



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Puglia TI

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

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 883)	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 = 308)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 569)	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 = 247)	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 = 60)	36
6.1 Tipologia di peritonite	36
6.2 Tipo di infezione	36
6.3 Infezione batteriémica	37
6.4 Infezioni multisito	37
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	37
6.6 Mortalità in TI	38
6.7 Mortalità ospedaliera *	38
6.8 Degenza in TI (giorni)	39
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	39
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	39
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 43)	44
7.1 Trauma	44
7.2 Stato Chirurgico	44
7.3 Tipo di infezione	44
7.4 Infezione batteriémica	45
7.5 Infezioni multisito	45
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	45
7.7 Mortalità in TI	46
7.8 Mortalità ospedaliera *	46
7.9 Degenza in TI (giorni)	47
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	47
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	47
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	51
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	56
8 Pazienti infetti in degenza (N = 108)	57
8.1 Sesso	57
8.2 Età	57
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	58
8.4 Provenienza (reparto)	58
8.5 Trauma	59
8.6 Stato Chirurgico	59
8.7 Motivo di ammissione	59
8.8 Insufficienza neurologica	60
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	60
8.10 Insufficienza neurologica insorta	61
8.11 Mortalità in TI	61
8.12 Mortalità ospedaliera *	61
8.13 Degenza in TI (giorni)	62
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	62

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	63
8.16	Infezione multisito	64
8.17	Infezioni in degenza	64
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	64
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	65
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	66
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	67
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 47)	73
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	73
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 61)	78
10.1	Gravità massima dell'infezione	78
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	79
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	79
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	85
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 29)	86
11.1	Trauma	86
11.2	Stato Chirurgico	86
11.3	Infezione batteriémica	86
11.4	Infezioni multisito	87
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	87
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	87
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 25)	88
12.1	VAP precoce	88
12.2	Diagnosi	88
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	89
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 883)	89
12.5	Giorni di VM pre-VAP	91
12.6	Incidenza di VAP	91
12.7	Mortalità in TI	92
12.8	Mortalità ospedaliera *	92
12.9	Degenza in TI (giorni)	93
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	93
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	94
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	97
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	100
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 50)	103
13.1	Trauma	103
13.2	Stato Chirurgico	103
13.3	Tipologia	103
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	104
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	104
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 14)	108
14.1	Infezioni multisito	108
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	108
14.3	Mortalità in TI	109
14.4	Mortalità ospedaliera *	109
14.5	Degenza in TI (giorni)	110
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	110
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	111

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 9)	115
15.1	Infezione multisito	115
15.2	Fattori di rischio	115
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	117
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	117
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	118
15.6	Mortalità in TI	118
15.7	Mortalità ospedaliera *	119
15.8	Degenza in TI (giorni)	119
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	120
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	120
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 30)	124
16.1	Infezioni associate (top 10)	124
16.2	Mortalità in TI	125
16.3	Mortalità ospedaliera *	125
16.4	Degenza in TI (giorni)	126
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	126
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	126
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 3)	131
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	131
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 24)	132
18.1	Catetere urinario (N = 883)	132
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	133
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	134
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	134
18.5	Mortalità in TI	136
18.6	Mortalità ospedaliera *	136
18.7	Degenza in TI (giorni)	137
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	137
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	137
Appendice		142
	Definizione di MDR	142
	Raggruppamento Microrganismi	142

Petalo Infectionlight

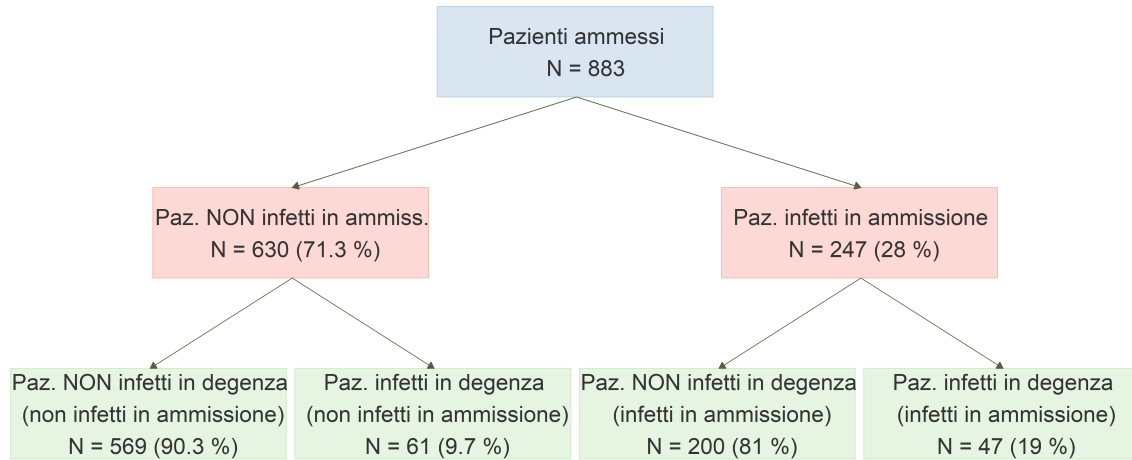
Anno 2022

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

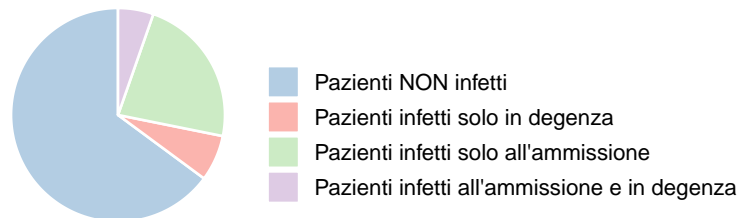
Popolazione complessiva: 5 TI

TI Puglia

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



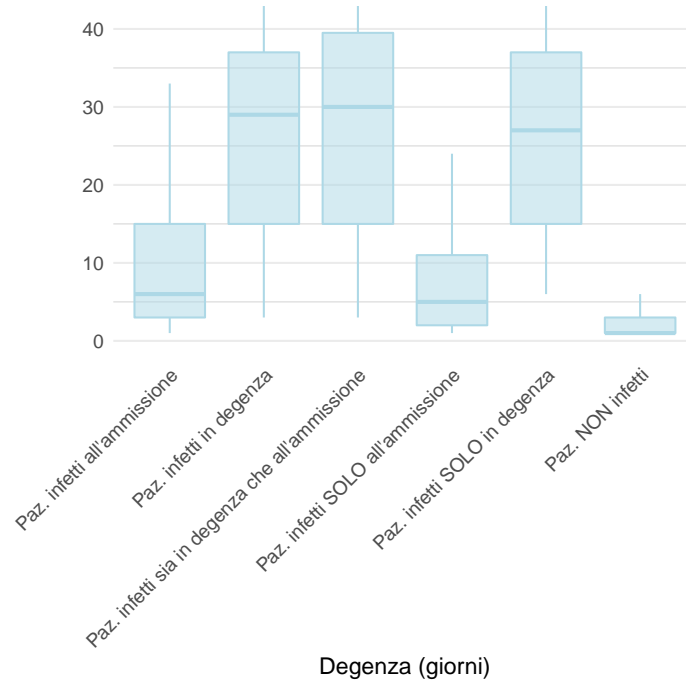
Per N = 6 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	569	64.9
Pazienti infetti solo in degenza	61	7.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	200	22.8
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	47	5.4

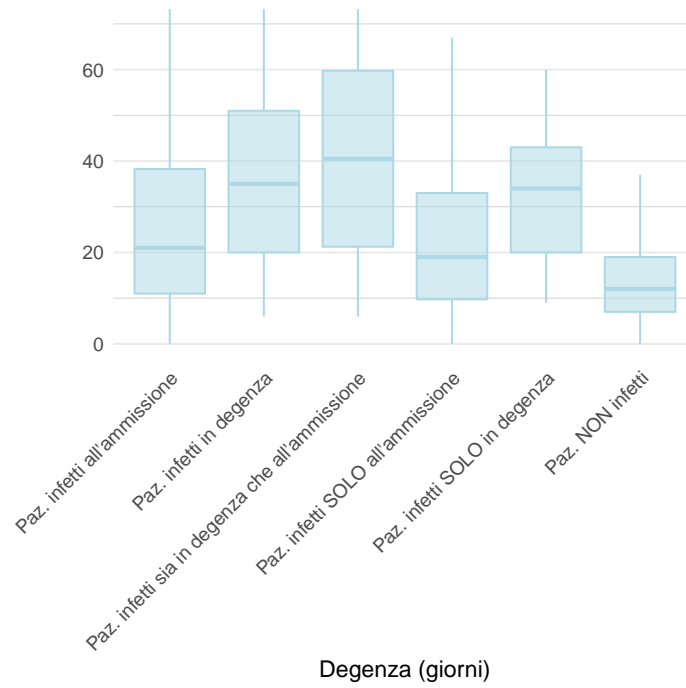
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 877).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	569	64.4	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	200	22.7	5	(2 - 11)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	5.3	30	(15 - 40)
Pazienti infetti SOLO in degenza	61	6.9	27	(15 - 37)
Pazienti infetti all'ammissione	247	28.0	6	(3 - 15)
Pazienti infetti in degenza	108	12.2	29	(15 - 37)

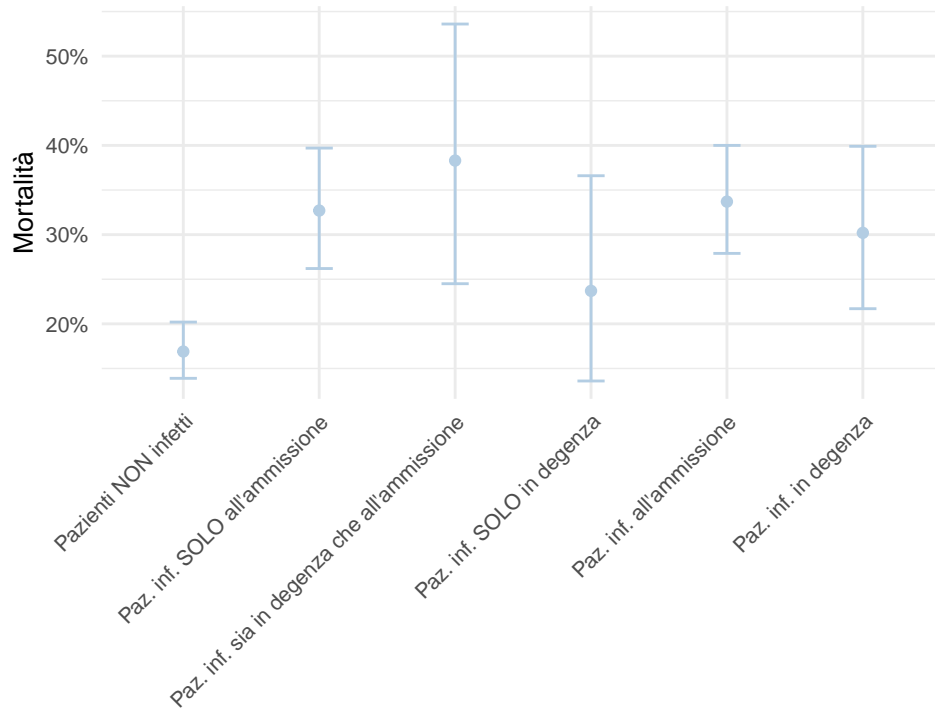
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	569	64.4	12	(7 - 19)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	200	22.7	19	(10 - 33)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	5.3	40	(21 - 60)
Pazienti infetti SOLO in degenza	61	6.9	34	(20 - 43)
Pazienti infetti all'ammissione	247	28.0	21	(11 - 38)
Pazienti infetti in degenza	108	12.2	35	(20 - 51)

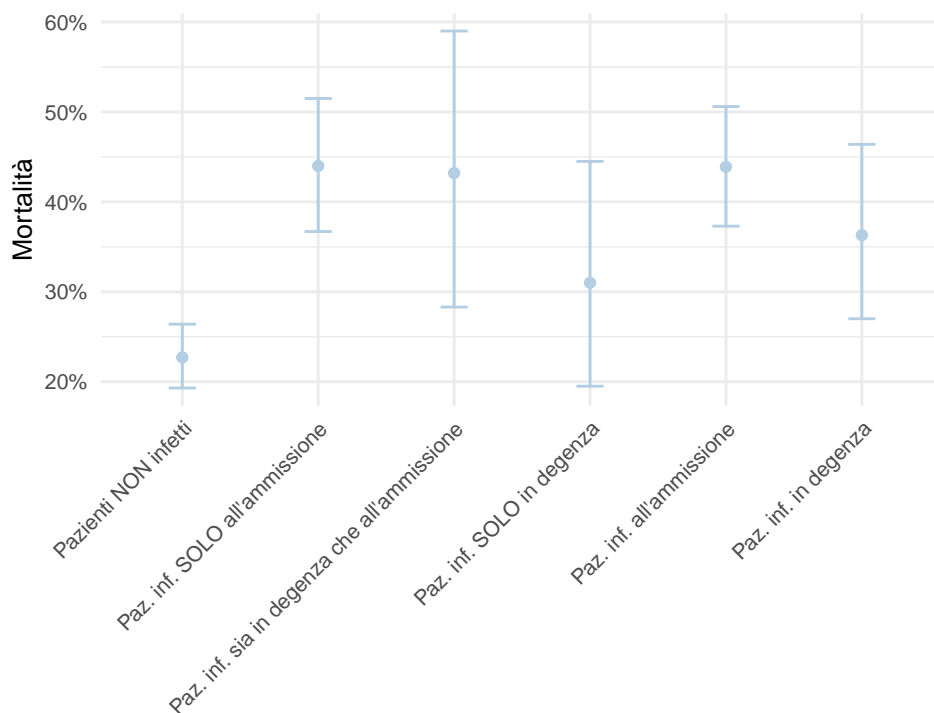
* escluse le riammissioni (N = 30)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	569	96	16.9	(13.9 - 20.2)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	200	65	32.7	(26.2 - 39.7)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	18	38.3	(24.5 - 53.6)
Pazienti infetti SOLO in degenza	61	14	23.7	(13.6 - 36.6)
Pazienti infetti all'ammissione	247	83	33.7	(27.9 - 40)
Pazienti infetti in degenza	108	32	30.2	(21.7 - 39.9)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

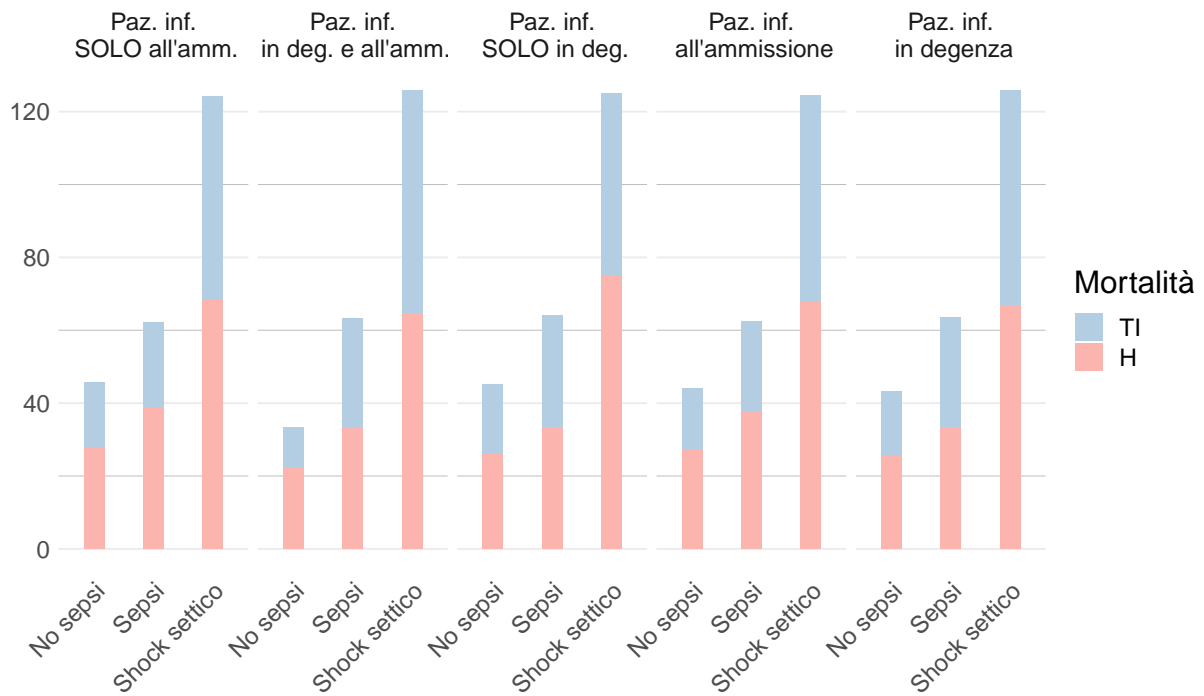


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	569	125	22.7	(19.3 - 26.4)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	200	81	44.0	(36.7 - 51.5)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	19	43.2	(28.3 - 59)
Pazienti infetti SOLO in degenza	61	18	31.0	(19.5 - 44.5)
Pazienti infetti all'ammissione	247	100	43.9	(37.3 - 50.6)
Pazienti infetti in degenza	108	37	36.3	(27 - 46.4)

* escluse le riammissioni (N = 30)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	200	67	65	68	33.5	32.5	34.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	9	20	18	19.1	42.6	38.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	61	42	14	5	68.9	23.0	8.2
Pazienti infetti all'ammissione	247	76	85	86	30.8	34.4	34.8
Pazienti infetti in degenza	108	51	34	23	47.2	31.5	21.3



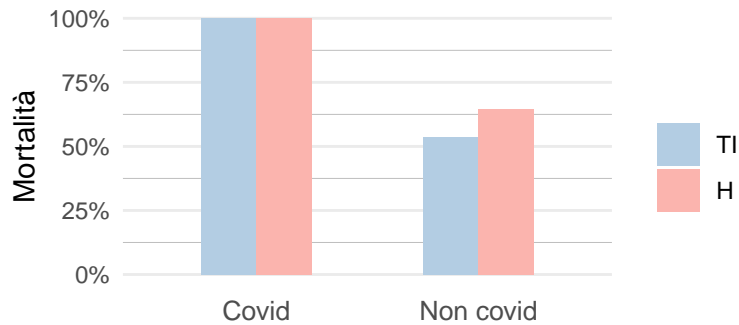
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	67	12	17.9	65	18	27.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	9	1	11.1	9	2	22.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	42	8	19.0	42	11	26.2
Pazienti infetti all'ammissione	76	13	17.1	74	20	27.0
Pazienti infetti in degenza	51	9	17.6	51	13	25.5

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	65	15	23.4	64	24	38.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	20	6	30.0	18	6	33.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	14	4	30.8	12	4	33.3
Pazienti infetti all'ammissione	85	21	25.0	82	30	37.5
Pazienti infetti in degenza	34	10	30.3	30	10	33.3

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	68	38	55.9	59	39	68.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	18	11	61.1	17	11	64.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	5	2	50.0	5	3	75.0
Pazienti infetti all'ammissione	86	49	57.0	76	50	67.6
Pazienti infetti in degenza	23	13	59.1	22	14	66.7

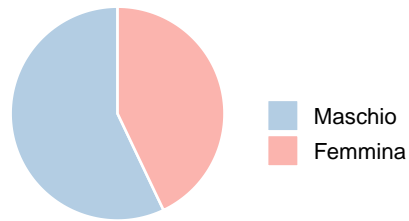
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	6	6	100.0	6	6	100.0
Non covid	80	43	53.8	70	44	64.7

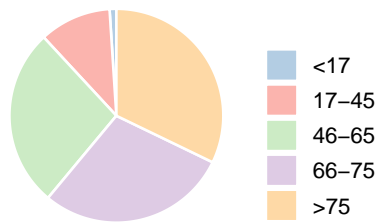
2 Tutti i pazienti (N = 883)

2.1 Sesso



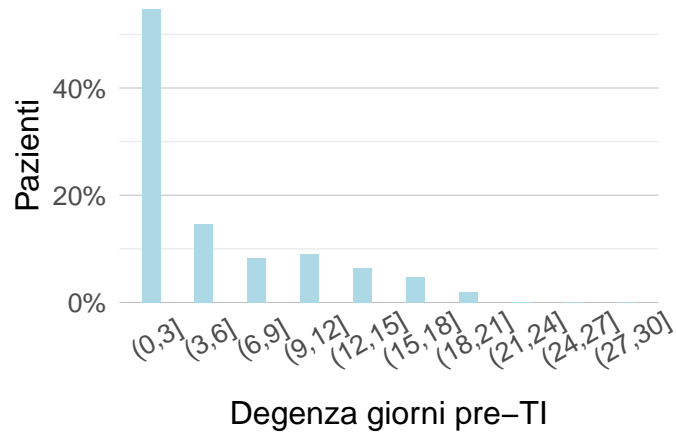
Sesso	N	%
Maschio	504	57.1
Femmina	379	42.9
Missing	0	0

2.2 Età



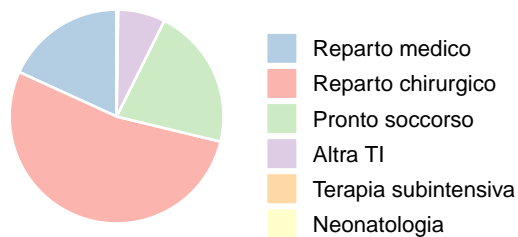
Range età	N	%
<17	9	1.0
17-45	96	10.9
46-65	239	27.1
66-75	255	28.9
>75	284	32.2
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



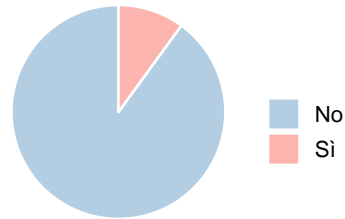
Indicatore	Valore
Media	5.4
DS	9.2
Mediana	2
Q1-Q3	0-6.5
Missing	4

2.4 Provenienza (reparto)



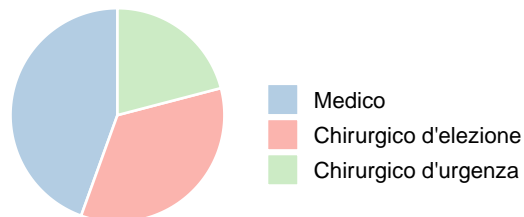
Provenienza	N	%
Reparto medico	158	18.2
Reparto chirurgico	461	53.0
Pronto soccorso	186	21.4
Altra TI	62	7.1
Terapia subintensiva	2	0.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	14	0

2.5 Trauma



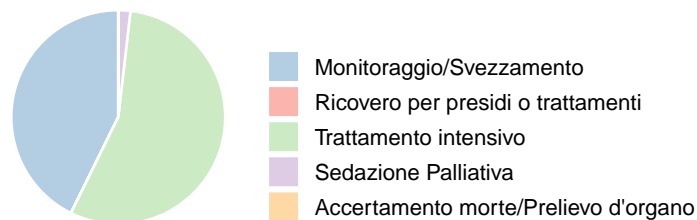
Trauma	N	%
No	791	90.0
Si	88	10.0
Missing	4	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	391	44.5
Chirurgico d'elezione	304	34.6
Chirurgico d'urgenza	184	20.9
Missing	4	0

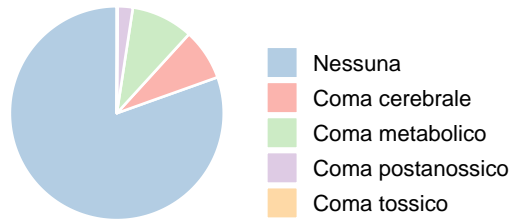
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	375	42.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

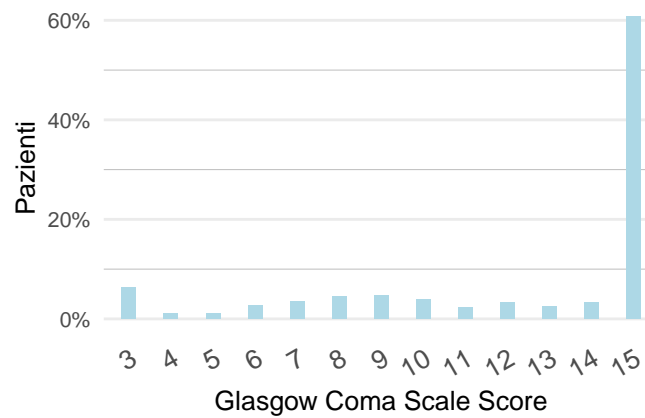
Trattamento intensivo	487	55.5
Sedazione Palliativa	16	1.8
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	5	0

2.8 Insufficienza neurologica



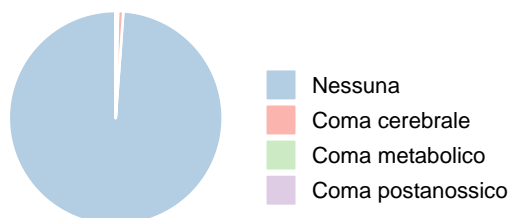
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	601	80.5
Coma cerebrale	58	7.8
Coma metabolico	70	9.4
Coma postanossico	17	2.3
Coma tossico	1	0.1
Missing	136	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



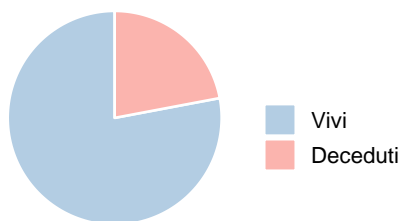
Indicatore	Valore
Media	12.4
DS	3.9
Mediana	15
Q1-Q3	10-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



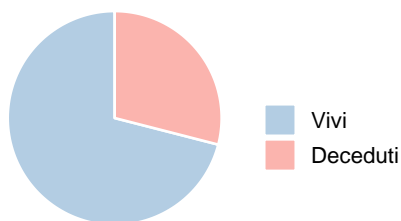
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	867	98.9
Coma cerebrale	7	0.8
Coma metabolico	3	0.3
Coma postanossico	0	0.0
Missing	6	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	683	78.0
Deceduti	193	22.0
Missing	7	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

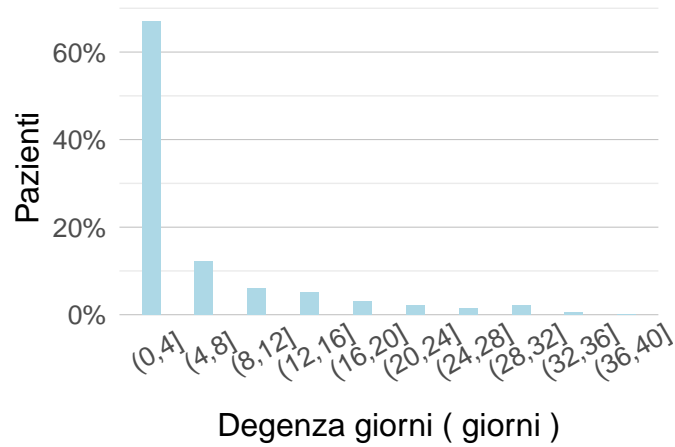


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	595	71.0
Deceduti	238	29.0

Deceduti	243	29.0
Missing	13	0

* Statistiche calcolate su 851 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 32).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.8 (13.7)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	6

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

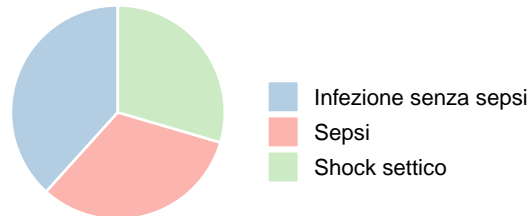


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.9 (23.7)
Mediana (Q1-Q3)	14 (8-27)
Missing	14

* Statistiche calcolate su 851 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 32).

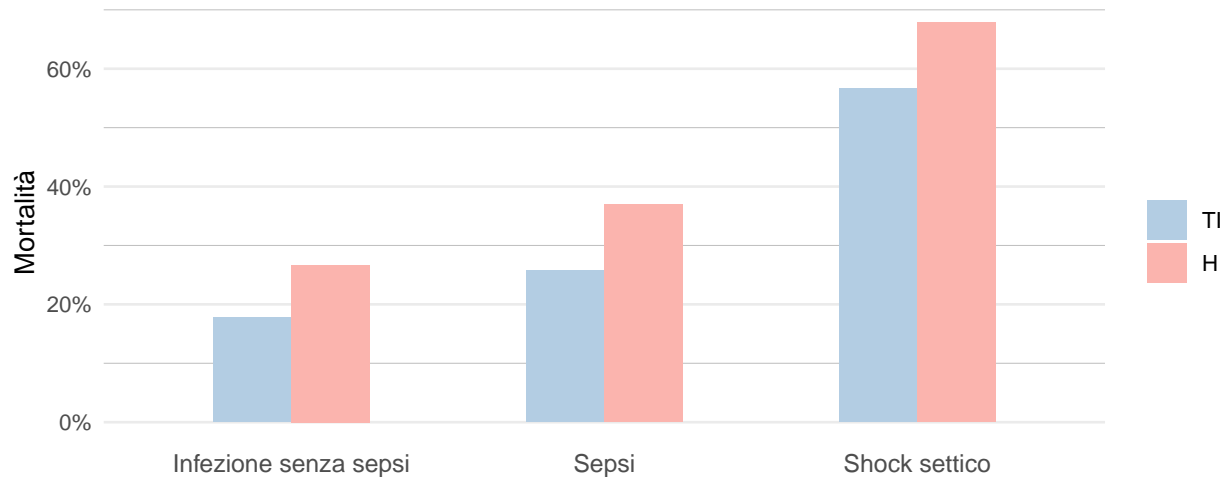
3 Pazienti infetti (N = 308)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	118	38.3
Sepsi	99	32.1
Shock settico	91	29.5
Missing	0	0

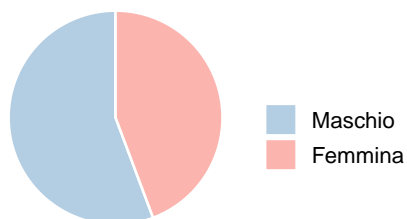
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	17.8	26.7
Sepsi	25.8	37.0
Shock settico	56.7	67.9

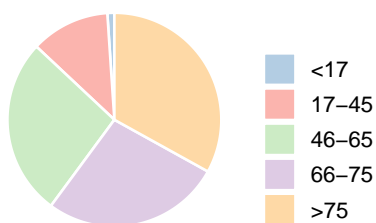
4 Pazienti non infetti (N = 569)

4.1 Sesso



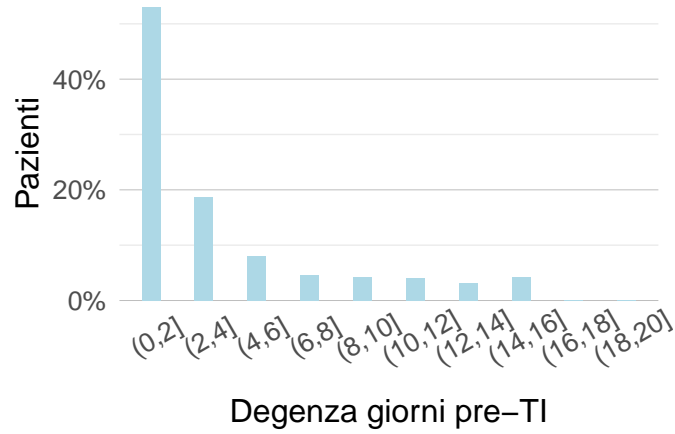
Sesso	N	%
Maschio	317	55.7
Femmina	252	44.3
Missing	0	0

4.2 Età



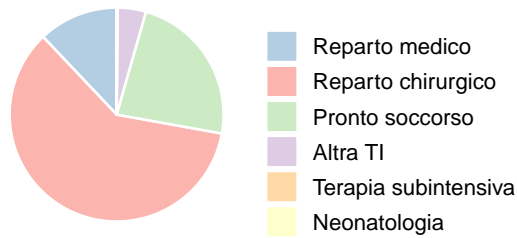
Range età	N	%
<17	6	1.1
17-45	68	12.0
46-65	153	26.9
66-75	154	27.1
>75	188	33.0
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



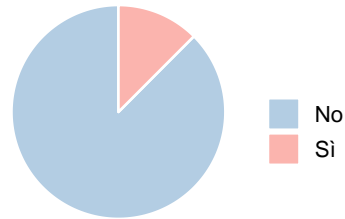
Indicatore	Valore
Media	4.2
DS	7.6
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	0

