



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

CCH 8 TI

Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

TI CARDIOCHIRURGICHE

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo 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 = 3937)	12
2.1 Sesso	12
2.2 Età	12
2.3 Degenza Pre TI (giorni)	13
2.4 Provenienza (reparto)	13
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	14
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 = 506)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 3422)	19
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI (giorni)	20
4.4 Provenienza (reparto)	20
4.5 Trauma	21
4.6 Stato Chirurgico	21
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	22
4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	22
4.10 Insufficienza neurologica insorta	23
4.11 Mortalità in TI	23
4.12 Mortalità ospedaliera *	23
4.13 Degenza in TI (giorni)	24
4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	24

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	26
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 274)	27
5.1 Provenienza (reparto)	27
5.2 Trauma	27
5.3 Stato Chirurgico	27
5.4 Motivo di ammissione	28
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	29
5.6 Infezione multisito	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	30
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 13)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriémica	37
6.4 Infezioni multisito	38
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	38
6.6 Mortalità in TI	39
6.7 Mortalità ospedaliera *	39
6.8 Degenza in TI (giorni)	40
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	40
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	40
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 50)	45
7.1 Trauma	45
7.2 Stato Chirurgico	45
7.3 Tipo di infezione	45
7.4 Infezione batteriémica	46
7.5 Infezioni multisito	46
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	46
7.7 Mortalità in TI	47
7.8 Mortalità ospedaliera *	47
7.9 Degenza in TI (giorni)	48
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	48
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	48
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	53
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	57
8 Pazienti infetti in degenza (N = 266)	58
8.1 Sesso	58
8.2 Età	58
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	59
8.4 Provenienza (reparto)	59
8.5 Trauma	60
8.6 Stato Chirurgico	60
8.7 Motivo di ammissione	60
8.8 Insufficienza neurologica	61
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	61
8.10 Insufficienza neurologica insorta	62
8.11 Mortalità in TI	62
8.12 Mortalità ospedaliera *	62
8.13 Degenza in TI (giorni)	63
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	63

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	64
8.16	Infezione multisito	65
8.17	Infezioni in degenza	65
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	65
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	66
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	67
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	68
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 34)	75
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	75
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 232)	80
10.1	Gravità massima dell'infezione	80
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	80
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	80
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	86
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 103)	87
11.1	Trauma	87
11.2	Stato Chirurgico	87
11.3	Infezione batteriémica	88
11.4	Infezioni multisito	88
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	88
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	89
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 73)	89
12.1	VAP precoce	89
12.2	Diagnosi	90
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	90
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 3937)	91
12.5	Giorni di VM pre-VAP	92
12.6	Incidenza di VAP	92
12.7	Mortalità in TI	94
12.8	Mortalità ospedaliera *	94
12.9	Degenza in TI (giorni)	95
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	95
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	95
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	100
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	104
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 75)	107
13.1	Trauma	107
13.2	Stato Chirurgico	107
13.3	Tipologia	107
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	108
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	108
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 25)	113
14.1	Infezioni multisito	113
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	113
14.3	Mortalità in TI	114
14.4	Mortalità ospedaliera *	114
14.5	Degenza in TI (giorni)	115
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	115
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	116

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 16)	120
15.1	Infezione multisito	120
15.2	Fattori di rischio	120
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	122
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	122
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	123
15.6	Mortalità in TI	123
15.7	Mortalità ospedaliera *	124
15.8	Degenza in TI (giorni)	124
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	125
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	125
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 43)	129
16.1	Infezioni associate (top 10)	129
16.2	Mortalità in TI	130
16.3	Mortalità ospedaliera *	130
16.4	Degenza in TI (giorni)	131
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	131
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	131
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 6)	136
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	136
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 25)	139
18.1	Catetere urinario (N = 3937)	139
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	140
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	141
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	141
18.5	Mortalità in TI	143
18.6	Mortalità ospedaliera *	143
18.7	Degenza in TI (giorni)	144
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	144
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	144
Appendice		149
	Definizione di MDR	149
	Raggruppamento Microrganismi	149

Petalo Infectionlight

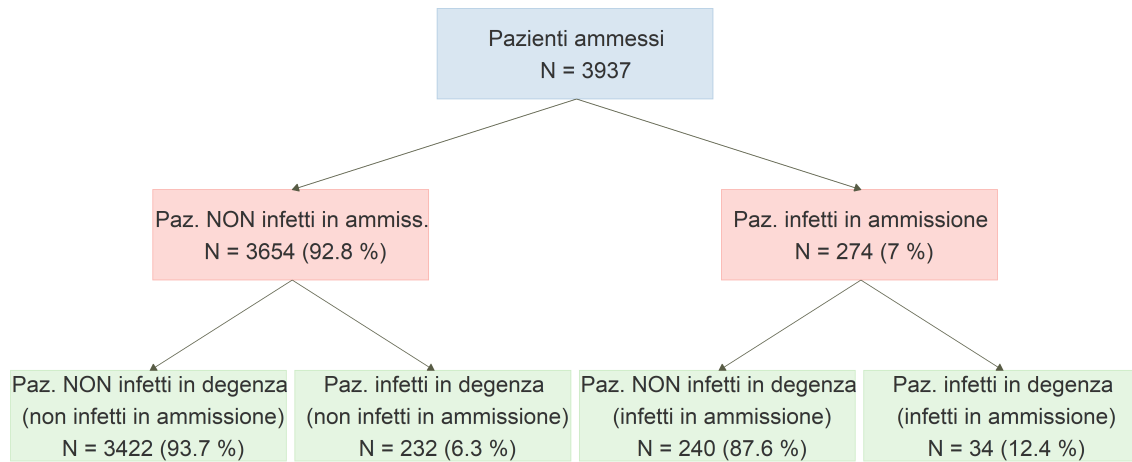
Anno 2022

Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

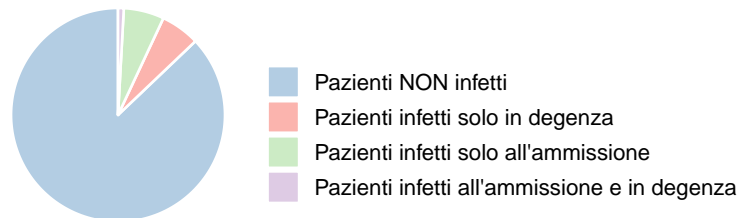
Popolazione complessiva: 8 TI

TI CCH

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



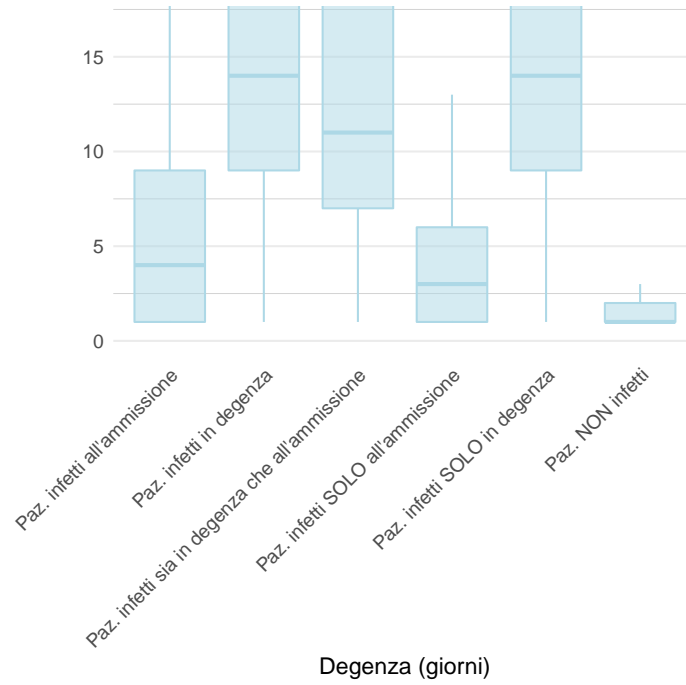
Per N = 9 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	3422	87.1
Pazienti infetti solo in degenza	232	5.9
Pazienti infetti solo all'ammissione	240	6.1
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	34	0.9

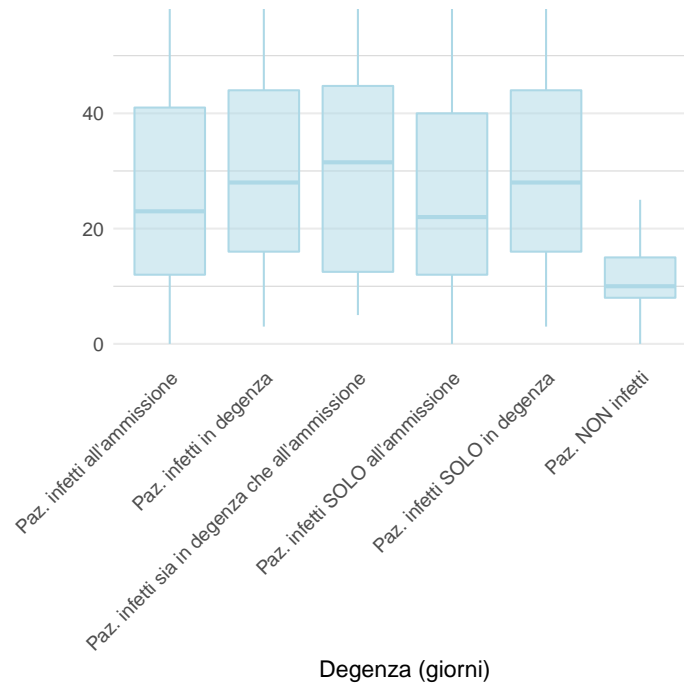
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 3928).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	3422	86.9	1	(1 - 2)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	240	6.1	3	(1 - 6)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	0.9	11	(7 - 34)
Pazienti infetti SOLO in degenza	232	5.9	14	(9 - 26)
Pazienti infetti all'ammissione	274	7.0	4	(1 - 9)
Pazienti infetti in degenza	266	6.8	14	(9 - 27)

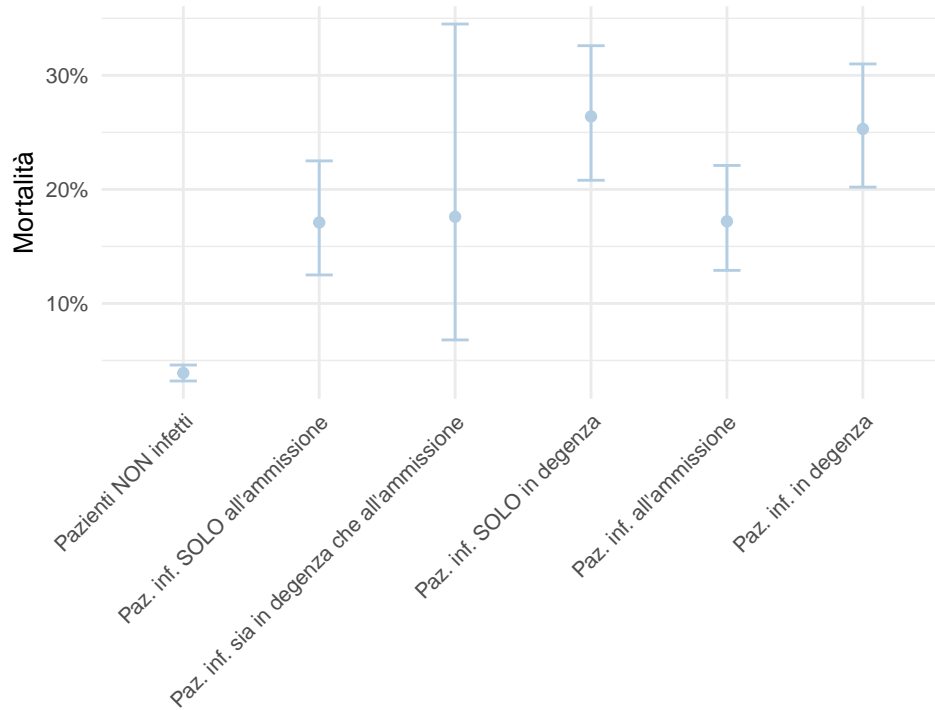
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	3422	86.9	10	(8 - 15)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	240	6.1	22	(12 - 40)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	0.9	32	(12 - 45)
Pazienti infetti SOLO in degenza	232	5.9	28	(16 - 44)
Pazienti infetti all'ammissione	274	7.0	23	(12 - 41)
Pazienti infetti in degenza	266	6.8	28	(16 - 44)

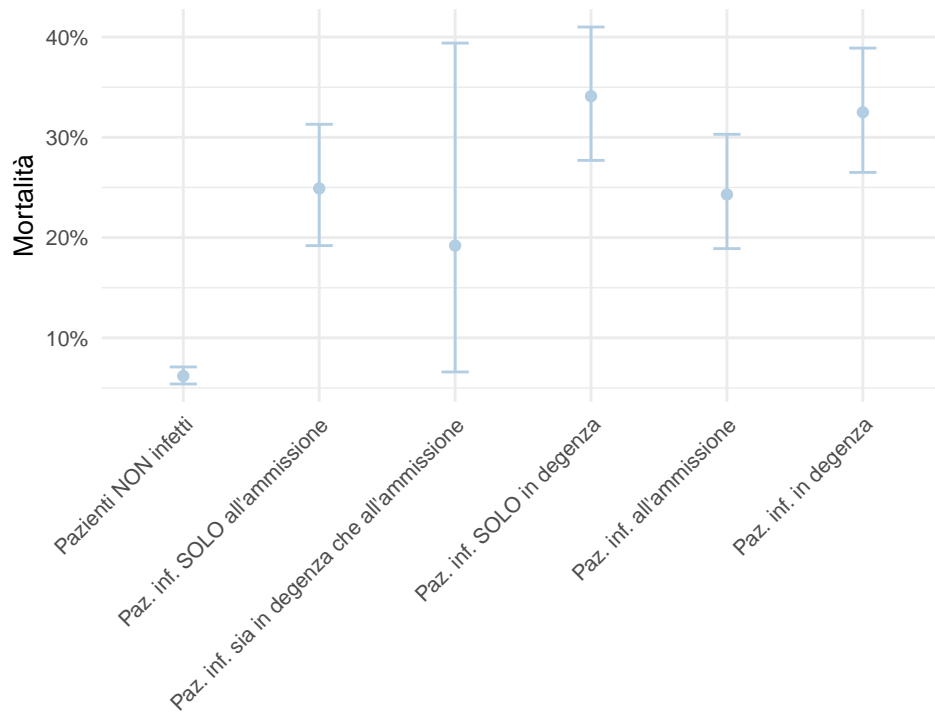
* escluse le riammissioni (N = 141)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3422	132	3.9	(3.2 - 4.6)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	240	41	17.1	(12.5 - 22.5)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	6	17.6	(6.8 - 34.5)
Pazienti infetti SOLO in degenza	232	61	26.4	(20.8 - 32.6)
Pazienti infetti all'ammissione	274	47	17.2	(12.9 - 22.1)
Pazienti infetti in degenza	266	67	25.3	(20.2 - 31)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

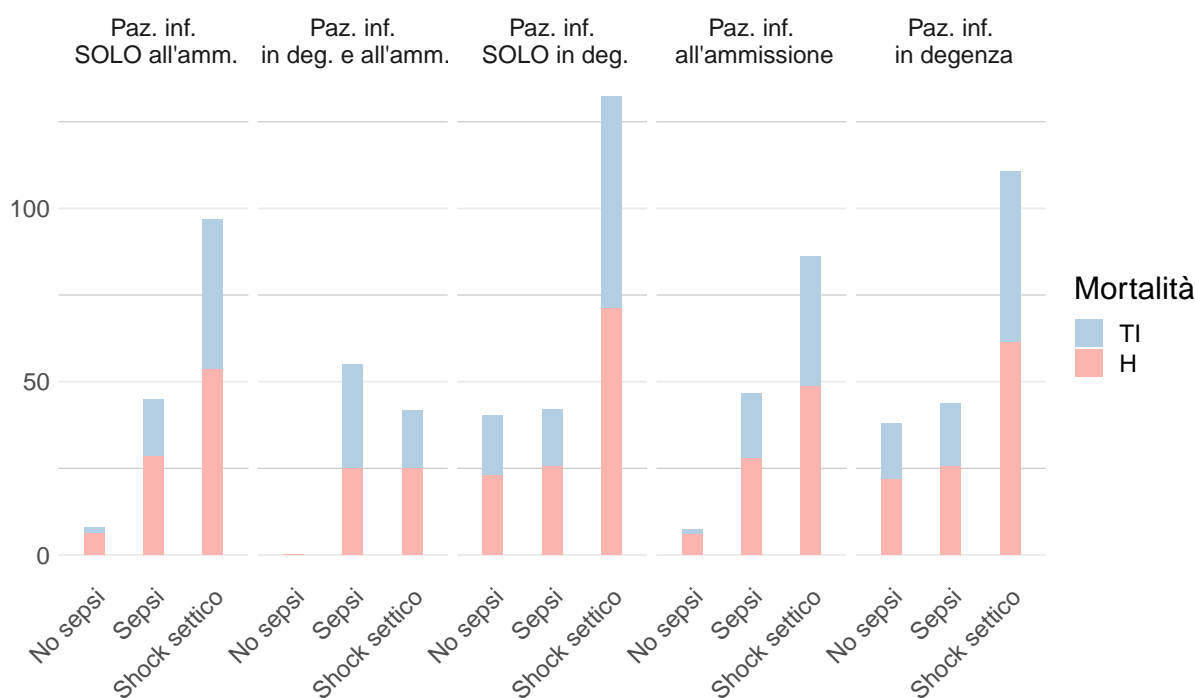


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3422	207	6.2	(5.4 - 7.1)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	240	52	24.9	(19.2 - 31.3)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	5	19.2	(6.6 - 39.4)
Pazienti infetti SOLO in degenza	232	71	34.1	(27.7 - 41)
Pazienti infetti all'ammissione	274	57	24.3	(18.9 - 30.3)
Pazienti infetti in degenza	266	76	32.5	(26.5 - 38.9)

* escluse le riammissioni (N = 141)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	240	113	60	67	47.1	25.0	27.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	6	10	18	17.6	29.4	52.9
Pazienti infetti SOLO in degenza	232	110	72	49	47.6	31.2	21.2
Pazienti infetti all'ammissione	274	119	70	85	43.4	25.5	31.0
Pazienti infetti in degenza	266	116	82	67	43.8	30.9	25.3



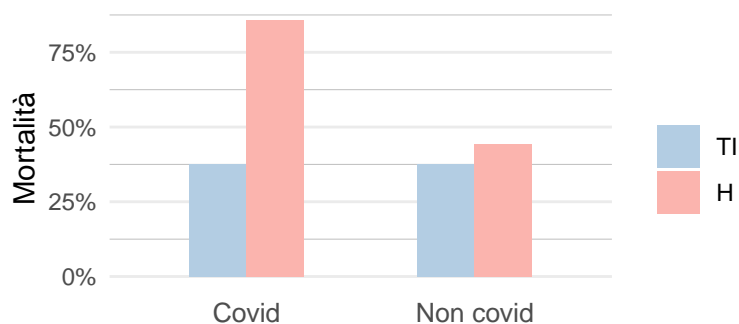
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	113	2	1.8	98	6	6.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	6	0	0.0	6	0	0.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	110	19	17.3	103	23	23.0
Pazienti infetti all'ammissione	119	2	1.7	104	6	5.8
Pazienti infetti in degenza	116	19	16.4	109	23	21.7

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	60	10	16.7	54	15	28.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	10	3	30.0	8	2	25.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	72	12	16.7	66	16	25.4
Pazienti infetti all'ammissione	70	13	18.6	62	17	27.9
Pazienti infetti in degenza	82	15	18.3	74	18	25.4

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	67	29	43.3	58	31	53.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	18	3	16.7	14	3	25.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	49	30	61.2	47	32	71.1
Pazienti infetti all'ammissione	85	32	37.6	72	34	48.6
Pazienti infetti in degenza	67	33	49.3	61	35	61.4

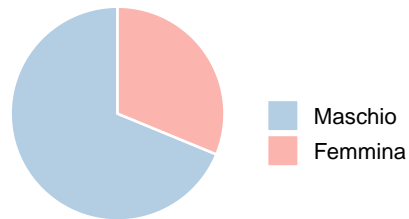
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	8	3	37.5	7	6	85.7
Non covid	77	29	37.7	65	28	44.4

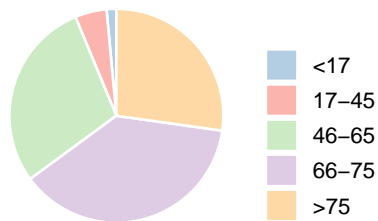
2 Tutti i pazienti (N = 3937)

2.1 Sesso



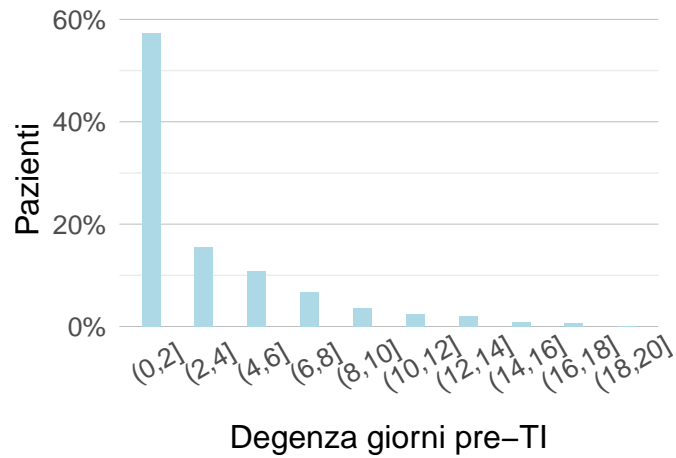
Sesso	N	%
Maschio	2707	68.8
Femmina	1229	31.2
Missing	1	0

2.2 Età



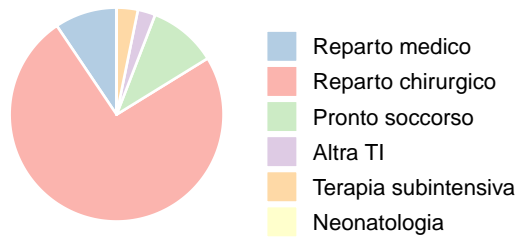
Range età	N	%
<17	58	1.5
17-45	188	4.8
46-65	1135	28.8
66-75	1484	37.7
>75	1072	27.2
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



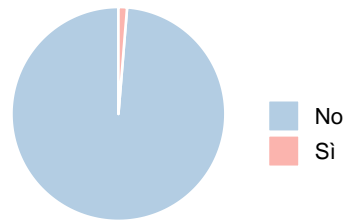
Indicatore	Valore
Media	4.5
DS	9.1
Mediana	2
Q1-Q3	1-5
Missing	1

2.4 Provenienza (reparto)



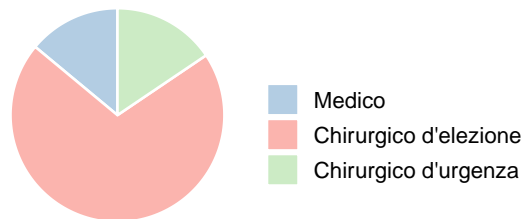
Provenienza	N	%
Reparto medico	371	9.4
Reparto chirurgico	2923	74.4
Pronto soccorso	406	10.3
Altra TI	105	2.7
Terapia subintensiva	126	3.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	6	0

2.5 Trauma



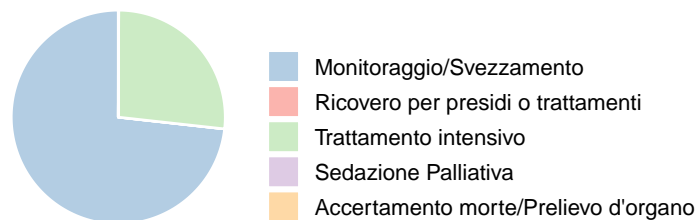
Trauma	N	%
No	3885	98.7
Sì	51	1.3
Missing	1	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	550	14.0
Chirurgico d'elezione	2774	70.5
Chirurgico d'urgenza	612	15.5
Missing	1	0

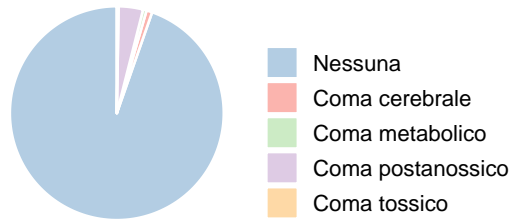
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2883	73.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

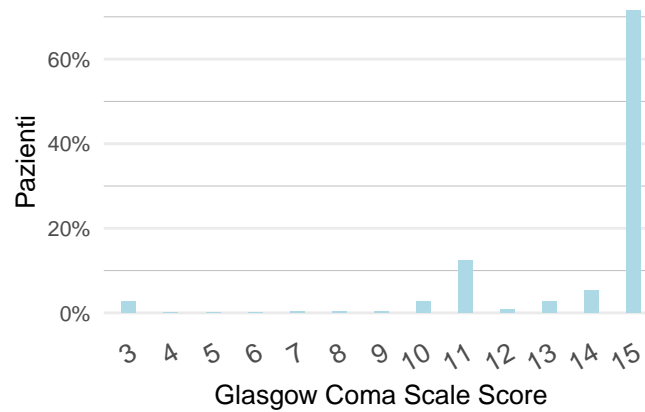
Trattamento intensivo	1050	26.7
Sedazione Palliativa	2	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.0
Missing	1	0

2.8 Insufficienza neurologica



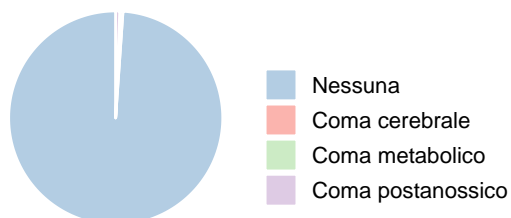
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1413	94.6
Coma cerebrale	13	0.9
Coma metabolico	8	0.5
Coma postanossico	55	3.7
Coma tossico	4	0.3
Missing	2444	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



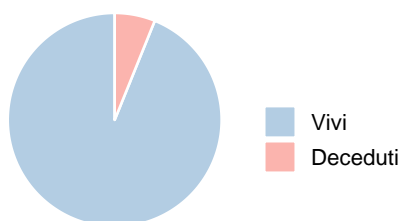
Indicatore	Valore
Media	13.8
DS	2.5
Mediana	15
Q1-Q3	14-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



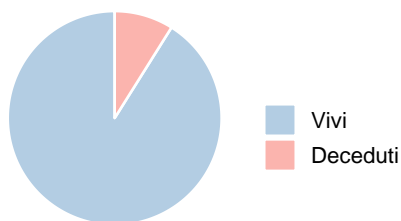
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3886	98.9
Coma cerebrale	16	0.4
Coma metabolico	4	0.1
Coma postanossico	23	0.6
Missing	8	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3684	93.9
Deceduti	240	6.1
Missing	13	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

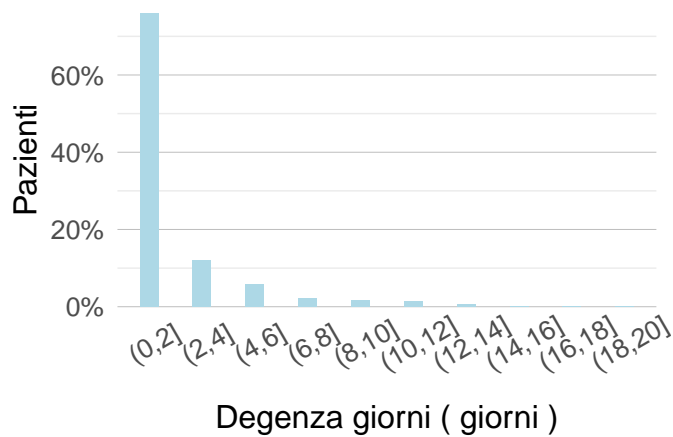


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3422	91.1

Deceduti	335	8.9
Missing	37	0

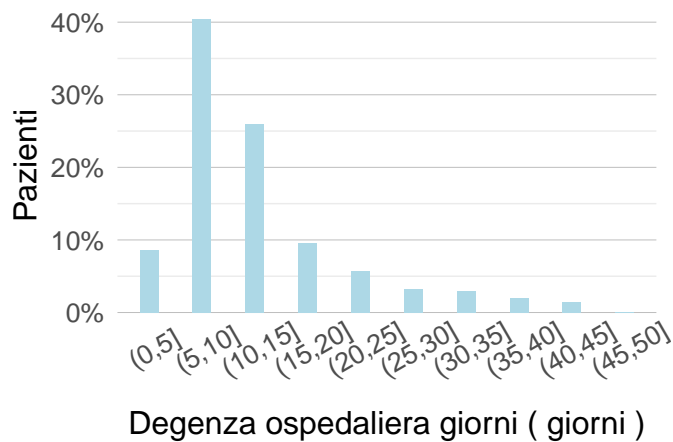
* Statistiche calcolate su 3794 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 143).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.5 (7.4)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	13

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

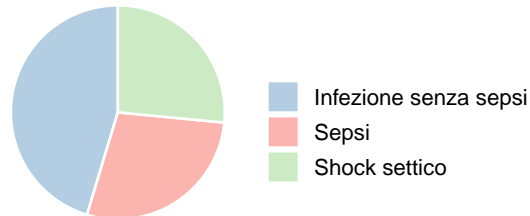


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.2 (17.4)
Mediana (Q1-Q3)	11 (8-17)
Missing	35

* Statistiche calcolate su 3794 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 143).

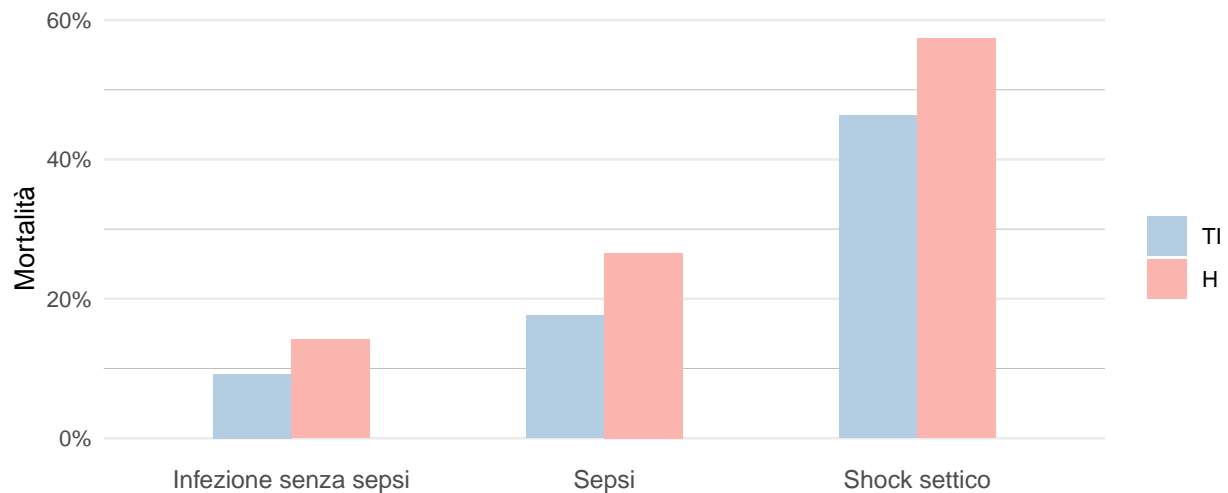
3 Pazienti infetti (N = 506)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	229	45.3
Sepsi	142	28.1
Shock settico	134	26.5
Missing	1	0

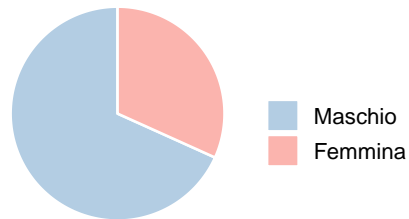
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	9.2	14.2
Sepsi	17.6	26.6
Shock settico	46.3	57.4

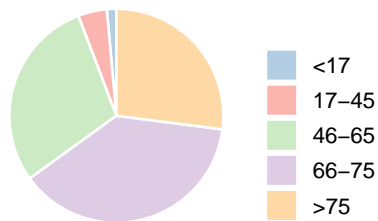
4 Pazienti non infetti (N = 3422)

4.1 Sesso



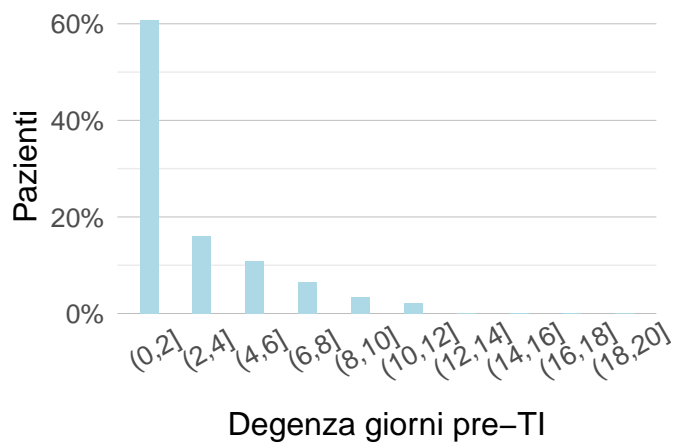
Sesso	N	%
Maschio	2336	68.3
Femmina	1086	31.7
Missing	0	0

4.2 Età



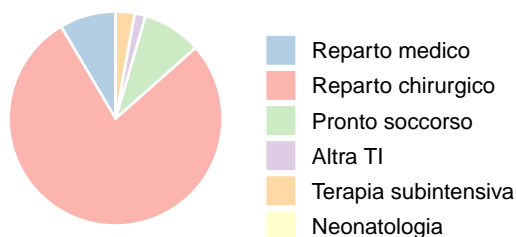
Range età	N	%
<17	49	1.4
17-45	149	4.4
46-65	999	29.2
66-75	1300	38.0
>75	925	27.0
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



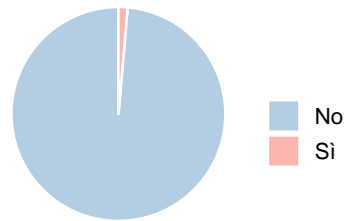
Indicatore	Valore
Media	3.9
DS	7.9
Mediana	2
Q1-Q3	1-4
Missing	1

4.4 Provenienza (reparto)



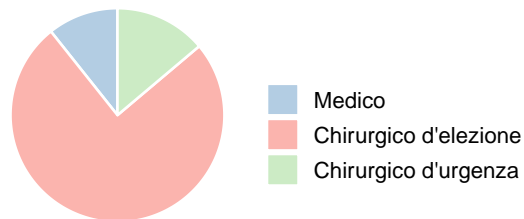
Provenienza	N	%
Reparto medico	291	8.5
Reparto chirurgico	2666	78.0
Pronto soccorso	306	9.0
Altra TI	56	1.6
Terapia subintensiva	98	2.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

