



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Lombardia7 TI

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

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 7111)	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 = 2468)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 4630)	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 = 2061)	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 = 336)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriemica	37
6.4 Infezioni multisito	38
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	38
6.6 Mortalità in TI	39
6.7 Mortalità ospedaliera *	39
6.8 Degenza in TI (giorni)	40
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	40
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	40
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 649)	46
7.1 Trauma	46
7.2 Stato Chirurgico	46
7.3 Tipo di infezione	46
7.4 Infezione batteriemica	47
7.5 Infezioni multisito	47
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	47
7.7 Mortalità in TI	48
7.8 Mortalità ospedaliera *	48
7.9 Degenza in TI (giorni)	49
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	49
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	49
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	56
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	62
8 Pazienti infetti in degenza (N = 735)	63
8.1 Sesso	63
8.2 Età	63
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	64
8.4 Provenienza (reparto)	64
8.5 Trauma	65
8.6 Stato Chirurgico	65
8.7 Motivo di ammissione	65
8.8 Insufficienza neurologica	66
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	66
8.10 Insufficienza neurologica insorta	67
8.11 Mortalità in TI	67
8.12 Mortalità ospedaliera *	67
8.13 Degenza in TI (giorni)	68
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	68

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	69
8.16	Infezione multisito	70
8.17	Infezioni in degenza	70
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	70
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	71
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	72
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	73
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 328)	80
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	80
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 407)	86
10.1	Gravità massima dell'infezione	86
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	87
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	87
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	94
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 300)	95
11.1	Trauma	95
11.2	Stato Chirurgico	95
11.3	Infezione batteriémica	96
11.4	Infezioni multisito	96
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	97
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	97
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 272)	97
12.1	VAP precoce	97
12.2	Diagnosi	98
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	98
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 7111)	99
12.5	Giorni di VM pre-VAP	100
12.6	Incidenza di VAP	101
12.7	Mortalità in TI	102
12.8	Mortalità ospedaliera *	102
12.9	Degenza in TI (giorni)	103
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	103
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	103
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	108
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	112
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 224)	116
13.1	Trauma	116
13.2	Stato Chirurgico	116
13.3	Tipologia	116
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	117
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	117
14	Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 81)	123
14.1	Infezioni multisito	123
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	123
14.3	Mortalità in TI	124
14.4	Mortalità ospedaliera *	124
14.5	Degenza in TI (giorni)	125
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	125
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza	126

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 52)	130
15.1	Infezione multisito	130
15.2	Fattori di rischio	130
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	132
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	132
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	133
15.6	Mortalità in TI	133
15.7	Mortalità ospedaliera *	134
15.8	Degenza in TI (giorni)	134
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	135
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	135
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 115)	141
16.1	Infezioni associate (top 10)	141
16.2	Mortalità in TI	142
16.3	Mortalità ospedaliera *	142
16.4	Degenza in TI (giorni)	143
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	143
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	143
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 14)	149
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	149
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 106)	152
18.1	Catetere urinario (N = 7111)	152
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	152
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	154
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	154
18.5	Mortalità in TI	155
18.6	Mortalità ospedaliera *	155
18.7	Degenza in TI (giorni)	156
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	156
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	157
Appendice		161
	Definizione di MDR	161
	Raggruppamento Microrganismi	162

Petalo Infectionlight

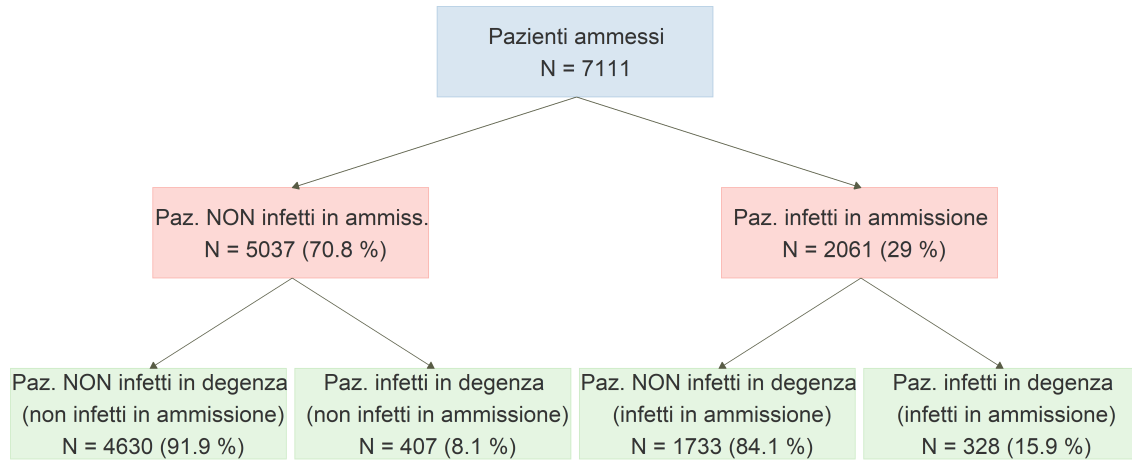
Anno 2022

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

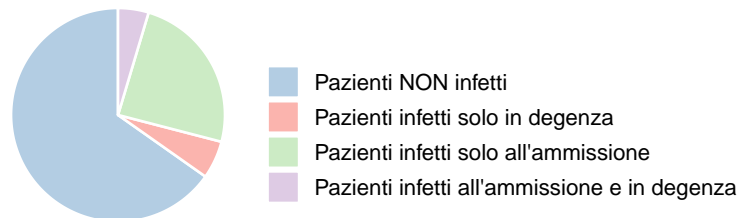
Popolazione complessiva: 17 TI

TI Lombardia

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



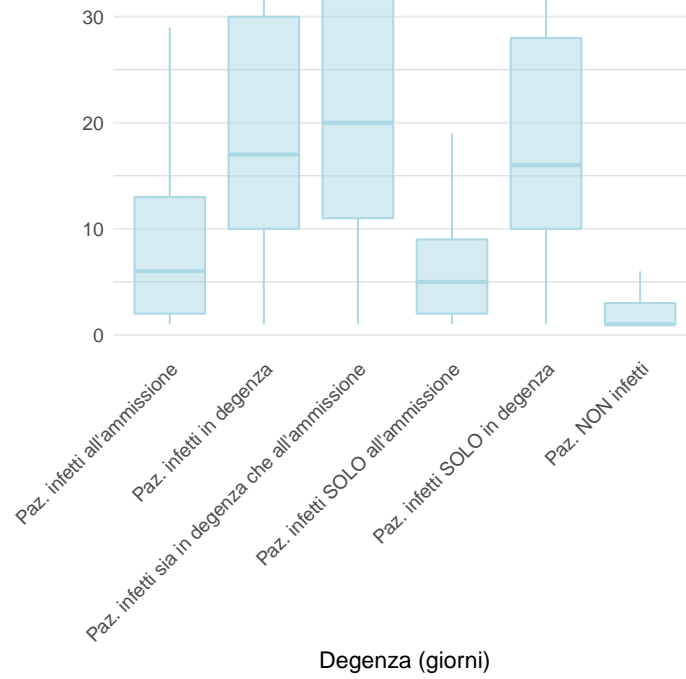
Per N = 13 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	4630	65.2
Pazienti infetti solo in degenza	407	5.7
Pazienti infetti solo all'ammissione	1733	24.4
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	328	4.6

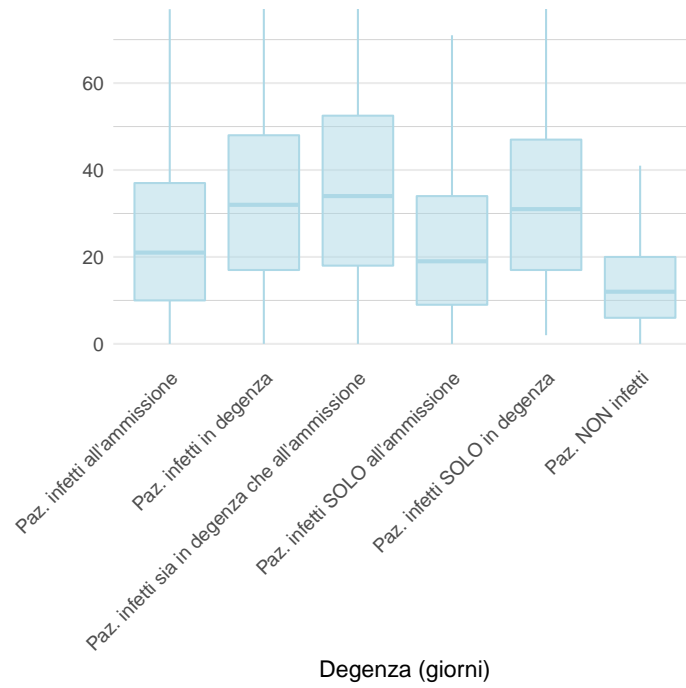
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 7098).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	4630	65.1	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1733	24.4	5	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	328	4.6	20	(11 - 35)
Pazienti infetti SOLO in degenza	407	5.7	16	(10 - 28)
Pazienti infetti all'ammissione	2061	29.0	6	(2 - 13)
Pazienti infetti in degenza	735	10.3	17	(10 - 30)

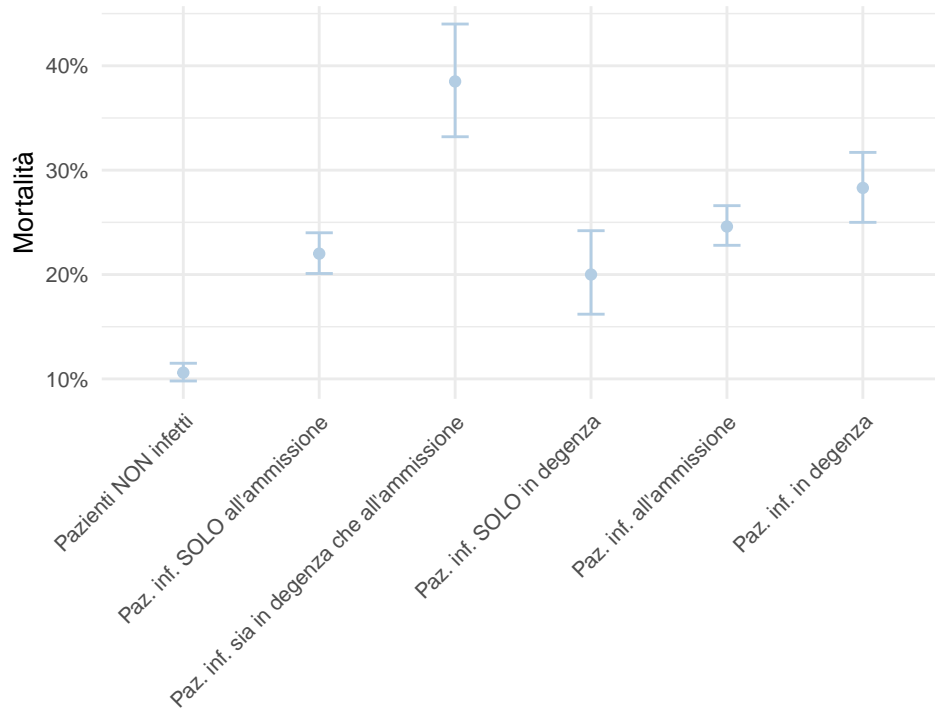
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Pazienti	Degenza ospedaliera (giorni)			
	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	4630	65.1	12	(6 - 20)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1733	24.4	19	(9 - 34)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	328	4.6	34	(18 - 52)
Pazienti infetti SOLO in degenza	407	5.7	31	(17 - 47)
Pazienti infetti all'ammissione	2061	29.0	21	(10 - 37)
Pazienti infetti in degenza	735	10.3	32	(17 - 48)

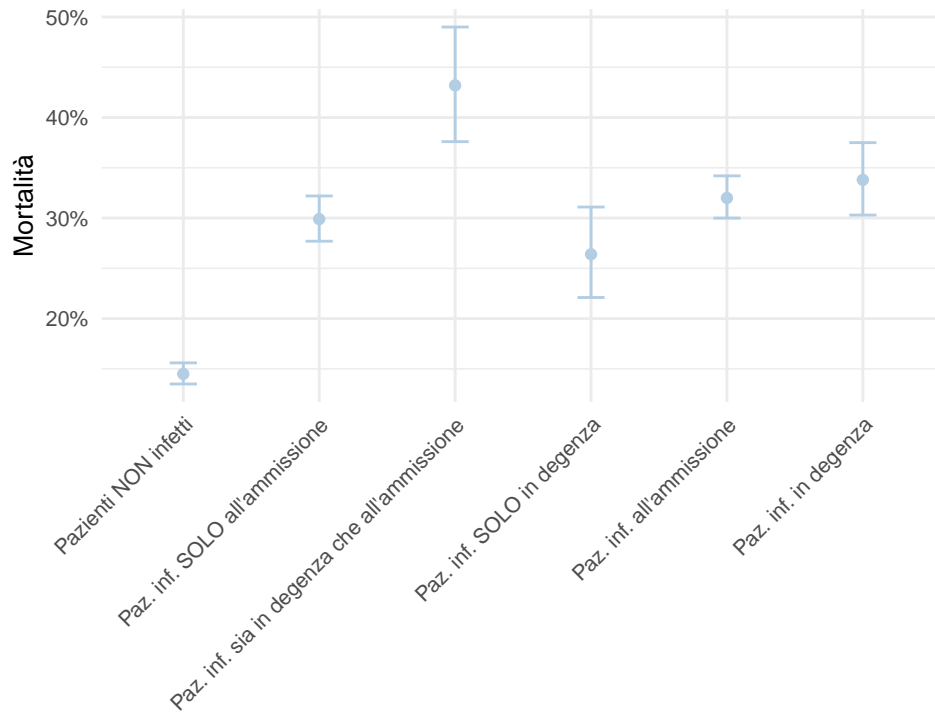
* escluse le riammissioni (N = 257)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	4630	492	10.6	(9.8 - 11.5)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1733	381	22.0	(20.1 - 24)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	328	126	38.5	(33.2 - 44)
Pazienti infetti SOLO in degenza	407	81	20.0	(16.2 - 24.2)
Pazienti infetti all'ammissione	2061	507	24.6	(22.8 - 26.6)
Pazienti infetti in degenza	735	207	28.3	(25 - 31.7)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

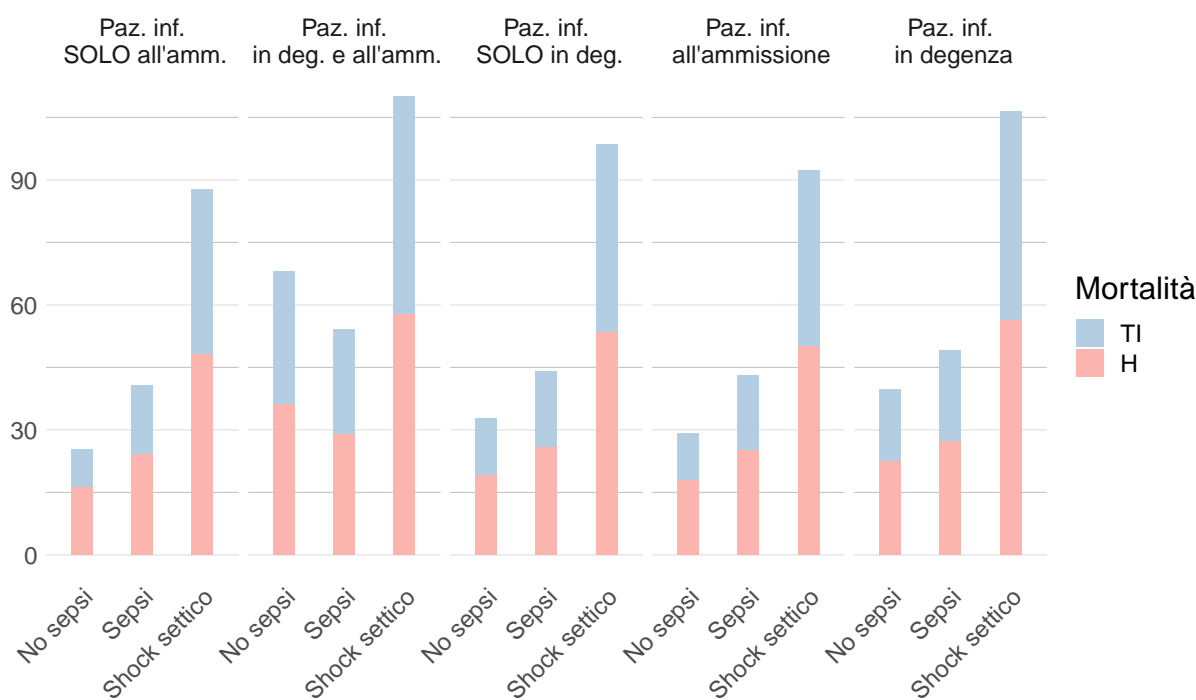


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	4630	654	14.5	(13.5 - 15.6)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1733	486	29.9	(27.7 - 32.2)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	328	131	43.2	(37.6 - 49)
Pazienti infetti SOLO in degenza	407	102	26.4	(22.1 - 31.1)
Pazienti infetti all'ammissione	2061	617	32.0	(30 - 34.2)
Pazienti infetti in degenza	735	233	33.8	(30.3 - 37.5)

