

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

| | |
|--|-----------|
| Petalò Infectionlight | 4 |
| 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti | 5 |
| 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti | 6 |
| 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti * | 7 |
| 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti | 8 |
| 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti * | 9 |
| 1.5 Gravità dell'infezione | 10 |
| 2 Tutti i pazienti (N = 6362) | 13 |
| 2.1 Sesso | 13 |
| 2.2 Età | 13 |
| 2.3 Degenza Pre TI (giorni) | 13 |
| 2.4 Provenienza (reparto) | 14 |
| 2.5 Trauma | 14 |
| 2.6 Stato Chirurgico | 14 |
| 2.7 Motivo di ammissione | 15 |
| 2.8 Insufficienza neurologica | 15 |
| 2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore | 15 |
| 2.10 Insufficienza neurologica insorta | 16 |
| 2.11 Mortalità in TI | 16 |
| 2.12 Mortalità ospedaliera * | 16 |
| 2.13 Degenza in TI (giorni) | 17 |
| 2.14 Degenza ospedaliera (giorni) * | 17 |
| 3 Pazienti infetti (N = 2870) | 18 |
| 3.1 Gravità massima dell'infezione | 18 |
| 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione | 18 |
| 4 Pazienti non infetti (N = 3457) | 19 |
| 4.1 Sesso | 19 |
| 4.2 Età | 19 |
| 4.3 Degenza Pre TI (giorni) | 19 |
| 4.4 Provenienza (reparto) | 20 |
| 4.5 Trauma | 20 |
| 4.6 Stato Chirurgico | 20 |
| 4.7 Motivo di ammissione | 21 |
| 4.8 Insufficienza neurologica | 21 |
| 4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore | 21 |
| 4.10 Insufficienza neurologica insorta | 22 |
| 4.11 Mortalità in TI | 22 |
| 4.12 Mortalità ospedaliera * | 22 |
| 4.13 Degenza in TI (giorni) | 23 |
| 4.14 Degenza ospedaliera (giorni) * | 23 |

| | |
|---|-----------|
| PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE | 24 |
| 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2414) | 25 |
| 5.1 Provenienza (reparto) | 25 |
| 5.2 Trauma | 25 |
| 5.3 Stato Chirurgico | 25 |
| 5.4 Motivo di ammissione | 26 |
| 5.5 Infezioni all'ammissione (top 10) | 26 |
| 5.6 Infezione multisito | 27 |
| 5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione | 27 |
| 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione | 27 |
| 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 474) | 33 |
| 6.1 Tipologia di peritonite | 33 |
| 6.2 Tipo di infezione | 33 |
| 6.3 Infezione batteriémica | 33 |
| 6.4 Infezioni multisito | 34 |
| 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * | 34 |
| 6.6 Mortalità in TI | 34 |
| 6.7 Mortalità ospedaliera * | 34 |
| 6.8 Degenza in TI (giorni) | 35 |
| 6.9 Degenza ospedaliera (giorni)* | 35 |
| 6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione | 36 |
| 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 876) | 41 |
| 7.1 Trauma | 41 |
| 7.2 Stato Chirurgico | 41 |
| 7.3 Tipo di infezione | 41 |
| 7.4 Infezione batteriémica | 42 |
| 7.5 Infezioni multisito | 42 |
| 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * | 42 |
| 7.7 Mortalità in TI | 43 |
| 7.8 Mortalità ospedaliera * | 43 |
| 7.9 Degenza in TI (giorni) | 43 |
| 7.10 Degenza ospedaliera (giorni)* | 44 |
| 7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti | 44 |
| 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI | 49 |
| PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA | 55 |
| 8 Pazienti infetti in degenza (N = 752) | 56 |
| 8.1 Sesso | 56 |
| 8.2 Età | 56 |
| 8.3 Degenza Pre TI (giorni) | 56 |
| 8.4 Provenienza (reparto) | 57 |
| 8.5 Trauma | 57 |
| 8.6 Stato Chirurgico | 57 |
| 8.7 Motivo di ammissione | 58 |
| 8.8 Insufficienza neurologica | 58 |
| 8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore | 58 |
| 8.10 Insufficienza neurologica insorta | 59 |
| 8.11 Mortalità in TI | 59 |
| 8.12 Mortalità ospedaliera * | 59 |
| 8.13 Degenza in TI (giorni) | 60 |
| 8.14 Degenza ospedaliera (giorni)* | 60 |

| | | |
|-----------|---|------------|
| 8.15 | Infezioni in degenza (top 10) | 61 |
| 8.16 | Infezione multisito | 61 |
| 8.17 | Infezioni in degenza | 62 |
| 8.18 | Giorni per contrarre l'infezione | 62 |
| 8.19 | Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 | 62 |
| 8.20 | Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti | 63 |
| 8.21 | Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza | 65 |
| 9 | Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 296) | 70 |
| 9.1 | Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza | 70 |
| 10 | Pazienti infetti solo in degenza (N = 456) | 76 |
| 10.1 | Gravità massima dell'infezione | 76 |
| 10.2 | Mortalità per gravità dell'infezione | 76 |
| 10.3 | Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza | 76 |
| 10.4 | Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza | 82 |
| 11 | Pazienti con polmonite in degenza (N = 292) | 83 |
| 11.1 | Trauma | 83 |
| 11.2 | Stato Chirurgico | 83 |
| 11.3 | Infezione batteriémica | 83 |
| 11.4 | Infezioni multisito | 84 |
| 11.5 | Nuovi episodi oltre il primo | 84 |
| 11.6 | Polmonite associata a ventilazione (VAP) * | 84 |
| 11.7 | Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza | 85 |
| 12 | Pazienti con VAP in degenza (N = 249) | 88 |
| 12.1 | VAP precoce | 88 |
| 12.2 | Diagnosi | 88 |
| 12.3 | Criteri diagnostici microbiologici | 89 |
| 12.4 | Fattori di rischio per VAP (N = 6362) | 90 |
| 12.5 | Giorni di VM pre-VAP | 91 |
| 12.6 | Incidenza di VAP | 91 |
| 12.7 | Mortalità in TI | 92 |
| 12.8 | Mortalità ospedaliera * | 93 |
| 12.9 | Degenza in TI (giorni) | 93 |
| 12.10 | Degenza ospedaliera (giorni) * | 93 |
| 12.11 | Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP | 94 |
| 12.12 | Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe | 97 |
| 12.13 | Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) | 101 |
| 13 | Pazienti con batteriémia in degenza (N = 289) | 105 |
| 13.1 | Trauma | 105 |
| 13.2 | Stato Chirurgico | 105 |
| 13.3 | Tipologia | 105 |
| 13.4 | Nuovi episodi oltre il primo | 106 |
| 13.5 | Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza | 106 |
| 14 | Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 104) | 111 |
| 14.1 | Infezioni multisito | 111 |
| 14.2 | Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta) | 111 |
| 14.3 | Mortalità in TI | 112 |
| 14.4 | Mortalità ospedaliera * | 112 |
| 14.5 | Degenza in TI (giorni) | 112 |
| 14.6 | Degenza ospedaliera (giorni) * | 113 |

| | | |
|------------------|--|------------|
| 14.7 | Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza | 113 |
| 15 | Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 92) | 117 |
| 15.1 | Infezione multisito | 117 |
| 15.2 | Fattori di rischio | 117 |
| 15.3 | Giorni di CVC pre-batteriemia | 118 |
| 15.4 | Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) | 119 |
| 15.5 | Rischio di contrarre CR-BSI | 119 |
| 15.6 | Mortalità in TI | 120 |
| 15.7 | Mortalità ospedaliera * | 120 |
| 15.8 | Degenza in TI (giorni) | 120 |
| 15.9 | Degenza ospedaliera (giorni)* | 121 |
| 15.10 | Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza | 121 |
| 16 | Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 130) | 126 |
| 16.1 | Infezioni associate (top 10) | 126 |
| 16.2 | Mortalità in TI | 126 |
| 16.3 | Mortalità ospedaliera * | 127 |
| 16.4 | Degenza in TI (giorni) | 127 |
| 16.5 | Degenza ospedaliera (giorni)* | 127 |
| 16.6 | Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza | 128 |
| 17 | Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 18) | 132 |
| 17.1 | Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) | 132 |
| Appendice | | 136 |
| | Definizione di MDR | 136 |
| | Raggruppamento Microrganismi | 136 |

Petalo Infectionlight

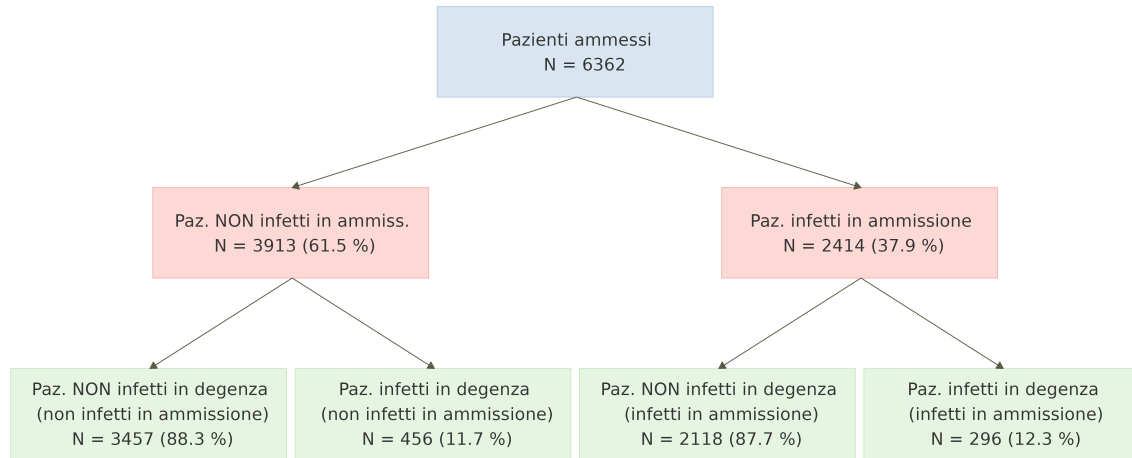
Anno 2023

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

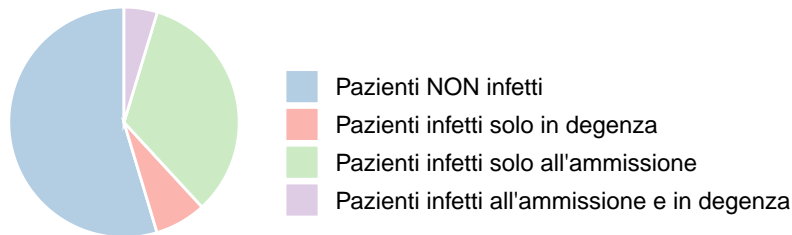
Popolazione complessiva: 25 TI

TI Piemonte

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



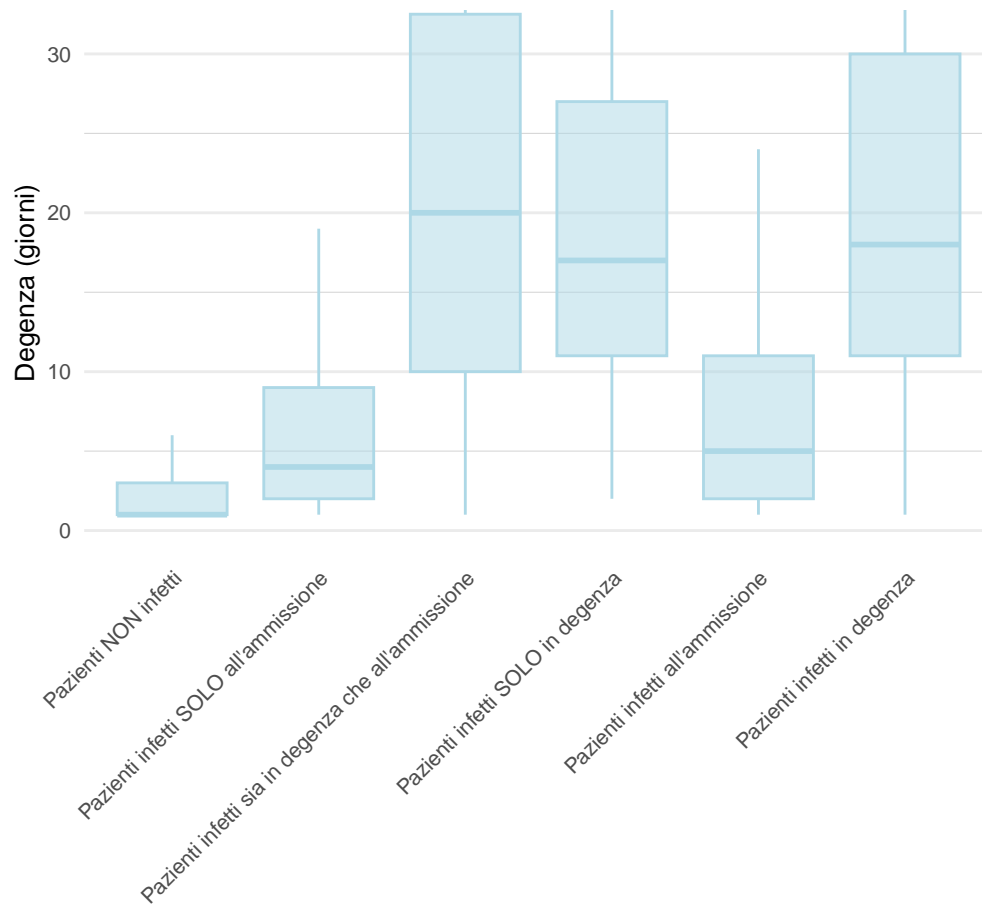
Per N = 35 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



| Pazienti | N | % |
|--|------|------|
| Pazienti NON infetti | 3457 | 54.6 |
| Pazienti infetti solo in degenza | 456 | 7.2 |
| Pazienti infetti solo all'ammissione | 2118 | 33.5 |
| Pazienti infetti all'ammissione e in degenza | 296 | 4.7 |

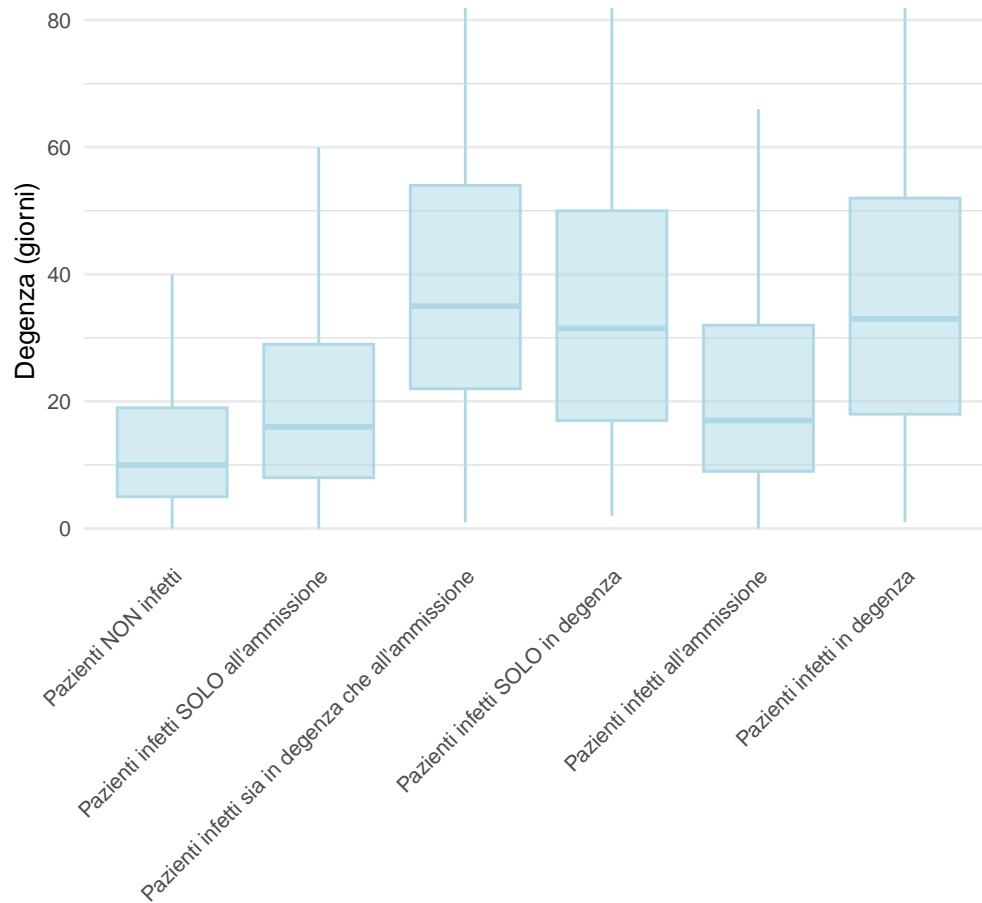
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 6327).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



| Degenza in TI (giorni) | | | | |
|--|------|------|---------|-------------|
| Pazienti | N | % | Mediana | (Q1 - Q3) |
| Pazienti NON infetti | 3457 | 54.3 | 1 | (1 - 3) |
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 2118 | 33.3 | 4 | (2 - 9) |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 296 | 4.7 | 20 | (10 - 32) |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 456 | 7.2 | 17 | (11 - 27) |
| Pazienti infetti all'ammissione | 2414 | 37.9 | 5 | (2 - 11) |
| Pazienti infetti in degenza | 752 | 11.8 | 18 | (11 - 30) |

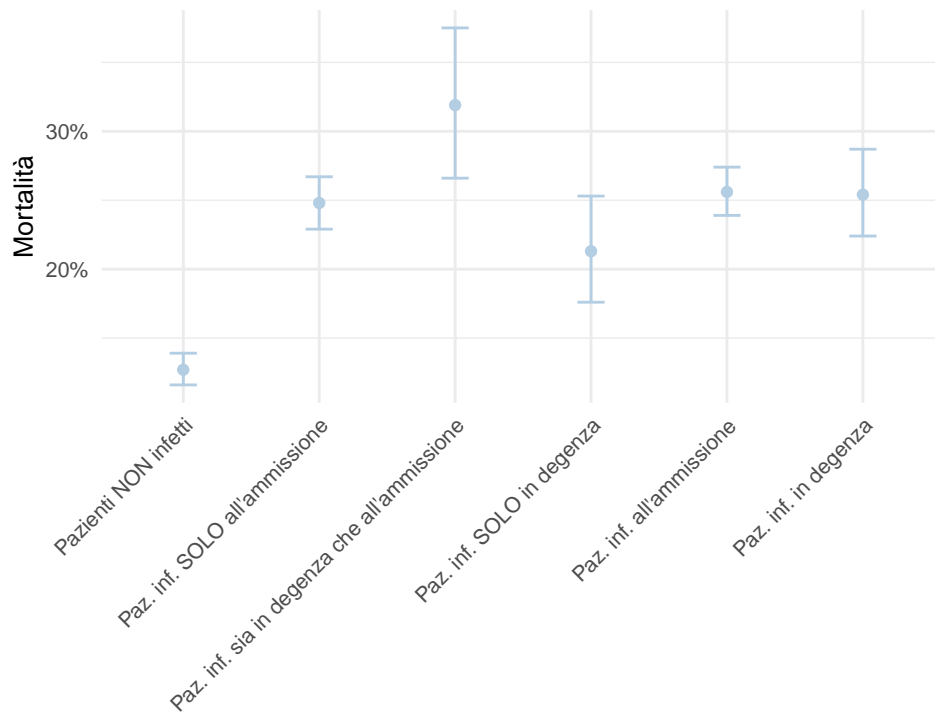
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



| Degenza ospedaliera (giorni) | | | | |
|--|------|------|---------|-------------|
| Pazienti | N | % | Mediana | (Q1 - Q3) |
| Pazienti NON infetti | 3457 | 54.3 | 10 | (5 - 19) |
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 2118 | 33.3 | 16 | (8 - 29) |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 296 | 4.7 | 35 | (22 - 54) |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 456 | 7.2 | 32 | (17 - 50) |
| Pazienti infetti all'ammissione | 2414 | 37.9 | 17 | (9 - 32) |
| Pazienti infetti in degenza | 752 | 11.8 | 33 | (18 - 52) |

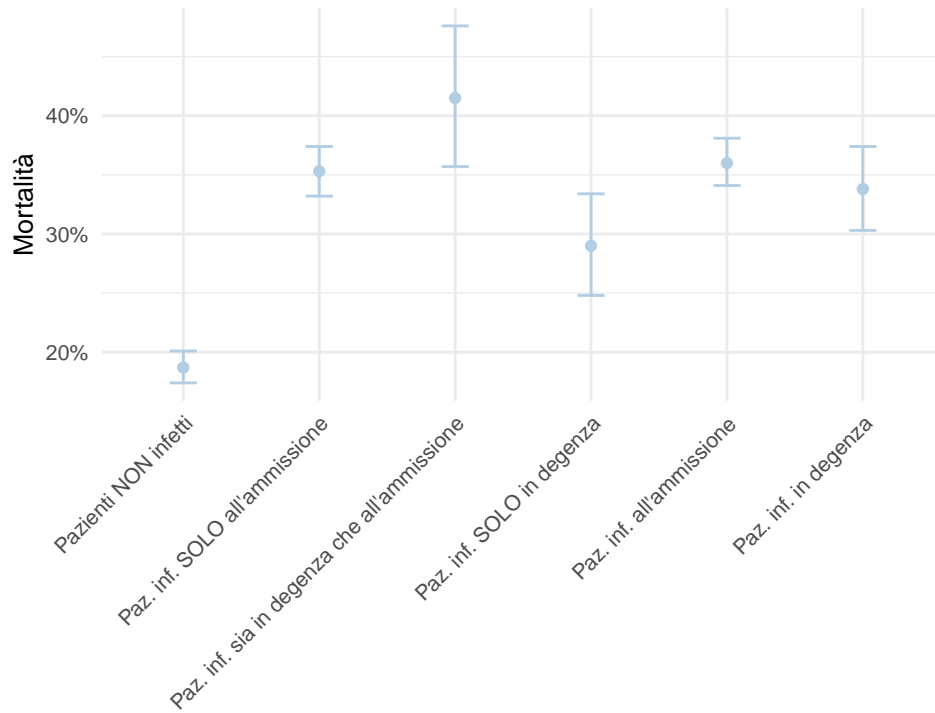
* escluse le riammissioni (N = 185)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



| Mortalità in TI | | | | |
|--|------|---------|-----------|--------------------------|
| Pazienti | N | N morti | Mortalità | Intervallo di confidenza |
| Pazienti NON infetti | 3457 | 439 | 12.7 | (11.6 - 13.9) |
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 2118 | 524 | 24.8 | (22.9 - 26.7) |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 296 | 94 | 31.9 | (26.6 - 37.5) |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 456 | 97 | 21.3 | (17.6 - 25.3) |
| Pazienti infetti all'ammissione | 2414 | 618 | 25.6 | (23.9 - 27.4) |
| Pazienti infetti in degenza | 752 | 191 | 25.4 | (22.4 - 28.7) |

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

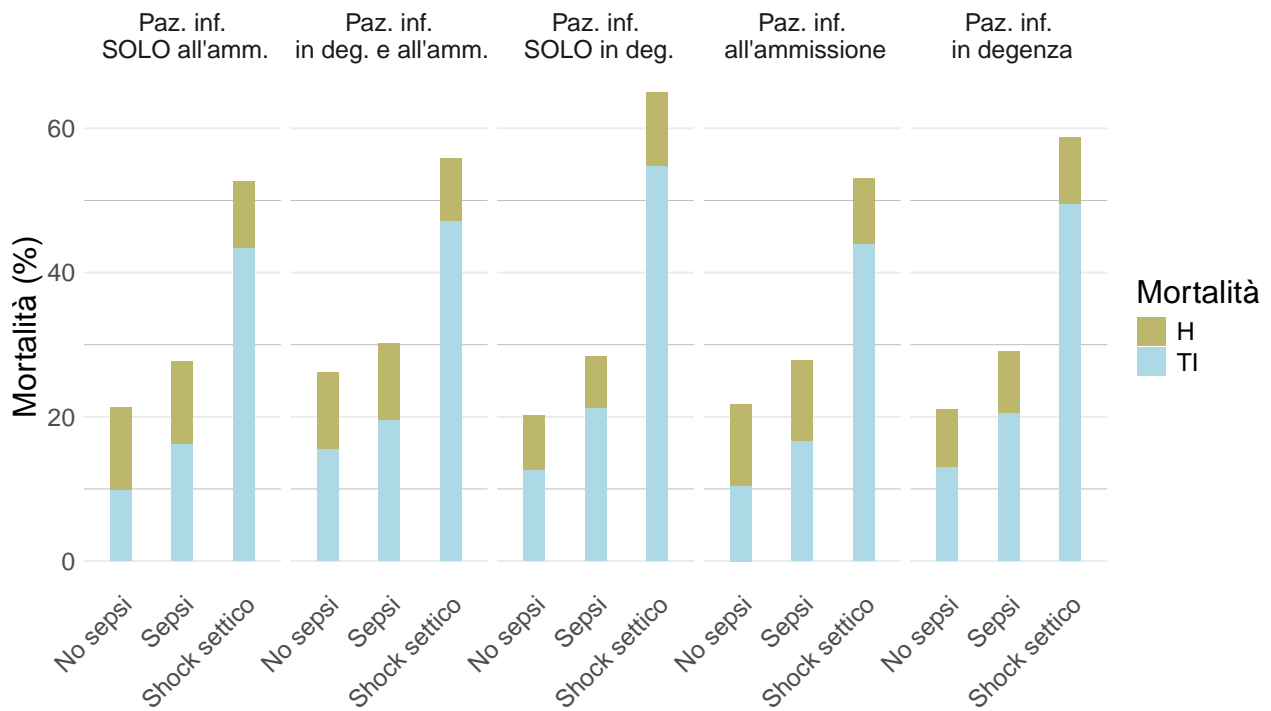


| Mortalità ospedaliera | | | | |
|--|------|---------|-----------|--------------------------|
| Pazienti | N | N morti | Mortalità | Intervallo di confidenza |
| Pazienti NON infetti | 3457 | 632 | 18.7 | (17.4 - 20.1) |
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 2118 | 708 | 35.3 | (33.2 - 37.4) |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 296 | 115 | 41.5 | (35.7 - 47.6) |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 456 | 128 | 29.0 | (24.8 - 33.4) |
| Pazienti infetti all'ammissione | 2414 | 823 | 36.0 | (34.1 - 38.1) |
| Pazienti infetti in degenza | 752 | 243 | 33.8 | (30.3 - 37.4) |

* escluse le riammissioni (N = 185)

1.5 Gravità dell'infezione

| Pazienti | N | No sepsi | Sepsi | Shock settico | % no sepsi | % sepsi | % shock settico |
|--|------|----------|-------|---------------|------------|---------|-----------------|
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 2118 | 483 | 860 | 774 | 22.8 | 40.6 | 36.6 |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 296 | 45 | 113 | 138 | 15.2 | 38.2 | 46.6 |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 456 | 238 | 155 | 62 | 52.3 | 34.1 | 13.6 |
| Pazienti infetti all'ammissione | 2414 | 528 | 973 | 912 | 21.9 | 40.3 | 37.8 |
| Pazienti infetti in degenza | 752 | 283 | 268 | 200 | 37.7 | 35.7 | 26.6 |



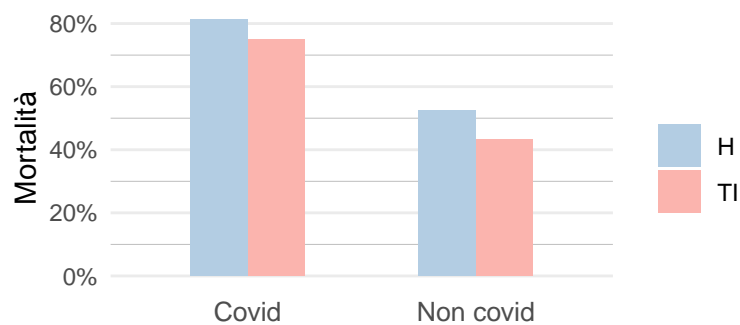
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

| Mortalità - Pazienti senza sepsi | | | | | | |
|---|--------|---------------|--------|-------------------------------|-----------------------------|--------------------|
| Pazienti | N paz. | N morti TI | TI (%) | N paz. (escluso riamm.) | N morti os- pedalieri | Ospedaliera (%) |
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 483 | 48 | 9.9 | 465 | 99 | 21.3 |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 45 | 7 | 15.6 | 42 | 11 | 26.2 |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 238 | 30 | 12.6 | 233 | 47 | 20.2 |
| Pazienti infetti all'ammissione | 528 | 55 | 10.4 | 507 | 110 | 21.7 |
| Pazienti infetti in degenza | 283 | 37 | 13.1 | 275 | 58 | 21.1 |

| Mortalità - Pazienti con sepsi | | | | | | |
|---|--------|---------------|--------|-------------------------------|-----------------------------|--------------------|
| Pazienti | N paz. | N morti TI | TI (%) | N paz. (escluso riamm.) | N morti os- pedalieri | Ospedaliera (%) |
| Pazienti infetti SOLO all'ammissione | 860 | 140 | 16.3 | 810 | 224 | 27.7 |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 113 | 22 | 19.6 | 106 | 32 | 30.2 |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 155 | 33 | 21.3 | 148 | 42 | 28.4 |
| Pazienti infetti all'ammissione | 973 | 162 | 16.7 | 916 | 256 | 27.9 |
| Pazienti infetti in degenza | 268 | 55 | 20.6 | 254 | 74 | 29.1 |

| 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 | 774 | 335 | 43.4 | 730 | 384 | 52.6 |
| Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione | 138 | 65 | 47.1 | 129 | 72 | 55.8 |
| Pazienti infetti SOLO in degenza | 62 | 34 | 54.8 | 60 | 39 | 65.0 |
| Pazienti infetti all'ammissione | 912 | 400 | 44.0 | 859 | 456 | 53.1 |
| Pazienti infetti in degenza | 200 | 99 | 49.5 | 189 | 111 | 58.7 |

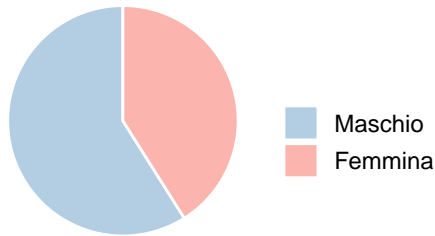
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



| Pazienti | Mortalità | | | | | |
|-----------|------------|------------|------|-----------------------------|-----------|------|
| | N pazienti | N morti TI | TI | N pazienti (escluso riamm.) | N morti H | H |
| Covid | 16 | 12 | 75.0 | 16 | 13 | 81.2 |
| Non covid | 896 | 388 | 43.4 | 850 | 443 | 52.6 |

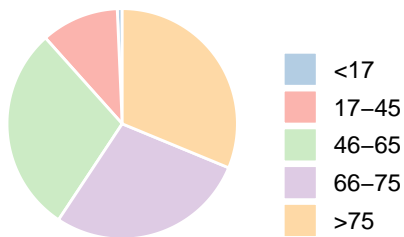
2 Tutti i pazienti (N = 6362)

2.1 Sesso



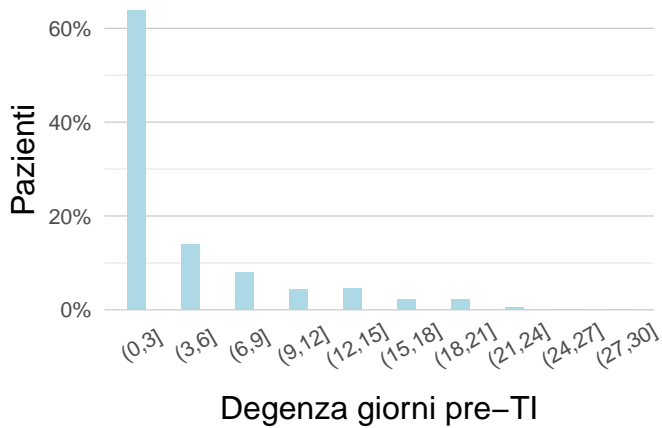
| Sesso | N | % |
|---------|------|------|
| Maschio | 3750 | 59.0 |
| Femmina | 2611 | 41.0 |
| Missing | 1 | 0 |

2.2 Età



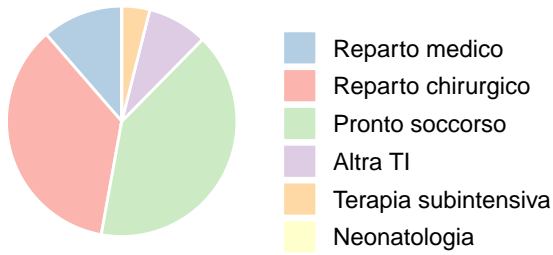
| Range età | N | % |
|-----------|------|------|
| <17 | 44 | 0.7 |
| 17-45 | 695 | 10.9 |
| 46-65 | 1849 | 29.1 |
| 66-75 | 1787 | 28.1 |
| >75 | 1987 | 31.2 |
| Missing | 0 | 0 |

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



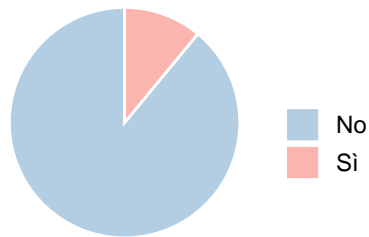
| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 4.7 |
| DS | 12.4 |
| Mediana | 1 |
| Q1-Q3 | 0-4 |
| Missing | 21 |

2.4 Provenienza (reparto)



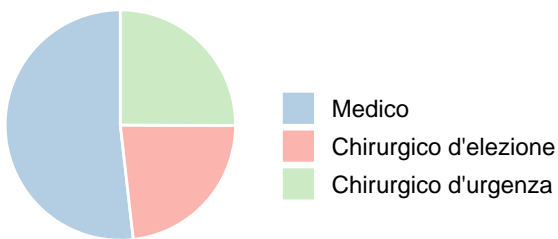
| Provenienza | N | % |
|----------------------|------|------|
| Reparto medico | 720 | 11.4 |
| Reparto chirurgico | 2264 | 35.8 |
| Pronto soccorso | 2560 | 40.5 |
| Altra TI | 535 | 8.5 |
| Terapia subintensiva | 249 | 3.9 |
| Neonatologia | 0 | 0.0 |
| Missing | 34 | 0 |

2.5 Trauma



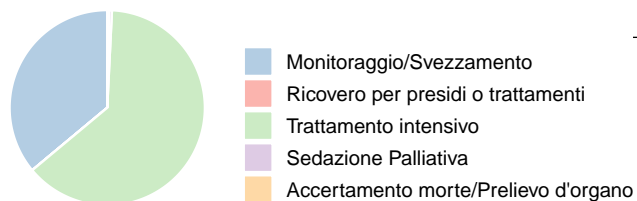
| Trauma | N | % |
|---------|------|------|
| No | 5649 | 89.0 |
| Si | 697 | 11.0 |
| Missing | 16 | 0 |

2.6 Stato Chirurgico



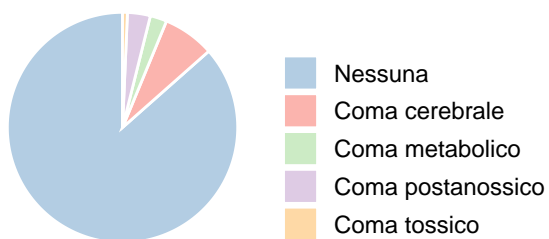
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|------|------|
| Medico | 3287 | 51.8 |
| Chirurgico d'elezione | 1469 | 23.1 |
| Chirurgico d'urgenza | 1590 | 25.1 |
| Missing | 16 | 0 |

2.7 Motivo di ammissione



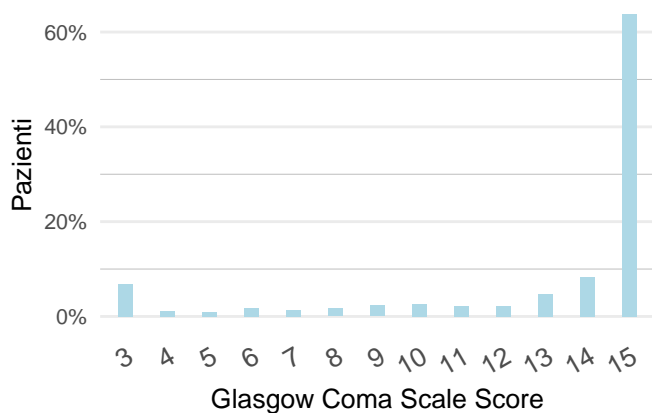
| Motivo di ammissione | N | % |
|--------------------------------------|------|------|
| Monitoraggio/Svezzamento | 2287 | 36.1 |
| Ricovero per presidi o trattamenti | 0 | 0.0 |
| Trattamento intensivo | 4007 | 63.2 |
| Sedazione Palliativa | 30 | 0.5 |
| Accertamento morte/Prelievo d'organo | 19 | 0.3 |
| Missing | 19 | 0 |

2.8 Insufficienza neurologica



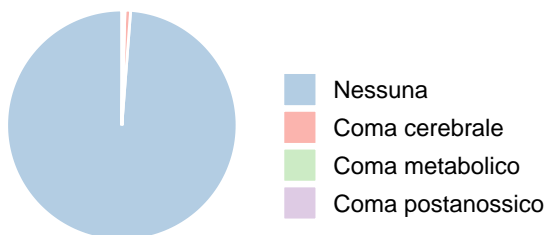
| Insufficienza neurologica | N | % |
|---------------------------|------|------|
| Nessuna | 4316 | 86.5 |
| Coma cerebrale | 361 | 7.2 |
| Coma metabolico | 117 | 2.3 |
| Coma postanossico | 160 | 3.2 |
| Coma tossico | 34 | 0.7 |
| Missing | 1374 | 0 |

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



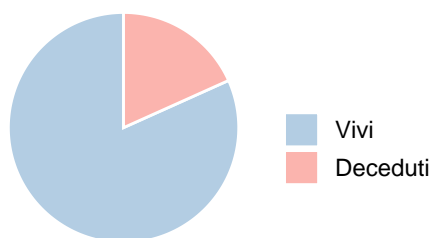
| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 13.0 |
| DS | 3.7 |
| Mediana | 15 |
| Q1-Q3 | 13-15 |

2.10 Insufficienza neurologica insorta



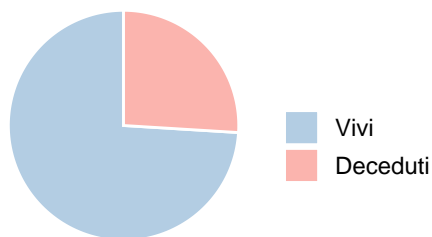
| Insufficienza neurologica insorta | N | % |
|-----------------------------------|------|------|
| Nessuna | 6253 | 98.8 |
| Coma cerebrale | 50 | 0.8 |
| Coma metabolico | 14 | 0.2 |
| Coma postanossico | 13 | 0.2 |
| Missing | 33 | |

2.11 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|------|------|
| Vivi | 5176 | 81.7 |
| Deceduti | 1158 | 18.3 |
| Missing | 28 | 0 |

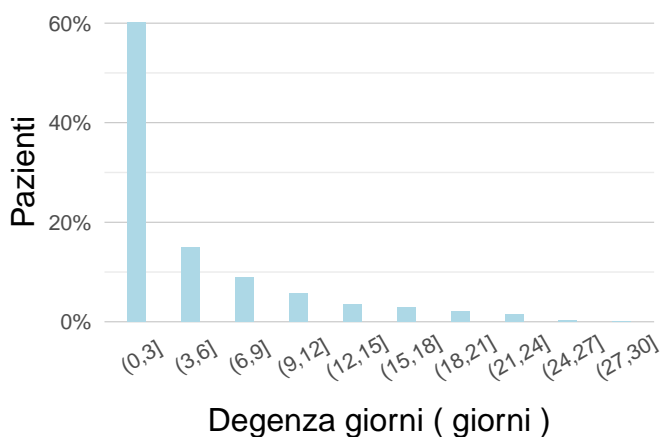
2.12 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità ospedaliera | N | % |
|-----------------------|------|------|
| Vivi | 4523 | 74.0 |
| Deceduti | 1587 | 26.0 |
| Missing | 65 | 0 |

* Statistiche calcolate su 6175 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 187).

2.13 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|------------|
| Media (DS) | 6.7 (10.4) |
| Mediana (Q1-Q3) | 3 (1-8) |
| Missing | 27 |

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

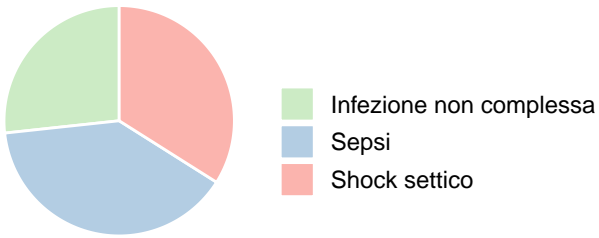


| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 20.6 (23.0) |
| Mediana (Q1-Q3) | 13 (7-26) |
| Missing | 63 |

* Statistiche calcolate su 6175 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 187).

