



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



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2023

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

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

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalò Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 24743)	13
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
3 Pazienti infetti (N = 9401)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 15214)	19
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

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	24
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 8029)	25
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
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 1495)	33
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
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 2628)	41
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
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	55
8 Pazienti infetti in degenza (N = 2345)	56
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
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 973)	71
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	71
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 1372)	77
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	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	83
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 848)	84
11.1	Trauma	84
11.2	Stato Chirurgico	84
11.3	Infezione batteriemica	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
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 712)	89
12.1	VAP precoce	89
12.2	Diagnosi	89
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	90
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 24743)	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
13	Pazienti con batteriemia in degenza (N = 794)	106
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 batteriemia in degenza	107
14	Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 294)	112
14.1	Infezioni multisito	112
14.2	Incidenza di batteriemia (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
15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 197)	119
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
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 380)	128
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
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 45)	134
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	134
Appendice		138
	Definizione di MDR	138
	Raggruppamento Microrganismi	138

Petalo Infectionlight

Anno 2023

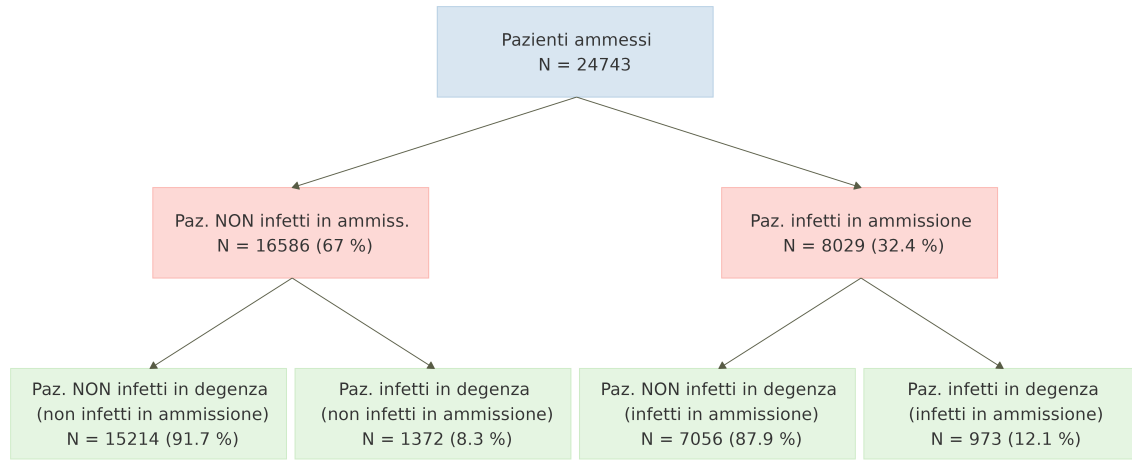
Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

Popolazione complessiva: 74 TI

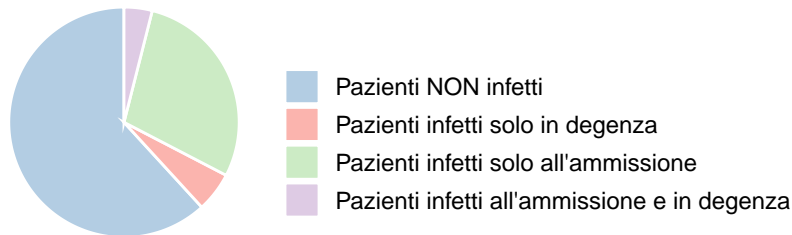
TI Nord

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

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



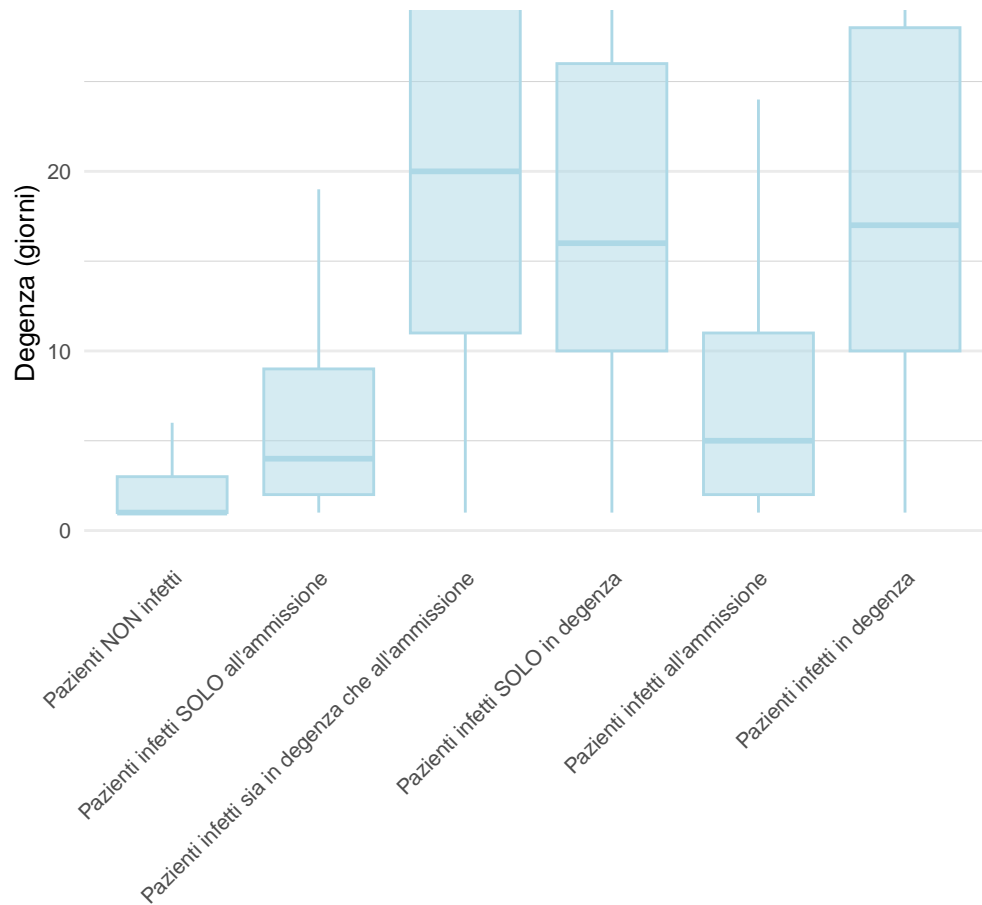
Per N = 128 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	15214	61.8
Pazienti infetti solo in degenza	1372	5.6
Pazienti infetti solo all'ammissione	7056	28.7
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	973	4.0

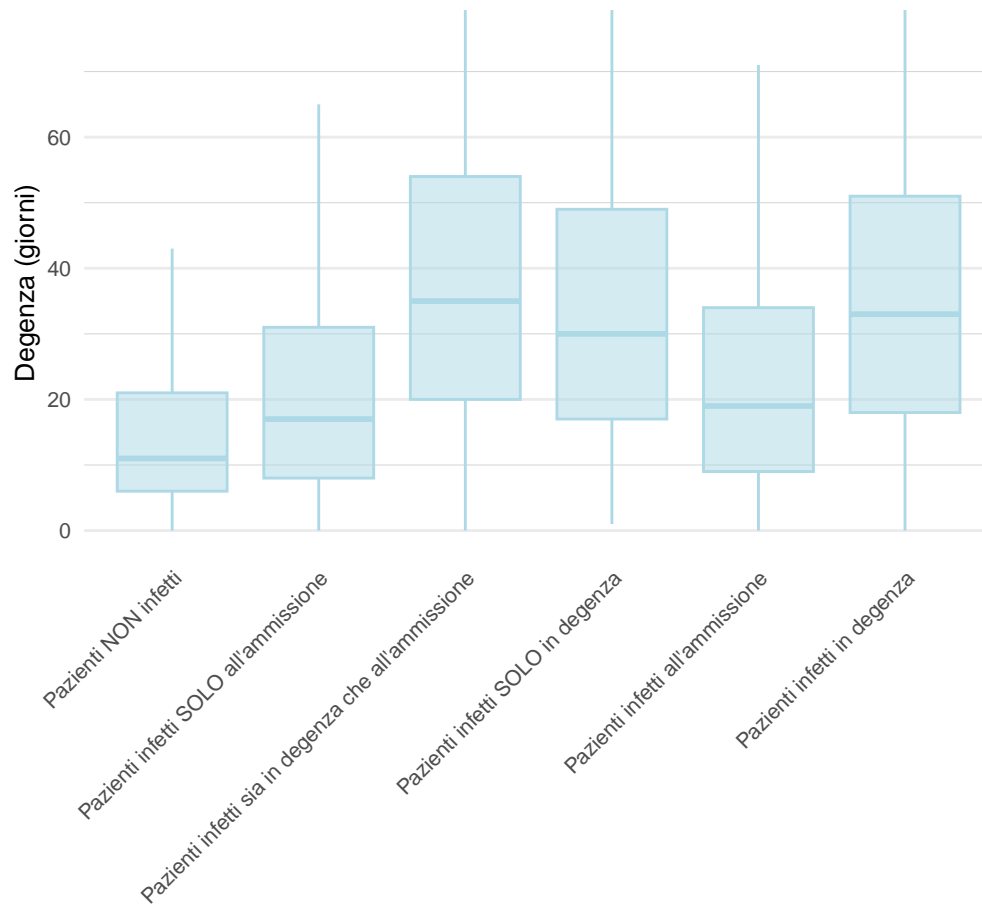
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 24615).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	15214	61.5	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	7056	28.5	4	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	973	3.9	20	(11 - 33)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1372	5.5	16	(10 - 26)
Pazienti infetti all'ammissione	8029	32.4	5	(2 - 11)
Pazienti infetti in degenza	2345	9.5	17	(10 - 28)

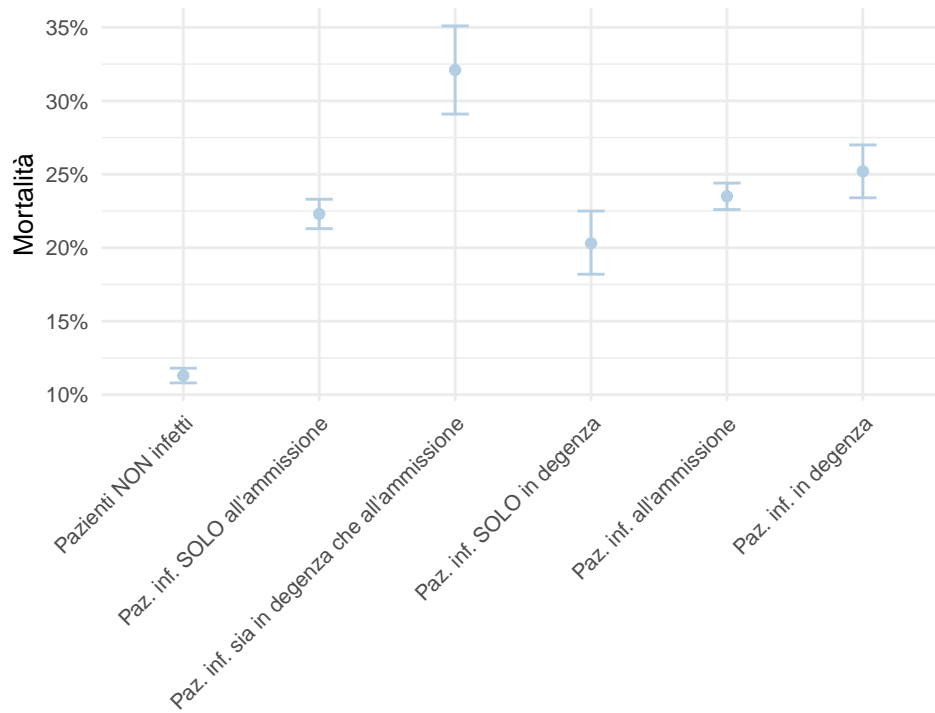
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	15214	61.5	11	(6 - 21)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	7056	28.5	17	(8 - 31)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	973	3.9	35	(20 - 54)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1372	5.5	30	(17 - 49)
Pazienti infetti all'ammissione	8029	32.4	19	(9 - 34)
Pazienti infetti in degenza	2345	9.5	33	(18 - 51)

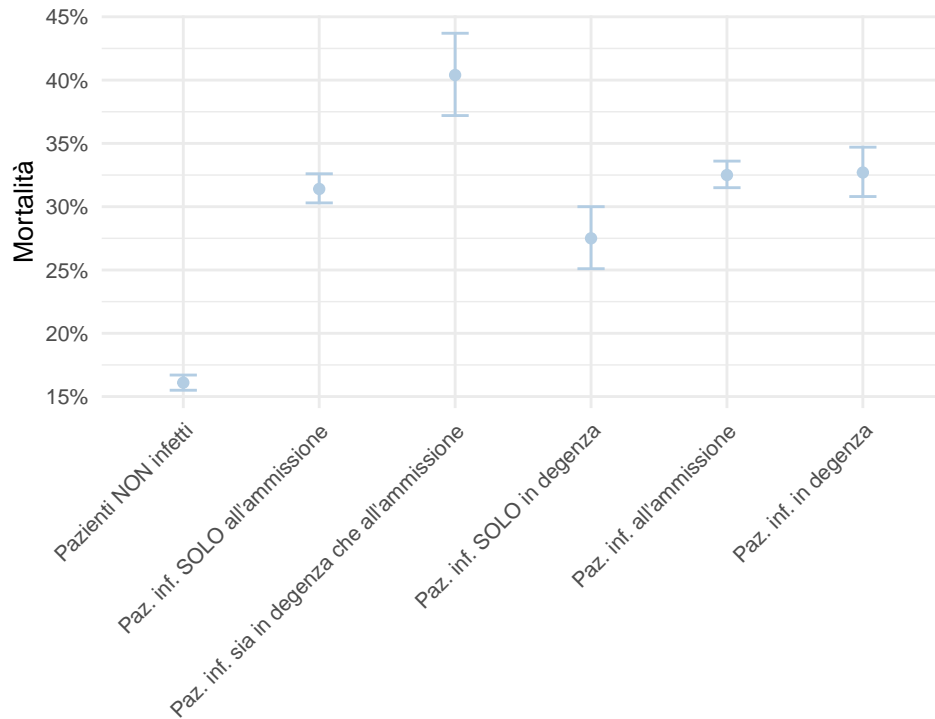
* escluse le riammissioni (N = 775)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	15214	1715	11.3	(10.8 - 11.8)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	7056	1572	22.3	(21.3 - 23.3)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	973	311	32.1	(29.1 - 35.1)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1372	278	20.3	(18.2 - 22.5)
Pazienti infetti all'ammissione	8029	1883	23.5	(22.6 - 24.4)
Pazienti infetti in degenza	2345	589	25.2	(23.4 - 27)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

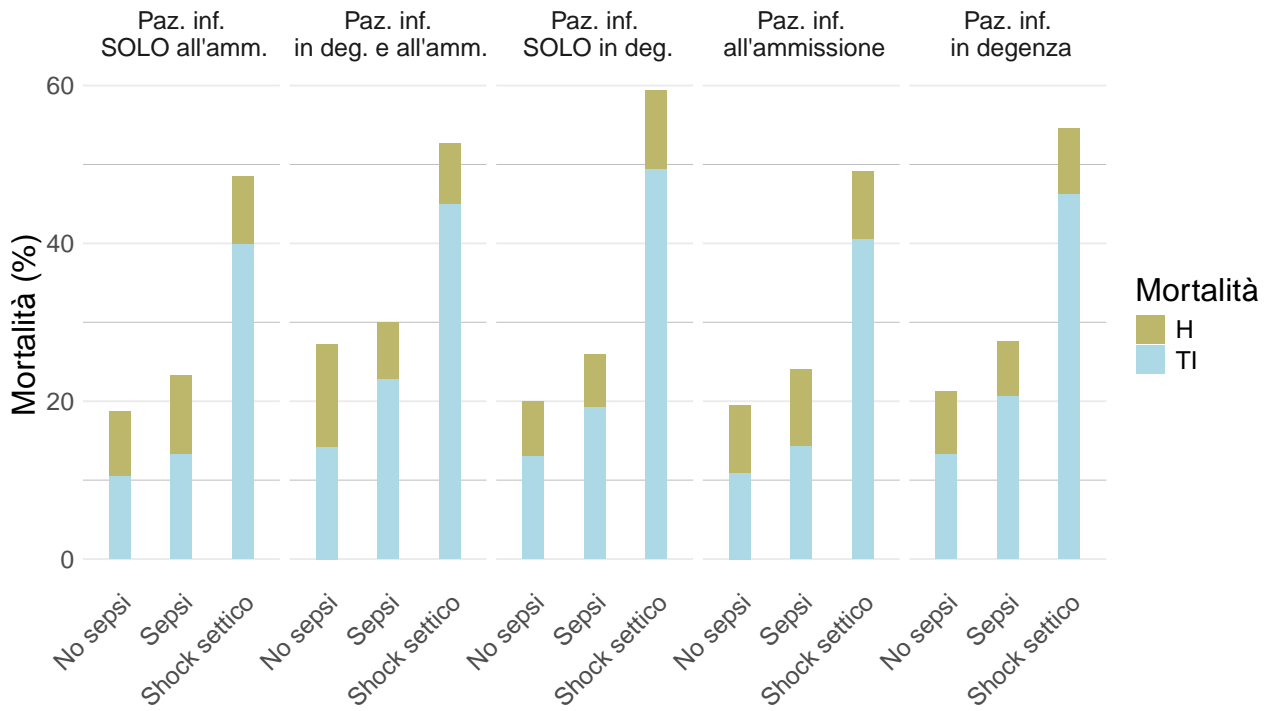


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	15214	2381	16.1	(15.5 - 16.7)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	7056	2094	31.4	(30.3 - 32.6)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	973	362	40.4	(37.2 - 43.7)
Pazienti infetti SOLO in degenza	1372	362	27.5	(25.1 - 30)
Pazienti infetti all'ammissione	8029	2456	32.5	(31.5 - 33.6)
Pazienti infetti in degenza	2345	724	32.7	(30.8 - 34.7)

* escluse le riammissioni (N = 775)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	7056	1746	2737	2570	24.8	38.8	36.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	973	149	361	463	15.3	37.1	47.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	1372	659	528	183	48.1	38.5	13.4
Pazienti infetti all'ammissione	8029	1895	3098	3033	23.6	38.6	37.8
Pazienti infetti in degenza	2345	808	889	646	34.5	37.9	27.6



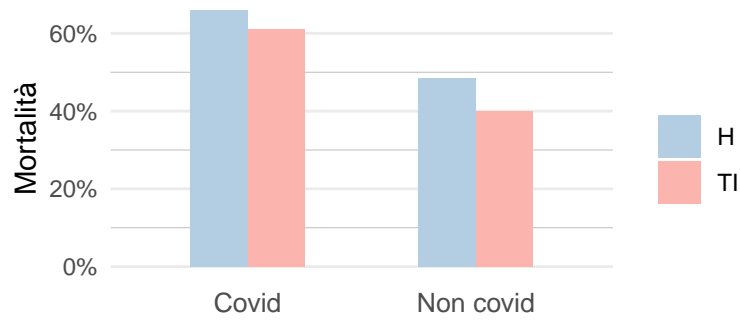
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	1746	185	10.6	1641	309	18.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	149	21	14.2	136	37	27.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	659	86	13.1	636	127	20.0
Pazienti infetti all'ammissione	1895	206	10.9	1777	346	19.5
Pazienti infetti in degenza	808	107	13.3	772	164	21.2

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	2737	363	13.3	2572	599	23.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	361	82	22.8	330	99	30.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	528	102	19.3	504	131	26.0
Pazienti infetti all'ammissione	3098	445	14.4	2902	698	24.1
Pazienti infetti in degenza	889	184	20.7	834	230	27.6

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2570	1022	39.9	2443	1184	48.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	463	208	45.0	429	226	52.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	183	90	49.5	175	104	59.4
Pazienti infetti all'ammissione	3033	1230	40.6	2872	1410	49.1
Pazienti infetti in degenza	646	298	46.3	604	330	54.6

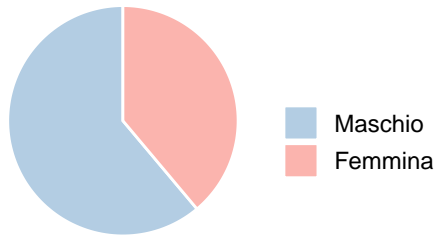
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	86	52	61.2	84	54	65.9
Non covid	2947	1178	40.1	2816	1356	48.6

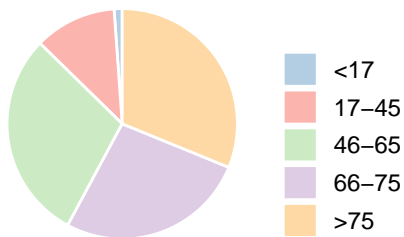
2 Tutti i pazienti (N = 24743)

2.1 Sesso



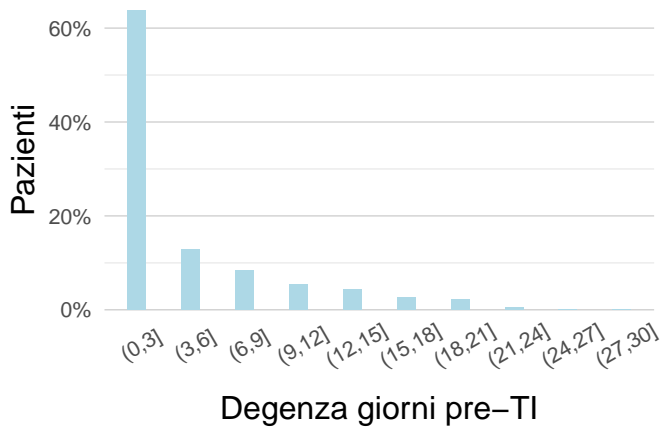
Sesso	N	%
Maschio	15054	61.1
Femmina	9574	38.9
Missing	115	0

2.2 Età



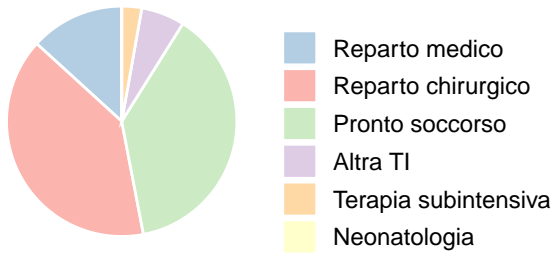
Range età	N	%
<17	280	1.1
17-45	2855	11.5
46-65	7295	29.5
66-75	6601	26.7
>75	7712	31.2
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



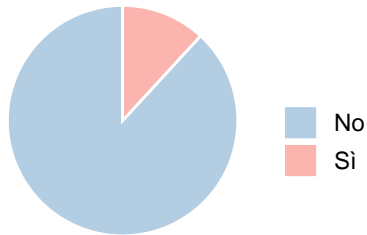
Indicatore	Valore
Media	4.5
DS	12.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	64

2.4 Provenienza (reparto)



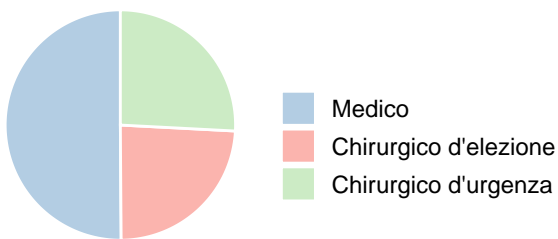
Provenienza	N	%
Reparto medico	3257	13.2
Reparto chirurgico	9802	39.8
Pronto soccorso	9376	38.1
Altra TI	1502	6.1
Terapia subintensiva	690	2.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	116	0

2.5 Trauma



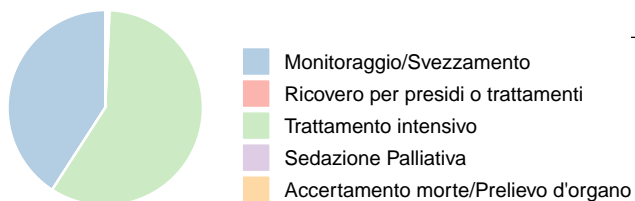
Trauma	N	%
No	21740	88.2
Si	2920	11.8
Missing	83	0

2.6 Stato Chirurgico



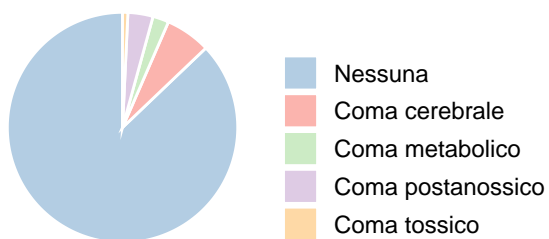
Stato chirurgico	N	%
Medico	12357	50.1
Chirurgico d'elezione	5934	24.1
Chirurgico d'urgenza	6369	25.8
Missing	83	0

2.7 Motivo di ammissione



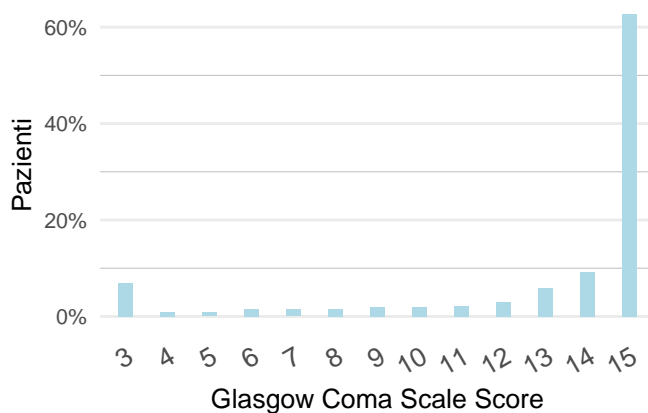
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	10063	40.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	14386	58.4
Sedazione Palliativa	90	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	86	0.3
Missing	118	0

2.8 Insufficienza neurologica



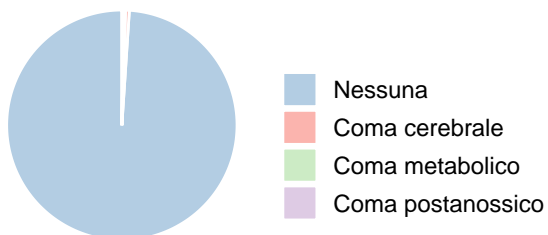
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	17384	87.1
Coma cerebrale	1267	6.3
Coma metabolico	450	2.3
Coma postanossico	703	3.5
Coma tossico	149	0.7
Missing	4790	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



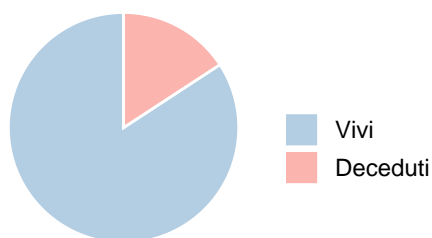
Indicatore	Valore
Media	13.0
DS	3.6
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



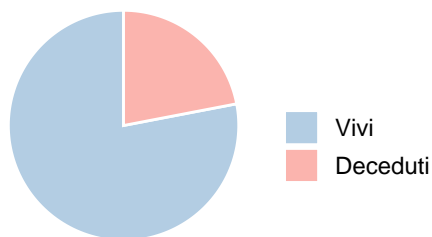
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	24368	99.0
Coma cerebrale	130	0.5
Coma metabolico	58	0.2
Coma postanossico	67	0.3
Missing	124	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	20734	84.2
Deceduti	3886	15.8
Missing	123	0

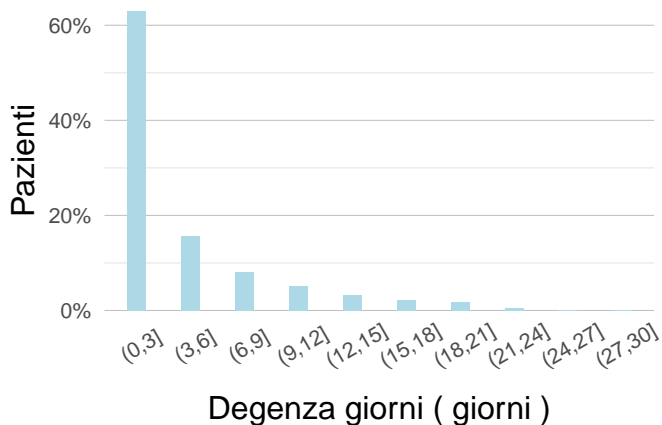
2.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	18489	78.0
Deceduti	5209	22.0
Missing	253	0

* Statistiche calcolate su 23951 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 792).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.9 (9.3)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	119

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

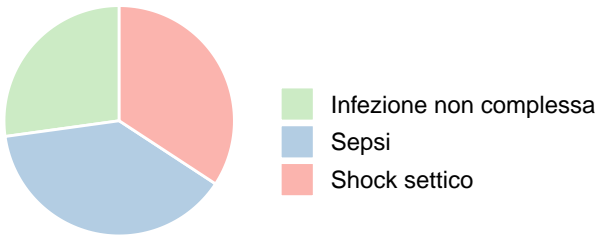


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.7 (23.1)
Mediana (Q1-Q3)	14 (7-26)
Missing	249

* Statistiche calcolate su 23951 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 792).

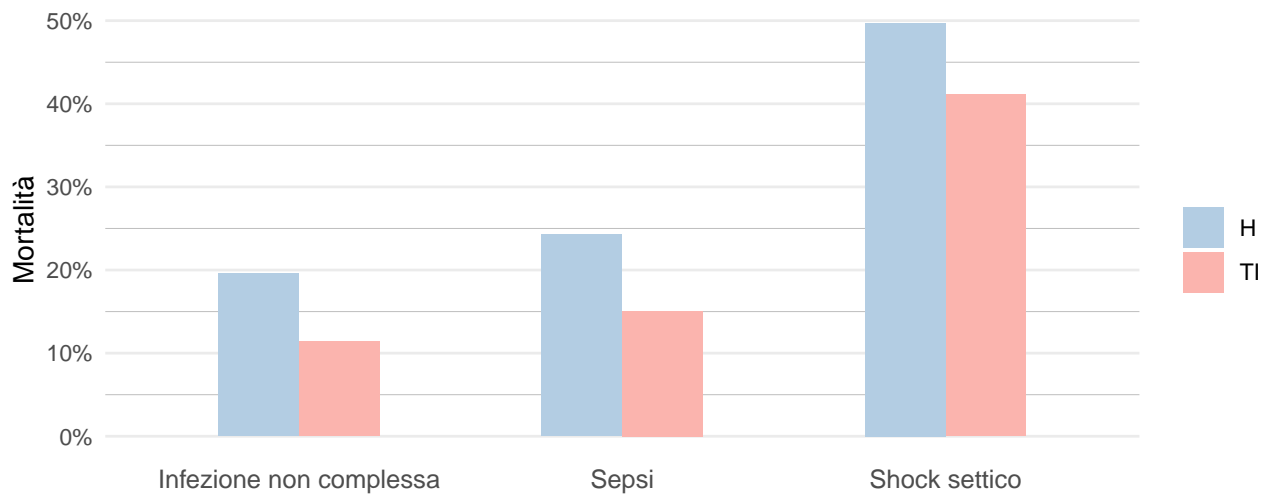
3 Pazienti infetti (N = 9401)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	2554	27.2
Sepsi	3626	38.6
Shock settico	3216	34.2
Missing	5	0

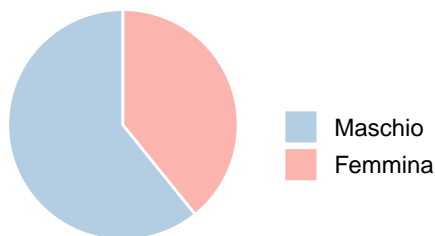
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	11.4	19.6
Sepsi	15.1	24.3
Shock settico	41.1	49.7

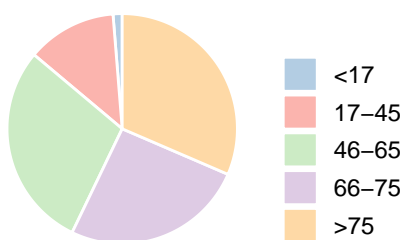
4 Pazienti non infetti (N = 15214)

4.1 Sesso



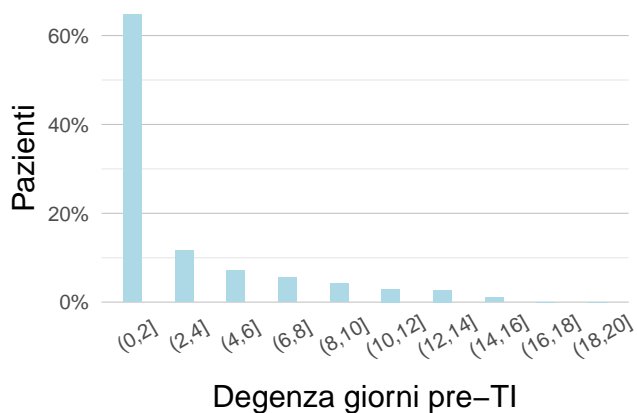
Sesso	N	%
Maschio	9208	60.8
Femmina	5934	39.2
Missing	72	0

4.2 Età



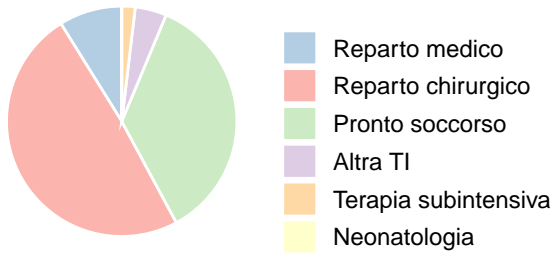
Range età	N	%
<17	195	1.3
17-45	1917	12.6
46-65	4406	29.0
66-75	3908	25.7
>75	4788	31.5
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



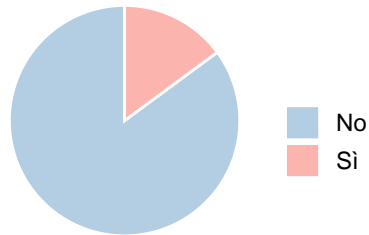
Indicatore	Valore
Media	3.4
DS	10.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	10

4.4 Provenienza (reparto)



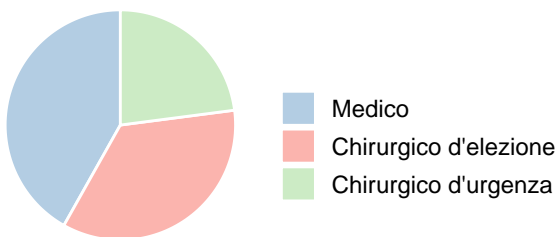
Provenienza	N	%
Reparto medico	1345	8.9
Reparto chirurgico	7435	49.0
Pronto soccorso	5435	35.8
Altra TI	669	4.4
Terapia subintensiva	286	1.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	44	0

4.5 Trauma



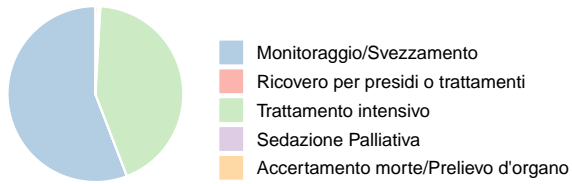
Trauma	N	%
No	12949	85.1
Si	2265	14.9
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



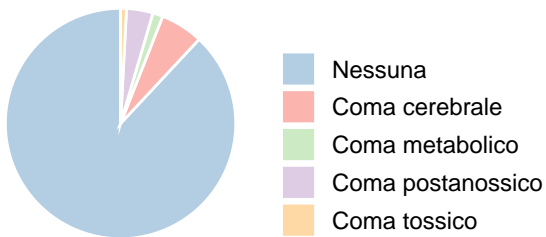
Stato chirurgico	N	%
Medico	6366	41.8
Chirurgico d'elezione	5358	35.2
Chirurgico d'urgenza	3490	22.9
Missing	0	0

4.7 Motivo di ammissione



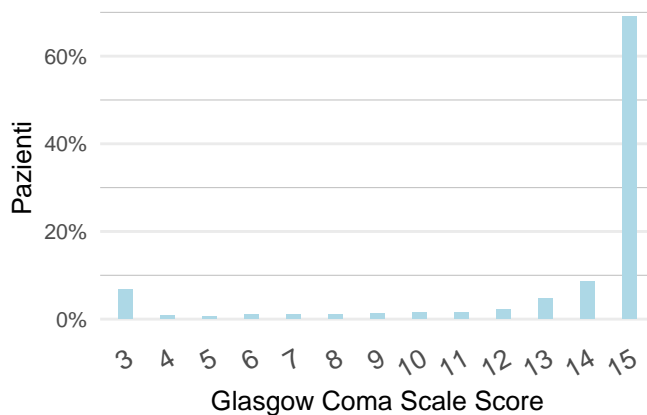
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	8484	55.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	6570	43.2
Sedazione Palliativa	66	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	71	0.5
Missing	23	0

4.8 Insufficienza neurologica



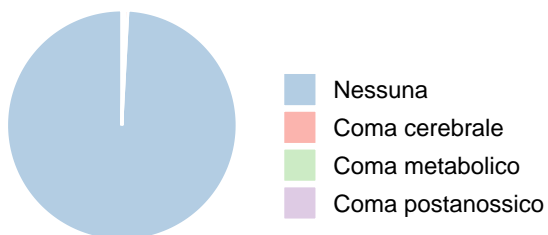
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	10843	88.1
Coma cerebrale	736	6.0
Coma metabolico	176	1.4
Coma postanossico	457	3.7
Coma tossico	102	0.8
Missing	2900	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



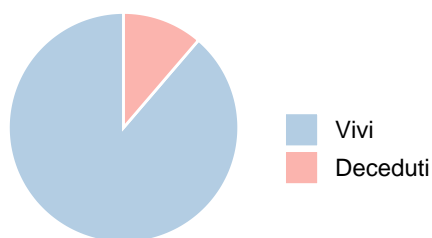
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.5
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



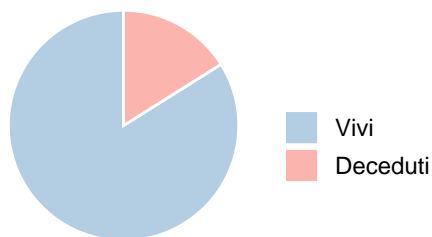
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	15088	99.2
Coma cerebrale	65	0.4
Coma metabolico	20	0.1
Coma postanossico	44	0.3
Missing	0	

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	13490	88.7
Deceduti	1715	11.3
Missing	9	0

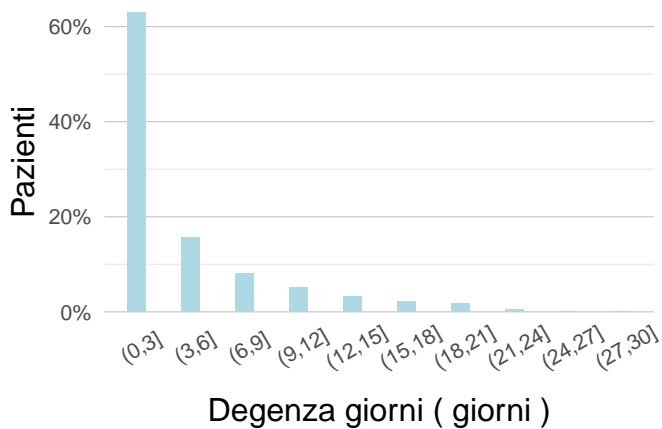
4.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	12432	83.9
Deceduti	2381	16.1
Missing	54	0

* Statistiche calcolate su 14867 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 347).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.1 (4.5)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	7

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

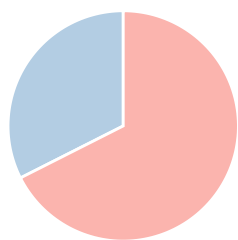


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.6 (19.9)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-21)
Missing	54

* Statistiche calcolate su 14867 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 347).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

Sono presenti 8029 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 32.45% della popolazione totale ammessa in TI.