* escluse le riammissioni (N = 257)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1733	544	602	587	31.4	34.7	33.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	328	56	127	145	17.1	38.7	44.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	407	214	131	62	52.6	32.2	15.2
Pazienti infetti all'ammissione	2061	600	729	732	29.1	35.4	35.5
Pazienti infetti in degenza	735	270	258	207	36.7	35.1	28.2



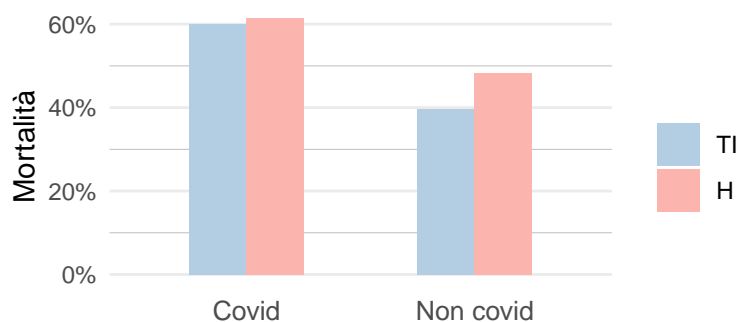
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	544	50	9.2	512	82	16.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	56	18	32.1	50	18	36.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	214	29	13.7	209	39	19.1
Pazienti infetti all'ammissione	600	68	11.3	562	100	17.9
Pazienti infetti in degenza	270	47	17.5	259	57	22.4

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	602	99	16.5	559	135	24.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	127	32	25.4	117	33	28.9
Pazienti infetti SOLO in degenza	131	24	18.3	125	32	25.8
Pazienti infetti all'ammissione	729	131	18.0	676	168	25.0
Pazienti infetti in degenza	258	56	21.8	242	65	27.3

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	587	232	39.6	564	269	48.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	145	76	52.4	139	80	57.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	62	28	45.2	59	31	53.4
Pazienti infetti all'ammissione	732	308	42.1	703	349	50.1
Pazienti infetti in degenza	207	104	50.2	198	111	56.3

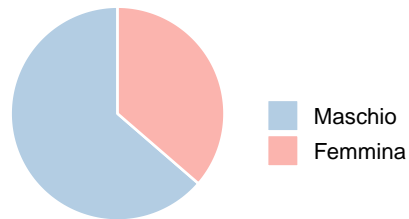
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	90	54	60.0	88	54	61.4
Non covid	642	254	39.6	615	295	48.4

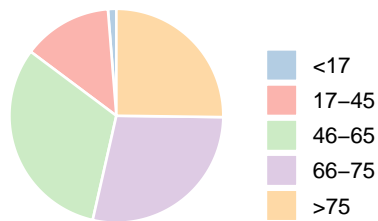
2 Tutti i pazienti (N = 7111)

2.1 Sesso



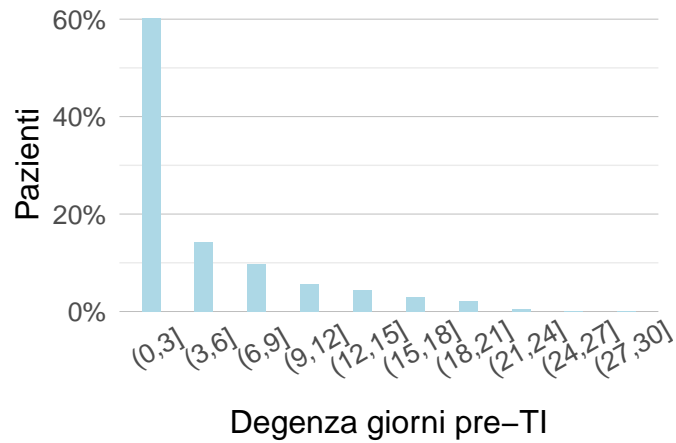
Sesso	N	%
Maschio	4526	63.7
Femmina	2584	36.3
Missing	1	0

2.2 Età



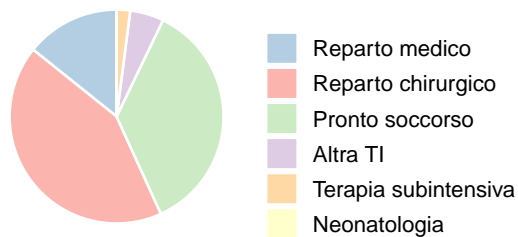
Range età	N	%
<17	90	1.3
17-45	961	13.5
46-65	2252	31.7
66-75	2016	28.4
>75	1792	25.2
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



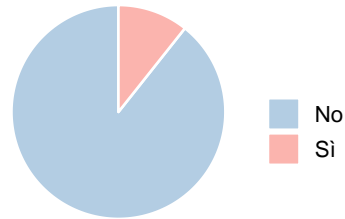
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	11.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	15

2.4 Provenienza (reparto)



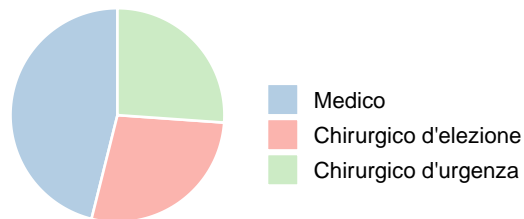
Provenienza	N	%
Reparto medico	1009	14.2
Reparto chirurgico	3014	42.6
Pronto soccorso	2553	36.0
Altra TI	361	5.1
Terapia subintensiva	145	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	29	0

2.5 Trauma



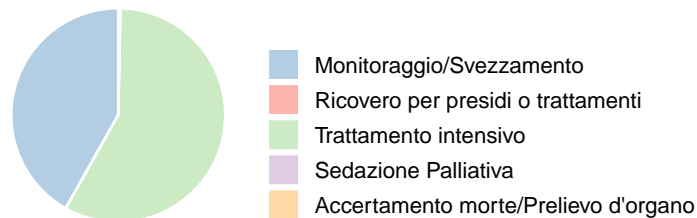
Trauma	N	%
No	6345	89.3
Sì	759	10.7
Missing	7	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	3275	46.1
Chirurgico d'elezione	1974	27.8
Chirurgico d'urgenza	1855	26.1
Missing	7	0

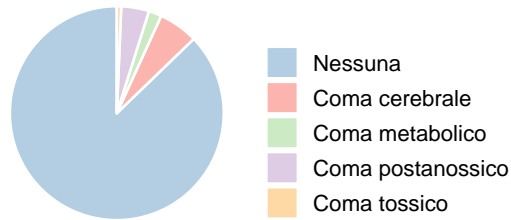
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2969	41.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

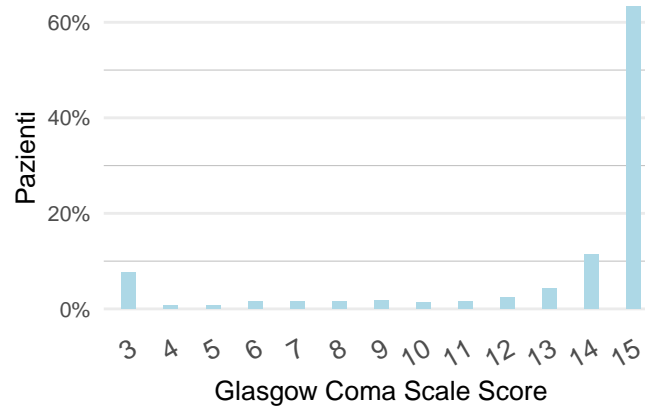
Trattamento intensivo	4104	57.8
Sedazione Palliativa	17	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	6	0.1
Missing	15	0

2.8 Insufficienza neurologica



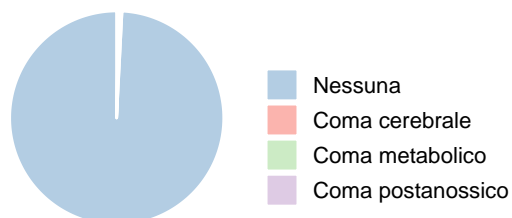
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	5426	87.2
Coma cerebrale	371	6.0
Coma metabolico	122	2.0
Coma postanossico	261	4.2
Coma tossico	41	0.7
Missing	890	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



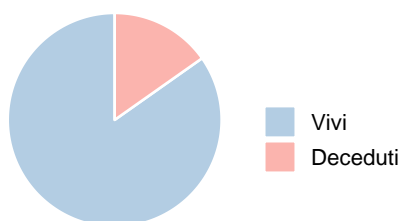
Indicatore	Valore
Media	13.0
DS	3.7
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



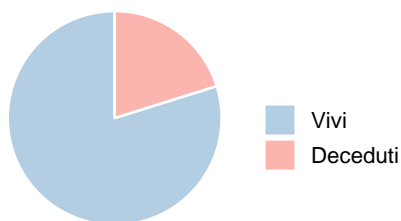
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	7043	99.2
Coma cerebrale	26	0.4
Coma metabolico	16	0.2
Coma postanossico	15	0.2
Missing	12	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	6014	84.8
Deceduti	1080	15.2
Missing	17	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

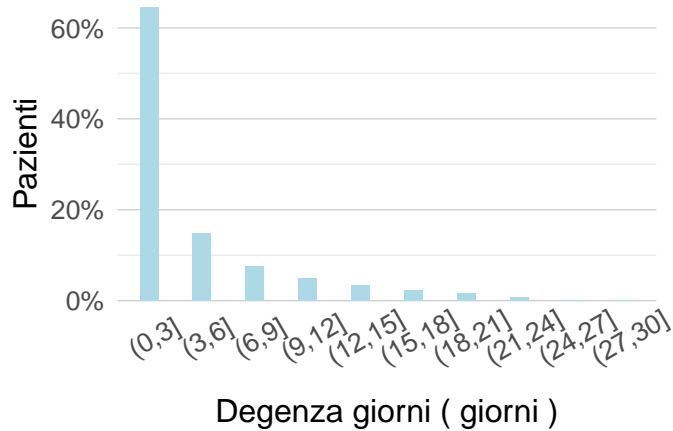


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	5435	79.8

Deceduti	1373	20.2
Missing	44	0

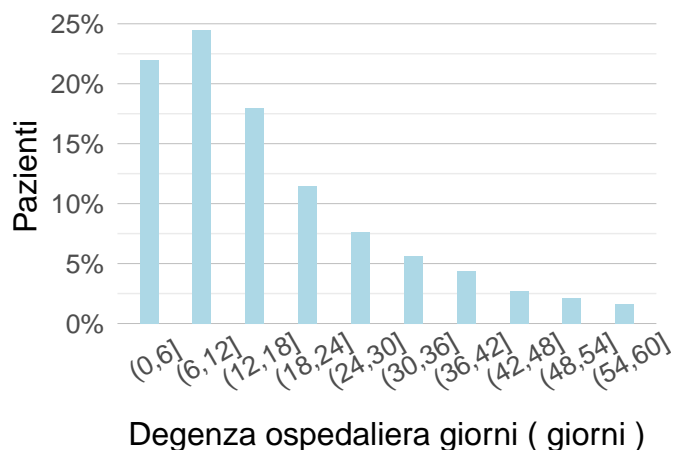
* Statistiche calcolate su 6852 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 259).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.9 (9.5)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-6)
Missing	15

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

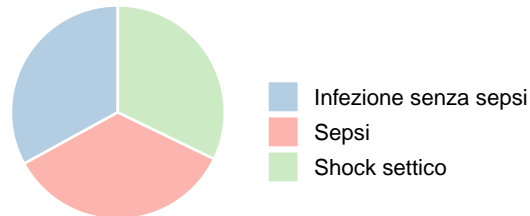


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.6 (21.8)
Mediana (Q1-Q3)	14 (7-27)
Missing	44

* Statistiche calcolate su 6852 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 259).

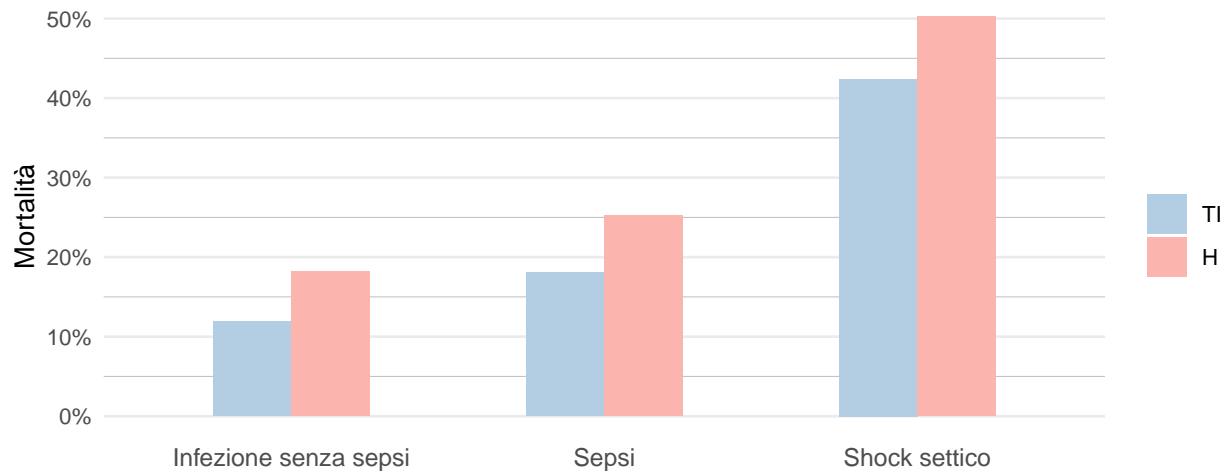
3 Pazienti infetti (N = 2468)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	814	33.0
Sepsis	860	34.8
Shock settico	794	32.2
Missing	0	0

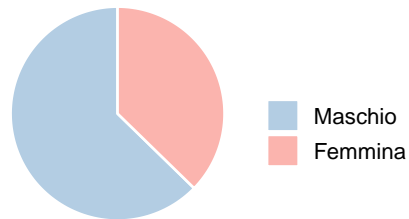
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	11.9	18.2
Sepsis	18.1	25.2
Shock settico	42.4	50.3

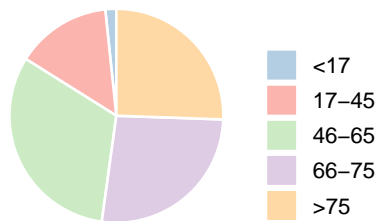
4 Pazienti non infetti (N = 4630)

4.1 Sesso



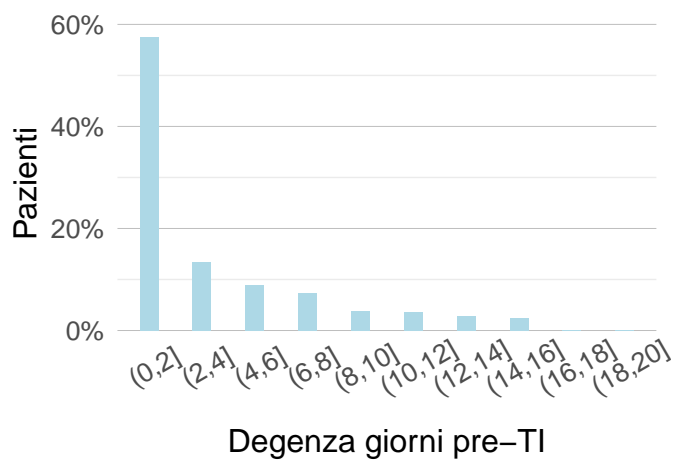
Sesso	N	%
Maschio	2903	62.7
Femmina	1726	37.3
Missing	1	0

4.2 Età



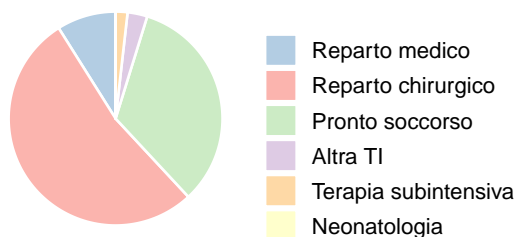
Range età	N	%
<17	77	1.7
17-45	668	14.4
46-65	1469	31.7
66-75	1233	26.6
>75	1183	25.6
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



