



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

## **Petalo Infection Light**



Anno 2022

Veneto TI

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

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalo Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
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
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 2453 )</b>	<b>12</b>
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
<b>3 Pazienti infetti ( N = 958 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione . . . . .	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 1485 )</b>	<b>19</b>
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

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>26</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 872)</b>	<b>27</b>
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
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 139)</b>	<b>37</b>
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriemica	38
6.4 Infezioni multisito	38
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	38
6.6 Mortalità in TI	39
6.7 Mortalità ospedaliera *	39
6.8 Degenza in TI ( giorni )	40
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )*	40
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	40
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 338)</b>	<b>46</b>
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	46
7.4 Infezione batteriemica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	47
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	48
7.9 Degenza in TI ( giorni )	49
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )*	49
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	49
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	56
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>62</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 217)</b>	<b>63</b>
8.1 Sesso	63
8.2 Età	63
8.3 Degenza Pre TI ( giorni )	64
8.4 Provenienza ( reparto )	64
8.5 Trauma	65
8.6 Stato Chirurgico	65
8.7 Motivo di ammissione	65
8.8 Insufficienza neurologica	66
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	66
8.10 Insufficienza neurologica insorta	67
8.11 Mortalità in TI	67
8.12 Mortalità ospedaliera *	67
8.13 Degenza in TI ( giorni )	68
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )*	68

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	69
8.16	Infezione multisito . . . . .	70
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	70
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	70
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	71
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	72
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	73
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 131)</b>	<b>80</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	80
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 86)</b>	<b>86</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	86
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	87
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	87
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>93</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 72)</b>	<b>94</b>
11.1	Trauma . . . . .	94
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	94
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	94
11.4	Infezioni multisito . . . . .	95
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	95
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	95
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 60)</b>	<b>96</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	96
12.2	Diagnosi . . . . .	96
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	97
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 2453 ) . . . . .	97
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	99
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	99
12.7	Mortalità in TI . . . . .	100
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	100
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	101
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	101
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	102
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	106
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	110
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 78)</b>	<b>113</b>
13.1	Trauma . . . . .	113
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	113
13.3	Tipologia . . . . .	114
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	114
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	114
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 23)</b>	<b>119</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	119
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	119
14.3	Mortalità in TI . . . . .	120
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	120
14.5	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	121
14.6	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	121
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	122

<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 24)</b>	<b>126</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	126
15.2	Fattori di rischio . . . . .	126
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	128
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	128
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	129
15.6	Mortalità in TI . . . . .	129
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	130
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	130
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	131
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	131
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 33)</b>	<b>135</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	135
16.2	Mortalità in TI . . . . .	136
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	136
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	137
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	137
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	137
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 5)</b>	<b>142</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	142
<b>18</b>	<b>Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 33)</b>	<b>144</b>
18.1	Catetere urinario ( N = 2453 ) . . . . .	144
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata . . . . .	145
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU . . . . .	146
18.4	Incidenza IVU catetere correlata . . . . .	146
18.5	Mortalità in TI . . . . .	148
18.6	Mortalità ospedaliera * . . . . .	148
18.7	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	149
18.8	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	149
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata . . . . .	149
<b>Appendice</b>		<b>154</b>
	Definizione di MDR . . . . .	154
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	154

## Petalo Infectionlight

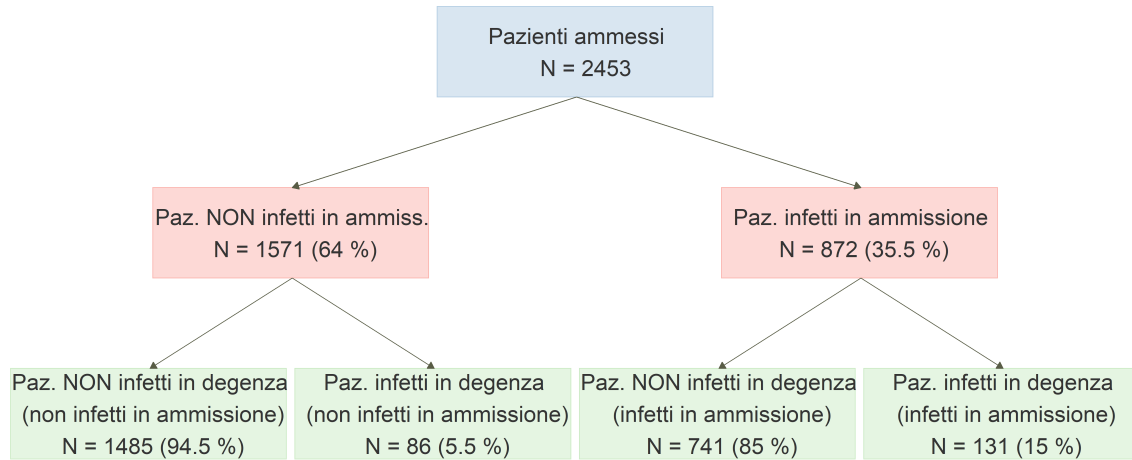
Anno 2022

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

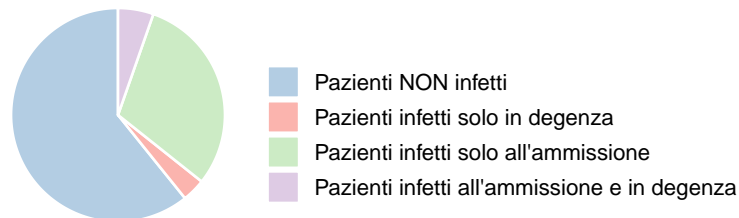
Popolazione complessiva: 7 TI

TI Veneto

## 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



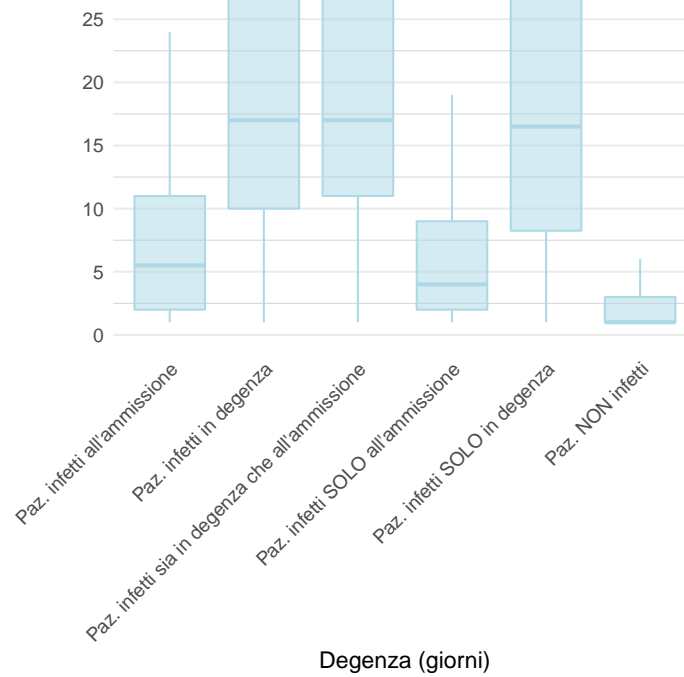
Per N = 10 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	1485	60.8
Pazienti infetti solo in degenza	86	3.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	741	30.3
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	131	5.4

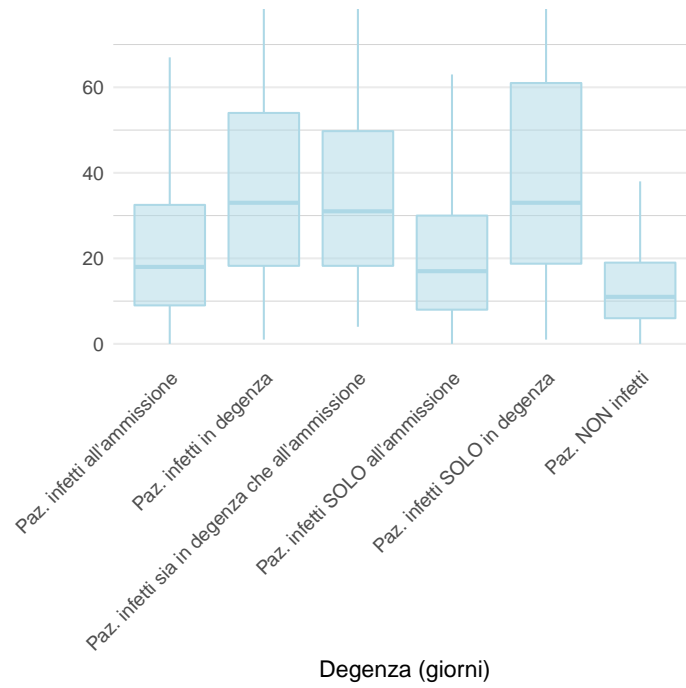
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 2443).

### 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )					
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )	
Pazienti NON infetti	1485	60.5	1	( 1 - 3 )	
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	741	30.2	4	( 2 - 9 )	
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	131	5.3	17	( 11 - 30 )	
Pazienti infetti SOLO in degenza	86	3.5	16	( 8 - 30 )	
Pazienti infetti all'ammissione	872	35.5	6	( 2 - 11 )	
Pazienti infetti in degenza	217	8.8	17	( 10 - 30 )	

1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

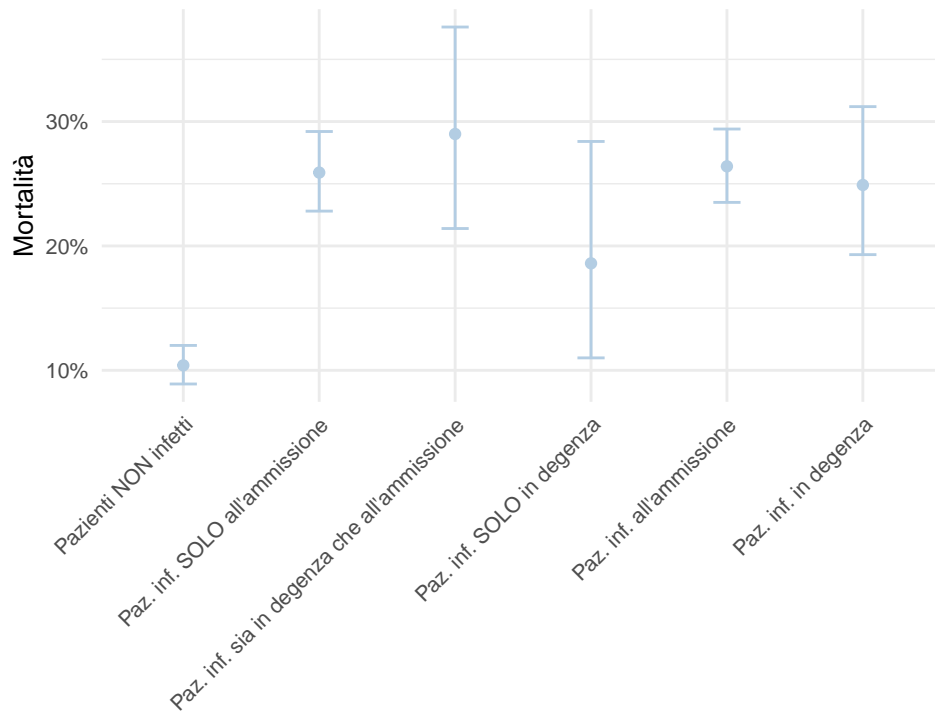


Degenza ospedaliera ( giorni )					
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )	
Pazienti NON infetti	1485	60.5	11	( 6 - 19 )	
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	741	30.2	17	( 8 - 30 )	
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	131	5.3	31	( 18 - 50 )	
Pazienti infetti SOLO in degenza	86	3.5	33	( 19 - 61 )	
Pazienti infetti all'ammissione	872	35.5	18	( 9 - 32 )	
Pazienti infetti in degenza	217	8.8	33	( 18 - 54 )	

\* escluse le riammissioni (N = 92)

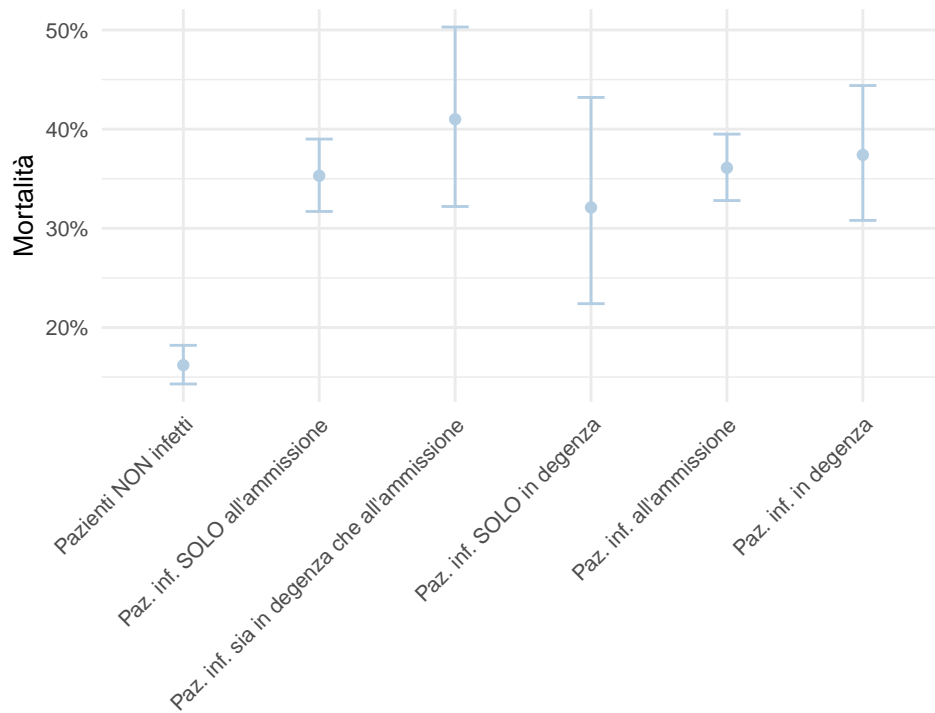


## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1485	154	10.4	( 8.9 - 12 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	741	192	25.9	( 22.8 - 29.2 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	131	38	29.0	( 21.4 - 37.6 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	86	16	18.6	( 11 - 28.4 )
Pazienti infetti all'ammissione	872	230	26.4	( 23.5 - 29.4 )
Pazienti infetti in degenza	217	54	24.9	( 19.3 - 31.2 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

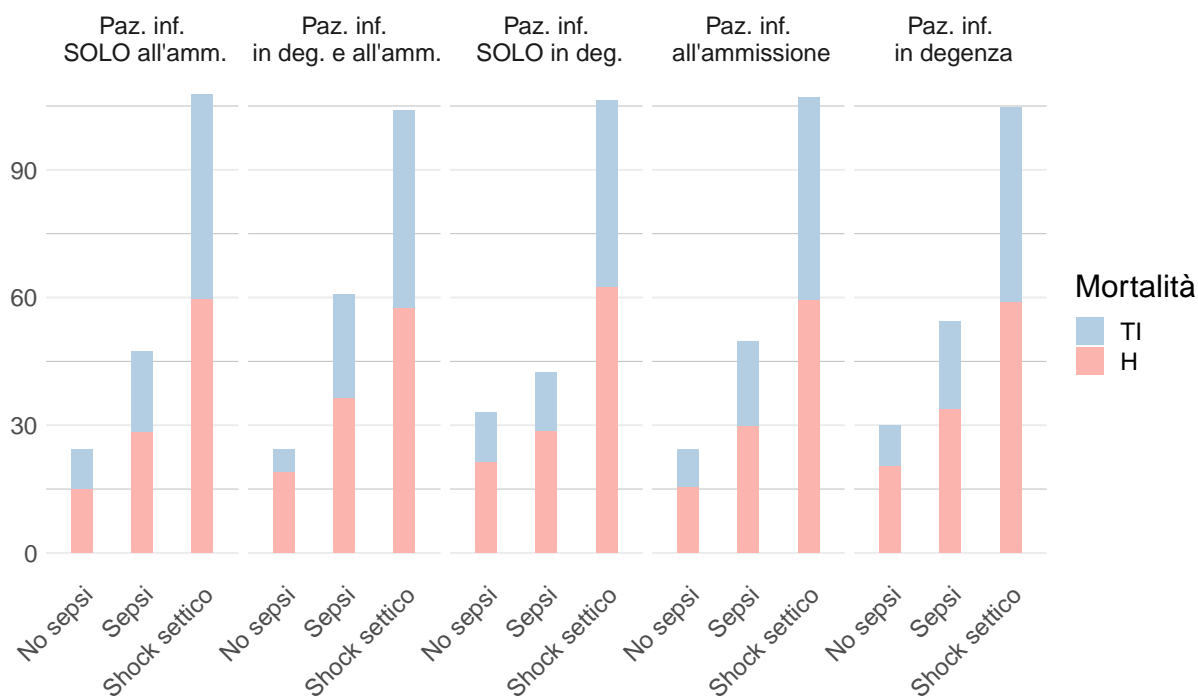


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1485	232	16.2	( 14.3 - 18.2 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	741	247	35.3	( 31.7 - 39 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	131	50	41.0	( 32.2 - 50.3 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	86	27	32.1	( 22.4 - 43.2 )
Pazienti infetti all'ammissione	872	297	36.1	( 32.8 - 39.5 )
Pazienti infetti in degenza	217	77	37.4	( 30.8 - 44.4 )

\* escluse le riammissioni (N = 92)

## 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	741	168	340	231	22.7	46.0	31.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	131	18	70	43	13.7	53.4	32.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	86	34	36	16	39.5	41.9	18.6
Pazienti infetti all'ammissione	872	186	410	274	21.4	47.1	31.5
Pazienti infetti in degenza	217	52	106	59	24.0	48.8	27.2



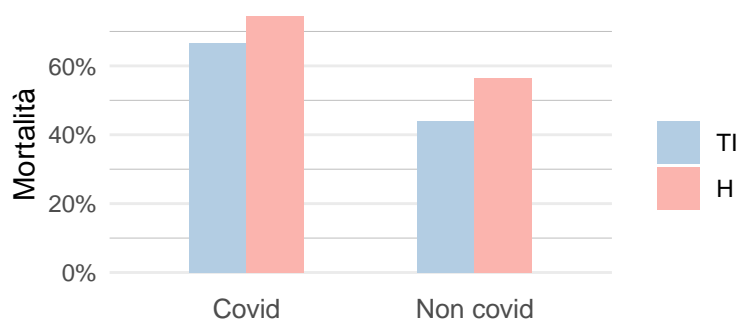
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	168	16	9.5	154	23	14.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	18	1	5.6	16	3	18.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	34	4	11.8	33	7	21.2
Pazienti infetti all'ammissione	186	17	9.1	170	26	15.3
Pazienti infetti in degenza	52	5	9.6	49	10	20.4

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	340	65	19.1	324	91	28.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	70	17	24.3	67	24	36.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	36	5	13.9	35	10	28.6
Pazienti infetti all'ammissione	410	82	20.0	391	115	29.7
Pazienti infetti in degenza	106	22	20.8	102	34	33.7

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	231	111	48.1	223	133	59.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	43	20	46.5	41	23	57.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	16	7	43.8	16	10	62.5
Pazienti infetti all'ammissione	274	131	47.8	264	156	59.3
Pazienti infetti in degenza	59	27	45.8	57	33	58.9

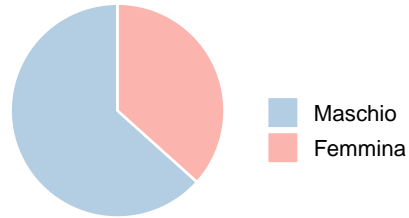
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	45	30	66.7	44	32	74.4
Non covid	229	101	44.1	220	124	56.4

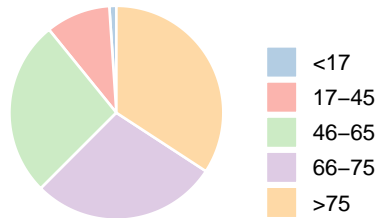
## 2 Tutti i pazienti ( N = 2453 )

### 2.1 Sesso



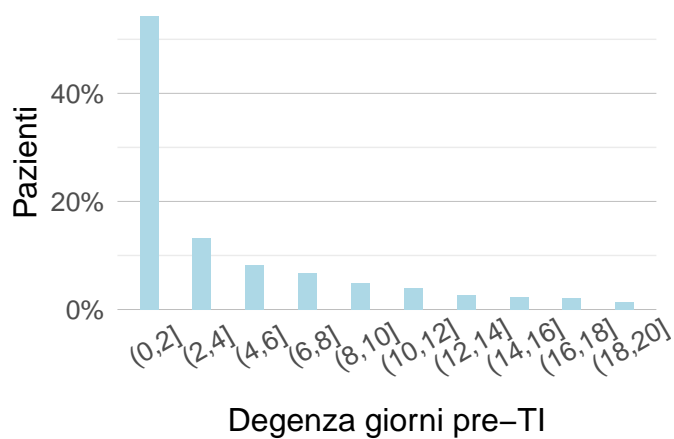
Sesso	N	%
Maschio	1554	63.4
Femmina	899	36.6
Missing	0	0

### 2.2 Età



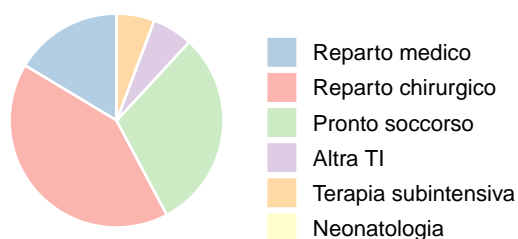
Range età	N	%
<17	26	1.1
17-45	240	9.8
46-65	654	26.7
66-75	694	28.3
>75	839	34.2
Missing	0	0

## 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



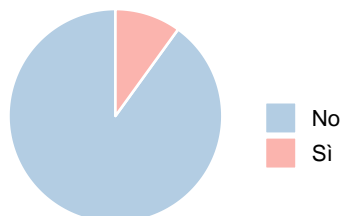
Indicatore	Valore
Media	4.1
DS	11.0
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	9

## 2.4 Provenienza ( reparto )



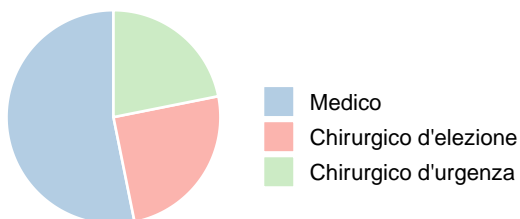
Provenienza	N	%
Reparto medico	400	16.4
Reparto chirurgico	1012	41.4
Pronto soccorso	741	30.3
Altra TI	150	6.1
Terapia subintensiva	140	5.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	10	0

## 2.5 Trauma



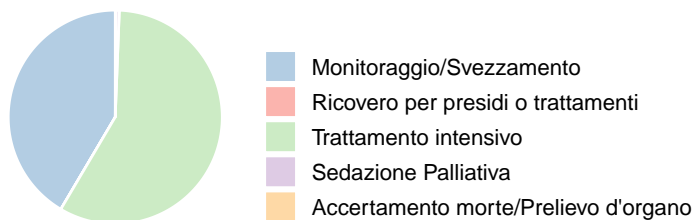
Trauma	N	%
No	2204	90.0
Sì	244	10.0
Missing	5	0

## 2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	1301	53.2
Chirurgico d'elezione	611	25.0
Chirurgico d'urgenza	535	21.9
Missing	6	0

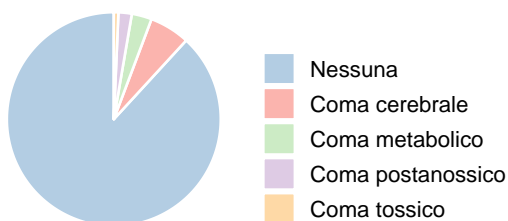
## 2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1016	41.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

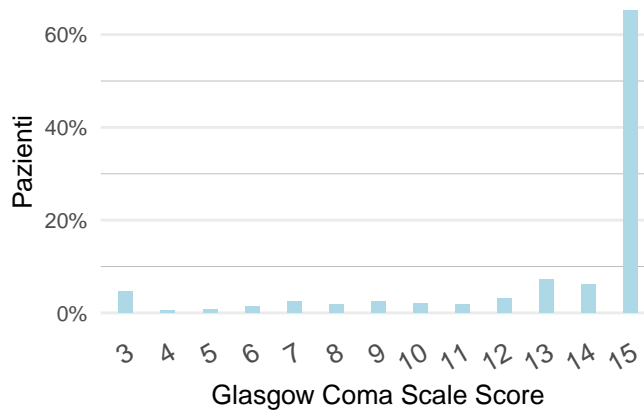
Trattamento intensivo	1417	57.9
Sedazione Palliativa	12	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	5	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1923	88.2
Coma cerebrale	133	6.1
Coma metabolico	66	3.0
Coma postanossico	44	2.0
Coma tossico	15	0.7
Missing	272	0

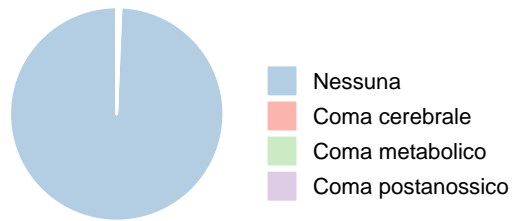
## 2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



Indicatore	Valore
Media	13.2
DS	3.3
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

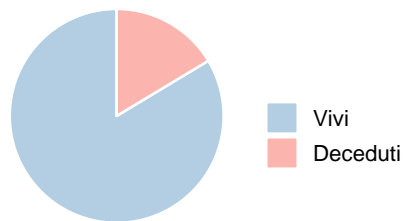


## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



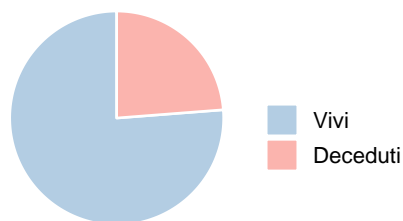
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	2427	99.3
Coma cerebrale	7	0.3
Coma metabolico	9	0.4
Coma postanossico	0	0.0
Missing	10	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2042	83.6
Deceduti	400	16.4
Missing	11	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

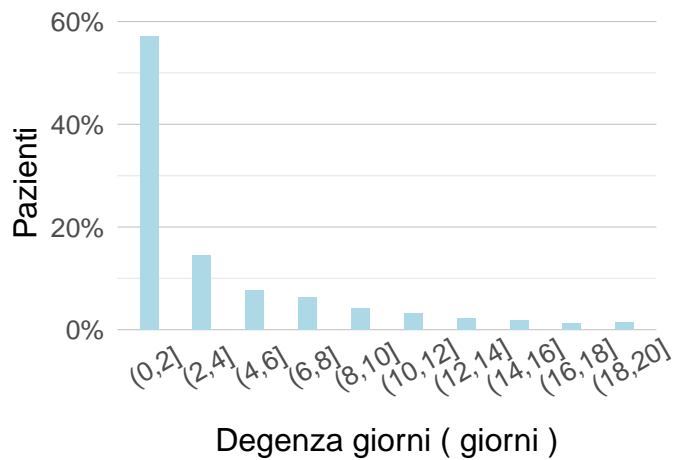


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1786	76.2
Deceduti		
Missing		

Deceduti	557	23.8
Missing	18	0

\* Statistiche calcolate su 2361 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 92 ).

### 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.7 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-6)
Missing	10

### 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

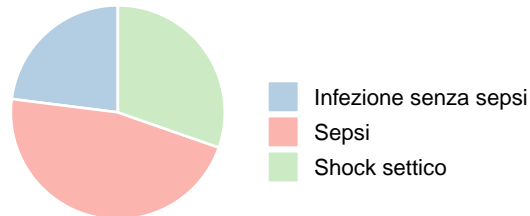


Indicatore	Valore
Media (DS)	19.9 (21.6)
Mediana (Q1-Q3)	13 (7-25)
Missing	17

\* Statistiche calcolate su 2361 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 92 ).

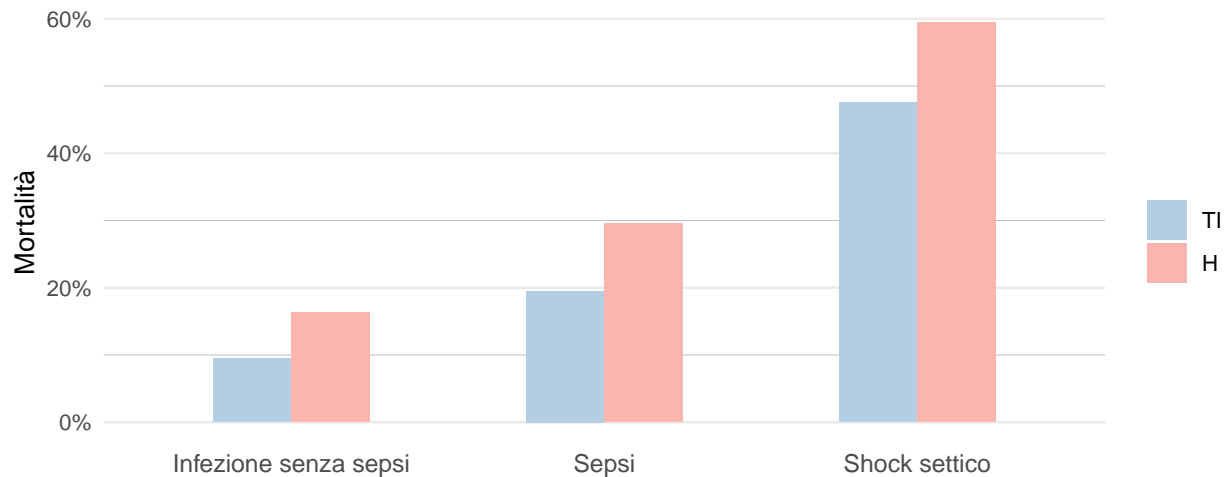
### 3 Pazienti infetti ( N = 958 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	220	23.0
Sepsis	446	46.7
Shock settico	290	30.3
Missing	2	0

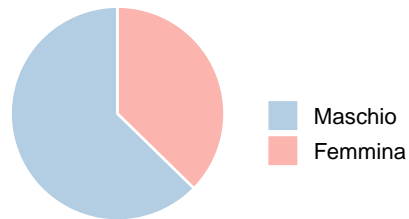
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	9.5	16.3
Sepsis	19.5	29.6
Shock settico	47.6	59.5

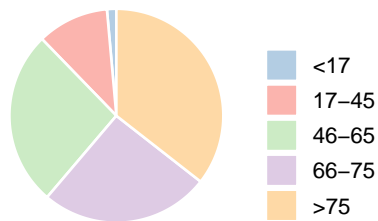
## 4 Pazienti non infetti ( N = 1485 )

### 4.1 Sesso



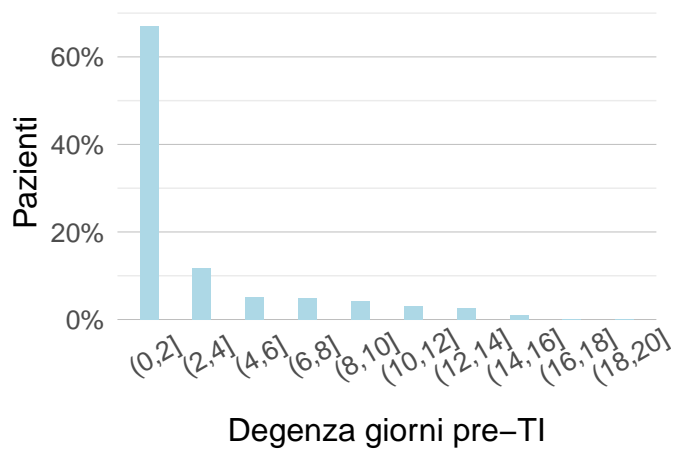
Sesso	N	%
Maschio	931	62.7
Femmina	554	37.3
Missing	0	0

### 4.2 Età



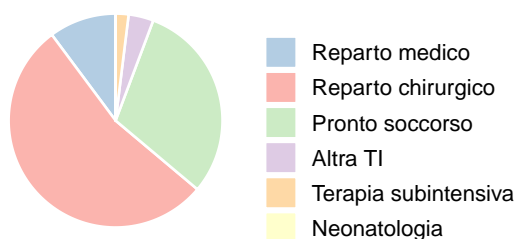
Range età	N	%
<17	21	1.4
17-45	161	10.8
46-65	394	26.5
66-75	381	25.7
>75	528	35.6
Missing	0	0

## 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



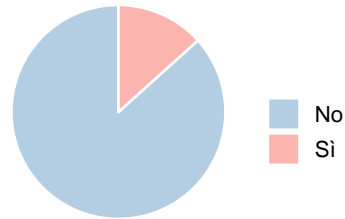
Indicatore	Valore
Media	2.8
DS	7.9
Mediana	0
Q1-Q3	0-1
Missing	2

## 4.4 Provenienza ( reparto )



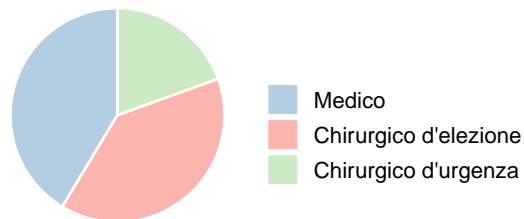
Provenienza	N	%
Reparto medico	151	10.2
Reparto chirurgico	797	53.7
Pronto soccorso	451	30.4
Altra TI	56	3.8
Terapia subintensiva	29	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

## 4.5 Trauma



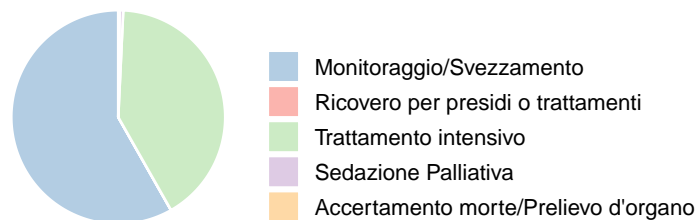
Trauma	N	%
No	1287	86.7
Sì	198	13.3
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	614	41.4
Chirurgico d'elezione	581	39.2
Chirurgico d'urgenza	289	19.5
Missing	1	0

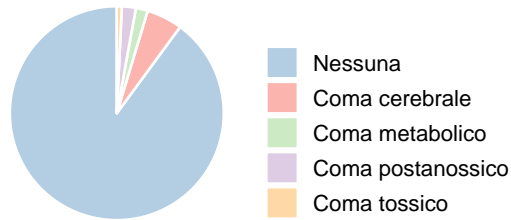
## 4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	864	58.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

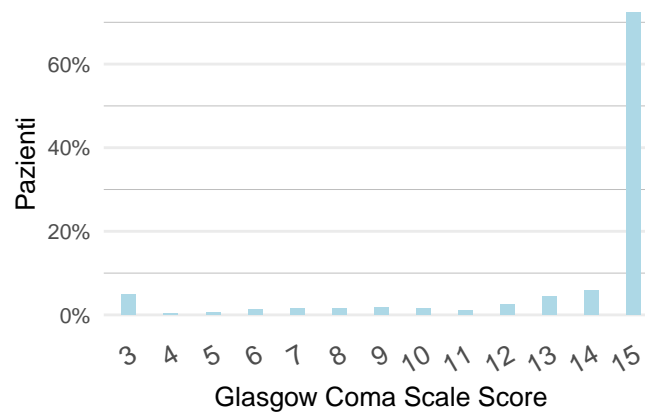
Trattamento intensivo	609	41.0
Sedazione Palliativa	8	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.2
Missing	1	0

#### 4.8 Insufficienza neurologica



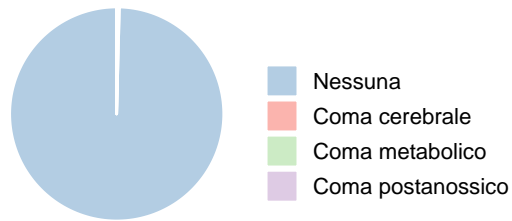
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1195	89.9
Coma cerebrale	72	5.4
Coma metabolico	24	1.8
Coma postanossico	28	2.1
Coma tossico	10	0.8
Missing	156	0

#### 4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



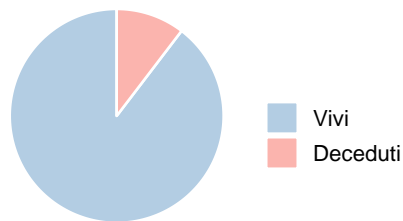
Indicatore	Valore
Media	11.5
DS	3.2
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



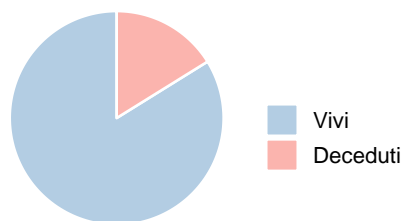
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1479	99.6
Coma cerebrale	3	0.2
Coma metabolico	3	0.2
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	0.0

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1330	89.6
Deceduti	154	10.4
Missing	1	0.0

## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



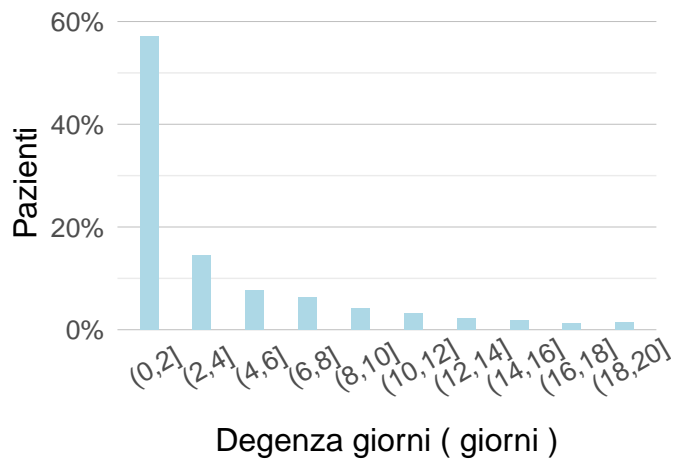
Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1204	83.8



Deceduti	232	16.2
Missing	4	0

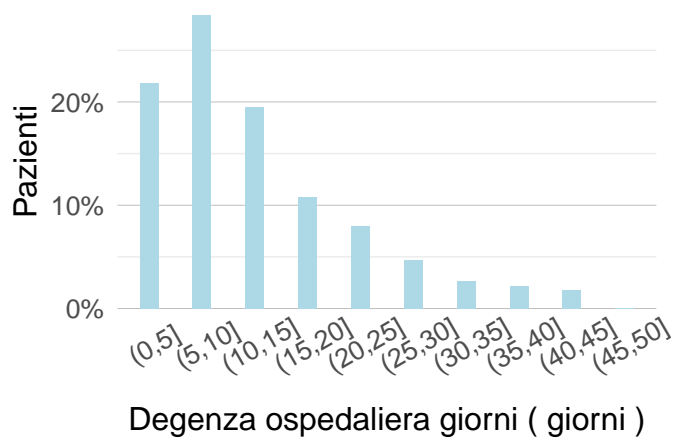
\* Statistiche calcolate su 1440 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 45 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.9 (6.9)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	1

#### 4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

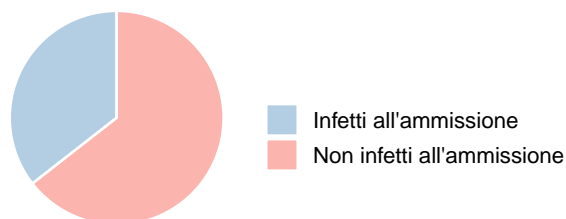


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.8 (18.2)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-19)
Missing	4

\* Statistiche calcolate su 1440 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (  $N = 45$  ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

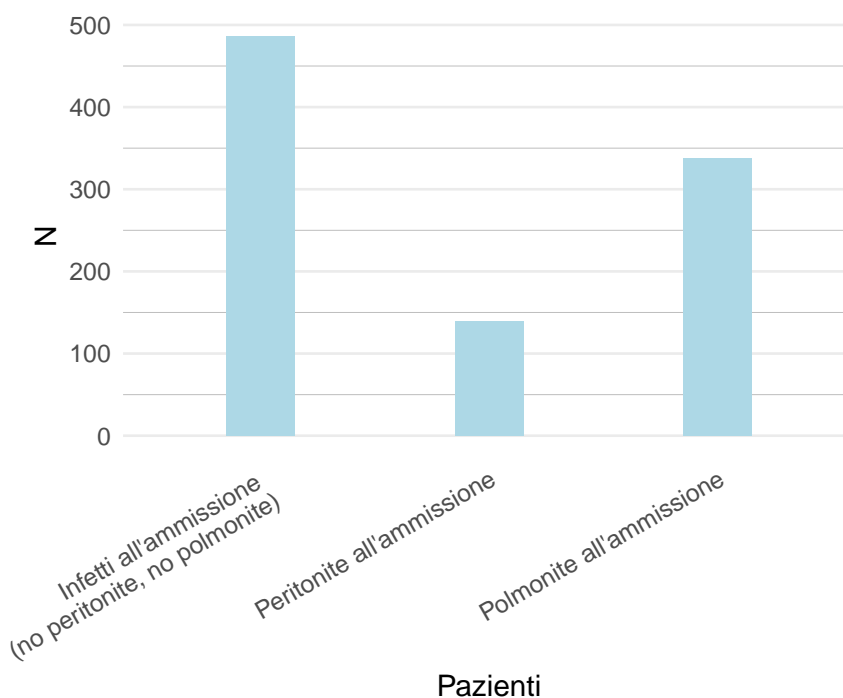
Sono presenti 872 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 35.55% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	872	35.55
Non infetti all'ammissione	1581	64.45

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 2453).