4.4 Provenienza (reparto)



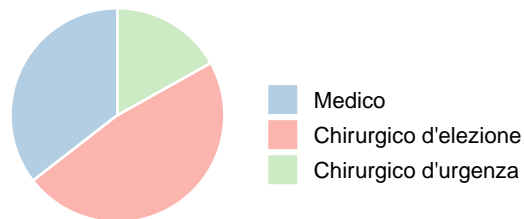
Provenienza	N	%
Reparto medico	68	12.1
Reparto chirurgico	339	60.1
Pronto soccorso	132	23.4
Altra TI	24	4.3
Terapia subintensiva	1	0.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

4.5 Trauma



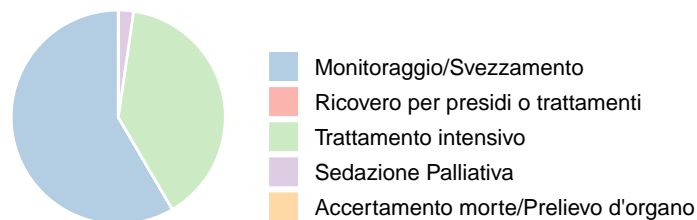
Trauma	N	%
No	498	87.5
Si	71	12.5
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	202	35.5
Chirurgico d'elezione	271	47.6
Chirurgico d'urgenza	96	16.9
Missing	0	0

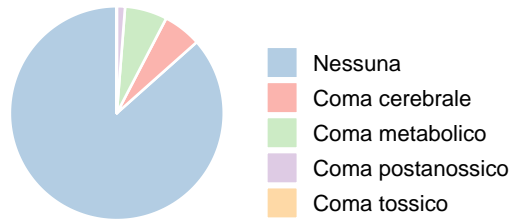
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	332	58.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

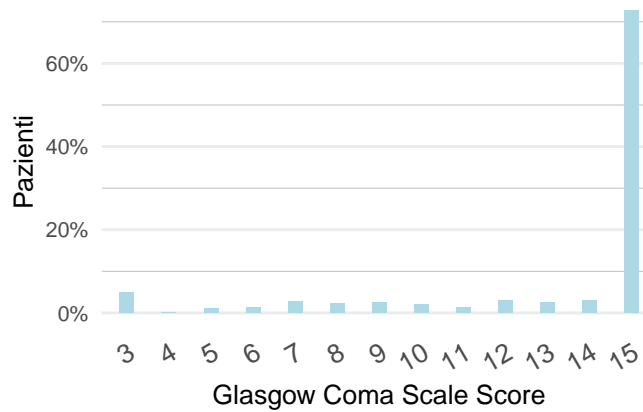
Trattamento intensivo	223	39.3
Sedazione Palliativa	13	2.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

4.8 Insufficienza neurologica



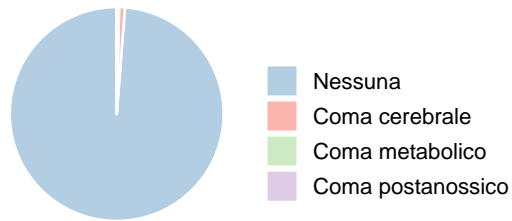
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	419	86.6
Coma cerebrale	28	5.8
Coma metabolico	31	6.4
Coma postanossico	6	1.2
Coma tossico	0	0.0
Missing	85	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



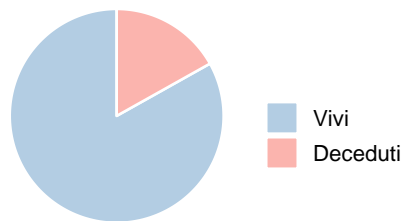
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.4
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



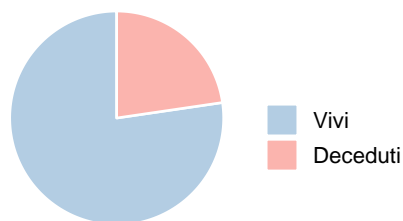
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	562	98.8
Coma cerebrale	5	0.9
Coma metabolico	2	0.4
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	0.0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	473	83.1
Deceduti	96	16.9
Missing	0	0.0

4.12 Mortalità ospedaliera *

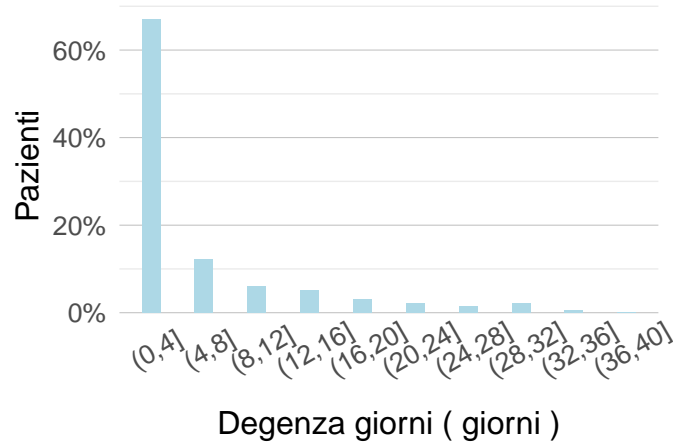


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	426	77.3
Deceduti	123	22.7
Missing	0	0.0

Deceduti	125	22.7
Missing	3	0

* Statistiche calcolate su 554 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 15).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.6 (5.6)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	0

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

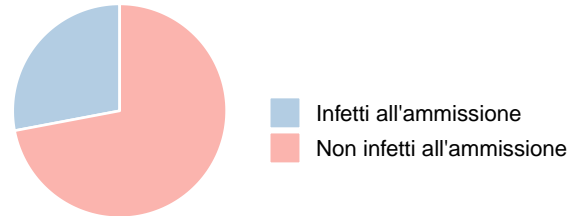


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.6 (14.0)
Mediana (Q1-Q3)	12 (7-19)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 554 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 15$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

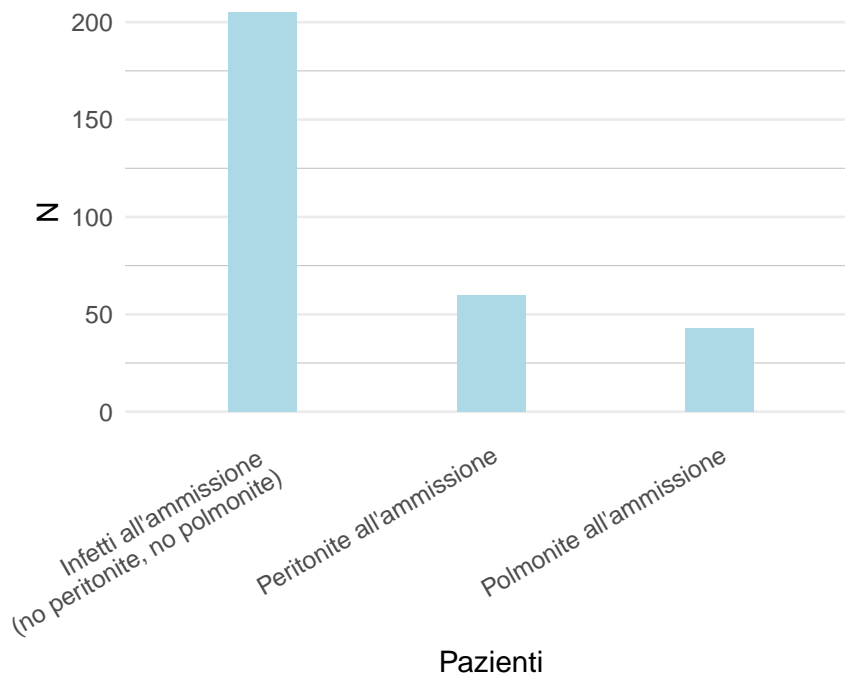
Sono presenti 247 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 27.97% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	247	27.97
Non infetti all'ammissione	636	72.03

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 883).

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

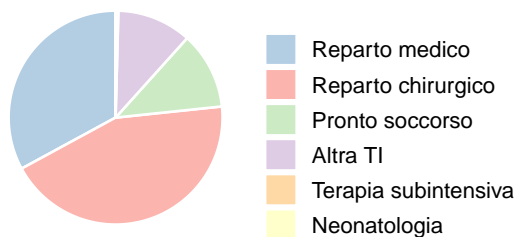


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	205	83.00
Peritonite all'ammissione	60	24.29
Polmonite all'ammissione	43	17.41

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 247).

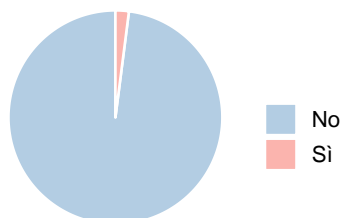
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 247)

5.1 Provenienza (reparto)



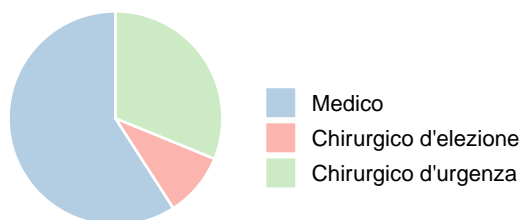
Provenienza	N	%
Reparto medico	79	32.9
Reparto chirurgico	105	43.8
Pronto soccorso	28	11.7
Altra TI	27	11.2
Terapia subintensiva	1	0.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	7	0

5.2 Trauma



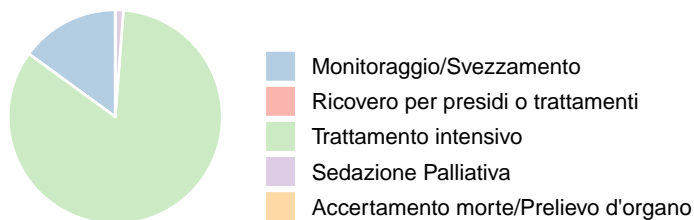
Trauma	N	%
No	242	98.0
Sì	5	2.0
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



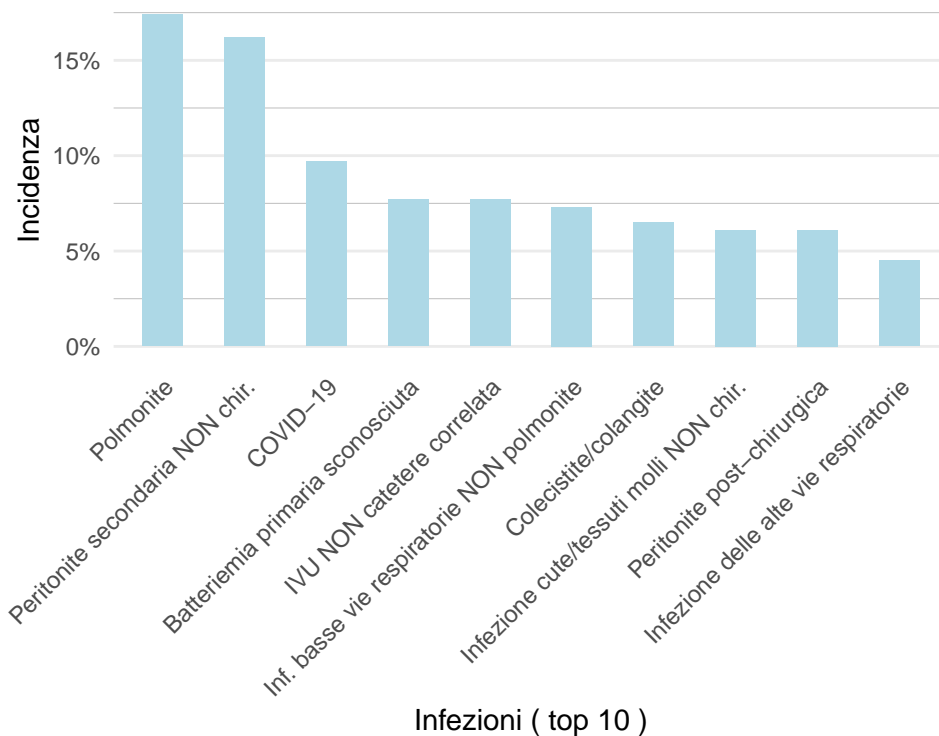
Stato chirurgico	N	%
Medico	146	59.1
Chirurgico d'elezione	24	9.7
Chirurgico d'urgenza	77	31.2
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



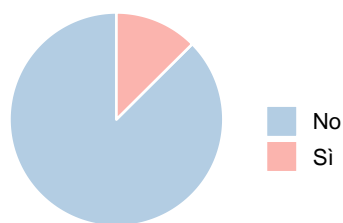
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	37	15.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	207	83.8
Sedazione Palliativa	3	1.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



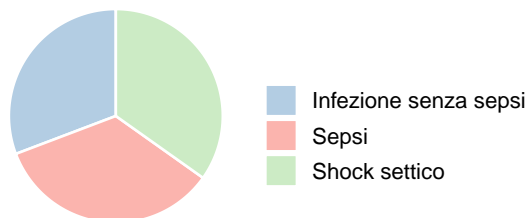
Infezione	N	%
Polmonite	43	17.4
Peritonite secondaria NON chir.	40	16.2
COVID-19	24	9.7
Batteriemia primaria sconosciuta	19	7.7
IVU NON catetere correlata	19	7.7
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	18	7.3
Colecistite/colangite	16	6.5
Peritonite post-chirurgica	15	6.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	15	6.1
Infezione delle alte vie respiratorie	11	4.5
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	216	87.4
Sì	31	12.6
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	76	30.8
Sepsi	85	34.4
Shock settico	86	34.8
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

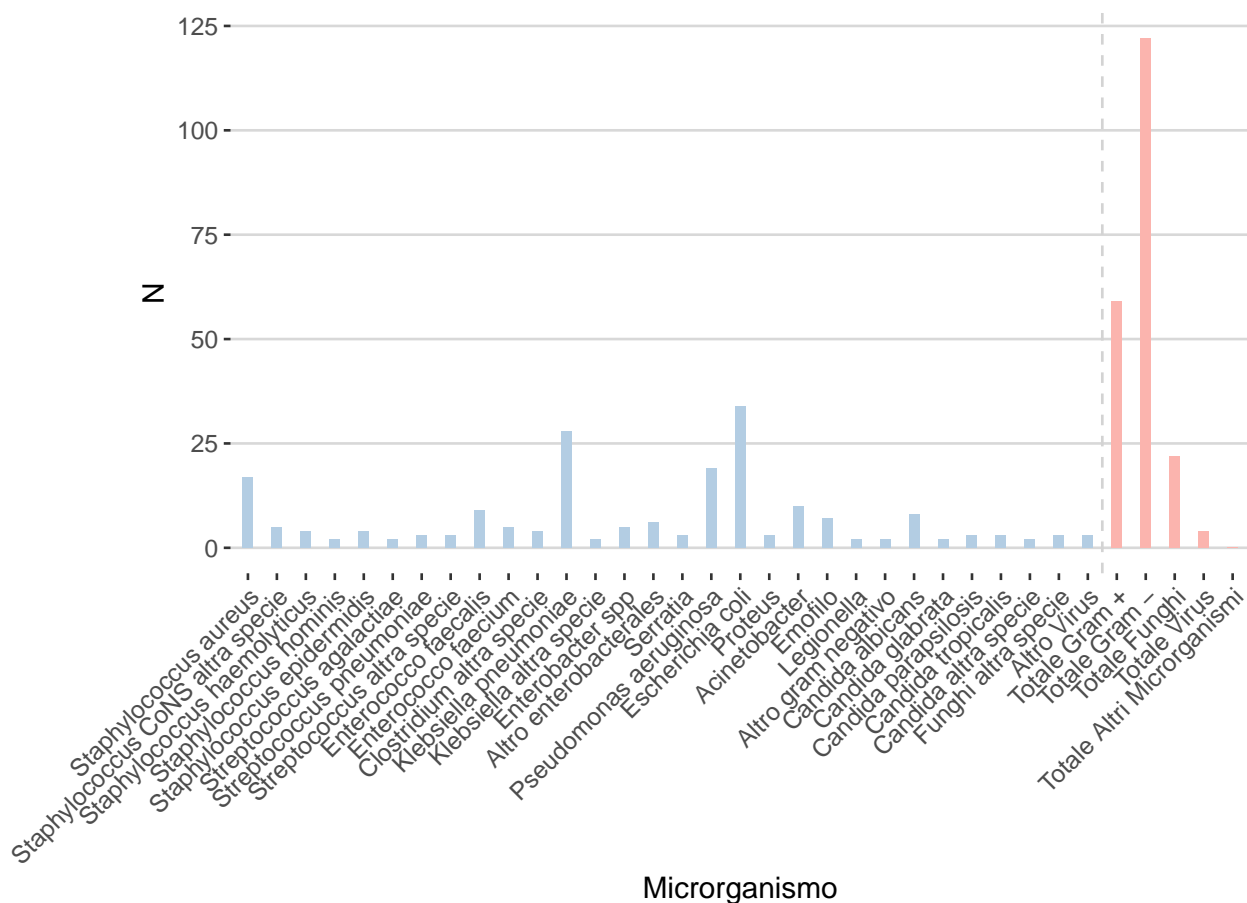
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	70	27.3
Sì	186	72.7
Missing	2	
Totale infezioni	258	
Totale microrganismi isolati	215	

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	17	9.1	11	4	36.4
Staphylococcus capitis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	2.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	2.2	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	2	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	2.2	0	0	0

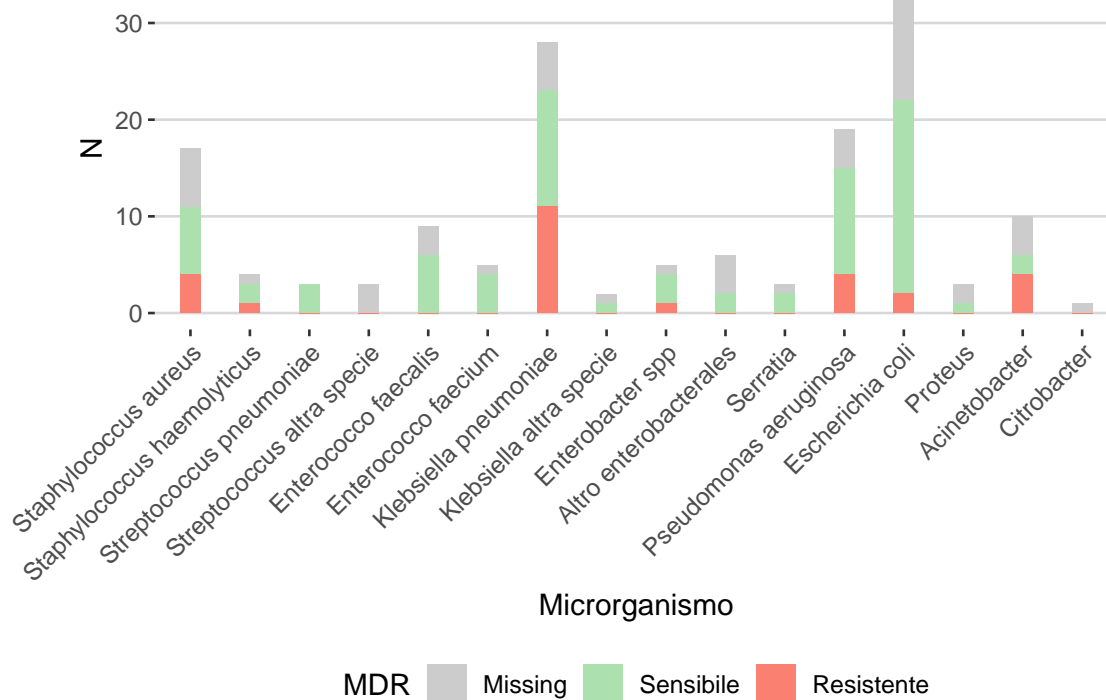
Streptococcus agalactiae	2	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.6	0	0	0
Enterococco faecalis	9	4.8	6	0	0
Enterococco faecium	5	2.7	4	0	0
Clostridium altra specie	4	2.2	0	0	0
Totale Gram +	59	31.7	27	5	18.5
Klebsiella pneumoniae	28	15.1	23	11	47.8
Klebsiella altra specie	2	1.1	1	0	0
Enterobacter spp	5	2.7	4	1	25
Altro enterobacterales	6	3.2	2	0	0
Serratia	3	1.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	19	10.2	15	4	26.7
Escherichia coli	34	18.3	22	2	9.1
Proteus	3	1.6	1	0	0
Acinetobacter	10	5.4	6	4	66.7
Emofilo	7	3.8	0	0	0
Legionella	2	1.1	0	0	0
Citrobacter	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.1	0	0	0
Totale Gram -	122	65.6	76	22	28.9
Candida albicans	8	4.3	0	0	0
Candida glabrata	2	1.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.6	0	0	0
Candida altra specie	2	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.6	0	0	0
Totale Funghi	22	11.8	0	0	0
Herpes simplex	1	0.5			
Altro Virus	3	1.6			
Totale Virus	4	2.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	17	9.1	11	4	36.4
Staphylococcus capitis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	2.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	2.2	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	2	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	2.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.6	0	0	0
Enterococcus faecalis	9	4.8	6	0	0
Enterococcus faecium	5	2.7	4	0	0
Clostridium altra specie	4	2.2	0	0	0
Totale Gram +	59	31.7	27	5	18.5
Klebsiella pneumoniae	28	15.1	23	11	47.8
Klebsiella altra specie	2	1.1	1	0	0
Enterobacter spp	5	2.7	4	1	25
Altro enterobacteriales	6	3.2	2	0	0
Serratia	3	1.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	19	10.2	15	4	26.7
Escherichia coli	34	18.3	22	2	9.1
Proteus	3	1.6	1	0	0
Acinetobacter	10	5.4	6	4	66.7

Emofilo	7	3.8	0	0	0
Legionella	2	1.1	0	0	0
Citrobacter	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.1	0	0	0
Totale Gram -	122	65.6	76	22	28.9
Candida albicans	8	4.3	0	0	0
Candida glabrata	2	1.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.6	0	0	0
Candida altra specie	2	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.6	0	0	0
Totale Funghi	22	11.8	0	0	0
Herpes simplex	1	0.5			
Altro Virus	3	1.6			
Totale Virus	4	2.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

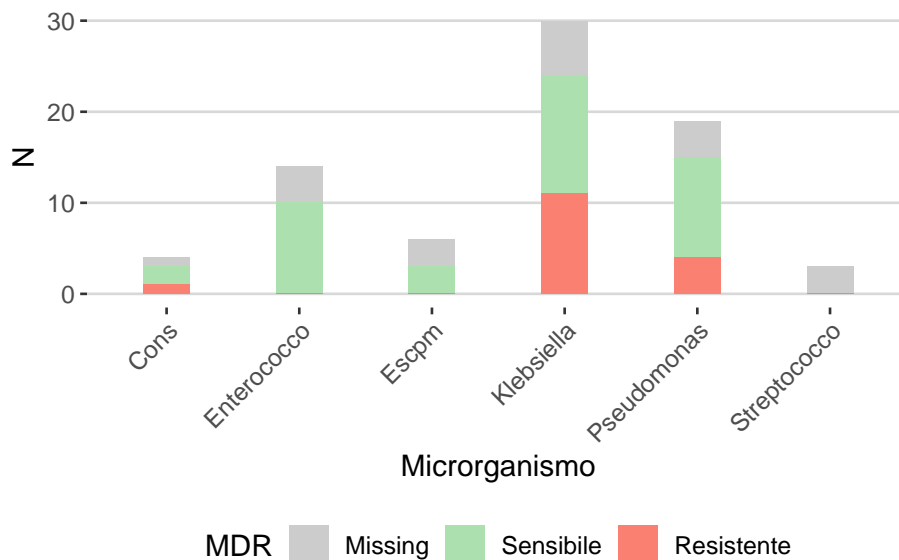
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium

difficile, *Staphylococcus lugdunensis*, *Enterococco* altra specie, *Pyogens*, *Clamidia*, *Morganella*, *Pseudomonas* altra specie, *Providencia*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *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.

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	4	3	2	1	33.33	1
Enterococco	14	10	10	0	0.00	4
Escpm	6	3	3	0	0.00	3
Klebsiella	30	24	13	11	45.83	6
Pseudomonas	19	15	11	4	26.67	4
Streptococco	3	0	0	0	NaN	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	%
---------------	---	------------	--------------	---

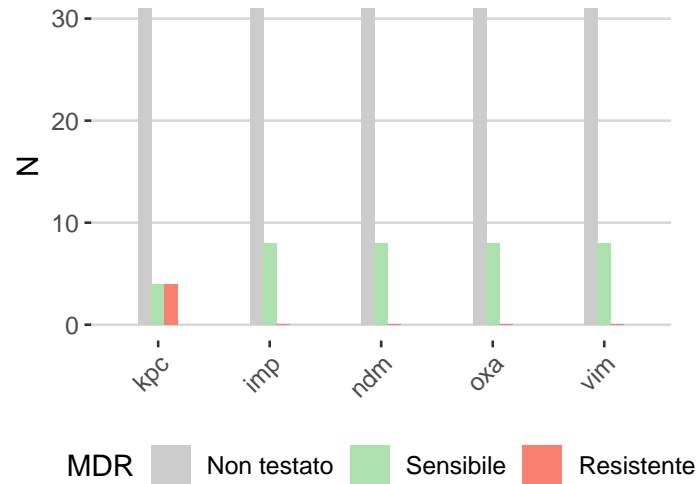
Klebsiella pneumoniae	22	Ertapenem	9	40.91
Klebsiella pneumoniae	23	Meropenem	10	43.48
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Enterobacter spp	4	Meropenem	1	25.00
Escherichia coli	22	Ertapenem	1	4.55
Escherichia coli	22	Meropenem	1	4.55
Acinetobacter	6	Imipenem	3	50.00
Acinetobacter	6	Meropenem	4	66.67
Pseudomonas aeruginosa	15	Imipenem	2	13.33
Pseudomonas aeruginosa	15	Meropenem	4	26.67
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	1	33.33
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	4	36.36

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

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

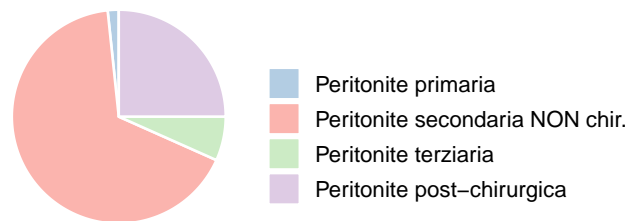
	N	%
Sì	4	10.26
No	4	10.26
Non testato	31	79.49
Missing	43	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	8	31
kpc	4	100	4	31
ndm	0	0	8	31
oxa	0	0	8	31
vim	0	0	8	31



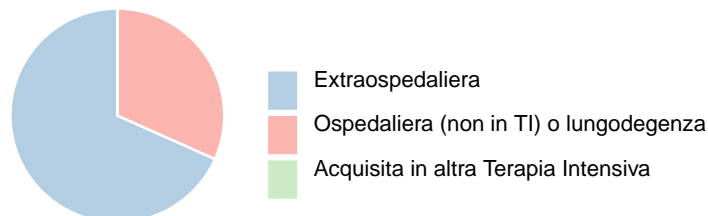
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 60)

6.1 Tipologia di peritonite



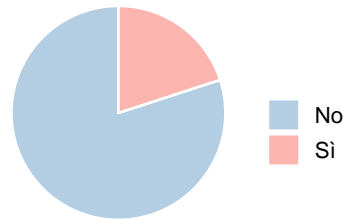
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	1	1.7
Peritonite secondaria NON chir.	40	66.7
Peritonite terziaria	4	6.7
Peritonite post-chirurgica	15	25.0
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



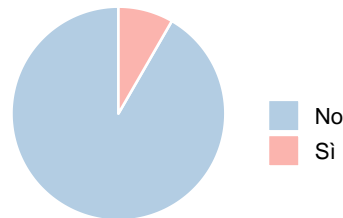
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	41	68.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	19	31.7
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemic



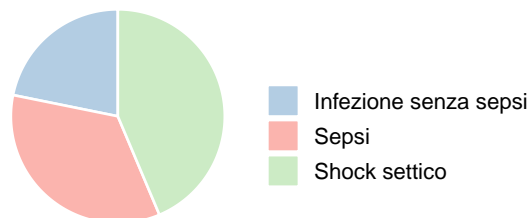
Batteriemic	N	%
No	48	80.0
Si	12	20.0
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	55	91.7
Si	5	8.3
Missing	0	0

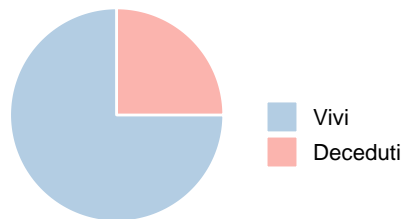
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	12	21.8
Sepsi	19	34.5
Shock settico	24	43.6
Missing	0	0

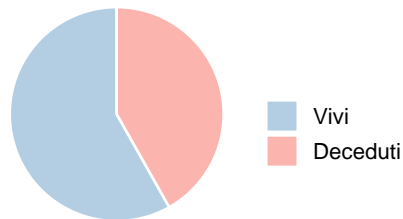
* Statistiche calcolate su 55 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 5).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	45	75.0
Deceduti	15	25.0
Missing	0	0

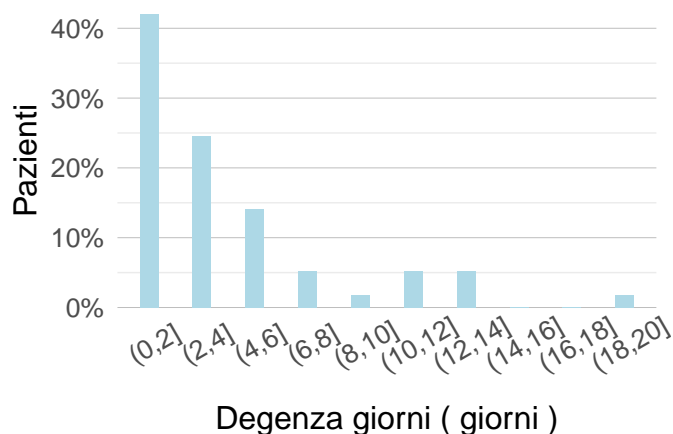
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	32	58.2
Deceduti	23	41.8
Missing	1	0

* Statistiche calcolate su 56 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (18.5)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-6)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.9 (24.6)
Mediana (Q1-Q3)	19 (9-31.5)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 56 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

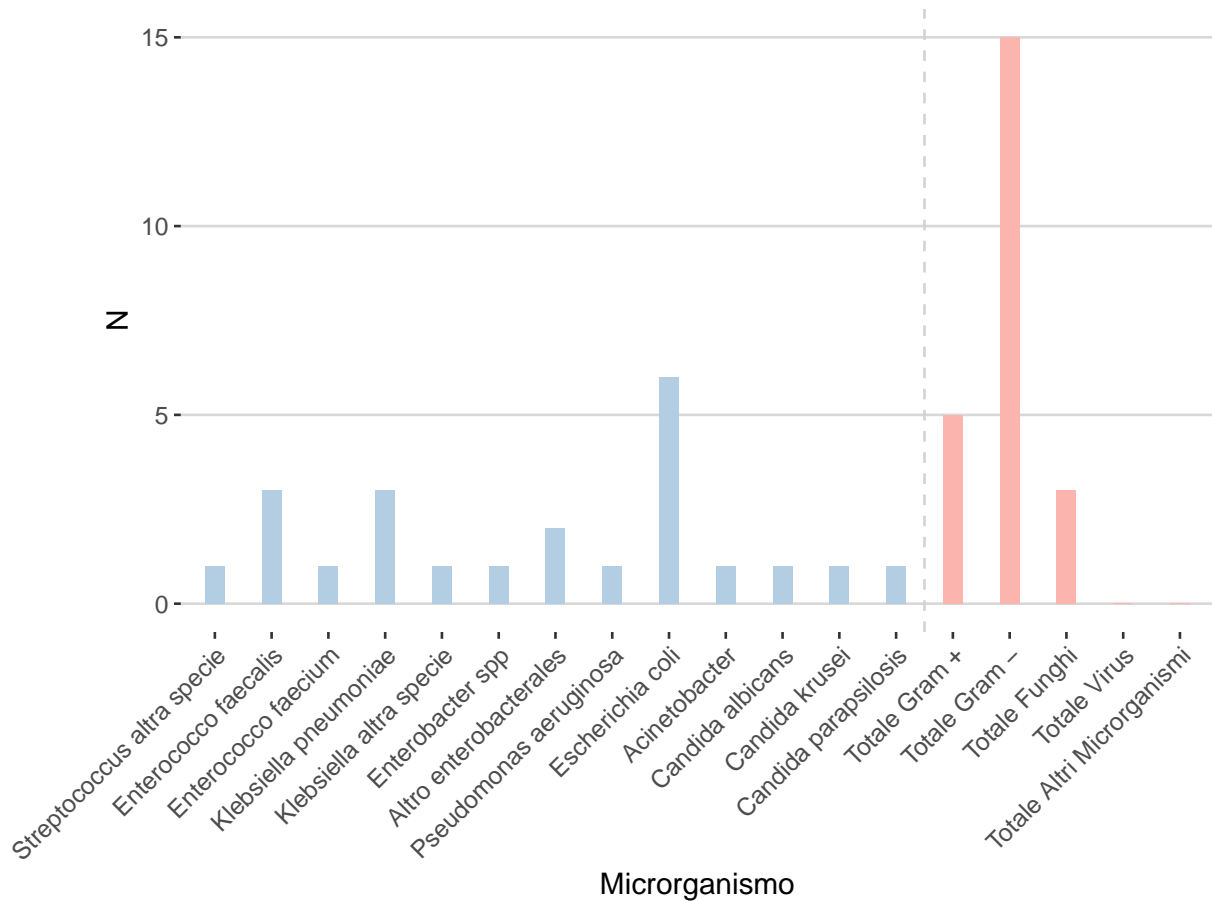
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	42	70.0
Sì	18	30.0
Missing	0	
Totale infezioni	60	
Totale microrganismi isolati	23	

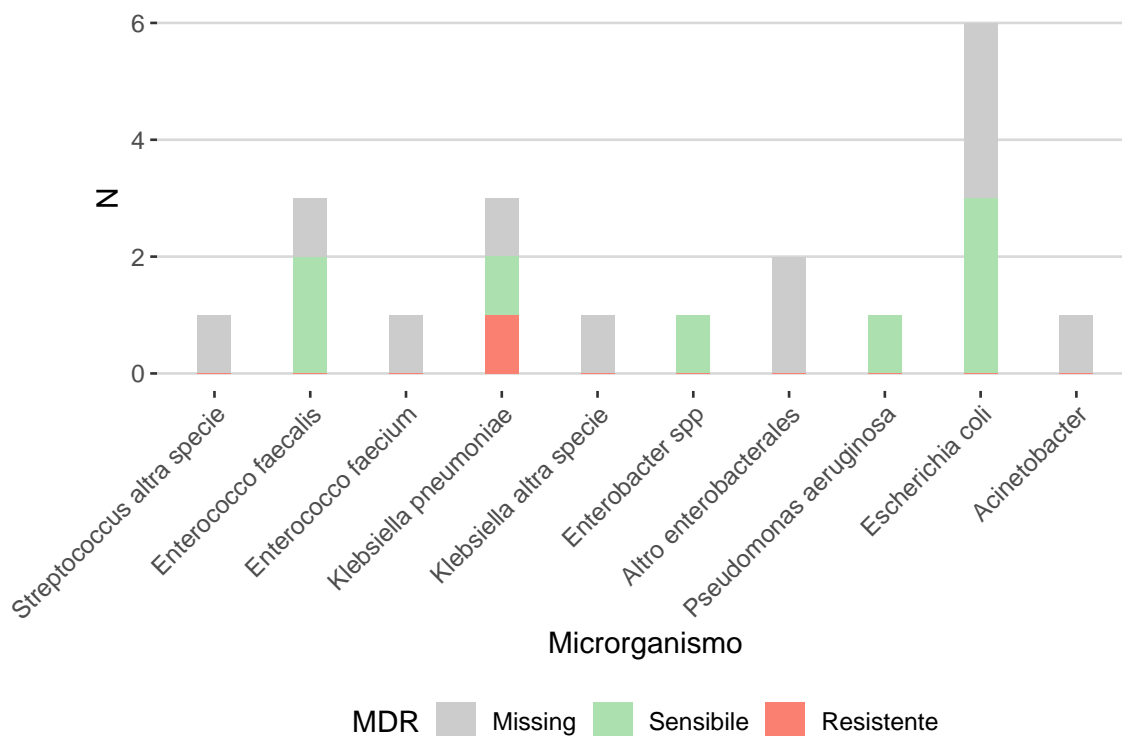
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Streptococcus altra specie	1	5.6	0	0	0
Enterococco faecalis	3	16.7	2	0	0
Enterococco faecium	1	5.6	0	0	0
Totale Gram +	5	27.8	2	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	16.7	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	5.6	0	0	0
Enterobacter spp	1	5.6	1	0	0
Altro enterobacterales	2	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	5.6	1	0	0
Escherichia coli	6	33.3	3	0	0
Acinetobacter	1	5.6	0	0	0
Totale Gram -	15	83.3	7	1	14.3
Candida albicans	1	5.6	0	0	0
Candida krusei	1	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5.6	0	0	0
Totale Funghi	3	16.7	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
Streptococcus altra specie	1	5.6	0	0	0
Enterococco faecalis	3	16.7	2	0	0
Enterococco faecium	1	5.6	0	0	0
Totale Gram +	5	27.8	2	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	16.7	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	5.6	0	0	0
Enterobacter spp	1	5.6	1	0	0
Altro enterobacterales	2	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	5.6	1	0	0
Escherichia coli	6	33.3	3	0	0
Acinetobacter	1	5.6	0	0	0
Totale Gram -	15	83.3	7	1	14.3
Candida albicans	1	5.6	0	0	0
Candida krusei	1	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5.6	0	0	0
Totale Funghi	3	16.7	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 pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, 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.