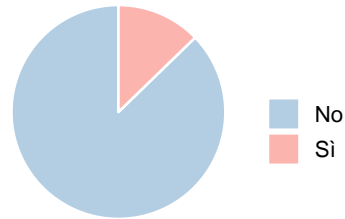
Indicatore	Valore
Media	3.7
DS	8.6
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	5

4.4 Provenienza (reparto)



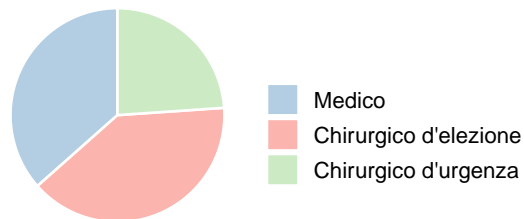
Provenienza	N	%
Reparto medico	413	8.9
Reparto chirurgico	2448	53.0
Pronto soccorso	1538	33.3
Altra TI	138	3.0
Terapia subintensiva	83	1.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	10	0

4.5 Trauma



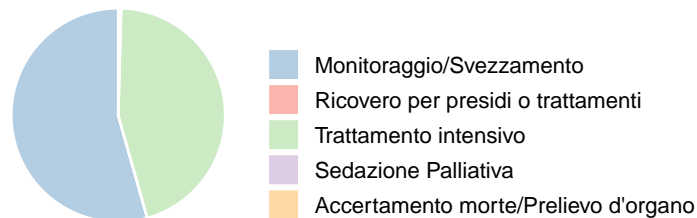
Trauma	N	%
No	4040	87.3
Sì	590	12.7
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	1692	36.5
Chirurgico d'elezione	1831	39.5
Chirurgico d'urgenza	1107	23.9
Missing	0	0

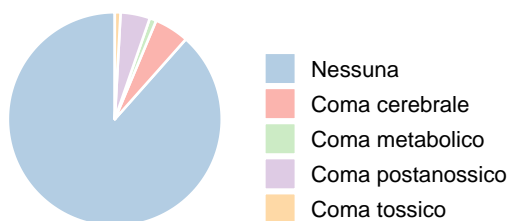
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2514	54.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

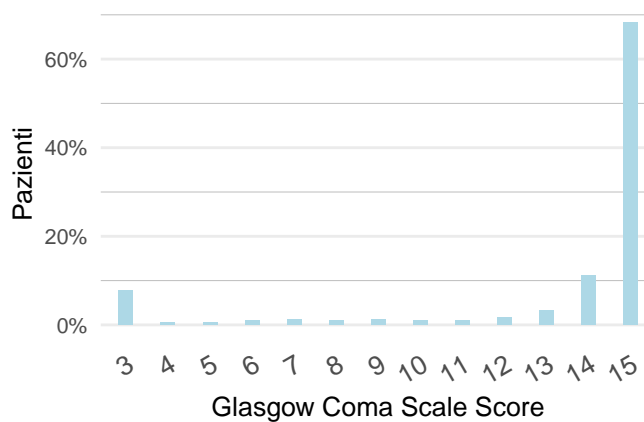
Trattamento intensivo	2088	45.2
Sedazione Palliativa	14	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	6	0.1
Missing	8	0

4.8 Insufficienza neurologica



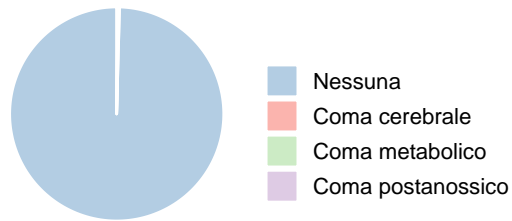
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	3595	88.4
Coma cerebrale	213	5.2
Coma metabolico	41	1.0
Coma postanossico	181	4.5
Coma tossico	35	0.9
Missing	565	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



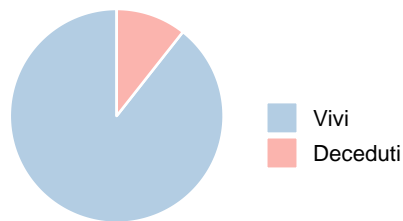
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.6
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



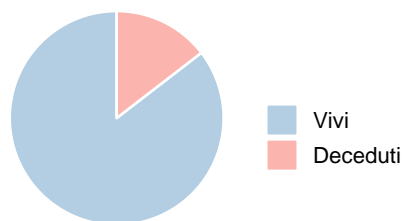
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4610	99.6
Coma cerebrale	9	0.2
Coma metabolico	4	0.1
Coma postanossico	7	0.2
Missing	0	

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4138	89.4
Deceduti	492	10.6
Missing	0	0

4.12 Mortalità ospedaliera *

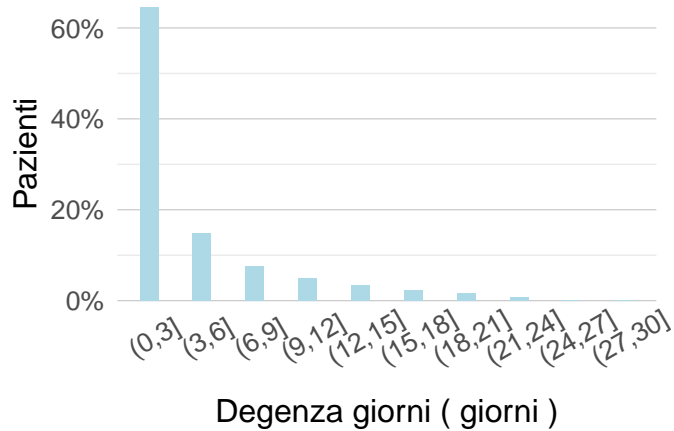


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3841	85.5

Deceduti	654	14.5
Missing	10	0

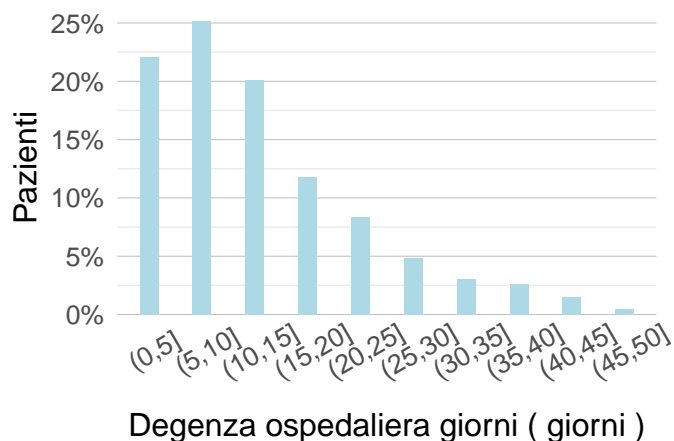
* Statistiche calcolate su 4505 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 125).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.9 (3.9)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	0

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

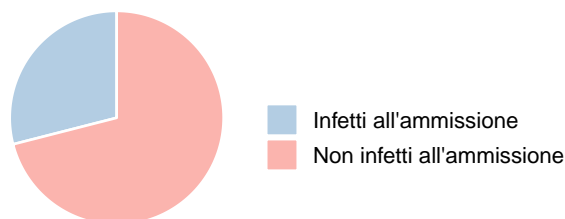


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.2 (17.0)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-20)
Missing	11

* Statistiche calcolate su 4505 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 125$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

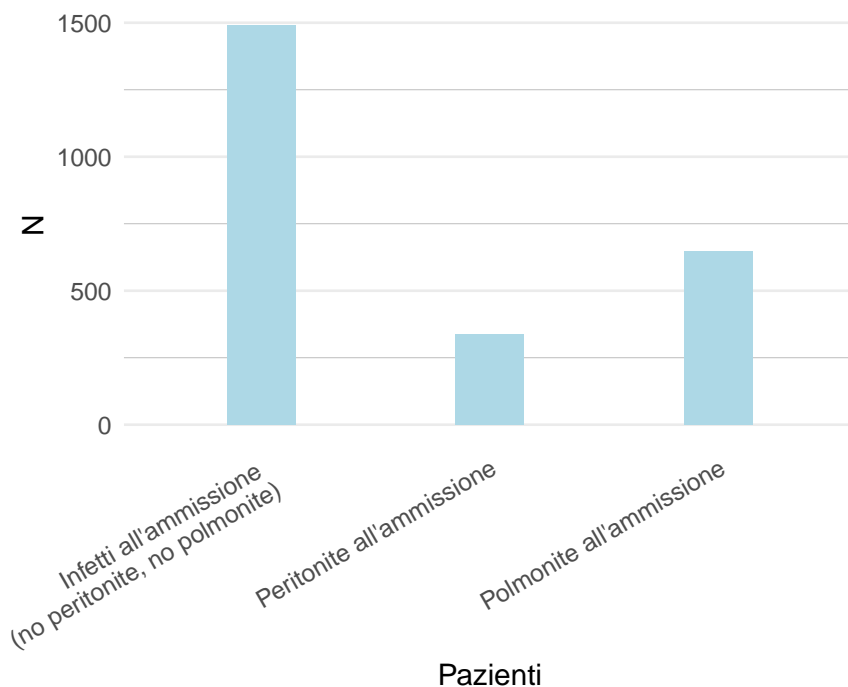
Sono presenti 2061 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 28.98% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	2061	28.98
Non infetti all'ammissione	5050	71.02

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 7111).

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

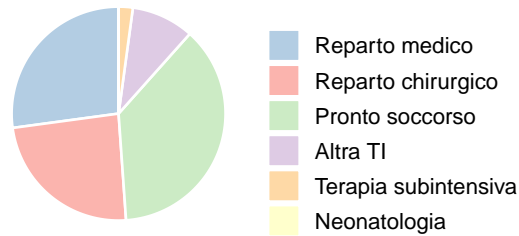


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1490	72.30
Peritonite all'ammissione	336	16.30
Polmonite all'ammissione	649	31.49

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 2061).

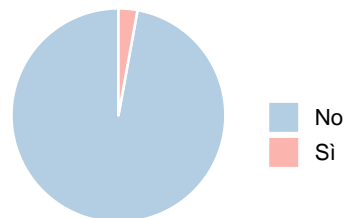
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2061)

5.1 Provenienza (reparto)



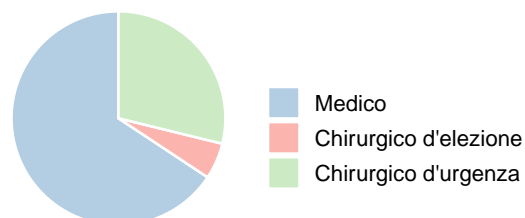
Provenienza	N	%
Reparto medico	557	27.1
Reparto chirurgico	492	24.0
Pronto soccorso	765	37.3
Altra TI	194	9.5
Terapia subintensiva	44	2.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	9	0

5.2 Trauma



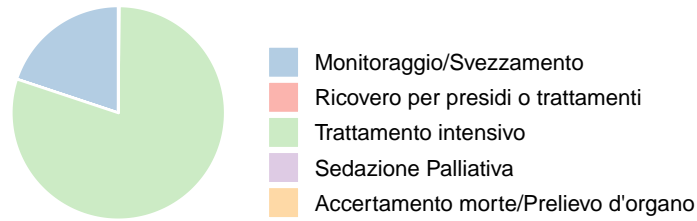
Trauma	N	%
No	2002	97.1
Sì	59	2.9
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



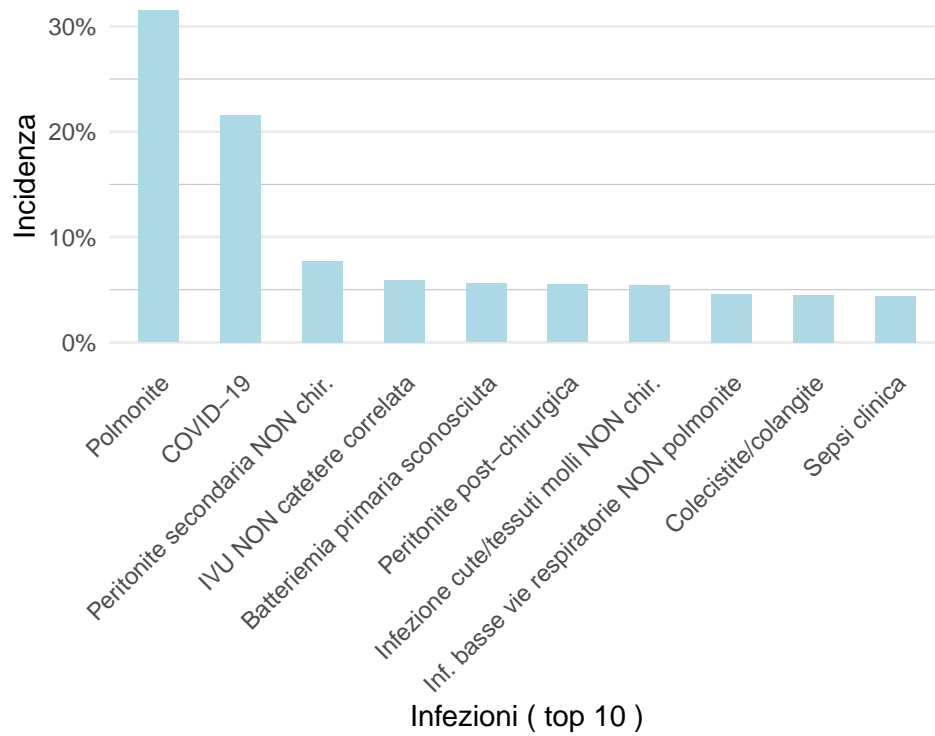
Stato chirurgico	N	%
Medico	1354	65.7
Chirurgico d'elezione	113	5.5
Chirurgico d'urgenza	594	28.8
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



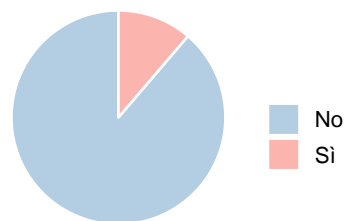
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	410	19.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1648	80.0
Sedazione Palliativa	3	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



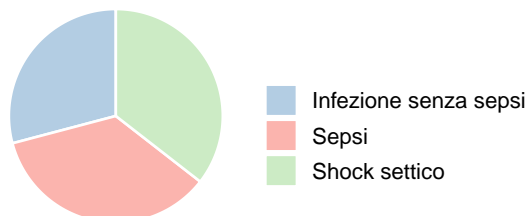
Infezione	N	%
Polmonite	649	31.5
COVID-19	445	21.6
Peritonite secondaria NON chir.	158	7.7
IVU NON catetere correlata	121	5.9
Batteriemia primaria sconosciuta	115	5.6
Peritonite post-chirurgica	113	5.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	111	5.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	94	4.6
Colecistite/colangite	93	4.5
Sepsi clinica	90	4.4
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	1829	88.7
Sì	232	11.3
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	600	29.1
Sepsi	729	35.4
Shock settico	732	35.5
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

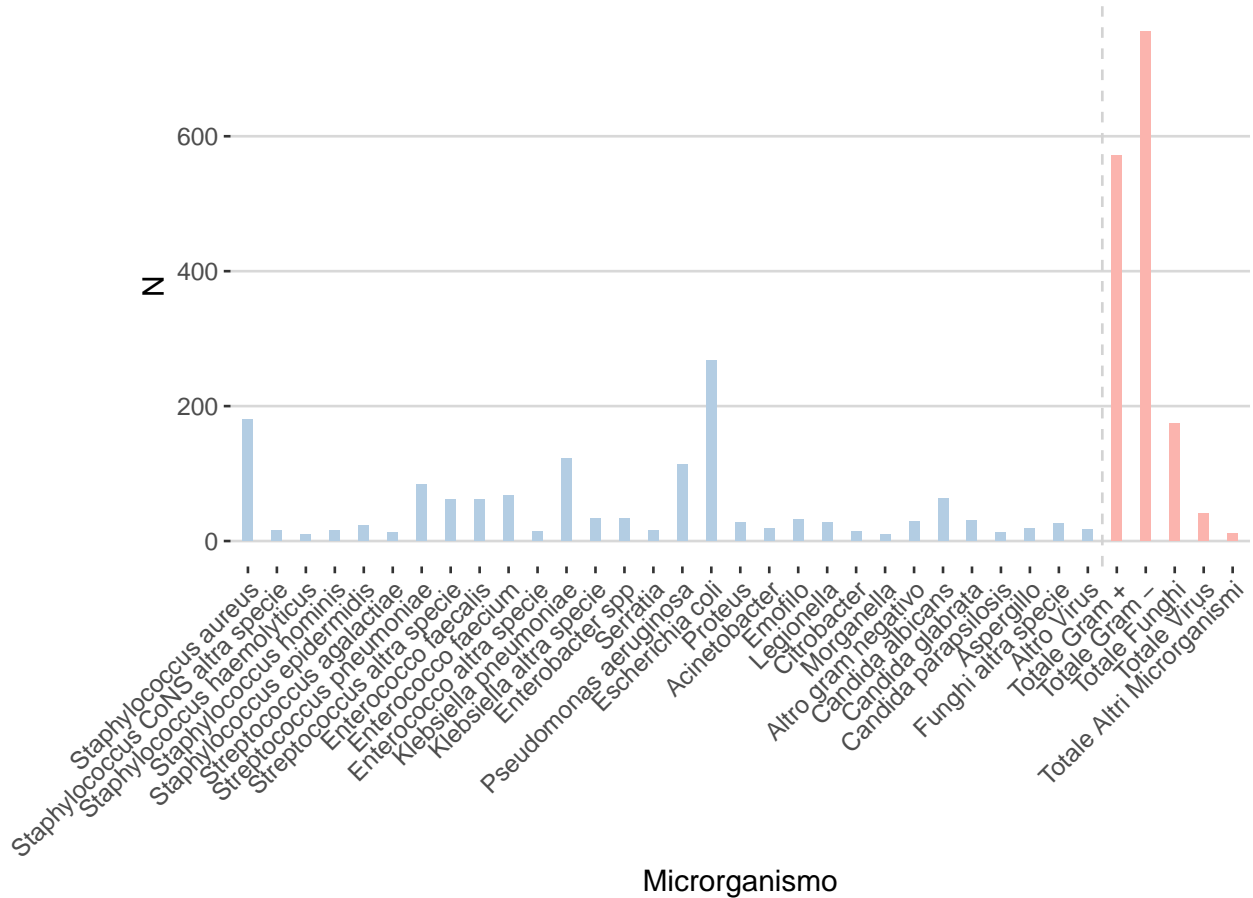
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	677	34.5
Sì	1285	65.5
Missing	4	
Totale infezioni	1966	
Totale microrganismi isolati	1702	