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

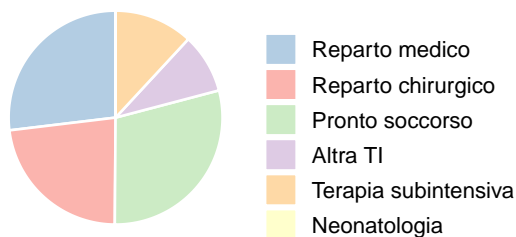


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	486	55.73
Peritonite all'ammissione	139	15.94
Polmonite all'ammissione	338	38.76

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 872).

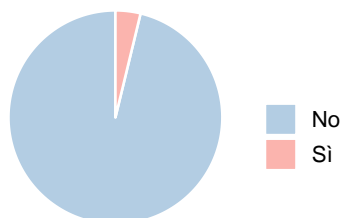
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 872)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



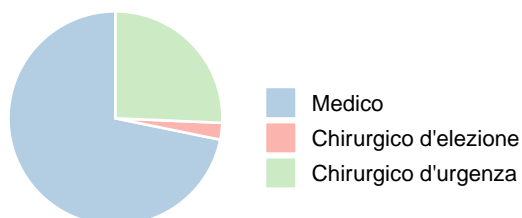
Provenienza	N	%
Reparto medico	233	26.9
Reparto chirurgico	199	23.0
Pronto soccorso	253	29.2
Altra TI	78	9.0
Terapia subintensiva	103	11.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	6	0

### 5.2 Trauma



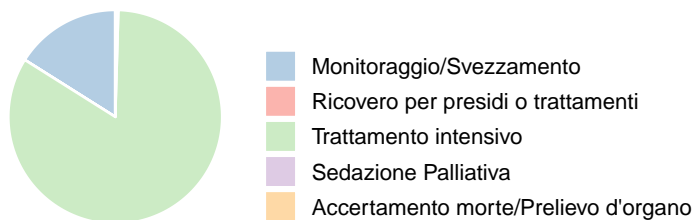
Trauma	N	%
No	839	96.2
Sì	33	3.8
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



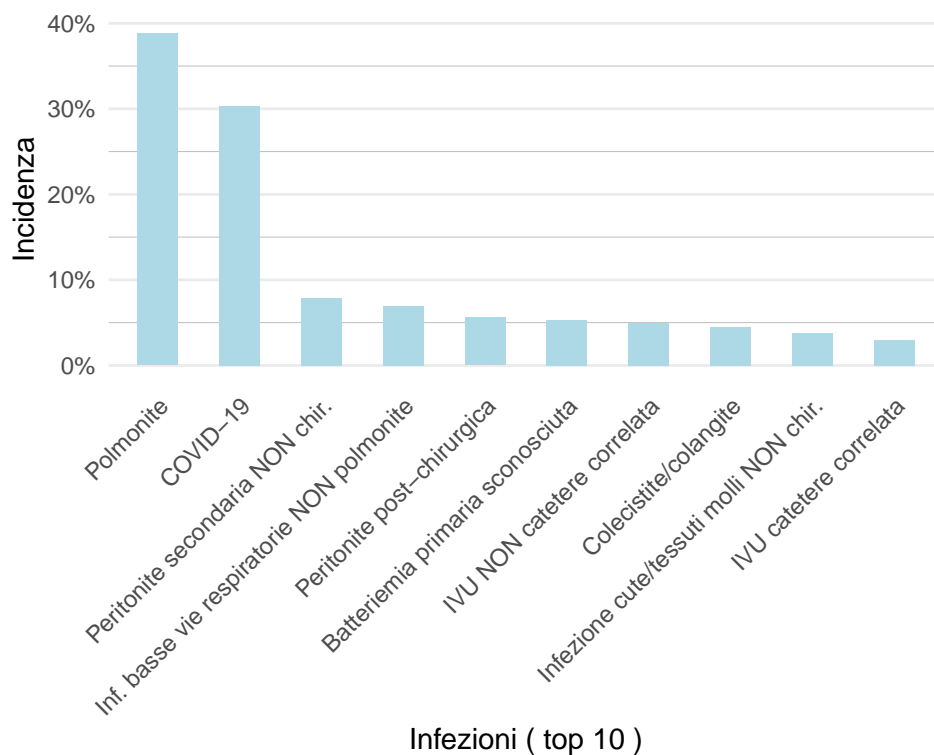
Stato chirurgico	N	%
Medico	626	71.8
Chirurgico d'elezione	22	2.5
Chirurgico d'urgenza	224	25.7
Missing	0	0

#### 5.4 Motivo di ammissione



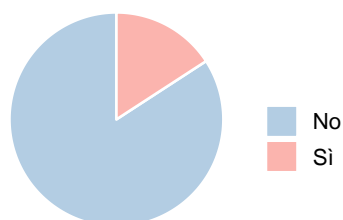
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	140	16.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	728	83.5
Sedazione Palliativa	4	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



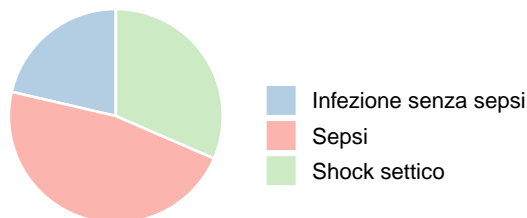
Infezione	N	%
Polmonite	338	38.8
COVID-19	264	30.3
Peritonite secondaria NON chir.	69	7.9
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	60	6.9
Peritonite post-chirurgica	49	5.6
Batteriemia primaria sconosciuta	46	5.3
IVU NON catetere correlata	44	5.0
Colecistite/colangite	39	4.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	33	3.8
IVU catetere correlata	26	3.0
Missing	0	NA

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	734	84.2
Sì	138	15.8
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	186	21.4
Sepsi	410	47.1
Shock settico	274	31.5
Missing	2	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.

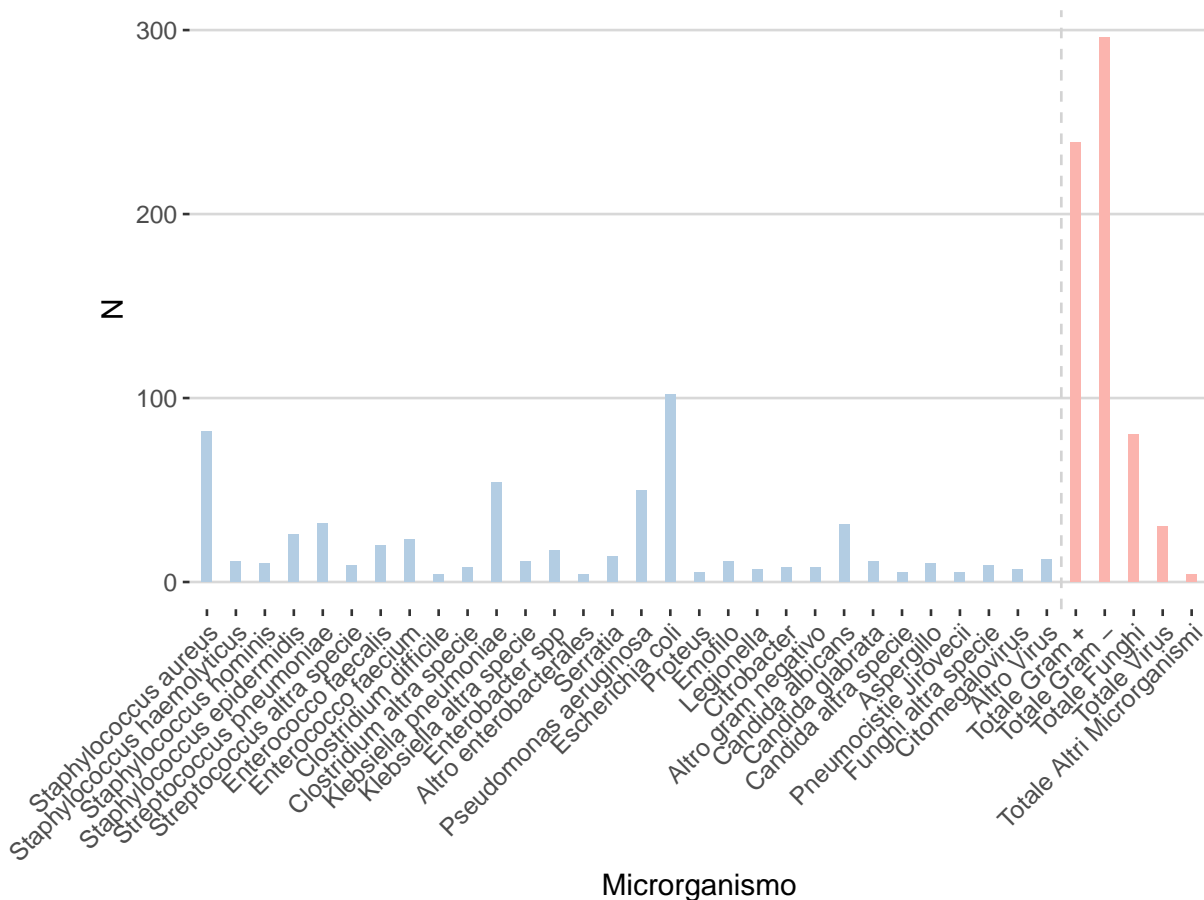
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	246	27.9
Sì	635	72.1
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>881</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>787</b>	

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	82	12.9	75	18	24
Staphylococcus capitis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	11	1.7	11	8	72.7
Staphylococcus hominis	10	1.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.3	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	26	4.1	0	0	0
Pyogens	2	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	32	5.0	29	2	6.9
Streptococcus altra specie	9	1.4	8	1	12.5
Enterococco faecalis	20	3.1	17	0	0
Enterococco faecium	23	3.6	22	3	13.6
Enterococco altra specie	3	0.5	3	1	33.3
Clostridium difficile	4	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	8	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>239</b>	<b>37.6</b>	<b>165</b>	<b>33</b>	<b>20</b>
Klebsiella pneumoniae	54	8.5	52	9	17.3
Klebsiella altra specie	11	1.7	9	0	0
Enterobacter spp	17	2.7	14	5	35.7
Altro enterobacterales	4	0.6	3	0	0
Serratia	14	2.2	11	1	9.1
Pseudomonas aeruginosa	50	7.9	48	6	12.5
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	102	16.1	97	2	2.1
Proteus	5	0.8	4	0	0
Acinetobacter	2	0.3	2	1	50
Emofilo	11	1.7	0	0	0
Legionella	7	1.1	0	0	0
Citrobacter	8	1.3	8	0	0
Morganella	2	0.3	2	0	0
Altro gram negativo	8	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>296</b>	<b>46.6</b>	<b>251</b>	<b>24</b>	<b>9.6</b>
Candida albicans	31	4.9	0	0	0
Candida glabrata	11	1.7	0	0	0
Candida krusei	3	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	5	0.8	0	0	0
Aspergillo	10	1.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	9	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>80</b>	<b>12.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	3	0.5			
Influenza AH3N2	3	0.5			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	7	1.1			
Herpes simplex	4	0.6			
Altro Virus	12	1.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>30</b>	<b>4.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>4</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

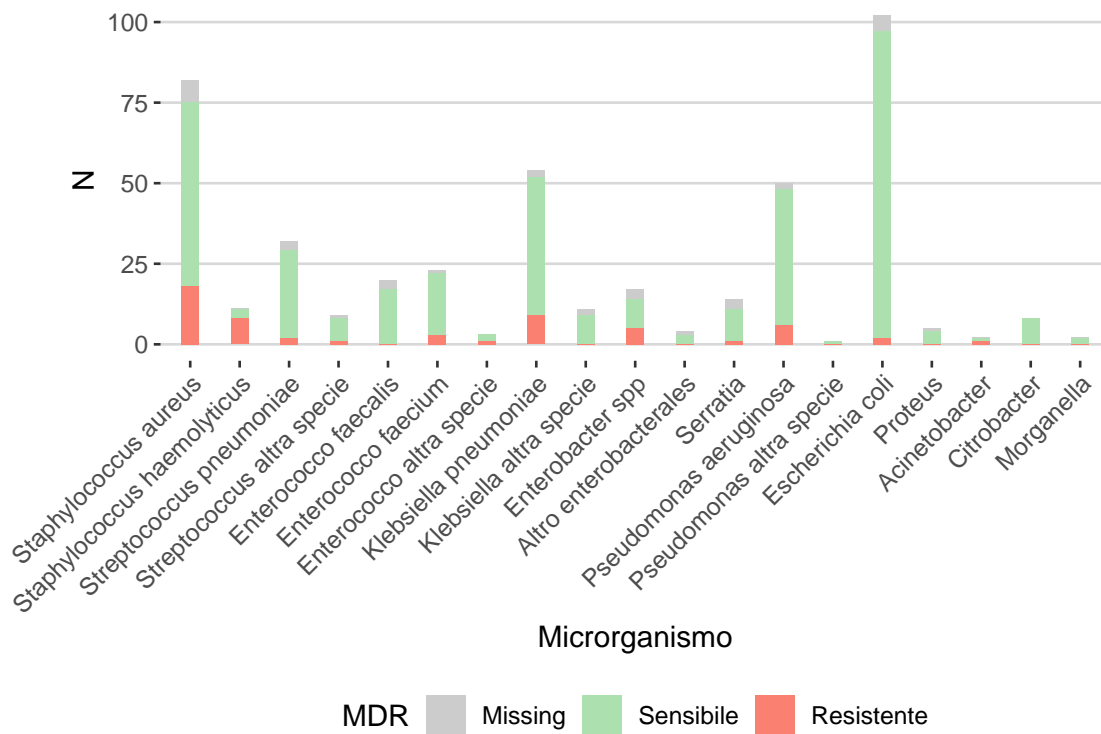




Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	82	12.9	75	18	24
Staphylococcus capitis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	11	1.7	11	8	72.7
Staphylococcus hominis	10	1.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	26	4.1	0	0	0
Pyogens	2	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	32	5.0	29	2	6.9
Streptococcus altra specie	9	1.4	8	1	12.5
Enterococco faecalis	20	3.1	17	0	0
Enterococco faecium	23	3.6	22	3	13.6
Enterococco altra specie	3	0.5	3	1	33.3
Clostridium difficile	4	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	8	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>239</b>	<b>37.6</b>	<b>165</b>	<b>33</b>	<b>20</b>
Klebsiella pneumoniae	54	8.5	52	9	17.3
Klebsiella altra specie	11	1.7	9	0	0
Enterobacter spp	17	2.7	14	5	35.7
Altro enterobacterales	4	0.6	3	0	0

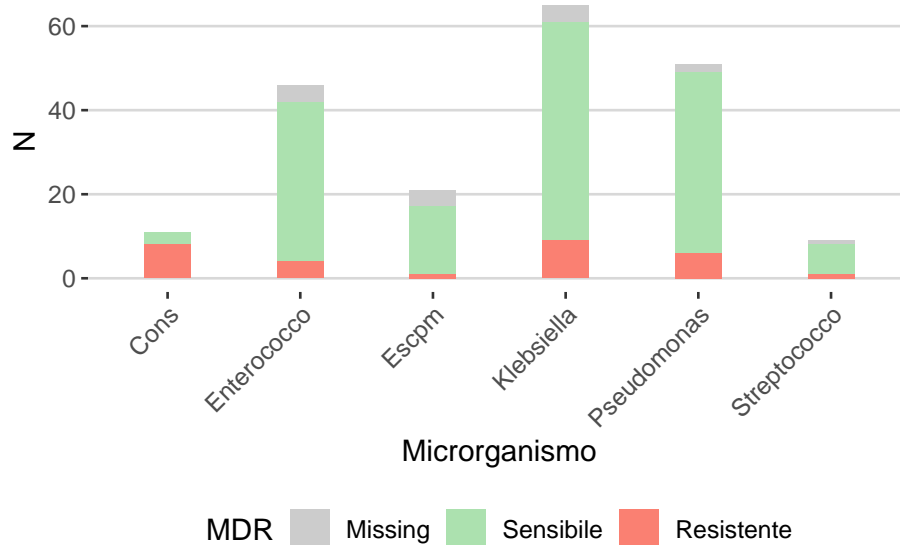
Serratia	14	2.2	11	1	9.1
Pseudomonas aeruginosa	50	7.9	48	6	12.5
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	102	16.1	97	2	2.1
Proteus	5	0.8	4	0	0
Acinetobacter	2	0.3	2	1	50
Emofilo	11	1.7	0	0	0
Legionella	7	1.1	0	0	0
Citrobacter	8	1.3	8	0	0
Morganella	2	0.3	2	0	0
Altro gram negativo	8	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>296</b>	<b>46.6</b>	<b>251</b>	<b>24</b>	<b>9.6</b>
Candida albicans	31	4.9	0	0	0
Candida glabrata	11	1.7	0	0	0
Candida krusei	3	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	5	0.8	0	0	0
Aspergillo	10	1.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	9	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>80</b>	<b>12.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	3	0.5			
Influenza AH3N2	3	0.5			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	7	1.1			
Herpes simplex	4	0.6			
Altro Virus	12	1.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>30</b>	<b>4.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	2	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>4</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 ( Clamidia, Providencia, Candida auris, Influenza altro A, Influenza B ). 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	11	11	3	8	72.73	0
Enterococco	46	42	38	4	9.52	4
Escpm	21	17	16	1	5.88	4
Klebsiella	65	61	52	9	14.75	4
Pseudomonas	51	49	43	6	12.24	2
Streptococco	9	8	7	1	12.50	1

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	52	Ertapenem	5	9.62
Klebsiella pneumoniae	52	Meropenem	8	15.38
Enterobacter spp	14	Ertapenem	3	21.43
Enterobacter spp	14	Meropenem	2	14.29
Escherichia coli	96	Ertapenem	2	2.08

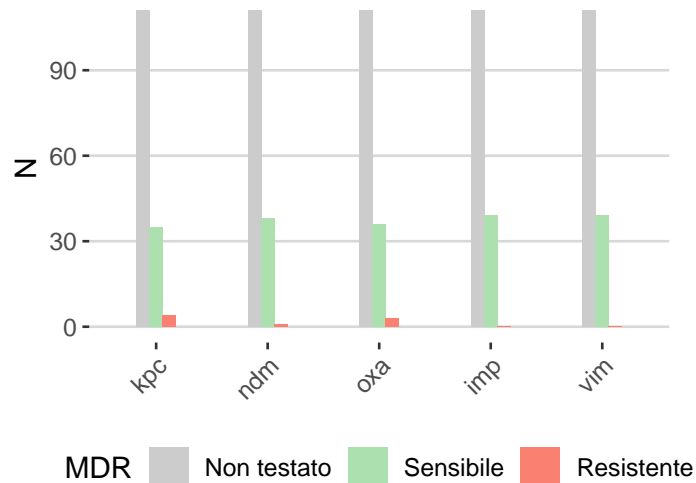
Escherichia coli	97	Meropenem	2	2.06
Serratia	11	Ertapenem	1	9.09
Serratia	11	Meropenem	1	9.09
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	48	Imipenem	5	10.42
Pseudomonas aeruginosa	48	Meropenem	4	8.33
Staphylococcus haemolyticus	11	Meticillina	8	72.73
Staphylococcus aureus	75	Meticillina	18	24.00
Streptococcus pneumoniae	29	Penicillina	2	6.90
Streptococcus altra specie	8	Penicillina	1	12.50
Enterococco faecium	22	Vancomicina	3	13.64
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

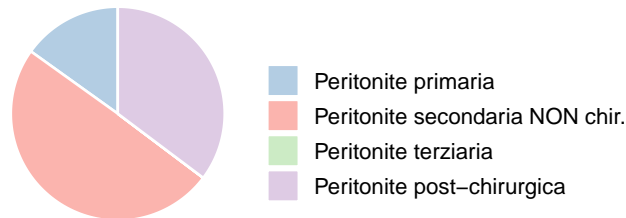
	N	%
Si	8	5.33
No	31	20.67
Non testato	111	74
Missing	67	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	39	111
kpc	4	50.0	35	111
ndm	1	12.5	38	111
oxa	3	37.5	36	111
vim	0	0.0	39	111



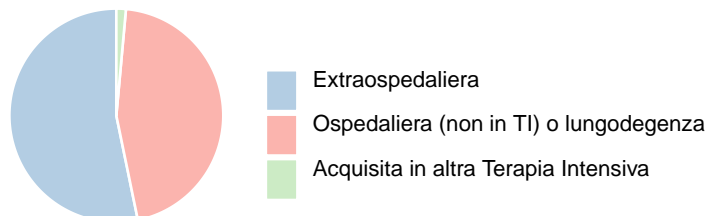
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 139)

### 6.1 Tipologia di peritonite



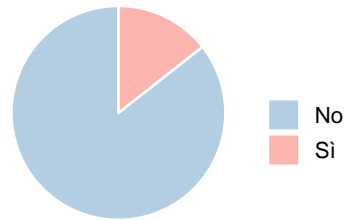
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	21	15.1
Peritonite secondaria NON chir.	69	49.6
Peritonite terziaria	0	0.0
Peritonite post-chirurgica	49	35.3
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



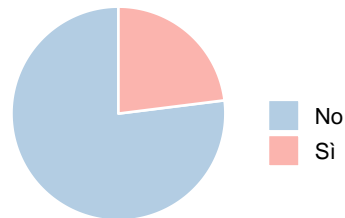
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	74	53.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	63	45.3
Acquisita in altra Terapia Intensiva	2	1.4
Missing	0	0

### 6.3 Infezione batteriemicca



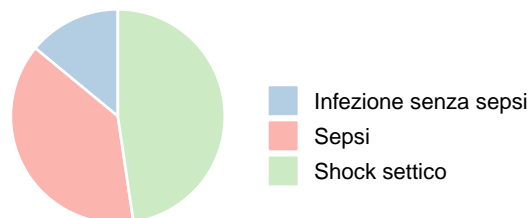
Batteriemicca	N	%
No	119	85.6
Si	20	14.4
Missing	0	0

### 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	107	77.0
Si	32	23.0
Missing	0	0

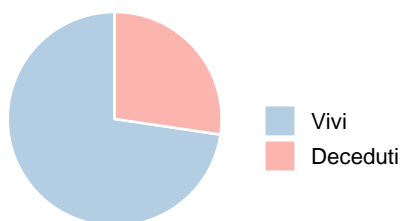
### 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	15	14.0
Sepsi	41	38.3
Shock settico	51	47.7
Missing	0	0

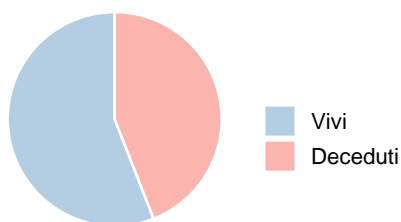
\* Statistiche calcolate su 107 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 32 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	101	72.7
Deceduti	38	27.3
Missing	0	0

## 6.7 Mortalità ospedaliera \*

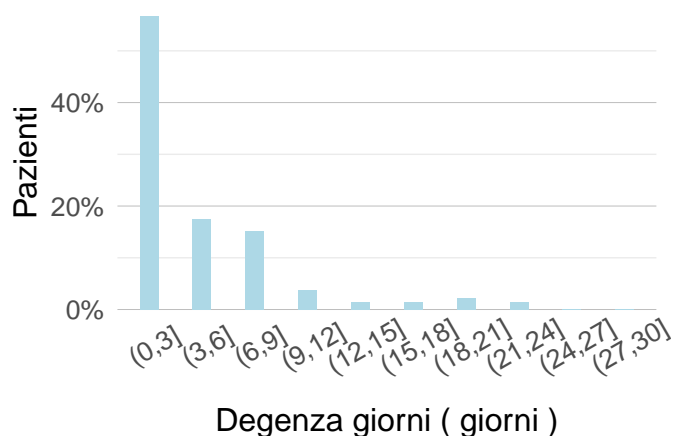


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	66	55.9
Deceduti	52	44.1
Missing	1	0

\* Statistiche calcolate su 119 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 20 ).

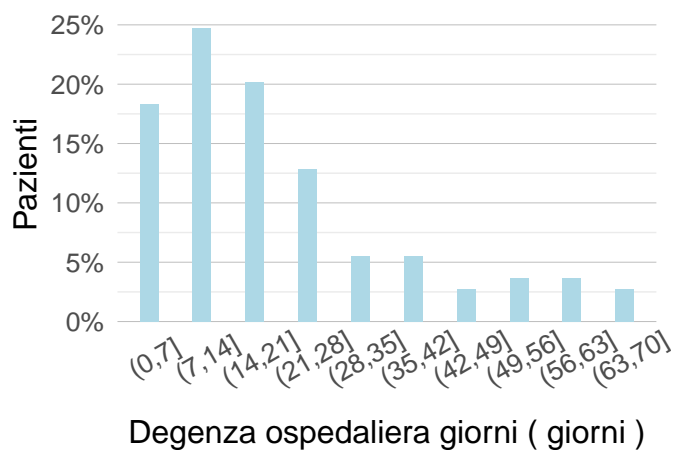


### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.6 (10.5)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.8 (26.0)
Mediana (Q1-Q3)	17 (8-30.5)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 119 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 20 ).

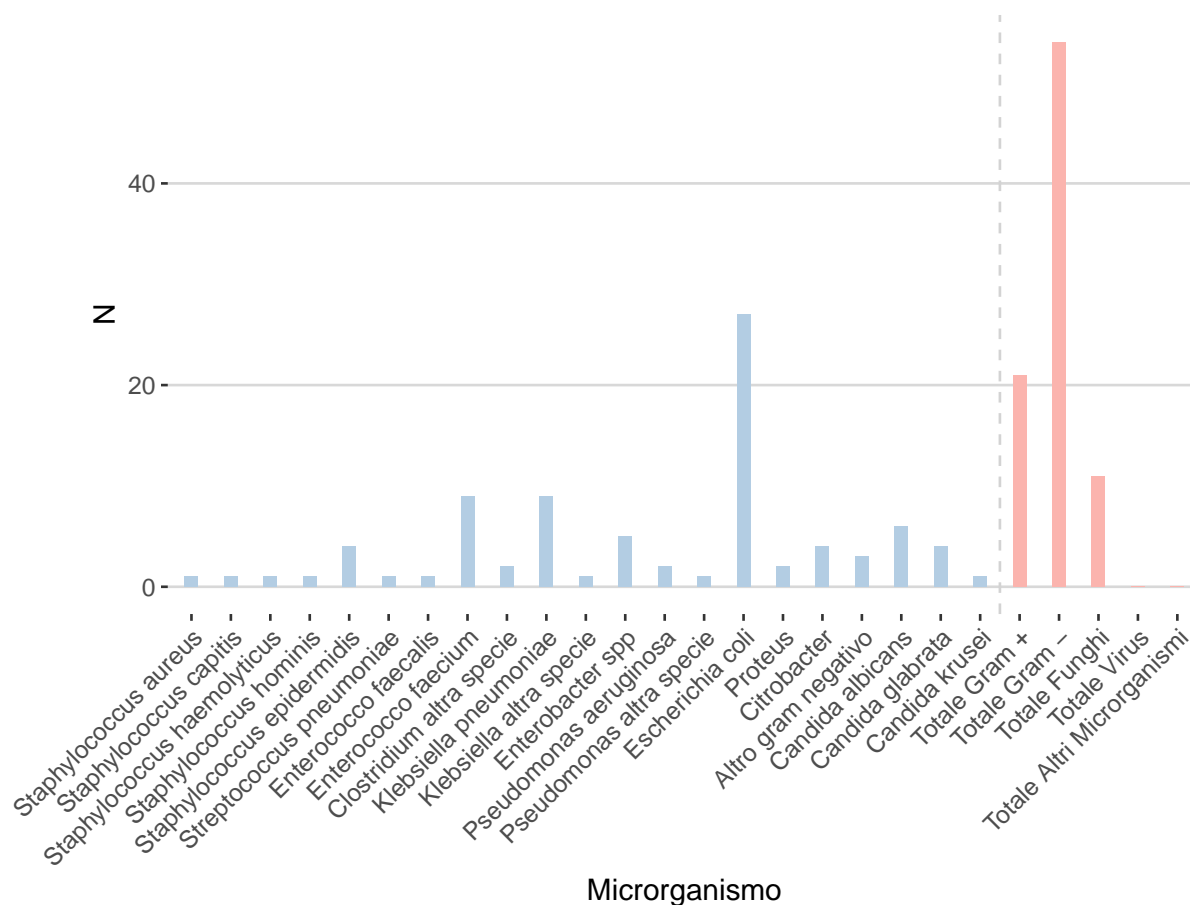
### 6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	78	56.1
Sì	61	43.9
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>139</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>86</b>	

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

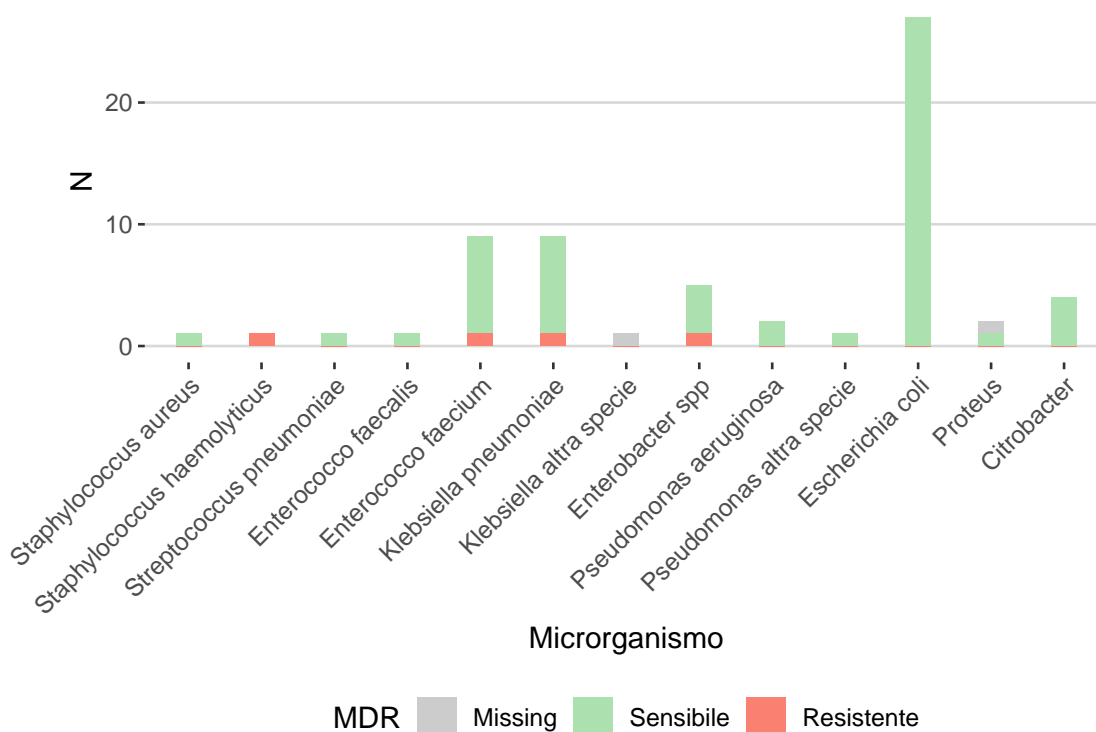
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.6	1	0	0
Staphylococcus capitis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	6.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.6	1	0	0
Enterococco faecalis	1	1.6	1	0	0
Enterococco faecium	9	14.8	9	1	11.1
Clostridium altra specie	2	3.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>21</b>	<b>34.4</b>	<b>13</b>	<b>2</b>	<b>15.4</b>
Klebsiella pneumoniae	9	14.8	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	1	1.6	0	0	0
Enterobacter spp	5	8.2	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	2	3.3	2	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.6	1	0	0
Escherichia coli	27	44.3	27	0	0
Proteus	2	3.3	1	0	0
Citrobacter	4	6.6	4	0	0
Altro gram negativo	3	4.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>54</b>	<b>88.5</b>	<b>49</b>	<b>2</b>	<b>4.1</b>
Candida albicans	6	9.8	0	0	0
Candida glabrata	4	6.6	0	0	0
Candida krusei	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>11</b>	<b>18.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	1.6	1	0	0
Staphylococcus capitis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	6.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.6	1	0	0
Enterococcus faecalis	1	1.6	1	0	0
Enterococcus faecium	9	14.8	9	1	11.1
Clostridium altra specie	2	3.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>21</b>	<b>34.4</b>	<b>13</b>	<b>2</b>	<b>15.4</b>
Klebsiella pneumoniae	9	14.8	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	1	1.6	0	0	0
Enterobacter spp	5	8.2	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	2	3.3	2	0	0
Pseudomonas altra specie	1	1.6	1	0	0
Escherichia coli	27	44.3	27	0	0
Proteus	2	3.3	1	0	0
Citrobacter	4	6.6	4	0	0
Altro gram negativo	3	4.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>54</b>	<b>88.5</b>	<b>49</b>	<b>2</b>	<b>4.1</b>
Candida albicans	6	9.8	0	0	0
Candida glabrata	4	6.6	0	0	0

