



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

PCH 4 TI

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

TI POST-CHIRURGICHE

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 = 1581)	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 = 525)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 1040)	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 = 400)	27
5.1 Provenienza (reparto)	27
5.2 Trauma	27
5.3 Stato Chirurgico	27
5.4 Motivo di ammissione	28
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	29
5.6 Infezione multisito	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	30
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 89)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriémica	37
6.4 Infezioni multisito	38
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	38
6.6 Mortalità in TI	39
6.7 Mortalità ospedaliera *	39
6.8 Degenza in TI (giorni)	40
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	40
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	40
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 108)	46
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	46
7.4 Infezione batteriémica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	47
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	48
7.9 Degenza in TI (giorni)	49
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	49
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	49
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	55
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	59
8 Pazienti infetti in degenza (N = 236)	60
8.1 Sesso	60
8.2 Età	60
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	61
8.4 Provenienza (reparto)	61
8.5 Trauma	62
8.6 Stato Chirurgico	62
8.7 Motivo di ammissione	62
8.8 Insufficienza neurologica	63
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	63
8.10 Insufficienza neurologica insorta	64
8.11 Mortalità in TI	64
8.12 Mortalità ospedaliera *	64
8.13 Degenza in TI (giorni)	65
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	65

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	66
8.16	Infezione multisito	67
8.17	Infezioni in degenza	67
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	67
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	68
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	69
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	70
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 111)	76
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	76
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 125)	82
10.1	Gravità massima dell'infezione	82
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	83
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	83
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	89
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 123)	90
11.1	Trauma	90
11.2	Stato Chirurgico	90
11.3	Infezione batteriemica	91
11.4	Infezioni multisito	91
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	92
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	92
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 106)	92
12.1	VAP precoce	92
12.2	Diagnosi	93
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	93
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 1581)	94
12.5	Giorni di VM pre-VAP	95
12.6	Incidenza di VAP	96
12.7	Mortalità in TI	97
12.8	Mortalità ospedaliera *	97
12.9	Degenza in TI (giorni)	98
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	98
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	98
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	103
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	107
13	Pazienti con batteriemia in degenza (N = 52)	111
13.1	Trauma	111
13.2	Stato Chirurgico	111
13.3	Tipologia	111
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	112
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza	112
14	Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 10)	117
14.1	Infezioni multisito	117
14.2	Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)	117
14.3	Mortalità in TI	118
14.4	Mortalità ospedaliera *	118
14.5	Degenza in TI (giorni)	119
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	119
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza	120

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 26)	122
15.1	Infezione multitisito	122
15.2	Fattori di rischio	122
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	124
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	124
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	125
15.6	Mortalità in TI	125
15.7	Mortalità ospedaliera *	126
15.8	Degenza in TI (giorni)	126
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	127
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	127
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 20)	132
16.1	Infezioni associate (top 10)	132
16.2	Mortalità in TI	132
16.3	Mortalità ospedaliera *	133
16.4	Degenza in TI (giorni)	133
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	134
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	134
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 6)	138
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	138
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 69)	140
18.1	Catetere urinario (N = 1581)	140
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	140
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	142
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	142
18.5	Mortalità in TI	143
18.6	Mortalità ospedaliera *	143
18.7	Degenza in TI (giorni)	144
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	144
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	145
Appendice		149
	Definizione di MDR	149
	Raggruppamento Microrganismi	150

Petalo Infectionlight

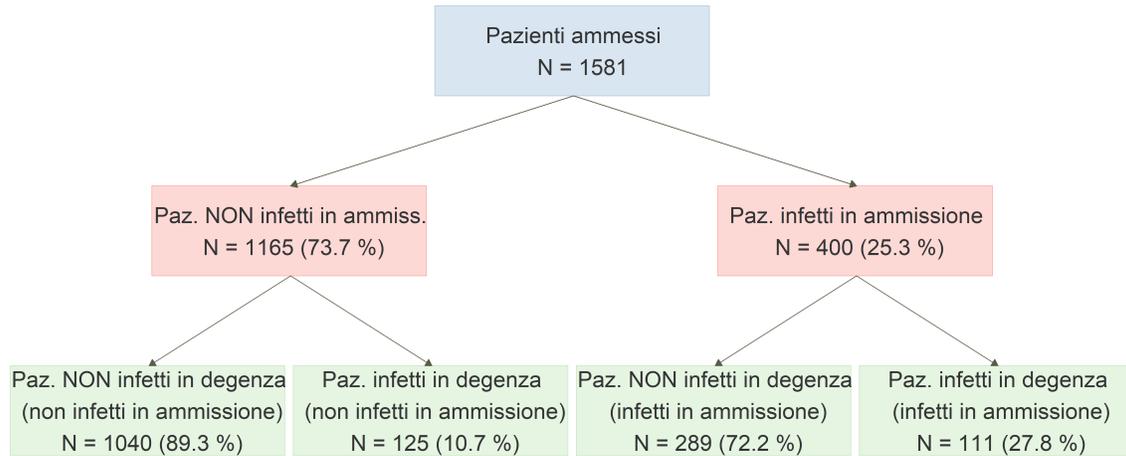
Anno 2022

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

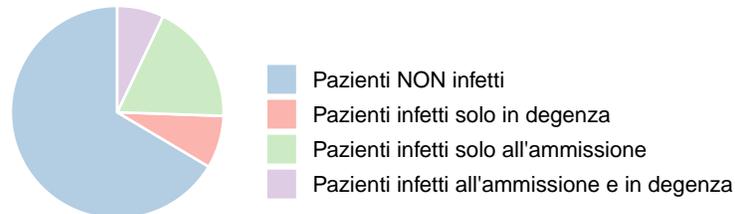
Popolazione complessiva: 4 TI

TI PCH

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



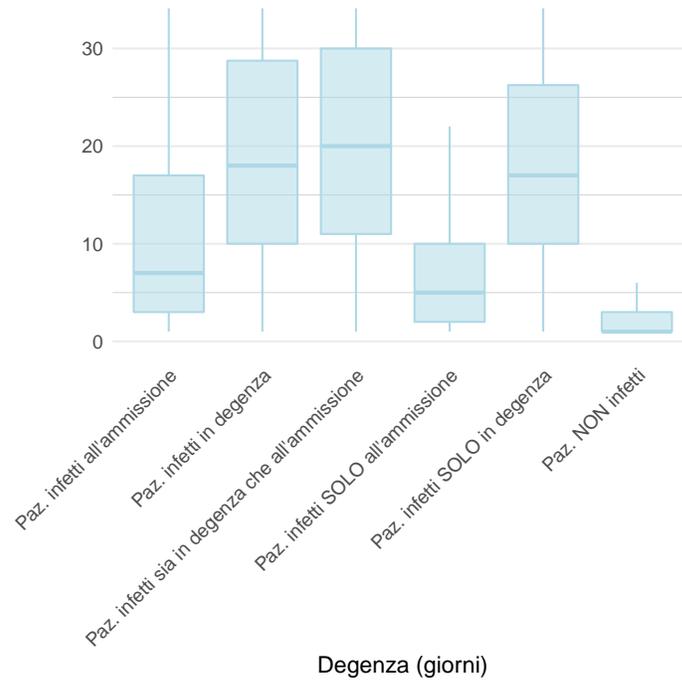
Per N = 16 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	1040	66.5
Pazienti infetti solo in degenza	125	8.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	289	18.5
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	111	7.1

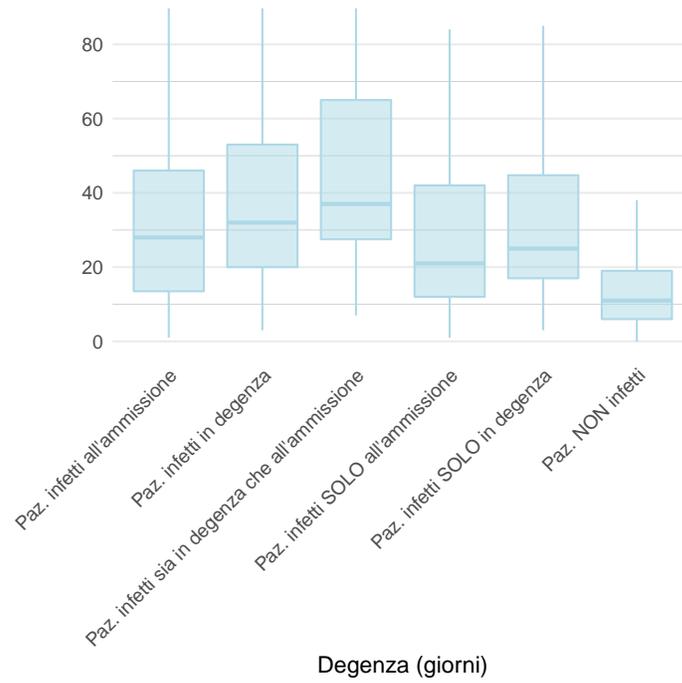
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1565).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	1040	65.8	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	289	18.3	5	(2 - 10)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	111	7.0	20	(11 - 30)
Pazienti infetti SOLO in degenza	125	7.9	17	(10 - 26)
Pazienti infetti all'ammissione	400	25.3	7	(3 - 17)
Pazienti infetti in degenza	236	14.9	18	(10 - 29)

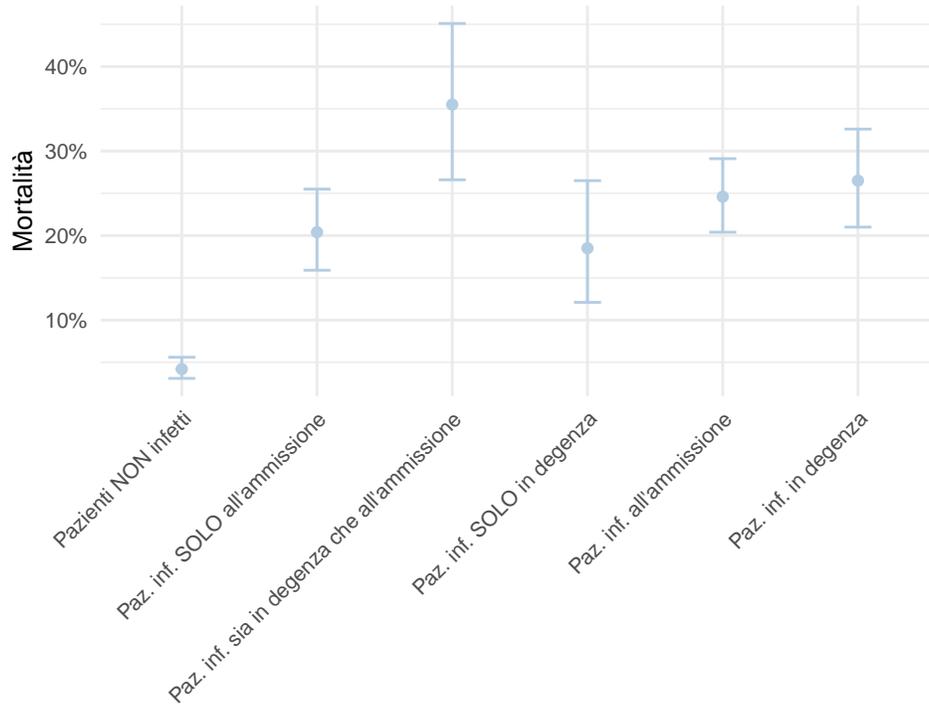
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	1040	65.8	11	(6 - 19)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	289	18.3	21	(12 - 42)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	111	7.0	37	(28 - 65)
Pazienti infetti SOLO in degenza	125	7.9	25	(17 - 45)
Pazienti infetti all'ammissione	400	25.3	28	(14 - 46)
Pazienti infetti in degenza	236	14.9	32	(20 - 53)

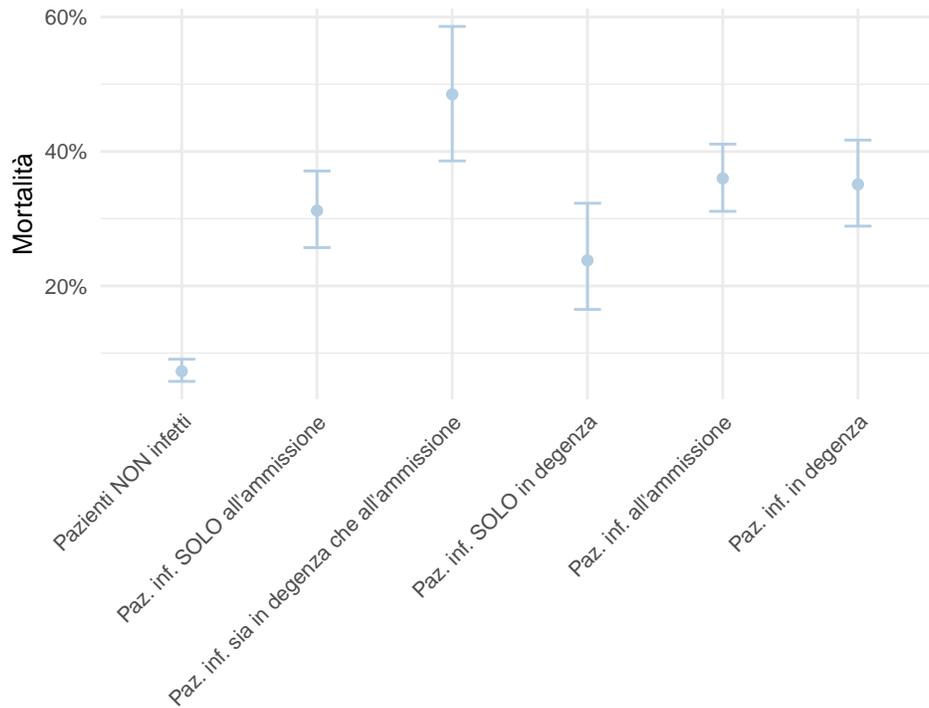
* escluse le riammissioni (N = 41)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1040	44	4.2	(3.1 - 5.6)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	289	59	20.4	(15.9 - 25.5)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	111	39	35.5	(26.6 - 45.1)
Pazienti infetti SOLO in degenza	125	23	18.5	(12.1 - 26.5)
Pazienti infetti all'ammissione	400	98	24.6	(20.4 - 29.1)
Pazienti infetti in degenza	236	62	26.5	(21 - 32.6)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

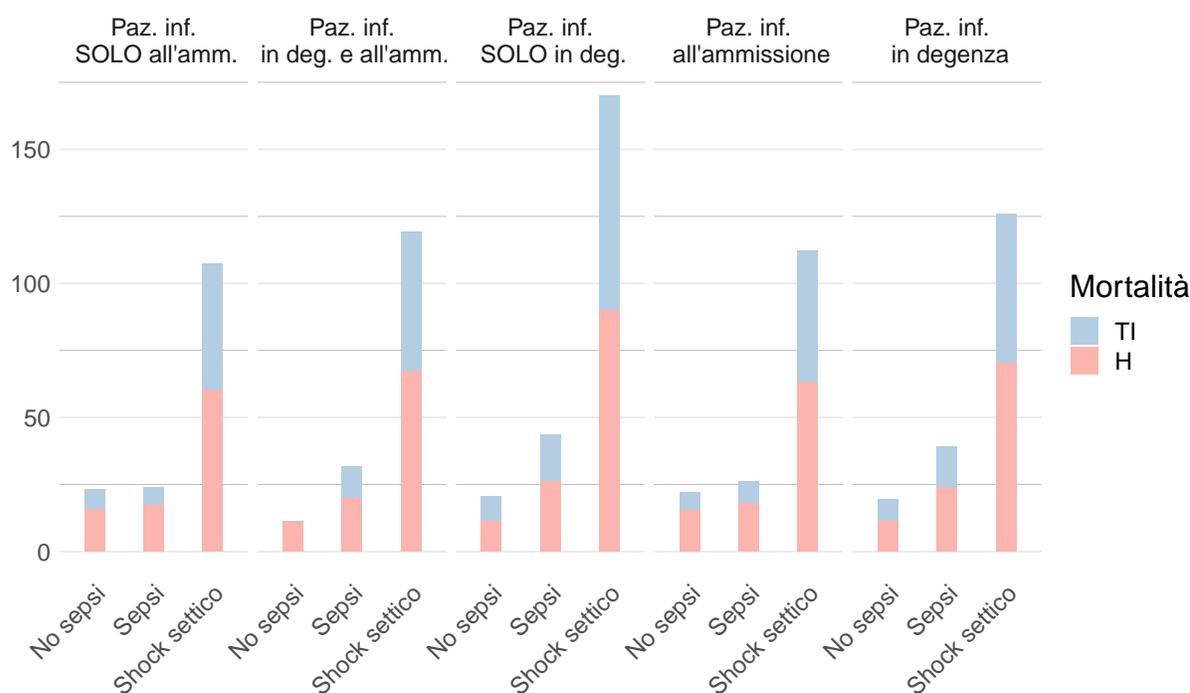


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1040	75	7.3	(5.8 - 9.1)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	289	84	31.2	(25.7 - 37.1)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	111	50	48.5	(38.6 - 58.6)
Pazienti infetti SOLO in degenza	125	29	23.8	(16.5 - 32.3)
Pazienti infetti all'ammissione	400	134	36.0	(31.1 - 41.1)
Pazienti infetti in degenza	236	79	35.1	(28.9 - 41.7)

* escluse le riammissioni (N = 41)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	289	106	87	96	36.7	30.1	33.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	111	9	34	68	8.1	30.6	61.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	125	63	51	11	50.4	40.8	8.8
Pazienti infetti all'ammissione	400	115	121	164	28.7	30.2	41.0
Pazienti infetti in degenza	236	72	85	79	30.5	36.0	33.5



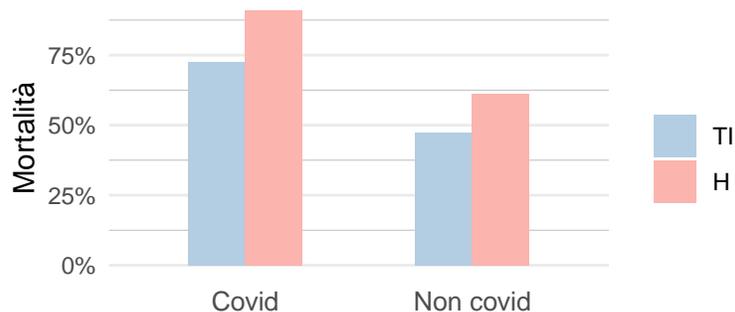
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	106	8	7.5	102	16	15.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	9	0	0.0	9	1	11.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	63	6	9.5	62	7	11.3
Pazienti infetti all'ammissione	115	8	7.0	111	17	15.3
Pazienti infetti in degenza	72	6	8.3	71	8	11.3

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	87	6	6.9	77	13	17.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	34	4	11.8	30	6	20.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	51	9	17.6	50	13	26.0
Pazienti infetti all'ammissione	121	10	8.3	107	19	17.9
Pazienti infetti in degenza	85	13	15.3	80	19	23.8

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	96	45	46.9	92	55	60.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	68	35	52.2	65	43	67.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	11	8	80.0	11	9	90.0
Pazienti infetti all'ammissione	164	80	49.1	157	98	63.2
Pazienti infetti in degenza	79	43	55.8	76	52	70.3

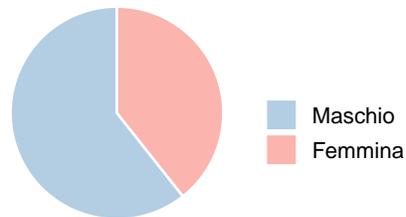
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	11	8	72.7	11	10	90.9
Non covid	153	72	47.4	146	88	61.1

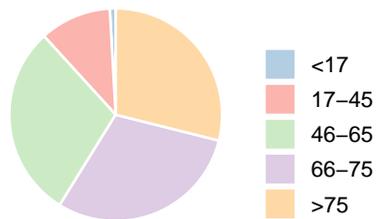
2 Tutti i pazienti (N = 1581)

2.1 Sesso



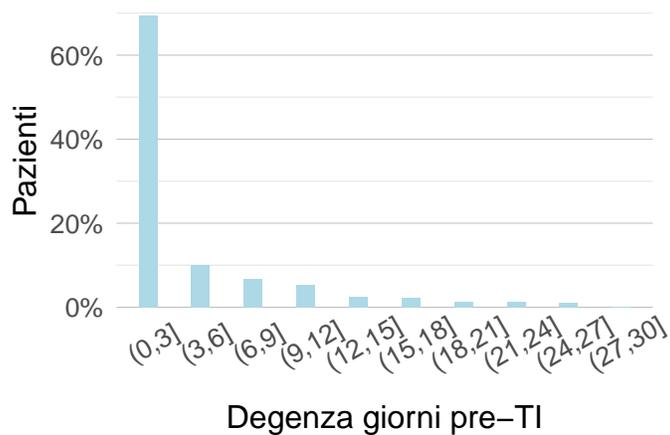
Sesso	N	%
Maschio	959	60.7
Femmina	622	39.3
Missing	0	0

2.2 Età



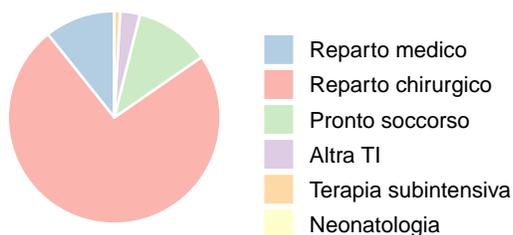
Range età	N	%
<17	14	0.9
17-45	172	10.9
46-65	465	29.4
66-75	473	29.9
>75	457	28.9
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



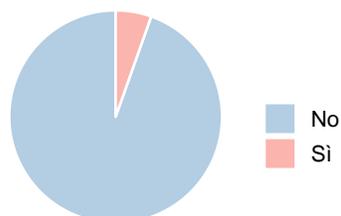
Indicatore	Valore
Media	5.7
DS	14.5
Mediana	1
Q1-Q3	1-4
Missing	15

2.4 Provenienza (reparto)



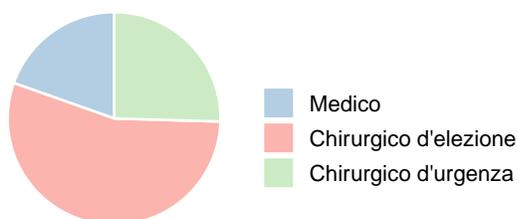
Provenienza	N	%
Reparto medico	168	10.7
Reparto chirurgico	1159	73.9
Pronto soccorso	180	11.5
Altra TI	47	3.0
Terapia subintensiva	14	0.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	13	0

2.5 Trauma



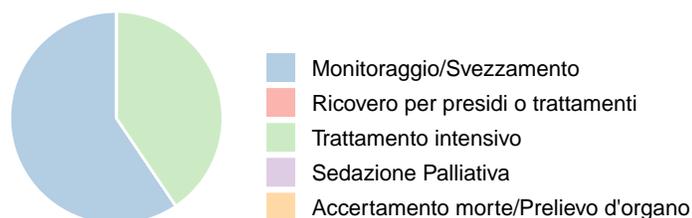
Trauma	N	%
No	1482	94.6
Sì	85	5.4
Missing	14	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	307	19.6
Chirurgico d'elezione	861	54.9
Chirurgico d'urgenza	399	25.5
Missing	14	0

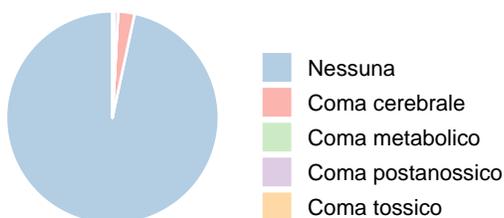
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	931	59.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

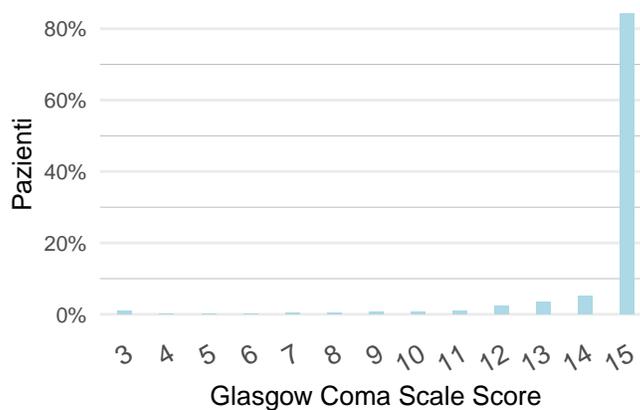
Trattamento intensivo	635	40.5
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	15	0

2.8 Insufficienza neurologica



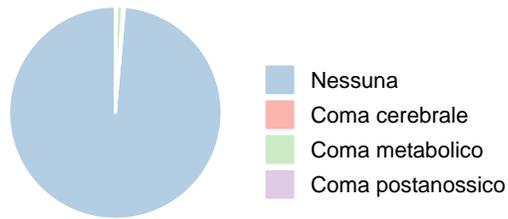
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	692	96.6
Coma cerebrale	18	2.5
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	4	0.6
Coma tossico	2	0.3
Missing	865	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



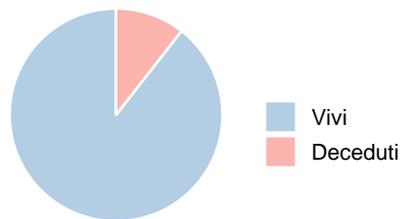
Indicatore	Valore
Media	14.5
DS	1.8
Mediana	15
Q1-Q3	15-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



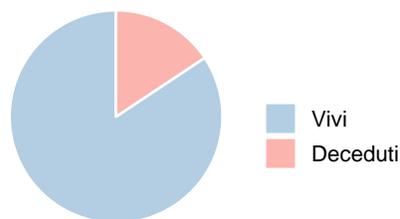
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1544	98.7
Coma cerebrale	5	0.3
Coma metabolico	14	0.9
Coma postanossico	3	0.2
Missing	16	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1400	89.5
Deceduti	165	10.5
Missing	16	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

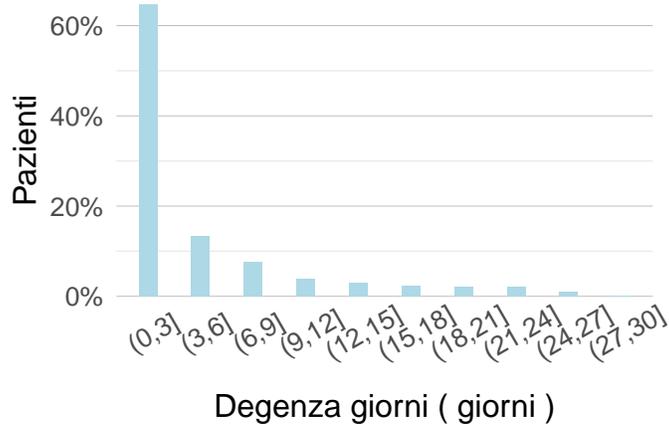


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1281	84.3

Deceduti	238	15.7
Missing	21	0

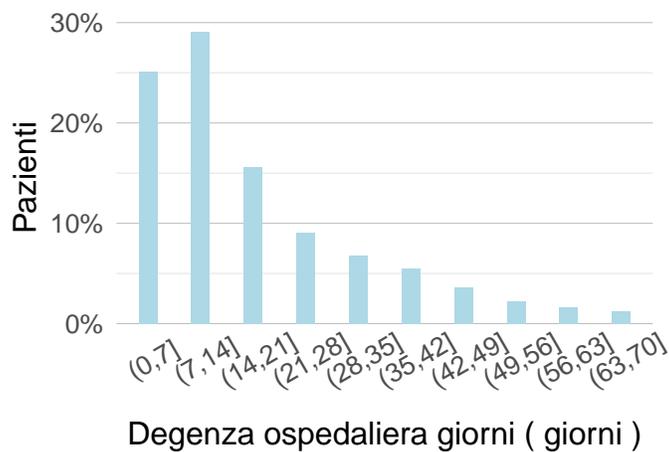
* Statistiche calcolate su 1540 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 41).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.5 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	15

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

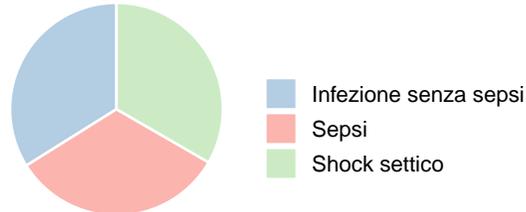


Indicatore	Valore
Media (DS)	22.8 (26.5)
Mediana (Q1-Q3)	14 (8-29)
Missing	23

* Statistiche calcolate su 1540 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 41).

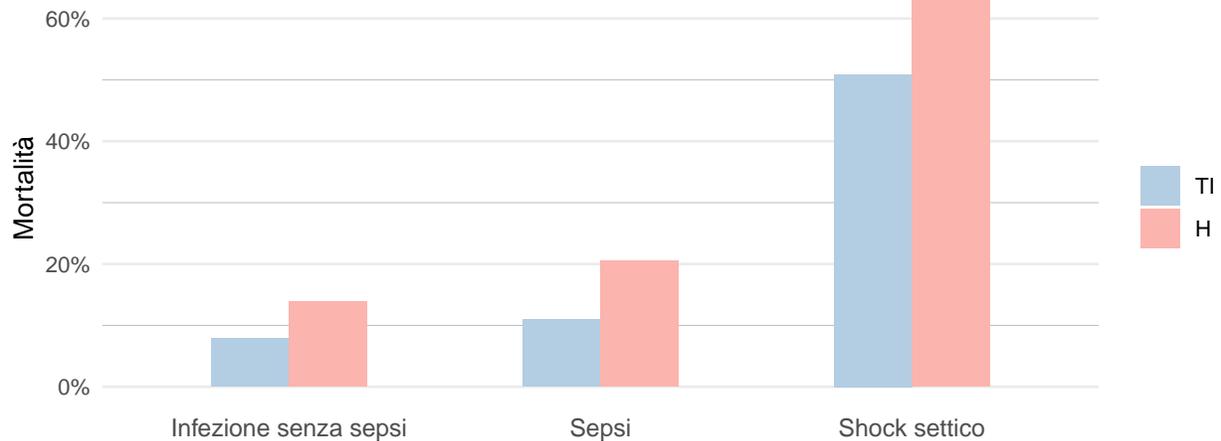
3 Pazienti infetti (N = 525)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	178	33.9
Sepsi	172	32.8
Shock settico	175	33.3
Missing	0	0

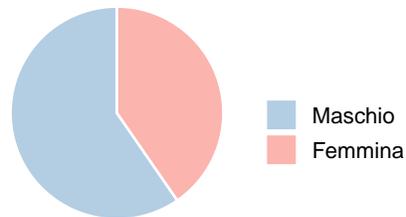
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	7.9	13.9
Sepsi	11.0	20.5
Shock settico	50.9	64.8

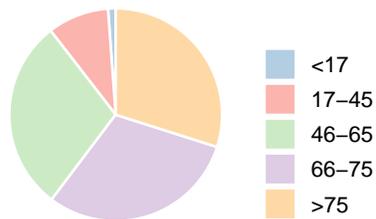
4 Pazienti non infetti (N = 1040)

4.1 Sesso



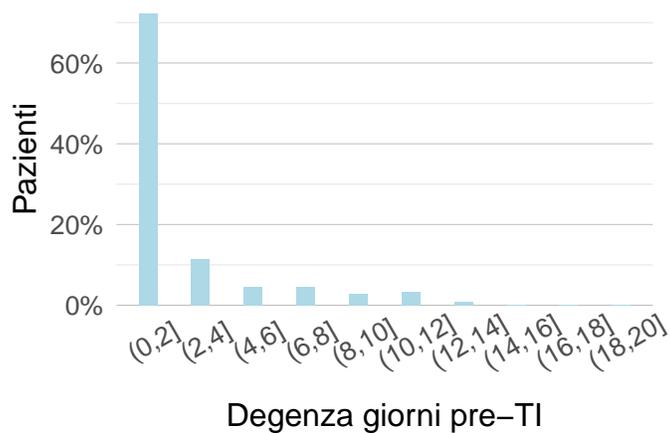
Sesso	N	%
Maschio	620	59.6
Femmina	420	40.4
Missing	0	0

4.2 Età



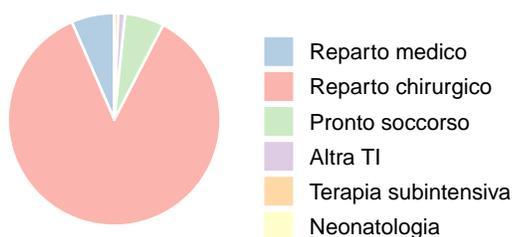
Range età	N	%
<17	12	1.2
17-45	97	9.3
46-65	304	29.2
66-75	316	30.4
>75	311	29.9
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



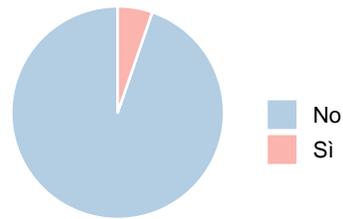
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	8.6
Mediana	1
Q1-Q3	1-3
Missing	0

4.4 Provenienza (reparto)



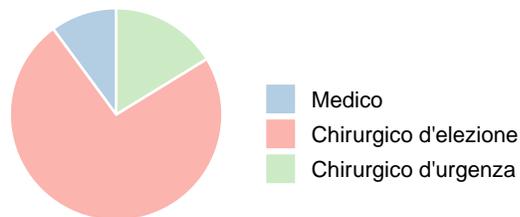
Provenienza	N	%
Reparto medico	68	6.5
Reparto chirurgico	893	85.9
Pronto soccorso	62	6.0
Altra TI	11	1.1
Terapia subintensiva	6	0.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	985	94.7
Si	55	5.3
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	105	10.1
Chirurgico d'elezione	766	73.7
Chirurgico d'urgenza	169	16.2
Missing	0	0

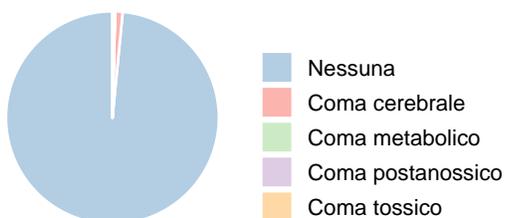
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	811	78.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

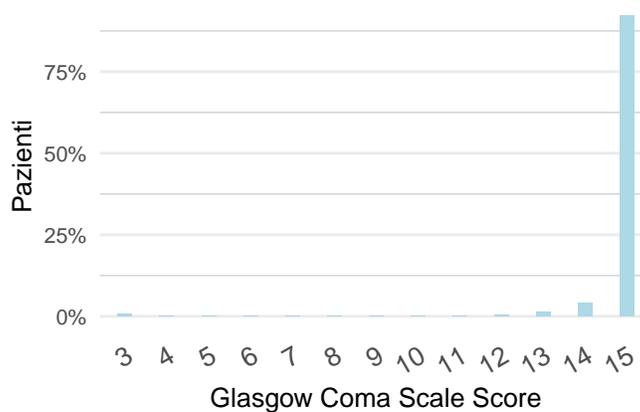
Trattamento intensivo	228	21.9
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

4.8 Insufficienza neurologica



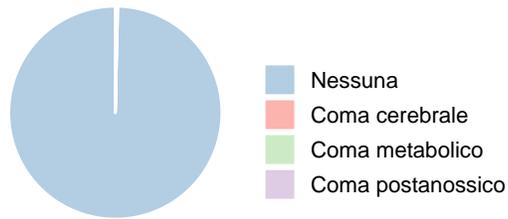
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	511	98.5
Coma cerebrale	6	1.2
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	1	0.2
Coma tossico	1	0.2
Missing	521	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



