



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Marche TI

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

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 = 1019)	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 = 421)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 591)	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 = 361)	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)	28
5.6 Infezione multisito	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	29
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	30
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 72)	36
6.1 Tipologia di peritonite	36
6.2 Tipo di infezione	36
6.3 Infezione batteriémica	36
6.4 Infezioni multisito	37
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	37
6.6 Mortalità in TI	38
6.7 Mortalità ospedaliera *	38
6.8 Degenza in TI (giorni)	39
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	39
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	39
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 151)	44
7.1 Trauma	44
7.2 Stato Chirurgico	44
7.3 Tipo di infezione	44
7.4 Infezione batteriémica	45
7.5 Infezioni multisito	45
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	45
7.7 Mortalità in TI	46
7.8 Mortalità ospedaliera *	46
7.9 Degenza in TI (giorni)	47
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	47
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	47
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	52
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	58
8 Pazienti infetti in degenza (N = 121)	59
8.1 Sesso	59
8.2 Età	59
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	60
8.4 Provenienza (reparto)	60
8.5 Trauma	61
8.6 Stato Chirurgico	61
8.7 Motivo di ammissione	61
8.8 Insufficienza neurologica	62
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	62
8.10 Insufficienza neurologica insorta	63
8.11 Mortalità in TI	63
8.12 Mortalità ospedaliera *	63
8.13 Degenza in TI (giorni)	64
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	64

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	65
8.16	Infezione multisito	66
8.17	Infezioni in degenza	66
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	66
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	67
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	68
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	69
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 61)	75
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	75
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 60)	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 = 53)	87
11.1	Trauma	87
11.2	Stato Chirurgico	87
11.3	Infezione batteriémica	87
11.4	Infezioni multisito	88
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	88
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	88
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 50)	89
12.1	VAP precoce	89
12.2	Diagnosi	89
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	90
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 1019)	90
12.5	Giorni di VM pre-VAP	92
12.6	Incidenza di VAP	92
12.7	Mortalità in TI	93
12.8	Mortalità ospedaliera *	93
12.9	Degenza in TI (giorni)	94
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	94
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	95
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	99
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	102
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 16)	106
13.1	Trauma	106
13.2	Stato Chirurgico	106
13.3	Tipologia	106
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	107
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	107
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 3)	111
14.1	Infezioni multisito	111
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	111
14.3	Mortalità in TI	112
14.4	Mortalità ospedaliera *	112
14.5	Degenza in TI (giorni)	113
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	113
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	114

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 6)	116
15.1	Infezione multisito	116
15.2	Fattori di rischio	116
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	118
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	118
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	119
15.6	Mortalità in TI	119
15.7	Mortalità ospedaliera *	120
15.8	Degenza in TI (giorni)	120
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	121
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	121
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 8)	125
16.1	Infezioni associate (top 10)	125
16.2	Mortalità in TI	125
16.3	Mortalità ospedaliera *	126
16.4	Degenza in TI (giorni)	126
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	127
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	127
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 2)	131
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	131
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 25)	133
18.1	Catetere urinario (N = 1019)	133
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	133
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	135
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	135
18.5	Mortalità in TI	136
18.6	Mortalità ospedaliera *	136
18.7	Degenza in TI (giorni)	137
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	137
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	138
Appendice		142
	Definizione di MDR	142
	Raggruppamento Microrganismi	142

Petalo Infectionlight

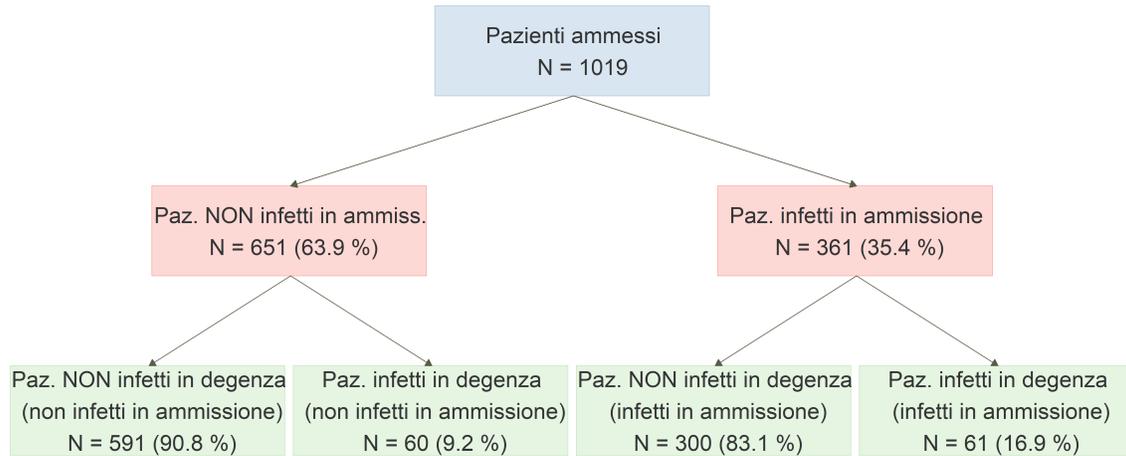
Anno 2022

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

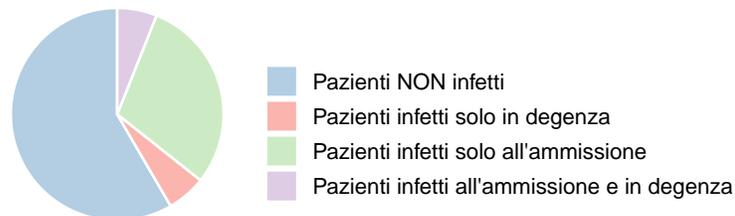
Popolazione complessiva: 6 TI

TI Marche

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



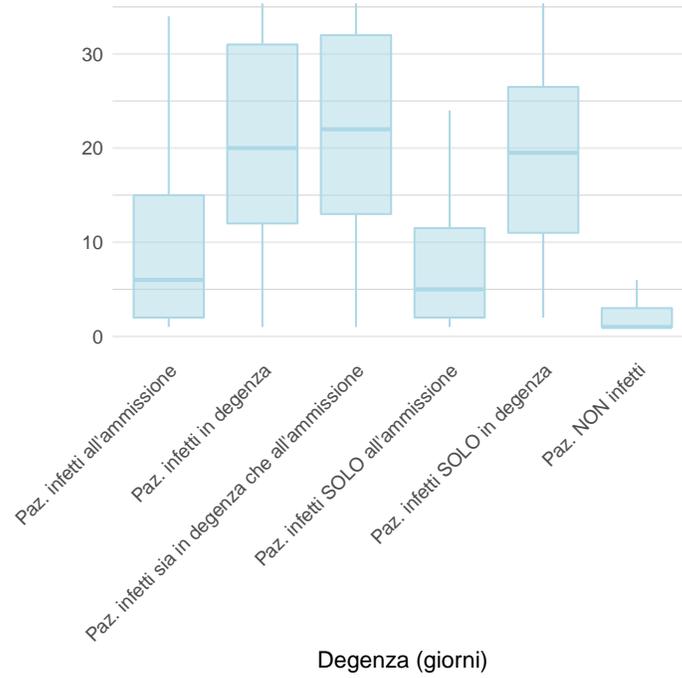
Per N = 7 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	591	58.4
Pazienti infetti solo in degenza	60	5.9
Pazienti infetti solo all'ammissione	300	29.6
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	61	6.0

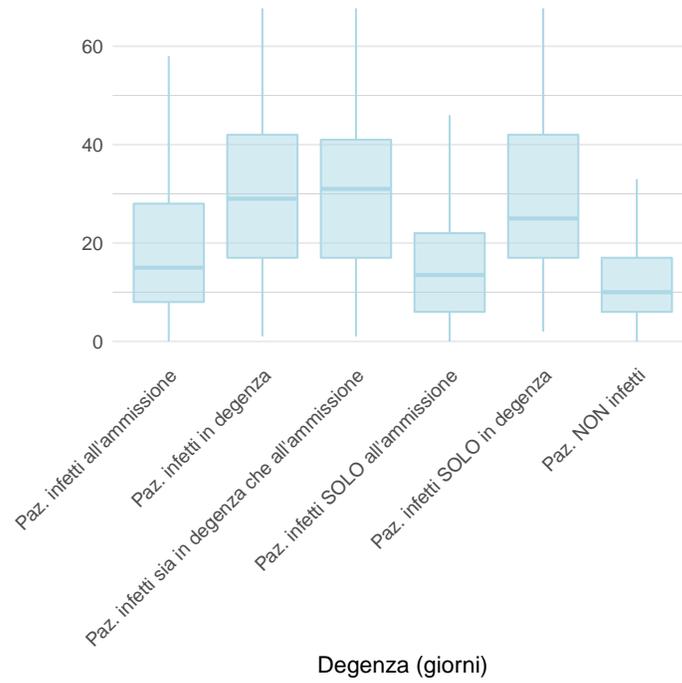
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1012).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	591	58.0	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	300	29.4	5	(2 - 12)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	61	6.0	22	(13 - 32)
Pazienti infetti SOLO in degenza	60	5.9	20	(11 - 26)
Pazienti infetti all'ammissione	361	35.4	6	(2 - 15)
Pazienti infetti in degenza	121	11.9	20	(12 - 31)

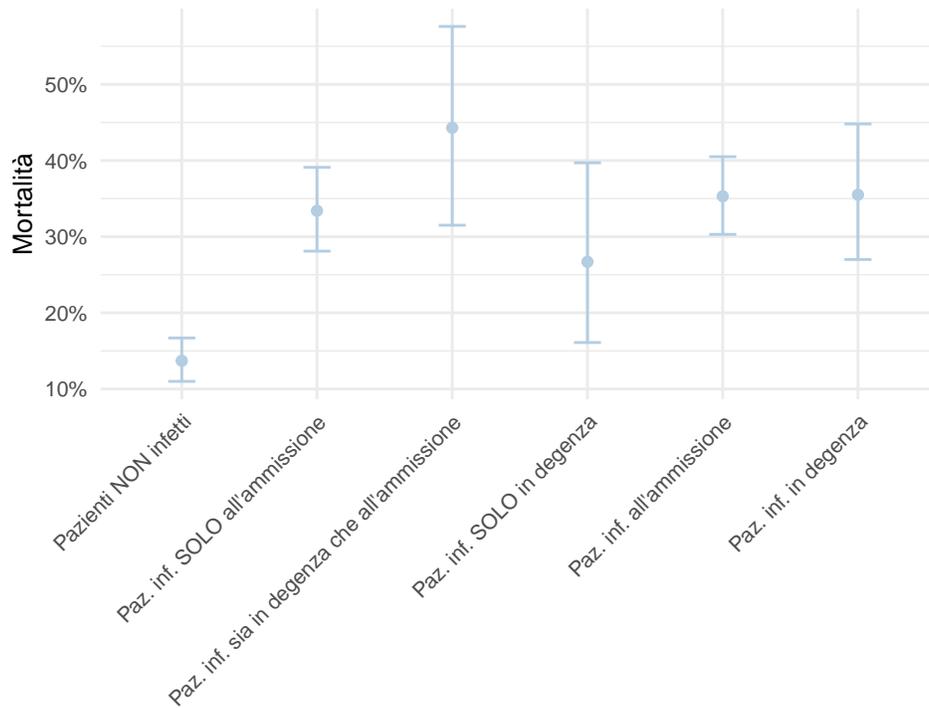
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	591	58.0	10	(6 - 17)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	300	29.4	14	(6 - 22)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	61	6.0	31	(17 - 41)
Pazienti infetti SOLO in degenza	60	5.9	25	(17 - 42)
Pazienti infetti all'ammissione	361	35.4	15	(8 - 28)
Pazienti infetti in degenza	121	11.9	29	(17 - 42)

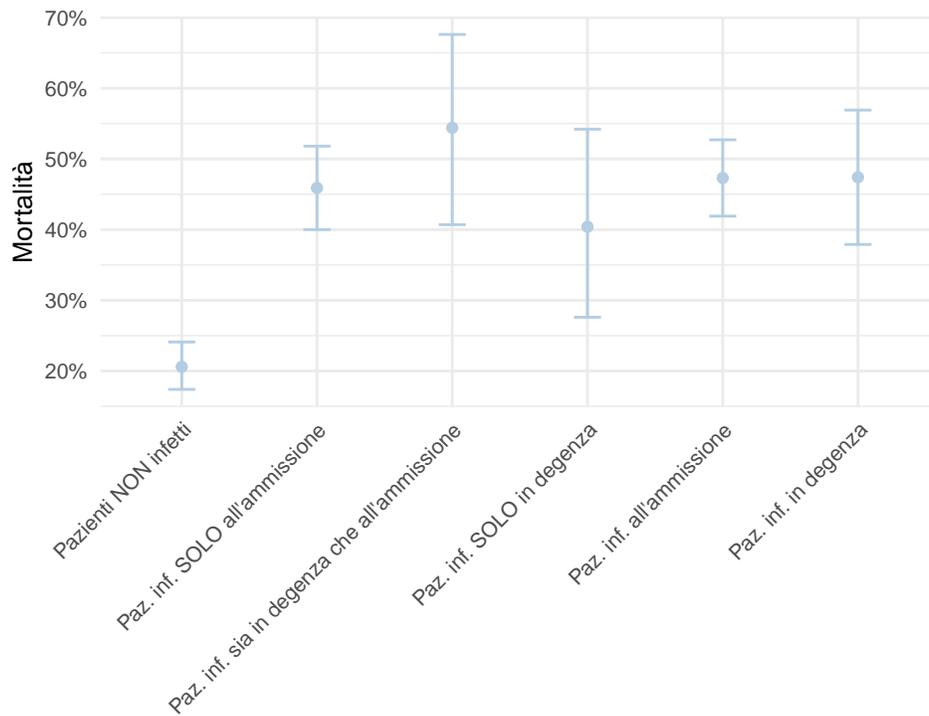
* escluse le riammissioni (N = 18)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	591	81	13.7	(11 - 16.7)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	300	100	33.4	(28.1 - 39.1)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	61	27	44.3	(31.5 - 57.6)
Pazienti infetti SOLO in degenza	60	16	26.7	(16.1 - 39.7)
Pazienti infetti all'ammissione	361	127	35.3	(30.3 - 40.5)
Pazienti infetti in degenza	121	43	35.5	(27 - 44.8)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

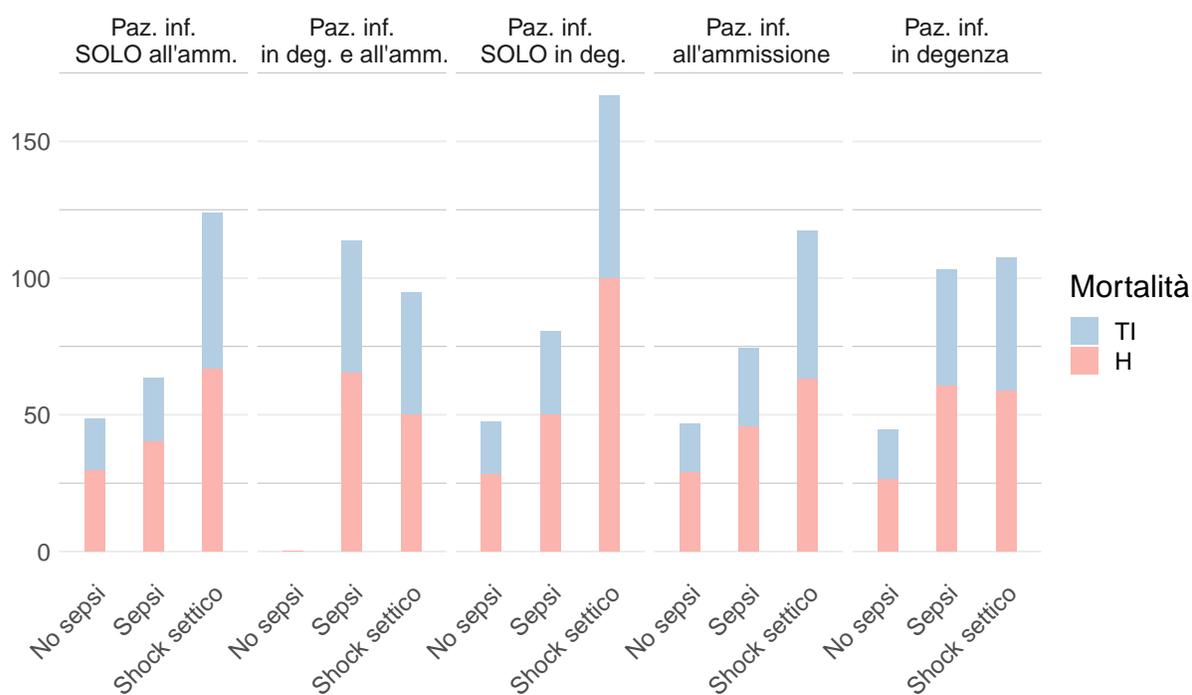


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	591	120	20.6	(17.4 - 24.1)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	300	133	45.9	(40 - 51.8)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	61	31	54.4	(40.7 - 67.6)
Pazienti infetti SOLO in degenza	60	23	40.4	(27.6 - 54.2)
Pazienti infetti all'ammissione	361	164	47.3	(41.9 - 52.7)
Pazienti infetti in degenza	121	54	47.4	(37.9 - 56.9)

* escluse le riammissioni (N = 18)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	300	98	99	103	32.7	33.0	34.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	61	3	29	29	4.9	47.5	47.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	60	41	13	6	68.3	21.7	10.0
Pazienti infetti all'ammissione	361	101	128	132	28.0	35.5	36.6
Pazienti infetti in degenza	121	44	42	35	36.4	34.7	28.9



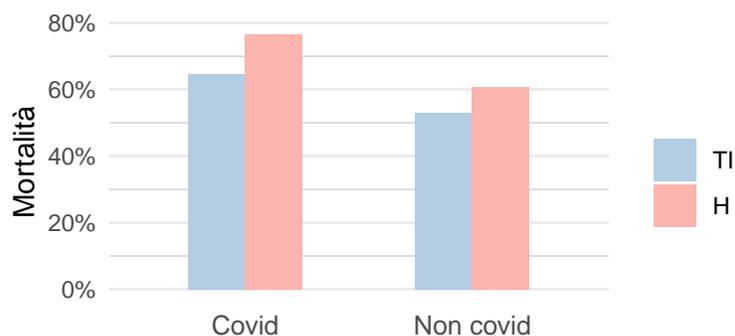
Mortalità - Pazienti senza sepsi							
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)	
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	98	18	18.6	95	28	29.8	
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3	0	0.0	3	0	0.0	
Pazienti infetti SOLO in degenza	41	8	19.5	39	11	28.2	
Pazienti infetti all'ammissione	101	18	18.0	98	28	28.9	
Pazienti infetti in degenza	44	8	18.2	42	11	26.2	

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	99	23	23.2	98	39	40.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	29	14	48.3	27	17	65.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	13	4	30.8	12	6	50.0
Pazienti infetti all'ammissione	128	37	28.9	125	56	45.5
Pazienti infetti in degenza	42	18	42.9	39	23	60.5

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	103	59	57.3	100	66	66.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	29	13	44.8	28	14	50.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	6	4	66.7	6	6	100.0
Pazienti infetti all'ammissione	132	72	54.5	128	80	63.0
Pazienti infetti in degenza	35	17	48.6	34	20	58.8

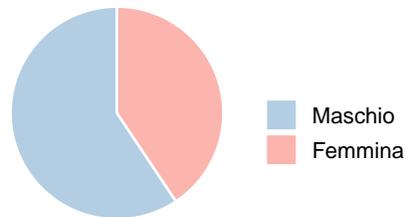
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	17	11	64.7	17	13	76.5
Non covid	115	61	53.0	111	67	60.9

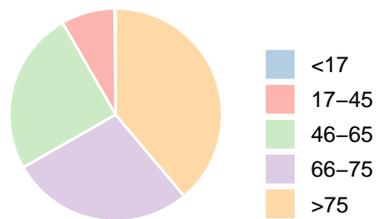
2 Tutti i pazienti (N = 1019)

2.1 Sesso



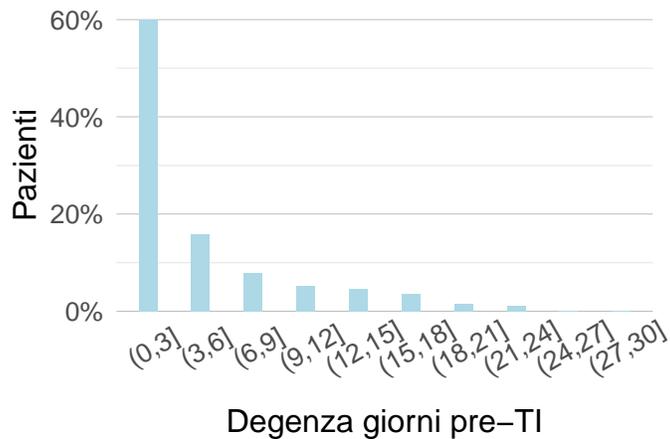
Sesso	N	%
Maschio	605	59.4
Femmina	414	40.6
Missing	0	0

2.2 Età



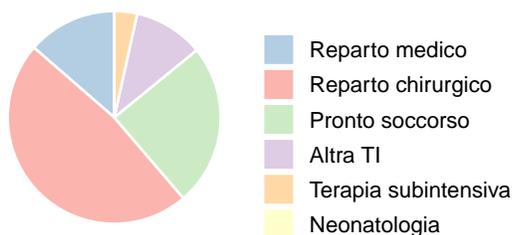
Range età	N	%
<17	2	0.2
17-45	83	8.1
46-65	254	24.9
66-75	284	27.9
>75	396	38.9
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



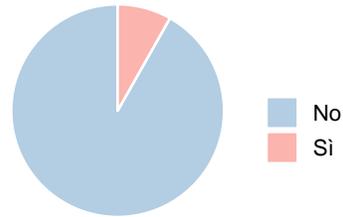
Indicatore	Valore
Media	4.9
DS	10.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	5

2.4 Provenienza (reparto)



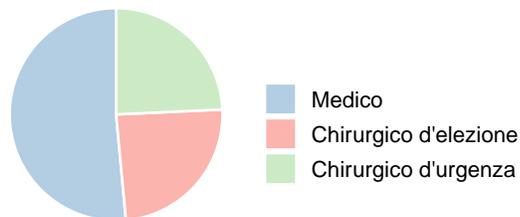
Provenienza	N	%
Reparto medico	137	13.6
Reparto chirurgico	480	47.7
Pronto soccorso	248	24.6
Altra TI	107	10.6
Terapia subintensiva	35	3.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	12	0

2.5 Trauma



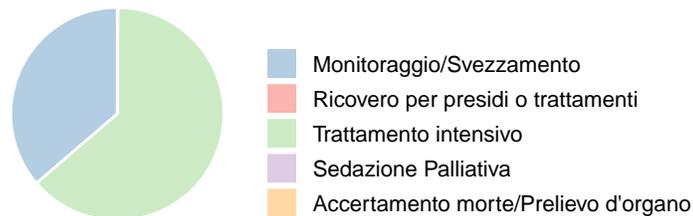
Trauma	N	%
No	931	91.8
Si	83	8.2
Missing	5	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	522	51.5
Chirurgico d'elezione	246	24.3
Chirurgico d'urgenza	246	24.3
Missing	5	0

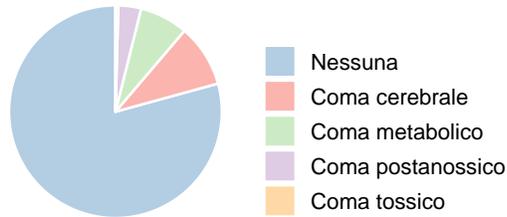
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	368	36.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

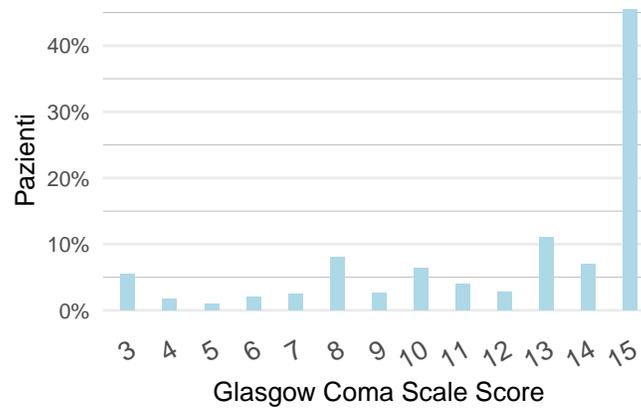
Trattamento intensivo	645	63.6
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	5	0

2.8 Insufficienza neurologica



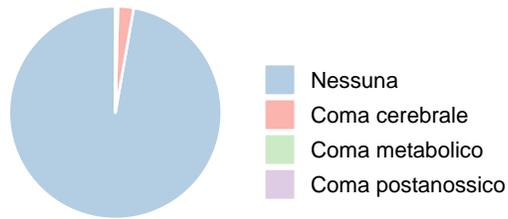
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	734	79.3
Coma cerebrale	88	9.5
Coma metabolico	68	7.3
Coma postanossico	32	3.5
Coma tossico	4	0.4
Missing	93	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



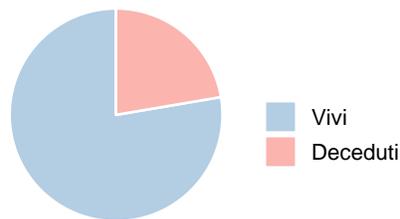
Indicatore	Valore
Media	12.1
DS	3.7
Mediana	14
Q1-Q3	10-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



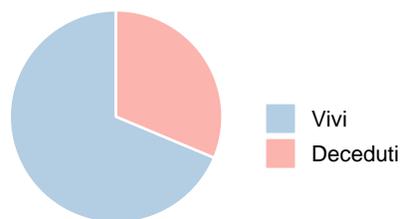
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	985	97.3
Coma cerebrale	24	2.4
Coma metabolico	2	0.2
Coma postanossico	2	0.2
Missing	7	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	790	77.7
Deceduti	227	22.3
Missing	2	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

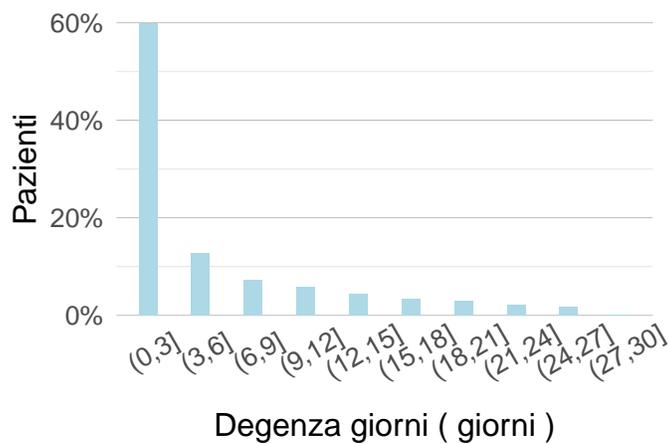


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	682	68.7

Deceduti	311	31.3
Missing	7	0

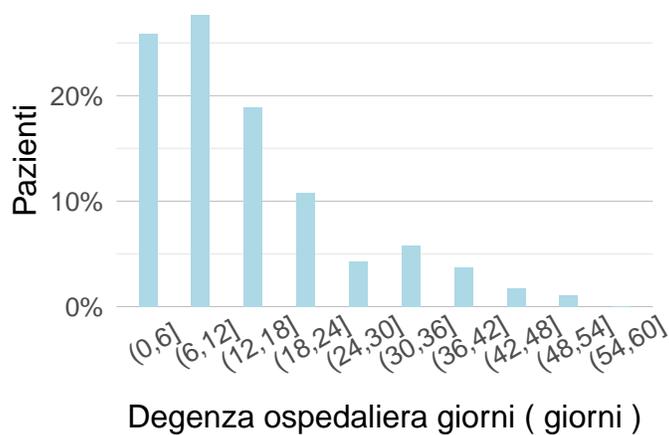
* Statistiche calcolate su 1000 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 19).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.1 (9.9)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-9)
Missing	2

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

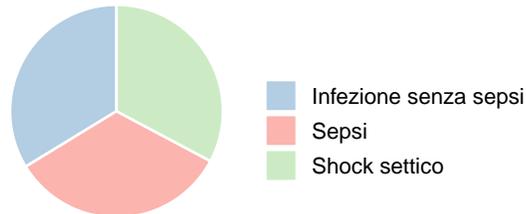


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.6 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-22)
Missing	11

* Statistiche calcolate su 1000 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 19).

