

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalò Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 8755 )</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 = 3574 )</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 = 5132 )</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 = 3092)</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 = 605)</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 = 1046)</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 = 845)</b>	<b>56</b>
8.1 Sesso . . . . .	56
8.2 Età . . . . .	56
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	56
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	57
8.5 Trauma . . . . .	57
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	57
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	58
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	58
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	58
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	59
8.11 Mortalità in TI . . . . .	59
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	59
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	60
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	60

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	61
8.16	Infezione multisito . . . . .	61
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	62
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	62
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	62
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	63
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	65
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 363)</b>	<b>70</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	70
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 482)</b>	<b>75</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	75
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	75
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	75
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>80</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 328)</b>	<b>82</b>
11.1	Trauma . . . . .	82
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	82
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	82
11.4	Infezioni multisito . . . . .	83
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	83
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	83
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	84
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 272)</b>	<b>86</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	86
12.2	Diagnosi . . . . .	86
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	87
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 8755 ) . . . . .	88
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	89
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	89
12.7	Mortalità in TI . . . . .	90
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	91
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	91
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	91
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	92
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	95
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	99
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 298)</b>	<b>103</b>
13.1	Trauma . . . . .	103
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	103
13.3	Tipologia . . . . .	103
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	104
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	104
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 89)</b>	<b>109</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	109
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	109
14.3	Mortalità in TI . . . . .	110
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	110
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	110
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	111

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	111
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 118)</b>	<b>115</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	115
15.2	Fattori di rischio . . . . .	115
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	116
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	117
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	117
15.6	Mortalità in TI . . . . .	118
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	118
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	118
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	119
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	119
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 127)</b>	<b>124</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	124
16.2	Mortalità in TI . . . . .	124
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	125
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	125
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	125
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	126
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 27)</b>	<b>130</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	130
<b>Appendice</b>		<b>134</b>
	Definizione di MDR . . . . .	134
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	134

## Petalo Infectionlight

Anno 2023

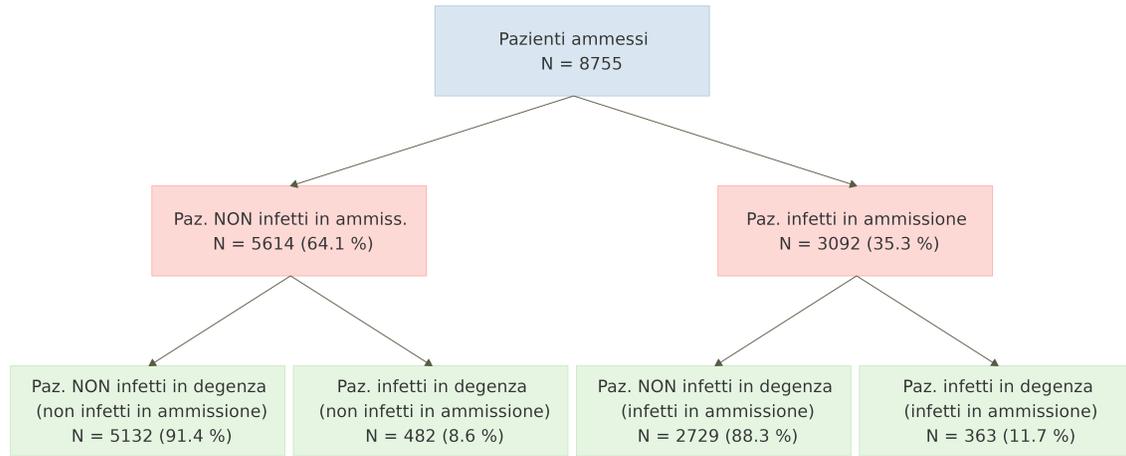
Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

Popolazione complessiva: 32 TI

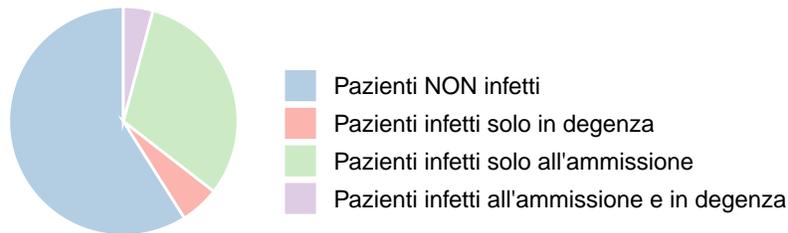
TI Centro

Le regioni appartenenti all'area Centro sono: Abruzzo, Lazio, Marche, Toscana, Umbria.

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



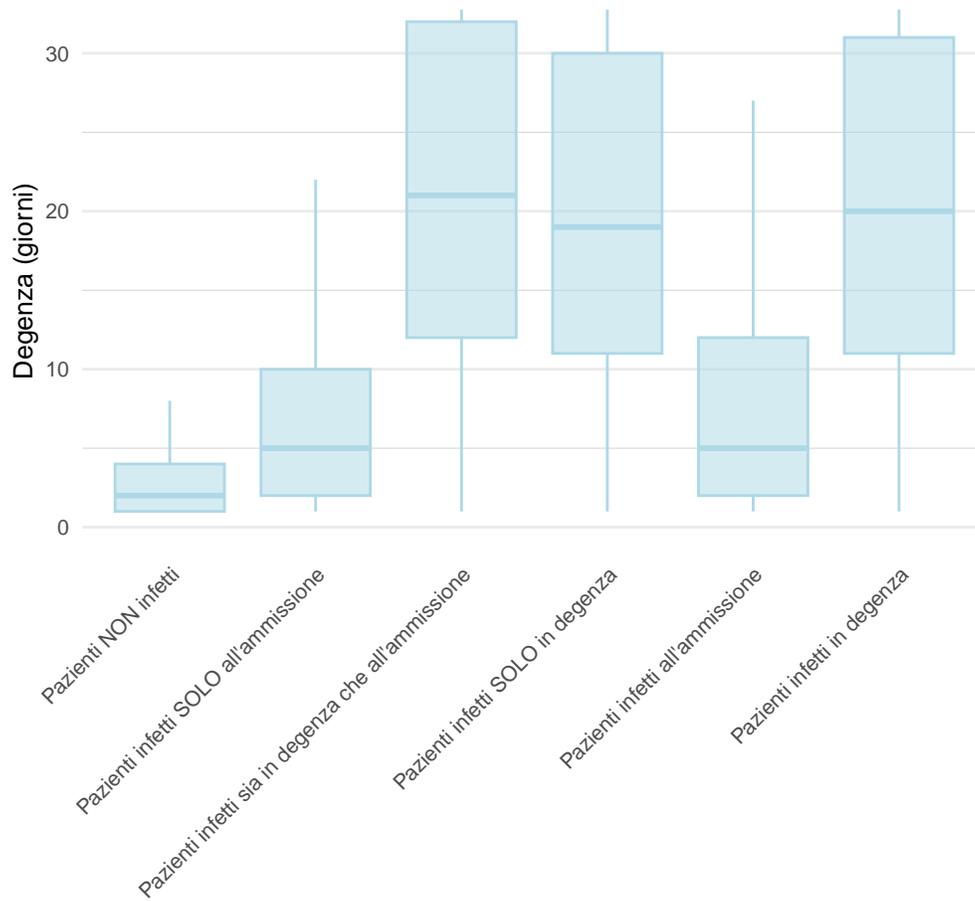
Per N = 49 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	5132	58.9
Pazienti infetti solo in degenza	482	5.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	2729	31.3
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	363	4.2

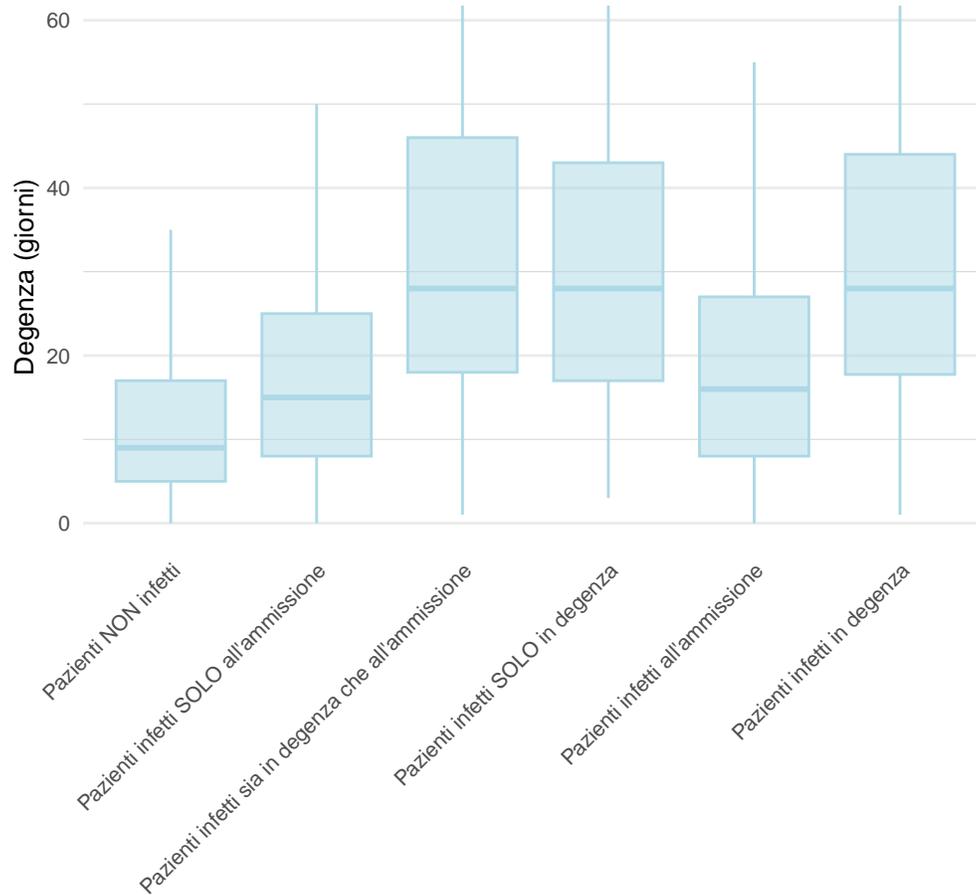
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 8706).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	5132	58.6	2	( 1 - 4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2729	31.2	5	( 2 - 10 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	363	4.1	21	( 12 - 32 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	482	5.5	19	( 11 - 30 )
Pazienti infetti all'ammissione	3092	35.3	5	( 2 - 12 )
Pazienti infetti in degenza	845	9.7	20	( 11 - 31 )

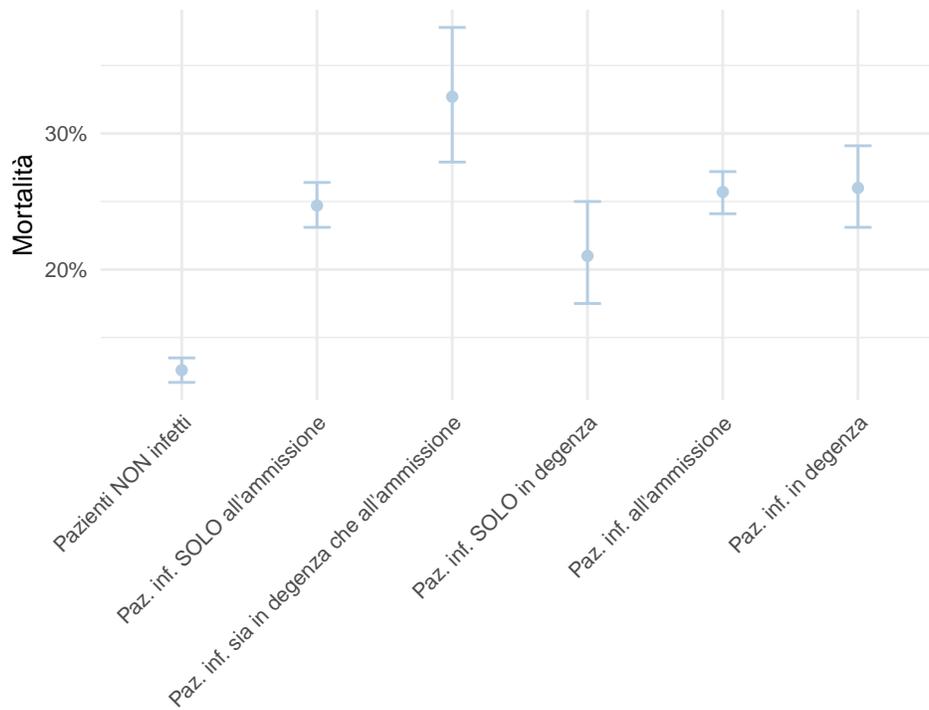
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	5132	58.6	9	( 5 - 17 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2729	31.2	15	( 8 - 25 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	363	4.1	28	( 18 - 46 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	482	5.5	28	( 17 - 43 )
Pazienti infetti all'ammissione	3092	35.3	16	( 8 - 27 )
Pazienti infetti in degenza	845	9.7	28	( 18 - 44 )

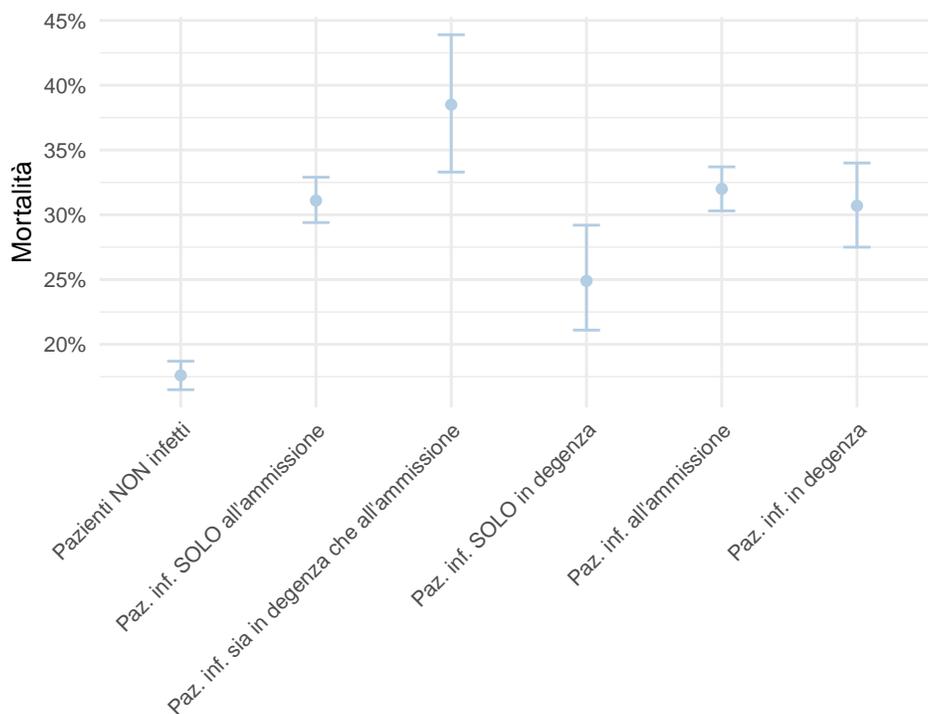
\* escluse le riammissioni (N = 211)

## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	5132	645	12.6	( 11.7 - 13.5 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2729	674	24.7	( 23.1 - 26.4 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	363	118	32.7	( 27.9 - 37.8 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	482	101	21.0	( 17.5 - 25 )
Pazienti infetti all'ammissione	3092	792	25.7	( 24.1 - 27.2 )
Pazienti infetti in degenza	845	219	26.0	( 23.1 - 29.1 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

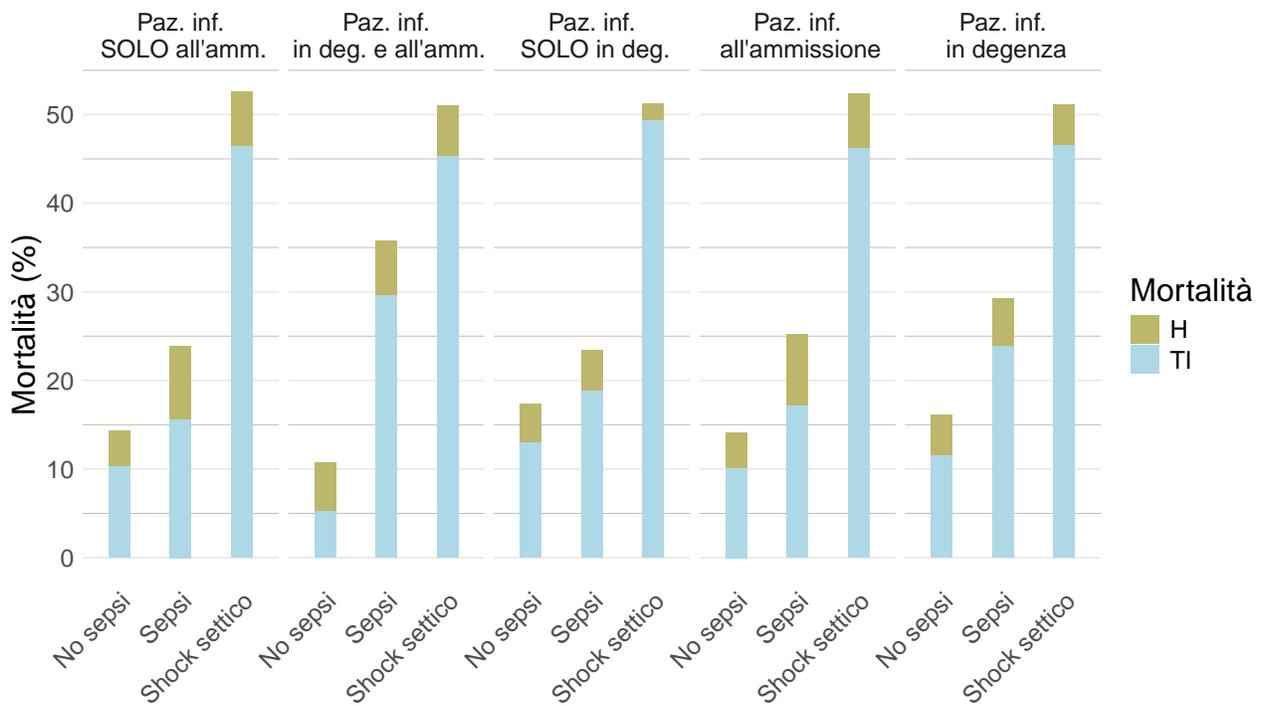


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	5132	885	17.6	( 16.5 - 18.7 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2729	818	31.1	( 29.4 - 32.9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	363	132	38.5	( 33.3 - 43.9 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	482	115	24.9	( 21.1 - 29.2 )
Pazienti infetti all'ammissione	3092	950	32.0	( 30.3 - 33.7 )
Pazienti infetti in degenza	845	247	30.7	( 27.5 - 34 )

\* escluse le riammissioni (N = 211)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2729	699	1104	923	25.6	40.5	33.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	363	58	145	160	16.0	39.9	44.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	482	236	165	80	49.1	34.3	16.6
Pazienti infetti all'ammissione	3092	757	1249	1083	24.5	40.4	35.1
Pazienti infetti in degenza	845	294	310	240	34.8	36.7	28.4



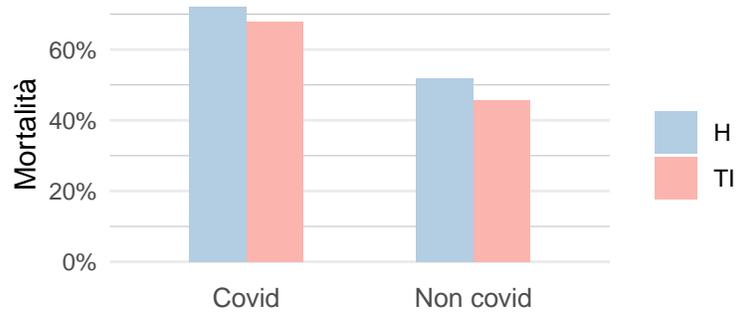
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	699	73	10.4	679	98	14.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	58	3	5.3	56	6	10.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	236	31	13.1	230	40	17.4
Pazienti infetti all'ammissione	757	76	10.1	735	104	14.1
Pazienti infetti in degenza	294	34	11.6	286	46	16.1

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	1104	172	15.6	1059	253	23.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	145	43	29.7	134	48	35.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	165	31	18.9	154	36	23.4
Pazienti infetti all'ammissione	1249	215	17.2	1193	301	25.2
Pazienti infetti in degenza	310	74	23.9	288	84	29.2

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	923	428	46.5	886	466	52.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	160	72	45.3	153	78	51.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	80	39	49.4	76	39	51.3
Pazienti infetti all'ammissione	1083	500	46.3	1039	544	52.4
Pazienti infetti in degenza	240	111	46.6	229	117	51.1

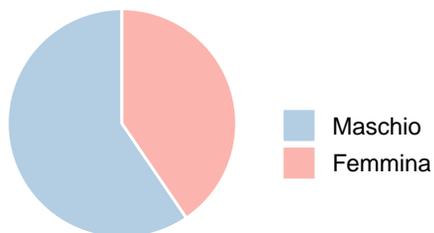
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	25	17	68.0	25	18	72.0
Non covid	1058	483	45.8	1020	526	51.9

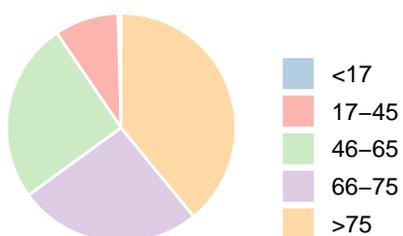
## 2 Tutti i pazienti ( N = 8755 )

### 2.1 Sesso



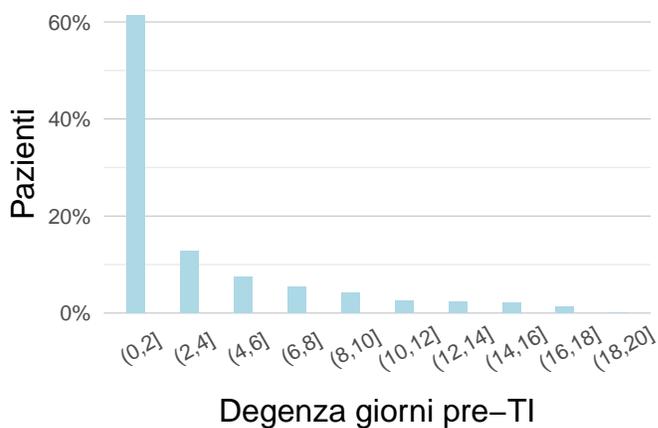
Sesso	N	%
Maschio	5199	59.5
Femmina	3536	40.5
Missing	20	0

### 2.2 Età



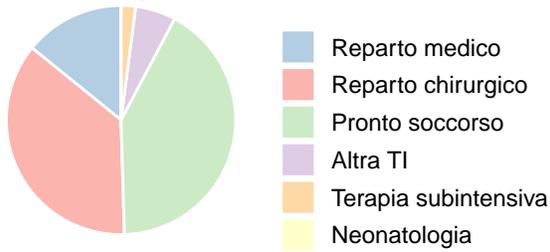
Range età	N	%
<17	40	0.5
17-45	791	9.0
46-65	2236	25.5
66-75	2265	25.9
>75	3423	39.1
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



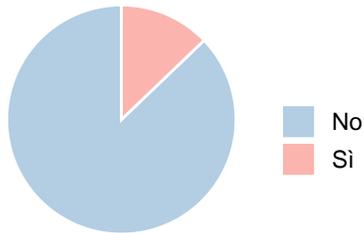
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	9.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	44

## 2.4 Provenienza ( reparto )



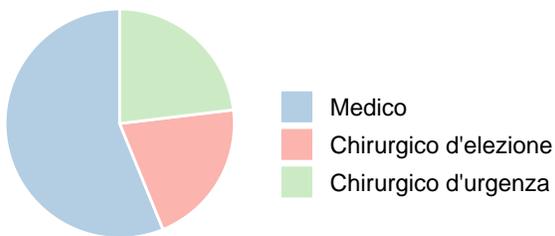
Provenienza	N	%
Reparto medico	1224	14.2
Reparto chirurgico	3138	36.3
Pronto soccorso	3612	41.8
Altra TI	492	5.7
Terapia subintensiva	177	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	112	0

## 2.5 Trauma



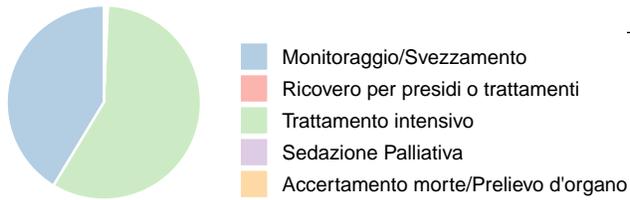
Trauma	N	%
No	7598	87.2
Si	1119	12.8
Missing	38	0

## 2.6 Stato Chirurgico



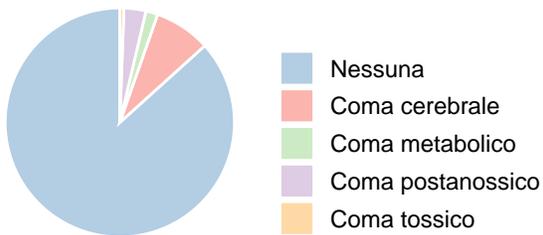
Stato chirurgico	N	%
Medico	4897	56.2
Chirurgico d'elezione	1806	20.7
Chirurgico d'urgenza	2013	23.1
Missing	39	0

## 2.7 Motivo di ammissione



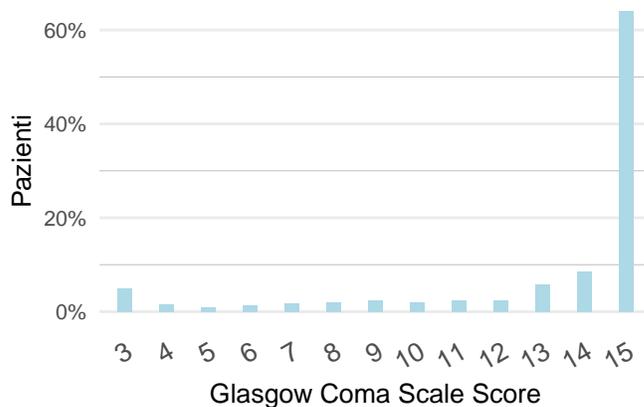
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3584	41.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	5026	58.0
Sedazione Palliativa	28	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	30	0.3
Missing	87	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



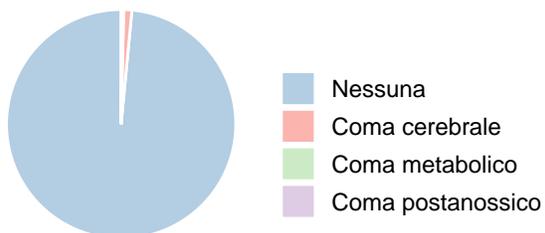
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	6400	86.7
Coma cerebrale	586	7.9
Coma metabolico	125	1.7
Coma postanossico	229	3.1
Coma tossico	42	0.6
Missing	1373	0

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



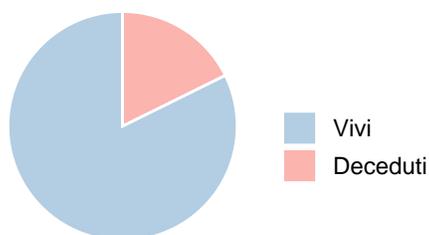
Indicatore	Valore
Media	13.1
DS	3.4
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



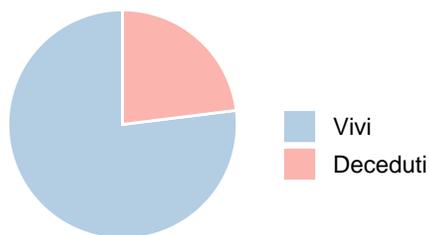
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	8578	98.5
Coma cerebrale	101	1.2
Coma metabolico	17	0.2
Coma postanossico	13	0.1
Missing	49	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	7160	82.3
Deceduti	1539	17.7
Missing	56	0

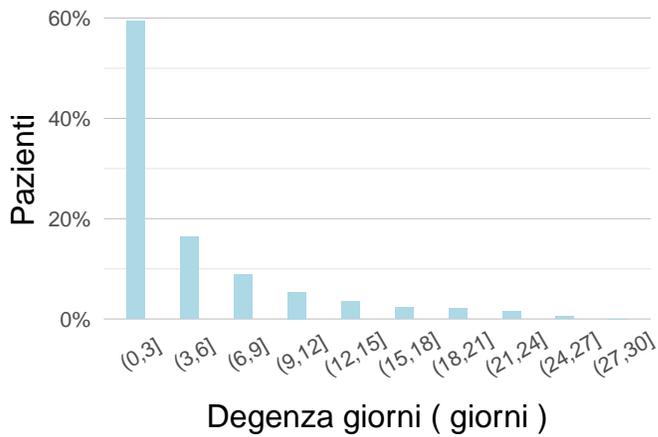
## 2.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	6518	77.0
Deceduti	1951	23.0
Missing	73	0

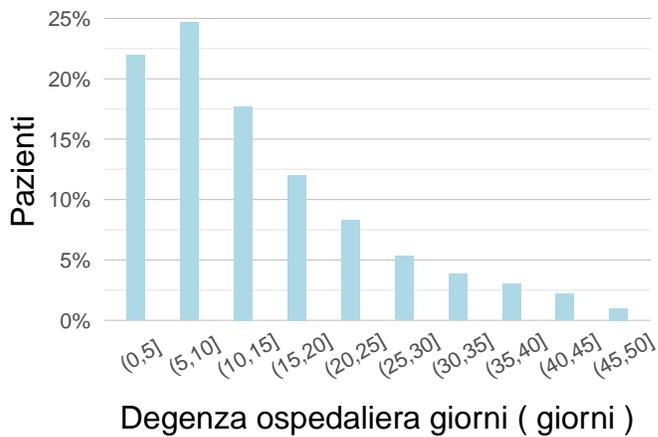
\* Statistiche calcolate su 8542 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 213 ).

## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.6 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	53

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

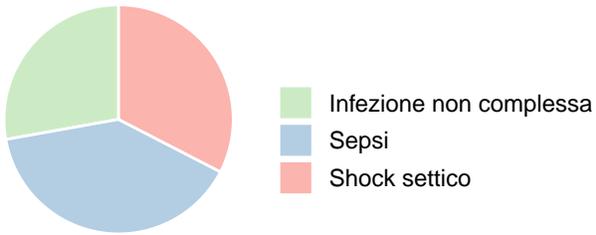


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.1 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-22)
Missing	74

\* Statistiche calcolate su 8542 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 213 ).

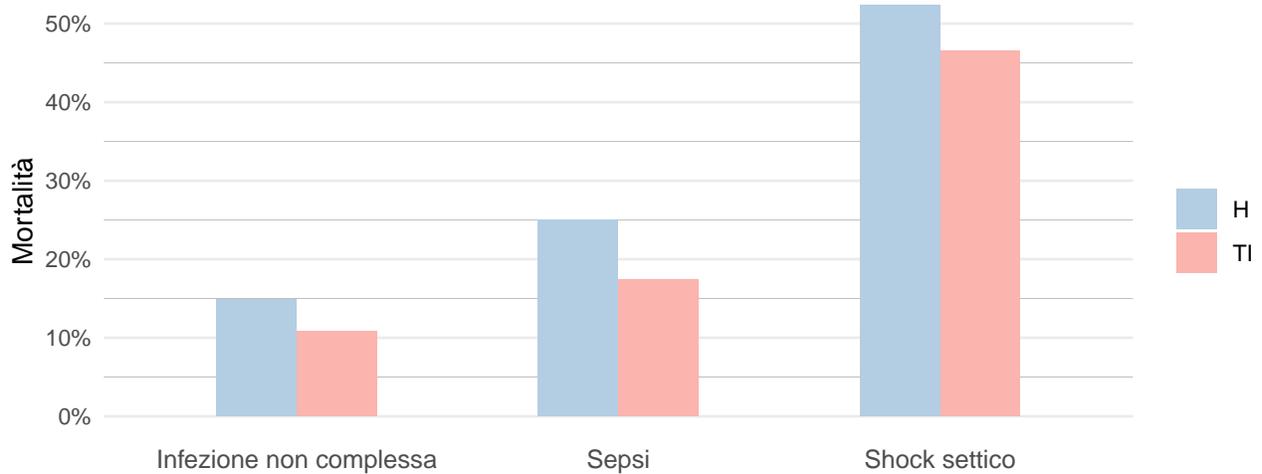
### 3 Pazienti infetti ( N = 3574 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	993	27.8
Sepsi	1414	39.6
Shock settico	1163	32.6
Missing	4	0

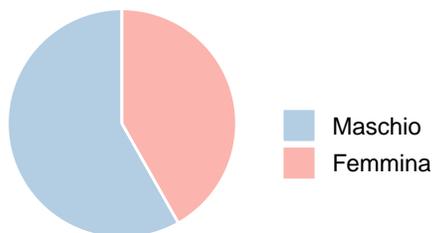
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	10.8	14.9
Sepsi	17.4	25.0
Shock settico	46.5	52.3

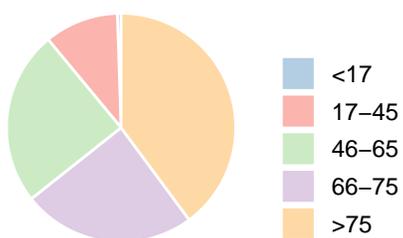
## 4 Pazienti non infetti ( N = 5132 )

### 4.1 Sesso



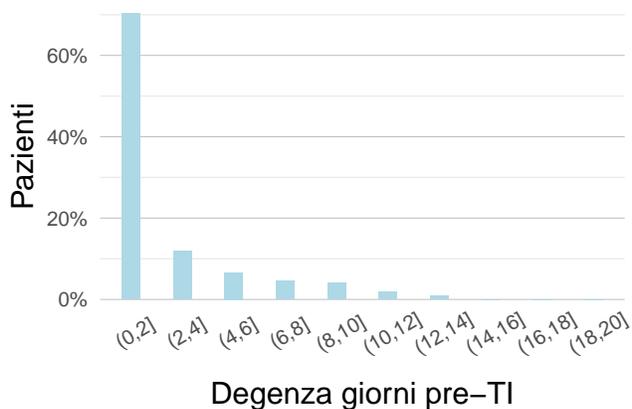
Sesso	N	%
Maschio	2982	58.2
Femmina	2141	41.8
Missing	9	0

### 4.2 Età



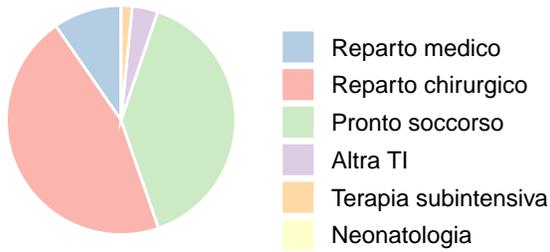
Range età	N	%
<17	27	0.5
17-45	537	10.5
46-65	1267	24.7
66-75	1255	24.5
>75	2046	39.9
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



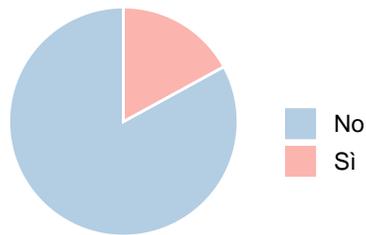
Indicatore	Valore
Media	2.7
DS	7.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	5

## 4.4 Provenienza ( reparto )



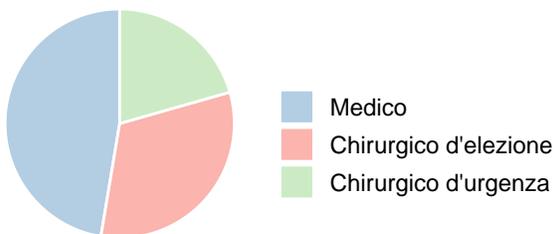
Provenienza	N	%
Reparto medico	492	9.7
Reparto chirurgico	2326	45.7
Pronto soccorso	2011	39.5
Altra TI	185	3.6
Terapia subintensiva	80	1.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	38	0

## 4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	4257	83.0
Si	874	17.0
Missing	1	0

## 4.6 Stato Chirurgico



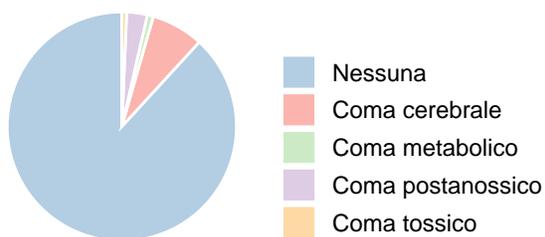
Stato chirurgico	N	%
Medico	2431	47.4
Chirurgico d'elezione	1644	32.0
Chirurgico d'urgenza	1056	20.6
Missing	1	0

## 4.7 Motivo di ammissione



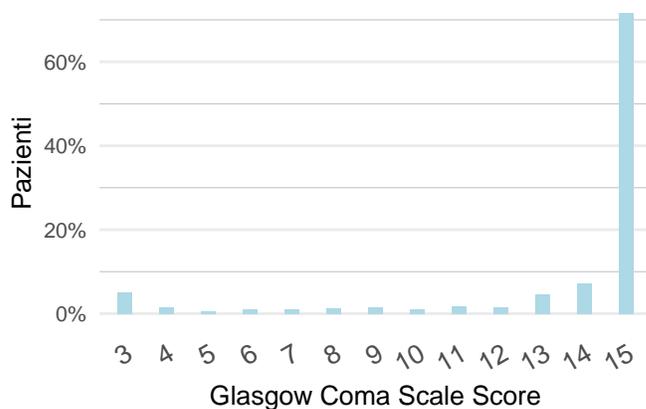
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2943	57.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2109	41.4
Sedazione Palliativa	21	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	26	0.5
Missing	33	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



