



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Centro 30 TI

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

Le regioni appartenenti all'area Centro sono: Abruzzo,

Lazio, Marche, Toscana, Umbria.

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 8131)	12
2.1 Sesso	12
2.2 Età	12
2.3 Degenza Pre TI (giorni)	13
2.4 Provenienza (reparto)	13
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	14
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI (giorni)	17
2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	17
3 Pazienti infetti (N = 3580)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 4509)	19
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI (giorni)	20
4.4 Provenienza (reparto)	20
4.5 Trauma	21
4.6 Stato Chirurgico	21
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	22
4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	22
4.10 Insufficienza neurologica insorta	23
4.11 Mortalità in TI	23
4.12 Mortalità ospedaliera *	23
4.13 Degenza in TI (giorni)	24
4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	24

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	26
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 3097)	27
5.1 Provenienza (reparto)	27
5.2 Trauma	27
5.3 Stato Chirurgico	27
5.4 Motivo di ammissione	28
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	29
5.6 Infezione multisito	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	30
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 562)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriémica	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
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 964)	46
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	47
7.4 Infezione batteriémica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	48
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	49
7.9 Degenza in TI (giorni)	49
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	50
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	50
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	57
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	64
8 Pazienti infetti in degenza (N = 929)	65
8.1 Sesso	65
8.2 Età	65
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	66
8.4 Provenienza (reparto)	66
8.5 Trauma	67
8.6 Stato Chirurgico	67
8.7 Motivo di ammissione	67
8.8 Insufficienza neurologica	68
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	68
8.10 Insufficienza neurologica insorta	69
8.11 Mortalità in TI	69
8.12 Mortalità ospedaliera *	69
8.13 Degenza in TI (giorni)	70
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	70

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	71
8.16	Infezione multisito	72
8.17	Infezioni in degenza	72
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	72
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	73
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	74
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	75
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 446)	82
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	82
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 483)	89
10.1	Gravità massima dell'infezione	89
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	90
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	90
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	97
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 361)	98
11.1	Trauma	98
11.2	Stato Chirurgico	98
11.3	Infezione batteriémica	99
11.4	Infezioni multisito	99
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	100
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	100
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 313)	100
12.1	VAP precoce	100
12.2	Diagnosi	101
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	101
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 8131)	102
12.5	Giorni di VM pre-VAP	103
12.6	Incidenza di VAP	104
12.7	Mortalità in TI	105
12.8	Mortalità ospedaliera *	105
12.9	Degenza in TI (giorni)	106
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	106
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	106
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	111
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	115
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 307)	119
13.1	Trauma	119
13.2	Stato Chirurgico	119
13.3	Tipologia	119
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	120
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	120
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 78)	126
14.1	Infezioni multisito	126
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	126
14.3	Mortalità in TI	127
14.4	Mortalità ospedaliera *	127
14.5	Degenza in TI (giorni)	128
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	128
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	129

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 135)	133
15.1	Infezione multisito	133
15.2	Fattori di rischio	133
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	135
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	135
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	136
15.6	Mortalità in TI	136
15.7	Mortalità ospedaliera *	137
15.8	Degenza in TI (giorni)	137
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	138
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	138
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 134)	144
16.1	Infezioni associate (top 10)	144
16.2	Mortalità in TI	145
16.3	Mortalità ospedaliera *	145
16.4	Degenza in TI (giorni)	146
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	146
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	146
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 25)	152
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	152
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 151)	155
18.1	Catetere urinario (N = 8131)	155
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	156
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	157
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	157
18.5	Mortalità in TI	159
18.6	Mortalità ospedaliera *	159
18.7	Degenza in TI (giorni)	160
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	160
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	160
Appendice		165
	Definizione di MDR	165
	Raggruppamento Microrganismi	166

Petalo Infectionlight

Anno 2022

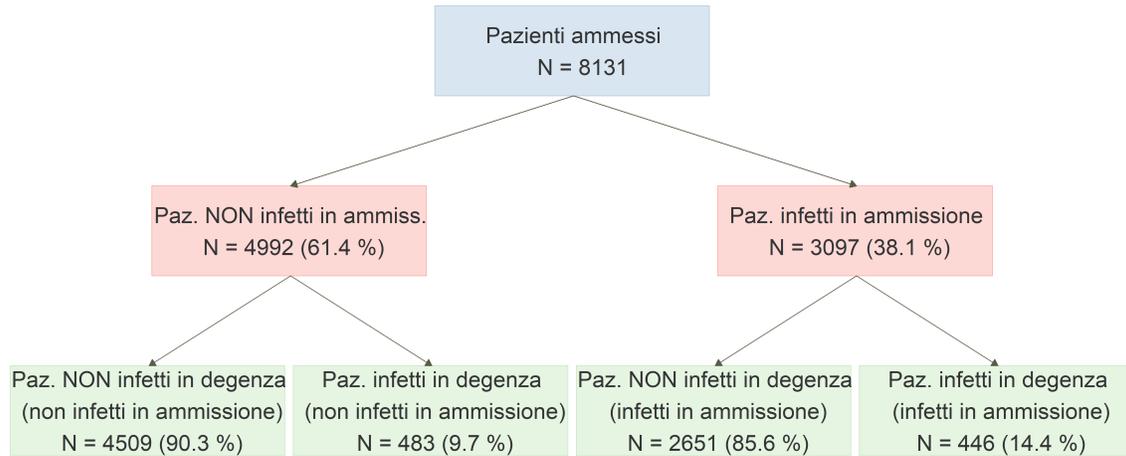
Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

Popolazione complessiva: 30 TI

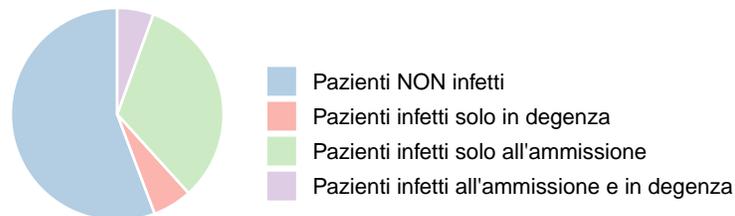
TI Centro

Le regioni appartenenti all'area Centro sono: Abruzzo, Lazio, Marche, Toscana, Umbria.

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



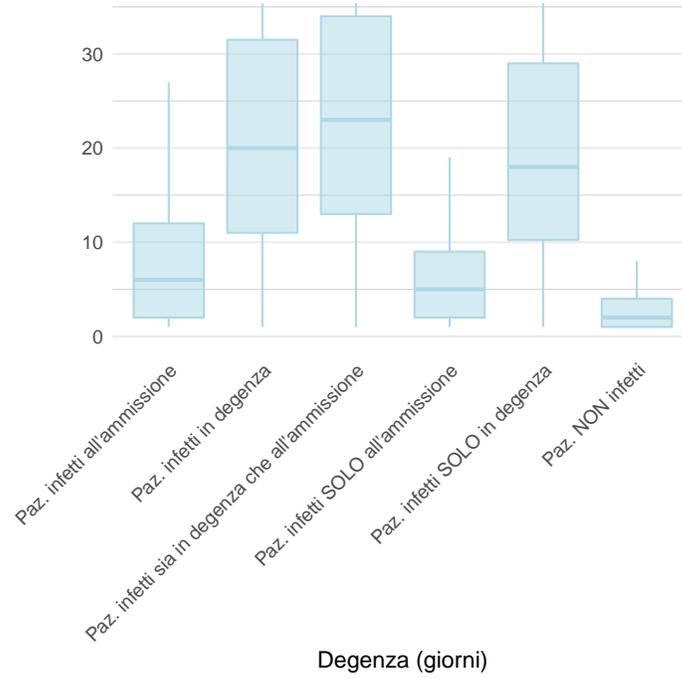
Per N = 42 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	4509	55.7
Pazienti infetti solo in degenza	483	6.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	2651	32.8
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	446	5.5

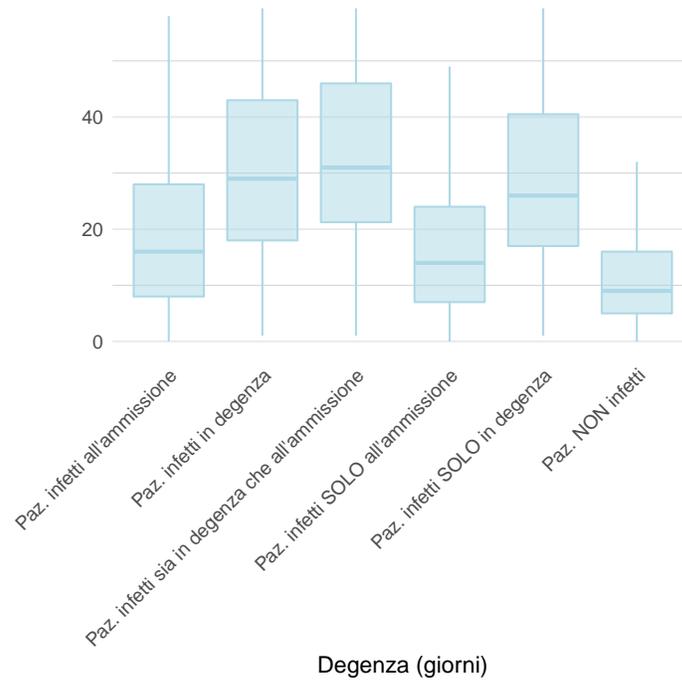
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 8089).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	4509	55.5	2	(1 - 4)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2651	32.6	5	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	446	5.5	23	(13 - 34)
Pazienti infetti SOLO in degenza	483	5.9	18	(10 - 29)
Pazienti infetti all'ammissione	3097	38.1	6	(2 - 12)
Pazienti infetti in degenza	929	11.4	20	(11 - 32)

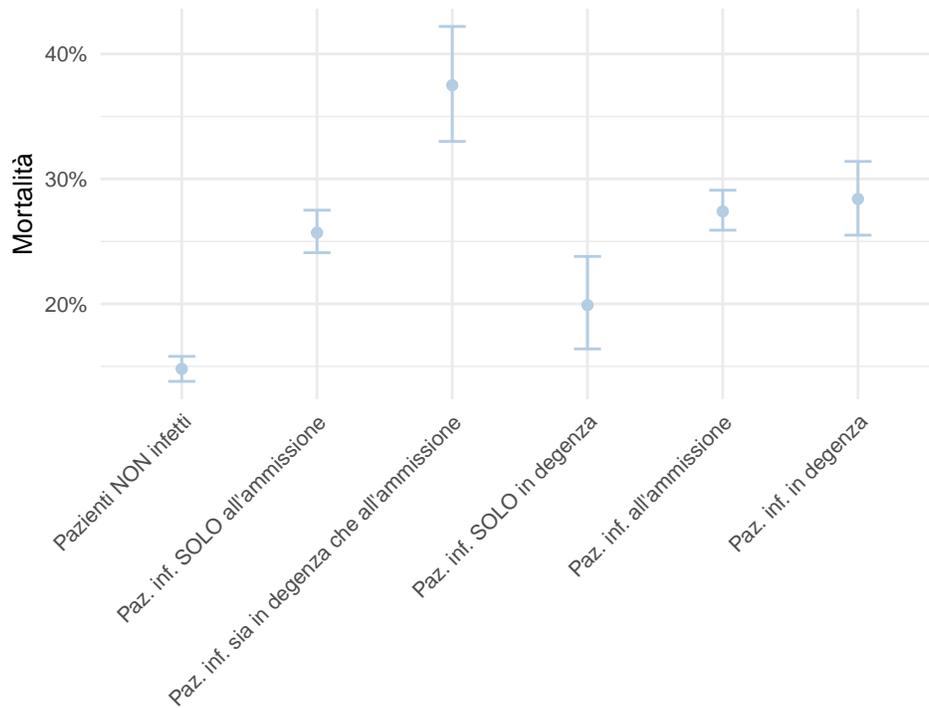
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	4509	55.5	9	(5 - 16)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2651	32.6	14	(7 - 24)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	446	5.5	31	(21 - 46)
Pazienti infetti SOLO in degenza	483	5.9	26	(17 - 40)
Pazienti infetti all'ammissione	3097	38.1	16	(8 - 28)
Pazienti infetti in degenza	929	11.4	29	(18 - 43)

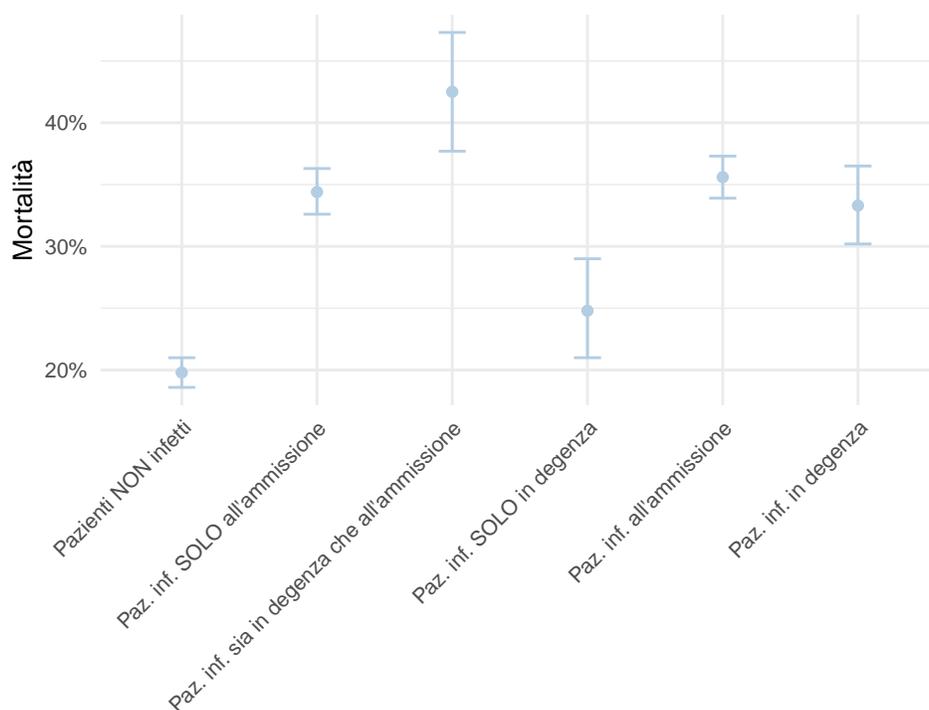
* escluse le riammissioni (N = 192)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	4509	666	14.8	(13.8 - 15.8)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2651	681	25.7	(24.1 - 27.5)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	446	167	37.5	(33 - 42.2)
Pazienti infetti SOLO in degenza	483	96	19.9	(16.4 - 23.8)
Pazienti infetti all'ammissione	3097	848	27.4	(25.9 - 29.1)
Pazienti infetti in degenza	929	263	28.4	(25.5 - 31.4)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

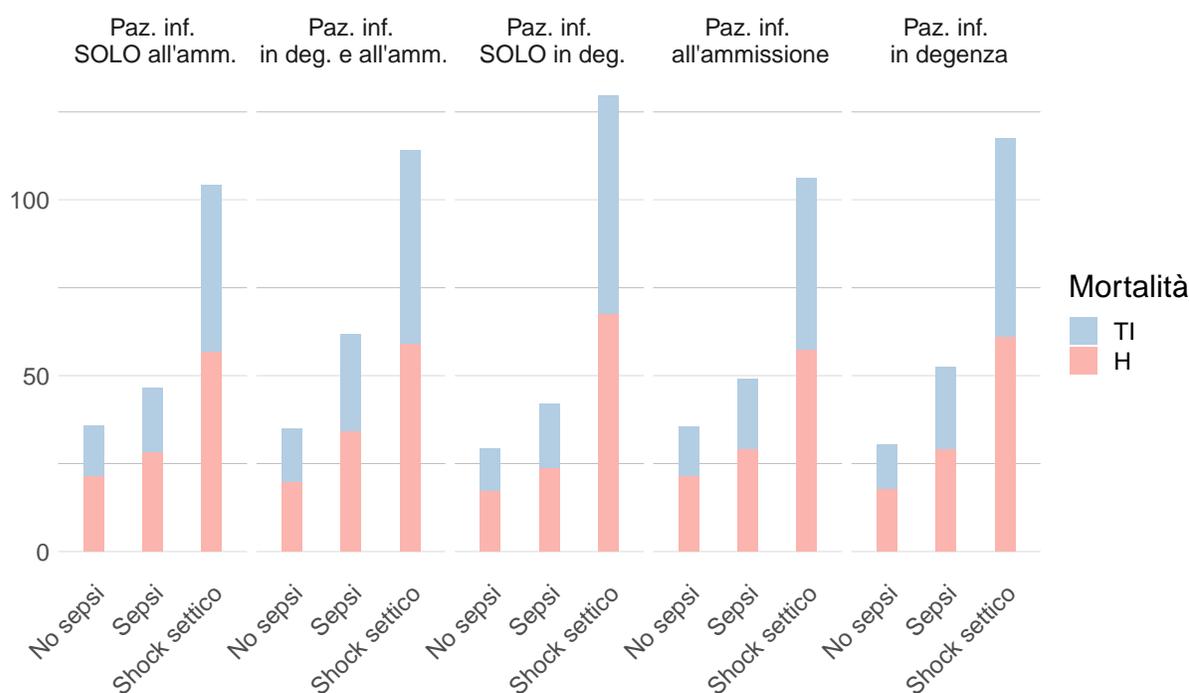


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	4509	874	19.8	(18.6 - 21)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2651	876	34.4	(32.6 - 36.3)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	446	181	42.5	(37.7 - 47.3)
Pazienti infetti SOLO in degenza	483	116	24.8	(21 - 29)
Pazienti infetti all'ammissione	3097	1057	35.6	(33.9 - 37.3)
Pazienti infetti in degenza	929	297	33.3	(30.2 - 36.5)

* escluse le riammissioni (N = 192)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2651	848	1020	782	32.0	38.5	29.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	446	72	181	192	16.2	40.7	43.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	483	262	168	53	54.2	34.8	11.0
Pazienti infetti all'ammissione	3097	920	1201	974	29.7	38.8	31.5
Pazienti infetti in degenza	929	334	349	245	36.0	37.6	26.4



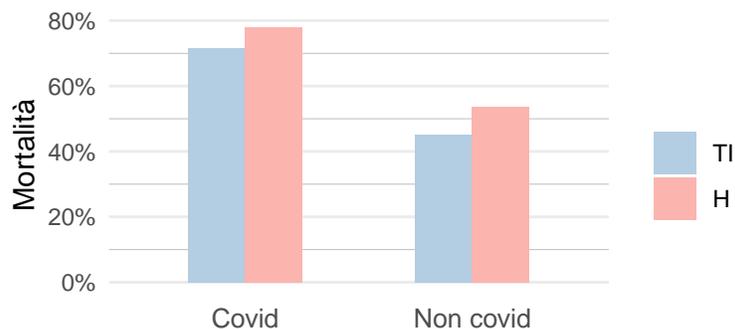
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	848	121	14.3	823	174	21.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	72	11	15.3	71	14	19.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	262	32	12.2	259	44	17.1
Pazienti infetti all'ammissione	920	132	14.4	894	188	21.3
Pazienti infetti in degenza	334	43	12.9	330	58	17.6

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1020	190	18.6	983	275	28.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	181	50	27.6	171	58	34.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	168	31	18.6	161	37	23.6
Pazienti infetti all'ammissione	1201	240	20.0	1154	333	29.0
Pazienti infetti in degenza	349	81	23.3	332	95	29.1

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	782	370	47.4	755	427	56.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	192	106	55.2	185	109	58.9
Pazienti infetti SOLO in degenza	53	33	62.3	52	35	67.3
Pazienti infetti all'ammissione	974	476	49.0	940	536	57.2
Pazienti infetti in degenza	245	139	56.7	237	144	60.8

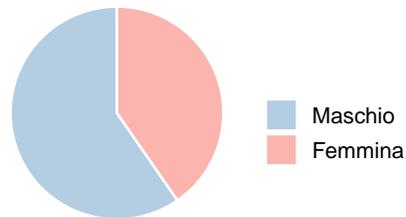
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	142	101	71.6	141	109	77.9
Non covid	832	375	45.1	799	427	53.6

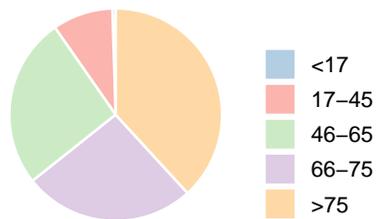
2 Tutti i pazienti (N = 8131)

2.1 Sesso



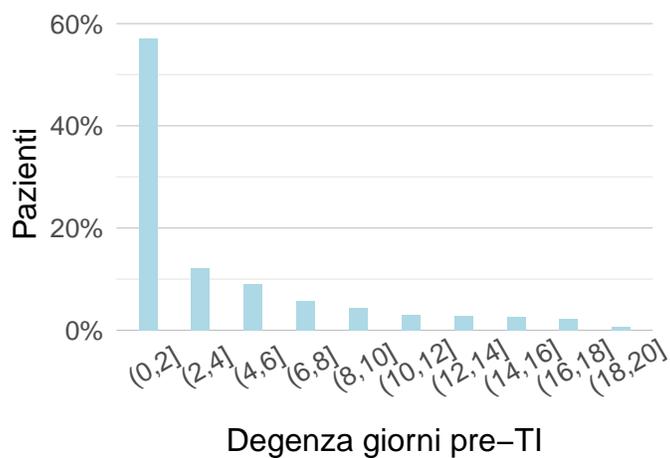
Sesso	N	%
Maschio	4849	59.6
Femmina	3282	40.4
Missing	0	0

2.2 Età



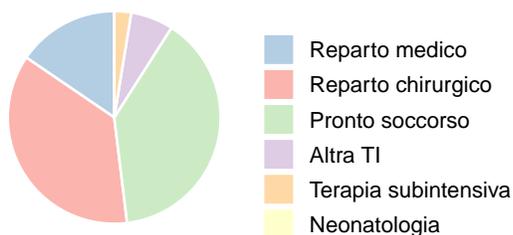
Range età	N	%
<17	40	0.5
17-45	748	9.2
46-65	2115	26.0
66-75	2123	26.1
>75	3105	38.2
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



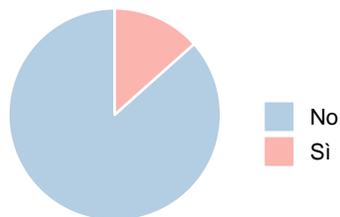
Indicatore	Valore
Media	4.0
DS	9.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	37

2.4 Provenienza (reparto)



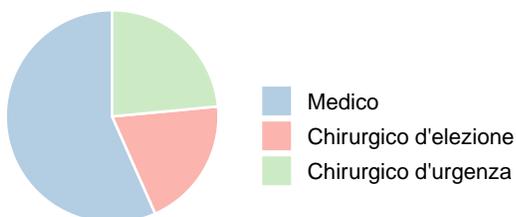
Provenienza	N	%
Reparto medico	1247	15.5
Reparto chirurgico	2937	36.5
Pronto soccorso	3144	39.0
Altra TI	521	6.5
Terapia subintensiva	207	2.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	75	0

2.5 Trauma



Trauma	N	%
No	7016	86.6
Sì	1087	13.4
Missing	28	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	4591	56.7
Chirurgico d'elezione	1609	19.9
Chirurgico d'urgenza	1904	23.5
Missing	27	0

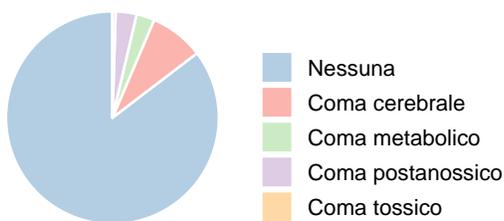
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3175	39.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

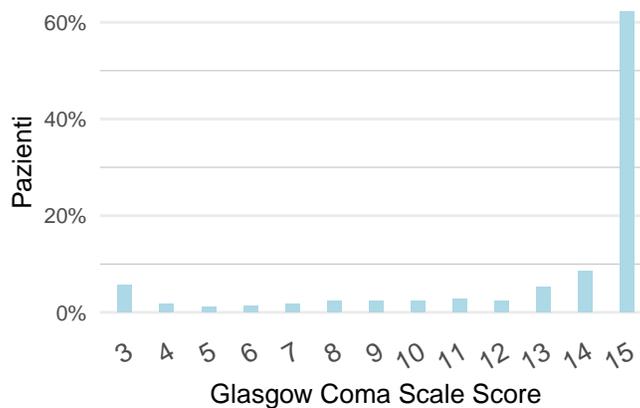
Trattamento intensivo	4843	59.9
Sedazione Palliativa	26	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	40	0.5
Missing	47	0

2.8 Insufficienza neurologica



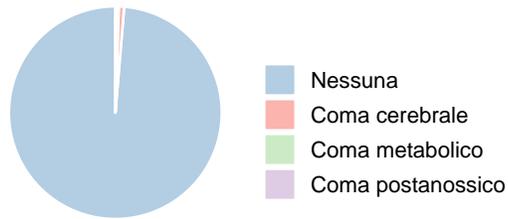
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	5790	85.4
Coma cerebrale	557	8.2
Coma metabolico	187	2.8
Coma postanossico	215	3.2
Coma tossico	33	0.5
Missing	1349	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



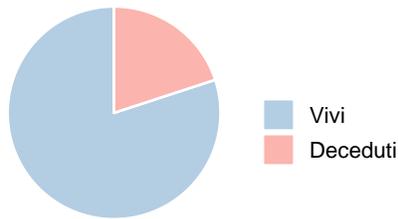
Indicatore	Valore
Media	13.0
DS	3.6
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



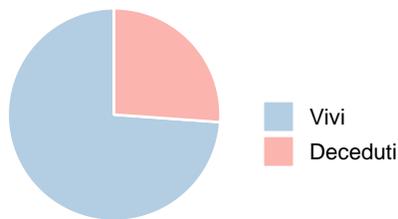
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	7984	98.7
Coma cerebrale	66	0.8
Coma metabolico	20	0.2
Coma postanossico	21	0.3
Missing	41	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	6478	80.0
Deceduti	1616	20.0
Missing	37	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

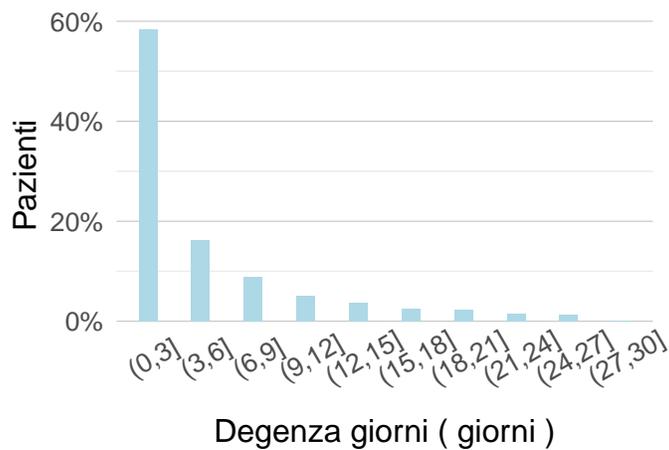


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	5810	73.9
Deceduti		
Missing		

Deceduti	2055	26.1
Missing	69	0

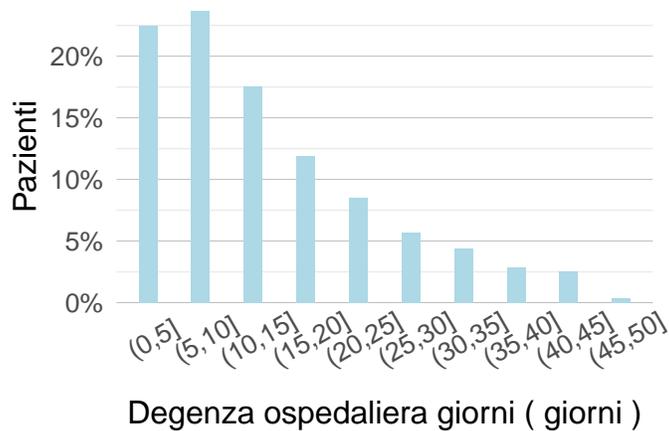
* Statistiche calcolate su 7934 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 197).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.8 (10.2)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	35

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

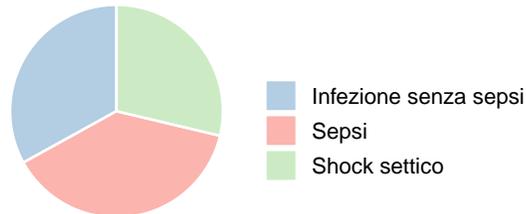


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.1 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-22)
Missing	74

* Statistiche calcolate su 7934 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 197).

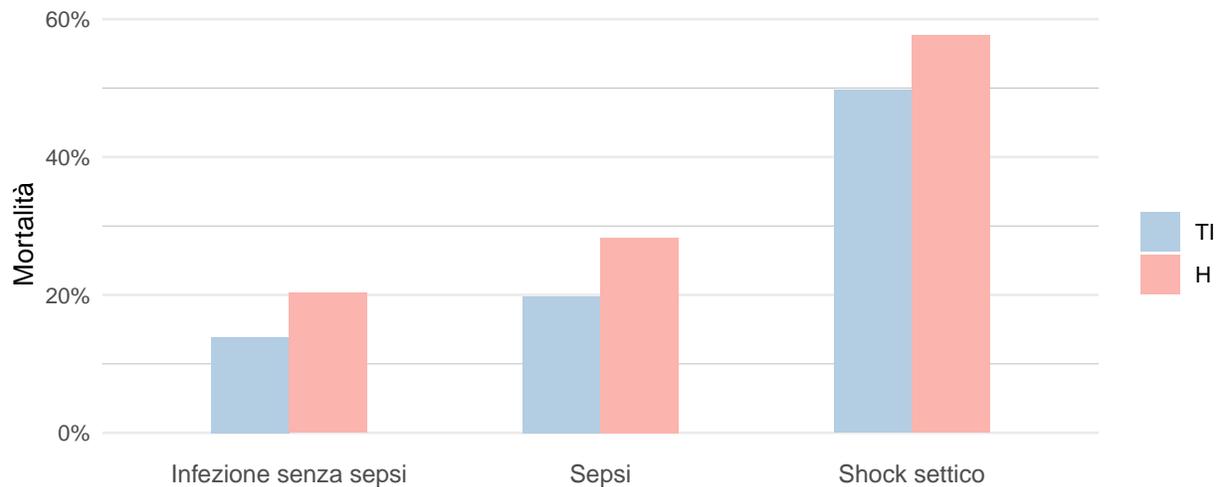
3 Pazienti infetti (N = 3580)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	1182	33.0
Sepsi	1369	38.3
Shock settico	1027	28.7
Missing	2	0

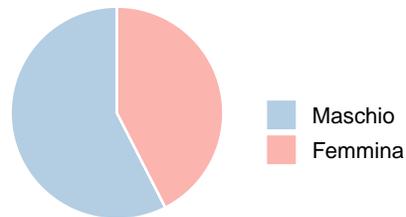
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	13.9	20.3
Sepsi	19.8	28.3
Shock settico	49.7	57.7

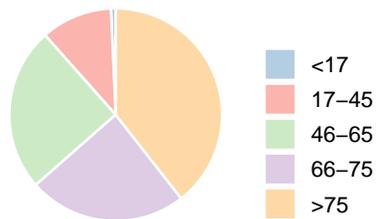
4 Pazienti non infetti (N = 4509)

4.1 Sesso



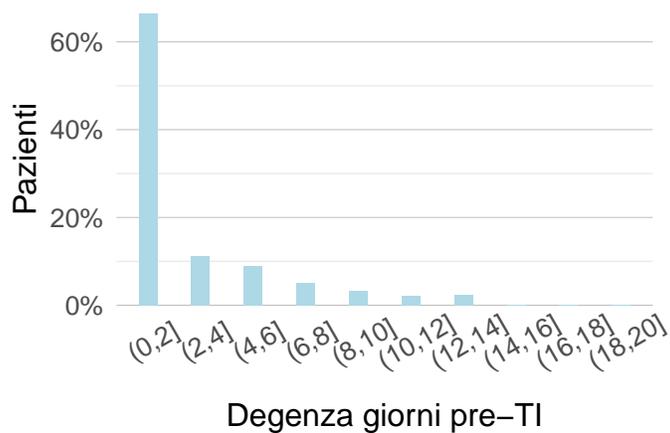
Sesso	N	%
Maschio	2594	57.5
Femmina	1915	42.5
Missing	0	0

4.2 Età



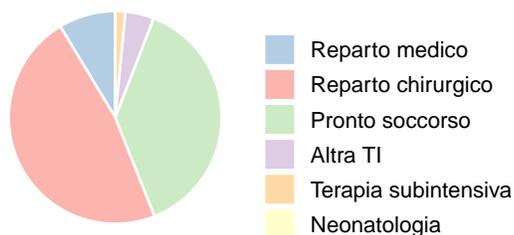
Range età	N	%
<17	32	0.7
17-45	489	10.8
46-65	1124	24.9
66-75	1086	24.1
>75	1778	39.4
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



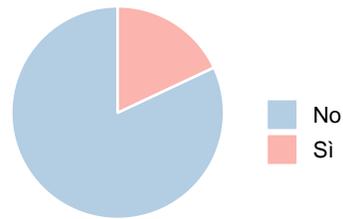
Indicatore	Valore
Media	2.9
DS	7.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	4

4.4 Provenienza (reparto)



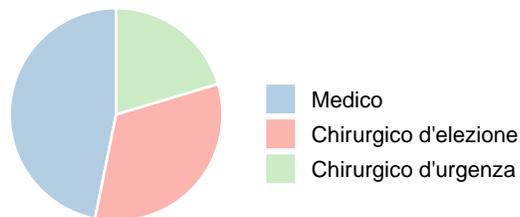
Provenienza	N	%
Reparto medico	387	8.6
Reparto chirurgico	2123	47.4
Pronto soccorso	1706	38.1
Altra TI	195	4.4
Terapia subintensiva	68	1.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	30	0

4.5 Trauma



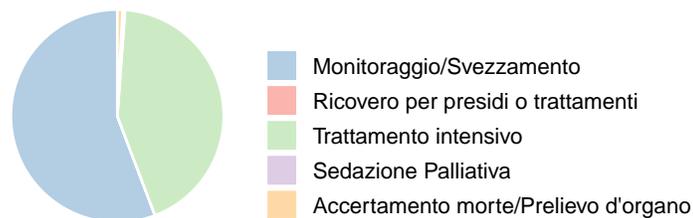
Trauma	N	%
No	3697	82.0
Sì	812	18.0
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	2111	46.8
Chirurgico d'elezione	1480	32.8
Chirurgico d'urgenza	918	20.4
Missing	0	0

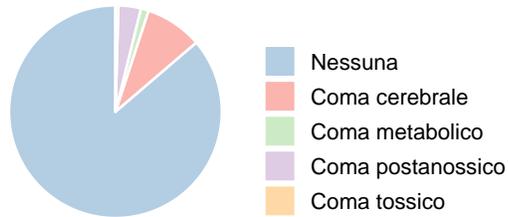
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2507	55.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

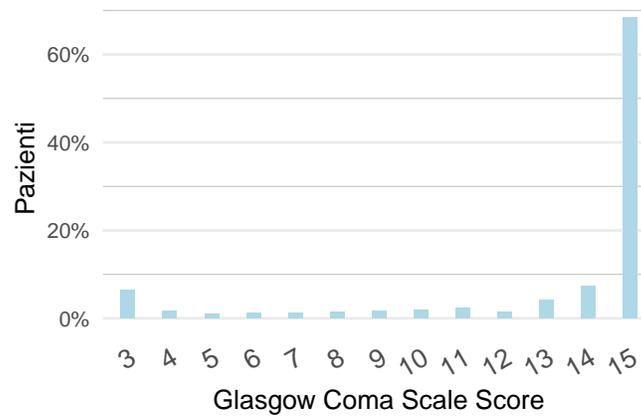
Trattamento intensivo	1937	43.1
Sedazione Palliativa	17	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	35	0.8
Missing	13	0

4.8 Insufficienza neurologica



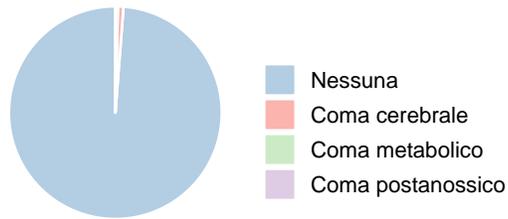
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3337	86.3
Coma cerebrale	336	8.7
Coma metabolico	46	1.2
Coma postanossico	132	3.4
Coma tossico	17	0.4
Missing	641	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



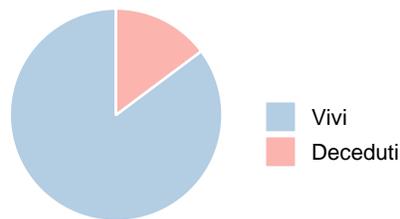
Indicatore	Valore
Media	11.2
DS	3.6
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



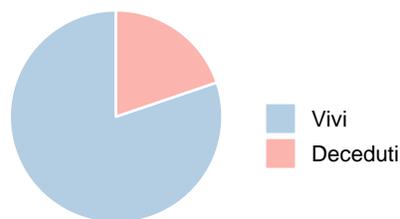
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4455	98.8
Coma cerebrale	38	0.8
Coma metabolico	5	0.1
Coma postanossico	12	0.3
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3841	85.2
Deceduti	666	14.8
Missing	2	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

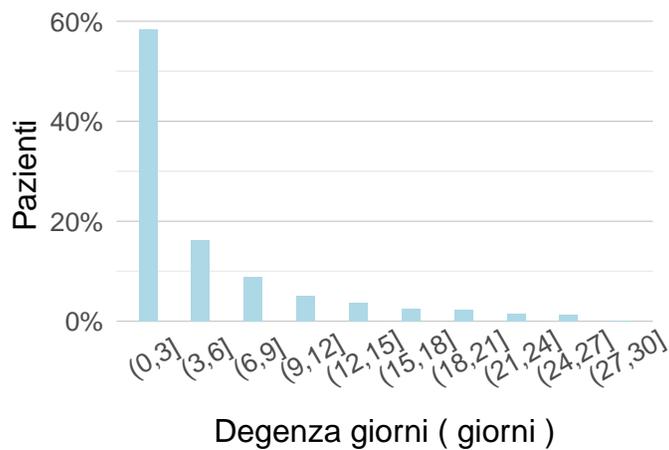


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3543	80.2

Deceduti	874	19.8
Missing	14	0

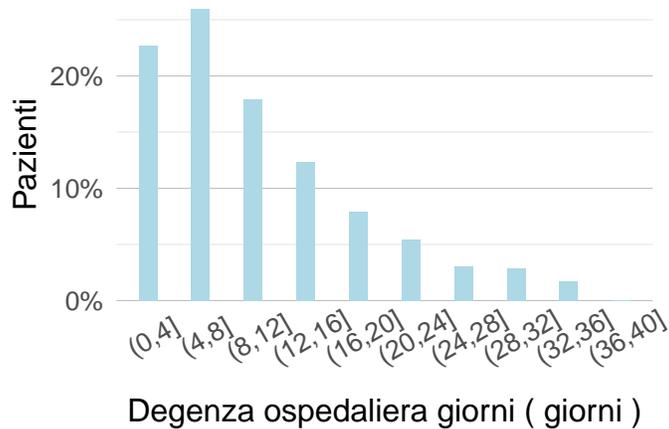
* Statistiche calcolate su 4431 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 78).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.3 (4.4)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-4)
Missing	2

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

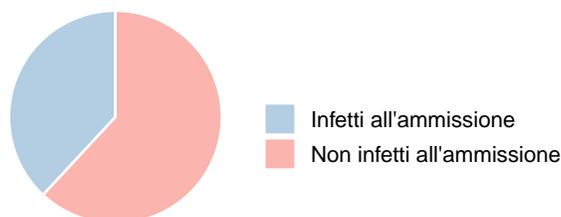


Indicatore	Valore
Media (DS)	12.8 (13.3)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-16)
Missing	16

* Statistiche calcolate su 4431 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 78$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

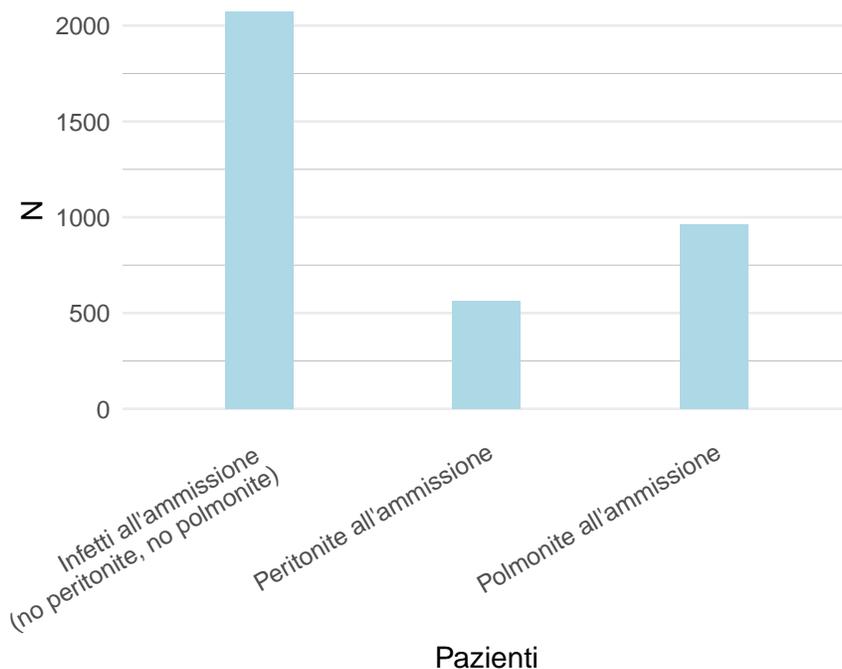
Sono presenti 3097 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 38.09% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	3097	38.09
Non infetti all'ammissione	5034	61.91

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 8131).

