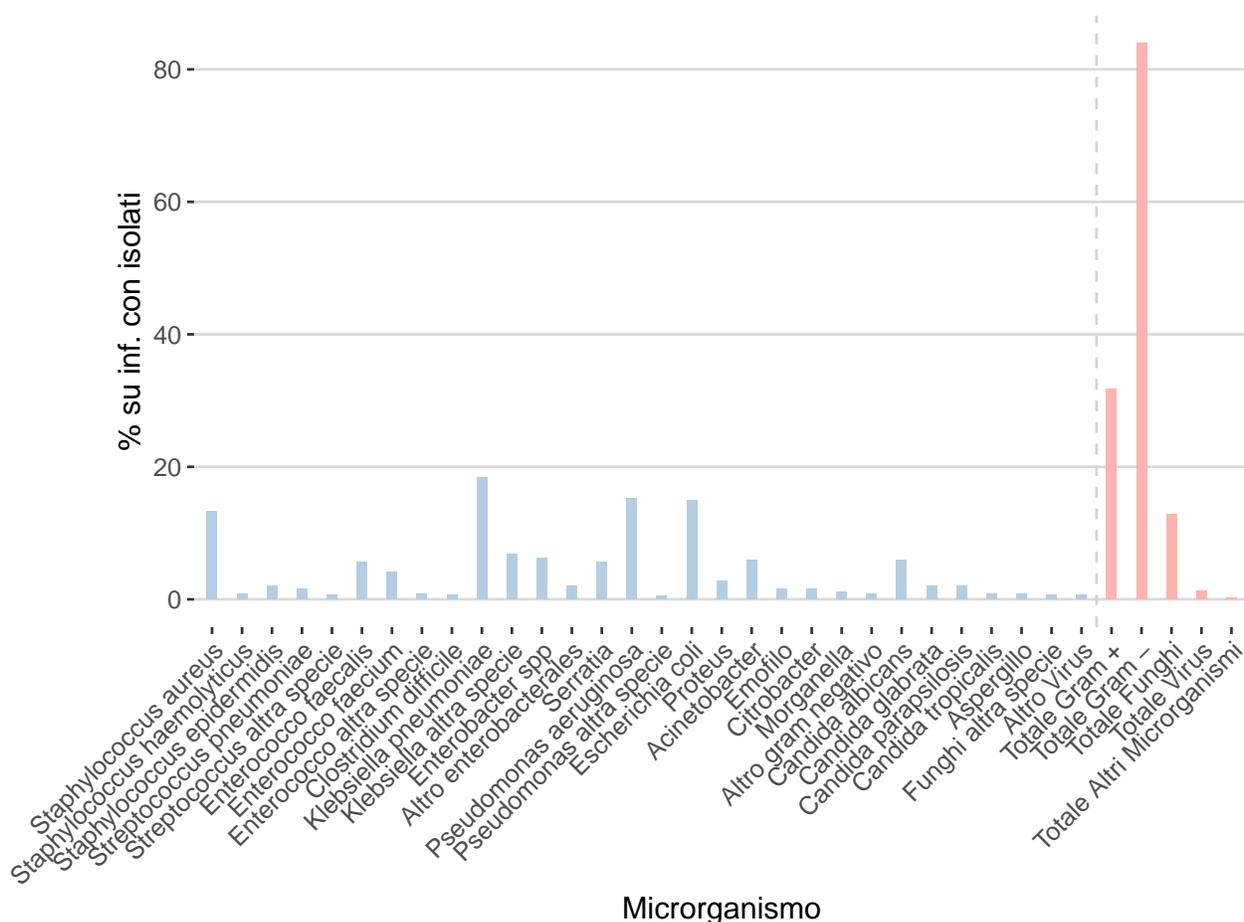
\* Statistiche calcolate su 526 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 12 ).