4.5 Trauma



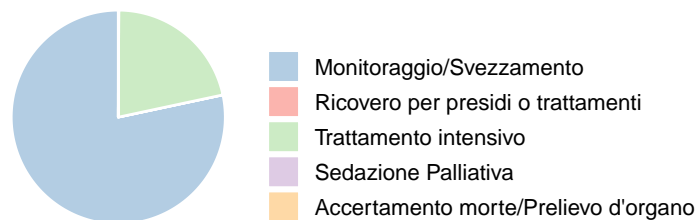
Trauma	N	%
No	3375	98.6
Sì	47	1.4
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	366	10.7
Chirurgico d'elezione	2582	75.5
Chirurgico d'urgenza	474	13.9
Missing	0	0

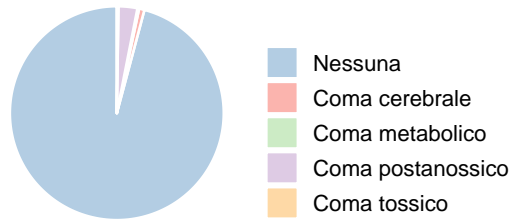
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2681	78.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

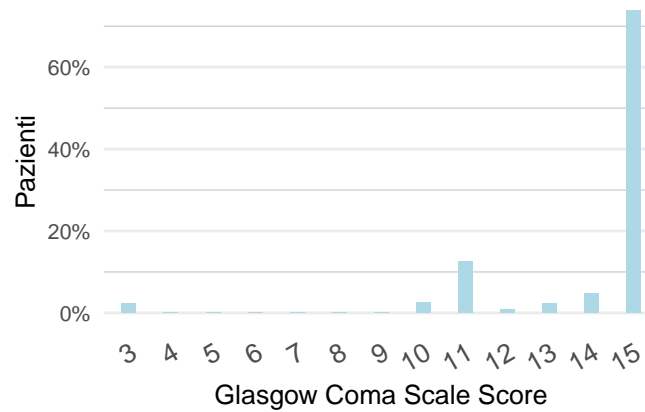
Trattamento intensivo	738	21.6
Sedazione Palliativa	2	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.0
Missing	0	0

4.8 Insufficienza neurologica



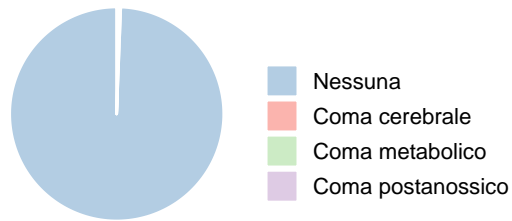
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1176	95.8
Coma cerebrale	10	0.8
Coma metabolico	3	0.2
Coma postanossico	35	2.9
Coma tossico	3	0.2
Missing	2195	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



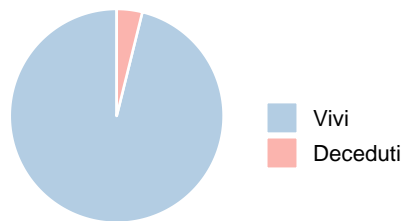
Indicatore	Valore
Media	11.9
DS	2.3
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



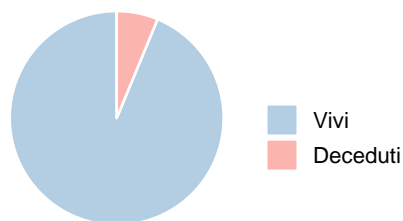
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3401	99.4
Coma cerebrale	7	0.2
Coma metabolico	1	0.0
Coma postanossico	13	0.4
Missing	0	

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3287	96.1
Deceduti	132	3.9
Missing	3	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

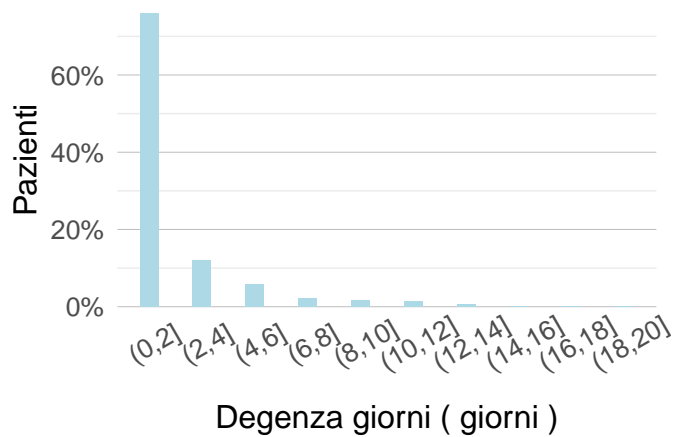


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3107	93.8

Deceduti	207	6.2
Missing	17	0

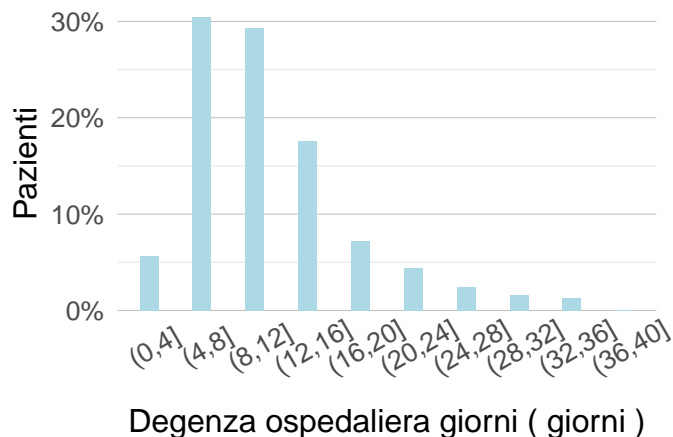
* Statistiche calcolate su 3331 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 91).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.1 (3.0)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-2)
Missing	3

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

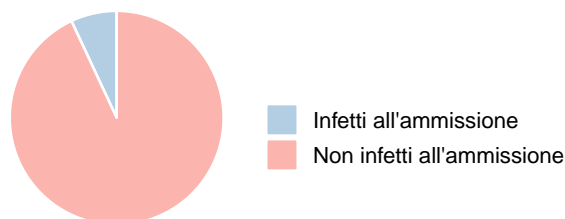


Indicatore	Valore
Media (DS)	14.0 (13.7)
Mediana (Q1-Q3)	10 (8-15)
Missing	15

* Statistiche calcolate su 3331 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 91$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

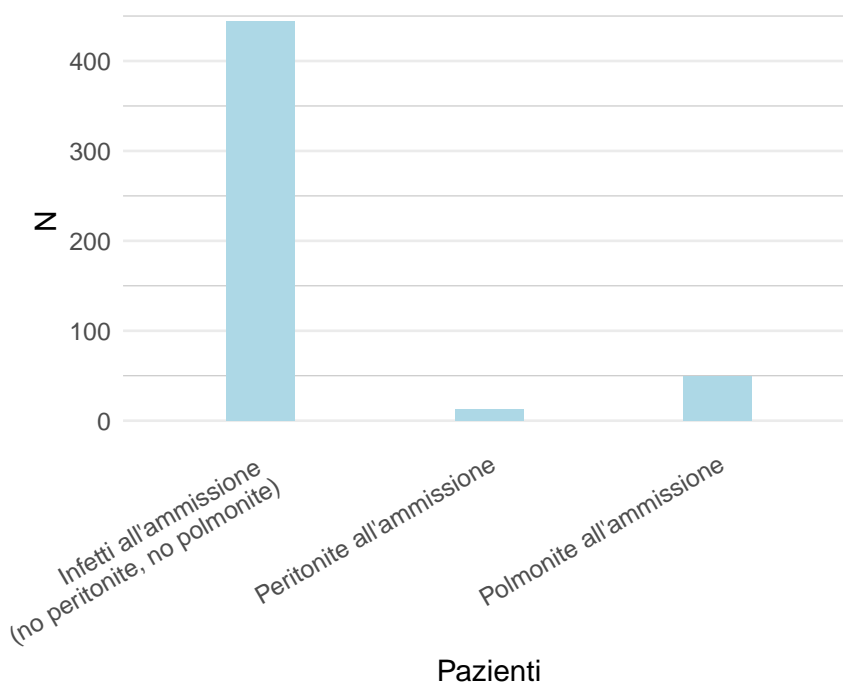
Sono presenti 274 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 6.96% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	274	6.96
Non infetti all'ammissione	3663	93.04

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 3937).

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

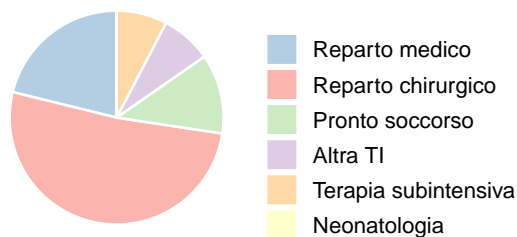


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	444	162.04
Peritonite all'ammissione	13	4.74
Polmonite all'ammissione	50	18.25

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 274).

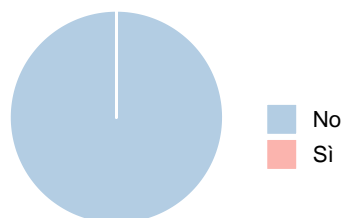
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 274)

5.1 Provenienza (reparto)



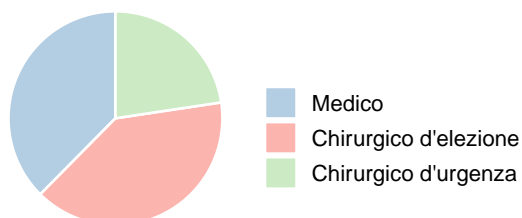
Provenienza	N	%
Reparto medico	58	21.2
Reparto chirurgico	141	51.5
Pronto soccorso	33	12.0
Altra TI	21	7.7
Terapia subintensiva	21	7.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

5.2 Trauma



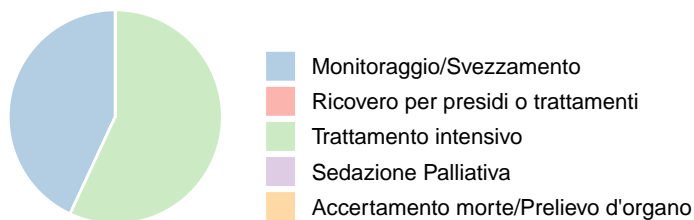
Trauma	N	%
No	274	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



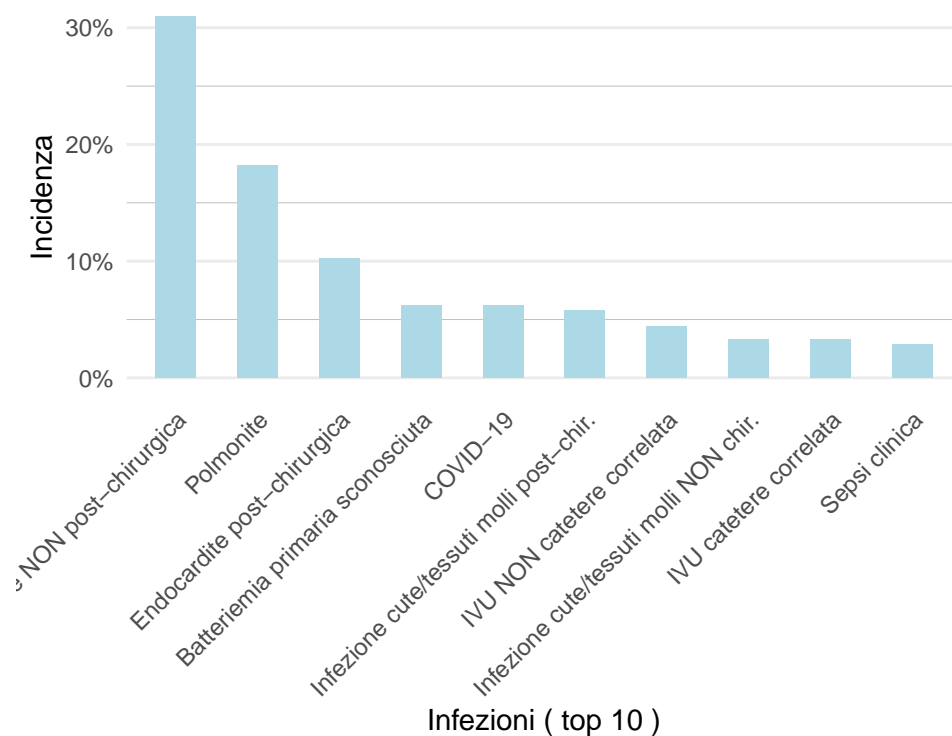
Stato chirurgico	N	%
Medico	103	37.6
Chirurgico d'elezione	109	39.8
Chirurgico d'urgenza	62	22.6
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



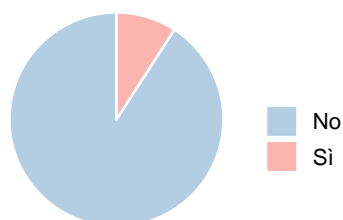
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	118	43.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	156	56.9
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



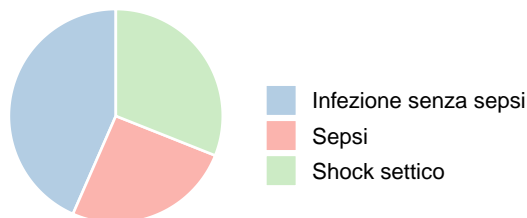
Infezione	N	%
Endocardite NON post-chirurgica	85	31.0
Polmonite	50	18.2
Endocardite post-chirurgica	28	10.2
Batteriemia primaria sconosciuta	17	6.2
COVID-19	17	6.2
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	16	5.8
IVU NON catetere correlata	12	4.4
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	9	3.3
IVU catetere correlata	9	3.3
Sepsi clinica	8	2.9
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	249	90.9
Sì	25	9.1
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	119	43.4
Sepsi	70	25.5
Shock settico	85	31.0
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

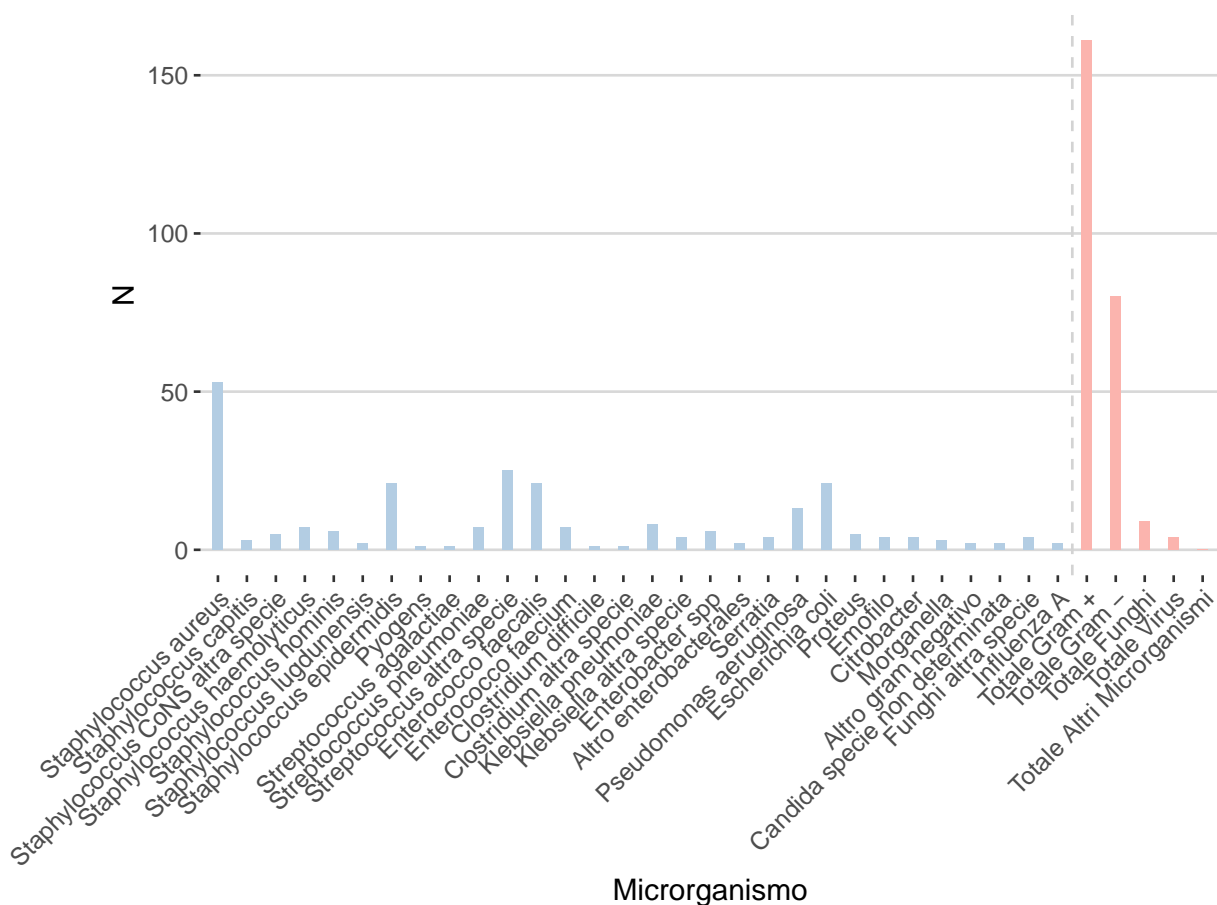
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	65	22.9
Sì	219	77.1
Missing	0	
Totale infezioni	284	
Totale microrganismi isolati	259	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	53	24.2	34	12	35.3
Staphylococcus capitis	3	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	2.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	3.2	5	2	40
Staphylococcus hominis	6	2.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.9	0	0	0

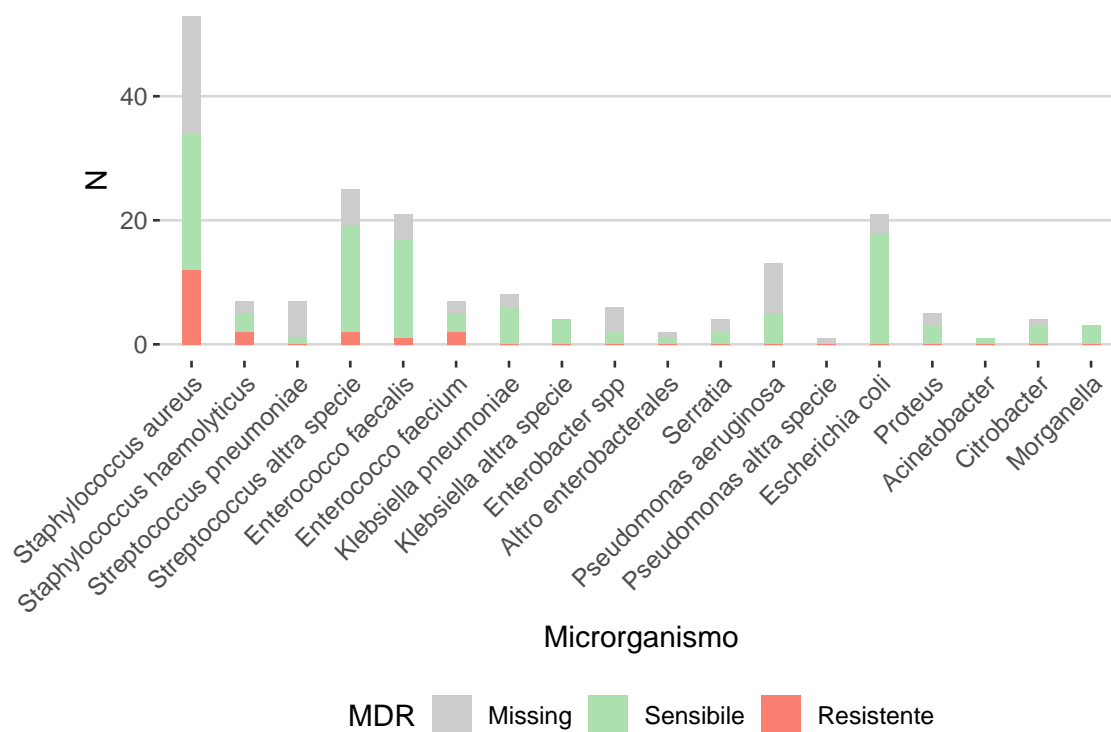
Staphylococcus epidermidis	21	9.6	0	0	0
Pyogens	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	3.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	25	11.4	19	2	10.5
Enterococco faecalis	21	9.6	17	1	5.9
Enterococco faecium	7	3.2	5	2	40
Clostridium difficile	1	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	161	73.5	81	19	23.5
Klebsiella pneumoniae	8	3.7	6	0	0
Klebsiella altra specie	4	1.8	4	0	0
Enterobacter spp	6	2.7	2	0	0
Altro enterobacterales	2	0.9	1	0	0
Serratia	4	1.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	5.9	5	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.5	0	0	0
Escherichia coli	21	9.6	18	0	0
Proteus	5	2.3	3	0	0
Acinetobacter	1	0.5	1	0	0
Emofilo	4	1.8	0	0	0
Legionella	1	0.5	0	0	0
Citrobacter	4	1.8	3	0	0
Morganella	3	1.4	3	0	0
Clamidia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.9	0	0	0
Totale Gram -	80	36.5	48	0	0
Candida parapsilosis	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	1	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	1.8	0	0	0
Totale Funghi	9	4.1	0	0	0
Influenza A	2	0.9			
Influenza AH3N2	1	0.5			
Herpes simplex	1	0.5			
Totale Virus	4	1.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	53	24.2	34	12	35.3
Staphylococcus capitis	3	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	2.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	3.2	5	2	40
Staphylococcus hominis	6	2.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	9.6	0	0	0
Pyogens	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	3.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	25	11.4	19	2	10.5
Enterococco faecalis	21	9.6	17	1	5.9
Enterococco faecium	7	3.2	5	2	40
Clostridium difficile	1	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	161	73.5	81	19	23.5
Klebsiella pneumoniae	8	3.7	6	0	0
Klebsiella altra specie	4	1.8	4	0	0
Enterobacter spp	6	2.7	2	0	0
Altro enterobacterales	2	0.9	1	0	0
Serratia	4	1.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	5.9	5	0	0

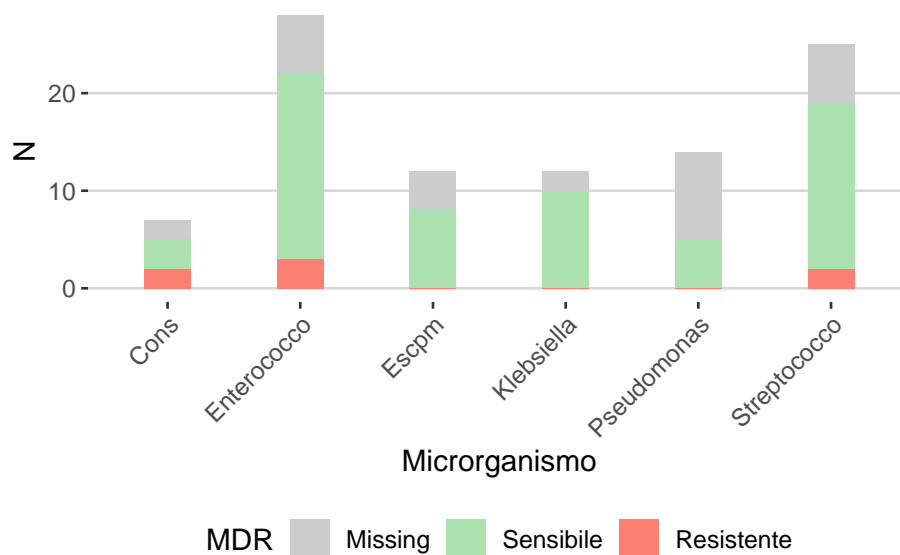
Pseudomonas altra specie	1	0.5	0	0	0
Escherichia coli	21	9.6	18	0	0
Proteus	5	2.3	3	0	0
Acinetobacter	1	0.5	1	0	0
Emofilo	4	1.8	0	0	0
Legionella	1	0.5	0	0	0
Citrobacter	4	1.8	3	0	0
Morganella	3	1.4	3	0	0
Clamidia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.9	0	0	0
Totale Gram -	80	36.5	48	0	0
Candida parapsilosis	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	1	0.5	0	0	0
Funghi altra specie	4	1.8	0	0	0
Totale Funghi	9	4.1	0	0	0
Influenza A	2	0.9			
Influenza AH3N2	1	0.5			
Herpes simplex	1	0.5			
Totale Virus	4	1.8	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Enterococco altra specie, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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 antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	5	3	2	40.00	2
Enterococco	28	22	19	3	13.64	6
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	12	10	10	0	0.00	2
Pseudomonas	14	5	5	0	0.00	9
Streptococco	25	19	17	2	10.53	6

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.

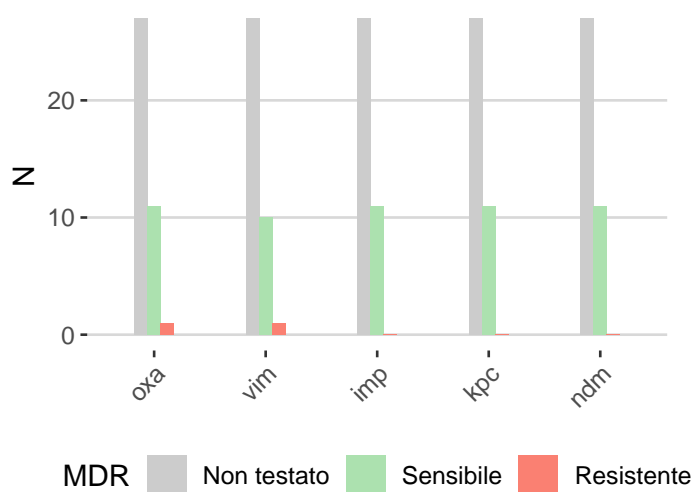
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	2	40.00
Staphylococcus aureus	34	Meticillina	12	35.29
Streptococcus altra specie	19	Penicillina	2	10.53
Enterococco faecalis	17	Vancomicina	1	5.88
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	40.00

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

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

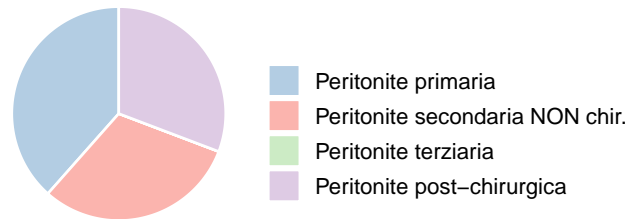
	N	%
Sì	2	5.13
No	10	25.64
Non testato	27	69.23
Missing	18	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	11	27
kpc	0	0	11	27
ndm	0	0	11	27
oxa	1	50	11	27
vim	1	50	10	27



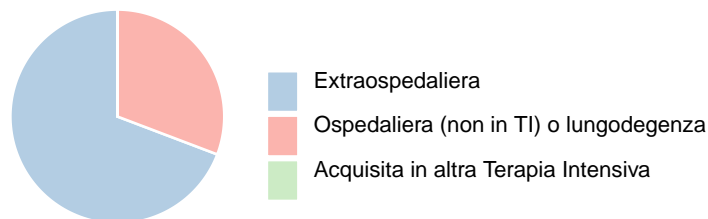
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 13)

6.1 Tipologia di peritonite



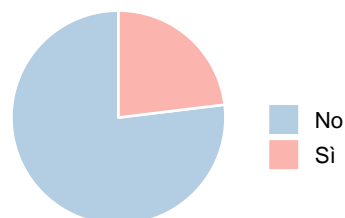
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	5	38.5
Peritonite secondaria NON chir.	4	30.8
Peritonite terziaria	0	0.0
Peritonite post-chirurgica	4	30.8
Missing	0	0

6.2 Tipo di infezione



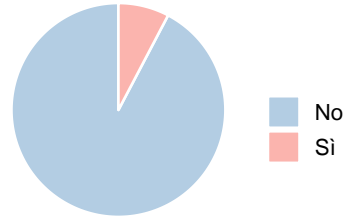
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	9	69.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	4	30.8
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemia



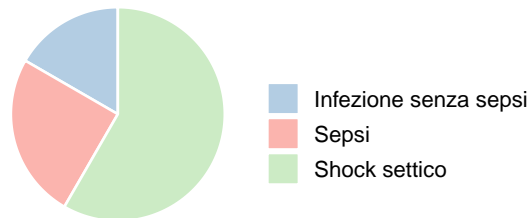
Batteriemica	N	%
No	10	76.9
Sì	3	23.1
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	12	92.3
Sì	1	7.7
Missing	0	0

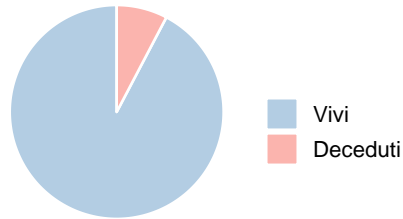
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	2	16.7
Sepsi	3	25.0
Shock settico	7	58.3
Missing	0	0

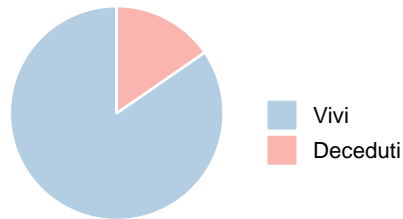
* Statistiche calcolate su 12 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 1).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	12	92.3
Deceduti	1	7.7
Missing	0	0

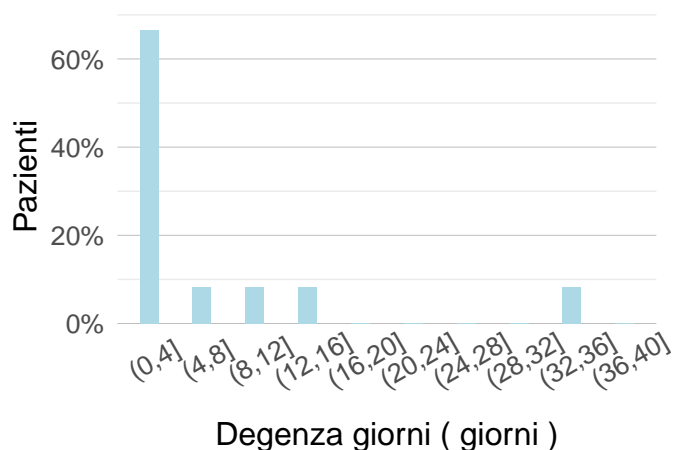
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	11	84.6
Deceduti	2	15.4
Missing	0	0

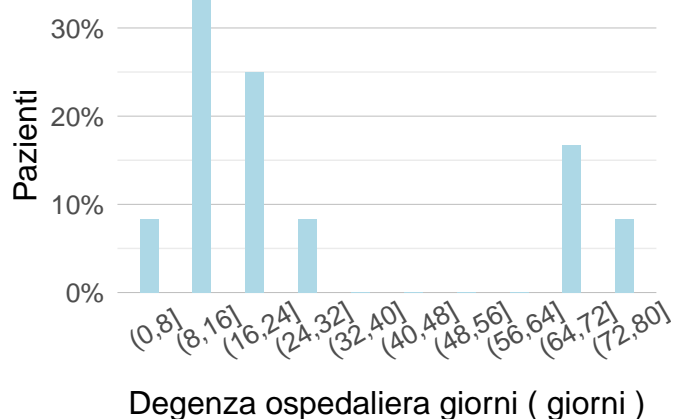
* Statistiche calcolate su 13 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.6 (12.3)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-9)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.6 (31.4)
Mediana (Q1-Q3)	22 (13-66)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 13 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

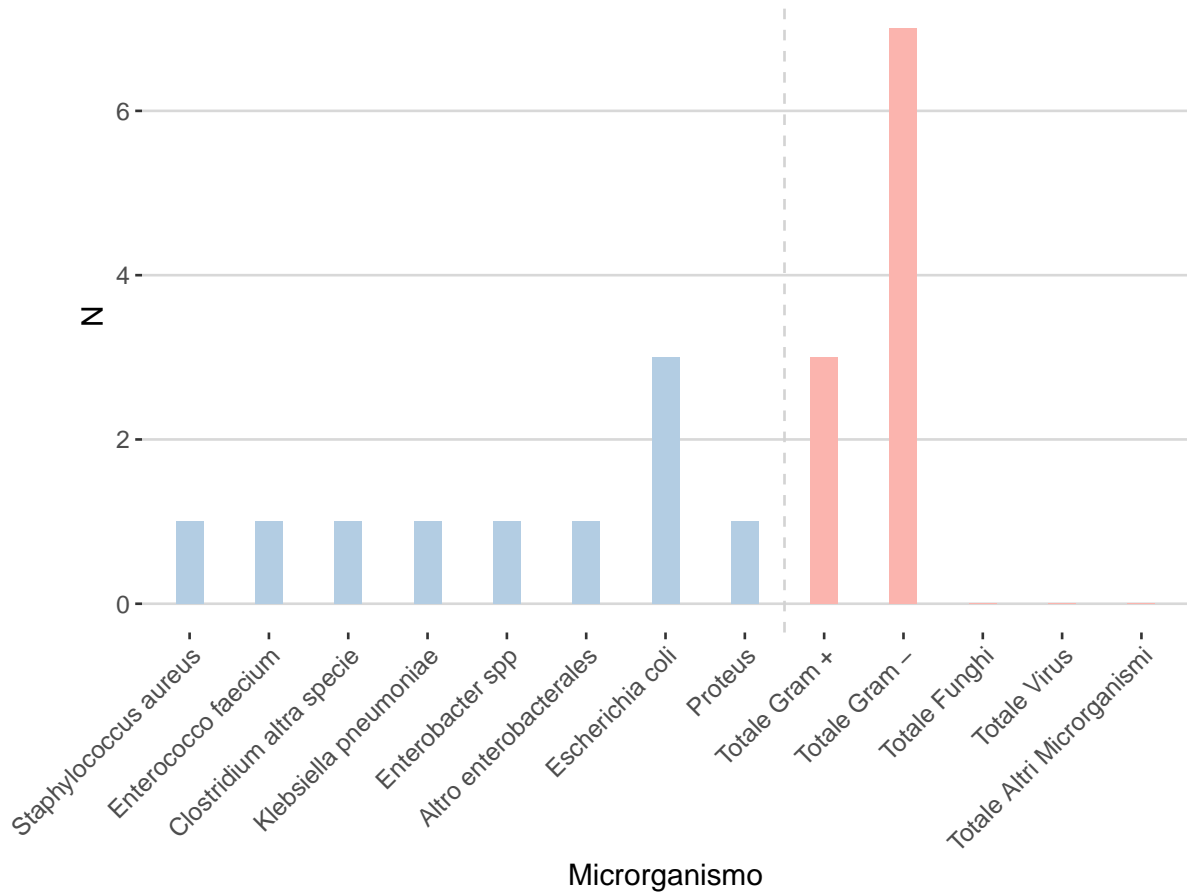
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	7	53.8
Sì	6	46.2
Missing	0	
Totale infezioni	13	
Totale microrganismi isolati	10	

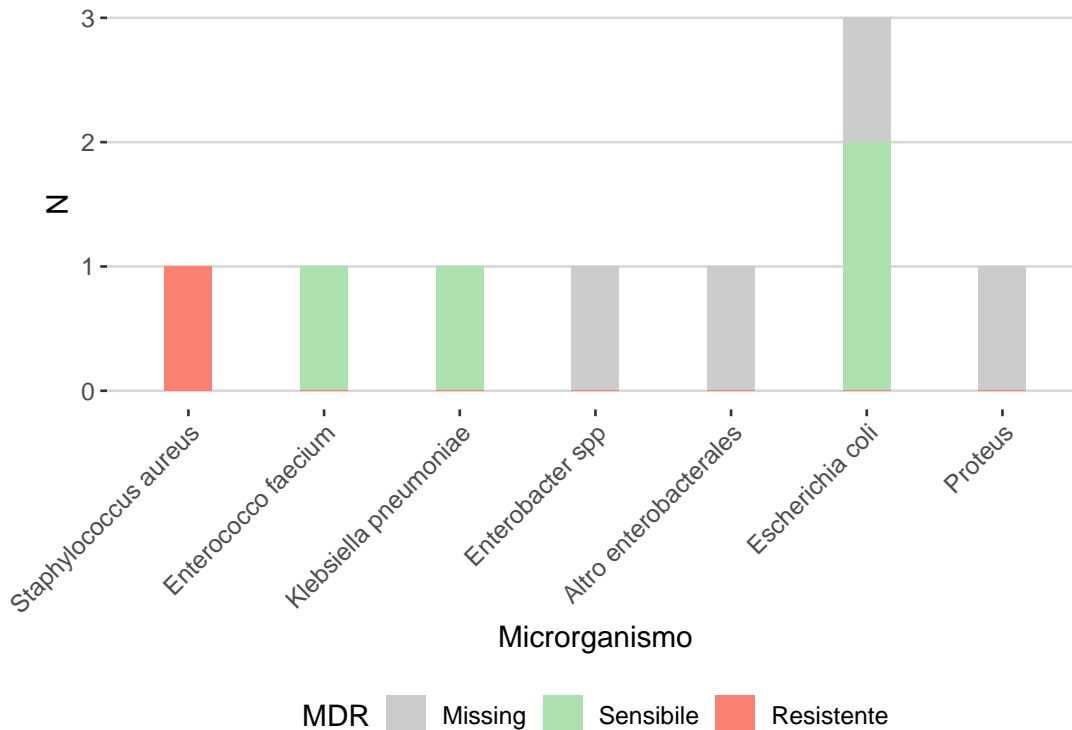
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	16.7	1	1	100
Enterococco faecium	1	16.7	1	0	0
Clostridium altra specie	1	16.7	0	0	0
Totale Gram +	3	50.0	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	1	16.7	1	0	0
Enterobacter spp	1	16.7	0	0	0
Altro enterobacterales	1	16.7	0	0	0
Escherichia coli	3	50.0	2	0	0
Proteus	1	16.7	0	0	0
Totale Gram -	7	116.7	3	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	16.7	1	1	100
Enterococco faecium	1	16.7	1	0	0
Clostridium altra specie	1	16.7	0	0	0
Totale Gram +	3	50.0	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	1	16.7	1	0	0
Enterobacter spp	1	16.7	0	0	0
Altro enterobacterales	1	16.7	0	0	0
Escherichia coli	3	50.0	2	0	0
Proteus	1	16.7	0	0	0
Totale Gram -	7	116.7	3	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococco faecalis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Staphylococcus CoNS* altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Acinetobacter*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Klebsiella* altra specie, *Pseudomonas* altra specie, *Providencia*, *Serratia*, *Candida albicans*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Funghi* altra specie, *Candida parapsilosis*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza* tipo non specificato, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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.