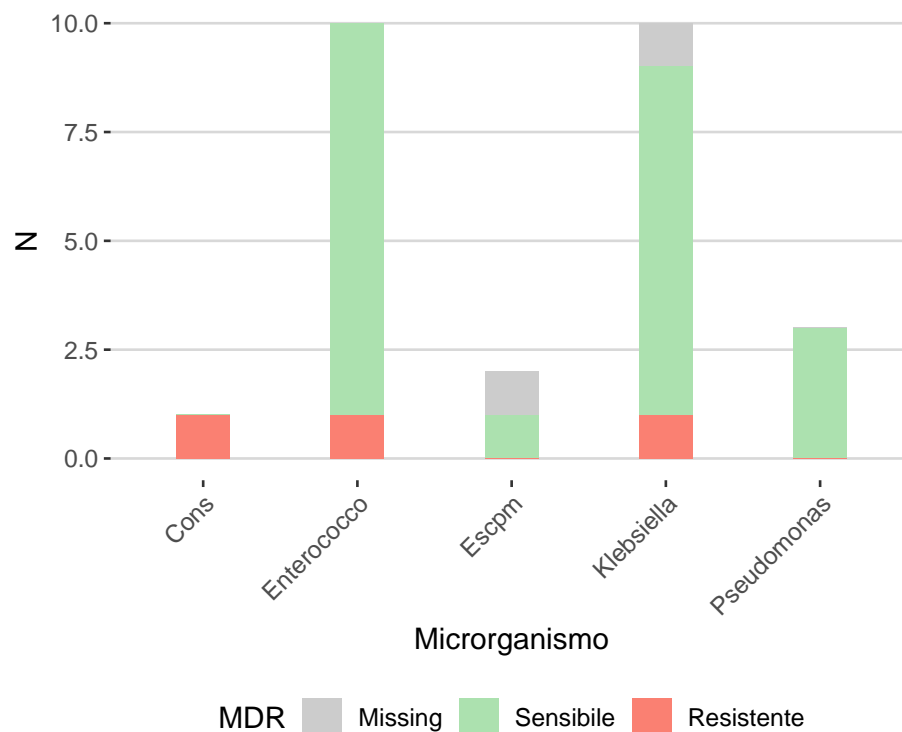
Candida krusei	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>11</b>	<b>18.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 lugdunensis, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Acinetobacter, Clamidia, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro enterobacterales, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida altra specie, Funghi altra specie, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	10	10	9	1	10.00	0
Escpm	2	1	1	0	0.00	1
Klebsiella	10	9	8	1	11.11	1
Pseudomonas	3	3	3	0	0.00	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	1	11.11
Enterobacter spp	5	Ertapenem	1	20.00

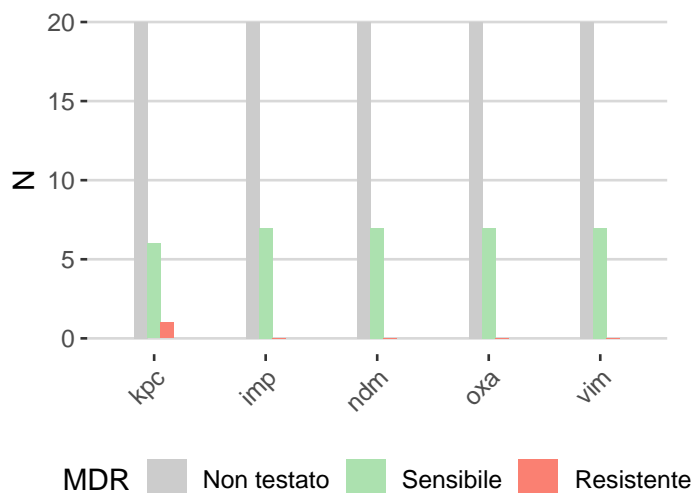
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecium	9	Vancomicina	1	11.11

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

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

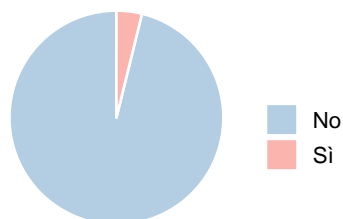
	N	%
Sì	1	3.7
No	6	22.22
Non testato	20	74.07
Missing	13	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	7	20
kpc	1	100	6	20
ndm	0	0	7	20
oxa	0	0	7	20
vim	0	0	7	20



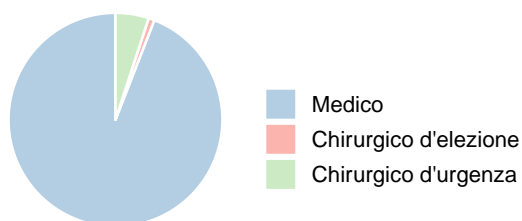
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 338)

### 7.1 Trauma



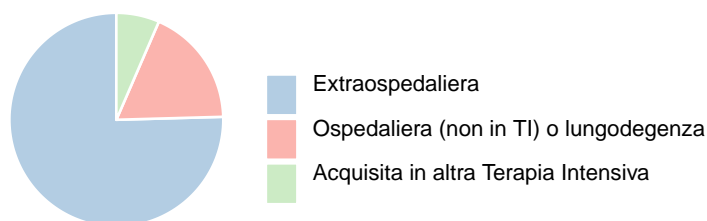
Trauma	N	%
No	325	96.2
Si	13	3.8
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	318	94.1
Chirurgico d'elezione	3	0.9
Chirurgico d'urgenza	17	5.0
Missing	0	0

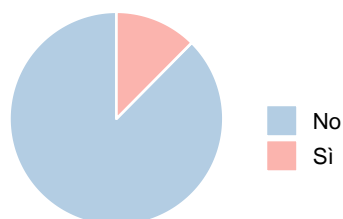
### 7.3 Tipo di infezione



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

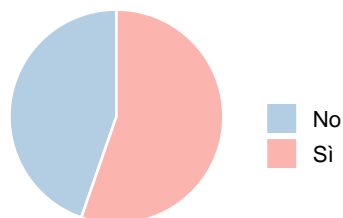
Extraospedaliera	255	75.4
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	61	18.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	22	6.5
Missing	0	0

#### 7.4 Infezione batteriemicca



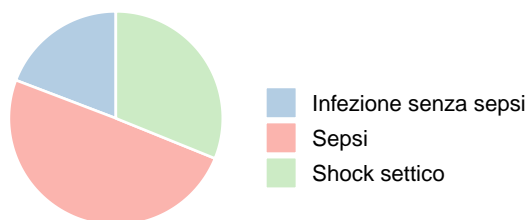
Batteriemicca	N	%
No	296	87.6
Si	42	12.4
Missing	0	0

#### 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	151	44.7
Si	187	55.3
Missing	0	0

#### 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*

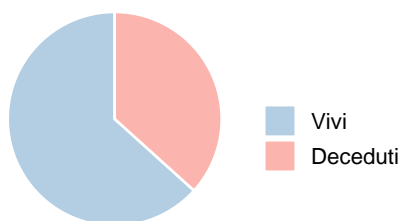




Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	29	19.2
Sepsi	75	49.7
Shock settico	47	31.1
Missing	0	0

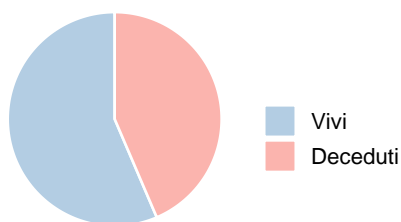
\* Statistiche calcolate su 151 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 187 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	214	63.3
Deceduti	124	36.7
Missing	0	0

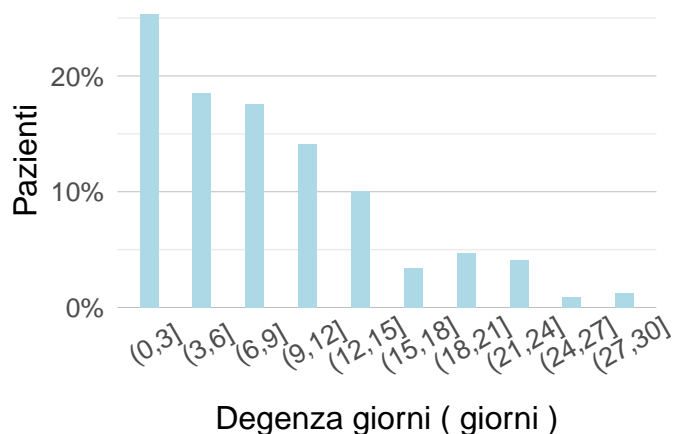
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	184	56.4
Deceduti	142	43.6
Missing	3	0

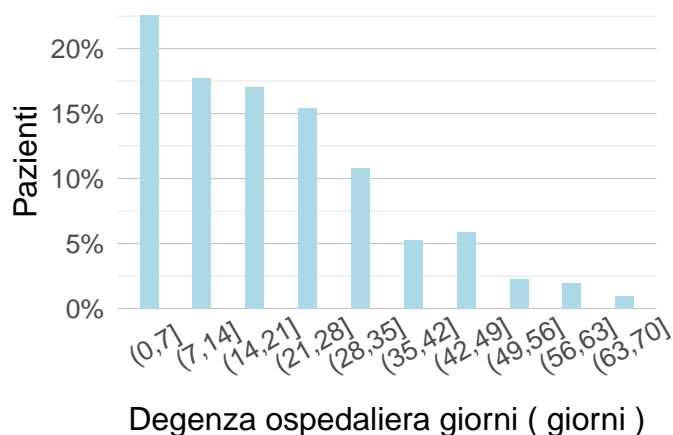
\* Statistiche calcolate su 329 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 9 ).

## 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	10.9 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-14)
Missing	0

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.1 (21.9)
Mediana (Q1-Q3)	20 (9-32)
Missing	2

\* Statistiche calcolate su 329 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 9 ).

## 7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

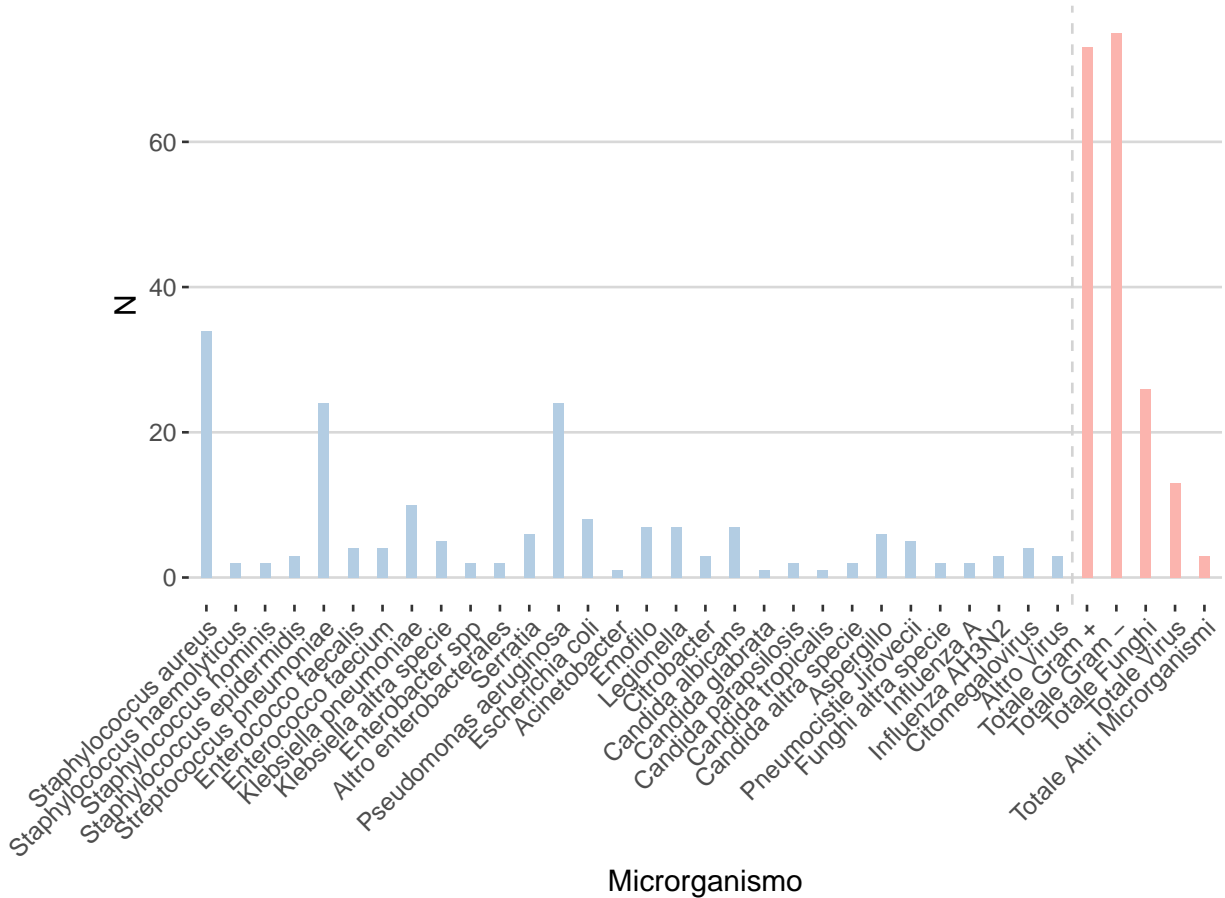
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	76	22.5
Sì	262	77.5
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>338</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>314</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	34	13.0	29	8	27.6
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	24	9.2	22	2	9.1
Enterococco faecalis	4	1.5	4	0	0
Enterococco faecium	4	1.5	4	1	25
<b>Totale Gram +</b>	<b>73</b>	<b>27.9</b>	<b>61</b>	<b>12</b>	<b>19.7</b>
Klebsiella pneumoniae	10	3.8	8	2	25
Klebsiella altra specie	5	1.9	5	0	0
Enterobacter spp	2	0.8	0	0	0
Altro enterobacterales	2	0.8	1	0	0
Serratia	6	2.3	6	1	16.7
Pseudomonas aeruginosa	24	9.2	23	4	17.4
Escherichia coli	8	3.1	8	1	12.5
Acinetobacter	1	0.4	1	0	0
Emofilo	7	2.7	0	0	0
Legionella	7	2.7	0	0	0
Citrobacter	3	1.1	3	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>75</b>	<b>28.6</b>	<b>55</b>	<b>8</b>	<b>14.5</b>
Candida albicans	7	2.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.8	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	6	2.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	1.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>26</b>	<b>9.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.8			
Influenza AH3N2	3	1.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.4			
Citomegalovirus	4	1.5			
Altro Virus	3	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>13</b>	<b>5.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Mycoplasma	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>3</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

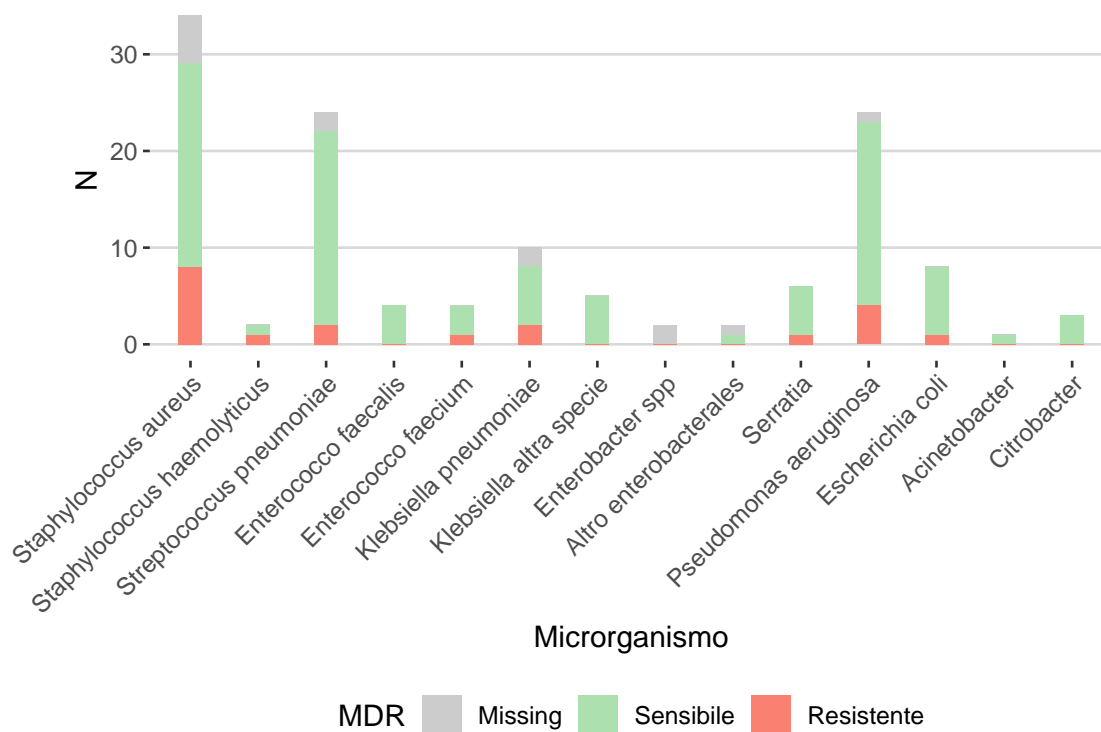


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	34	13.0	29	8	27.6
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	24	9.2	22	2	9.1
Enterococco faecalis	4	1.5	4	0	0
Enterococco faecium	4	1.5	4	1	25
<b>Totale Gram +</b>	<b>73</b>	<b>27.9</b>	<b>61</b>	<b>12</b>	<b>19.7</b>
Klebsiella pneumoniae	10	3.8	8	2	25
Klebsiella altra specie	5	1.9	5	0	0
Enterobacter spp	2	0.8	0	0	0
Altro enterobacterales	2	0.8	1	0	0
Serratia	6	2.3	6	1	16.7
Pseudomonas aeruginosa	24	9.2	23	4	17.4
Escherichia coli	8	3.1	8	1	12.5
Acinetobacter	1	0.4	1	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 338)

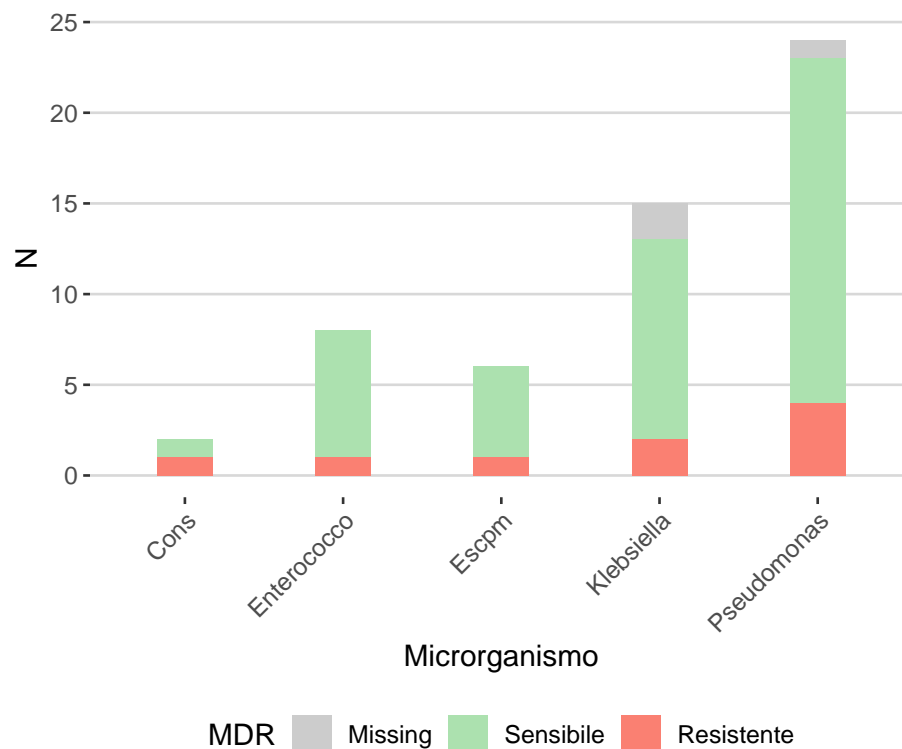
Emofilo	7	2.7	0	0	0
Legionella	7	2.7	0	0	0
Citrobacter	3	1.1	3	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>75</b>	<b>28.6</b>	<b>55</b>	<b>8</b>	<b>14.5</b>
Candida albicans	7	2.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.8	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	6	2.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	1.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>26</b>	<b>9.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.8			
Influenza AH3N2	3	1.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.4			
Citomegalovirus	4	1.5			
Altro Virus	3	1.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>13</b>	<b>5.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>3</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	1	1	50.00	0
Enterococco	8	8	7	1	12.50	0
Escpm	6	6	5	1	16.67	0
Klebsiella	15	13	11	2	15.38	2
Pseudomonas	24	23	19	4	17.39	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	8	Ertapenem	1	12.50
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	2	25.00

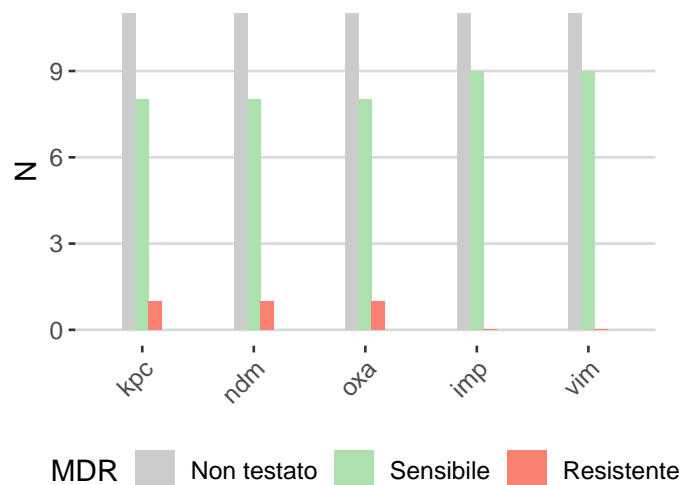
Escherichia coli	8	Ertapenem	1	12.50
Escherichia coli	8	Meropenem	1	12.50
Serratia	6	Ertapenem	1	16.67
Serratia	6	Meropenem	1	16.67
Pseudomonas aeruginosa	23	Imipenem	3	13.04
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	2	8.70
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	29	Meticillina	8	27.59
Streptococcus pneumoniae	22	Penicillina	2	9.09
Enterococco faecium	4	Vancomicina	1	25.00

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

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

	N	%
Sì	3	15
No	6	30
Non testato	11	55
Missing	16	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	9	11
kpc	1	33.3	8	11
ndm	1	33.3	8	11
oxa	1	33.3	8	11
vim	0	0.0	9	11





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

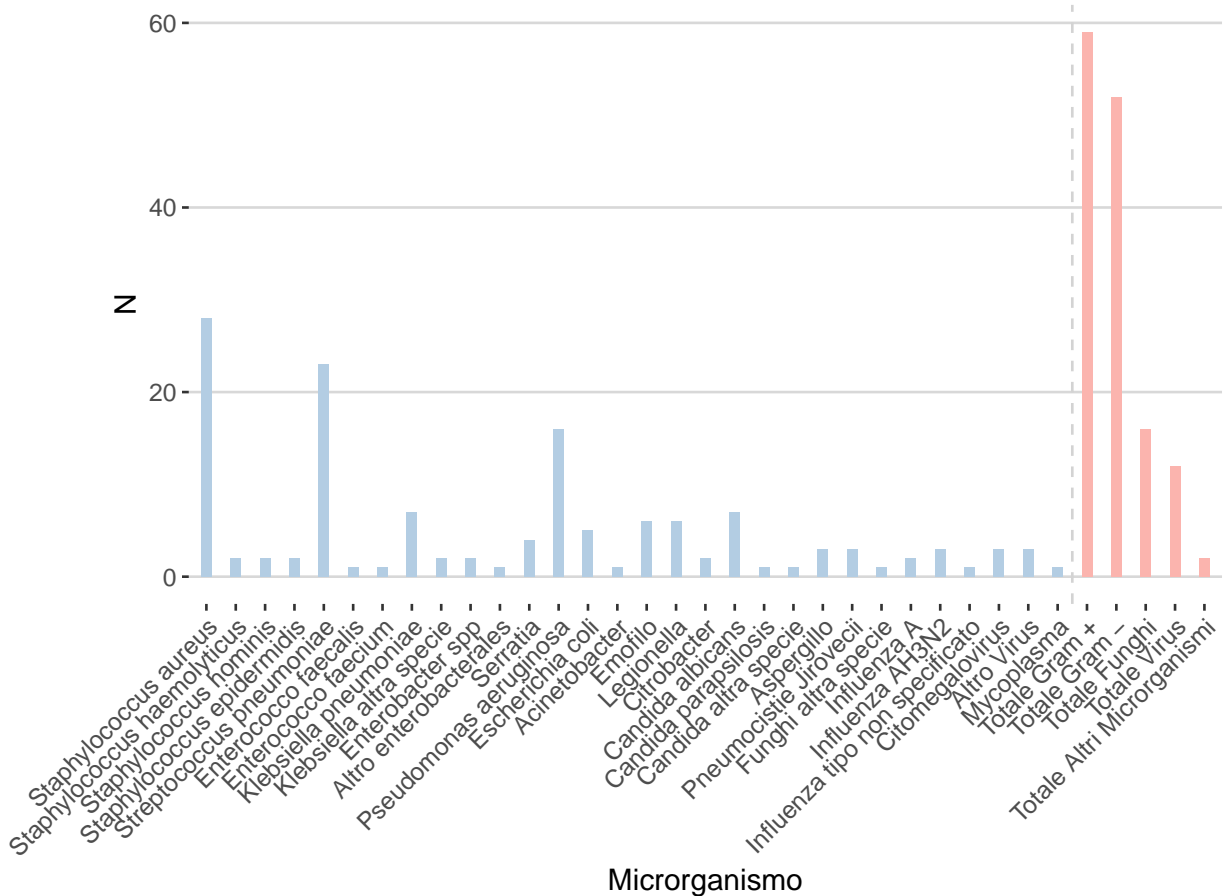
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	53	19.1
Sì	224	80.9
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>277</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>261</b>	

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	28	12.5	23	6	26.1
Staphylococcus haemolyticus	2	0.9	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	23	10.3	21	2	9.5
Enterococco faecalis	1	0.4	1	0	0
Enterococco faecium	1	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>59</b>	<b>26.3</b>	<b>48</b>	<b>9</b>	<b>18.8</b>
Klebsiella pneumoniae	7	3.1	5	2	40
Klebsiella altra specie	2	0.9	2	0	0
Enterobacter spp	2	0.9	0	0	0
Altro enterobacterales	1	0.4	0	0	0
Serratia	4	1.8	4	1	25
Pseudomonas aeruginosa	16	7.1	15	2	13.3
Escherichia coli	5	2.2	5	0	0
Acinetobacter	1	0.4	1	0	0
Emofilo	6	2.7	0	0	0
Legionella	6	2.7	0	0	0
Citrobacter	2	0.9	2	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>52</b>	<b>23.2</b>	<b>34</b>	<b>5</b>	<b>14.7</b>
Candida albicans	7	3.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	3	1.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	3	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>16</b>	<b>7.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.9			
Influenza AH3N2	3	1.3			
Influenza tipo non specificato	1	0.4			
Citomegalovirus	3	1.3			

Altro Virus	3	1.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>12</b>	<b>5.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

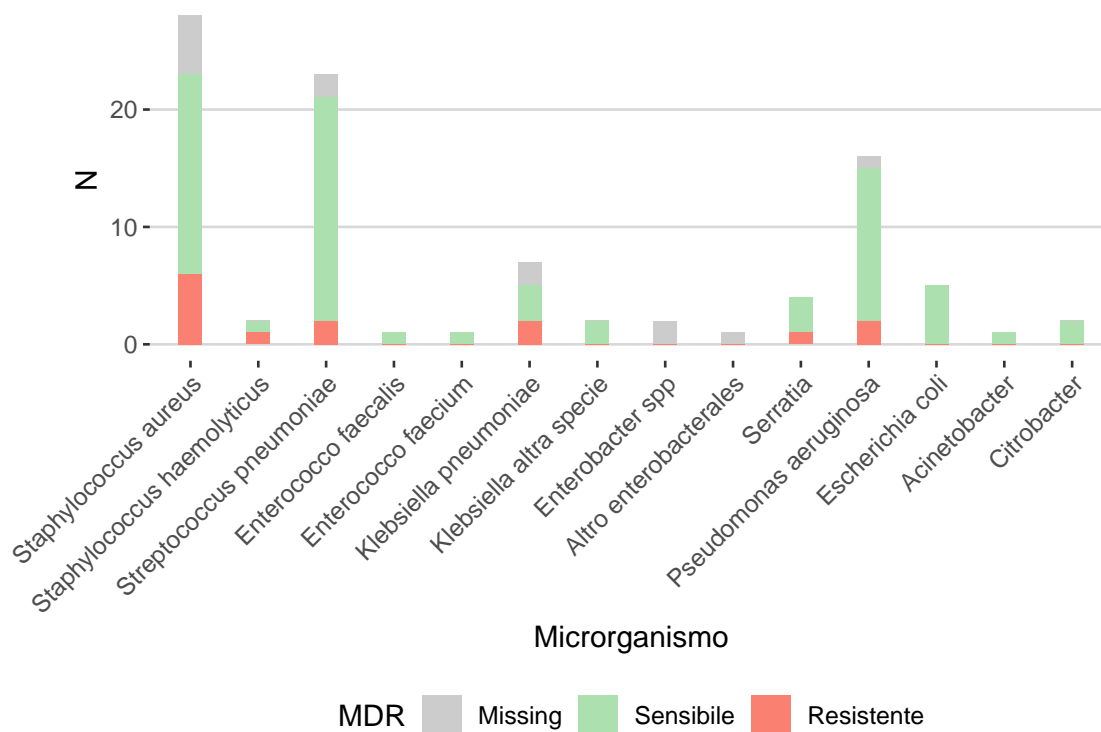


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	28	12.5	23	6	26.1
Staphylococcus haemolyticus	2	0.9	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	23	10.3	21	2	9.5
Enterococcus faecalis	1	0.4	1	0	0
Enterococcus faecium	1	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>59</b>	<b>26.3</b>	<b>48</b>	<b>9</b>	<b>18.8</b>
Klebsiella pneumoniae	7	3.1	5	2	40
Klebsiella altra specie	2	0.9	2	0	0
Enterobacter spp	2	0.9	0	0	0
Altro enterobacteriales	1	0.4	0	0	0
Serratia	4	1.8	4	1	25
Pseudomonas aeruginosa	16	7.1	15	2	13.3
Escherichia coli	5	2.2	5	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 338)

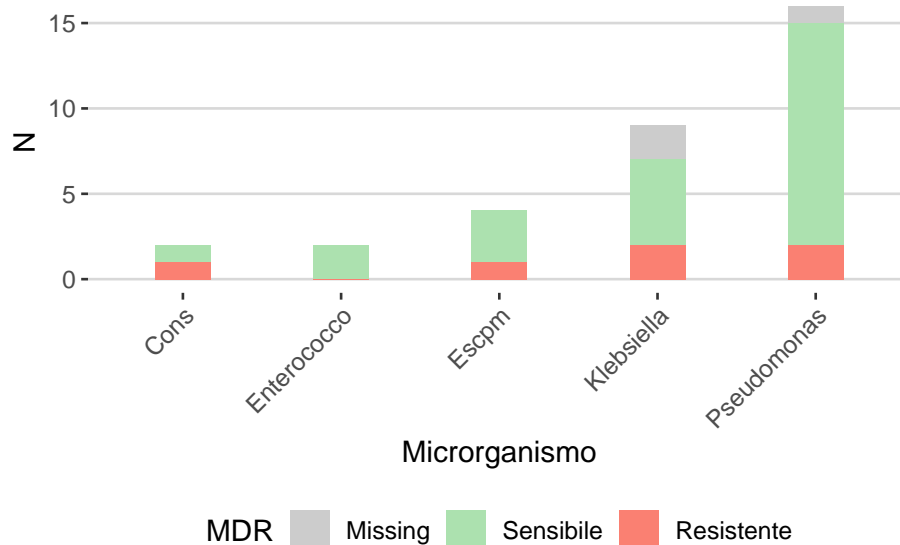
Acinetobacter	1	0.4	1	0	0
Emofilo	6	2.7	0	0	0
Legionella	6	2.7	0	0	0
Citrobacter	2	0.9	2	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>52</b>	<b>23.2</b>	<b>34</b>	<b>5</b>	<b>14.7</b>
Candida albicans	7	3.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	3	1.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	3	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>16</b>	<b>7.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.9			
Influenza AH3N2	3	1.3			
Influenza tipo non specificato	1	0.4			
Citomegalovirus	3	1.3			
Altro Virus	3	1.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>12</b>	<b>5.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	1	1	50.00	0
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	4	3	1	25.00	0
Klebsiella	9	7	5	2	28.57	2
Pseudomonas	16	15	13	2	13.33	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	1	20.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40.00
Serratia	4	Ertapenem	1	25.00
Serratia	4	Meropenem	1	25.00
Pseudomonas aeruginosa	15	Imipenem	1	6.67
Pseudomonas aeruginosa	15	Meropenem	1	6.67

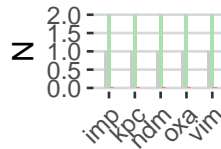
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	23	Meticillina	6	26.09
Streptococcus pneumoniae	21	Penicillina	2	9.52