## 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	11	1.9
Sì	563	98.1
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>574</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>748</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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

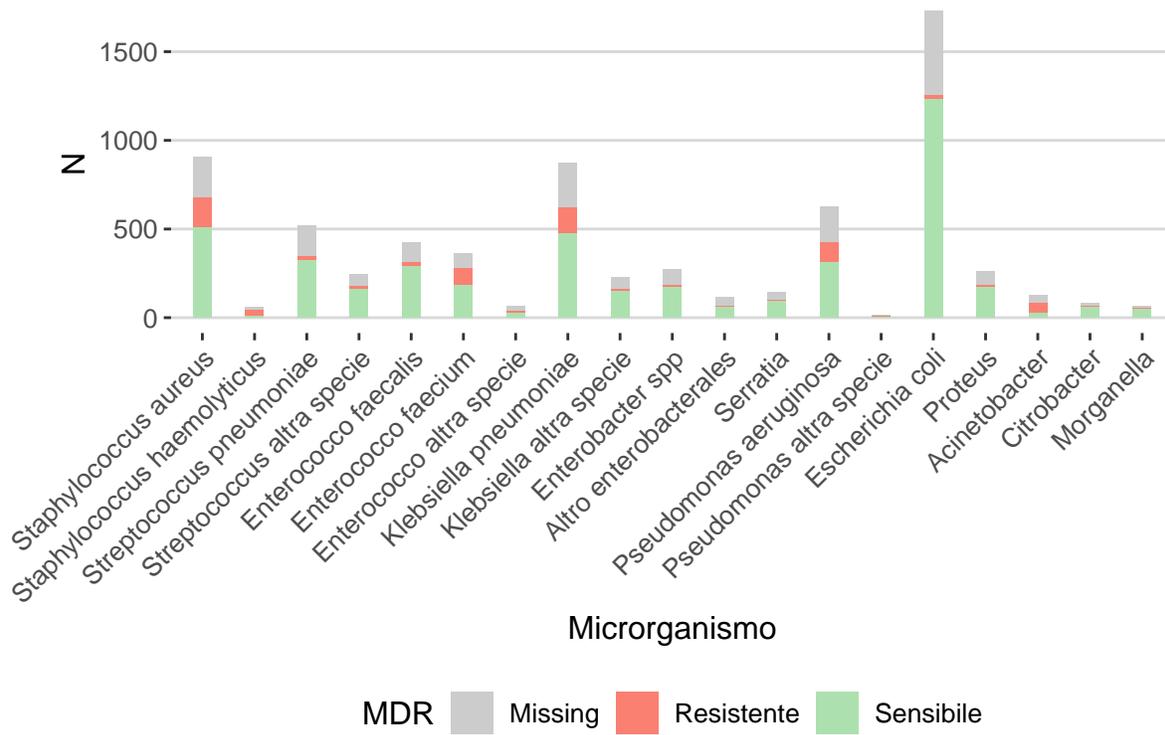


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
---------------	---	-----------------------	---------------------	-------	-------