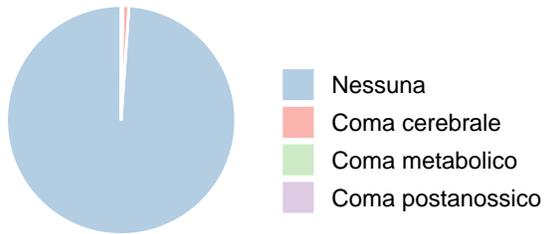
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3913	88.2
Coma cerebrale	327	7.4
Coma metabolico	38	0.9
Coma postanossico	129	2.9
Coma tossico	30	0.7
Missing	695	0

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



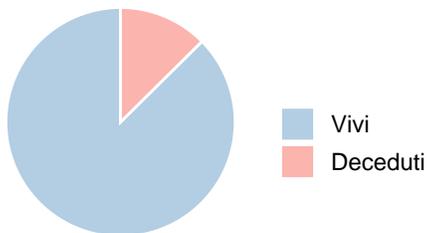
Indicatore	Valore
Media	11.5
DS	3.3
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



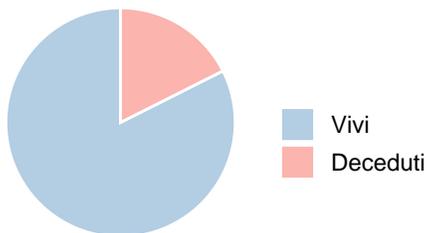
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	5079	99.0
Coma cerebrale	45	0.9
Coma metabolico	4	0.1
Coma postanossico	7	0.1
Missing	0	0

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4485	87.4
Deceduti	645	12.6
Missing	2	0

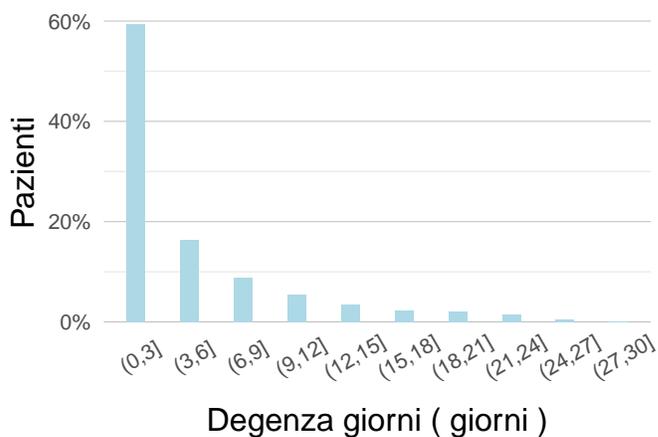
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	4151	82.4
Deceduti	885	17.6
Missing	10	0

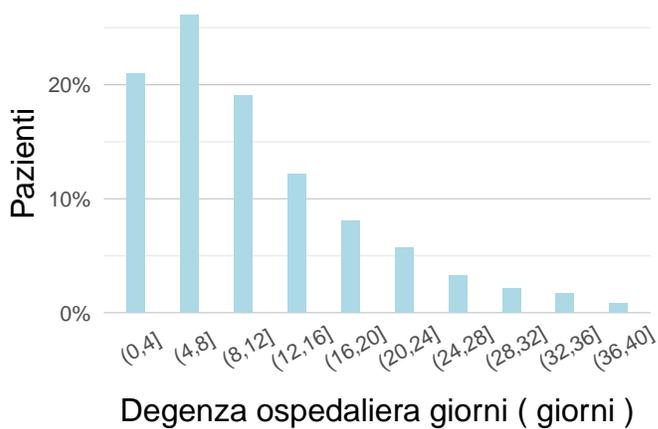
\* Statistiche calcolate su 5046 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 86 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.3 (4.6)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-4)
Missing	2

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

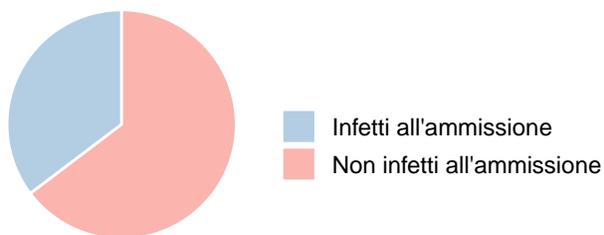


Indicatore	Valore
Media (DS)	13.4 (14.8)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-17)
Missing	11

\* Statistiche calcolate su 5046 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 86 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

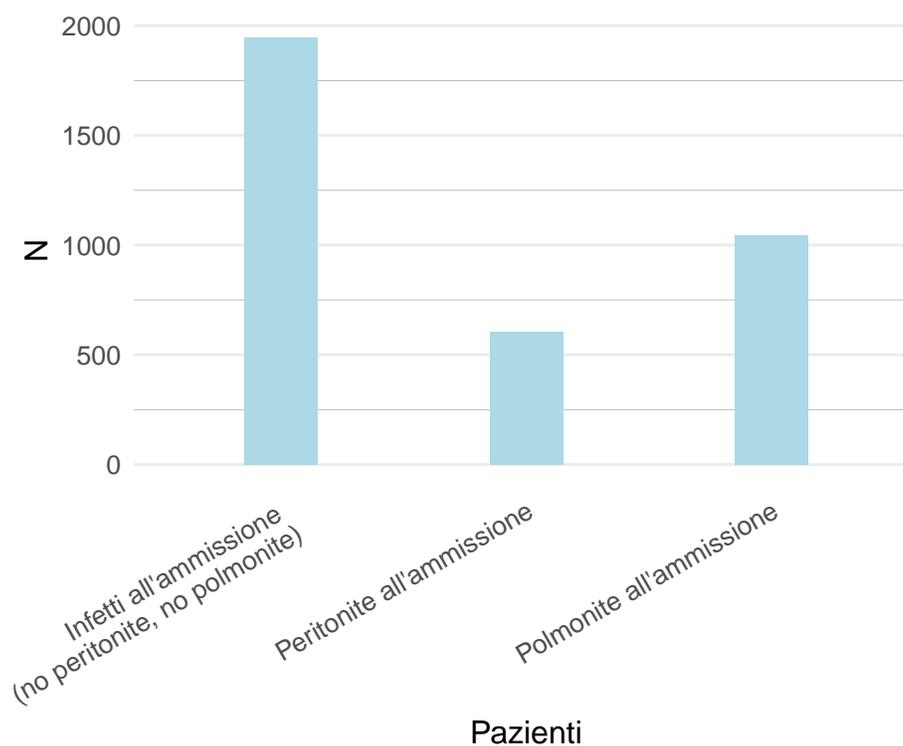
Sono presenti 3092 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 35.32% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	3092	35.32
Non infetti all'ammissione	5663	64.68

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 8755).

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

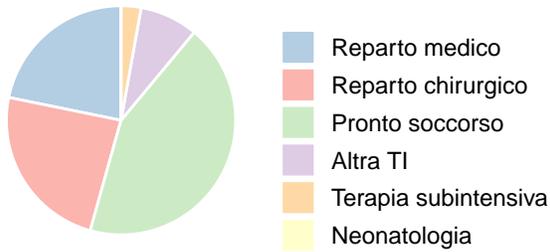


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1949	63.03
Peritonite all'ammissione	605	19.57
Polmonite all'ammissione	1046	33.83

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 3092).

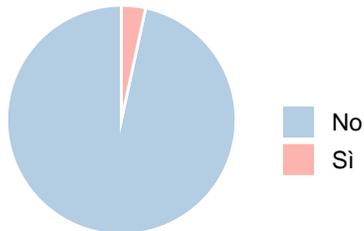
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 3092)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



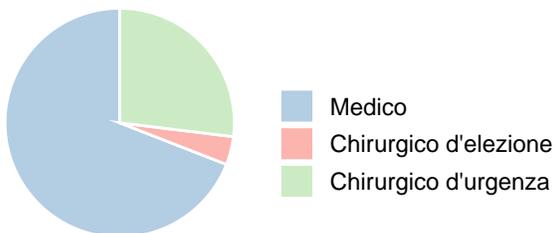
Provenienza	N	%
Reparto medico	666	21.8
Reparto chirurgico	729	23.9
Pronto soccorso	1323	43.3
Altra TI	251	8.2
Terapia subintensiva	86	2.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	37	0

### 5.2 Trauma



Trauma	N	%
No	2987	96.6
Si	105	3.4
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



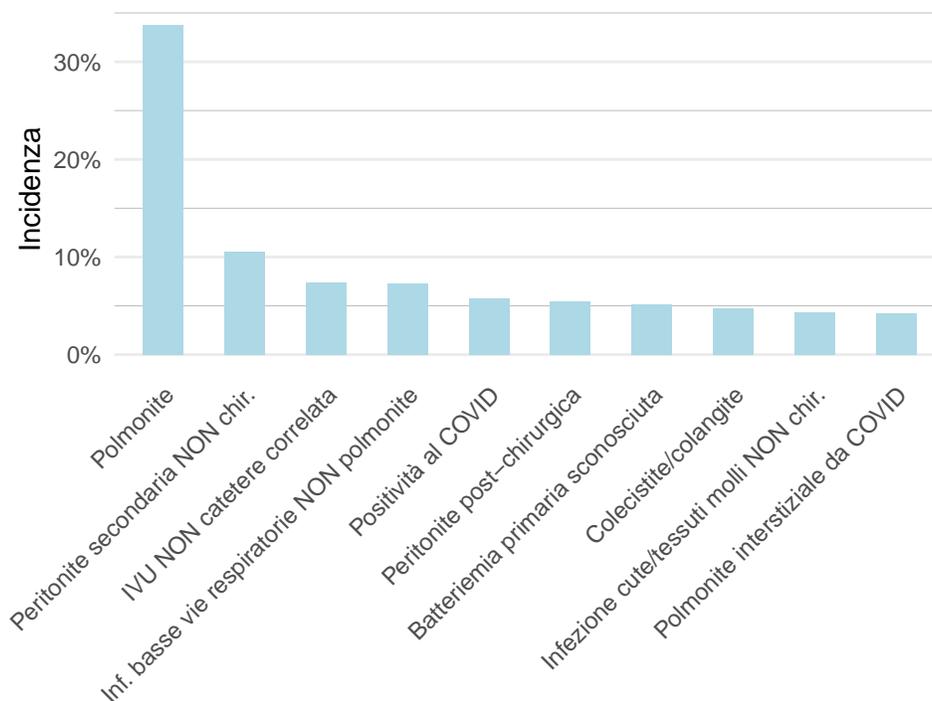
Stato chirurgico	N	%
Medico	2136	69.1
Chirurgico d'elezione	123	4.0
Chirurgico d'urgenza	833	26.9
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	575	18.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2495	81.0
Sedazione Palliativa	7	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	4	0.1
Missing	11	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )

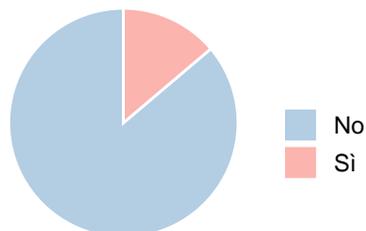


Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	1046	33.8
Peritonite secondaria NON chir.	325	10.5
IVU NON catetere correlata	228	7.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	227	7.3
Positivita al COVID	179	5.8
Peritonite post-chirurgica	166	5.4

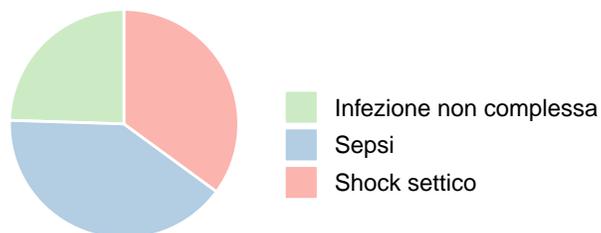
Batteriemia primaria sconosciuta	157	5.1
Colecistite/colangite	144	4.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	134	4.3
Polmonite interstiziale da COVID	129	4.2
Missing	0	NA

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2665	86.2
Si	427	13.8
Missing	0	0

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



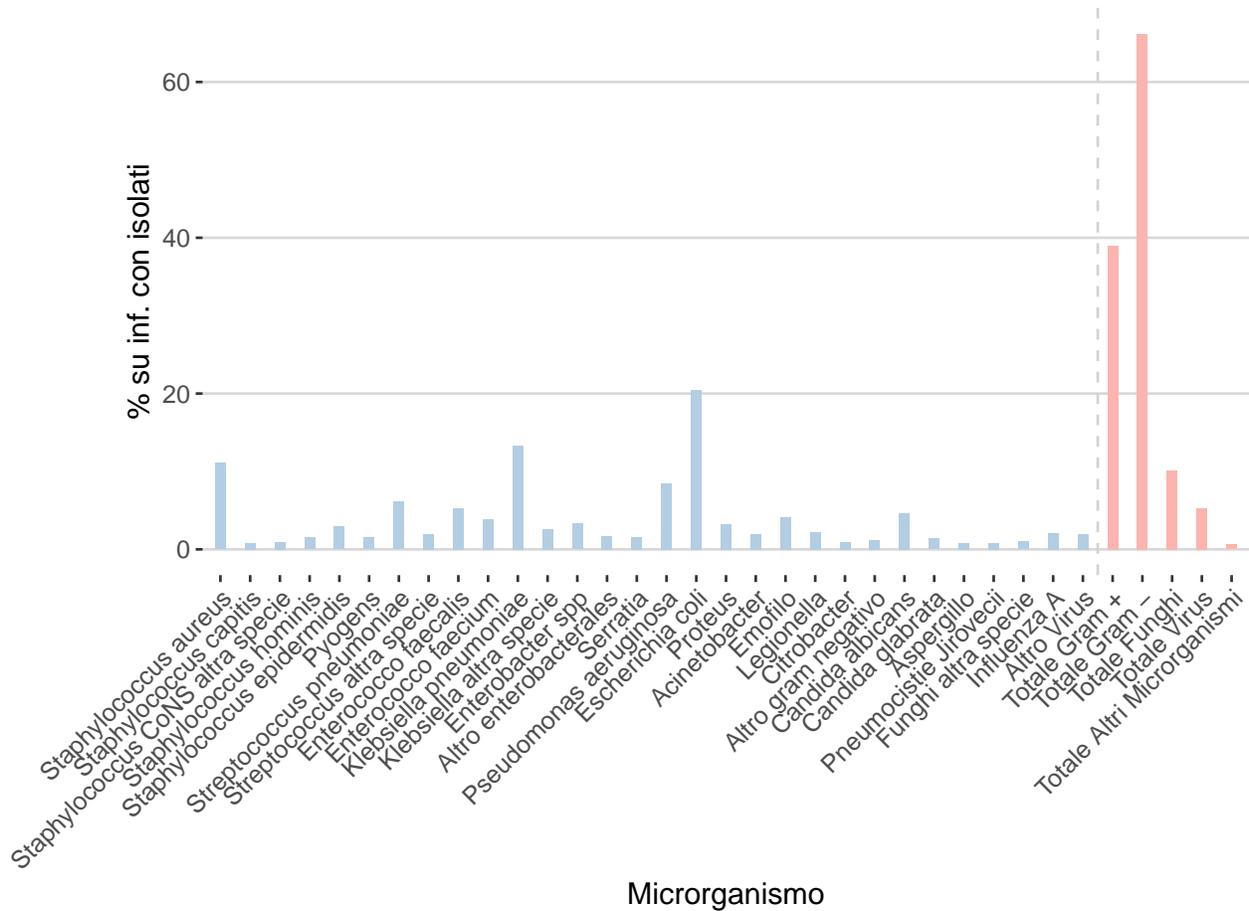
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	757	24.5
Sepsi	1249	40.4
Shock settico	1083	35.1
Missing	3	0

## 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1116	35.3
Si	2049	64.7
Missing	16	
<b>Totale infezioni</b>	<b>3181</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>2574</b>	

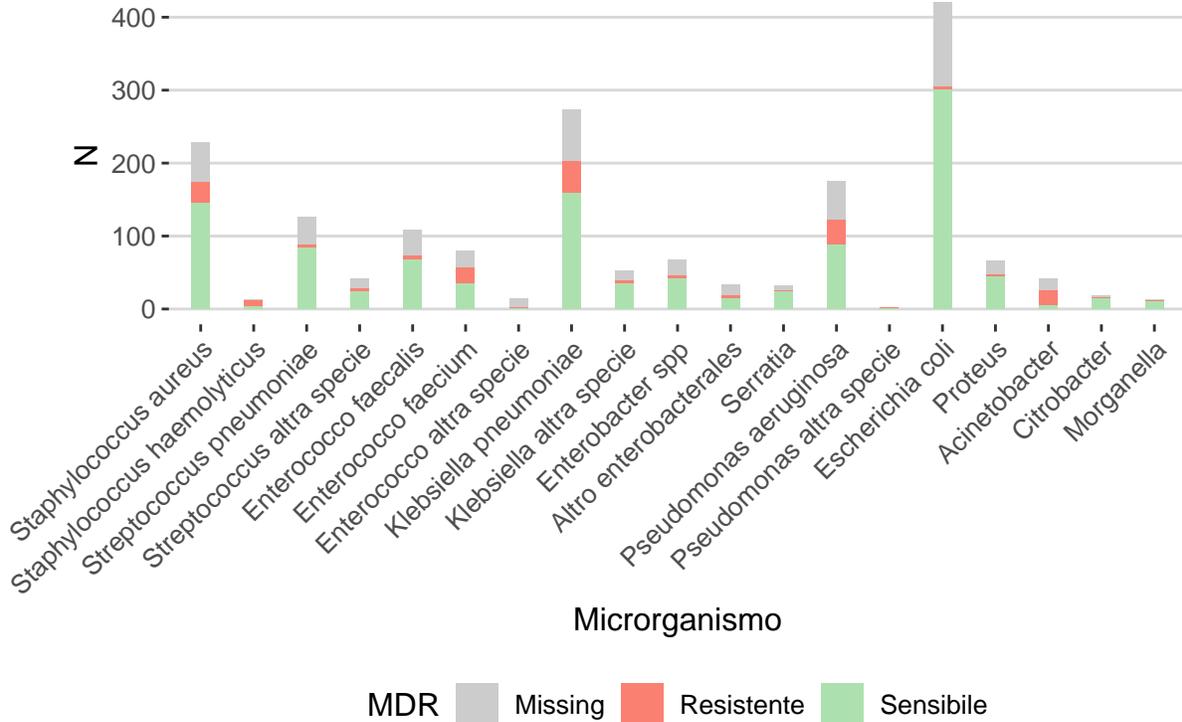
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	228	11.1	174	28	16.1
Staphylococcus capitis	16	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	19	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	13	0.6	12	7	58.3
Staphylococcus hominis	30	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	60	2.9	0	0	0
Pyogens	30	1.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	12	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	126	6.1	88	4	4.5
Streptococcus altra specie	42	2.0	28	3	10.7
Enterococcus faecalis	108	5.3	73	5	6.8
Enterococcus faecium	79	3.9	57	21	36.8
Enterococcus altra specie	14	0.7	3	1	33.3
Clostridium difficile	13	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	6	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>800</b>	<b>39.0</b>	<b>435</b>	<b>69</b>	<b>15.9</b>

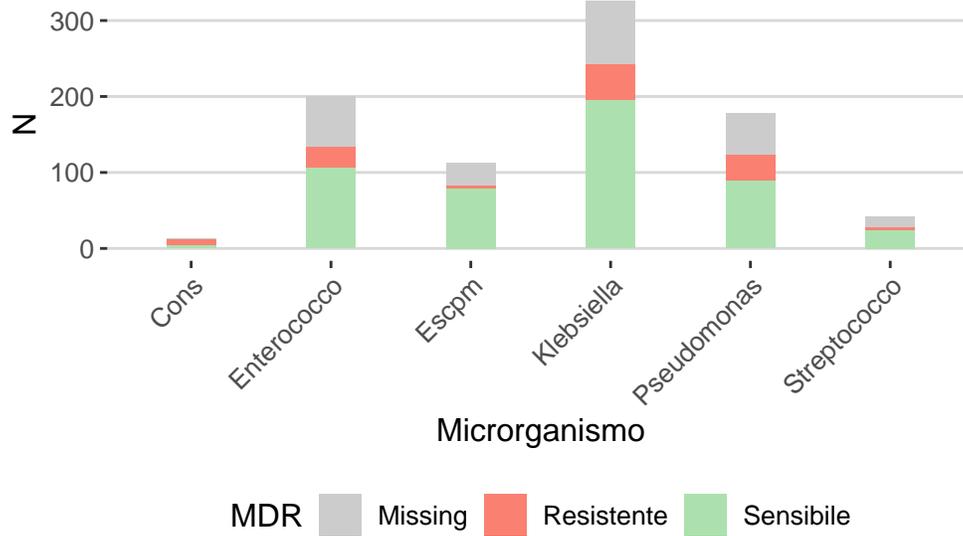
Klebsiella pneumoniae	273	13.3	203	43	21.2
Klebsiella altra specie	53	2.6	39	3	7.7
Enterobacter spp	67	3.3	45	3	6.7
Altro enterobacterales	34	1.7	18	3	16.7
Serratia	33	1.6	25	1	4
Pseudomonas aeruginosa	175	8.5	122	33	27
Pseudomonas altra specie	3	0.1	2	1	50
Escherichia coli	421	20.5	304	3	1
Proteus	66	3.2	47	2	4.3
Acinetobacter	41	2.0	26	20	76.9
Emofilo	83	4.1	0	0	0
Legionella	46	2.2	0	0	0
Citrobacter	19	0.9	15	0	0
Morganella	13	0.6	11	0	0
Providencia	3	0.1	0	0	0
Clamidia	2	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	24	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1356</b>	<b>66.2</b>	<b>857</b>	<b>112</b>	<b>13.1</b>
Candida albicans	95	4.6	0	0	0
Candida glabrata	29	1.4	0	0	0
Candida krusei	2	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	13	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	11	0.5	0	0	0
Candida altra specie	2	0.1	0	0	0
Aspergillo	17	0.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	17	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	21	1.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>207</b>	<b>10.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	43	2.1			
Influenza B	3	0.1			
Influenza tipo non specificato	3	0.1			
Citomegalovirus	12	0.6			
Herpes simplex	7	0.3			
Altro Virus	40	2.0			
<b>Totale Virus</b>	<b>108</b>	<b>5.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	5	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	5	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>12</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- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29

Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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	201	Ertapenem	33	16.42
Klebsiella pneumoniae	203	Meropenem	37	18.23
Klebsiella altra specie	38	Ertapenem	2	5.26
Klebsiella altra specie	39	Meropenem	1	2.56
Enterobacter spp	44	Ertapenem	3	6.82
Altro enterobacterales	18	Ertapenem	3	16.67
Escherichia coli	300	Ertapenem	2	0.67
Escherichia coli	304	Meropenem	2	0.66
Proteus	47	Ertapenem	2	4.26
Proteus	47	Meropenem	1	2.13
Serratia	25	Ertapenem	1	4.00
Acinetobacter	26	Imipenem	17	65.38
Acinetobacter	26	Meropenem	20	76.92
Pseudomonas aeruginosa	122	Imipenem	28	22.95
Pseudomonas aeruginosa	122	Meropenem	16	13.11
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	174	Meticillina	28	16.09
Streptococcus pneumoniae	88	Penicillina	4	4.55
Streptococcus altra specie	28	Penicillina	3	10.71
Enterococco faecalis	73	Vancomicina	5	6.85
Enterococco faecium	57	Vancomicina	21	36.84
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

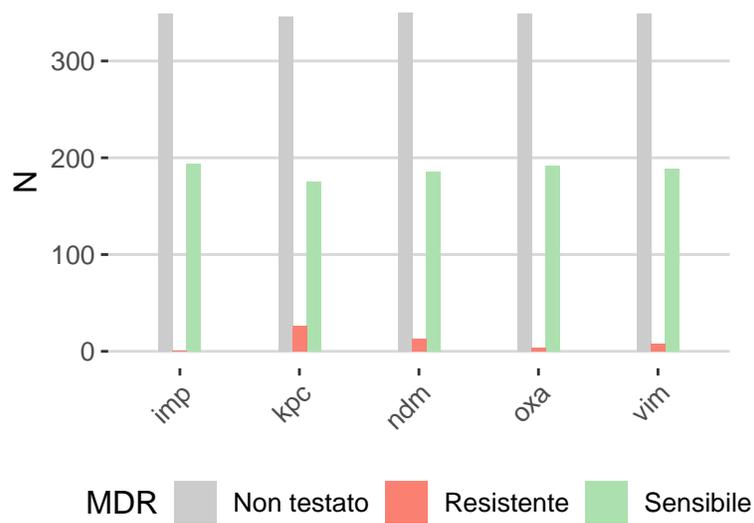
### 5.8.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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	45	8.14

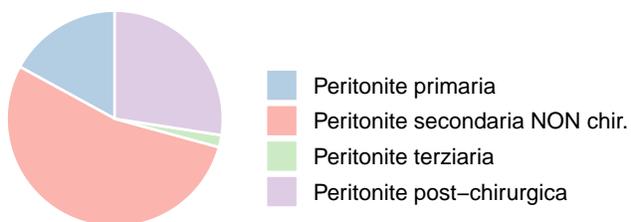
No	161	29.11
Non testato	347	62.75
Missing	429	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	1.9	194	349
kpc	26	50.0	175	346
ndm	13	25.0	185	350
oxa	4	7.7	192	349
vim	8	15.4	189	349



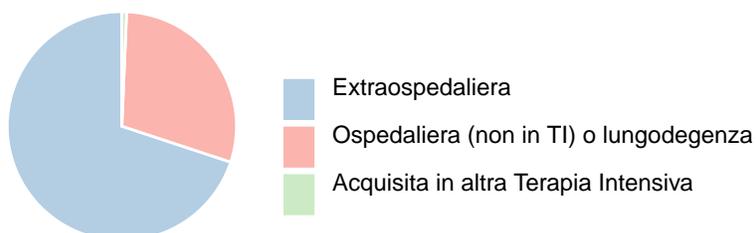
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 605)

### 6.1 Tipologia di peritonite



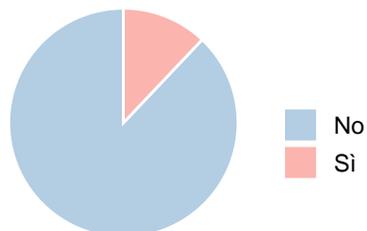
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	103	17.0
Peritonite secondaria NON chir.	325	53.7
Peritonite terziaria	11	1.8
Peritonite post-chirurgica	166	27.4
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



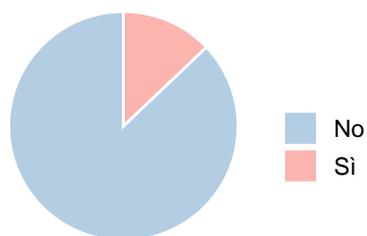
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	423	69.9
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	178	29.4
Acquisita in altra Terapia Intensiva	4	0.7
Missing	0	0

### 6.3 Infezione batteriemic



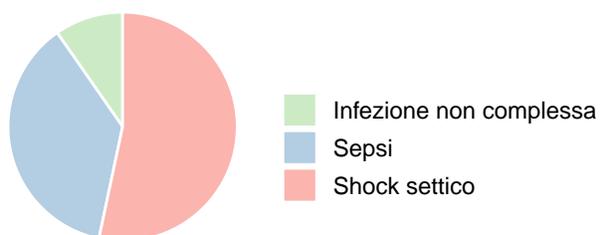
Batteriemic	N	%
No	532	87.9
Sì	73	12.1
Missing	0	0

## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	527	87.1
Si	78	12.9
Missing	0	0

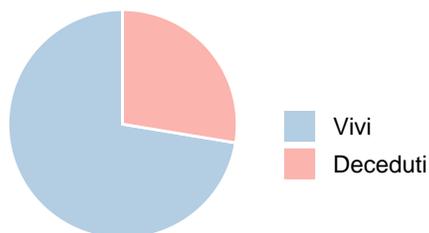
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	51	9.7
Sepsi	195	37.0
Shock settico	281	53.3
Missing	0	0

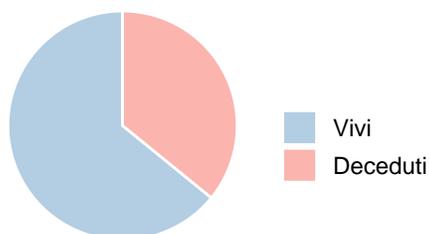
\* Statistiche calcolate su 527 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 78 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	438	72.4
Deceduti	167	27.6
Missing	0	0

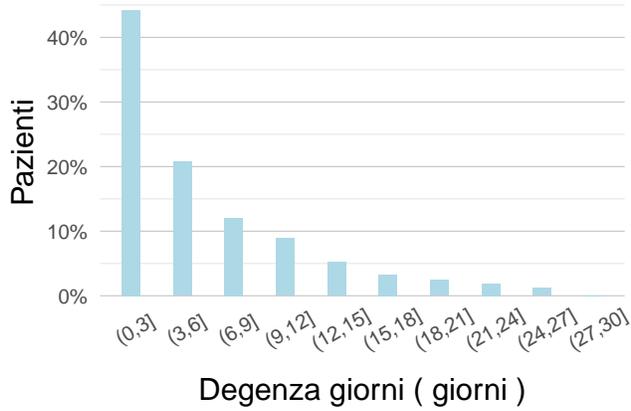
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	361	64.1
Deceduti	202	35.9
Missing	0	0

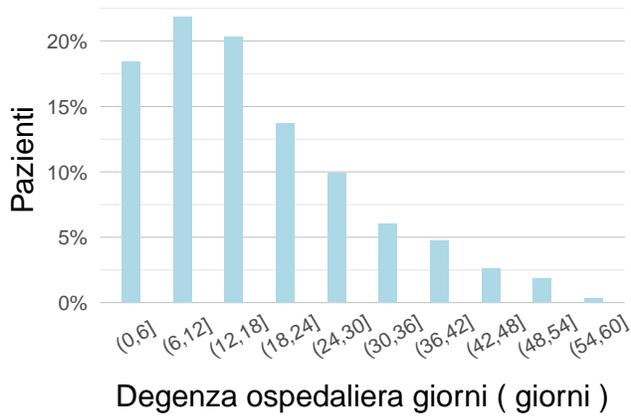
\* Statistiche calcolate su 563 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 42 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.2 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	5 (2-10)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.9 (18.8)
Mediana (Q1-Q3)	16 (9-28)
Missing	0

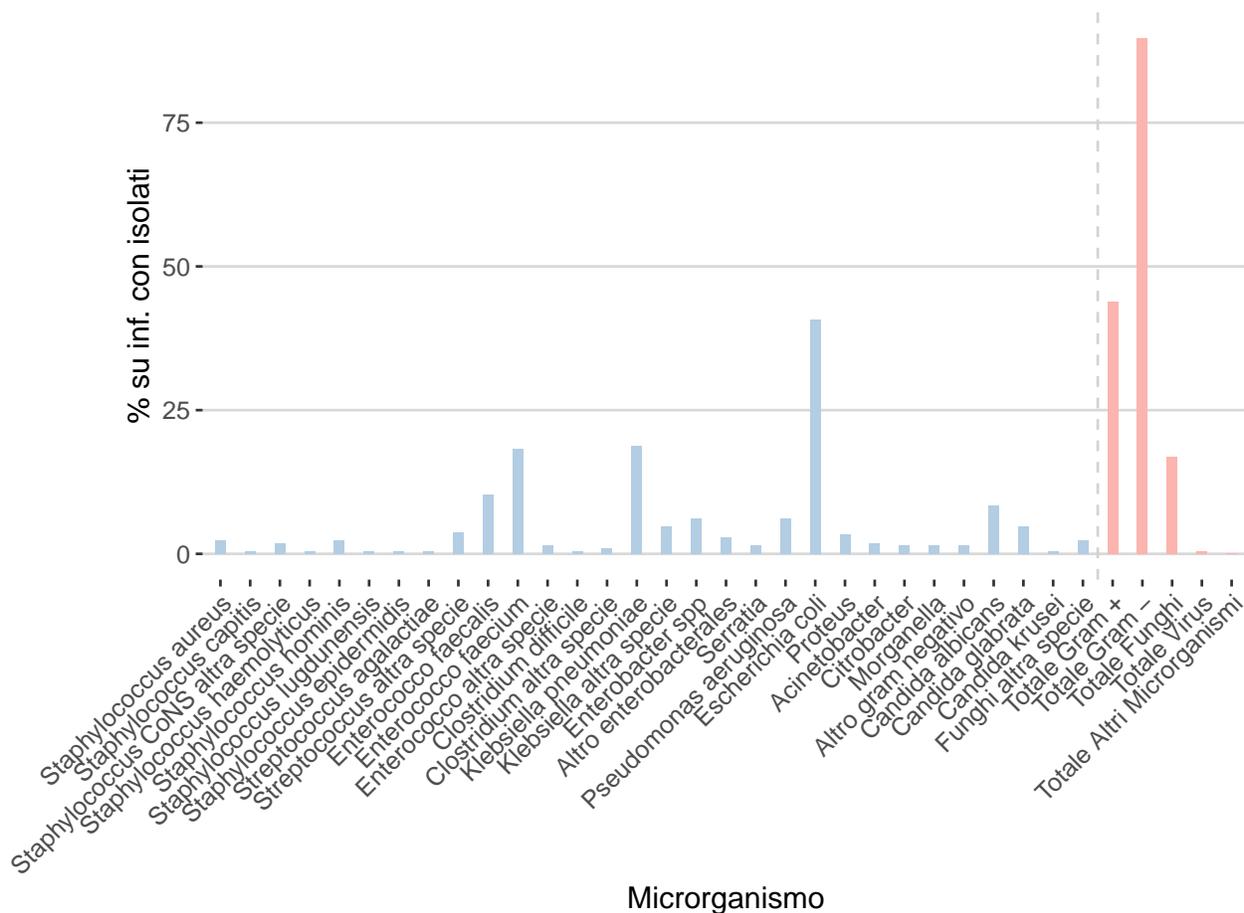
\* Statistiche calcolate su 563 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 42 ).