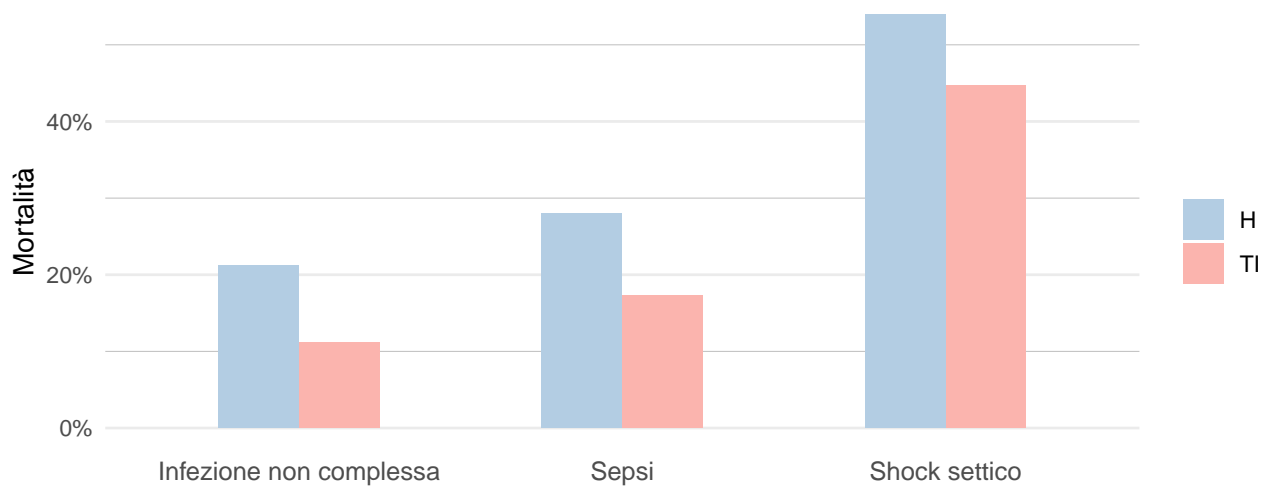
3 Pazienti infetti (N = 2870)

3.1 Gravità massima dell'infezione



| Gravità massima dell'infezione | N | % |
|--------------------------------|------|------|
| Infezione non complessa | 766 | 26.7 |
| Sepsi | 1128 | 39.3 |
| Shock settico | 974 | 34.0 |
| Missing | 2 | 0 |

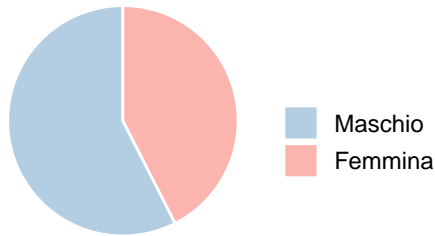
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



| Mortalità per gravità infezione (%) | TI | Ospedaliera |
|---------------------------------------|------|-------------|
| Infezione non complessa | 11.1 | 21.2 |
| Sepsi | 17.3 | 28.0 |
| Shock settico | 44.7 | 53.9 |

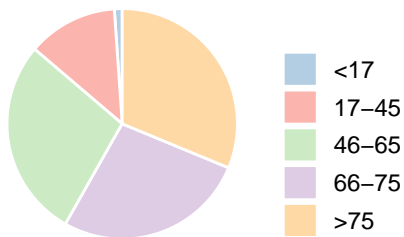
4 Pazienti non infetti (N = 3457)

4.1 Sesso



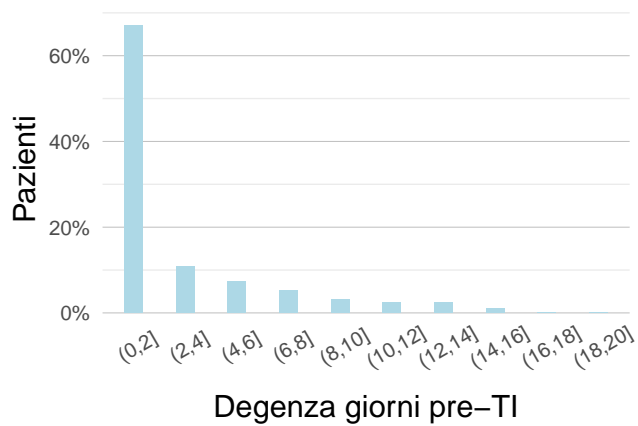
| Sesso | N | % |
|---------|------|------|
| Maschio | 1988 | 57.5 |
| Femmina | 1469 | 42.5 |
| Missing | 0 | 0 |

4.2 Età



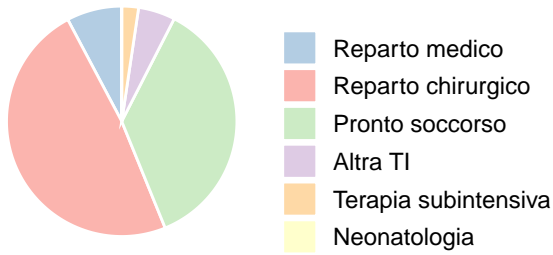
| Range età | N | % |
|-----------|------|------|
| <17 | 38 | 1.1 |
| 17-45 | 438 | 12.7 |
| 46-65 | 969 | 28.0 |
| 66-75 | 932 | 27.0 |
| >75 | 1080 | 31.2 |
| Missing | 0 | 0 |

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



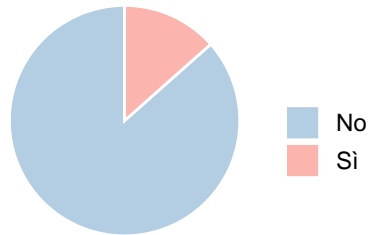
| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 3.3 |
| DS | 9.8 |
| Mediana | 1 |
| Q1-Q3 | 0-2 |
| Missing | 3 |

4.4 Provenienza (reparto)



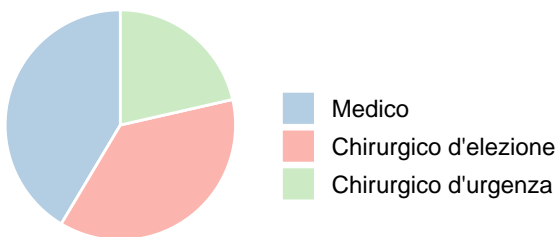
| Provenienza | N | % |
|----------------------|------|------|
| Reparto medico | 267 | 7.8 |
| Reparto chirurgico | 1665 | 48.4 |
| Pronto soccorso | 1249 | 36.3 |
| Altra TI | 178 | 5.2 |
| Terapia subintensiva | 81 | 2.4 |
| Neonatologia | 0 | 0.0 |
| Missing | 17 | 0 |

4.5 Trauma



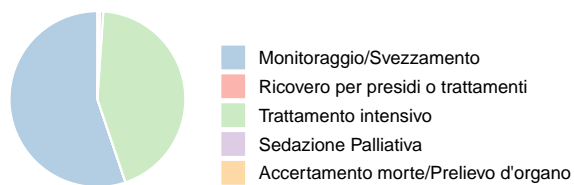
| Trauma | N | % |
|---------|------|------|
| No | 2992 | 86.5 |
| Si | 465 | 13.5 |
| Missing | 0 | 0 |

4.6 Stato Chirurgico



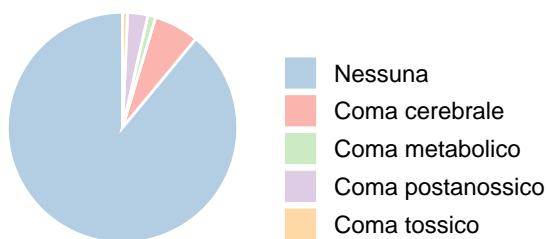
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|------|------|
| Medico | 1432 | 41.4 |
| Chirurgico d'elezione | 1284 | 37.1 |
| Chirurgico d'urgenza | 741 | 21.4 |
| Missing | 0 | 0 |

4.7 Motivo di ammissione



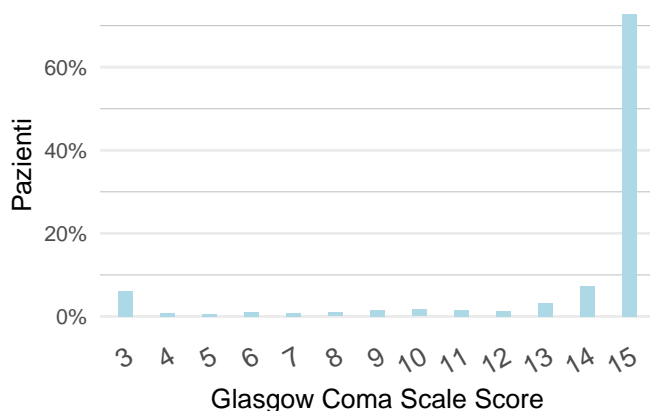
| Motivo di ammissione | N | % |
|--------------------------------------|------|------|
| Monitoraggio/Svezzamento | 1907 | 55.2 |
| Ricovero per presidi o trattamenti | 0 | 0.0 |
| Trattamento intensivo | 1512 | 43.8 |
| Sedazione Palliativa | 21 | 0.6 |
| Accertamento morte/Prelievo d'organo | 16 | 0.5 |
| Missing | 1 | 0 |

4.8 Insufficienza neurologica



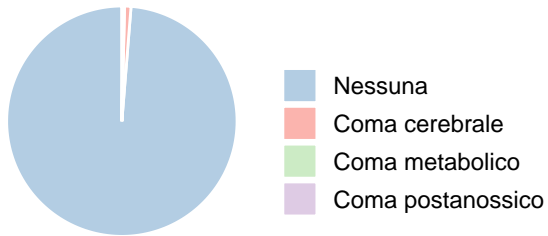
| Insufficienza neurologica | N | % |
|---------------------------|------|------|
| Nessuna | 2511 | 89.0 |
| Coma cerebrale | 179 | 6.3 |
| Coma metabolico | 31 | 1.1 |
| Coma postanossico | 80 | 2.8 |
| Coma tossico | 20 | 0.7 |
| Missing | 636 | 0 |

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



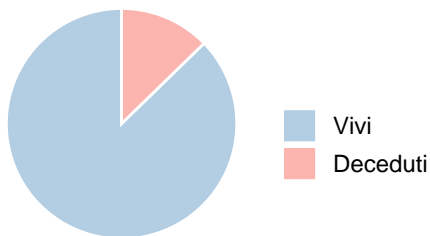
| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 11.5 |
| DS | 3.4 |
| Mediana | 13 |
| Q1-Q3 | 12-13 |

4.10 Insufficienza neurologica insorta



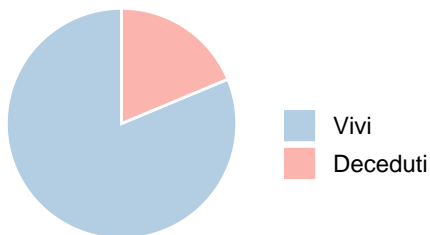
| Insufficienza neurologica insorta | N | % |
|-----------------------------------|------|------|
| Nessuna | 3413 | 98.7 |
| Coma cerebrale | 31 | 0.9 |
| Coma metabolico | 6 | 0.2 |
| Coma postanossico | 7 | 0.2 |
| Missing | 0 | 0 |

4.11 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|------|------|
| Vivi | 3015 | 87.3 |
| Deceduti | 439 | 12.7 |
| Missing | 3 | 0 |

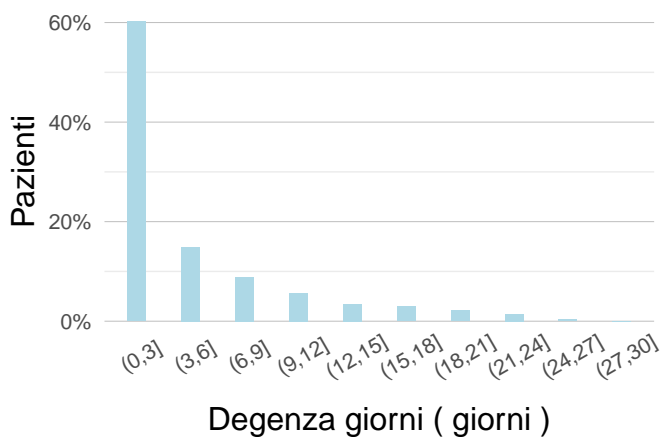
4.12 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità ospedaliera | N | % |
|-----------------------|------|------|
| Vivi | 2746 | 81.3 |
| Deceduti | 632 | 18.7 |
| Missing | 13 | 0 |

* Statistiche calcolate su 3391 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 66).

4.13 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-----------|
| Media (DS) | 2.9 (4.1) |
| Mediana (Q1-Q3) | 1 (1-3) |
| Missing | 1 |

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

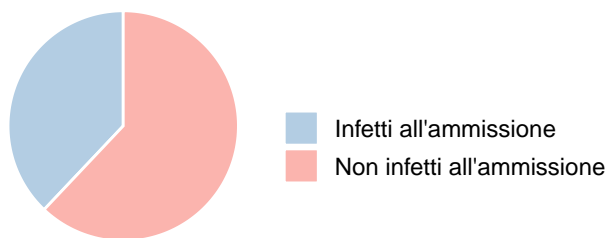


| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 15.3 (17.1) |
| Mediana (Q1-Q3) | 10 (5-19) |
| Missing | 13 |

* Statistiche calcolate su 3391 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 66).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

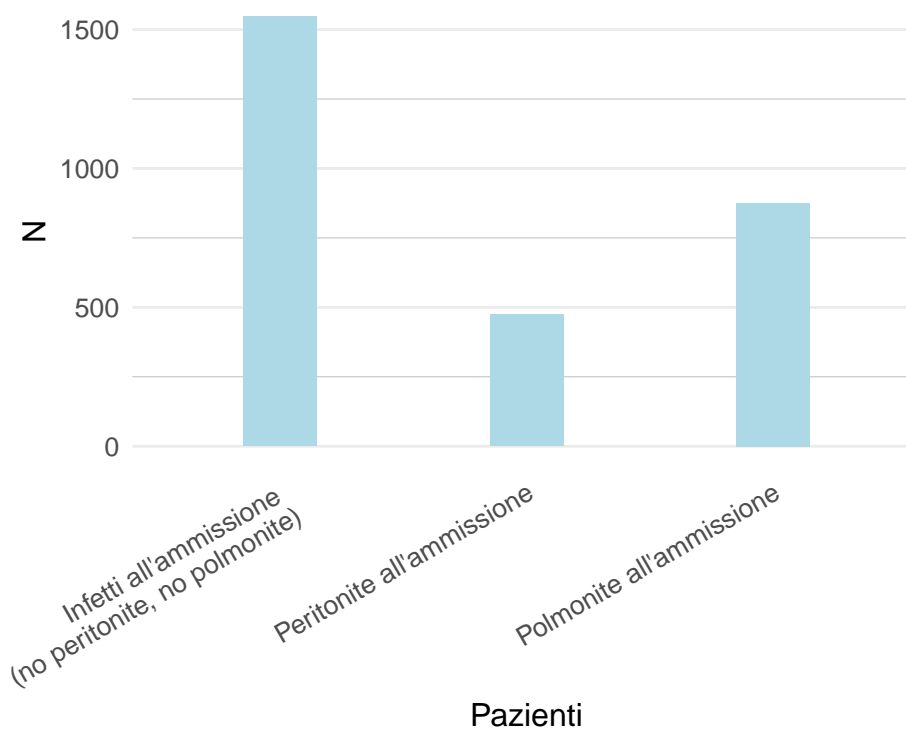
Sono presenti 2414 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 37.94% della popolazione totale ammessa in TI.



| Pazienti | N | % |
|----------------------------|------|-------|
| Infetti all'ammissione | 2414 | 37.94 |
| Non infetti all'ammissione | 3948 | 62.06 |

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 6362).

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

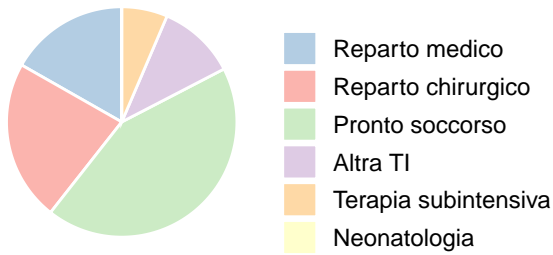


| Pazienti | N | % |
|--|------|-------|
| Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite) | 1548 | 64.13 |
| Peritonite all'ammissione | 474 | 19.64 |
| Polmonite all'ammissione | 876 | 36.29 |

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 2414).

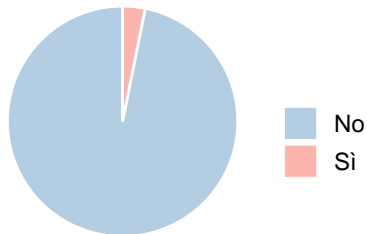
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2414)

5.1 Provenienza (reparto)



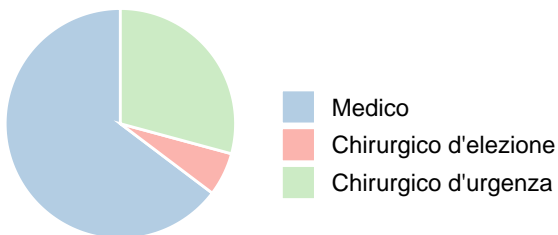
| Provenienza | N | % |
|----------------------|------|------|
| Reparto medico | 404 | 16.8 |
| Reparto chirurgico | 545 | 22.6 |
| Pronto soccorso | 1041 | 43.2 |
| Altra TI | 264 | 11.0 |
| Terapia subintensiva | 155 | 6.4 |
| Neonatologia | 0 | 0.0 |
| Missing | 5 | 0 |

5.2 Trauma



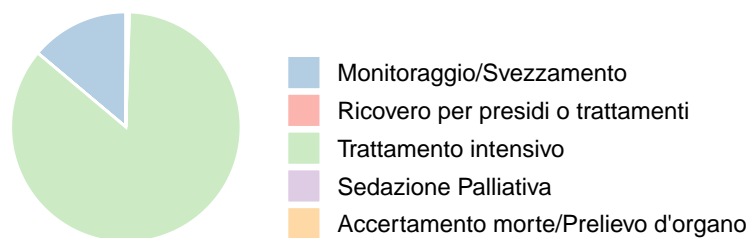
| Trauma | N | % |
|---------|------|------|
| No | 2338 | 96.9 |
| Si | 76 | 3.1 |
| Missing | 0 | 0 |

5.3 Stato Chirurgico



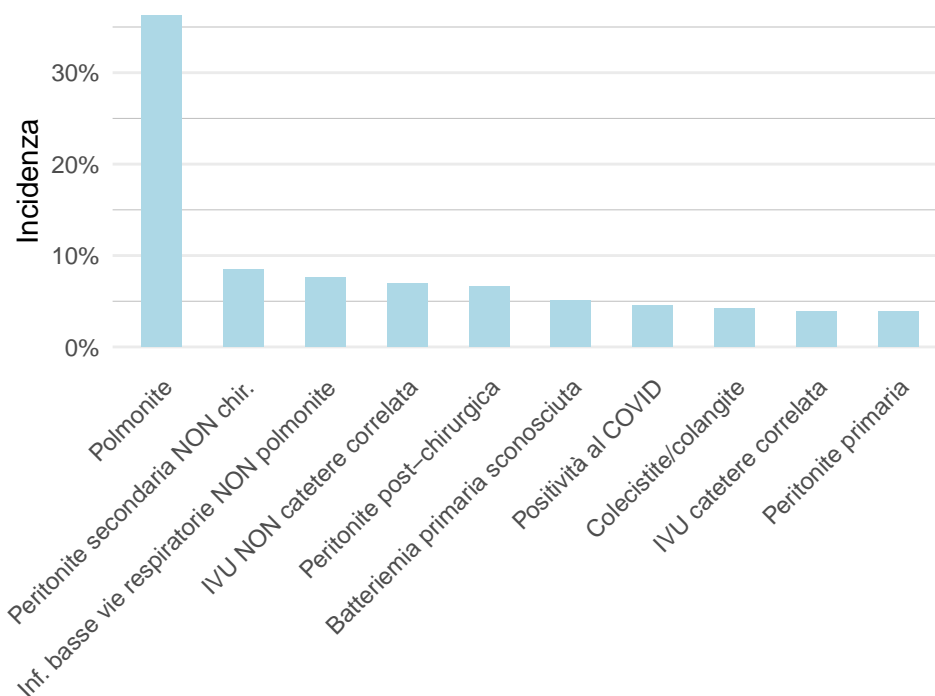
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|------|------|
| Medico | 1562 | 64.7 |
| Chirurgico d'elezione | 147 | 6.1 |
| Chirurgico d'urgenza | 705 | 29.2 |
| Missing | 0 | 0 |

5.4 Motivo di ammissione



| Motivo di ammissione | N | % |
|--------------------------------------|------|------|
| Monitoraggio/Svezzamento | 335 | 13.9 |
| Ricovero per presidi o trattamenti | 0 | 0.0 |
| Trattamento intensivo | 2067 | 85.6 |
| Sedazione Palliativa | 9 | 0.4 |
| Accertamento morte/Prelievo d'organo | 3 | 0.1 |
| Missing | 0 | 0 |

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)

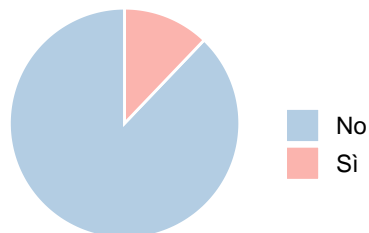


Infezioni (top 10)

| Infezione | N | % |
|---|-----|------|
| Polmonite | 876 | 36.3 |
| Peritonite secondaria NON chir. | 206 | 8.5 |
| Inf. basse vie respiratorie NON polmonite | 183 | 7.6 |
| IVU NON catetere correlata | 167 | 6.9 |
| Peritonite post-chirurgica | 160 | 6.6 |
| Batteriemia primaria sconosciuta | 124 | 5.1 |
| Positivita al COVID | 108 | 4.5 |

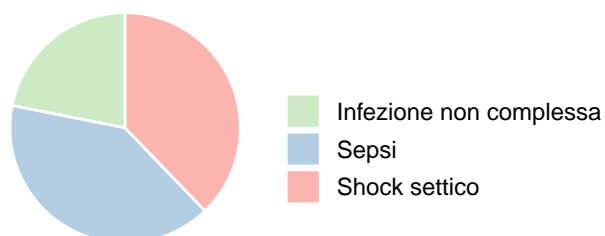
| | | |
|------------------------|-----|-----|
| Colecistite/colangite | 102 | 4.2 |
| Peritonite primaria | 95 | 3.9 |
| IVU catetere correlata | 93 | 3.9 |
| Missing | 0 | |

5.6 Infezione multisito



| Infezione multisito | N | % |
|---------------------|------|------|
| No | 2121 | 87.9 |
| Si | 293 | 12.1 |
| Missing | 0 | 0 |

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



| Gravità massima dell'infezione all'ammissione | N | % |
|---|-----|------|
| Infezione non complessa | 528 | 21.9 |
| Sepsi | 973 | 40.3 |
| Shock settico | 912 | 37.8 |
| Missing | 1 | 0 |

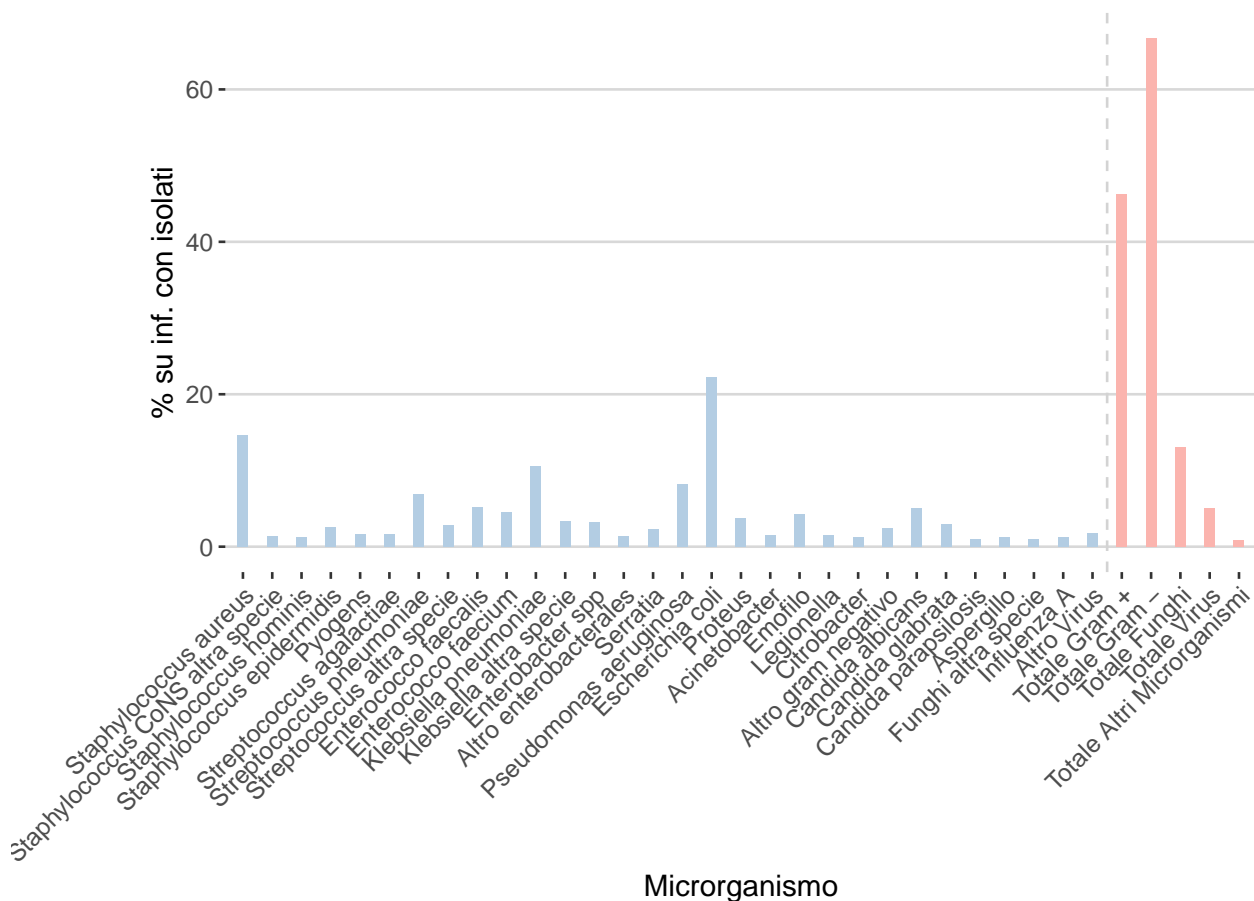
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

| Infezioni con Microrganismi isolati | | |
|-------------------------------------|-------------|------|
| | N | % |
| No | 877 | 35.0 |
| Si | 1627 | 65.0 |
| Missing | 10 | |
| Totale infezioni | 2514 | |
| Totale microrganismi isolati | 2191 | |

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

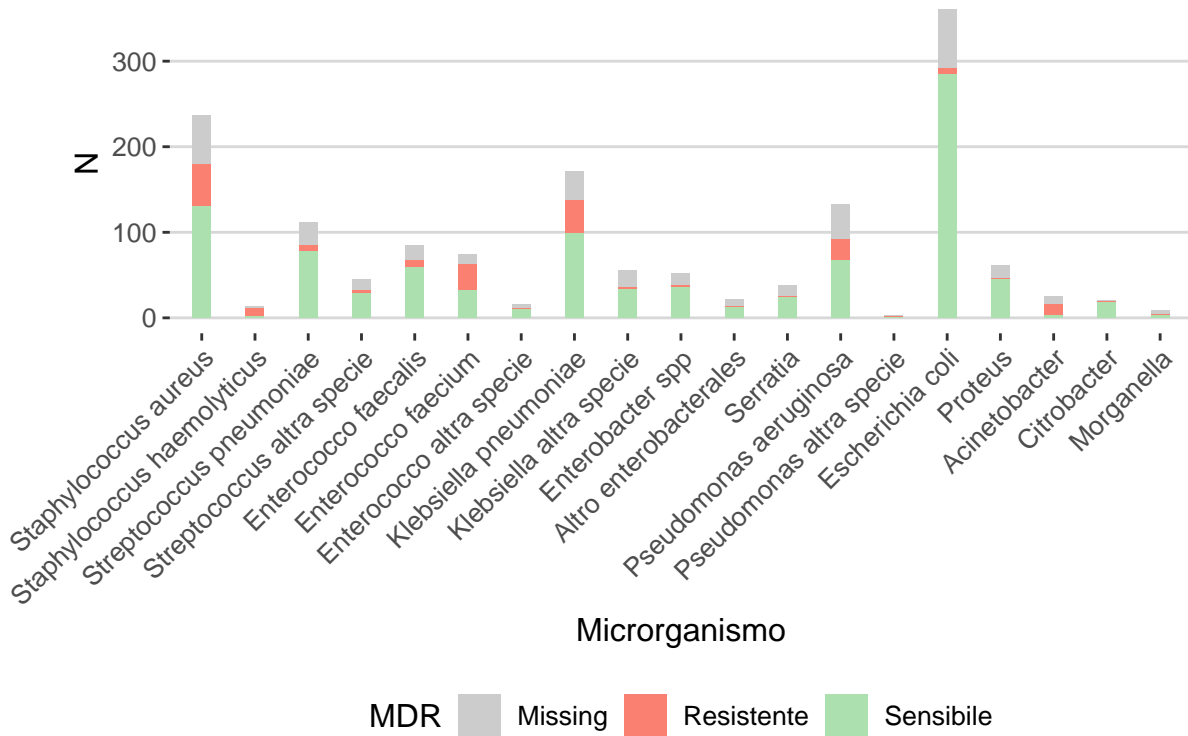
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|------------|-----------------------|---------------------|------------|-------------|
| Staphylococcus aureus | 237 | 14.6 | 180 | 49 | 27.2 |
| Staphylococcus capitis | 8 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 22 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 14 | 0.9 | 11 | 9 | 81.8 |
| Staphylococcus hominis | 19 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 41 | 2.5 | 0 | 0 | 0 |
| Pyogens | 26 | 1.6 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 28 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 112 | 6.9 | 85 | 6 | 7.1 |
| Streptococcus altra specie | 46 | 2.8 | 32 | 3 | 9.4 |
| Enterococcus faecalis | 85 | 5.2 | 68 | 8 | 11.8 |
| Enterococcus faecium | 74 | 4.5 | 63 | 30 | 47.6 |
| Enterococcus altra specie | 16 | 1.0 | 12 | 1 | 8.3 |
| Clostridium difficile | 16 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium altra specie | 7 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 751 | 46.2 | 451 | 106 | 23.5 |
| Klebsiella pneumoniae | 172 | 10.6 | 137 | 38 | 27.7 |
| Klebsiella altra specie | 55 | 3.4 | 36 | 2 | 5.6 |
| Enterobacter spp | 52 | 3.2 | 38 | 2 | 5.3 |

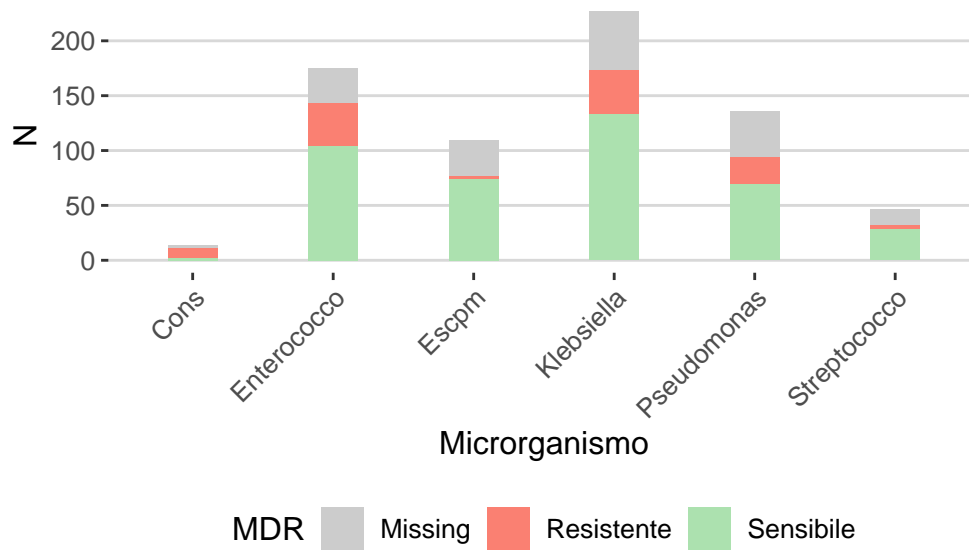
| | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|-------------|------------|-----------|-----------|
| Altro enterobacterales | 22 | 1.4 | 14 | 1 | 7.1 |
| Serratia | 38 | 2.3 | 26 | 1 | 3.8 |
| Pseudomonas aeruginosa | 133 | 8.2 | 92 | 24 | 26.1 |
| Pseudomonas altra specie | 3 | 0.2 | 2 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 361 | 22.2 | 292 | 6 | 2.1 |
| Proteus | 62 | 3.8 | 46 | 1 | 2.2 |
| Acinetobacter | 25 | 1.5 | 16 | 12 | 75 |
| Emofilo | 68 | 4.2 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 24 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 21 | 1.3 | 19 | 0 | 0 |
| Morganella | 9 | 0.6 | 4 | 0 | 0 |
| Providencia | 1 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 39 | 2.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 1085 | 66.7 | 722 | 87 | 12 |
| Candida albicans | 82 | 5.0 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 47 | 2.9 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 11 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 17 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 9 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida specie non determinata | 3 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida altra specie | 1 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 19 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Pneumocistie Jirovecii | 5 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 17 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 211 | 13.0 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 21 | 1.3 | | | |
| Influenza AH3N2 | 3 | 0.2 | | | |
| Influenza altro A | 1 | 0.1 | | | |
| Influenza B | 5 | 0.3 | | | |
| Influenza tipo non specificato | 3 | 0.2 | | | |
| Citomegalovirus | 7 | 0.4 | | | |
| Herpes simplex | 12 | 0.7 | | | |
| Altro Virus | 29 | 1.8 | | | |
| Totale Virus | 81 | 5.0 | 0 | 0 | 0 |
| Mycoplasma | 6 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Mycobacterium tuberculosis | 7 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 13 | 0.8 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |

| | | | | | | |
|--------------|-----|-----|-----|----|-------|----|
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

5.8.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|-----|-------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 137 | Ertapenem | 24 | 17.52 |
| Klebsiella pneumoniae | 136 | Meropenem | 33 | 24.26 |
| Klebsiella altra specie | 36 | Ertapenem | 2 | 5.56 |
| Klebsiella altra specie | 36 | Meropenem | 2 | 5.56 |
| Enterobacter spp | 38 | Ertapenem | 2 | 5.26 |
| Altro enterobacterales | 14 | Ertapenem | 1 | 7.14 |
| Escherichia coli | 290 | Ertapenem | 6 | 2.07 |
| Escherichia coli | 292 | Meropenem | 4 | 1.37 |
| Proteus | 45 | Meropenem | 1 | 2.22 |
| Serratia | 26 | Ertapenem | 1 | 3.85 |
| Acinetobacter | 16 | Imipenem | 7 | 43.75 |
| Acinetobacter | 16 | Meropenem | 12 | 75.00 |
| Pseudomonas aeruginosa | 91 | Imipenem | 24 | 26.37 |
| Pseudomonas aeruginosa | 92 | Meropenem | 15 | 16.30 |
| Staphylococcus haemolyticus | 11 | Meticillina | 9 | 81.82 |
| Staphylococcus aureus | 180 | Meticillina | 49 | 27.22 |
| Streptococcus pneumoniae | 85 | Penicillina | 6 | 7.06 |
| Streptococcus altra specie | 32 | Penicillina | 3 | 9.38 |
| Enterococco faecalis | 68 | Vancomicina | 8 | 11.76 |
| Enterococco faecium | 63 | Vancomicina | 30 | 47.62 |
| Enterococco altra specie | 12 | Vancomicina | 1 | 8.33 |

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

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

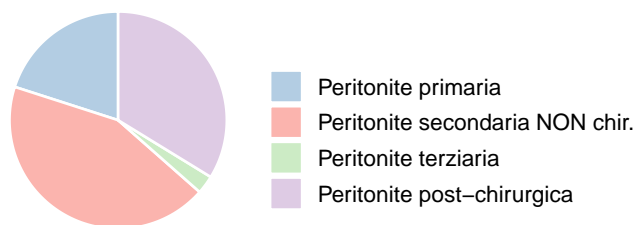
| | N | % |
|-------------|-----|-------|
| Si | 25 | 5.98 |
| No | 85 | 20.33 |
| Non testato | 308 | 73.68 |
| Missing | 375 | |

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 2 | 6.1 | 106 | 306 |
| kpc | 13 | 39.4 | 98 | 305 |
| ndm | 12 | 36.4 | 98 | 305 |
| oxa | 4 | 12.1 | 105 | 305 |
| vim | 2 | 6.1 | 106 | 307 |



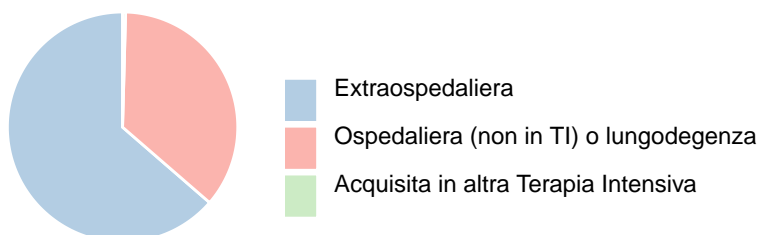
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 474)

6.1 Tipologia di peritonite



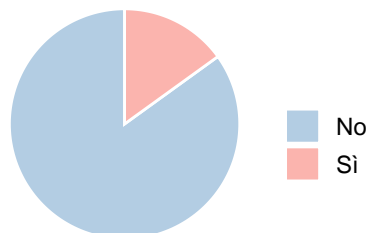
| Tipologia | N | % |
|---------------------------------|-----|------|
| Peritonite primaria | 95 | 20.0 |
| Peritonite secondaria NON chir. | 206 | 43.5 |
| Peritonite terziaria | 13 | 2.7 |
| Peritonite post-chirurgica | 160 | 33.8 |
| Missing | 0 | |

6.2 Tipo di infezione



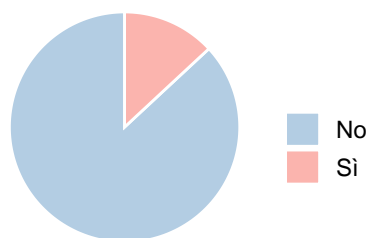
| Tipo di infezione | N | % |
|--|-----|------|
| Extraospedaliera | 301 | 63.6 |
| Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza | 170 | 35.9 |
| Acquisita in altra Terapia Intensiva | 2 | 0.4 |
| Missing | 1 | 0 |

6.3 Infezione batteriemica



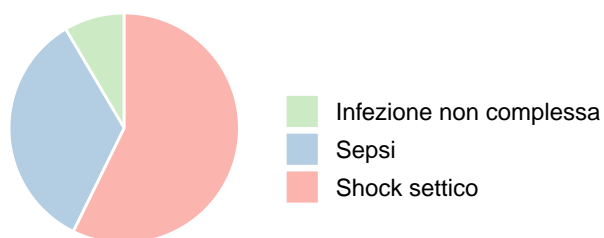
| Batteriemica | N | % |
|--------------|-----|------|
| No | 401 | 85.0 |
| Sì | 71 | 15.0 |
| Missing | 2 | 0 |

6.4 Infezioni multisito



| Multisito | N | % |
|-----------|-----|------|
| No | 412 | 86.9 |
| Si | 62 | 13.1 |
| Missing | 0 | 0 |

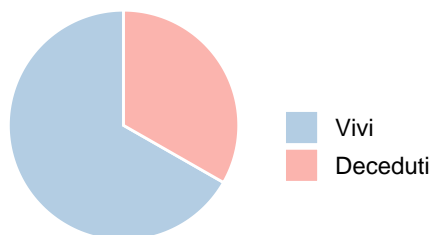
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



| Gravità | N | % |
|-------------------------|-----|------|
| Infezione non complessa | 35 | 8.5 |
| Sepsi | 141 | 34.2 |
| Shock settico | 236 | 57.3 |
| Missing | 0 | 0 |

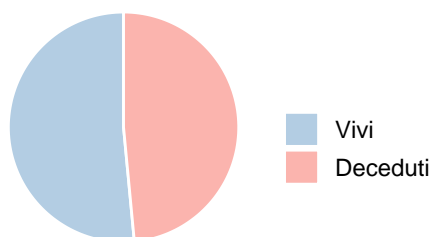
* Statistiche calcolate su 412 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 62).

6.6 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|-----|------|
| Vivi | 315 | 66.7 |
| Deceduti | 157 | 33.3 |
| Missing | 2 | 0 |

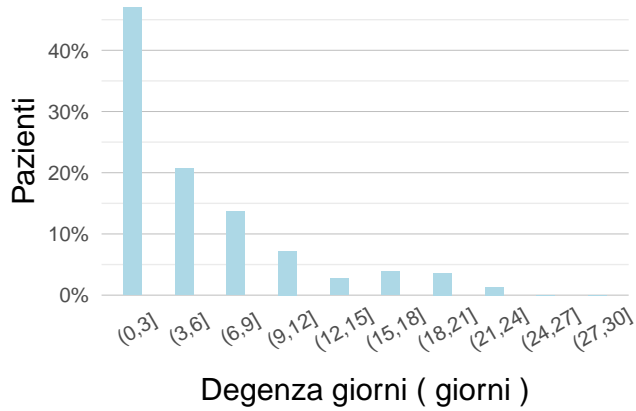
6.7 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità Ospedaliera | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Vivi | 223 | 51.5 |
| Deceduti | 210 | 48.5 |
| Missing | 4 | 0 |

* Statistiche calcolate su 437 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 37).

6.8 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-----------|
| Media (DS) | 7.5 (9.2) |
| Mediana (Q1-Q3) | 4 (2-9) |
| Missing | 2 |

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 26.8 (26.9) |
| Mediana (Q1-Q3) | 19 (10-35) |
| Missing | 4 |

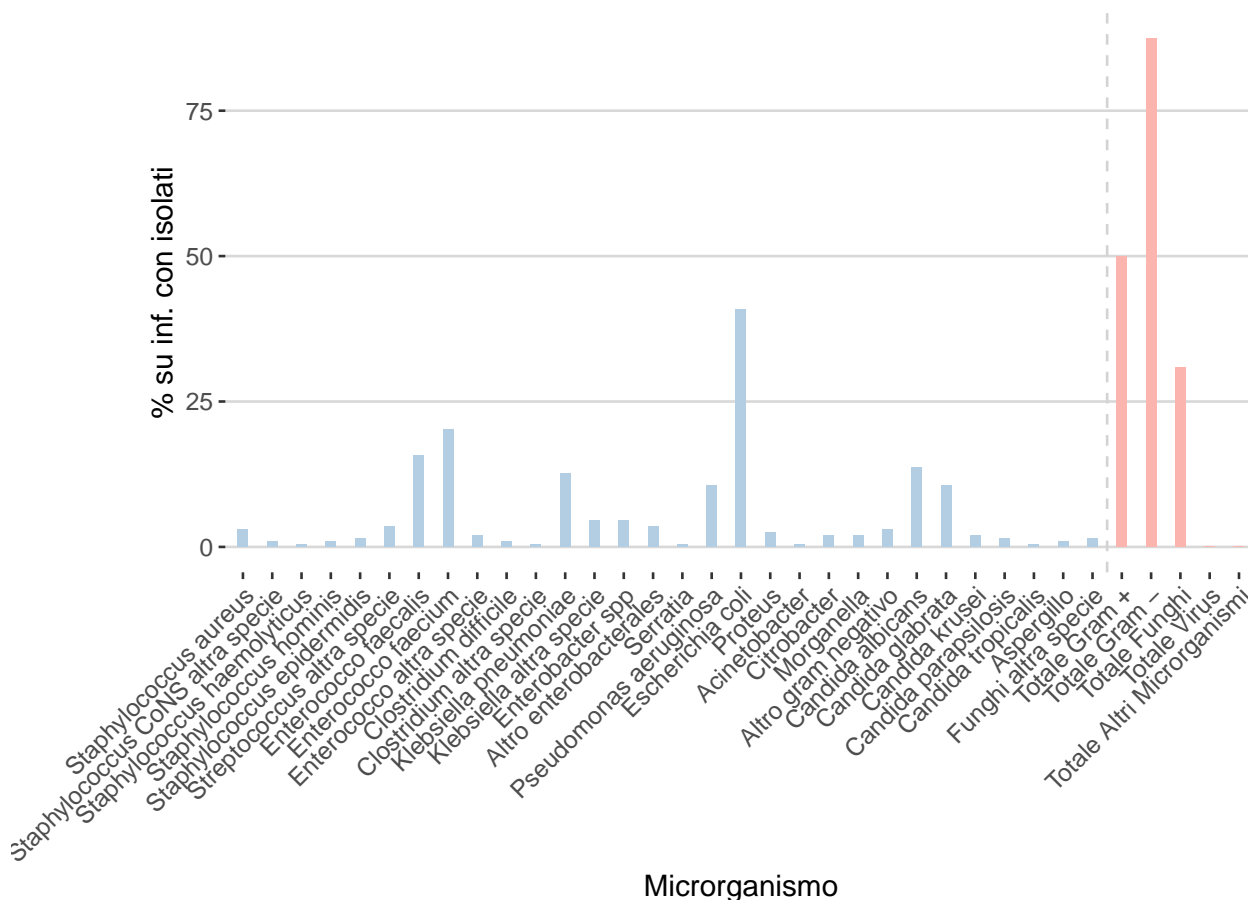
* Statistiche calcolate su 437 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 37).