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

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

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

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

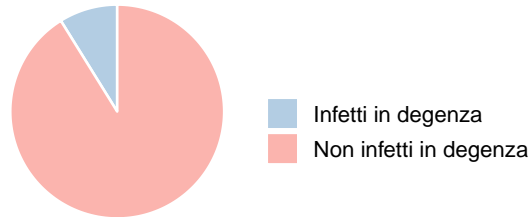


MDR    Non testato    Sensibile    Resistente

## PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA

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

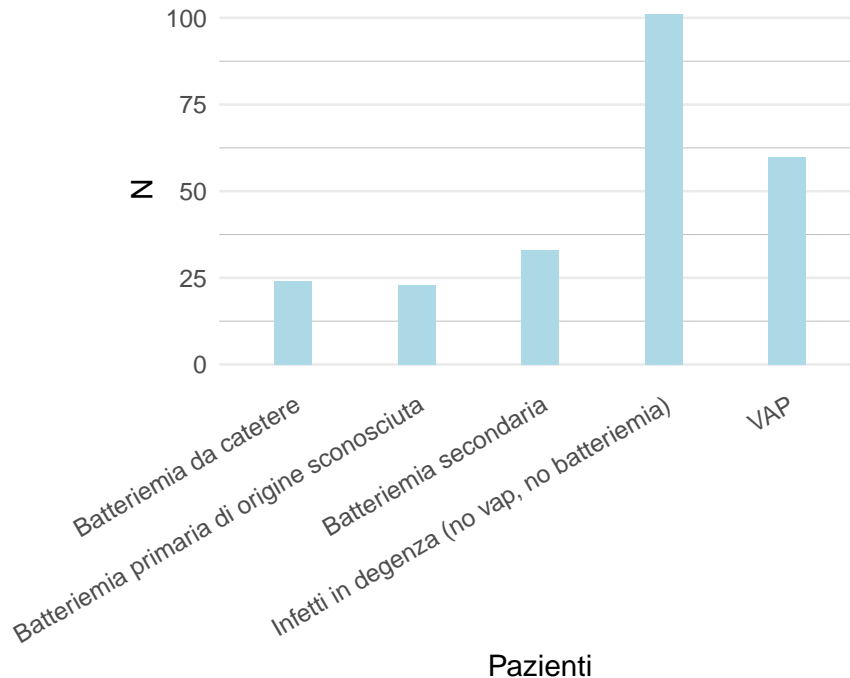
Sono presenti 217 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 8.8% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	217	8.8
Non infetti in degenza	2236	91.2

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 2453).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



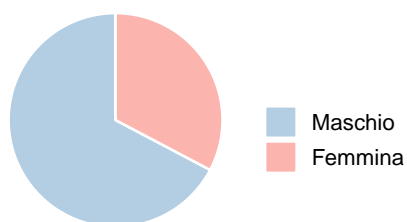
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	101	46.5
VAP	60	27.6

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	23	10.6
Batteriemia da catetere	24	11.1
Batteriemia secondaria	33	15.2

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 217)

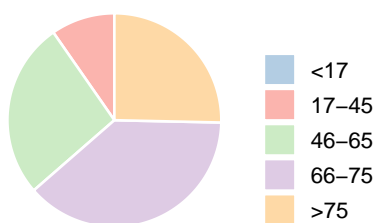
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 217)

### 8.1 Sesso



Sesso	N	%
Maschio	146	67.3
Femmina	71	32.7
Missing	0	0

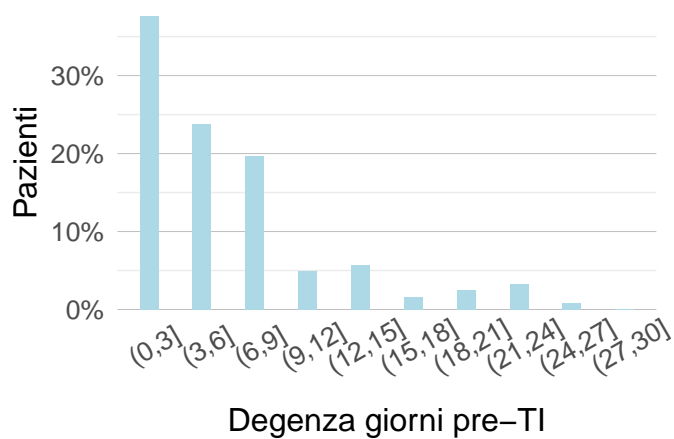
### 8.2 Età



Range età	N	%
<17	0	0.0
17-45	21	9.7
46-65	58	26.7
66-75	83	38.2
>75	55	25.3
Missing	0	0

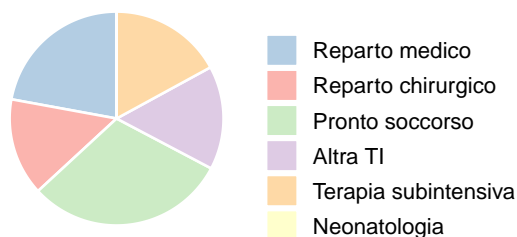


## 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



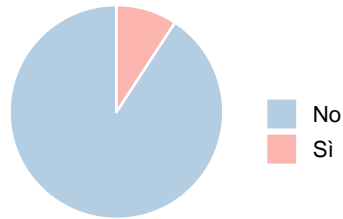
Indicatore	Valore
Media	6.0
DS	11.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-7
Missing	1

## 8.4 Provenienza ( reparto )



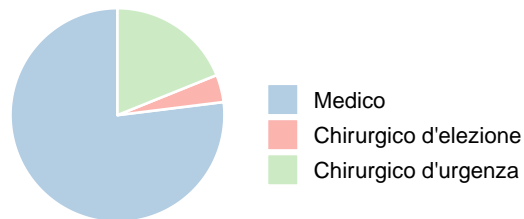
Provenienza	N	%
Reparto medico	48	22.1
Reparto chirurgico	32	14.7
Pronto soccorso	66	30.4
Altra TI	34	15.7
Terapia subintensiva	37	17.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

## 8.5 Trauma



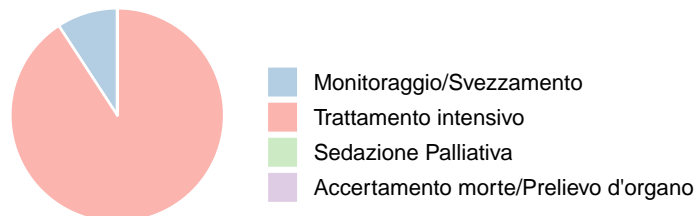
Trauma	N	%
No	197	90.8
Si	20	9.2
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	167	77.0
Chirurgico d'elezione	9	4.1
Chirurgico d'urgenza	41	18.9
Missing	0	0

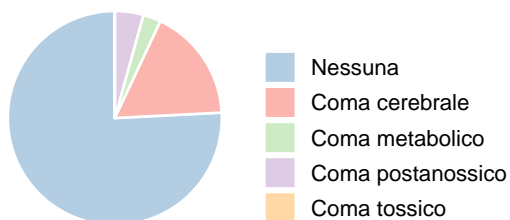
## 8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	20	9.2
Trattamento intensivo	197	90.8

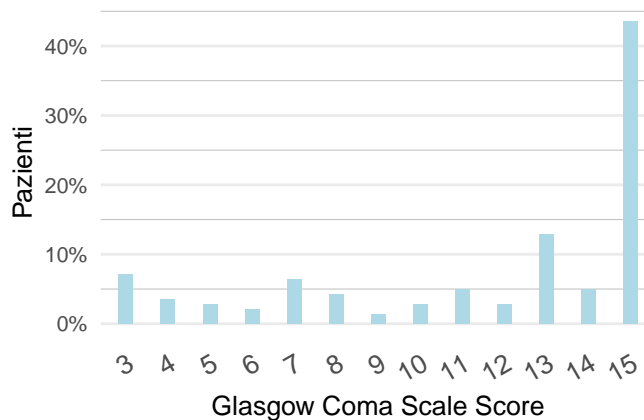
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



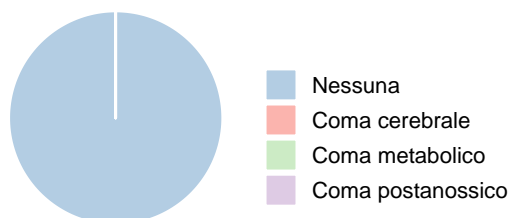
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	141	75.8
Coma cerebrale	32	17.2
Coma metabolico	5	2.7
Coma postanossico	8	4.3
Coma tossico	0	0.0
Missing	31	0

## 8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore



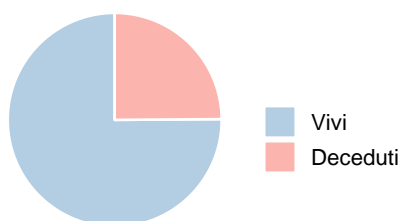
Indicatore	Valore
Media	9.6
DS	4.1
Mediana	11
Q1-Q3	6-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



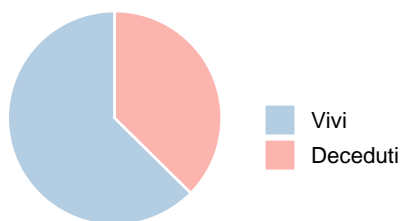
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	217	100.0
Coma cerebrale	0	0.0
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	163	75.1
Deceduti	54	24.9
Missing	0	0

## 8.12 Mortalità ospedaliera \*

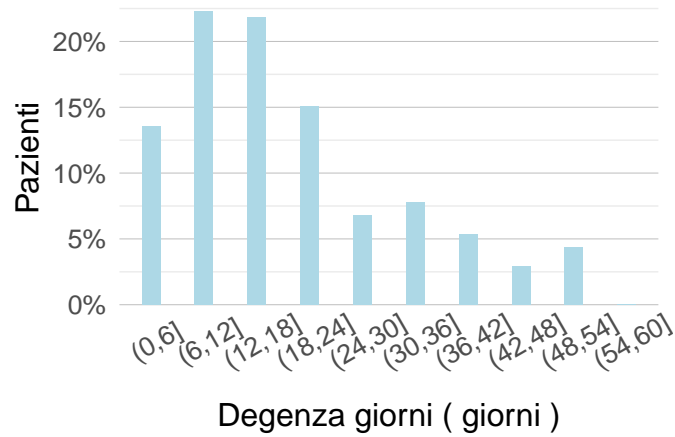


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	129	62.6

Deceduti	77	37.4
Missing	2	0

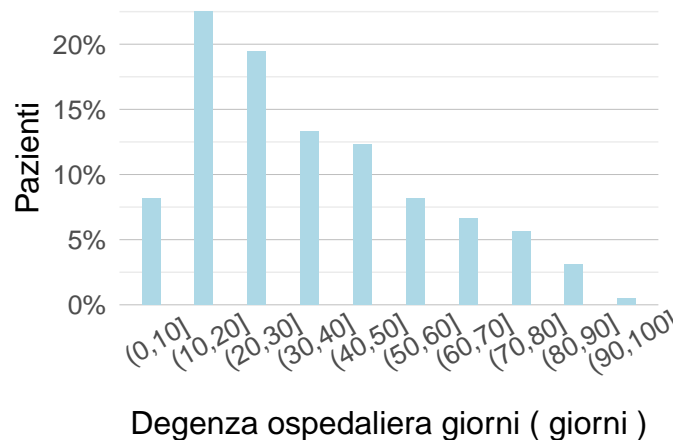
\* Statistiche calcolate su 208 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 9 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.6 (16.4)
Mediana (Q1-Q3)	17 (10-30)
Missing	0

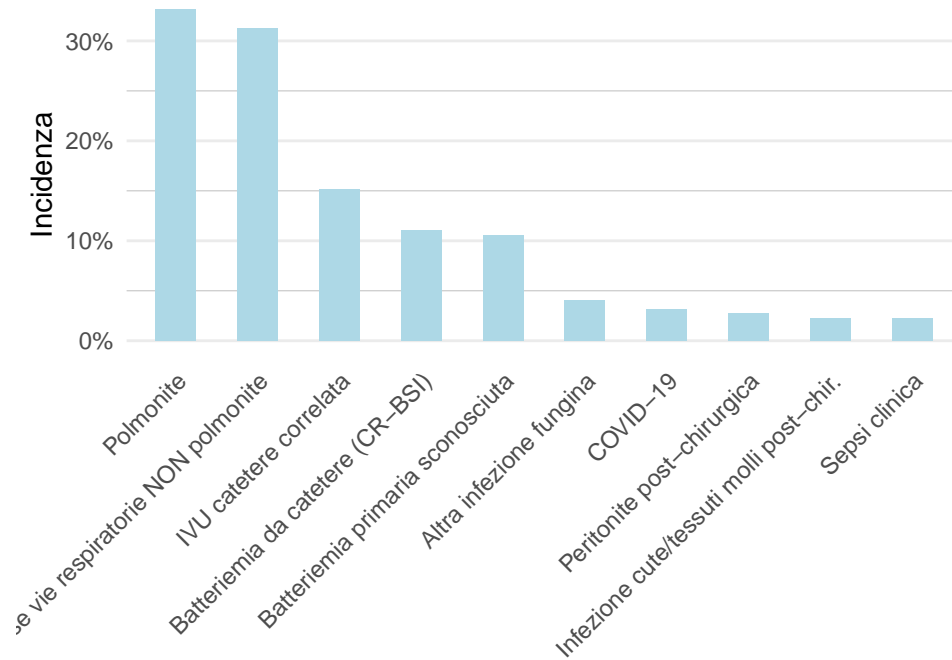
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.8 (28.6)
Mediana (Q1-Q3)	33 (18.2-54)
Missing	2

\* Statistiche calcolate su 208 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 9 ).

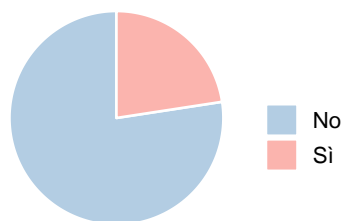
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



#### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	72	33.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	68	31.3
IVU catetere correlata	33	15.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	24	11.1
Batteriemia primaria sconosciuta	23	10.6
Altra infezione fungina	9	4.1
COVID-19	7	3.2
Peritonite post-chirurgica	6	2.8
Sepsi clinica	5	2.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	5	2.3
Missing	0	NA

## 8.16 Infezione multisito



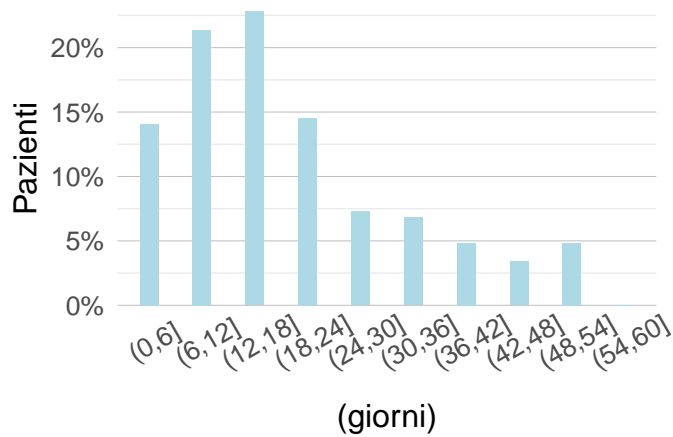
Infezione multisito	N	%
No	168	77.4
Si	49	22.6
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	266
Numero totale di microrganismi isolati	295

\* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	21.6
DS	16.5
Mediana	17
Q1-Q3	10-29
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	0.0	0.0 %
CI ( 95% )	0.0 - 0.3	0.0 - 0.2

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.

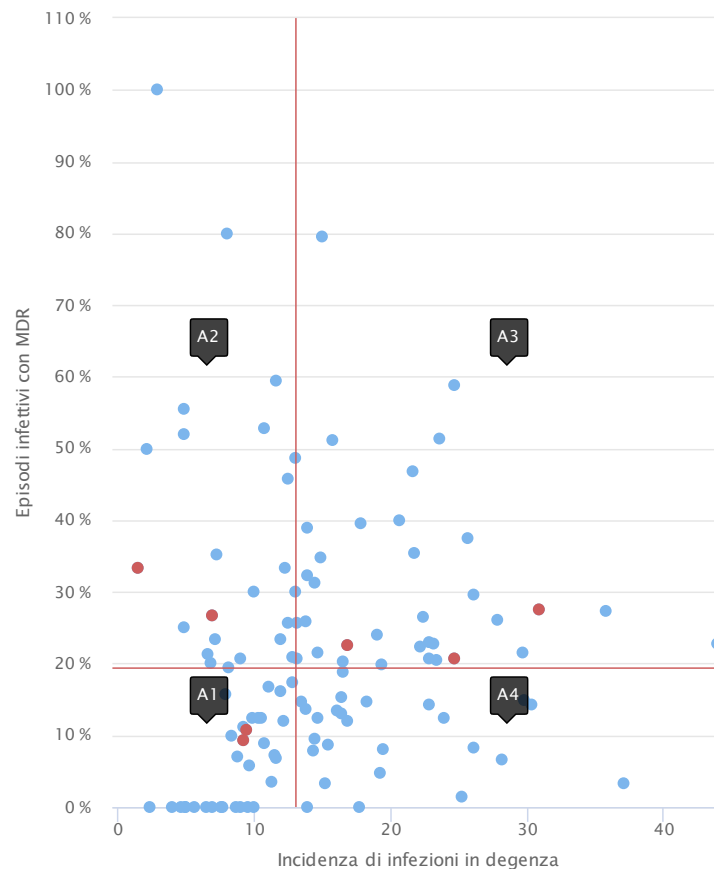
Il secondo:

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

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

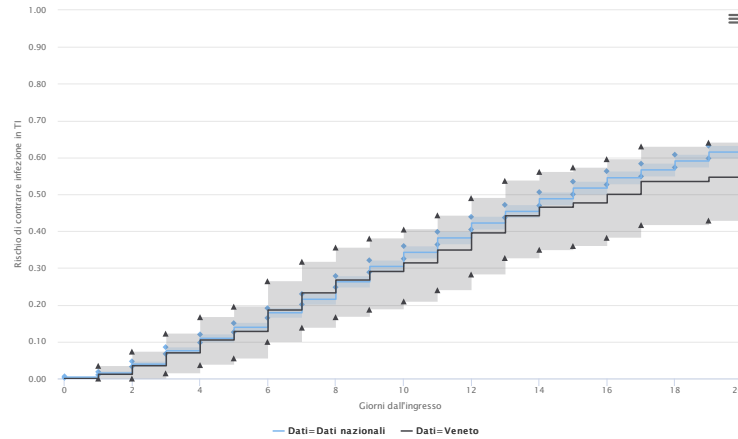


## 8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

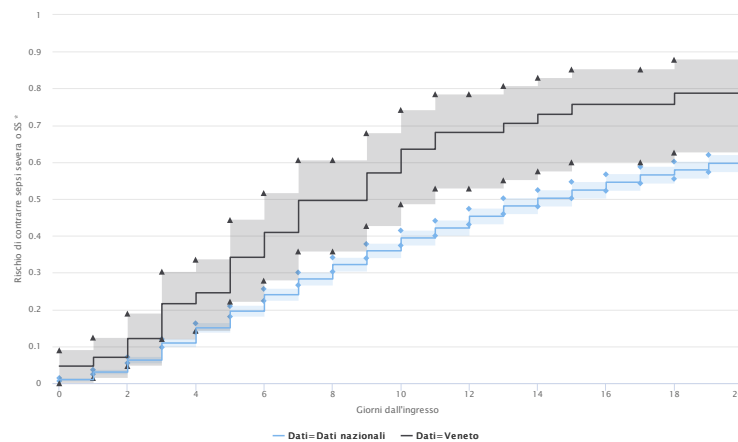


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

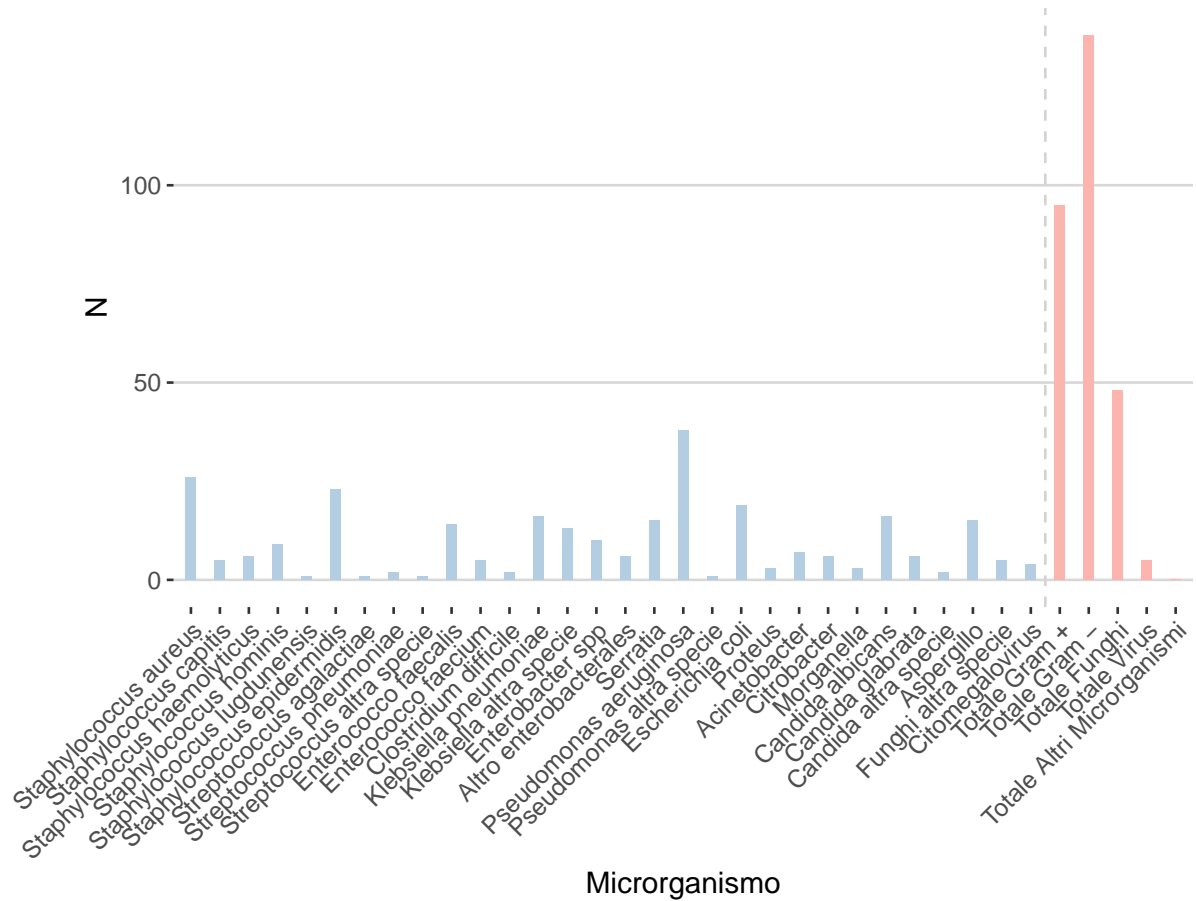
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	29	10.9
Sì	237	89.1
Missing	0	

<b>Totale infezioni</b>	<b>266</b>
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>295</b>

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	26	11.0	25	8	32
Staphylococcus capitis	5	2.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	2.5	6	6	100
Staphylococcus hominis	9	3.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	23	9.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.8	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.4	0	0	0
Enterococco faecalis	14	5.9	13	0	0
Enterococco faecium	5	2.1	5	1	20
Clostridium difficile	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>95</b>	<b>40.1</b>	<b>51</b>	<b>15</b>	<b>29.4</b>
Klebsiella pneumoniae	16	6.8	16	4	25
Klebsiella altra specie	13	5.5	12	0	0
Enterobacter spp	10	4.2	8	0	0
Altro enterobacterales	6	2.5	3	0	0
Serratia	15	6.3	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	38	16.0	38	6	15.8
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	1	100
Escherichia coli	19	8.0	18	2	11.1
Proteus	3	1.3	3	1	33.3
Acinetobacter	7	3.0	7	3	42.9
Citrobacter	6	2.5	6	0	0
Morganella	3	1.3	3	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>138</b>	<b>58.2</b>	<b>130</b>	<b>17</b>	<b>13.1</b>
Candida albicans	16	6.8	0	0	0
Candida glabrata	6	2.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	15	6.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	5	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>48</b>	<b>20.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	4	1.7			
Altro Virus	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>2.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

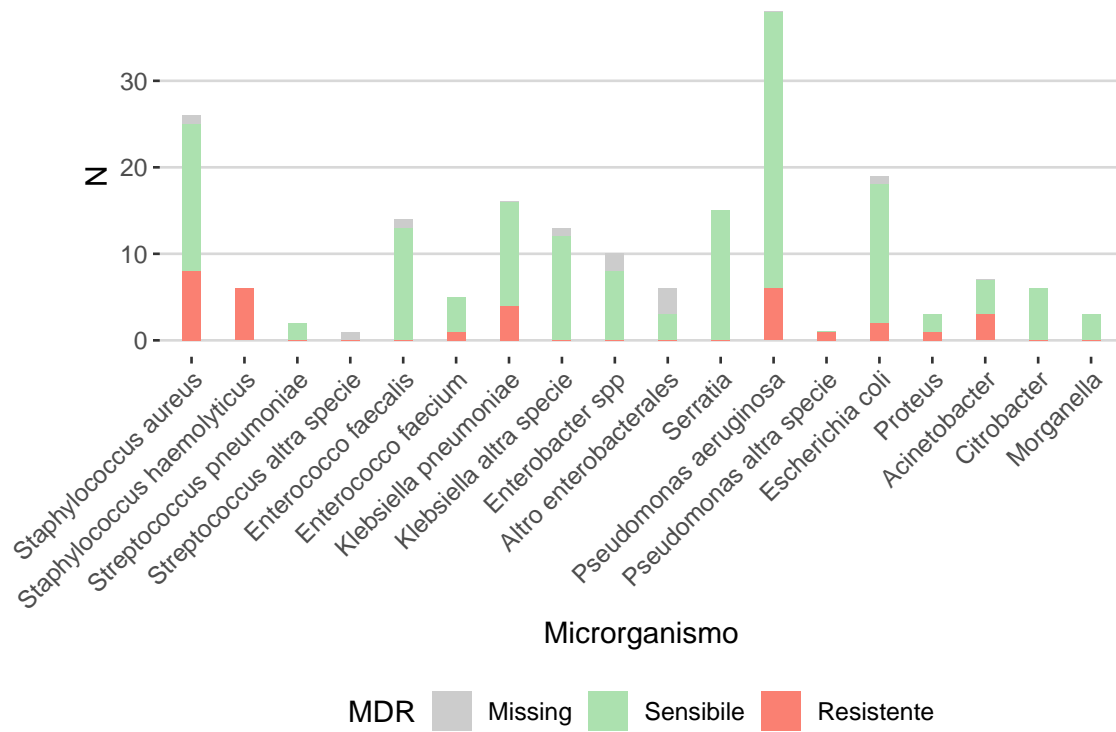
**Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0**



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	26	11.0	25	8	32
Staphylococcus capitis	5	2.1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	2.5	6	6	100
Staphylococcus hominis	9	3.8	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	23	9.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.8	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.4	0	0	0
Enterococcus faecalis	14	5.9	13	0	0
Enterococcus faecium	5	2.1	5	1	20
Clostridium difficile	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>95</b>	<b>40.1</b>	<b>51</b>	<b>15</b>	<b>29.4</b>
Klebsiella pneumoniae	16	6.8	16	4	25
Klebsiella altra specie	13	5.5	12	0	0
Enterobacter spp	10	4.2	8	0	0
Altro enterobacterales	6	2.5	3	0	0
Serratia	15	6.3	15	0	0
Pseudomonas aeruginosa	38	16.0	38	6	15.8

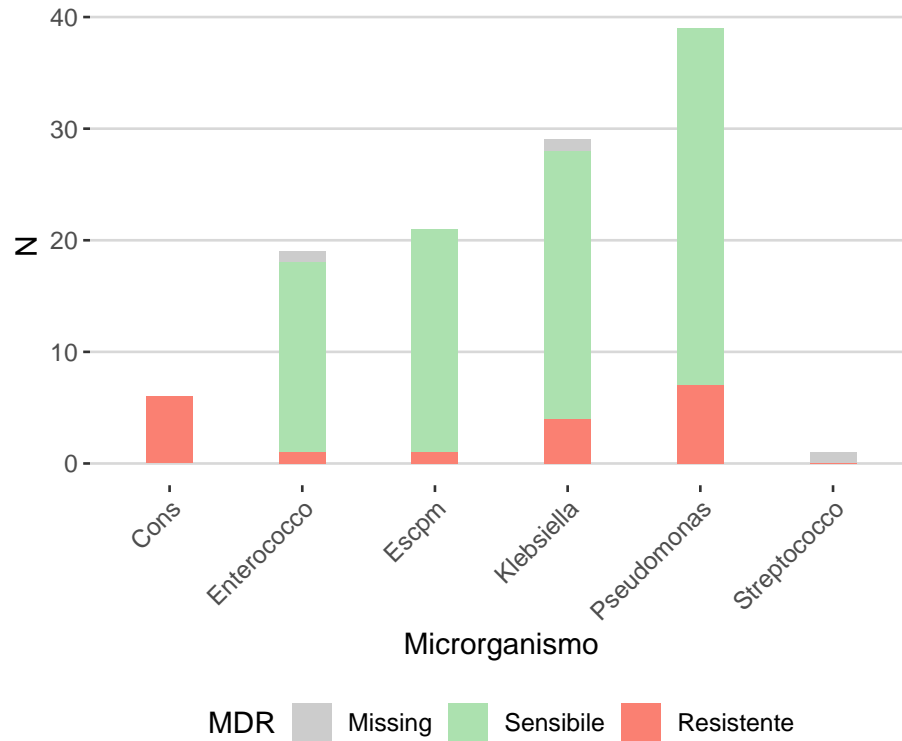
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	1	100
Escherichia coli	19	8.0	18	2	11.1
Proteus	3	1.3	3	1	33.3
Acinetobacter	7	3.0	7	3	42.9
Citrobacter	6	2.5	6	0	0
Morganella	3	1.3	3	0	0
Altro gram negativo	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>138</b>	<b>58.2</b>	<b>130</b>	<b>17</b>	<b>13.1</b>
Candida albicans	16	6.8	0	0	0
Candida glabrata	6	2.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida altra specie	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	15	6.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	5	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>48</b>	<b>20.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	4	1.7			
Altro Virus	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>2.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Providencia, Candida auris, Candida specie non determinata, 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.

## 8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	6	6	0	6	100.00	0
Enterococco	19	18	17	1	5.56	1
Escpm	21	21	20	1	4.76	0
Klebsiella	29	28	24	4	14.29	1
Pseudomonas	39	39	32	7	17.95	0
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	16	Ertapenem	2	12.50
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	4	25.00
Escherichia coli	18	Ertapenem	2	11.11
Escherichia coli	18	Meropenem	1	5.56
Proteus	3	Ertapenem	1	33.33
Acinetobacter	7	Imipenem	3	42.86
Acinetobacter	7	Meropenem	3	42.86
Pseudomonas aeruginosa	38	Imipenem	4	10.53
Pseudomonas aeruginosa	37	Meropenem	4	10.81
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	6	100.00
Staphylococcus aureus	25	Meticillina	8	32.00
Enterococco faecium	5	Vancomicina	1	20.00

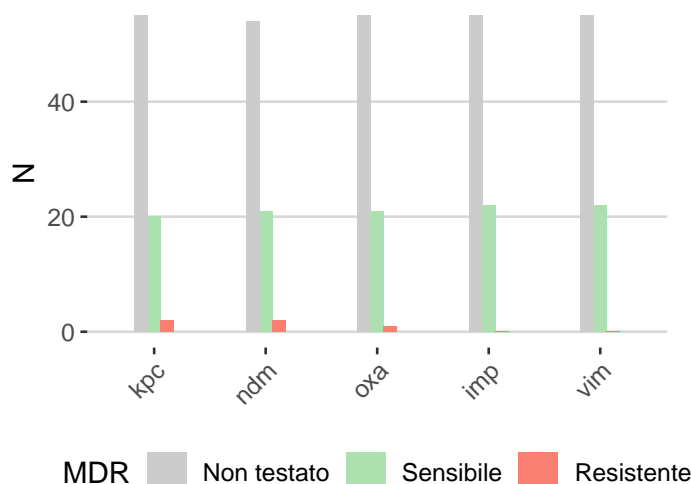
### 8.21.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti in degenza

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

	N	%
Sì	5	6.67
No	17	22.67
Non testato	53	70.67
Missing	21	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	22	55
kpc	2	40	20	55
ndm	2	40	21	54
oxa	1	20	21	55
vim	0	0	22	55





## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 131)

### 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.

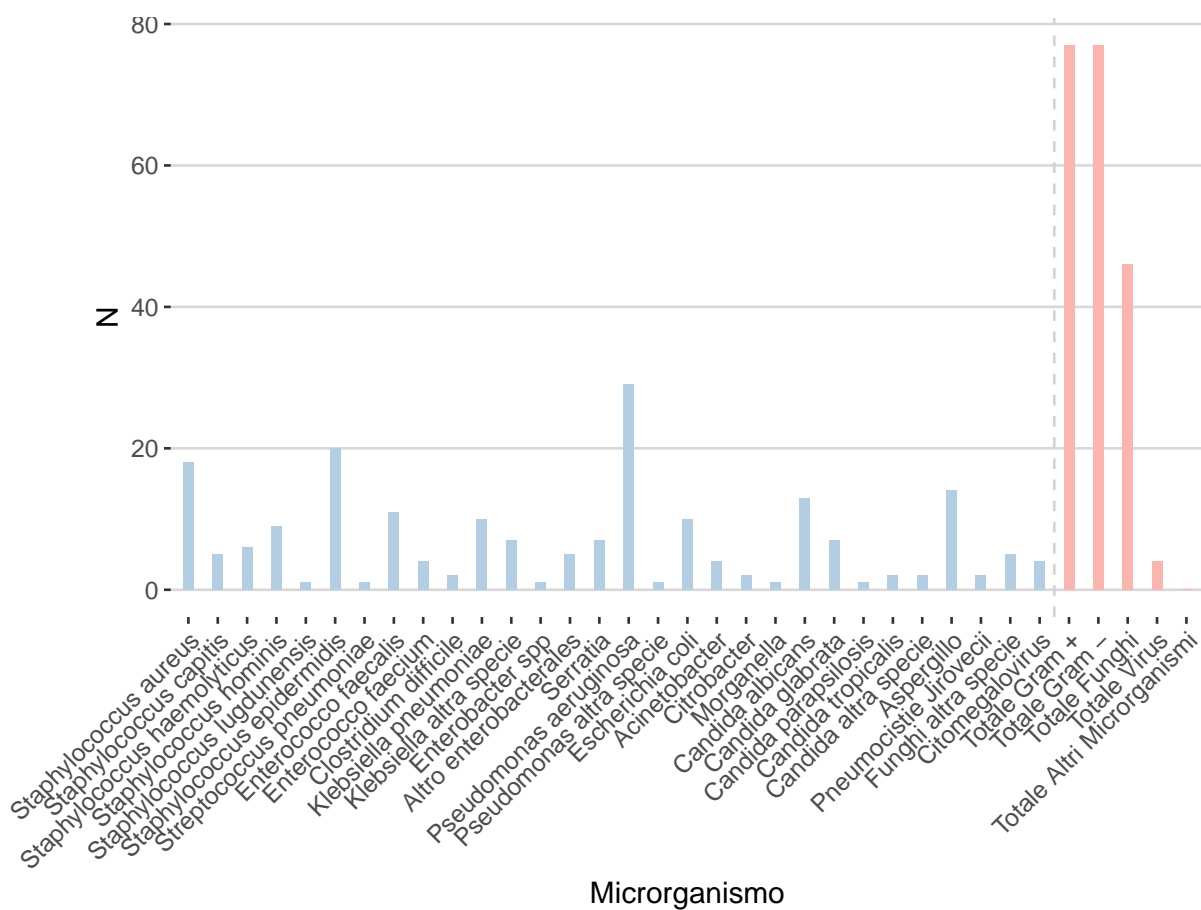
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	35	11.0
Sì	282	89.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>317</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>373</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	11.8	17	5	29.4
Staphylococcus capitis	5	3.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	3.9	6	6	100
Staphylococcus hominis	9	5.9	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	13.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.7	1	0	0
Enterococco faecalis	11	7.2	10	0	0
Enterococco faecium	4	2.6	4	1	25
Clostridium difficile	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>77</b>	<b>50.7</b>	<b>38</b>	<b>12</b>	<b>31.6</b>
Klebsiella pneumoniae	10	6.6	10	1	10