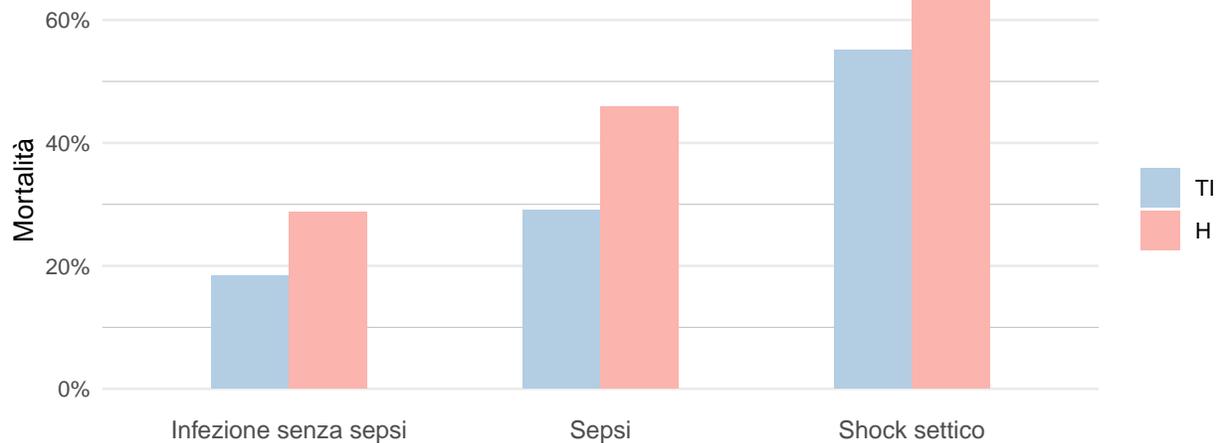
3 Pazienti infetti (N = 421)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	142	33.7
Sepsi	141	33.5
Shock settico	138	32.8
Missing	0	0

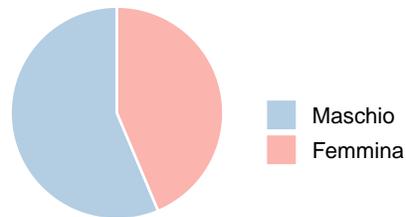
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	18.4	28.7
Sepsi	29.1	45.9
Shock settico	55.1	64.7

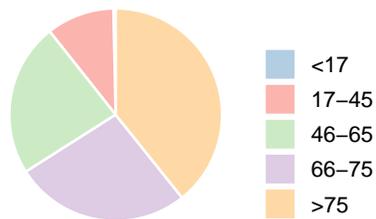
4 Pazienti non infetti (N = 591)

4.1 Sesso



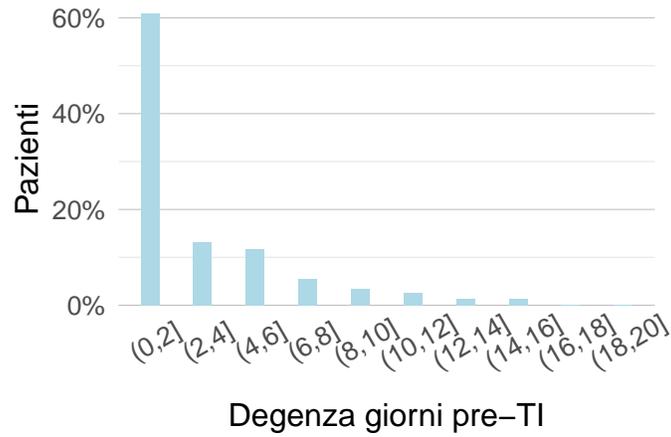
Sesso	N	%
Maschio	333	56.3
Femmina	258	43.7
Missing	0	0

4.2 Età



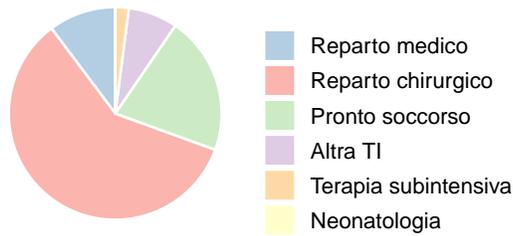
Range età	N	%
<17	2	0.3
17-45	61	10.3
46-65	138	23.4
66-75	158	26.7
>75	232	39.3
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



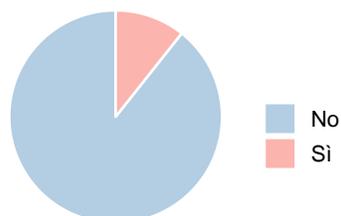
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	9.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	0

4.4 Provenienza (reparto)



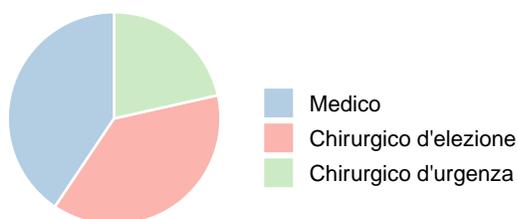
Provenienza	N	%
Reparto medico	60	10.2
Reparto chirurgico	347	59.2
Pronto soccorso	123	21.0
Altra TI	44	7.5
Terapia subintensiva	12	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	528	89.3
Si	63	10.7
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	240	40.6
Chirurgico d'elezione	224	37.9
Chirurgico d'urgenza	127	21.5
Missing	0	0

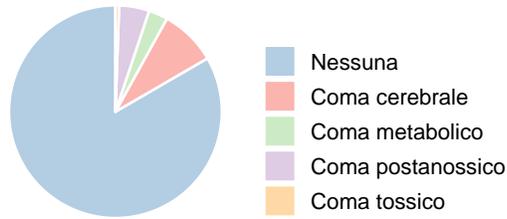
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	316	53.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

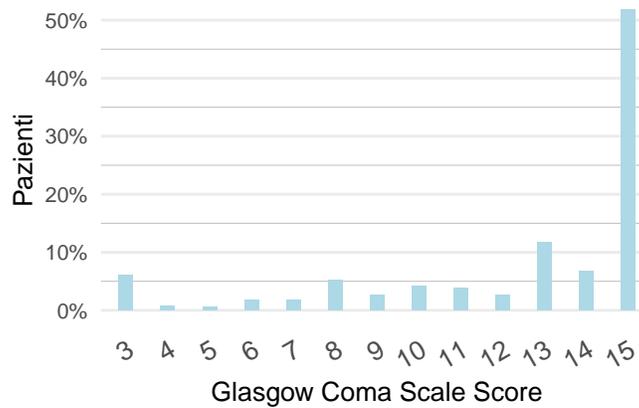
Trattamento intensivo	274	46.4
Sedazione Palliativa	1	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

4.8 Insufficienza neurologica



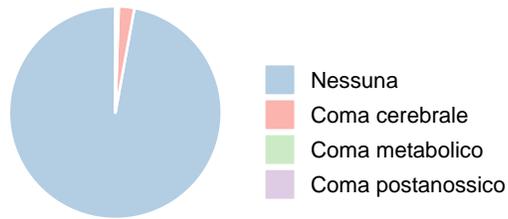
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	456	83.4
Coma cerebrale	47	8.6
Coma metabolico	16	2.9
Coma postanossico	25	4.6
Coma tossico	3	0.5
Missing	44	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



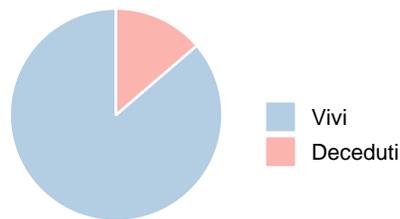
Indicatore	Valore
Media	10.5
DS	3.6
Mediana	13
Q1-Q3	9-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



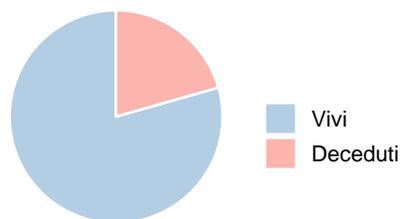
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	575	97.3
Coma cerebrale	14	2.4
Coma metabolico	1	0.2
Coma postanossico	2	0.3
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	510	86.3
Deceduti	81	13.7
Missing	0	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

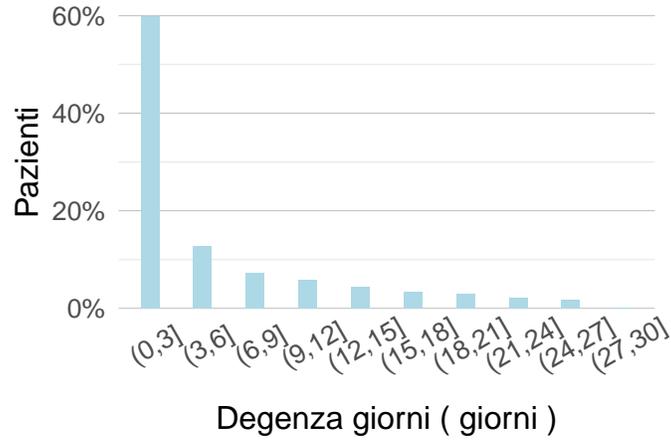


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	463	79.4

Deceduti	120	20.6
Missing	2	0

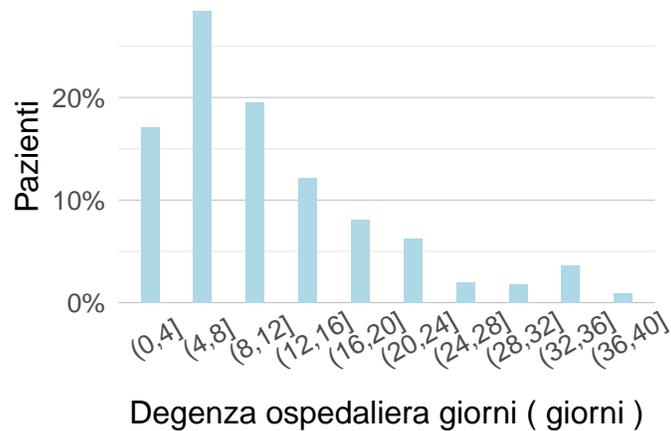
* Statistiche calcolate su 585 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.5 (5.1)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	0

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

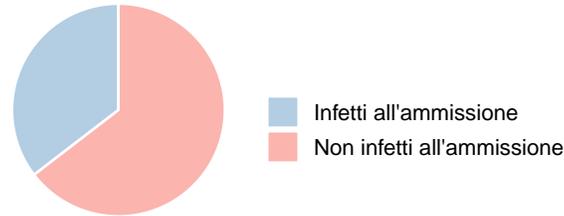


Indicatore	Valore
Media (DS)	14.0 (14.0)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-17)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 585 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 6$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

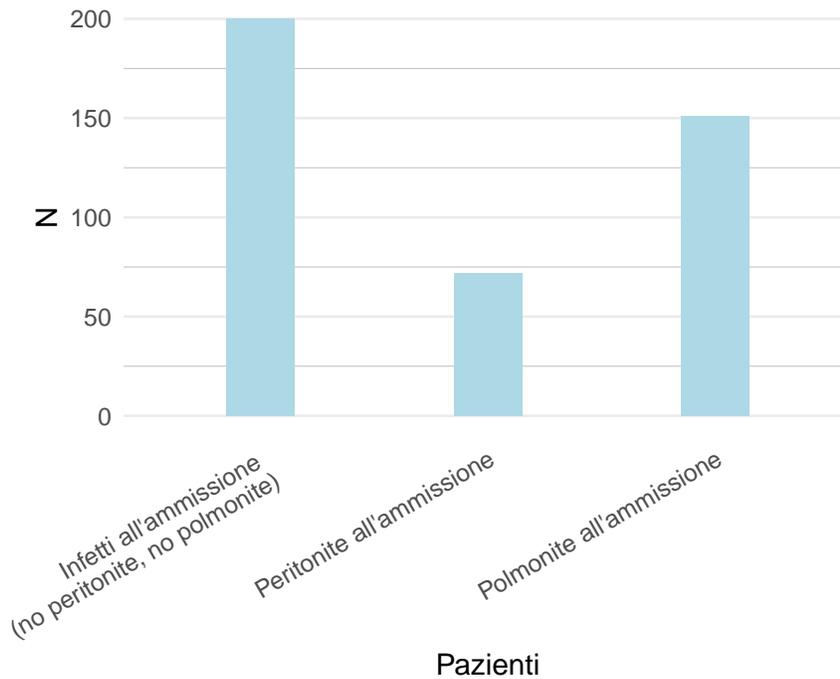
Sono presenti 361 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 35.43% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	361	35.43
Non infetti all'ammissione	658	64.57

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1019).

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

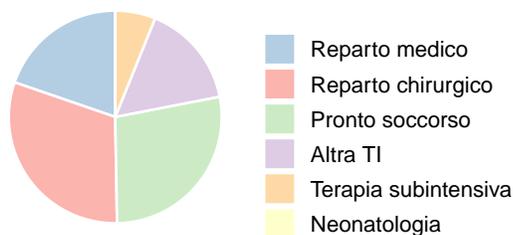


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	200	55.40
Peritonite all'ammissione	72	19.94
Polmonite all'ammissione	151	41.83

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 361).

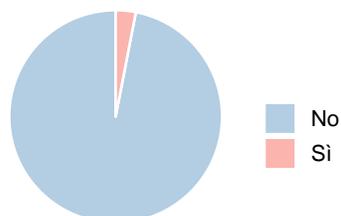
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 361)

5.1 Provenienza (reparto)



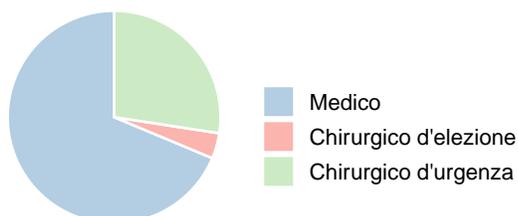
Provenienza	N	%
Reparto medico	71	19.7
Reparto chirurgico	110	30.6
Pronto soccorso	100	27.8
Altra TI	57	15.8
Terapia subintensiva	22	6.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

5.2 Trauma



Trauma	N	%
No	350	97.0
Sì	11	3.0
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



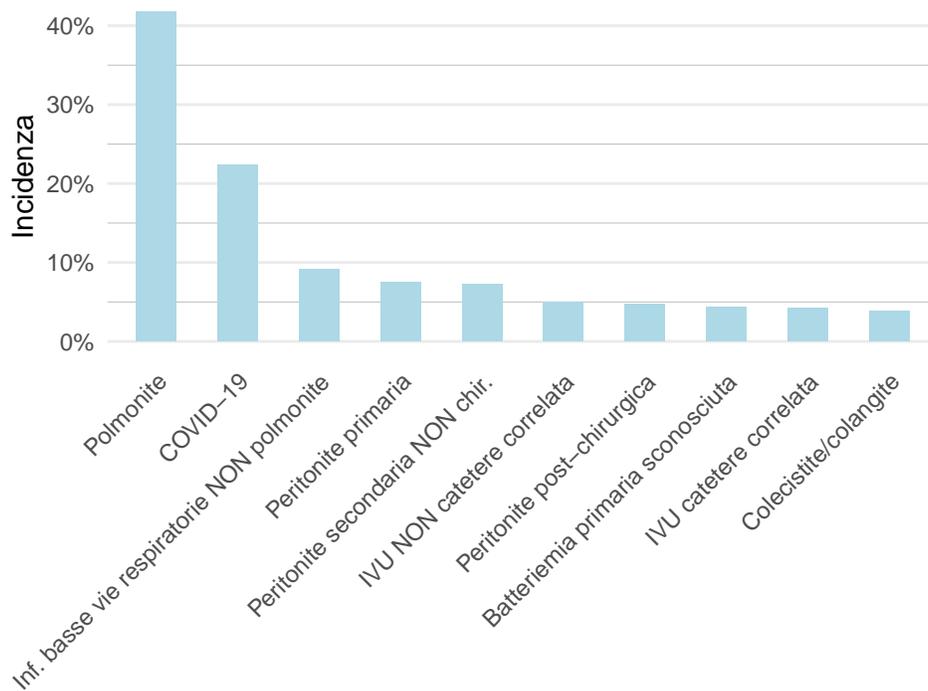
Stato chirurgico	N	%
Medico	248	68.7
Chirurgico d'elezione	14	3.9
Chirurgico d'urgenza	99	27.4
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	47	13.0
Trattamento intensivo	314	87.0
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

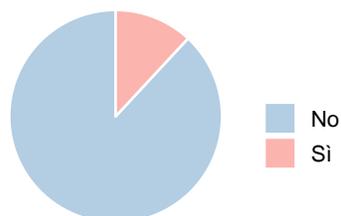
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



Infezioni (top 10)

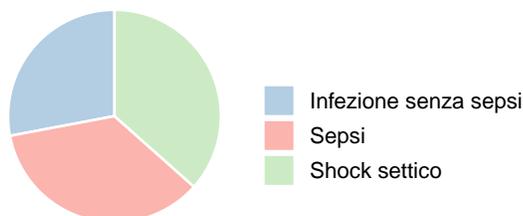
Infezione	N	%
Polmonite	151	41.8
COVID-19	81	22.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	33	9.1
Peritonite primaria	27	7.5
Peritonite secondaria NON chir.	26	7.2
IVU NON catetere correlata	18	5.0
Peritonite post-chirurgica	17	4.7
Batteriemia primaria sconosciuta	16	4.4
IVU catetere correlata	15	4.2
Colecistite/colangite	14	3.9
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	318	88.1
Si	43	11.9
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	101	28.0
Sepsi	128	35.5
Shock settico	132	36.6
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

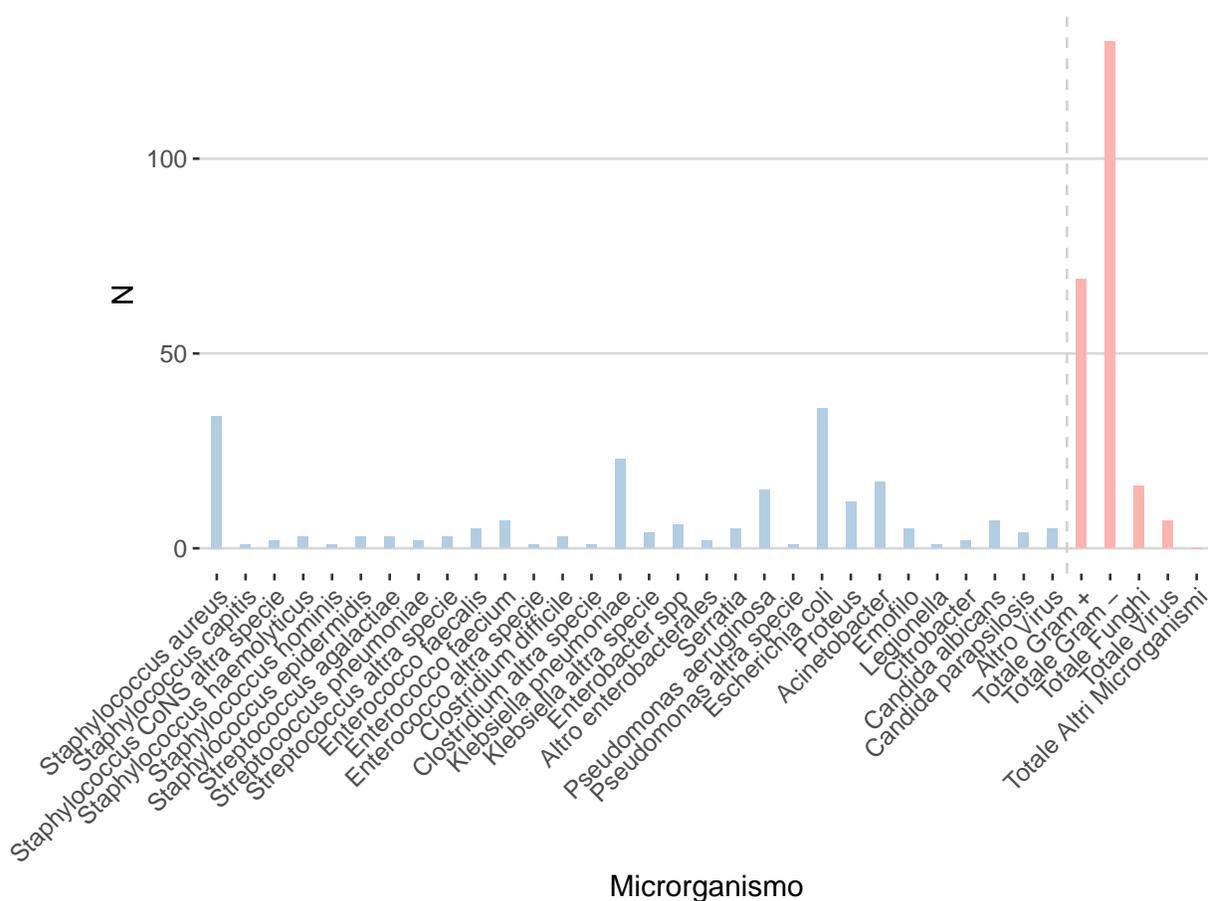
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	124	34.3
Sì	237	65.7
Missing	6	
Totale infezioni	367	
Totale microrganismi isolati	267	

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	34	14.3	25	5	20
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	1.3	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.8	1	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.3	3	0	0
Enterococco faecalis	5	2.1	5	0	0
Enterococco faecium	7	3.0	4	2	50
Enterococco altra specie	1	0.4	1	0	0
Clostridium difficile	3	1.3	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Gram +	69	29.1	42	9	21.4
Klebsiella pneumoniae	23	9.7	15	2	13.3
Klebsiella altra specie	4	1.7	3	0	0
Enterobacter spp	6	2.5	2	0	0
Altro enterobacterales	2	0.8	1	0	0
Serratia	5	2.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	6.3	9	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.4	0	0	0
Escherichia coli	36	15.2	29	0	0
Proteus	12	5.1	10	1	10
Acinetobacter	17	7.2	15	15	100
Emofilo	5	2.1	0	0	0
Legionella	1	0.4	0	0	0
Citrobacter	2	0.8	1	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	130	54.9	89	18	20.2
Candida albicans	7	3.0	0	0	0

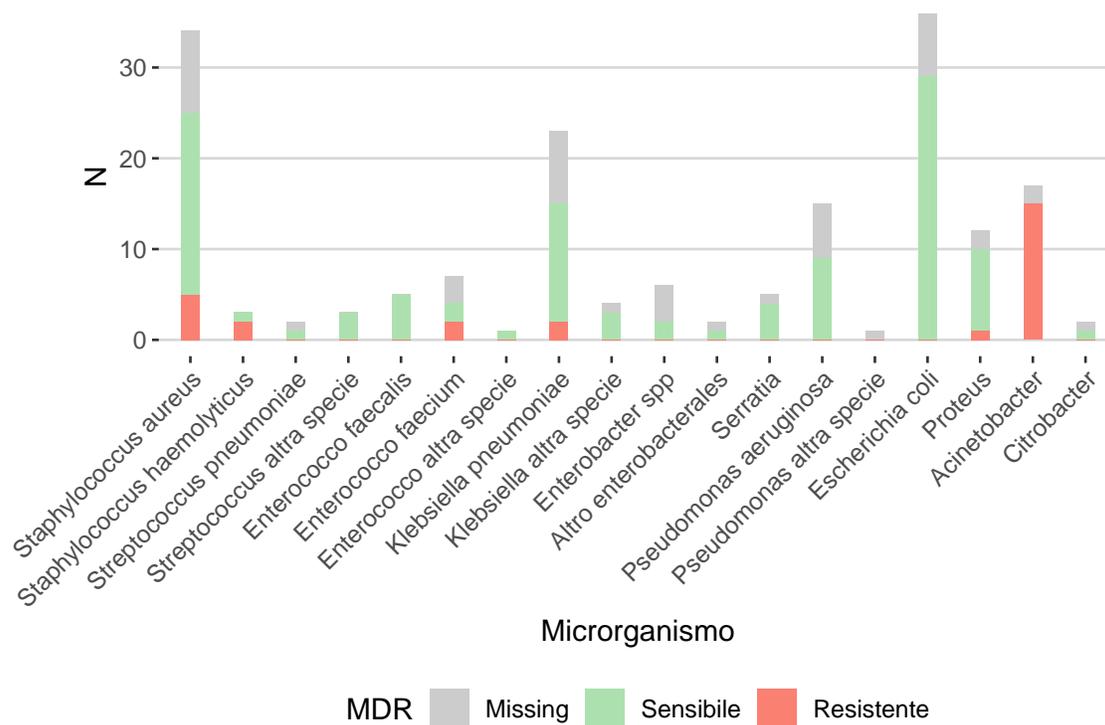
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	4	1.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Funghi	16	6.8	0	0	0
Influenza A	1	0.4			
Herpes simplex	1	0.4			
Altro Virus	5	2.1			
Totale Virus	7	3.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	34	14.3	25	5	20
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	1.3	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.8	1	0	0

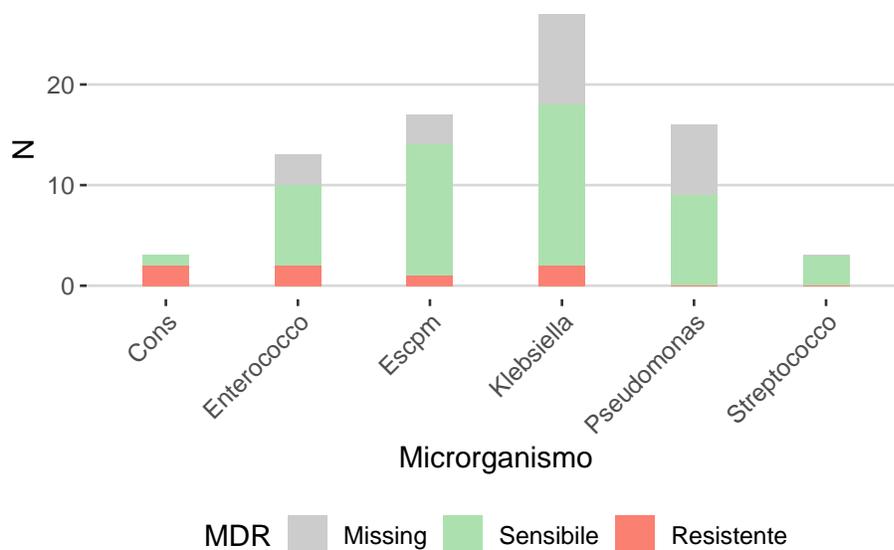
Streptococcus altra specie	3	1.3	3	0	0
Enterococco faecalis	5	2.1	5	0	0
Enterococco faecium	7	3.0	4	2	50
Enterococco altra specie	1	0.4	1	0	0
Clostridium difficile	3	1.3	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Gram +	69	29.1	42	9	21.4
Klebsiella pneumoniae	23	9.7	15	2	13.3
Klebsiella altra specie	4	1.7	3	0	0
Enterobacter spp	6	2.5	2	0	0
Altro enterobacterales	2	0.8	1	0	0
Serratia	5	2.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	6.3	9	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.4	0	0	0
Escherichia coli	36	15.2	29	0	0
Proteus	12	5.1	10	1	10
Acinetobacter	17	7.2	15	15	100
Emofilo	5	2.1	0	0	0
Legionella	1	0.4	0	0	0
Citrobacter	2	0.8	1	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
Totale Gram -	130	54.9	89	18	20.2
Candida albicans	7	3.0	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	4	1.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Funghi	16	6.8	0	0	0
Influenza A	1	0.4			
Herpes simplex	1	0.4			
Altro Virus	5	2.1			
Totale Virus	7	3.0	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*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Morganella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *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	3	3	1	2	66.67	0
Enterococco	13	10	8	2	20.00	3
Escpm	17	14	13	1	7.14	3
Klebsiella	27	18	16	2	11.11	9
Pseudomonas	16	9	9	0	0.00	7
Streptococco	3	3	3	0	0.00	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	14	Ertapenem	2	14.29
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	2	13.33
Proteus	10	Ertapenem	1	10.00
Acinetobacter	15	Imipenem	10	66.67
Acinetobacter	15	Meropenem	15	100.00

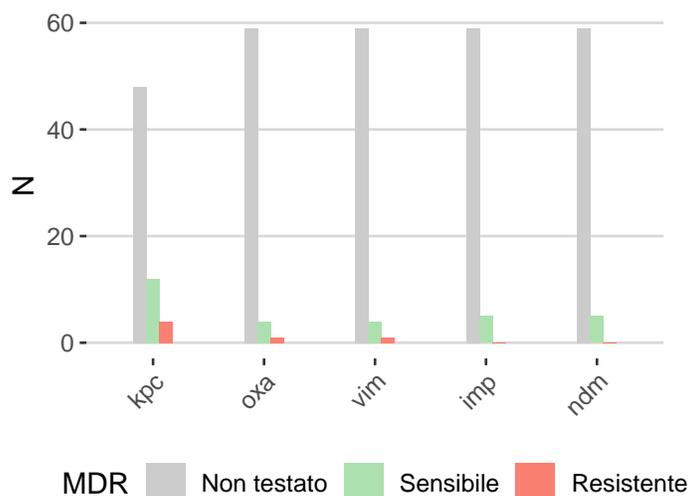
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	25	Meticillina	5	20.00
Enterococco faecium	4	Vancomicina	2	50.00

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

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

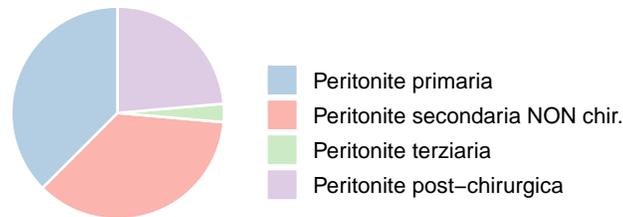
	N	%
Sì	6	9.38
No	1	1.56
Non testato	57	89.06
Missing	26	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	5	59
kpc	4	66.7	12	48
ndm	0	0.0	5	59
oxa	1	16.7	4	59
vim	1	16.7	4	59



6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 72)

6.1 Tipologia di peritonite



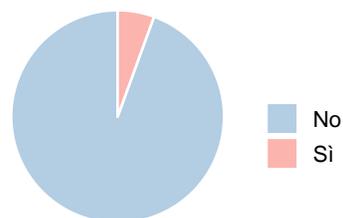
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	27	37.5
Peritonite secondaria NON chir.	26	36.1
Peritonite terziaria	2	2.8
Peritonite post-chirurgica	17	23.6
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



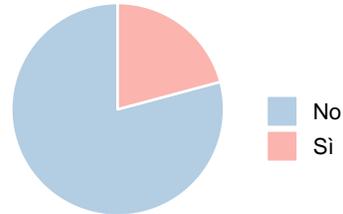
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	45	62.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	25	34.7
Acquisita in altra Terapia Intensiva	2	2.8
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemicca



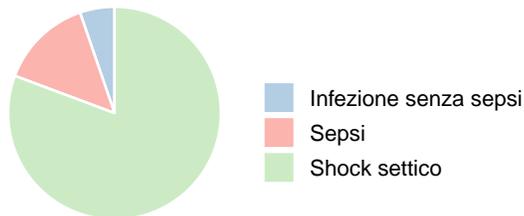
Batteriemica	N	%
No	68	94.4
Sì	4	5.6
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	57	79.2
Sì	15	20.8
Missing	0	0

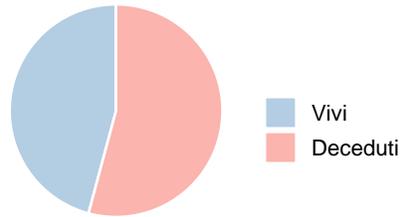
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	3	5.3
Sepsi	8	14.0
Shock settico	46	80.7
Missing	0	0

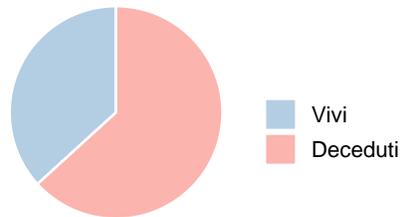
* Statistiche calcolate su 57 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 15).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	33	45.8
Deceduti	39	54.2
Missing	0	0

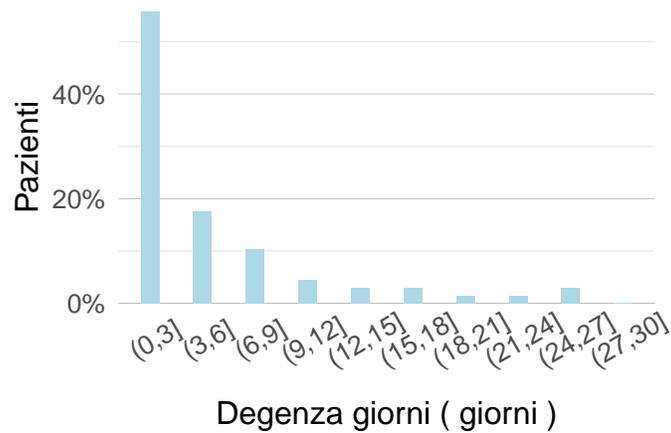
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	25	36.8
Deceduti	43	63.2
Missing	2	0

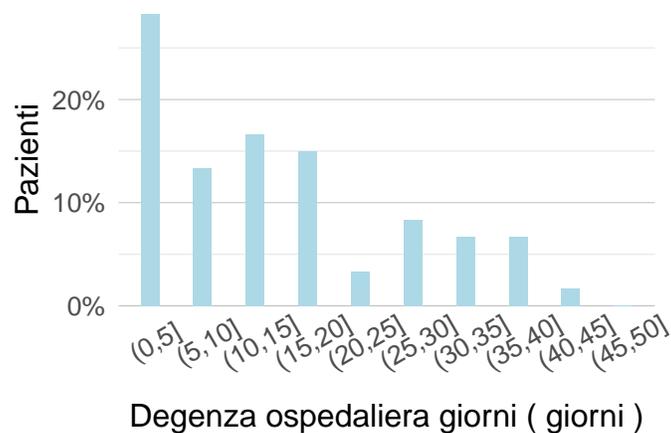
* Statistiche calcolate su 70 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	19.3 (24.5)
Mediana (Q1-Q3)	13.5 (4-26.2)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 70 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

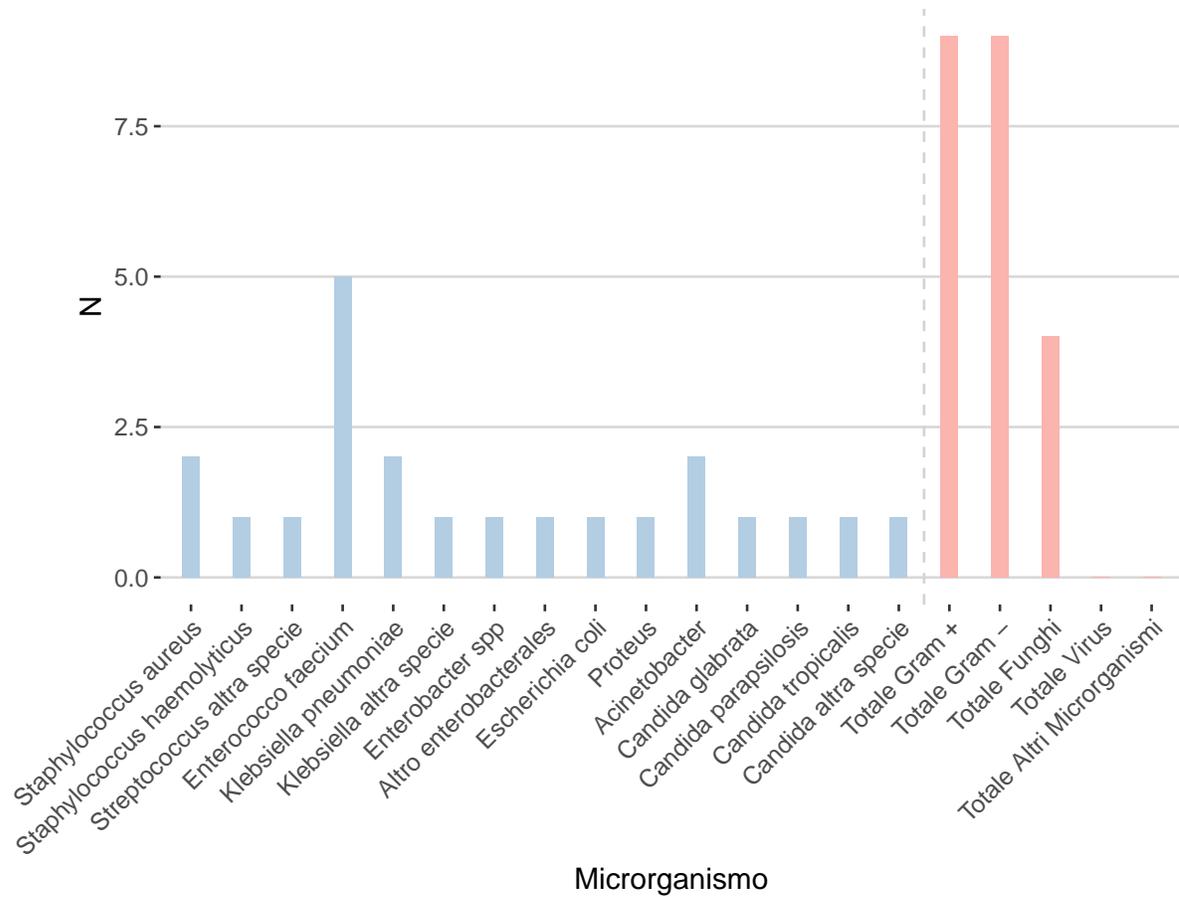
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	52	72.2
Sì	20	27.8
Missing	0	
Totale infezioni	72	
Totale microrganismi isolati	23	

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.