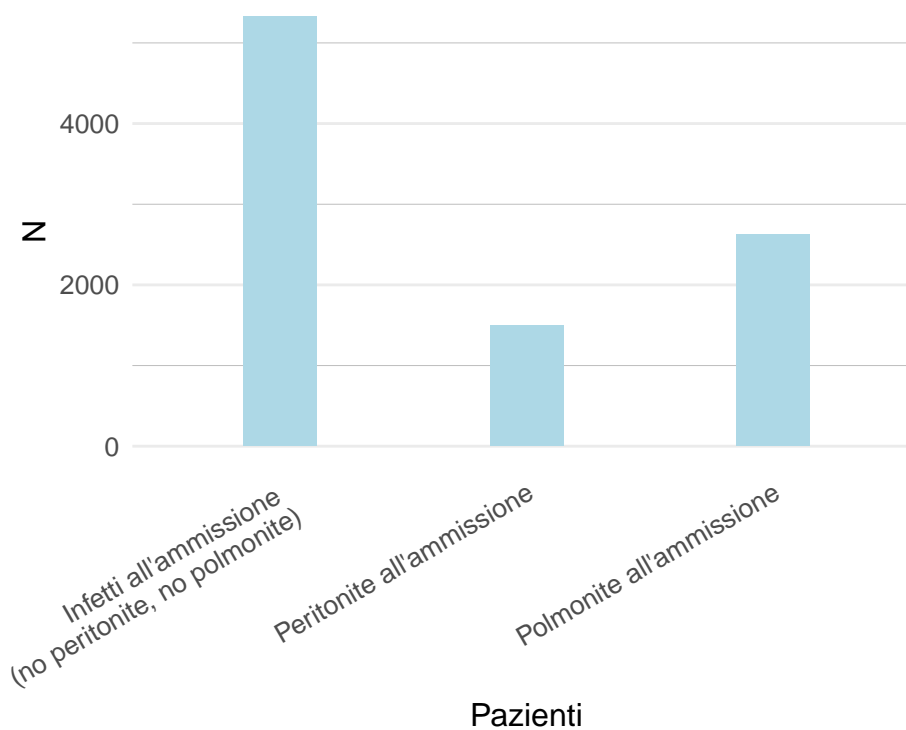


■ Infetti all'ammissione
■ Non infetti all'ammissione

Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	8029	32.45
Non infetti all'ammissione	16714	67.55

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 24743).

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

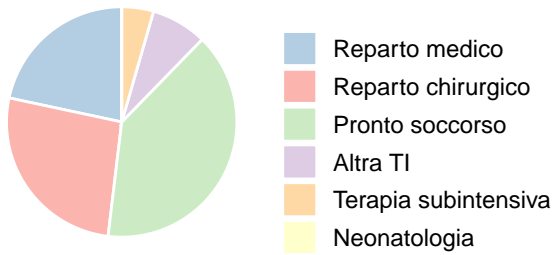


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	5331	66.40
Peritonite all'ammissione	1495	18.62
Polmonite all'ammissione	2628	32.73

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 8029).

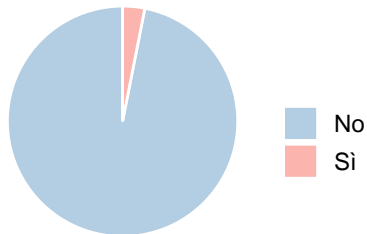
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 8029)

5.1 Provenienza (reparto)



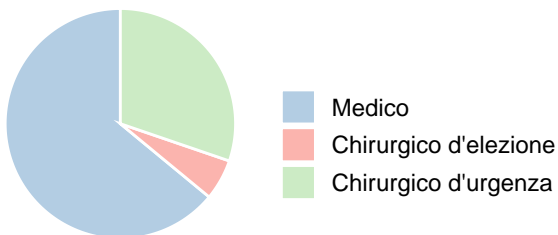
Provenienza	N	%
Reparto medico	1732	21.7
Reparto chirurgico	2116	26.5
Pronto soccorso	3168	39.6
Altra TI	626	7.8
Terapia subintensiva	357	4.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	30	0

5.2 Trauma



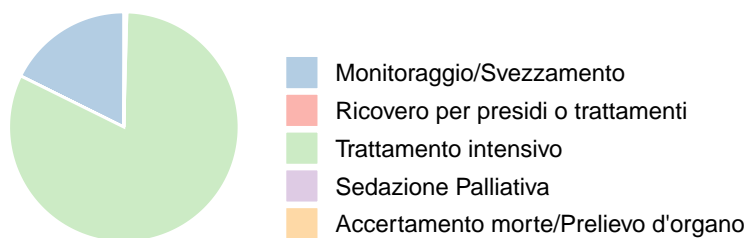
Trauma	N	%
No	7779	96.9
Si	249	3.1
Missing	1	0

5.3 Stato Chirurgico



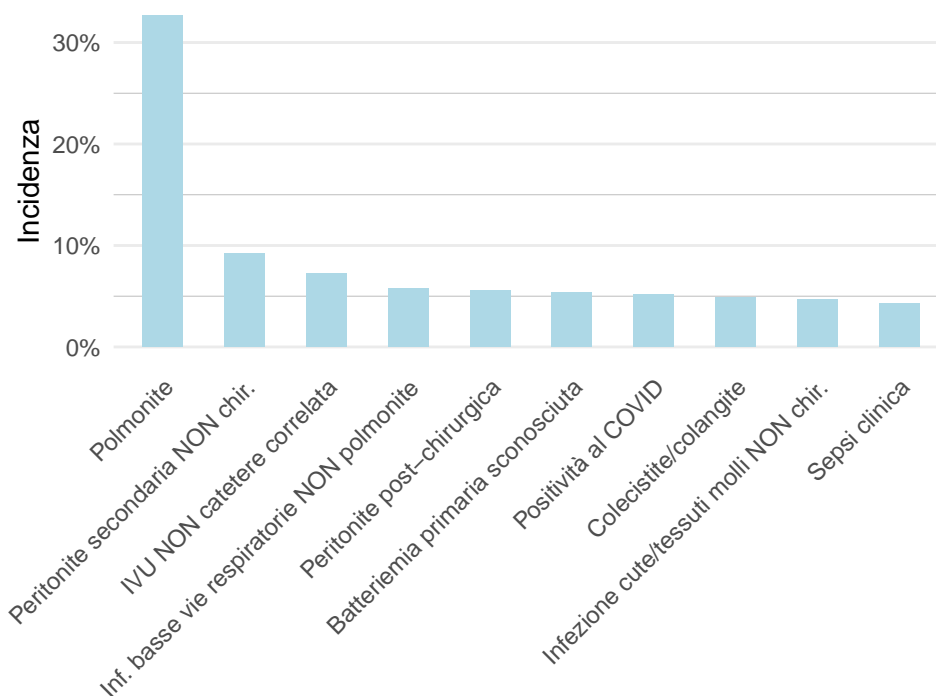
Stato chirurgico	N	%
Medico	5140	64.0
Chirurgico d'elezione	461	5.7
Chirurgico d'urgenza	2428	30.2
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1419	17.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	6573	81.9
Sedazione Palliativa	23	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	11	0.1
Missing	3	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)

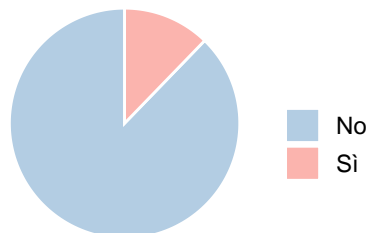


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	2628	32.7
Peritonite secondaria NON chir.	735	9.2
IVU NON catetere correlata	579	7.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	463	5.8
Peritonite post-chirurgica	448	5.6
Batteriemia primaria sconosciuta	433	5.4
Positivita al COVID	421	5.2

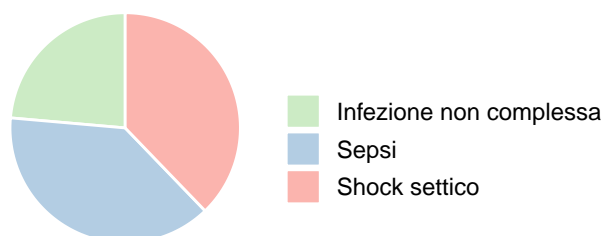
Colecistite/colangite	392	4.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	374	4.7
Sepsi clinica	342	4.3
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	7046	87.8
Si	983	12.2
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	1895	23.6
Sepsi	3098	38.6
Shock settico	3033	37.8
Missing	3	0

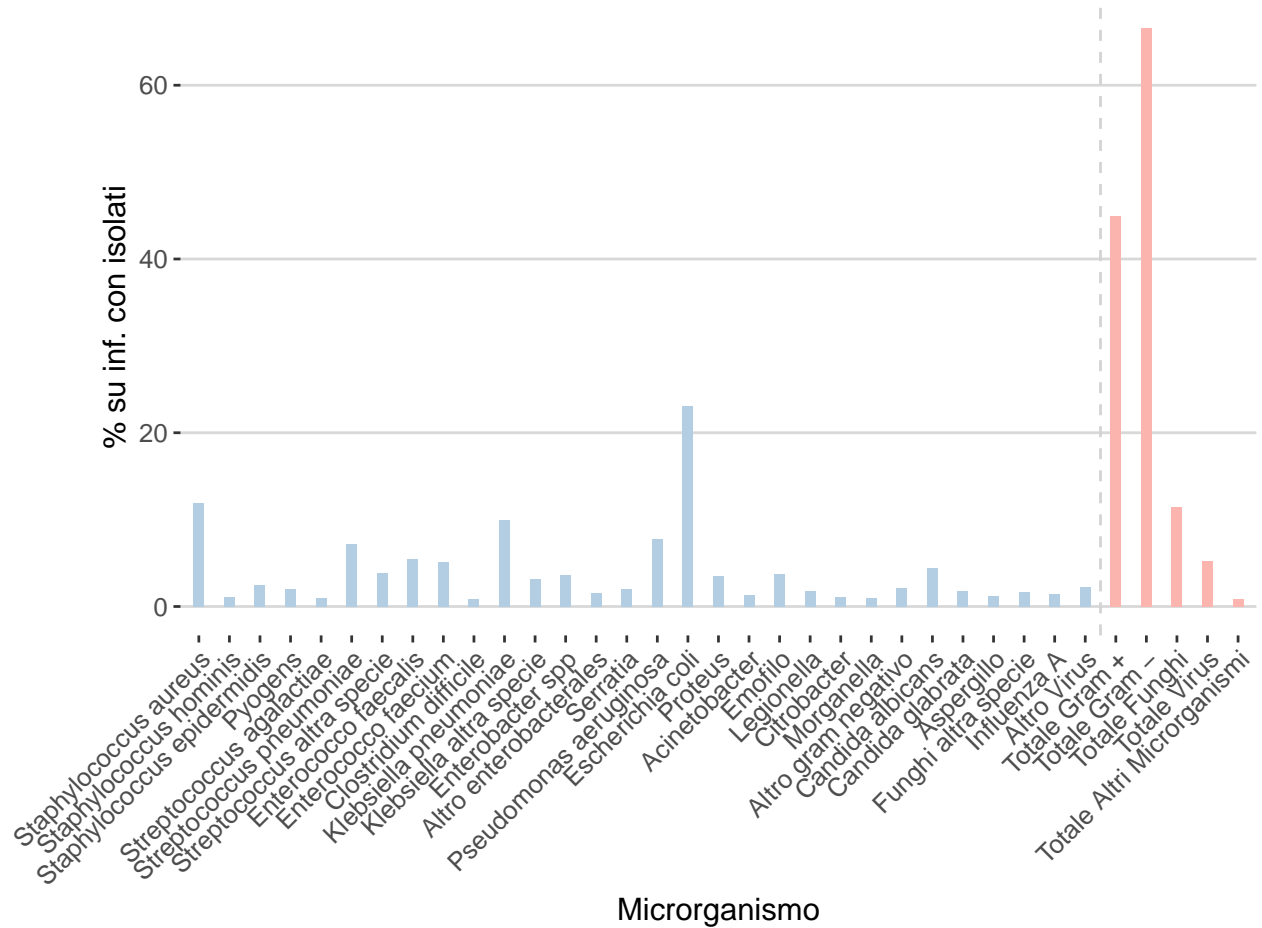
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2826	34.8
Si	5293	65.2
Missing	33	
Totale infezioni	8152	
Totale microrganismi isolati	7035	

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

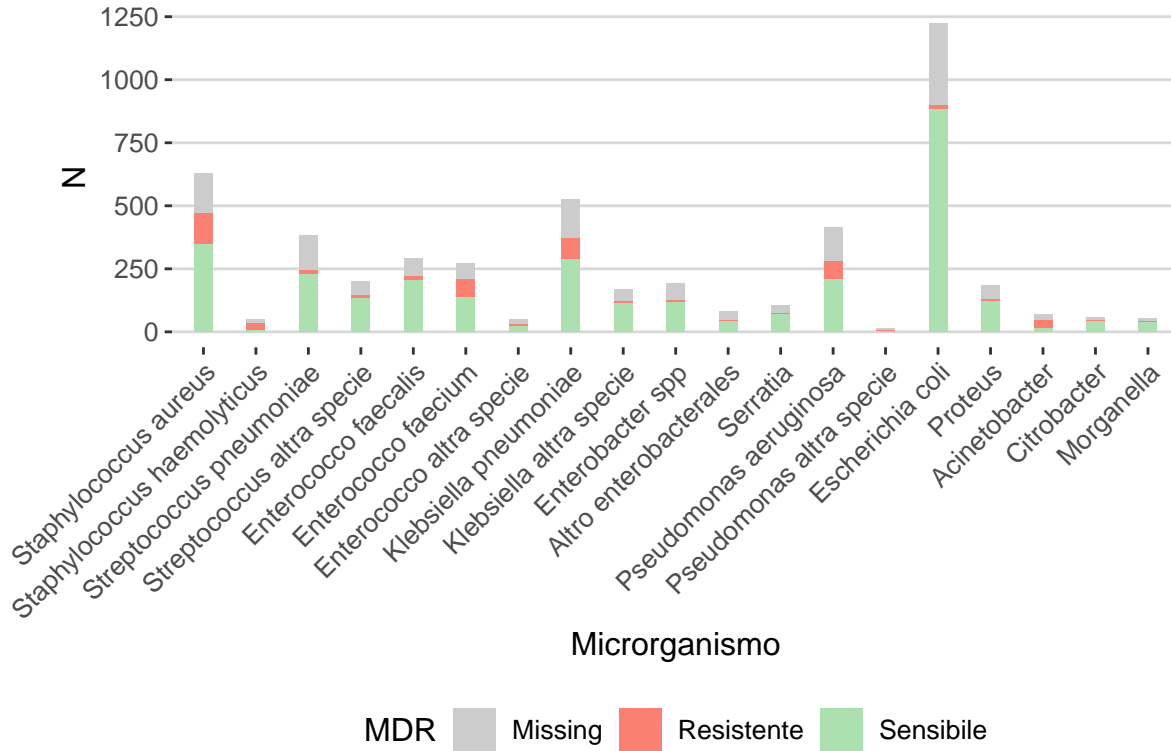
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



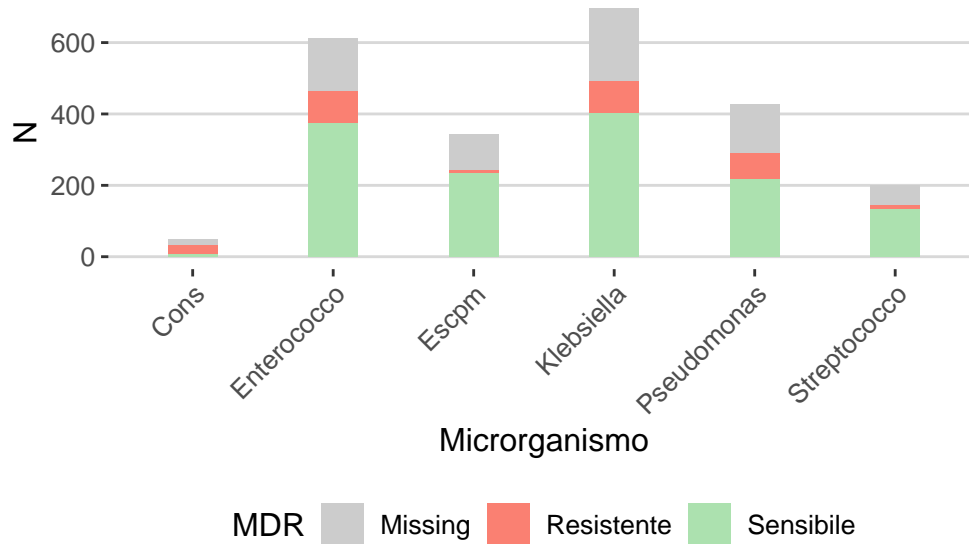
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	631	11.9	470	121	25.7
Staphylococcus capitis	26	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	42	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	49	0.9	34	25	73.5
Staphylococcus hominis	58	1.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	11	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	132	2.5	0	0	0
Pyogens	104	2.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	51	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	383	7.2	246	14	5.7
Streptococcus altra specie	199	3.8	145	10	6.9
Enterococco faecalis	293	5.5	222	13	5.9
Enterococco faecium	271	5.1	210	71	33.8
Enterococco altra specie	48	0.9	31	5	16.1
Clostridium difficile	50	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	31	0.6	0	0	0
Totale Gram +	2379	44.9	1358	259	19.1
Klebsiella pneumoniae	527	10.0	370	82	22.2
Klebsiella altra specie	171	3.2	121	5	4.1

Enterobacter spp	191	3.6	127	6	4.7
Altro enterobacterales	82	1.5	46	1	2.2
Serratia	106	2.0	73	2	2.7
Pseudomonas aeruginosa	415	7.8	282	71	25.2
Pseudomonas altra specie	12	0.2	7	1	14.3
Escherichia coli	1225	23.1	900	15	1.7
Proteus	184	3.5	128	4	3.1
Acinetobacter	71	1.3	46	29	63
Emofilo	194	3.7	0	0	0
Legionella	97	1.8	0	0	0
Citrobacter	58	1.1	45	0	0
Morganella	53	1.0	41	1	2.4
Providencia	11	0.2	0	0	0
Clamidia	13	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	113	2.1	0	0	0
Totale Gram -	3523	66.6	2186	217	9.9
Candida albicans	233	4.4	0	0	0
Candida auris	1	0.0	0	0	0
Candida glabrata	96	1.8	0	0	0
Candida krusei	27	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	30	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	29	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	10	0.2	0	0	0
Candida altra specie	17	0.3	0	0	0
Aspergillo	61	1.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	18	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	89	1.7	0	0	0
Totale Funghi	611	11.5	0	0	0
Influenza A	74	1.4			
Influenza AH3N2	5	0.1			
Influenza altro A	6	0.1			
Influenza B	11	0.2			
Influenza tipo non specificato	7	0.1			
Citomegalovirus	25	0.5			
Herpes simplex	31	0.6			
Altro Virus	117	2.2			
Totale Virus	276	5.2	0	0	0
Mycoplasma	17	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	25	0.5	0	0	0
Mycobacterium altra specie	8	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	50	0.9	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.



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	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138

Streptococco	199	145	135	10	6.90	54
--------------	-----	-----	-----	----	------	----

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	365	Ertapenem	57	15.62
Klebsiella pneumoniae	369	Meropenem	71	19.24
Klebsiella altra specie	119	Ertapenem	5	4.20
Klebsiella altra specie	121	Meropenem	3	2.48
Enterobacter spp	122	Ertapenem	6	4.92
Enterobacter spp	127	Meropenem	1	0.79
Altro enterobacterales	45	Ertapenem	1	2.22
Escherichia coli	886	Ertapenem	14	1.58
Escherichia coli	898	Meropenem	8	0.89
Morganella	40	Ertapenem	1	2.50
Morganella	41	Meropenem	1	2.44
Proteus	127	Ertapenem	2	1.57
Proteus	127	Meropenem	2	1.57
Serratia	71	Ertapenem	2	2.82
Acinetobacter	46	Imipenem	24	52.17
Acinetobacter	46	Meropenem	29	63.04
Pseudomonas aeruginosa	273	Imipenem	67	24.54
Pseudomonas aeruginosa	281	Meropenem	45	16.01
Pseudomonas altra specie	7	Imipenem	1	14.29
Pseudomonas altra specie	7	Meropenem	1	14.29
Staphylococcus haemolyticus	34	Meticillina	25	73.53
Staphylococcus aureus	470	Meticillina	121	25.74
Streptococcus pneumoniae	246	Penicillina	14	5.69
Streptococcus altra specie	145	Penicillina	10	6.90
Enterococco faecalis	222	Vancomicina	13	5.86
Enterococco faecium	210	Vancomicina	71	33.81
Enterococco altra specie	31	Vancomicina	5	16.13

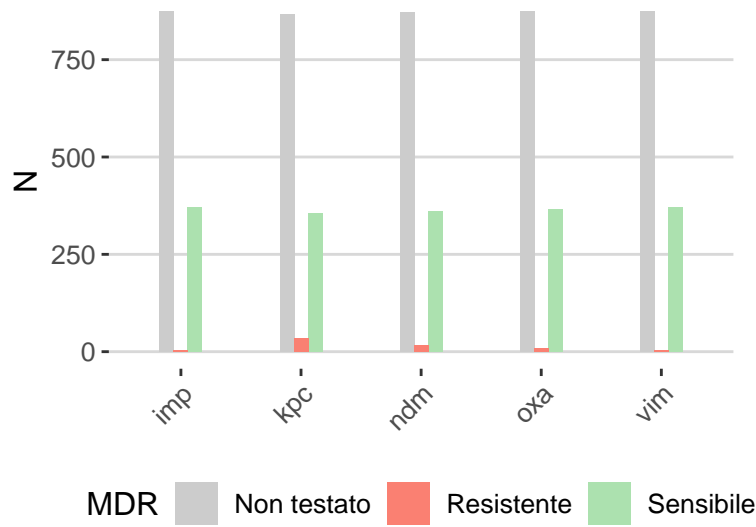
5.8.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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	%
---	---

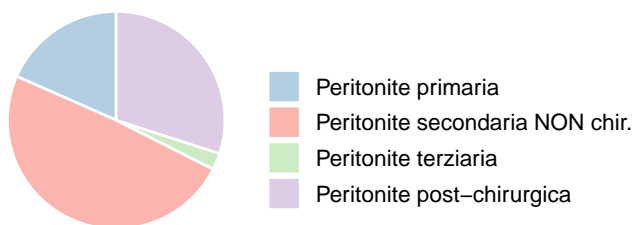
Sì	55	4.37
No	331	26.29
Non testato	873	69.34
Missing	1349	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	4	5.6	372	875
kpc	35	49.3	355	867
ndm	17	23.9	362	873
oxa	10	14.1	367	874
vim	5	7.0	371	875



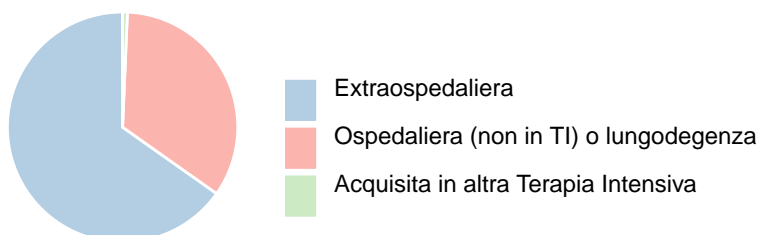
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 1495)

6.1 Tipologia di peritonite



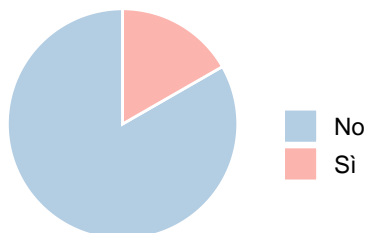
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	275	18.4
Peritonite secondaria NON chir.	735	49.2
Peritonite terziaria	37	2.5
Peritonite post-chirurgica	448	30.0
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



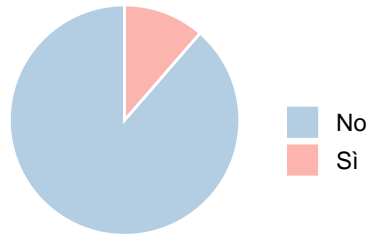
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	973	65.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	509	34.1
Acquisita in altra Terapia Intensiva	10	0.7
Missing	3	0

6.3 Infezione batteriemica



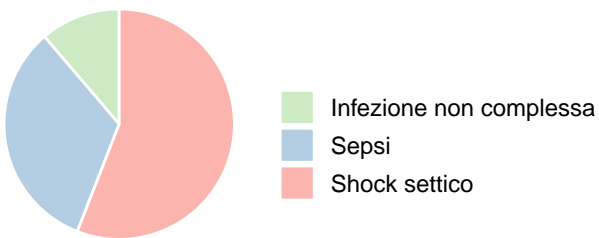
Batteriemica	N	%
No	1242	83.3
Si	249	16.7
Missing	4	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	1325	88.6
Sì	170	11.4
Missing	0	0

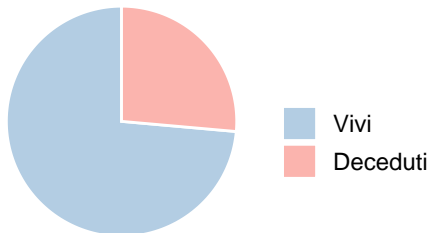
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	149	11.2
Sepsi	435	32.8
Shock settico	741	55.9
Missing	0	0

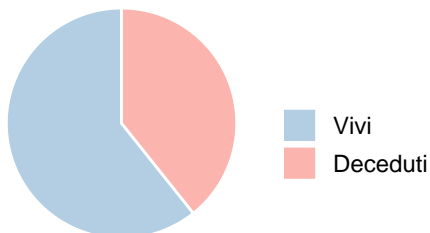
* Statistiche calcolate su 1325 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 170).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1098	73.6
Deceduti	394	26.4
Missing	3	0

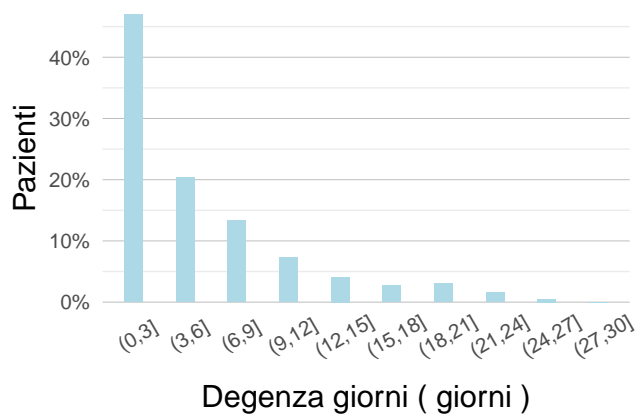
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	824	60.7
Deceduti	533	39.3
Missing	13	0

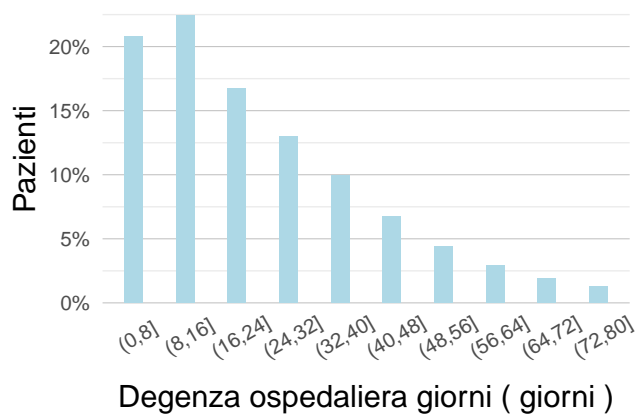
* Statistiche calcolate su 1370 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 125).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (9.7)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	2

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.7 (25.6)
Mediana (Q1-Q3)	20 (10-38)
Missing	13

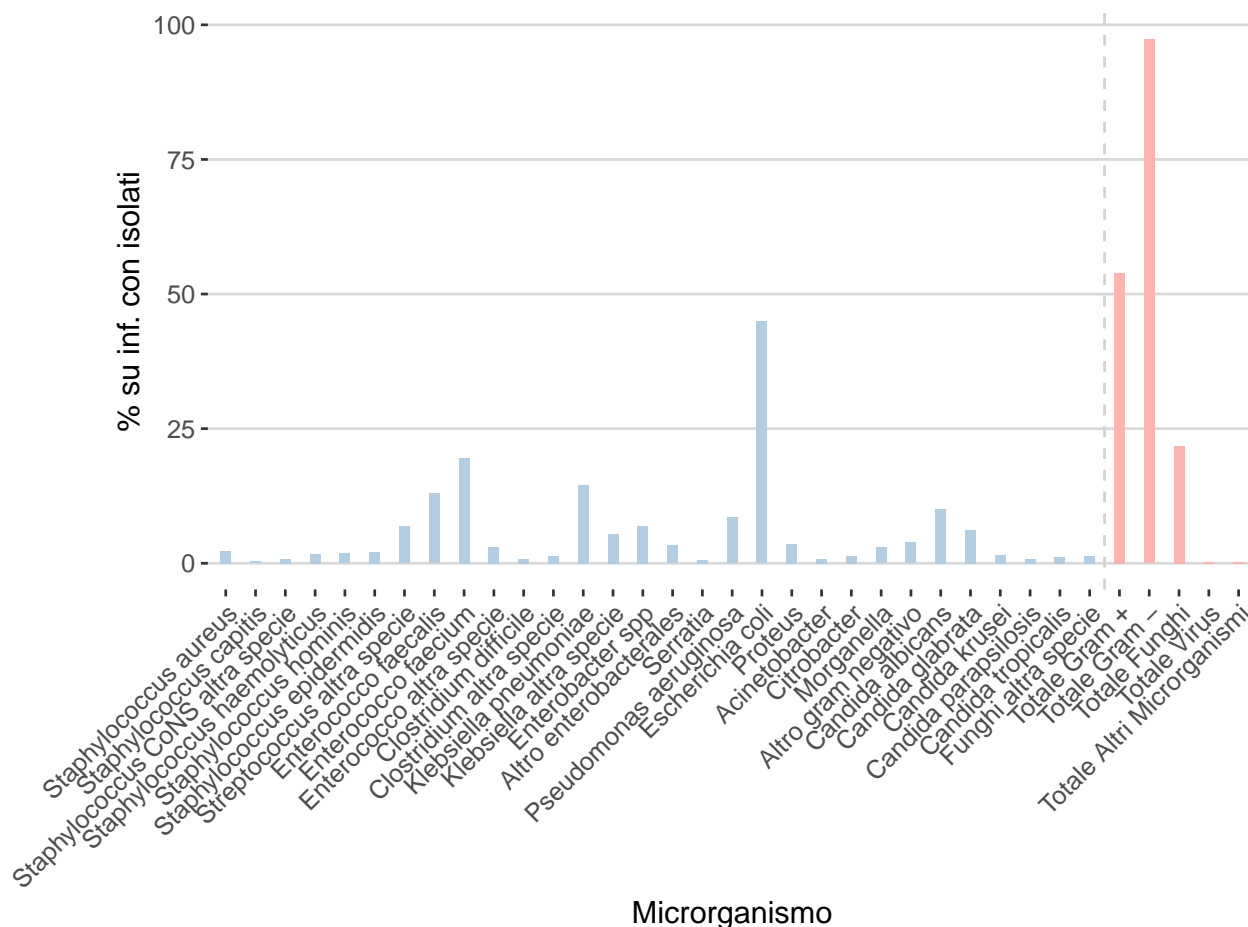
* Statistiche calcolate su 1370 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 125).

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	828	55.6
Sì	662	44.4
Missing	5	
Totale infezioni	1495	
Totale microrganismi isolati	1150	

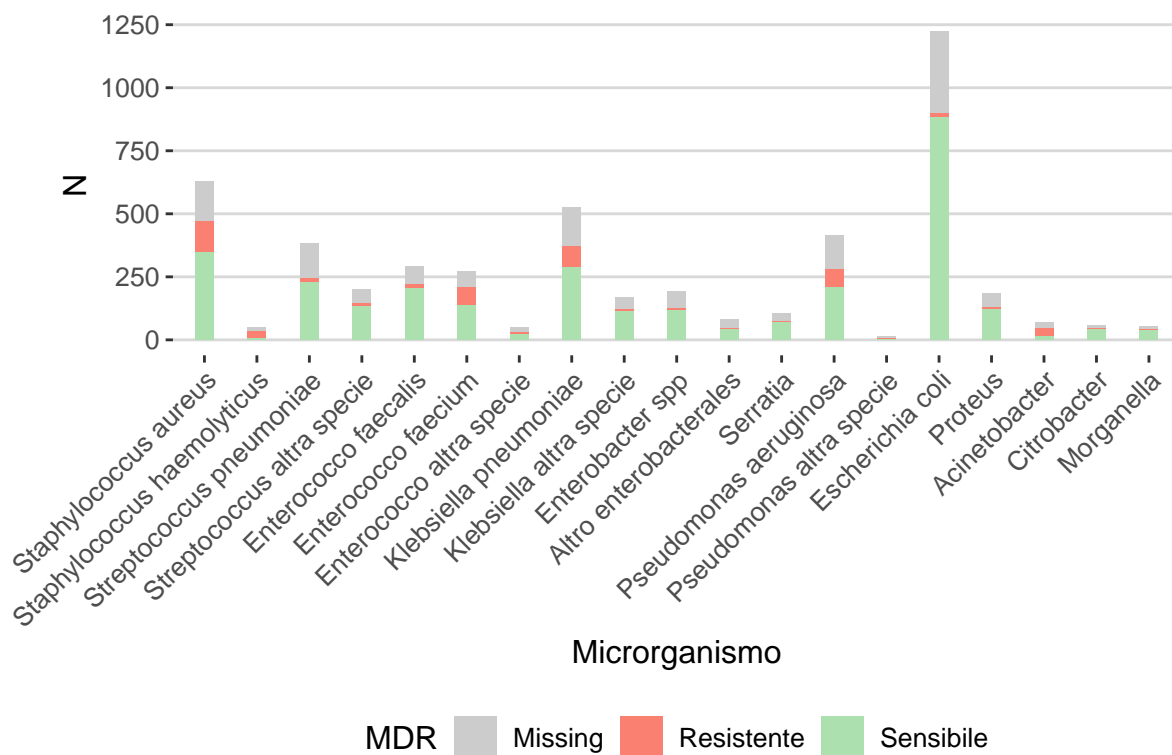
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



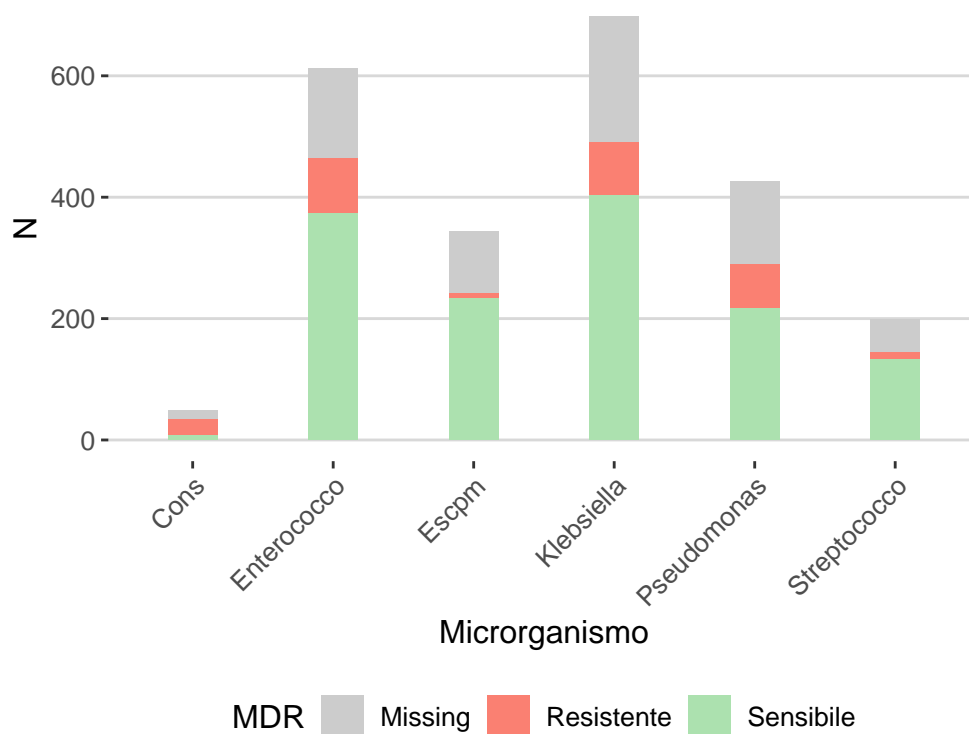
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	2.3	10	2	20
Staphylococcus capitis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.8	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	11	1.7	6	5	83.3
Staphylococcus hominis	12	1.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	2.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	45	6.8	33	0	0
Enterococco faecalis	86	13.0	66	6	9.1
Enterococco faecium	130	19.6	106	37	34.9
Enterococco altra specie	20	3.0	14	4	28.6
Clostridium difficile	5	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	9	1.4	0	0	0
Totale Gram +	357	53.9	236	54	22.9
Klebsiella pneumoniae	96	14.5	68	9	13.2
Klebsiella altra specie	36	5.4	26	2	7.7
Enterobacter spp	46	6.9	26	2	7.7
Altro enterobacterales	22	3.3	14	1	7.1
Serratia	4	0.6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	56	8.5	42	12	28.6
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	1	50
Escherichia coli	297	44.9	216	3	1.4
Proteus	24	3.6	18	1	5.6
Acinetobacter	5	0.8	5	4	80
Emofilo	2	0.3	0	0	0
Citrobacter	9	1.4	7	0	0
Morganella	19	2.9	15	0	0
Altro gram negativo	26	3.9	0	0	0
Totale Gram -	644	97.3	442	35	7.9
Candida albicans	67	10.1	0	0	0
Candida glabrata	41	6.2	0	0	0
Candida krusei	10	1.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.8	0	0	0
Candida tropicalis	8	1.2	0	0	0
Candida altra specie	2	0.3	0	0	0
Aspergillo	2	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	9	1.4	0	0	0
Totale Funghi	144	21.8	0	0	0
Altro Virus	1	0.2			
Totale Virus	1	0.2	0	0	0
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.2	0	0	0

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



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



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

Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	68	Ertapenem	5	7.35
Klebsiella pneumoniae	68	Meropenem	9	13.24
Klebsiella altra specie	26	Ertapenem	2	7.69
Klebsiella altra specie	26	Meropenem	1	3.85
Enterobacter spp	25	Ertapenem	2	8.00
Enterobacter spp	26	Meropenem	1	3.85
Altro enterobacterales	14	Ertapenem	1	7.14
Escherichia coli	213	Ertapenem	3	1.41
Escherichia coli	215	Meropenem	2	0.93
Proteus	18	Meropenem	1	5.56
Acinetobacter	5	Imipenem	4	80.00
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80.00
Pseudomonas aeruginosa	41	Imipenem	12	29.27
Pseudomonas aeruginosa	42	Meropenem	3	7.14
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	5	83.33
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	2	20.00
Enterococco faecalis	66	Vancomicina	6	9.09
Enterococco faecium	106	Vancomicina	37	34.91
Enterococco altra specie	14	Vancomicina	4	28.57