6.10.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

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

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

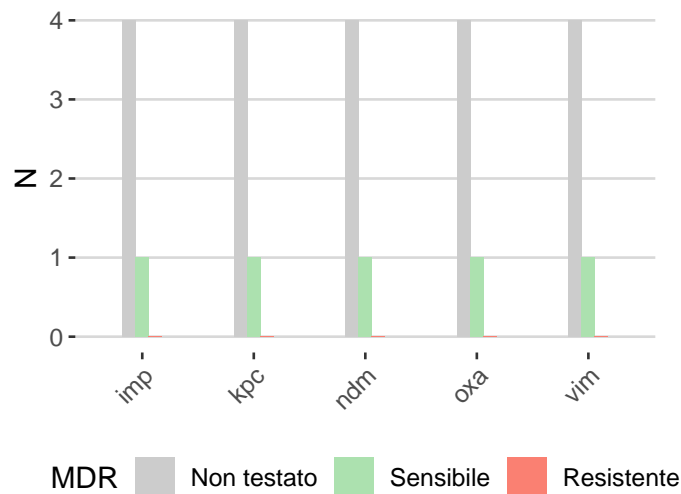
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50

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

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

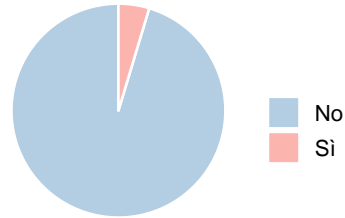
	N	%
Sì	0	0
No	1	20
Non testato	4	80
Missing	7	

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



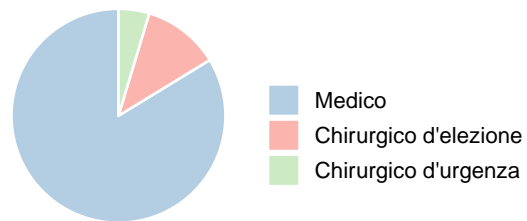
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 43)

7.1 Trauma



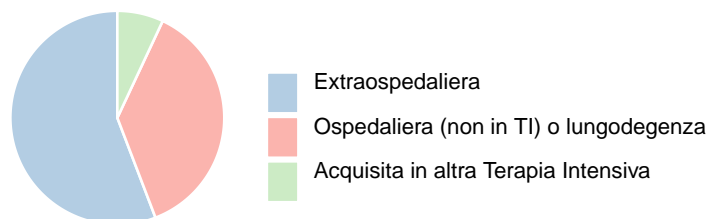
Trauma	N	%
No	41	95.3
Si	2	4.7
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	36	83.7
Chirurgico d'elezione	5	11.6
Chirurgico d'urgenza	2	4.7
Missing	0	0

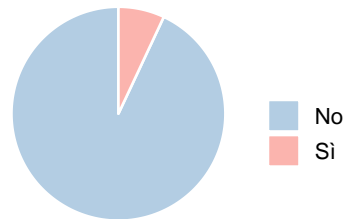
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	36	83.7
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	5	11.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	2	4.7
Missing	0	0

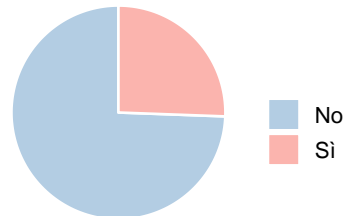
Extraospedaliera	24	55.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	16	37.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	3	7.0
Missing	0	0

7.4 Infezione batteriemicca



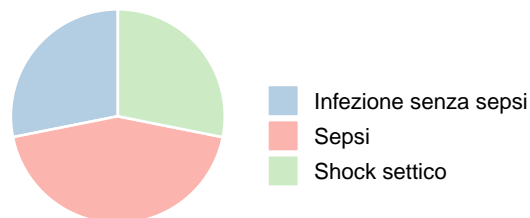
Batteriemicca	N	%
No	40	93.0
Sì	3	7.0
Missing	0	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	32	74.4
Sì	11	25.6
Missing	0	0

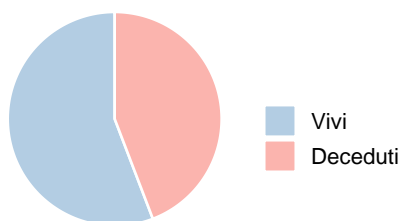
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	9	28.1
Sepsi	14	43.8
Shock settico	9	28.1
Missing	0	0

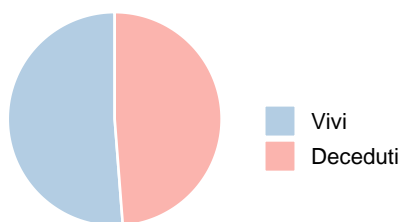
* Statistiche calcolate su 32 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 11).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	24	55.8
Deceduti	19	44.2
Missing	0	0

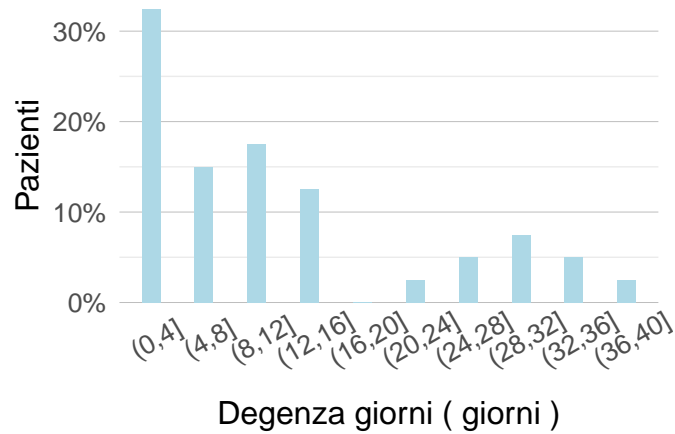
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	21	51.2
Deceduti	20	48.8
Missing	1	0

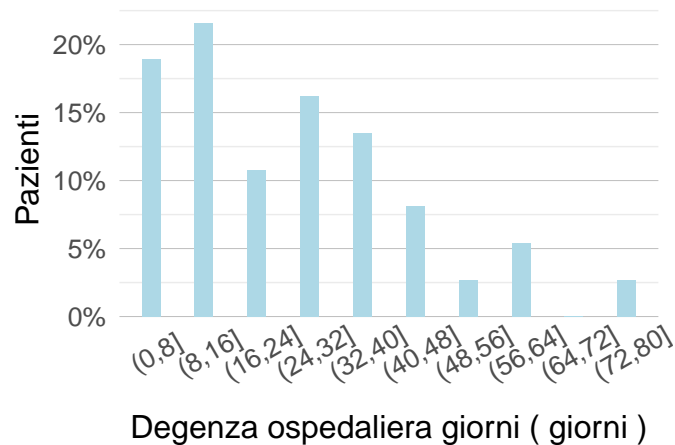
* Statistiche calcolate su 42 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	18.8 (29.3)
Mediana (Q1-Q3)	10 (4-23)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.4 (33.3)
Mediana (Q1-Q3)	25 (12-38)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 42 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

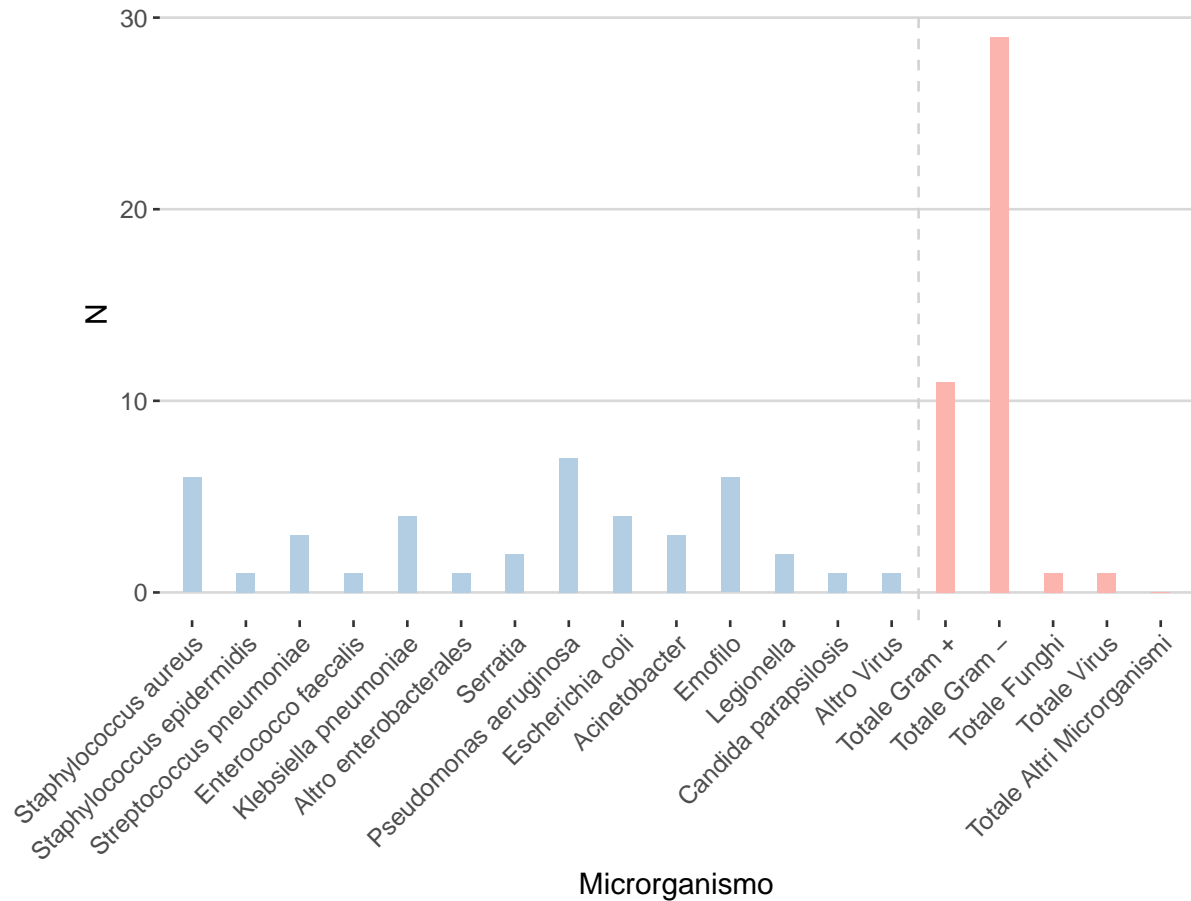
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	14.0
Sì	37	86.0
Missing	0	
Totale infezioni	43	
Totale microrganismi isolati	47	

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.

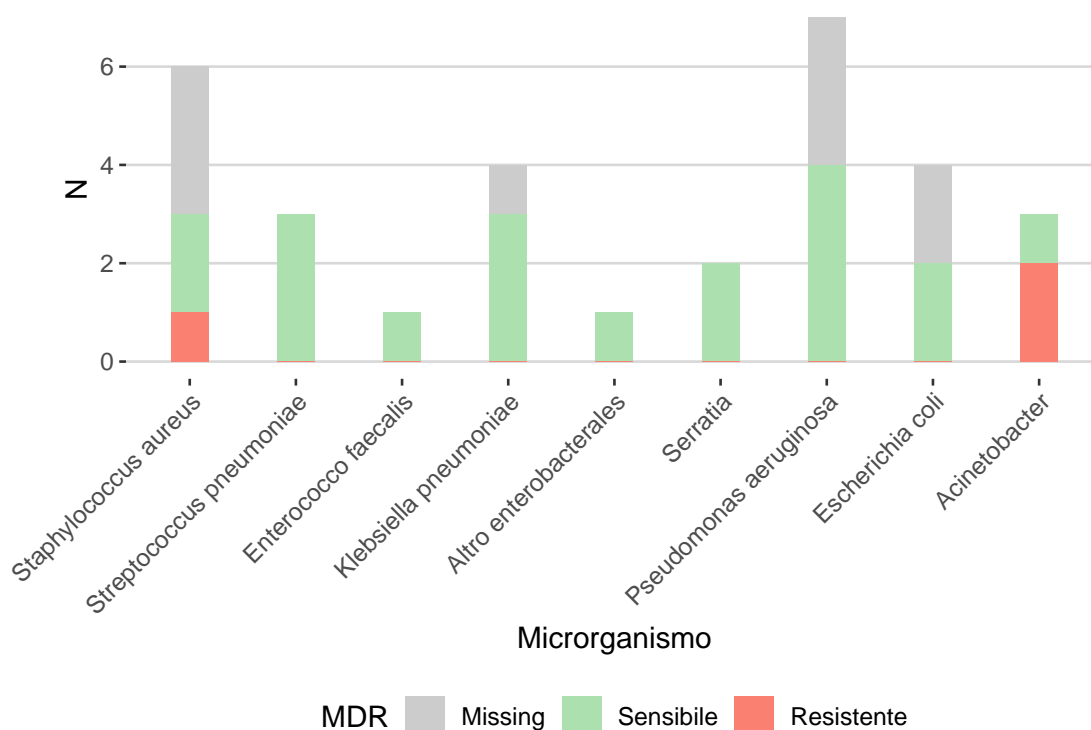
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	16.2	3	1	33.3
Staphylococcus epidermidis	1	2.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	8.1	3	0	0
Enterococco faecalis	1	2.7	1	0	0
Totale Gram +	11	29.7	7	1	14.3
Klebsiella pneumoniae	4	10.8	3	0	0
Altro enterobacterales	1	2.7	1	0	0
Serratia	2	5.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	18.9	4	0	0
Escherichia coli	4	10.8	2	0	0
Acinetobacter	3	8.1	3	2	66.7
Emofilo	6	16.2	0	0	0
Legionella	2	5.4	0	0	0
Totale Gram -	29	78.4	15	2	13.3
Candida parapsilosis	1	2.7	0	0	0
Totale Funghi	1	2.7	0	0	0
Altro Virus	1	2.7			
Totale Virus	1	2.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	16.2	3	1	33.3
Staphylococcus epidermidis	1	2.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	8.1	3	0	0
Enterococcus faecalis	1	2.7	1	0	0
Totale Gram +	11	29.7	7	1	14.3
Klebsiella pneumoniae	4	10.8	3	0	0
Altro enterobacterales	1	2.7	1	0	0
Serratia	2	5.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	18.9	4	0	0
Escherichia coli	4	10.8	2	0	0
Acinetobacter	3	8.1	3	2	66.7
Emofilo	6	16.2	0	0	0
Legionella	2	5.4	0	0	0
Totale Gram -	29	78.4	15	2	13.3
Candida parapsilosis	1	2.7	0	0	0
Totale Funghi	1	2.7	0	0	0
Altro Virus	1	2.7	0	0	0
Totale Virus	1	2.7	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*, *Enterococco faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus CoNS* altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Enterobacter* spp, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Klebsiella* altra specie, *Pseudomonas* altra specie, *Proteus*, *Providencia*, *Candida albicans*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Funghi* altra specie, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza* tipo non specificato, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

7.11.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

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

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

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

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

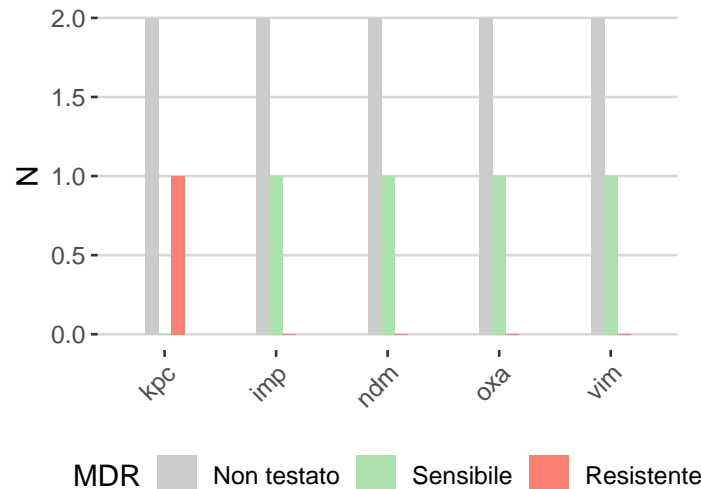
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	1	33.33

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	1	33.33
No	0	0
Non testato	2	66.67
Missing	8	

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



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

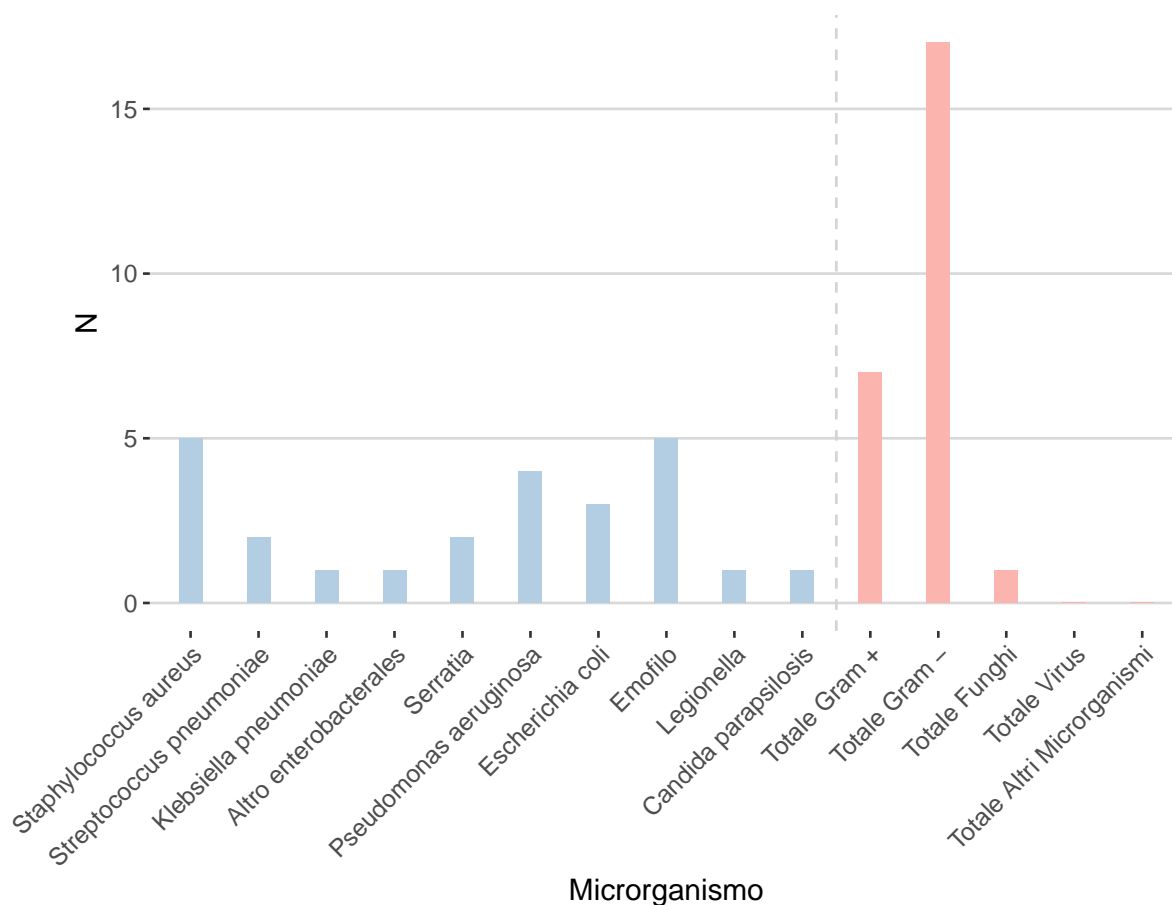
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati

	N	%
No	5	18.5
Sì	22	81.5
Missing	0	
Totale infezioni	27	
Totale microrganismi isolati	29	

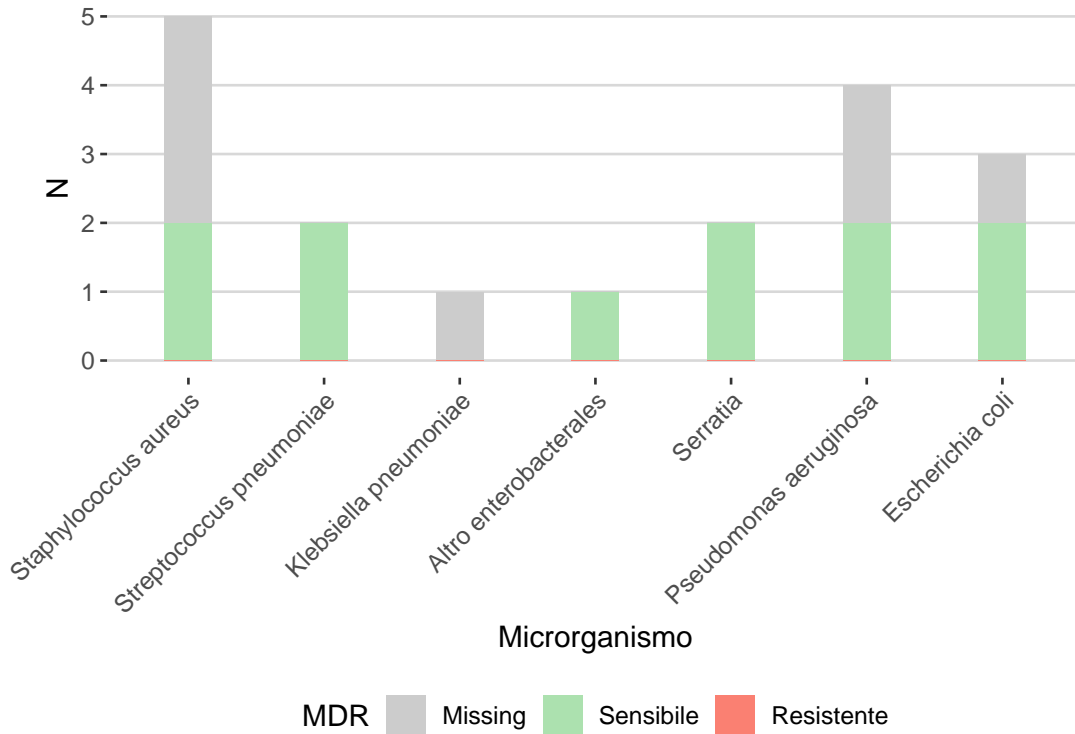
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	22.7	2	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	9.1	2	0	0
Totale Gram +	7	31.8	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4.5	0	0	0
Altro enterobacterales	1	4.5	1	0	0
Serratia	2	9.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	18.2	2	0	0
Escherichia coli	3	13.6	2	0	0
Emofilo	5	22.7	0	0	0
Legionella	1	4.5	0	0	0
Totale Gram -	17	77.3	7	0	0
Candida parapsilosis	1	4.5	0	0	0
Totale Funghi	1	4.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	22.7	2	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	9.1	2	0	0
Totale Gram +	7	31.8	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4.5	0	0	0
Altro enterobacterales	1	4.5	1	0	0
Serratia	2	9.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	18.2	2	0	0
Escherichia coli	3	13.6	2	0	0
Emofilo	5	22.7	0	0	0
Legionella	1	4.5	0	0	0
Totale Gram -	17	77.3	7	0	0
Candida parapsilosis	1	4.5	0	0	0
Totale Funghi	1	4.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

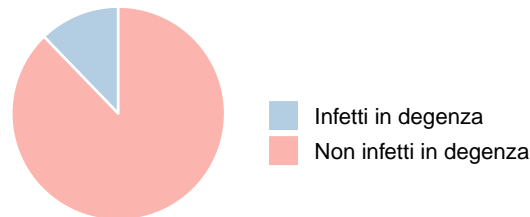
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA

I pazienti infetti in degenza comprendono tutti i pazienti che contraggono un'infezione durante la loro degenza a prescindere dal fatto che siano infetti all'ammissione o meno.