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

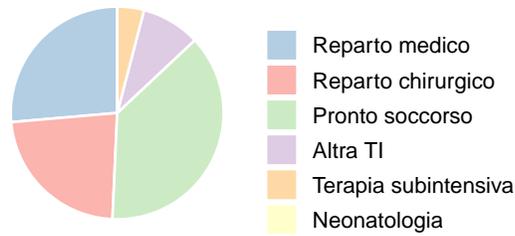


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	2072	66.90
Peritonite all'ammissione	562	18.15
Polmonite all'ammissione	964	31.13

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 3097).

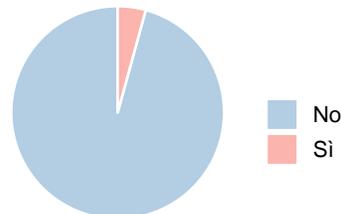
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 3097)

5.1 Provenienza (reparto)



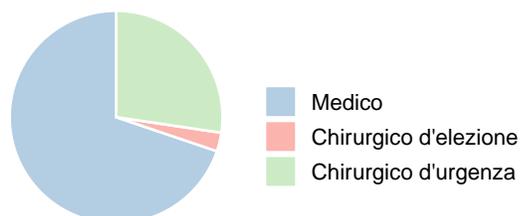
Provenienza	N	%
Reparto medico	812	26.4
Reparto chirurgico	705	22.9
Pronto soccorso	1161	37.7
Altra TI	275	8.9
Terapia subintensiva	125	4.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	19	0

5.2 Trauma



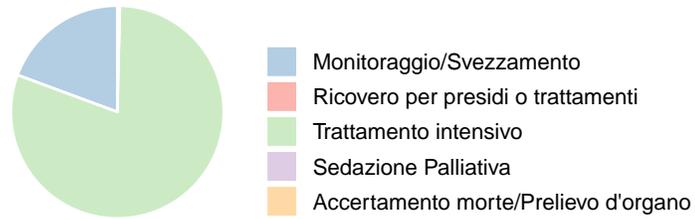
Trauma	N	%
No	2965	95.7
Sì	132	4.3
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



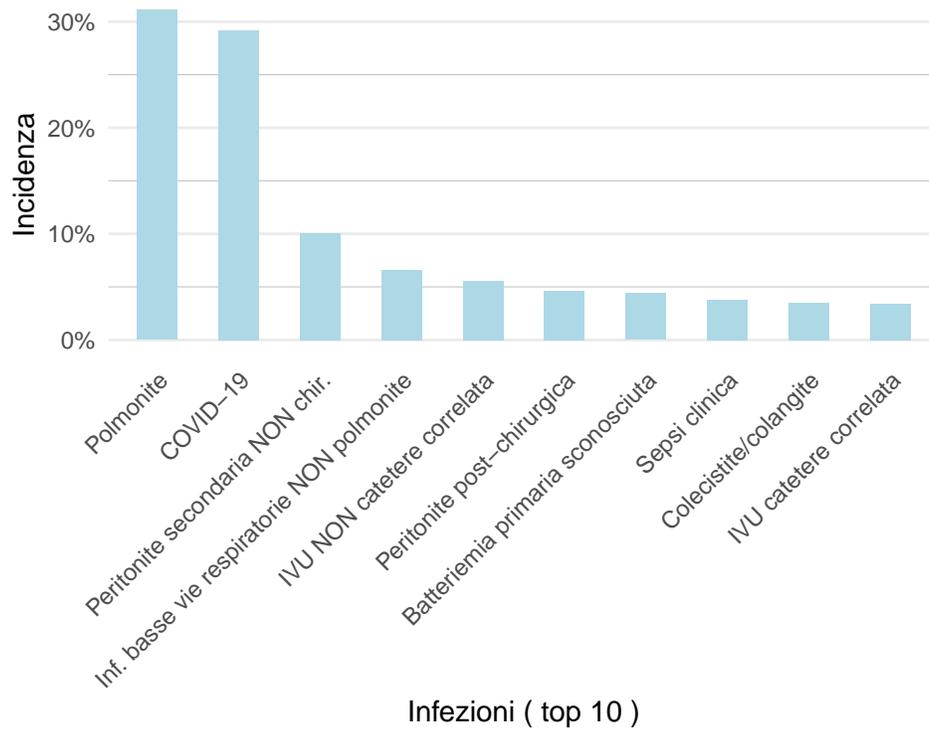
Stato chirurgico	N	%
Medico	2162	69.8
Chirurgico d'elezione	88	2.8
Chirurgico d'urgenza	847	27.3
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



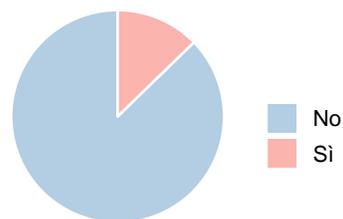
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	599	19.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2483	80.3
Sedazione Palliativa	9	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	3	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



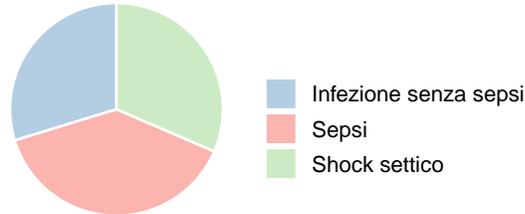
Infezione	N	%
Polmonite	964	31.1
COVID-19	904	29.2
Peritonite secondaria NON chir.	313	10.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	203	6.6
IVU NON catetere correlata	173	5.6
Peritonite post-chirurgica	143	4.6
Batteriemia primaria sconosciuta	136	4.4
Sepsi clinica	119	3.8
Colecistite/colangite	107	3.5
IVU catetere correlata	104	3.4
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2703	87.3
Sì	394	12.7
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	920	29.7
Sepsi	1201	38.8
Shock settico	974	31.5
Missing	2	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

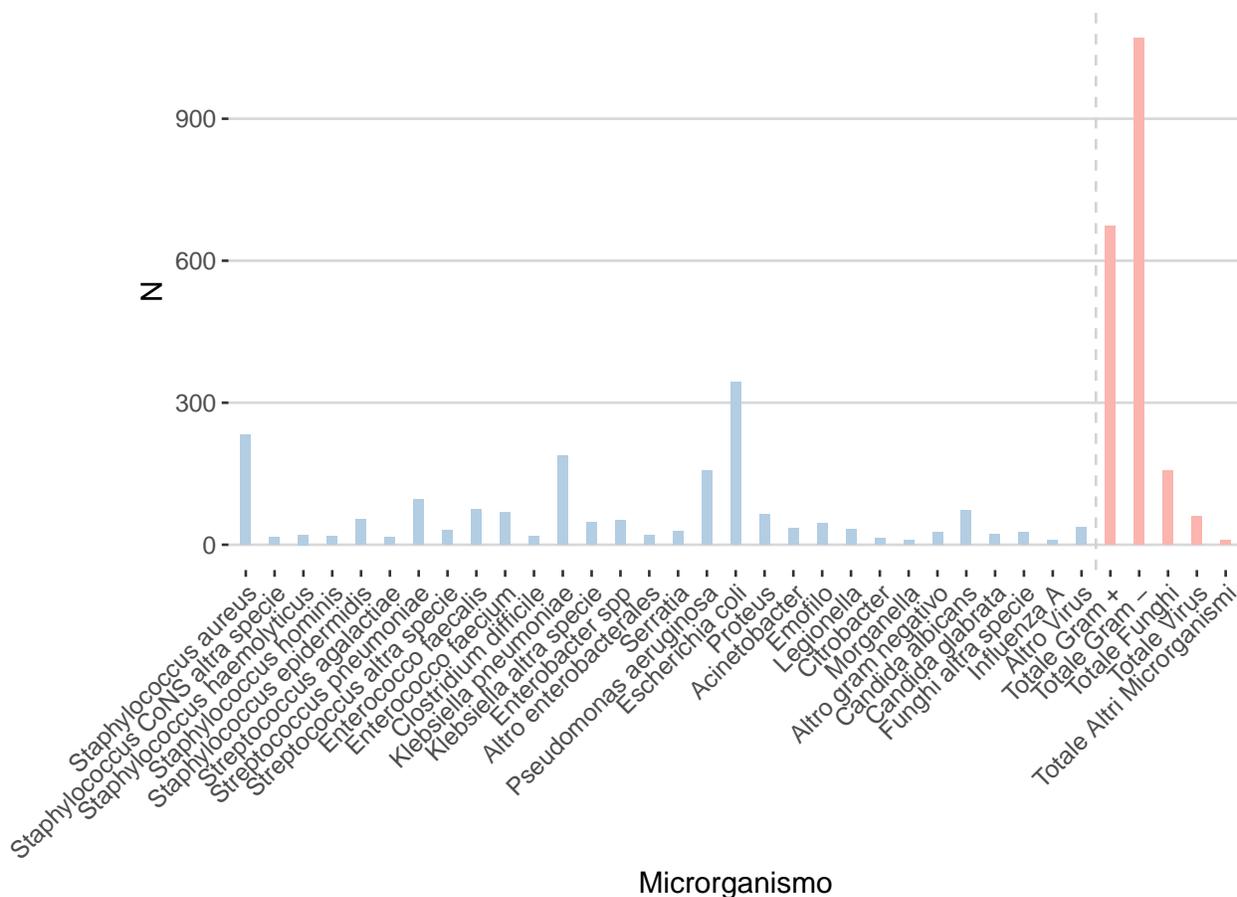
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	959	34.7
Sì	1808	65.3
Missing	15	
Totale infezioni	2782	
Totale microrganismi isolati	2231	

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	233	12.9	191	39	20.4
Staphylococcus capitis	8	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	16	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	21	1.2	18	9	50
Staphylococcus hominis	17	0.9	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.2	0	0	0

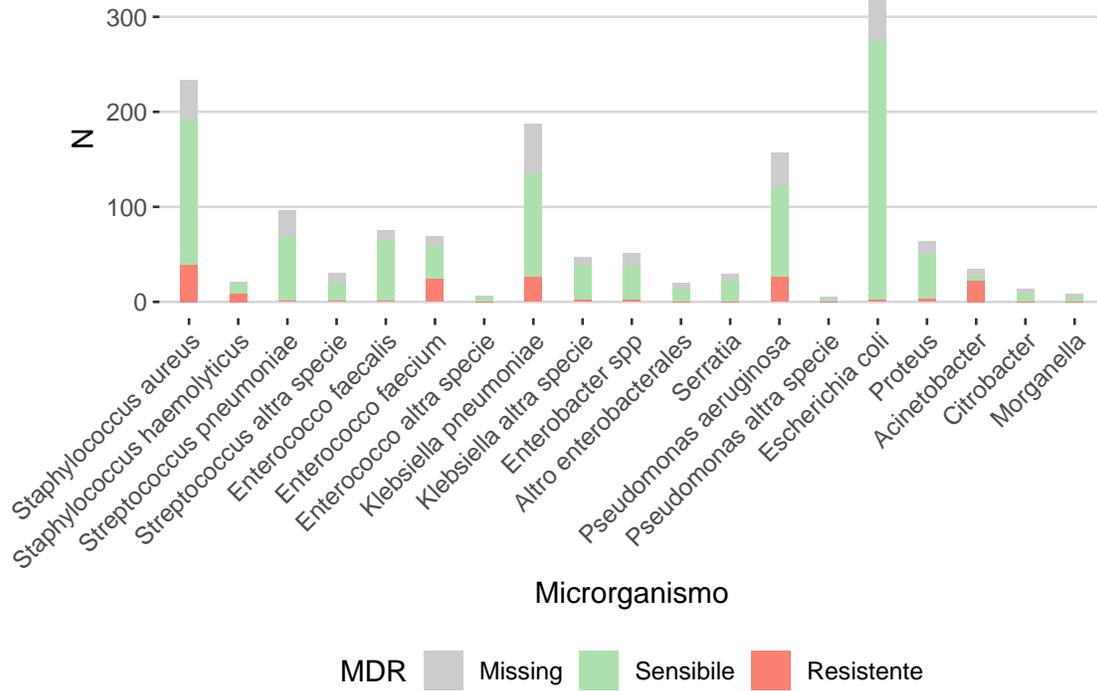
Staphylococcus epidermidis	53	2.9	0	0	0
Pyogens	4	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	15	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	96	5.3	68	1	1.5
Streptococcus altra specie	30	1.7	20	1	5
Enterococco faecalis	75	4.1	65	1	1.5
Enterococco faecium	69	3.8	59	24	40.7
Enterococco altra specie	7	0.4	5	0	0
Clostridium difficile	17	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	8	0.4	0	0	0
Totale Gram +	673	37.2	426	75	17.6
Klebsiella pneumoniae	188	10.4	135	26	19.3
Klebsiella altra specie	47	2.6	39	2	5.1
Enterobacter spp	51	2.8	38	2	5.3
Altro enterobacterales	20	1.1	14	0	0
Serratia	29	1.6	23	0	0
Pseudomonas aeruginosa	157	8.7	122	26	21.3
Pseudomonas altra specie	5	0.3	2	0	0
Escherichia coli	344	19.0	275	2	0.7
Proteus	64	3.5	51	3	5.9
Acinetobacter	35	1.9	27	22	81.5
Emofilo	45	2.5	0	0	0
Legionella	33	1.8	0	0	0
Citrobacter	14	0.8	9	0	0
Morganella	9	0.5	4	0	0
Providencia	3	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	26	1.4	0	0	0
Totale Gram -	1070	59.2	739	83	11.2
Candida albicans	72	4.0	0	0	0
Candida glabrata	23	1.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	9	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.3	0	0	0
Candida altra specie	5	0.3	0	0	0
Aspergillo	8	0.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	27	1.5	0	0	0
Totale Funghi	157	8.7	0	0	0
Influenza A	10	0.6			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	7	0.4			
Herpes simplex	3	0.2			
Altro Virus	37	2.0			
Totale Virus	59	3.3	0	0	0
Mycoplasma	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	10	0.6	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	233	12.9	191	39	20.4
Staphylococcus capitis	8	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	16	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	21	1.2	18	9	50
Staphylococcus hominis	17	0.9	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	4	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	53	2.9	0	0	0
Pyogens	4	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	15	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	96	5.3	68	1	1.5
Streptococcus altra specie	30	1.7	20	1	5
Enterococco faecalis	75	4.1	65	1	1.5
Enterococco faecium	69	3.8	59	24	40.7
Enterococco altra specie	7	0.4	5	0	0
Clostridium difficile	17	0.9	0	0	0
Clostridium altra specie	8	0.4	0	0	0
Totale Gram +	673	37.2	426	75	17.6
Klebsiella pneumoniae	188	10.4	135	26	19.3
Klebsiella altra specie	47	2.6	39	2	5.1
Enterobacter spp	51	2.8	38	2	5.3
Altro enterobacterales	20	1.1	14	0	0

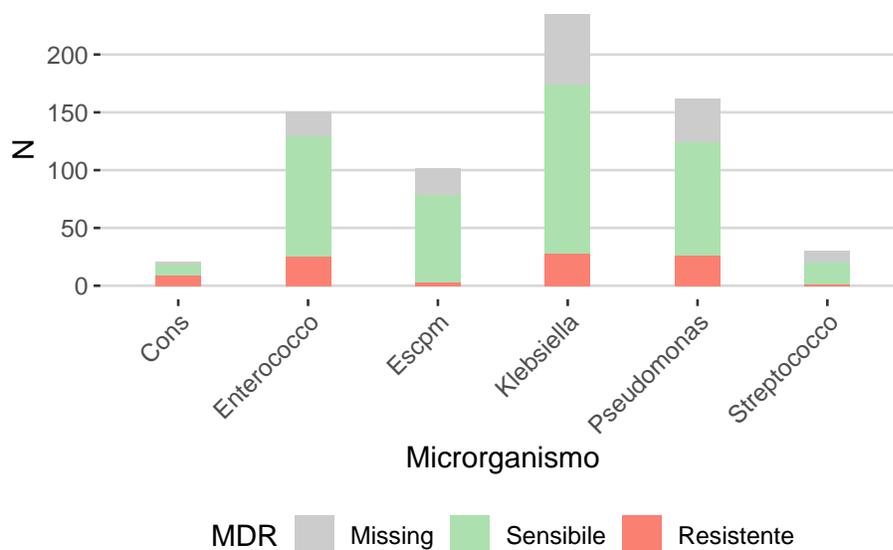
Serratia	29	1.6	23	0	0
Pseudomonas aeruginosa	157	8.7	122	26	21.3
Pseudomonas altra specie	5	0.3	2	0	0
Escherichia coli	344	19.0	275	2	0.7
Proteus	64	3.5	51	3	5.9
Acinetobacter	35	1.9	27	22	81.5
Emofilo	45	2.5	0	0	0
Legionella	33	1.8	0	0	0
Citrobacter	14	0.8	9	0	0
Morganella	9	0.5	4	0	0
Providencia	3	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	26	1.4	0	0	0
Totale Gram -	1070	59.2	739	83	11.2
Candida albicans	72	4.0	0	0	0
Candida glabrata	23	1.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.1	0	0	0
Candida parapsilosis	9	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.3	0	0	0
Candida altra specie	5	0.3	0	0	0
Aspergillo	8	0.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	27	1.5	0	0	0
Totale Funghi	157	8.7	0	0	0
Influenza A	10	0.6			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	7	0.4			
Herpes simplex	3	0.2			
Altro Virus	37	2.0			
Totale Virus	59	3.3	0	0	0
Mycoplasma	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	10	0.6	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clamidia, Candida auris, Candida specie non determinata, 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	21	18	9	9	50.00	3
Enterococco	151	129	104	25	19.38	22
Escpm	102	78	75	3	3.85	24
Klebsiella	235	174	146	28	16.09	61
Pseudomonas	162	124	98	26	20.97	38
Streptococco	30	20	19	1	5.00	10

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	130	Ertapenem	19	14.62
Klebsiella pneumoniae	135	Meropenem	23	17.04
Klebsiella altra specie	38	Ertapenem	1	2.63
Klebsiella altra specie	39	Meropenem	2	5.13
Enterobacter spp	38	Ertapenem	2	5.26

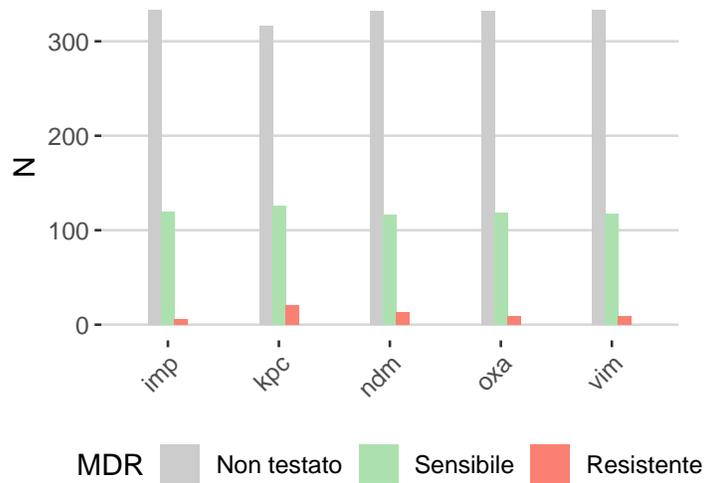
Escherichia coli	272	Ertapenem	2	0.74
Escherichia coli	274	Meropenem	1	0.36
Proteus	50	Ertapenem	3	6.00
Proteus	51	Meropenem	1	1.96
Acinetobacter	27	Imipenem	13	48.15
Acinetobacter	27	Meropenem	22	81.48
Pseudomonas aeruginosa	121	Imipenem	25	20.66
Pseudomonas aeruginosa	121	Meropenem	15	12.40
Staphylococcus haemolyticus	18	Meticillina	9	50.00
Staphylococcus aureus	191	Meticillina	39	20.42
Streptococcus pneumoniae	68	Penicillina	1	1.47
Streptococcus altra specie	20	Penicillina	1	5.00
Enterococco faecalis	65	Vancomicina	1	1.54
Enterococco faecium	59	Vancomicina	24	40.68

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.

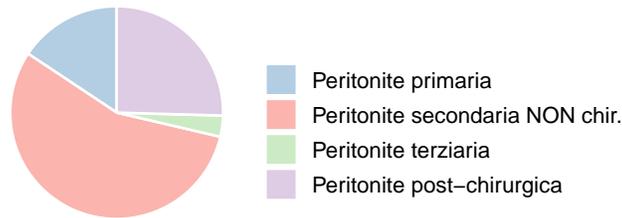
	N	%
Si	29	6.24
No	103	22.15
Non testato	333	71.61
Missing	304	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	6	10.3	119	333
kpc	21	36.2	126	316
ndm	13	22.4	116	332
oxa	9	15.5	118	332
vim	9	15.5	117	333



6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 562)

6.1 Tipologia di peritonite



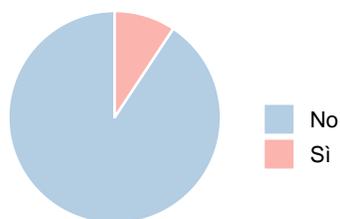
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	88	15.7
Peritonite secondaria NON chir.	313	55.7
Peritonite terziaria	18	3.2
Peritonite post-chirurgica	143	25.4
Missing	0	0

6.2 Tipo di infezione



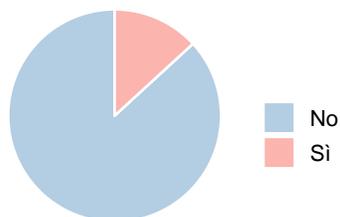
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	396	70.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	160	28.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	3	0.5
Missing	3	0

6.3 Infezione batteriemic



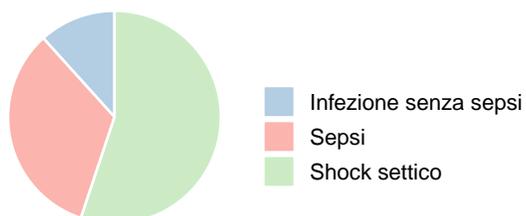
Batteriemic	N	%
No	508	90.7
Si	52	9.3
Missing	2	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	488	86.8
Si	74	13.2
Missing	0	0

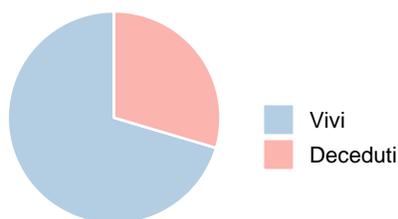
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	57	11.7
Sepsi	162	33.2
Shock settico	269	55.1
Missing	0	0

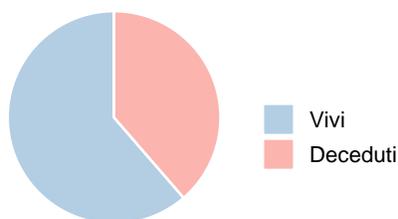
* Statistiche calcolate su 488 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 74).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	395	70.4
Deceduti	166	29.6
Missing	1	0

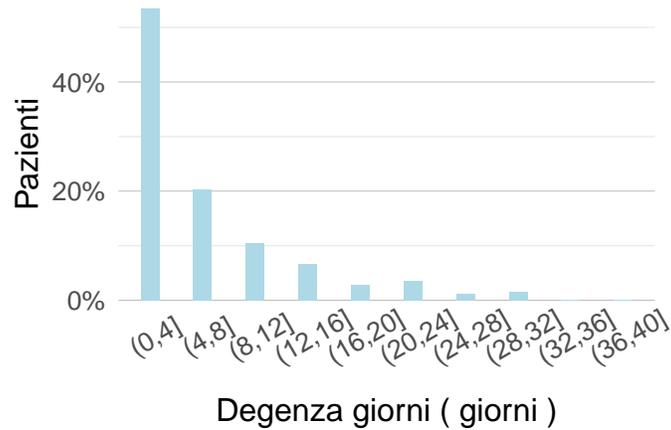
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	316	61.4
Deceduti	199	38.6
Missing	3	0

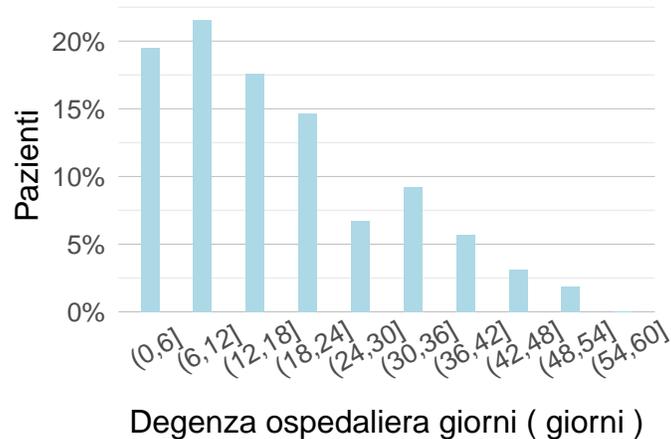
* Statistiche calcolate su 518 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 44).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.7 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	1

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.3 (20.5)
Mediana (Q1-Q3)	16 (8-30)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 518 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 44).

6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

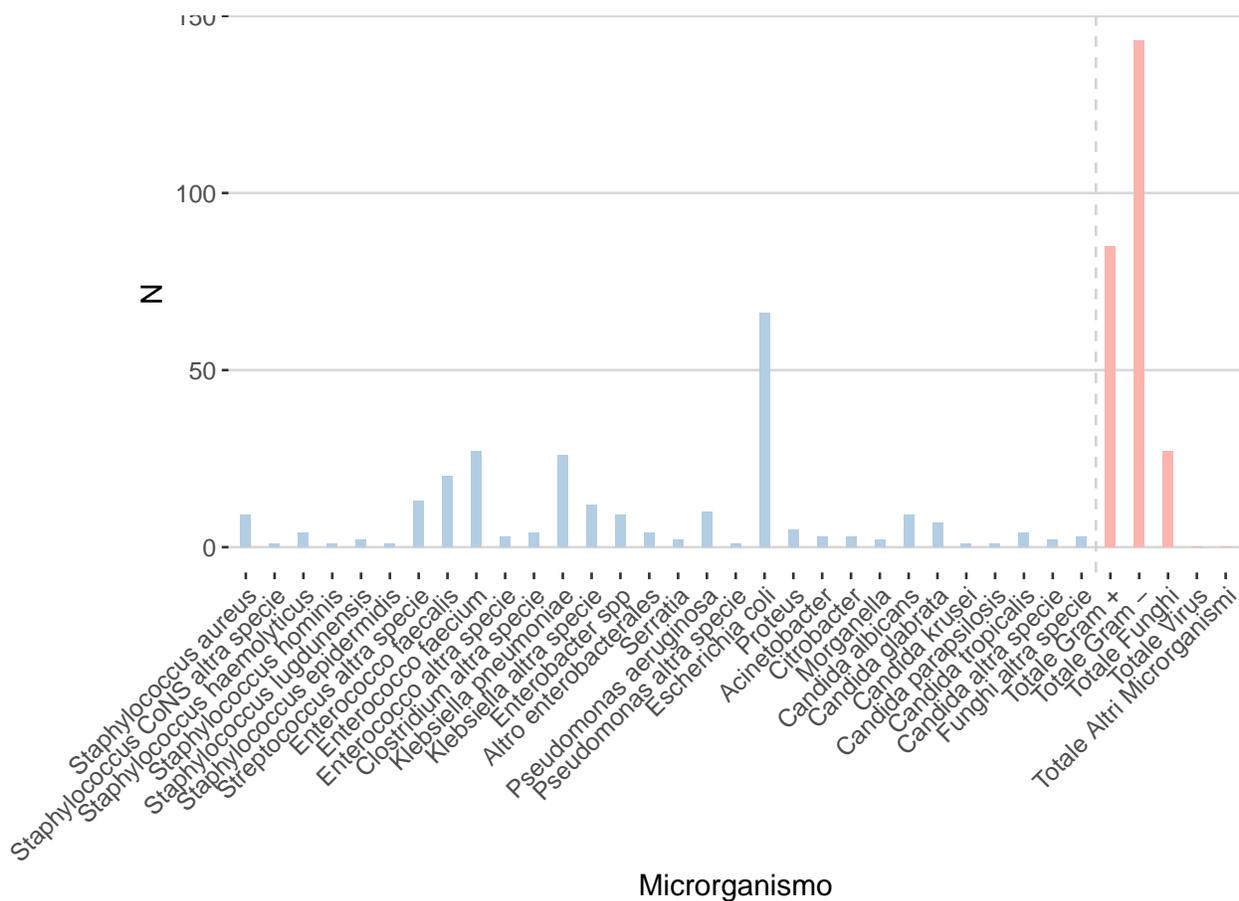
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	388	69.4
Sì	171	30.6
Missing	3	
Totale infezioni	562	
Totale microrganismi isolati	256	

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	5.3	7	3	42.9
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	2.3	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	13	7.6	10	0	0
Enterococco faecalis	20	11.7	18	0	0
Enterococco faecium	27	15.8	21	10	47.6
Enterococco altra specie	3	1.8	2	0	0
Clostridium altra specie	4	2.3	0	0	0
Totale Gram +	85	49.7	61	14	23
Klebsiella pneumoniae	26	15.2	19	5	26.3
Klebsiella altra specie	12	7.0	11	0	0
Enterobacter spp	9	5.3	8	0	0
Altro enterobacterales	4	2.3	3	0	0
Serratia	2	1.2	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	5.8	9	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.6	1	0	0
Escherichia coli	66	38.6	55	0	0
Proteus	5	2.9	4	1	25
Acinetobacter	3	1.8	2	2	100
Citrobacter	3	1.8	2	0	0
Morganella	2	1.2	1	0	0
Totale Gram -	143	83.6	117	8	6.8
Candida albicans	9	5.3	0	0	0
Candida glabrata	7	4.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	4	2.3	0	0	0
Candida altra specie	2	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.8	0	0	0
Totale Funghi	27	15.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0

Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0

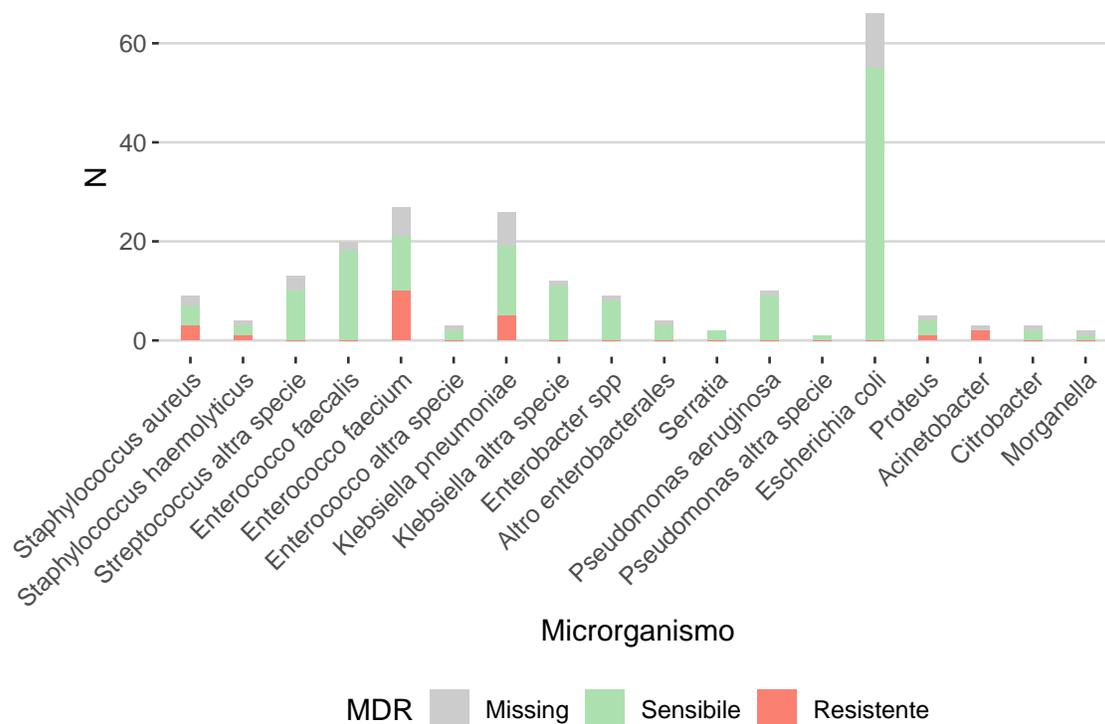


Microrganismo

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	5.3	7	3	42.9
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	2.3	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	13	7.6	10	0	0
Enterococco faecalis	20	11.7	18	0	0
Enterococco faecium	27	15.8	21	10	47.6
Enterococco altra specie	3	1.8	2	0	0
Clostridium altra specie	4	2.3	0	0	0
Totale Gram +	85	49.7	61	14	23
Klebsiella pneumoniae	26	15.2	19	5	26.3
Klebsiella altra specie	12	7.0	11	0	0
Enterobacter spp	9	5.3	8	0	0
Altro enterobacteriales	4	2.3	3	0	0
Serratia	2	1.2	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	5.8	9	0	0
Pseudomonas altra specie	1	0.6	1	0	0

Escherichia coli	66	38.6	55	0	0
Proteus	5	2.9	4	1	25
Acinetobacter	3	1.8	2	2	100
Citrobacter	3	1.8	2	0	0
Morganella	2	1.2	1	0	0
Totale Gram -	143	83.6	117	8	6.8
Candida albicans	9	5.3	0	0	0
Candida glabrata	7	4.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	4	2.3	0	0	0
Candida altra specie	2	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.8	0	0	0
Totale Funghi	27	15.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

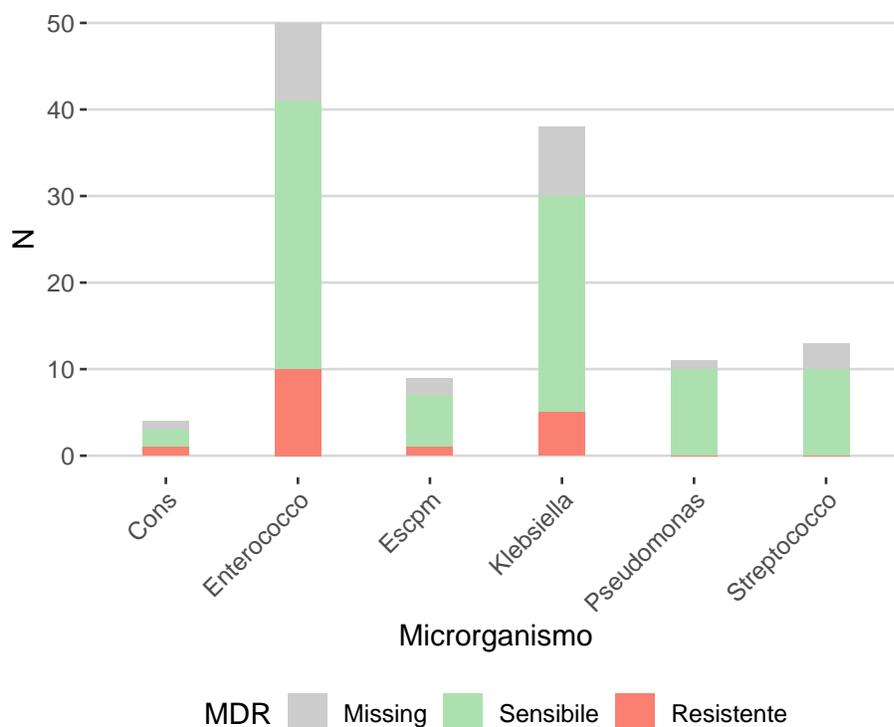
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

Emofilo, Legionella, Altro gram negativo, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	4	3	2	1	33.33	1
Enterococco	50	41	31	10	24.39	9
Escpm	9	7	6	1	14.29	2
Klebsiella	38	30	25	5	16.67	8
Pseudomonas	11	10	10	0	0.00	1
Streptococco	13	10	10	0	0.00	3

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.