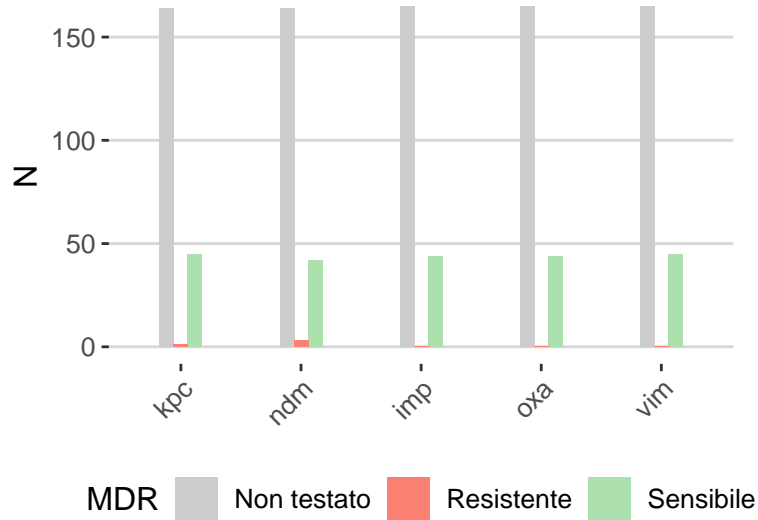
6.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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	4	1.9

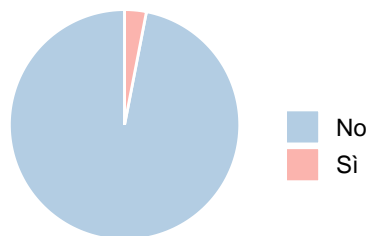
No	42	19.91
Non testato	165	78.2
Missing	246	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	44	165
kpc	1	25	45	164
ndm	3	75	42	164
oxa	0	0	44	165
vim	0	0	45	165



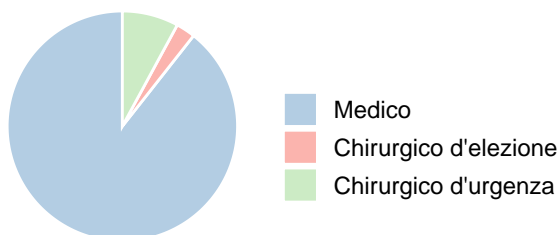
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 2628)

7.1 Trauma



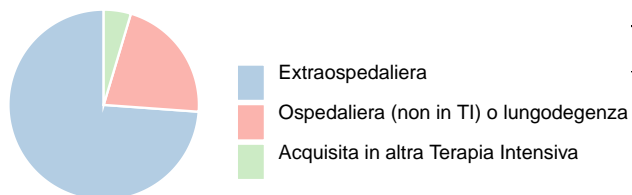
Trauma	N	%
No	2548	97.0
Sì	80	3.0
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



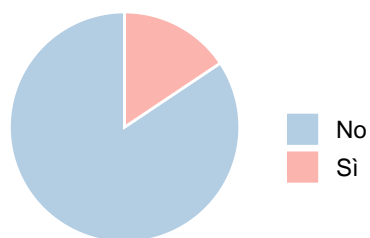
Stato chirurgico	N	%
Medico	2349	89.4
Chirurgico d'elezione	71	2.7
Chirurgico d'urgenza	208	7.9
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



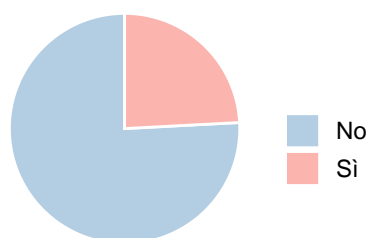
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	1935	73.9
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	564	21.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	121	4.6
Missing	8	0

7.4 Infezione batteriemica



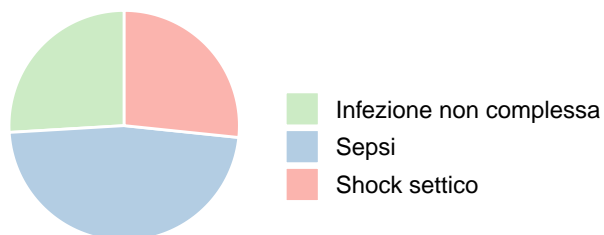
Batteriemica	N	%
No	2210	84.4
Si	409	15.6
Missing	9	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	1993	75.8
Si	635	24.2
Missing	0	0

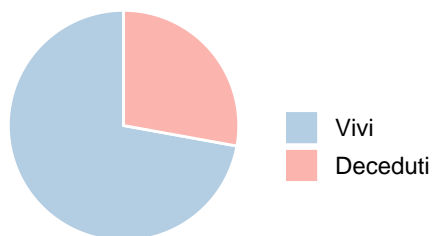
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	517	25.9
Sepsi	945	47.4
Shock settico	531	26.6
Missing	0	0

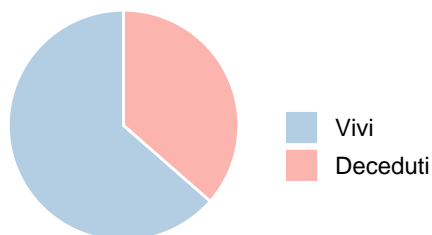
* Statistiche calcolate su 1993 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 635).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1894	72.2
Deceduti	731	27.8
Missing	3	0

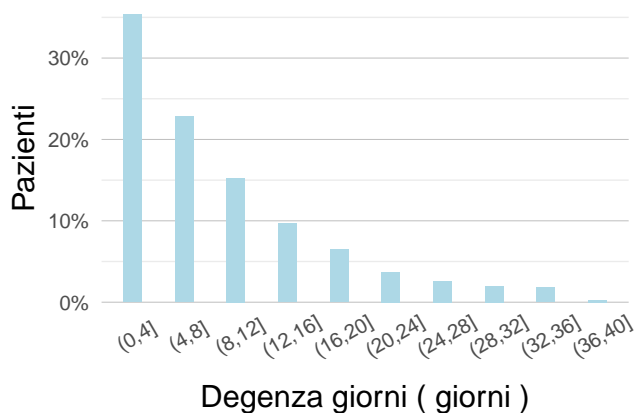
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	1572	63.6
Deceduti	901	36.4
Missing	32	0

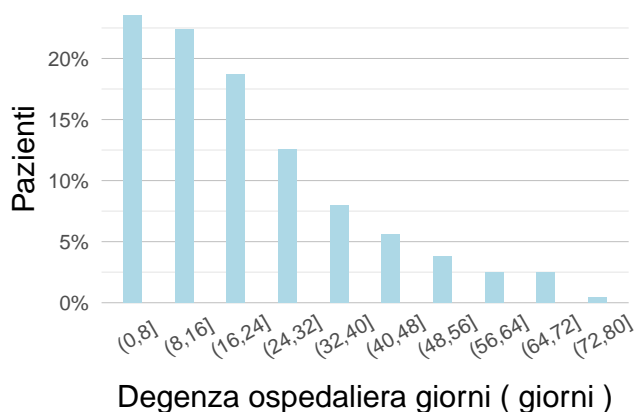
* Statistiche calcolate su 2505 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 123).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.6 (13.3)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3-15)
Missing	4

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.7 (24.2)
Mediana (Q1-Q3)	19 (9-34)
Missing	32

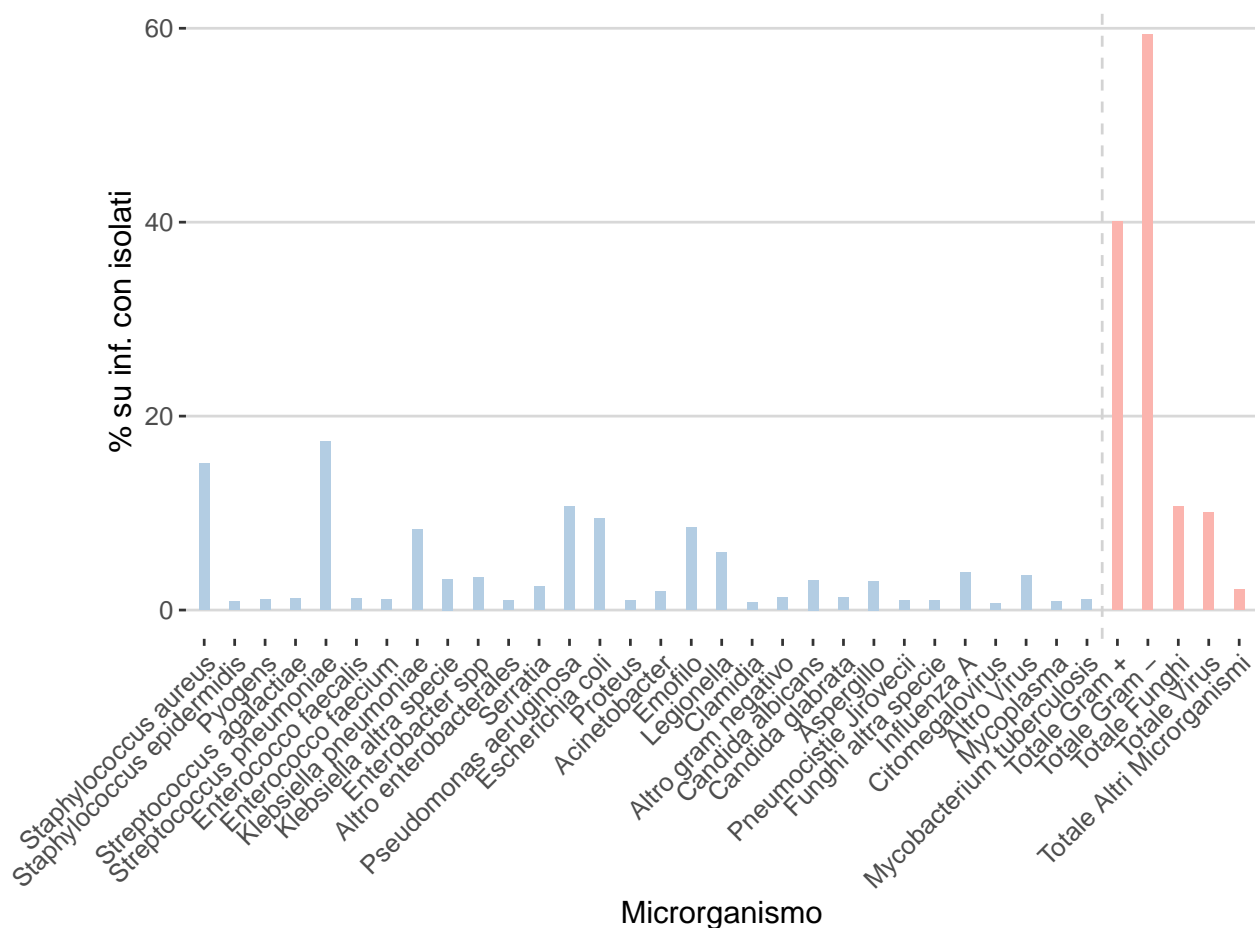
* Statistiche calcolate su 2505 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 123).

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	984	37.6
Sì	1634	62.4
Missing	10	
Totale infezioni	2628	
Totale microrganismi isolati	2161	

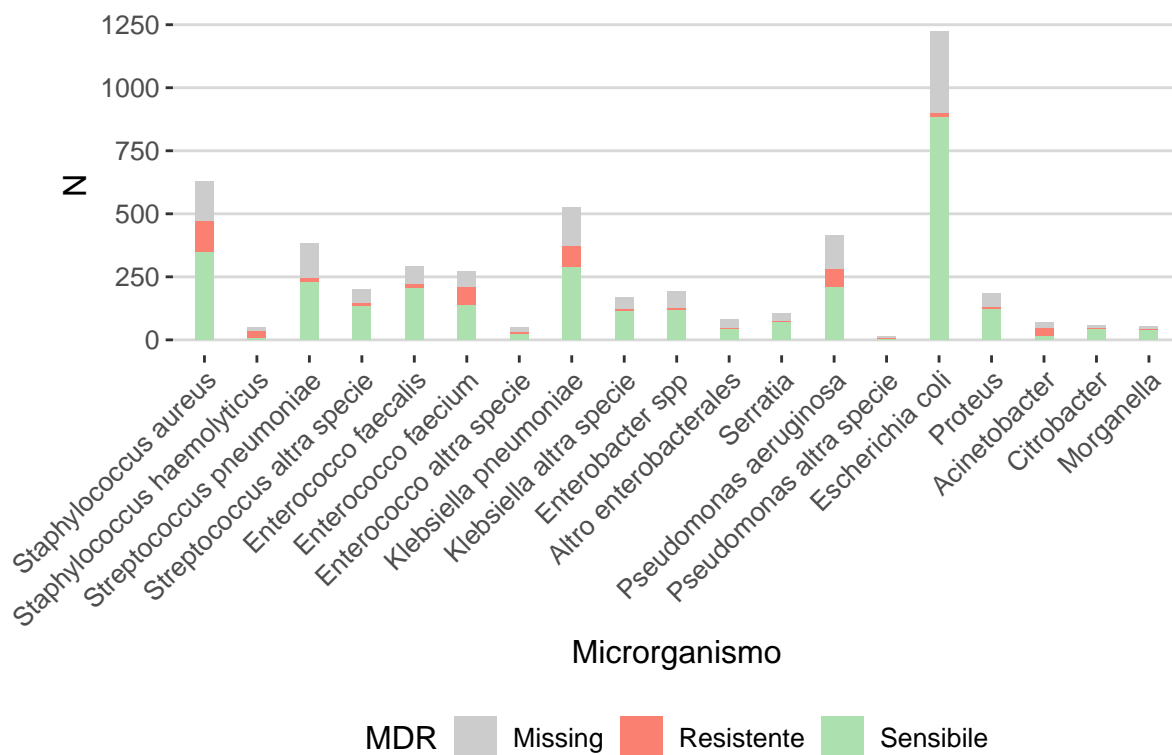
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



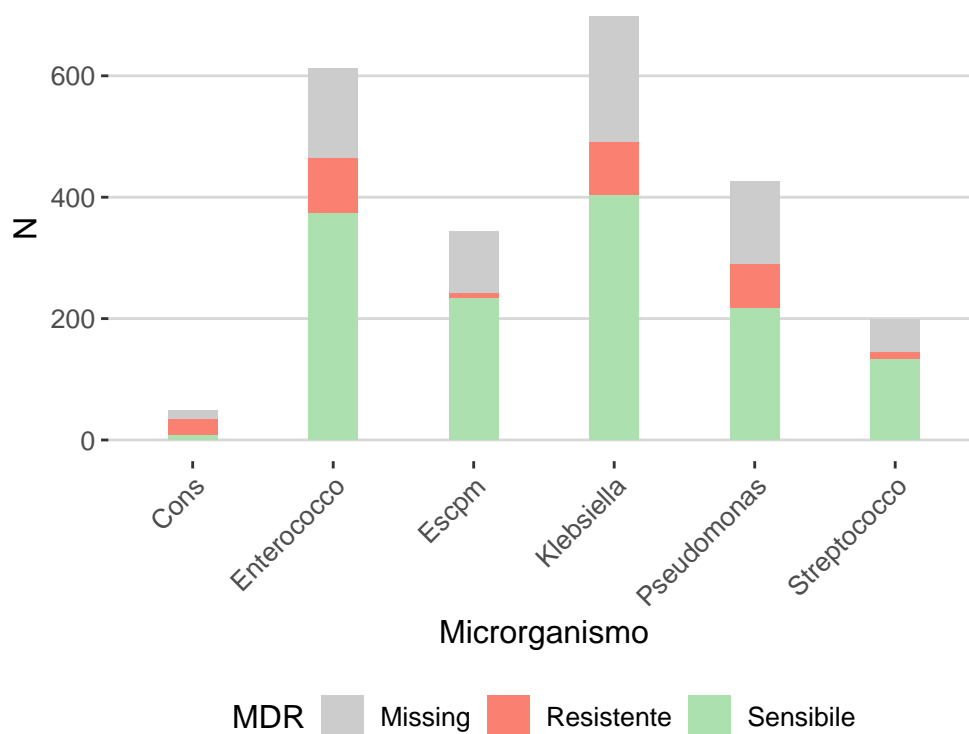
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	246	15.1	180	53	29.4
Staphylococcus capitis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	8	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	0.4	6	6	100
Staphylococcus hominis	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	0.9	0	0	0
Pyogens	18	1.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	19	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	284	17.4	176	10	5.7
Streptococcus altra specie	10	0.6	7	1	14.3
Enterococco faecalis	19	1.2	9	2	22.2
Enterococco faecium	18	1.1	11	3	27.3
Enterococco altra specie	3	0.2	2	0	0
Clostridium difficile	1	0.1	0	0	0
Totale Gram +	656	40.1	391	75	19.2
Klebsiella pneumoniae	136	8.3	98	23	23.5
Klebsiella altra specie	52	3.2	35	1	2.9
Enterobacter spp	55	3.4	36	2	5.6
Altro enterobacterales	17	1.0	11	0	0
Serratia	39	2.4	26	1	3.8

Pseudomonas aeruginosa	175	10.7	106	25	23.6
Pseudomonas altra specie	4	0.2	3	0	0
Escherichia coli	153	9.4	110	2	1.8
Proteus	17	1.0	13	0	0
Acinetobacter	31	1.9	20	11	55
Emofilo	139	8.5	0	0	0
Legionella	96	5.9	0	0	0
Citrobacter	10	0.6	8	0	0
Morganella	9	0.6	6	0	0
Providencia	3	0.2	0	0	0
Clamidia	13	0.8	0	0	0
Altro gram negativo	21	1.3	0	0	0
Totale Gram -	970	59.4	472	65	13.8
Candida albicans	50	3.1	0	0	0
Candida glabrata	21	1.3	0	0	0
Candida krusei	6	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.2	0	0	0
Candida altra specie	6	0.4	0	0	0
Aspergillo	49	3.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	17	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	17	1.0	0	0	0
Totale Funghi	175	10.7	0	0	0
Influenza A	64	3.9			
Influenza AH3N2	4	0.2			
Influenza altro A	5	0.3			
Influenza B	9	0.6			
Influenza tipo non specificato	6	0.4			
Citomegalovirus	12	0.7			
Herpes simplex	6	0.4			
Altro Virus	59	3.6			
Totale Virus	165	10.1	0	0	0
Mycoplasma	15	0.9	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	18	1.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	35	2.1	0	0	0

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



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



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

Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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.

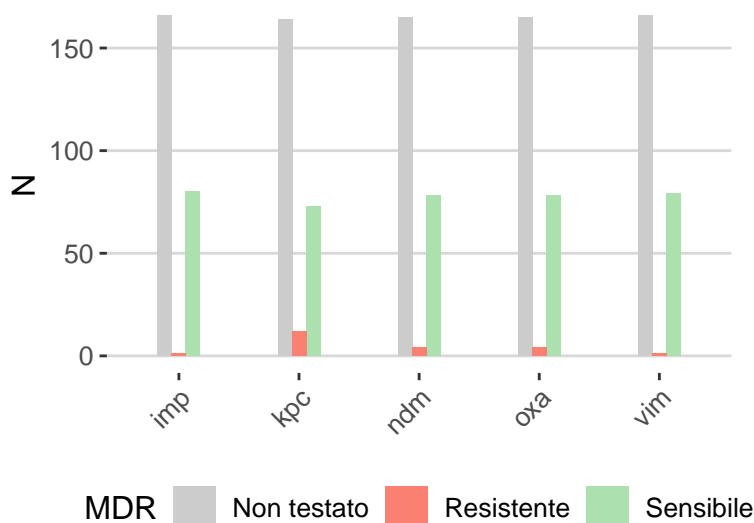
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	96	Ertapenem	16	16.67
Klebsiella pneumoniae	98	Meropenem	19	19.39
Klebsiella altra specie	35	Ertapenem	1	2.86
Klebsiella altra specie	35	Meropenem	1	2.86
Enterobacter spp	34	Ertapenem	2	5.88
Escherichia coli	109	Ertapenem	1	0.92
Escherichia coli	110	Meropenem	1	0.91
Serratia	26	Ertapenem	1	3.85
Acinetobacter	20	Imipenem	8	40.00
Acinetobacter	20	Meropenem	11	55.00
Pseudomonas aeruginosa	104	Imipenem	25	24.04
Pseudomonas aeruginosa	106	Meropenem	16	15.09
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	6	100.00
Staphylococcus aureus	180	Meticillina	53	29.44
Streptococcus pneumoniae	176	Penicillina	10	5.68
Streptococcus altra specie	7	Penicillina	1	14.29
Enterococco faecalis	9	Vancomicina	2	22.22
Enterococco faecium	11	Vancomicina	3	27.27

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	%
Si	18	7.23
No	65	26.1
Non testato	166	66.67
Missing	242	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	4.5	80	166
kpc	12	54.5	73	164
ndm	4	18.2	78	165
oxa	4	18.2	78	165
vim	1	4.5	79	166

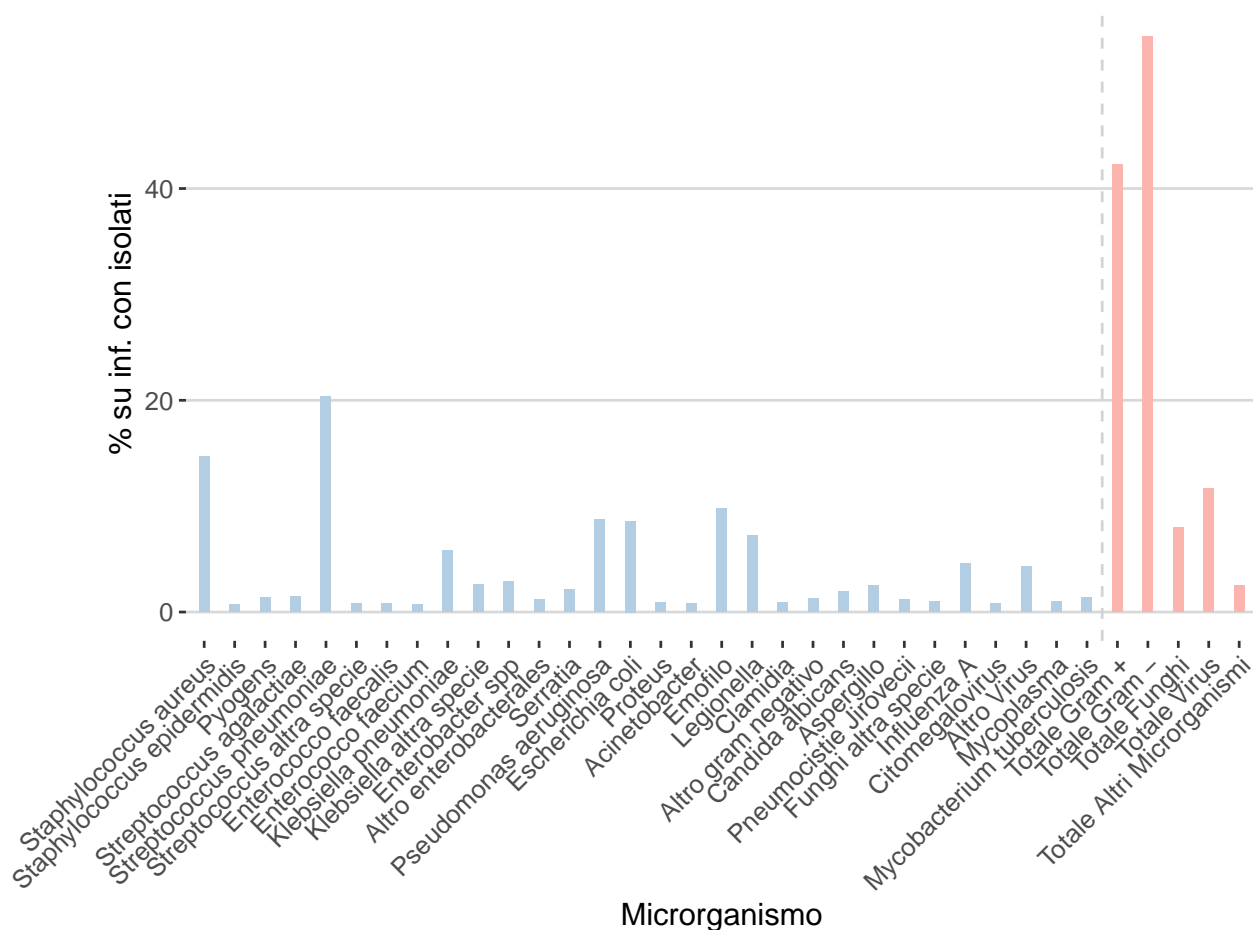


7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	754	36.7
Sì	1302	63.3
Missing	0	
Totale infezioni	2056	
Totale microrganismi isolati	1694	

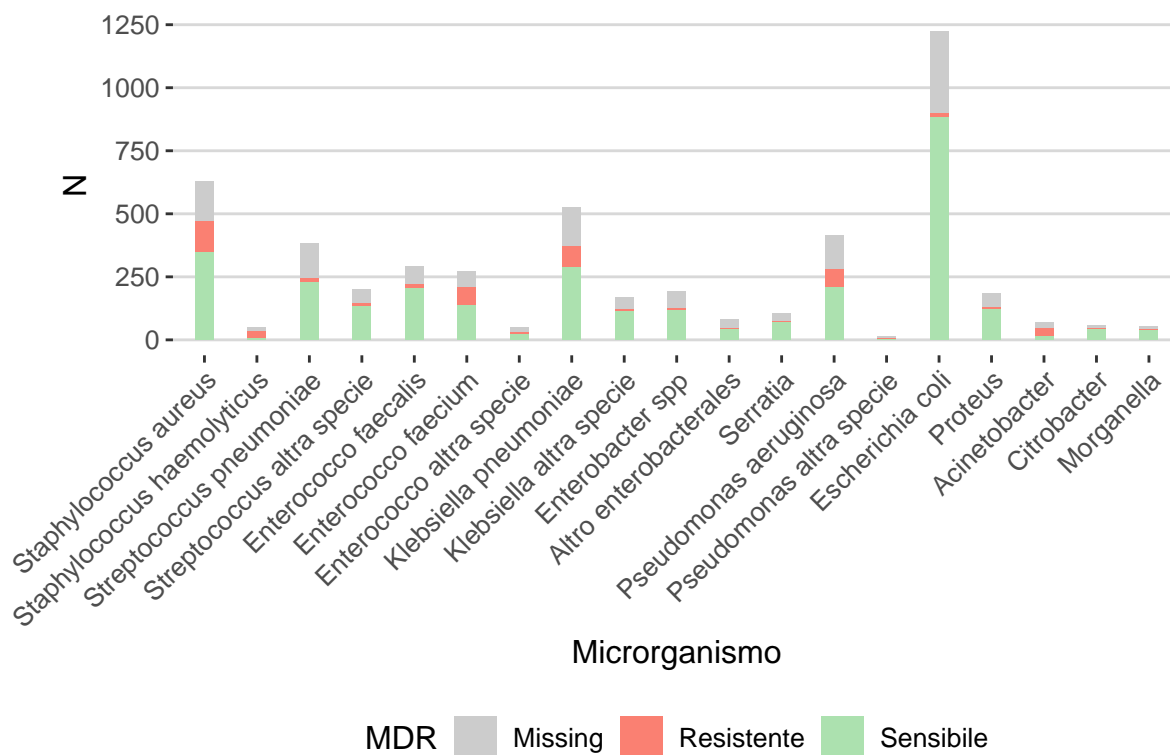
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



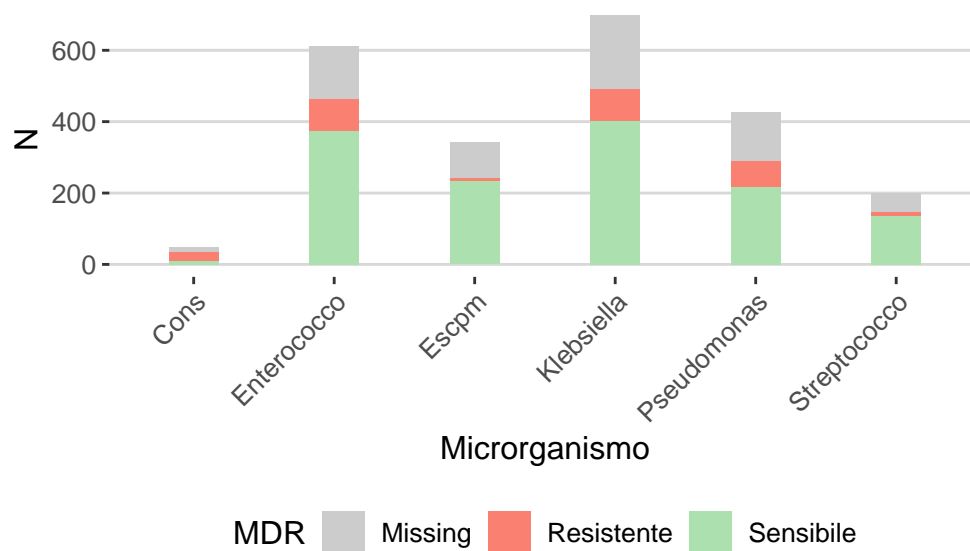
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	191	14.7	146	42	28.8
Staphylococcus capitis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	0.3	4	4	100
Staphylococcus hominis	4	0.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	0.7	0	0	0
Pyogens	18	1.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	19	1.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	266	20.4	164	9	5.5
Streptococcus altra specie	10	0.8	7	1	14.3
Enterococco faecalis	10	0.8	4	2	50
Enterococco faecium	9	0.7	6	0	0
Enterococco altra specie	1	0.1	0	0	0
Totale Gram +	551	42.3	331	58	17.5
Klebsiella pneumoniae	76	5.8	58	7	12.1
Klebsiella altra specie	34	2.6	24	0	0
Enterobacter spp	38	2.9	24	1	4.2
Altro enterobacterales	15	1.2	10	0	0
Serratia	27	2.1	19	0	0
Pseudomonas aeruginosa	113	8.7	68	13	19.1

Pseudomonas altra specie	2	0.2	1	0	0
Escherichia coli	112	8.6	80	2	2.5
Proteus	12	0.9	9	0	0
Acinetobacter	11	0.8	6	3	50
Emofilo	127	9.8	0	0	0
Legionella	94	7.2	0	0	0
Citrobacter	8	0.6	6	0	0
Morganella	8	0.6	5	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Clamidia	12	0.9	0	0	0
Altro gram negativo	17	1.3	0	0	0
Totale Gram -	708	54.4	310	26	8.4
Candida albicans	25	1.9	0	0	0
Candida glabrata	8	0.6	0	0	0
Candida krusei	2	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.1	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.2	0	0	0
Candida altra specie	4	0.3	0	0	0
Aspergillo	33	2.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	16	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	13	1.0	0	0	0
Totale Funghi	104	8.0	0	0	0
Influenza A	60	4.6			
Influenza AH3N2	4	0.3			
Influenza altro A	5	0.4			
Influenza B	7	0.5			
Influenza tipo non specificato	5	0.4			
Citomegalovirus	10	0.8			
Herpes simplex	5	0.4			
Altro Virus	56	4.3			
Totale Virus	152	11.7	0	0	0
Mycoplasma	13	1.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	18	1.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	33	2.5	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.



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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138

Streptococco	199	145	135	10	6.90	54
--------------	-----	-----	-----	----	------	----

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	56	Ertapenem	4	7.14
Klebsiella pneumoniae	58	Meropenem	6	10.34
Enterobacter spp	22	Ertapenem	1	4.55
Escherichia coli	80	Ertapenem	1	1.25
Escherichia coli	80	Meropenem	1	1.25
Acinetobacter	6	Imipenem	2	33.33
Acinetobacter	6	Meropenem	3	50.00
Pseudomonas aeruginosa	67	Imipenem	13	19.40
Pseudomonas aeruginosa	68	Meropenem	6	8.82
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	4	100.00
Staphylococcus aureus	146	Meticillina	42	28.77
Streptococcus pneumoniae	164	Penicillina	9	5.49
Streptococcus altra specie	7	Penicillina	1	14.29
Enterococco faecalis	4	Vancomicina	2	50.00

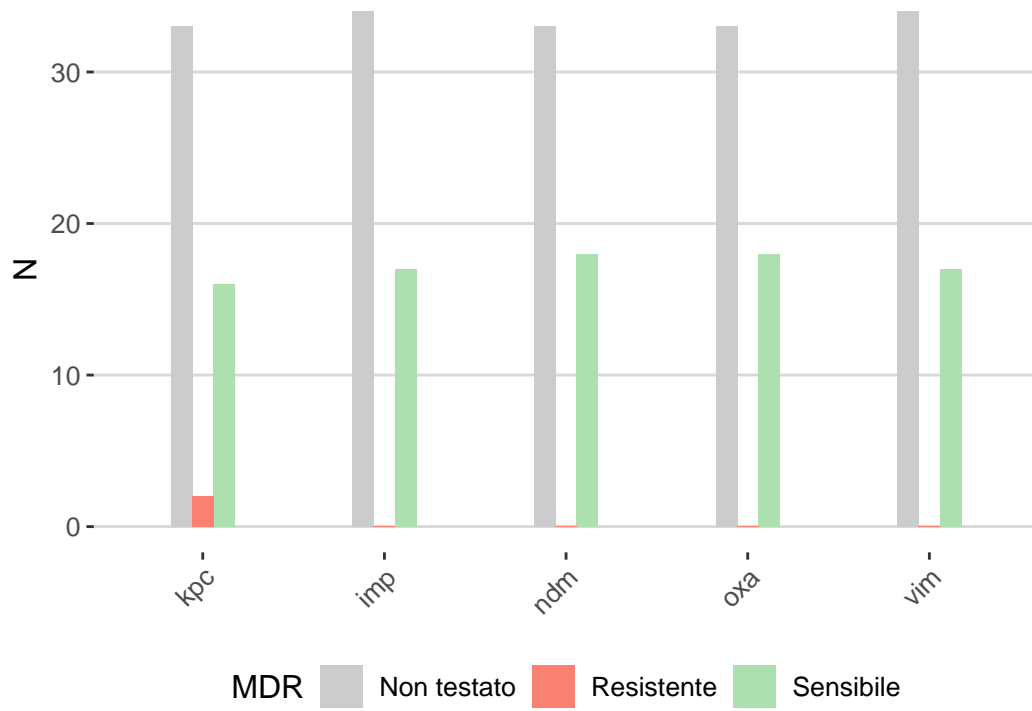
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

	N	%
Sì	2	3.92
No	14	27.45
Non testato	35	68.63
Missing	60	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	17	34
kpc	2	100	16	33
ndm	0	0	18	33
oxa	0	0	18	33
vim	0	0	17	34

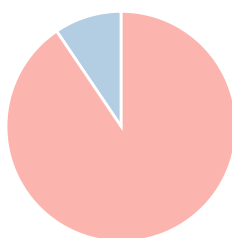
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 2628)



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 2345 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 9.5% della popolazione totale ammessa in TI.