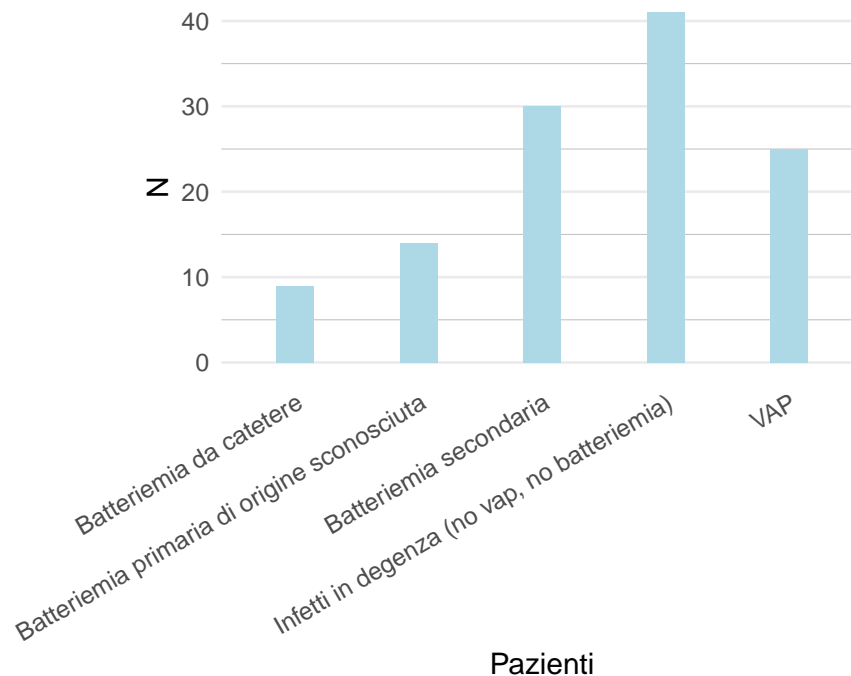
Sono presenti 108 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 12.2% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	108	12.2
Non infetti in degenza	775	87.8

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 883).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



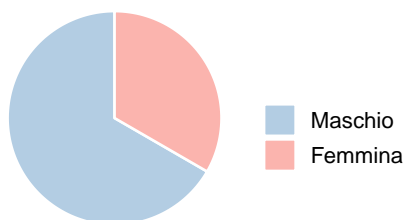
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	41	38.0
VAP	25	23.1

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	14	13.0
Batteriemia da catetere	9	8.3
Batteriemia secondaria	30	27.8

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 108)

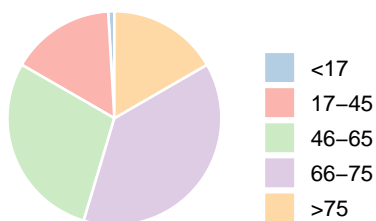
8 Pazienti infetti in degenza (N = 108)

8.1 Sesso



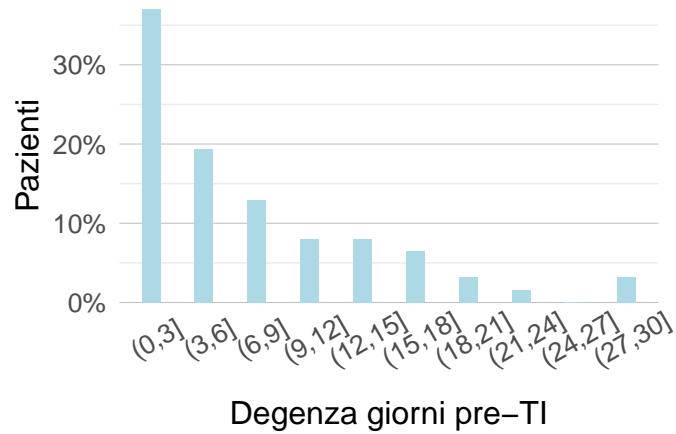
Sesso	N	%
Maschio	72	66.7
Femmina	36	33.3
Missing	0	0

8.2 Età



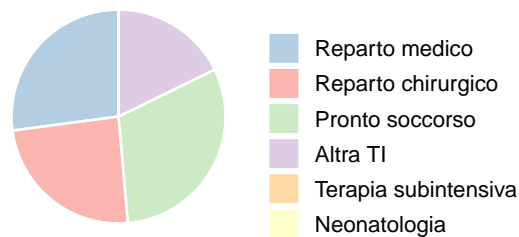
Range età	N	%
<17	1	0.9
17-45	17	15.7
46-65	31	28.7
66-75	41	38.0
>75	18	16.7
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



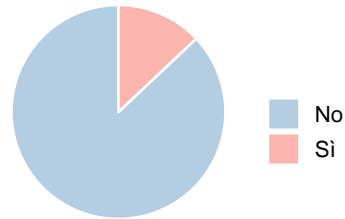
Indicatore	Valore
Media	6.5
DS	10.0
Mediana	2
Q1-Q3	0-9
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



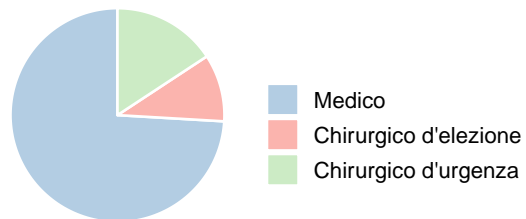
Provenienza	N	%
Reparto medico	29	27.1
Reparto chirurgico	26	24.3
Pronto soccorso	33	30.8
Altra TI	19	17.8
Terapia subintensiva	0	0.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

8.5 Trauma



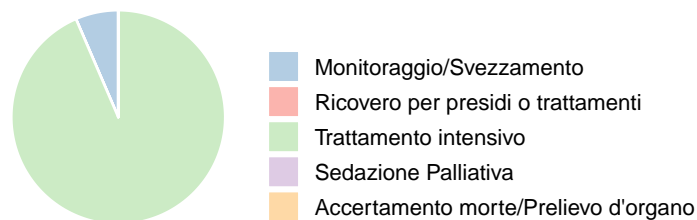
Trauma	N	%
No	94	87.0
Si	14	13.0
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	80	74.1
Chirurgico d'elezione	11	10.2
Chirurgico d'urgenza	17	15.7
Missing	0	0

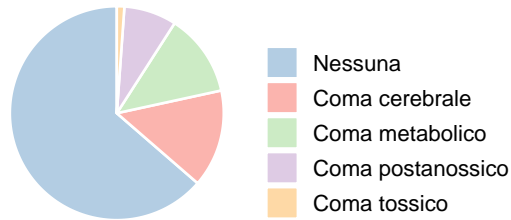
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	7	6.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

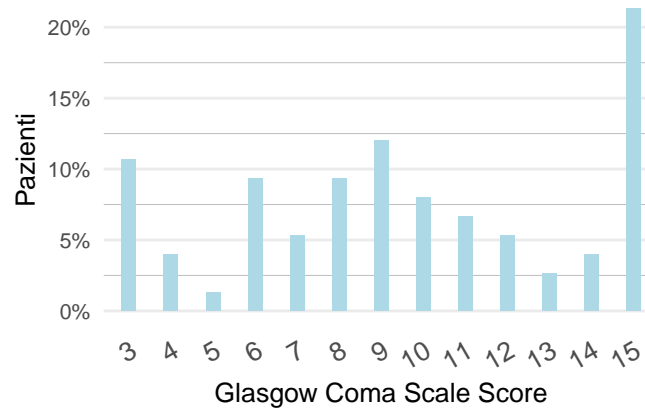
Trattamento intensivo	101	93.5
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



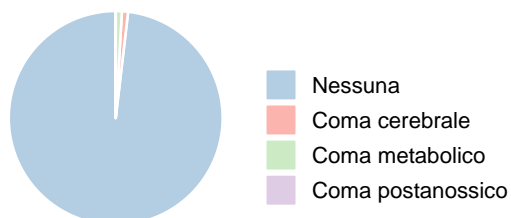
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	56	63.6
Coma cerebrale	13	14.8
Coma metabolico	11	12.5
Coma postanossico	7	8.0
Coma tossico	1	1.1
Missing	20	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



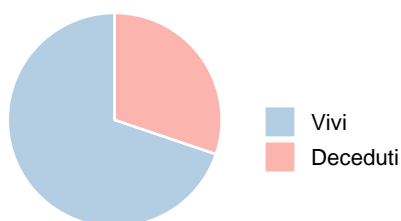
Indicatore	Valore
Media	7.6
DS	4.0
Mediana	7
Q1-Q3	4.5-11.5

8.10 Insufficienza neurologica insorta



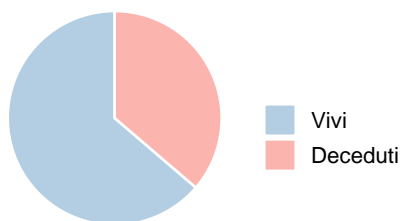
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	106	98.1
Coma cerebrale	1	0.9
Coma metabolico	1	0.9
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	0.0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	74	69.8
Deceduti	32	30.2
Missing	2	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

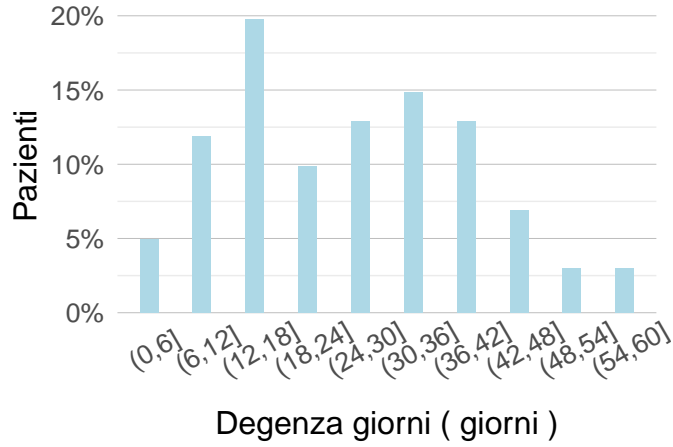


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	65	63.7

Deceduti	37	36.3
Missing	1	0

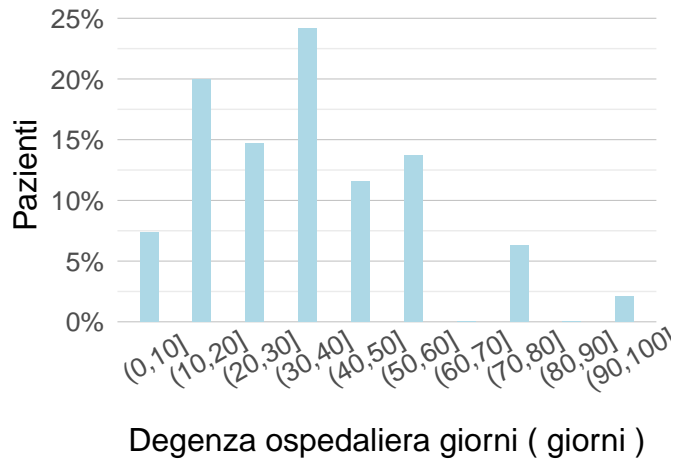
* Statistiche calcolate su 103 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.2 (24.9)
Mediana (Q1-Q3)	29 (15-37)
Missing	1

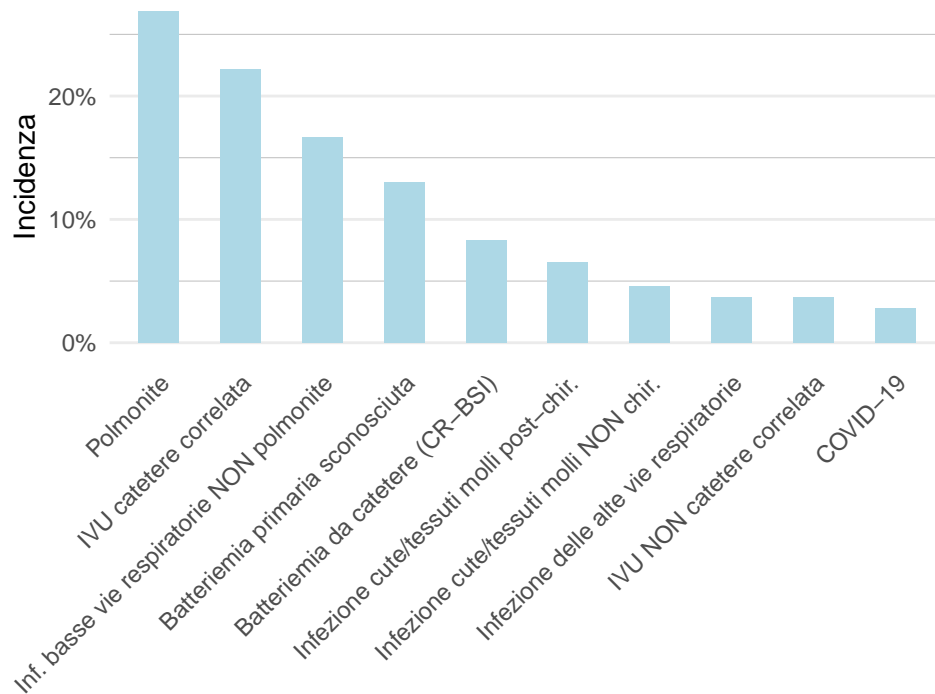
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.3 (29.7)
Mediana (Q1-Q3)	35 (20-51)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 103 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

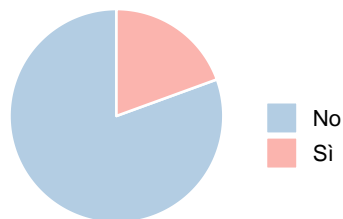
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	29	26.9
IVU catetere correlata	24	22.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	18	16.7
Batteriemia primaria sconosciuta	14	13.0
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	9	8.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	7	6.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	5	4.6
Infezione delle alte vie respiratorie	4	3.7
IVU NON catetere correlata	4	3.7
COVID-19	3	2.8
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



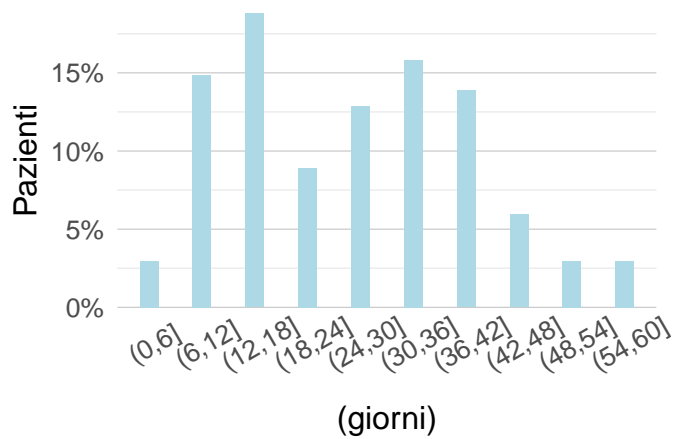
Infezione multisito	N	%
No	87	80.6
Sì	21	19.4
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	130
Numero totale di microrganismi isolati	147

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	31.3
DS	25.0
Mediana	28
Q1-Q3	15-37
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	0.0	0.0 %
CI (95%)	0.0 - 0.5	0.0 - 0.4

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

Il primo:

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

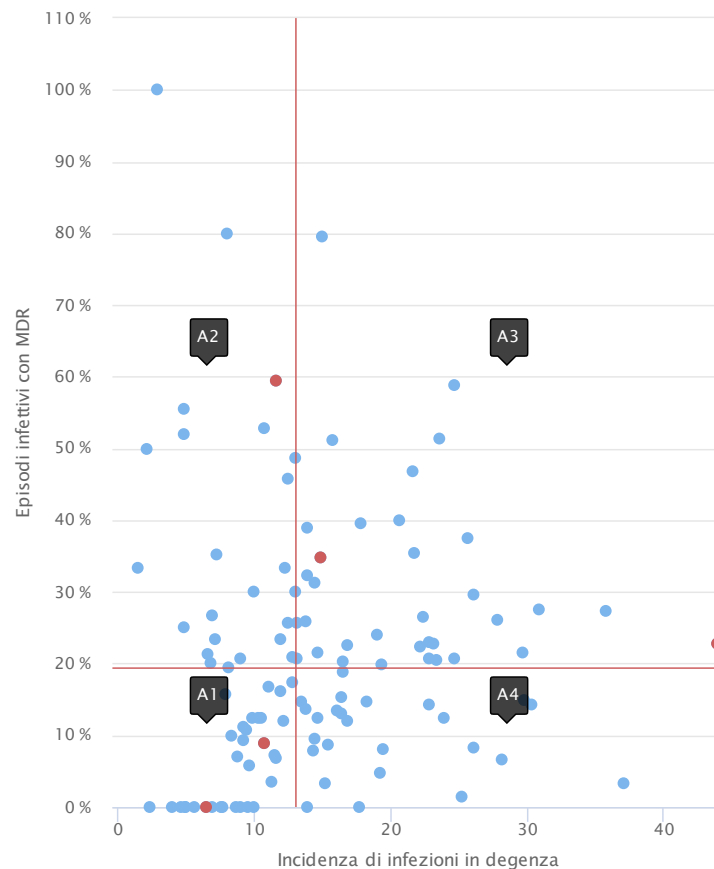
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

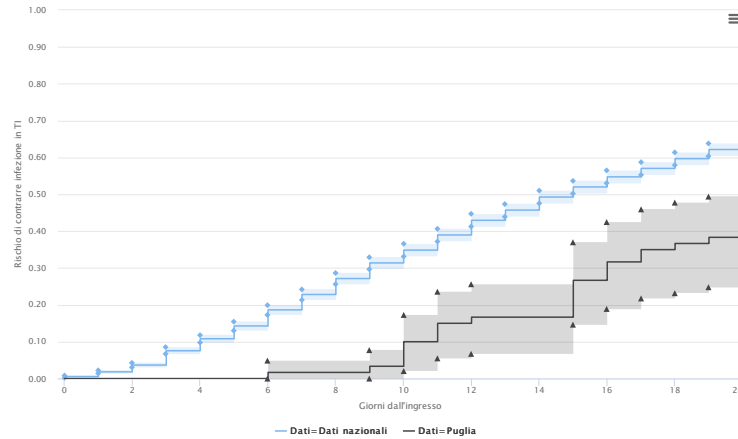
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

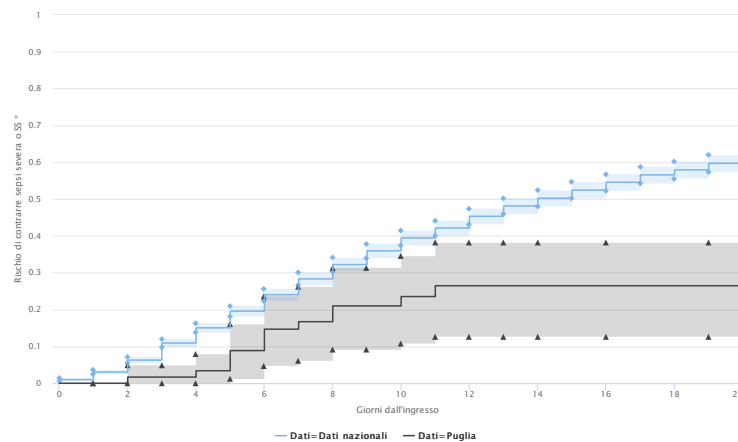


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

Rischio di contrarre infezione in TI



di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



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

Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 80% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

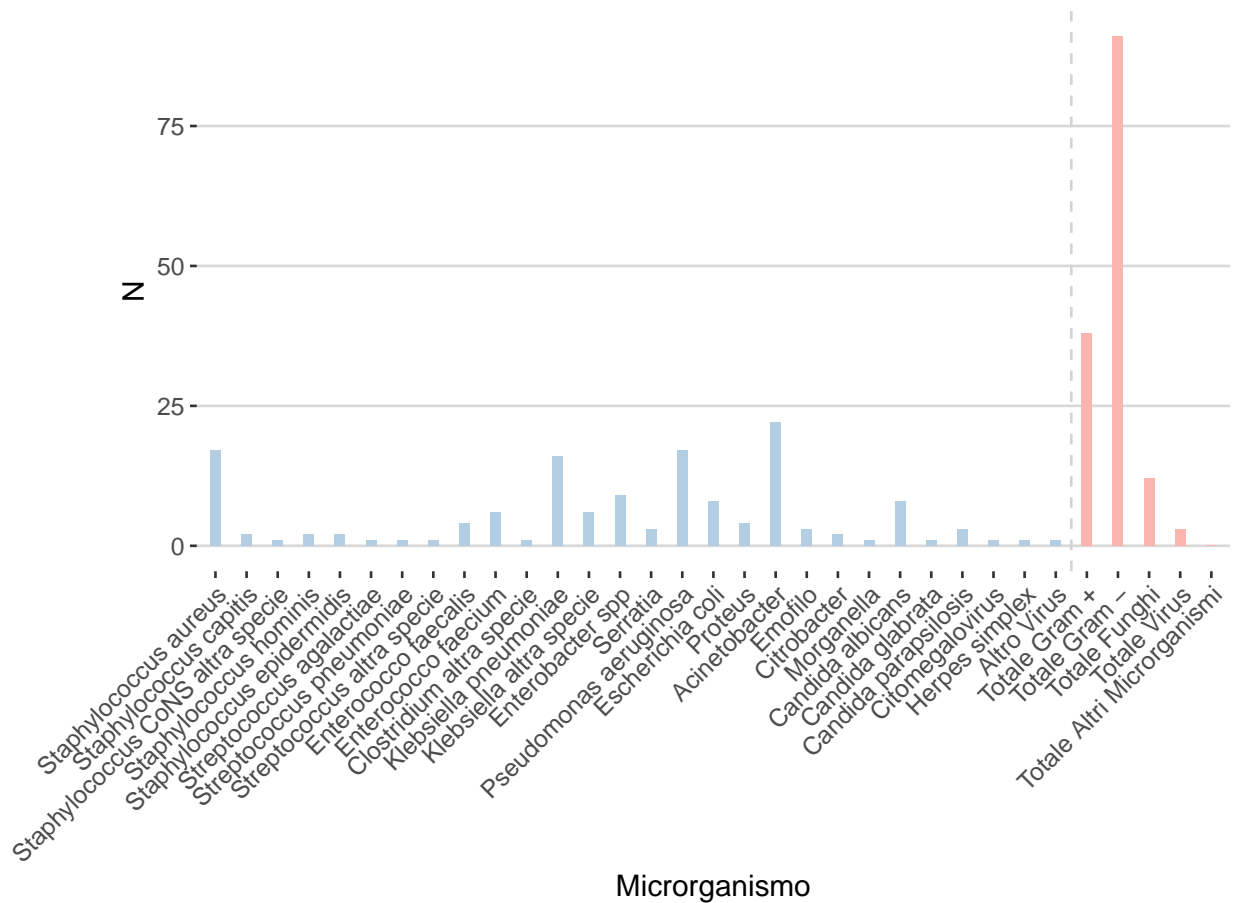
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	4.7
Sì	122	95.3
Missing	2	

Totale infezioni	130
Totale microrganismi isolati	147

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.

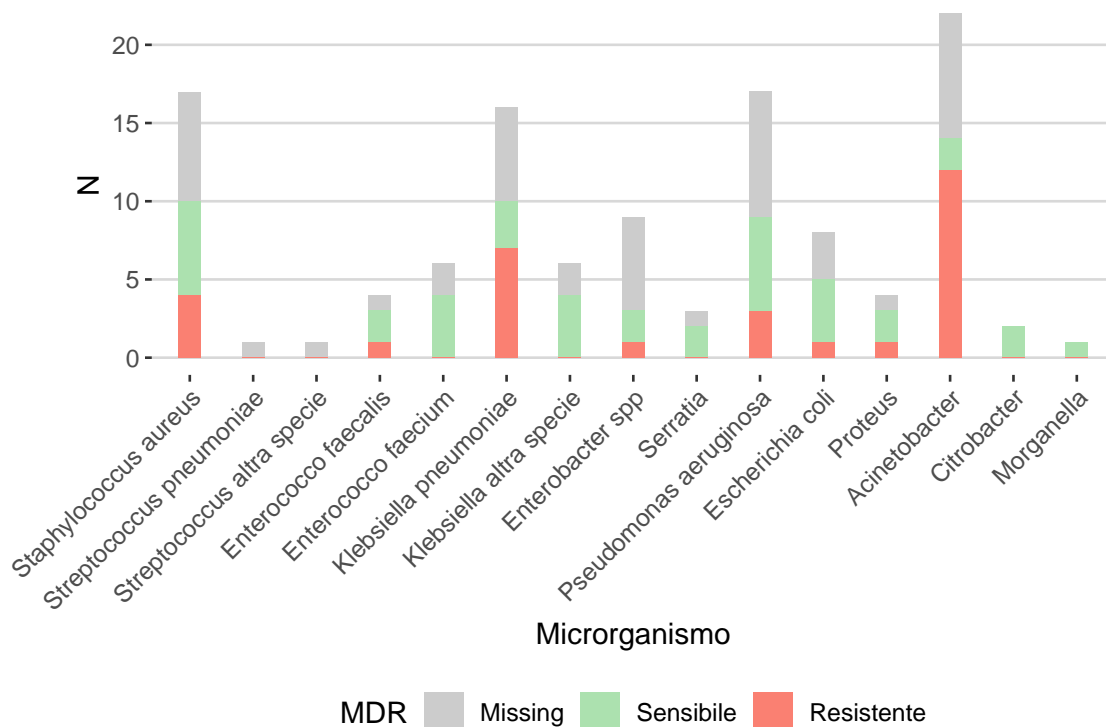
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	17	13.9	10	4	40
Staphylococcus capitis	2	1.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	1.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.8	0	0	0
Enterococco faecalis	4	3.3	3	1	33.3
Enterococco faecium	6	4.9	4	0	0
Clostridium altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Gram +	38	31.1	17	5	29.4
Klebsiella pneumoniae	16	13.1	10	7	70
Klebsiella altra specie	6	4.9	4	0	0
Enterobacter spp	9	7.4	3	1	33.3
Serratia	3	2.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	13.9	9	3	33.3
Escherichia coli	8	6.6	5	1	20
Proteus	4	3.3	3	1	33.3
Acinetobacter	22	18.0	14	12	85.7
Emofilo	3	2.5	0	0	0
Citrobacter	2	1.6	2	0	0
Morganella	1	0.8	1	0	0
Totale Gram -	91	74.6	53	25	47.2
Candida albicans	8	6.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.8	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.5	0	0	0
Totale Funghi	12	9.8	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.8			
Herpes simplex	1	0.8			
Altro Virus	1	0.8			
Totale Virus	3	2.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	17	13.9	10	4	40
Staphylococcus capitis	2	1.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	1.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.8	0	0	0
Enterococcus faecalis	4	3.3	3	1	33.3
Enterococcus faecium	6	4.9	4	0	0
Clostridium altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Gram +	38	31.1	17	5	29.4
Klebsiella pneumoniae	16	13.1	10	7	70
Klebsiella altra specie	6	4.9	4	0	0
Enterobacter spp	9	7.4	3	1	33.3
Serratia	3	2.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	13.9	9	3	33.3
Escherichia coli	8	6.6	5	1	20
Proteus	4	3.3	3	1	33.3
Acinetobacter	22	18.0	14	12	85.7
Emofilo	3	2.5	0	0	0
Citrobacter	2	1.6	2	0	0

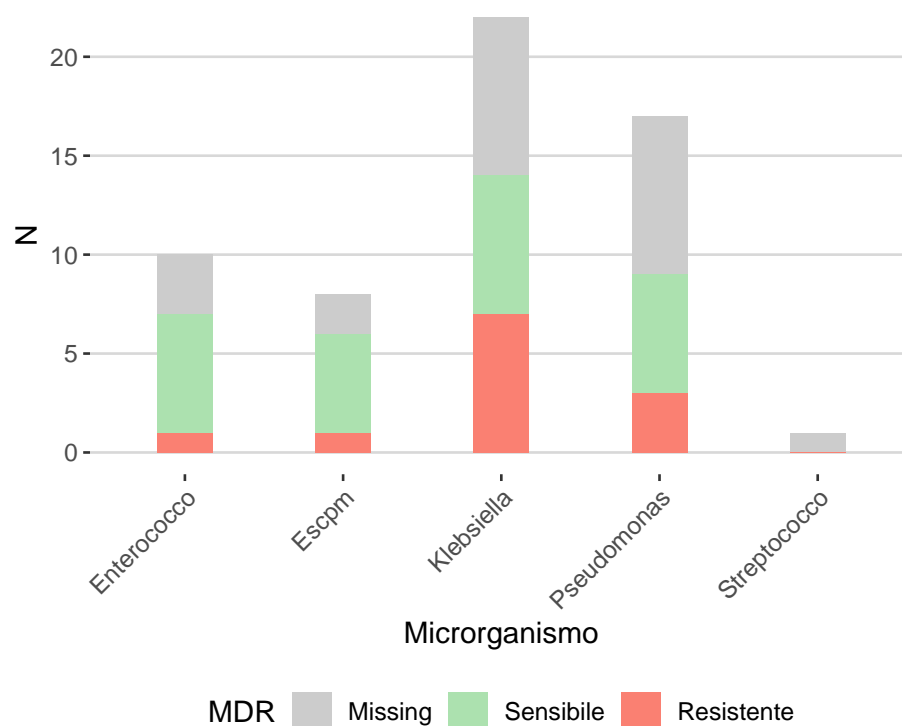
Morganella	1	0.8	1	0	0
Totale Gram -	91	74.6	53	25	47.2
Candida albicans	8	6.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.8	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.5	0	0	0
Totale Funghi	12	9.8	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.8			
Herpes simplex	1	0.8			
Altro Virus	1	0.8			
Totale Virus	3	2.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium difficile, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, 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
Enterococco	10	7	6	1	14.29	3
Escpm	8	6	5	1	16.67	2
Klebsiella	22	14	7	7	50.00	8
Pseudomonas	17	9	6	3	33.33	8
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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	10	Ertapenem	5	50.00
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	7	70.00

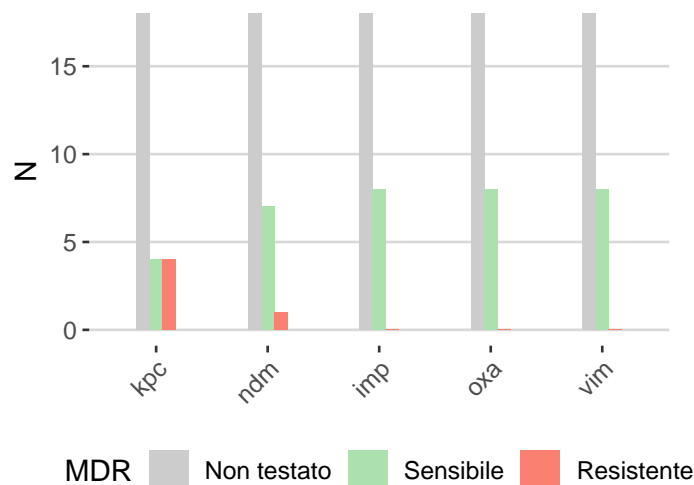
Enterobacter spp	3	Meropenem	1	33.33
Escherichia coli	4	Ertapenem	1	25.00
Escherichia coli	5	Meropenem	1	20.00
Proteus	3	Meropenem	1	33.33
Acinetobacter	14	Imipenem	10	71.43
Acinetobacter	14	Meropenem	12	85.71
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	2	22.22
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	2	22.22
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	4	40.00
Enterococco faecalis	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	4	17.39
No	2	8.7
Non testato	17	73.91
Missing	27	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	8	18
kpc	4	80	4	18
ndm	1	20	7	18
oxa	0	0	8	18
vim	0	0	8	18



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 47)

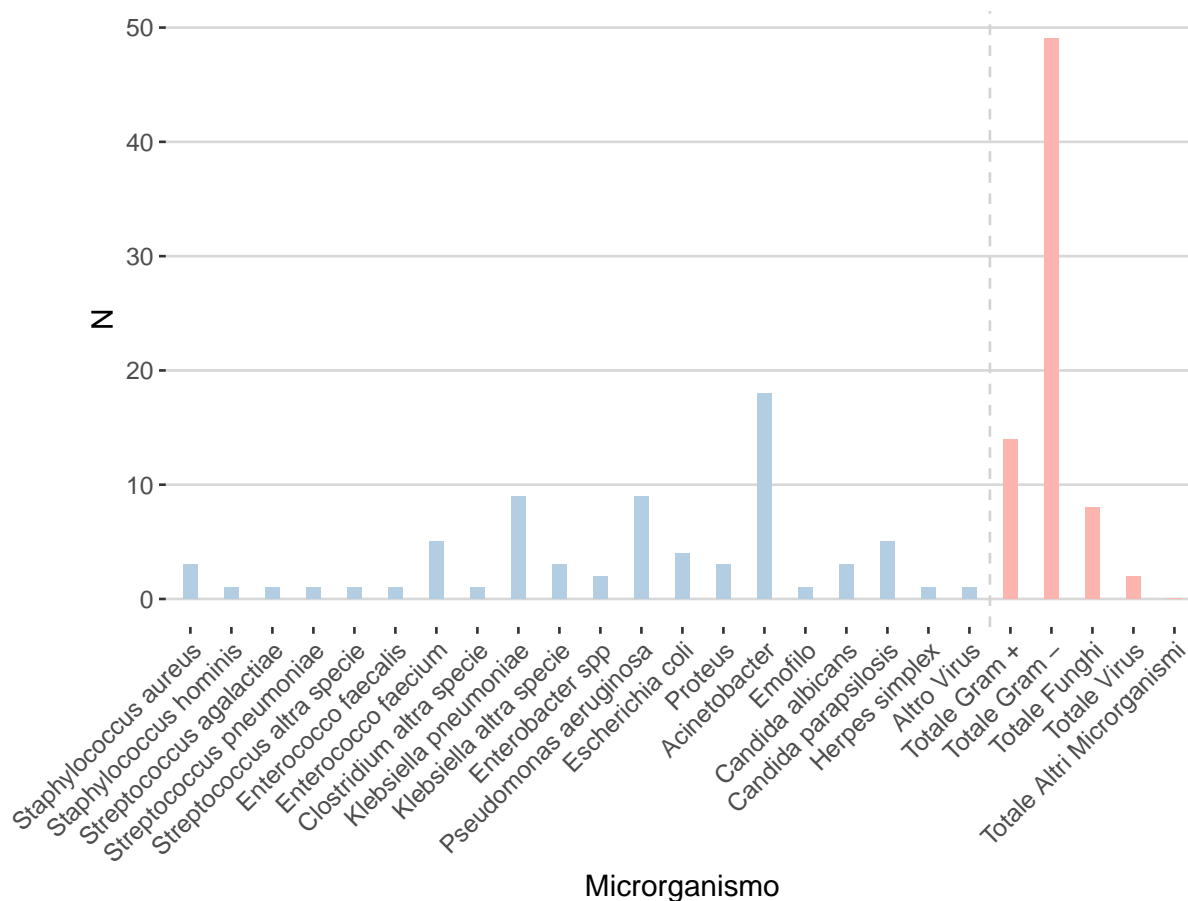
9.1 Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	11	9.0
Sì	111	91.0
Missing	0	
Totale infezioni	122	
Totale microrganismi isolati	127	

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.