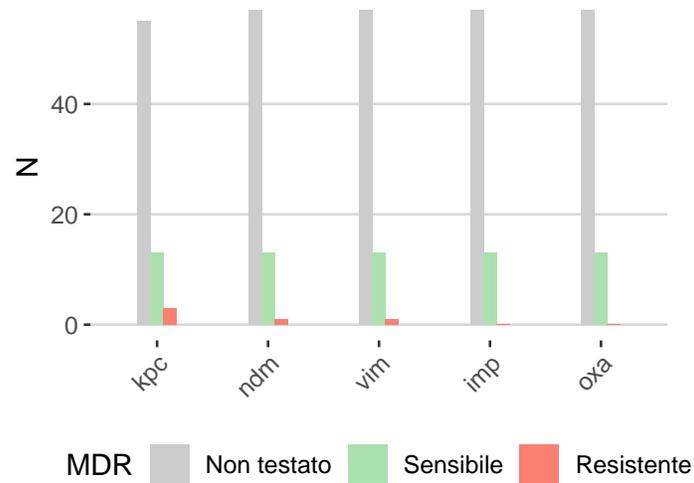
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	18	Ertapenem	3	16.67
Klebsiella pneumoniae	19	Meropenem	4	21.05
Proteus	4	Ertapenem	1	25.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	1	33.33
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	3	42.86
Enterococco faecium	21	Vancomicina	10	47.62

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

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

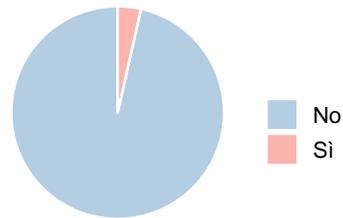
	N	%
Sì	3	4.23
No	12	16.9
Non testato	56	78.87
Missing	41	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	57
kpc	3	60	13	55
ndm	1	20	13	57
oxa	0	0	13	57
vim	1	20	13	57



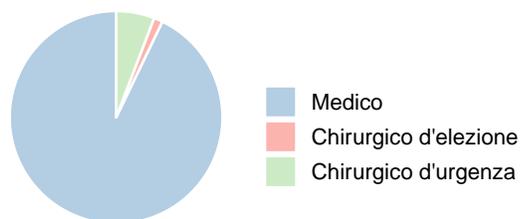
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 964)

7.1 Trauma



Trauma	N	%
No	930	96.5
Si	34	3.5
Missing	0	0

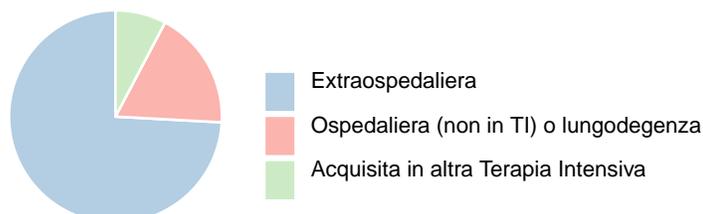
7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	895	92.8

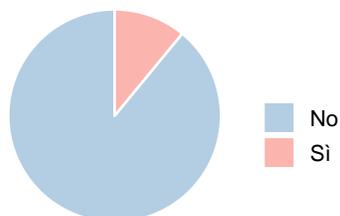
Chirurgico d'elezione	13	1.3
Chirurgico d'urgenza	56	5.8
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



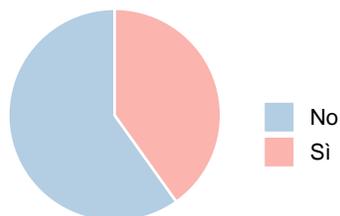
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	711	74.1
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	174	18.1
Acquisita in altra Terapia Intensiva	74	7.7
Missing	5	0

7.4 Infezione batteriemicca



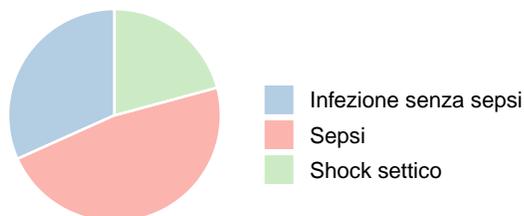
Batteriemicca	N	%
No	854	89.1
Si	105	10.9
Missing	5	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	577	59.9
Sì	387	40.1
Missing	0	0

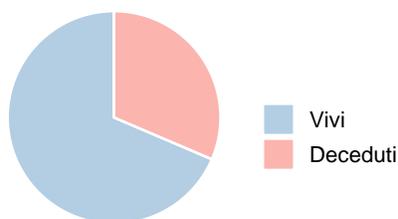
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	183	31.7
Sepsi	274	47.5
Shock settico	120	20.8
Missing	0	0

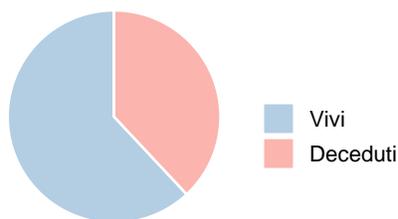
* Statistiche calcolate su 577 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 387).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	659	68.6
Deceduti	302	31.4
Missing	3	0

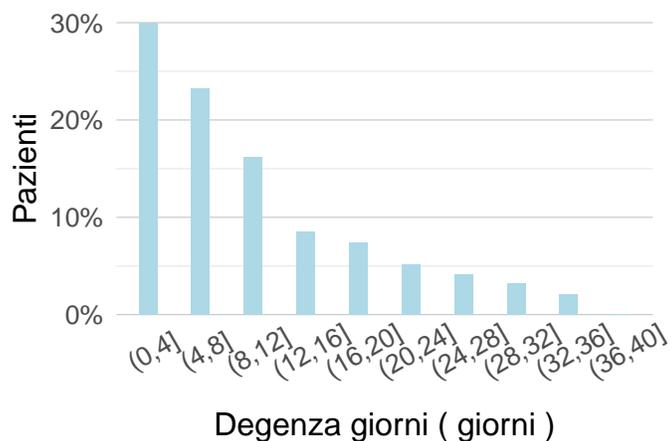
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	577	62.0
Deceduti	354	38.0
Missing	7	0

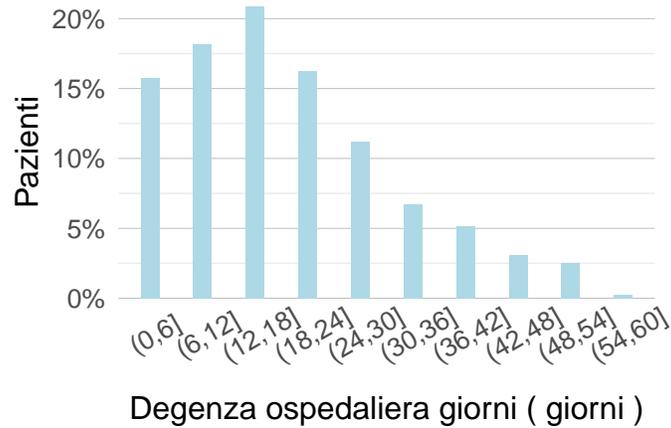
* Statistiche calcolate su 938 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 26).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.7 (12.8)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-17)
Missing	3

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.0 (18.5)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10-28.5)
Missing	7

* Statistiche calcolate su 938 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 26).

7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

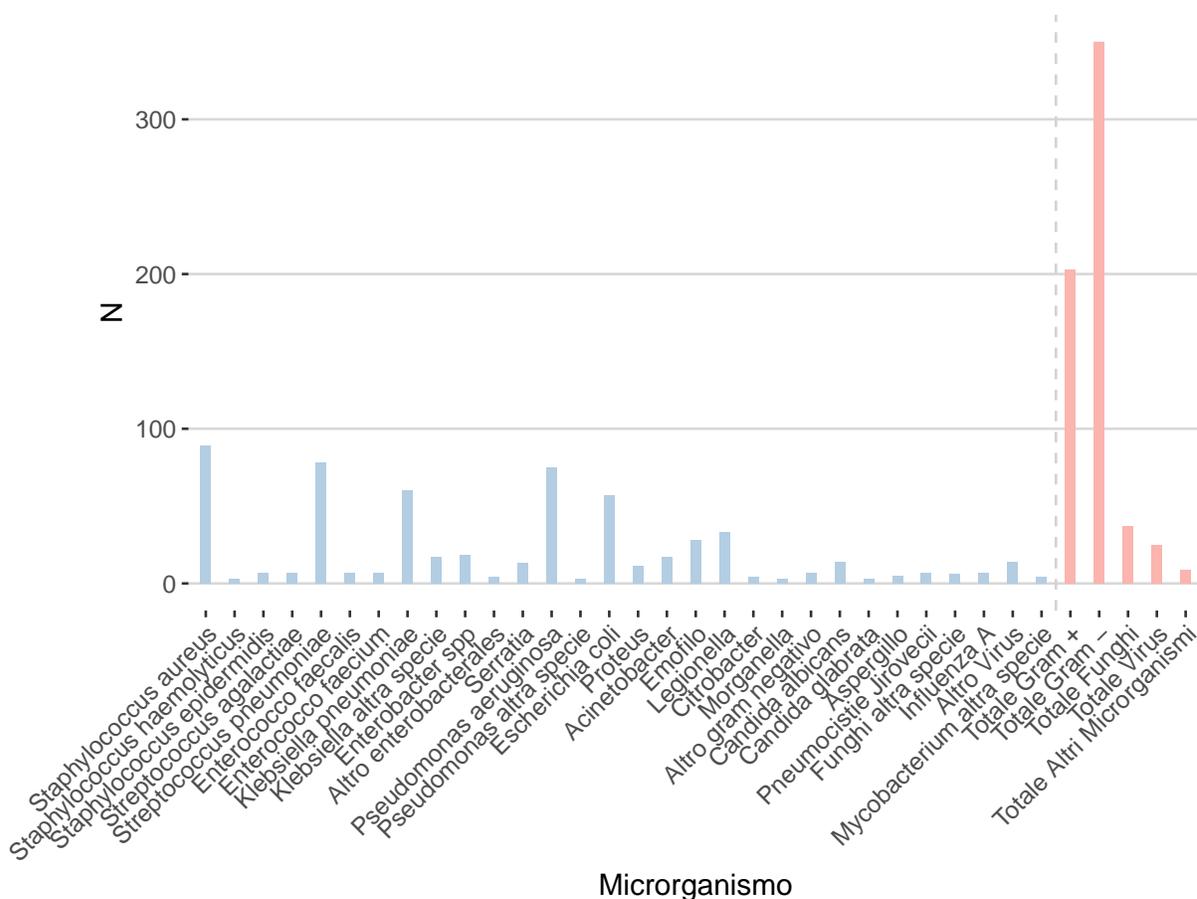
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	269	28.1
Sì	690	71.9
Missing	5	
Totale infezioni	964	
Totale microrganismi isolati	843	

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	89	12.9	74	13	17.6
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.4	3	2	66.7
Staphylococcus epidermidis	7	1.0	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	7	1.0	0	0	0

Streptococcus pneumoniae	78	11.3	58	1	1.7
Streptococcus altra specie	2	0.3	1	1	100
Enterococco faecalis	7	1.0	6	0	0
Enterococco faecium	7	1.0	7	4	57.1
Totale Gram +	203	29.4	149	21	14.1
Klebsiella pneumoniae	60	8.7	45	9	20
Klebsiella altra specie	17	2.5	14	2	14.3
Enterobacter spp	18	2.6	11	0	0
Altro enterobacterales	4	0.6	3	0	0
Serratia	13	1.9	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	75	10.9	61	12	19.7
Pseudomonas altra specie	3	0.4	0	0	0
Escherichia coli	57	8.3	51	1	2
Proteus	11	1.6	10	0	0
Acinetobacter	17	2.5	13	9	69.2
Emofilo	28	4.1	0	0	0
Legionella	33	4.8	0	0	0
Citrobacter	4	0.6	2	0	0
Morganella	3	0.4	2	0	0
Altro gram negativo	7	1.0	0	0	0
Totale Gram -	350	50.7	222	33	14.9
Candida albicans	14	2.0	0	0	0
Candida glabrata	3	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	5	0.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.9	0	0	0
Totale Funghi	37	5.4	0	0	0
Influenza A	7	1.0			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	1	0.1			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	14	2.0			
Totale Virus	25	3.6	0	0	0
Mycoplasma	2	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	9	1.3	0	0	0

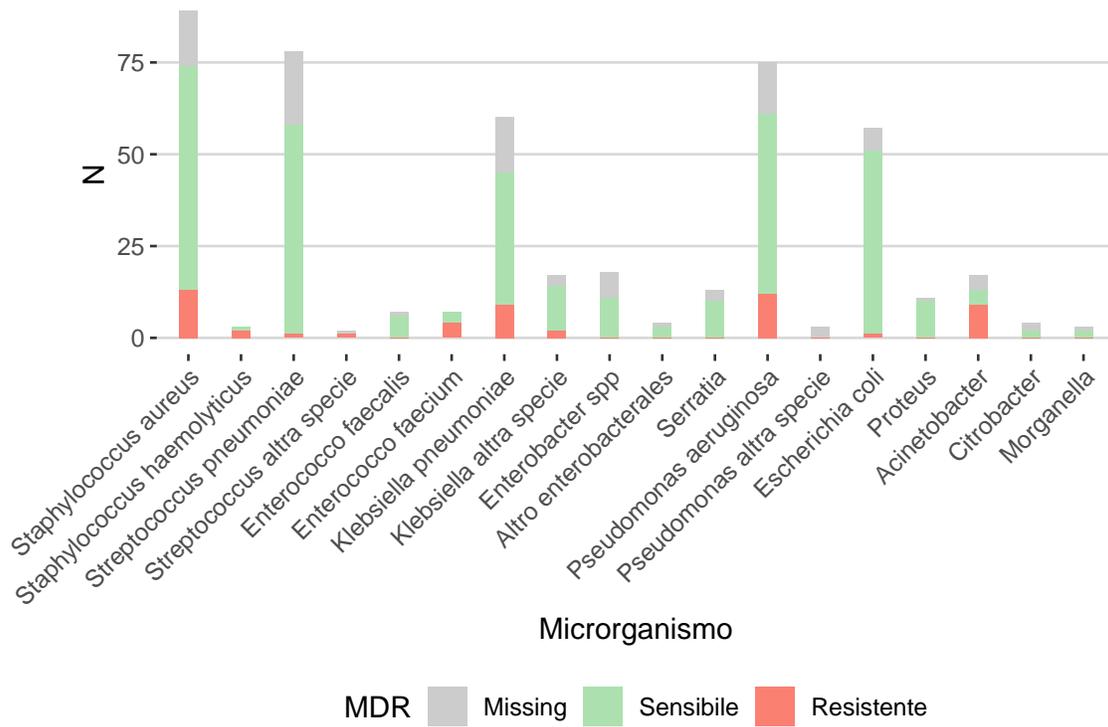


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	89	12.9	74	13	17.6
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.4	3	2	66.7
Staphylococcus epidermidis	7	1.0	0	0	0
Pyogens	1	0.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	7	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	78	11.3	58	1	1.7
Streptococcus altra specie	2	0.3	1	1	100
Enterococco faecalis	7	1.0	6	0	0
Enterococco faecium	7	1.0	7	4	57.1
Totale Gram +	203	29.4	149	21	14.1
Klebsiella pneumoniae	60	8.7	45	9	20
Klebsiella altra specie	17	2.5	14	2	14.3
Enterobacter spp	18	2.6	11	0	0
Altro enterobacterales	4	0.6	3	0	0
Serratia	13	1.9	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	75	10.9	61	12	19.7
Pseudomonas altra specie	3	0.4	0	0	0
Escherichia coli	57	8.3	51	1	2
Proteus	11	1.6	10	0	0
Acinetobacter	17	2.5	13	9	69.2
Emofilo	28	4.1	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 964)

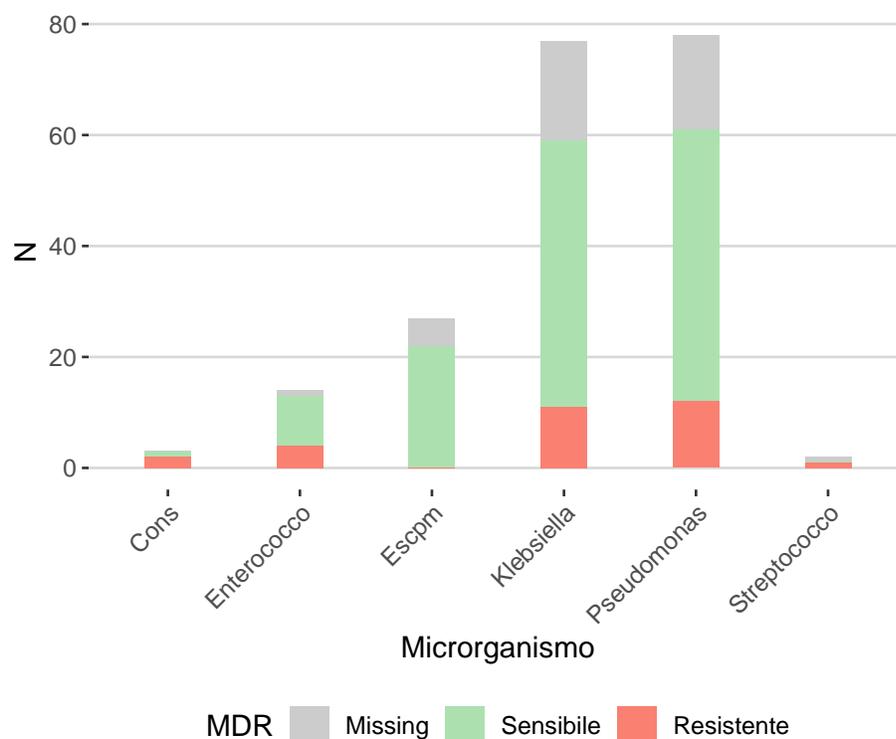
Legionella	33	4.8	0	0	0
Citrobacter	4	0.6	2	0	0
Morganella	3	0.4	2	0	0
Altro gram negativo	7	1.0	0	0	0
Totale Gram -	350	50.7	222	33	14.9
Candida albicans	14	2.0	0	0	0
Candida glabrata	3	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	5	0.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	6	0.9	0	0	0
Totale Funghi	37	5.4	0	0	0
Influenza A	7	1.0			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	1	0.1			
Herpes simplex	1	0.1			
Altro Virus	14	2.0			
Totale Virus	25	3.6	0	0	0
Mycoplasma	2	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	4	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	9	1.3	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococcus altra specie, Clamidia, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Candida specie non determinata, 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	3	3	1	2	66.67	0
Enterococco	14	13	9	4	30.77	1
Escpm	27	22	22	0	0.00	5
Klebsiella	77	59	48	11	18.64	18
Pseudomonas	78	61	49	12	19.67	17
Streptococco	2	1	0	1	100.00	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	%
---------------	---	------------	--------------	---

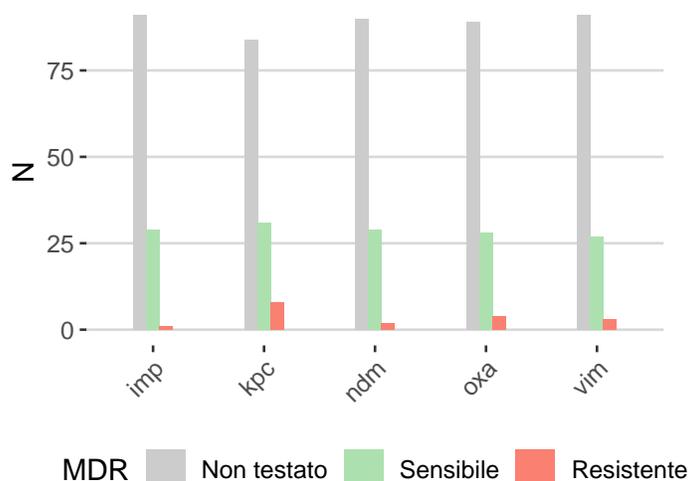
Klebsiella pneumoniae	43	Ertapenem	5	11.63
Klebsiella pneumoniae	45	Meropenem	7	15.56
Klebsiella altra specie	14	Ertapenem	1	7.14
Klebsiella altra specie	14	Meropenem	2	14.29
Escherichia coli	51	Ertapenem	1	1.96
Escherichia coli	51	Meropenem	1	1.96
Acinetobacter	13	Imipenem	5	38.46
Acinetobacter	13	Meropenem	9	69.23
Pseudomonas aeruginosa	61	Imipenem	11	18.03
Pseudomonas aeruginosa	60	Meropenem	7	11.67
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	2	66.67
Staphylococcus aureus	74	Meticillina	13	17.57
Streptococcus pneumoniae	58	Penicillina	1	1.72
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecium	7	Vancomicina	4	57.14

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	11	8.87
No	21	16.94
Non testato	92	74.19
Missing	63	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	5.6	29	91
kpc	8	44.4	31	84
ndm	2	11.1	29	90
oxa	4	22.2	28	89
vim	3	16.7	27	91



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.

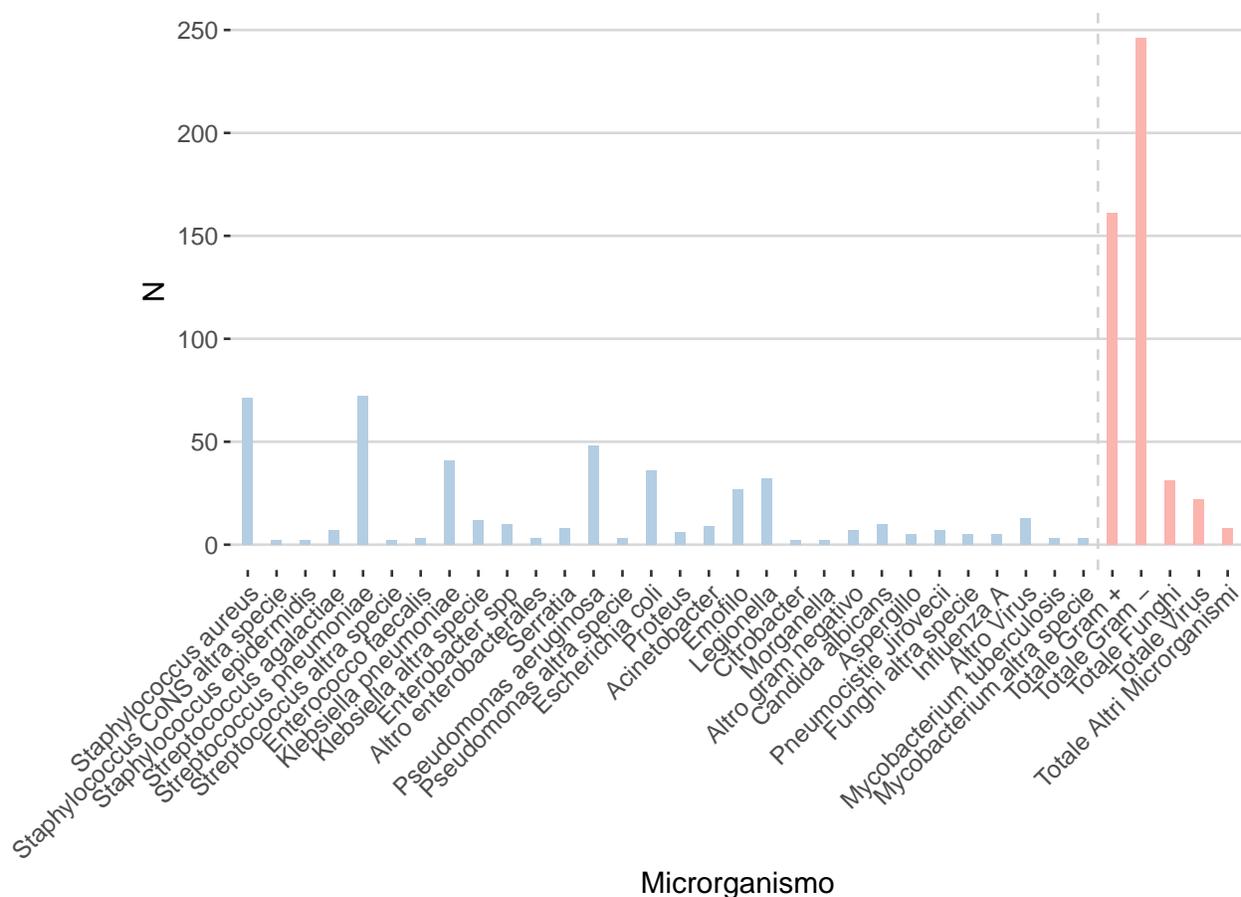
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	221	28.2
Sì	564	71.8
Missing	0	
Totale infezioni	785	
Totale microrganismi isolati	681	

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	71	12.6	59	9	15.3
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.4	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	7	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	72	12.8	54	1	1.9
Streptococcus altra specie	2	0.4	1	1	100
Enterococco faecalis	3	0.5	2	0	0
Enterococco faecium	1	0.2	1	0	0
Totale Gram +	161	28.5	117	11	9.4
Klebsiella pneumoniae	41	7.3	30	2	6.7
Klebsiella altra specie	12	2.1	10	0	0
Enterobacter spp	10	1.8	5	0	0
Altro enterobacterales	3	0.5	3	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 964)

Serratia	8	1.4	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	48	8.5	39	5	12.8
Pseudomonas altra specie	3	0.5	0	0	0
Escherichia coli	36	6.4	32	0	0
Proteus	6	1.1	5	0	0
Acinetobacter	9	1.6	7	4	57.1
Emofilo	27	4.8	0	0	0
Legionella	32	5.7	0	0	0
Citrobacter	2	0.4	2	0	0
Morganella	2	0.4	2	0	0
Altro gram negativo	7	1.2	0	0	0
Totale Gram -	246	43.6	143	11	7.7
Candida albicans	10	1.8	0	0	0
Candida glabrata	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	0.9	0	0	0
Totale Funghi	31	5.5	0	0	0
Influenza A	5	0.9			
Influenza AH3N2	1	0.2			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	13	2.3			
Totale Virus	22	3.9	0	0	0
Mycoplasma	2	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.5	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	8	1.4	0	0	0

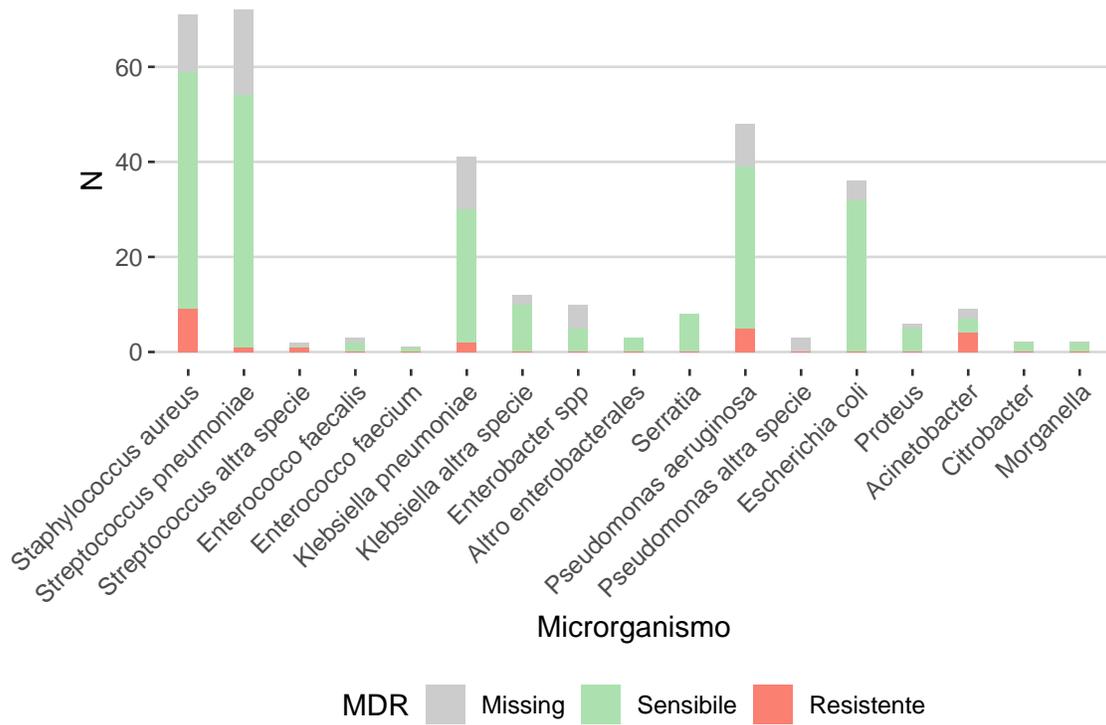


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	71	12.6	59	9	15.3
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	0.4	0	0	0
Pyogens	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	7	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	72	12.8	54	1	1.9
Streptococcus altra specie	2	0.4	1	1	100
Enterococcus faecalis	3	0.5	2	0	0
Enterococcus faecium	1	0.2	1	0	0
Totale Gram +	161	28.5	117	11	9.4
Klebsiella pneumoniae	41	7.3	30	2	6.7
Klebsiella altra specie	12	2.1	10	0	0
Enterobacter spp	10	1.8	5	0	0
Altro enterobacterales	3	0.5	3	0	0
Serratia	8	1.4	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	48	8.5	39	5	12.8
Pseudomonas altra specie	3	0.5	0	0	0
Escherichia coli	36	6.4	32	0	0
Proteus	6	1.1	5	0	0
Acinetobacter	9	1.6	7	4	57.1
Emofilo	27	4.8	0	0	0
Legionella	32	5.7	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 964)

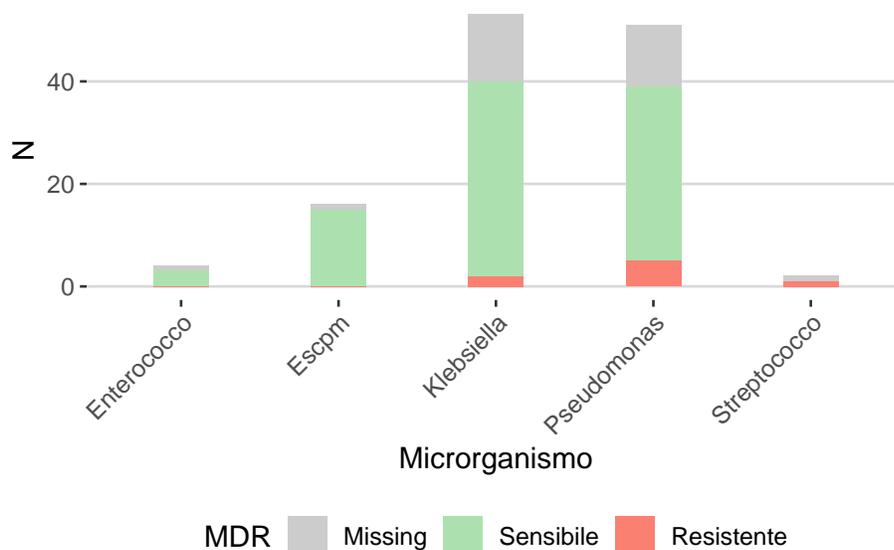
Citrobacter	2	0.4	2	0	0
Morganella	2	0.4	2	0	0
Altro gram negativo	7	1.2	0	0	0
Totale Gram -	246	43.6	143	11	7.7
Candida albicans	10	1.8	0	0	0
Candida glabrata	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	0.9	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	0.9	0	0	0
Totale Funghi	31	5.5	0	0	0
Influenza A	5	0.9			
Influenza AH3N2	1	0.2			
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Citomegalovirus	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	13	2.3			
Totale Virus	22	3.9	0	0	0
Mycoplasma	2	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	3	0.5	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	8	1.4	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B). 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
Enterococco	4	3	3	0	0.00	1
Escpm	16	15	15	0	0.00	1
Klebsiella	53	40	38	2	5.00	13
Pseudomonas	51	39	34	5	12.82	12
Streptococco	2	1	0	1	100.00	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	29	Ertapenem	1	3.45
Klebsiella pneumoniae	30	Meropenem	1	3.33
Acinetobacter	7	Imipenem	3	42.86
Acinetobacter	7	Meropenem	4	57.14
Pseudomonas aeruginosa	39	Imipenem	5	12.82
Pseudomonas aeruginosa	38	Meropenem	2	5.26

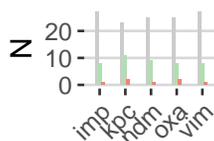
Staphylococcus aureus	59	Meticillina	9	15.25
Streptococcus pneumoniae	54	Penicillina	1	1.85
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00

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	3	8.33
No	6	16.67
Non testato	27	75
Missing	28	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	14.3	8	27
kpc	2	28.6	11	23
ndm	1	14.3	9	25
oxa	2	28.6	8	25
vim	1	14.3	8	27

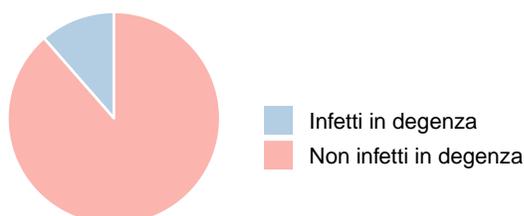


MDR Non testato Sensibile Resistente

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.