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	391	64.6
Sì	214	35.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>605</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>324</b>	

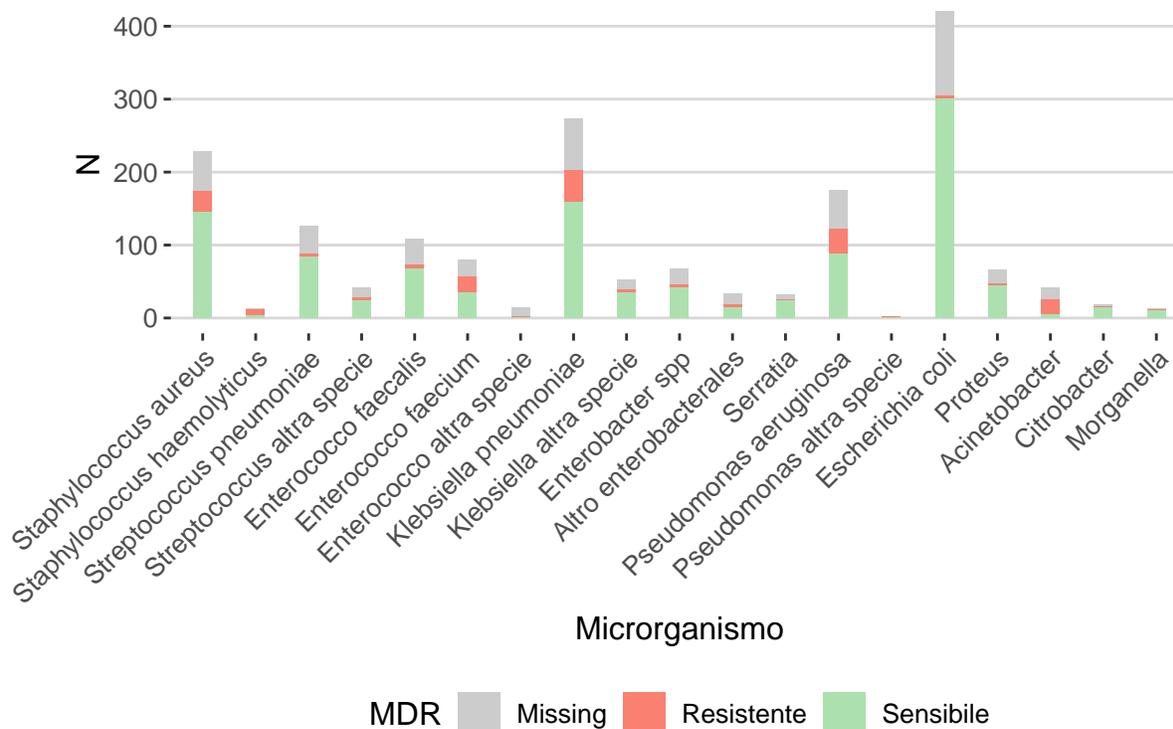
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	2.3	2	1	50
Staphylococcus capitis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.9	0	0	0

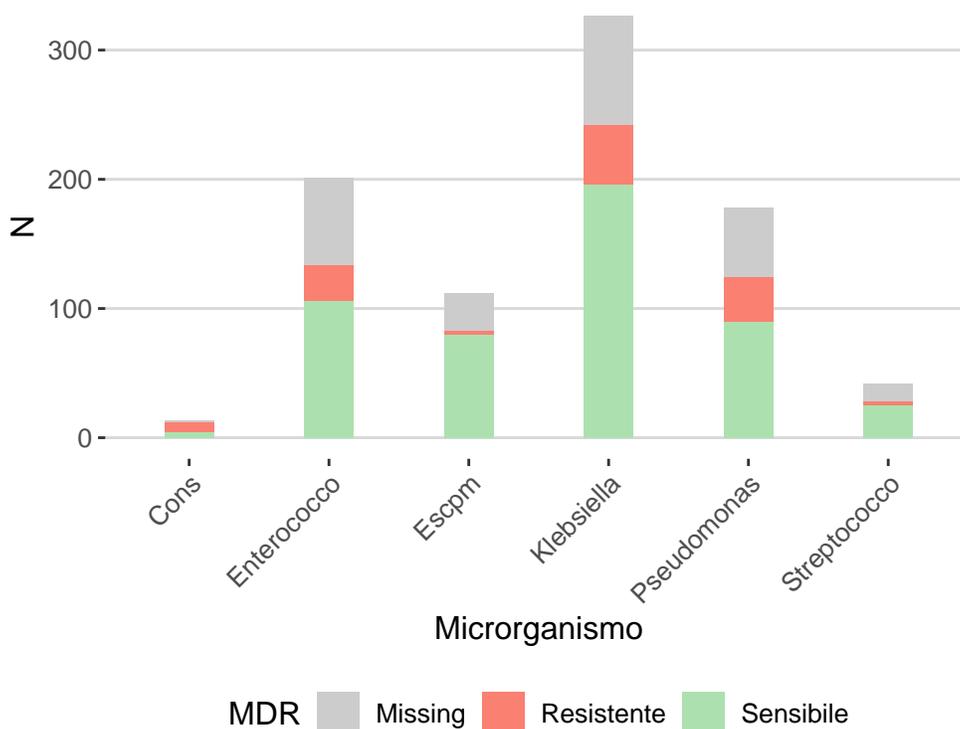
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	1	0	0
Staphylococcus hominis	5	2.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	8	3.7	7	0	0
Enterococco faecalis	22	10.3	17	1	5.9
Enterococco faecium	39	18.2	28	9	32.1
Enterococco altra specie	3	1.4	2	1	50
Clostridium difficile	1	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>94</b>	<b>43.9</b>	<b>57</b>	<b>12</b>	<b>21.1</b>
Klebsiella pneumoniae	40	18.7	31	2	6.5
Klebsiella altra specie	10	4.7	7	1	14.3
Enterobacter spp	13	6.1	9	0	0
Altro enterobacterales	6	2.8	3	2	66.7
Serratia	3	1.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	6.1	6	3	50
Escherichia coli	87	40.7	59	0	0
Proteus	7	3.3	6	0	0
Acinetobacter	4	1.9	3	2	66.7
Citrobacter	3	1.4	3	0	0
Morganella	3	1.4	3	0	0
Altro gram negativo	3	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>192</b>	<b>89.7</b>	<b>132</b>	<b>10</b>	<b>7.6</b>
Candida albicans	18	8.4	0	0	0
Candida glabrata	10	4.7	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	2.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>36</b>	<b>16.8</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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

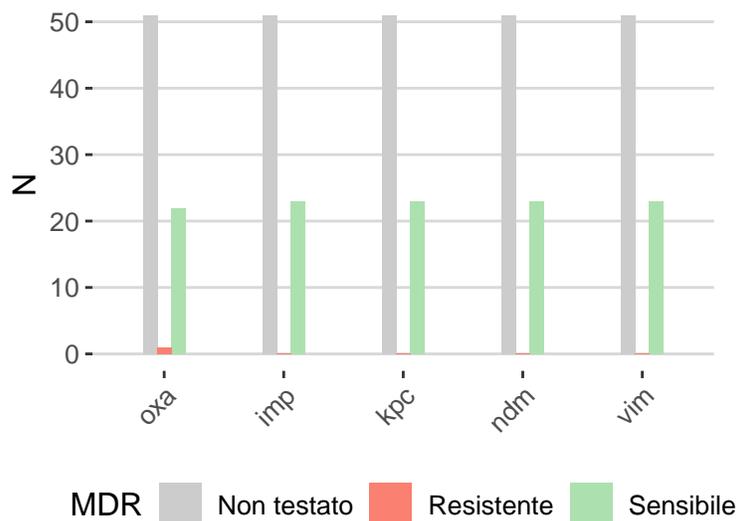
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	31	Ertapenem	1	3.23
Klebsiella pneumoniae	31	Meropenem	2	6.45
Klebsiella altra specie	6	Ertapenem	1	16.67
Altro enterobacterales	3	Ertapenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	6	Imipenem	3	50.00
Pseudomonas aeruginosa	6	Meropenem	2	33.33
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50.00
Enterococco faecalis	17	Vancomicina	1	5.88
Enterococco faecium	28	Vancomicina	9	32.14
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-mechanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

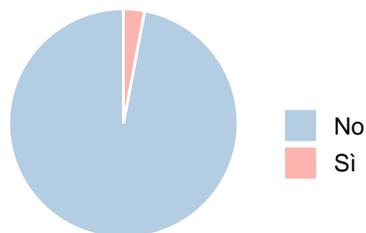
	N	%
Sì	1	1.35
No	22	29.73
Non testato	51	68.92
Missing	70	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	23	51
kpc	0	0	23	51
ndm	0	0	23	51
oxa	1	100	22	51
vim	0	0	23	51



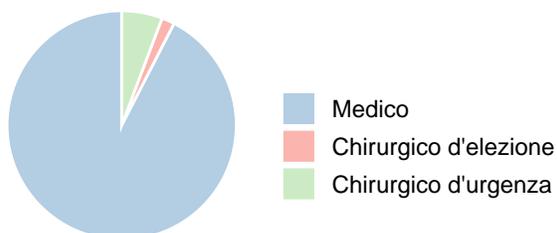
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 1046)

### 7.1 Trauma



Trauma	N	%
No	1015	97.0
Si	31	3.0
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



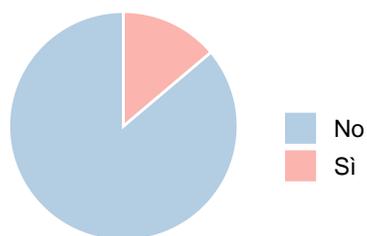
Stato chirurgico	N	%
Medico	967	92.4
Chirurgico d'elezione	19	1.8
Chirurgico d'urgenza	60	5.7
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



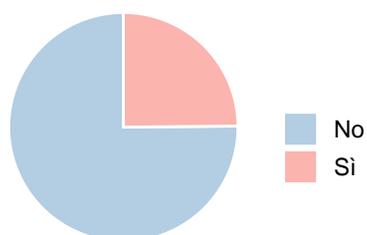
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	786	75.4
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	197	18.9
Acquisita in altra Terapia Intensiva	59	5.7
Missing	4	0

## 7.4 Infezione batteriemica



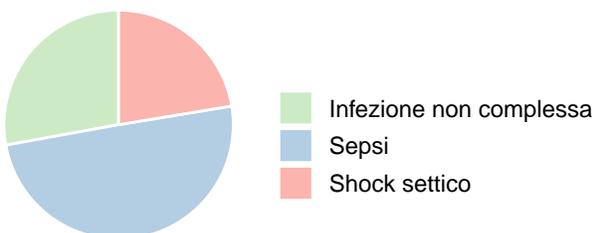
Batteriemica	N	%
No	897	86.2
Si	144	13.8
Missing	5	0

## 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	786	75.1
Si	260	24.9
Missing	0	0

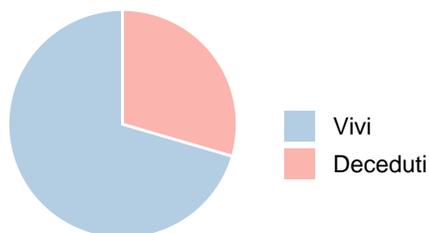
## 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	219	27.9
Sepsi	391	49.7
Shock settico	176	22.4
Missing	0	0

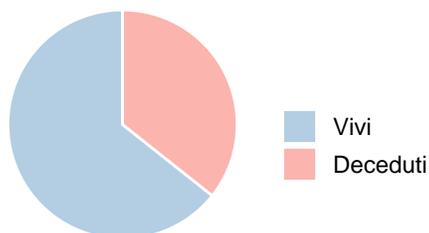
\* Statistiche calcolate su 786 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 260 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	735	70.5
Deceduti	308	29.5
Missing	3	0

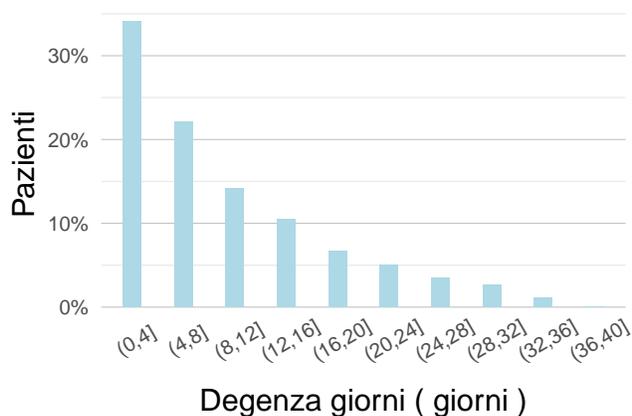
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	649	64.3
Deceduti	360	35.7
Missing	7	0

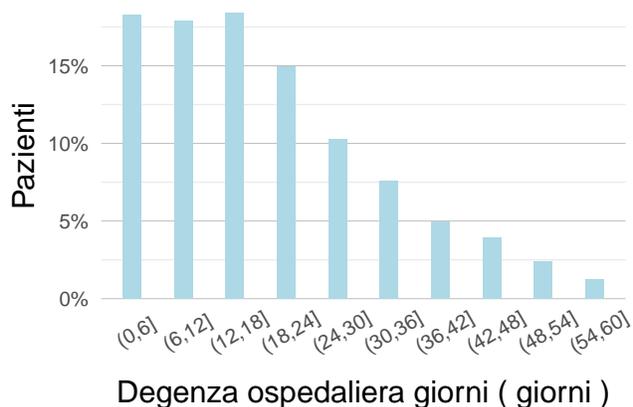
\* Statistiche calcolate su 1016 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 30 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.8 (12.4)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-16)
Missing	2

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.2 (19.4)
Mediana (Q1-Q3)	17 (9-30)
Missing	7

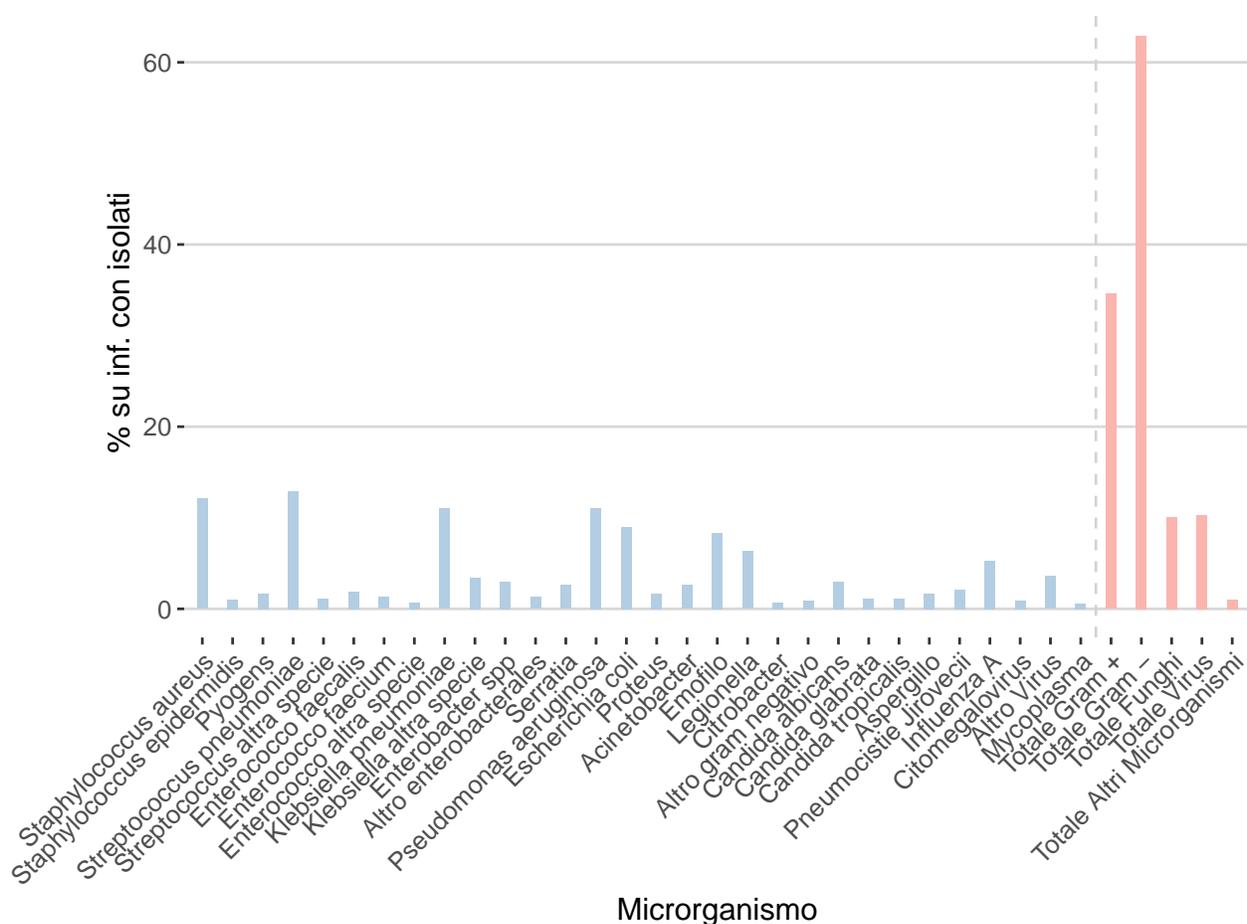
\* Statistiche calcolate su 1016 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 30 ).

## 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	342	32.8
Sì	700	67.2
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1046</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>909</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.

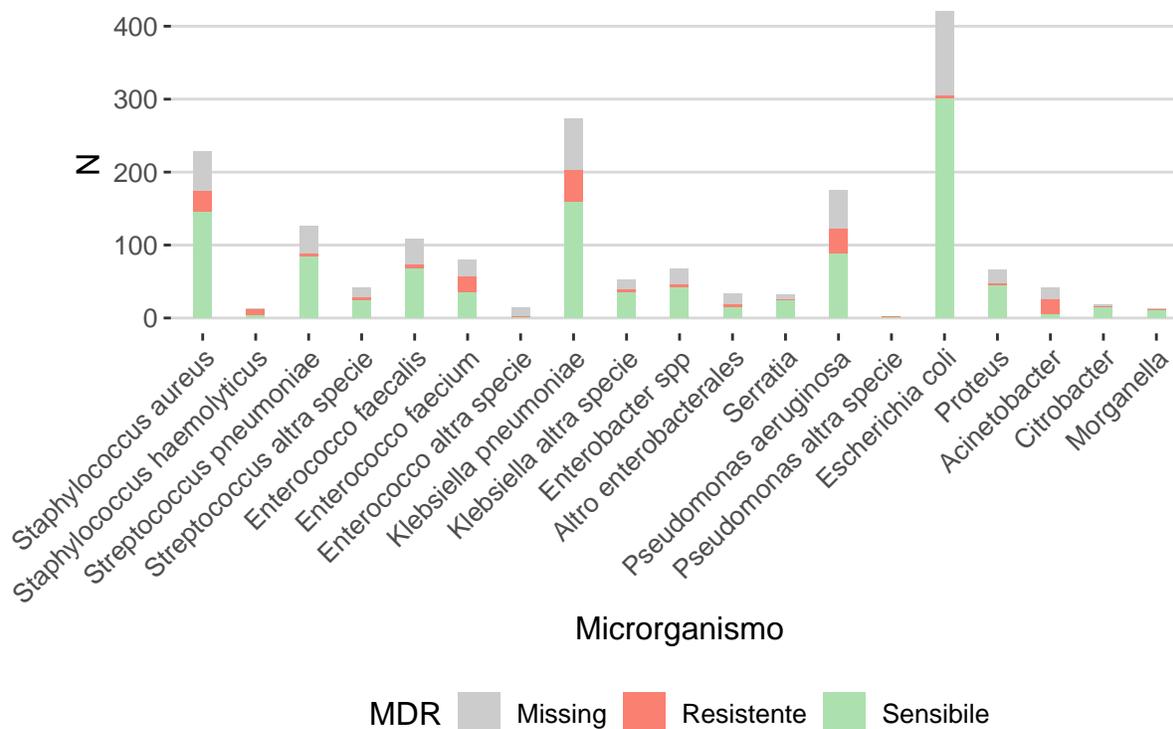


Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	85	12.1	67	10	14.9
Staphylococcus capitis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.3	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	1.0	0	0	0
Pyogens	12	1.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	90	12.9	63	1	1.6
Streptococcus altra specie	8	1.1	5	0	0
Enterococcus faecalis	13	1.9	9	1	11.1
Enterococcus faecium	9	1.3	6	5	83.3
Enterococcus altra specie	5	0.7	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>242</b>	<b>34.6</b>	<b>153</b>	<b>19</b>	<b>12.4</b>
Klebsiella pneumoniae	77	11.0	57	10	17.5
Klebsiella altra specie	24	3.4	18	2	11.1
Enterobacter spp	21	3.0	14	1	7.1
Altro enterobacterales	9	1.3	7	1	14.3
Serratia	18	2.6	12	1	8.3

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 1046)

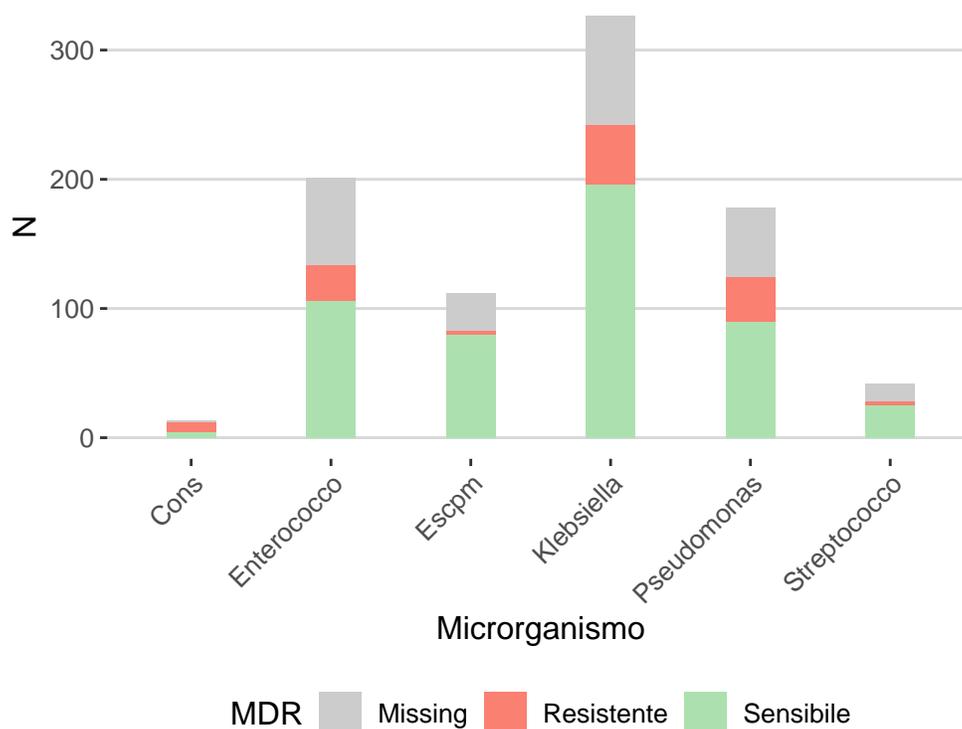
Pseudomonas aeruginosa	78	11.1	58	15	25.9
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	1	50
Escherichia coli	63	9.0	53	0	0
Proteus	12	1.7	8	1	12.5
Acinetobacter	18	2.6	9	9	100
Emofilo	58	8.3	0	0	0
Legionella	44	6.3	0	0	0
Citrobacter	5	0.7	3	0	0
Morganella	3	0.4	2	0	0
Clamidia	2	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	6	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>440</b>	<b>62.9</b>	<b>243</b>	<b>41</b>	<b>16.9</b>
Candida albicans	21	3.0	0	0	0
Candida glabrata	8	1.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.3	0	0	0
Candida tropicalis	8	1.1	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	12	1.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	15	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>71</b>	<b>10.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	37	5.3			
Influenza B	3	0.4			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	6	0.9			
Altro Virus	25	3.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>72</b>	<b>10.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	4	0.6	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>7</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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

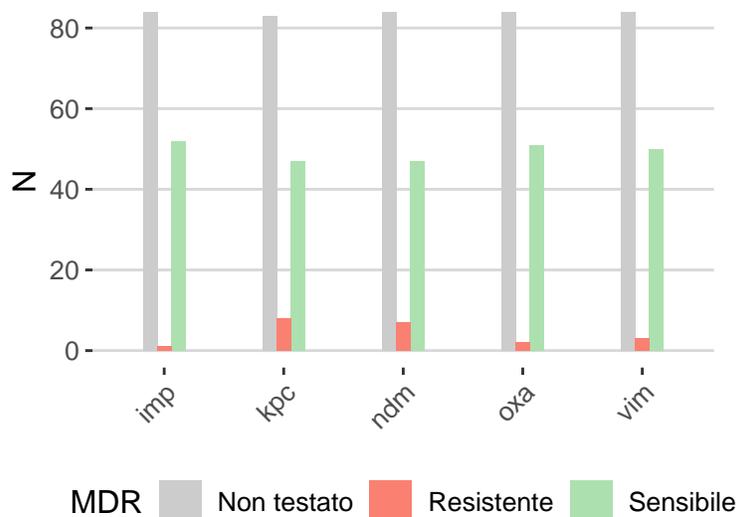
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	56	Ertapenem	7	12.50
Klebsiella pneumoniae	57	Meropenem	9	15.79
Klebsiella altra specie	18	Ertapenem	1	5.56
Klebsiella altra specie	18	Meropenem	1	5.56
Enterobacter spp	13	Ertapenem	1	7.69
Altro enterobacterales	7	Ertapenem	1	14.29
Proteus	8	Ertapenem	1	12.50
Proteus	8	Meropenem	1	12.50
Serratia	12	Ertapenem	1	8.33
Acinetobacter	9	Imipenem	7	77.78
Acinetobacter	9	Meropenem	9	100.00
Pseudomonas aeruginosa	58	Imipenem	11	18.97
Pseudomonas aeruginosa	58	Meropenem	9	15.52
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	67	Meticillina	10	14.93
Streptococcus pneumoniae	63	Penicillina	1	1.59
Enterococco faecalis	9	Vancomicina	1	11.11
Enterococco faecium	6	Vancomicina	5	83.33

### 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	16	11.51
No	40	28.78
Non testato	83	59.71
Missing	93	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	4.8	52	84
kpc	8	38.1	47	83
ndm	7	33.3	47	84
oxa	2	9.5	51	84
vim	3	14.3	50	84

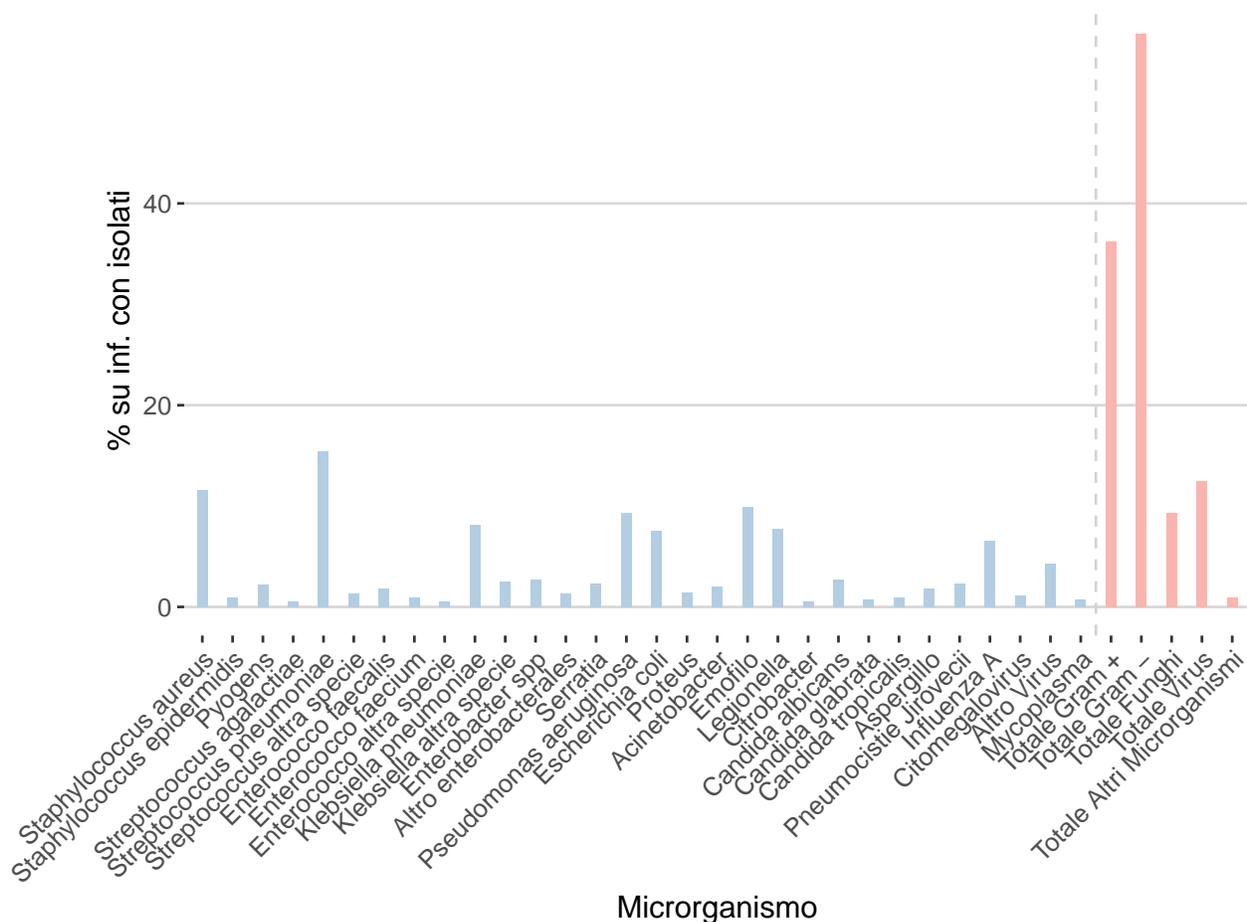


## 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	287	34.0
Sì	558	66.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>845</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>709</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.

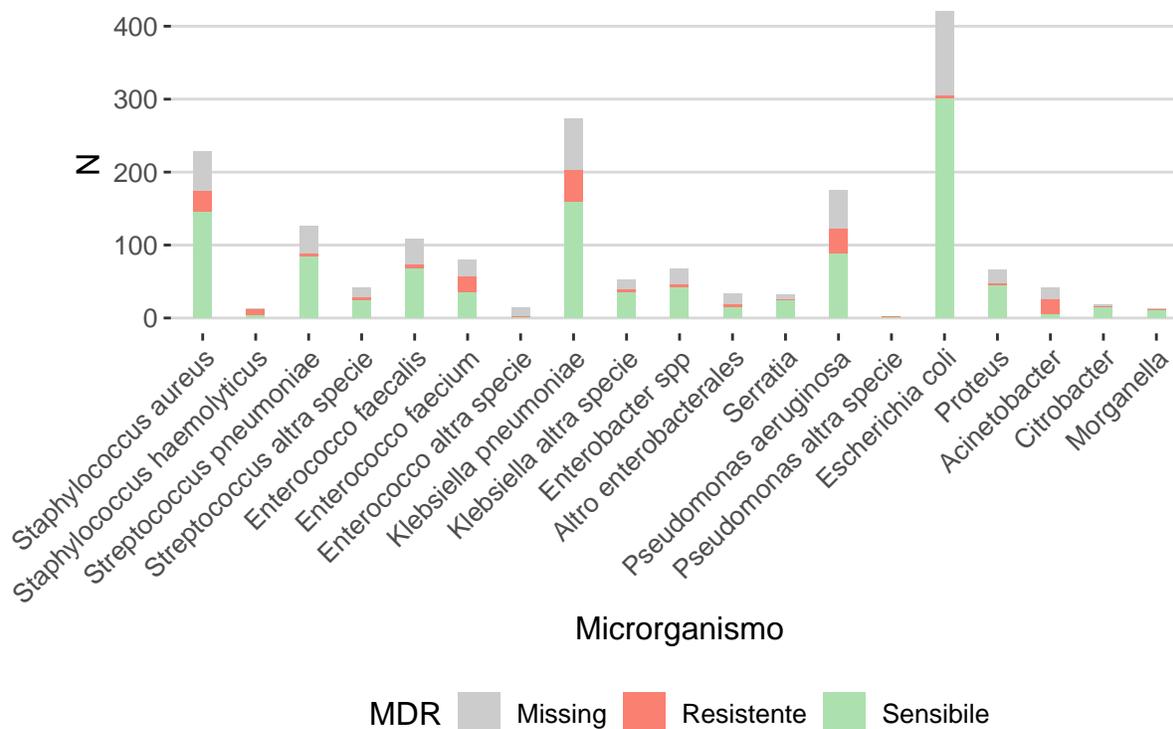


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	65	11.6	50	7	14
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	1	100
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	0.9	0	0	0
Pyogens	12	2.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	86	15.4	61	1	1.6
Streptococcus altra specie	7	1.3	4	0	0
Enterococco faecalis	10	1.8	7	1	14.3
Enterococco faecium	5	0.9	4	3	75
Enterococco altra specie	3	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>202</b>	<b>36.2</b>	<b>127</b>	<b>13</b>	<b>10.2</b>
Klebsiella pneumoniae	45	8.1	32	6	18.8
Klebsiella altra specie	14	2.5	11	1	9.1
Enterobacter spp	15	2.7	10	0	0
Altro enterobacterales	7	1.3	5	0	0
Serratia	13	2.3	8	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 1046)

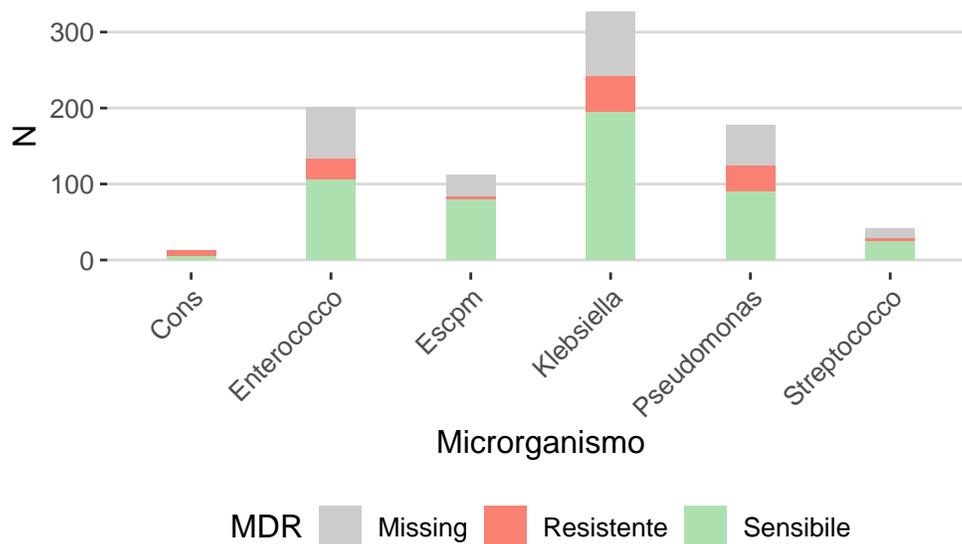
Pseudomonas aeruginosa	52	9.3	40	14	35
Pseudomonas altra specie	2	0.4	2	1	50
Escherichia coli	42	7.5	35	0	0
Proteus	8	1.4	5	1	20
Acinetobacter	11	2.0	4	4	100
Emofilo	55	9.9	0	0	0
Legionella	43	7.7	0	0	0
Citrobacter	3	0.5	2	0	0
Morganella	3	0.5	2	0	0
Clamidia	2	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>317</b>	<b>56.8</b>	<b>156</b>	<b>27</b>	<b>17.3</b>
Candida albicans	15	2.7	0	0	0
Candida glabrata	4	0.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	10	1.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	13	2.3	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>52</b>	<b>9.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	37	6.6			
Influenza B	2	0.4			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	6	1.1			
Altro Virus	24	4.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>70</b>	<b>12.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	4	0.7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>5</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	201	133	106	27	20.30	68

Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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	32	Ertapenem	5	15.62
Klebsiella pneumoniae	32	Meropenem	5	15.62
Klebsiella altra specie	11	Meropenem	1	9.09
Proteus	5	Ertapenem	1	20.00
Proteus	5	Meropenem	1	20.00
Acinetobacter	4	Imipenem	4	100.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	40	Imipenem	10	25.00
Pseudomonas aeruginosa	40	Meropenem	9	22.50
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	50	Meticillina	7	14.00
Streptococcus pneumoniae	61	Penicillina	1	1.64
Enterococco faecalis	7	Vancomicina	1	14.29
Enterococco faecium	4	Vancomicina	3	75.00

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

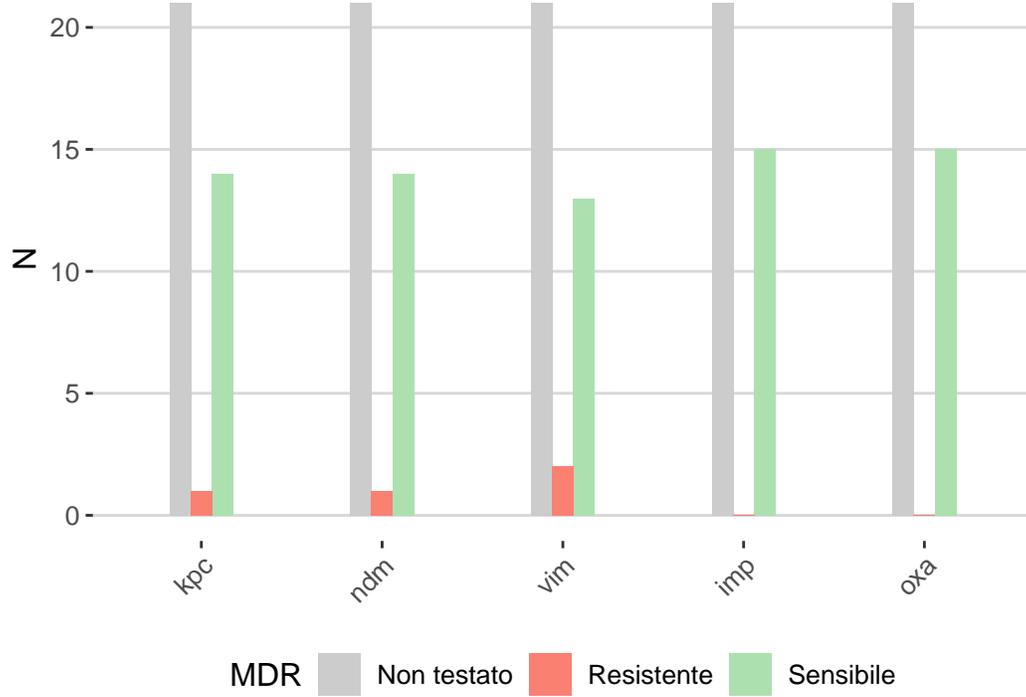
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	4	11.11
No	11	30.56
Non testato	21	58.33
Missing	42	

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

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 1046)

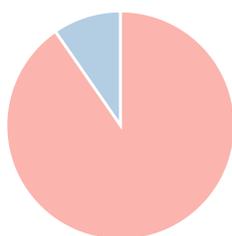
imp	0	0	15	21
kpc	1	25	14	21
ndm	1	25	14	21
oxa	0	0	15	21
vim	2	50	13	21



## 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 845 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 9.7% della popolazione totale ammessa in TI.