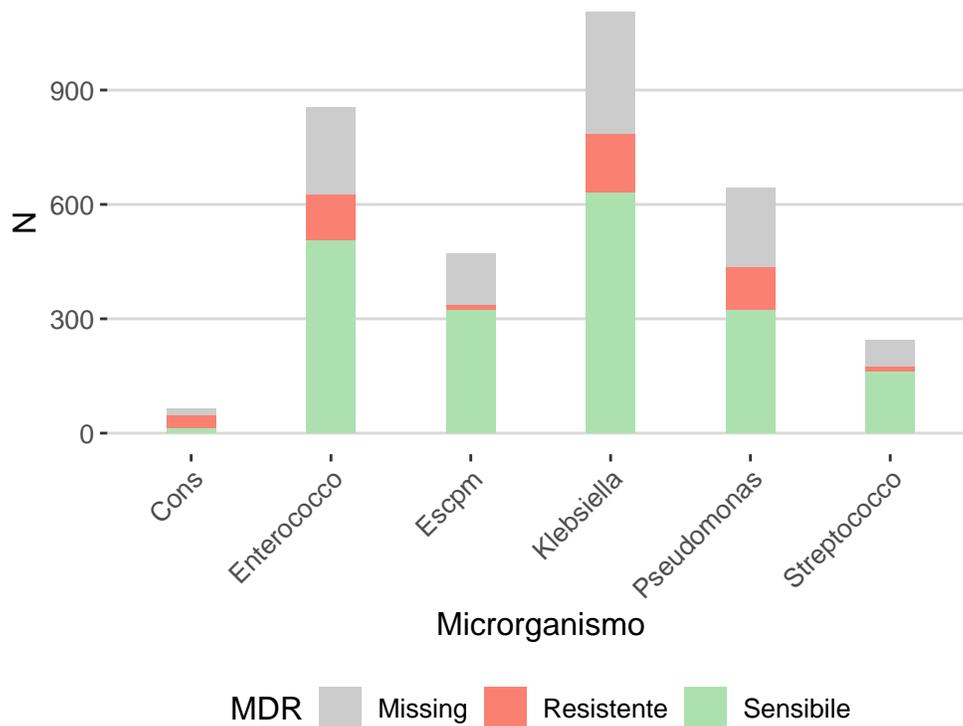
Staphylococcus aureus	75	13.3	47	10	21.3
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	0.9	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	2.1	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	9	1.6	5	0	0
Streptococcus altra specie	4	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	32	5.7	16	1	6.2
Enterococco faecium	23	4.1	13	3	23.1
Enterococco altra specie	5	0.9	2	0	0
Clostridium difficile	4	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>179</b>	<b>31.7</b>	<b>85</b>	<b>16</b>	<b>18.8</b>
Klebsiella pneumoniae	104	18.4	64	15	23.4
Klebsiella altra specie	39	6.9	21	2	9.5
Enterobacter spp	35	6.2	26	0	0
Altro enterobacterales	11	2.0	7	0	0
Serratia	32	5.7	17	0	0
Pseudomonas aeruginosa	86	15.2	47	18	38.3
Pseudomonas altra specie	3	0.5	2	2	100
Escherichia coli	84	14.9	46	0	0
Proteus	16	2.8	8	0	0
Acinetobacter	33	5.9	24	20	83.3
Emofilo	9	1.6	0	0	0
Legionella	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	9	1.6	4	0	0
Morganella	6	1.1	4	0	0
Altro gram negativo	5	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>473</b>	<b>83.9</b>	<b>270</b>	<b>57</b>	<b>21.1</b>
Candida albicans	34	6.0	0	0	0
Candida auris	1	0.2	0	0	0
Candida glabrata	11	2.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	11	2.0	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.9	0	0	0
Aspergillo	5	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>72</b>	<b>12.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	0.5			
Altro Virus	4	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>7</b>	<b>1.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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

mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



16.6.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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.

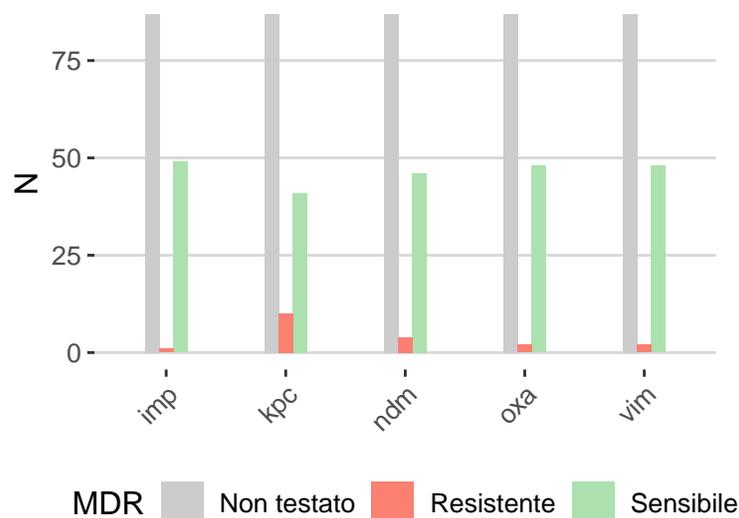
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	64	Ertapenem	12	18.75
Klebsiella pneumoniae	64	Meropenem	12	18.75
Klebsiella altra specie	21	Ertapenem	2	9.52
Klebsiella altra specie	21	Meropenem	1	4.76
Acinetobacter	23	Imipenem	14	60.87
Acinetobacter	24	Meropenem	20	83.33
Pseudomonas aeruginosa	47	Imipenem	18	38.30
Pseudomonas aeruginosa	47	Meropenem	12	25.53
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	47	Meticillina	10	21.28
Enterococco faecalis	16	Vancomicina	1	6.25
Enterococco faecium	13	Vancomicina	3	23.08