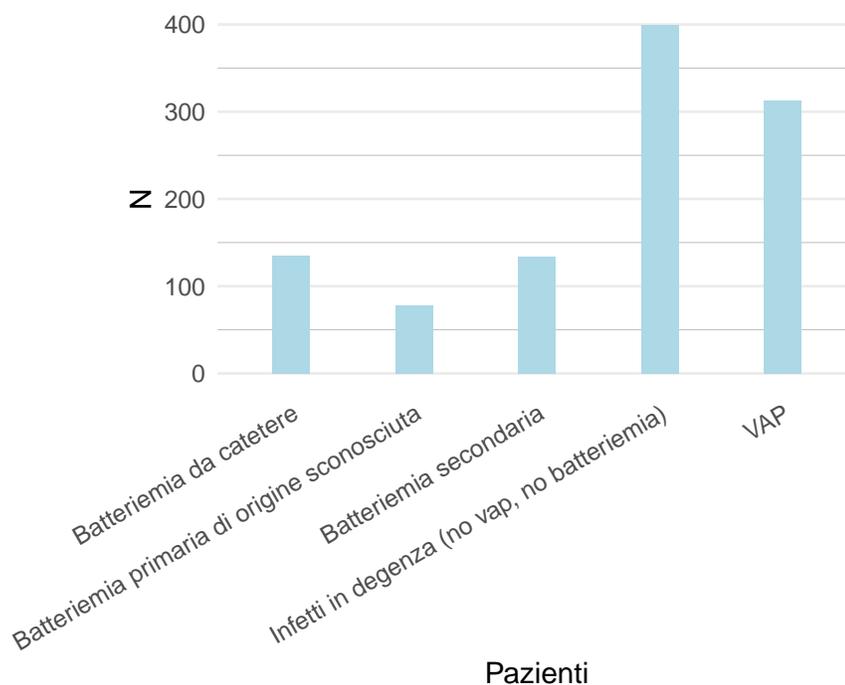
Sono presenti 929 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.4% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	929	11.4
Non infetti in degenza	7202	88.6

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 8131).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



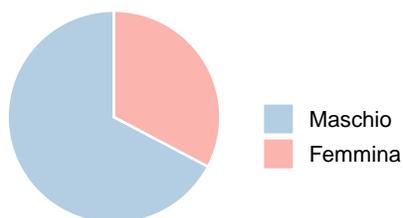
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	399	42.9
VAP	313	33.7

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	78	8.4
Batteriemia da catetere	135	14.5
Batteriemia secondaria	134	14.4

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 929)

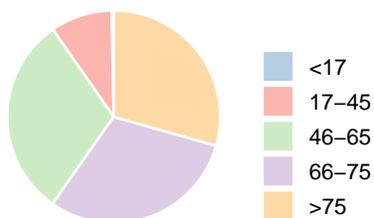
8 Pazienti infetti in degenza (N = 929)

8.1 Sesso



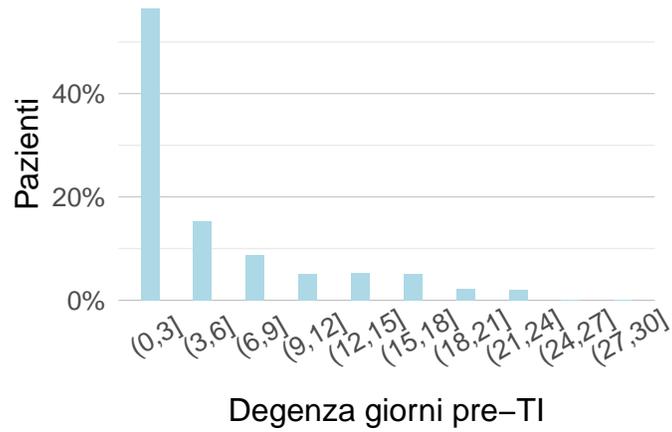
Sesso	N	%
Maschio	625	67.3
Femmina	304	32.7
Missing	0	0

8.2 Età



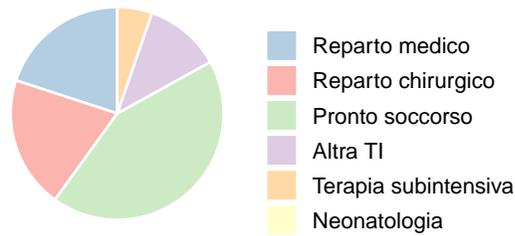
Range età	N	%
<17	3	0.3
17-45	87	9.4
46-65	284	30.6
66-75	282	30.4
>75	273	29.4
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



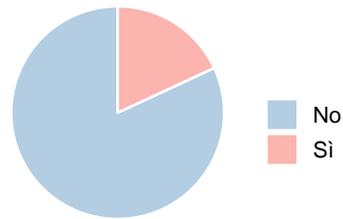
Indicatore	Valore
Media	5.0
DS	10.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	1

8.4 Provenienza (reparto)



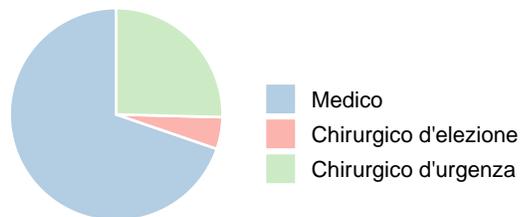
Provenienza	N	%
Reparto medico	185	20.0
Reparto chirurgico	186	20.1
Pronto soccorso	398	43.0
Altra TI	108	11.7
Terapia subintensiva	49	5.3
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

8.5 Trauma



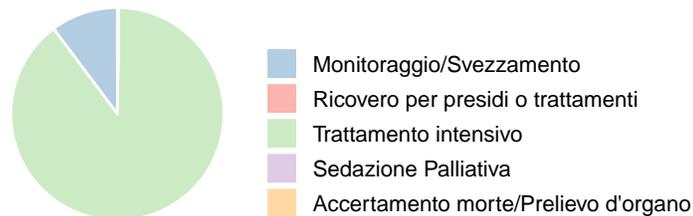
Trauma	N	%
No	761	81.9
Si	168	18.1
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	648	69.8
Chirurgico d'elezione	45	4.8
Chirurgico d'urgenza	236	25.4
Missing	0	0

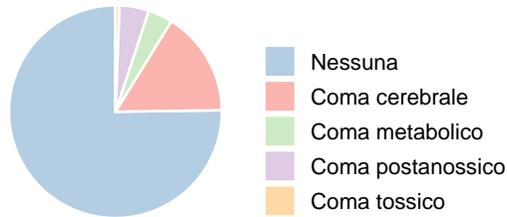
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	95	10.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

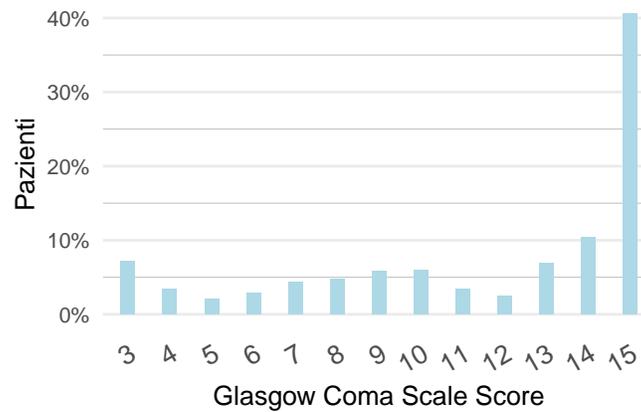
Trattamento intensivo	831	89.5
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	2	0.2
Missing	1	0

8.8 Insufficienza neurologica



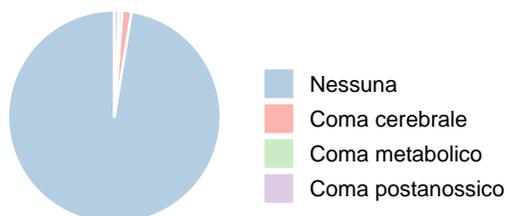
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	504	75.2
Coma cerebrale	107	16.0
Coma metabolico	25	3.7
Coma postanossico	30	4.5
Coma tossico	4	0.6
Missing	259	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



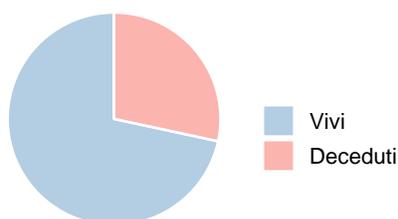
Indicatore	Valore
Media	9.5
DS	4.1
Mediana	12
Q1-Q3	7-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



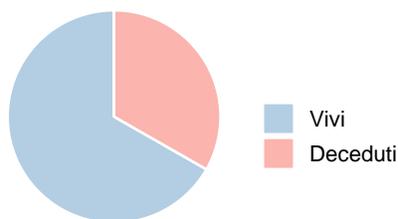
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	905	97.4
Coma cerebrale	13	1.4
Coma metabolico	5	0.5
Coma postanossico	6	0.6
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	664	71.6
Deceduti	263	28.4
Missing	2	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

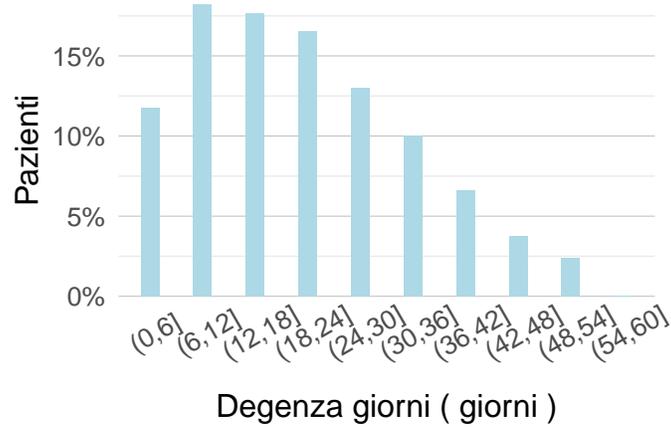


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	596	66.7

Deceduti	297	33.3
Missing	7	0

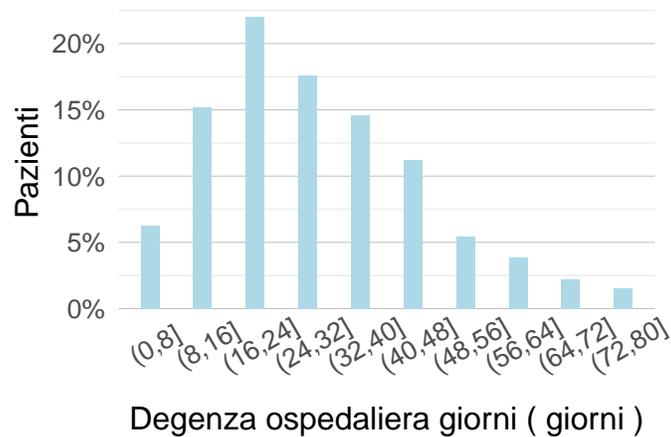
* Statistiche calcolate su 900 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 29).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.5 (16.8)
Mediana (Q1-Q3)	20 (11-31.5)
Missing	2

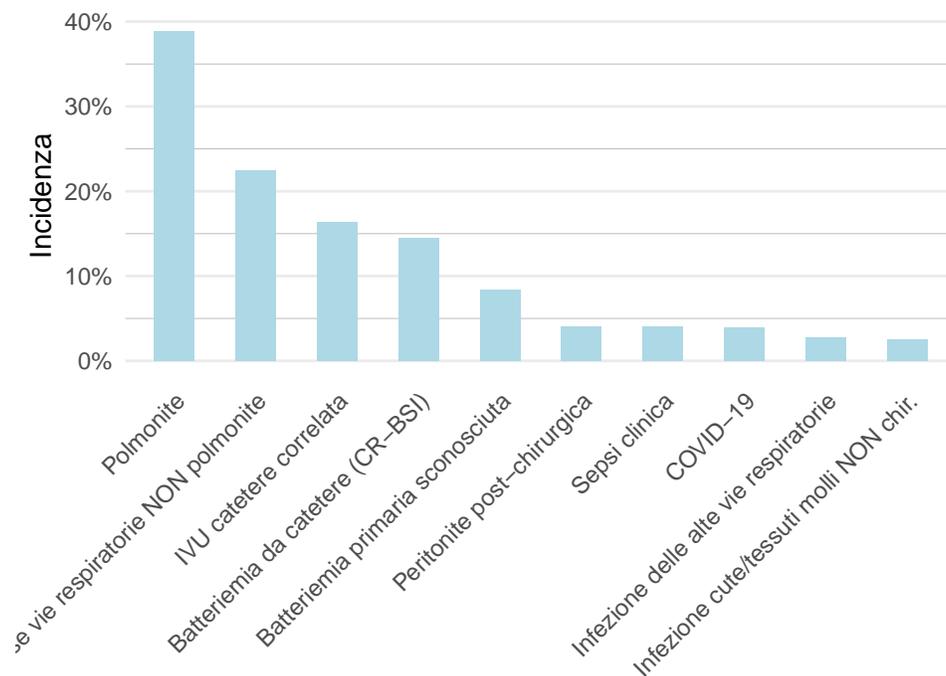
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.9 (26.2)
Mediana (Q1-Q3)	29 (18-43)
Missing	7

* Statistiche calcolate su 900 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 29).

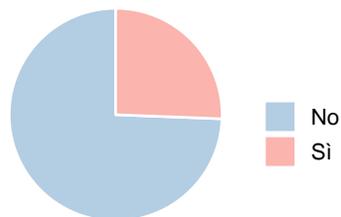
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	361	38.9
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	209	22.5
IVU catetere correlata	151	16.3
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	135	14.5
Batteriemia primaria sconosciuta	78	8.4
Sepsi clinica	38	4.1
Peritonite post-chirurgica	38	4.1
COVID-19	36	3.9
Infezione delle alte vie respiratorie	25	2.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	23	2.5
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



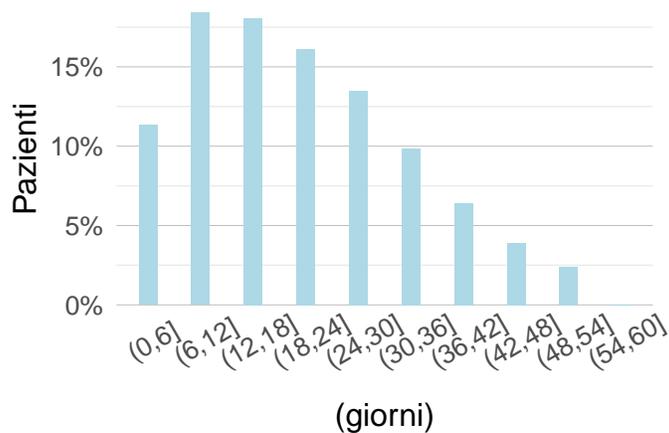
Infezione multisito	N	%
No	691	74.4
Si	238	25.6
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	1163
Numero totale di microrganismi isolati	1307

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	23.5
DS	16.8
Mediana	20
Q1-Q3	11-32
Missing	2

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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	0.0	0.0 %
CI (95%)	0.0 - 0.1	0.0 - 0.0

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

Il primo:

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

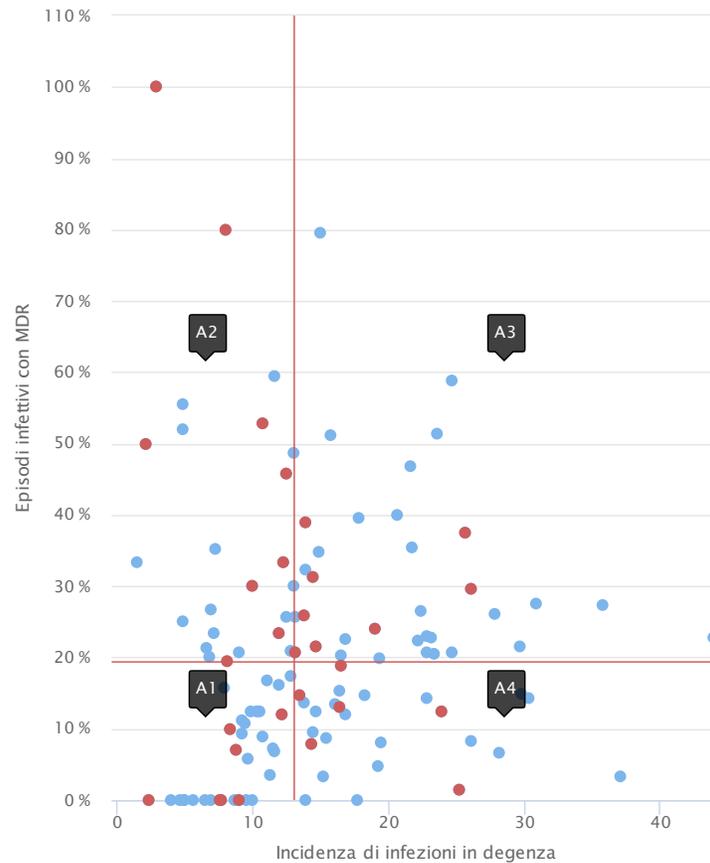
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

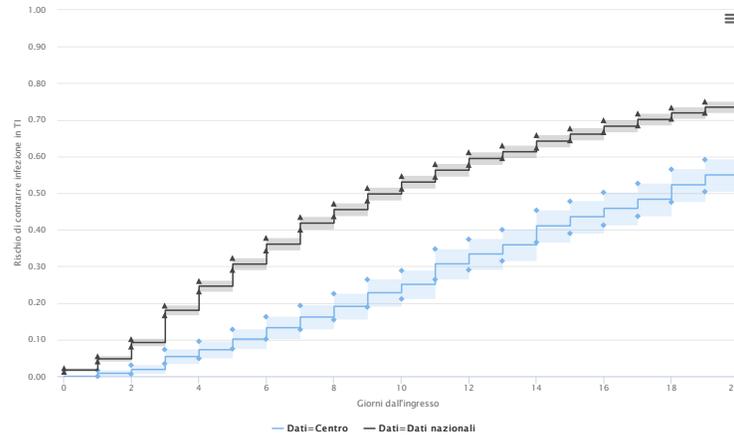
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

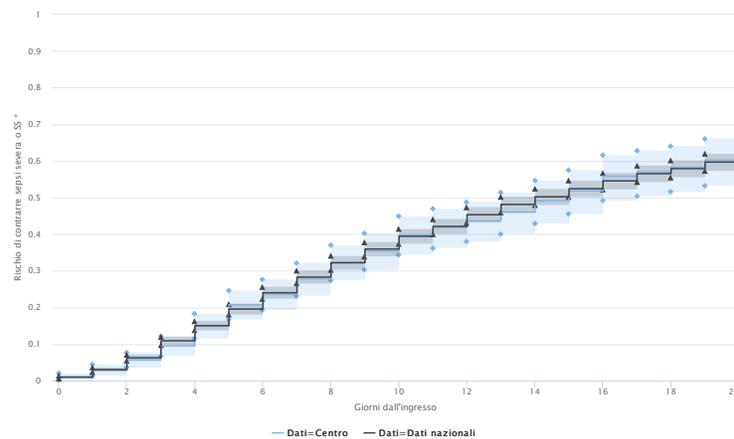


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

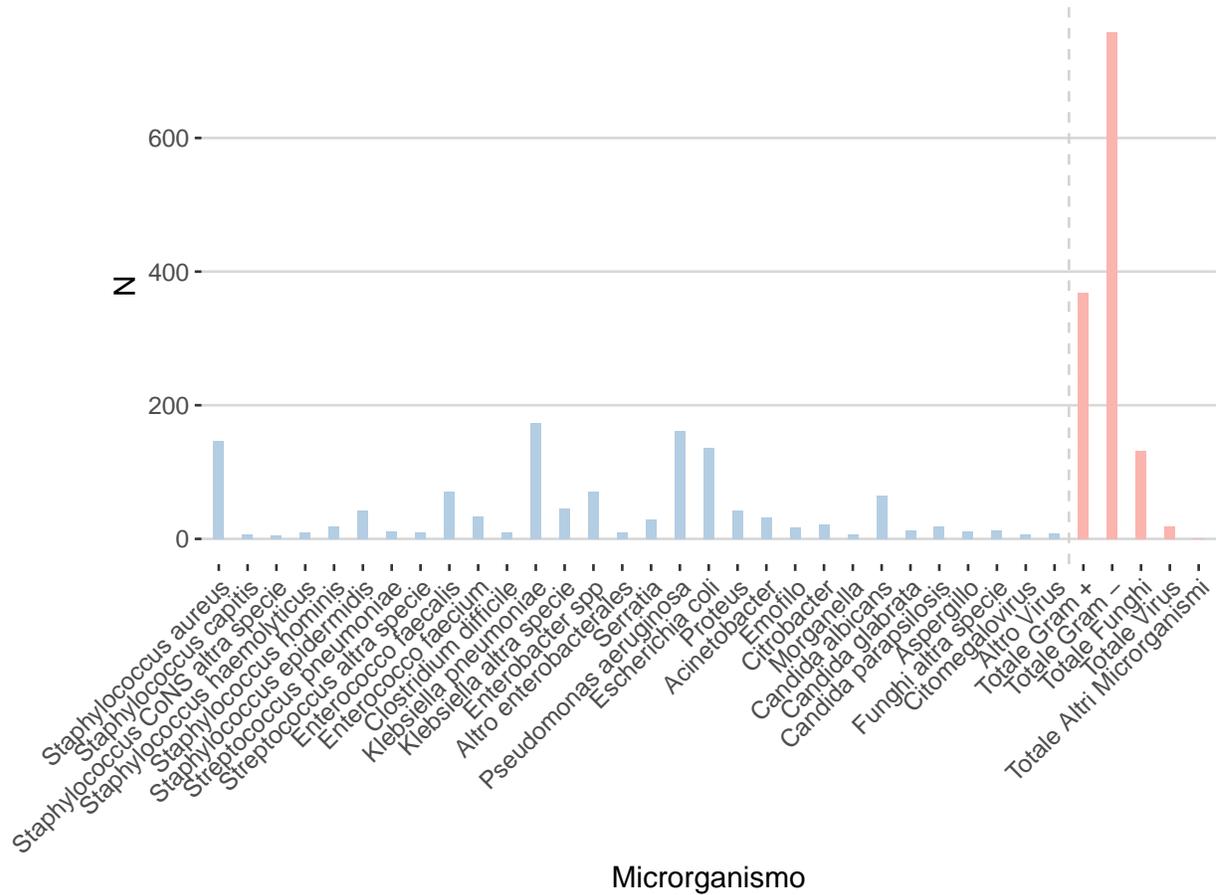
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	96	8.3
Sì	1067	91.7
Missing	0	

Totale infezioni 1163
Totale microrganismi isolati 1307

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	146	13.7	95	15	15.8
Staphylococcus capitis	7	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	0.9	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	18	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	42	3.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	1.0	8	0	0
Streptococcus altra specie	10	0.9	8	0	0
Enterococco faecalis	71	6.7	49	0	0
Enterococco faecium	33	3.1	29	10	34.5
Enterococco altra specie	5	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	9	0.8	0	0	0
Totale Gram +	369	34.6	196	30	15.3
Klebsiella pneumoniae	174	16.3	84	27	32.1
Klebsiella altra specie	46	4.3	32	2	6.2
Enterobacter spp	70	6.6	47	5	10.6
Altro enterobacterales	10	0.9	7	1	14.3
Serratia	29	2.7	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	161	15.1	128	36	28.1
Pseudomonas altra specie	5	0.5	3	0	0
Escherichia coli	136	12.8	84	1	1.2
Proteus	42	3.9	29	1	3.4
Acinetobacter	32	3.0	22	13	59.1
Emofilo	17	1.6	0	0	0
Citrobacter	22	2.1	10	0	0
Morganella	7	0.7	4	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.5	0	0	0
Totale Gram -	758	71.1	470	86	18.3
Candida albicans	65	6.1	0	0	0
Candida glabrata	13	1.2	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	18	1.7	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	11	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	12	1.1	0	0	0
Totale Funghi	132	12.4	0	0	0

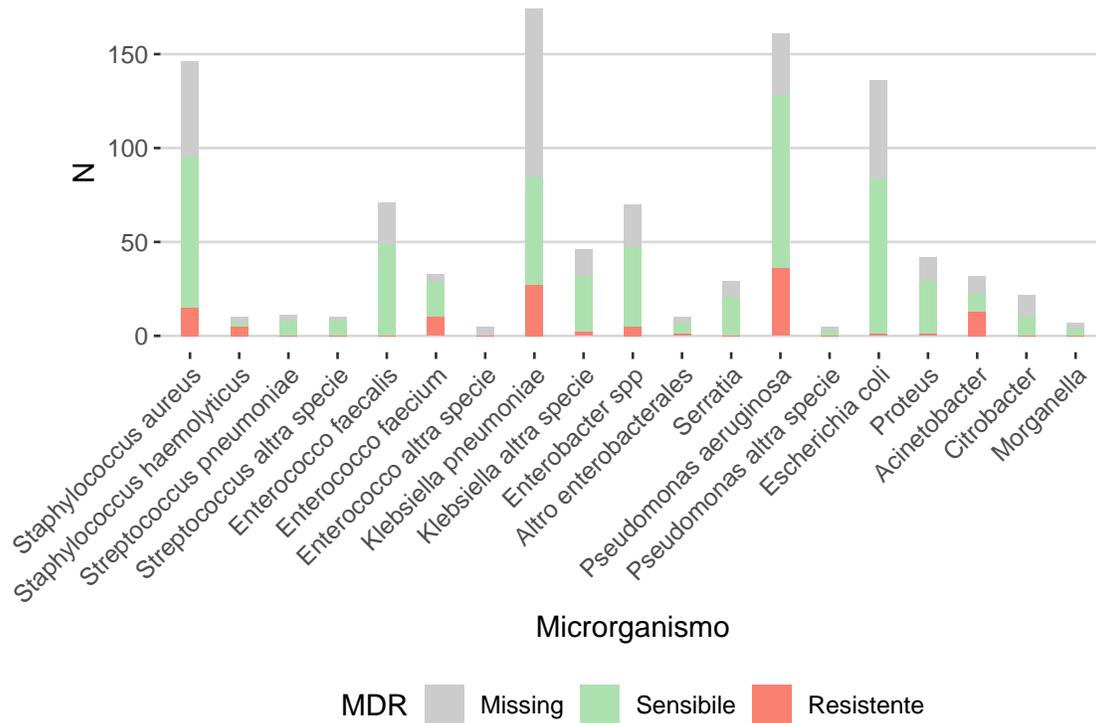
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	6	0.6			
Herpes simplex	4	0.4			
Altro Virus	8	0.8			
Totale Virus	19	1.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	146	13.7	95	15	15.8
Staphylococcus capitis	7	0.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	0.9	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	18	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	42	3.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	11	1.0	8	0	0
Streptococcus altra specie	10	0.9	8	0	0
Enterococco faecalis	71	6.7	49	0	0
Enterococco faecium	33	3.1	29	10	34.5
Enterococco altra specie	5	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	9	0.8	0	0	0
Totale Gram +	369	34.6	196	30	15.3

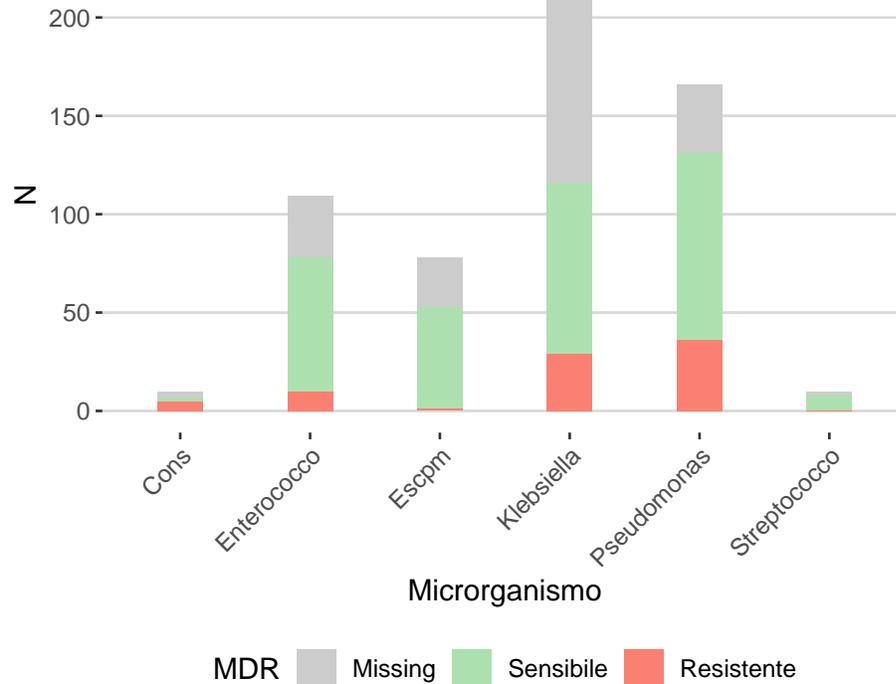
Klebsiella pneumoniae	174	16.3	84	27	32.1
Klebsiella altra specie	46	4.3	32	2	6.2
Enterobacter spp	70	6.6	47	5	10.6
Altro enterobacterales	10	0.9	7	1	14.3
Serratia	29	2.7	20	0	0
Pseudomonas aeruginosa	161	15.1	128	36	28.1
Pseudomonas altra specie	5	0.5	3	0	0
Escherichia coli	136	12.8	84	1	1.2
Proteus	42	3.9	29	1	3.4
Acinetobacter	32	3.0	22	13	59.1
Emofilo	17	1.6	0	0	0
Citrobacter	22	2.1	10	0	0
Morganella	7	0.7	4	0	0
Providencia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	0.5	0	0	0
Totale Gram -	758	71.1	470	86	18.3
Candida albicans	65	6.1	0	0	0
Candida glabrata	13	1.2	0	0	0
Candida krusei	3	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	18	1.7	0	0	0
Candida tropicalis	5	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	3	0.3	0	0	0
Aspergillo	11	1.0	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.1	0	0	0
Funghi altra specie	12	1.1	0	0	0
Totale Funghi	132	12.4	0	0	0
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	6	0.6			
Herpes simplex	4	0.4			
Altro Virus	8	0.8			
Totale Virus	19	1.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium* altra specie, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Candida auris*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *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	10	7	2	5	71.43	3
Enterococco	109	78	68	10	12.82	31
Escpm	78	53	52	1	1.89	25
Klebsiella	220	116	87	29	25.00	104
Pseudomonas	166	131	95	36	27.48	35
Streptococco	10	8	8	0	0.00	2

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

8.21.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza

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

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

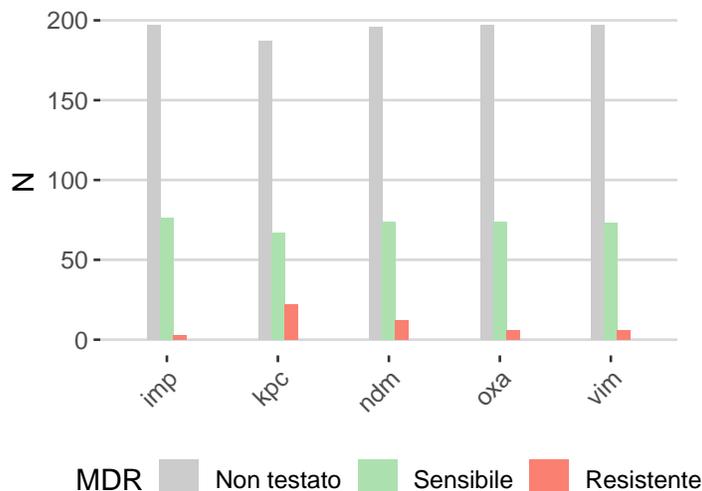
Klebsiella pneumoniae	84	Ertapenem	18	21.43
Klebsiella pneumoniae	84	Meropenem	26	30.95
Klebsiella altra specie	32	Ertapenem	2	6.25
Klebsiella altra specie	32	Meropenem	1	3.12
Enterobacter spp	46	Ertapenem	5	10.87
Altro enterobacterales	7	Ertapenem	1	14.29
Escherichia coli	84	Ertapenem	1	1.19
Proteus	29	Ertapenem	1	3.45
Acinetobacter	22	Imipenem	11	50.00
Acinetobacter	22	Meropenem	12	54.55
Pseudomonas aeruginosa	125	Imipenem	31	24.80
Pseudomonas aeruginosa	128	Meropenem	19	14.84
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	95	Meticillina	15	15.79
Enterococco faecium	29	Vancomicina	10	34.48

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

	N	%
Si	35	12.73
No	56	20.36
Non testato	184	66.91
Missing	302	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	3	6.1	76	197
kpc	22	44.9	67	187
ndm	12	24.5	74	196
oxa	6	12.2	74	197
vim	6	12.2	73	197



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 446)

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

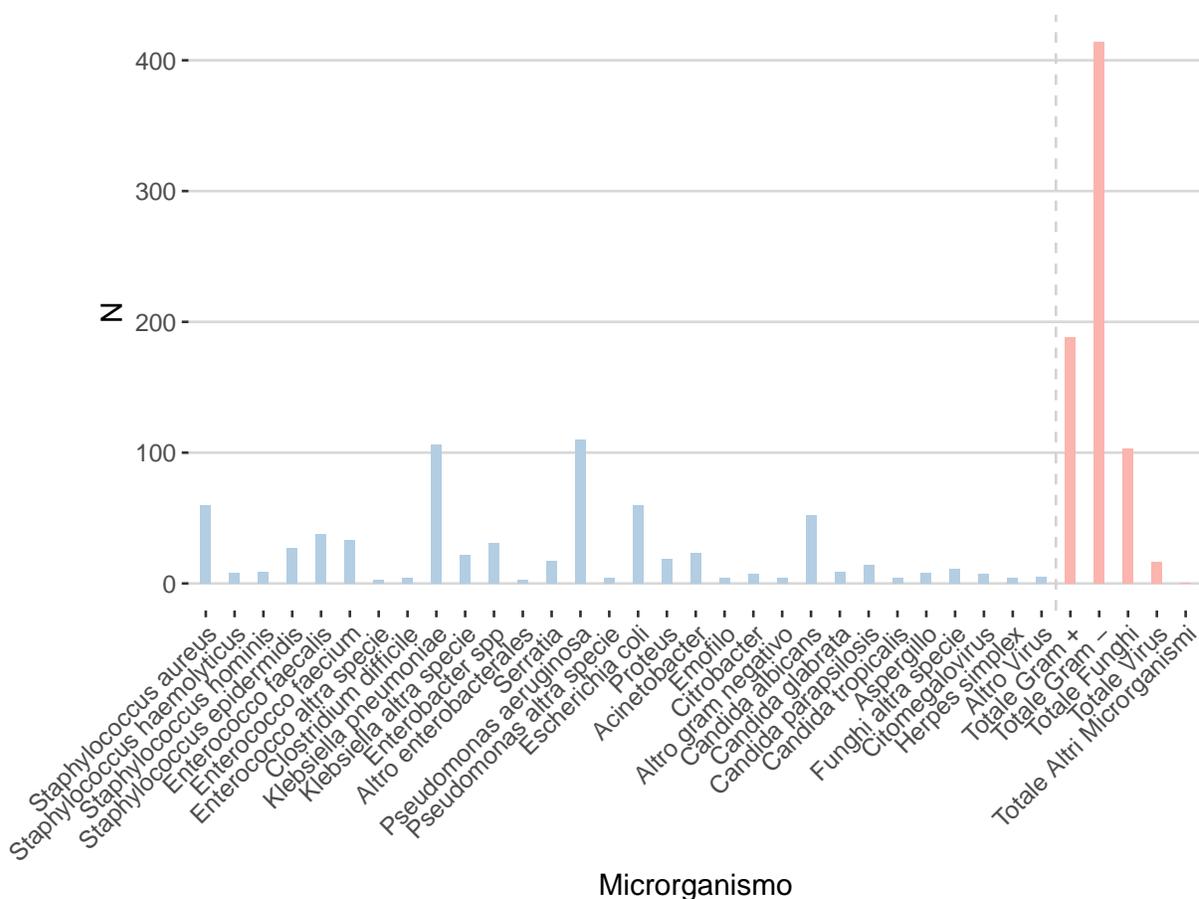
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	169	15.5
Sì	918	84.5
Missing	0	
Totale infezioni	1087	
Totale microrganismi isolati	1167	

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	60	11.5	48	12	25
Staphylococcus capitis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	1.5	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	9	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	27	5.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Enterococco faecalis	38	7.3	30	0	0
Enterococco faecium	33	6.3	29	12	41.4
Enterococco altra specie	3	0.6	1	1	100
Clostridium difficile	4	0.8	0	0	0

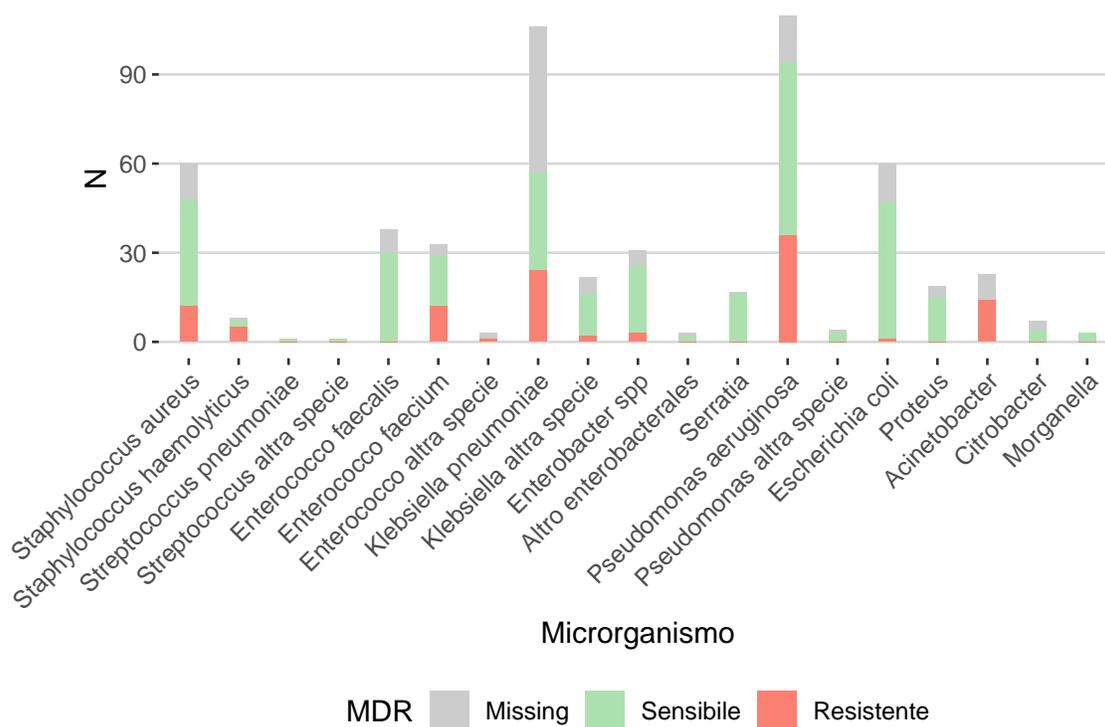
Totale Gram +	188	35.9	117	30	25.6
Klebsiella pneumoniae	106	20.2	57	24	42.1
Klebsiella altra specie	22	4.2	16	2	12.5
Enterobacter spp	31	5.9	26	3	11.5
Altro enterobacterales	3	0.6	2	0	0
Serratia	17	3.2	16	0	0
Pseudomonas aeruginosa	110	21.0	94	36	38.3
Pseudomonas altra specie	4	0.8	3	0	0
Escherichia coli	60	11.5	47	1	2.1
Proteus	19	3.6	15	0	0
Acinetobacter	23	4.4	14	14	100
Emofilo	4	0.8	0	0	0
Citrobacter	7	1.3	4	0	0
Morganella	3	0.6	3	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.8	0	0	0
Totale Gram -	414	79.0	297	80	26.9
Candida albicans	52	9.9	0	0	0
Candida glabrata	9	1.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	14	2.7	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.8	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	8	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	11	2.1	0	0	0
Totale Funghi	103	19.7	0	0	0
Citomegalovirus	7	1.3			
Herpes simplex	4	0.8			
Altro Virus	5	1.0			
Totale Virus	16	3.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	60	11.5	48	12	25
Staphylococcus capitis	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	1.5	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	9	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	27	5.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.2	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Enterococco faecalis	38	7.3	30	0	0
Enterococco faecium	33	6.3	29	12	41.4
Enterococco altra specie	3	0.6	1	1	100
Clostridium difficile	4	0.8	0	0	0
Totale Gram +	188	35.9	117	30	25.6
Klebsiella pneumoniae	106	20.2	57	24	42.1
Klebsiella altra specie	22	4.2	16	2	12.5
Enterobacter spp	31	5.9	26	3	11.5
Altro enterobacterales	3	0.6	2	0	0
Serratia	17	3.2	16	0	0
Pseudomonas aeruginosa	110	21.0	94	36	38.3
Pseudomonas altra specie	4	0.8	3	0	0
Escherichia coli	60	11.5	47	1	2.1
Proteus	19	3.6	15	0	0

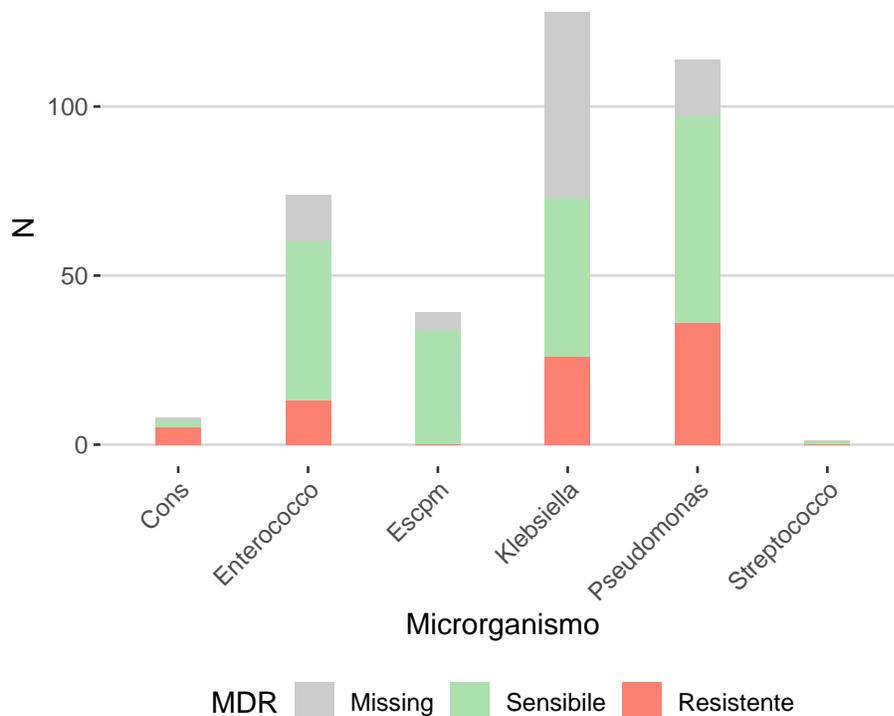
Acinetobacter	23	4.4	14	14	100
Emofilo	4	0.8	0	0	0
Citrobacter	7	1.3	4	0	0
Morganella	3	0.6	3	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	4	0.8	0	0	0
Totale Gram -	414	79.0	297	80	26.9
Candida albicans	52	9.9	0	0	0
Candida glabrata	9	1.7	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	14	2.7	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.8	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.2	0	0	0
Candida altra specie	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	8	1.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.2	0	0	0
Funghi altra specie	11	2.1	0	0	0
Totale Funghi	103	19.7	0	0	0
Citomegalovirus	7	1.3			
Herpes simplex	4	0.8			
Altro Virus	5	1.0			
Totale Virus	16	3.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	8	7	2	5	71.43	1
Enterococco	74	60	47	13	21.67	14
Escpm	39	34	34	0	0.00	5
Klebsiella	128	73	47	26	35.62	55
Pseudomonas	114	97	61	36	37.11	17
Streptococco	1	1	1	0	0.00	0

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.

