

# 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 = 8880 )</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 = 3096 )</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 = 5775 )</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 = 2608)</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 = 476)</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 = 835)</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 = 819)</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 = 331)</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 = 488)</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 = 295)</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 = 260)</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 = 8880 ) . . . . .	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 = 271)</b>	<b>102</b>
13.1	Trauma . . . . .	102
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	102
13.3	Tipologia . . . . .	102
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	103
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	103
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 111)</b>	<b>108</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	108
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	108
14.3	Mortalità in TI . . . . .	109
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	109
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	109
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	110

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	110
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 45)</b>	<b>114</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	114
15.2	Fattori di rischio . . . . .	114
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	115
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	116
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	116
15.6	Mortalità in TI . . . . .	117
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	117
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	117
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	118
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	118
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 139)</b>	<b>123</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	123
16.2	Mortalità in TI . . . . .	123
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	124
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	124
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	124
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	125
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 15)</b>	<b>129</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	129
<b>Appendice</b>		<b>132</b>
	Definizione di MDR . . . . .	132
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	133

## Petalo Infectionlight

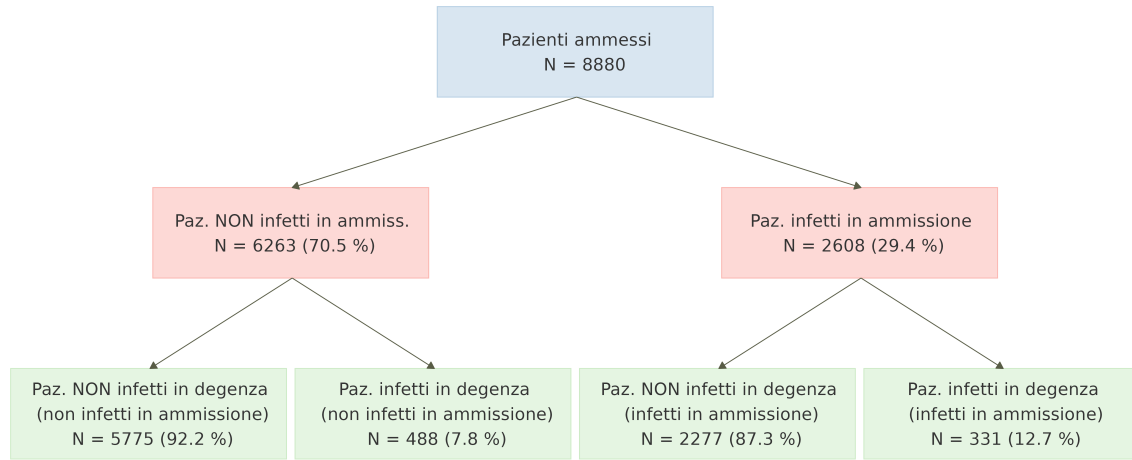
Anno 2023

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

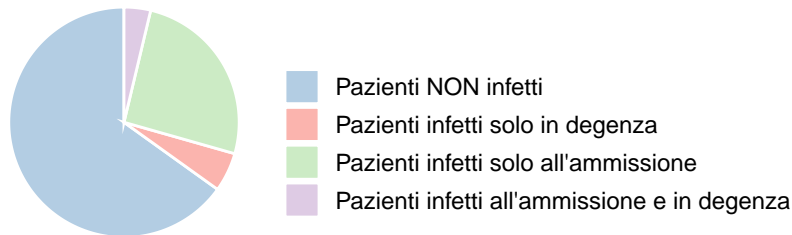
Popolazione complessiva: 24 TI

TI Lombardia

## 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



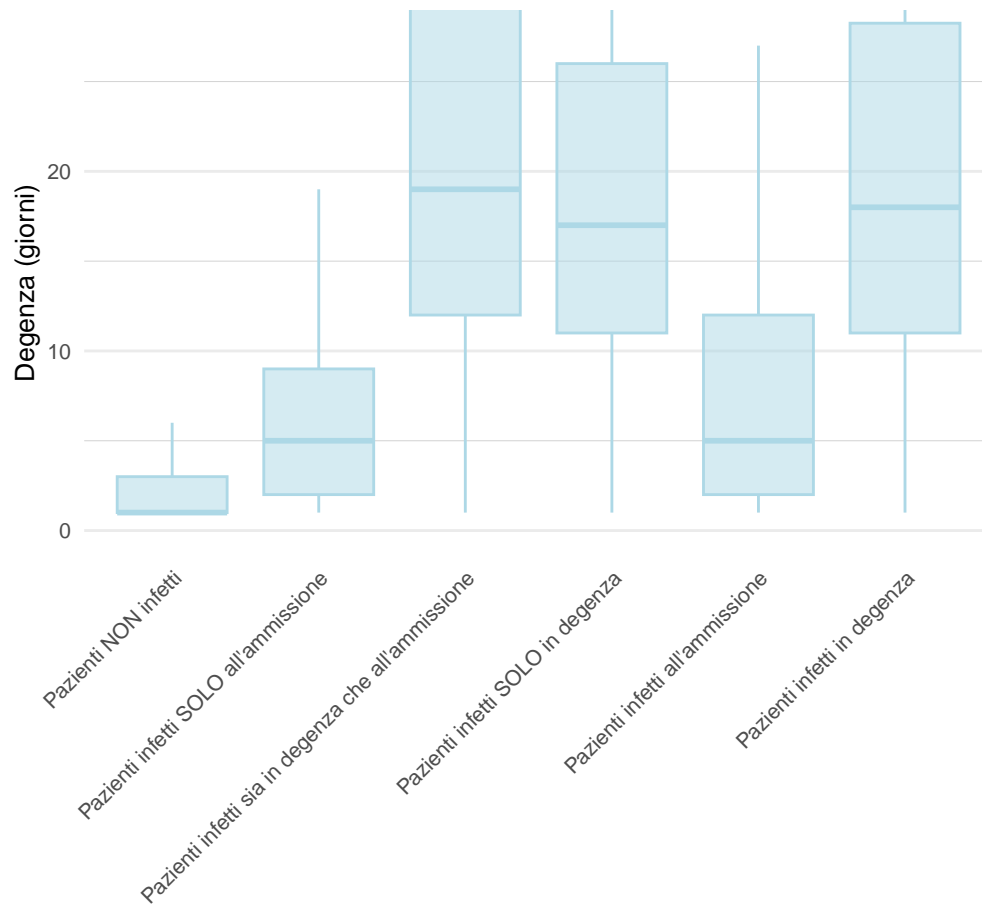
Per N = 9 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	5775	65.1
Pazienti infetti solo in degenza	488	5.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	2277	25.7
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	331	3.7

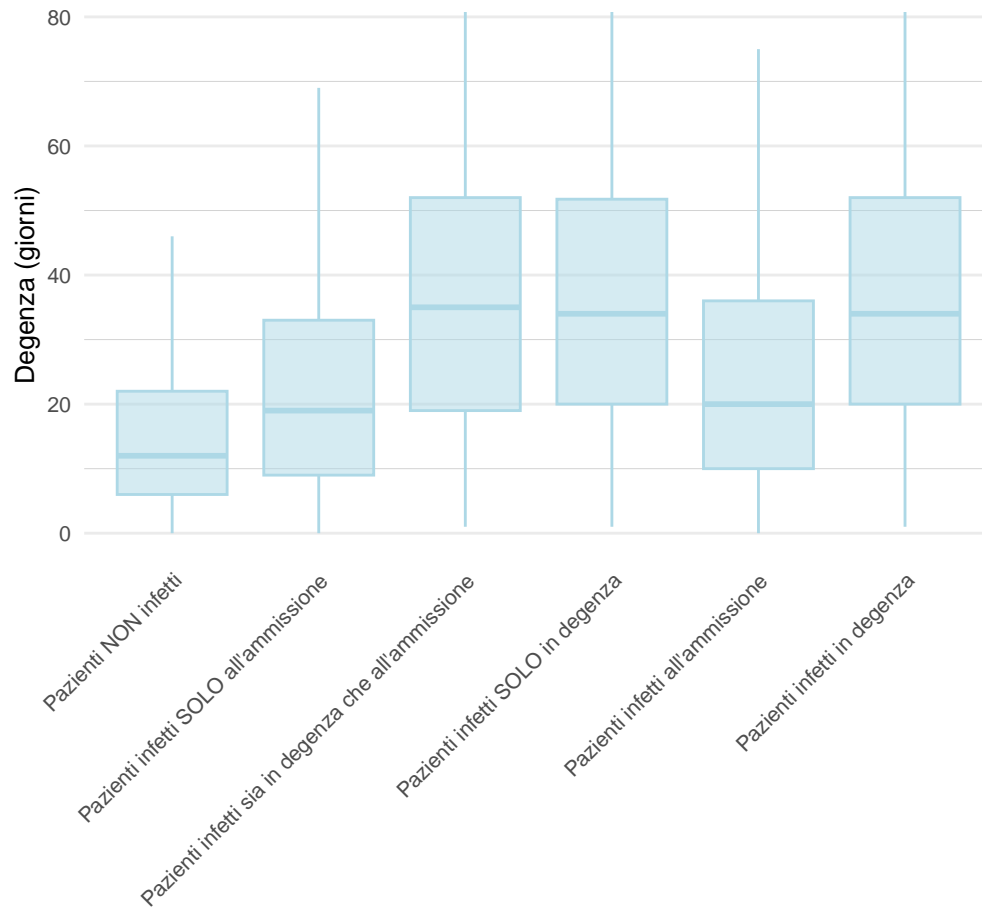
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 8871).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	5775	65.0	1	( 1 - 3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2277	25.6	5	( 2 - 9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	331	3.7	19	( 12 - 34 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	488	5.5	17	( 11 - 26 )
Pazienti infetti all'ammissione	2608	29.4	5	( 2 - 12 )
Pazienti infetti in degenza	819	9.2	18	( 11 - 28 )

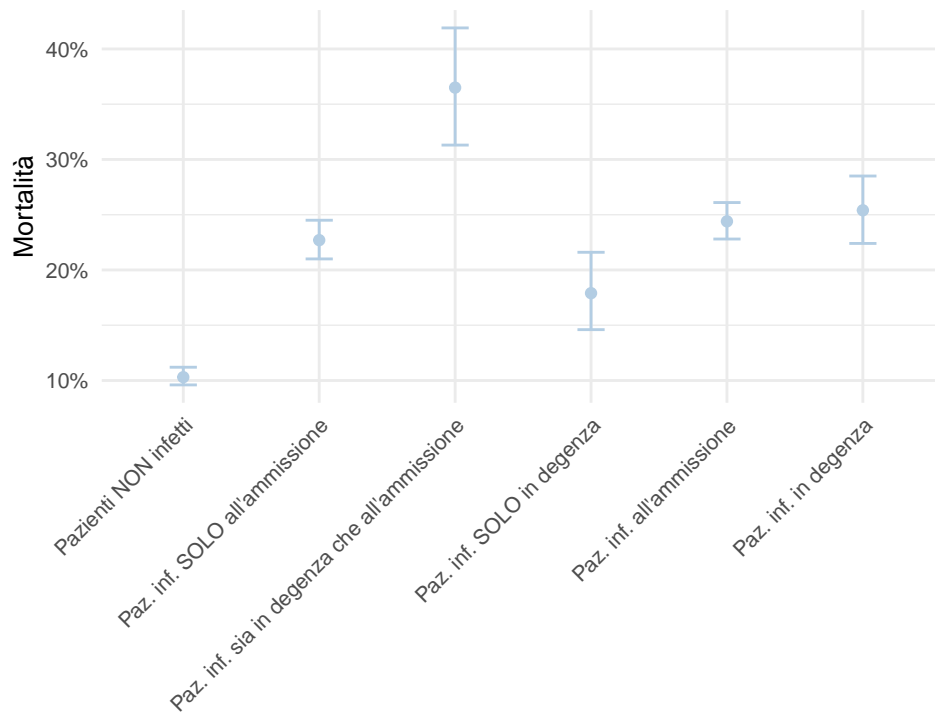
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	5775	65.0	12	( 6 - 22 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2277	25.6	19	( 9 - 33 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	331	3.7	35	( 19 - 52 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	488	5.5	34	( 20 - 52 )
Pazienti infetti all'ammissione	2608	29.4	20	( 10 - 36 )
Pazienti infetti in degenza	819	9.2	34	( 20 - 52 )

\* escluse le riammissioni (N = 307)

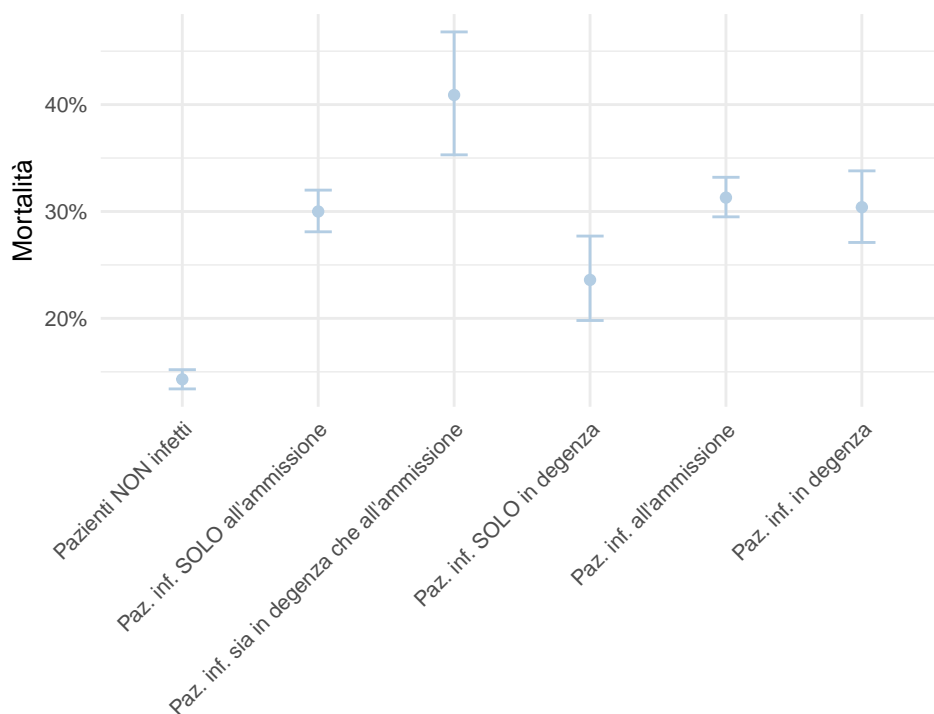
## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	5775	597	10.3	( 9.6 - 11.2 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2277	516	22.7	( 21 - 24.5 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	331	120	36.5	( 31.3 - 41.9 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	488	87	17.9	( 14.6 - 21.6 )
Pazienti infetti all'ammissione	2608	636	24.4	( 22.8 - 26.1 )
Pazienti infetti in degenza	819	207	25.4	( 22.4 - 28.5 )



## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

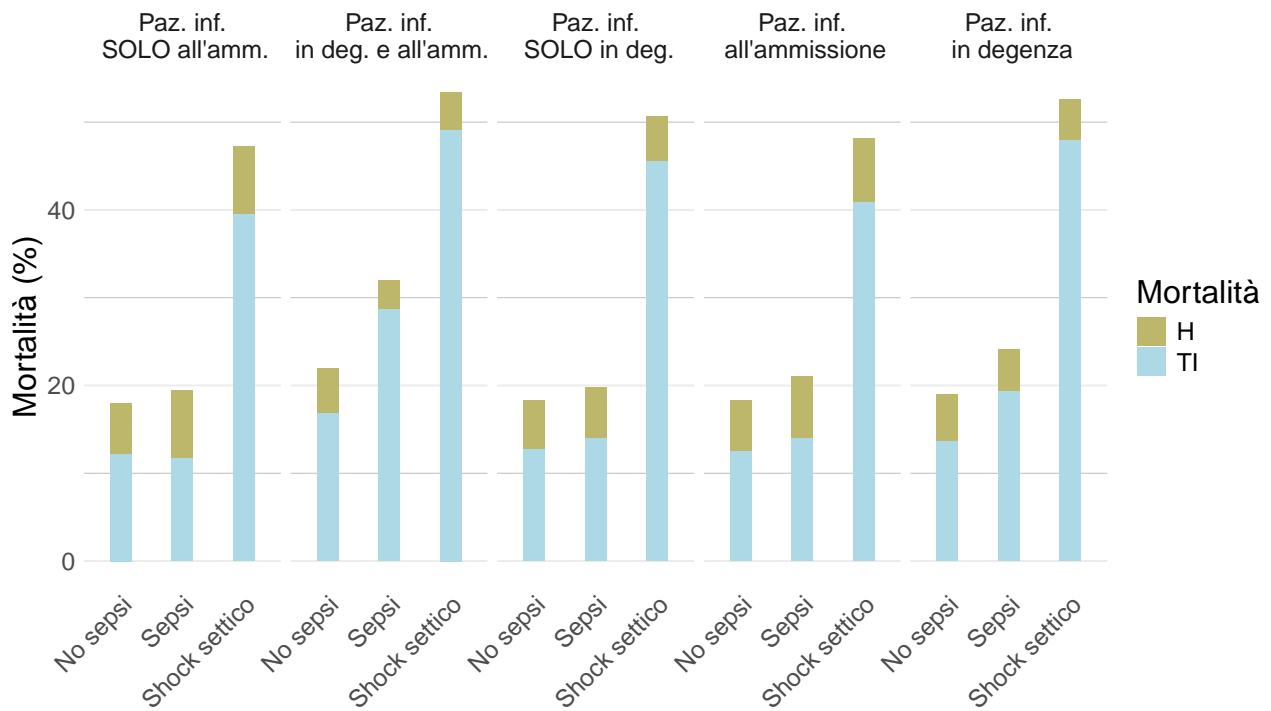


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	5775	802	14.3	( 13.4 - 15.2 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2277	641	30.0	( 28.1 - 32 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	331	122	40.9	( 35.3 - 46.8 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	488	109	23.6	( 19.8 - 27.7 )
Pazienti infetti all'ammissione	2608	763	31.3	( 29.5 - 33.2 )
Pazienti infetti in degenza	819	231	30.4	( 27.1 - 33.8 )

\* escluse le riammissioni (N = 307)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2277	637	757	883	28.0	33.2	38.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	331	60	111	160	18.1	33.5	48.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	488	226	193	69	46.3	39.5	14.1
Pazienti infetti all'ammissione	2608	697	868	1043	26.7	33.3	40.0
Pazienti infetti in degenza	819	286	304	229	34.9	37.1	28.0



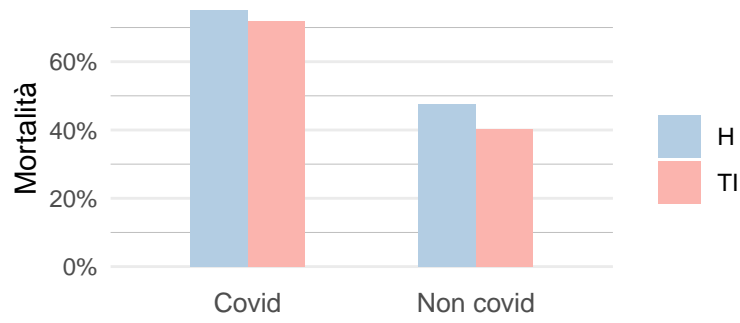
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	637	78	12.2	590	106	18.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	60	10	16.9	50	11	22.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	226	29	12.8	213	39	18.3
Pazienti infetti all'ammissione	697	88	12.6	640	117	18.3
Pazienti infetti in degenza	286	39	13.7	263	50	19.0

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	757	89	11.8	708	138	19.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	111	32	28.8	100	32	32.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	193	27	14.0	182	36	19.8
Pazienti infetti all'ammissione	868	121	14.0	808	170	21.0
Pazienti infetti in degenza	304	59	19.4	282	68	24.1

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	883	349	39.6	839	397	47.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	160	78	49.1	148	79	53.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	69	31	45.6	67	34	50.7
Pazienti infetti all'ammissione	1043	427	41.0	987	476	48.2
Pazienti infetti in degenza	229	109	48.0	215	113	52.6

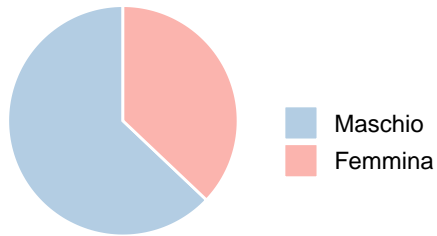
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	26	18	72.0	25	18	75.0
Non covid	1017	409	40.3	971	458	47.6

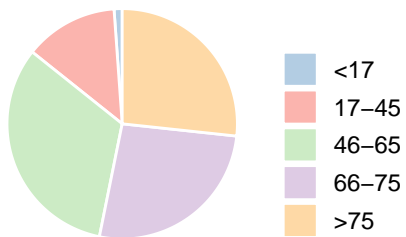
## 2 Tutti i pazienti ( N = 8880 )

### 2.1 Sesso



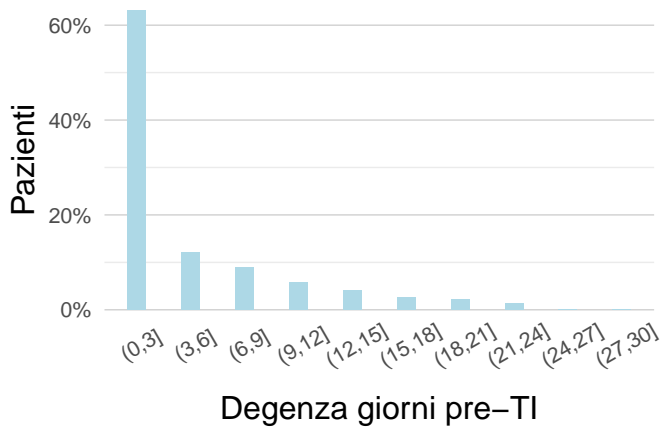
Sesso	N	%
Maschio	5519	62.9
Femmina	3251	37.1
Missing	110	0

### 2.2 Età



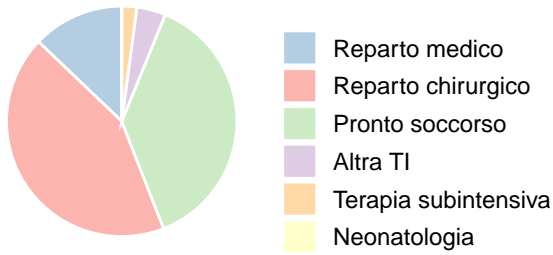
Range età	N	%
<17	101	1.1
17-45	1167	13.1
46-65	2890	32.5
66-75	2351	26.5
>75	2371	26.7
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



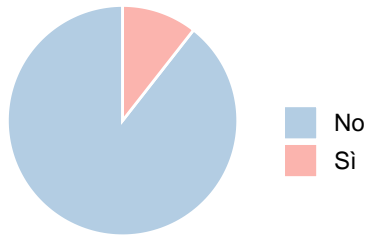
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	13.2
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	6

## 2.4 Provenienza ( reparto )



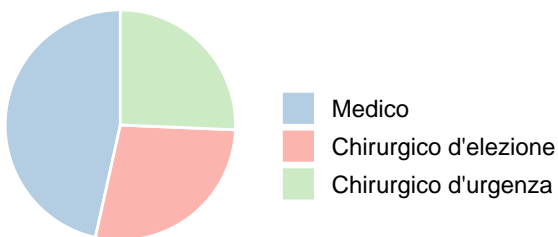
Provenienza	N	%
Reparto medico	1138	12.9
Reparto chirurgico	3812	43.1
Pronto soccorso	3355	37.9
Altra TI	359	4.1
Terapia subintensiva	186	2.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	30	0

## 2.5 Trauma



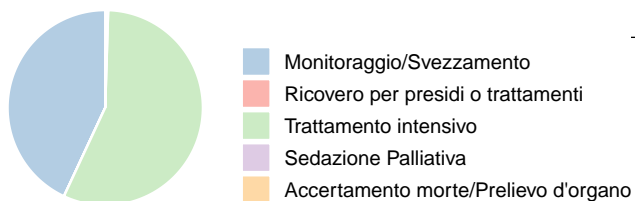
Trauma	N	%
No	7940	89.4
Si	939	10.6
Missing	1	0

## 2.6 Stato Chirurgico



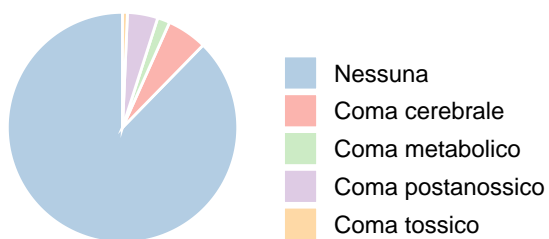
Stato chirurgico	N	%
Medico	4130	46.5
Chirurgico d'elezione	2470	27.8
Chirurgico d'urgenza	2278	25.7
Missing	2	0

## 2.7 Motivo di ammissione



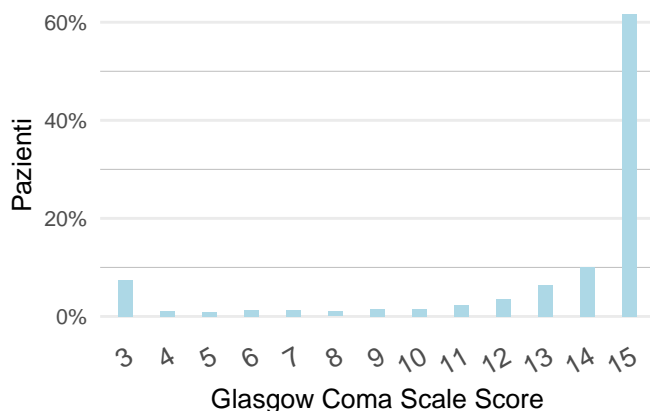
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3816	43.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	5004	56.5
Sedazione Palliativa	20	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	23	0.3
Missing	17	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



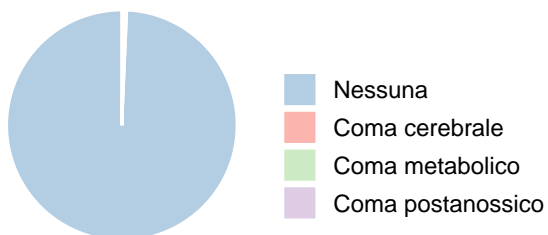
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	6525	87.7
Coma cerebrale	419	5.6
Coma metabolico	130	1.7
Coma postanossico	317	4.3
Coma tossico	51	0.7
Missing	1438	0

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



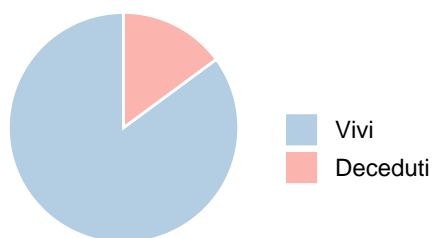
Indicatore	Valore
Media	13.0
DS	3.7
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



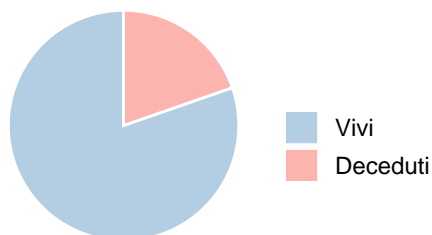
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	8814	99.3
Coma cerebrale	32	0.4
Coma metabolico	11	0.1
Coma postanossico	17	0.2
Missing	7	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	7545	85.1
Deceduti	1320	14.9
Missing	15	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

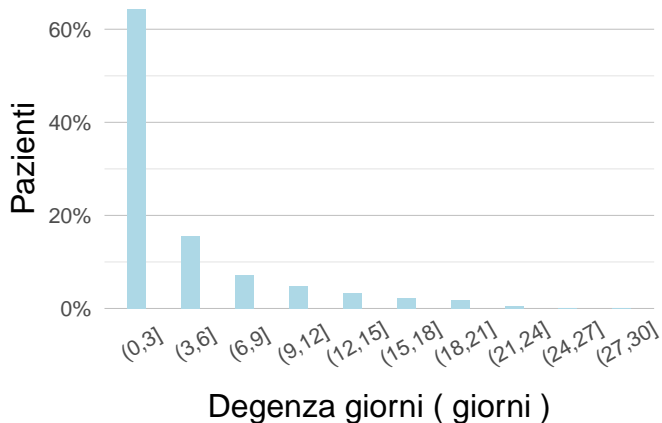


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	6836	80.3
Deceduti	1674	19.7
Missing	57	0

\* Statistiche calcolate su 8567 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 313 ).



## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.8 (9.2)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-6)
Missing	13

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

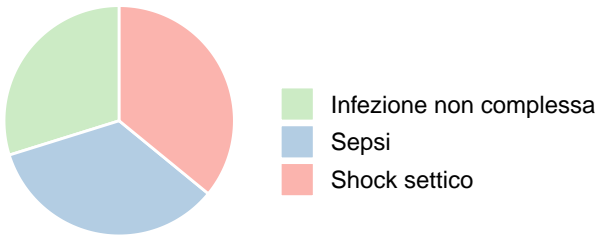


Indicatore	Valore
Media (DS)	21.6 (24.6)
Mediana (Q1-Q3)	14 (7-28)
Missing	57

\* Statistiche calcolate su 8567 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 313 ).

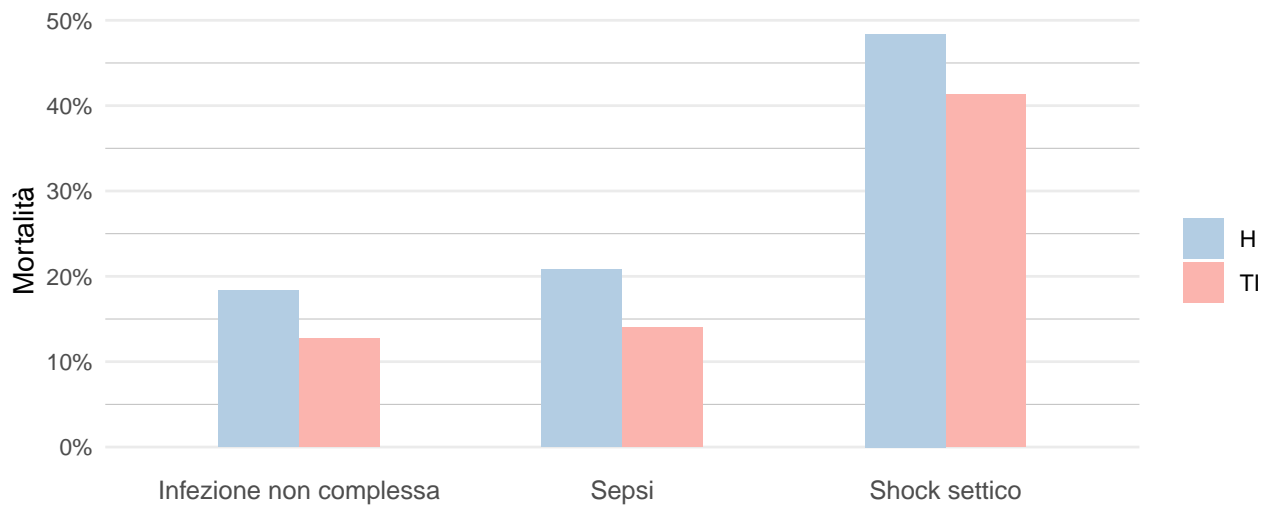
### 3 Pazienti infetti ( N = 3096 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	923	29.8
Sepsi	1061	34.3
Shock settico	1112	35.9
Missing	0	0

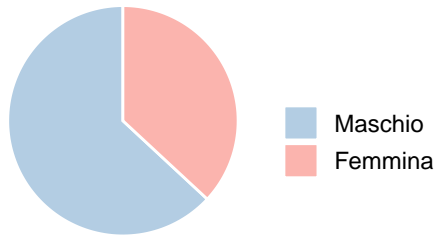
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	12.7	18.3
Sepsi	14.0	20.8
Shock settico	41.3	48.4

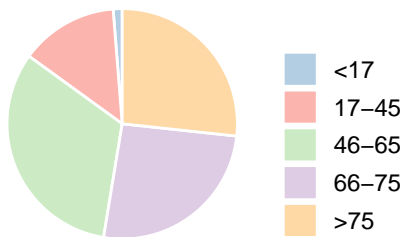
## 4 Pazienti non infetti ( N = 5775 )

### 4.1 Sesso



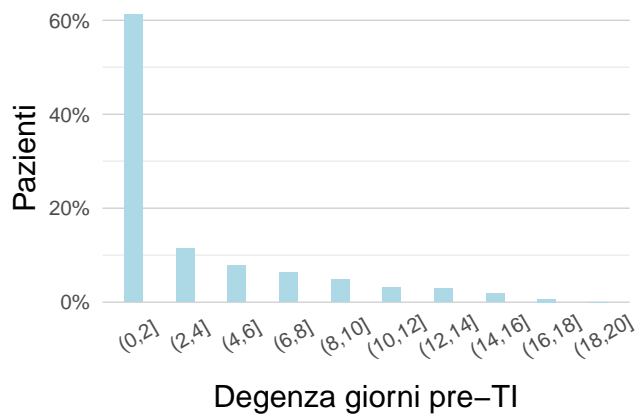
Sesso	N	%
Maschio	3600	63.1
Femmina	2106	36.9
Missing	69	0

### 4.2 Età



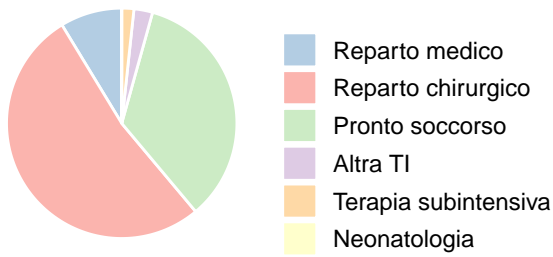
Range età	N	%
<17	73	1.3
17-45	794	13.7
46-65	1871	32.4
66-75	1495	25.9
>75	1542	26.7
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



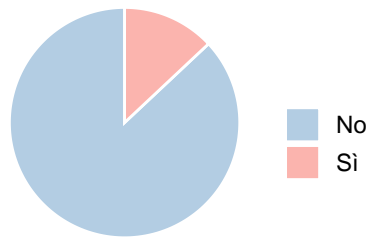
Indicatore	Valore
Media	3.7
DS	11.2
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	3

## 4.4 Provenienza ( reparto )



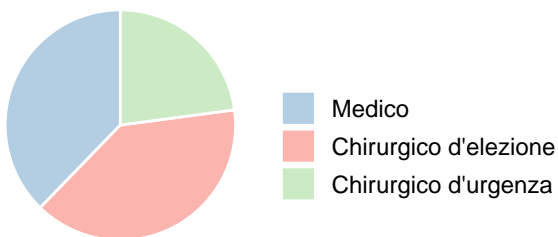
Provenienza	N	%
Reparto medico	501	8.7
Reparto chirurgico	3020	52.4
Pronto soccorso	1992	34.6
Altra TI	151	2.6
Terapia subintensiva	98	1.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	13	0

## 4.5 Trauma



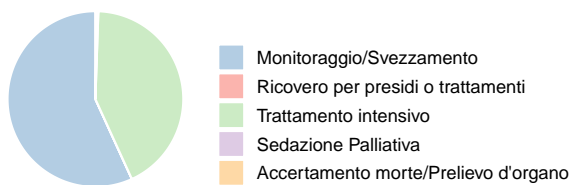
Trauma	N	%
No	5024	87.0
Si	751	13.0
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



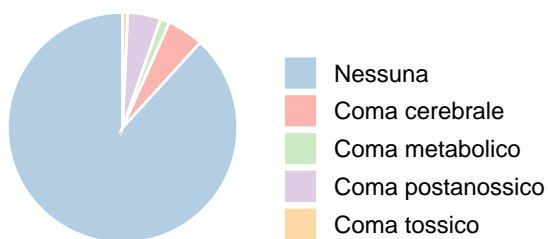
Stato chirurgico	N	%
Medico	2180	37.7
Chirurgico d'elezione	2273	39.4
Chirurgico d'urgenza	1322	22.9
Missing	0	0

## 4.7 Motivo di ammissione



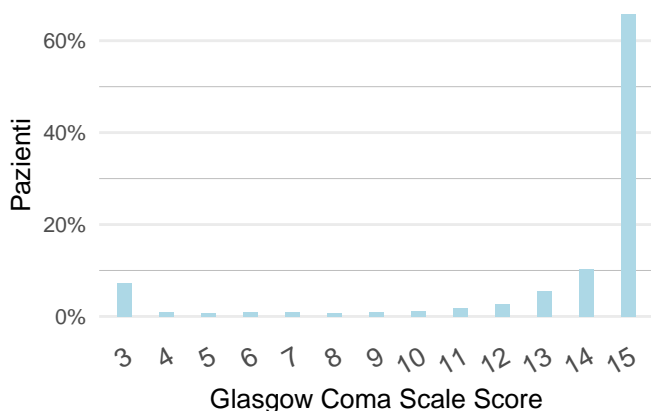
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3275	56.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2458	42.6
Sedazione Palliativa	14	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	17	0.3
Missing	11	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