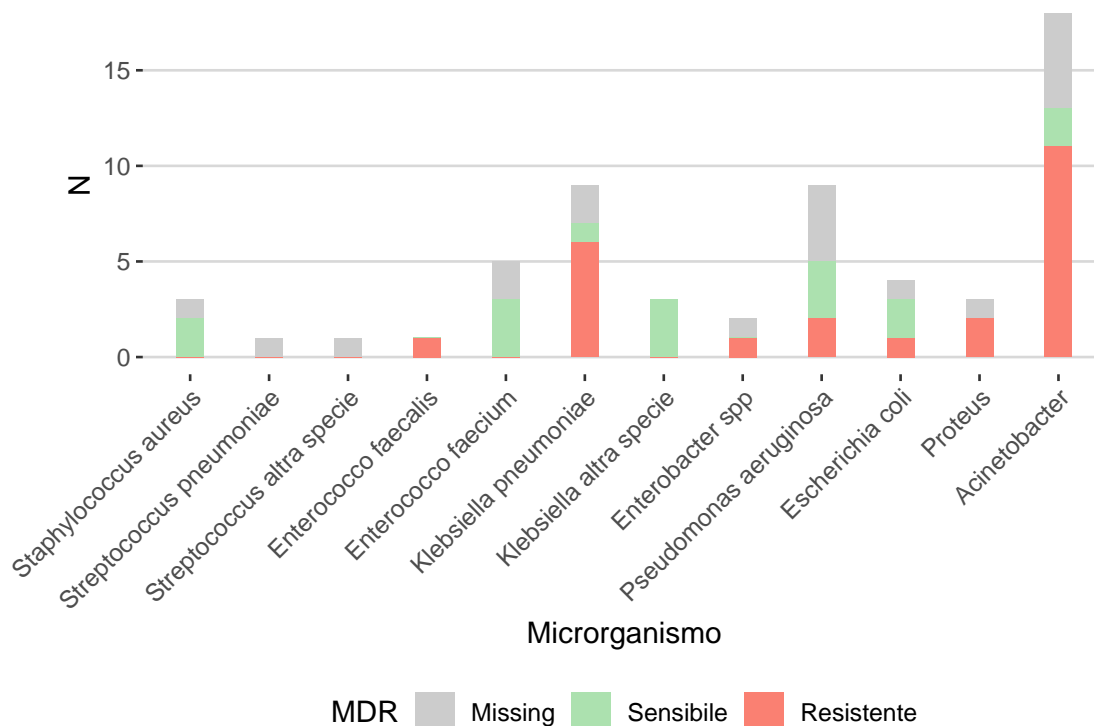
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	5.4	2	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.8	0	0	0
Enterococco faecalis	1	1.8	1	1	100
Enterococco faecium	5	8.9	3	0	0
Clostridium altra specie	1	1.8	0	0	0
Totale Gram +	14	25.0	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	9	16.1	7	6	85.7
Klebsiella altra specie	3	5.4	3	0	0
Enterobacter spp	2	3.6	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	9	16.1	5	2	40
Escherichia coli	4	7.1	3	1	33.3
Proteus	3	5.4	2	2	100
Acinetobacter	18	32.1	13	11	84.6
Emofilo	1	1.8	0	0	0
Totale Gram -	49	87.5	34	23	67.6
Candida albicans	3	5.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	8.9	0	0	0
Totale Funghi	8	14.3	0	0	0
Herpes simplex	1	1.8			
Altro Virus	1	1.8			
Totale Virus	2	3.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	5.4	2	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.8	0	0	0
Enterococco faecalis	1	1.8	1	1	100
Enterococco faecium	5	8.9	3	0	0
Clostridium altra specie	1	1.8	0	0	0
Totale Gram +	14	25.0	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	9	16.1	7	6	85.7
Klebsiella altra specie	3	5.4	3	0	0
Enterobacter spp	2	3.6	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	9	16.1	5	2	40
Escherichia coli	4	7.1	3	1	33.3
Proteus	3	5.4	2	2	100
Acinetobacter	18	32.1	13	11	84.6
Emofilo	1	1.8	0	0	0
Totale Gram -	49	87.5	34	23	67.6
Candida albicans	3	5.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	8.9	0	0	0
Totale Funghi	8	14.3	0	0	0
Herpes simplex	1	1.8			

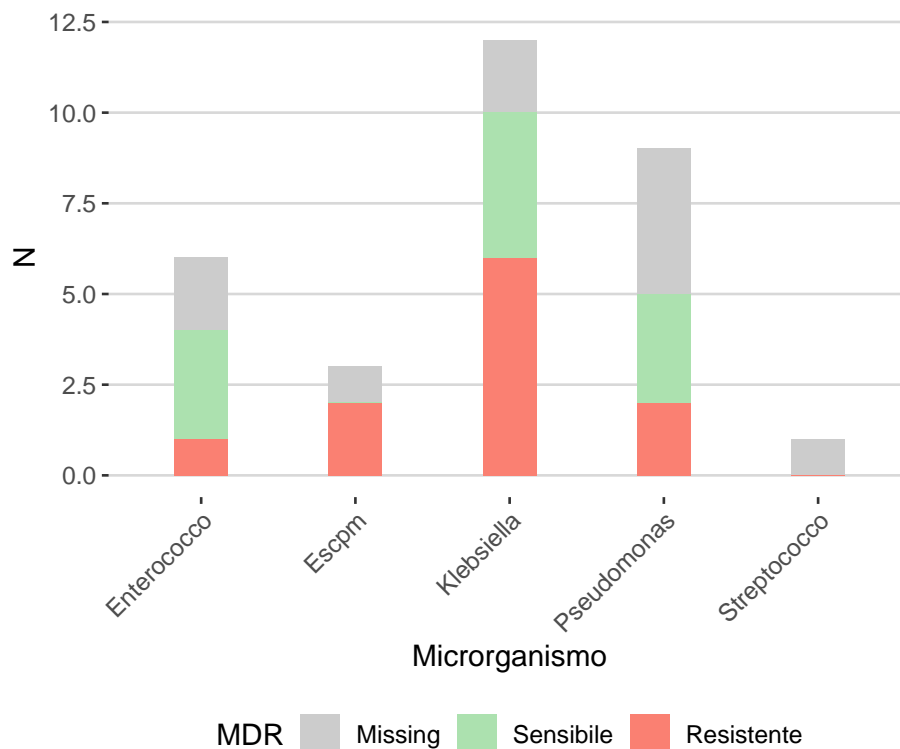
Altro Virus	1	1.8			
Totale Virus	2	3.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, 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
Enterococco	6	4	3	1	25	2
Escpm	3	2	0	2	100	1
Klebsiella	12	10	4	6	60	2
Pseudomonas	9	5	3	2	40	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	17	Ertapenem	11	64.71

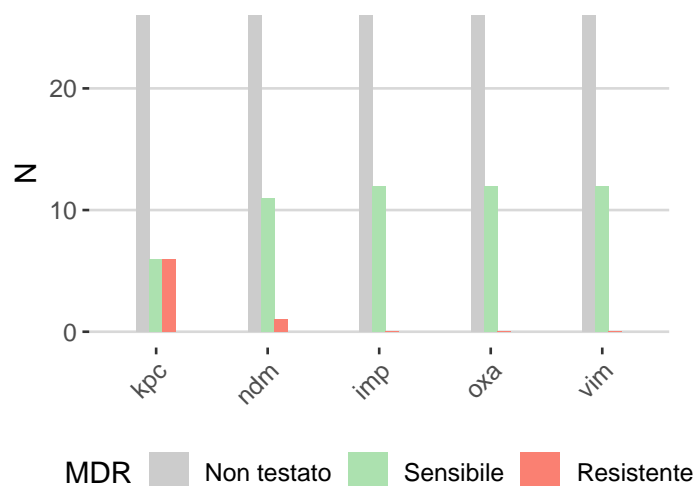
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	13	76.47
Enterobacter spp	2	Meropenem	1	50.00
Escherichia coli	5	Ertapenem	1	20.00
Escherichia coli	5	Meropenem	1	20.00
Proteus	2	Ertapenem	1	50.00
Proteus	2	Meropenem	2	100.00
Acinetobacter	14	Imipenem	11	78.57
Acinetobacter	14	Meropenem	12	85.71
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	4	40.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	4	40.00
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	1	25.00
Enterococco faecalis	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

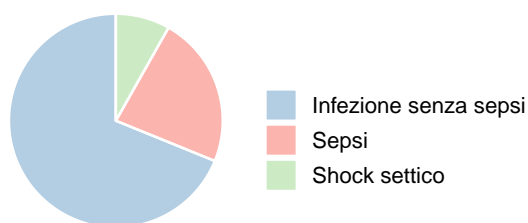
	N	%
Sì	5	15.15
No	3	9.09
Non testato	25	75.76
Missing	30	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	12	26
kpc	6	85.7	6	26
ndm	1	14.3	11	26
oxa	0	0.0	12	26
vim	0	0.0	12	26



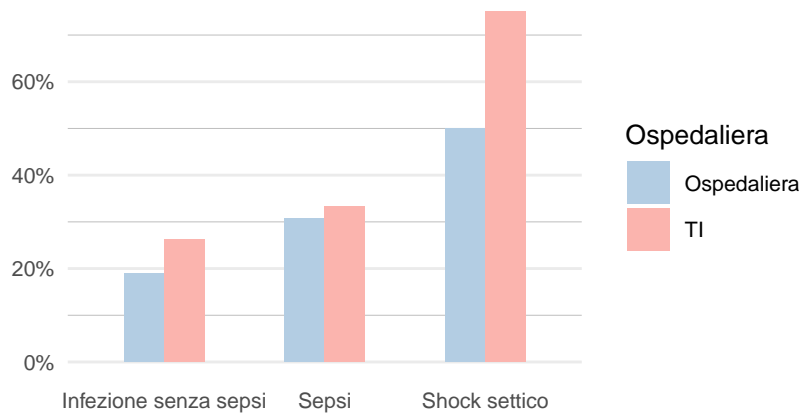
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 61)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	42	68.9
Sepsi	14	23.0
Shock settico	5	8.2
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	19.0	26.2
Sepsi	30.8	33.3
Shock settico	50.0	75.0

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

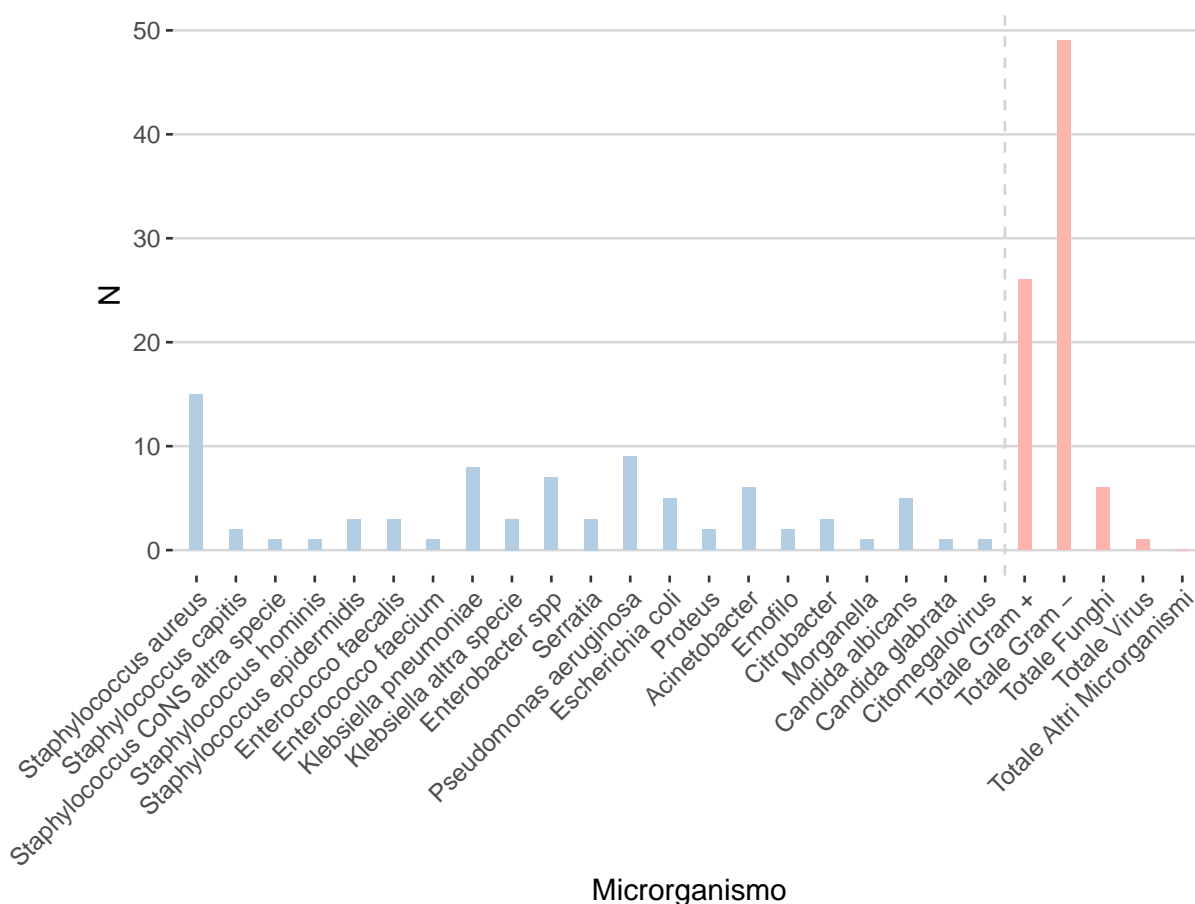
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4	5.3
Sì	71	94.7
Missing	2	
Totale infezioni	77	
Totale microrganismi isolati	84	

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	22.7	9	5	55.6
Staphylococcus capitis	2	3.0	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.5	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	4.5	0	0	0
Enterococco faecalis	3	4.5	2	0	0
Enterococco faecium	1	1.5	1	0	0
Totale Gram +	26	39.4	12	5	41.7
Klebsiella pneumoniae	8	12.1	4	2	50

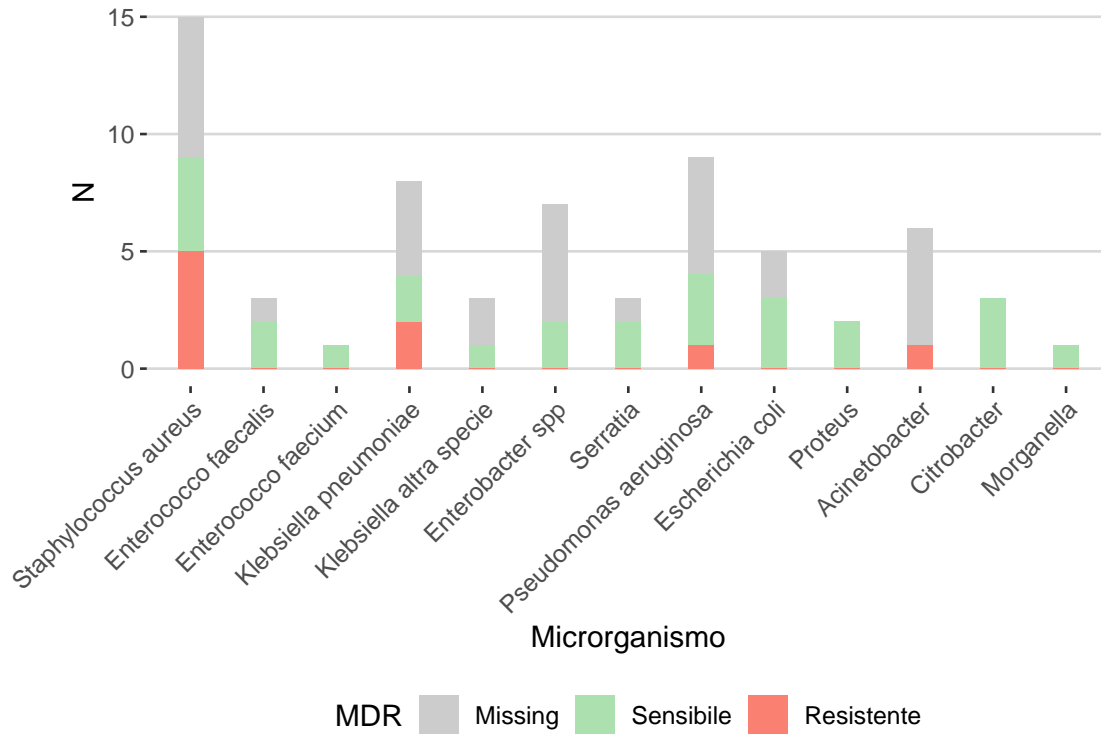
Klebsiella altra specie	3	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	7	10.6	2	0	0
Serratia	3	4.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	13.6	4	1	25
Escherichia coli	5	7.6	3	0	0
Proteus	2	3.0	2	0	0
Acinetobacter	6	9.1	1	1	100
Emofilo	2	3.0	0	0	0
Citrobacter	3	4.5	3	0	0
Morganella	1	1.5	1	0	0
Totale Gram -	49	74.2	23	4	17.4
Candida albicans	5	7.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.5	0	0	0
Totale Funghi	6	9.1	0	0	0
Citomegalovirus	1	1.5			
Totale Virus	1	1.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	22.7	9	5	55.6
Staphylococcus capitis	2	3.0	0	0	0

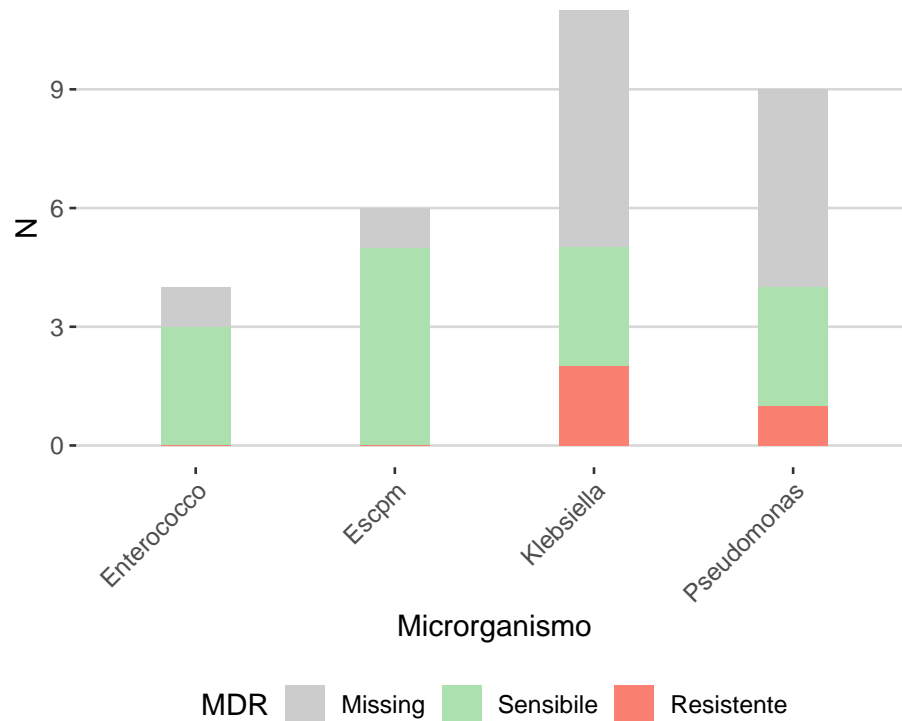
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.5	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	4.5	0	0	0
Enterococco faecalis	3	4.5	2	0	0
Enterococco faecium	1	1.5	1	0	0
Totale Gram +	26	39.4	12	5	41.7
Klebsiella pneumoniae	8	12.1	4	2	50
Klebsiella altra specie	3	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	7	10.6	2	0	0
Serratia	3	4.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	13.6	4	1	25
Escherichia coli	5	7.6	3	0	0
Proteus	2	3.0	2	0	0
Acinetobacter	6	9.1	1	1	100
Emofilo	2	3.0	0	0	0
Citrobacter	3	4.5	3	0	0
Morganella	1	1.5	1	0	0
Totale Gram -	49	74.2	23	4	17.4
Candida albicans	5	7.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.5	0	0	0
Totale Funghi	6	9.1	0	0	0
Citomegalovirus	1	1.5			
Totale Virus	1	1.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, 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	4	3	3	0	0	1
Escpm	6	5	5	0	0	1
Klebsiella	11	5	3	2	40	6
Pseudomonas	9	4	3	1	25	5

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	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	2	50.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00

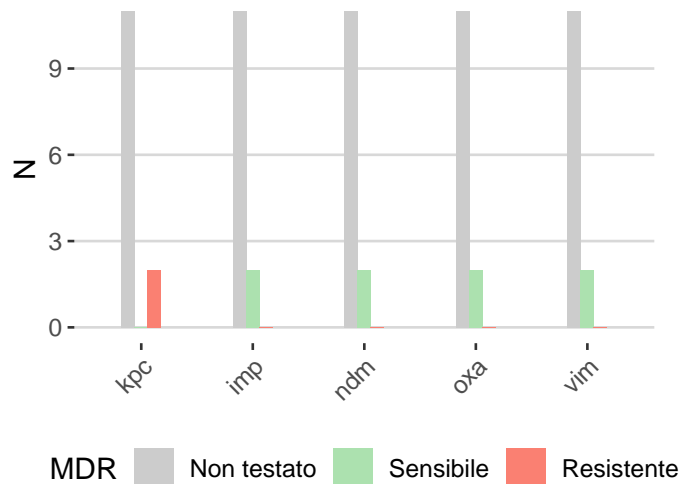
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	1	25.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	5	55.56

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

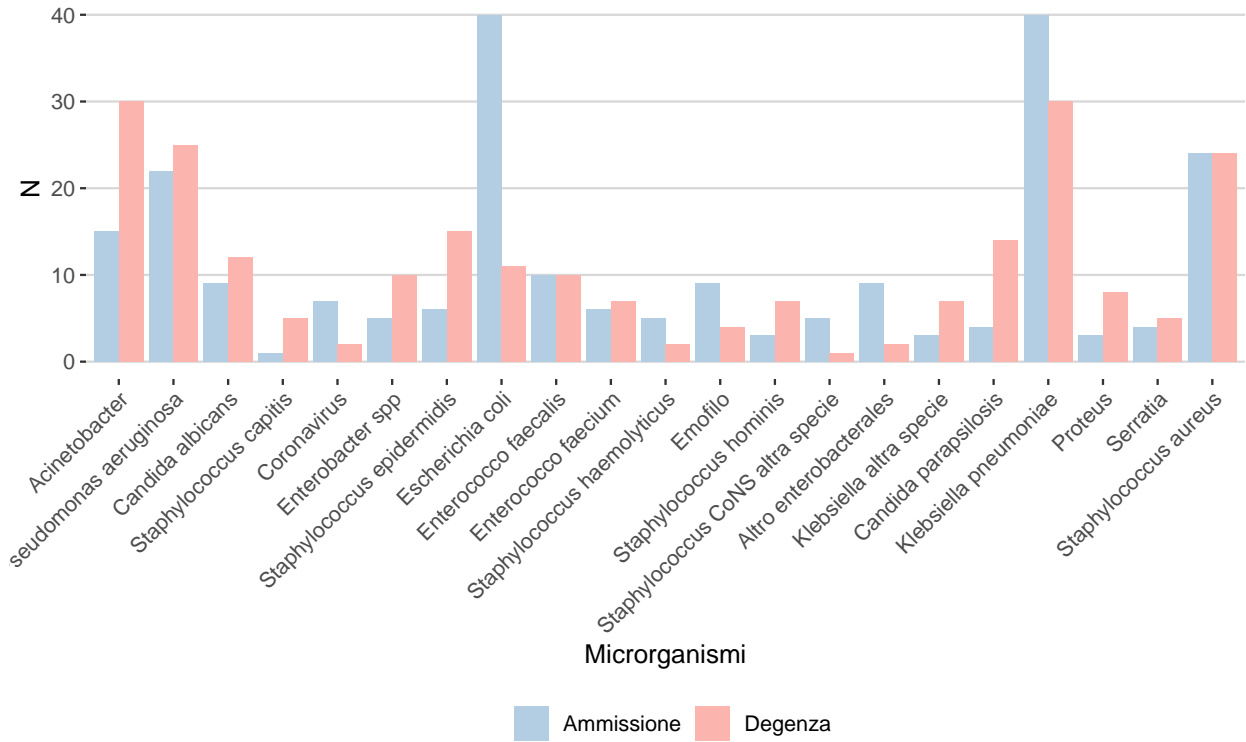
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	2	16.67
No	0	0
Non testato	10	83.33
Missing	19	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	11
kpc	2	100	0	11
ndm	0	0	2	11
oxa	0	0	2	11
vim	0	0	2	11



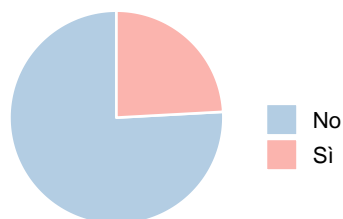
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	45	15	33.3	30	66.7
Pseudomonas aeruginosa	47	22	46.8	25	53.2
Candida albicans	21	9	42.9	12	57.1
Staphylococcus capitis	6	1	16.7	5	83.3
Coronavirus	9	7	77.8	2	22.2
Enterobacter spp	15	5	33.3	10	66.7
Staphylococcus epidermidis	21	6	28.6	15	71.4
Escherichia coli	51	40	78.4	11	21.6
Enterococco faecalis	20	10	50	10	50
Enterococco faecium	13	6	46.2	7	53.8
Staphylococcus haemolyticus	7	5	71.4	2	28.6
Emofilo	13	9	69.2	4	30.8
Staphylococcus hominis	10	3	30	7	70
Staphylococcus CoNS altra specie	6	5	83.3	1	16.7
Altro enterobacterales	11	9	81.8	2	18.2
Klebsiella altra specie	10	3	30	7	70
Candida parapsilosis	18	4	22.2	14	77.8
Klebsiella pneumoniae	70	40	57.1	30	42.9
Proteus	11	3	27.3	8	72.7
Serratia	9	4	44.4	5	55.6
Staphylococcus aureus	48	24	50	24	50

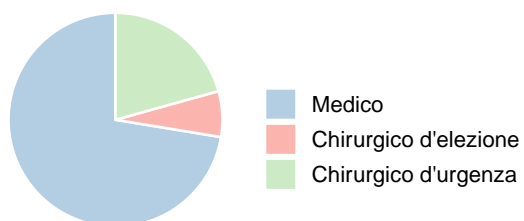
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 29)

11.1 Trauma



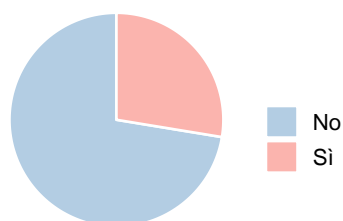
Trauma	N	%
No	22	75.9
Si	7	24.1
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	21	72.4
Chirurgico d'elezione	2	6.9
Chirurgico d'urgenza	6	20.7
Missing	0	0

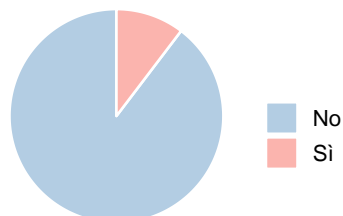
11.3 Infezione batteriémica



Batteriémica	N	%
No	21	72.4
Si	8	27.6

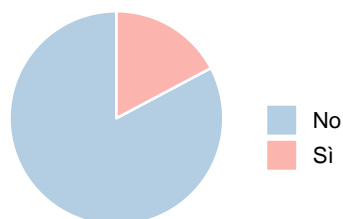
No	21	72.4
Sì	8	27.6
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



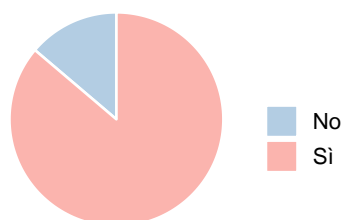
Infezione multisito	N	%
No	26	89.7
Sì	3	10.3
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	24	82.8
Sì	5	17.2
Missing	0	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

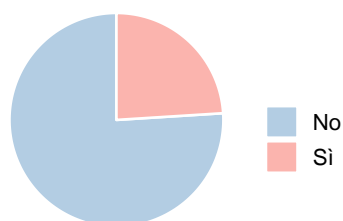


Polmonite associata a VAP	N	%
No	4	13.8
Sì	25	86.2
Missing	0	0

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

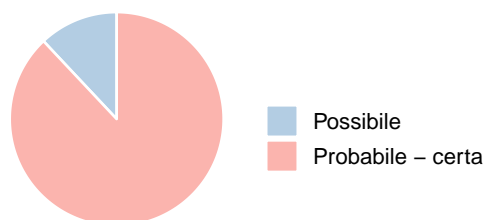
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 25)

12.1 VAP precoce



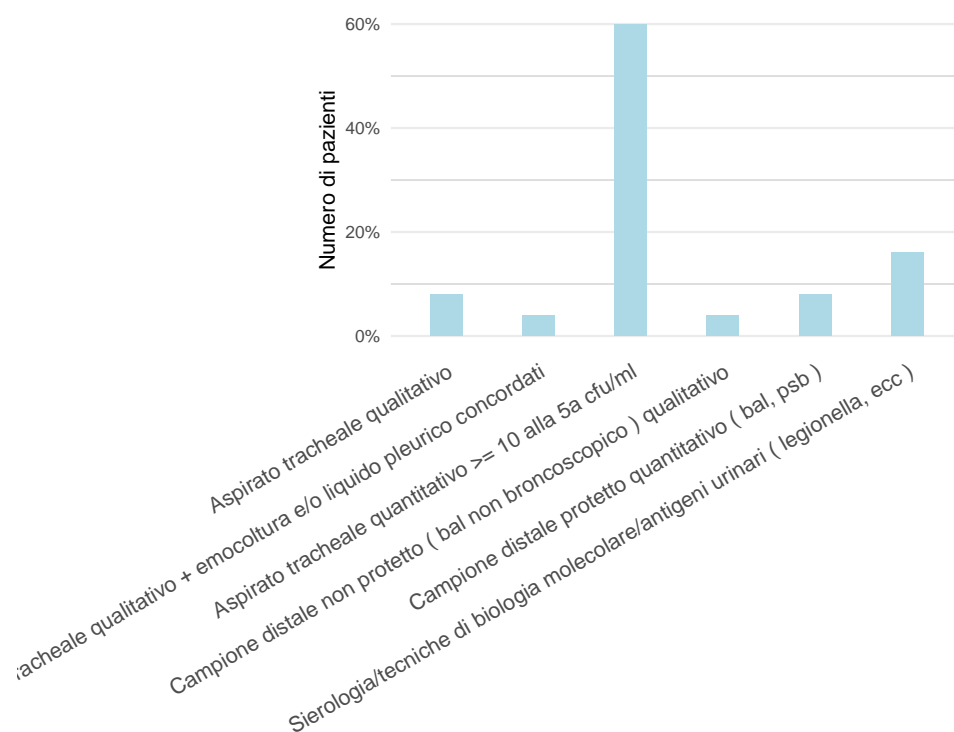
VAP precoce	N	%
No	19	76.0
Sì	6	24.0
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	3	12.0
Probabile - certa	22	88.0
Missing	0	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

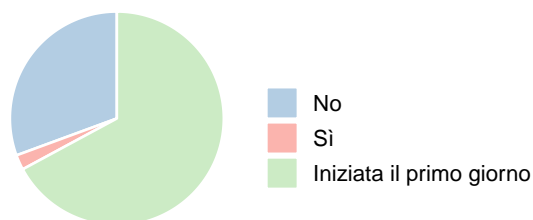


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	4	16.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	4.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	0	0.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	2	8.0
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	15	60.0
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	1	4.0
Aspirato tracheale qualitativo	2	8.0
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	0	0.0
Missing	0	0

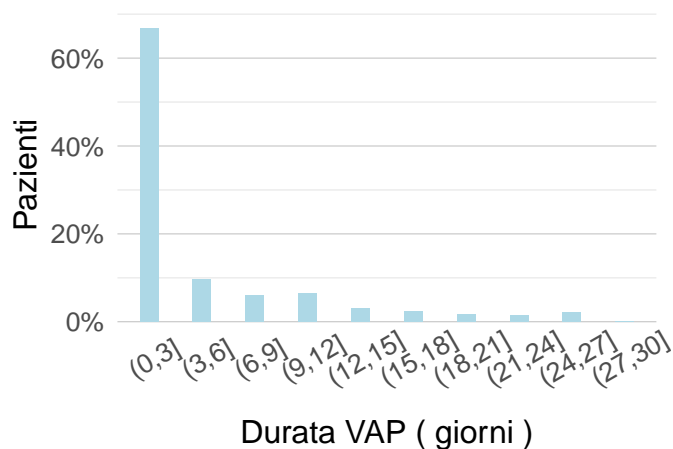
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 883)

12.4.1 Ventilazione invasiva



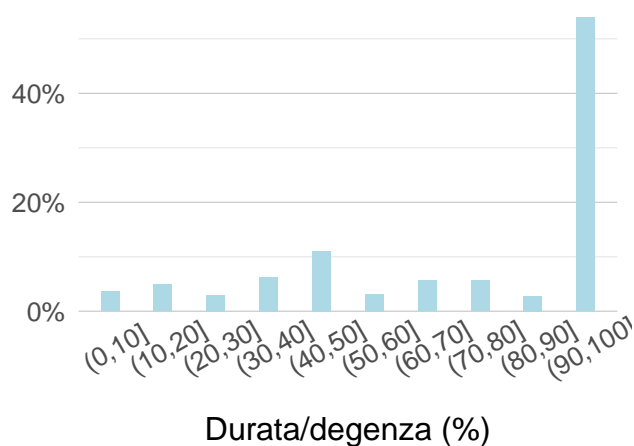
Ventilazione invasiva	N	%
No	269	30.6
Sì	610	69.4
Iniziata il primo giorno	590	66.8
Missing	4	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.4 (10.0)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	4

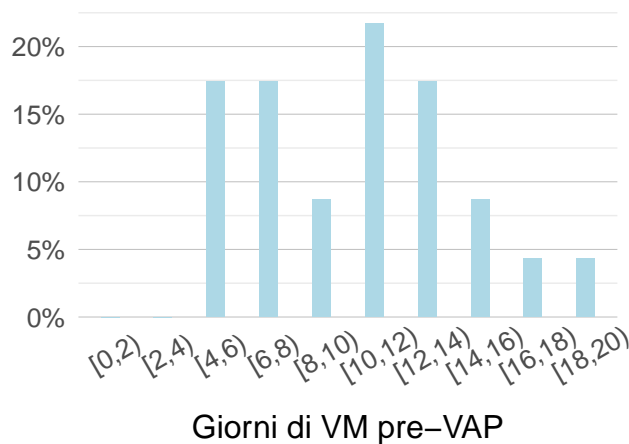
12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	75.5 (30.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)