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 | 273 | 58.0 |
| Sì | 198 | 42.0 |
| Missing | 3 | |
| Totale infezioni | 474 | |
| Totale microrganismi isolati | 336 | |

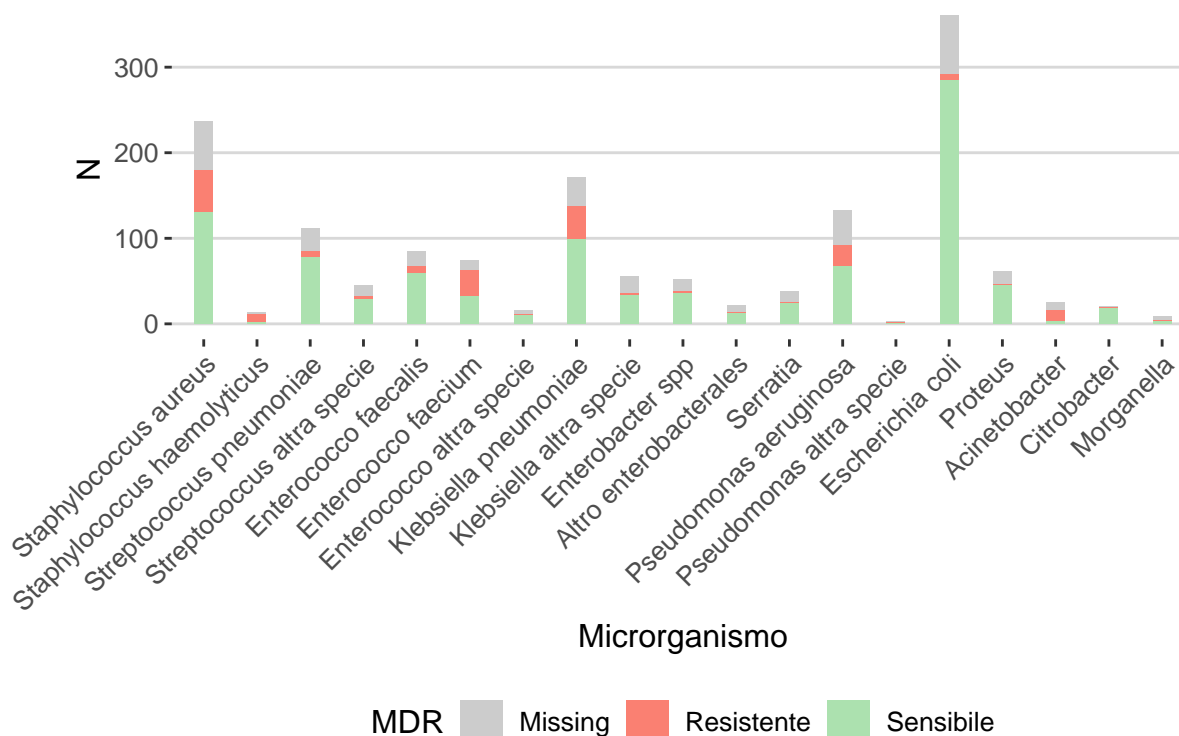
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|---|-----------------------|---------------------|-------|-------|
| Staphylococcus aureus | 6 | 3.0 | 3 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 2 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 1 | 0.5 | 1 | 1 | 100 |
| Staphylococcus hominis | 2 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |

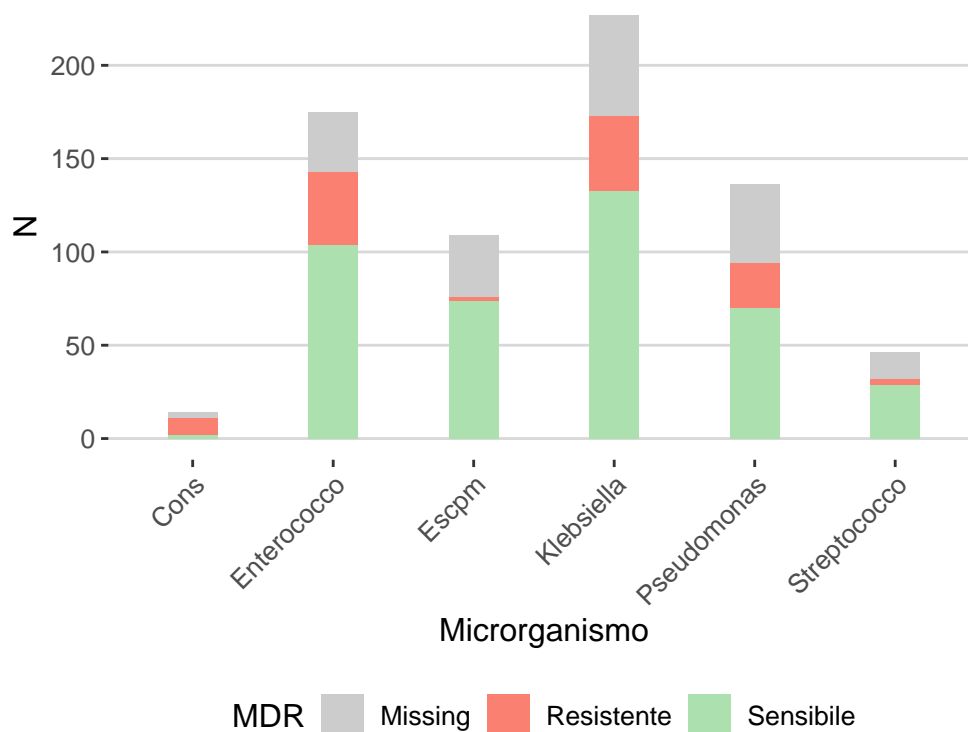
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Staphylococcus epidermidis | 3 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 7 | 3.5 | 5 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 31 | 15.7 | 26 | 4 | 15.4 |
| Enterococco faecium | 40 | 20.2 | 33 | 14 | 42.4 |
| Enterococco altra specie | 4 | 2.0 | 3 | 1 | 33.3 |
| Clostridium difficile | 2 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium altra specie | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 99 | 50.0 | 71 | 20 | 28.2 |
| Klebsiella pneumoniae | 25 | 12.6 | 23 | 4 | 17.4 |
| Klebsiella altra specie | 9 | 4.5 | 7 | 1 | 14.3 |
| Enterobacter spp | 9 | 4.5 | 5 | 1 | 20 |
| Altro enterobacterales | 7 | 3.5 | 4 | 1 | 25 |
| Serratia | 1 | 0.5 | 1 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 21 | 10.6 | 16 | 5 | 31.2 |
| Escherichia coli | 81 | 40.9 | 65 | 2 | 3.1 |
| Proteus | 5 | 2.5 | 5 | 0 | 0 |
| Acinetobacter | 1 | 0.5 | 1 | 1 | 100 |
| Citrobacter | 4 | 2.0 | 4 | 0 | 0 |
| Morganella | 4 | 2.0 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 6 | 3.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 173 | 87.4 | 131 | 15 | 11.5 |
| Candida albicans | 27 | 13.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 21 | 10.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 4 | 2.0 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 3 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 2 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 3 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 61 | 30.8 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Virus | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

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

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|--------|
| Klebsiella pneumoniae | 23 | Ertapenem | 2 | 8.70 |
| Klebsiella pneumoniae | 23 | Meropenem | 4 | 17.39 |
| Klebsiella altra specie | 7 | Ertapenem | 1 | 14.29 |
| Klebsiella altra specie | 7 | Meropenem | 1 | 14.29 |
| Enterobacter spp | 5 | Ertapenem | 1 | 20.00 |
| Altro enterobacterales | 4 | Ertapenem | 1 | 25.00 |
| Escherichia coli | 63 | Ertapenem | 2 | 3.17 |
| Escherichia coli | 65 | Meropenem | 2 | 3.08 |
| Acinetobacter | 1 | Imipenem | 1 | 100.00 |
| Acinetobacter | 1 | Meropenem | 1 | 100.00 |
| Pseudomonas aeruginosa | 16 | Imipenem | 5 | 31.25 |
| Pseudomonas aeruginosa | 16 | Meropenem | 2 | 12.50 |
| Staphylococcus haemolyticus | 1 | Meticillina | 1 | 100.00 |
| Enterococco faecalis | 26 | Vancomicina | 4 | 15.38 |
| Enterococco faecium | 33 | Vancomicina | 14 | 42.42 |
| Enterococco altra specie | 3 | Vancomicina | 1 | 33.33 |

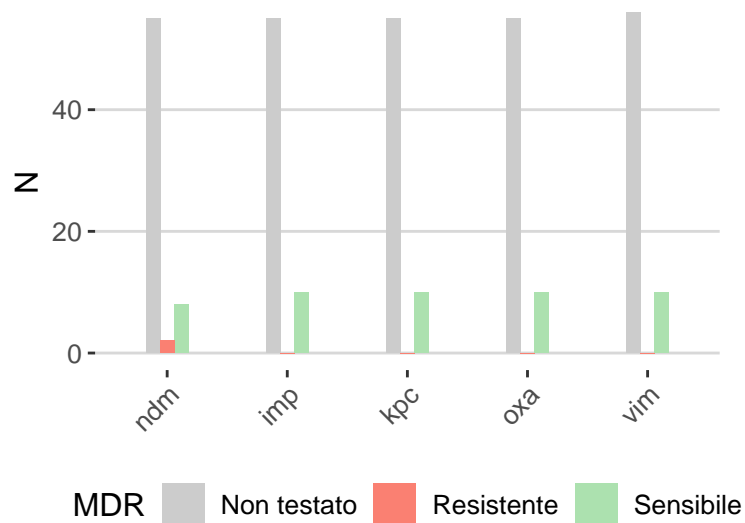
6.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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 | 3.03 |
| No | 8 | 12.12 |
| Non testato | 56 | 84.85 |

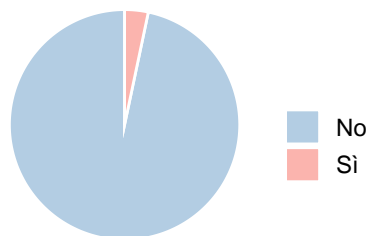
Missing 61

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0 | 10 | 55 |
| kpc | 0 | 0 | 10 | 55 |
| ndm | 2 | 100 | 8 | 55 |
| oxa | 0 | 0 | 10 | 55 |
| vim | 0 | 0 | 10 | 56 |



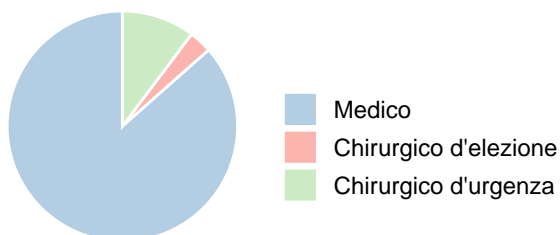
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 876)

7.1 Trauma



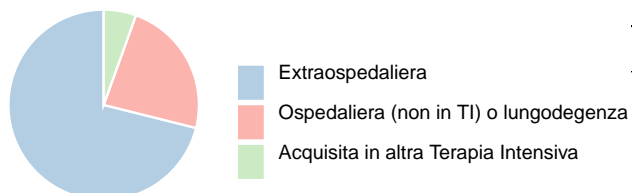
| Trauma | N | % |
|---------|-----|------|
| No | 847 | 96.7 |
| Si | 29 | 3.3 |
| Missing | 0 | 0 |

7.2 Stato Chirurgico



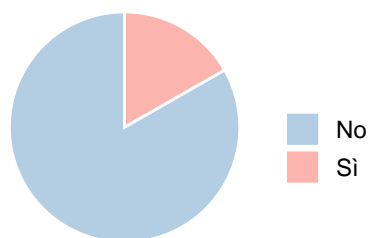
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Medico | 758 | 86.5 |
| Chirurgico d'elezione | 28 | 3.2 |
| Chirurgico d'urgenza | 90 | 10.3 |
| Missing | 0 | 0 |

7.3 Tipo di infezione



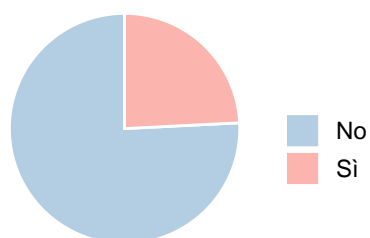
| Tipo di infezione | N | % |
|--|-----|------|
| Extraospedaliera | 620 | 71.1 |
| Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza | 204 | 23.4 |
| Acquisita in altra Terapia Intensiva | 48 | 5.5 |
| Missing | 4 | 0 |

7.4 Infezione batteriemica



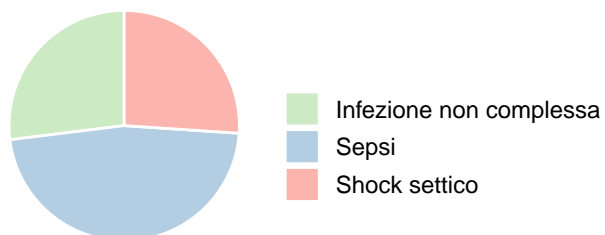
| Batteriemica | N | % |
|--------------|-----|------|
| No | 726 | 83.3 |
| Si | 146 | 16.7 |
| Missing | 4 | 0 |

7.5 Infezioni multisito



| Infezione multisito | N | % |
|---------------------|-----|------|
| No | 664 | 75.8 |
| Si | 212 | 24.2 |
| Missing | 0 | 0 |

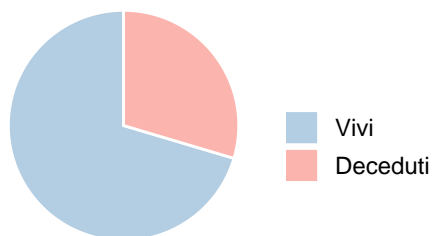
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



| Gravità | N | % |
|-------------------------|-----|------|
| Infezione non complessa | 179 | 27.0 |
| Sepsi | 312 | 47.0 |
| Shock settico | 173 | 26.1 |
| Missing | 0 | 0 |

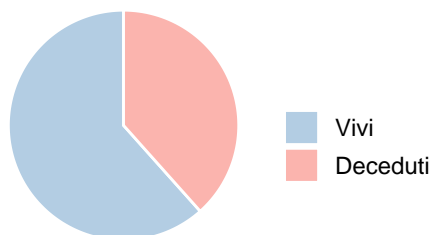
* Statistiche calcolate su 664 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 212).

7.7 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|-----|------|
| Vivi | 616 | 70.4 |
| Deceduti | 259 | 29.6 |
| Missing | 1 | 0 |

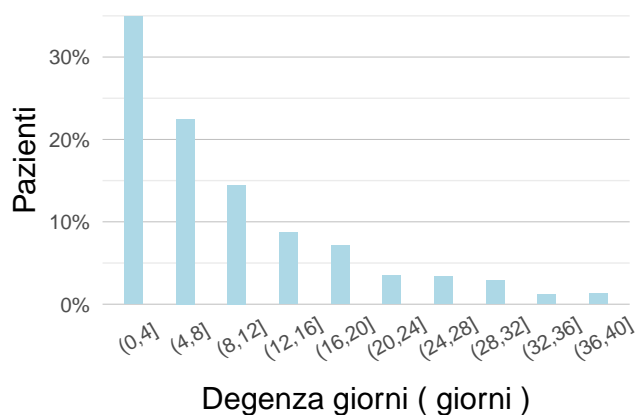
7.8 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità Ospedaliera | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Vivi | 507 | 61.6 |
| Deceduti | 316 | 38.4 |
| Missing | 10 | 0 |

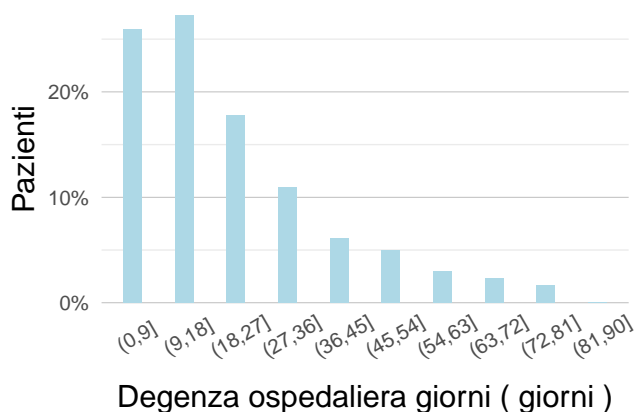
* Statistiche calcolate su 833 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 43).

7.9 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 12.4 (14.5) |
| Mediana (Q1-Q3) | 7.5 (3-16) |
| Missing | 2 |

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 25.9 (25.0) |
| Mediana (Q1-Q3) | 18 (9-33) |
| Missing | 10 |

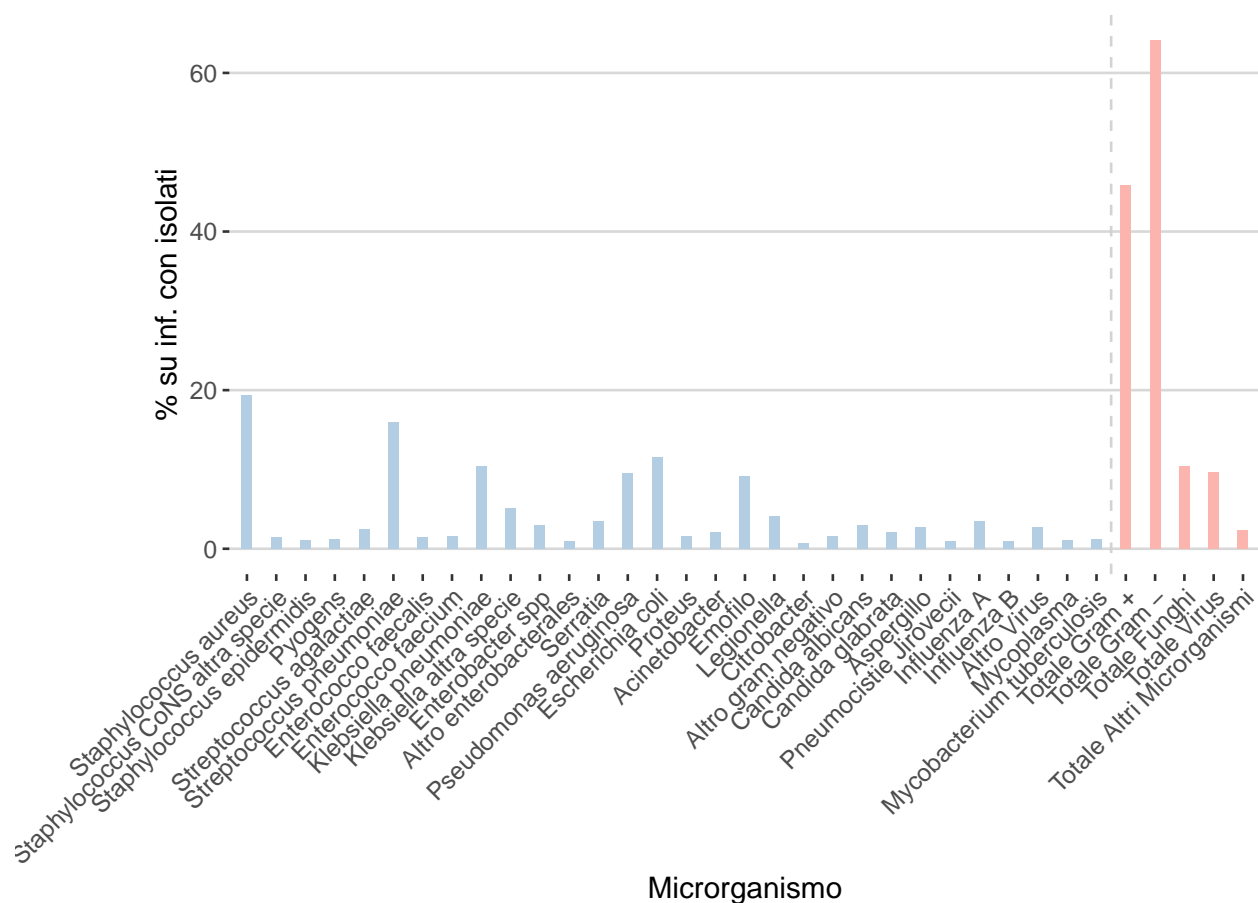
* Statistiche calcolate su 833 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 43).

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 | 305 | 35.0 |
| Sì | 566 | 65.0 |
| Missing | 5 | |
| Totale infezioni | 876 | |
| Totale microrganismi isolati | 787 | |

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.

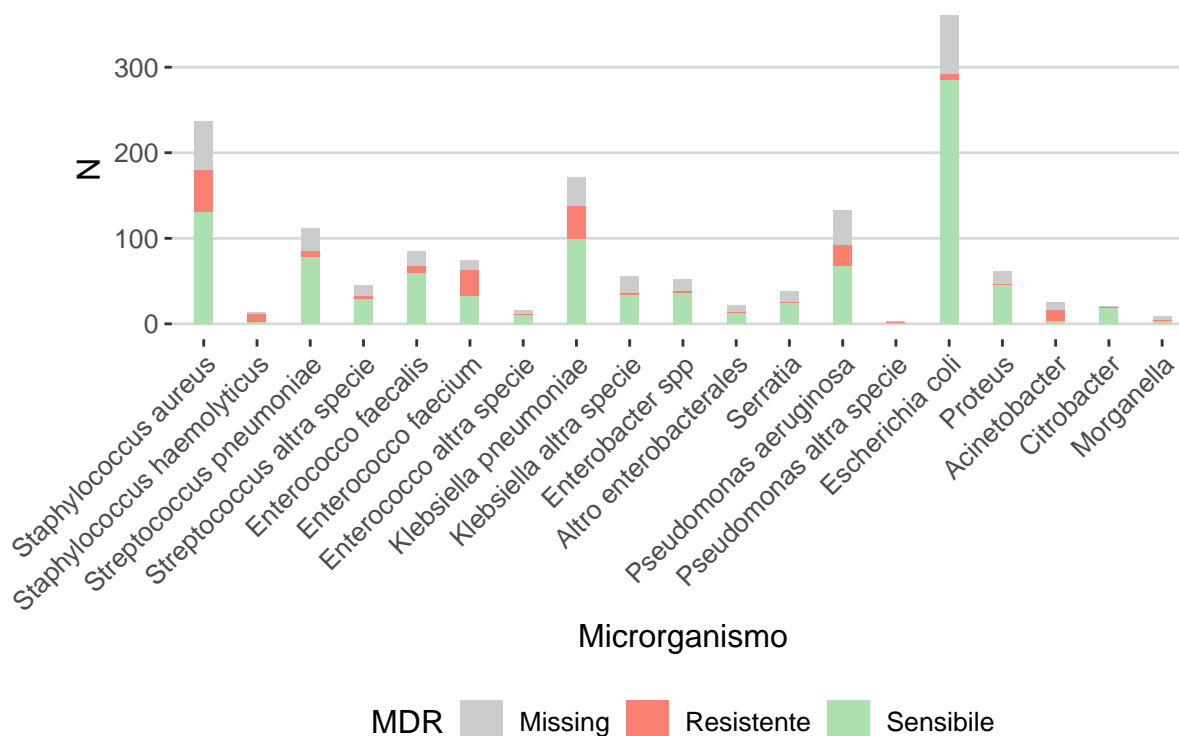


| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|------------|-----------------------|---------------------|-----------|-------------|
| Staphylococcus aureus | 110 | 19.4 | 82 | 23 | 28 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 8 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | 0.4 | 2 | 2 | 100 |
| Staphylococcus hominis | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 6 | 1.1 | 0 | 0 | 0 |
| Pyogens | 7 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 14 | 2.5 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 90 | 15.9 | 67 | 5 | 7.5 |
| Streptococcus altra specie | 3 | 0.5 | 2 | 0 | 0 |
| Enterococcus faecalis | 8 | 1.4 | 6 | 2 | 33.3 |
| Enterococcus faecium | 9 | 1.6 | 7 | 2 | 28.6 |
| Enterococcus altra specie | 1 | 0.2 | 1 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 259 | 45.8 | 167 | 34 | 20.4 |
| Klebsiella pneumoniae | 59 | 10.4 | 47 | 10 | 21.3 |
| Klebsiella altra specie | 29 | 5.1 | 18 | 1 | 5.6 |
| Enterobacter spp | 17 | 3.0 | 14 | 1 | 7.1 |
| Altro enterobacterales | 5 | 0.9 | 3 | 0 | 0 |
| Serratia | 20 | 3.5 | 15 | 1 | 6.7 |
| Pseudomonas aeruginosa | 54 | 9.5 | 33 | 9 | 27.3 |
| Pseudomonas altra specie | 2 | 0.4 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 65 | 11.5 | 50 | 1 | 2 |
| Proteus | 9 | 1.6 | 6 | 0 | 0 |

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 876)

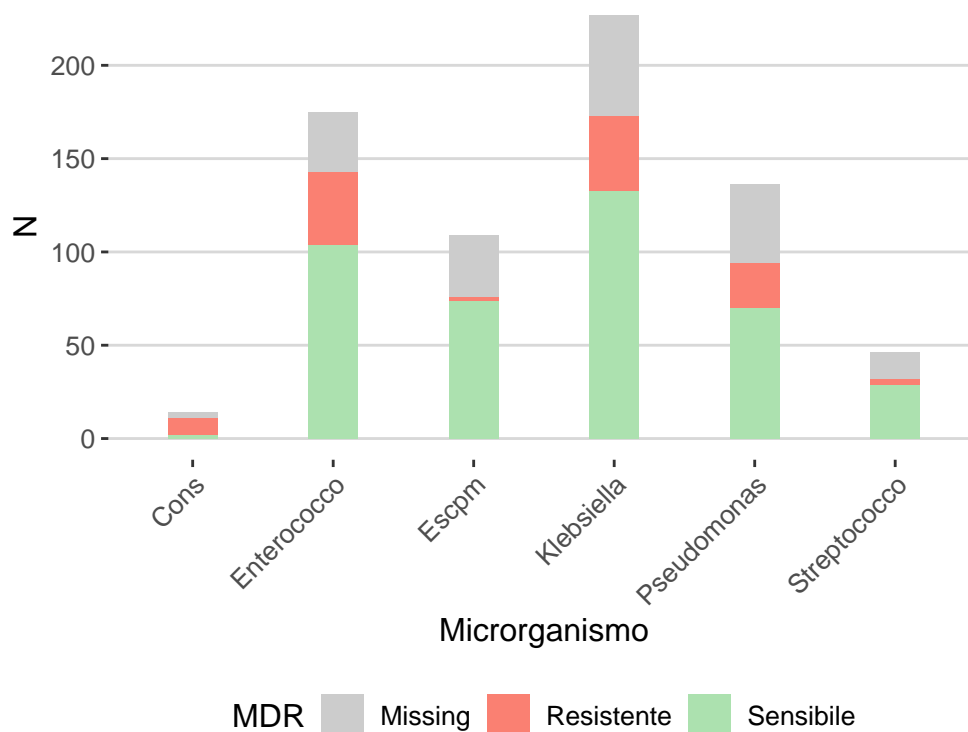
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Acinetobacter | 12 | 2.1 | 8 | 5 | 62.5 |
| Emofilo | 52 | 9.2 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 23 | 4.1 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 4 | 0.7 | 3 | 0 | 0 |
| Morganella | 2 | 0.4 | 1 | 0 | 0 |
| Providencia | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 9 | 1.6 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 363 | 64.1 | 199 | 28 | 14.1 |
| Candida albicans | 17 | 3.0 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 12 | 2.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 2 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 3 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 2 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 15 | 2.7 | 0 | 0 | 0 |
| Pneumocistie Jirovecii | 5 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 3 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 59 | 10.4 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 20 | 3.5 | | | |
| Influenza AH3N2 | 3 | 0.5 | | | |
| Influenza altro A | 1 | 0.2 | | | |
| Influenza B | 5 | 0.9 | | | |
| Influenza tipo non specificato | 3 | 0.5 | | | |
| Citomegalovirus | 4 | 0.7 | | | |
| Herpes simplex | 4 | 0.7 | | | |
| Altro Virus | 15 | 2.7 | | | |
| Totale Virus | 55 | 9.7 | 0 | 0 | 0 |
| Mycoplasma | 6 | 1.1 | 0 | 0 | 0 |
| Mycobacterium tuberculosis | 7 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 13 | 2.3 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

7.11.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|--------|
| Klebsiella pneumoniae | 47 | Ertapenem | 5 | 10.64 |
| Klebsiella pneumoniae | 47 | Meropenem | 7 | 14.89 |
| Klebsiella altra specie | 18 | Ertapenem | 1 | 5.56 |
| Klebsiella altra specie | 18 | Meropenem | 1 | 5.56 |
| Enterobacter spp | 14 | Ertapenem | 1 | 7.14 |
| Escherichia coli | 50 | Ertapenem | 1 | 2.00 |
| Serratia | 15 | Ertapenem | 1 | 6.67 |
| Acinetobacter | 8 | Imipenem | 2 | 25.00 |
| Acinetobacter | 8 | Meropenem | 5 | 62.50 |
| Pseudomonas aeruginosa | 33 | Imipenem | 9 | 27.27 |
| Pseudomonas aeruginosa | 33 | Meropenem | 5 | 15.15 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | Meticillina | 2 | 100.00 |
| Staphylococcus aureus | 82 | Meticillina | 23 | 28.05 |
| Streptococcus pneumoniae | 67 | Penicillina | 5 | 7.46 |
| Enterococco faecalis | 6 | Vancomicina | 2 | 33.33 |
| Enterococco faecium | 7 | Vancomicina | 2 | 28.57 |

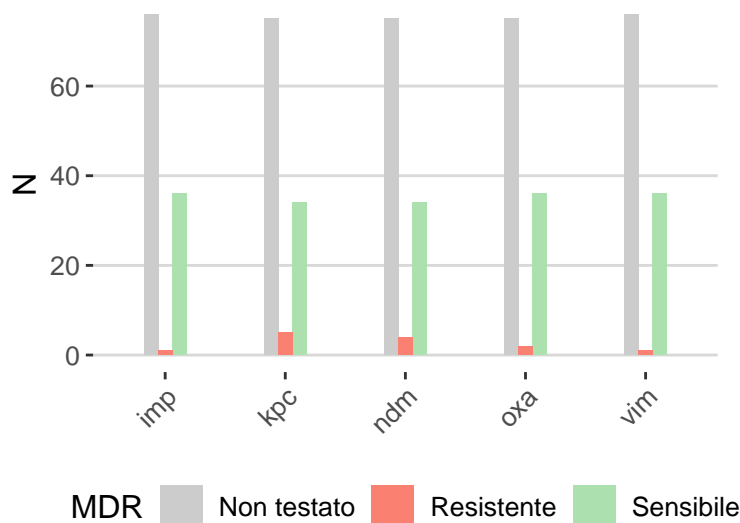
7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

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 | 9 | 7.89 |
| No | 28 | 24.56 |
| Non testato | 77 | 67.54 |

Missing 97

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 1 | 7.7 | 36 | 76 |
| kpc | 5 | 38.5 | 34 | 75 |
| ndm | 4 | 30.8 | 34 | 75 |
| oxa | 2 | 15.4 | 36 | 75 |
| vim | 1 | 7.7 | 36 | 76 |

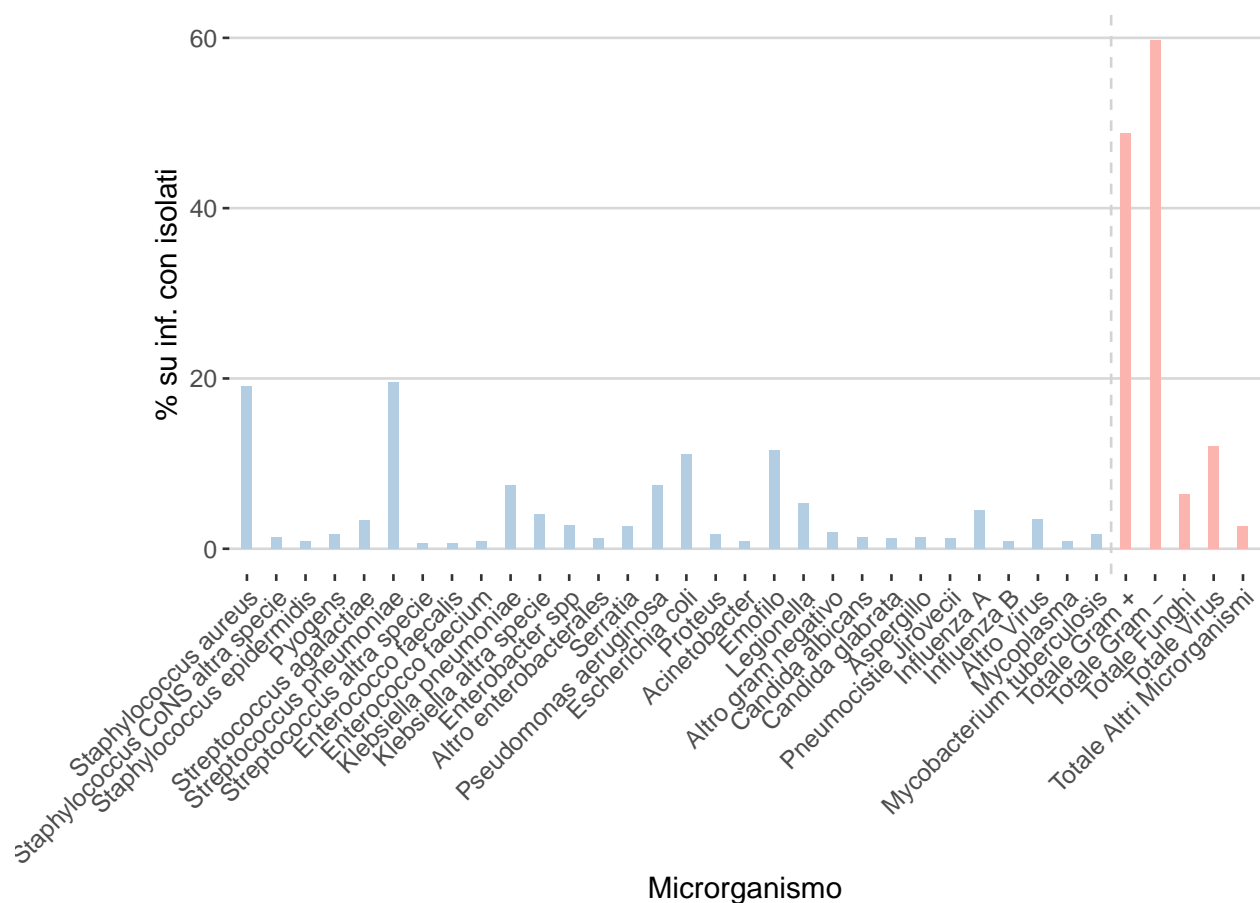


7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

| Infezioni con Microrganismi isolati | | |
|-------------------------------------|------------|------|
| | N | % |
| No | 244 | 36.5 |
| Sì | 424 | 63.5 |
| Missing | 0 | |
| Totale infezioni | 668 | |
| Totale microrganismi isolati | 579 | |

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.

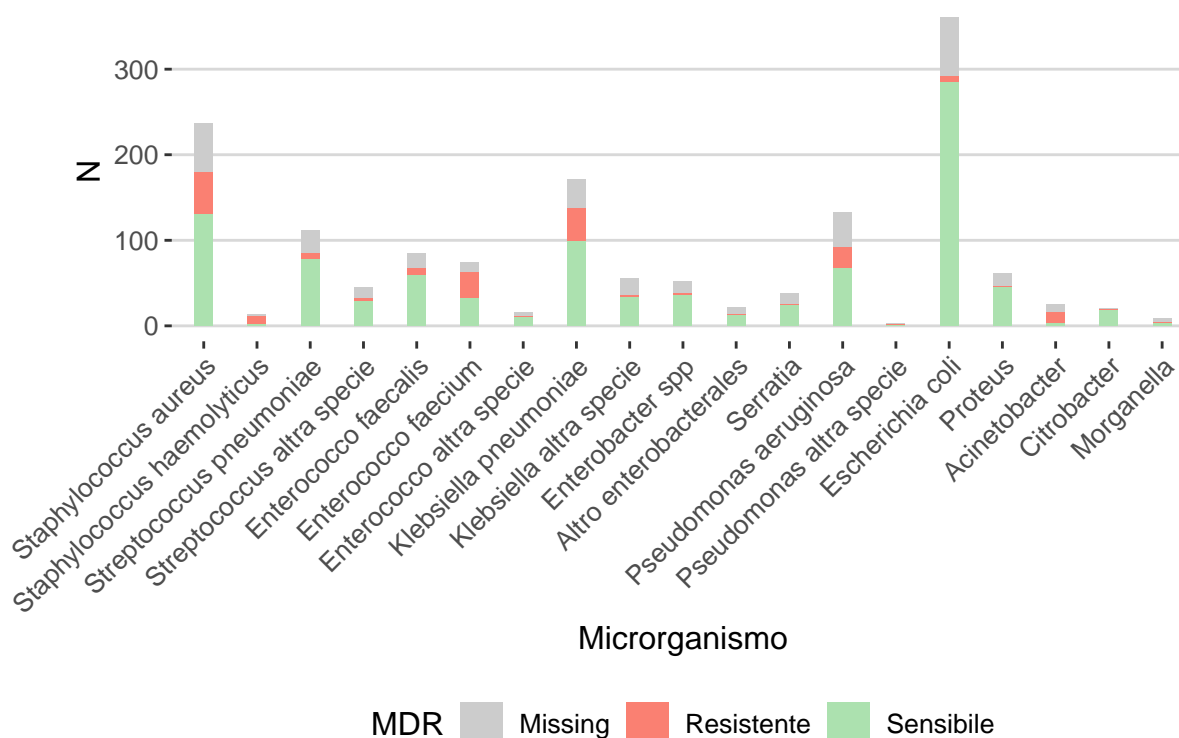


| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|---|------------|-----------------------|---------------------|-----------|-----------|
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 81 | 19.1 | 63 | 17 | 27 |
| <i>Staphylococcus CoNS altra specie</i> | 6 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Staphylococcus haemolyticus</i> | 1 | 0.2 | 1 | 1 | 100 |
| <i>Staphylococcus hominis</i> | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Staphylococcus epidermidis</i> | 4 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Pyogens</i> | 7 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Streptococcus agalactiae</i> | 14 | 3.3 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Streptococcus pneumoniae</i> | 83 | 19.6 | 62 | 4 | 6.5 |
| <i>Streptococcus altra specie</i> | 3 | 0.7 | 2 | 0 | 0 |
| <i>Enterococcus faecalis</i> | 3 | 0.7 | 2 | 2 | 100 |
| <i>Enterococcus faecium</i> | 4 | 0.9 | 3 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 207 | 48.8 | 133 | 24 | 18 |
| <i>Klebsiella pneumoniae</i> | 32 | 7.5 | 27 | 3 | 11.1 |
| <i>Klebsiella altra specie</i> | 17 | 4.0 | 11 | 0 | 0 |
| <i>Enterobacter spp</i> | 12 | 2.8 | 9 | 0 | 0 |
| Altro enterobacterales | 5 | 1.2 | 3 | 0 | 0 |
| <i>Serratia</i> | 11 | 2.6 | 9 | 0 | 0 |
| <i>Pseudomonas aeruginosa</i> | 32 | 7.5 | 19 | 3 | 15.8 |
| <i>Pseudomonas altra specie</i> | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Escherichia coli</i> | 47 | 11.1 | 37 | 1 | 2.7 |
| <i>Proteus</i> | 7 | 1.7 | 5 | 0 | 0 |
| <i>Acinetobacter</i> | 4 | 0.9 | 3 | 2 | 66.7 |

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 876)

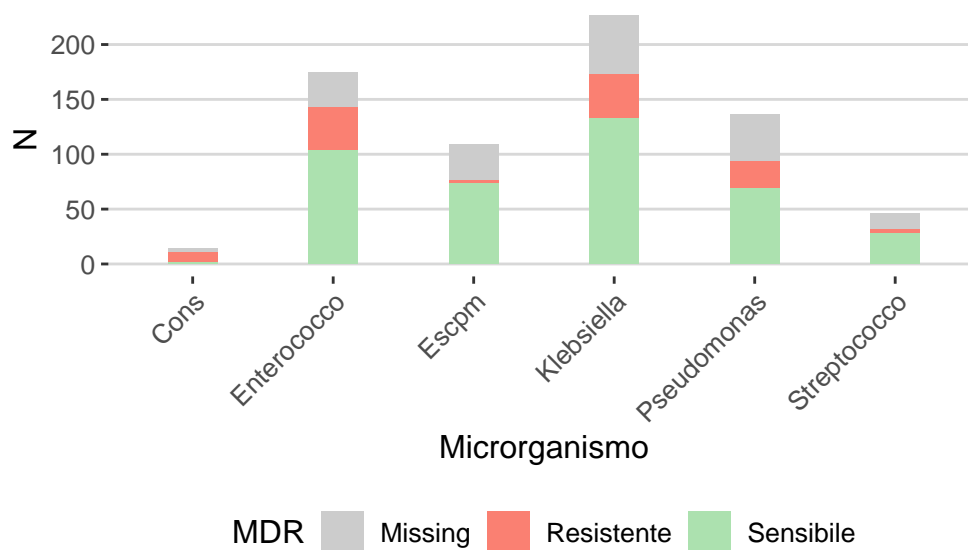
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|----------|------------|
| Emofilo | 49 | 11.6 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 23 | 5.4 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 3 | 0.7 | 2 | 0 | 0 |
| Morganella | 2 | 0.5 | 1 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 8 | 1.9 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 253 | 59.7 | 126 | 9 | 7.1 |
| Candida albicans | 6 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 5 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 2 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 6 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Pneumocistie Jirovecii | 5 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 2 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 27 | 6.4 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 19 | 4.5 | | | |
| Influenza AH3N2 | 3 | 0.7 | | | |
| Influenza altro A | 1 | 0.2 | | | |
| Influenza B | 4 | 0.9 | | | |
| Influenza tipo non specificato | 3 | 0.7 | | | |
| Citomegalovirus | 3 | 0.7 | | | |
| Herpes simplex | 3 | 0.7 | | | |
| Altro Virus | 15 | 3.5 | | | |
| Totale Virus | 51 | 12.0 | 0 | 0 | 0 |
| Mycoplasma | 4 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Mycobacterium tuberculosis | 7 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 11 | 2.6 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



| Microrganismo | N | N con anti- ogramma | N sensi- bili | N MDR | % MDR | N missing |
|---------------|-----|------------------------|------------------|-------|-------|-----------|
| Cons | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |

| | | | | | | |
|--------------|-----|-----|-----|----|-------|----|
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

7.12.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|--------|
| Klebsiella pneumoniae | 27 | Meropenem | 3 | 11.11 |
| Escherichia coli | 37 | Ertapenem | 1 | 2.70 |
| Acinetobacter | 3 | Imipenem | 1 | 33.33 |
| Acinetobacter | 3 | Meropenem | 2 | 66.67 |
| Pseudomonas aeruginosa | 19 | Imipenem | 3 | 15.79 |
| Pseudomonas aeruginosa | 19 | Meropenem | 1 | 5.26 |
| Staphylococcus haemolyticus | 1 | Meticillina | 1 | 100.00 |
| Staphylococcus aureus | 63 | Meticillina | 17 | 26.98 |
| Streptococcus pneumoniae | 62 | Penicillina | 4 | 6.45 |
| Enterococco faecalis | 2 | Vancomicina | 2 | 100.00 |

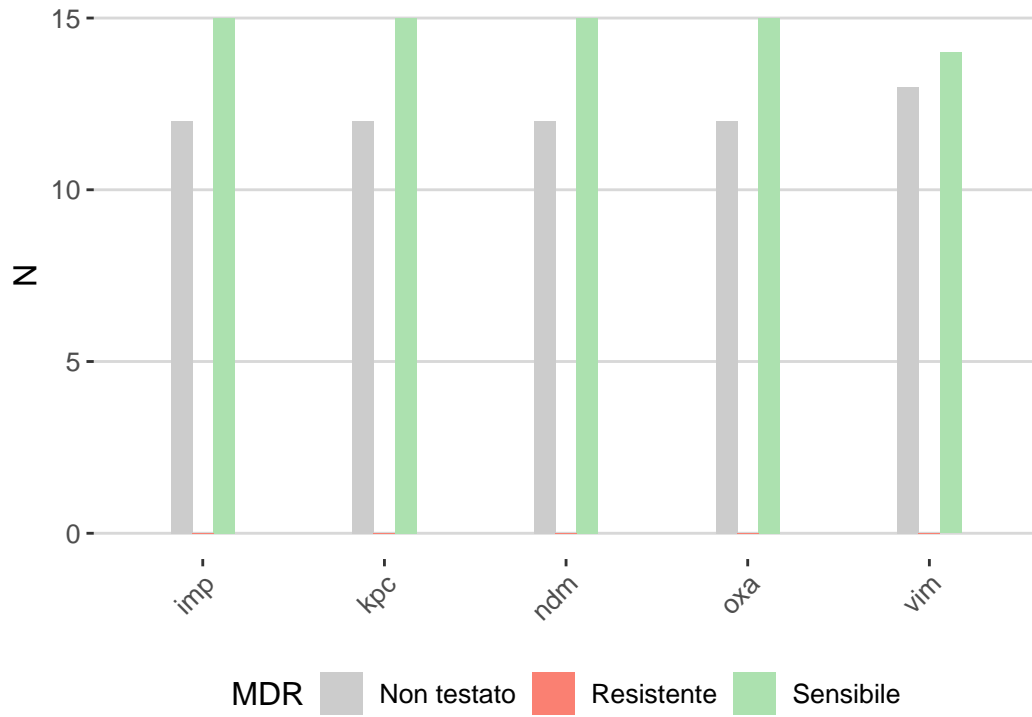
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

| | N | % |
|-------------|----|-------|
| Sì | 0 | 0 |
| No | 14 | 51.85 |
| Non testato | 13 | 48.15 |
| Missing | 24 | |

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0 | 15 | 12 |
| kpc | 0 | 0 | 15 | 12 |
| ndm | 0 | 0 | 15 | 12 |
| oxa | 0 | 0 | 15 | 12 |
| vim | 0 | 0 | 14 | 13 |

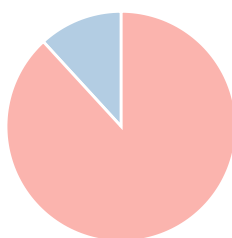
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 876)



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 752 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.8% della popolazione totale ammessa in TI.