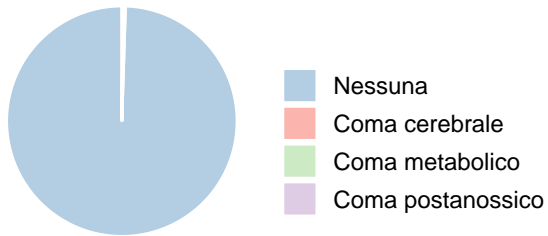
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	4315	88.2
Coma cerebrale	250	5.1
Coma metabolico	64	1.3
Coma postanossico	227	4.6
Coma tossico	35	0.7
Missing	884	0

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



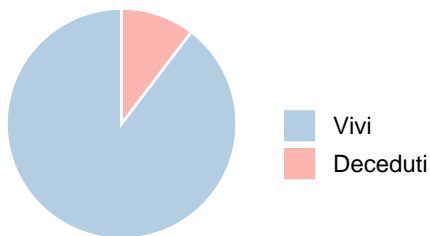
Indicatore	Valore
Media	11.2
DS	3.5
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



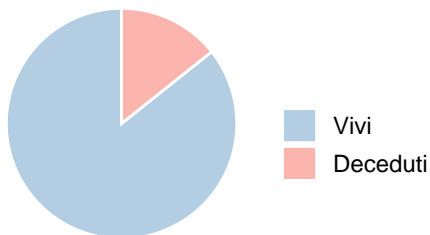
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	5747	99.5
Coma cerebrale	18	0.3
Coma metabolico	2	0.0
Coma postanossico	9	0.2
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	5176	89.7
Deceduti	597	10.3
Missing	2	0

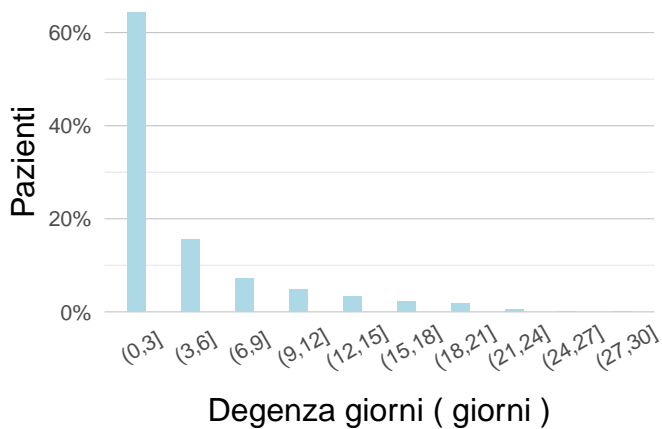
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	4810	85.7
Deceduti	802	14.3
Missing	13	0

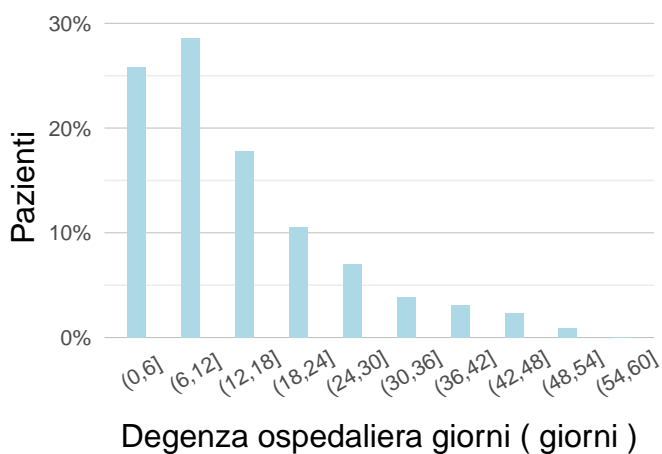
\* Statistiche calcolate su 5625 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 150 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.1 (4.8)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	2

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

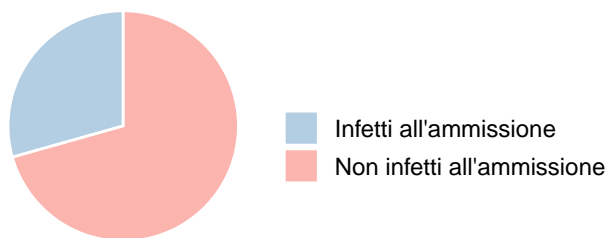


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.5 (21.5)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-22)
Missing	13

\* Statistiche calcolate su 5625 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 150 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

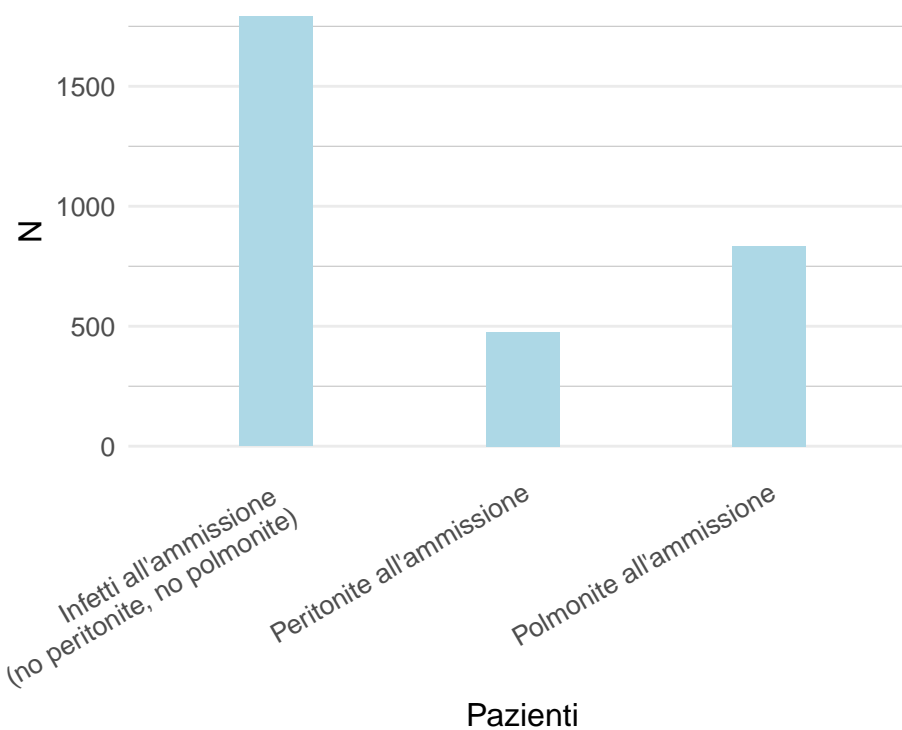
Sono presenti 2608 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 29.37% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	2608	29.37
Non infetti all'ammissione	6272	70.63

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 8880).

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



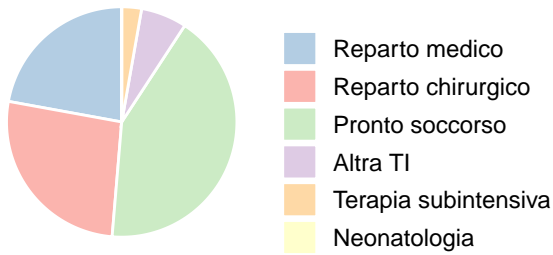
Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1792	68.71
Peritonite all'ammissione	476	18.25
Polmonite all'ammissione	835	32.02

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 2608).



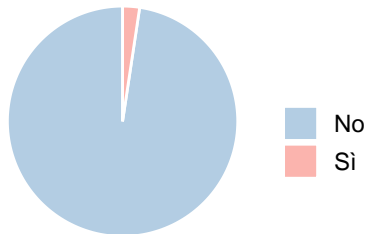
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2608)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



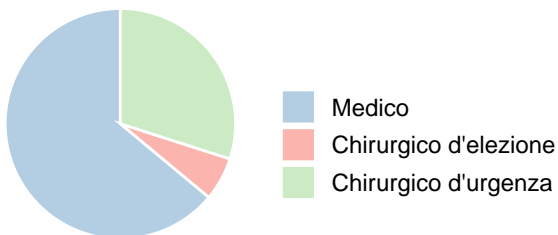
Provenienza	N	%
Reparto medico	574	22.1
Reparto chirurgico	688	26.5
Pronto soccorso	1092	42.1
Altra TI	167	6.4
Terapia subintensiva	72	2.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	15	0

### 5.2 Trauma



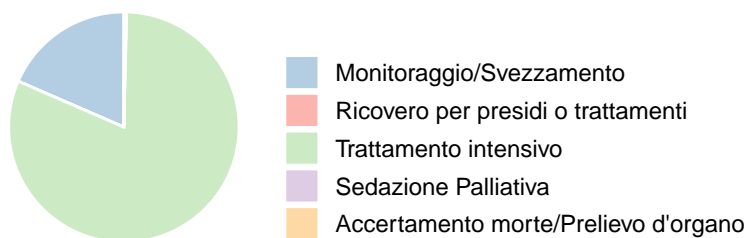
Trauma	N	%
No	2546	97.6
Si	62	2.4
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



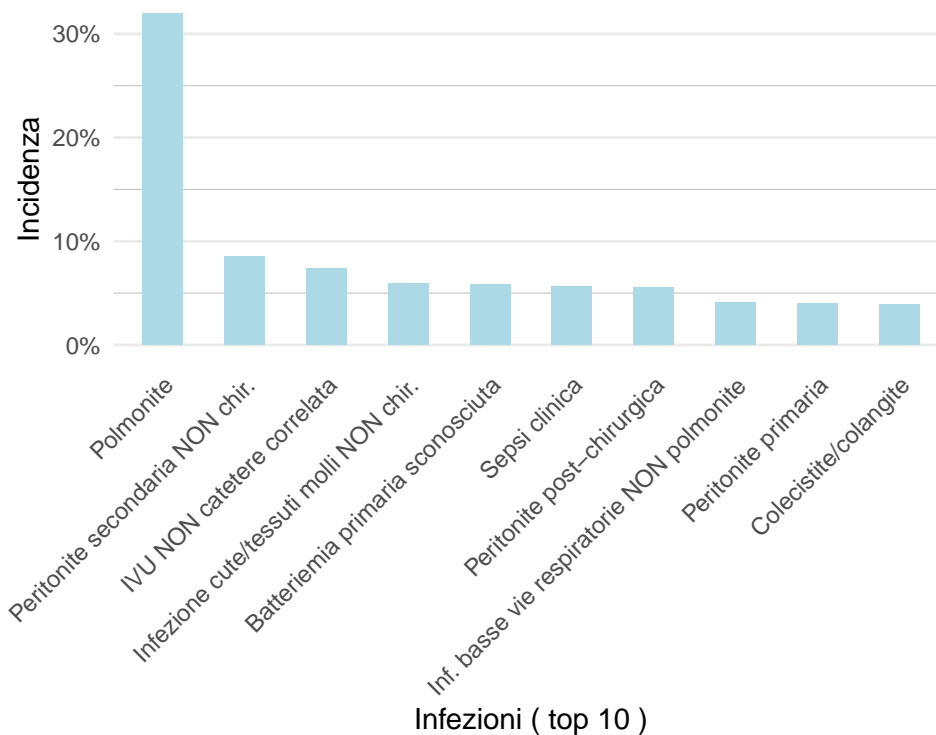
Stato chirurgico	N	%
Medico	1668	64.0
Chirurgico d'elezione	159	6.1
Chirurgico d'urgenza	781	29.9
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	482	18.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2115	81.1
Sedazione Palliativa	6	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	4	0.2
Missing	1	0

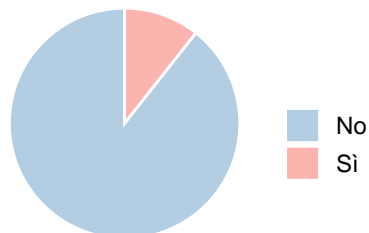
## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



Infezione	N	%
Polmonite	835	32.0
Peritonite secondaria NON chir.	221	8.5
IVU NON catetere correlata	192	7.4
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	153	5.9
Batteriemia primaria sconosciuta	151	5.8
Sepsi clinica	146	5.6
Peritonite post-chirurgica	143	5.5

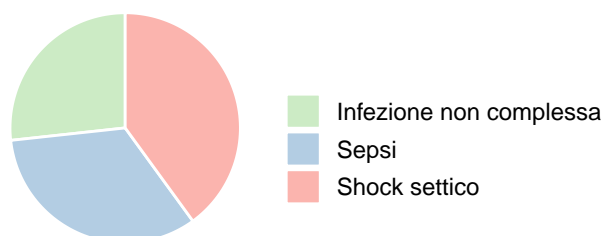
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	107	4.1
Peritonite primaria	105	4.0
Colecistite/colangite	102	3.9
Missing	0	

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2331	89.4
Si	277	10.6
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	697	26.7
Sepsi	868	33.3
Shock settico	1043	40.0
Missing	0	0

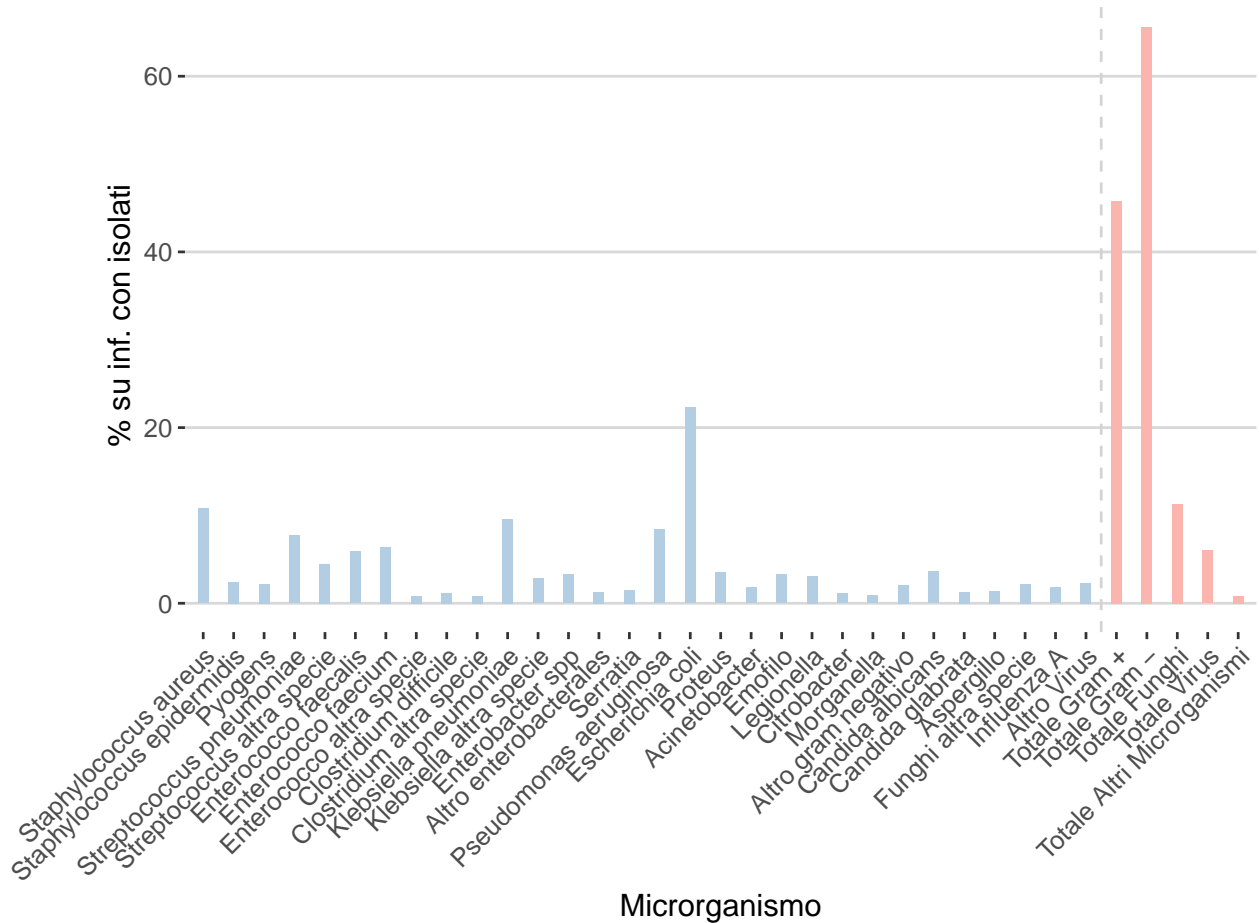
## 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	897	34.6
Si	1693	65.4
Missing	7	
<b>Totale infezioni</b>	<b>2597</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>2245</b>	

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

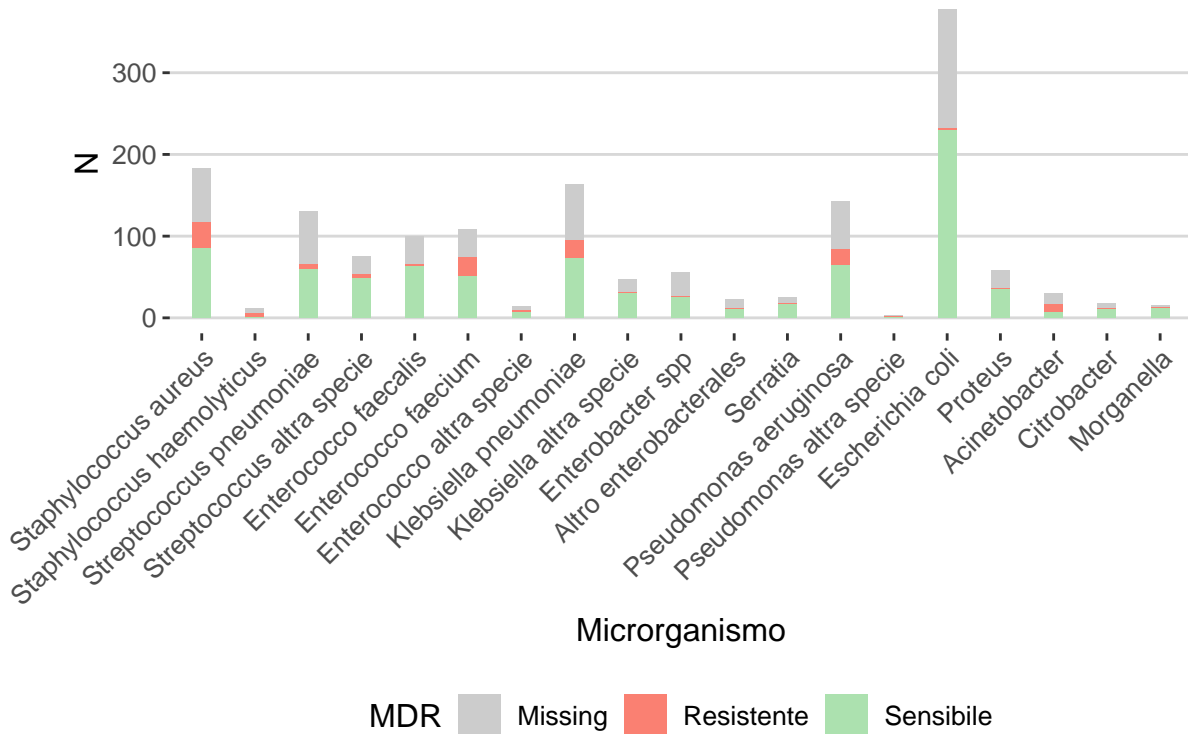
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	183	10.8	117	31	26.5
Staphylococcus capitis	7	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	8	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	12	0.7	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	6	0.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	7	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	41	2.4	0	0	0
Pyogens	38	2.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	10	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	131	7.7	65	5	7.7
Streptococcus altra specie	76	4.5	53	4	7.5
Enterococco faecalis	100	5.9	66	2	3
Enterococco faecium	109	6.4	74	23	31.1
Enterococco altra specie	14	0.8	9	2	22.2
Clostridium difficile	20	1.2	0	0	0
Clostridium altra specie	13	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>775</b>	<b>45.8</b>	<b>390</b>	<b>71</b>	<b>18.2</b>
Klebsiella pneumoniae	163	9.6	95	22	23.2

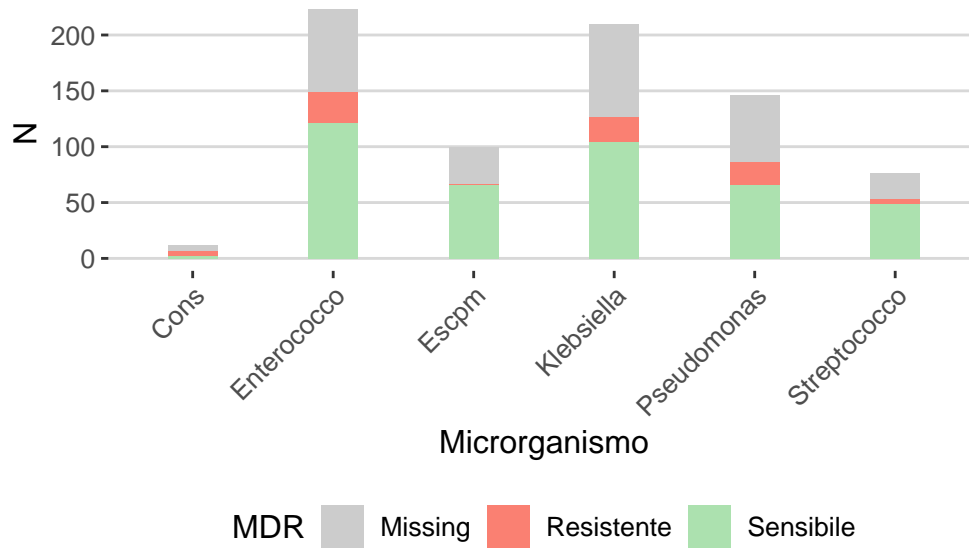
Klebsiella altra specie	47	2.8	31	0	0
Enterobacter spp	56	3.3	27	1	3.7
Altro enterobacterales	22	1.3	12	0	0
Serratia	25	1.5	17	0	0
Pseudomonas aeruginosa	143	8.4	84	19	22.6
Pseudomonas altra specie	3	0.2	2	1	50
Escherichia coli	378	22.3	232	2	0.9
Proteus	59	3.5	36	0	0
Acinetobacter	30	1.8	16	9	56.2
Emofilo	56	3.3	0	0	0
Legionella	53	3.1	0	0	0
Citrobacter	18	1.1	11	0	0
Morganella	16	0.9	13	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Clamidia	4	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	36	2.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1110</b>	<b>65.6</b>	<b>576</b>	<b>54</b>	<b>9.4</b>
Candida albicans	61	3.6	0	0	0
Candida glabrata	22	1.3	0	0	0
Candida krusei	8	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	9	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	13	0.8	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.1	0	0	0
Candida altra specie	7	0.4	0	0	0
Aspergillo	24	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	38	2.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>191</b>	<b>11.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	31	1.8			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza altro A	4	0.2			
Influenza B	2	0.1			
Citomegalovirus	13	0.8			
Herpes simplex	12	0.7			
Altro Virus	39	2.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>102</b>	<b>6.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	5	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>14</b>	<b>0.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84

Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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	93	Ertapenem	18	19.35
Klebsiella pneumoniae	95	Meropenem	21	22.11
Enterobacter spp	27	Ertapenem	1	3.70
Escherichia coli	224	Ertapenem	2	0.89
Escherichia coli	232	Meropenem	1	0.43
Acinetobacter	16	Imipenem	9	56.25
Acinetobacter	16	Meropenem	9	56.25
Pseudomonas aeruginosa	81	Imipenem	17	20.99
Pseudomonas aeruginosa	83	Meropenem	12	14.46
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	4	66.67
Staphylococcus aureus	117	Meticillina	31	26.50
Streptococcus pneumoniae	65	Penicillina	5	7.69
Streptococcus altra specie	53	Penicillina	4	7.55
Enterococco faecalis	66	Vancomicina	2	3.03
Enterococco faecium	74	Vancomicina	23	31.08
Enterococco altra specie	9	Vancomicina	2	22.22

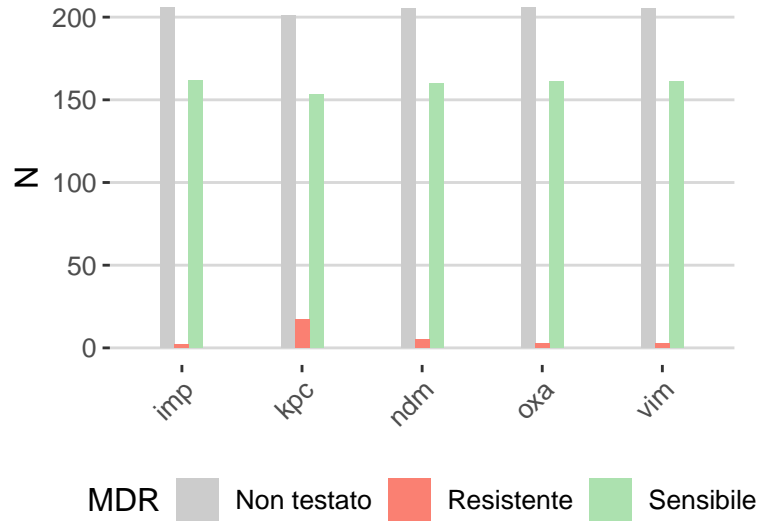
### 5.8.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

	N	%
Sì	22	5.93
No	146	39.35
Non testato	203	54.72
Missing	414	

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

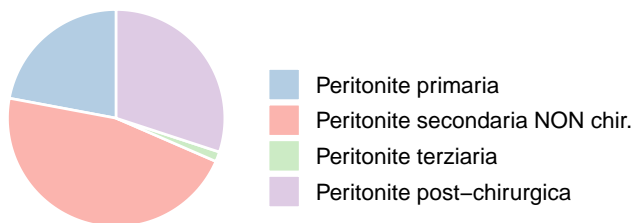
imp	2	6.7	162	206
kpc	17	56.7	153	201
ndm	5	16.7	160	205
oxa	3	10.0	161	206
vim	3	10.0	161	205





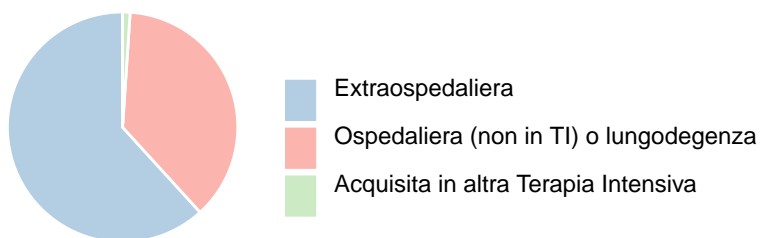
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 476)

### 6.1 Tipologia di peritonite



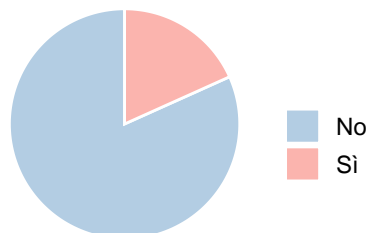
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	105	22.1
Peritonite secondaria NON chir.	221	46.4
Peritonite terziaria	7	1.5
Peritonite post-chirurgica	143	30.0
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



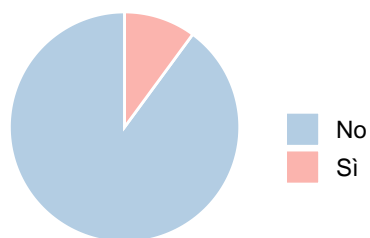
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	294	61.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	177	37.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	5	1.1
Missing	0	0

### 6.3 Infezione batteriemica



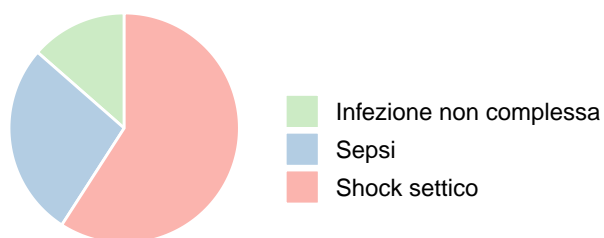
Batteriemica	N	%
No	389	81.7
Sì	87	18.3
Missing	0	0

## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	428	89.9
Si	48	10.1
Missing	0	0

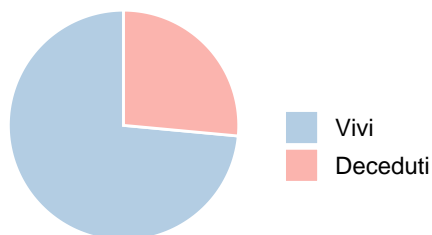
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	58	13.6
Sepsi	117	27.3
Shock settico	253	59.1
Missing	0	0

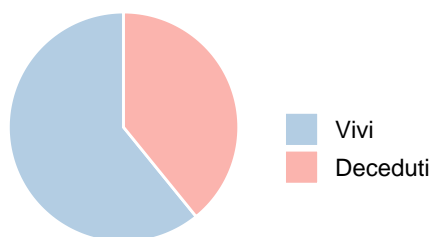
\* Statistiche calcolate su 428 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 48 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	350	73.5
Deceduti	126	26.5
Missing	0	0

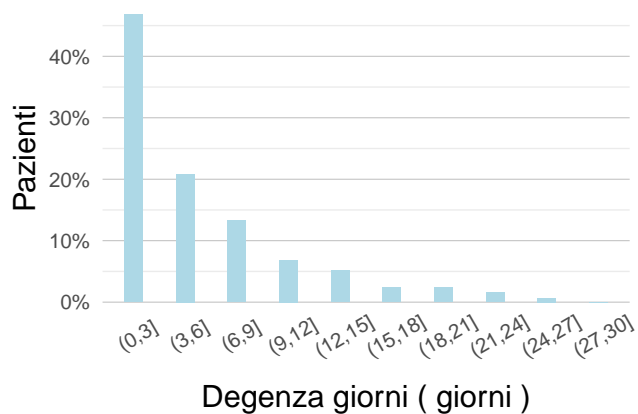
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	255	60.9
Deceduti	164	39.1
Missing	3	0

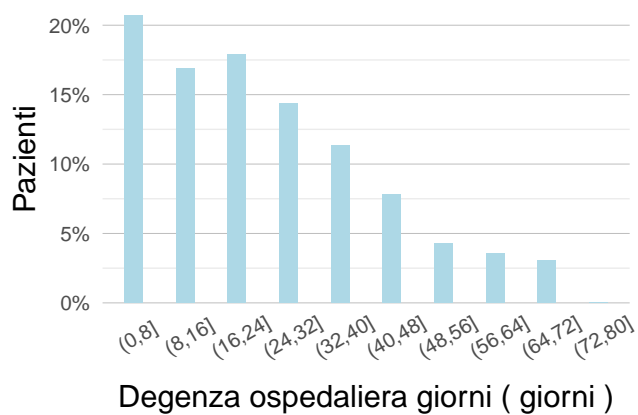
\* Statistiche calcolate su 422 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 54 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.4 (9.4)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.4 (24.5)
Mediana (Q1-Q3)	24 (11.5-38)
Missing	3

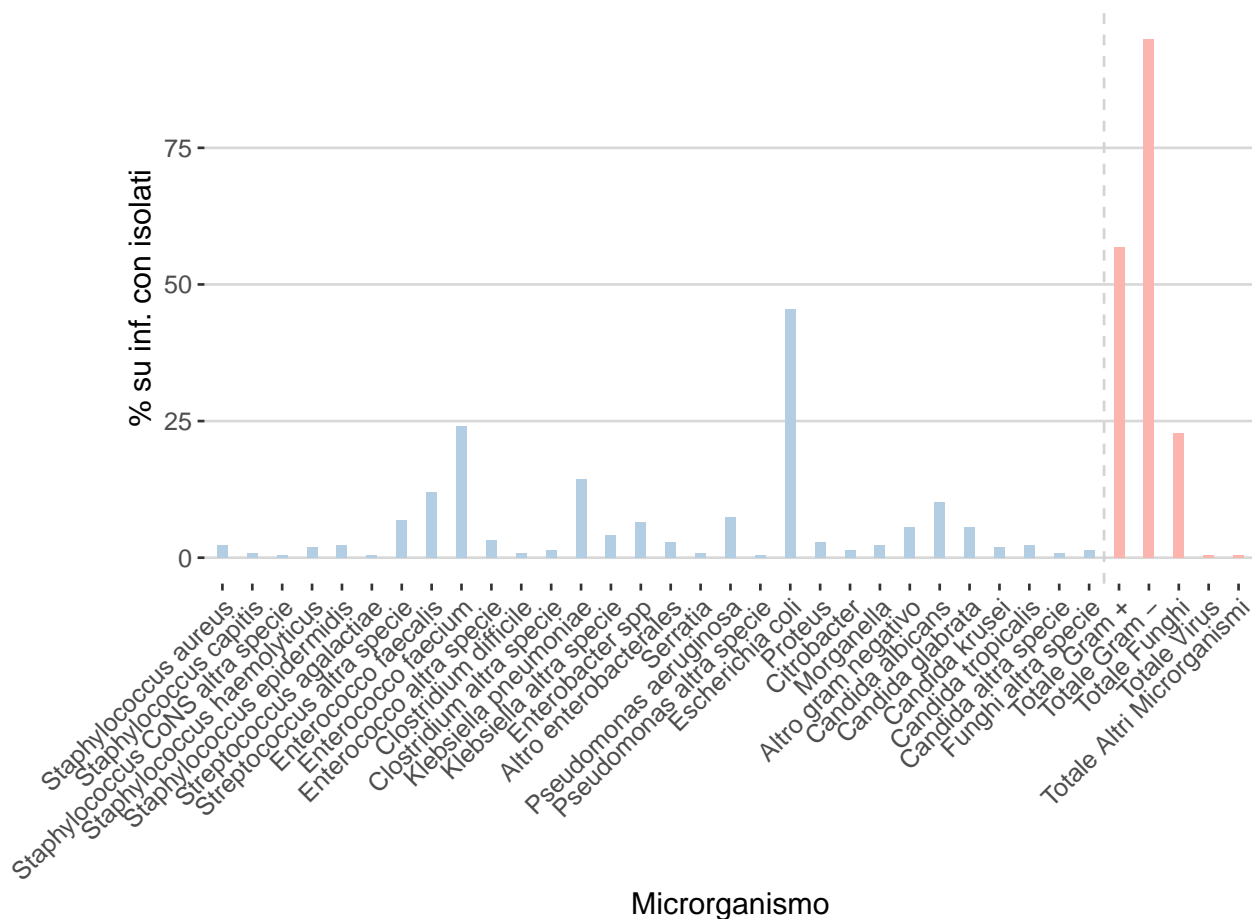
\* Statistiche calcolate su 422 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 54 ).