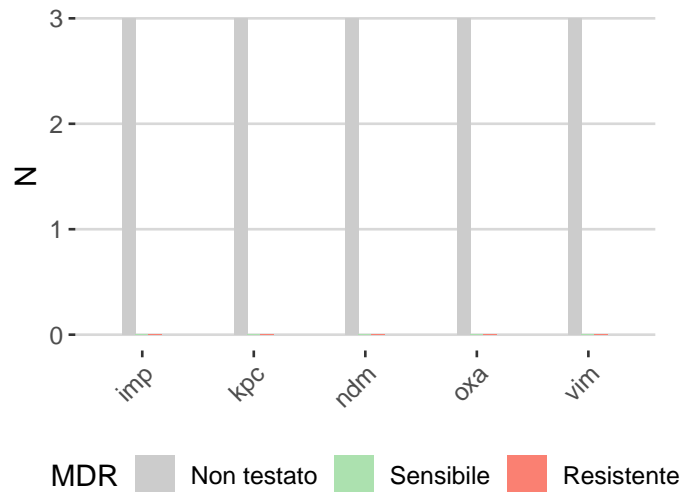
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100

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

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

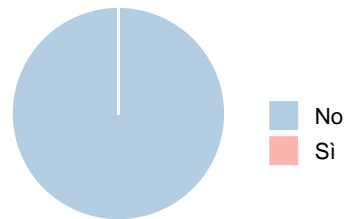
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	3	

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



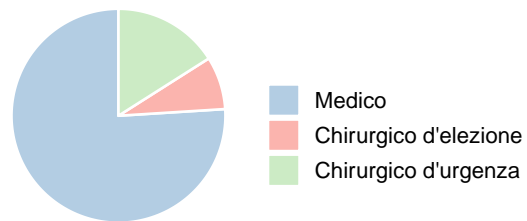
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 50)

7.1 Trauma



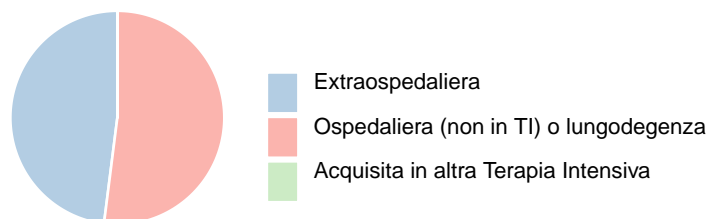
Trauma	N	%
No	50	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	38	76.0
Chirurgico d'elezione	4	8.0
Chirurgico d'urgenza	8	16.0
Missing	0	0

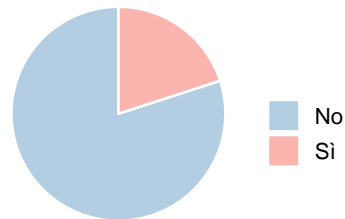
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	25	50.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	25	50.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0

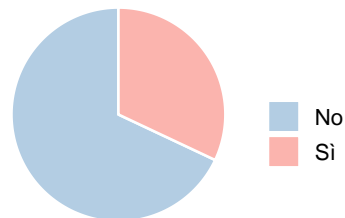
Extraospedaliera	24	48.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	26	52.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

7.4 Infezione batteriemicca



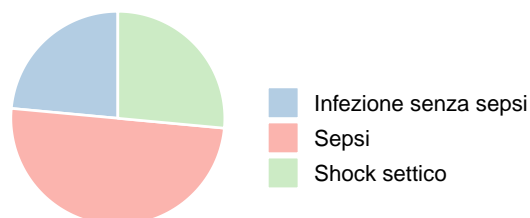
Batteriemicca	N	%
No	40	80.0
Sì	10	20.0
Missing	0	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	34	68.0
Sì	16	32.0
Missing	0	0

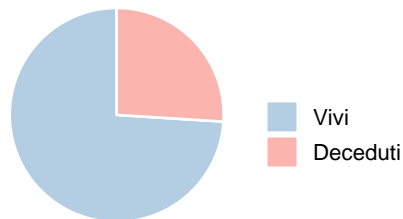
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	8	23.5
Sepsi	17	50.0
Shock settico	9	26.5
Missing	0	0

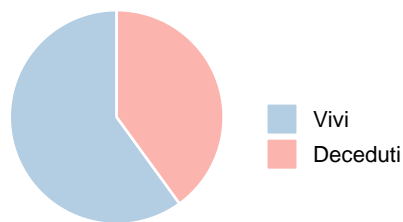
* Statistiche calcolate su 34 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 16).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	37	74.0
Deceduti	13	26.0
Missing	0	0

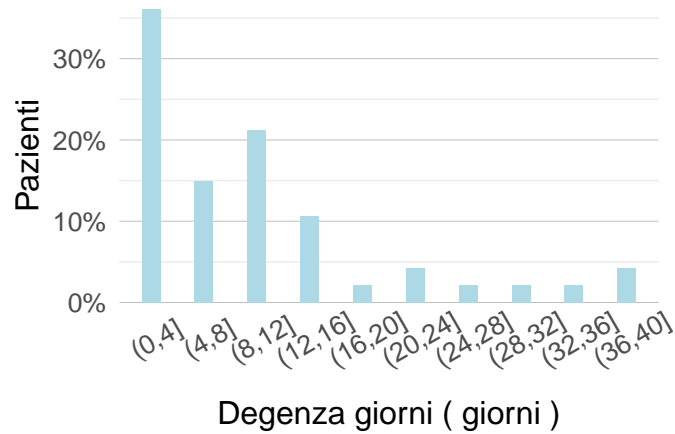
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	24	60.0
Deceduti	16	40.0
Missing	3	0

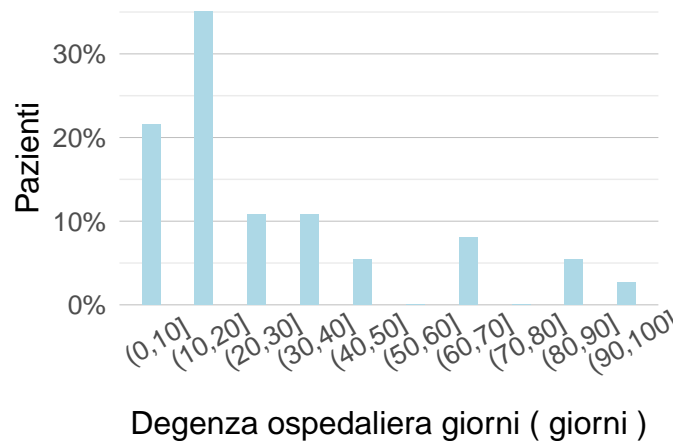
* Statistiche calcolate su 43 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 7).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	14.3 (19.4)
Mediana (Q1-Q3)	9 (3-14)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.6 (29.6)
Mediana (Q1-Q3)	19 (12-40.5)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 43 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 7).

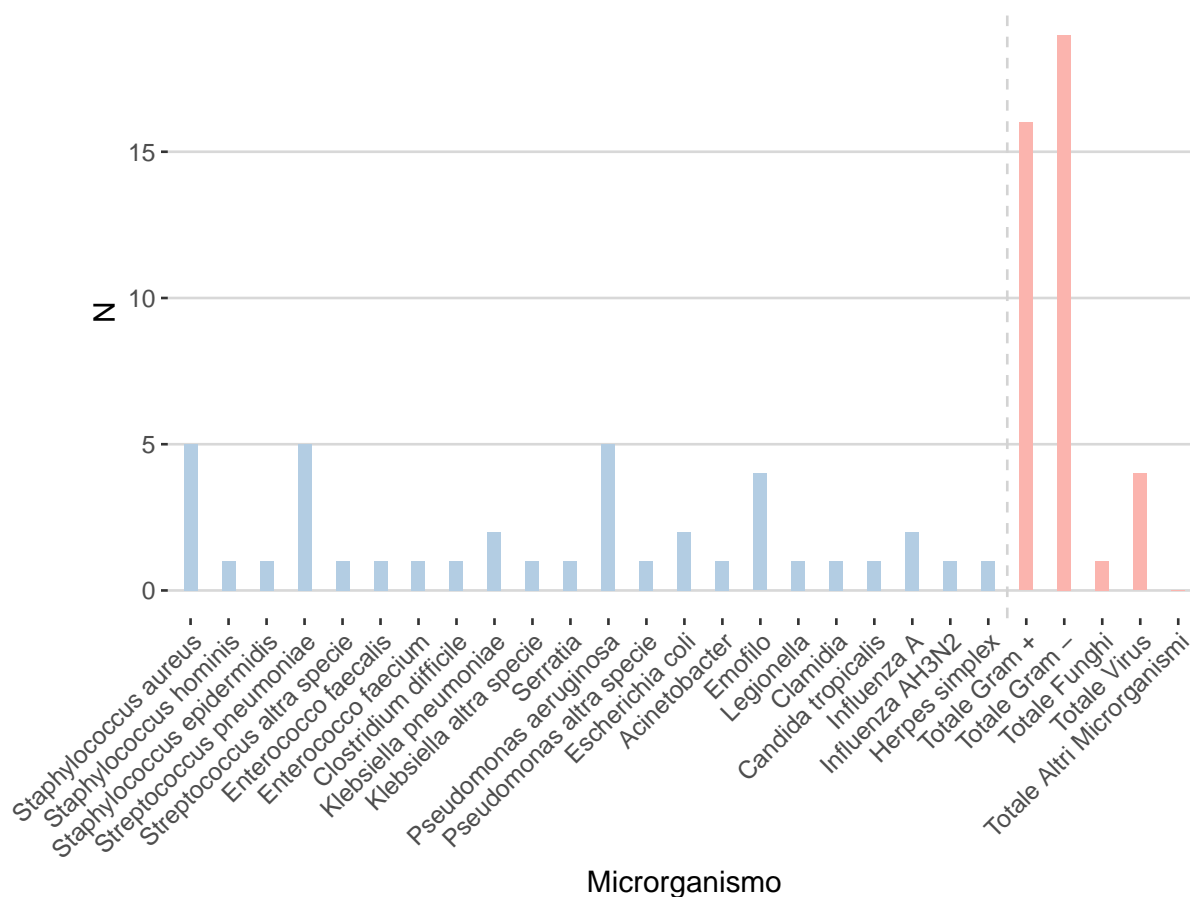
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	15	30.0
Sì	35	70.0
Missing	0	
Totale infezioni	50	
Totale microrganismi isolati	44	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

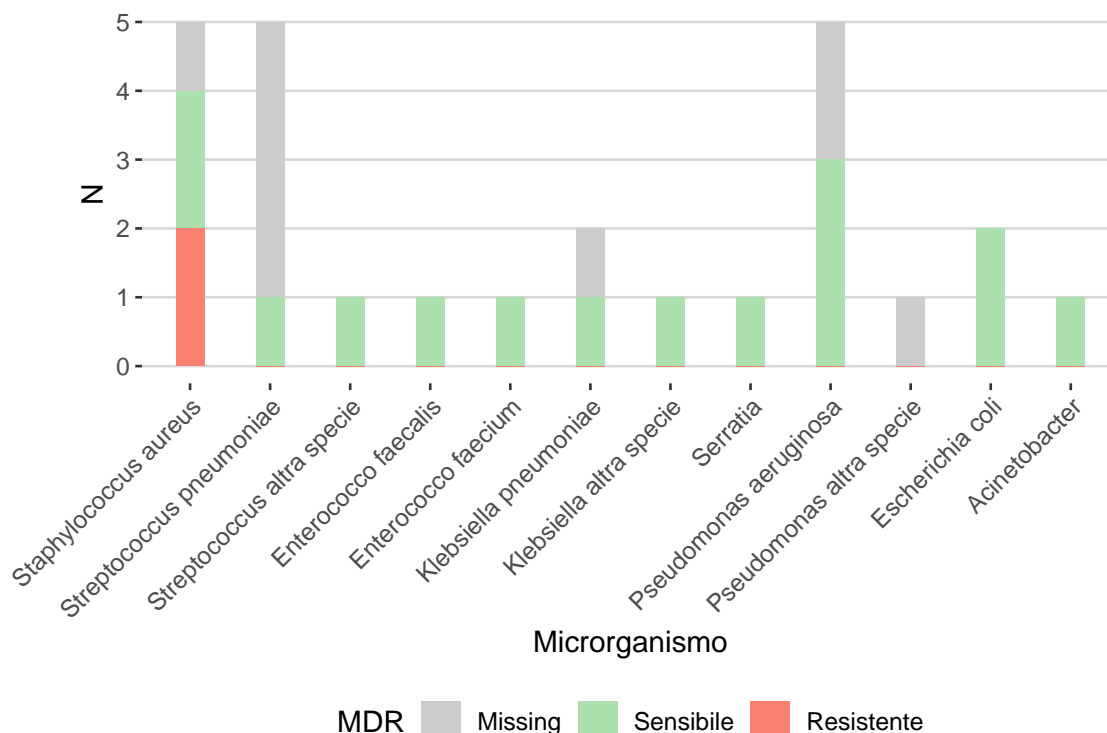
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	14.3	4	2	50
Staphylococcus hominis	1	2.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	14.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.9	1	0	0
Enterococco faecalis	1	2.9	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.9	1	0	0
Clostridium difficile	1	2.9	0	0	0
Totale Gram +	16	45.7	8	2	25
Klebsiella pneumoniae	2	5.7	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	2.9	1	0	0
Serratia	1	2.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	14.3	3	0	0
Pseudomonas altra specie	1	2.9	0	0	0
Escherichia coli	2	5.7	2	0	0
Acinetobacter	1	2.9	1	0	0
Emofilo	4	11.4	0	0	0
Legionella	1	2.9	0	0	0
Clamidia	1	2.9	0	0	0
Totale Gram -	19	54.3	9	0	0
Candida tropicalis	1	2.9	0	0	0
Totale Funghi	1	2.9	0	0	0
Influenza A	2	5.7			
Influenza AH3N2	1	2.9			
Herpes simplex	1	2.9			
Totale Virus	4	11.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	14.3	4	2	50
Staphylococcus hominis	1	2.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	14.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.9	1	0	0
Enterococco faecalis	1	2.9	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.9	1	0	0
Clostridium difficile	1	2.9	0	0	0
Totale Gram +	16	45.7	8	2	25
Klebsiella pneumoniae	2	5.7	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	2.9	1	0	0
Serratia	1	2.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	14.3	3	0	0
Pseudomonas altra specie	1	2.9	0	0	0
Escherichia coli	2	5.7	2	0	0
Acinetobacter	1	2.9	1	0	0
Emofilo	4	11.4	0	0	0
Legionella	1	2.9	0	0	0
Clamidia	1	2.9	0	0	0
Totale Gram -	19	54.3	9	0	0
Candida tropicalis	1	2.9	0	0	0
Totale Funghi	1	2.9	0	0	0

Influenza A	2	5.7			
Influenza AH3N2	1	2.9			
Herpes simplex	1	2.9			
Totale Virus	4	11.4	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Citrobacter, Enterobacter spp, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Proteus, Providencia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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.

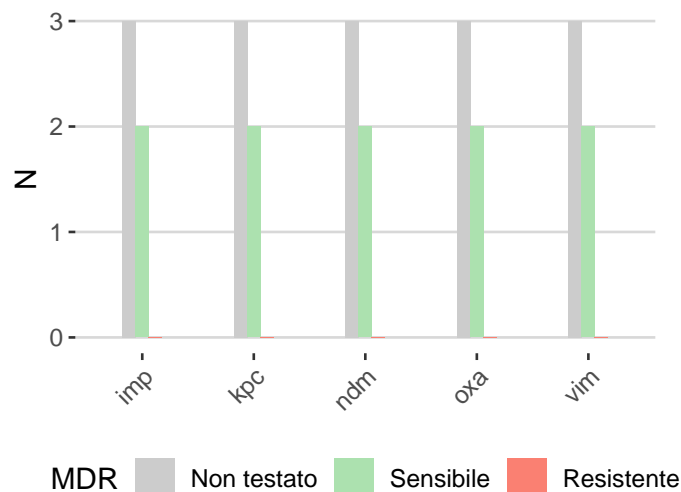
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	2	50

7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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	0	0
No	2	40
Non testato	3	60
Missing	1	

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



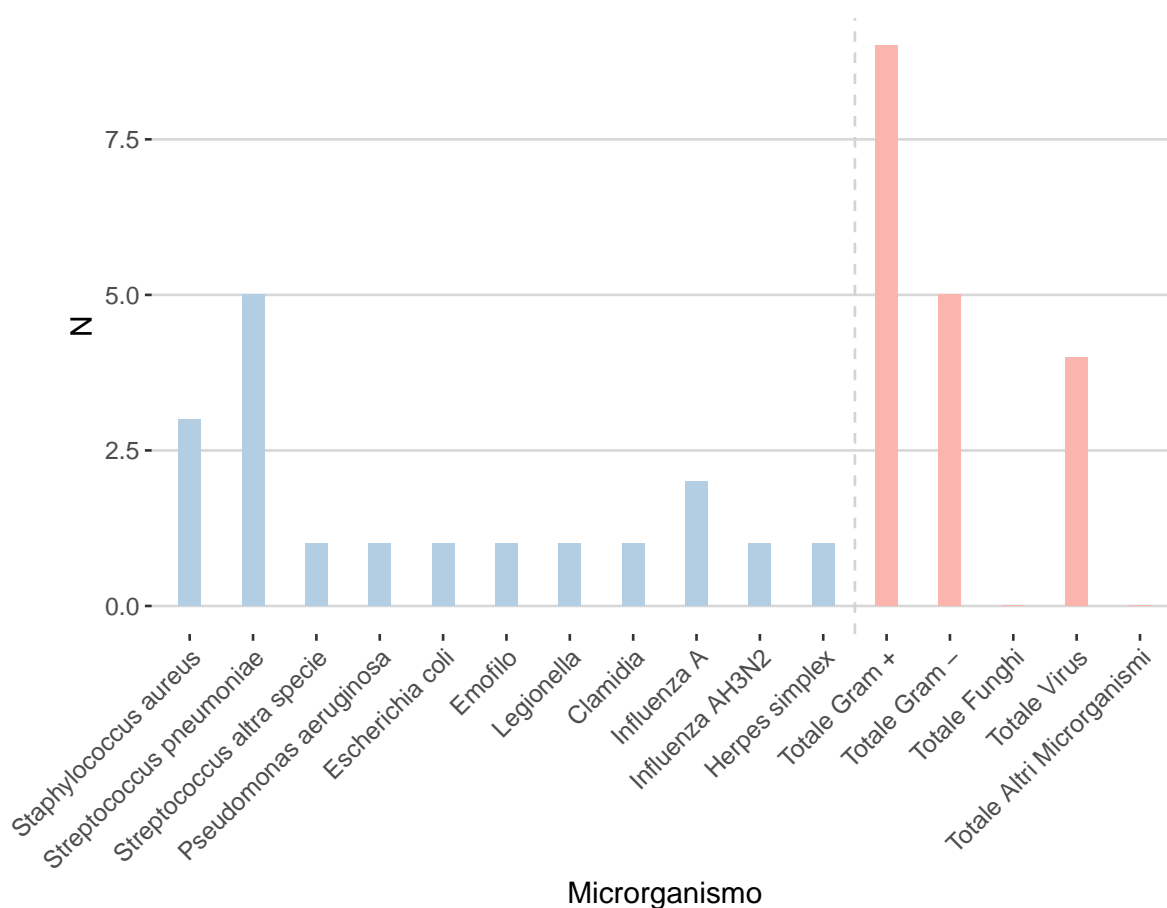
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	25.0
Sì	18	75.0
Missing	0	
Totale infezioni	24	
Totale microrganismi isolati	22	

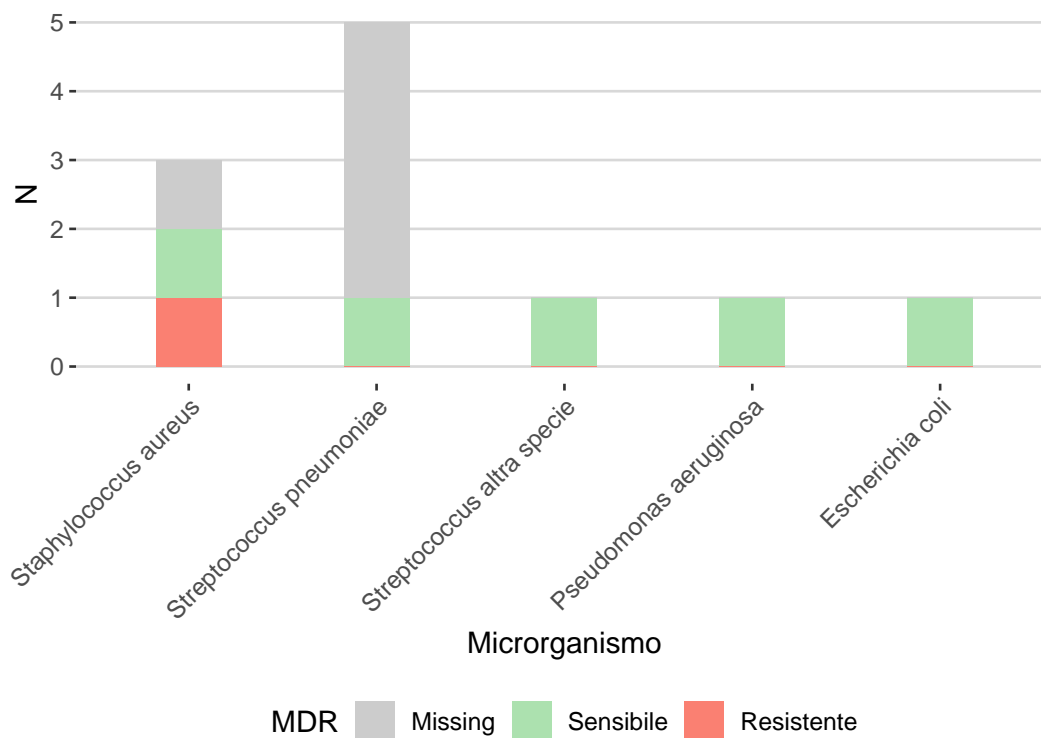
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	16.7	2	1	50
Streptococcus pneumoniae	5	27.8	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	5.6	1	0	0
Totale Gram +	9	50.0	4	1	25
Pseudomonas aeruginosa	1	5.6	1	0	0
Escherichia coli	1	5.6	1	0	0
Emofilo	1	5.6	0	0	0
Legionella	1	5.6	0	0	0
Clamidia	1	5.6	0	0	0
Totale Gram -	5	27.8	2	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Influenza A	2	11.1			
Influenza AH3N2	1	5.6			
Herpes simplex	1	5.6			
Totale Virus	4	22.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	16.7	2	1	50
Streptococcus pneumoniae	5	27.8	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	5.6	1	0	0
Totale Gram +	9	50.0	4	1	25
Pseudomonas aeruginosa	1	5.6	1	0	0
Escherichia coli	1	5.6	1	0	0
Emofilo	1	5.6	0	0	0
Legionella	1	5.6	0	0	0
Clamidia	1	5.6	0	0	0
Totale Gram -	5	27.8	2	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Influenza A	2	11.1			
Influenza AH3N2	1	5.6			
Herpes simplex	1	5.6			
Totale Virus	4	22.2	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Pyogens*, *Acinetobacter*, *Citrobacter*, *Enterobacter spp*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Klebsiella altra specie*, *Pseudomonas altra specie*, *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus*, *Providencia*, *Serratia*, *Candida albicans*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Candida parapsilosis*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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	%
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50

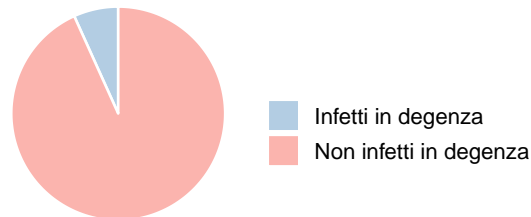
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

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.

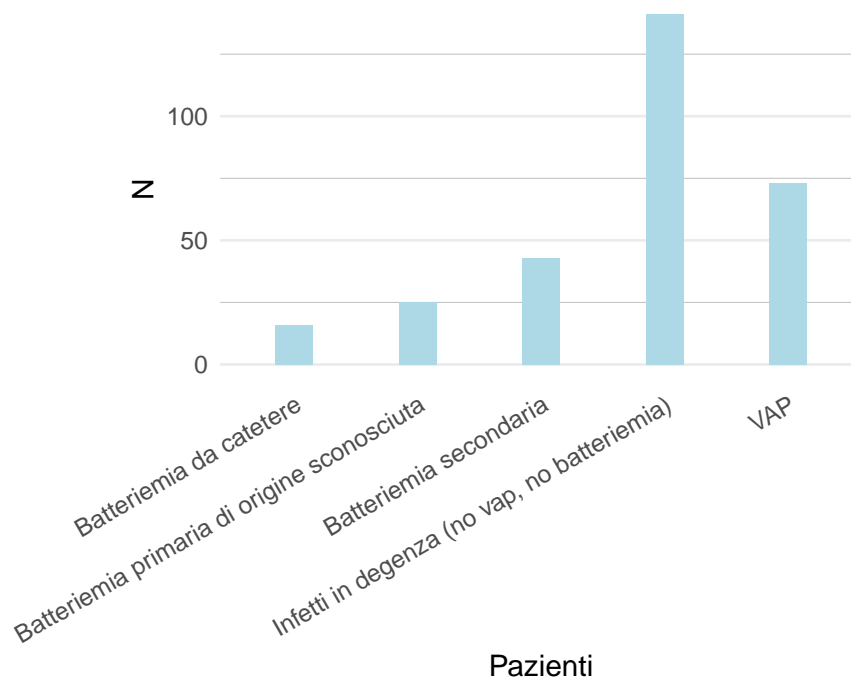
Sono presenti 266 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 6.8% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	266	6.8
Non infetti in degenza	3671	93.2

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 3937).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



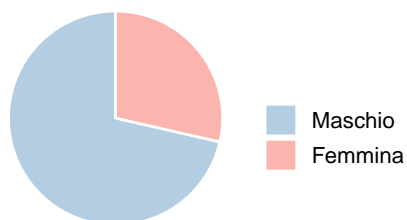
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	141	53.0
VAP	73	27.4

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	25	9.4
Batteriemia da catetere	16	6.0
Batteriemia secondaria	43	16.2

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 266)

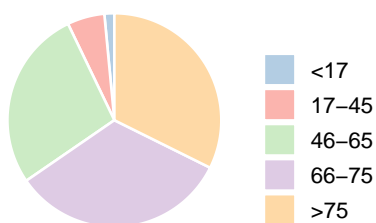
8 Pazienti infetti in degenza (N = 266)

8.1 Sesso



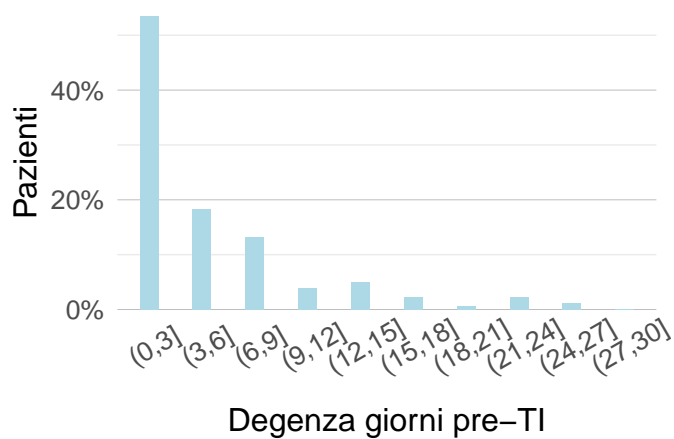
Sesso	N	%
Maschio	190	71.4
Femmina	76	28.6
Missing	0	0

8.2 Età



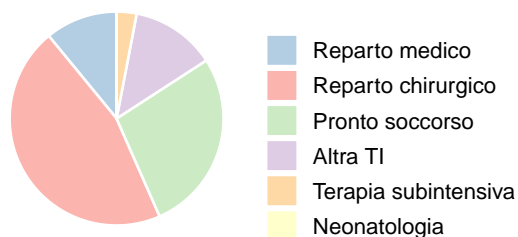
Range età	N	%
<17	4	1.5
17-45	15	5.6
46-65	73	27.4
66-75	88	33.1
>75	86	32.3
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



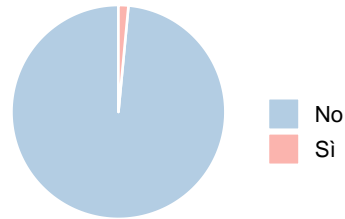
Indicatore	Valore
Media	5.6
DS	10.0
Mediana	2
Q1-Q3	0-6
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



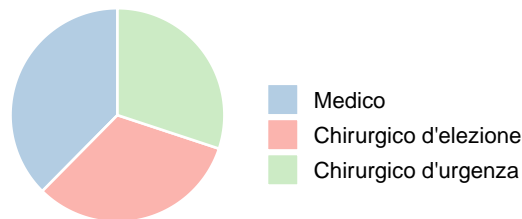
Provenienza	N	%
Reparto medico	29	10.9
Reparto chirurgico	121	45.7
Pronto soccorso	73	27.5
Altra TI	34	12.8
Terapia subintensiva	8	3.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

8.5 Trauma



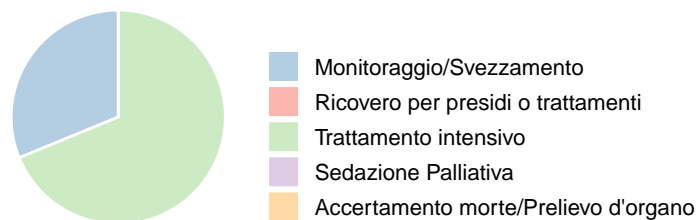
Trauma	N	%
No	262	98.5
Si	4	1.5
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	100	37.6
Chirurgico d'elezione	86	32.3
Chirurgico d'urgenza	80	30.1
Missing	0	0

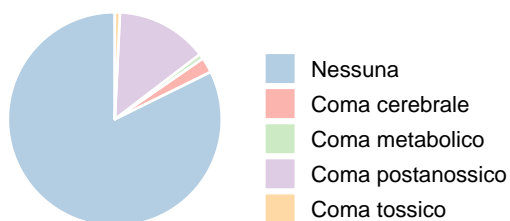
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	83	31.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

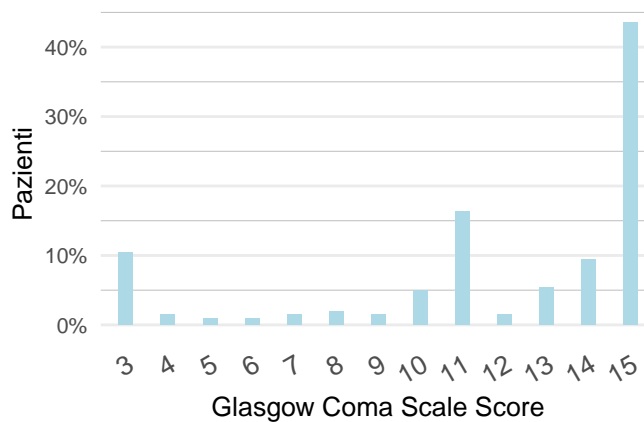
Trattamento intensivo	183	68.8
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



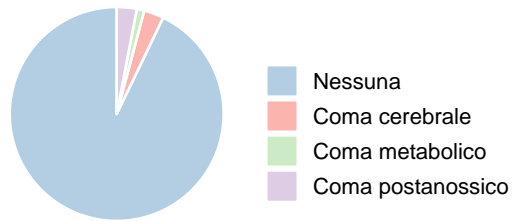
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	107	82.3
Coma cerebrale	3	2.3
Coma metabolico	1	0.8
Coma postanossico	18	13.8
Coma tossico	1	0.8
Missing	136	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



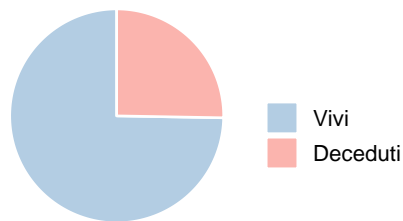
Indicatore	Valore
Media	9.9
DS	4.0
Mediana	12
Q1-Q3	9-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



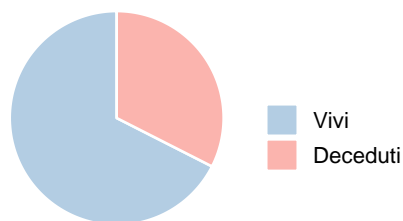
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	247	92.9
Coma cerebrale	8	3.0
Coma metabolico	3	1.1
Coma postanossico	8	3.0
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	198	74.7
Deceduti	67	25.3
Missing	1	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

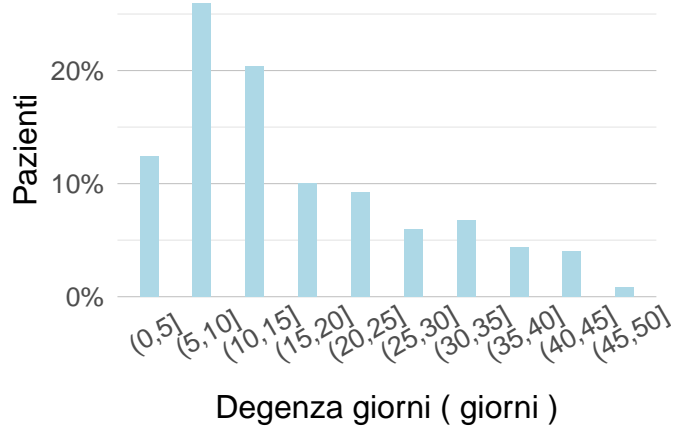


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	158	67.5

Deceduti	76	32.5
Missing	10	0

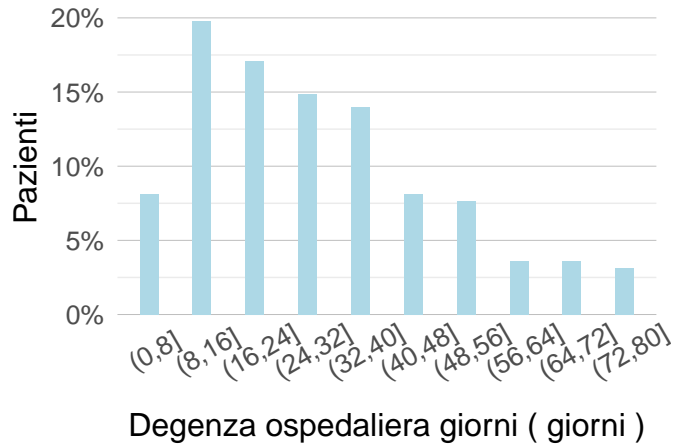
* Statistiche calcolate su 244 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 22).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.1 (18.5)
Mediana (Q1-Q3)	14 (9-27)
Missing	1

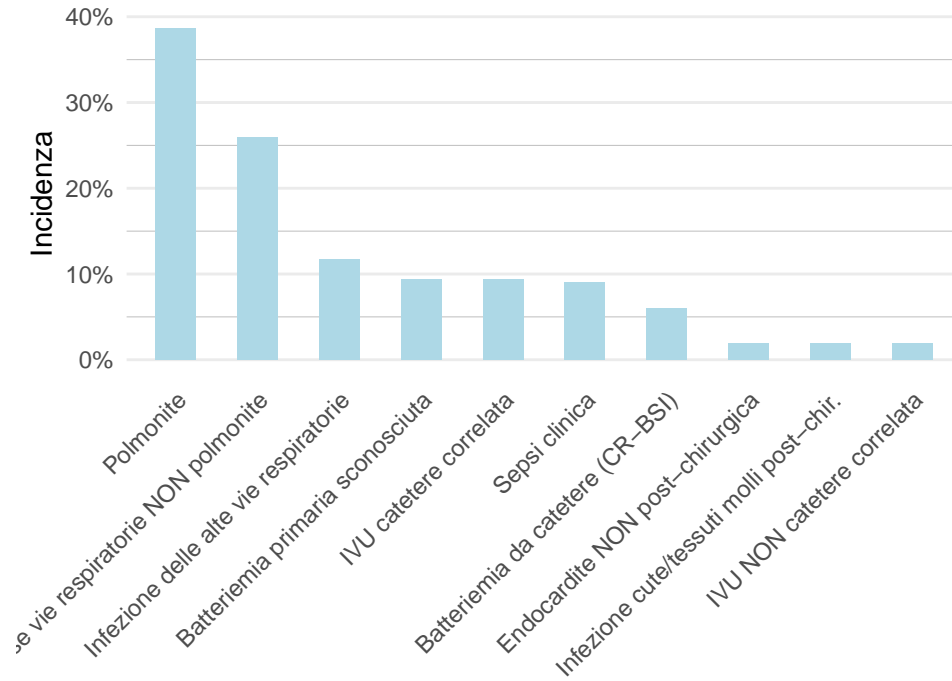
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.1 (27.6)
Mediana (Q1-Q3)	28 (16-44)
Missing	10

* Statistiche calcolate su 244 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 22).