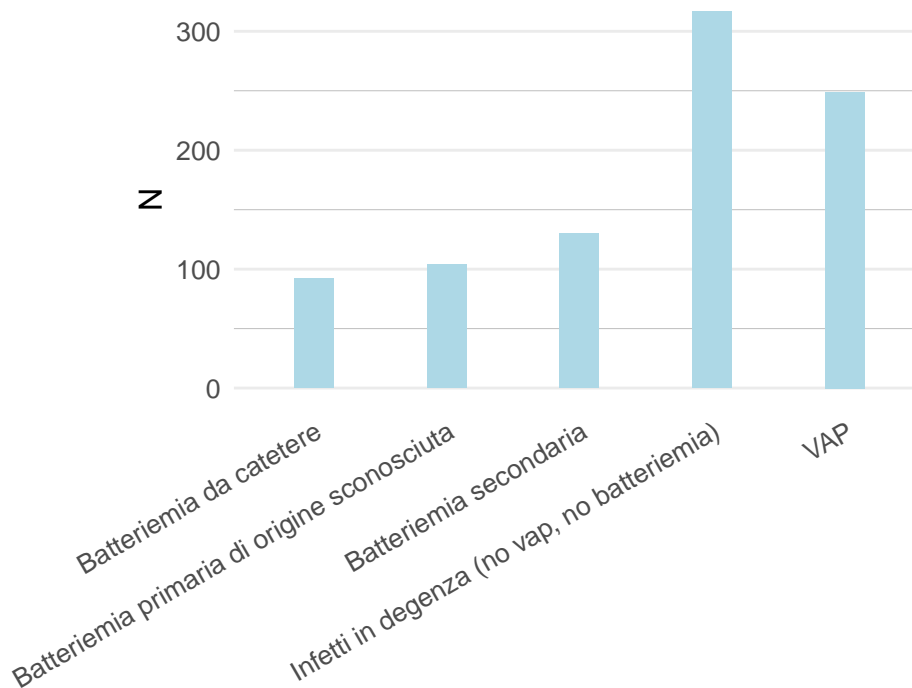


■ Infetti in degenza
■ Non infetti in degenza

| Pazienti | N | % |
|------------------------|------|------|
| Infetti in degenza | 752 | 11.8 |
| Non infetti in degenza | 5610 | 88.2 |

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 6362).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



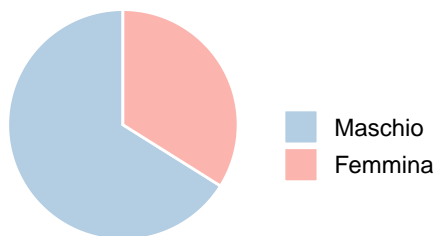
Pazienti

| Pazienti | N | % |
|---|-----|------|
| Infetti in degenza (no vap, no batteriemia) | 317 | 42.2 |
| VAP | 249 | 33.1 |
| Batteriemia primaria di origine sconosciuta | 104 | 13.8 |
| Batteriemia da catetere | 92 | 12.2 |
| Batteriemia secondaria | 130 | 17.3 |

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 752)

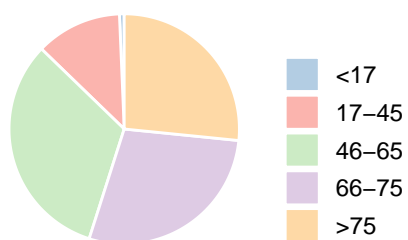
8 Pazienti infetti in degenza (N = 752)

8.1 Sesso



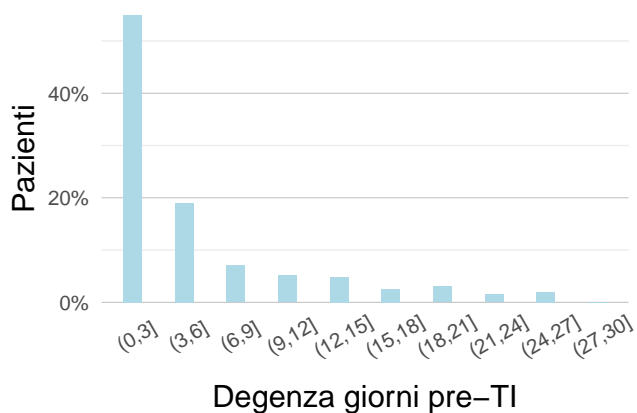
| Sesso | N | % |
|---------|-----|------|
| Maschio | 497 | 66.1 |
| Femmina | 255 | 33.9 |
| Missing | 0 | 0 |

8.2 Età



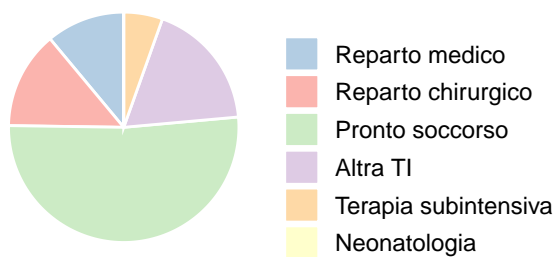
| Range età | N | % |
|-----------|-----|------|
| <17 | 5 | 0.7 |
| 17-45 | 91 | 12.1 |
| 46-65 | 243 | 32.3 |
| 66-75 | 213 | 28.3 |
| >75 | 200 | 26.6 |
| Missing | 0 | 0 |

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



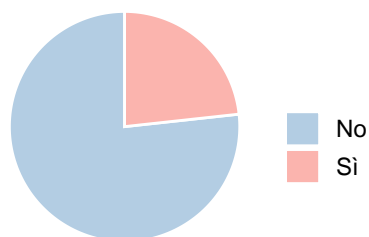
| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 6.1 |
| DS | 15.3 |
| Mediana | 1 |
| Q1-Q3 | 0-5 |
| Missing | 1 |

8.4 Provenienza (reparto)



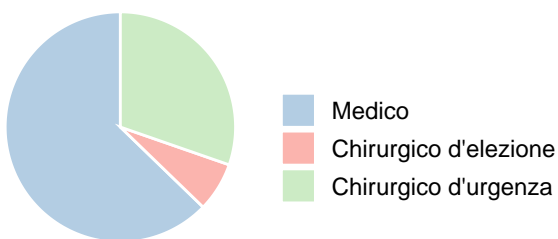
| Provenienza | N | % |
|----------------------|-----|------|
| Reparto medico | 83 | 11.1 |
| Reparto chirurgico | 103 | 13.7 |
| Pronto soccorso | 388 | 51.7 |
| Altra TI | 136 | 18.1 |
| Terapia subintensiva | 41 | 5.5 |
| Neonatologia | 0 | 0.0 |
| Missing | 1 | 0 |

8.5 Trauma



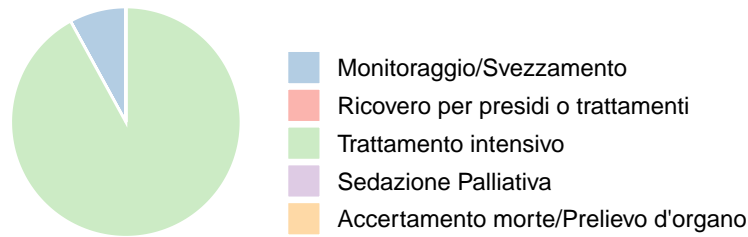
| Trauma | N | % |
|---------|-----|------|
| No | 577 | 76.7 |
| Sì | 175 | 23.3 |
| Missing | 0 | 0 |

8.6 Stato Chirurgico



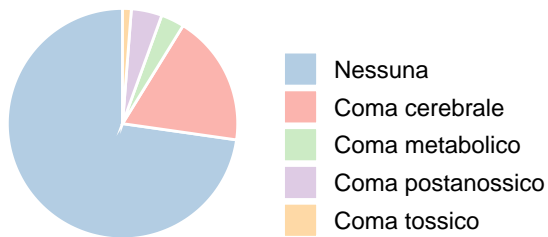
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Medico | 472 | 62.8 |
| Chirurgico d'elezione | 52 | 6.9 |
| Chirurgico d'urgenza | 228 | 30.3 |
| Missing | 0 | 0 |

8.7 Motivo di ammissione



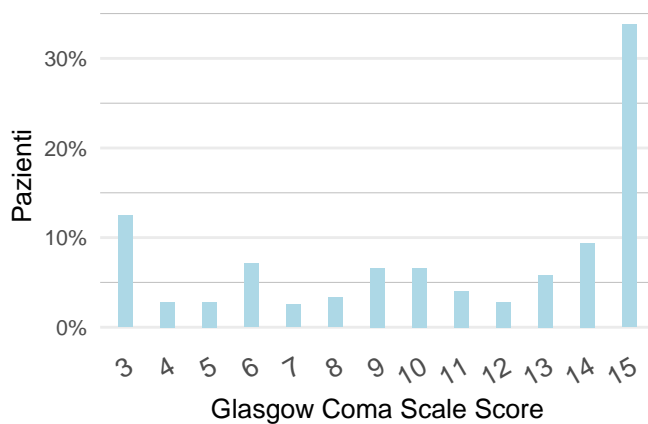
| Motivo di ammissione | N | % |
|--------------------------------------|-----|------|
| Monitoraggio/Svezzamento | 60 | 8.0 |
| Ricovero per presidi o trattamenti | 0 | 0.0 |
| Trattamento intensivo | 691 | 92.0 |
| Sedazione Palliativa | 0 | 0.0 |
| Accertamento morte/Prelievo d'organo | 0 | 0.0 |
| Missing | 1 | 0 |

8.8 Insufficienza neurologica



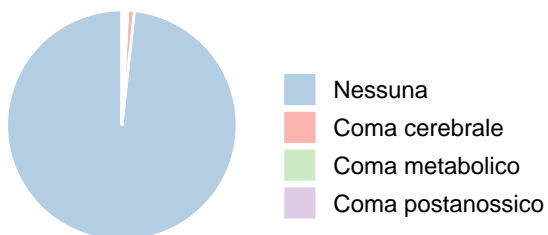
| Insufficienza neurologica | N | % |
|---------------------------|-----|------|
| Nessuna | 355 | 72.7 |
| Coma cerebrale | 90 | 18.4 |
| Coma metabolico | 16 | 3.3 |
| Coma postanossico | 21 | 4.3 |
| Coma tossico | 6 | 1.2 |
| Missing | 264 | 0 |

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



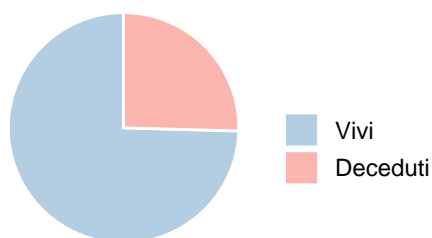
| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 8.7 |
| DS | 4.4 |
| Mediana | 10 |
| Q1-Q3 | 4.2-13 |

8.10 Insufficienza neurologica insorta



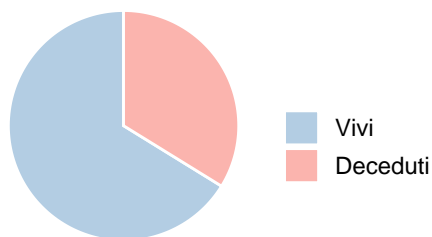
| Insufficienza neurologica insorta | N | % |
|-----------------------------------|-----|------|
| Nessuna | 739 | 98.3 |
| Coma cerebrale | 7 | 0.9 |
| Coma metabolico | 3 | 0.4 |
| Coma postanossico | 3 | 0.4 |
| Missing | 0 | 0 |

8.11 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|-----|------|
| Vivi | 560 | 74.6 |
| Deceduti | 191 | 25.4 |
| Missing | 1 | 0 |

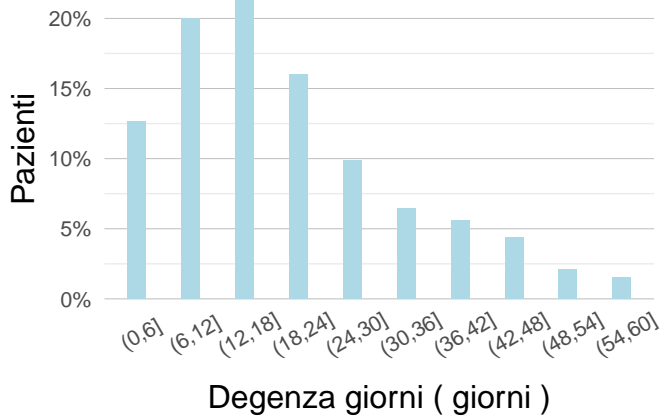
8.12 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità Ospedaliera | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Vivi | 476 | 66.2 |
| Deceduti | 243 | 33.8 |
| Missing | 10 | 0 |

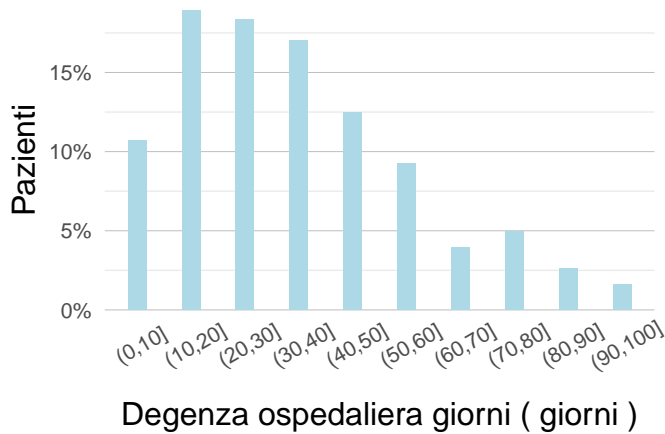
* Statistiche calcolate su 729 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 23).

8.13 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 23.0 (17.9) |
| Mediana (Q1-Q3) | 18 (11-30) |
| Missing | 1 |

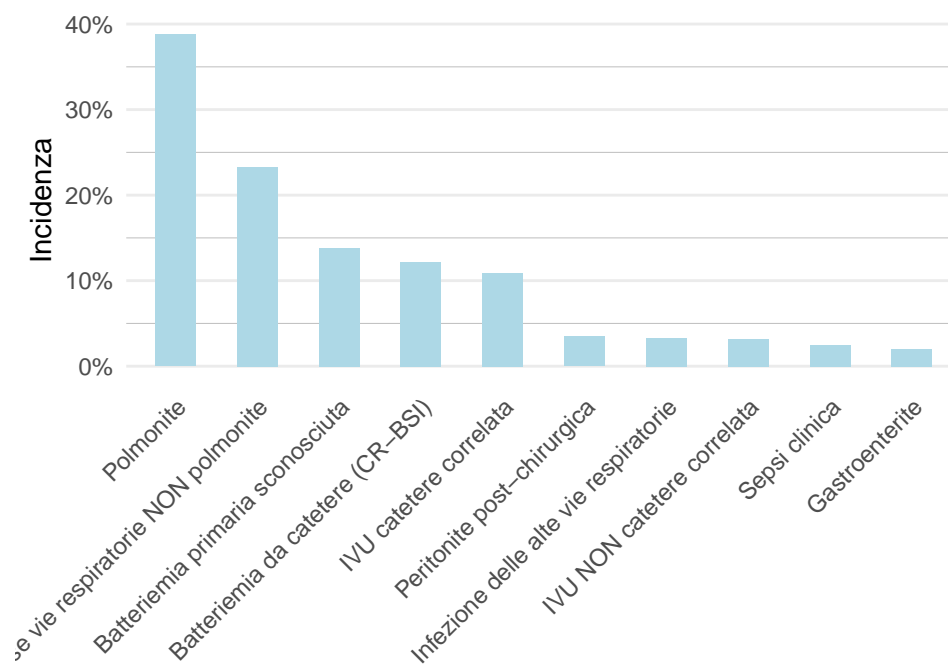
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 40.3 (31.0) |
| Mediana (Q1-Q3) | 33 (18-52) |
| Missing | 10 |

* Statistiche calcolate su 729 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 23).

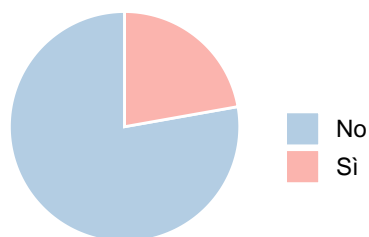
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

| Infezione | N | % |
|---|-----|------|
| Polmonite | 292 | 38.8 |
| Inf. basse vie respiratorie NON polmonite | 175 | 23.3 |
| Batteriemia primaria sconosciuta | 104 | 13.8 |
| Batteriemia da catetere (CR-BSI) | 92 | 12.2 |
| IVU catetere correlata | 82 | 10.9 |
| Peritonite post-chirurgica | 26 | 3.5 |
| Infezione delle alte vie respiratorie | 25 | 3.3 |
| IVU NON catetere correlata | 24 | 3.2 |
| Sepsi clinica | 19 | 2.5 |
| Gastroenterite | 15 | 2.0 |
| Missing | 0 | |

8.16 Infezione multisito



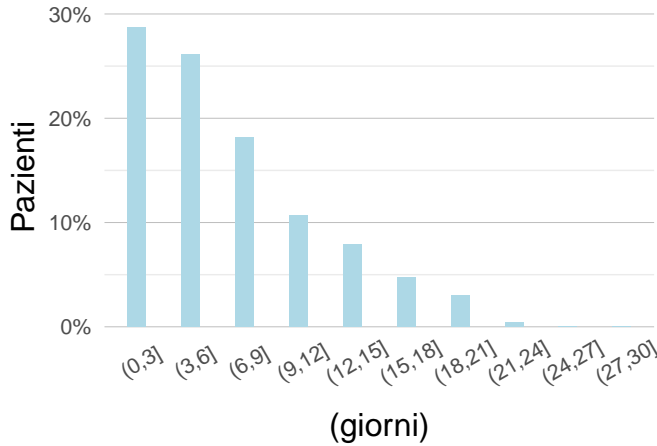
| Infezione multisito | N | % |
|---------------------|-----|------|
| No | 585 | 77.8 |
| Si | 167 | 22.2 |
| Missing | 0 | 0 |

8.17 Infezioni in degenza

| | N |
|--|------|
| Numero totale di episodi infettivi * | 933 |
| Numero totale di microrganismi isolati | 1137 |

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



| Indicatore | Valore |
|------------|--------|
| Media | 7.9 |
| DS | 7.6 |
| Mediana | 6 |
| 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 | 23.2 | 16.3 % |
| CI (95%) | 21.6 - 25.0 | 15.1 - 17.5 |

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

Il primo:

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

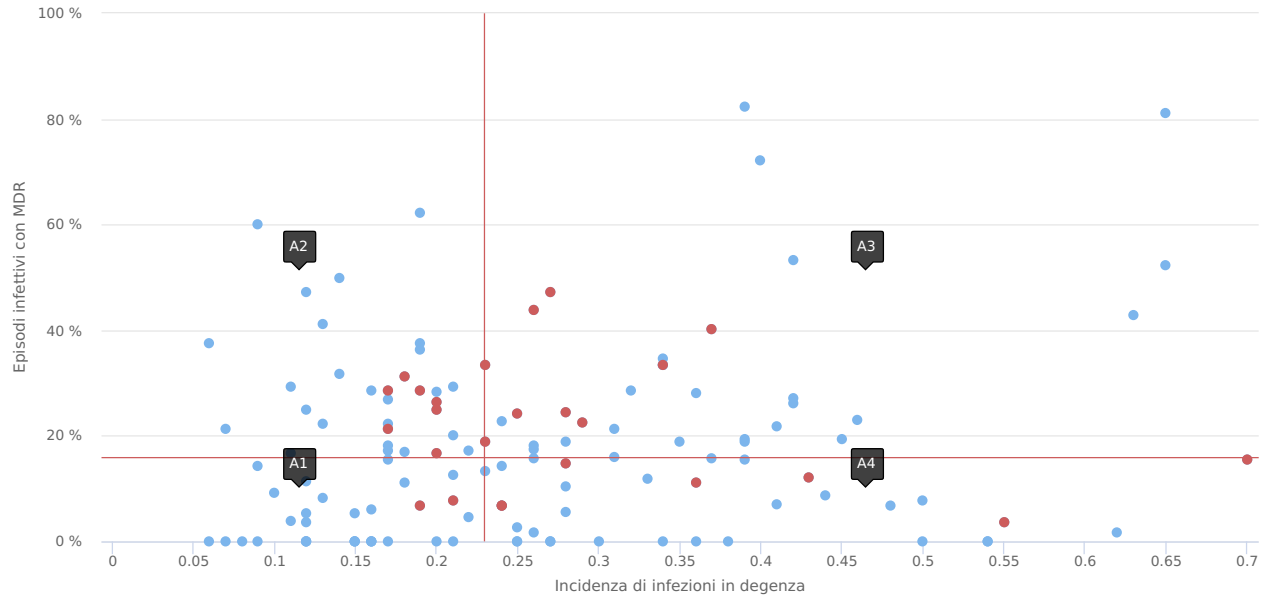
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

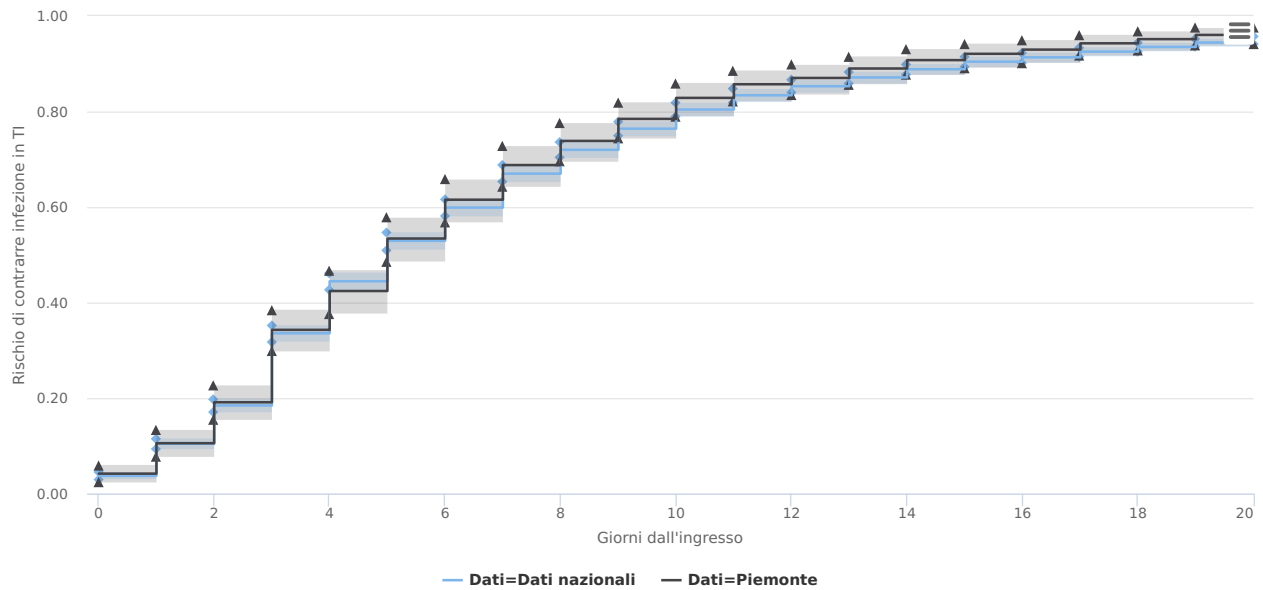
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

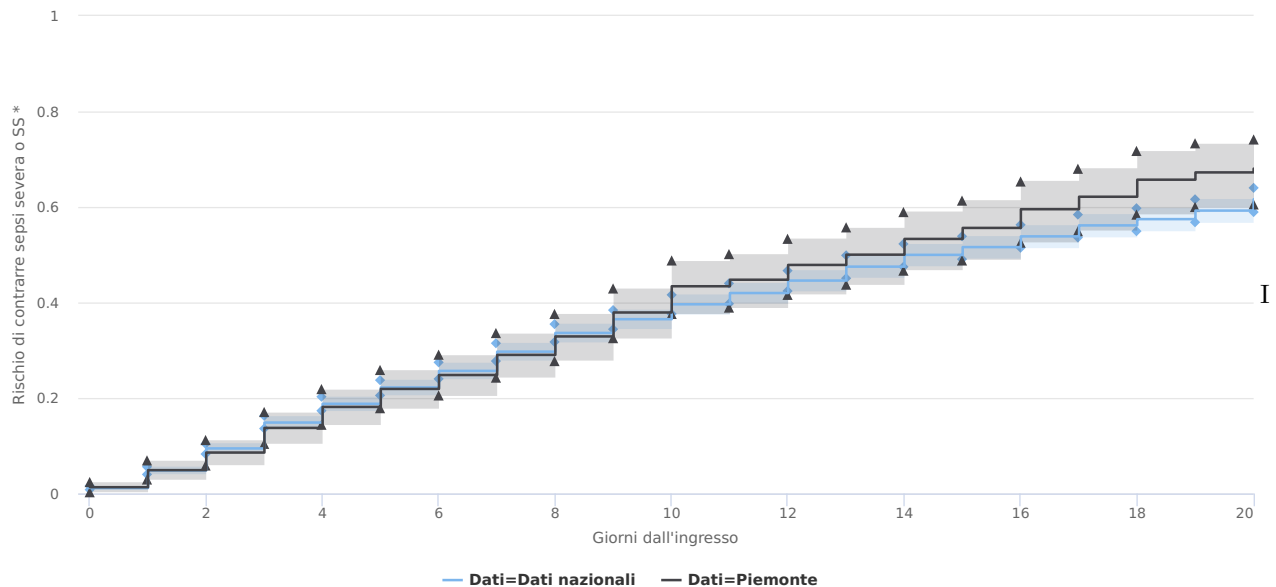


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

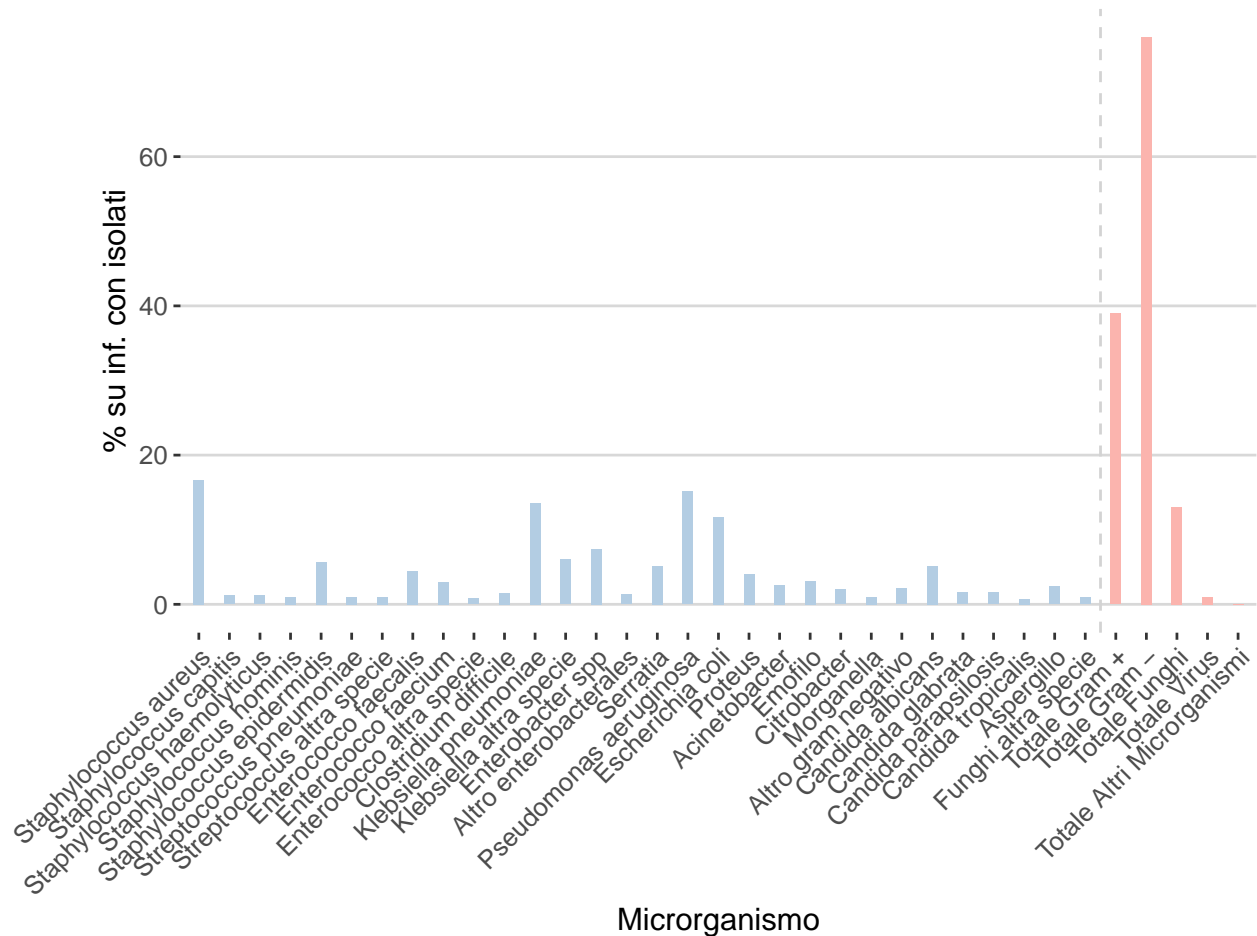
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime 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 | 67 | 7.2 |
| Sì | 859 | 92.8 |
| Missing | 7 | |
| Totale infezioni | 933 | |
| Totale microrganismi isolati | 1137 | |

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.

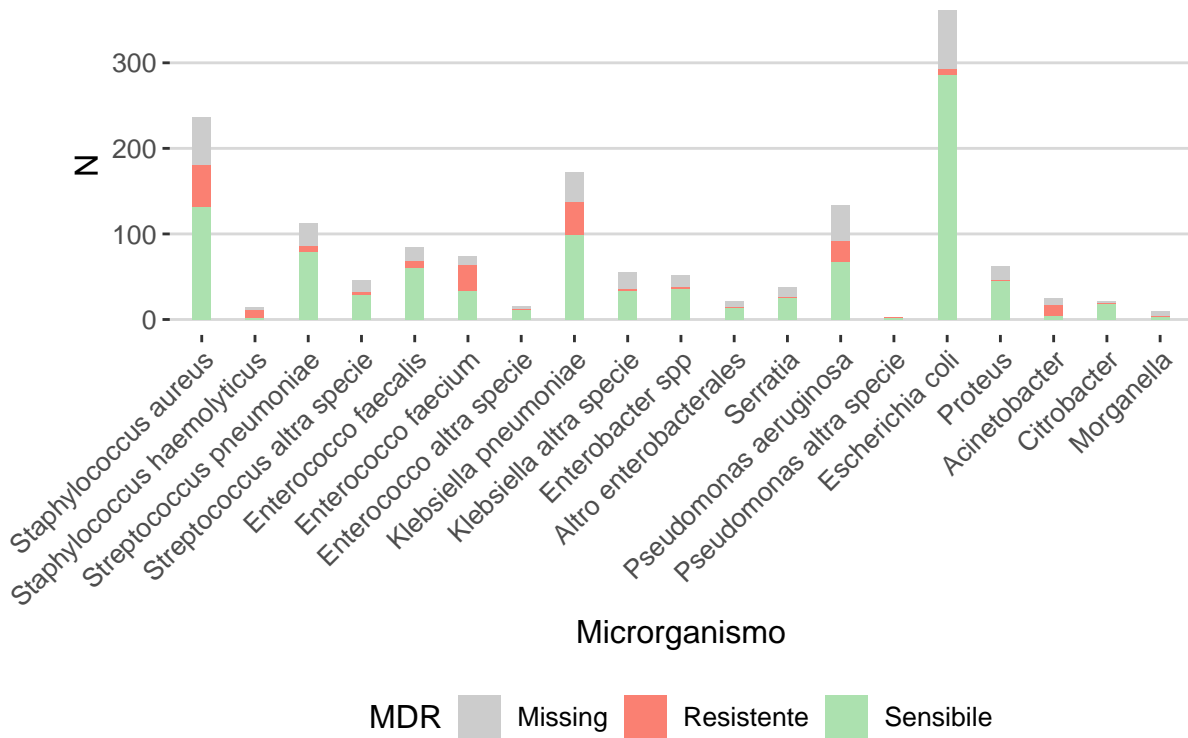


| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|-----|-----------------------|---------------------|-------|-------|
| Staphylococcus aureus | 144 | 16.7 | 114 | 27 | 23.7 |
| Staphylococcus capitis | 10 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 5 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |

| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Staphylococcus haemolyticus | 10 | 1.2 | 8 | 6 | 75 |
| Staphylococcus hominis | 9 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 49 | 5.7 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 3 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 9 | 1.0 | 7 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 9 | 1.0 | 7 | 1 | 14.3 |
| Enterococco faecalis | 39 | 4.5 | 32 | 2 | 6.2 |
| Enterococco faecium | 26 | 3.0 | 20 | 9 | 45 |
| Enterococco altra specie | 7 | 0.8 | 3 | 1 | 33.3 |
| Clostridium difficile | 13 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium altra specie | 3 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 336 | 39.0 | 191 | 46 | 24.1 |
| Klebsiella pneumoniae | 117 | 13.6 | 82 | 21 | 25.6 |
| Klebsiella altra specie | 52 | 6.0 | 40 | 1 | 2.5 |
| Enterobacter spp | 64 | 7.4 | 51 | 2 | 3.9 |
| Altro enterobacterales | 11 | 1.3 | 7 | 0 | 0 |
| Serratia | 44 | 5.1 | 31 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 130 | 15.1 | 97 | 25 | 25.8 |
| Pseudomonas altra specie | 3 | 0.3 | 2 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 101 | 11.7 | 79 | 3 | 3.8 |
| Proteus | 35 | 4.1 | 28 | 2 | 7.1 |
| Acinetobacter | 22 | 2.6 | 18 | 11 | 61.1 |
| Emofilo | 27 | 3.1 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 1 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 17 | 2.0 | 10 | 0 | 0 |
| Morganella | 9 | 1.0 | 8 | 0 | 0 |
| Providencia | 3 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 18 | 2.1 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 654 | 76.0 | 453 | 65 | 14.3 |
| Candida albicans | 44 | 5.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida auris | 1 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 14 | 1.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 2 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 14 | 1.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 6 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Candida specie non determinata | 1 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida altra specie | 1 | 0.1 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 21 | 2.4 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 8 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 112 | 13.0 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 1 | 0.1 | | | |
| Citomegalovirus | 1 | 0.1 | | | |
| Herpes simplex | 3 | 0.3 | | | |
| Altro Virus | 4 | 0.5 | | | |
| Totale Virus | 9 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

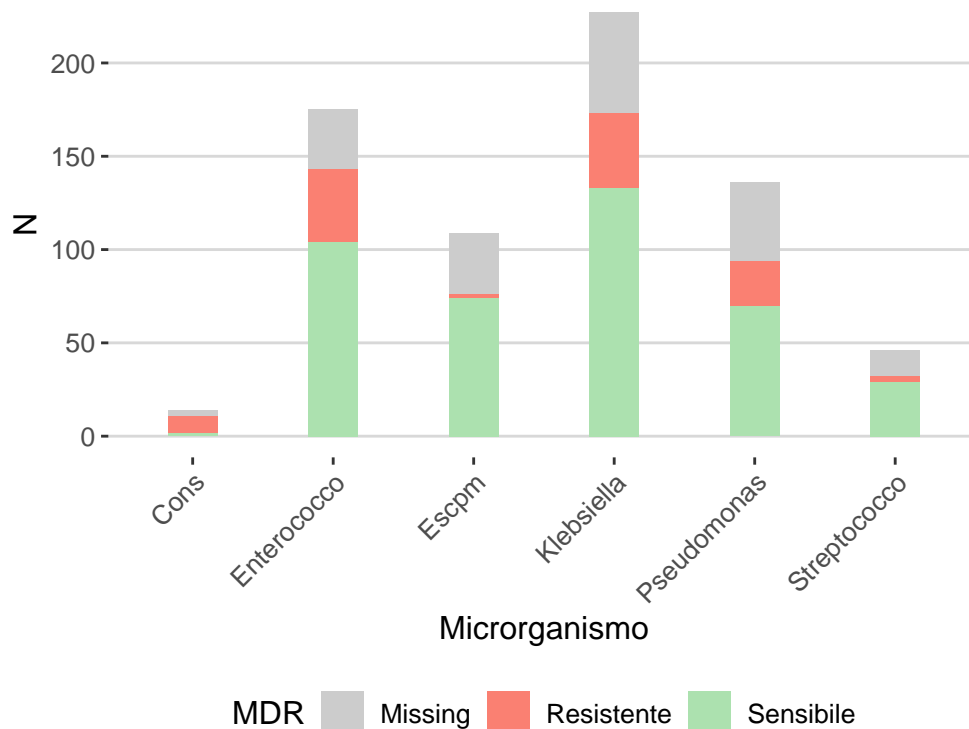
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono

mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

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

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|-----|-------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 82 | Ertapenem | 19 | 23.17 |
| Klebsiella pneumoniae | 82 | Meropenem | 21 | 25.61 |
| Klebsiella altra specie | 40 | Ertapenem | 1 | 2.50 |
| Enterobacter spp | 51 | Ertapenem | 2 | 3.92 |
| Escherichia coli | 79 | Ertapenem | 2 | 2.53 |
| Escherichia coli | 79 | Meropenem | 3 | 3.80 |
| Proteus | 28 | Ertapenem | 2 | 7.14 |
| Proteus | 28 | Meropenem | 2 | 7.14 |
| Acinetobacter | 18 | Imipenem | 8 | 44.44 |
| Acinetobacter | 17 | Meropenem | 10 | 58.82 |
| Pseudomonas aeruginosa | 97 | Imipenem | 25 | 25.77 |
| Pseudomonas aeruginosa | 97 | Meropenem | 20 | 20.62 |
| Staphylococcus haemolyticus | 8 | Meticillina | 6 | 75.00 |
| Staphylococcus aureus | 114 | Meticillina | 27 | 23.68 |
| Streptococcus altra specie | 7 | Penicillina | 1 | 14.29 |
| Enterococco faecalis | 32 | Vancomicina | 2 | 6.25 |
| Enterococco faecium | 20 | Vancomicina | 9 | 45.00 |
| Enterococco altra specie | 3 | Vancomicina | 1 | 33.33 |