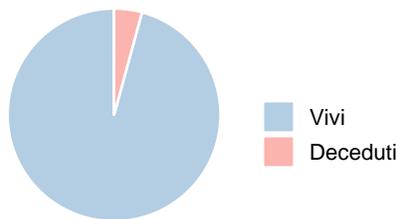
Indicatore	Valore
Media	12.8
DS	1.3
Mediana	13
Q1-Q3	13-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



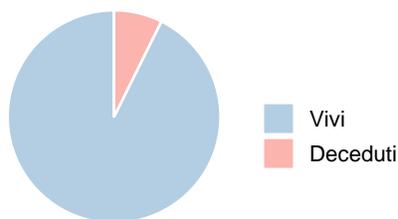
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1037	99.7
Coma cerebrale	1	0.1
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	3	0.3
Missing	0	

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	995	95.8
Deceduti	44	4.2
Missing	1	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

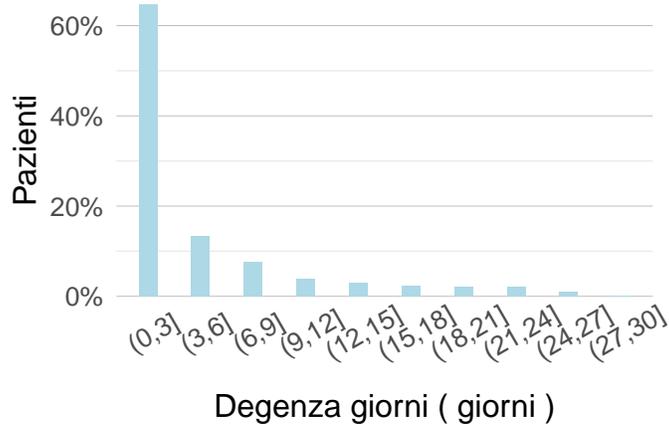


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	948	92.7

Deceduti	75	7.3
Missing	3	0

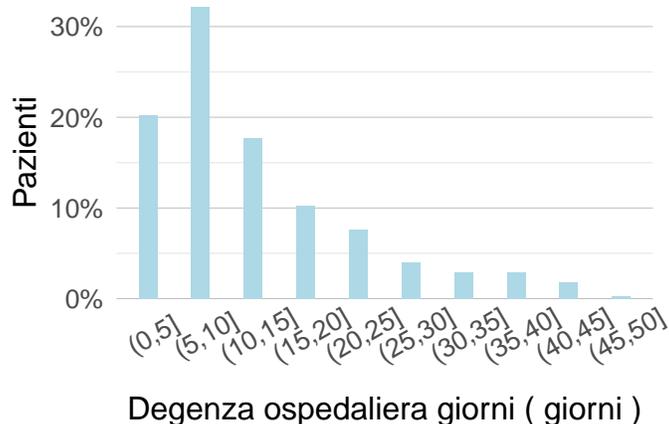
* Statistiche calcolate su 1026 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 14).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.7 (4.2)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	1

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

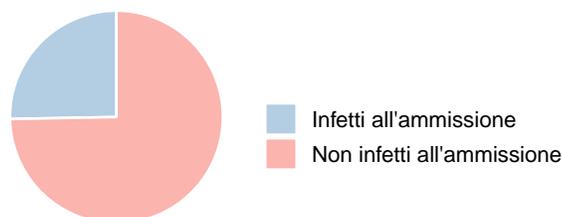


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.8 (21.7)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-19)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 1026 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 14$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

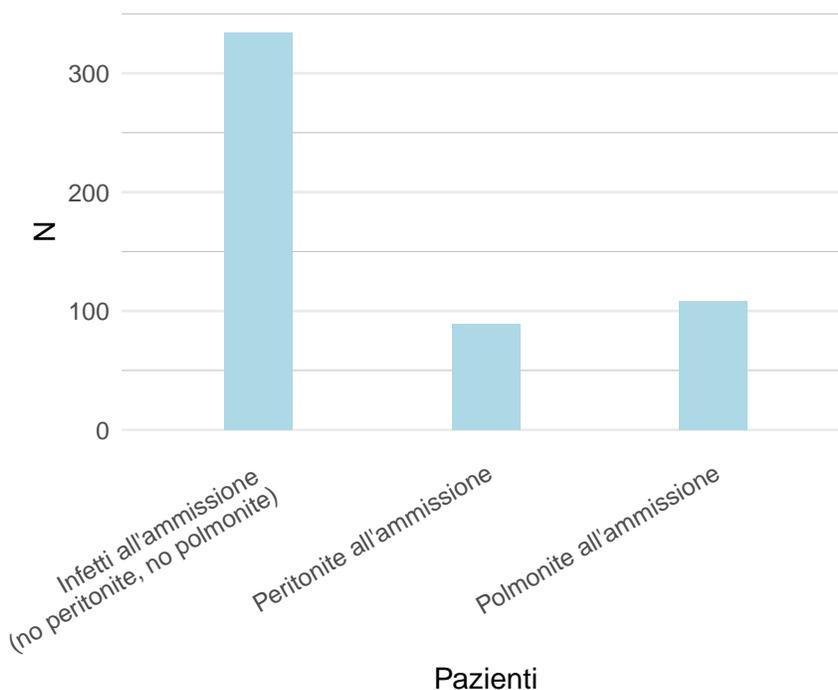
Sono presenti 400 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 25.3% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	400	25.3
Non infetti all'ammissione	1181	74.7

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1581).

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

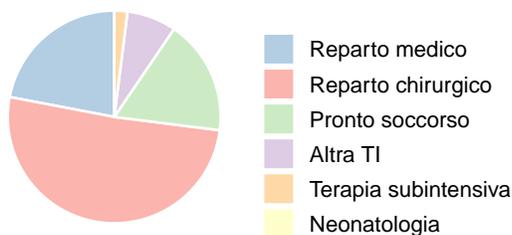


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	334	83.50
Peritonite all'ammissione	89	22.25
Polmonite all'ammissione	108	27.00

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 400).

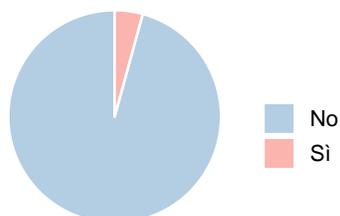
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 400)

5.1 Provenienza (reparto)



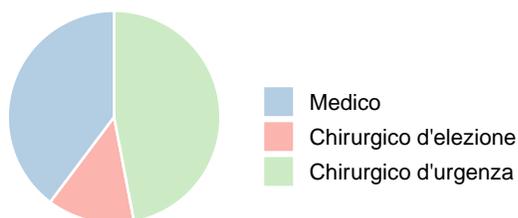
Provenienza	N	%
Reparto medico	88	22.0
Reparto chirurgico	204	51.0
Pronto soccorso	70	17.5
Altra TI	30	7.5
Terapia subintensiva	8	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

5.2 Trauma



Trauma	N	%
No	383	95.8
Si	17	4.2
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



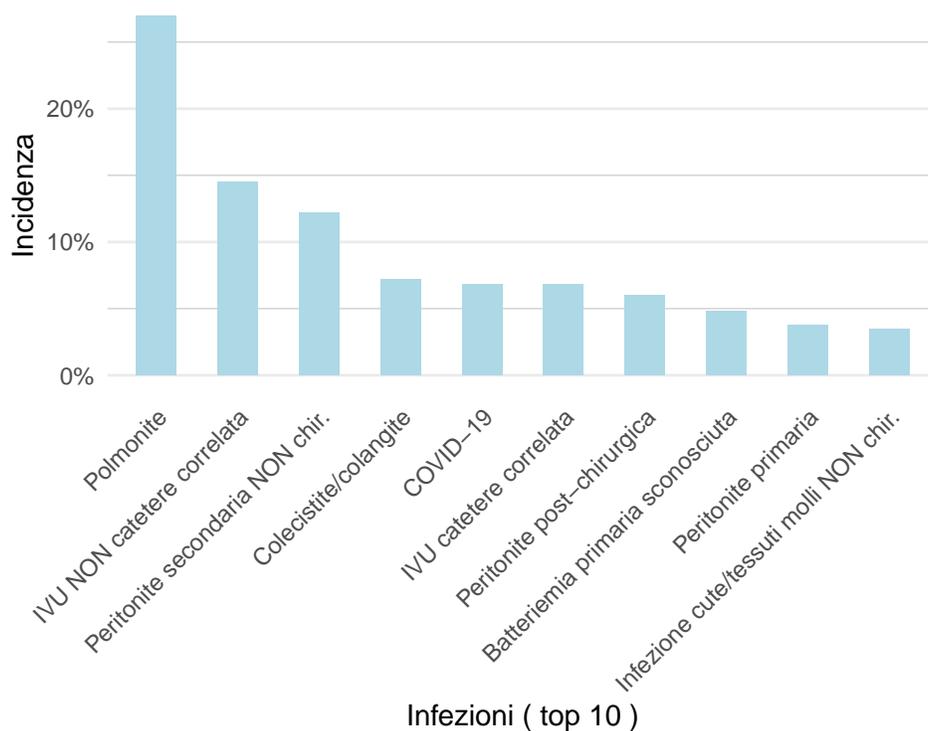
Stato chirurgico	N	%
Medico	159	39.8
Chirurgico d'elezione	53	13.2
Chirurgico d'urgenza	188	47.0
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



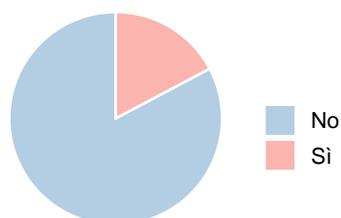
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	96	24.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	304	76.0
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



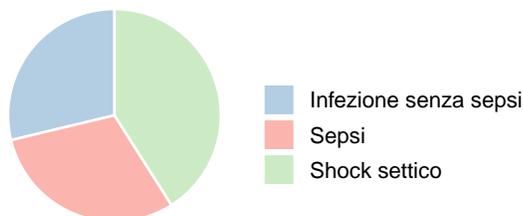
Infezione	N	%
Polmonite	108	27.0
IVU NON catetere correlata	58	14.5
Peritonite secondaria NON chir.	49	12.2
Colecistite/colangite	29	7.2
COVID-19	27	6.8
IVU catetere correlata	27	6.8
Peritonite post-chirurgica	24	6.0
Batteriemia primaria sconosciuta	19	4.8
Peritonite primaria	15	3.8
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	14	3.5
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	331	82.8
Sì	69	17.2
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	115	28.7
Sepsi	121	30.2
Shock settico	164	41.0
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

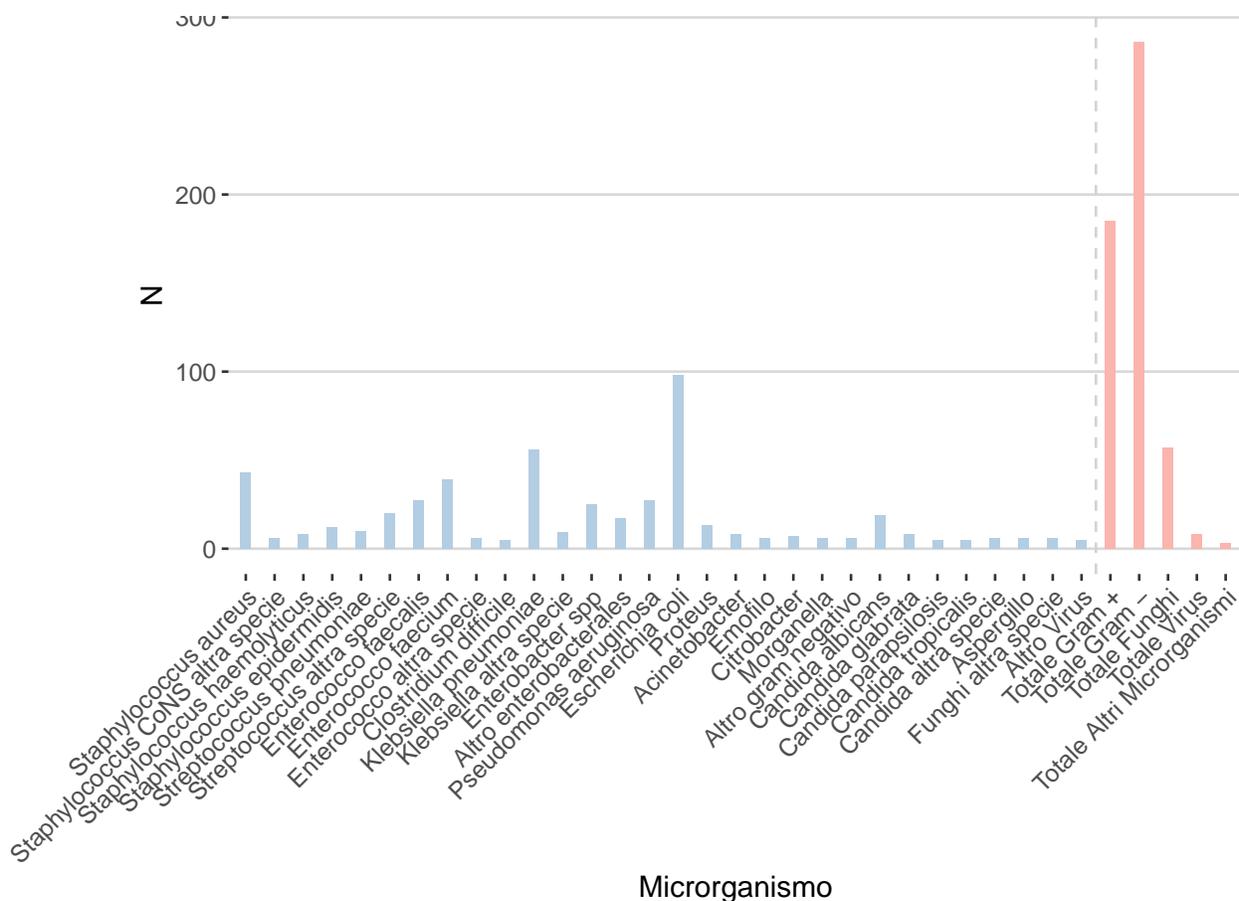
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	84	18.7
Sì	366	81.3
Missing	0	
Totale infezioni	450	
Totale microrganismi isolati	545	

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	43	11.7	38	4	10.5
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	2.2	6	1	16.7
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	3.3	0	0	0

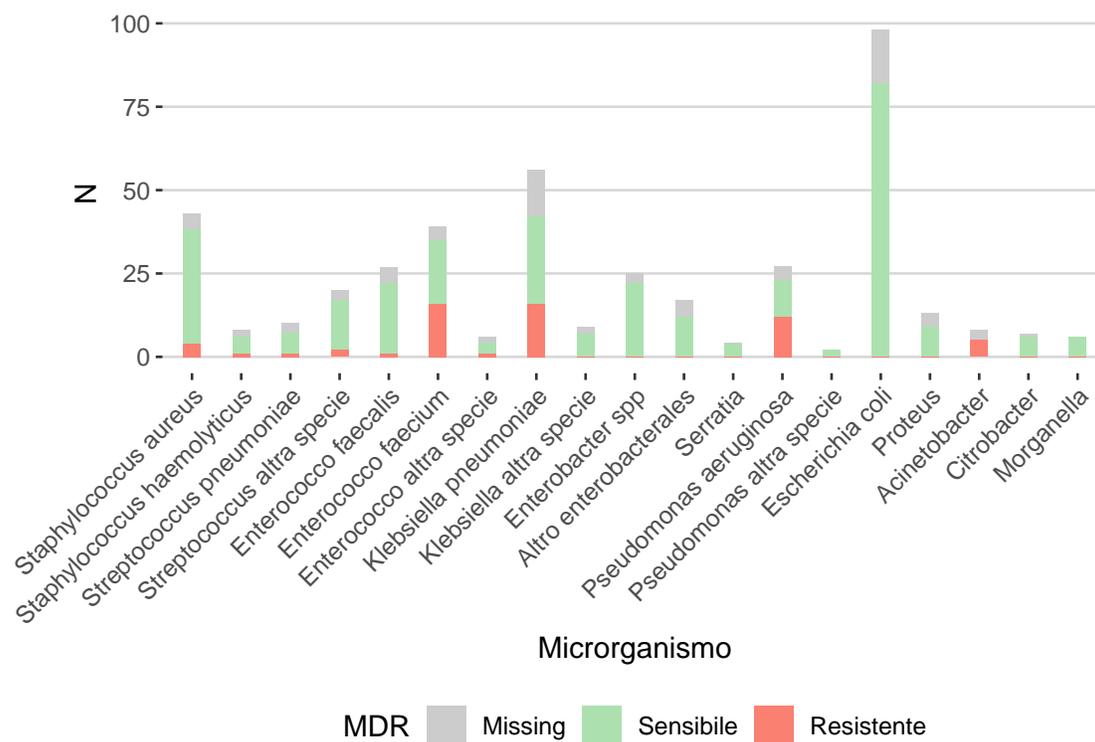
Streptococcus agalactiae	3	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	10	2.7	7	1	14.3
Streptococcus altra specie	20	5.5	17	2	11.8
Enterococco faecalis	27	7.4	22	1	4.5
Enterococco faecium	39	10.7	35	16	45.7
Enterococco altra specie	6	1.6	4	1	25
Clostridium difficile	5	1.4	0	0	0
Clostridium altra specie	4	1.1	0	0	0
Totale Gram +	185	50.5	129	26	20.2
Klebsiella pneumoniae	56	15.3	42	16	38.1
Klebsiella altra specie	9	2.5	7	0	0
Enterobacter spp	25	6.8	22	0	0
Altro enterobacterales	17	4.6	12	0	0
Serratia	4	1.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	27	7.4	23	12	52.2
Pseudomonas altra specie	2	0.5	2	0	0
Escherichia coli	98	26.8	82	0	0
Proteus	13	3.6	9	0	0
Acinetobacter	8	2.2	5	5	100
Emofilo	6	1.6	0	0	0
Legionella	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	7	1.9	6	0	0
Morganella	6	1.6	6	0	0
Altro gram negativo	6	1.6	0	0	0
Totale Gram -	286	78.1	220	33	15
Candida albicans	19	5.2	0	0	0
Candida glabrata	8	2.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.3	0	0	0
Candida altra specie	6	1.6	0	0	0
Aspergillo	6	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.6	0	0	0
Totale Funghi	57	15.6	0	0	0
Influenza A	1	0.3			
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	5	1.4			
Totale Virus	8	2.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	3	0.8	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	43	11.7	38	4	10.5
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	2.2	6	1	16.7
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	3.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	10	2.7	7	1	14.3
Streptococcus altra specie	20	5.5	17	2	11.8
Enterococcus faecalis	27	7.4	22	1	4.5
Enterococcus faecium	39	10.7	35	16	45.7
Enterococcus altra specie	6	1.6	4	1	25
Clostridium difficile	5	1.4	0	0	0
Clostridium altra specie	4	1.1	0	0	0
Totale Gram +	185	50.5	129	26	20.2
Klebsiella pneumoniae	56	15.3	42	16	38.1
Klebsiella altra specie	9	2.5	7	0	0
Enterobacter spp	25	6.8	22	0	0
Altro enterobacterales	17	4.6	12	0	0
Serratia	4	1.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	27	7.4	23	12	52.2
Pseudomonas altra specie	2	0.5	2	0	0

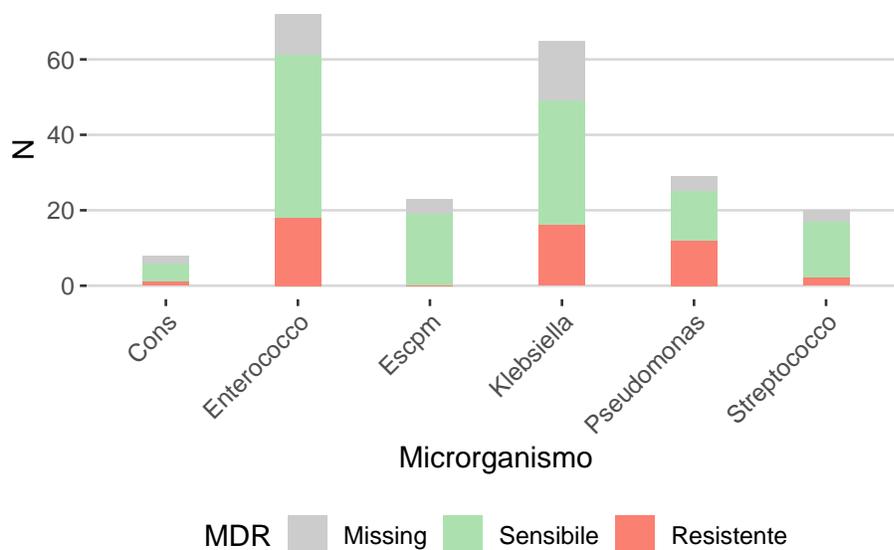
Escherichia coli	98	26.8	82	0	0
Proteus	13	3.6	9	0	0
Acinetobacter	8	2.2	5	5	100
Emofilo	6	1.6	0	0	0
Legionella	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	7	1.9	6	0	0
Morganella	6	1.6	6	0	0
Altro gram negativo	6	1.6	0	0	0
Totale Gram -	286	78.1	220	33	15
Candida albicans	19	5.2	0	0	0
Candida glabrata	8	2.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.3	0	0	0
Candida altra specie	6	1.6	0	0	0
Aspergillo	6	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.6	0	0	0
Totale Funghi	57	15.6	0	0	0
Influenza A	1	0.3			
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	5	1.4			
Totale Virus	8	2.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	3	0.8	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Providencia*, *Candida auris*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *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	8	6	5	1	16.67	2
Enterococco	72	61	43	18	29.51	11
Escpm	23	19	19	0	0.00	4
Klebsiella	65	49	33	16	32.65	16
Pseudomonas	29	25	13	12	48.00	4
Streptococco	20	17	15	2	11.76	3

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	42	Ertapenem	7	16.67
Klebsiella pneumoniae	42	Meropenem	16	38.10
Acinetobacter	5	Imipenem	1	20.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	23	Imipenem	11	47.83

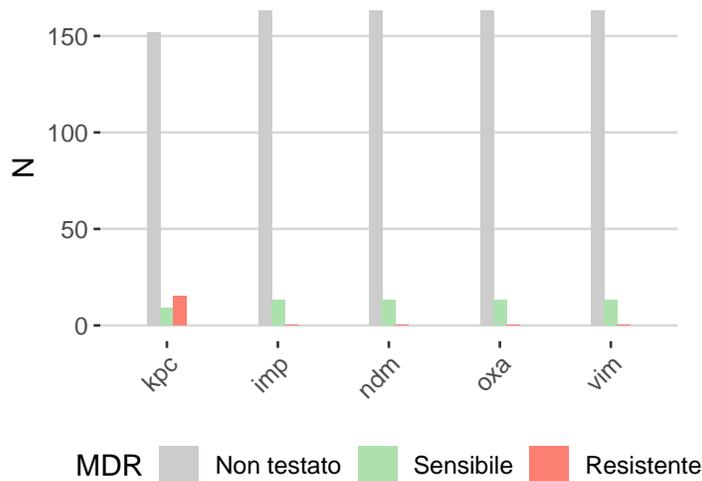
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	4	17.39
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	1	16.67
Staphylococcus aureus	38	Meticillina	4	10.53
Streptococcus pneumoniae	7	Penicillina	1	14.29
Streptococcus altra specie	17	Penicillina	2	11.76
Enterococco faecalis	22	Vancomicina	1	4.55
Enterococco faecium	35	Vancomicina	16	45.71
Enterococco altra specie	4	Vancomicina	1	25.00

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

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

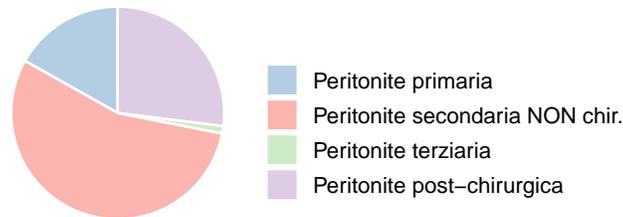
	N	%
Sì	15	8.52
No	9	5.11
Non testato	152	86.36
Missing	59	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	163
kpc	15	100	9	152
ndm	0	0	13	163
oxa	0	0	13	163
vim	0	0	13	163



6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 89)

6.1 Tipologia di peritonite



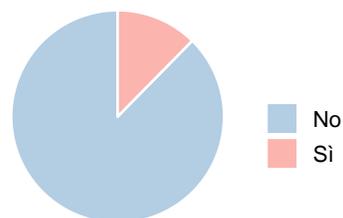
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	15	16.9
Peritonite secondaria NON chir.	49	55.1
Peritonite terziaria	1	1.1
Peritonite post-chirurgica	24	27.0
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



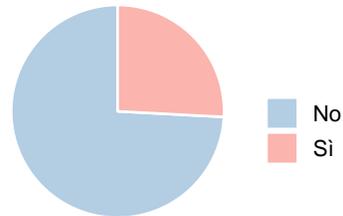
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	41	46.1
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	47	52.8
Acquisita in altra Terapia Intensiva	1	1.1
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemica



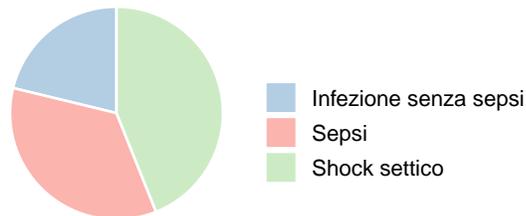
Batteriemica	N	%
No	78	87.6
Sì	11	12.4
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	66	74.2
Sì	23	25.8
Missing	0	0

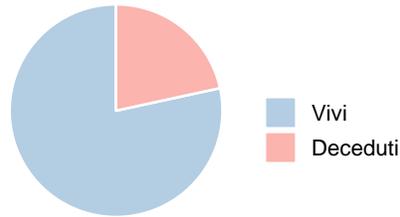
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	14	21.2
Sepsi	23	34.8
Shock settico	29	43.9
Missing	0	0

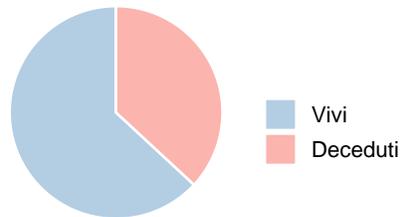
* Statistiche calcolate su 66 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 23).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	69	78.4
Deceduti	19	21.6
Missing	1	0

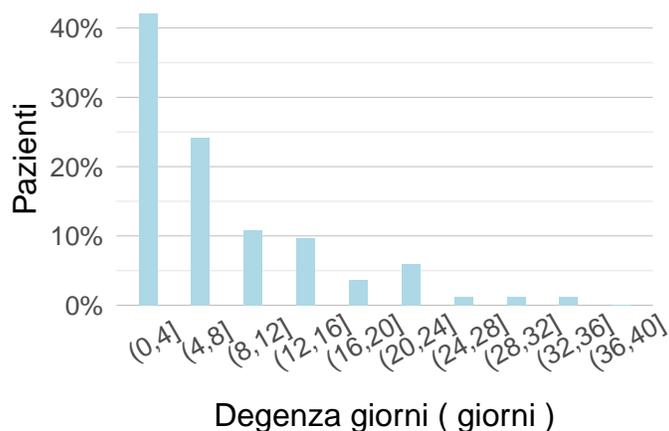
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	53	63.1
Deceduti	31	36.9
Missing	2	0

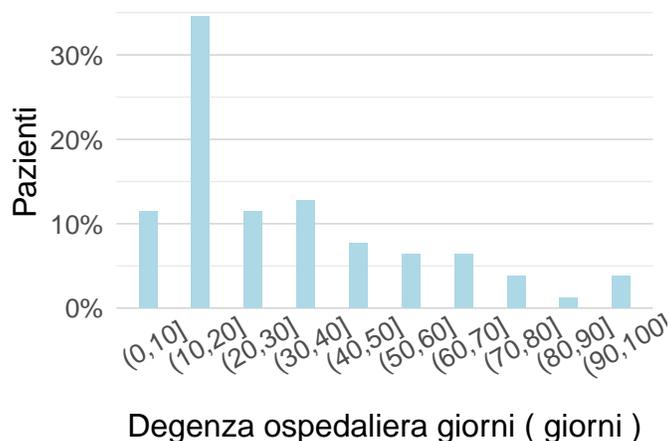
* Statistiche calcolate su 86 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.0 (15.6)
Mediana (Q1-Q3)	6.5 (2.8-13)
Missing	1

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.5 (31.8)
Mediana (Q1-Q3)	24 (14-54)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 86 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

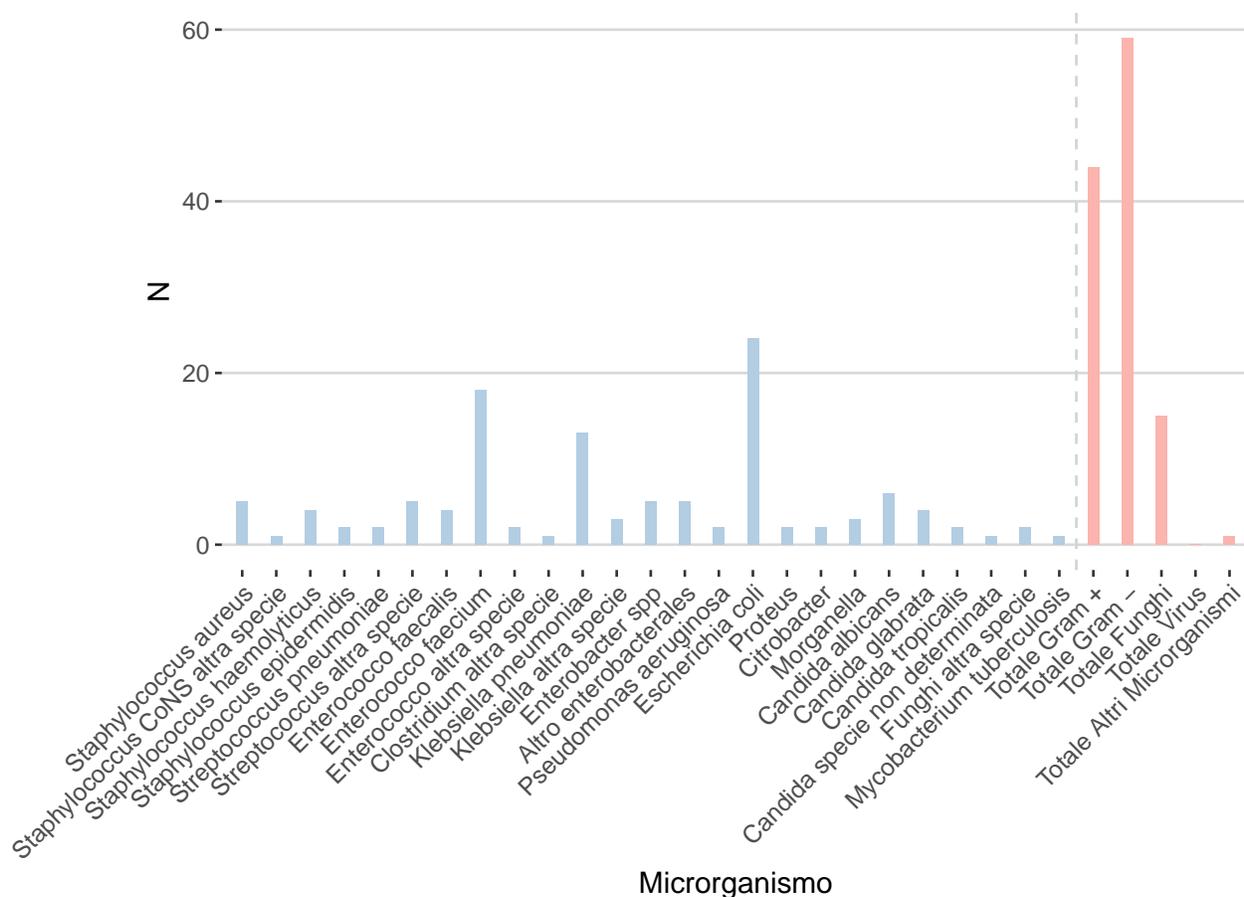
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	28	31.5
Sì	61	68.5
Missing	0	
Totale infezioni	89	
Totale microrganismi isolati	119	

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

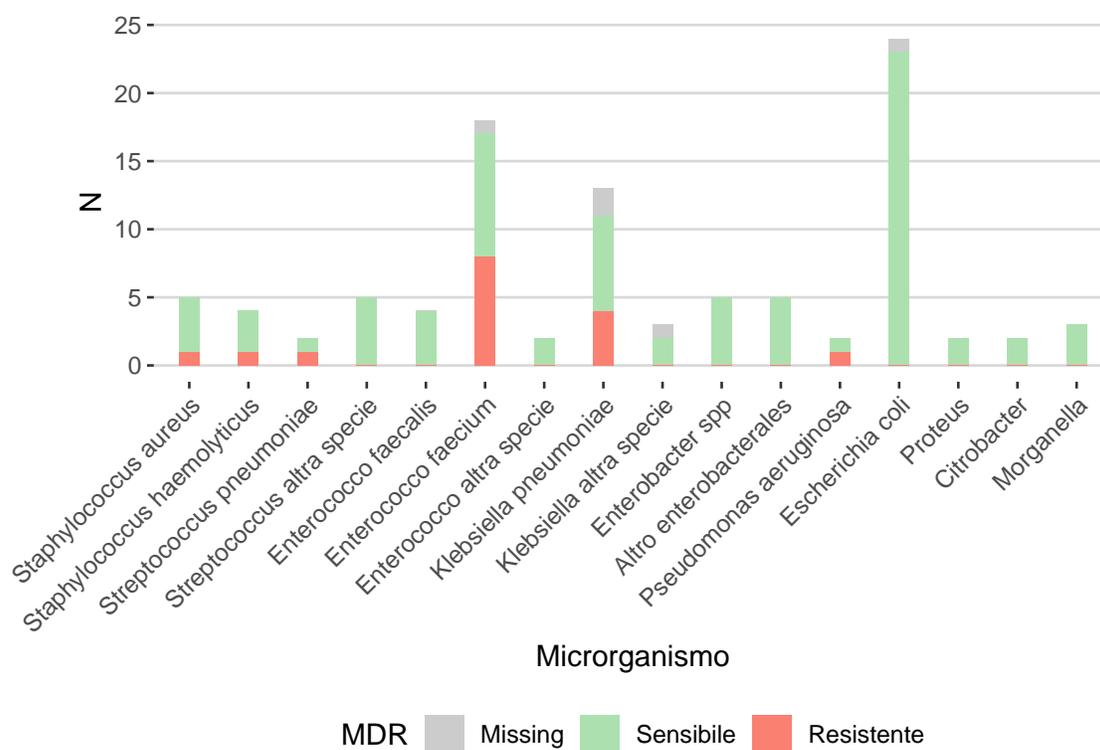
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	8.2	5	1	20
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	6.6	4	1	25
Staphylococcus epidermidis	2	3.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	3.3	2	1	50
Streptococcus altra specie	5	8.2	5	0	0
Enterococco faecalis	4	6.6	4	0	0
Enterococco faecium	18	29.5	17	8	47.1
Enterococco altra specie	2	3.3	2	0	0
Clostridium altra specie	1	1.6	0	0	0
Totale Gram +	44	72.1	39	11	28.2
Klebsiella pneumoniae	13	21.3	11	4	36.4
Klebsiella altra specie	3	4.9	2	0	0
Enterobacter spp	5	8.2	5	0	0
Altro enterobacterales	5	8.2	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	3.3	2	1	50
Escherichia coli	24	39.3	23	0	0
Proteus	2	3.3	2	0	0
Citrobacter	2	3.3	2	0	0
Morganella	3	4.9	3	0	0
Totale Gram -	59	96.7	55	5	9.1
Candida albicans	6	9.8	0	0	0
Candida glabrata	4	6.6	0	0	0
Candida tropicalis	2	3.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	2	3.3	0	0	0
Totale Funghi	15	24.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	1.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	1.6	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	8.2	5	1	20
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	6.6	4	1	25
Staphylococcus epidermidis	2	3.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	3.3	2	1	50
Streptococcus altra specie	5	8.2	5	0	0
Enterococco faecalis	4	6.6	4	0	0
Enterococco faecium	18	29.5	17	8	47.1
Enterococco altra specie	2	3.3	2	0	0
Clostridium altra specie	1	1.6	0	0	0
Totale Gram +	44	72.1	39	11	28.2
Klebsiella pneumoniae	13	21.3	11	4	36.4
Klebsiella altra specie	3	4.9	2	0	0
Enterobacter spp	5	8.2	5	0	0
Altro enterobacterales	5	8.2	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	3.3	2	1	50
Escherichia coli	24	39.3	23	0	0
Proteus	2	3.3	2	0	0
Citrobacter	2	3.3	2	0	0
Morganella	3	4.9	3	0	0
Totale Gram -	59	96.7	55	5	9.1
Candida albicans	6	9.8	0	0	0