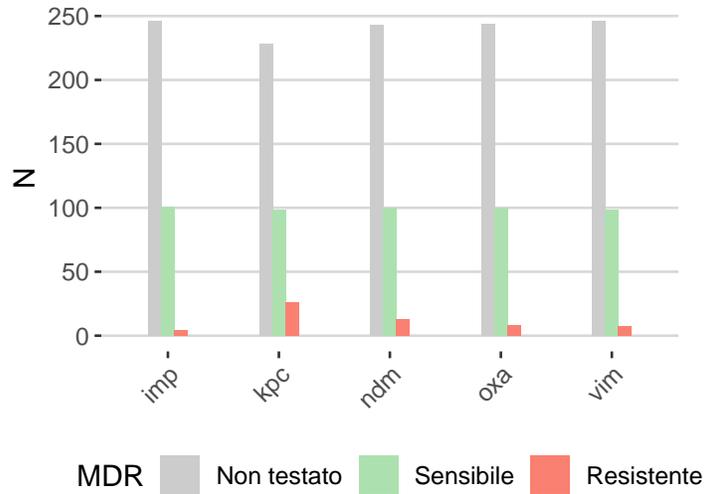
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	79	Ertapenem	21	26.58
Klebsiella pneumoniae	79	Meropenem	27	34.18
Klebsiella altra specie	25	Ertapenem	2	8.00
Klebsiella altra specie	25	Meropenem	1	4.00
Enterobacter spp	30	Ertapenem	3	10.00
Escherichia coli	87	Ertapenem	1	1.15
Proteus	23	Ertapenem	2	8.70
Proteus	23	Meropenem	1	4.35
Acinetobacter	20	Imipenem	15	75.00
Acinetobacter	20	Meropenem	18	90.00
Pseudomonas aeruginosa	109	Imipenem	37	33.94
Pseudomonas aeruginosa	110	Meropenem	17	15.45
Staphylococcus haemolyticus	10	Meticillina	6	60.00
Staphylococcus aureus	86	Meticillina	20	23.26
Enterococco faecium	39	Vancomicina	16	41.03
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

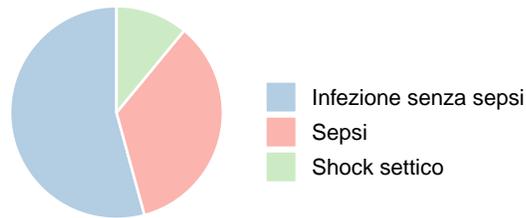
	N	%
Sì	39	11.34
No	78	22.67
Non testato	227	65.99
Missing	333	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	4	6.9	101	246
kpc	26	44.8	98	228
ndm	13	22.4	100	243
oxa	8	13.8	100	244
vim	7	12.1	98	246



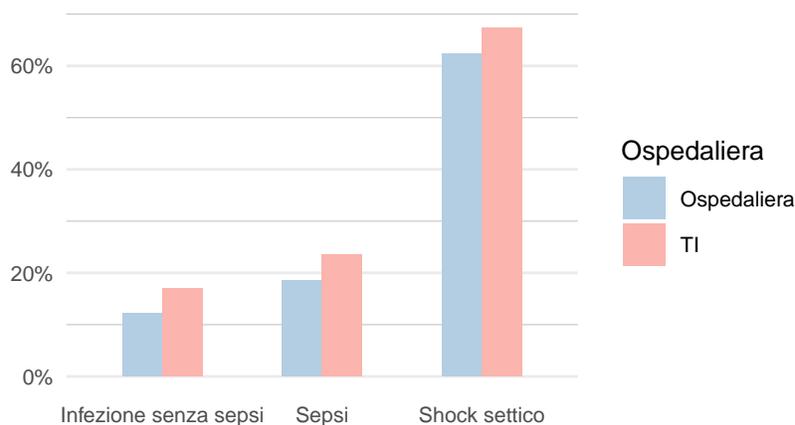
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 483)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	262	54.2
Sepsis	168	34.8
Shock settico	53	11.0
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	12.2	17.1
Sepsi	18.6	23.6
Shock settico	62.3	67.3

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

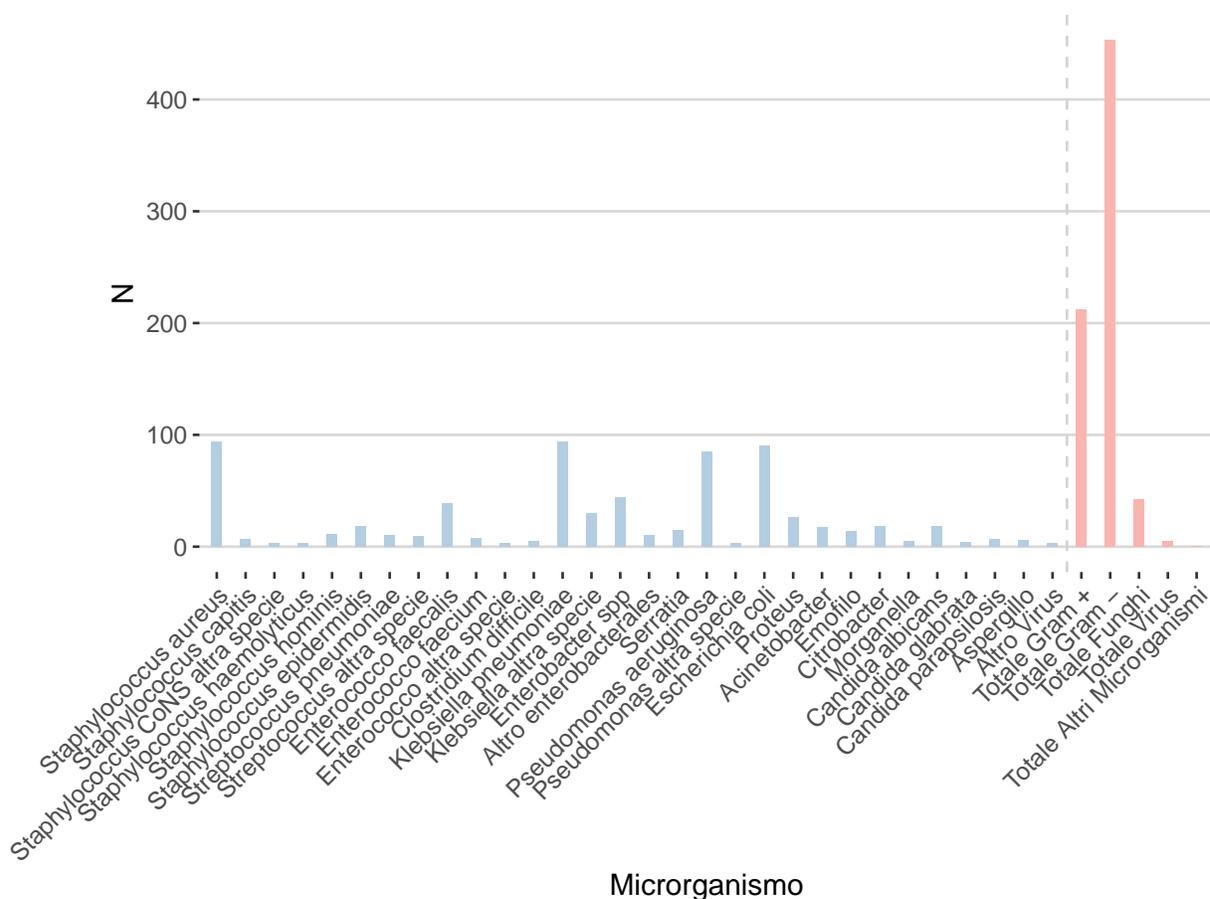
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	51	7.8
Sì	606	92.2
Missing	0	
Totale infezioni	657	
Totale microrganismi isolati	720	

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	94	17.4	51	4	7.8
Staphylococcus capitis	7	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	11	2.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	3.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	10	1.9	7	0	0
Streptococcus altra specie	9	1.7	7	0	0

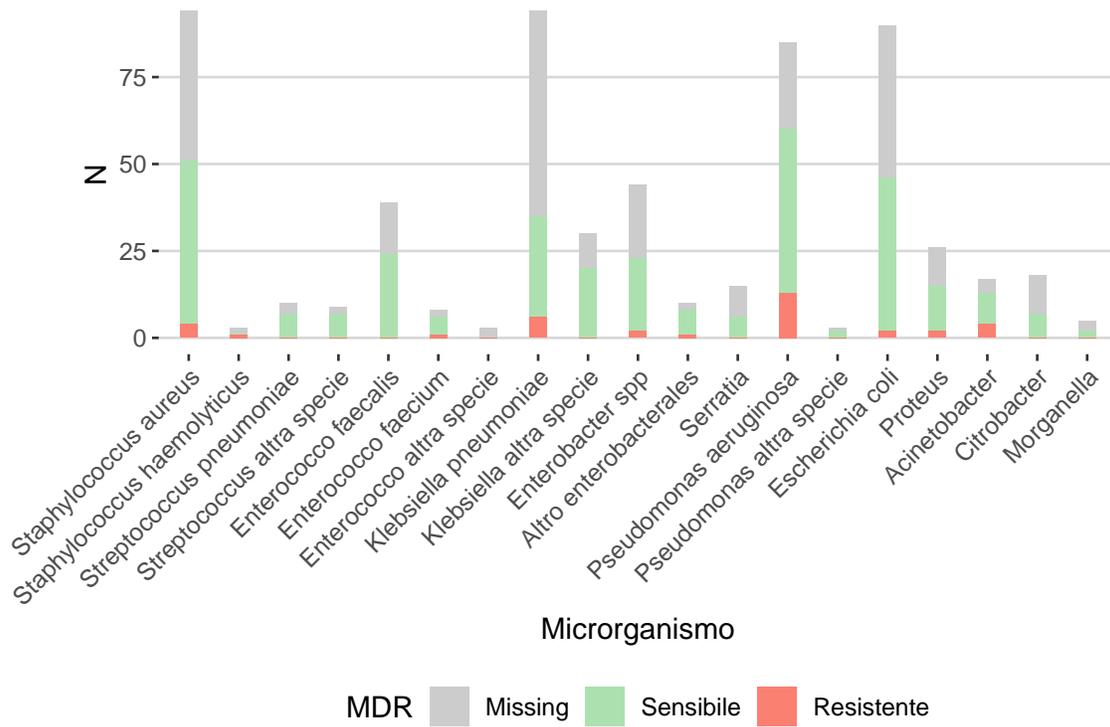
Enterococco faecalis	39	7.2	24	0	0
Enterococco faecium	8	1.5	6	1	16.7
Enterococco altra specie	3	0.6	0	0	0
Clostridium difficile	5	0.9	0	0	0
Totale Gram +	212	39.3	96	6	6.2
Klebsiella pneumoniae	94	17.4	35	6	17.1
Klebsiella altra specie	30	5.6	20	0	0
Enterobacter spp	44	8.2	23	2	8.7
Altro enterobacterales	10	1.9	8	1	12.5
Serratia	15	2.8	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	85	15.8	60	13	21.7
Pseudomonas altra specie	3	0.6	2	0	0
Escherichia coli	90	16.7	46	2	4.3
Proteus	26	4.8	15	2	13.3
Acinetobacter	17	3.2	13	4	30.8
Emofilo	14	2.6	0	0	0
Citrobacter	18	3.3	7	0	0
Morganella	5	0.9	2	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
Totale Gram -	453	84.0	237	30	12.7
Candida albicans	18	3.3	0	0	0
Candida glabrata	4	0.7	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	7	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	6	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.4	0	0	0
Totale Funghi	42	7.8	0	0	0
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	3	0.6			
Totale Virus	5	0.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	94	17.4	51	4	7.8
Staphylococcus capitis	7	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	11	2.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	3.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	10	1.9	7	0	0
Streptococcus altra specie	9	1.7	7	0	0
Enterococcus faecalis	39	7.2	24	0	0
Enterococcus faecium	8	1.5	6	1	16.7
Enterococcus altra specie	3	0.6	0	0	0
Clostridium difficile	5	0.9	0	0	0
Totale Gram +	212	39.3	96	6	6.2
Klebsiella pneumoniae	94	17.4	35	6	17.1
Klebsiella altra specie	30	5.6	20	0	0
Enterobacter spp	44	8.2	23	2	8.7
Altro enterobacteriales	10	1.9	8	1	12.5
Serratia	15	2.8	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	85	15.8	60	13	21.7
Pseudomonas altra specie	3	0.6	2	0	0
Escherichia coli	90	16.7	46	2	4.3

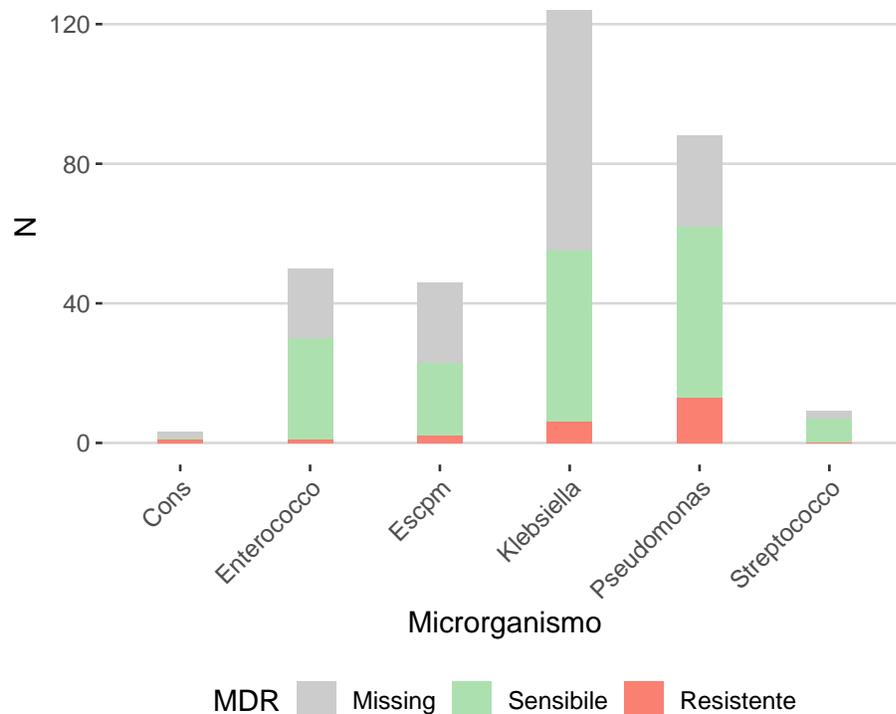
Proteus	26	4.8	15	2	13.3
Acinetobacter	17	3.2	13	4	30.8
Emofilo	14	2.6	0	0	0
Citrobacter	18	3.3	7	0	0
Morganella	5	0.9	2	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.2	0	0	0
Totale Gram -	453	84.0	237	30	12.7
Candida albicans	18	3.3	0	0	0
Candida glabrata	4	0.7	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	7	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.4	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	6	1.1	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.4	0	0	0
Totale Funghi	42	7.8	0	0	0
Influenza tipo non specificato	1	0.2			
Herpes simplex	1	0.2			
Altro Virus	3	0.6			
Totale Virus	5	0.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, 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	3	1	0	1	100.00	2
Enterococco	50	30	29	1	3.33	20
Escpm	46	23	21	2	8.70	23
Klebsiella	124	55	49	6	10.91	69
Pseudomonas	88	62	49	13	20.97	26
Streptococco	9	7	7	0	0.00	2

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

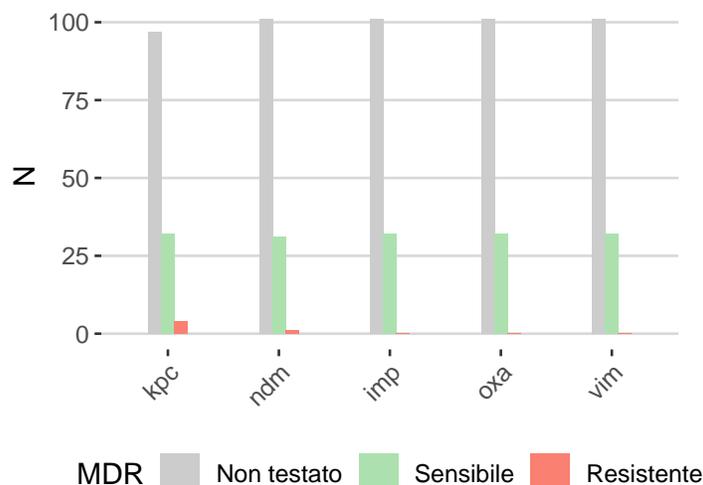
Klebsiella pneumoniae	35	Ertapenem	4	11.43
Klebsiella pneumoniae	35	Meropenem	5	14.29
Enterobacter spp	22	Ertapenem	2	9.09
Altro enterobacterales	8	Ertapenem	1	12.50
Escherichia coli	46	Ertapenem	2	4.35
Escherichia coli	46	Meropenem	1	2.17
Proteus	15	Ertapenem	2	13.33
Acinetobacter	13	Imipenem	4	30.77
Acinetobacter	13	Meropenem	3	23.08
Pseudomonas aeruginosa	58	Imipenem	10	17.24
Pseudomonas aeruginosa	60	Meropenem	9	15.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	51	Meticillina	4	7.84
Enterococco faecium	6	Vancomicina	1	16.67

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

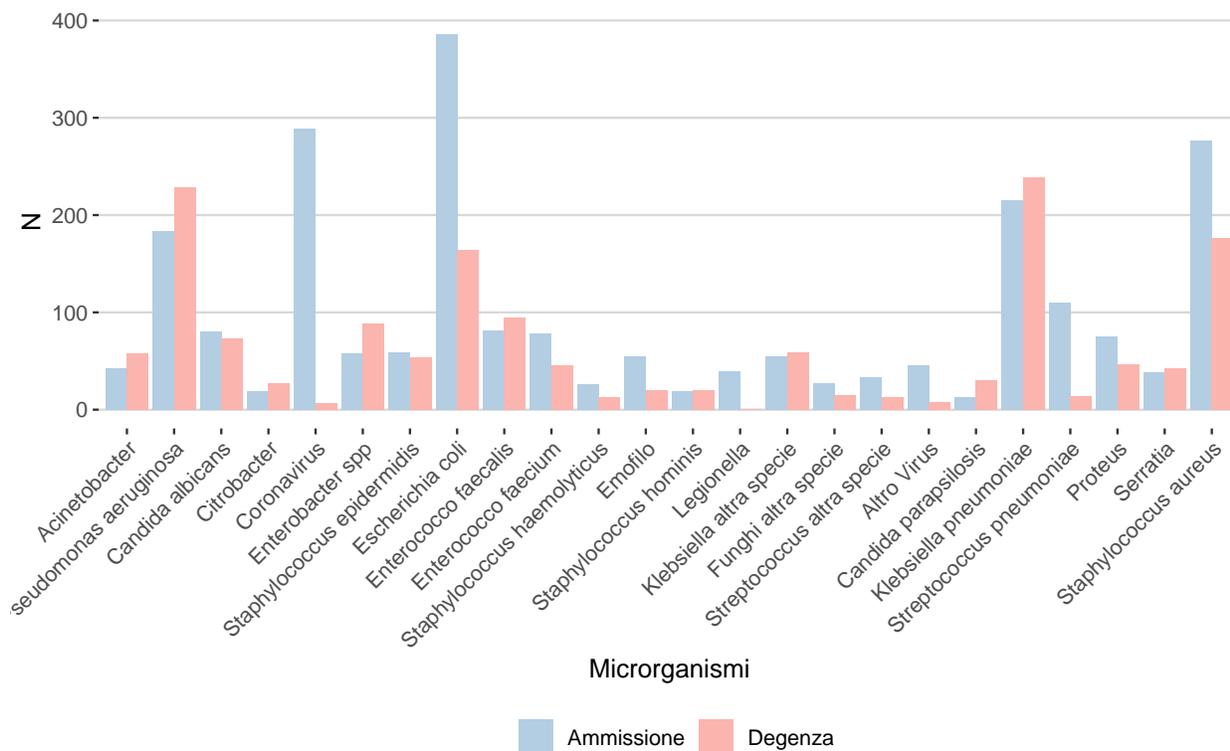
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Si	4	3.15
No	28	22.05
Non testato	95	74.8
Missing	191	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	32	101
kpc	4	80	32	97
ndm	1	20	31	101
oxa	0	0	32	101
vim	0	0	32	101



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

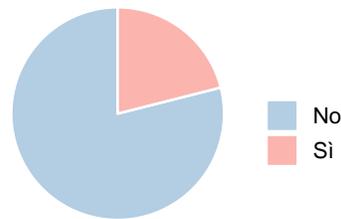


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	100	42	42	58	58
Pseudomonas aeruginosa	411	183	44.5	228	55.5
Candida albicans	153	80	52.3	73	47.7
Citrobacter	46	19	41.3	27	58.7
Coronavirus	296	289	97.6	7	2.4
Enterobacter spp	146	58	39.7	88	60.3

Staphylococcus epidermidis	113	59	52.2	54	47.8
Escherichia coli	550	386	70.2	164	29.8
Enterococco faecalis	176	81	46	95	54
Enterococco faecium	123	78	63.4	45	36.6
Staphylococcus haemolyticus	39	26	66.7	13	33.3
Emofilo	75	55	73.3	20	26.7
Staphylococcus hominis	39	19	48.7	20	51.3
Legionella	39	39	100	0	0
Klebsiella altra specie	114	55	48.2	59	51.8
Funghi altra specie	42	27	64.3	15	35.7
Streptococcus altra specie	46	33	71.7	13	28.3
Altro Virus	53	45	84.9	8	15.1
Candida parapsilosis	43	13	30.2	30	69.8
Klebsiella pneumoniae	454	215	47.4	239	52.6
Streptococcus pneumoniae	124	110	88.7	14	11.3
Proteus	122	75	61.5	47	38.5
Serratia	80	38	47.5	42	52.5
Staphylococcus aureus	452	276	61.1	176	38.9

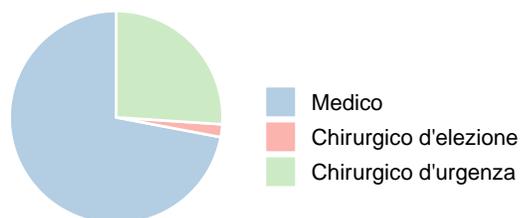
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 361)

11.1 Trauma



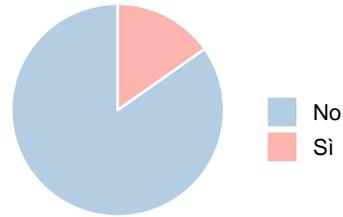
Trauma	N	%
No	285	78.9
Si	76	21.1
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



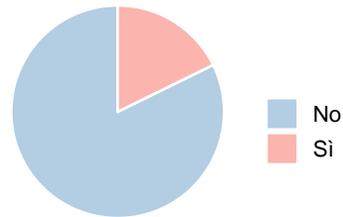
Stato chirurgico	N	%
Medico	260	72.0
Chirurgico d'elezione	7	1.9
Chirurgico d'urgenza	94	26.0
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



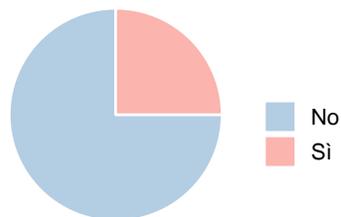
Batteriémica	N	%
No	306	84.8
Si	55	15.2
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



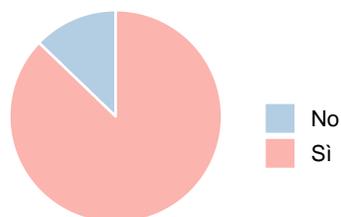
Infezione multisito	N	%
No	297	82.3
Si	64	17.7
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	270	75.0
Si	90	25.0
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

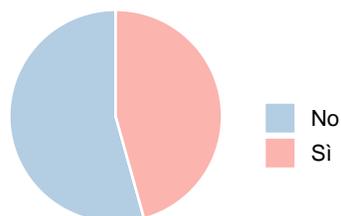


Polmonite associata a VAP	N	%
No	46	12.8
Si	313	87.2
Missing	2	0

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

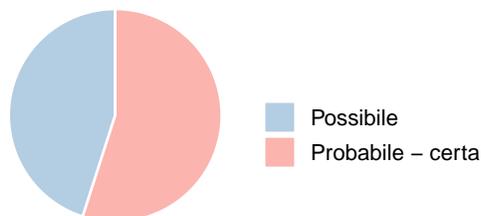
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 313)

12.1 VAP precoce



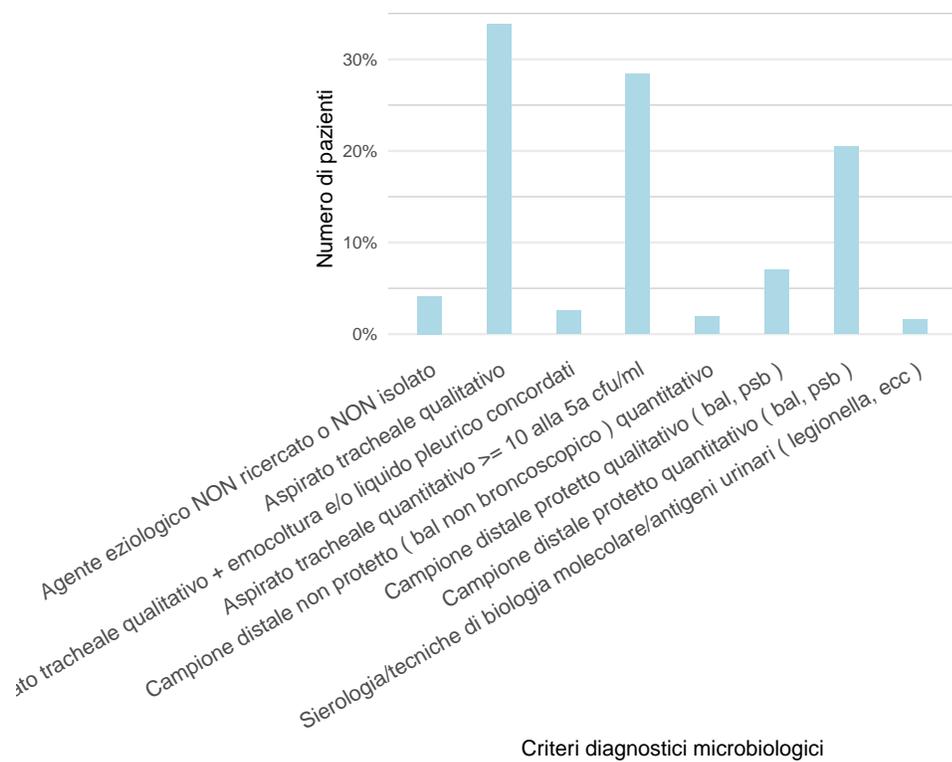
VAP precoce	N	%
No	170	54.3
Sì	143	45.7
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	141	45.0
Probabile - certa	172	55.0
Missing	0	0

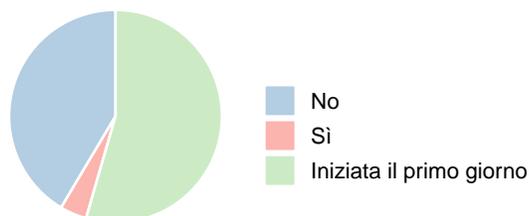
12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	5	1.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	6	1.9
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	0	0.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	22	7.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	64	20.4
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	89	28.4
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	8	2.6
Aspirato tracheale qualitativo	106	33.9
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	13	4.2
Missing	0	0

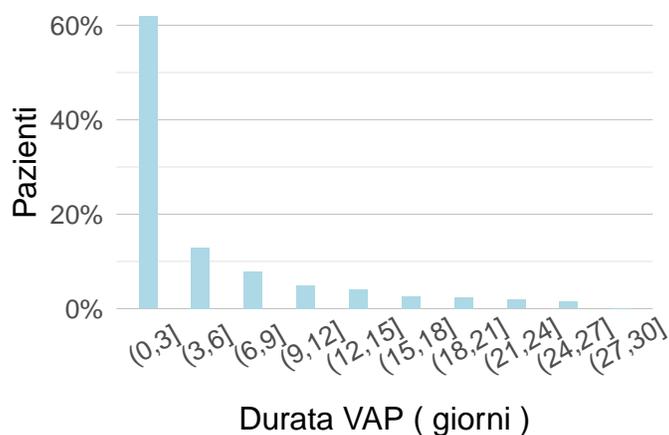
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 8131)

12.4.1 Ventilazione invasiva



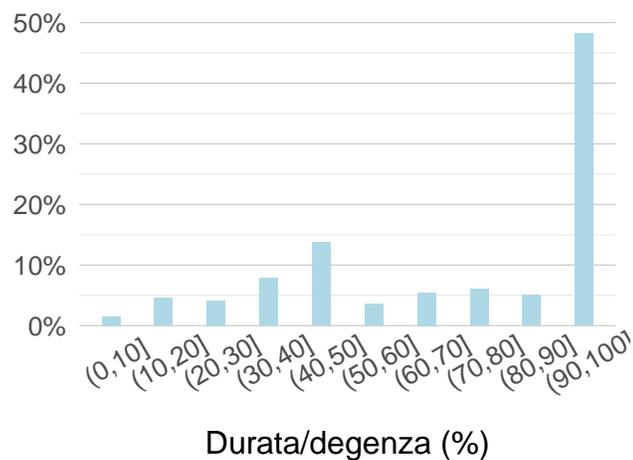
Ventilazione invasiva	N	%
No	3359	41.5
Si	4743	58.5
Iniziata il primo giorno	4413	54.3
Missing	29	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



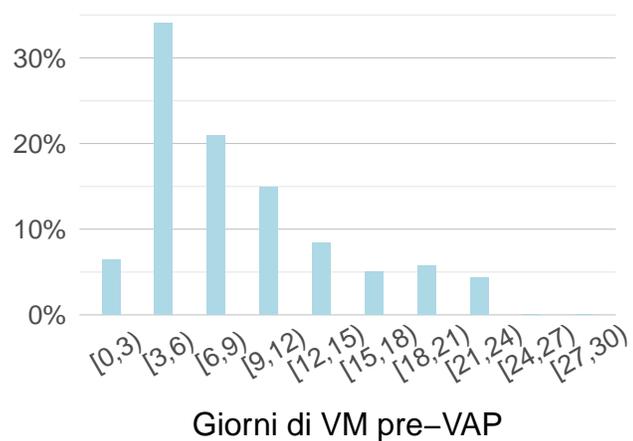
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.7 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	11

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.9 (29.4)
Mediana (Q1-Q3)	87 (50-100)
Missing	14

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	313
Media (DS)	9.5 (7.5)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-12)

Missing 0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	11.8	8.2 %
CI (95%)	10.5 - 13.1	7.3 - 9.2

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.

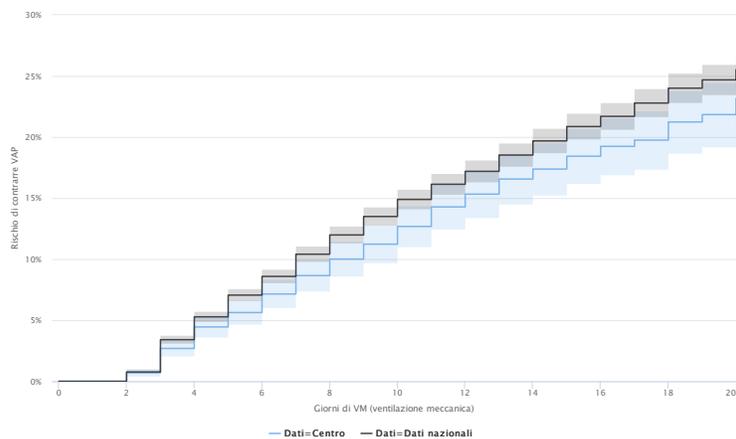
Il secondo invece:

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

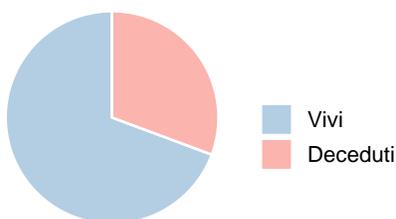
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

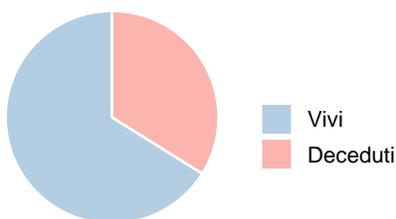


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	217	69.3
Deceduti	96	30.7
Missing	0	0

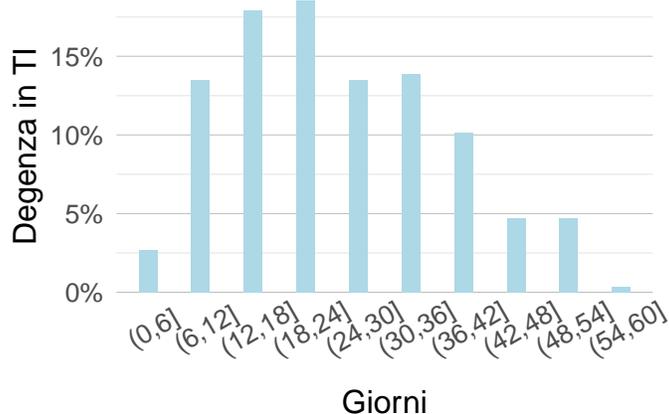
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	201	66.1
Deceduti	103	33.9
Missing	1	0

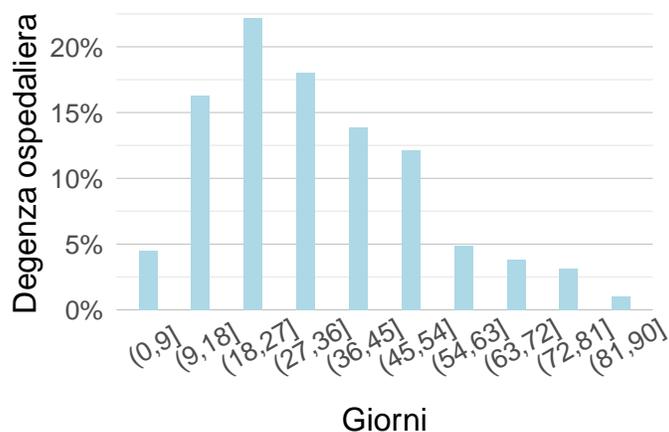
* Statistiche calcolate su 305 escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.4 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	25 (17-36)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.2 (32.7)
Mediana (Q1-Q3)	31.5 (21-47)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 305 escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

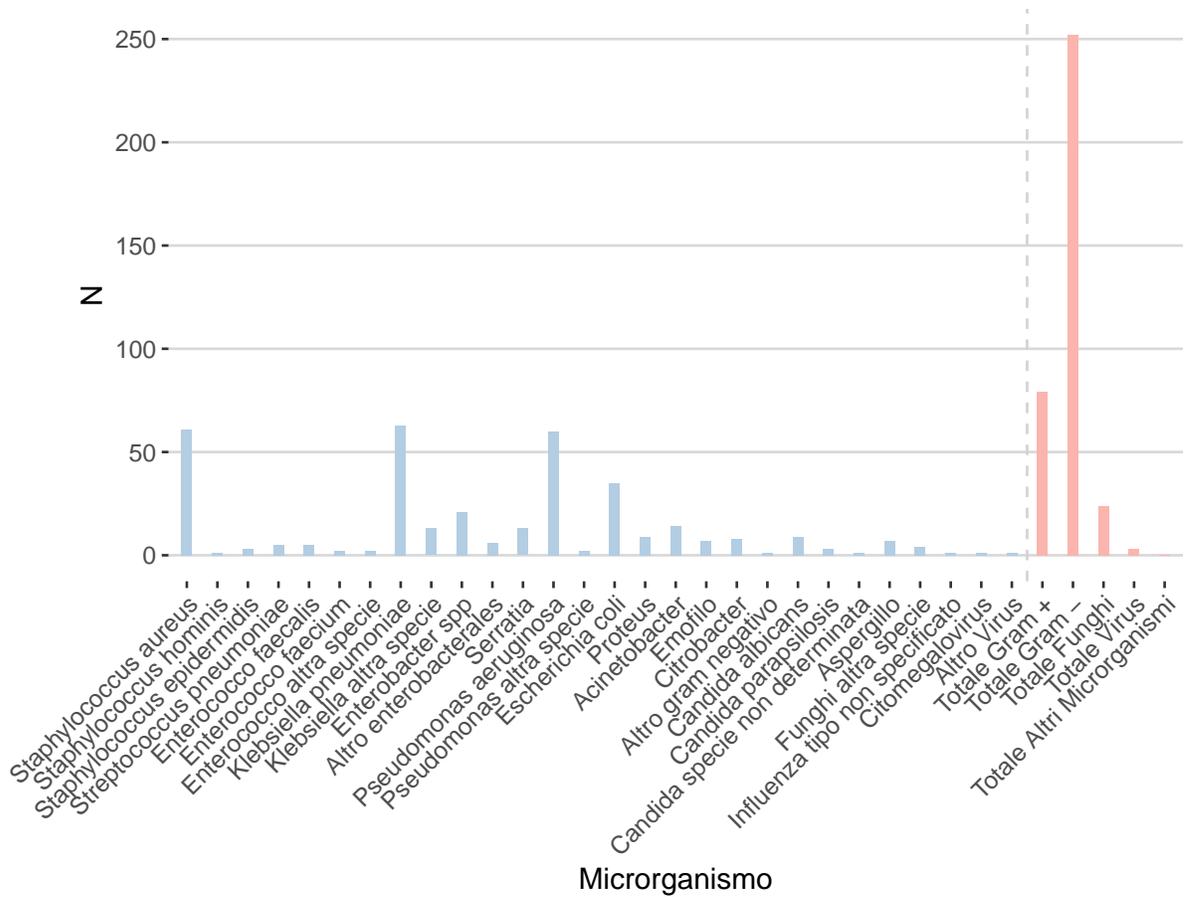
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

