



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



Progetto Sorveglianza Infezioni

**Petalo Infection Light**



Anno 2023

Regione Toscana 23 TI

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

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalo Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 7271 )</b>	<b>13</b>
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI ( giorni )	13
2.4 Provenienza ( reparto )	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI ( giorni )	17
2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	17
<b>3 Pazienti infetti ( N = 2961 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 4278 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni )	19
4.4 Provenienza ( reparto )	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI ( giorni )	23
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	23

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>24</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2582)</b>	<b>25</b>
5.1 Provenienza ( reparto ) . . . . .	25
5.2 Trauma . . . . .	25
5.3 Stato Chirurgico . . . . .	25
5.4 Motivo di ammissione . . . . .	26
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 ) . . . . .	26
5.6 Infezione multisito . . . . .	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione . . . . .	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione . . . . .	27
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 516)</b>	<b>33</b>
6.1 Tipologia di peritonite . . . . .	33
6.2 Tipo di infezione . . . . .	33
6.3 Infezione batteriémica . . . . .	33
6.4 Infezioni multisito . . . . .	34
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	34
6.6 Mortalità in TI . . . . .	34
6.7 Mortalità ospedaliera * . . . . .	34
6.8 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	35
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	35
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione . . . . .	36
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 866)</b>	<b>41</b>
7.1 Trauma . . . . .	41
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	41
7.3 Tipo di infezione . . . . .	41
7.4 Infezione batteriémica . . . . .	42
7.5 Infezioni multisito . . . . .	42
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	42
7.7 Mortalità in TI . . . . .	43
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	43
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	43
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	44
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	44
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	49
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>55</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 661)</b>	<b>57</b>
8.1 Sesso . . . . .	57
8.2 Età . . . . .	57
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	57
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	58
8.5 Trauma . . . . .	58
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	58
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	59
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	59
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	59
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	60
8.11 Mortalità in TI . . . . .	60
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	60
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	61
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	61

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	62
8.16	Infezione multisito . . . . .	62
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	63
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	63
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	63
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	64
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	66
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 282)</b>	<b>71</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	71
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 379)</b>	<b>76</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	76
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	76
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	76
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>81</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 234)</b>	<b>83</b>
11.1	Trauma . . . . .	83
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	83
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	83
11.4	Infezioni multisito . . . . .	84
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	84
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	84
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	85
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 187)</b>	<b>87</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	87
12.2	Diagnosi . . . . .	87
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	88
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 7271 ) . . . . .	89
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	90
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	90
12.7	Mortalità in TI . . . . .	91
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	92
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	92
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	92
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	93
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	96
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	100
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 251)</b>	<b>104</b>
13.1	Trauma . . . . .	104
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	104
13.3	Tipologia . . . . .	104
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	105
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	105
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 72)</b>	<b>110</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	110
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	110
14.3	Mortalità in TI . . . . .	111
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	111
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	111
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	112

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	112
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 97)</b>	<b>116</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	116
15.2	Fattori di rischio . . . . .	116
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	117
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	118
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	118
15.6	Mortalità in TI . . . . .	119
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	119
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	119
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	120
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	120
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 111)</b>	<b>125</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	125
16.2	Mortalità in TI . . . . .	125
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	126
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	126
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	126
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	127
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 21)</b>	<b>131</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	131
<b>Appendice</b>		<b>135</b>
	Definizione di MDR . . . . .	135
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	135

## Petalo Infectionlight

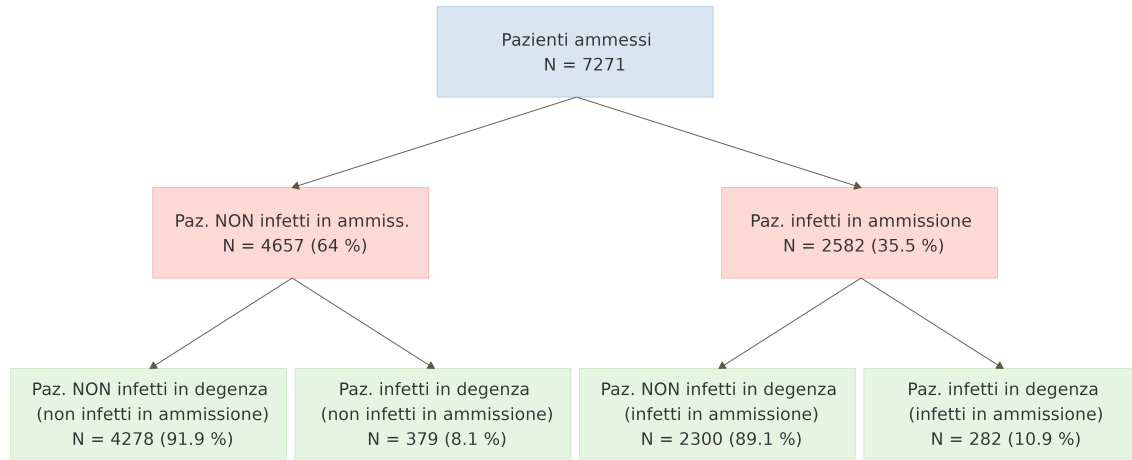
Anno 2023

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

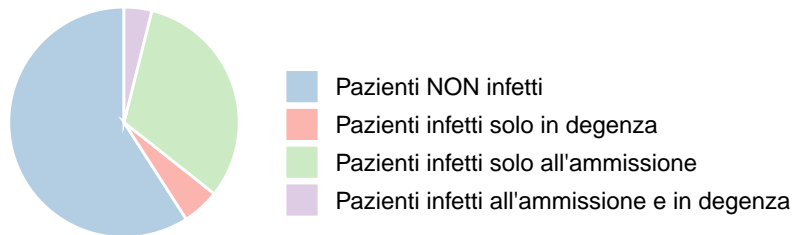
Popolazione complessiva: 23 TI

TI Toscana

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



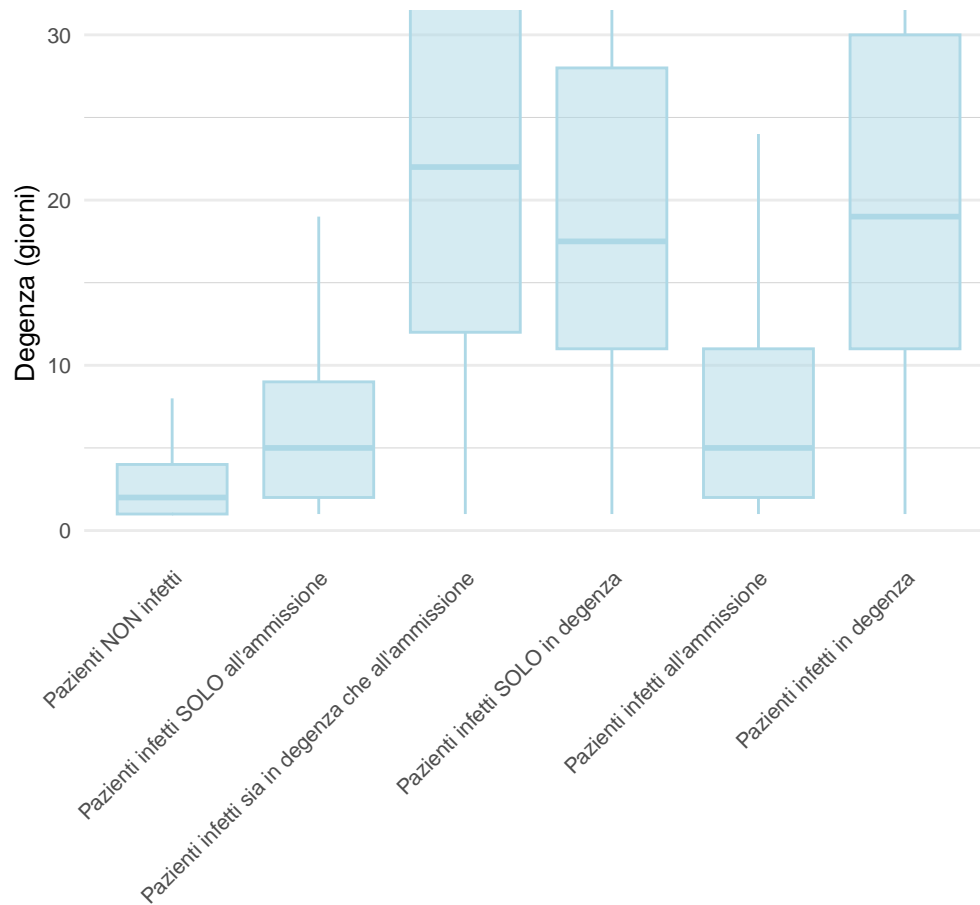
Per N = 32 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	4278	59.1
Pazienti infetti solo in degenza	379	5.2
Pazienti infetti solo all'ammissione	2300	31.8
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	282	3.9

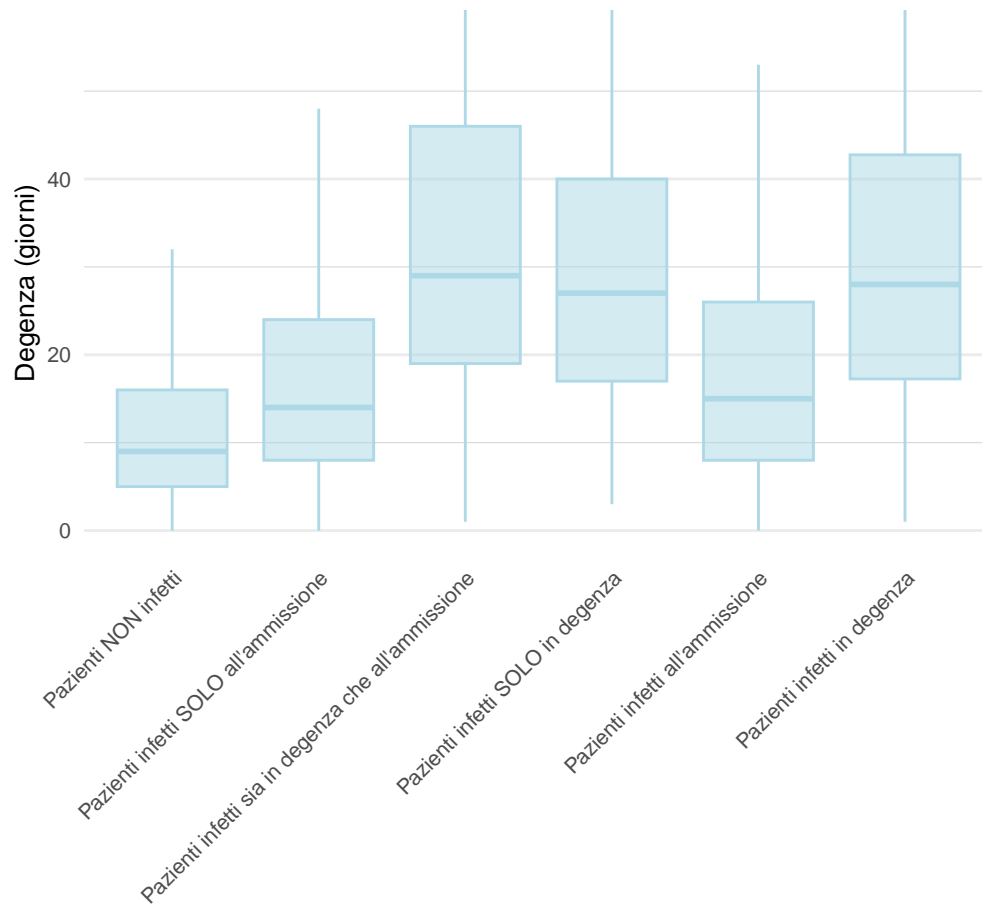
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 7239).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	4278	58.8	2	( 1 - 4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2300	31.6	5	( 2 - 9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	282	3.9	22	( 12 - 33 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	379	5.2	18	( 11 - 28 )
Pazienti infetti all'ammissione	2582	35.5	5	( 2 - 11 )
Pazienti infetti in degenza	661	9.1	19	( 11 - 30 )

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

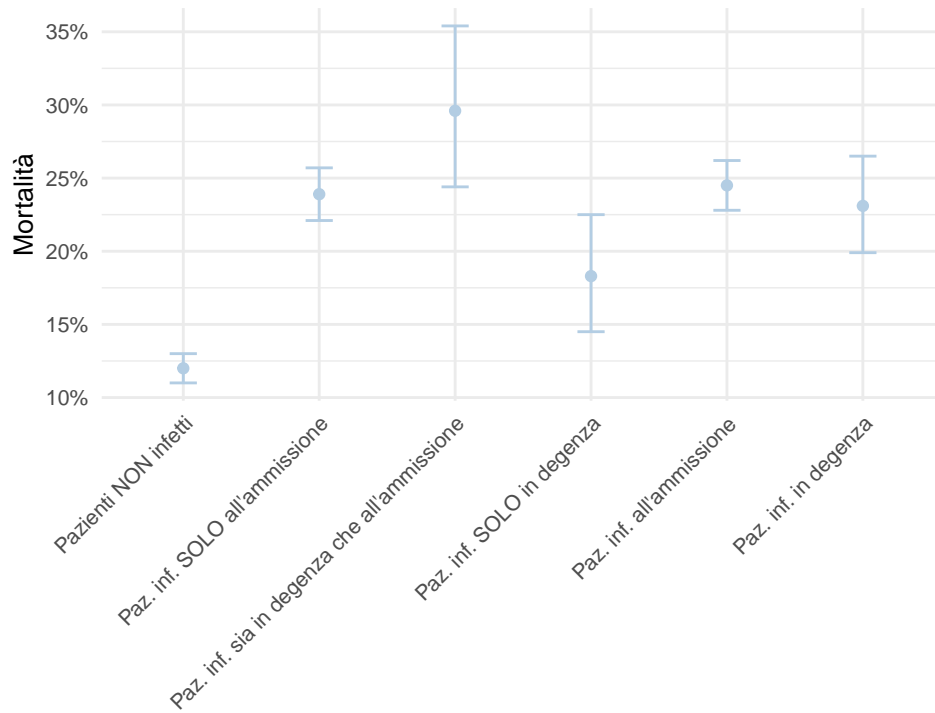


Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	4278	58.8	9	( 5 - 16 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2300	31.6	14	( 8 - 24 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	282	3.9	29	( 19 - 46 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	379	5.2	27	( 17 - 40 )
Pazienti infetti all'ammissione	2582	35.5	15	( 8 - 26 )
Pazienti infetti in degenza	661	9.1	28	( 17 - 43 )

\* escluse le riammissioni (N = 179)

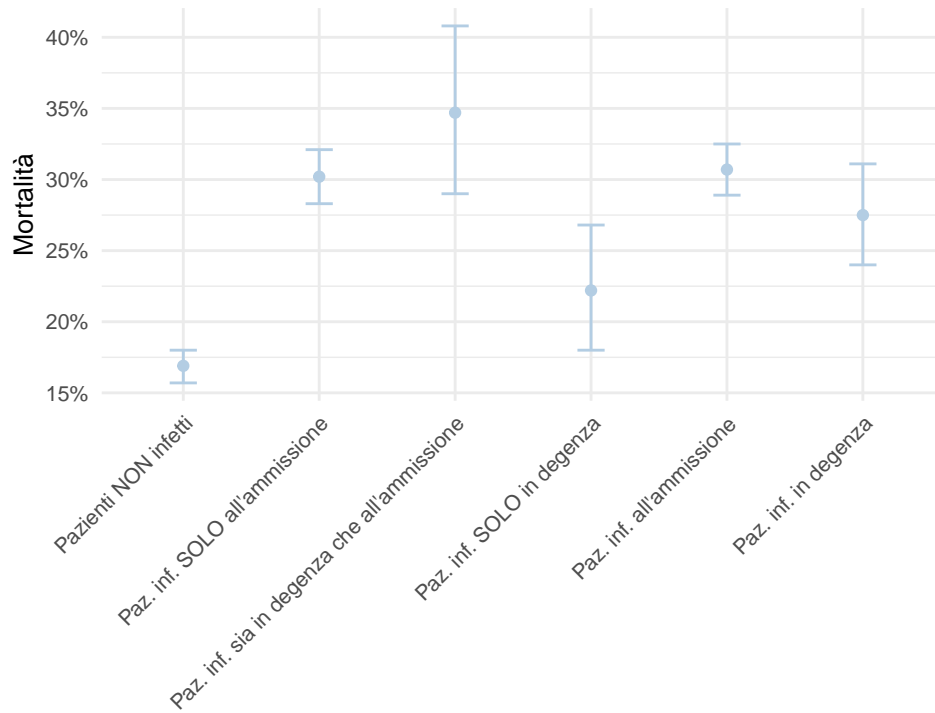


## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	4278	512	12.0	( 11 - 13 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2300	548	23.9	( 22.1 - 25.7 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	282	83	29.6	( 24.4 - 35.4 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	379	69	18.3	( 14.5 - 22.5 )
Pazienti infetti all'ammissione	2582	631	24.5	( 22.8 - 26.2 )
Pazienti infetti in degenza	661	152	23.1	( 19.9 - 26.5 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

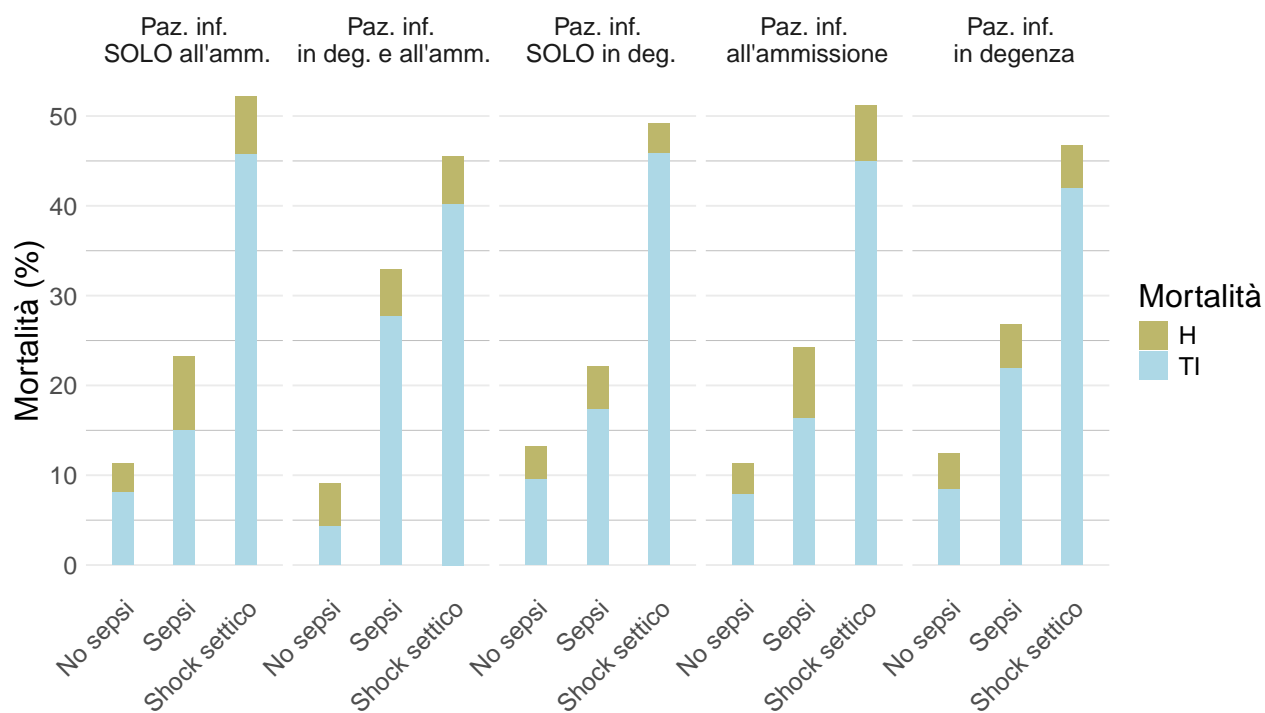


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	4278	708	16.9	( 15.7 - 18 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2300	667	30.2	( 28.3 - 32.1 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	282	92	34.7	( 29 - 40.8 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	379	81	22.2	( 18 - 26.8 )
Pazienti infetti all'ammissione	2582	759	30.7	( 28.9 - 32.5 )
Pazienti infetti in degenza	661	173	27.5	( 24 - 31.1 )

\* escluse le riammissioni (N = 179)

## 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2300	587	922	789	25.5	40.1	34.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	282	46	108	128	16.3	38.3	45.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	379	178	138	62	47.1	36.5	16.4
Pazienti infetti all'ammissione	2582	633	1030	917	24.5	39.9	35.5
Pazienti infetti in degenza	661	224	246	190	33.9	37.3	28.8



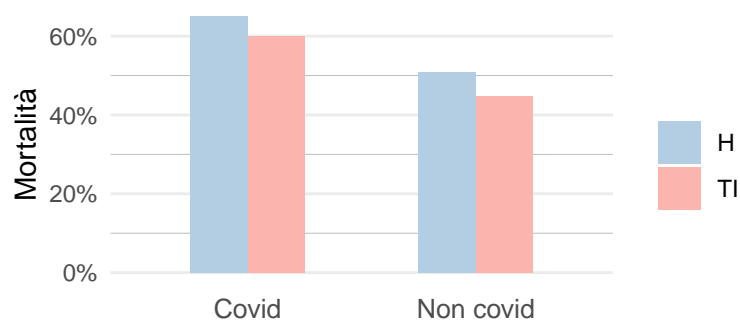
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	587	48	8.2	569	65	11.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	46	2	4.4	44	4	9.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	178	17	9.6	174	23	13.2
Pazienti infetti all'ammissione	633	50	7.9	613	69	11.3
Pazienti infetti in degenza	224	19	8.5	218	27	12.4

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	922	139	15.1	880	205	23.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	108	30	27.8	100	33	33.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	138	24	17.4	131	29	22.1
Pazienti infetti all'ammissione	1030	169	16.4	980	238	24.3
Pazienti infetti in degenza	246	54	22.0	231	62	26.8

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	789	360	45.8	759	396	52.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	128	51	40.2	121	55	45.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	62	28	45.9	59	29	49.2
Pazienti infetti all'ammissione	917	411	45.0	880	451	51.2
Pazienti infetti in degenza	190	79	42.0	180	84	46.7

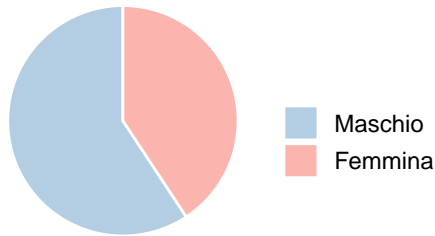
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	20	12	60.0	20	13	65.0
Non covid	897	399	44.7	866	438	50.9

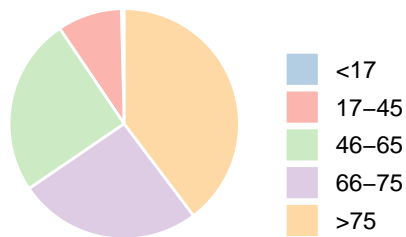
## 2 Tutti i pazienti ( N = 7271 )

### 2.1 Sesso



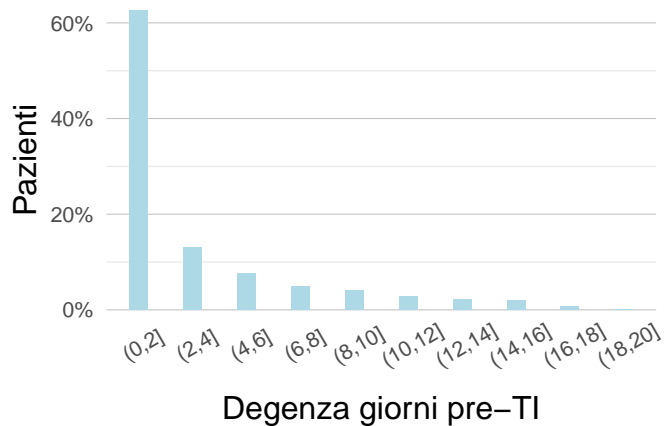
Sesso	N	%
Maschio	4303	59.3
Femmina	2955	40.7
Missing	13	0

### 2.2 Età



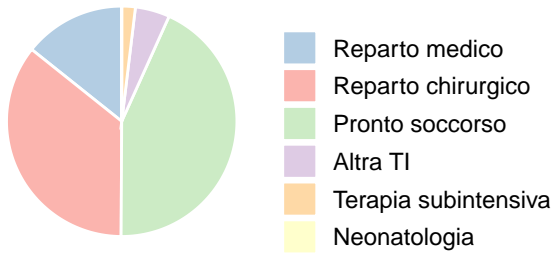
Range età	N	%
<17	29	0.4
17-45	660	9.1
46-65	1821	25.0
66-75	1874	25.8
>75	2887	39.7
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



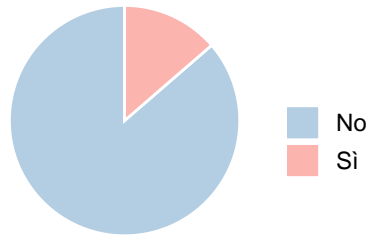
Indicatore	Valore
Media	3.3
DS	8.9
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	30

## 2.4 Provenienza ( reparto )



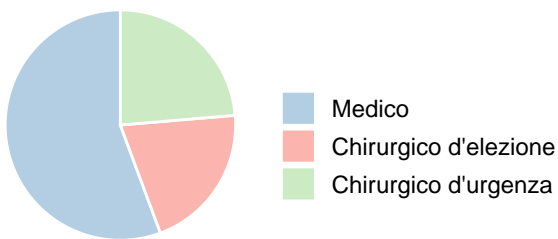
Provenienza	N	%
Reparto medico	1025	14.3
Reparto chirurgico	2558	35.6
Pronto soccorso	3111	43.3
Altra TI	347	4.8
Terapia subintensiva	137	1.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	93	0

## 2.5 Trauma



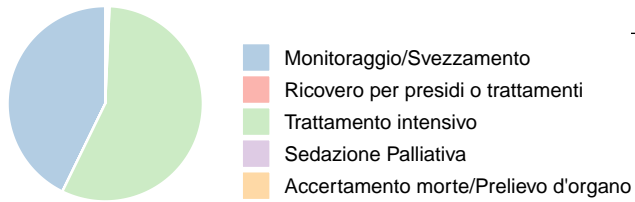
Trauma	N	%
No	6258	86.4
Si	989	13.6
Missing	24	0

## 2.6 Stato Chirurgico



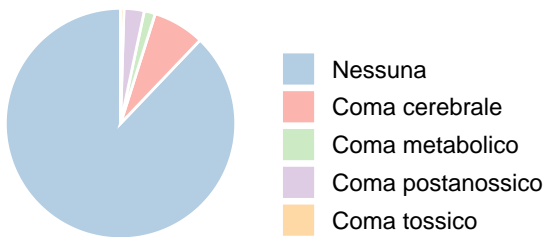
Stato chirurgico	N	%
Medico	4033	55.7
Chirurgico d'elezione	1499	20.7
Chirurgico d'urgenza	1714	23.7
Missing	25	0

## 2.7 Motivo di ammissione



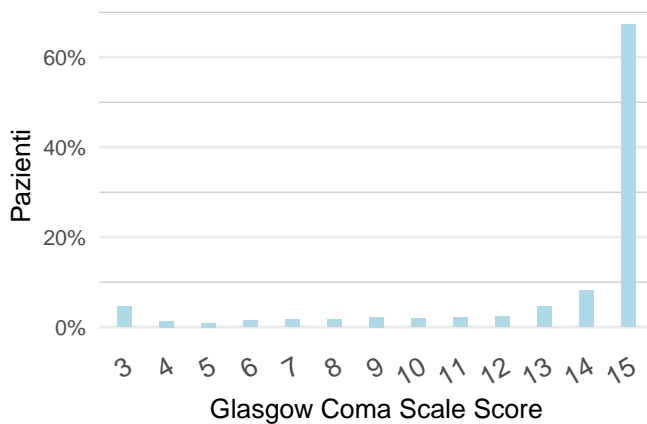
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3080	42.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	4070	56.5
Sedazione Palliativa	23	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	28	0.4
Missing	70	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	5355	87.9
Coma cerebrale	442	7.3
Coma metabolico	95	1.6
Coma postanossico	173	2.8
Coma tossico	29	0.5
Missing	1177	0

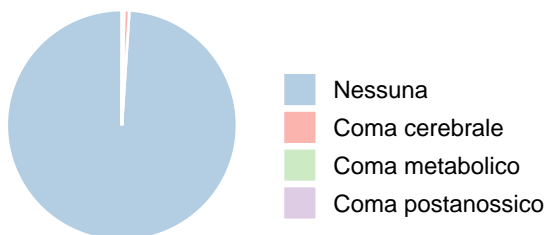
## 2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



Indicatore	Valore
Media	13.3
DS	3.4
Mediana	15
Q1-Q3	14-15

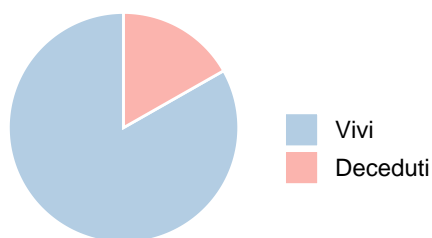


## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



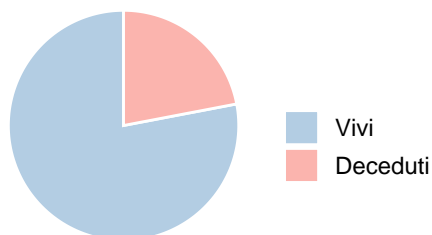
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	7164	99.0
Coma cerebrale	53	0.7
Coma metabolico	14	0.2
Coma postanossico	8	0.1
Missing	32	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	6019	83.2
Deceduti	1213	16.8
Missing	39	0

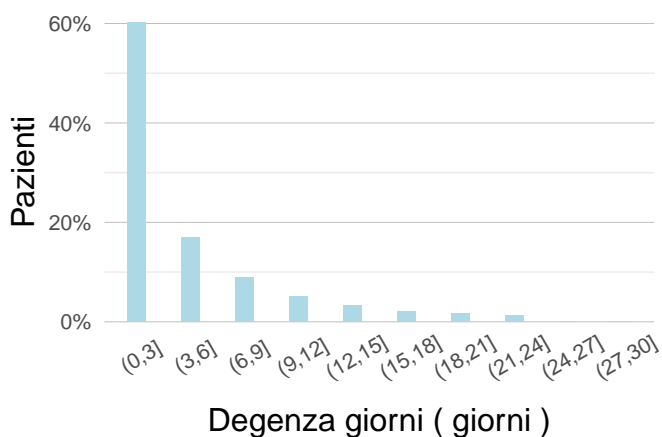
## 2.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	5492	78.0
Deceduti	1549	22.0
Missing	49	0

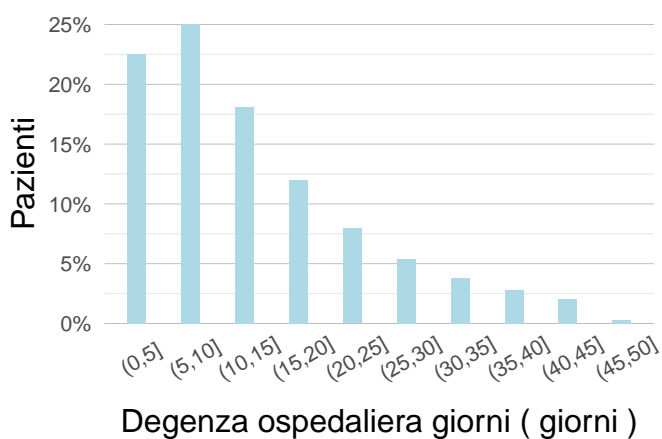
\* Statistiche calcolate su 7090 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 181 ).

## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.3 (9.4)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	36

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

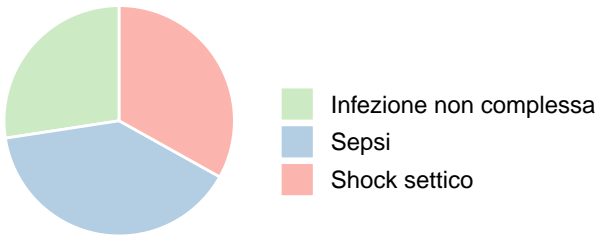


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.3 (16.7)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-21)
Missing	50

\* Statistiche calcolate su 7090 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 181 ).

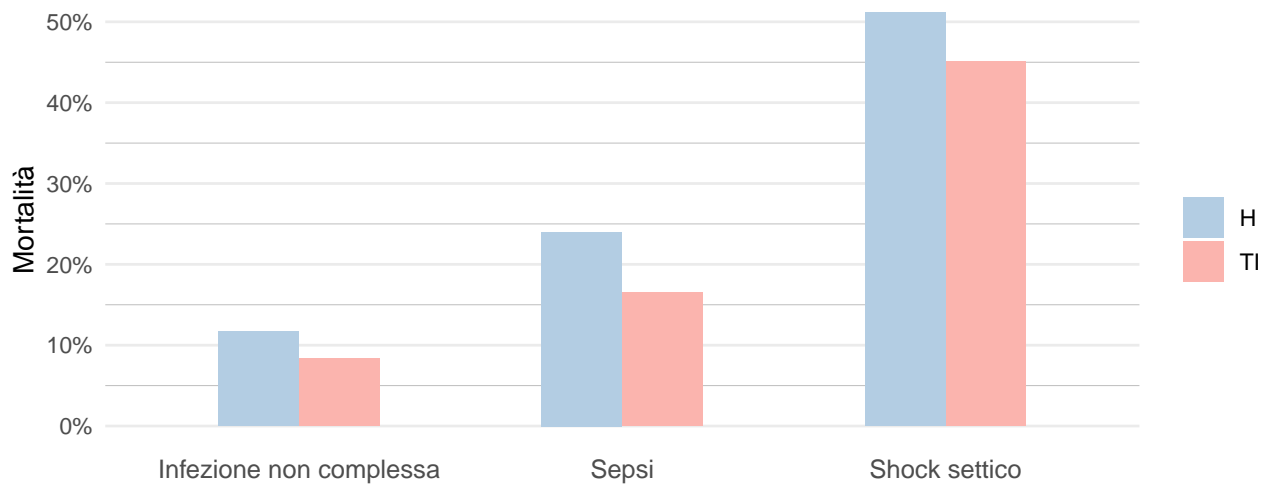
### 3 Pazienti infetti ( N = 2961 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	811	27.4
Sepsi	1168	39.5
Shock settico	979	33.1
Missing	3	0

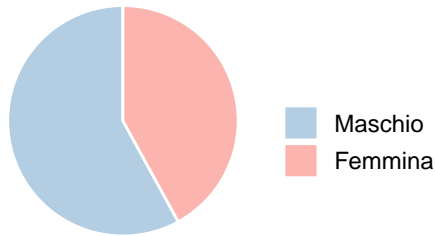
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	8.3	11.7
Sepsi	16.5	24.0
Shock settico	45.1	51.1

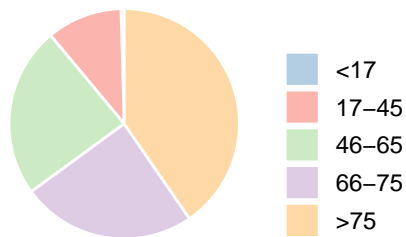
## 4 Pazienti non infetti ( N = 4278 )

### 4.1 Sesso



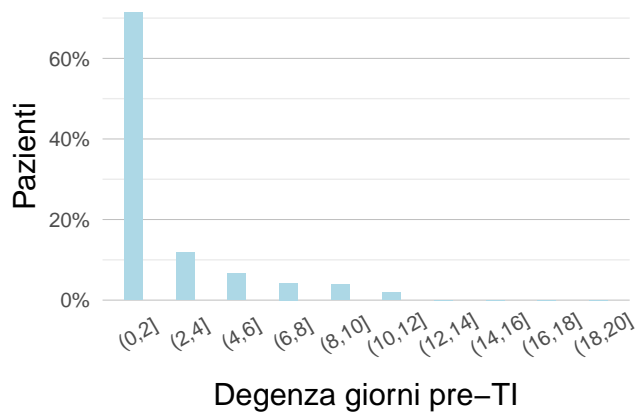
Sesso	N	%
Maschio	2476	58.0
Femmina	1794	42.0
Missing	8	0

### 4.2 Età



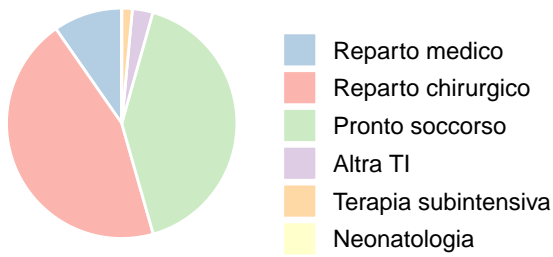
Range età	N	%
<17	19	0.4
17-45	454	10.6
46-65	1026	24.0
66-75	1051	24.6
>75	1728	40.4
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



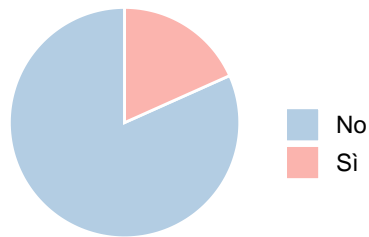
Indicatore	Valore
Media	2.5
DS	7.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-1
Missing	4

## 4.4 Provenienza ( reparto )



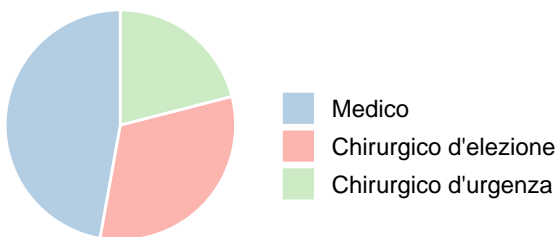
Provenienza	N	%
Reparto medico	411	9.7
Reparto chirurgico	1898	44.7
Pronto soccorso	1749	41.2
Altra TI	122	2.9
Terapia subintensiva	63	1.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	35	0