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	180	14.0	140	28	20
Staphylococcus capitis	7	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	15	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	0.8	6	2	33.3
Staphylococcus hominis	16	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0

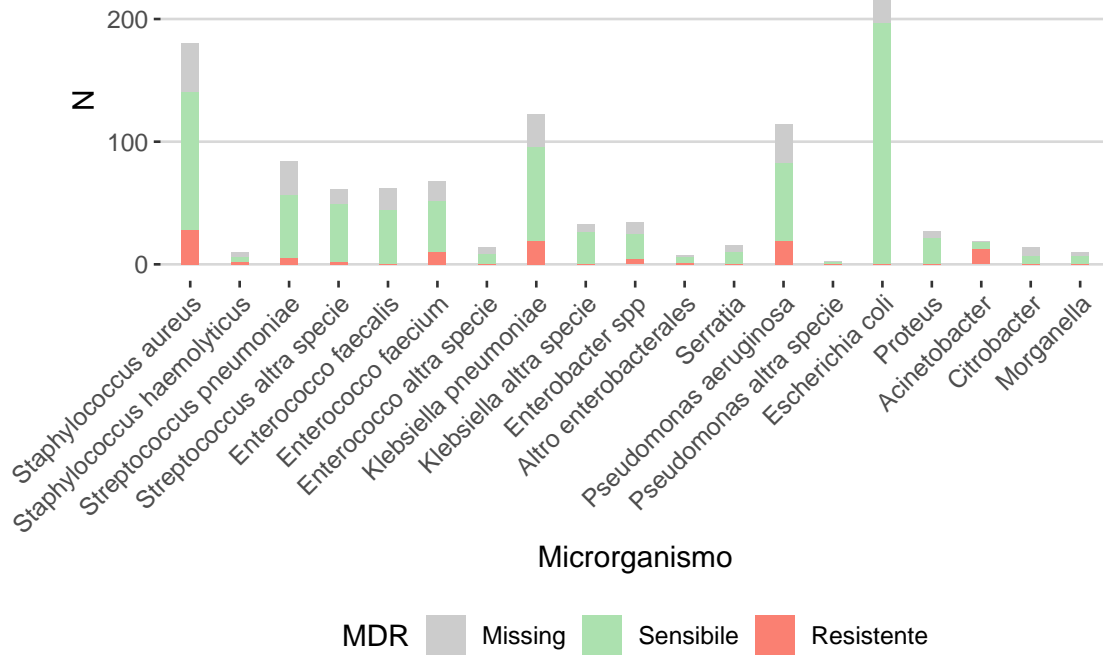
Staphylococcus epidermidis	23	1.8	0	0	0
Pyogens	4	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	13	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	84	6.5	56	5	8.9
Streptococcus altra specie	61	4.7	49	2	4.1
Enterococco faecalis	62	4.8	44	0	0
Enterococco faecium	68	5.3	51	10	19.6
Enterococco altra specie	14	1.1	8	0	0
Clostridium difficile	8	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	4	0.3	0	0	0
Totale Gram +	571	44.4	354	47	13.3
Klebsiella pneumoniae	122	9.5	95	19	20
Klebsiella altra specie	33	2.6	26	0	0
Enterobacter spp	34	2.6	25	4	16
Altro enterobacterales	7	0.5	6	1	16.7
Serratia	15	1.2	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	114	8.9	82	19	23.2
Pseudomonas altra specie	2	0.2	2	0	0
Escherichia coli	268	20.9	197	0	0
Proteus	27	2.1	21	0	0
Acinetobacter	19	1.5	18	12	66.7
Emofilo	32	2.5	0	0	0
Legionella	27	2.1	0	0	0
Citrobacter	14	1.1	7	0	0
Morganella	10	0.8	7	0	0
Clamidia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	29	2.3	0	0	0
Totale Gram -	755	58.8	496	55	11.1
Candida albicans	63	4.9	0	0	0
Candida glabrata	31	2.4	0	0	0
Candida krusei	3	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	12	0.9	0	0	0
Candida tropicalis	6	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	6	0.5	0	0	0
Aspergillo	18	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	8	0.6	0	0	0
Funghi altra specie	26	2.0	0	0	0
Totale Funghi	174	13.5	0	0	0
Influenza A	5	0.4			
Influenza AH3N2	7	0.5			
Citomegalovirus	8	0.6			
Herpes simplex	4	0.3			
Altro Virus	17	1.3			
Totale Virus	41	3.2	0	0	0
Mycoplasma	4	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	5	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	11	0.9	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	180	14.0	140	28	20
Staphylococcus capitis	7	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	15	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	10	0.8	6	2	33.3
Staphylococcus hominis	16	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	23	1.8	0	0	0
Pyogens	4	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	13	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	84	6.5	56	5	8.9
Streptococcus altra specie	61	4.7	49	2	4.1
Enterococco faecalis	62	4.8	44	0	0
Enterococco faecium	68	5.3	51	10	19.6
Enterococco altra specie	14	1.1	8	0	0
Clostridium difficile	8	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	4	0.3	0	0	0
Totale Gram +	571	44.4	354	47	13.3
Klebsiella pneumoniae	122	9.5	95	19	20
Klebsiella altra specie	33	2.6	26	0	0
Enterobacter spp	34	2.6	25	4	16
Altro enterobacterales	7	0.5	6	1	16.7

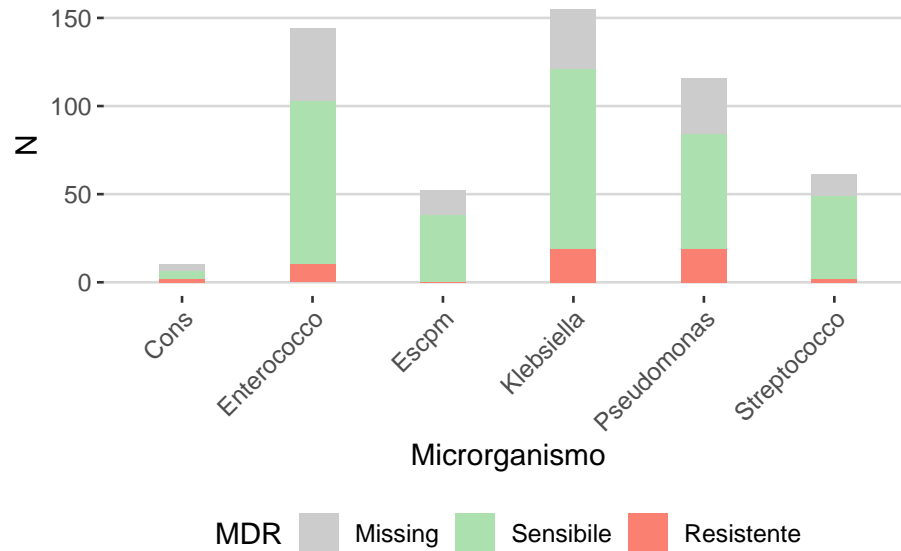
Serratia	15	1.2	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	114	8.9	82	19	23.2
Pseudomonas altra specie	2	0.2	2	0	0
Escherichia coli	268	20.9	197	0	0
Proteus	27	2.1	21	0	0
Acinetobacter	19	1.5	18	12	66.7
Emofilo	32	2.5	0	0	0
Legionella	27	2.1	0	0	0
Citrobacter	14	1.1	7	0	0
Morganella	10	0.8	7	0	0
Clamidia	2	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	29	2.3	0	0	0
Totale Gram -	755	58.8	496	55	11.1
Candida albicans	63	4.9	0	0	0
Candida glabrata	31	2.4	0	0	0
Candida krusei	3	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	12	0.9	0	0	0
Candida tropicalis	6	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	6	0.5	0	0	0
Aspergillo	18	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	8	0.6	0	0	0
Funghi altra specie	26	2.0	0	0	0
Totale Funghi	174	13.5	0	0	0
Influenza A	5	0.4			
Influenza AH3N2	7	0.5			
Citomegalovirus	8	0.6			
Herpes simplex	4	0.3			
Altro Virus	17	1.3			
Totale Virus	41	3.2	0	0	0
Mycoplasma	4	0.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	5	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	11	0.9	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Providencia, Candida auris, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato). 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	10	6	4	2	33.33	4
Enterococco	144	103	93	10	9.71	41
Escpm	52	38	38	0	0.00	14
Klebsiella	155	121	102	19	15.70	34
Pseudomonas	116	84	65	19	22.62	32
Streptococco	61	49	47	2	4.08	12

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	93	Ertapenem	17	18.28
Klebsiella pneumoniae	95	Meropenem	18	18.95
Enterobacter spp	25	Ertapenem	4	16.00
Enterobacter spp	25	Meropenem	3	12.00
Altro enterobacterales	6	Ertapenem	1	16.67

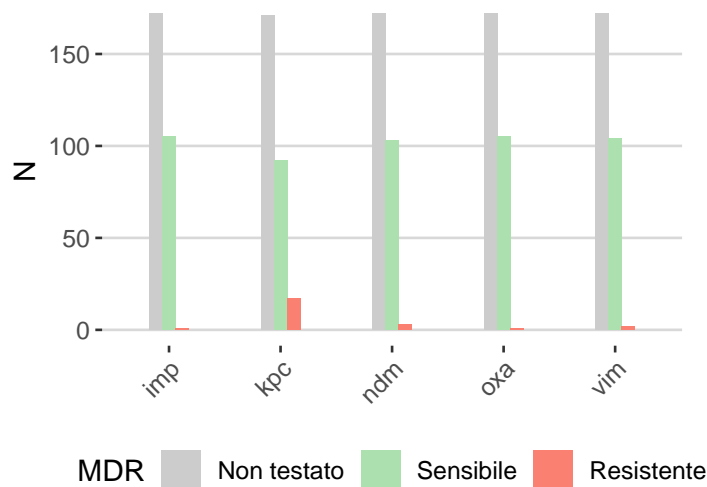
Altro enterobacterales	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	18	Imipenem	12	66.67
Acinetobacter	18	Meropenem	12	66.67
Pseudomonas aeruginosa	81	Imipenem	19	23.46
Pseudomonas aeruginosa	82	Meropenem	13	15.85
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	2	33.33
Staphylococcus aureus	140	Meticillina	28	20.00
Streptococcus pneumoniae	56	Penicillina	5	8.93
Streptococcus altra specie	49	Penicillina	2	4.08
Enterococco faecium	51	Vancomicina	10	19.61

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.

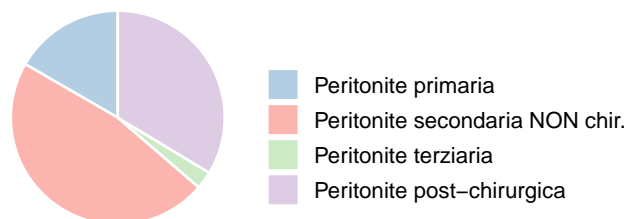
	N	%
Si	20	7.14
No	88	31.43
Non testato	172	61.43
Missing	250	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	4.2	105	172
kpc	17	70.8	92	171
ndm	3	12.5	103	172
oxa	1	4.2	105	172
vim	2	8.3	104	172



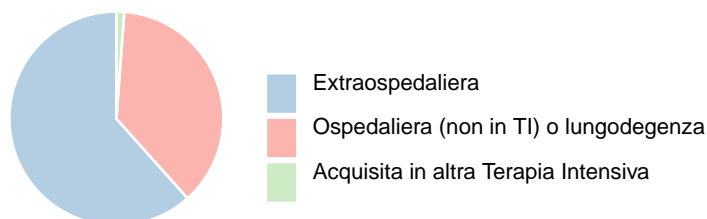
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 336)

6.1 Tipologia di peritonite



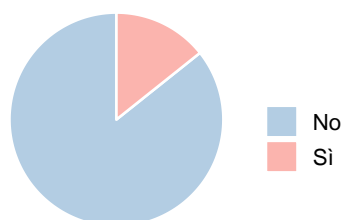
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	56	16.7
Peritonite secondaria NON chir.	158	47.0
Peritonite terziaria	9	2.7
Peritonite post-chirurgica	113	33.6
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



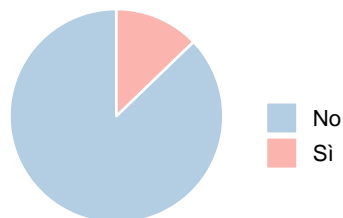
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	207	61.6
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	125	37.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	4	1.2
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemica



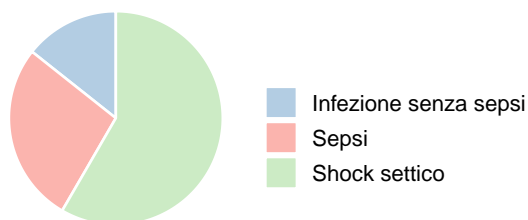
Batteriemica	N	%
No	288	85.7
Sì	48	14.3
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	293	87.2
Sì	43	12.8
Missing	0	0

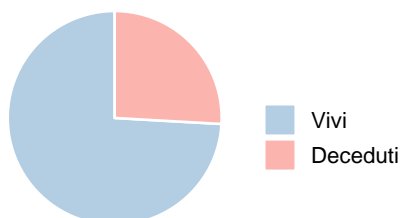
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	42	14.3
Sepsi	80	27.3
Shock settico	171	58.4
Missing	0	0

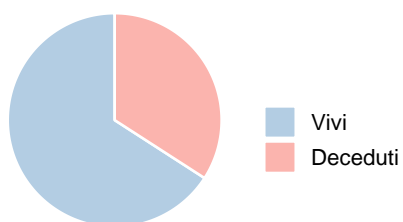
* Statistiche calcolate su 293 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 43).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	249	74.1
Deceduti	87	25.9
Missing	0	0

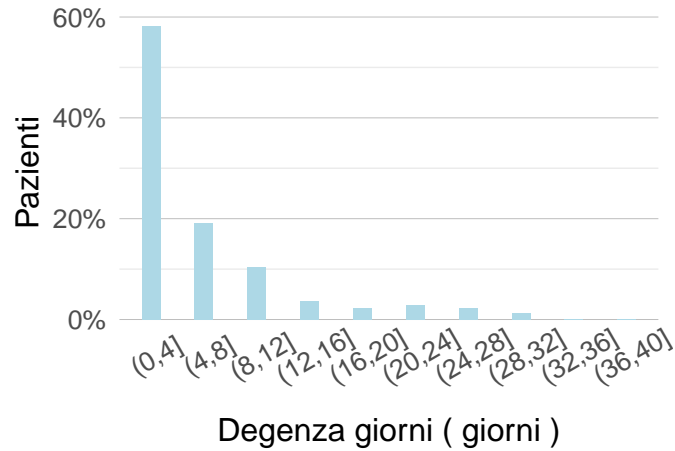
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	197	65.9
Deceduti	102	34.1
Missing	2	0

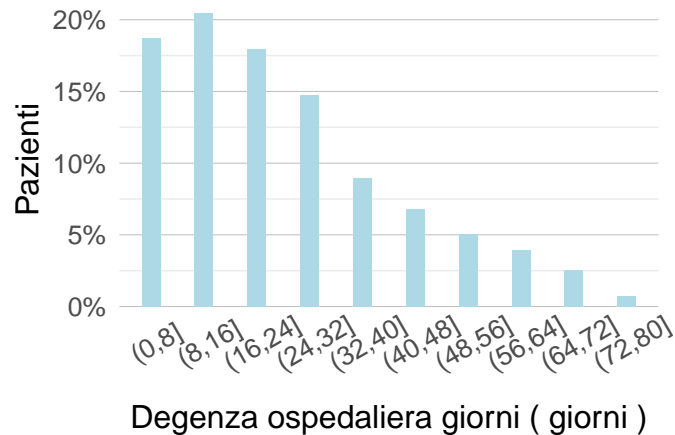
* Statistiche calcolate su 301 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 35).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.9 (11.1)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-9)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.6 (27.1)
Mediana (Q1-Q3)	22 (11-38)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 301 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 35).