## 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	260	54.6
Sì	216	45.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>476</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>379</b>	

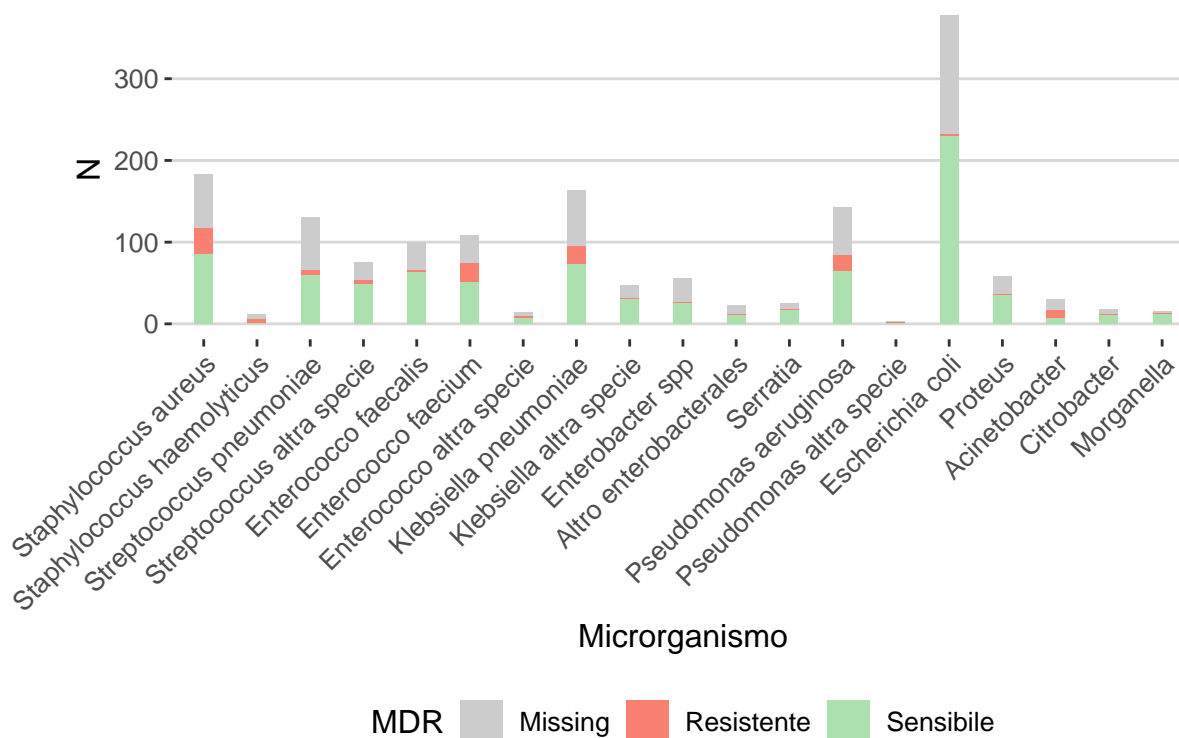
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	2.3	3	1	33.3
Staphylococcus capitis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.5	0	0	0

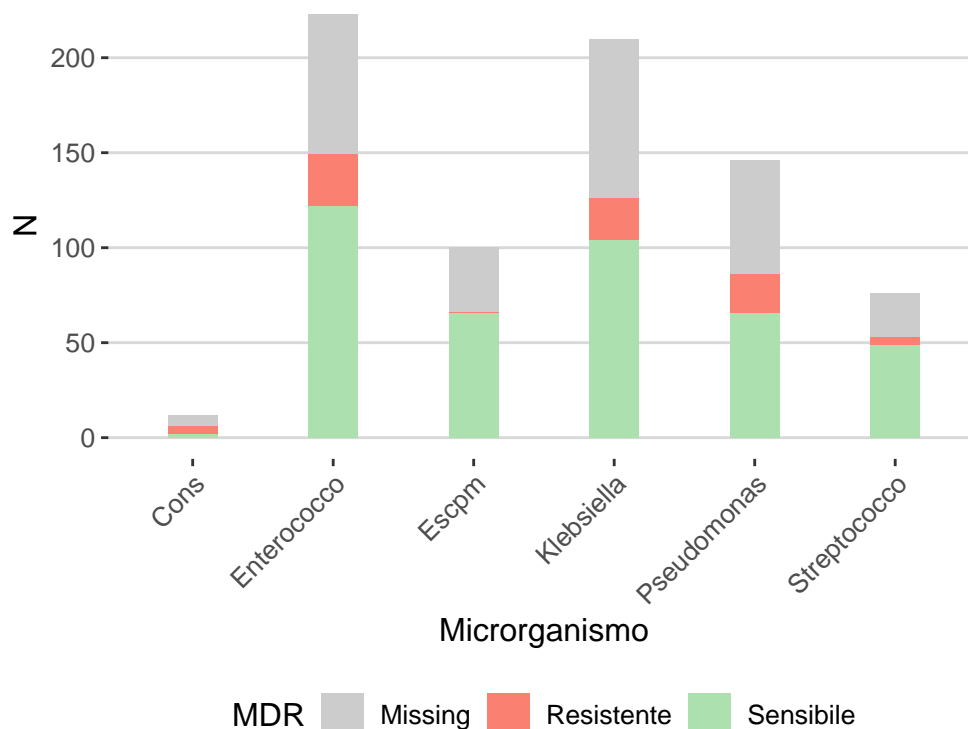
Staphylococcus haemolyticus	4	1.9	2	2	100
Staphylococcus epidermidis	5	2.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	15	6.9	11	0	0
Enterococco faecalis	26	12.0	18	1	5.6
Enterococco faecium	52	24.1	40	13	32.5
Enterococco altra specie	7	3.2	6	2	33.3
Clostridium difficile	2	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	3	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>123</b>	<b>56.9</b>	<b>80</b>	<b>19</b>	<b>23.8</b>
Klebsiella pneumoniae	31	14.4	18	4	22.2
Klebsiella altra specie	9	4.2	5	0	0
Enterobacter spp	14	6.5	5	0	0
Altro enterobacterales	6	2.8	3	0	0
Serratia	2	0.9	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	16	7.4	11	3	27.3
Pseudomonas altra specie	1	0.5	1	1	100
Escherichia coli	98	45.4	57	0	0
Proteus	6	2.8	4	0	0
Acinetobacter	1	0.5	1	1	100
Emofilo	1	0.5	0	0	0
Citrobacter	3	1.4	1	0	0
Morganella	5	2.3	5	0	0
Altro gram negativo	12	5.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>205</b>	<b>94.9</b>	<b>113</b>	<b>9</b>	<b>8</b>
Candida albicans	22	10.2	0	0	0
Candida glabrata	12	5.6	0	0	0
Candida krusei	4	1.9	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	2.3	0	0	0
Candida altra specie	2	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>49</b>	<b>22.7</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>
Mycoplasma	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.5</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, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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.

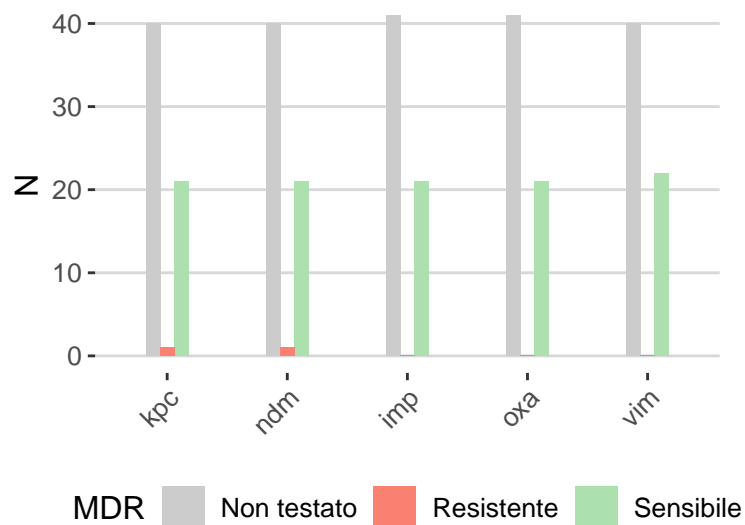
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	18	Ertapenem	3	16.67
Klebsiella pneumoniae	18	Meropenem	4	22.22
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	3	27.27
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	1	9.09
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	1	33.33
Enterococco faecalis	18	Vancomicina	1	5.56
Enterococco faecium	40	Vancomicina	13	32.50
Enterococco altra specie	6	Vancomicina	2	33.33

### 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	2	3.23
No	20	32.26
Non testato	40	64.52
Missing	71	

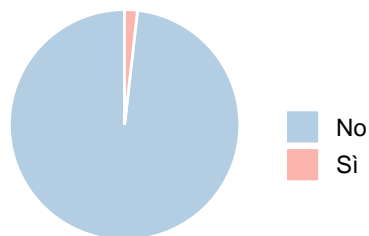
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	21	41
kpc	1	50	21	40
ndm	1	50	21	40
oxa	0	0	21	41
vim	0	0	22	40





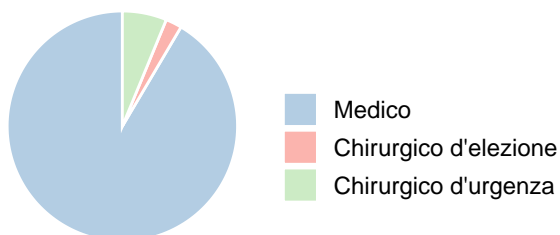
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 835)

### 7.1 Trauma



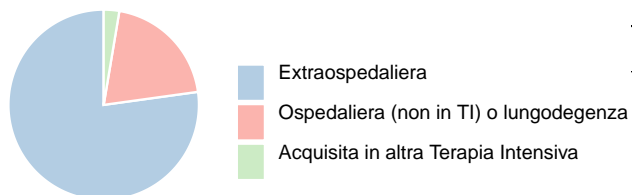
Trauma	N	%
No	820	98.2
Si	15	1.8
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



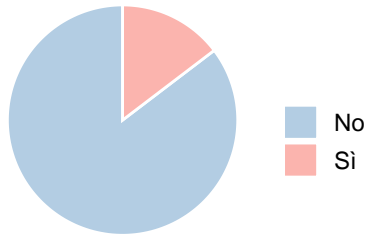
Stato chirurgico	N	%
Medico	764	91.5
Chirurgico d'elezione	19	2.3
Chirurgico d'urgenza	52	6.2
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



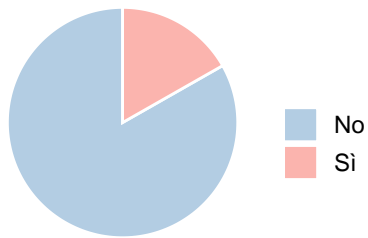
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	643	77.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	168	20.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	22	2.6
Missing	2	0

7.4 Infezione batteriemica



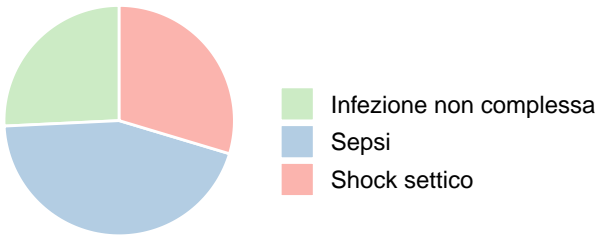
Batteriemica	N	%
No	711	85.4
Si	122	14.6
Missing	2	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	695	83.2
Si	140	16.8
Missing	0	0

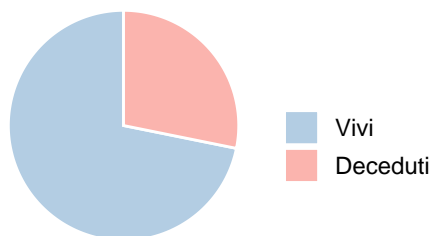
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	179	25.8
Sepsi	310	44.6
Shock settico	206	29.6
Missing	0	0

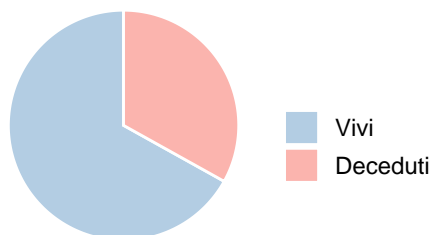
\* Statistiche calcolate su 695 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 140 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	599	71.8
Deceduti	235	28.2
Missing	1	0

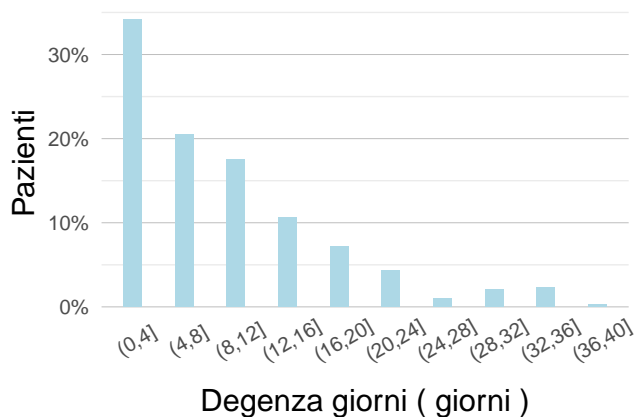
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	526	66.9
Deceduti	260	33.1
Missing	13	0

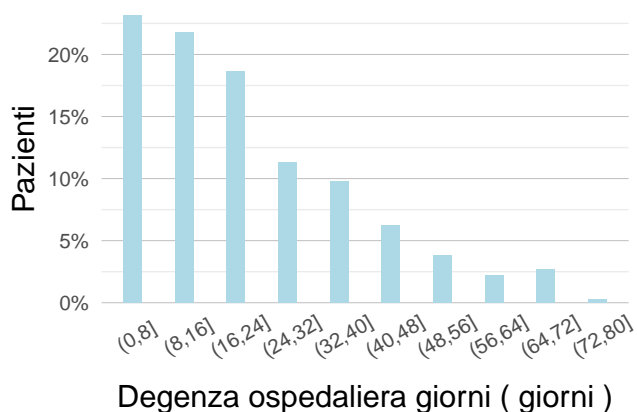
\* Statistiche calcolate su 799 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 36 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.7 (12.7)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3-15)
Missing	1

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.3 (25.2)
Mediana (Q1-Q3)	19 (9.2-35)
Missing	13

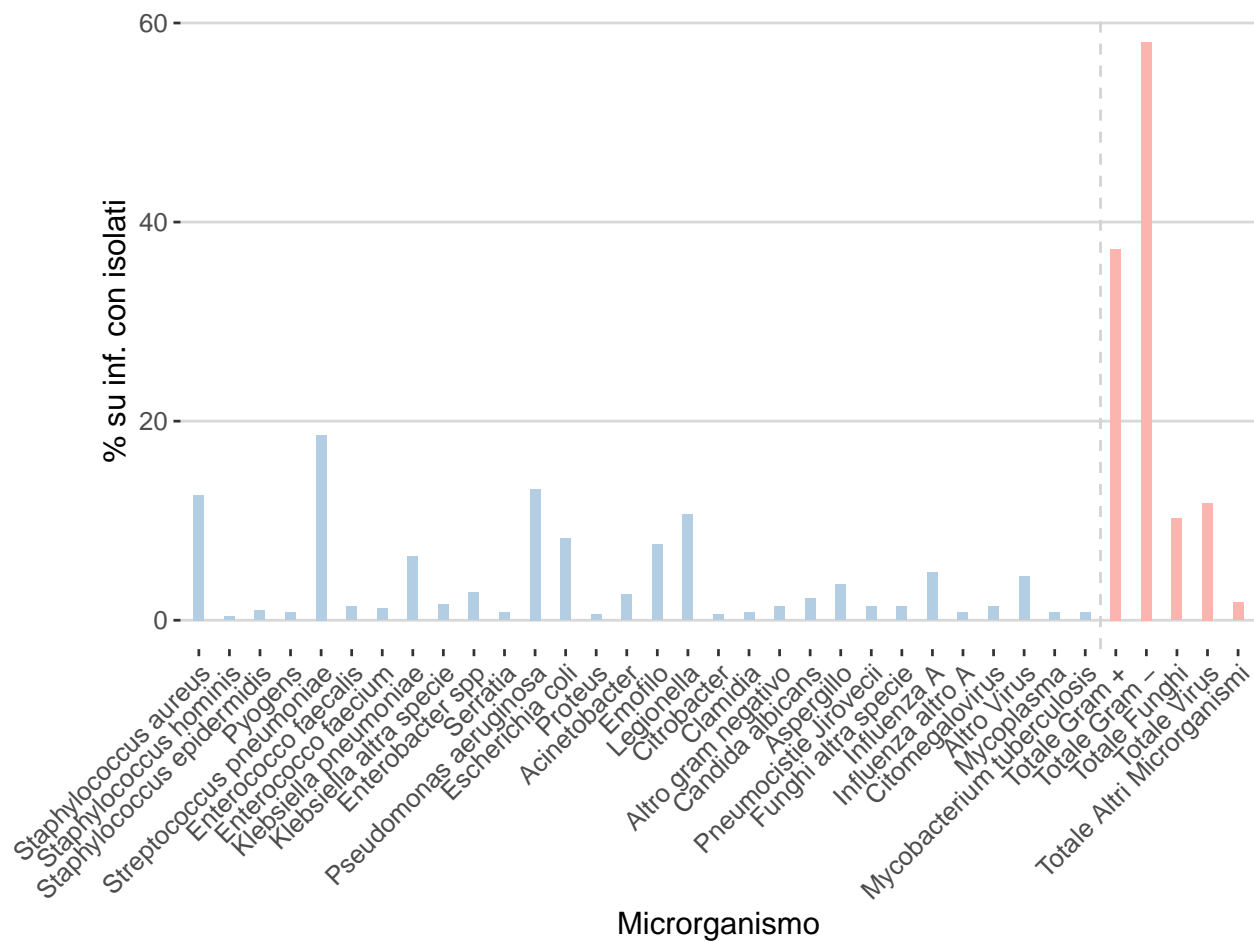
\* Statistiche calcolate su 799 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 36 ).

## 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	331	39.8
Sì	501	60.2
Missing	3	
<b>Totale infezioni</b>	<b>835</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>637</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.

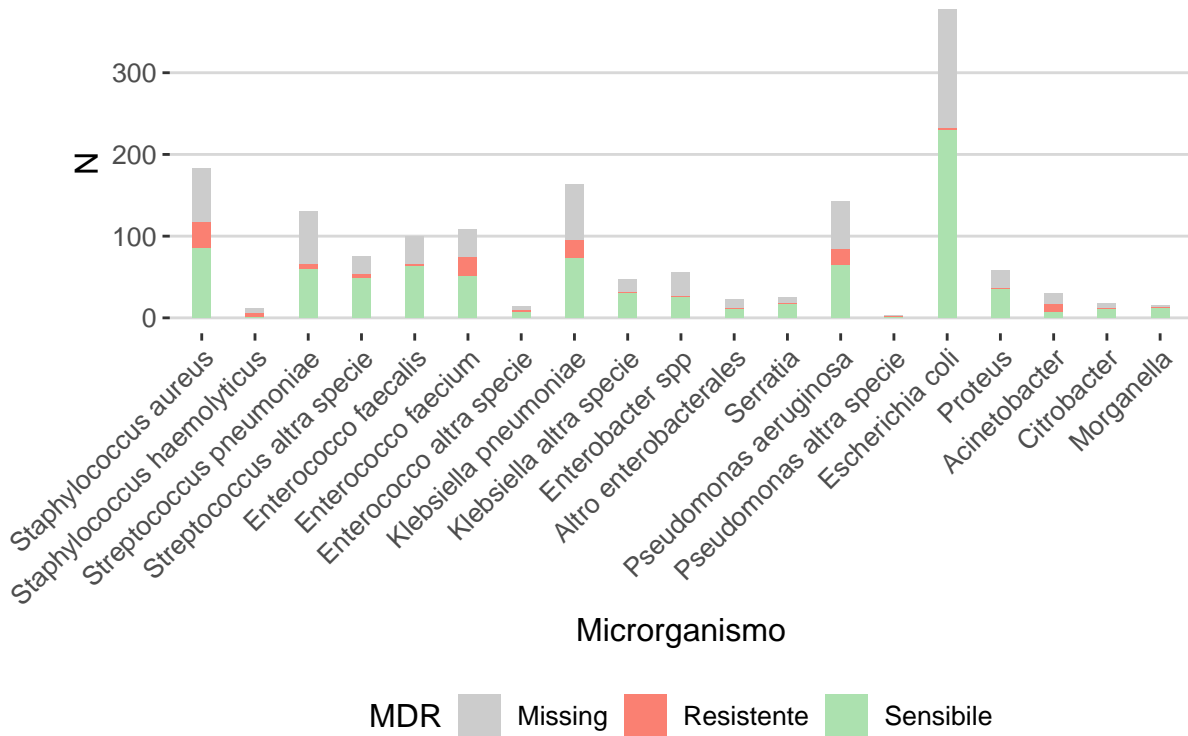


Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	63	12.6	38	14	36.8
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	1.0	0	0	0
Pyogens	4	0.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	93	18.6	41	3	7.3
Streptococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Enterococco faecalis	7	1.4	1	0	0
Enterococco faecium	6	1.2	3	0	0
Clostridium difficile	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>187</b>	<b>37.3</b>	<b>85</b>	<b>18</b>	<b>21.2</b>
Klebsiella pneumoniae	32	6.4	19	5	26.3
Klebsiella altra specie	8	1.6	4	0	0
Enterobacter spp	14	2.8	4	1	25
Altro enterobacterales	1	0.2	1	0	0
Serratia	4	0.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	66	13.2	32	8	25
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	41	8.2	26	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 835)

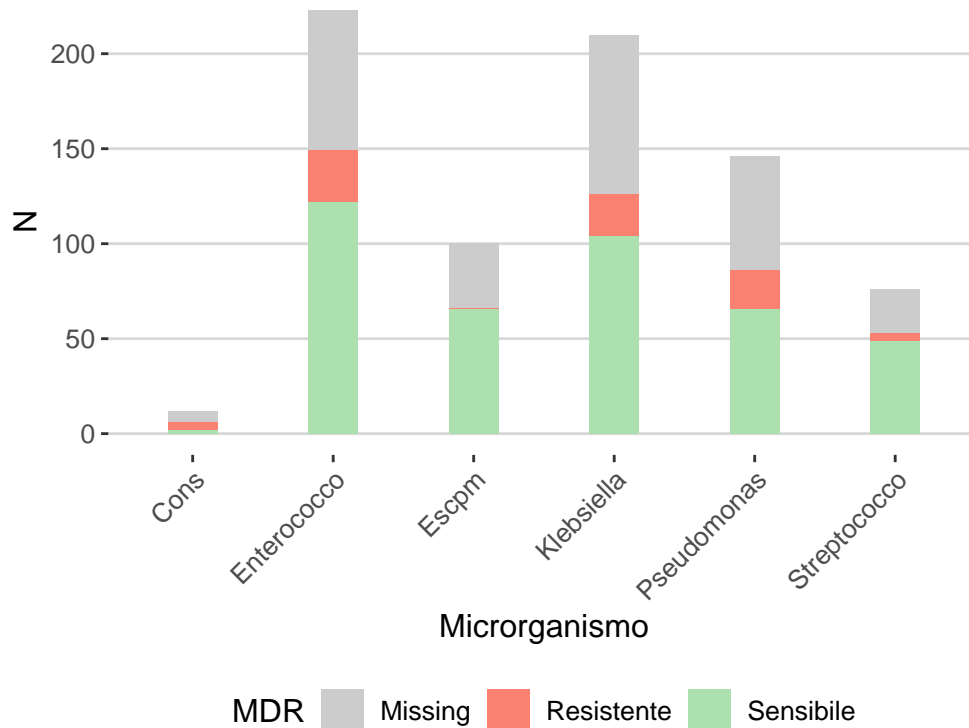
Proteus	3	0.6	2	0	0
Acinetobacter	13	2.6	7	3	42.9
Emofilo	38	7.6	0	0	0
Legionella	53	10.6	0	0	0
Citrobacter	3	0.6	2	0	0
Morganella	2	0.4	1	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Clamidia	4	0.8	0	0	0
Altro gram negativo	7	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>291</b>	<b>58.1</b>	<b>101</b>	<b>17</b>	<b>16.8</b>
Candida albicans	11	2.2	0	0	0
Candida glabrata	1	0.2	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	18	3.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	7	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>51</b>	<b>10.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	24	4.8			
Influenza altro A	4	0.8			
Influenza B	1	0.2			
Citomegalovirus	7	1.4			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	22	4.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>59</b>	<b>11.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	4	0.8	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	4	0.8	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>9</b>	<b>1.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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	18	Ertapenem	4	22.22
Klebsiella pneumoniae	19	Meropenem	5	26.32
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Acinetobacter	7	Imipenem	3	42.86
Acinetobacter	7	Meropenem	3	42.86
Pseudomonas aeruginosa	32	Imipenem	8	25.00
Pseudomonas aeruginosa	32	Meropenem	6	18.75
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	38	Meticillina	14	36.84
Streptococcus pneumoniae	41	Penicillina	3	7.32

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

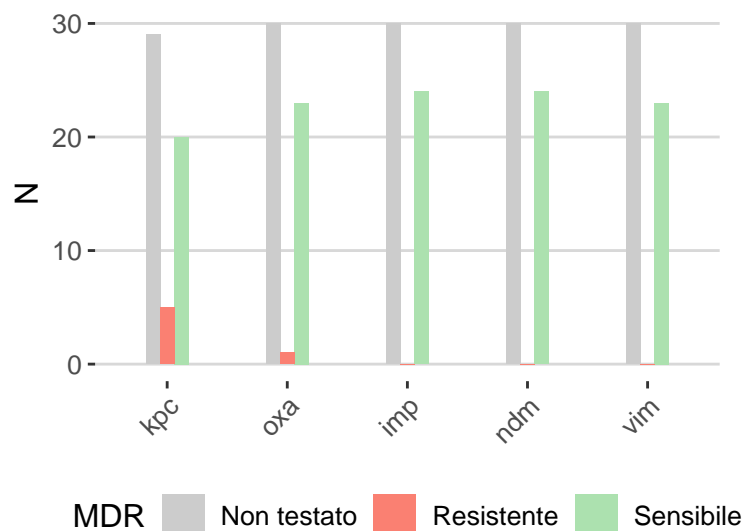
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	6	11.11
No	19	35.19
Non testato	29	53.7
Missing	55	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	24	30
kpc	5	83.3	20	29



ndm	0	0.0	24	30
oxa	1	16.7	23	30
vim	0	0.0	23	30

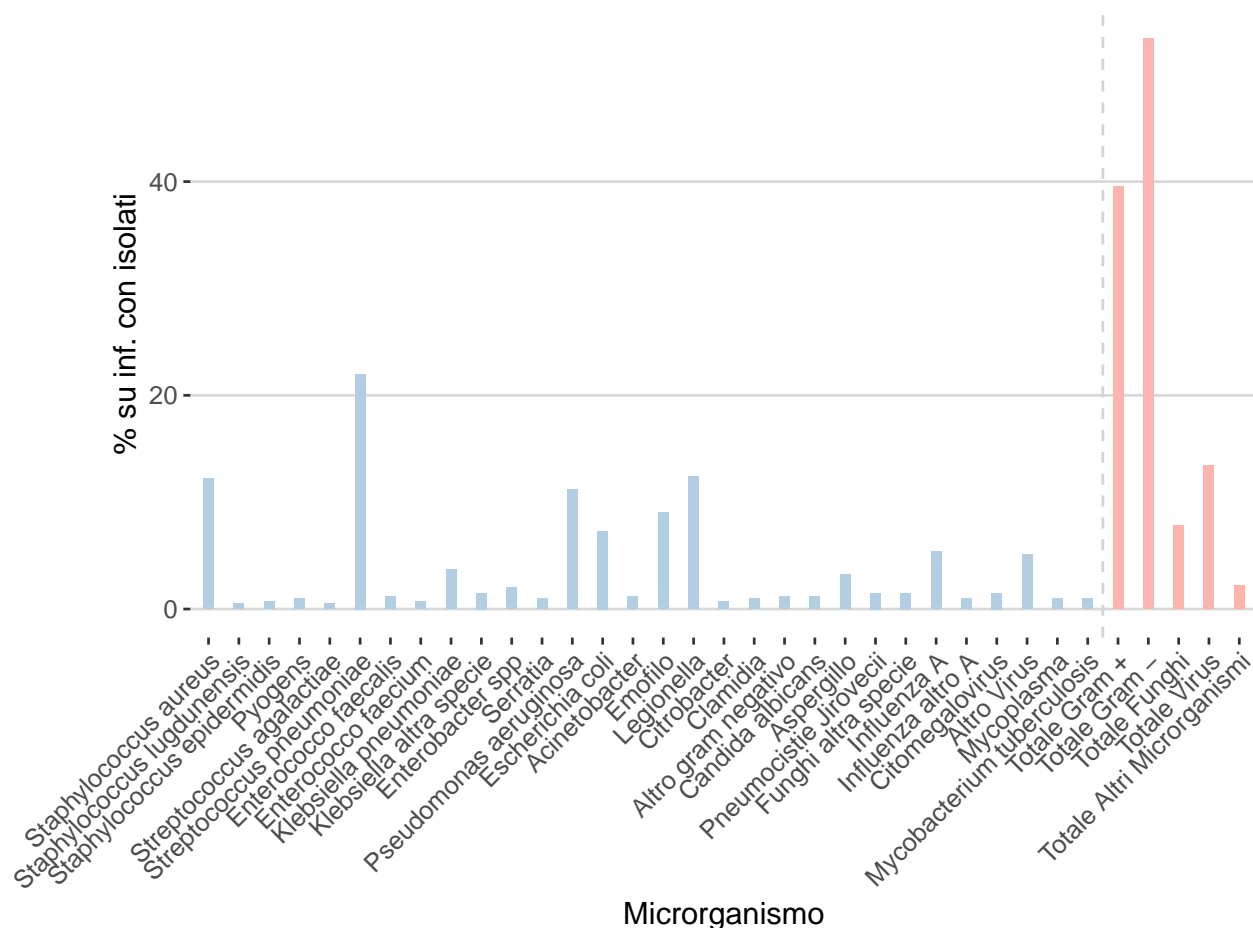


### 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	255	38.3
Sì	410	61.7
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>665</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>514</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.

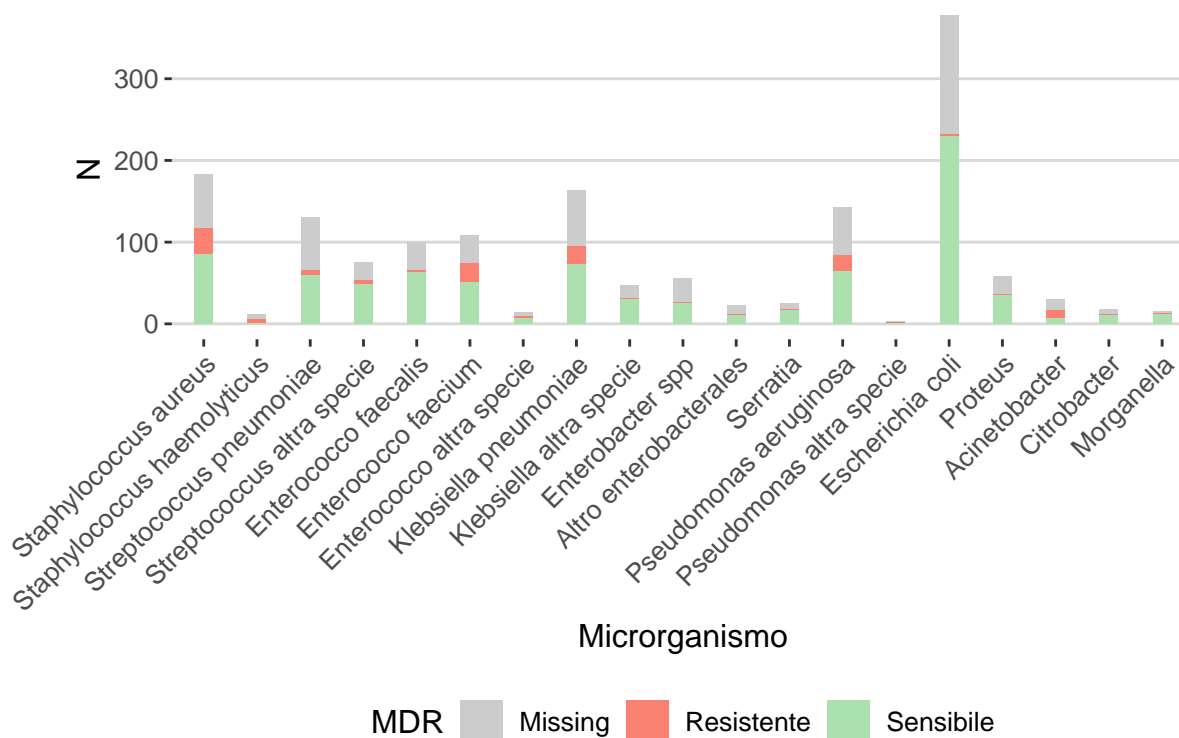


Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	50	12.2	34	11	32.4
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	0.7	0	0	0
Pyogens	4	1.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	90	22.0	40	3	7.5
Streptococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Enterococcus faecalis	5	1.2	1	0	0
Enterococcus faecium	3	0.7	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>162</b>	<b>39.5</b>	<b>80</b>	<b>15</b>	<b>18.8</b>
Klebsiella pneumoniae	15	3.7	9	0	0
Klebsiella altra specie	6	1.5	3	0	0
Enterobacter spp	8	2.0	2	1	50
Serratia	4	1.0	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	46	11.2	22	4	18.2
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	30	7.3	18	0	0
Proteus	2	0.5	1	0	0
Acinetobacter	5	1.2	1	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 835)

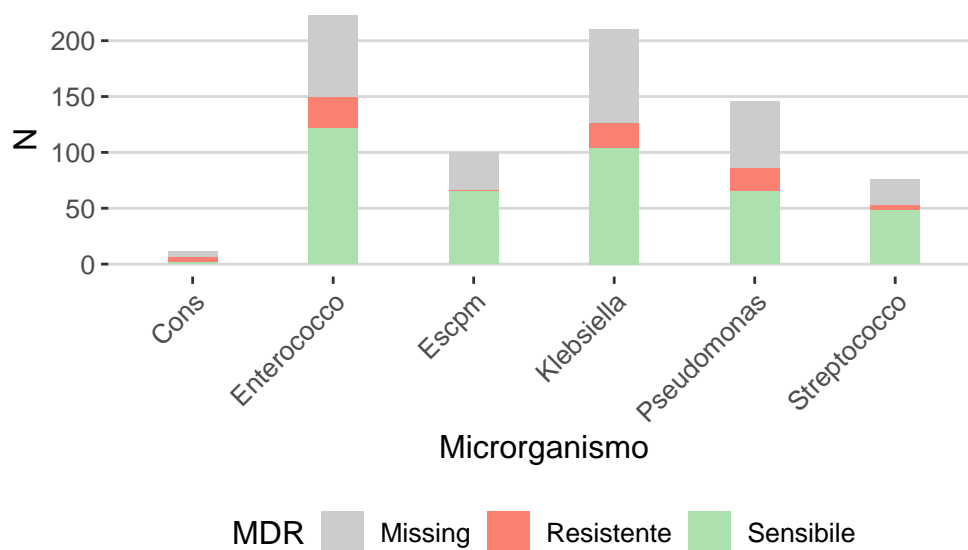
Emofilo	37	9.0	0	0	0
Legionella	51	12.4	0	0	0
Citrobacter	3	0.7	2	0	0
Morganella	1	0.2	0	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Clamidia	4	1.0	0	0	0
Altro gram negativo	5	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>219</b>	<b>53.4</b>	<b>61</b>	<b>5</b>	<b>8.2</b>
Candida albicans	5	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	13	3.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	6	1.5	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>32</b>	<b>7.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	22	5.4			
Influenza altro A	4	1.0			
Influenza B	1	0.2			
Citomegalovirus	6	1.5			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	21	5.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>55</b>	<b>13.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	4	1.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	4	1.0	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>9</b>	<b>2.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34

Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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	%
Enterobacter spp	2	Ertapenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	22	Imipenem	4	18.18
Pseudomonas aeruginosa	22	Meropenem	2	9.09
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	34	Meticillina	11	32.35
Streptococcus pneumoniae	40	Penicillina	3	7.50

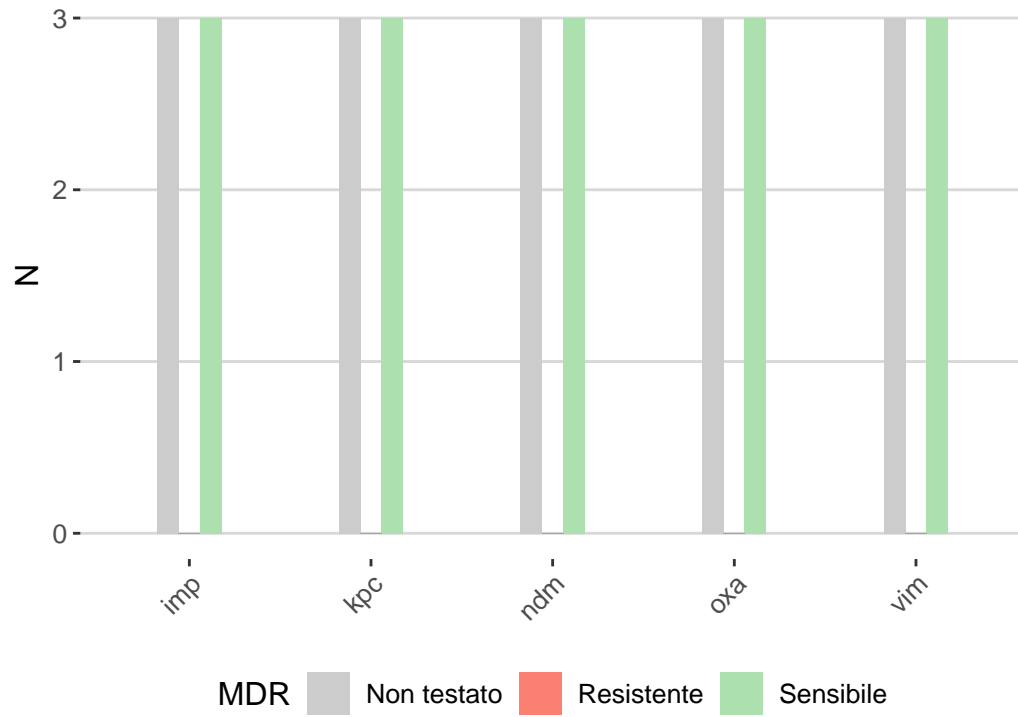
### 7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

	N	%
Sì	0	0
No	3	50
Non testato	3	50
Missing	16	

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

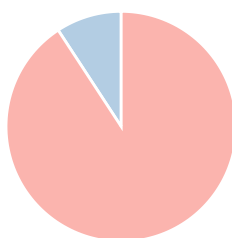
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 835)



## 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 819 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 9.2% della popolazione totale ammessa in TI.