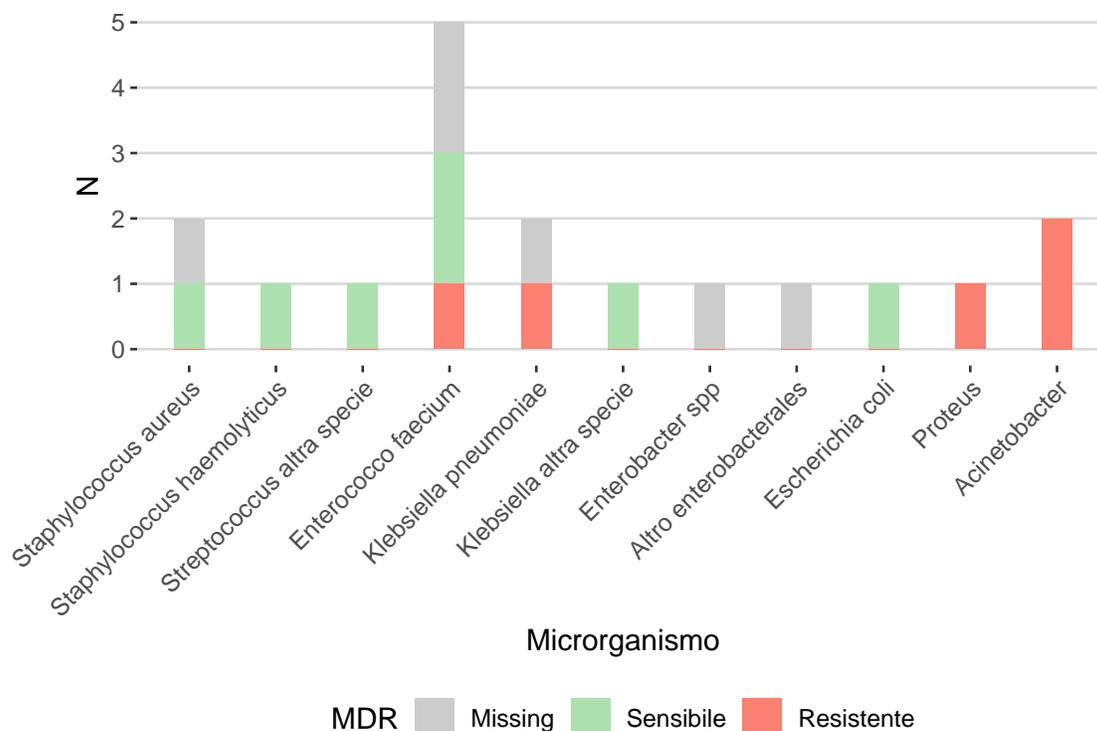
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	10	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	5	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	5	1	0	0
Enterococco faecium	5	25	3	1	33.3
Totale Gram +	9	45	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	2	10	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	5	1	0	0
Enterobacter spp	1	5	0	0	0
Altro enterobacterales	1	5	0	0	0
Escherichia coli	1	5	1	0	0
Proteus	1	5	1	1	100
Acinetobacter	2	10	2	2	100
Totale Gram -	9	45	6	4	66.7
Candida glabrata	1	5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5	0	0	0
Candida tropicalis	1	5	0	0	0
Candida altra specie	1	5	0	0	0
Totale Funghi	4	20	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 aureus	2	10	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	5	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	5	1	0	0
Enterococco faecium	5	25	3	1	33.3
Totale Gram +	9	45	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	2	10	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	5	1	0	0
Enterobacter spp	1	5	0	0	0
Altro enterobacterales	1	5	0	0	0
Escherichia coli	1	5	1	0	0
Proteus	1	5	1	1	100
Acinetobacter	2	10	2	2	100
Totale Gram -	9	45	6	4	66.7
Candida glabrata	1	5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5	0	0	0
Candida tropicalis	1	5	0	0	0
Candida altra specie	1	5	0	0	0
Totale Funghi	4	20	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	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 hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Serratia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, 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.

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

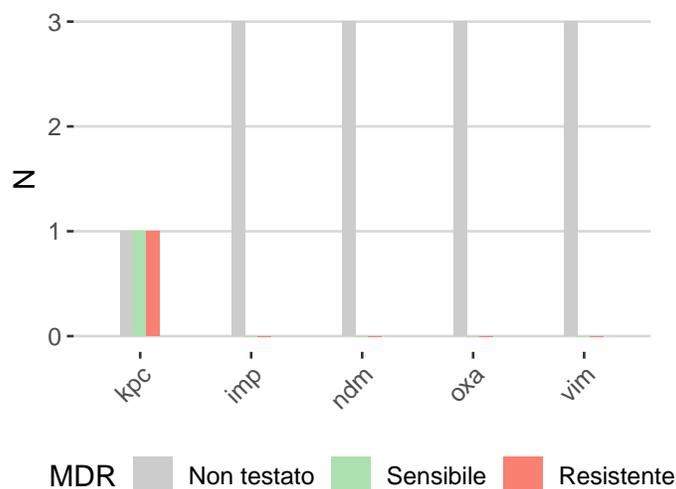
Klebsiella pneumoniae	1	Ertapenem	1	100.00
Klebsiella pneumoniae	1	Meropenem	1	100.00
Proteus	1	Ertapenem	1	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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.

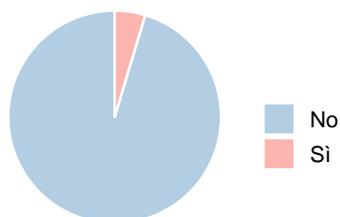
	N	%
Sì	1	33.33
No	0	0
Non testato	2	66.67
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
kpc	1	100	1	1
imp	0	0	0	3
ndm	0	0	0	3
oxa	0	0	0	3
vim	0	0	0	3



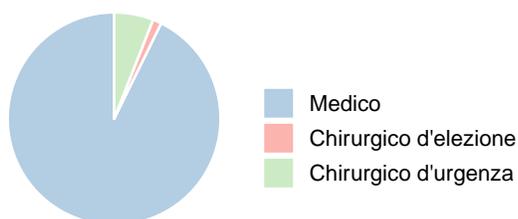
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 151)

7.1 Trauma



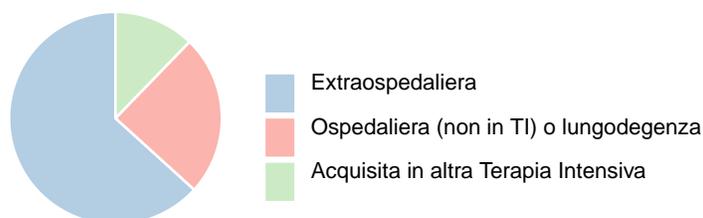
Trauma	N	%
No	144	95.4
Si	7	4.6
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	140	92.7
Chirurgico d'elezione	2	1.3
Chirurgico d'urgenza	9	6.0
Missing	0	0

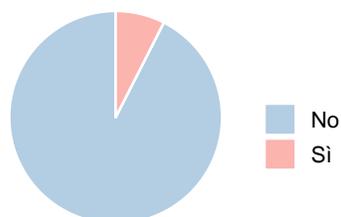
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	88	58.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	40	26.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	23	15.2

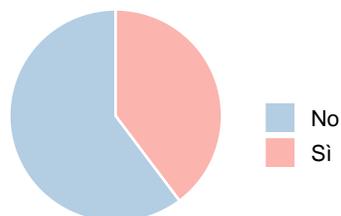
Extraospedaliera	93	63.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	36	24.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	18	12.2
Missing	4	0

7.4 Infezione batteriemica



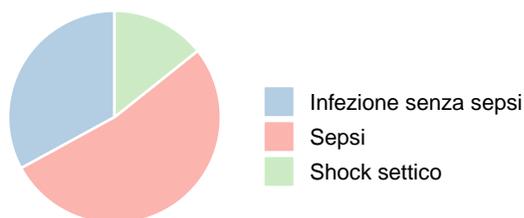
Batteriemica	N	%
No	136	92.5
Si	11	7.5
Missing	4	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	91	60.3
Si	60	39.7
Missing	0	0

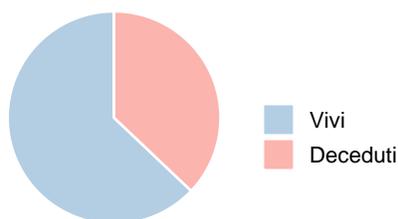
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	30	33.0
Sepsi	48	52.7
Shock settico	13	14.3
Missing	0	0

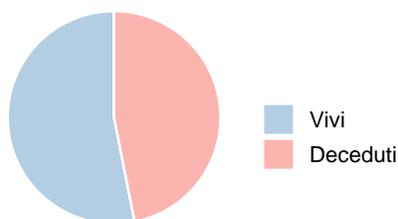
* Statistiche calcolate su 91 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 60).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	95	62.9
Deceduti	56	37.1
Missing	0	0

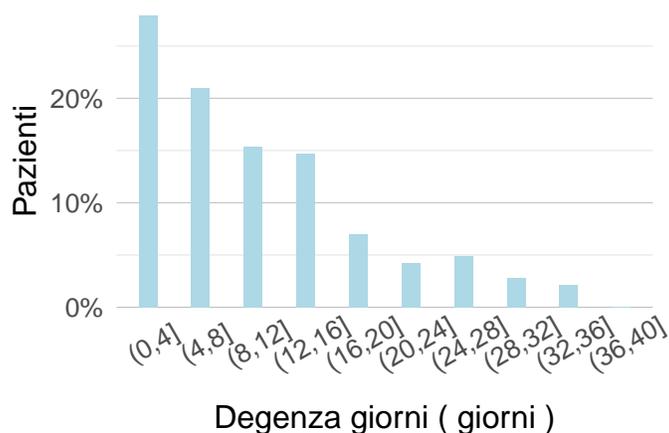
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	77	53.1
Deceduti	68	46.9
Missing	1	0

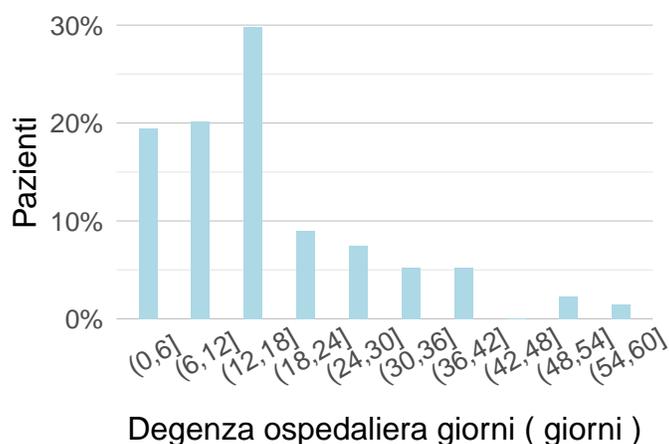
* Statistiche calcolate su 146 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.9 (12.5)
Mediana (Q1-Q3)	9 (4-16.5)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.1 (19.8)
Mediana (Q1-Q3)	15 (9-27)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 146 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

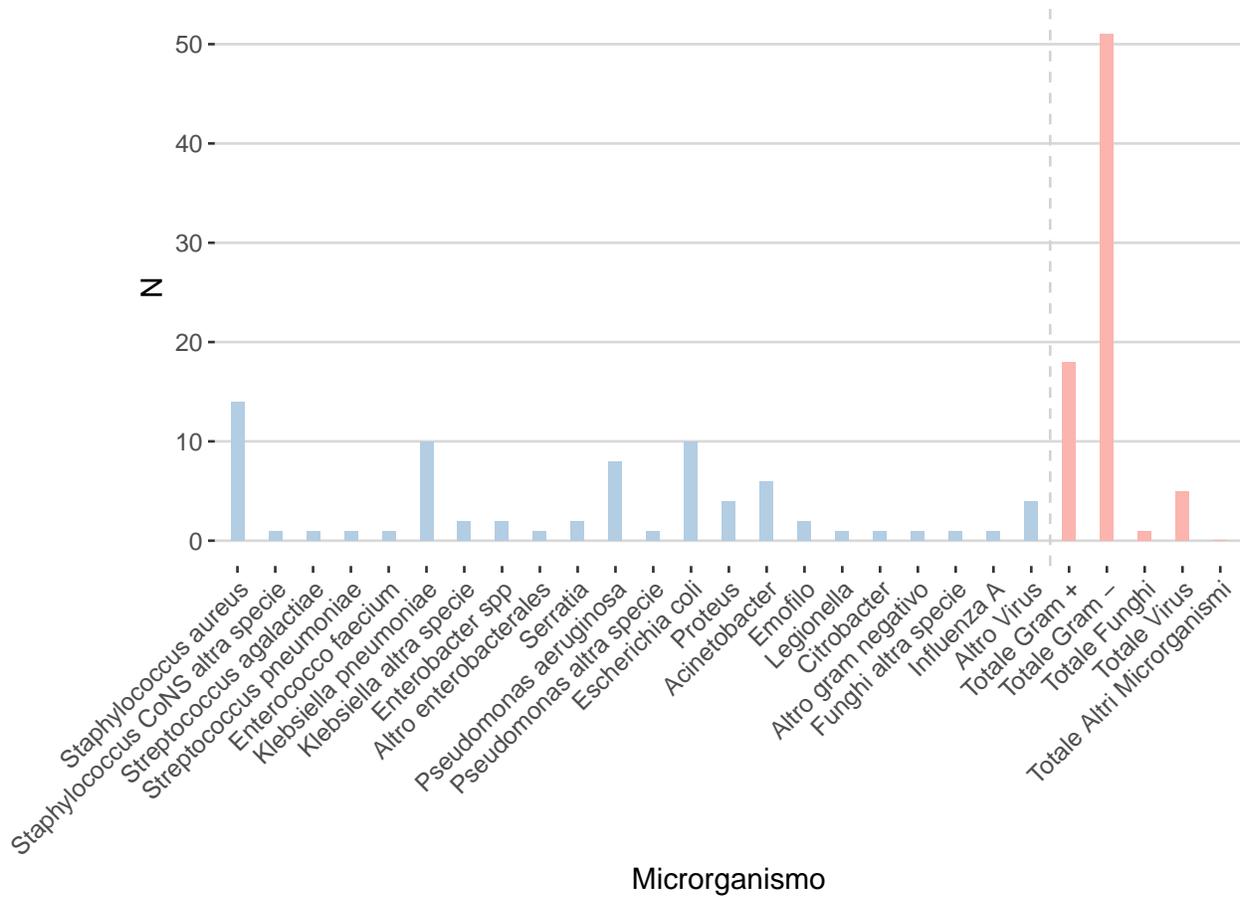
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	42	28.6
Sì	105	71.4
Missing	4	
Totale infezioni	151	
Totale microrganismi isolati	117	

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.

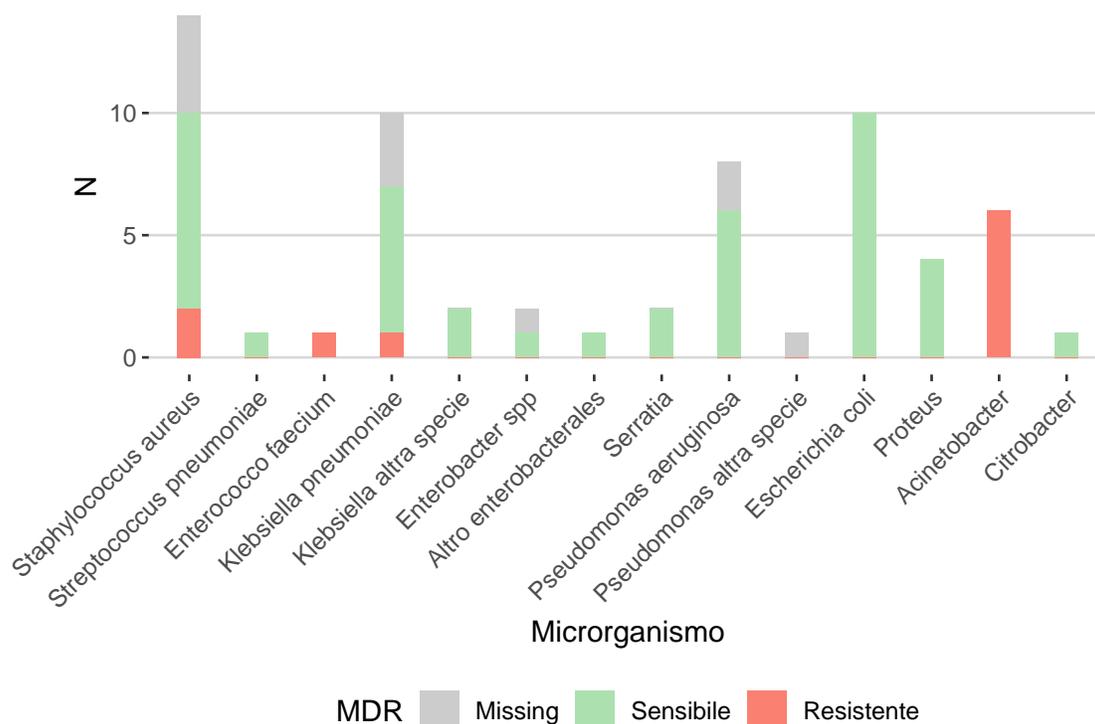
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	13.3	10	2	20
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.0	1	0	0
Enterococco faecium	1	1.0	1	1	100
Totale Gram +	18	17.1	12	3	25
Klebsiella pneumoniae	10	9.5	7	1	14.3
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	0	0
Enterobacter spp	2	1.9	1	0	0
Altro enterobacterales	1	1.0	1	0	0
Serratia	2	1.9	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	7.6	6	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.0	0	0	0
Escherichia coli	10	9.5	10	0	0
Proteus	4	3.8	4	0	0
Acinetobacter	6	5.7	6	6	100
Emofilo	2	1.9	0	0	0
Legionella	1	1.0	0	0	0
Citrobacter	1	1.0	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.0	0	0	0
Totale Gram -	51	48.6	40	7	17.5
Funghi altra specie	1	1.0	0	0	0
Totale Funghi	1	1.0	0	0	0
Influenza A	1	1.0			
Altro Virus	4	3.8			
Totale Virus	5	4.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	13.3	10	2	20
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.0	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.0	1	0	0
Enterococco faecium	1	1.0	1	1	100
Totale Gram +	18	17.1	12	3	25
Klebsiella pneumoniae	10	9.5	7	1	14.3
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	0	0
Enterobacter spp	2	1.9	1	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.0	1	0	0
Serratia	2	1.9	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	7.6	6	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.0	0	0	0
Escherichia coli	10	9.5	10	0	0
Proteus	4	3.8	4	0	0
Acinetobacter	6	5.7	6	6	100
Emofilo	2	1.9	0	0	0
Legionella	1	1.0	0	0	0
Citrobacter	1	1.0	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.0	0	0	0
Totale Gram -	51	48.6	40	7	17.5
Funghi altra specie	1	1.0	0	0	0

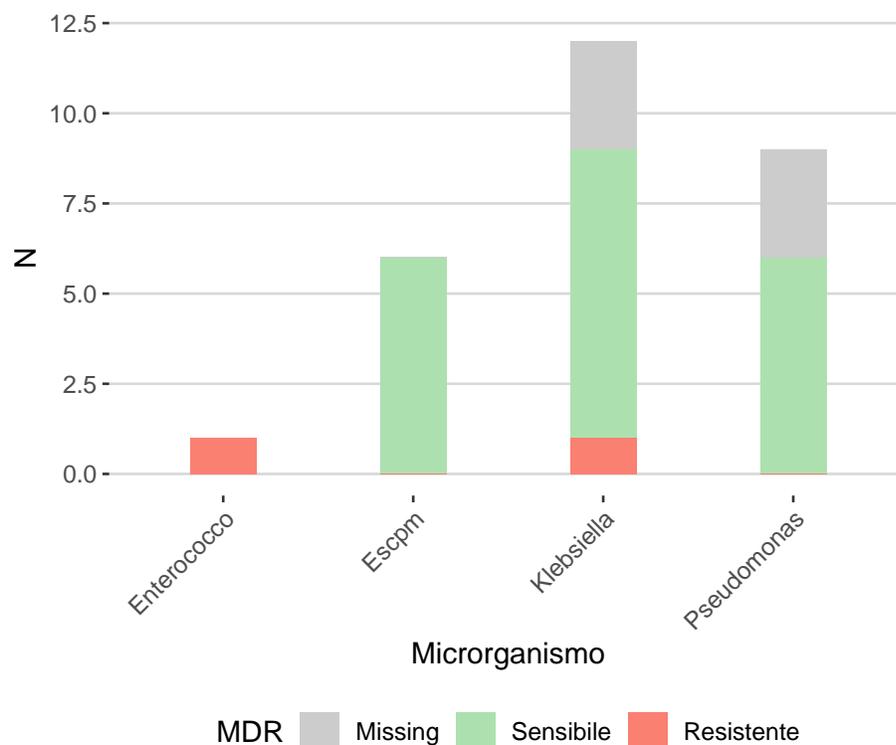
Totale Funghi	1	1.0	0	0	0
Influenza A	1	1.0			
Altro Virus	4	3.8			
Totale Virus	5	4.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococcus faecalis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Morganella, Providencia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	1	1	0	1	100.00	0
Escpm	6	6	6	0	0.00	0
Klebsiella	12	9	8	1	11.11	3
Pseudomonas	9	6	6	0	0.00	3

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	7	Ertapenem	1	14.29
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	1	14.29
Acinetobacter	6	Imipenem	3	50.00

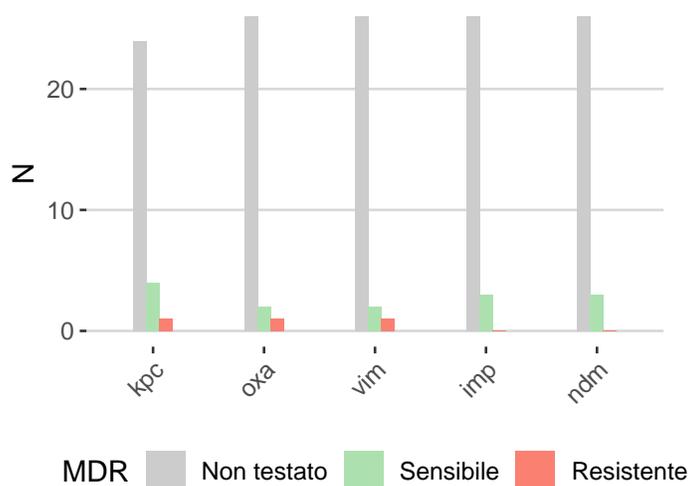
Acinetobacter	6	Meropenem	6	100.00
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	2	20.00
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	3	10.34
No	0	0
Non testato	26	89.66
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	3	26
kpc	1	33.3	4	24
ndm	0	0.0	3	26
oxa	1	33.3	2	26
vim	1	33.3	2	26



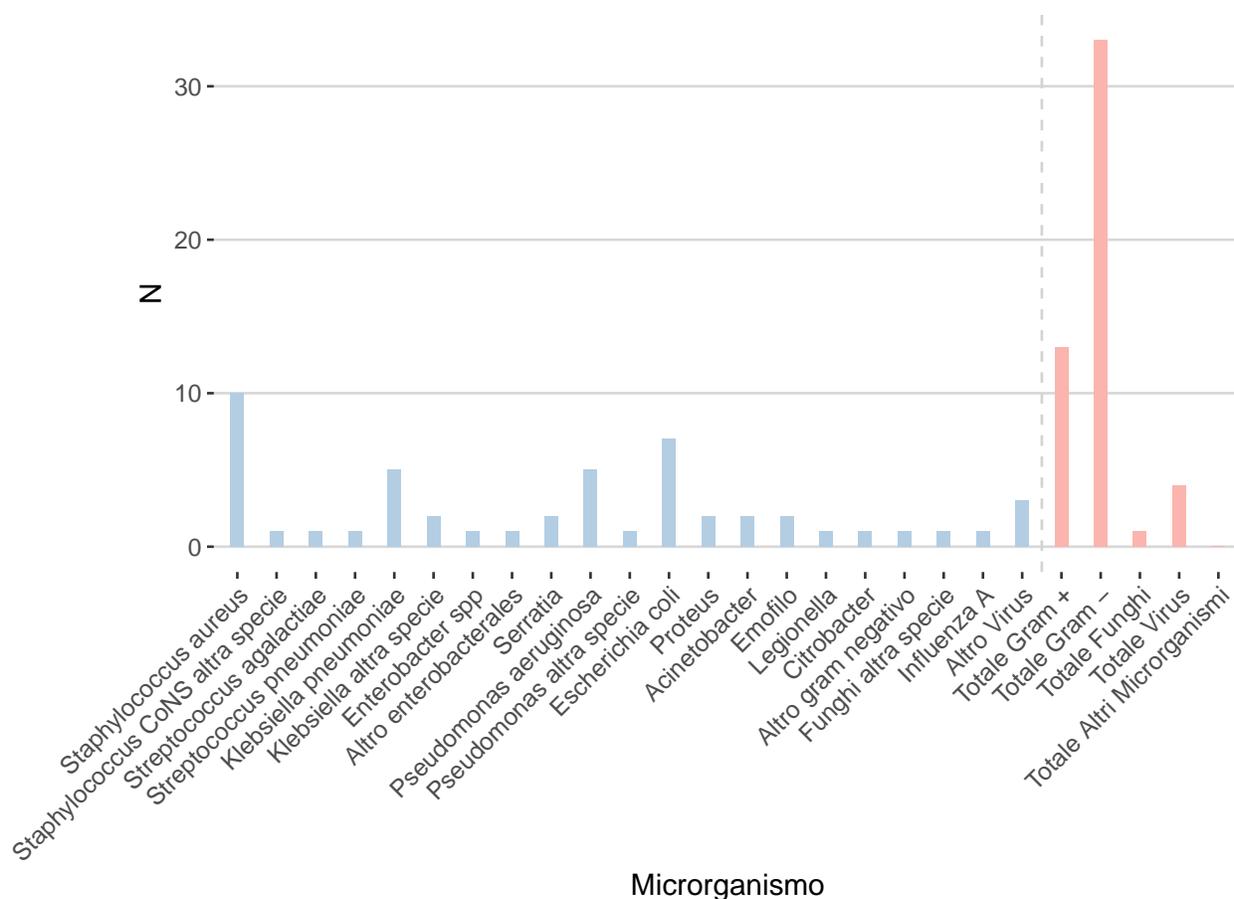
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	28	25.2
Sì	83	74.8
Missing	0	
Totale infezioni	111	
Totale microrganismi isolati	93	

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	10	12.0	8	1	12.5
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	1	0	0
Totale Gram +	13	15.7	9	1	11.1
Klebsiella pneumoniae	5	6.0	4	0	0
Klebsiella altra specie	2	2.4	2	0	0
Enterobacter spp	1	1.2	0	0	0
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	2	2.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	6.0	5	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.2	0	0	0
Escherichia coli	7	8.4	7	0	0
Proteus	2	2.4	2	0	0
Acinetobacter	2	2.4	2	2	100
Emofilo	2	2.4	0	0	0
Legionella	1	1.2	0	0	0
Citrobacter	1	1.2	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	33	39.8	26	2	7.7
Funghi altra specie	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	1	1.2	0	0	0
Influenza A	1	1.2			
Altro Virus	3	3.6			
Totale Virus	4	4.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

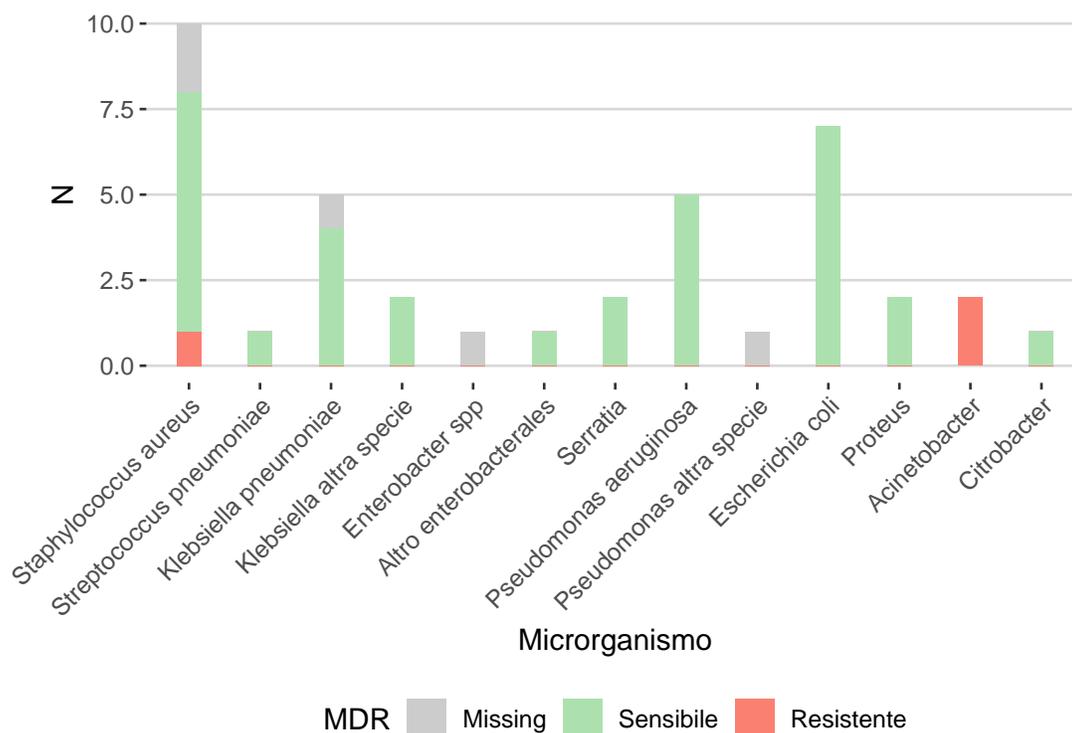


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	12.0	8	1	12.5
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	1	0	0
Totale Gram +	13	15.7	9	1	11.1
Klebsiella pneumoniae	5	6.0	4	0	0
Klebsiella altra specie	2	2.4	2	0	0
Enterobacter spp	1	1.2	0	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.2	1	0	0
Serratia	2	2.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	6.0	5	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.2	0	0	0
Escherichia coli	7	8.4	7	0	0
Proteus	2	2.4	2	0	0
Acinetobacter	2	2.4	2	2	100
Emofilo	2	2.4	0	0	0
Legionella	1	1.2	0	0	0
Citrobacter	1	1.2	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	33	39.8	26	2	7.7
Funghi altra specie	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	1	1.2	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 151)

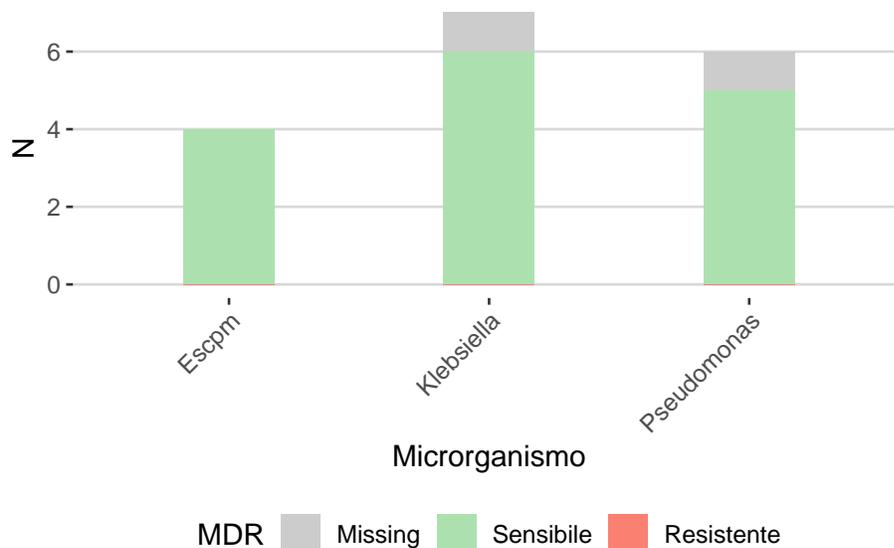
Influenza A	1	1.2			
Altro Virus	3	3.6			
Totale Virus	4	4.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Morganella, Providencia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Escpm	4	4	4	0	0	0
Klebsiella	7	6	6	0	0	1
Pseudomonas	6	5	5	0	0	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	2	Imipenem	2	100.0
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.0
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	1	12.5

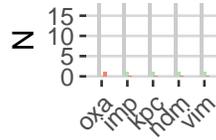
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo

un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microorganismo-meccanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	1	5.26
No	0	0
Non testato	18	94.74
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	18
kpc	0	0	1	18
ndm	0	0	1	18
oxa	1	100	0	18
vim	0	0	1	18

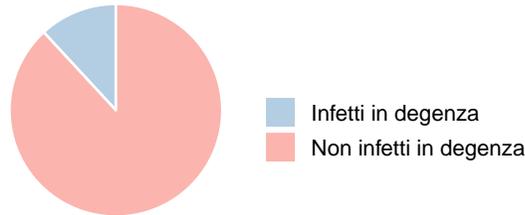


MDR Non testato Sensibile Resistente

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.