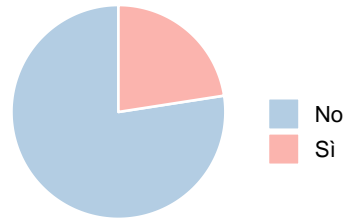
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	103	38.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	69	25.9
Infezione delle alte vie respiratorie	31	11.7
Batteriemia primaria sconosciuta	25	9.4
IVU catetere correlata	25	9.4
Sepsi clinica	24	9.0
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	16	6.0
Endocardite NON post-chirurgica	5	1.9
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	5	1.9
IVU NON catetere correlata	5	1.9
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



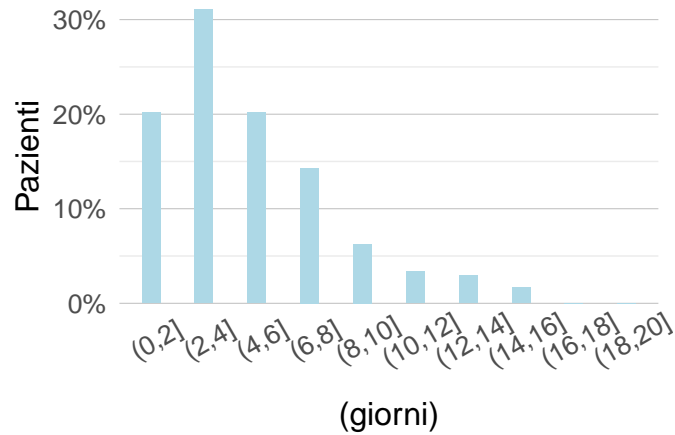
Infezione multisito	N	%
No	206	77.4
Si	60	22.6
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	304
Numero totale di microrganismi isolati	365

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	5.9
DS	5.5
Mediana	4
Q1-Q3	3-7
Missing	2

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	22.2	15.6 %
CI (95%)	19.5 - 25.2	13.7 - 17.7

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

Il primo:

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

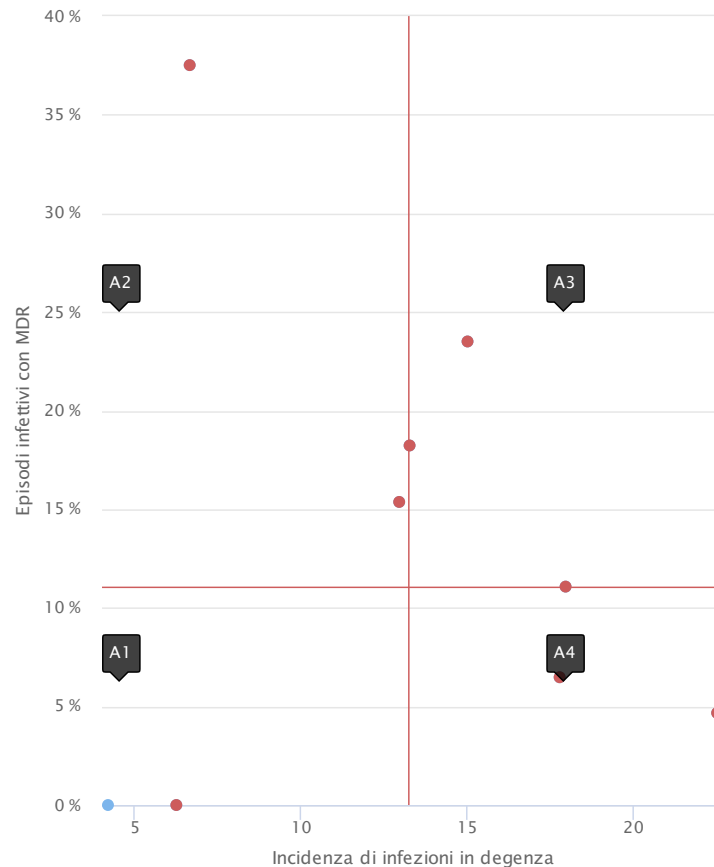
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

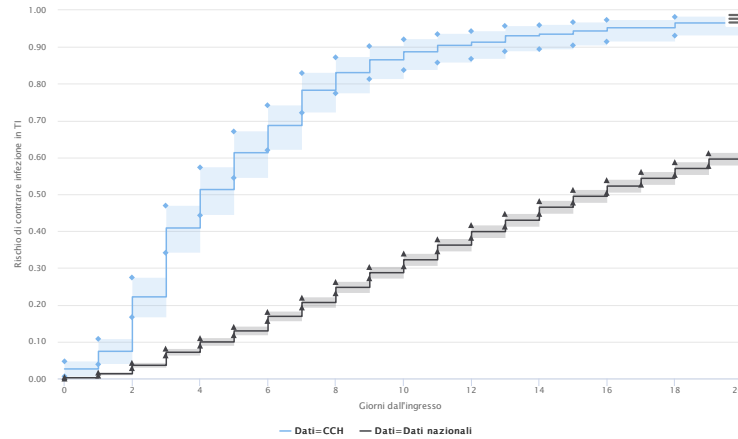
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

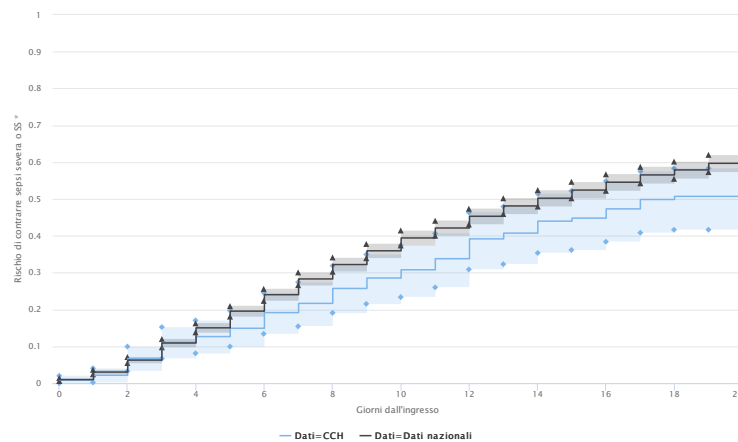


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI CCH . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza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



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.

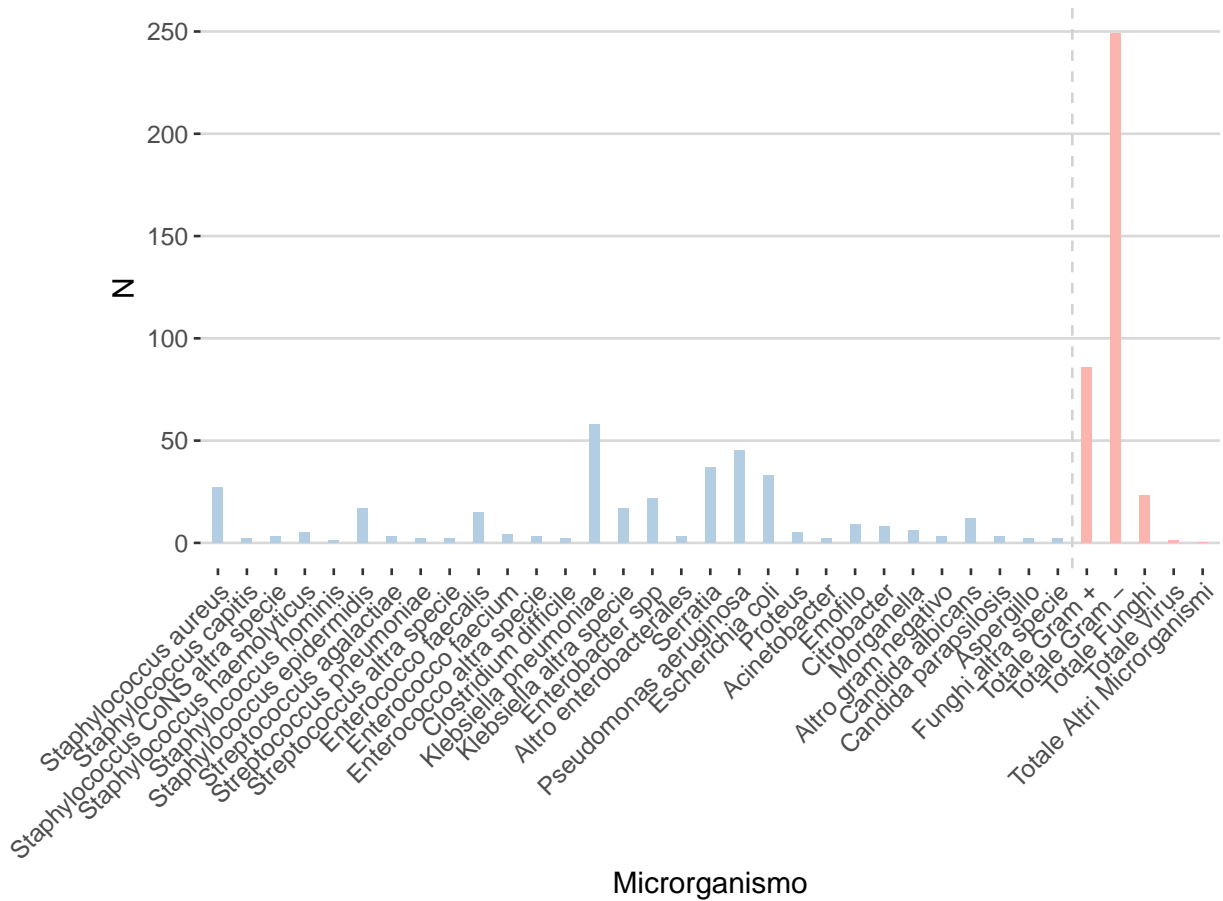
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 87% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 96% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	25	8.3
Sì	278	91.7
Missing	1	

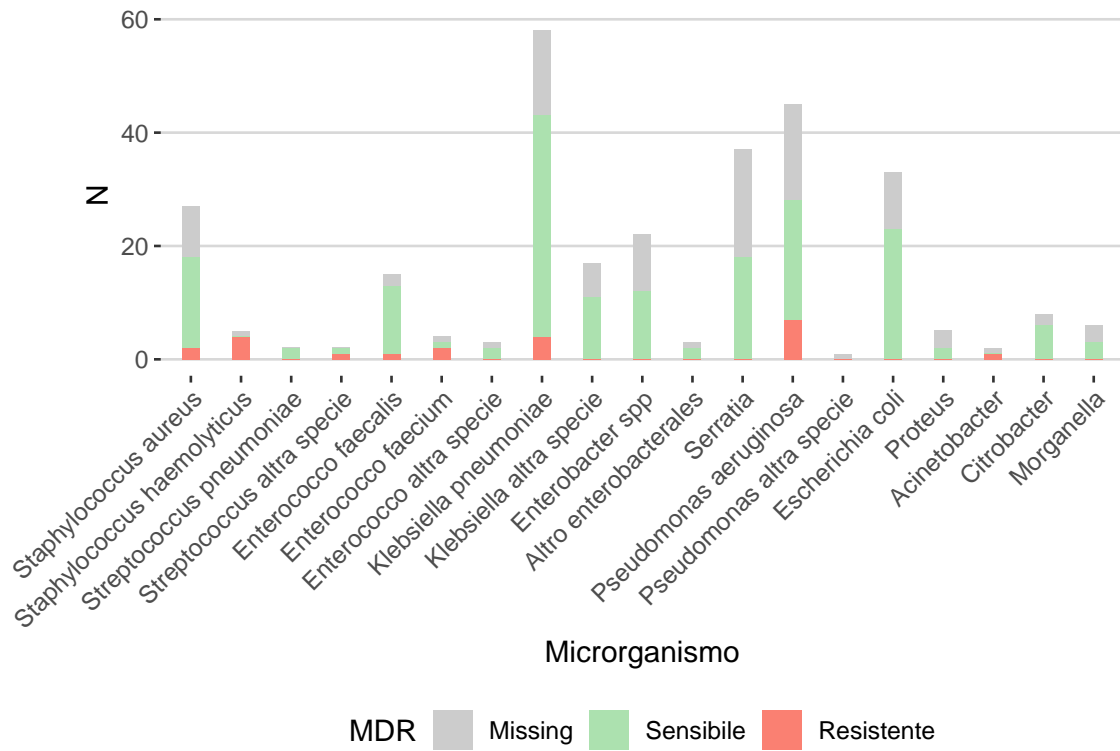
Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	9.7	18	2	11.1
Staphylococcus capitis	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	1.8	4	4	100
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	6.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.7	2	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.7	2	1	50
Enterococco faecalis	15	5.4	13	1	7.7
Enterococco faecium	4	1.4	3	2	66.7
Enterococco altra specie	3	1.1	2	0	0
Clostridium difficile	2	0.7	0	0	0
Totale Gram +	86	30.9	44	10	22.7
Klebsiella pneumoniae	58	20.9	43	4	9.3
Klebsiella altra specie	17	6.1	11	0	0
Enterobacter spp	22	7.9	12	0	0
Altro enterobacterales	3	1.1	2	0	0
Serratia	37	13.3	18	0	0

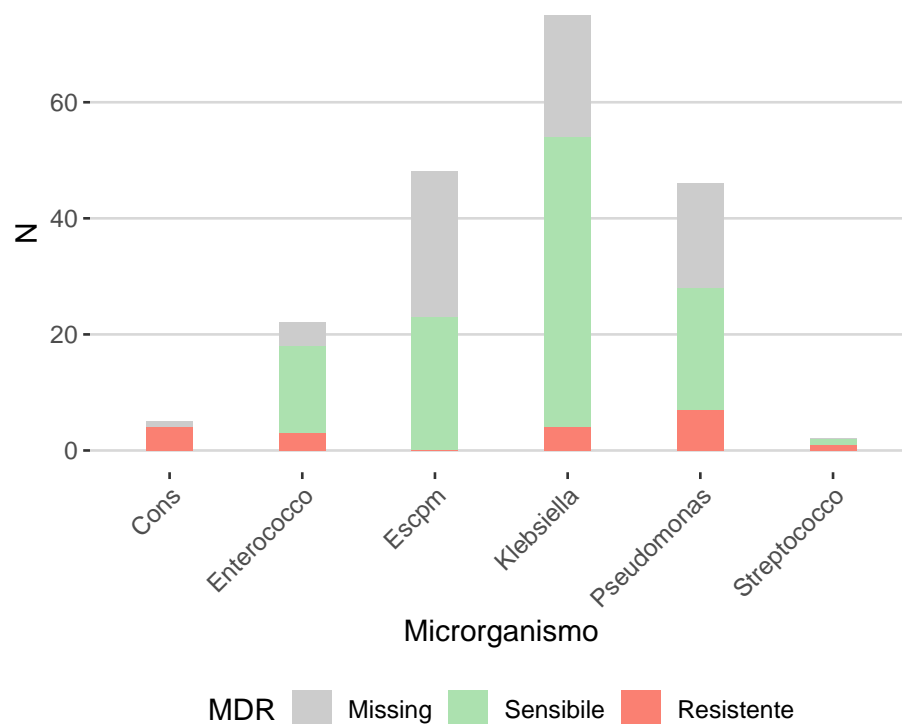
Pseudomonas aeruginosa	45	16.2	28	7	25
Pseudomonas altra specie	1	0.4	0	0	0
Escherichia coli	33	11.9	23	0	0
Proteus	5	1.8	2	0	0
Acinetobacter	2	0.7	1	1	100
Emofilo	9	3.2	0	0	0
Citrobacter	8	2.9	6	0	0
Morganella	6	2.2	3	0	0
Altro gram negativo	3	1.1	0	0	0
Totale Gram -	249	89.6	149	12	8.1
Candida albicans	12	4.3	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	2	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.7	0	0	0
Totale Funghi	23	8.3	0	0	0
Herpes simplex	1	0.4			
Totale Virus	1	0.4	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Citomegalovirus*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *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	5	4	0	4	100.00	1
Enterococco	22	18	15	3	16.67	4
Escpm	48	23	23	0	0.00	25
Klebsiella	75	54	50	4	7.41	21
Pseudomonas	46	28	21	7	25.00	18
Streptococco	2	2	1	1	50.00	0

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	%
---------------	---	------------	--------------	---

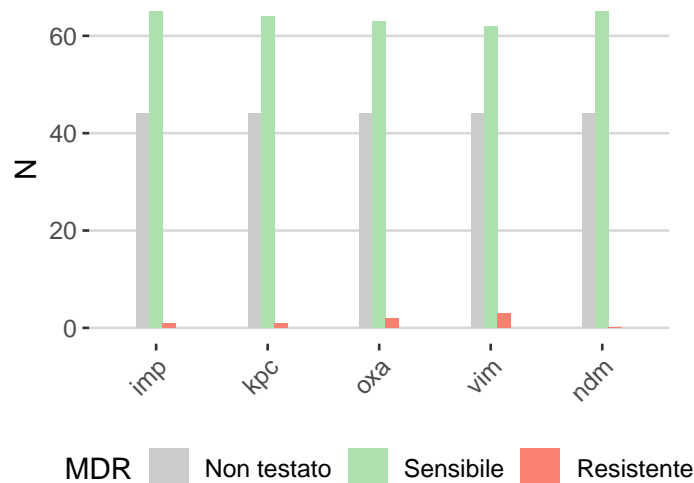
Klebsiella pneumoniae	42	Ertapenem	1	2.38
Klebsiella pneumoniae	43	Meropenem	4	9.30
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	28	Imipenem	7	25.00
Pseudomonas aeruginosa	27	Meropenem	2	7.41
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	4	100.00
Staphylococcus aureus	18	Meticillina	2	11.11
Streptococcus altra specie	2	Penicillina	1	50.00
Enterococco faecalis	13	Vancomicina	1	7.69
Enterococco faecium	3	Vancomicina	2	66.67

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

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

	N	%
Sì	6	5.77
No	57	54.81
Non testato	41	39.42
Missing	93	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	14.3	65	44
kpc	1	14.3	64	44
ndm	0	0.0	65	44
oxa	2	28.6	63	44
vim	3	42.9	62	44



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 34)

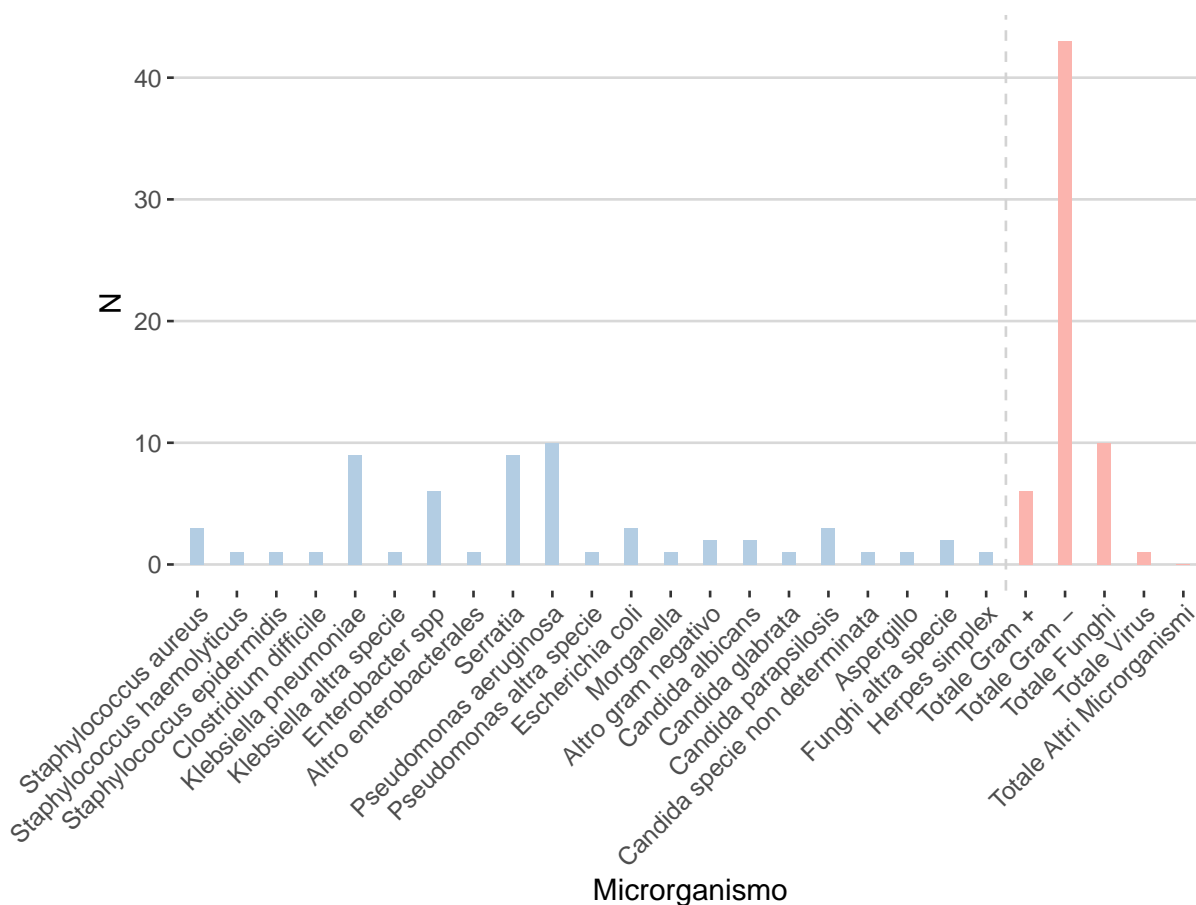
9.1 Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	9	10.6
Sì	76	89.4
Missing	0	
Totale infezioni	85	
Totale microrganismi isolati	99	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

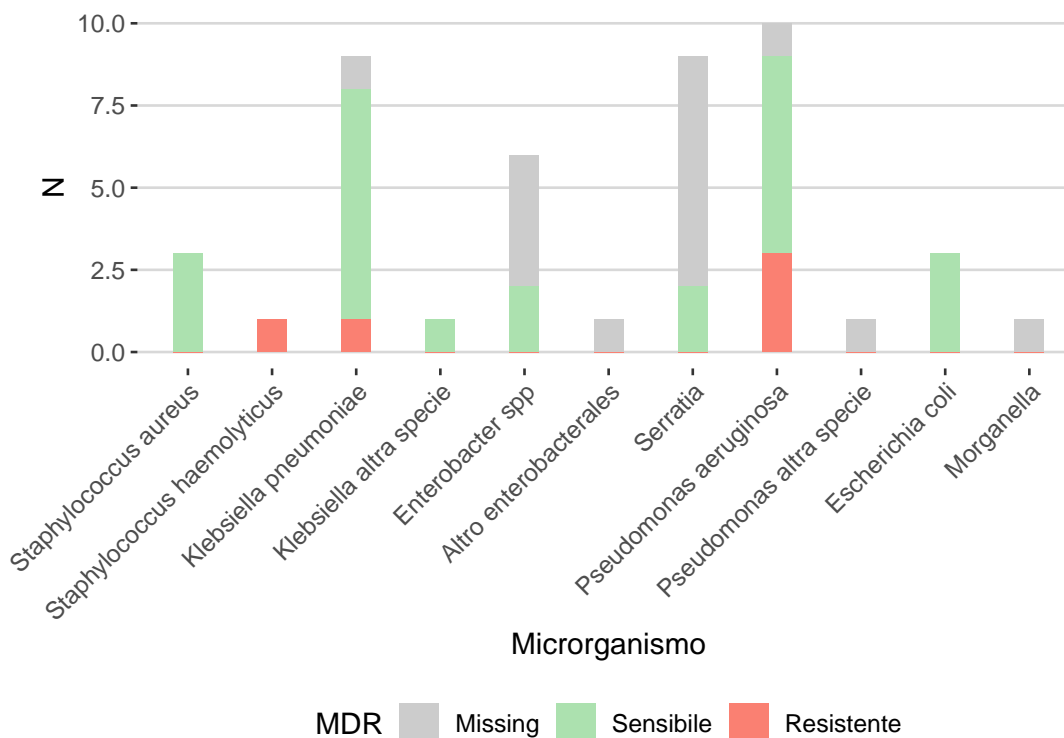
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	7.0	3	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.3	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	1	2.3	0	0	0
Clostridium difficile	1	2.3	0	0	0
Totale Gram +	6	14.0	4	1	25
Klebsiella pneumoniae	9	20.9	8	1	12.5
Klebsiella altra specie	1	2.3	1	0	0
Enterobacter spp	6	14.0	2	0	0
Altro enterobacterales	1	2.3	0	0	0
Serratia	9	20.9	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	23.3	9	3	33.3
Pseudomonas altra specie	1	2.3	0	0	0
Escherichia coli	3	7.0	3	0	0
Morganella	1	2.3	0	0	0
Altro gram negativo	2	4.7	0	0	0
Totale Gram -	43	100.0	25	4	16
Candida albicans	2	4.7	0	0	0
Candida glabrata	1	2.3	0	0	0
Candida parapsilosis	3	7.0	0	0	0
Candida specie non determinata	1	2.3	0	0	0
Aspergillo	1	2.3	0	0	0
Funghi altra specie	2	4.7	0	0	0
Totale Funghi	10	23.3	0	0	0
Herpes simplex	1	2.3	0	0	0
Totale Virus	1	2.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	7.0	3	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.3	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	1	2.3	0	0	0
Clostridium difficile	1	2.3	0	0	0
Totale Gram +	6	14.0	4	1	25
Klebsiella pneumoniae	9	20.9	8	1	12.5
Klebsiella altra specie	1	2.3	1	0	0
Enterobacter spp	6	14.0	2	0	0
Altro enterobacterales	1	2.3	0	0	0
Serratia	9	20.9	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	23.3	9	3	33.3
Pseudomonas altra specie	1	2.3	0	0	0
Escherichia coli	3	7.0	3	0	0
Morganella	1	2.3	0	0	0
Altro gram negativo	2	4.7	0	0	0
Totale Gram -	43	100.0	25	4	16
Candida albicans	2	4.7	0	0	0
Candida glabrata	1	2.3	0	0	0
Candida parapsilosis	3	7.0	0	0	0
Candida specie non determinata	1	2.3	0	0	0
Aspergillo	1	2.3	0	0	0
Funghi altra specie	2	4.7	0	0	0

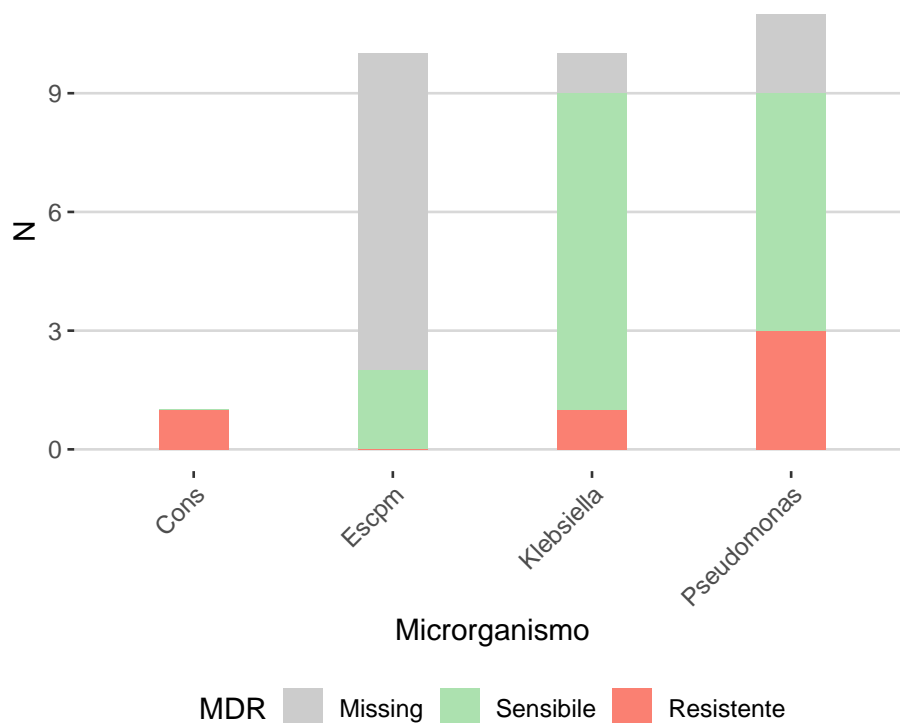
Totale Funghi	10	23.3	0	0	0
Herpes simplex	1	2.3			
Totale Virus	1	2.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Citomegalovirus, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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	1	1	0	1	100.00	0
Escpm	10	2	2	0	0.00	8
Klebsiella	10	9	8	1	11.11	1
Pseudomonas	11	9	6	3	33.33	2

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	11	Ertapenem	1	9.09
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	1	9.09

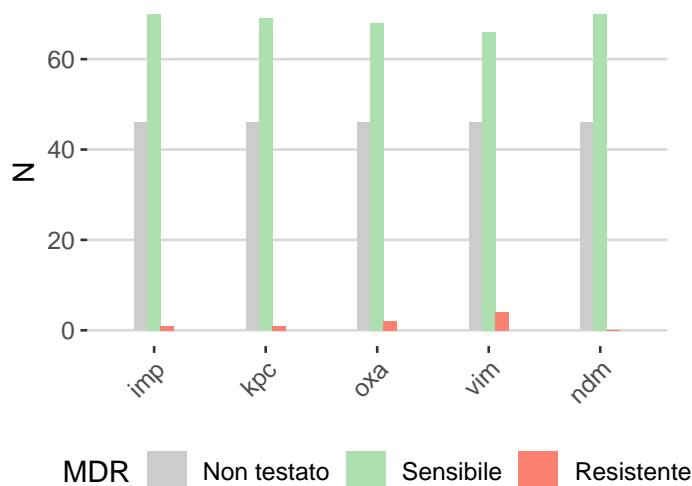
Pseudomonas aeruginosa	12	Imipenem	3	25.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	1	9.09
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	1	12.50
Streptococcus ultra specie	2	Penicillina	1	50.00

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.