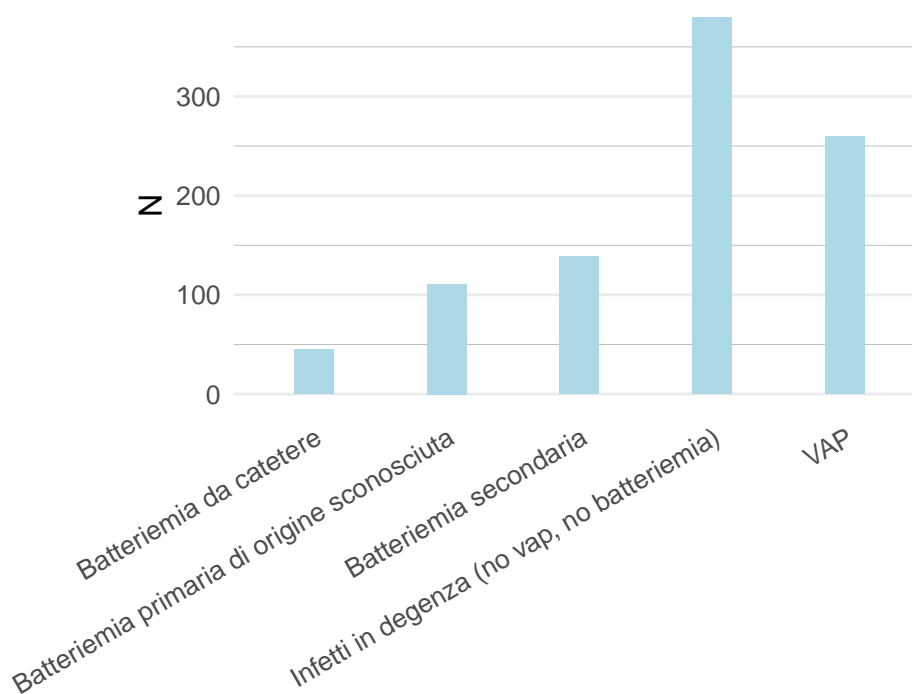


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	819	9.2
Non infetti in degenza	8061	90.8

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 8880).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



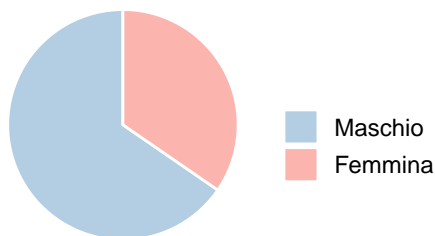
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	380	46.4
VAP	260	31.7
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	111	13.6
Batteriemia da catetere	45	5.5
Batteriemia secondaria	139	17.0

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 819)

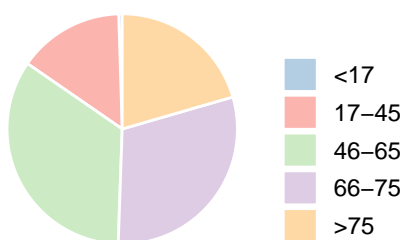
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 819)

### 8.1 Sesso



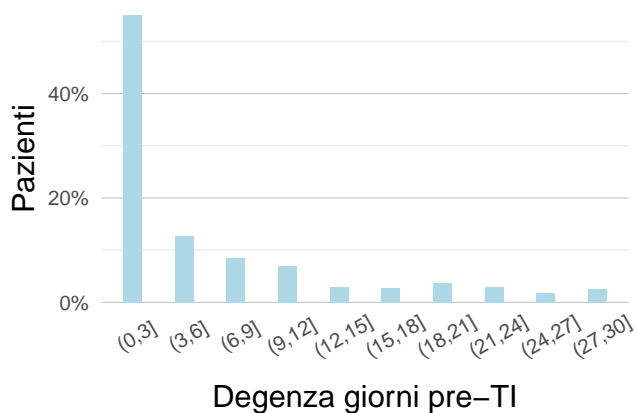
Sesso	N	%
Maschio	522	65.4
Femmina	276	34.6
Missing	21	0

### 8.2 Età



Range età	N	%
<17	4	0.5
17-45	122	14.9
46-65	279	34.1
66-75	246	30.0
>75	168	20.5
Missing	0	0

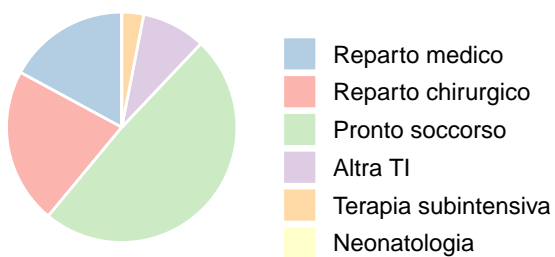
### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media	5.7
DS	13.0
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	1

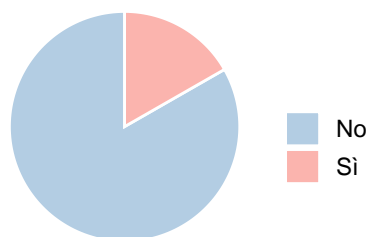


## 8.4 Provenienza ( reparto )



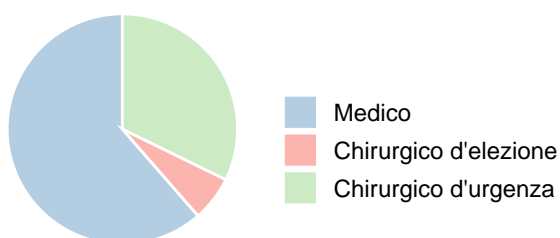
Provenienza	N	%
Reparto medico	139	17.1
Reparto chirurgico	178	21.9
Pronto soccorso	398	49.0
Altra TI	73	9.0
Terapia subintensiva	25	3.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	6	0

## 8.5 Trauma



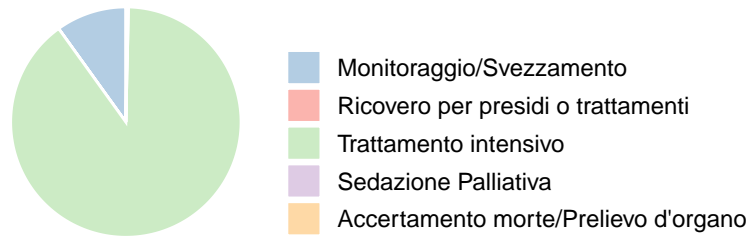
Trauma	N	%
No	682	83.3
Si	137	16.7
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



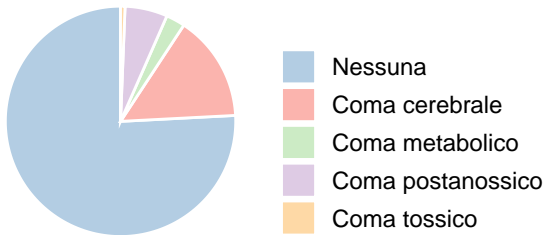
Stato chirurgico	N	%
Medico	503	61.4
Chirurgico d'elezione	52	6.3
Chirurgico d'urgenza	264	32.2
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



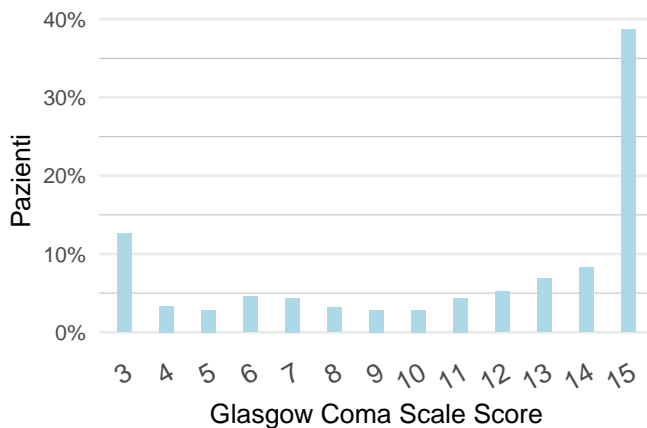
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	81	9.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	732	89.7
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	2	0.2
Missing	3	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



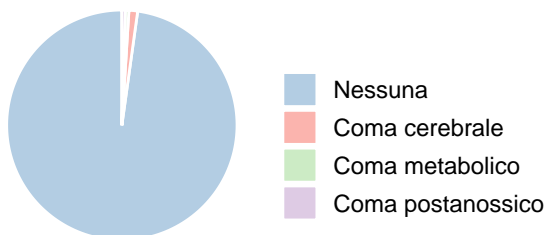
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	483	75.8
Coma cerebrale	95	14.9
Coma metabolico	17	2.7
Coma postanossico	38	6.0
Coma tossico	4	0.6
Missing	182	0

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



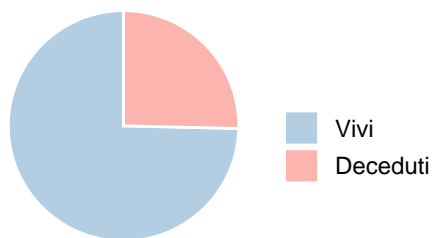
Indicatore	Valore
Media	9.0
DS	4.5
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



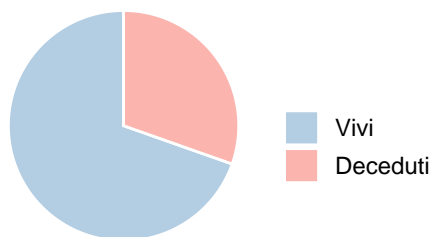
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	801	97.8
Coma cerebrale	10	1.2
Coma metabolico	4	0.5
Coma postanossico	4	0.5
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	609	74.6
Deceduti	207	25.4
Missing	3	0

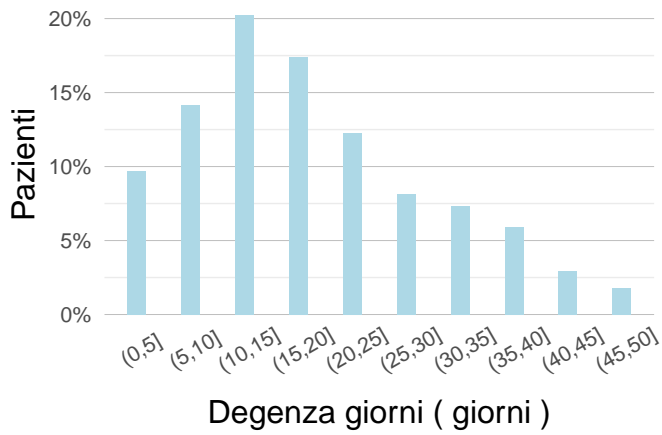
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	529	69.6
Deceduti	231	30.4
Missing	19	0

\* Statistiche calcolate su 779 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 40 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.6 (16.1)
Mediana (Q1-Q3)	18 (11-28.2)
Missing	3

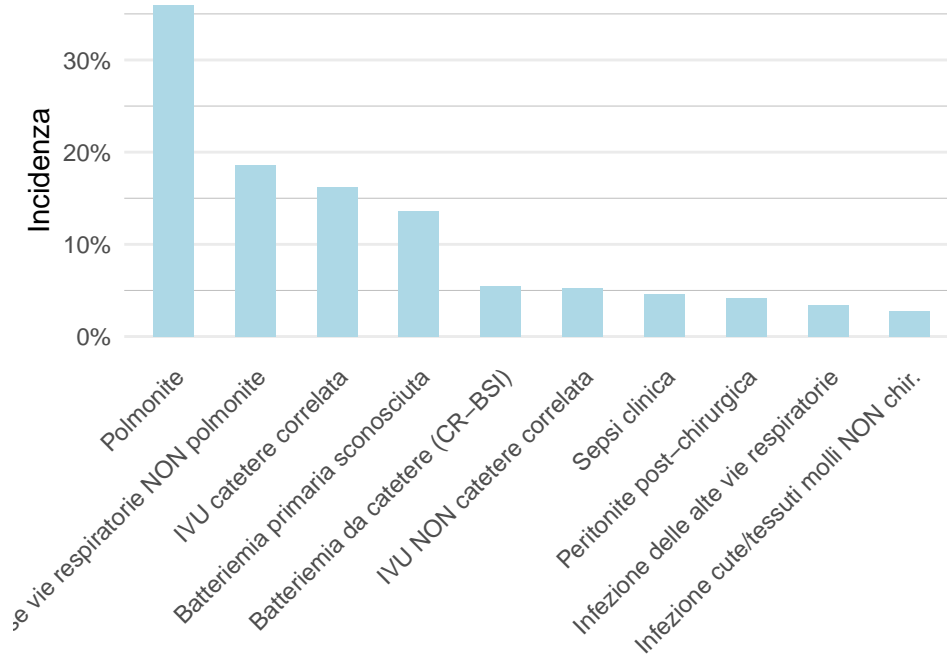
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.7 (30.7)
Mediana (Q1-Q3)	34 (20-52)
Missing	19

\* Statistiche calcolate su 779 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 40 ).

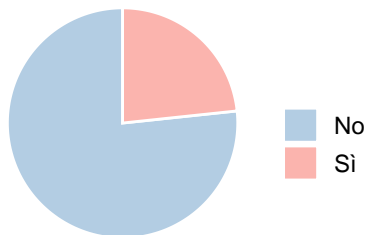
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	295	36.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	152	18.6
IVU catetere correlata	133	16.2
Batteriemia primaria sconosciuta	111	13.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	45	5.5
IVU NON catetere correlata	43	5.3
Sepsi clinica	38	4.6
Peritonite post-chirurgica	34	4.2
Infezione delle alte vie respiratorie	28	3.4
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	23	2.8
Missing	0	

### 8.16 Infezione multisito



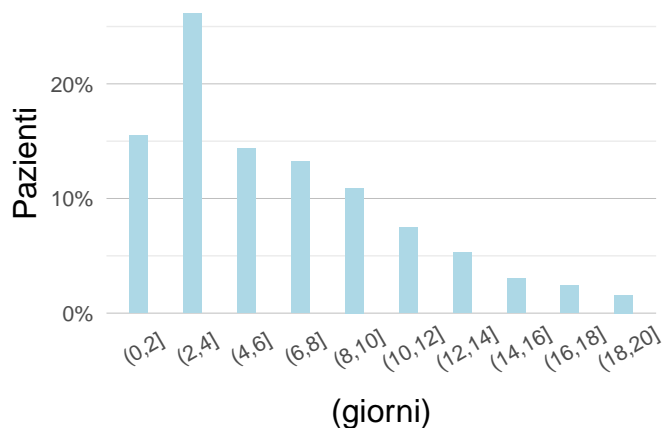
Infezione multisito	N	%
No	628	76.7
Si	191	23.3
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	1012
Numero totale di microrganismi isolati	1209

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	7.2
DS	6.7
Mediana	5
Q1-Q3	3-10
Missing	5

## 8.19 Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	19.8	13.9 %
CI ( 95% )	18.4 - 21.2	12.9 - 14.9

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

Il primo:

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

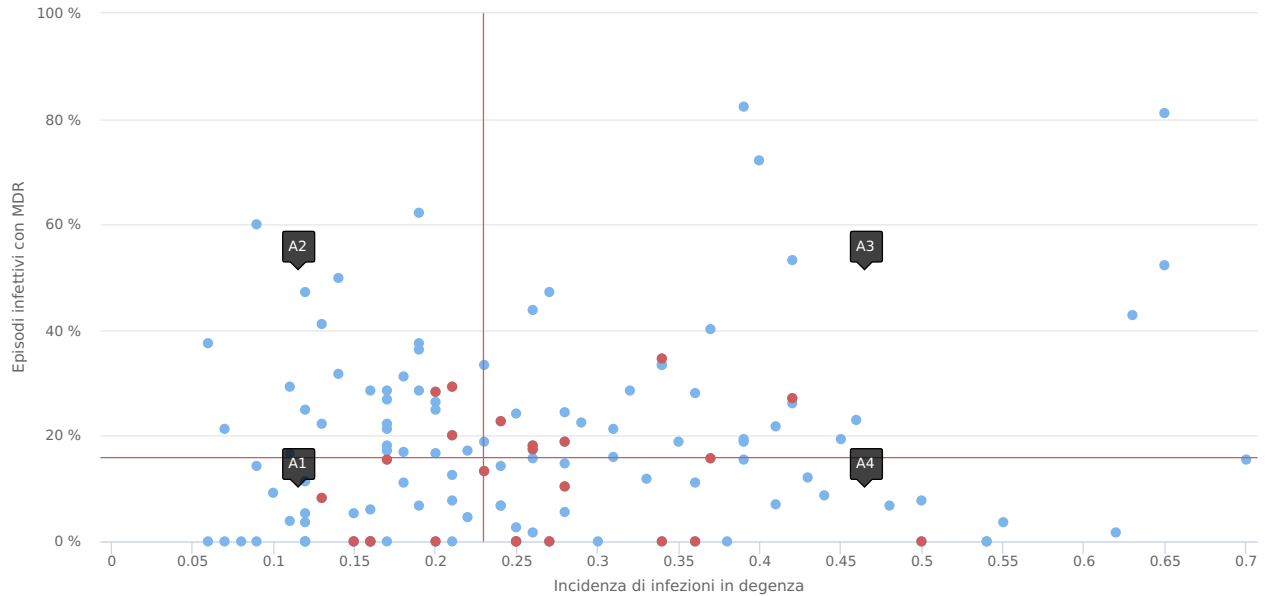
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

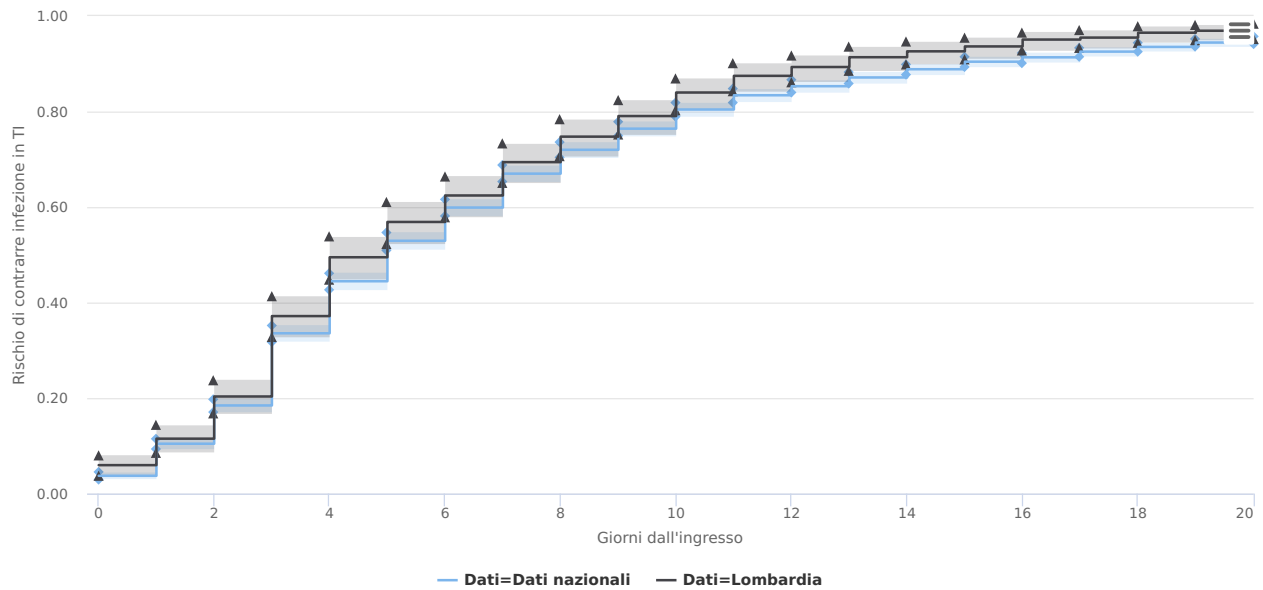
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

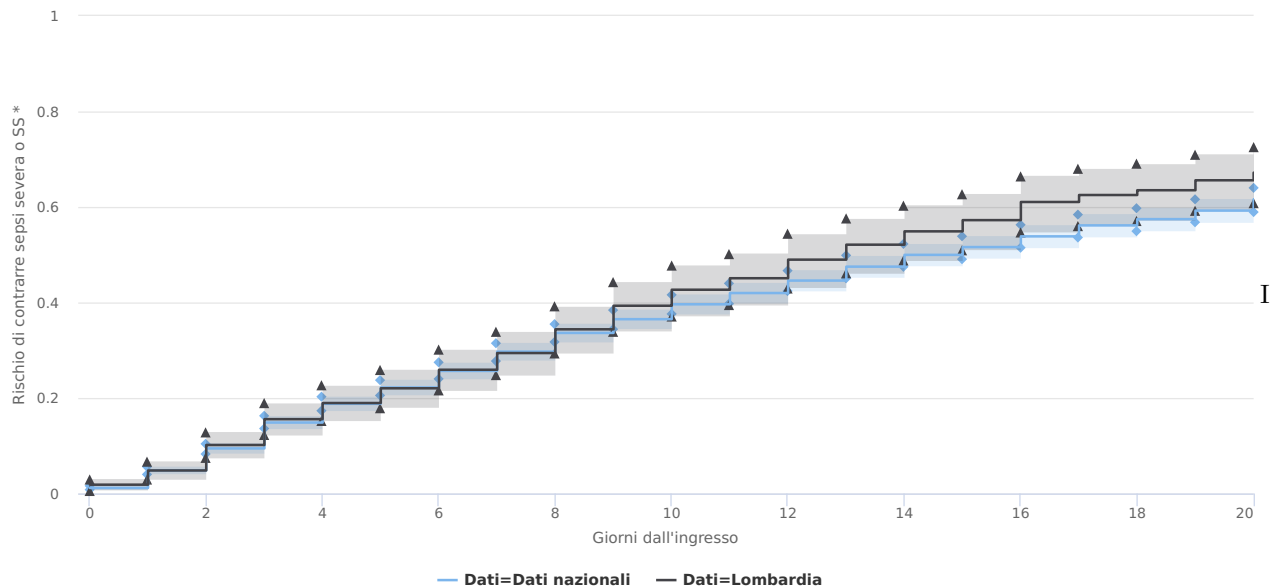


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. Le due linee rosse intersecano il grafico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

### Rischio di contrarre infezioni in TI



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



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

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

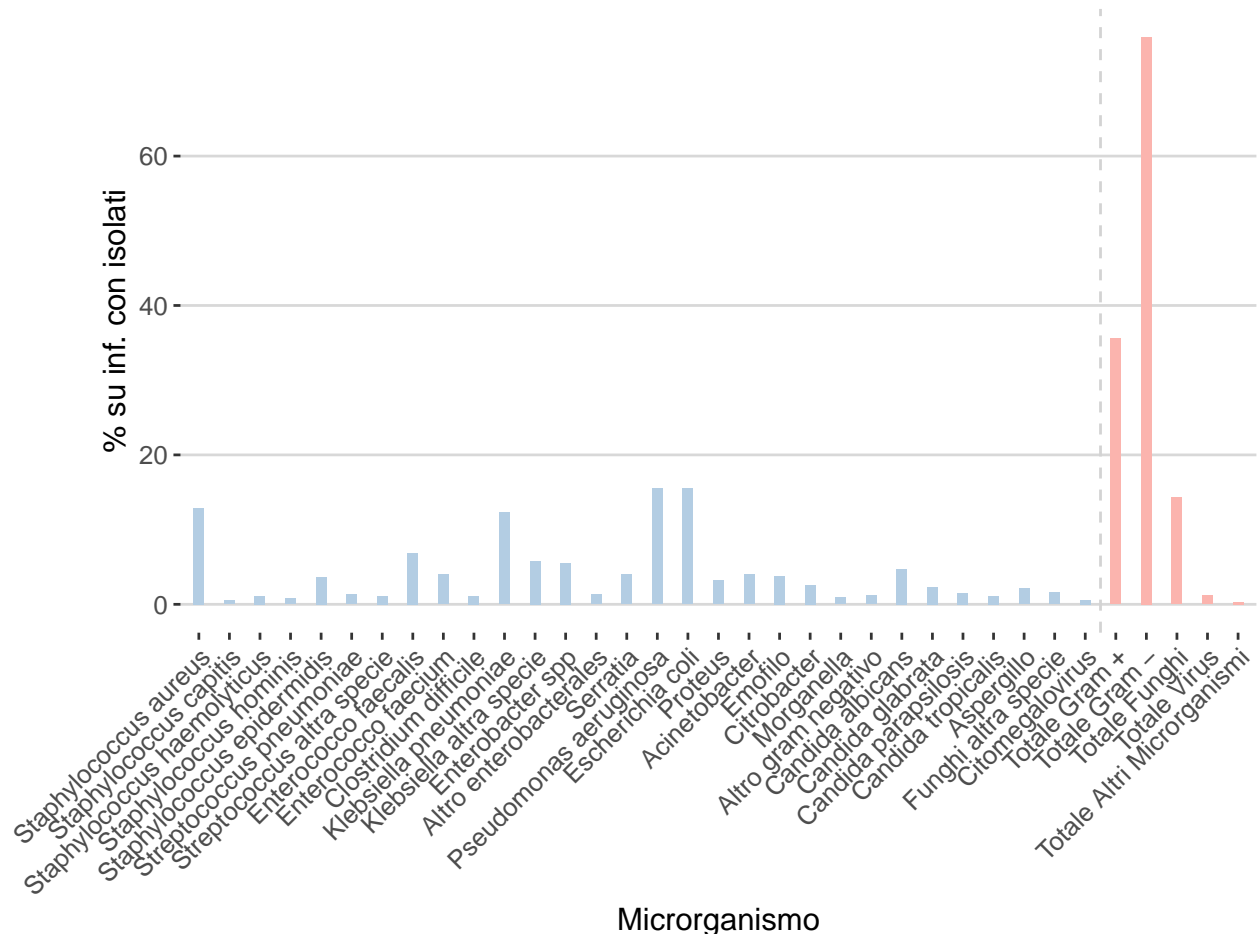


## 8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	87	8.6
Sì	921	91.4
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1012</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>1209</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.

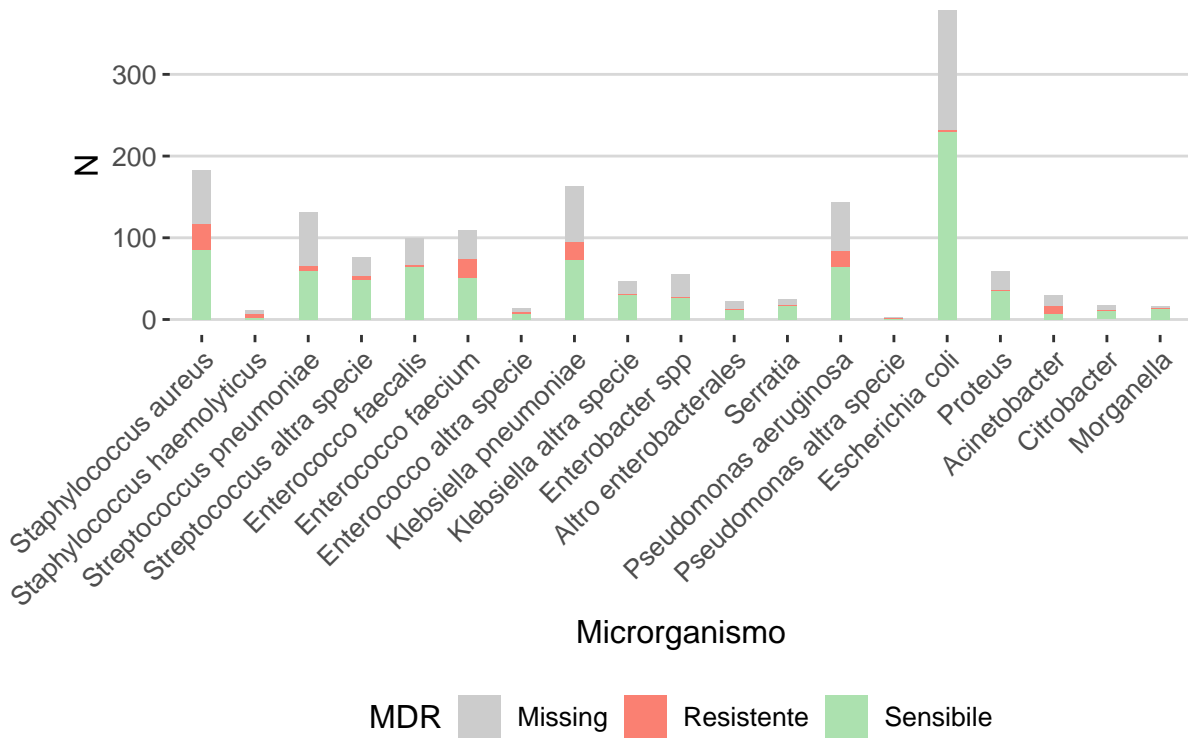


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	119	12.9	77	13	16.9
Staphylococcus capitis	5	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.5	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	10	1.1	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	7	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	34	3.7	0	0	0
Pyogens	4	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	12	1.3	5	0	0
Streptococcus altra specie	10	1.1	7	0	0
Enterococco faecalis	64	6.9	42	2	4.8
Enterococco faecium	37	4.0	29	11	37.9
Enterococco altra specie	5	0.5	4	0	0
Clostridium difficile	10	1.1	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>329</b>	<b>35.6</b>	<b>170</b>	<b>30</b>	<b>17.6</b>
Klebsiella pneumoniae	114	12.3	71	18	25.4
Klebsiella altra specie	54	5.8	31	2	6.5
Enterobacter spp	51	5.5	29	1	3.4
Altro enterobacterales	12	1.3	6	0	0
Serratia	37	4.0	23	0	0
Pseudomonas aeruginosa	143	15.5	94	23	24.5
Pseudomonas altra specie	2	0.2	1	0	0
Escherichia coli	143	15.5	89	1	1.1
Proteus	30	3.2	19	0	0
Acinetobacter	37	4.0	28	20	71.4
Emofilo	35	3.8	0	0	0
Citrobacter	24	2.6	14	0	0
Morganella	8	0.9	2	0	0
Altro gram negativo	11	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>701</b>	<b>75.9</b>	<b>407</b>	<b>65</b>	<b>16</b>
Candida albicans	43	4.7	0	0	0
Candida glabrata	21	2.3	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	14	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	10	1.1	0	0	0
Candida specie non determinata	3	0.3	0	0	0
Candida altra specie	4	0.4	0	0	0
Aspergillo	19	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	15	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>132</b>	<b>14.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	6	0.6			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	3	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>11</b>	<b>1.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>3</b>	<b>0.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

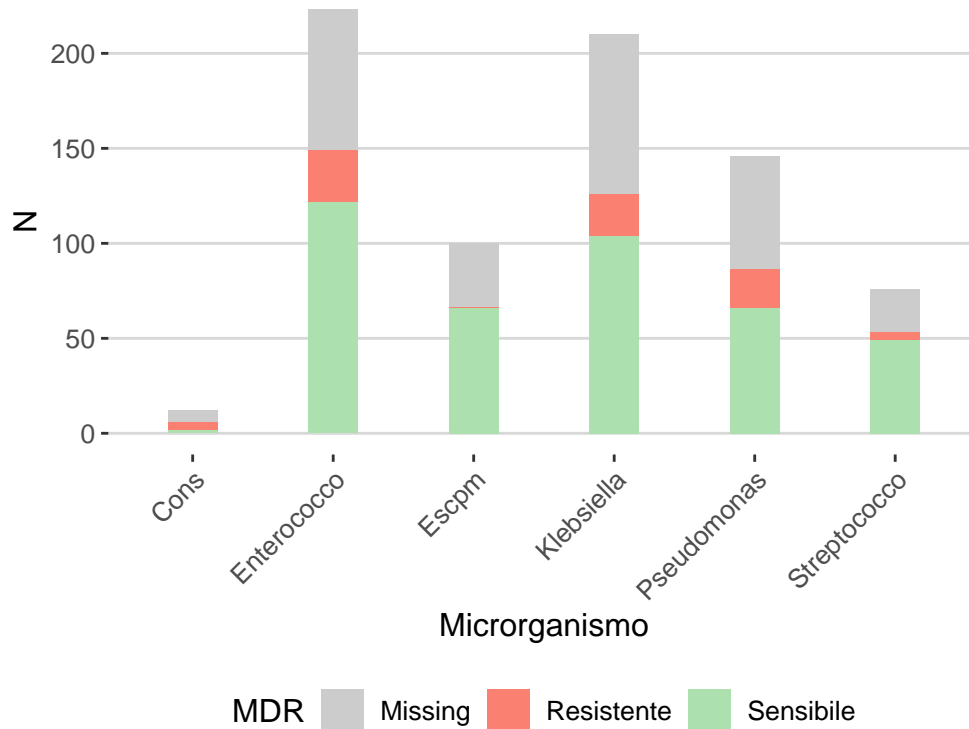
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono

mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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

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

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

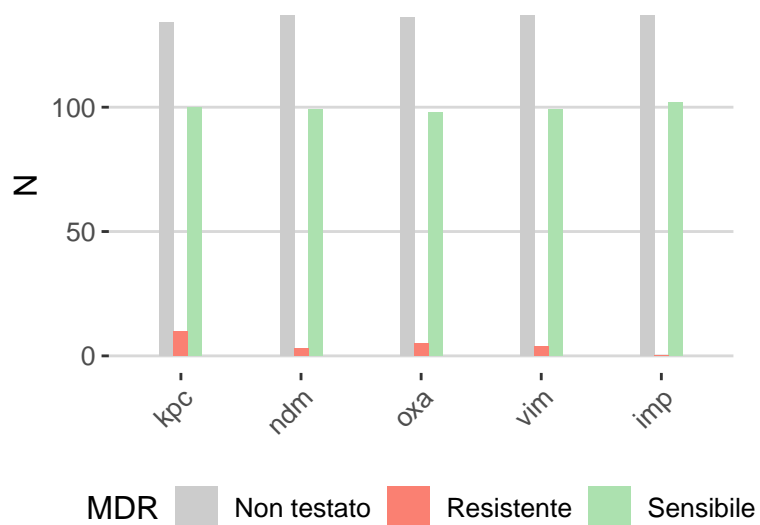
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	66	Ertapenem	15	22.73
Klebsiella pneumoniae	71	Meropenem	13	18.31
Klebsiella altra specie	31	Ertapenem	2	6.45
Klebsiella altra specie	31	Meropenem	1	3.23
Enterobacter spp	28	Ertapenem	1	3.57
Escherichia coli	85	Ertapenem	1	1.18
Acinetobacter	28	Imipenem	20	71.43
Acinetobacter	28	Meropenem	20	71.43
Pseudomonas aeruginosa	90	Imipenem	20	22.22
Pseudomonas aeruginosa	94	Meropenem	11	11.70
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	4	66.67
Staphylococcus aureus	77	Meticillina	13	16.88
Enterococco faecalis	42	Vancomicina	2	4.76
Enterococco faecium	29	Vancomicina	11	37.93

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

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

	N	%
Si	19	8.02
No	85	35.86
Non testato	133	56.12
Missing	266	

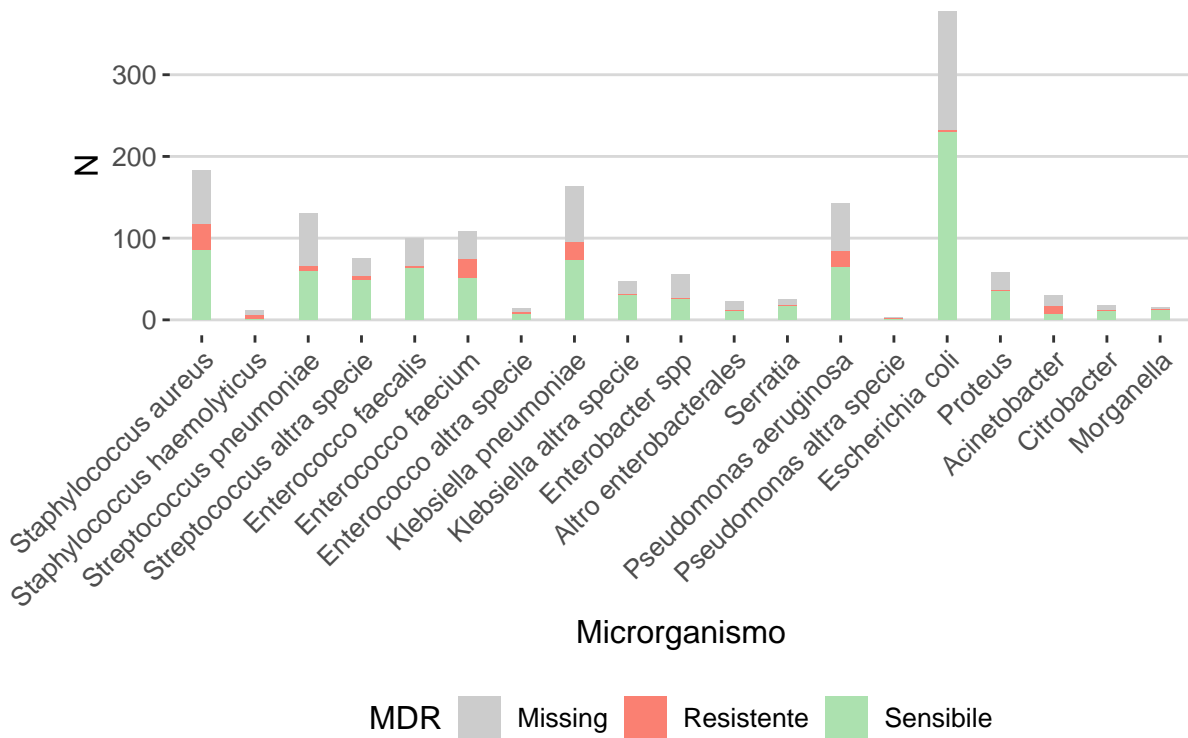
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	102	137
kpc	10	45.5	100	134
ndm	3	13.6	99	137
oxa	5	22.7	98	136
vim	4	18.2	99	137





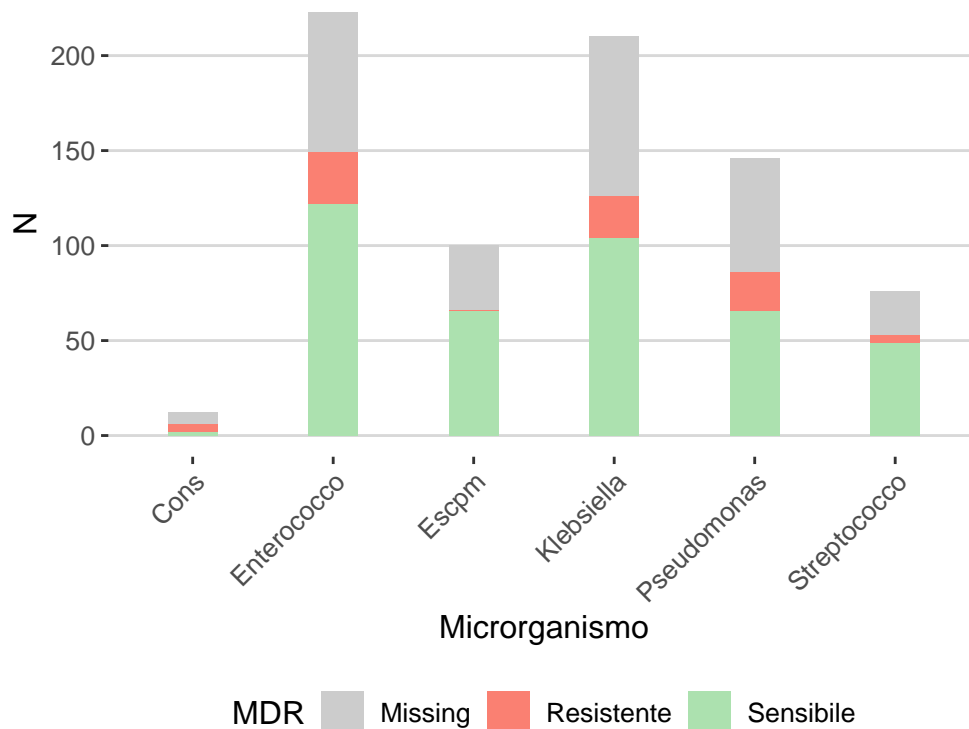
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.8	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	19	5.2	0	0	0
Pyogens	3	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	0.8	1	1	100
Streptococcus altra specie	3	0.8	2	0	0
Enterococco faecalis	30	8.2	21	1	4.8
Enterococco faecium	31	8.5	28	12	42.9
Enterococco altra specie	2	0.5	1	0	0
Clostridium difficile	6	1.6	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>141</b>	<b>38.5</b>	<b>70</b>	<b>19</b>	<b>27.1</b>
Klebsiella pneumoniae	50	13.7	33	13	39.4
Klebsiella altra specie	23	6.3	14	1	7.1
Enterobacter spp	19	5.2	11	1	9.1
Altro enterobacterales	5	1.4	2	0	0
Serratia	8	2.2	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	68	18.6	47	13	27.7
Pseudomonas altra specie	1	0.3	0	0	0
Escherichia coli	59	16.1	38	1	2.6
Proteus	9	2.5	7	0	0
Acinetobacter	20	5.5	14	10	71.4
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	7	1.9	2	0	0
Altro gram negativo	5	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>276</b>	<b>75.4</b>	<b>173</b>	<b>39</b>	<b>22.5</b>
Candida albicans	30	8.2	0	0	0
Candida glabrata	16	4.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	8	2.2	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.4	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.5	0	0	0
Candida altra specie	3	0.8	0	0	0
Aspergillo	15	4.1	0	0	0
Funghi altra specie	9	2.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>89</b>	<b>24.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.3			
Citomegalovirus	3	0.8			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.5</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, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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.