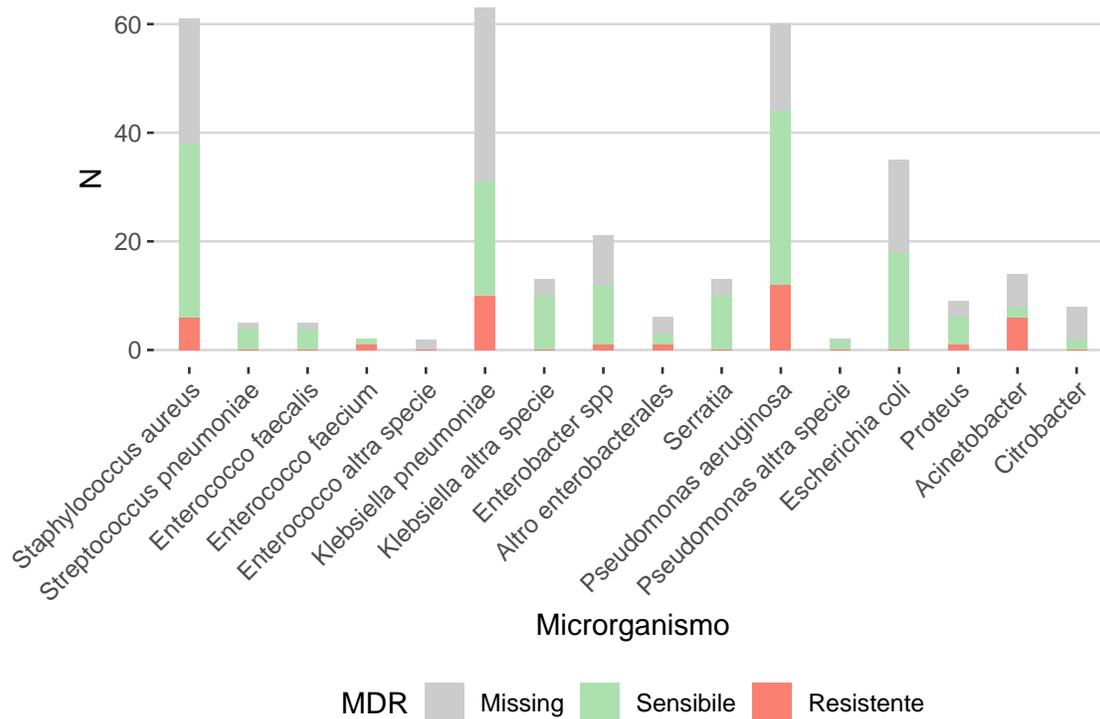
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	13	4.2
Sì	300	95.8
Missing	0	
Totale infezioni	313	
Totale microrganismi isolati	364	

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	61	20.3	38	6	15.8
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	1.7	4	0	0
Enterococco faecalis	5	1.7	4	0	0
Enterococco faecium	2	0.7	2	1	50
Enterococco altra specie	2	0.7	0	0	0
Totale Gram +	79	26.2	48	7	14.6
Klebsiella pneumoniae	63	20.9	31	10	32.3
Klebsiella altra specie	13	4.3	10	0	0
Enterobacter spp	21	7.0	12	1	8.3
Altro enterobacterales	6	2.0	3	1	33.3
Serratia	13	4.3	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	60	19.9	44	12	27.3
Pseudomonas altra specie	2	0.7	2	0	0
Escherichia coli	35	11.6	18	0	0
Proteus	9	3.0	6	1	16.7
Acinetobacter	14	4.7	8	6	75
Emofilo	7	2.3	0	0	0
Citrobacter	8	2.7	2	0	0
Altro gram negativo	1	0.3	0	0	0
Totale Gram -	252	83.7	146	31	21.2
Candida albicans	9	3.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.0	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	7	2.3	0	0	0
Funghi altra specie	4	1.3	0	0	0
Totale Funghi	24	8.0	0	0	0
Influenza tipo non specificato	1	0.3			
Citomegalovirus	1	0.3			
Altro Virus	1	0.3			
Totale Virus	3	1.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

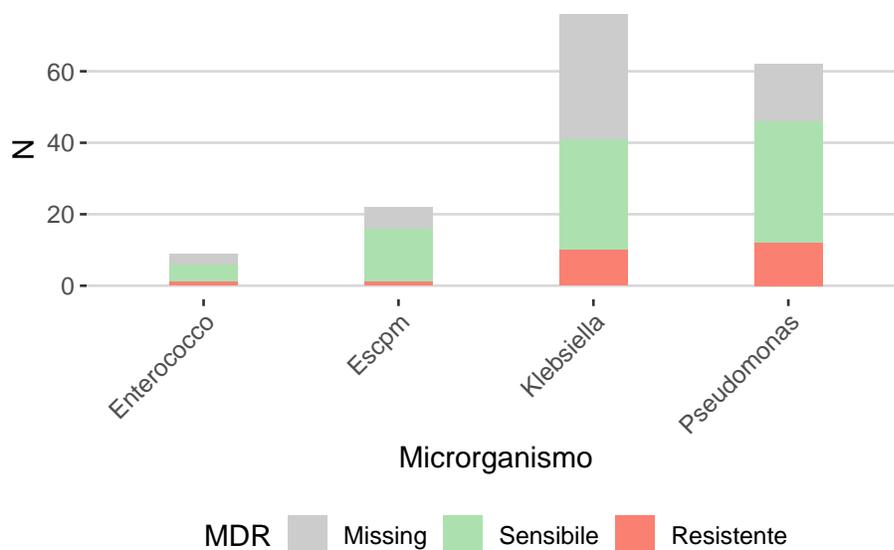


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Morganella*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Herpes simplex*, *Influenza A*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	9	6	5	1	16.67	3
Escpm	22	16	15	1	6.25	6
Klebsiella	76	41	31	10	24.39	35
Pseudomonas	62	46	34	12	26.09	16

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	31	Ertapenem	6	19.35
Klebsiella pneumoniae	31	Meropenem	10	32.26
Enterobacter spp	12	Ertapenem	1	8.33
Altro enterobacterales	3	Ertapenem	1	33.33
Proteus	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	8	Imipenem	6	75.00
Acinetobacter	8	Meropenem	5	62.50
Pseudomonas aeruginosa	42	Imipenem	9	21.43

Pseudomonas aeruginosa	44	Meropenem	6	13.64
Staphylococcus aureus	38	Meticillina	6	15.79
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

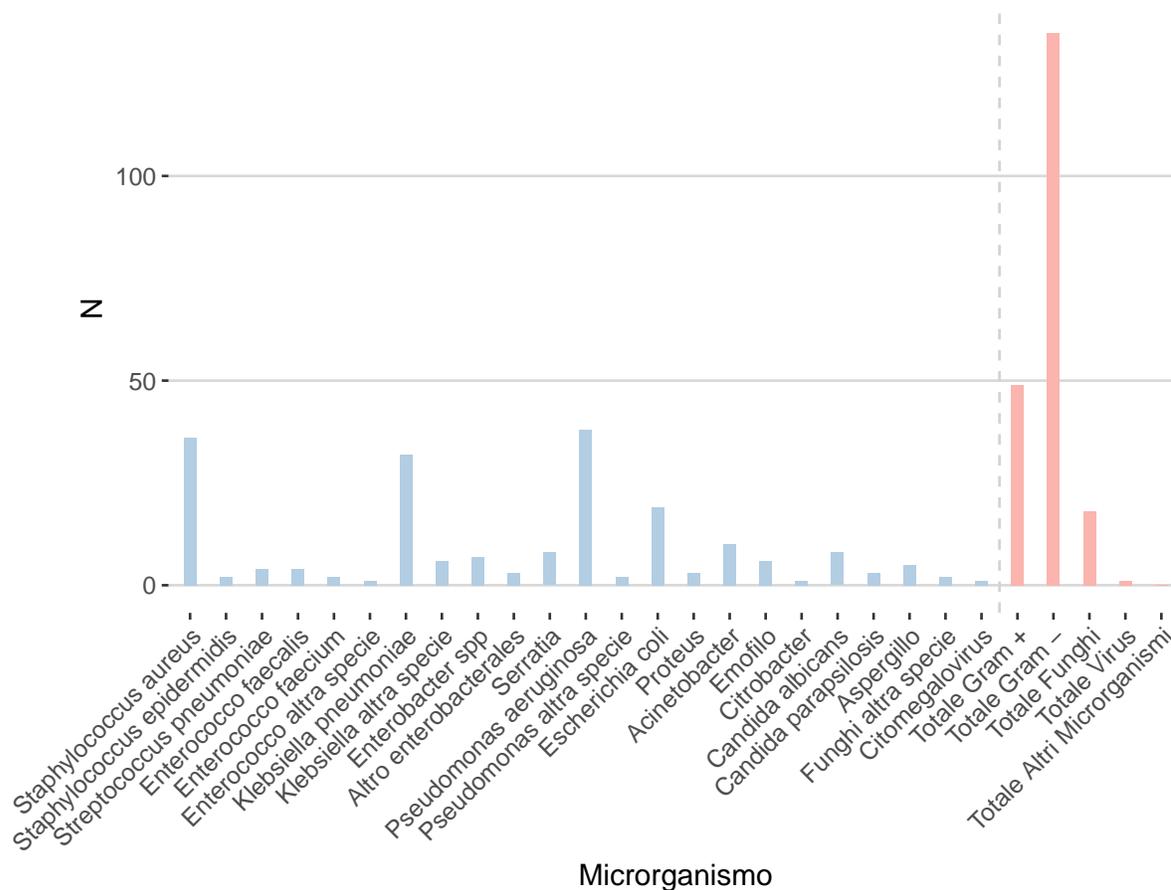
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati			
	N	%	
No	0	0.0	
Sì	172	100.0	
Missing	0		
Totale infezioni	172		
Totale microrganismi isolati	205		

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	36	20.9	25	5	20
Staphylococcus epidermidis	2	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.3	4	0	0
Enterococco faecalis	4	2.3	4	0	0
Enterococco faecium	2	1.2	2	1	50
Enterococco altra specie	1	0.6	0	0	0
Totale Gram +	49	28.5	35	6	17.1
Klebsiella pneumoniae	32	18.6	19	7	36.8
Klebsiella altra specie	6	3.5	5	0	0
Enterobacter spp	7	4.1	6	0	0
Altro enterobacterales	3	1.7	2	1	50
Serratia	8	4.7	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	38	22.1	32	9	28.1
Pseudomonas altra specie	2	1.2	2	0	0
Escherichia coli	19	11.0	11	0	0
Proteus	3	1.7	3	0	0
Acinetobacter	10	5.8	6	4	66.7
Emofilo	6	3.5	0	0	0
Citrobacter	1	0.6	0	0	0
Totale Gram -	135	78.5	94	21	22.3
Candida albicans	8	4.7	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.7	0	0	0
Aspergillo	5	2.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.2	0	0	0
Totale Funghi	18	10.5	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.6			

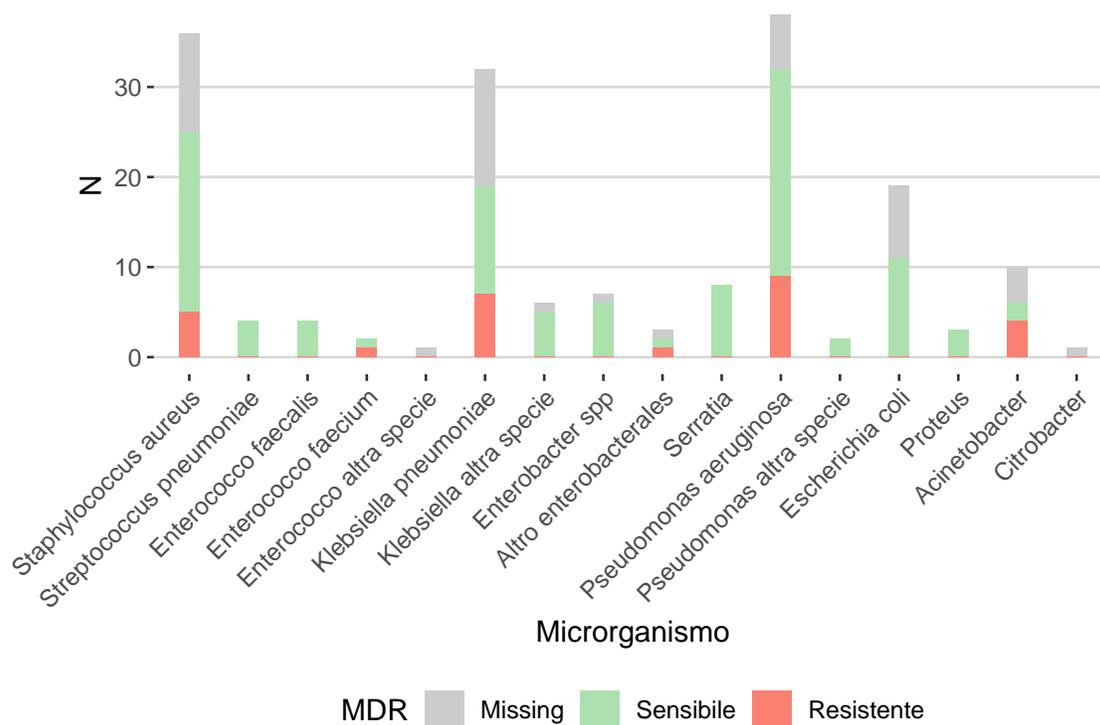
Totale Virus	1	0.6	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	36	20.9	25	5	20
Staphylococcus epidermidis	2	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.3	4	0	0
Enterococcus faecalis	4	2.3	4	0	0
Enterococcus faecium	2	1.2	2	1	50
Enterococcus altra specie	1	0.6	0	0	0
Totale Gram +	49	28.5	35	6	17.1
Klebsiella pneumoniae	32	18.6	19	7	36.8
Klebsiella altra specie	6	3.5	5	0	0
Enterobacter spp	7	4.1	6	0	0
Altro enterobacteriales	3	1.7	2	1	50
Serratia	8	4.7	8	0	0
Pseudomonas aeruginosa	38	22.1	32	9	28.1
Pseudomonas altra specie	2	1.2	2	0	0
Escherichia coli	19	11.0	11	0	0
Proteus	3	1.7	3	0	0
Acinetobacter	10	5.8	6	4	66.7
Emofilo	6	3.5	0	0	0

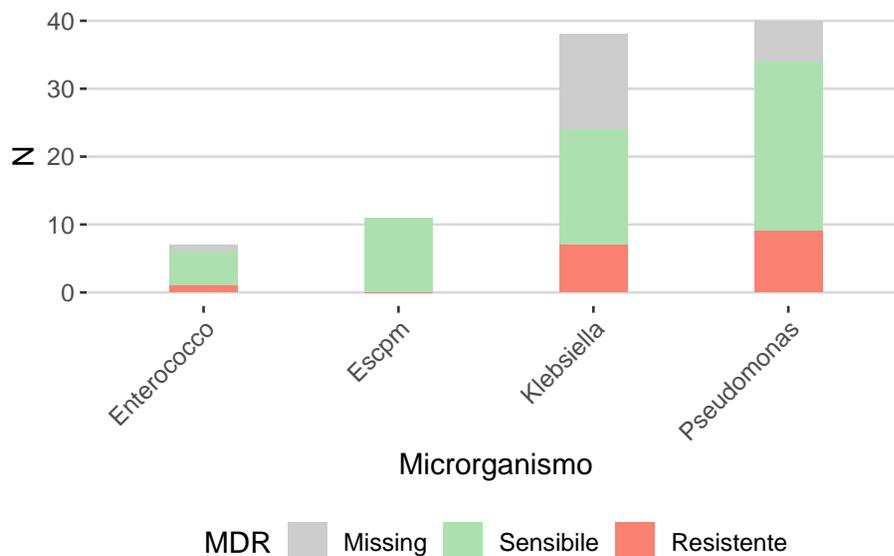
Citrobacter	1	0.6	0	0	0
Totale Gram -	135	78.5	94	21	22.3
Candida albicans	8	4.7	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.7	0	0	0
Aspergillo	5	2.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.2	0	0	0
Totale Funghi	18	10.5	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.6			
Totale Virus	1	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, 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.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	7	6	5	1	16.67	1
Escpm	11	11	11	0	0.00	0
Klebsiella	38	24	17	7	29.17	14
Pseudomonas	40	34	25	9	26.47	6

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	19	Ertapenem	3	15.79
Klebsiella pneumoniae	19	Meropenem	7	36.84
Altro enterobacterales	2	Ertapenem	1	50.00
Acinetobacter	6	Imipenem	4	66.67
Acinetobacter	6	Meropenem	4	66.67
Pseudomonas aeruginosa	31	Imipenem	7	22.58
Pseudomonas aeruginosa	32	Meropenem	5	15.62

Staphylococcus aureus	25	Meticillina	5	20.00
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

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

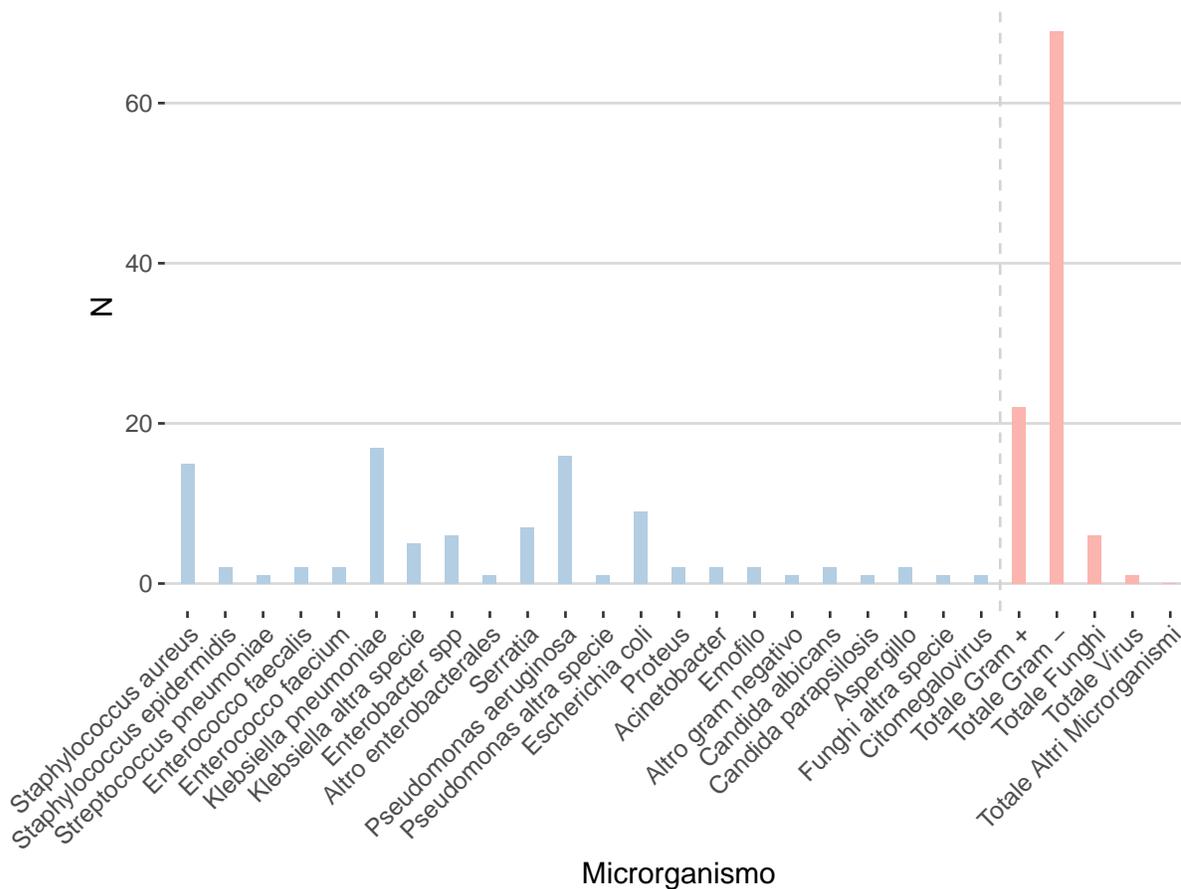
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	1.2
Sì	81	98.8
Missing	0	
Totale infezioni	82	
Totale microrganismi isolati	100	

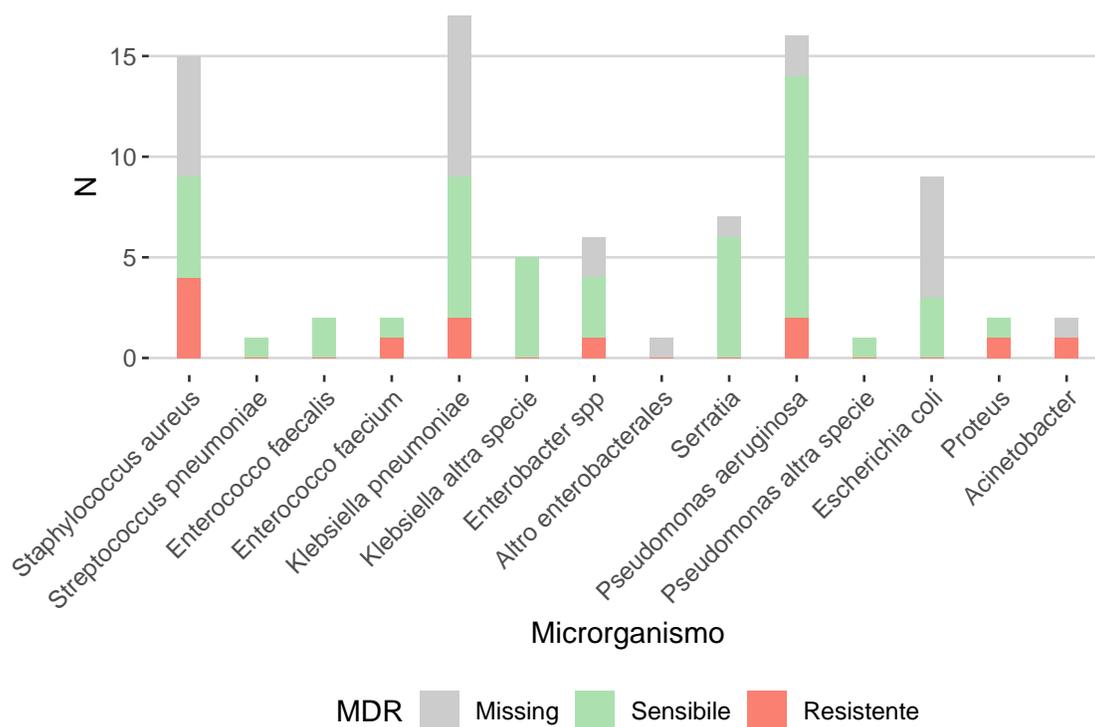
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	18.3	9	4	44.4
Staphylococcus epidermidis	2	2.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	1	0	0
Enterococco faecalis	2	2.4	2	0	0
Enterococco faecium	2	2.4	2	1	50
Totale Gram +	22	26.8	14	5	35.7
Klebsiella pneumoniae	17	20.7	9	2	22.2
Klebsiella altra specie	5	6.1	5	0	0
Enterobacter spp	6	7.3	4	1	25
Altro enterobacterales	1	1.2	0	0	0
Serratia	7	8.5	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	16	19.5	14	2	14.3
Pseudomonas altra specie	1	1.2	1	0	0
Escherichia coli	9	11.0	3	0	0
Proteus	2	2.4	2	1	50
Acinetobacter	2	2.4	1	1	100
Emofilo	2	2.4	0	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	69	84.1	45	7	15.6
Candida albicans	2	2.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	2	2.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	6	7.3	0	0	0
Citomegalovirus	1	1.2			
Totale Virus	1	1.2	0	0	0

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

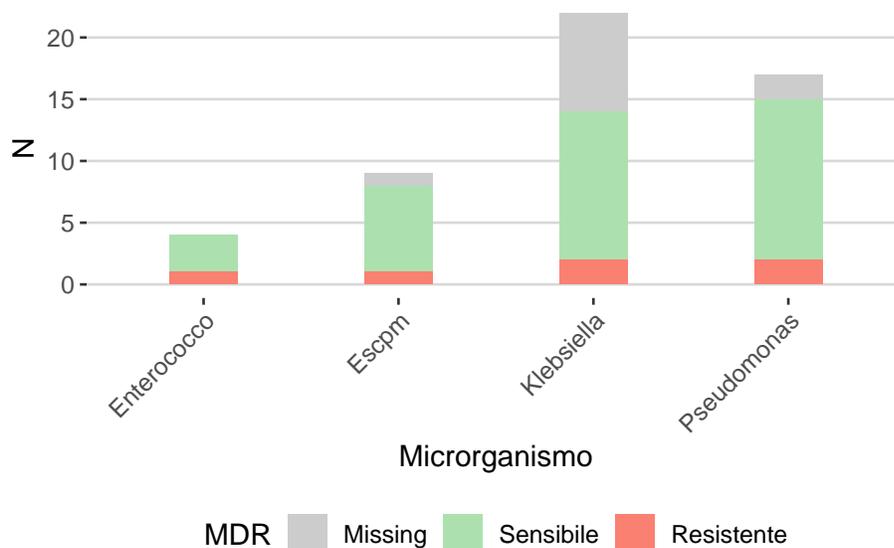


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Citrobacter*, *Legionella*, *Morganella*, *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.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	4	4	3	1	25.00	0
Escpm	9	8	7	1	12.50	1
Klebsiella	22	14	12	2	14.29	8
Pseudomonas	17	15	13	2	13.33	2

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

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

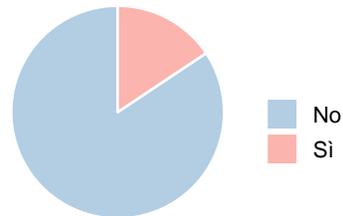
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Ertapenem	2	22.22
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	2	22.22
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Proteus	2	Ertapenem	1	50.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	14	Imipenem	2	14.29

Staphylococcus aureus	9	Meticillina	4	44.44
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

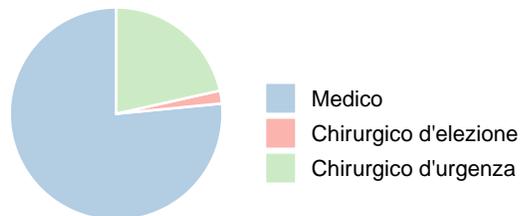
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 307)

13.1 Trauma



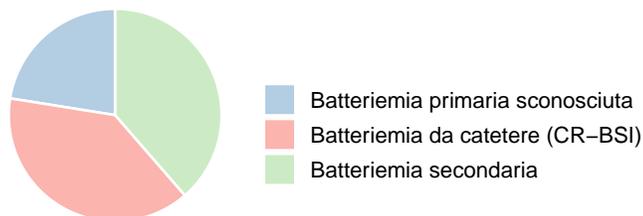
Trauma	N	%
No	259	84.4
Si	48	15.6
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



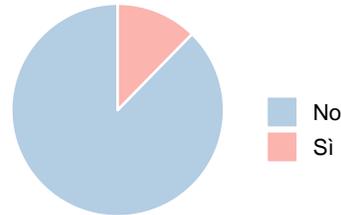
Stato chirurgico	N	%
Medico	235	76.5
Chirurgico d'elezione	6	2.0
Chirurgico d'urgenza	66	21.5
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	78	25.4
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	135	44.0
Batteriemia secondaria	134	43.6
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



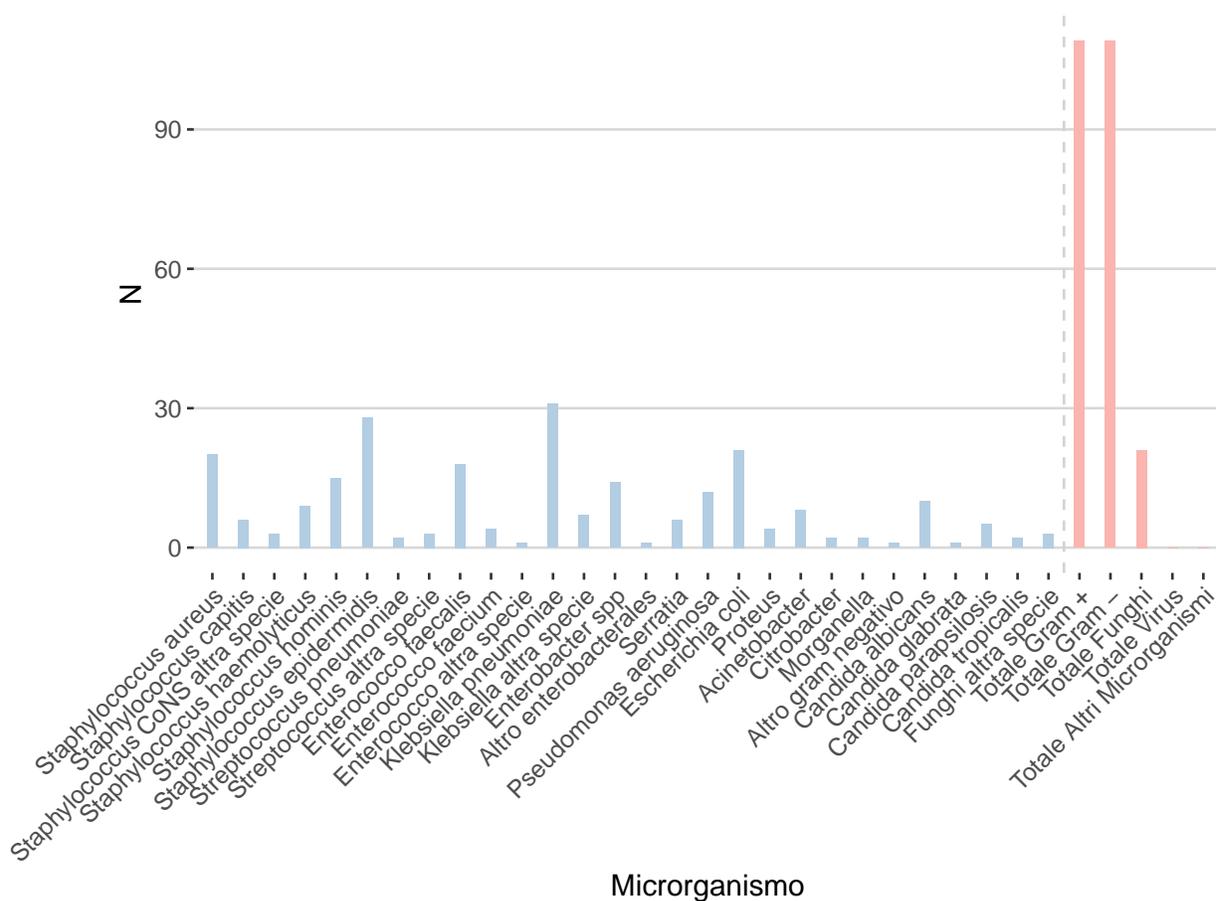
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	185	87.7
Si	26	12.3
Missing	2	0

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	20	9.4	12	3	25
Staphylococcus capitis	6	2.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	4.2	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	15	7.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	28	13.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.9	1	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.4	2	0	0
Enterococco faecalis	18	8.5	9	0	0
Enterococco faecium	4	1.9	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	109	51.2	34	9	26.5
Klebsiella pneumoniae	31	14.6	12	6	50
Klebsiella altra specie	7	3.3	7	0	0
Enterobacter spp	14	6.6	8	1	12.5
Altro enterobacterales	1	0.5	1	0	0
Serratia	6	2.8	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	5.6	10	3	30

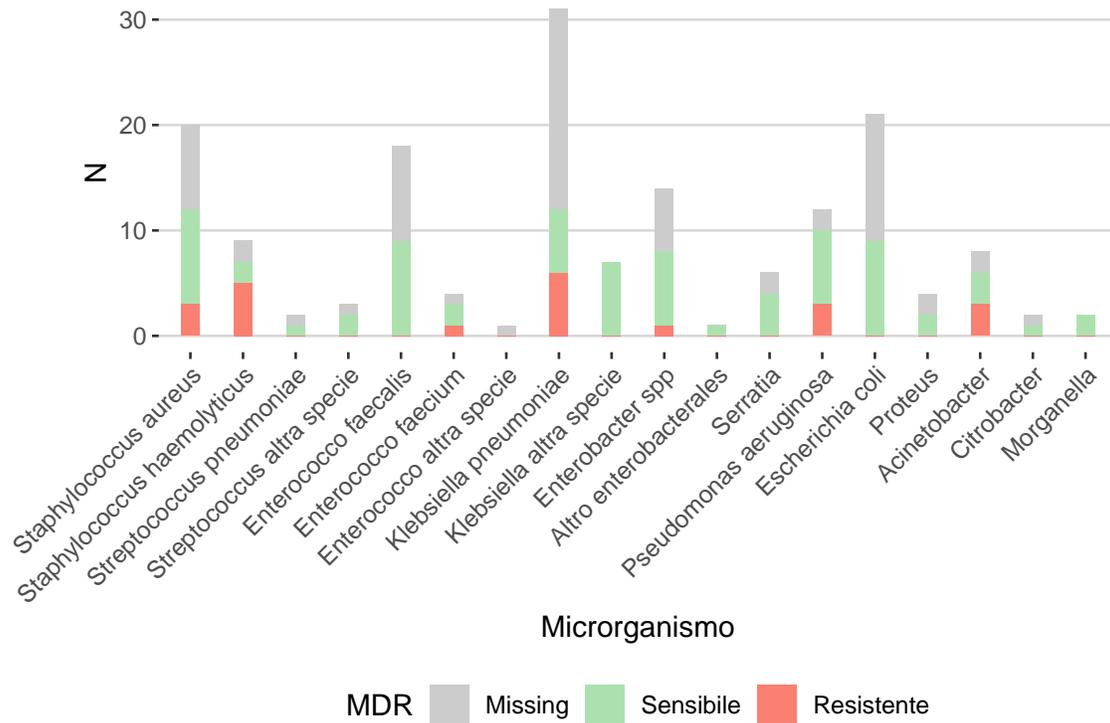
Escherichia coli	21	9.9	9	0	0
Proteus	4	1.9	2	0	0
Acinetobacter	8	3.8	6	3	50
Citrobacter	2	0.9	1	0	0
Morganella	2	0.9	2	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
Totale Gram -	109	51.2	62	13	21
Candida albicans	10	4.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	2.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.4	0	0	0
Totale Funghi	21	9.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	20	9.4	12	3	25
Staphylococcus capitis	6	2.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	9	4.2	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	15	7.0	0	0	0

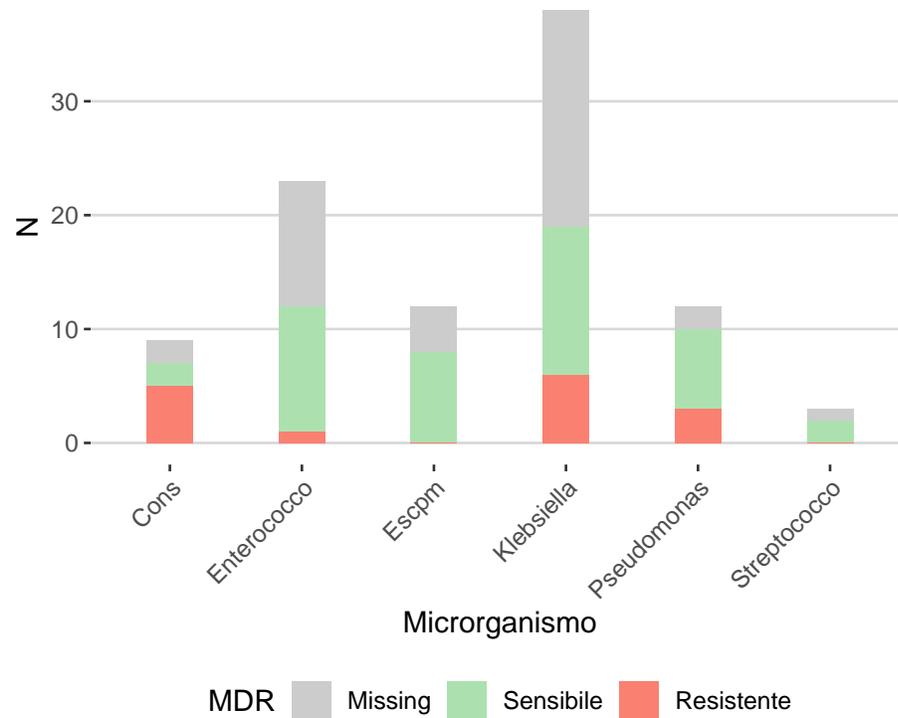
Staphylococcus epidermidis	28	13.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.9	1	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.4	2	0	0
Enterococco faecalis	18	8.5	9	0	0
Enterococco faecium	4	1.9	3	1	33.3
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	109	51.2	34	9	26.5
Klebsiella pneumoniae	31	14.6	12	6	50
Klebsiella altra specie	7	3.3	7	0	0
Enterobacter spp	14	6.6	8	1	12.5
Altro enterobacterales	1	0.5	1	0	0
Serratia	6	2.8	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	5.6	10	3	30
Escherichia coli	21	9.9	9	0	0
Proteus	4	1.9	2	0	0
Acinetobacter	8	3.8	6	3	50
Citrobacter	2	0.9	1	0	0
Morganella	2	0.9	2	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
Totale Gram -	109	51.2	62	13	21
Candida albicans	10	4.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	2.3	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.4	0	0	0
Totale Funghi	21	9.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Emofilo, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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	9	7	2	5	71.43	2
Enterococco	23	12	11	1	8.33	11
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	38	19	13	6	31.58	19
Pseudomonas	12	10	7	3	30.00	2
Streptococco	3	2	2	0	0.00	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	%
---------------	---	------------	--------------	---