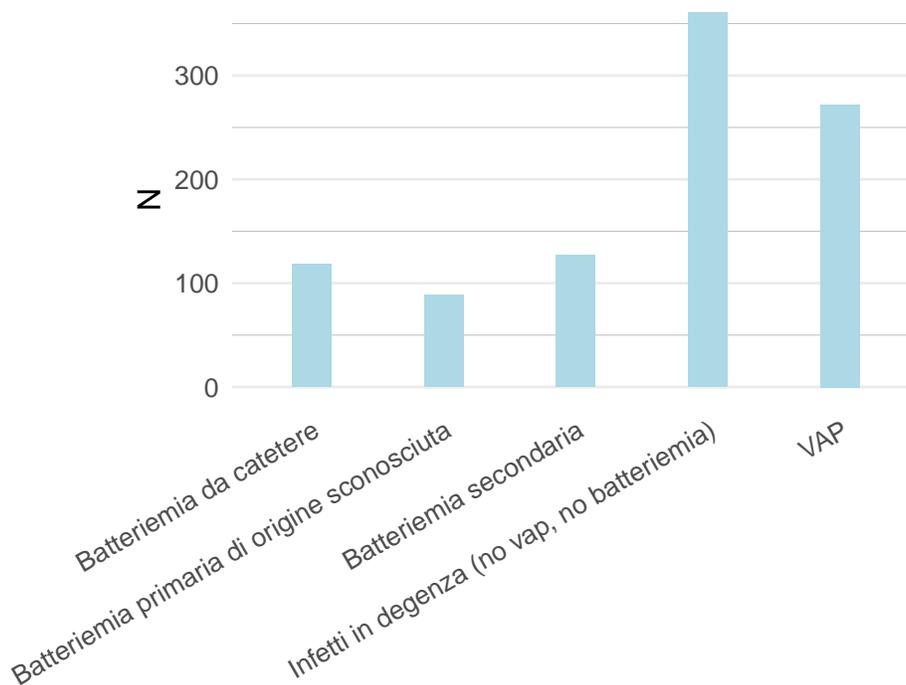


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	845	9.7
Non infetti in degenza	7910	90.3

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 8755).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



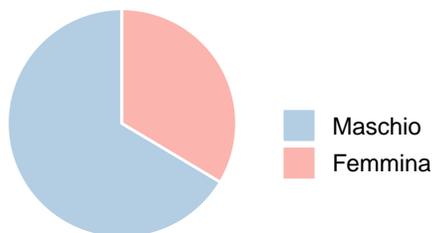
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	361	42.7
VAP	272	32.2
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	89	10.5
Batteriemia da catetere	118	14.0
Batteriemia secondaria	127	15.0

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 845)

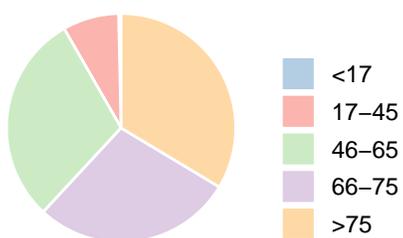
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 845)

### 8.1 Sesso



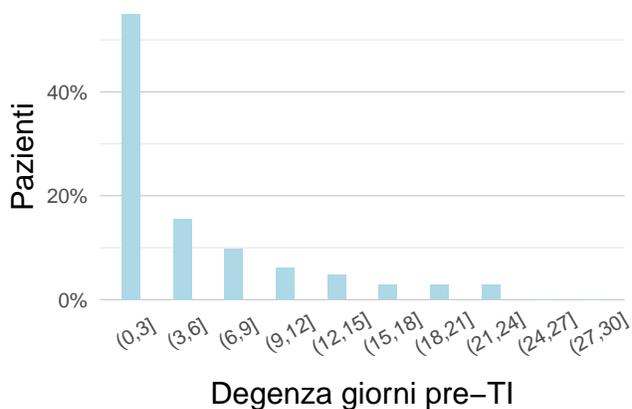
Sesso	N	%
Maschio	558	66.4
Femmina	282	33.6
Missing	5	0

### 8.2 Età



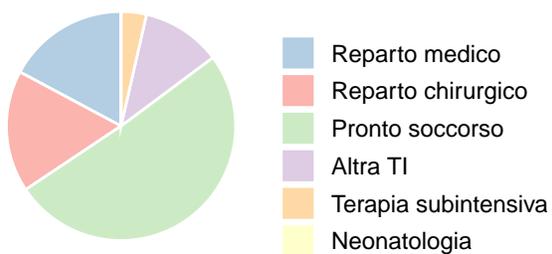
Range età	N	%
<17	3	0.4
17-45	67	7.9
46-65	252	29.8
66-75	239	28.3
>75	284	33.6
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



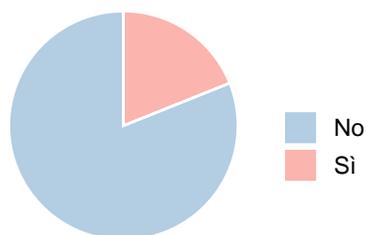
Indicatore	Valore
Media	4.9
DS	10.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



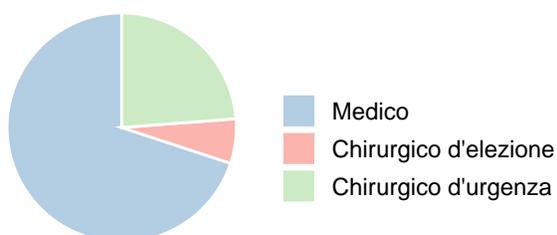
Provenienza	N	%
Reparto medico	144	17.2
Reparto chirurgico	144	17.2
Pronto soccorso	426	50.8
Altra TI	94	11.2
Terapia subintensiva	30	3.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	7	0

## 8.5 Trauma



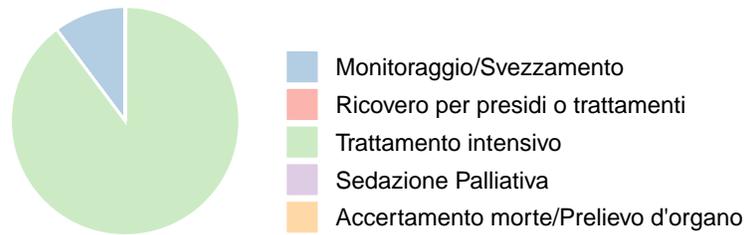
Trauma	N	%
No	685	81.1
Sì	160	18.9
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



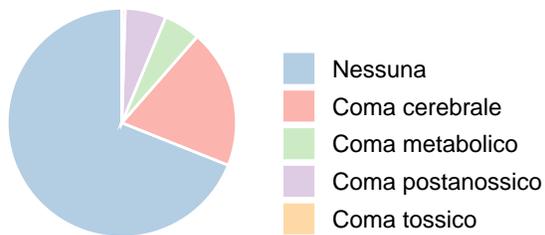
Stato chirurgico	N	%
Medico	591	69.9
Chirurgico d'elezione	53	6.3
Chirurgico d'urgenza	201	23.8
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



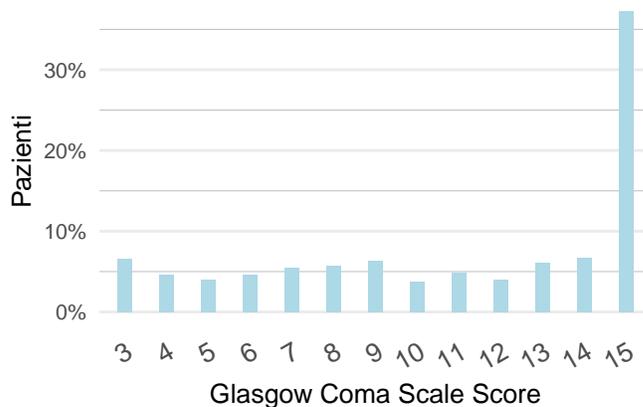
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	86	10.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	754	89.7
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	4	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



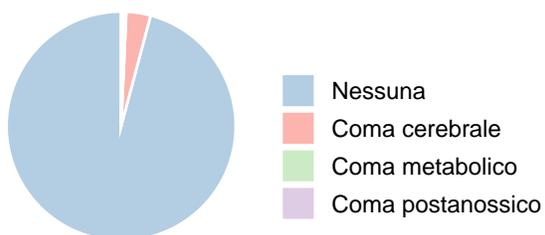
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	440	69.0
Coma cerebrale	125	19.6
Coma metabolico	33	5.2
Coma postanossico	37	5.8
Coma tossico	3	0.5
Missing	207	0

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



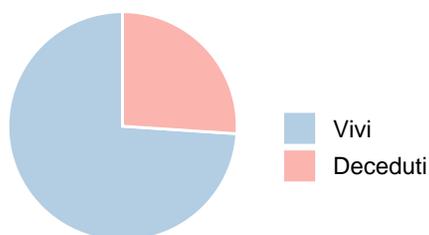
Indicatore	Valore
Media	9.0
DS	4.2
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



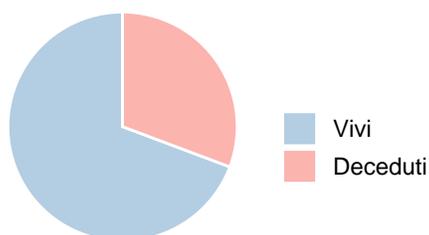
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	810	95.9
Coma cerebrale	29	3.4
Coma metabolico	3	0.4
Coma postanossico	3	0.4
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	622	74.0
Deceduti	219	26.0
Missing	4	0

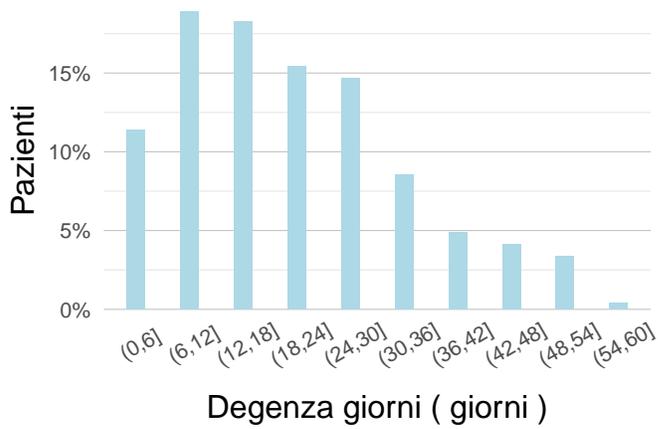
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	557	69.3
Deceduti	247	30.7
Missing	12	0

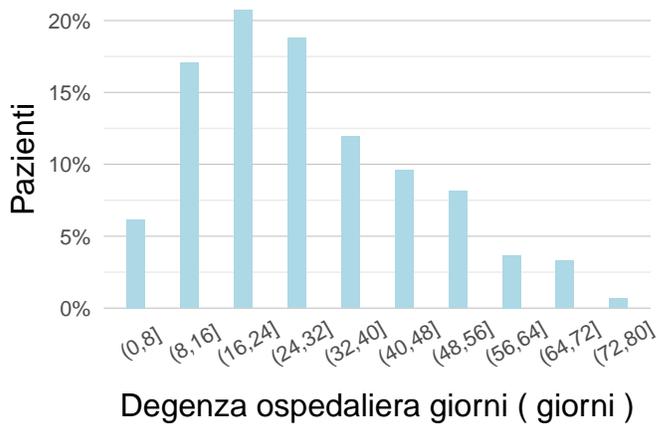
\* Statistiche calcolate su 816 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 29 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.7 (18.0)
Mediana (Q1-Q3)	20 (11-31)
Missing	4

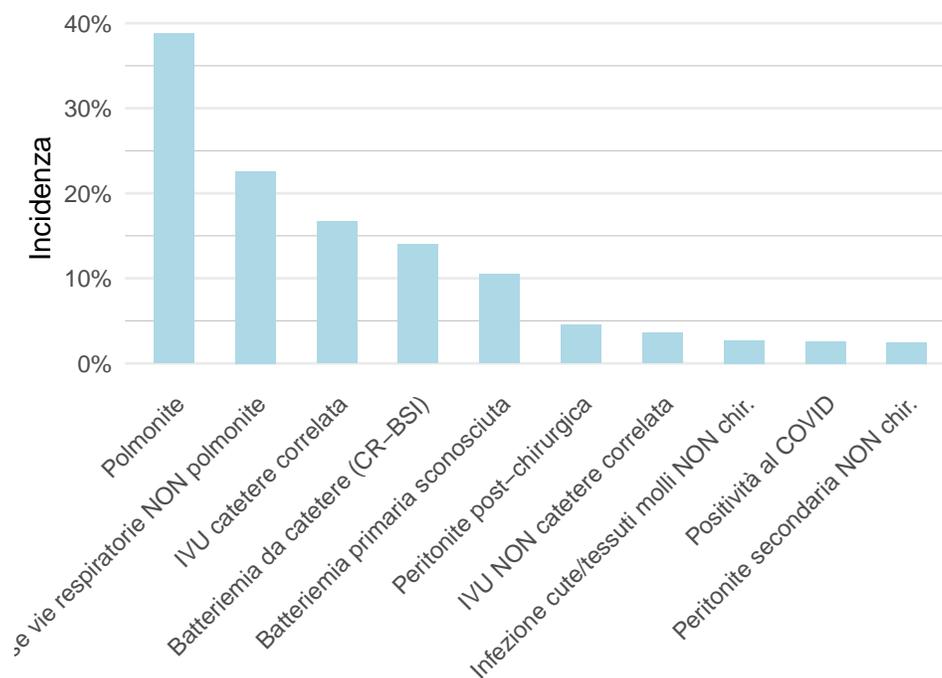
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.7 (23.7)
Mediana (Q1-Q3)	28 (17.8-44)
Missing	12

\* Statistiche calcolate su 816 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 29 ).

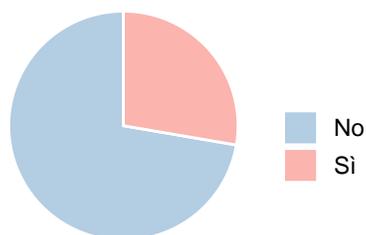
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	328	38.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	191	22.6
IVU catetere correlata	141	16.7
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	118	14.0
Batteriemia primaria sconosciuta	89	10.5
Peritonite post-chirurgica	38	4.5
IVU NON catetere correlata	30	3.6
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	23	2.7
Positività al COVID	22	2.6
Peritonite secondaria NON chir.	21	2.5
Missing	0	NA

### 8.16 Infezione multisito



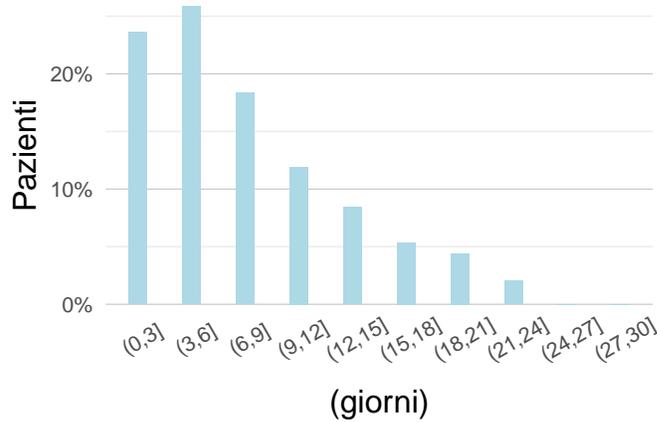
Infezione multisito	N	%
No	611	72.3
Sì	234	27.7
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	1094
Numero totale di microrganismi isolati	1205

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.5
DS	7.1
Mediana	7
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	18.3	12.8 %
CI ( 95% )	17.1 - 19.6	12.0 - 13.8

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

Il primo:

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

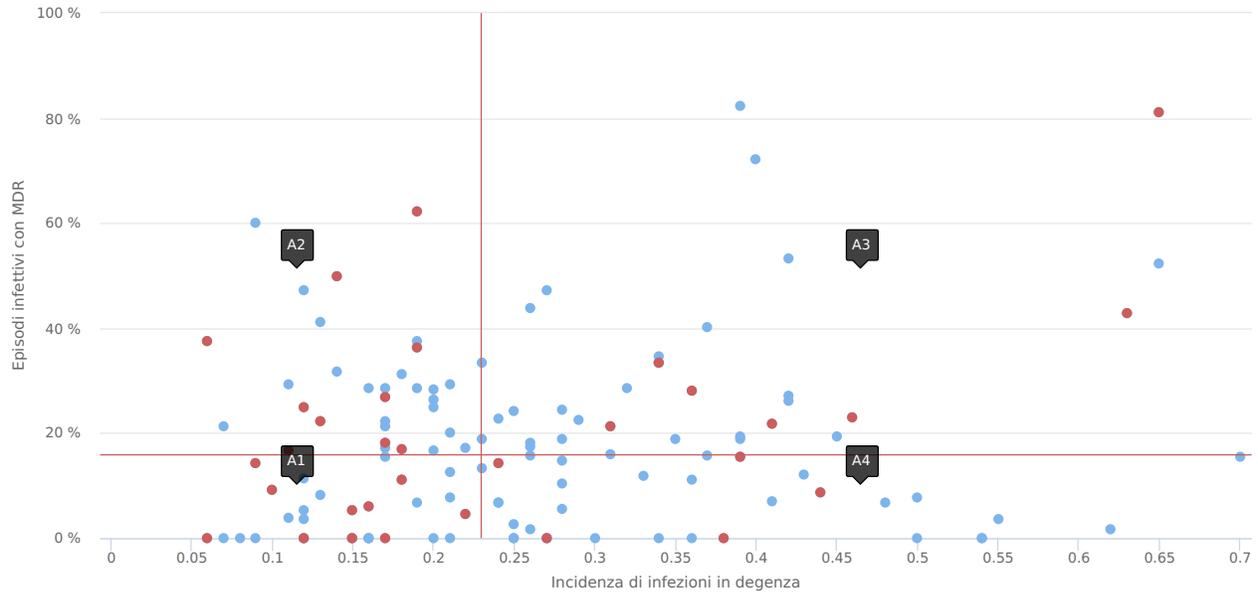
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

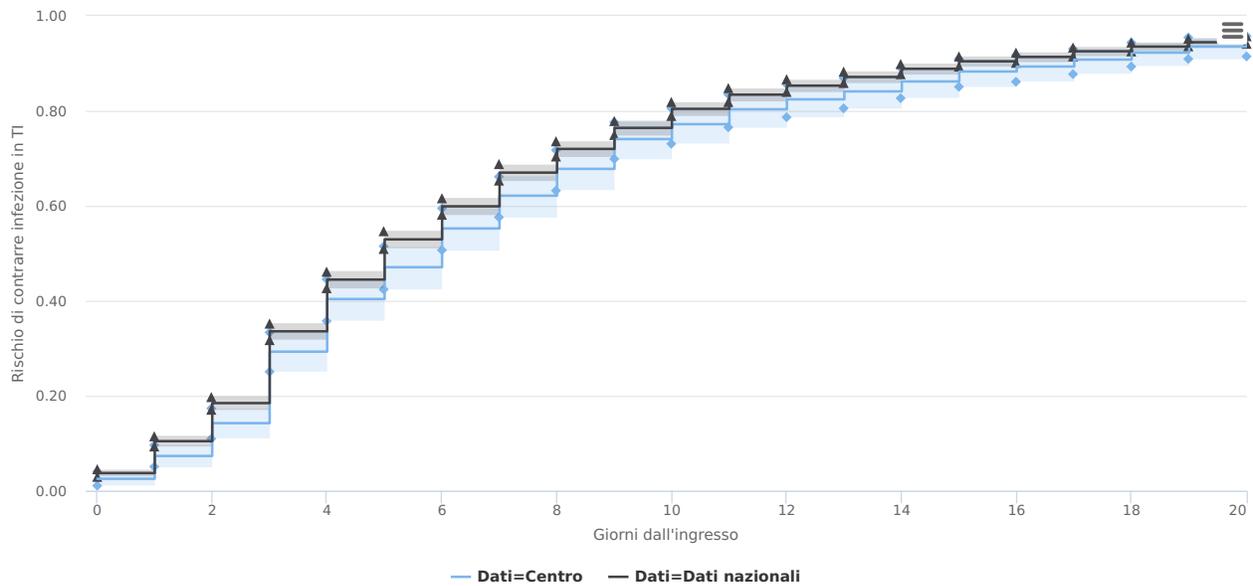
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

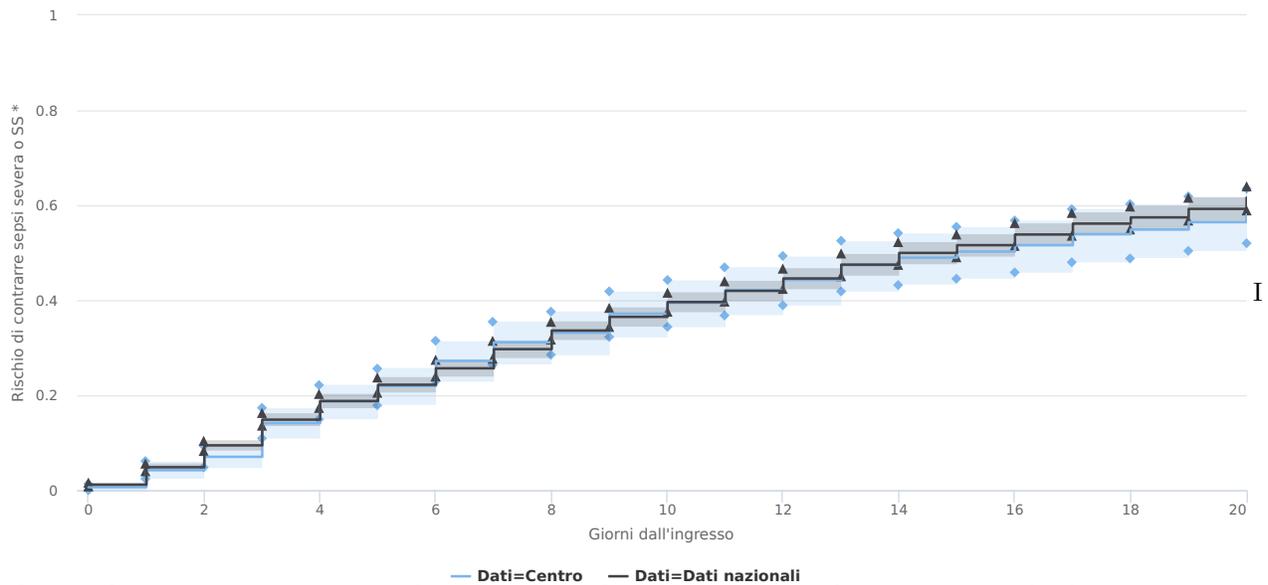


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza dei valori mediani nazionali e delineano 4 aree. L’area **A1** identifica i centri che sembrano praticare un’efficace prevenzione delle infezioni e una buona gestione dell’antibiotico terapia. Per contro a cadere nell’area **A3** sono i centri che, osservando un’elevata incidenza di infezioni in degenza ed un’alta percentuale di multiresistenze, paiono non riuscire a controllare efficacemente i fenomeni. È bene sottolineare che ad influire notevolmente su tali statistiche sono i case-mix delle TI. È pertanto importante valutare con estrema cautela tale grafico e tenere in considerazione che quella appena fornita è solo una delle tante possibili chiavi di lettura.

### Rischio di contrarre infezioni in TI



### Rischio di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



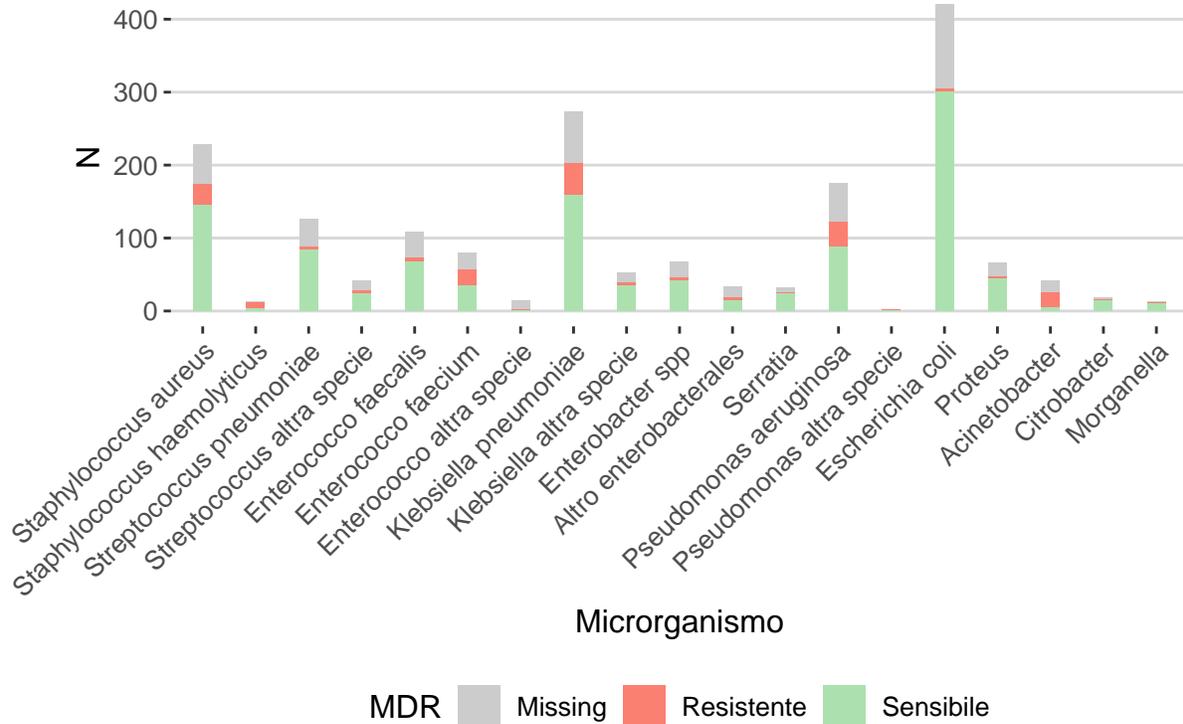
due grafici sovrastanti mostrano le curve di rischio di contrarre infezione e sepsi/shock settico in TI all'aumentare dei giorni trascorsi in reparto. Come è logico, il rischio aumenta all'aumentare della degenza del paziente.

Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.



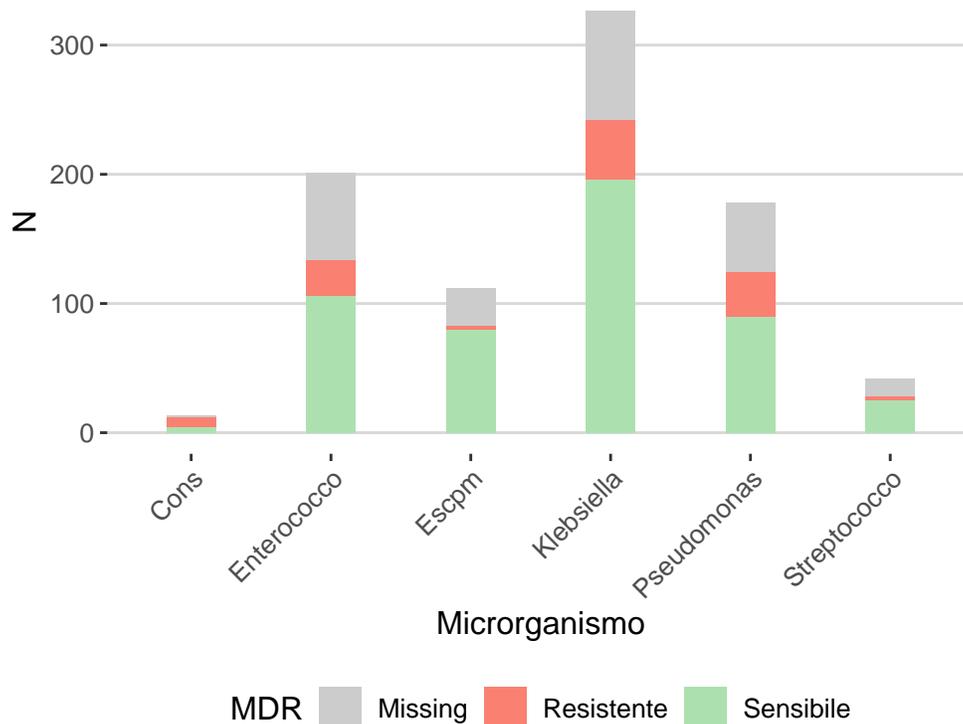
Staphylococcus haemolyticus	11	1.1	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	15	1.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	50	5.0	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	14	1.4	10	0	0
Streptococcus altra specie	7	0.7	5	0	0
Enterococco faecalis	55	5.5	37	1	2.7
Enterococco faecium	31	3.1	23	7	30.4
Enterococco altra specie	5	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	8	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	5	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>338</b>	<b>34.0</b>	<b>163</b>	<b>26</b>	<b>16</b>
Klebsiella pneumoniae	141	14.2	96	30	31.2
Klebsiella altra specie	41	4.1	31	2	6.5
Enterobacter spp	44	4.4	36	5	13.9
Altro enterobacterales	13	1.3	7	0	0
Serratia	35	3.5	26	3	11.5
Pseudomonas aeruginosa	173	17.4	109	23	21.1
Pseudomonas altra specie	8	0.8	3	0	0
Escherichia coli	124	12.5	79	0	0
Proteus	34	3.4	27	1	3.7
Acinetobacter	63	6.3	47	34	72.3
Emofilo	17	1.7	0	0	0
Citrobacter	19	1.9	11	0	0
Morganella	11	1.1	4	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	7	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>732</b>	<b>73.7</b>	<b>476</b>	<b>98</b>	<b>20.6</b>
Candida albicans	46	4.6	0	0	0
Candida glabrata	8	0.8	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	21	2.1	0	0	0
Candida tropicalis	8	0.8	0	0	0
Candida altra specie	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	12	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>104</b>	<b>10.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	4	0.4			
Herpes simplex	2	0.2			
Altro Virus	3	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>9</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.

### 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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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	94	Ertapenem	16	17.02
Klebsiella pneumoniae	96	Meropenem	28	29.17
Klebsiella altra specie	31	Ertapenem	2	6.45
Klebsiella altra specie	31	Meropenem	2	6.45
Enterobacter spp	36	Ertapenem	5	13.89
Proteus	27	Ertapenem	1	3.70
Serratia	25	Ertapenem	3	12.00
Serratia	26	Meropenem	1	3.85
Acinetobacter	47	Imipenem	27	57.45
Acinetobacter	47	Meropenem	34	72.34
Pseudomonas aeruginosa	108	Imipenem	22	20.37
Pseudomonas aeruginosa	109	Meropenem	11	10.09
Staphylococcus haemolyticus	9	Meticillina	6	66.67
Staphylococcus aureus	79	Meticillina	12	15.19
Enterococco faecalis	37	Vancomicina	1	2.70
Enterococco faecium	23	Vancomicina	7	30.43

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

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

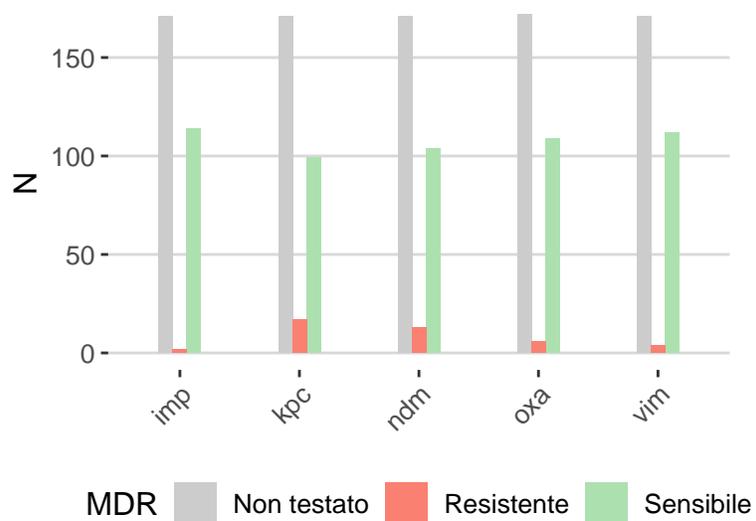
	N	%
Si	32	11.43
No	82	29.29
Non testato	166	59.29

---

Missing 222

---

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	4.8	114	171
kpc	17	40.5	99	171
ndm	13	31.0	104	171
oxa	6	14.3	109	172
vim	4	9.5	112	171



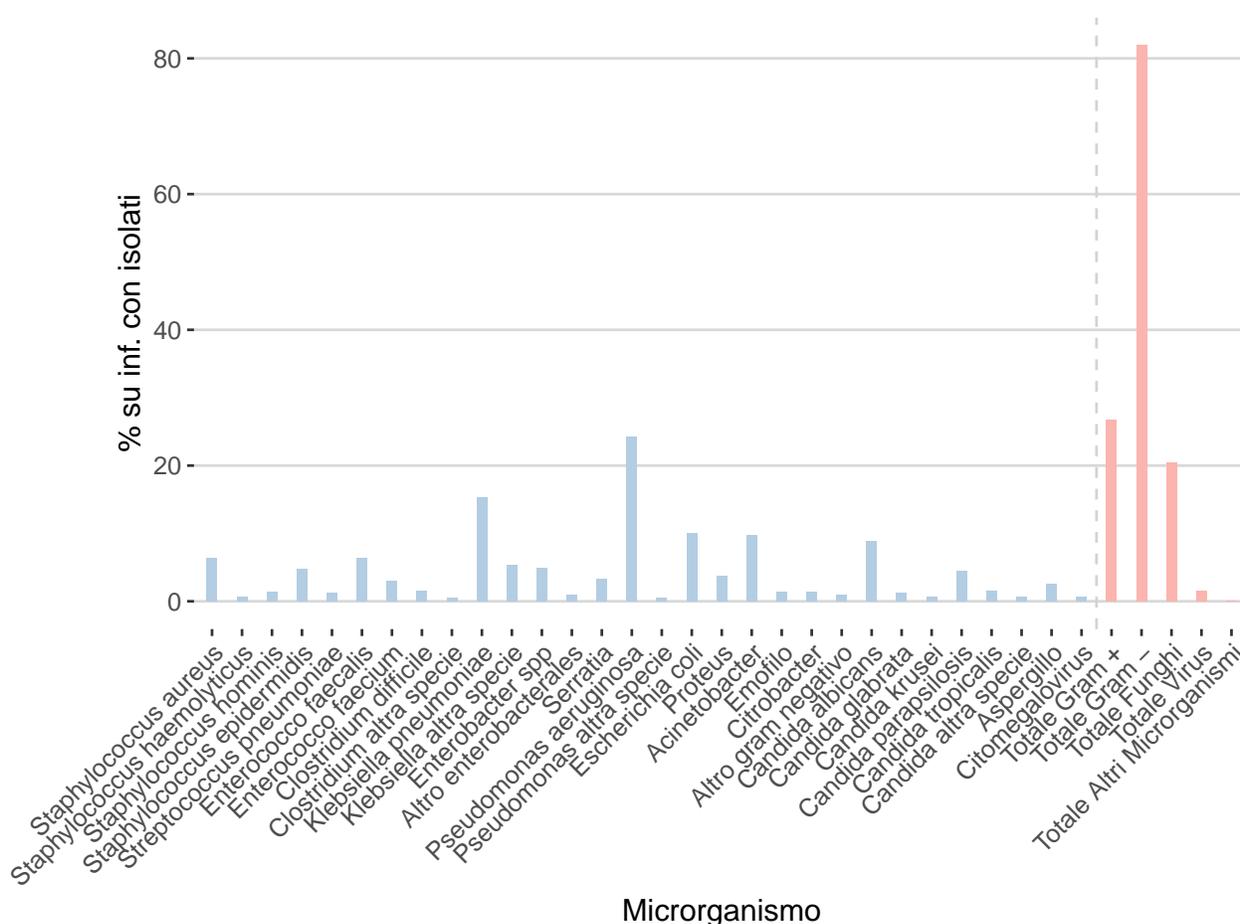
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 363)

### 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	126	14.0
Sì	773	86.0
Missing	8	
<b>Totale infezioni</b>	<b>907</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>977</b>	

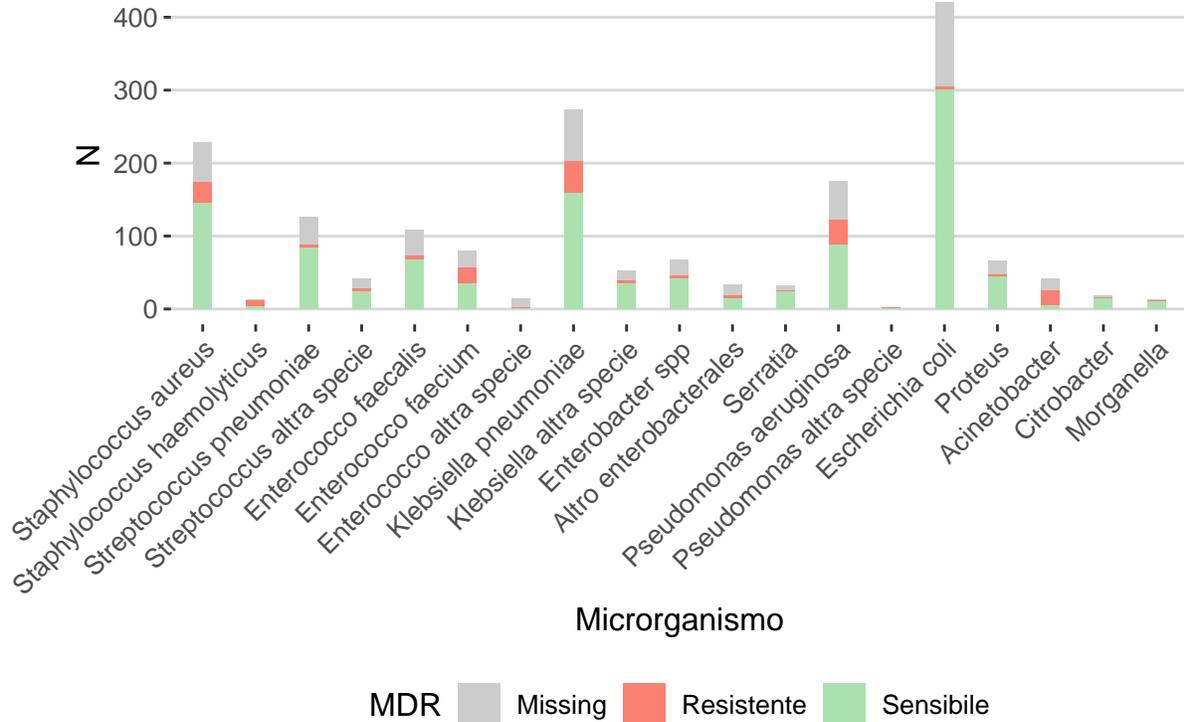
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	6.3	20	4	20

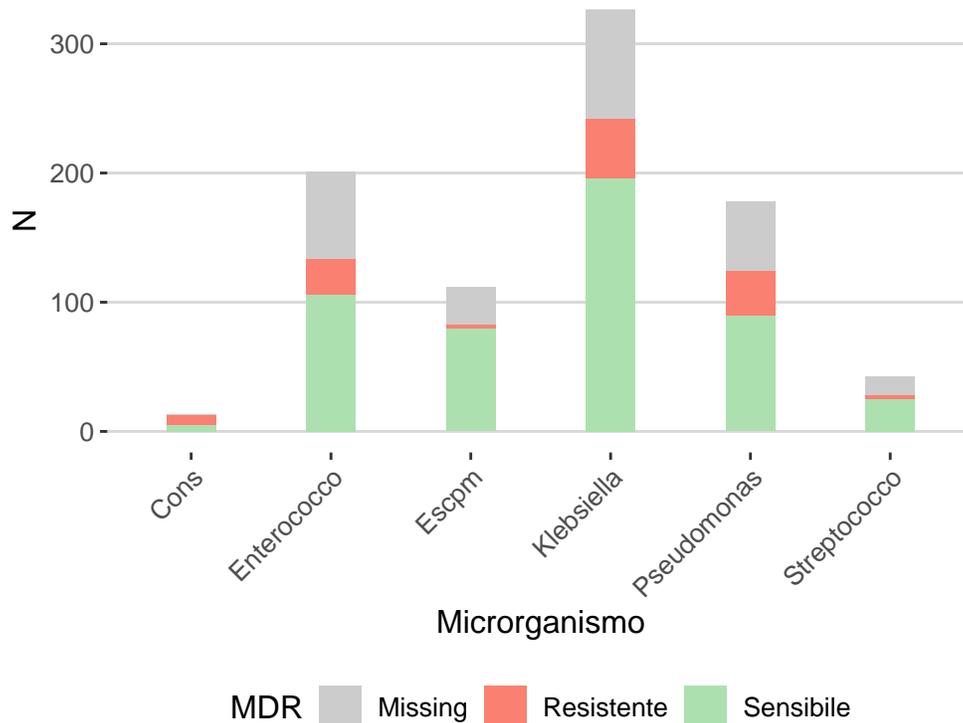
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	6	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	4.7	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	1.2	3	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.2	0	0	0
Enterococco faecalis	27	6.3	19	0	0
Enterococco faecium	13	3.0	10	4	40
Enterococco altra specie	1	0.2	0	0	0
Clostridium difficile	7	1.6	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>115</b>	<b>26.7</b>	<b>53</b>	<b>9</b>	<b>17</b>
Klebsiella pneumoniae	66	15.3	44	17	38.6
Klebsiella altra specie	23	5.3	17	3	17.6
Enterobacter spp	21	4.9	20	5	25
Altro enterobacterales	4	0.9	3	0	0
Serratia	14	3.3	13	1	7.7
Pseudomonas aeruginosa	104	24.2	72	19	26.4
Pseudomonas altra specie	2	0.5	1	0	0
Escherichia coli	43	10.0	30	0	0
Proteus	16	3.7	13	0	0
Acinetobacter	42	9.8	33	27	81.8
Emofilo	6	1.4	0	0	0
Citrobacter	6	1.4	3	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>352</b>	<b>81.9</b>	<b>249</b>	<b>72</b>	<b>28.9</b>
Candida albicans	38	8.8	0	0	0
Candida glabrata	5	1.2	0	0	0
Candida krusei	3	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	19	4.4	0	0	0
Candida tropicalis	7	1.6	0	0	0
Candida altra specie	3	0.7	0	0	0
Aspergillo	11	2.6	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>88</b>	<b>20.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	0.7			
Herpes simplex	2	0.5			
Altro Virus	2	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>7</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.