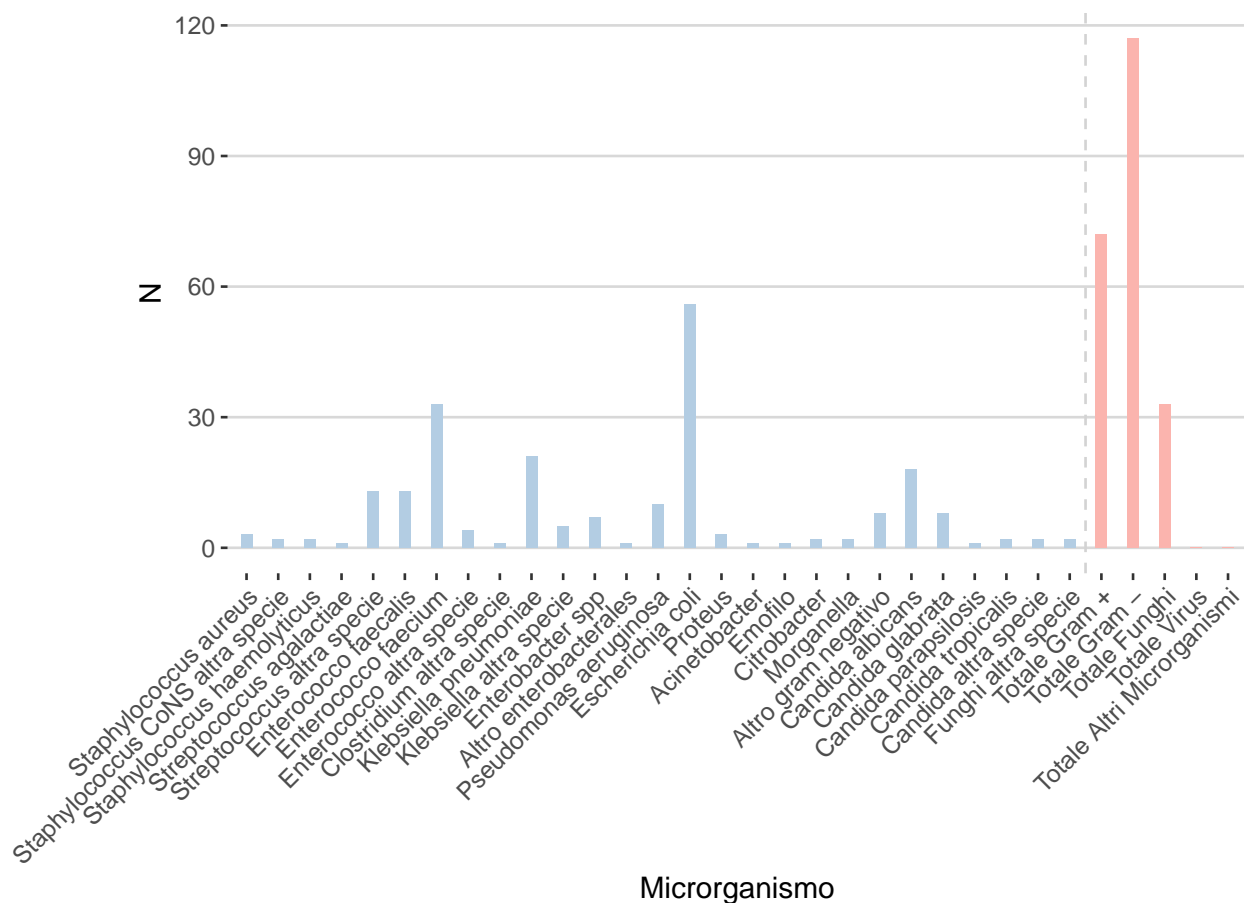
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	215	64.2
Sì	120	35.8
Missing	1	
Totale infezioni	336	
Totale microrganismi isolati	222	

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

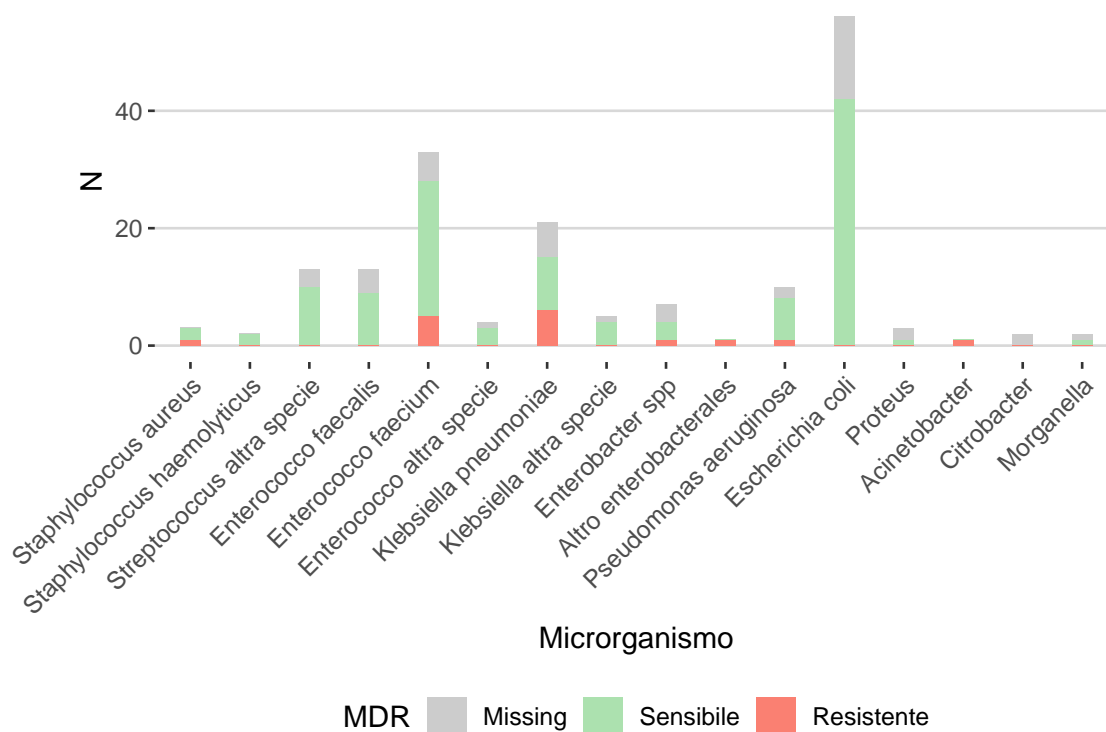
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	2.5	3	1	33.3
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	1.7	2	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	13	10.8	10	0	0
Enterococco faecalis	13	10.8	9	0	0
Enterococco faecium	33	27.5	28	5	17.9
Enterococco altra specie	4	3.3	3	0	0
Clostridium altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Gram +	72	60.0	55	6	10.9
Klebsiella pneumoniae	21	17.5	15	6	40
Klebsiella altra specie	5	4.2	4	0	0
Enterobacter spp	7	5.8	4	1	25
Altro enterobacterales	1	0.8	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	10	8.3	8	1	12.5
Escherichia coli	56	46.7	42	0	0
Proteus	3	2.5	1	0	0
Acinetobacter	1	0.8	1	1	100
Emofilo	1	0.8	0	0	0
Citrobacter	2	1.7	0	0	0
Morganella	2	1.7	1	0	0
Altro gram negativo	8	6.7	0	0	0
Totale Gram -	117	97.5	77	10	13
Candida albicans	18	15.0	0	0	0
Candida glabrata	8	6.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.8	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.7	0	0	0
Candida altra specie	2	1.7	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.7	0	0	0
Totale Funghi	33	27.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	2.5	3	1	33.3
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	1.7	2	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	13	10.8	10	0	0
Enterococco faecalis	13	10.8	9	0	0
Enterococco faecium	33	27.5	28	5	17.9
Enterococco altra specie	4	3.3	3	0	0
Clostridium altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Gram +	72	60.0	55	6	10.9
Klebsiella pneumoniae	21	17.5	15	6	40
Klebsiella altra specie	5	4.2	4	0	0
Enterobacter spp	7	5.8	4	1	25
Altro enterobacteriales	1	0.8	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	10	8.3	8	1	12.5
Escherichia coli	56	46.7	42	0	0
Proteus	3	2.5	1	0	0
Acinetobacter	1	0.8	1	1	100
Emofilo	1	0.8	0	0	0
Citrobacter	2	1.7	0	0	0
Morganella	2	1.7	1	0	0
Altro gram negativo	8	6.7	0	0	0

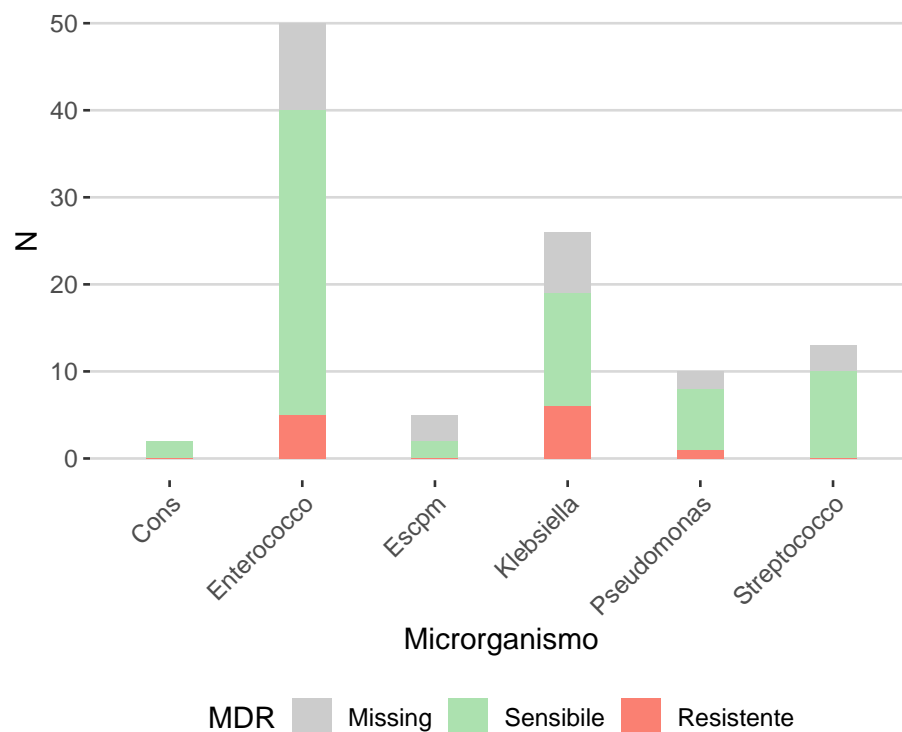
Totale Gram -	117	97.5	77	10	13
Candida albicans	18	15.0	0	0	0
Candida glabrata	8	6.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.8	0	0	0
Candida tropicalis	2	1.7	0	0	0
Candida altra specie	2	1.7	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.7	0	0	0
Totale Funghi	33	27.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	50	40	35	5	12.50	10
Escpm	5	2	2	0	0.00	3
Klebsiella	26	19	13	6	31.58	7
Pseudomonas	10	8	7	1	12.50	2
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	%
---------------	---	------------	--------------	---

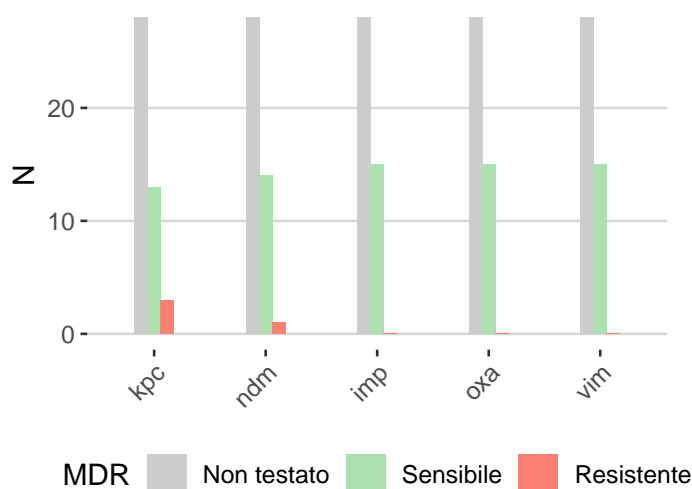
Klebsiella pneumoniae	15	Ertapenem	6	40.00
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	6	40.00
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Altro enterobacterales	1	Ertapenem	1	100.00
Altro enterobacterales	1	Meropenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	1	12.50
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	1	33.33
Enterococco faecium	28	Vancomicina	5	17.86

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.

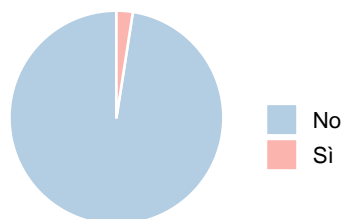
	N	%
Sì	4	9.09
No	12	27.27
Non testato	28	63.64
Missing	38	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	15	28
kpc	3	75	13	28
ndm	1	25	14	28
oxa	0	0	15	28
vim	0	0	15	28



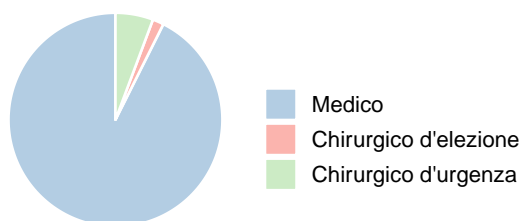
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 649)

7.1 Trauma



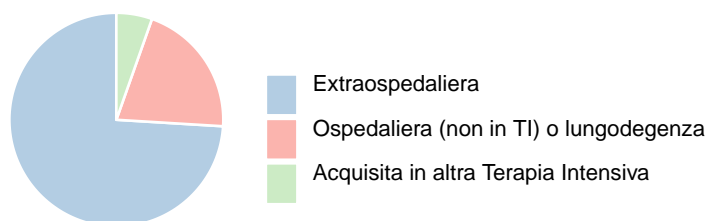
Trauma	N	%
No	633	97.5
Si	16	2.5
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	601	92.6
Chirurgico d'elezione	11	1.7
Chirurgico d'urgenza	37	5.7
Missing	0	0

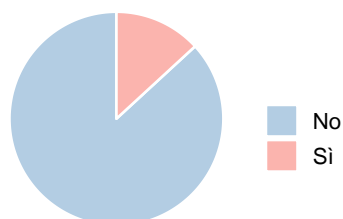
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	523	80.6
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	219	33.8
Acquisita in altra Terapia Intensiva	107	16.4

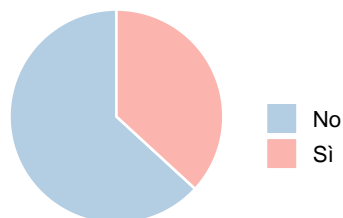
Extraospedaliera	479	74.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	133	20.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	35	5.4
Missing	2	0

7.4 Infezione batteriemica



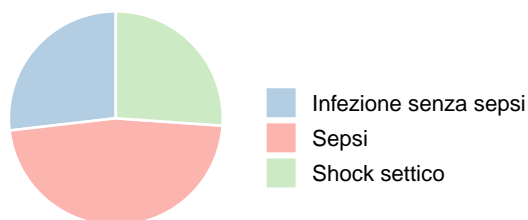
Batteriemica	N	%
No	561	86.8
Si	85	13.2
Missing	3	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	410	63.2
Si	239	36.8
Missing	0	0

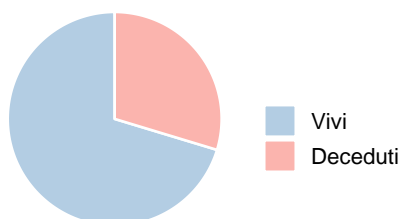
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	110	26.8
Sepsi	193	47.1
Shock settico	107	26.1
Missing	0	0