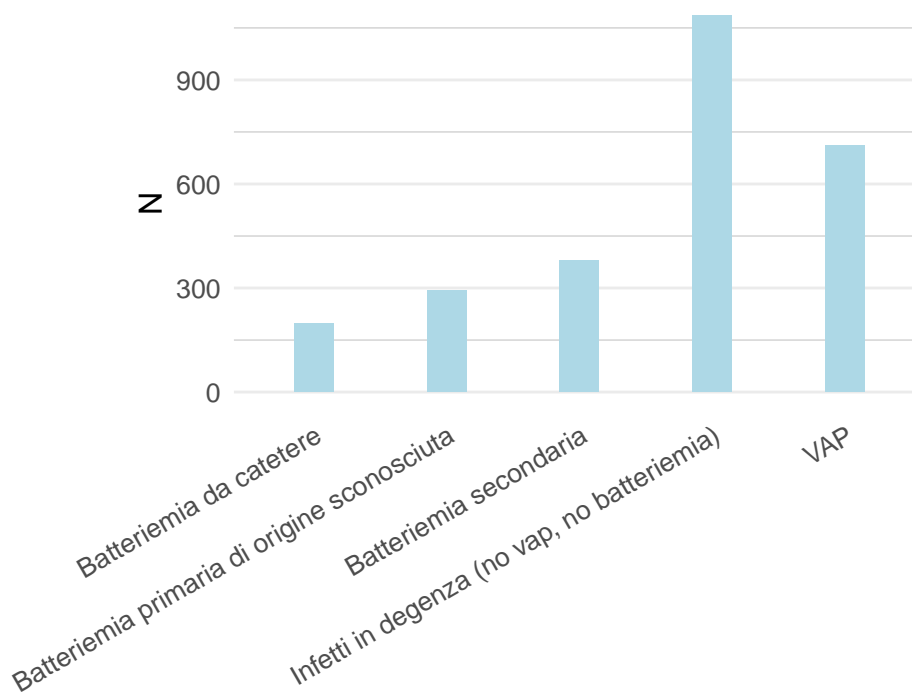


■ Infetti in degenza
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	2345	9.5
Non infetti in degenza	22398	90.5

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 24743).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



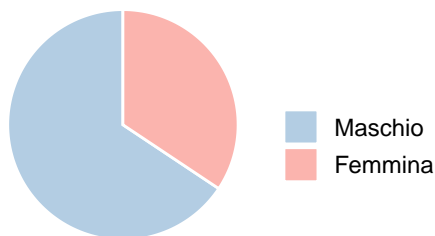
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	1087	46.4
VAP	712	30.4
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	294	12.5
Batteriemia da catetere	197	8.4
Batteriemia secondaria	380	16.2

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 2345)

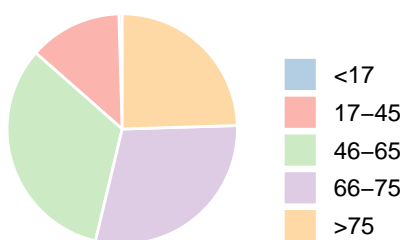
8 Pazienti infetti in degenza (N = 2345)

8.1 Sesso



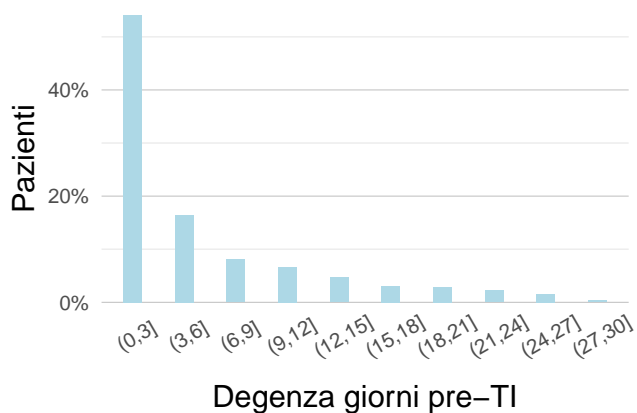
Sesso	N	%
Maschio	1525	65.6
Femmina	798	34.4
Missing	22	0

8.2 Età



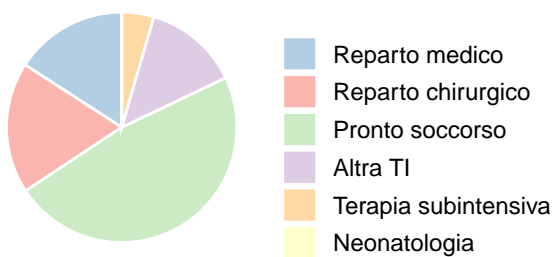
Range età	N	%
<17	11	0.5
17-45	306	13.0
46-65	768	32.8
66-75	685	29.2
>75	575	24.5
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



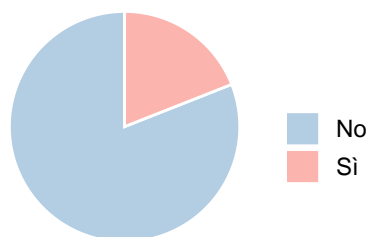
Indicatore	Valore
Media	5.7
DS	13.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	2

8.4 Provenienza (reparto)



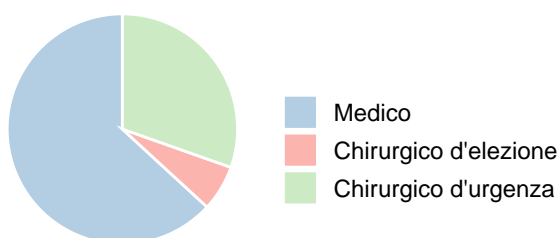
Provenienza	N	%
Reparto medico	371	15.9
Reparto chirurgico	431	18.4
Pronto soccorso	1117	47.8
Altra TI	314	13.4
Terapia subintensiva	105	4.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	7	0

8.5 Trauma



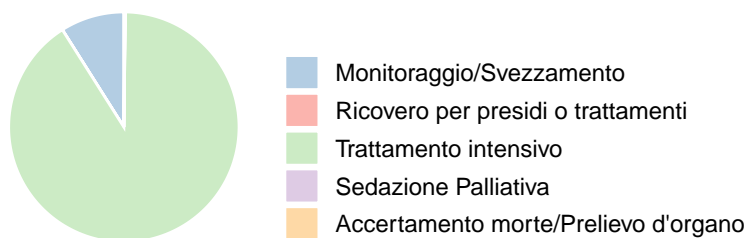
Trauma	N	%
No	1899	81.0
Si	446	19.0
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



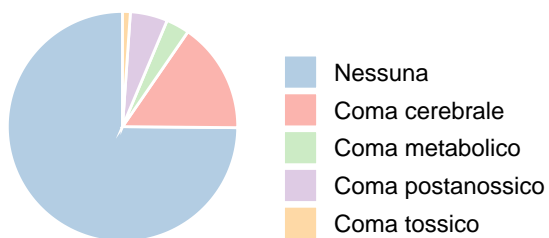
Stato chirurgico	N	%
Medico	1481	63.2
Chirurgico d'elezione	151	6.4
Chirurgico d'urgenza	713	30.4
Missing	0	0

8.7 Motivo di ammissione



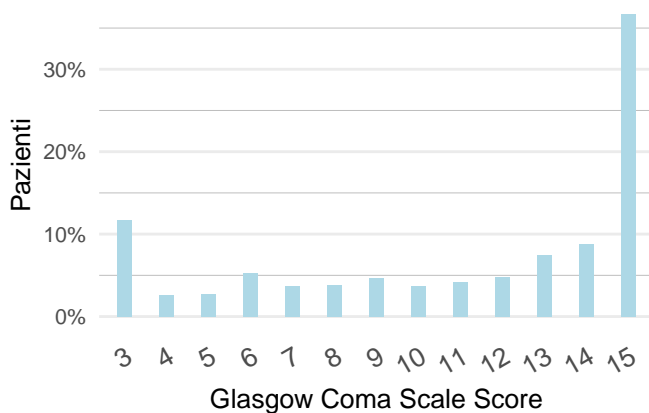
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	210	9.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2126	90.8
Sedazione Palliativa	1	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	4	0.2
Missing	4	0

8.8 Insufficienza neurologica



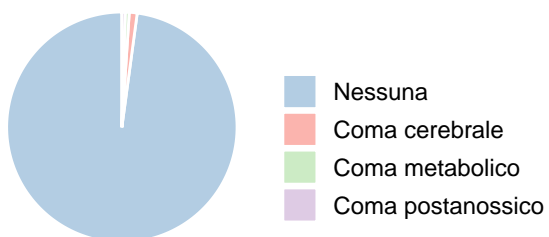
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1301	74.9
Coma cerebrale	270	15.5
Coma metabolico	57	3.3
Coma postanossico	91	5.2
Coma tossico	19	1.1
Missing	607	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



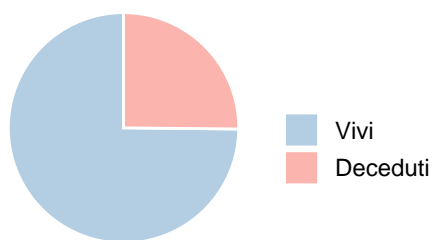
Indicatore	Valore
Media	9.0
DS	4.4
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



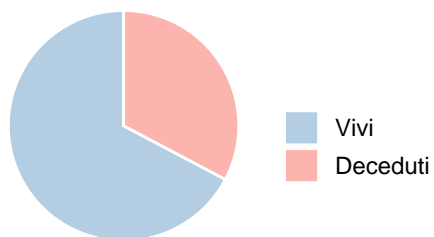
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	2295	97.9
Coma cerebrale	26	1.1
Coma metabolico	13	0.6
Coma postanossico	11	0.5
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1752	74.8
Deceduti	589	25.2
Missing	4	0

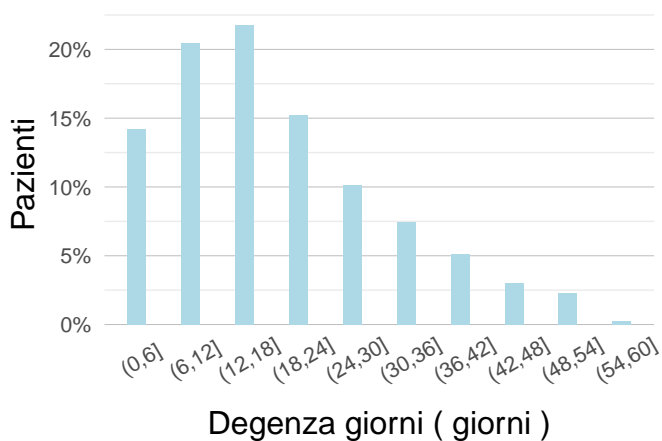
8.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	1488	67.3
Deceduti	724	32.7
Missing	40	0

* Statistiche calcolate su 2252 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 93).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.8 (17.1)
Mediana (Q1-Q3)	17 (10-28)
Missing	4

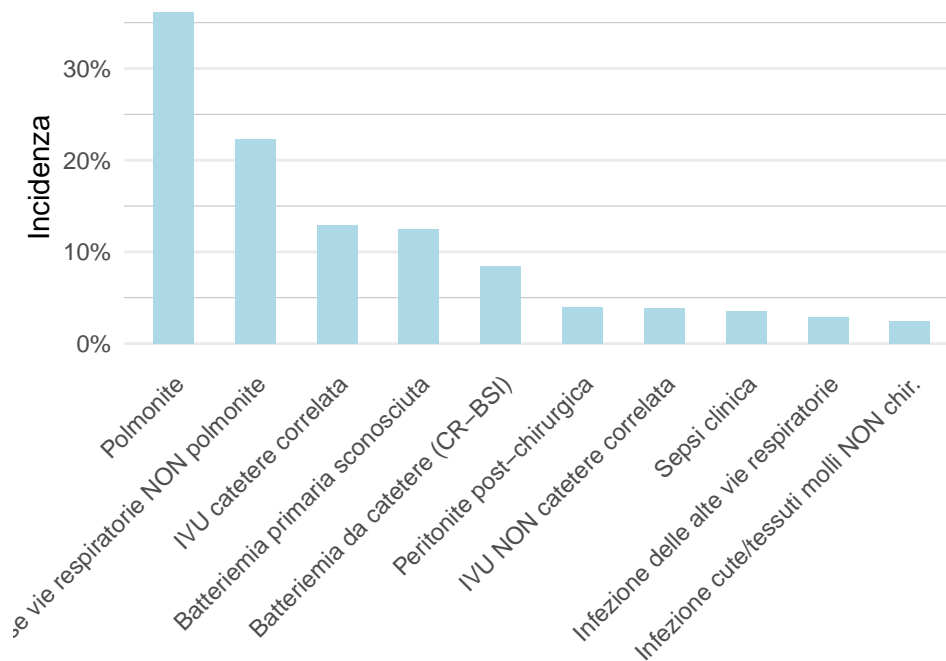
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.1 (29.9)
Mediana (Q1-Q3)	33 (18-51)
Missing	40

* Statistiche calcolate su 2252 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 93).

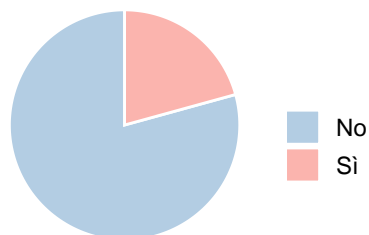
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	848	36.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	522	22.3
IVU catetere correlata	303	12.9
Batteriemia primaria sconosciuta	294	12.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	197	8.4
Peritonite post-chirurgica	94	4.0
IVU NON catetere correlata	92	3.9
Sepsi clinica	83	3.5
Infezione delle alte vie respiratorie	68	2.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	56	2.4
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



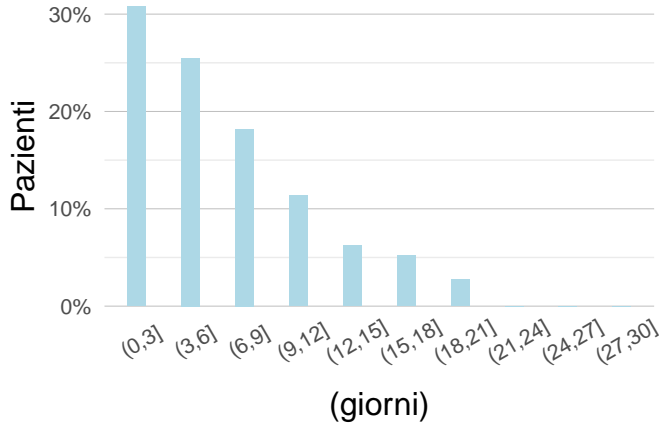
Infezione multisito	N	%
No	1859	79.3
Si	486	20.7
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	2839
Numero totale di microrganismi isolati	3399

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	7.6
DS	7.6
Mediana	5
Q1-Q3	3-10
Missing	11

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	20.1	14.0 %
CI (95%)	19.2 - 20.9	13.5 - 14.6

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

Il primo:

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

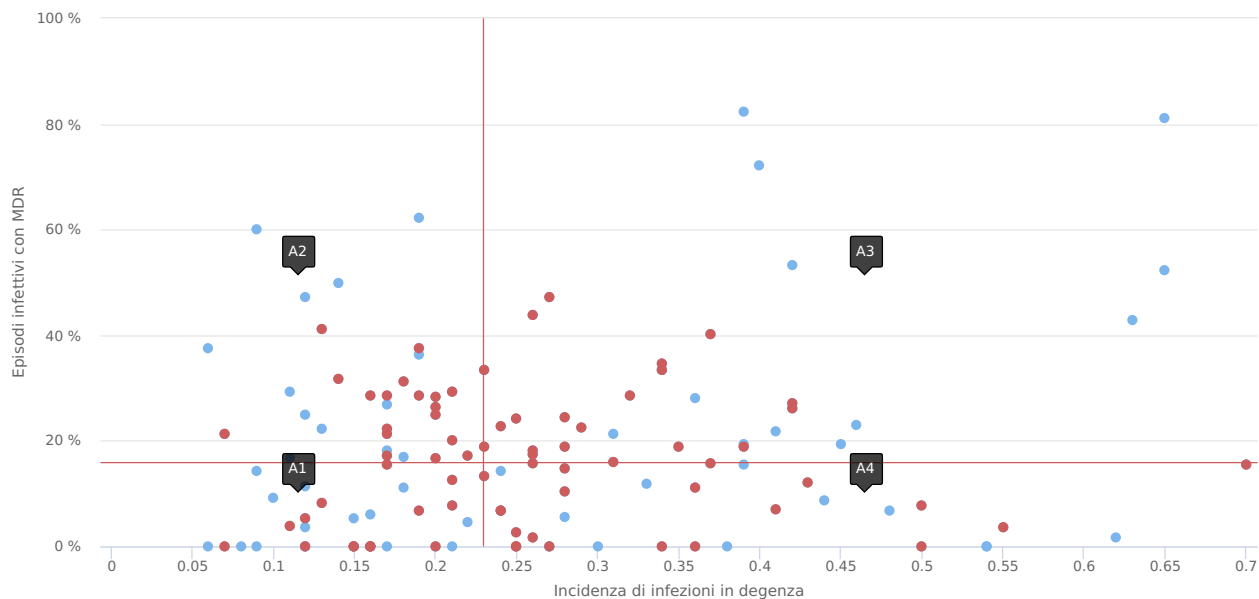
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

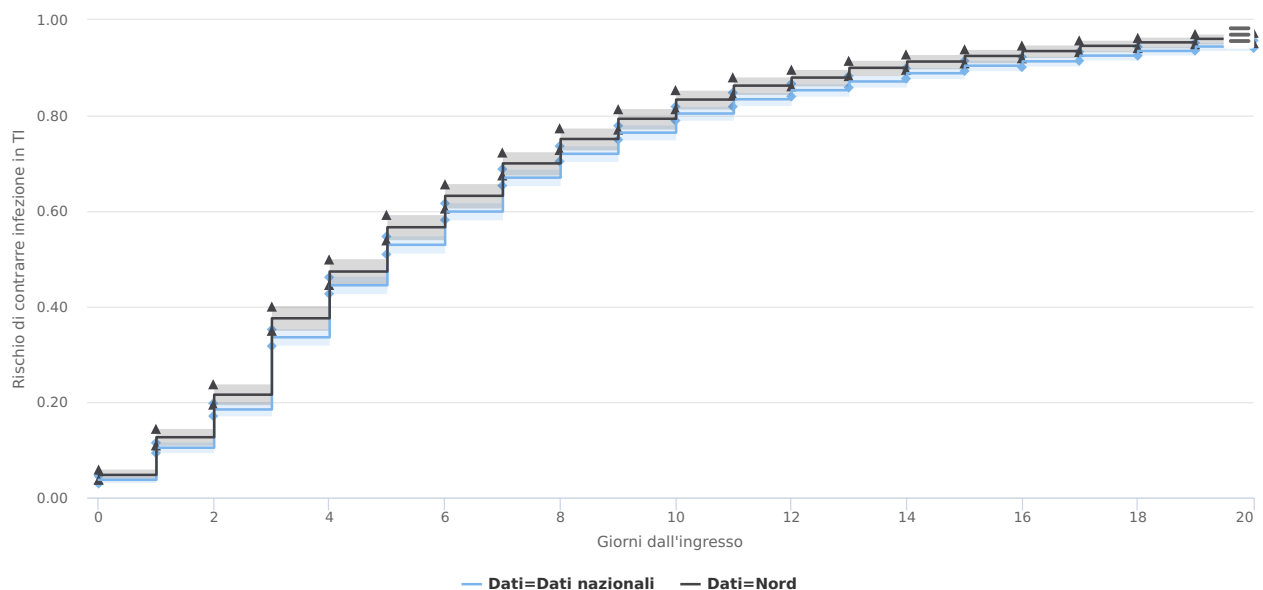
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

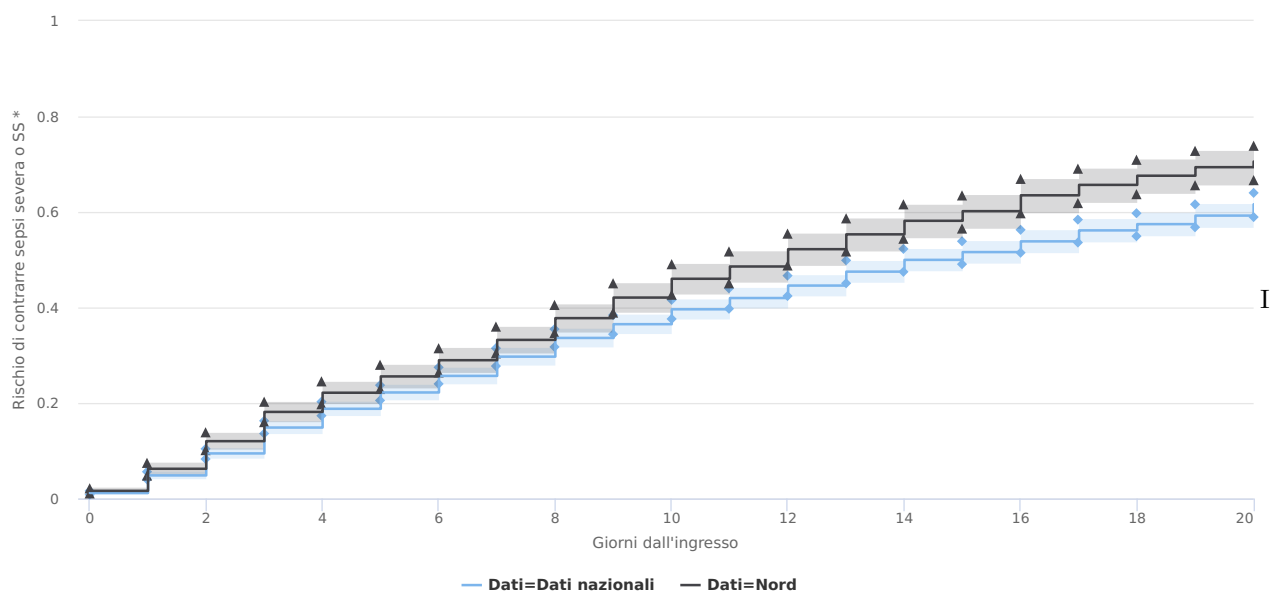


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. Le due linee rosse intersecano il grafico in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

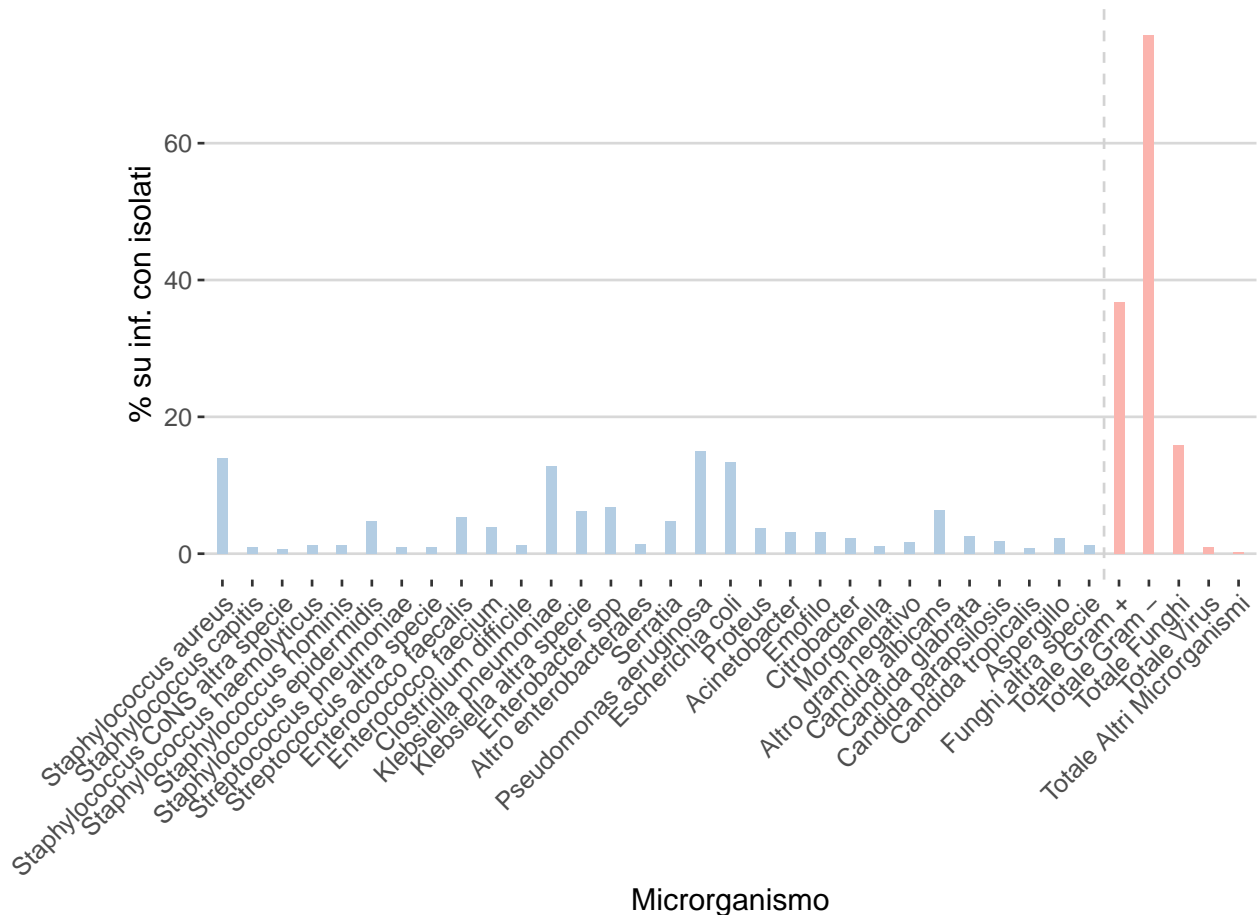
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime 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	264	9.4
Sì	2558	90.6
Missing	17	
Totale infezioni	2839	
Totale microrganismi isolati	3399	

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.

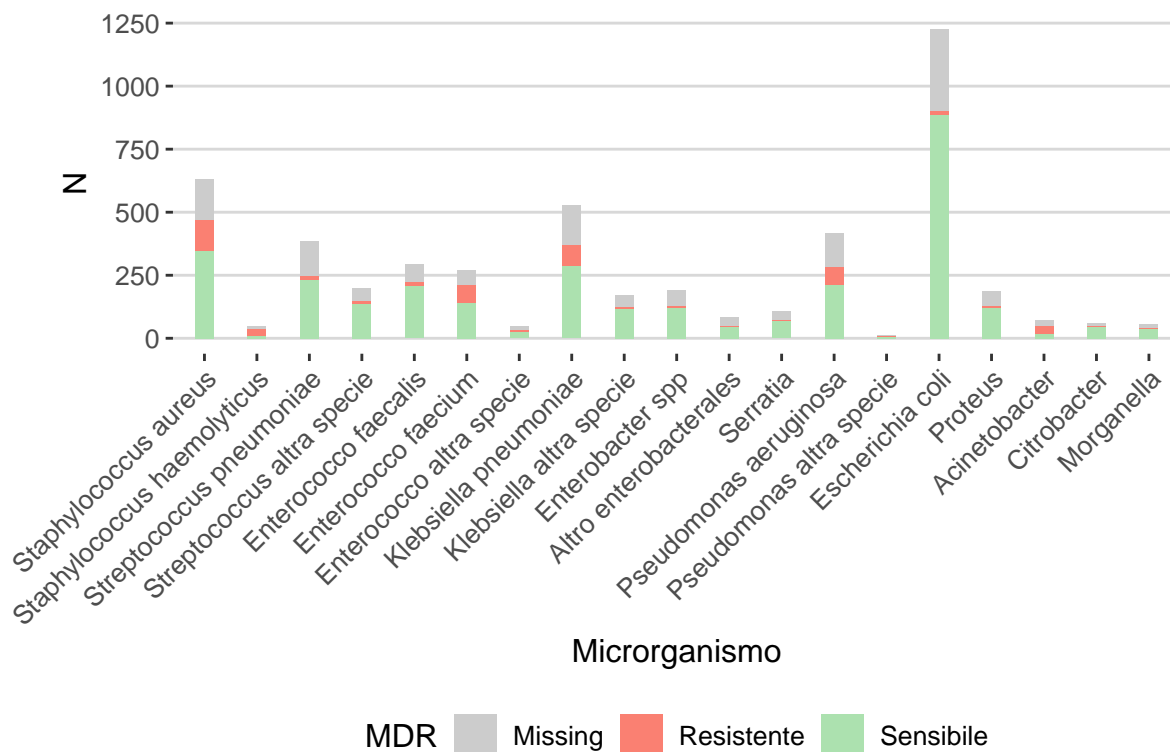


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	358	14.0	267	58	21.7
Staphylococcus capitis	22	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	15	0.6	0	0	0

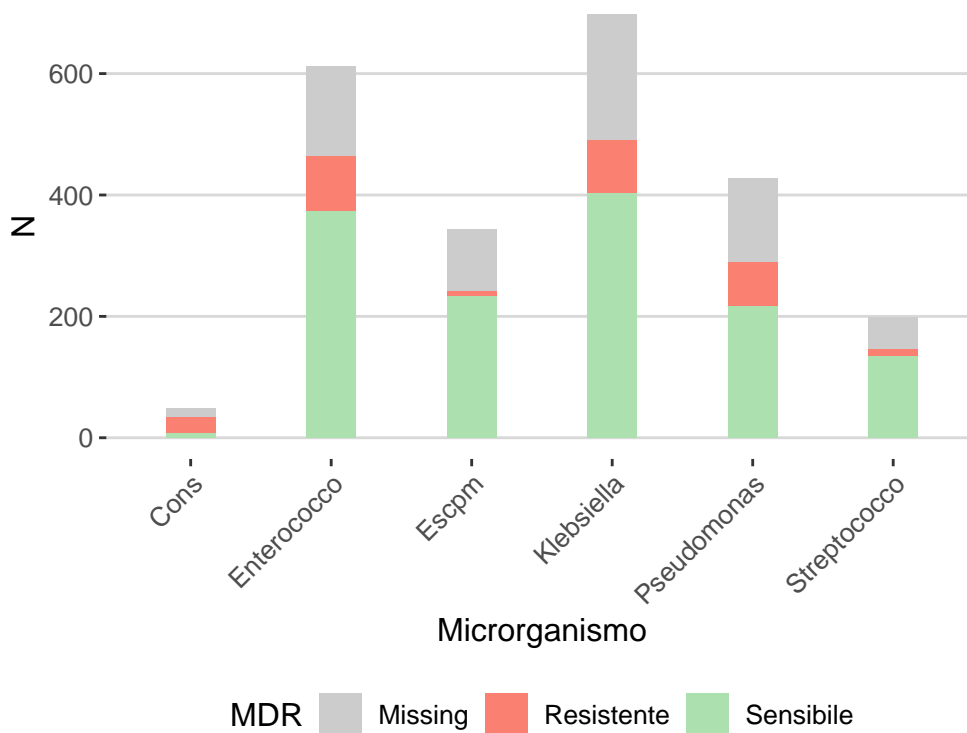
Staphylococcus haemolyticus	32	1.2	24	16	66.7
Staphylococcus hominis	33	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	124	4.8	0	0	0
Pyogens	7	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	9	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	26	1.0	14	0	0
Streptococcus altra specie	25	1.0	17	2	11.8
Enterococco faecalis	136	5.3	99	5	5.1
Enterococco faecium	100	3.9	81	27	33.3
Enterococco altra specie	12	0.5	7	1	14.3
Clostridium difficile	33	1.3	0	0	0
Clostridium altra specie	7	0.3	0	0	0
Totale Gram +	941	36.7	509	109	21.4
Klebsiella pneumoniae	329	12.8	226	49	21.7
Klebsiella altra specie	158	6.2	111	3	2.7
Enterobacter spp	175	6.8	124	5	4
Altro enterobacterales	35	1.4	21	0	0
Serratia	121	4.7	86	0	0
Pseudomonas aeruginosa	385	15.0	273	72	26.4
Pseudomonas altra specie	7	0.3	4	0	0
Escherichia coli	343	13.4	234	5	2.1
Proteus	94	3.7	71	3	4.2
Acinetobacter	79	3.1	60	39	65
Emofilo	82	3.2	0	0	0
Legionella	2	0.1	0	0	0
Citrobacter	59	2.3	39	0	0
Morganella	28	1.1	17	0	0
Providencia	4	0.2	0	0	0
Clamidia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	43	1.7	0	0	0
Totale Gram -	1946	75.8	1266	176	13.9
Candida albicans	161	6.3	0	0	0
Candida auris	3	0.1	0	0	0
Candida glabrata	63	2.5	0	0	0
Candida krusei	13	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	46	1.8	0	0	0
Candida tropicalis	20	0.8	0	0	0
Candida specie non determinata	4	0.2	0	0	0
Candida altra specie	7	0.3	0	0	0
Aspergillo	56	2.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	31	1.2	0	0	0
Totale Funghi	406	15.8	0	0	0
Influenza A	2	0.1			
Citomegalovirus	9	0.4			
Herpes simplex	4	0.2			
Altro Virus	9	0.4			
Totale Virus	24	0.9	0	0	0
Mycoplasma	1	0.0	0	0	0

Mycobacterium tuberculosis	3	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	5	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.



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	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	217	Ertapenem	39	17.97
Klebsiella pneumoniae	226	Meropenem	44	19.47
Klebsiella altra specie	110	Ertapenem	3	2.73
Klebsiella altra specie	110	Meropenem	1	0.91
Enterobacter spp	123	Ertapenem	5	4.07
Enterobacter spp	124	Meropenem	1	0.81

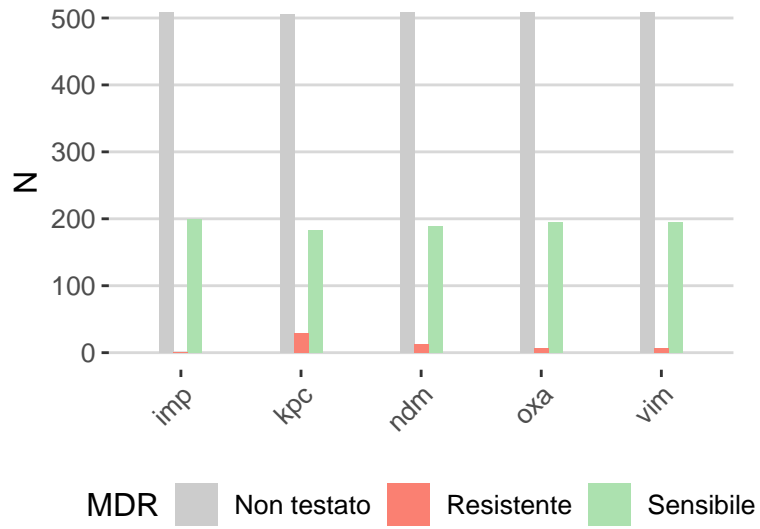
Escherichia coli	228	Ertapenem	3	1.32
Escherichia coli	234	Meropenem	4	1.71
Proteus	71	Ertapenem	3	4.23
Proteus	71	Meropenem	3	4.23
Acinetobacter	60	Imipenem	36	60.00
Acinetobacter	59	Meropenem	38	64.41
Pseudomonas aeruginosa	264	Imipenem	65	24.62
Pseudomonas aeruginosa	273	Meropenem	49	17.95
Staphylococcus haemolyticus	24	Meticillina	16	66.67
Staphylococcus aureus	267	Meticillina	58	21.72
Streptococcus altra specie	17	Penicillina	2	11.76
Enterococco faecalis	99	Vancomicina	5	5.05
Enterococco faecium	81	Vancomicina	27	33.33
Enterococco altra specie	7	Vancomicina	1	14.29

8.21.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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	45	6.37
No	161	22.8
Non testato	500	70.82
Missing	720	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	1.8	199	509
kpc	29	52.7	183	506
ndm	12	21.8	189	508
oxa	7	12.7	195	508
vim	6	10.9	195	509



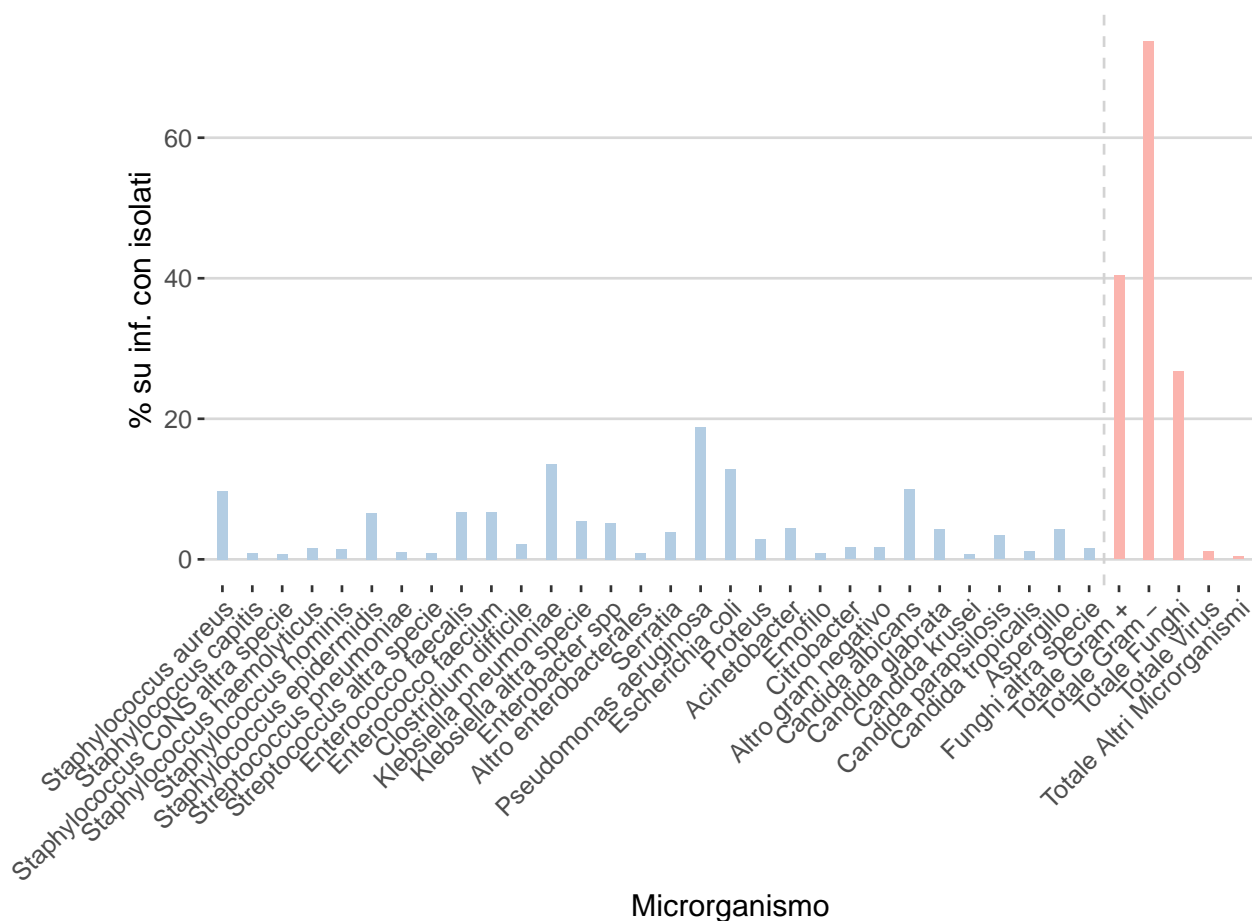
9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 973)

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	382	16.4
Sì	1947	83.6
Missing	11	
Totale infezioni	2340	
Totale microrganismi isolati	2644	

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.

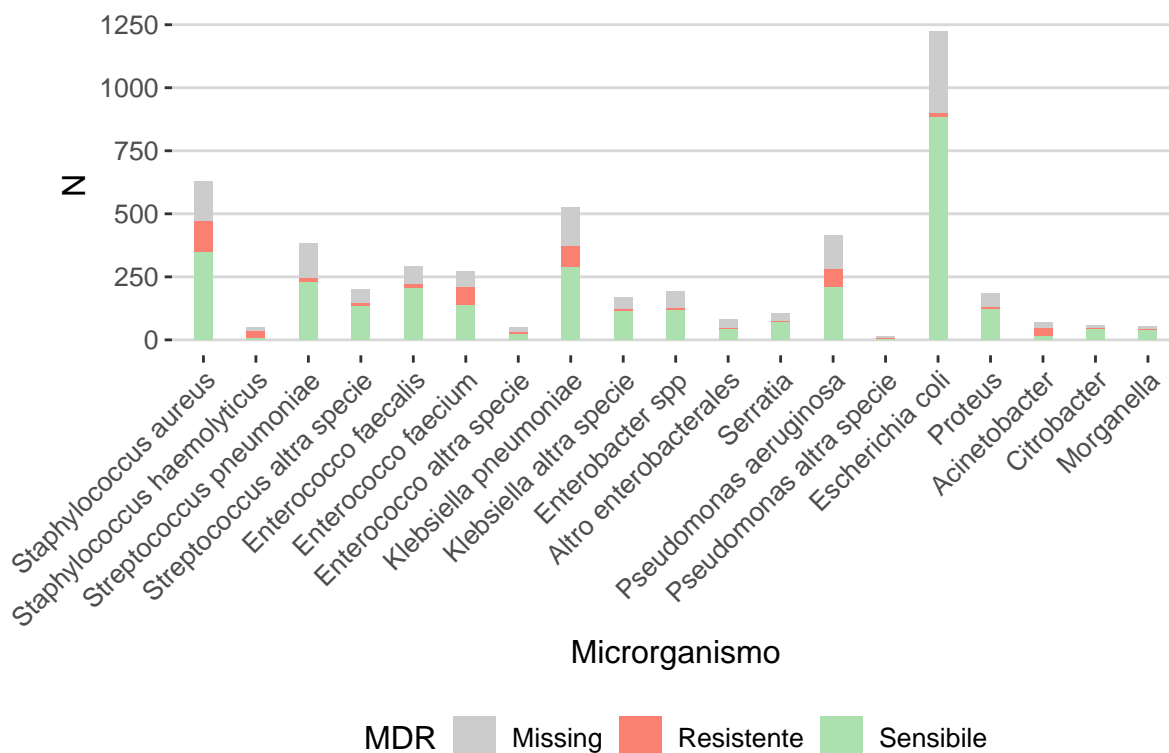


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	103	9.7	77	28	36.4

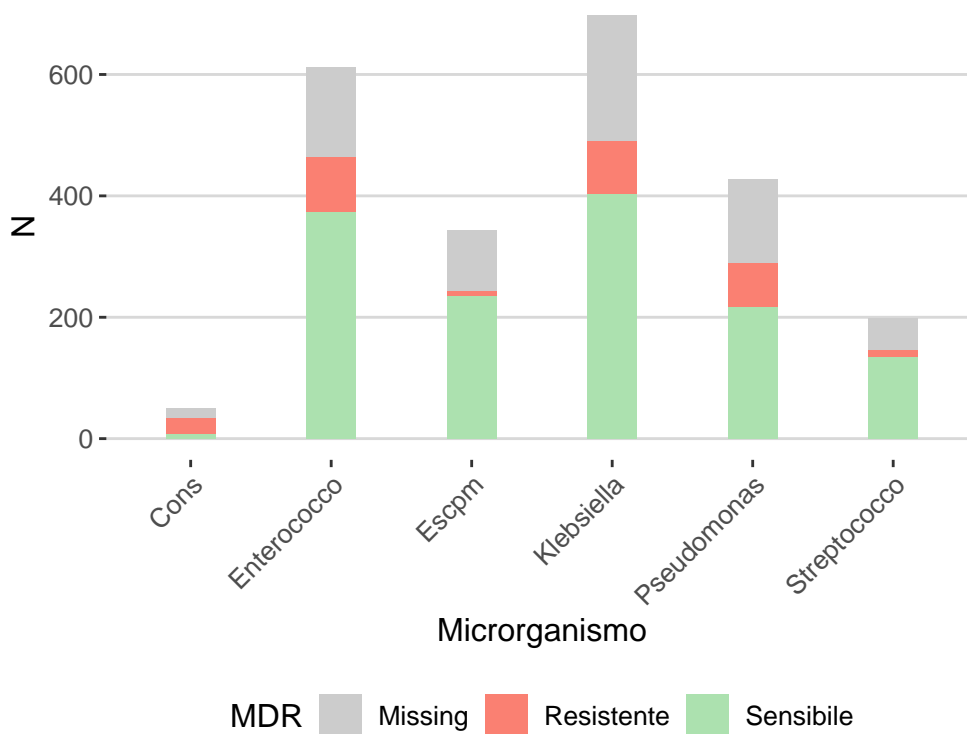
Staphylococcus capitis	10	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	8	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	17	1.6	12	10	83.3
Staphylococcus hominis	15	1.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	70	6.6	0	0	0
Pyogens	6	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	1.0	7	1	14.3
Streptococcus altra specie	9	0.9	4	0	0
Enterococco faecalis	71	6.7	56	3	5.4
Enterococco faecium	71	6.7	64	26	40.6
Enterococco altra specie	5	0.5	1	0	0
Clostridium difficile	22	2.1	0	0	0
Clostridium altra specie	4	0.4	0	0	0
Totale Gram +	427	40.4	221	68	30.8
Klebsiella pneumoniae	144	13.6	101	29	28.7
Klebsiella altra specie	57	5.4	38	1	2.6
Enterobacter spp	55	5.2	39	4	10.3
Altro enterobacterales	10	0.9	6	0	0
Serratia	41	3.9	27	0	0
Pseudomonas aeruginosa	199	18.8	138	45	32.6
Pseudomonas altra specie	2	0.2	0	0	0
Escherichia coli	136	12.9	90	5	5.6
Proteus	31	2.9	27	1	3.7
Acinetobacter	48	4.5	37	27	73
Emofilo	10	0.9	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	18	1.7	10	0	0
Morganella	5	0.5	4	0	0
Providencia	4	0.4	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	19	1.8	0	0	0
Totale Gram -	781	73.8	517	112	21.7
Candida albicans	106	10.0	0	0	0
Candida auris	4	0.4	0	0	0
Candida glabrata	45	4.3	0	0	0
Candida krusei	7	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	36	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	13	1.2	0	0	0
Candida specie non determinata	3	0.3	0	0	0
Candida altra specie	5	0.5	0	0	0
Aspergillo	46	4.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	17	1.6	0	0	0
Totale Funghi	284	26.8	0	0	0
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	5	0.5			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	6	0.6			

Totale Virus	13	1.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	4	0.4	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.