### 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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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	65	Ertapenem	8	12.31
Klebsiella pneumoniae	66	Meropenem	19	28.79
Klebsiella altra specie	27	Ertapenem	4	14.81
Klebsiella altra specie	27	Meropenem	3	11.11
Enterobacter spp	26	Ertapenem	6	23.08
Escherichia coli	72	Ertapenem	1	1.39
Serratia	17	Ertapenem	2	11.76
Acinetobacter	35	Imipenem	23	65.71
Acinetobacter	35	Meropenem	29	82.86
Pseudomonas aeruginosa	97	Imipenem	27	27.84
Pseudomonas aeruginosa	98	Meropenem	11	11.22
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	50	Meticillina	8	16.00
Enterococco faecalis	32	Vancomicina	3	9.38
Enterococco faecium	20	Vancomicina	7	35.00

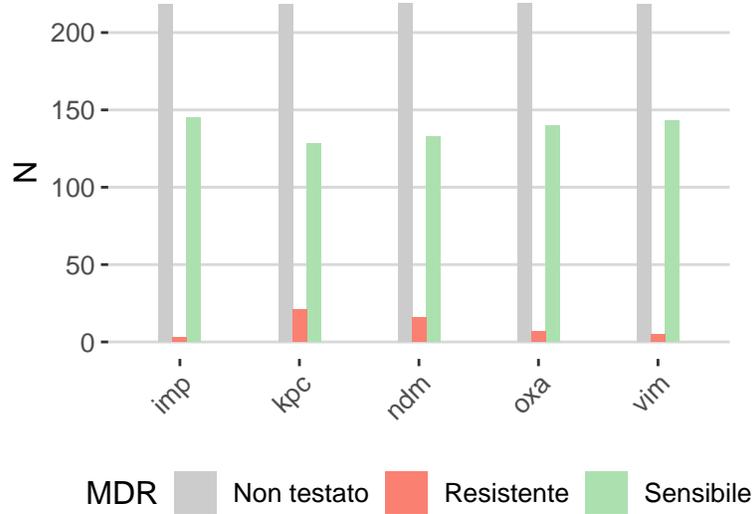
### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

	N	%
Si	37	10.69
No	105	30.35
Non testato	204	58.96

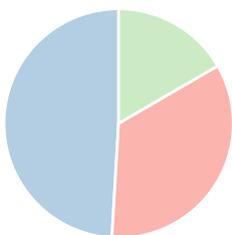
Missing 269

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	5.8	145	218
kpc	21	40.4	128	218
ndm	16	30.8	133	219
oxa	7	13.5	140	219
vim	5	9.6	143	218



## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 482)

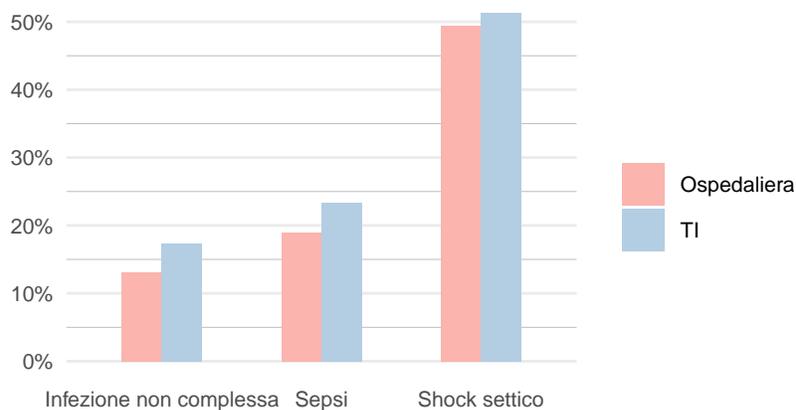
### 10.1 Gravità massima dell'infezione



■ Infezione non complessa  
 ■ Sepsì  
 ■ Shock settico

Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	236	49.1
Sepsì	165	34.3
Shock settico	80	16.6
Missing	1	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	13.1	17.4
Sepsì	18.9	23.4
Shock settico	49.4	51.3

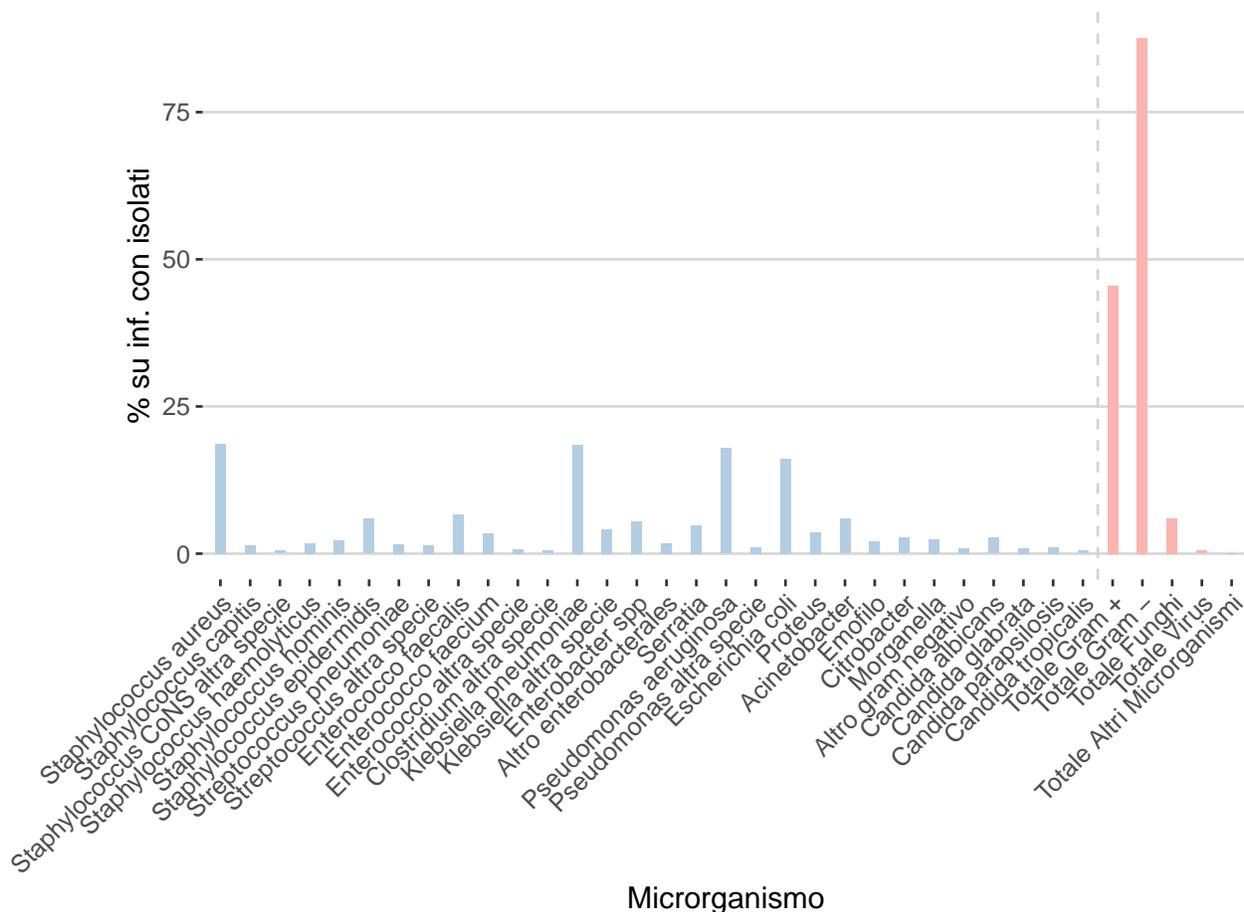
### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	71	10.1
Sì	633	89.9
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>708</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>796</b>	

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

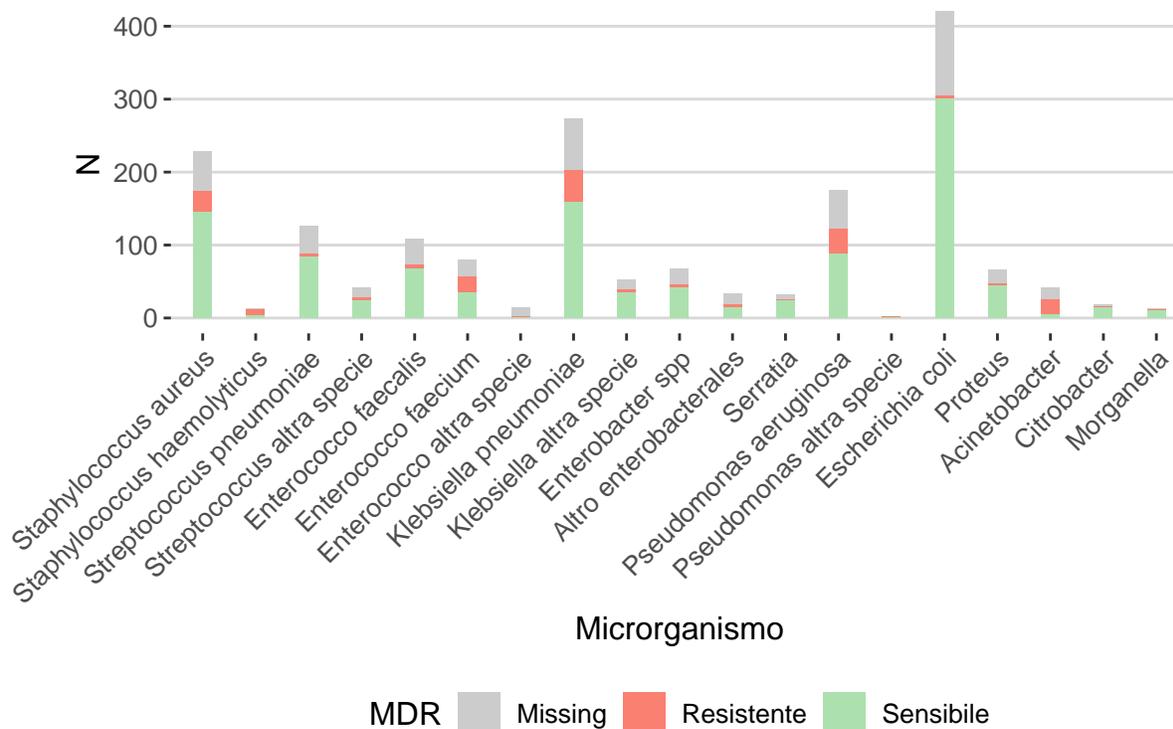
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	105	18.7	63	8	12.7
Staphylococcus capitis	8	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	1.8	9	6	66.7
Staphylococcus hominis	13	2.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	33	5.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	9	1.6	7	0	0
Streptococcus altra specie	8	1.4	5	0	0
Enterococcus faecalis	38	6.7	22	1	4.5
Enterococcus faecium	19	3.4	14	3	21.4
Enterococcus altra specie	4	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.2	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>256</b>	<b>45.5</b>	<b>120</b>	<b>18</b>	<b>15</b>
Klebsiella pneumoniae	104	18.5	69	21	30.4
Klebsiella altra specie	23	4.1	17	0	0
Enterobacter spp	31	5.5	21	1	4.8

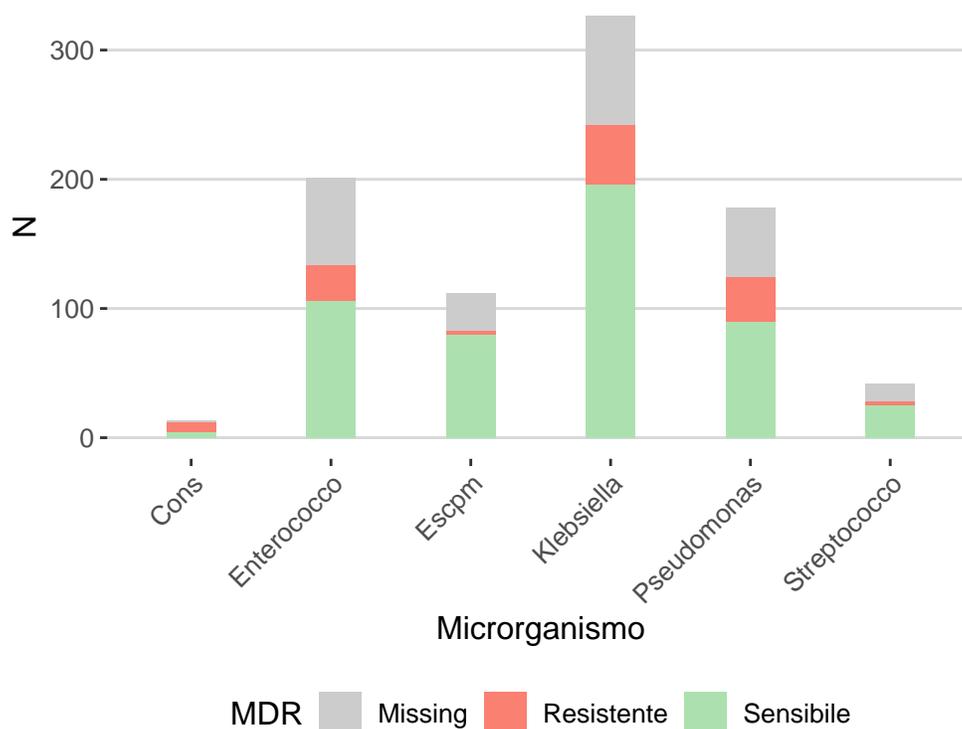
Altro enterobacterales	10	1.8	5	0	0
Serratia	27	4.8	16	2	12.5
Pseudomonas aeruginosa	101	17.9	55	12	21.8
Pseudomonas altra specie	6	1.1	2	0	0
Escherichia coli	91	16.2	49	0	0
Proteus	20	3.6	16	1	6.2
Acinetobacter	33	5.9	24	14	58.3
Emofilo	12	2.1	0	0	0
Citrobacter	15	2.7	9	0	0
Morganella	14	2.5	7	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>493</b>	<b>87.6</b>	<b>290</b>	<b>51</b>	<b>17.6</b>
Candida albicans	15	2.7	0	0	0
Candida glabrata	5	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	6	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.5	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>34</b>	<b>6.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.2			
Altro Virus	2	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</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.

### 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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

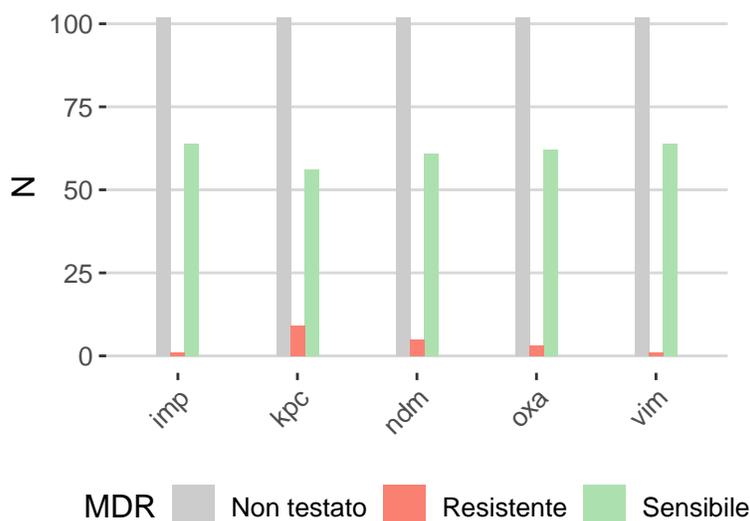
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	68	Ertapenem	13	19.12
Klebsiella pneumoniae	69	Meropenem	20	28.99
Enterobacter spp	21	Ertapenem	1	4.76
Proteus	16	Ertapenem	1	6.25
Serratia	16	Ertapenem	2	12.50
Serratia	16	Meropenem	1	6.25
Acinetobacter	24	Imipenem	12	50.00
Acinetobacter	24	Meropenem	14	58.33
Pseudomonas aeruginosa	55	Imipenem	9	16.36
Pseudomonas aeruginosa	55	Meropenem	8	14.55
Staphylococcus haemolyticus	9	Meticillina	6	66.67
Staphylococcus aureus	63	Meticillina	8	12.70
Enterococco faecalis	22	Vancomicina	1	4.55
Enterococco faecium	14	Vancomicina	3	21.43

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

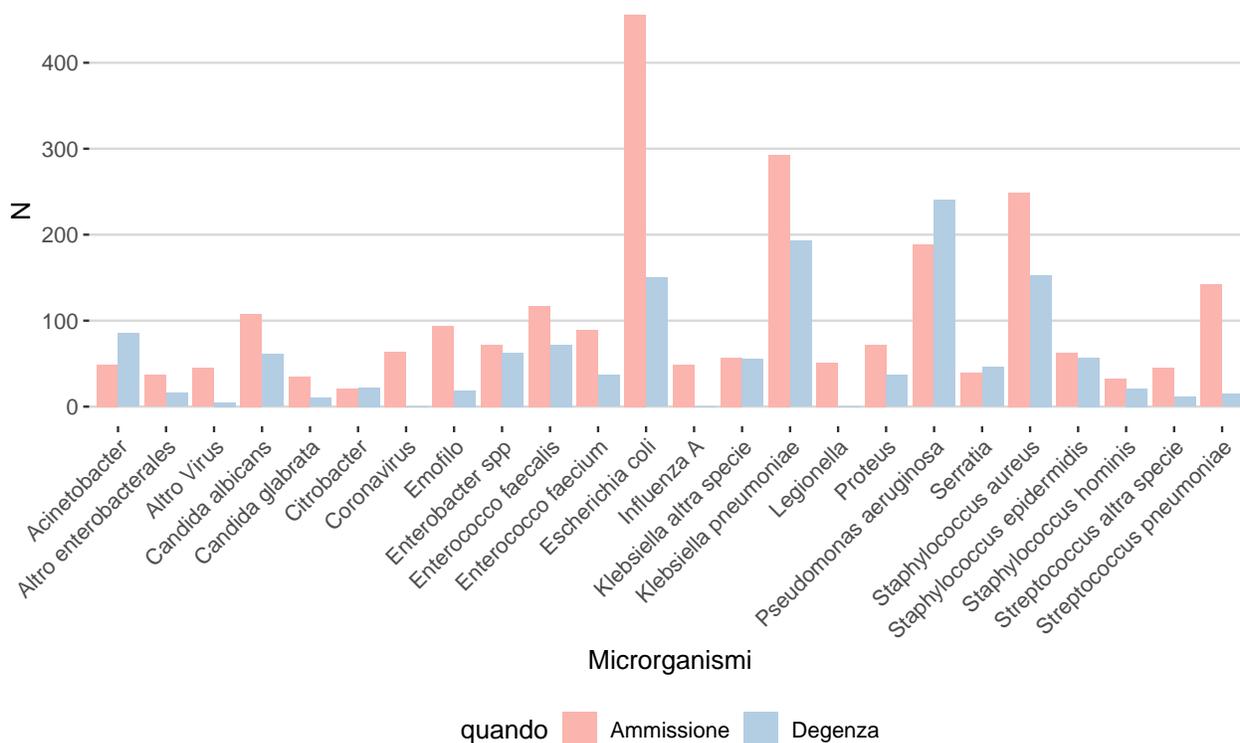
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	15	9.04
No	51	30.72
Non testato	100	60.24
Missing	154	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	5.3	64	102
kpc	9	47.4	56	102
ndm	5	26.3	61	102
oxa	3	15.8	62	102
vim	1	5.3	64	102



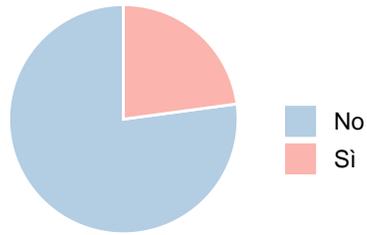
#### 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microorganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	134	49	36.6	85	63.4
Pseudomonas aeruginosa	428	188	43.9	240	56.1
Candida albicans	169	108	63.9	61	36.1
Citrobacter	43	21	48.8	22	51.2
Coronavirus	64	64	100	0	0
Enterobacter spp	135	72	53.3	63	46.7
Staphylococcus epidermidis	119	62	52.1	57	47.9
Escherichia coli	606	456	75.2	150	24.8
Enterococco faecalis	189	117	61.9	72	38.1
Enterococco faecium	126	89	70.6	37	29.4
Candida glabrata	45	35	77.8	10	22.2
Emofilo	113	94	83.2	19	16.8
Staphylococcus hominis	53	32	60.4	21	39.6
Influenza A	49	49	100	0	0
Legionella	51	51	100	0	0
Altro enterobacterales	53	37	69.8	16	30.2
Klebsiella altra specie	112	57	50.9	55	49.1
Streptococcus altra specie	56	45	80.4	11	19.6
Altro Virus	50	45	90	5	10
Klebsiella pneumoniae	486	293	60.3	193	39.7
Streptococcus pneumoniae	157	142	90.4	15	9.6
Proteus	109	72	66.1	37	33.9
Serratia	85	39	45.9	46	54.1
Staphylococcus aureus	402	249	61.9	153	38.1

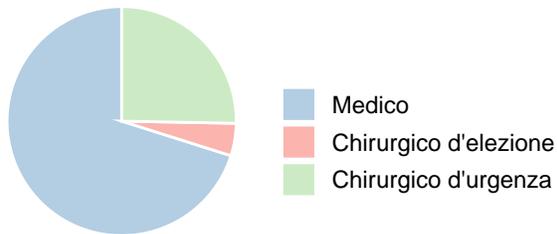
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 328)

### 11.1 Trauma



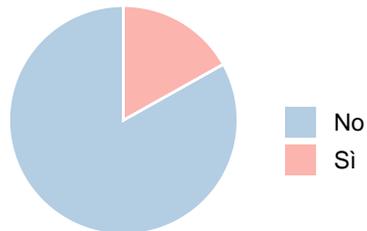
Trauma	N	%
No	253	77.1
Si	75	22.9
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



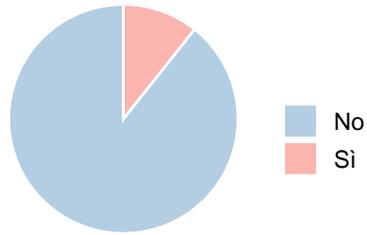
Stato chirurgico	N	%
Medico	230	70.1
Chirurgico d'elezione	15	4.6
Chirurgico d'urgenza	83	25.3
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



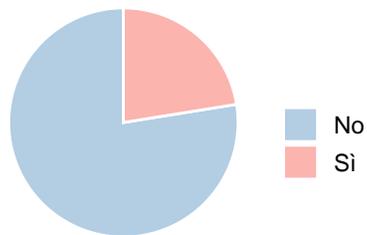
Batteriémica	N	%
No	271	83.1
Si	55	16.9
Missing	2	0

11.4 Infezioni multisito



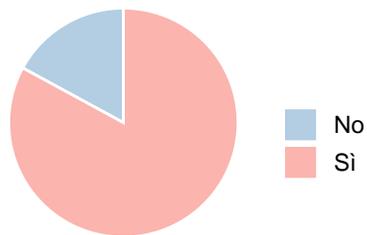
Infezione multisito	N	%
No	293	89.3
Si	35	10.7
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	252	77.5
Si	73	22.5
Missing	3	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) \*

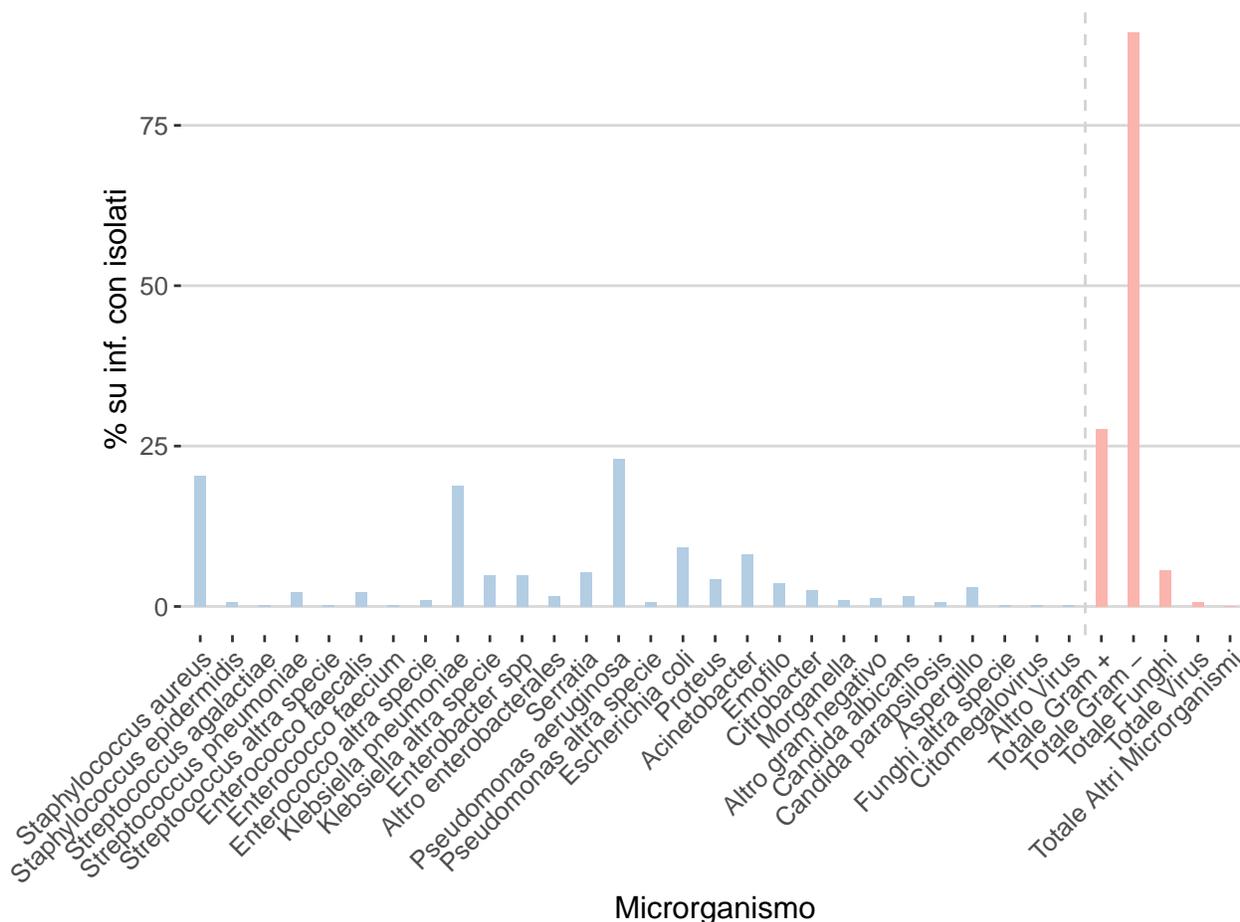


Polmonite associata a VAP	N	%
No	56	17.1
Si	272	82.9
Missing	0	0

\* 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

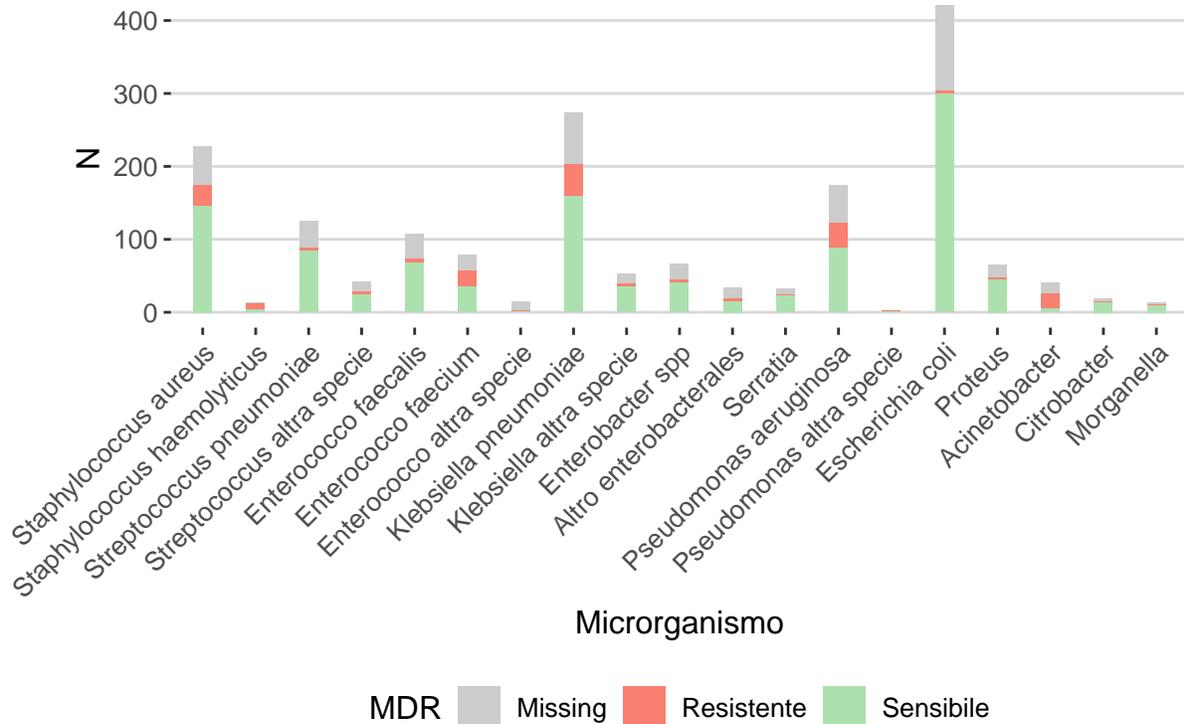
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	62	20.4	35	5	14.3
Staphylococcus epidermidis	2	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	2.3	6	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.3	1	0	0
Enterococcus faecalis	7	2.3	5	0	0
Enterococcus faecium	1	0.3	0	0	0
Enterococcus altra specie	3	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>84</b>	<b>27.6</b>	<b>47</b>	<b>5</b>	<b>10.6</b>
Klebsiella pneumoniae	57	18.8	37	13	35.1
Klebsiella altra specie	15	4.9	8	0	0
Enterobacter spp	15	4.9	10	0	0
Altro enterobacterales	5	1.6	3	0	0

Serratia	16	5.3	11	1	9.1
Pseudomonas aeruginosa	70	23.0	43	10	23.3
Pseudomonas altra specie	2	0.7	1	0	0
Escherichia coli	28	9.2	16	0	0
Proteus	13	4.3	11	0	0
Acinetobacter	25	8.2	17	11	64.7
Emofilo	11	3.6	0	0	0
Citrobacter	8	2.6	5	0	0
Morganella	3	1.0	2	0	0
Altro gram negativo	4	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>272</b>	<b>89.5</b>	<b>164</b>	<b>35</b>	<b>21.3</b>
Candida albicans	5	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.7	0	0	0
Aspergillo	9	3.0	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>17</b>	<b>5.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.3			
Altro Virus	1	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</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>

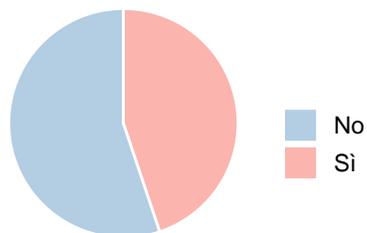
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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.