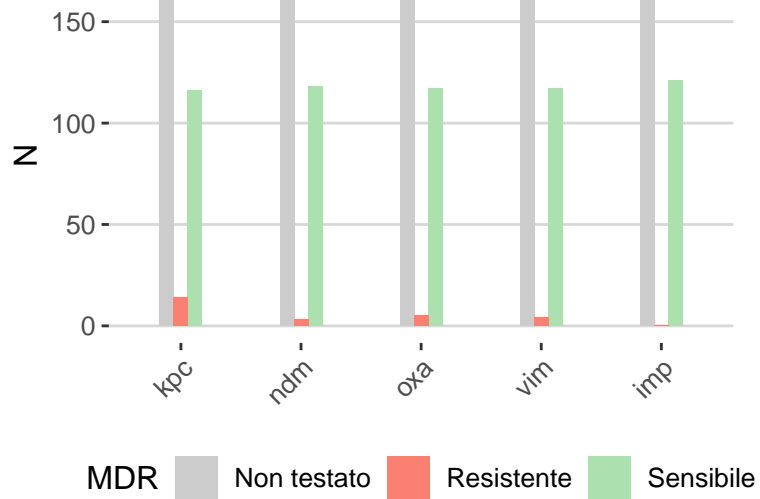
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	44	Ertapenem	15	34.09
Klebsiella pneumoniae	46	Meropenem	15	32.61
Klebsiella altra specie	21	Ertapenem	1	4.76
Klebsiella altra specie	21	Meropenem	1	4.76
Enterobacter spp	15	Ertapenem	1	6.67
Escherichia coli	65	Ertapenem	1	1.54
Acinetobacter	17	Imipenem	11	64.71
Acinetobacter	17	Meropenem	11	64.71
Pseudomonas aeruginosa	56	Imipenem	13	23.21
Pseudomonas aeruginosa	59	Meropenem	7	11.86
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	34	Meticillina	6	17.65
Streptococcus pneumoniae	12	Penicillina	3	25.00
Enterococco faecalis	32	Vancomicina	1	3.12
Enterococco faecium	37	Vancomicina	14	37.84

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

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

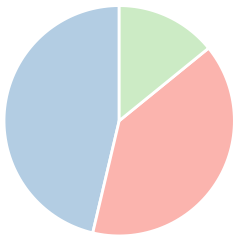
	N	%
Si	22	7.86
No	99	35.36
Non testato	159	56.79
Missing	306	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	121	168
kpc	14	53.8	116	164
ndm	3	11.5	118	168
oxa	5	19.2	117	167
vim	4	15.4	117	168



## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 488)

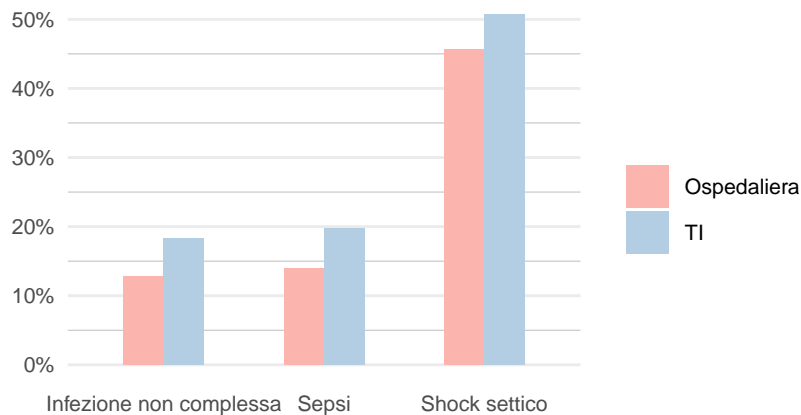
### 10.1 Gravità massima dell'infezione



■ Infezione non complessa  
 ■ Sepsis  
 ■ Shock settico

Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	226	46.3
Sepsis	193	39.5
Shock settico	69	14.1
Missing	0	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	12.8	18.3
Sepsis	14.0	19.8
Shock settico	45.6	50.7

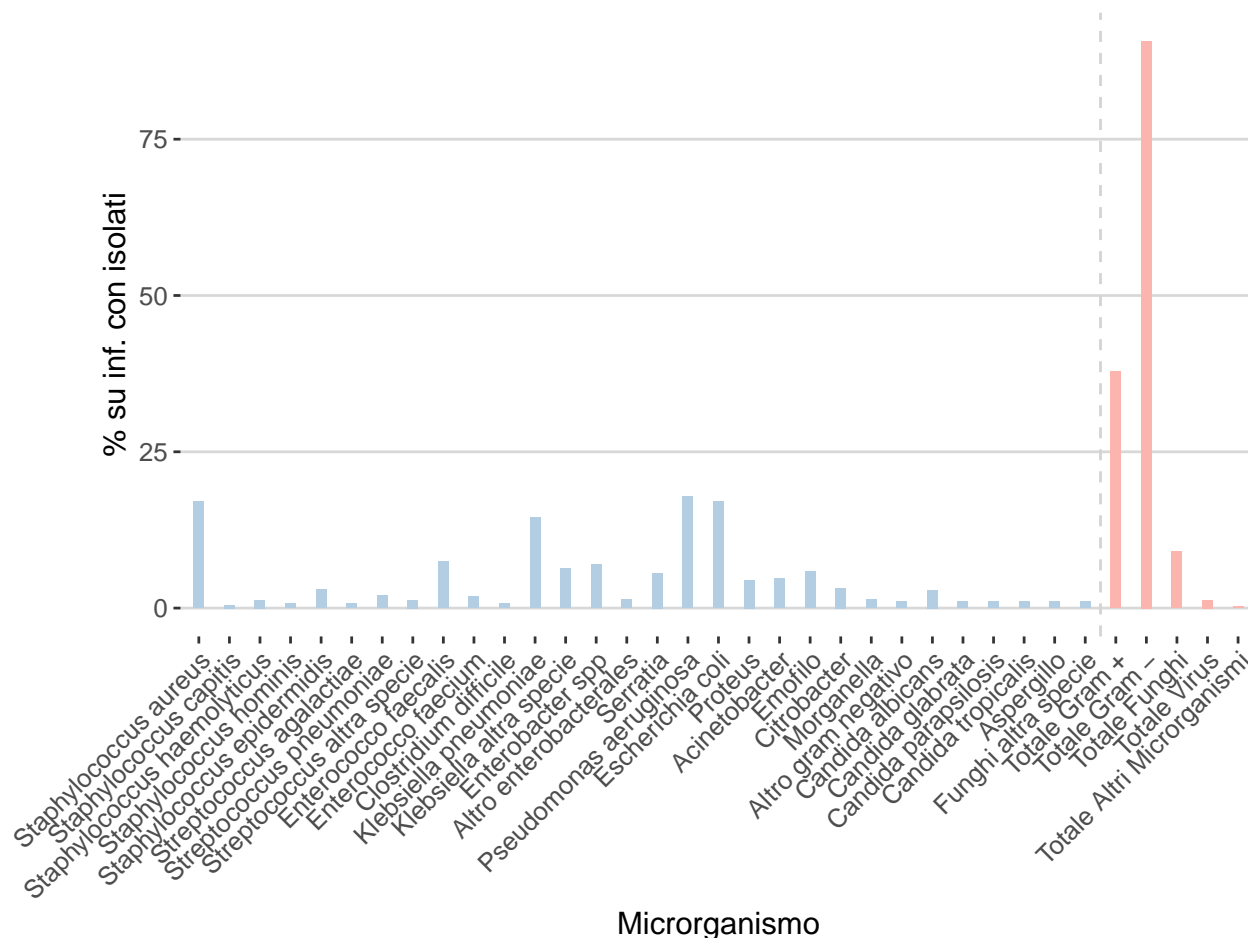
### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	51	7.9
Sì	595	92.1
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>647</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>799</b>	

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

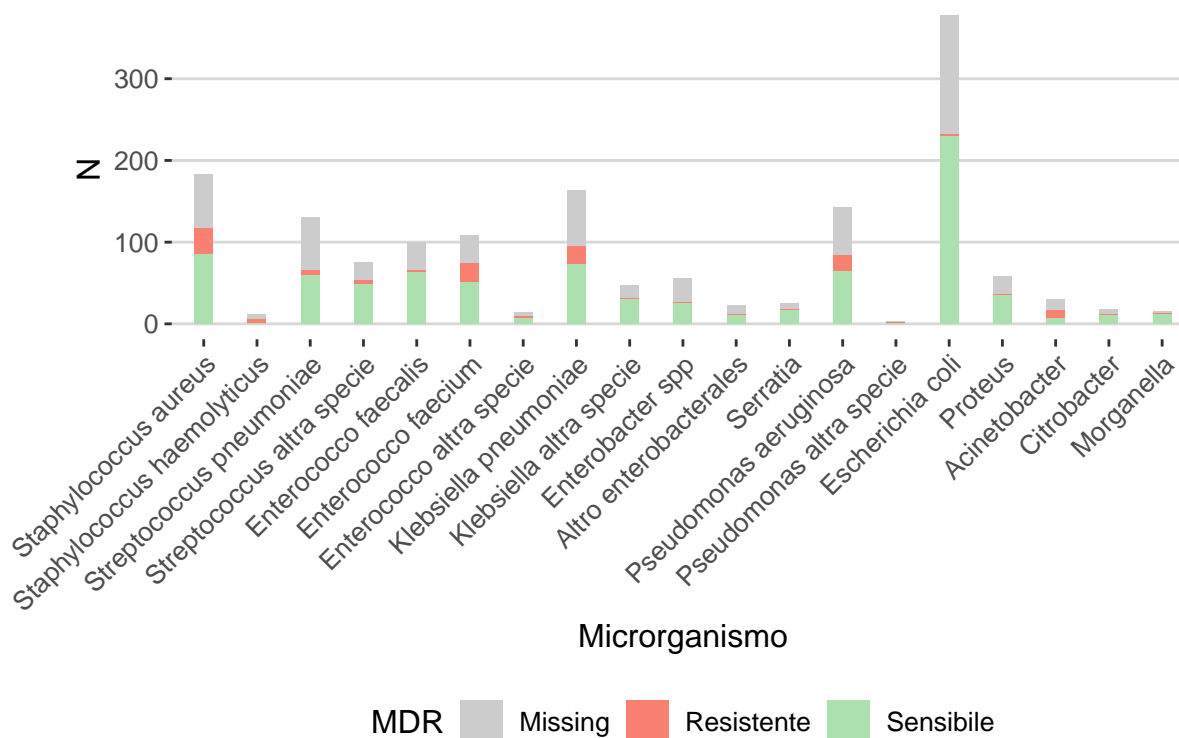
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	95	17.0	64	10	15.6
Staphylococcus capitis	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.3	5	3	60
Staphylococcus hominis	4	0.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	3.0	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	2.0	6	0	0
Streptococcus altra specie	7	1.3	5	0	0
Enterococcus faecalis	42	7.5	26	1	3.8
Enterococcus faecium	10	1.8	5	0	0
Enterococcus altra specie	3	0.5	3	0	0
Clostridium difficile	4	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>211</b>	<b>37.8</b>	<b>114</b>	<b>14</b>	<b>12.3</b>
Klebsiella pneumoniae	81	14.5	50	12	24
Klebsiella altra specie	35	6.3	20	1	5

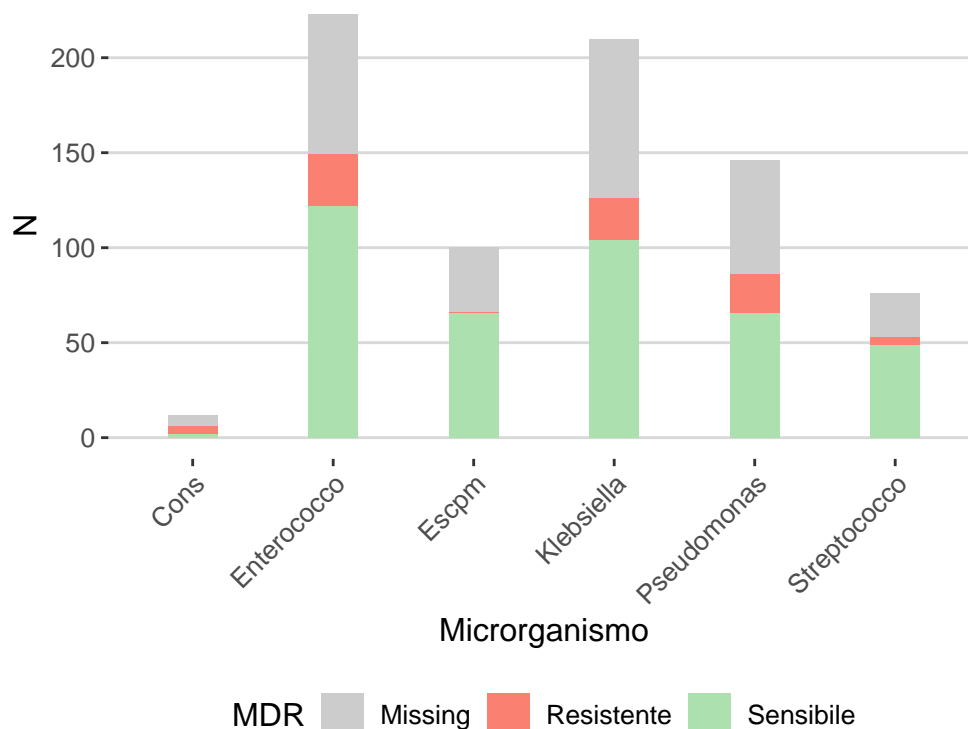
Enterobacter spp	39	7.0	24	0	0
Altro enterobacterales	8	1.4	4	0	0
Serratia	31	5.6	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	100	17.9	63	17	27
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	95	17.0	58	0	0
Proteus	25	4.5	15	0	0
Acinetobacter	26	4.7	18	14	77.8
Emofilo	33	5.9	0	0	0
Citrobacter	18	3.2	13	0	0
Morganella	8	1.4	2	0	0
Altro gram negativo	6	1.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>506</b>	<b>90.7</b>	<b>288</b>	<b>44</b>	<b>15.3</b>
Candida albicans	16	2.9	0	0	0
Candida glabrata	6	1.1	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	6	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	6	1.1	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	6	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>50</b>	<b>9.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	0.5			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	3	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>7</b>	<b>1.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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	47	Ertapenem	10	21.28
Klebsiella pneumoniae	50	Meropenem	8	16.00
Klebsiella altra specie	20	Ertapenem	1	5.00
Acinetobacter	18	Imipenem	14	77.78
Acinetobacter	18	Meropenem	14	77.78
Pseudomonas aeruginosa	61	Imipenem	16	26.23
Pseudomonas aeruginosa	63	Meropenem	10	15.87
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	3	60.00
Staphylococcus aureus	64	Meticillina	10	15.62
Enterococco faecalis	26	Vancomicina	1	3.85

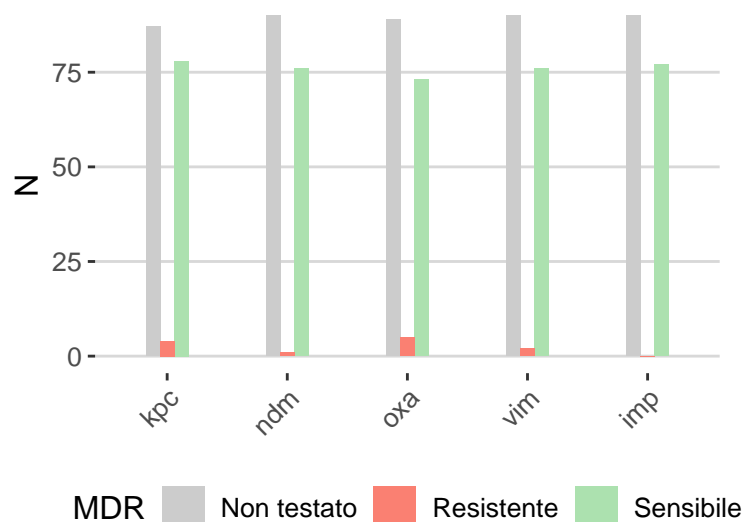
### 10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

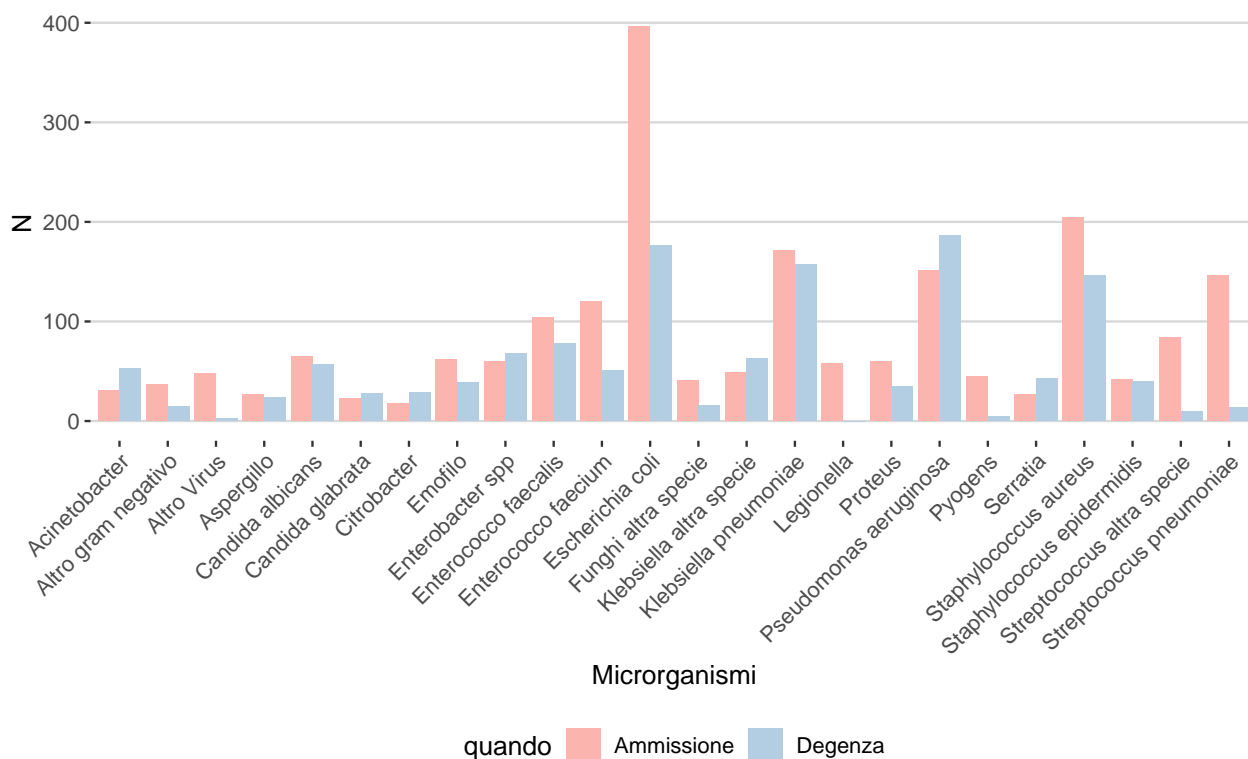
	N	%
Sì	9	5.52
No	68	41.72
Non testato	86	52.76
Missing	166	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	77	90
kpc	4	33.3	78	87

ndm	1	8.3	76	90
oxa	5	41.7	73	89
vim	2	16.7	76	90



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



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	84	31	36.9	53	63.1
Pseudomonas aeruginosa	337	151	44.8	186	55.2
Candida albicans	122	65	53.3	57	46.7



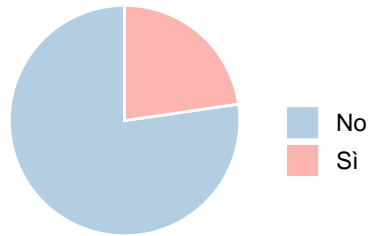
---

Aspergillo	51	27	52.9	24	47.1
Citrobacter	47	18	38.3	29	61.7
Enterobacter spp	128	60	46.9	68	53.1
Staphylococcus epidermidis	82	42	51.2	40	48.8
Escherichia coli	572	396	69.2	176	30.8
Enterococco faecalis	182	104	57.1	78	42.9
Enterococco faecium	171	120	70.2	51	29.8
Candida glabrata	51	23	45.1	28	54.9
Emofilo	101	62	61.4	39	38.6
Legionella	58	58	100	0	0
Altro gram negativo	52	37	71.2	15	28.8
Klebsiella altra specie	112	49	43.8	63	56.2
Funghi altra specie	57	41	71.9	16	28.1
Streptococcus altra specie	94	84	89.4	10	10.6
Altro Virus	51	48	94.1	3	5.9
Klebsiella pneumoniae	328	171	52.1	157	47.9
Streptococcus pneumoniae	160	146	91.2	14	8.8
Proteus	95	60	63.2	35	36.8
Pyogens	50	45	90	5	10
Serratia	70	27	38.6	43	61.4
Staphylococcus aureus	350	204	58.3	146	41.7

---

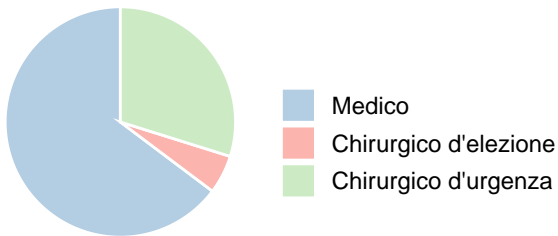
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 295)

### 11.1 Trauma



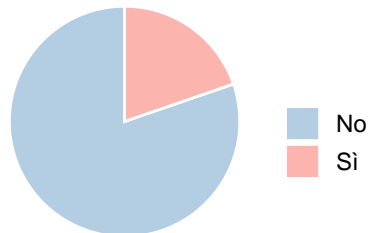
Trauma	N	%
No	228	77.3
Si	67	22.7
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



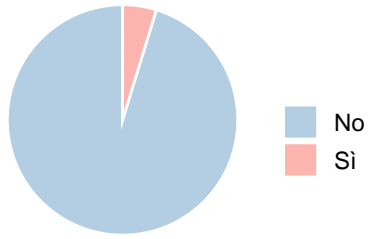
Stato chirurgico	N	%
Medico	191	64.7
Chirurgico d'elezione	16	5.4
Chirurgico d'urgenza	88	29.8
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



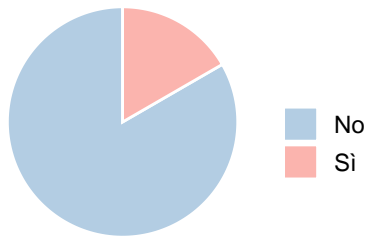
Batteriémica	N	%
No	236	80.3
Si	58	19.7
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



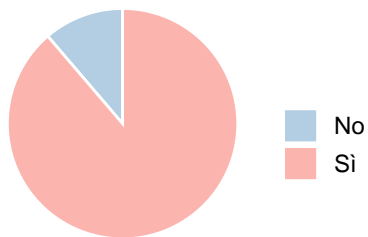
Infezione multisito	N	%
No	281	95.3
Si	14	4.7
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	245	83.3
Si	49	16.7
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) \*

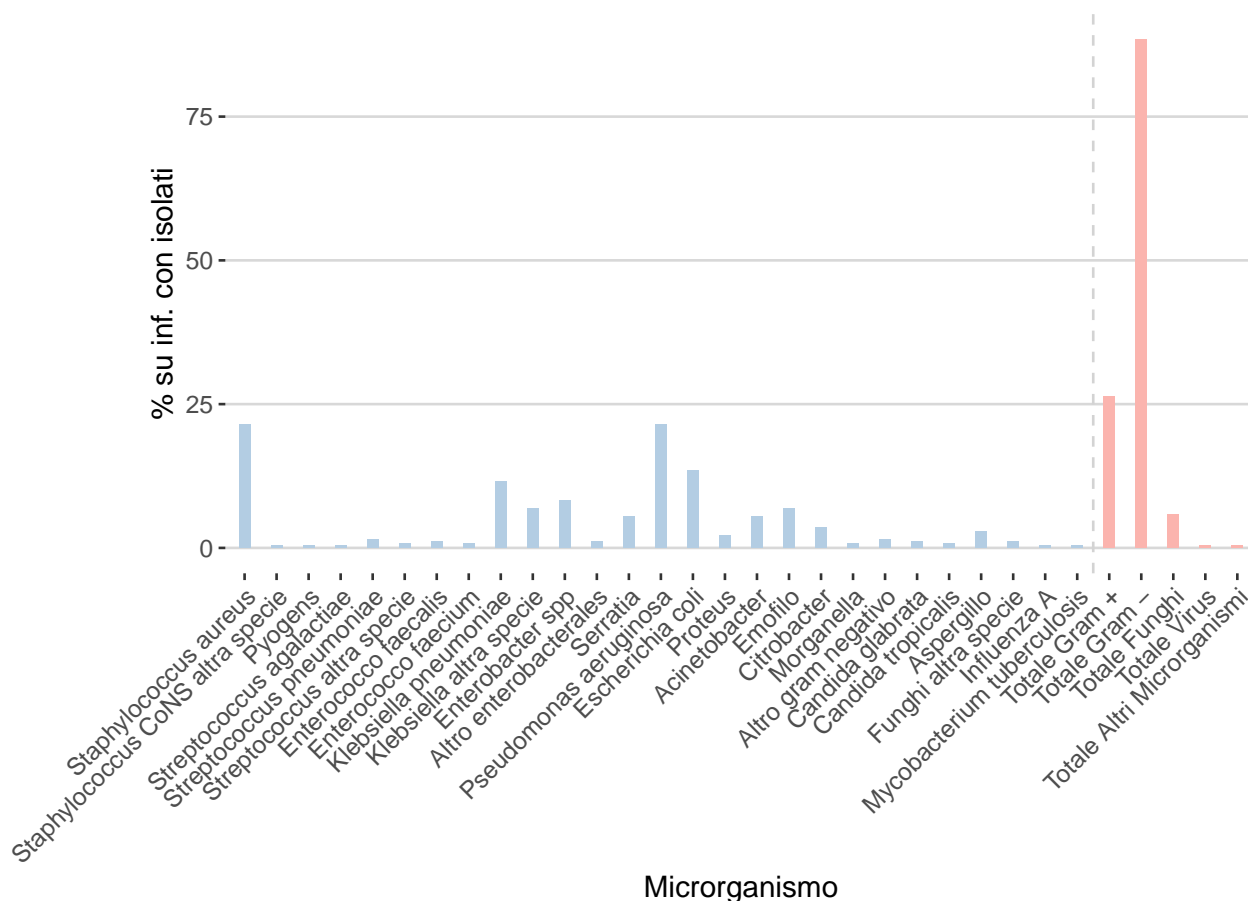


Polmonite associata a VAP	N	%
No	33	11.3
Si	260	88.7
Missing	2	0

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

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

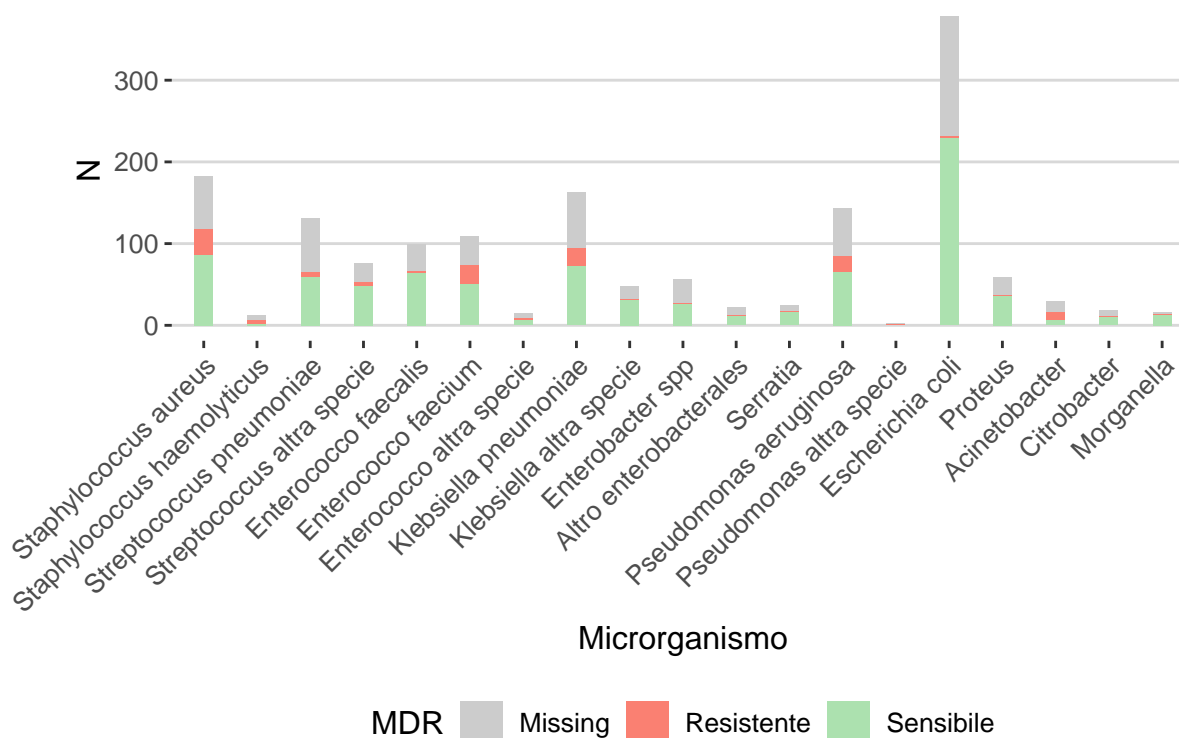
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	59	21.4	38	8	21.1
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Pyogens	1	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.4	1	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.7	1	0	0
Enterococco faecalis	3	1.1	3	0	0
Enterococco faecium	2	0.7	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>73</b>	<b>26.4</b>	<b>45</b>	<b>8</b>	<b>17.8</b>
Klebsiella pneumoniae	32	11.6	17	5	29.4
Klebsiella altra specie	19	6.9	10	0	0
Enterobacter spp	23	8.3	11	0	0
Altro enterobacterales	3	1.1	1	0	0
Serratia	15	5.4	6	0	0

Pseudomonas aeruginosa	59	21.4	32	8	25
Escherichia coli	37	13.4	22	0	0
Proteus	6	2.2	3	0	0
Acinetobacter	15	5.4	10	7	70
Emofilo	19	6.9	0	0	0
Citrobacter	10	3.6	6	0	0
Morganella	2	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>244</b>	<b>88.4</b>	<b>118</b>	<b>20</b>	<b>16.9</b>
Candida glabrata	3	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.7	0	0	0
Aspergillo	8	2.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>16</b>	<b>5.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

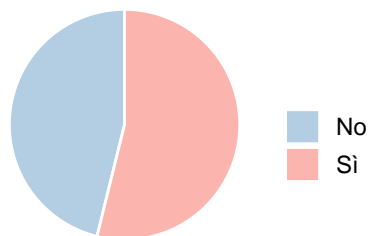
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

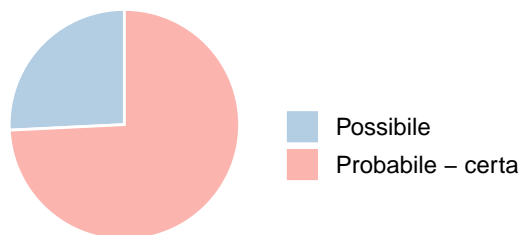
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 260)

### 12.1 VAP precoce



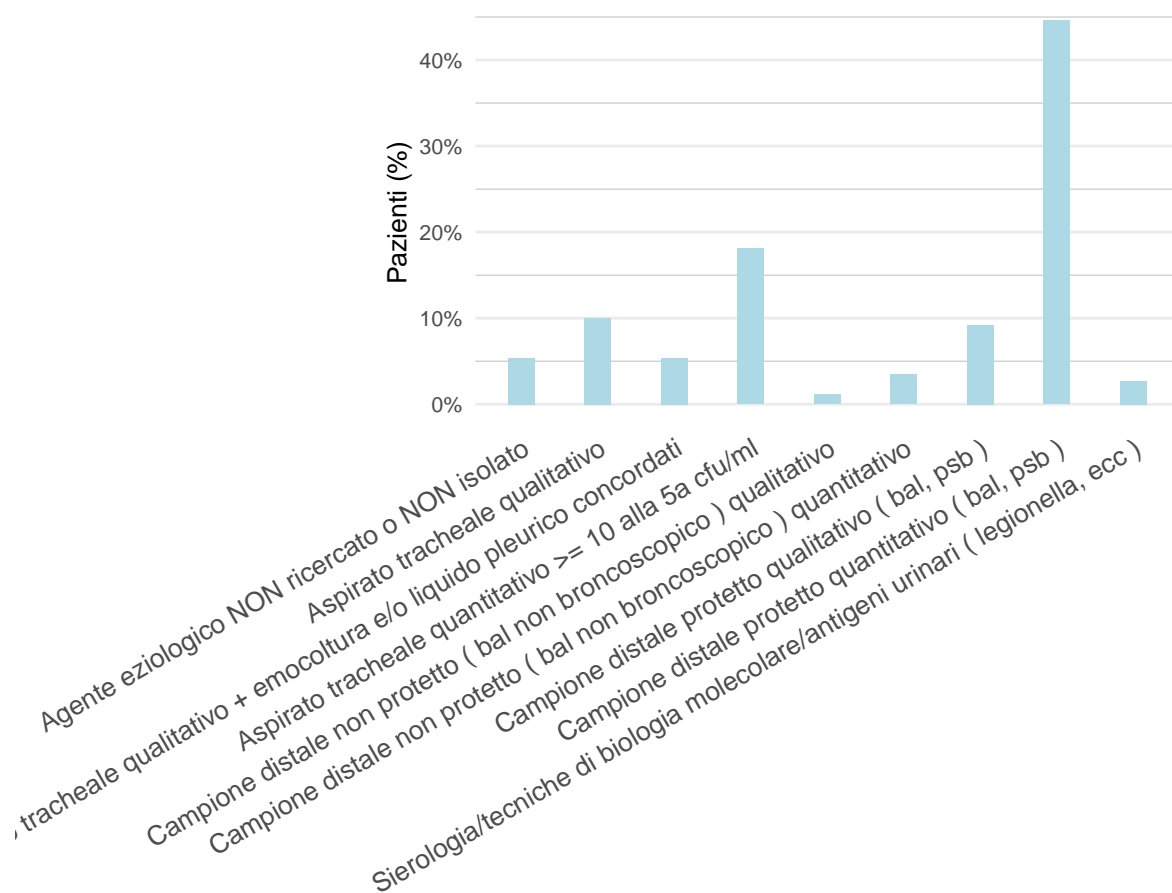
VAP precoce	N	%
No	120	46.2
Sì	140	53.8
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	67	25.8
Probabile - certa	193	74.2
Missing	125	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

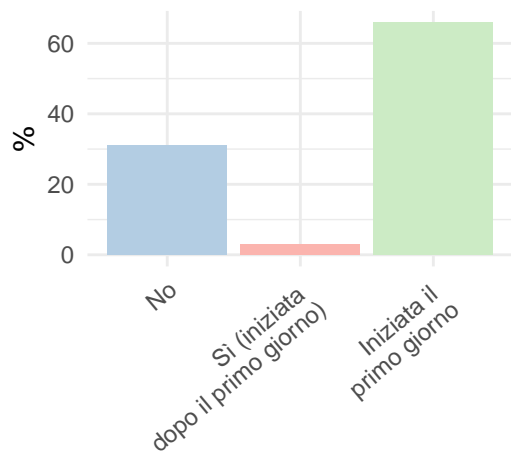


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	7	2.7
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	9	3.5
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	3	1.2
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	24	9.2
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	116	44.6
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	47	18.1
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	14	5.4
Aspirato tracheale qualitativo	26	10.0
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	14	5.4
Missing	125	0

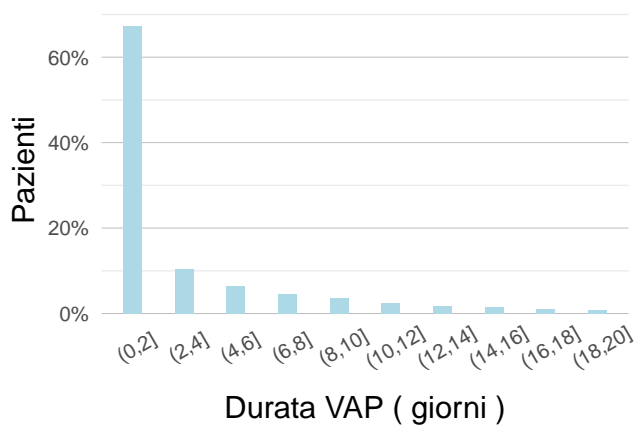
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 8880 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



Ventilazione invasiva	N	%
No	2768	31.2
Sì	6110	68.8
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>5856</b>	<b>65.9</b>
Missing	2	0.0

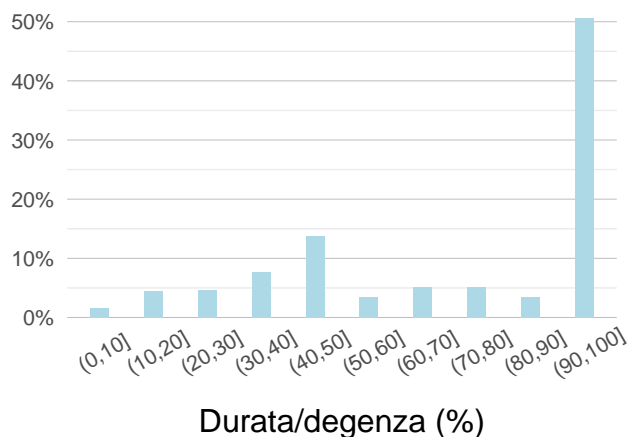
### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	4.9 (8.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-5)
Missing	11

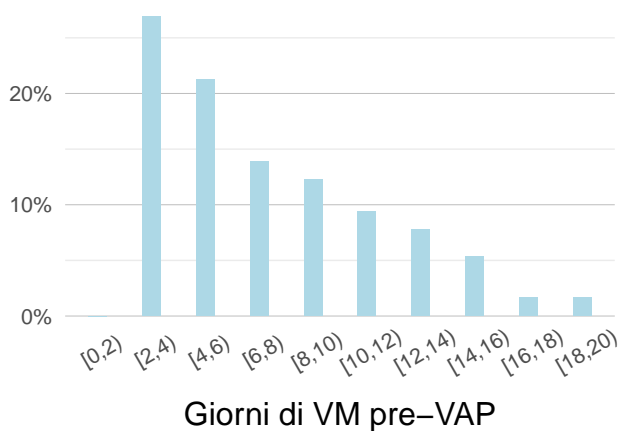


## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	74.3 (29.7)
Mediana (Q1-Q3)	92.1 (50-100)
Missing	11

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	260
Media (DS)	8.4 (7.6)
Mediana (Q1-Q3)	6 (3-11)
Missing	0

## 12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	10.7	7.5 %
CI ( 95% )	9.5 - 12.1	6.6 - 8.5

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

Il primo:

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

dove la variabile *Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP* è pari alla somma delle giornate di ventilazione meccanica pre-VAP di tutti i pazienti ammessi in reparto. E grave; pari alla durata totale della ventilazione meccanica per i pazienti che non sviluppano VAP e alla differenza tra la data di insorgenza della VAP e la data di inizio della ventilazione meccanica per i pazienti infetti. Sono esclusi dal denominatore i giorni di ventilazione meccanica dei pazienti dimessi o deceduti entro 2 giorni dall'inizio della ventilazione.