## 4.5 Trauma



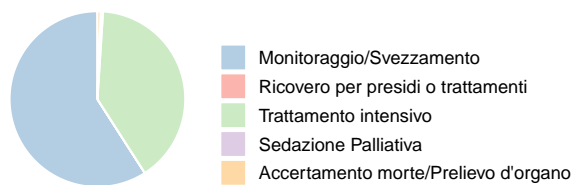
Trauma	N	%
No	3494	81.7
Si	783	18.3
Missing	1	0

## 4.6 Stato Chirurgico



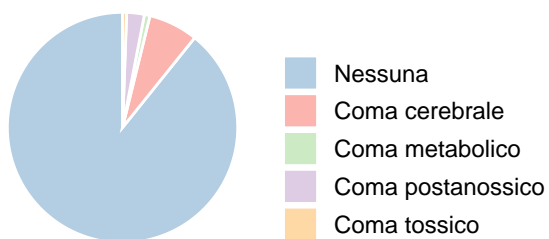
Stato chirurgico	N	%
Medico	2018	47.2
Chirurgico d'elezione	1361	31.8
Chirurgico d'urgenza	898	21.0
Missing	1	0

## 4.7 Motivo di ammissione



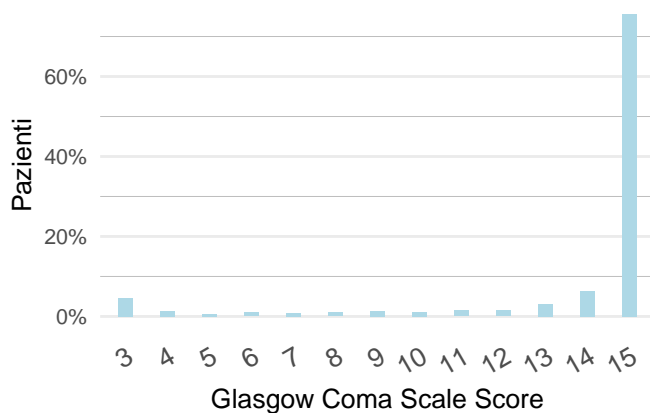
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2509	59.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1694	39.9
Sedazione Palliativa	18	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	25	0.6
Missing	32	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



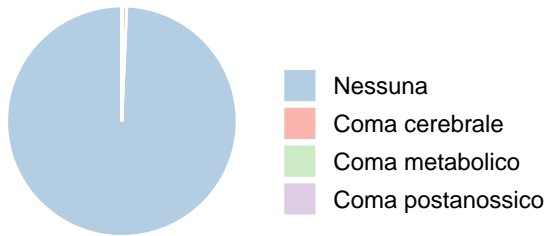
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3280	89.2
Coma cerebrale	255	6.9
Coma metabolico	29	0.8
Coma postanossico	91	2.5
Coma tossico	21	0.6
Missing	602	0

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



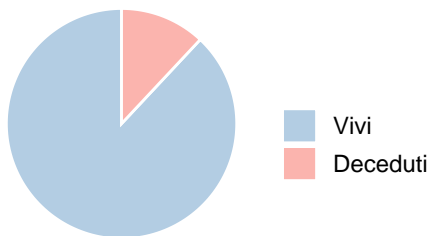
Indicatore	Valore
Media	11.6
DS	3.2
Mediana	13
Q1-Q3	13-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



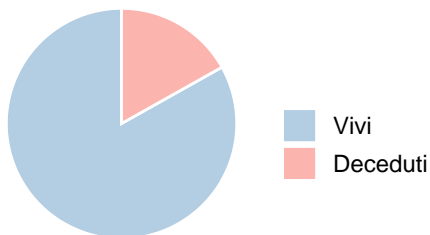
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4249	99.3
Coma cerebrale	24	0.6
Coma metabolico	3	0.1
Coma postanossico	2	0.0
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3764	88.0
Deceduti	512	12.0
Missing	2	0

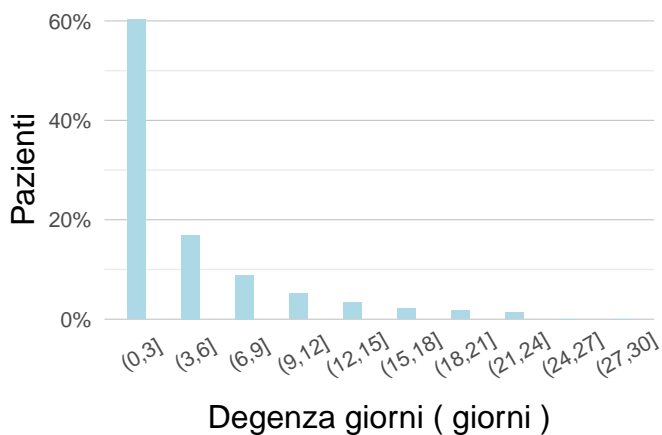
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3491	83.1
Deceduti	708	16.9
Missing	8	0

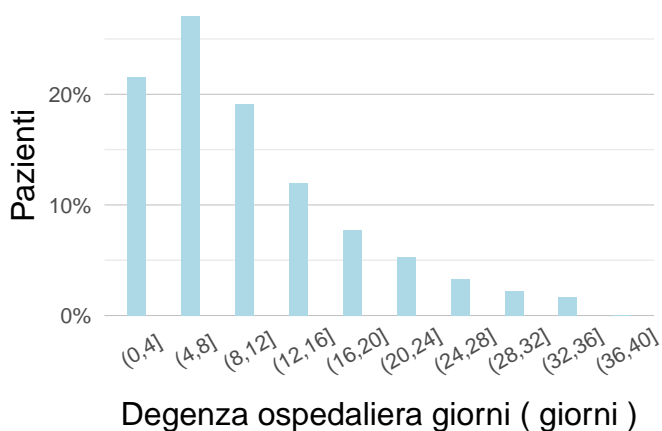
\* Statistiche calcolate su 4207 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 71 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.2 (4.3)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-4)
Missing	2

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



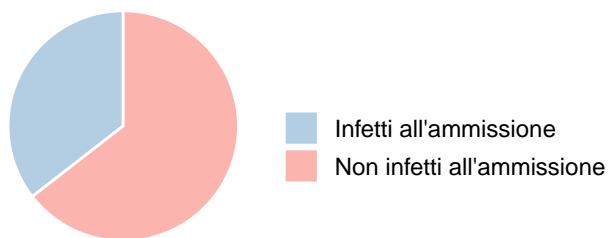
Indicatore	Valore
Media (DS)	13.0 (14.6)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-16)
Missing	9

\* Statistiche calcolate su 4207 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 71 ).



## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

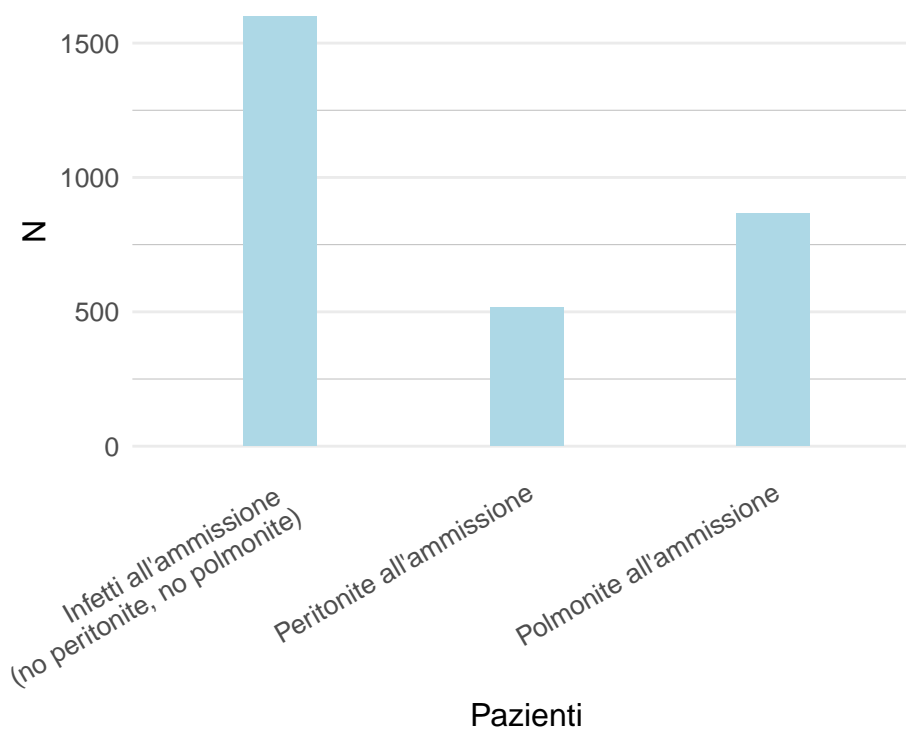
Sono presenti 2582 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 35.51% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	2582	35.51
Non infetti all'ammissione	4689	64.49

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 7271).

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

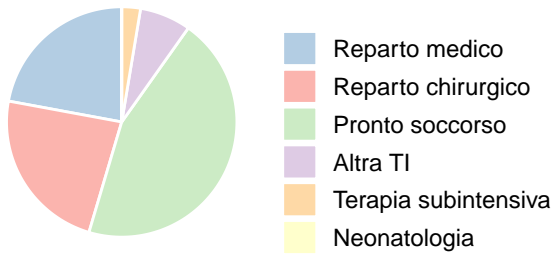


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1600	61.97
Peritonite all'ammissione	516	19.98
Polmonite all'ammissione	866	33.54

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 2582).

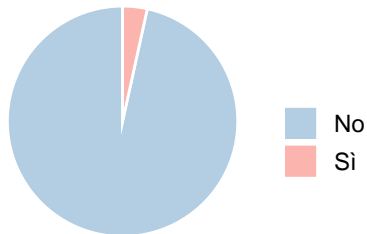
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2582)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



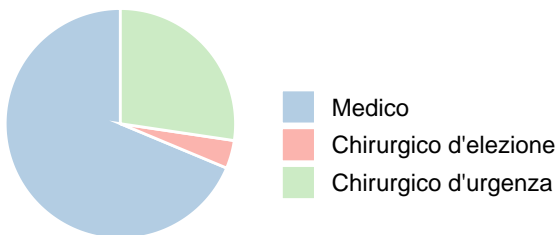
Provenienza	N	%
Reparto medico	563	22.1
Reparto chirurgico	594	23.3
Pronto soccorso	1141	44.8
Altra TI	183	7.2
Terapia subintensiva	67	2.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	34	0

### 5.2 Trauma



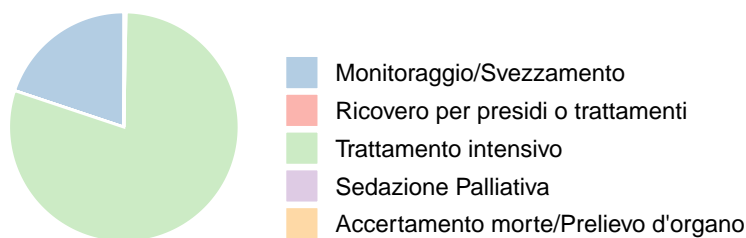
Trauma	N	%
No	2493	96.6
Si	89	3.4
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



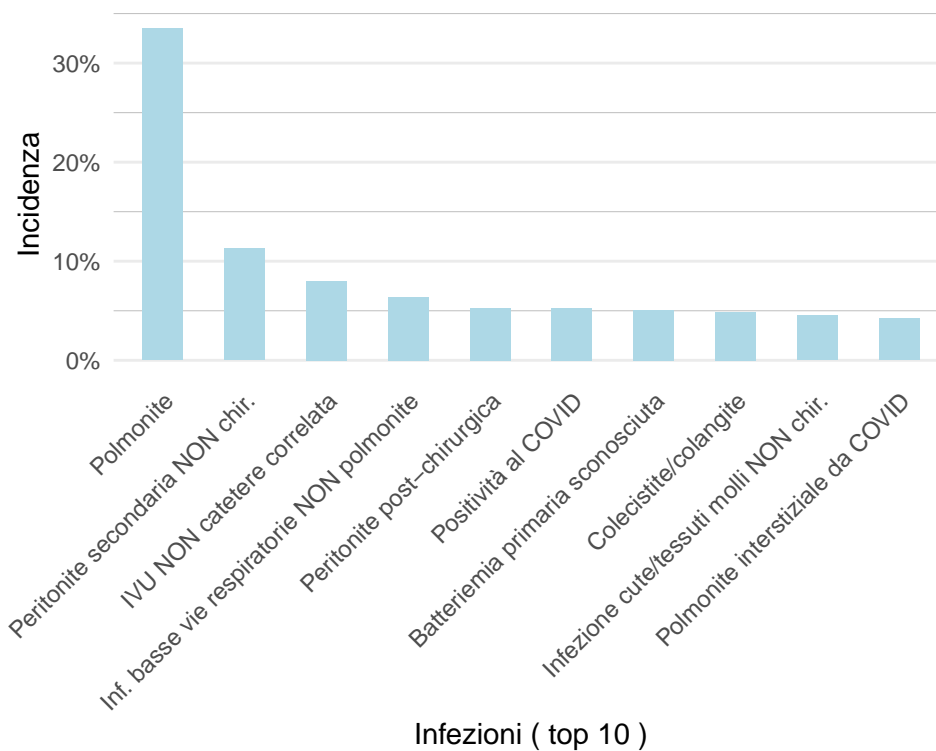
Stato chirurgico	N	%
Medico	1774	68.7
Chirurgico d'elezione	102	4.0
Chirurgico d'urgenza	706	27.3
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	511	19.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2053	79.8
Sedazione Palliativa	5	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	10	0

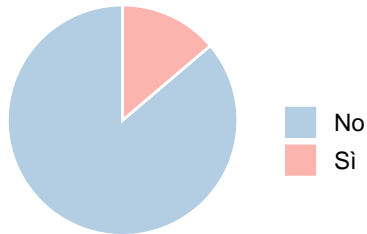
## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



Infezione	N	%
Polmonite	866	33.5
Peritonite secondaria NON chir.	292	11.3
IVU NON catetere correlata	206	8.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	166	6.4
Positivita al COVID	138	5.3
Peritonite post-chirurgica	136	5.3

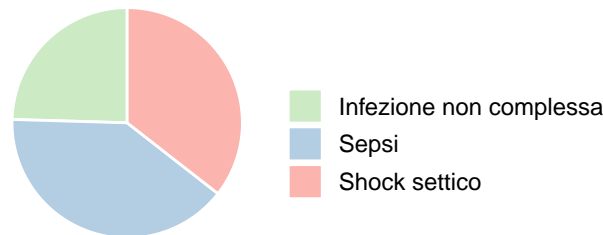
Batteriemia primaria sconosciuta	131	5.1
Colecistite/colangite	126	4.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	117	4.5
Polmonite interstiziale da COVID	109	4.2
Missing	0	

### 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2226	86.2
Si	356	13.8
Missing	0	0

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



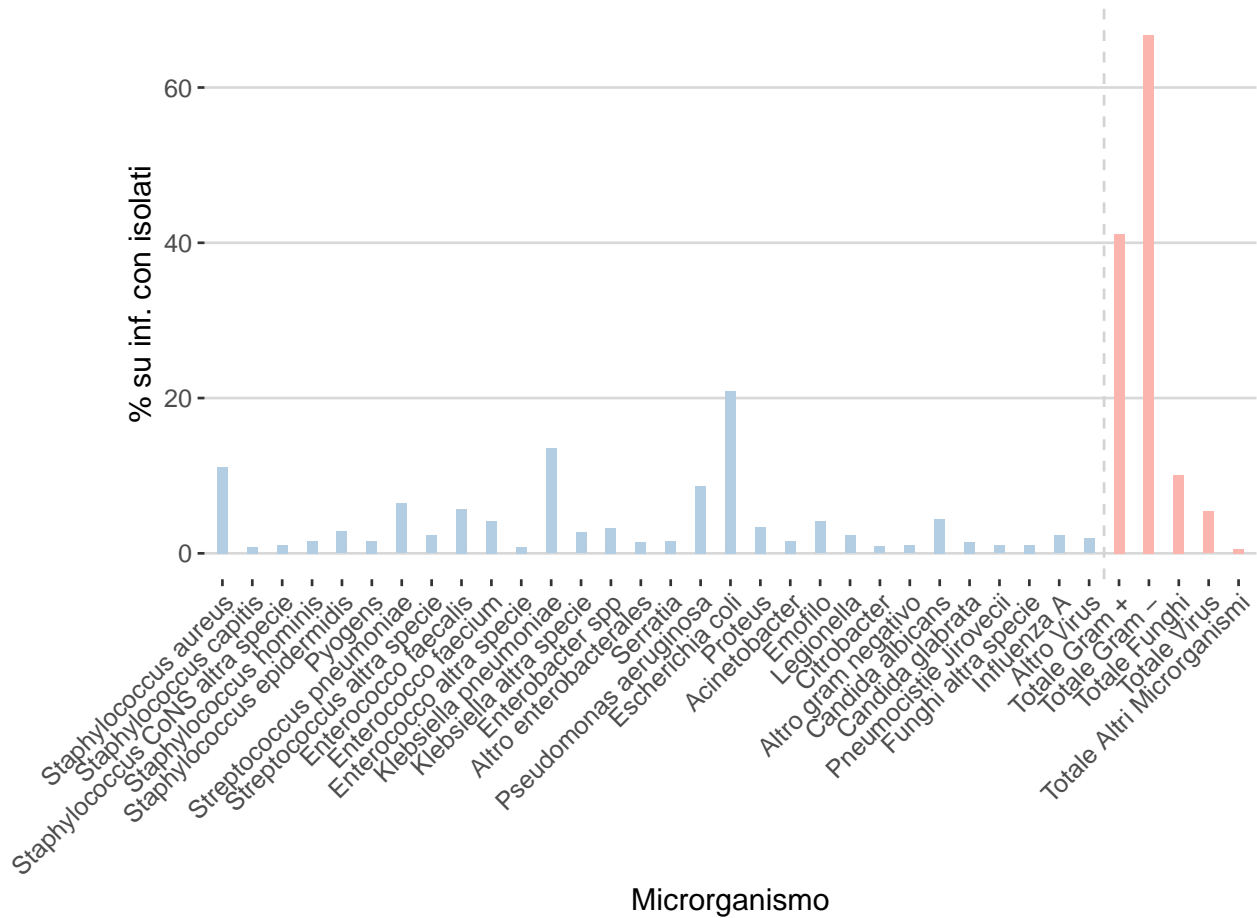
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	633	24.5
Sepsi	1030	39.9
Shock settico	917	35.5
Missing	2	0

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	931	35.2
Si	1716	64.8
Missing	6	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2653</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>2192</b>	

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

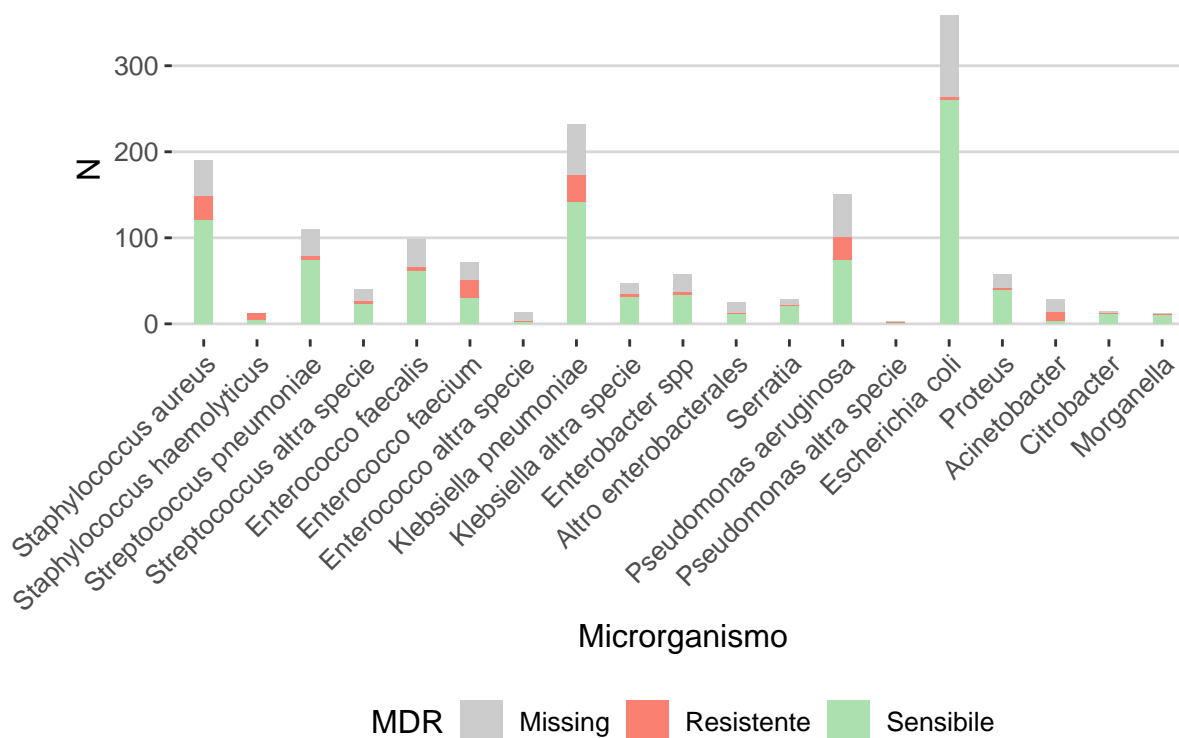


Microrganismo

Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	191	11.1	148	27	18.2
Staphylococcus capitis	14	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	19	1.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.8	12	7	58.3
Staphylococcus hominis	27	1.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	3	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	48	2.8	0	0	0
Pyogens	28	1.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	11	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	110	6.4	79	4	5.1
Streptococcus altra specie	40	2.3	26	3	11.5
Enterococcus faecalis	98	5.7	66	4	6.1
Enterococcus faecium	72	4.2	50	20	40
Enterococcus altra specie	14	0.8	3	1	33.3
Clostridium difficile	11	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	6	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>705</b>	<b>41.1</b>	<b>384</b>	<b>66</b>	<b>17.2</b>

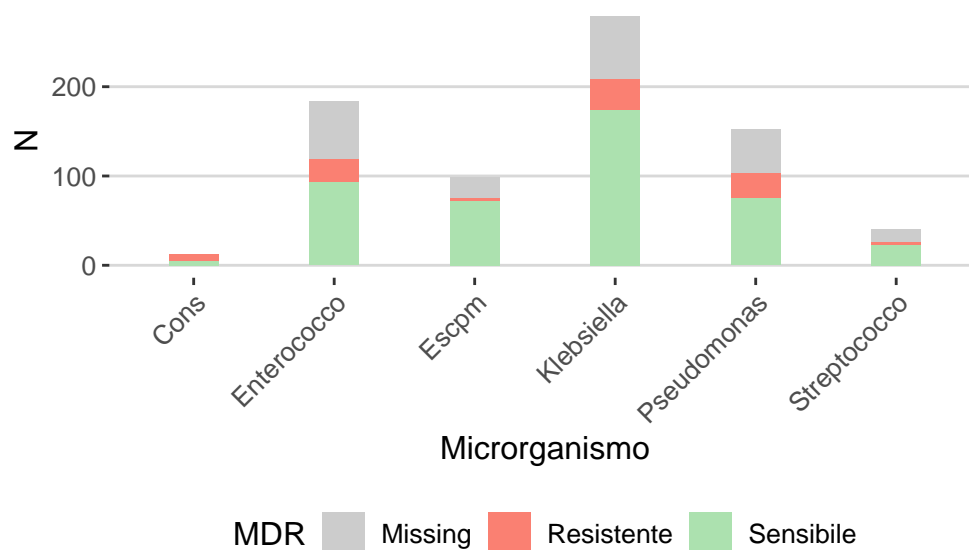
Klebsiella pneumoniae	232	13.5	173	31	17.9
Klebsiella altra specie	47	2.7	35	3	8.6
Enterobacter spp	57	3.3	37	3	8.1
Altro enterobacterales	25	1.5	12	1	8.3
Serratia	28	1.6	22	1	4.5
Pseudomonas aeruginosa	150	8.7	101	26	25.7
Pseudomonas altra specie	3	0.2	2	1	50
Escherichia coli	359	20.9	263	3	1.1
Proteus	58	3.4	42	2	4.8
Acinetobacter	28	1.6	14	10	71.4
Emofilo	70	4.1	0	0	0
Legionella	40	2.3	0	0	0
Citrobacter	15	0.9	12	0	0
Morganella	13	0.8	11	0	0
Providencia	3	0.2	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	17	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1146</b>	<b>66.8</b>	<b>724</b>	<b>81</b>	<b>11.2</b>
Candida albicans	76	4.4	0	0	0
Candida glabrata	25	1.5	0	0	0
Candida krusei	2	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	10	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	10	0.6	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	13	0.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	17	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	19	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>174</b>	<b>10.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	39	2.3			
Influenza B	2	0.1			
Influenza tipo non specificato	2	0.1			
Citomegalovirus	12	0.7			
Herpes simplex	4	0.2			
Altro Virus	33	1.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>92</b>	<b>5.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	5	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	4	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>10</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24

Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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	171	Ertapenem	25	14.62
Klebsiella pneumoniae	173	Meropenem	26	15.03
Klebsiella altra specie	34	Ertapenem	2	5.88
Klebsiella altra specie	35	Meropenem	1	2.86
Enterobacter spp	36	Ertapenem	3	8.33
Altro enterobacterales	12	Ertapenem	1	8.33
Escherichia coli	260	Ertapenem	2	0.77
Escherichia coli	263	Meropenem	2	0.76
Proteus	42	Ertapenem	2	4.76
Proteus	42	Meropenem	1	2.38
Serratia	22	Ertapenem	1	4.55
Acinetobacter	14	Imipenem	9	64.29
Acinetobacter	14	Meropenem	10	71.43
Pseudomonas aeruginosa	101	Imipenem	23	22.77
Pseudomonas aeruginosa	101	Meropenem	13	12.87
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	12	Meticillina	7	58.33
Staphylococcus aureus	148	Meticillina	27	18.24
Streptococcus pneumoniae	79	Penicillina	4	5.06
Streptococcus altra specie	26	Penicillina	3	11.54
Enterococco faecalis	66	Vancomicina	4	6.06
Enterococco faecium	50	Vancomicina	20	40.00
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

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

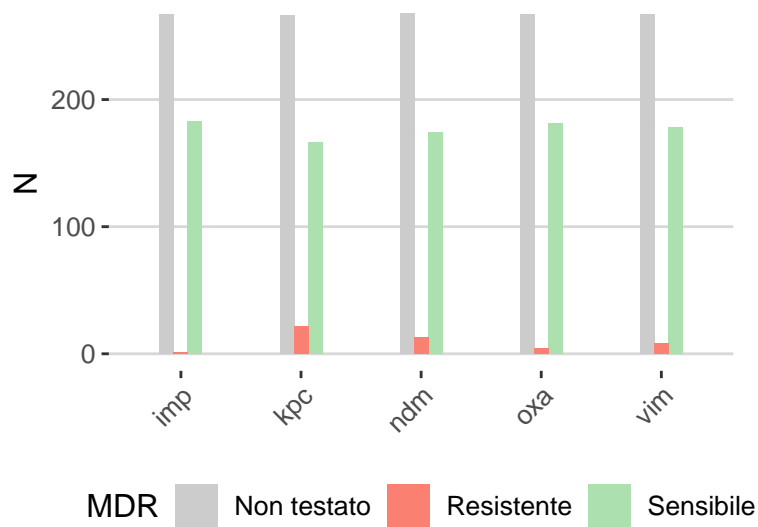
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Si	41	8.91



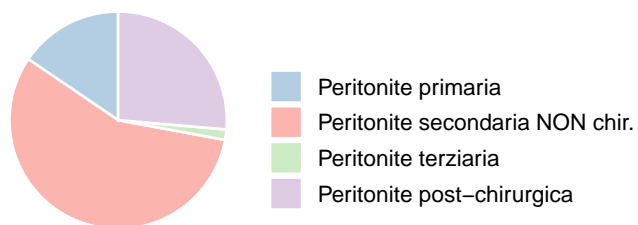
No	152	33.04
Non testato	267	58.04
Missing	377	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	2.1	183	267
kpc	22	45.8	166	266
ndm	13	27.1	174	268
oxa	4	8.3	181	267
vim	8	16.7	178	267



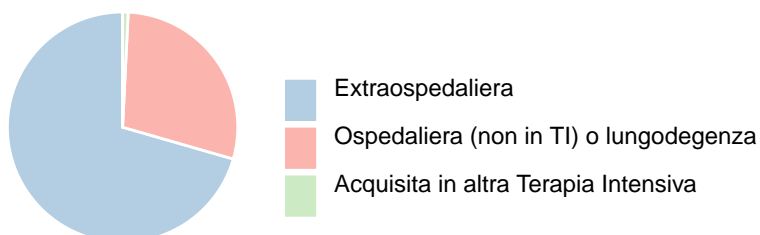
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 516)

### 6.1 Tipologia di peritonite



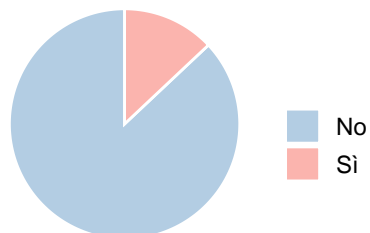
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	80	15.5
Peritonite secondaria NON chir.	292	56.6
Peritonite terziaria	8	1.6
Peritonite post-chirurgica	136	26.4
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



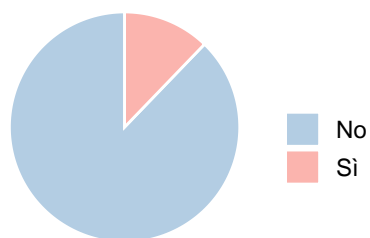
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	364	70.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	148	28.7
Acquisita in altra Terapia Intensiva	4	0.8
Missing	0	0

### 6.3 Infezione batteriemica



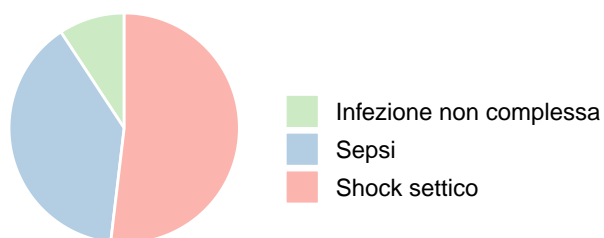
Batteriemica	N	%
No	449	87.0
Sì	67	13.0
Missing	0	0

## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	453	87.8
Si	63	12.2
Missing	0	0

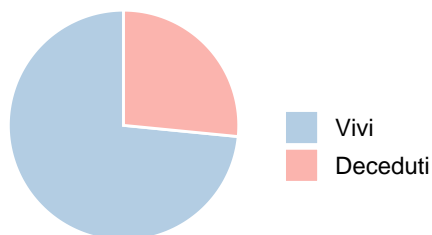
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	42	9.3
Sepsi	176	38.9
Shock settico	235	51.9
Missing	0	0

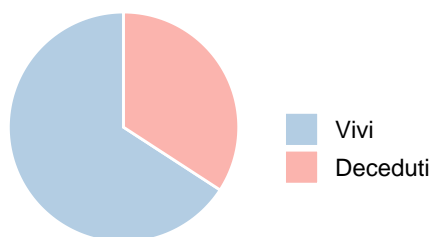
\* Statistiche calcolate su 453 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 63 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	379	73.4
Deceduti	137	26.6
Missing	0	0

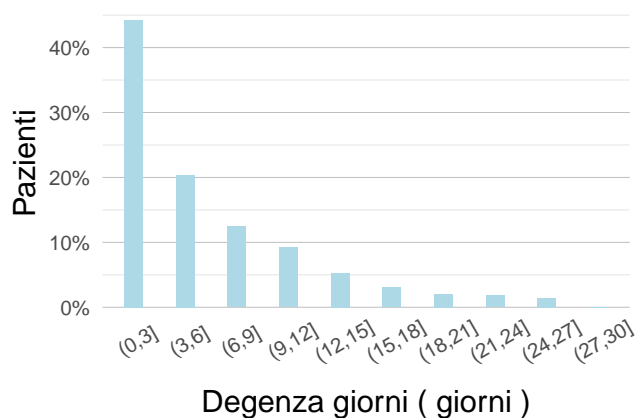
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	314	65.8
Deceduti	163	34.2
Missing	0	0

\* Statistiche calcolate su 477 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 39 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.1 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	5 (2-10)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.3 (16.9)
Mediana (Q1-Q3)	16 (9-28)
Missing	0

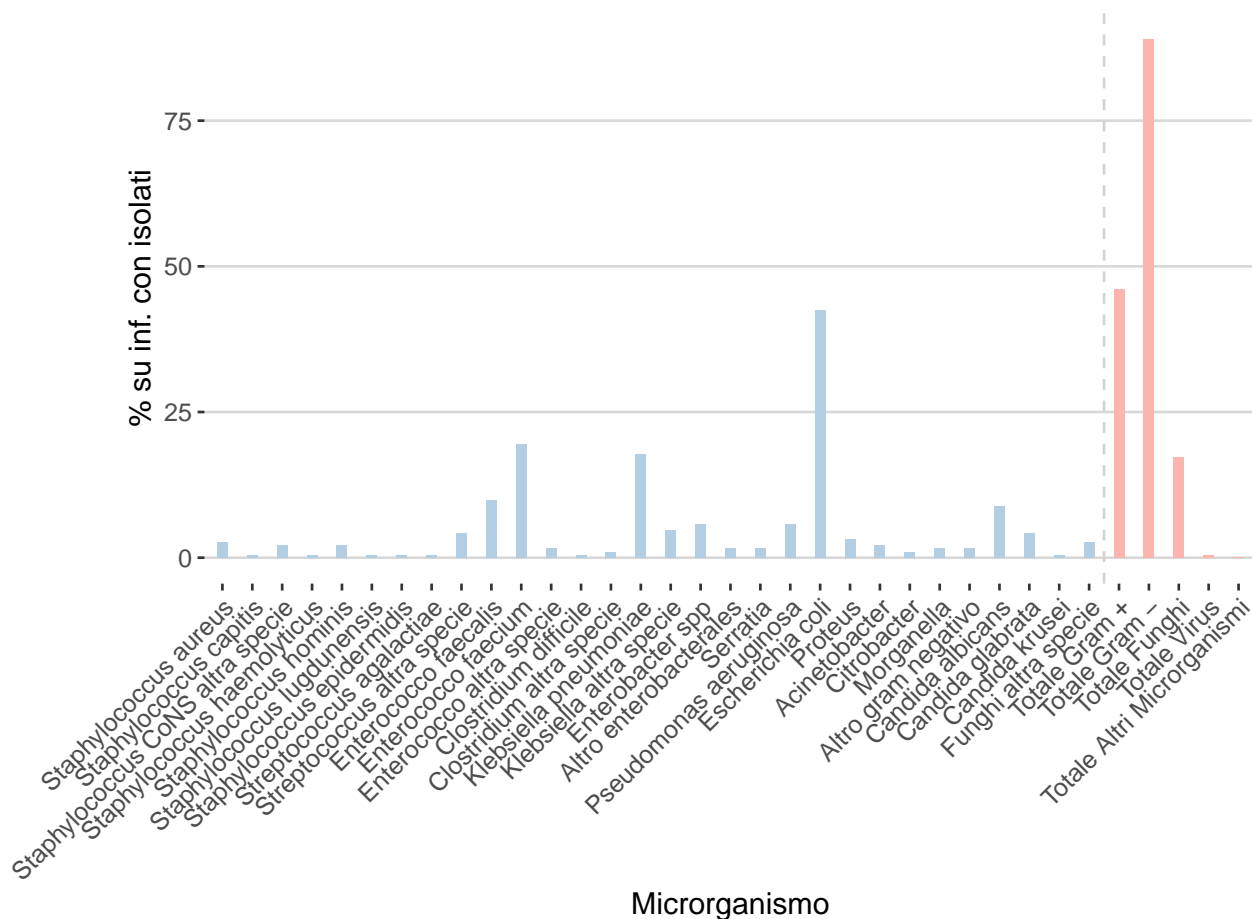
\* Statistiche calcolate su 477 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 39 ).