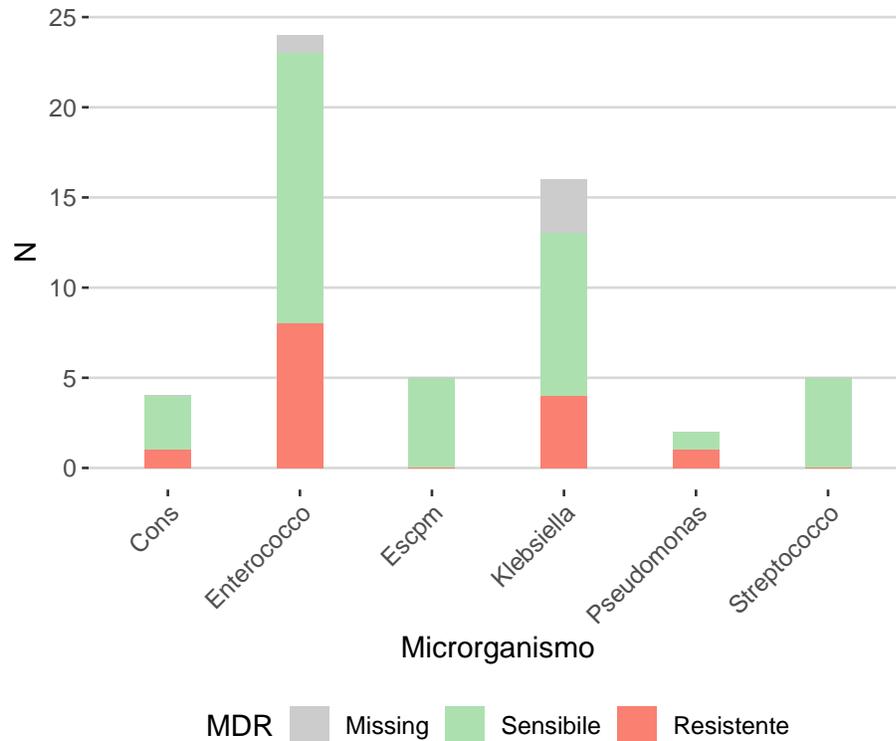
Candida glabrata	4	6.6	0	0	0
Candida tropicalis	2	3.3	0	0	0
Candida specie non determinata	1	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	2	3.3	0	0	0
Totale Funghi	15	24.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	1.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	1.6	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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 hominis, Staphylococcus lugdunensis, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	4	4	3	1	25.00	0
Enterococco	24	23	15	8	34.78	1
Escpm	5	5	5	0	0.00	0
Klebsiella	16	13	9	4	30.77	3
Pseudomonas	2	2	1	1	50.00	0
Streptococco	5	5	5	0	0.00	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
---------------	---	------------	--------------	---

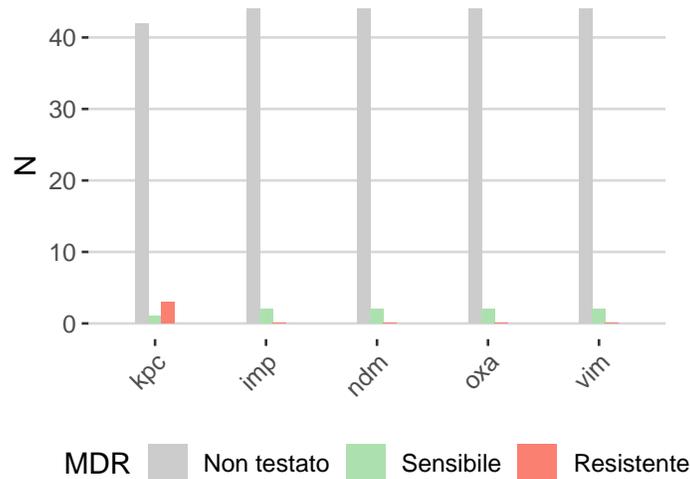
Klebsiella pneumoniae	11	Ertapenem	3	27.27
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	4	36.36
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	1	25.00
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20.00
Streptococcus pneumoniae	2	Penicillina	1	50.00
Enterococco faecium	17	Vancomicina	8	47.06

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

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

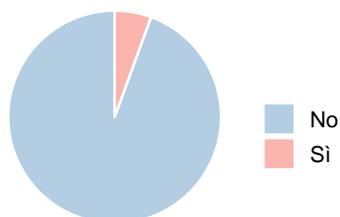
	N	%
Sì	3	6.52
No	1	2.17
Non testato	42	91.3
Missing	6	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	44
kpc	3	100	1	42
ndm	0	0	2	44
oxa	0	0	2	44
vim	0	0	2	44



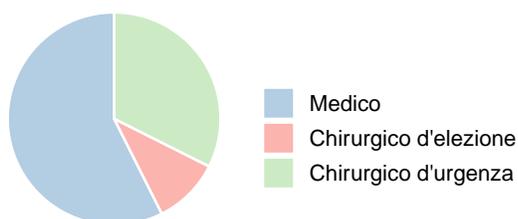
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 108)

7.1 Trauma



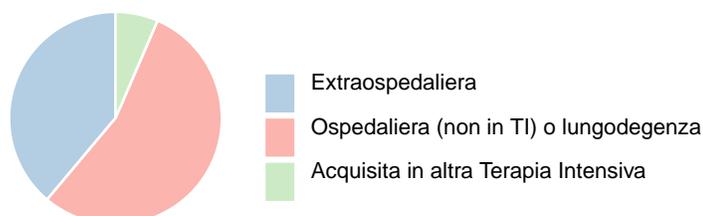
Trauma	N	%
No	102	94.4
Si	6	5.6
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	62	57.4
Chirurgico d'elezione	11	10.2
Chirurgico d'urgenza	35	32.4
Missing	0	0

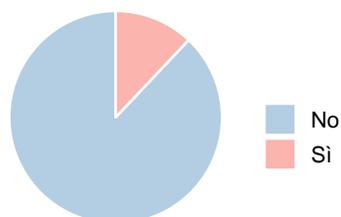
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
-------------------	---	---

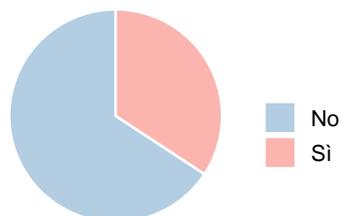
Extraospedaliera	42	38.9
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	59	54.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	7	6.5
Missing	0	0

7.4 Infezione batteriemicca



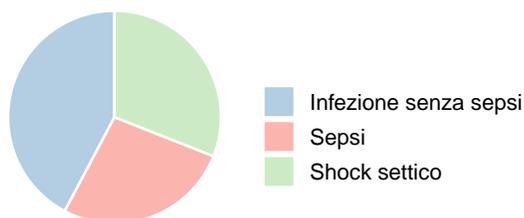
Batteriemicca	N	%
No	95	88.0
Si	13	12.0
Missing	0	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	71	65.7
Si	37	34.3
Missing	0	0

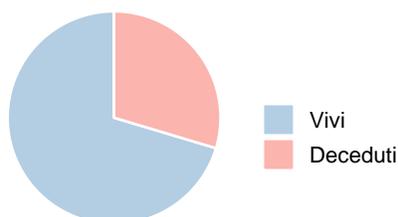
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	30	42.3
Sepsi	19	26.8
Shock settico	22	31.0
Missing	0	0

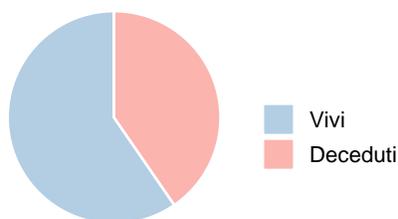
* Statistiche calcolate su 71 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 37).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	76	70.4
Deceduti	32	29.6
Missing	0	0

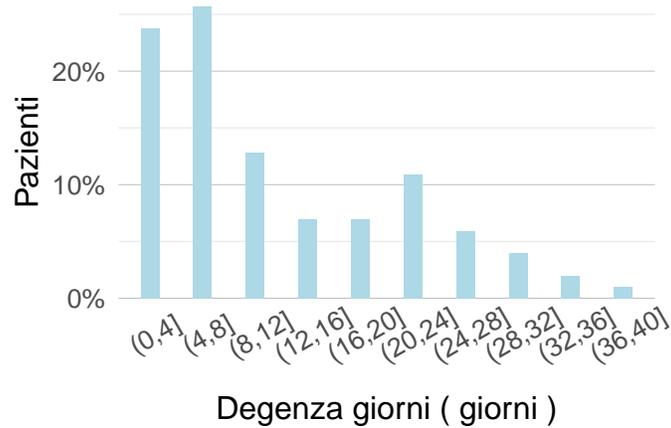
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	59	59.6
Deceduti	40	40.4
Missing	1	0

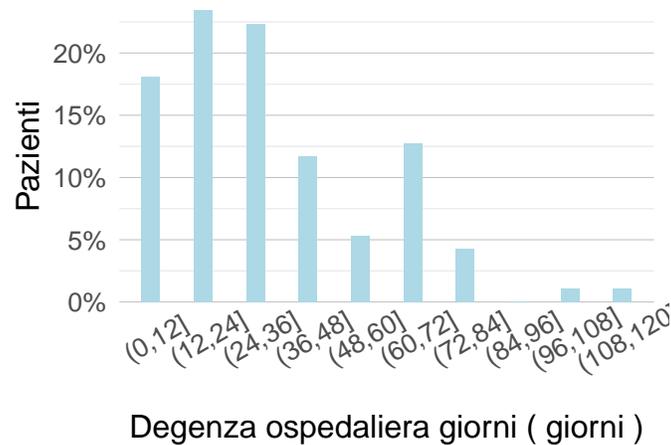
* Statistiche calcolate su 100 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	14.6 (13.6)
Mediana (Q1-Q3)	9.5 (5-23)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.4 (31.4)
Mediana (Q1-Q3)	32 (17-57.5)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 100 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

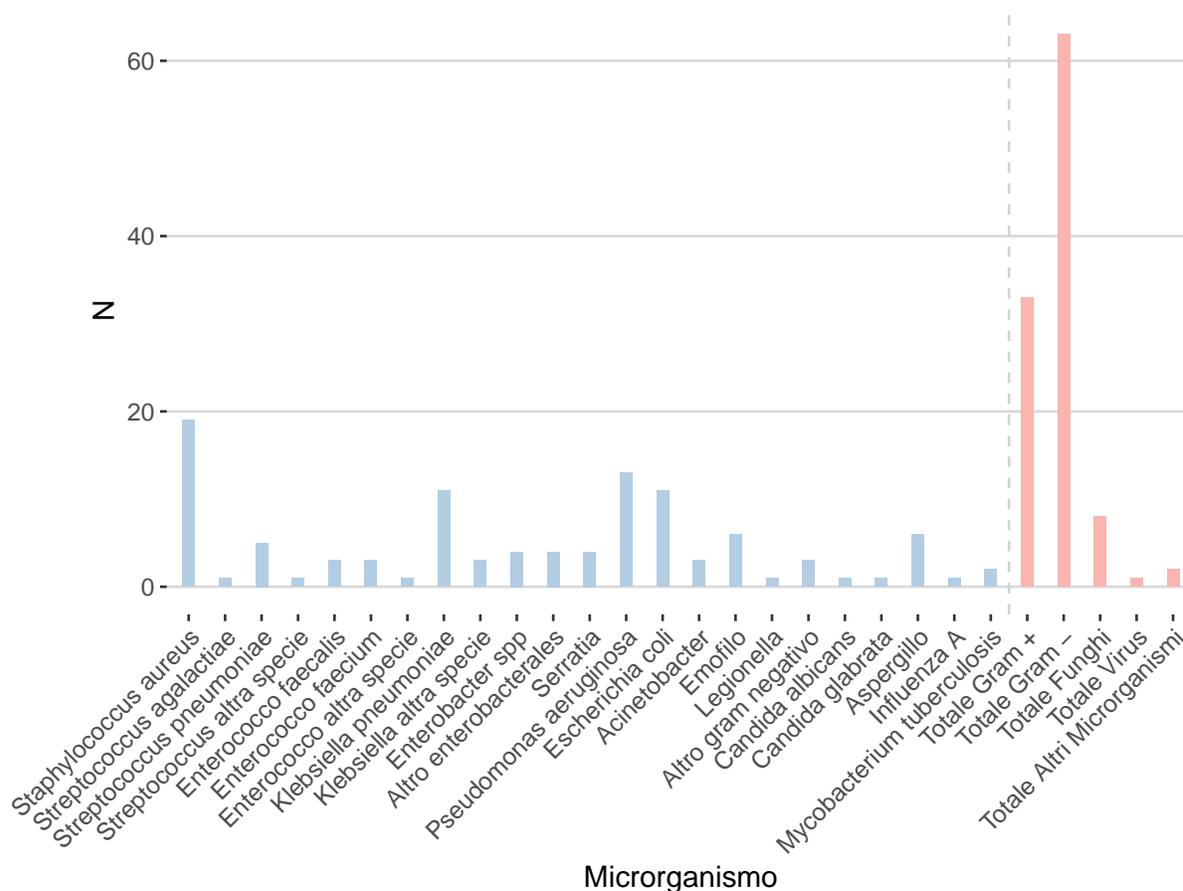
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	21	19.4
Sì	87	80.6
Missing	0	
Totale infezioni	108	
Totale microrganismi isolati	111	

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	19	21.8	17	2	11.8
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	5.7	3	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.1	1	1	100
Enterococco faecalis	3	3.4	2	1	50
Enterococco faecium	3	3.4	3	2	66.7
Enterococco altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Gram +	33	37.9	26	6	23.1
Klebsiella pneumoniae	11	12.6	11	7	63.6
Klebsiella altra specie	3	3.4	2	0	0
Enterobacter spp	4	4.6	3	0	0
Altro enterobacterales	4	4.6	3	0	0
Serratia	4	4.6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	14.9	11	7	63.6
Escherichia coli	11	12.6	7	0	0
Acinetobacter	3	3.4	2	2	100
Emofilo	6	6.9	0	0	0
Legionella	1	1.1	0	0	0
Altro gram negativo	3	3.4	0	0	0
Totale Gram -	63	72.4	43	16	37.2
Candida albicans	1	1.1	0	0	0
Candida glabrata	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	6	6.9	0	0	0
Totale Funghi	8	9.2	0	0	0
Influenza A	1	1.1			
Totale Virus	1	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	2.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	2.3	0	0	0

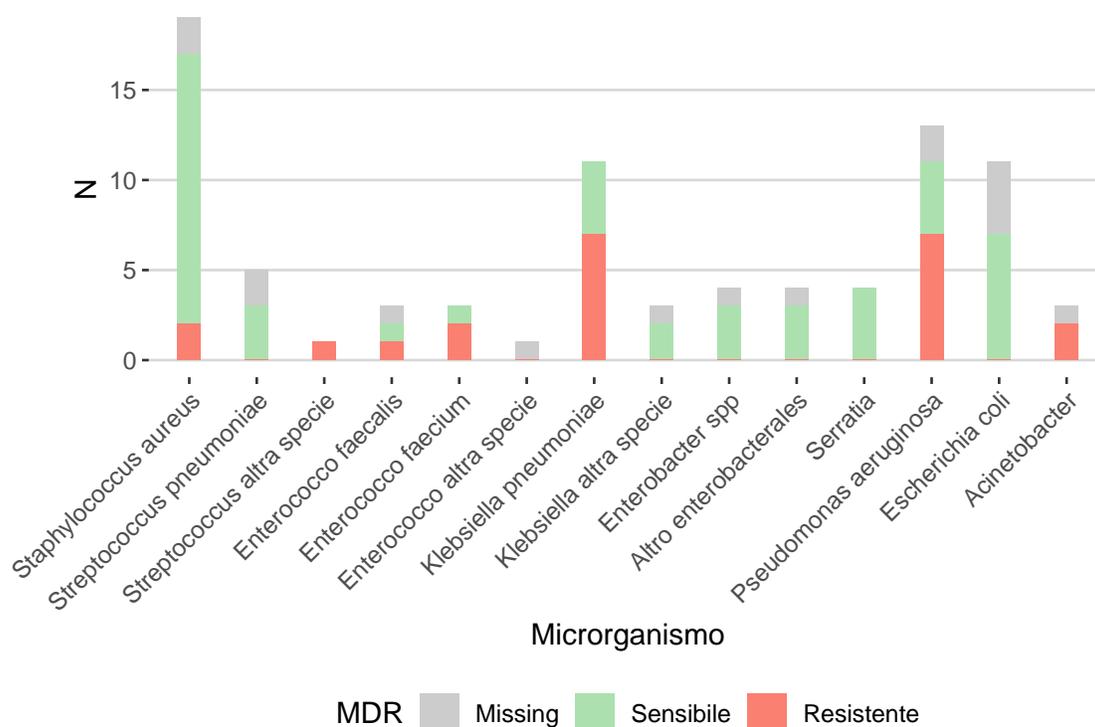


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	21.8	17	2	11.8
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	5.7	3	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.1	1	1	100
Enterococco faecalis	3	3.4	2	1	50
Enterococco faecium	3	3.4	3	2	66.7
Enterococco altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Gram +	33	37.9	26	6	23.1
Klebsiella pneumoniae	11	12.6	11	7	63.6
Klebsiella altra specie	3	3.4	2	0	0
Enterobacter spp	4	4.6	3	0	0
Altro enterobacterales	4	4.6	3	0	0
Serratia	4	4.6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	14.9	11	7	63.6
Escherichia coli	11	12.6	7	0	0
Acinetobacter	3	3.4	2	2	100
Emofilo	6	6.9	0	0	0
Legionella	1	1.1	0	0	0
Altro gram negativo	3	3.4	0	0	0
Totale Gram -	63	72.4	43	16	37.2
Candida albicans	1	1.1	0	0	0
Candida glabrata	1	1.1	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 108)

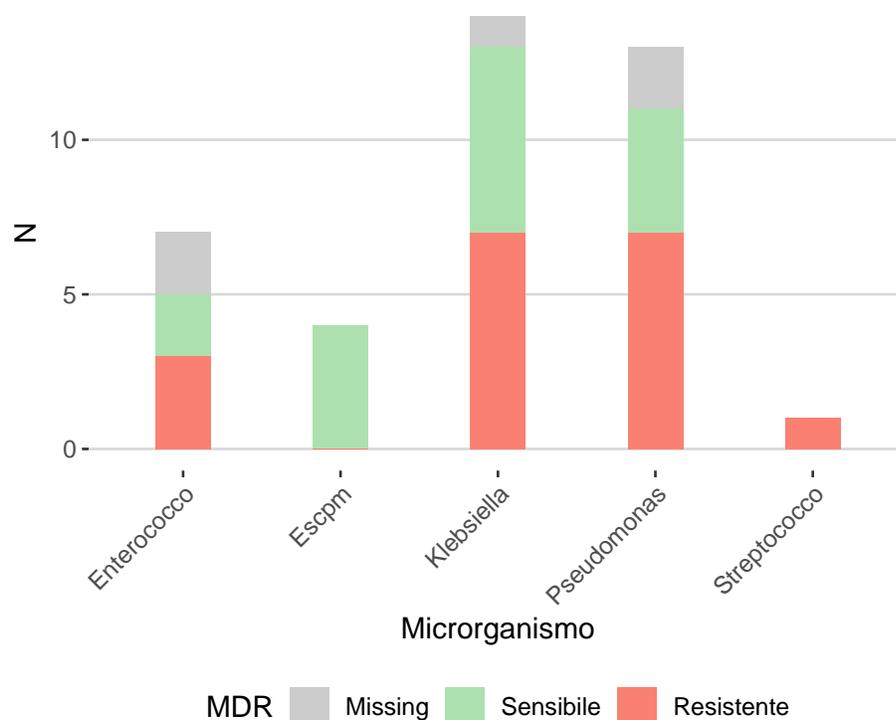
Aspergillo	6	6.9	0	0	0
Totale Funghi	8	9.2	0	0	0
Influenza A	1	1.1			
Totale Virus	1	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	2.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	2.3	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 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, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Morganella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi 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, Altro Virus, 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	7	5	2	3	60.00	2
Escpm	4	4	4	0	0.00	0
Klebsiella	14	13	6	7	53.85	1
Pseudomonas	13	11	4	7	63.64	2
Streptococco	1	1	0	1	100.00	0

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	11	Ertapenem	1	9.09
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	7	63.64

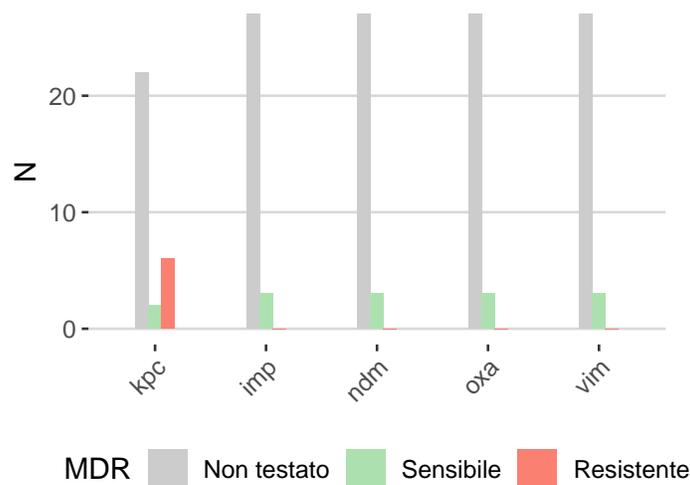
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	7	63.64
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	1	9.09
Staphylococcus aureus	17	Meticillina	2	11.76
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecalis	2	Vancomicina	1	50.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	2	66.67

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

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

	N	%
Sì	6	20
No	2	6.67
Non testato	22	73.33
Missing	7	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	27
kpc	6	100	2	22
ndm	0	0	3	27
oxa	0	0	3	27
vim	0	0	3	27



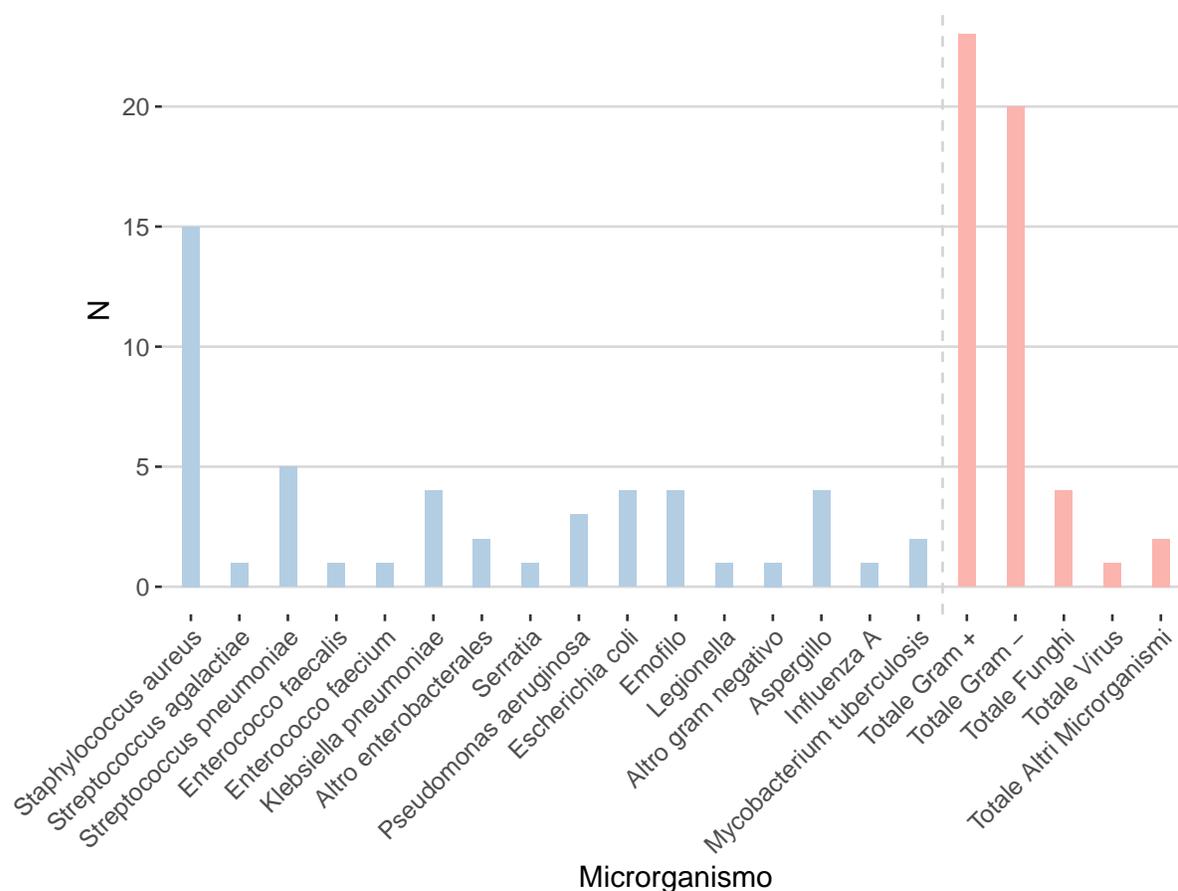
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	8	16.3
Sì	41	83.7
Missing	0	
Totale infezioni	49	
Totale microrganismi isolati	52	

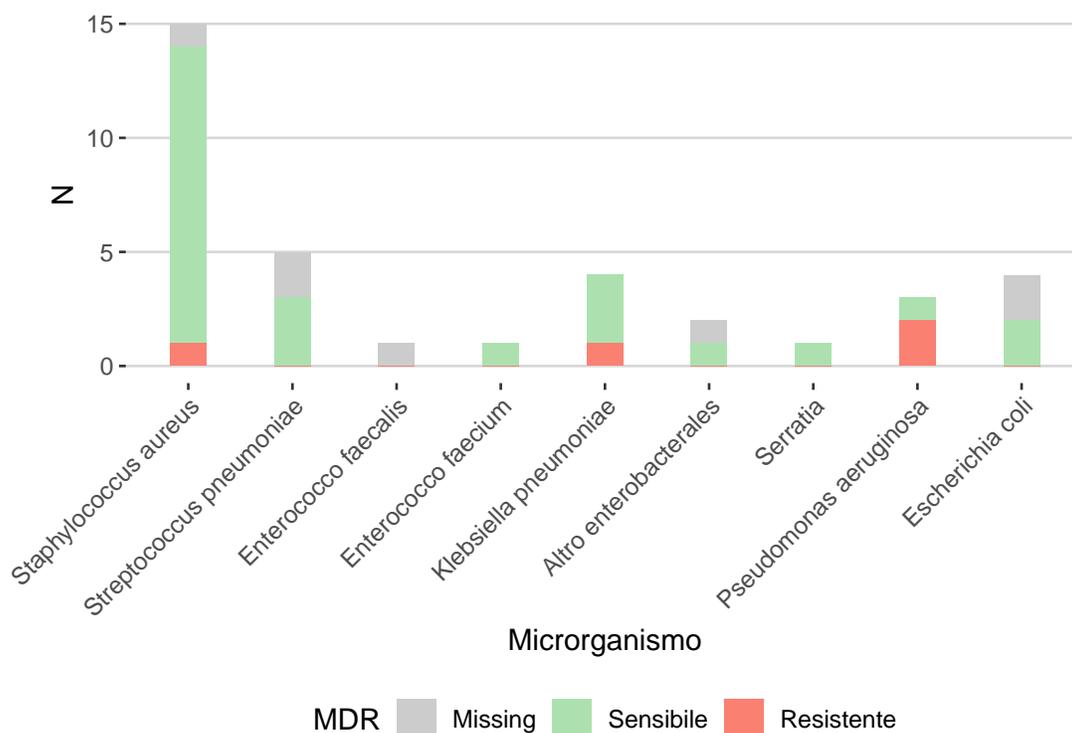
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	36.6	14	1	7.1
Streptococcus agalactiae	1	2.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	12.2	3	0	0
Enterococco faecalis	1	2.4	0	0	0
Enterococco faecium	1	2.4	1	0	0
Totale Gram +	23	56.1	18	1	5.6
Klebsiella pneumoniae	4	9.8	4	1	25
Altro enterobacterales	2	4.9	1	0	0
Serratia	1	2.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	7.3	3	2	66.7
Escherichia coli	4	9.8	2	0	0
Emofilo	4	9.8	0	0	0
Legionella	1	2.4	0	0	0
Altro gram negativo	1	2.4	0	0	0
Totale Gram -	20	48.8	11	3	27.3
Aspergillo	4	9.8	0	0	0
Totale Funghi	4	9.8	0	0	0
Influenza A	1	2.4			
Totale Virus	1	2.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	4.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	4.9	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	36.6	14	1	7.1
Streptococcus agalactiae	1	2.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	12.2	3	0	0
Enterococcus faecalis	1	2.4	0	0	0
Enterococcus faecium	1	2.4	1	0	0
Totale Gram +	23	56.1	18	1	5.6
Klebsiella pneumoniae	4	9.8	4	1	25
Altro enterobacteriales	2	4.9	1	0	0
Serratia	1	2.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	7.3	3	2	66.7
Escherichia coli	4	9.8	2	0	0
Emofilo	4	9.8	0	0	0
Legionella	1	2.4	0	0	0
Altro gram negativo	1	2.4	0	0	0
Totale Gram -	20	48.8	11	3	27.3
Aspergillo	4	9.8	0	0	0
Totale Funghi	4	9.8	0	0	0
Influenza A	1	2.4			
Totale Virus	1	2.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	4.9	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	2	4.9	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*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus CoNS* altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococco* altra specie, *Pyogens*, *Acinetobacter*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Enterobacter* spp, *Morganella*, *Klebsiella* altra specie, *Pseudomonas* altra specie, *Proteus*, *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 AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza* tipo non specificato, *Altro Virus*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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

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

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

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

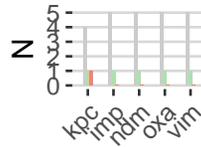
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	1	25.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	2	66.67
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	1	7.14

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

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

	N	%
Sì	1	16.67
No	1	16.67
Non testato	4	66.67
Missing	10	

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

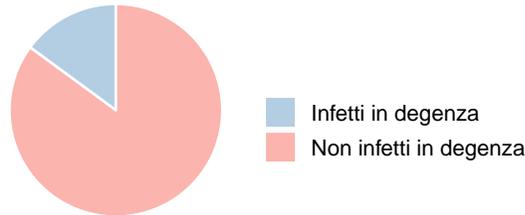


MDR ■ Non testato ■ Sensibile ■ Resistente

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.