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	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	149	Ertapenem	32	21.48
Klebsiella pneumoniae	152	Meropenem	39	25.66
Klebsiella altra specie	63	Ertapenem	3	4.76
Klebsiella altra specie	63	Meropenem	3	4.76
Enterobacter spp	58	Ertapenem	4	6.90

Enterobacter spp	58	Meropenem	1	1.72
Altro enterobacterales	12	Ertapenem	1	8.33
Escherichia coli	190	Ertapenem	4	2.11
Escherichia coli	196	Meropenem	6	3.06
Proteus	45	Ertapenem	1	2.22
Proteus	45	Meropenem	1	2.22
Acinetobacter	48	Imipenem	28	58.33
Acinetobacter	47	Meropenem	33	70.21
Pseudomonas aeruginosa	178	Imipenem	48	26.97
Pseudomonas aeruginosa	186	Meropenem	38	20.43
Staphylococcus haemolyticus	19	Meticillina	16	84.21
Staphylococcus aureus	148	Meticillina	40	27.03
Streptococcus pneumoniae	45	Penicillina	3	6.67
Streptococcus altra specie	22	Penicillina	1	4.55
Enterococco faecalis	90	Vancomicina	6	6.67
Enterococco faecium	103	Vancomicina	37	35.92
Enterococco altra specie	5	Vancomicina	1	20.00

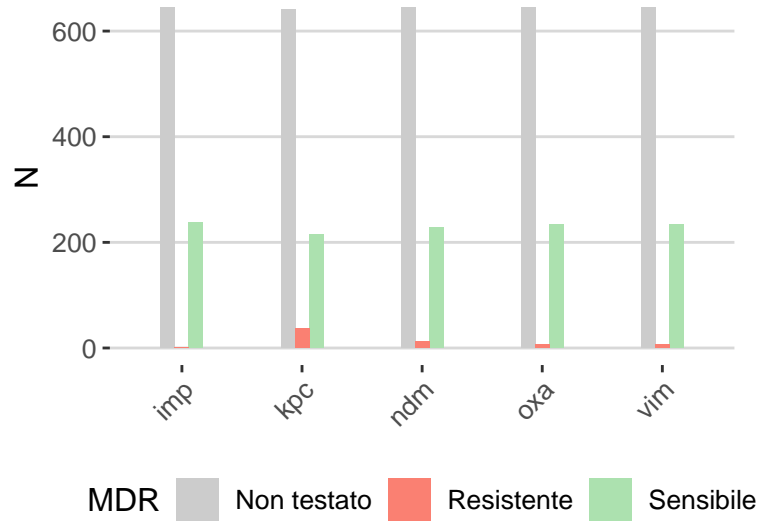
9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

	N	%
Si	50	5.81
No	190	22.09
Non testato	620	72.09
Missing	875	

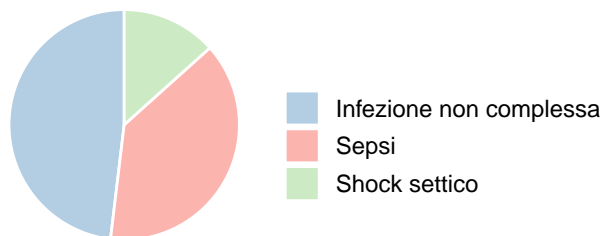
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	1.6	238	645
kpc	37	58.7	215	641
ndm	12	19.0	228	644
oxa	7	11.1	234	644
vim	6	9.5	233	645

9 PAZIENTI INFETTI SIA ALL'AMMISSIONE CHE IN DEGENZA (N = 973)



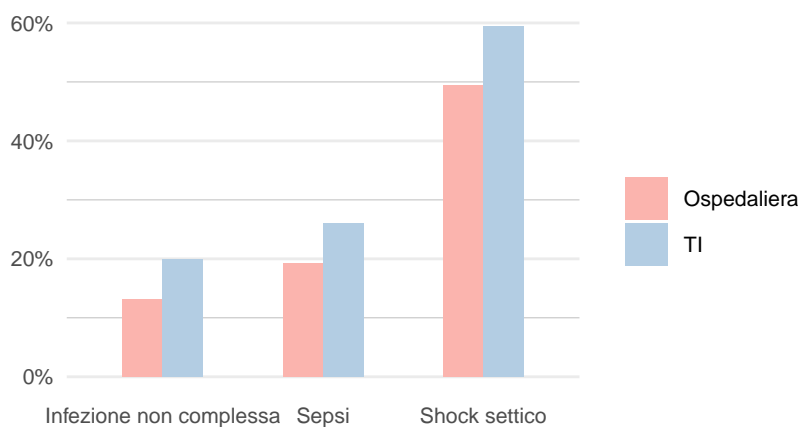
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 1372)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	659	48.1
Sepsi	528	38.5
Shock settico	183	13.4
Missing	2	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



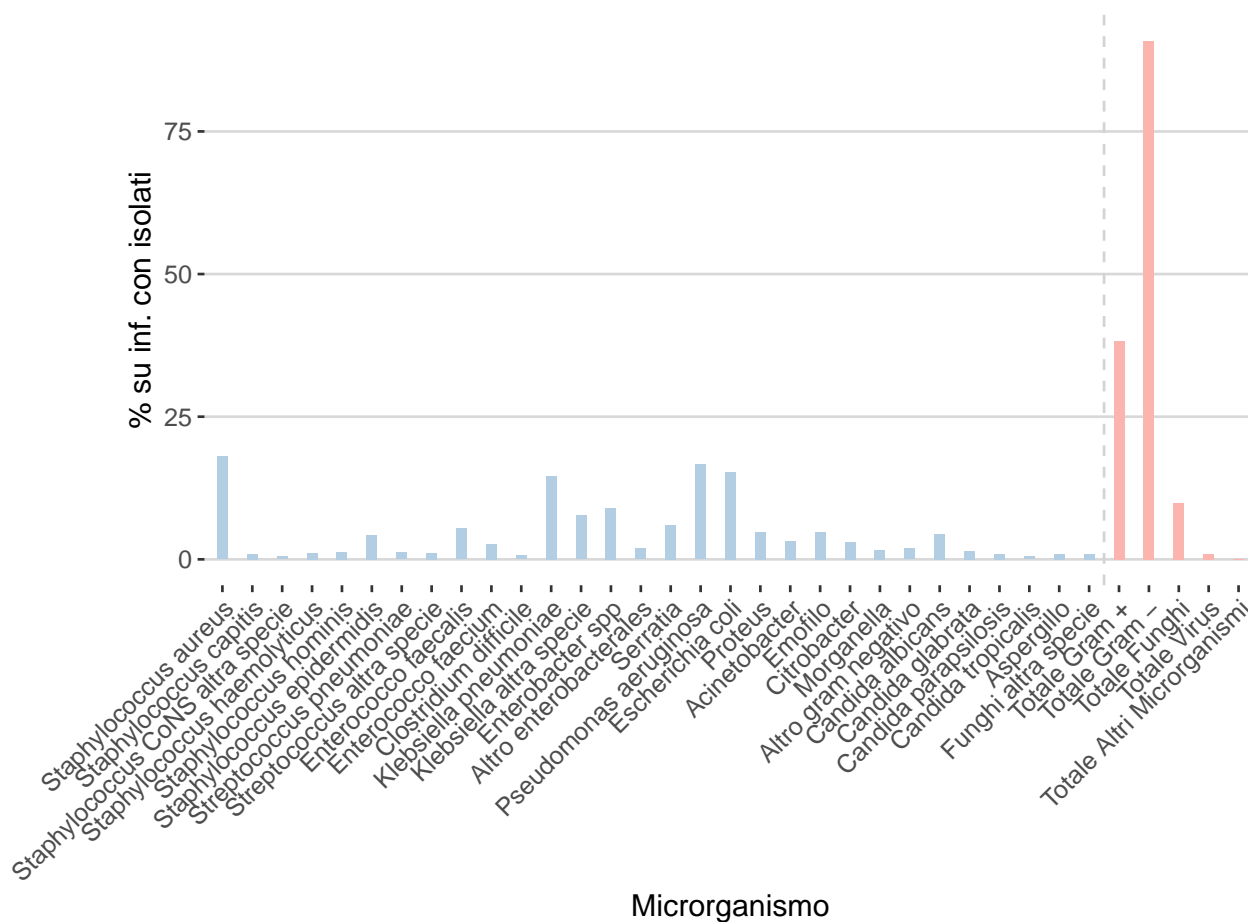
Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	13.1	20.0
Sepsi	19.3	26.0
Shock settico	49.5	59.4

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	148	8.5
Sì	1603	91.5
Missing	9	
Totale infezioni	1760	
Totale microrganismi isolati	2151	

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.

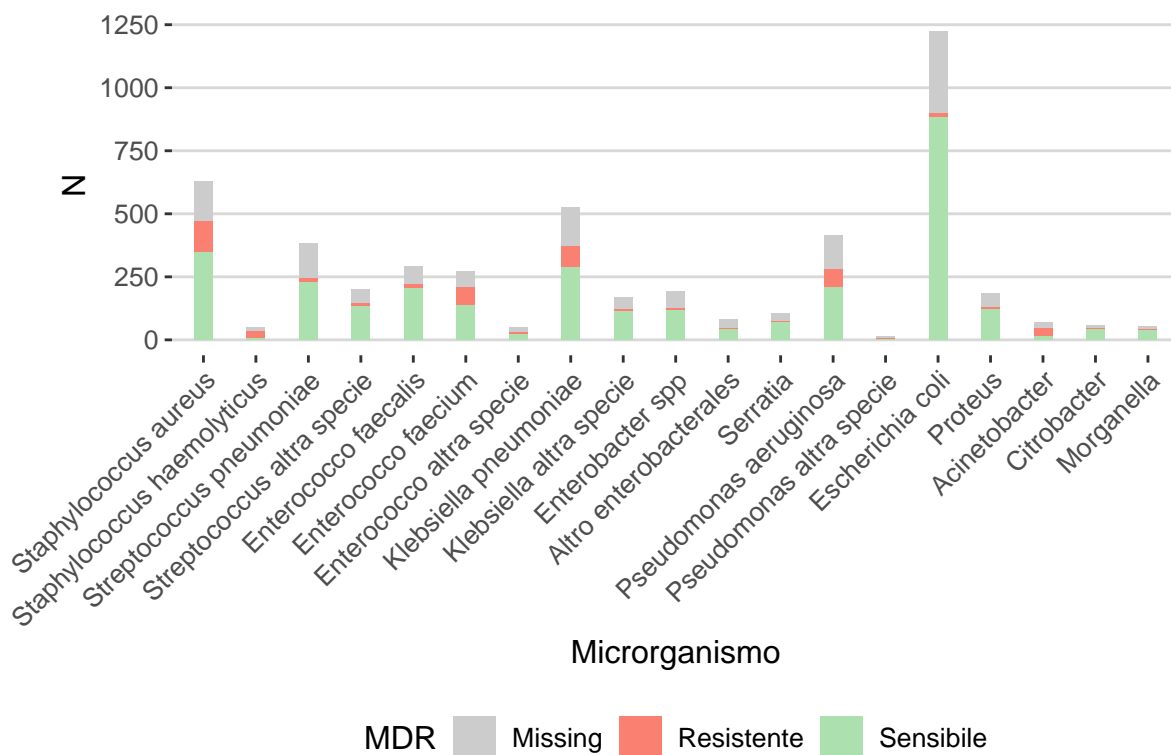


Microorganismo

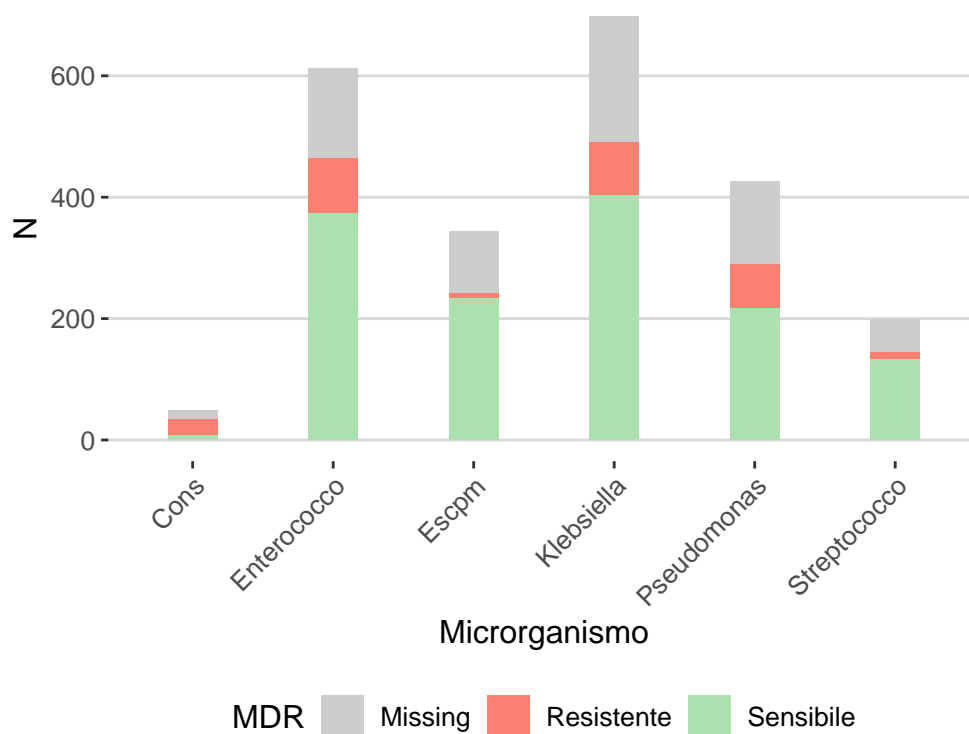
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	272	18.0	204	37	18.1
Staphylococcus capitis	13	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	7	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	16	1.1	12	6	50
Staphylococcus hominis	19	1.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	65	4.3	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	6	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	18	1.2	10	0	0
Streptococcus altra specie	16	1.1	13	2	15.4
Enterococcus faecalis	81	5.4	54	2	3.7
Enterococcus faecium	40	2.7	28	6	21.4
Enterococcus altra specie	7	0.5	6	1	16.7
Clostridium difficile	11	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.2	0	0	0
Totale Gram +	577	38.3	327	54	16.5

Klebsiella pneumoniae	220	14.6	152	31	20.4
Klebsiella altra specie	116	7.7	83	2	2.4
Enterobacter spp	136	9.0	98	2	2
Altro enterobacterales	28	1.9	17	1	5.9
Serratia	90	6.0	67	0	0
Pseudomonas aeruginosa	250	16.6	176	41	23.3
Pseudomonas altra specie	5	0.3	4	0	0
Escherichia coli	231	15.3	162	1	0.6
Proteus	72	4.8	51	2	3.9
Acinetobacter	49	3.2	35	22	62.9
Emofilo	73	4.8	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	47	3.1	33	0	0
Morganella	24	1.6	14	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	28	1.9	0	0	0
Totale Gram -	1371	90.9	892	102	11.4
Candida albicans	67	4.4	0	0	0
Candida glabrata	23	1.5	0	0	0
Candida krusei	6	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	14	0.9	0	0	0
Candida tropicalis	8	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.1	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	14	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	14	0.9	0	0	0
Totale Funghi	150	9.9	0	0	0
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	4	0.3			
Herpes simplex	3	0.2			
Altro Virus	5	0.3			
Totale Virus	13	0.9	0	0	0
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	0.1	0	0	0

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



10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



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

Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	146	Ertapenem	26	17.81
Klebsiella pneumoniae	152	Meropenem	27	17.76
Klebsiella altra specie	82	Ertapenem	2	2.44
Enterobacter spp	97	Ertapenem	2	2.06
Enterobacter spp	98	Meropenem	1	1.02
Altro enterobacterales	17	Meropenem	1	5.88
Escherichia coli	159	Ertapenem	1	0.63
Proteus	51	Ertapenem	2	3.92
Proteus	51	Meropenem	2	3.92
Acinetobacter	35	Imipenem	21	60.00
Acinetobacter	35	Meropenem	22	62.86
Pseudomonas aeruginosa	170	Imipenem	39	22.94
Pseudomonas aeruginosa	176	Meropenem	27	15.34
Staphylococcus haemolyticus	12	Meticillina	6	50.00
Staphylococcus aureus	204	Meticillina	37	18.14
Streptococcus altra specie	13	Penicillina	2	15.38
Enterococco faecalis	54	Vancomicina	2	3.70
Enterococco faecium	28	Vancomicina	6	21.43
Enterococco altra specie	6	Vancomicina	1	16.67

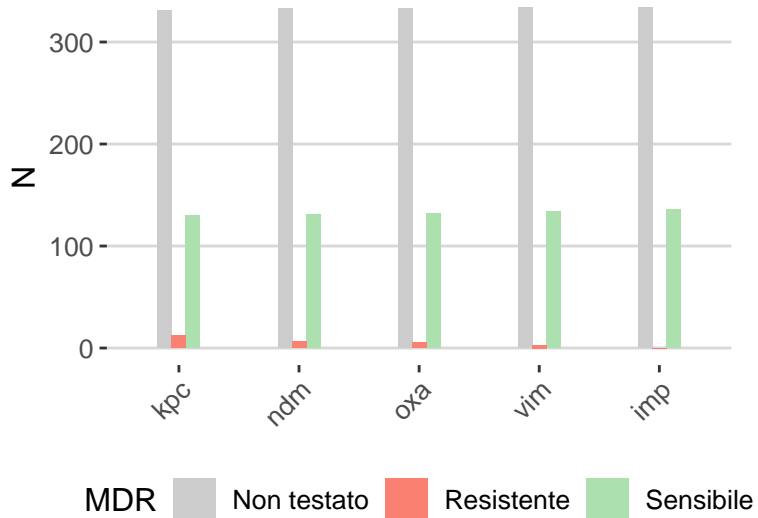
10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

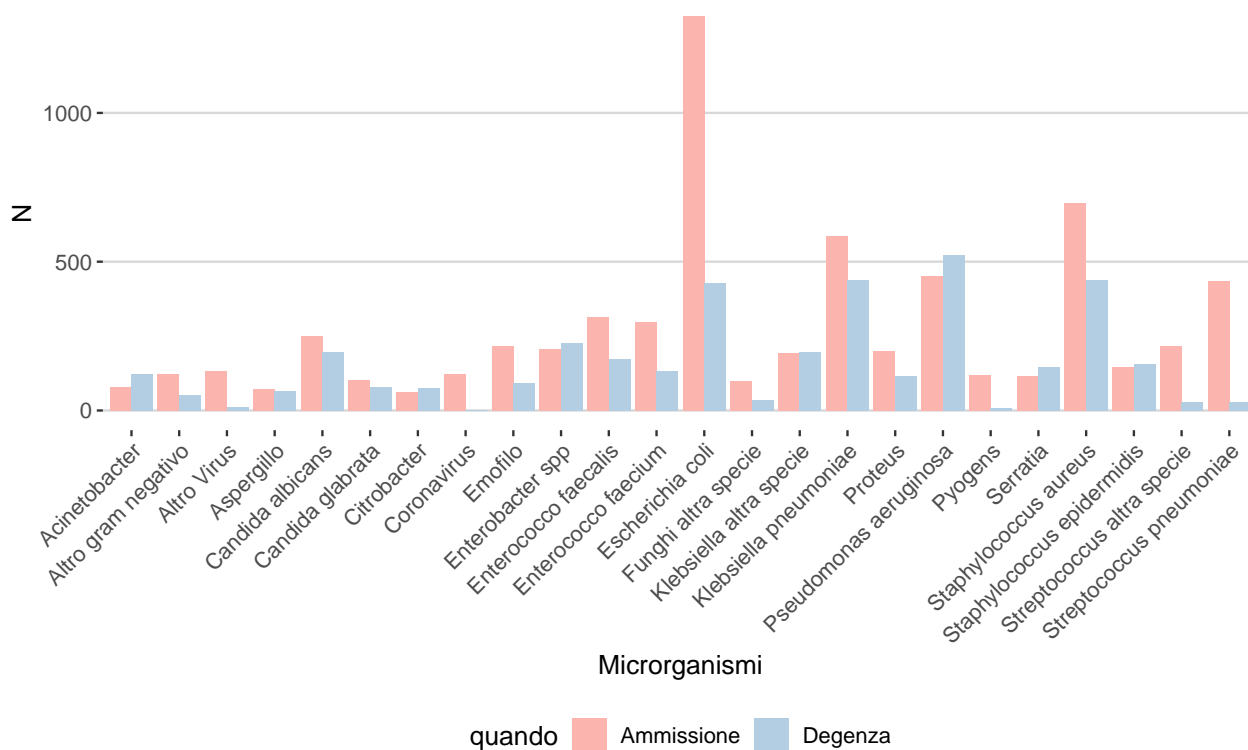
	N	%
Si	22	4.72
No	115	24.68
Non testato	329	70.6

Missing 477

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	136	334
kpc	12	46.2	130	331
ndm	6	23.1	131	333
oxa	5	19.2	132	333
vim	3	11.5	134	334



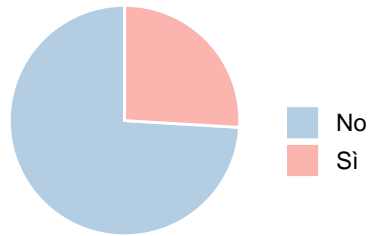
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	201	78	38.8	123	61.2
Pseudomonas aeruginosa	975	453	46.5	522	53.5
Candida albicans	448	251	56	197	44
Aspergillo	140	73	52.1	67	47.9
Citrobacter	137	62	45.3	75	54.7
Coronavirus	127	124	97.6	3	2.4
Enterobacter spp	433	207	47.8	226	52.2
Staphylococcus epidermidis	302	145	48	157	52
Escherichia coli	1755	1325	75.5	430	24.5
Enterococco faecalis	487	313	64.3	174	35.7
Enterococco faecium	431	297	68.9	134	31.1
Candida glabrata	182	103	56.6	79	43.4
Emofilo	308	217	70.5	91	29.5
Altro gram negativo	175	123	70.3	52	29.7
Klebsiella altra specie	391	193	49.4	198	50.6
Funghi altra specie	133	98	73.7	35	26.3
Streptococcus altra specie	244	216	88.5	28	11.5
Altro Virus	144	133	92.4	11	7.6
Klebsiella pneumoniae	1026	588	57.3	438	42.7
Streptococcus pneumoniae	465	435	93.5	30	6.5
Proteus	317	200	63.1	117	36.9
Pyogens	128	120	93.8	8	6.2
Serratia	262	115	43.9	147	56.1
Staphylococcus aureus	1136	698	61.4	438	38.6

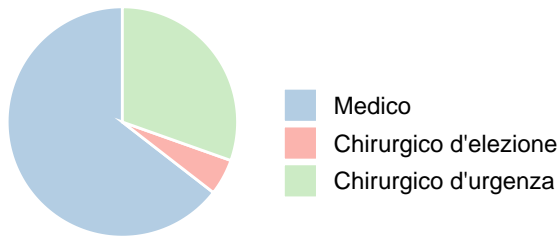
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 848)

11.1 Trauma



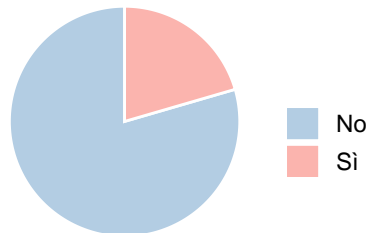
Trauma	N	%
No	628	74.1
Si	220	25.9
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



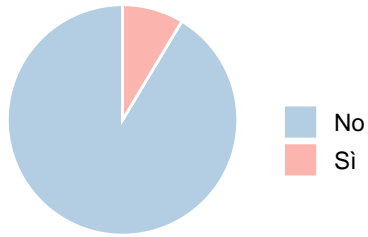
Stato chirurgico	N	%
Medico	547	64.5
Chirurgico d'elezione	43	5.1
Chirurgico d'urgenza	258	30.4
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



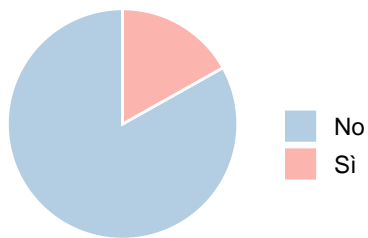
Batteriémica	N	%
No	671	79.5
Si	173	20.5
Missing	4	0

11.4 Infezioni multisito



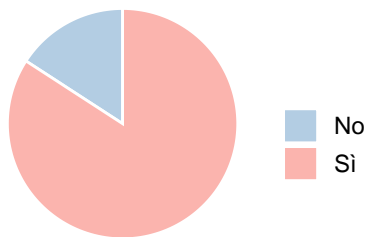
Infezione multisito	N	%
No	775	91.4
Si	73	8.6
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	700	83.1
Si	142	16.9
Missing	6	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

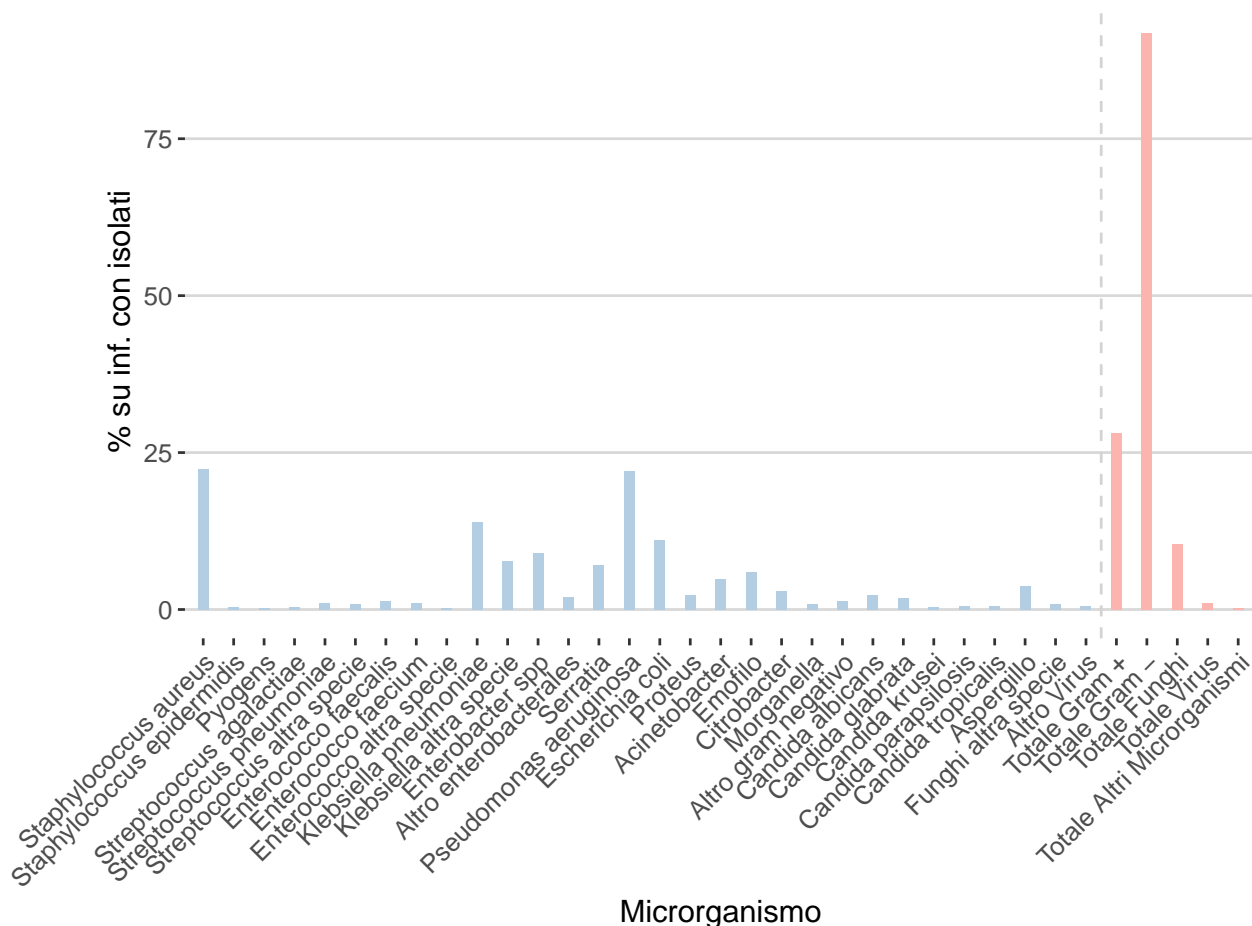


Polmonite associata a VAP	N	%
No	134	15.8
Si	712	84.2
Missing	2	0

* VAP: polmonite associata a ventilazione invasiva (polmonite con esordio successivo al secondo giorno di ventilazione o sviluppata entro i due giorni dal termine della ventilazione).

11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

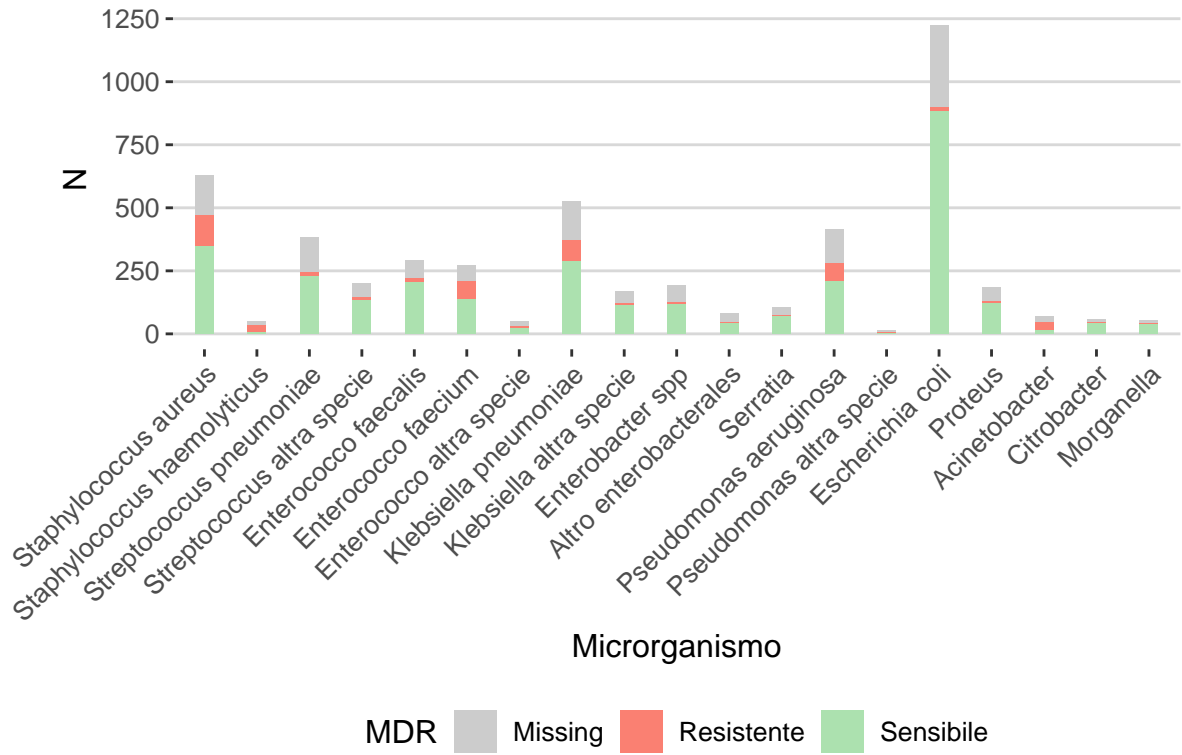
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	177	22.4	130	28	21.5
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	0.4	0	0	0
Pyogens	2	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	8	1.0	4	0	0
Streptococcus altra specie	7	0.9	4	2	50
Enterococcus faecalis	10	1.3	10	0	0
Enterococcus faecium	8	1.0	7	2	28.6
Enterococcus altra specie	2	0.3	1	0	0
Totale Gram +	222	28.1	156	32	20.5
Klebsiella pneumoniae	111	14.0	75	18	24

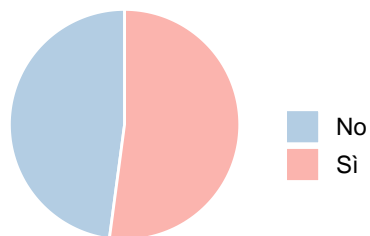
Klebsiella altra specie	61	7.7	46	0	0
Enterobacter spp	71	9.0	45	0	0
Altro enterobacterales	16	2.0	10	0	0
Serratia	56	7.1	36	0	0
Pseudomonas aeruginosa	174	22.0	117	37	31.6
Pseudomonas altra specie	2	0.3	1	0	0
Escherichia coli	87	11.0	54	1	1.9
Proteus	18	2.3	12	1	8.3
Acinetobacter	38	4.8	30	18	60
Emofilo	47	5.9	0	0	0
Legionella	2	0.3	0	0	0
Citrobacter	24	3.0	16	0	0
Morganella	6	0.8	1	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Clamidia	2	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	10	1.3	0	0	0
Totale Gram -	726	91.8	443	75	16.9
Candida albicans	18	2.3	0	0	0
Candida glabrata	14	1.8	0	0	0
Candida krusei	3	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	30	3.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	7	0.9	0	0	0
Totale Funghi	83	10.5	0	0	0
Influenza A	2	0.3			
Citomegalovirus	1	0.1			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	4	0.5			
Totale Virus	8	1.0	0	0	0
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	0.3	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.