9 PAZIENTI INFETTI SIA ALL'AMMISSIONE CHE IN DEGENZA (N = 131)

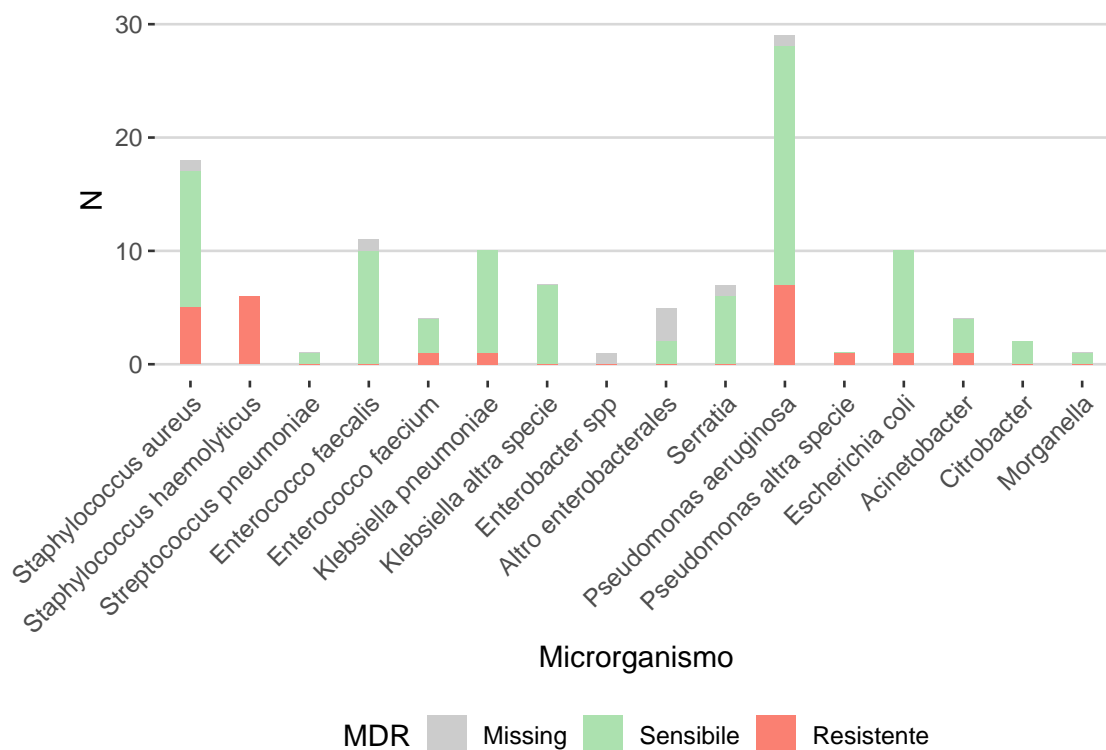
Klebsiella altra specie	7	4.6	7	0	0
Enterobacter spp	1	0.7	0	0	0
Altro enterobacterales	5	3.3	2	0	0
Serratia	7	4.6	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	19.1	28	7	25
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	1	100
Escherichia coli	10	6.6	10	1	10
Acinetobacter	4	2.6	4	1	25
Citrobacter	2	1.3	2	0	0
Morganella	1	0.7	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>77</b>	<b>50.7</b>	<b>71</b>	<b>11</b>	<b>15.5</b>
Candida albicans	13	8.6	0	0	0
Candida glabrata	7	4.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.3	0	0	0
Candida altra specie	2	1.3	0	0	0
Aspergillo	14	9.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	5	3.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>46</b>	<b>30.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	4	2.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>2.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	18	11.8	17	5	29.4
Staphylococcus capitis	5	3.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	3.9	6	6	100
Staphylococcus hominis	9	5.9	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	13.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.7	1	0	0
Enterococcus faecalis	11	7.2	10	0	0
Enterococcus faecium	4	2.6	4	1	25
Clostridium difficile	2	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>77</b>	<b>50.7</b>	<b>38</b>	<b>12</b>	<b>31.6</b>
Klebsiella pneumoniae	10	6.6	10	1	10
Klebsiella altra specie	7	4.6	7	0	0
Enterobacter spp	1	0.7	0	0	0
Altro enterobacteriales	5	3.3	2	0	0
Serratia	7	4.6	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	19.1	28	7	25
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	1	100
Escherichia coli	10	6.6	10	1	10
Acinetobacter	4	2.6	4	1	25
Citrobacter	2	1.3	2	0	0
Morganella	1	0.7	1	0	0

<b>Totale Gram -</b>	<b>77</b>	<b>50.7</b>	<b>71</b>	<b>11</b>	<b>15.5</b>
Candida albicans	13	8.6	0	0	0
Candida glabrata	7	4.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.3	0	0	0
Candida altra specie	2	1.3	0	0	0
Aspergillo	14	9.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	2	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	5	3.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>46</b>	<b>30.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	4	2.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>2.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

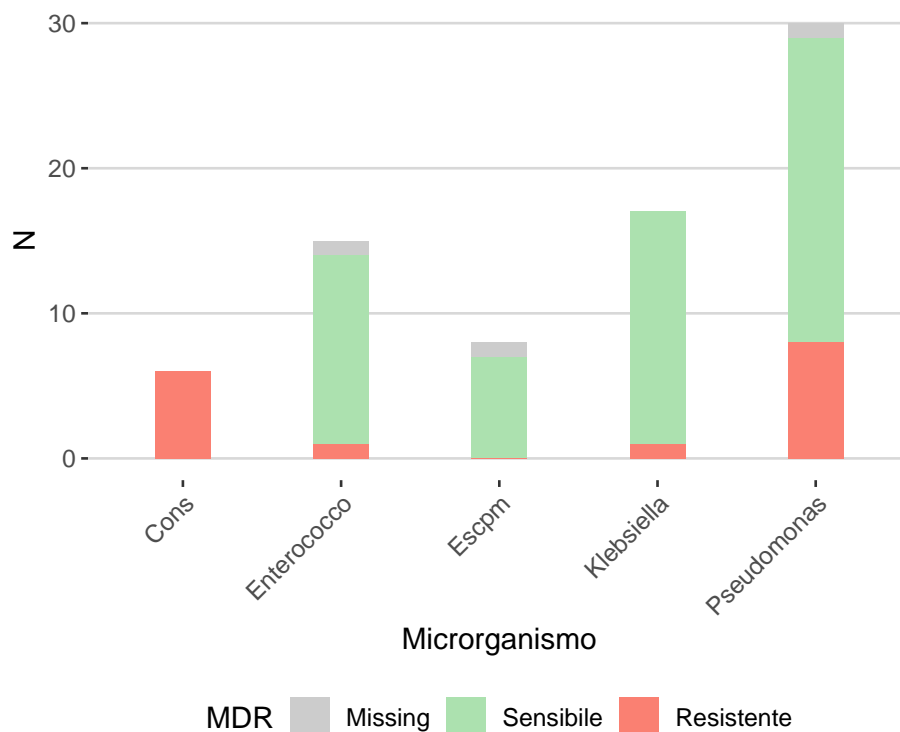
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida krusei, 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.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	6	6	0	6	100.00	0
Enterococco	15	14	13	1	7.14	1
Escpm	8	7	7	0	0.00	1
Klebsiella	17	17	16	1	5.88	0
Pseudomonas	30	29	21	8	27.59	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.

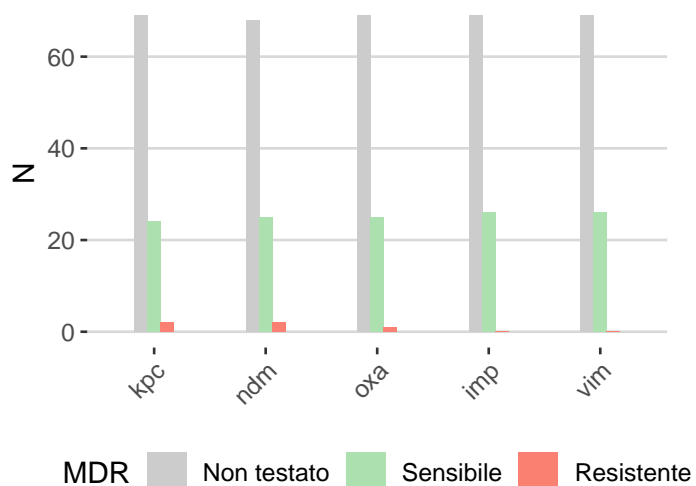
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	1	6.25
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	1	6.25
Enterobacter spp	1	Meropenem	1	100.00
Escherichia coli	20	Ertapenem	1	5.00
Escherichia coli	20	Meropenem	1	5.00
Serratia	8	Ertapenem	1	12.50
Serratia	8	Meropenem	1	12.50
Acinetobacter	4	Imipenem	1	25.00
Acinetobacter	4	Meropenem	1	25.00
Pseudomonas aeruginosa	38	Imipenem	5	13.16
Pseudomonas aeruginosa	38	Meropenem	5	13.16
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	10	Meticillina	9	90.00
Staphylococcus aureus	37	Meticillina	10	27.03
Streptococcus pneumoniae	4	Penicillina	1	25.00
Enterococco faecium	7	Vancomicina	3	42.86

### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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.

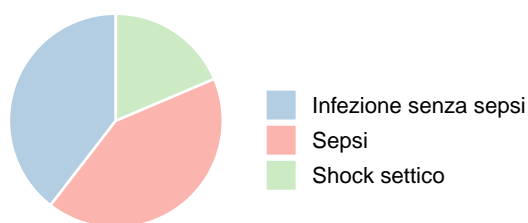
	N	%
Sì	5	5.43
No	20	21.74
Non testato	67	72.83
Missing	29	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	26	69
kpc	2	40	24	69
ndm	2	40	25	68
oxa	1	20	25	69
vim	0	0	26	69



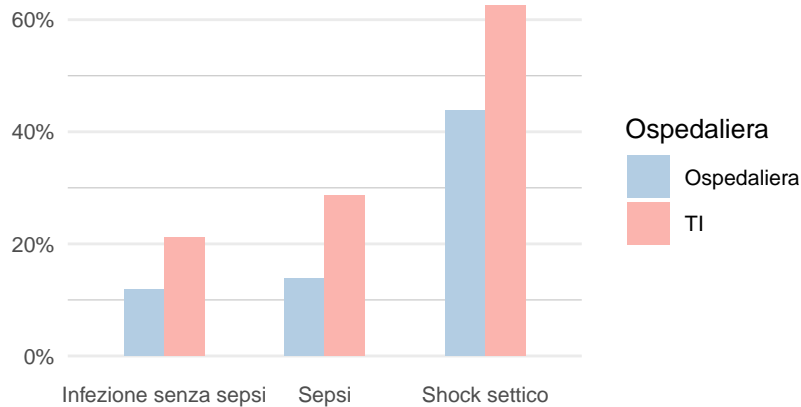
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 86)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	34	39.5
Sepsi	36	41.9
Shock settico	16	18.6
Missing	0	0

## 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	11.8	21.2
Sepsi	13.9	28.6
Shock settico	43.8	62.5

## 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.

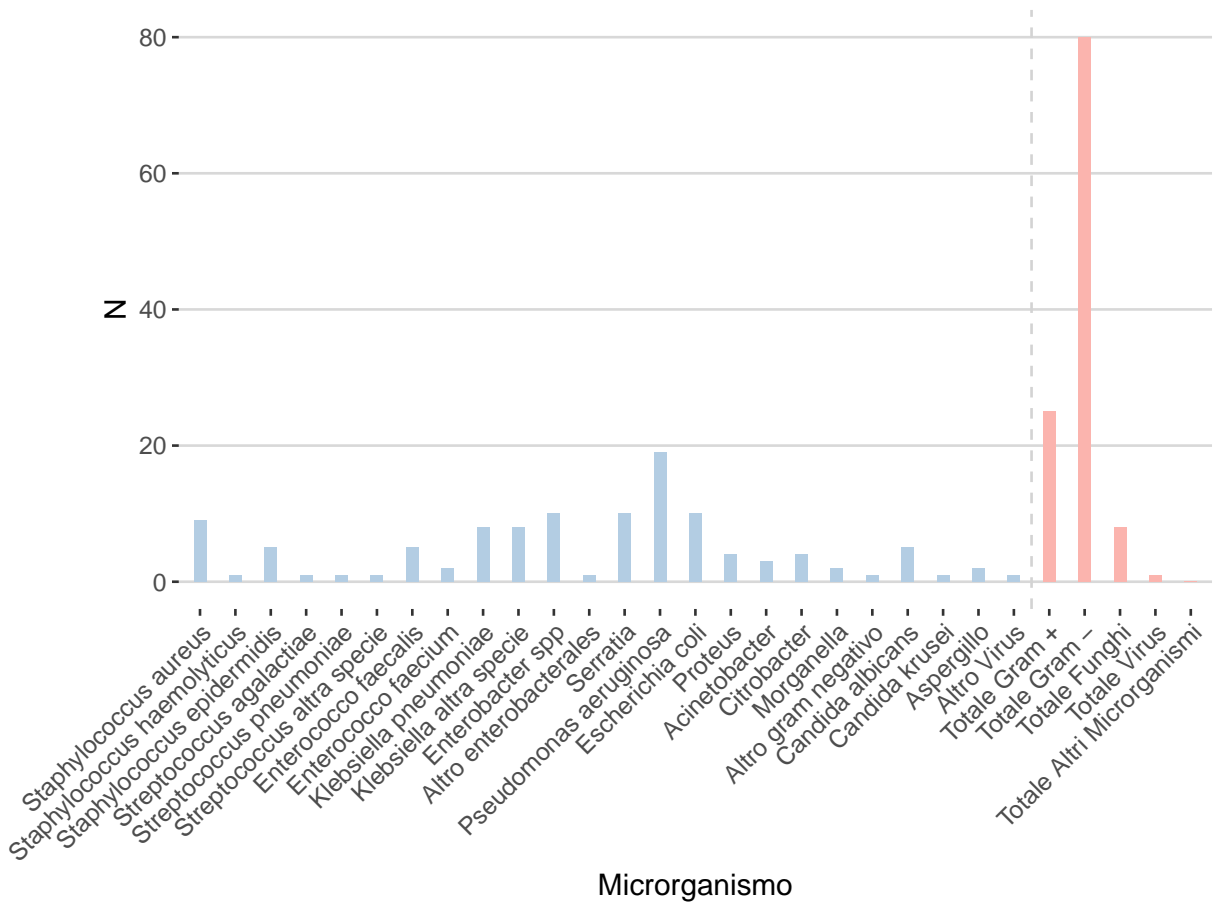
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	16	14.2
Sì	97	85.8
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>113</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>115</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	10.6	9	4	44.4
Staphylococcus haemolyticus	1	1.2	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	5	5.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.2	0	0	0
Enterococco faecalis	5	5.9	5	0	0
Enterococco faecium	2	2.4	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>29.4</b>	<b>18</b>	<b>5</b>	<b>27.8</b>

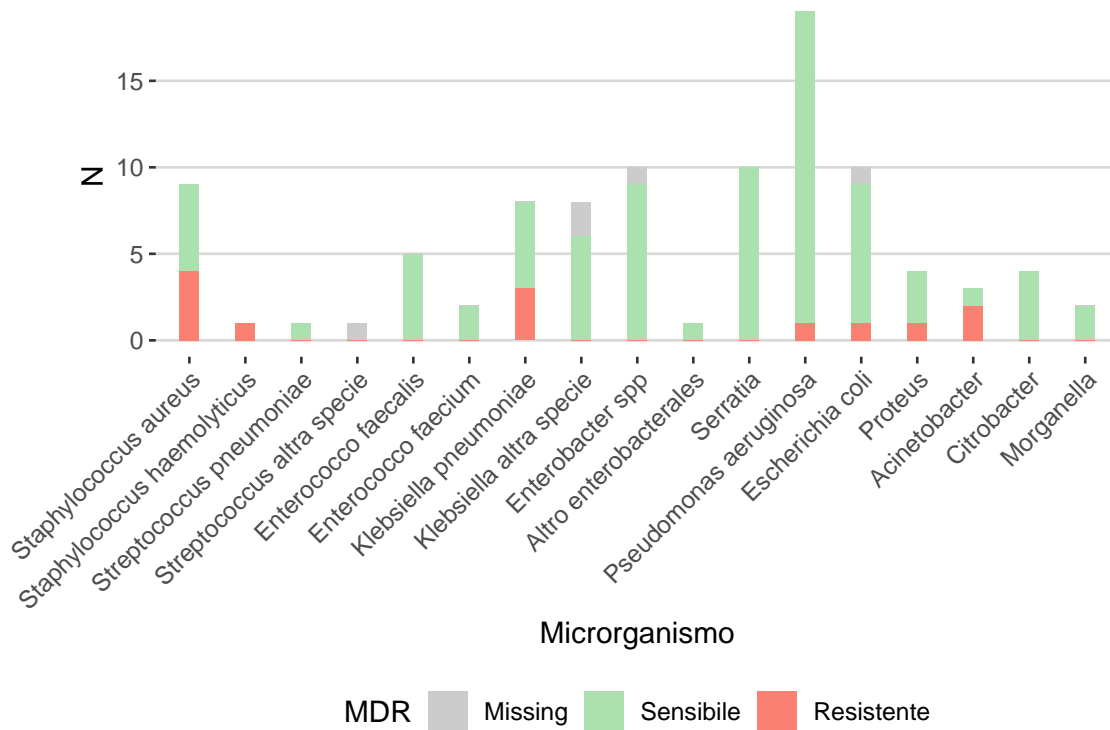


Klebsiella pneumoniae	8	9.4	8	3	37.5
Klebsiella altra specie	8	9.4	6	0	0
Enterobacter spp	10	11.8	9	0	0
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	10	11.8	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	19	22.4	19	1	5.3
Escherichia coli	10	11.8	9	1	11.1
Proteus	4	4.7	4	1	25
Acinetobacter	3	3.5	3	2	66.7
Citrobacter	4	4.7	4	0	0
Morganella	2	2.4	2	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>80</b>	<b>94.1</b>	<b>75</b>	<b>8</b>	<b>10.7</b>
Candida albicans	5	5.9	0	0	0
Candida krusei	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	2	2.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>8</b>	<b>9.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	1	1.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



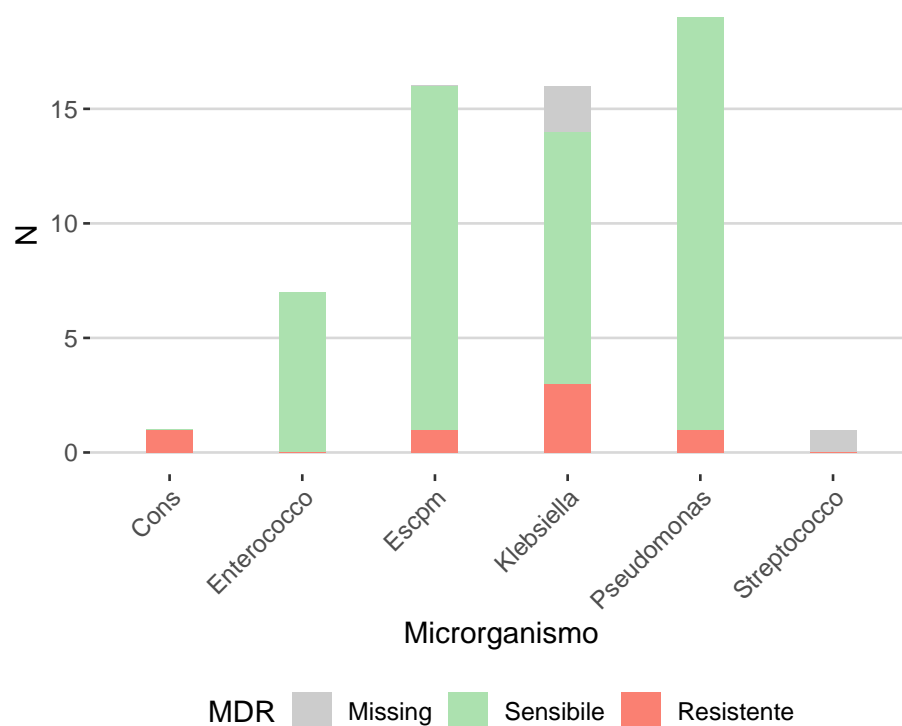
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	10.6	9	4	44.4
Staphylococcus haemolyticus	1	1.2	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	5	5.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.2	0	0	0
Enterococco faecalis	5	5.9	5	0	0
Enterococco faecium	2	2.4	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>29.4</b>	<b>18</b>	<b>5</b>	<b>27.8</b>
Klebsiella pneumoniae	8	9.4	8	3	37.5
Klebsiella altra specie	8	9.4	6	0	0
Enterobacter spp	10	11.8	9	0	0
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	10	11.8	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	19	22.4	19	1	5.3
Escherichia coli	10	11.8	9	1	11.1
Proteus	4	4.7	4	1	25
Acinetobacter	3	3.5	3	2	66.7
Citrobacter	4	4.7	4	0	0
Morganella	2	2.4	2	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>80</b>	<b>94.1</b>	<b>75</b>	<b>8</b>	<b>10.7</b>
Candida albicans	5	5.9	0	0	0
Candida krusei	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	2	2.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>8</b>	<b>9.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	1	1.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, 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, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	7	7	7	0	0.00	0
Escpm	16	16	15	1	6.25	0
Klebsiella	16	14	11	3	21.43	2
Pseudomonas	19	19	18	1	5.26	0
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

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

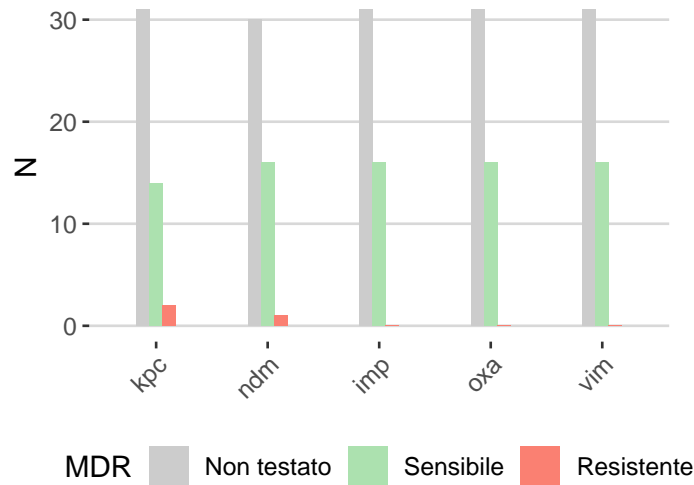
Klebsiella pneumoniae	8	Ertapenem	1	12.50
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	3	37.50
Escherichia coli	9	Ertapenem	1	11.11
Proteus	4	Ertapenem	1	25.00
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	1	5.56
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	4	44.44

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

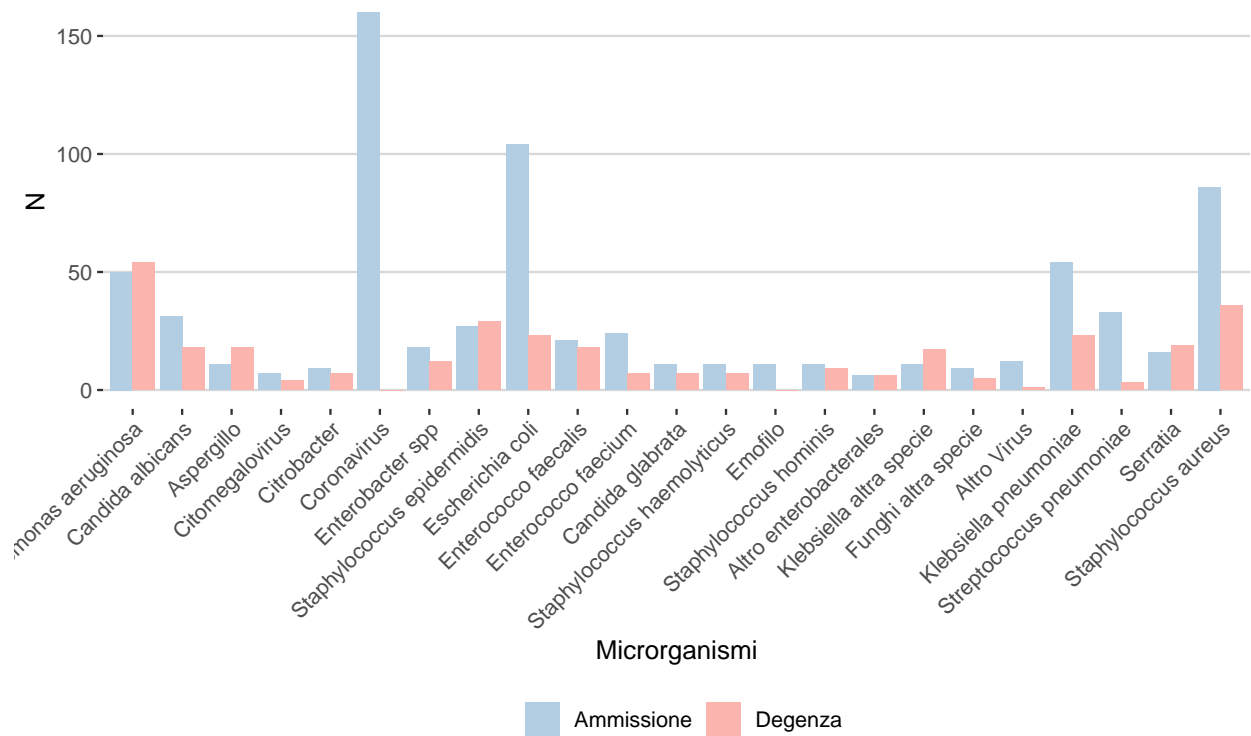
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	3	6.67
No	13	28.89
Non testato	29	64.44
Missing	9	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	16	31
kpc	2	66.7	14	31
ndm	1	33.3	16	30
oxa	0	0.0	16	31
vim	0	0.0	16	31



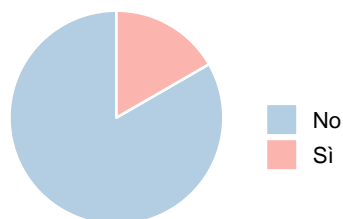
## 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	104	50	48.1	54	51.9
<i>Candida albicans</i>	49	31	63.3	18	36.7
Aspergillo	29	11	37.9	18	62.1
Citomegalovirus	11	7	63.6	4	36.4
Citrobacter	16	9	56.2	7	43.8
Coronavirus	160	160	100	0	0
Enterobacter spp	30	18	60	12	40
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	56	27	48.2	29	51.8
<i>Escherichia coli</i>	127	104	81.9	23	18.1
<i>Enterococcus faecalis</i>	39	21	53.8	18	46.2
<i>Enterococcus faecium</i>	31	24	77.4	7	22.6
<i>Candida glabrata</i>	18	11	61.1	7	38.9
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	18	11	61.1	7	38.9
Emofilo	11	11	100	0	0
<i>Staphylococcus hominis</i>	20	11	55	9	45
Altro enterobacterales	12	6	50	6	50
<i>Klebsiella altra specie</i>	28	11	39.3	17	60.7
Funghi altra specie	14	9	64.3	5	35.7
Altro Virus	13	12	92.3	1	7.7
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	77	54	70.1	23	29.9
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	36	33	91.7	3	8.3
Serratia	35	16	45.7	19	54.3
<i>Staphylococcus aureus</i>	122	86	70.5	36	29.5

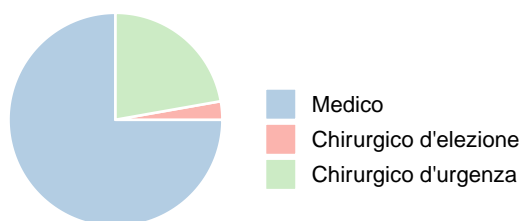
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 72)

### 11.1 Trauma



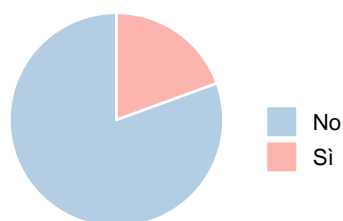
Trauma	N	%
No	60	83.3
Si	12	16.7
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	54	75.0
Chirurgico d'elezione	2	2.8
Chirurgico d'urgenza	16	22.2
Missing	0	0

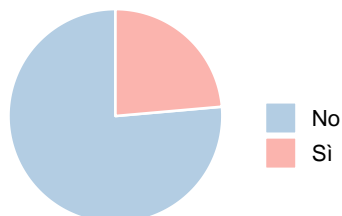
### 11.3 Infezione batteriémica



Batteriémica	N	%
--------------	---	---

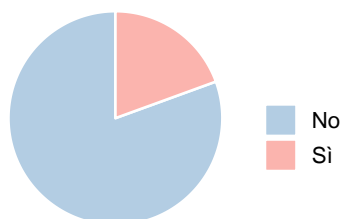
No	58	80.6
Sì	14	19.4
Missing	0	0

#### 11.4 Infezioni multisito



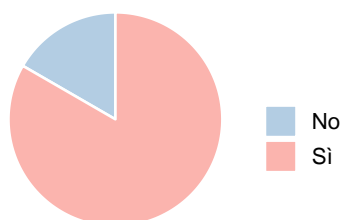
Infezione multisito	N	%
No	55	76.4
Sì	17	23.6
Missing	0	0

#### 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	58	80.6
Sì	14	19.4
Missing	0	0

#### 11.6 Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) \*



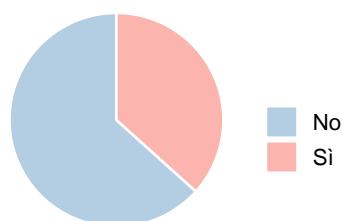


Polmonite associata a VAP	N	%
No	12	16.7
Sì	60	83.3
Missing	0	0

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

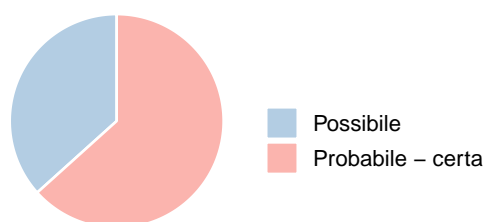
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 60)

### 12.1 VAP precoce



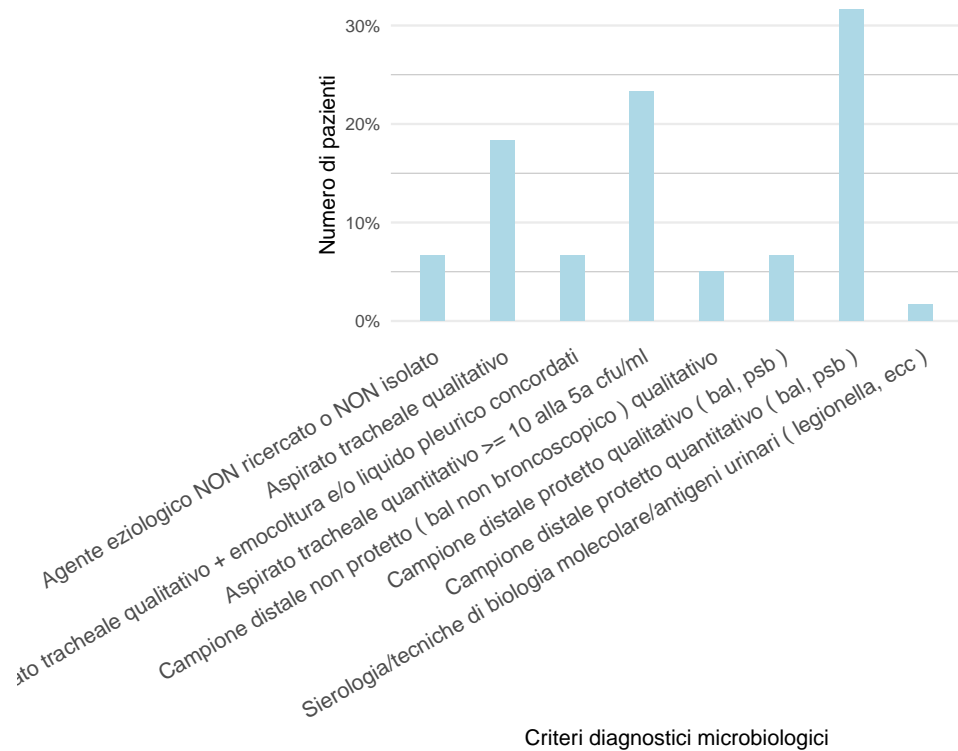
VAP precoce	N	%
No	38	63.3
Sì	22	36.7
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	22	36.7
Probabile - certa	38	63.3
Missing	0	0

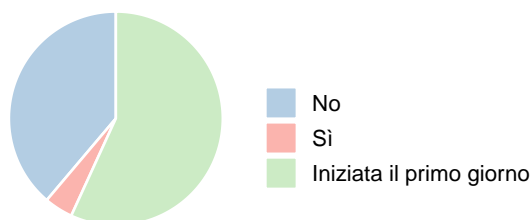
### 12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	1	1.7
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	3	5.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	4	6.7
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	19	31.7
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	14	23.3
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	4	6.7
Aspirato tracheale qualitativo	11	18.3
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	4	6.7
Missing	0	0

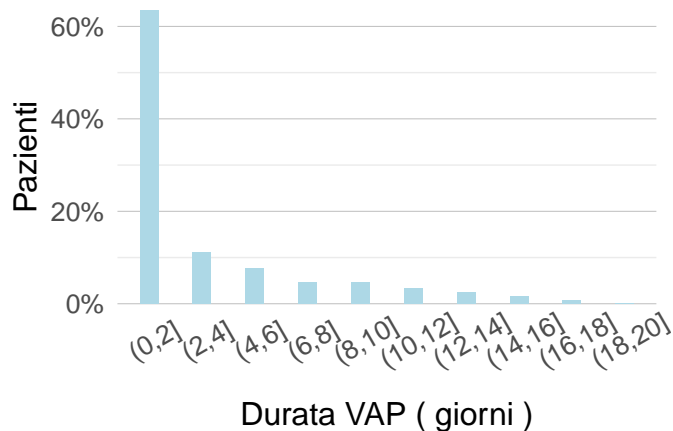
### 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 2453 )

#### 12.4.1 Ventilazione invasiva



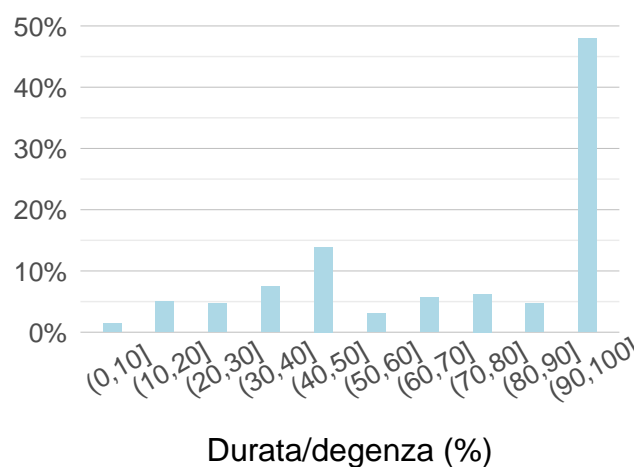
Ventilazione invasiva	N	%
No	950	38.8
Sì	1497	61.2
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>1391</b>	<b>56.7</b>
Missing	6	0.0

#### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	4.9 (8.0)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-6)
Missing	4

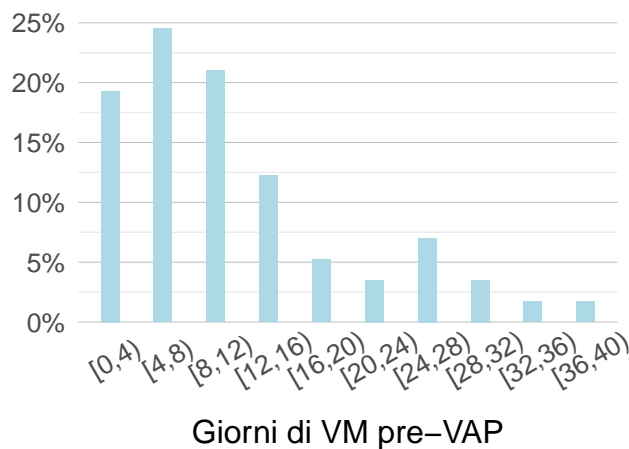
#### 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.5 (29.7)
Mediana (Q1-Q3)	85.7 (50-100)

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

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	60
Media (DS)	13.0 (11.8)
Mediana (Q1-Q3)	9 (4-17.2)
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	9.5	6.6 %
CI ( 95% )	7.2 - 12.2	5.1 - 8.5

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.