## 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	325	63.0
Sì	191	37.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>516</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>293</b>	

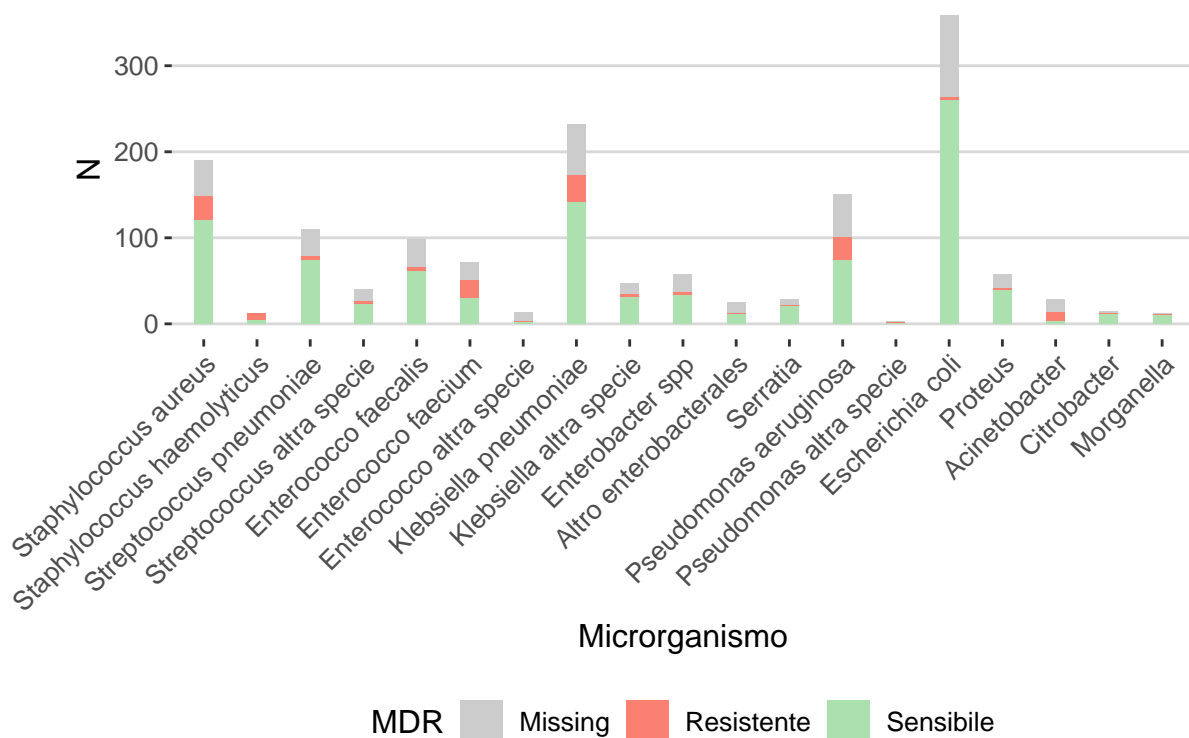
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	2.6	2	1	50
Staphylococcus capitis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	2.1	0	0	0

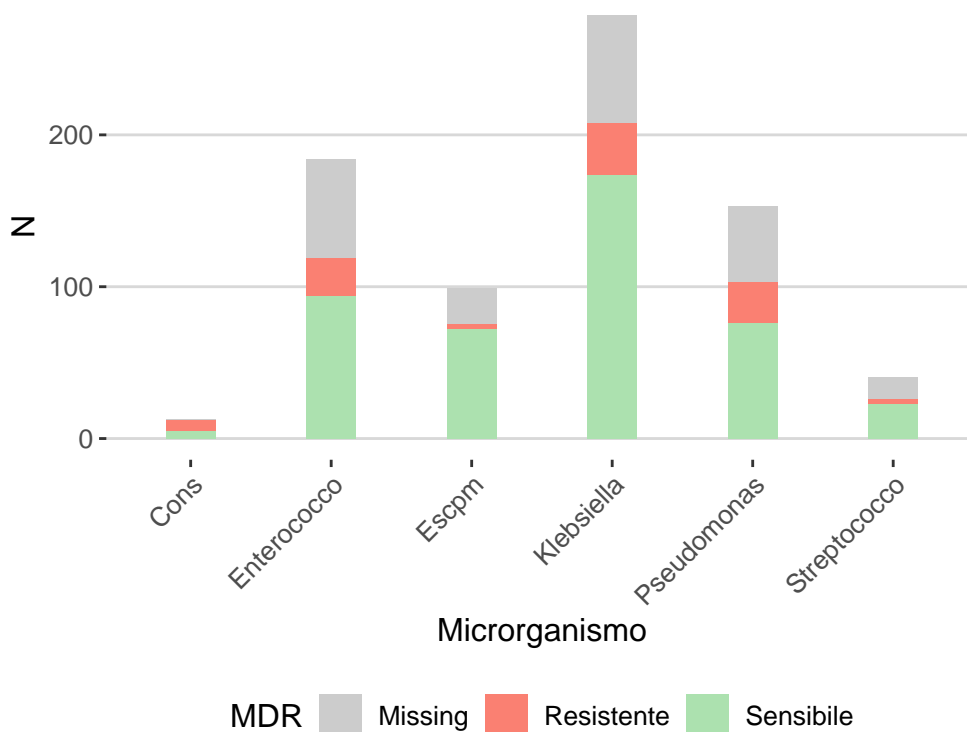
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	1	0	0
Staphylococcus hominis	4	2.1	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	8	4.2	7	0	0
Enterococco faecalis	19	9.9	16	0	0
Enterococco faecium	37	19.4	26	9	34.6
Enterococco altra specie	3	1.6	2	1	50
Clostridium difficile	1	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	2	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>88</b>	<b>46.1</b>	<b>54</b>	<b>11</b>	<b>20.4</b>
Klebsiella pneumoniae	34	17.8	27	1	3.7
Klebsiella altra specie	9	4.7	6	1	16.7
Enterobacter spp	11	5.8	8	0	0
Altro enterobacterales	3	1.6	0	0	0
Serratia	3	1.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	5.8	5	2	40
Escherichia coli	81	42.4	55	0	0
Proteus	6	3.1	6	0	0
Acinetobacter	4	2.1	3	2	66.7
Citrobacter	2	1.0	2	0	0
Morganella	3	1.6	3	0	0
Altro gram negativo	3	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>170</b>	<b>89.0</b>	<b>117</b>	<b>6</b>	<b>5.1</b>
Candida albicans	17	8.9	0	0	0
Candida glabrata	8	4.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	5	2.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>33</b>	<b>17.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	1	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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	27	Ertapenem	1	3.70
Klebsiella pneumoniae	27	Meropenem	1	3.70
Klebsiella altra specie	5	Ertapenem	1	20.00
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	1	20.00
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50.00
Enterococco faecium	26	Vancomicina	9	34.62
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

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

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

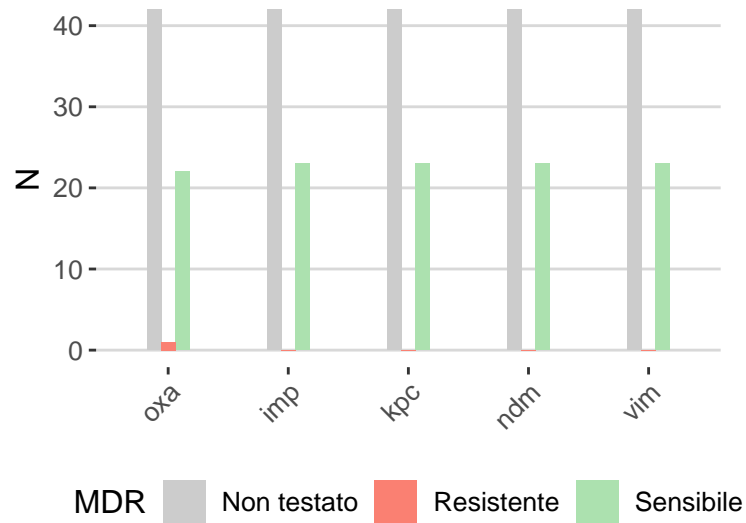
	N	%
Sì	1	1.54
No	22	33.85
Non testato	42	64.62
Missing	64	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	23	42
kpc	0	0	23	42



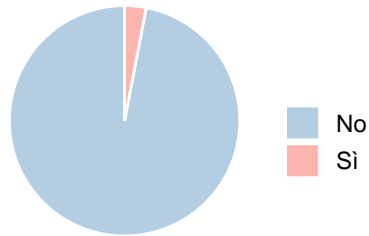
6 PAZIENTI CON PERITONITE ALL'AMMISSIONE (N = 516)

ndm	0	0	23	42
oxa	1	100	22	42
vim	0	0	23	42



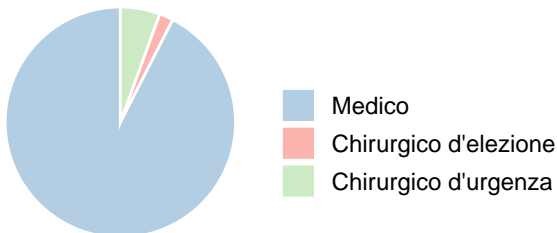
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 866)

### 7.1 Trauma



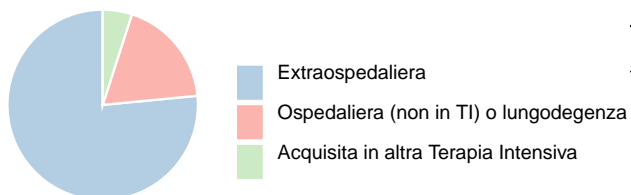
Trauma	N	%
No	840	97.0
Si	26	3.0
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



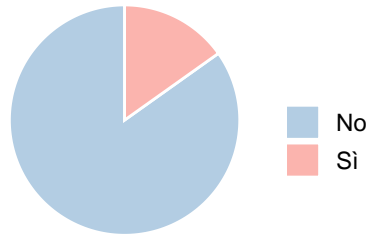
Stato chirurgico	N	%
Medico	801	92.5
Chirurgico d'elezione	17	2.0
Chirurgico d'urgenza	48	5.5
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



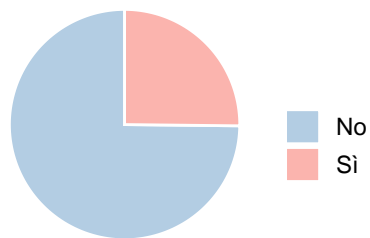
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	662	76.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	160	18.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	43	5.0
Missing	1	0

#### 7.4 Infezione batteriemica



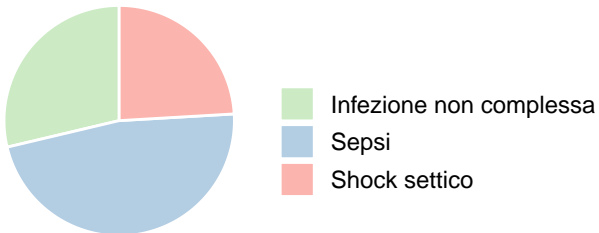
Batteriemica	N	%
No	733	84.8
Si	131	15.2
Missing	2	0

#### 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	648	74.8
Si	218	25.2
Missing	0	0

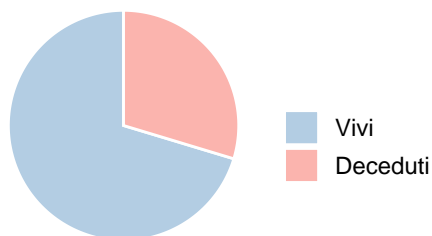
#### 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	186	28.7
Sepsi	306	47.2
Shock settico	156	24.1
Missing	0	0

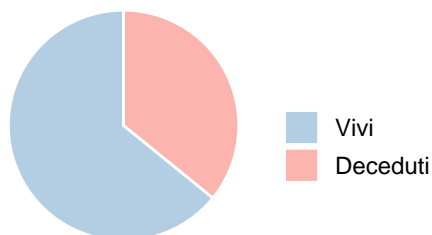
\* Statistiche calcolate su 648 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 218 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	607	70.3
Deceduti	256	29.7
Missing	3	0

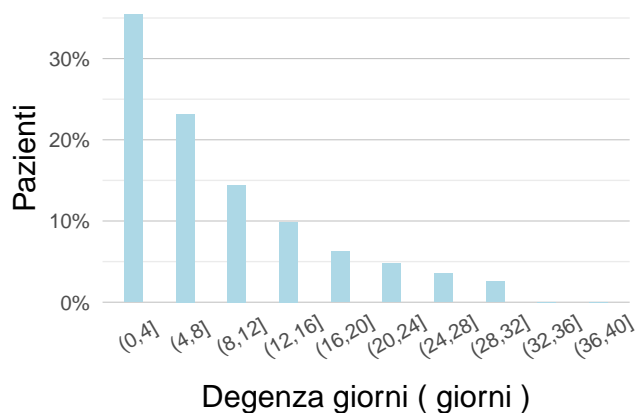
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	535	64.1
Deceduti	299	35.9
Missing	5	0

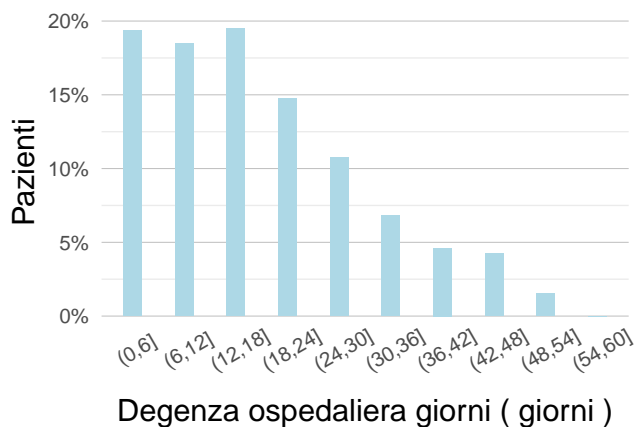
\* Statistiche calcolate su 839 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 27 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.1 (11.3)
Mediana (Q1-Q3)	7 (3.8-15)
Missing	2

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.7 (18.1)
Mediana (Q1-Q3)	16 (8-28)
Missing	5

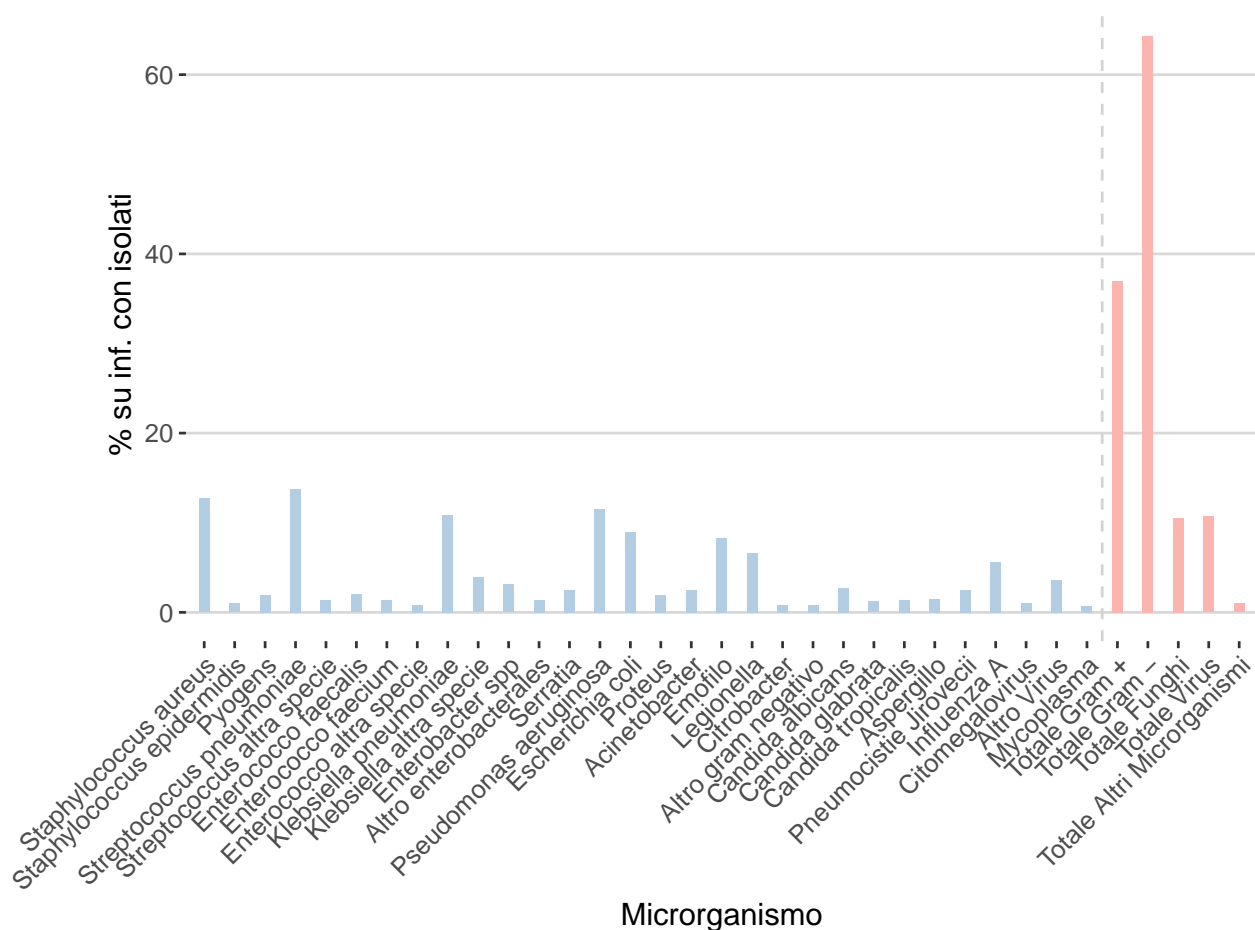
\* Statistiche calcolate su 839 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 27 ).

## 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	276	31.9
Sì	589	68.1
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>866</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>782</b>	

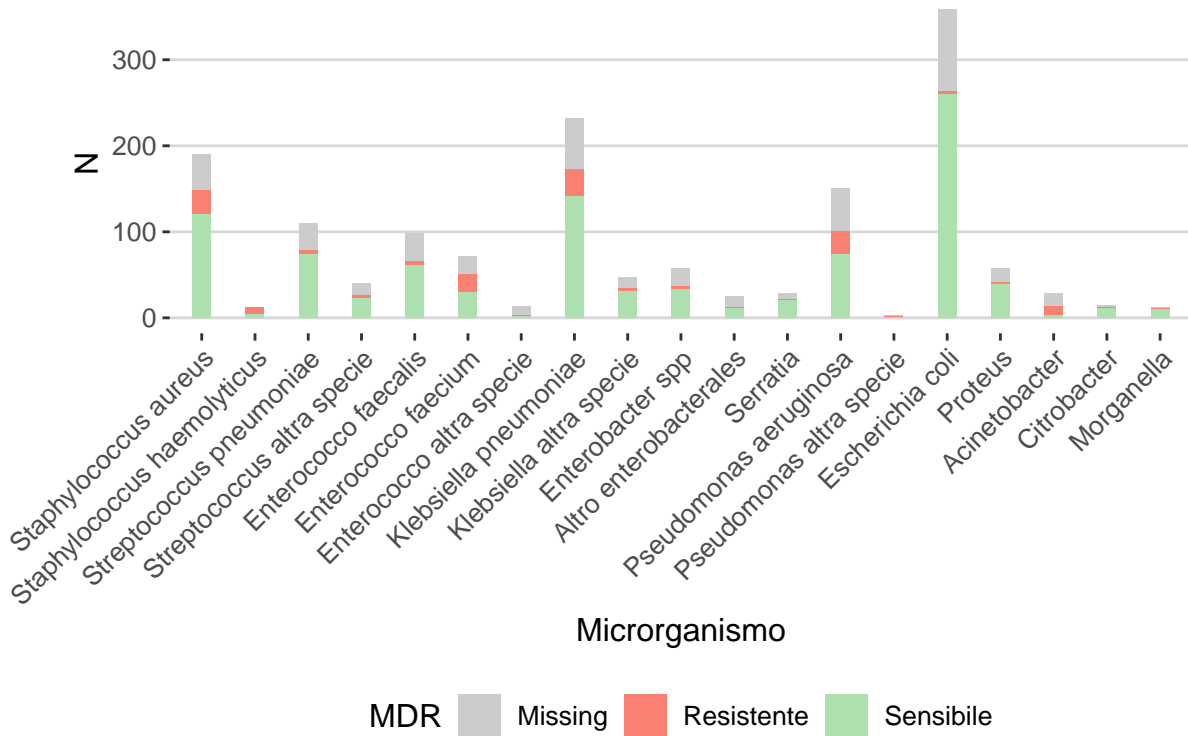
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	75	12.7	59	9	15.3
Staphylococcus capitis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.3	2	2	100
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	1.0	0	0	0
Pyogens	11	1.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	81	13.8	59	1	1.7
Streptococcus altra specie	8	1.4	5	0	0
Enterococcus faecalis	12	2.0	8	1	12.5
Enterococcus faecium	8	1.4	5	4	80
Enterococcus altra specie	5	0.8	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>218</b>	<b>37.0</b>	<b>139</b>	<b>17</b>	<b>12.2</b>
Klebsiella pneumoniae	64	10.9	46	6	13
Klebsiella altra specie	23	3.9	17	2	11.8
Enterobacter spp	18	3.1	11	1	9.1
Altro enterobacterales	8	1.4	6	1	16.7
Serratia	15	2.5	11	1	9.1

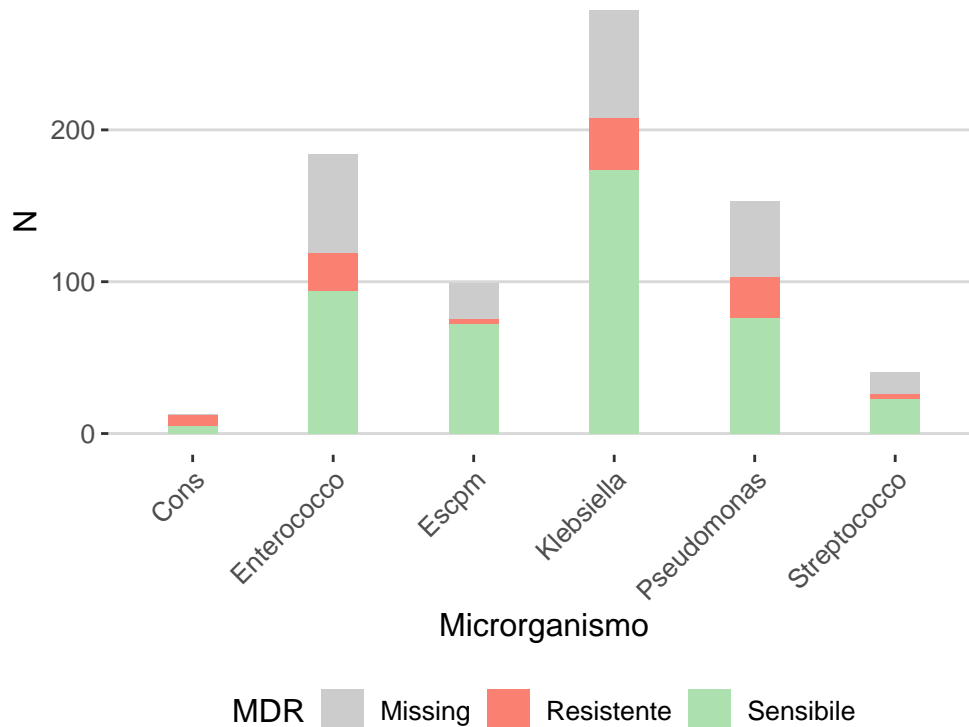
Pseudomonas aeruginosa	68	11.5	49	12	24.5
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	1	50
Escherichia coli	53	9.0	43	0	0
Proteus	11	1.9	7	1	14.3
Acinetobacter	15	2.5	6	6	100
Emofilo	49	8.3	0	0	0
Legionella	39	6.6	0	0	0
Citrobacter	5	0.8	3	0	0
Morganella	3	0.5	2	0	0
Clamidia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>379</b>	<b>64.3</b>	<b>203</b>	<b>31</b>	<b>15.3</b>
Candida albicans	16	2.7	0	0	0
Candida glabrata	7	1.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	8	1.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	9	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	15	2.5	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>62</b>	<b>10.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	33	5.6			
Influenza B	2	0.3			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	6	1.0			
Altro Virus	21	3.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>63</b>	<b>10.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	4	0.7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.3	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>6</b>	<b>1.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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





Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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.

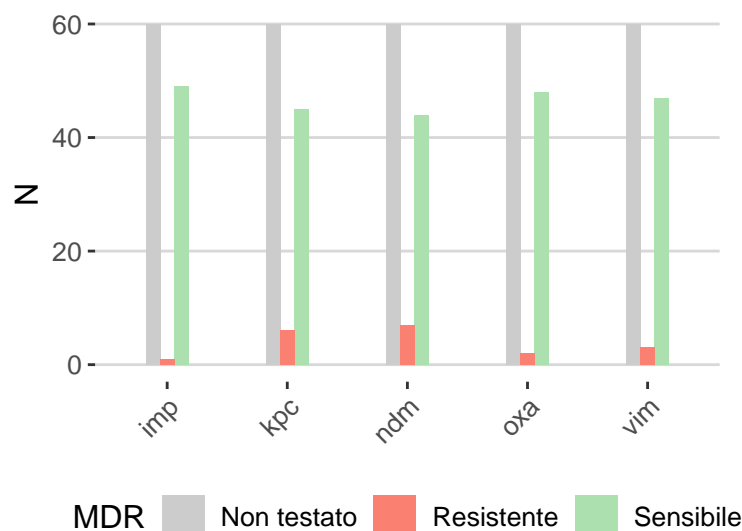
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	45	Ertapenem	4	8.89
Klebsiella pneumoniae	46	Meropenem	6	13.04
Klebsiella altra specie	17	Ertapenem	1	5.88
Klebsiella altra specie	17	Meropenem	1	5.88
Enterobacter spp	10	Ertapenem	1	10.00
Altro enterobacterales	6	Ertapenem	1	16.67
Proteus	7	Ertapenem	1	14.29
Proteus	7	Meropenem	1	14.29
Serratia	11	Ertapenem	1	9.09
Acinetobacter	6	Imipenem	5	83.33
Acinetobacter	6	Meropenem	6	100.00
Pseudomonas aeruginosa	49	Imipenem	10	20.41
Pseudomonas aeruginosa	49	Meropenem	7	14.29
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	59	Meticillina	9	15.25
Streptococcus pneumoniae	59	Penicillina	1	1.69
Enterococco faecalis	8	Vancomicina	1	12.50
Enterococco faecium	5	Vancomicina	4	80.00

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

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

	N	%
Sì	14	12.5
No	38	33.93
Non testato	60	53.57
Missing	88	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	5.3	49	60
kpc	6	31.6	45	60
ndm	7	36.8	44	60
oxa	2	10.5	48	60
vim	3	15.8	47	60

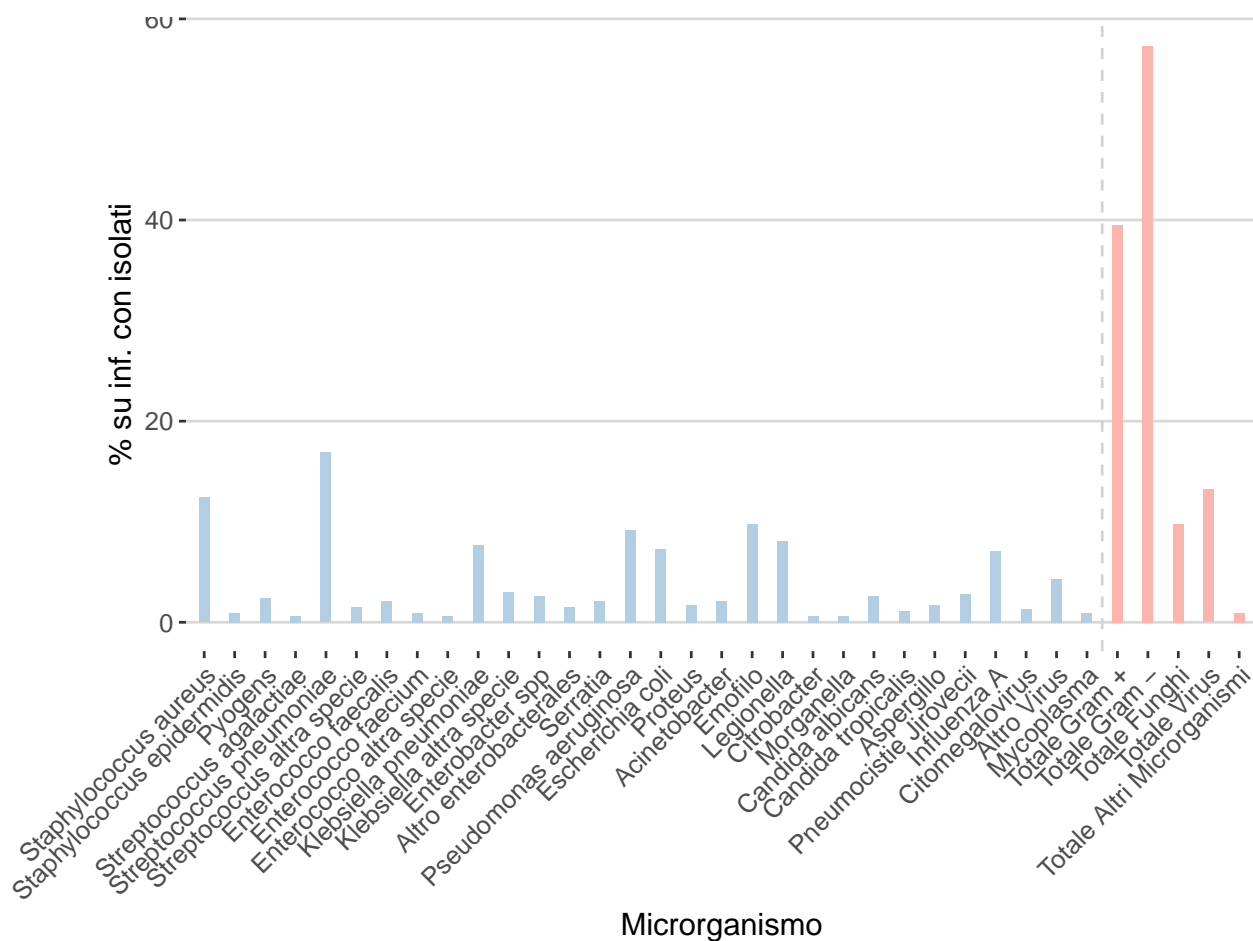


## 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	237	33.6
Sì	468	66.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>705</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>608</b>	

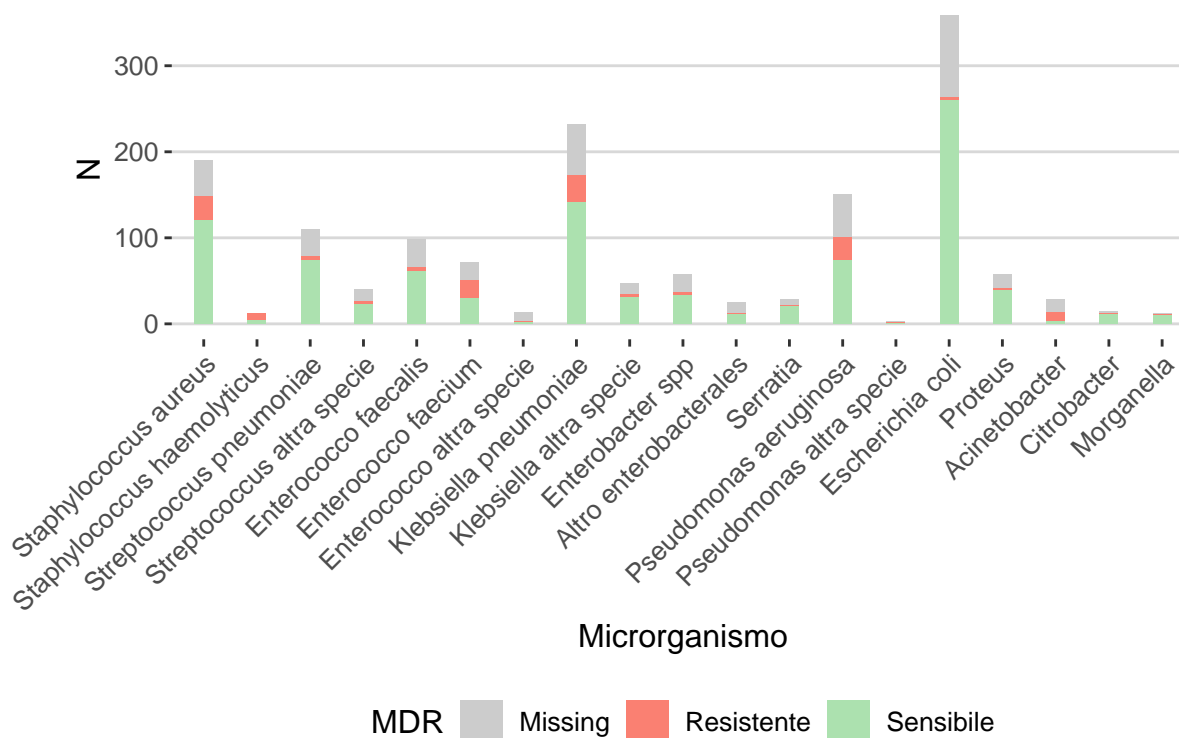
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	58	12.4	45	6	13.3
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	1	100
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	0.9	0	0	0
Pyogens	11	2.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	79	16.9	59	1	1.7
Streptococcus altra specie	7	1.5	4	0	0
Enterococcus faecalis	10	2.1	7	1	14.3
Enterococcus faecium	4	0.9	3	2	66.7
Enterococcus altra specie	3	0.6	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>185</b>	<b>39.5</b>	<b>119</b>	<b>11</b>	<b>9.2</b>
Klebsiella pneumoniae	36	7.7	23	3	13
Klebsiella altra specie	14	3.0	11	1	9.1
Enterobacter spp	12	2.6	7	0	0
Altro enterobacterales	7	1.5	5	0	0
Serratia	10	2.1	7	0	0

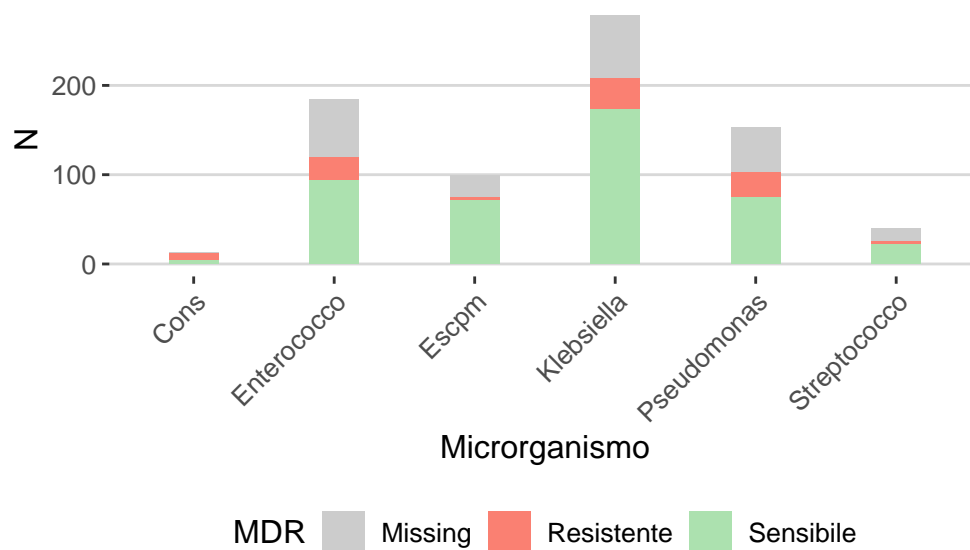
Pseudomonas aeruginosa	43	9.2	31	11	35.5
Pseudomonas altra specie	2	0.4	2	1	50
Escherichia coli	34	7.3	27	0	0
Proteus	8	1.7	5	1	20
Acinetobacter	10	2.1	3	3	100
Emofilo	46	9.8	0	0	0
Legionella	38	8.1	0	0	0
Citrobacter	3	0.6	2	0	0
Morganella	3	0.6	2	0	0
Clamidia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>268</b>	<b>57.3</b>	<b>125</b>	<b>20</b>	<b>16</b>
Candida albicans	12	2.6	0	0	0
Candida glabrata	3	0.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.1	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	8	1.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	13	2.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>46</b>	<b>9.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	33	7.1			
Influenza B	2	0.4			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	6	1.3			
Altro Virus	20	4.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>62</b>	<b>13.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>4</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65

Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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	23	Ertapenem	2	8.70
Klebsiella pneumoniae	23	Meropenem	3	13.04
Klebsiella altra specie	11	Meropenem	1	9.09
Proteus	5	Ertapenem	1	20.00
Proteus	5	Meropenem	1	20.00
Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	31	Imipenem	9	29.03
Pseudomonas aeruginosa	31	Meropenem	7	22.58
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	45	Meticillina	6	13.33
Streptococcus pneumoniae	59	Penicillina	1	1.69
Enterococco faecalis	7	Vancomicina	1	14.29
Enterococco faecium	3	Vancomicina	2	66.67

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

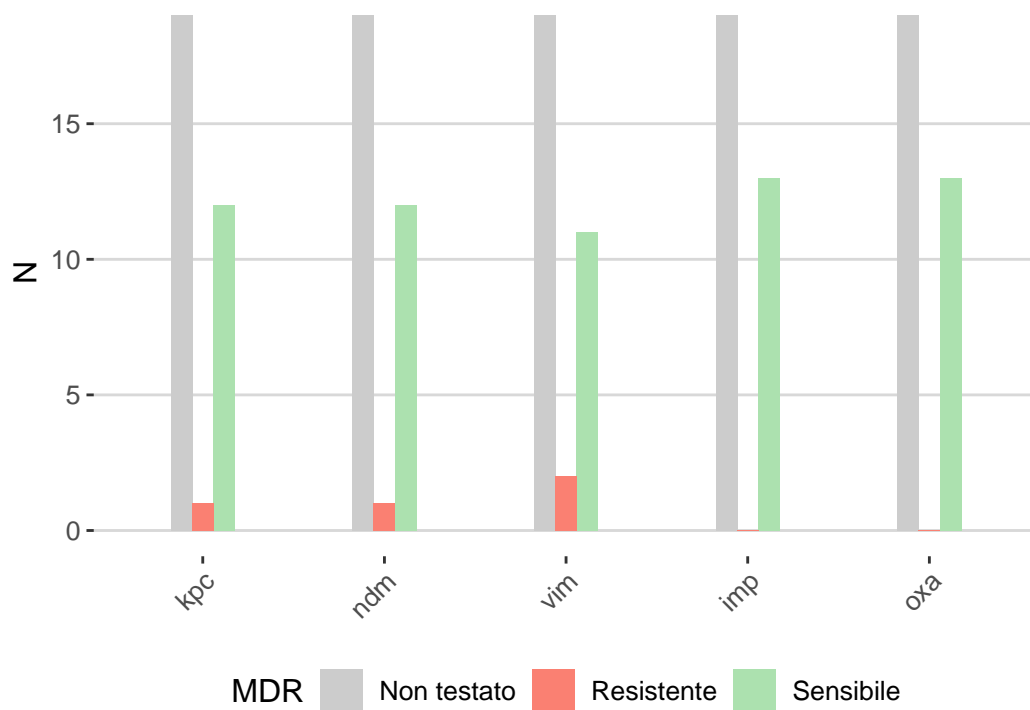
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	4	12.5
No	9	28.12
Non testato	19	59.38
Missing	33	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
------------	------------	--------------	-----------	-------------

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 866)

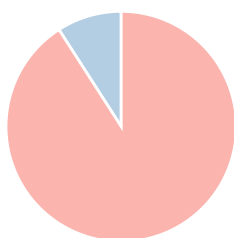
imp	0	0	13	19
kpc	1	25	12	19
ndm	1	25	12	19
oxa	0	0	13	19
vim	2	50	11	19



## 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 661 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 9.1% della popolazione totale ammessa in TI.