Missing	4
---------	---

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	25
Media (DS)	11.4 (7.4)
Mediana (Q1-Q3)	10 (7-13)
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	7.3	5.1 %
CI (95%)	4.7 - 10.8	3.3 - 7.5

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

Il primo:

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

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

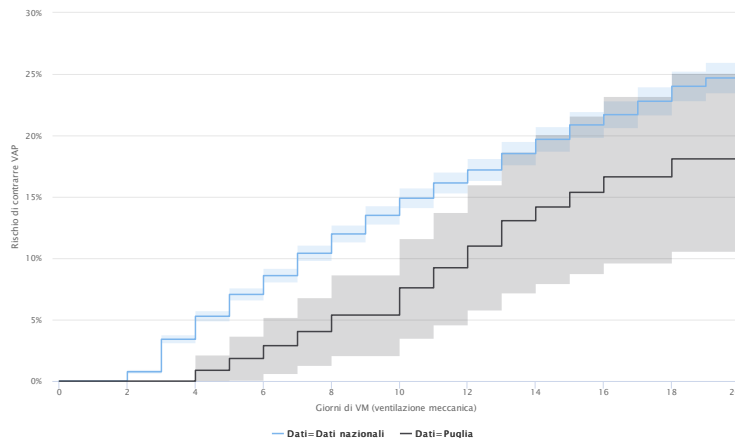
Il secondo invece:

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

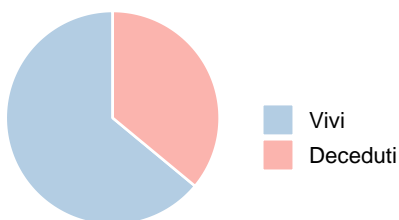
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

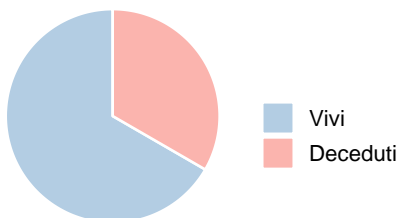


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	16	64.0
Deceduti	9	36.0
Missing	0	0

12.8 Mortalità ospedaliera *

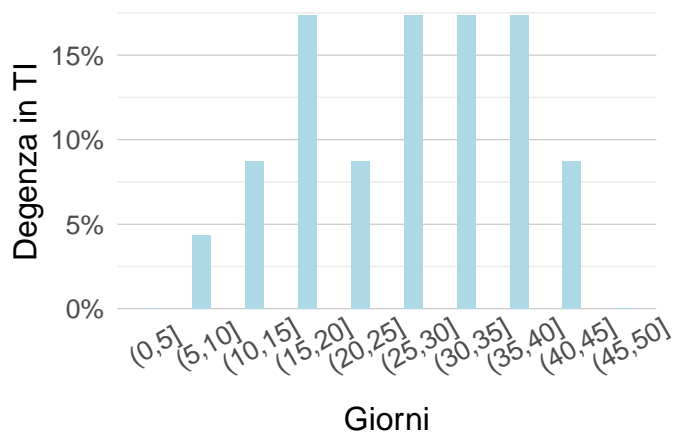


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	16	66.7

Deceduti	8	33.3
Missing	0	0

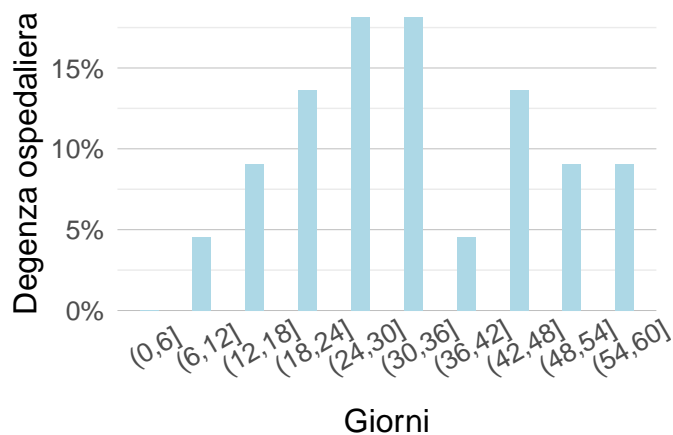
* Statistiche calcolate su 24 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.8 (16.0)
Mediana (Q1-Q3)	30 (19-36)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.8 (25.8)
Mediana (Q1-Q3)	36 (24.5-49)
Missing	0

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

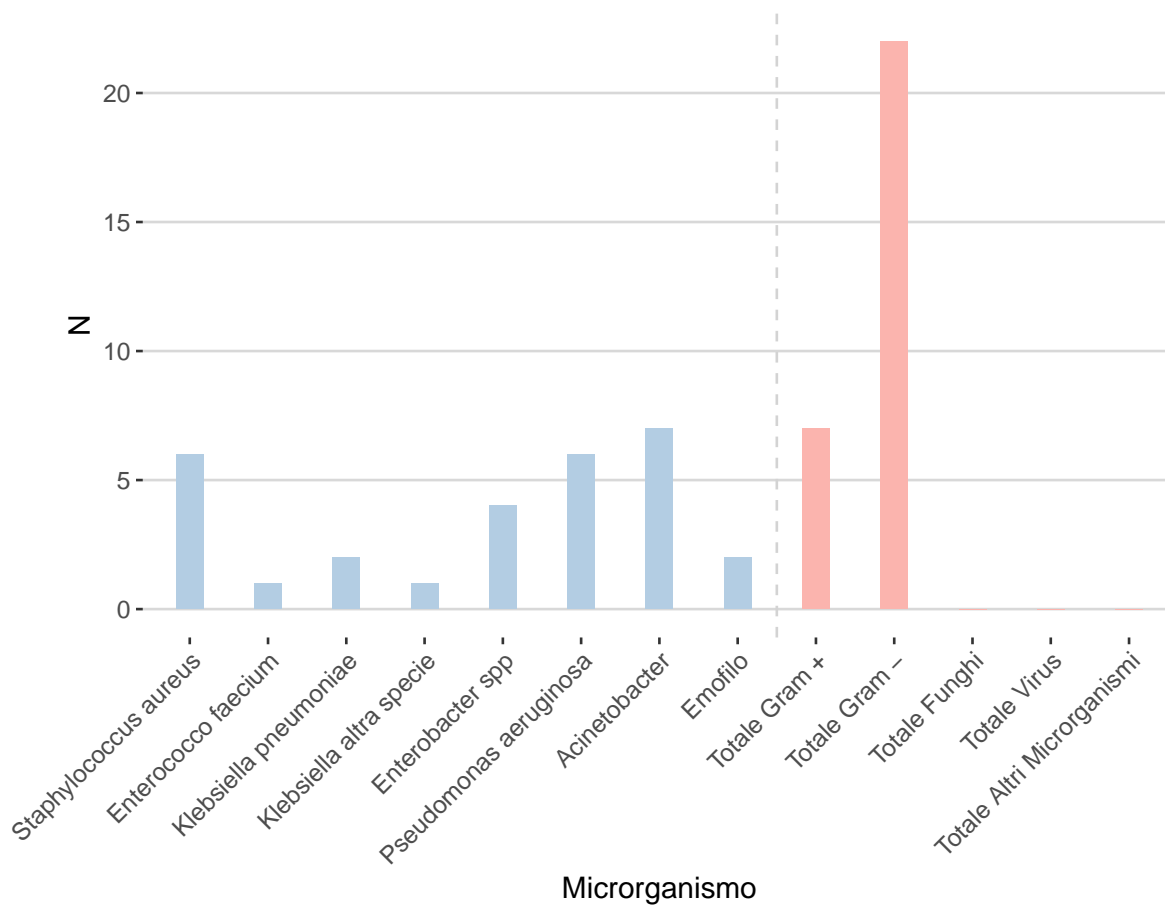
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

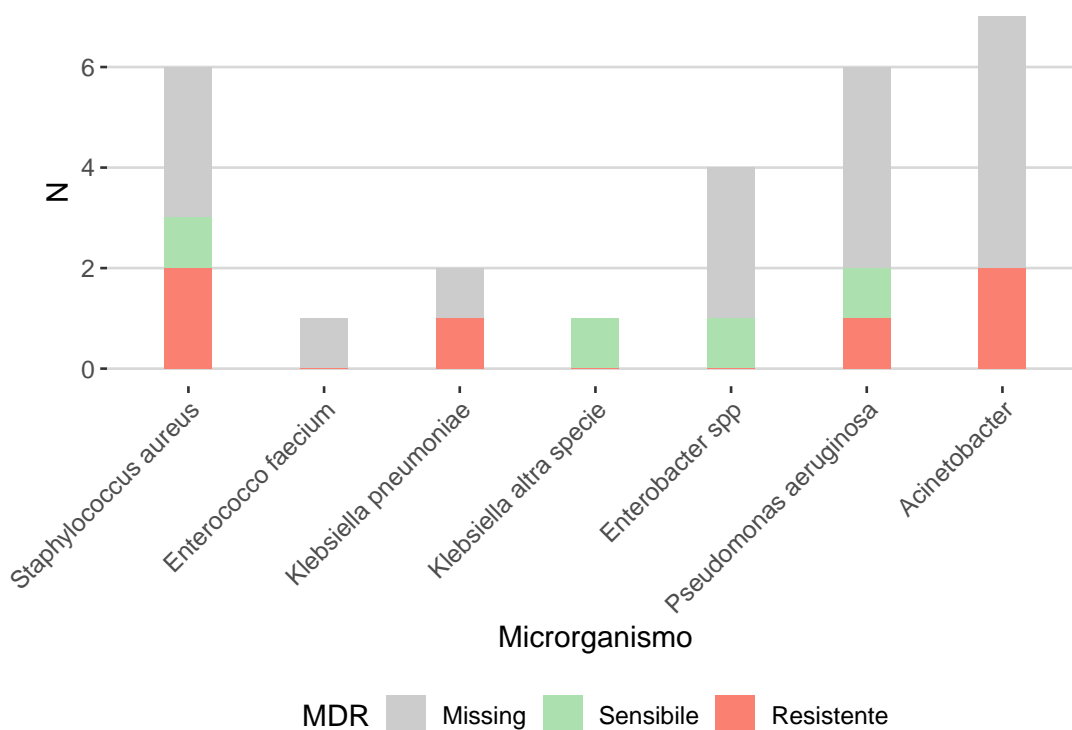
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	25	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	25	
Totale microrganismi isolati	30	

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	24	3	2	66.7
Enterococco faecium	1	4	0	0	0
Totale Gram +	7	28	3	2	66.7
Klebsiella pneumoniae	2	8	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	4	16	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	24	2	1	50
Acinetobacter	7	28	2	2	100
Emofilo	2	8	0	0	0
Totale Gram -	22	88	7	4	57.1
Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



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



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

12.11.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella 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	%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1	Meropenem	1	100.00

Acinetobacter	2	Imipenem	2	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67

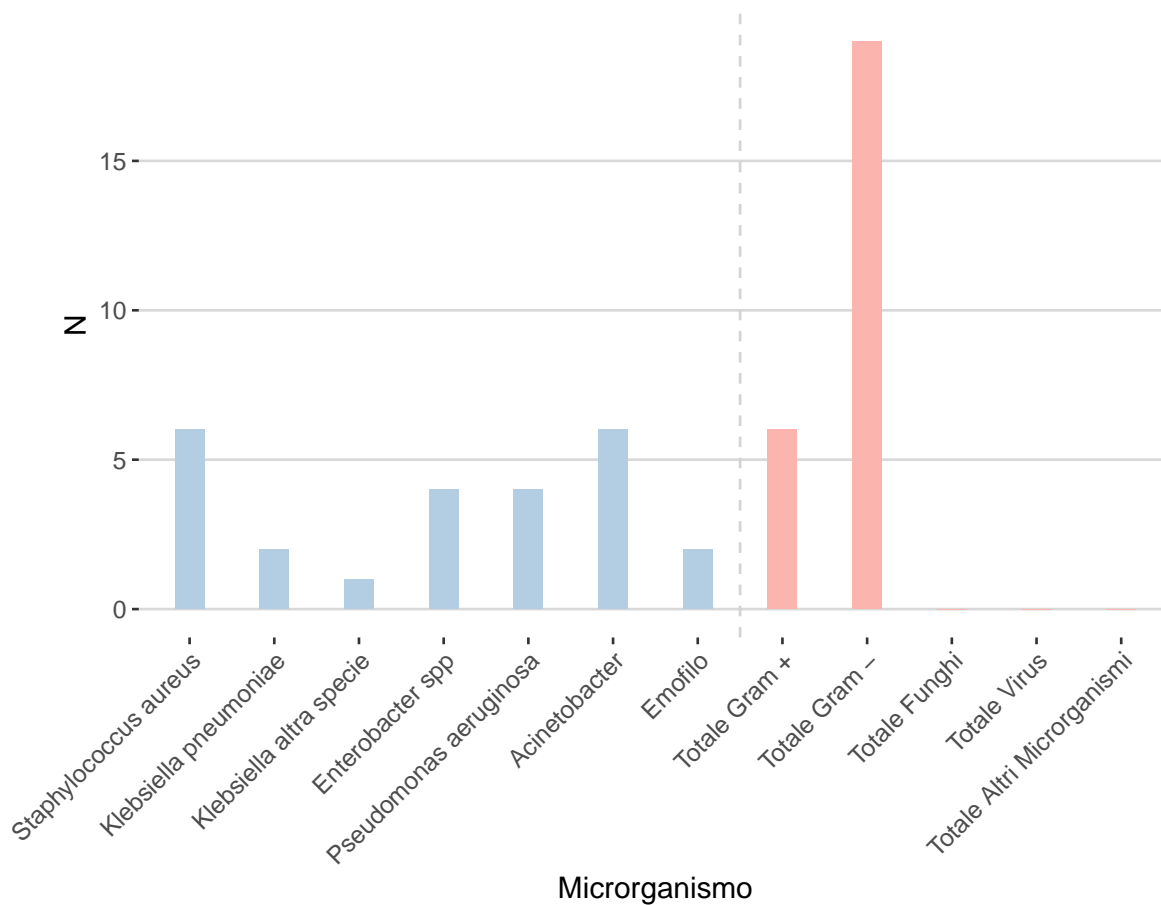
12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	22	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	22	
Totale microrganismi isolati	25	

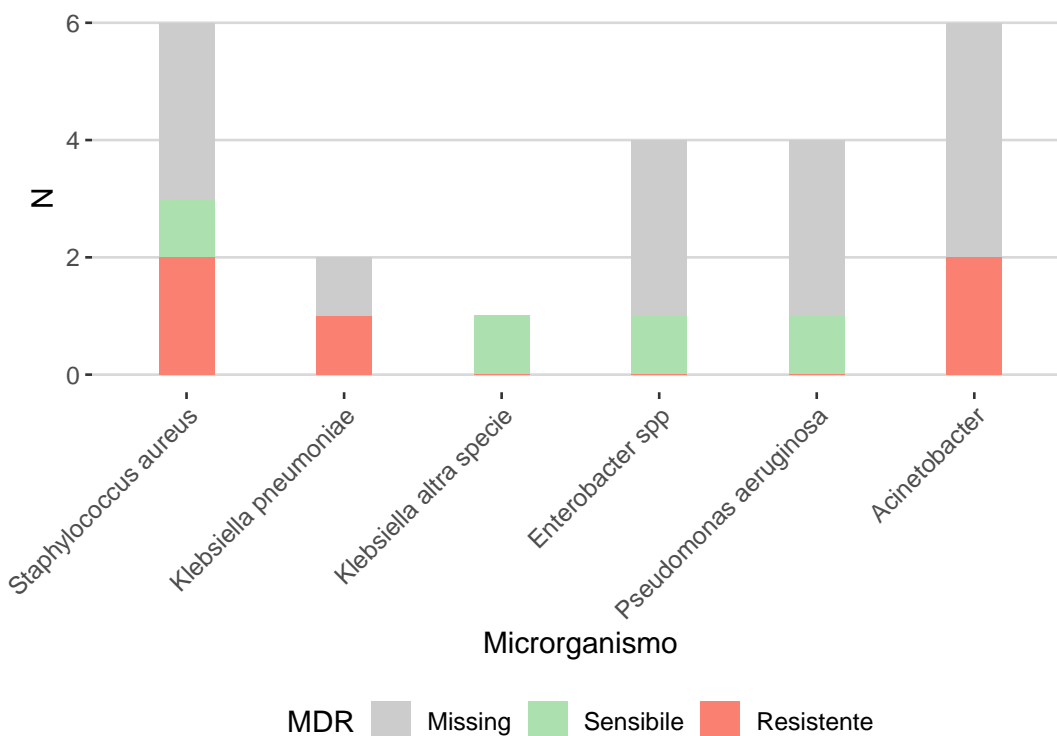
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	27.3	3	2	66.7
Totale Gram +	6	27.3	3	2	66.7
Klebsiella pneumoniae	2	9.1	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	4	18.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	18.2	1	0	0
Acinetobacter	6	27.3	2	2	100
Emofilo	2	9.1	0	0	0
Totale Gram -	19	86.4	6	3	50
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	27.3	3	2	66.7
Totale Gram +	6	27.3	3	2	66.7
Klebsiella pneumoniae	2	9.1	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	4	18.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	18.2	1	0	0
Acinetobacter	6	27.3	2	2	100
Emofilo	2	9.1	0	0	0
Totale Gram -	19	86.4	6	3	50
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

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

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

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

Klebsiella pneumoniae	1	Meropenem	1	100.00
Acinetobacter	2	Imipenem	2	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67

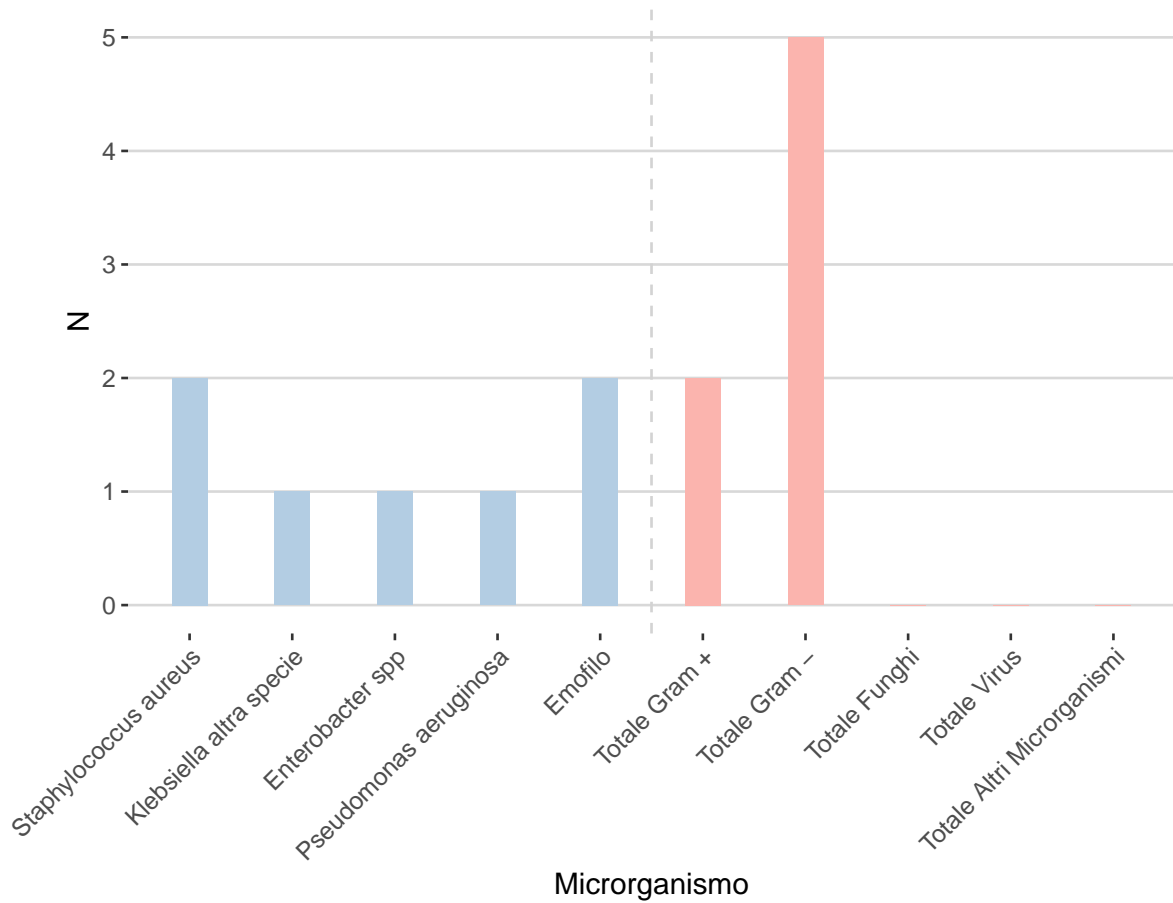
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

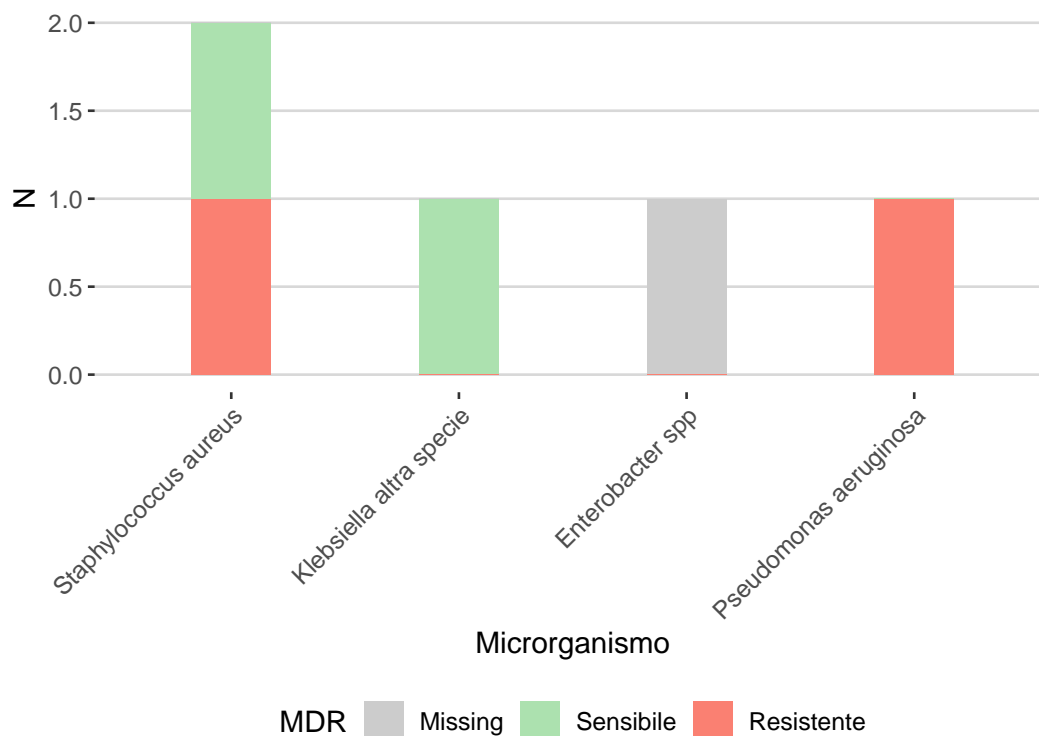
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	5	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	5	
Totale microrganismi isolati	8	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	40	2	1	50
Totale Gram +	2	40	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	20	1	0	0
Enterobacter spp	1	20	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	20	1	1	100
Emofilo	2	40	0	0	0
Totale Gram -	5	100	2	1	50
Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



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



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

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

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

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

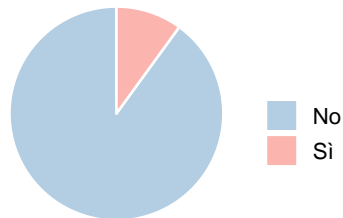
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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

Pseudomonas aeruginosa	1	Imipenem	1	100
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50

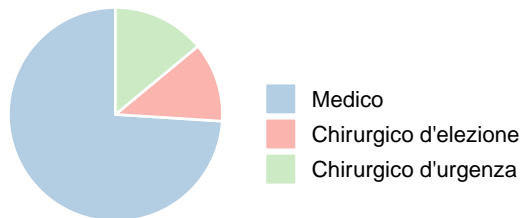
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 50)

13.1 Trauma



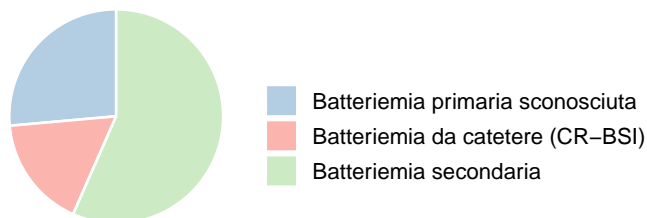
Trauma	N	%
No	45	90.0
Si	5	10.0
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



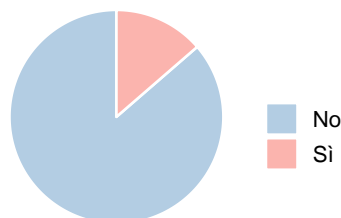
Stato chirurgico	N	%
Medico	37	74.0
Chirurgico d'elezione	6	12.0
Chirurgico d'urgenza	7	14.0
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	14	28
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	9	18
Batteriemia secondaria	30	60
Missing	0	0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



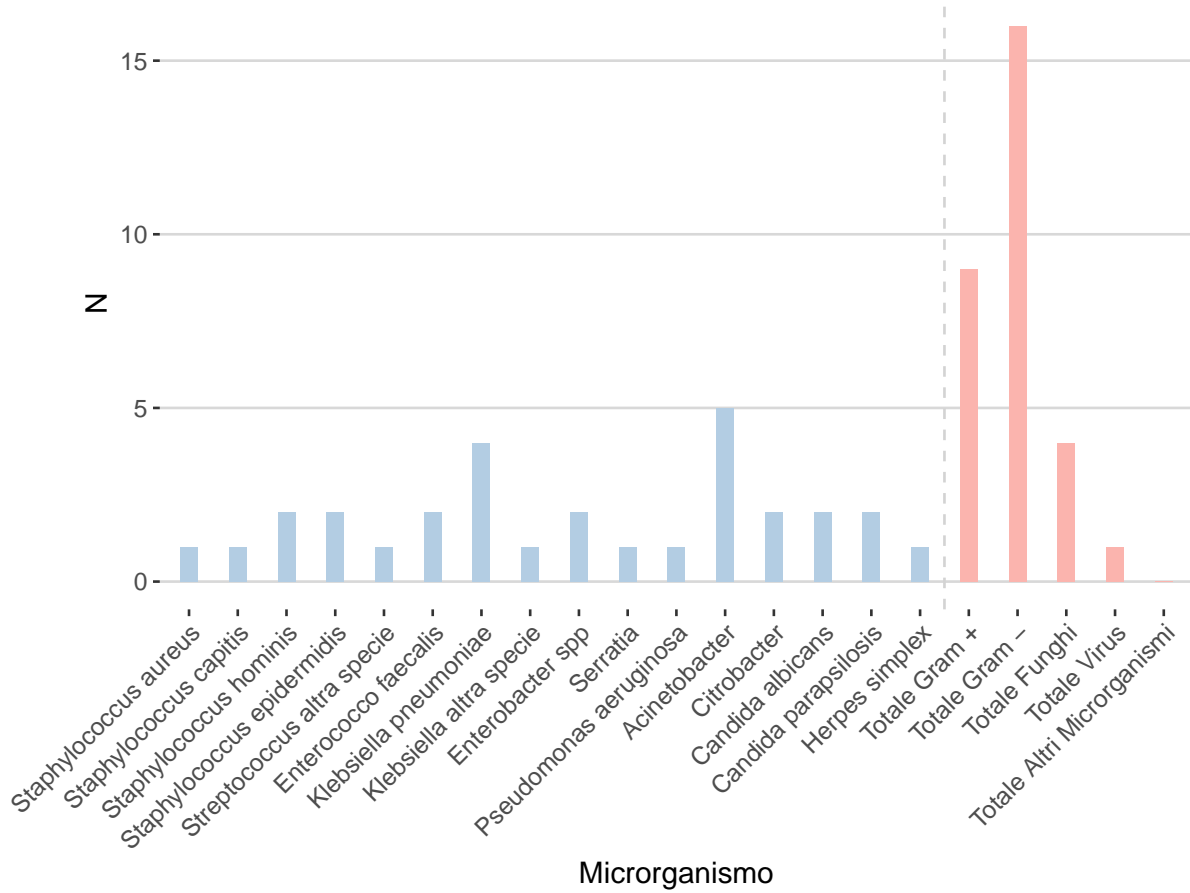
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	19	86.4
Si	3	13.6
Missing	1	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	8.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	8.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterococco faecalis	2	8.7	1	0	0
Totale Gram +	9	39.1	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	4	17.4	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	4.3	1	0	0
Enterobacter spp	2	8.7	0	0	0
Serratia	1	4.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.3	1	0	0
Acinetobacter	5	21.7	3	3	100
Citrobacter	2	8.7	2	0	0
Totale Gram -	16	69.6	10	4	40
Candida albicans	2	8.7	0	0	0
Candida parapsilosis	2	8.7	0	0	0
Totale Funghi	4	17.4	0	0	0

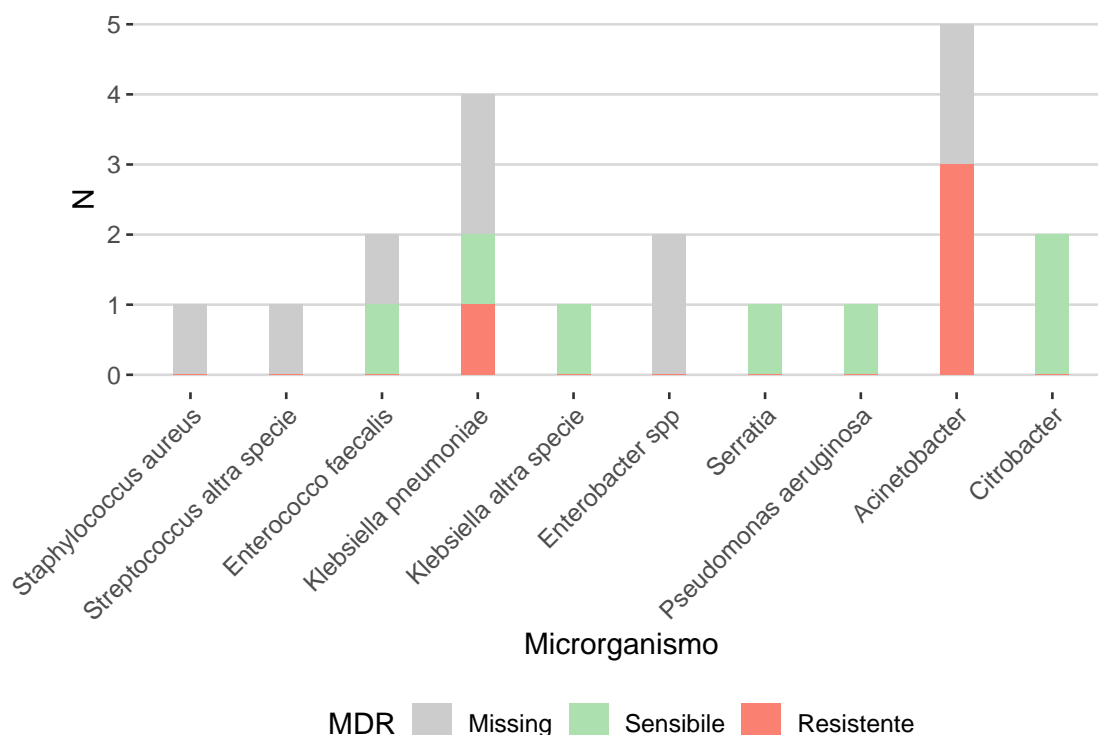
Herpes simplex	1	4.3			
Totale Virus	1	4.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	8.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	8.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterococco faecalis	2	8.7	1	0	0
Totale Gram +	9	39.1	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	4	17.4	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	4.3	1	0	0
Enterobacter spp	2	8.7	0	0	0
Serratia	1	4.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.3	1	0	0
Acinetobacter	5	21.7	3	3	100
Citrobacter	2	8.7	2	0	0
Totale Gram -	16	69.6	10	4	40
Candida albicans	2	8.7	0	0	0

Candida parapsilosis	2	8.7	0	0	0
Totale Funghi	4	17.4	0	0	0
Herpes simplex	1	4.3			
Totale Virus	1	4.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

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

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

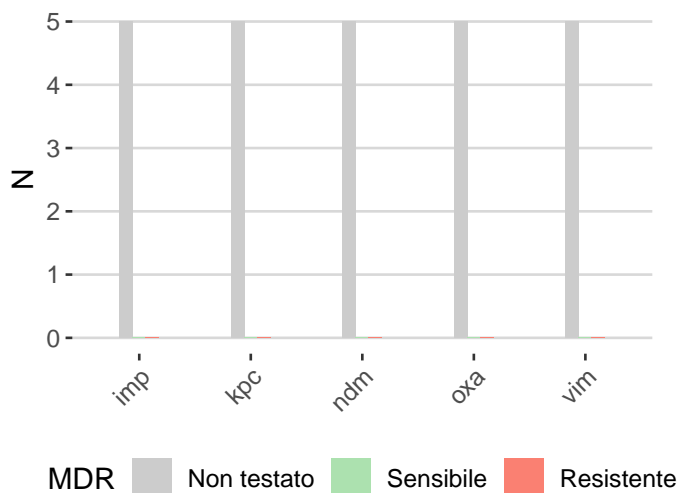
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50.00
Klebsiella pneumoniae	2	Meropenem	1	50.00
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00

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

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

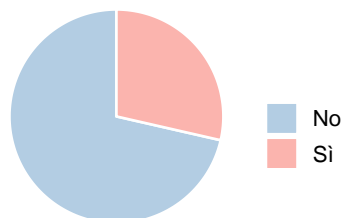
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	4	100
Missing	6	

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



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

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	10	71.4
Si	4	28.6
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	2.1	1.5 %
CI (95%)	1.1 - 3.5	0.8 - 2.4

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.