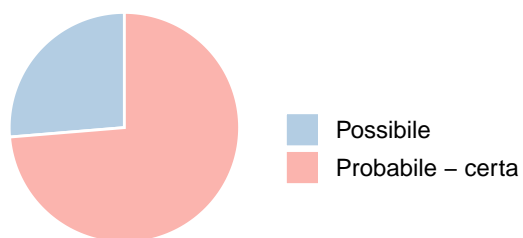
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 712)

12.1 VAP precoce



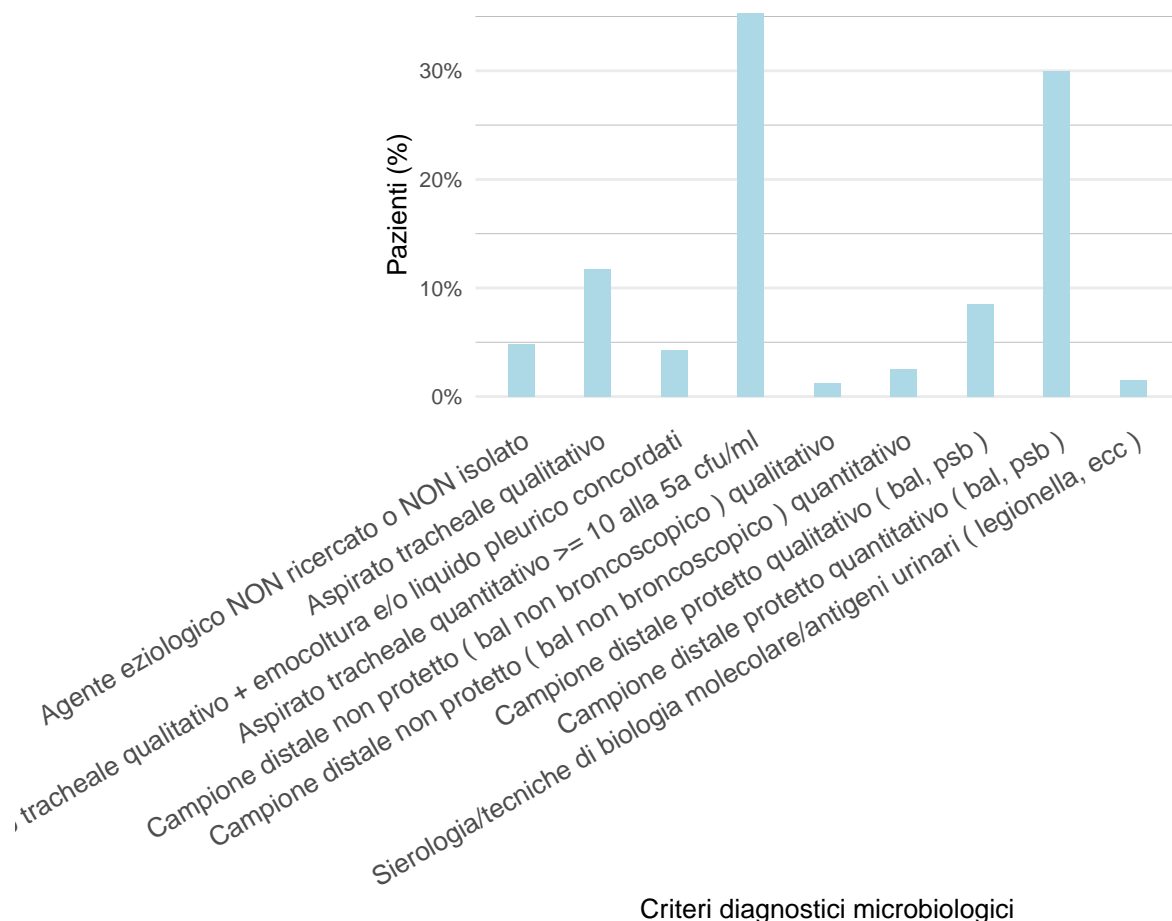
VAP precoce	N	%
No	341	47.9
Sì	371	52.1
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	186	26.3
Probabile - certa	521	73.7
Missing	305	0

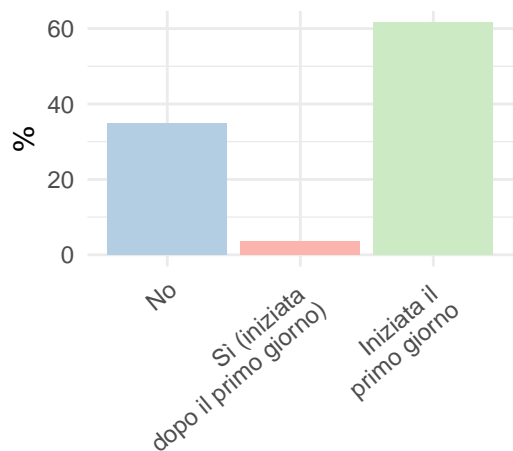
12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	11	1.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	18	2.5
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	9	1.3
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	60	8.5
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	212	30.0
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	250	35.4
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	30	4.2
Aspirato tracheale qualitativo	83	11.7
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	34	4.8
Missing	305	0

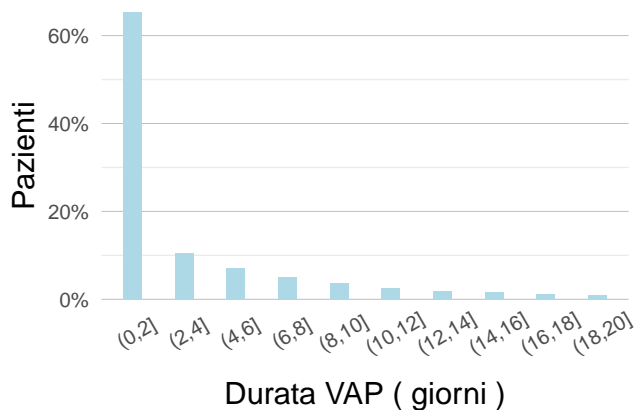
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 24743)

12.4.1 Ventilazione invasiva



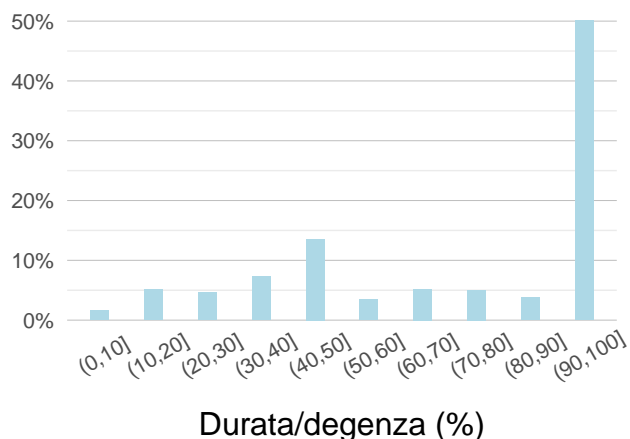
Ventilazione invasiva	N	%
No	8594	34.9
Sì	16060	65.1
Iniziata il primo giorno	15250	61.6
Missing	89	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



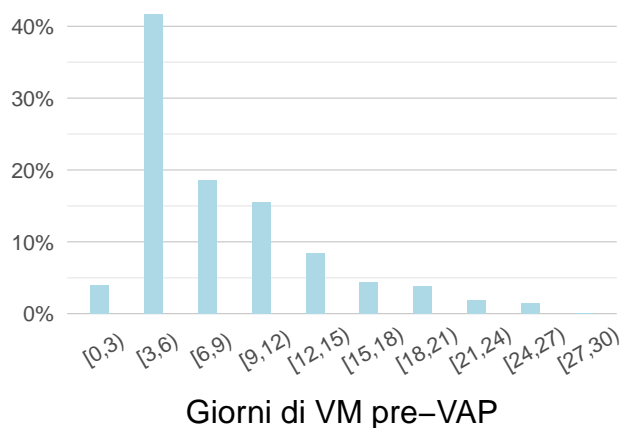
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.0 (9.9)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-5)
Missing	32

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.9 (30.0)
Mediana (Q1-Q3)	90.9 (50-100)
Missing	34

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	712
Media (DS)	9.3 (8.8)
Mediana (Q1-Q3)	6 (4-11)
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	10.9	7.6 %
CI (95%)	10.1 - 11.7	7.1 - 8.2

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

Il primo:

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

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

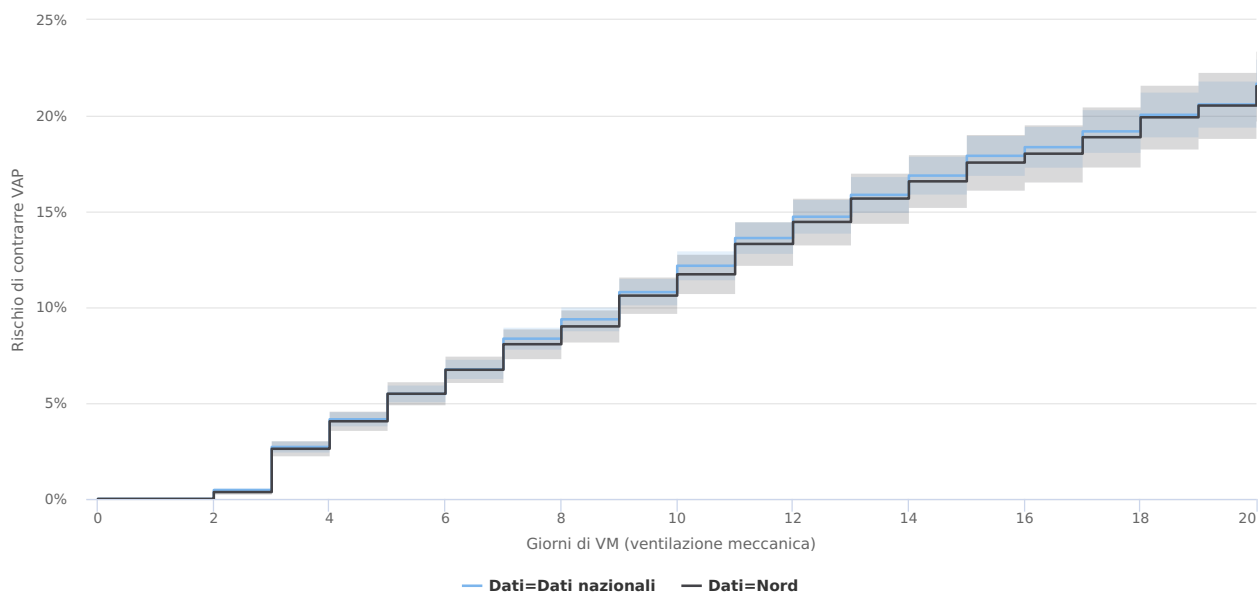
Il secondo invece:

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

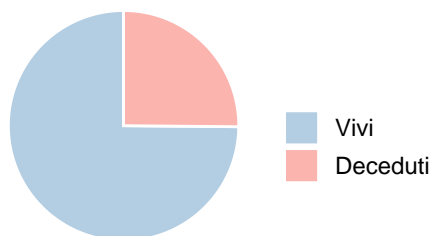
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

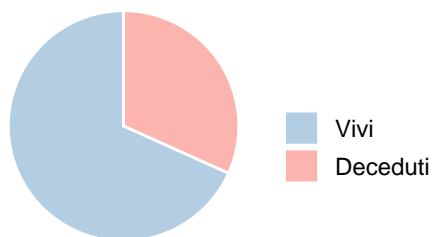


12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	533	74.9
Deceduti	179	25.1
Missing	0	0

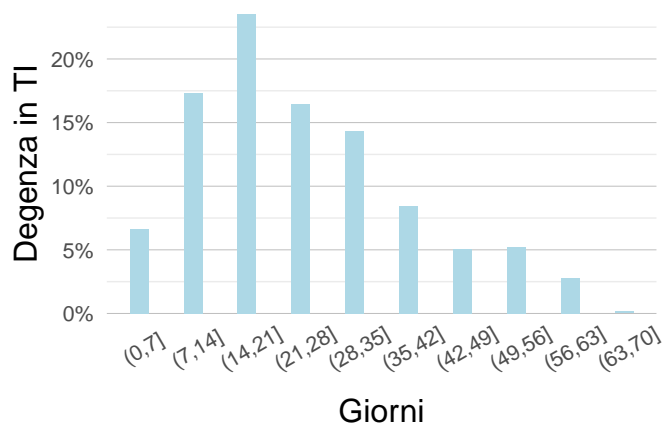
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	467	68.3
Deceduti	217	31.7
Missing	12	0

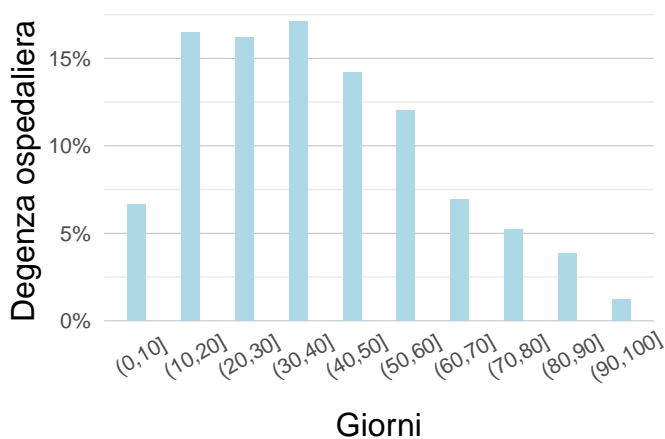
* Statistiche calcolate su 696 escludendo le riammissioni da reparto (N = 16).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.3 (19.2)
Mediana (Q1-Q3)	23 (15-36)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.5 (28.3)
Mediana (Q1-Q3)	38 (22-57)
Missing	12

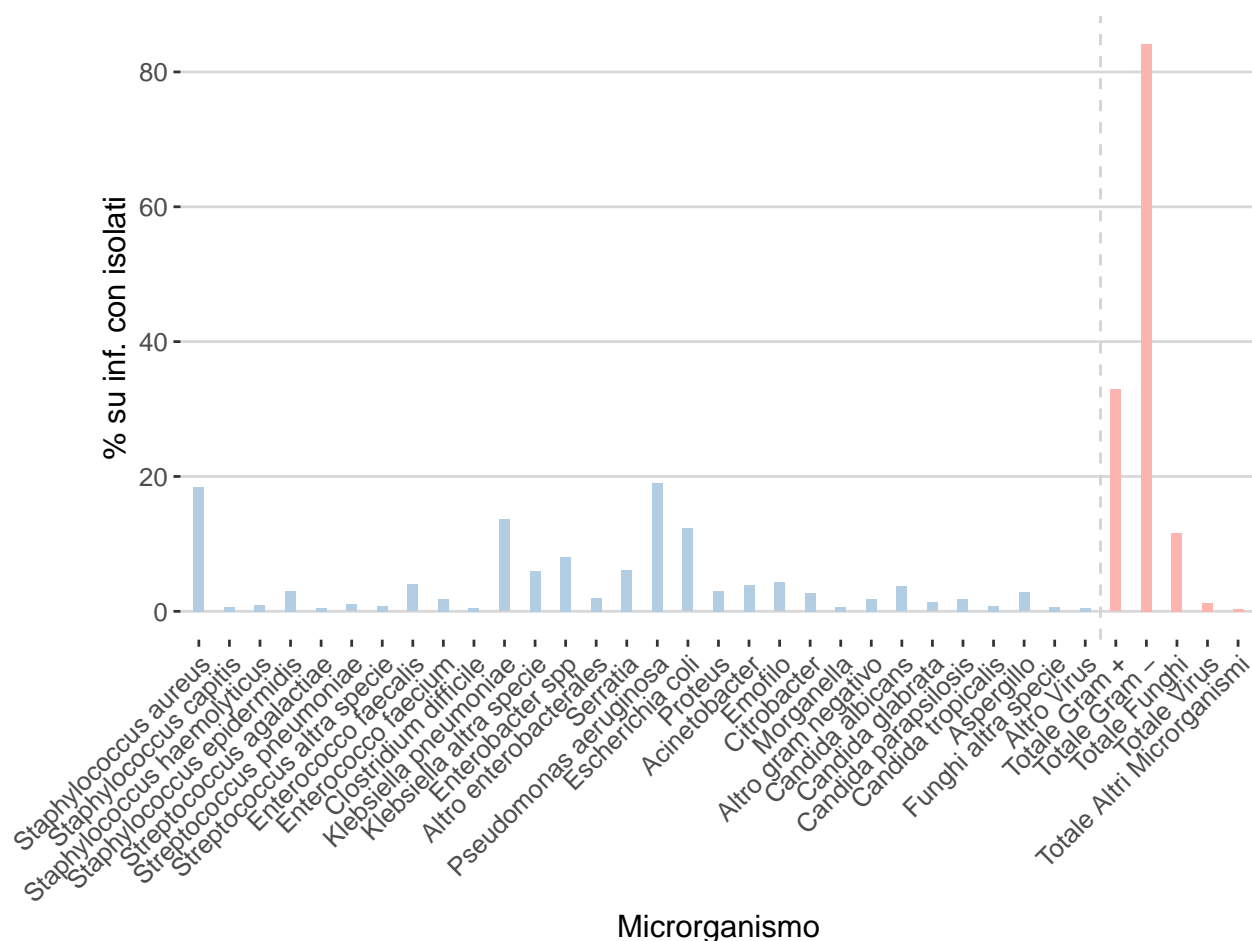
* Statistiche calcolate su 696 escludendo le riammissioni da reparto (N = 16).

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	59	5.8
Sì	950	94.2
Missing	3	
Totale infezioni	1012	
Totale microrganismi isolati	1283	

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.

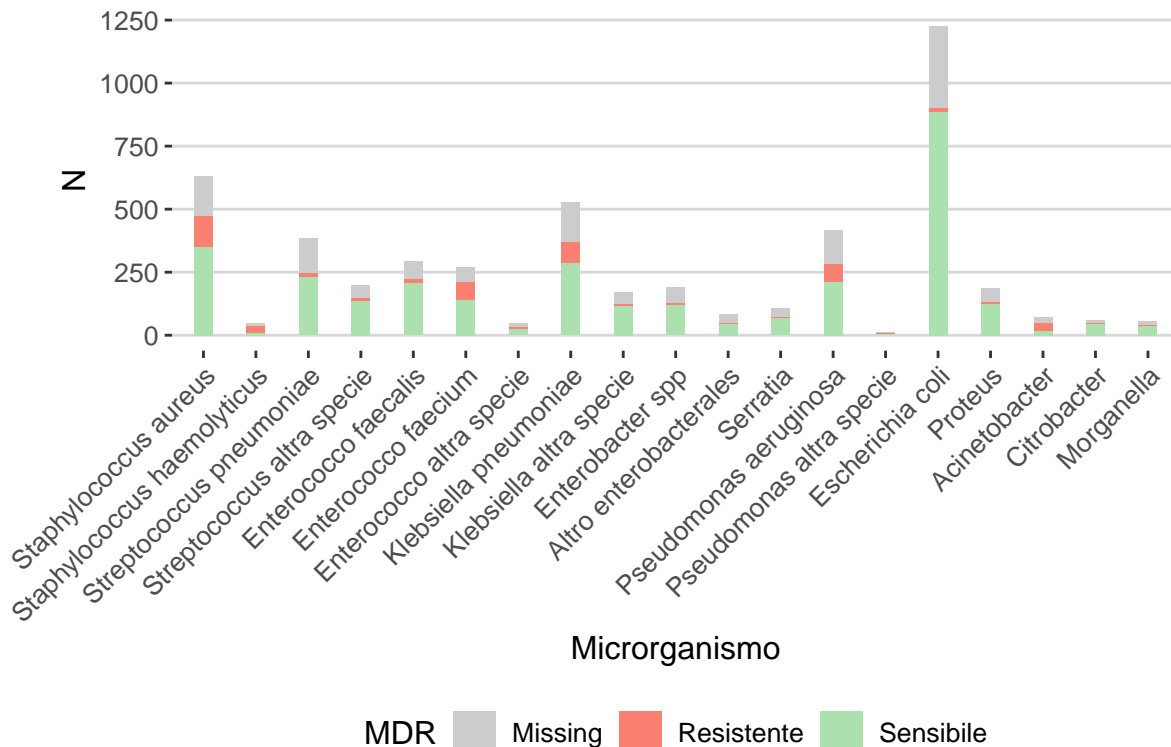


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	175	18.4	131	27	20.6
Staphylococcus capitis	6	0.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.1	0	0	0

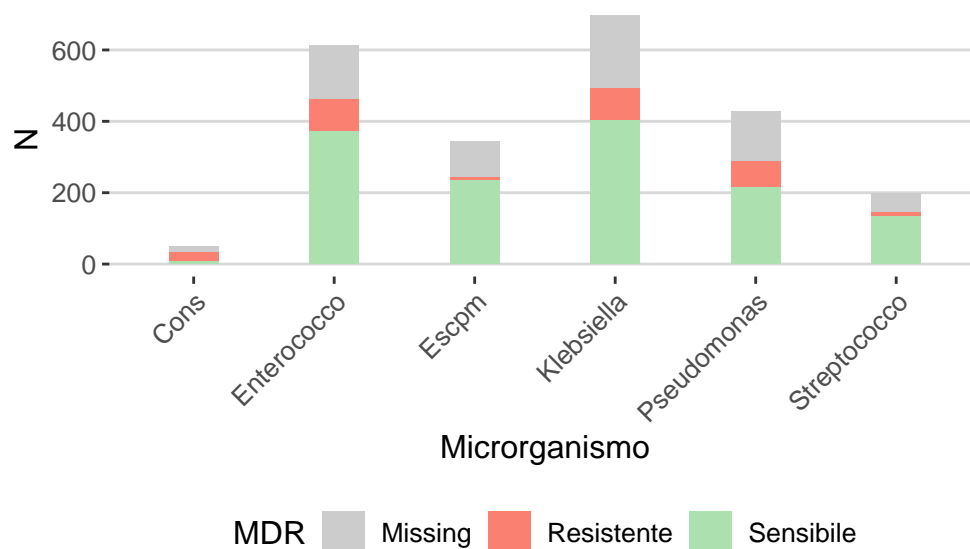
Staphylococcus haemolyticus	9	0.9	7	6	85.7
Staphylococcus hominis	3	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	29	3.0	0	0	0
Pyogens	3	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	5	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	10	1.0	3	0	0
Streptococcus altra specie	8	0.8	6	2	33.3
Enterococco faecalis	38	4.0	29	3	10.3
Enterococco faecium	17	1.8	15	6	40
Enterococco altra specie	4	0.4	2	0	0
Clostridium difficile	5	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.1	0	0	0
Totale Gram +	314	32.9	193	44	22.8
Klebsiella pneumoniae	130	13.6	90	21	23.3
Klebsiella altra specie	57	6.0	45	0	0
Enterobacter spp	77	8.1	51	1	2
Altro enterobacterales	19	2.0	12	0	0
Serratia	58	6.1	37	0	0
Pseudomonas aeruginosa	181	19.0	128	41	32
Pseudomonas altra specie	3	0.3	1	0	0
Escherichia coli	117	12.3	72	1	1.4
Proteus	29	3.0	18	2	11.1
Acinetobacter	37	3.9	30	19	63.3
Emofilo	41	4.3	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	26	2.7	17	0	0
Morganella	6	0.6	1	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	17	1.8	0	0	0
Totale Gram -	801	84.1	502	85	16.9
Candida albicans	35	3.7	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	12	1.3	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	17	1.8	0	0	0
Candida tropicalis	8	0.8	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	27	2.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.6	0	0	0
Totale Funghi	111	11.6	0	0	0
Influenza A	2	0.2			
Citomegalovirus	1	0.1			
Herpes simplex	3	0.3			
Altro Virus	5	0.5			
Totale Virus	11	1.2	0	0	0
Mycoplasma	1	0.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.2	0	0	0

Totale Altri Microrganismi 3 0.3 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 antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
---------------	---	-----------------------------	------------------	----------	----------	--------------

Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	88	Ertapenem	15	17.05
Klebsiella pneumoniae	90	Meropenem	20	22.22
Enterobacter spp	50	Ertapenem	1	2.00
Escherichia coli	72	Meropenem	1	1.39
Proteus	18	Ertapenem	2	11.11
Proteus	18	Meropenem	2	11.11
Acinetobacter	30	Imipenem	17	56.67
Acinetobacter	30	Meropenem	19	63.33
Pseudomonas aeruginosa	126	Imipenem	39	30.95
Pseudomonas aeruginosa	128	Meropenem	25	19.53
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	6	85.71
Staphylococcus aureus	131	Meticillina	27	20.61
Streptococcus altra specie	6	Penicillina	2	33.33
Enterococco faecalis	29	Vancomicina	3	10.34
Enterococco faecium	15	Vancomicina	6	40.00

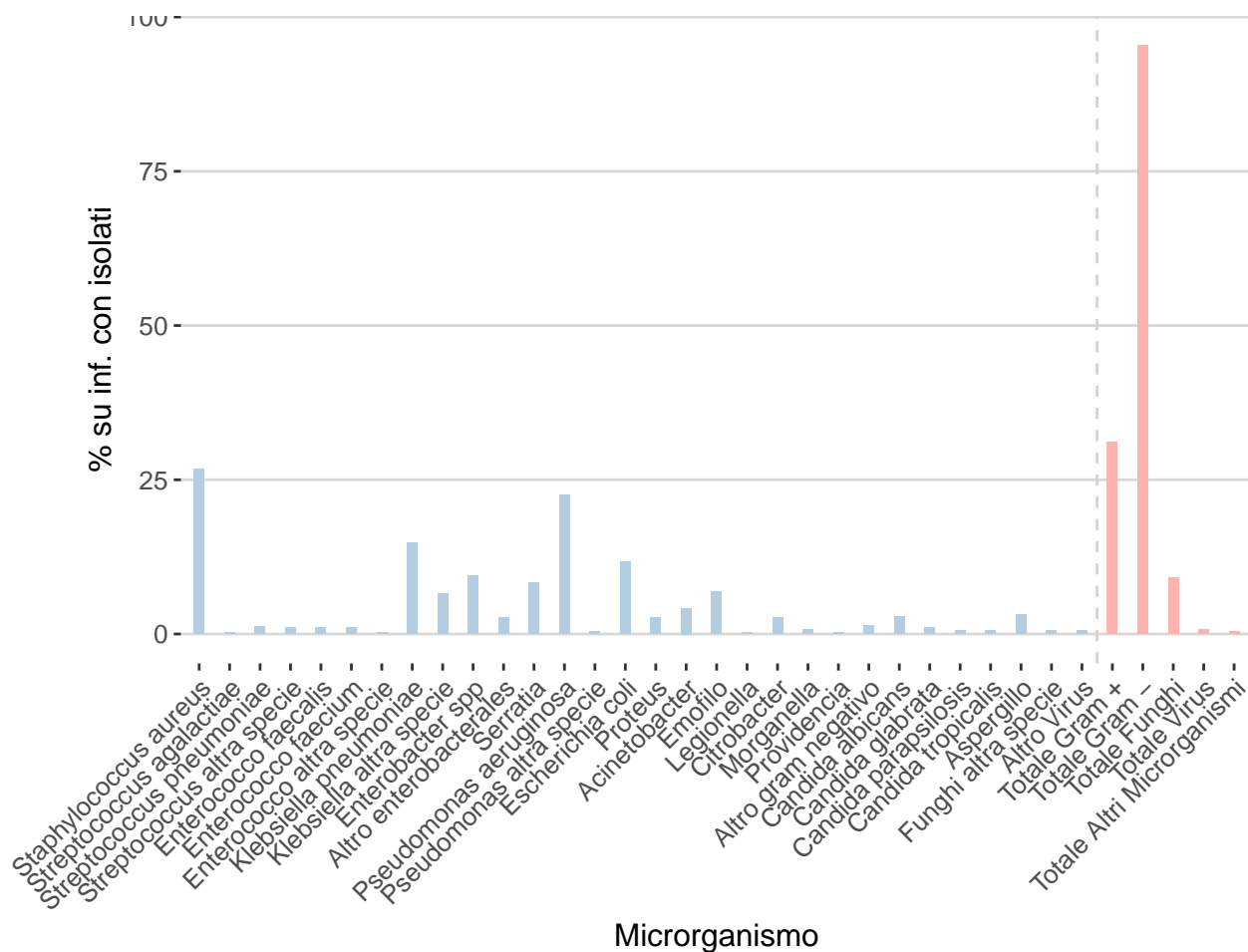
12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

Infezioni con Microrganismi isolati	
	N %
No	0 0.0
Sì	521 100.0
Missing	0
Totale infezioni	521
Totale microrganismi isolati	745

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

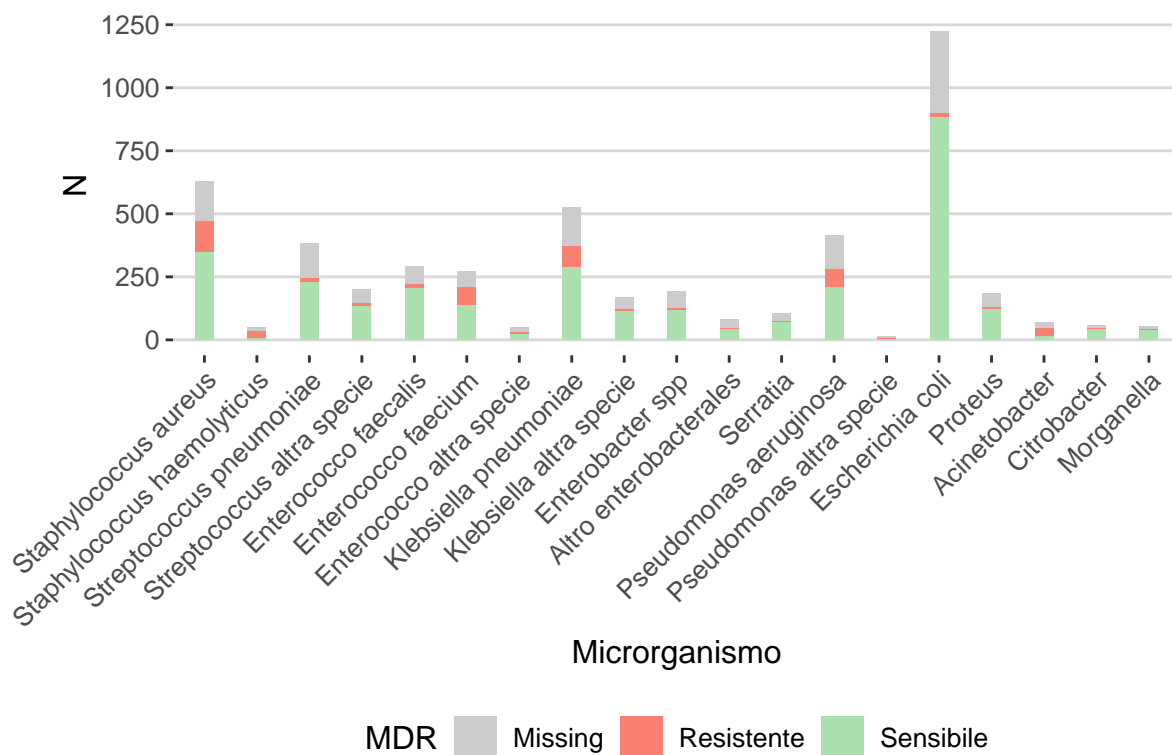
isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



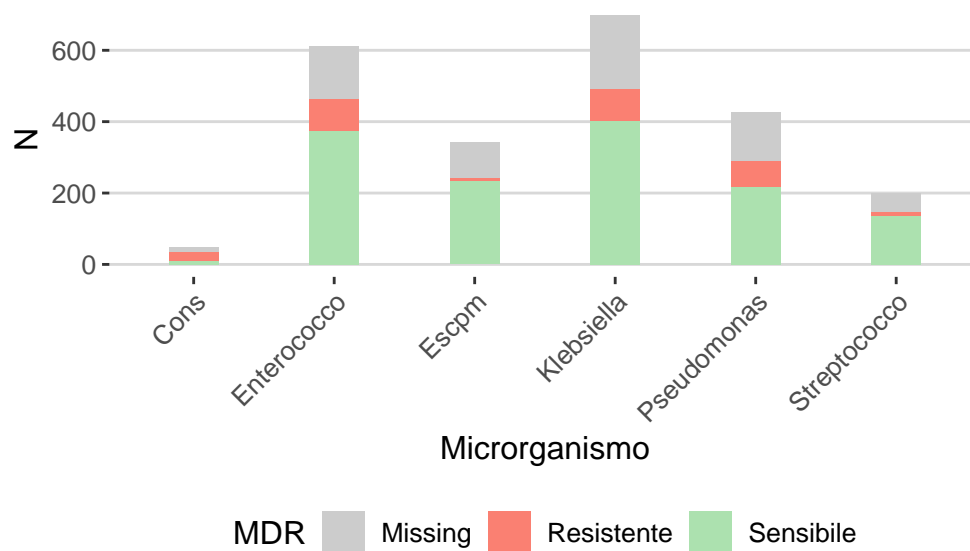
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	139	26.7	109	24	22
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	1.2	3	0	0
Streptococcus altra specie	5	1.0	3	1	33.3
Enterococcus faecalis	5	1.0	5	0	0
Enterococcus faecium	5	1.0	5	1	20
Enterococcus altra specie	1	0.2	0	0	0
Totale Gram +	162	31.1	125	26	20.8
Klebsiella pneumoniae	77	14.8	55	12	21.8
Klebsiella altra specie	34	6.5	28	0	0
Enterobacter spp	49	9.4	35	0	0
Altro enterobacterales	14	2.7	9	0	0
Serratia	43	8.3	28	0	0
Pseudomonas aeruginosa	117	22.5	79	23	29.1
Pseudomonas altra specie	2	0.4	1	0	0
Escherichia coli	61	11.7	37	0	0
Proteus	14	2.7	10	0	0
Acinetobacter	22	4.2	17	8	47.1

Emofilo	36	6.9	0	0	0
Legionella	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	14	2.7	10	0	0
Morganella	4	0.8	0	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Clamidia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	7	1.3	0	0	0
Totale Gram -	497	95.4	309	43	13.9
Candida albicans	15	2.9	0	0	0
Candida glabrata	5	1.0	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	16	3.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.6	0	0	0
Totale Funghi	48	9.2	0	0	0
Influenza A	1	0.2			
Altro Virus	3	0.6			
Totale Virus	4	0.8	0	0	0
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	0.4	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.



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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138

Streptococco	199	145	135	10	6.90	54
--------------	-----	-----	-----	----	------	----

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.

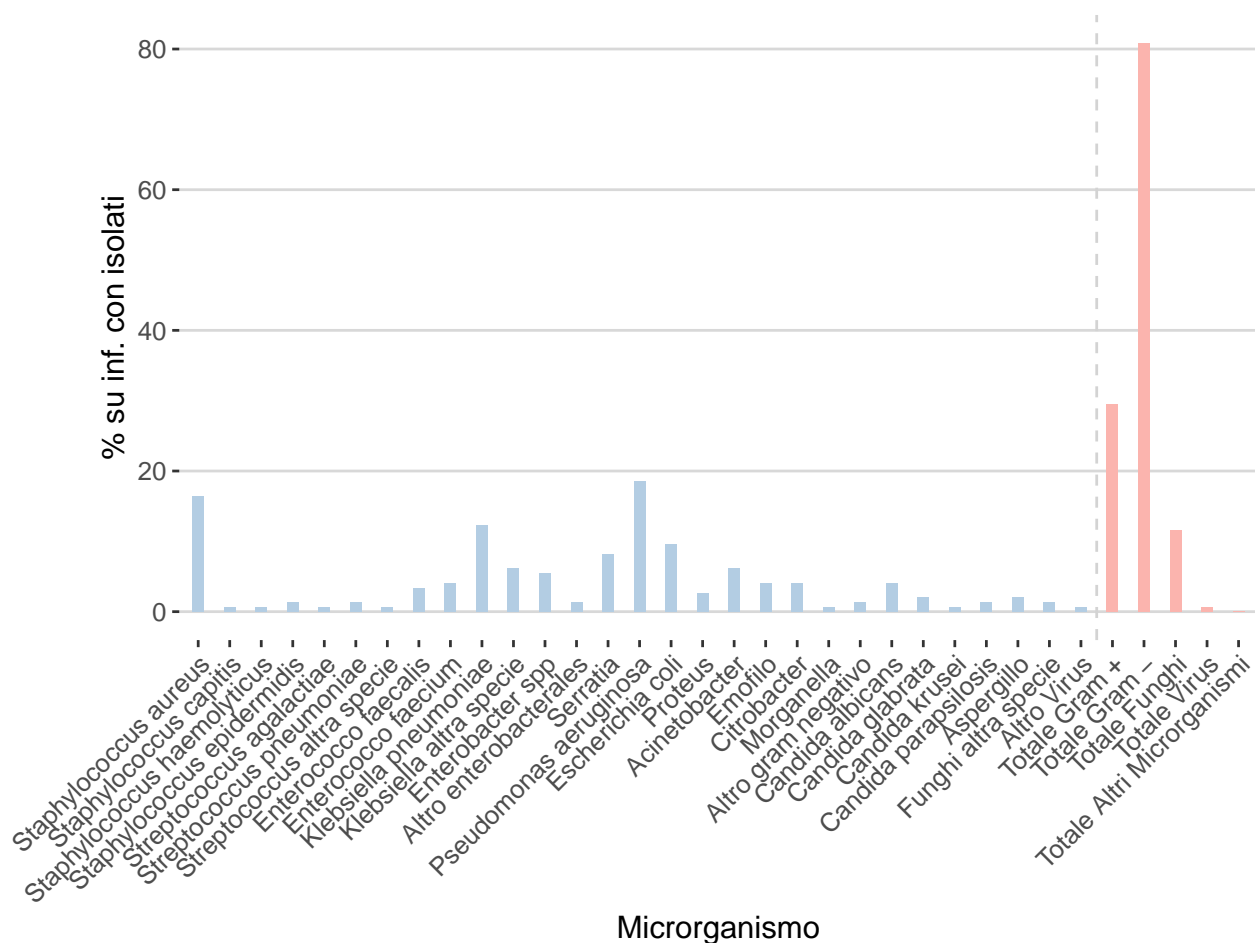
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	54	Ertapenem	8	14.81
Klebsiella pneumoniae	55	Meropenem	11	20.00
Acinetobacter	17	Imipenem	8	47.06
Acinetobacter	17	Meropenem	8	47.06
Pseudomonas aeruginosa	78	Imipenem	22	28.21
Pseudomonas aeruginosa	79	Meropenem	16	20.25
Staphylococcus aureus	109	Meticillina	24	22.02
Streptococcus altra specie	3	Penicillina	1	33.33
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	3	2.1
Sì	143	97.9
Missing	0	
Totale infezioni	146	
Totale microrganismi isolati	189	

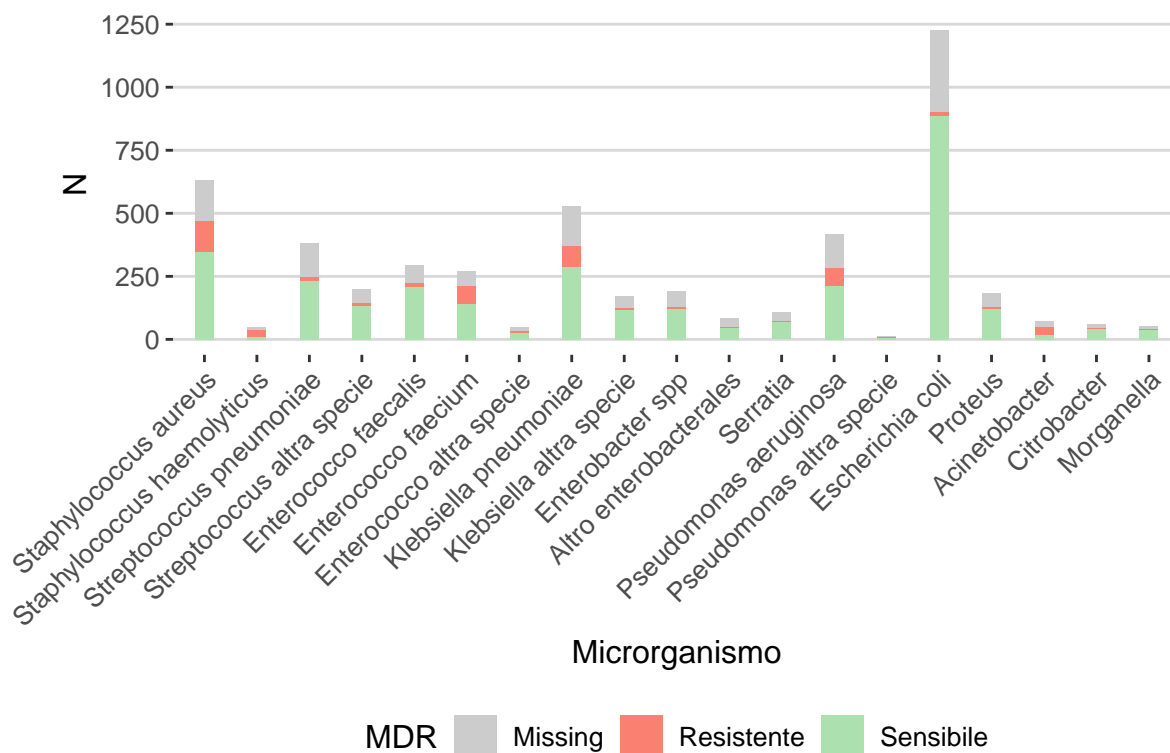
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



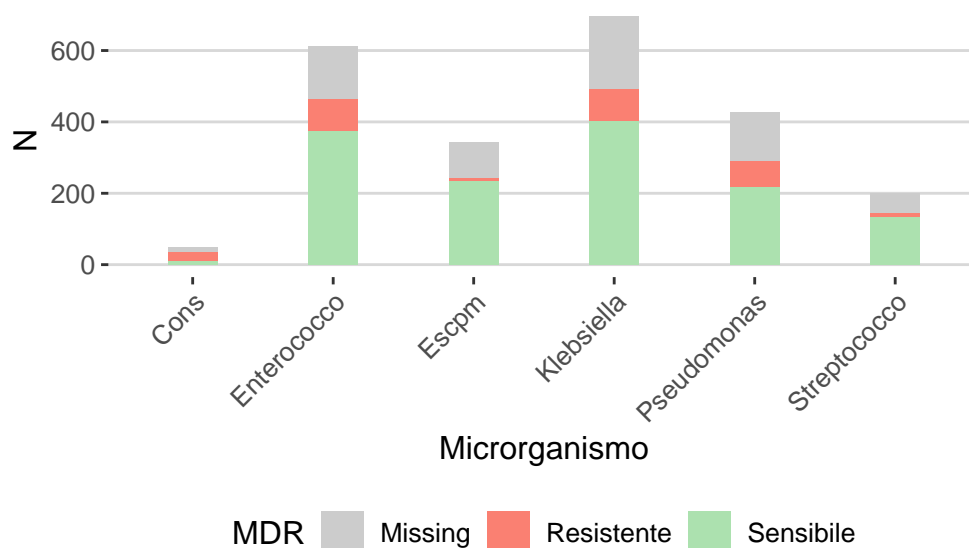
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	24	16.4	19	2	10.5
Staphylococcus capitis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	1.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.4	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	1	1	100
Enterococco faecalis	5	3.4	4	0	0
Enterococco faecium	6	4.1	5	3	60
Totale Gram +	43	29.5	31	6	19.4
Klebsiella pneumoniae	18	12.3	13	5	38.5
Klebsiella altra specie	9	6.2	7	0	0
Enterobacter spp	8	5.5	6	0	0
Altro enterobacteriales	2	1.4	1	0	0
Serratia	12	8.2	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	27	18.5	19	6	31.6
Escherichia coli	14	9.6	11	0	0
Proteus	4	2.7	1	0	0
Acinetobacter	9	6.2	8	6	75
Emofilo	6	4.1	0	0	0
Citrobacter	6	4.1	3	0	0