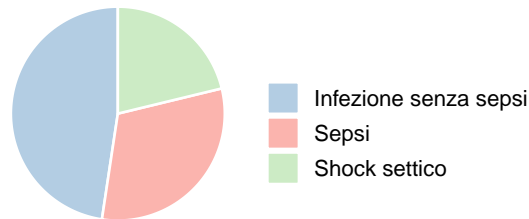
	N	%
Sì	7	6.36
No	61	55.45
Non testato	42	38.18
Missing	95	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	12.5	70	46
kpc	1	12.5	69	46
ndm	0	0.0	70	46
oxa	2	25.0	68	46
vim	4	50.0	66	46



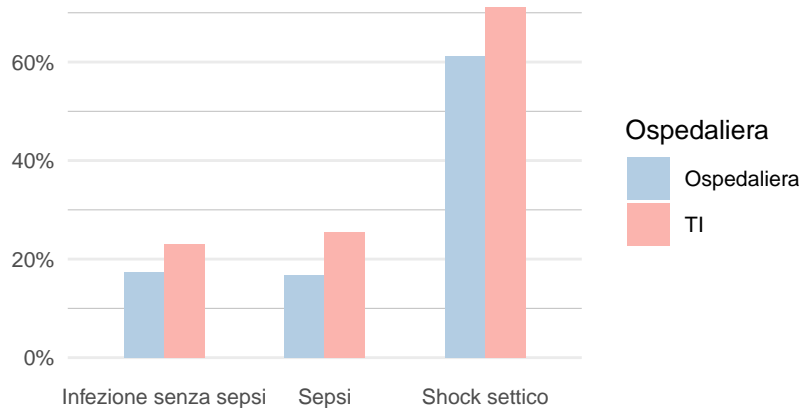
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 232)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	110	47.6
Sepsi	72	31.2
Shock settico	49	21.2
Missing	1	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	17.3	23.0
Sepsi	16.7	25.4
Shock settico	61.2	71.1

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

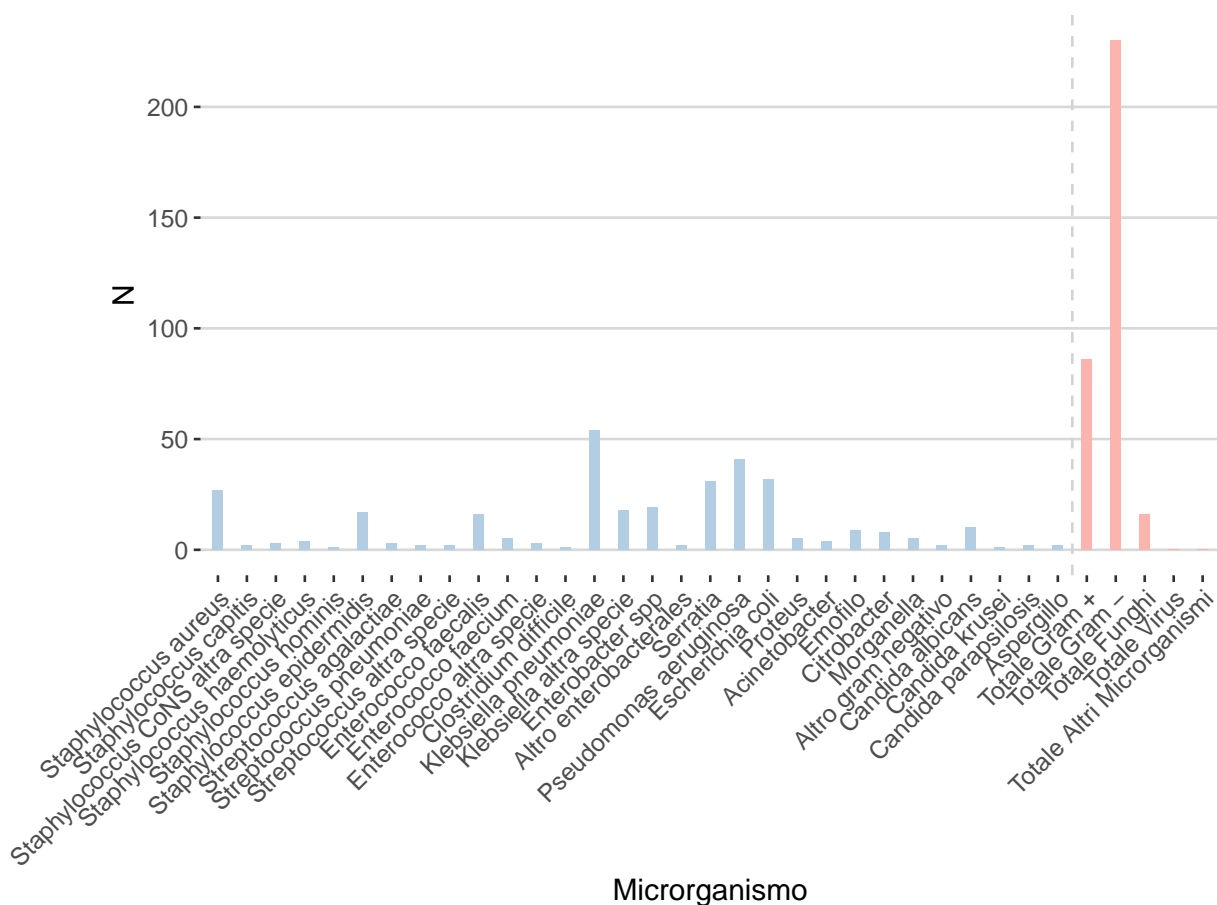
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati	
N	%

No	27	9.5
Sì	256	90.5
Missing	1	
Totale infezioni	284	
Totale microrganismi isolati	337	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

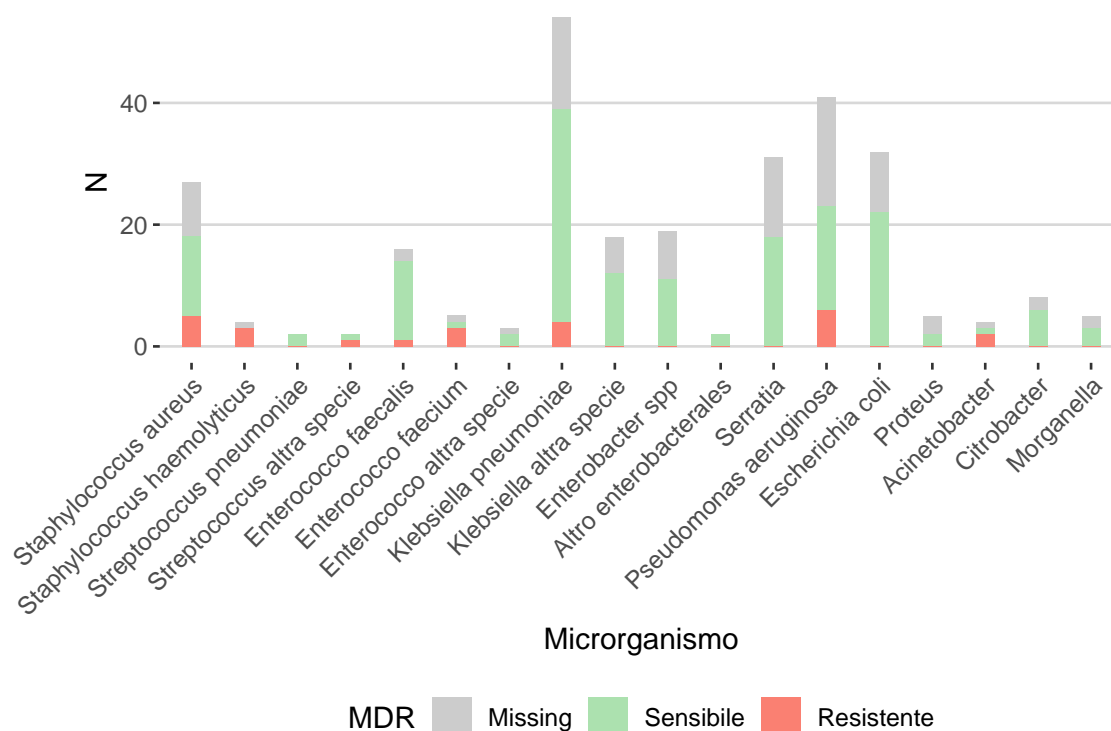
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	11.5	18	5	27.8
Staphylococcus capitis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	1.7	3	3	100
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	7.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.9	2	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.9	2	1	50
Enterococco faecalis	16	6.8	14	1	7.1
Enterococco faecium	5	2.1	4	3	75
Enterococco altra specie	3	1.3	2	0	0
Clostridium difficile	1	0.4	0	0	0
Totale Gram +	86	36.6	45	13	28.9
Klebsiella pneumoniae	54	23.0	39	4	10.3
Klebsiella altra specie	18	7.7	12	0	0
Enterobacter spp	19	8.1	11	0	0
Altro enterobacterales	2	0.9	2	0	0
Serratia	31	13.2	18	0	0
Pseudomonas aeruginosa	41	17.4	23	6	26.1
Escherichia coli	32	13.6	22	0	0
Proteus	5	2.1	2	0	0
Acinetobacter	4	1.7	3	2	66.7
Emofilo	9	3.8	0	0	0
Citrobacter	8	3.4	6	0	0
Morganella	5	2.1	3	0	0
Altro gram negativo	2	0.9	0	0	0
Totale Gram -	230	97.9	141	12	8.5
Candida albicans	10	4.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.9	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	2	0.9	0	0	0
Totale Funghi	16	6.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	11.5	18	5	27.8
Staphylococcus capitis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	1.7	3	3	100
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	7.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.9	2	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.9	2	1	50
Enterococco faecalis	16	6.8	14	1	7.1
Enterococco faecium	5	2.1	4	3	75
Enterococco altra specie	3	1.3	2	0	0
Clostridium difficile	1	0.4	0	0	0
Totale Gram +	86	36.6	45	13	28.9
Klebsiella pneumoniae	54	23.0	39	4	10.3
Klebsiella altra specie	18	7.7	12	0	0
Enterobacter spp	19	8.1	11	0	0
Altro enterobacterales	2	0.9	2	0	0
Serratia	31	13.2	18	0	0
Pseudomonas aeruginosa	41	17.4	23	6	26.1
Escherichia coli	32	13.6	22	0	0
Proteus	5	2.1	2	0	0

Acinetobacter	4	1.7	3	2	66.7
Emofilo	9	3.8	0	0	0
Citrobacter	8	3.4	6	0	0
Morganella	5	2.1	3	0	0
Altro gram negativo	2	0.9	0	0	0
Totale Gram -	230	97.9	141	12	8.5
Candida albicans	10	4.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.9	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	2	0.9	0	0	0
Totale Funghi	16	6.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

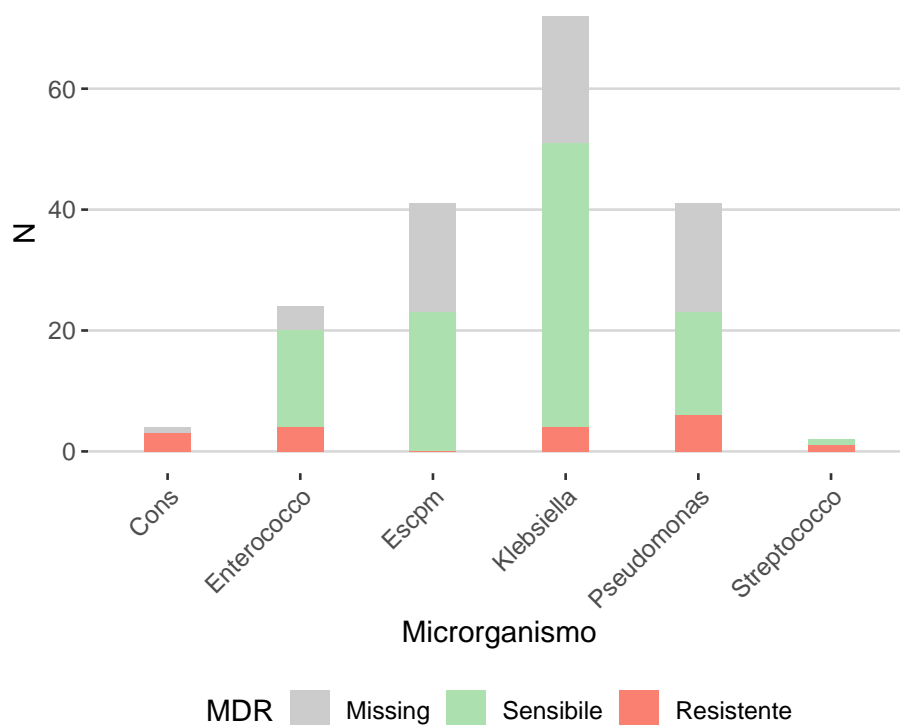
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro

A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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	4	3	0	3	100.00	1
Enterococco	24	20	16	4	20.00	4
Escpm	41	23	23	0	0.00	18
Klebsiella	72	51	47	4	7.84	21
Pseudomonas	41	23	17	6	26.09	18
Streptococco	2	2	1	1	50.00	0

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.

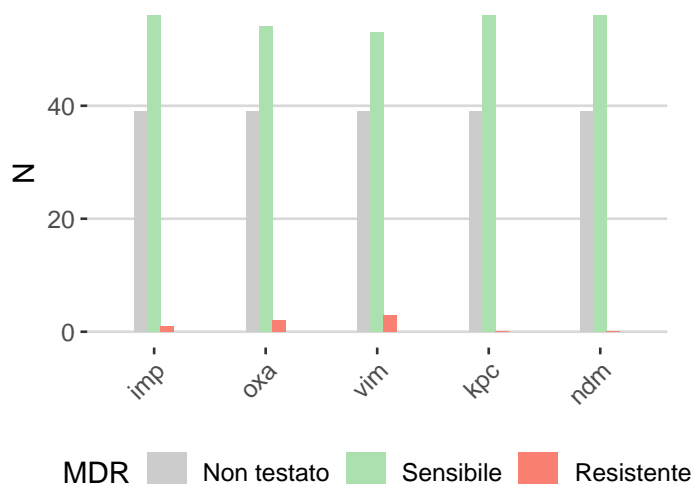
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	38	Ertapenem	1	2.63
Klebsiella pneumoniae	39	Meropenem	4	10.26
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	22	Imipenem	5	22.73
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	2	8.70
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	3	100.00
Staphylococcus aureus	18	Meticillina	5	27.78
Streptococcus altra specie	2	Penicillina	1	50.00
Enterococco faecalis	14	Vancomicina	1	7.14
Enterococco faecium	4	Vancomicina	3	75.00

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

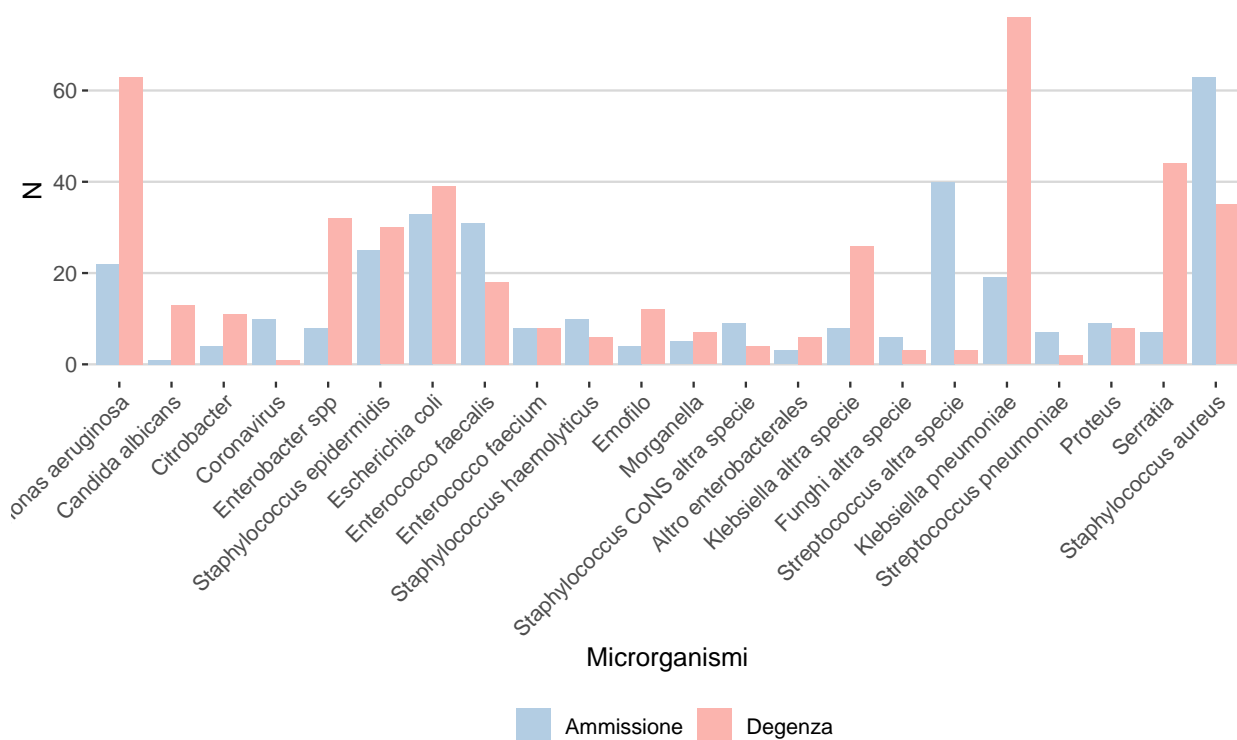
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	5	5.49
No	49	53.85
Non testato	37	40.66
Missing	78	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	16.7	56	39
kpc	0	0.0	56	39
ndm	0	0.0	56	39
oxa	2	33.3	54	39
vim	3	50.0	53	39



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

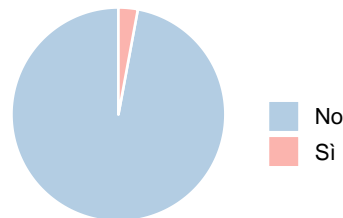


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	85	22	25.9	63	74.1
<i>Candida albicans</i>	14	1	7.1	13	92.9
Citrobacter	15	4	26.7	11	73.3
Coronavirus	11	10	90.9	1	9.1
Enterobacter spp	40	8	20	32	80
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	55	25	45.5	30	54.5

Escherichia coli	72	33	45.8	39	54.2
Enterococco faecalis	49	31	63.3	18	36.7
Enterococco faecium	16	8	50	8	50
Staphylococcus haemolyticus	16	10	62.5	6	37.5
Emofilo	16	4	25	12	75
Morganella	12	5	41.7	7	58.3
Staphylococcus CoNS altra specie	13	9	69.2	4	30.8
Altro enterobacterales	9	3	33.3	6	66.7
Klebsiella altra specie	34	8	23.5	26	76.5
Funghi altra specie	9	6	66.7	3	33.3
Streptococcus altra specie	43	40	93	3	7
Klebsiella pneumoniae	95	19	20	76	80
Streptococcus pneumoniae	9	7	77.8	2	22.2
Proteus	17	9	52.9	8	47.1
Serratia	51	7	13.7	44	86.3
Staphylococcus aureus	98	63	64.3	35	35.7

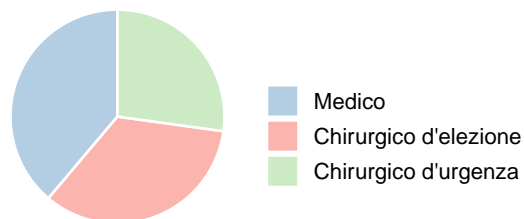
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 103)

11.1 Trauma



Trauma	N	%
No	100	97.1
Si	3	2.9
Missing	0	0

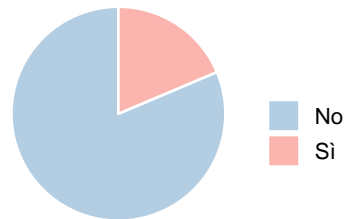
11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	37	35.7
Chirurgico d'elezione	37	35.7
Chirurgico d'urgenza	30	28.6

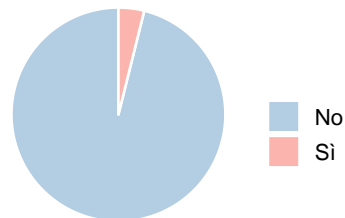
Medico	40	38.8
Chirurgico d'elezione	35	34.0
Chirurgico d'urgenza	28	27.2
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriemica



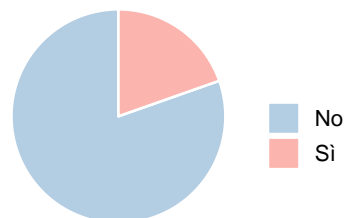
Batteriemica	N	%
No	83	81.4
Sì	19	18.6
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



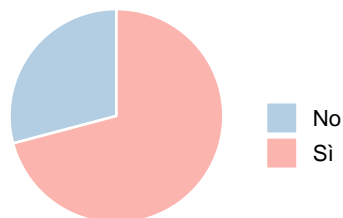
Infezione multisito	N	%
No	99	96.1
Sì	4	3.9
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	82	80.4
Sì	20	19.6
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

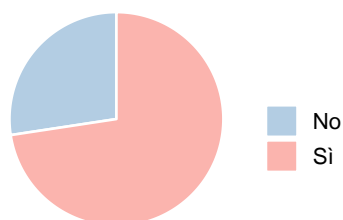


Polmonite associata a VAP	N	%
No	30	29.1
Sì	73	70.9
Missing	0	0

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

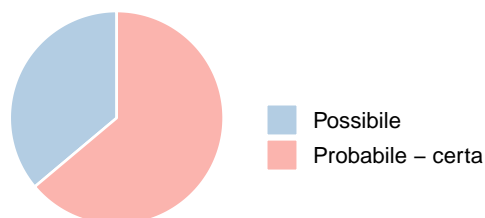
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 73)

12.1 VAP precoce



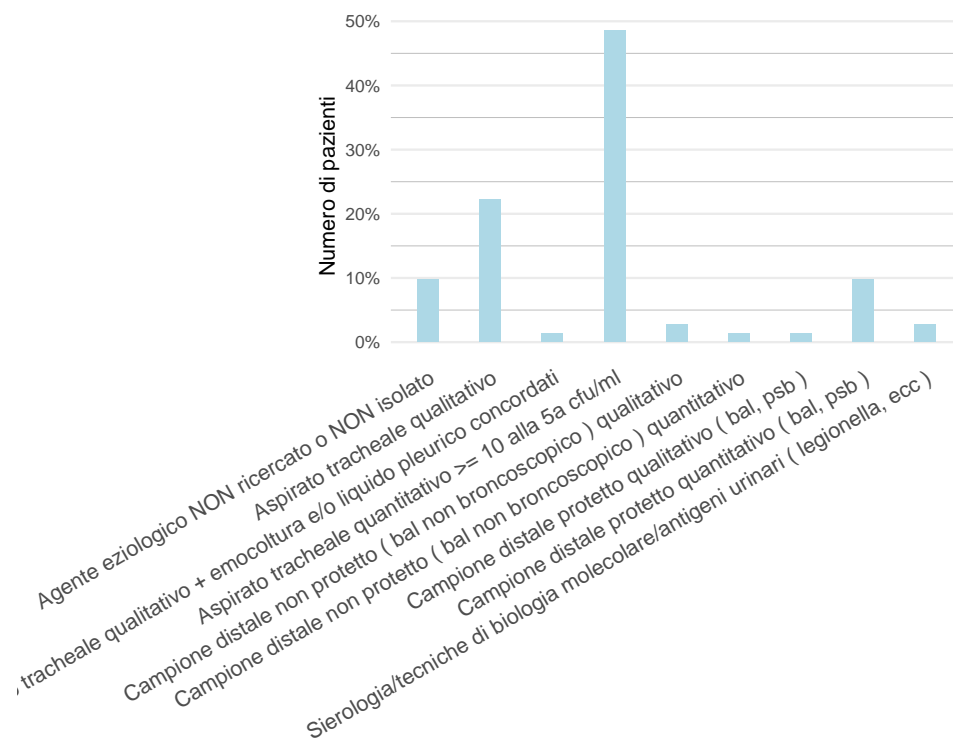
VAP precoce	N	%
No	20	27.4
Sì	53	72.6
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	26	36.1
Probabile - certa	46	63.9
Missing	1	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici



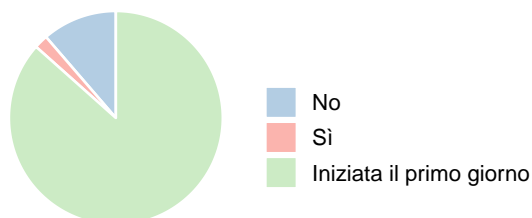
Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	2	2.8
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	1	1.4
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	2	2.8
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	1	1.4
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	7	9.7
Aspirato tracheale quantitativo >= 10 alla 5a cfu/ml	35	48.6

Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	1	1.4
Aspirato tracheale qualitativo	16	22.2
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	7	9.7
Missing	1	0

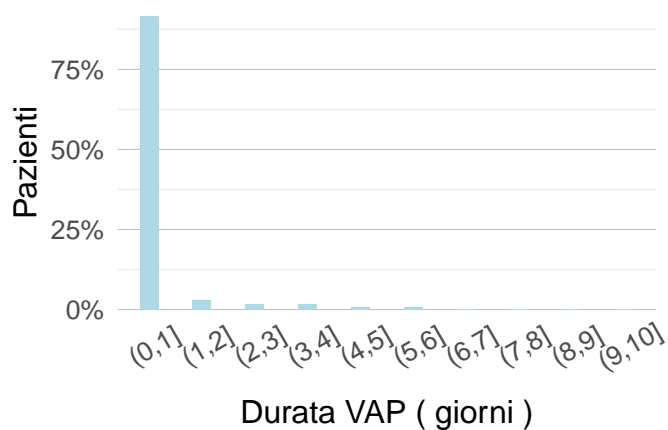
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 3937)

12.4.1 Ventilazione invasiva



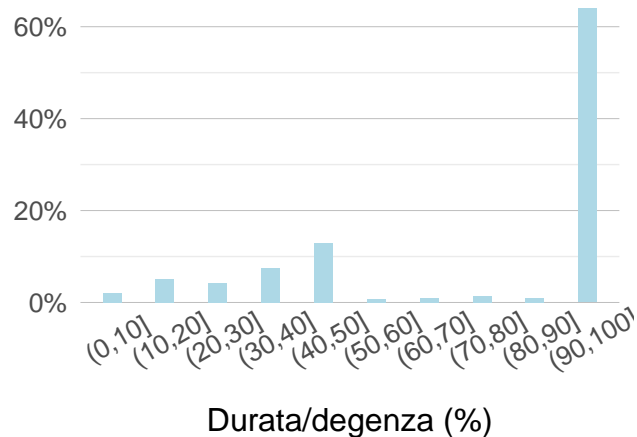
Ventilazione invasiva	N	%
No	446	11.3
Si	3490	88.7
Iniziata il primo giorno	3408	86.6
Missing	1	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



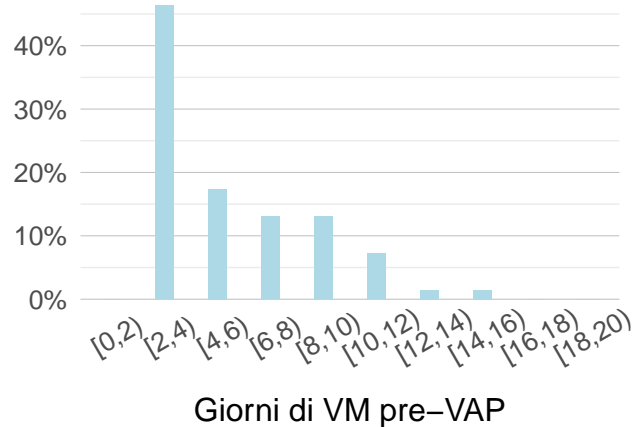
Indicatore	Valore
Media (DS)	2.2 (5.4)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-1)
Missing	11

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	78.0 (31.3)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	13

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	73
Media (DS)	6.5 (7.3)
Mediana (Q1-Q3)	4 (3-8)
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	15.7	11.0 %
CI (95%)	12.3 - 19.7	8.6 - 13.8

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. È 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.

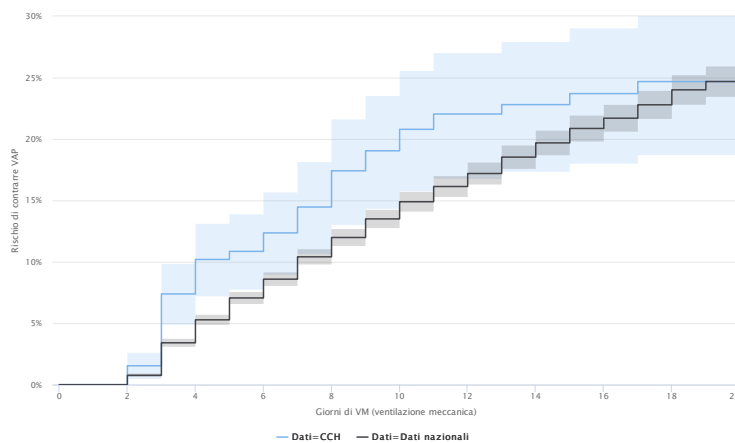
Il secondo invece:

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

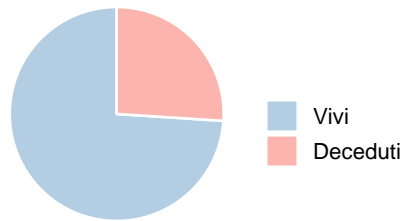
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

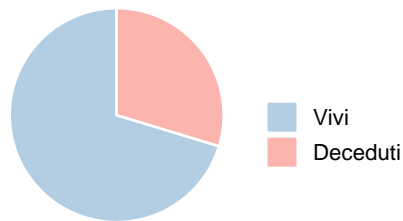


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	54	74.0
Deceduti	19	26.0
Missing	0	0

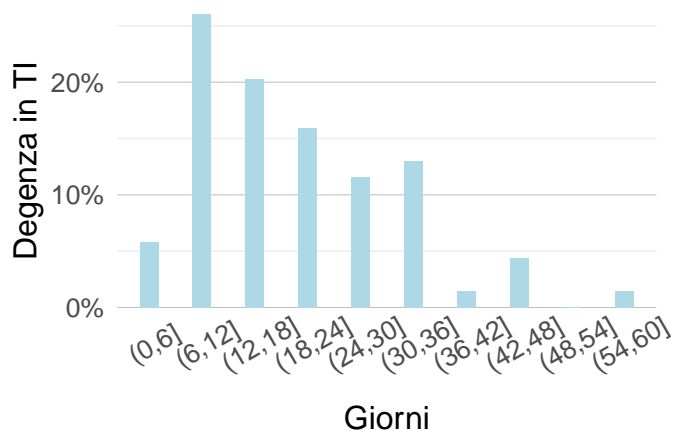
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	45	70.3
Deceduti	19	29.7
Missing	5	0

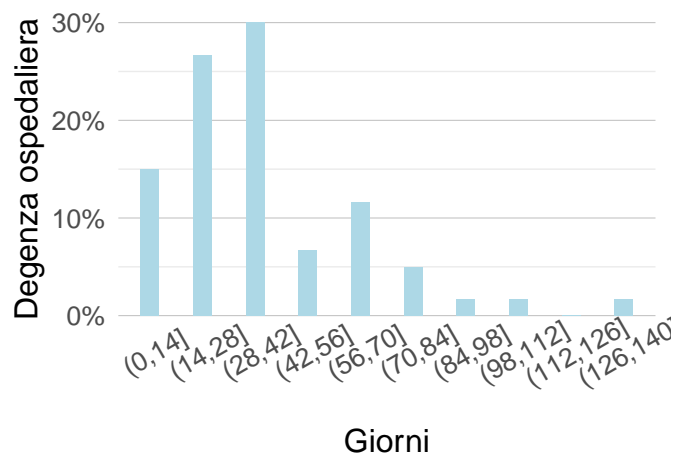
* Statistiche calcolate su 69 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.4 (22.6)
Mediana (Q1-Q3)	19 (11-30)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.3 (38.6)
Mediana (Q1-Q3)	34.5 (21.5-57.8)
Missing	5

* Statistiche calcolate su 69 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

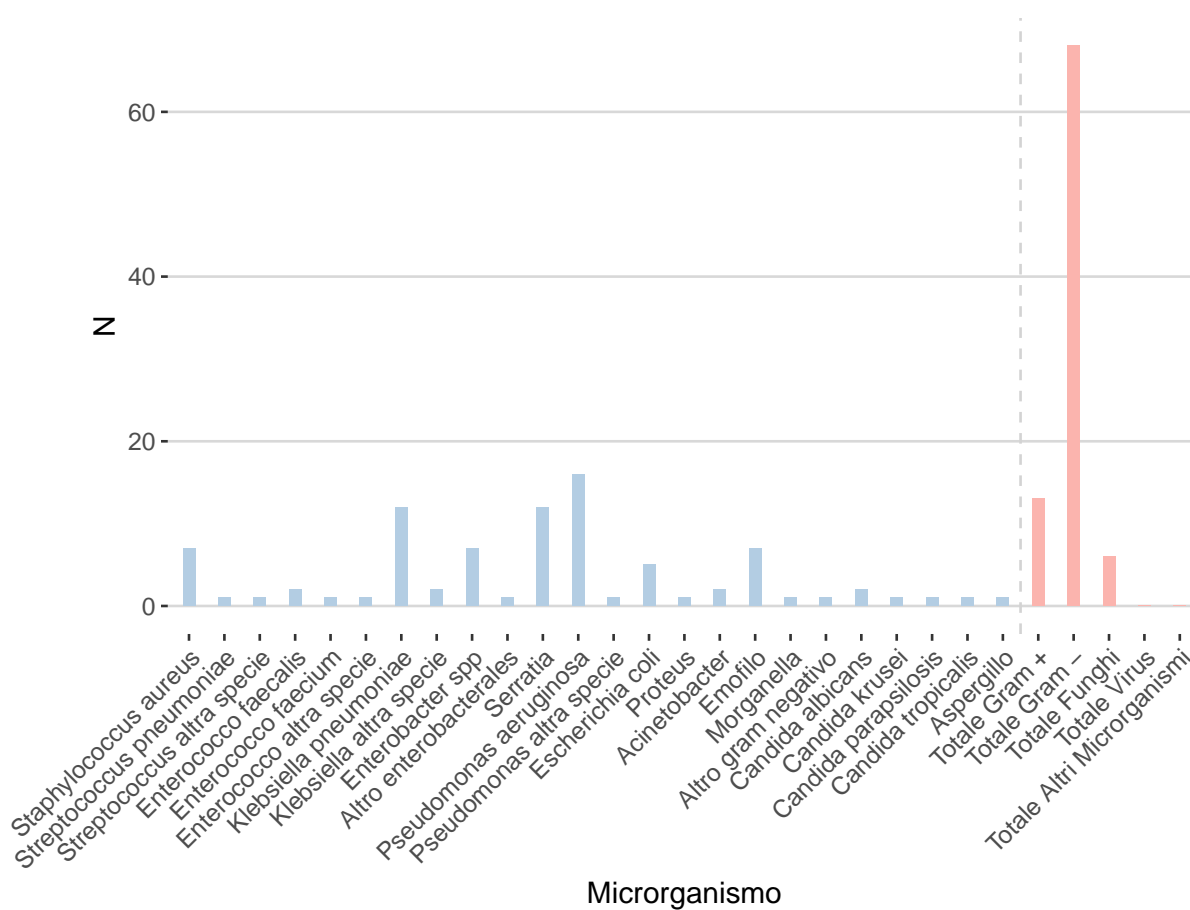
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