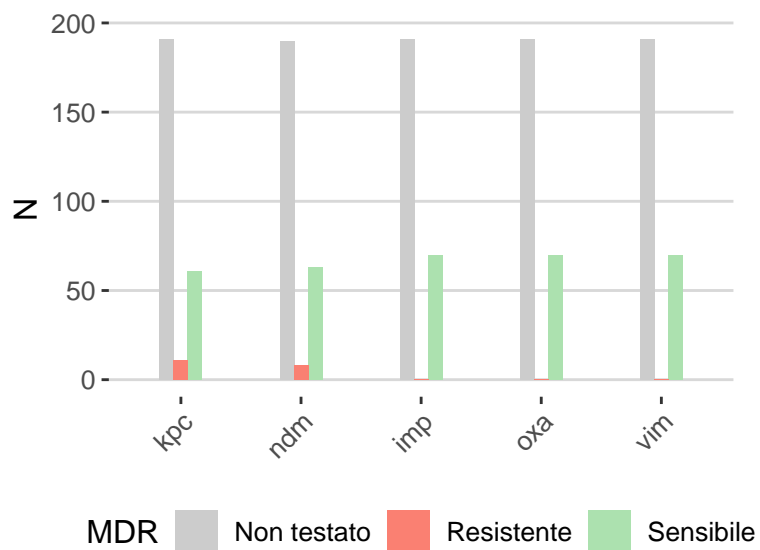
8.21.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti in degenza

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

| N | % |
|---|---|
|---|---|

| | | |
|-------------|-----|-------|
| Sì | 17 | 6.54 |
| No | 55 | 21.15 |
| Non testato | 188 | 72.31 |
| Missing | 229 | |

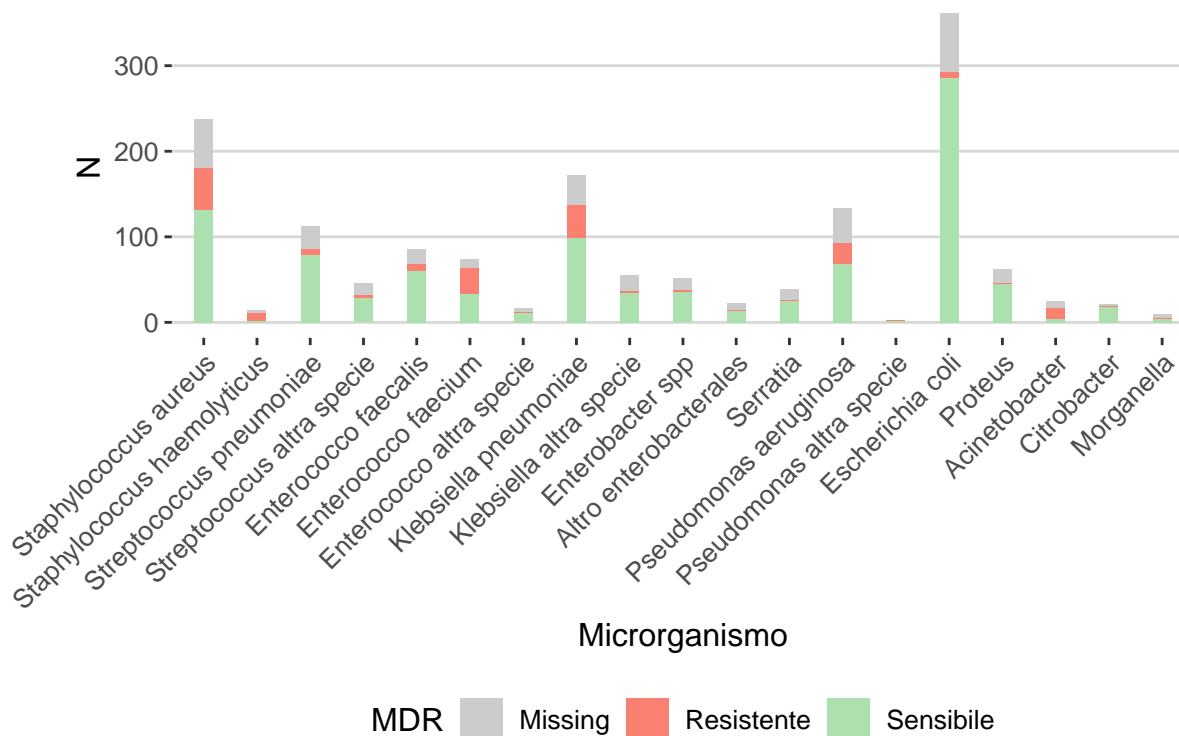
| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0.0 | 70 | 191 |
| kpc | 11 | 57.9 | 61 | 191 |
| ndm | 8 | 42.1 | 63 | 190 |
| oxa | 0 | 0.0 | 70 | 191 |
| vim | 0 | 0.0 | 70 | 191 |



| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Staphylococcus capitis | 5 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 3 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 8 | 2.4 | 6 | 5 | 83.3 |
| Staphylococcus hominis | 2 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 32 | 9.4 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 3 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 5 | 1.5 | 5 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 3 | 0.9 | 2 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 23 | 6.8 | 18 | 2 | 11.1 |
| Enterococco faecium | 17 | 5.0 | 14 | 7 | 50 |
| Enterococco altra specie | 3 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium difficile | 10 | 2.9 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium altra specie | 2 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 153 | 45.1 | 74 | 26 | 35.1 |
| Klebsiella pneumoniae | 46 | 13.6 | 28 | 7 | 25 |
| Klebsiella altra specie | 22 | 6.5 | 14 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 14 | 4.1 | 12 | 1 | 8.3 |
| Altro enterobacterales | 2 | 0.6 | 1 | 0 | 0 |
| Serratia | 14 | 4.1 | 6 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 65 | 19.2 | 42 | 12 | 28.6 |
| Pseudomonas altra specie | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 33 | 9.7 | 23 | 3 | 13 |
| Proteus | 9 | 2.7 | 9 | 0 | 0 |
| Acinetobacter | 18 | 5.3 | 15 | 11 | 73.3 |
| Emofilo | 5 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 3 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Morganella | 2 | 0.6 | 2 | 0 | 0 |
| Providencia | 3 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 8 | 2.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 246 | 72.6 | 152 | 34 | 22.4 |
| Candida albicans | 27 | 8.0 | 0 | 0 | 0 |
| Candida auris | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 8 | 2.4 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 14 | 4.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 5 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Candida specie non determinata | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Candida altra specie | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 17 | 5.0 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 4 | 1.2 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 79 | 23.3 | 0 | 0 | 0 |
| Citomegalovirus | 1 | 0.3 | | | |
| Herpes simplex | 1 | 0.3 | | | |
| Altro Virus | 3 | 0.9 | | | |
| Totale Virus | 5 | 1.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

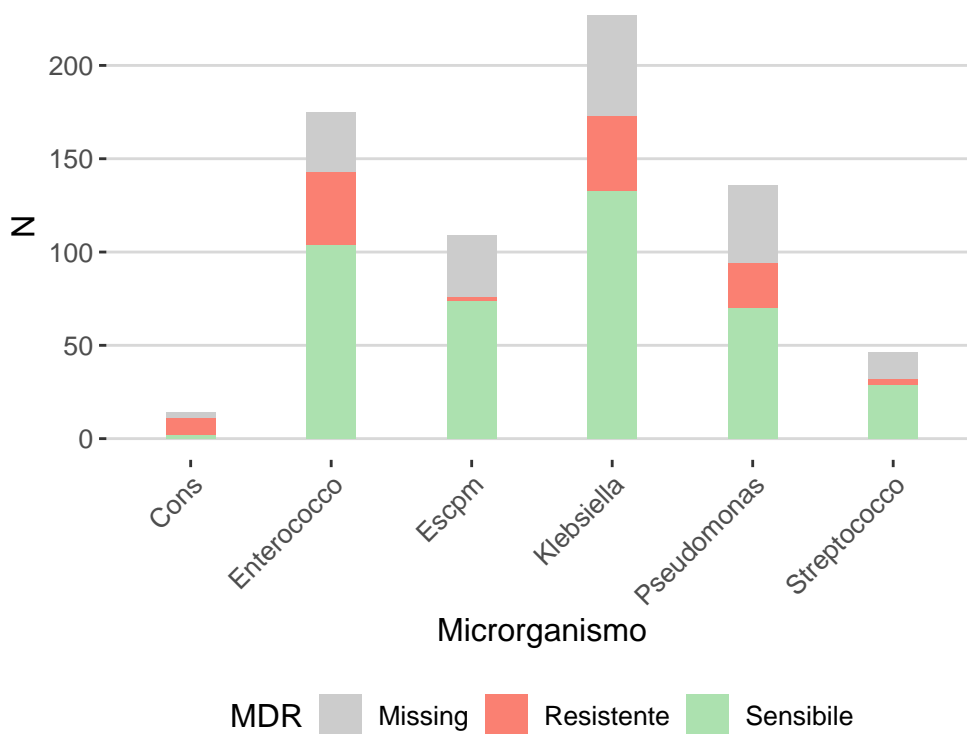
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

sistenti, 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 (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

9.1.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-------------------------|----|------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 42 | Ertapenem | 9 | 21.43 |
| Klebsiella pneumoniae | 42 | Meropenem | 10 | 23.81 |
| Klebsiella altra specie | 24 | Ertapenem | 1 | 4.17 |
| Klebsiella altra specie | 24 | Meropenem | 1 | 4.17 |
| Enterobacter spp | 16 | Ertapenem | 1 | 6.25 |

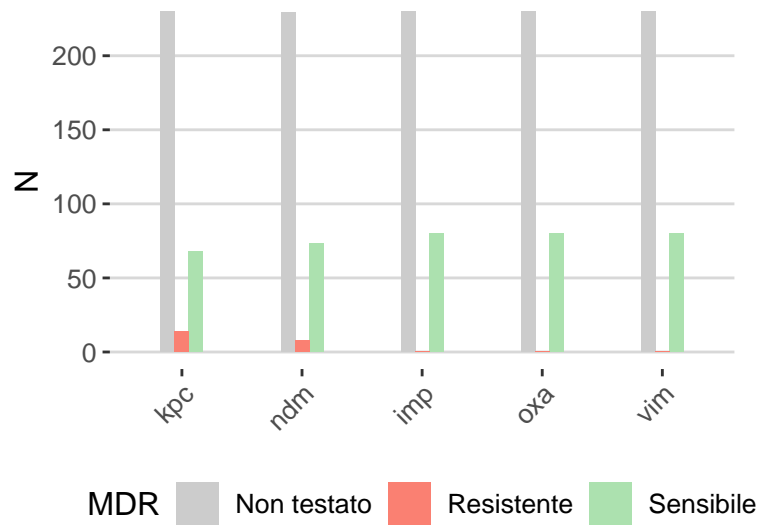
| | | | | |
|-----------------------------|----|-------------|----|--------|
| Altro enterobacterales | 2 | Ertapenem | 1 | 50.00 |
| Escherichia coli | 50 | Ertapenem | 3 | 6.00 |
| Escherichia coli | 51 | Meropenem | 4 | 7.84 |
| Acinetobacter | 19 | Imipenem | 8 | 42.11 |
| Acinetobacter | 18 | Meropenem | 13 | 72.22 |
| Pseudomonas aeruginosa | 61 | Imipenem | 14 | 22.95 |
| Pseudomonas aeruginosa | 61 | Meropenem | 11 | 18.03 |
| Staphylococcus haemolyticus | 7 | Meticillina | 6 | 85.71 |
| Staphylococcus aureus | 48 | Meticillina | 16 | 33.33 |
| Enterococco faecalis | 31 | Vancomicina | 4 | 12.90 |
| Enterococco faecium | 29 | Vancomicina | 14 | 48.28 |
| Enterococco altra specie | 1 | Vancomicina | 1 | 100.00 |

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

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

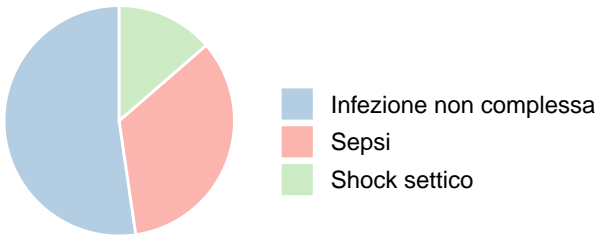
| | N | % |
|-------------|-----|-------|
| Si | 18 | 5.98 |
| No | 61 | 20.27 |
| Non testato | 222 | 73.75 |
| Missing | 274 | |

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0.0 | 80 | 230 |
| kpc | 14 | 63.6 | 68 | 230 |
| ndm | 8 | 36.4 | 73 | 229 |
| oxa | 0 | 0.0 | 80 | 230 |
| vim | 0 | 0.0 | 80 | 230 |



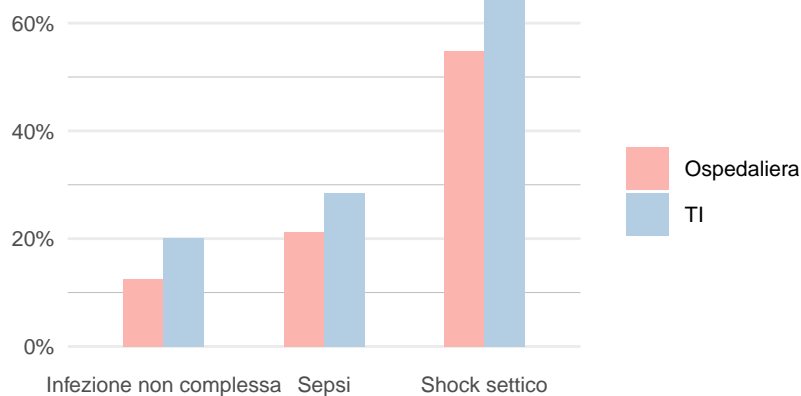
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 456)

10.1 Gravità massima dell'infezione



| Gravità massima dell'infezione | N | % |
|--------------------------------|-----|------|
| Infezione non complessa | 238 | 52.3 |
| Sepsi | 155 | 34.1 |
| Shock settico | 62 | 13.6 |
| Missing | 1 | 0 |

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



| Mortalità per gravità infezione (%) | TI | Ospedaliera |
|---------------------------------------|------|-------------|
| Infezione non complessa | 12.6 | 20.2 |
| Sepsi | 21.3 | 28.4 |
| Shock settico | 54.8 | 65.0 |

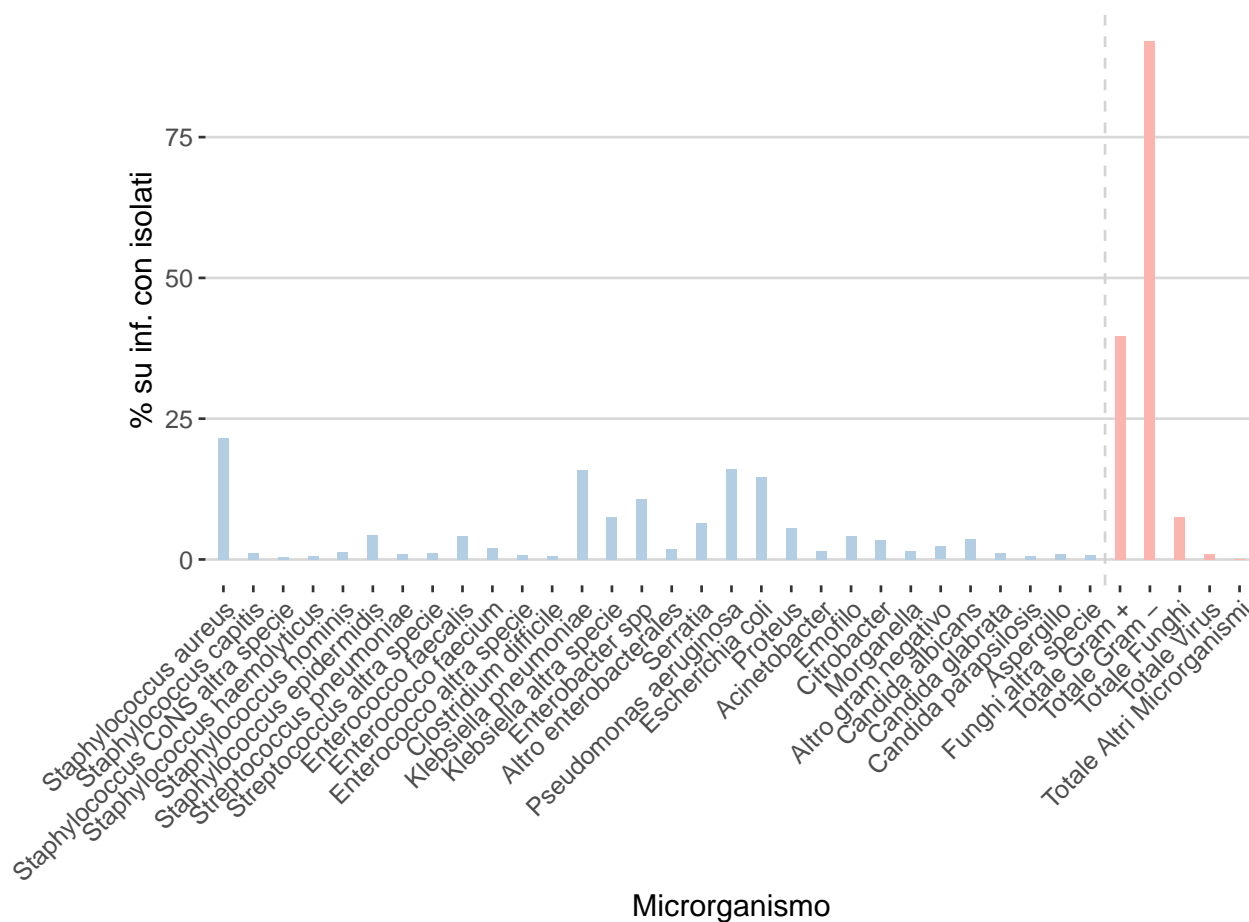
10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

| Infezioni con Microrganismi isolati | | |
|-------------------------------------|------------|------|
| | N | % |
| No | 37 | 6.2 |
| Sì | 560 | 93.8 |
| Missing | 4 | |
| Totale infezioni | 601 | |
| Totale microrganismi isolati | 745 | |

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

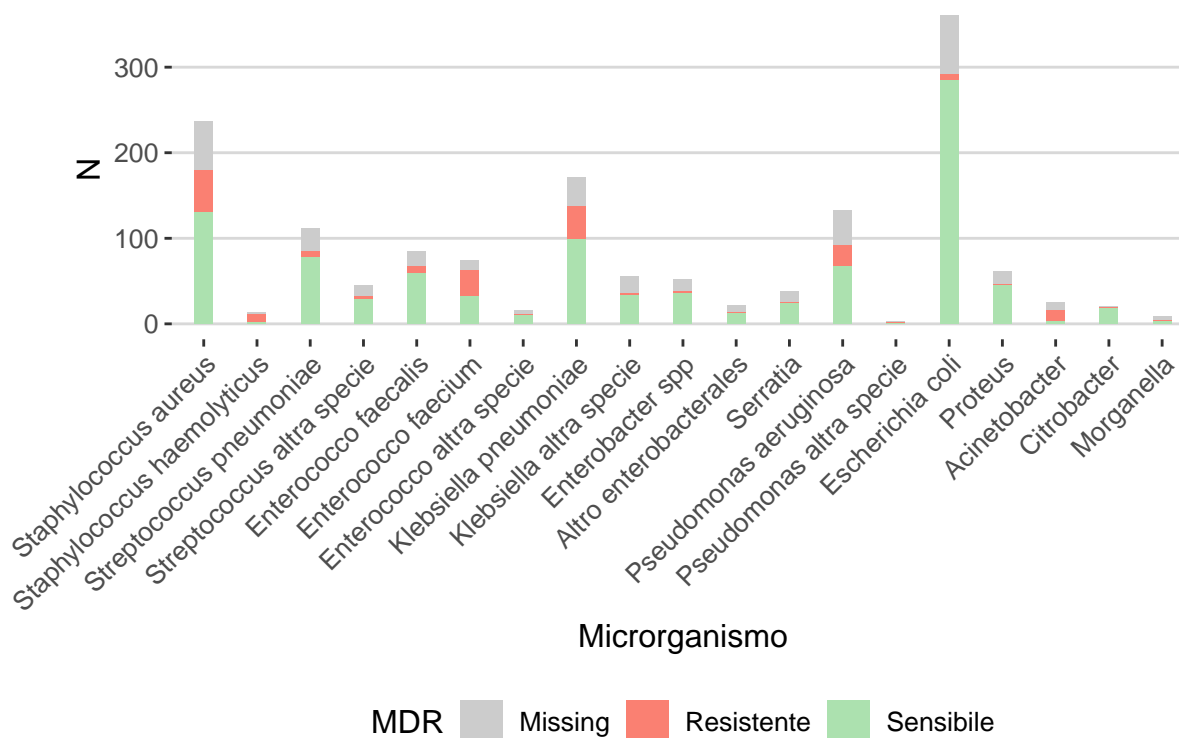
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|------------|-----------------------|---------------------|-----------|-----------|
| Staphylococcus aureus | 113 | 21.6 | 91 | 19 | 20.9 |
| Staphylococcus capitis | 6 | 1.1 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 2 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 3 | 0.6 | 2 | 1 | 50 |
| Staphylococcus hominis | 7 | 1.3 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 23 | 4.4 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 5 | 1.0 | 3 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 6 | 1.1 | 5 | 1 | 20 |
| Enterococcus faecalis | 22 | 4.2 | 18 | 0 | 0 |
| Enterococcus faecium | 11 | 2.1 | 8 | 4 | 50 |
| Enterococcus altra specie | 4 | 0.8 | 3 | 1 | 33.3 |
| Clostridium difficile | 3 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium altra specie | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 207 | 39.7 | 130 | 26 | 20 |
| Klebsiella pneumoniae | 83 | 15.9 | 64 | 17 | 26.6 |
| Klebsiella altra specie | 39 | 7.5 | 31 | 1 | 3.2 |
| Enterobacter spp | 56 | 10.7 | 44 | 1 | 2.3 |

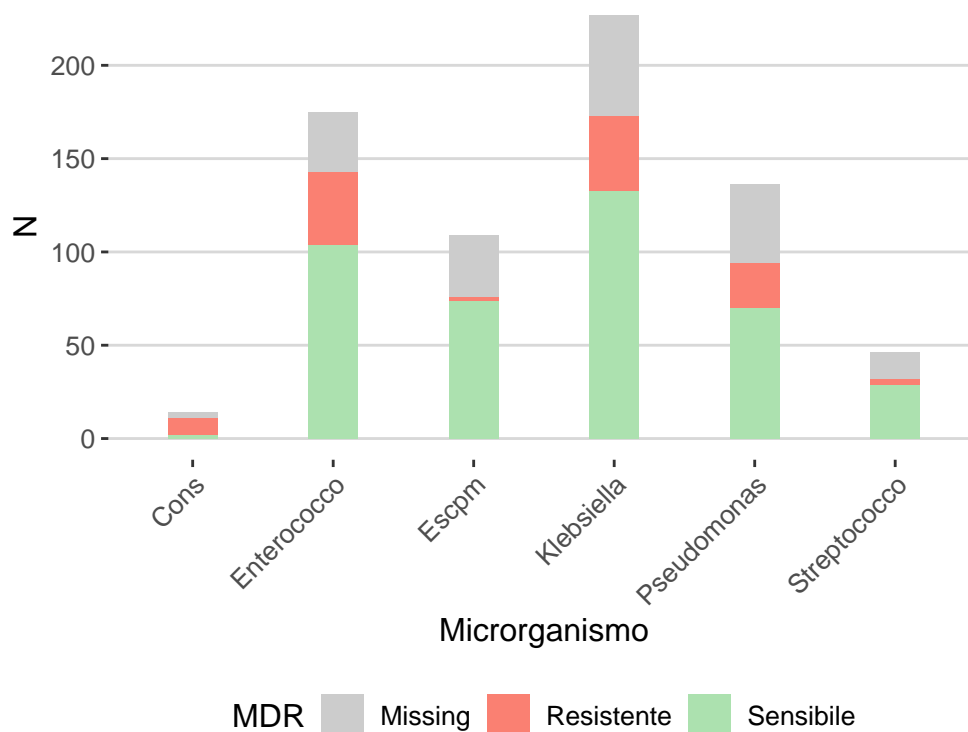
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Altro enterobacterales | 10 | 1.9 | 7 | 0 | 0 |
| Serratia | 34 | 6.5 | 28 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 84 | 16.1 | 66 | 16 | 24.2 |
| Pseudomonas altra specie | 2 | 0.4 | 2 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 76 | 14.6 | 63 | 1 | 1.6 |
| Proteus | 29 | 5.6 | 22 | 2 | 9.1 |
| Acinetobacter | 8 | 1.5 | 6 | 3 | 50 |
| Emofilo | 22 | 4.2 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 18 | 3.4 | 12 | 0 | 0 |
| Morganella | 8 | 1.5 | 7 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 12 | 2.3 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 481 | 92.1 | 352 | 41 | 11.6 |
| Candida albicans | 19 | 3.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 6 | 1.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida krusei | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 3 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 1 | 0.2 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 5 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 4 | 0.8 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 39 | 7.5 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 1 | 0.2 | | | |
| Herpes simplex | 2 | 0.4 | | | |
| Altro Virus | 2 | 0.4 | | | |
| Totale Virus | 5 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

10.3.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 64 | Ertapenem | 15 | 23.44 |
| Klebsiella pneumoniae | 64 | Meropenem | 17 | 26.56 |
| Klebsiella altra specie | 31 | Ertapenem | 1 | 3.23 |
| Enterobacter spp | 44 | Ertapenem | 1 | 2.27 |
| Escherichia coli | 63 | Ertapenem | 1 | 1.59 |
| Proteus | 22 | Ertapenem | 2 | 9.09 |
| Proteus | 22 | Meropenem | 2 | 9.09 |
| Acinetobacter | 6 | Imipenem | 2 | 33.33 |
| Acinetobacter | 6 | Meropenem | 3 | 50.00 |
| Pseudomonas aeruginosa | 66 | Imipenem | 16 | 24.24 |
| Pseudomonas aeruginosa | 66 | Meropenem | 12 | 18.18 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | Meticillina | 1 | 50.00 |
| Staphylococcus aureus | 91 | Meticillina | 19 | 20.88 |
| Streptococcus altra specie | 5 | Penicillina | 1 | 20.00 |
| Enterococco faecium | 8 | Vancomicina | 4 | 50.00 |
| Enterococco altra specie | 3 | Vancomicina | 1 | 33.33 |

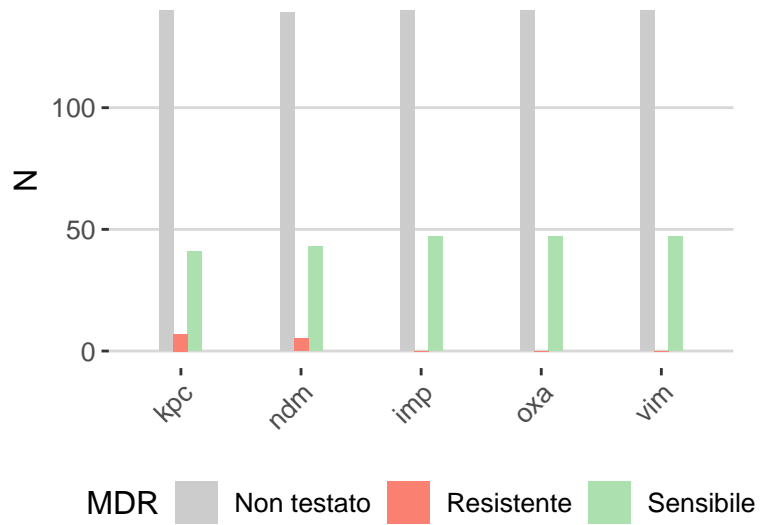
10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

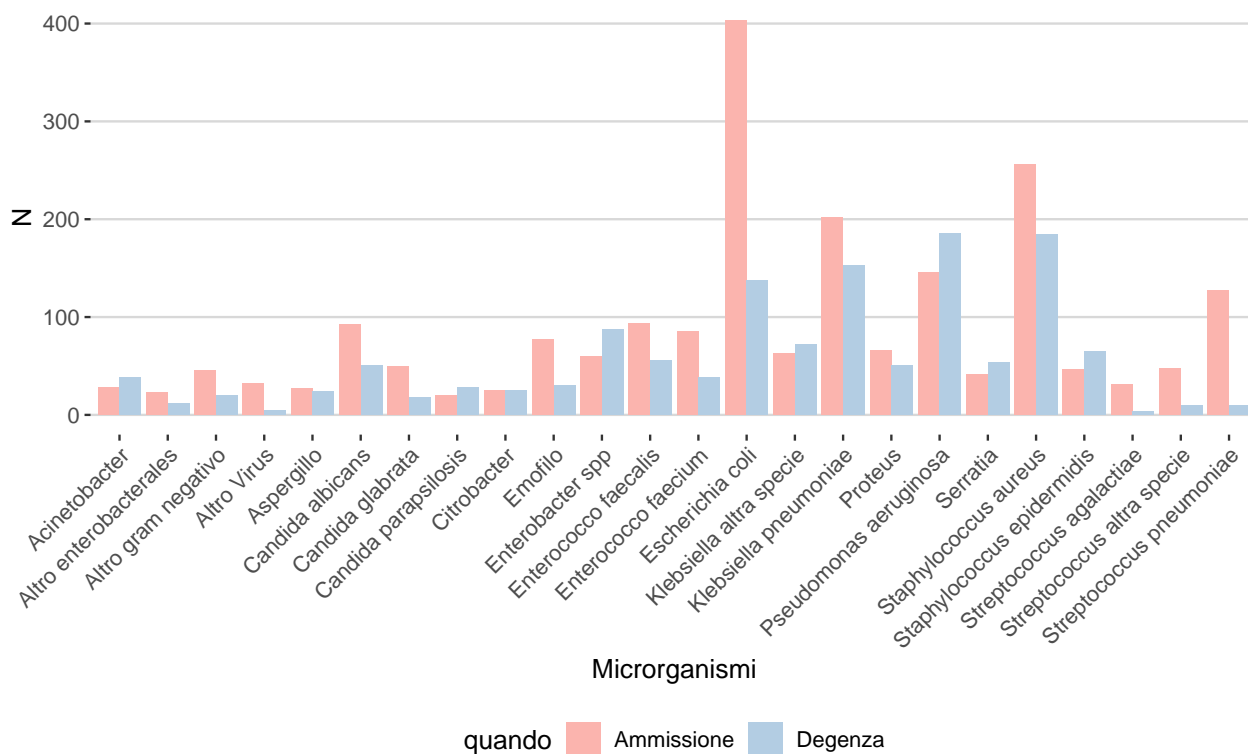
| | N | % |
|-------------|-----|-------|
| Si | 11 | 5.88 |
| No | 37 | 19.79 |
| Non testato | 139 | 74.33 |

Missing 160

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0.0 | 47 | 140 |
| kpc | 7 | 58.3 | 41 | 140 |
| ndm | 5 | 41.7 | 43 | 139 |
| oxa | 0 | 0.0 | 47 | 140 |
| vim | 0 | 0.0 | 47 | 140 |



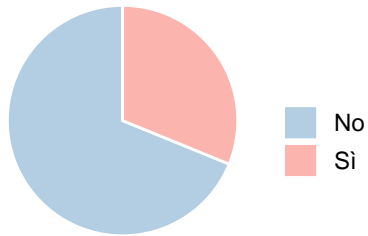
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



| Microrganismo isolato | N | Ammissione | % amm. | Degenza | % deg. |
|----------------------------|-----|------------|--------|---------|--------|
| Acinetobacter | 66 | 28 | 42.4 | 38 | 57.6 |
| Pseudomonas aeruginosa | 332 | 146 | 44 | 186 | 56 |
| Streptococcus agalactiae | 35 | 31 | 88.6 | 4 | 11.4 |
| Candida albicans | 144 | 93 | 64.6 | 51 | 35.4 |
| Aspergillo | 51 | 27 | 52.9 | 24 | 47.1 |
| Citrobacter | 50 | 25 | 50 | 25 | 50 |
| Enterobacter spp | 147 | 60 | 40.8 | 87 | 59.2 |
| Staphylococcus epidermidis | 111 | 46 | 41.4 | 65 | 58.6 |
| Escherichia coli | 540 | 403 | 74.6 | 137 | 25.4 |
| Enterococco faecalis | 150 | 94 | 62.7 | 56 | 37.3 |
| Enterococco faecium | 123 | 85 | 69.1 | 38 | 30.9 |
| Candida glabrata | 68 | 50 | 73.5 | 18 | 26.5 |
| Emofilo | 107 | 77 | 72 | 30 | 28 |
| Altro gram negativo | 65 | 45 | 69.2 | 20 | 30.8 |
| Altro enterobacterales | 35 | 23 | 65.7 | 12 | 34.3 |
| Klebsiella altra specie | 135 | 63 | 46.7 | 72 | 53.3 |
| Streptococcus altra specie | 58 | 48 | 82.8 | 10 | 17.2 |
| Altro Virus | 37 | 32 | 86.5 | 5 | 13.5 |
| Candida parapsilosis | 48 | 20 | 41.7 | 28 | 58.3 |
| Klebsiella pneumoniae | 355 | 202 | 56.9 | 153 | 43.1 |
| Streptococcus pneumoniae | 137 | 127 | 92.7 | 10 | 7.3 |
| Proteus | 117 | 66 | 56.4 | 51 | 43.6 |
| Serratia | 95 | 41 | 43.2 | 54 | 56.8 |
| Staphylococcus aureus | 441 | 256 | 58 | 185 | 42 |

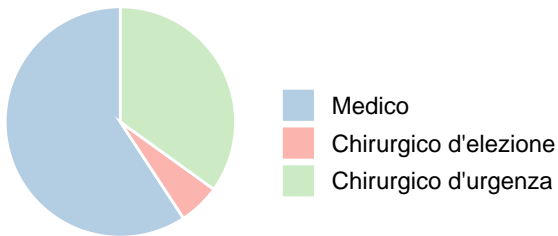
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 292)

11.1 Trauma



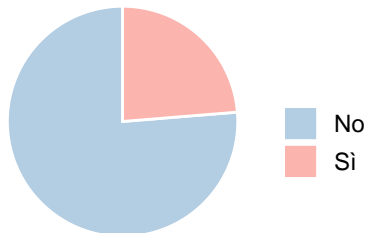
| Trauma | N | % |
|---------|-----|------|
| No | 201 | 68.8 |
| Si | 91 | 31.2 |
| Missing | 0 | 0 |

11.2 Stato Chirurgico



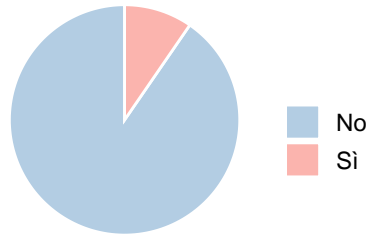
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Medico | 173 | 59.2 |
| Chirurgico d'elezione | 17 | 5.8 |
| Chirurgico d'urgenza | 102 | 34.9 |
| Missing | 0 | 0 |

11.3 Infezione batteriémica



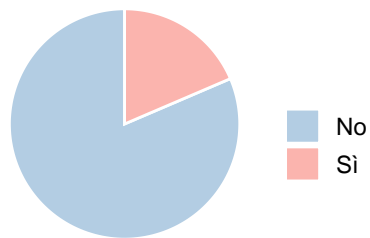
| Batteriémica | N | % |
|--------------|-----|------|
| No | 222 | 76.3 |
| Si | 69 | 23.7 |
| Missing | 1 | 0 |

11.4 Infezioni multisito



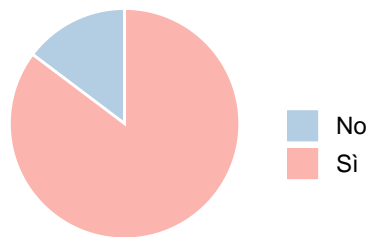
| Infezione multisito | N | % |
|---------------------|-----|------|
| No | 264 | 90.4 |
| Si | 28 | 9.6 |
| Missing | 0 | 0 |

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



| Nuovi episodi oltre il primo | N | % |
|------------------------------|-----|------|
| No | 237 | 81.4 |
| Si | 54 | 18.6 |
| Missing | 1 | 0 |

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

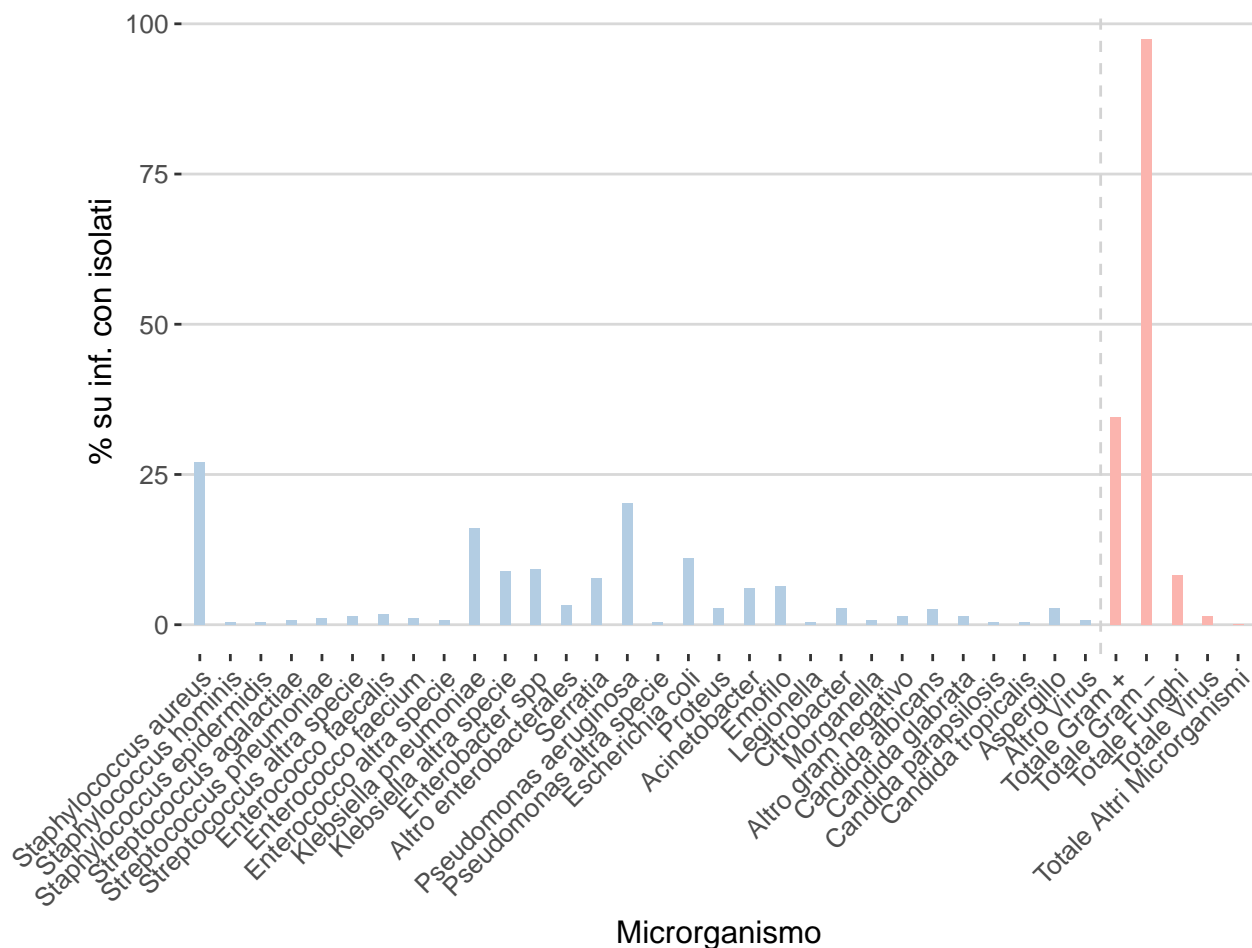


| Polmonite associata a VAP | N | % |
|---------------------------|-----|------|
| No | 43 | 14.7 |
| Si | 249 | 85.3 |
| Missing | 0 | 0 |

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

11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

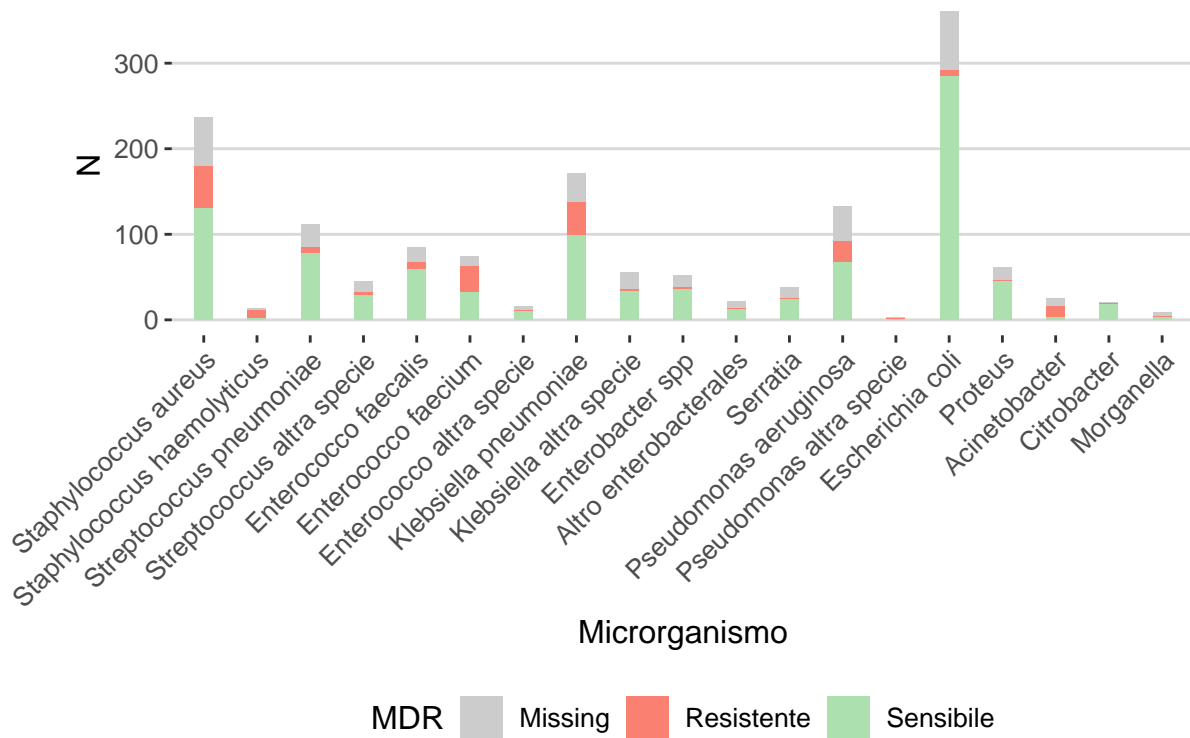
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------|-----------|-----------------------|---------------------|-----------|-------------|
| Staphylococcus aureus | 76 | 27.0 | 62 | 13 | 21 |
| Staphylococcus hominis | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 2 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 3 | 1.1 | 2 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 4 | 1.4 | 2 | 1 | 50 |
| Enterococcus faecalis | 5 | 1.8 | 5 | 0 | 0 |
| Enterococcus faecium | 3 | 1.1 | 2 | 1 | 50 |
| Enterococcus altra specie | 2 | 0.7 | 1 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 97 | 34.5 | 74 | 15 | 20.3 |
| Klebsiella pneumoniae | 45 | 16.0 | 33 | 10 | 30.3 |
| Klebsiella altra specie | 25 | 8.9 | 21 | 0 | 0 |

| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Enterobacter spp | 26 | 9.3 | 20 | 0 | 0 |
| Altro enterobacterales | 9 | 3.2 | 6 | 0 | 0 |
| Serratia | 22 | 7.8 | 14 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 57 | 20.3 | 43 | 14 | 32.6 |
| Pseudomonas altra specie | 1 | 0.4 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 31 | 11.0 | 23 | 0 | 0 |
| Proteus | 8 | 2.8 | 6 | 1 | 16.7 |
| Acinetobacter | 17 | 6.0 | 15 | 8 | 53.3 |
| Emofilo | 18 | 6.4 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 8 | 2.8 | 5 | 0 | 0 |
| Morganella | 2 | 0.7 | 1 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 4 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 274 | 97.5 | 188 | 33 | 17.6 |
| Candida albicans | 7 | 2.5 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 4 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Candida specie non determinata | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 8 | 2.8 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 0.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 23 | 8.2 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 1 | 0.4 | | | |
| Herpes simplex | 1 | 0.4 | | | |
| Altro Virus | 2 | 0.7 | | | |
| Totale Virus | 4 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