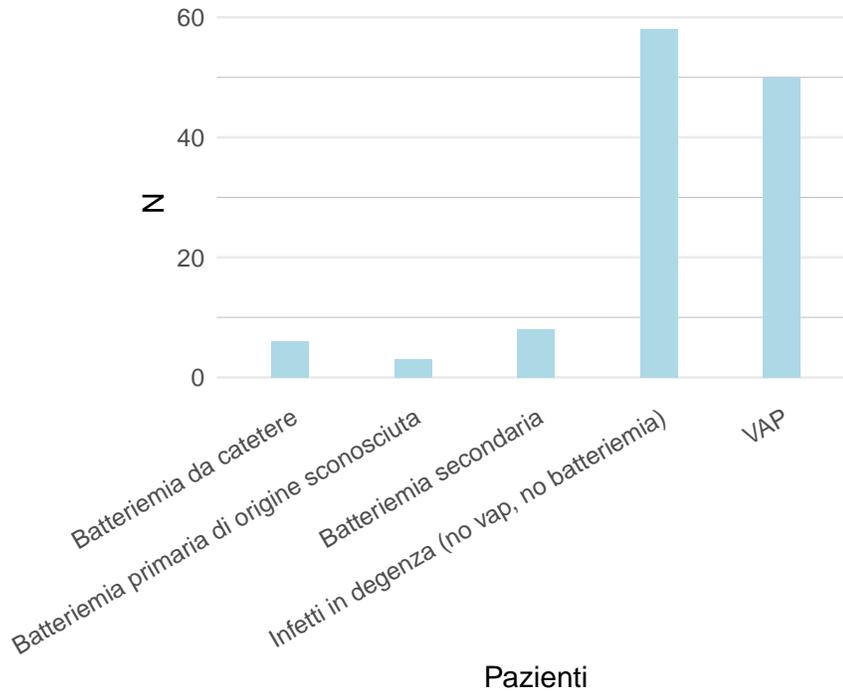
Sono presenti 121 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.9% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	121	11.9
Non infetti in degenza	898	88.1

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1019).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



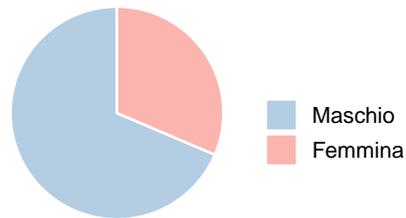
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	58	47.9
VAP	50	41.3

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	3	2.5
Batteriemia da catetere	6	5.0
Batteriemia secondaria	8	6.6

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 121)

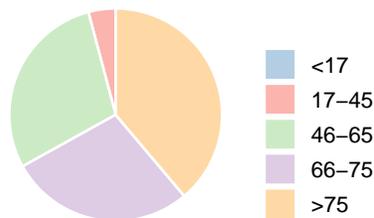
8 Pazienti infetti in degenza (N = 121)

8.1 Sesso



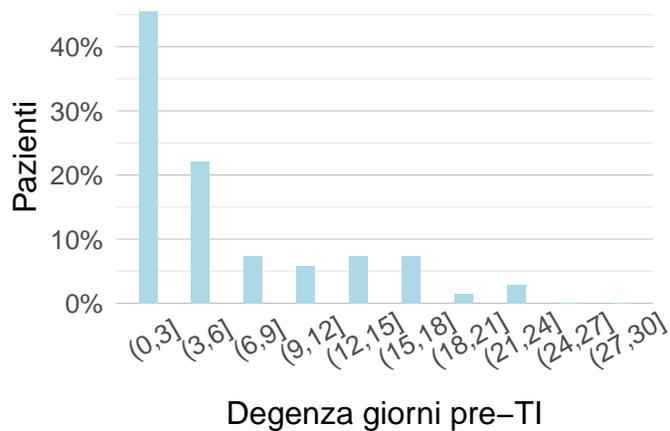
Sesso	N	%
Maschio	83	68.6
Femmina	38	31.4
Missing	0	0

8.2 Età



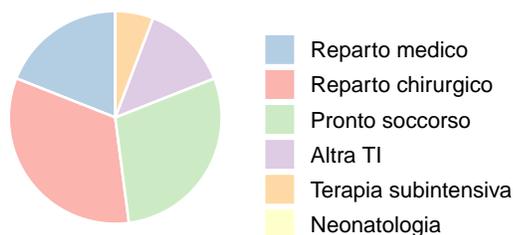
Range età	N	%
<17	0	0.0
17-45	5	4.1
46-65	35	28.9
66-75	34	28.1
>75	47	38.8
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



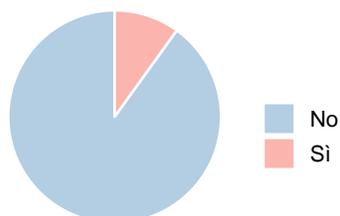
Indicatore	Valore
Media	5.7
DS	9.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-6
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



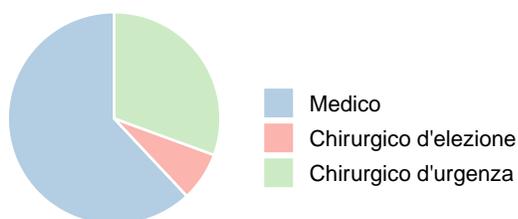
Provenienza	N	%
Reparto medico	23	19.0
Reparto chirurgico	40	33.1
Pronto soccorso	35	28.9
Altra TI	16	13.2
Terapia subintensiva	7	5.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

8.5 Trauma



Trauma	N	%
No	109	90.1
Si	12	9.9
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	75	62.0
Chirurgico d'elezione	9	7.4
Chirurgico d'urgenza	37	30.6
Missing	0	0

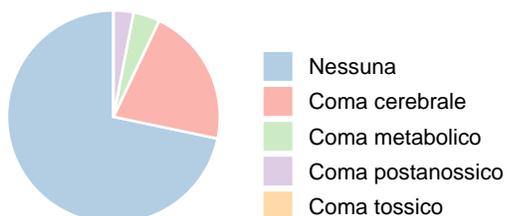
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	8	6.6
Trattamento intensivo	113	93.4

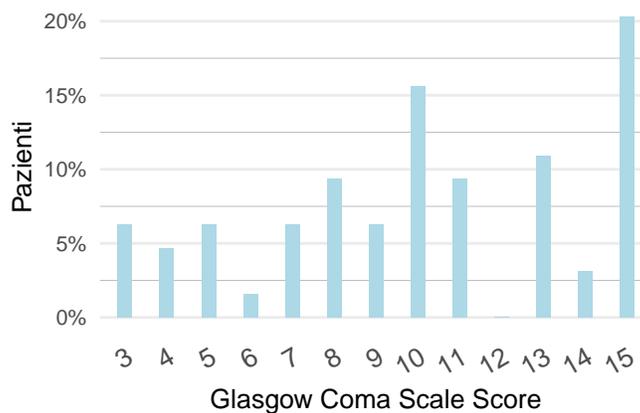
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



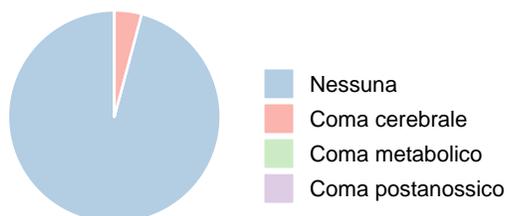
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	71	71.7
Coma cerebrale	21	21.2
Coma metabolico	4	4.0
Coma postanossico	3	3.0
Coma tossico	0	0.0
Missing	22	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



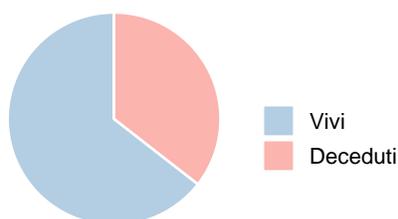
Indicatore	Valore
Media	8.0
DS	3.8
Mediana	8
Q1-Q3	5.8-11

8.10 Insufficienza neurologica insorta



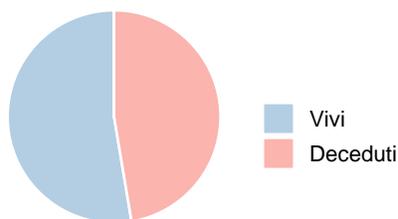
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	116	95.9
Coma cerebrale	5	4.1
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	78	64.5
Deceduti	43	35.5
Missing	0	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

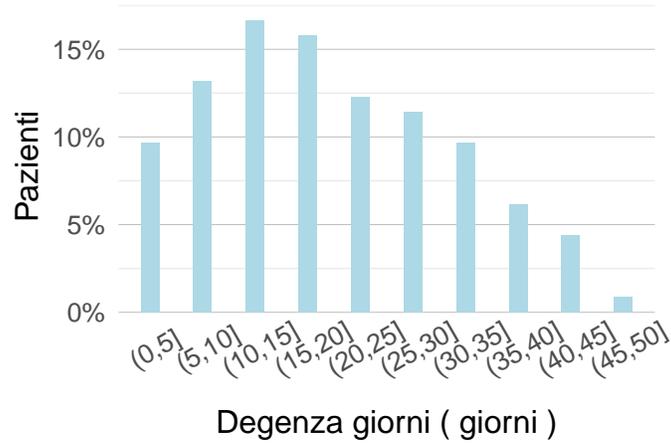


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	60	52.6

Deceduti	54	47.4
Missing	1	0

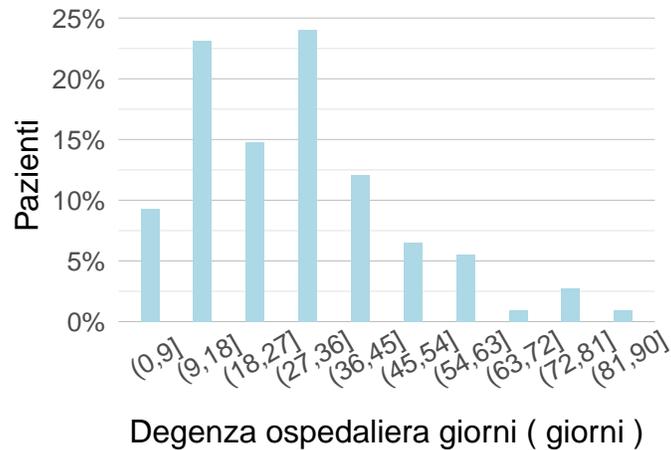
* Statistiche calcolate su 115 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.2 (14.1)
Mediana (Q1-Q3)	20 (12-31)
Missing	0

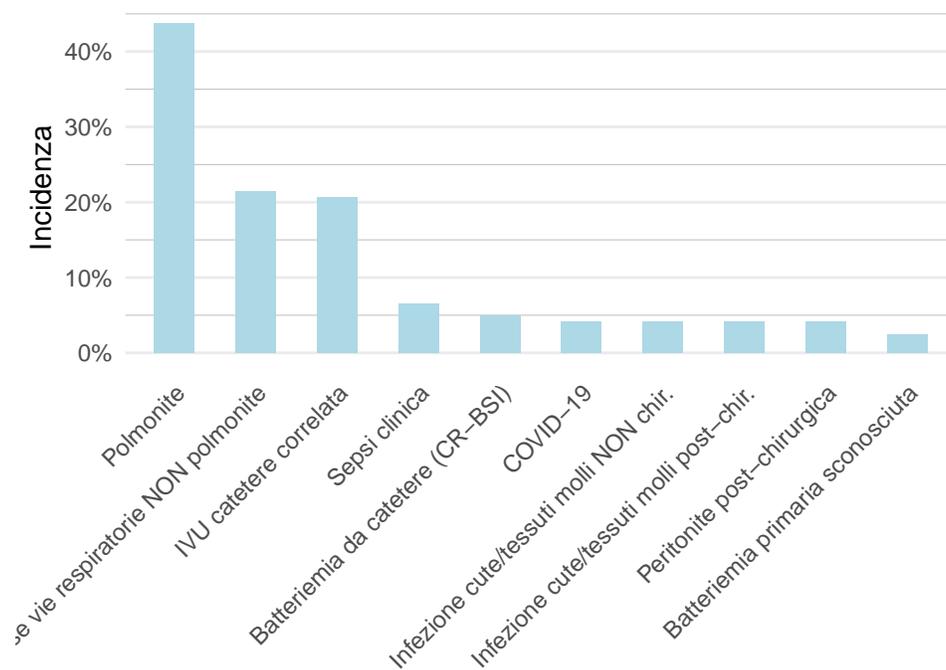
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.1 (24.7)
Mediana (Q1-Q3)	29 (17-42)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 115 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

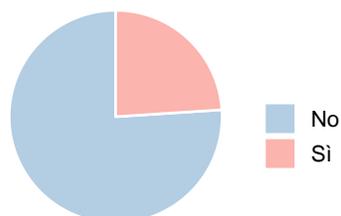
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	53	43.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	26	21.5
IVU catetere correlata	25	20.7
Sepsi clinica	8	6.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	6	5.0
Peritonite post-chirurgica	5	4.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	5	4.1
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	5	4.1
COVID-19	5	4.1
Batteriemia primaria sconosciuta	3	2.5
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



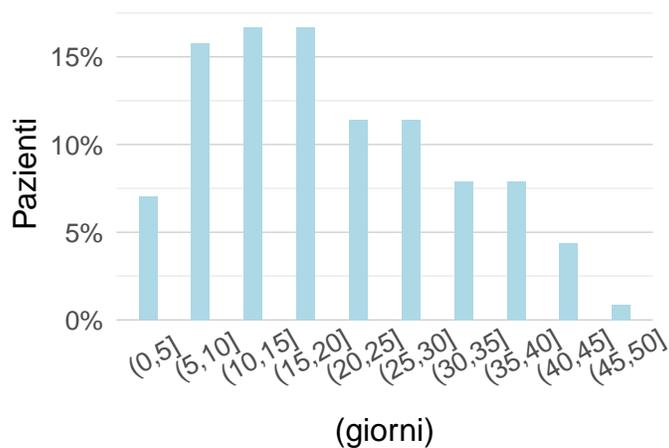
Infezione multisito	N	%
No	92	76.0
Sì	29	24.0
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	148
Numero totale di microrganismi isolati	155

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	22.3
DS	14.1
Mediana	20
Q1-Q3	11-31
Missing	0

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	0.0	0.0 %
CI (95%)	0.0 - 0.5	0.0 - 0.4

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

Il primo:

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

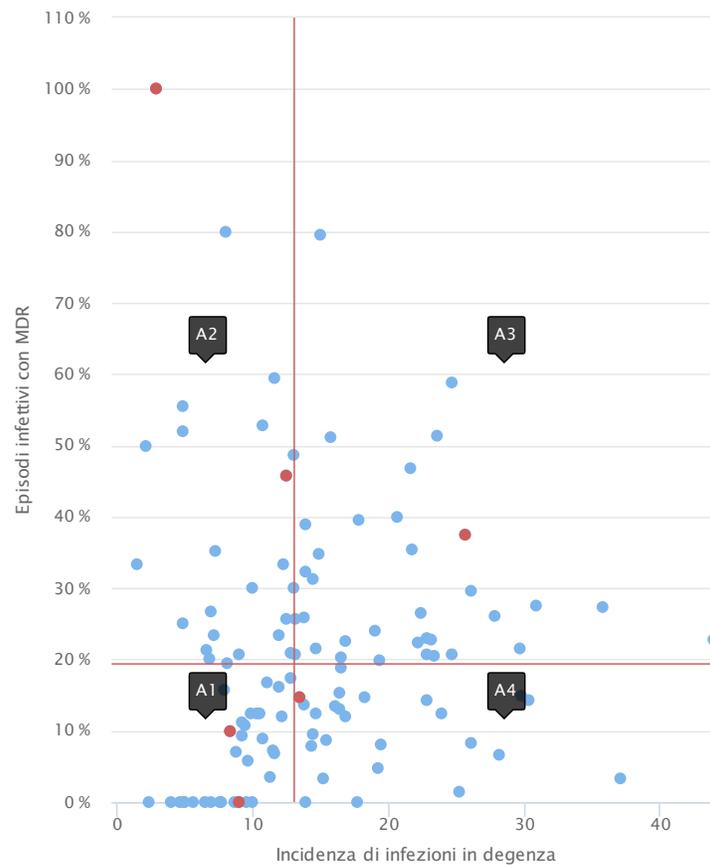
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

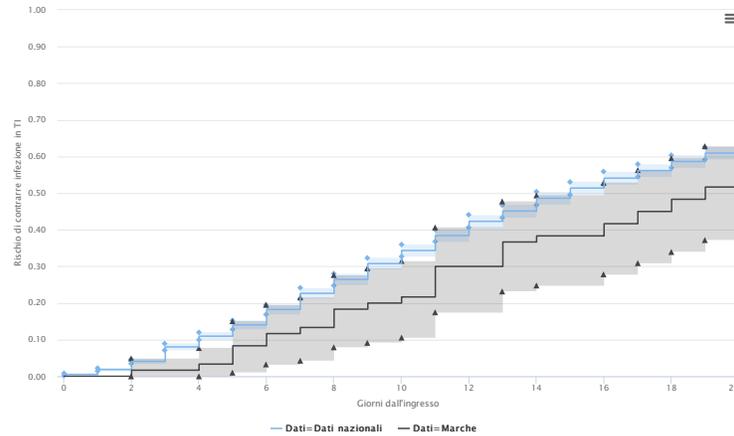
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

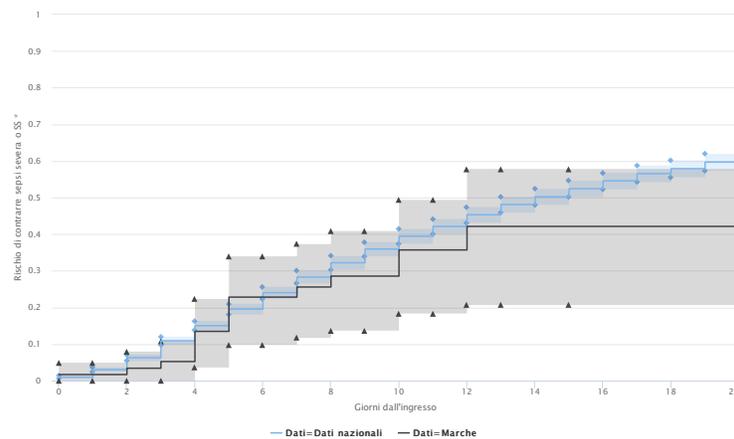


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza dei valori medi 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 80% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

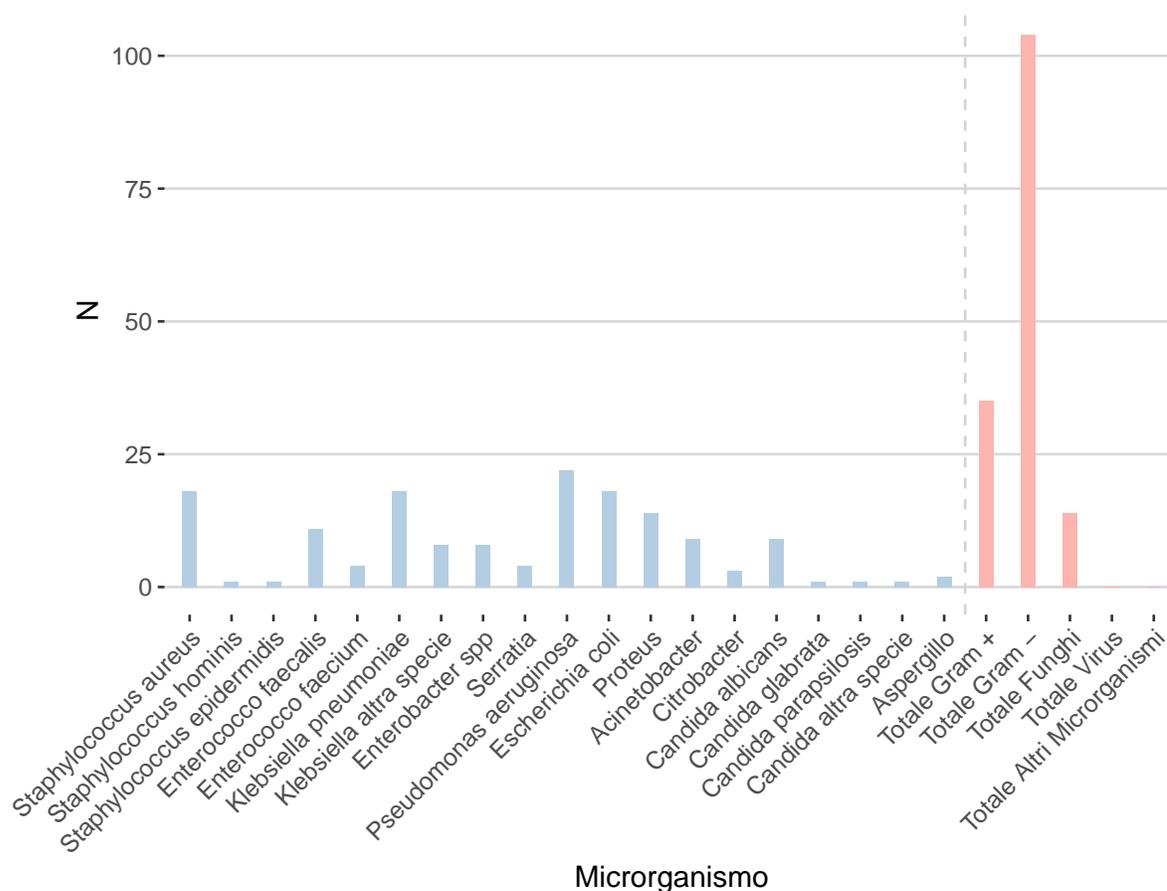
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	13	8.8
Sì	135	91.2
Missing	0	

Totale infezioni	148
Totale microrganismi isolati	155

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.

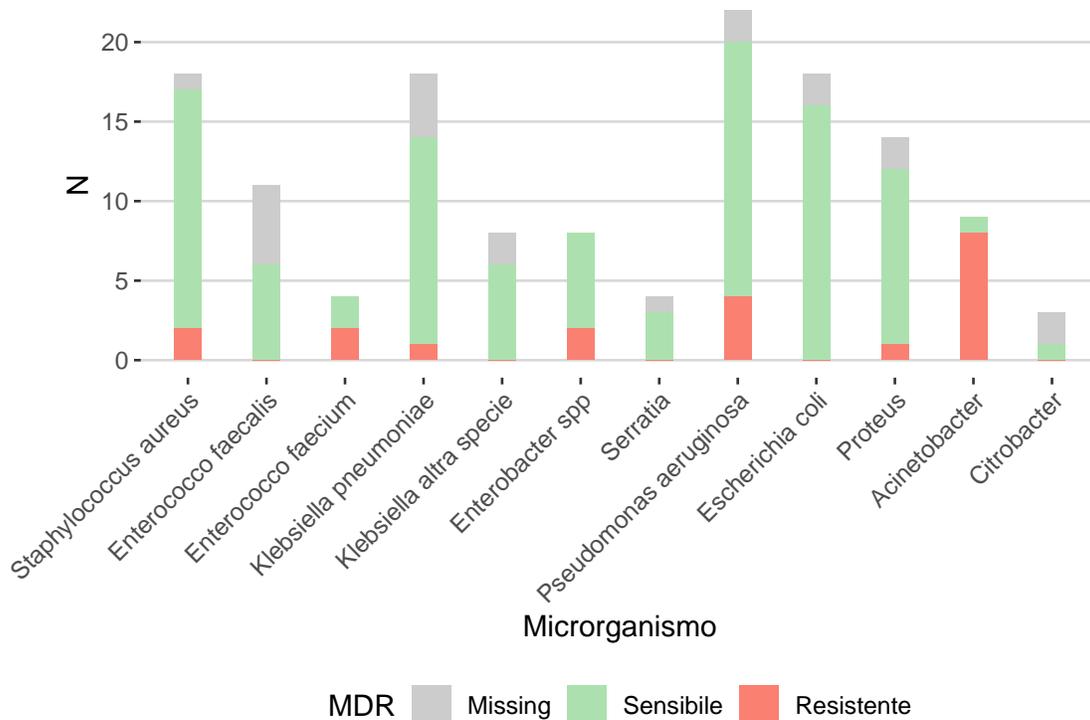
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	13.3	17	2	11.8
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	11	8.1	6	0	0
Enterococco faecium	4	3.0	4	2	50
Totale Gram +	35	25.9	27	4	14.8
Klebsiella pneumoniae	18	13.3	14	1	7.1
Klebsiella altra specie	8	5.9	6	0	0
Enterobacter spp	8	5.9	8	2	25
Serratia	4	3.0	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	16.3	20	4	20
Escherichia coli	18	13.3	16	0	0
Proteus	14	10.4	12	1	8.3
Acinetobacter	9	6.7	9	8	88.9
Citrobacter	3	2.2	1	0	0
Totale Gram -	104	77.0	89	16	18
Candida albicans	9	6.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	2	1.5	0	0	0
Totale Funghi	14	10.4	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	18	13.3	17	2	11.8
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	11	8.1	6	0	0
Enterococco faecium	4	3.0	4	2	50
Totale Gram +	35	25.9	27	4	14.8
Klebsiella pneumoniae	18	13.3	14	1	7.1
Klebsiella altra specie	8	5.9	6	0	0
Enterobacter spp	8	5.9	8	2	25
Serratia	4	3.0	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	22	16.3	20	4	20
Escherichia coli	18	13.3	16	0	0
Proteus	14	10.4	12	1	8.3
Acinetobacter	9	6.7	9	8	88.9
Citrobacter	3	2.2	1	0	0
Totale Gram -	104	77.0	89	16	18
Candida albicans	9	6.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	2	1.5	0	0	0
Totale Funghi	14	10.4	0	0	0

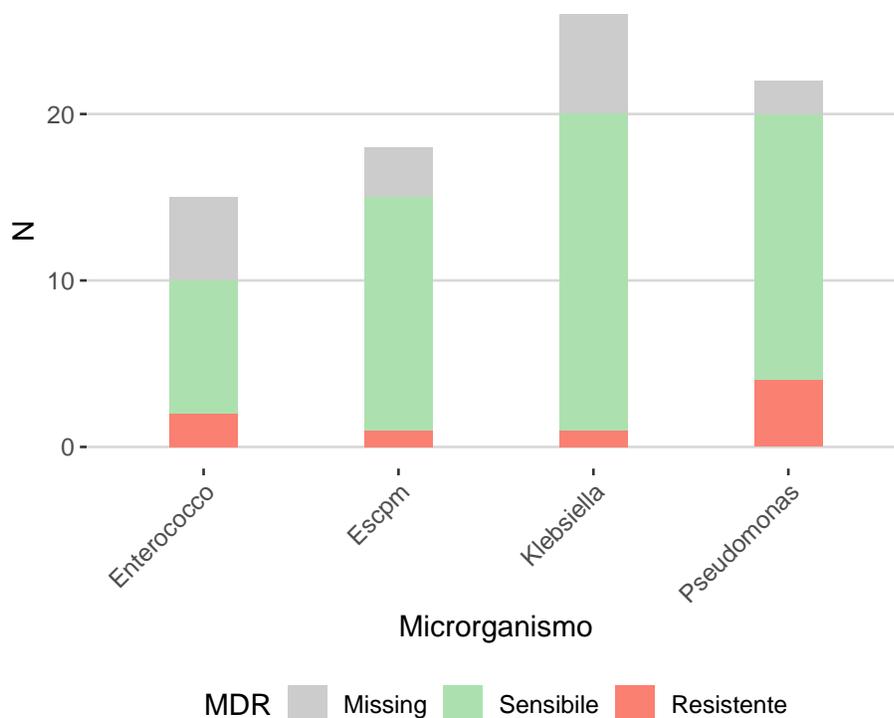
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, 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.

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
Enterococco	15	10	8	2	20.00	5
Escpm	18	15	14	1	6.67	3
Klebsiella	26	20	19	1	5.00	6
Pseudomonas	22	20	16	4	20.00	2

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	14	Meropenem	1	7.14
Enterobacter spp	8	Ertapenem	2	25.00
Proteus	12	Ertapenem	1	8.33

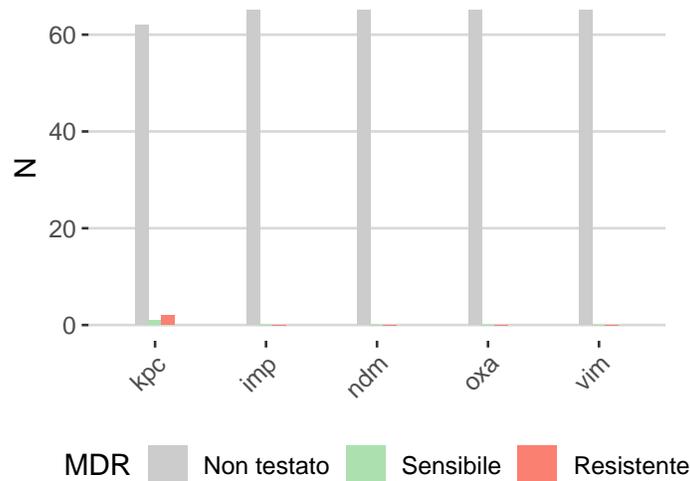
Acinetobacter	9	Imipenem	7	77.78
Acinetobacter	9	Meropenem	8	88.89
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	3	15.79
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	3	15.00
Staphylococcus aureus	17	Meticillina	2	11.76
Enterococco faecium	4	Vancomicina	2	50.00

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	2	3.28
No	0	0
Non testato	59	96.72
Missing	16	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
kpc	2	100	1	62
imp	0	0	0	65
ndm	0	0	0	65
oxa	0	0	0	65
vim	0	0	0	65



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 61)

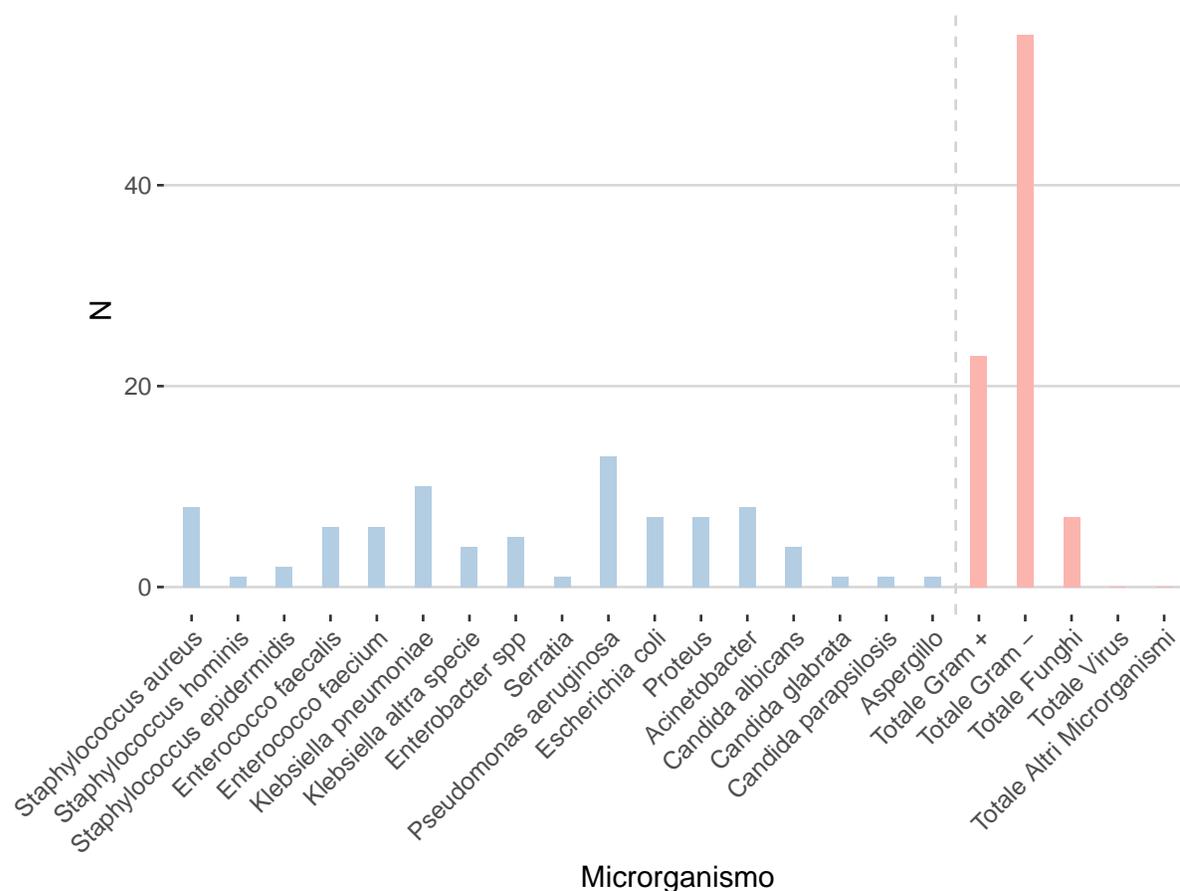
9.1 Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	28	18.4
Sì	124	81.6
Missing	0	
Totale infezioni	152	
Totale microrganismi isolati	141	

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.