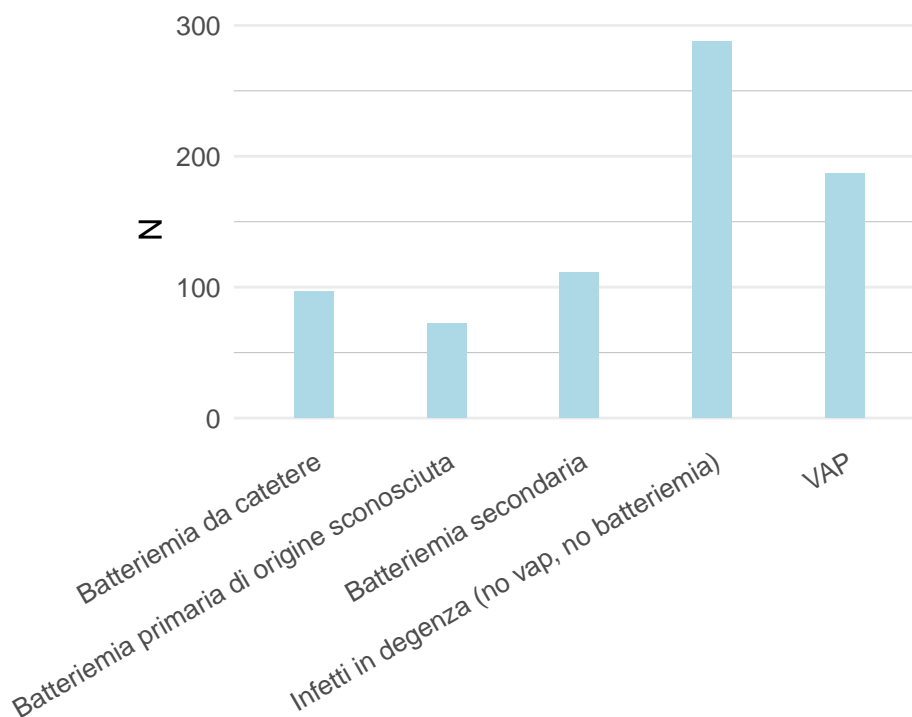


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	661	9.1
Non infetti in degenza	6610	90.9

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 7271).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



Pazienti

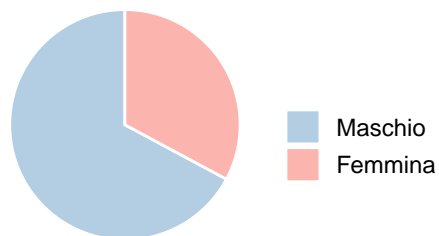
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	288	43.6
VAP	187	28.3
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	72	10.9
Batteriemia da catetere	97	14.7
Batteriemia secondaria	111	16.8



La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza ( $N = 661$ )

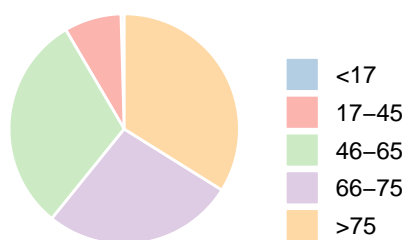
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 661)

### 8.1 Sesso



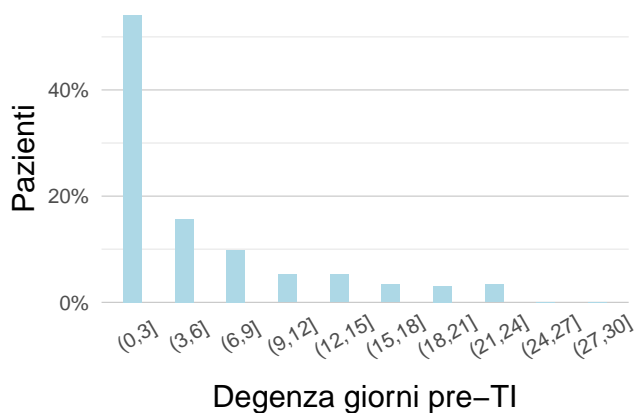
Sesso	N	%
Maschio	444	67.2
Femmina	217	32.8
Missing	0	0

### 8.2 Età



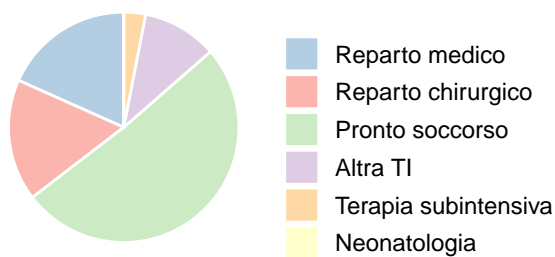
Range età	N	%
<17	3	0.5
17-45	53	8.0
46-65	203	30.7
66-75	178	26.9
>75	224	33.9
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



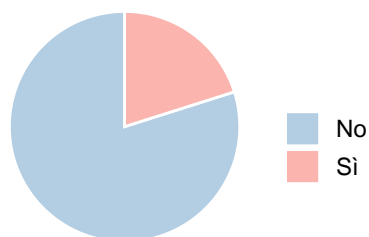
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	10.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



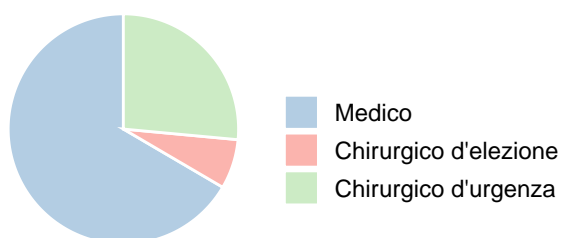
Provenienza	N	%
Reparto medico	120	18.3
Reparto chirurgico	112	17.1
Pronto soccorso	334	51.0
Altra TI	69	10.5
Terapia subintensiva	20	3.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	6	0

## 8.5 Trauma



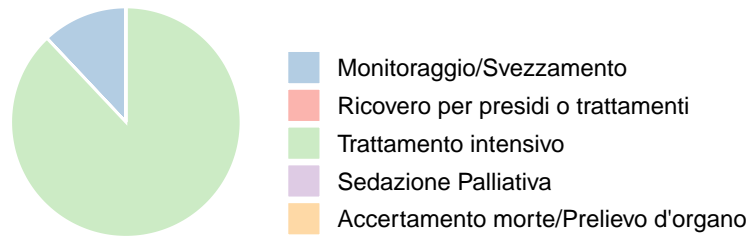
Trauma	N	%
No	528	79.9
Sì	133	20.1
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



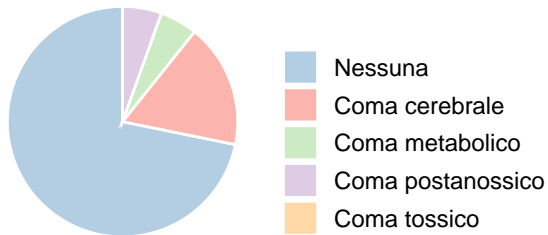
Stato chirurgico	N	%
Medico	440	66.6
Chirurgico d'elezione	46	7.0
Chirurgico d'urgenza	175	26.5
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



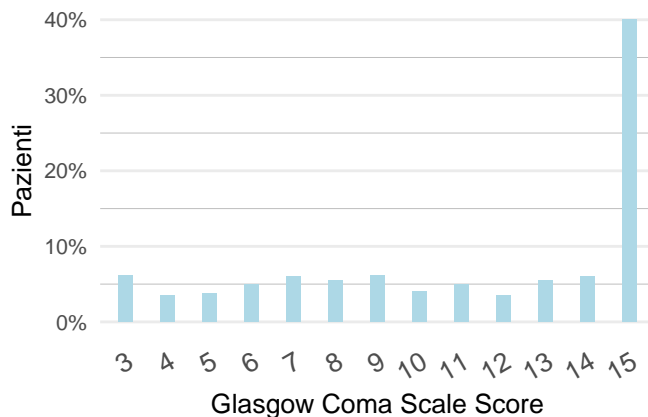
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	79	12.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	578	88.0
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	4	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



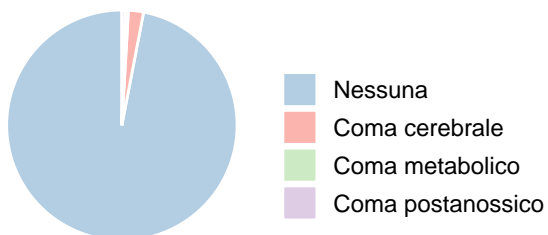
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	354	71.8
Coma cerebrale	86	17.4
Coma metabolico	26	5.3
Coma postanossico	27	5.5
Coma tossico	0	0.0
Missing	168	0

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



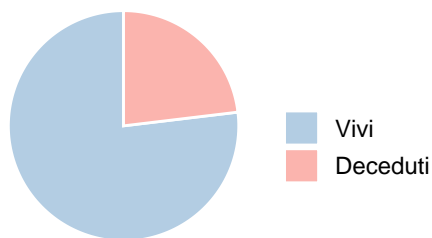
Indicatore	Valore
Media	9.1
DS	4.2
Mediana	11
Q1-Q3	6-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



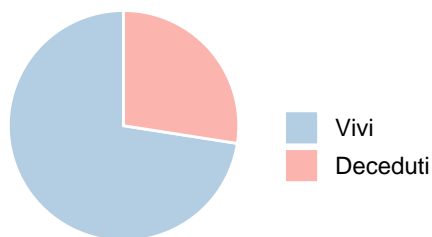
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	641	97.0
Coma cerebrale	14	2.1
Coma metabolico	3	0.5
Coma postanossico	3	0.5
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	506	76.9
Deceduti	152	23.1
Missing	3	0

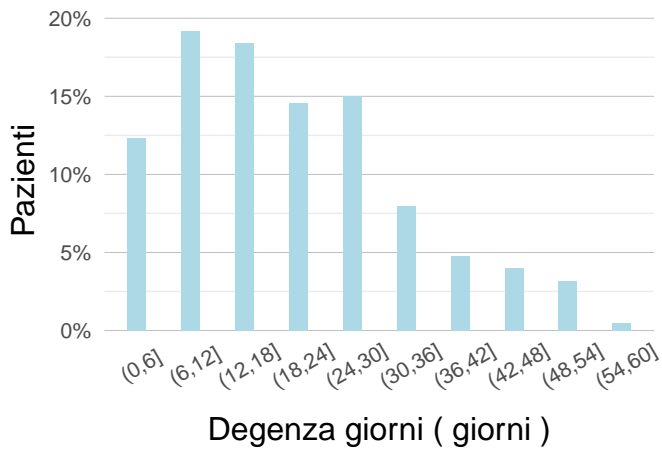
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	457	72.5
Deceduti	173	27.5
Missing	7	0

\* Statistiche calcolate su 637 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 24 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.0 (16.7)
Mediana (Q1-Q3)	19 (11-30)
Missing	3

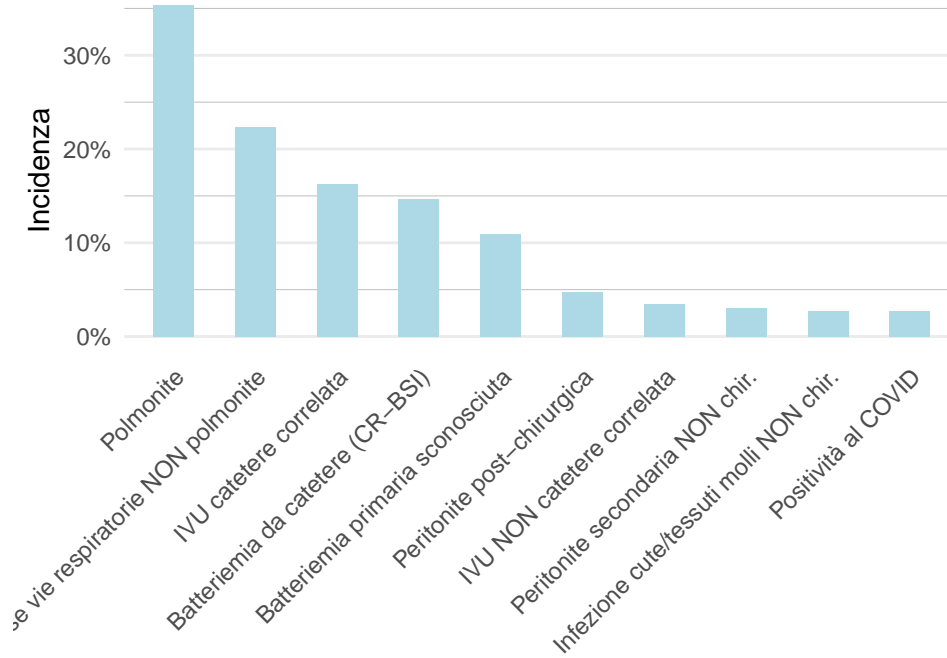
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.5 (21.3)
Mediana (Q1-Q3)	28 (17.2-42.8)
Missing	7

\* Statistiche calcolate su 637 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 24 ).

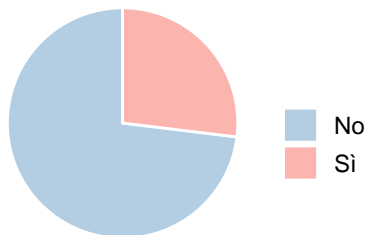
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	234	35.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	148	22.4
IVU catetere correlata	108	16.3
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	97	14.7
Batteriemia primaria sconosciuta	72	10.9
Peritonite post-chirurgica	32	4.8
IVU NON catetere correlata	23	3.5
Peritonite secondaria NON chir.	20	3.0
Positività al COVID	18	2.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	18	2.7
Missing	0	

### 8.16 Infezione multisito



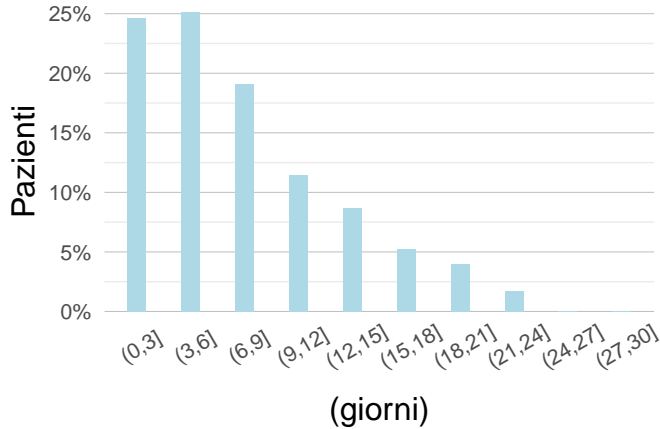
Infezione multisito	N	%
No	483	73.1
Sì	178	26.9
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	849
Numero totale di microrganismi isolati	926

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.4
DS	7.2
Mediana	6
Q1-Q3	3-12
Missing	8

## 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	18.0	12.6 %
CI ( 95% )	16.6 - 19.4	11.6 - 13.6

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.

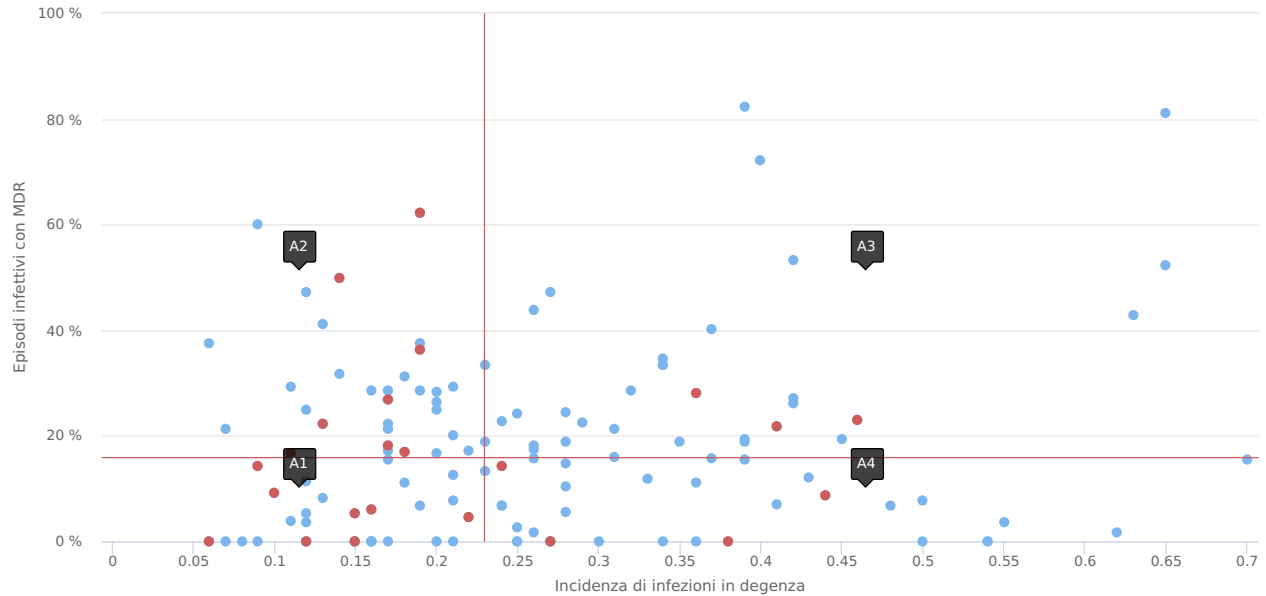
Il secondo:

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



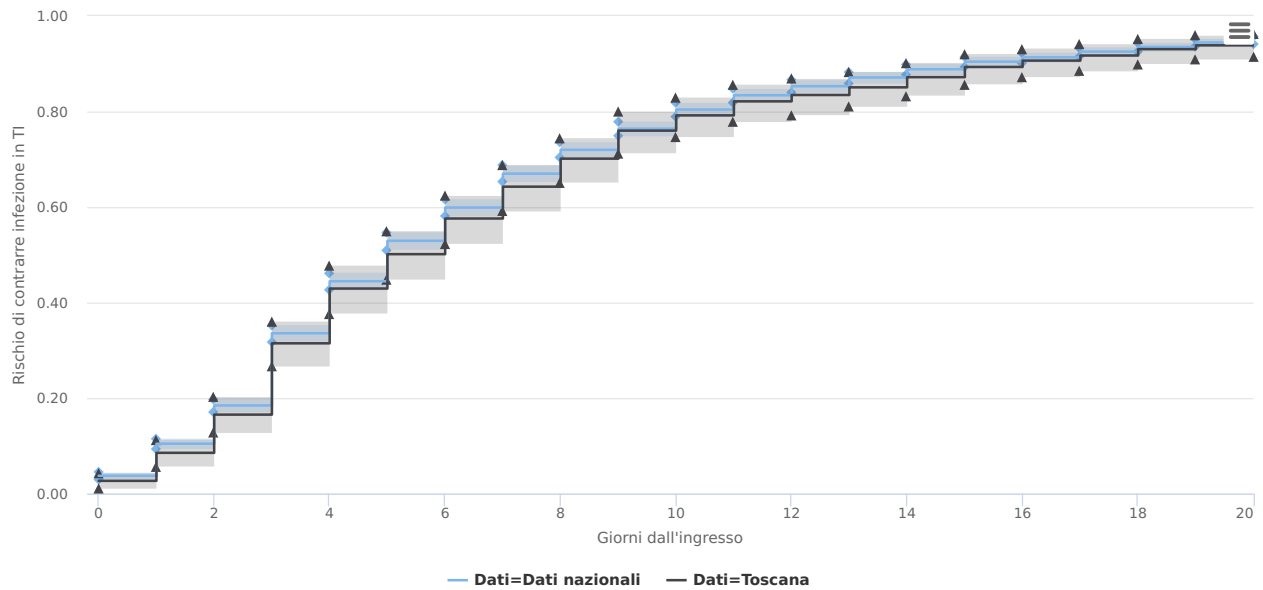
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

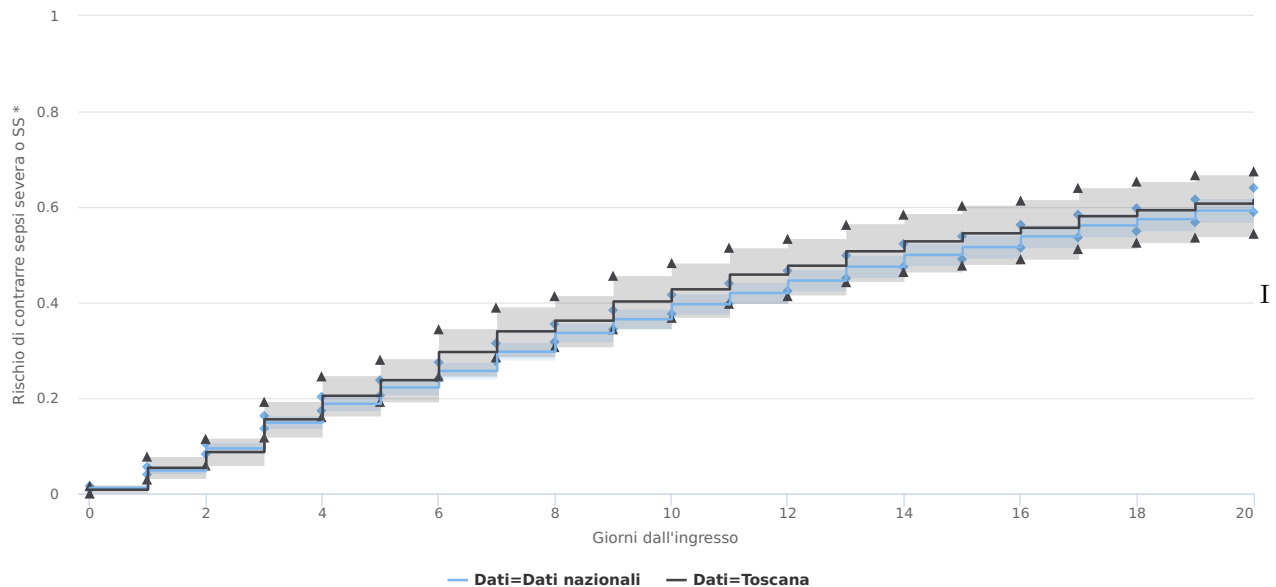


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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



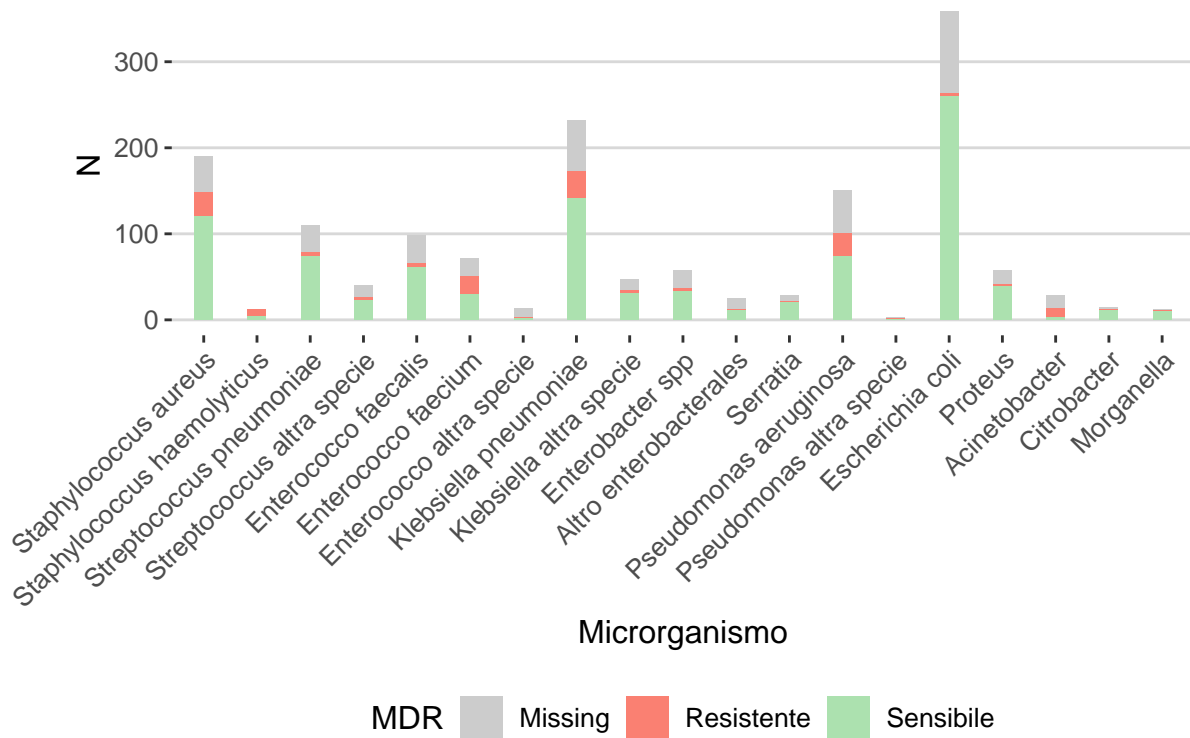
due grafici sovrastanti mostrano le curve di rischio di contrarre infezione e sepsi/shock settico in TI all'aumentare dei giorni trascorsi in reparto. Come è logico, il rischio aumenta all'aumentare della degenza del paziente.

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 delimitano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.



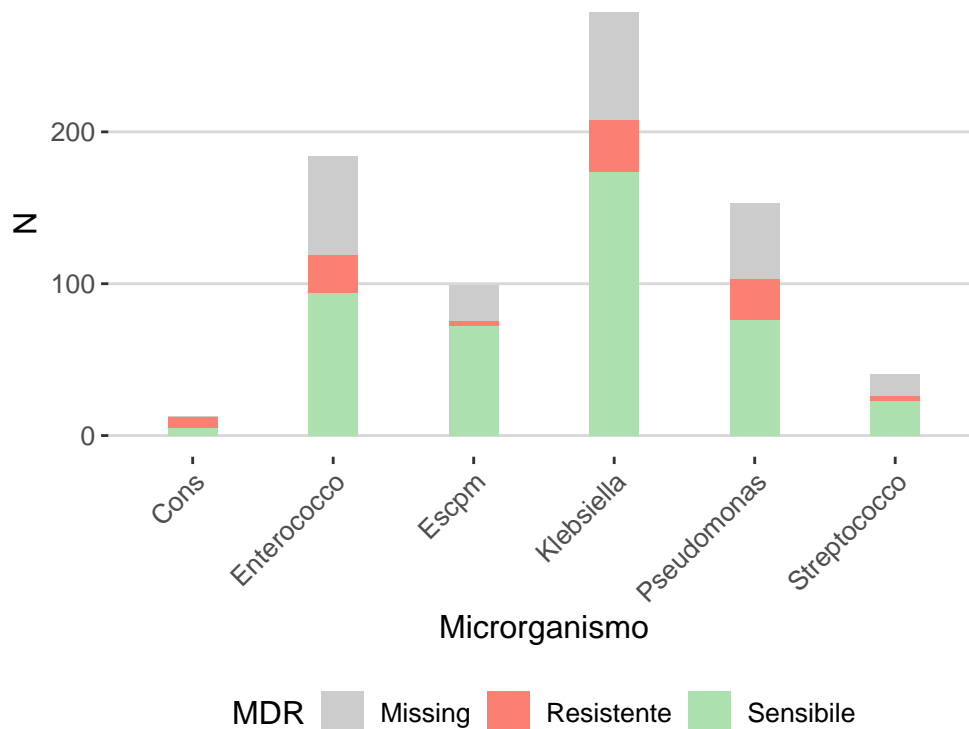
Staphylococcus haemolyticus	9	1.2	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	14	1.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	43	5.6	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	9	1.2	6	0	0
Streptococcus altra specie	6	0.8	4	0	0
Enterococco faecalis	41	5.4	23	0	0
Enterococco faecium	26	3.4	18	5	27.8
Enterococco altra specie	5	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	7	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	4	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>267</b>	<b>34.9</b>	<b>112</b>	<b>20</b>	<b>17.9</b>
Klebsiella pneumoniae	107	14.0	68	17	25
Klebsiella altra specie	28	3.7	20	2	10
Enterobacter spp	27	3.5	20	5	25
Altro enterobacterales	10	1.3	5	0	0
Serratia	28	3.7	20	3	15
Pseudomonas aeruginosa	144	18.8	89	18	20.2
Pseudomonas altra specie	6	0.8	2	0	0
Escherichia coli	104	13.6	61	0	0
Proteus	27	3.5	20	0	0
Acinetobacter	35	4.6	23	12	52.2
Emofilo	14	1.8	0	0	0
Citrobacter	14	1.8	7	0	0
Morganella	10	1.3	3	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>557</b>	<b>72.7</b>	<b>338</b>	<b>57</b>	<b>16.9</b>
Candida albicans	32	4.2	0	0	0
Candida glabrata	6	0.8	0	0	0
Candida krusei	2	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	16	2.1	0	0	0
Candida tropicalis	7	0.9	0	0	0
Candida altra specie	3	0.4	0	0	0
Aspergillo	10	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>79</b>	<b>10.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	4	0.5			
Herpes simplex	2	0.3			
Altro Virus	2	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>8</b>	<b>1.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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.

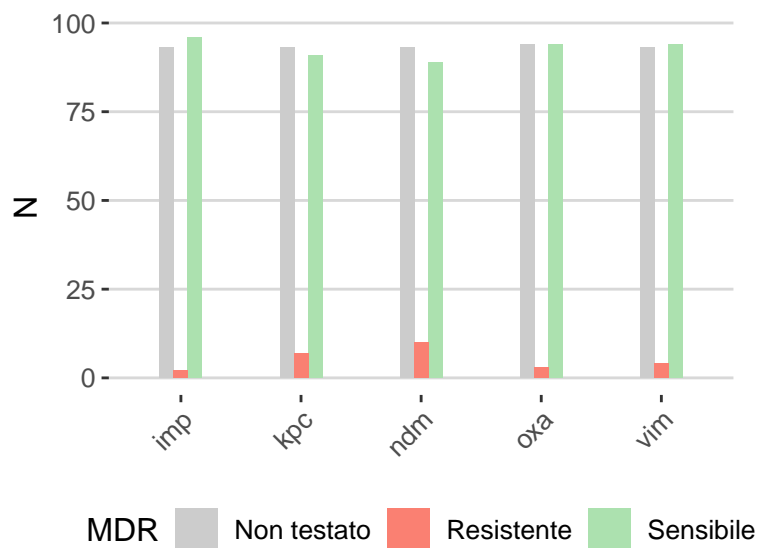
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	66	Ertapenem	10	15.15
Klebsiella pneumoniae	68	Meropenem	15	22.06
Klebsiella altra specie	20	Ertapenem	2	10.00
Klebsiella altra specie	20	Meropenem	2	10.00
Enterobacter spp	20	Ertapenem	5	25.00
Serratia	19	Ertapenem	3	15.79
Serratia	20	Meropenem	1	5.00
Acinetobacter	23	Imipenem	6	26.09
Acinetobacter	23	Meropenem	12	52.17
Pseudomonas aeruginosa	88	Imipenem	18	20.45
Pseudomonas aeruginosa	89	Meropenem	7	7.87
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	54	Meticillina	10	18.52
Enterococco faecium	18	Vancomicina	5	27.78

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

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

	N	%
Sì	21	11.11
No	77	40.74
Non testato	91	48.15
Missing	195	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	7.7	96	93
kpc	7	26.9	91	93
ndm	10	38.5	89	93
oxa	3	11.5	94	94
vim	4	15.4	94	93



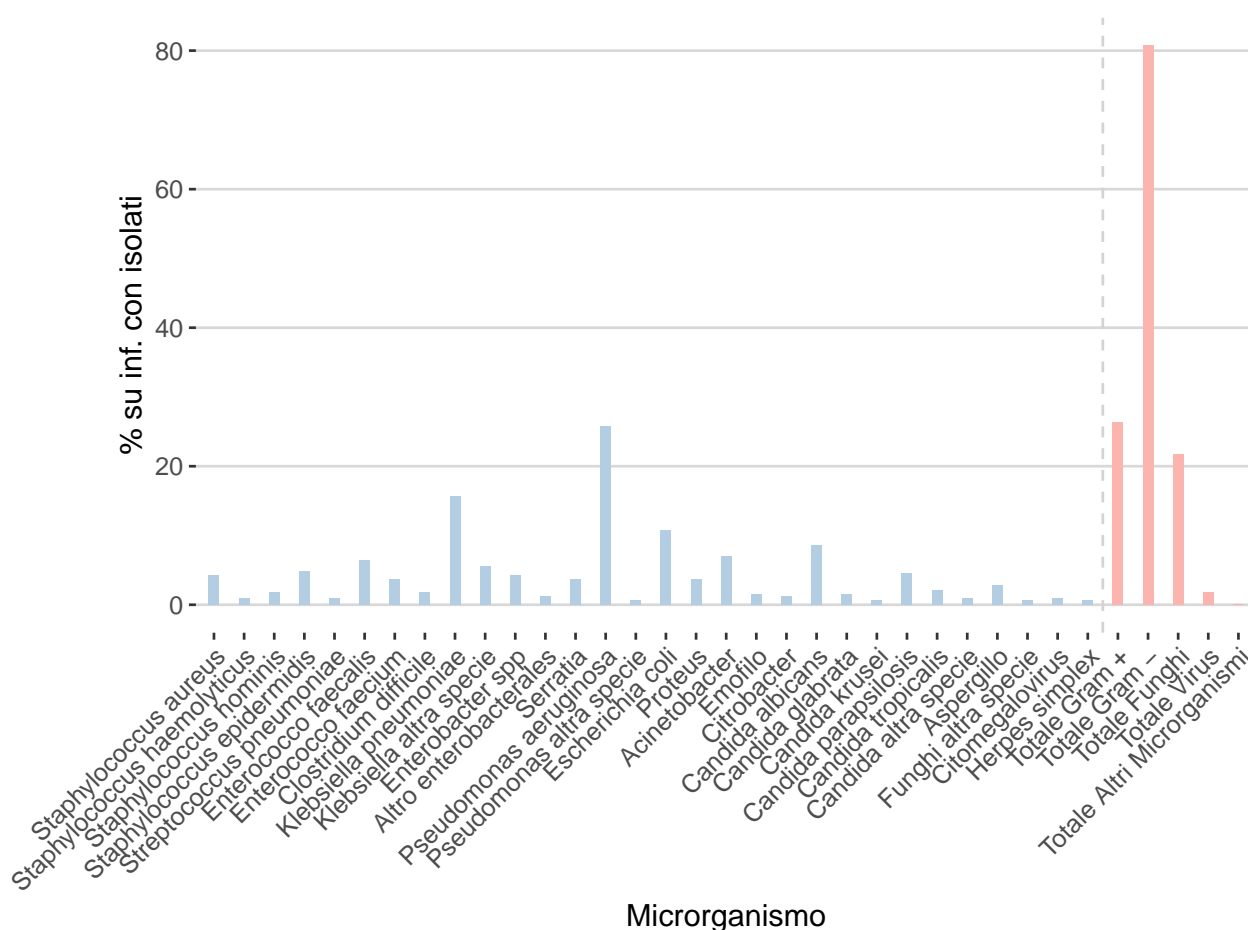
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 282)

### 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	97	14.0
Sì	598	86.0
Missing	7	
<b>Totale infezioni</b>	<b>702</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>766</b>	