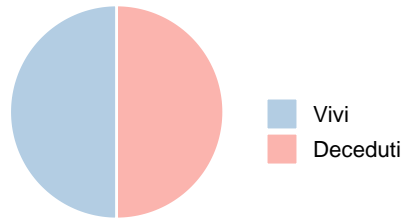
Il secondo:

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

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.

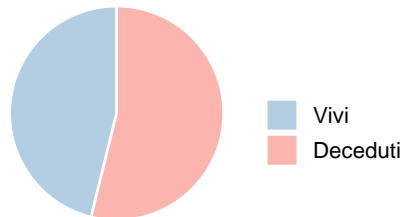
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	7	50.0
Deceduti	7	50.0
Missing	0	0

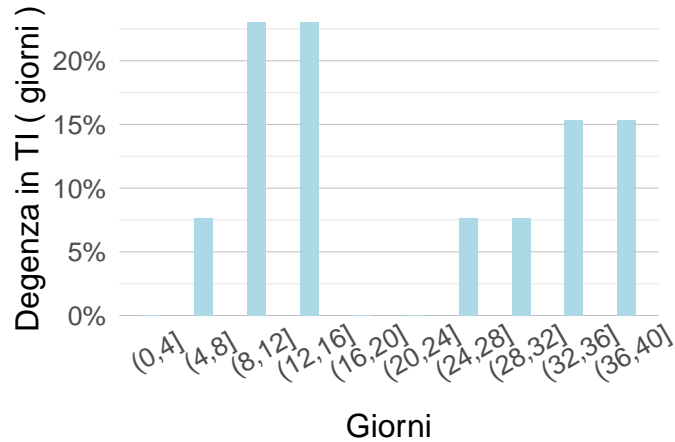
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	6	46.2
Deceduti	7	53.8
Missing	0	0

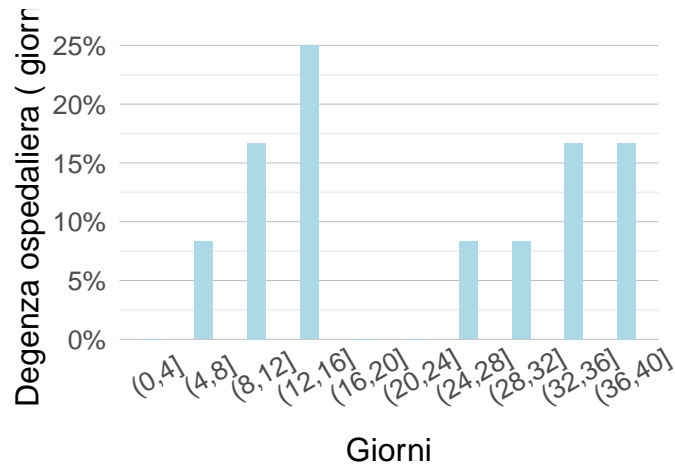
* Statistiche calcolate su 13 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.0 (13.5)
Mediana (Q1-Q3)	20 (11-35)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



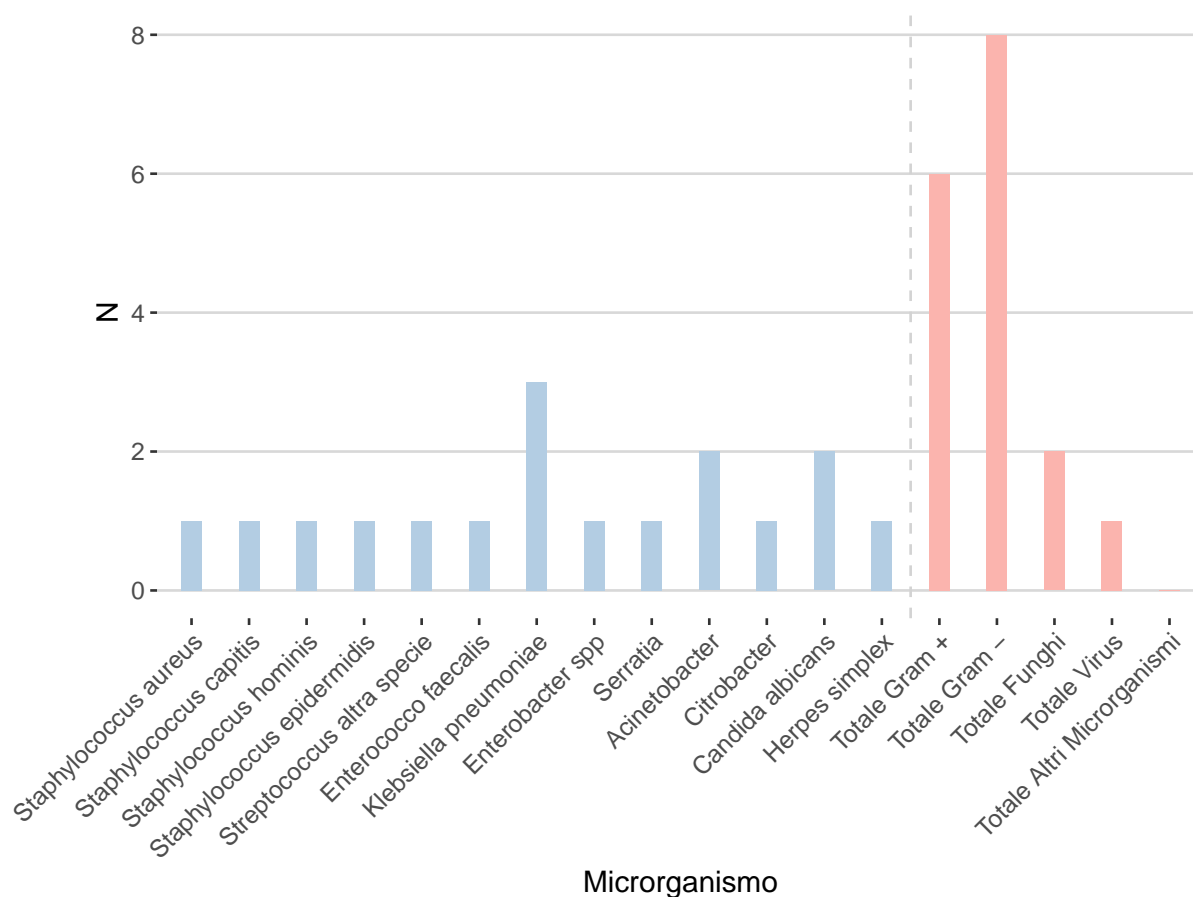
Indicatore	Valore
Media (DS)	29.1 (14.5)
Mediana (Q1-Q3)	30 (17-36)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 13 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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

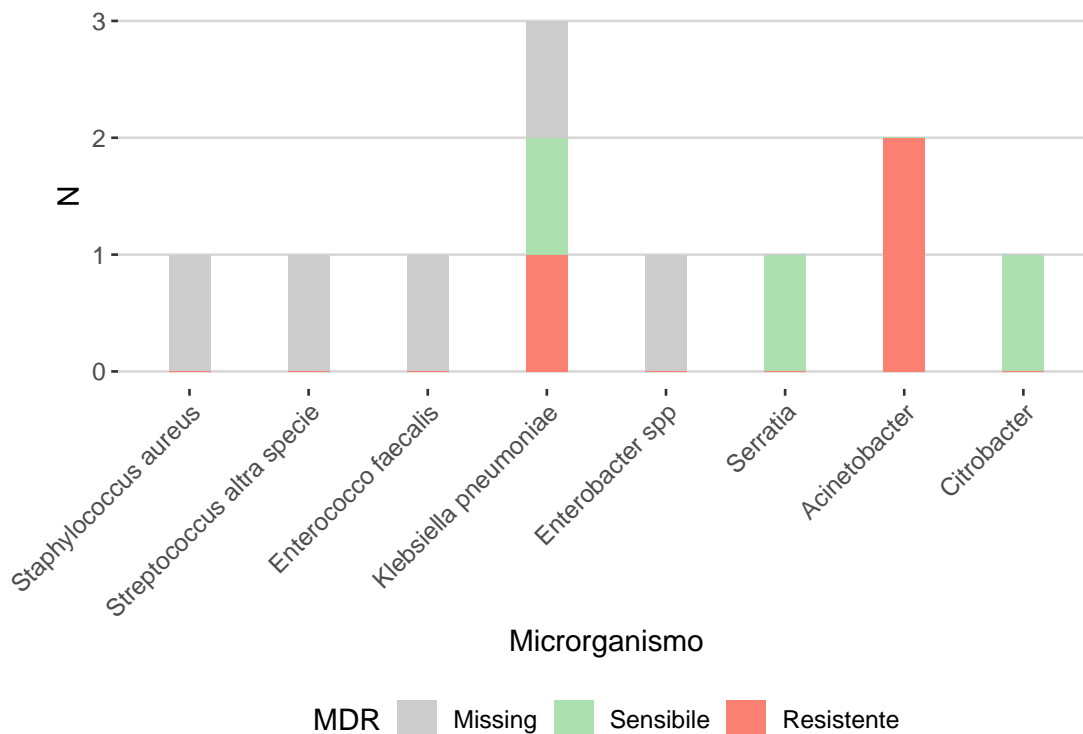
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	7.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	7.1	0	0	0
Enterococco faecalis	1	7.1	0	0	0
Totale Gram +	6	42.9	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	21.4	2	1	50
Enterobacter spp	1	7.1	0	0	0
Serratia	1	7.1	1	0	0
Acinetobacter	2	14.3	2	2	100
Citrobacter	1	7.1	1	0	0
Totale Gram -	8	57.1	6	3	50
Candida albicans	2	14.3	0	0	0
Totale Funghi	2	14.3	0	0	0
Herpes simplex	1	7.1			
Totale Virus	1	7.1	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	7.1	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	7.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	7.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	7.1	0	0	0
Enterococco faecalis	1	7.1	0	0	0
Totale Gram +	6	42.9	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	21.4	2	1	50
Enterobacter spp	1	7.1	0	0	0
Serratia	1	7.1	1	0	0
Acinetobacter	2	14.3	2	2	100
Citrobacter	1	7.1	1	0	0
Totale Gram -	8	57.1	6	3	50
Candida albicans	2	14.3	0	0	0
Totale Funghi	2	14.3	0	0	0
Herpes simplex	1	7.1			
Totale Virus	1	7.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

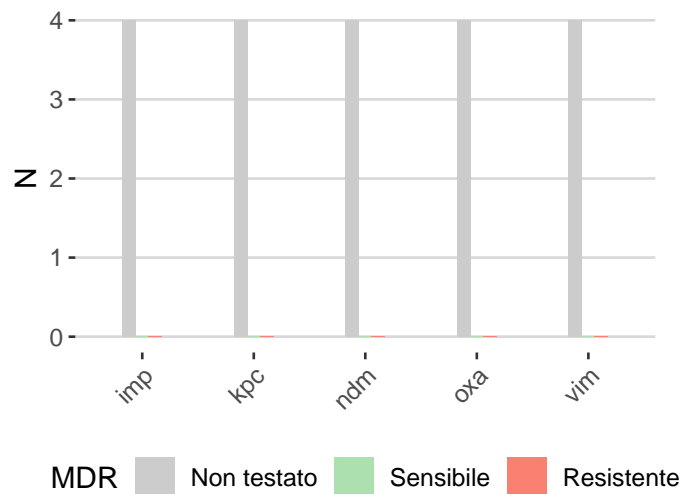
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50
Klebsiella pneumoniae	2	Meropenem	1	50
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100

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

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

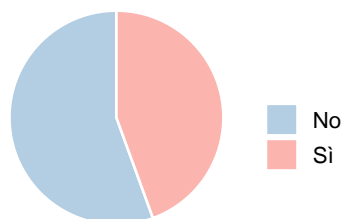
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	3	

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



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 9)

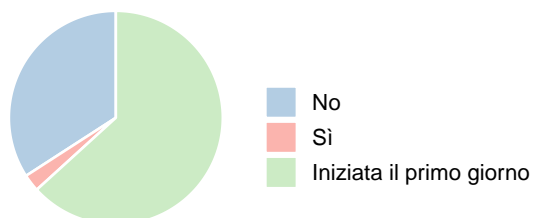
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	5	55.6
Sì	4	44.4
Missing	0	0

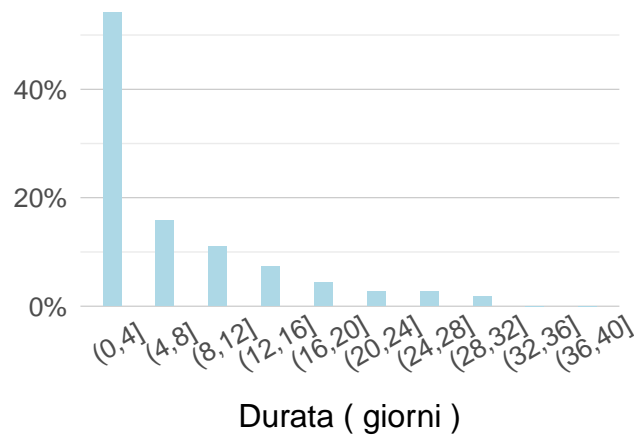
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 883)



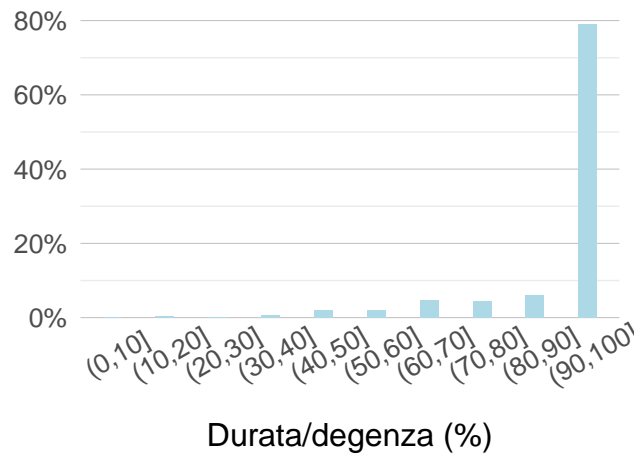
Cvc	N	%
No	300	34.1
Sì	579	65.9
Iniziata il primo giorno	556	63.0
Missing	4	

15.2.2 Durata (giorni)



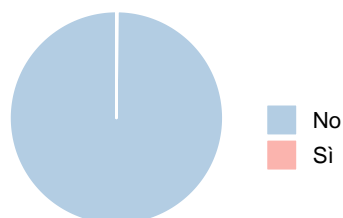
Indicatore	Valore
Media (DS)	9.2 (14.3)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1.8-12)
Missing	3

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



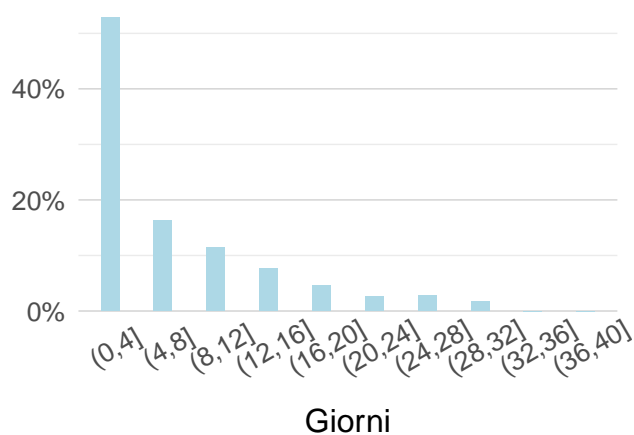
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.1 (15.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (97.2-100)
Missing	3

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 883)



Infezione locale da catetere	N	%
No	877	99.9
Sì	1	0.1
Missing	5	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	9
Media (DS)	12.2 (13.9)
Mediana (Q1-Q3)	6 (3-15)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.8	1.2 %
CI (95%)	0.8 - 3.4	0.6 - 2.3

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.

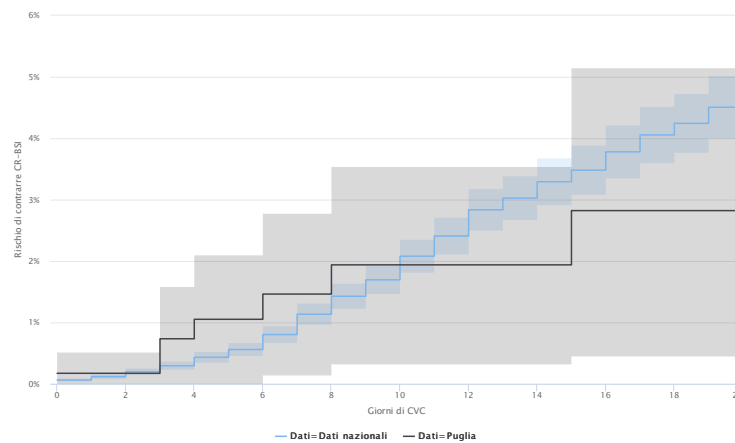
Il secondo invece:

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

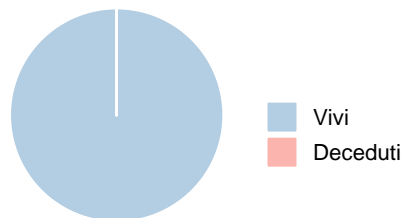
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



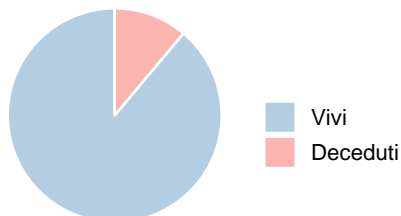
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	8	100.0
Deceduti	0	0.0

Missing 1 0

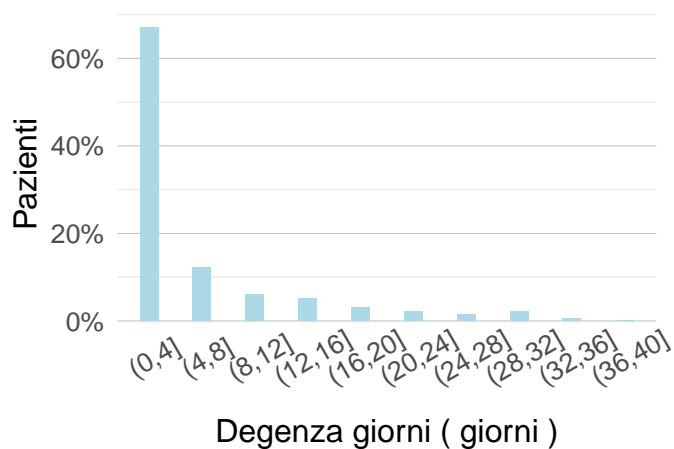
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	8	88.9
Deceduti	1	11.1
Missing	0	0

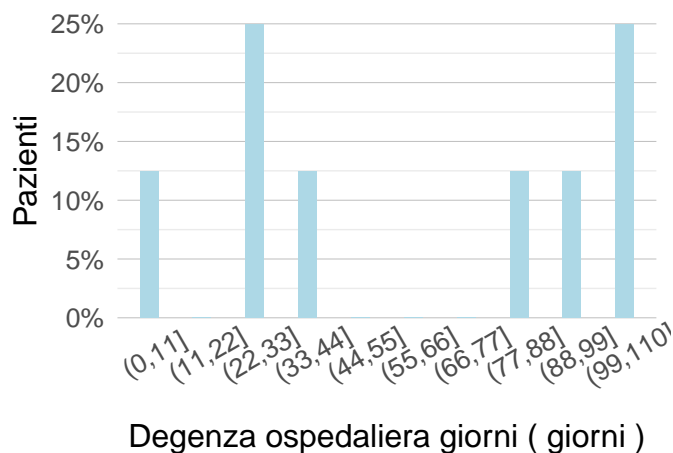
* Statistiche calcolate su 9 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.0 (49.2)
Mediana (Q1-Q3)	34 (15-39)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.6 (50.5)
Mediana (Q1-Q3)	78 (33-105)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 9 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

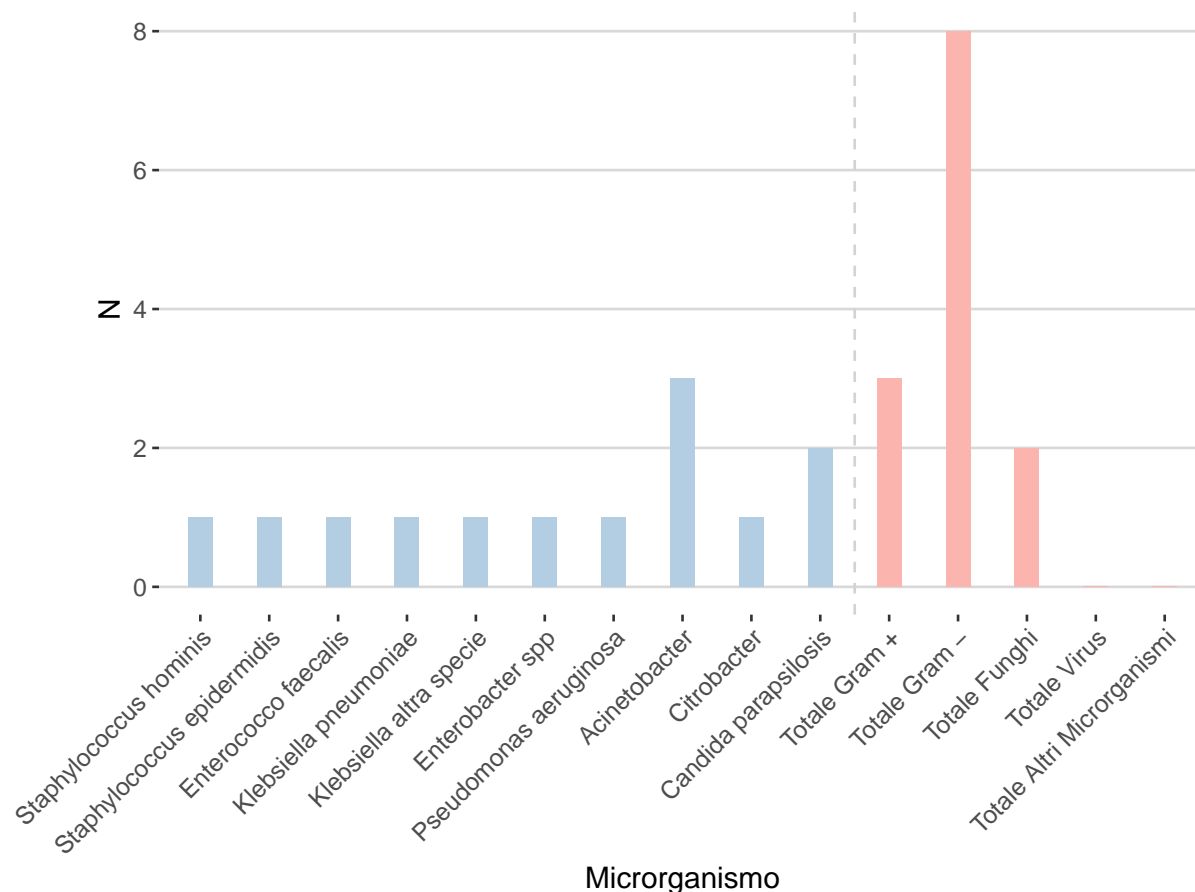
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	9	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	9	
Totale microrganismi isolati	13	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus hominis	1	11.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	11.1	0	0	0
Enterococco faecalis	1	11.1	1	0	0
Totale Gram +	3	33.3	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	11.1	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	11.1	1	0	0

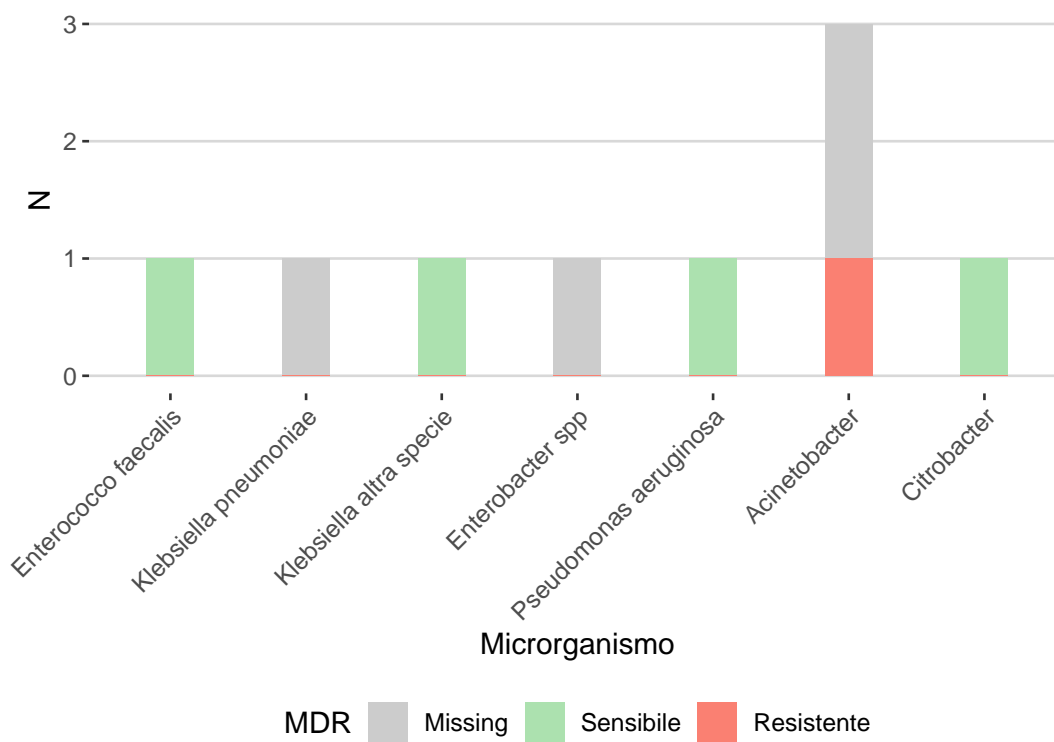
Enterobacter spp	1	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	11.1	1	0	0
Acinetobacter	3	33.3	1	1	100
Citrobacter	1	11.1	1	0	0
Totale Gram -	8	88.9	4	1	25
Candida parapsilosis	2	22.2	0	0	0
Totale Funghi	2	22.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus hominis	1	11.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	11.1	0	0	0
Enterococcus faecalis	1	11.1	1	0	0
Totale Gram +	3	33.3	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	11.1	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	11.1	1	0	0
Enterobacter spp	1	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	11.1	1	0	0
Acinetobacter	3	33.3	1	1	100
Citrobacter	1	11.1	1	0	0
Totale Gram -	8	88.9	4	1	25

Candida parapsilosis	2	22.2	0	0	0
Totale Funghi	2	22.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

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

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

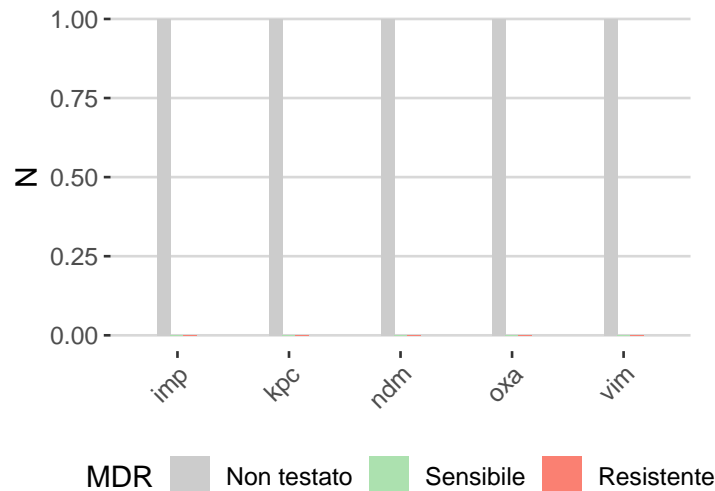
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100

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

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

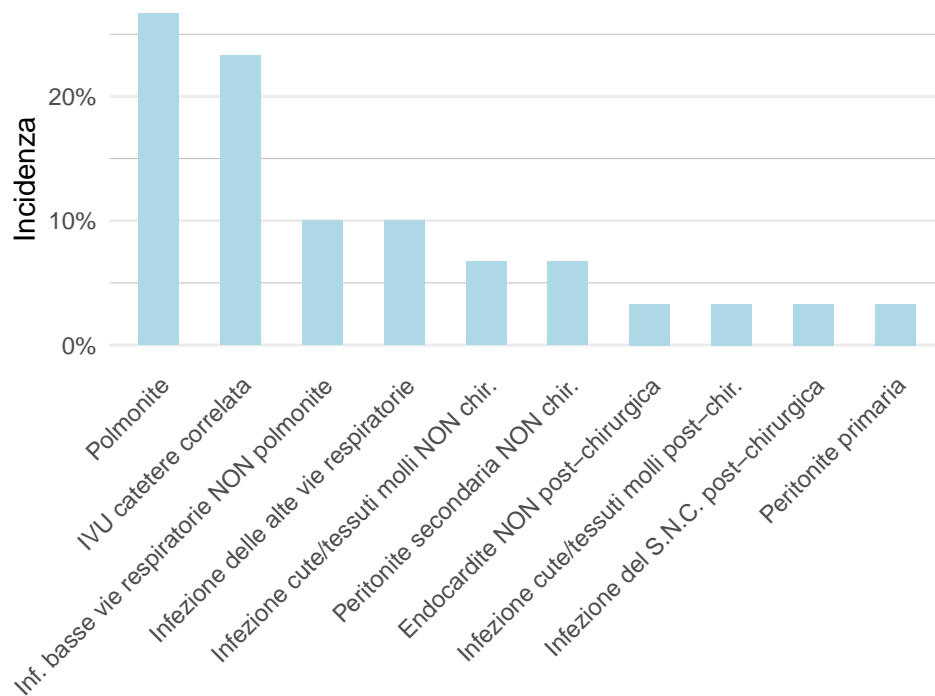
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	3	

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



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 30)

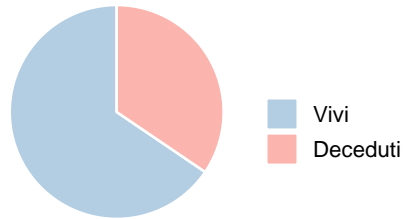
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

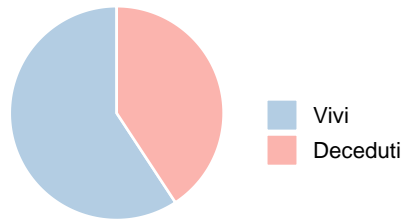
Infezione	N	%
Polmonite	8	26.7
IVU catetere correlata	7	23.3
Infezione delle alte vie respiratorie	3	10
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	3	10
Peritonite secondaria NON chir.	2	6.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	2	6.7
Infezione del S.N.C. post-chirurgica	1	3.3
Endocardite NON post-chirurgica	1	3.3
Peritonite primaria	1	3.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	1	3.3
Missing	1	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	19	65.5
Deceduti	10	34.5
Missing	1	0