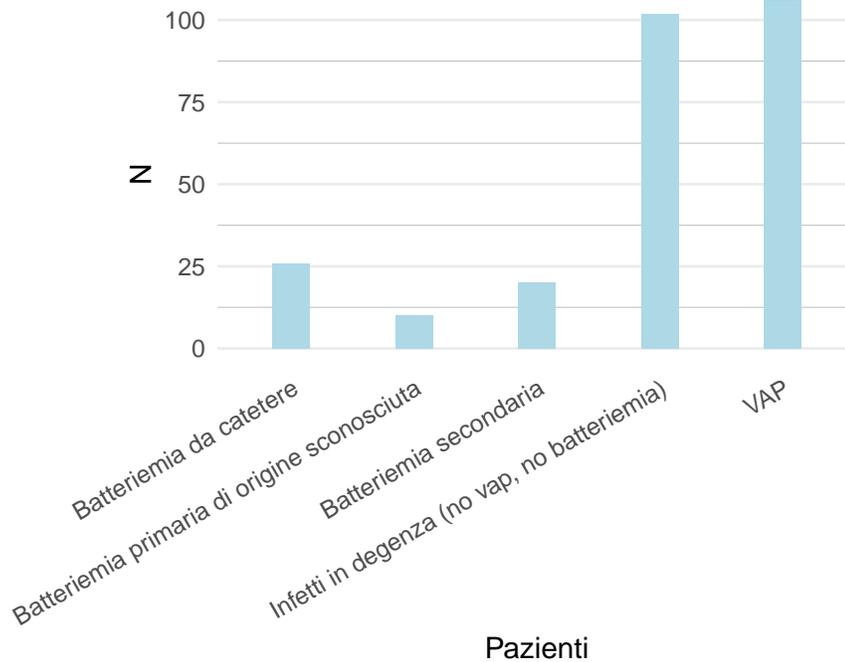
Sono presenti 236 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 14.9% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	236	14.9
Non infetti in degenza	1345	85.1

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1581).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



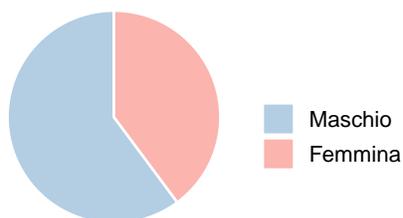
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	102	43.2
VAP	106	44.9

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	10	4.2
Batteriemia da catetere	26	11.0
Batteriemia secondaria	20	8.5

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 236)

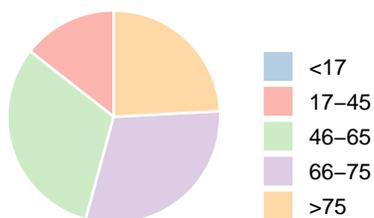
8 Pazienti infetti in degenza (N = 236)

8.1 Sesso



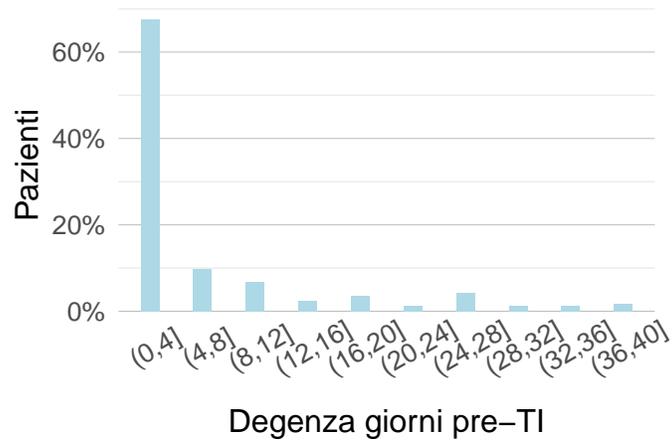
Sesso	N	%
Maschio	142	60.2
Femmina	94	39.8
Missing	0	0

8.2 Età



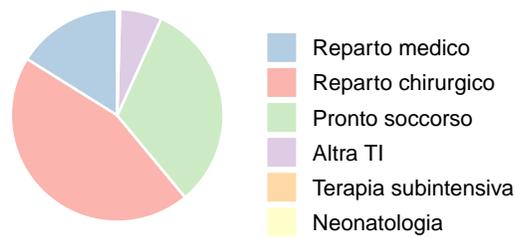
Range età	N	%
<17	0	0.0
17-45	34	14.4
46-65	74	31.4
66-75	71	30.1
>75	57	24.2
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



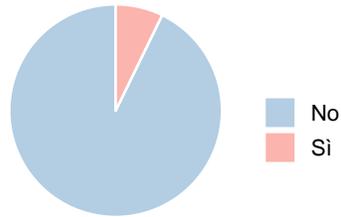
Indicatore	Valore
Media	8.3
DS	22.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



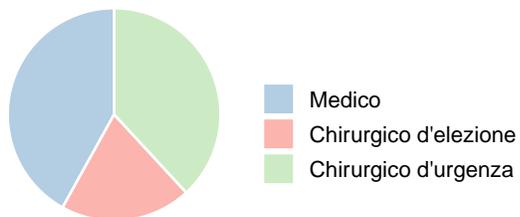
Provenienza	N	%
Reparto medico	38	16.1
Reparto chirurgico	106	44.9
Pronto soccorso	76	32.2
Altra TI	15	6.4
Terapia subintensiva	1	0.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

8.5 Trauma



Trauma	N	%
No	219	92.8
Si	17	7.2
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	99	41.9
Chirurgico d'elezione	47	19.9
Chirurgico d'urgenza	90	38.1
Missing	0	0

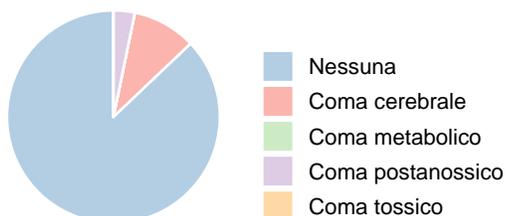
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	27	11.4
Trattamento intensivo	209	88.6

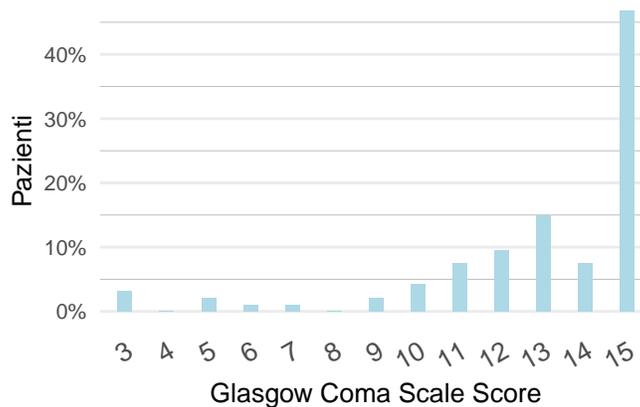
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



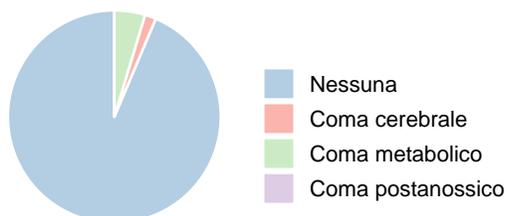
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	54	87.1
Coma cerebrale	6	9.7
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	2	3.2
Coma tossico	0	0.0
Missing	174	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



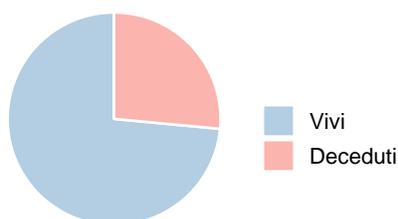
Indicatore	Valore
Media	10.9
DS	2.9
Mediana	12
Q1-Q3	10-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



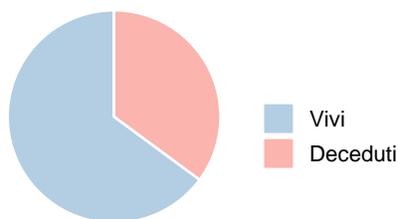
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	221	93.6
Coma cerebrale	4	1.7
Coma metabolico	11	4.7
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	172	73.5
Deceduti	62	26.5
Missing	2	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

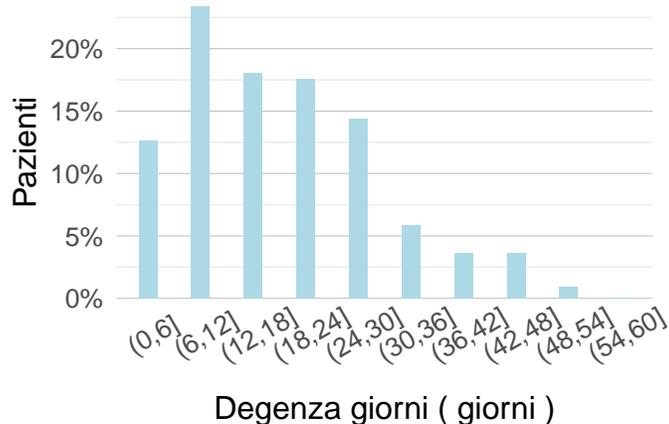


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	146	64.9

Deceduti	79	35.1
Missing	2	0

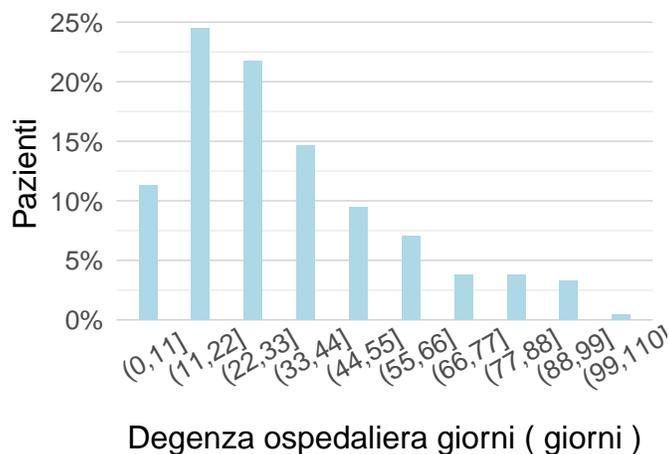
* Statistiche calcolate su 227 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 9).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.4 (16.4)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10-28.8)
Missing	2

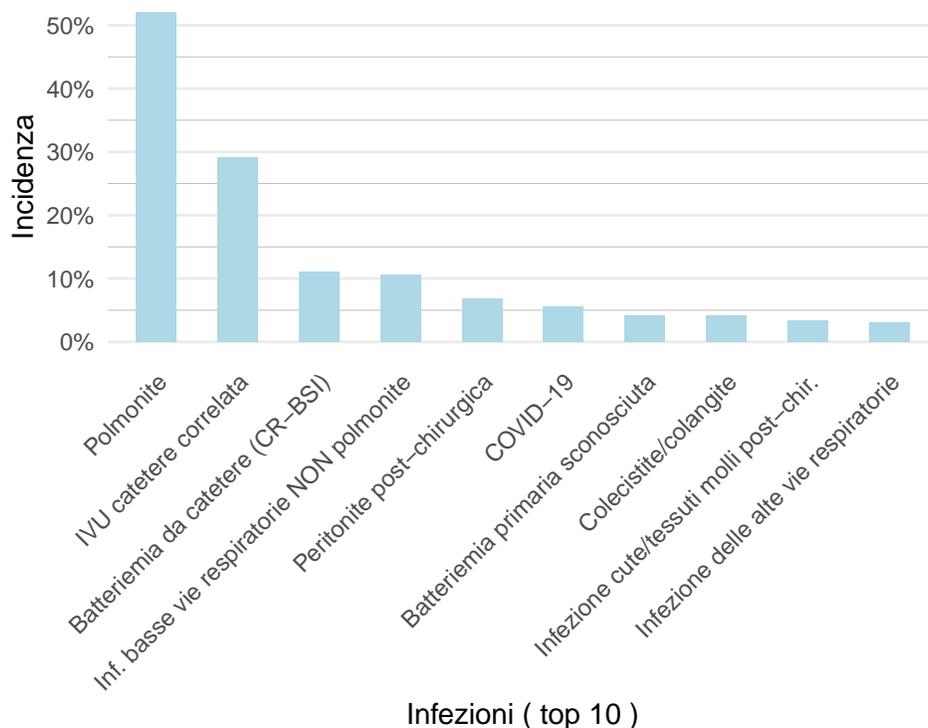
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.3 (34.3)
Mediana (Q1-Q3)	32 (20-53)
Missing	2

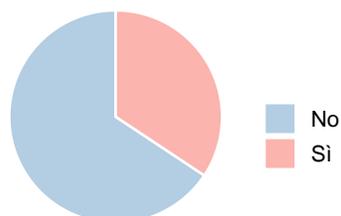
* Statistiche calcolate su 227 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 9).

8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezione	N	%
Polmonite	123	52.1
IVU catetere correlata	69	29.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	26	11.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	25	10.6
Peritonite post-chirurgica	16	6.8
COVID-19	13	5.5
Batteriemia primaria sconosciuta	10	4.2
Colecistite/colangite	10	4.2
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	8	3.4
Infezione delle alte vie respiratorie	7	3.0
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



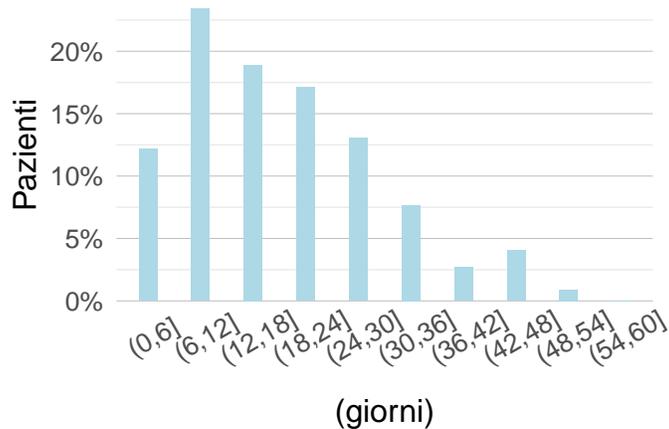
Infezione multisito	N	%
No	155	65.7
Si	81	34.3
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	328
Numero totale di microrganismi isolati	417

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	21.4
DS	16.3
Mediana	18
Q1-Q3	10-28
Missing	2

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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	0.0	0.0 %
CI (95%)	0.0 - 0.4	0.0 - 0.3

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

Il primo:

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

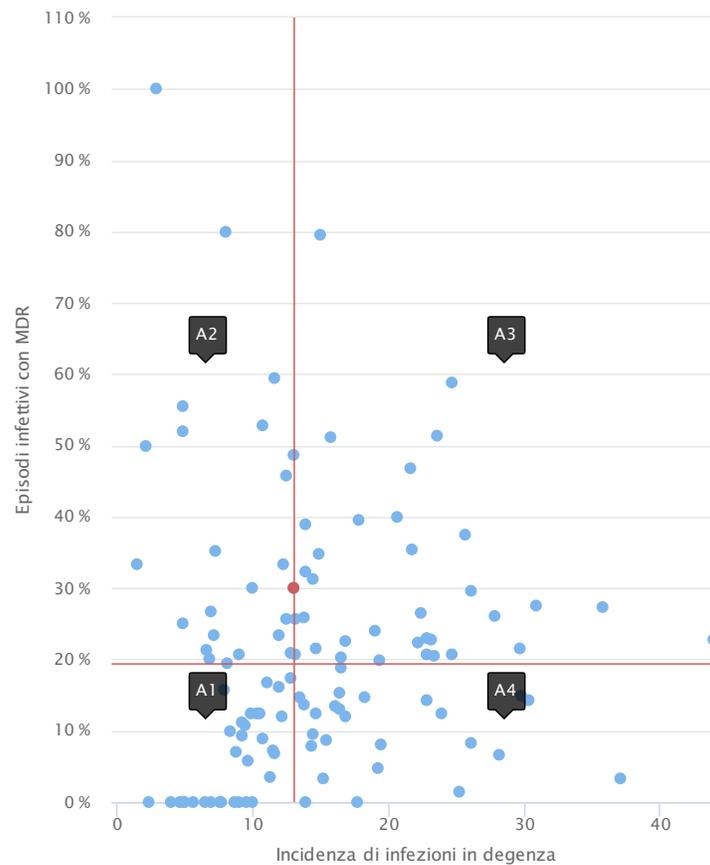
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

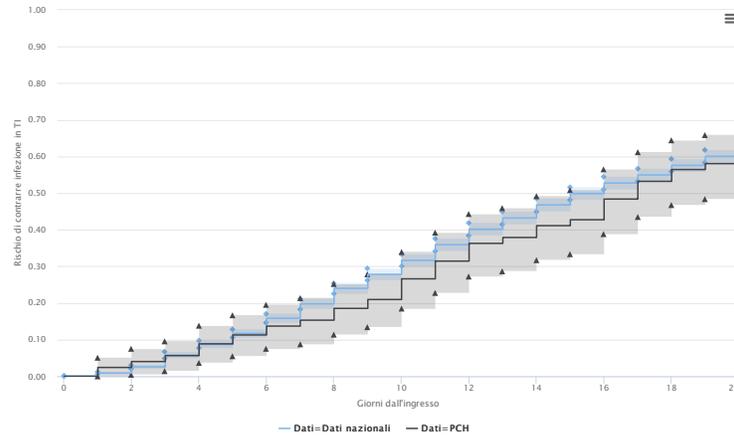
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

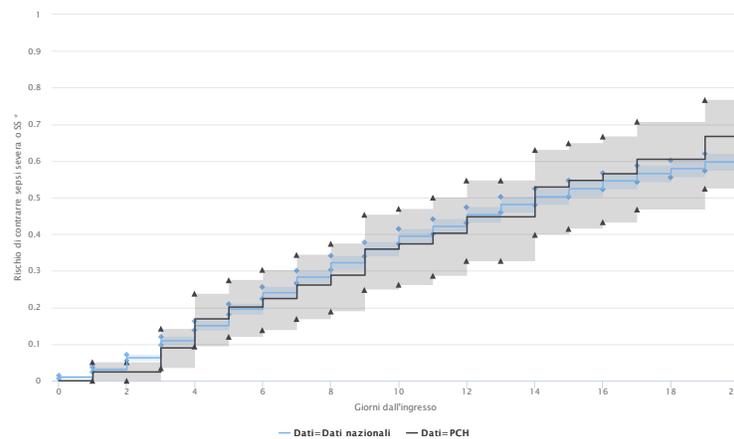


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI PCH . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza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

Rischio di contrarre infezione in TI



di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



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

Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 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

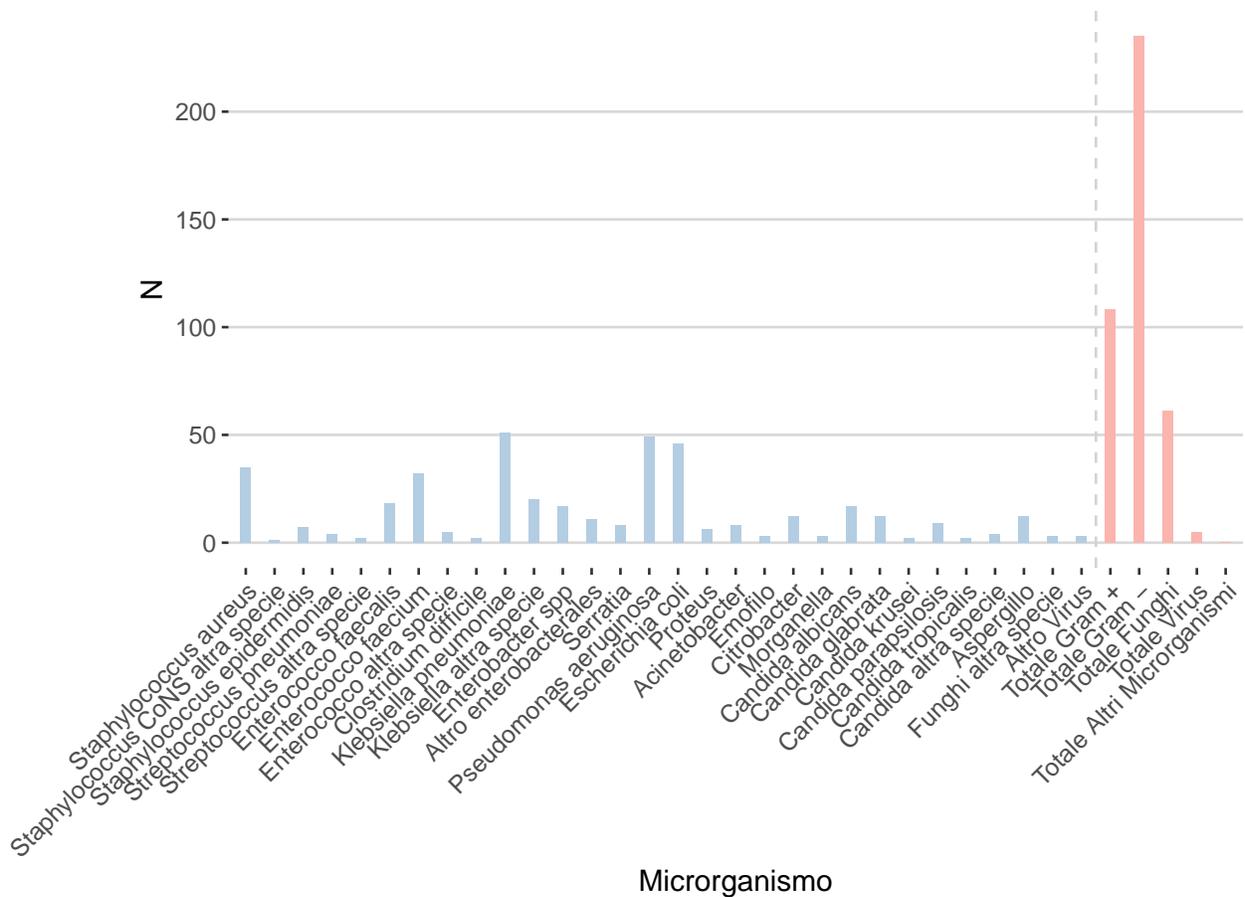
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	23	7.0
Sì	305	93.0
Missing	0	

Totale infezioni 328
Totale microrganismi isolati 417

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.

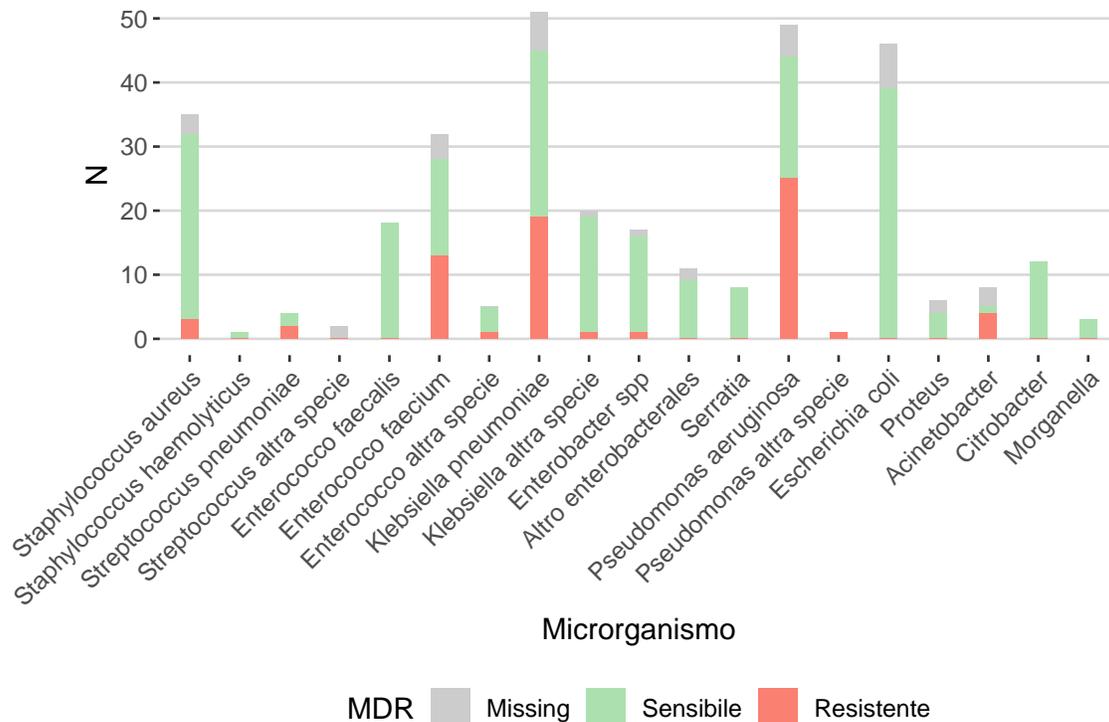
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	35	11.4	32	3	9.4
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	2.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.3	4	2	50
Streptococcus altra specie	2	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	18	5.9	18	0	0
Enterococco faecium	32	10.5	28	13	46.4
Enterococco altra specie	5	1.6	5	1	20
Clostridium difficile	2	0.7	0	0	0
Totale Gram +	108	35.3	88	19	21.6
Klebsiella pneumoniae	51	16.7	45	19	42.2
Klebsiella altra specie	20	6.5	19	1	5.3
Enterobacter spp	17	5.6	16	1	6.2
Altro enterobacterales	11	3.6	9	0	0
Serratia	8	2.6	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	49	16.0	44	25	56.8
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	1	100
Escherichia coli	46	15.0	39	0	0
Proteus	6	2.0	4	0	0
Acinetobacter	8	2.6	5	4	80
Emofilo	3	1.0	0	0	0
Citrobacter	12	3.9	12	0	0
Morganella	3	1.0	3	0	0
Totale Gram -	235	76.8	205	51	24.9
Candida albicans	17	5.6	0	0	0
Candida glabrata	12	3.9	0	0	0
Candida krusei	2	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	9	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.7	0	0	0
Candida altra specie	4	1.3	0	0	0
Aspergillo	12	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.0	0	0	0
Totale Funghi	61	19.9	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	3	1.0			
Totale Virus	5	1.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	35	11.4	32	3	9.4
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.3	1	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	2.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.3	4	2	50
Streptococcus altra specie	2	0.7	0	0	0
Enterococcus faecalis	18	5.9	18	0	0
Enterococcus faecium	32	10.5	28	13	46.4
Enterococcus altra specie	5	1.6	5	1	20
Clostridium difficile	2	0.7	0	0	0
Totale Gram +	108	35.3	88	19	21.6
Klebsiella pneumoniae	51	16.7	45	19	42.2
Klebsiella altra specie	20	6.5	19	1	5.3
Enterobacter spp	17	5.6	16	1	6.2
Altro enterobacteriales	11	3.6	9	0	0
Serratia	8	2.6	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	49	16.0	44	25	56.8
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	1	100
Escherichia coli	46	15.0	39	0	0
Proteus	6	2.0	4	0	0
Acinetobacter	8	2.6	5	4	80

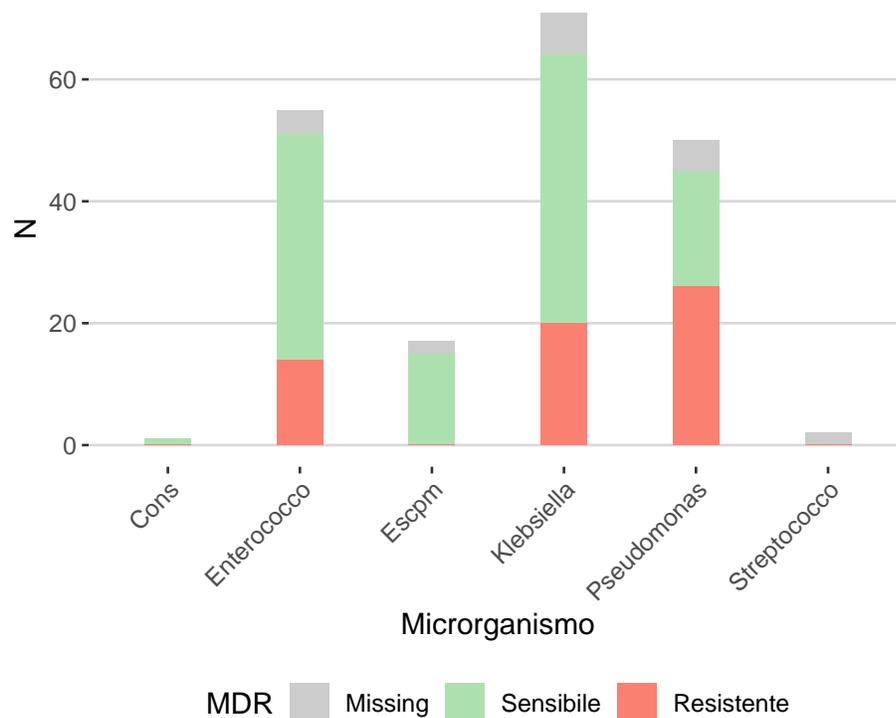
Emofilo	3	1.0	0	0	0
Citrobacter	12	3.9	12	0	0
Morganella	3	1.0	3	0	0
Totale Gram -	235	76.8	205	51	24.9
Candida albicans	17	5.6	0	0	0
Candida glabrata	12	3.9	0	0	0
Candida krusei	2	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	9	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.7	0	0	0
Candida altra specie	4	1.3	0	0	0
Aspergillo	12	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.0	0	0	0
Totale Funghi	61	19.9	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	3	1.0			
Totale Virus	5	1.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Altro gram negativo, Providencia, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, 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.

8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	1	0	0.00	0
Enterococco	55	51	37	14	27.45	4
Escpm	17	15	15	0	0.00	2
Klebsiella	71	64	44	20	31.25	7
Pseudomonas	50	45	19	26	57.78	5
Streptococco	2	0	0	0	NaN	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.

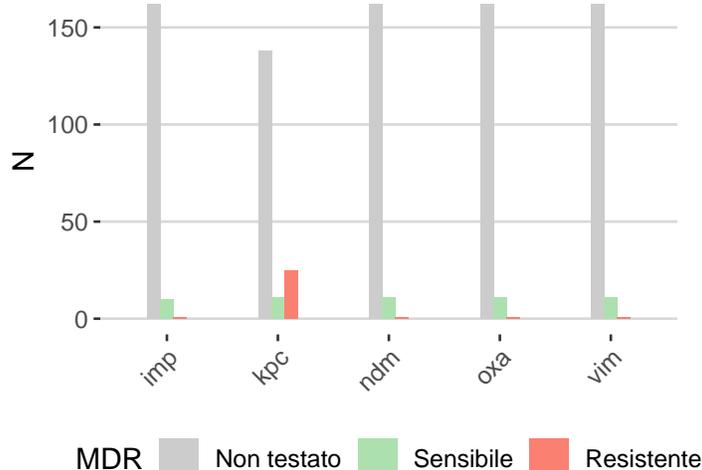
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	45	Ertapenem	7	15.56
Klebsiella pneumoniae	45	Meropenem	17	37.78
Klebsiella altra specie	19	Ertapenem	1	5.26
Klebsiella altra specie	19	Meropenem	1	5.26
Enterobacter spp	16	Ertapenem	1	6.25
Acinetobacter	5	Imipenem	1	20.00
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80.00
Pseudomonas aeruginosa	43	Imipenem	24	55.81
Pseudomonas aeruginosa	44	Meropenem	8	18.18
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	32	Meticillina	3	9.38
Streptococcus pneumoniae	4	Penicillina	2	50.00
Enterococco faecium	28	Vancomicina	13	46.43
Enterococco altra specie	5	Vancomicina	1	20.00

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	25	14.88
No	7	4.17
Non testato	136	80.95
Missing	30	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	3.4	10	162
kpc	25	86.2	11	138
ndm	1	3.4	11	162
oxa	1	3.4	11	162
vim	1	3.4	11	162



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 111)

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.

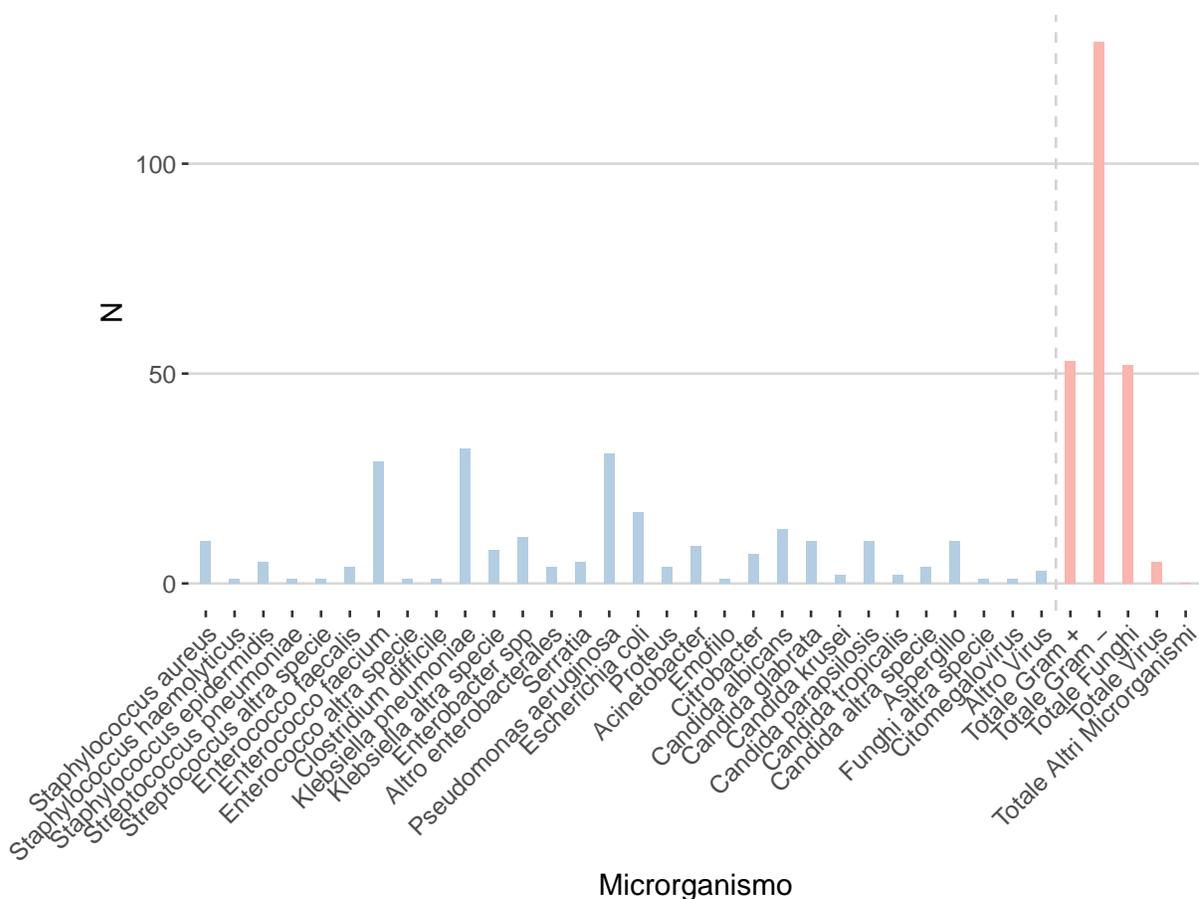
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	25	7.9
Sì	292	92.1
Missing	0	
Totale infezioni	317	
Totale microrganismi isolati	413	

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	6.5	8	1	12.5
Staphylococcus haemolyticus	1	0.6	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	3.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.6	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	4	2.6	4	0	0
Enterococco faecium	29	18.8	26	13	50
Enterococco altra specie	1	0.6	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.6	0	0	0
Totale Gram +	53	34.4	41	14	34.1
Klebsiella pneumoniae	32	20.8	27	16	59.3
Klebsiella altra specie	8	5.2	7	1	14.3

9 PAZIENTI INFETTI SIA ALL'AMMISSIONE CHE IN DEGENZA (N = 111)

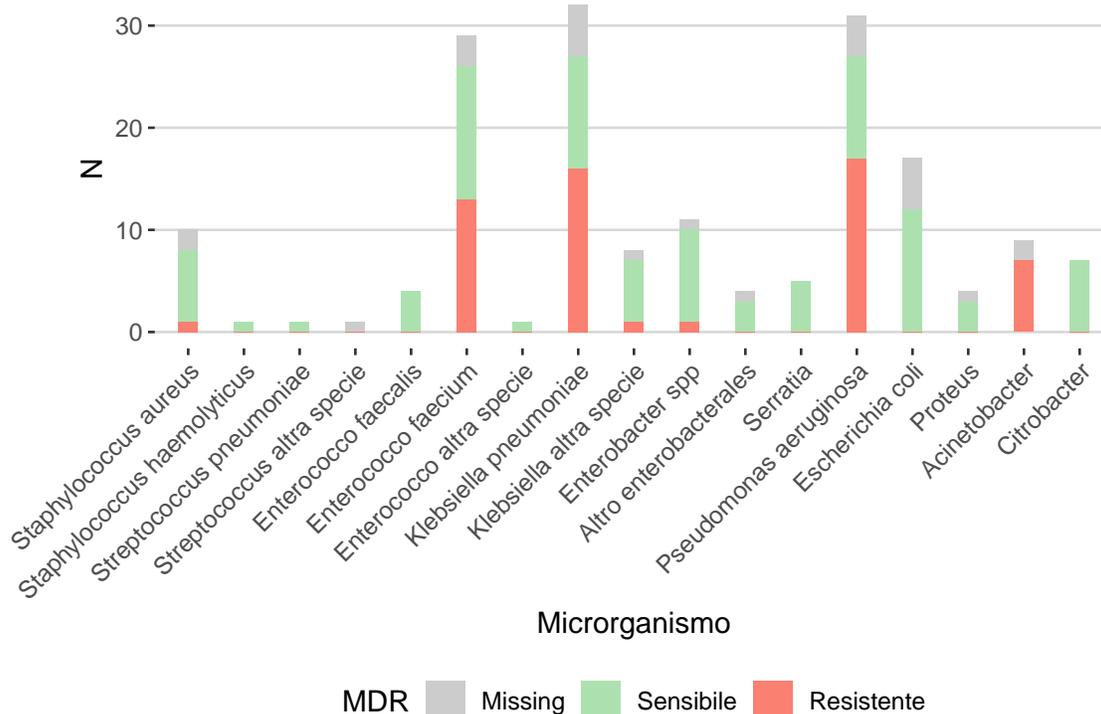
Enterobacter spp	11	7.1	10	1	10
Altro enterobacterales	4	2.6	3	0	0
Serratia	5	3.2	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	31	20.1	27	17	63
Escherichia coli	17	11.0	12	0	0
Proteus	4	2.6	3	0	0
Acinetobacter	9	5.8	7	7	100
Emofilo	1	0.6	0	0	0
Citrobacter	7	4.5	7	0	0
Totale Gram -	129	83.8	108	42	38.9
Candida albicans	13	8.4	0	0	0
Candida glabrata	10	6.5	0	0	0
Candida krusei	2	1.3	0	0	0
Candida parapsilosis	10	6.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.3	0	0	0
Candida altra specie	4	2.6	0	0	0
Aspergillo	10	6.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
Totale Funghi	52	33.8	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.6			
Herpes simplex	1	0.6			
Altro Virus	3	1.9			
Totale Virus	5	3.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	6.5	8	1	12.5
Staphylococcus haemolyticus	1	0.6	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	3.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.6	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	4	2.6	4	0	0
Enterococco faecium	29	18.8	26	13	50
Enterococco altra specie	1	0.6	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.6	0	0	0
Totale Gram +	53	34.4	41	14	34.1
Klebsiella pneumoniae	32	20.8	27	16	59.3
Klebsiella altra specie	8	5.2	7	1	14.3
Enterobacter spp	11	7.1	10	1	10
Altro enterobacteriales	4	2.6	3	0	0
Serratia	5	3.2	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	31	20.1	27	17	63
Escherichia coli	17	11.0	12	0	0
Proteus	4	2.6	3	0	0
Acinetobacter	9	5.8	7	7	100
Emofilo	1	0.6	0	0	0
Citrobacter	7	4.5	7	0	0
Totale Gram -	129	83.8	108	42	38.9

Candida albicans	13	8.4	0	0	0
Candida glabrata	10	6.5	0	0	0
Candida krusei	2	1.3	0	0	0
Candida parapsilosis	10	6.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.3	0	0	0
Candida altra specie	4	2.6	0	0	0
Aspergillo	10	6.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
Totale Funghi	52	33.8	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.6			
Herpes simplex	1	0.6			
Altro Virus	3	1.9			
Totale Virus	5	3.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

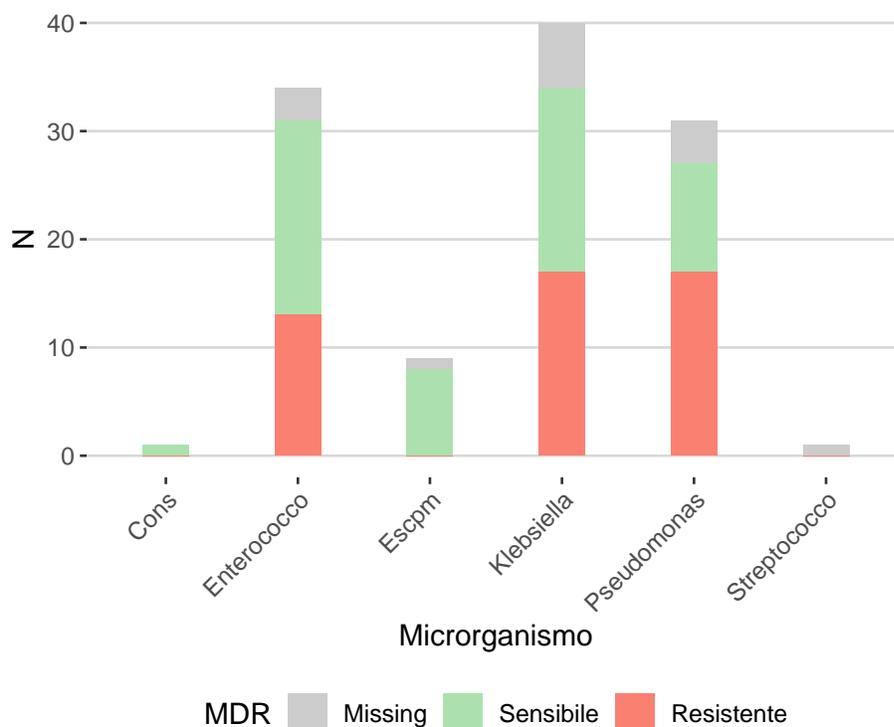
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata,

Influenza A, 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.