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

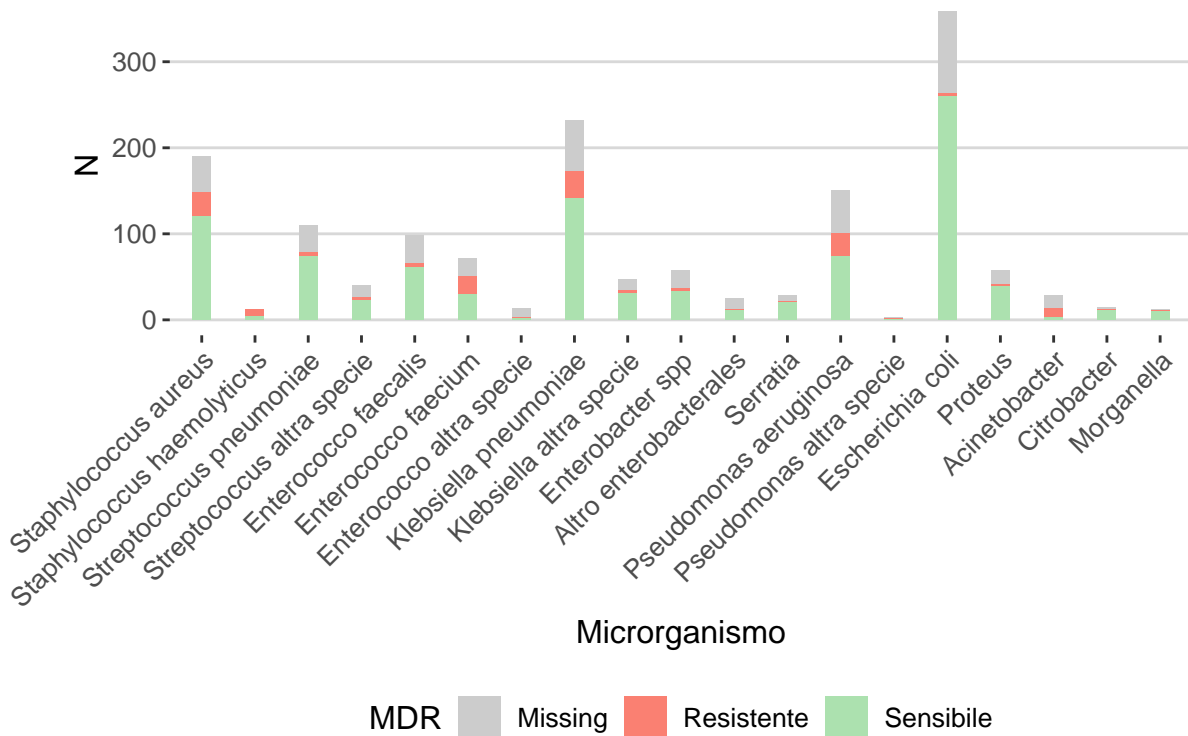


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	4.3	10	4	40



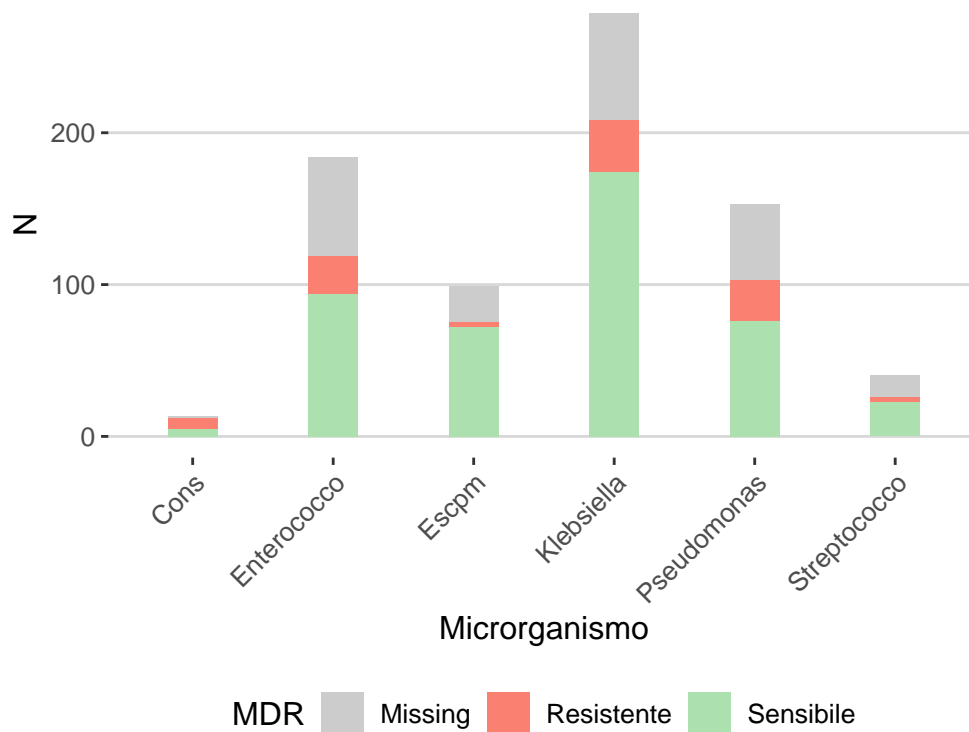
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.9	1	1	100
Staphylococcus hominis	6	1.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	16	4.9	0	0	0
Pyogens	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	0.9	2	0	0
Enterococco faecalis	21	6.4	13	0	0
Enterococco faecium	12	3.7	9	4	44.4
Enterococco altra specie	1	0.3	0	0	0
Clostridium difficile	6	1.8	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>86</b>	<b>26.3</b>	<b>35</b>	<b>9</b>	<b>25.7</b>
Klebsiella pneumoniae	51	15.6	31	9	29
Klebsiella altra specie	18	5.5	12	3	25
Enterobacter spp	14	4.3	14	5	35.7
Altro enterobacterales	4	1.2	3	0	0
Serratia	12	3.7	11	1	9.1
Pseudomonas aeruginosa	84	25.7	55	14	25.5
Pseudomonas altra specie	2	0.6	1	0	0
Escherichia coli	35	10.7	23	0	0
Proteus	12	3.7	9	0	0
Acinetobacter	23	7.0	17	11	64.7
Emofilo	5	1.5	0	0	0
Citrobacter	4	1.2	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>264</b>	<b>80.7</b>	<b>177</b>	<b>43</b>	<b>24.3</b>
Candida albicans	28	8.6	0	0	0
Candida glabrata	5	1.5	0	0	0
Candida krusei	2	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	15	4.6	0	0	0
Candida tropicalis	7	2.1	0	0	0
Candida altra specie	3	0.9	0	0	0
Aspergillo	9	2.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>71</b>	<b>21.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	0.9			
Herpes simplex	2	0.6			
Altro Virus	1	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>6</b>	<b>1.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 9.1.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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	47	Ertapenem	6	12.77
Klebsiella pneumoniae	48	Meropenem	11	22.92
Klebsiella altra specie	20	Ertapenem	4	20.00
Klebsiella altra specie	20	Meropenem	3	15.00
Enterobacter spp	19	Ertapenem	6	31.58
Escherichia coli	56	Ertapenem	1	1.79
Serratia	14	Ertapenem	2	14.29
Acinetobacter	18	Imipenem	6	33.33
Acinetobacter	18	Meropenem	12	66.67
Pseudomonas aeruginosa	74	Imipenem	19	25.68
Pseudomonas aeruginosa	75	Meropenem	8	10.67
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	32	Meticillina	8	25.00
Enterococco faecalis	24	Vancomicina	2	8.33
Enterococco faecium	19	Vancomicina	7	36.84

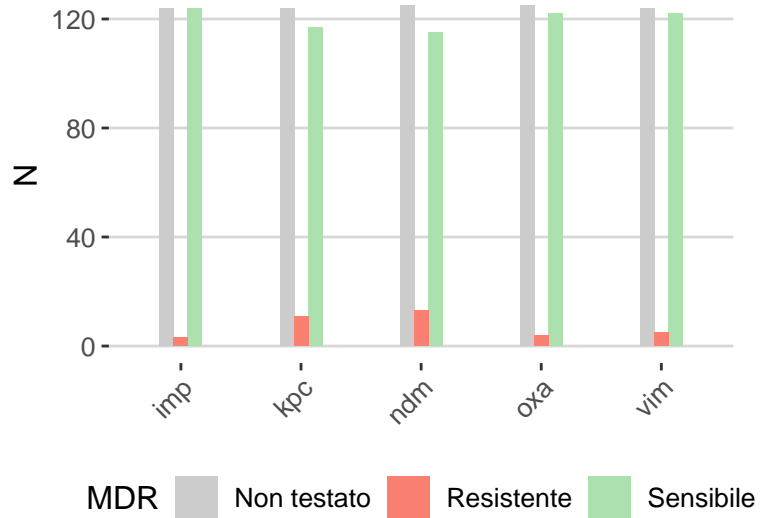
### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

	N	%
Si	26	10.7
No	98	40.33
Non testato	119	48.97

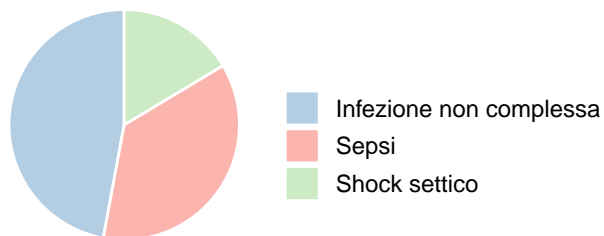
Missing 239

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	8.3	124	124
kpc	11	30.6	117	124
ndm	13	36.1	115	125
oxa	4	11.1	122	125
vim	5	13.9	122	124



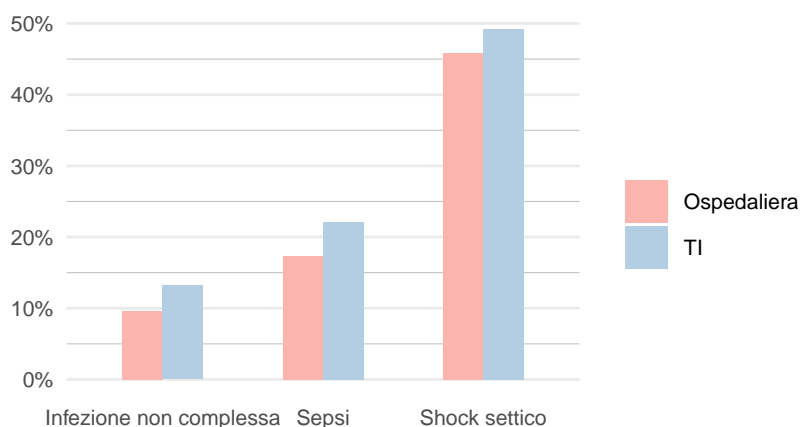
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 379)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	178	47.1
Sepsi	138	36.5
Shock settico	62	16.4
Missing	1	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



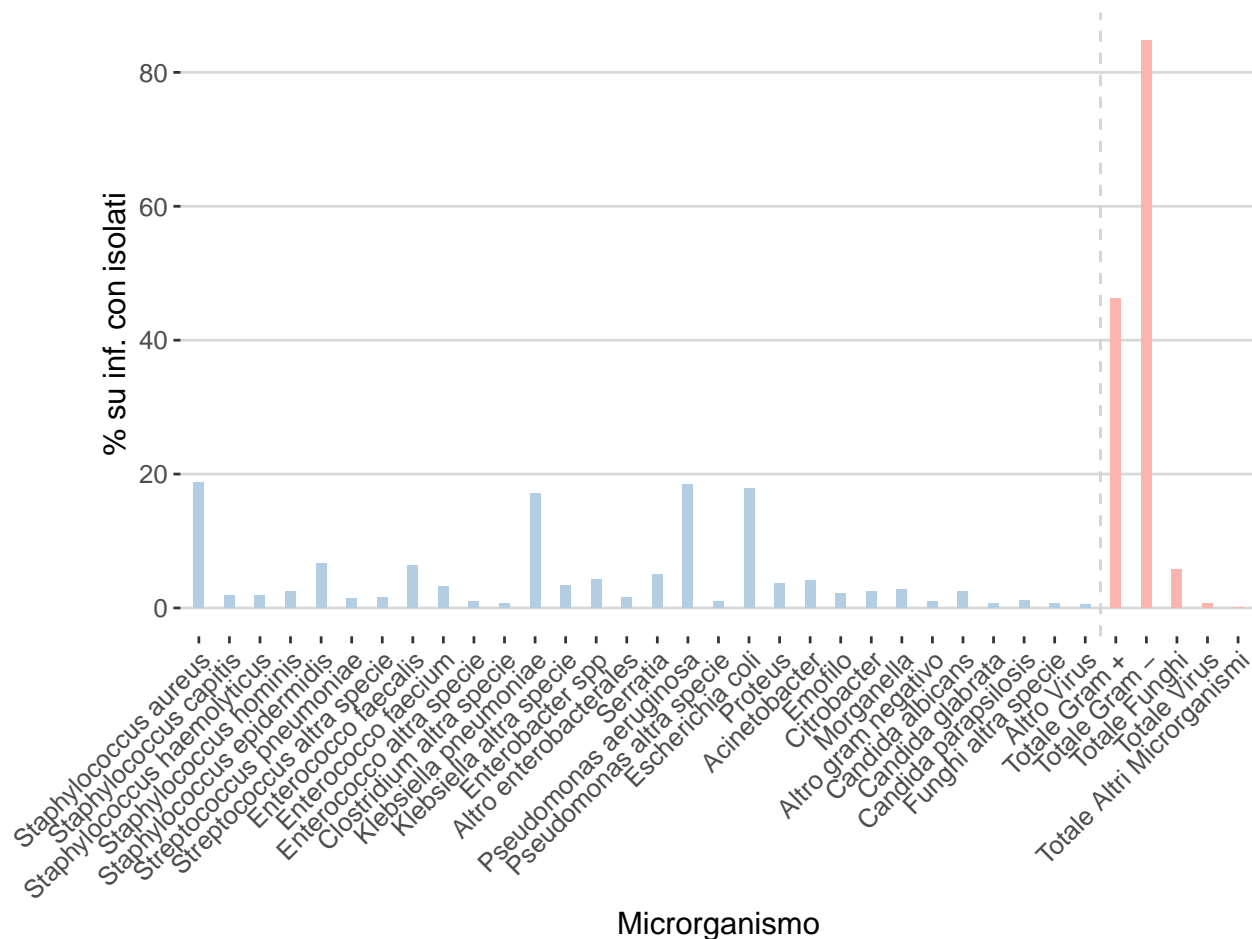
Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	9.6	13.2
Sepsi	17.4	22.1
Shock settico	45.9	49.2

### 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	52	9.6
Sì	492	90.4
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>546</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>612</b>	

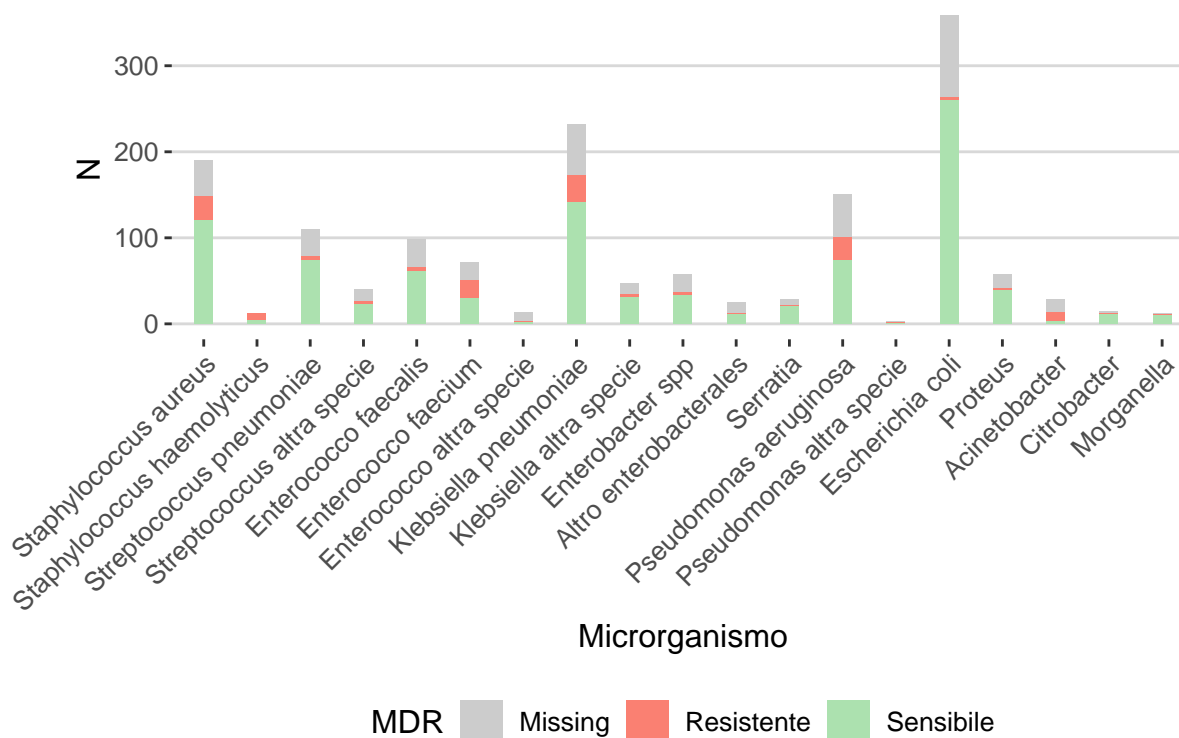
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	82	18.7	45	6	13.3
Staphylococcus capitis	8	1.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	1.8	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	11	2.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	29	6.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	1.4	4	0	0
Streptococcus altra specie	7	1.6	4	0	0
Enterococcus faecalis	28	6.4	13	0	0
Enterococcus faecium	14	3.2	9	1	11.1
Enterococcus altra specie	4	0.9	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.2	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>203</b>	<b>46.2</b>	<b>82</b>	<b>12</b>	<b>14.6</b>
Klebsiella pneumoniae	75	17.1	44	10	22.7
Klebsiella altra specie	15	3.4	11	0	0
Enterobacter spp	19	4.3	9	1	11.1

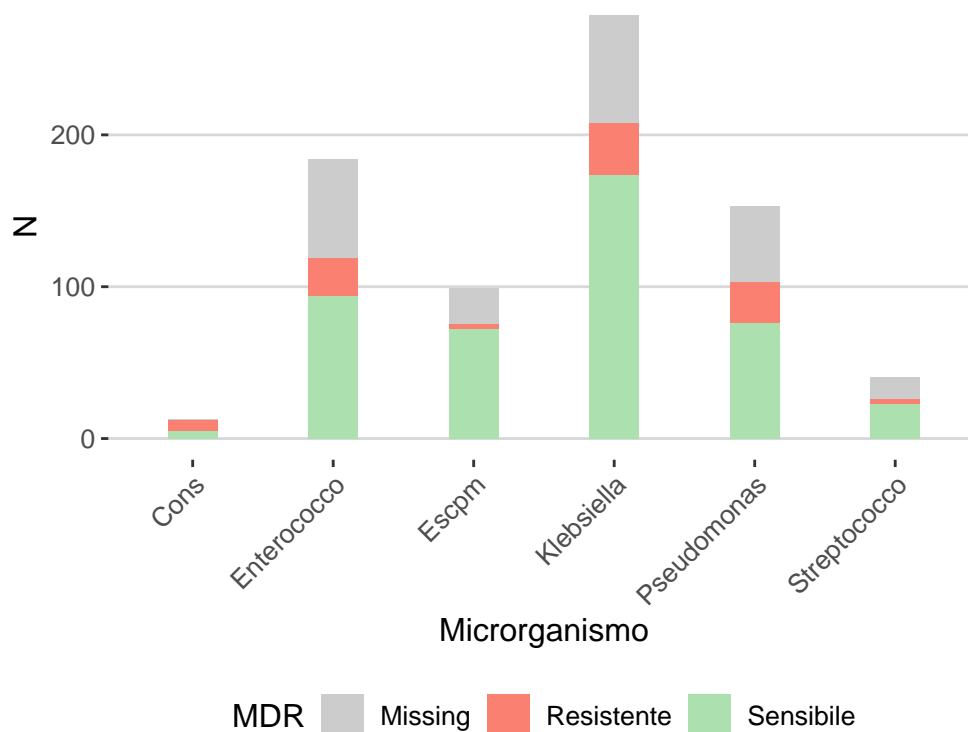
Altro enterobacterales	7	1.6	3	0	0
Serratia	22	5.0	12	2	16.7
Pseudomonas aeruginosa	81	18.5	42	8	19
Pseudomonas altra specie	4	0.9	1	0	0
Escherichia coli	78	17.8	38	0	0
Proteus	16	3.6	12	0	0
Acinetobacter	18	4.1	10	3	30
Emofilo	9	2.1	0	0	0
Citrobacter	11	2.5	6	0	0
Morganella	12	2.7	5	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>372</b>	<b>84.7</b>	<b>193</b>	<b>24</b>	<b>12.4</b>
Candida albicans	11	2.5	0	0	0
Candida glabrata	3	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>25</b>	<b>5.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.2			
Altro Virus	2	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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





Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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.

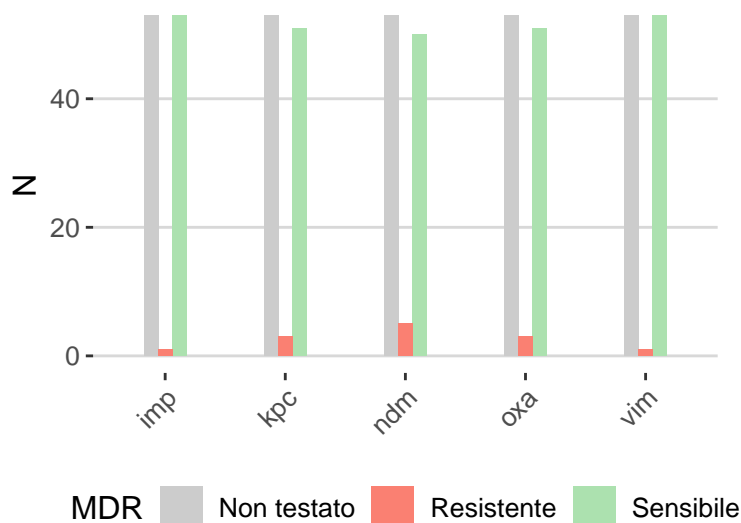
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	43	Ertapenem	8	18.60
Klebsiella pneumoniae	44	Meropenem	9	20.45
Enterobacter spp	9	Ertapenem	1	11.11
Serratia	12	Ertapenem	2	16.67
Serratia	12	Meropenem	1	8.33
Acinetobacter	10	Imipenem	2	20.00
Acinetobacter	10	Meropenem	3	30.00
Pseudomonas aeruginosa	42	Imipenem	8	19.05
Pseudomonas aeruginosa	42	Meropenem	4	9.52
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	45	Meticillina	6	13.33
Enterococco faecium	9	Vancomicina	1	11.11

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

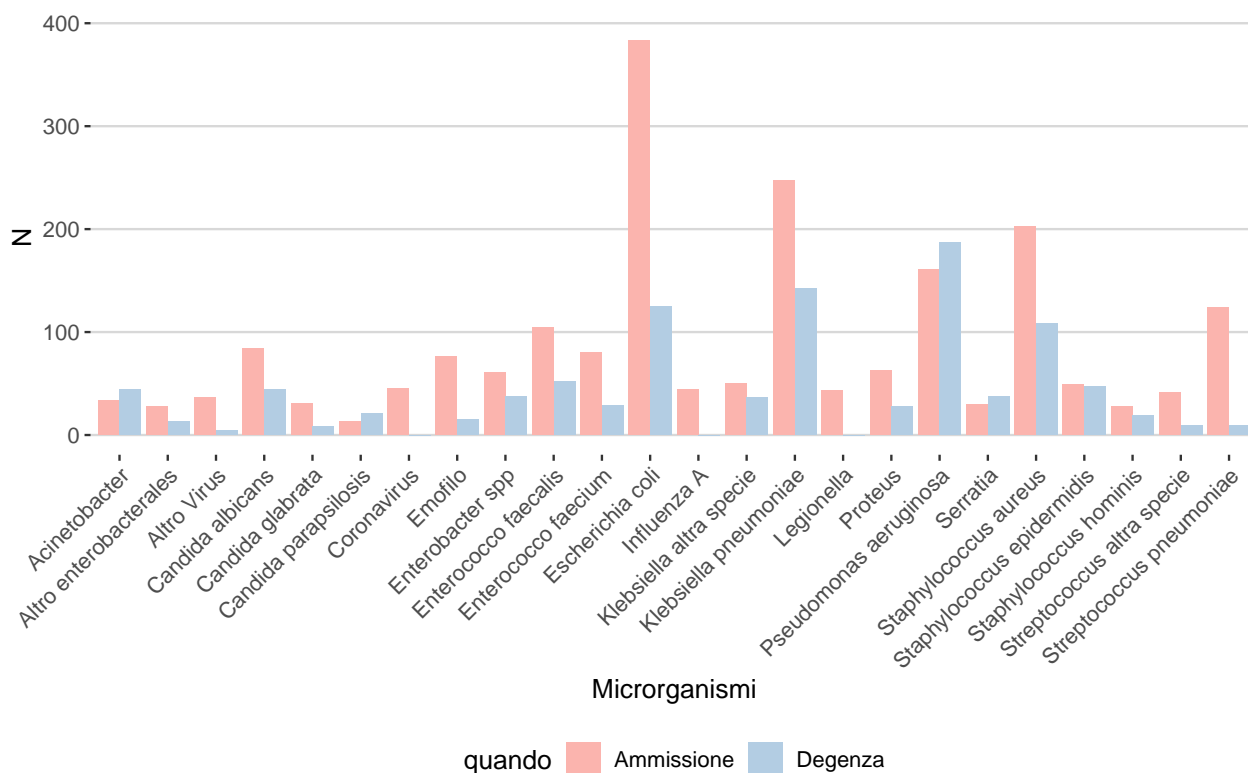
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	9	8.33
No	46	42.59
Non testato	53	49.07
Missing	135	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	7.7	53	53
kpc	3	23.1	51	53
ndm	5	38.5	50	53
oxa	3	23.1	51	53
vim	1	7.7	53	53



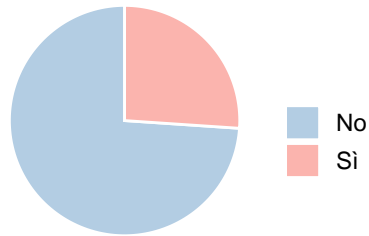
#### 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microorganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	78	34	43.6	44	56.4
Pseudomonas aeruginosa	348	161	46.3	187	53.7
Candida albicans	128	84	65.6	44	34.4
Coronavirus	45	45	100	0	0
Enterobacter spp	98	61	62.2	37	37.8
Staphylococcus epidermidis	96	49	51	47	49
Escherichia coli	508	383	75.4	125	24.6
Enterococco faecalis	156	104	66.7	52	33.3
Enterococco faecium	109	80	73.4	29	26.6
Candida glabrata	39	31	79.5	8	20.5
Emofilo	91	76	83.5	15	16.5
Staphylococcus hominis	47	28	59.6	19	40.4
Influenza A	44	44	100	0	0
Legionella	43	43	100	0	0
Altro enterobacterales	41	28	68.3	13	31.7
Klebsiella altra specie	86	50	58.1	36	41.9
Streptococcus altra specie	50	41	82	9	18
Altro Virus	40	36	90	4	10
Candida parapsilosis	34	13	38.2	21	61.8
Klebsiella pneumoniae	389	247	63.5	142	36.5
Streptococcus pneumoniae	133	124	93.2	9	6.8
Proteus	91	63	69.2	28	30.8
Serratia	67	30	44.8	37	55.2
Staphylococcus aureus	311	203	65.3	108	34.7

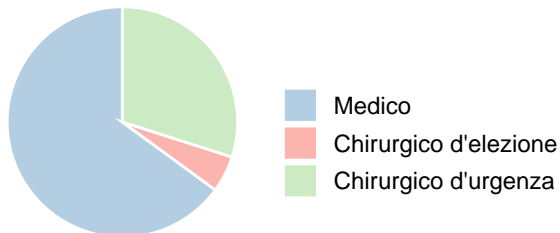
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 234)

### 11.1 Trauma



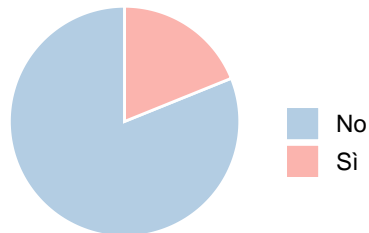
Trauma	N	%
No	173	73.9
Si	61	26.1
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



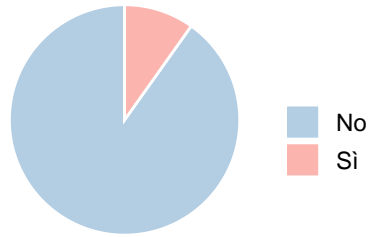
Stato chirurgico	N	%
Medico	152	65.0
Chirurgico d'elezione	12	5.1
Chirurgico d'urgenza	70	29.9
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



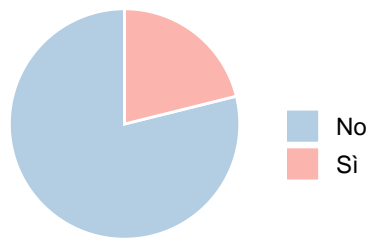
Batteriémica	N	%
No	189	81.1
Si	44	18.9
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



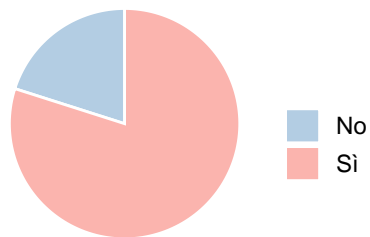
Infezione multisito	N	%
No	211	90.2
Si	23	9.8
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	183	78.9
Si	49	21.1
Missing	2	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) \*

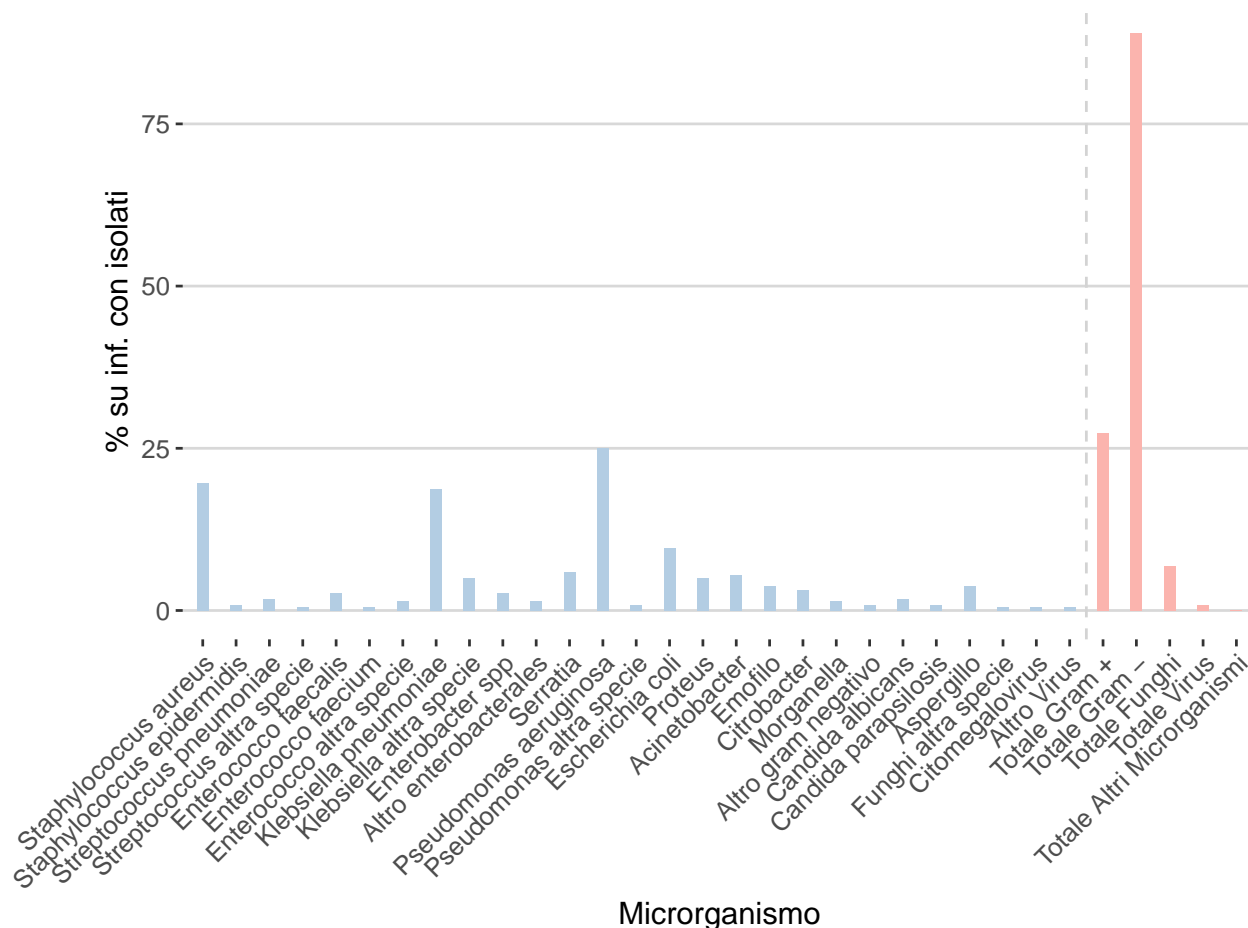


Polmonite associata a VAP	N	%
No	47	20.1
Si	187	79.9
Missing	0	0

\* 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

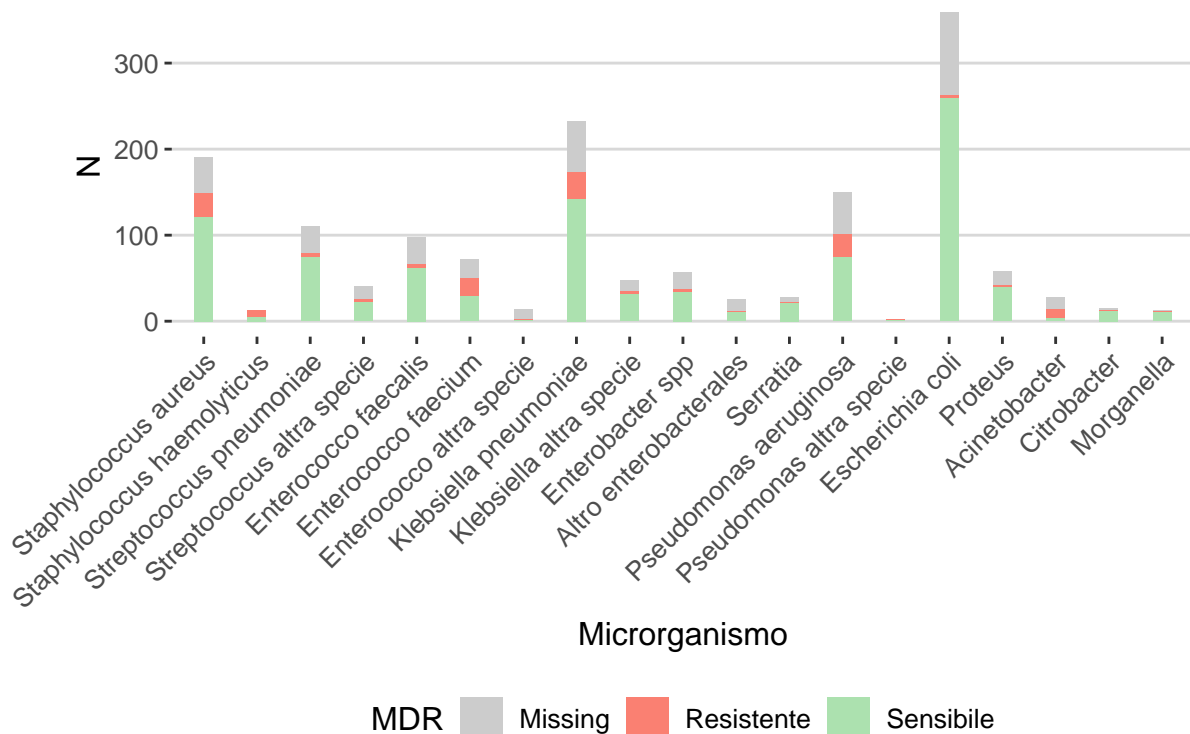
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	43	19.6	20	4	20
Staphylococcus epidermidis	2	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.8	4	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.5	1	0	0
Enterococcus faecalis	6	2.7	4	0	0
Enterococcus faecium	1	0.5	0	0	0
Enterococcus altra specie	3	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>60</b>	<b>27.4</b>	<b>29</b>	<b>4</b>	<b>13.8</b>
Klebsiella pneumoniae	41	18.7	22	6	27.3
Klebsiella altra specie	11	5.0	6	0	0
Enterobacter spp	6	2.7	1	0	0
Altro enterobacterales	3	1.4	1	0	0
Serratia	13	5.9	8	1	12.5

Pseudomonas aeruginosa	55	25.1	32	6	18.8
Pseudomonas altra specie	2	0.9	1	0	0
Escherichia coli	21	9.6	10	0	0
Proteus	11	5.0	9	0	0
Acinetobacter	12	5.5	6	2	33.3
Emofilo	8	3.7	0	0	0
Citrobacter	7	3.2	4	0	0
Morganella	3	1.4	2	0	0
Altro gram negativo	2	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>195</b>	<b>89.0</b>	<b>102</b>	<b>15</b>	<b>14.7</b>
Candida albicans	4	1.8	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	8	3.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>15</b>	<b>6.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.5			
Altro Virus	1	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

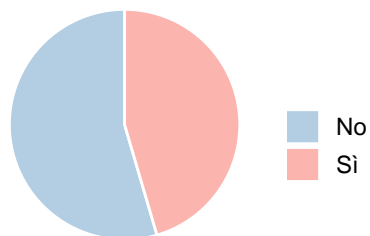
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

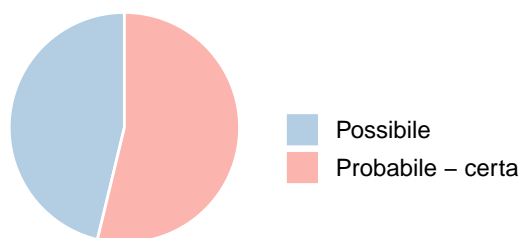
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 187)

### 12.1 VAP precoce



VAP precoce	N	%
No	102	54.5
Sì	85	45.5
Missing	0	0

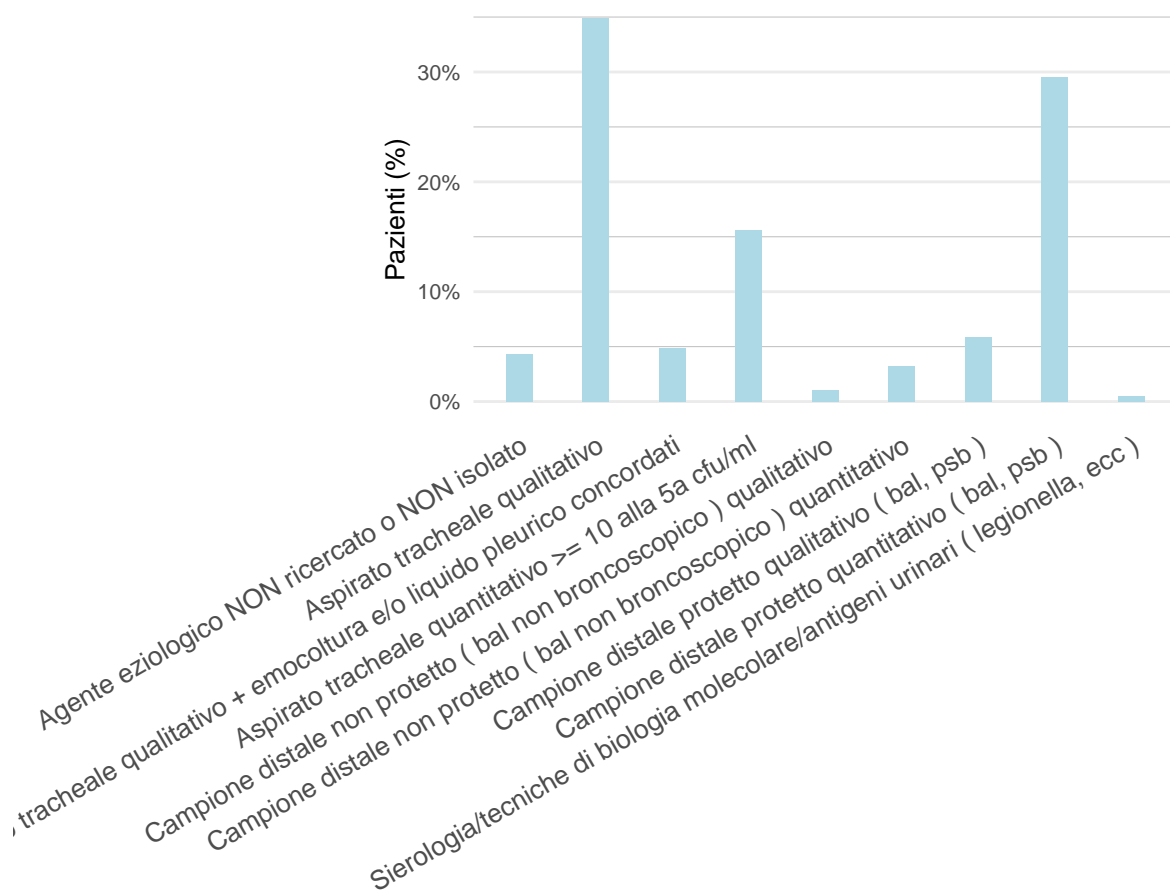
### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	86	46.2
Probabile - certa	100	53.8
Missing	111	0



## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

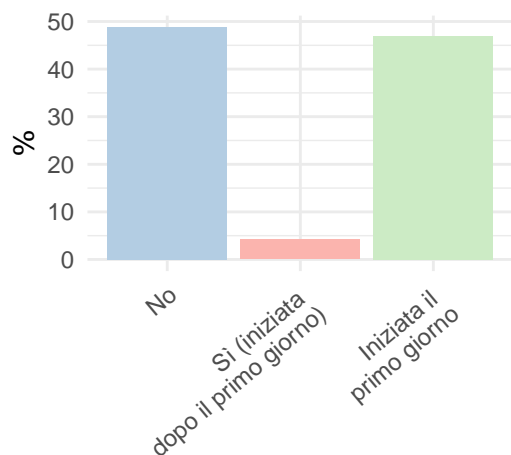


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	1	0.5
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	6	3.2
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	2	1.1
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	11	5.9
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	55	29.6
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	29	15.6
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	9	4.8
Aspirato tracheale qualitativo	65	34.9
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	8	4.3
Missing	111	0

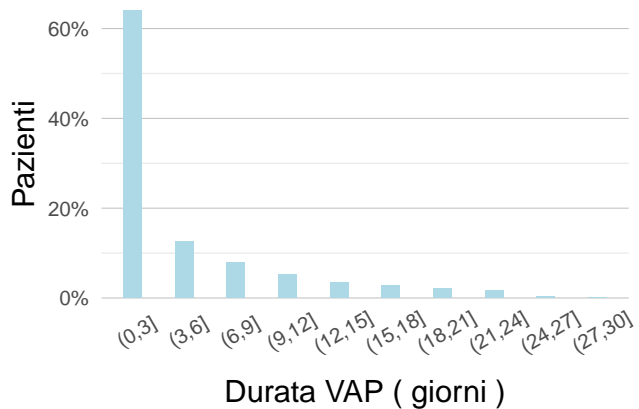
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 7271 )

## 12.4.1 Ventilazione invasiva



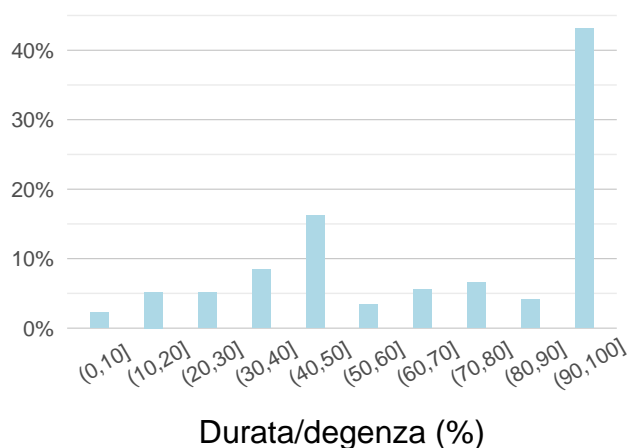
Ventilazione invasiva	N	%
No	3536	48.8
Sì	3705	51.2
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>3418</b>	<b>47.0</b>
Missing	30	0.0

## 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



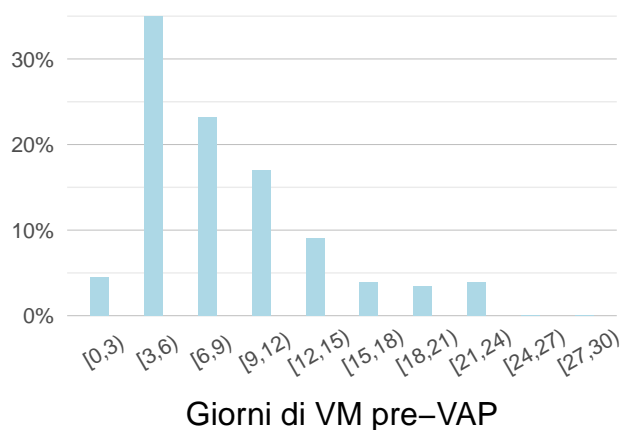
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.2 (9.4)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	3

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	70.3 (30.3)
Mediana (Q1-Q3)	75 (50-100)
Missing	4

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	187
Media (DS)	9.1 (7.1)
Mediana (Q1-Q3)	7 (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	9.4	6.6 %
CI ( 95% )	8.1 - 10.9	5.7 - 7.6

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.