Morganella	1	0.7	1	0	0
Altro gram negativo	2	1.4	0	0	0
Totale Gram -	118	80.8	77	17	22.1
Candida albicans	6	4.1	0	0	0
Candida glabrata	3	2.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.4	0	0	0
Aspergillo	3	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.4	0	0	0
Totale Funghi	17	11.6	0	0	0
Altro Virus	1	0.7			
Totale Virus	1	0.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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

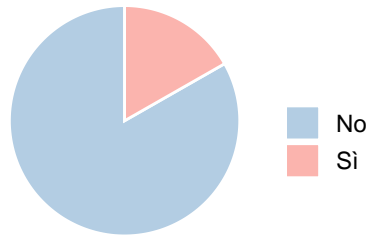
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	13	Ertapenem	4	30.77
Klebsiella pneumoniae	13	Meropenem	5	38.46
Acinetobacter	8	Imipenem	5	62.50
Acinetobacter	8	Meropenem	6	75.00
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	5	26.32
Pseudomonas aeruginosa	19	Meropenem	5	26.32
Staphylococcus aureus	19	Meticillina	2	10.53
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecium	5	Vancomicina	3	60.00

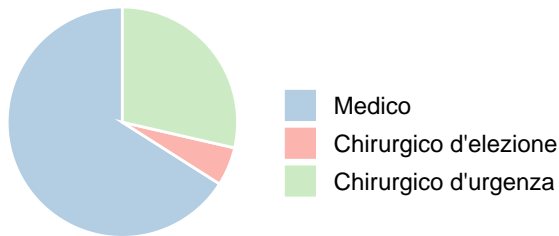
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 794)

13.1 Trauma



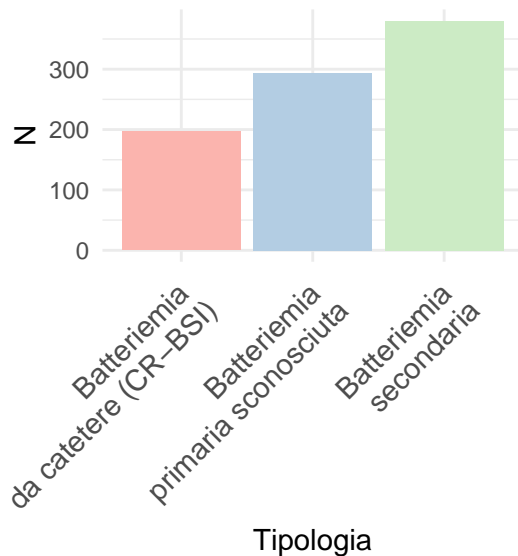
Trauma	N	%
No	661	83.2
Si	133	16.8
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



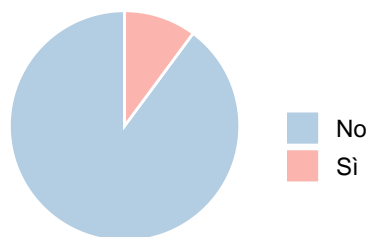
Stato chirurgico	N	%
Medico	524	66.0
Chirurgico d'elezione	43	5.4
Chirurgico d'urgenza	227	28.6
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	294	33.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	197	22.6
Batteriemia secondaria	380	43.6
Missing	0	0.0

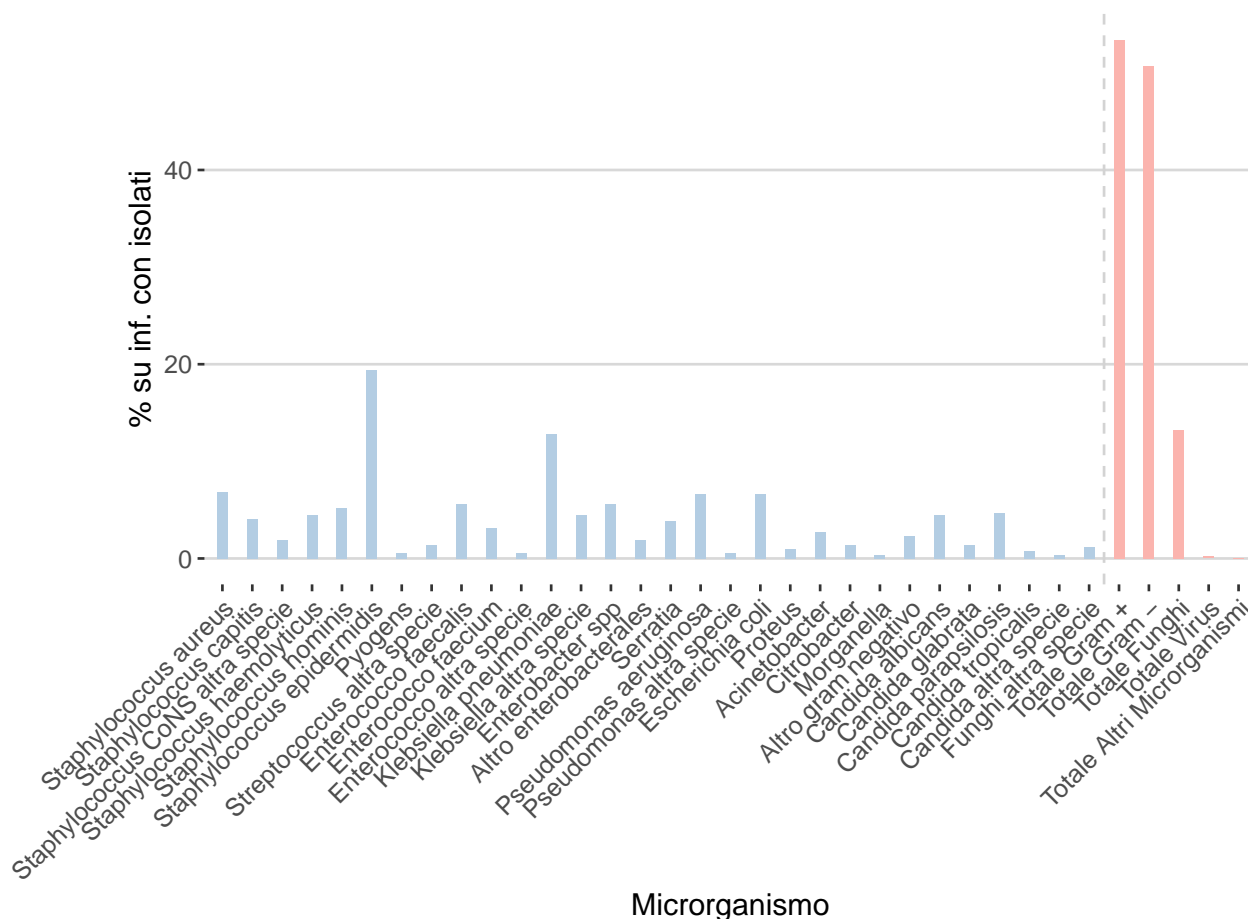
13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	434	89.9
Sì	49	10.1
Missing	8	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

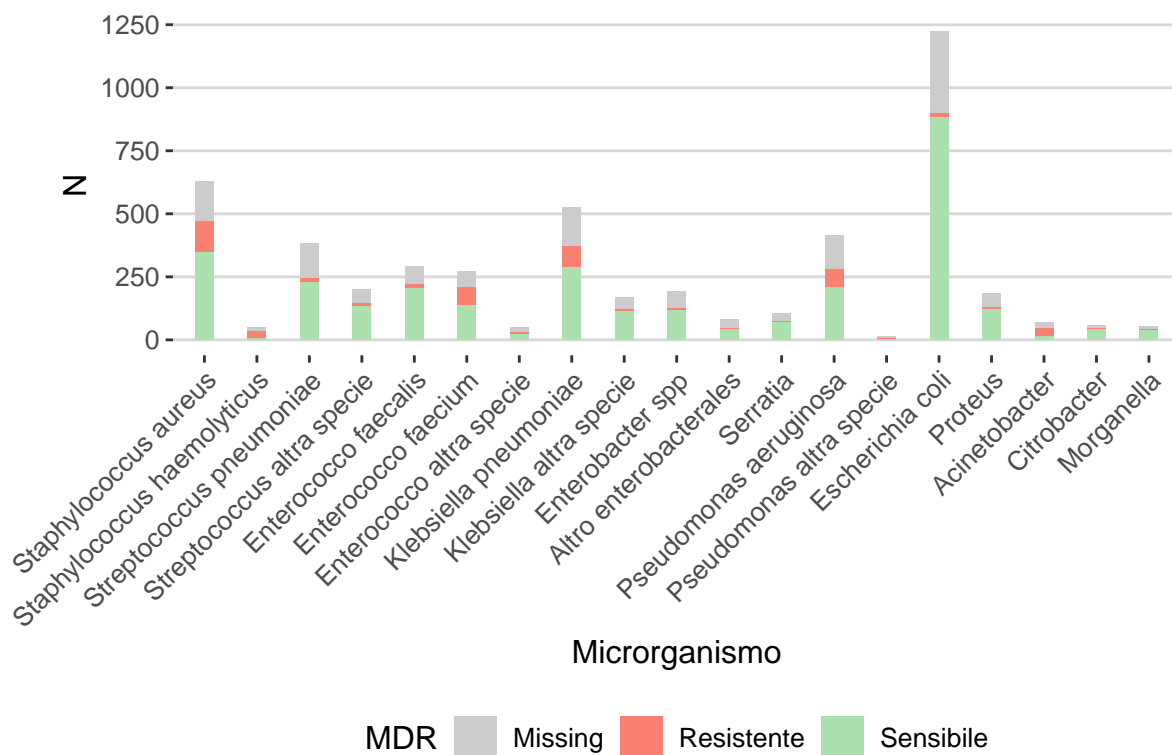
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



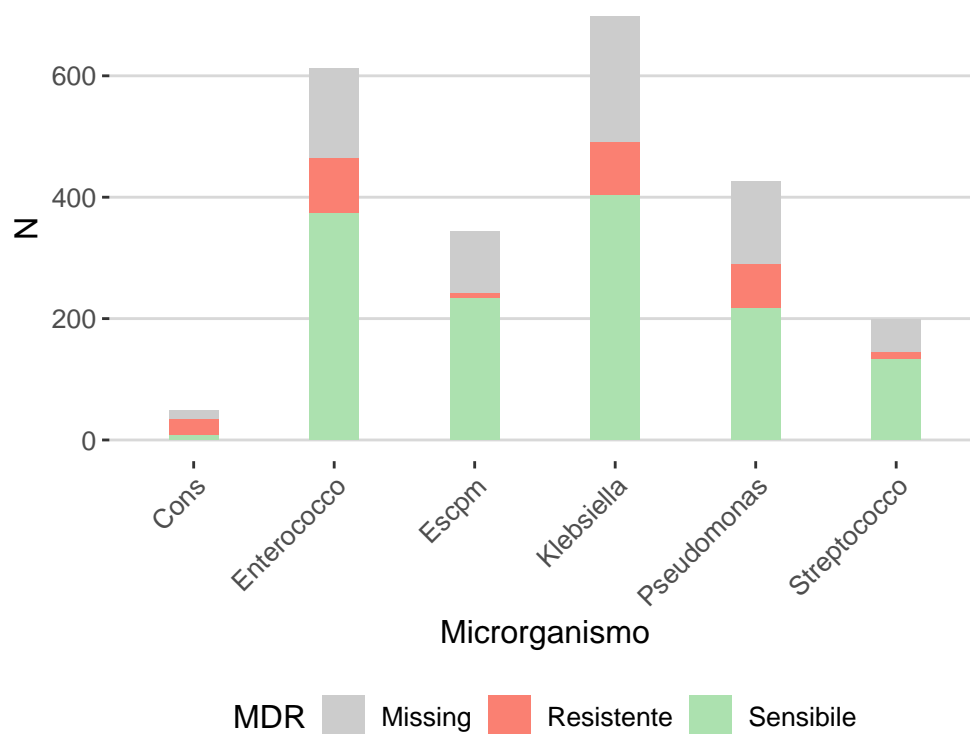
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	33	6.8	21	5	23.8
Staphylococcus capitis	20	4.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	1.9	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	22	4.5	18	12	66.7
Staphylococcus hominis	25	5.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	94	19.4	0	0	0
Pyogens	3	0.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	7	1.4	6	0	0
Enterococco faecalis	27	5.6	17	3	17.6
Enterococco faecium	15	3.1	11	5	45.5
Enterococco altra specie	3	0.6	1	0	0
Totale Gram +	259	53.4	74	25	33.8
Klebsiella pneumoniae	62	12.8	46	16	34.8
Klebsiella altra specie	22	4.5	16	0	0
Enterobacter spp	27	5.6	19	2	10.5
Altro enterobacterales	9	1.9	4	0	0
Serratia	19	3.9	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	32	6.6	23	8	34.8
Pseudomonas altra specie	3	0.6	2	0	0
Escherichia coli	32	6.6	21	0	0
Proteus	5	1.0	4	0	0
Acinetobacter	13	2.7	9	7	77.8
Emofilo	1	0.2	0	0	0
Citrobacter	7	1.4	3	0	0
Morganella	2	0.4	1	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	11	2.3	0	0	0
Totale Gram -	246	50.7	163	33	20.2
Candida albicans	22	4.5	0	0	0
Candida glabrata	7	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	23	4.7	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.8	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.2	0	0	0
Totale Funghi	64	13.2	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.2			
Totale Virus	1	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



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

Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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.

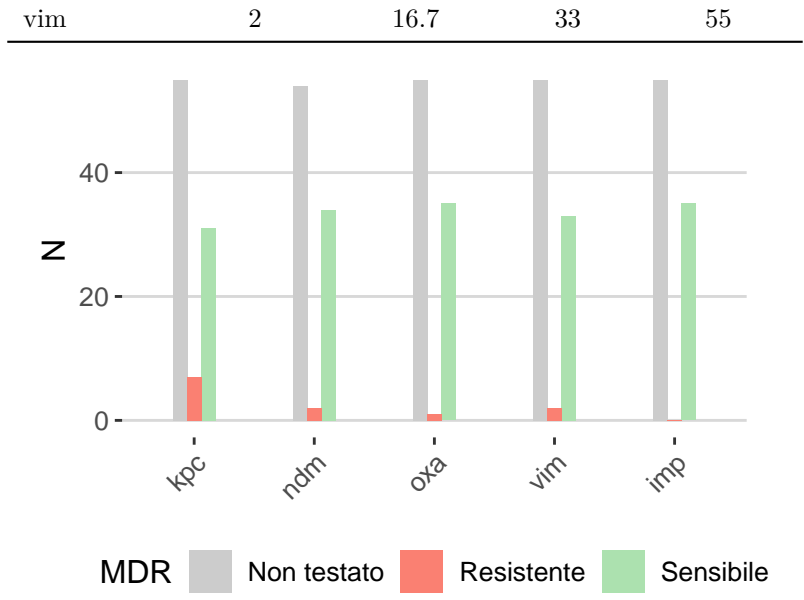
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	41	Ertapenem	12	29.27
Klebsiella pneumoniae	46	Meropenem	14	30.43
Enterobacter spp	19	Ertapenem	2	10.53
Acinetobacter	9	Imipenem	7	77.78
Acinetobacter	9	Meropenem	7	77.78
Pseudomonas aeruginosa	22	Imipenem	7	31.82
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	3	13.04
Staphylococcus haemolyticus	18	Meticillina	12	66.67
Staphylococcus aureus	21	Meticillina	5	23.81
Enterococco faecalis	17	Vancomicina	3	17.65
Enterococco faecium	11	Vancomicina	5	45.45

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.

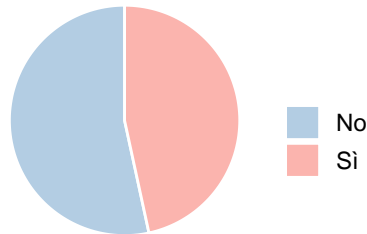
	N	%
Sì	12	12.9
No	27	29.03
Non testato	54	58.06
Missing	104	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	35	55
kpc	7	58.3	31	55
ndm	2	16.7	34	54
oxa	1	8.3	35	55



14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 294)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	157	53.4
Si	137	46.6
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 CI (95%)	2.1 1.8 - 2.3	1.4 % 1.3 - 1.6

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.

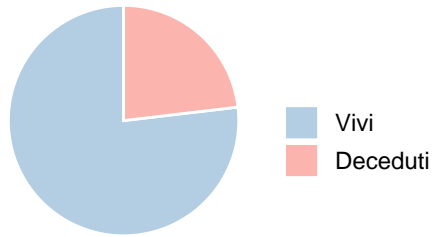
Il secondo:

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

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.

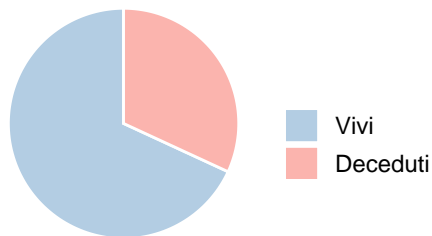
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	226	76.9
Deceduti	68	23.1
Missing	0	0

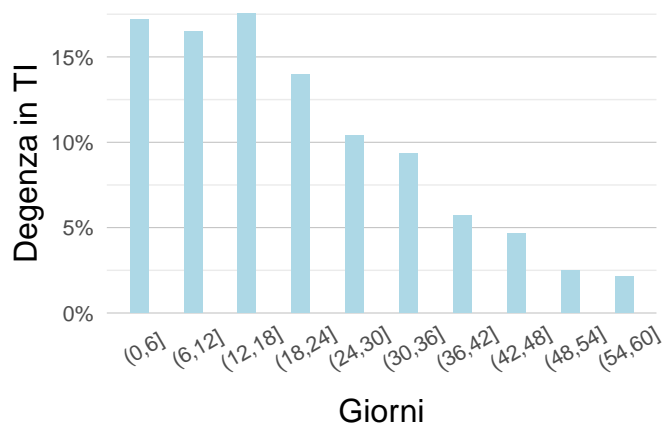
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	188	68.1
Deceduti	88	31.9
Missing	9	0

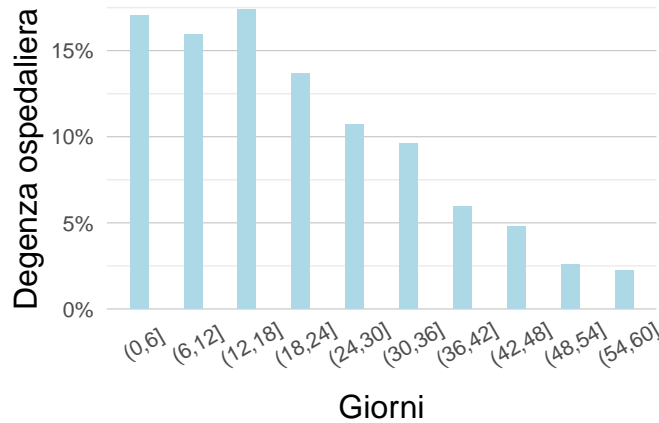
* Statistiche calcolate su 285 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 9).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.9 (19.6)
Mediana (Q1-Q3)	19 (10-32.8)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



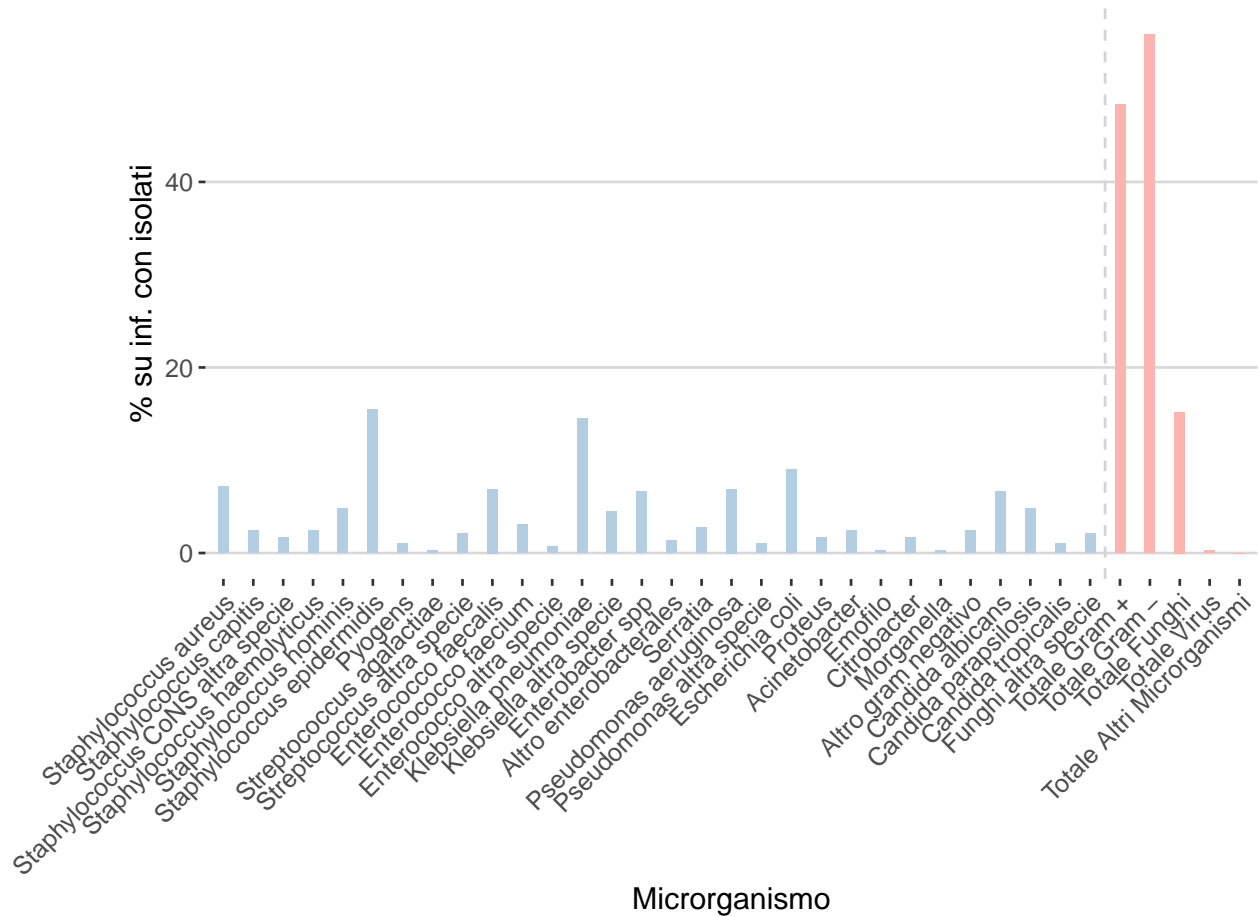
Indicatore	Valore
Media (DS)	41.5 (32.5)
Mediana (Q1-Q3)	35.5 (19-54)
Missing	9

* Statistiche calcolate su 285 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 9).

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 = 294)

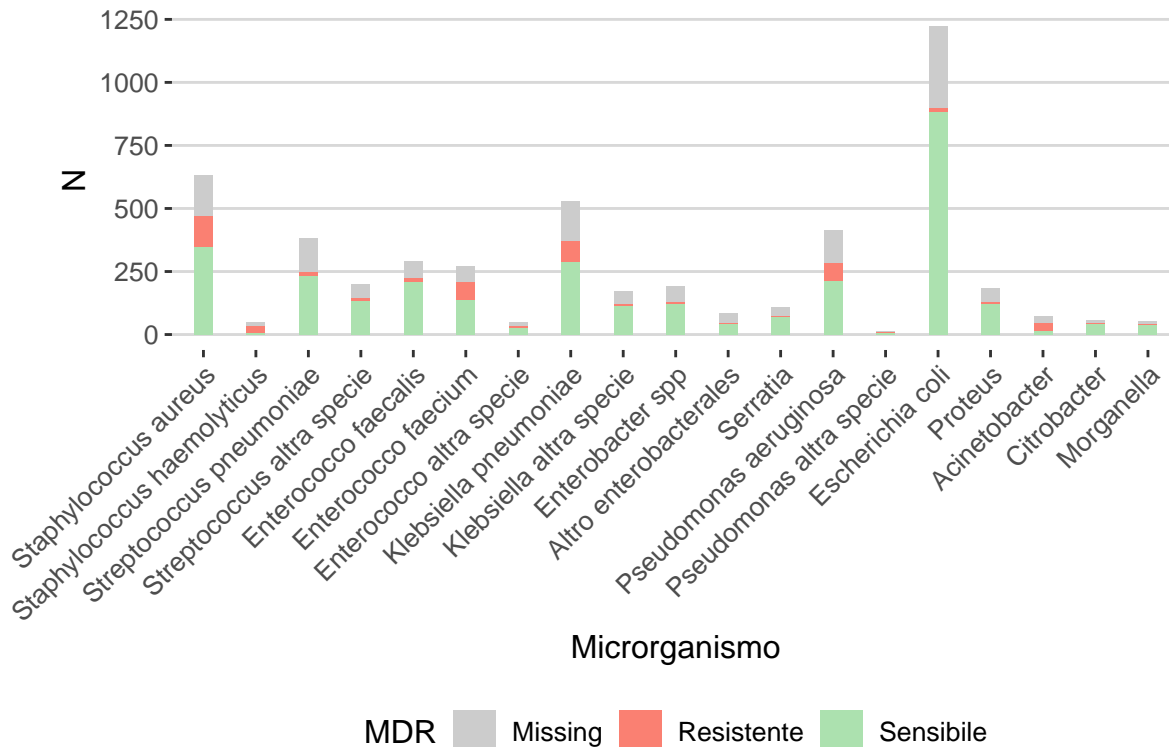


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	21	7.2	13	4	30.8
Staphylococcus capitis	7	2.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	2.4	5	2	40
Staphylococcus hominis	14	4.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	45	15.5	0	0	0
Pyogens	3	1.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	6	2.1	5	0	0
Enterococco faecalis	20	6.9	12	3	25
Enterococco faecium	9	3.1	8	4	50
Enterococco altra specie	2	0.7	0	0	0
Totale Gram +	140	48.3	43	13	30.2
Klebsiella pneumoniae	42	14.5	29	11	37.9
Klebsiella altra specie	13	4.5	10	0	0
Enterobacter spp	19	6.6	13	2	15.4
Altro enterobacterales	4	1.4	2	0	0
Serratia	8	2.8	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	6.9	14	3	21.4
Pseudomonas altra specie	3	1.0	2	0	0
Escherichia coli	26	9.0	16	0	0

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 294)

Proteus	5	1.7	4	0	0
Acinetobacter	7	2.4	4	3	75
Emofilo	1	0.3	0	0	0
Citrobacter	5	1.7	3	0	0
Morganella	1	0.3	0	0	0
Providencia	1	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	7	2.4	0	0	0
Totale Gram -	162	55.9	104	19	18.3
Candida albicans	19	6.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	14	4.8	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.0	0	0	0
Candida altra specie	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	6	2.1	0	0	0
Totale Funghi	44	15.2	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.3	0	0	0
Totale Virus	1	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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	25	Ertapenem	9	36.00
Klebsiella pneumoniae	29	Meropenem	9	31.03
Enterobacter spp	13	Ertapenem	2	15.38
Acinetobacter	4	Imipenem	3	75.00
Acinetobacter	4	Meropenem	3	75.00
Pseudomonas aeruginosa	13	Imipenem	3	23.08
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	2	40.00
Staphylococcus aureus	13	Meticillina	4	30.77
Enterococco faecalis	12	Vancomicina	3	25.00
Enterococco faecium	8	Vancomicina	4	50.00

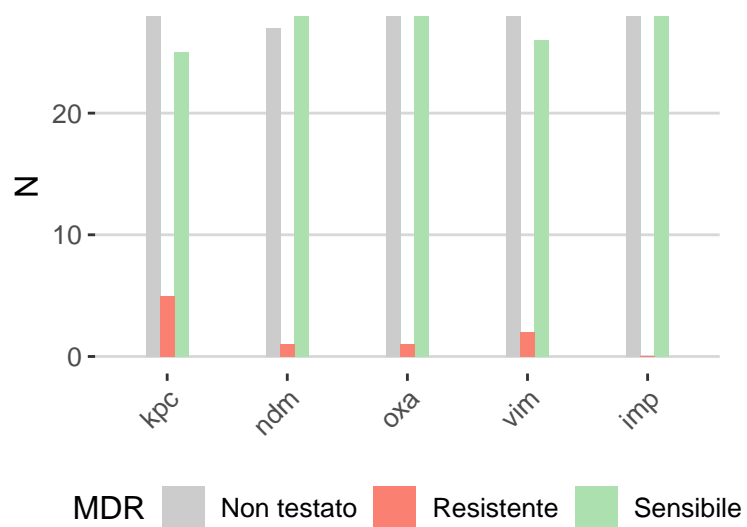
14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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	9	15.52
No	22	37.93
Non testato	27	46.55
Missing	72	

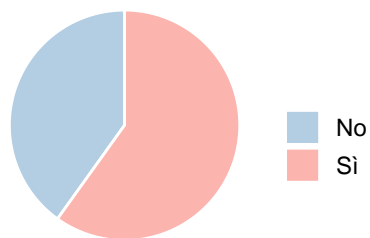
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	28	28
kpc	5	55.6	25	28
ndm	1	11.1	28	27
oxa	1	11.1	28	28
vim	2	22.2	26	28

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 294)



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 197)

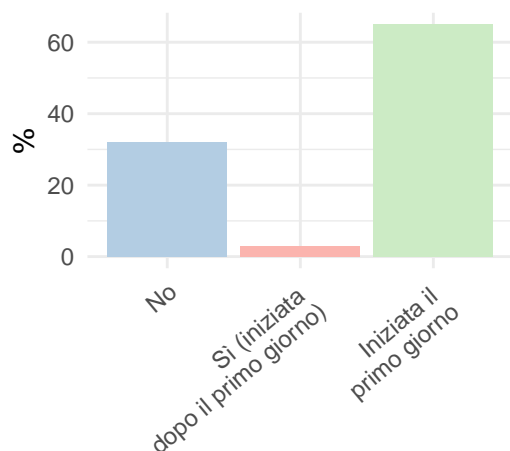
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	79	40.1
Si	118	59.9
Missing	0	0

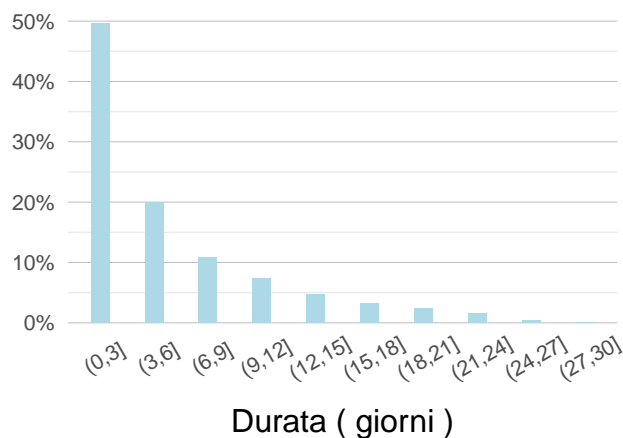
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 24743)



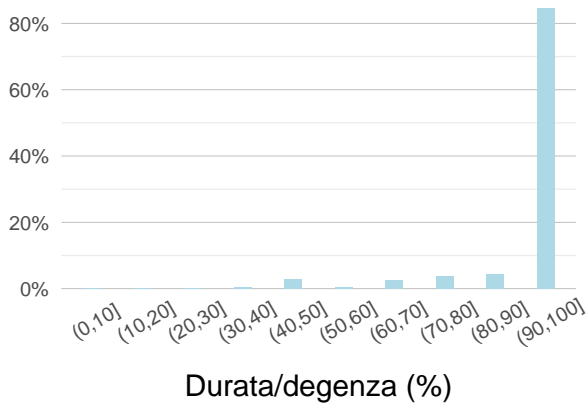
Cvc	N	%
No	7887	32.0
Si	16767	68.0
Iniziata il primo giorno	16089	65.0
Missing	89	

15.2.2 Durata (giorni)



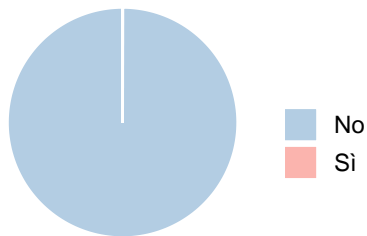
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.3 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	37

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



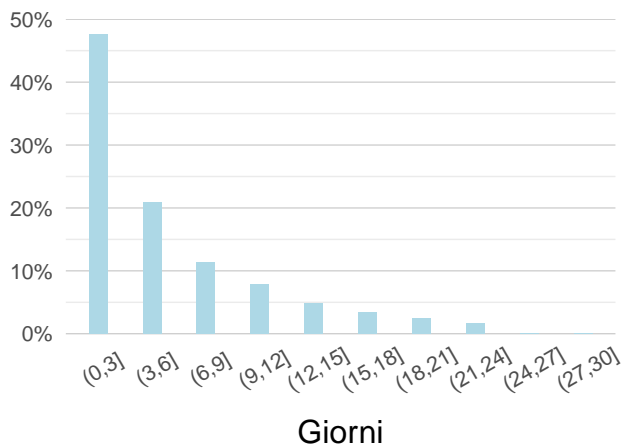
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.8 (13.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	39

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 24743)



Infezione locale da catetere	N	%
No	24650	100.0
Si	5	0.0
Missing	88	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	193
Media (DS)	13.8 (12.8)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-17)
Missing	4

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	1.6	1.1 %
CI (95%)	1.4 - 1.9	1.0 - 1.3

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.