9.1.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	1	0	0.00	0
Enterococco	34	31	18	13	41.94	3
Escpm	9	8	8	0	0.00	1
Klebsiella	40	34	17	17	50.00	6
Pseudomonas	31	27	10	17	62.96	4
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

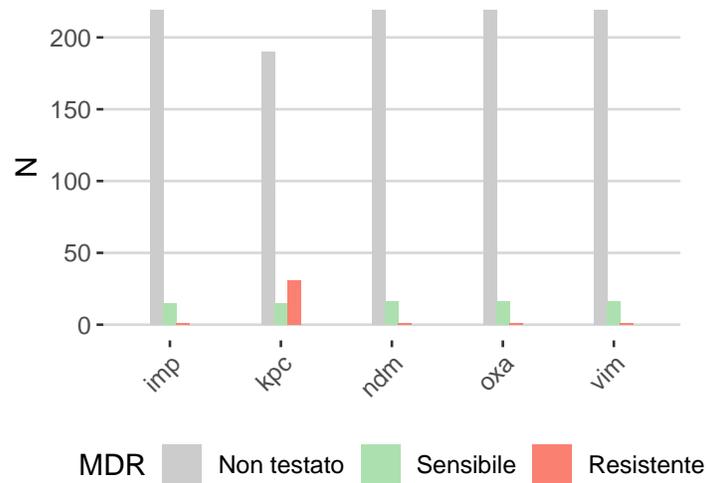
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	40	Ertapenem	11	27.50
Klebsiella pneumoniae	40	Meropenem	21	52.50
Klebsiella altra specie	12	Ertapenem	1	8.33
Klebsiella altra specie	12	Meropenem	1	8.33
Enterobacter spp	15	Ertapenem	1	6.67
Acinetobacter	8	Imipenem	3	37.50
Acinetobacter	8	Meropenem	8	100.00
Pseudomonas aeruginosa	32	Imipenem	19	59.38
Pseudomonas aeruginosa	34	Meropenem	7	20.59
Staphylococcus aureus	23	Meticillina	2	8.70
Streptococcus pneumoniae	3	Penicillina	1	33.33
Enterococco faecalis	11	Vancomicina	1	9.09
Enterococco faecium	35	Vancomicina	16	45.71
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

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

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. É 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.

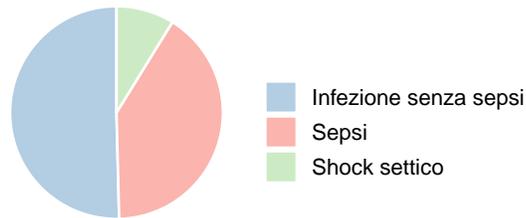
	N	%
Sì	31	13.6
No	10	4.39
Non testato	187	82.02
Missing	43	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	2.9	15	219
kpc	31	88.6	15	190
ndm	1	2.9	16	219
oxa	1	2.9	16	219
vim	1	2.9	16	219



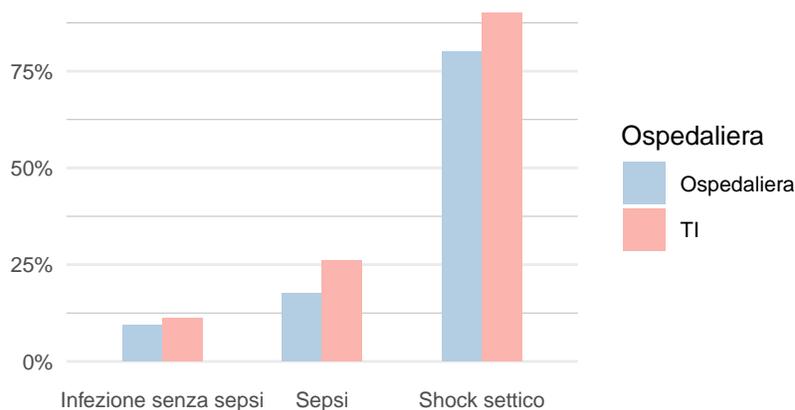
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 125)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	63	50.4
Sepsi	51	40.8
Shock settico	11	8.8
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	9.5	11.3
Sepsi	17.6	26.0
Shock settico	80.0	90.0

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

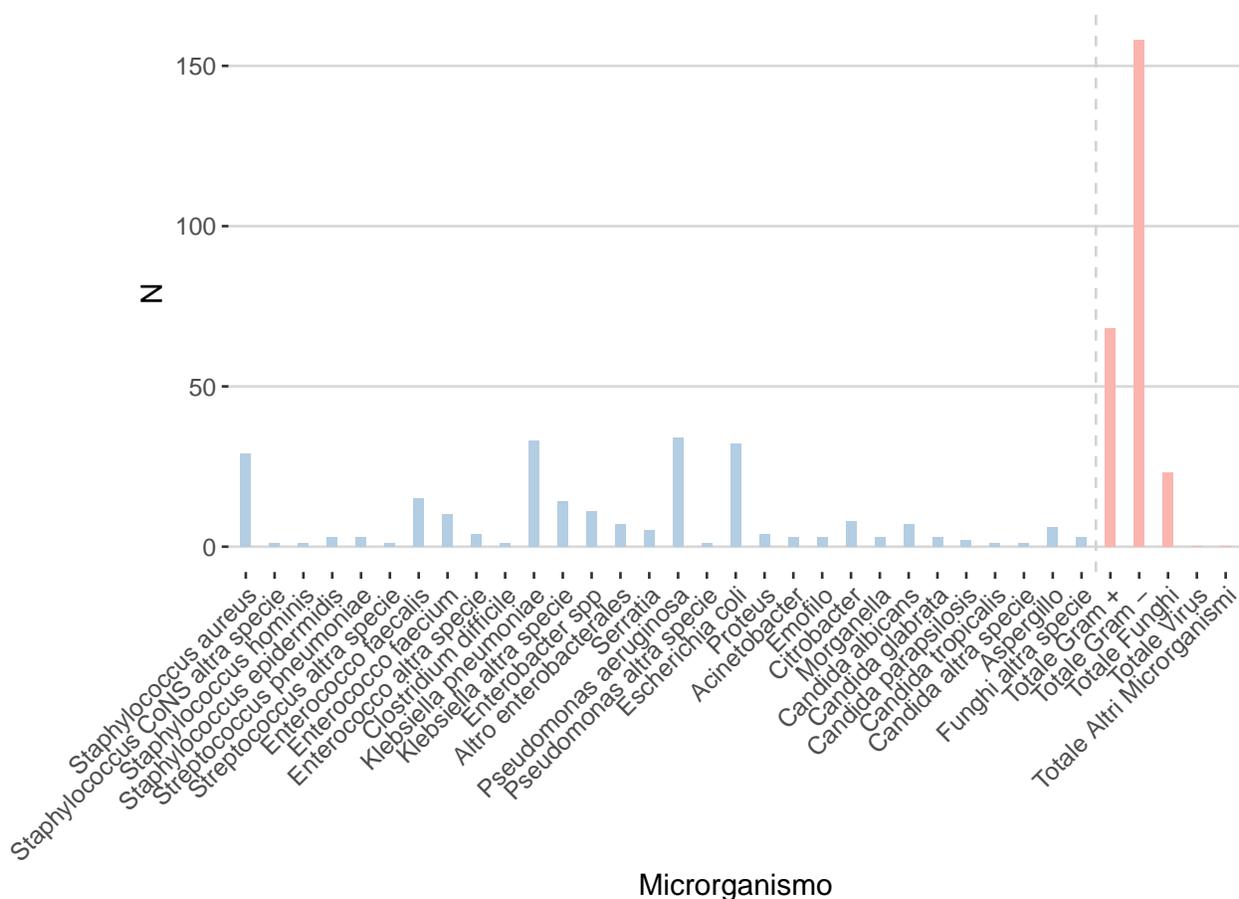
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	18	9.0
Sì	183	91.0
Missing	0	
Totale infezioni	201	
Totale microrganismi isolati	250	

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	29	19.1	28	2	7.1
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.0	3	2	66.7
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	15	9.9	15	0	0
Enterococco faecium	10	6.6	9	5	55.6
Enterococco altra specie	4	2.6	4	1	25

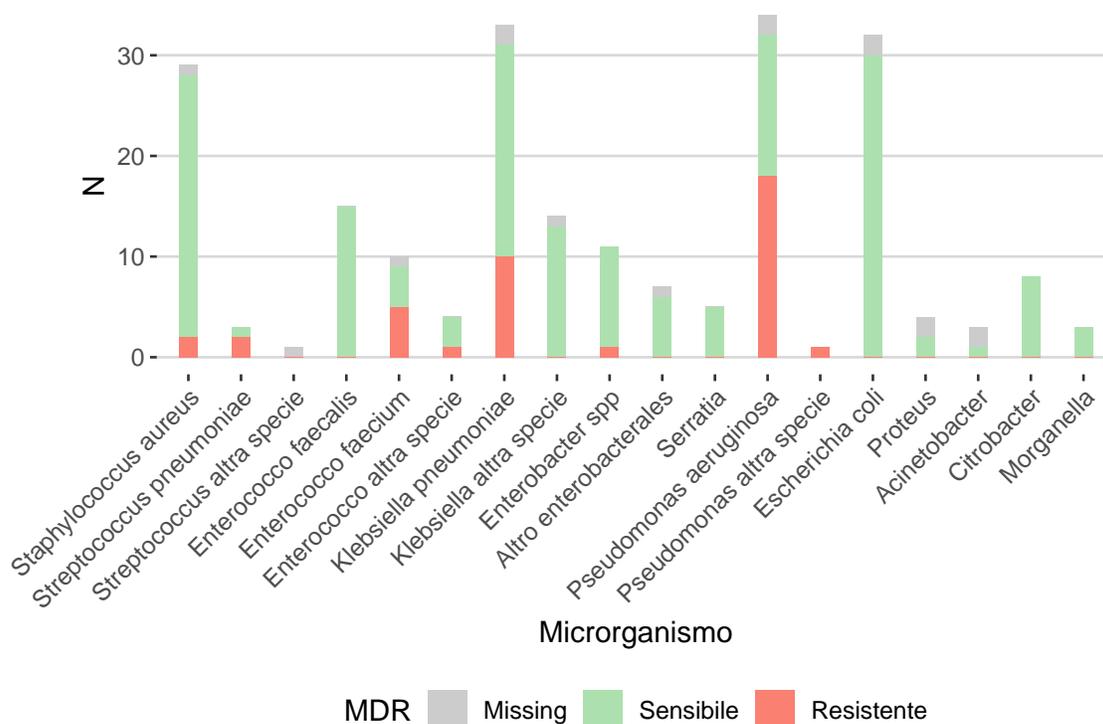
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	68	44.7	59	10	16.9
Klebsiella pneumoniae	33	21.7	31	10	32.3
Klebsiella altra specie	14	9.2	13	0	0
Enterobacter spp	11	7.2	11	1	9.1
Altro enterobacterales	7	4.6	6	0	0
Serratia	5	3.3	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	34	22.4	32	18	56.2
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	1	100
Escherichia coli	32	21.1	30	0	0
Proteus	4	2.6	2	0	0
Acinetobacter	3	2.0	1	0	0
Emofilo	3	2.0	0	0	0
Citrobacter	8	5.3	8	0	0
Morganella	3	2.0	3	0	0
Totale Gram -	158	103.9	143	30	21
Candida albicans	7	4.6	0	0	0
Candida glabrata	3	2.0	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	6	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.0	0	0	0
Totale Funghi	23	15.1	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	29	19.1	28	2	7.1
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.0	3	2	66.7
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	15	9.9	15	0	0
Enterococco faecium	10	6.6	9	5	55.6
Enterococco altra specie	4	2.6	4	1	25
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	68	44.7	59	10	16.9
Klebsiella pneumoniae	33	21.7	31	10	32.3
Klebsiella altra specie	14	9.2	13	0	0
Enterobacter spp	11	7.2	11	1	9.1
Altro enterobacteriale	7	4.6	6	0	0
Serratia	5	3.3	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	34	22.4	32	18	56.2
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	1	100
Escherichia coli	32	21.1	30	0	0
Proteus	4	2.6	2	0	0
Acinetobacter	3	2.0	1	0	0
Emofilo	3	2.0	0	0	0

Citrobacter	8	5.3	8	0	0
Morganella	3	2.0	3	0	0
Totale Gram -	158	103.9	143	30	21
Candida albicans	7	4.6	0	0	0
Candida glabrata	3	2.0	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	6	3.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.0	0	0	0
Totale Funghi	23	15.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

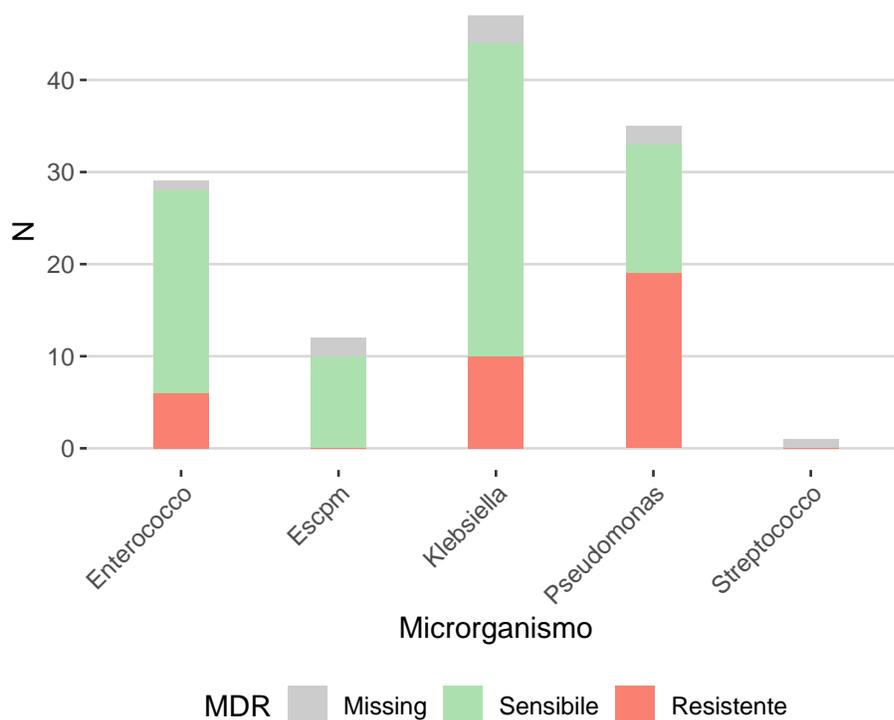
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Altro gram negativo, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium

tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	29	28	22	6	21.43	1
Escpm	12	10	10	0	0.00	2
Klebsiella	47	44	34	10	22.73	3
Pseudomonas	35	33	14	19	57.58	2
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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.

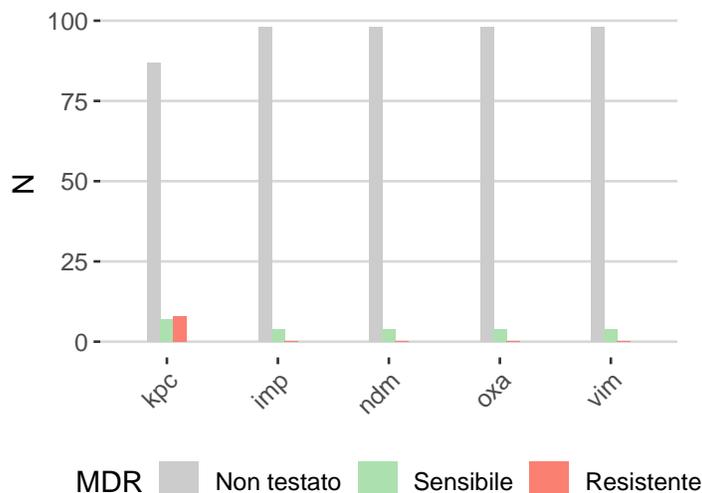
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	31	Ertapenem	1	3.23
Klebsiella pneumoniae	31	Meropenem	9	29.03
Enterobacter spp	11	Ertapenem	1	9.09
Pseudomonas aeruginosa	32	Imipenem	18	56.25
Pseudomonas aeruginosa	32	Meropenem	3	9.38
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	28	Meticillina	2	7.14
Streptococcus pneumoniae	3	Penicillina	2	66.67
Enterococco faecium	9	Vancomicina	5	55.56
Enterococco altra specie	4	Vancomicina	1	25.00

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

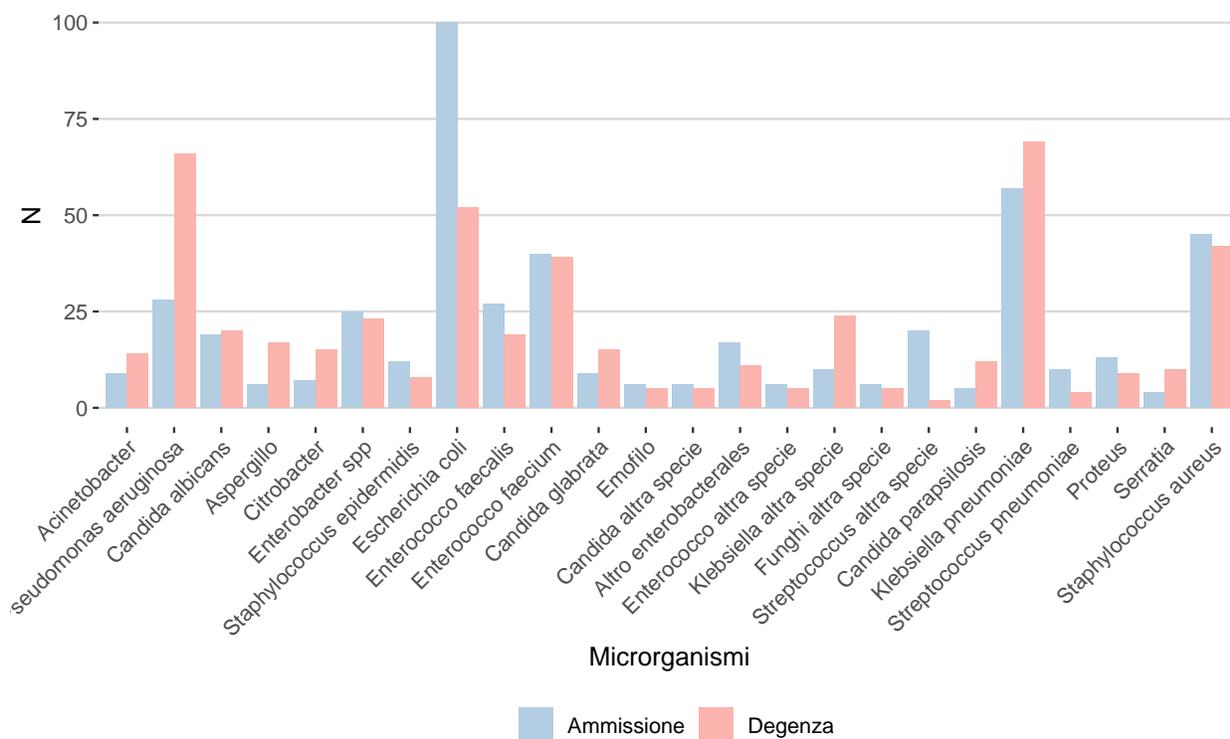
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	8	8.08
No	3	3.03
Non testato	88	88.89
Missing	14	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	98
kpc	8	100	7	87
ndm	0	0	4	98
oxa	0	0	4	98
vim	0	0	4	98



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

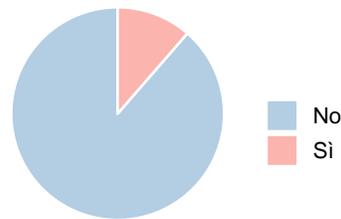


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	23	9	39.1	14	60.9
Pseudomonas aeruginosa	94	28	29.8	66	70.2
Candida albicans	39	19	48.7	20	51.3
Aspergillo	23	6	26.1	17	73.9
Citrobacter	22	7	31.8	15	68.2
Enterobacter spp	48	25	52.1	23	47.9

Staphylococcus epidermidis	20	12	60	8	40
Escherichia coli	152	100	65.8	52	34.2
Enterococco faecalis	46	27	58.7	19	41.3
Enterococco faecium	79	40	50.6	39	49.4
Candida glabrata	24	9	37.5	15	62.5
Emofilo	11	6	54.5	5	45.5
Candida altra specie	11	6	54.5	5	45.5
Altro enterobacterales	28	17	60.7	11	39.3
Enterococco altra specie	11	6	54.5	5	45.5
Klebsiella altra specie	34	10	29.4	24	70.6
Funghi altra specie	11	6	54.5	5	45.5
Streptococcus altra specie	22	20	90.9	2	9.1
Candida parapsilosis	17	5	29.4	12	70.6
Klebsiella pneumoniae	126	57	45.2	69	54.8
Streptococcus pneumoniae	14	10	71.4	4	28.6
Proteus	22	13	59.1	9	40.9
Serratia	14	4	28.6	10	71.4
Staphylococcus aureus	87	45	51.7	42	48.3

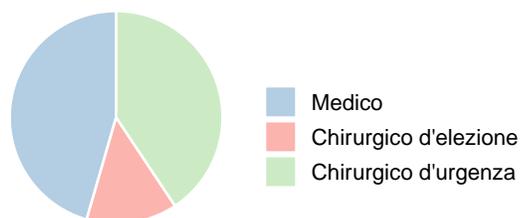
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 123)

11.1 Trauma



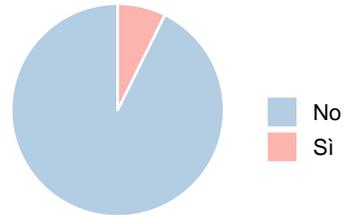
Trauma	N	%
No	109	88.6
Si	14	11.4
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



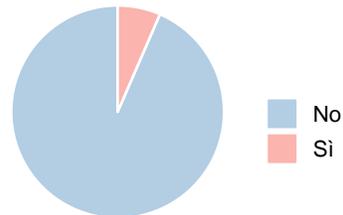
Stato chirurgico	N	%
Medico	56	45.5
Chirurgico d'elezione	17	13.8
Chirurgico d'urgenza	50	40.7
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



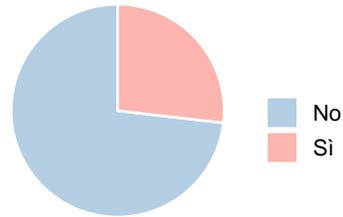
Batteriémica	N	%
No	114	92.7
Si	9	7.3
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



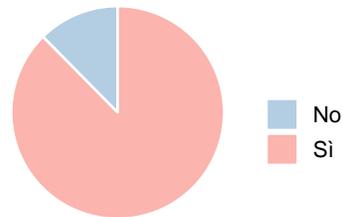
Infezione multisito	N	%
No	115	93.5
Si	8	6.5
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	90	73.2
Si	33	26.8
Missing	0	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

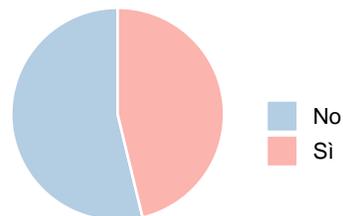


Polmonite associata a VAP	N	%
No	15	12.4
Si	106	87.6
Missing	2	0

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

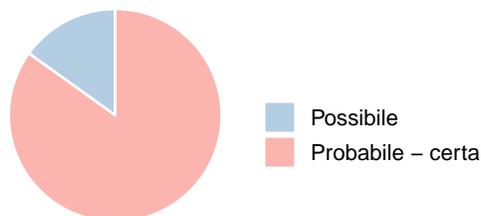
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 106)

12.1 VAP precoce



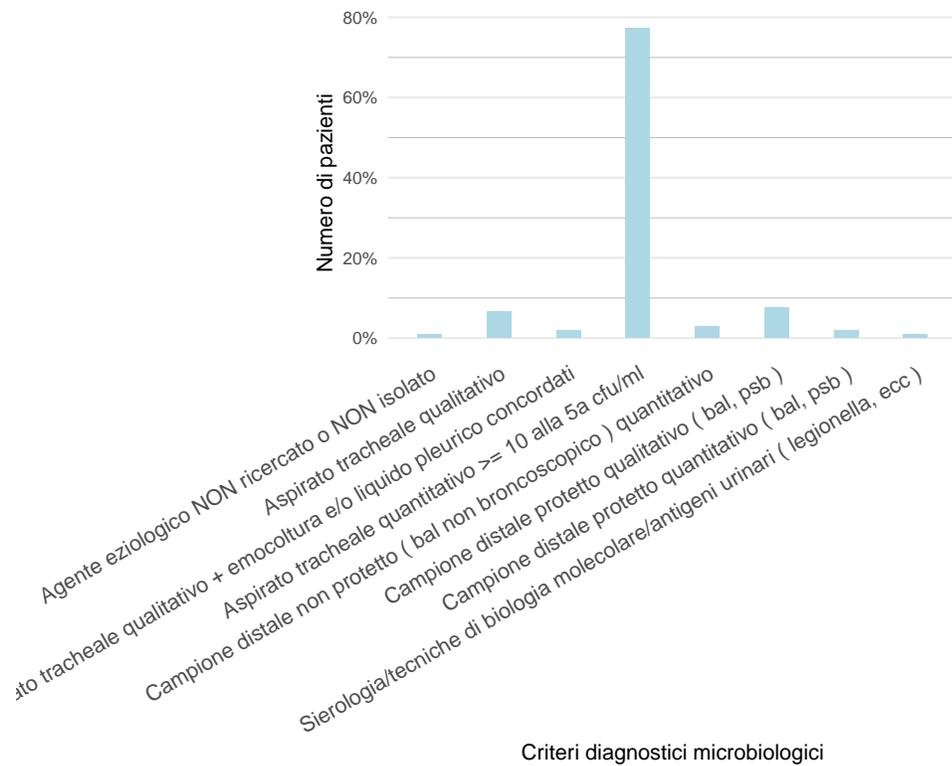
VAP precoce	N	%
No	57	53.8
Sì	49	46.2
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	16	15.1
Probabile - certa	90	84.9
Missing	0	0

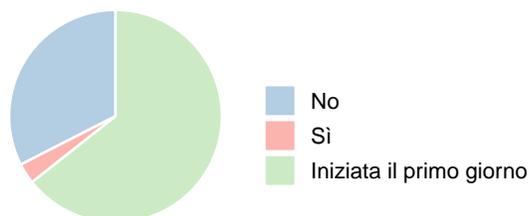
12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	1	0.9
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	3	2.8
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	0	0.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	8	7.5
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	2	1.9
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	82	77.4
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	2	1.9
Aspirato tracheale qualitativo	7	6.6
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	1	0.9
Missing	0	0

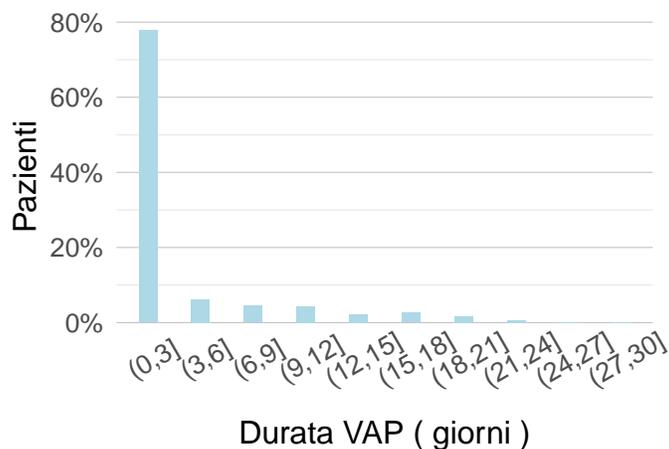
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 1581)

12.4.1 Ventilazione invasiva



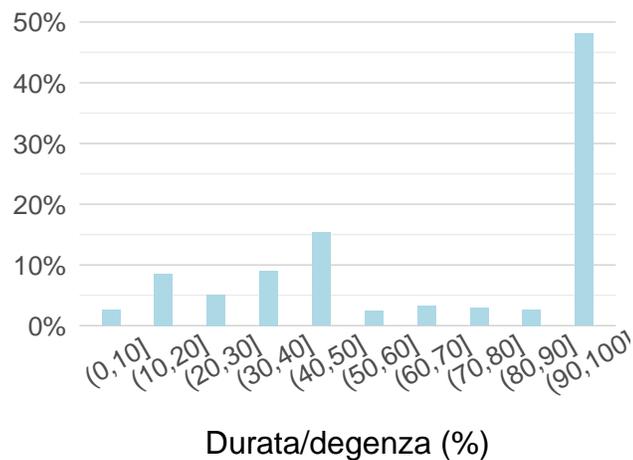
Ventilazione invasiva	N	%
No	509	32.5
Si	1056	67.5
Iniziata il primo giorno	1007	63.7
Missing	16	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



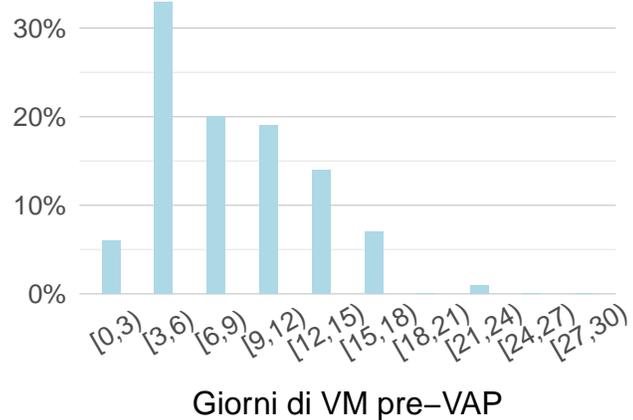
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.0 (9.5)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-4)
Missing	1

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	69.6 (32.8)
Mediana (Q1-Q3)	85.7 (40-100)
Missing	3

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	106
Media (DS)	9.3 (7.8)
Mediana (Q1-Q3)	7.5 (4-12)

Missing 0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	32.0	22.4 %
CI (95%)	26.2 - 38.7	18.3 - 27.1

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

Il primo:

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

dove la variabile *Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP* è pari alla somma delle giornate di ventilazione meccanica pre-VAP di tutti i pazienti ammessi in reparto. 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.