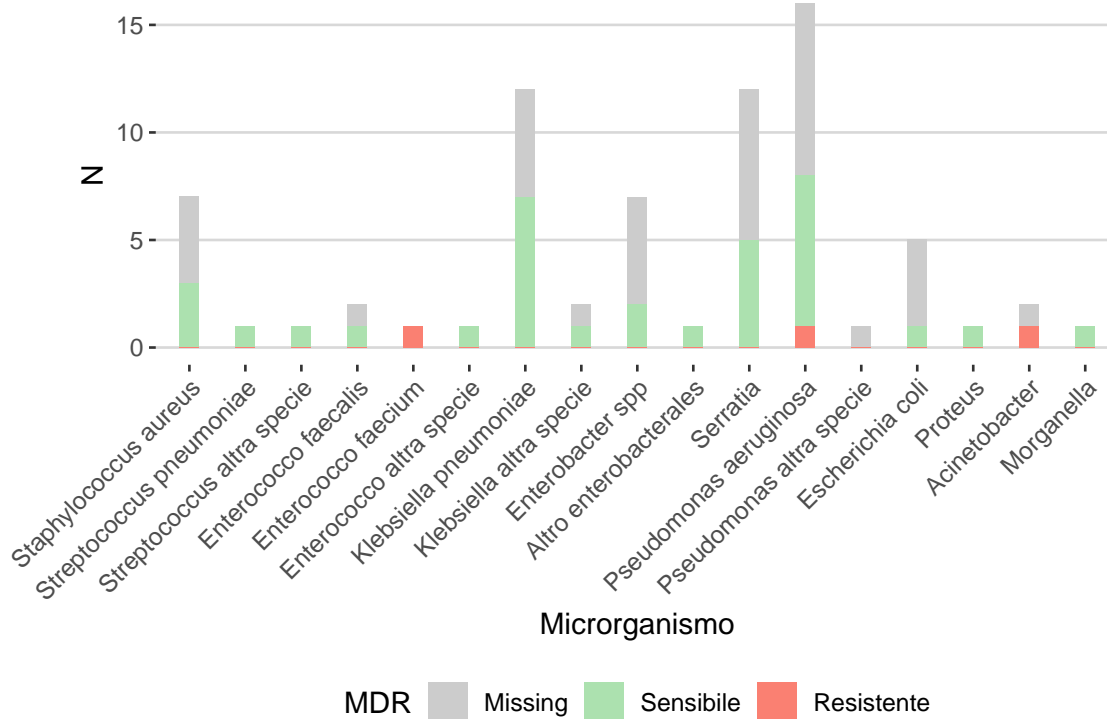
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	7	9.7
Sì	65	90.3
Missing	1	
Totale infezioni	73	
Totale microrganismi isolati	90	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	10.8	3	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.5	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.5	1	0	0
Enterococco faecalis	2	3.1	1	0	0
Enterococco faecium	1	1.5	1	1	100
Enterococco altra specie	1	1.5	1	0	0
Totale Gram +	13	20.0	8	1	12.5
Klebsiella pneumoniae	12	18.5	7	0	0
Klebsiella altra specie	2	3.1	1	0	0
Enterobacter spp	7	10.8	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.5	1	0	0
Serratia	12	18.5	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	16	24.6	8	1	12.5
Pseudomonas altra specie	1	1.5	0	0	0
Escherichia coli	5	7.7	1	0	0
Proteus	1	1.5	1	0	0
Acinetobacter	2	3.1	1	1	100
Emofilo	7	10.8	0	0	0
Morganella	1	1.5	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.5	0	0	0
Totale Gram -	68	104.6	28	2	7.1
Candida albicans	2	3.1	0	0	0
Candida krusei	1	1.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.5	0	0	0
Aspergillo	1	1.5	0	0	0
Totale Funghi	6	9.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

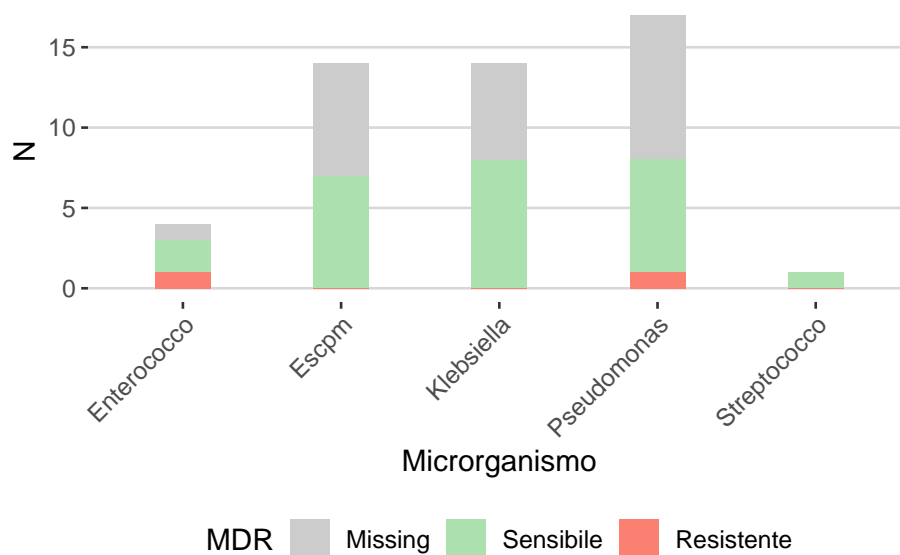


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Legionella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *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 antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	4	3	2	1	33.33	1
Escpm	14	7	7	0	0.00	7
Klebsiella	14	8	8	0	0.00	6
Pseudomonas	17	8	7	1	12.50	9
Streptococco	1	1	1	0	0.00	0

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	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.0
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.0
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.5
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	1	12.5
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.0

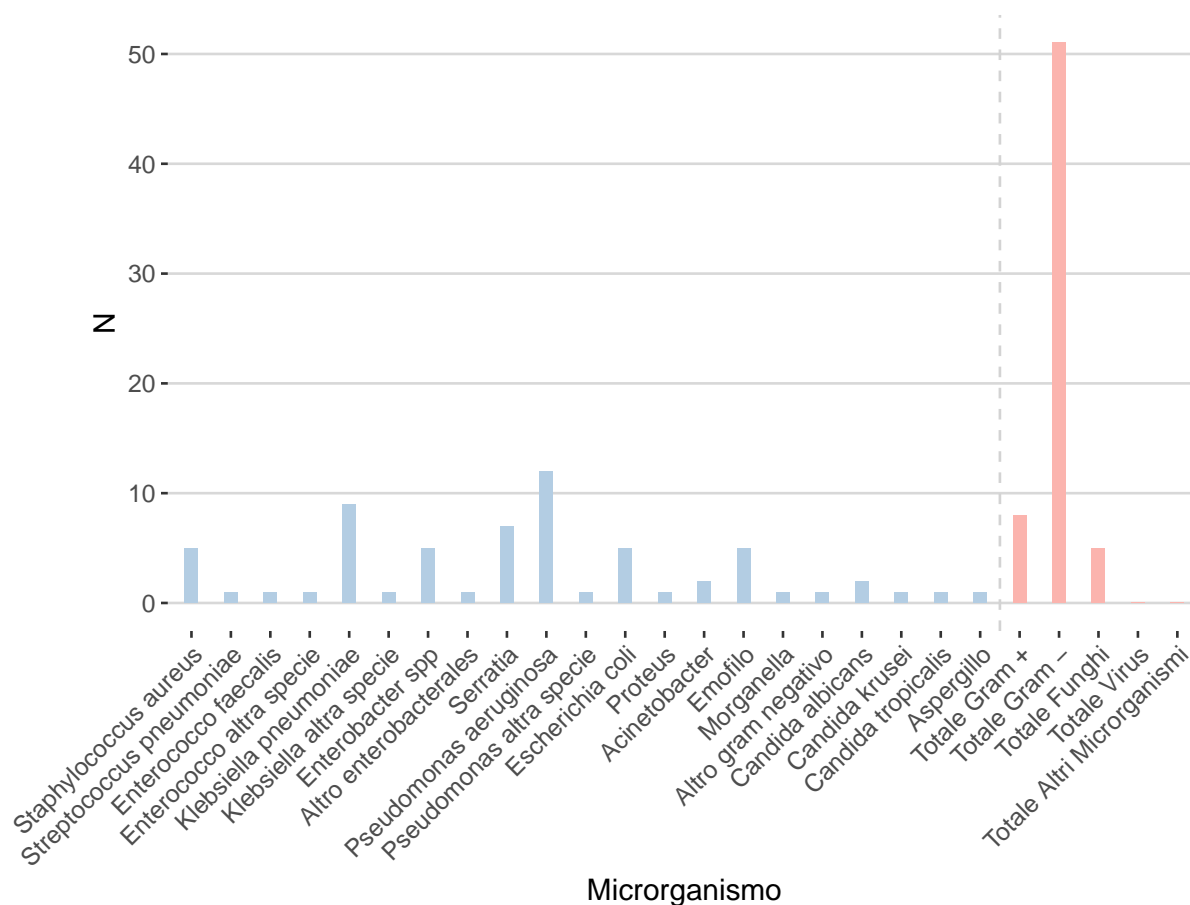
12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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	46	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	46	
Totale microrganismi isolati	66	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

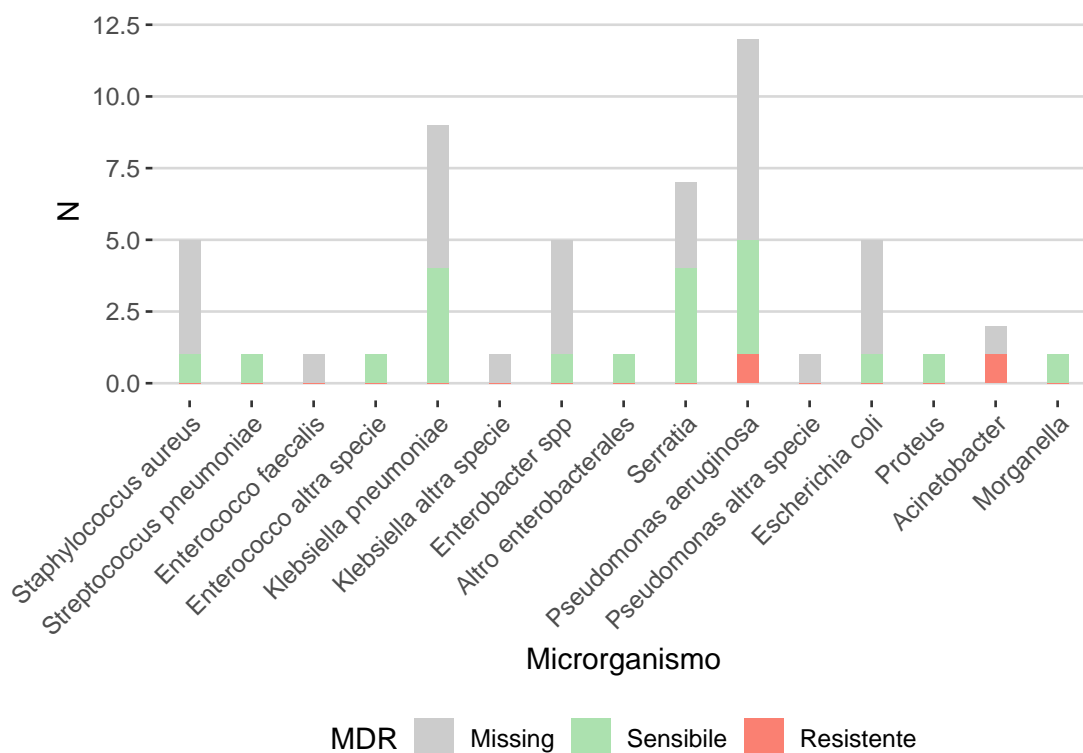
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	10.9	1	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	2.2	1	0	0
Enterococco faecalis	1	2.2	0	0	0
Enterococco altra specie	1	2.2	1	0	0
Totale Gram +	8	17.4	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	9	19.6	4	0	0
Klebsiella altra specie	1	2.2	0	0	0
Enterobacter spp	5	10.9	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.2	1	0	0
Serratia	7	15.2	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	26.1	5	1	20
Pseudomonas altra specie	1	2.2	0	0	0
Escherichia coli	5	10.9	1	0	0
Proteus	1	2.2	1	0	0
Acinetobacter	2	4.3	1	1	100
Emofilo	5	10.9	0	0	0
Morganella	1	2.2	1	0	0
Altro gram negativo	1	2.2	0	0	0
Totale Gram -	51	110.9	19	2	10.5
Candida albicans	2	4.3	0	0	0
Candida krusei	1	2.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	2.2	0	0	0
Aspergillo	1	2.2	0	0	0
Totale Funghi	5	10.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	10.9	1	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	2.2	1	0	0
Enterococcus faecalis	1	2.2	0	0	0
Enterococcus altra specie	1	2.2	1	0	0
Totale Gram +	8	17.4	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	9	19.6	4	0	0
Klebsiella altra specie	1	2.2	0	0	0
Enterobacter spp	5	10.9	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.2	1	0	0
Serratia	7	15.2	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	26.1	5	1	20
Pseudomonas altra specie	1	2.2	0	0	0
Escherichia coli	5	10.9	1	0	0
Proteus	1	2.2	1	0	0
Acinetobacter	2	4.3	1	1	100
Emofilo	5	10.9	0	0	0
Morganella	1	2.2	1	0	0
Altro gram negativo	1	2.2	0	0	0
Totale Gram -	51	110.9	19	2	10.5
Candida albicans	2	4.3	0	0	0
Candida krusei	1	2.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	2.2	0	0	0

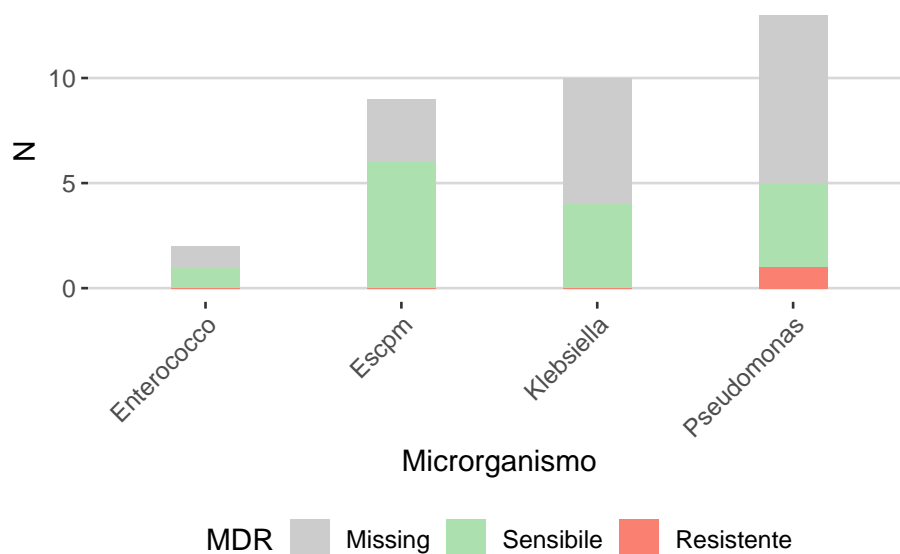
Aspergillo	1	2.2	0	0	0
Totale Funghi	5	10.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococcus faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Legionella, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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
Enterococco	2	1	1	0	0	1
Escpm	9	6	6	0	0	3
Klebsiella	10	4	4	0	0	6
Pseudomonas	13	5	4	1	20	8

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	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	1	20
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	1	20

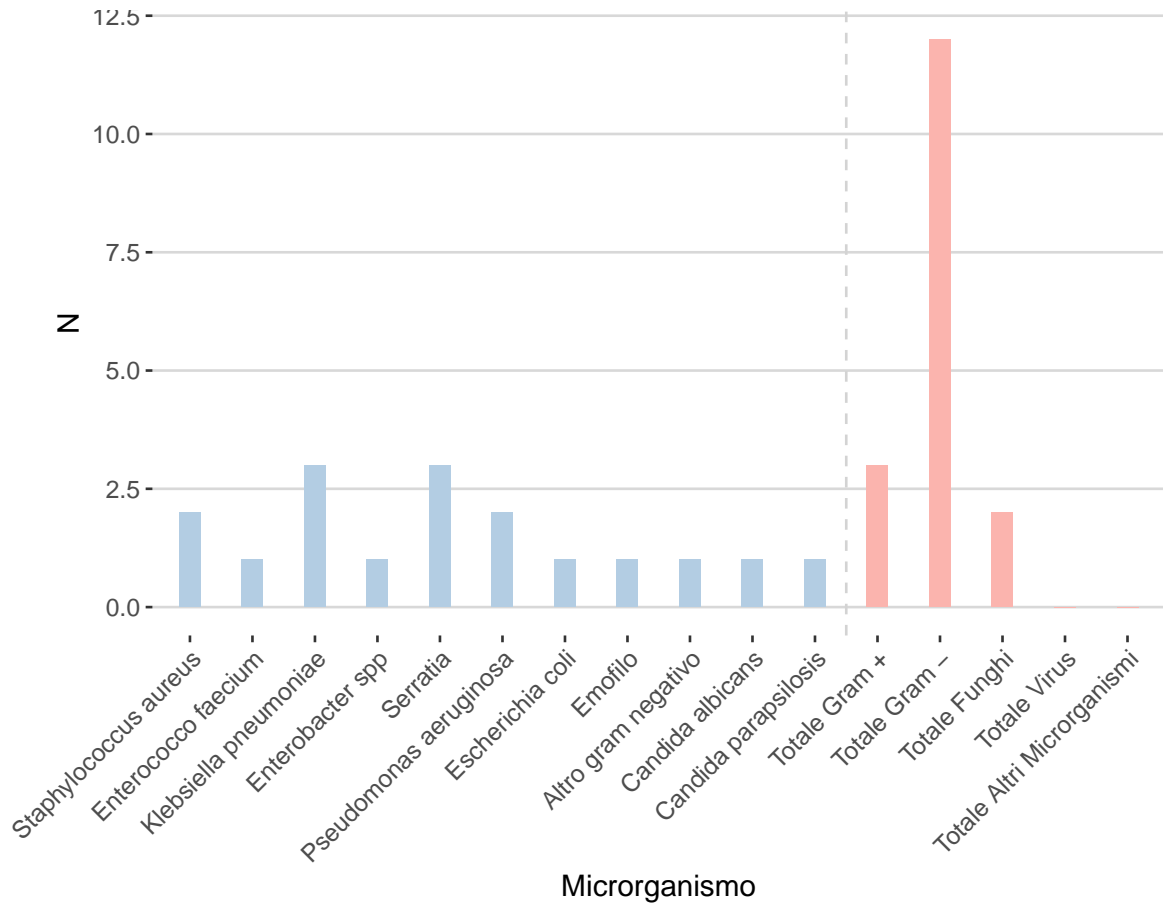
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

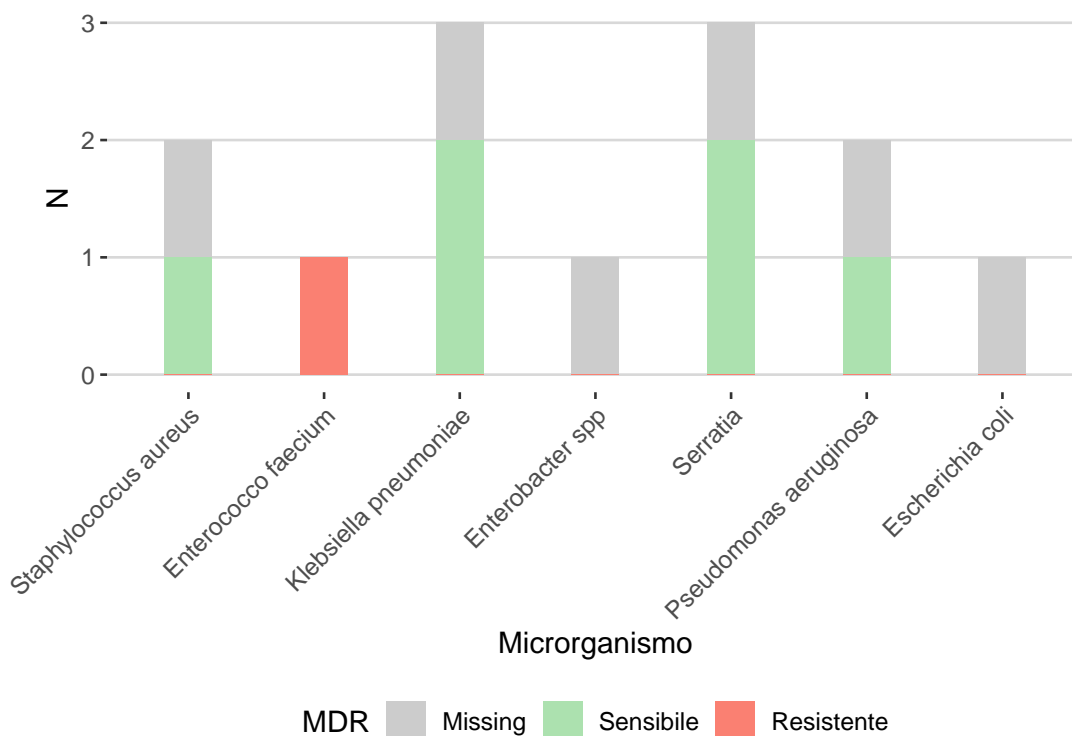
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	13	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	13	
Totale microrganismi isolati	17	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	15.4	1	0	0
Enterococco faecium	1	7.7	1	1	100
Totale Gram +	3	23.1	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	3	23.1	2	0	0
Enterobacter spp	1	7.7	0	0	0
Serratia	3	23.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	15.4	1	0	0
Escherichia coli	1	7.7	0	0	0
Emofilo	1	7.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	7.7	0	0	0
Totale Gram -	12	92.3	5	0	0
Candida albicans	1	7.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	7.7	0	0	0
Totale Funghi	2	15.4	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococco faecalis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Acinetobacter*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro enterobacterales*, *Klebsiella altra specie*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *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)

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella sezione Raggruppamento microrganismi.

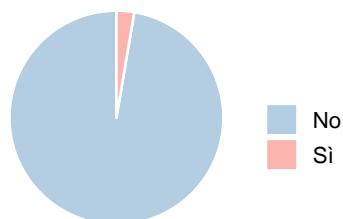
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	%
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100

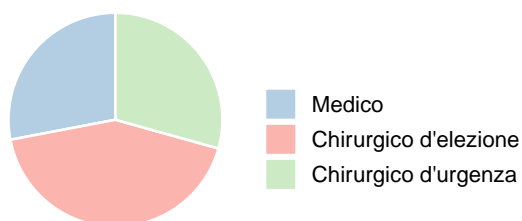
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 75)

13.1 Trauma



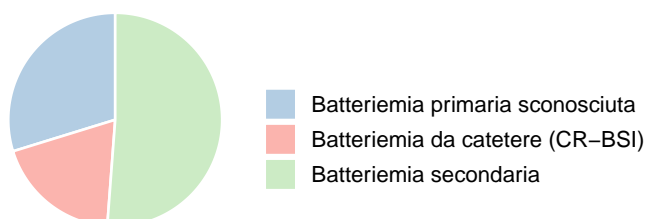
Trauma	N	%
No	73	97.3
Si	2	2.7
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	21	28.0
Chirurgico d'elezione	32	42.7
Chirurgico d'urgenza	22	29.3
Missing	0	0

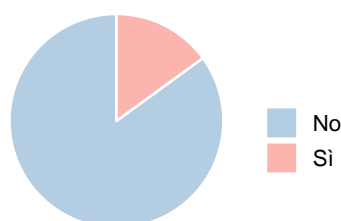
13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	21	28.0
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	32	42.7
Batteriemia secondaria	22	29.3

Batteriemia primaria sconosciuta	25	33.3
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	16	21.3
Batteriemia secondaria	43	57.3
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



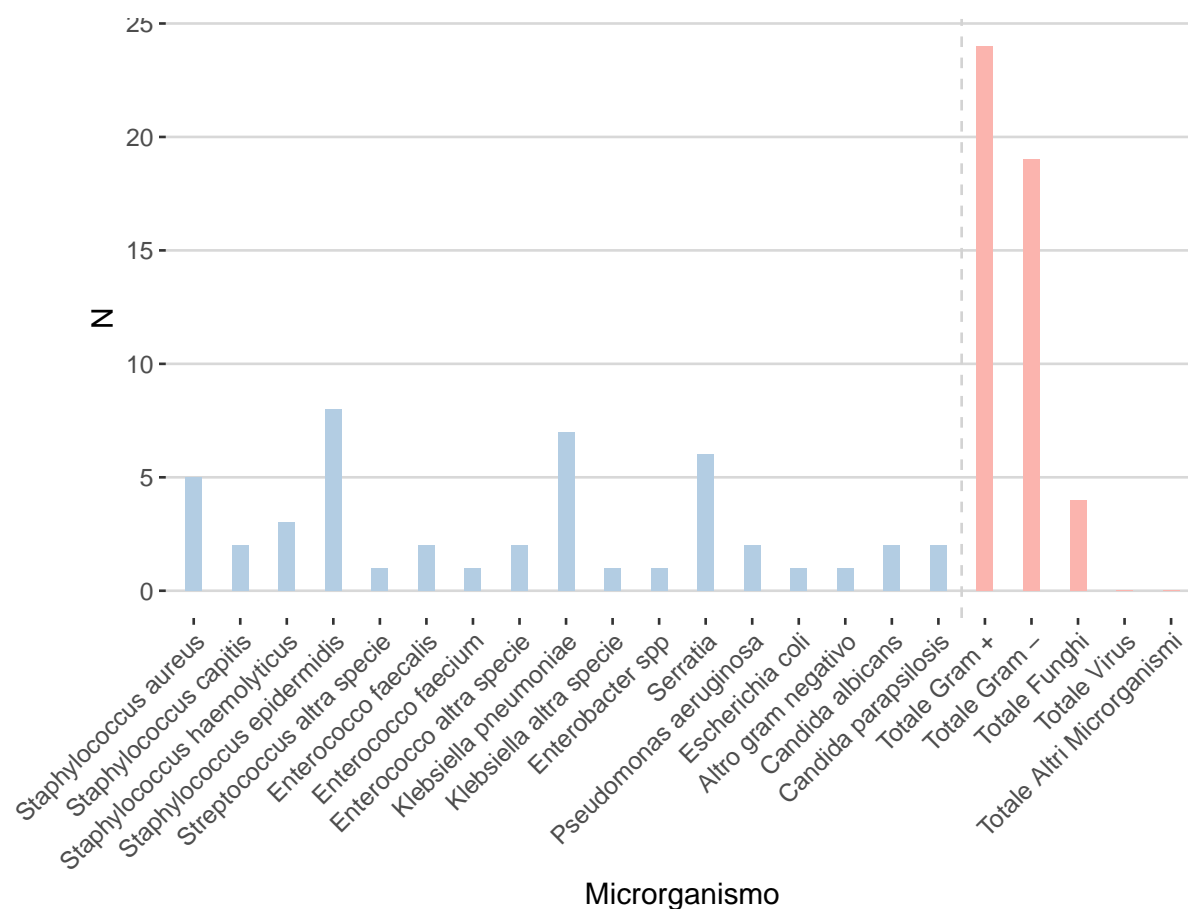
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	34	85.0
Si	6	15.0
Missing	1	0

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	12.2	3	0	0
Staphylococcus capitis	2	4.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	7.3	2	2	100
Staphylococcus epidermidis	8	19.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.4	1	1	100
Enterococco faecalis	2	4.9	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.4	1	0	0
Enterococco altra specie	2	4.9	1	0	0
Totale Gram +	24	58.5	9	3	33.3
Klebsiella pneumoniae	7	17.1	4	1	25
Klebsiella altra specie	1	2.4	1	0	0
Enterobacter spp	1	2.4	0	0	0
Serratia	6	14.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	4.9	1	0	0
Escherichia coli	1	2.4	0	0	0
Altro gram negativo	1	2.4	0	0	0
Totale Gram -	19	46.3	8	1	12.5
Candida albicans	2	4.9	0	0	0
Candida parapsilosis	2	4.9	0	0	0
Totale Funghi	4	9.8	0	0	0

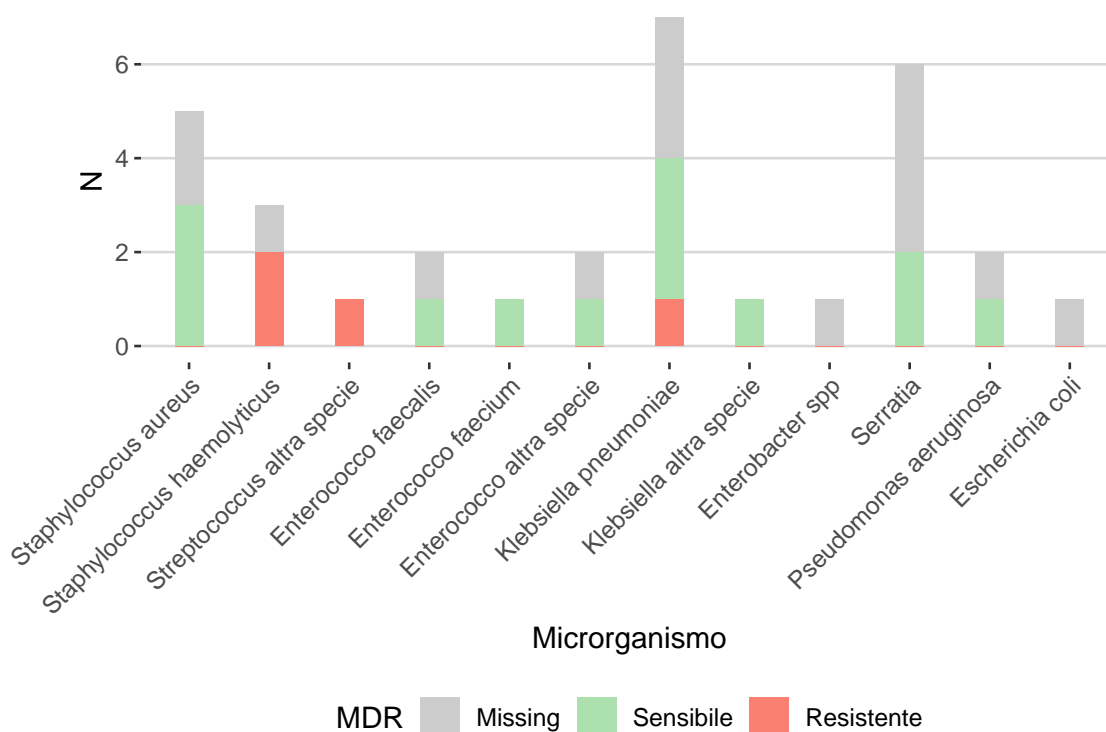
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	12.2	3	0	0
Staphylococcus capitis	2	4.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	7.3	2	2	100
Staphylococcus epidermidis	8	19.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.4	1	1	100
Enterococco faecalis	2	4.9	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.4	1	0	0
Enterococco altra specie	2	4.9	1	0	0
Totale Gram +	24	58.5	9	3	33.3
Klebsiella pneumoniae	7	17.1	4	1	25
Klebsiella altra specie	1	2.4	1	0	0
Enterobacter spp	1	2.4	0	0	0
Serratia	6	14.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	4.9	1	0	0
Escherichia coli	1	2.4	0	0	0
Altro gram negativo	1	2.4	0	0	0
Totale Gram -	19	46.3	8	1	12.5
Candida albicans	2	4.9	0	0	0

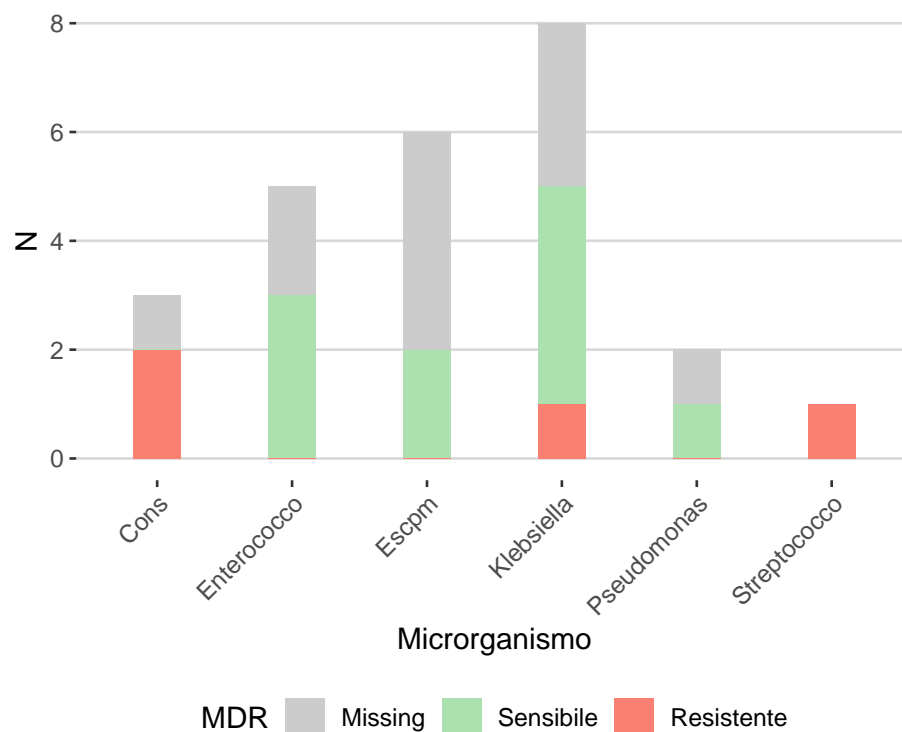
Candida parapsilosis	2	4.9	0	0	0
Totale Funghi	4	9.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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	3	2	0	2	100	1
Enterococco	5	3	3	0	0	2
Escpm	6	2	2	0	0	4
Klebsiella	8	5	4	1	20	3
Pseudomonas	2	1	1	0	0	1
Streptococco	1	1	0	1	100	0

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	%
---------------	---	------------	--------------	---

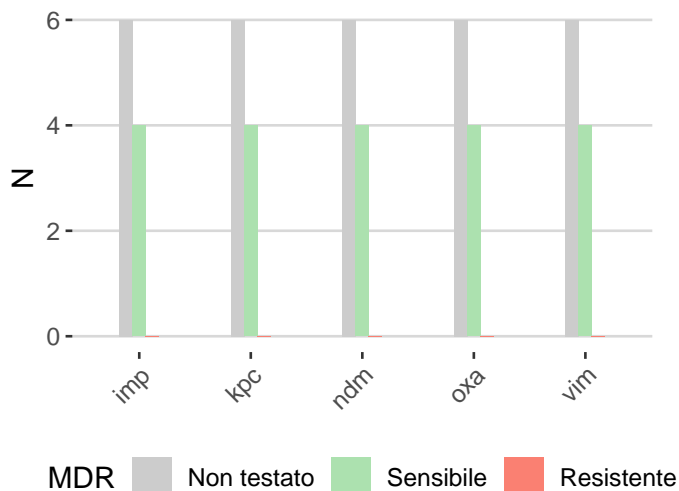
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	1	25
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100

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

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

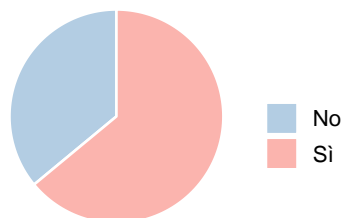
	N	%
Si	0	0
No	3	37.5
Non testato	5	62.5
Missing	9	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	6
kpc	0	0	4	6
ndm	0	0	4	6
oxa	0	0	4	6
vim	0	0	4	6



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 25)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	9	36.0
Sì	16	64.0
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.8	1.2 %
CI (95%)	1.1 - 2.6	0.8 - 1.8

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.