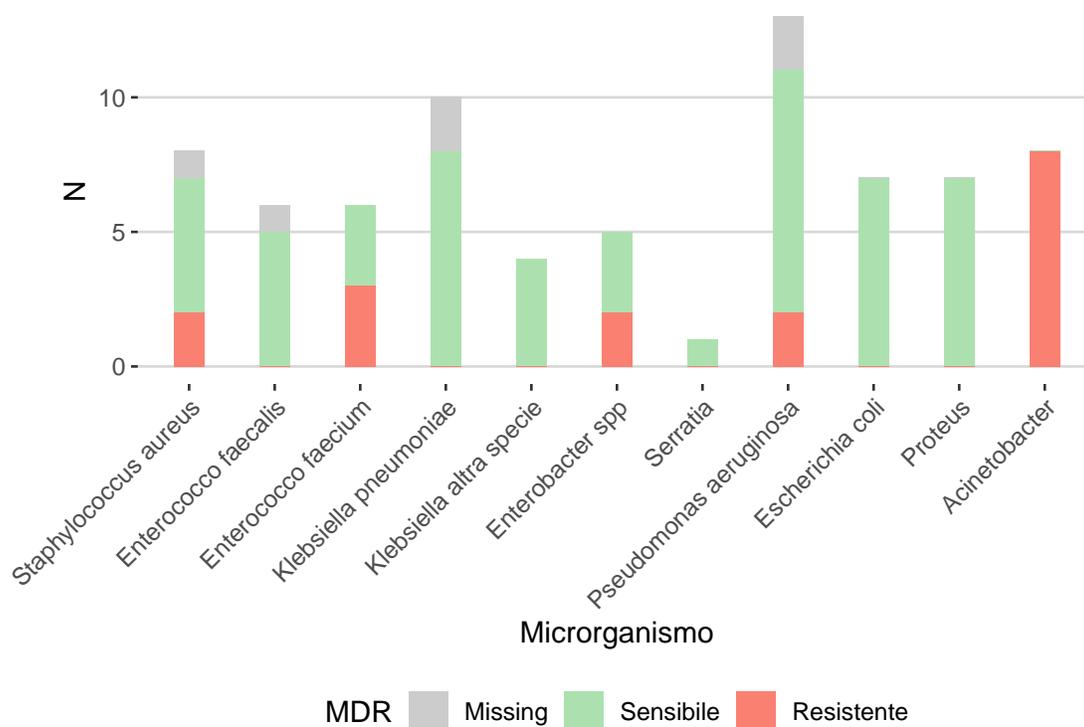
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	12.5	7	2	28.6
Staphylococcus hominis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	3.1	0	0	0
Enterococco faecalis	6	9.4	5	0	0
Enterococco faecium	6	9.4	6	3	50
Totale Gram +	23	35.9	18	5	27.8
Klebsiella pneumoniae	10	15.6	8	0	0
Klebsiella altra specie	4	6.2	4	0	0
Enterobacter spp	5	7.8	5	2	40
Serratia	1	1.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	20.3	11	2	18.2
Escherichia coli	7	10.9	7	0	0
Proteus	7	10.9	7	0	0
Acinetobacter	8	12.5	8	8	100
Totale Gram -	55	85.9	51	12	23.5
Candida albicans	4	6.2	0	0	0
Candida glabrata	1	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.6	0	0	0
Aspergillo	1	1.6	0	0	0
Totale Funghi	7	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	8	12.5	7	2	28.6
Staphylococcus hominis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	3.1	0	0	0
Enterococco faecalis	6	9.4	5	0	0
Enterococco faecium	6	9.4	6	3	50
Totale Gram +	23	35.9	18	5	27.8
Klebsiella pneumoniae	10	15.6	8	0	0
Klebsiella altra specie	4	6.2	4	0	0
Enterobacter spp	5	7.8	5	2	40
Serratia	1	1.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	20.3	11	2	18.2
Escherichia coli	7	10.9	7	0	0
Proteus	7	10.9	7	0	0
Acinetobacter	8	12.5	8	8	100
Totale Gram -	55	85.9	51	12	23.5
Candida albicans	4	6.2	0	0	0
Candida glabrata	1	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.6	0	0	0
Aspergillo	1	1.6	0	0	0
Totale Funghi	7	10.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0

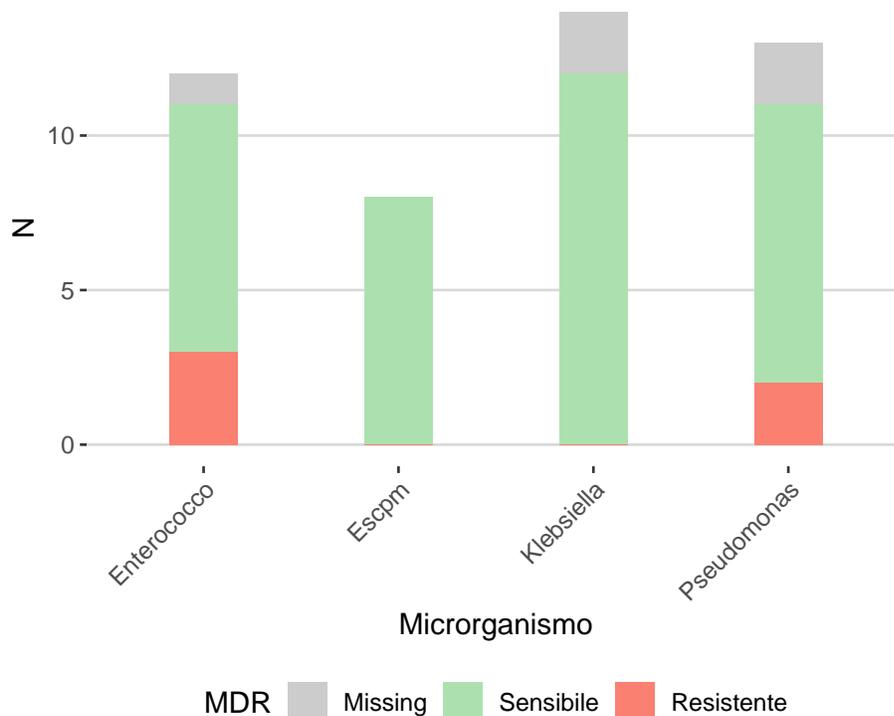
Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0

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 haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, 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.

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
Enterococco	12	11	8	3	27.27	1
Escpm	8	8	8	0	0.00	0
Klebsiella	14	12	12	0	0.00	2
Pseudomonas	13	11	9	2	18.18	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	%
Enterobacter spp	6	Ertapenem	2	33.33
Proteus	10	Ertapenem	1	10.00

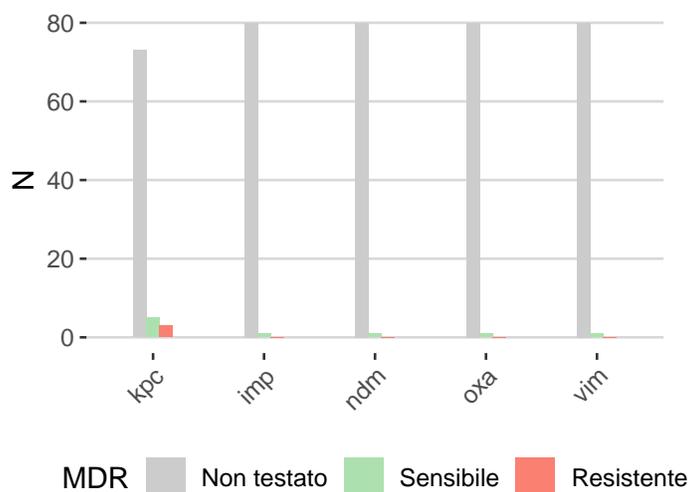
Acinetobacter	11	Imipenem	10	90.91
Acinetobacter	11	Meropenem	11	100.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	2	20.00
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	4	28.57
Enterococco faecium	7	Vancomicina	3	42.86

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.

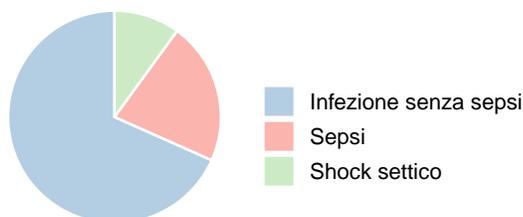
	N	%
Sì	3	4
No	0	0
Non testato	72	96
Missing	19	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	80
kpc	3	100	5	73
ndm	0	0	1	80
oxa	0	0	1	80
vim	0	0	1	80



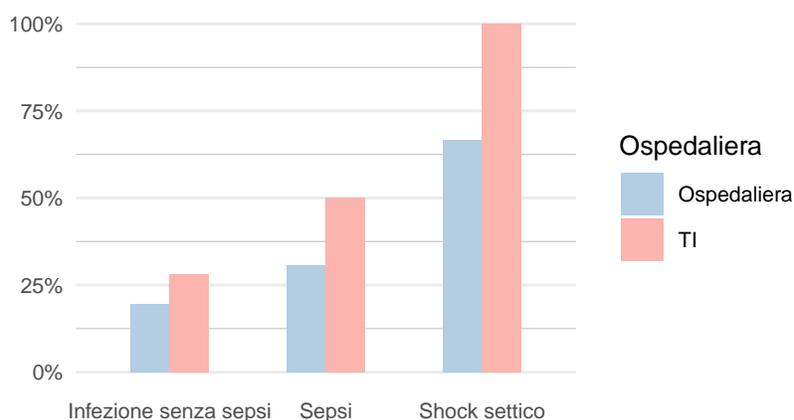
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 60)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	41	68.3
Sepsi	13	21.7
Shock settico	6	10.0
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	19.5	28.2
Sepsi	30.8	50.0
Shock settico	66.7	100.0

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

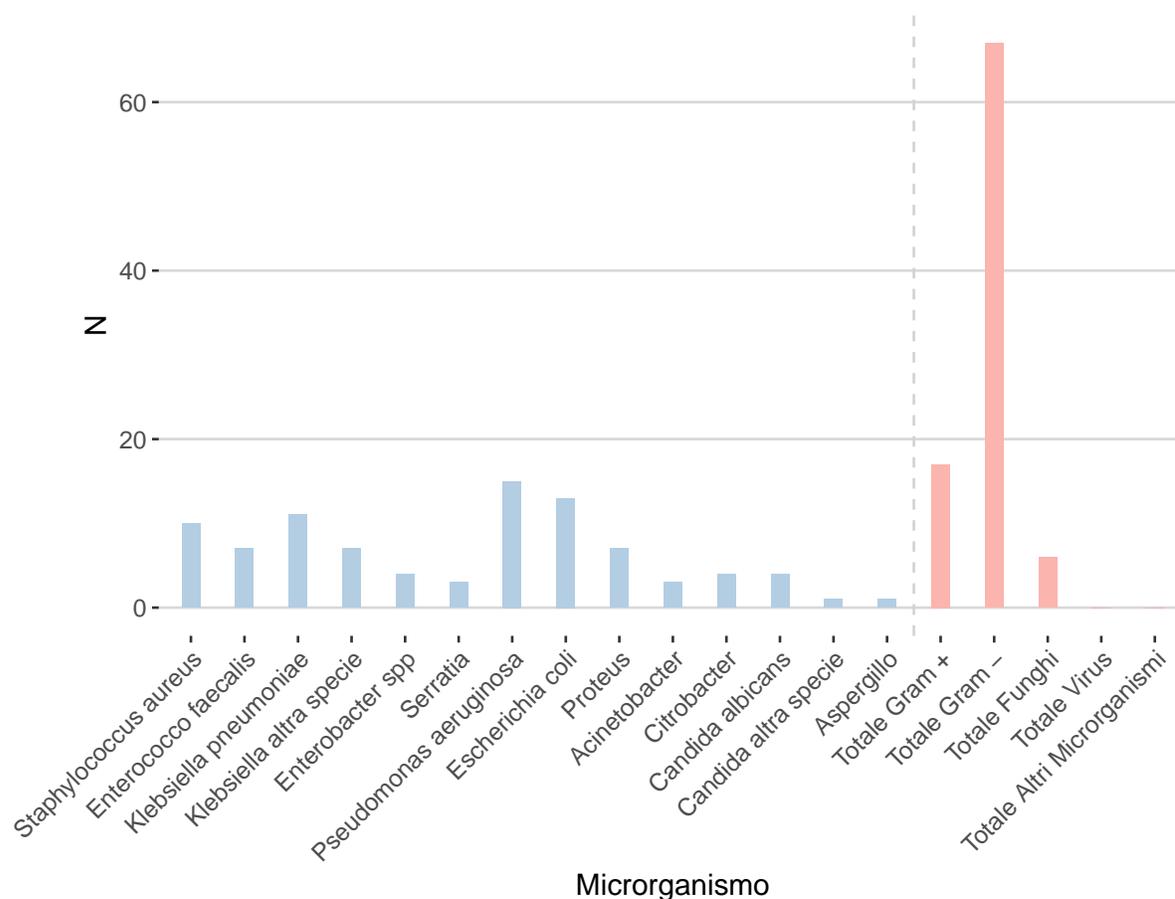
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati	
N	%

No	11	12.2
Sì	79	87.8
Missing	0	
Totale infezioni	90	
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.

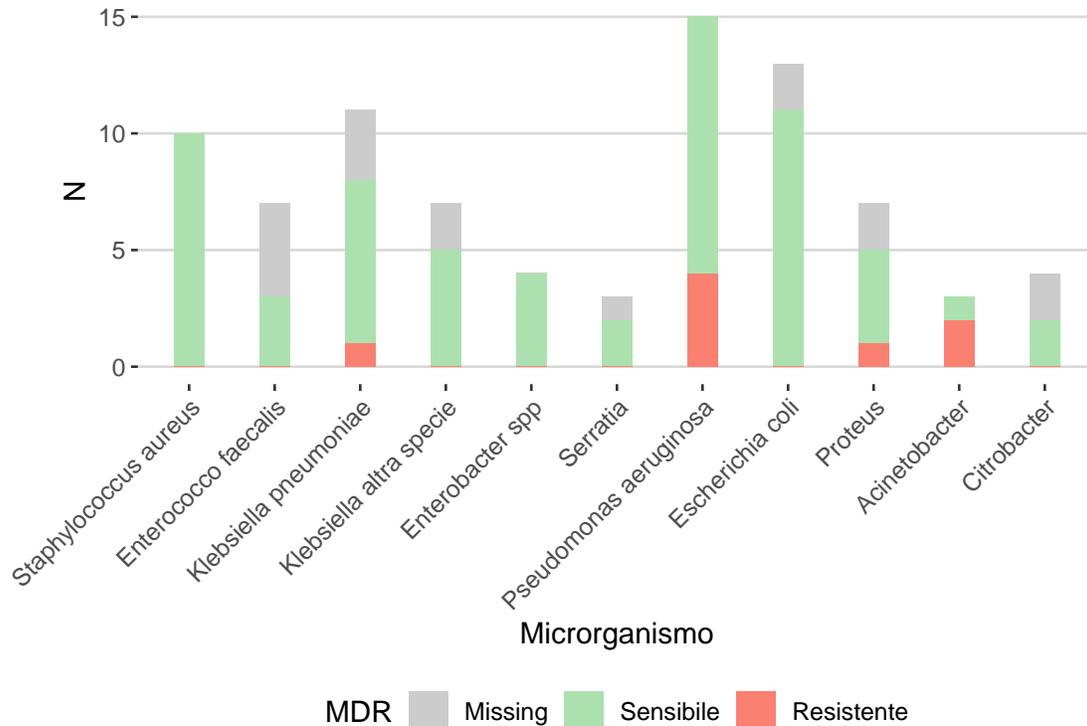
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	14.7	10	0	0
Enterococco faecalis	7	10.3	3	0	0
Totale Gram +	17	25.0	13	0	0
Klebsiella pneumoniae	11	16.2	8	1	12.5
Klebsiella altra specie	7	10.3	5	0	0
Enterobacter spp	4	5.9	4	0	0
Serratia	3	4.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	22.1	15	4	26.7
Escherichia coli	13	19.1	11	0	0
Proteus	7	10.3	5	1	20
Acinetobacter	3	4.4	3	2	66.7
Citrobacter	4	5.9	2	0	0
Totale Gram -	67	98.5	55	8	14.5
Candida albicans	4	5.9	0	0	0
Candida altra specie	1	1.5	0	0	0
Aspergillo	1	1.5	0	0	0
Totale Funghi	6	8.8	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	10	14.7	10	0	0
Enterococco faecalis	7	10.3	3	0	0
Totale Gram +	17	25.0	13	0	0
Klebsiella pneumoniae	11	16.2	8	1	12.5
Klebsiella altra specie	7	10.3	5	0	0
Enterobacter spp	4	5.9	4	0	0
Serratia	3	4.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	22.1	15	4	26.7
Escherichia coli	13	19.1	11	0	0
Proteus	7	10.3	5	1	20
Acinetobacter	3	4.4	3	2	66.7
Citrobacter	4	5.9	2	0	0
Totale Gram -	67	98.5	55	8	14.5
Candida albicans	4	5.9	0	0	0
Candida altra specie	1	1.5	0	0	0
Aspergillo	1	1.5	0	0	0
Totale Funghi	6	8.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

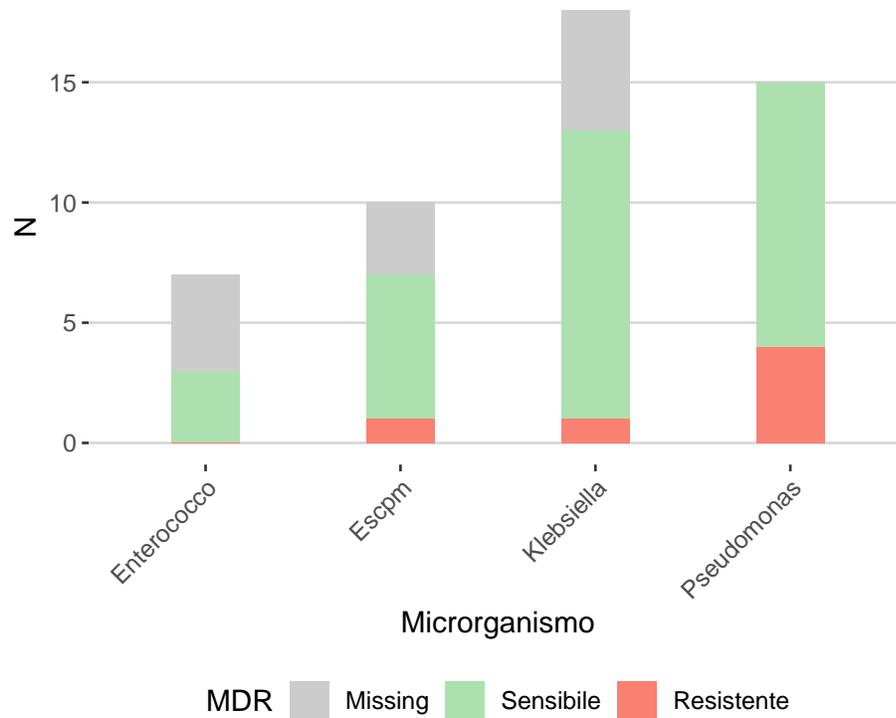
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati

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 faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, 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.

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
Enterococco	7	3	3	0	0.00	4
Escpm	10	7	6	1	14.29	3
Klebsiella	18	13	12	1	7.69	5
Pseudomonas	15	15	11	4	26.67	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	8	Meropenem	1	12.50
Proteus	5	Ertapenem	1	20.00
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67

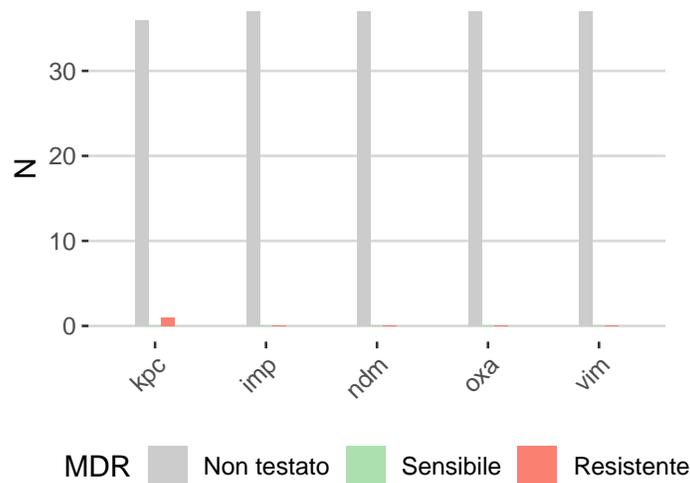
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	15	Imipenem	3	20.00
Pseudomonas aeruginosa	15	Meropenem	4	26.67

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

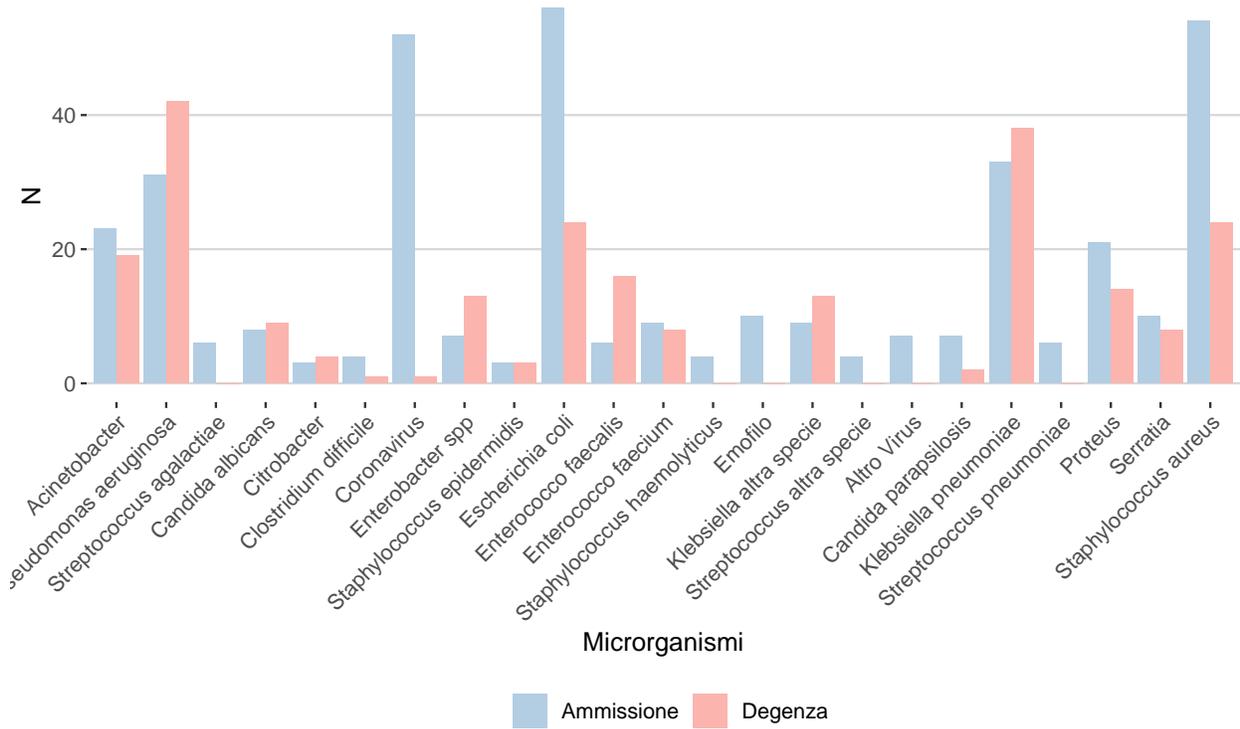
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	1	2.94
No	0	0
Non testato	33	97.06
Missing	12	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	0	37
kpc	1	100	0	36
ndm	0	0	0	37
oxa	0	0	0	37
vim	0	0	0	37



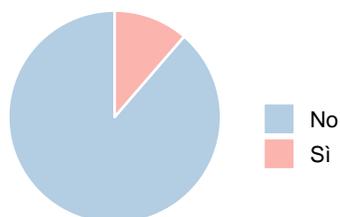
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	42	23	54.8	19	45.2
Pseudomonas aeruginosa	73	31	42.5	42	57.5
Streptococcus agalactiae	6	6	100	0	0
Candida albicans	17	8	47.1	9	52.9
Citrobacter	7	3	42.9	4	57.1
Clostridium difficile	5	4	80	1	20
Coronavirus	53	52	98.1	1	1.9
Enterobacter spp	20	7	35	13	65
Staphylococcus epidermidis	6	3	50	3	50
Escherichia coli	80	56	70	24	30
Enterococco faecalis	22	6	27.3	16	72.7
Enterococco faecium	17	9	52.9	8	47.1
Staphylococcus haemolyticus	4	4	100	0	0
Emofilo	10	10	100	0	0
Klebsiella altra specie	22	9	40.9	13	59.1
Streptococcus altra specie	4	4	100	0	0
Altro Virus	7	7	100	0	0
Candida parapsilosis	9	7	77.8	2	22.2
Klebsiella pneumoniae	71	33	46.5	38	53.5
Streptococcus pneumoniae	6	6	100	0	0
Proteus	35	21	60	14	40
Serratia	18	10	55.6	8	44.4
Staphylococcus aureus	78	54	69.2	24	30.8

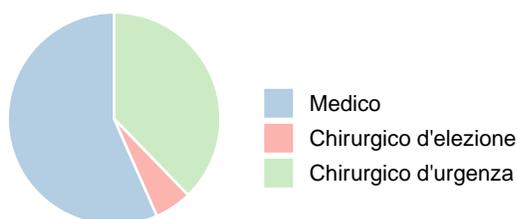
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 53)

11.1 Trauma



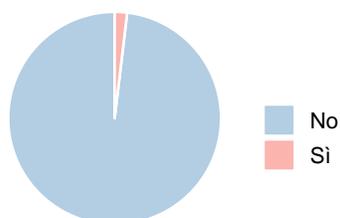
Trauma	N	%
No	47	88.7
Si	6	11.3
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	30	56.6
Chirurgico d'elezione	3	5.7
Chirurgico d'urgenza	20	37.7
Missing	0	0

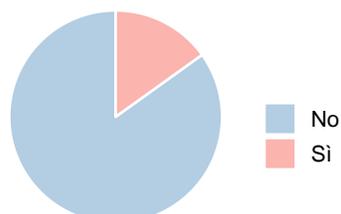
11.3 Infezione batteriémica



Batteriémica	N	%
No	52	98.1
Si	1	1.9
Missing	0	0

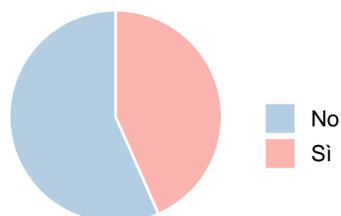
No	52	98.1
Sì	1	1.9
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



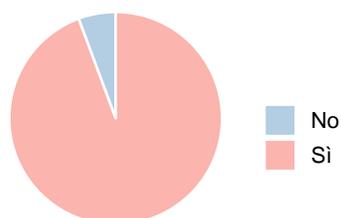
Infezione multisito	N	%
No	45	84.9
Sì	8	15.1
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	30	56.6
Sì	23	43.4
Missing	0	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

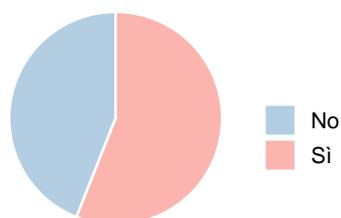


Polmonite associata a VAP	N	%
No	3	5.7
Sì	50	94.3
Missing	0	0

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

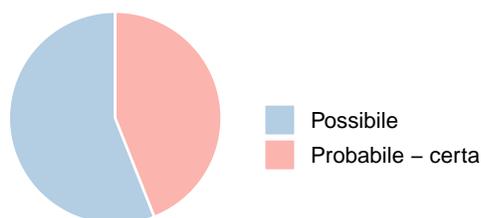
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 50)

12.1 VAP precoce



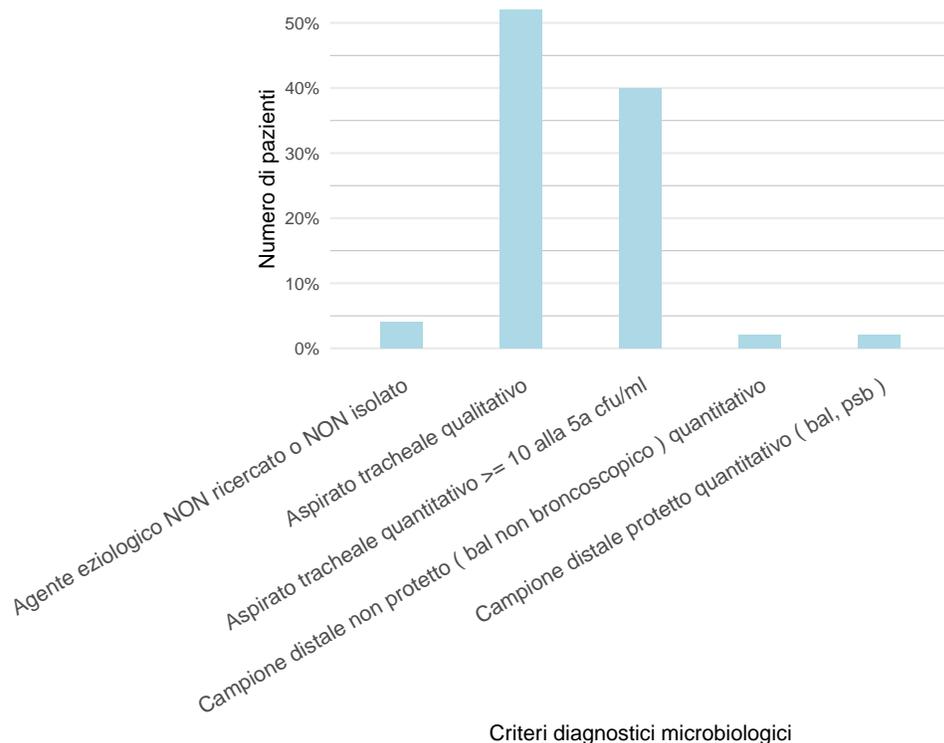
VAP precoce	N	%
No	22	44.0
Sì	28	56.0
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	28	56.0
Probabile - certa	22	44.0
Missing	0	0

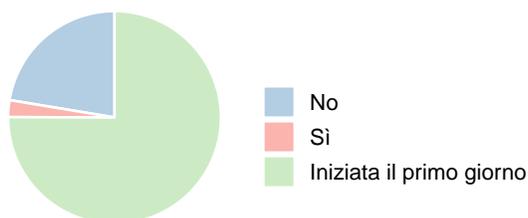
12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	1	2.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	0	0.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	0	0.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	1	2.0
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	20	40.0
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	0	0.0
Aspirato tracheale qualitativo	26	52.0
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	2	4.0
Missing	0	0

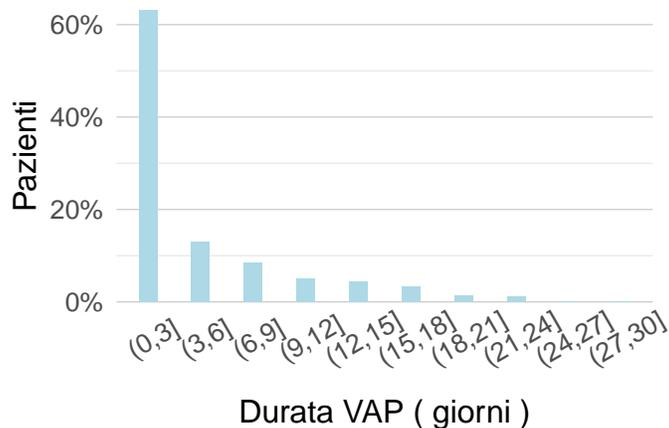
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 1019)

12.4.1 Ventilazione invasiva



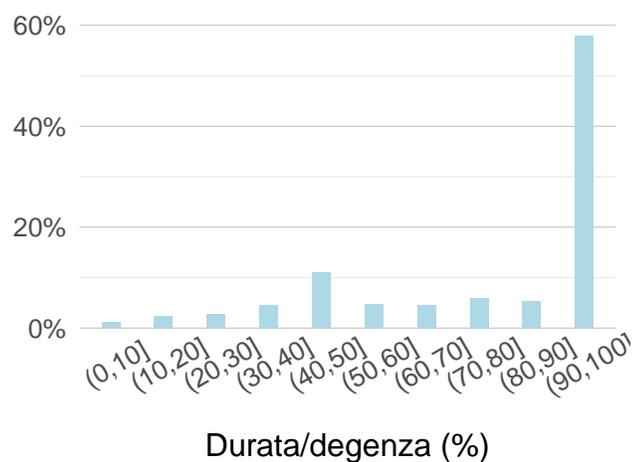
Ventilazione invasiva	N	%
No	227	22.4
Sì	787	77.6
Iniziata il primo giorno	761	74.7
Missing	5	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.2 (9.1)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7.5)
Missing	0

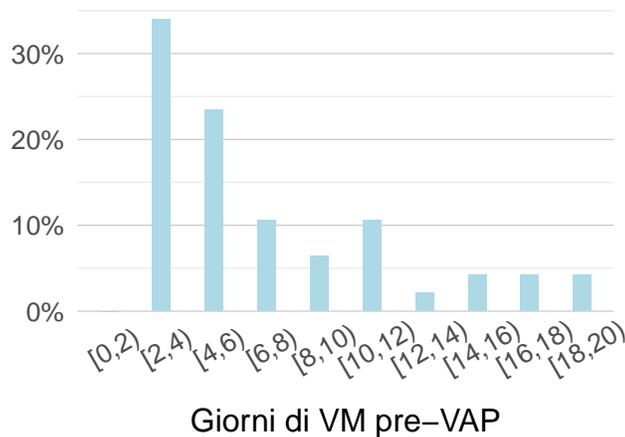
12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	80.6 (26.3)
Mediana (Q1-Q3)	100 (60-100)

Missing	0
---------	---

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	50
Media (DS)	7.6 (5.7)
Mediana (Q1-Q3)	5 (3-11)
Missing	0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	12.4	8.7 %
CI (95%)	9.2 - 16.3	6.4 - 11.4

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.