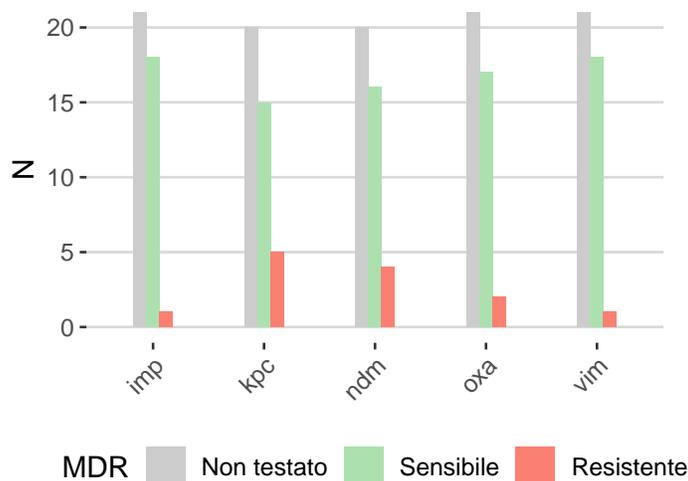
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	5	41.67
Klebsiella pneumoniae	12	Meropenem	6	50.00
Enterobacter spp	8	Ertapenem	1	12.50
Acinetobacter	6	Imipenem	2	33.33
Acinetobacter	6	Meropenem	3	50.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	2	20.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	3	30.00
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	12	Meticillina	3	25.00
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

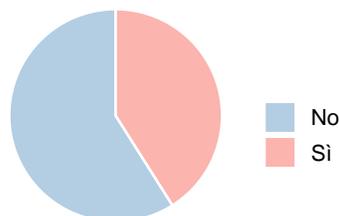
	N	%
Sì	8	20.51
No	11	28.21
Non testato	20	51.28
Missing	56	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	7.7	18	21
kpc	5	38.5	15	20
ndm	4	30.8	16	20
oxa	2	15.4	17	21
vim	1	7.7	18	21



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 78)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	46	59.0
Sì	32	41.0
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.4	1.0 %
CI (95%)	1.1 - 1.8	0.8 - 1.3

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

Il primo:

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

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

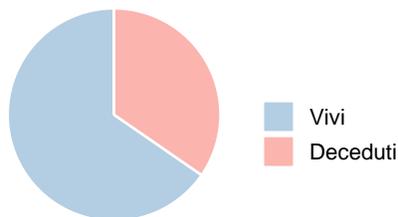
Il secondo:

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

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

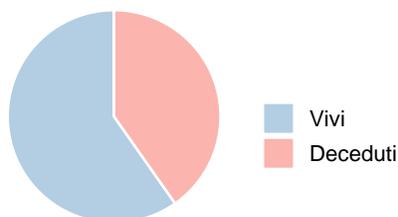
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	51	65.4
Deceduti	27	34.6
Missing	0	0

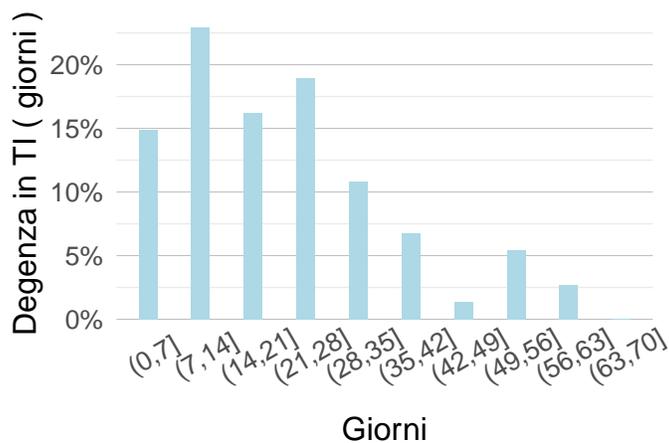
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	46	59.7
Deceduti	31	40.3
Missing	0	0

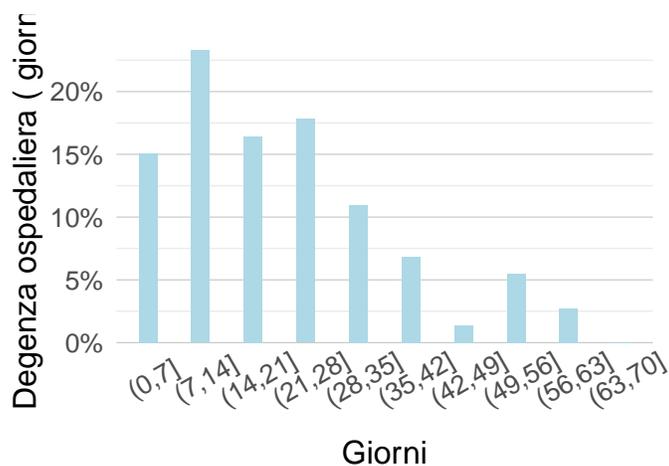
* Statistiche calcolate su 77 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.0 (19.1)
Mediana (Q1-Q3)	21 (12-31.8)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



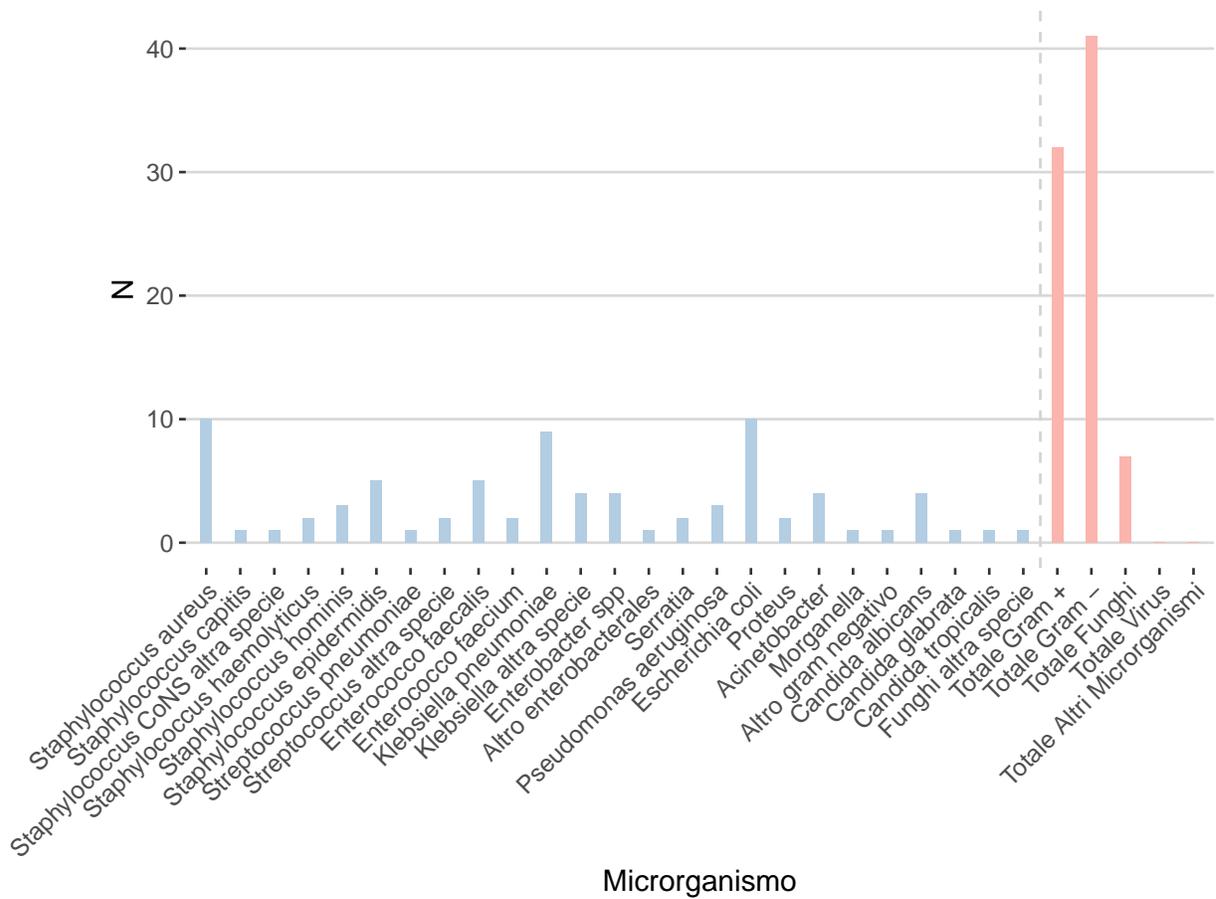
Indicatore	Valore
Media (DS)	34.4 (26.7)
Mediana (Q1-Q3)	27 (17-42)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 77 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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

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

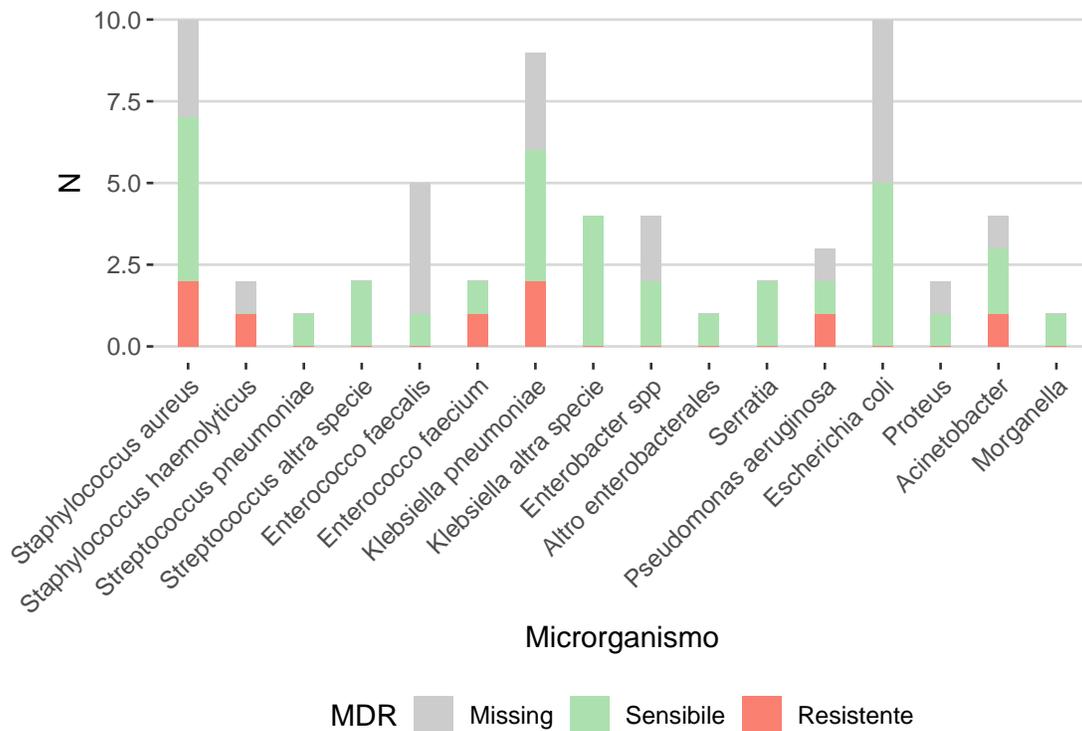
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	12.8	7	2	28.6
Staphylococcus capitis	1	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	3.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	6.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.6	2	0	0
Enterococco faecalis	5	6.4	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.6	2	1	50
Totale Gram +	32	41.0	14	4	28.6
Klebsiella pneumoniae	9	11.5	6	2	33.3
Klebsiella altra specie	4	5.1	4	0	0
Enterobacter spp	4	5.1	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.3	1	0	0
Serratia	2	2.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	3.8	2	1	50
Escherichia coli	10	12.8	5	0	0
Proteus	2	2.6	1	0	0
Acinetobacter	4	5.1	3	1	33.3
Morganella	1	1.3	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.3	0	0	0
Totale Gram -	41	52.6	27	4	14.8
Candida albicans	4	5.1	0	0	0
Candida glabrata	1	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.3	0	0	0
Totale Funghi	7	9.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	12.8	7	2	28.6
Staphylococcus capitis	1	1.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	2.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	3.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	6.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.6	2	0	0
Enterococco faecalis	5	6.4	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.6	2	1	50
Totale Gram +	32	41.0	14	4	28.6
Klebsiella pneumoniae	9	11.5	6	2	33.3
Klebsiella altra specie	4	5.1	4	0	0
Enterobacter spp	4	5.1	2	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.3	1	0	0
Serratia	2	2.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	3.8	2	1	50
Escherichia coli	10	12.8	5	0	0
Proteus	2	2.6	1	0	0
Acinetobacter	4	5.1	3	1	33.3
Morganella	1	1.3	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.3	0	0	0

Totale Gram -	41	52.6	27	4	14.8
Candida albicans	4	5.1	0	0	0
Candida glabrata	1	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.3	0	0	0
Totale Funghi	7	9.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Emofilo, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida 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.

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

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

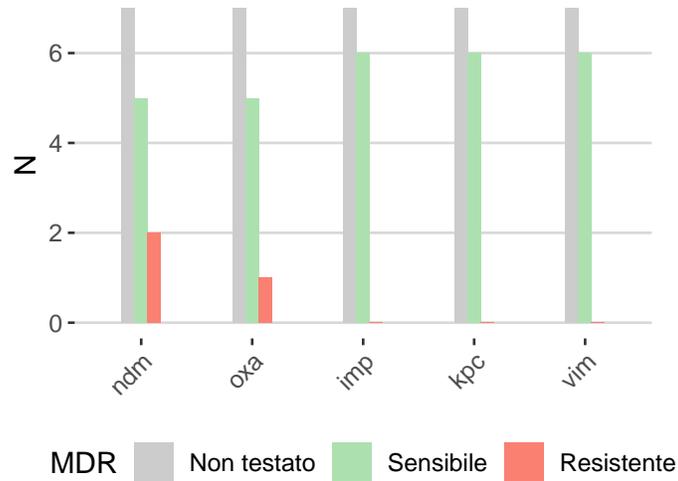
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	2	33.33
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	2	33.33
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	2	28.57
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

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

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

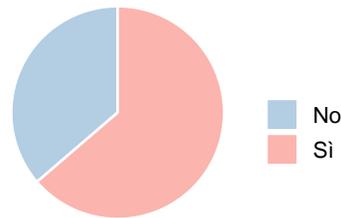
	N	%
Sì	3	23.08
No	3	23.08
Non testato	7	53.85
Missing	22	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	6	7
kpc	0	0.0	6	7
ndm	2	66.7	5	7
oxa	1	33.3	5	7
vim	0	0.0	6	7



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 135)

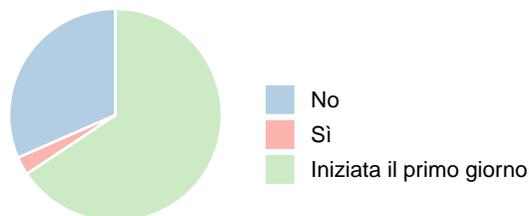
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	49	36.3
Si	86	63.7
Missing	0	0

15.2 Fattori di rischio

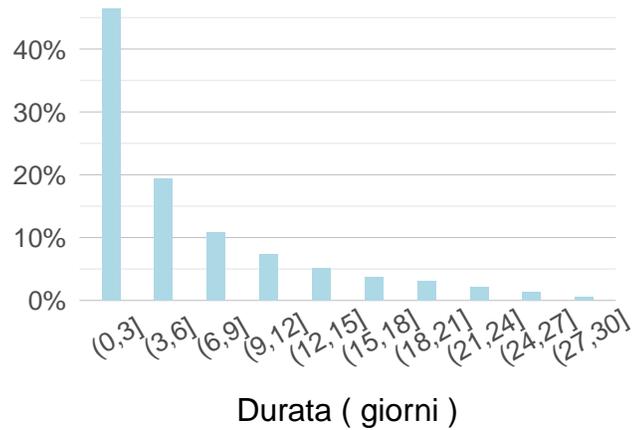
15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 8131)



Cvc	N	%
No	2500	30.7
Si	100	1.2
Iniziata il primo giorno	5531	68.1

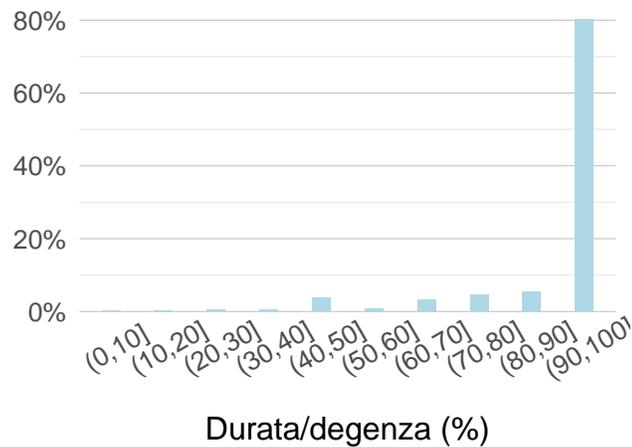
No	2557	31.6
Sì	5545	68.4
Iniziata il primo giorno	5321	65.4
Missing	29	

15.2.2 Durata (giorni)



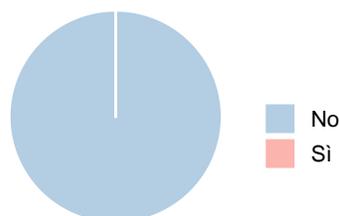
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.1 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	12

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



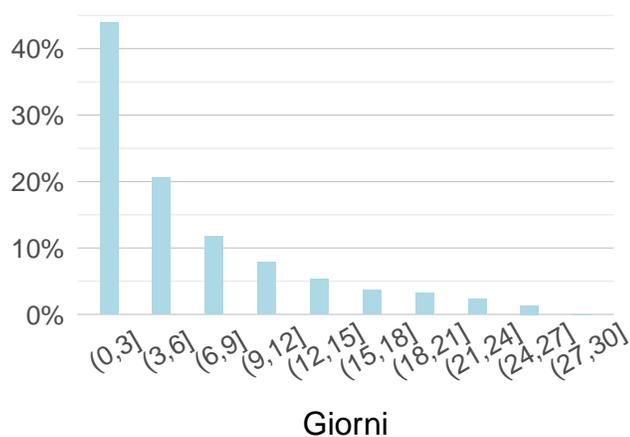
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.2 (15.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	13

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 8131)



Infezione locale da catetere	N	%
No	8097	100.0
Si	1	0.0
Missing	33	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	128
Media (DS)	12.8 (11.1)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-17)
Missing	7

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	3.1	2.2 %
CI (95%)	2.6 - 3.7	1.8 - 2.6

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.

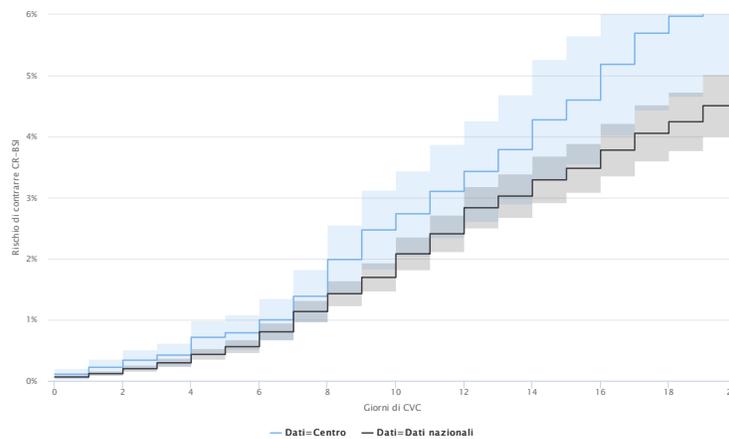
Il secondo invece:

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

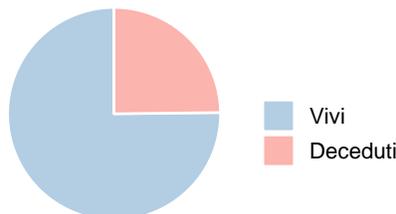
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



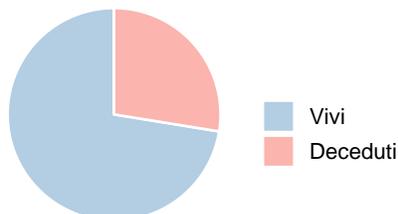
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	100	75.2
Deceduti	33	24.8

Missing 2 0

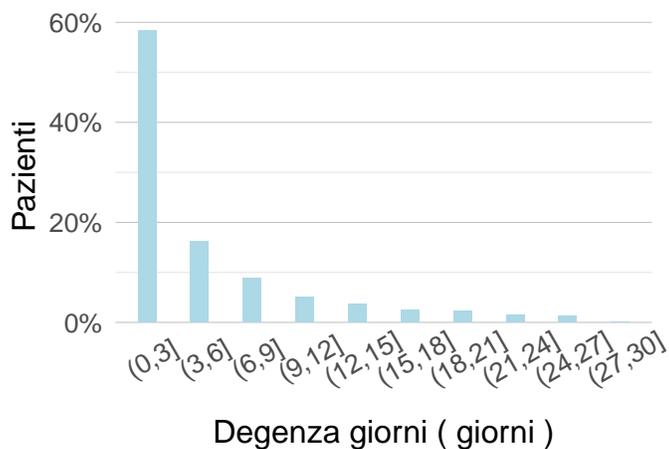
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	92	72.4
Deceduti	35	27.6
Missing	4	0

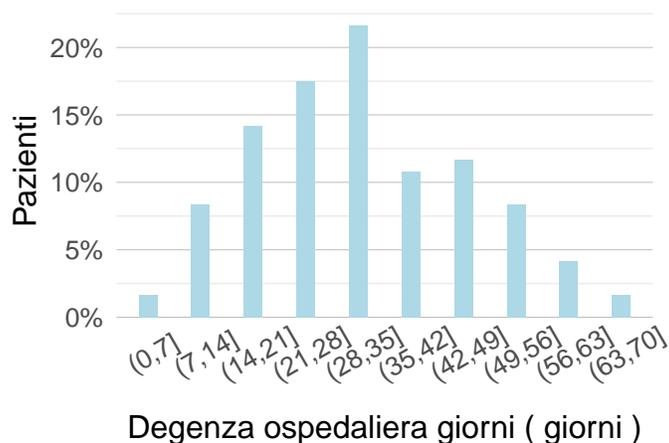
* Statistiche calcolate su 131 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.6 (19.8)
Mediana (Q1-Q3)	27 (17-37)
Missing	2

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.5 (22.9)
Mediana (Q1-Q3)	32 (23-45.5)
Missing	4

* Statistiche calcolate su 131 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

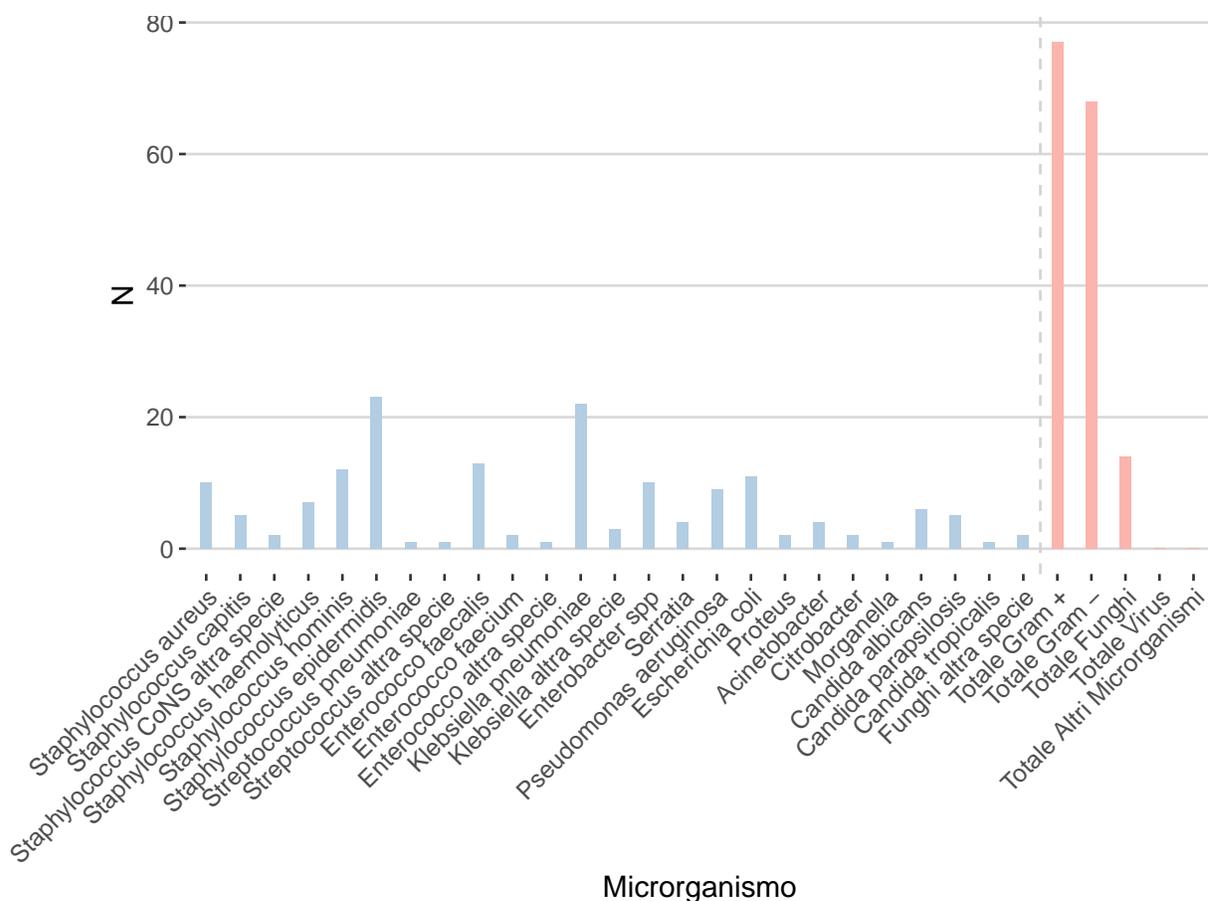
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	135	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	135	
Totale microrganismi isolati	159	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	7.4	5	1	20
Staphylococcus capitis	5	3.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	5.2	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	12	8.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	23	17.0	0	0	0

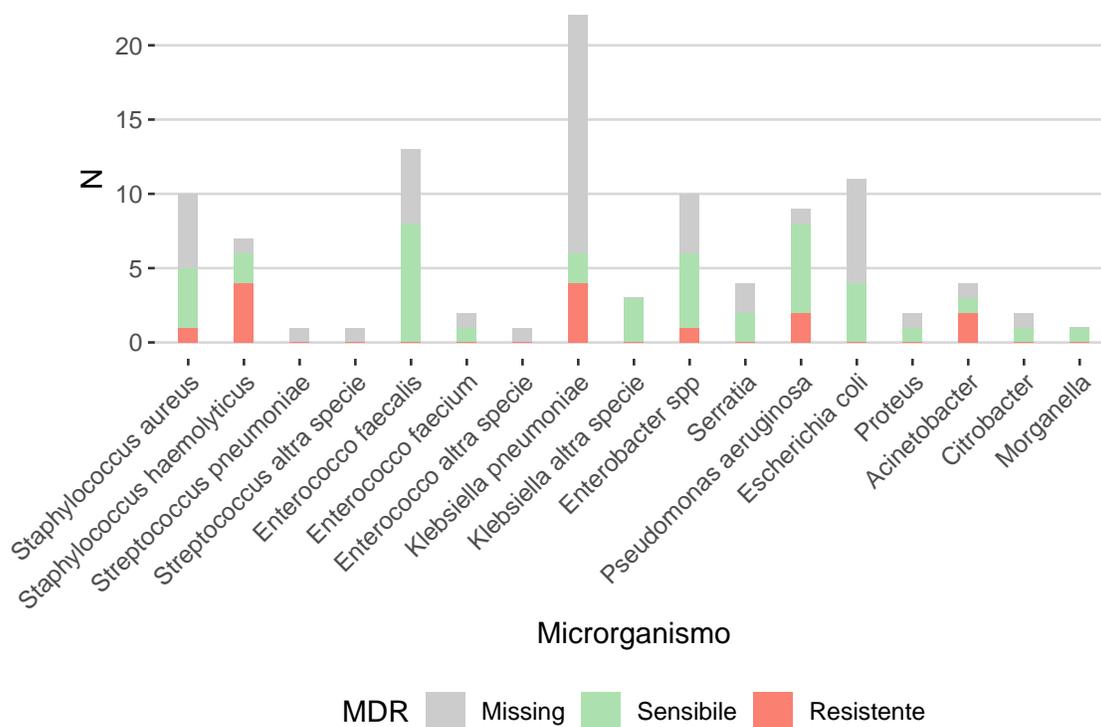
Streptococcus pneumoniae	1	0.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	13	9.6	8	0	0
Enterococco faecium	2	1.5	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	77	57.0	20	5	25
Klebsiella pneumoniae	22	16.3	6	4	66.7
Klebsiella altra specie	3	2.2	3	0	0
Enterobacter spp	10	7.4	6	1	16.7
Serratia	4	3.0	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	6.7	8	2	25
Escherichia coli	11	8.1	4	0	0
Proteus	2	1.5	1	0	0
Acinetobacter	4	3.0	3	2	66.7
Citrobacter	2	1.5	1	0	0
Morganella	1	0.7	1	0	0
Totale Gram -	68	50.4	35	9	25.7
Candida albicans	6	4.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	3.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.5	0	0	0
Totale Funghi	14	10.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	7.4	5	1	20
Staphylococcus capitis	5	3.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	5.2	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	12	8.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	23	17.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococcus faecalis	13	9.6	8	0	0
Enterococcus faecium	2	1.5	1	0	0
Enterococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	77	57.0	20	5	25
Klebsiella pneumoniae	22	16.3	6	4	66.7
Klebsiella altra specie	3	2.2	3	0	0
Enterobacter spp	10	7.4	6	1	16.7
Serratia	4	3.0	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	6.7	8	2	25
Escherichia coli	11	8.1	4	0	0
Proteus	2	1.5	1	0	0
Acinetobacter	4	3.0	3	2	66.7
Citrobacter	2	1.5	1	0	0
Morganella	1	0.7	1	0	0

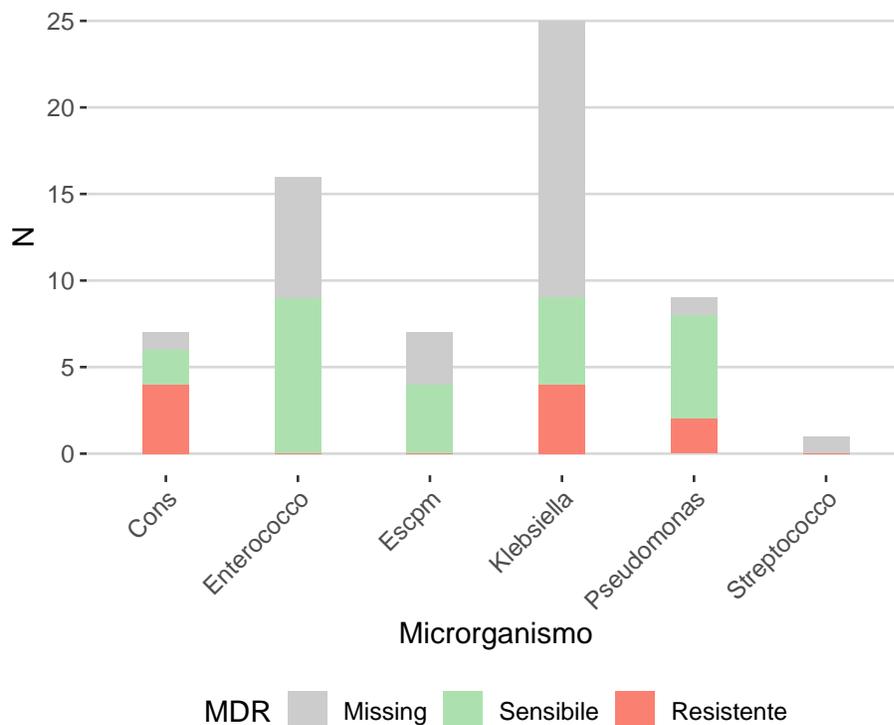
Totale Gram -	68	50.4	35	9	25.7
Candida albicans	6	4.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	3.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.5	0	0	0
Totale Funghi	14	10.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	6	2	4	66.67	1
Enterococco	16	9	9	0	0.00	7
Escpm	7	4	4	0	0.00	3
Klebsiella	25	9	5	4	44.44	16
Pseudomonas	9	8	6	2	25.00	1
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

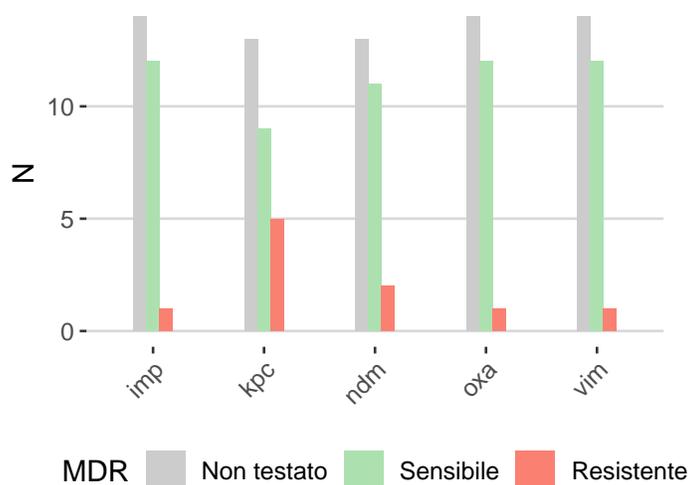
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	3	50.00
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	4	66.67
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	2	25.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	4	66.67
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20.00

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.