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

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

	N	%
Si	15	10.87
No	36	26.09
Non testato	87	63.04
Missing	198	

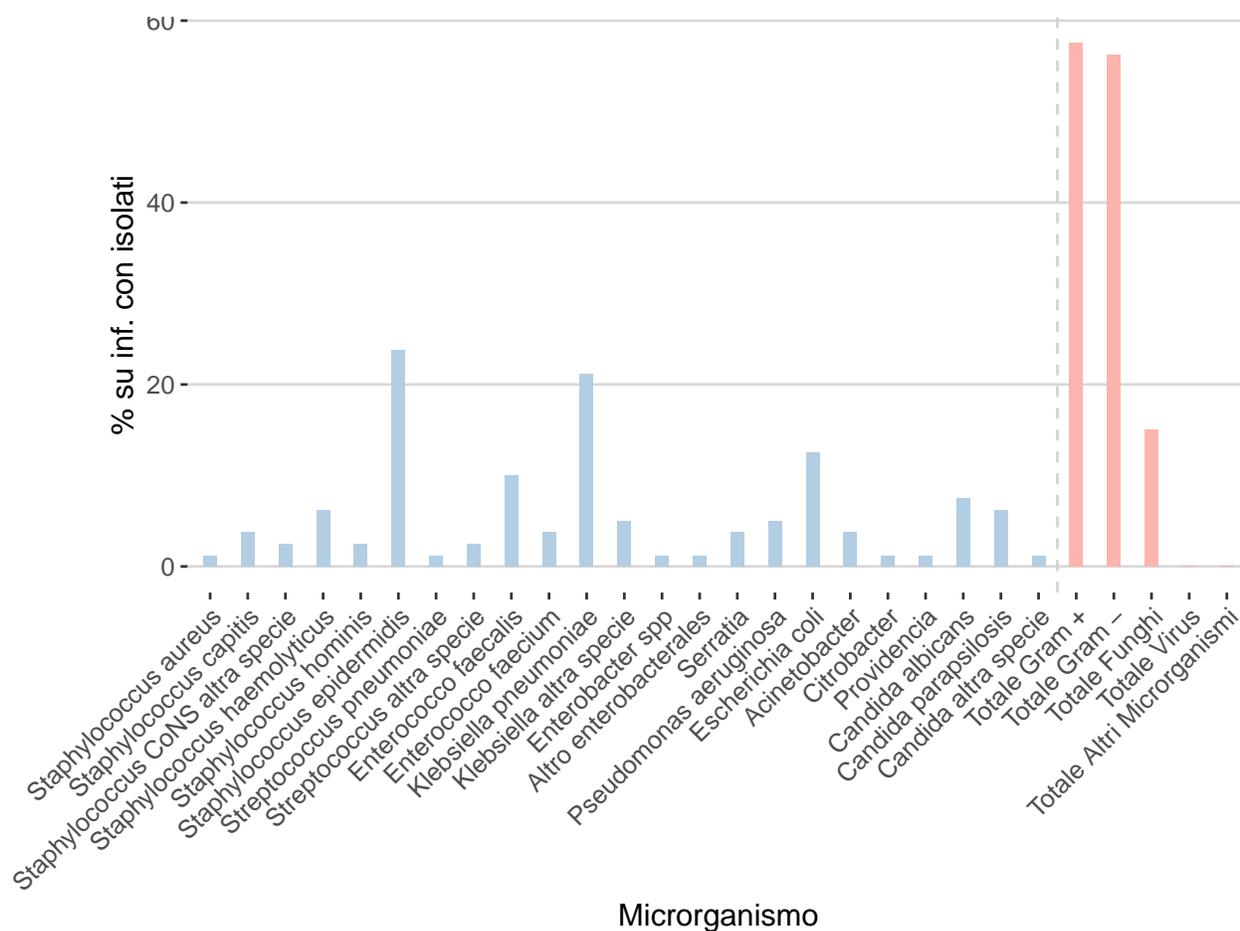
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	5.3	49	87
kpc	10	52.6	41	87
ndm	4	21.1	46	87
oxa	2	10.5	48	87
vim	2	10.5	48	87



## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 80)

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

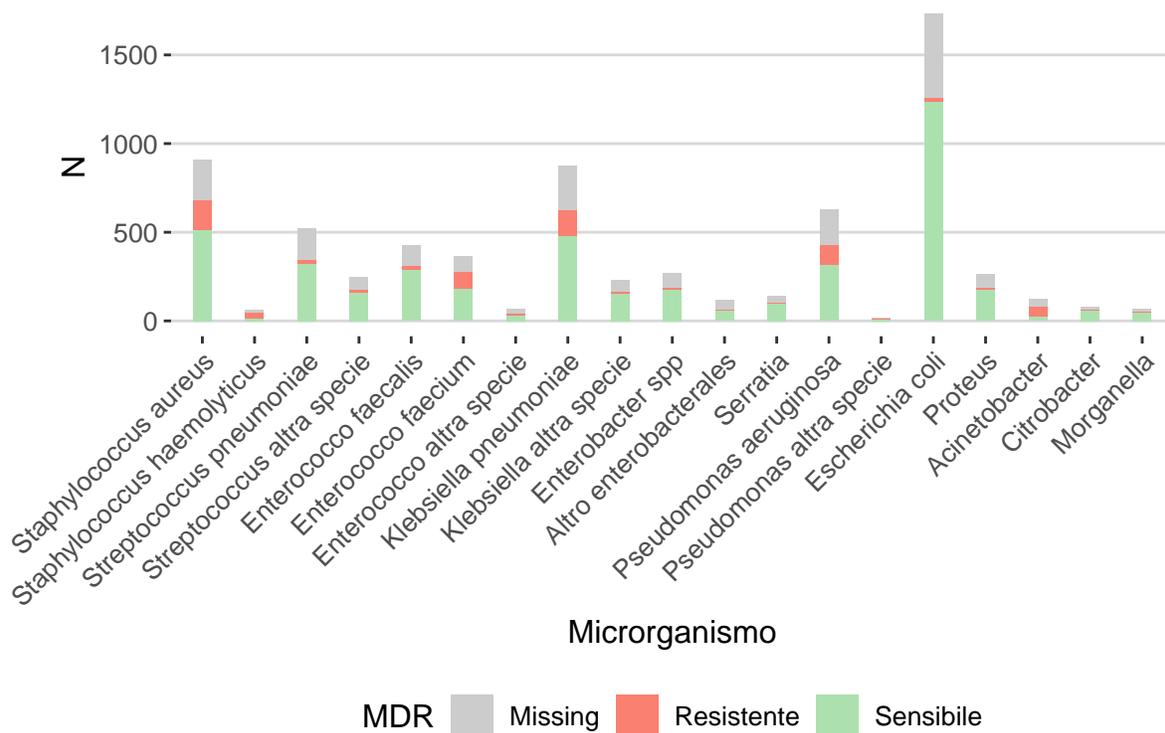
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