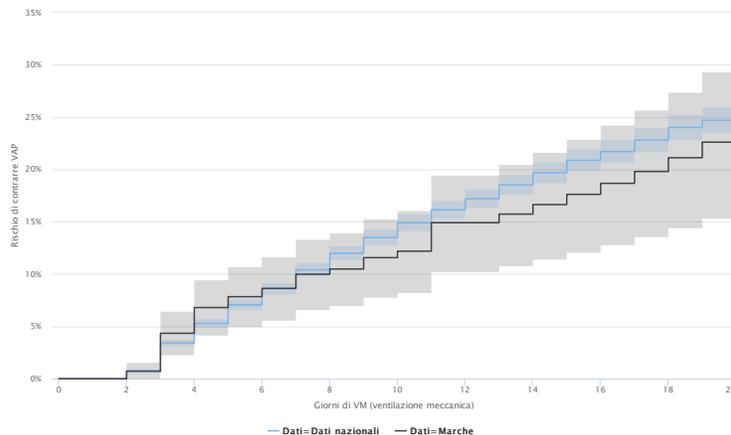
Il secondo invece:

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

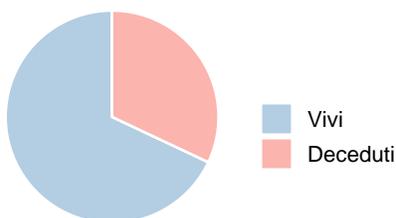
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

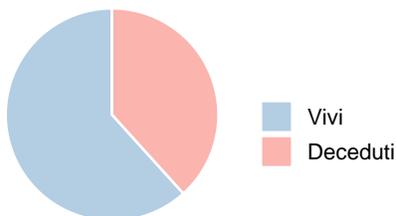


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	34	68.0
Deceduti	16	32.0
Missing	0	0

12.8 Mortalità ospedaliera *

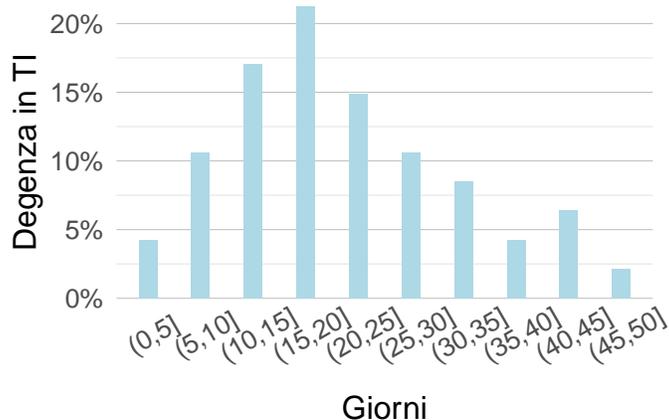


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	29	61.7

Deceduti	18	38.3
Missing	0	0

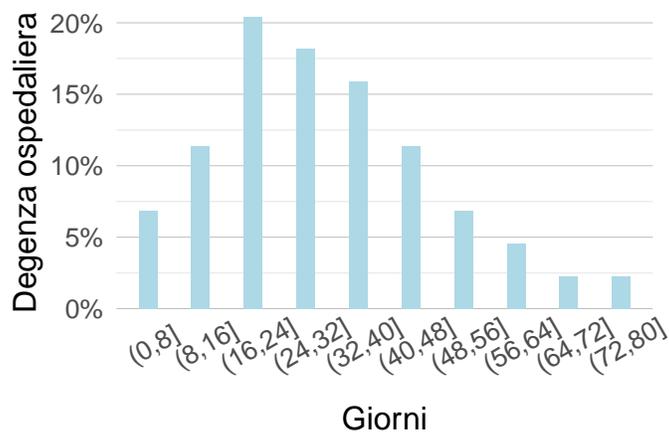
* Statistiche calcolate su 47 escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.3 (13.0)
Mediana (Q1-Q3)	20.5 (14-31)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.1 (24.0)
Mediana (Q1-Q3)	30 (19.5-45)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 47 escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

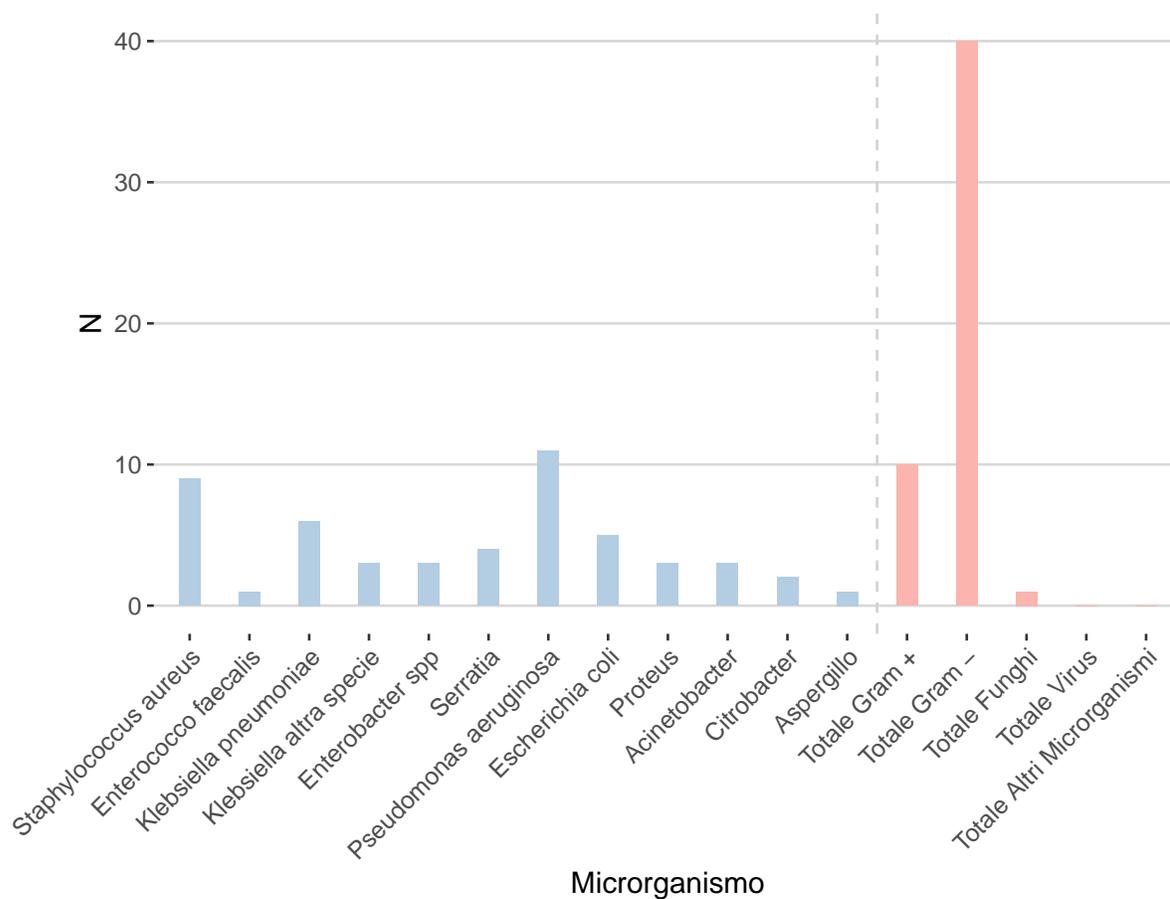
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

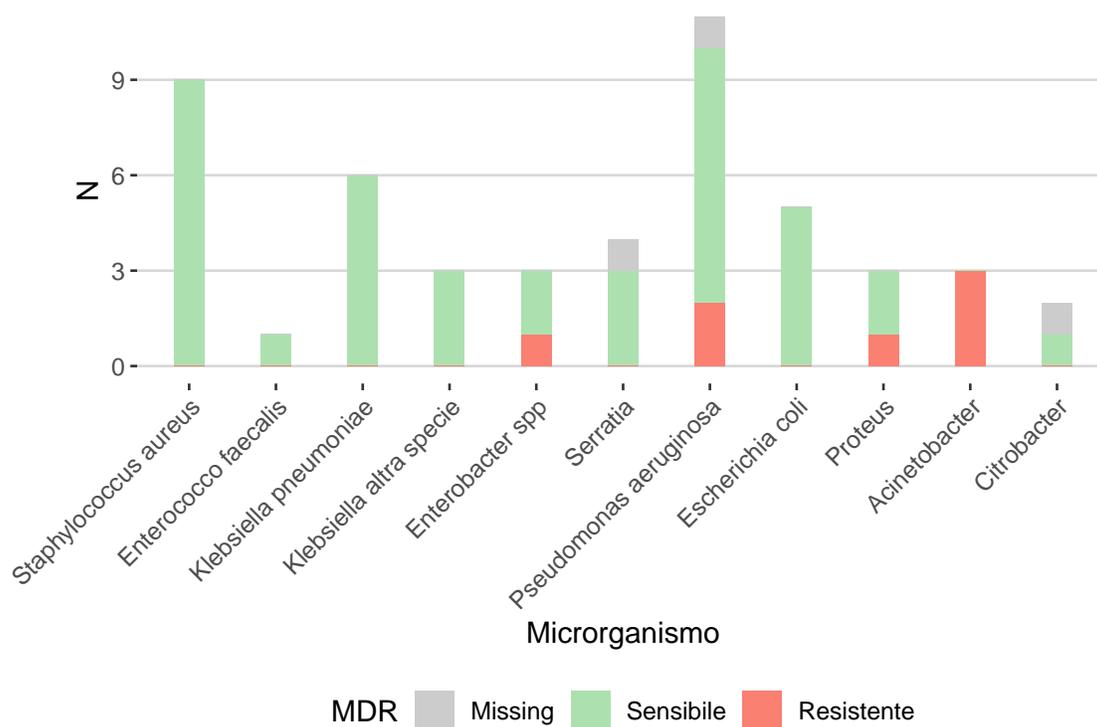
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	4.0
Sì	48	96.0
Missing	0	
Totale infezioni	50	
Totale microrganismi isolati	52	

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	9	18.8	9	0	0
Enterococco faecalis	1	2.1	1	0	0
Totale Gram +	10	20.8	10	0	0
Klebsiella pneumoniae	6	12.5	6	0	0
Klebsiella altra specie	3	6.2	3	0	0
Enterobacter spp	3	6.2	3	1	33.3
Serratia	4	8.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	22.9	10	2	20
Escherichia coli	5	10.4	5	0	0
Proteus	3	6.2	3	1	33.3
Acinetobacter	3	6.2	3	3	100
Citrobacter	2	4.2	1	0	0
Totale Gram -	40	83.3	37	7	18.9
Aspergillo	1	2.1	0	0	0
Totale Funghi	1	2.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

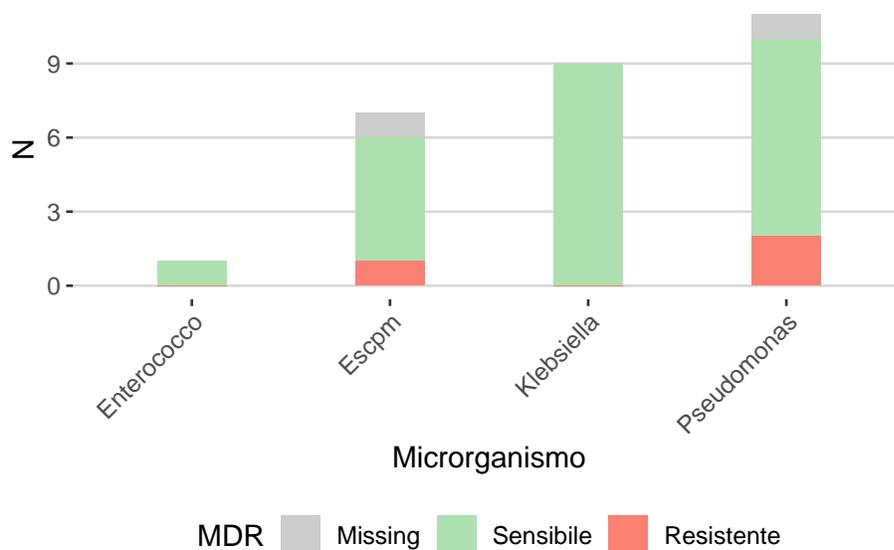


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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 haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Candida albicans*, *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.

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	1	1	1	0	0.00	0
Escpm	7	6	5	1	16.67	1
Klebsiella	9	9	9	0	0.00	0
Pseudomonas	11	10	8	2	20.00	1

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	%
Enterobacter spp	3	Ertapenem	1	33.33
Proteus	3	Ertapenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	1	11.11
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	1	10.00

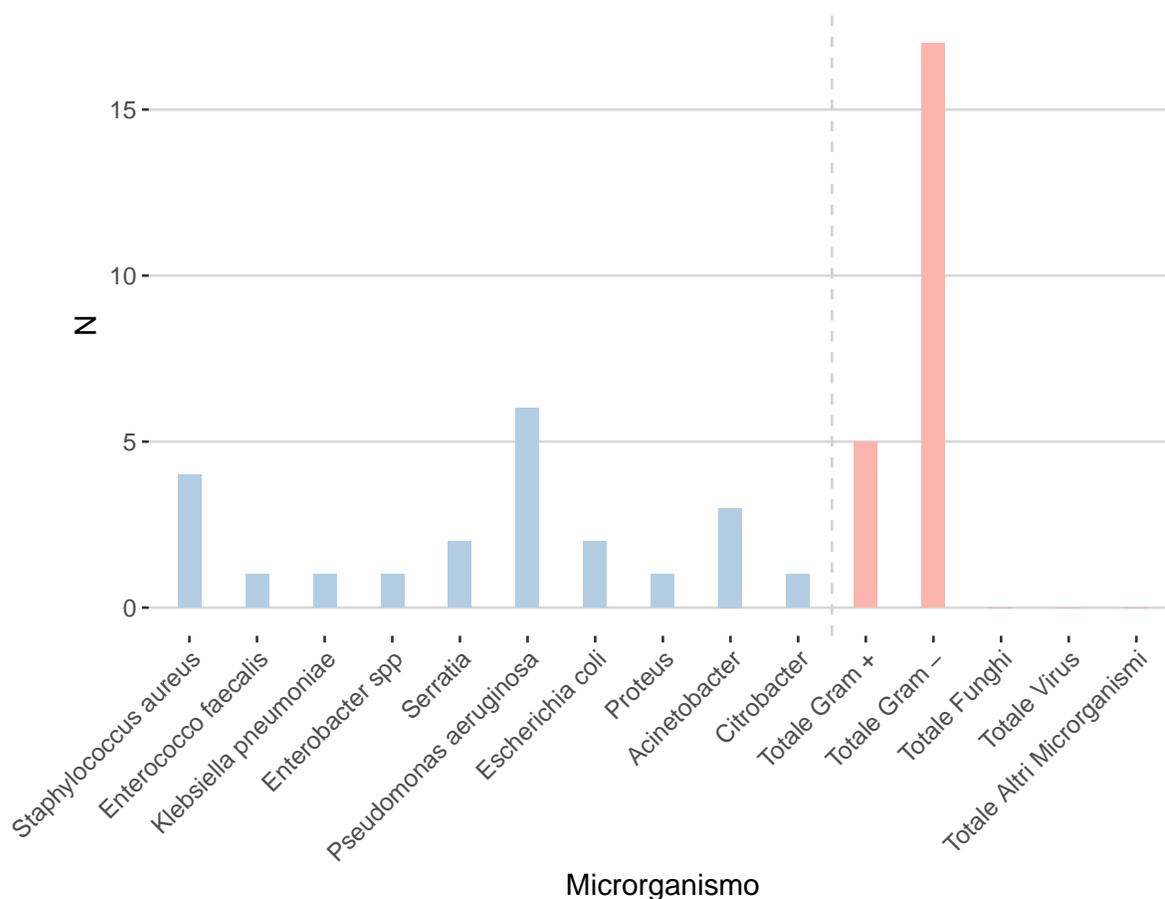
12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	22	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	22	
Totale microrganismi isolati	23	

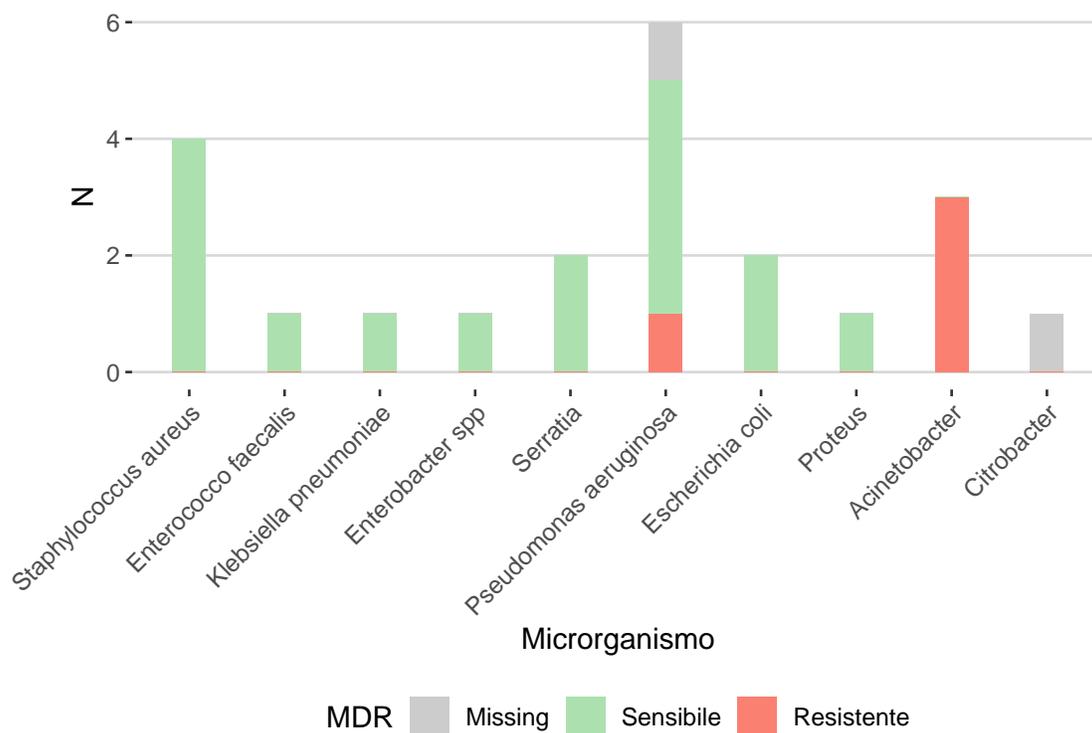
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	18.2	4	0	0
Enterococco faecalis	1	4.5	1	0	0
Totale Gram +	5	22.7	5	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	1	4.5	1	0	0
Serratia	2	9.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	27.3	5	1	20
Escherichia coli	2	9.1	2	0	0
Proteus	1	4.5	1	0	0
Acinetobacter	3	13.6	3	3	100
Citrobacter	1	4.5	0	0	0
Totale Gram -	17	77.3	15	4	26.7
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	4	18.2	4	0	0
Enterococco faecalis	1	4.5	1	0	0
Totale Gram +	5	22.7	5	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	1	4.5	1	0	0
Serratia	2	9.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	27.3	5	1	20
Escherichia coli	2	9.1	2	0	0
Proteus	1	4.5	1	0	0
Acinetobacter	3	13.6	3	3	100
Citrobacter	1	4.5	0	0	0
Totale Gram -	17	77.3	15	4	26.7
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 faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Klebsiella altra specie*, *Pseudomonas altra specie*, *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.

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

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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	3	Imipenem	3	100
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25

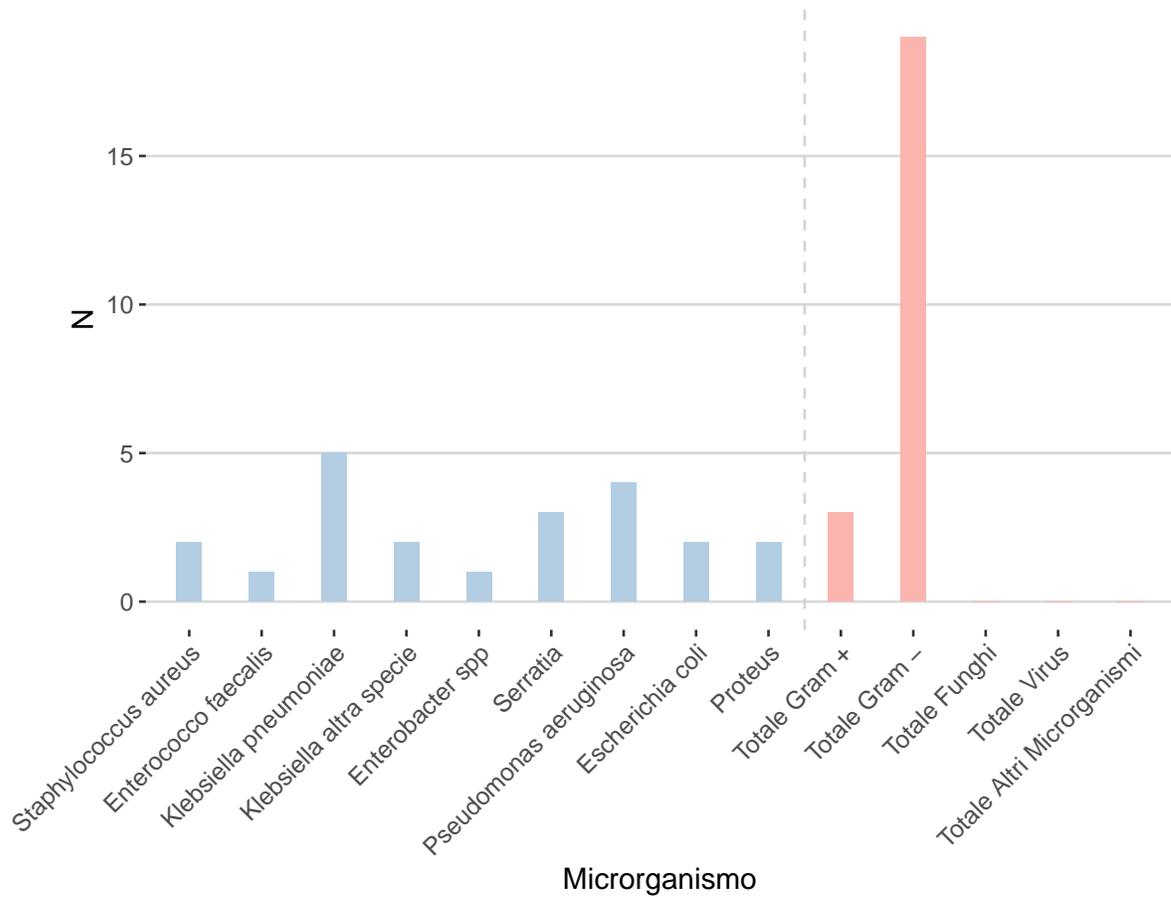
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

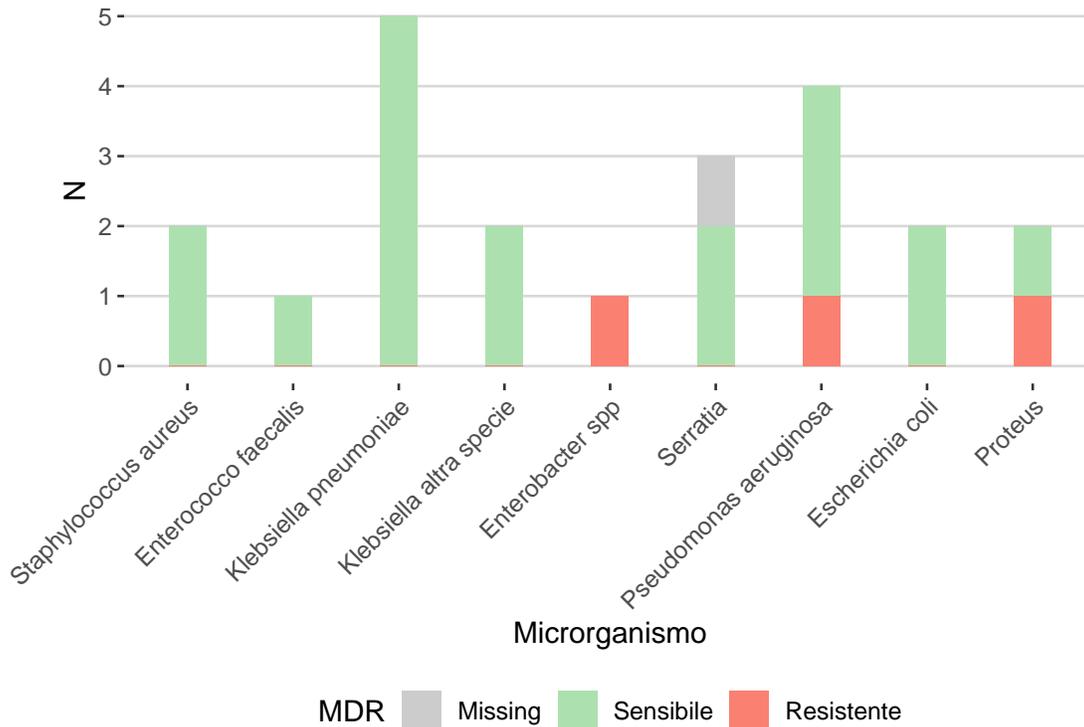
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	21	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	21	
Totale microrganismi isolati	23	

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	9.5	2	0	0
Enterococco faecalis	1	4.8	1	0	0
Totale Gram +	3	14.3	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	23.8	5	0	0
Klebsiella altra specie	2	9.5	2	0	0
Enterobacter spp	1	4.8	1	1	100
Serratia	3	14.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	19.0	4	1	25
Escherichia coli	2	9.5	2	0	0
Proteus	2	9.5	2	1	50
Totale Gram -	19	90.5	18	3	16.7
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

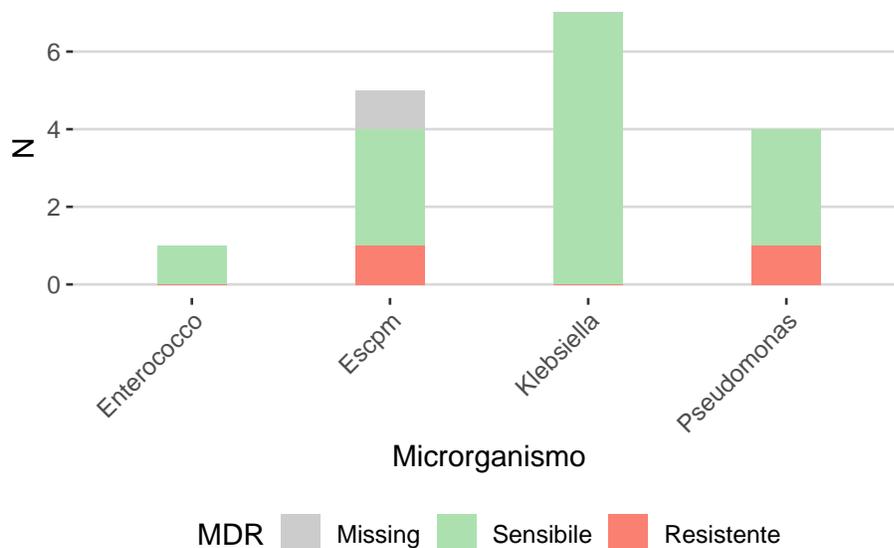


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococco faecium*, *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*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, *Pseudomonas altra specie*, *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.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	1	1	1	0	0	0
Escpm	5	4	3	1	25	1
Klebsiella	7	7	7	0	0	0
Pseudomonas	4	4	3	1	25	0

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

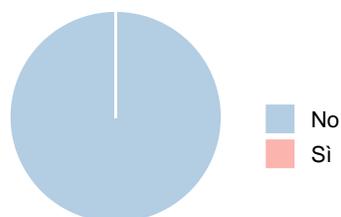
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100
Proteus	2	Ertapenem	1	50
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25

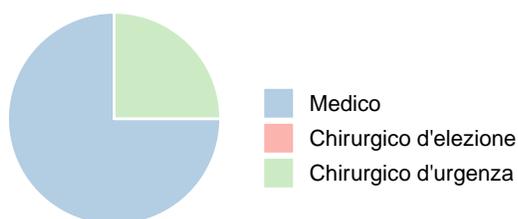
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 16)

13.1 Trauma



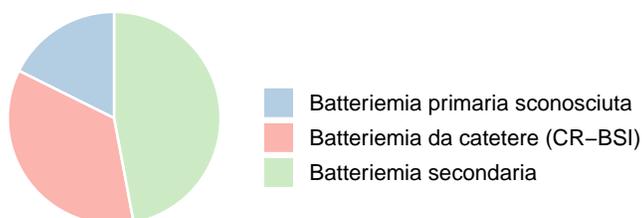
Trauma	N	%
No	16	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	12	75.0
Chirurgico d'elezione	0	0.0
Chirurgico d'urgenza	4	25.0
Missing	0	0

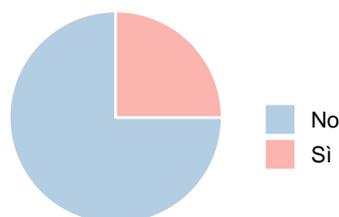
13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	2	12.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	6	37.5
Batteriemia secondaria	8	50.0

Batteriemia primaria sconosciuta	3	18.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	6	37.5
Batteriemia secondaria	8	50.0
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo

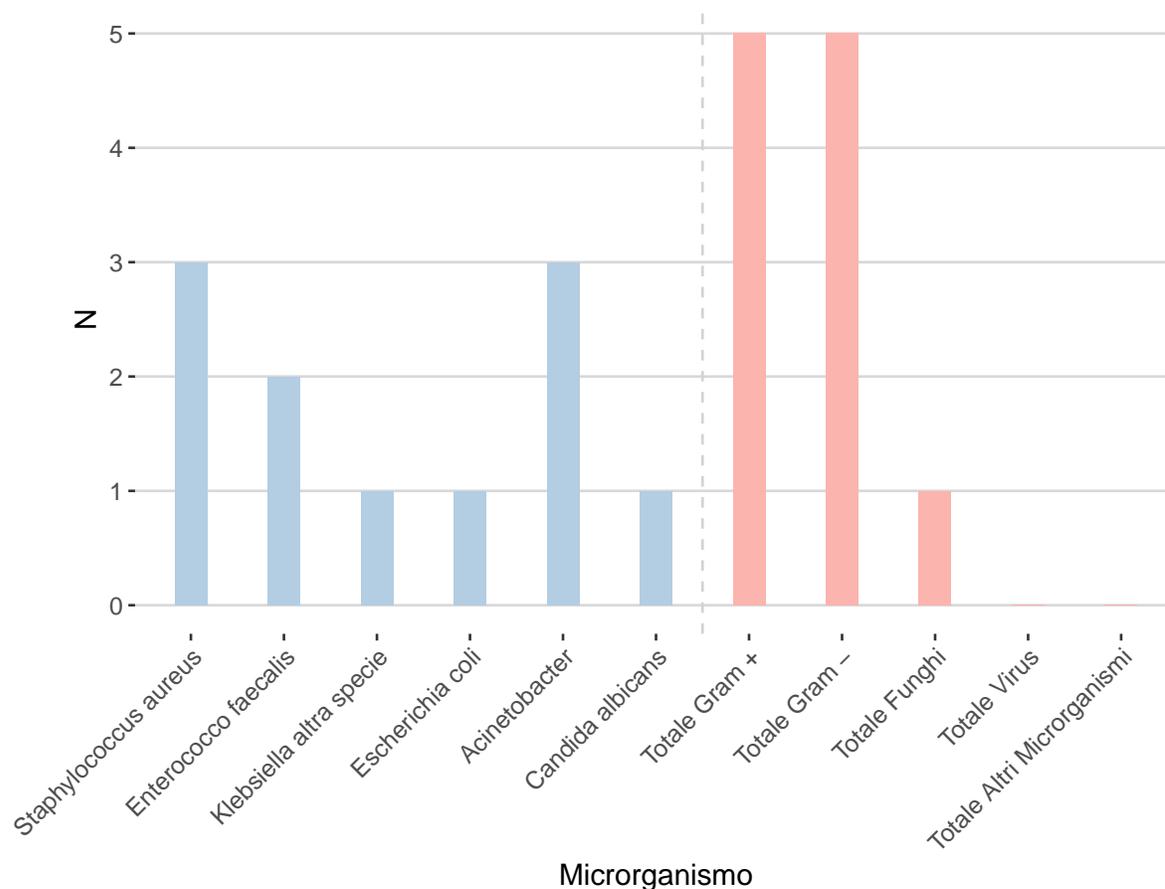


Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	6	75.0
Si	2	25.0
Missing	1	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