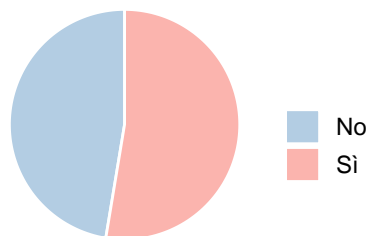
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

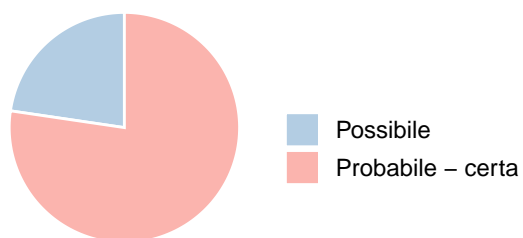
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 249)

12.1 VAP precoce



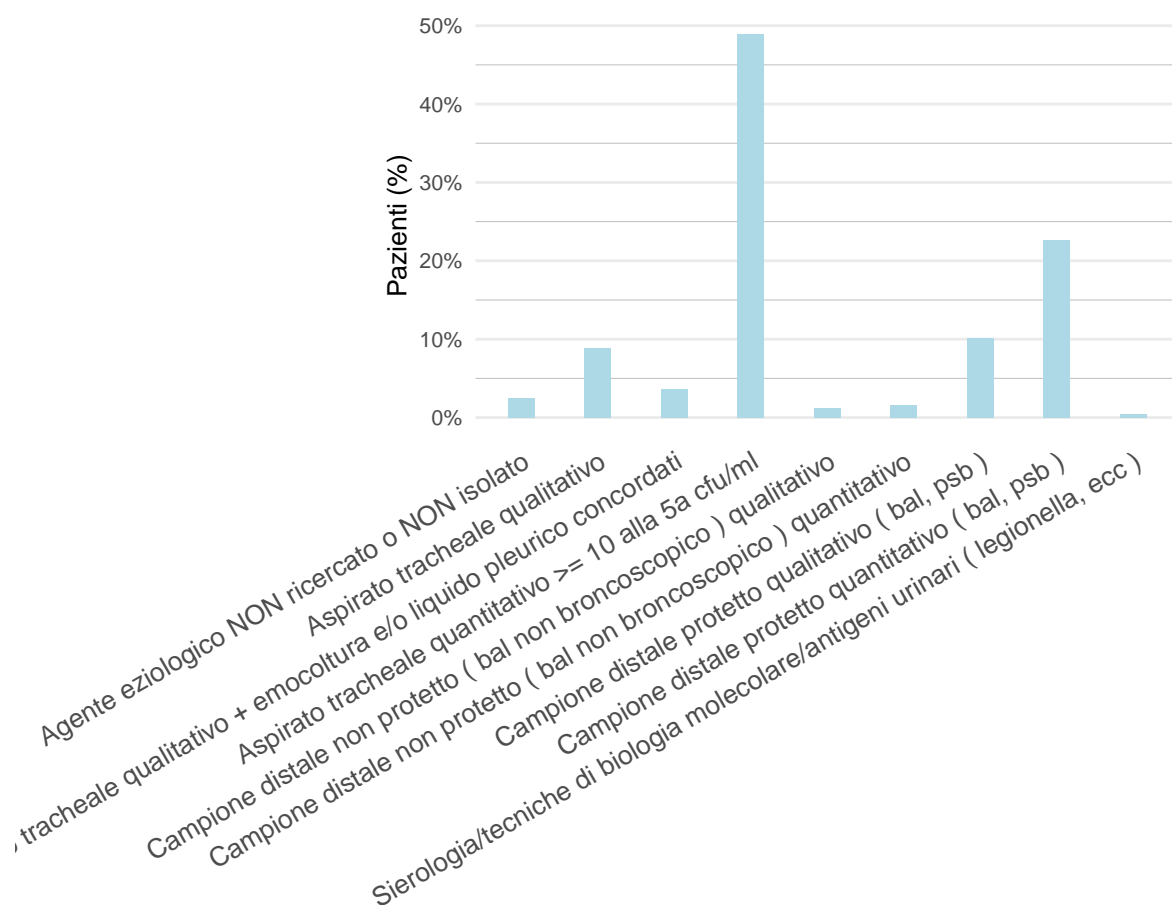
| VAP precoce | N | % |
|-------------|-----|------|
| No | 118 | 47.4 |
| Sì | 131 | 52.6 |
| Missing | 0 | 0 |

12.2 Diagnosi



| Diagnosi | N | % |
|-------------------|-----|------|
| Possibile | 56 | 22.7 |
| Probabile - certa | 191 | 77.3 |
| Missing | 119 | 0 |

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

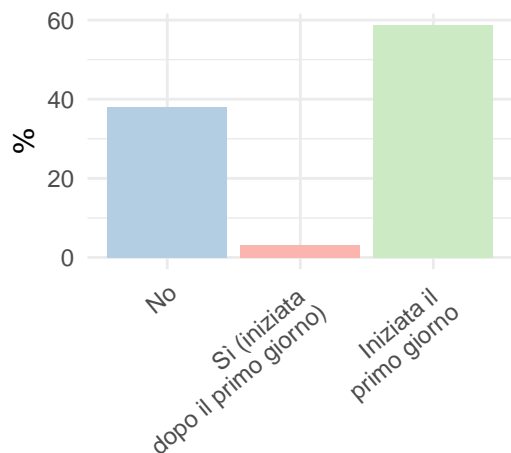


Criteri diagnostici microbiologici

| Criteri diagnostici microbiologici | N | % |
|---|-----|------|
| Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc) | 1 | 0.4 |
| Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo | 4 | 1.6 |
| Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo | 3 | 1.2 |
| Campione distale protetto qualitativo (bal, psb) | 25 | 10.1 |
| Campione distale protetto quantitativo (bal, psb) | 56 | 22.7 |
| Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml | 121 | 49.0 |
| Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati | 9 | 3.6 |
| Aspirato tracheale qualitativo | 22 | 8.9 |
| Agente eziologico NON ricercato o NON isolato | 6 | 2.4 |
| Missing | 119 | 0 |

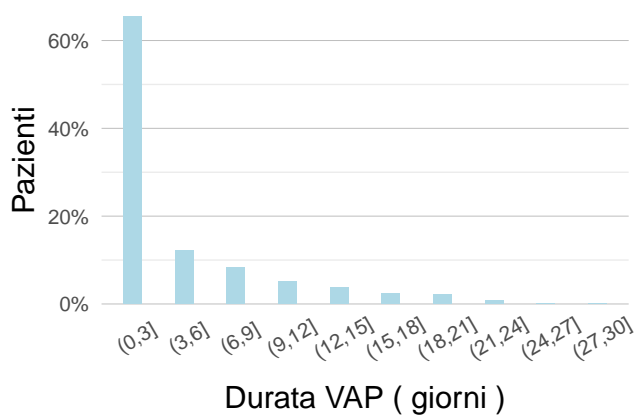
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 6362)

12.4.1 Ventilazione invasiva



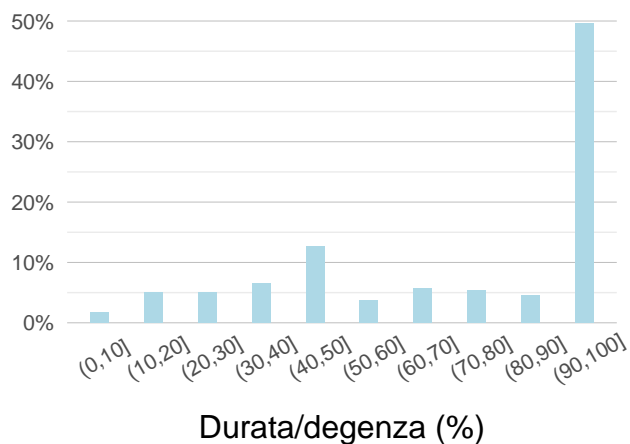
| Ventilazione invasiva | N | % |
|---------------------------------|-------------|-------------|
| No | 2414 | 38.1 |
| Sì | 3930 | 61.9 |
| Iniziata il primo giorno | 3734 | 58.7 |
| Missing | 18 | 0.0 |

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



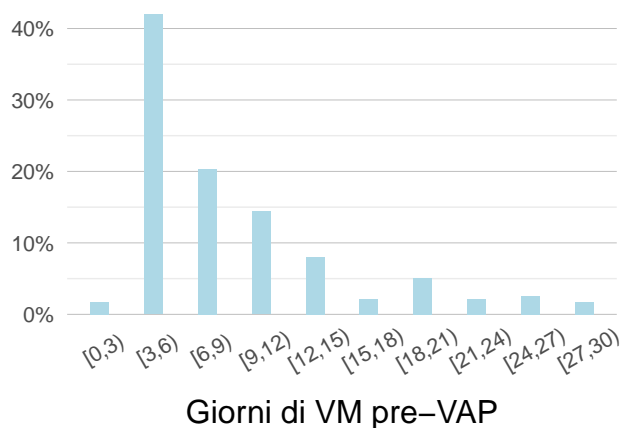
| Indicatore | Valore |
|-----------------|-----------|
| Media (DS) | 6.1 (9.7) |
| Mediana (Q1-Q3) | 2 (1-7) |
| Missing | 14 |

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 74.1 (29.9) |
| Mediana (Q1-Q3) | 90 (50-100) |
| Missing | 16 |

12.5 Giorni di VM pre-VAP



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-----------|
| N | 249 |
| Media (DS) | 9.9 (9.3) |
| Mediana (Q1-Q3) | 6 (4-12) |
| Missing | 0 |

12.6 Incidenza di VAP

| Indicatore | Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) * | Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) ** |
|------------|--|---|
| Stima | 12.7 | 8.9 % |
| CI (95%) | 11.2 - 14.4 | 7.8 - 10.1 |

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.

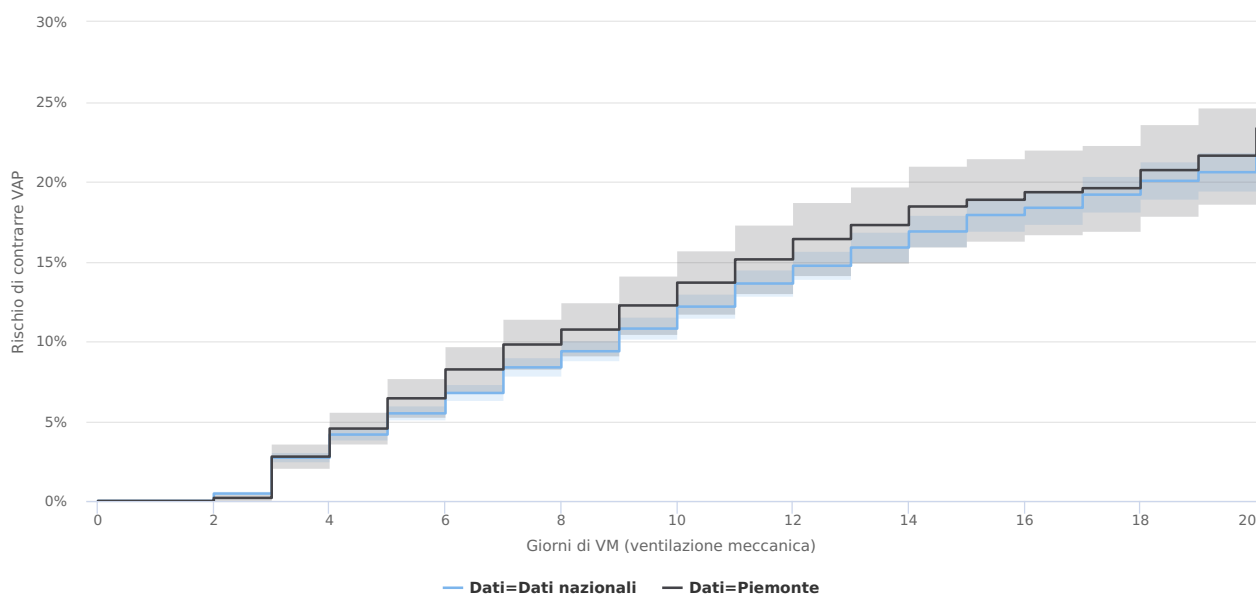
Il secondo invece:

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

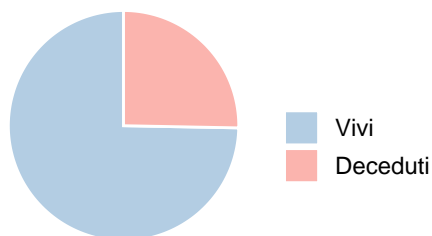
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

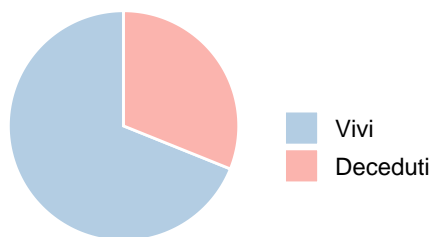


12.7 Mortalità in TI



| Mortalità grave; in TI | N | % |
|------------------------|-----|------|
| Vivi | 186 | 74.7 |
| Deceduti | 63 | 25.3 |
| Missing | 0 | 0 |

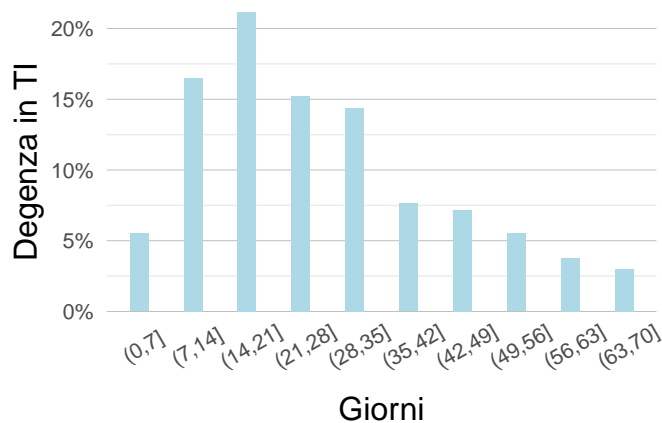
12.8 Mortalità ospedaliera *



| Mortalita grave; ospedaliera | N | % |
|------------------------------|-----|------|
| Vivi | 164 | 68.9 |
| Deceduti | 74 | 31.1 |
| Missing | 7 | 0 |

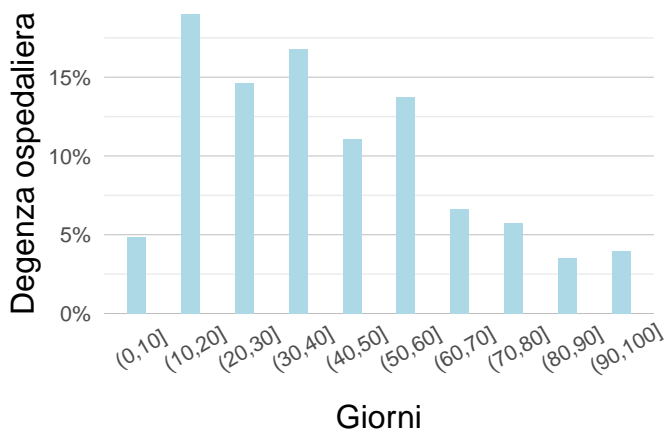
* Statistiche calcolate su 245 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

12.9 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 30.8 (20.2) |
| Mediana (Q1-Q3) | 25 (16-41) |
| Missing | 0 |

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 45.0 (28.7) |
| Mediana (Q1-Q3) | 38 (22-60) |
| Missing | 7 |

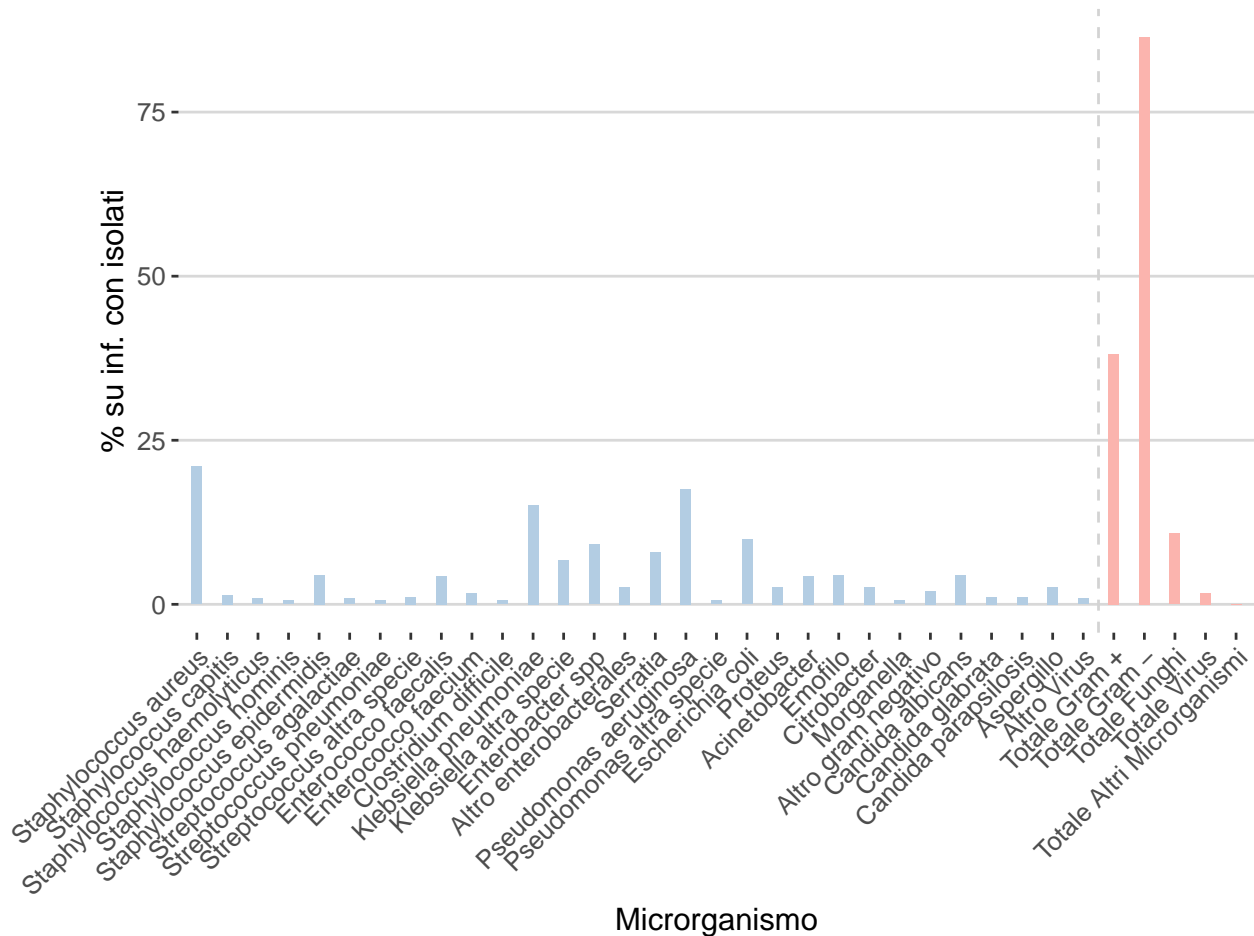
* Statistiche calcolate su 245 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

| Infezioni con Microrganismi isolati | | |
|-------------------------------------|------------|------|
| | N | % |
| No | 12 | 3.3 |
| Sì | 352 | 96.7 |
| Missing | 2 | |
| Totale infezioni | 366 | |
| Totale microrganismi isolati | 494 | |

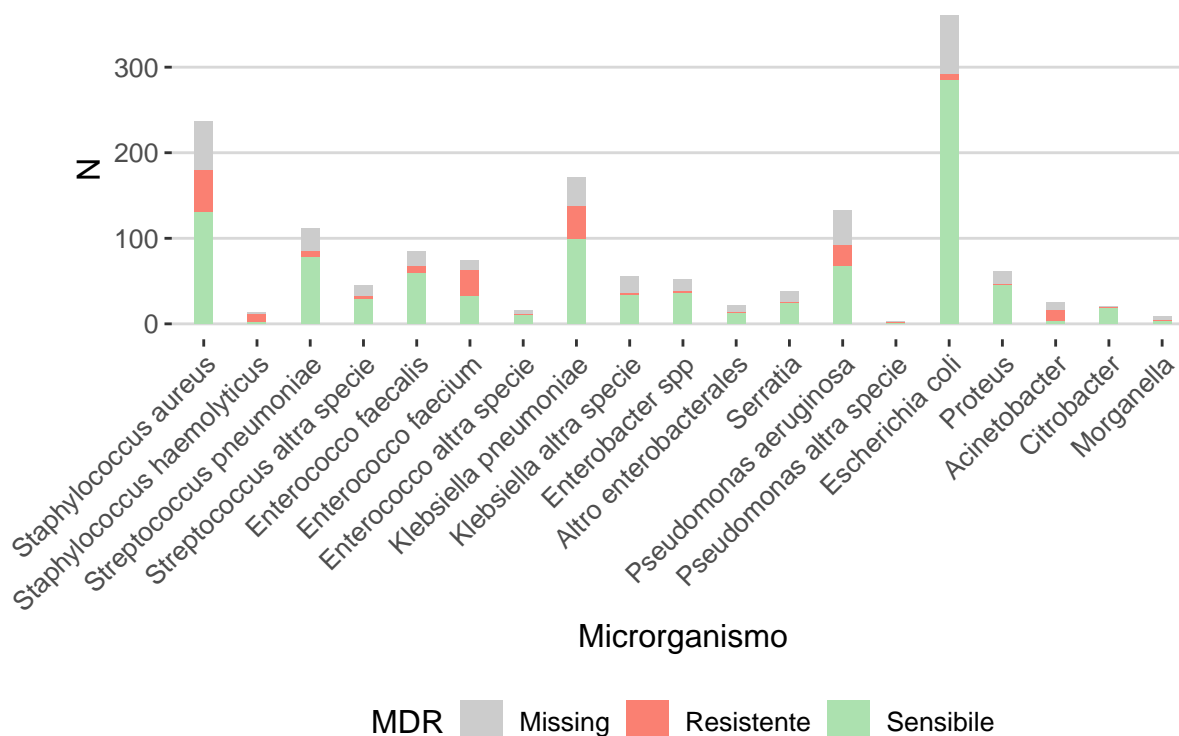
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|----|-----------------------|---------------------|-------|-------|
| Staphylococcus aureus | 74 | 21.0 | 61 | 13 | 21.3 |
| Staphylococcus capitis | 5 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |

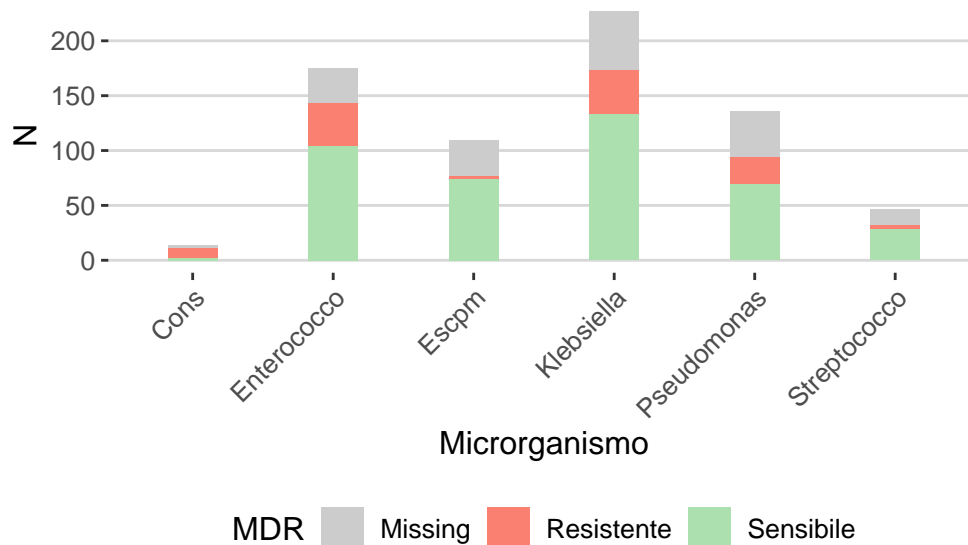
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|------------|-----------|-------------|
| Staphylococcus haemolyticus | 3 | 0.9 | 2 | 2 | 100 |
| Staphylococcus hominis | 2 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 16 | 4.5 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 3 | 0.9 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 2 | 0.6 | 1 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 4 | 1.1 | 2 | 1 | 50 |
| Enterococco faecalis | 15 | 4.3 | 13 | 1 | 7.7 |
| Enterococco faecium | 6 | 1.7 | 5 | 2 | 40 |
| Enterococco altra specie | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Clostridium difficile | 2 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 134 | 38.1 | 84 | 19 | 22.6 |
| Klebsiella pneumoniae | 53 | 15.1 | 41 | 11 | 26.8 |
| Klebsiella altra specie | 24 | 6.8 | 21 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 32 | 9.1 | 26 | 1 | 3.8 |
| Altro enterobacterales | 9 | 2.6 | 6 | 0 | 0 |
| Serratia | 28 | 8.0 | 18 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 62 | 17.6 | 49 | 14 | 28.6 |
| Pseudomonas altra specie | 2 | 0.6 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 35 | 9.9 | 26 | 0 | 0 |
| Proteus | 9 | 2.6 | 8 | 2 | 25 |
| Acinetobacter | 15 | 4.3 | 14 | 8 | 57.1 |
| Emofilo | 16 | 4.5 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 9 | 2.6 | 6 | 0 | 0 |
| Morganella | 2 | 0.6 | 1 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 7 | 2.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 304 | 86.4 | 217 | 36 | 16.6 |
| Candida albicans | 16 | 4.5 | 0 | 0 | 0 |
| Candida auris | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 4 | 1.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 4 | 1.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 2 | 0.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida specie non determinata | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 9 | 2.6 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 0.3 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 38 | 10.8 | 0 | 0 | 0 |
| Influenza A | 1 | 0.3 | | | |
| Herpes simplex | 2 | 0.6 | | | |
| Altro Virus | 3 | 0.9 | | | |
| Totale Virus | 6 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |

| | | | | | | |
|--------------|-----|-----|-----|----|-------|----|
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

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

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

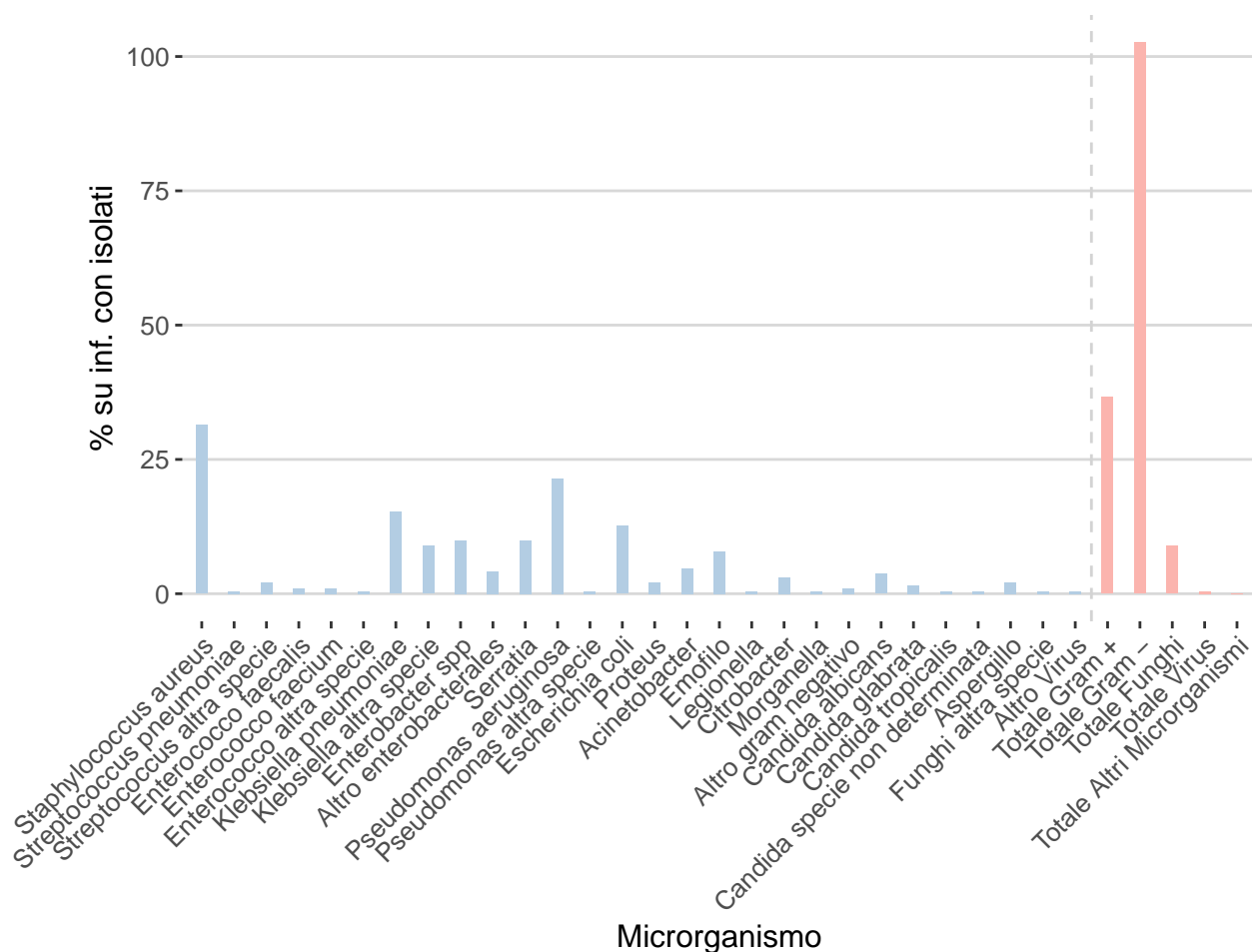
| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|--------|
| Klebsiella pneumoniae | 41 | Ertapenem | 9 | 21.95 |
| Klebsiella pneumoniae | 41 | Meropenem | 11 | 26.83 |
| Enterobacter spp | 26 | Ertapenem | 1 | 3.85 |
| Proteus | 8 | Ertapenem | 2 | 25.00 |
| Proteus | 8 | Meropenem | 2 | 25.00 |
| Acinetobacter | 14 | Imipenem | 6 | 42.86 |
| Acinetobacter | 14 | Meropenem | 8 | 57.14 |
| Pseudomonas aeruginosa | 49 | Imipenem | 14 | 28.57 |
| Pseudomonas aeruginosa | 49 | Meropenem | 9 | 18.37 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | Meticillina | 2 | 100.00 |
| Staphylococcus aureus | 61 | Meticillina | 13 | 21.31 |
| Streptococcus altra specie | 2 | Penicillina | 1 | 50.00 |
| Enterococco faecalis | 13 | Vancomicina | 1 | 7.69 |
| Enterococco faecium | 5 | Vancomicina | 2 | 40.00 |

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

| Infezioni con Microrganismi isolati | | |
|-------------------------------------|------------|-------|
| | N | % |
| No | 0 | 0.0 |
| Sì | 191 | 100.0 |
| Missing | 0 | |
| Totale infezioni | 191 | |
| Totale microrganismi isolati | 292 | |

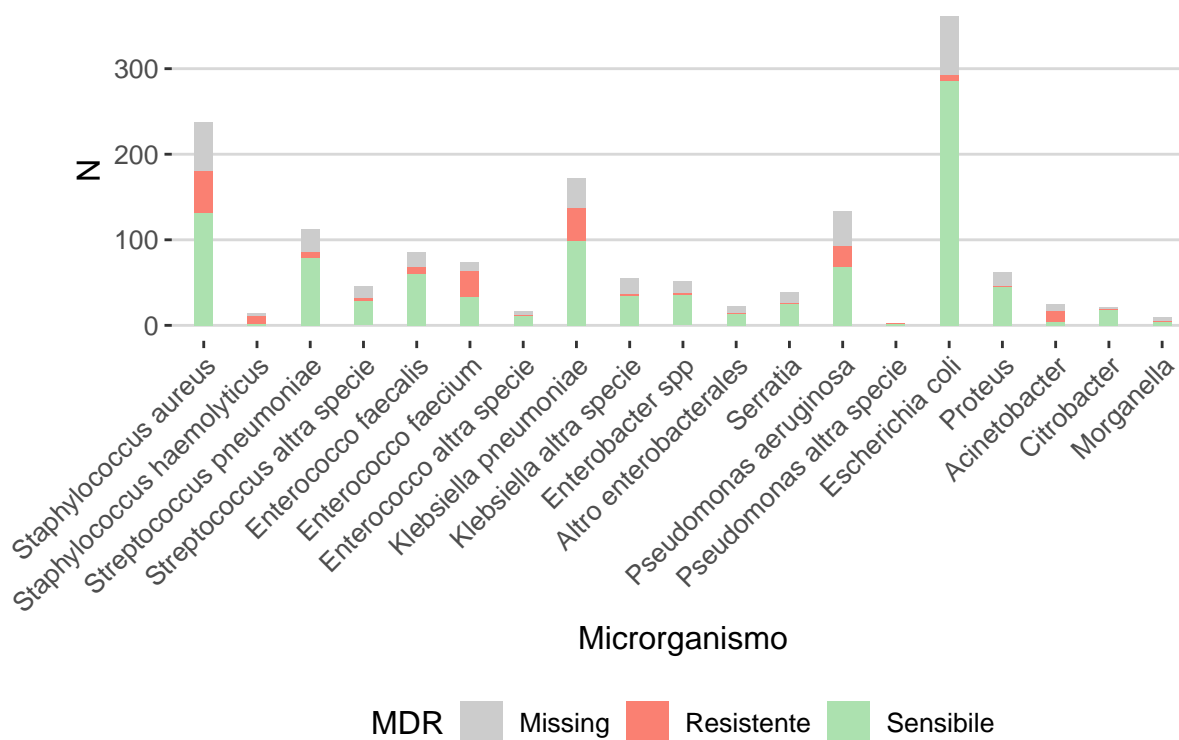
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microorganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------|-----------|-----------------------|---------------------|-----------|-----------|
| Staphylococcus aureus | 60 | 31.4 | 52 | 11 | 21.2 |
| Streptococcus pneumoniae | 1 | 0.5 | 1 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 4 | 2.1 | 2 | 1 | 50 |
| Enterococcus faecalis | 2 | 1.0 | 2 | 0 | 0 |
| Enterococcus faecium | 2 | 1.0 | 2 | 1 | 50 |
| Enterococcus altra specie | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 70 | 36.6 | 59 | 13 | 22 |
| Klebsiella pneumoniae | 29 | 15.2 | 22 | 4 | 18.2 |
| Klebsiella altra specie | 17 | 8.9 | 16 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 19 | 9.9 | 17 | 0 | 0 |
| Altro enterobacteriales | 8 | 4.2 | 5 | 0 | 0 |
| Serratia | 19 | 9.9 | 13 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 41 | 21.5 | 31 | 8 | 25.8 |
| Pseudomonas altra specie | 1 | 0.5 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 24 | 12.6 | 18 | 0 | 0 |
| Proteus | 4 | 2.1 | 4 | 0 | 0 |
| Acinetobacter | 9 | 4.7 | 8 | 2 | 25 |
| Emofilo | 15 | 7.9 | 0 | 0 | 0 |
| Legionella | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 6 | 3.1 | 4 | 0 | 0 |

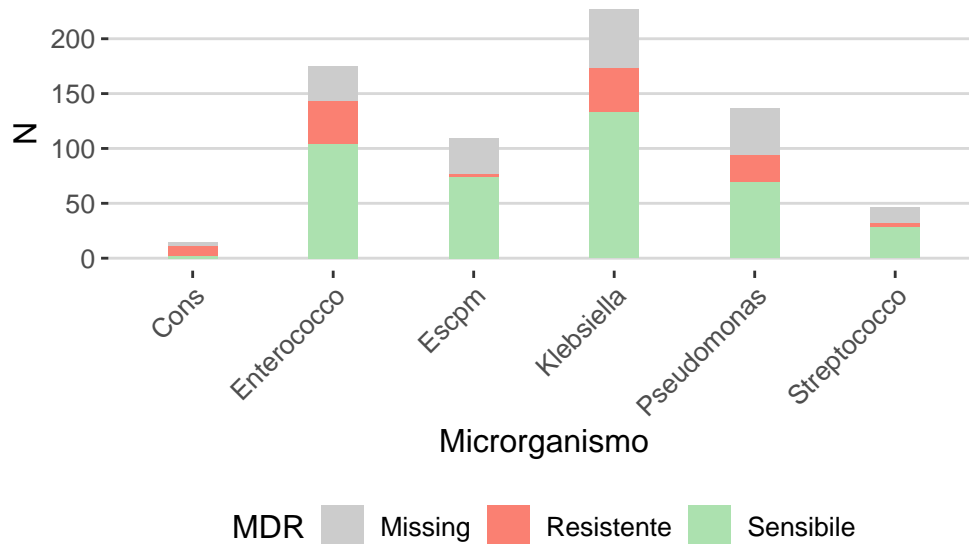
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|--------------|------------|-----------|-------------|
| Morganella | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 2 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 196 | 102.6 | 139 | 14 | 10.1 |
| Candida albicans | 7 | 3.7 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 3 | 1.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Candida specie non determinata | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 4 | 2.1 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 17 | 8.9 | 0 | 0 | 0 |
| Altro Virus | 1 | 0.5 | | | |
| Totale Virus | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

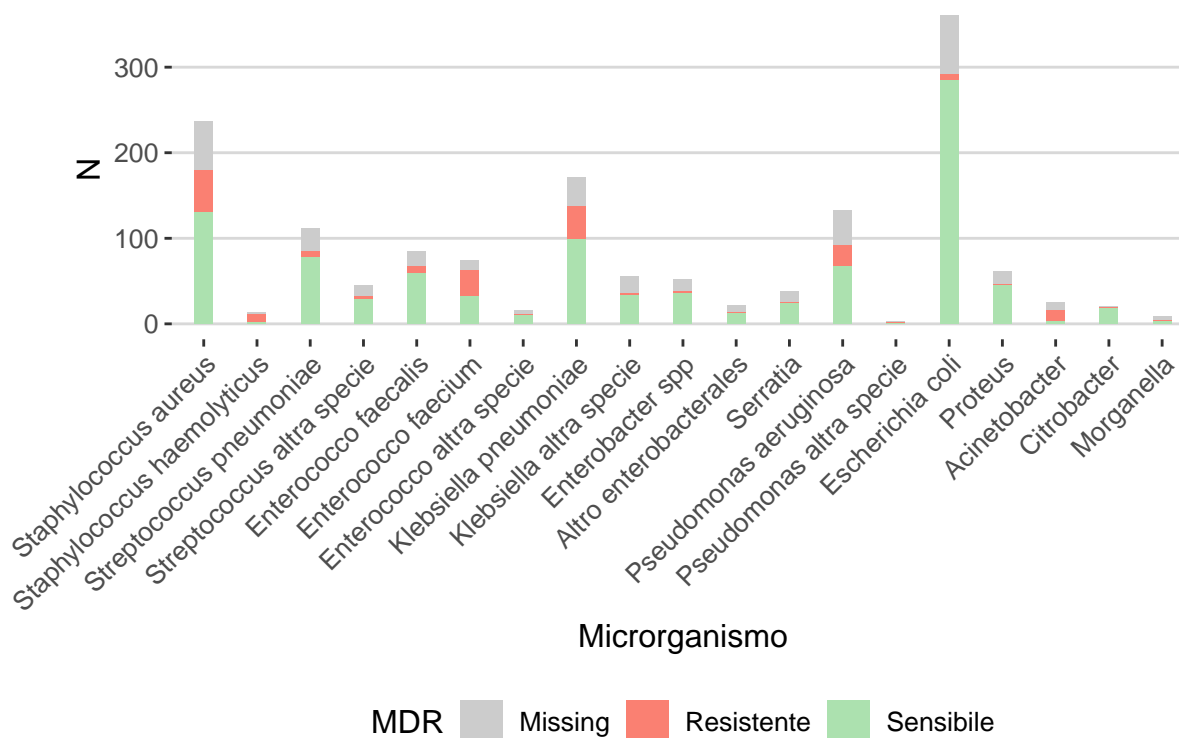
12.12.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|----------------------------|----|-------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 22 | Ertapenem | 3 | 13.64 |
| Klebsiella pneumoniae | 22 | Meropenem | 4 | 18.18 |
| Acinetobacter | 8 | Imipenem | 2 | 25.00 |
| Acinetobacter | 8 | Meropenem | 2 | 25.00 |
| Pseudomonas aeruginosa | 31 | Imipenem | 8 | 25.81 |
| Pseudomonas aeruginosa | 31 | Meropenem | 6 | 19.35 |
| Staphylococcus aureus | 52 | Meticillina | 11 | 21.15 |
| Streptococcus altra specie | 2 | Penicillina | 1 | 50.00 |
| Enterococco faecium | 2 | Vancomicina | 1 | 50.00 |