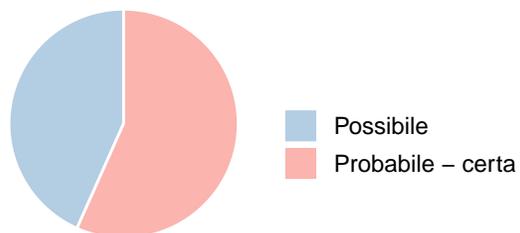
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 272)

### 12.1 VAP precoce



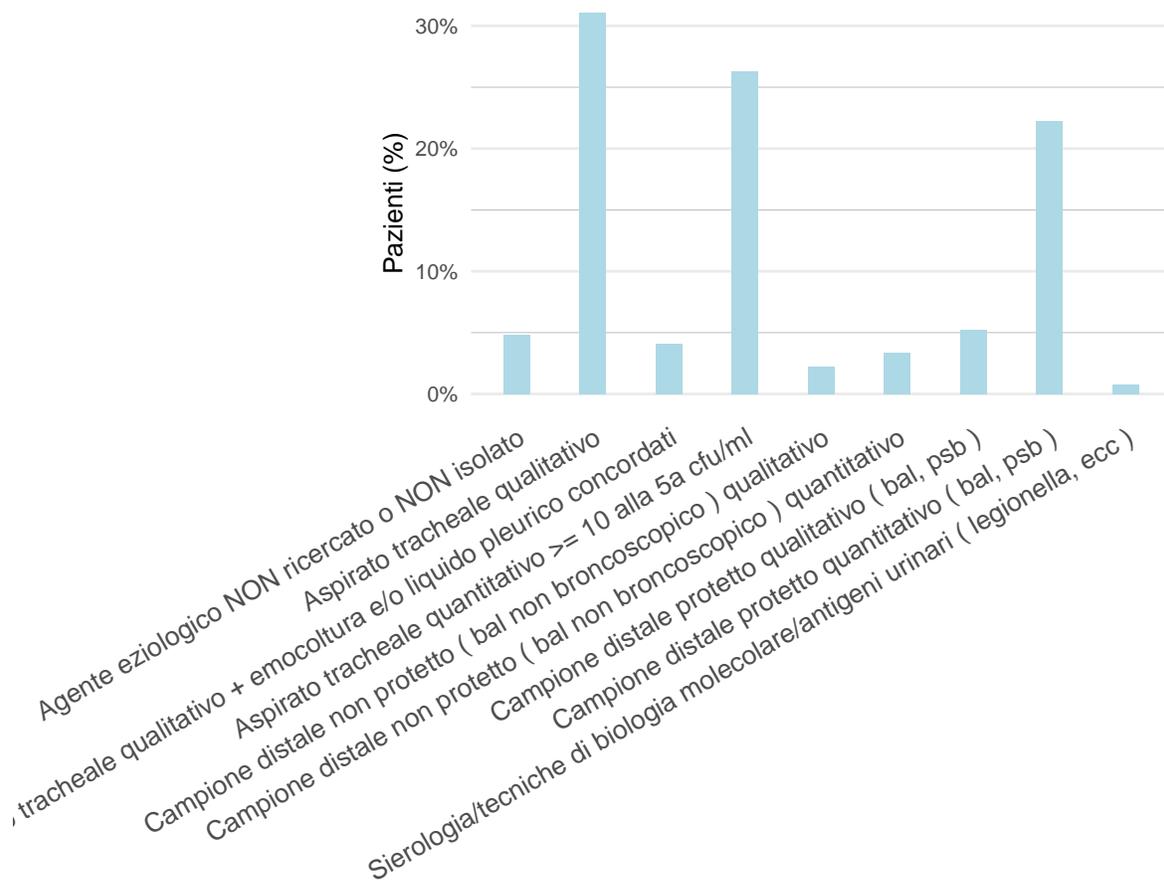
VAP precoce	N	%
No	150	55.1
Sì	122	44.9
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	117	43.3
Probabile - certa	153	56.7
Missing	148	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

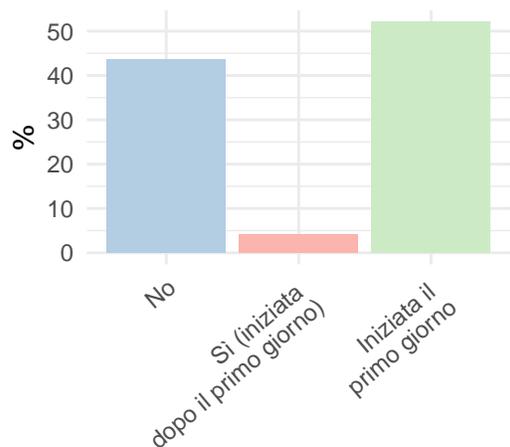


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	2	0.7
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	9	3.3
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	6	2.2
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	14	5.2
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	60	22.2
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	71	26.3
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	11	4.1
Aspirato tracheale qualitativo	84	31.1
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	13	4.8
Missing	148	0

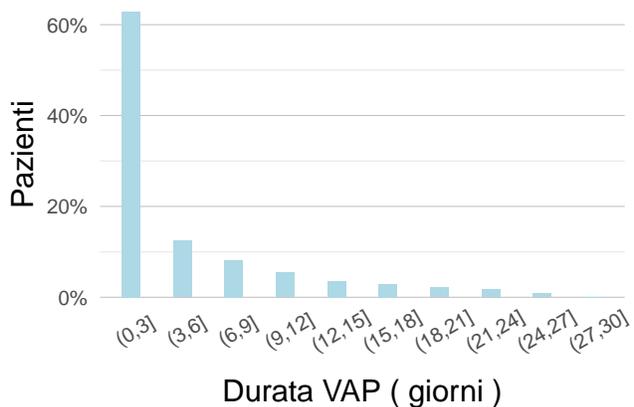
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 8755 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



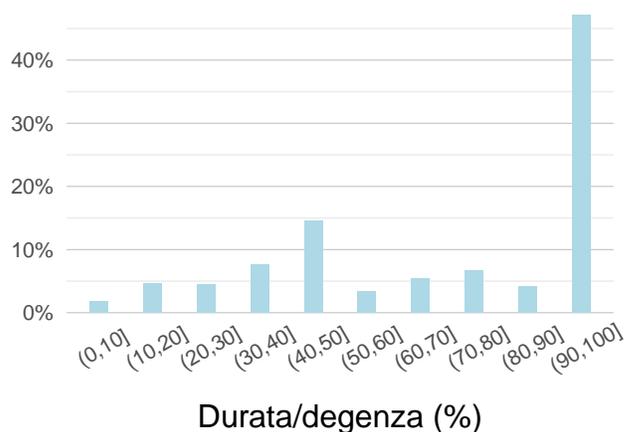
Ventilazione invasiva	N	%
No	3808	43.7
Sì	4900	56.3
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>4564</b>	<b>52.1</b>
Missing	47	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



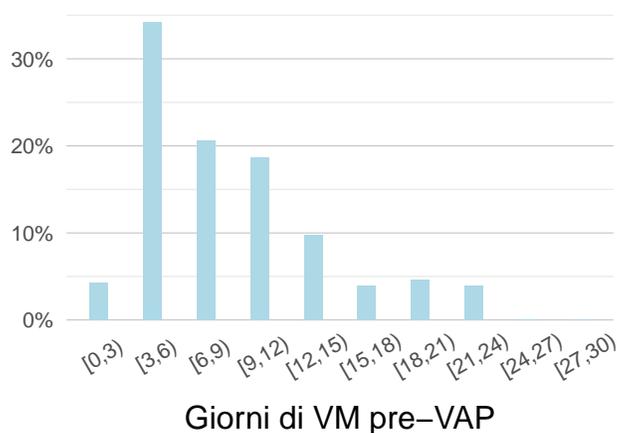
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.5 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	4

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.0 (29.8)
Mediana (Q1-Q3)	84.2 (50-100)
Missing	5

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	272
Media (DS)	9.3 (7.0)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-12)
Missing	0

## 12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	10.1	7.1 %
CI ( 95% )	8.9 - 11.4	6.3 - 8.0

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.

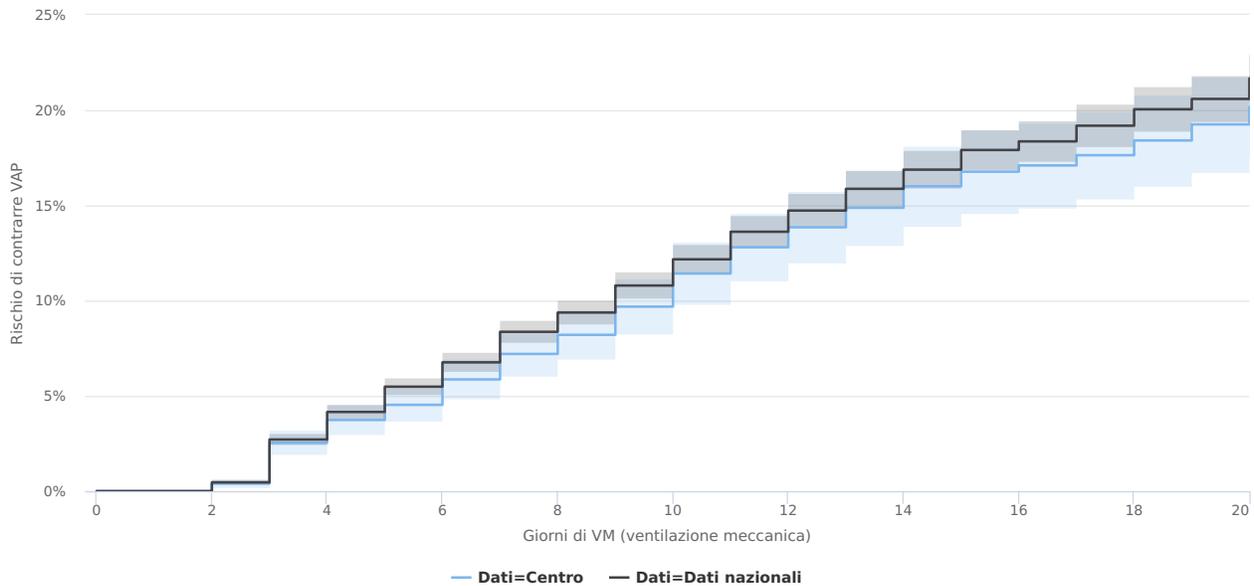
Il secondo invece:

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

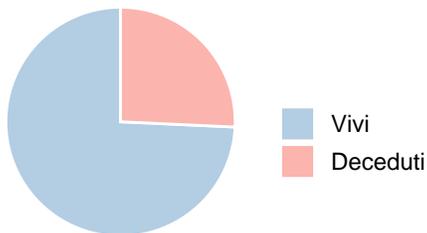
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

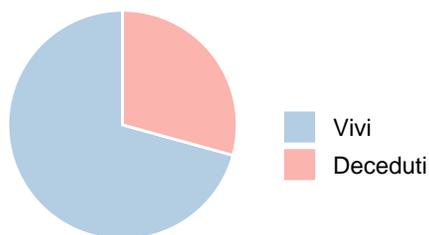


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	202	74.3
Deceduti	70	25.7
Missing	0	0

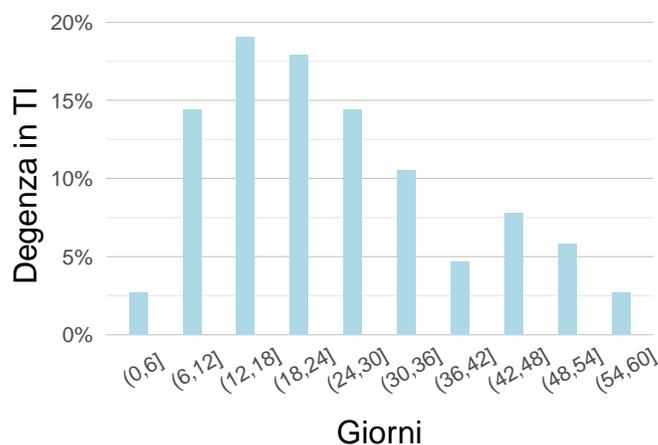
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	186	70.7
Deceduti	77	29.3
Missing	4	0

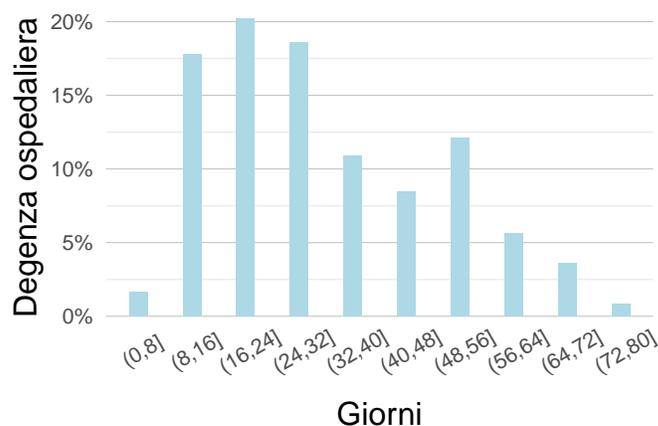
\* Statistiche calcolate su 267 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.5 (17.6)
Mediana (Q1-Q3)	24 (15-37.2)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.2 (22.4)
Mediana (Q1-Q3)	31 (20-49)
Missing	4

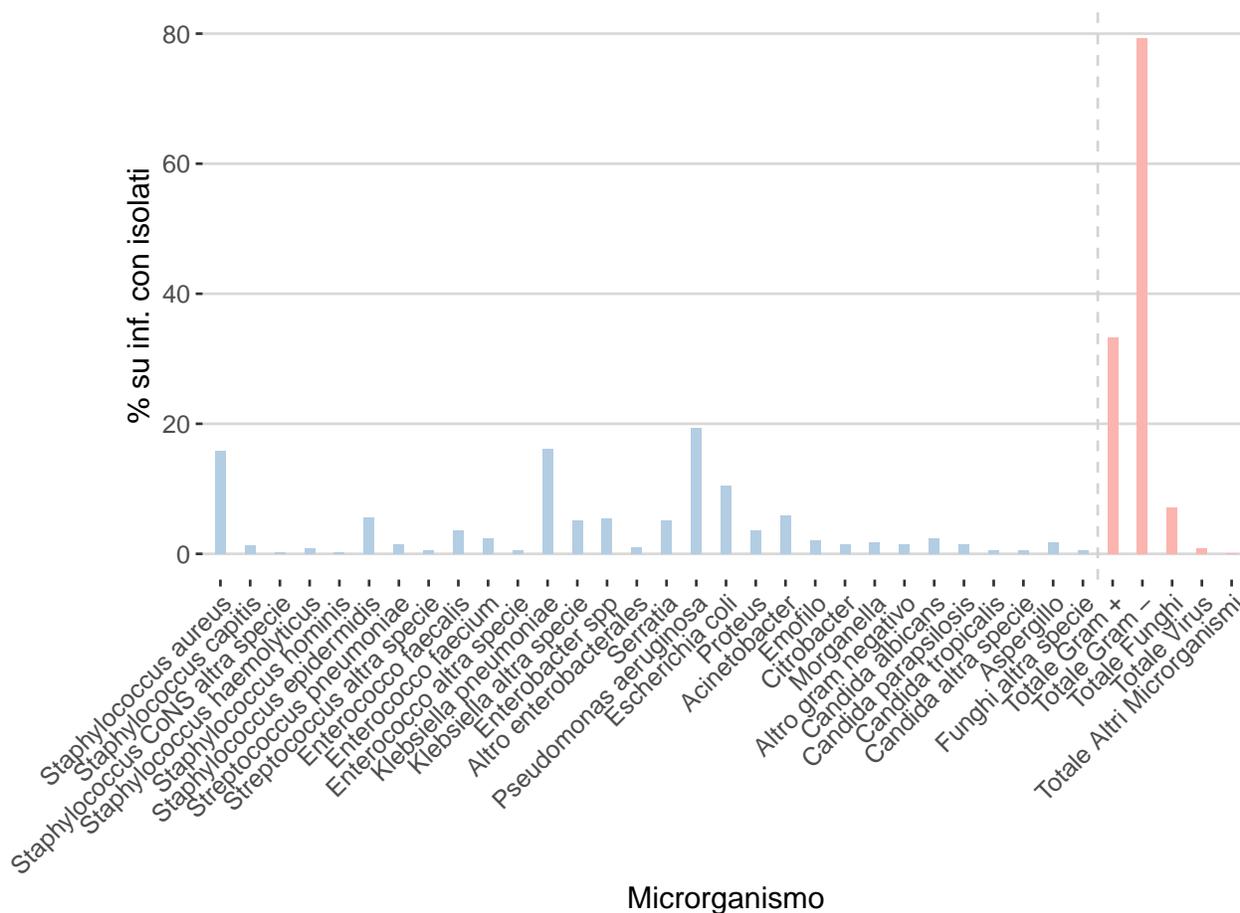
\* Statistiche calcolate su 267 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	29	7.0
Sì	388	93.0
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>418</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>482</b>	

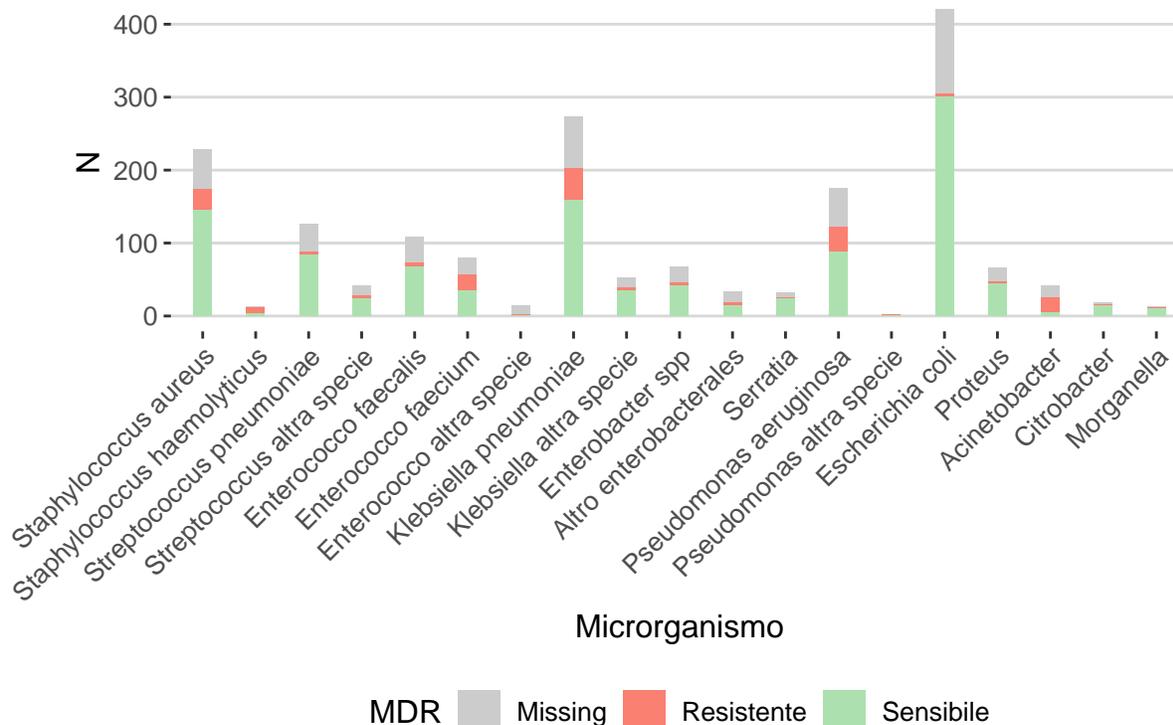
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	62	15.8	34	4	11.8
Staphylococcus capitis	5	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0

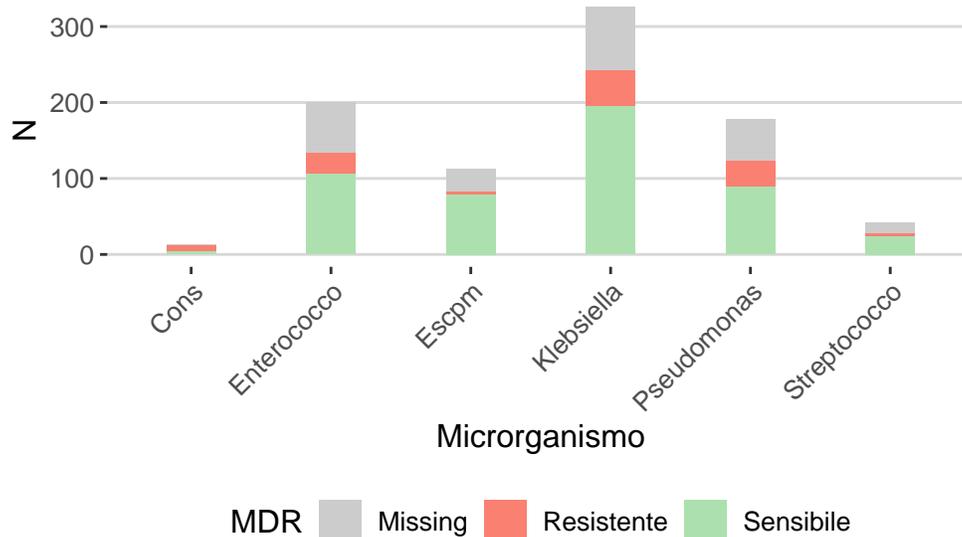
Staphylococcus haemolyticus	3	0.8	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	22	5.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	1.5	5	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.5	1	0	0
Enterococco faecalis	14	3.6	12	0	0
Enterococco faecium	9	2.3	7	2	28.6
Enterococco altra specie	2	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.3	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>130</b>	<b>33.2</b>	<b>62</b>	<b>7</b>	<b>11.3</b>
Klebsiella pneumoniae	63	16.1	39	14	35.9
Klebsiella altra specie	20	5.1	12	0	0
Enterobacter spp	21	5.4	15	1	6.7
Altro enterobacterales	4	1.0	3	0	0
Serratia	20	5.1	14	1	7.1
Pseudomonas aeruginosa	76	19.4	46	13	28.3
Pseudomonas altra specie	1	0.3	0	0	0
Escherichia coli	41	10.5	21	0	0
Proteus	14	3.6	12	0	0
Acinetobacter	23	5.9	19	14	73.7
Emofilo	8	2.0	0	0	0
Citrobacter	6	1.5	5	0	0
Morganella	7	1.8	2	0	0
Providencia	1	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	6	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>311</b>	<b>79.3</b>	<b>188</b>	<b>43</b>	<b>22.9</b>
Candida albicans	9	2.3	0	0	0
Candida parapsilosis	6	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.5	0	0	0
Candida altra specie	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	7	1.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>28</b>	<b>7.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	1	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>0.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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 anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29

Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

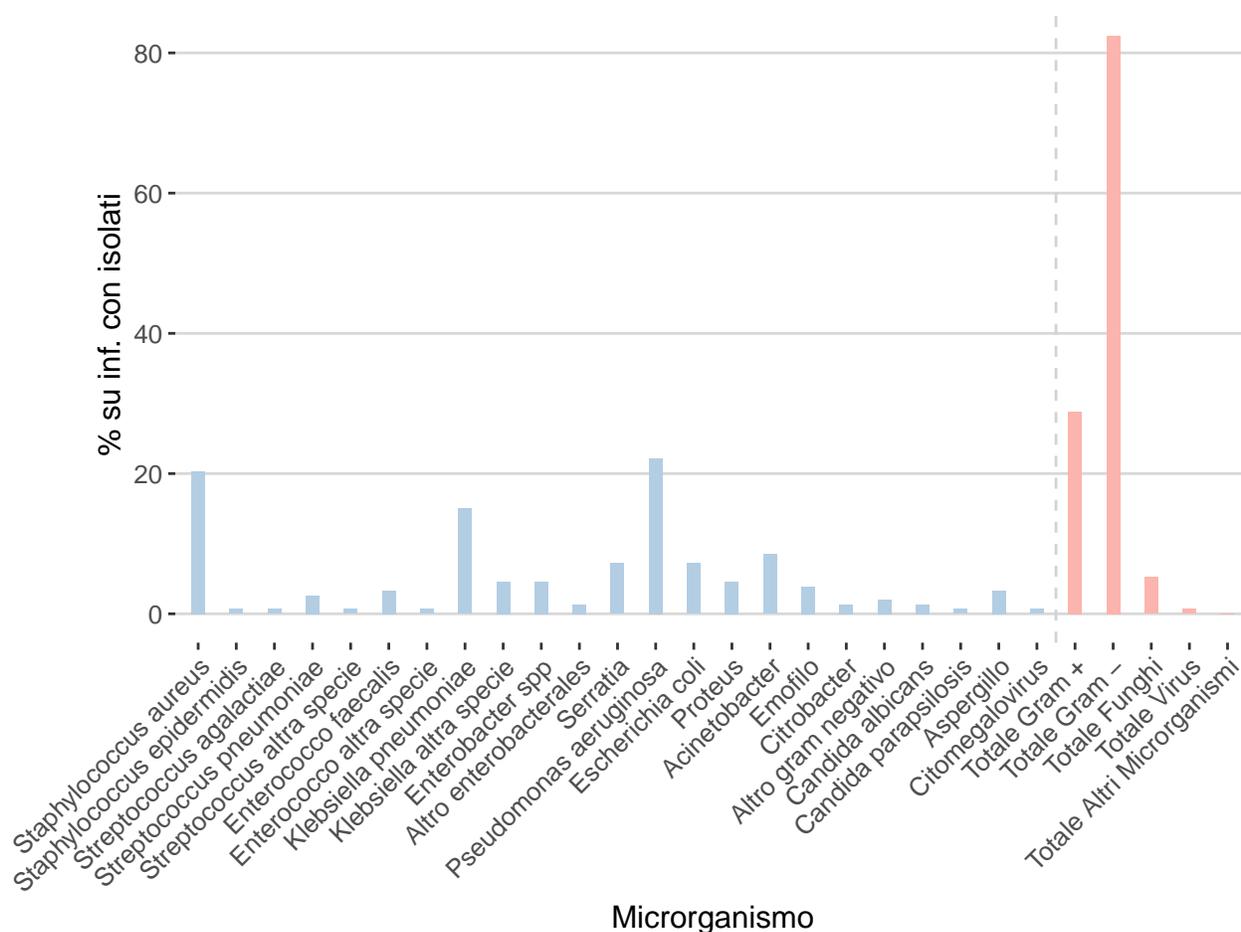
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	38	Ertapenem	7	18.42
Klebsiella pneumoniae	39	Meropenem	12	30.77
Enterobacter spp	15	Ertapenem	1	6.67
Serratia	13	Ertapenem	1	7.69
Acinetobacter	19	Imipenem	11	57.89
Acinetobacter	19	Meropenem	14	73.68
Pseudomonas aeruginosa	45	Imipenem	13	28.89
Pseudomonas aeruginosa	46	Meropenem	6	13.04
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	1	33.33
Staphylococcus aureus	34	Meticillina	4	11.76
Enterococco faecium	7	Vancomicina	2	28.57

### 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	153	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>153</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>183</b>	

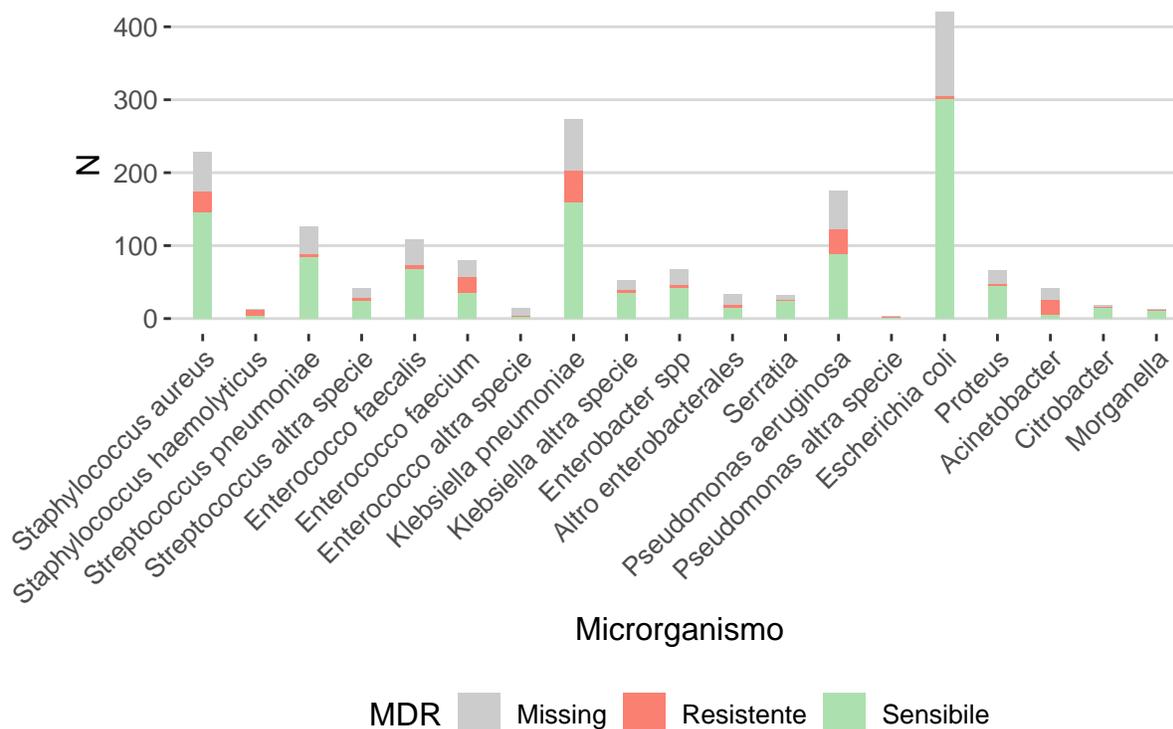
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	31	20.3	22	4	18.2
Staphylococcus epidermidis	1	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	1	0	0
Enterococco faecalis	5	3.3	5	0	0
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>44</b>	<b>28.8</b>	<b>31</b>	<b>4</b>	<b>12.9</b>
Klebsiella pneumoniae	23	15.0	14	6	42.9
Klebsiella altra specie	7	4.6	4	0	0
Enterobacter spp	7	4.6	7	0	0
Altro enterobacteriales	2	1.3	2	0	0
Serratia	11	7.2	7	1	14.3
Pseudomonas aeruginosa	34	22.2	23	7	30.4
Escherichia coli	11	7.2	8	0	0
Proteus	7	4.6	7	0	0
Acinetobacter	13	8.5	11	9	81.8
Emofilo	6	3.9	0	0	0
Citrobacter	2	1.3	2	0	0
Altro gram negativo	3	2.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>126</b>	<b>82.4</b>	<b>85</b>	<b>23</b>	<b>27.1</b>

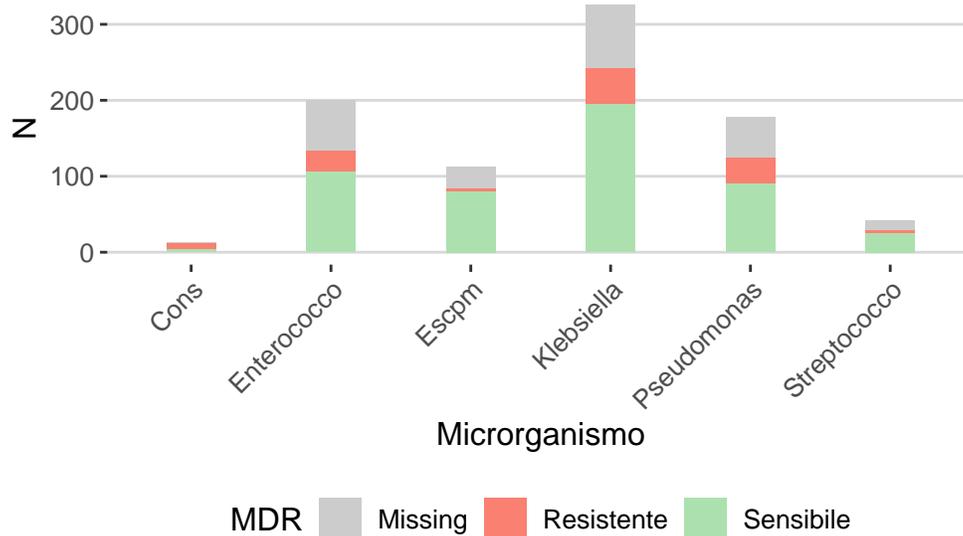
Candida albicans	2	1.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	5	3.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>8</b>	<b>5.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

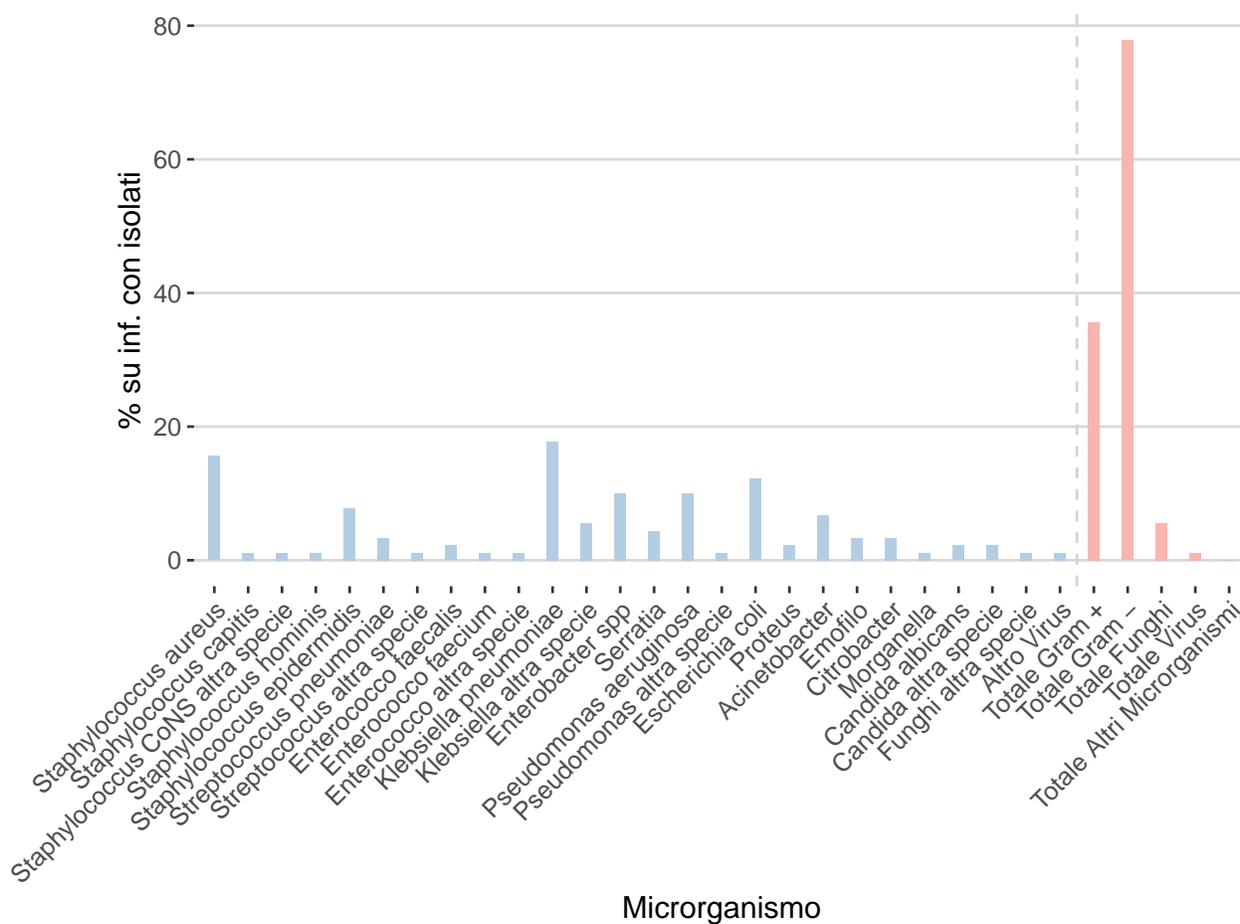
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	14	Ertapenem	2	14.29
Klebsiella pneumoniae	14	Meropenem	5	35.71
Serratia	7	Ertapenem	1	14.29
Acinetobacter	11	Imipenem	7	63.64
Acinetobacter	11	Meropenem	9	81.82
Pseudomonas aeruginosa	22	Imipenem	7	31.82
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	4	17.39
Staphylococcus aureus	22	Meticillina	4	18.18

### 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	4	4.4
Sì	86	95.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>90</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>110</b>	

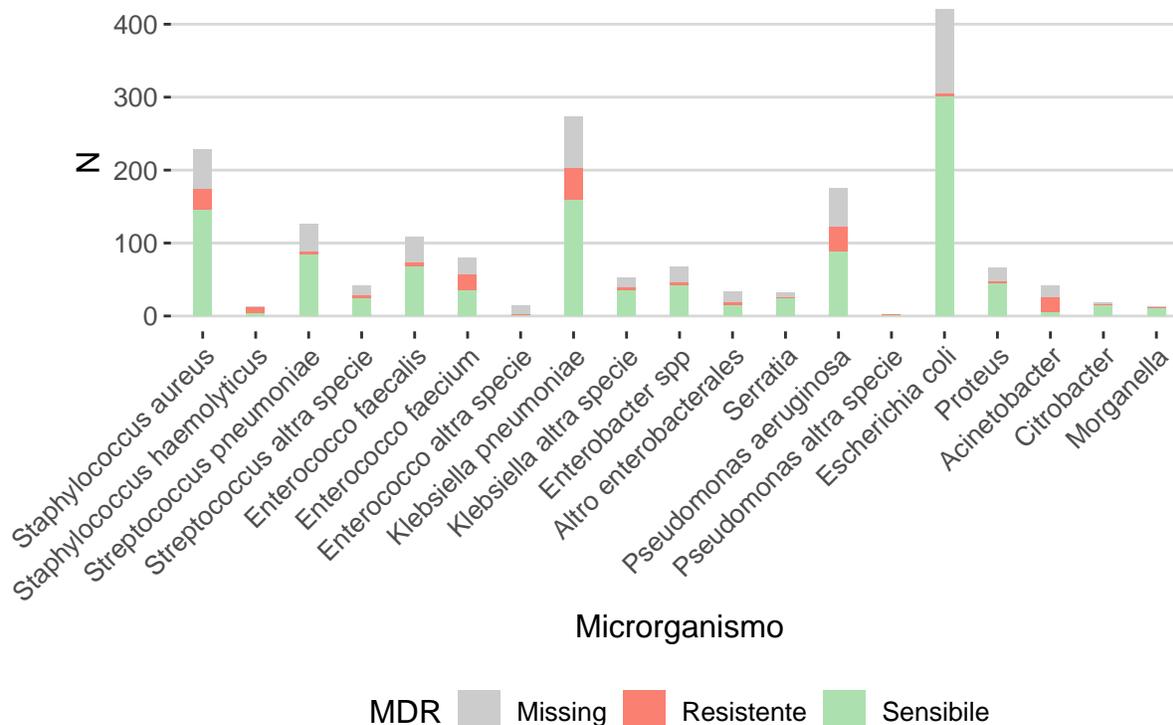
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	15.6	8	1	12.5
Staphylococcus capitis	1	1.1	0	0	0

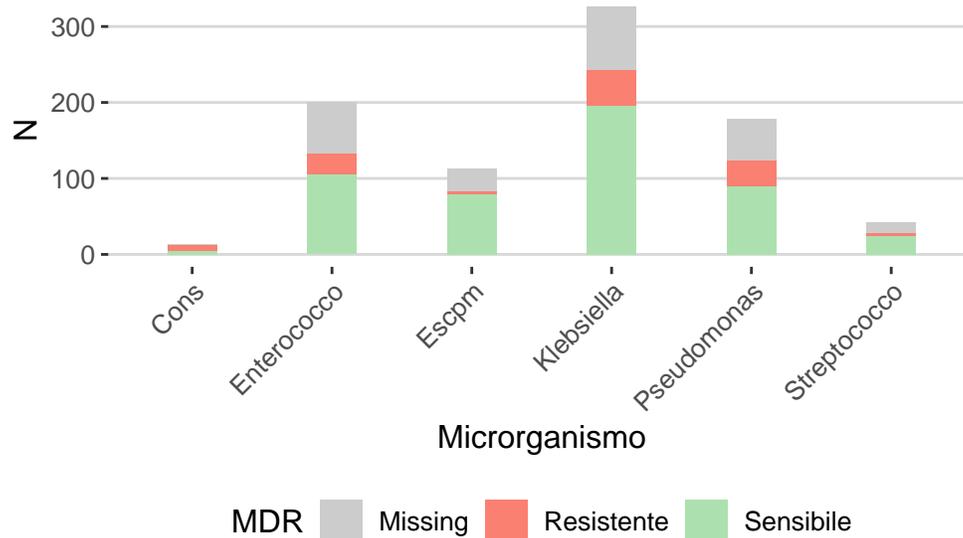
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	7.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	3.3	3	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.1	0	0	0
Enterococco faecalis	2	2.2	1	0	0
Enterococco faecium	1	1.1	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>32</b>	<b>35.6</b>	<b>13</b>	<b>1</b>	<b>7.7</b>
Klebsiella pneumoniae	16	17.8	11	5	45.5
Klebsiella altra specie	5	5.6	3	0	0
Enterobacter spp	9	10.0	4	0	0
Serratia	4	4.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	10.0	7	2	28.6
Pseudomonas altra specie	1	1.1	0	0	0
Escherichia coli	11	12.2	8	0	0
Proteus	2	2.2	0	0	0
Acinetobacter	6	6.7	5	3	60
Emofilo	3	3.3	0	0	0
Citrobacter	3	3.3	3	0	0
Morganella	1	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>70</b>	<b>77.8</b>	<b>43</b>	<b>10</b>	<b>23.3</b>
Candida albicans	2	2.2	0	0	0
Candida altra specie	2	2.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>5.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	1	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</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.