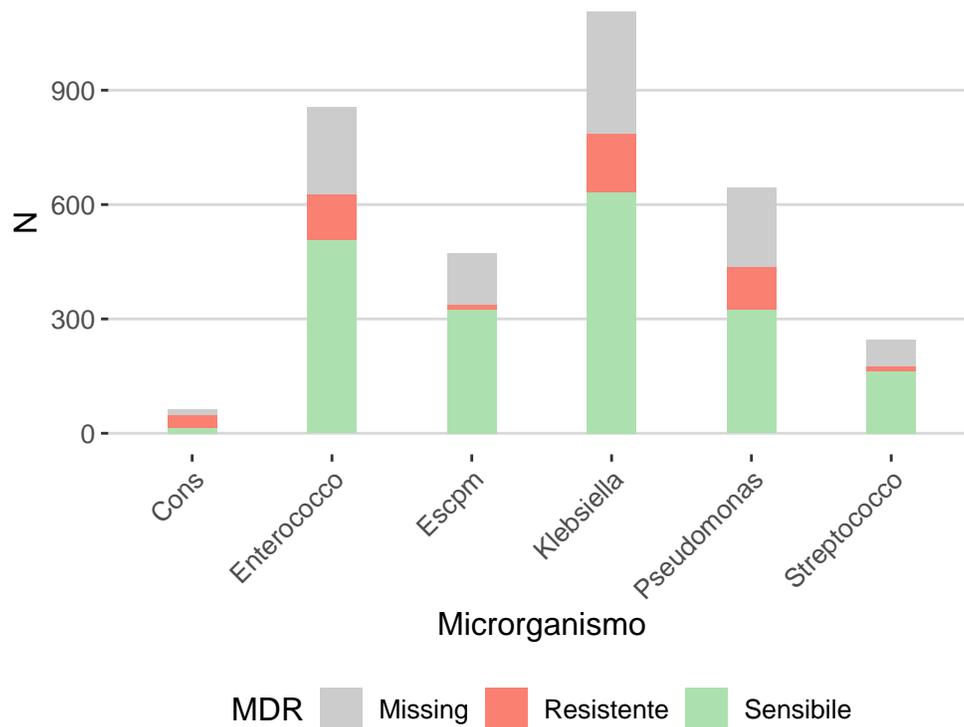
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.2	1	0	0
Staphylococcus capitis	3	3.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	2.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	6.2	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	2	2.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	19	23.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.5	1	0	0
Enterococcus faecalis	8	10.0	5	0	0
Enterococcus faecium	3	3.8	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>46</b>	<b>57.5</b>	<b>11</b>	<b>3</b>	<b>27.3</b>
Klebsiella pneumoniae	17	21.2	12	6	50
Klebsiella altra specie	4	5.0	3	0	0
Enterobacter spp	1	1.2	1	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.2	1	0	0
Serratia	3	3.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	5.0	1	0	0
Escherichia coli	10	12.5	5	0	0
Acinetobacter	3	3.8	3	2	66.7
Citrobacter	1	1.2	1	0	0
Providencia	1	1.2	0	0	0

<b>Totale Gram -</b>	<b>45</b>	<b>56.2</b>	<b>29</b>	<b>8</b>	<b>27.6</b>
Candida albicans	6	7.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	6.2	0	0	0
Candida altra specie	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>15.0</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 20 microrganismi.



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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	63	47	14	33	70.21	16
Enterococco	856	625	506	119	19.04	231
Escpm	472	337	324	13	3.86	135
Klebsiella	1105	784	632	152	19.39	321
Pseudomonas	643	436	325	111	25.46	207
Streptococco	245	176	163	13	7.39	69

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	4	33.33
Klebsiella pneumoniae	12	Meropenem	5	41.67
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	13	

## 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