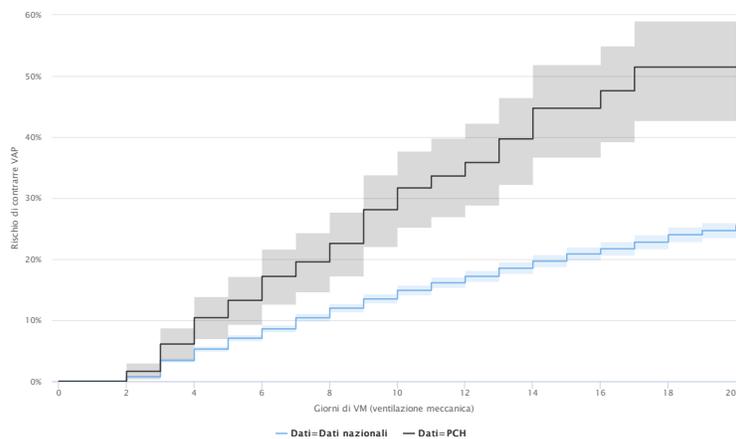
Il secondo invece:

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

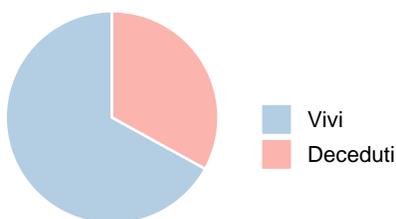
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

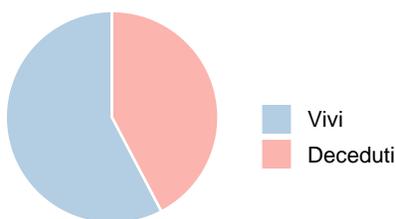


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	71	67.0
Deceduti	35	33.0
Missing	0	0

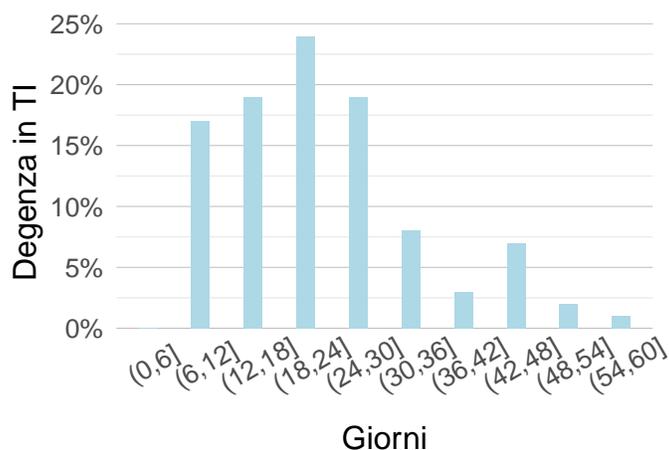
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	60	57.7
Deceduti	44	42.3
Missing	0	0

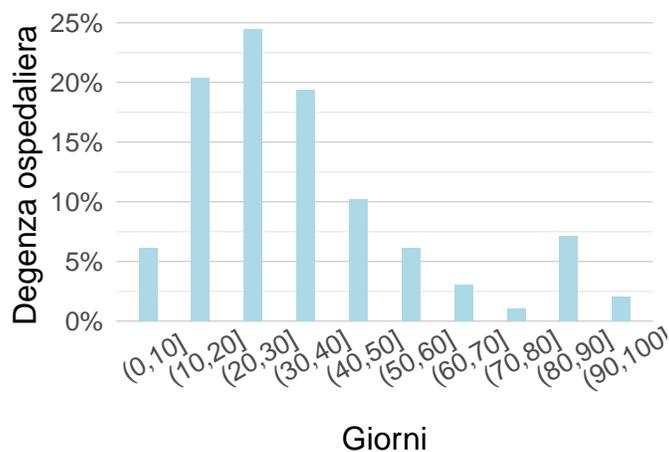
* Statistiche calcolate su 104 escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.0 (17.5)
Mediana (Q1-Q3)	23 (16-30.8)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.0 (37.8)
Mediana (Q1-Q3)	32 (20.8-48)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 104 escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

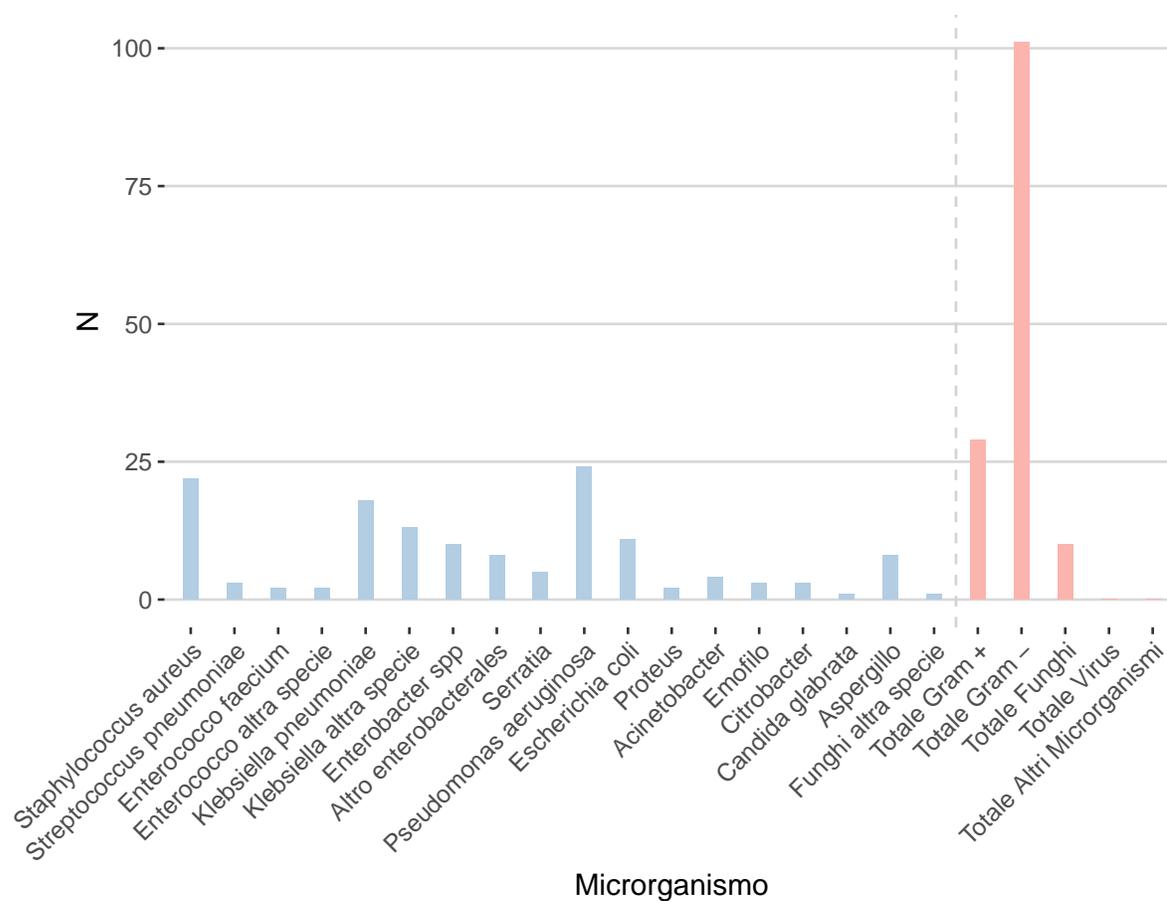
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

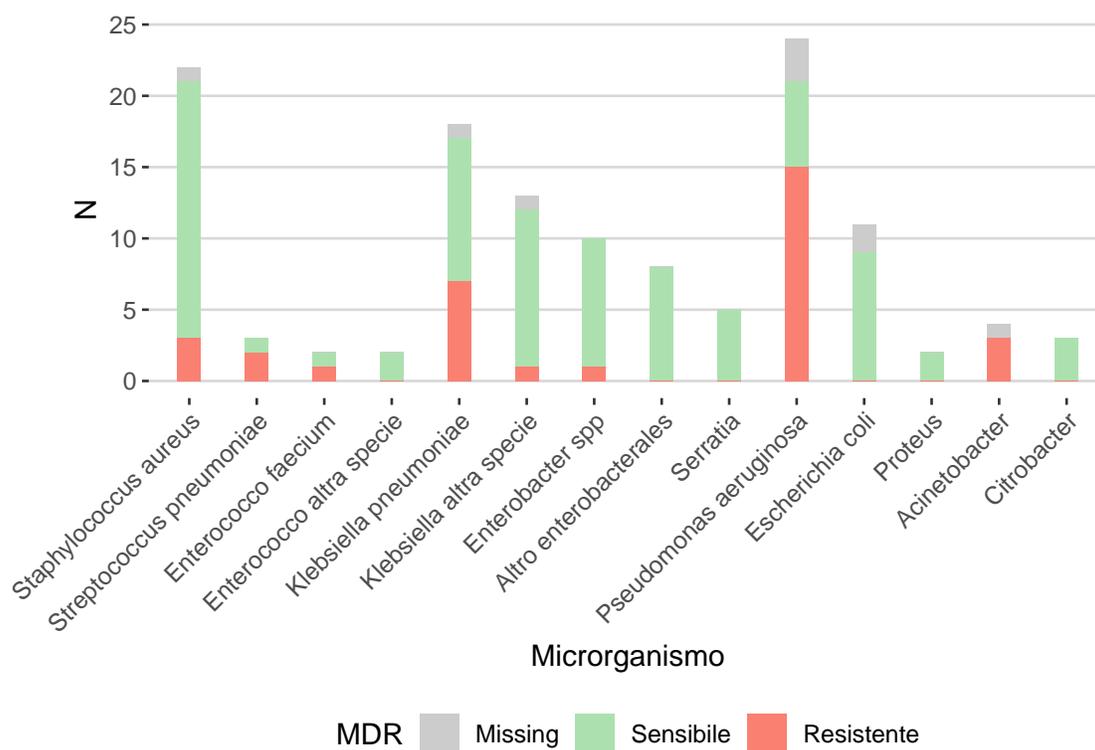
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	0.9
Sì	105	99.1
Missing	0	
Totale infezioni	106	
Totale microrganismi isolati	143	

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	22	21.0	21	3	14.3
Streptococcus pneumoniae	3	2.9	3	2	66.7
Enterococco faecium	2	1.9	2	1	50
Enterococco altra specie	2	1.9	2	0	0
Totale Gram +	29	27.6	28	6	21.4
Klebsiella pneumoniae	18	17.1	17	7	41.2
Klebsiella altra specie	13	12.4	12	1	8.3
Enterobacter spp	10	9.5	10	1	10
Altro enterobacterales	8	7.6	8	0	0
Serratia	5	4.8	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	24	22.9	21	15	71.4
Escherichia coli	11	10.5	9	0	0
Proteus	2	1.9	2	0	0
Acinetobacter	4	3.8	3	3	100
Emofilo	3	2.9	0	0	0
Citrobacter	3	2.9	3	0	0
Totale Gram -	101	96.2	90	27	30
Candida glabrata	1	1.0	0	0	0
Aspergillo	8	7.6	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.0	0	0	0
Totale Funghi	10	9.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

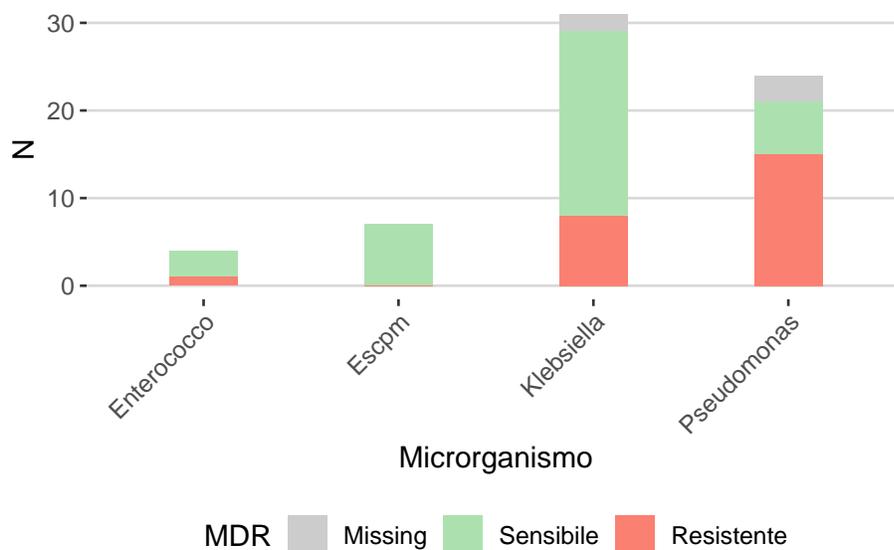


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Candida albicans*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida 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	4	4	3	1	25.00	0
Escpm	7	7	7	0	0.00	0
Klebsiella	31	29	21	8	27.59	2
Pseudomonas	24	21	6	15	71.43	3

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	17	Ertapenem	1	5.88
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	7	41.18
Klebsiella altra specie	12	Ertapenem	1	8.33
Klebsiella altra specie	12	Meropenem	1	8.33
Enterobacter spp	10	Ertapenem	1	10.00
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	21	Imipenem	14	66.67

Pseudomonas aeruginosa	21	Meropenem	3	14.29
Staphylococcus aureus	21	Meticillina	3	14.29
Streptococcus pneumoniae	3	Penicillina	2	66.67
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

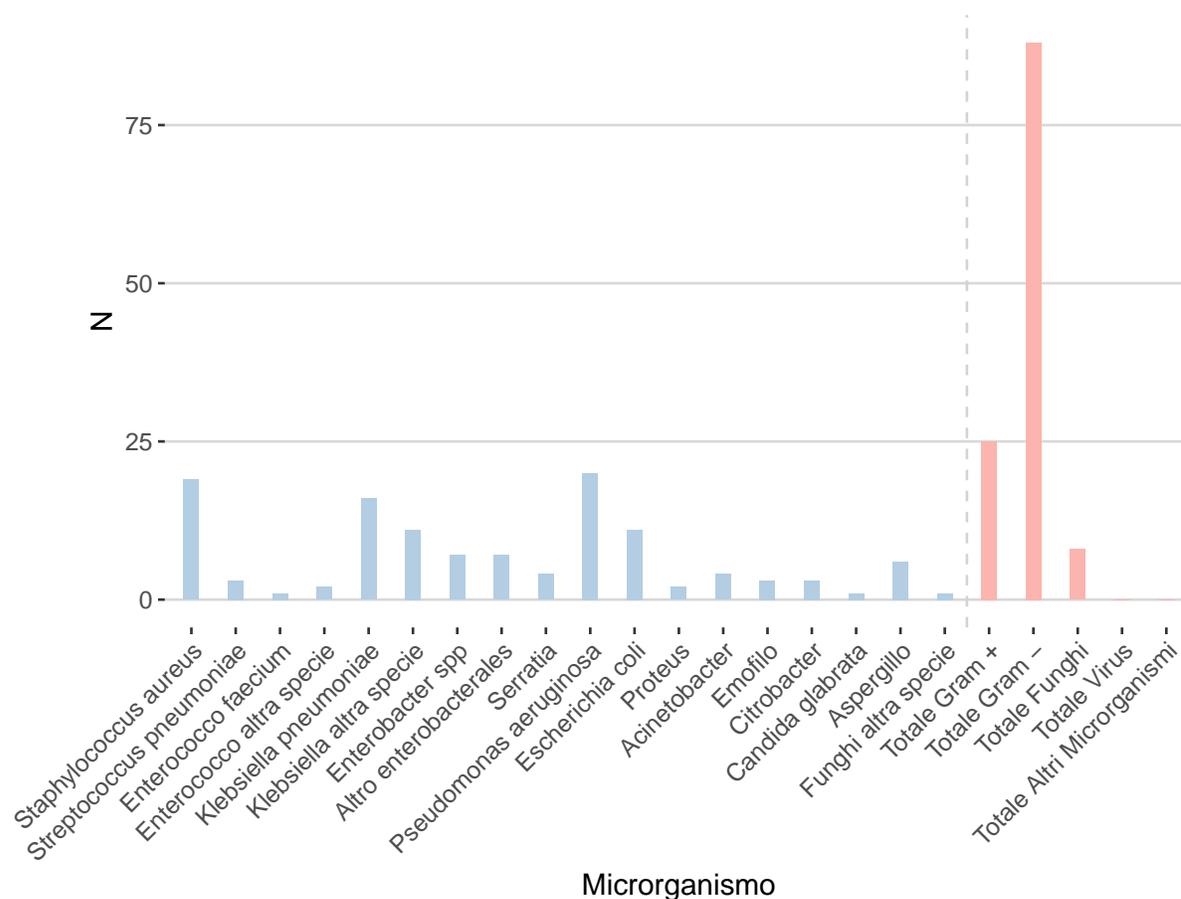
12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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	90	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	90	
Totale microrganismi isolati	124	

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.

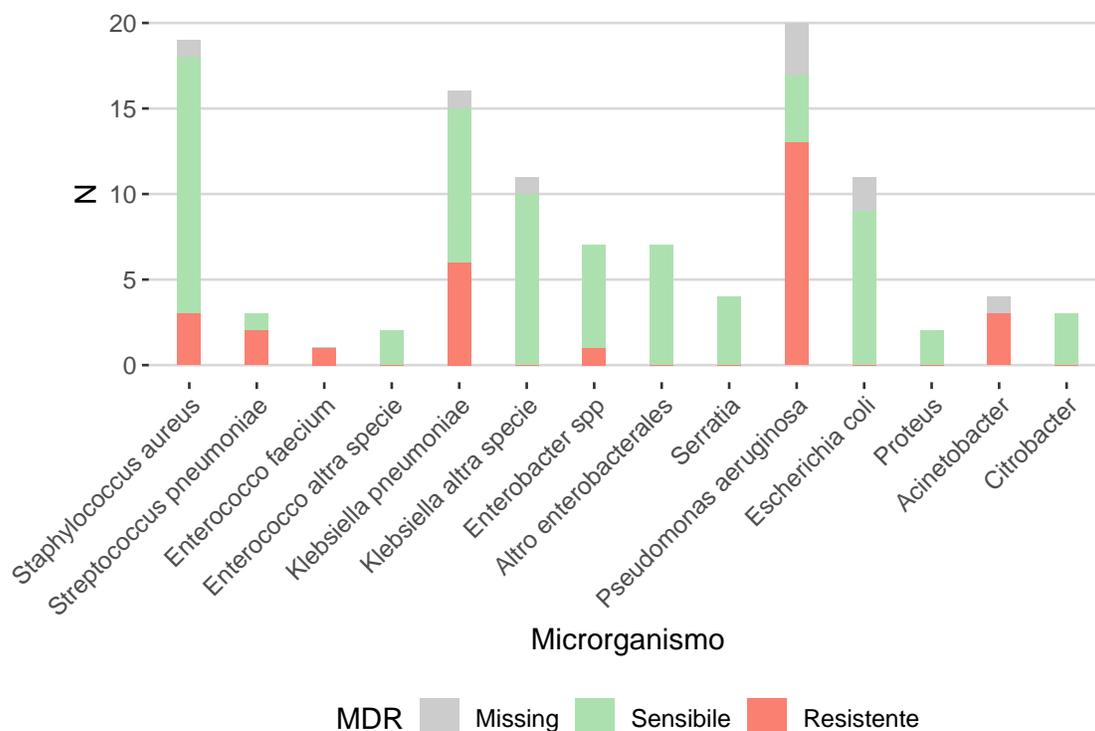
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	21.1	18	3	16.7
Streptococcus pneumoniae	3	3.3	3	2	66.7
Enterococco faecium	1	1.1	1	1	100
Enterococco altra specie	2	2.2	2	0	0
Totale Gram +	25	27.8	24	6	25
Klebsiella pneumoniae	16	17.8	15	6	40
Klebsiella altra specie	11	12.2	10	0	0
Enterobacter spp	7	7.8	7	1	14.3
Altro enterobacterales	7	7.8	7	0	0
Serratia	4	4.4	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	22.2	17	13	76.5
Escherichia coli	11	12.2	9	0	0
Proteus	2	2.2	2	0	0
Acinetobacter	4	4.4	3	3	100
Emofilo	3	3.3	0	0	0
Citrobacter	3	3.3	3	0	0
Totale Gram -	88	97.8	77	23	29.9
Candida glabrata	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	6	6.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	8	8.9	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	19	21.1	18	3	16.7
Streptococcus pneumoniae	3	3.3	3	2	66.7
Enterococcus faecium	1	1.1	1	1	100
Enterococcus altra specie	2	2.2	2	0	0
Totale Gram +	25	27.8	24	6	25
Klebsiella pneumoniae	16	17.8	15	6	40
Klebsiella altra specie	11	12.2	10	0	0
Enterobacter spp	7	7.8	7	1	14.3
Altro enterobacterales	7	7.8	7	0	0
Serratia	4	4.4	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	22.2	17	13	76.5
Escherichia coli	11	12.2	9	0	0
Proteus	2	2.2	2	0	0
Acinetobacter	4	4.4	3	3	100
Emofilo	3	3.3	0	0	0
Citrobacter	3	3.3	3	0	0
Totale Gram -	88	97.8	77	23	29.9
Candida glabrata	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	6	6.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	8	8.9	0	0	0

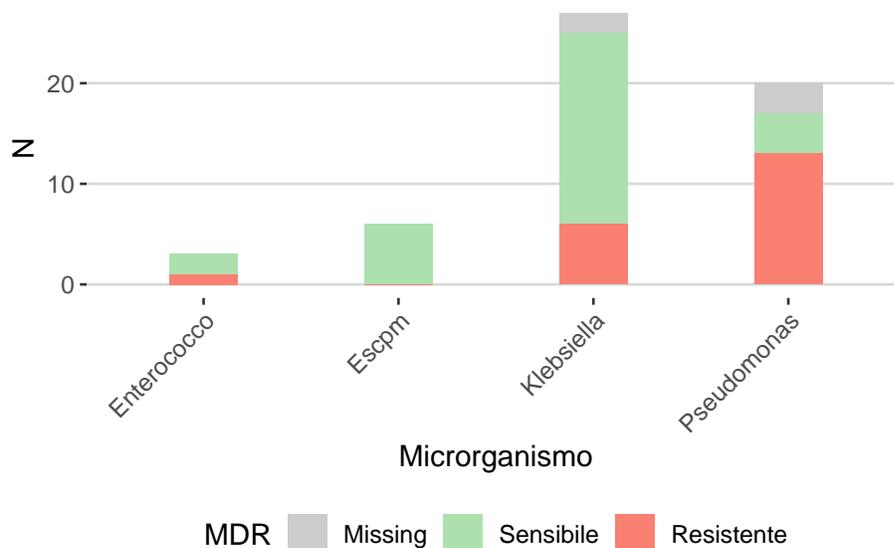
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococcus faecalis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida krusei, Candida 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	3	3	2	1	33.33	0
Escpm	6	6	6	0	0.00	0
Klebsiella	27	25	19	6	24.00	2
Pseudomonas	20	17	4	13	76.47	3

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	15	Ertapenem	1	6.67
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	6	40.00
Enterobacter spp	7	Ertapenem	1	14.29
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	13	76.47
Pseudomonas aeruginosa	17	Meropenem	2	11.76

Staphylococcus aureus	18	Meticillina	3	16.67
Streptococcus pneumoniae	3	Penicillina	2	66.67
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00

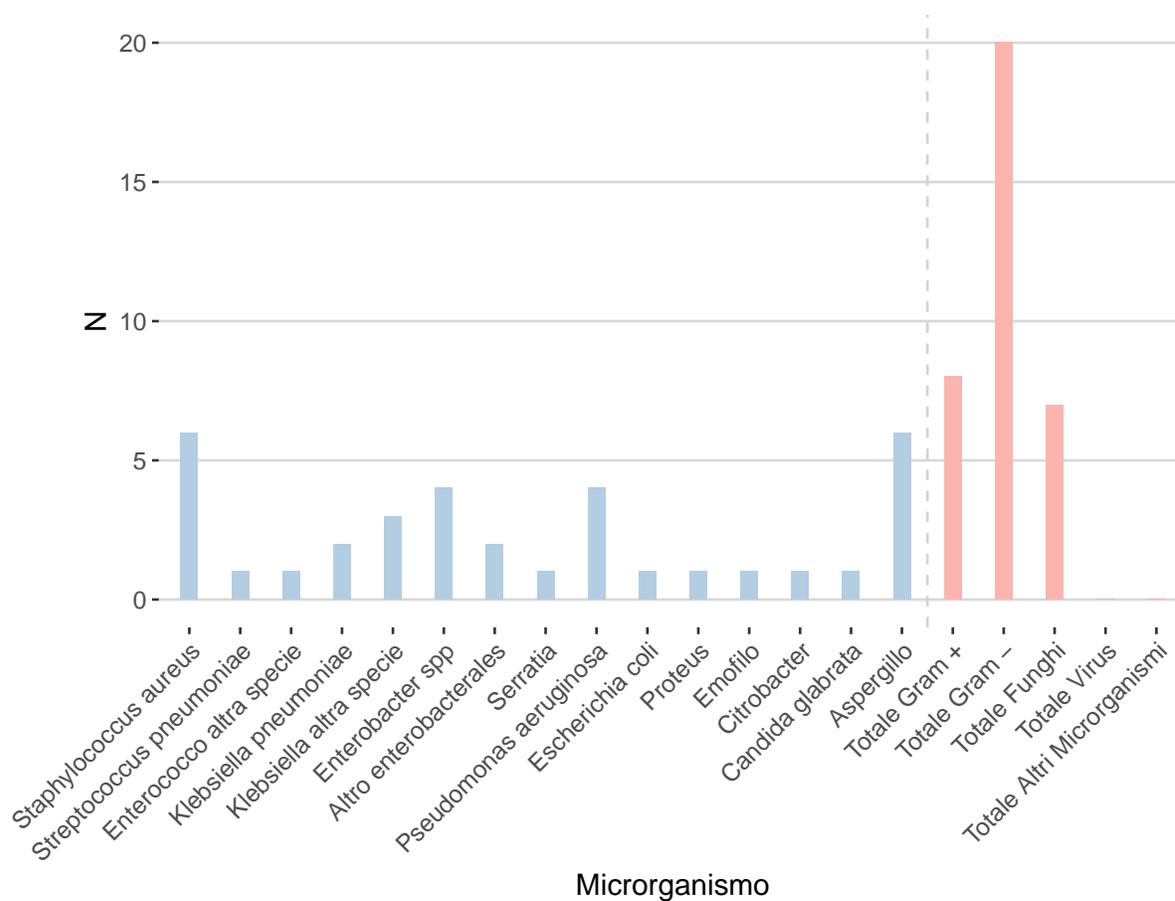
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

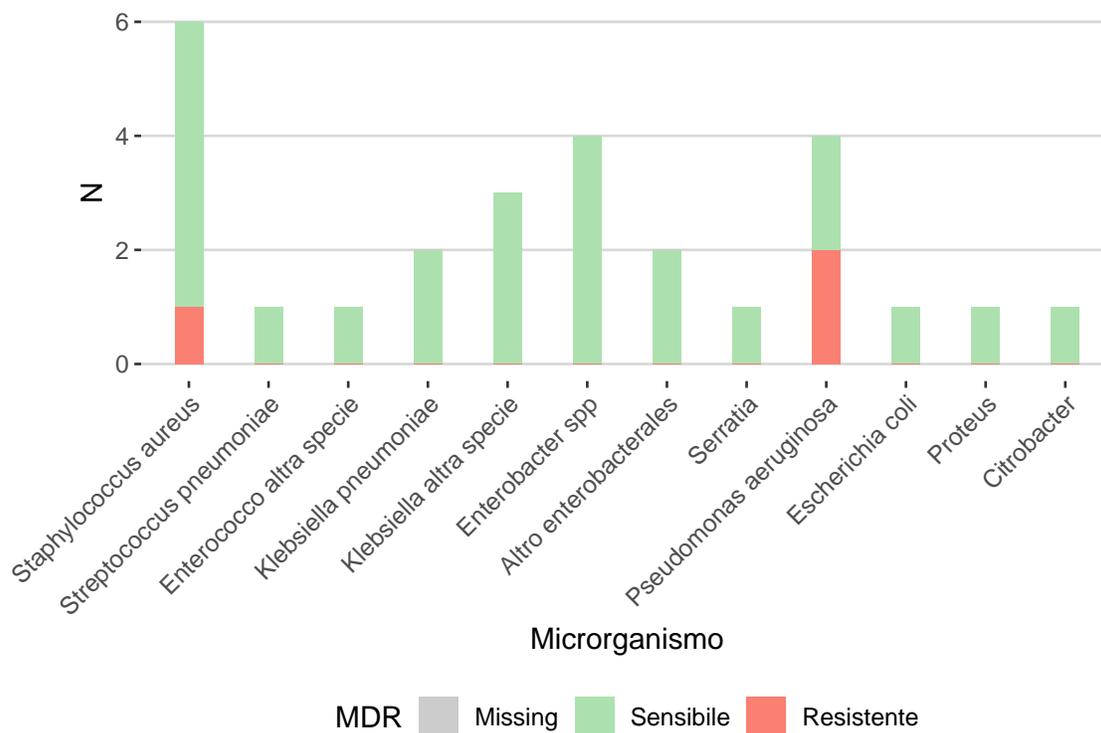
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	31	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	31	
Totale microrganismi isolati	37	

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	6	19.4	6	1	16.7
Streptococcus pneumoniae	1	3.2	1	0	0
Enterococco altra specie	1	3.2	1	0	0
Totale Gram +	8	25.8	8	1	12.5
Klebsiella pneumoniae	2	6.5	2	0	0
Klebsiella altra specie	3	9.7	3	0	0
Enterobacter spp	4	12.9	4	0	0
Altro enterobacterales	2	6.5	2	0	0
Serratia	1	3.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	12.9	4	2	50
Escherichia coli	1	3.2	1	0	0
Proteus	1	3.2	1	0	0
Emofilo	1	3.2	0	0	0
Citrobacter	1	3.2	1	0	0
Totale Gram -	20	64.5	19	2	10.5
Candida glabrata	1	3.2	0	0	0
Aspergillo	6	19.4	0	0	0
Totale Funghi	7	22.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

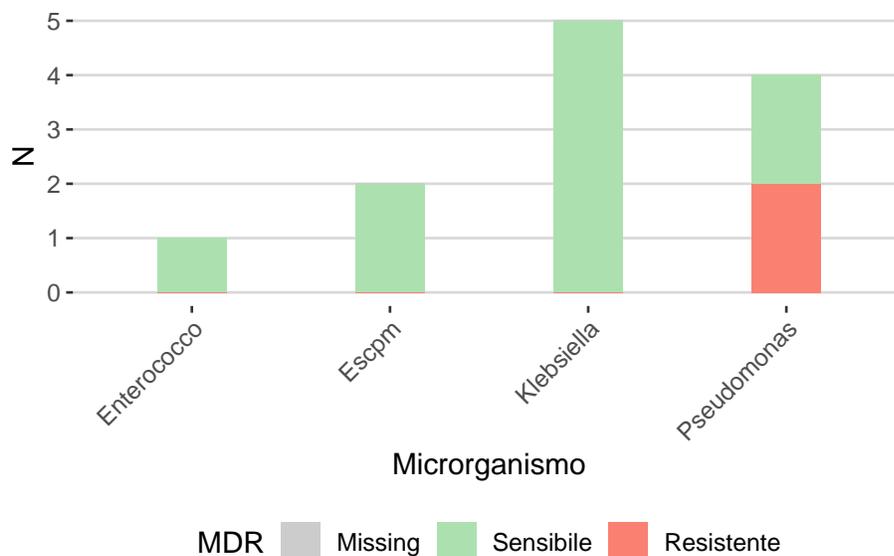


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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, Streptococcus altra specie, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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	2	2	2	0	0	0
Klebsiella	5	5	5	0	0	0
Pseudomonas	4	4	2	2	50	0

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

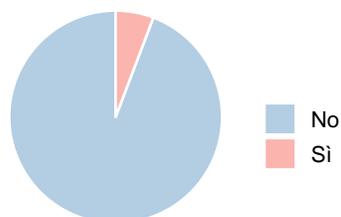
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	%
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25.00
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	1	25.00
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	1	16.67

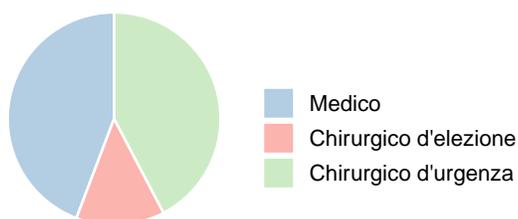
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 52)

13.1 Trauma



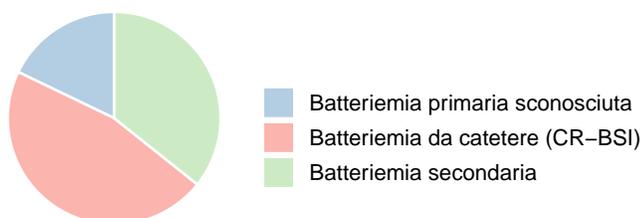
Trauma	N	%
No	49	94.2
Si	3	5.8
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	23	44.2
Chirurgico d'elezione	7	13.5
Chirurgico d'urgenza	22	42.3
Missing	0	0

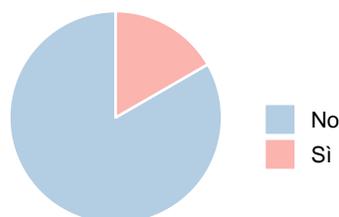
13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
-----------	---	---

Batteriemia primaria sconosciuta	10	19.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	26	50.0
Batteriemia secondaria	20	38.5
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



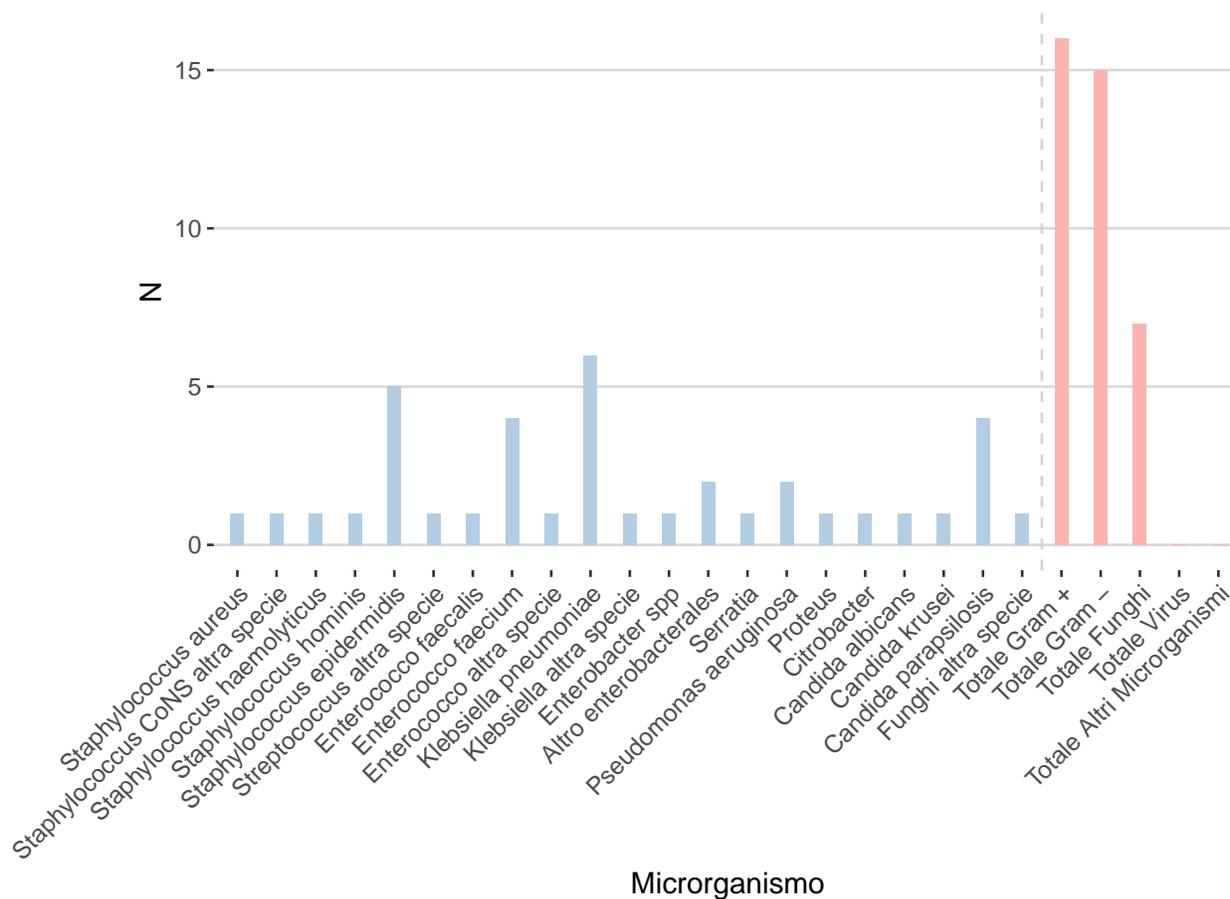
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	30	83.3
Si	6	16.7
Missing	0	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	2.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.8	1	0	0
Staphylococcus hominis	1	2.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	13.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.8	0	0	0
Enterococco faecalis	1	2.8	1	0	0
Enterococco faecium	4	11.1	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	2.8	1	0	0
Totale Gram +	16	44.4	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	6	16.7	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	2.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	2.8	1	0	0
Altro enterobacterales	2	5.6	1	0	0
Serratia	1	2.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	5.6	2	2	100
Proteus	1	2.8	1	0	0
Citrobacter	1	2.8	1	0	0
Totale Gram -	15	41.7	11	3	27.3
Candida albicans	1	2.8	0	0	0