### 12.13.1 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	201	133	106	27	20.30	68

Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	14

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

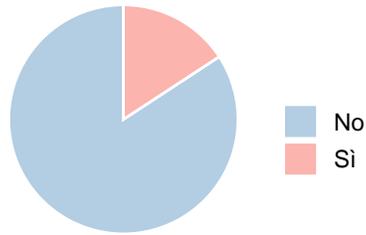
### 12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	11	Ertapenem	2	18.18
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	5	45.45
Acinetobacter	5	Imipenem	1	20.00
Acinetobacter	5	Meropenem	3	60.00
Pseudomonas aeruginosa	7	Imipenem	2	28.57
Pseudomonas aeruginosa	7	Meropenem	1	14.29
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	1	12.50

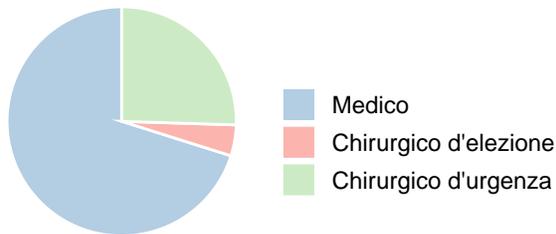
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 298)

### 13.1 Trauma



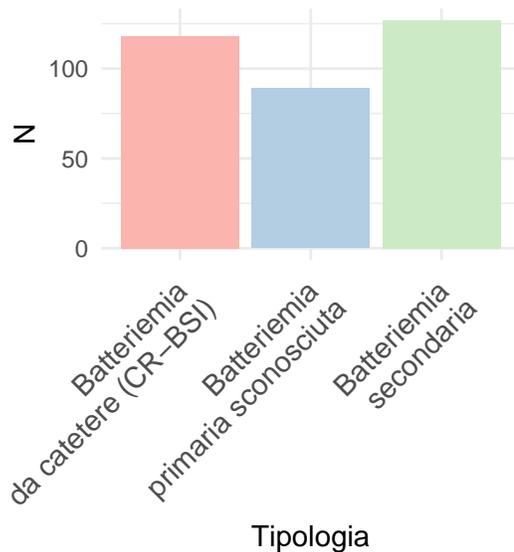
Trauma	N	%
No	251	84.2
Si	47	15.8
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



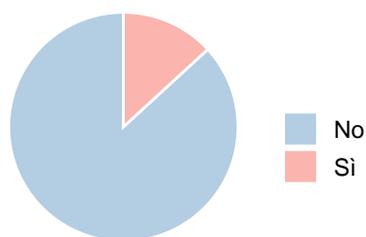
Stato chirurgico	N	%
Medico	209	70.1
Chirurgico d'elezione	13	4.4
Chirurgico d'urgenza	76	25.5
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	89	26.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	118	35.3
Batteriemia secondaria	127	38.0
Missing	0	0.0

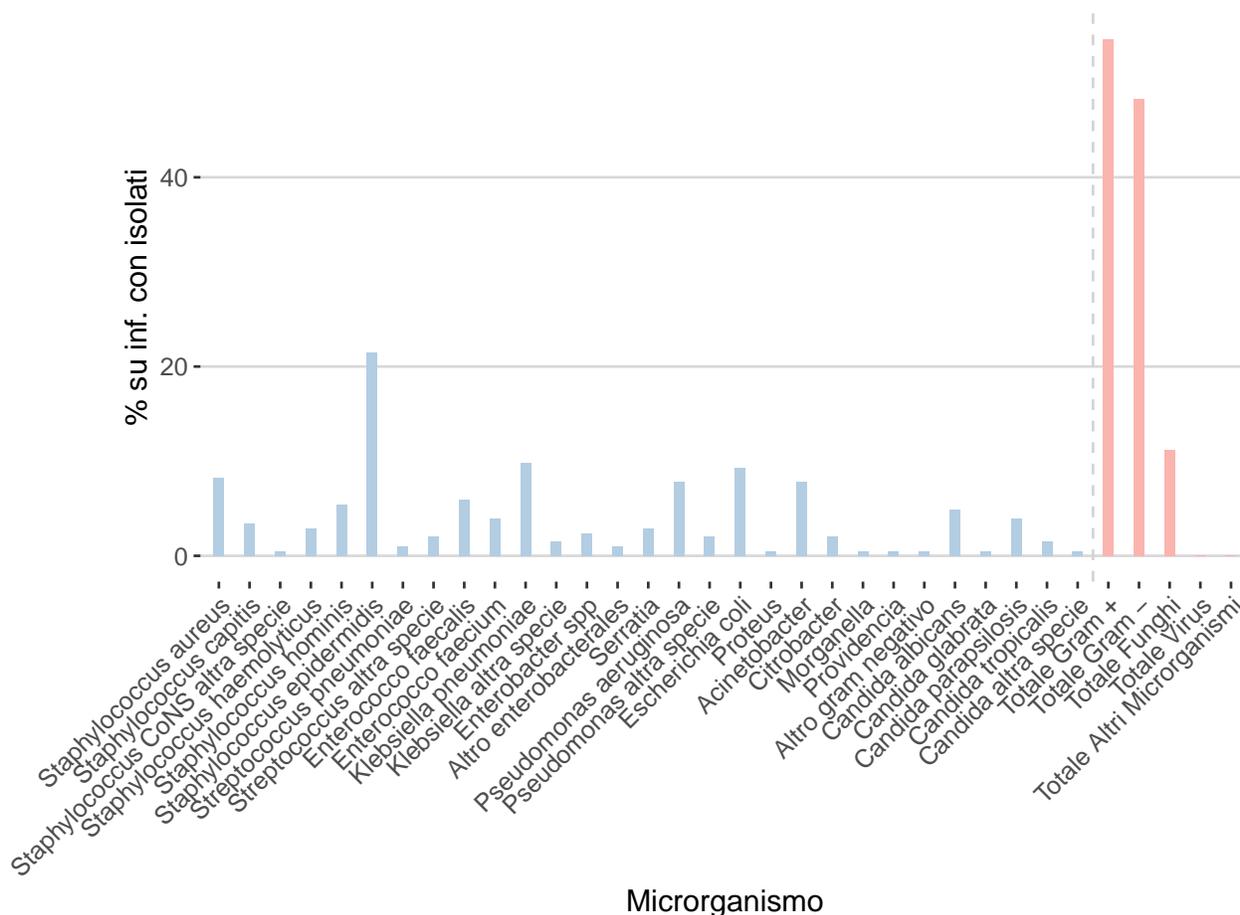
## 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	178	86.8
Si	27	13.2
Missing	2	0

## 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

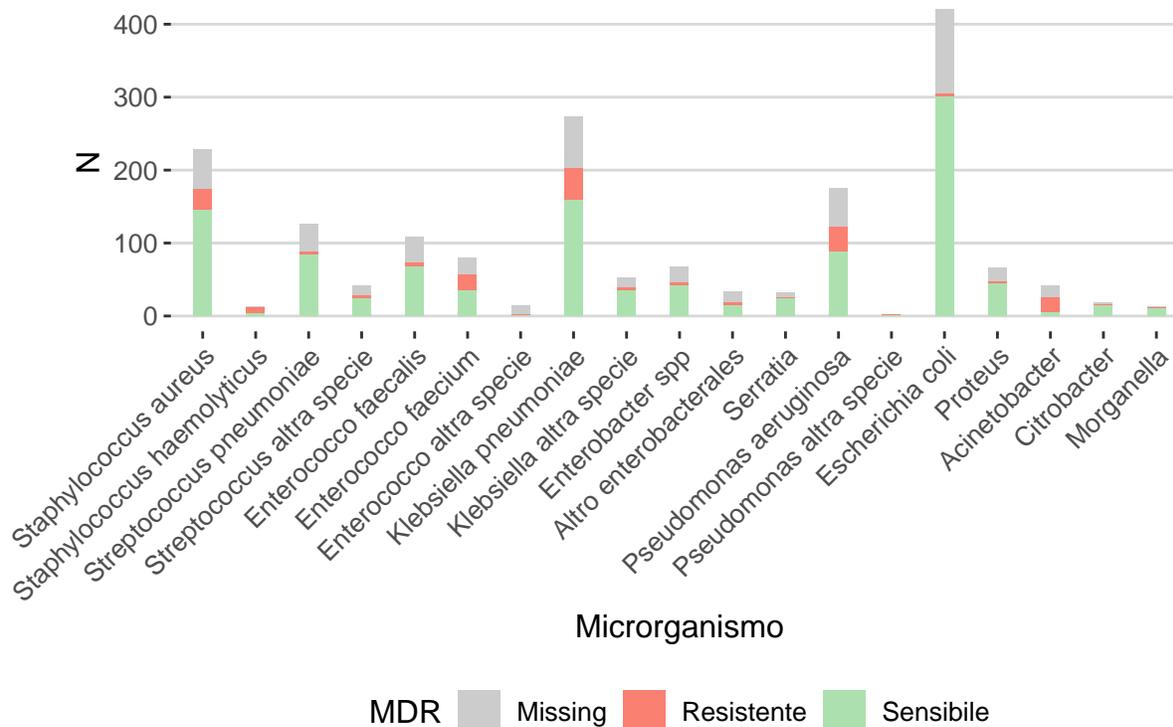
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	17	8.3	11	4	36.4
Staphylococcus capitis	7	3.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.5	0	0	0

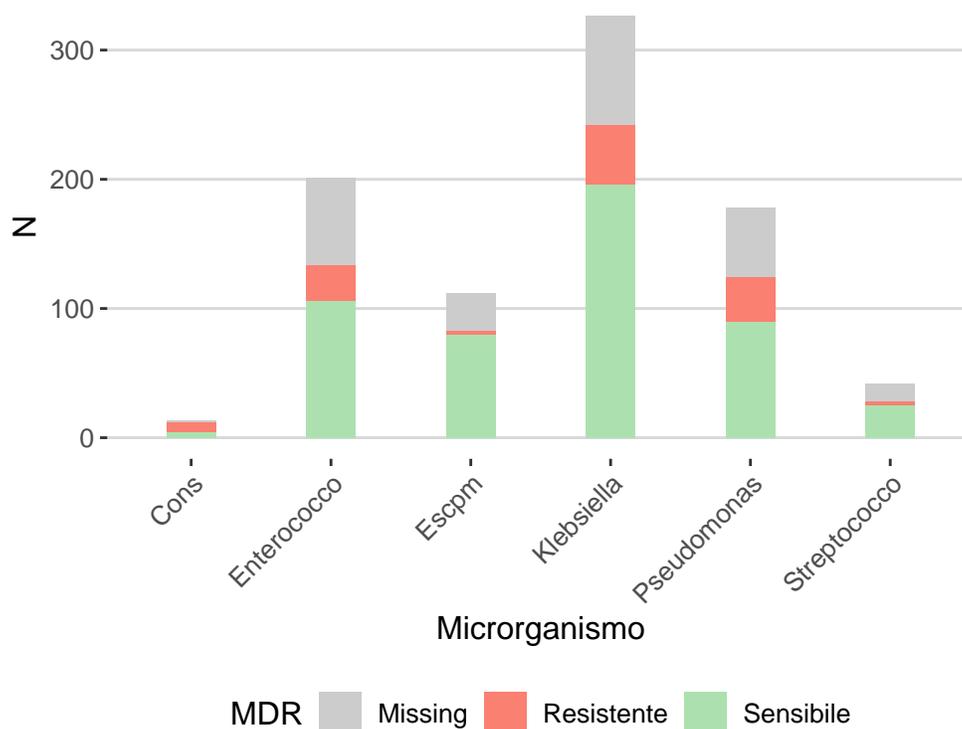
Staphylococcus haemolyticus	6	2.9	5	3	60
Staphylococcus hominis	11	5.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	44	21.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.0	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	2.0	3	0	0
Enterococco faecalis	12	5.9	6	0	0
Enterococco faecium	8	3.9	6	2	33.3
<b>Totale Gram +</b>	<b>112</b>	<b>54.6</b>	<b>32</b>	<b>9</b>	<b>28.1</b>
Klebsiella pneumoniae	20	9.8	8	3	37.5
Klebsiella altra specie	3	1.5	2	0	0
Enterobacter spp	5	2.4	4	1	25
Altro enterobacterales	2	1.0	1	0	0
Serratia	6	2.9	6	2	33.3
Pseudomonas aeruginosa	16	7.8	8	1	12.5
Pseudomonas altra specie	4	2.0	1	0	0
Escherichia coli	19	9.3	8	0	0
Proteus	1	0.5	0	0	0
Acinetobacter	16	7.8	10	7	70
Citrobacter	4	2.0	3	0	0
Morganella	1	0.5	0	0	0
Providencia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>99</b>	<b>48.3</b>	<b>51</b>	<b>14</b>	<b>27.5</b>
Candida albicans	10	4.9	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	8	3.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.5	0	0	0
Candida altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>23</b>	<b>11.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

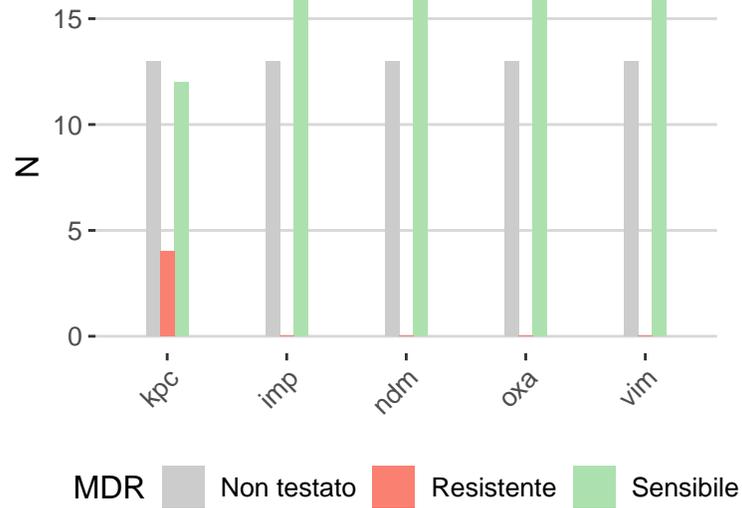
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	8	Ertapenem	1	12.50
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	3	37.50
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Serratia	6	Ertapenem	2	33.33
Serratia	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	10	Imipenem	6	60.00
Acinetobacter	10	Meropenem	7	70.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	1	12.50
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	4	36.36
Enterococco faecium	6	Vancomicina	2	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-mechanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

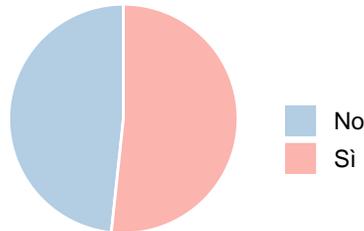
	N	%
Sì	4	13.79
No	12	41.38
Non testato	13	44.83
Missing	38	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	16	13
kpc	4	100	12	13
ndm	0	0	16	13
oxa	0	0	16	13
vim	0	0	16	13



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 89)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	43	48.3
Si	46	51.7
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.6	1.1 %
CI ( 95% )	1.3 - 2.0	0.9 - 1.4

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

Il primo:

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

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

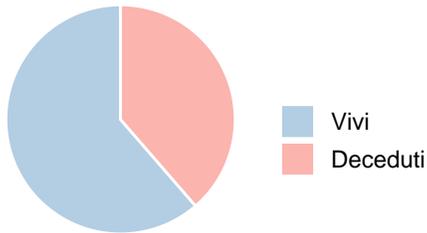
Il secondo:

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

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

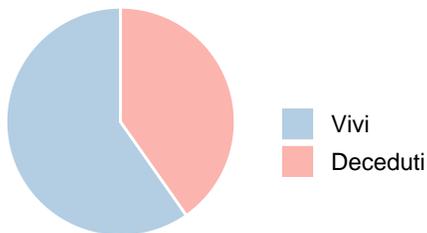
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	54	61.4
Deceduti	34	38.6
Missing	1	0

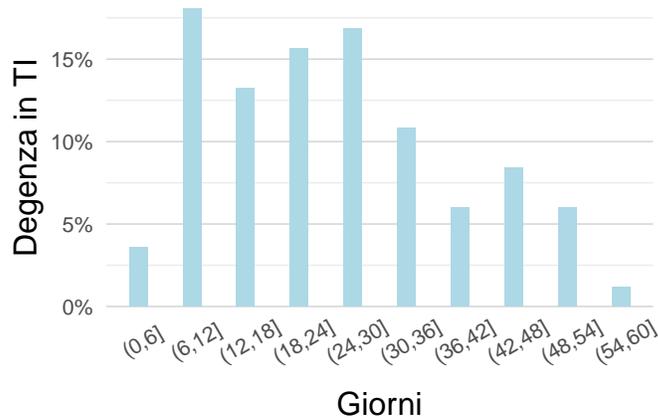
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	49	59.8
Deceduti	33	40.2
Missing	3	0

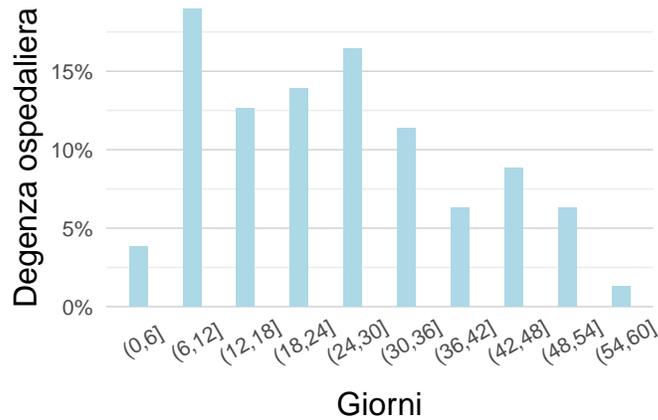
\* Statistiche calcolate su 85 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (16.6)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (14.8-37.5)
Missing	1

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*



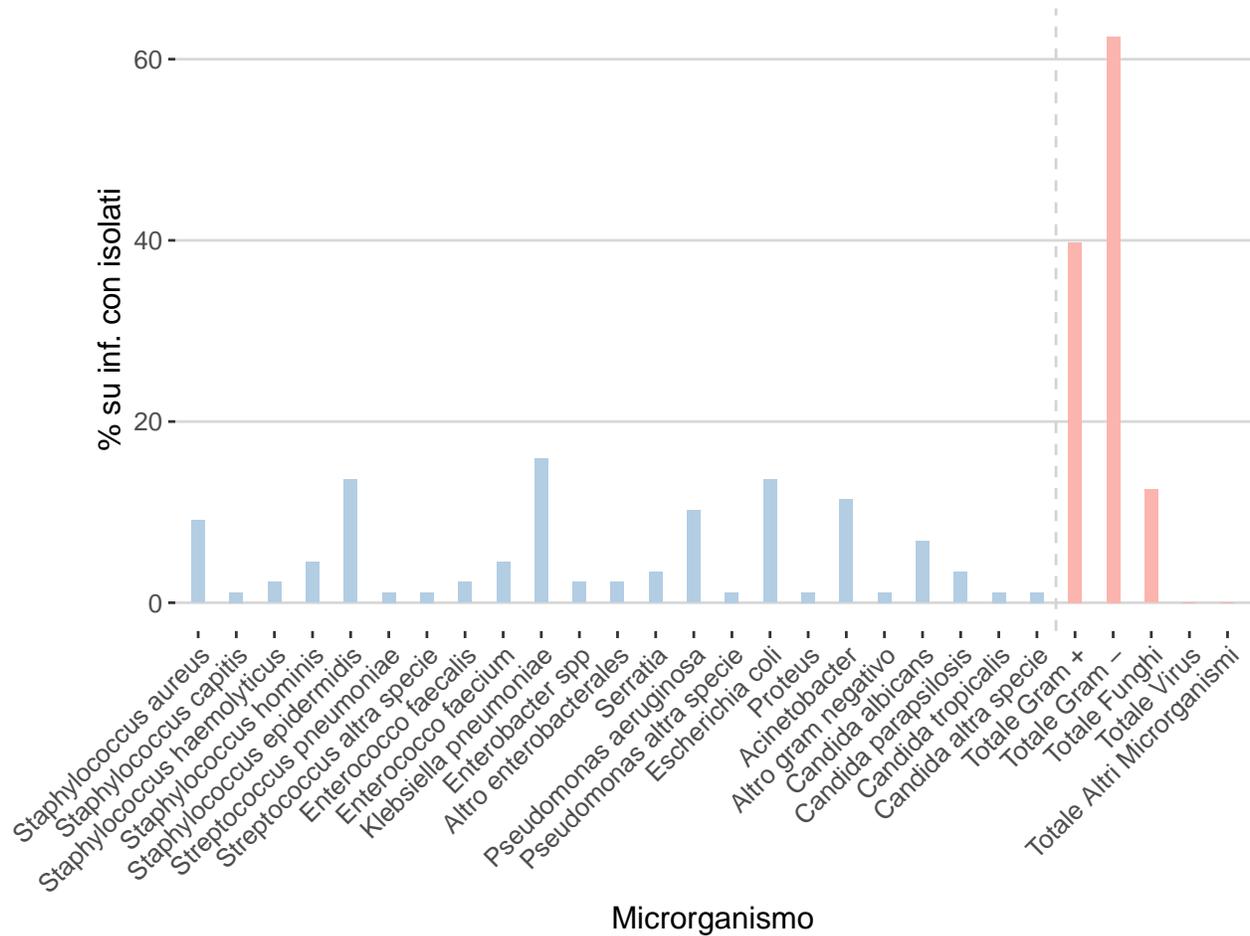
Indicatore	Valore
Media (DS)	34.8 (16.9)
Mediana (Q1-Q3)	32 (22-44.5)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 85 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 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.

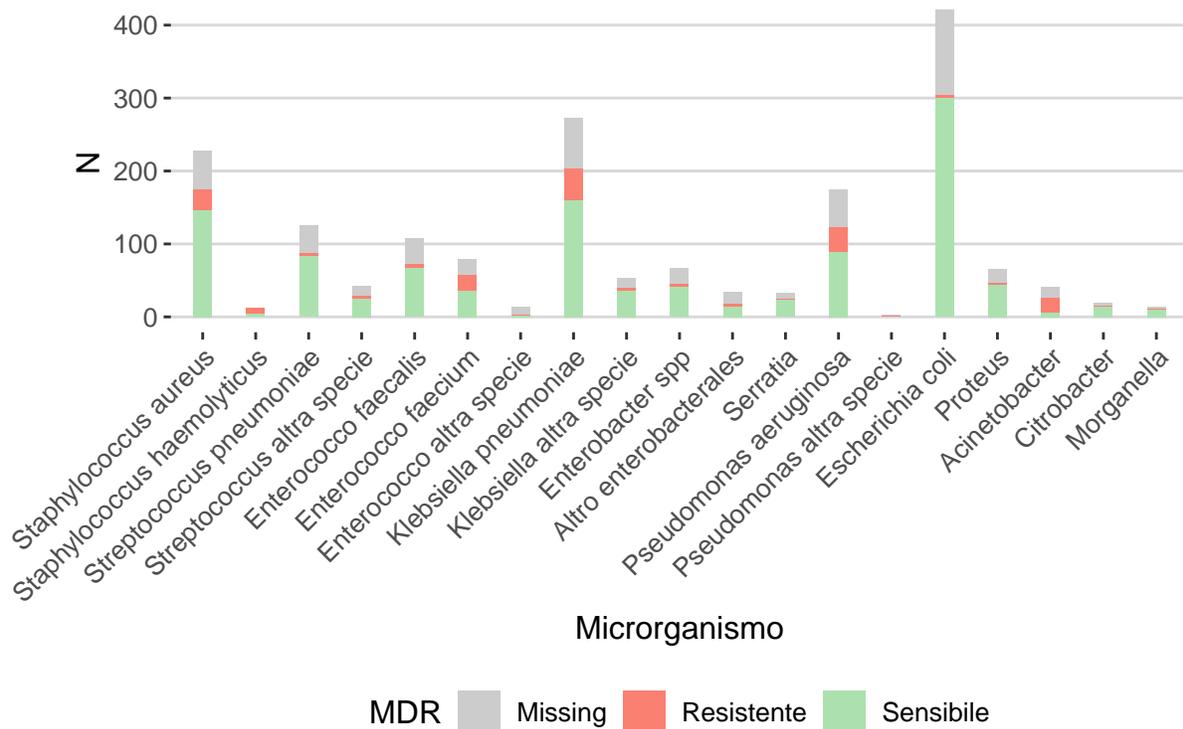
14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN  
DEGENZA (N = 89)



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	9.1	4	1	25
Staphylococcus capitis	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.3	1	0	0
Staphylococcus hominis	4	4.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	13.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.1	1	0	0
Enterococco faecalis	2	2.3	1	0	0
Enterococco faecium	4	4.5	3	2	66.7
<b>Totale Gram +</b>	<b>35</b>	<b>39.8</b>	<b>10</b>	<b>3</b>	<b>30</b>
Klebsiella pneumoniae	14	15.9	6	3	50
Enterobacter spp	2	2.3	2	1	50
Altro enterobacteriales	2	2.3	1	0	0
Serratia	3	3.4	3	2	66.7
Pseudomonas aeruginosa	9	10.2	3	1	33.3
Pseudomonas altra specie	1	1.1	0	0	0
Escherichia coli	12	13.6	5	0	0
Proteus	1	1.1	0	0	0
Acinetobacter	10	11.4	7	5	71.4
Altro gram negativo	1	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>55</b>	<b>62.5</b>	<b>27</b>	<b>12</b>	<b>44.4</b>

Candida albicans	6	6.8	0	0	0
Candida parapsilosis	3	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.1	0	0	0
Candida altra specie	1	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>11</b>	<b>12.5</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	6	Ertapenem	1	16.67
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	3	50.00
Enterobacter spp	2	Ertapenem	1	50.00
Serratia	3	Ertapenem	2	66.67
Serratia	3	Meropenem	1	33.33
Acinetobacter	7	Imipenem	4	57.14

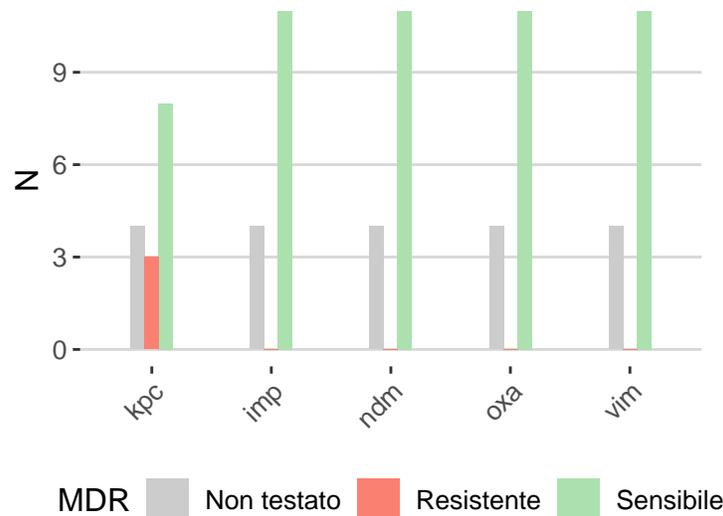
Acinetobacter	7	Meropenem	5	71.43
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	1	25.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	2	66.67

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

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

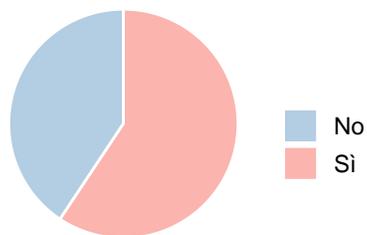
	N	%
Sì	3	20
No	8	53.33
Non testato	4	26.67
Missing	20	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	11	4
kpc	3	100	8	4
ndm	0	0	11	4
oxa	0	0	11	4
vim	0	0	11	4



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 118)

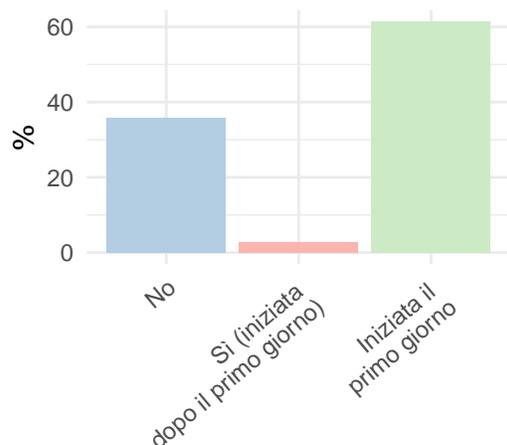
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	48	40.7
Sì	70	59.3
Missing	0	0

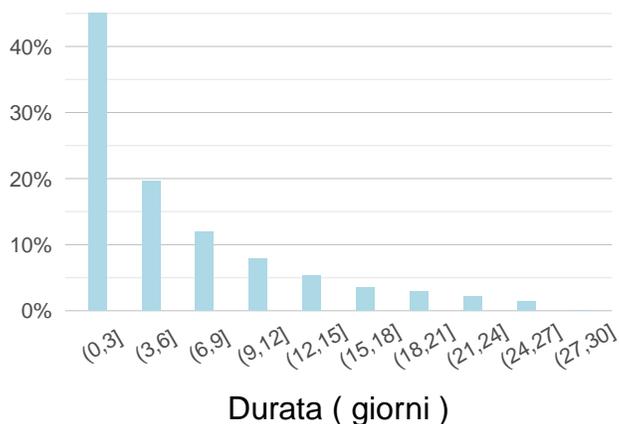
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 8755 )



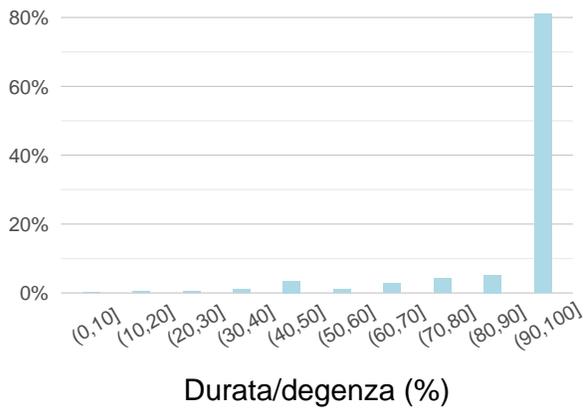
Cvc	N	%
No	3108	35.7
Sì	5600	64.3
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>5376</b>	<b>61.4</b>
Missing	47	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



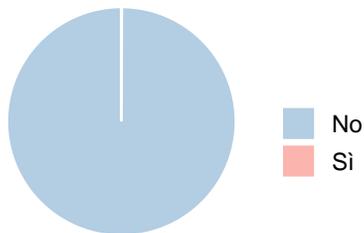
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.1 (10.5)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	4

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



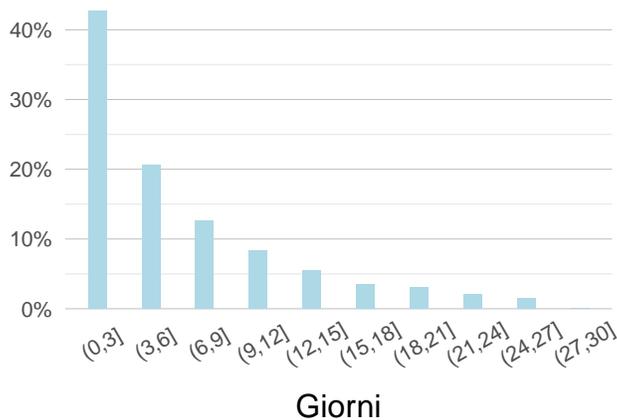
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.2 (15.9)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	8

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 8755 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	8708	100.0
Si	2	0.0
Missing	45	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	113
Media (DS)	11.9 (10.5)
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	2.6	1.9 %
CI ( 95% )	2.2 - 3.2	1.5 - 2.2

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.