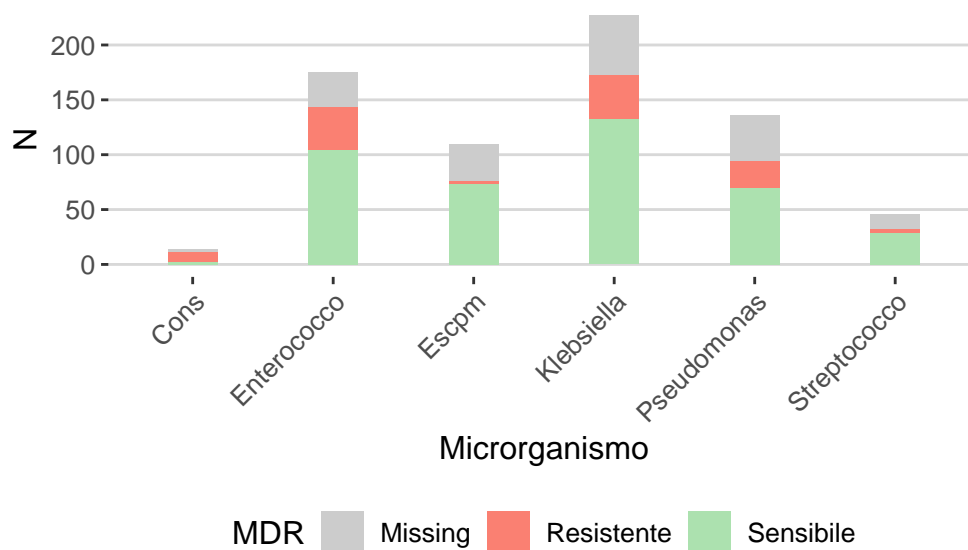
| | | | | | |
|-----------------------------------|-----------|-------------|-----------|----------|-------------|
| Staphylococcus capitis | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 2 | 3.4 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 1 | 1.7 | 1 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 1 | 1.7 | 1 | 1 | 100 |
| Enterococco faecalis | 3 | 5.2 | 3 | 0 | 0 |
| Enterococco faecium | 3 | 5.2 | 2 | 1 | 50 |
| Totale Gram + | 23 | 39.7 | 16 | 4 | 25 |
| Klebsiella pneumoniae | 4 | 6.9 | 4 | 1 | 25 |
| Klebsiella altra specie | 6 | 10.3 | 4 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 3 | 5.2 | 2 | 0 | 0 |
| Altro enterobacterales | 1 | 1.7 | 1 | 0 | 0 |
| Serratia | 7 | 12.1 | 4 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 9 | 15.5 | 7 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 7 | 12.1 | 5 | 0 | 0 |
| Proteus | 2 | 3.4 | 1 | 0 | 0 |
| Acinetobacter | 5 | 8.6 | 5 | 3 | 60 |
| Emofilo | 3 | 5.2 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 3 | 5.2 | 1 | 0 | 0 |
| Morganella | 1 | 1.7 | 1 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 51 | 87.9 | 35 | 4 | 11.4 |
| Candida albicans | 3 | 5.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Aspergillo | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 7 | 12.1 | 0 | 0 | 0 |
| Altro Virus | 1 | 1.7 | | | |
| Totale Virus | 1 | 1.7 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



| Microrganismo | N | N con anti- ogramma | N sensi- bili | N MDR | % MDR | N missing |
|---------------|-----|------------------------|------------------|-------|-------|-----------|
| Cons | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |

| | | | | | | |
|--------------|-----|-----|-----|----|-------|----|
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

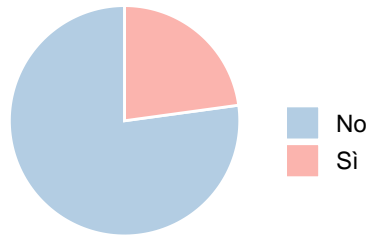
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|----------------------------|---|-------------|--------------|--------|
| Klebsiella pneumoniae | 4 | Ertapenem | 1 | 25.00 |
| Klebsiella pneumoniae | 4 | Meropenem | 1 | 25.00 |
| Acinetobacter | 5 | Imipenem | 2 | 40.00 |
| Acinetobacter | 5 | Meropenem | 3 | 60.00 |
| Staphylococcus aureus | 9 | Meticillina | 2 | 22.22 |
| Streptococcus altra specie | 1 | Penicillina | 1 | 100.00 |
| Enterococco faecium | 2 | Vancomicina | 1 | 50.00 |

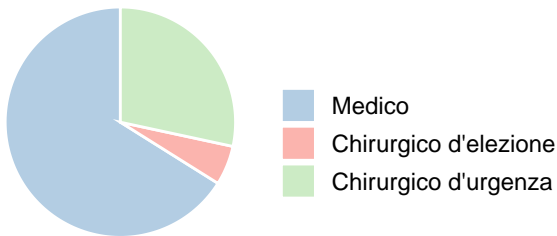
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 289)

13.1 Trauma



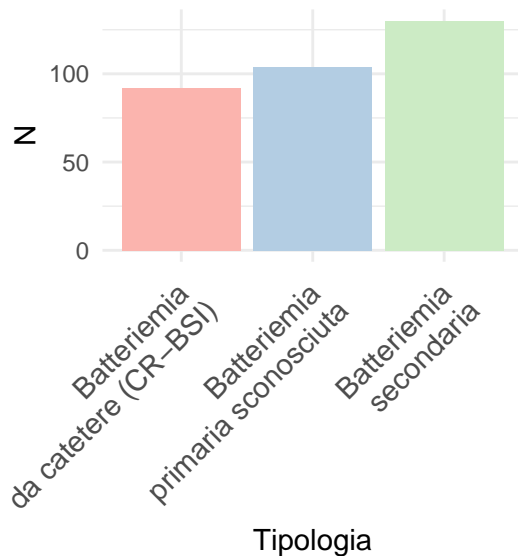
| Trauma | N | % |
|---------|-----|------|
| No | 223 | 77.2 |
| Si | 66 | 22.8 |
| Missing | 0 | 0 |

13.2 Stato Chirurgico



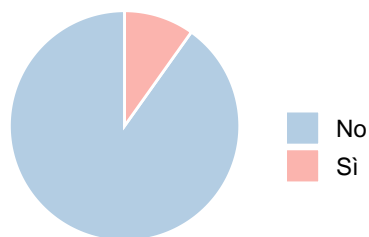
| Stato chirurgico | N | % |
|-----------------------|-----|------|
| Medico | 191 | 66.1 |
| Chirurgico d'elezione | 16 | 5.5 |
| Chirurgico d'urgenza | 82 | 28.4 |
| Missing | 0 | 0 |

13.3 Tipologia



| Tipologia | N | % |
|----------------------------------|-----|------|
| Batteriemia primaria sconosciuta | 104 | 31.9 |
| Batteriemia da catetere (CR-BSI) | 92 | 28.2 |
| Batteriemia secondaria | 130 | 39.9 |
| Missing | 0 | 0.0 |

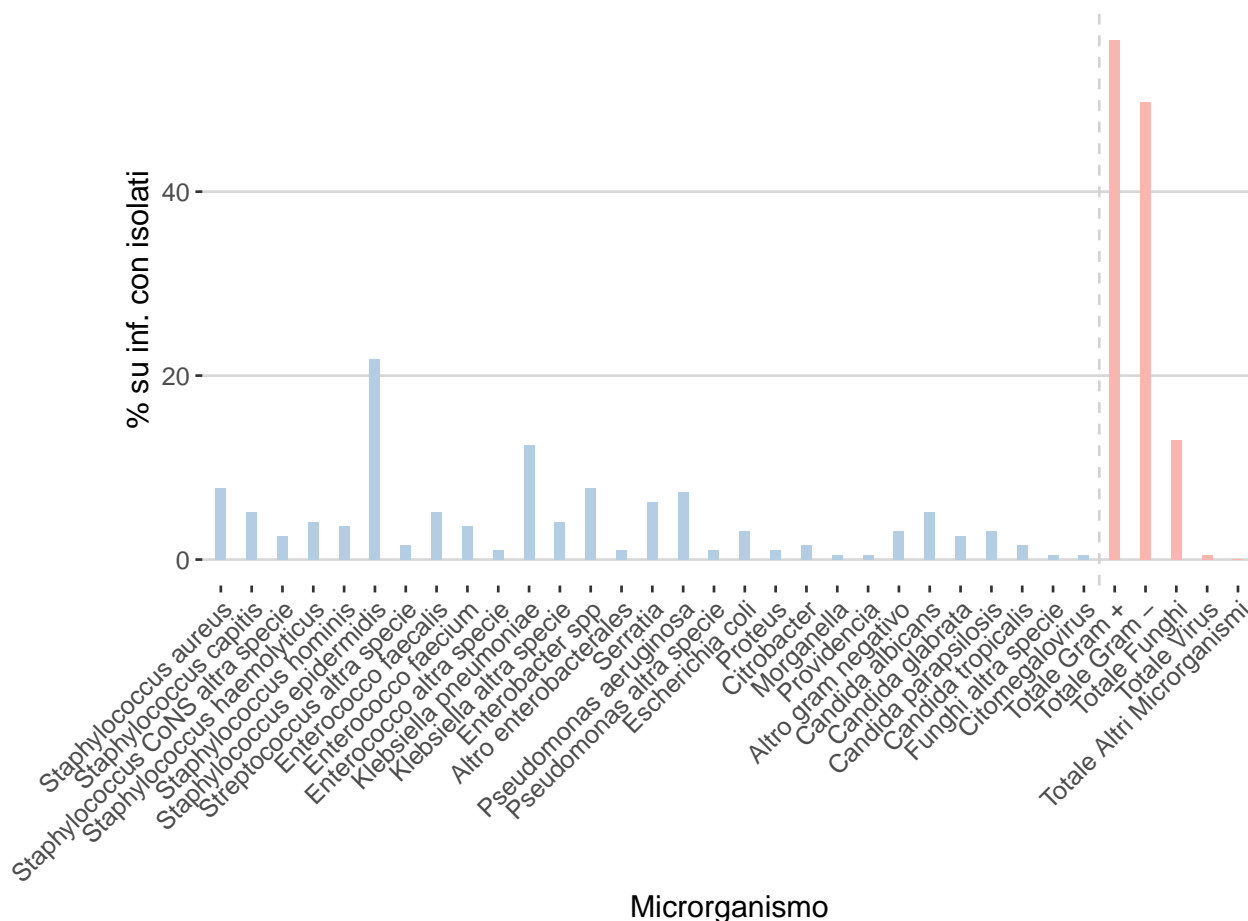
13.4 Nuovi episodi oltre il primo



| Nuovi episodi oltre il primo | N | % |
|------------------------------|-----|------|
| No | 174 | 90.2 |
| Sì | 19 | 9.8 |
| Missing | 3 | 0 |

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

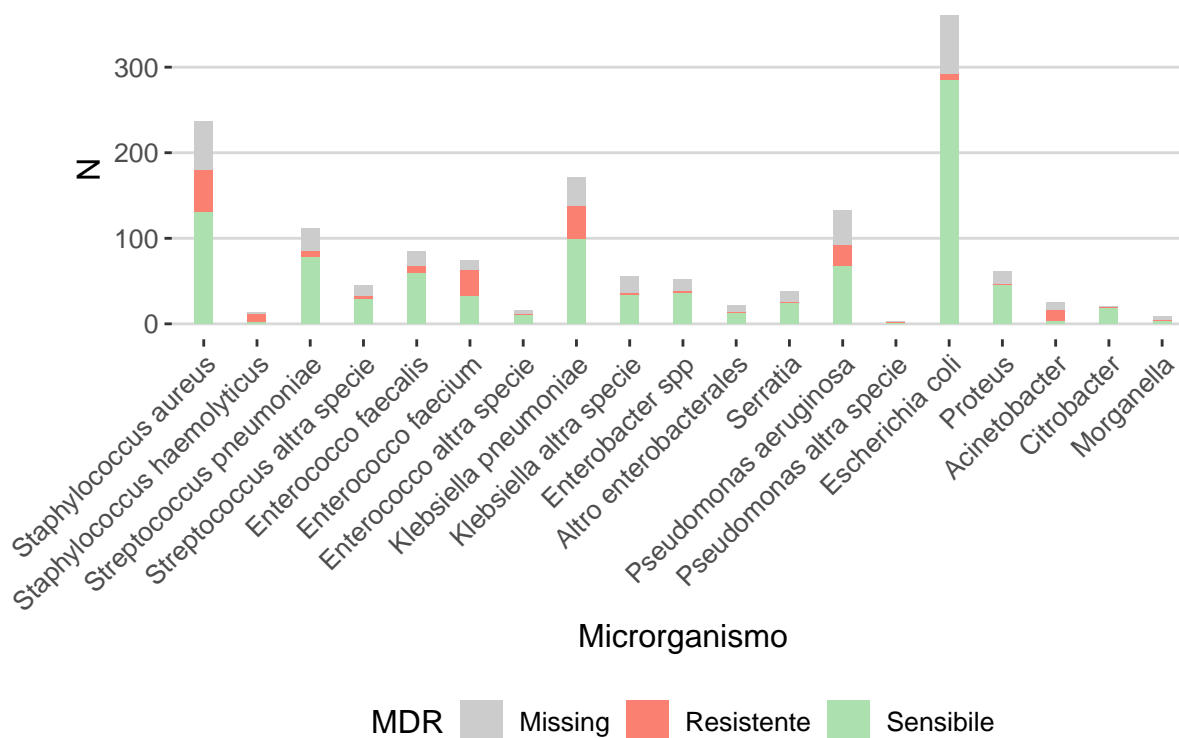
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|----|-----------------------|---------------------|-------|-------|
| Staphylococcus aureus | 15 | 7.8 | 11 | 2 | 18.2 |
| Staphylococcus capitis | 10 | 5.2 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 5 | 2.6 | 0 | 0 | 0 |

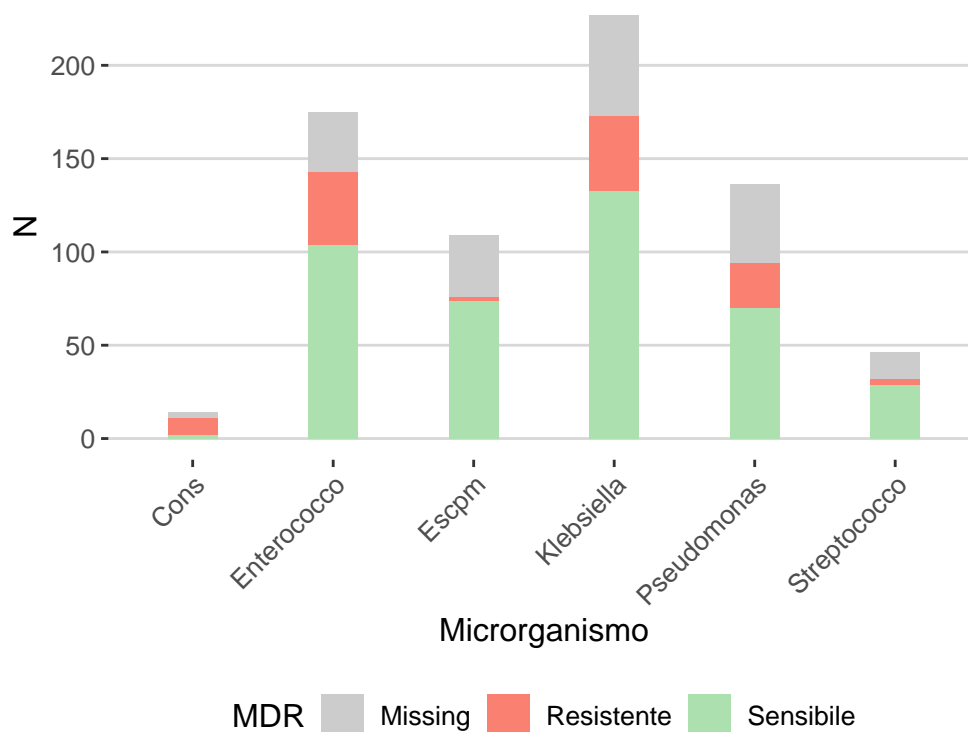
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|-----------|-----------|-------------|
| Staphylococcus haemolyticus | 8 | 4.1 | 7 | 5 | 71.4 |
| Staphylococcus hominis | 7 | 3.6 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 42 | 21.8 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 3 | 1.6 | 3 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 10 | 5.2 | 6 | 2 | 33.3 |
| Enterococco faecium | 7 | 3.6 | 4 | 3 | 75 |
| Enterococco altra specie | 2 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 109 | 56.5 | 31 | 12 | 38.7 |
| Klebsiella pneumoniae | 24 | 12.4 | 15 | 7 | 46.7 |
| Klebsiella altra specie | 8 | 4.1 | 6 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 15 | 7.8 | 11 | 2 | 18.2 |
| Altro enterobacterales | 2 | 1.0 | 1 | 0 | 0 |
| Serratia | 12 | 6.2 | 9 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 14 | 7.3 | 11 | 2 | 18.2 |
| Pseudomonas altra specie | 2 | 1.0 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 6 | 3.1 | 5 | 0 | 0 |
| Proteus | 2 | 1.0 | 2 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 3 | 1.6 | 2 | 0 | 0 |
| Morganella | 1 | 0.5 | 1 | 0 | 0 |
| Providencia | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 6 | 3.1 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 96 | 49.7 | 64 | 11 | 17.2 |
| Candida albicans | 10 | 5.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 5 | 2.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 6 | 3.1 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 3 | 1.6 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 25 | 13.0 | 0 | 0 | 0 |
| Citomegalovirus | 1 | 0.5 | | | |
| Totale Virus | 1 | 0.5 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

13.5.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 15 | Ertapenem | 6 | 40.00 |
| Klebsiella pneumoniae | 15 | Meropenem | 7 | 46.67 |
| Enterobacter spp | 11 | Ertapenem | 2 | 18.18 |
| Pseudomonas aeruginosa | 11 | Imipenem | 2 | 18.18 |
| Pseudomonas aeruginosa | 11 | Meropenem | 1 | 9.09 |
| Staphylococcus haemolyticus | 7 | Meticillina | 5 | 71.43 |
| Staphylococcus aureus | 11 | Meticillina | 2 | 18.18 |
| Enterococco faecalis | 6 | Vancomicina | 2 | 33.33 |
| Enterococco faecium | 4 | Vancomicina | 3 | 75.00 |

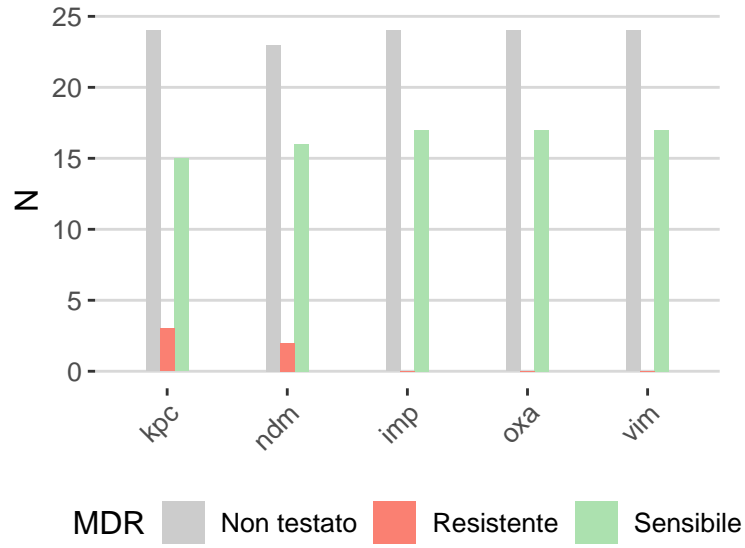
13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

| | N | % |
|-------------|----|-------|
| Sì | 5 | 11.9 |
| No | 14 | 33.33 |
| Non testato | 23 | 54.76 |
| Missing | 36 | |

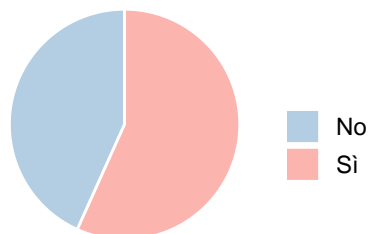
| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0 | 17 | 24 |
| kpc | 3 | 60 | 15 | 24 |
| ndm | 2 | 40 | 16 | 23 |

| | | | | |
|-----|---|---|----|----|
| oxa | 0 | 0 | 17 | 24 |
| vim | 0 | 0 | 17 | 24 |



14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 104)

14.1 Infezioni multisito



| Infezione multisito | N | % |
|---------------------|----|------|
| No | 45 | 43.3 |
| Si | 59 | 56.7 |
| Missing | 0 | 0 |

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

| Indicatore | Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) * | Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) ** |
|---------------------|--|--|
| Stima CI (95%) | 2.5 2.0 - 3.0 | 1.8 % 1.4 - 2.1 |

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.

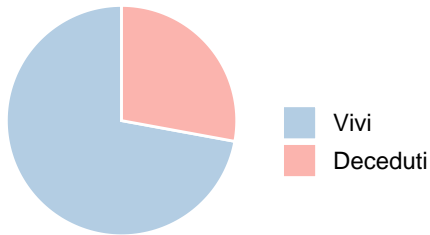
Il secondo:

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

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.

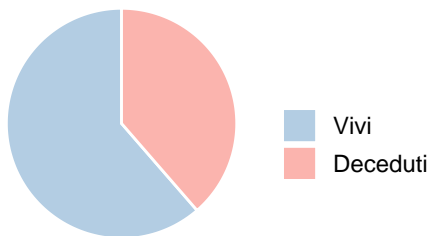
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|----|------|
| Vivi | 75 | 72.1 |
| Deceduti | 29 | 27.9 |
| Missing | 0 | 0 |

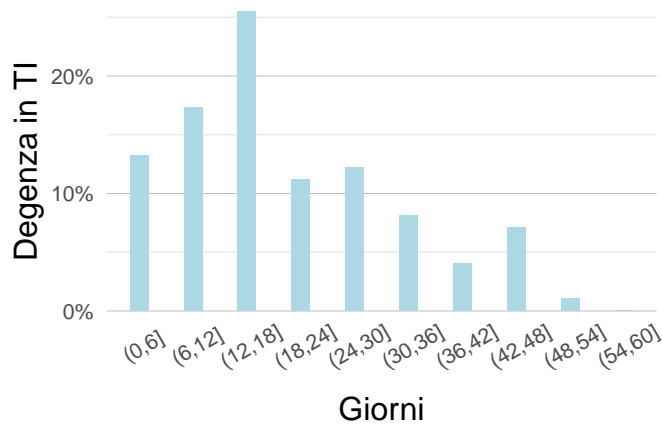
14.4 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità ospedaliera | N | % |
|-----------------------|----|------|
| Vivi | 62 | 61.4 |
| Deceduti | 39 | 38.6 |
| Missing | 2 | 0 |

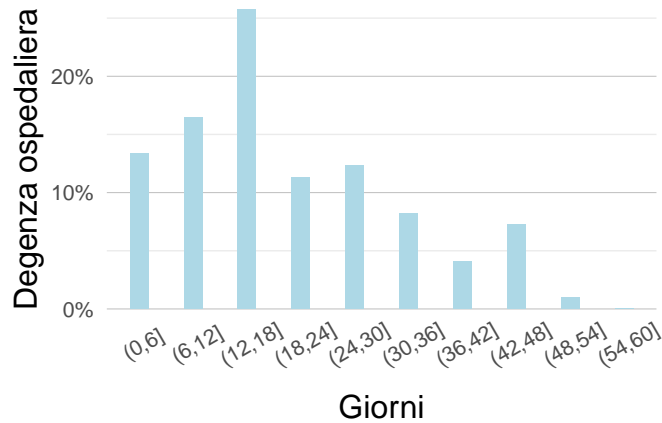
* Statistiche calcolate su 103 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|----------------|
| Media (DS) | 23.3 (18.6) |
| Mediana (Q1-Q3) | 18 (10.8-30.2) |
| Missing | 0 |

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



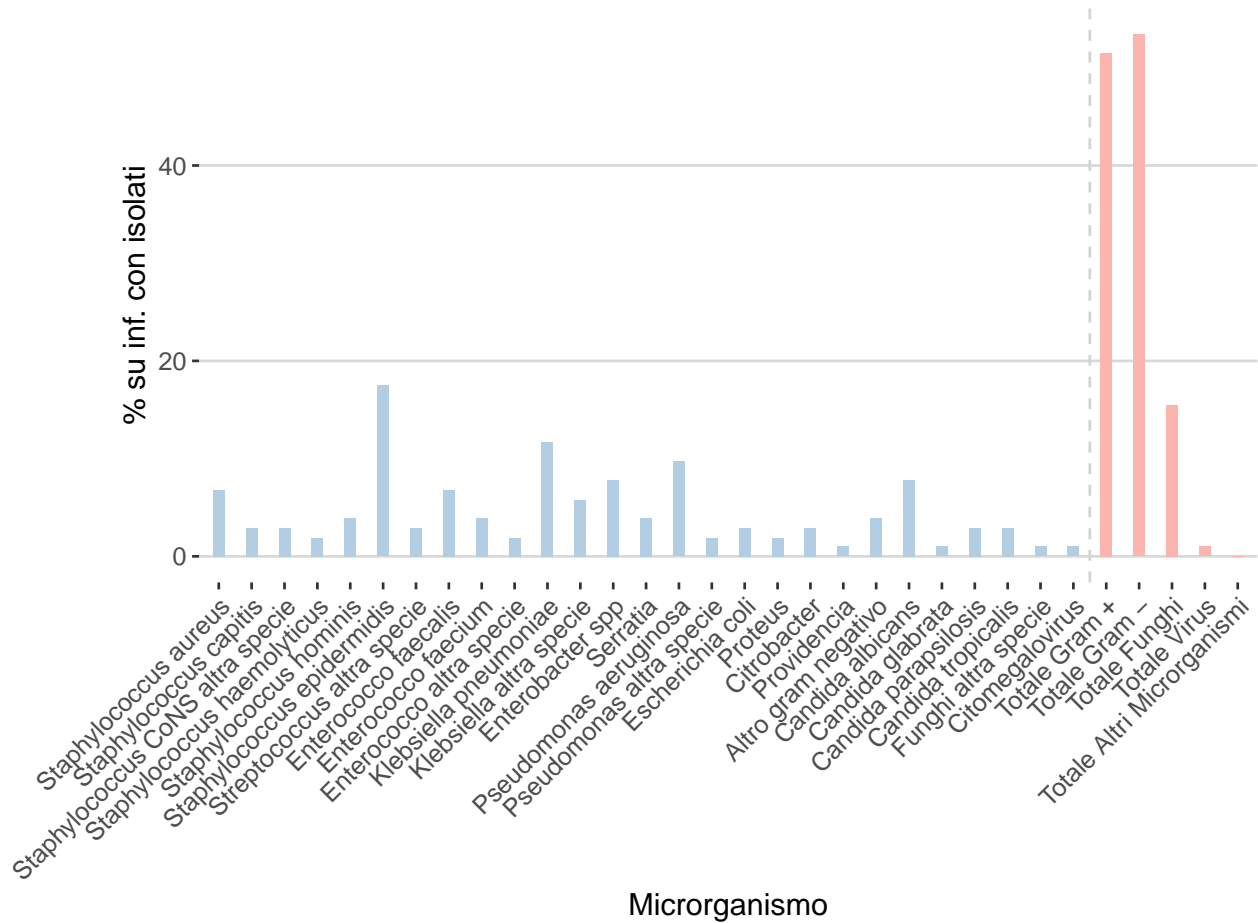
| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 40.3 (35.2) |
| Mediana (Q1-Q3) | 33 (18-48) |
| Missing | 2 |

* Statistiche calcolate su 103 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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 = 104)

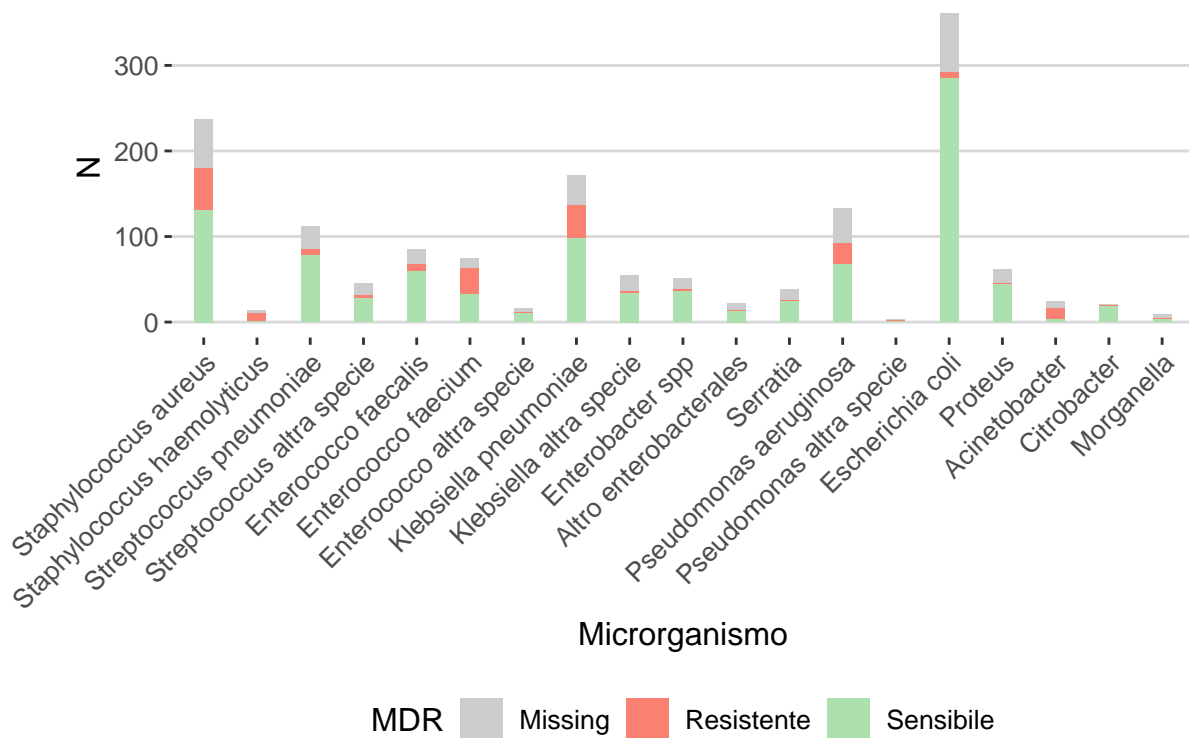


| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|-----------|-----------------------|---------------------|----------|-------------|
| Staphylococcus aureus | 7 | 6.8 | 5 | 2 | 40 |
| Staphylococcus capitis | 3 | 2.9 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 3 | 2.9 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | 1.9 | 1 | 1 | 100 |
| Staphylococcus hominis | 4 | 3.9 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 18 | 17.5 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 3 | 2.9 | 3 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 7 | 6.8 | 3 | 2 | 66.7 |
| Enterococco faecium | 4 | 3.9 | 3 | 2 | 66.7 |
| Enterococco altra specie | 2 | 1.9 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 53 | 51.5 | 15 | 7 | 46.7 |
| Klebsiella pneumoniae | 12 | 11.7 | 5 | 3 | 60 |
| Klebsiella altra specie | 6 | 5.8 | 5 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 8 | 7.8 | 6 | 2 | 33.3 |
| Serratia | 4 | 3.9 | 4 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 10 | 9.7 | 8 | 1 | 12.5 |
| Pseudomonas altra specie | 2 | 1.9 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 3 | 2.9 | 3 | 0 | 0 |
| Proteus | 2 | 1.9 | 2 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 3 | 2.9 | 2 | 0 | 0 |
| Providencia | 1 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 104)

| | | | | | |
|-----------------------------------|-----------|-------------|-----------|----------|-------------|
| Altro gram negativo | 4 | 3.9 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 55 | 53.4 | 36 | 6 | 16.7 |
| Candida albicans | 8 | 7.8 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 1 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 3 | 2.9 | 0 | 0 | 0 |
| Candida tropicalis | 3 | 2.9 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 16 | 15.5 | 0 | 0 | 0 |
| Citomegalovirus | 1 | 1.0 | | | |
| Totale Virus | 1 | 1.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------|---|------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 5 | Ertapenem | 3 | 60.00 |
| Klebsiella pneumoniae | 5 | Meropenem | 3 | 60.00 |

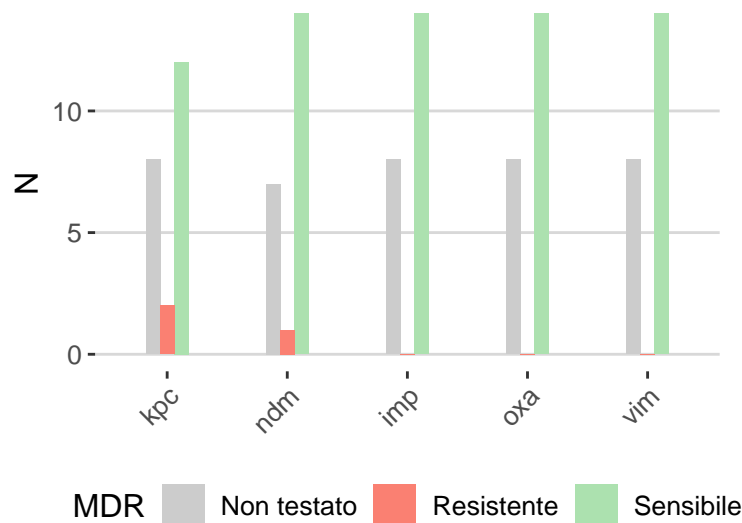
| | | | | |
|-----------------------------|---|-------------|---|--------|
| Enterobacter spp | 6 | Ertapenem | 2 | 33.33 |
| Pseudomonas aeruginosa | 8 | Imipenem | 1 | 12.50 |
| Staphylococcus haemolyticus | 1 | Meticillina | 1 | 100.00 |
| Staphylococcus aureus | 5 | Meticillina | 2 | 40.00 |
| Enterococco faecalis | 3 | Vancomicina | 2 | 66.67 |
| Enterococco faecium | 3 | Vancomicina | 2 | 66.67 |

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

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

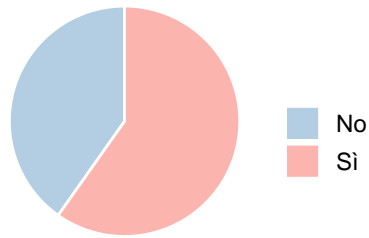
| | N | % |
|-------------|----|-------|
| Sì | 3 | 13.64 |
| No | 12 | 54.55 |
| Non testato | 7 | 31.82 |
| Missing | 19 | |

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0.0 | 14 | 8 |
| kpc | 2 | 66.7 | 12 | 8 |
| ndm | 1 | 33.3 | 14 | 7 |
| oxa | 0 | 0.0 | 14 | 8 |
| vim | 0 | 0.0 | 14 | 8 |



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 92)

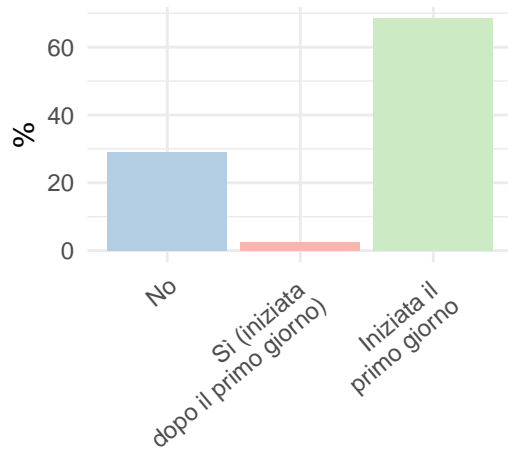
15.1 Infezione multisito



| Infezione multisito | N | % |
|---------------------|----|------|
| No | 37 | 40.2 |
| Sì | 55 | 59.8 |
| Missing | 0 | 0 |

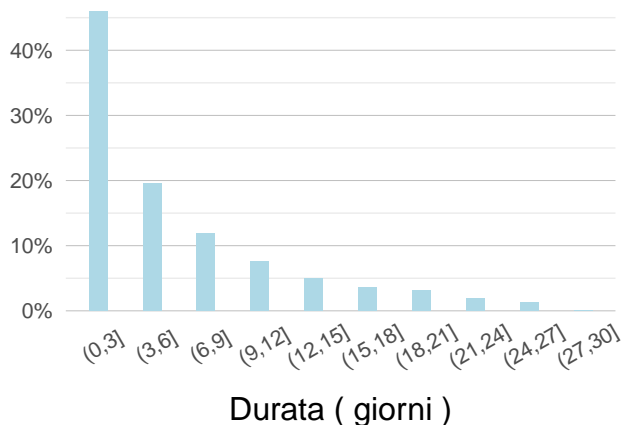
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 6362)



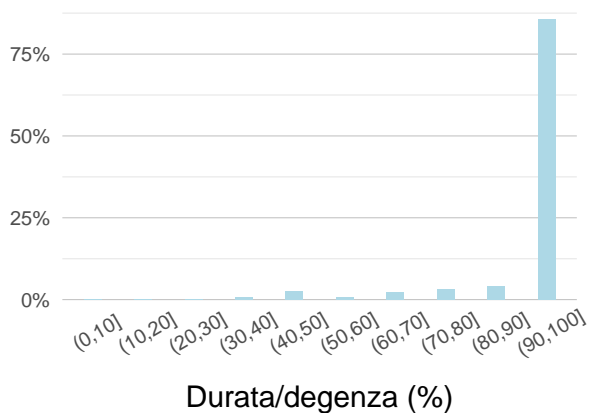
| Cvc | N | % |
|---------------------------------|-------------|-------------|
| No | 1839 | 29.0 |
| Sì | 4505 | 71.0 |
| Iniziata il primo giorno | 4357 | 68.5 |
| Missing | 18 | |

15.2.2 Durata (giorni)



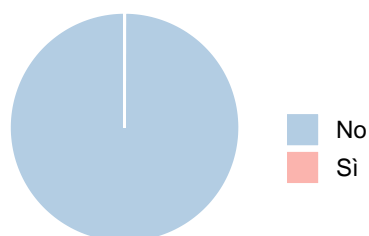
| Indicatore | Valore |
|-----------------|------------|
| Media (DS) | 8.2 (10.7) |
| Mediana (Q1-Q3) | 4 (2-10) |
| Missing | 17 |

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



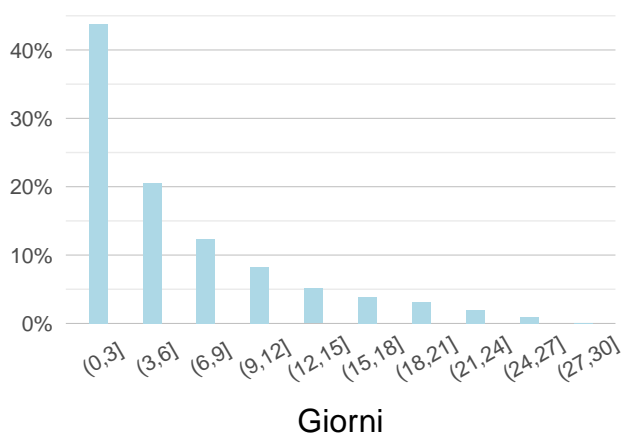
| Indicatore | Valore |
|-----------------|---------------|
| Media (DS) | 95.0 (13.6) |
| Mediana (Q1-Q3) | 100 (100-100) |
| Missing | 18 |

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 6362)



| Infezione locale da catetere | N | % |
|------------------------------|------|-------|
| No | 6346 | 100.0 |
| Si | 1 | 0.0 |
| Missing | 15 | 0 |

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| N | 89 |
| Media (DS) | 14.8 (14.7) |
| Mediana (Q1-Q3) | 10 (5-17) |
| Missing | 3 |

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

| Indicatore | Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) * | Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) ** |
|------------|---|---|
| Stima | 2.6 | 1.8 % |
| CI (95%) | 2.1 - 3.2 | 1.5 - 2.2 |

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

Il primo:

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

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

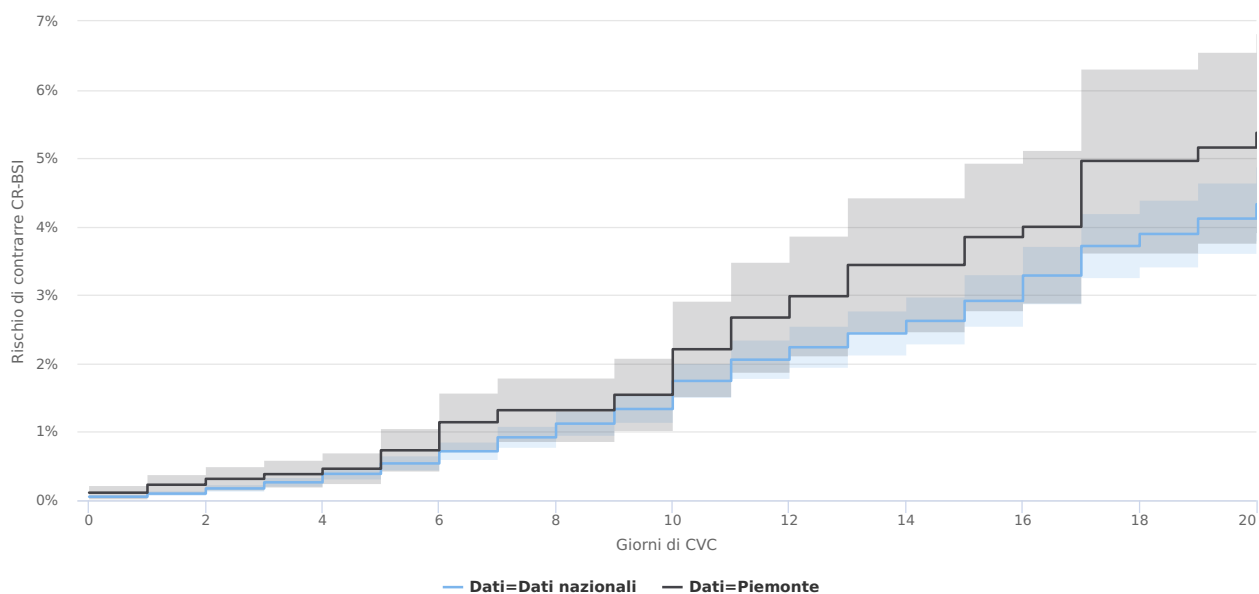
Il secondo invece:

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

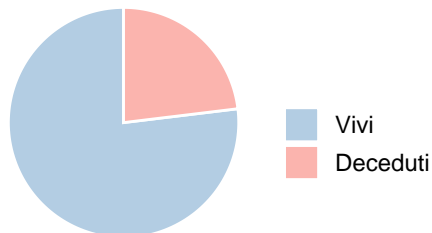
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

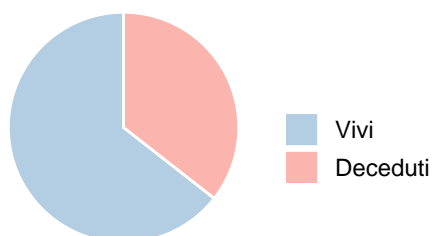


15.6 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|----|------|
| Vivi | 70 | 76.9 |
| Deceduti | 21 | 23.1 |
| Missing | 1 | 0 |

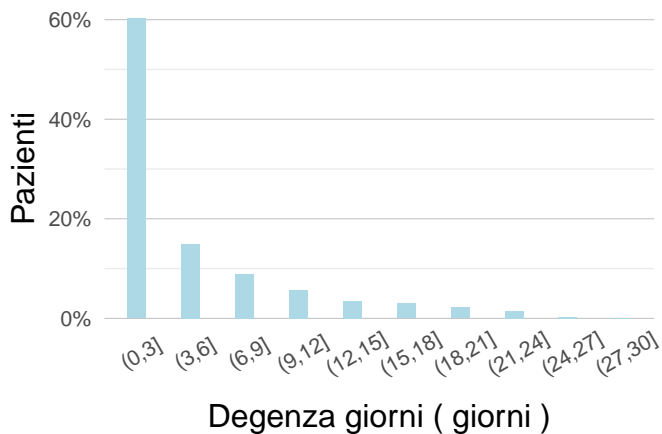
15.7 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità ospedaliera | N | % |
|-----------------------|----|------|
| Vivi | 58 | 64.4 |
| Deceduti | 32 | 35.6 |
| Missing | 1 | 0 |

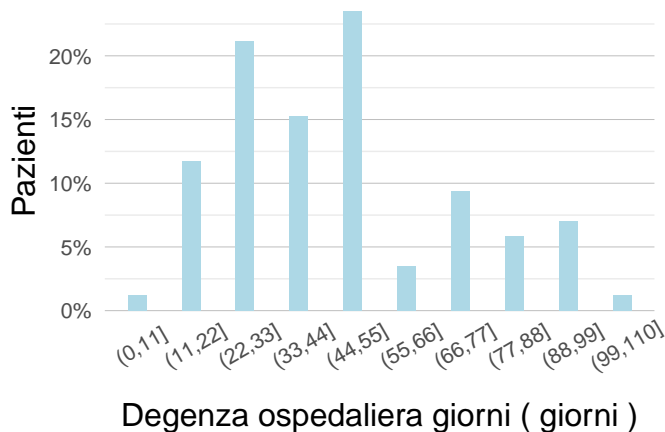
* Statistiche calcolate su 91 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.8 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|--------------|
| Media (DS) | 35.0 (24.0) |
| Mediana (Q1-Q3) | 29 (17.5-47) |
| Missing | 1 |

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



| Indicatore | Valore |
|-----------------|--------------|
| Media (DS) | 51.2 (28.3) |
| Mediana (Q1-Q3) | 45 (29.2-72) |
| Missing | 1 |

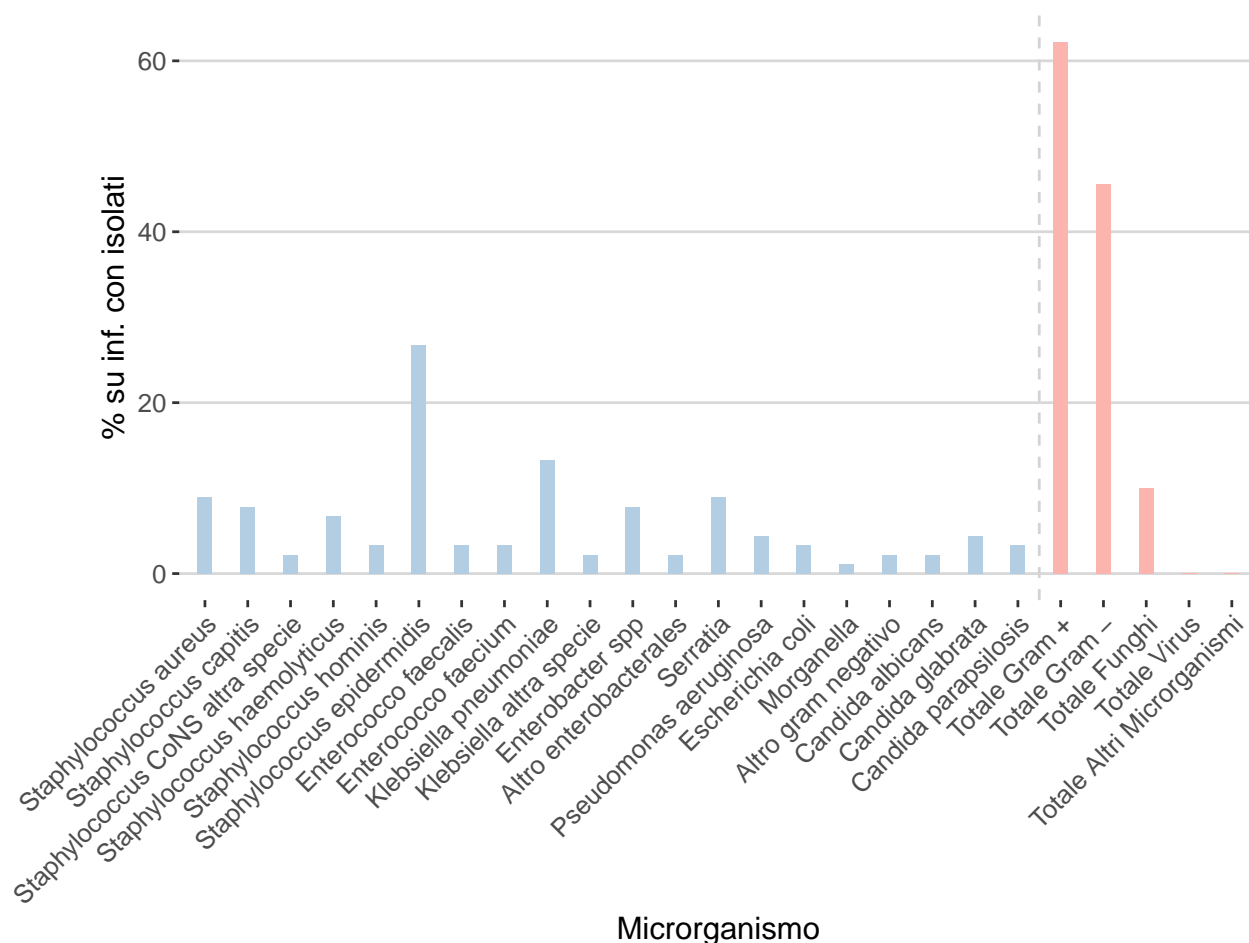
* Statistiche calcolate su 91 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

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

| Infezioni con Microrganismi isolati | | |
|-------------------------------------|------------|-------|
| | N | % |
| No | 0 | 0.0 |
| Sì | 90 | 100.0 |
| Missing | 2 | |
| Totale infezioni | 92 | |
| Totale microrganismi isolati | 106 | |

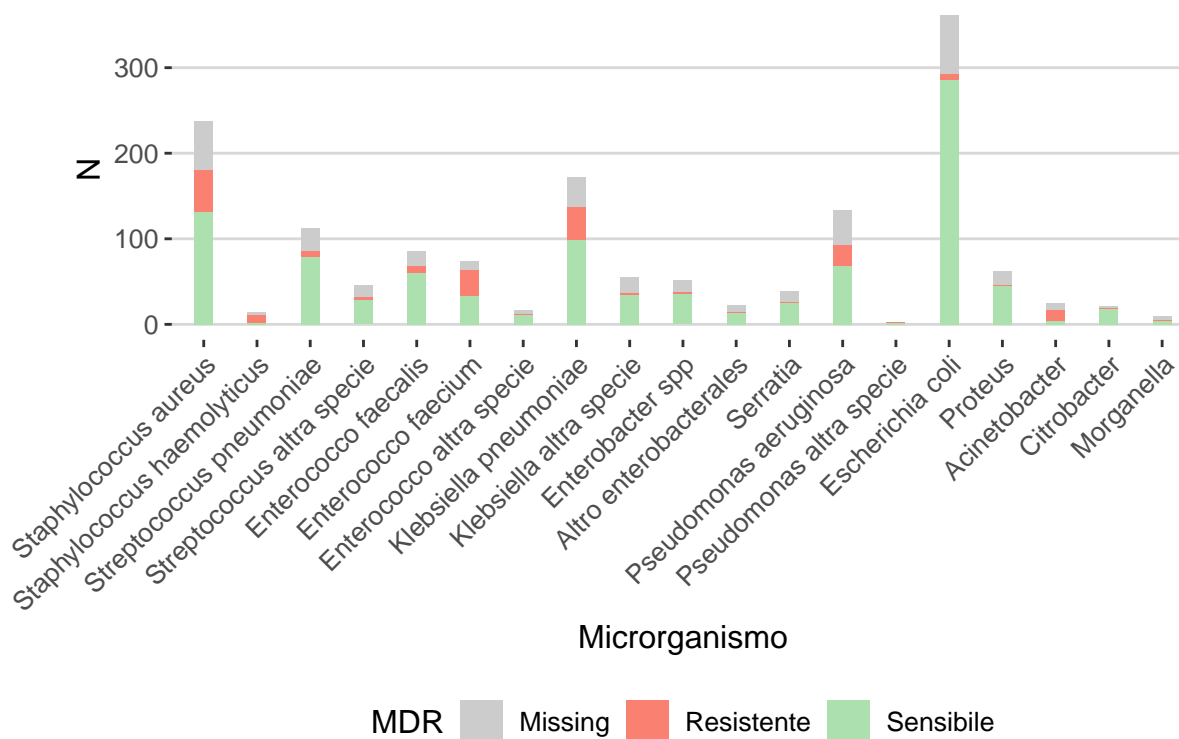
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|----------------------------------|-----------|-----------------------|---------------------|----------|-------------|
| Staphylococcus aureus | 8 | 8.9 | 6 | 0 | 0 |
| Staphylococcus capitis | 7 | 7.8 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 2 | 2.2 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 6 | 6.7 | 6 | 4 | 66.7 |
| Staphylococcus hominis | 3 | 3.3 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 24 | 26.7 | 0 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 3 | 3.3 | 3 | 0 | 0 |
| Enterococco faecium | 3 | 3.3 | 1 | 1 | 100 |
| Totale Gram + | 56 | 62.2 | 16 | 5 | 31.2 |
| Klebsiella pneumoniae | 12 | 13.3 | 10 | 4 | 40 |
| Klebsiella altra specie | 2 | 2.2 | 1 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 7 | 7.8 | 5 | 0 | 0 |
| Altro enterobacteriales | 2 | 2.2 | 1 | 0 | 0 |
| Serratia | 8 | 8.9 | 5 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 4 | 4.4 | 3 | 1 | 33.3 |
| Escherichia coli | 3 | 3.3 | 2 | 0 | 0 |
| Morganella | 1 | 1.1 | 1 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 2 | 2.2 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 41 | 45.6 | 28 | 5 | 17.9 |
| Candida albicans | 2 | 2.2 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 4 | 4.4 | 0 | 0 | 0 |

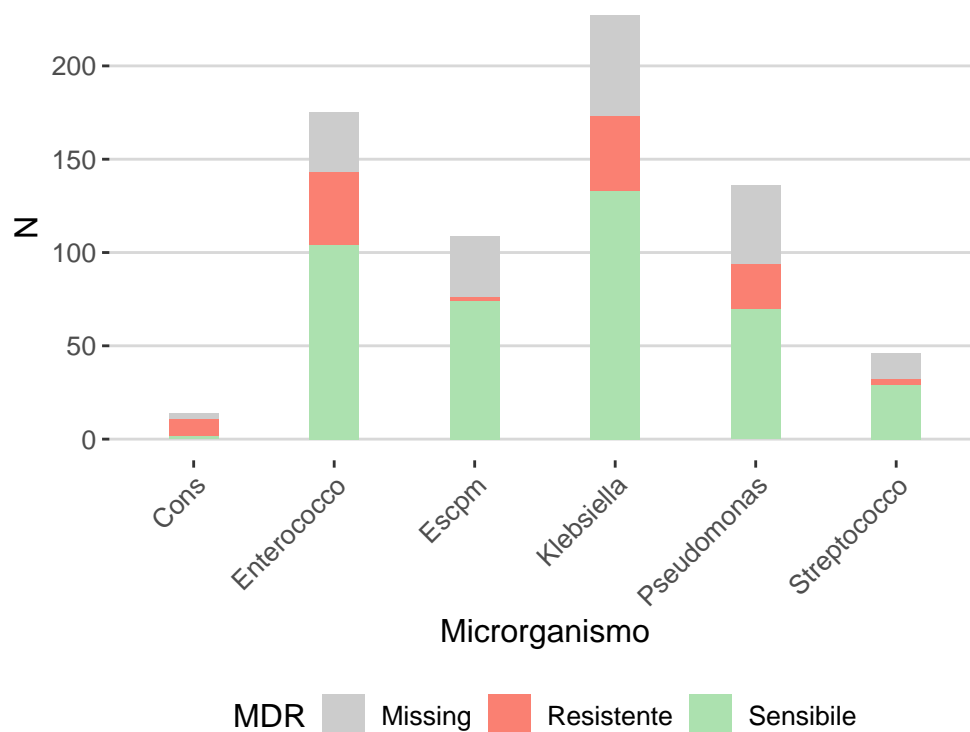
| | | | | | |
|-----------------------------------|----------|-------------|----------|----------|----------|
| Candida parapsilosis | 3 | 3.3 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 9 | 10.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Virus | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



| Microrganismo | N | N con anti- biogramma | N sensi- bili | N MDR | % MDR | N missing |
|---------------|-----|--------------------------|------------------|----------|----------|--------------|
| Cons | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

15.10.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|-------|
| Klebsiella pneumoniae | 10 | Ertapenem | 3 | 30.00 |
| Klebsiella pneumoniae | 10 | Meropenem | 4 | 40.00 |
| Pseudomonas aeruginosa | 3 | Imipenem | 1 | 33.33 |
| Pseudomonas aeruginosa | 3 | Meropenem | 1 | 33.33 |
| Staphylococcus haemolyticus | 6 | Meticillina | 4 | 66.67 |

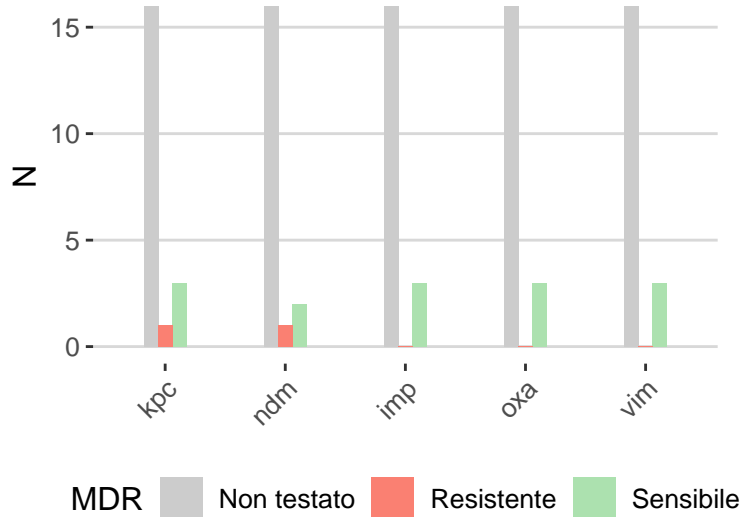
| | | | | |
|---------------------|---|-------------|---|--------|
| Enterococco faecium | 1 | Vancomicina | 1 | 100.00 |
|---------------------|---|-------------|---|--------|

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.

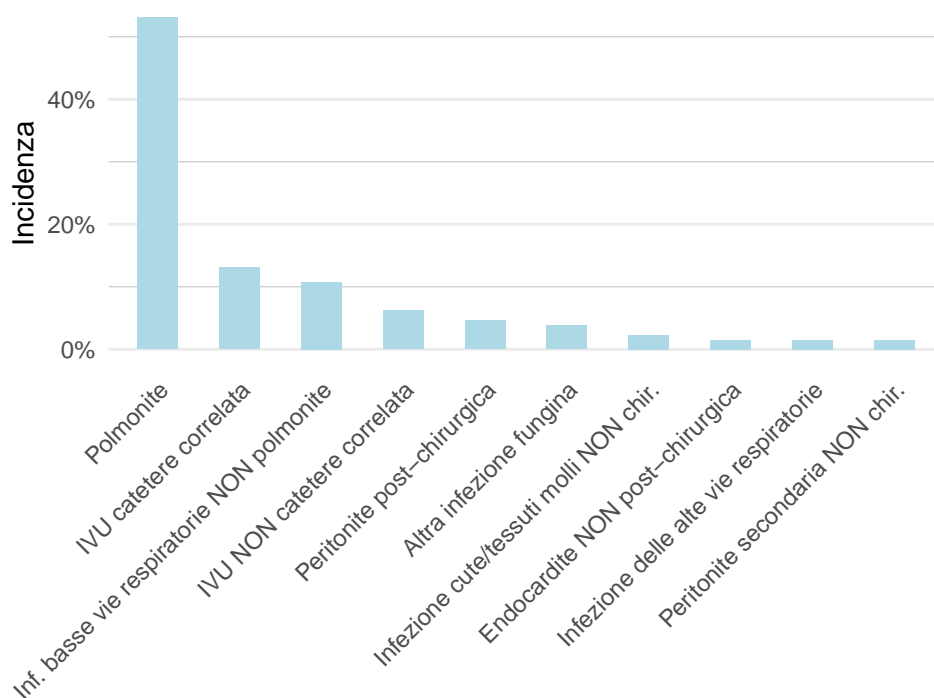
| | N | % |
|-------------|----|----|
| Sì | 2 | 10 |
| No | 2 | 10 |
| Non testato | 16 | 80 |
| Missing | 17 | |

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0 | 3 | 16 |
| kpc | 1 | 50 | 3 | 16 |
| ndm | 1 | 50 | 2 | 16 |
| oxa | 0 | 0 | 3 | 16 |
| vim | 0 | 0 | 3 | 16 |



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 130)

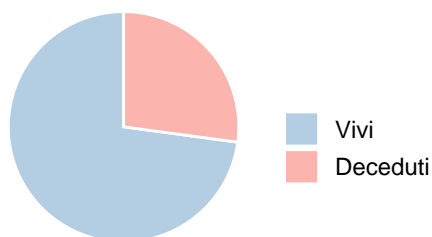
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

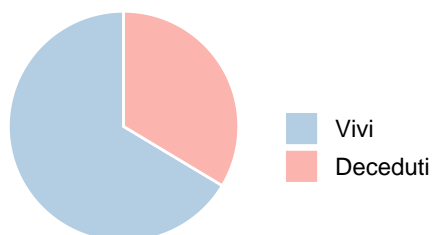
| Infezione | N | % |
|---|----|------|
| Polmonite | 69 | 53.1 |
| IVU catetere correlata | 17 | 13.1 |
| Inf. basse vie respiratorie NON polmonite | 14 | 10.8 |
| IVU NON catetere correlata | 8 | 6.2 |
| Peritonite post-chirurgica | 6 | 4.6 |
| Altra infezione fungina | 5 | 3.8 |
| Infezione cute/tessuti molli NON chir. | 3 | 2.3 |
| Infezione delle alte vie respiratorie | 2 | 1.5 |
| Endocardite NON post-chirurgica | 2 | 1.5 |
| Peritonite secondaria NON chir. | 2 | 1.5 |
| Missing | 2 | |

16.2 Mortalità in TI



| Mortalità in TI | N | % |
|-----------------|----|------|
| Vivi | 94 | 72.9 |
| Deceduti | 35 | 27.1 |
| Missing | 1 | 0 |

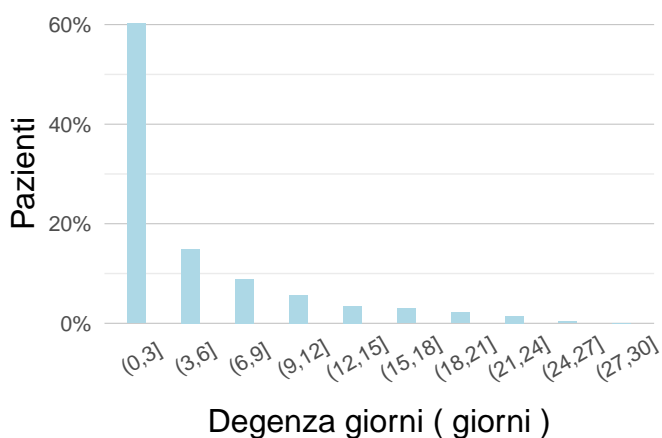
16.3 Mortalità ospedaliera *



| Mortalità ospedaliera | N | % |
|-----------------------|----|------|
| Vivi | 83 | 66.4 |
| Deceduti | 42 | 33.6 |
| Missing | 3 | 0 |

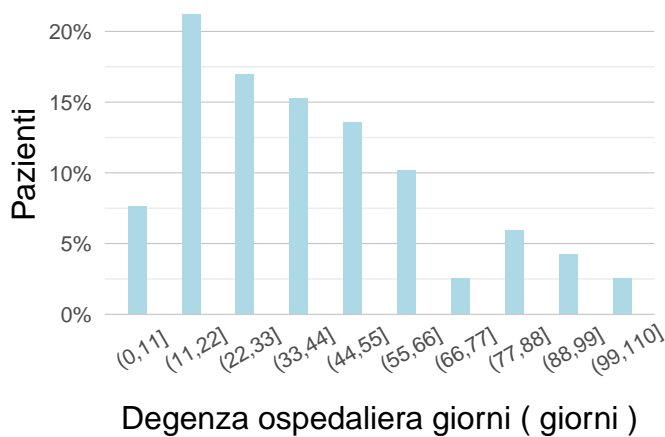
* Statistiche calcolate su 128 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.4 Degenza in TI (giorni)



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 28.9 (22.9) |
| Mediana (Q1-Q3) | 21 (13-35) |
| Missing | 1 |

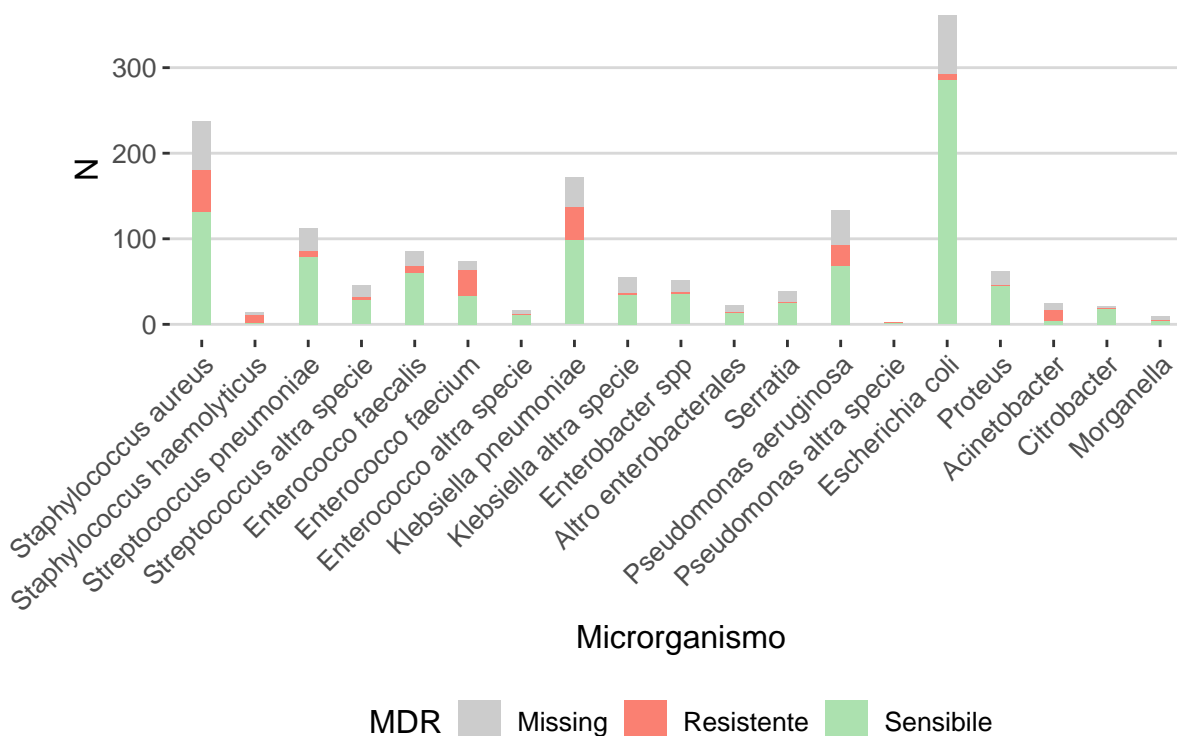
16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



| Indicatore | Valore |
|-----------------|-------------|
| Media (DS) | 46.8 (34.0) |
| Mediana (Q1-Q3) | 36 (22-61) |
| Missing | 3 |

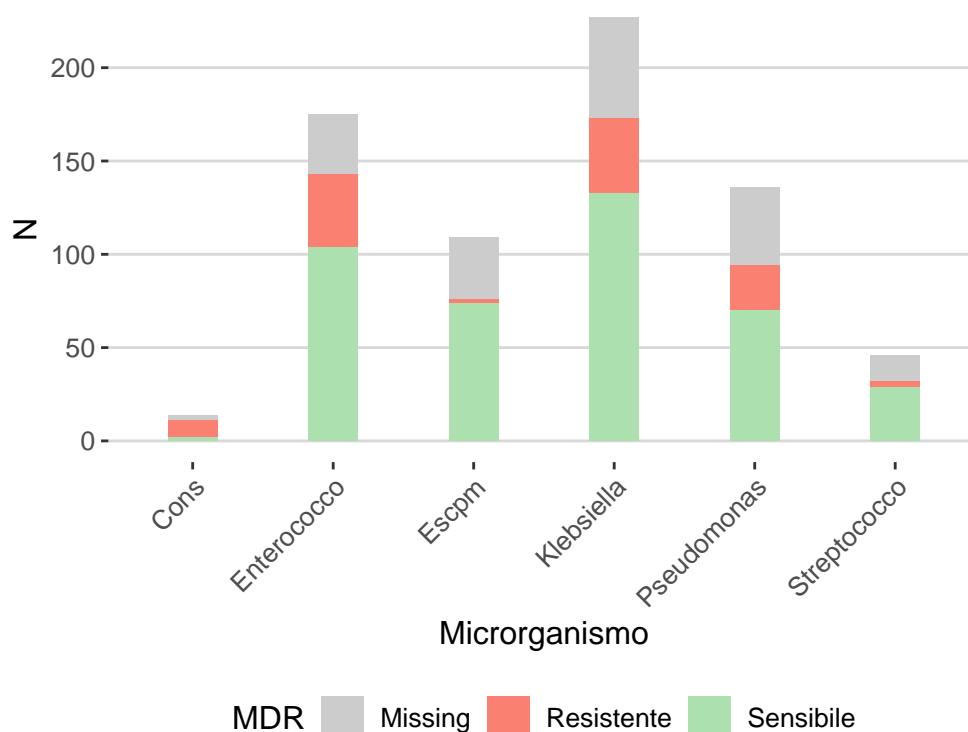
| | | | | | |
|-----------------------------------|------------|-------------|-----------|-----------|-------------|
| Staphylococcus aureus | 27 | 19.6 | 20 | 7 | 35 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | 1.4 | 1 | 1 | 100 |
| Staphylococcus hominis | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus epidermidis | 2 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus agalactiae | 2 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus pneumoniae | 1 | 0.7 | 1 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 8 | 5.8 | 6 | 0 | 0 |
| Enterococco faecium | 4 | 2.9 | 2 | 0 | 0 |
| Enterococco altra specie | 2 | 1.4 | 1 | 0 | 0 |
| Clostridium difficile | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 51 | 37.0 | 31 | 8 | 25.8 |
| Klebsiella pneumoniae | 29 | 21.0 | 18 | 4 | 22.2 |
| Klebsiella altra specie | 11 | 8.0 | 8 | 0 | 0 |
| Enterobacter spp | 9 | 6.5 | 8 | 0 | 0 |
| Altro enterobacterales | 3 | 2.2 | 1 | 0 | 0 |
| Serratia | 10 | 7.2 | 4 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 19 | 13.8 | 14 | 4 | 28.6 |
| Escherichia coli | 24 | 17.4 | 15 | 0 | 0 |
| Proteus | 4 | 2.9 | 2 | 0 | 0 |
| Acinetobacter | 6 | 4.3 | 6 | 5 | 83.3 |
| Emofilo | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 2 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Morganella | 2 | 1.4 | 2 | 0 | 0 |
| Altro gram negativo | 2 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 122 | 88.4 | 78 | 13 | 16.7 |
| Candida albicans | 5 | 3.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida auris | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Candida glabrata | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 3 | 2.2 | 0 | 0 | 0 |
| Funghi altra specie | 1 | 0.7 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 11 | 8.0 | 0 | 0 | 0 |
| Altro Virus | 2 | 1.4 | | | |
| Totale Virus | 2 | 1.4 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

16.6.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|----|-------------|--------------|--------|
| Klebsiella pneumoniae | 18 | Ertapenem | 4 | 22.22 |
| Klebsiella pneumoniae | 18 | Meropenem | 4 | 22.22 |
| Acinetobacter | 6 | Imipenem | 2 | 33.33 |
| Acinetobacter | 6 | Meropenem | 5 | 83.33 |
| Pseudomonas aeruginosa | 14 | Imipenem | 4 | 28.57 |
| Pseudomonas aeruginosa | 14 | Meropenem | 3 | 21.43 |
| Staphylococcus haemolyticus | 1 | Meticillina | 1 | 100.00 |
| Staphylococcus aureus | 20 | Meticillina | 7 | 35.00 |

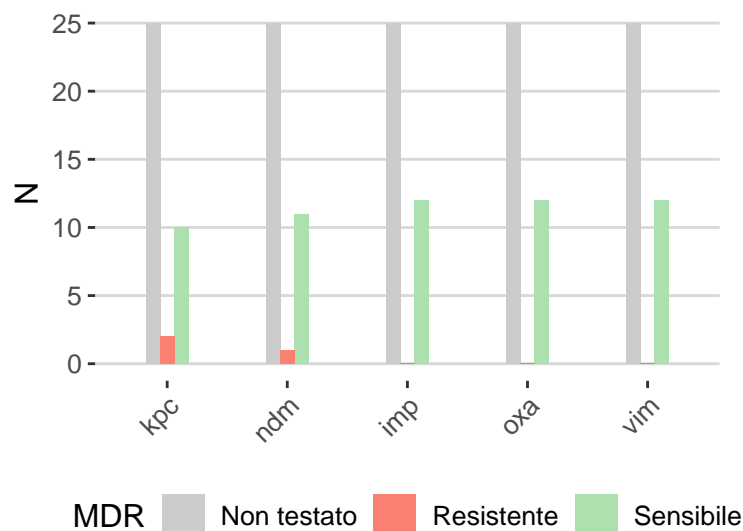
16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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 | 3 | 8.11 |
| No | 9 | 24.32 |
| Non testato | 25 | 67.57 |
| Missing | 57 | |

| Meccanismo | Resistente | % resistente | Sensibile | Non testato |
|------------|------------|--------------|-----------|-------------|
| imp | 0 | 0.0 | 12 | 25 |
| kpc | 2 | 66.7 | 10 | 25 |
| ndm | 1 | 33.3 | 11 | 25 |

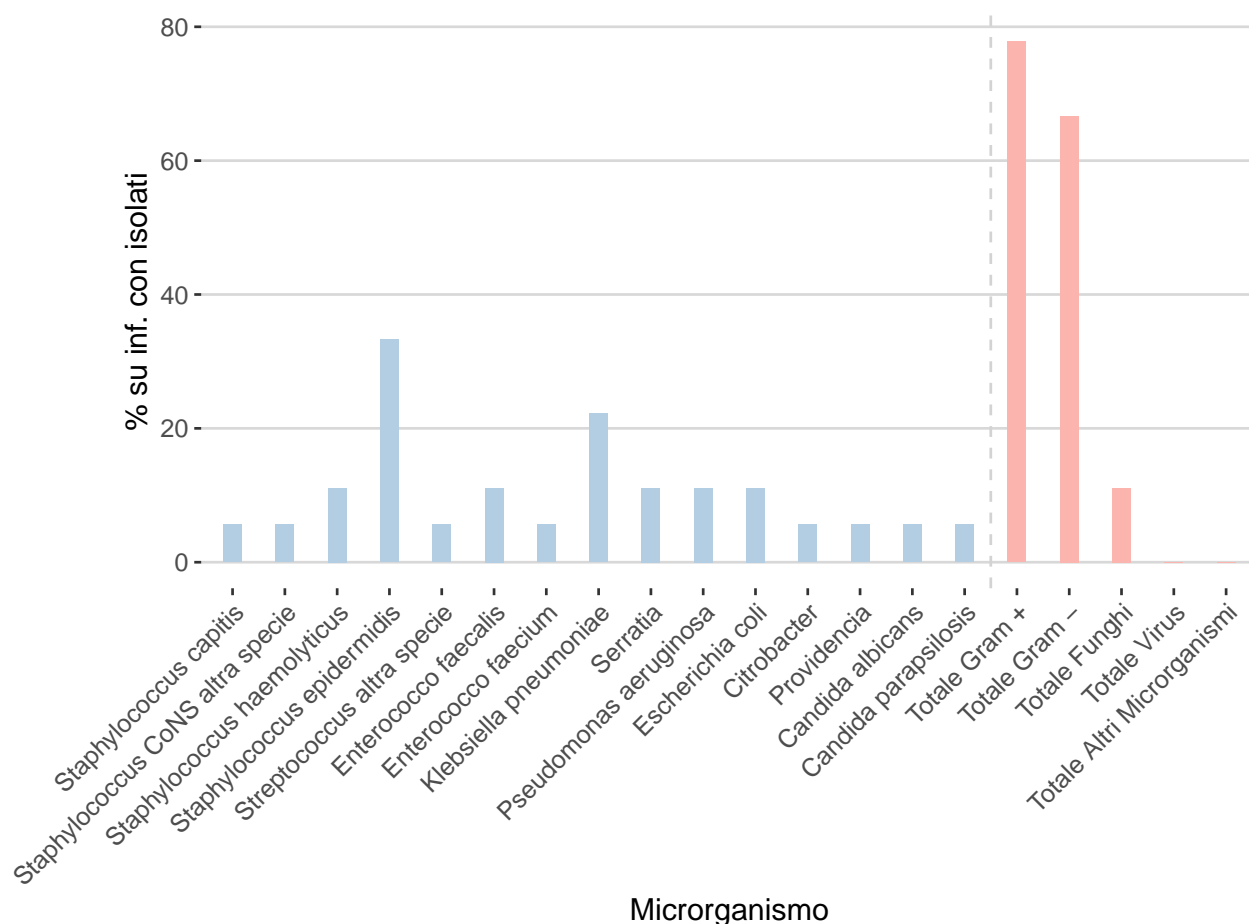
| | | | | |
|-----|---|-----|----|----|
| oxa | 0 | 0.0 | 12 | 25 |
| vim | 0 | 0.0 | 12 | 25 |



17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 18)

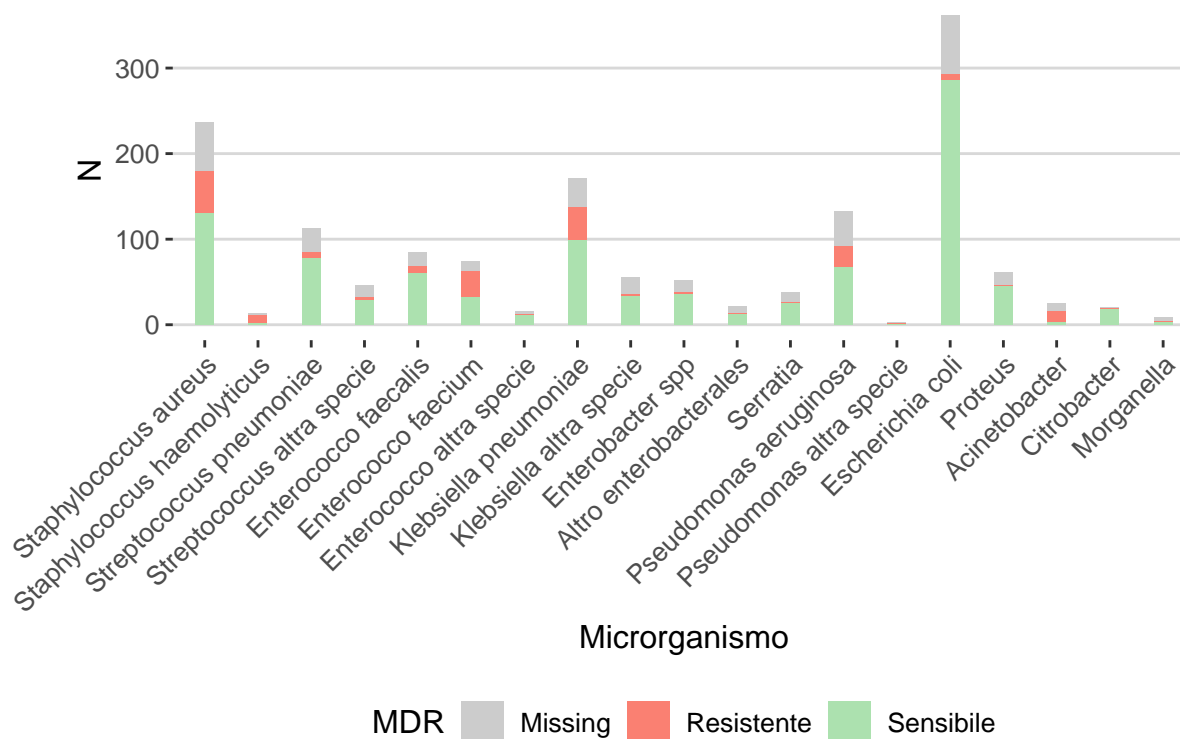
17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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



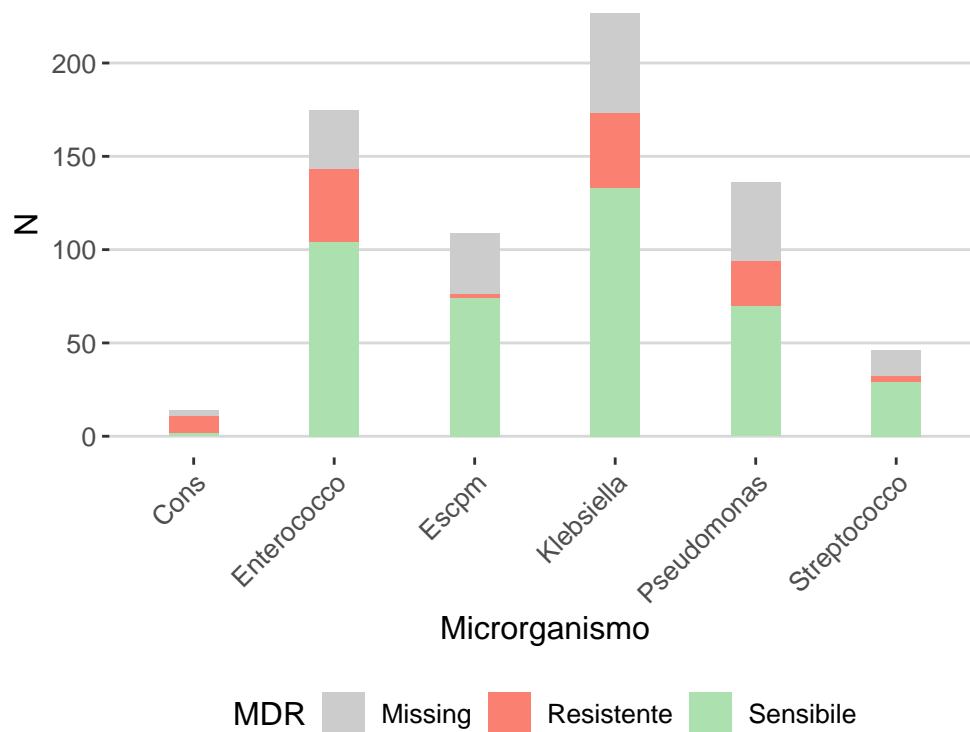
| Microrganismo | N | % su inf. con isolati | N con antibiogramma | N MDR | % MDR |
|-----------------------------------|-----------|-----------------------|---------------------|----------|-------------|
| Staphylococcus capitis | 1 | 5.6 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus CoNS altra specie | 1 | 5.6 | 0 | 0 | 0 |
| Staphylococcus haemolyticus | 2 | 11.1 | 1 | 1 | 100 |
| Staphylococcus epidermidis | 6 | 33.3 | 0 | 0 | 0 |
| Streptococcus altra specie | 1 | 5.6 | 1 | 0 | 0 |
| Enterococco faecalis | 2 | 11.1 | 1 | 0 | 0 |
| Enterococco faecium | 1 | 5.6 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram + | 14 | 77.8 | 3 | 1 | 33.3 |
| Klebsiella pneumoniae | 4 | 22.2 | 2 | 0 | 0 |
| Serratia | 2 | 11.1 | 2 | 0 | 0 |
| Pseudomonas aeruginosa | 2 | 11.1 | 1 | 0 | 0 |
| Escherichia coli | 2 | 11.1 | 1 | 0 | 0 |
| Citrobacter | 1 | 5.6 | 1 | 0 | 0 |
| Providencia | 1 | 5.6 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Gram - | 12 | 66.7 | 7 | 0 | 0 |
| Candida albicans | 1 | 5.6 | 0 | 0 | 0 |
| Candida parapsilosis | 1 | 5.6 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Funghi | 2 | 11.1 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Virus | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |
| Totale Altri Microrganismi | 0 | 0.0 | 0 | 0 | 0 |

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). 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 | 14 | 11 | 2 | 9 | 81.82 | 3 |
| Enterococco | 175 | 143 | 104 | 39 | 27.27 | 32 |
| Escpm | 109 | 76 | 74 | 2 | 2.63 | 33 |
| Klebsiella | 227 | 173 | 133 | 40 | 23.12 | 54 |
| Pseudomonas | 136 | 94 | 70 | 24 | 25.53 | 42 |
| Streptococco | 46 | 32 | 29 | 3 | 9.38 | 14 |

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

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

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

| Microrganismo | N | Resistenza | N resistenza | % |
|-----------------------------|---|-------------|--------------|-----|
| 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 | 1 | |

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