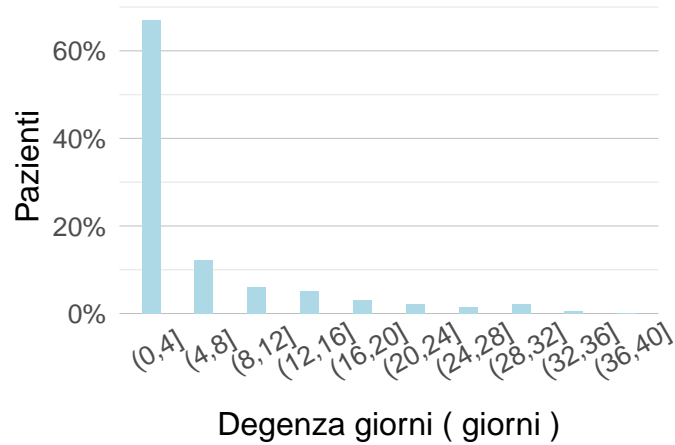
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	16	59.3
Deceduti	11	40.7
Missing	1	0

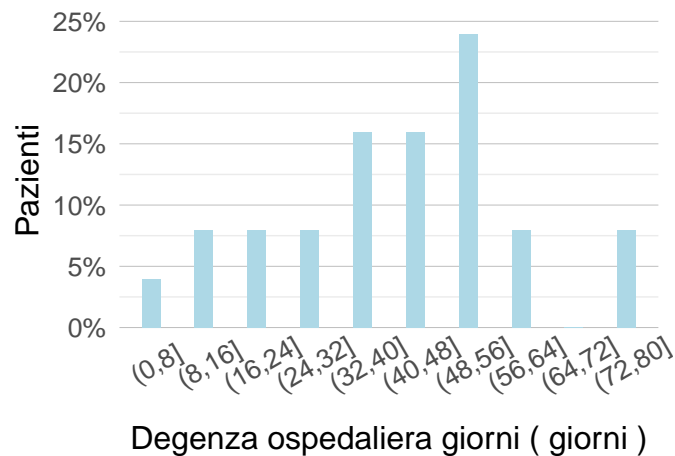
* Statistiche calcolate su 28 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.9 (14.2)
Mediana (Q1-Q3)	34 (18-38)
Missing	1

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	46.4 (24.3)
Mediana (Q1-Q3)	44 (33.5-56)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 28 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

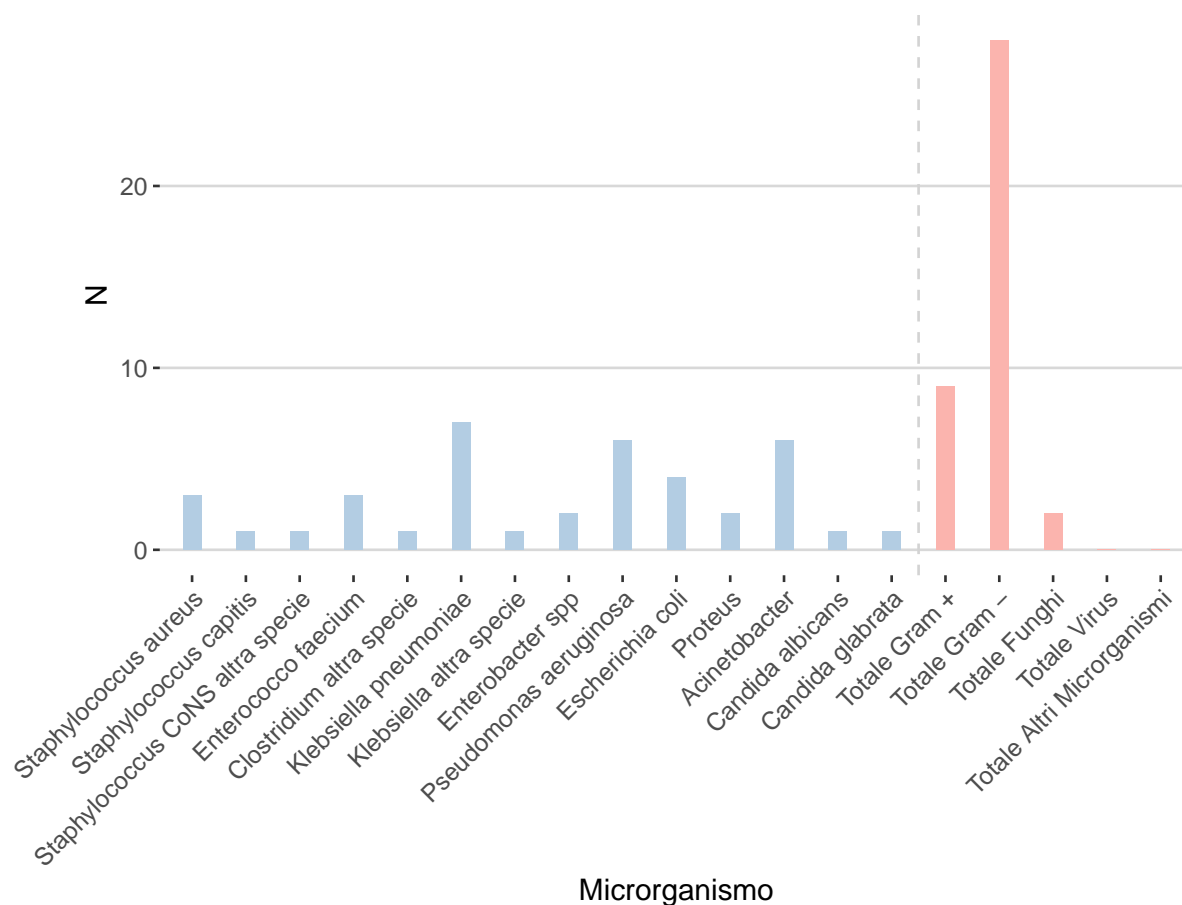
16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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	30	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	30	
Totale microrganismi isolati	40	

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.

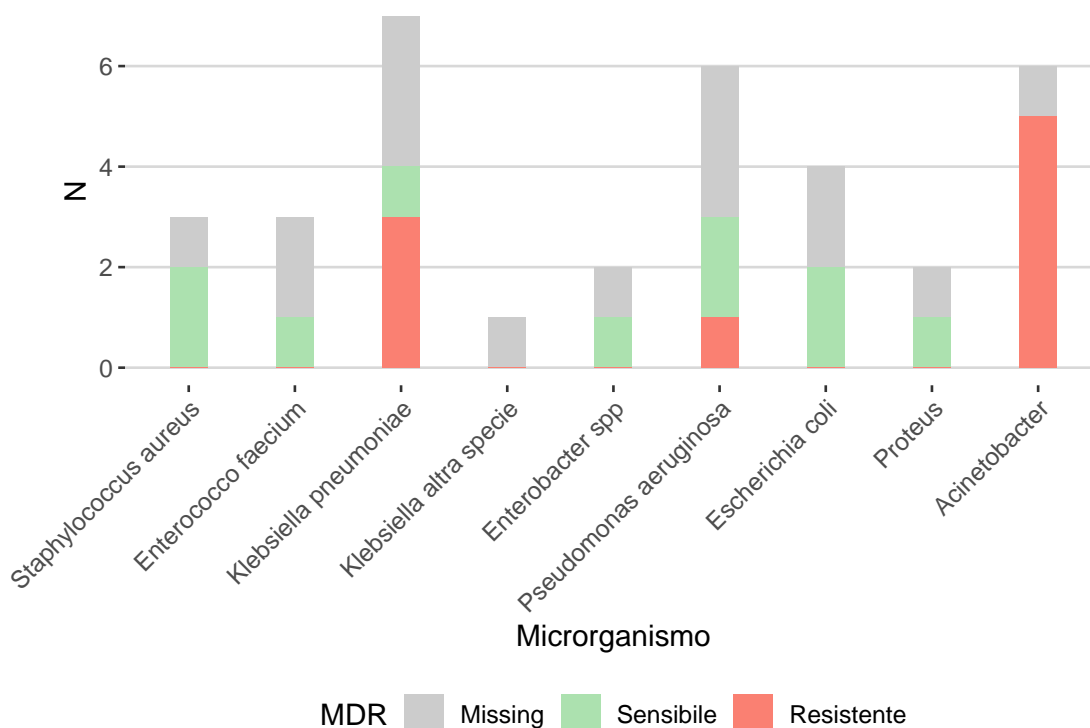
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	10.0	2	0	0
Staphylococcus capitis	1	3.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.3	0	0	0
Enterococco faecium	3	10.0	1	0	0
Clostridium altra specie	1	3.3	0	0	0
Totale Gram +	9	30.0	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	7	23.3	4	3	75
Klebsiella altra specie	1	3.3	0	0	0
Enterobacter spp	2	6.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	20.0	3	1	33.3
Escherichia coli	4	13.3	2	0	0
Proteus	2	6.7	1	0	0
Acinetobacter	6	20.0	5	5	100
Totale Gram -	28	93.3	16	9	56.2
Candida albicans	1	3.3	0	0	0
Candida glabrata	1	3.3	0	0	0
Totale Funghi	2	6.7	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	3	10.0	2	0	0
Staphylococcus capitis	1	3.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.3	0	0	0
Enterococco faecium	3	10.0	1	0	0
Clostridium altra specie	1	3.3	0	0	0
Totale Gram +	9	30.0	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	7	23.3	4	3	75
Klebsiella altra specie	1	3.3	0	0	0
Enterobacter spp	2	6.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	20.0	3	1	33.3
Escherichia coli	4	13.3	2	0	0
Proteus	2	6.7	1	0	0
Acinetobacter	6	20.0	5	5	100
Totale Gram -	28	93.3	16	9	56.2
Candida albicans	1	3.3	0	0	0
Candida glabrata	1	3.3	0	0	0
Totale Funghi	2	6.7	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*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococco faecalis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Emofilo*, *Legionella*, *Morganella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Serratia*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Candida parapsilosis*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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.

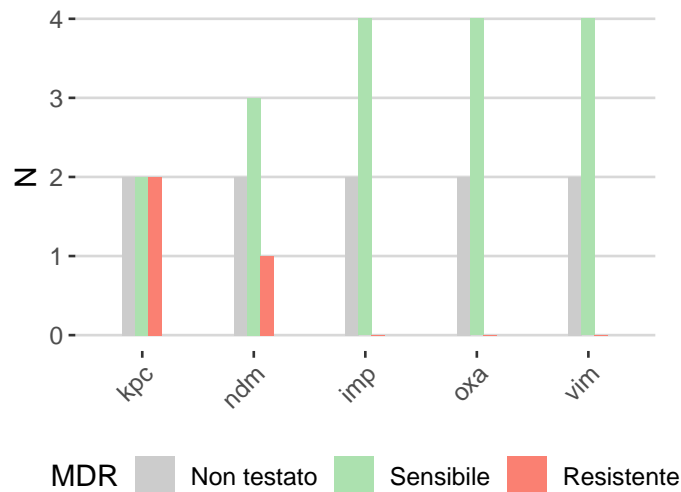
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Ertapenem	2	50.00
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	3	75.00
Acinetobacter	5	Imipenem	5	100.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	3	50
No	1	16.67
Non testato	2	33.33
Missing	10	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	4	2
kpc	2	66.7	2	2
ndm	1	33.3	3	2
oxa	0	0.0	4	2
vim	0	0.0	4	2

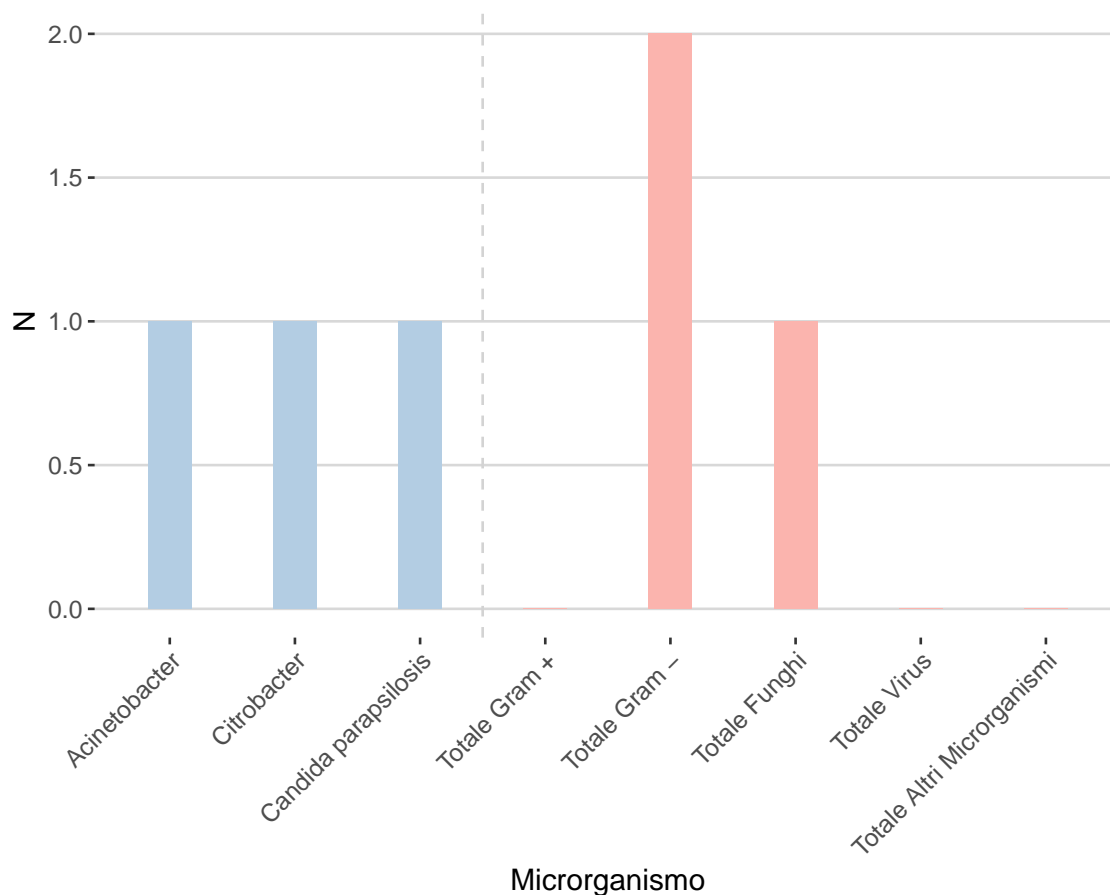


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 3)

17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Totale Gram +	0	0.0	0	0	0
Acinetobacter	1	33.3	0	0	0
Citrobacter	1	33.3	1	0	0
Totale Gram -	2	66.7	1	0	0
Candida parapsilosis	1	33.3	0	0	0
Totale Funghi	1	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
Totale Gram +	0	0.0	0	0	0
Acinetobacter	1	33.3	0	0	0
Citrobacter	1	33.3	1	0	0

Totale Gram -	2	66.7	1	0	0
Candida parapsilosis	1	33.3	0	0	0
Totale Funghi	1	33.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	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, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Enterobacter spp, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Klebsiella pneumoniae, Proteus, Providencia, Serratia, Candida albicans, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, 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

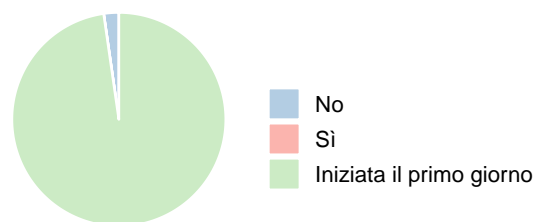
Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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 = 24)

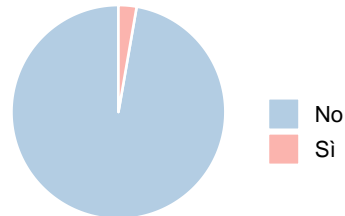
18.1 Catetere urinario (N = 883)



Catetere urinario	N	%
No	20	2.3

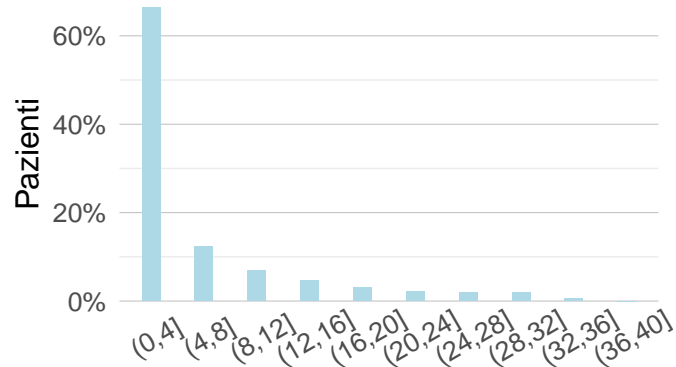
Sì	859	97.7
Iniziata il primo giorno	859	97.3
Missing	4	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	853	97.3
Sì	24	2.7
Missing	6	0

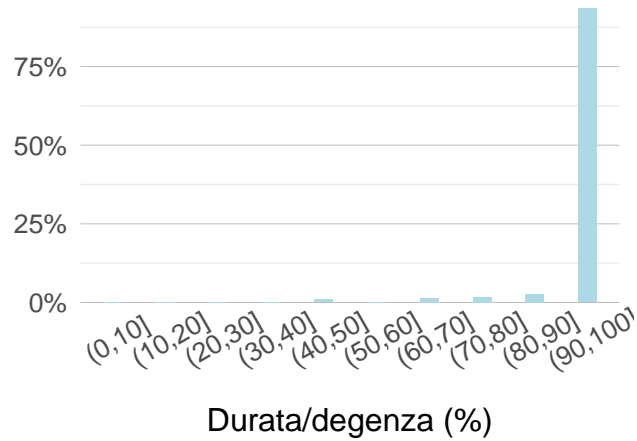
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

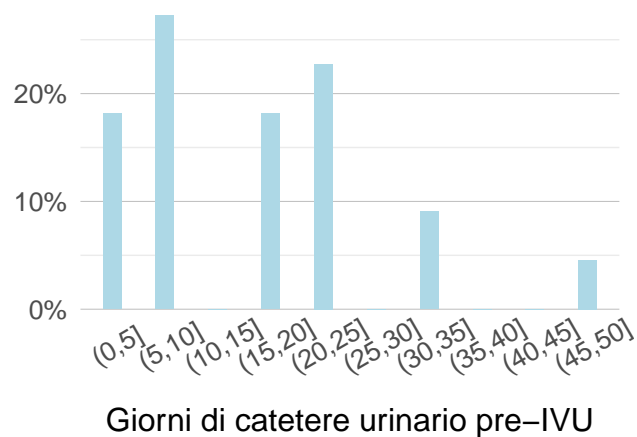
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.0 (13.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-9)
Missing	4

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	98.1 (7.1)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	4

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	24
Media (DS)	20.8 (18.0)
Mediana (Q1-Q3)	16.5 (8.2-25)
Missing	0

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	3.9	2.7 %
CI (95%)	2.5 - 5.8	1.8 - 4.1

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

Il primo:

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

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

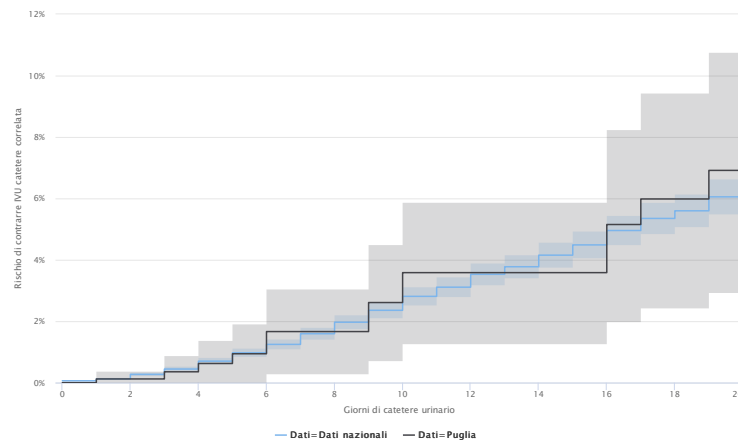
Il secondo invece:

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

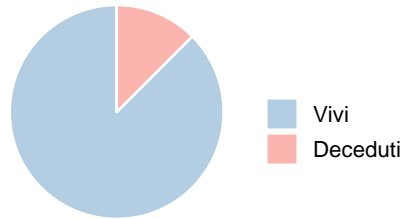
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

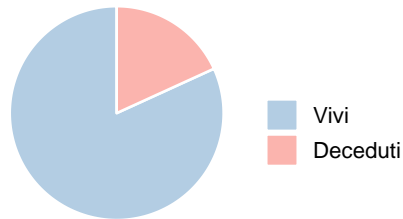


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	21	87.5
Deceduti	3	12.5
Missing	0	0

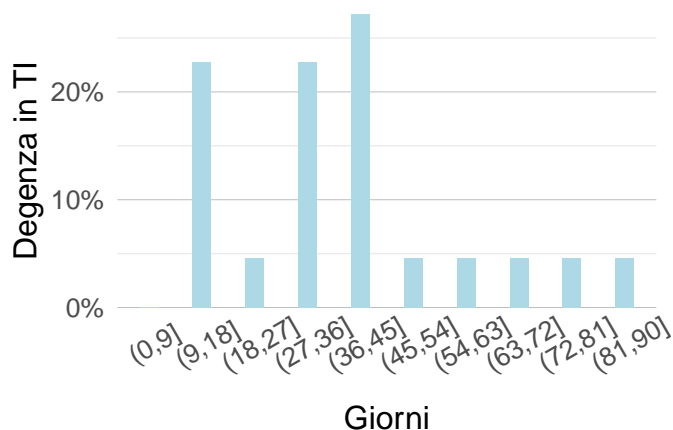
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	18	81.8
Deceduti	4	18.2
Missing	0	0

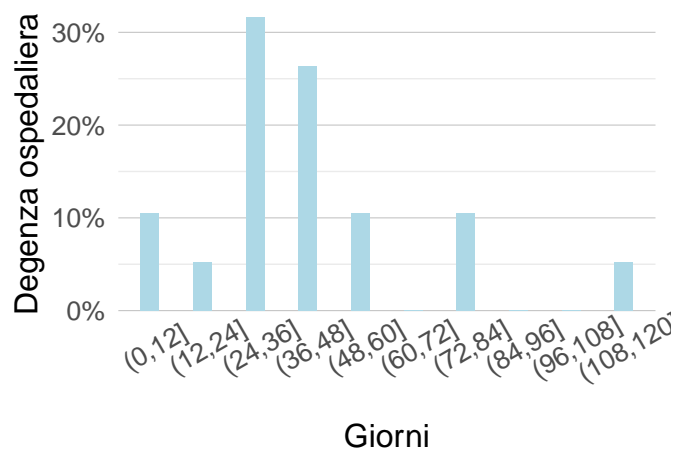
* Statistiche calcolate su 22 escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	48.0 (38.1)
Mediana (Q1-Q3)	37 (30.2-53)
Missing	0

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	55.5 (41.2)
Mediana (Q1-Q3)	38 (34-60)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 22 escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

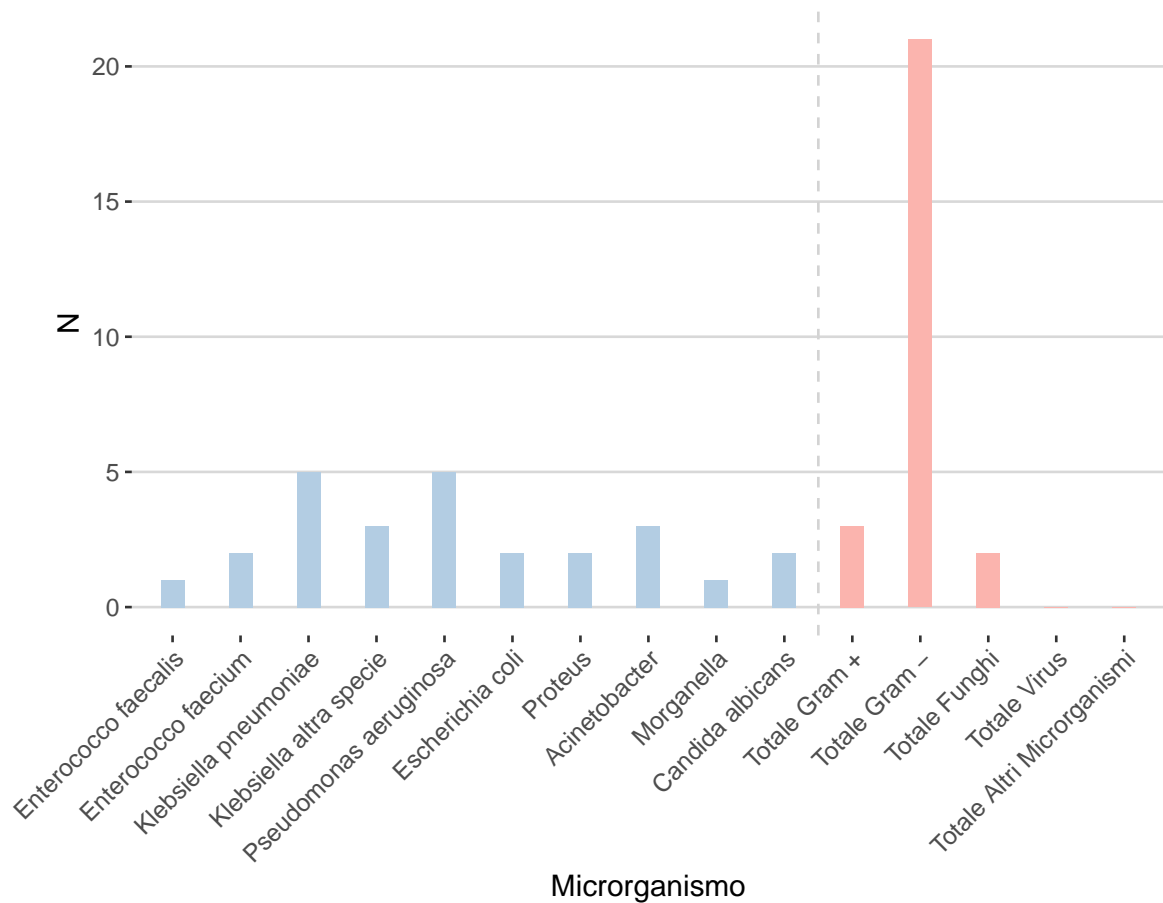
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	24	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	24	
Totale microrganismi isolati	26	

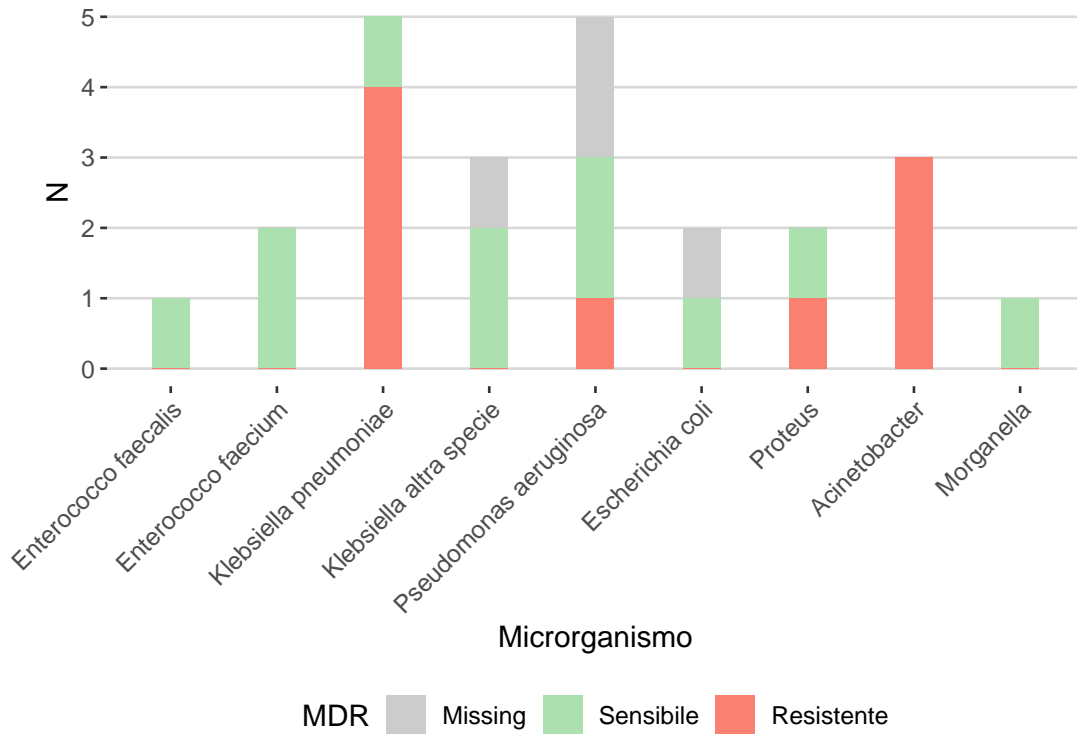
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	1	4.2	1	0	0
Enterococco faecium	2	8.3	2	0	0
Totale Gram +	3	12.5	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	20.8	5	4	80
Klebsiella altra specie	3	12.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	20.8	3	1	33.3
Escherichia coli	2	8.3	1	0	0
Proteus	2	8.3	2	1	50
Acinetobacter	3	12.5	3	3	100
Morganella	1	4.2	1	0	0
Totale Gram -	21	87.5	17	9	52.9
Candida albicans	2	8.3	0	0	0
Totale Funghi	2	8.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



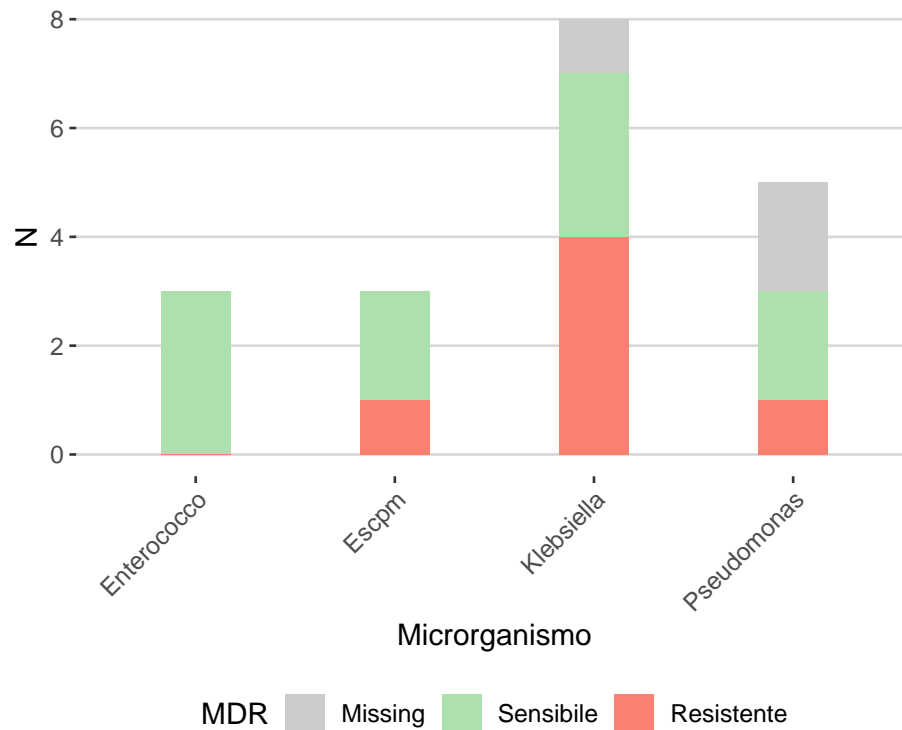
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	1	4.2	1	0	0
Enterococco faecium	2	8.3	2	0	0
Totale Gram +	3	12.5	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	20.8	5	4	80
Klebsiella altra specie	3	12.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	20.8	3	1	33.3
Escherichia coli	2	8.3	1	0	0
Proteus	2	8.3	2	1	50
Acinetobacter	3	12.5	3	3	100
Morganella	1	4.2	1	0	0
Totale Gram -	21	87.5	17	9	52.9
Candida albicans	2	8.3	0	0	0
Totale Funghi	2	8.3	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*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Staphylococcus aureus*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Enterobacter spp*, *Emofilo*, *Legionella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Serratia*, *Aspergillo*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi altra specie*, *Candida parapsilosis*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	3	3	3	0	0.00	0
Escpm	3	3	2	1	33.33	0
Klebsiella	8	7	3	4	57.14	1
Pseudomonas	5	3	2	1	33.33	2

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	5	Ertapenem	4	80.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	4	80.00
Proteus	2	Meropenem	1	50.00

Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33

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-mechanismo 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	2	

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