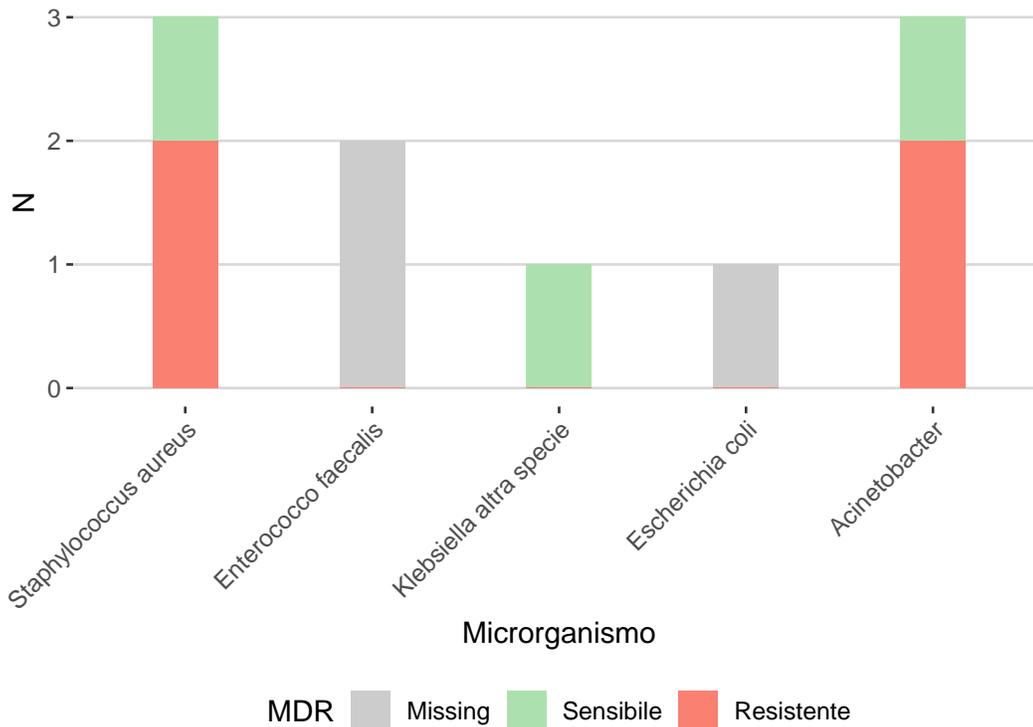
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	33.3	3	2	66.7
Enterococco faecalis	2	22.2	0	0	0
Totale Gram +	5	55.6	3	2	66.7
Klebsiella altra specie	1	11.1	1	0	0
Escherichia coli	1	11.1	0	0	0
Acinetobacter	3	33.3	3	2	66.7
Totale Gram -	5	55.6	4	2	50
Candida albicans	1	11.1	0	0	0
Totale Funghi	1	11.1	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	33.3	3	2	66.7
Enterococco faecalis	2	22.2	0	0	0
Totale Gram +	5	55.6	3	2	66.7
Klebsiella altra specie	1	11.1	1	0	0
Escherichia coli	1	11.1	0	0	0
Acinetobacter	3	33.3	3	2	66.7
Totale Gram -	5	55.6	4	2	50
Candida albicans	1	11.1	0	0	0
Totale Funghi	1	11.1	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 faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Enterobacter spp*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus*, *Providencia*, *Serratia*, *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.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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	%
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67

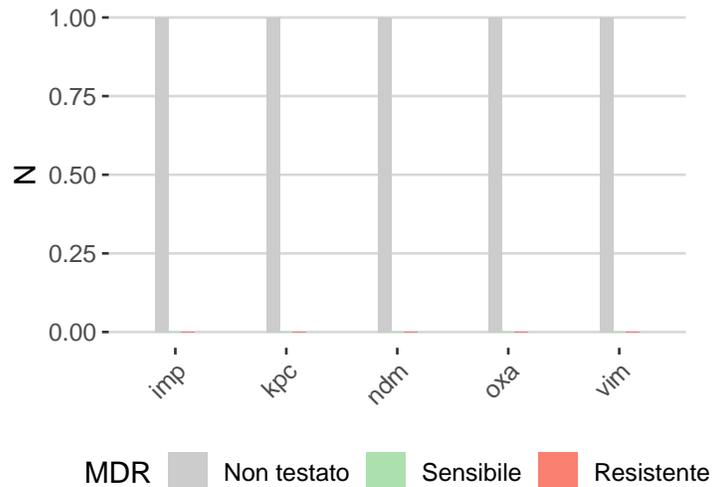
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67

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.

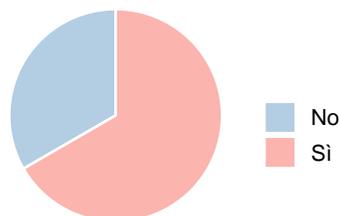
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	1	

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



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 3)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	1	33.3
Sì	2	66.7
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	0.4	0.3 %
CI (95%)	0.1 - 1.2	0.1 - 0.9

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

Il primo:

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

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

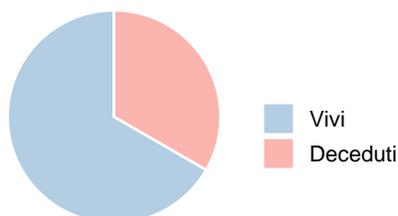
Il secondo:

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

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

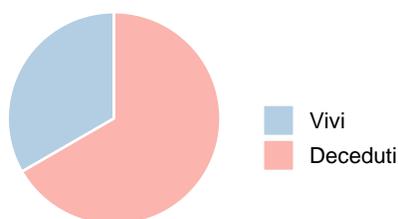
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2	66.7
Deceduti	1	33.3
Missing	0	0

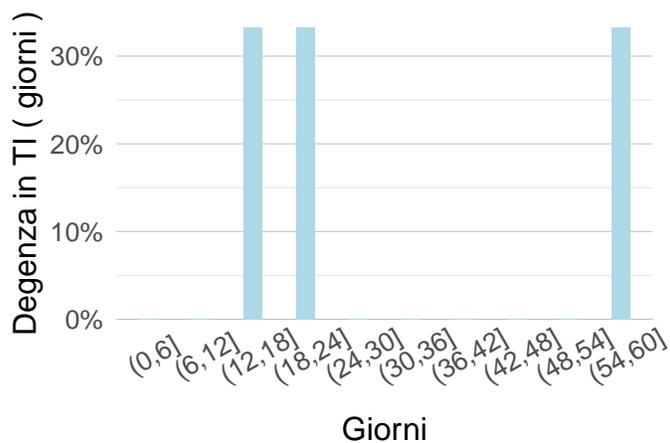
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1	33.3
Deceduti	2	66.7
Missing	0	0

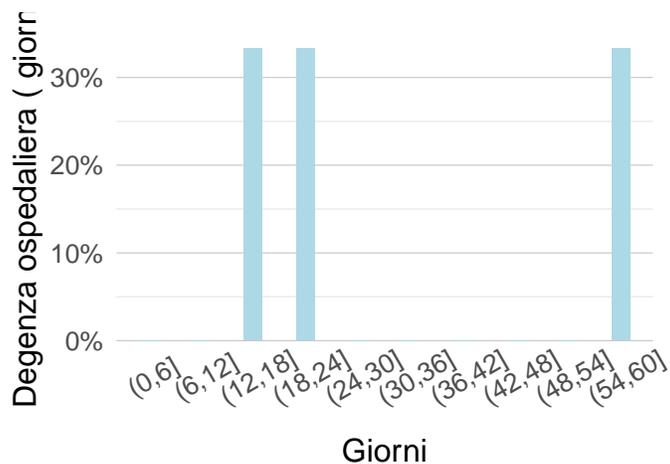
* Statistiche calcolate su 3 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.0 (22.9)
Mediana (Q1-Q3)	21 (17-38.5)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



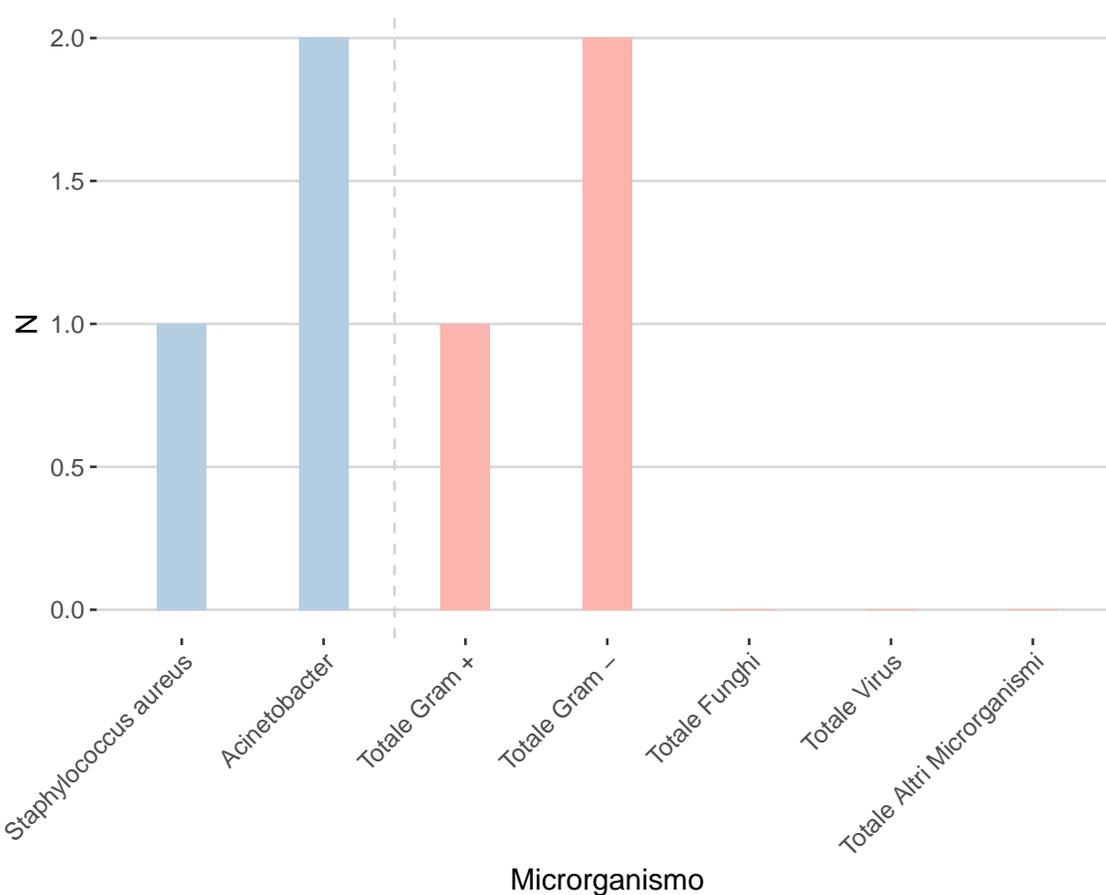
Indicatore	Valore
Media (DS)	51.7 (42.0)
Mediana (Q1-Q3)	44 (29-70.5)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 3 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

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.

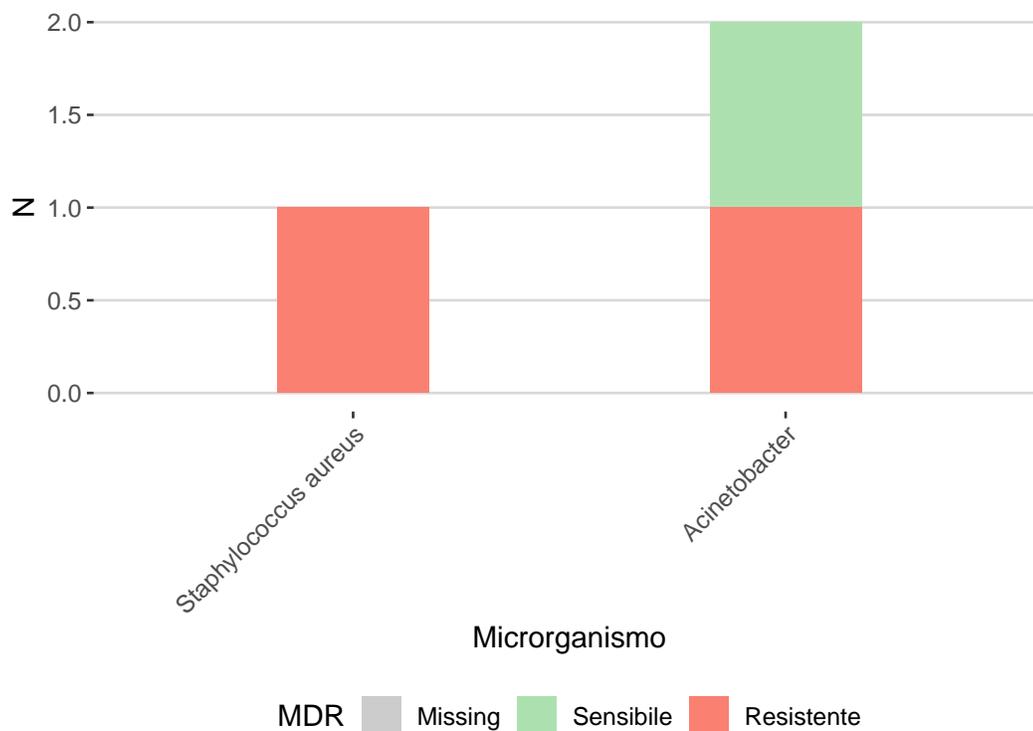
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	33.3	1	1	100
Totale Gram +	1	33.3	1	1	100
Acinetobacter	2	66.7	2	1	50
Totale Gram -	2	66.7	2	1	50
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	33.3	1	1	100
Totale Gram +	1	33.3	1	1	100
Acinetobacter	2	66.7	2	1	50
Totale Gram -	2	66.7	2	1	50
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, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, 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, 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.

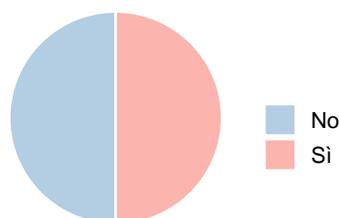
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 6)

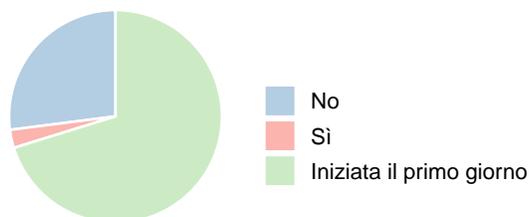
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	3	50.0
Si	3	50.0
Missing	0	0

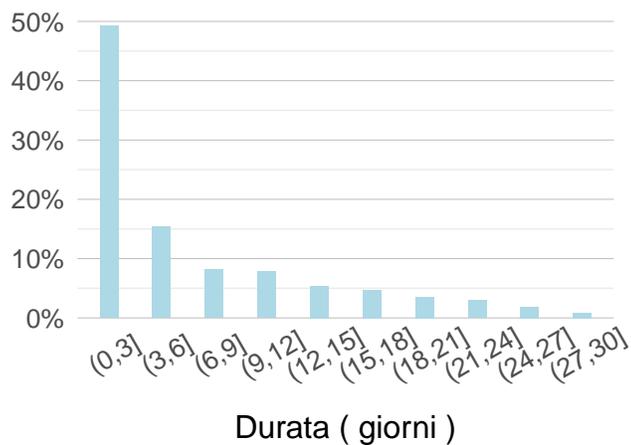
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 1019)



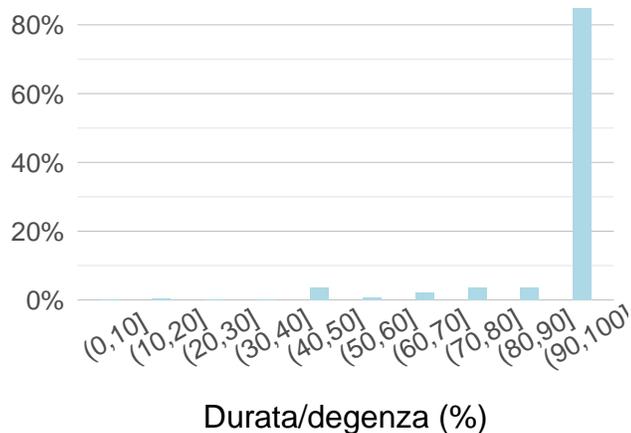
Cvc	N	%
No	274	27.0
Si	740	73.0
Iniziata il primo giorno	712	69.9
Missing	5	

15.2.2 Durata (giorni)



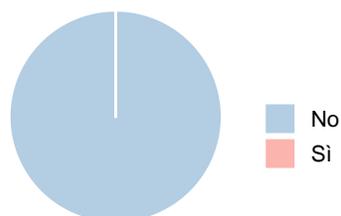
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.3 (9.9)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-11.5)
Missing	1

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



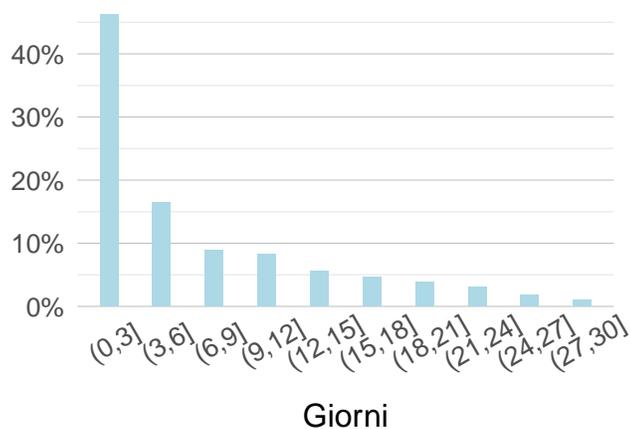
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.4 (14.5)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	1

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 1019)



Infezione locale da catetere	N	%
No	1014	100.0
Si	0	0.0
Missing	5	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	5
Media (DS)	14.0 (9.3)
Mediana (Q1-Q3)	9 (8-19)
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.0	0.7 %
CI (95%)	0.4 - 2.2	0.3 - 1.5

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.

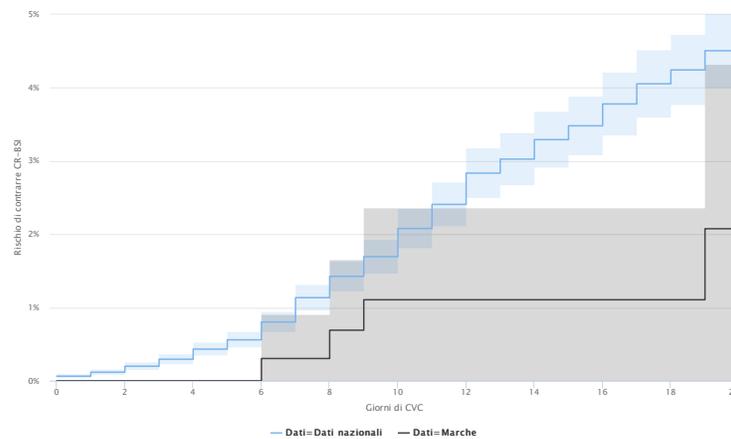
Il secondo invece:

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

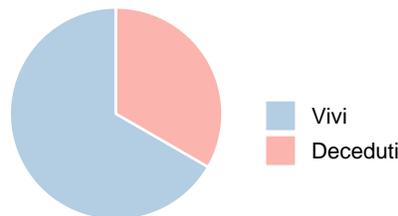
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



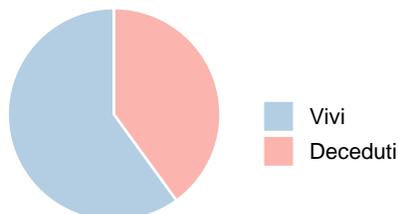
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4	66.7
Deceduti	2	33.3

Missing	0	0
---------	---	---

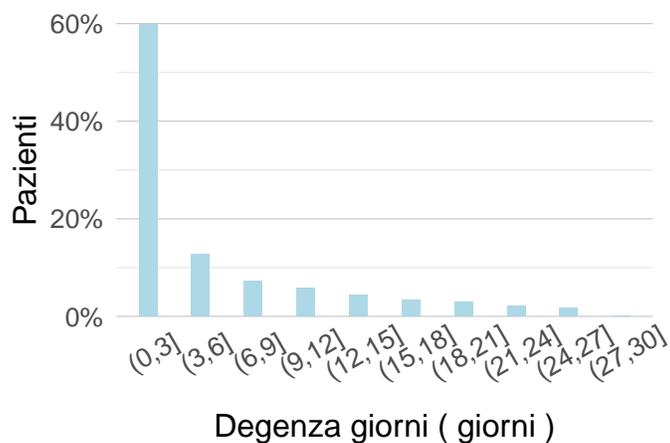
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3	60.0
Deceduti	2	40.0
Missing	1	0

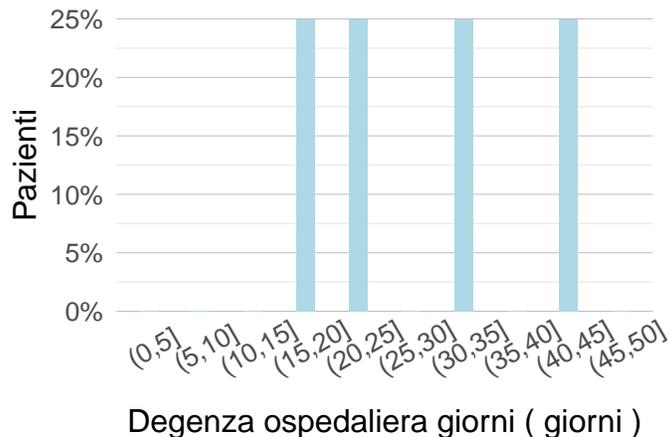
* Statistiche calcolate su 6 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.8 (22.0)
Mediana (Q1-Q3)	31.5 (26.5-38.8)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.4 (16.5)
Mediana (Q1-Q3)	32 (25-44)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 6 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

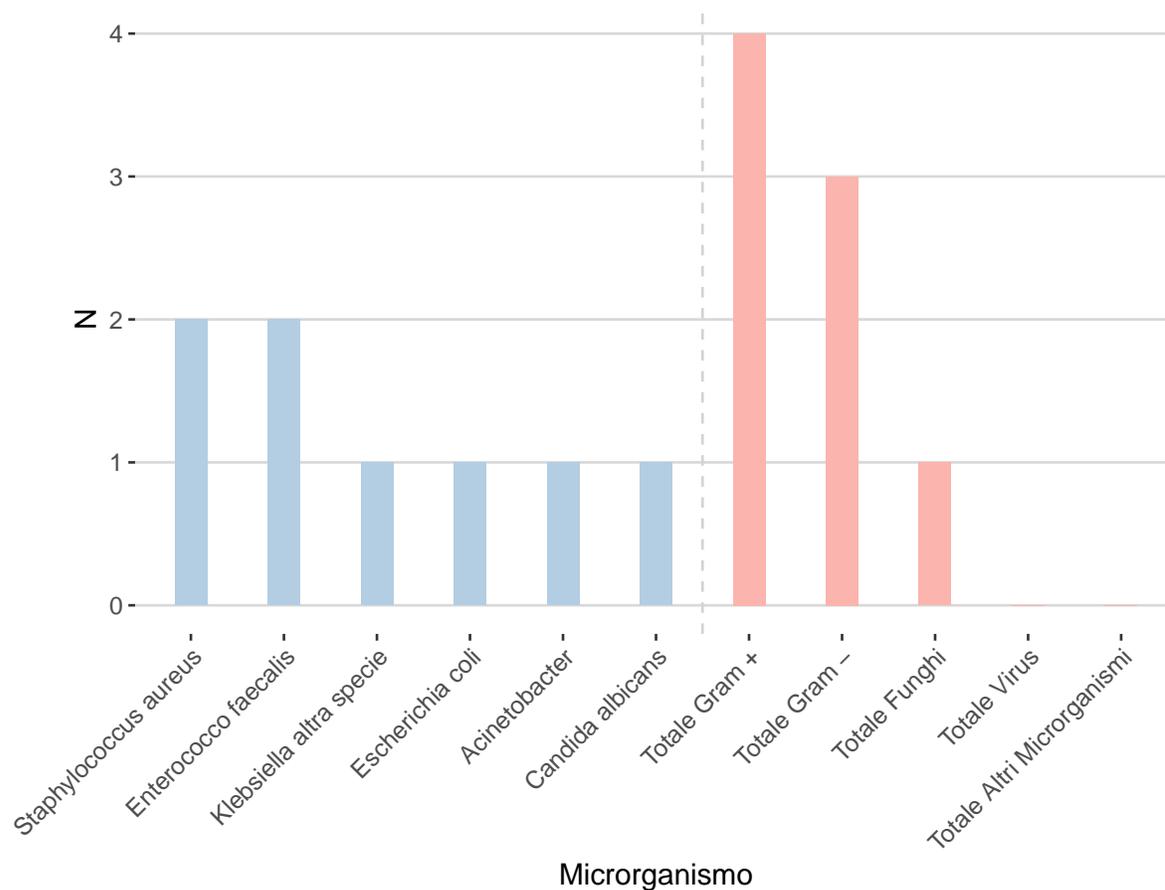
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	6	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	6	
Totale microrganismi isolati	8	

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.

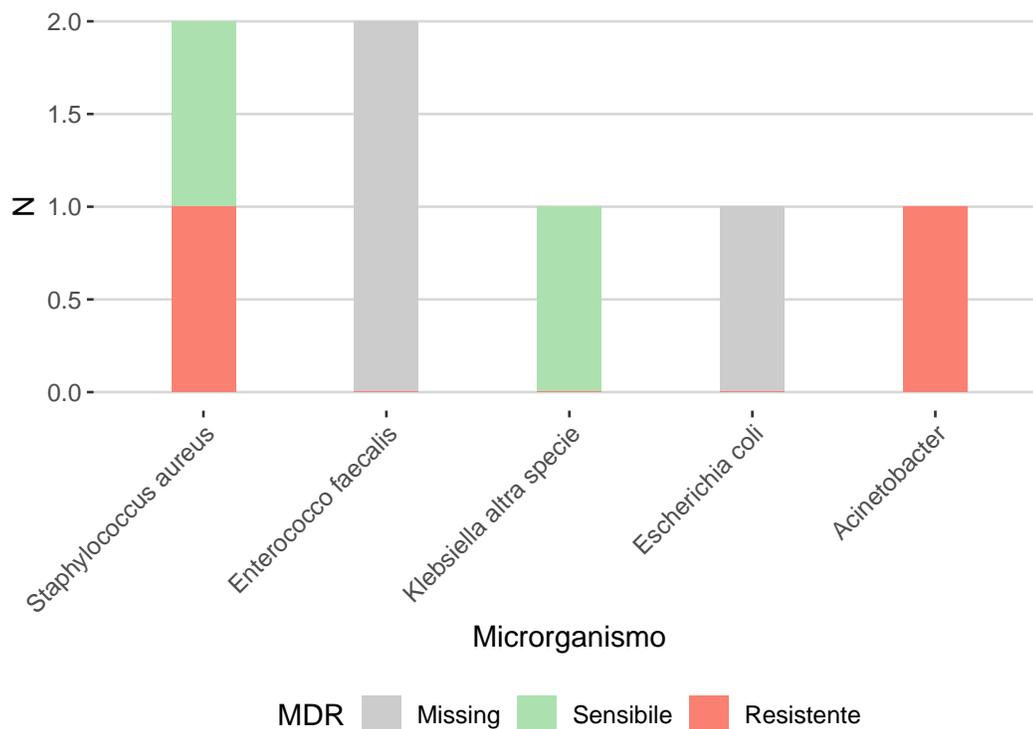
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	33.3	2	1	50
Enterococco faecalis	2	33.3	0	0	0
Totale Gram +	4	66.7	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	16.7	1	0	0
Escherichia coli	1	16.7	0	0	0
Acinetobacter	1	16.7	1	1	100

Totale Gram -	3	50.0	2	1	50
Candida albicans	1	16.7	0	0	0
Totale Funghi	1	16.7	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	33.3	2	1	50
Enterococcus faecalis	2	33.3	0	0	0
Totale Gram +	4	66.7	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	16.7	1	0	0
Escherichia coli	1	16.7	0	0	0
Acinetobacter	1	16.7	1	1	100
Totale Gram -	3	50.0	2	1	50
Candida albicans	1	16.7	0	0	0
Totale Funghi	1	16.7	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 faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Klebsiella pneumoniae, Proteus, Providencia, Serratia, 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.

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.

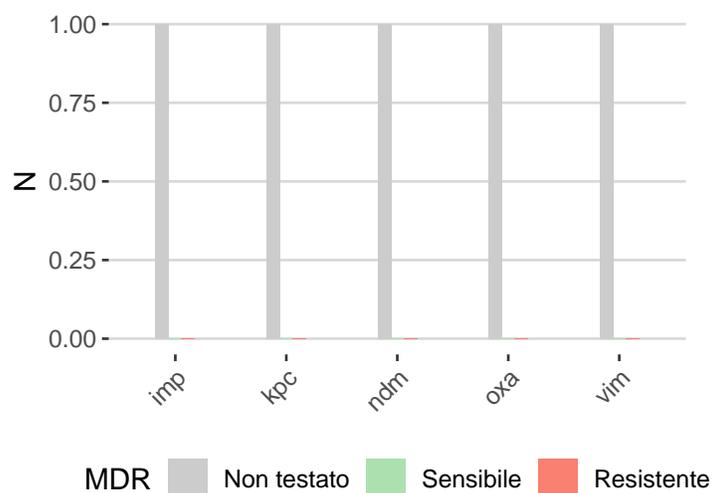
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50

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.