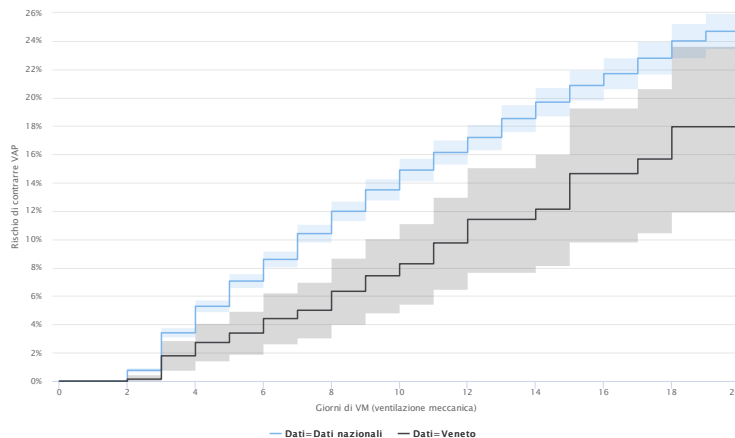
Il secondo invece:

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

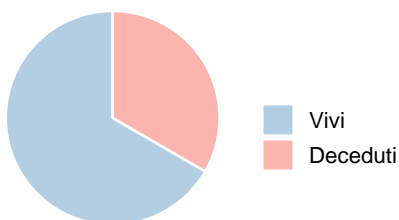
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

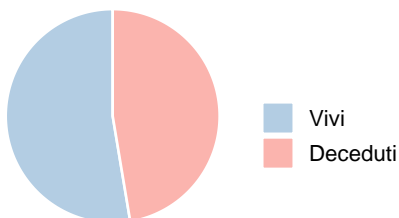


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	40	66.7
Deceduti	20	33.3
Missing	0	0

### 12.8 Mortalità ospedaliera \*

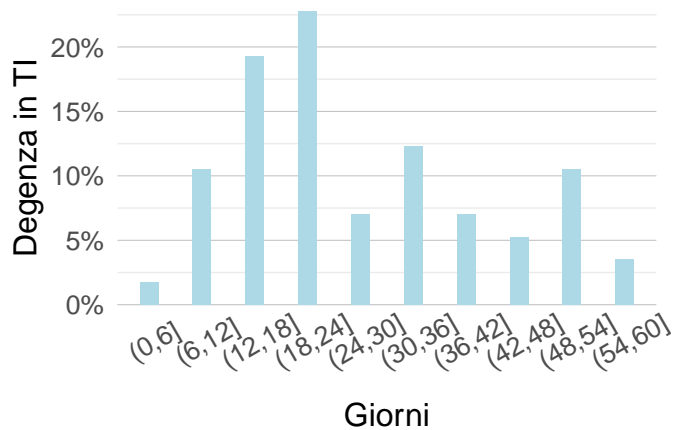


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	30	52.6

Deceduti	27	47.4
Missing	1	0

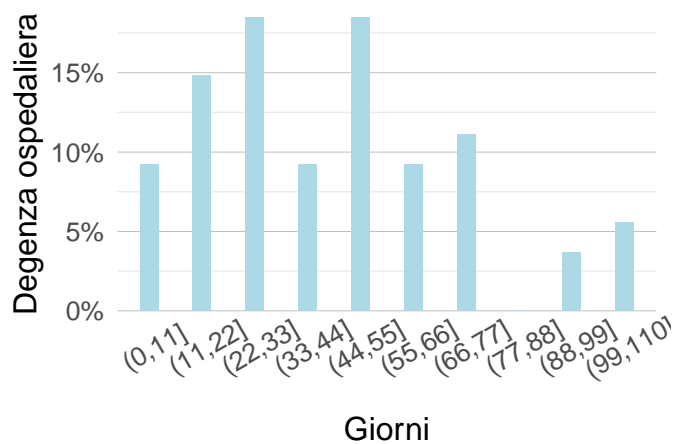
\* Statistiche calcolate su 58 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.4 (19.2)
Mediana (Q1-Q3)	23.5 (16.8-41.2)
Missing	0

### 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.1 (35.9)
Mediana (Q1-Q3)	45 (23-62)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 58 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

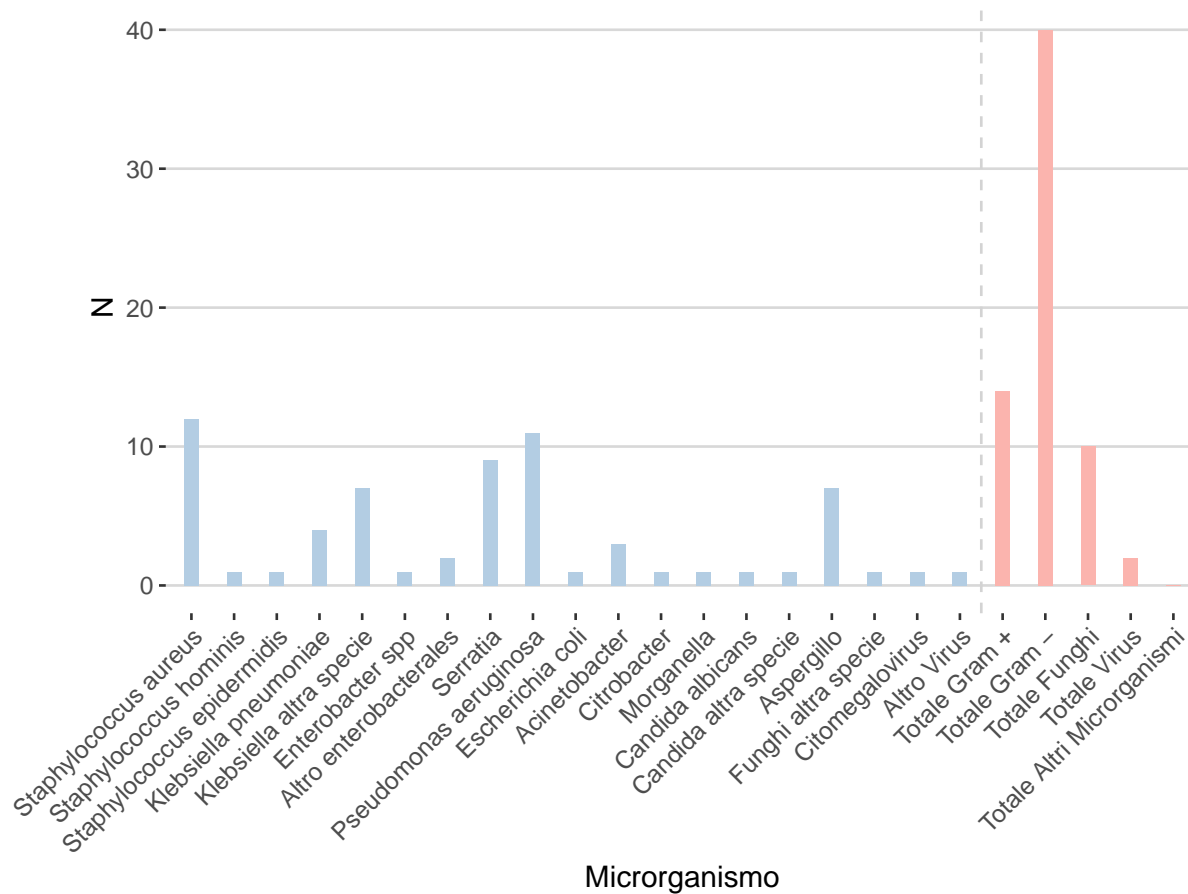
### 12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4	6.7
Sì	56	93.3
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>60</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>71</b>	

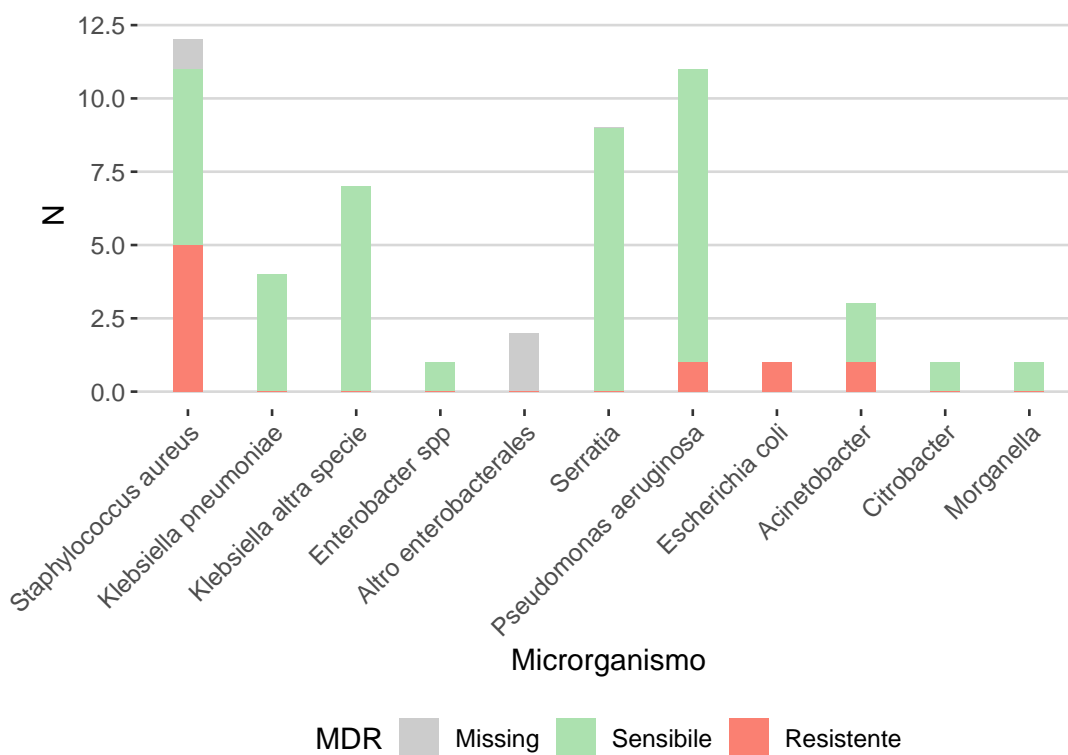
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	12	21.4	11	5	45.5
Staphylococcus hominis	1	1.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>14</b>	<b>25.0</b>	<b>11</b>	<b>5</b>	<b>45.5</b>
Klebsiella pneumoniae	4	7.1	4	0	0
Klebsiella altra specie	7	12.5	7	0	0
Enterobacter spp	1	1.8	1	0	0
Altro enterobacterales	2	3.6	0	0	0
Serratia	9	16.1	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	19.6	11	1	9.1
Escherichia coli	1	1.8	1	1	100
Acinetobacter	3	5.4	3	1	33.3
Citrobacter	1	1.8	1	0	0
Morganella	1	1.8	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>40</b>	<b>71.4</b>	<b>38</b>	<b>3</b>	<b>7.9</b>
Candida albicans	1	1.8	0	0	0
Candida altra specie	1	1.8	0	0	0
Aspergillo	7	12.5	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>10</b>	<b>17.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	1.8			
Altro Virus	1	1.8			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>3.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



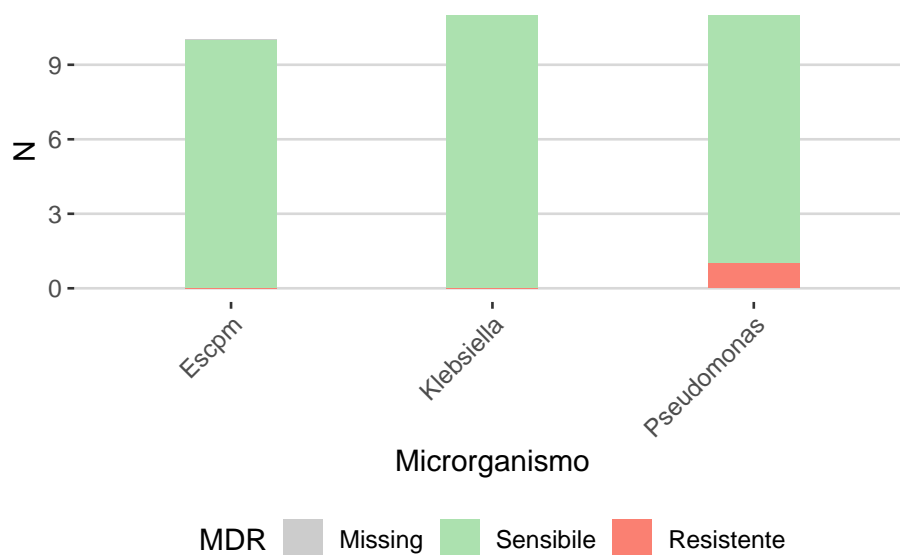
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.





Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Emofilo*, *Legionella*, *Altro gram negativo*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *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*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie* ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Escpm	10	10	10	0	0.00	0
Klebsiella	11	11	11	0	0.00	0
Pseudomonas	11	11	10	1	9.09	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Escherichia coli	1	Ertapenem	1	100.00
Escherichia coli	1	Meropenem	1	100.00
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	1	9.09
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	5	45.45

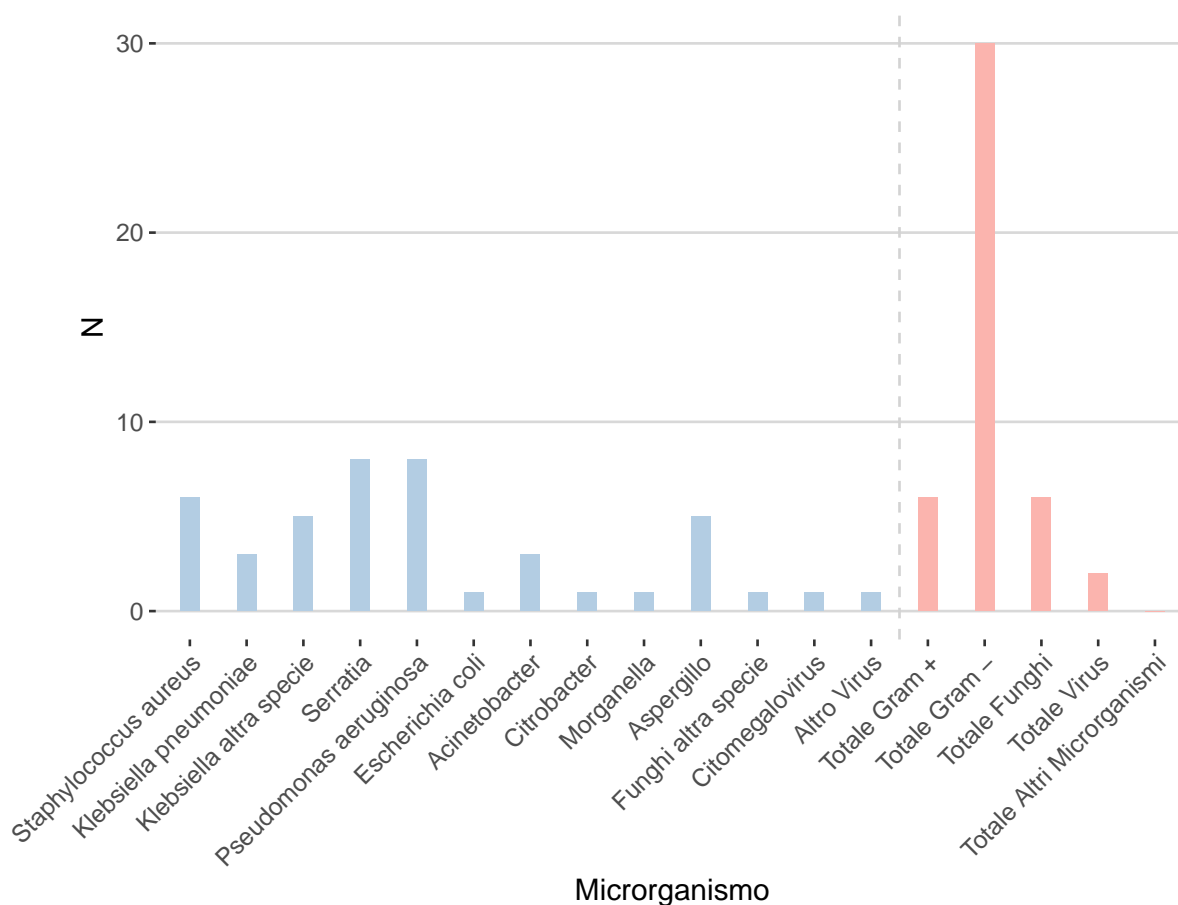
### 12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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	38	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>38</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>47</b>	

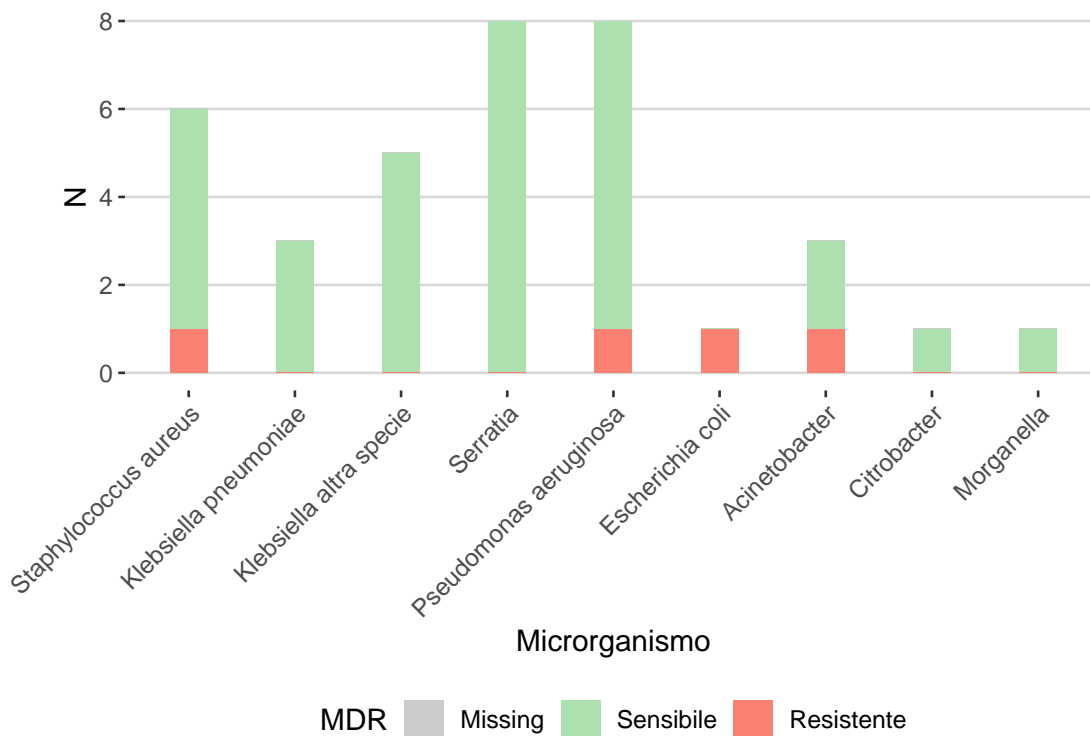
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	15.8	6	1	16.7
<b>Totale Gram +</b>	<b>6</b>	<b>15.8</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>16.7</b>
Klebsiella pneumoniae	3	7.9	3	0	0
Klebsiella altra specie	5	13.2	5	0	0
Serratia	8	21.1	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	21.1	8	1	12.5
Escherichia coli	1	2.6	1	1	100
Acinetobacter	3	7.9	3	1	33.3
Citrobacter	1	2.6	1	0	0
Morganella	1	2.6	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>30</b>	<b>78.9</b>	<b>30</b>	<b>3</b>	<b>10</b>
Aspergillo	5	13.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>15.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	2.6			
Altro Virus	1	2.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>5.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



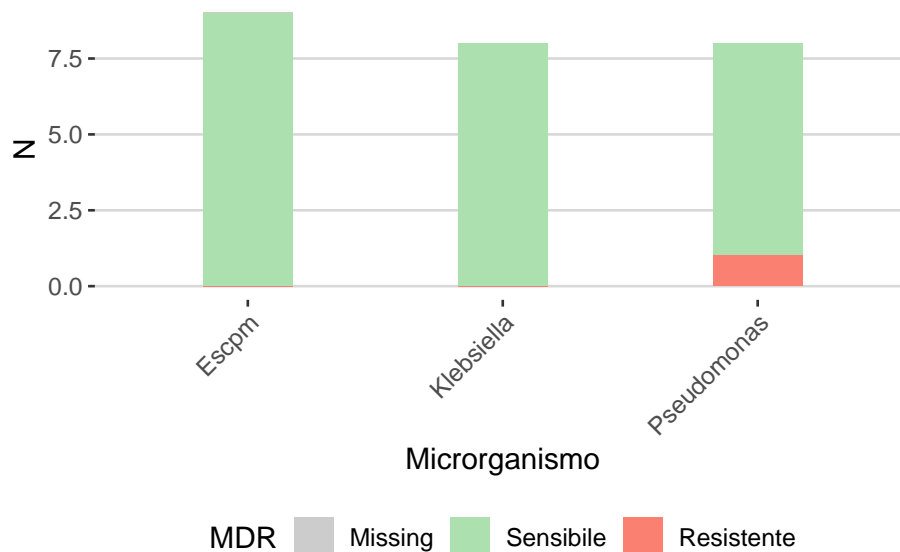
Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	15.8	6	1	16.7
<b>Totale Gram +</b>	<b>6</b>	<b>15.8</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>16.7</b>
Klebsiella pneumoniae	3	7.9	3	0	0
Klebsiella altra specie	5	13.2	5	0	0
Serratia	8	21.1	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	21.1	8	1	12.5
Escherichia coli	1	2.6	1	1	100
Acinetobacter	3	7.9	3	1	33.3
Citrobacter	1	2.6	1	0	0
Morganella	1	2.6	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>30</b>	<b>78.9</b>	<b>30</b>	<b>3</b>	<b>10</b>
Aspergillo	5	13.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>15.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	2.6			
Altro Virus	1	2.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>5.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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*, *Clamidia*, *Enterobacter spp*, *Emofilo*, *Legionella*, *Altro gram negativo*, *Altro enterobacterales*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Candida albicans*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida 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*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie* ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Escpm	9	9	9	0	0.0	0
Klebsiella	8	8	8	0	0.0	0
Pseudomonas	8	8	7	1	12.5	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Escherichia coli	1	Ertapenem	1	100.00
Escherichia coli	1	Meropenem	1	100.00
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	1	16.67

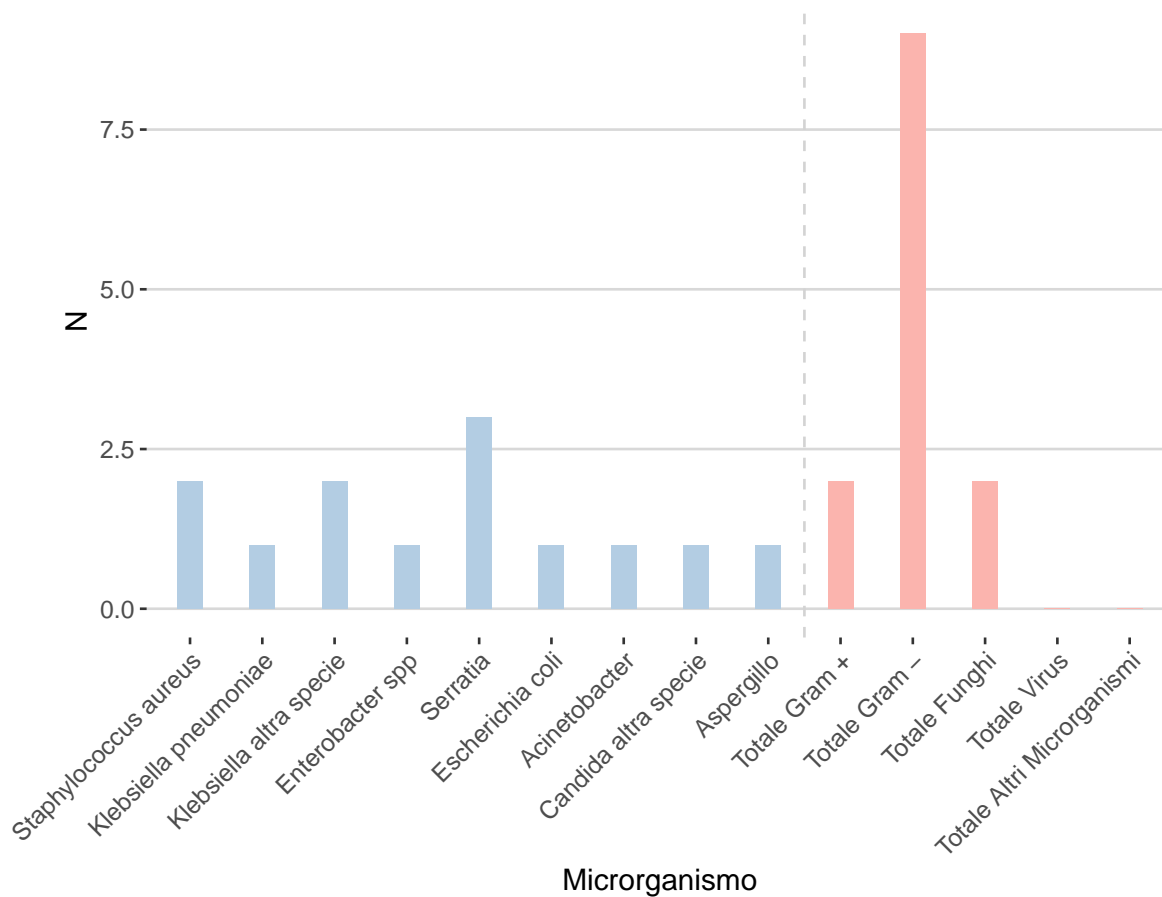
### 12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	11	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>11</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>15</b>	

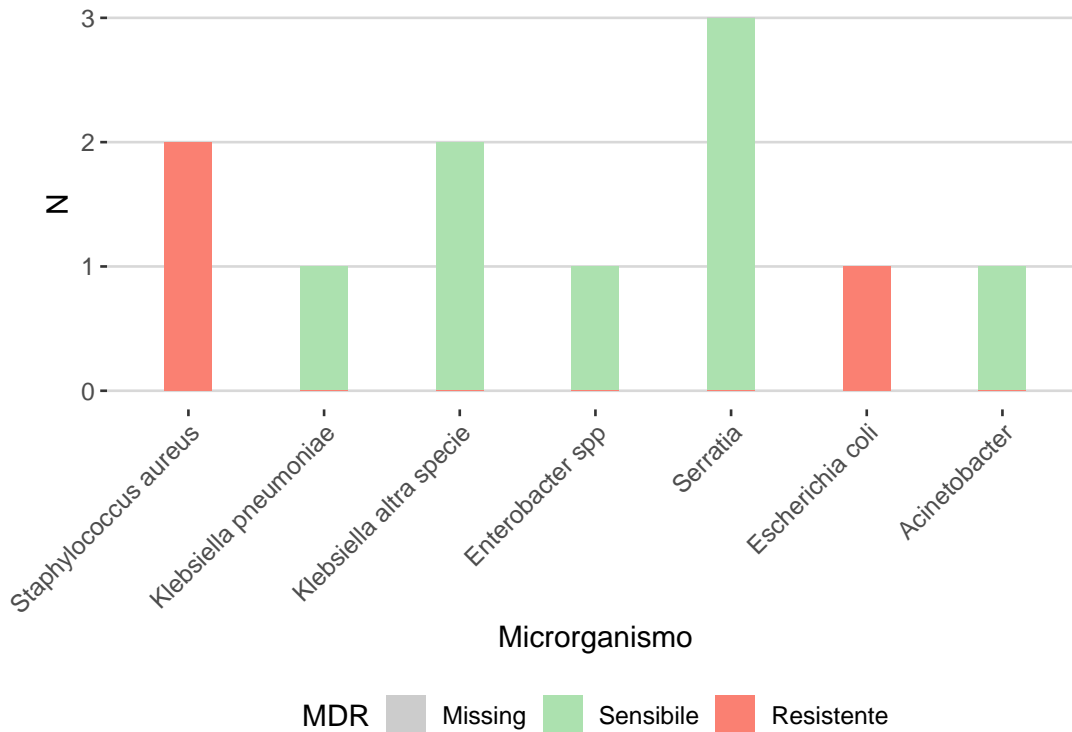
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	18.2	2	2	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>2</b>	<b>18.2</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>100</b>
Klebsiella pneumoniae	1	9.1	1	0	0
Klebsiella altra specie	2	18.2	2	0	0
Enterobacter spp	1	9.1	1	0	0
Serratia	3	27.3	3	0	0
Escherichia coli	1	9.1	1	1	100
Acinetobacter	1	9.1	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>9</b>	<b>81.8</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Candida altra specie	1	9.1	0	0	0
Aspergillo	1	9.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>18.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



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

### 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)

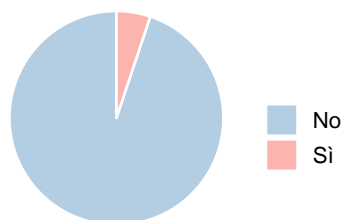
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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

Escherichia coli	1	Ertapenem	1	100
Escherichia coli	1	Meropenem	1	100
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	2	100

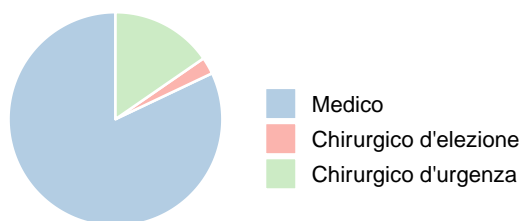
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 78)

### 13.1 Trauma



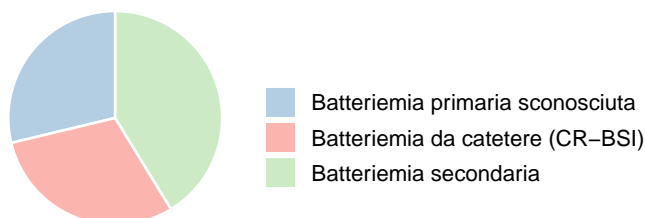
Trauma	N	%
No	74	94.9
Si	4	5.1
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



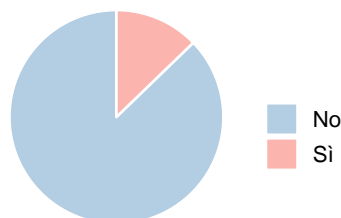
Stato chirurgico	N	%
Medico	64	82.1
Chirurgico d'elezione	2	2.6
Chirurgico d'urgenza	12	15.4
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	23	29.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	24	30.8
Batteriemia secondaria	33	42.3
Missing	0	0.0

### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



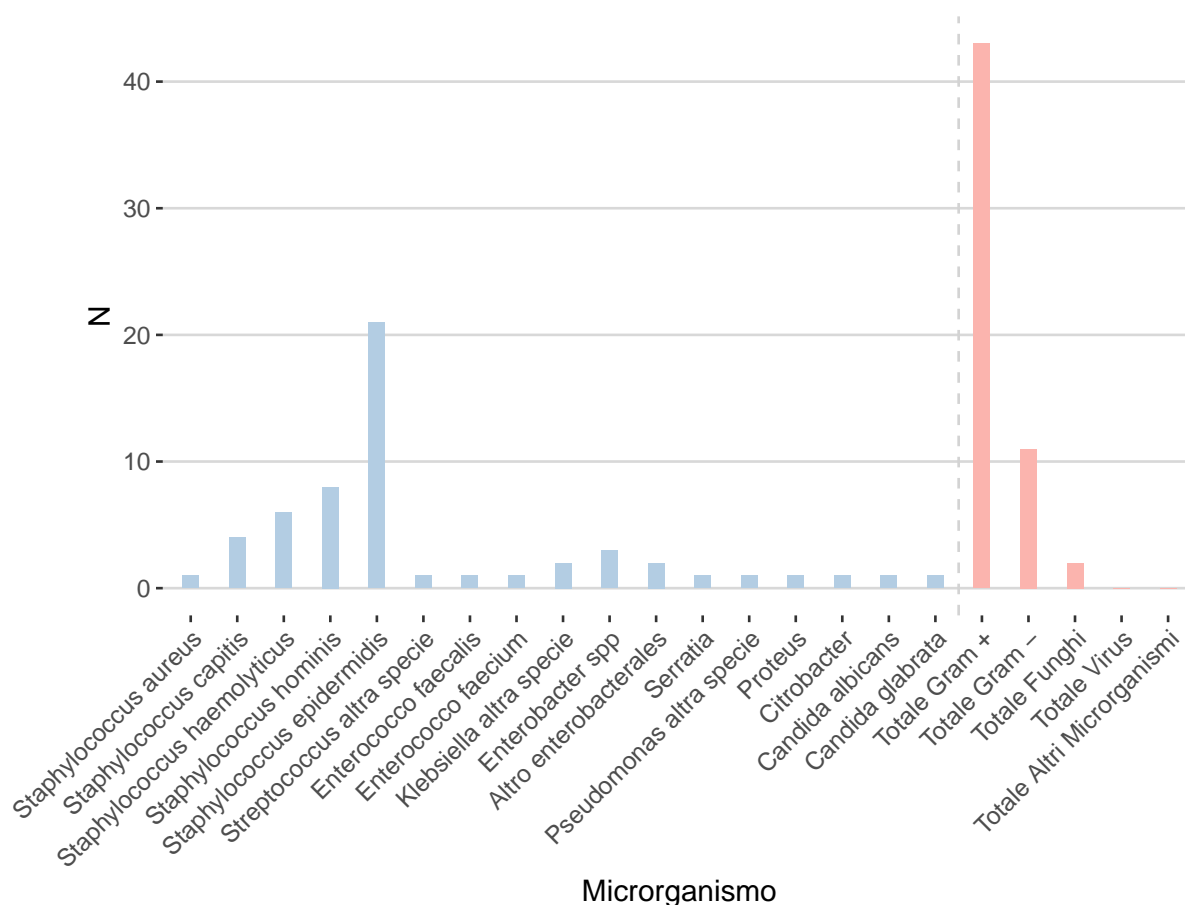
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	41	87.2
Si	6	12.8
Missing	0	0

### 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	2.1	1	0	0
Staphylococcus capitis	4	8.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	12.8	6	6	100
Staphylococcus hominis	8	17.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	44.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.1	0	0	0
Enterococco faecalis	1	2.1	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.1	1	1	100

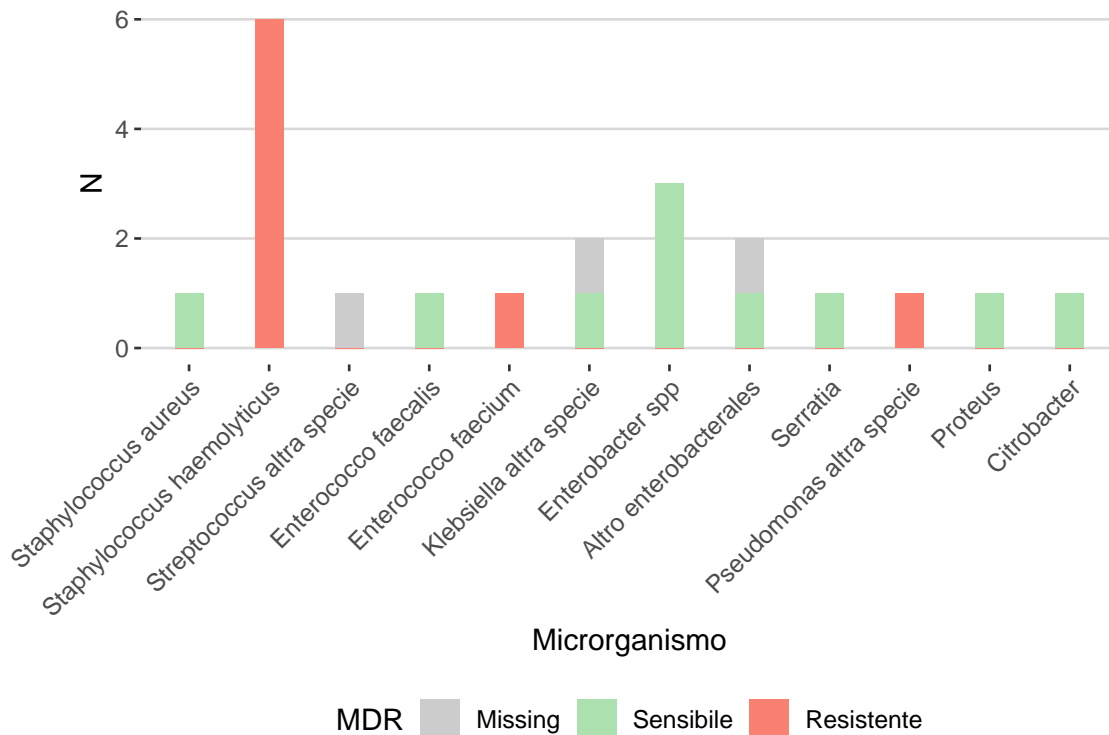
<b>Totale Gram +</b>	<b>43</b>	<b>91.5</b>	<b>9</b>	<b>7</b>	<b>77.8</b>
Klebsiella altra specie	2	4.3	1	0	0
Enterobacter spp	3	6.4	3	0	0
Altro enterobacterales	2	4.3	1	0	0
Serratia	1	2.1	1	0	0
Pseudomonas altra specie	1	2.1	1	1	100
Proteus	1	2.1	1	0	0
Citrobacter	1	2.1	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>11</b>	<b>23.4</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Candida albicans	1	2.1	0	0	0
Candida glabrata	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>4.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	2.1	1	0	0
Staphylococcus capitis	4	8.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	12.8	6	6	100
Staphylococcus hominis	8	17.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	21	44.7	0	0	0

Streptococcus altra specie	1	2.1	0	0	0
Enterococco faecalis	1	2.1	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.1	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>43</b>	<b>91.5</b>	<b>9</b>	<b>7</b>	<b>77.8</b>
Klebsiella altra specie	2	4.3	1	0	0
Enterobacter spp	3	6.4	3	0	0
Altro enterobacterales	2	4.3	1	0	0
Serratia	1	2.1	1	0	0
Pseudomonas altra specie	1	2.1	1	1	100
Proteus	1	2.1	1	0	0
Citrobacter	1	2.1	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>11</b>	<b>23.4</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Candida albicans	1	2.1	0	0	0
Candida glabrata	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>4.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

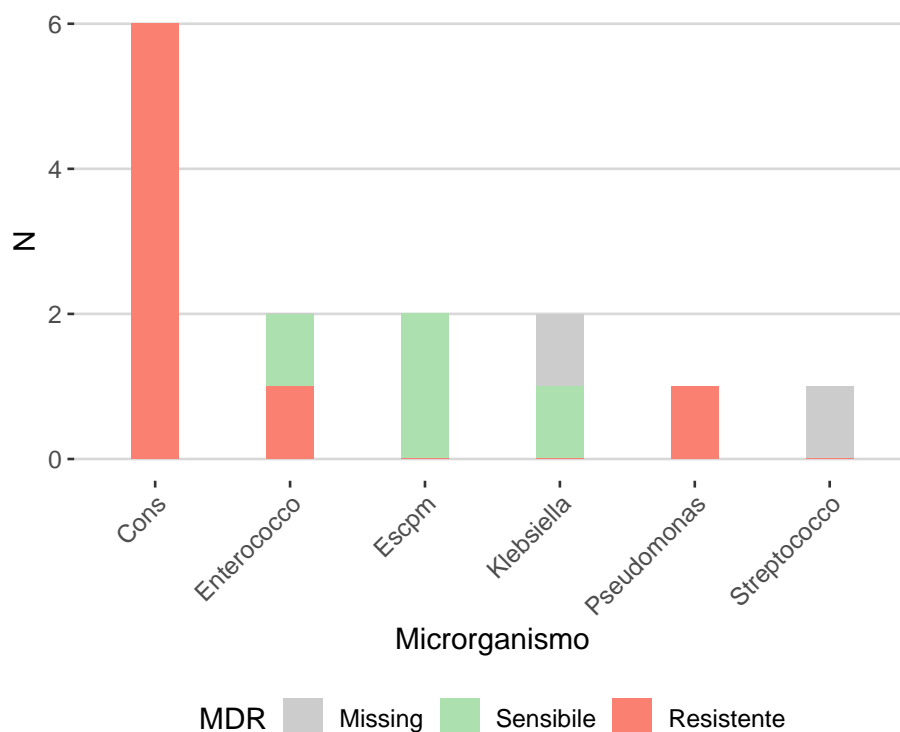
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Klebsiella pneumoniae, Providencia, 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.