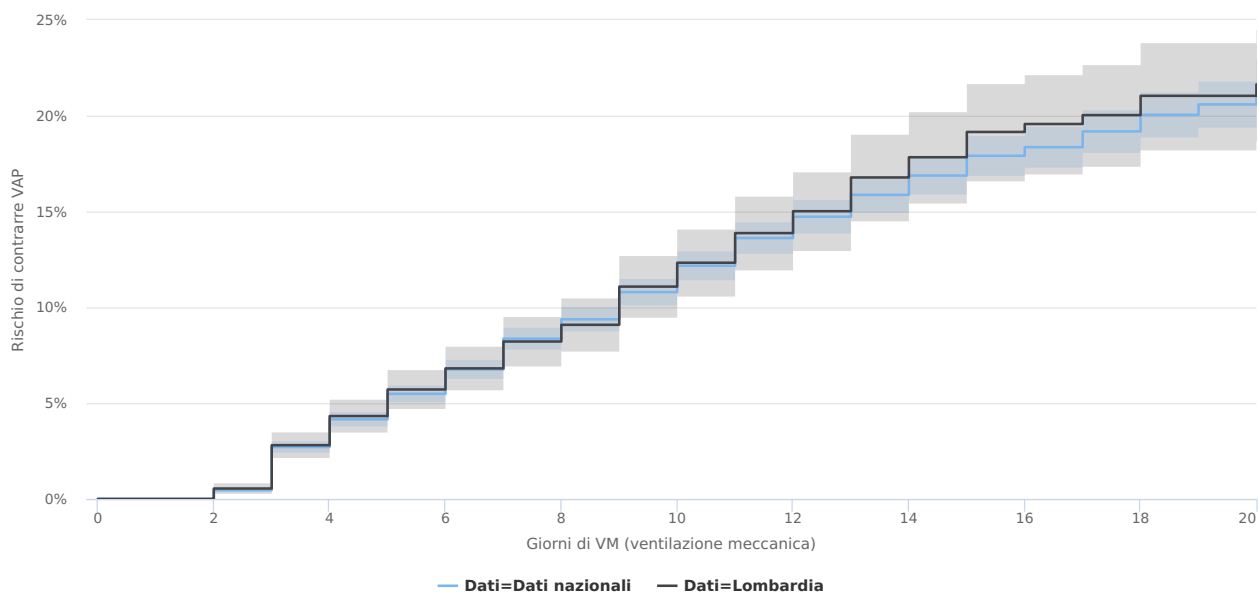
Il secondo invece:

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

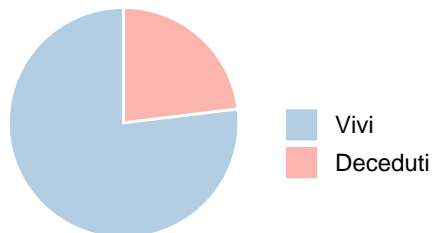
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

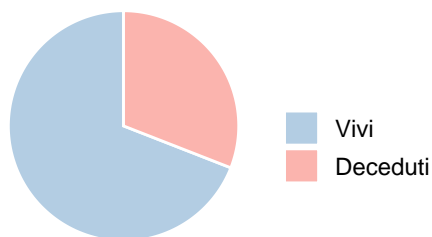


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	200	76.9
Deceduti	60	23.1
Missing	0	0

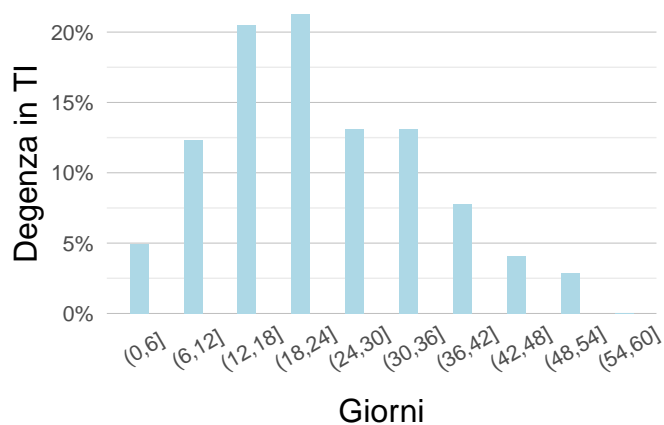
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	172	69.1
Deceduti	77	30.9
Missing	3	0

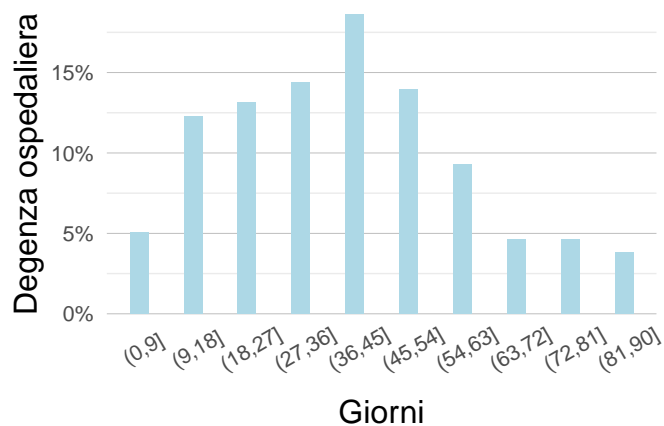
\* Statistiche calcolate su 252 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 8 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.8 (18.5)
Mediana (Q1-Q3)	22 (15-33)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	44.4 (28.3)
Mediana (Q1-Q3)	40 (26-55)
Missing	3

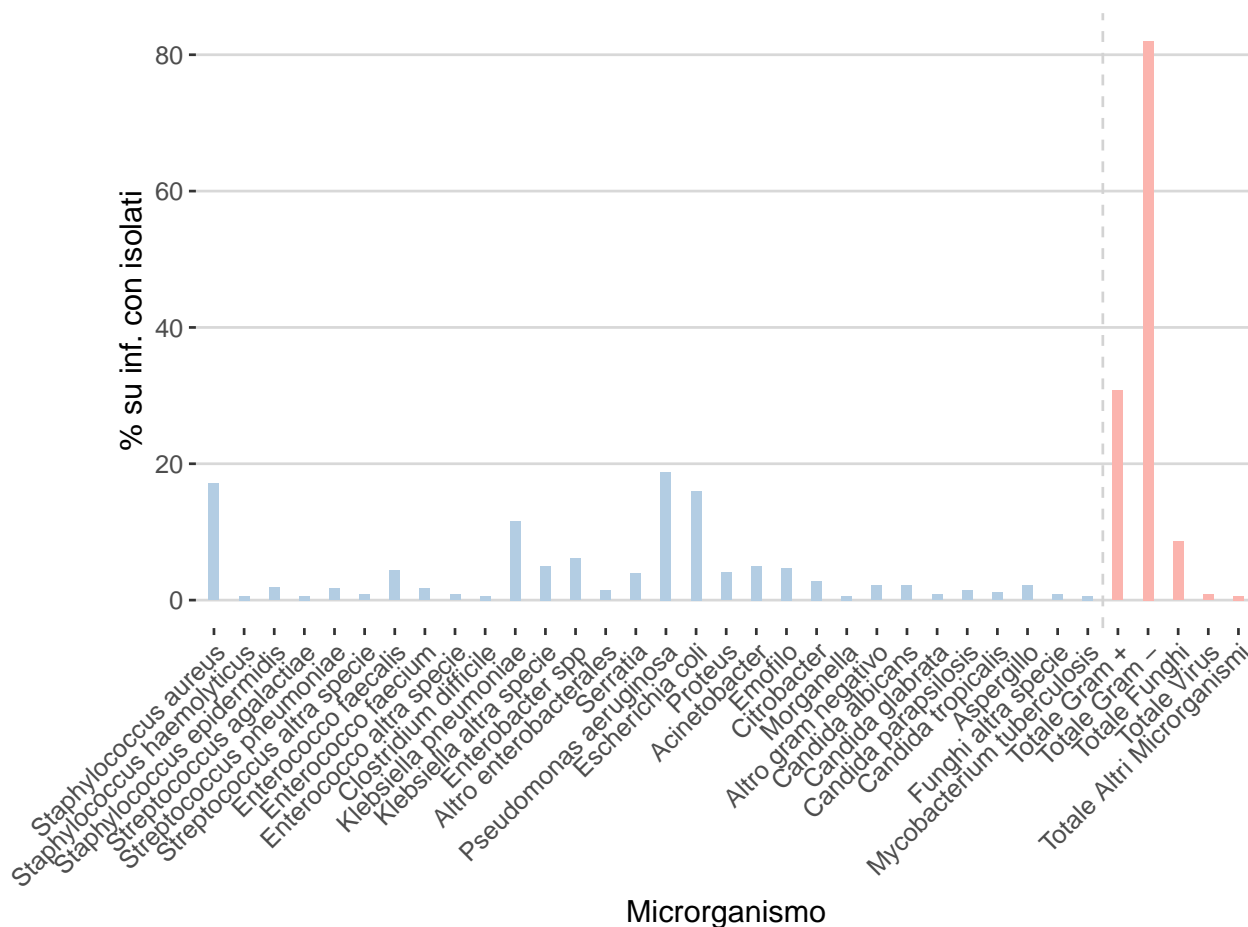
\* Statistiche calcolate su 252 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 8 ).

### 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	25	6.5
Sì	360	93.5
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>385</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>463</b>	

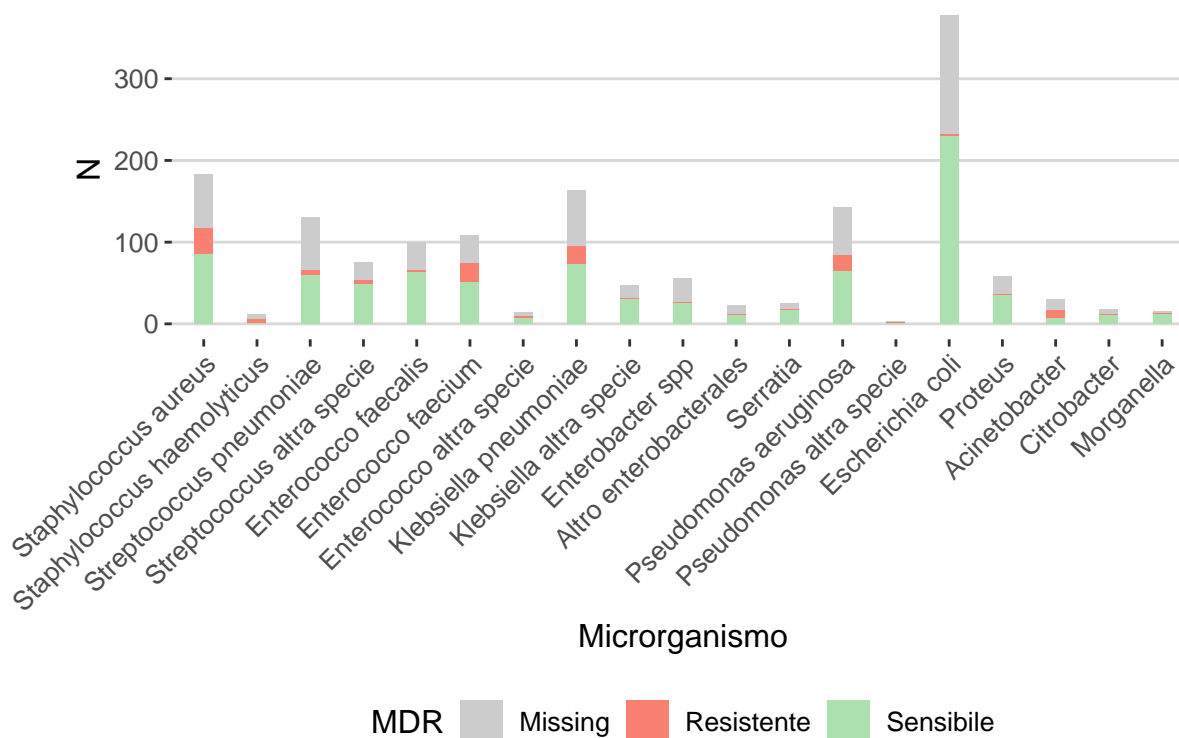
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	62	17.1	42	8	19
Staphylococcus haemolyticus	2	0.6	2	1	50
Staphylococcus epidermidis	7	1.9	0	0	0

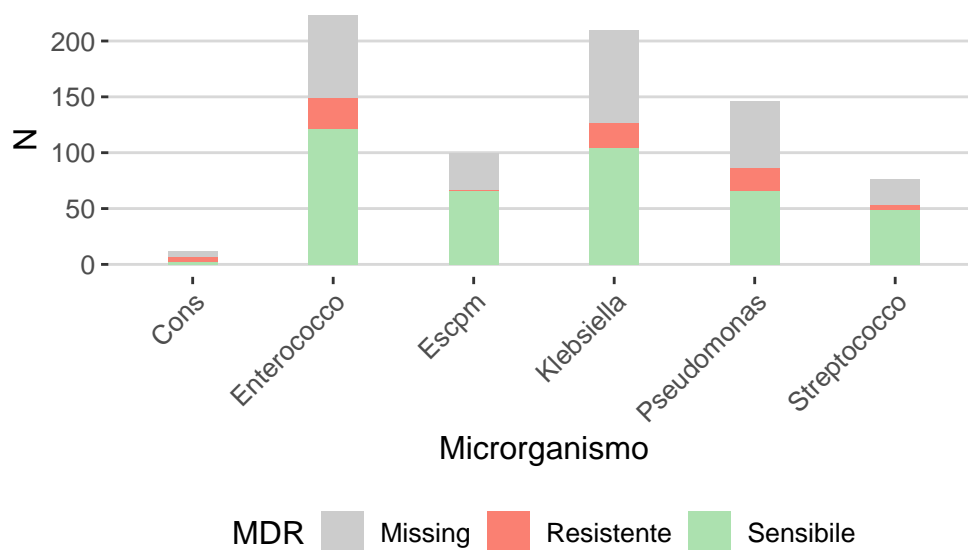
Pyogens	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	1.7	1	0	0
Streptococcus altra specie	3	0.8	3	0	0
Enterococco faecalis	16	4.4	11	1	9.1
Enterococco faecium	6	1.7	5	1	20
Enterococco altra specie	3	0.8	2	0	0
Clostridium difficile	2	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>111</b>	<b>30.7</b>	<b>66</b>	<b>11</b>	<b>16.7</b>
Klebsiella pneumoniae	42	11.6	23	7	30.4
Klebsiella altra specie	18	5.0	11	0	0
Enterobacter spp	22	6.1	11	0	0
Altro enterobacterales	5	1.4	2	0	0
Serratia	14	3.9	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	68	18.8	41	13	31.7
Escherichia coli	58	16.0	34	0	0
Proteus	15	4.1	7	0	0
Acinetobacter	18	5.0	13	9	69.2
Emofilo	17	4.7	0	0	0
Citrobacter	10	2.8	5	0	0
Morganella	2	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	8	2.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>297</b>	<b>82.0</b>	<b>152</b>	<b>29</b>	<b>19.1</b>
Candida albicans	8	2.2	0	0	0
Candida glabrata	3	0.8	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	4	1.1	0	0	0
Aspergillo	8	2.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>31</b>	<b>8.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.3			
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>0.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	0.6	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</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, Influenza tipo non specificato ). 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- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84

Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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.

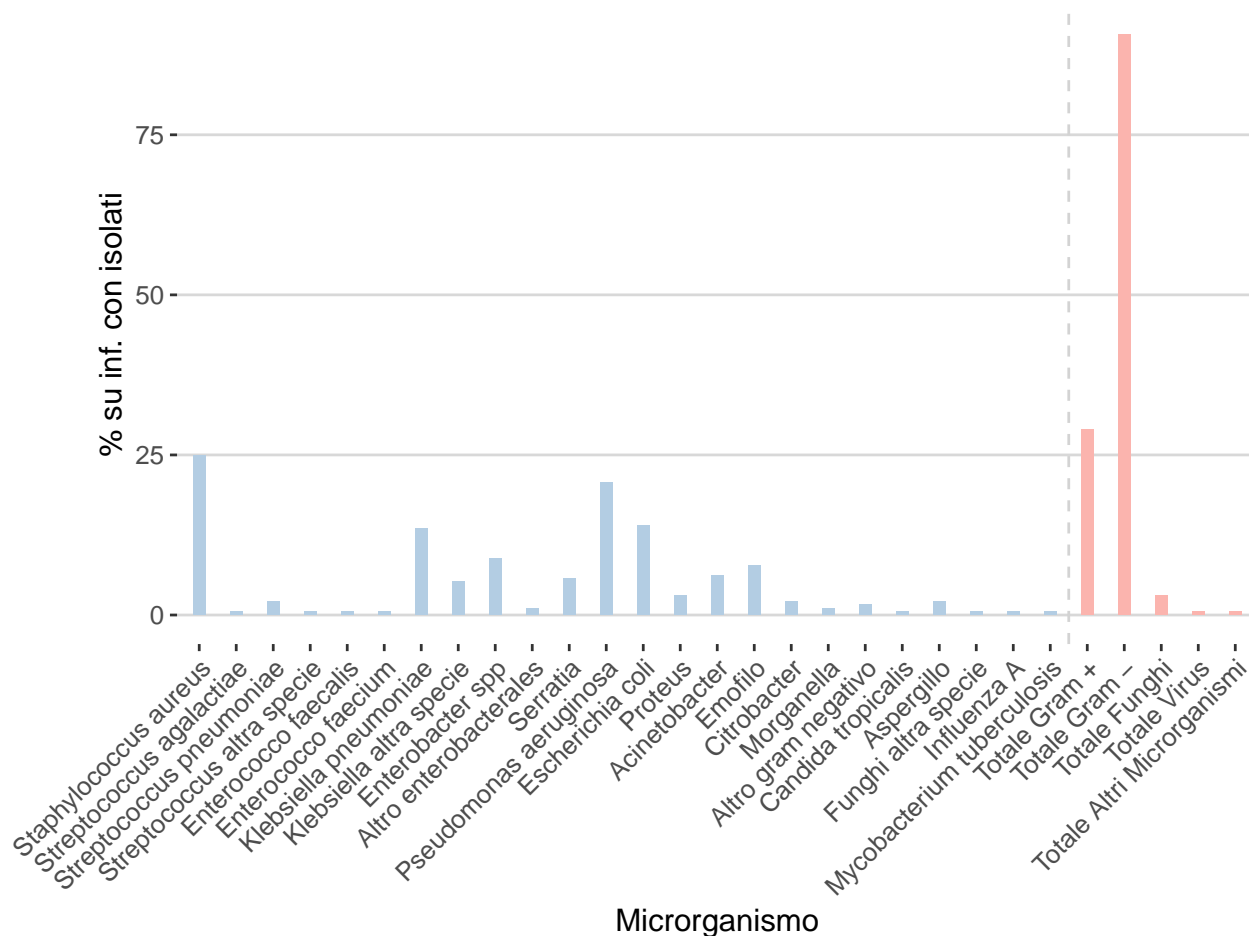
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	21	Ertapenem	5	23.81
Klebsiella pneumoniae	23	Meropenem	6	26.09
Acinetobacter	13	Imipenem	9	69.23
Acinetobacter	13	Meropenem	9	69.23
Pseudomonas aeruginosa	40	Imipenem	12	30.00
Pseudomonas aeruginosa	41	Meropenem	6	14.63
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	42	Meticillina	8	19.05
Enterococco faecalis	11	Vancomicina	1	9.09
Enterococco faecium	5	Vancomicina	1	20.00

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	193	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>193</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>255</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.

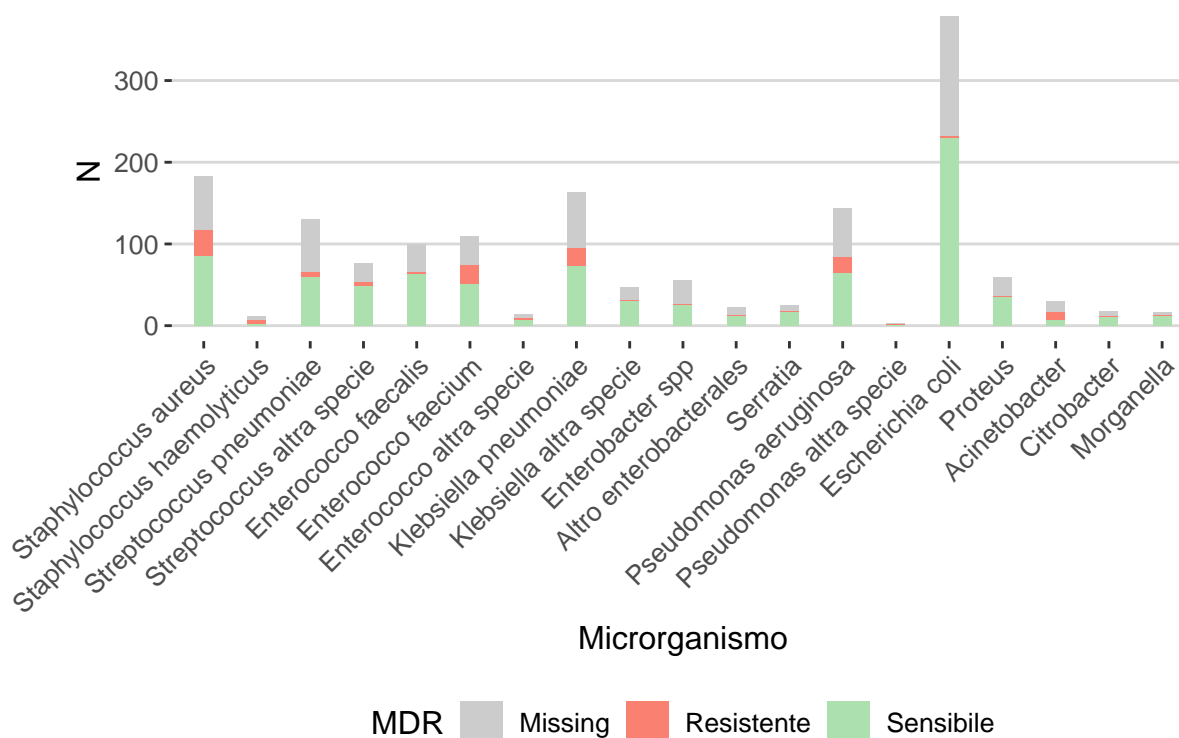


Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	48	24.9	35	8	22.9
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.5	1	0	0
Enterococcus faecalis	1	0.5	1	0	0
Enterococcus faecium	1	0.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>56</b>	<b>29.0</b>	<b>39</b>	<b>8</b>	<b>20.5</b>
Klebsiella pneumoniae	26	13.5	17	5	29.4
Klebsiella altra specie	10	5.2	7	0	0
Enterobacter spp	17	8.8	8	0	0
Altro enterobacterales	2	1.0	1	0	0
Serratia	11	5.7	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	40	20.7	20	5	25
Escherichia coli	27	14.0	14	0	0
Proteus	6	3.1	3	0	0
Acinetobacter	12	6.2	8	5	62.5
Emofilo	15	7.8	0	0	0
Citrobacter	4	2.1	3	0	0
Morganella	2	1.0	0	0	0
Altro gram negativo	3	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>175</b>	<b>90.7</b>	<b>85</b>	<b>15</b>	<b>17.6</b>



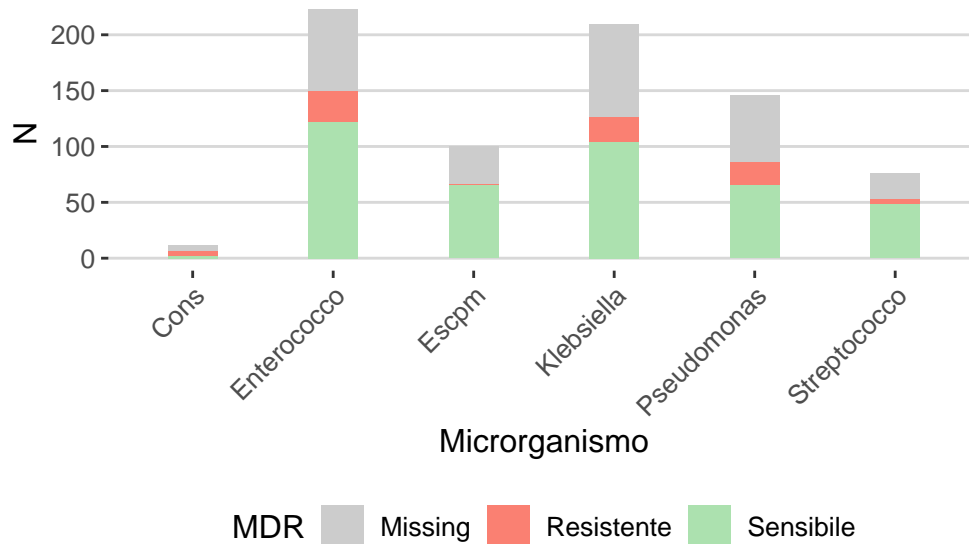
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Aspergillo	4	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>3.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	0.5			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.5</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, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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.

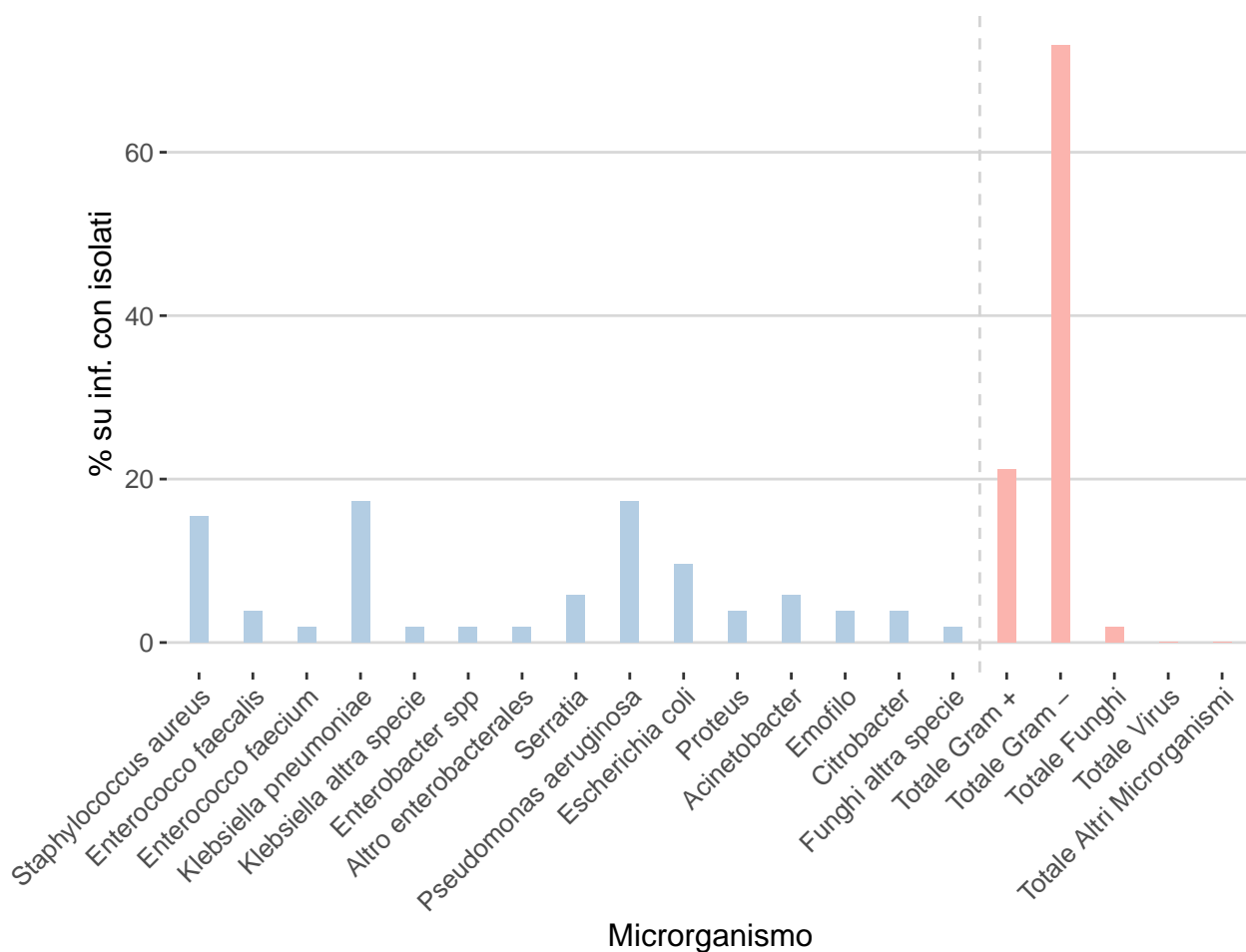
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	4	25.00
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	4	23.53
Acinetobacter	8	Imipenem	5	62.50
Acinetobacter	8	Meropenem	5	62.50
Pseudomonas aeruginosa	20	Imipenem	5	25.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	3	15.00
Staphylococcus aureus	35	Meticillina	8	22.86

### 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	2	3.8
Sì	50	96.2
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>52</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>55</b>	

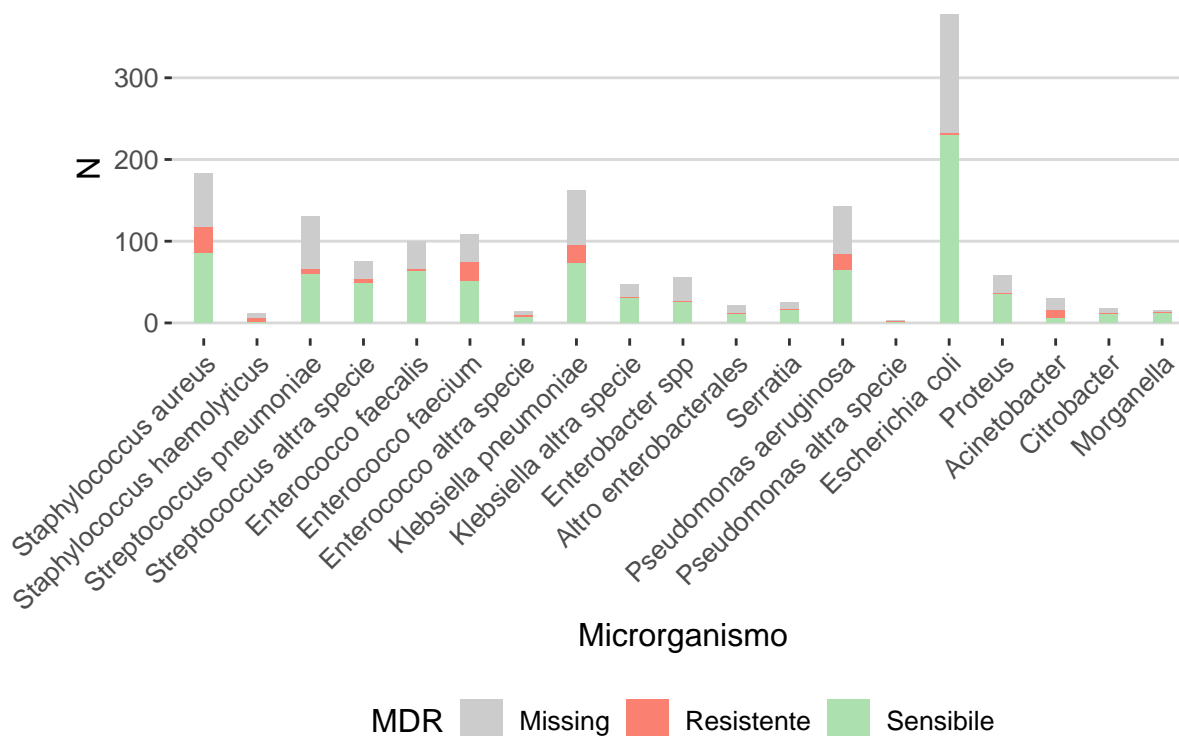
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	15.4	6	0	0