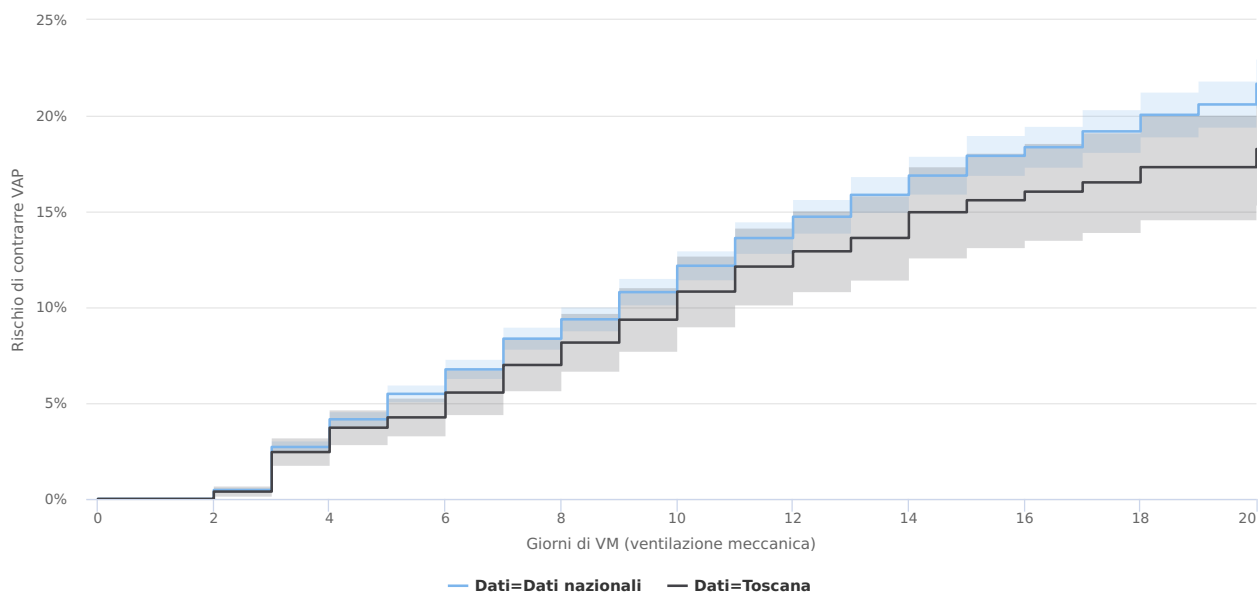
Il secondo invece:

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

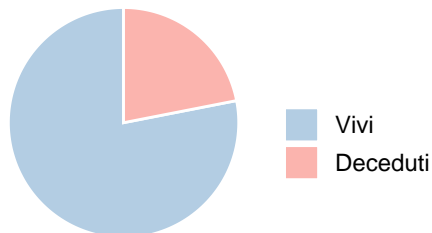
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

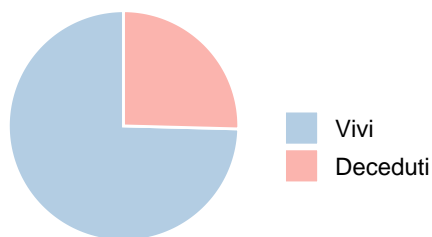


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	146	78.1
Deceduti	41	21.9
Missing	0	0

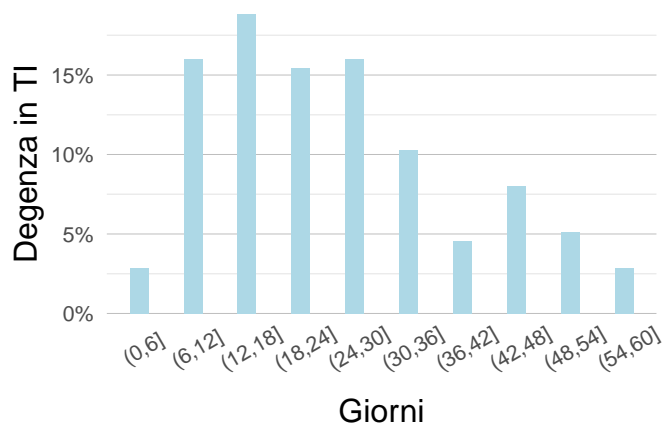
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	135	74.6
Deceduti	46	25.4
Missing	2	0

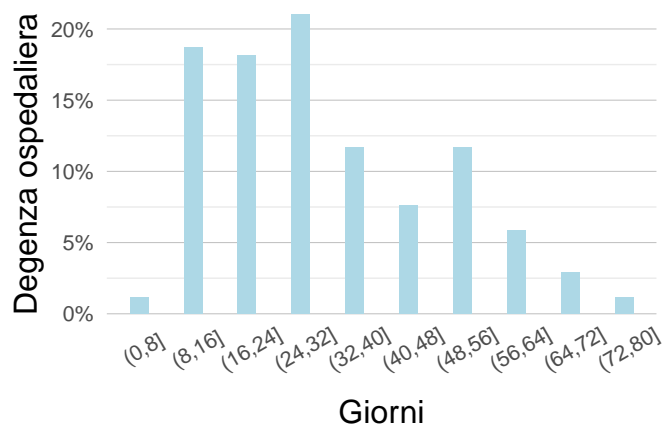
\* Statistiche calcolate su 183 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.5 (17.6)
Mediana (Q1-Q3)	25 (14-37.5)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.3 (20.8)
Mediana (Q1-Q3)	31 (20-49)
Missing	2

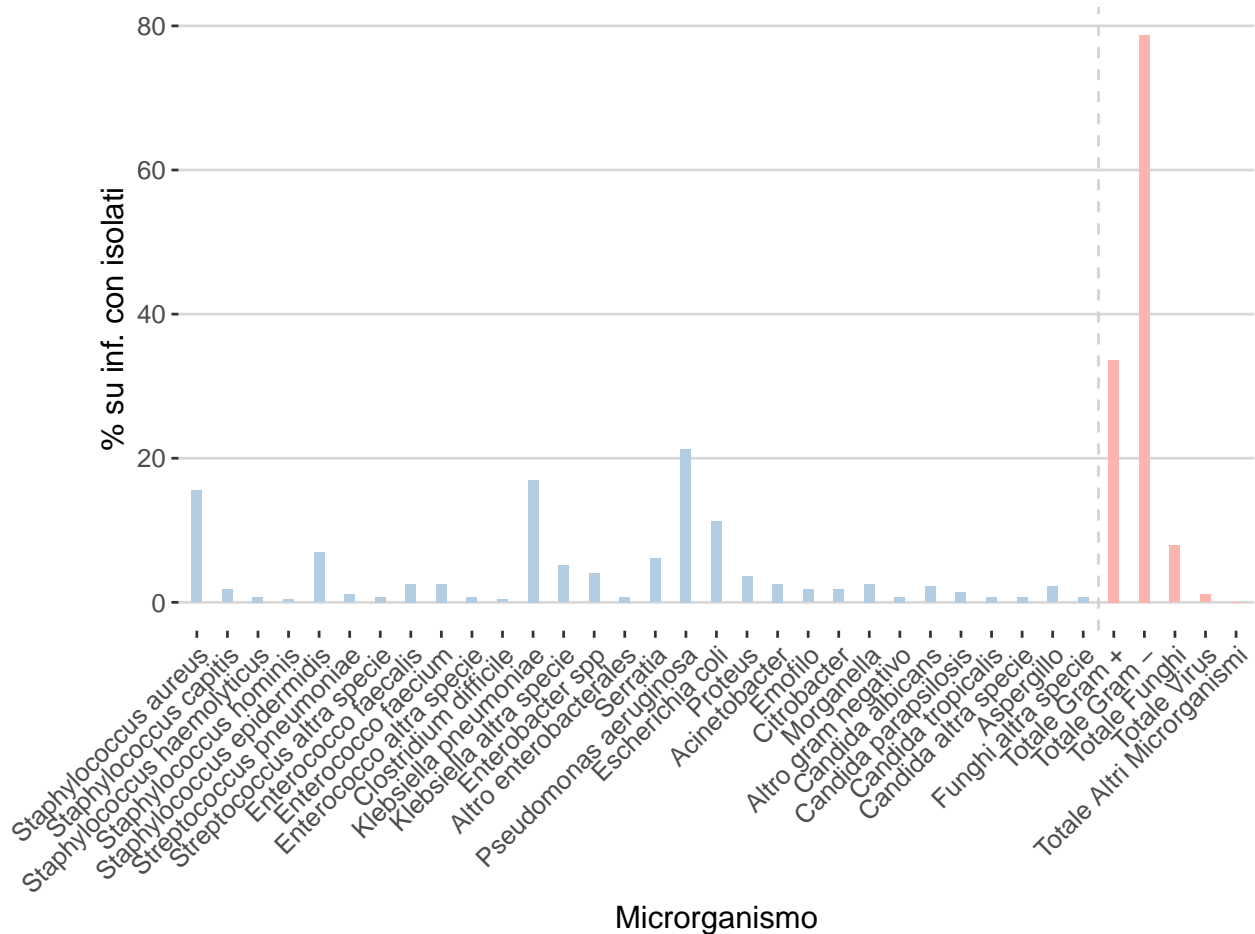
\* Statistiche calcolate su 183 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 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	23	7.7
Sì	274	92.3
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>297</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>343</b>	

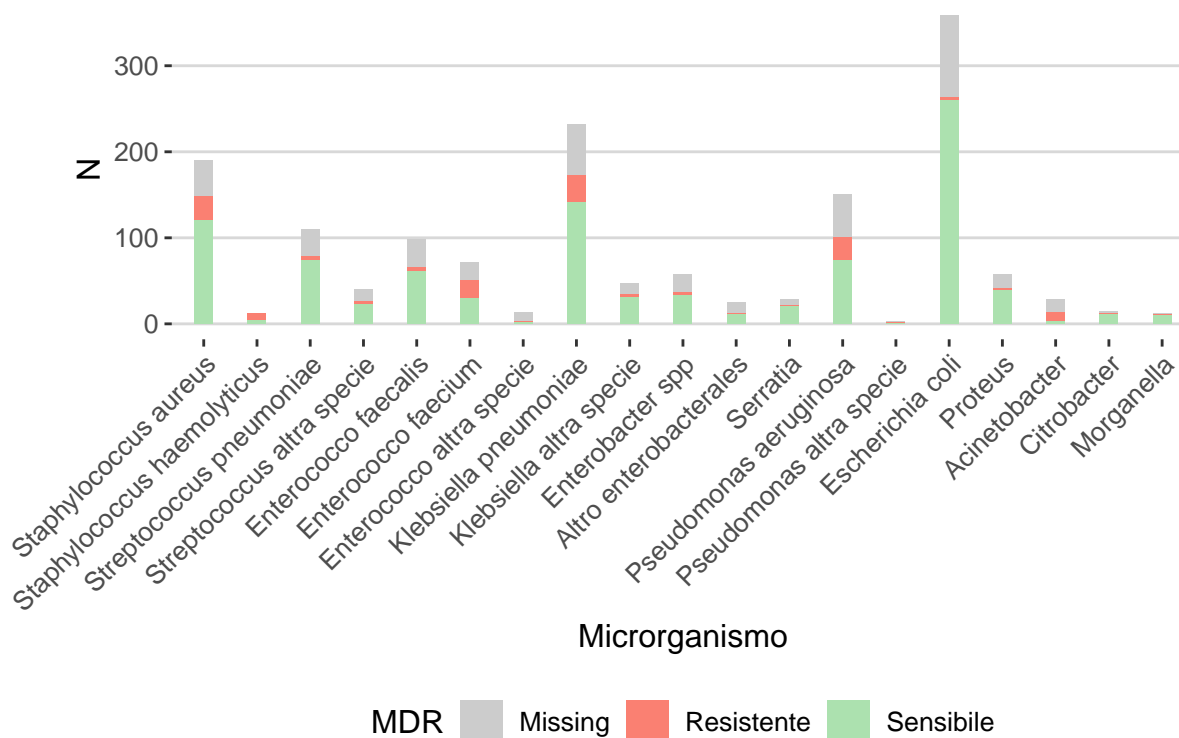
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	43	15.5	19	3	15.8
Staphylococcus capitis	5	1.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.7	2	1	50

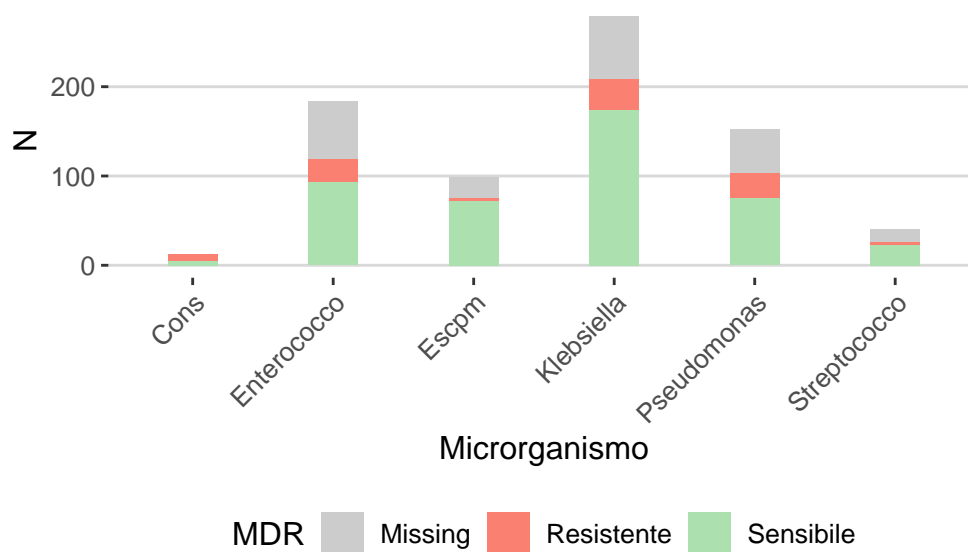
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	19	6.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.1	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.7	1	0	0
Enterococco faecalis	7	2.5	5	0	0
Enterococco faecium	7	2.5	5	2	40
Enterococco altra specie	2	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.4	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>93</b>	<b>33.6</b>	<b>35</b>	<b>6</b>	<b>17.1</b>
Klebsiella pneumoniae	47	17.0	24	7	29.2
Klebsiella altra specie	14	5.1	8	0	0
Enterobacter spp	11	4.0	5	1	20
Altro enterobacterales	2	0.7	1	0	0
Serratia	17	6.1	11	1	9.1
Pseudomonas aeruginosa	59	21.3	35	9	25.7
Pseudomonas altra specie	1	0.4	0	0	0
Escherichia coli	31	11.2	12	0	0
Proteus	10	3.6	8	0	0
Acinetobacter	7	2.5	6	2	33.3
Emofilo	5	1.8	0	0	0
Citrobacter	5	1.8	4	0	0
Morganella	7	2.5	2	0	0
Altro gram negativo	2	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>218</b>	<b>78.7</b>	<b>116</b>	<b>20</b>	<b>17.2</b>
Candida albicans	6	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	4	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.7	0	0	0
Candida altra specie	2	0.7	0	0	0
Aspergillo	6	2.2	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>22</b>	<b>7.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.4			
Herpes simplex	1	0.4			
Altro Virus	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Candida auris*, *Candida* specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24



Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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

### 12.11.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

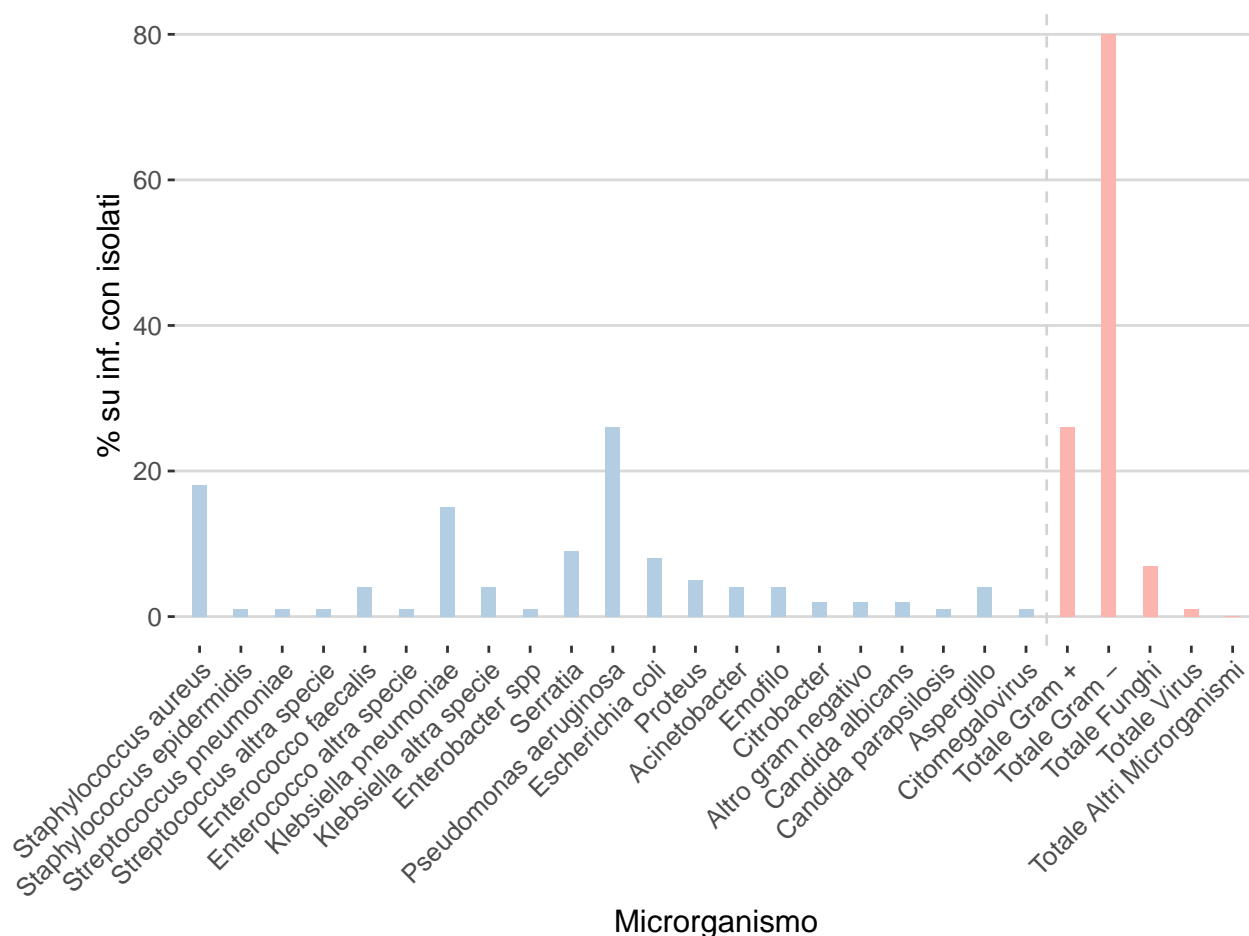
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	23	Ertapenem	3	13.04
Klebsiella pneumoniae	24	Meropenem	5	20.83
Enterobacter spp	5	Ertapenem	1	20.00
Serratia	10	Ertapenem	1	10.00
Acinetobacter	6	Meropenem	2	33.33
Pseudomonas aeruginosa	34	Imipenem	9	26.47
Pseudomonas aeruginosa	35	Meropenem	3	8.57
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	19	Meticillina	3	15.79
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	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	100	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>100</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>117</b>	

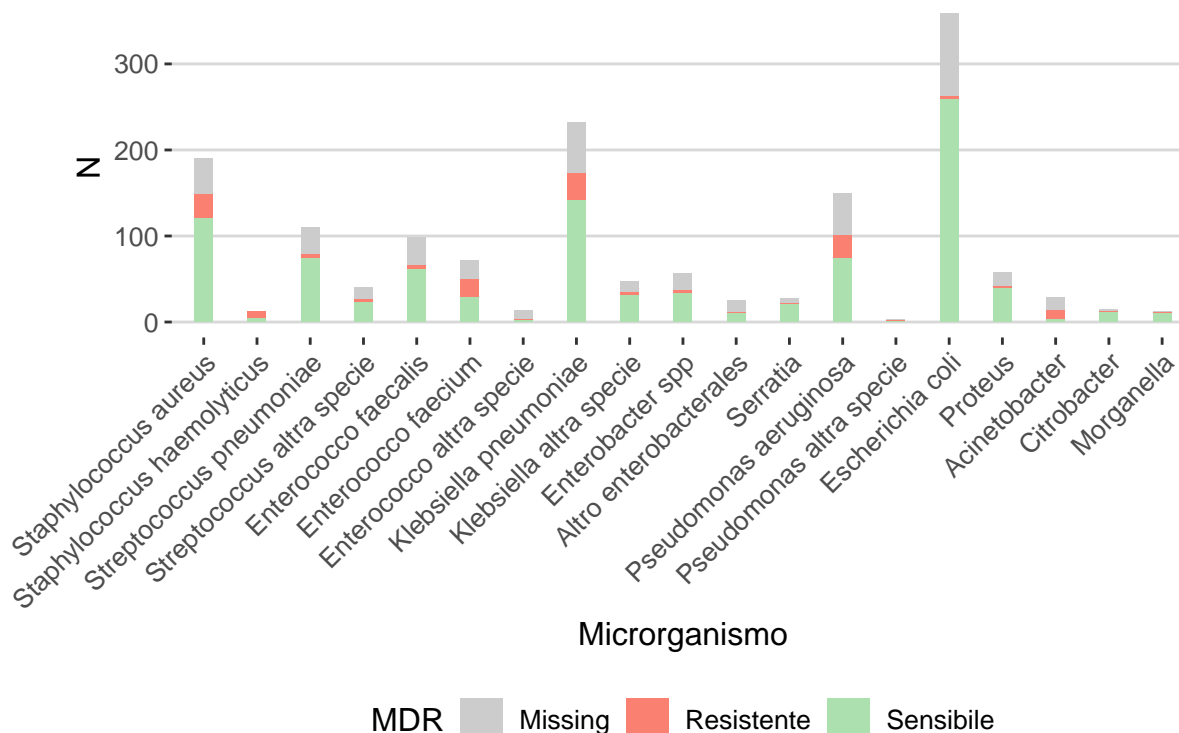
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	18	10	3	30
Staphylococcus epidermidis	1	1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	1	1	0	0
Enterococco faecalis	4	4	4	0	0
Enterococco altra specie	1	1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>26</b>	<b>26</b>	<b>16</b>	<b>3</b>	<b>18.8</b>
Klebsiella pneumoniae	15	15	7	3	42.9
Klebsiella altra specie	4	4	3	0	0
Enterobacter spp	1	1	1	0	0
Serratia	9	9	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	26	26	18	5	27.8
Escherichia coli	8	8	6	0	0
Proteus	5	5	5	0	0
Acinetobacter	4	4	3	2	66.7
Emofilo	4	4	0	0	0
Citrobacter	2	2	2	0	0
Altro gram negativo	2	2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>80</b>	<b>80</b>	<b>50</b>	<b>11</b>	<b>22</b>
Candida albicans	2	2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1	0	0	0

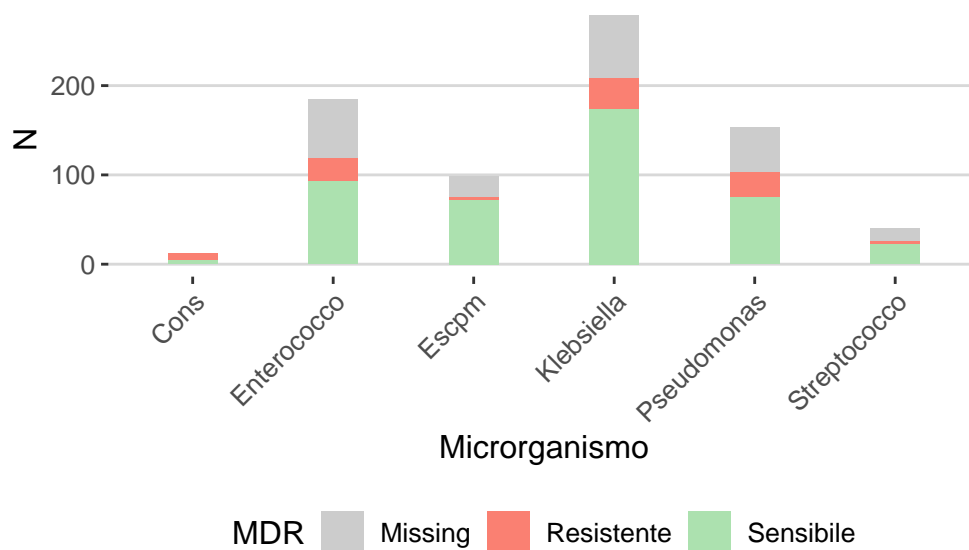
Aspergillo	4	4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	1	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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.

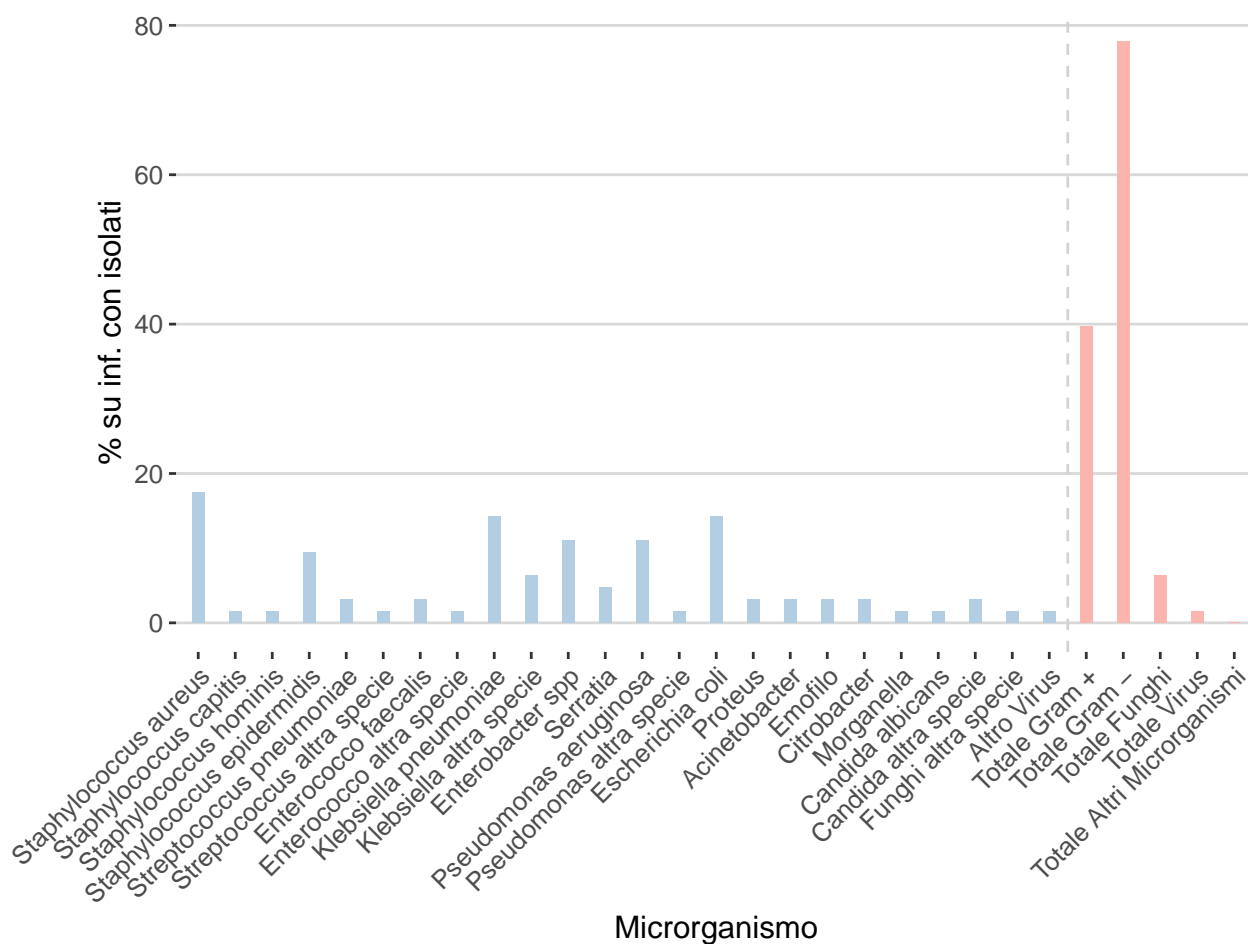
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	7	Ertapenem	2	28.57
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	2	28.57
Serratia	5	Ertapenem	1	20.00
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	5	29.41
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	2	11.11
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	3	30.00

### 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	4.8
Sì	60	95.2
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>63</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>81</b>	

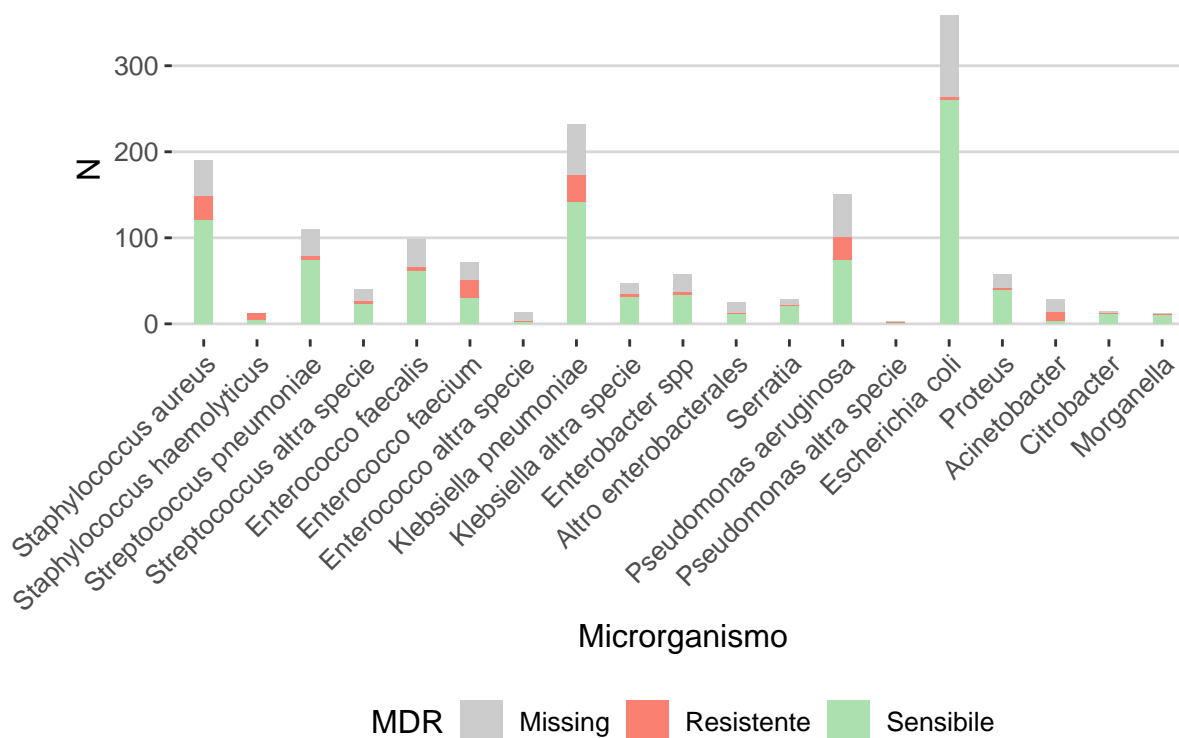
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	17.5	5	1	20

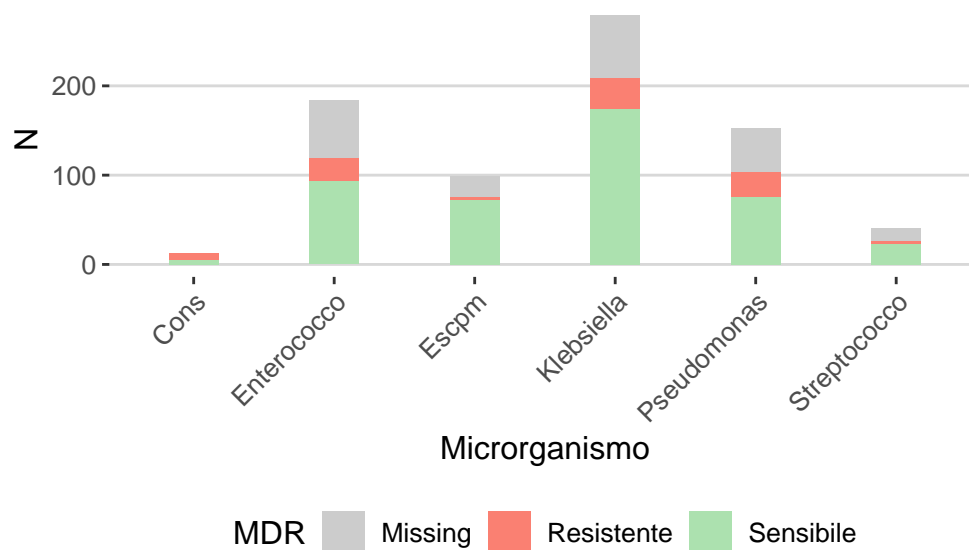
Staphylococcus capitis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	9.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	3.2	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.6	0	0	0
Enterococco faecalis	2	3.2	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>39.7</b>	<b>8</b>	<b>1</b>	<b>12.5</b>
Klebsiella pneumoniae	9	14.3	4	2	50
Klebsiella altra specie	4	6.3	2	0	0
Enterobacter spp	7	11.1	2	0	0
Serratia	3	4.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	11.1	5	2	40
Pseudomonas altra specie	1	1.6	0	0	0
Escherichia coli	9	14.3	6	0	0
Proteus	2	3.2	0	0	0
Acinetobacter	2	3.2	2	1	50
Emofilo	2	3.2	0	0	0
Citrobacter	2	3.2	2	0	0
Morganella	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>49</b>	<b>77.8</b>	<b>24</b>	<b>5</b>	<b>20.8</b>
Candida albicans	1	1.6	0	0	0
Candida altra specie	2	3.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>6.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	1	1.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65

Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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

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

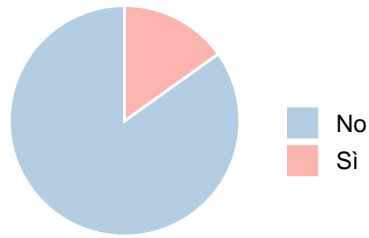
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	2	50
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	2	40
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	1	20
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20



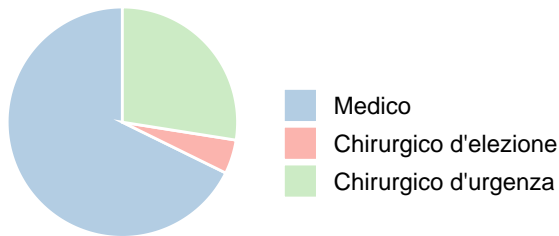
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 251)

### 13.1 Trauma



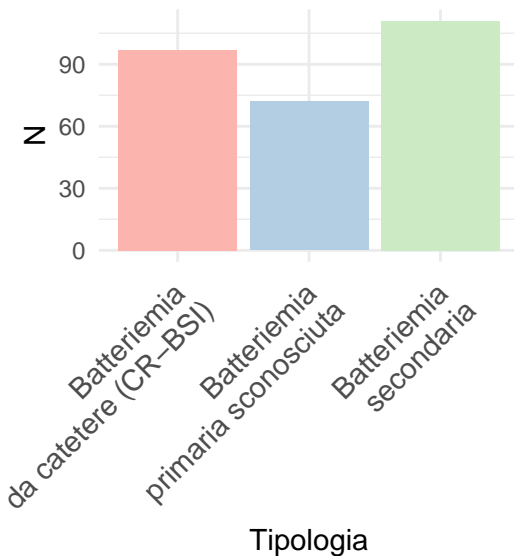
Trauma	N	%
No	213	84.9
Si	38	15.1
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



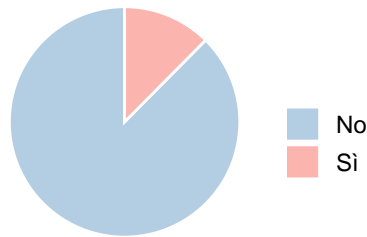
Stato chirurgico	N	%
Medico	170	67.7
Chirurgico d'elezione	12	4.8
Chirurgico d'urgenza	69	27.5
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	72	25.7
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	97	34.6
Batteriemia secondaria	111	39.6
Missing	0	0.0

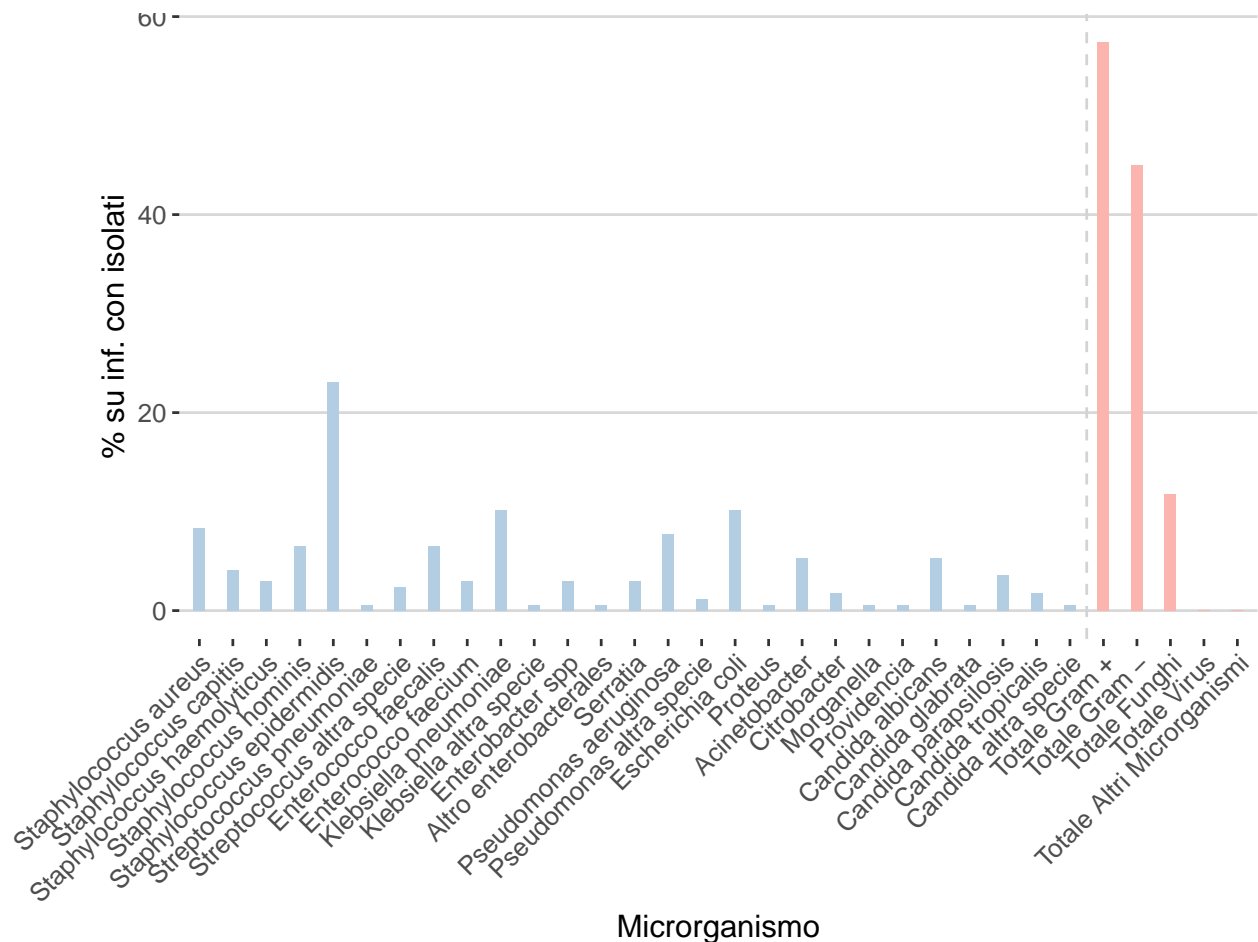
## 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	148	87.6
Si	21	12.4
Missing	0	0

## 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

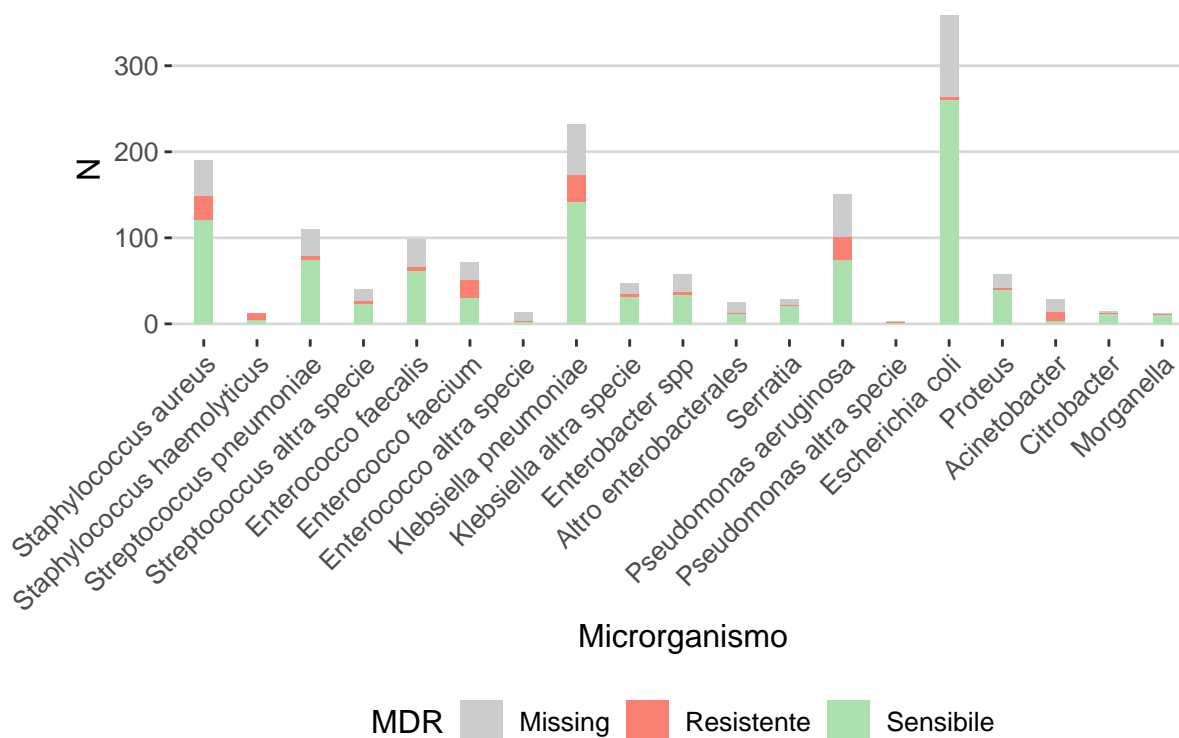
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	8.3	9	3	33.3
Staphylococcus capitis	7	4.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	3.0	4	3	75

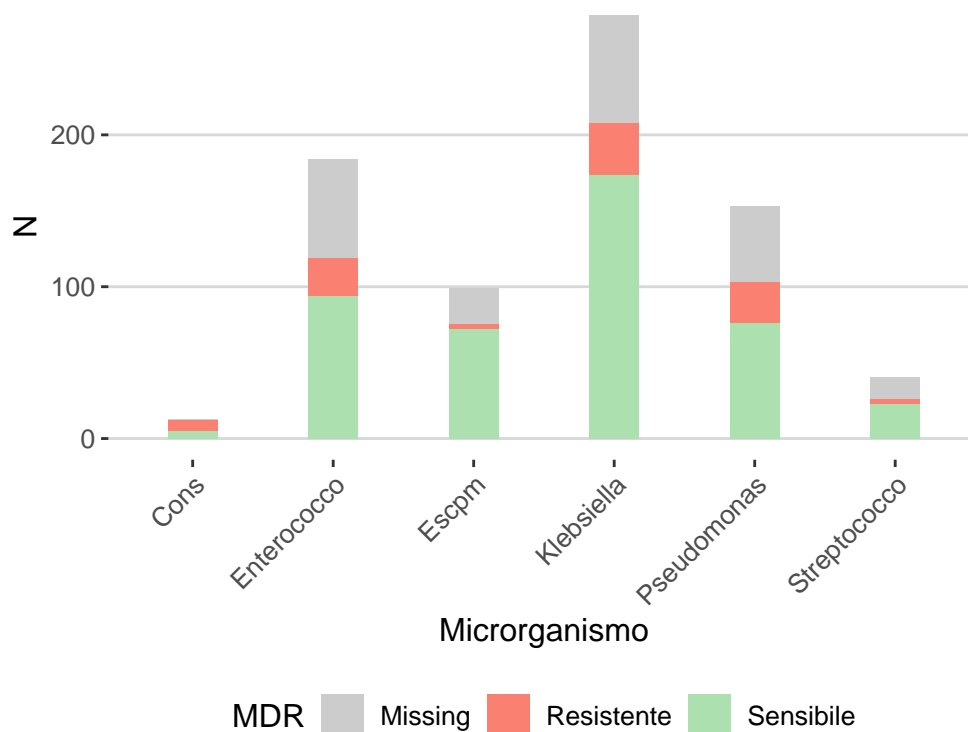
Staphylococcus hominis	11	6.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	39	23.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	4	2.4	3	0	0
Enterococco faecalis	11	6.5	5	0	0
Enterococco faecium	5	3.0	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>97</b>	<b>57.4</b>	<b>24</b>	<b>6</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	17	10.1	7	2	28.6
Klebsiella altra specie	1	0.6	0	0	0
Enterobacter spp	5	3.0	4	1	25
Altro enterobacterales	1	0.6	1	0	0
Serratia	5	3.0	5	2	40
Pseudomonas aeruginosa	13	7.7	7	1	14.3
Pseudomonas altra specie	2	1.2	0	0	0
Escherichia coli	17	10.1	6	0	0
Proteus	1	0.6	0	0	0
Acinetobacter	9	5.3	5	2	40
Citrobacter	3	1.8	2	0	0
Morganella	1	0.6	0	0	0
Providencia	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>76</b>	<b>45.0</b>	<b>37</b>	<b>8</b>	<b>21.6</b>
Candida albicans	9	5.3	0	0	0
Candida glabrata	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	6	3.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.8	0	0	0
Candida altra specie	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>11.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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	7	Meropenem	2	28.57
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Serratia	5	Ertapenem	2	40.00
Serratia	5	Meropenem	1	20.00
Acinetobacter	5	Imipenem	1	20.00
Acinetobacter	5	Meropenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	7	Imipenem	1	14.29
Pseudomonas aeruginosa	7	Meropenem	1	14.29
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	3	75.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	3	33.33

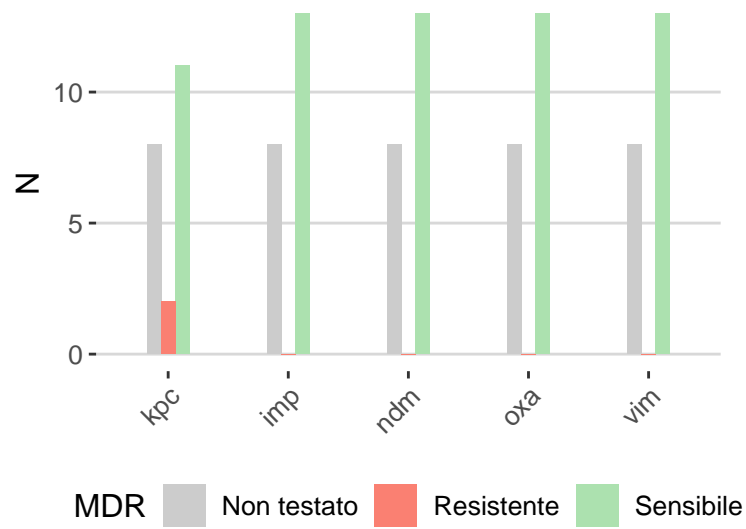
### 13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

	N	%
Sì	2	9.52
No	11	52.38
Non testato	8	38.1
Missing	34	

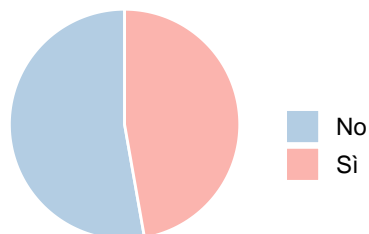
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	8
kpc	2	100	11	8

ndm	0	0	13	8
oxa	0	0	13	8
vim	0	0	13	8



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

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	38	52.8
Sì	34	47.2
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.6	1.2 %
CI ( 95% )	1.3 - 2.1	0.9 - 1.5

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

Il primo:

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

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

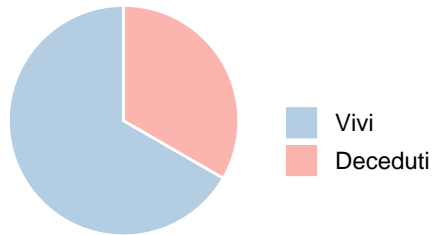
Il secondo:

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

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

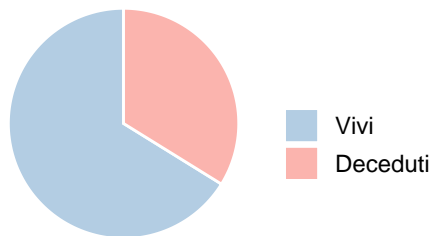
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



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

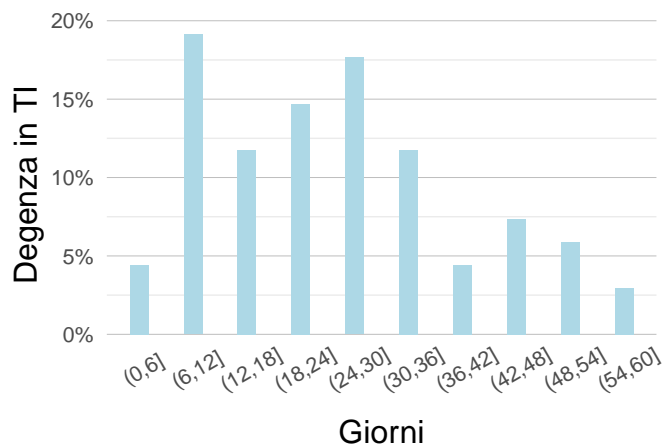
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	45	66.2
Deceduti	23	33.8
Missing	1	0

\* Statistiche calcolate su 69 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

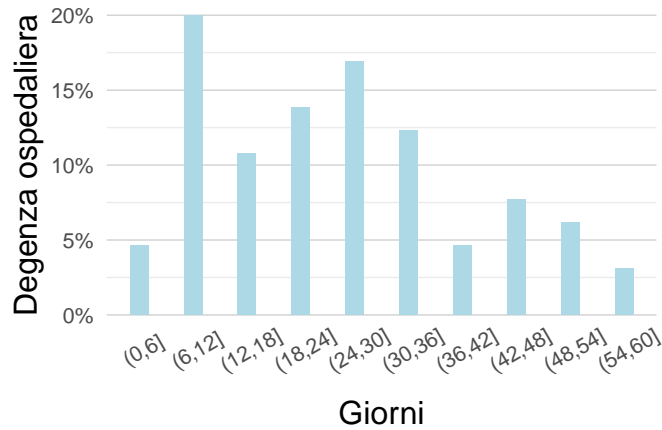
### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.8 (17.3)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (13-36.2)
Missing	0



### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*



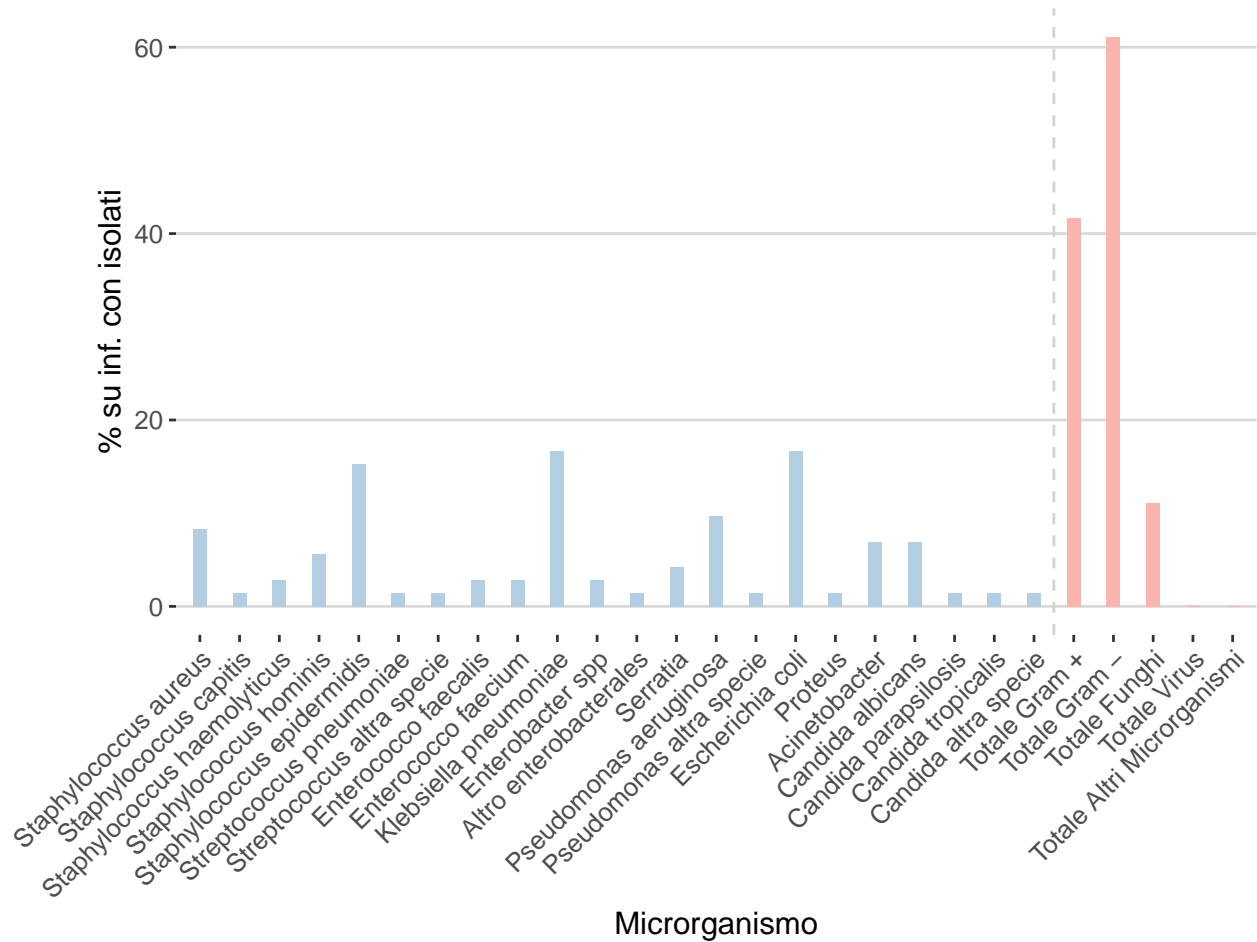
Indicatore	Valore
Media (DS)	35.4 (16.7)
Mediana (Q1-Q3)	32 (23.8-45)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 69 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

### 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.

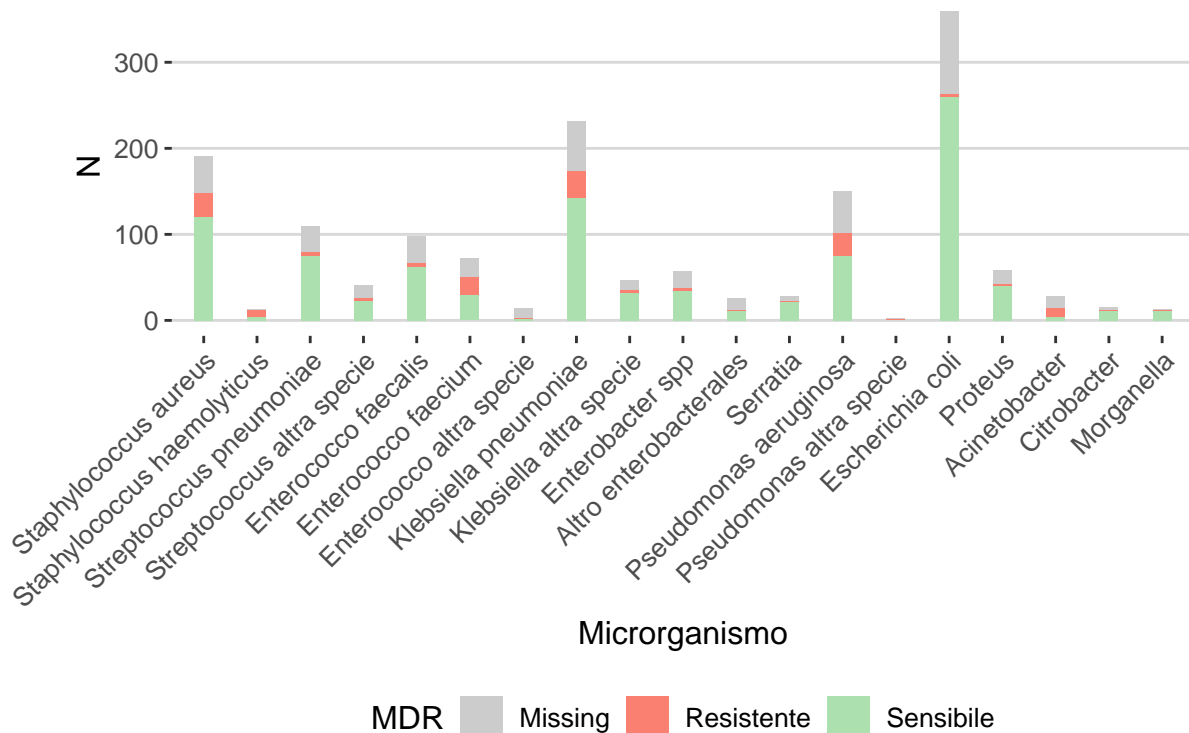
14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 72)



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	8.3	2	0	0
Staphylococcus capitis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.8	1	0	0
Staphylococcus hominis	4	5.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	11	15.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.4	1	0	0
Enterococco faecalis	2	2.8	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.8	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>30</b>	<b>41.7</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	12	16.7	5	2	40
Enterobacter spp	2	2.8	2	1	50
Altro enterobacteriales	1	1.4	1	0	0
Serratia	3	4.2	3	2	66.7
Pseudomonas aeruginosa	7	9.7	3	1	33.3
Pseudomonas altra specie	1	1.4	0	0	0
Escherichia coli	12	16.7	5	0	0
Proteus	1	1.4	0	0	0
Acinetobacter	5	6.9	4	2	50
<b>Totale Gram -</b>	<b>44</b>	<b>61.1</b>	<b>23</b>	<b>8</b>	<b>34.8</b>
Candida albicans	5	6.9	0	0	0

Candida parapsilosis	1	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Candida altra specie	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>8</b>	<b>11.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

#### 14.7.1 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40.00
Enterobacter spp	2	Ertapenem	1	50.00
Serratia	3	Ertapenem	2	66.67
Serratia	3	Meropenem	1	33.33
Acinetobacter	4	Imipenem	1	25.00
Acinetobacter	4	Meropenem	2	50.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33

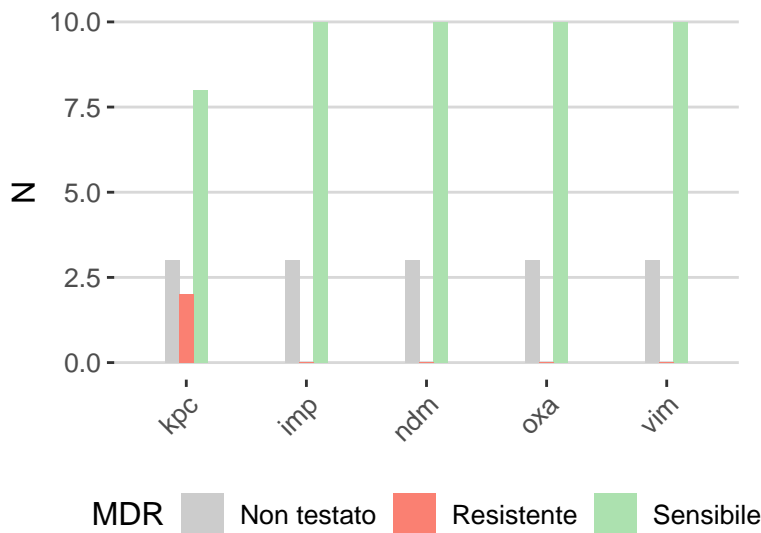
Pseudomonas aeruginosa 3 Meropenem 1 33.33

### 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.

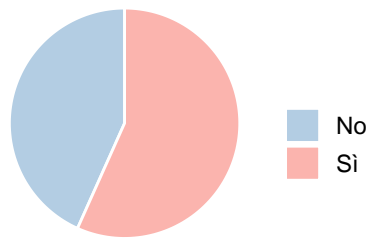
	N	%
Sì	2	15.38
No	8	61.54
Non testato	3	23.08
Missing	18	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	10	3
kpc	2	100	8	3
ndm	0	0	10	3
oxa	0	0	10	3
vim	0	0	10	3



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 97)

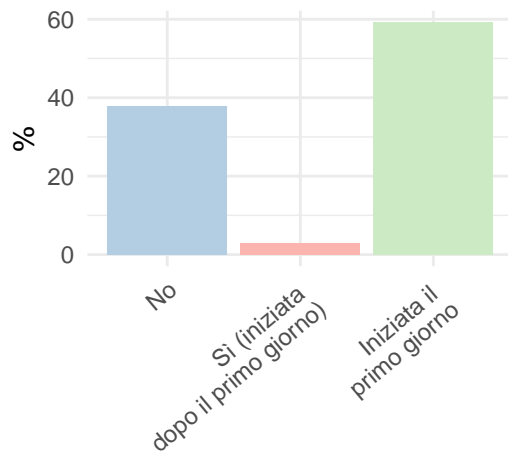
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	42	43.3
Sì	55	56.7
Missing	0	0

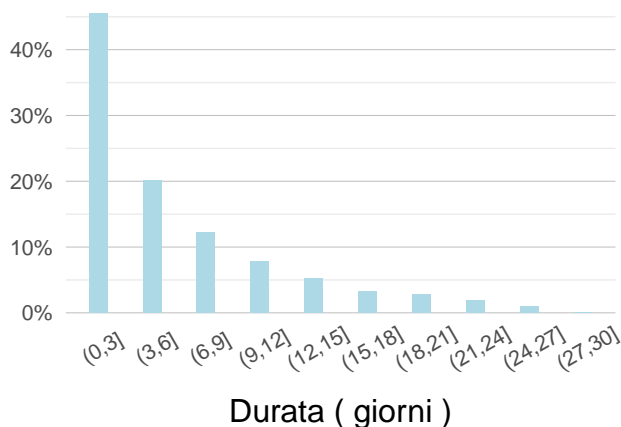
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 7271 )



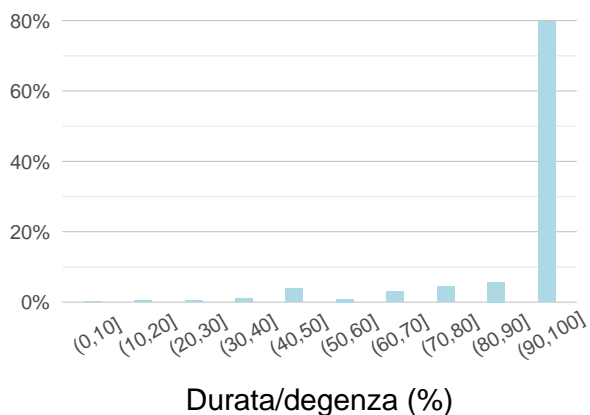
Cvc	N	%
No	2747	37.9
Sì	4494	62.1
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>4307</b>	<b>59.2</b>
Missing	30	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



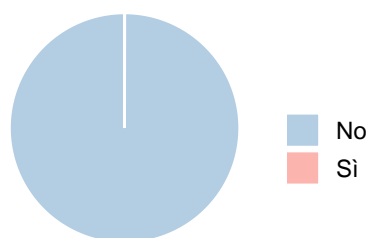
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.8 (9.6)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	3

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



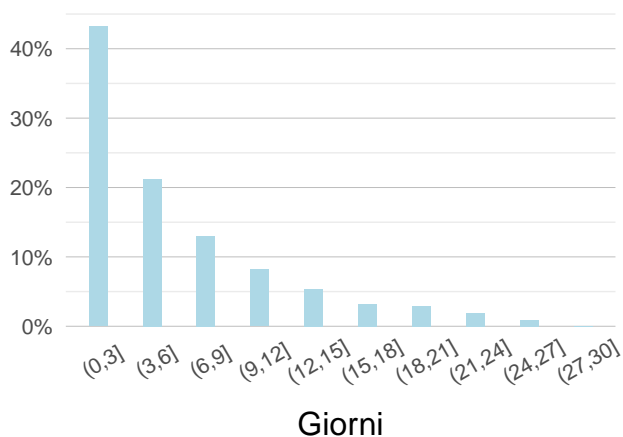
Indicatore	Valore
Media (DS)	92.9 (16.0)
Mediana (Q1-Q3)	100 (96.8-100)
Missing	7

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 7271 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	7240	100.0
Si	1	0.0
Missing	30	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	92
Media (DS)	11.3 (10.2)
Mediana (Q1-Q3)	9 (4-16)
Missing	5

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	2.8	2.0 %
CI ( 95% )	2.3 - 3.4	1.6 - 2.4

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

Il primo:

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

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

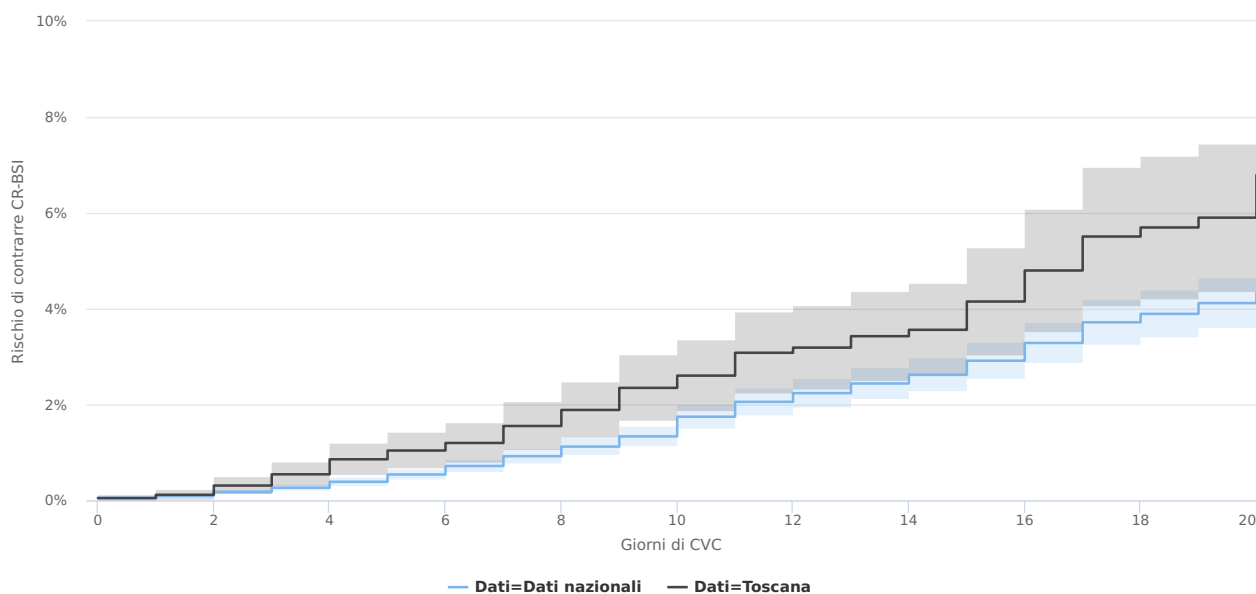
Il secondo invece:

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

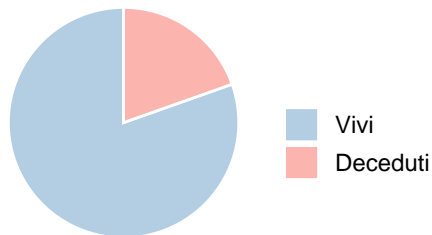
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

## 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

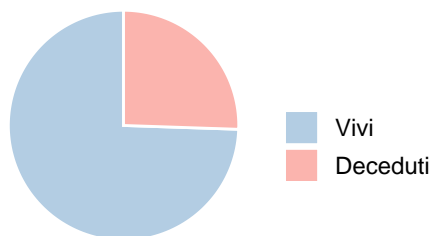


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	78	80.4
Deceduti	19	19.6
Missing	0	0

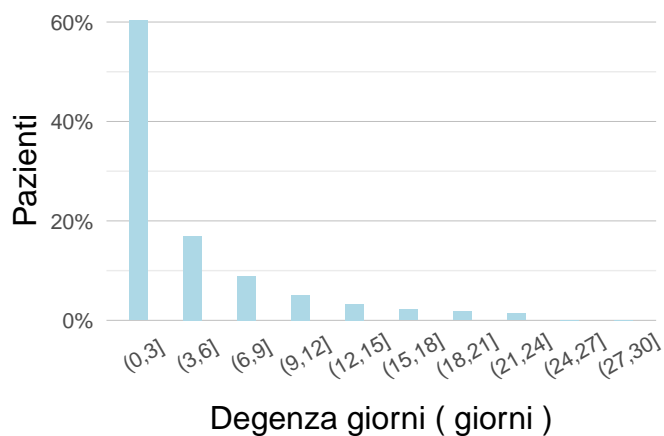
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	70	74.5
Deceduti	24	25.5
Missing	2	0

\* Statistiche calcolate su 96 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

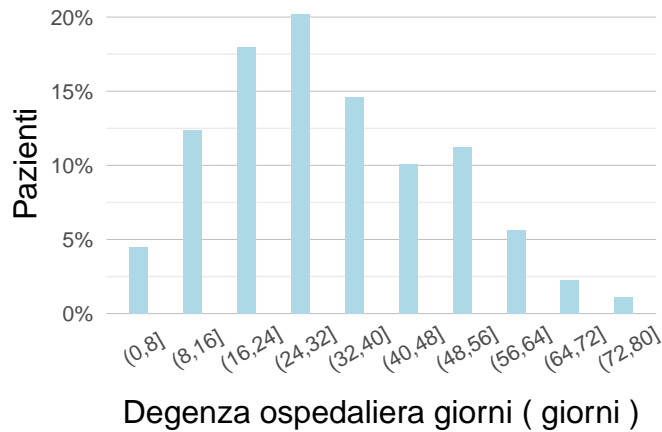
### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.3 (18.0)
Mediana (Q1-Q3)	26 (16-36)
Missing	0