### 13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	6	6	0	6	100	0
Enterococco	2	2	1	1	50	0
Escpm	2	2	2	0	0	0
Klebsiella	2	1	1	0	0	1
Pseudomonas	1	1	0	1	100	0
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

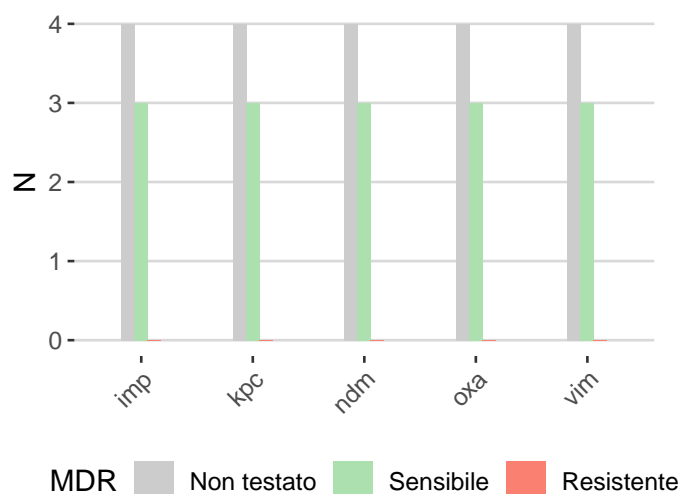
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	6	100
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100

### 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.

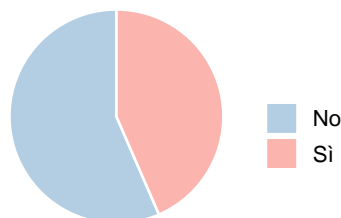
	N	%
Sì	0	0
No	3	42.86
Non testato	4	57.14
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	4
kpc	0	0	3	4
ndm	0	0	3	4
oxa	0	0	3	4
vim	0	0	3	4



## 14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 23)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	13	56.5
Sì	10	43.5
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.8	1.2 %
CI ( 95% )	1.1 - 2.6	0.8 - 1.9

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

Il primo:

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

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

Il secondo:

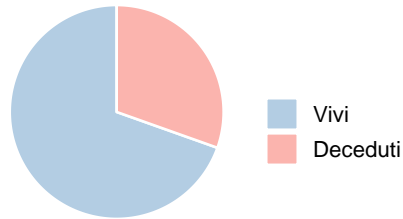
$$* \text{ Incidenza BO} = \frac{\text{Numero di pazienti con BO}}{(\text{Numero pazienti ricoverati})/7} \times 100$$

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

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

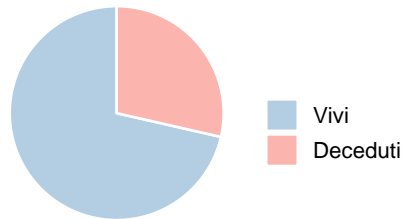


### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	16	69.6
Deceduti	7	30.4
Missing	0	0

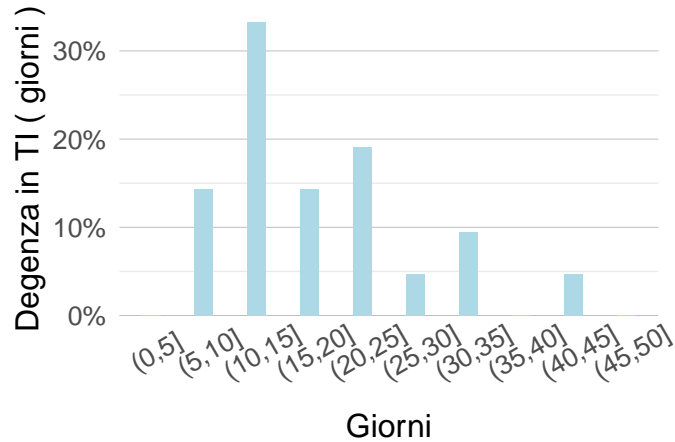
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



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

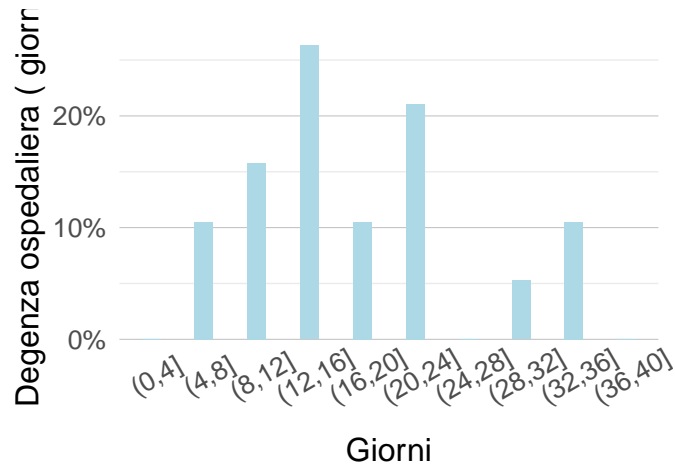
\* Statistiche calcolate su 21 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 14.5 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.8 (14.0)
Mediana (Q1-Q3)	17 (13-26)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



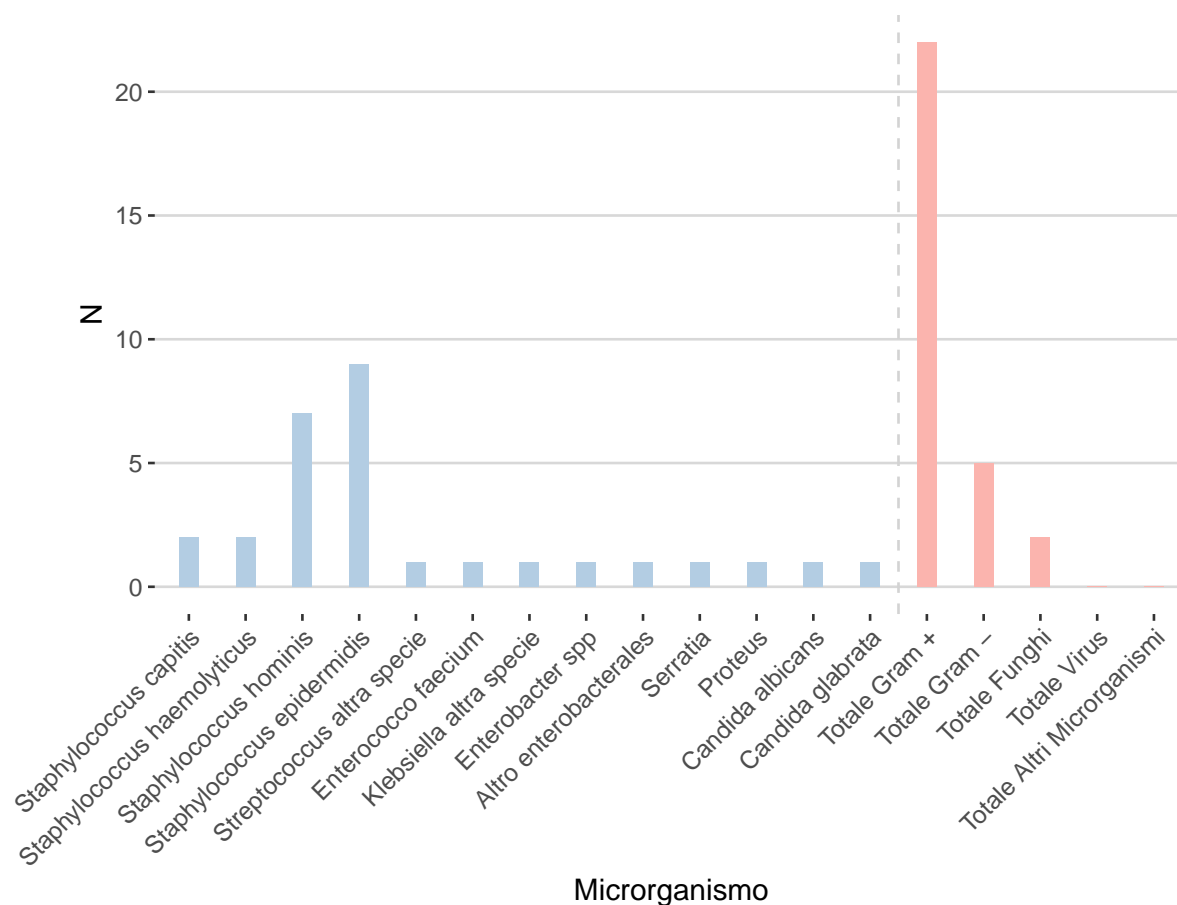
Indicatore	Valore
Media (DS)	37.6 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	33 (23-50)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 21 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

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

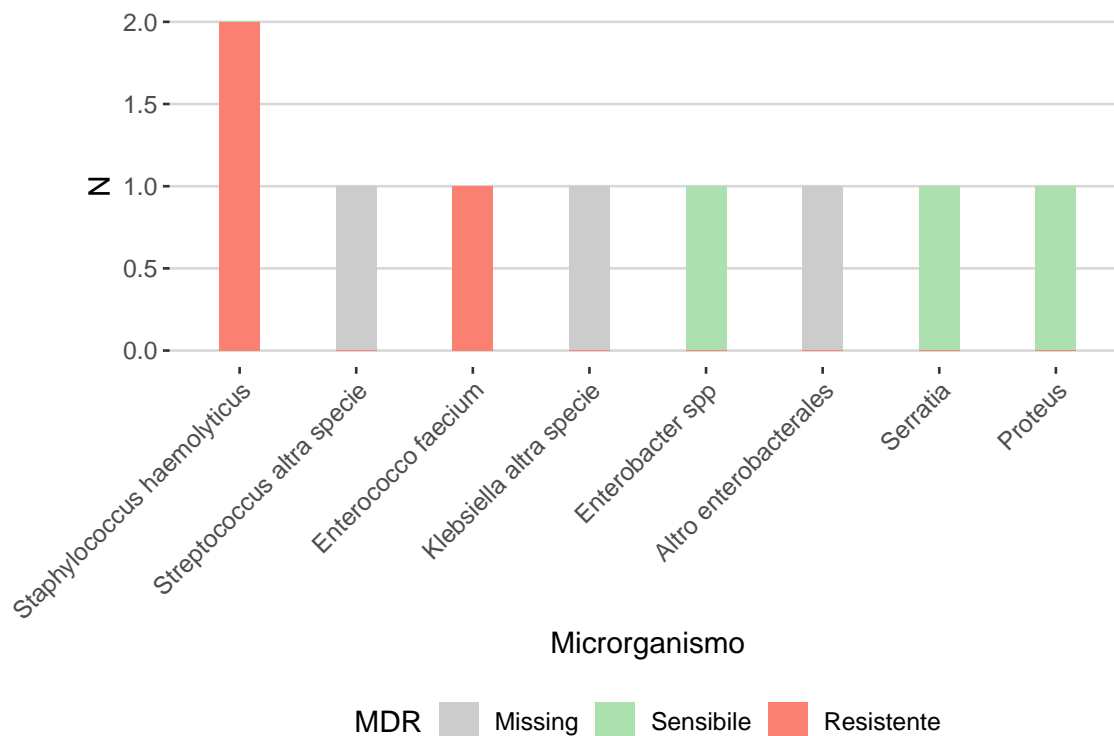
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	2	8.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	8.7	2	2	100
Staphylococcus hominis	7	30.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	39.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterococco faecium	1	4.3	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>22</b>	<b>95.7</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>100</b>
Klebsiella altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterobacter spp	1	4.3	1	0	0
Altro enterobacterales	1	4.3	0	0	0
Serratia	1	4.3	1	0	0
Proteus	1	4.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>5</b>	<b>21.7</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	1	4.3	0	0	0
Candida glabrata	1	4.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>8.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	2	8.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	8.7	2	2	100
Staphylococcus hominis	7	30.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	39.1	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterococco faecium	1	4.3	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>22</b>	<b>95.7</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>100</b>
Klebsiella altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterobacter spp	1	4.3	1	0	0
Altro enterobacterales	1	4.3	0	0	0
Serratia	1	4.3	1	0	0
Proteus	1	4.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>5</b>	<b>21.7</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	1	4.3	0	0	0
Candida glabrata	1	4.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>8.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 faecalis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Staphylococcus aureus, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Citrobacter, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Klebsiella pneumoniae, Providencia, 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.

#### 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.

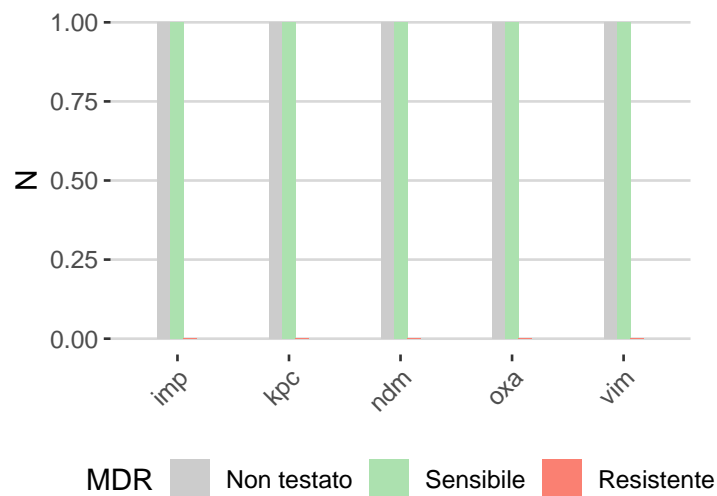
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100

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

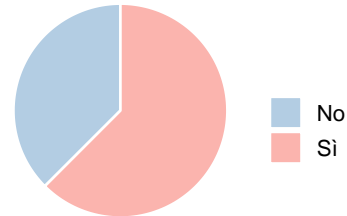
	N	%
Sì	0	0
No	1	50
Non testato	1	50
Missing	3	

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



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 24)

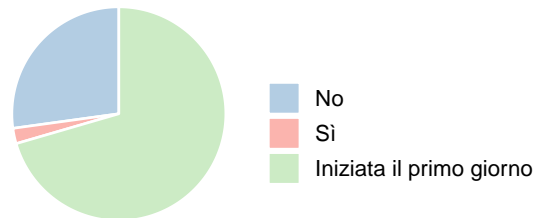
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	9	37.5
Sì	15	62.5
Missing	0	0

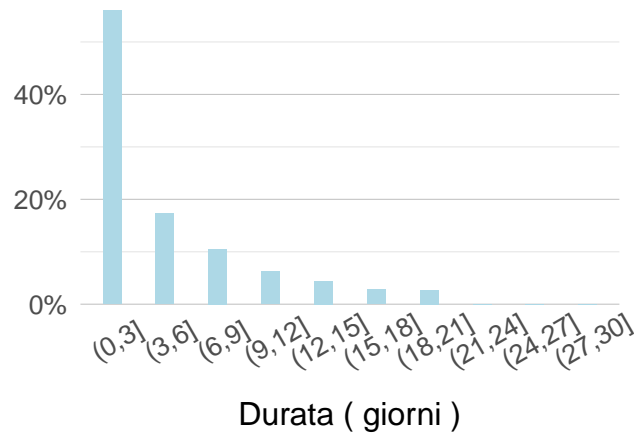
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 2453 )



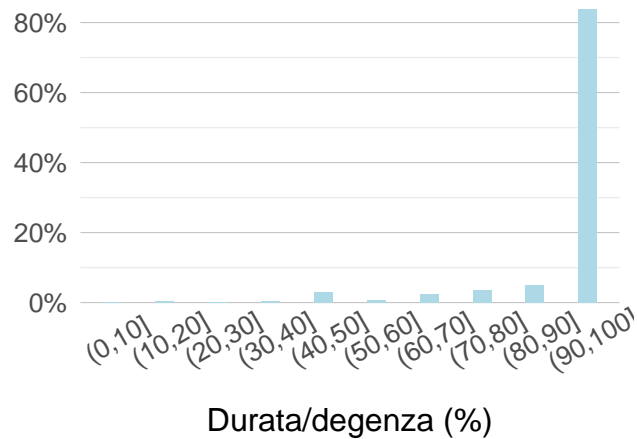
Cvc	N	%
No	665	27.2
Sì	1782	72.8
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>1725</b>	<b>70.3</b>
Missing	6	

15.2.2 Durata (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.5 (8.7)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	4

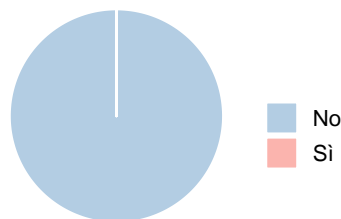
15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	94.6 (14.0)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	4

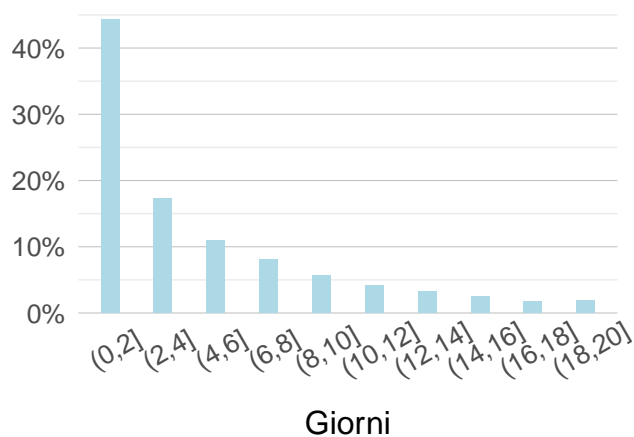


## 15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 2453 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	2448	100.0
Si	1	0.0
Missing	4	0

## 15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	24
Media (DS)	12.7 (9.0)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-19.5)
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	2.1	1.5 %
CI ( 95% )	1.4 - 3.2	1.0 - 2.2

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

Il primo:

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

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

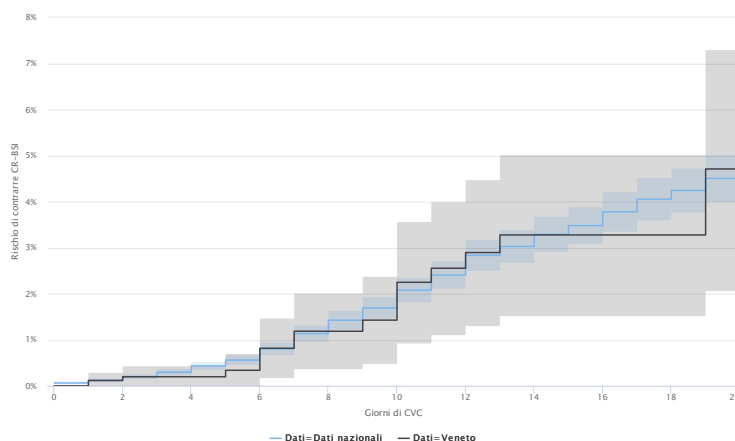
Il secondo invece:

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

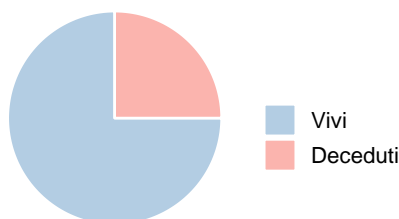
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

## 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



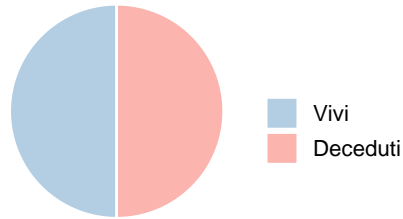
## 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	75.0
Deceduti	6	25.0

Missing 0 0

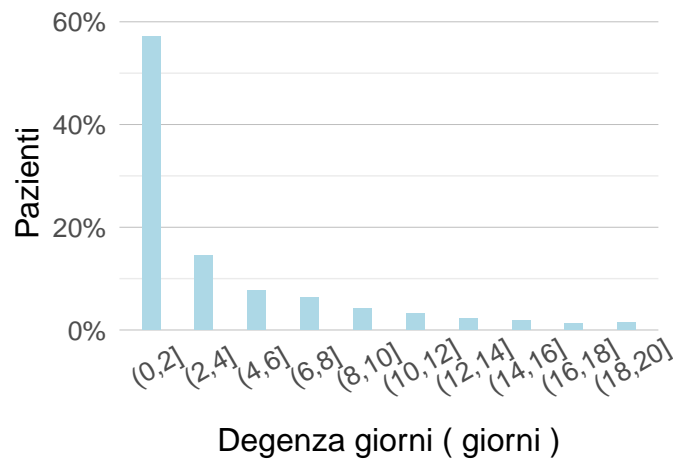
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	12	50.0
Deceduti	12	50.0
Missing	0	0

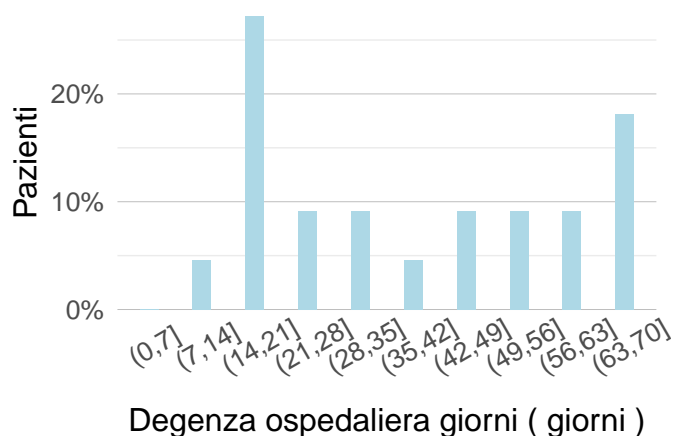
\* Statistiche calcolate su 24 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.5 (17.4)
Mediana (Q1-Q3)	23.5 (16-40)
Missing	0

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.2 (23.8)
Mediana (Q1-Q3)	43.5 (20.8-62)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 24 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

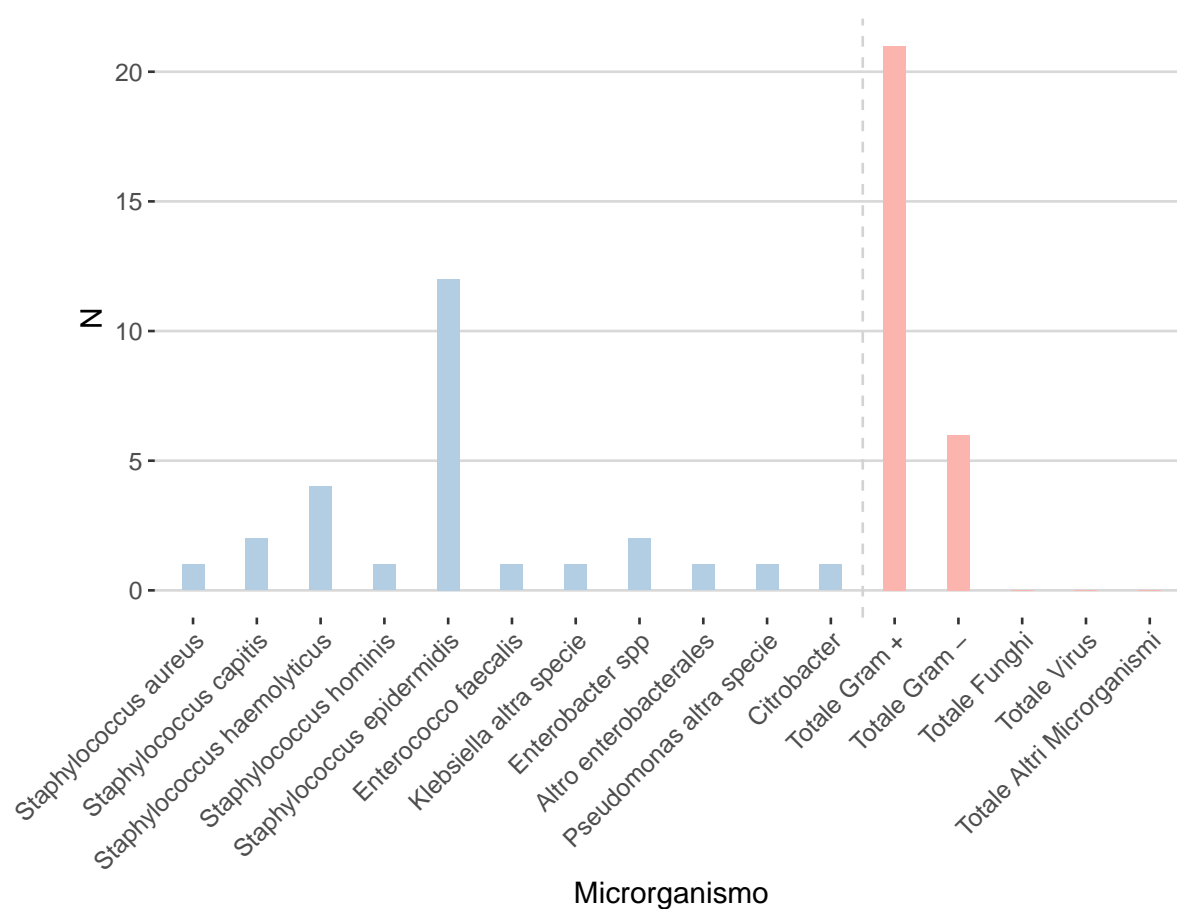
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	24	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>24</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>27</b>	

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	4.2	1	0	0
Staphylococcus capitis	2	8.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	16.7	4	4	100
Staphylococcus hominis	1	4.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	50.0	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.2	1	0	0

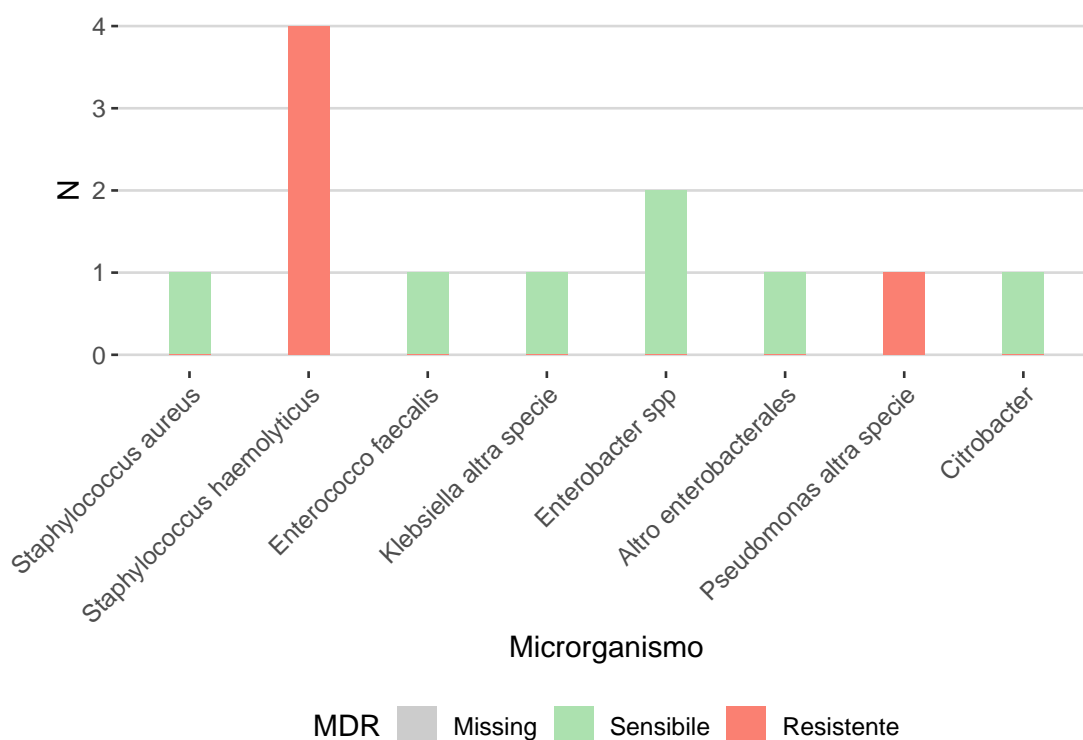
<b>Totale Gram +</b>	<b>21</b>	<b>87.5</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>66.7</b>
Klebsiella altra specie	1	4.2	1	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	2	0	0
Altro enterobacterales	1	4.2	1	0	0
Pseudomonas altra specie	1	4.2	1	1	100
Citrobacter	1	4.2	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>25.0</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>16.7</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	4.2	1	0	0
Staphylococcus capitis	2	8.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	16.7	4	4	100
Staphylococcus hominis	1	4.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	50.0	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>21</b>	<b>87.5</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>66.7</b>
Klebsiella altra specie	1	4.2	1	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	2	0	0
Altro enterobacterales	1	4.2	1	0	0

Pseudomonas altra specie	1	4.2	1	1	100
Citrobacter	1	4.2	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>25.0</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>16.7</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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, Enterococcus faecium, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, 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.