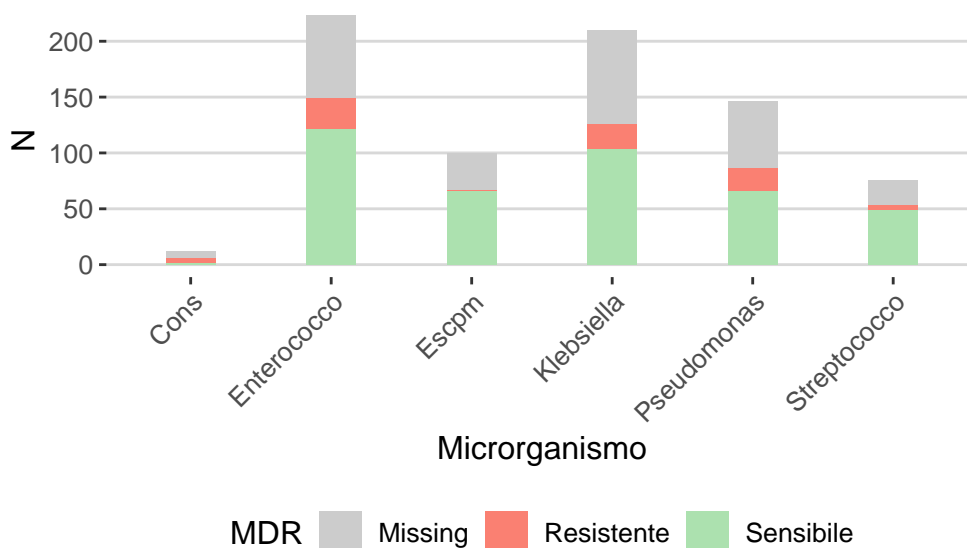
Enterococco faecalis	2	3.8	1	0	0
Enterococco faecium	1	1.9	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>11</b>	<b>21.2</b>	<b>8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	9	17.3	6	3	50
Klebsiella altra specie	1	1.9	1	0	0
Enterobacter spp	1	1.9	1	0	0
Altro enterobacterales	1	1.9	0	0	0
Serratia	3	5.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	17.3	3	0	0
Escherichia coli	5	9.6	4	0	0
Proteus	2	3.8	0	0	0
Acinetobacter	3	5.8	2	2	100
Emofilo	2	3.8	0	0	0
Citrobacter	2	3.8	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>38</b>	<b>73.1</b>	<b>19</b>	<b>5</b>	<b>26.3</b>
Funghi altra specie	1	1.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>1.9</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, Influenza tipo non specificato ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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

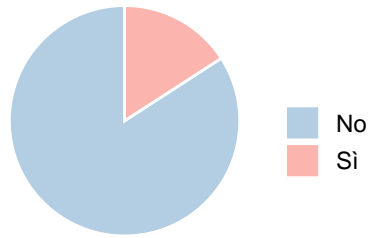
### 12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	6	Ertapenem	2	33.33
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	3	50.00
Acinetobacter	2	Imipenem	2	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00

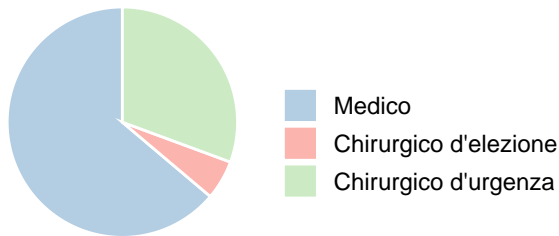
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 271)

### 13.1 Trauma



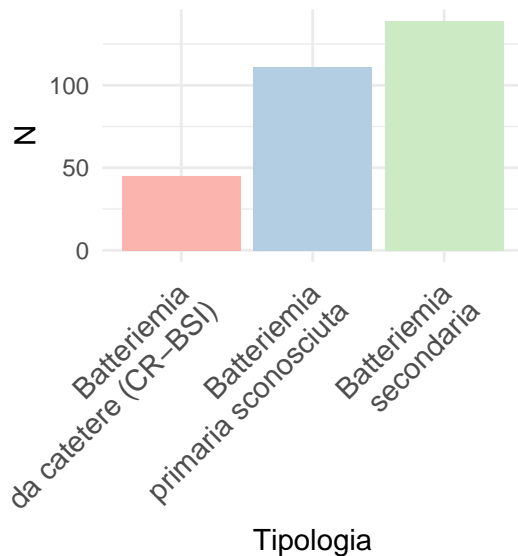
Trauma	N	%
No	228	84.1
Si	43	15.9
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



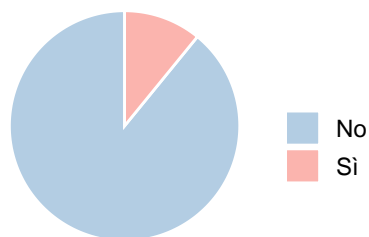
Stato chirurgico	N	%
Medico	173	63.8
Chirurgico d'elezione	15	5.5
Chirurgico d'urgenza	83	30.6
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	111	37.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	45	15.3
Batteriemia secondaria	139	47.1
Missing	0	0.0

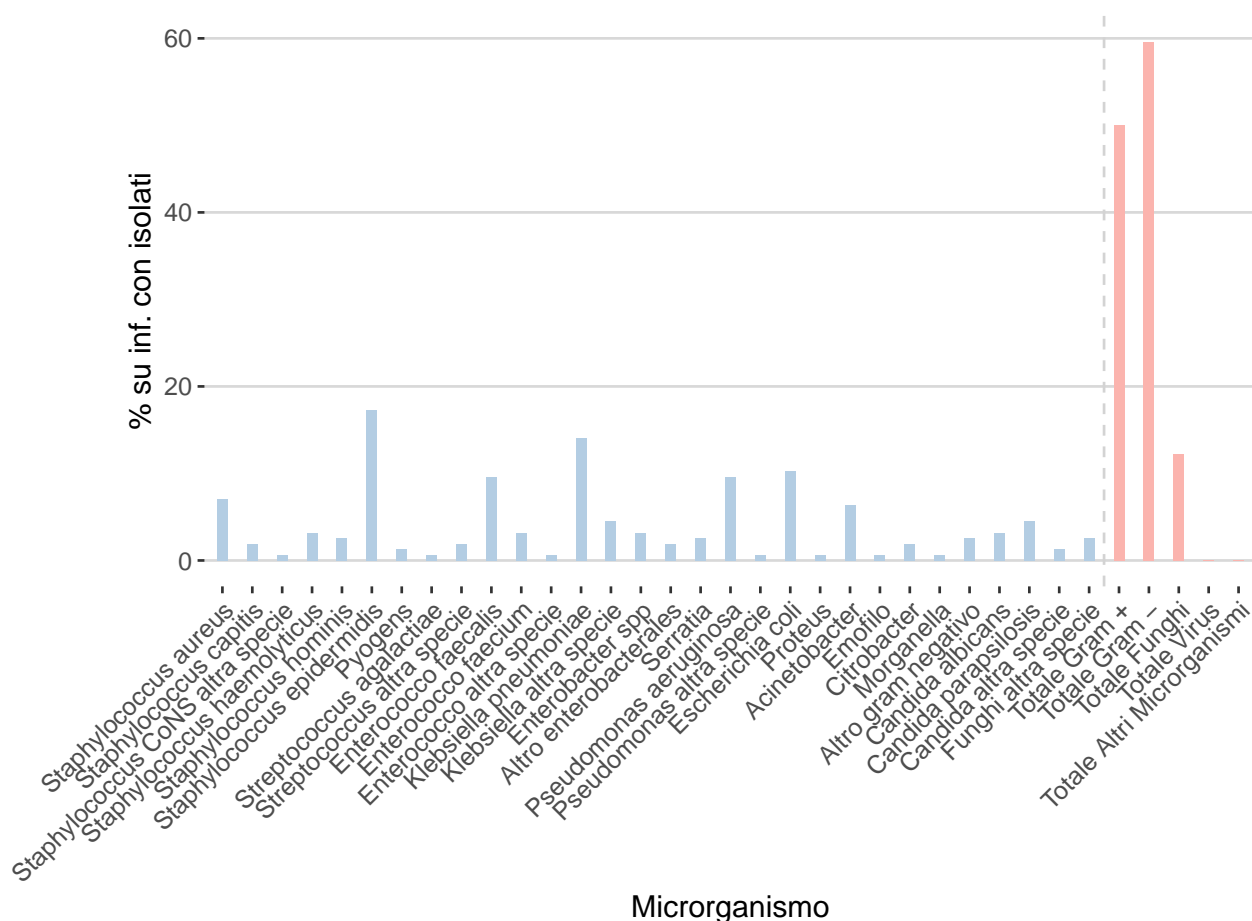
## 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	139	89.1
Si	17	10.9
Missing	0	0

## 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

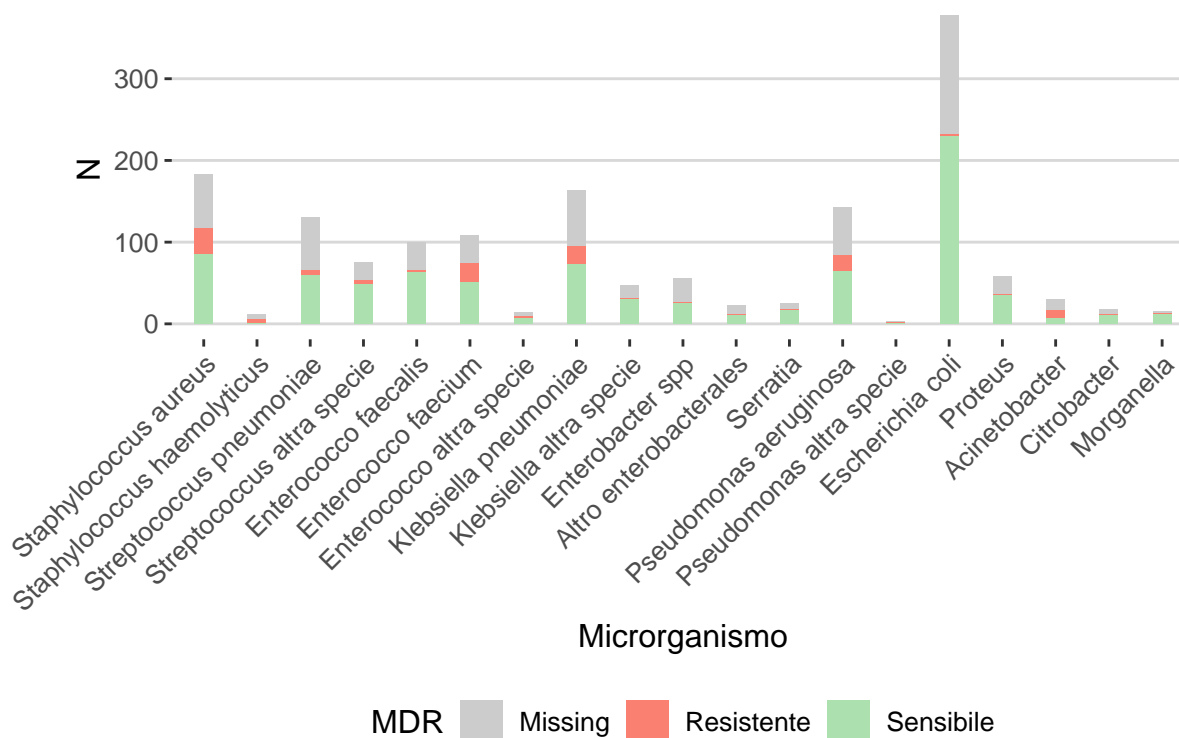


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	7.1	3	0	0
Staphylococcus capitis	3	1.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.6	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	5	3.2	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	4	2.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	27	17.3	0	0	0
Pyogens	2	1.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.9	2	0	0
Enterococco faecalis	15	9.6	9	1	11.1
Enterococco faecium	5	3.2	4	2	50
Enterococco altra specie	1	0.6	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>78</b>	<b>50.0</b>	<b>22</b>	<b>5</b>	<b>22.7</b>
Klebsiella pneumoniae	22	14.1	19	7	36.8
Klebsiella altra specie	7	4.5	5	0	0
Enterobacter spp	5	3.2	3	0	0
Altro enterobacterales	3	1.9	1	0	0
Serratia	4	2.6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	9.6	10	5	50
Pseudomonas altra specie	1	0.6	1	0	0
Escherichia coli	16	10.3	10	0	0
Proteus	1	0.6	1	0	0
Acinetobacter	10	6.4	8	6	75
Emofilo	1	0.6	0	0	0
Citrobacter	3	1.9	0	0	0
Morganella	1	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	4	2.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>93</b>	<b>59.6</b>	<b>62</b>	<b>18</b>	<b>29</b>
Candida albicans	5	3.2	0	0	0
Candida glabrata	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	7	4.5	0	0	0
Candida altra specie	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	4	2.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>19</b>	<b>12.2</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>

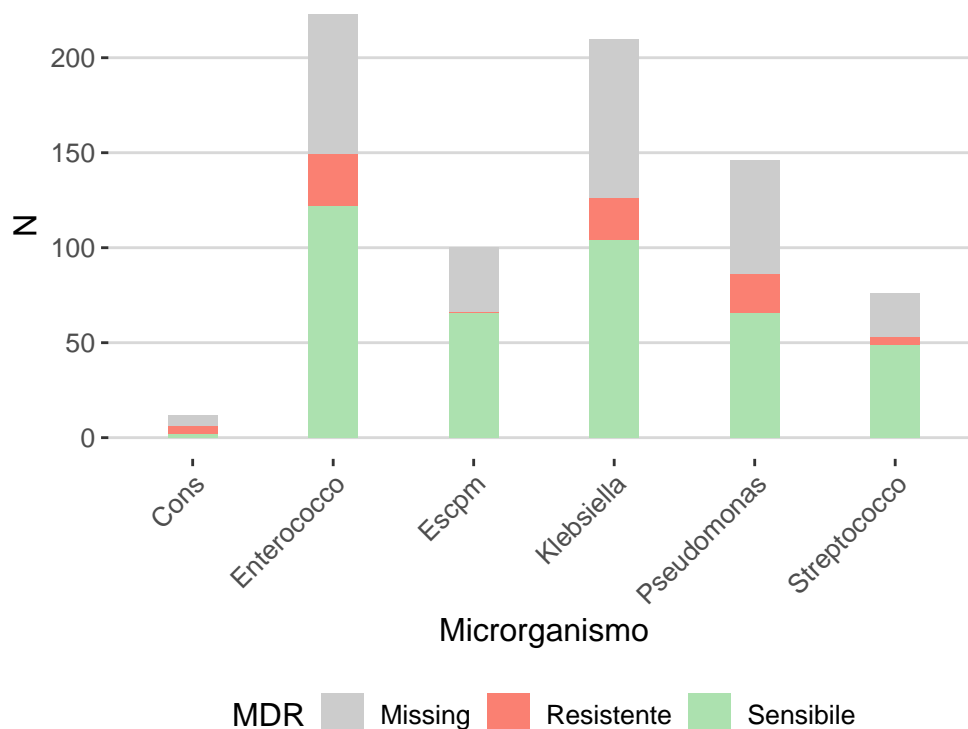
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.





Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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	16	Ertapenem	5	31.25
Klebsiella pneumoniae	19	Meropenem	5	26.32
Acinetobacter	8	Imipenem	6	75.00
Acinetobacter	8	Meropenem	6	75.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	4	40.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	2	20.00
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Enterococco faecalis	9	Vancomicina	1	11.11
Enterococco faecium	4	Vancomicina	2	50.00

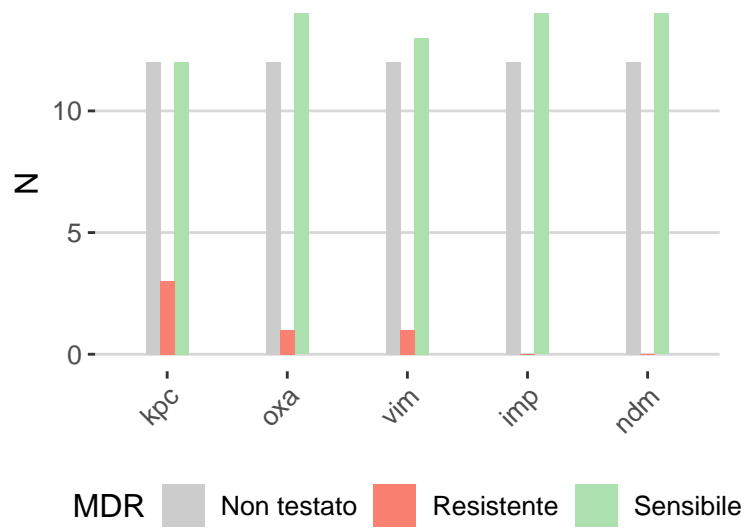
### 13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

	N	%
Sì	5	18.52
No	10	37.04
Non testato	12	44.44
Missing	40	

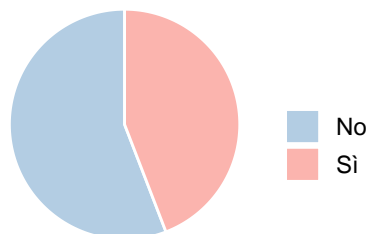
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	14	12
kpc	3	60	12	12
ndm	0	0	14	12

oxa	1	20	14	12
vim	1	20	13	12



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 111)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	62	55.9
Si	49	44.1
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	2.2	1.5 %
CI ( 95% )	1.8 - 2.7	1.3 - 1.9

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.

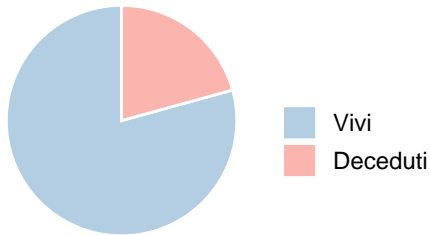
Il secondo:

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

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.

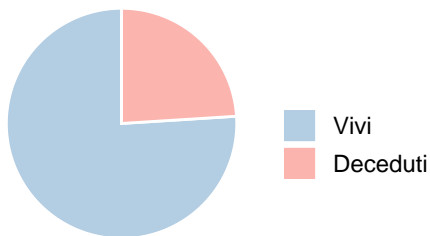
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	88	79.3
Deceduti	23	20.7
Missing	0	0

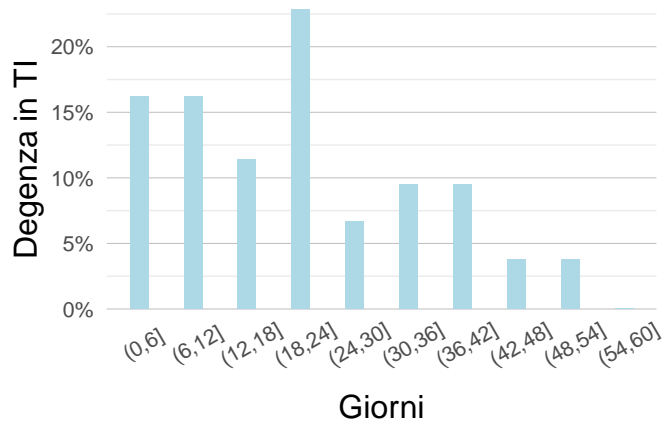
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	76	76.0
Deceduti	24	24.0
Missing	4	0

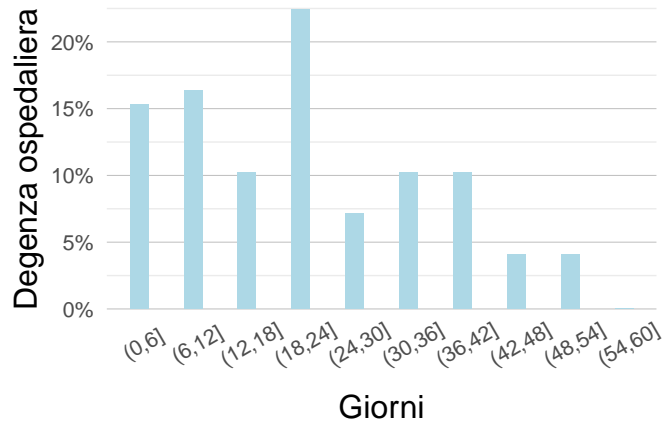
\* Statistiche calcolate su 104 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 7 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.6 (20.0)
Mediana (Q1-Q3)	20 (11-34.5)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*



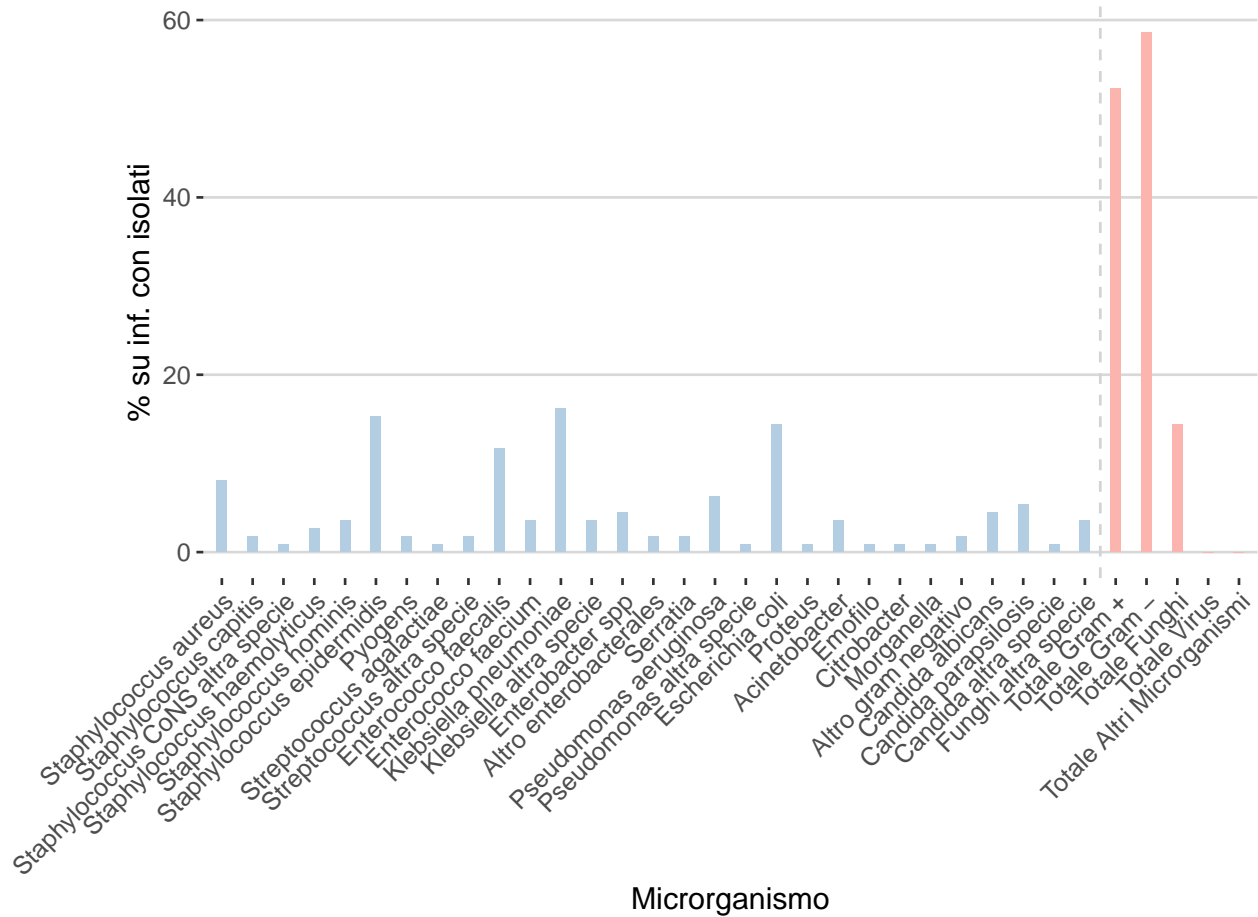
Indicatore	Valore
Media (DS)	44.1 (32.7)
Mediana (Q1-Q3)	38.5 (22-56)
Missing	4

\* Statistiche calcolate su 104 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 7 ).

### 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 = 111)

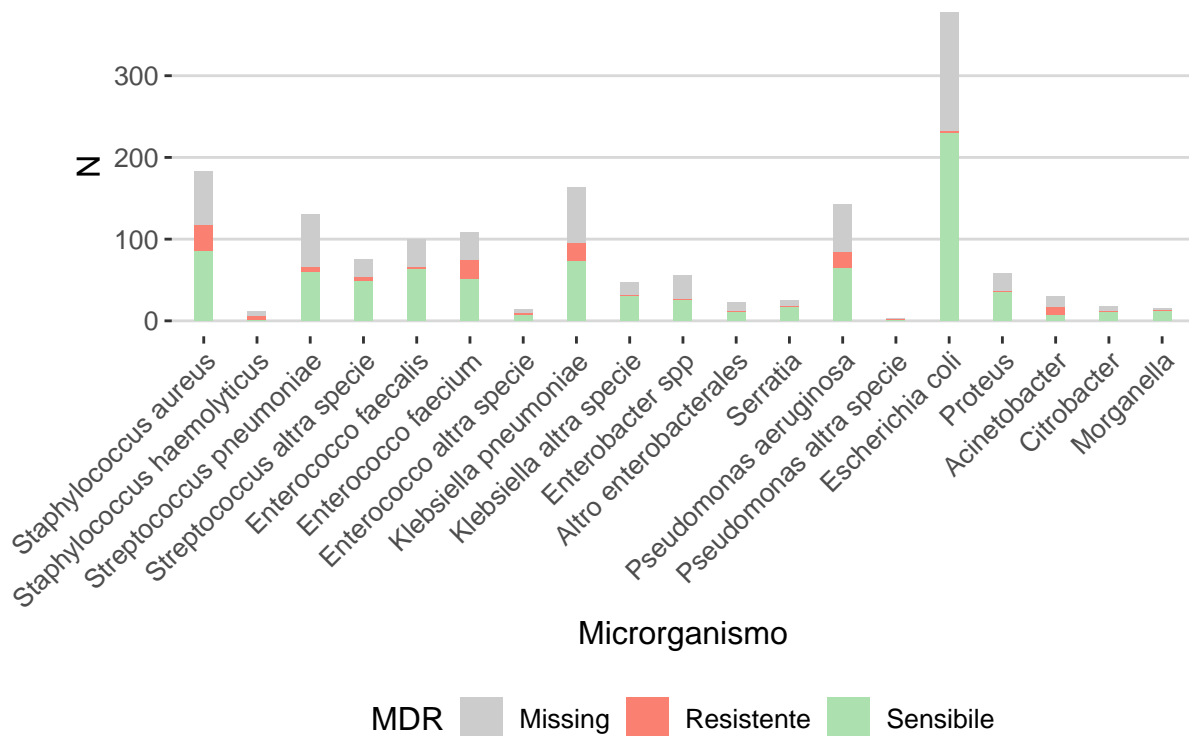


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	8.1	3	0	0
Staphylococcus capitis	2	1.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	2.7	2	1	50
Staphylococcus hominis	4	3.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	15.3	0	0	0
Pyogens	2	1.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.8	1	0	0
Enterococco faecalis	13	11.7	9	1	11.1
Enterococco faecium	4	3.6	4	2	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>58</b>	<b>52.3</b>	<b>19</b>	<b>4</b>	<b>21.1</b>
Klebsiella pneumoniae	18	16.2	16	7	43.8
Klebsiella altra specie	4	3.6	3	0	0
Enterobacter spp	5	4.5	3	0	0
Altro enterobacterales	2	1.8	0	0	0
Serratia	2	1.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	6.3	4	1	25
Pseudomonas altra specie	1	0.9	1	0	0
Escherichia coli	16	14.4	10	0	0
Proteus	1	0.9	1	0	0

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 111)

Acinetobacter	4	3.6	3	2	66.7
Emofilo	1	0.9	0	0	0
Citrobacter	1	0.9	0	0	0
Morganella	1	0.9	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>65</b>	<b>58.6</b>	<b>43</b>	<b>10</b>	<b>23.3</b>
Candida albicans	5	4.5	0	0	0
Candida parapsilosis	6	5.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	4	3.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>16</b>	<b>14.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	13	Ertapenem	5	38.46



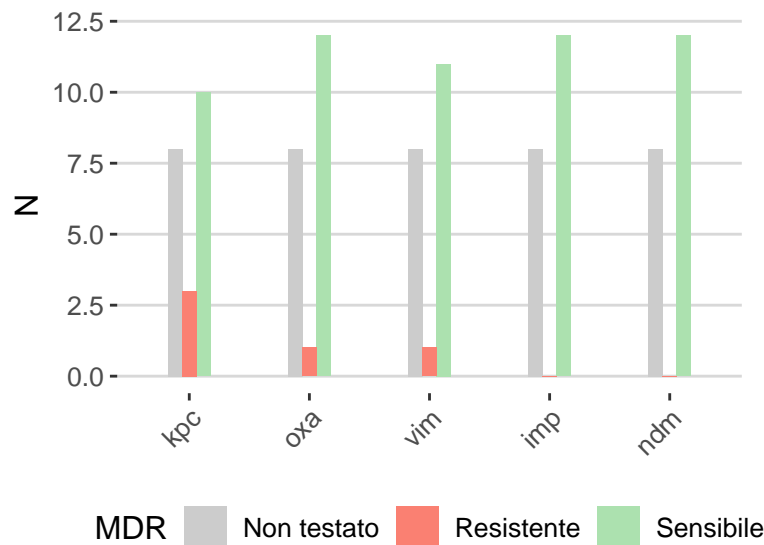
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	5	31.25
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25.00
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Enterococco faecalis	9	Vancomicina	1	11.11
Enterococco faecium	4	Vancomicina	2	50.00

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

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

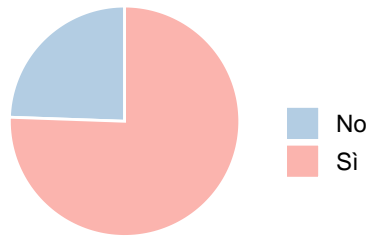
	N	%
Sì	5	23.81
No	8	38.1
Non testato	8	38.1
Missing	33	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	12	8
kpc	3	60	10	8
ndm	0	0	12	8
oxa	1	20	12	8
vim	1	20	11	8



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 45)

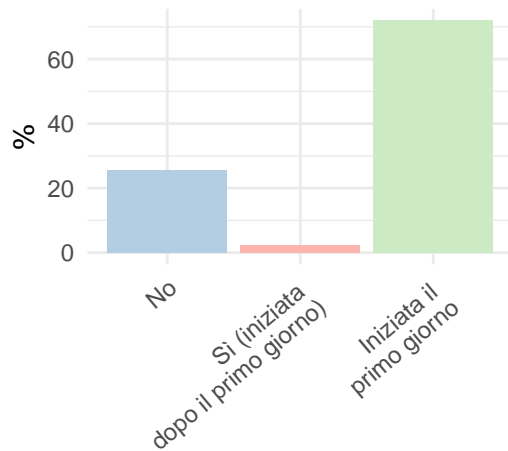
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	11	24.4
Sì	34	75.6
Missing	0	0

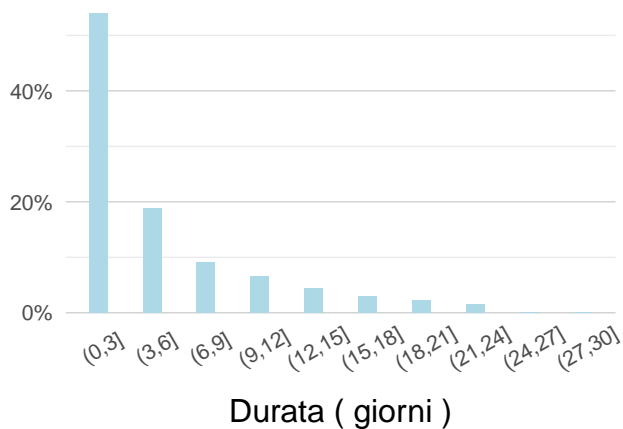
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 8880 )



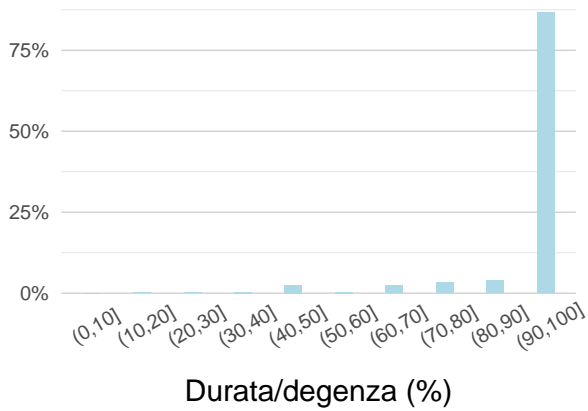
Cvc	N	%
No	2283	25.7
Sì	6595	74.3
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>6392</b>	<b>72.0</b>
Missing	2	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



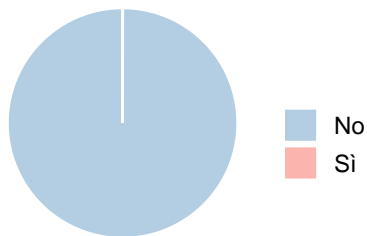
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.9 (9.6)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	9

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



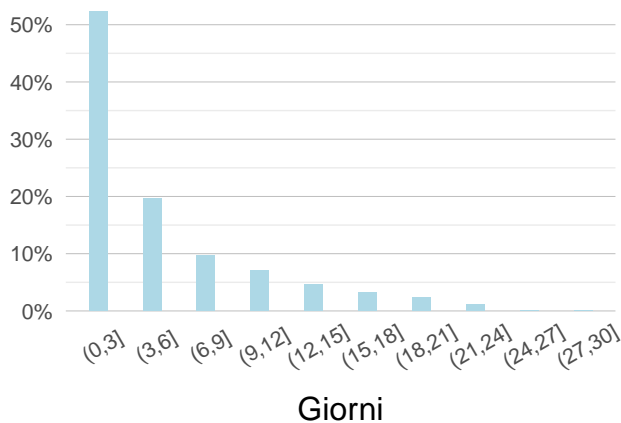
Indicatore	Valore
Media (DS)	95.6 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	10

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 8880 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	8874	100.0
Si	1	0.0
Missing	5	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	45
Media (DS)	12.6 (9.2)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-18)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.0	0.7 %
CI ( 95% )	0.7 - 1.3	0.5 - 0.9

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.