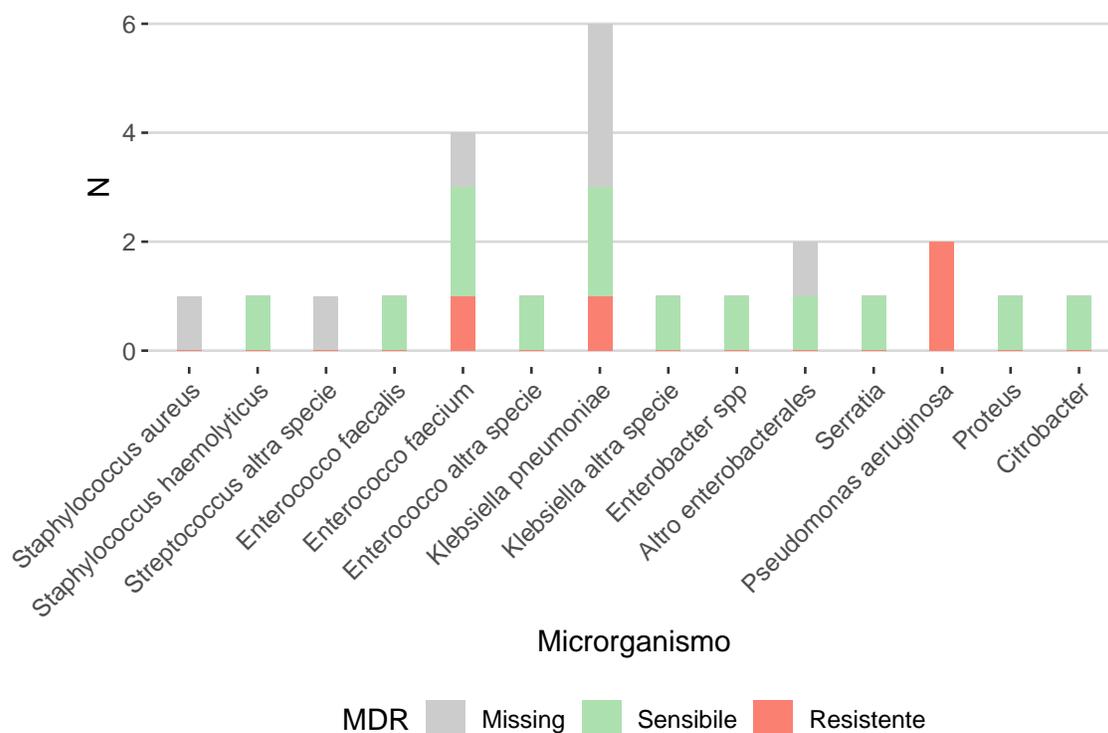
Candida krusei	1	2.8	0	0	0
Candida parapsilosis	4	11.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.8	0	0	0
Totale Funghi	7	19.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	2.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.8	1	0	0
Staphylococcus hominis	1	2.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	13.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.8	0	0	0
Enterococco faecalis	1	2.8	1	0	0
Enterococco faecium	4	11.1	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	2.8	1	0	0
Totale Gram +	16	44.4	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	6	16.7	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	2.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	2.8	1	0	0
Altro enterobacteriales	2	5.6	1	0	0

Serratia	1	2.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	5.6	2	2	100
Proteus	1	2.8	1	0	0
Citrobacter	1	2.8	1	0	0
Totale Gram -	15	41.7	11	3	27.3
Candida albicans	1	2.8	0	0	0
Candida krusei	1	2.8	0	0	0
Candida parapsilosis	4	11.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.8	0	0	0
Totale Funghi	7	19.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

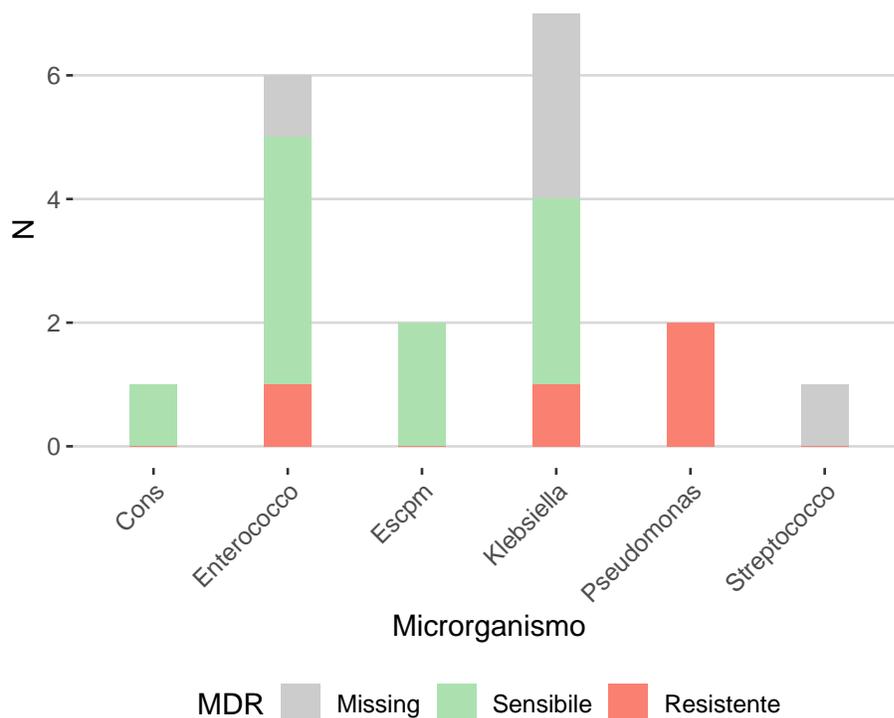
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza

tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	1	0	0	0
Enterococco	6	5	4	1	20	1
Escpm	2	2	2	0	0	0
Klebsiella	7	4	3	1	25	3
Pseudomonas	2	2	0	2	100	0
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

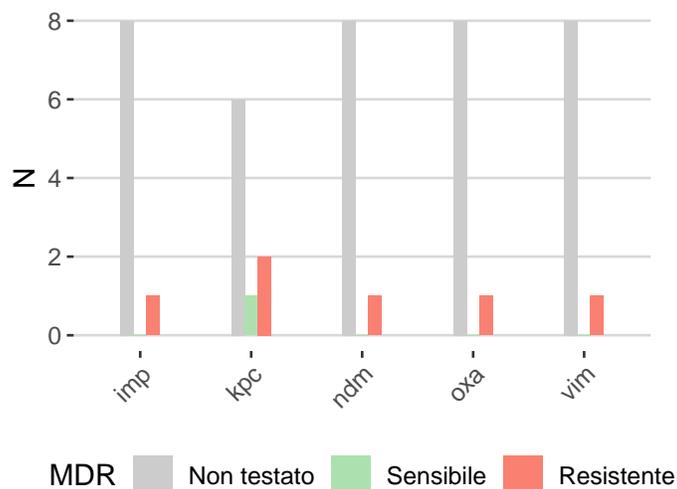
Microorganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	2	100.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

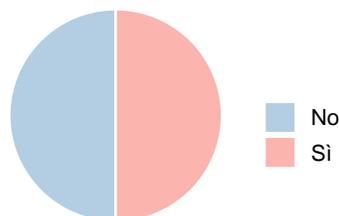
	N	%
Sì	2	25
No	0	0
Non testato	6	75
Missing	7	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	16.7	0	8
kpc	2	33.3	1	6
ndm	1	16.7	0	8
oxa	1	16.7	0	8
vim	1	16.7	0	8



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 10)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	5	50.0
Sì	5	50.0
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.0	0.7 %
CI (95%)	0.5 - 1.9	0.3 - 1.3

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.

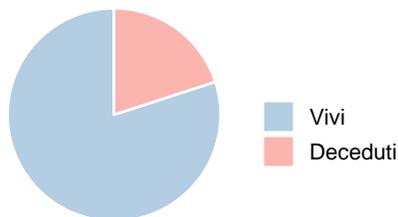
Il secondo:

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

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.

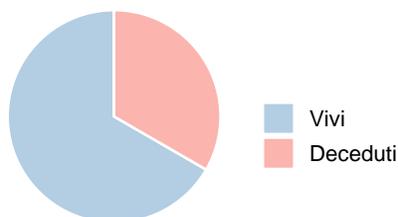
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	8	80.0
Deceduti	2	20.0
Missing	0	0

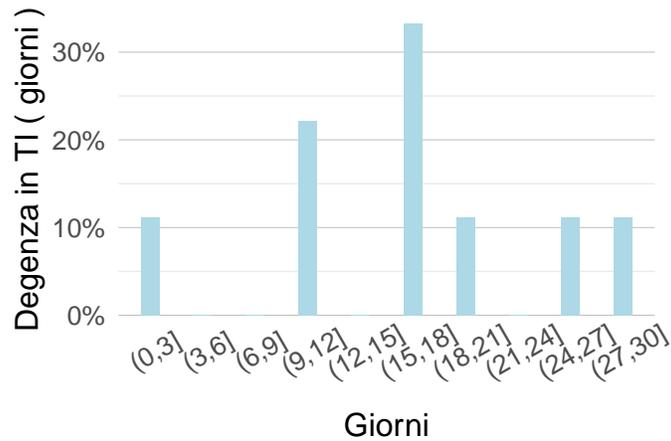
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	6	66.7
Deceduti	3	33.3
Missing	0	0

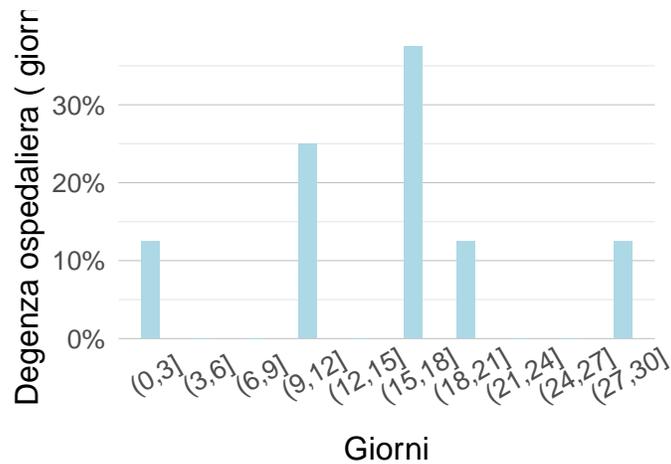
* Statistiche calcolate su 9 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.4 (17.3)
Mediana (Q1-Q3)	17 (13.2-24.2)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



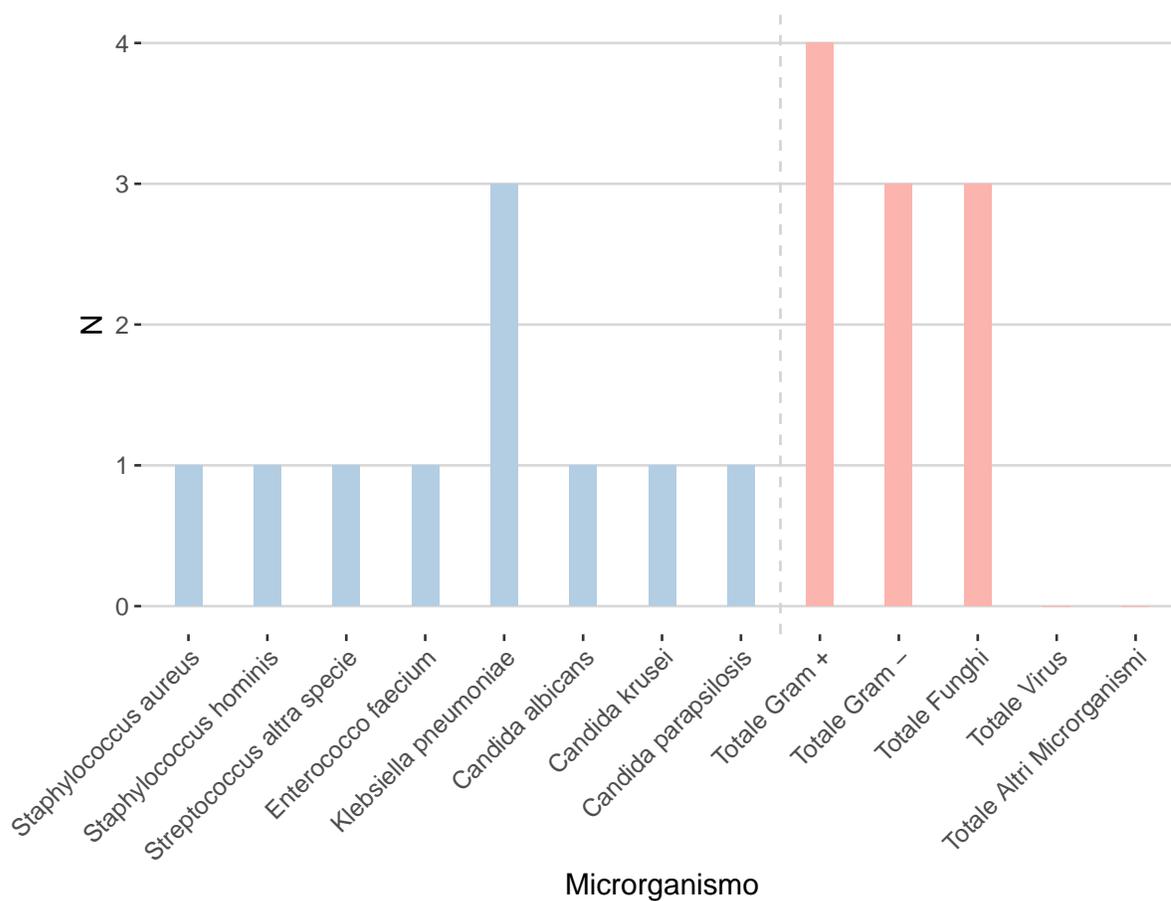
Indicatore	Valore
Media (DS)	49.0 (20.3)
Mediana (Q1-Q3)	45 (31-62)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 9 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	10	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	10	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	10	0	0	0
Enterococco faecium	1	10	0	0	0
Totale Gram +	4	40	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	30	0	0	0
Totale Gram -	3	30	0	0	0
Candida albicans	1	10	0	0	0
Candida krusei	1	10	0	0	0
Candida parapsilosis	1	10	0	0	0
Totale Funghi	3	30	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	1	10	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	10	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	10	0	0	0
Enterococco faecium	1	10	0	0	0
Totale Gram +	4	40	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	30	0	0	0
Totale Gram -	3	30	0	0	0
Candida albicans	1	10	0	0	0
Candida krusei	1	10	0	0	0
Candida parapsilosis	1	10	0	0	0
Totale Funghi	3	30	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

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

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

Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

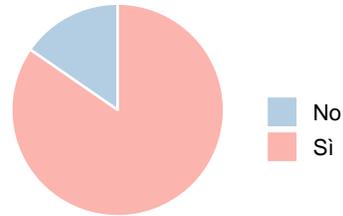
14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	4	

15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 26)

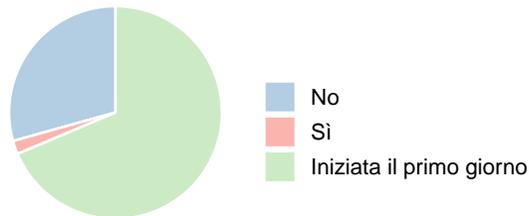
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	4	15.4
Sì	22	84.6
Missing	0	0

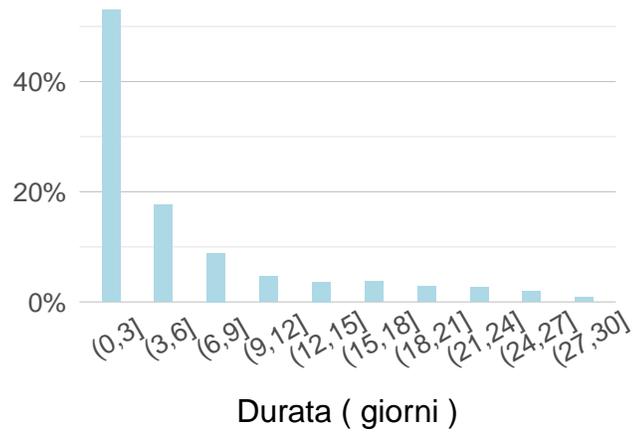
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 1581)



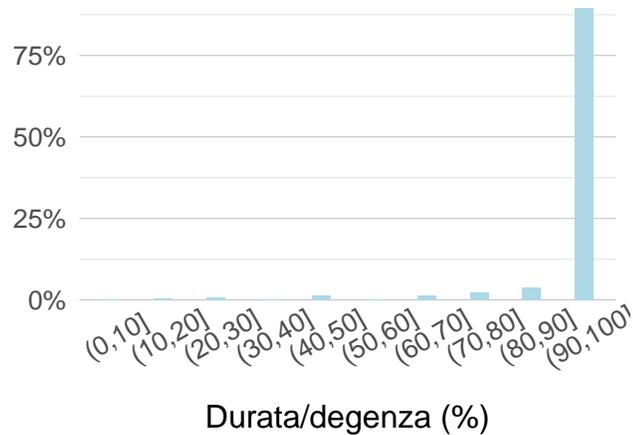
Cvc	N	%
No	459	29.3
Sì	1106	70.7
Iniziata il primo giorno	1074	67.9
Missing	16	

15.2.2 Durata (giorni)



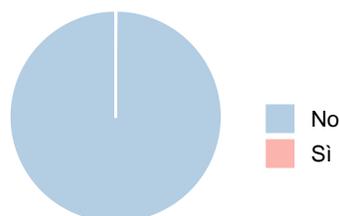
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.9 (10.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-9)
Missing	2

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



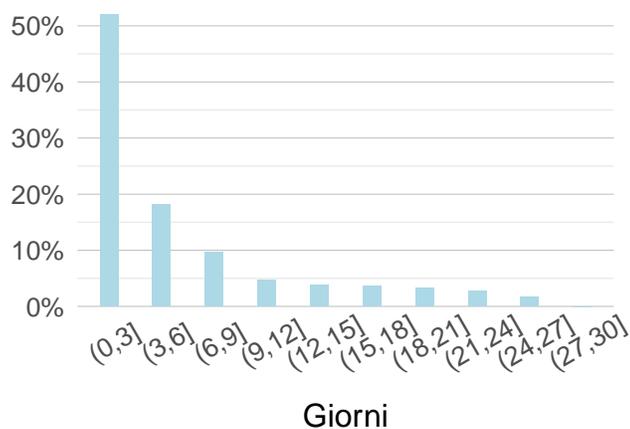
Indicatore	Valore
Media (DS)	96.5 (11.8)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	2

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 1581)



Infezione locale da catetere	N	%
No	1566	99.9
Sì	1	0.1
Missing	14	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	26
Media (DS)	16.7 (11.6)
Mediana (Q1-Q3)	15.5 (7.2-22.8)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	3.1	2.2 %
CI (95%)	2.0 - 4.6	1.4 - 3.2

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

Il primo:

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

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

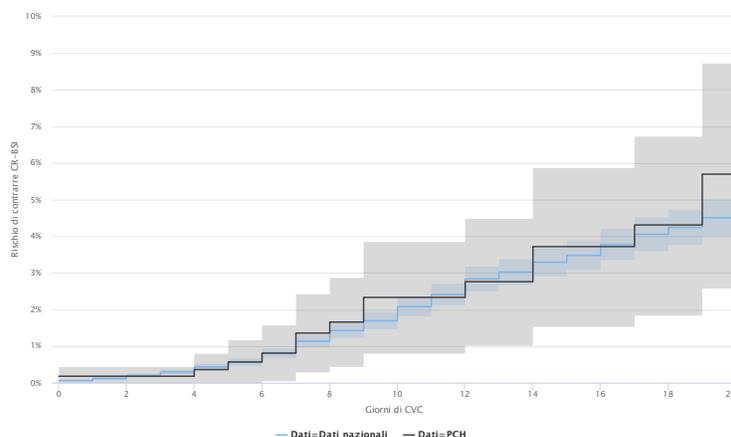
Il secondo invece:

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

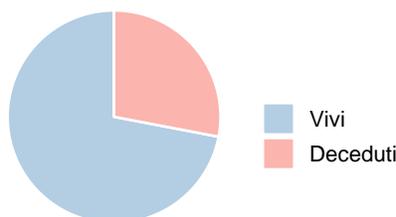
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



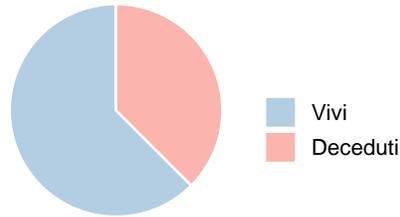
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	72.0
Deceduti	7	28.0

Missing 1 0

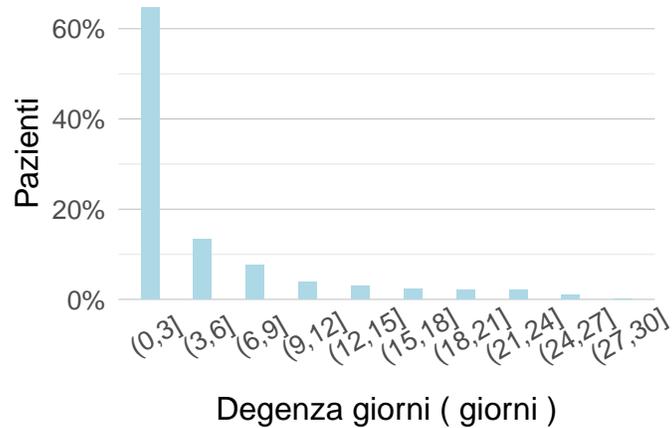
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	15	62.5
Deceduti	9	37.5
Missing	1	0

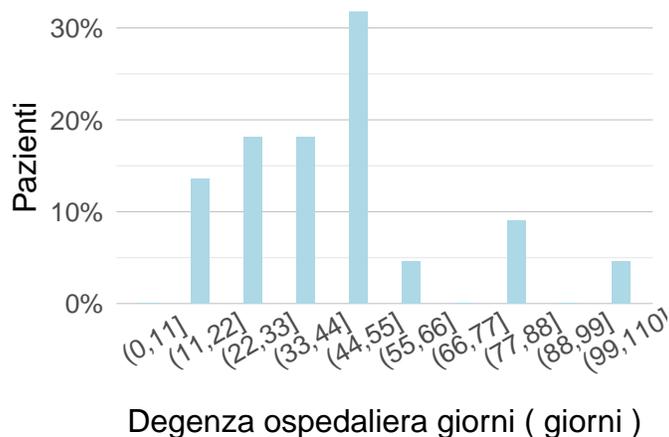
* Statistiche calcolate su 25 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.9 (22.3)
Mediana (Q1-Q3)	36 (26-44)
Missing	1

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.5 (28.9)
Mediana (Q1-Q3)	45 (31.5-52)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 25 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

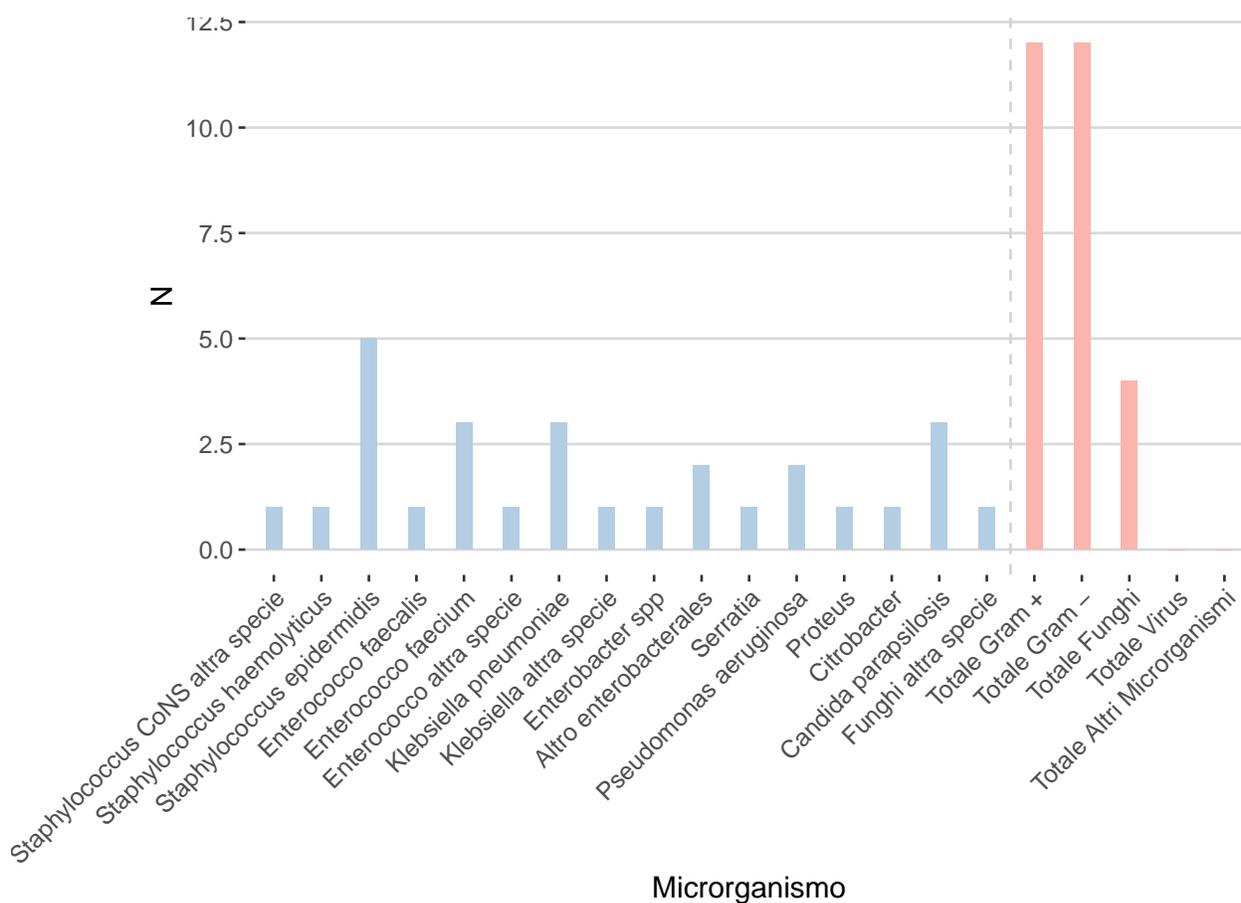
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	26	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	26	
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
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	3.8	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	19.2	0	0	0
Enterococco faecalis	1	3.8	1	0	0
Enterococco faecium	3	11.5	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	3.8	1	0	0

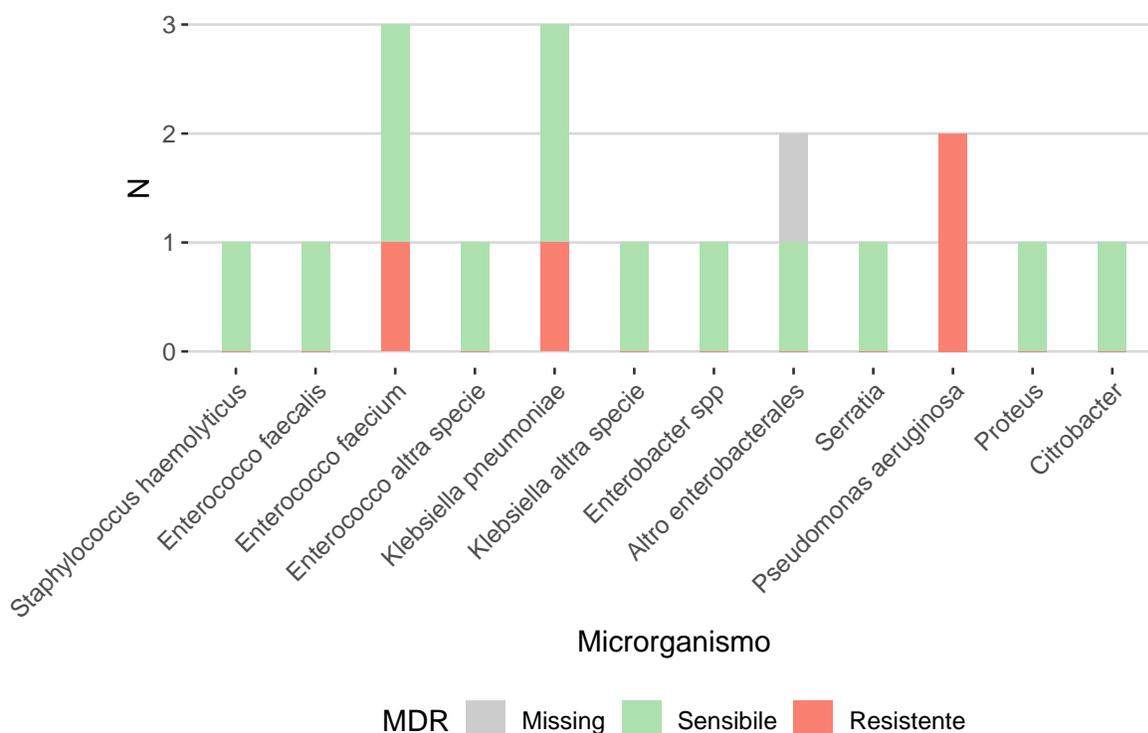
Totale Gram +	12	46.2	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	3	11.5	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	3.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	3.8	1	0	0
Altro enterobacterales	2	7.7	1	0	0
Serratia	1	3.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	7.7	2	2	100
Proteus	1	3.8	1	0	0
Citrobacter	1	3.8	1	0	0
Totale Gram -	12	46.2	11	3	27.3
Candida parapsilosis	3	11.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	3.8	0	0	0
Totale Funghi	4	15.4	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 CoNS altra specie	1	3.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	3.8	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	19.2	0	0	0
Enterococco faecalis	1	3.8	1	0	0
Enterococco faecium	3	11.5	3	1	33.3

Enterococco altra specie	1	3.8	1	0	0
Totale Gram +	12	46.2	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	3	11.5	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	3.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	3.8	1	0	0
Altro enterobacterales	2	7.7	1	0	0
Serratia	1	3.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	7.7	2	2	100
Proteus	1	3.8	1	0	0
Citrobacter	1	3.8	1	0	0
Totale Gram -	12	46.2	11	3	27.3
Candida parapsilosis	3	11.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	3.8	0	0	0
Totale Funghi	4	15.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

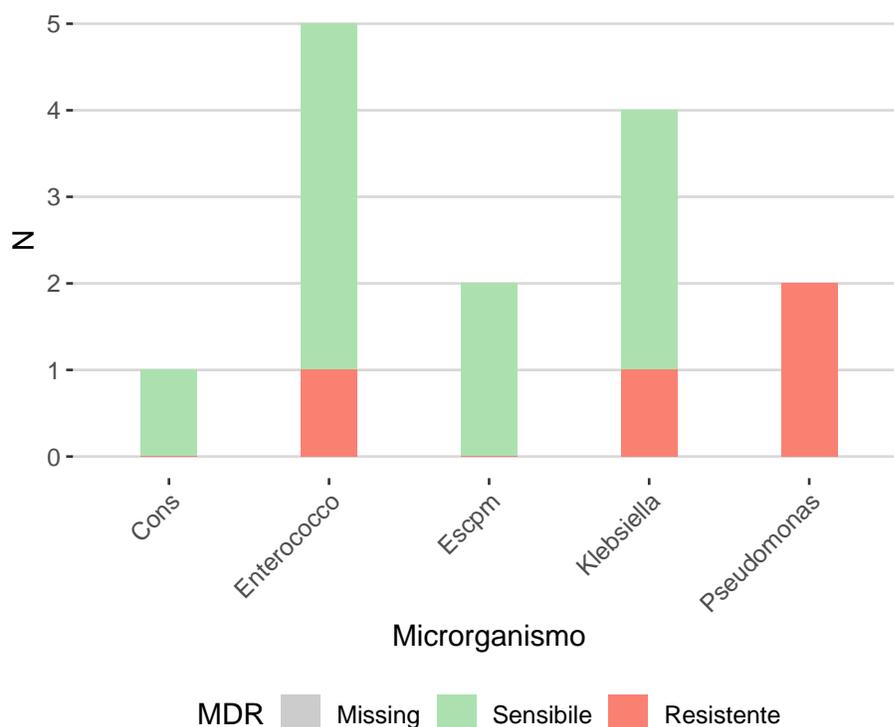
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis,

Clostridium altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Acinetobacter, Clamidia, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	1	0	0	0
Enterococco	5	5	4	1	20	0
Escpm	2	2	2	0	0	0
Klebsiella	4	4	3	1	25	0
Pseudomonas	2	2	0	2	100	0

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

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

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

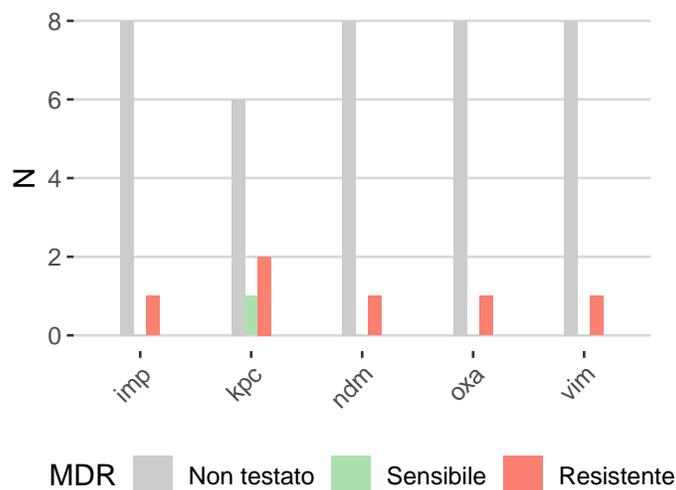
Microorganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	2	100.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