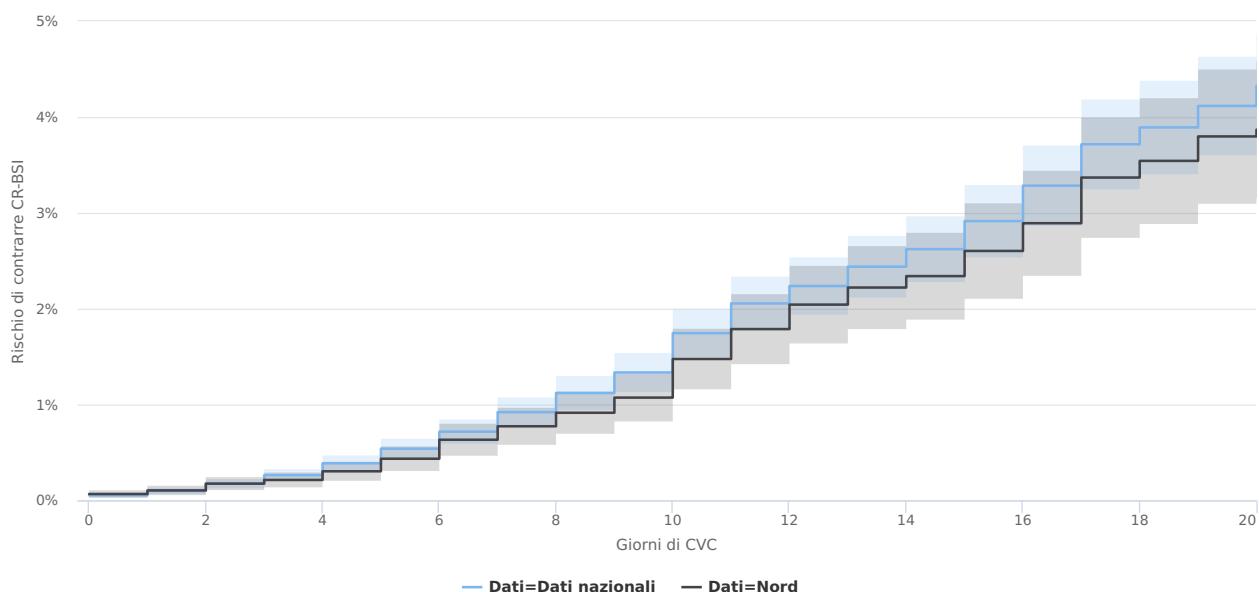
Il secondo invece:

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

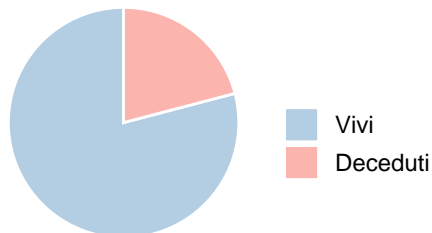
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

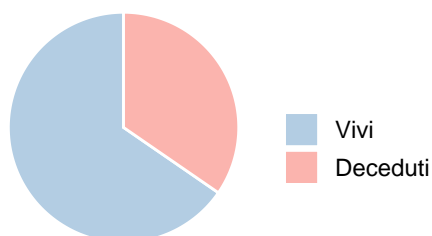


15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	155	79.1
Deceduti	41	20.9
Missing	1	0

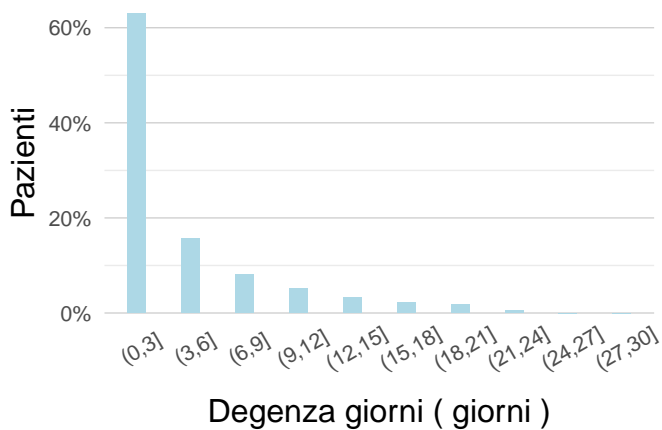
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	121	65.4
Deceduti	64	34.6
Missing	4	0

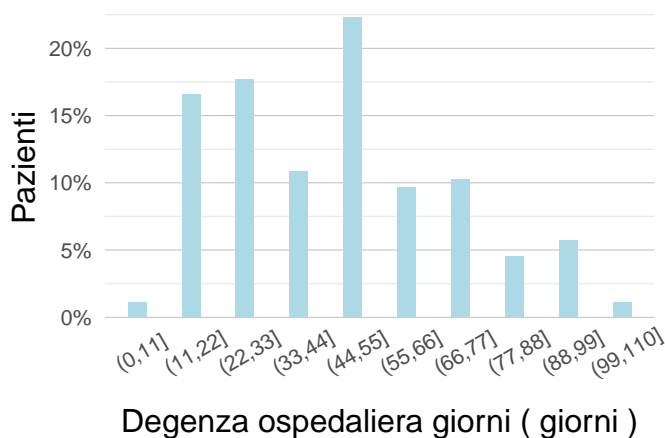
* Statistiche calcolate su 189 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.9 (22.8)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (16-44)
Missing	1

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	51.8 (33.0)
Mediana (Q1-Q3)	48 (27-68)
Missing	4

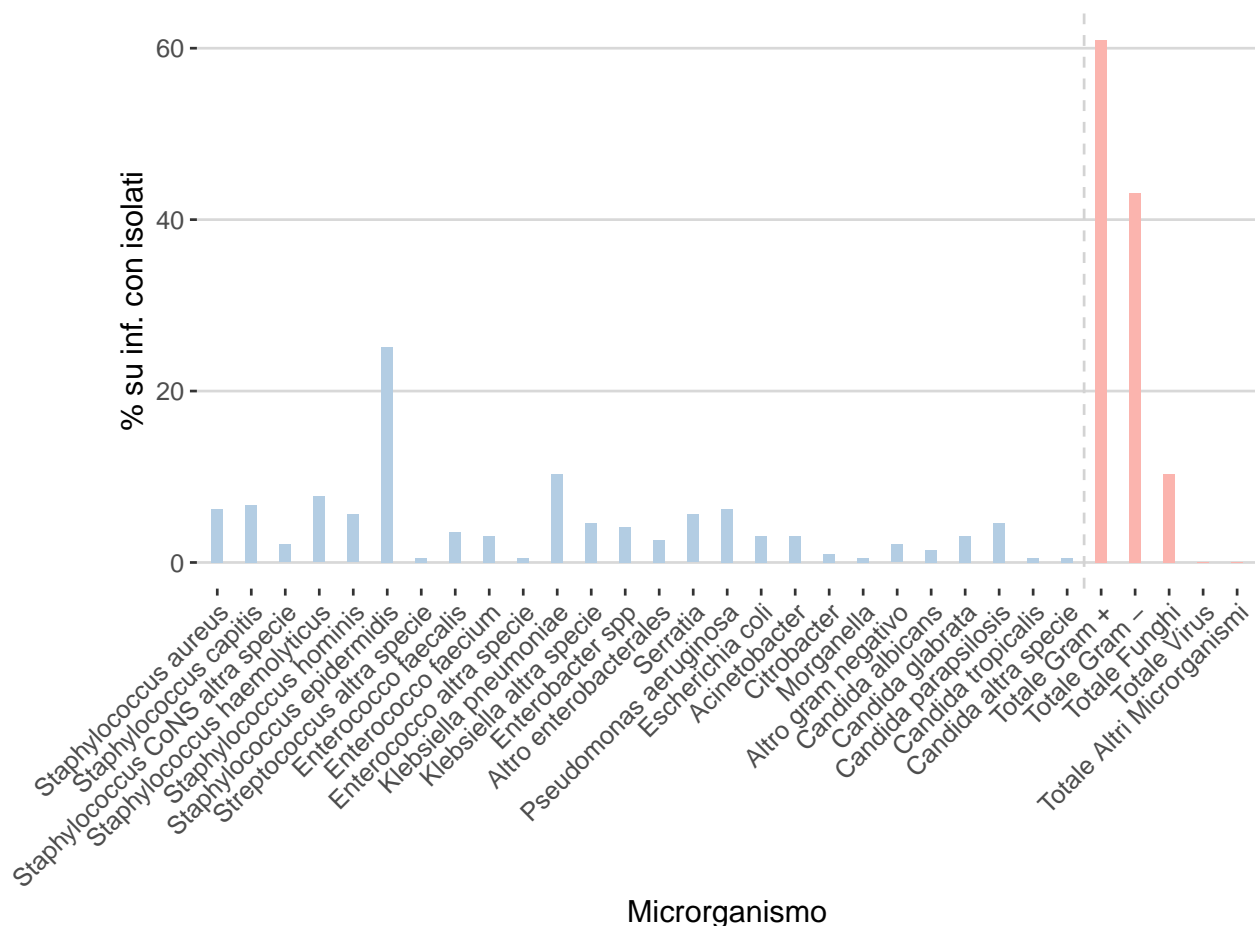
* Statistiche calcolate su 189 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

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	195	100.0
Missing	2	
Totale infezioni	197	
Totale microrganismi isolati	226	

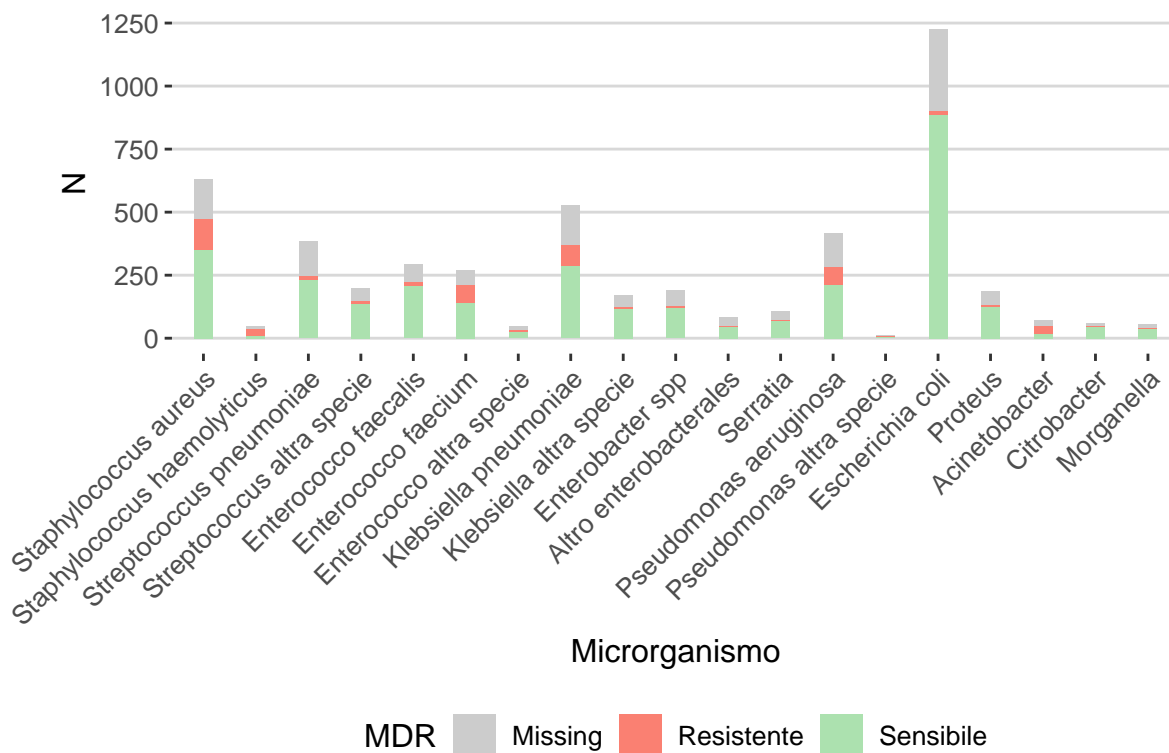
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



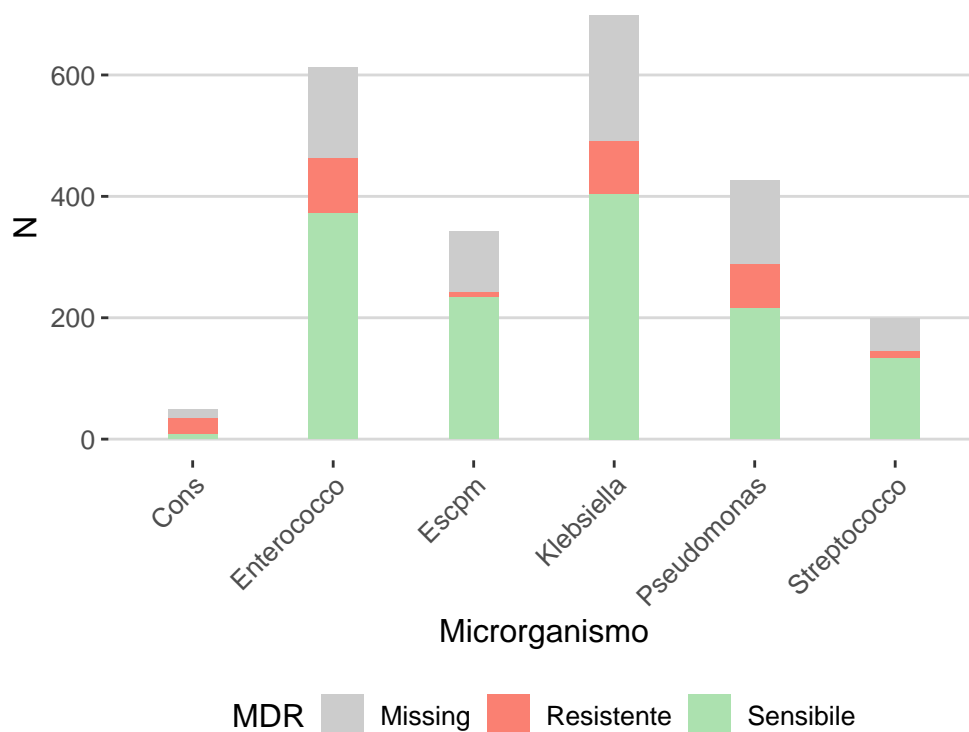
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	12	6.2	8	1	12.5
Staphylococcus capitis	13	6.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	2.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	15	7.7	13	10	76.9
Staphylococcus hominis	11	5.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	49	25.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.5	1	0	0
Enterococco faecalis	7	3.6	5	0	0
Enterococco faecium	6	3.1	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	0.5	1	0	0
Totale Gram +	119	61.0	31	12	38.7
Klebsiella pneumoniae	20	10.3	17	5	29.4
Klebsiella altra specie	9	4.6	6	0	0
Enterobacter spp	8	4.1	6	0	0
Altro enterobacterales	5	2.6	2	0	0
Serratia	11	5.6	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	6.2	9	5	55.6
Escherichia coli	6	3.1	5	0	0
Acinetobacter	6	3.1	5	4	80
Citrobacter	2	1.0	0	0	0
Morganella	1	0.5	1	0	0

Altro gram negativo	4	2.1	0	0	0
Totale Gram -	84	43.1	59	14	23.7
Candida albicans	3	1.5	0	0	0
Candida glabrata	6	3.1	0	0	0
Candida parapsilosis	9	4.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Candida altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Funghi	20	10.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	16	Ertapenem	3	18.75
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	5	29.41
Acinetobacter	5	Imipenem	4	80.00
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	4	44.44

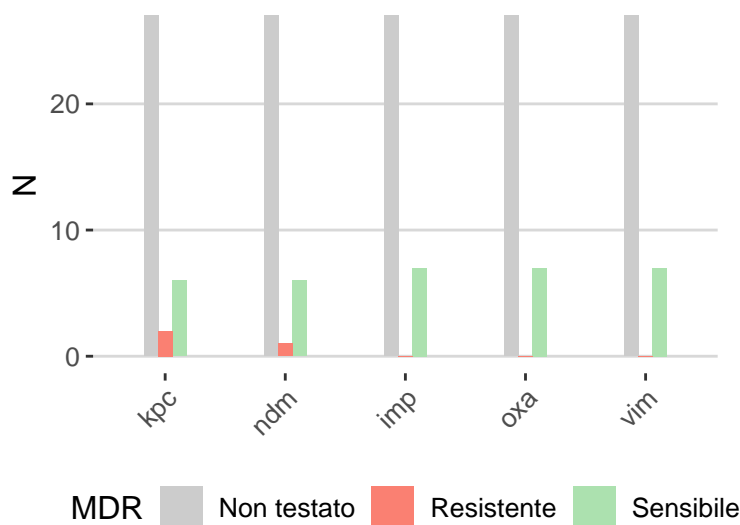
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	3	33.33
Staphylococcus haemolyticus	13	Meticillina	10	76.92
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	1	12.50
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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.

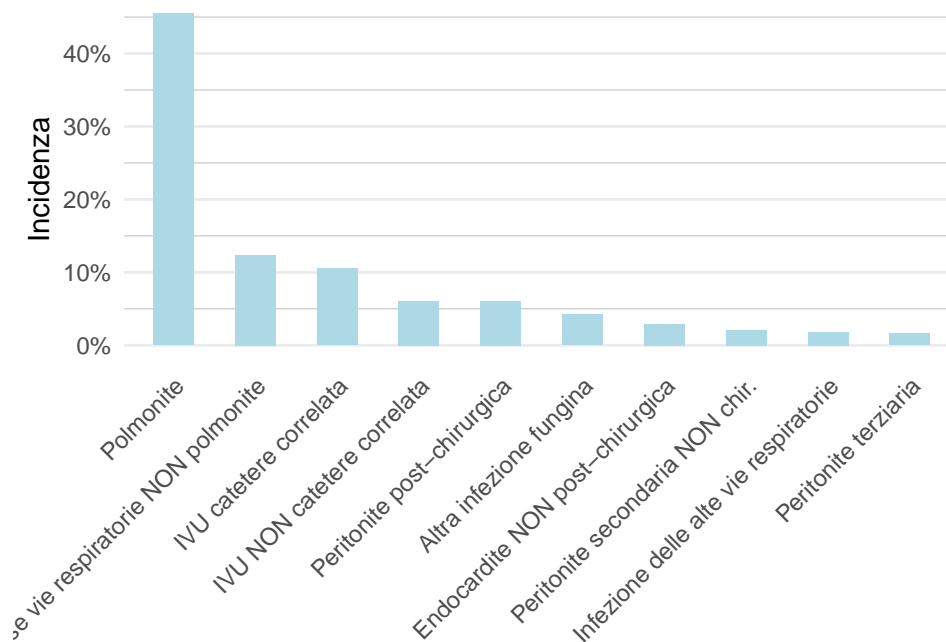
	N	%
Sì	3	8.57
No	5	14.29
Non testato	27	77.14
Missing	32	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	7	27
kpc	2	66.7	6	27
ndm	1	33.3	6	27
oxa	0	0.0	7	27
vim	0	0.0	7	27



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 380)

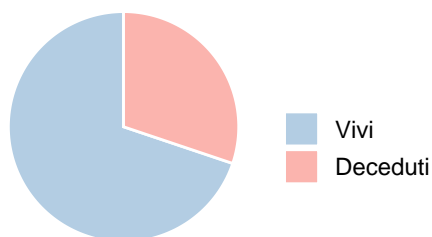
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

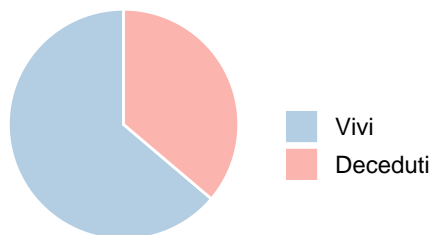
Infezione	N	%
Polmonite	173	45.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	47	12.4
IVU catetere correlata	40	10.5
Peritonite post-chirurgica	23	6.1
IVU NON catetere correlata	23	6.1
Altra infezione fungina	16	4.2
Endocardite NON post-chirurgica	11	2.9
Peritonite secondaria NON chir.	8	2.1
Infezione delle alte vie respiratorie	7	1.8
Peritonite terziaria	6	1.6
Missing	26	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	264	69.8
Deceduti	114	30.2
Missing	2	0

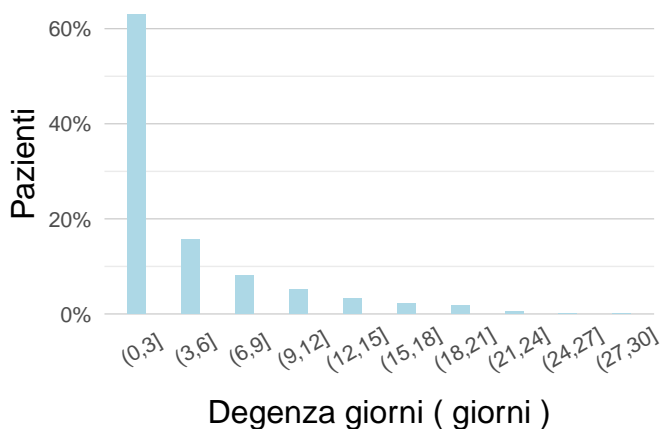
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	231	63.8
Deceduti	131	36.2
Missing	10	0

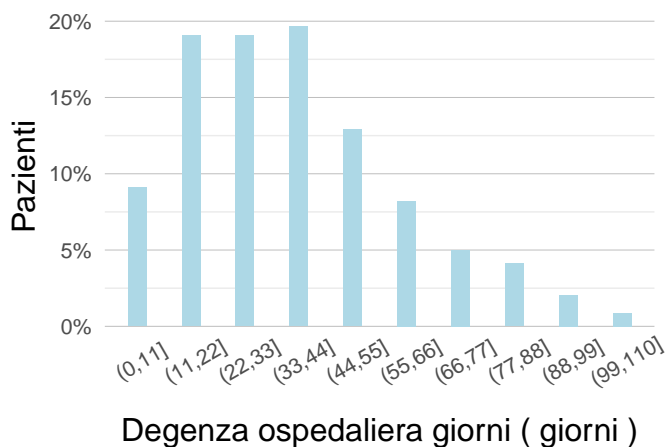
* Statistiche calcolate su 372 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.0 (21.4)
Mediana (Q1-Q3)	21 (13-35)
Missing	2

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	44.1 (33.1)
Mediana (Q1-Q3)	36 (22-55)
Missing	10

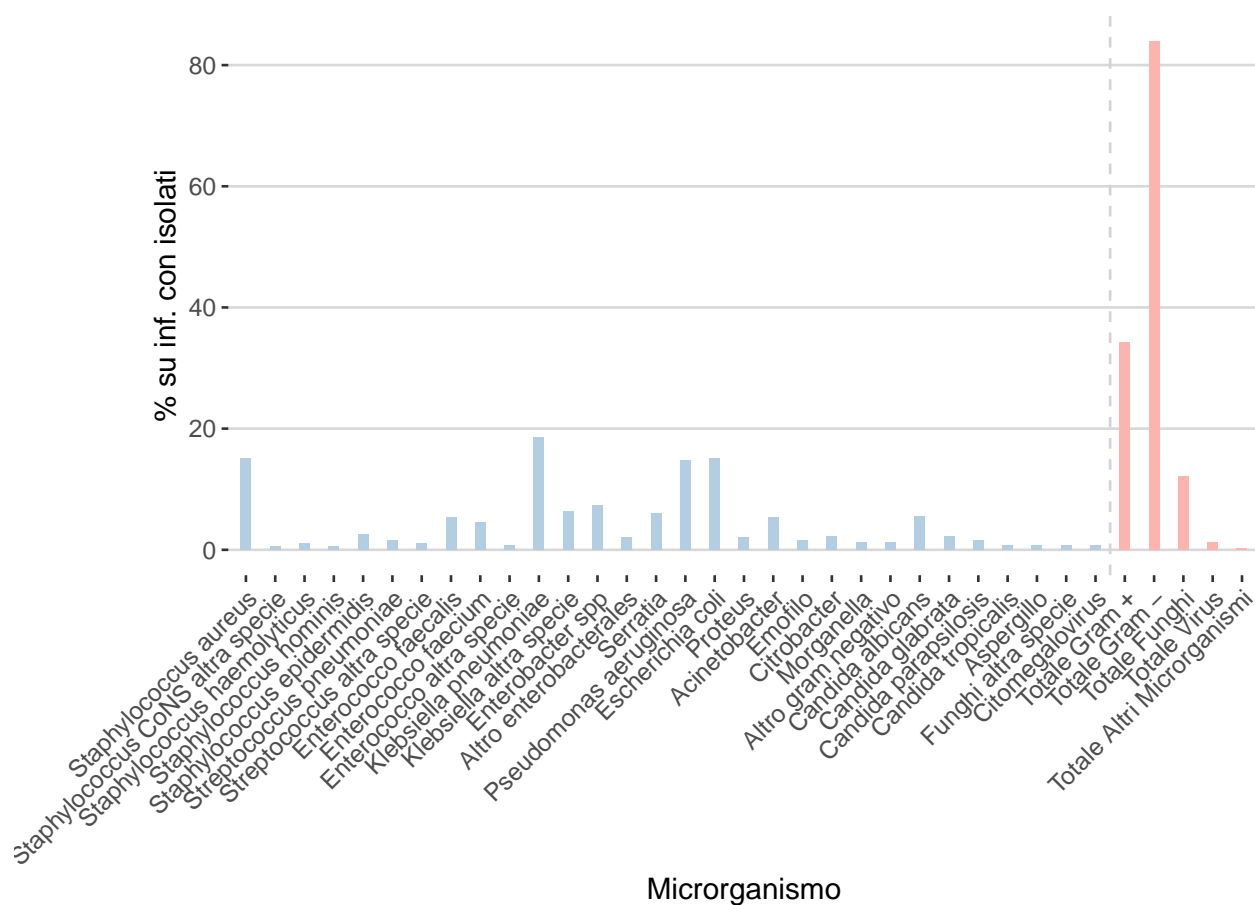
* Statistiche calcolate su 372 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

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	6	1.5
Sì	398	98.5
Missing	0	
Totale infezioni	404	
Totale microrganismi isolati	537	

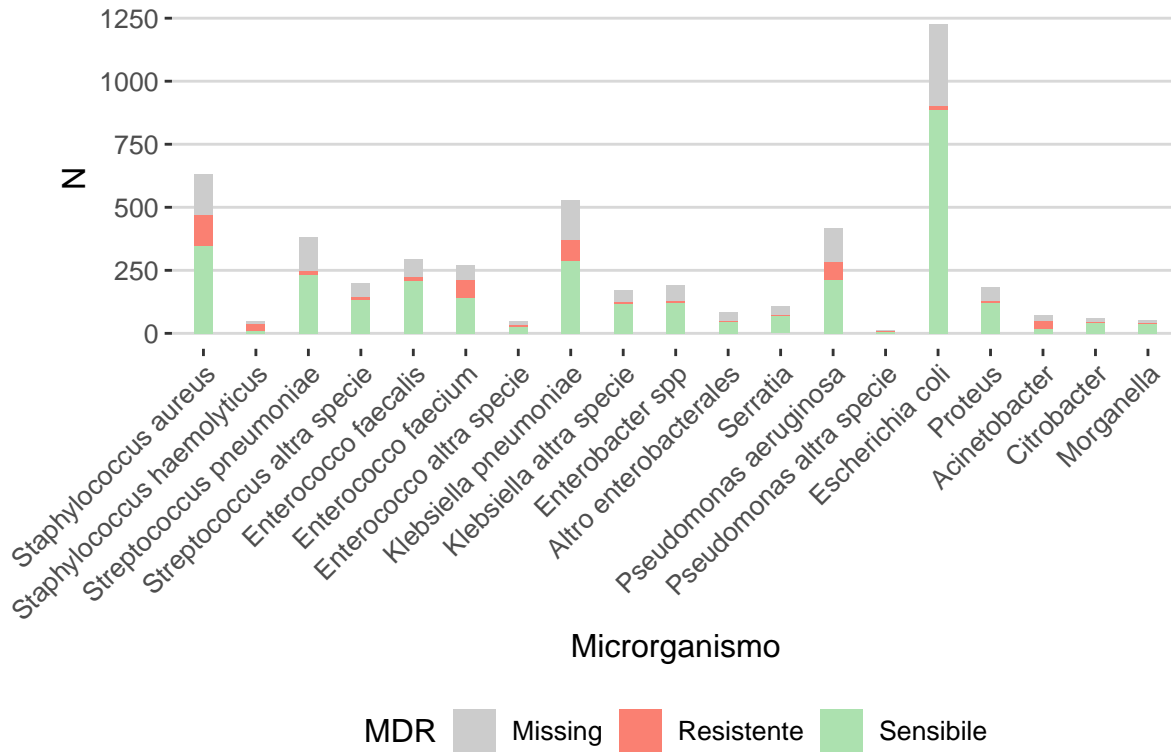
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



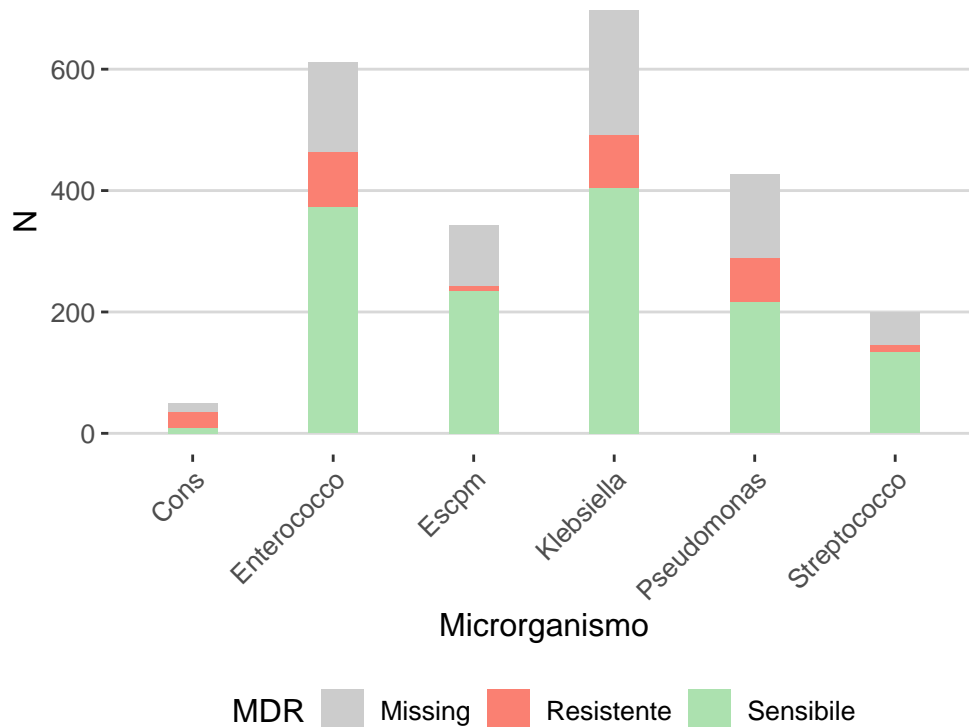
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	60	15.1	38	9	23.7

Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	1.0	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	2.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	1.5	3	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.0	0	0	0
Enterococco faecalis	21	5.3	13	0	0
Enterococco faecium	18	4.5	10	2	20
Enterococco altra specie	3	0.8	2	0	0
Clostridium difficile	2	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.3	0	0	0
Totale Gram +	136	34.2	67	12	17.9
Klebsiella pneumoniae	74	18.6	43	9	20.9
Klebsiella altra specie	25	6.3	15	1	6.7
Enterobacter spp	29	7.3	20	0	0
Altro enterobacterales	8	2.0	5	0	0
Serratia	24	6.0	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	59	14.8	33	14	42.4
Pseudomonas altra specie	1	0.3	0	0	0
Escherichia coli	60	15.1	35	0	0
Proteus	8	2.0	4	0	0
Acinetobacter	21	5.3	16	13	81.2
Emofilo	6	1.5	0	0	0
Citrobacter	9	2.3	4	0	0
Morganella	5	1.3	3	0	0
Altro gram negativo	5	1.3	0	0	0
Totale Gram -	334	83.9	188	37	19.7
Candida albicans	22	5.5	0	0	0
Candida auris	1	0.3	0	0	0
Candida glabrata	9	2.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	6	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.8	0	0	0
Aspergillo	3	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.8	0	0	0
Totale Funghi	48	12.1	0	0	0
Citomegalovirus	3	0.8			
Altro Virus	2	0.5			
Totale Virus	5	1.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.3	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.



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	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	43	Ertapenem	8	18.60
Klebsiella pneumoniae	43	Meropenem	8	18.60
Klebsiella altra specie	15	Ertapenem	1	6.67
Acinetobacter	16	Imipenem	10	62.50
Acinetobacter	16	Meropenem	13	81.25
Pseudomonas aeruginosa	33	Imipenem	14	42.42
Pseudomonas aeruginosa	33	Meropenem	10	30.30
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	38	Meticillina	9	23.68
Enterococco faecium	10	Vancomicina	2	20.00

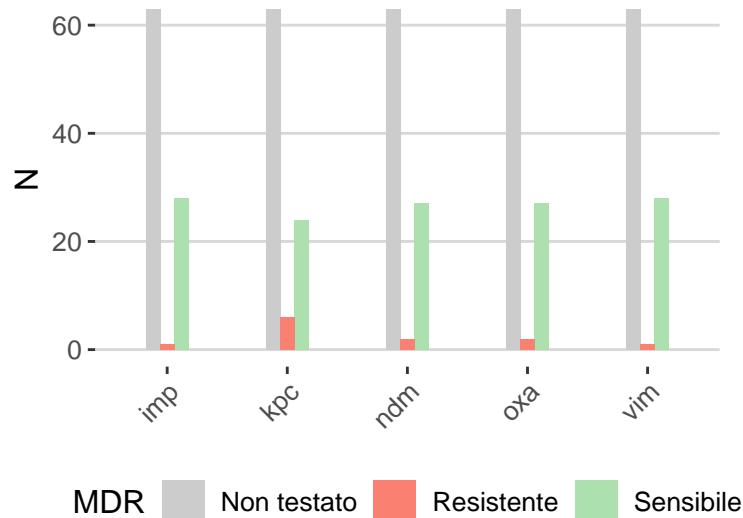
16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

	N	%
Sì	8	8.6
No	22	23.66
Non testato	63	67.74
Missing	149	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	8.3	28	63
kpc	6	50.0	24	63

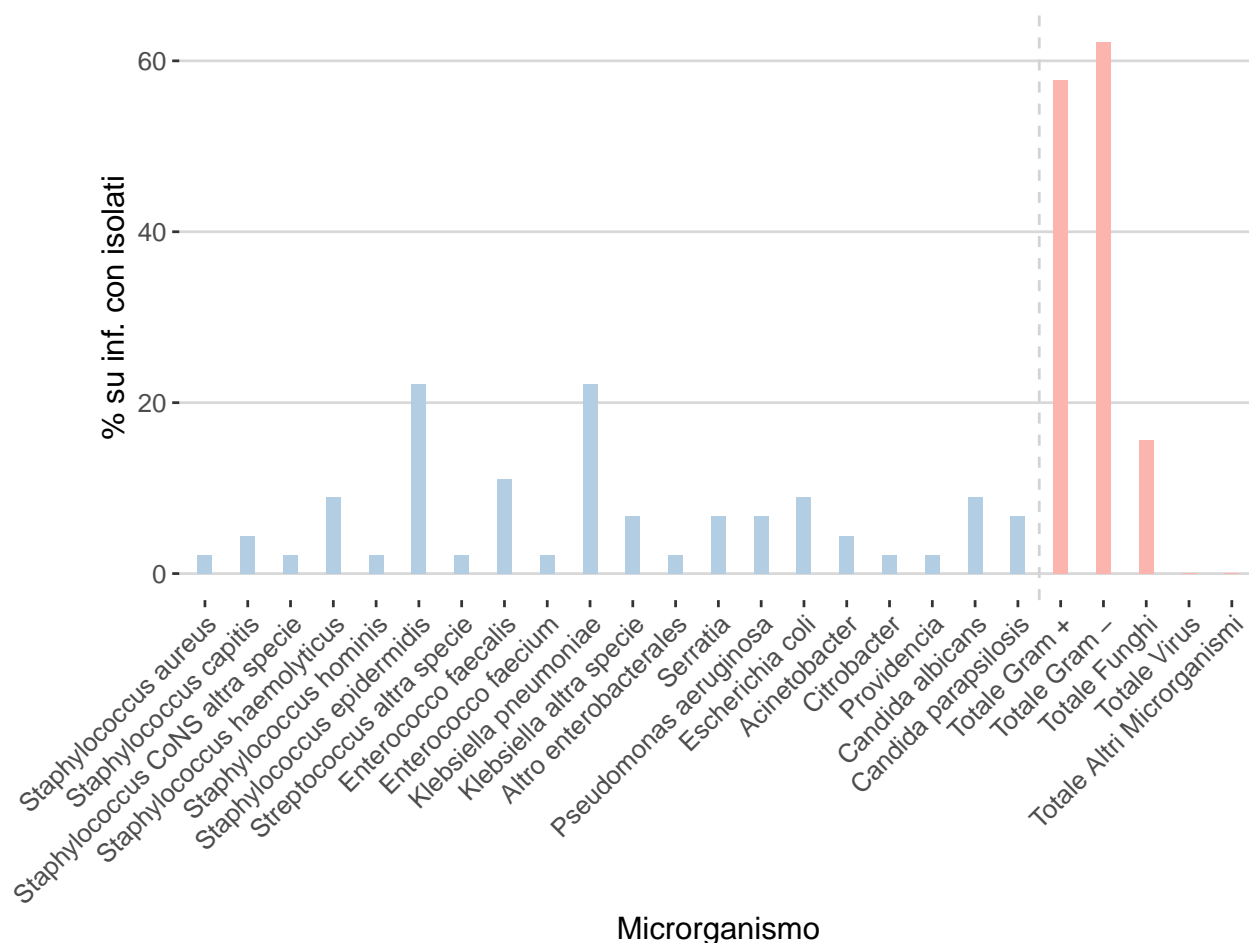
ndm	2	16.7	27	63
oxa	2	16.7	27	63
vim	1	8.3	28	63



17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 45)

17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

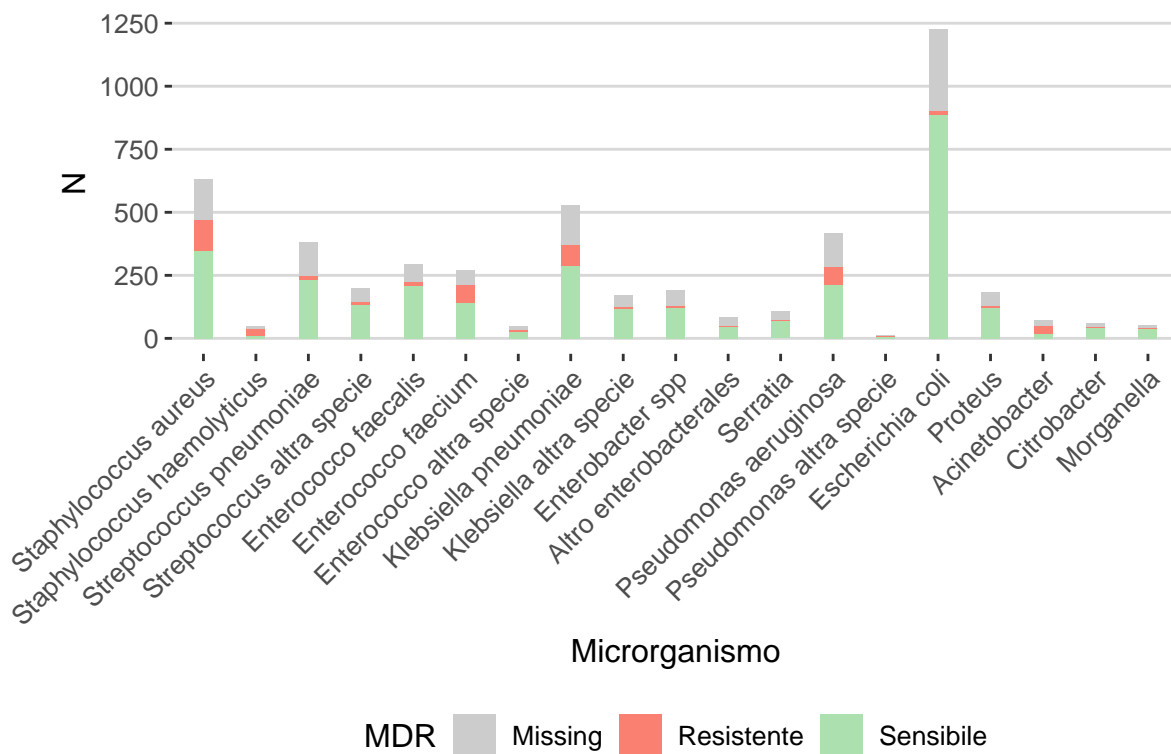
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



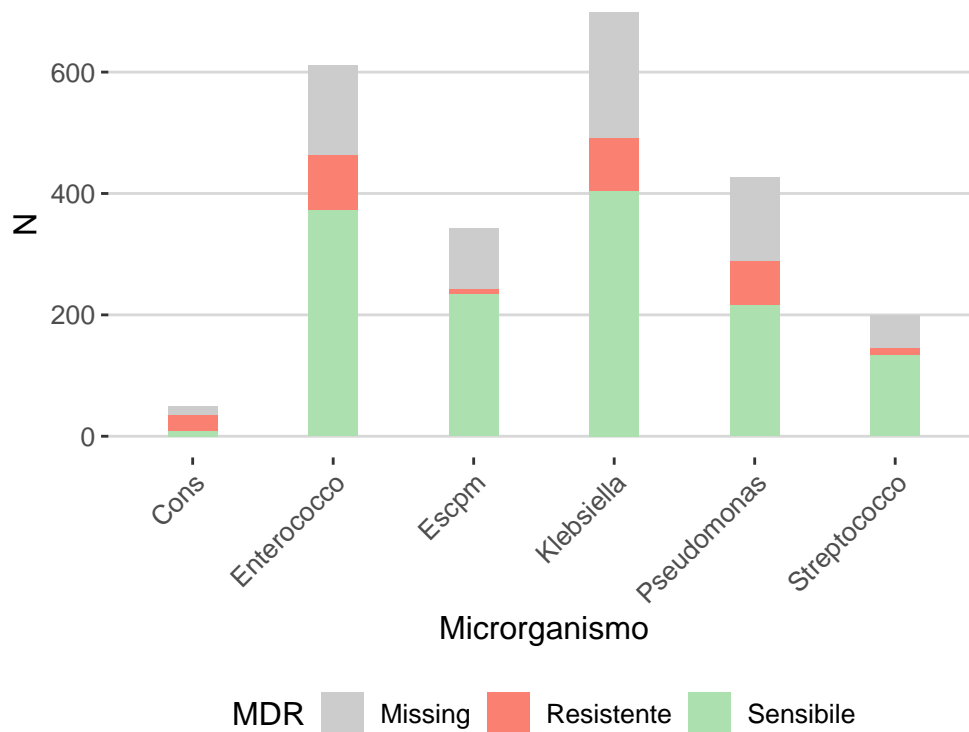
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	2.2	1	0	0
Staphylococcus capitis	2	4.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	8.9	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	1	2.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	22.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.2	1	0	0
Enterococco faecalis	5	11.1	3	0	0
Enterococco faecium	1	2.2	0	0	0
Totale Gram +	26	57.8	8	2	25
Klebsiella pneumoniae	10	22.2	8	3	37.5
Klebsiella altra specie	3	6.7	2	0	0
Altro enterobacteriales	1	2.2	1	0	0
Serratia	3	6.7	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	6.7	1	0	0
Escherichia coli	4	8.9	3	0	0
Acinetobacter	2	4.4	2	1	50
Citrobacter	1	2.2	1	0	0
Providencia	1	2.2	0	0	0
Totale Gram -	28	62.2	20	4	20
Candida albicans	4	8.9	0	0	0

Candida parapsilosis	3	6.7	0	0	0
Totale Funghi	7	15.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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	49	34	9	25	73.53	15
Enterococco	612	463	374	89	19.22	149
Escpm	343	242	235	7	2.89	101
Klebsiella	698	491	404	87	17.72	207
Pseudomonas	427	289	217	72	24.91	138
Streptococco	199	145	135	10	6.90	54

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	8	Ertapenem	3	37.50
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	2	25.00
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67

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	4	

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