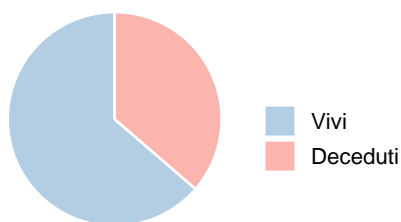
* Statistiche calcolate su 410 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 239).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	455	70.3
Deceduti	192	29.7
Missing	2	0

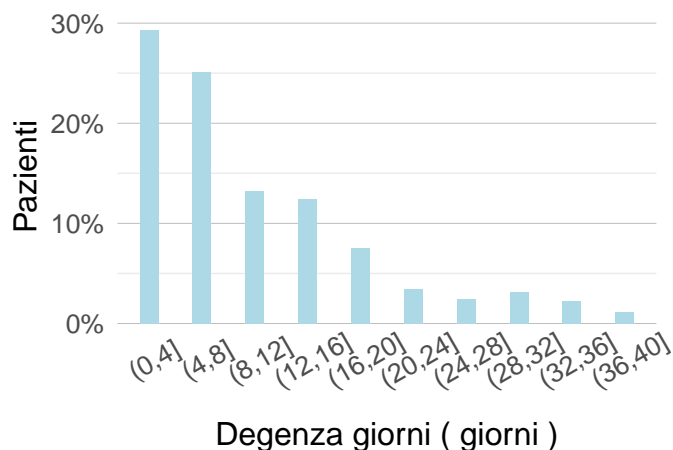
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	389	63.7
Deceduti	222	36.3
Missing	7	0

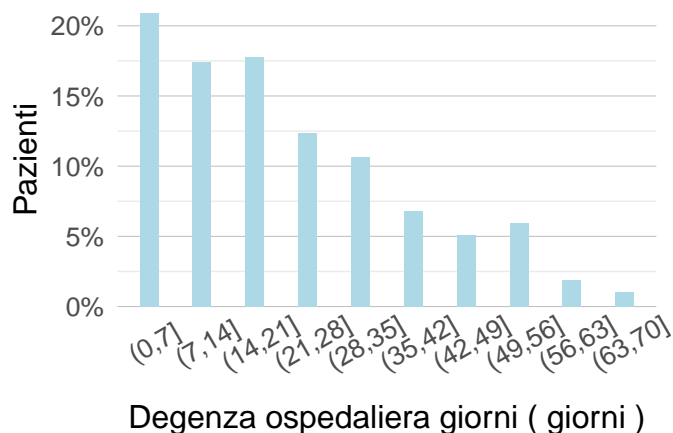
* Statistiche calcolate su 618 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 31).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.8 (13.2)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-16)
Missing	2

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.4 (24.8)
Mediana (Q1-Q3)	20 (10-35)
Missing	7

* Statistiche calcolate su 618 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 31).

7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

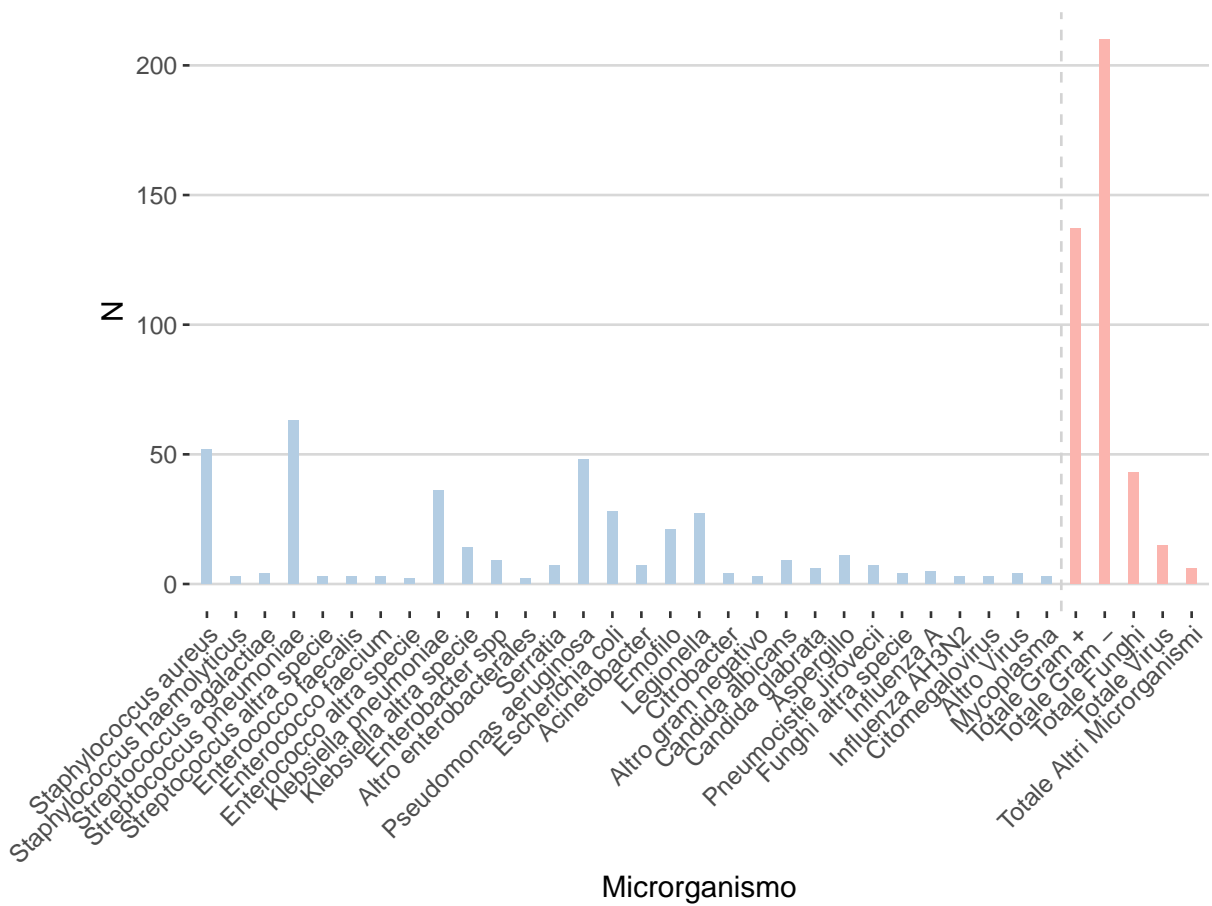
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	213	33.0
Sì	433	67.0
Missing	3	
Totale infezioni	649	
Totale microrganismi isolati	541	

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	52	12.0	38	7	18.4
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	63	14.5	44	4	9.1
Streptococcus altra specie	3	0.7	3	0	0
Enterococco faecalis	3	0.7	3	0	0
Enterococco faecium	3	0.7	3	1	33.3
Enterococco altra specie	2	0.5	1	0	0
Totale Gram +	137	31.6	92	12	13
Klebsiella pneumoniae	36	8.3	27	7	25.9
Klebsiella altra specie	14	3.2	9	0	0
Enterobacter spp	9	2.1	6	1	16.7
Altro enterobacterales	2	0.5	2	0	0
Serratia	7	1.6	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	48	11.1	32	13	40.6
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	28	6.5	21	0	0
Proteus	1	0.2	1	0	0
Acinetobacter	7	1.6	7	4	57.1
Emofilo	21	4.8	0	0	0
Legionella	27	6.2	0	0	0
Citrobacter	4	0.9	2	0	0
Clamidia	2	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	3	0.7	0	0	0
Totale Gram -	210	48.5	113	25	22.1
Candida albicans	9	2.1	0	0	0
Candida glabrata	6	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.5	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0

Aspergillo	11	2.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.9	0	0	0
Totale Funghi	43	9.9	0	0	0
Influenza A	5	1.2			
Influenza AH3N2	3	0.7			
Citomegalovirus	3	0.7			
Altro Virus	4	0.9			
Totale Virus	15	3.5	0	0	0
Mycoplasma	3	0.7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	6	1.4	0	0	0

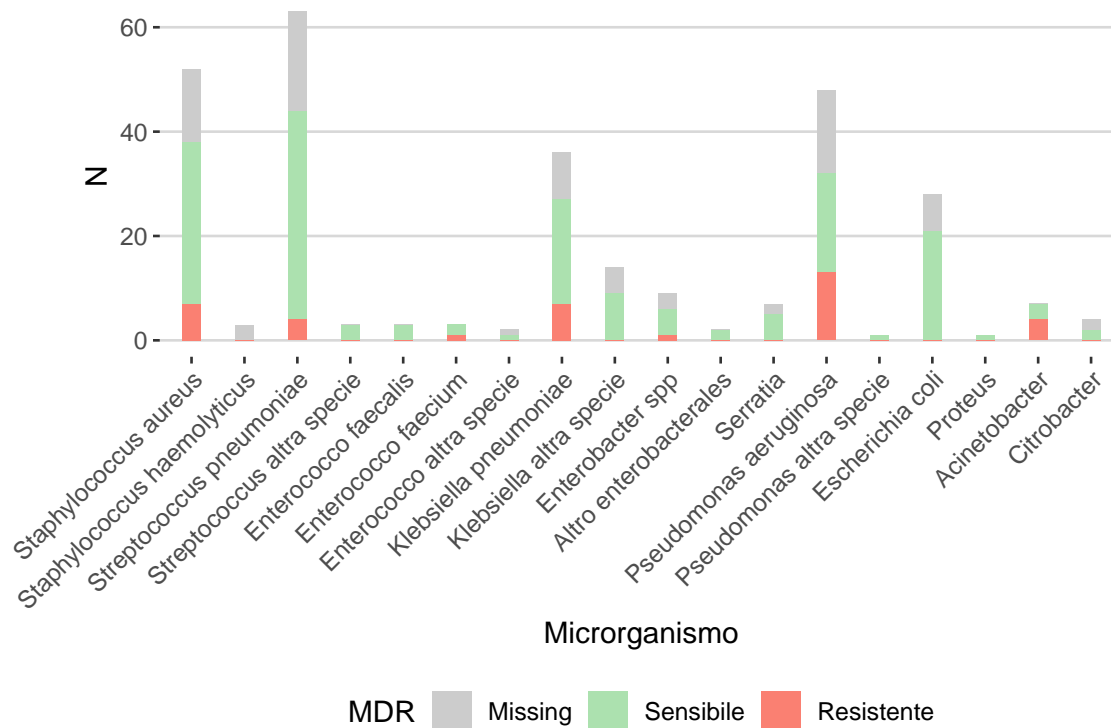


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	52	12.0	38	7	18.4
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.9	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 649)

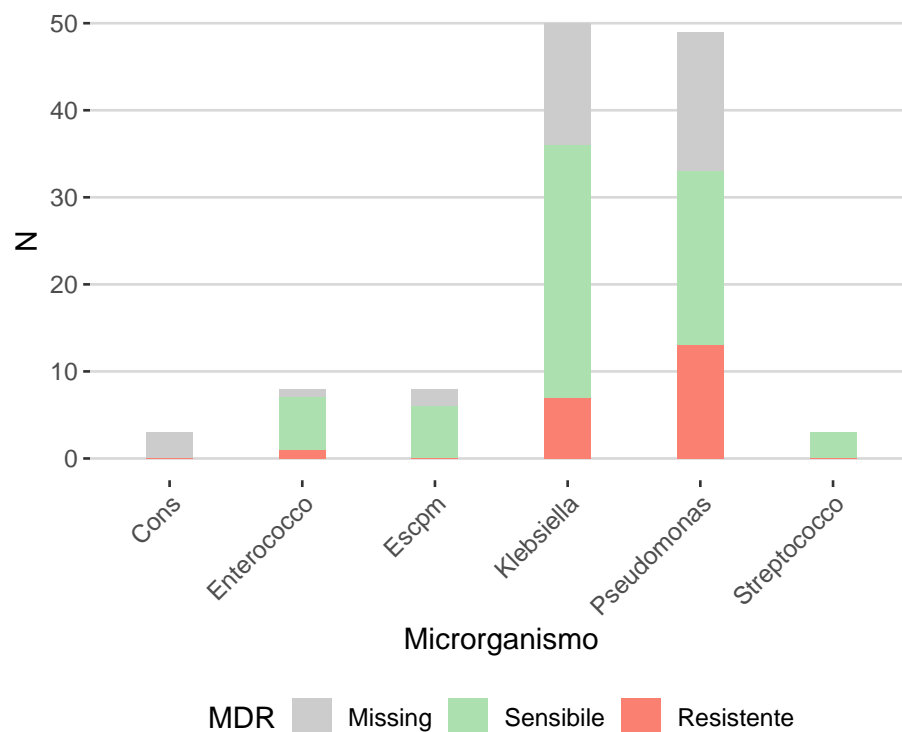
Streptococcus pneumoniae	63	14.5	44	4	9.1
Streptococcus altra specie	3	0.7	3	0	0
Enterococco faecalis	3	0.7	3	0	0
Enterococco faecium	3	0.7	3	1	33.3
Enterococco altra specie	2	0.5	1	0	0
Totale Gram +	137	31.6	92	12	13
Klebsiella pneumoniae	36	8.3	27	7	25.9
Klebsiella altra specie	14	3.2	9	0	0
Enterobacter spp	9	2.1	6	1	16.7
Altro enterobacterales	2	0.5	2	0	0
Serratia	7	1.6	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	48	11.1	32	13	40.6
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	0	0
Escherichia coli	28	6.5	21	0	0
Proteus	1	0.2	1	0	0
Acinetobacter	7	1.6	7	4	57.1
Emofilo	21	4.8	0	0	0
Legionella	27	6.2	0	0	0
Citrobacter	4	0.9	2	0	0
Clamidia	2	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	3	0.7	0	0	0
Totale Gram -	210	48.5	113	25	22.1
Candida albicans	9	2.1	0	0	0
Candida glabrata	6	1.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.5	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	11	2.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	7	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.9	0	0	0
Totale Funghi	43	9.9	0	0	0
Influenza A	5	1.2			
Influenza AH3N2	3	0.7			
Citomegalovirus	3	0.7			
Altro Virus	4	0.9			
Totale Virus	15	3.5	0	0	0
Mycoplasma	3	0.7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	6	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 (Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Morganella, Providencia, Candida auris, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato). 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	0	0	0	NaN	3
Enterococco	8	7	6	1	14.29	1
Escpm	8	6	6	0	0.00	2
Klebsiella	50	36	29	7	19.44	14
Pseudomonas	49	33	20	13	39.39	16
Streptococco	3	3	3	0	0.00	0

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

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

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

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

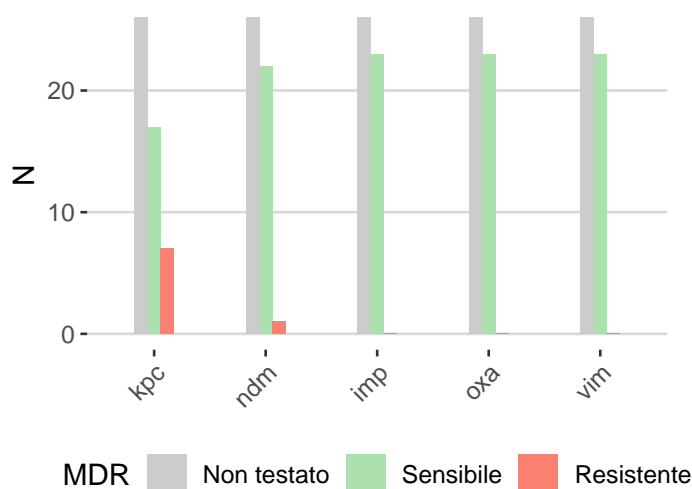
Klebsiella pneumoniae	25	Ertapenem	5	20.00
Klebsiella pneumoniae	27	Meropenem	6	22.22
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Enterobacter spp	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	7	Imipenem	4	57.14
Acinetobacter	7	Meropenem	4	57.14
Pseudomonas aeruginosa	32	Imipenem	13	40.62
Pseudomonas aeruginosa	32	Meropenem	10	31.25
Staphylococcus aureus	38	Meticillina	7	18.42
Streptococcus pneumoniae	44	Penicillina	4	9.09
Enterococco faecium	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	8	16
No	16	32
Non testato	26	52
Missing	51	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	23	26
kpc	7	87.5	17	26
ndm	1	12.5	22	26
oxa	0	0.0	23	26
vim	0	0.0	23	26