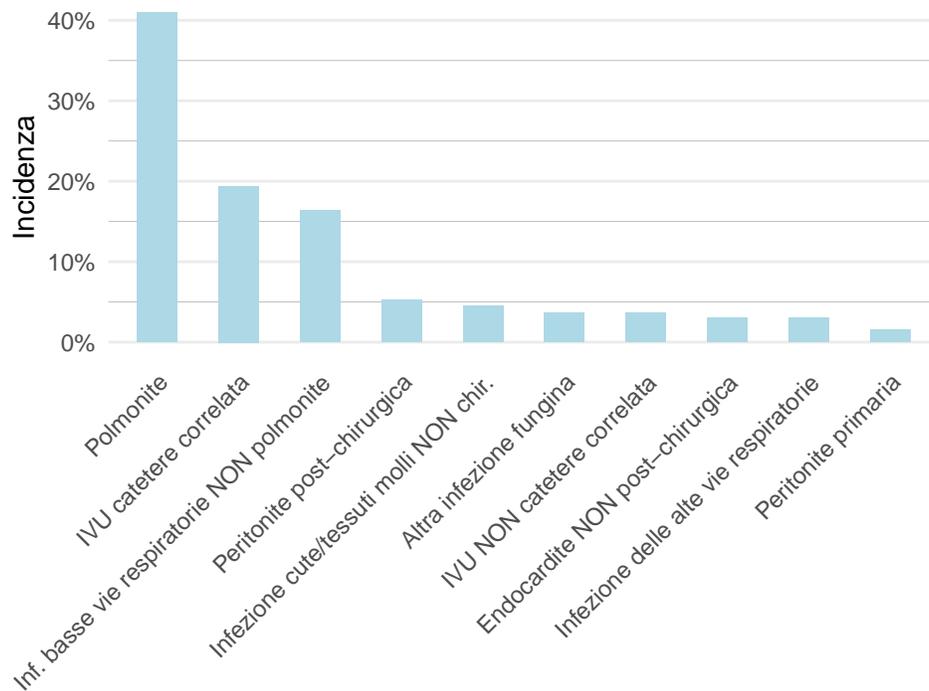
	N	%
Sì	5	19.23
No	8	30.77
Non testato	13	50
Missing	34	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	10	12	14
kpc	5	50	9	13
ndm	2	20	11	13
oxa	1	10	12	14
vim	1	10	12	14



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 134)

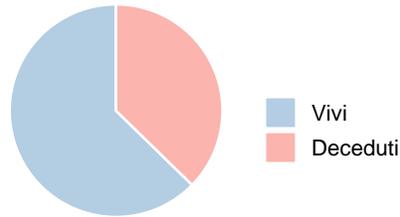
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

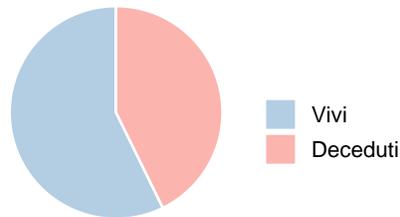
Infezione	N	%
Polmonite	55	41
IVU catetere correlata	26	19.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	22	16.4
Peritonite post-chirurgica	7	5.2
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	6	4.5
IVU NON catetere correlata	5	3.7
Altra infezione fungina	5	3.7
Infezione delle alte vie respiratorie	4	3
Endocardite NON post-chirurgica	4	3
Peritonite primaria	2	1.5
Missing	0	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	84	62.7
Deceduti	50	37.3
Missing	0	0

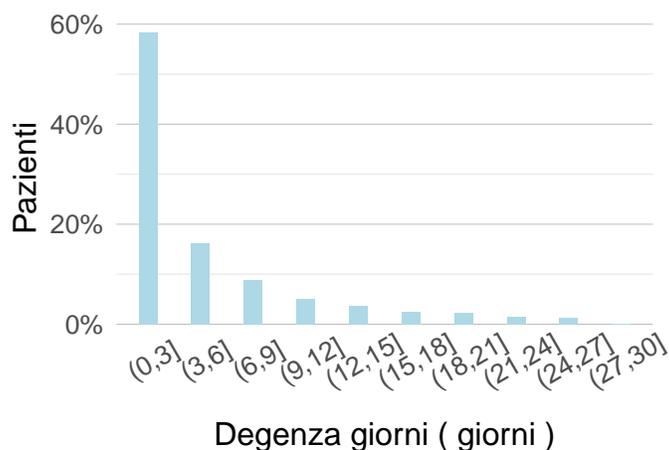
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	71	57.3
Deceduti	53	42.7
Missing	2	0

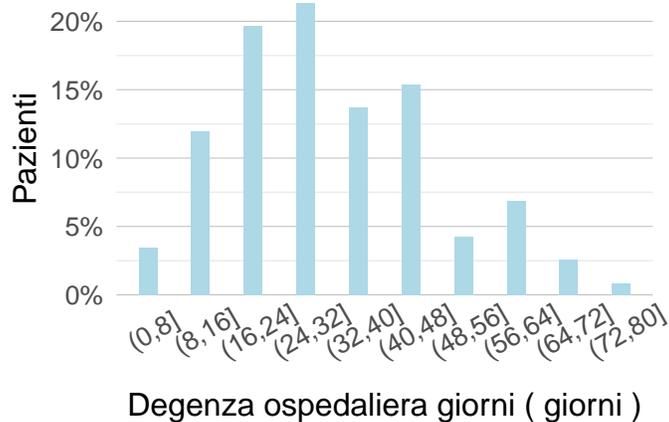
* Statistiche calcolate su 126 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.8 (18.9)
Mediana (Q1-Q3)	23 (15-36.8)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.9 (21.9)
Mediana (Q1-Q3)	31.5 (21.8-46)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 126 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

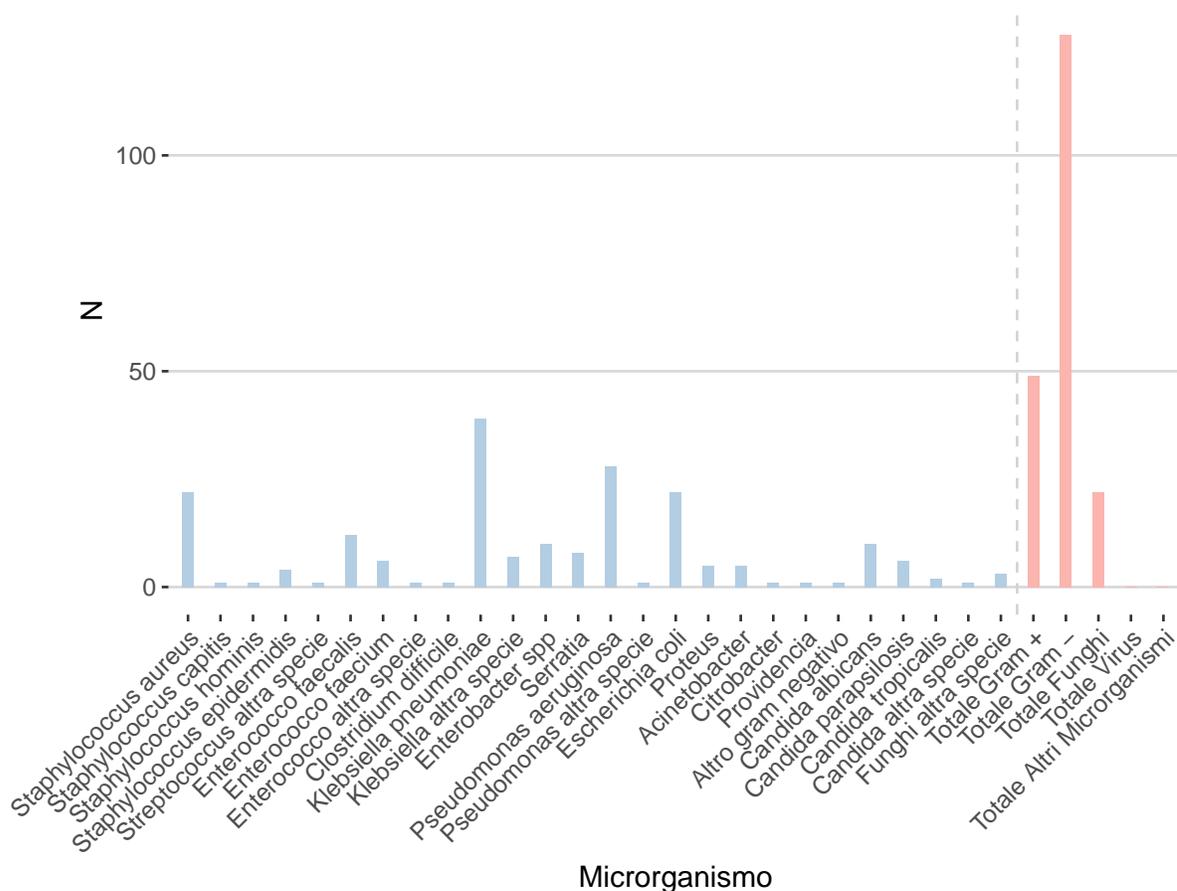
16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	1.3
Sì	149	98.7
Missing	0	
Totale infezioni	151	
Totale microrganismi isolati	202	

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

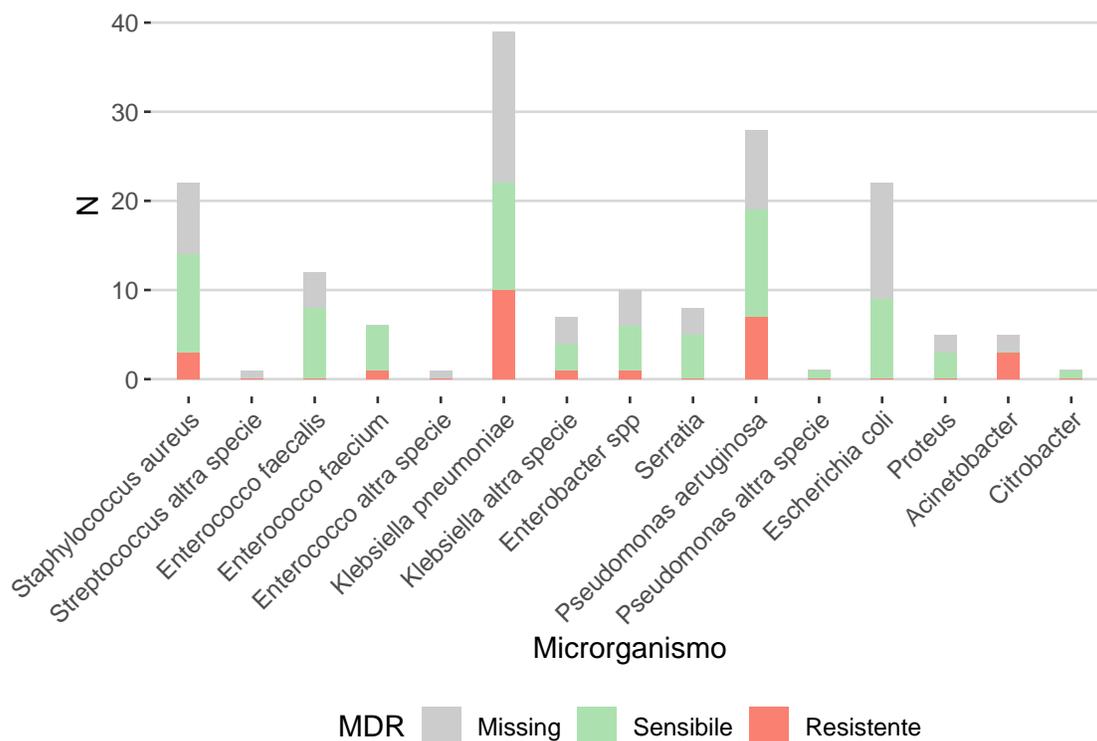
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	22	14.8	14	3	21.4
Staphylococcus capitis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	2.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	12	8.1	8	0	0
Enterococco faecium	6	4.0	6	1	16.7
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	49	32.9	28	4	14.3
Klebsiella pneumoniae	39	26.2	22	10	45.5
Klebsiella altra specie	7	4.7	4	1	25
Enterobacter spp	10	6.7	6	1	16.7
Serratia	8	5.4	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	28	18.8	19	7	36.8
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0
Escherichia coli	22	14.8	9	0	0
Proteus	5	3.4	3	0	0
Acinetobacter	5	3.4	3	3	100
Citrobacter	1	0.7	1	0	0
Providencia	1	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.7	0	0	0
Totale Gram -	128	85.9	73	22	30.1
Candida albicans	10	6.7	0	0	0
Candida parapsilosis	6	4.0	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.3	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.0	0	0	0
Totale Funghi	22	14.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	22	14.8	14	3	21.4
Staphylococcus capitis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	2.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	12	8.1	8	0	0
Enterococco faecium	6	4.0	6	1	16.7
Enterococco altra specie	1	0.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	49	32.9	28	4	14.3
Klebsiella pneumoniae	39	26.2	22	10	45.5
Klebsiella altra specie	7	4.7	4	1	25
Enterobacter spp	10	6.7	6	1	16.7
Serratia	8	5.4	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	28	18.8	19	7	36.8
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0
Escherichia coli	22	14.8	9	0	0
Proteus	5	3.4	3	0	0
Acinetobacter	5	3.4	3	3	100
Citrobacter	1	0.7	1	0	0
Providencia	1	0.7	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.7	0	0	0

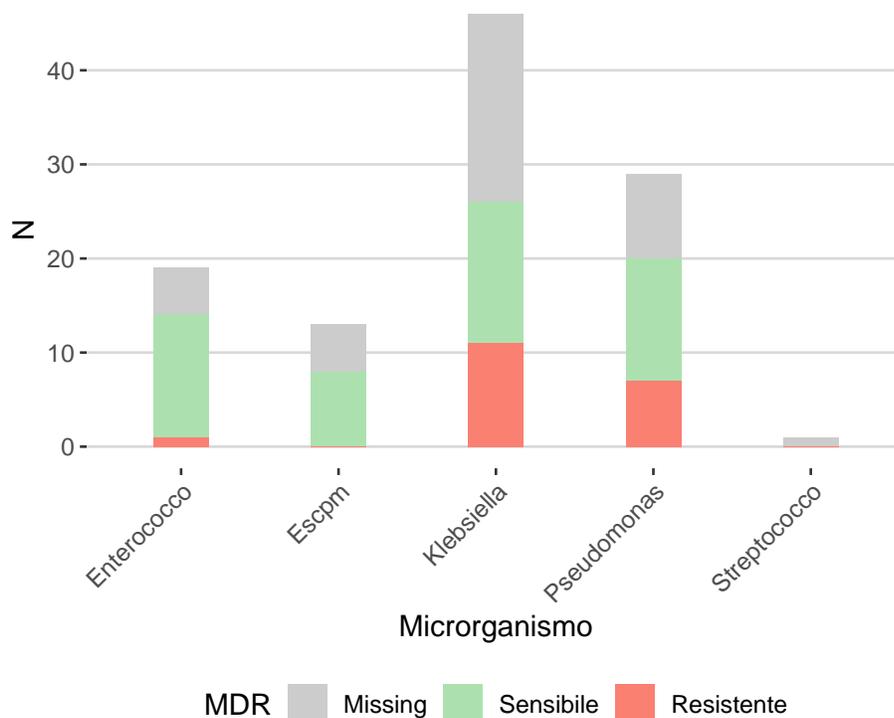
Totale Gram -	128	85.9	73	22	30.1
Candida albicans	10	6.7	0	0	0
Candida parapsilosis	6	4.0	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.3	0	0	0
Candida altra specie	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	3	2.0	0	0	0
Totale Funghi	22	14.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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	19	14	13	1	7.14	5
Escpm	13	8	8	0	0.00	5
Klebsiella	46	26	15	11	42.31	20
Pseudomonas	29	20	13	7	35.00	9
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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	%
Klebsiella pneumoniae	22	Ertapenem	7	31.82

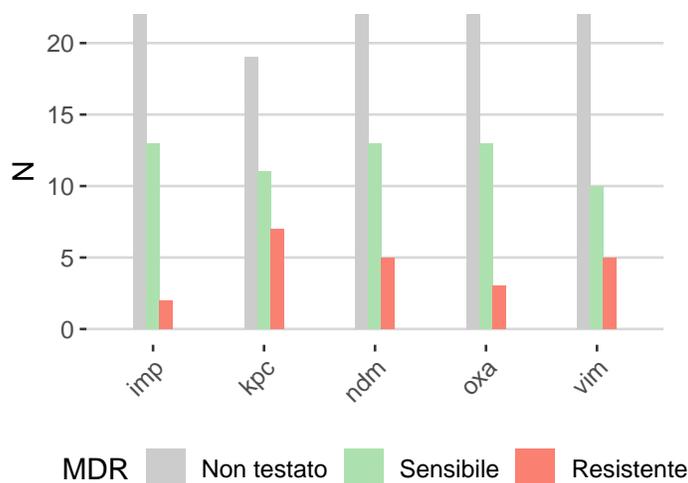
Klebsiella pneumoniae	22	Meropenem	10	45.45
Klebsiella altra specie	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella altra specie	4	Meropenem	1	25.00
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	7	36.84
Pseudomonas aeruginosa	19	Meropenem	1	5.26
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	3	21.43
Enterococco faecium	6	Vancomicina	1	16.67

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

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

	N	%
Sì	14	34.15
No	8	19.51
Non testato	19	46.34
Missing	52	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	9.1	13	22
kpc	7	31.8	11	19
ndm	5	22.7	13	22
oxa	3	13.6	13	22
vim	5	22.7	10	22

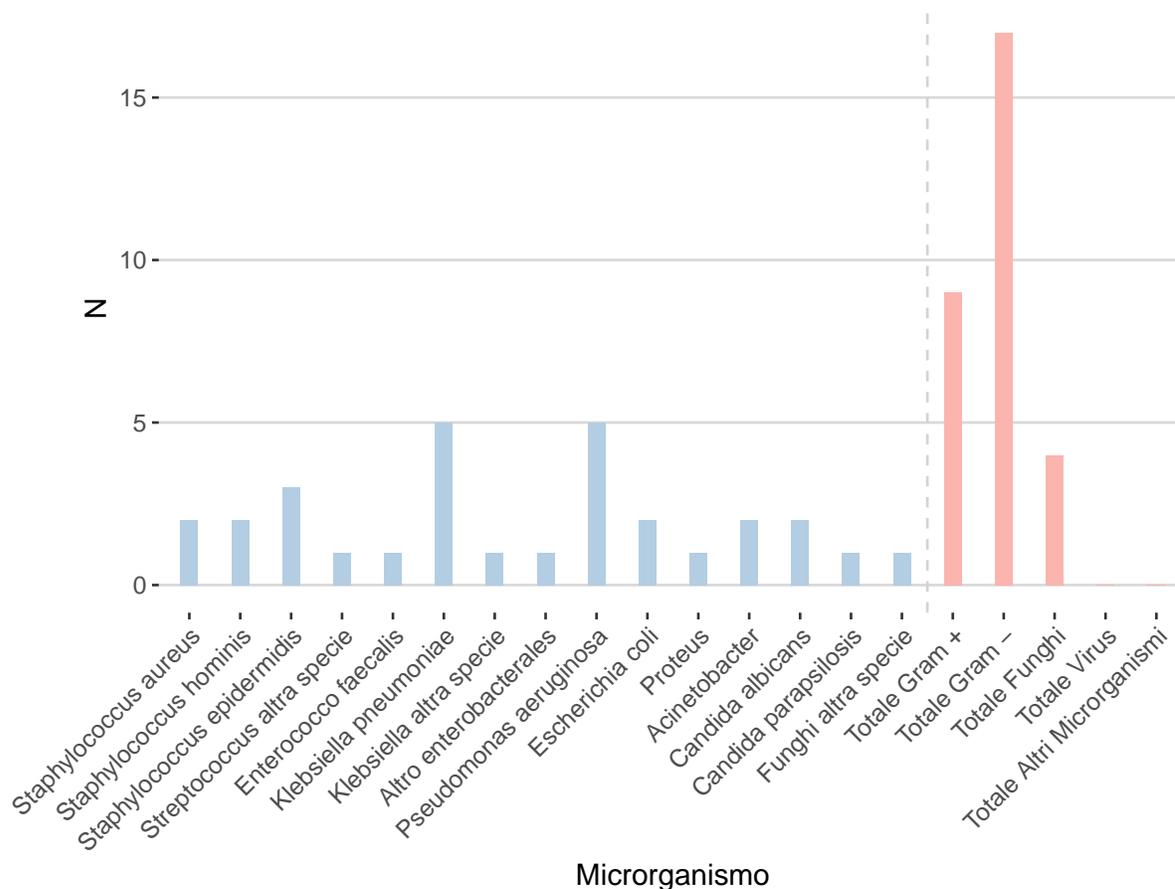


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 25)

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.

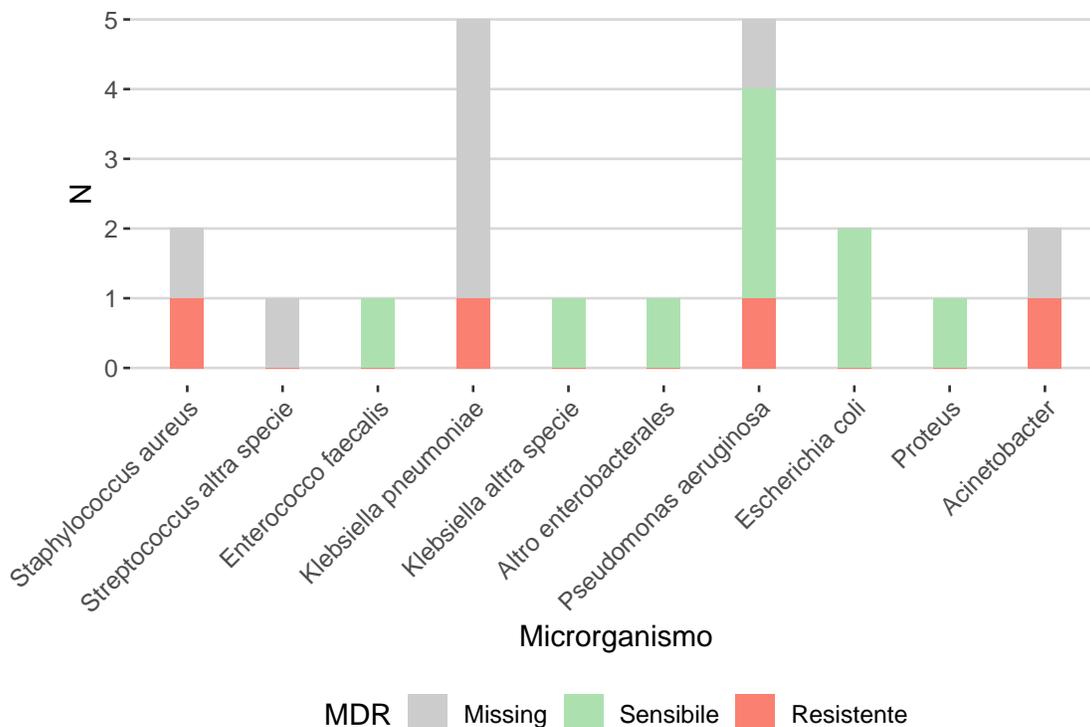
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	8	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	12	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4	1	0	0
Totale Gram +	9	36	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	5	20	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Altro enterobacterales	1	4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	20	4	1	25
Escherichia coli	2	8	2	0	0
Proteus	1	4	1	0	0
Acinetobacter	2	8	1	1	100
Totale Gram -	17	68	11	3	27.3
Candida albicans	2	8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4	0	0	0
Funghi altra specie	1	4	0	0	0
Totale Funghi	4	16	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	8	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	12	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4	1	0	0
Totale Gram +	9	36	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	5	20	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Altro enterobacterales	1	4	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	20	4	1	25
Escherichia coli	2	8	2	0	0
Proteus	1	4	1	0	0
Acinetobacter	2	8	1	1	100
Totale Gram -	17	68	11	3	27.3
Candida albicans	2	8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4	0	0	0
Funghi altra specie	1	4	0	0	0
Totale Funghi	4	16	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti,

in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

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

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

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

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

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

Klebsiella pneumoniae	1	Ertapenem	1	100
Klebsiella pneumoniae	1	Meropenem	1	100
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	1	25
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	9	

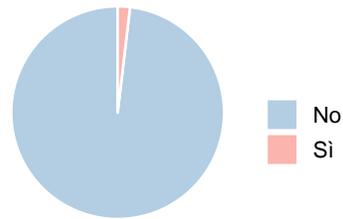
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 151)

18.1 Catetere urinario (N = 8131)



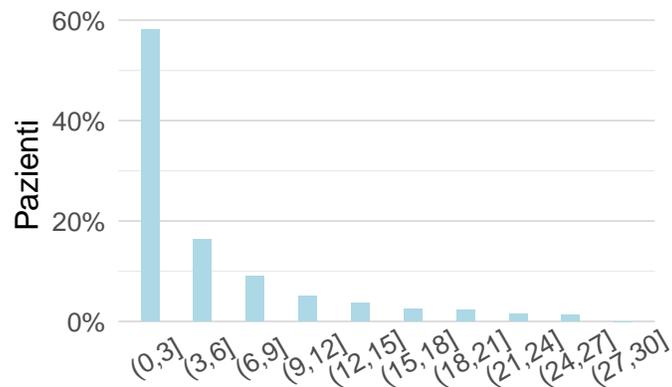
Catetere urinario	N	%
No	316	3.9
Sì	7786	96.1
Iniziata il primo giorno	7766	95.5
Missing	29	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	7939	98.1
Si	151	1.9
Missing	41	0

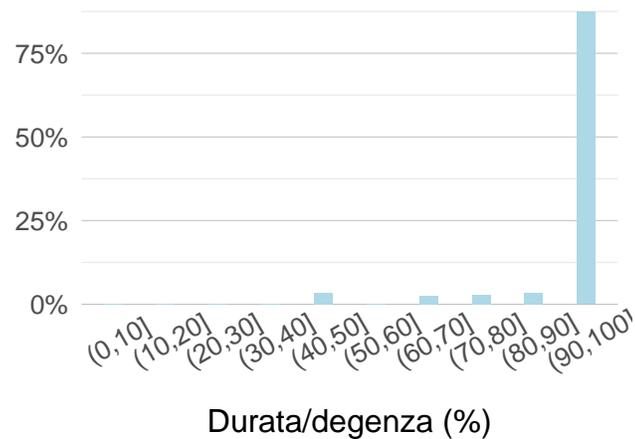
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

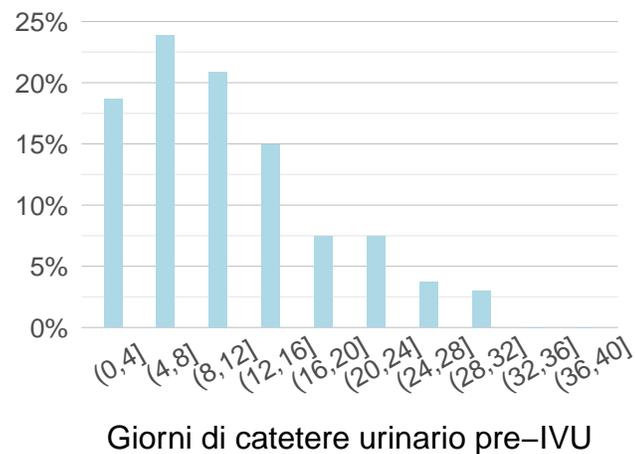
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.9 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	15

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	95.9 (11.7)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	16

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	149
Media (DS)	12.9 (12.3)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-16)
Missing	2

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	3.0	2.1 %
CI (95%)	2.5 - 3.5	1.8 - 2.4

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.

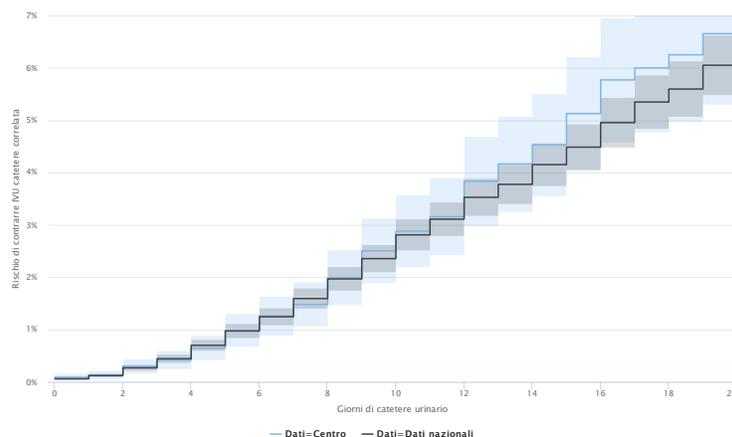
Il secondo invece:

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

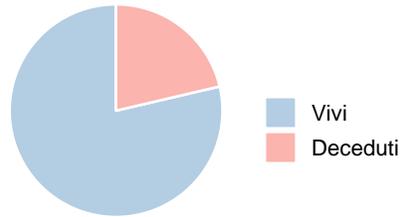
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

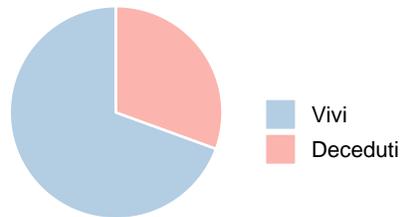


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	118	78.7
Deceduti	32	21.3
Missing	1	0

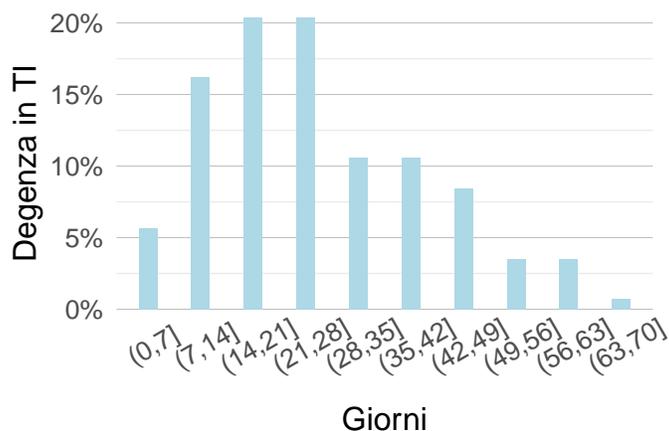
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	100	69.4
Deceduti	44	30.6
Missing	3	0

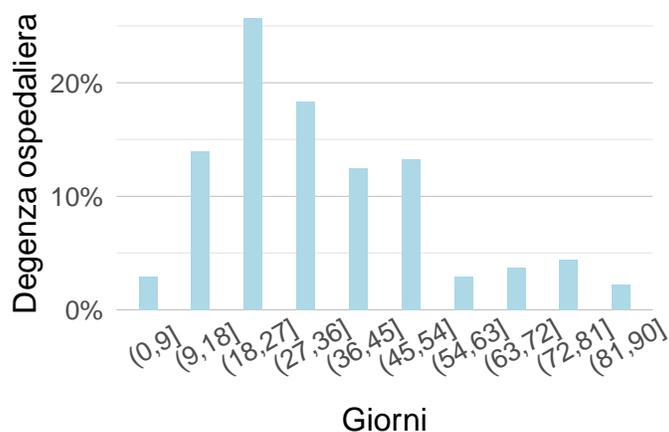
* Statistiche calcolate su 147 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.7 (19.2)
Mediana (Q1-Q3)	25 (16.2-40)
Missing	1

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.1 (28.1)
Mediana (Q1-Q3)	32 (22-49)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 147 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

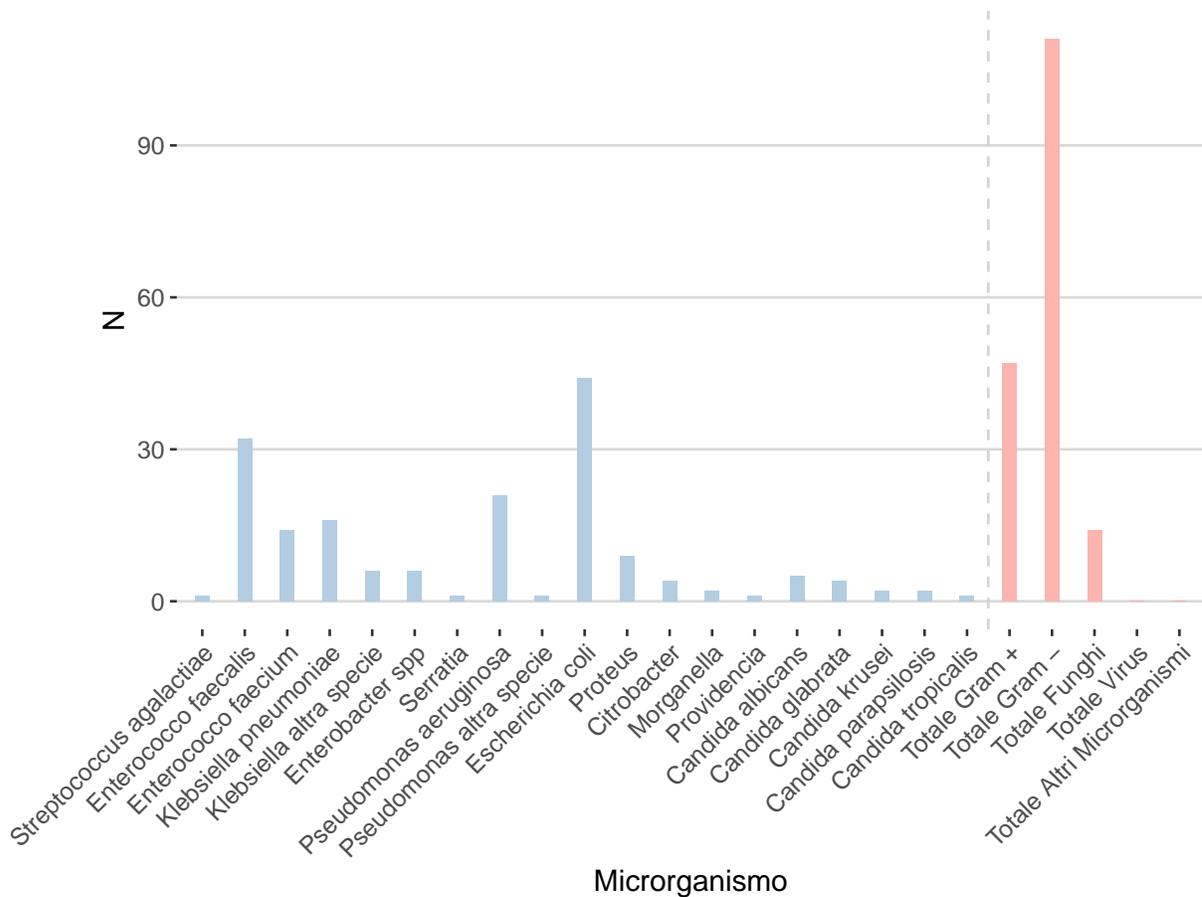
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	151	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	151	
Totale microrganismi isolati	172	

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

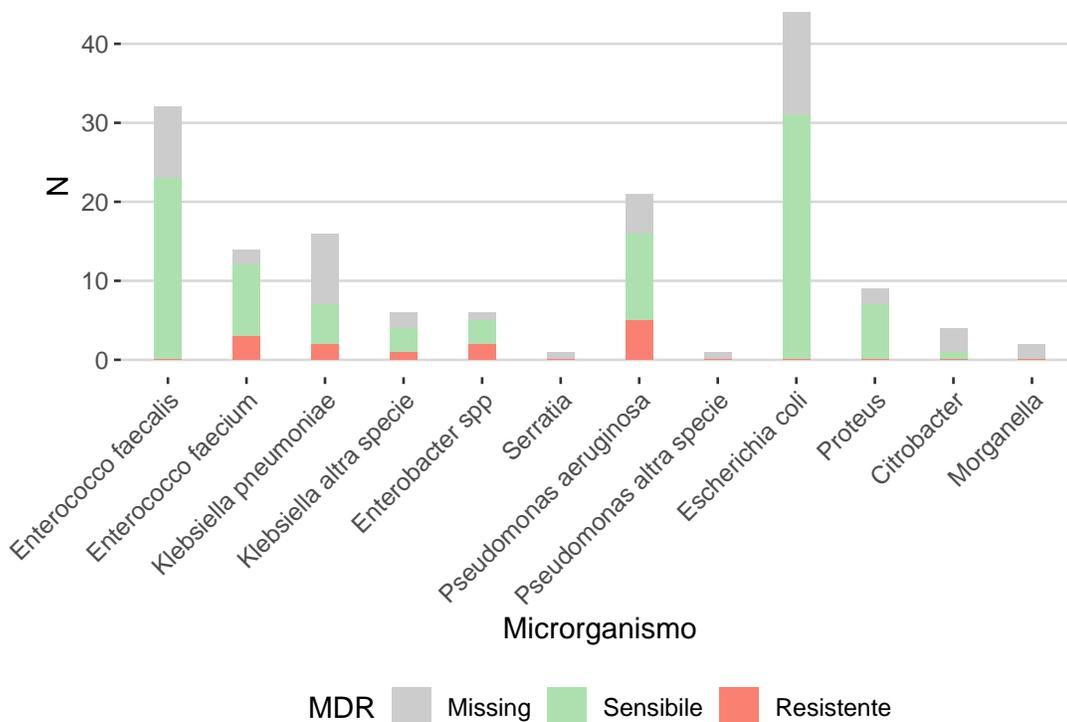
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Streptococcus agalactiae	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	32	21.2	23	0	0
Enterococco faecium	14	9.3	12	3	25
Totale Gram +	47	31.1	35	3	8.6
Klebsiella pneumoniae	16	10.6	7	2	28.6
Klebsiella altra specie	6	4.0	4	1	25
Enterobacter spp	6	4.0	5	2	40
Serratia	1	0.7	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	21	13.9	16	5	31.2
Pseudomonas altra specie	1	0.7	0	0	0
Escherichia coli	44	29.1	31	0	0
Proteus	9	6.0	7	0	0
Citrobacter	4	2.6	1	0	0
Morganella	2	1.3	0	0	0
Providencia	1	0.7	0	0	0
Totale Gram -	111	73.5	71	10	14.1
Candida albicans	5	3.3	0	0	0
Candida glabrata	4	2.6	0	0	0
Candida krusei	2	1.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Totale Funghi	14	9.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Streptococcus agalactiae	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	32	21.2	23	0	0
Enterococco faecium	14	9.3	12	3	25
Totale Gram +	47	31.1	35	3	8.6
Klebsiella pneumoniae	16	10.6	7	2	28.6
Klebsiella altra specie	6	4.0	4	1	25
Enterobacter spp	6	4.0	5	2	40
Serratia	1	0.7	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	21	13.9	16	5	31.2
Pseudomonas altra specie	1	0.7	0	0	0
Escherichia coli	44	29.1	31	0	0
Proteus	9	6.0	7	0	0
Citrobacter	4	2.6	1	0	0
Morganella	2	1.3	0	0	0
Providencia	1	0.7	0	0	0
Totale Gram -	111	73.5	71	10	14.1
Candida albicans	5	3.3	0	0	0
Candida glabrata	4	2.6	0	0	0
Candida krusei	2	1.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Totale Funghi	14	9.3	0	0	0

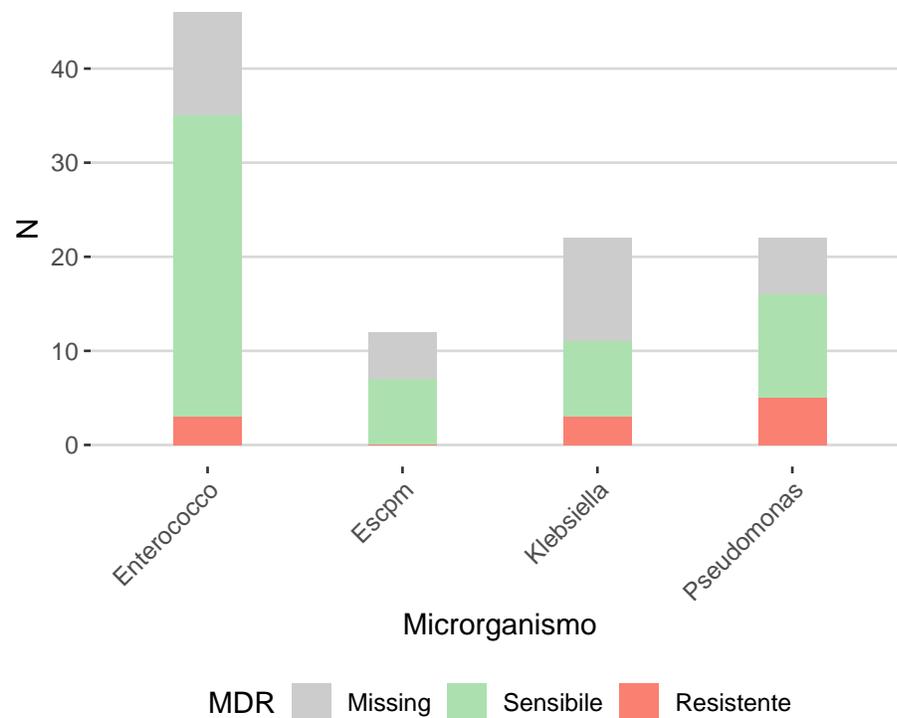
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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	46	35	32	3	8.57	11
Escpm	12	7	7	0	0.00	5
Klebsiella	22	11	8	3	27.27	11
Pseudomonas	22	16	11	5	31.25	6

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	7	Ertapenem	2	28.57
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	2	28.57
Klebsiella altra specie	4	Ertapenem	1	25.00

Klebsiella altra specie	4	Meropenem	1	25.00
Enterobacter spp	5	Ertapenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	16	Imipenem	5	31.25
Pseudomonas aeruginosa	16	Meropenem	3	18.75
Enterococco faecium	12	Vancomicina	3	25.00

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	90	

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