### 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.2 (22.0)
Mediana (Q1-Q3)	31 (20.2-48)
Missing	2

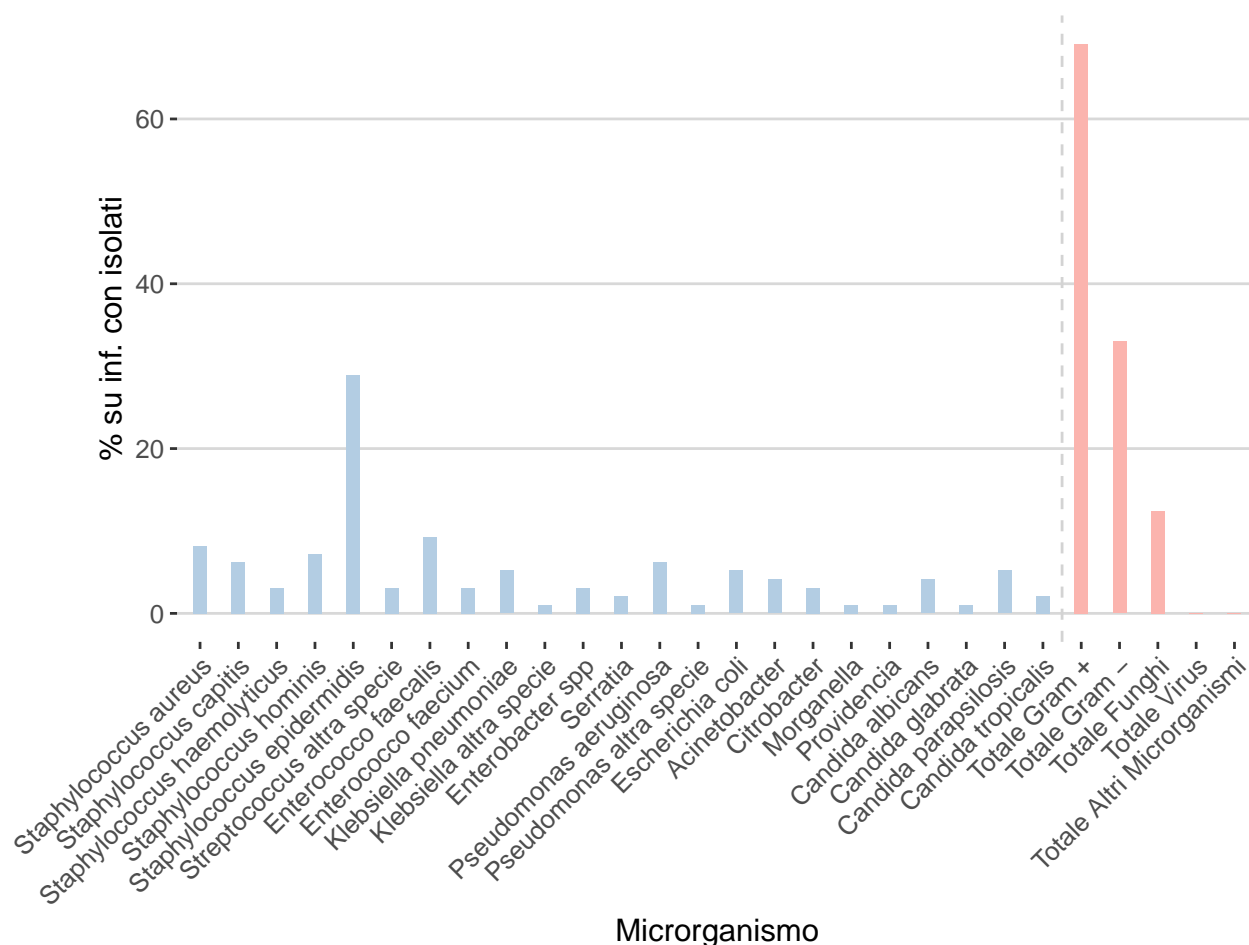
\* Statistiche calcolate su 96 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 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	97	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>97</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>113</b>	

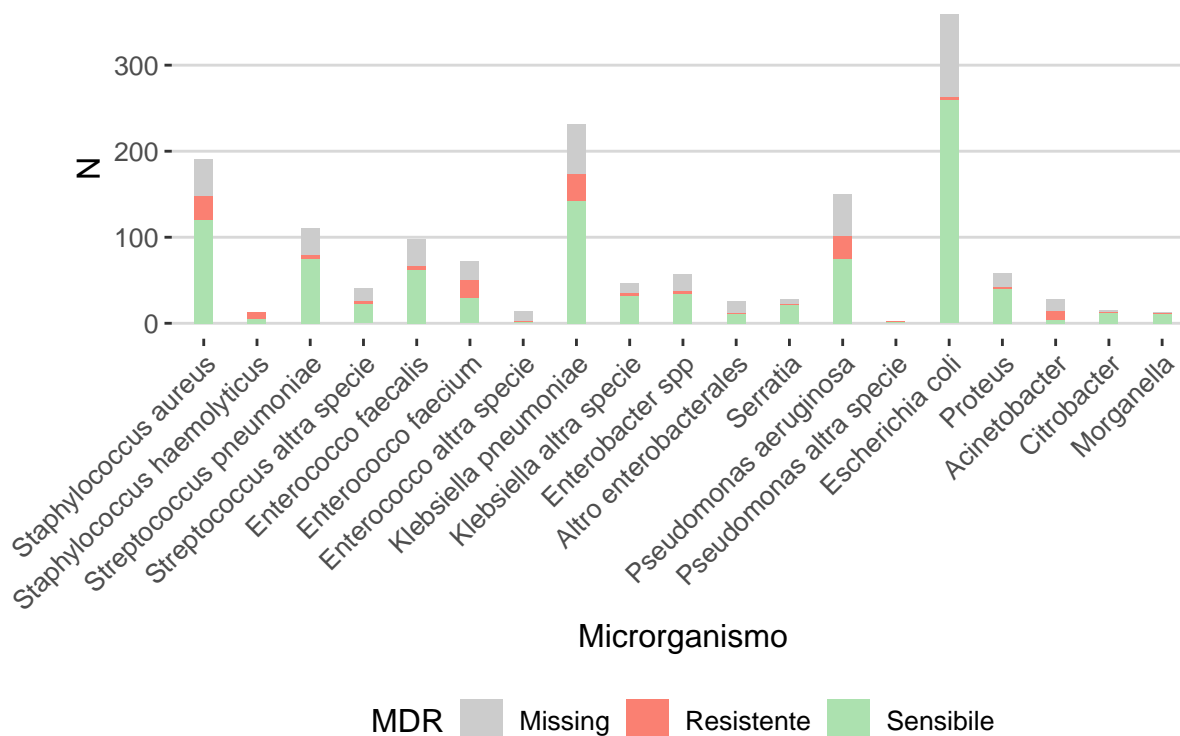
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	8.2	7	3	42.9
Staphylococcus capitis	6	6.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	3.1	3	3	100
Staphylococcus hominis	7	7.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	28	28.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	3.1	2	0	0
Enterococco faecalis	9	9.3	4	0	0
Enterococco faecium	3	3.1	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>67</b>	<b>69.1</b>	<b>18</b>	<b>6</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	5	5.2	2	0	0
Klebsiella altra specie	1	1.0	0	0	0
Enterobacter spp	3	3.1	2	0	0
Serratia	2	2.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	6.2	4	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.0	0	0	0
Escherichia coli	5	5.2	1	0	0
Acinetobacter	4	4.1	1	0	0
Citrobacter	3	3.1	2	0	0
Morganella	1	1.0	0	0	0
Providencia	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>32</b>	<b>33.0</b>	<b>14</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

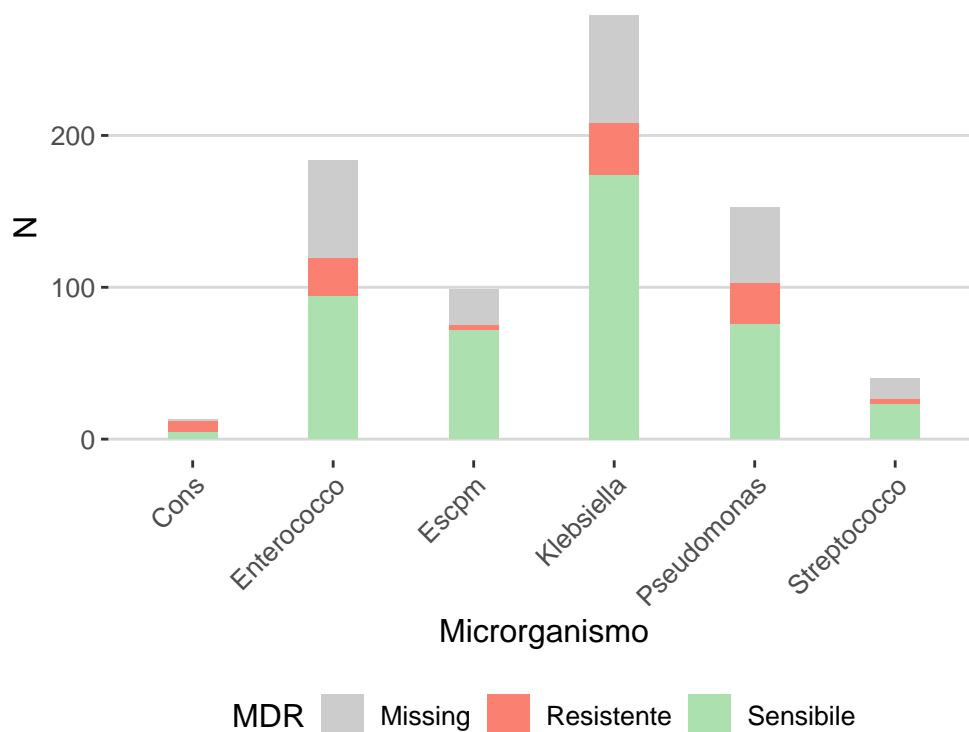
Candida albicans	4	4.1	0	0	0
Candida glabrata	1	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	5	5.2	0	0	0
Candida tropicalis	2	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>12.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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.

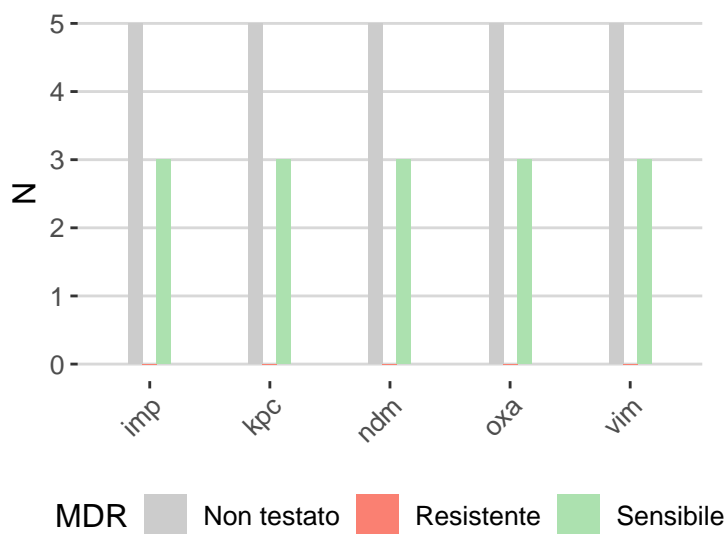
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	3	100.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	3	42.86

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

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

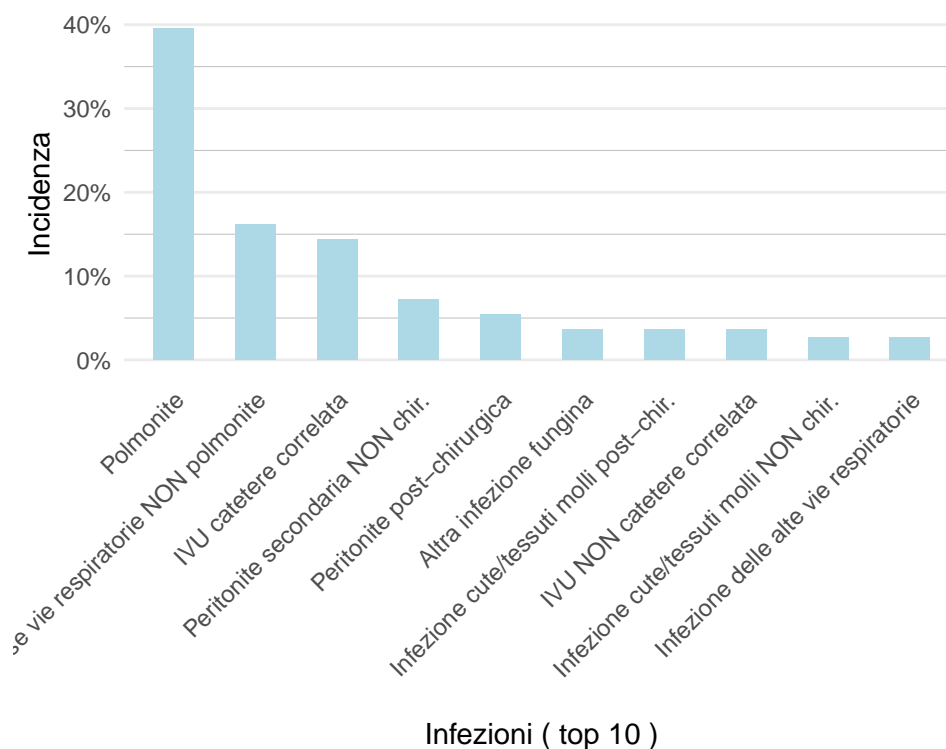
	N	%
Sì	0	0
No	3	37.5
Non testato	5	62.5
Missing	16	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	5
kpc	0	0	3	5
ndm	0	0	3	5
oxa	0	0	3	5
vim	0	0	3	5



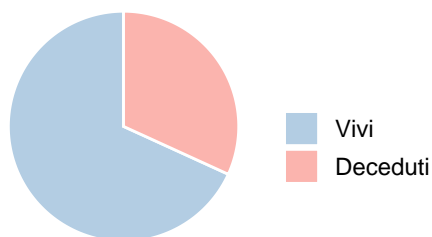
## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 111)

### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



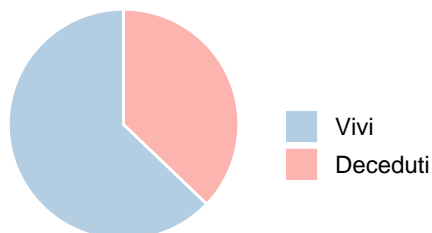
Infezione	N	%
Polmonite	44	39.6
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	18	16.2
IVU catetere correlata	16	14.4
Peritonite secondaria NON chir.	8	7.2
Peritonite post-chirurgica	6	5.4
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	4	3.6
IVU NON catetere correlata	4	3.6
Altra infezione fungina	4	3.6
Infezione delle alte vie respiratorie	3	2.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	3	2.7
Missing	1	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	75	68.2
Deceduti	35	31.8
Missing	1	0

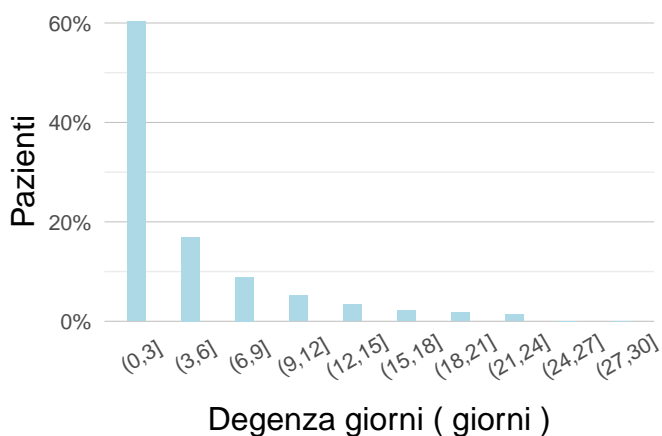
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	66	62.9
Deceduti	39	37.1
Missing	2	0

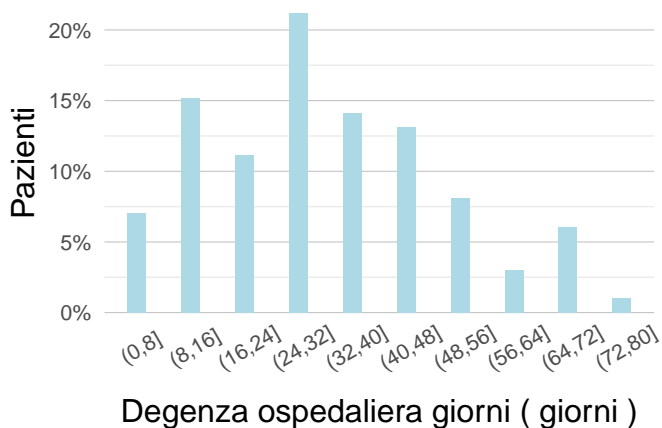
\* Statistiche calcolate su 107 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.6 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	26 (11-38)
Missing	1

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.3 (21.6)
Mediana (Q1-Q3)	31 (19-46)
Missing	2

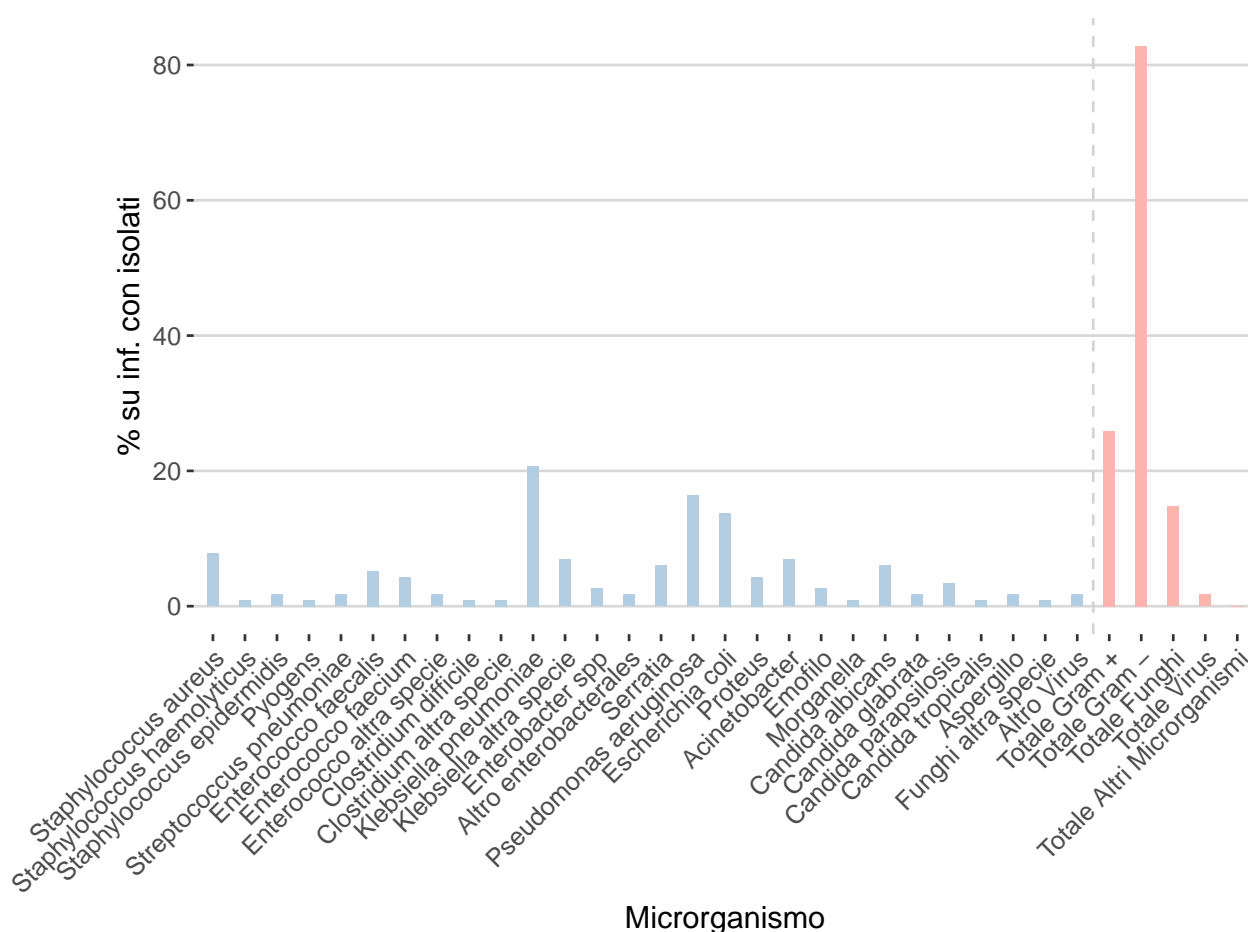
\* Statistiche calcolate su 107 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

## 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	5	4.2
Sì	115	95.8
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>120</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>147</b>	

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

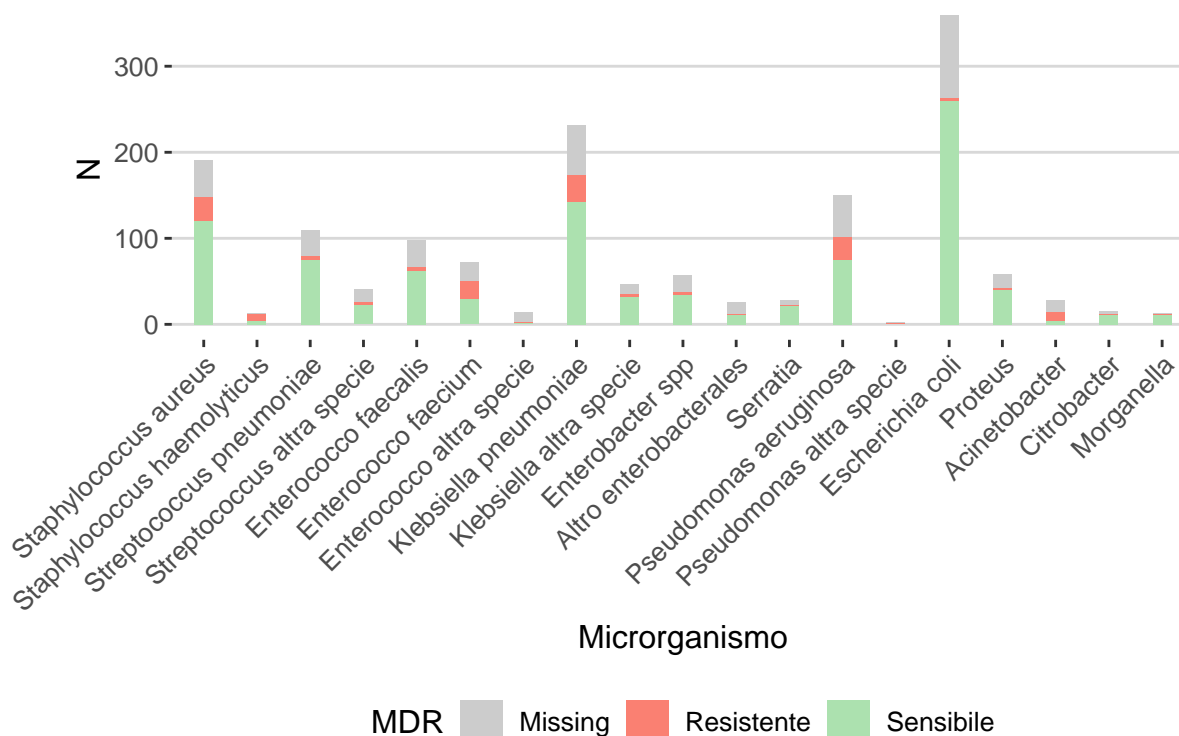


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
---------------	---	-----------------------	---------------------	-------	-------



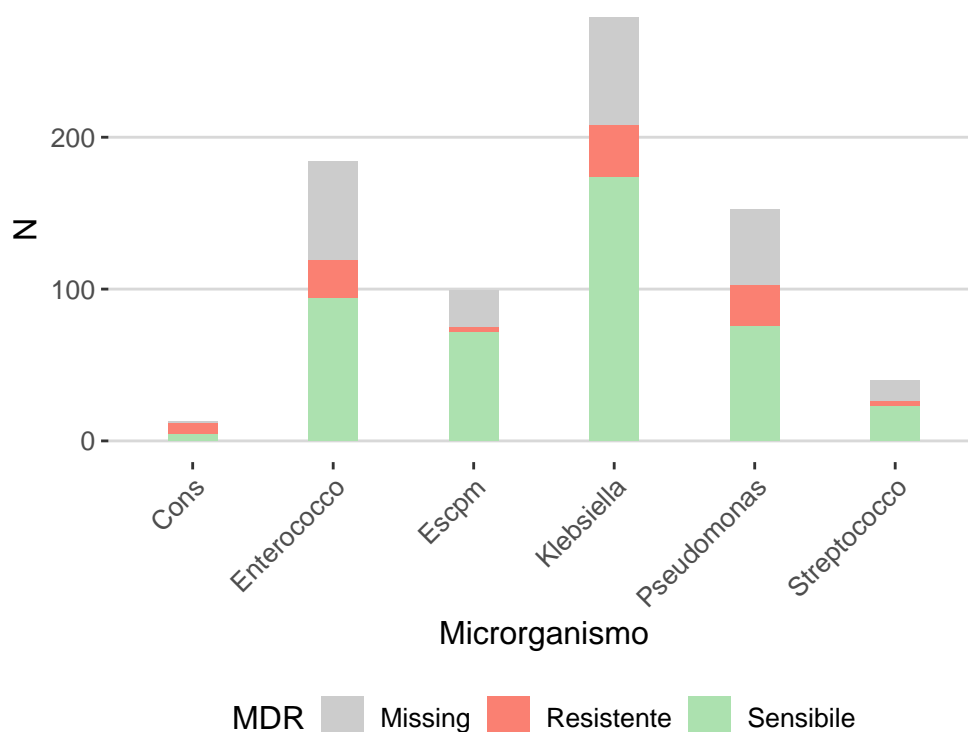
Staphylococcus aureus	9	7.8	6	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.9	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	2	1.7	0	0	0
Pyogens	1	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.7	2	0	0
Enterococco faecalis	6	5.2	0	0	0
Enterococco faecium	5	4.3	3	1	33.3
Enterococco altra specie	2	1.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>30</b>	<b>25.9</b>	<b>12</b>	<b>2</b>	<b>16.7</b>
Klebsiella pneumoniae	24	20.7	17	4	23.5
Klebsiella altra specie	8	6.9	4	1	25
Enterobacter spp	3	2.6	3	0	0
Altro enterobacterales	2	1.7	1	0	0
Serratia	7	6.0	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	19	16.4	10	2	20
Escherichia coli	16	13.8	7	0	0
Proteus	5	4.3	3	0	0
Acinetobacter	8	6.9	5	4	80
Emofilo	3	2.6	0	0	0
Morganella	1	0.9	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>96</b>	<b>82.8</b>	<b>57</b>	<b>11</b>	<b>19.3</b>
Candida albicans	7	6.0	0	0	0
Candida glabrata	2	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	4	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.9	0	0	0
Aspergillo	2	1.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>17</b>	<b>14.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	2	1.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>1.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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	17	Ertapenem	3	17.65
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	3	17.65
Klebsiella altra specie	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella altra specie	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40.00
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	2	20.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

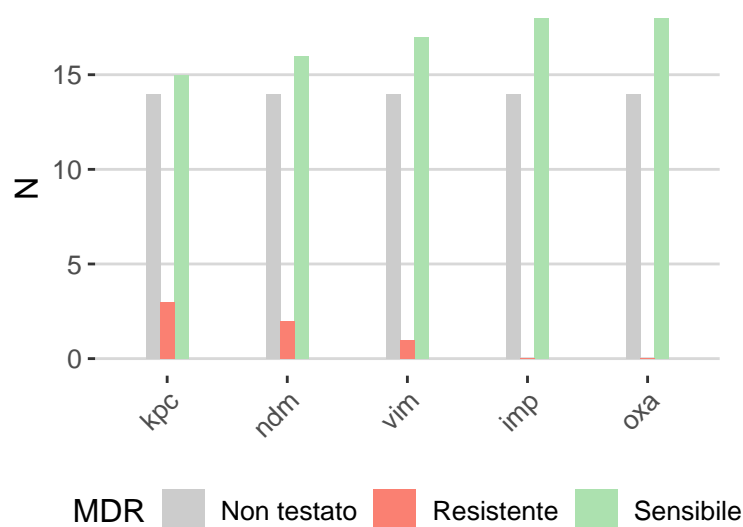
### 16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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	6	18.75
No	12	37.5
Non testato	14	43.75
Missing	34	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	18	14
kpc	3	50.0	15	14

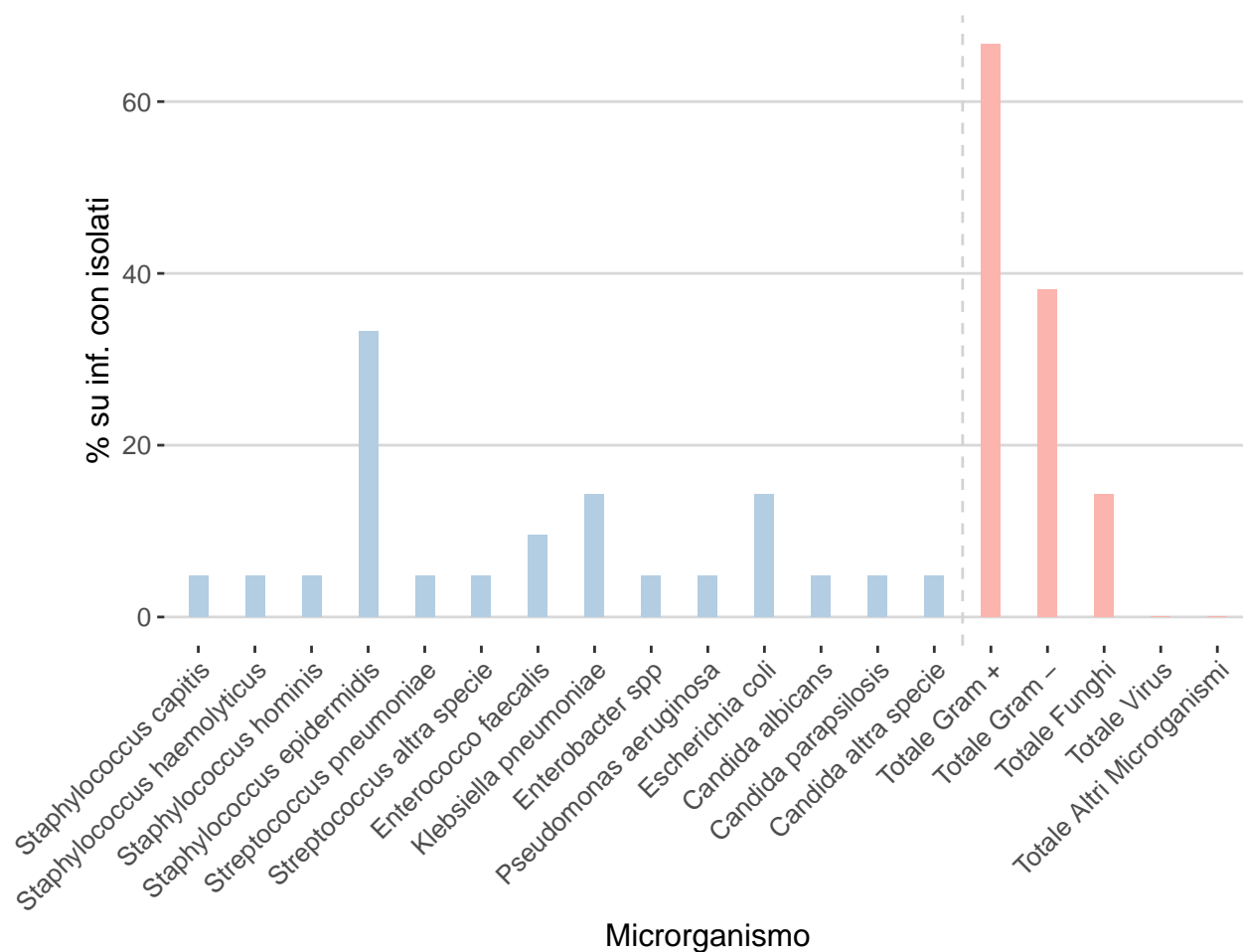
ndm	2	33.3	16	14
oxa	0	0.0	18	14
vim	1	16.7	17	14



## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 21)

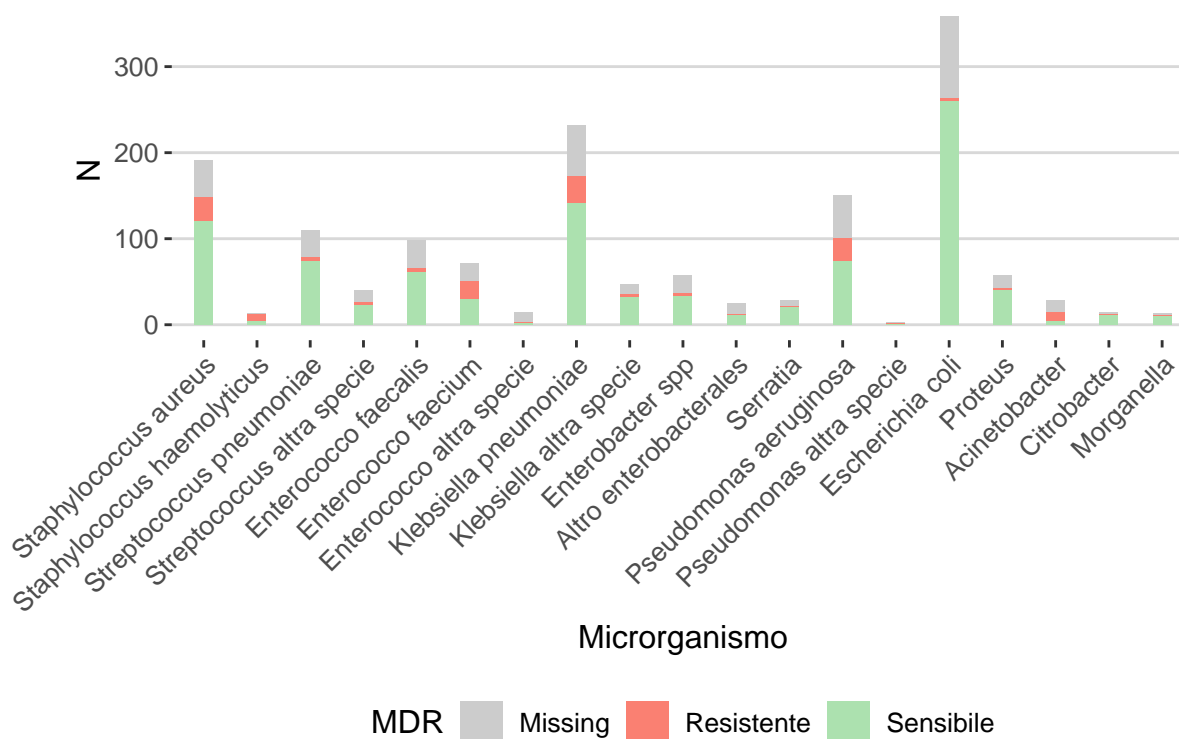
### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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.



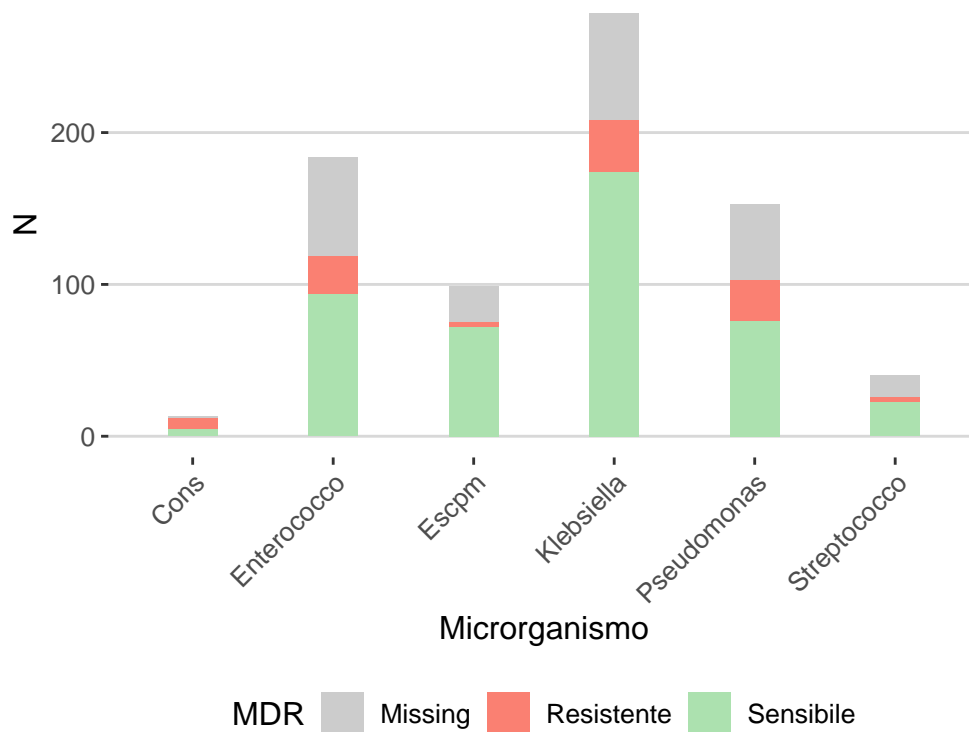
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	1	4.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	4.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	4.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	33.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	4.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.8	0	0	0
Enterococcus faecalis	2	9.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>14</b>	<b>66.7</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	14.3	1	0	0
Enterobacter spp	1	4.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.8	0	0	0
Escherichia coli	3	14.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>8</b>	<b>38.1</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	1	4.8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4.8	0	0	0
Candida altra specie	1	4.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>14.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza AH3N2, Influenza altro A ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	184	119	94	25	21.01	65
Escpm	99	75	72	3	4.00	24
Klebsiella	279	208	174	34	16.35	71
Pseudomonas	153	103	76	27	26.21	50
Streptococco	40	26	23	3	11.54	14

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

Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	8	

## 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