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

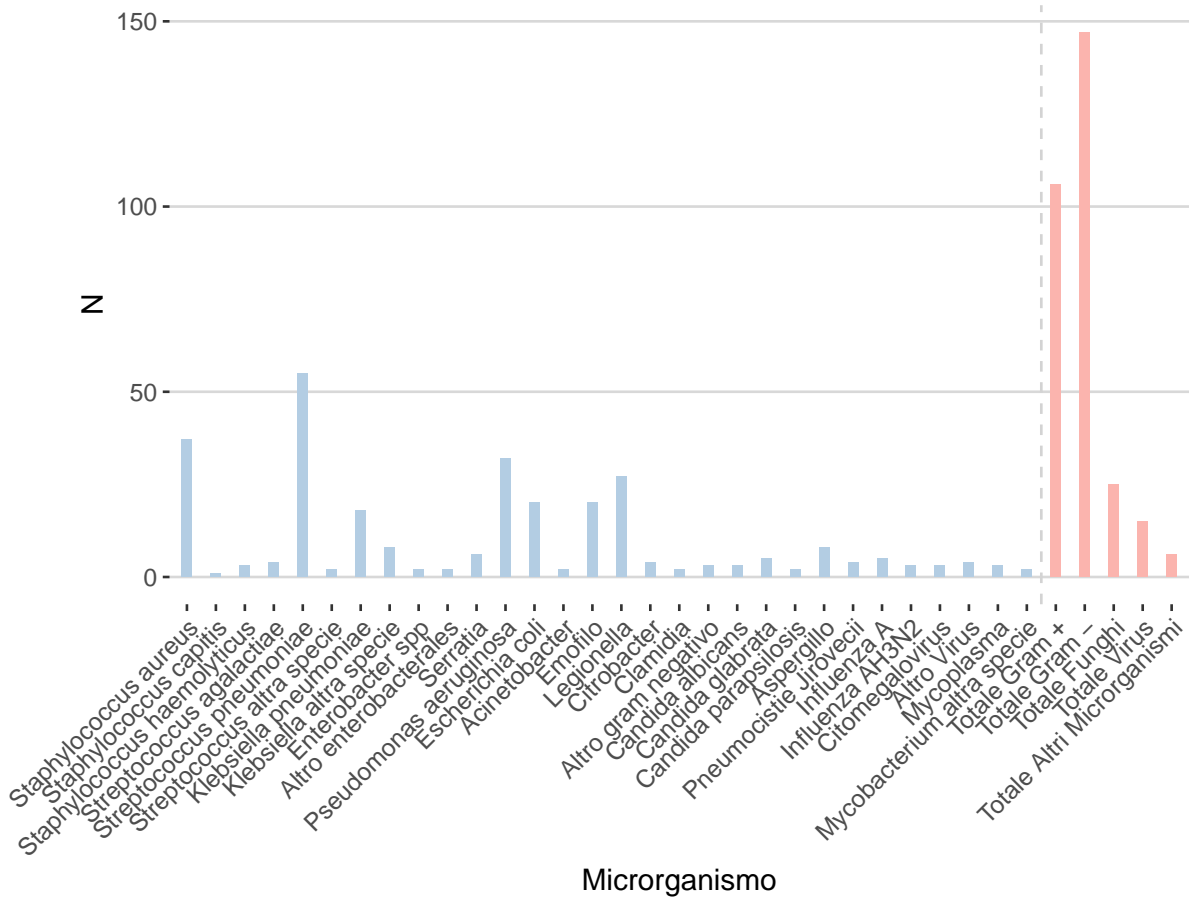
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	171	33.3
Sì	342	66.7
Missing	1	
Totale infezioni	514	
Totale microrganismi isolati	419	

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	37	10.8	27	4	14.8
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.9	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	55	16.1	39	3	7.7
Streptococcus altra specie	2	0.6	2	0	0
Enterococco faecium	1	0.3	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.3	1	0	0
Totale Gram +	106	31.0	70	7	10
Klebsiella pneumoniae	18	5.3	16	2	12.5
Klebsiella altra specie	8	2.3	4	0	0
Enterobacter spp	2	0.6	1	0	0
Altro enterobacterales	2	0.6	2	0	0
Serratia	6	1.8	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	32	9.4	20	10	50
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	0	0
Escherichia coli	20	5.8	15	0	0
Acinetobacter	2	0.6	2	0	0
Emofilo	20	5.8	0	0	0
Legionella	27	7.9	0	0	0
Citrobacter	4	1.2	2	0	0
Clamidia	2	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	3	0.9	0	0	0
Totale Gram -	147	43.0	68	12	17.6
Candida albicans	3	0.9	0	0	0
Candida glabrata	5	1.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0

Aspergillo	8	2.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.3	0	0	0
Totale Funghi	25	7.3	0	0	0
Influenza A	5	1.5			
Influenza AH3N2	3	0.9			
Citomegalovirus	3	0.9			
Altro Virus	4	1.2			
Totale Virus	15	4.4	0	0	0
Mycoplasma	3	0.9	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	6	1.8	0	0	0

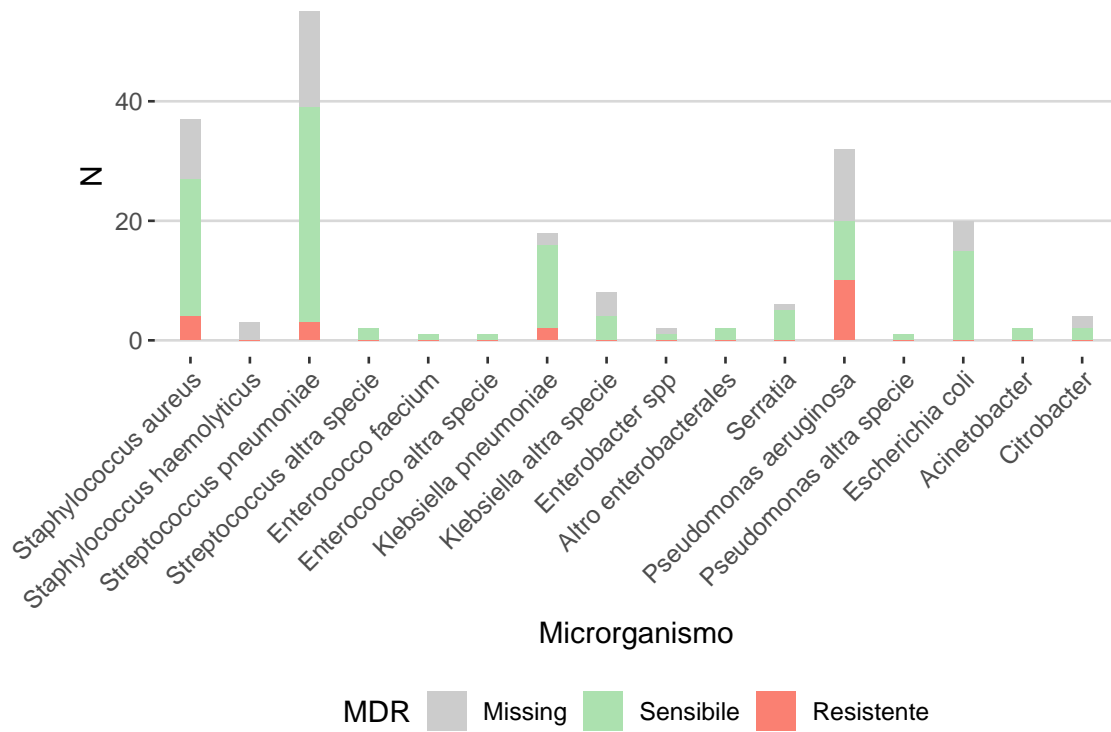


Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	37	10.8	27	4	14.8
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.9	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	55	16.1	39	3	7.7

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 649)

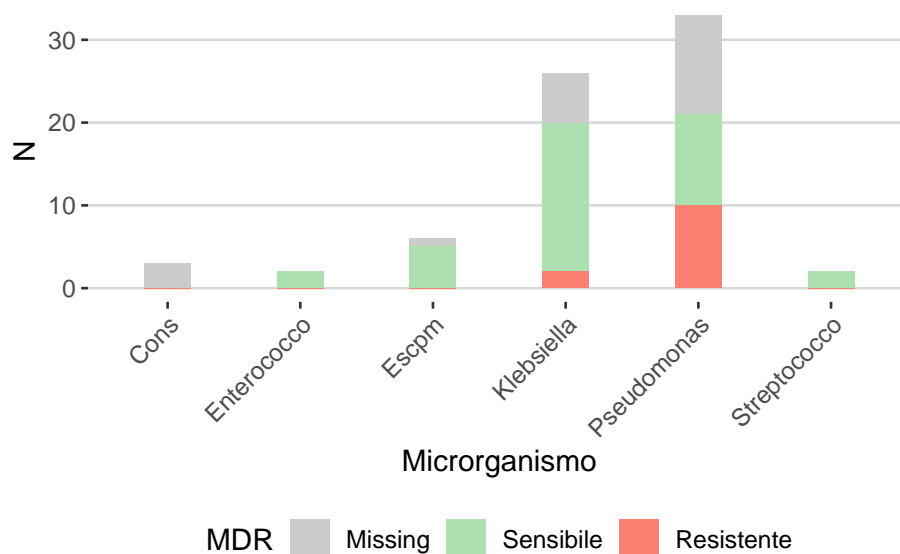
Streptococcus altra specie	2	0.6	2	0	0
Enterococco faecium	1	0.3	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.3	1	0	0
Totale Gram +	106	31.0	70	7	10
Klebsiella pneumoniae	18	5.3	16	2	12.5
Klebsiella altra specie	8	2.3	4	0	0
Enterobacter spp	2	0.6	1	0	0
Altro enterobacterales	2	0.6	2	0	0
Serratia	6	1.8	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	32	9.4	20	10	50
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	0	0
Escherichia coli	20	5.8	15	0	0
Acinetobacter	2	0.6	2	0	0
Emofilo	20	5.8	0	0	0
Legionella	27	7.9	0	0	0
Citrobacter	4	1.2	2	0	0
Clamidia	2	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	3	0.9	0	0	0
Totale Gram -	147	43.0	68	12	17.6
Candida albicans	3	0.9	0	0	0
Candida glabrata	5	1.5	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	8	2.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.3	0	0	0
Totale Funghi	25	7.3	0	0	0
Influenza A	5	1.5			
Influenza AH3N2	3	0.9			
Citomegalovirus	3	0.9			
Altro Virus	4	1.2			
Totale Virus	15	4.4	0	0	0
Mycoplasma	3	0.9	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	6	1.8	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecalis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Morganella, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida altra specie, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	3	0	0	0	NaN	3
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	6	5	5	0	0.00	1
Klebsiella	26	20	18	2	10.00	6
Pseudomonas	33	21	11	10	47.62	12
Streptococco	2	2	2	0	0.00	0

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	15	Ertapenem	2	13.33
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	2	12.50
Pseudomonas aeruginosa	20	Imipenem	10	50.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	7	35.00
Staphylococcus aureus	27	Meticillina	4	14.81

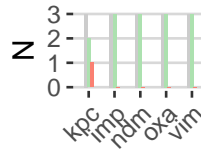
Streptococcus pneumoniae 39 Penicillina 3 7.69

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

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

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

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

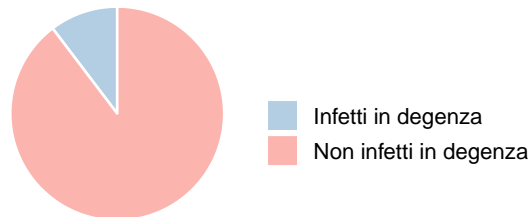


MDR Non testato Sensibile Resistente

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.

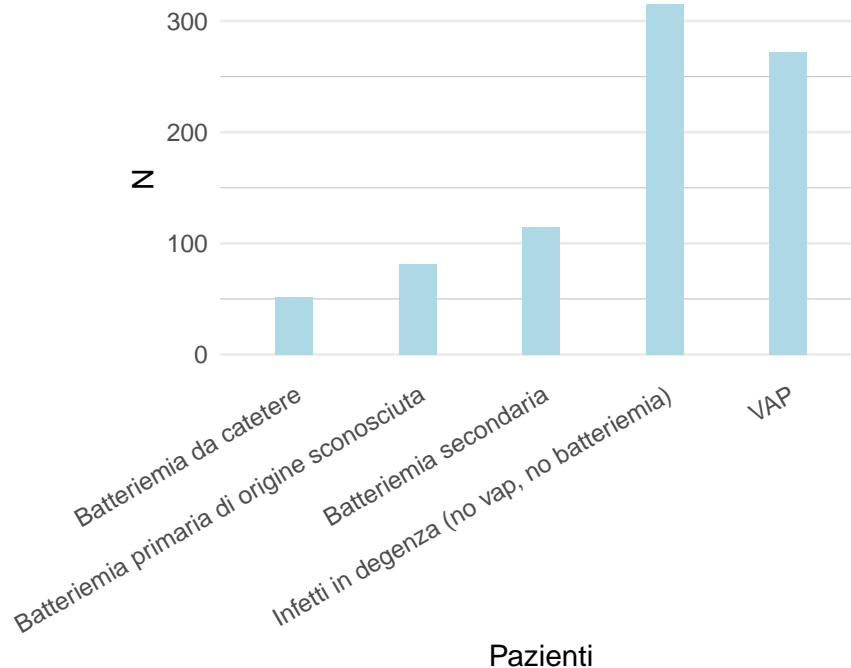
Sono presenti 735 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 10.3% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	735	10.3
Non infetti in degenza	6376	89.7

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 7111).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



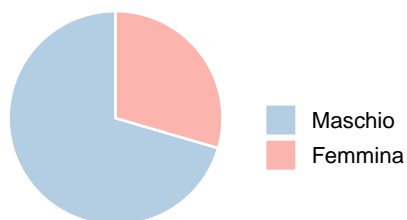
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	315	42.9
VAP	272	37.0

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	81	11.0
Batteriemia da catetere	52	7.1
Batteriemia secondaria	115	15.6

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 735)

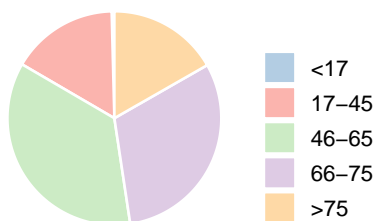
8 Pazienti infetti in degenza (N = 735)

8.1 Sesso



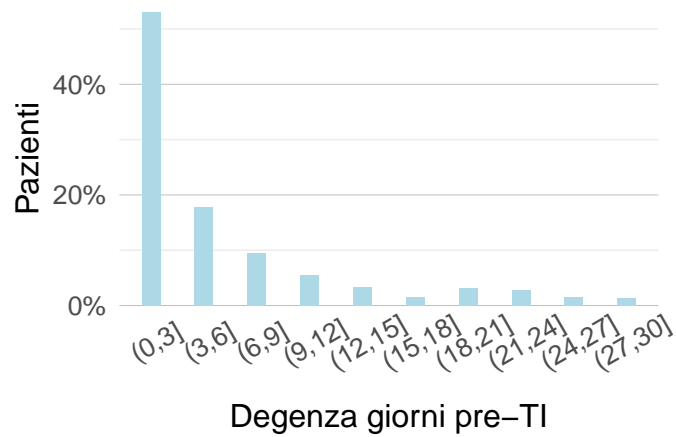
Sesso	N	%
Maschio	518	70.5
Femmina	217	29.5
Missing	0	0

8.2 Età



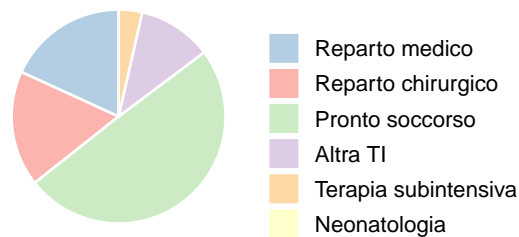
Range età	N	%
<17	3	0.4
17-45	119	16.2
46-65	263	35.8
66-75	227	30.9
>75	123	16.7
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



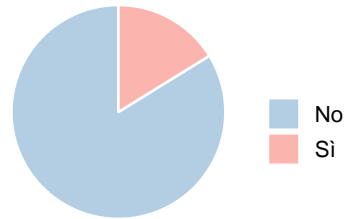
Indicatore	Valore
Media	5.6
DS	13.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	1

8.4 Provenienza (reparto)



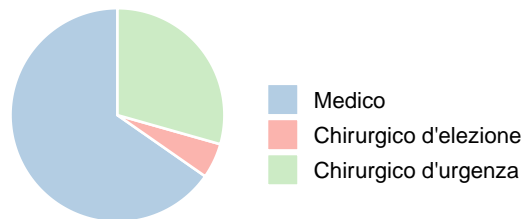
Provenienza	N	%
Reparto medico	133	18.2
Reparto chirurgico	128	17.5
Pronto soccorso	363	49.6
Altra TI	82	11.2
Terapia subintensiva	26	3.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