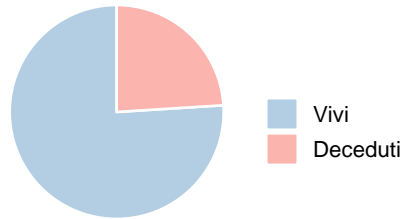
Il secondo:

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

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.

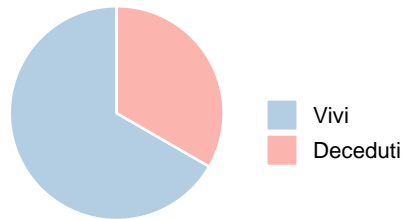
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	19	76.0
Deceduti	6	24.0
Missing	0	0

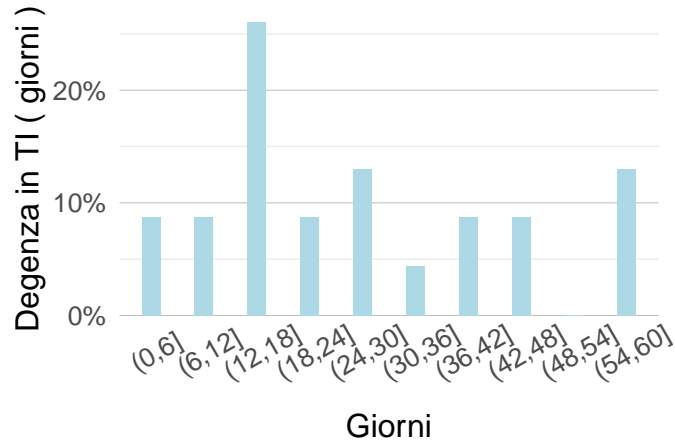
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	14	66.7
Deceduti	7	33.3
Missing	2	0

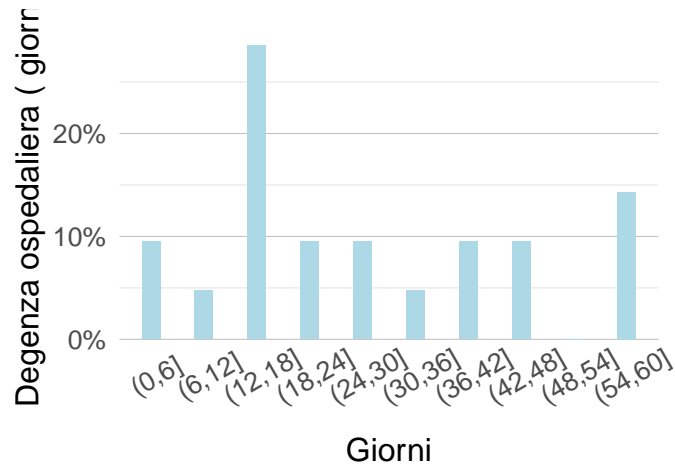
* Statistiche calcolate su 23 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.8 (25.4)
Mediana (Q1-Q3)	25 (14-43)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



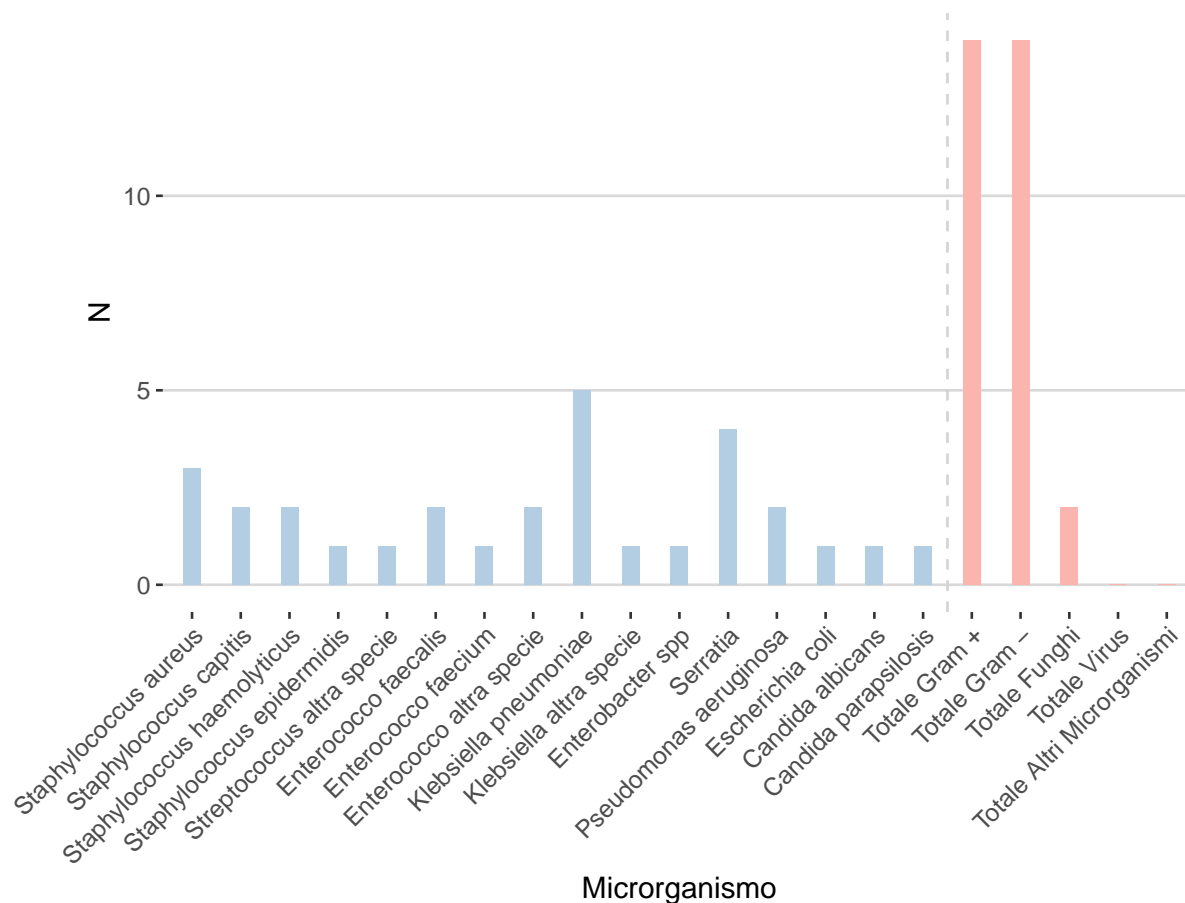
Indicatore	Valore
Media (DS)	43.6 (33.0)
Mediana (Q1-Q3)	39 (21-55)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 23 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

14.7 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

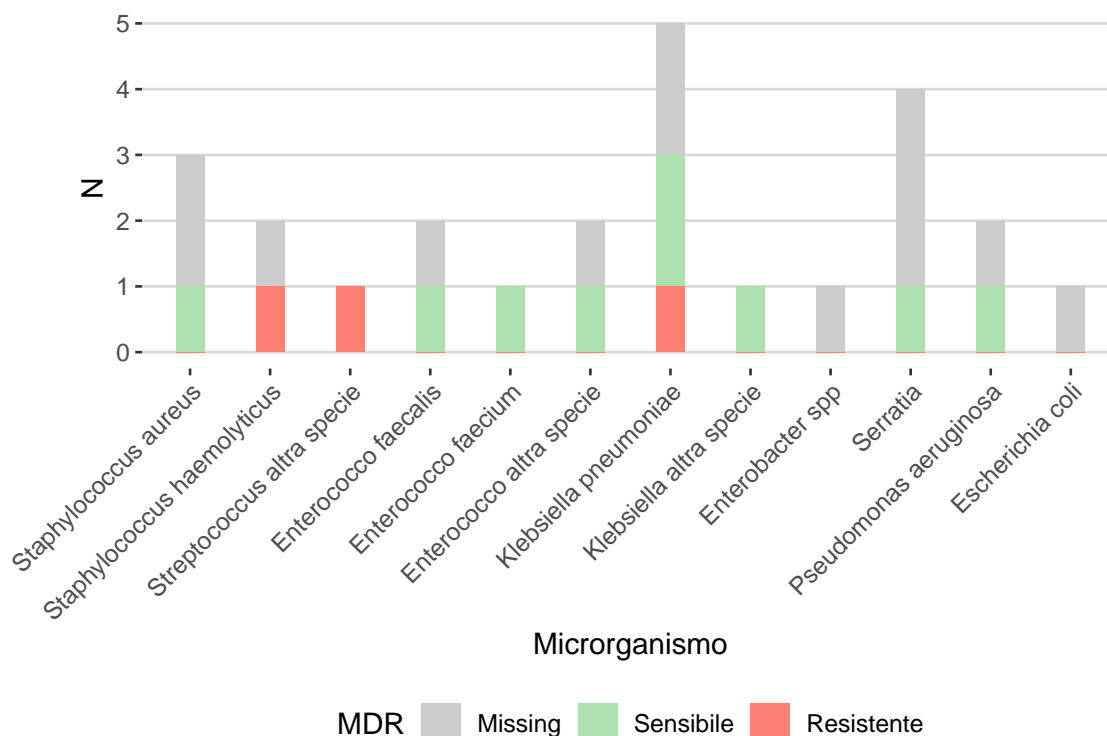
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	12	1	0	0
Staphylococcus capitis	2	8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	8	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	1	4	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4	1	1	100
Enterococco faecalis	2	8	1	0	0
Enterococco faecium	1	4	1	0	0
Enterococco altra specie	2	8	1	0	0
Totale Gram +	14	56	6	2	33.3
Klebsiella pneumoniae	5	20	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	1	4	0	0	0
Serratia	4	16	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8	1	0	0
Escherichia coli	1	4	0	0	0
Totale Gram -	14	56	6	1	16.7
Candida albicans	1	4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4	0	0	0
Totale Funghi	2	8	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	12	1	0	0
Staphylococcus capitis	2	8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	8	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	1	4	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4	1	1	100
Enterococco faecalis	2	8	1	0	0
Enterococco faecium	1	4	1	0	0
Enterococco altra specie	2	8	1	0	0
Totale Gram +	14	56	6	2	33.3
Klebsiella pneumoniae	5	20	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	1	4	0	0	0
Serratia	4	16	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8	1	0	0
Escherichia coli	1	4	0	0	0
Totale Gram -	14	56	6	1	16.7
Candida albicans	1	4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4	0	0	0
Totale Funghi	2	8	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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.

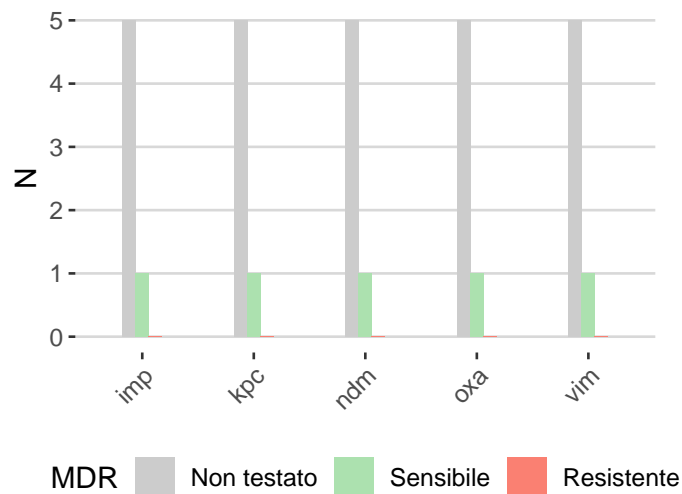
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00

14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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.

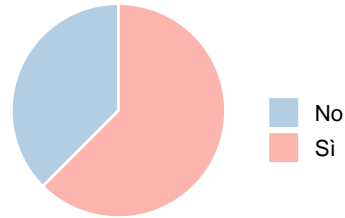
	N	%
Sì	0	0
No	1	20
Non testato	4	80
Missing	8	

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



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 16)

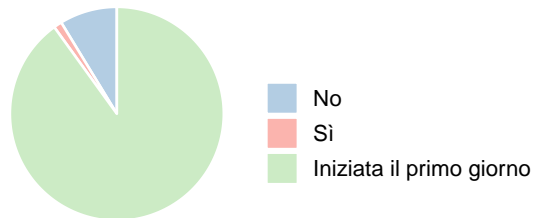
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	6	37.5
Sì	10	62.5
Missing	0	0

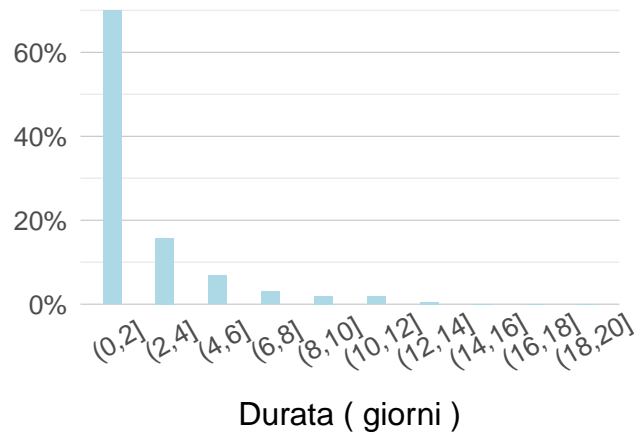
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 3937)



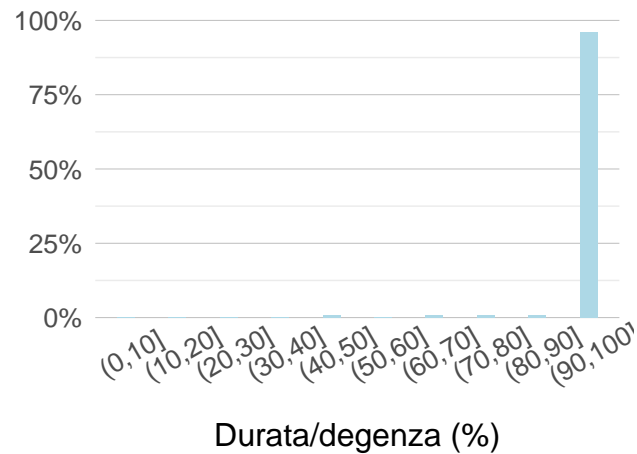
Cvc	N	%
No	343	8.7
Sì	3593	91.3
Iniziata il primo giorno	3544	90.0
Missing	1	

15.2.2 Durata (giorni)



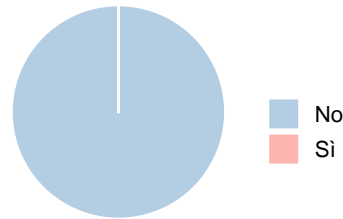
Indicatore	Valore
Media (DS)	3.8 (7.0)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-3)
Missing	12

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



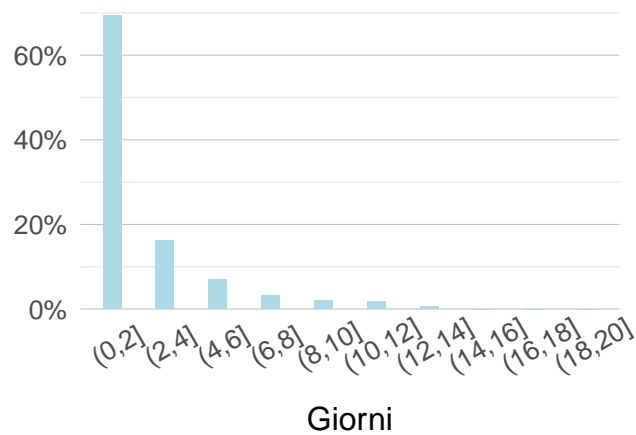
Indicatore	Valore
Media (DS)	98.6 (7.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	13

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 3937)



Infezione locale da catetere	N	%
No	3936	100.0
Si	0	0.0
Missing	1	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	16
Media (DS)	14.3 (14.5)
Mediana (Q1-Q3)	7.5 (2.8-27.2)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.2	0.8 %
CI (95%)	0.7 - 1.9	0.5 - 1.4

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

Il primo:

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

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

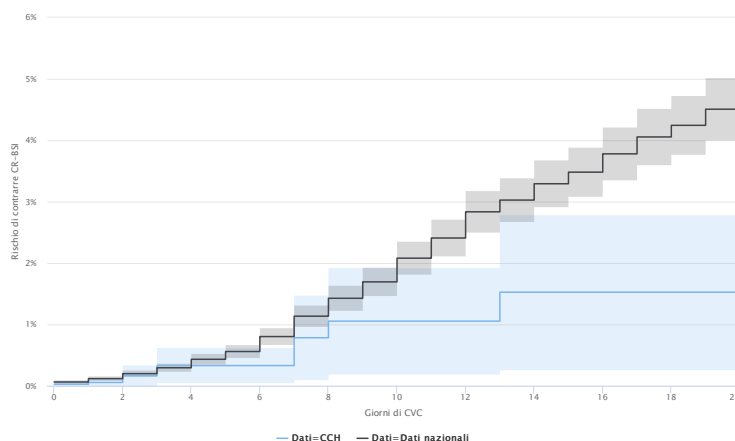
Il secondo invece:

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

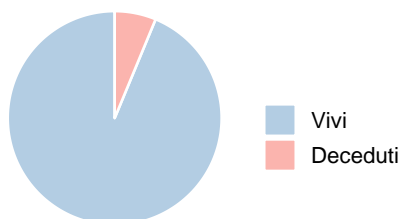
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



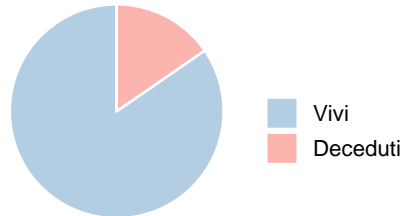
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	15	93.8
Deceduti	1	6.2

Missing 0 0

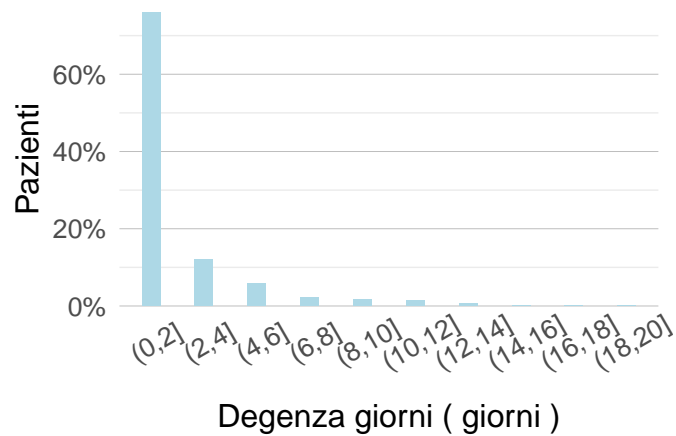
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	11	84.6
Deceduti	2	15.4
Missing	2	0

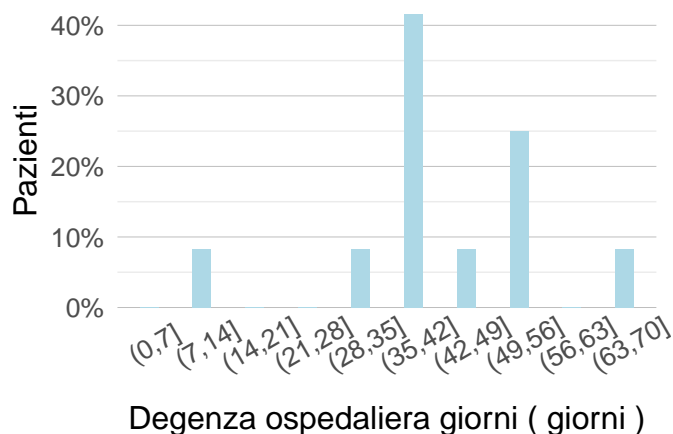
* Statistiche calcolate su 15 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.9 (28.3)
Mediana (Q1-Q3)	34 (10.8-42.8)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	52.1 (37.3)
Mediana (Q1-Q3)	40 (37-55)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 15 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

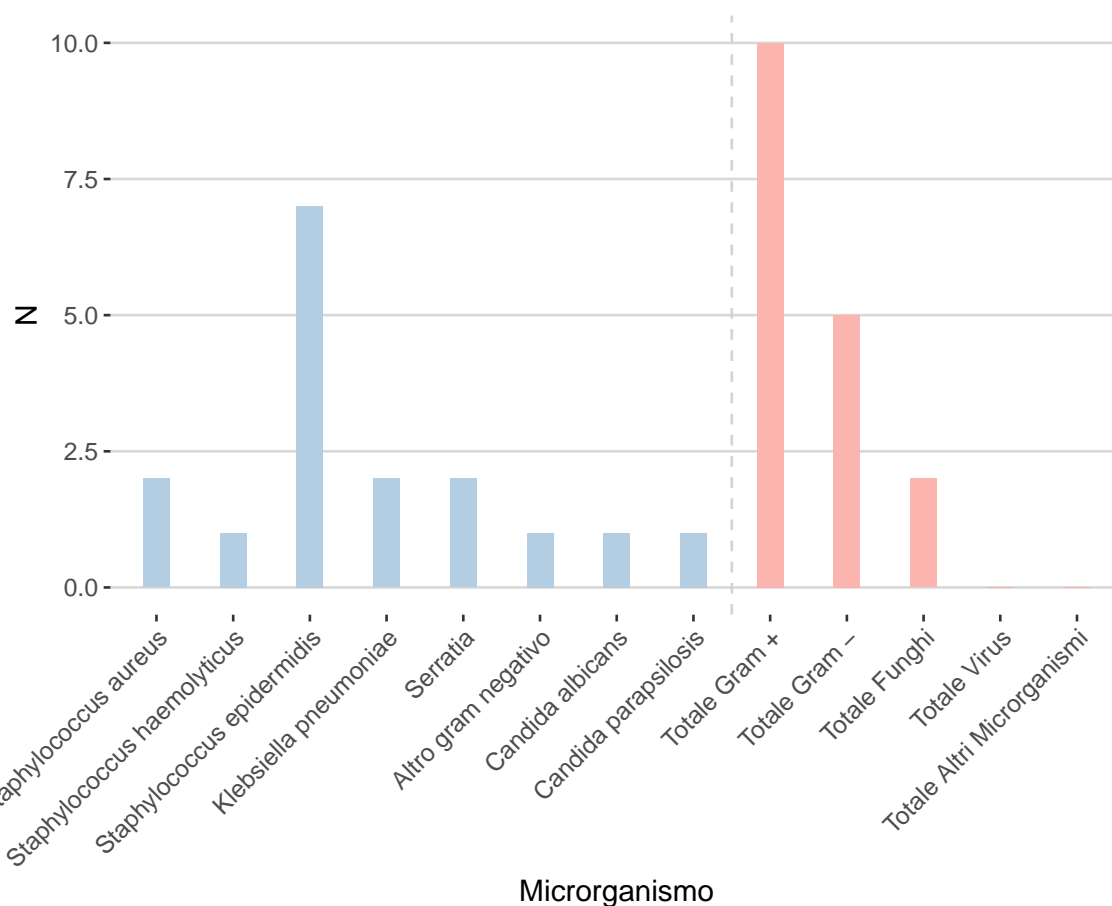
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	16	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	16	
Totale microrganismi isolati	17	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	12.5	2	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	6.2	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	7	43.8	0	0	0
Totale Gram +	10	62.5	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	2	12.5	1	0	0
Serratia	2	12.5	1	0	0

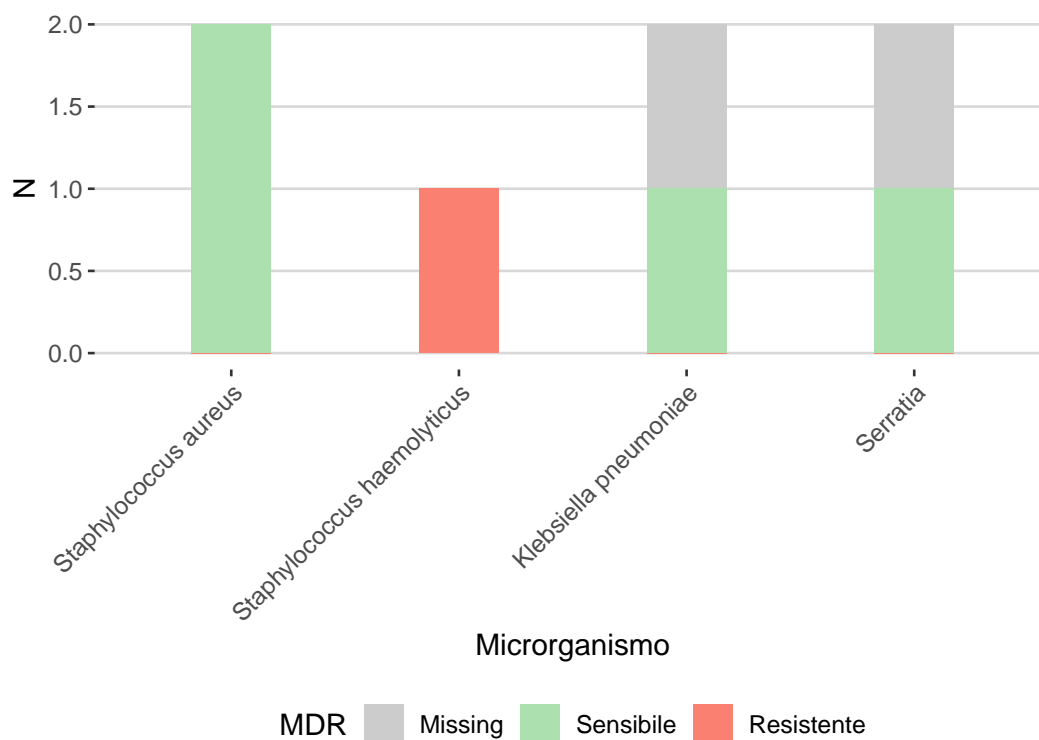
Altro gram negativo	1	6.2	0	0	0
Totale Gram -	5	31.2	2	0	0
Candida albicans	1	6.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	6.2	0	0	0
Totale Funghi	2	12.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	12.5	2	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	6.2	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	7	43.8	0	0	0
Totale Gram +	10	62.5	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	2	12.5	1	0	0
Serratia	2	12.5	1	0	0
Altro gram negativo	1	6.2	0	0	0
Totale Gram -	5	31.2	2	0	0
Candida albicans	1	6.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	6.2	0	0	0
Totale Funghi	2	12.5	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro enterobacterales, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella sezione Raggruppamento microrganismi.

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

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

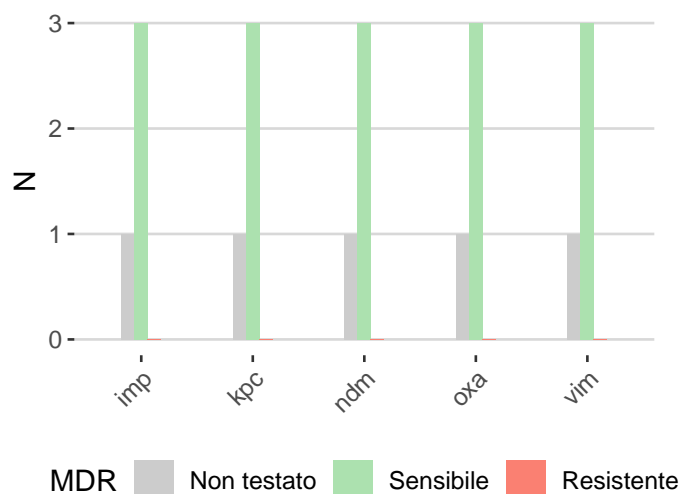
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100

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

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

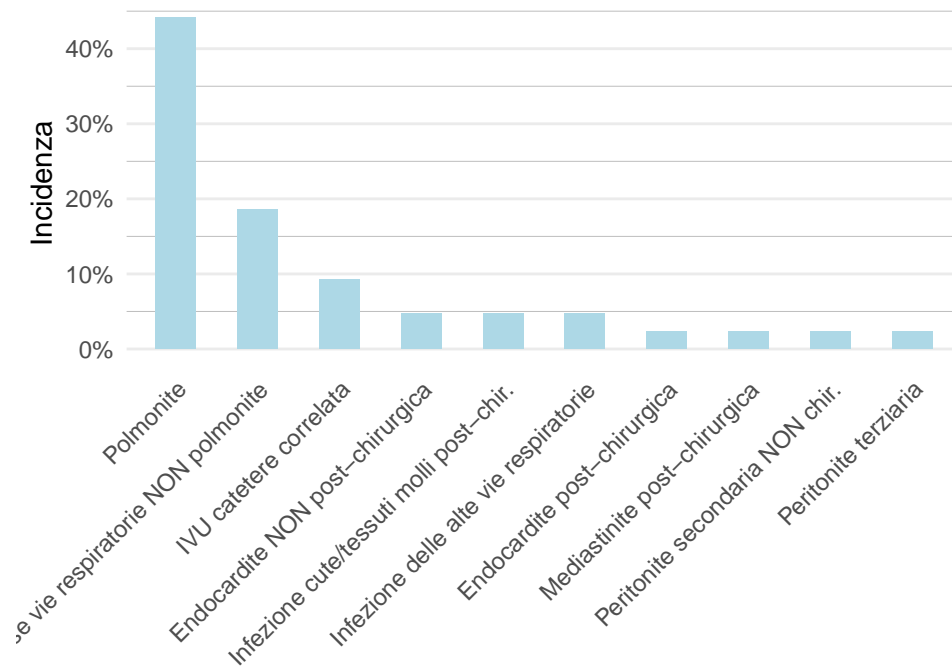
	N	%
Sì	0	0
No	2	66.67
Non testato	1	33.33
Missing	1	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	1
kpc	0	0	3	1
ndm	0	0	3	1
oxa	0	0	3	1
vim	0	0	3	1



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 43)

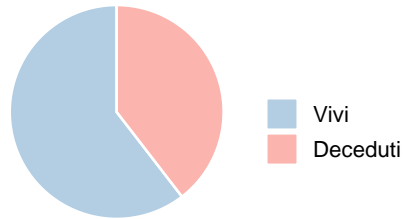
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

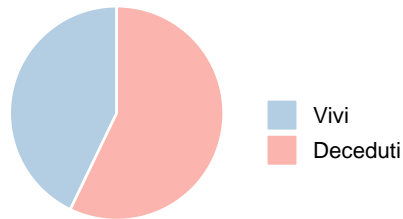
Infezione	N	%
Polmonite	19	44.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	8	18.6
IVU catetere correlata	4	9.3
Infezione delle alte vie respiratorie	2	4.7
Endocardite NON post-chirurgica	2	4.7
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	2	4.7
Mediastinite post-chirurgica	1	2.3
Endocardite post-chirurgica	1	2.3
Peritonite secondaria NON chir.	1	2.3
Peritonite terziaria	1	2.3
Missing	2	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	26	60.5
Deceduti	17	39.5
Missing	0	0

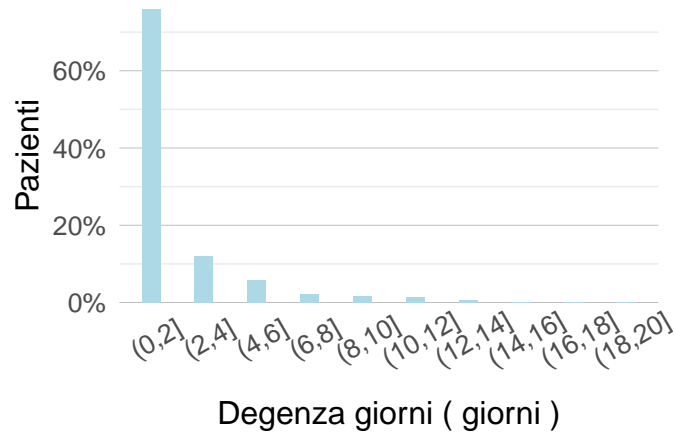
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	15	42.9
Deceduti	20	57.1
Missing	3	0

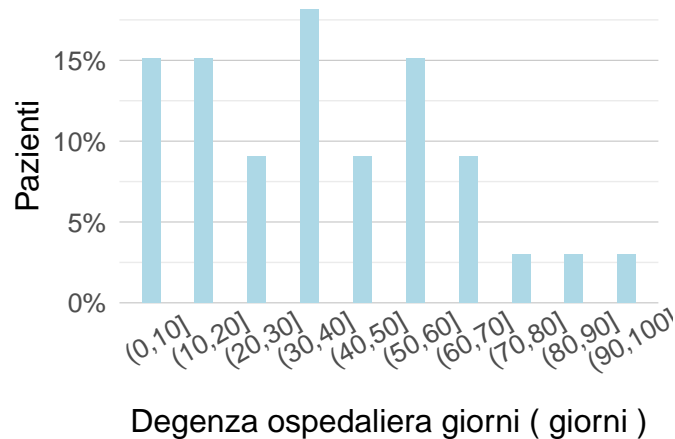
* Statistiche calcolate su 38 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.3 (24.7)
Mediana (Q1-Q3)	21 (10-35)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.1 (31.5)
Mediana (Q1-Q3)	37 (16.5-57.5)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 38 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