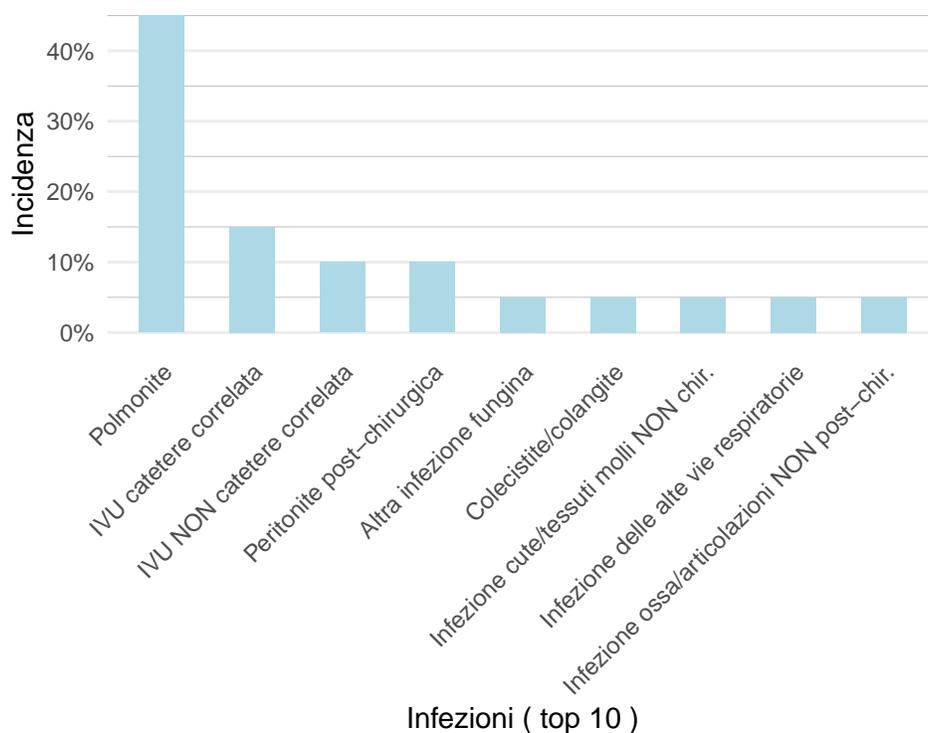
	N	%
Sì	2	25
No	0	0
Non testato	6	75
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	16.7	0	8
kpc	2	33.3	1	6
ndm	1	16.7	0	8
oxa	1	16.7	0	8
vim	1	16.7	0	8



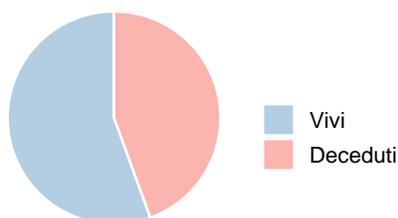
16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 20)

16.1 Infezioni associate (top 10)



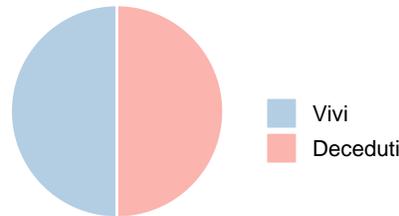
Infezione	N	%
Polmonite	9	45
IVU catetere correlata	3	15
Peritonite post-chirurgica	2	10
IVU NON catetere correlata	2	10
Infezione delle alte vie respiratorie	1	5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	1	5
Infezione ossa/articolazioni NON post-chir.	1	5
Colecistite/colangite	1	5
Altra infezione fungina	1	5
Missing	0	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	10	55.6
Deceduti	8	44.4
Missing	2	0

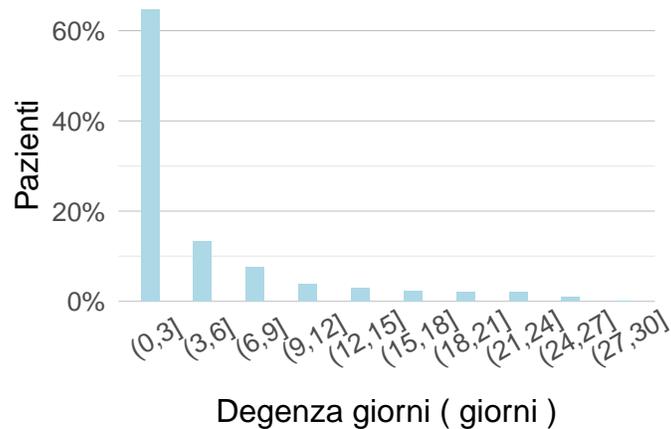
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	8	50.0
Deceduti	8	50.0
Missing	2	0

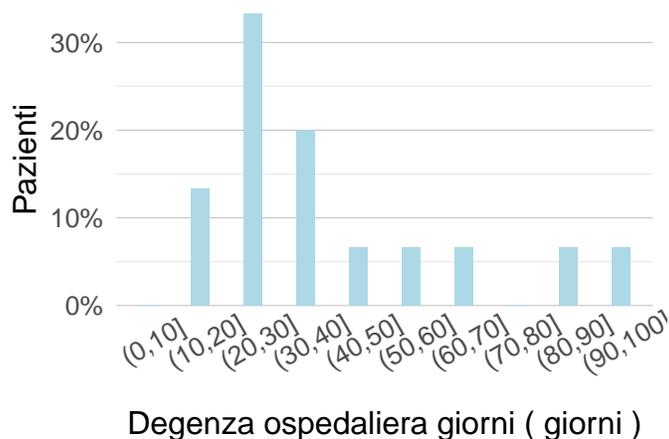
* Statistiche calcolate su 18 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.3 (17.7)
Mediana (Q1-Q3)	28.5 (9.2-31.5)
Missing	2

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	57.7 (69.8)
Mediana (Q1-Q3)	32 (27.2-57.8)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 18 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

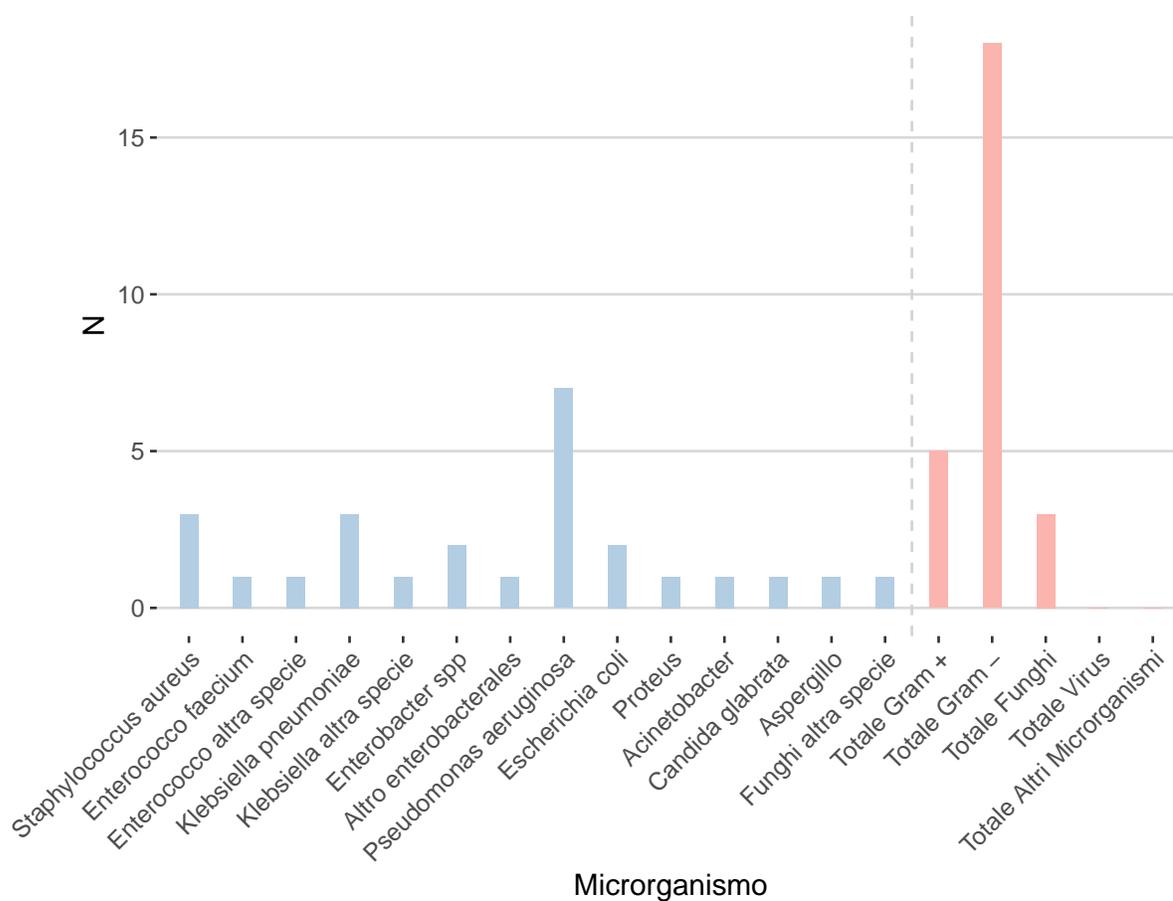
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	21	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	21	
Totale microrganismi isolati	27	

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	14.3	3	0	0
Enterococco faecium	1	4.8	1	0	0
Enterococco altra specie	1	4.8	1	1	100
Totale Gram +	5	23.8	5	1	20
Klebsiella pneumoniae	3	14.3	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4.8	0	0	0

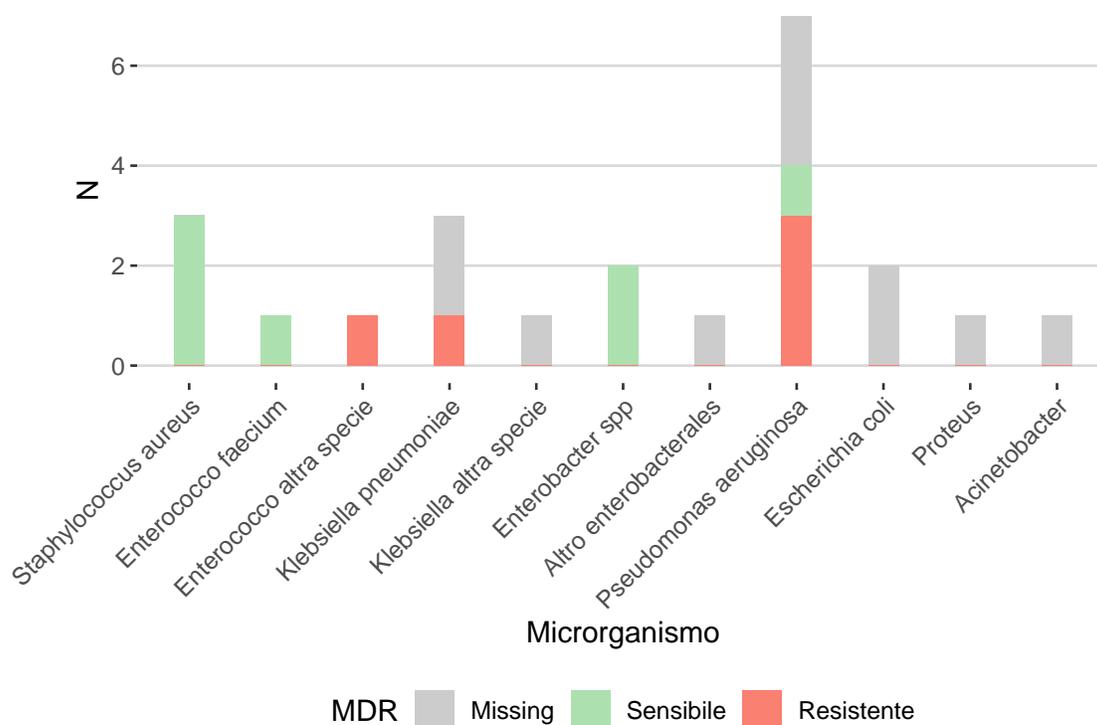
Enterobacter spp	2	9.5	2	0	0
Altro enterobacterales	1	4.8	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	33.3	4	3	75
Escherichia coli	2	9.5	0	0	0
Proteus	1	4.8	0	0	0
Acinetobacter	1	4.8	0	0	0
Totale Gram -	18	85.7	7	4	57.1
Candida glabrata	1	4.8	0	0	0
Aspergillo	1	4.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	4.8	0	0	0
Totale Funghi	3	14.3	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	14.3	3	0	0
Enterococco faecium	1	4.8	1	0	0
Enterococco altra specie	1	4.8	1	1	100
Totale Gram +	5	23.8	5	1	20
Klebsiella pneumoniae	3	14.3	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4.8	0	0	0
Enterobacter spp	2	9.5	2	0	0

Altro enterobacterales	1	4.8	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	33.3	4	3	75
Escherichia coli	2	9.5	0	0	0
Proteus	1	4.8	0	0	0
Acinetobacter	1	4.8	0	0	0
Totale Gram -	18	85.7	7	4	57.1
Candida glabrata	1	4.8	0	0	0
Aspergillo	1	4.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	4.8	0	0	0
Totale Funghi	3	14.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecalis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Providencia, Serratia, Candida albicans, Candida auris, Candida krusei, Candida 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.

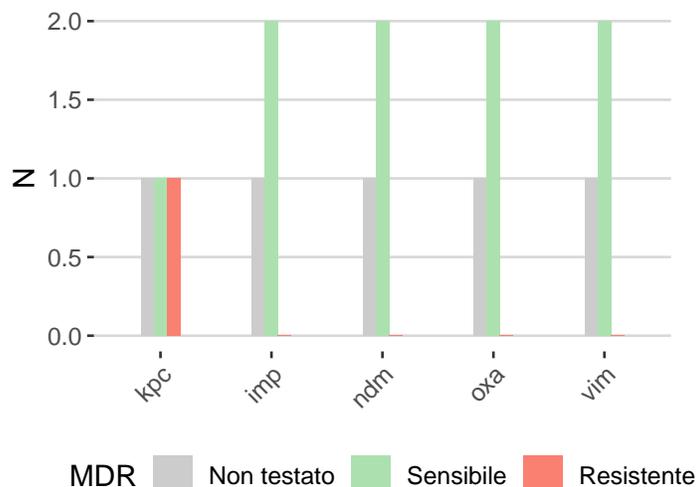
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	2	50
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	2	50
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100

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

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. É 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	1	33.33
Non testato	1	33.33
Missing	7	

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

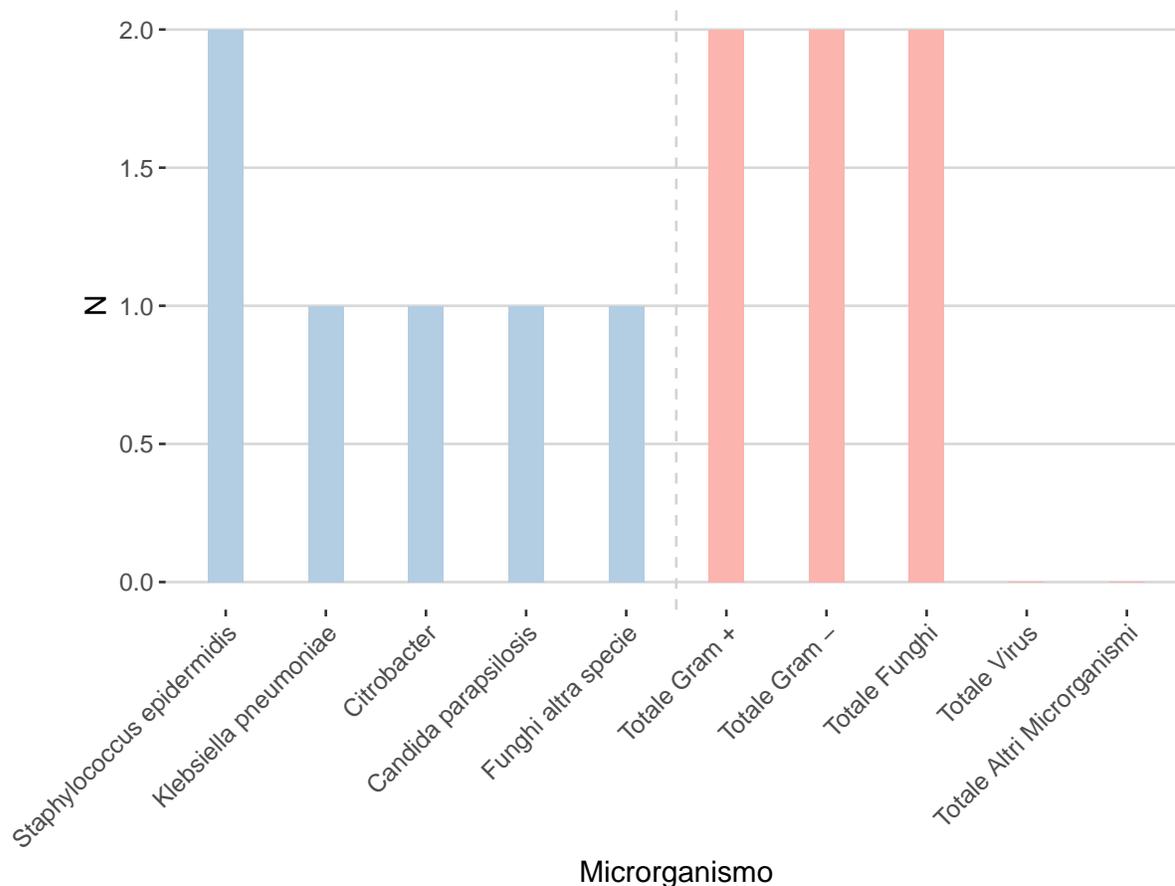


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 6)

17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus epidermidis	2	33.3	0	0	0
Totale Gram +	2	33.3	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	16.7	0	0	0
Citrobacter	1	16.7	1	0	0
Totale Gram -	2	33.3	1	0	0
Candida parapsilosis	1	16.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	16.7	0	0	0
Totale Funghi	2	33.3	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 epidermidis	2	33.3	0	0	0
Totale Gram +	2	33.3	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	16.7	0	0	0
Citrobacter	1	16.7	1	0	0
Totale Gram -	2	33.3	1	0	0
Candida parapsilosis	1	16.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	16.7	0	0	0
Totale Funghi	2	33.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Enterobacter spp, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Serratia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida 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.

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

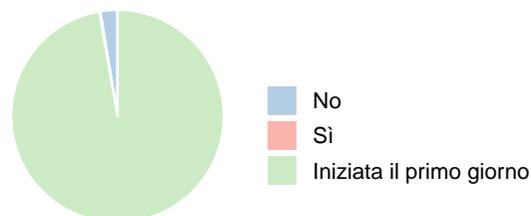
Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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.

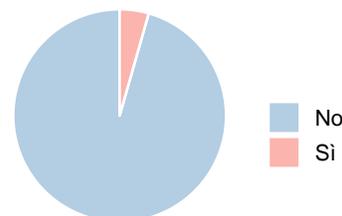
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 69)

18.1 Catetere urinario (N = 1581)



Catetere urinario	N	%
No	41	2.6
Sì	1524	97.4
Iniziativa il primo giorno	1522	96.3
Missing	16	

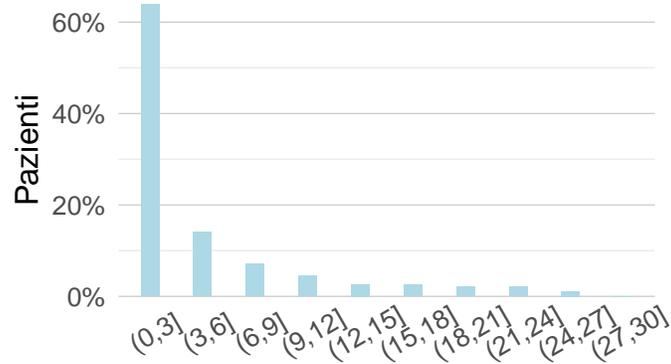
18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	1496	95.6
Sì	69	4.4

Missing	16	0
---------	----	---

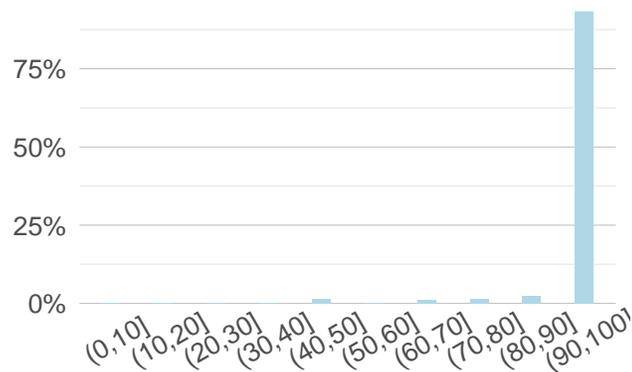
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

Indicatore	Valore
Media (DS)	6.6 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	2

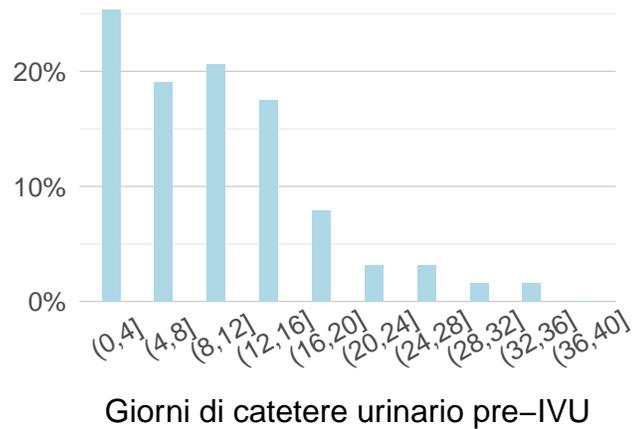
18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Durata/degenza (%)

Indicatore	Valore
Media (DS)	97.9 (8.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	2

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	68
Media (DS)	12.9 (13.2)
Mediana (Q1-Q3)	10 (4.8-16)
Missing	1

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	7.8	5.5 %
CI (95%)	6.1 - 9.9	4.2 - 6.9

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

Il primo:

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

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

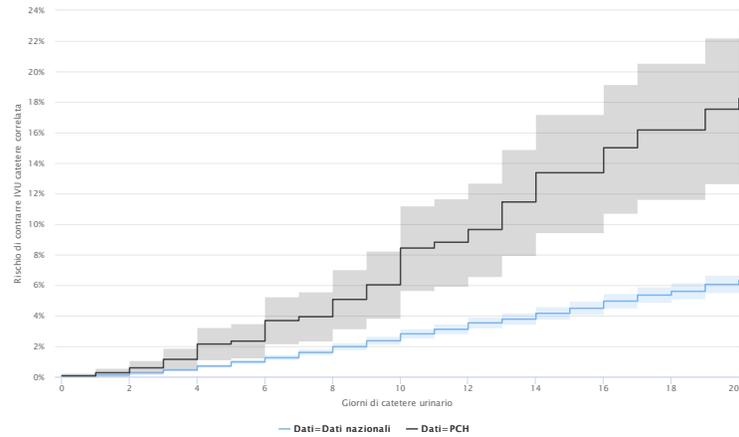
Il secondo invece:

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

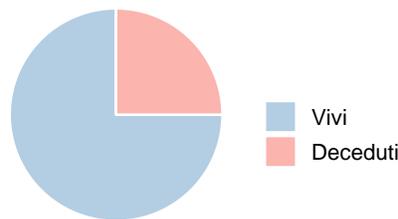
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

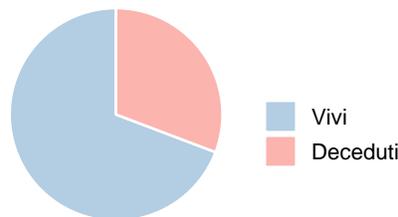


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	51	75.0
Deceduti	17	25.0
Missing	1	0

18.6 Mortalità ospedaliera *

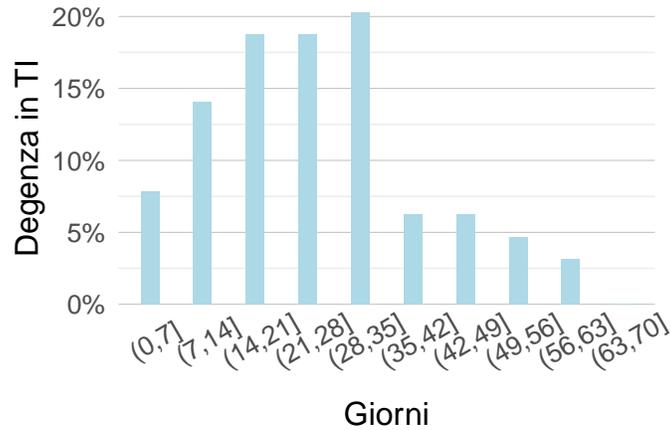


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	45	69.2

Deceduti	20	30.8
Missing	1	0

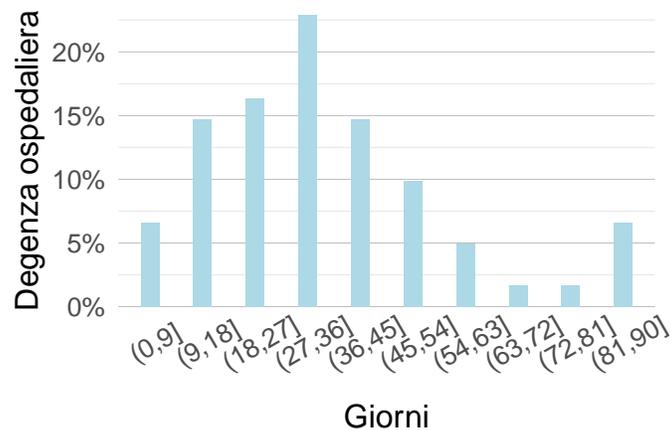
* Statistiche calcolate su 66 escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.4 (20.5)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (15.8-33.8)
Missing	1

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.8 (43.2)
Mediana (Q1-Q3)	33 (21-49)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 66 escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

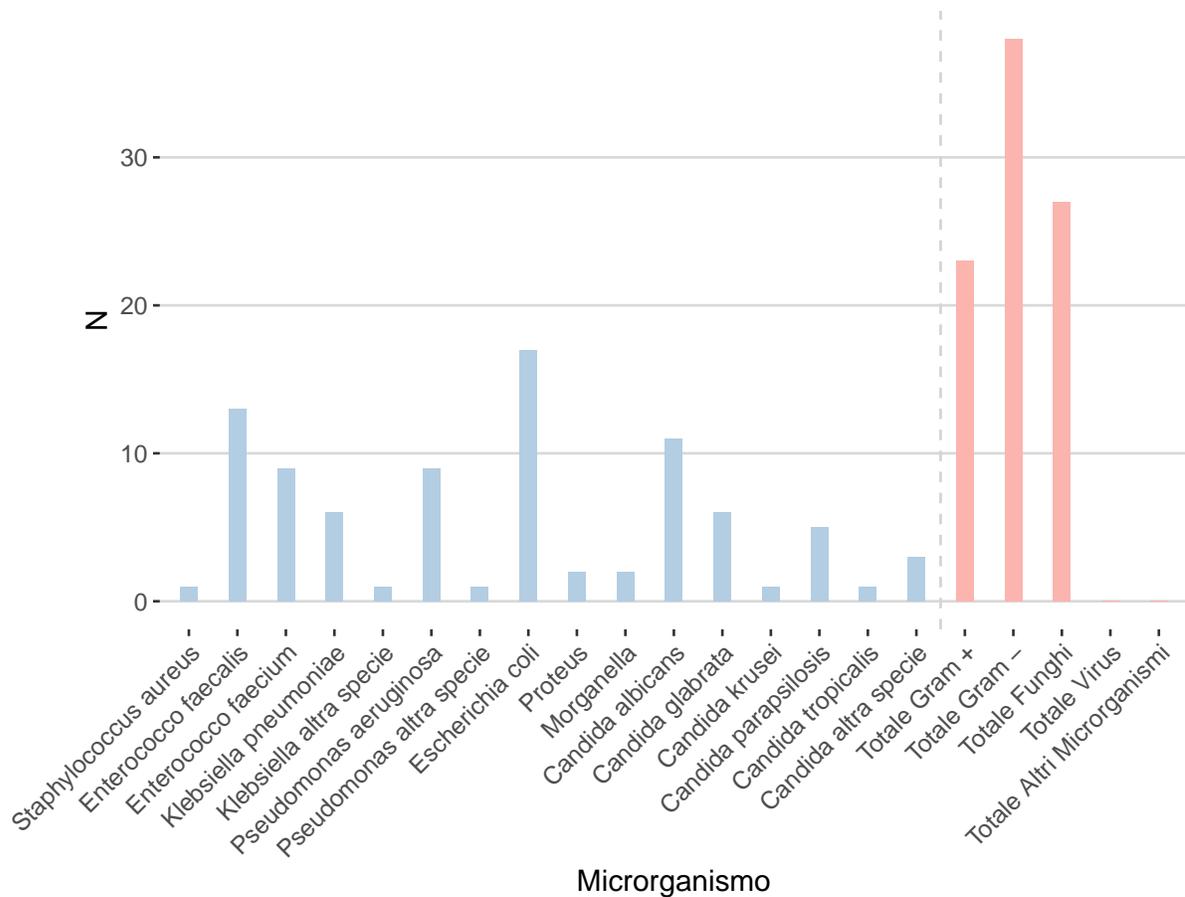
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	69	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	69	
Totale microrganismi isolati	88	

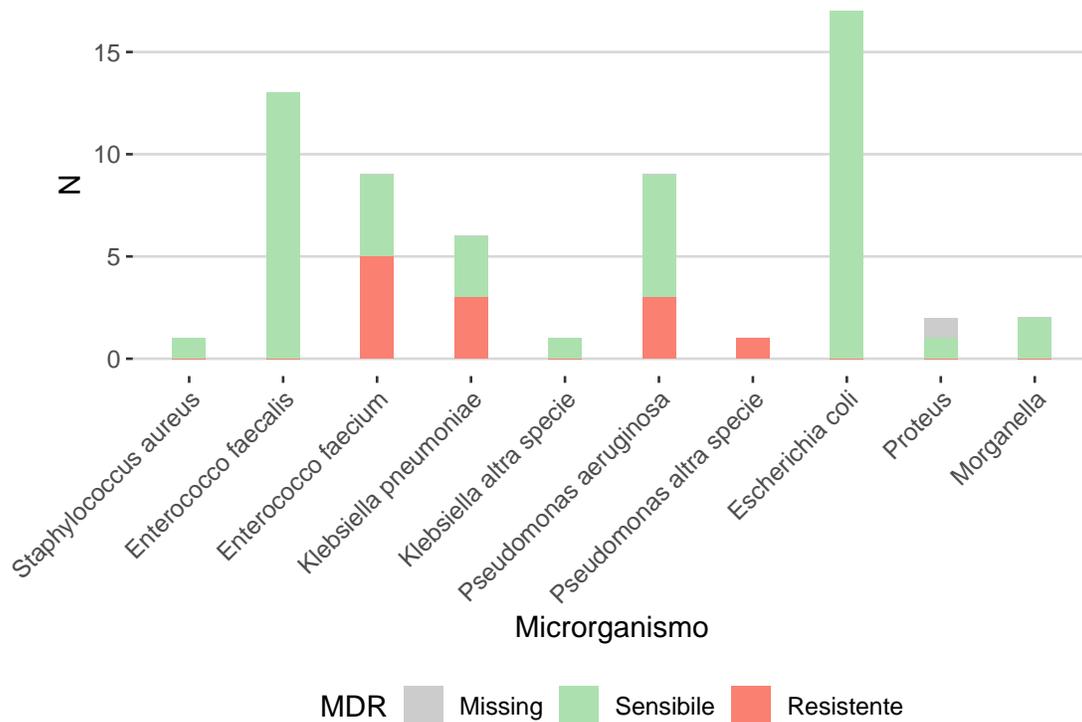
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.4	1	0	0
Enterococco faecalis	13	18.8	13	0	0
Enterococco faecium	9	13.0	9	5	55.6
Totale Gram +	23	33.3	23	5	21.7
Klebsiella pneumoniae	6	8.7	6	3	50
Klebsiella altra specie	1	1.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	13.0	9	3	33.3
Pseudomonas altra specie	1	1.4	1	1	100
Escherichia coli	17	24.6	17	0	0
Proteus	2	2.9	1	0	0
Morganella	2	2.9	2	0	0
Totale Gram -	38	55.1	37	7	18.9
Candida albicans	11	15.9	0	0	0
Candida glabrata	6	8.7	0	0	0
Candida krusei	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	7.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Candida altra specie	3	4.3	0	0	0
Totale Funghi	27	39.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



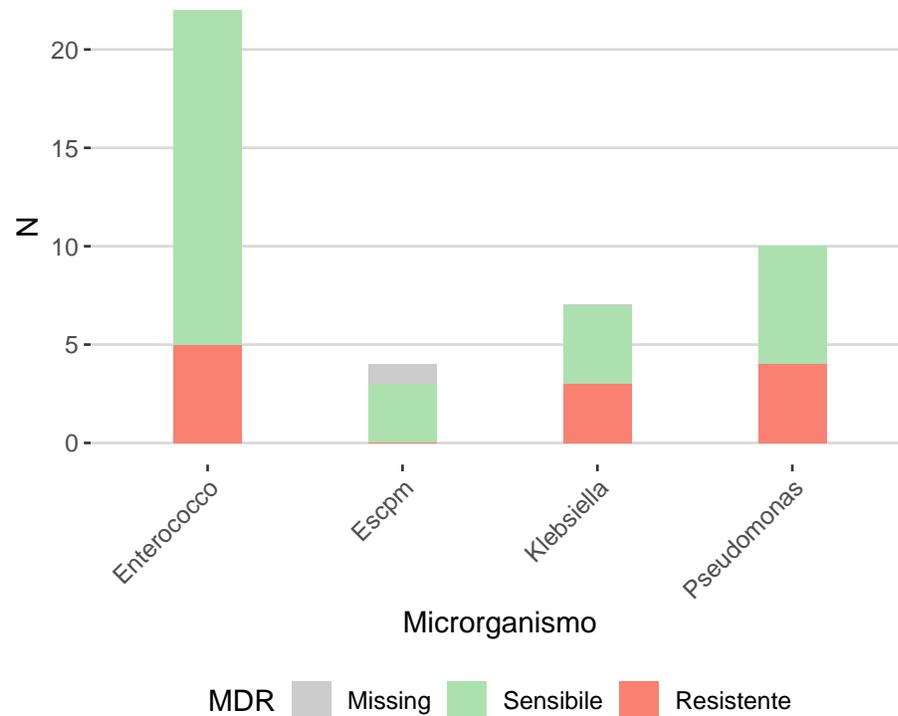
Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.4	1	0	0
Enterococco faecalis	13	18.8	13	0	0
Enterococco faecium	9	13.0	9	5	55.6
Totale Gram +	23	33.3	23	5	21.7
Klebsiella pneumoniae	6	8.7	6	3	50
Klebsiella altra specie	1	1.4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	13.0	9	3	33.3
Pseudomonas altra specie	1	1.4	1	1	100
Escherichia coli	17	24.6	17	0	0
Proteus	2	2.9	1	0	0
Morganella	2	2.9	2	0	0
Totale Gram -	38	55.1	37	7	18.9
Candida albicans	11	15.9	0	0	0
Candida glabrata	6	8.7	0	0	0
Candida krusei	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	7.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Candida altra specie	3	4.3	0	0	0
Totale Funghi	27	39.1	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, 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, Enterobacter spp, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, 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.

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	22	22	17	5	22.73	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	7	7	4	3	42.86	0
Pseudomonas	10	10	6	4	40.00	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	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	1	16.67
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	2	33.33
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	3	33.33

Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	1	11.11
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Enterococco faecium	9	Vancomicina	5	55.56

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	47	

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