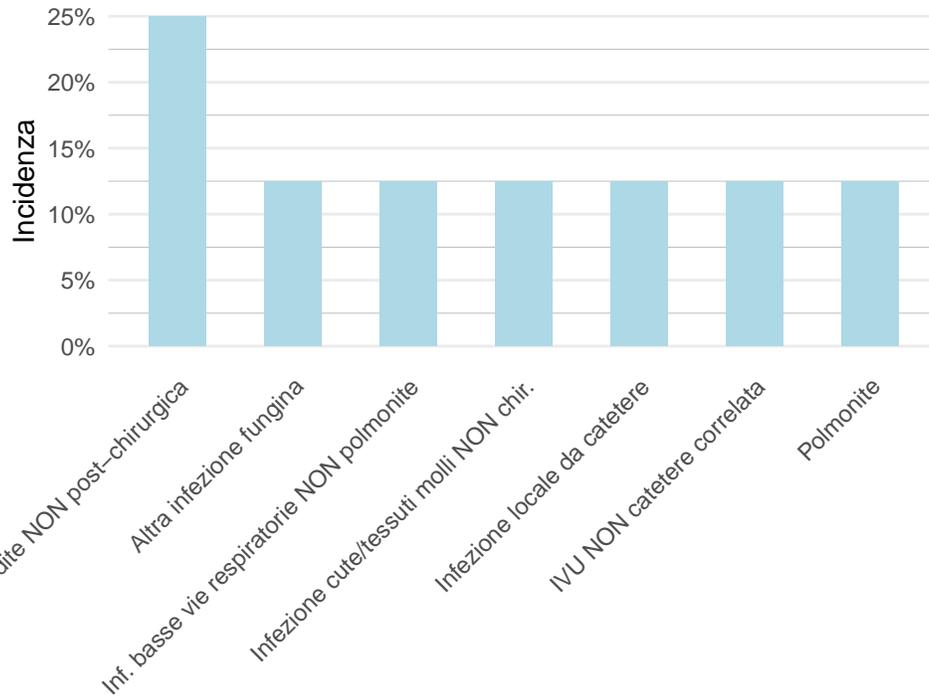
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	1	

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



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 8)

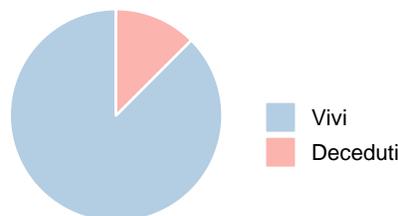
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

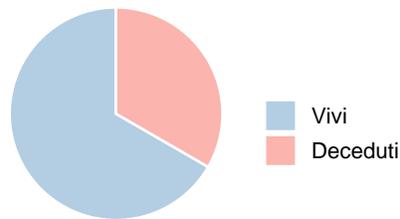
Infezione	N	%
Endocardite NON post-chirurgica	2	25
Infezione locale da catetere	1	12.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	1	12.5
Polmonite	1	12.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	1	12.5
IVU NON catetere correlata	1	12.5
Altra infezione fungina	1	12.5
Missing	0	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	7	87.5
Deceduti	1	12.5
Missing	0	0

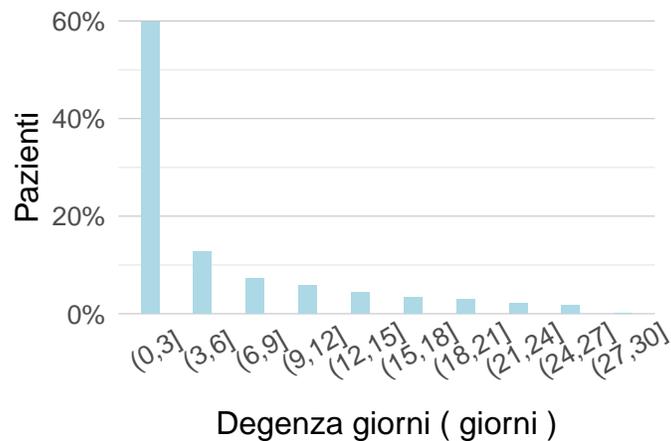
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	4	66.7
Deceduti	2	33.3
Missing	1	0

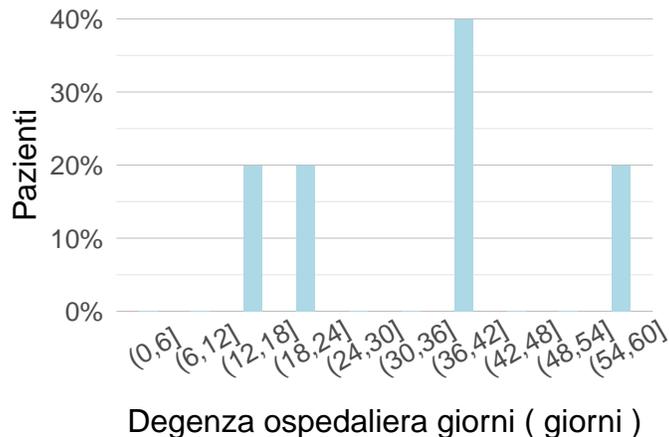
* Statistiche calcolate su 7 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.5 (24.6)
Mediana (Q1-Q3)	28.5 (14-49.2)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	38.2 (18.2)
Mediana (Q1-Q3)	39.5 (26-52.2)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 7 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

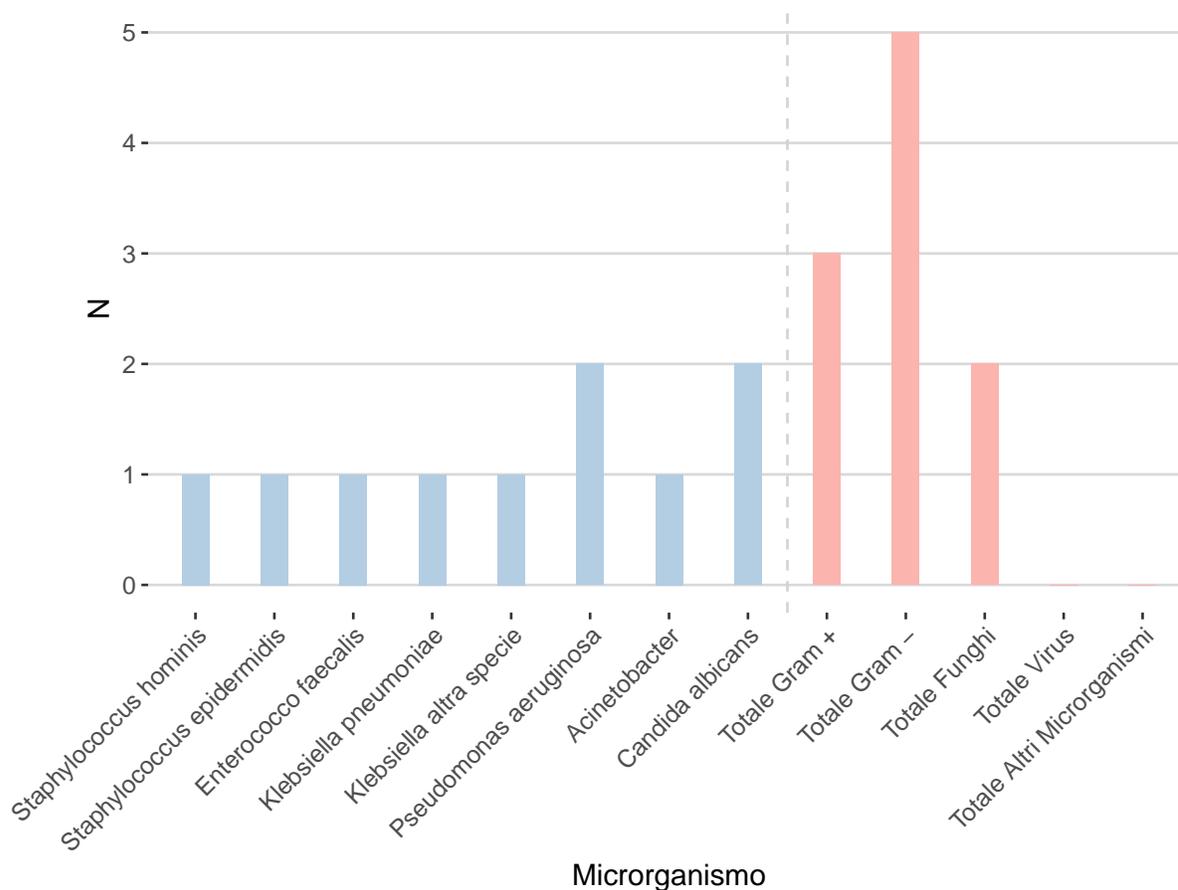
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	8	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	8	
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 hominis	1	12.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	12.5	0	0	0
Enterococco faecalis	1	12.5	1	0	0
Totale Gram +	3	37.5	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	12.5	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	12.5	1	0	0

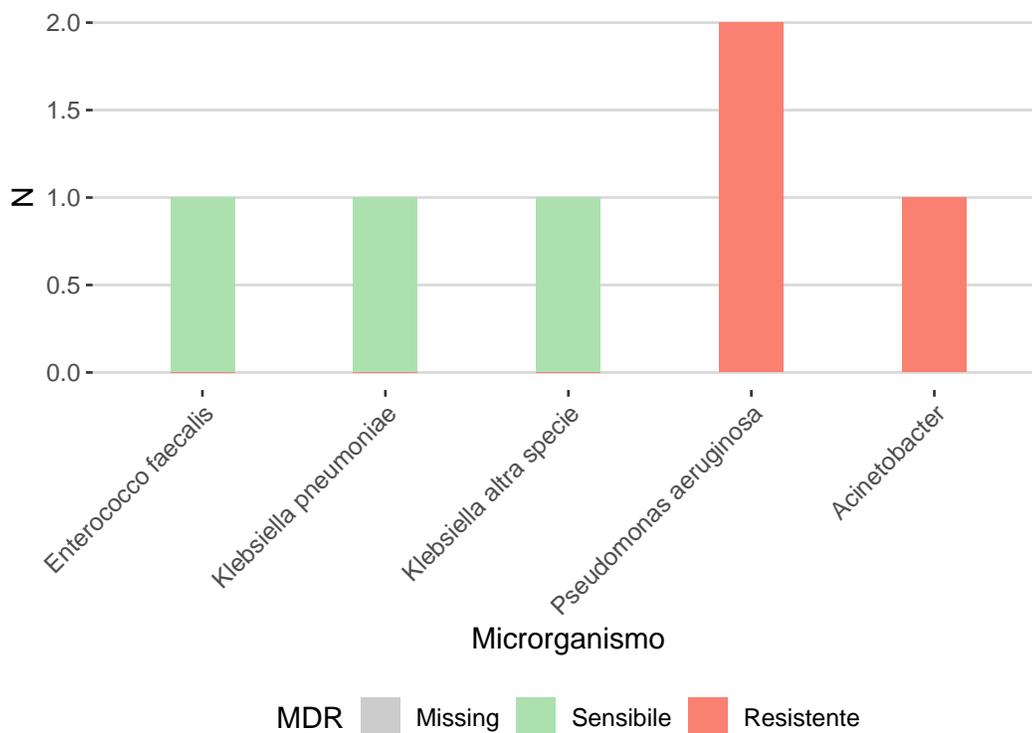
Pseudomonas aeruginosa	2	25.0	2	2	100
Acinetobacter	1	12.5	1	1	100
Totale Gram -	5	62.5	5	3	60
Candida albicans	2	25.0	0	0	0
Totale Funghi	2	25.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus hominis	1	12.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	12.5	0	0	0
Enterococco faecalis	1	12.5	1	0	0
Totale Gram +	3	37.5	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	12.5	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	12.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	25.0	2	2	100
Acinetobacter	1	12.5	1	1	100
Totale Gram -	5	62.5	5	3	60
Candida albicans	2	25.0	0	0	0
Totale Funghi	2	25.0	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 faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Staphylococcus aureus*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Enterobacter spp*, *Escherichia coli*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Serratia*, *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.

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

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

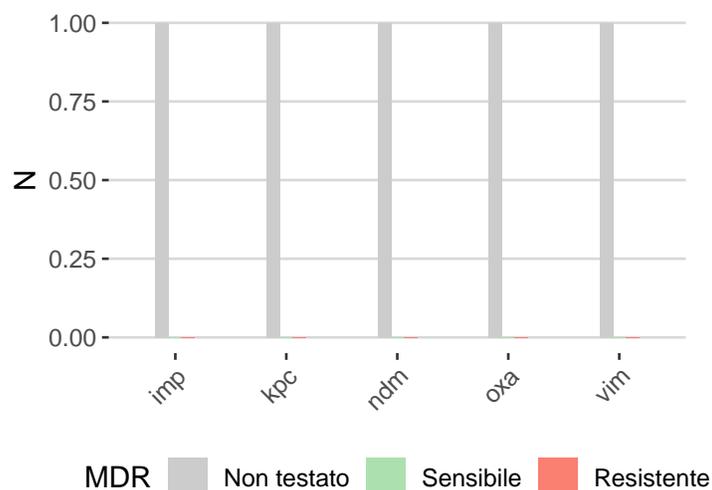
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	2	100
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50

16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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-mechanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	1	

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

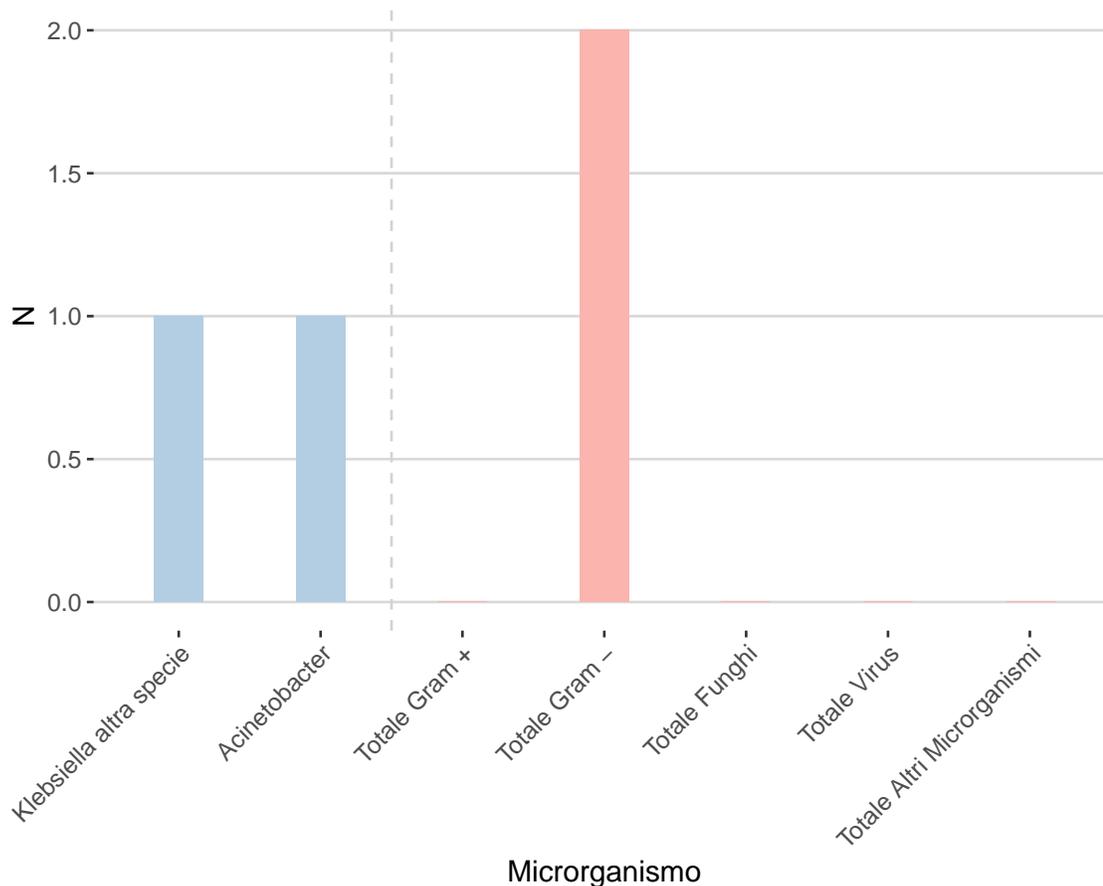


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 2)

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.

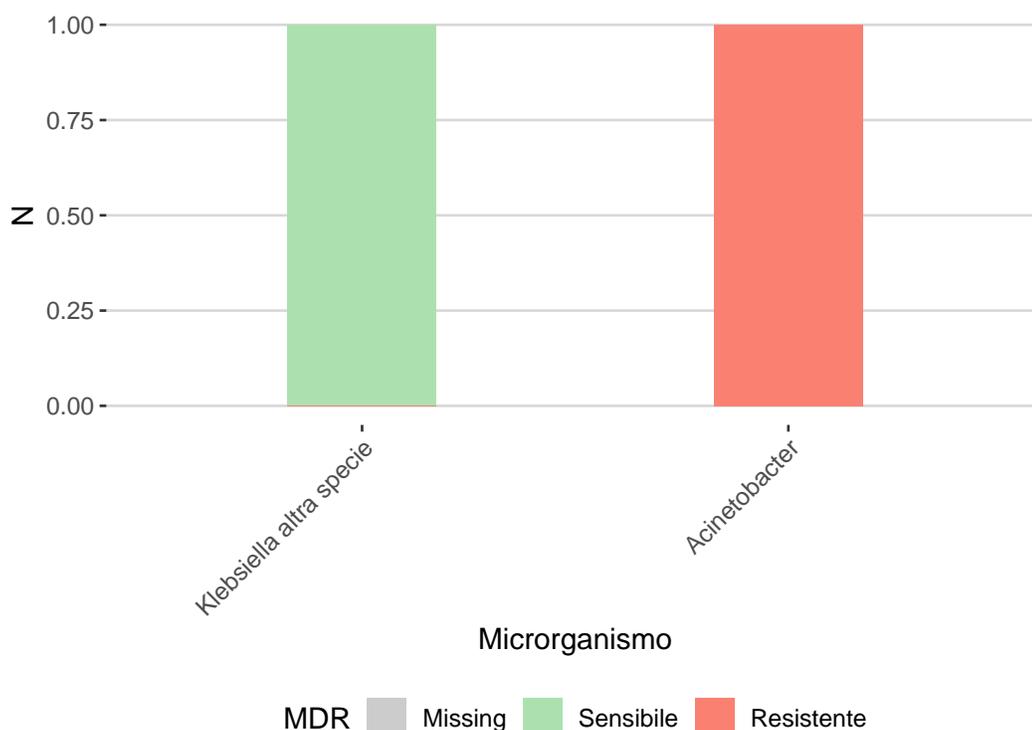
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Totale Gram +	0	0	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	50	1	0	0
Acinetobacter	1	50	1	1	100
Totale Gram -	2	100	2	1	50
Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Totale Gram +	0	0	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	50	1	0	0
Acinetobacter	1	50	1	1	100
Totale Gram -	2	100	2	1	50

Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	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, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Enterobacter spp, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, 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, 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.

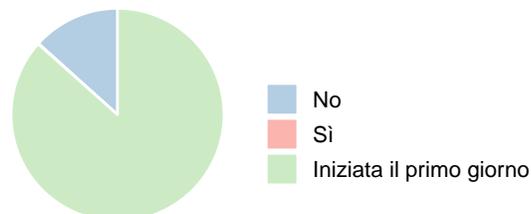
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

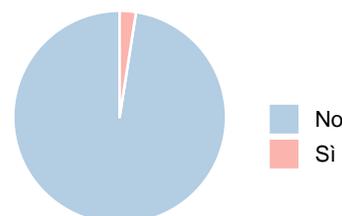
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 25)

18.1 Catetere urinario (N = 1019)



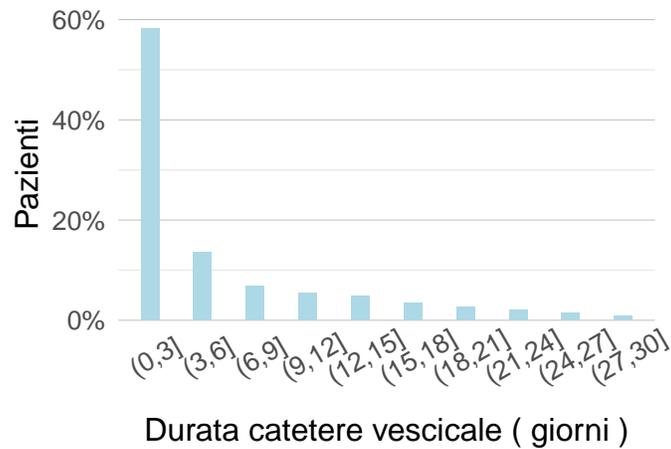
Catetere urinario	N	%
No	135	13.3
Si	879	86.7
Iniziata il primo giorno	878	86.2
Missing	5	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



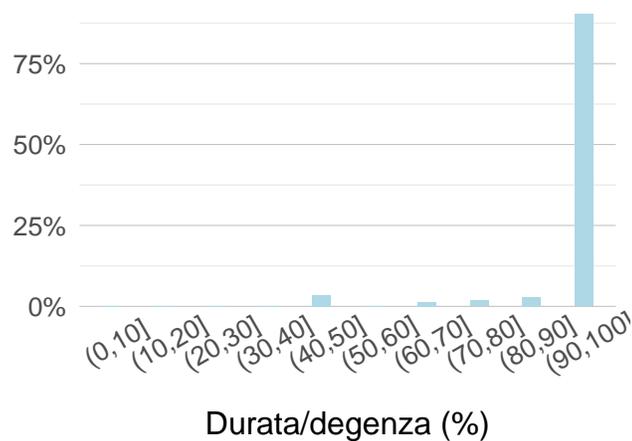
IVU catetere correlata	N	%
No	987	97.5
Sì	25	2.5
Missing	7	0

18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.4 (10.2)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-10)
Missing	1

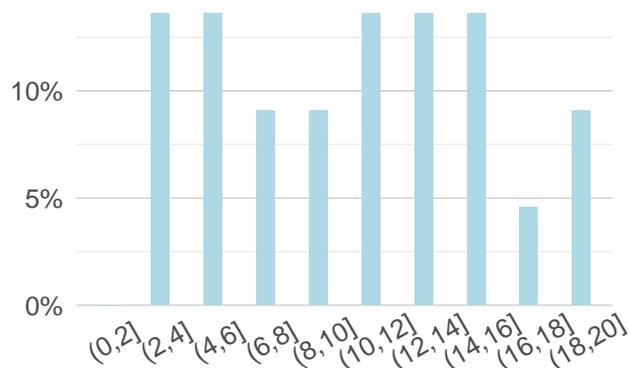
18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	96.7 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)

Missing 1

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Giorni di catetere urinario pre-IVU

Indicatore	Valore
N	25
Media (DS)	11.8 (7.0)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-16)
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	4.1	2.9 %
CI (95%)	2.7 - 6.1	1.9 - 4.3

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.

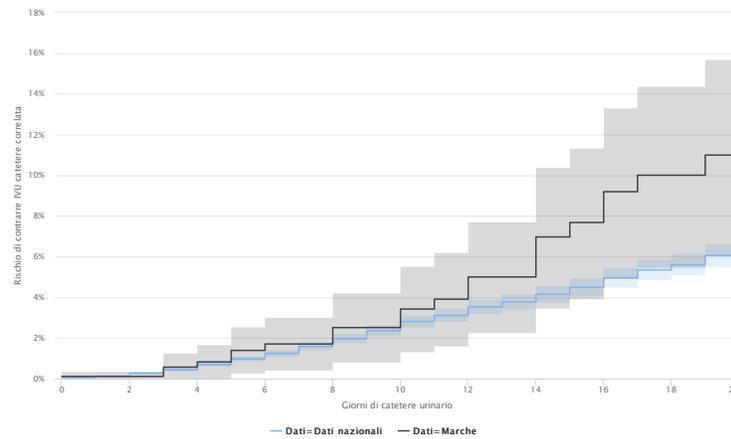
Il secondo invece:

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

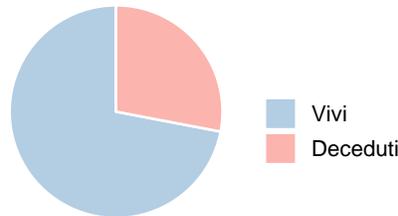
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

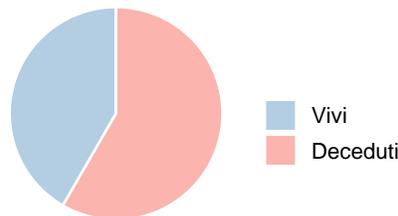


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	72.0
Deceduti	7	28.0
Missing	0	0

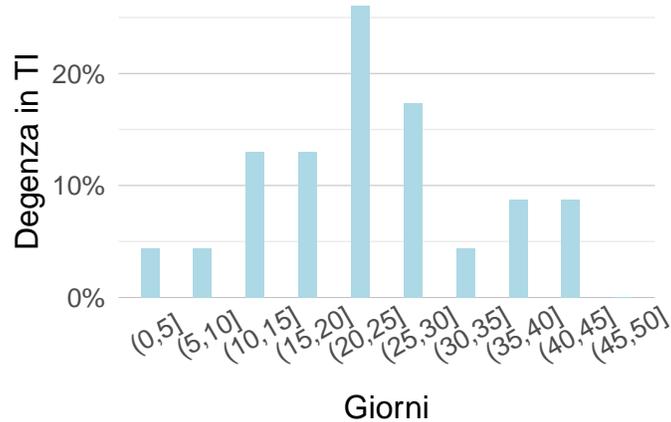
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	10	41.7
Deceduti	14	58.3
Missing	0	0

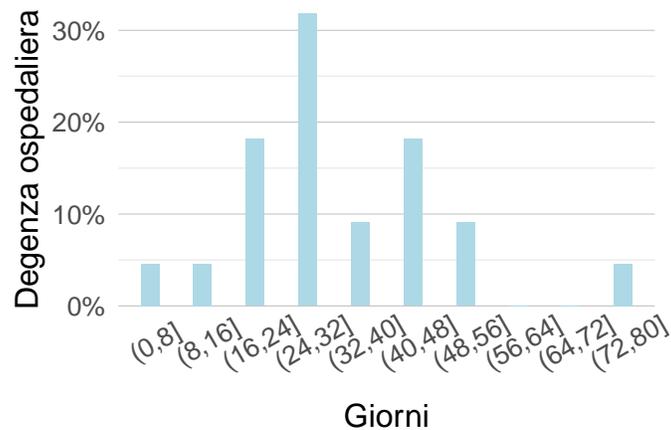
* Statistiche calcolate su 24 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.5 (12.6)
Mediana (Q1-Q3)	25 (19-33)
Missing	0

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore

Media (DS)	37.6 (22.7)
Mediana (Q1-Q3)	30.5 (24.2-45)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 24 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

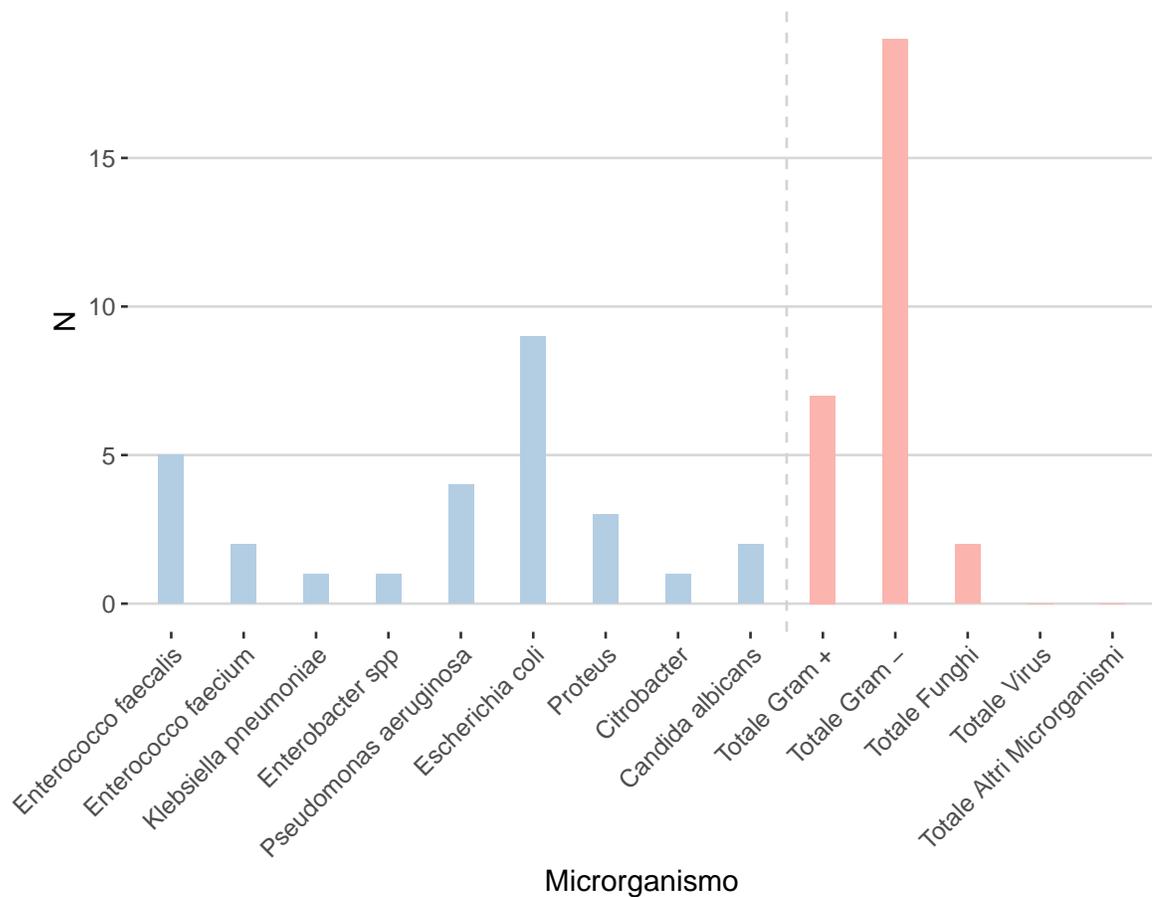
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	28	

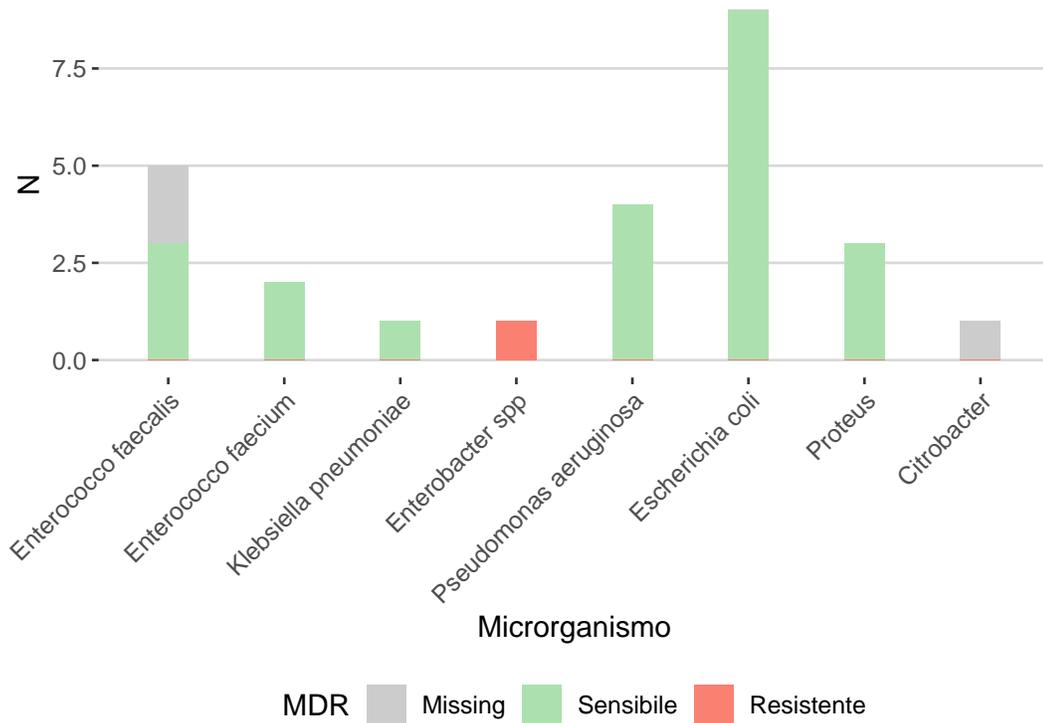
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	5	20	3	0	0
Enterococco faecium	2	8	2	0	0
Totale Gram +	7	28	5	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	1	4	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	4	16	4	0	0
Escherichia coli	9	36	9	0	0
Proteus	3	12	3	0	0
Citrobacter	1	4	0	0	0
Totale Gram -	19	76	18	1	5.6
Candida albicans	2	8	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



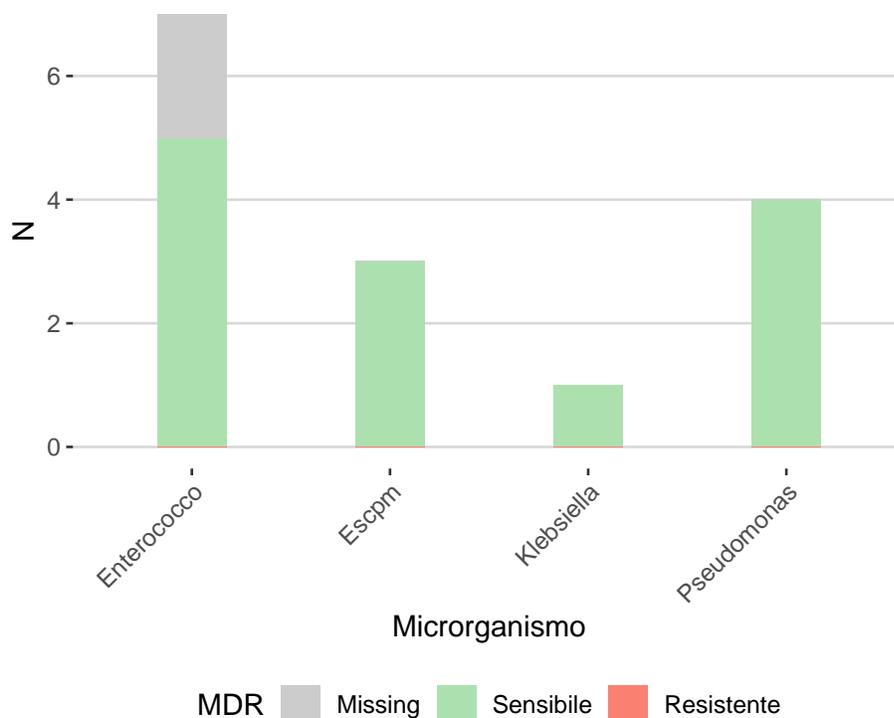
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	5	20	3	0	0
Enterococco faecium	2	8	2	0	0
Totale Gram +	7	28	5	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	1	4	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	4	16	4	0	0
Escherichia coli	9	36	9	0	0
Proteus	3	12	3	0	0
Citrobacter	1	4	0	0	0
Totale Gram -	19	76	18	1	5.6
Candida albicans	2	8	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

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*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Staphylococcus aureus*, *Acinetobacter*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Klebsiella altra specie*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Serratia*, *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.

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
Enterococco	7	5	5	0	0	2
Escpm	3	3	3	0	0	0
Klebsiella	1	1	1	0	0	0
Pseudomonas	4	4	4	0	0	0

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	%
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100

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	15	

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