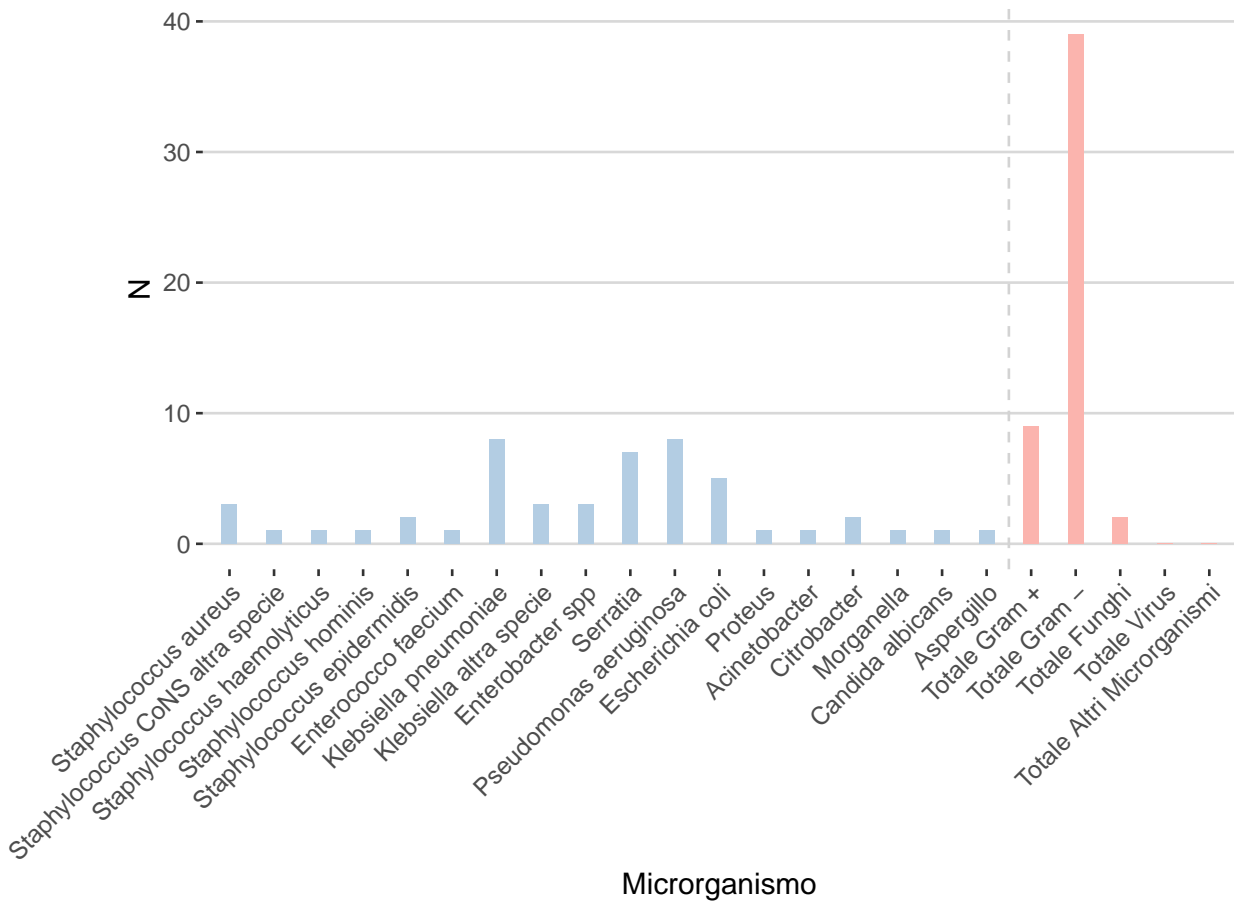
16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	5	11.1
Sì	40	88.9
Missing	0	
Totale infezioni	45	
Totale microrganismi isolati	51	

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

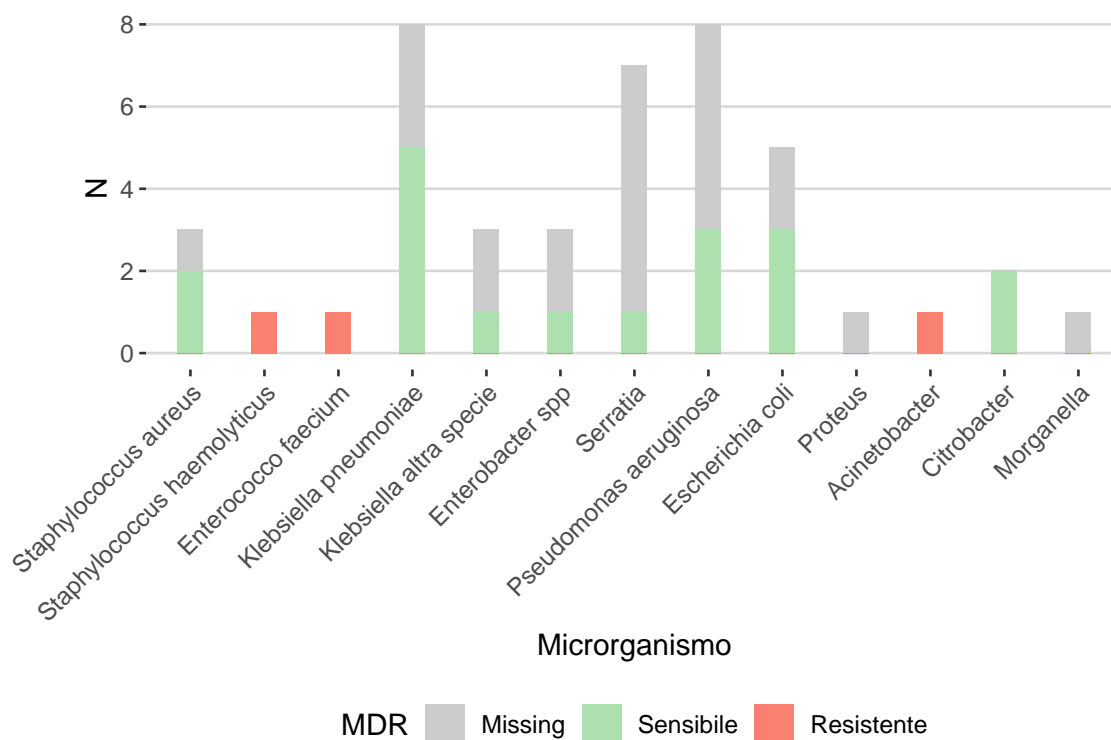
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	7.5	2	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.5	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	2.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	5.0	0	0	0
Enterococco faecium	1	2.5	1	1	100
Totale Gram +	9	22.5	4	2	50
Klebsiella pneumoniae	8	20.0	5	0	0
Klebsiella altra specie	3	7.5	1	0	0
Enterobacter spp	3	7.5	1	0	0
Serratia	7	17.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	20.0	3	0	0
Escherichia coli	5	12.5	3	0	0
Proteus	1	2.5	0	0	0
Acinetobacter	1	2.5	1	1	100
Citrobacter	2	5.0	2	0	0
Morganella	1	2.5	0	0	0
Totale Gram -	39	97.5	17	1	5.9
Candida albicans	1	2.5	0	0	0
Aspergillo	1	2.5	0	0	0
Totale Funghi	2	5.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	7.5	2	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.5	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	2.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	5.0	0	0	0
Enterococco faecium	1	2.5	1	1	100
Totale Gram +	9	22.5	4	2	50
Klebsiella pneumoniae	8	20.0	5	0	0
Klebsiella altra specie	3	7.5	1	0	0
Enterobacter spp	3	7.5	1	0	0
Serratia	7	17.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	20.0	3	0	0
Escherichia coli	5	12.5	3	0	0
Proteus	1	2.5	0	0	0
Acinetobacter	1	2.5	1	1	100
Citrobacter	2	5.0	2	0	0
Morganella	1	2.5	0	0	0
Totale Gram -	39	97.5	17	1	5.9
Candida albicans	1	2.5	0	0	0
Aspergillo	1	2.5	0	0	0
Totale Funghi	2	5.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0

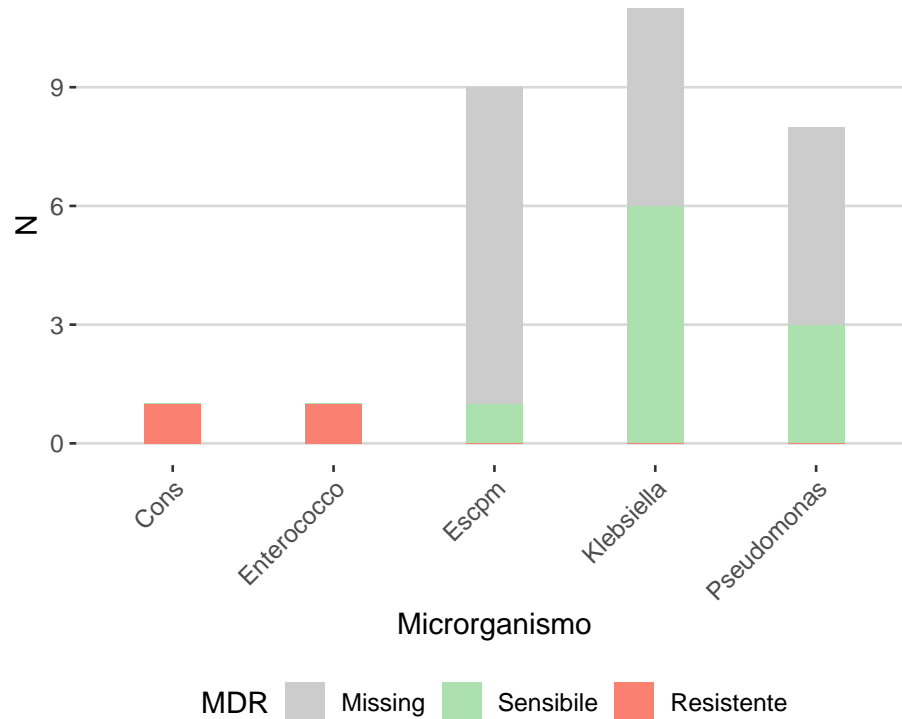
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0
-----------------------------------	----------	------------	----------	----------	----------

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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Candida parapsilosis*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *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	1	1	0	1	100	0
Enterococco	1	1	0	1	100	0
Escpm	9	1	1	0	0	8
Klebsiella	11	6	6	0	0	5
Pseudomonas	8	3	3	0	0	5

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	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100

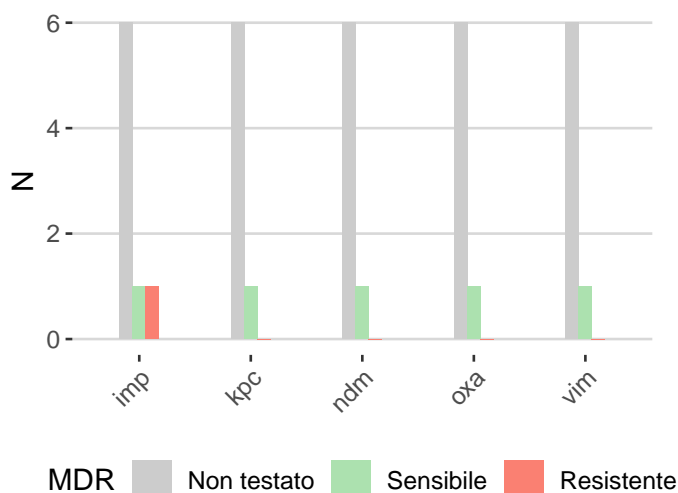
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100

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

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

	N	%
Sì	1	12.5
No	1	12.5
Non testato	6	75
Missing	22	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	100	1	6
kpc	0	0	1	6
ndm	0	0	1	6
oxa	0	0	1	6
vim	0	0	1	6

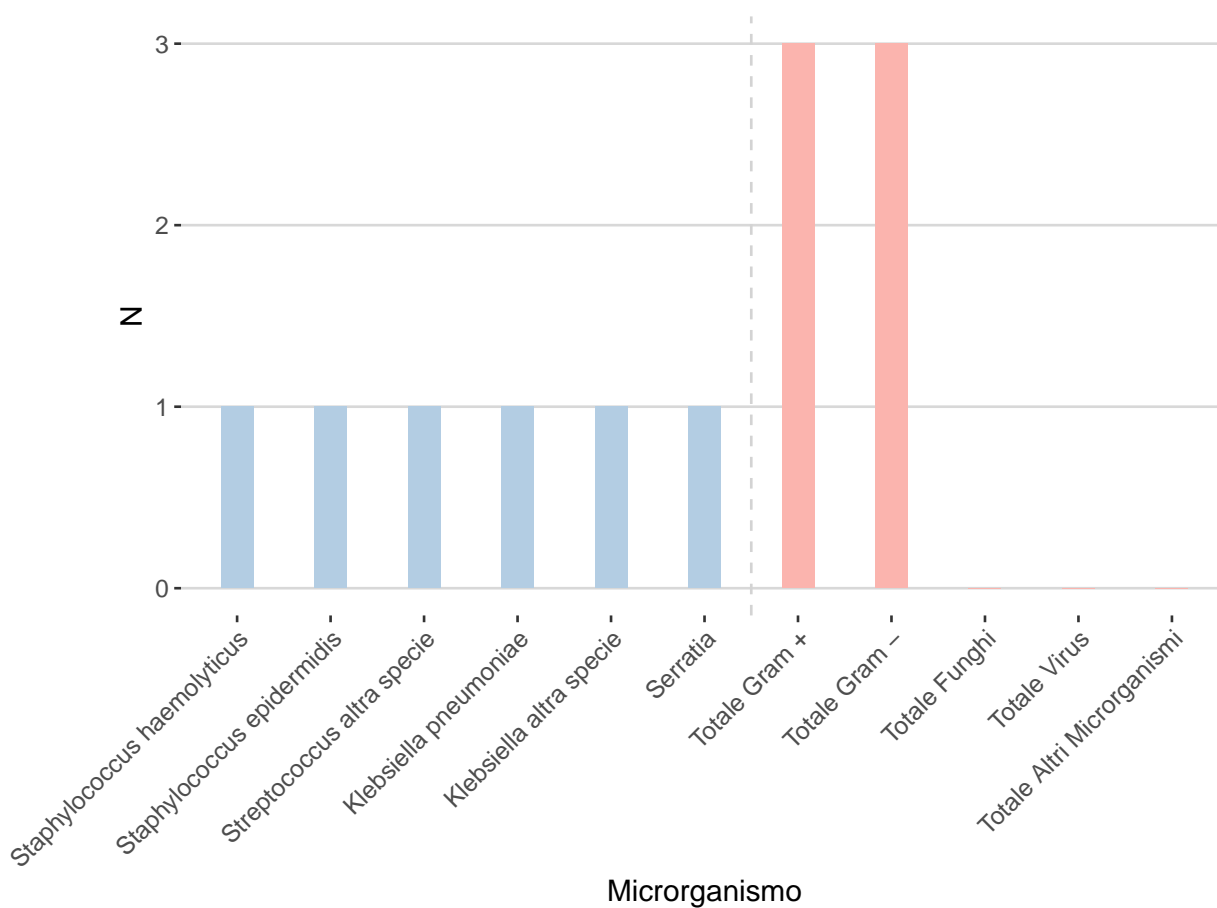


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 6)

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. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

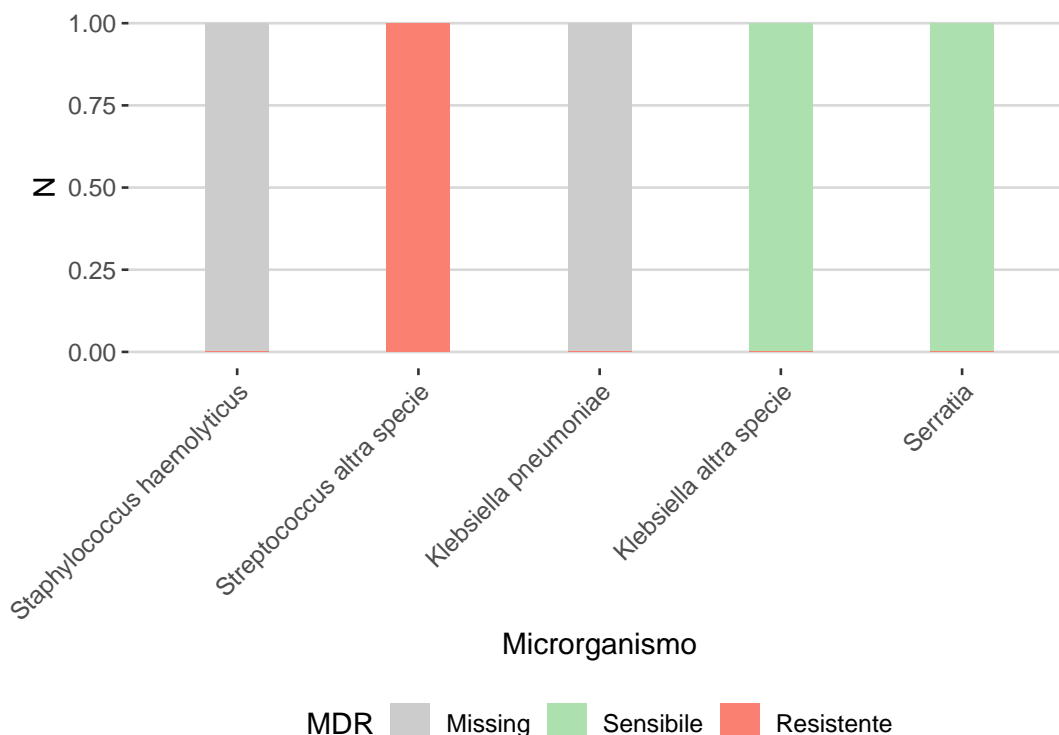
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	16.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	16.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	16.7	1	1	100
Totale Gram +	3	50.0	1	1	100
Klebsiella pneumoniae	1	16.7	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	16.7	1	0	0
Serratia	1	16.7	1	0	0
Totale Gram -	3	50.0	2	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	16.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	16.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	16.7	1	1	100
Totale Gram +	3	50.0	1	1	100
Klebsiella pneumoniae	1	16.7	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	16.7	1	0	0

Serratia	1	16.7	1	0	0
Totale Gram -	3	50.0	2	0	0
Totale Funghi	0	0.0	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, 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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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	%
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100

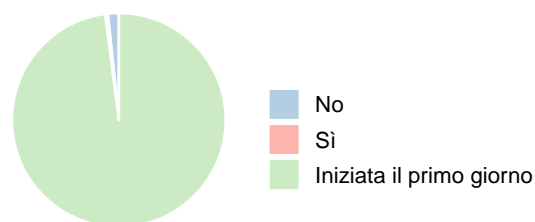
17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

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

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

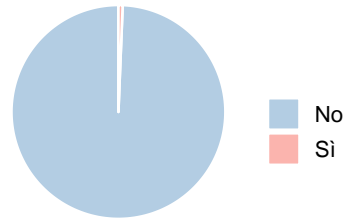
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 25)

18.1 Catetere urinario (N = 3937)



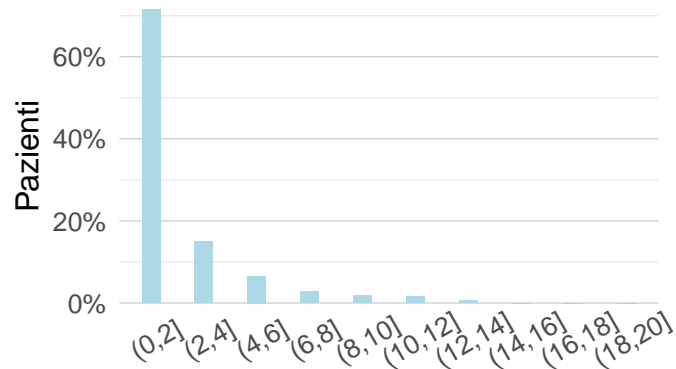
Catetere urinario	N	%
No	65	1.7
Sì	3871	98.3
Iniziata il primo giorno	3855	97.9
Missing	1	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	3904	99.4
Si	25	0.6
Missing	8	0

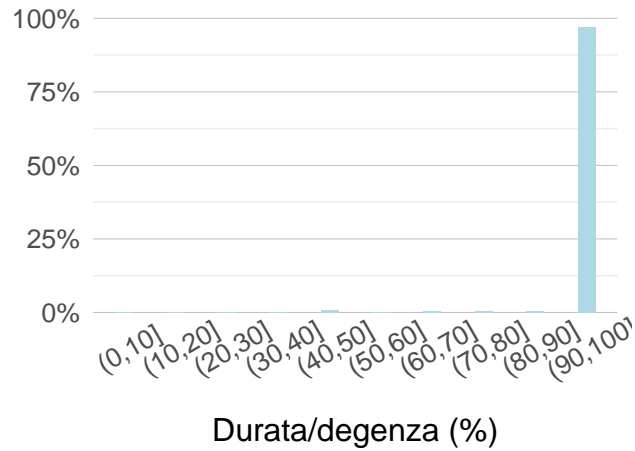
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

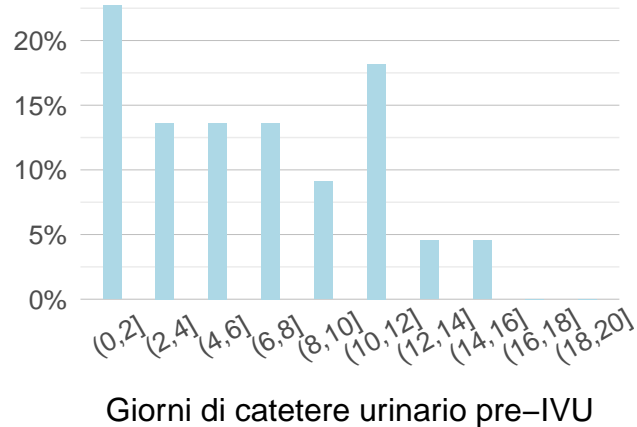
Indicatore	Valore
Media (DS)	3.8 (7.5)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	13

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	99.0 (6.5)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	14

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	25
Media (DS)	8.2 (7.5)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-11)
Missing	0

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	1.8	1.3 %
CI (95%)	1.2 - 2.6	0.8 - 1.9

È possibile calcolare due indicatori di incidenza per i casi di infezione alle vie urinarie catetere correlate.

Il primo:

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

dove la variabile *Giornate con catetere urinario pre-IVU* è pari alla somma delle giornate di tutti i pazienti ammessi in reparto che hanno avuto catetere urinario. È quindi pari alle giornate con catetere urinario per i pazienti non infetti e alla differenza tra il giorno di insorgenza della IVU e il primo giorno di catetere urinario per i pazienti infetti.

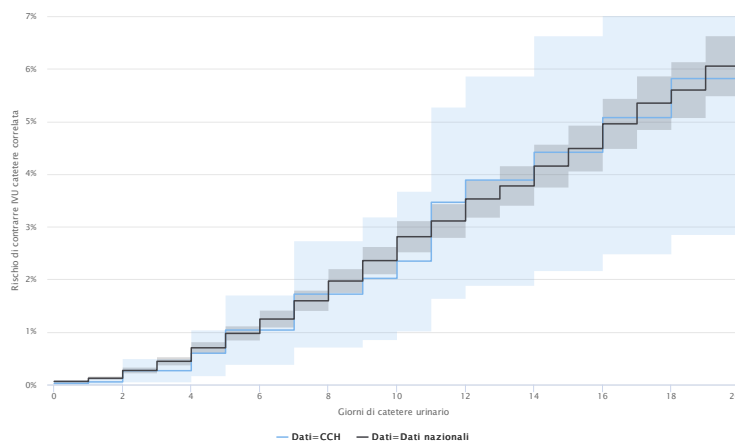
Il secondo invece:

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

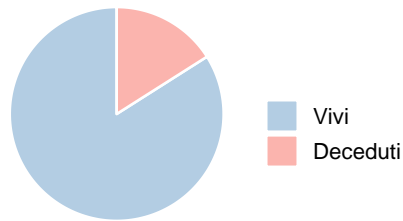
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

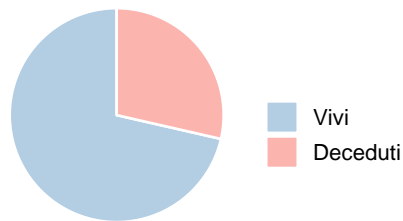


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	21	84.0
Deceduti	4	16.0
Missing	0	0

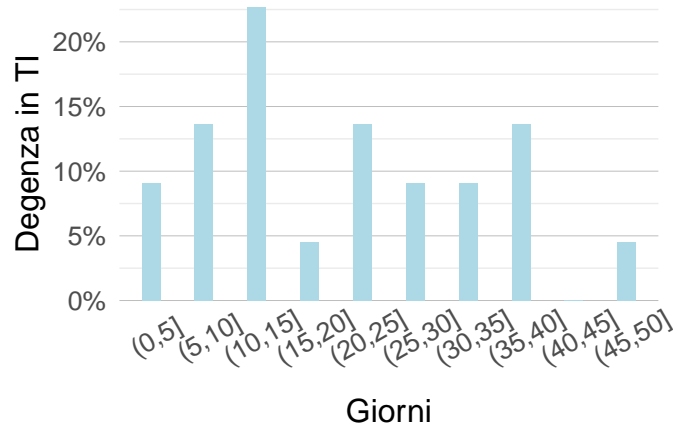
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	15	71.4
Deceduti	6	28.6
Missing	0	0

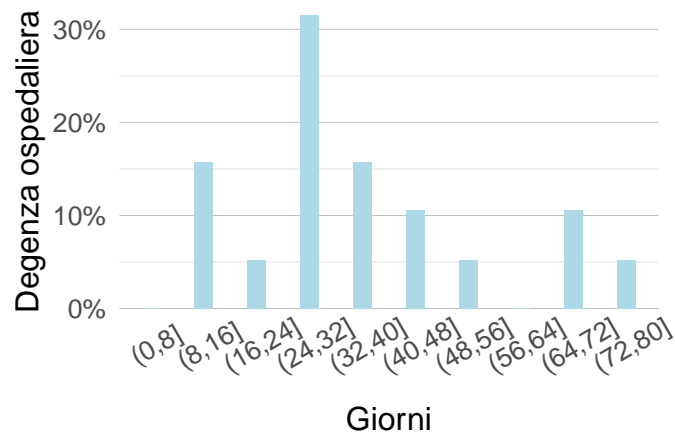
* Statistiche calcolate su 21 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.7 (15.1)
Mediana (Q1-Q3)	23 (12-37)
Missing	0

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.1 (22.4)
Mediana (Q1-Q3)	34 (26-53)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 21 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

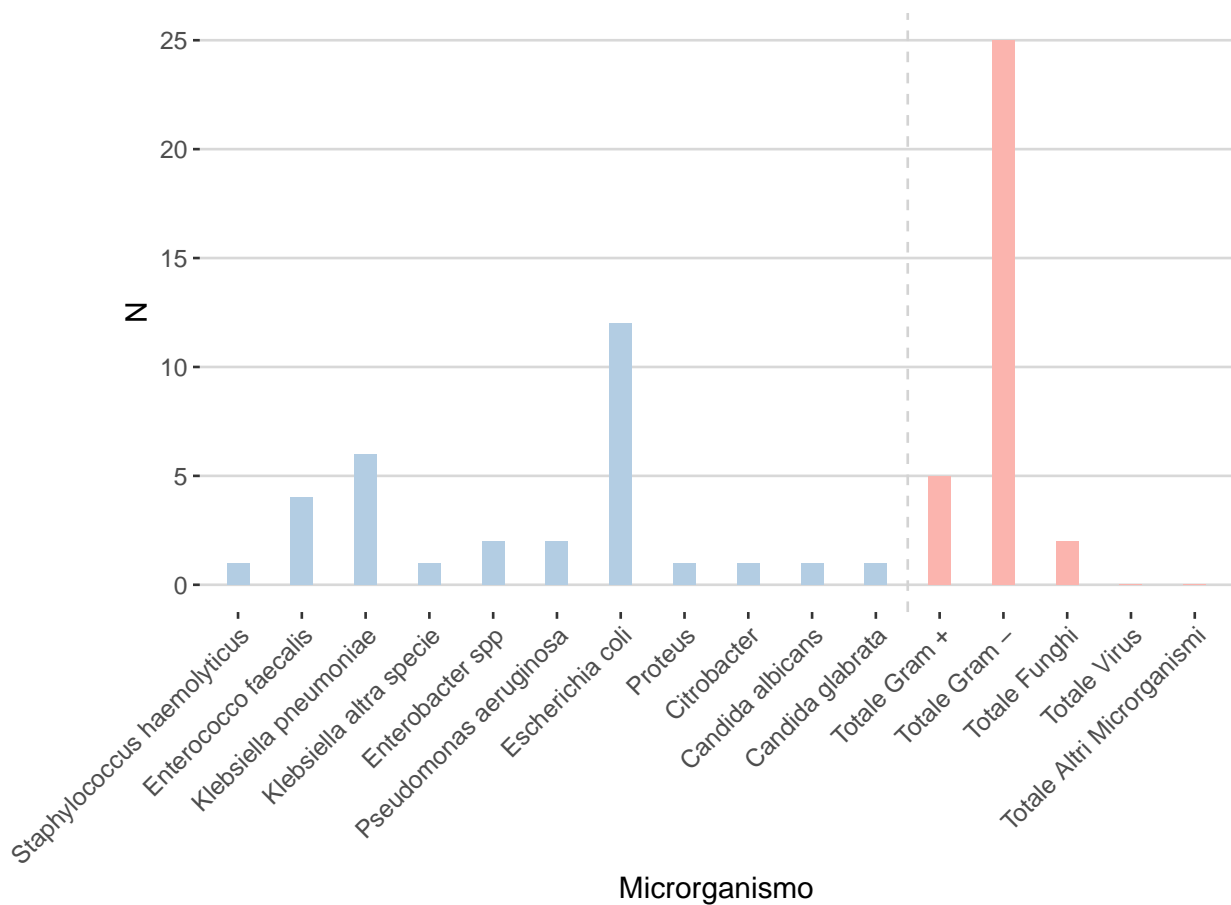
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	25	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	25	
Totale microrganismi isolati	32	

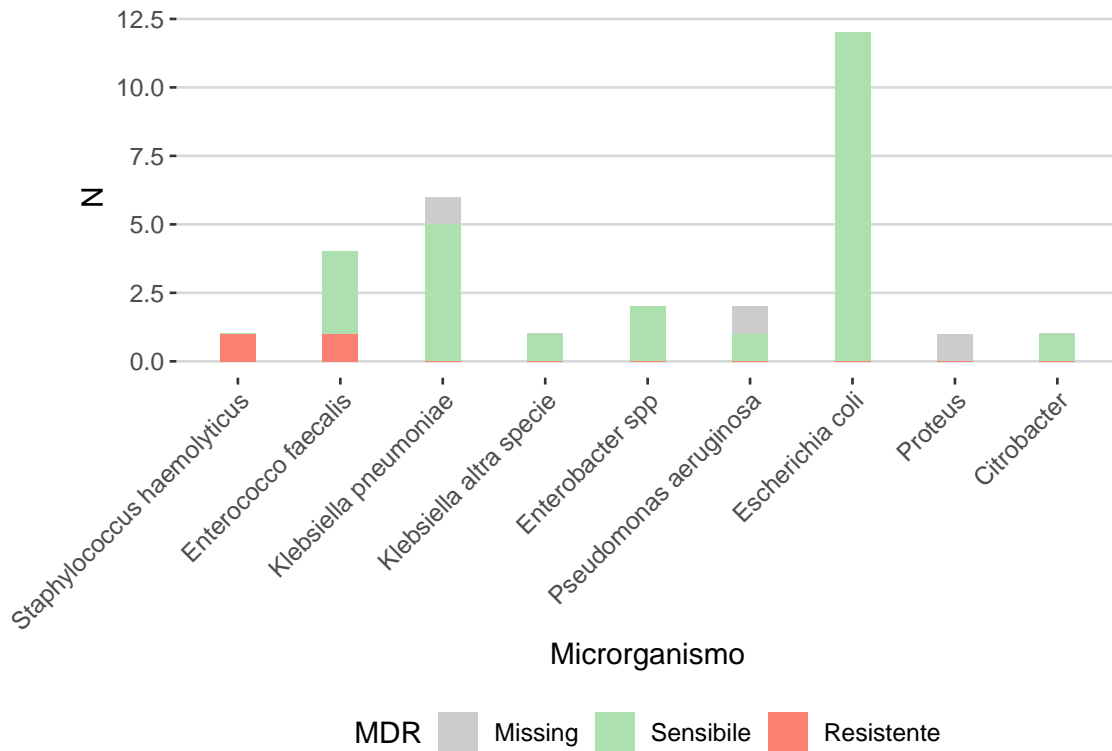
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	4	1	1	100
Enterococco faecalis	4	16	4	1	25
Totale Gram +	5	20	5	2	40
Klebsiella pneumoniae	6	24	5	0	0
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	2	8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8	1	0	0
Escherichia coli	12	48	12	0	0
Proteus	1	4	0	0	0
Citrobacter	1	4	1	0	0
Totale Gram -	25	100	22	0	0
Candida albicans	1	4	0	0	0
Candida glabrata	1	4	0	0	0
Totale Funghi	2	8	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



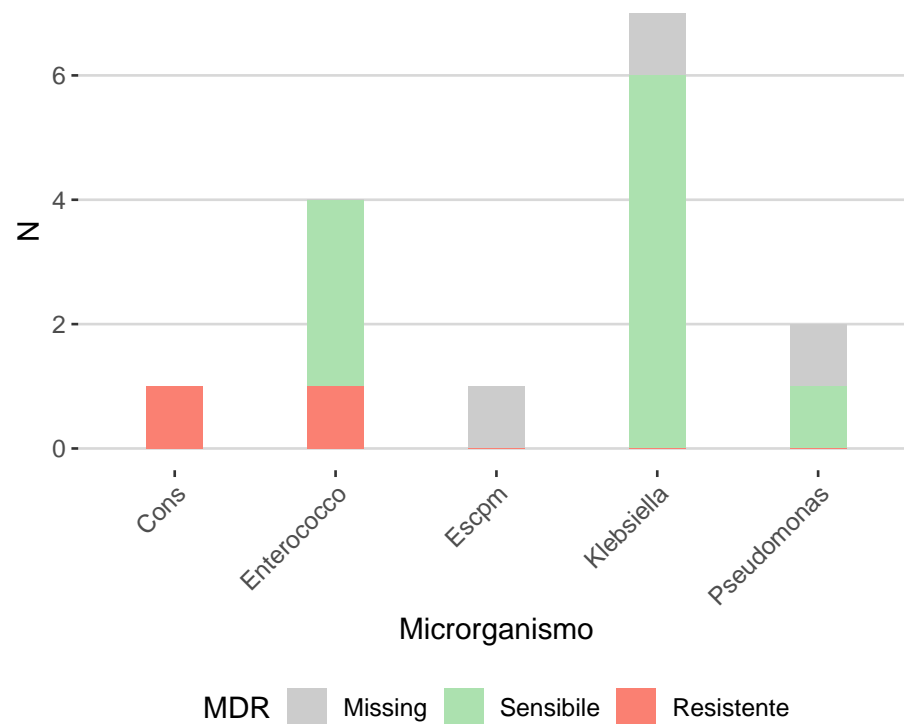
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	4	1	1	100
Enterococco faecalis	4	16	4	1	25
Totale Gram +	5	20	5	2	40
Klebsiella pneumoniae	6	24	5	0	0
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	2	8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8	1	0	0
Escherichia coli	12	48	12	0	0
Proteus	1	4	0	0	0
Citrobacter	1	4	1	0	0
Totale Gram -	25	100	22	0	0
Candida albicans	1	4	0	0	0
Candida glabrata	1	4	0	0	0
Totale Funghi	2	8	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	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 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecium, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Acinetobacter, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100	0
Enterococco	4	4	3	1	25	0
Escpm	1	0	0	0	NaN	1
Klebsiella	7	6	6	0	0	1
Pseudomonas	2	1	1	0	0	1

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

18.9.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti con IVU catetere correlata

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

Enterococco faecalis	4	Vancomicina	1	25
----------------------	---	-------------	---	----

18.9.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con IVU da catere

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	17	

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