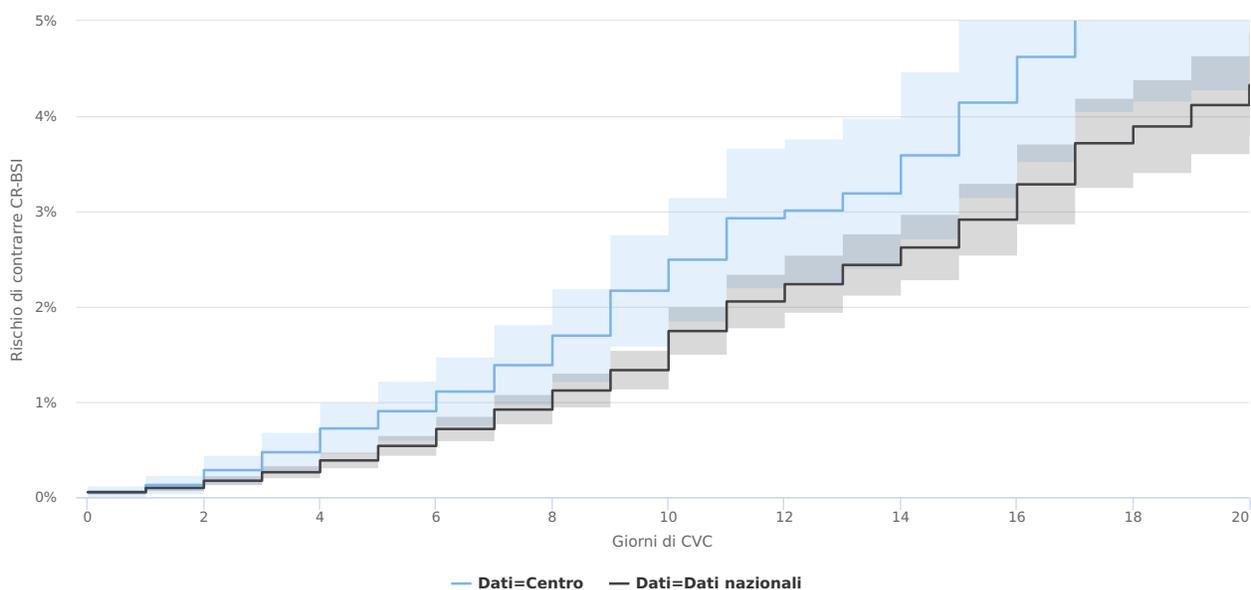
Il secondo invece:

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

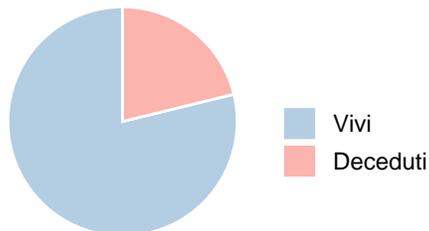
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

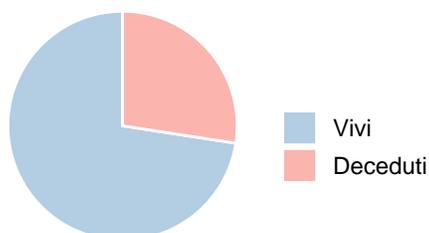


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	93	78.8
Deceduti	25	21.2
Missing	0	0

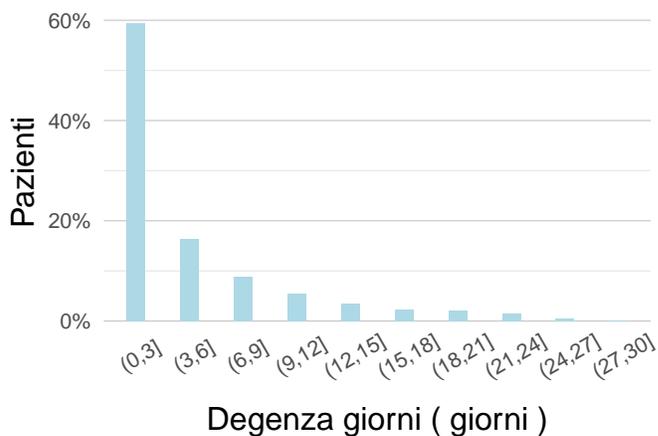
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	82	72.6
Deceduti	31	27.4
Missing	4	0

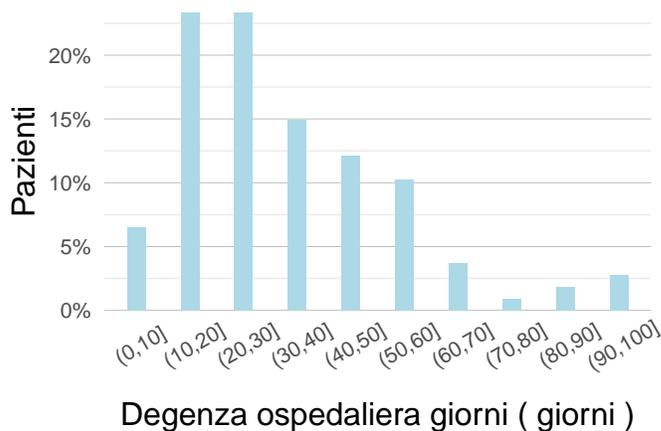
\* Statistiche calcolate su 117 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.0 (25.6)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (15-38.8)
Missing	0

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.1 (29.7)
Mediana (Q1-Q3)	30 (19-49)
Missing	4

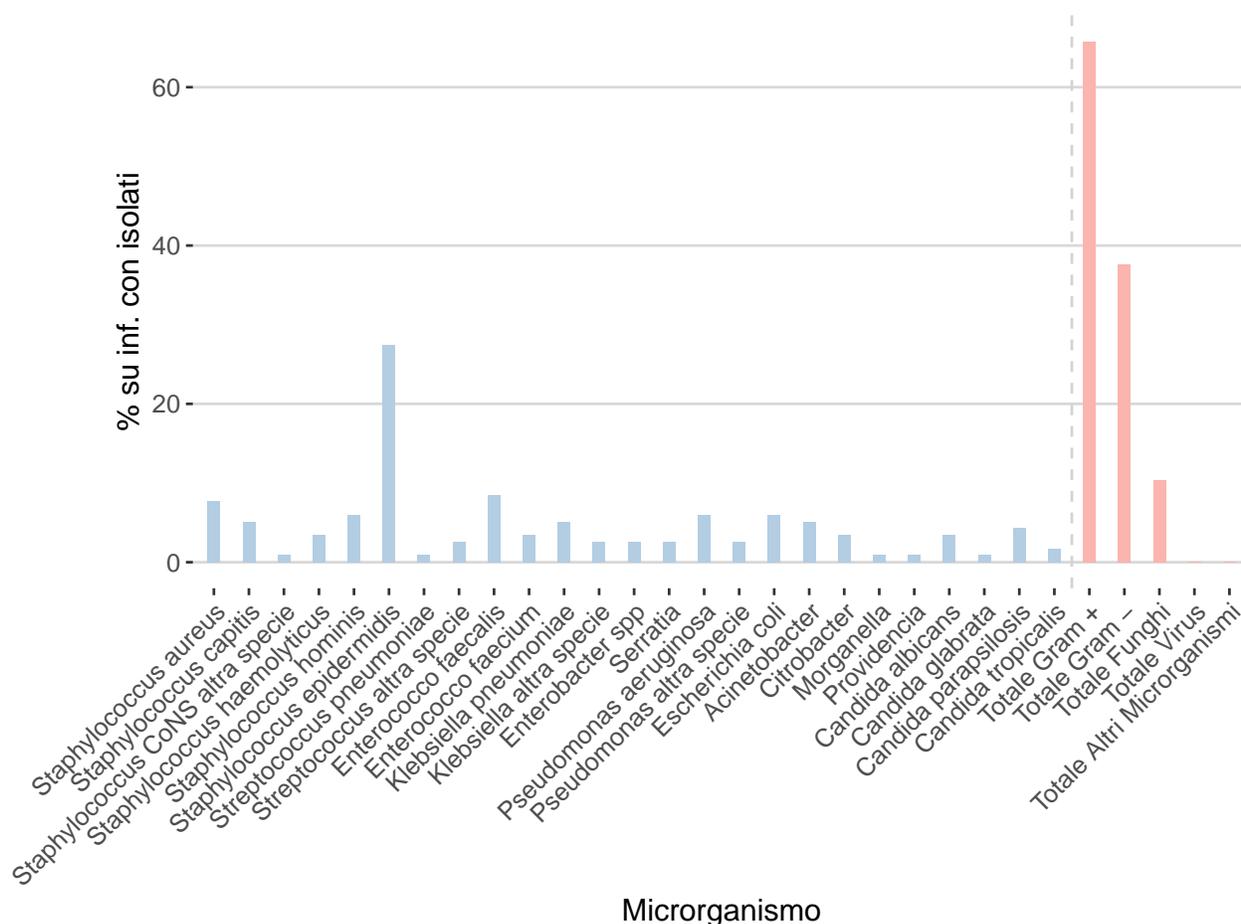
\* Statistiche calcolate su 117 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

## 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	117	100.0
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>118</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>135</b>	

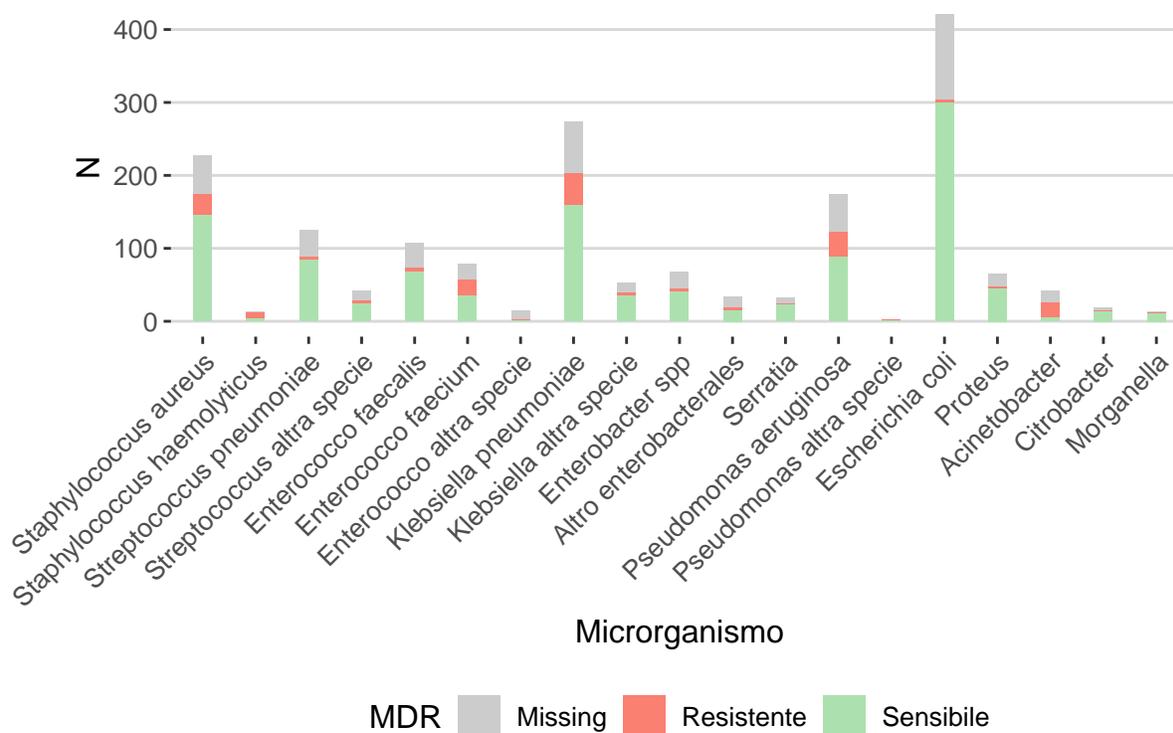
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	7.7	7	3	42.9
Staphylococcus capitis	6	5.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	3.4	4	3	75
Staphylococcus hominis	7	6.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	32	27.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.9	1	0	0
Streptococcus altra specie	3	2.6	2	0	0
Enterococcus faecalis	10	8.5	5	0	0
Enterococcus faecium	4	3.4	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>77</b>	<b>65.8</b>	<b>22</b>	<b>6</b>	<b>27.3</b>
Klebsiella pneumoniae	6	5.1	2	0	0
Klebsiella altra specie	3	2.6	2	0	0
Enterobacter spp	3	2.6	2	0	0
Serratia	3	2.6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	6.0	5	0	0
Pseudomonas altra specie	3	2.6	1	0	0
Escherichia coli	7	6.0	3	0	0
Acinetobacter	6	5.1	3	2	66.7
Citrobacter	4	3.4	3	0	0
Morganella	1	0.9	0	0	0

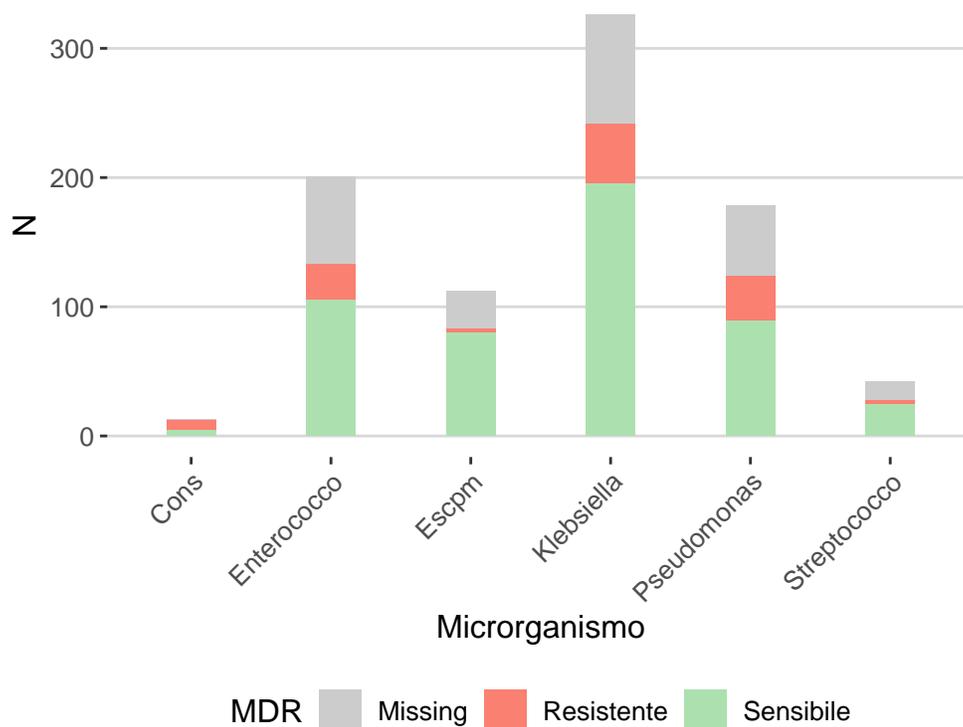
Providencia	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>44</b>	<b>37.6</b>	<b>24</b>	<b>2</b>	<b>8.3</b>
Candida albicans	4	3.4	0	0	0
Candida glabrata	1	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	5	4.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>10.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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 anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	13	12	5	7	58.33	1
Enterococco	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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.

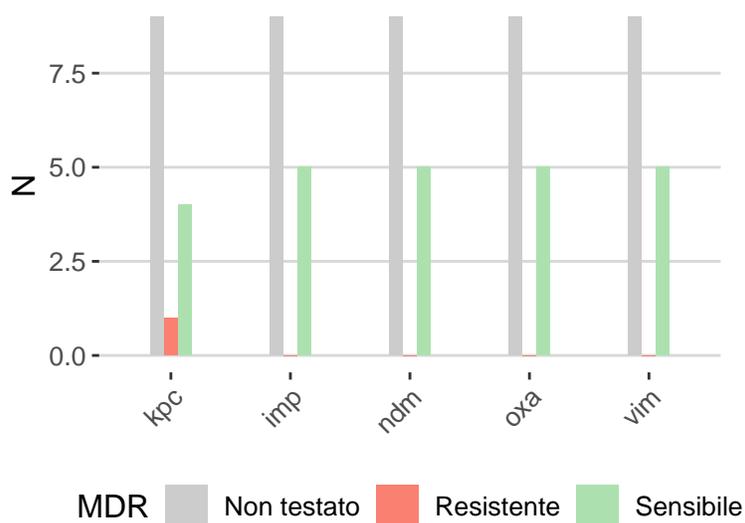
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	3	75.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	3	42.86

### 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 microrganismo-meccanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

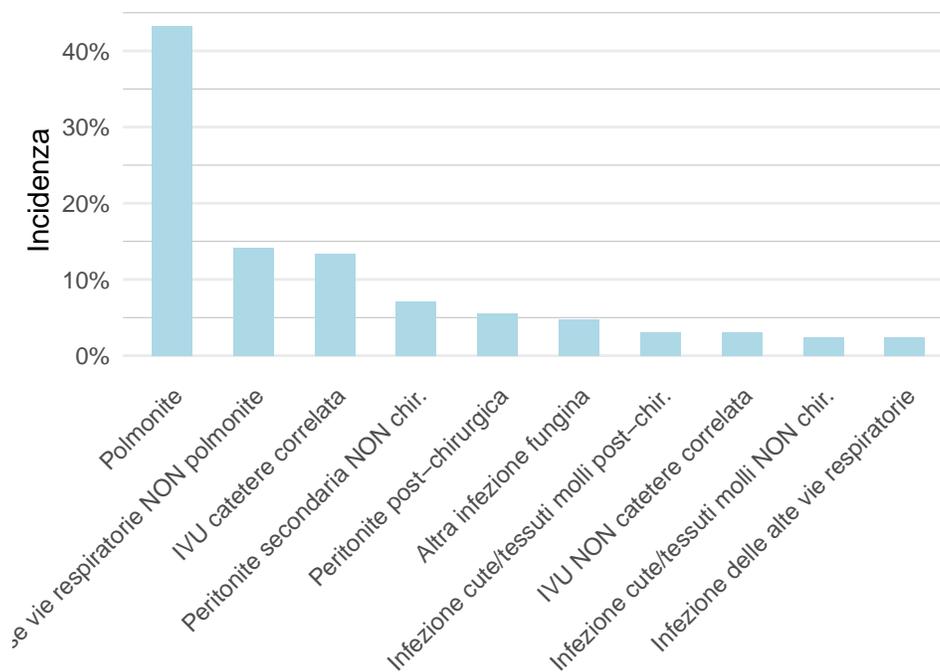
	N	%
Sì	1	7.14
No	4	28.57
Non testato	9	64.29
Missing	18	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	5	9
kpc	1	100	4	9
ndm	0	0	5	9
oxa	0	0	5	9
vim	0	0	5	9



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 127)

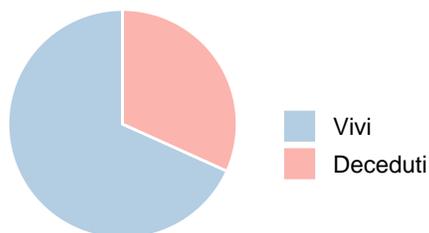
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

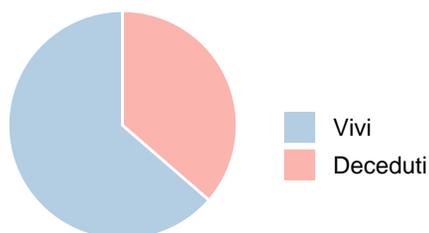
Infezione	N	%
Polmonite	55	43.3
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	18	14.2
IVU catetere correlata	17	13.4
Peritonite secondaria NON chir.	9	7.1
Peritonite post-chirurgica	7	5.5
Altra infezione fungina	6	4.7
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	4	3.1
IVU NON catetere correlata	4	3.1
Infezione delle alte vie respiratorie	3	2.4
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	3	2.4
Missing	1	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	86	68.3
Deceduti	40	31.7
Missing	1	0

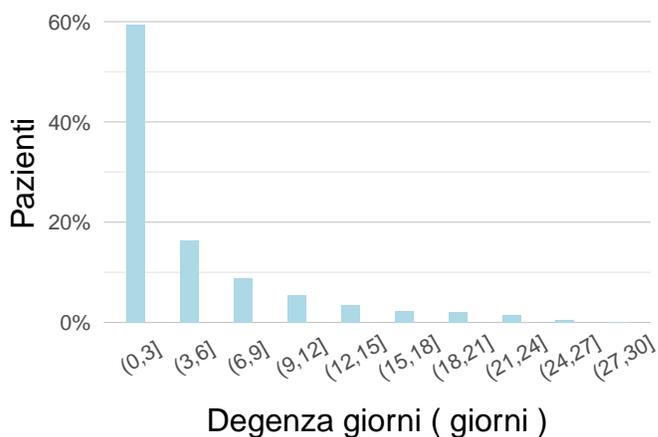
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	77	63.6
Deceduti	44	36.4
Missing	2	0

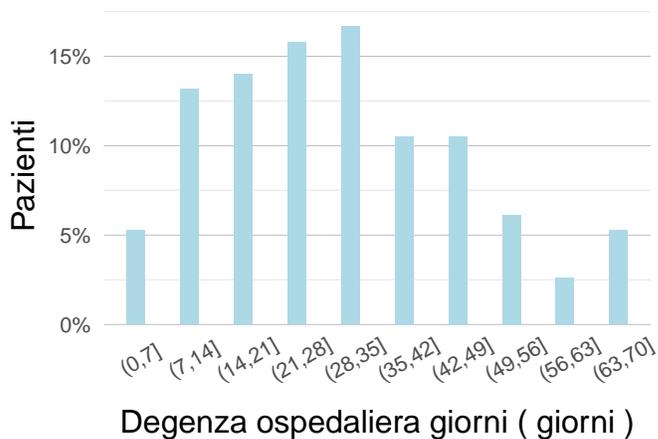
\* Statistiche calcolate su 123 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.7 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	22.5 (11-36)
Missing	1

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.0 (20.8)
Mediana (Q1-Q3)	30 (17-45)
Missing	2

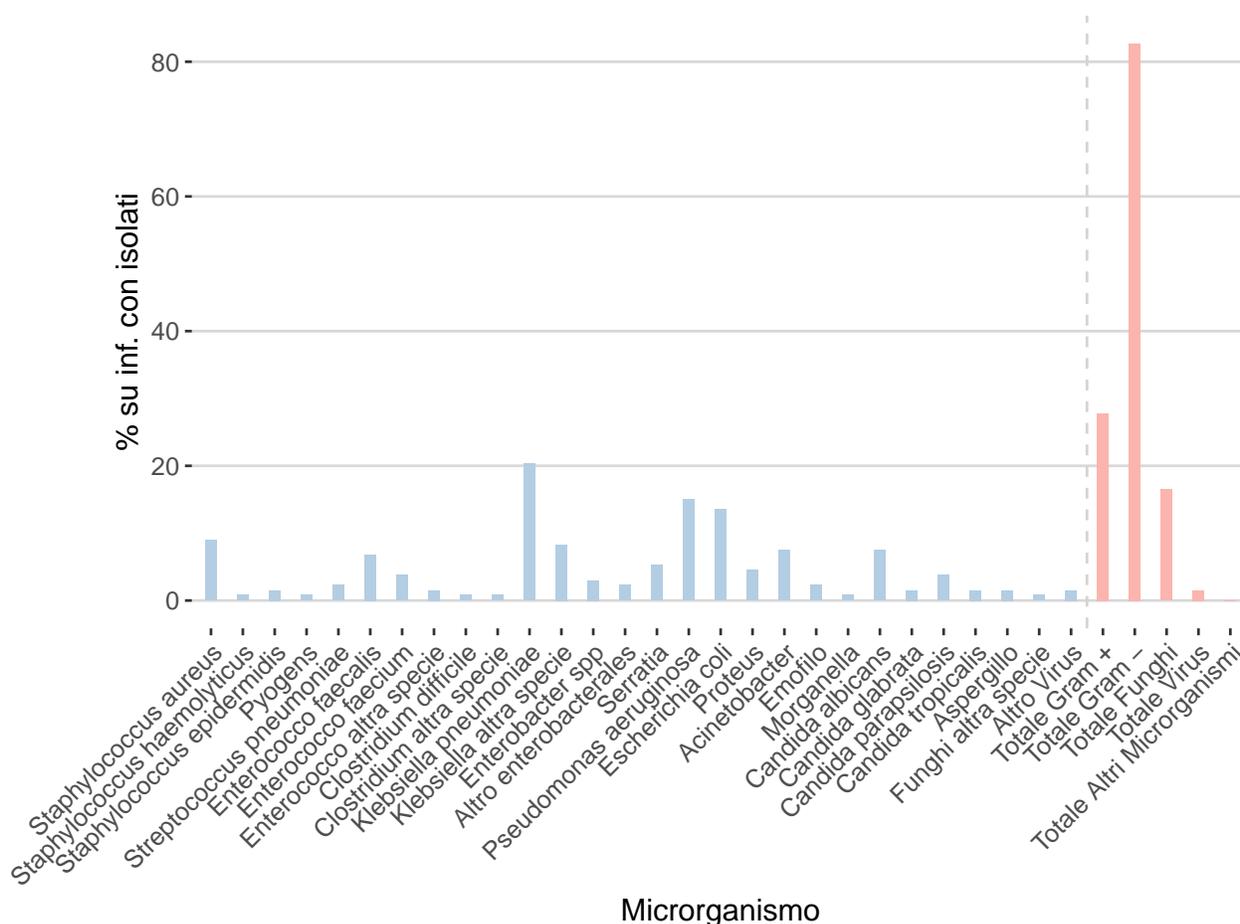
\* Statistiche calcolate su 123 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

## 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	3.6
Sì	132	96.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>137</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>173</b>	

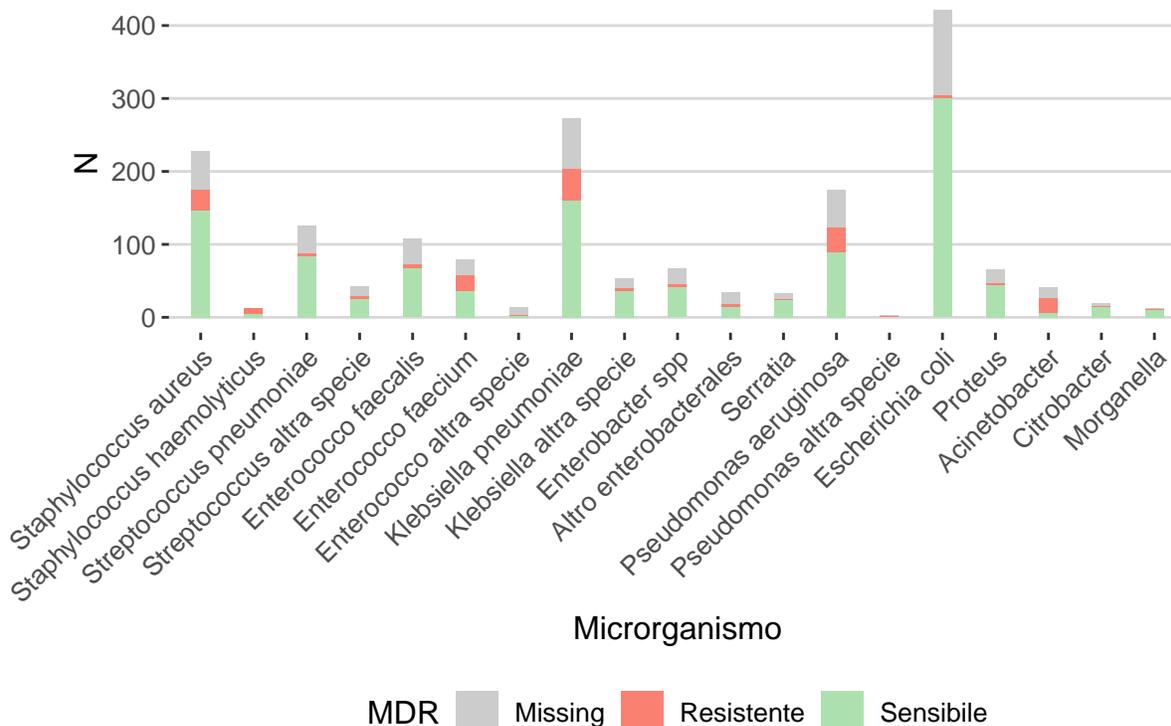
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

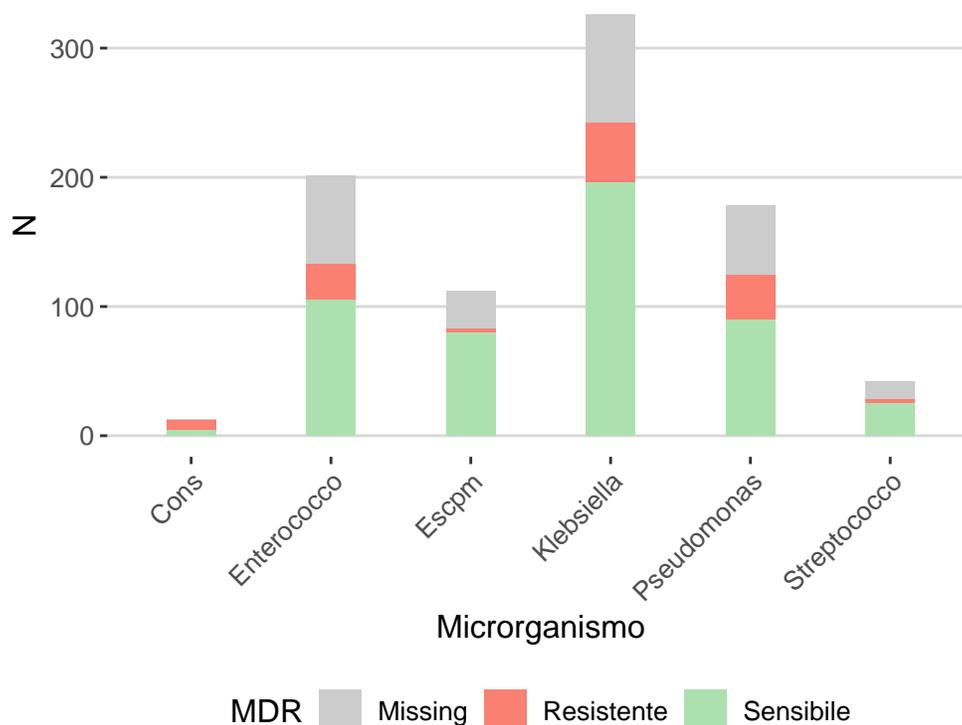
Staphylococcus aureus	12	9.0	8	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.8	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	2	1.5	0	0	0
Pyogens	1	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.3	2	0	0
Enterococco faecalis	9	6.8	3	1	33.3
Enterococco faecium	5	3.8	3	1	33.3
Enterococco altra specie	2	1.5	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>37</b>	<b>27.8</b>	<b>17</b>	<b>3</b>	<b>17.6</b>
Klebsiella pneumoniae	27	20.3	20	5	25
Klebsiella altra specie	11	8.3	6	1	16.7
Enterobacter spp	4	3.0	4	0	0
Altro enterobacterales	3	2.3	2	0	0
Serratia	7	5.3	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	15.0	11	2	18.2
Escherichia coli	18	13.5	9	0	0
Proteus	6	4.5	4	0	0
Acinetobacter	10	7.5	7	6	85.7
Emofilo	3	2.3	0	0	0
Morganella	1	0.8	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>110</b>	<b>82.7</b>	<b>70</b>	<b>14</b>	<b>20</b>
Candida albicans	10	7.5	0	0	0
Candida glabrata	2	1.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	3.8	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.5	0	0	0
Aspergillo	2	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>22</b>	<b>16.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	2	1.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>1.5</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.

**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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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	20	Ertapenem	3	15.00
Klebsiella pneumoniae	20	Meropenem	4	20.00
Klebsiella altra specie	6	Ertapenem	1	16.67
Klebsiella altra specie	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	7	Imipenem	4	57.14
Acinetobacter	7	Meropenem	6	85.71
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	2	18.18
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecalis	3	Vancomicina	1	33.33
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

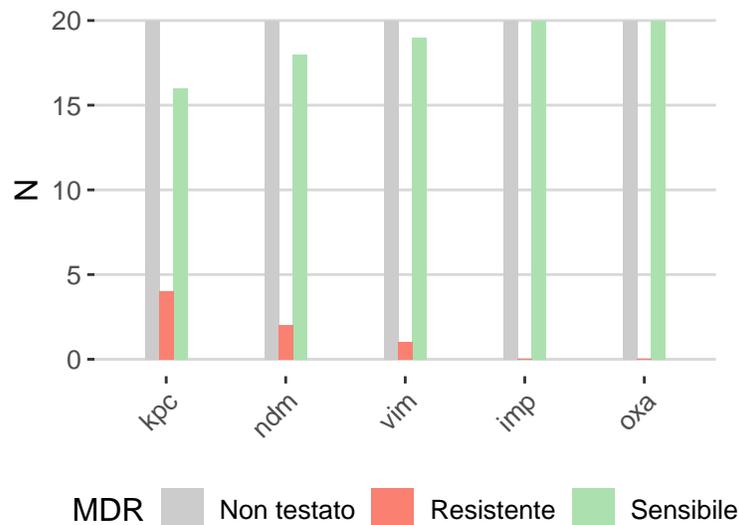
### 16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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	7	17.5
No	13	32.5
Non testato	20	50
Missing	37	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	20	20

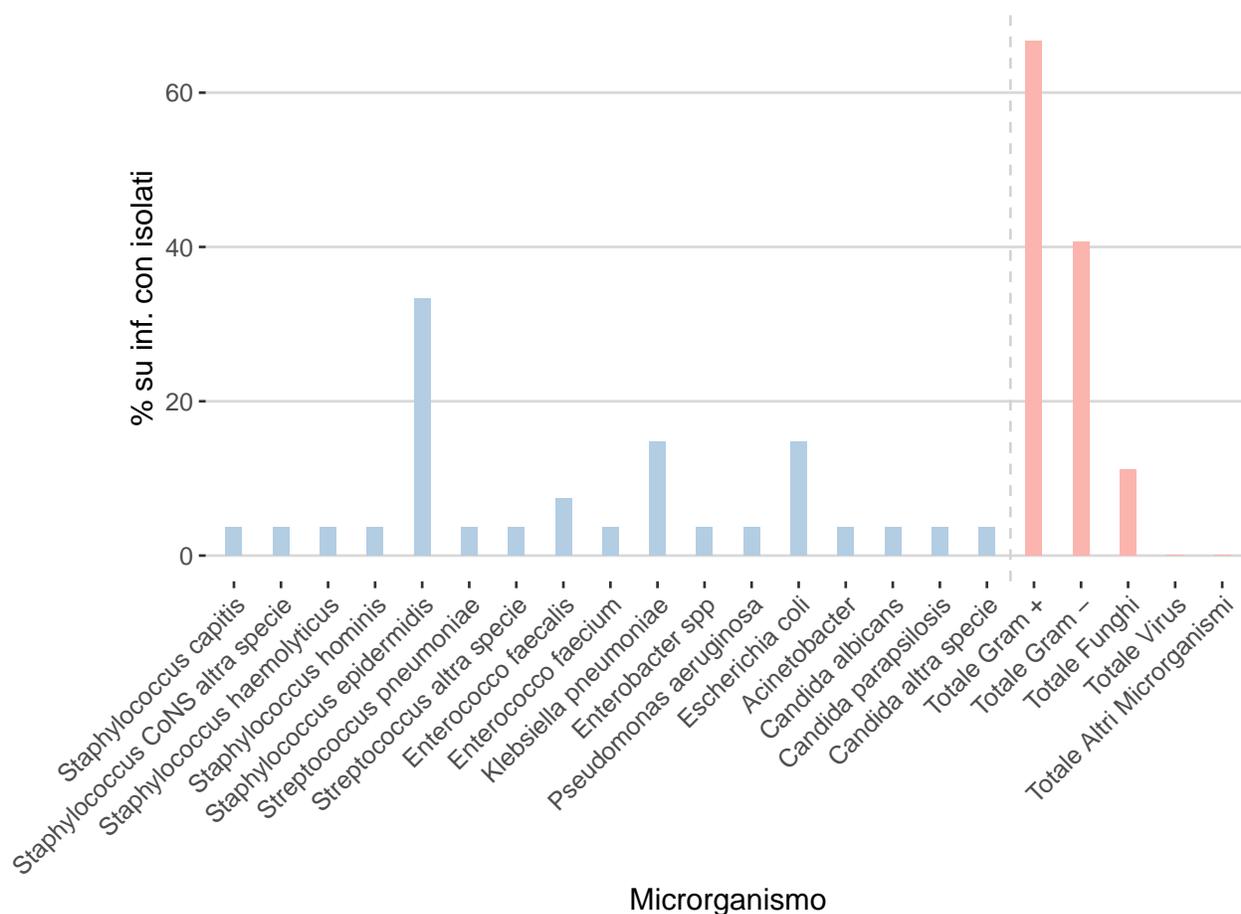
kpc	4	57.1	16	20
ndm	2	28.6	18	20
oxa	0	0.0	20	20
vim	1	14.3	19	20



## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 27)

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

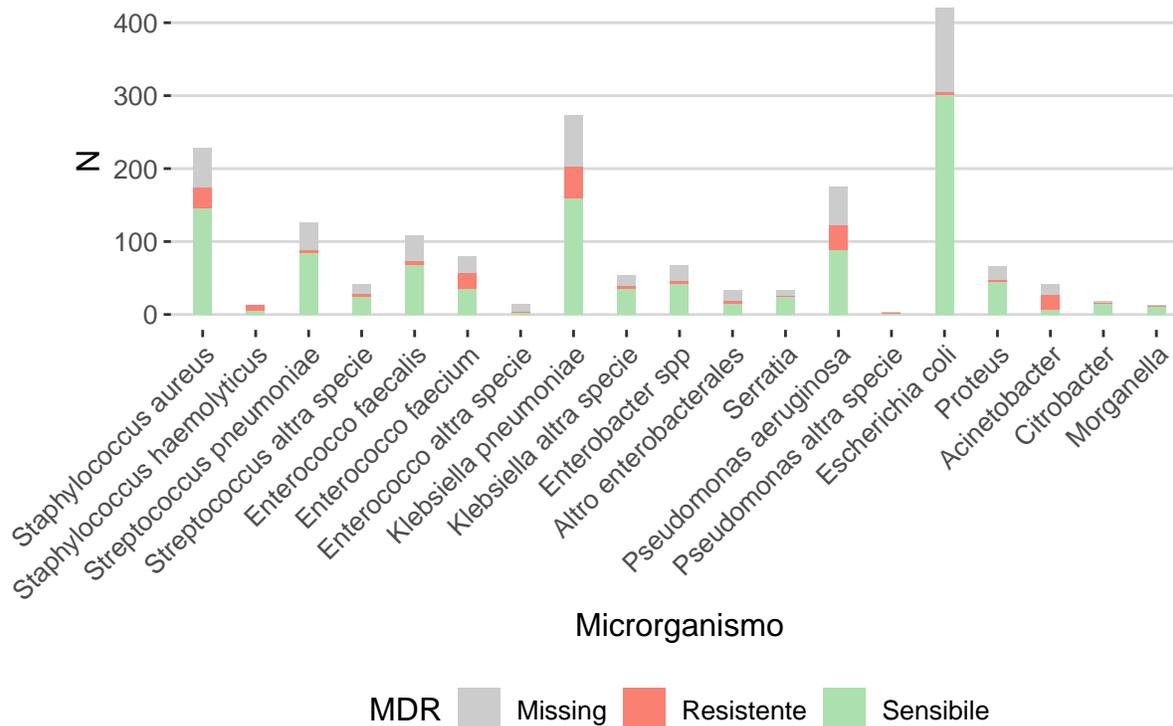
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	1	3.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	3.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	3.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	33.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	3.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	3.7	0	0	0
Enterococcus faecalis	2	7.4	1	0	0
Enterococcus faecium	1	3.7	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>18</b>	<b>66.7</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	4	14.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	3.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	3.7	0	0	0
Escherichia coli	4	14.8	2	0	0
Acinetobacter	1	3.7	1	1	100
<b>Totale Gram -</b>	<b>11</b>	<b>40.7</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>20</b>
Candida albicans	1	3.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	3.7	0	0	0
Candida altra specie	1	3.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</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>

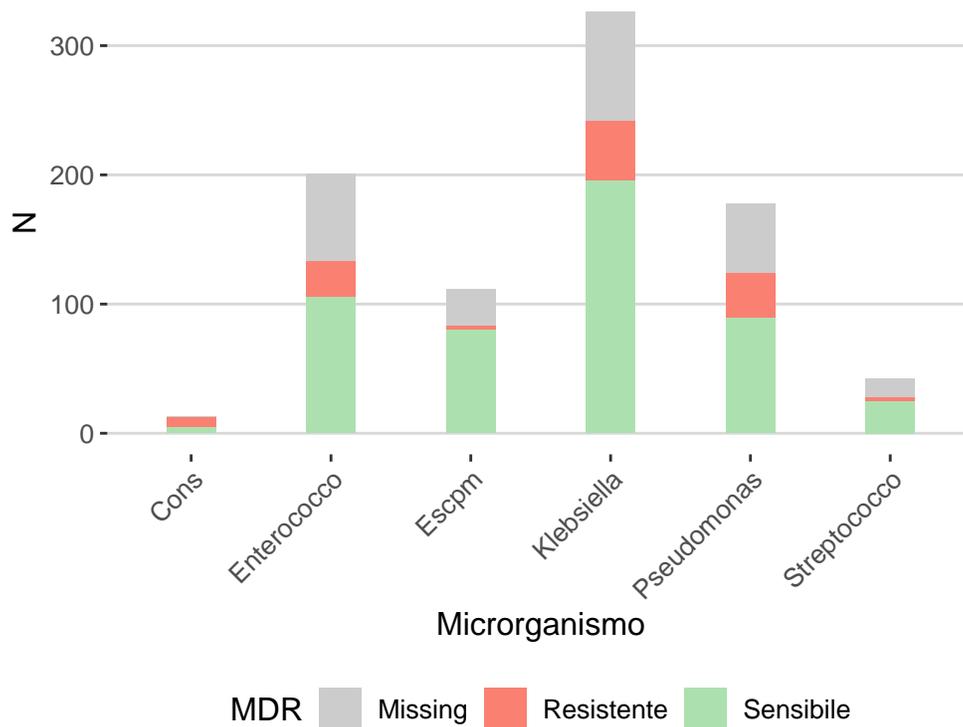
**Totale Altri Microrganismi      0                      0.0                      0                      0                      0**

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



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	201	133	106	27	20.30	68
Escpm	112	83	80	3	3.61	29
Klebsiella	326	242	196	46	19.01	84
Pseudomonas	178	124	90	34	27.42	54
Streptococco	42	28	25	3	10.71	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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	9	

## 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