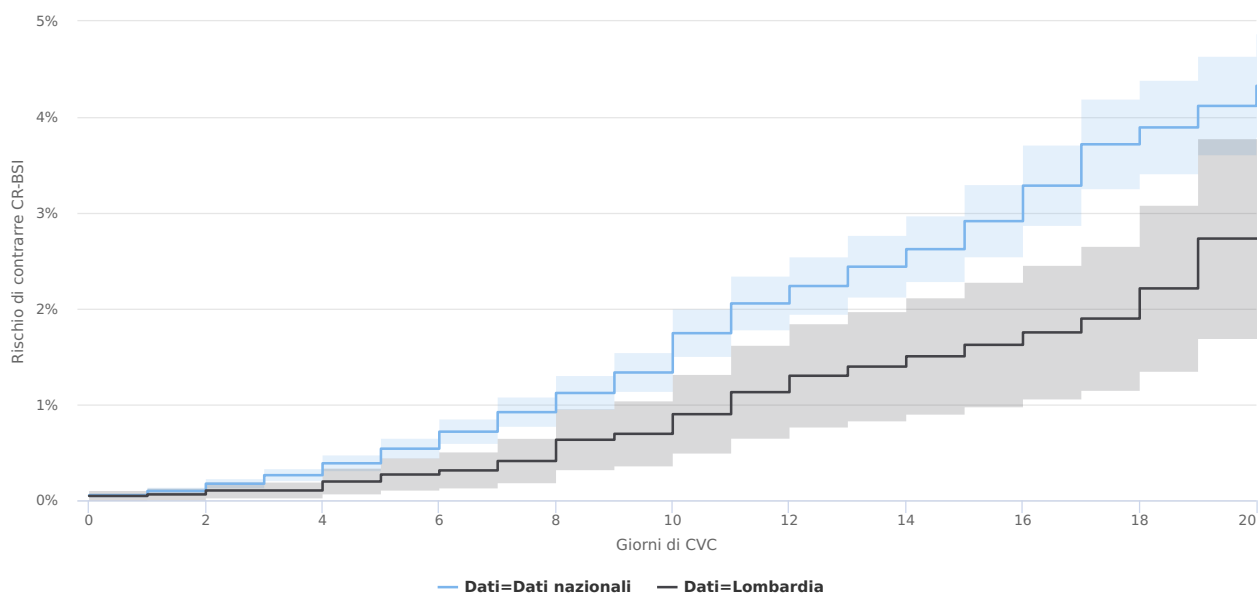
Il secondo invece:

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

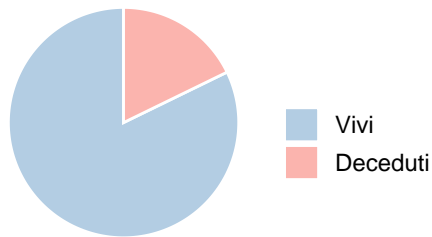
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

## 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

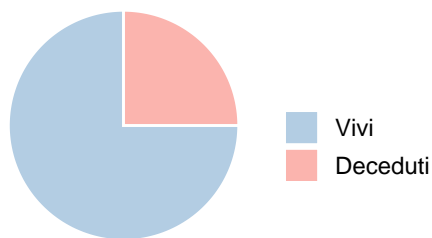


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	37	82.2
Deceduti	8	17.8
Missing	0	0

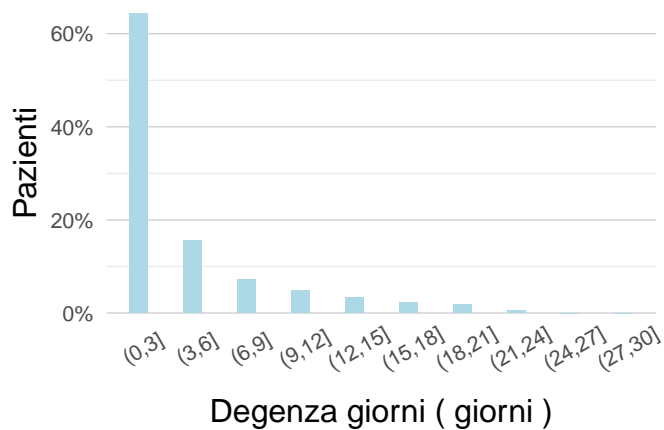
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	30	75.0
Deceduti	10	25.0
Missing	1	0

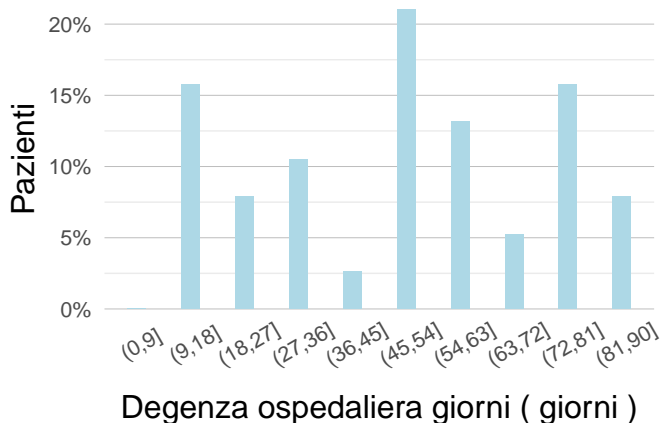
\* Statistiche calcolate su 41 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.2 (20.8)
Mediana (Q1-Q3)	27 (16-46)
Missing	0

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	55.4 (36.7)
Mediana (Q1-Q3)	52 (32.5-73.2)
Missing	1

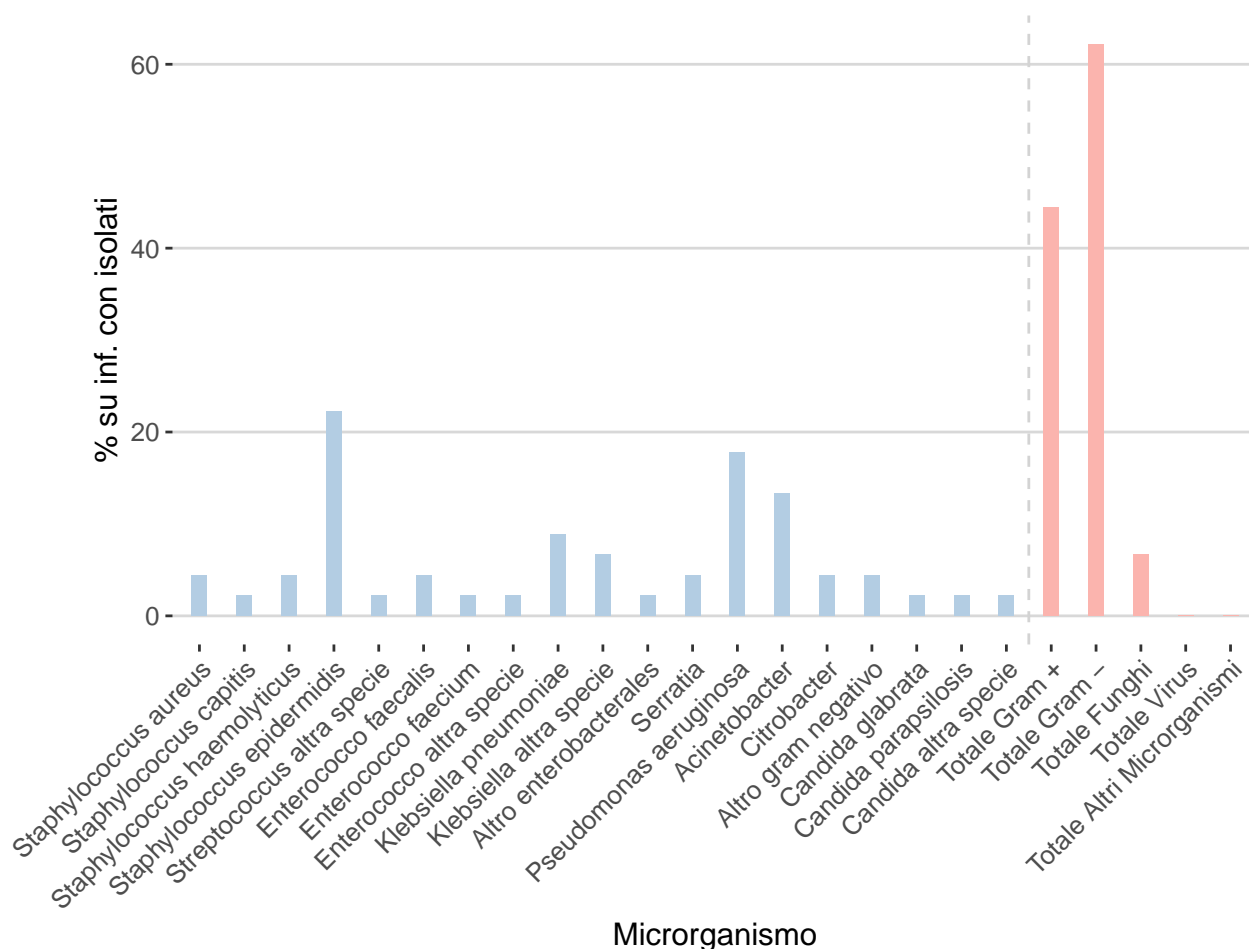
\* Statistiche calcolate su 41 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 4 ).

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	45	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>45</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>52</b>	

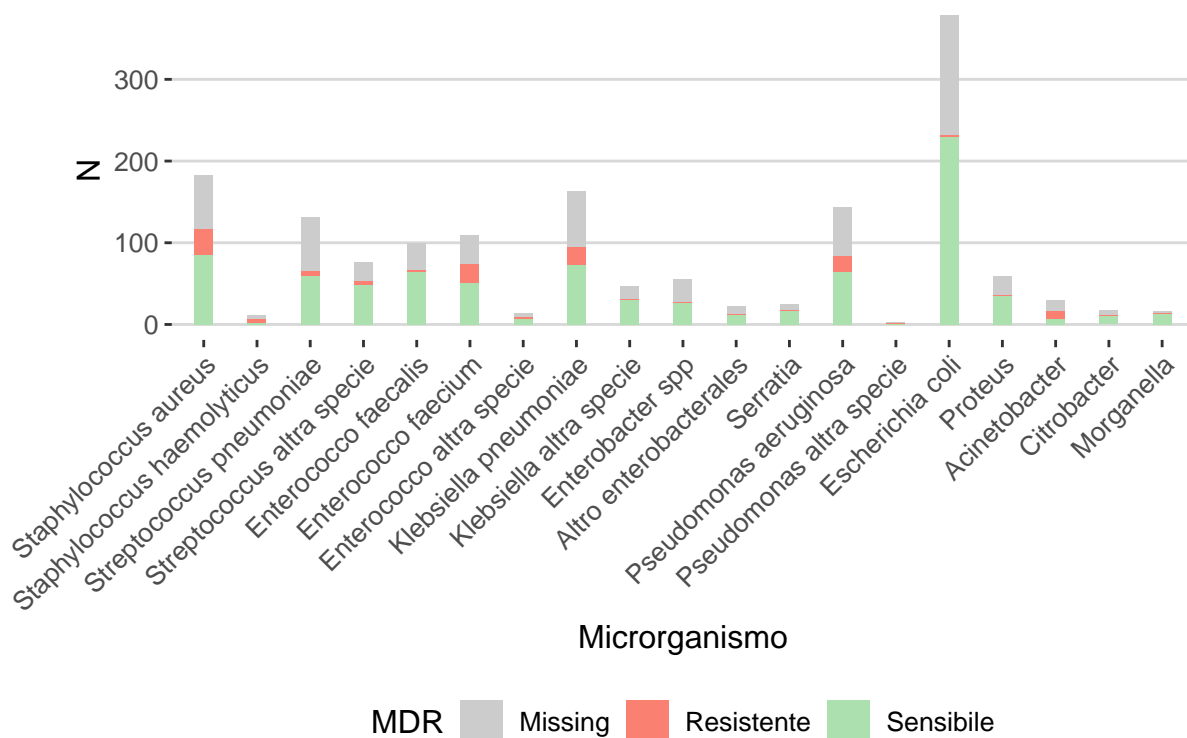
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	4.4	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	2.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	4.4	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	10	22.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.2	1	0	0
Enterococco faecalis	2	4.4	0	0	0
Enterococco faecium	1	2.2	0	0	0
Enterococco altra specie	1	2.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>20</b>	<b>44.4</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	4	8.9	3	0	0
Klebsiella altra specie	3	6.7	2	0	0
Altro enterobacteriales	1	2.2	1	0	0
Serratia	2	4.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	17.8	6	4	66.7
Acinetobacter	6	13.3	5	4	80
Citrobacter	2	4.4	0	0	0
Altro gram negativo	2	4.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>28</b>	<b>62.2</b>	<b>19</b>	<b>8</b>	<b>42.1</b>
Candida glabrata	1	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.2	0	0	0
Candida altra specie	1	2.2	0	0	0

<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>6.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

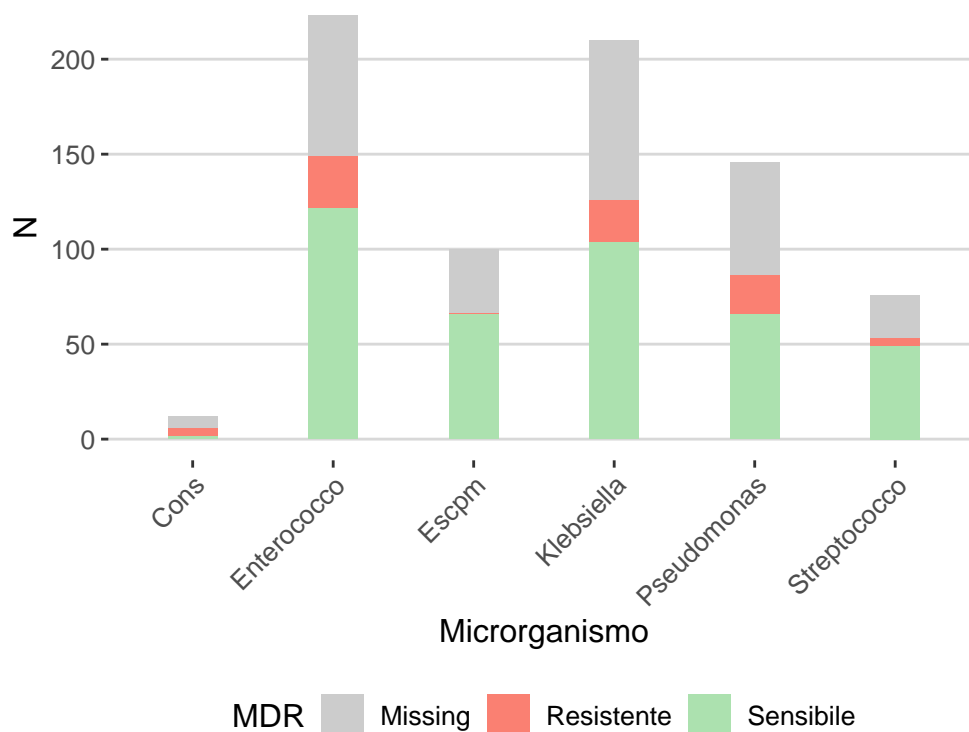
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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



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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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.

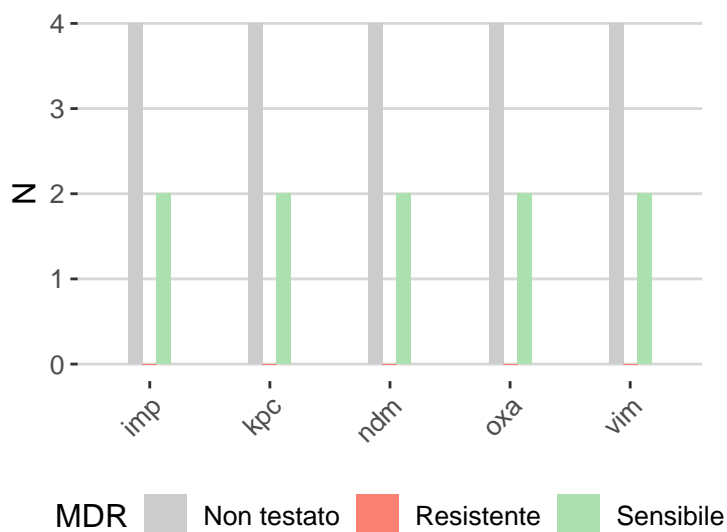
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	5	Imipenem	4	80.00
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80.00
Pseudomonas aeruginosa	6	Imipenem	3	50.00
Pseudomonas aeruginosa	6	Meropenem	2	33.33
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00

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

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

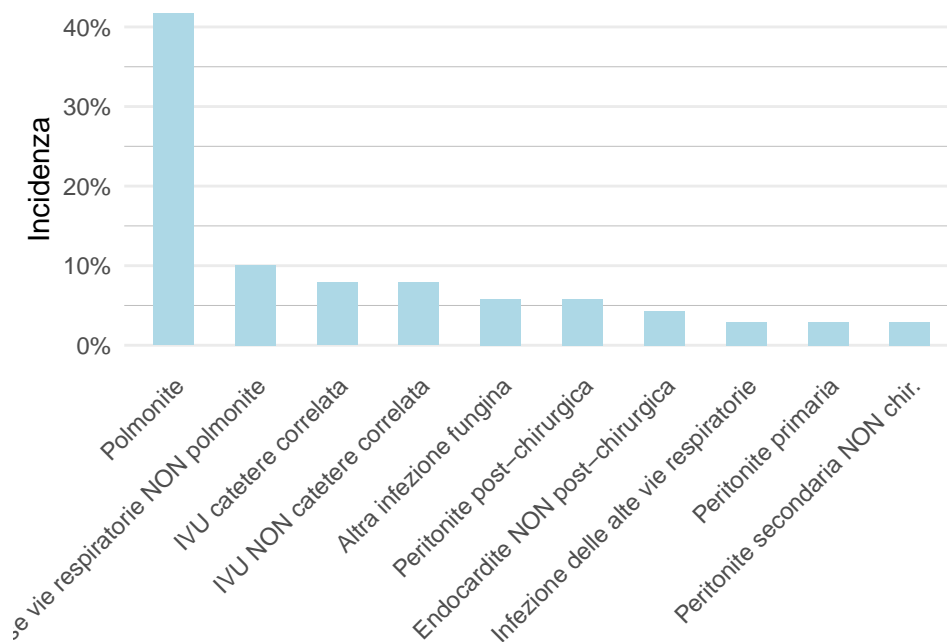
	N	%
Sì	0	0
No	2	33.33
Non testato	4	66.67
Missing	7	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	4
kpc	0	0	2	4
ndm	0	0	2	4
oxa	0	0	2	4
vim	0	0	2	4



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 139)

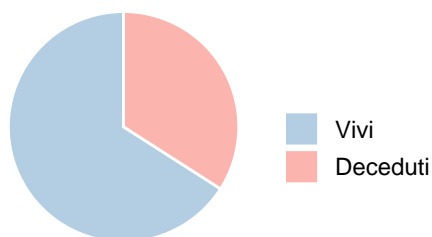
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

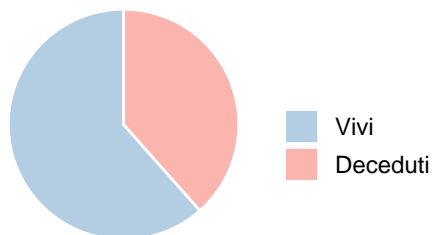
Infezione	N	%
Polmonite	58	41.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	14	10.1
IVU NON catetere correlata	11	7.9
IVU catetere correlata	11	7.9
Peritonite post-chirurgica	8	5.8
Altra infezione fungina	8	5.8
Endocardite NON post-chirurgica	6	4.3
Infezione delle alte vie respiratorie	4	2.9
Peritonite primaria	4	2.9
Peritonite secondaria NON chir.	4	2.9
Missing	11	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	91	65.9
Deceduti	47	34.1
Missing	1	0

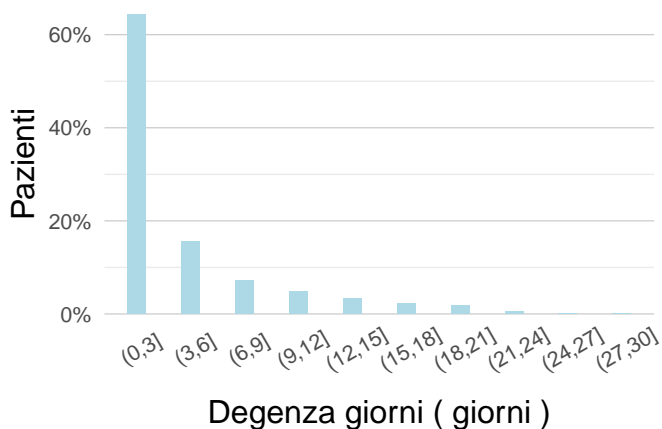
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	80	61.5
Deceduti	50	38.5
Missing	4	0

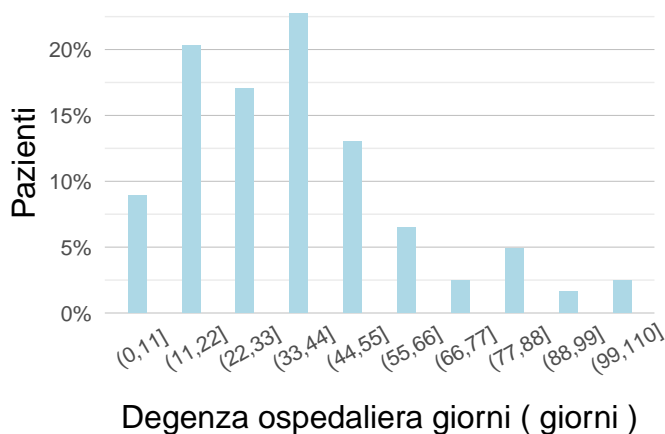
\* Statistiche calcolate su 134 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.0 (20.0)
Mediana (Q1-Q3)	20 (13-32)
Missing	1

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*

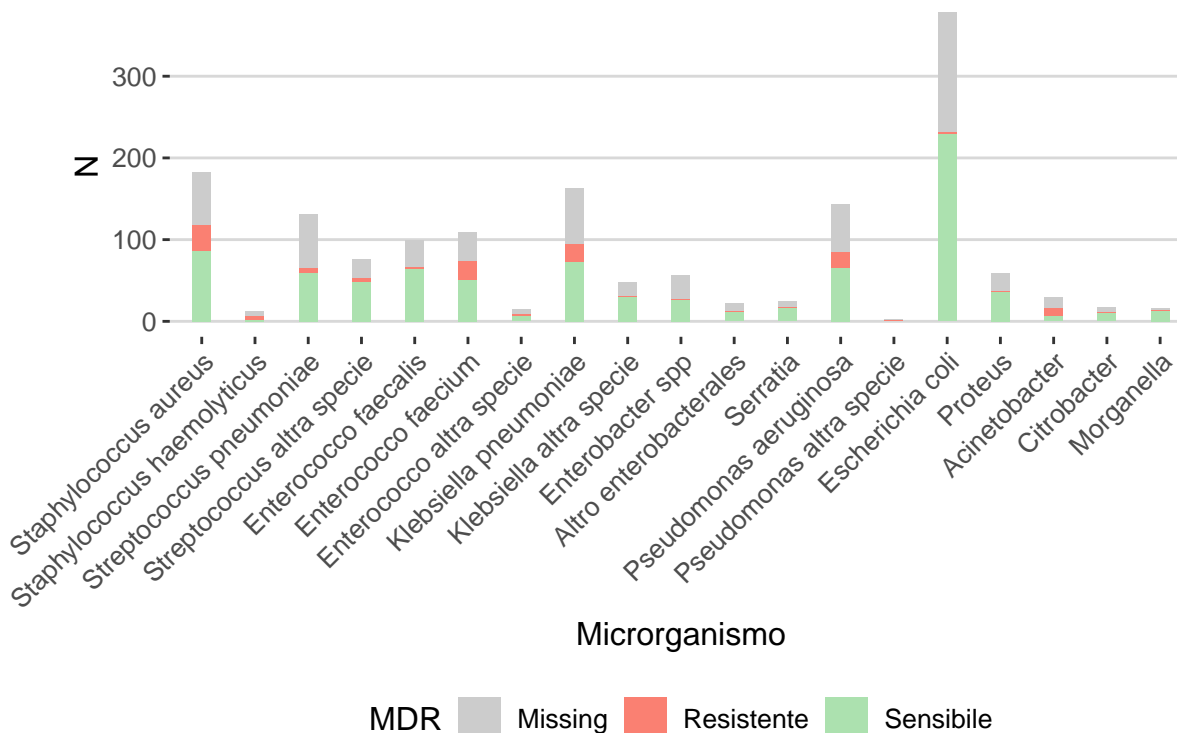


Indicatore	Valore
Media (DS)	44.9 (36.7)
Mediana (Q1-Q3)	38 (20.2-52.8)
Missing	4



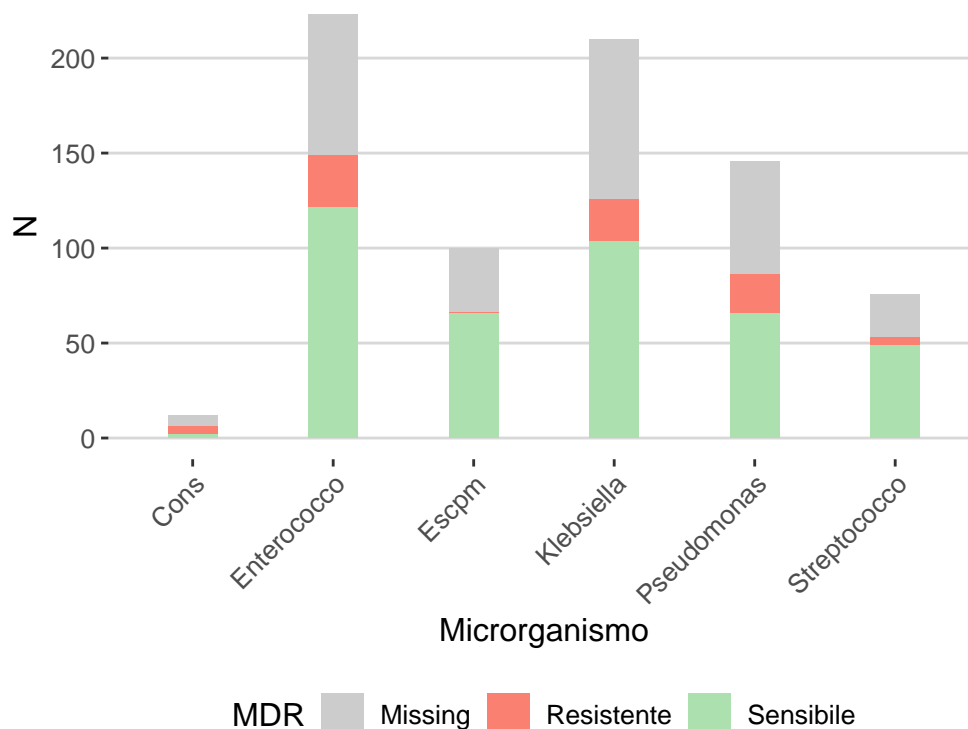
Staphylococcus capitis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.0	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	8	5.4	3	0	0
Enterococco faecium	7	4.7	2	1	50
Enterococco altra specie	1	0.7	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>48</b>	<b>32.2</b>	<b>17</b>	<b>2</b>	<b>11.8</b>
Klebsiella pneumoniae	25	16.8	15	1	6.7
Klebsiella altra specie	11	7.4	6	1	16.7
Enterobacter spp	10	6.7	6	0	0
Altro enterobacterales	4	2.7	3	0	0
Serratia	5	3.4	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	14.8	11	5	45.5
Pseudomonas altra specie	1	0.7	0	0	0
Escherichia coli	21	14.1	11	0	0
Proteus	2	1.3	1	0	0
Acinetobacter	10	6.7	8	6	75
Emofilo	5	3.4	0	0	0
Citrobacter	5	3.4	2	0	0
Altro gram negativo	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>122</b>	<b>81.9</b>	<b>66</b>	<b>13</b>	<b>19.7</b>
Candida albicans	9	6.0	0	0	0
Candida glabrata	4	2.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	3	2.0	0	0	0
Aspergillo	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>21</b>	<b>14.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	2	1.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>1.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>0.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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	15	Ertapenem	1	6.67
Klebsiella altra specie	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	8	Imipenem	6	75.00
Acinetobacter	8	Meropenem	6	75.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	5	45.45
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	3	27.27
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	1	10.00
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

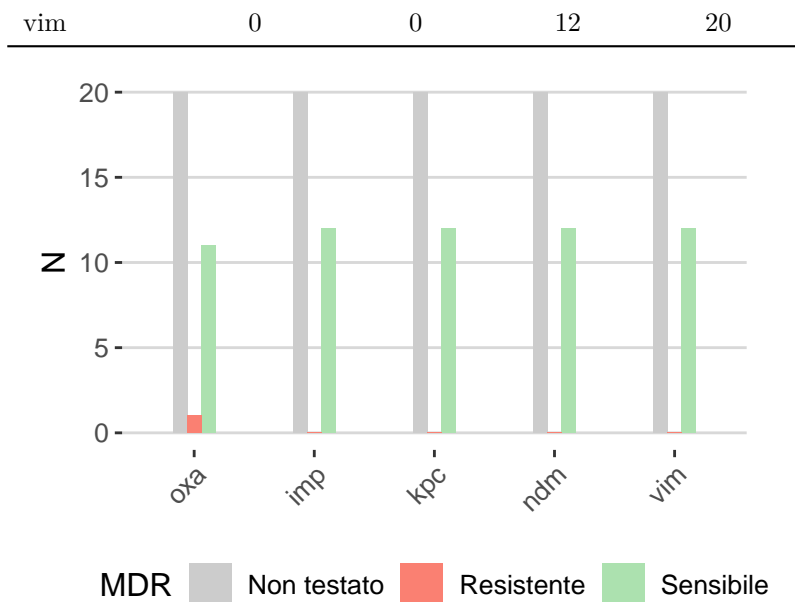
### 16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

	N	%
Sì	1	3.12
No	11	34.38
Non testato	20	62.5
Missing	51	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	12	20
kpc	0	0	12	20
ndm	0	0	12	20
oxa	1	100	11	20

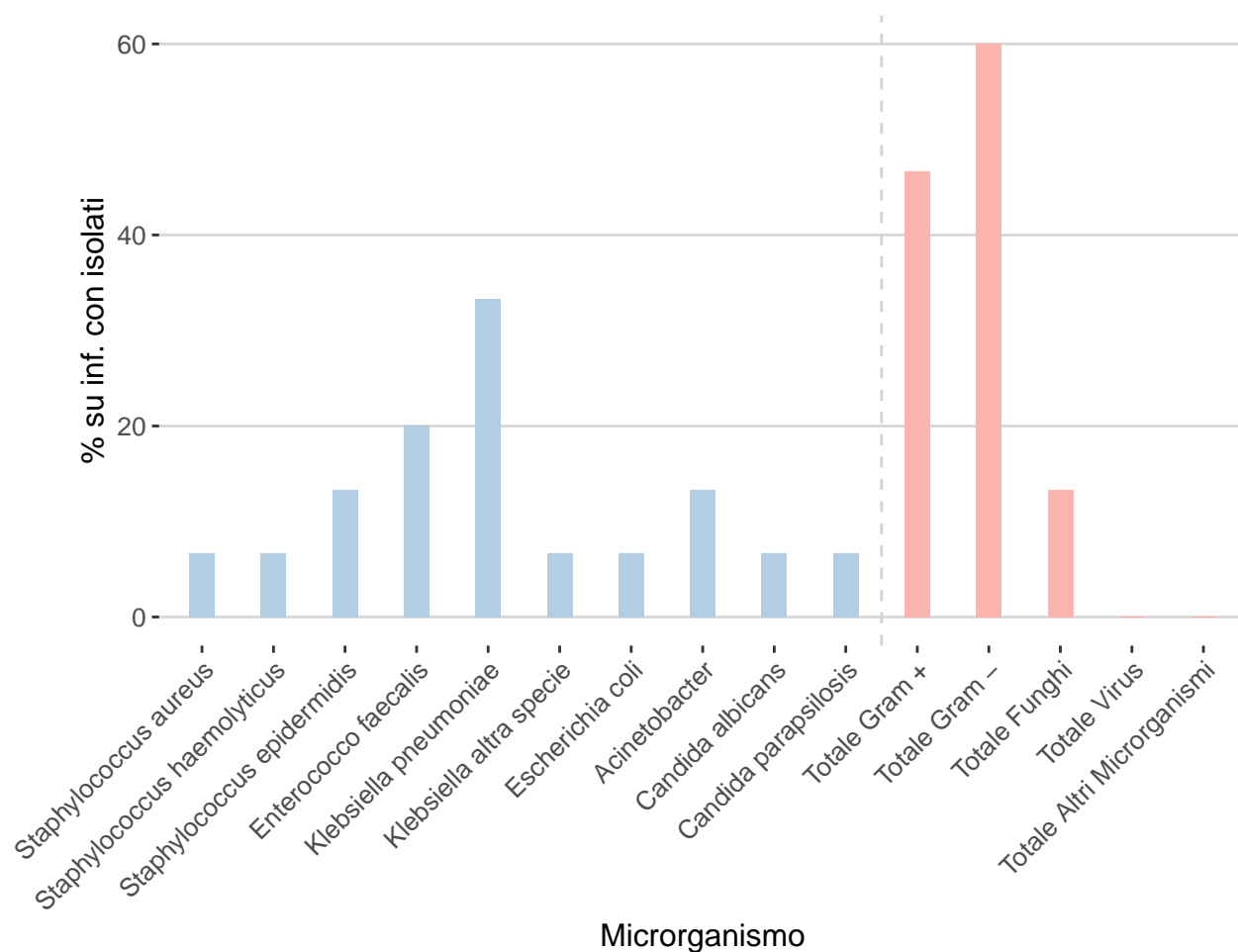




## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 15)

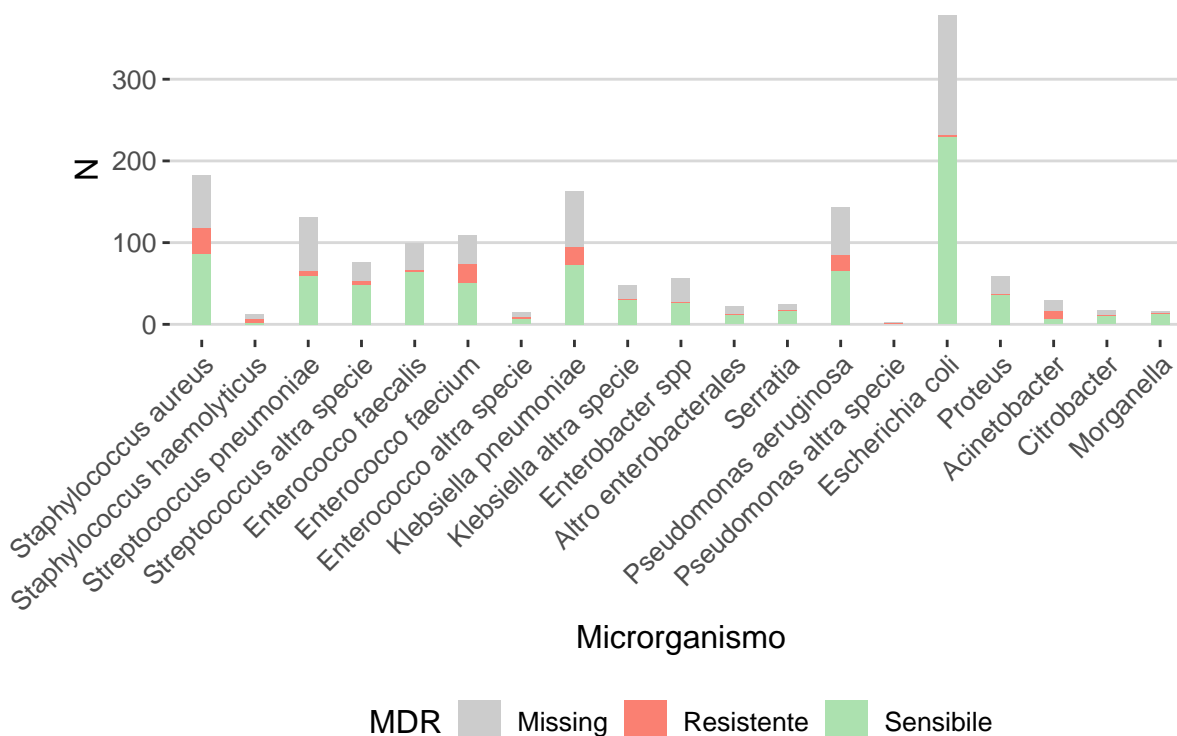
### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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



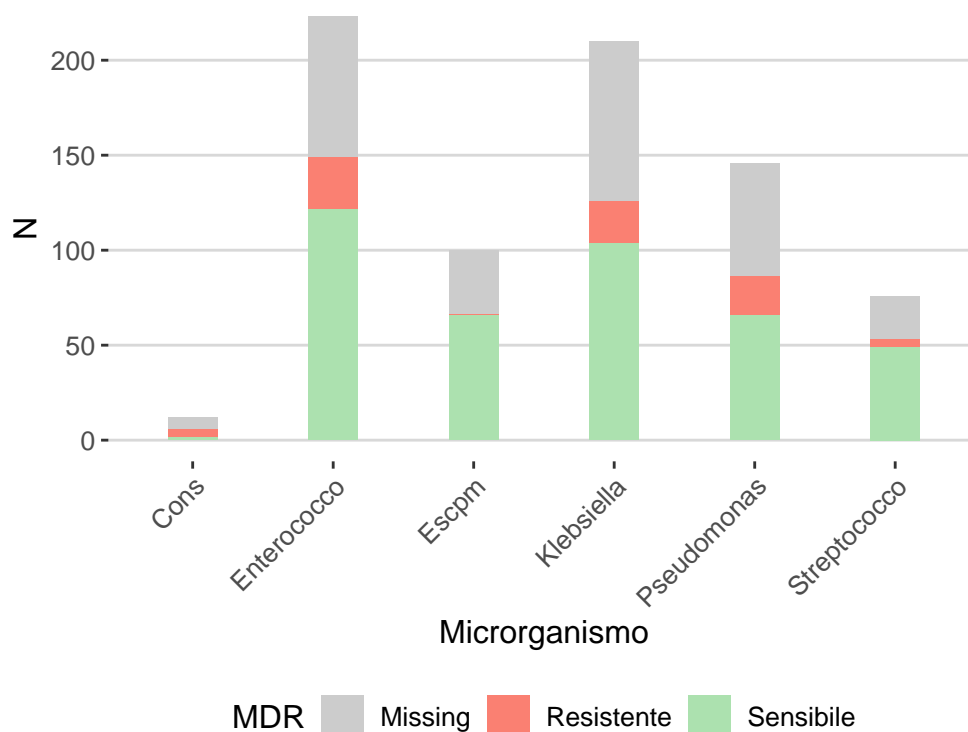
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	6.7	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	6.7	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	2	13.3	0	0	0
Enterococco faecalis	3	20.0	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>7</b>	<b>46.7</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	5	33.3	5	3	60
Klebsiella altra specie	1	6.7	1	0	0
Escherichia coli	1	6.7	1	0	0
Acinetobacter	2	13.3	2	1	50
<b>Totale Gram -</b>	<b>9</b>	<b>60.0</b>	<b>9</b>	<b>4</b>	<b>44.4</b>
Candida albicans	1	6.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	6.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>13.3</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, Influenza tipo non specificato ). 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	12	6	2	4	66.67	6
Enterococco	223	149	122	27	18.12	74
Escpm	100	66	66	0	0.00	34
Klebsiella	210	126	104	22	17.46	84
Pseudomonas	146	86	66	20	23.26	60
Streptococco	76	53	49	4	7.55	23

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	3	60
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	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	3	

## 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