**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.

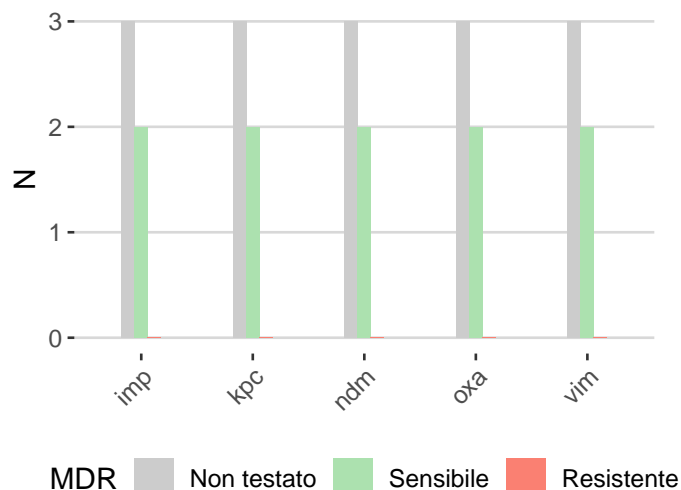
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	4	100

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

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

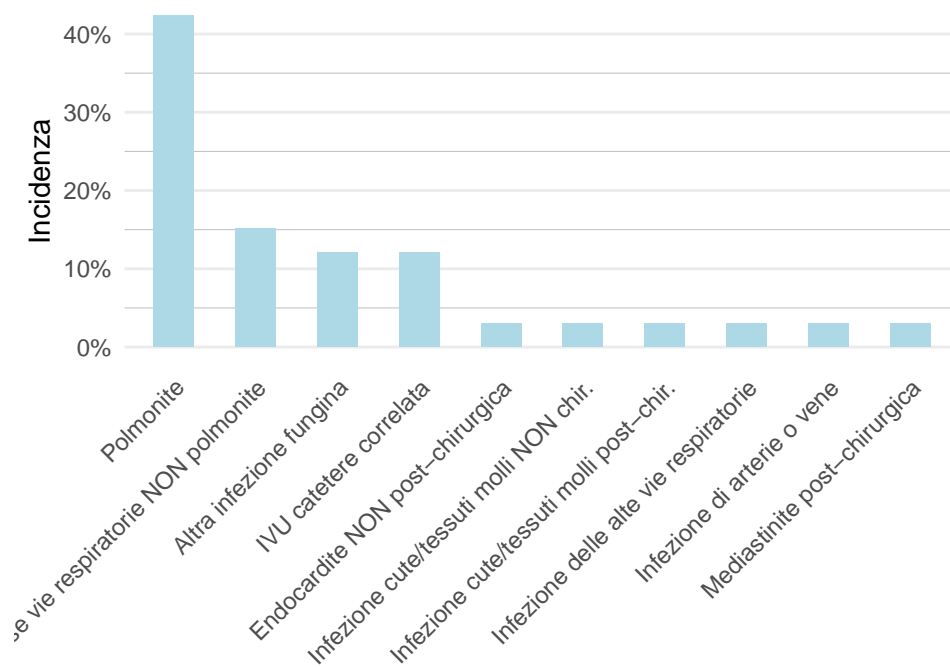
	N	%
Sì	0	0
No	2	40
Non testato	3	60
Missing	0	

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



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 33)

### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



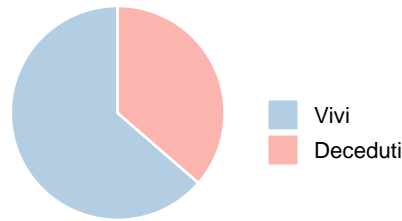
Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	14	42.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	5	15.2
IVU catetere correlata	4	12.1
Altra infezione fungina	4	12.1
Infezione delle alte vie respiratorie	1	3



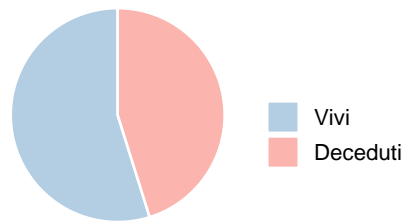
Mediastinite post-chirurgica	1	3
Endocardite NON post-chirurgica	1	3
Infezione di arterie o vene	1	3
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	1	3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	1	3
Missing	0	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	21	63.6
Deceduti	12	36.4
Missing	0	0

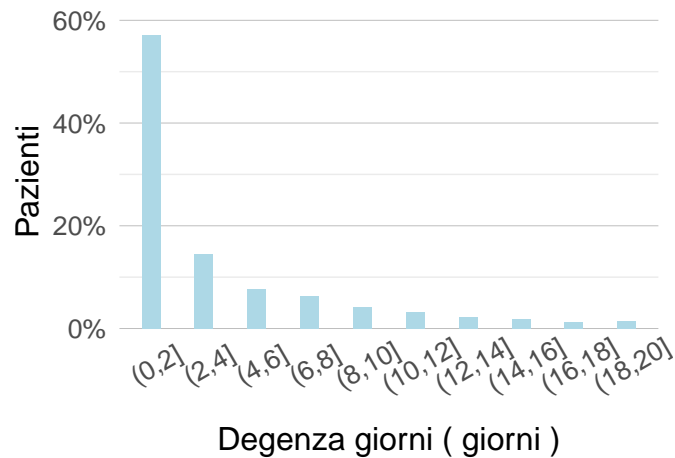
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	17	54.8
Deceduti	14	45.2
Missing	0	0

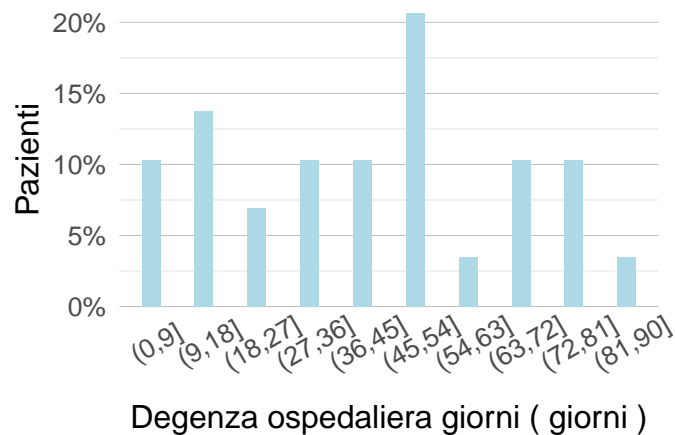
\* Statistiche calcolate su 31 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

## 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.0 (17.1)
Mediana (Q1-Q3)	29 (13-43)
Missing	0

## 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	46.4 (28.1)
Mediana (Q1-Q3)	49 (25-70)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 31 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

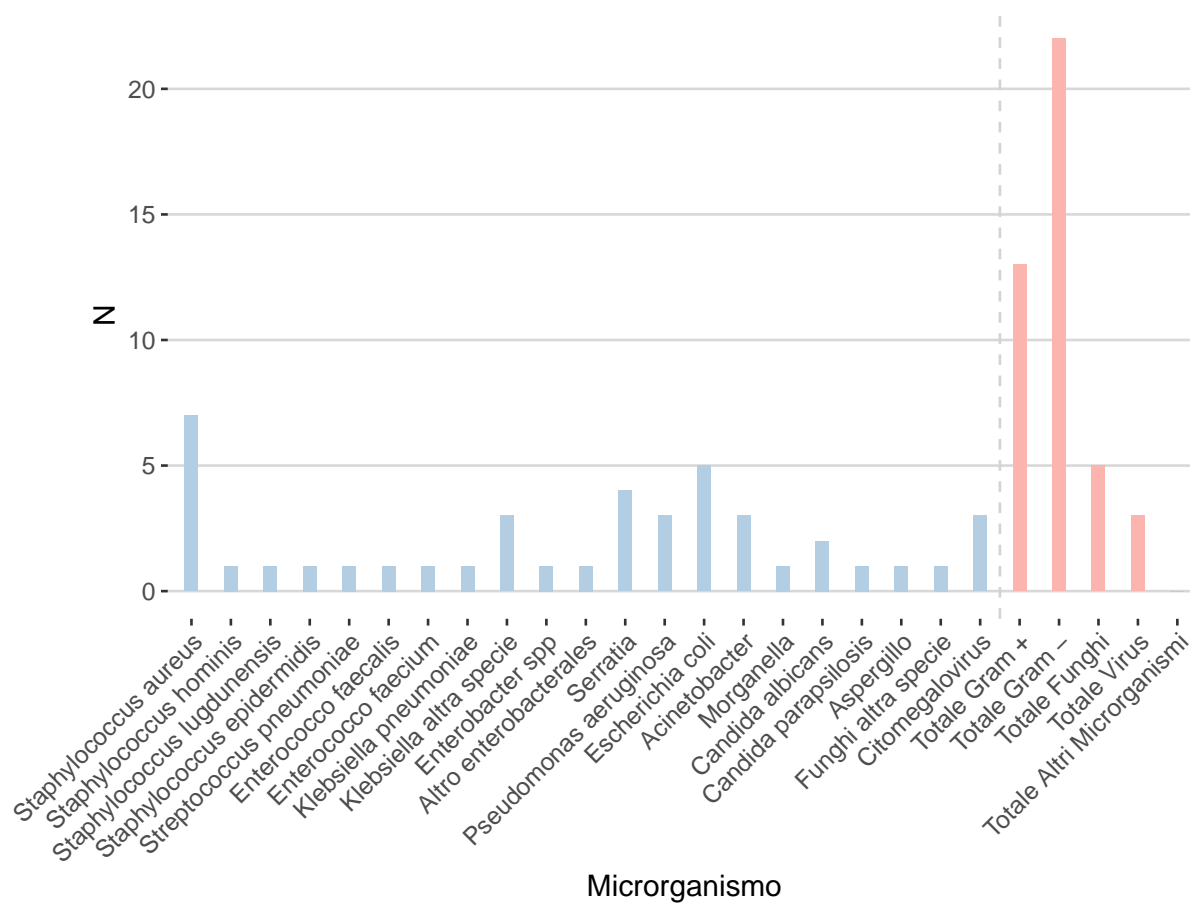
## 16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	2.6
Sì	37	97.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>38</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>44</b>	

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

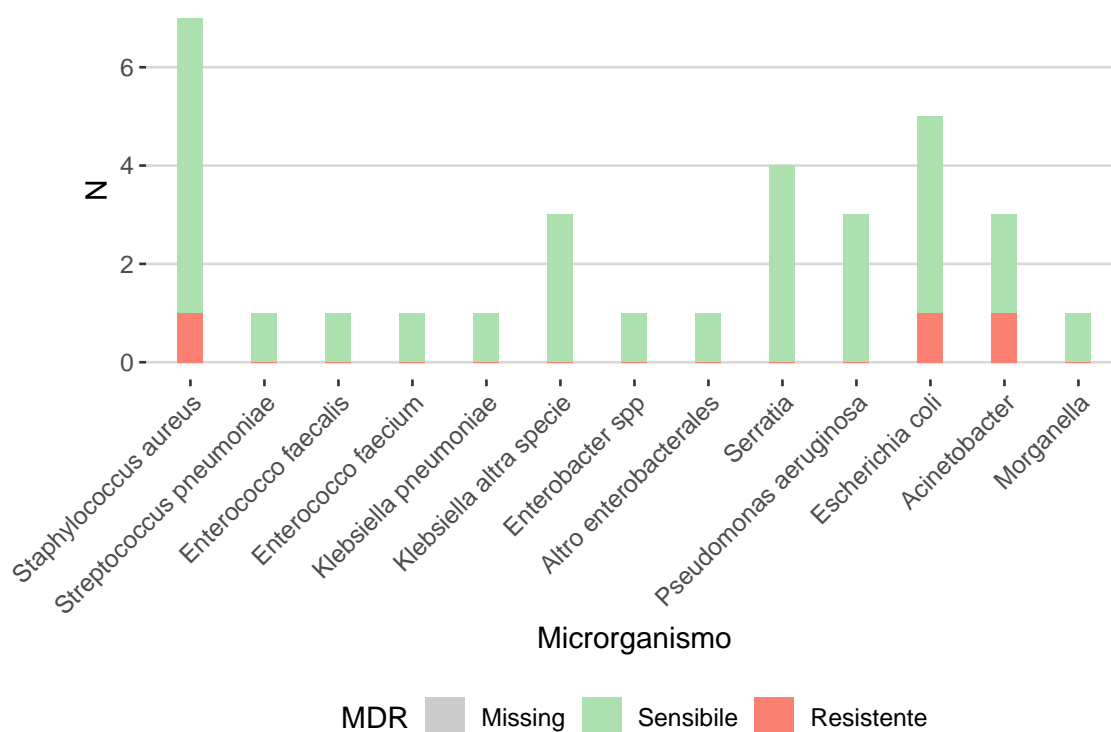
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	18.9	7	1	14.3
Staphylococcus hominis	1	2.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	2.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	2.7	1	0	0
Enterococco faecalis	1	2.7	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.7	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>13</b>	<b>35.1</b>	<b>10</b>	<b>1</b>	<b>10</b>
Klebsiella pneumoniae	1	2.7	1	0	0
Klebsiella altra specie	3	8.1	3	0	0
Enterobacter spp	1	2.7	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.7	1	0	0
Serratia	4	10.8	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	8.1	3	0	0
Escherichia coli	5	13.5	5	1	20
Acinetobacter	3	8.1	3	1	33.3
Morganella	1	2.7	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>22</b>	<b>59.5</b>	<b>22</b>	<b>2</b>	<b>9.1</b>
Candida albicans	2	5.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.7	0	0	0
Aspergillo	1	2.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>13.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	8.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>8.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	18.9	7	1	14.3
Staphylococcus hominis	1	2.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	2.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	2.7	1	0	0
Enterococcus faecalis	1	2.7	1	0	0
Enterococcus faecium	1	2.7	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>13</b>	<b>35.1</b>	<b>10</b>	<b>1</b>	<b>10</b>
Klebsiella pneumoniae	1	2.7	1	0	0
Klebsiella altra specie	3	8.1	3	0	0
Enterobacter spp	1	2.7	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.7	1	0	0
Serratia	4	10.8	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	8.1	3	0	0
Escherichia coli	5	13.5	5	1	20
Acinetobacter	3	8.1	3	1	33.3
Morganella	1	2.7	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>22</b>	<b>59.5</b>	<b>22</b>	<b>2</b>	<b>9.1</b>
Candida albicans	2	5.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.7	0	0	0
Aspergillo	1	2.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.7	0	0	0

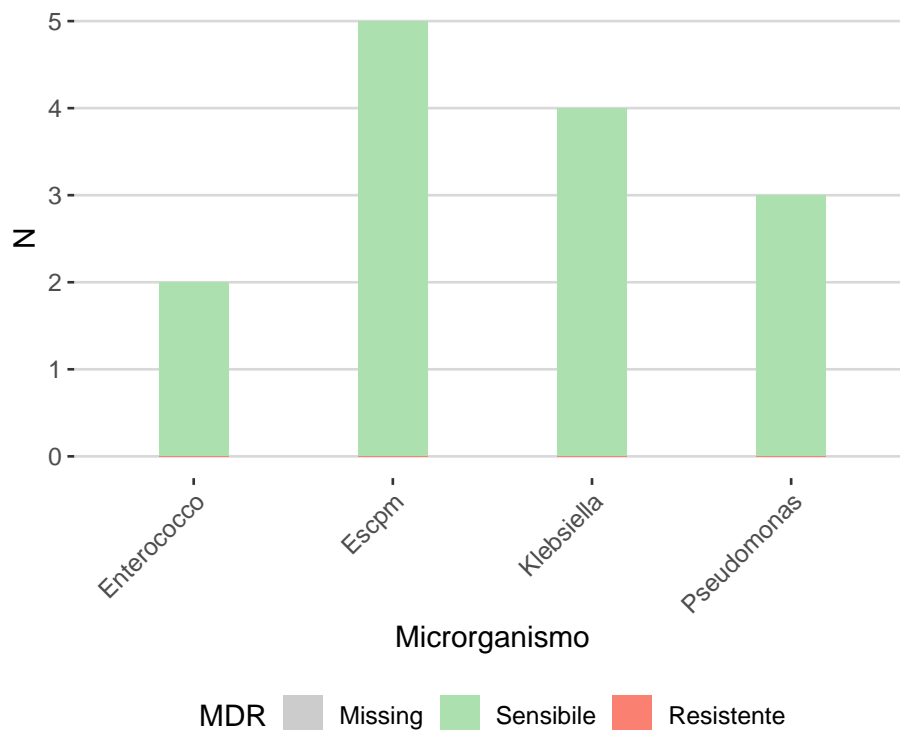
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>13.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	3	8.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>3</b>	<b>8.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, 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.

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



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

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Escherichia coli	5	Ertapenem	1	20.00
Escherichia coli	5	Meropenem	1	20.00

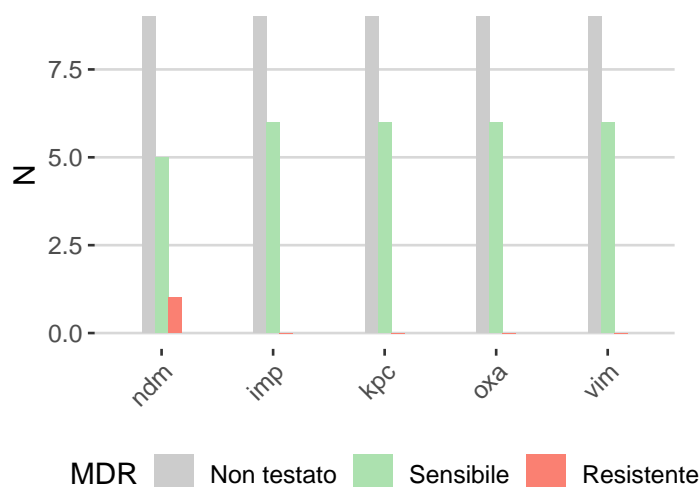
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	1	14.29

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

	N	%
Sì	1	6.67
No	5	33.33
Non testato	9	60
Missing	1	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	6	9
kpc	0	0	6	9
ndm	1	100	5	9
oxa	0	0	6	9
vim	0	0	6	9

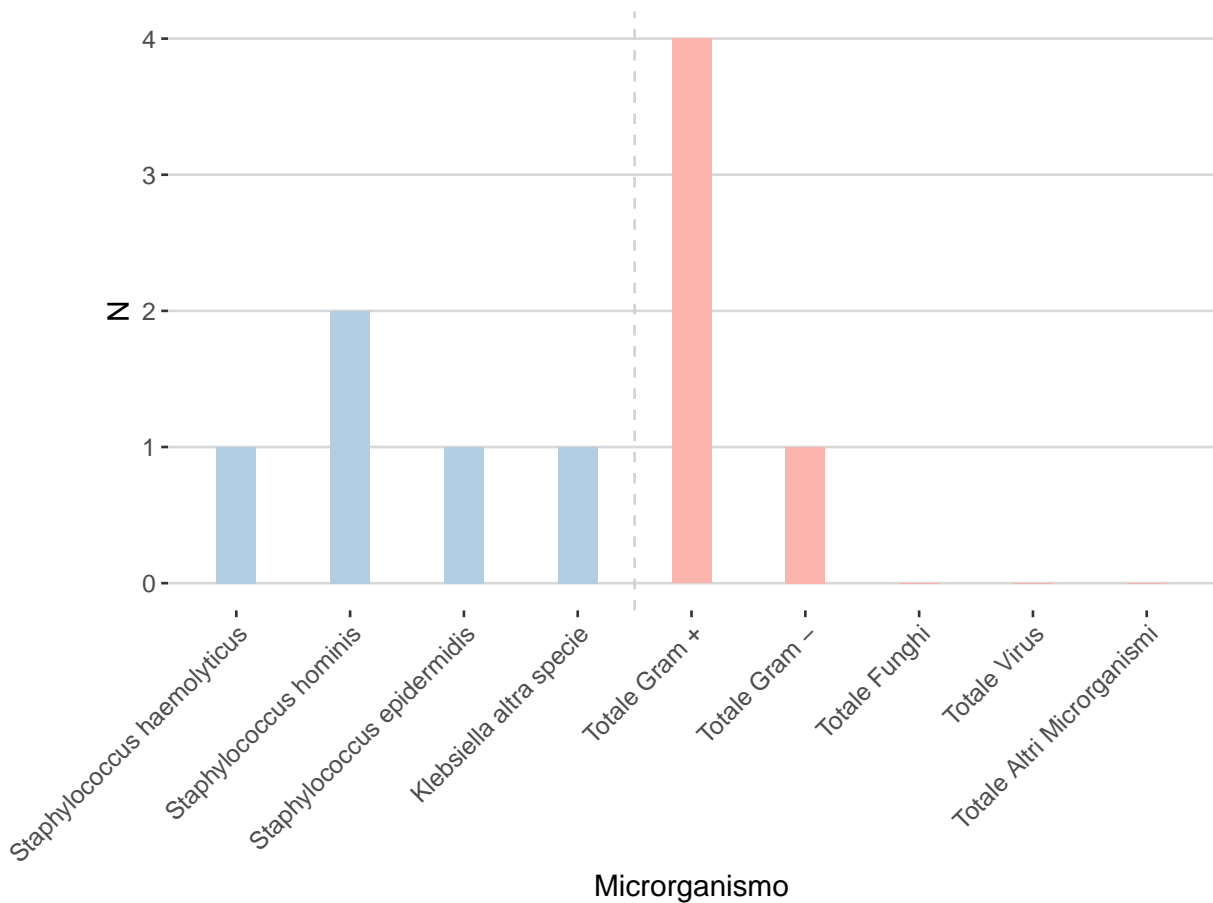


## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 5)

### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	20	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	40	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	20	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>80</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>100</b>
Klebsiella altra specie	1	20	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1</b>	<b>20</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	20	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	40	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	20	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>80</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>100</b>
Klebsiella altra specie	1	20	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1</b>	<b>20</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



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

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

### 17.1.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

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

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

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

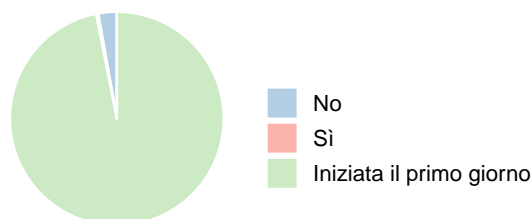
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

## 18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 33)

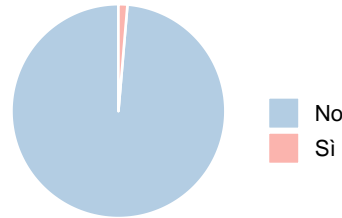
### 18.1 Catetere urinario ( N = 2453 )



Catetere urinario	N	%
No	69	2.8
Si	2378	97.2

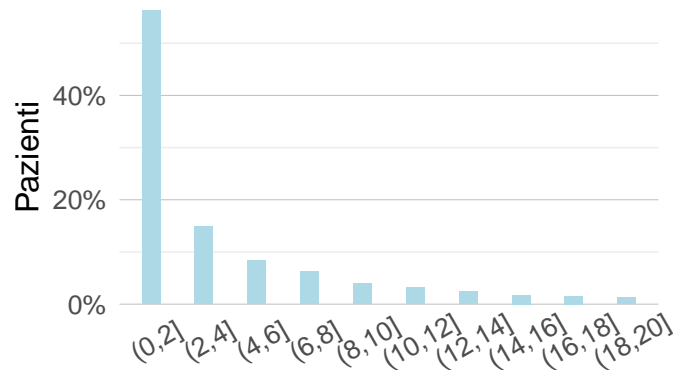
Iniziata il primo giorno	2371	96.7
Missing	6	

### 18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	2410	98.6
Si	33	1.4
Missing	10	0

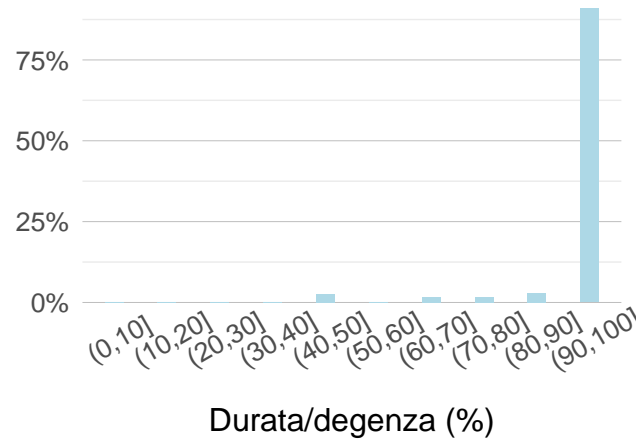
#### 18.2.1 Durata catetere urinario ( giorni )



#### Durata catetere vescicale ( giorni )

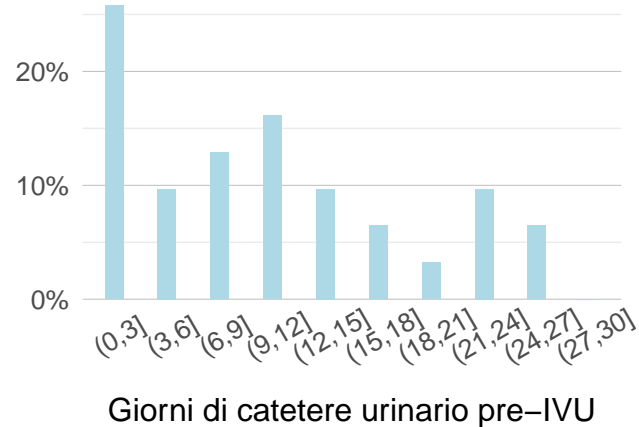
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.7 (9.9)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-6)
Missing	6

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	97.1 (9.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	6

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	33
Media (DS)	12.5 (10.3)
Mediana (Q1-Q3)	11 (4-18)
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	2.5	1.8 %
CI ( 95% )	1.8 - 3.6	1.2 - 2.5

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.

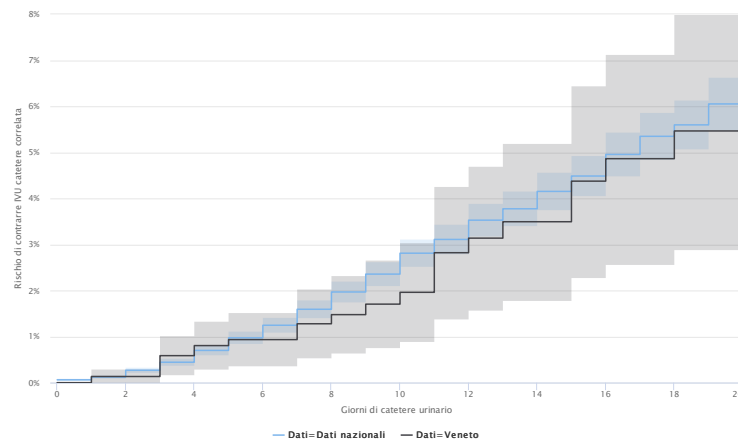
Il secondo invece:

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

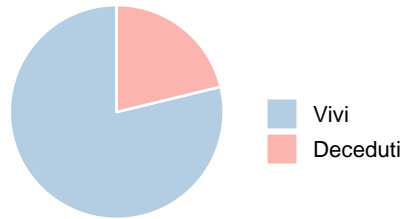
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

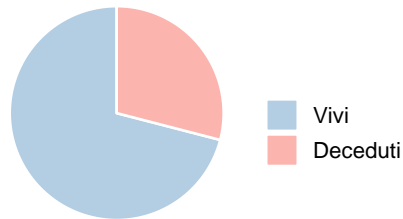


### 18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	26	78.8
Deceduti	7	21.2
Missing	0	0

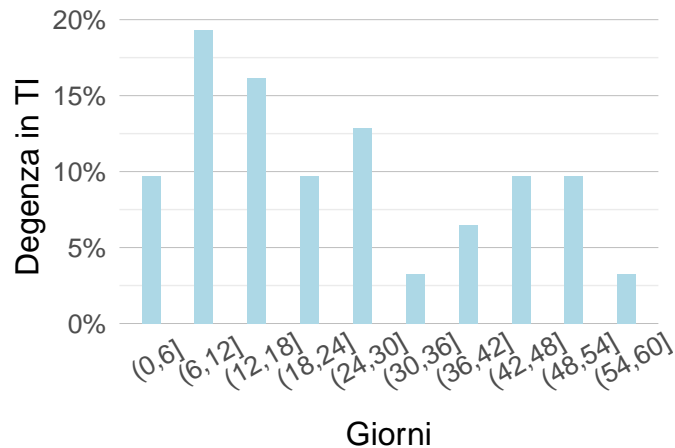
### 18.6 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	22	71.0
Deceduti	9	29.0
Missing	0	0

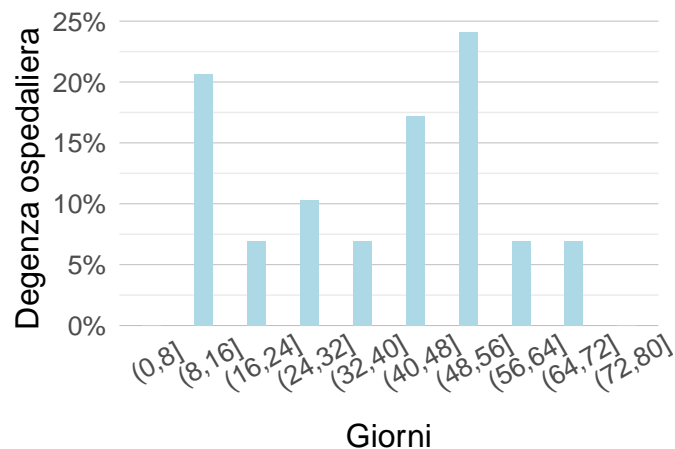
\* Statistiche calcolate su 31 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 18.7 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.7 (18.4)
Mediana (Q1-Q3)	24 (12-43)
Missing	0

### 18.8 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.2 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	44 (22.5-54.5)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 31 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

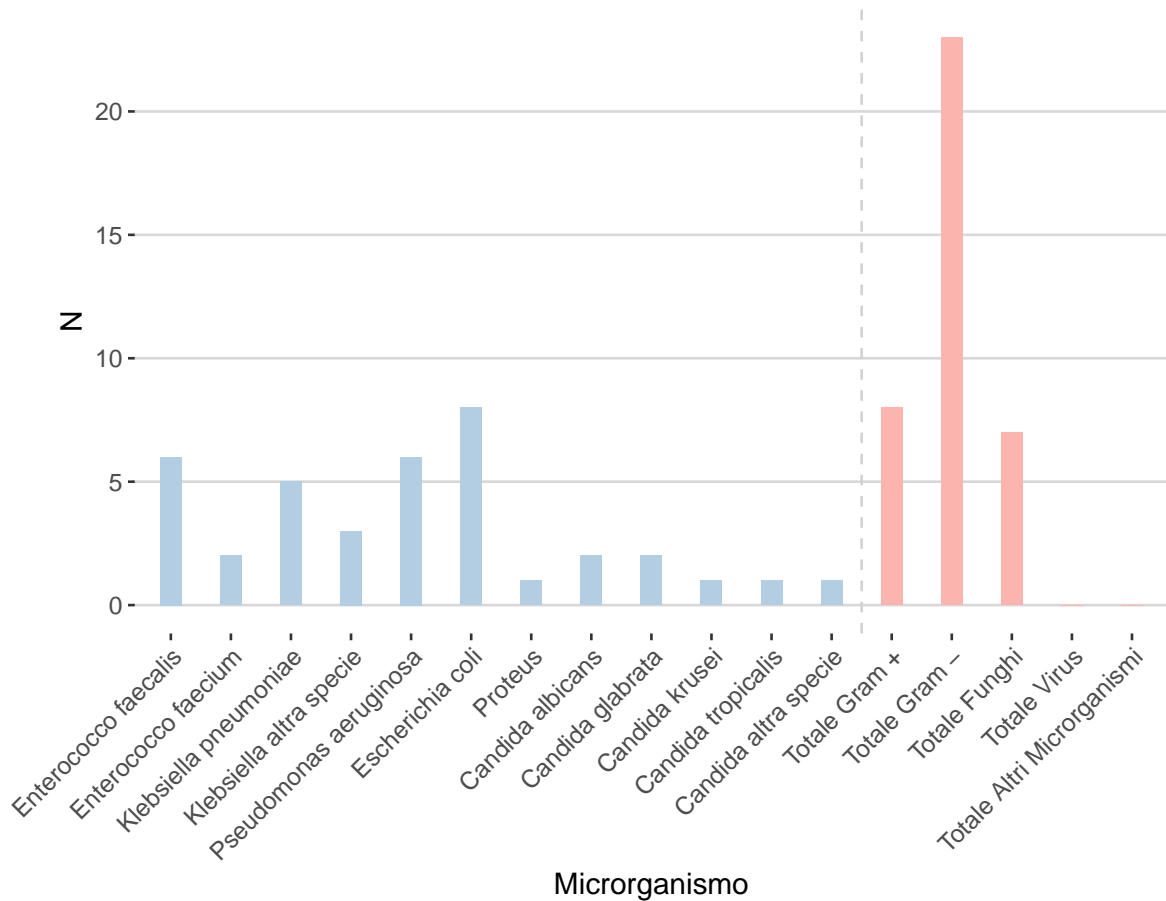
### 18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	33	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>33</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>38</b>	

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.

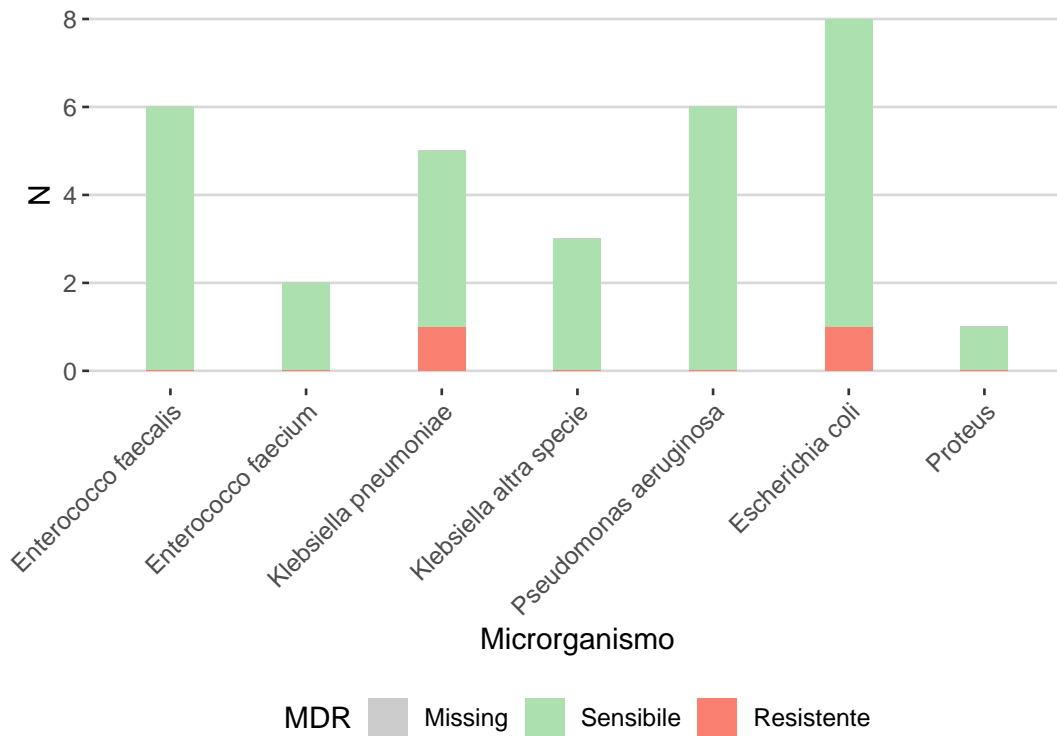
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	6	18.2	6	0	0
Enterococco faecium	2	6.1	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>24.2</b>	<b>8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	5	15.2	5	1	20
Klebsiella altra specie	3	9.1	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	18.2	6	0	0
Escherichia coli	8	24.2	8	1	12.5
Proteus	1	3.0	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>23</b>	<b>69.7</b>	<b>23</b>	<b>2</b>	<b>8.7</b>
Candida albicans	2	6.1	0	0	0
Candida glabrata	2	6.1	0	0	0
Candida krusei	1	3.0	0	0	0
Candida tropicalis	1	3.0	0	0	0
Candida altra specie	1	3.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>21.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	6	18.2	6	0	0
Enterococco faecium	2	6.1	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>24.2</b>	<b>8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	5	15.2	5	1	20
Klebsiella altra specie	3	9.1	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	18.2	6	0	0
Escherichia coli	8	24.2	8	1	12.5
Proteus	1	3.0	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>23</b>	<b>69.7</b>	<b>23</b>	<b>2</b>	<b>8.7</b>
Candida albicans	2	6.1	0	0	0
Candida glabrata	2	6.1	0	0	0
Candida krusei	1	3.0	0	0	0
Candida tropicalis	1	3.0	0	0	0
Candida altra specie	1	3.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>21.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

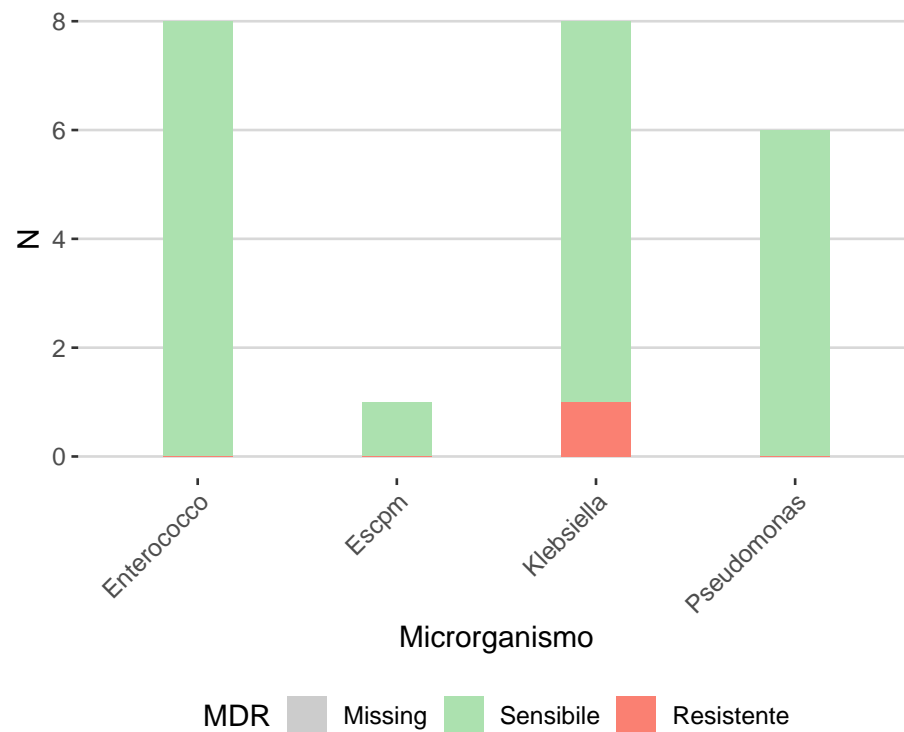
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.





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

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	8	8	8	0	0.0	0
Escpm	1	1	1	0	0.0	0
Klebsiella	8	8	7	1	12.5	0
Pseudomonas	6	6	6	0	0.0	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	1	20.0
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	1	20.0

Escherichia coli	8	Ertapenem	1	12.5
------------------	---	-----------	---	------

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	14	

## 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