8.5 Trauma



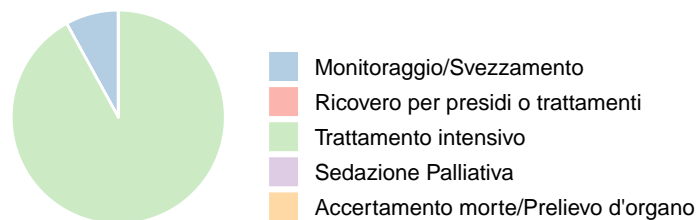
Trauma	N	%
No	616	83.8
Si	119	16.2
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	480	65.3
Chirurgico d'elezione	39	5.3
Chirurgico d'urgenza	216	29.4
Missing	0	0

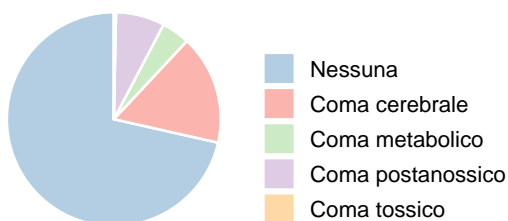
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	59	8.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

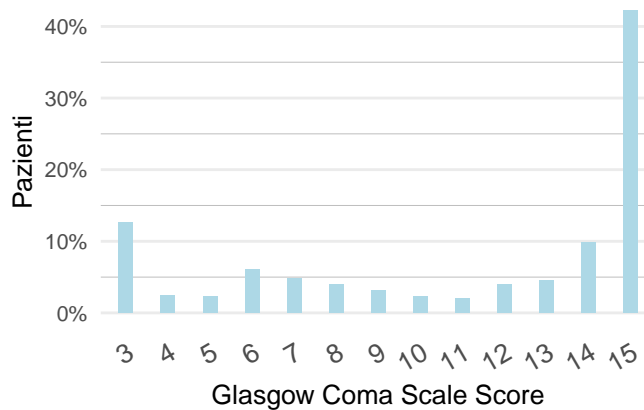
Trattamento intensivo	676	92.0
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



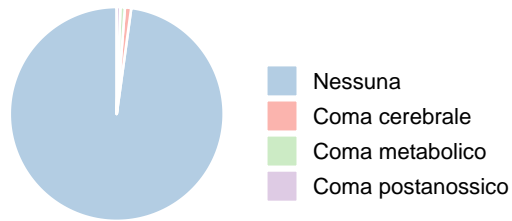
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	436	71.5
Coma cerebrale	101	16.6
Coma metabolico	26	4.3
Coma postanossico	45	7.4
Coma tossico	2	0.3
Missing	125	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



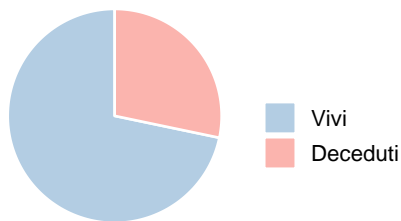
Indicatore	Valore
Media	9.1
DS	4.6
Mediana	12
Q1-Q3	5-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



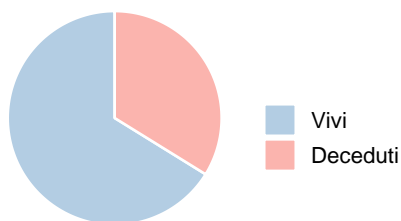
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	720	98.0
Coma cerebrale	7	1.0
Coma metabolico	5	0.7
Coma postanossico	4	0.5
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	525	71.7
Deceduti	207	28.3
Missing	3	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

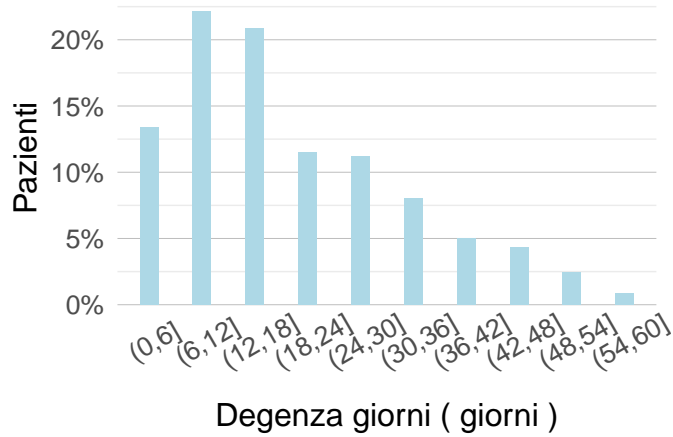


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	456	66.2

Deceduti	233	33.8
Missing	10	0

* Statistiche calcolate su 699 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 36).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.4 (17.1)
Mediana (Q1-Q3)	17 (10-30)
Missing	3

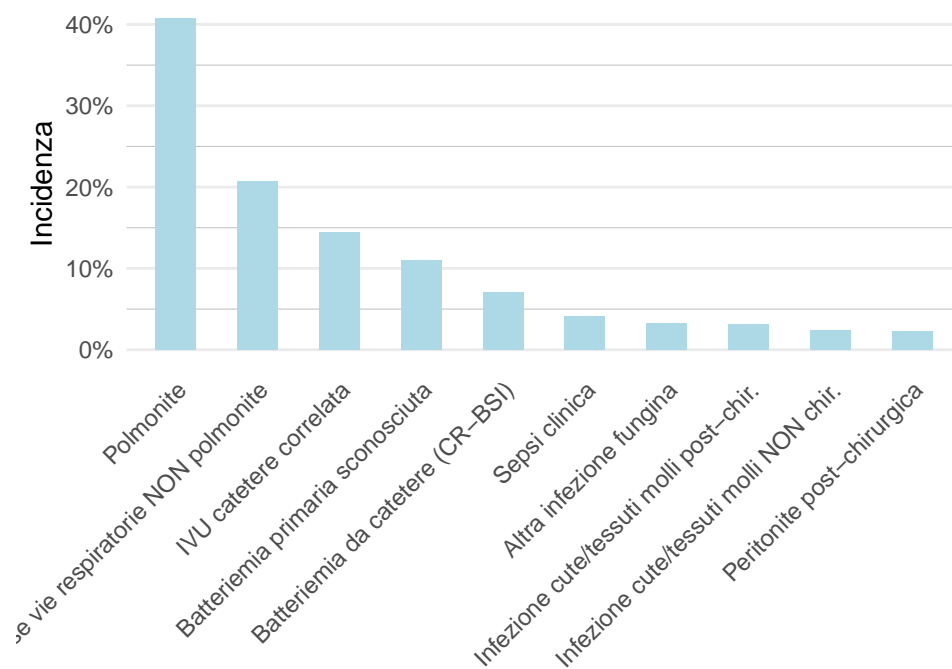
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.8 (28.9)
Mediana (Q1-Q3)	32 (17-48)
Missing	9

* Statistiche calcolate su 699 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 36).

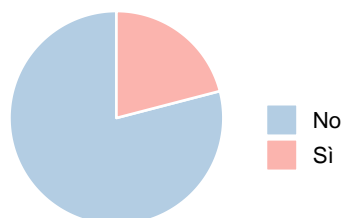
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	300	40.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	152	20.7
IVU catetere correlata	106	14.4
Batteriemia primaria sconosciuta	81	11.0
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	52	7.1
Sepsi clinica	30	4.1
Altra infezione fungina	24	3.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	23	3.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	18	2.4
Peritonite post-chirurgica	17	2.3
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



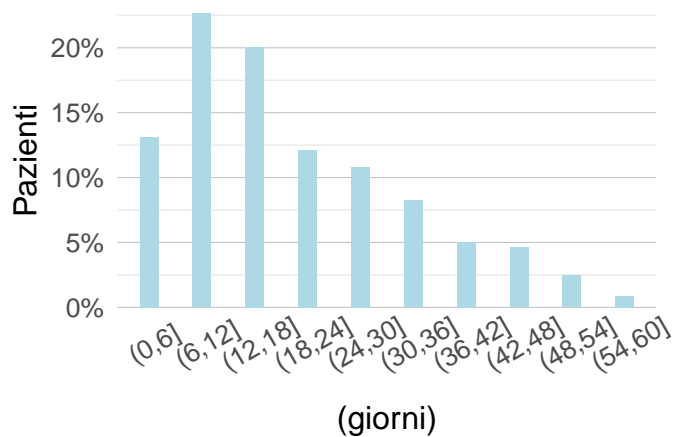
Infezione multisito	N	%
No	581	79.0
Si	154	21.0
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	894
Numero totale di microrganismi isolati	1083

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	22.5
DS	17.1
Mediana	17
Q1-Q3	10-31
Missing	3

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 - 0.1

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

Il primo:

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

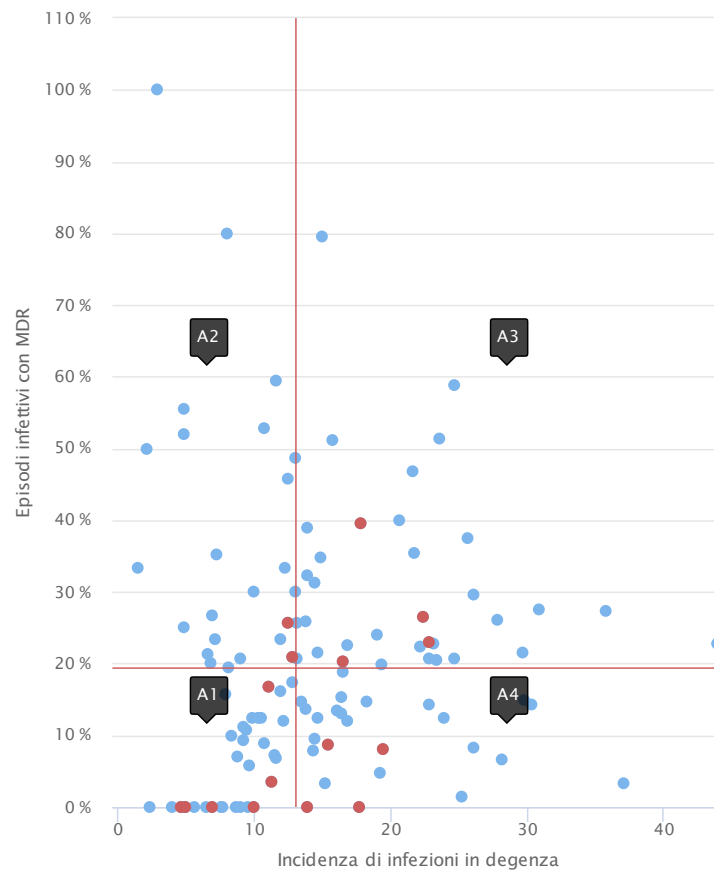
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

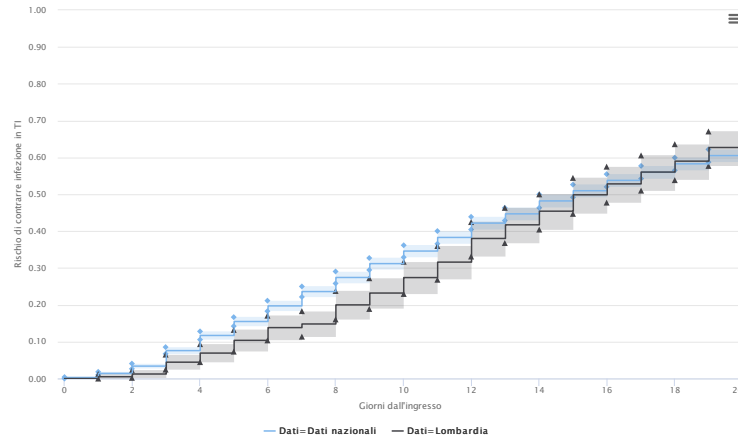
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

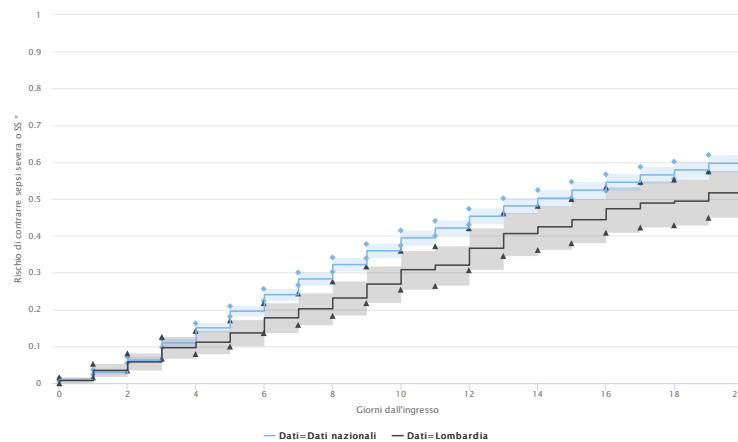


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

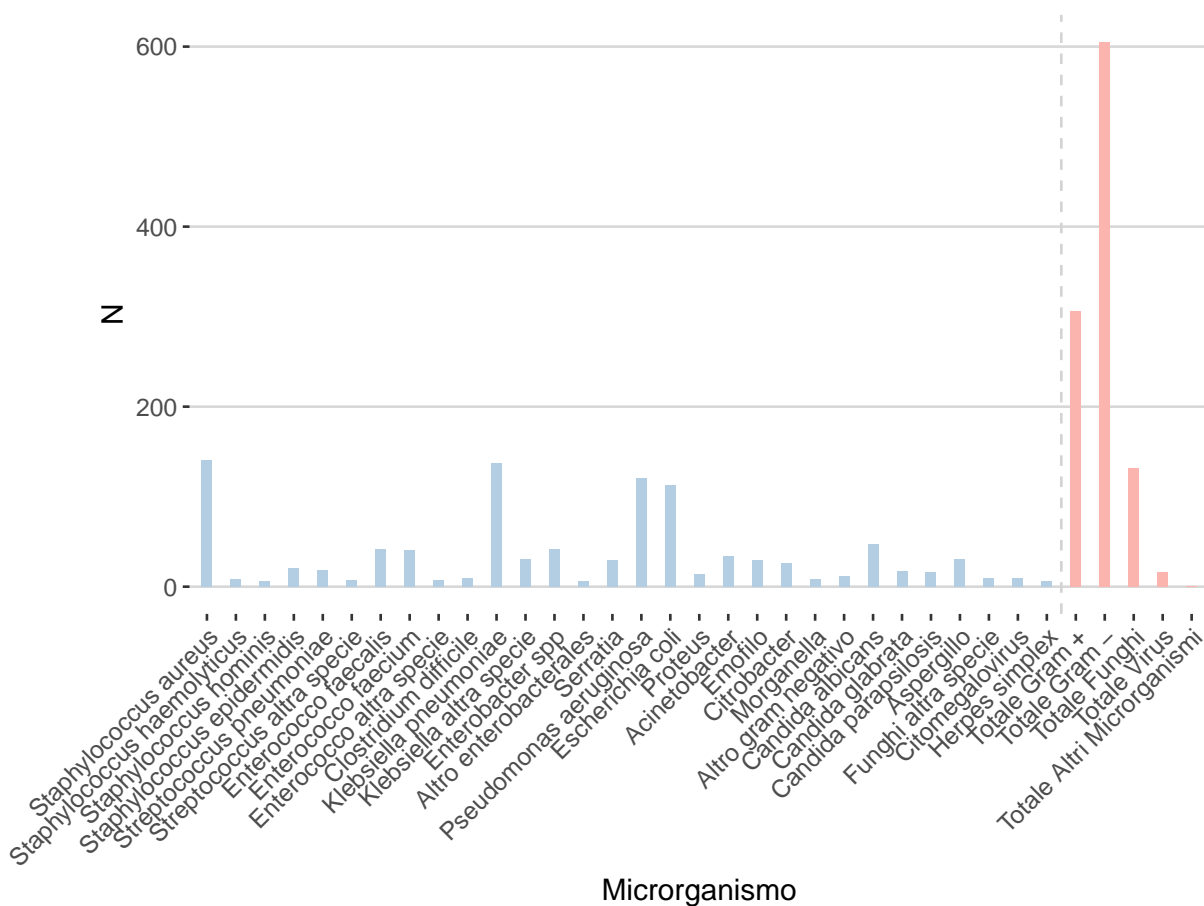
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	68	7.6
Sì	823	92.4
Missing	3	

Totale infezioni 894
Totale microrganismi isolati 1083

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	140	17.0	117	22	18.8
Staphylococcus capitis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	1.0	8	7	87.5
Staphylococcus hominis	6	0.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	2.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	18	2.2	14	0	0
Streptococcus altra specie	7	0.9	6	1	16.7
Enterococco faecalis	42	5.1	33	0	0
Enterococco faecium	40	4.9	31	14	45.2
Enterococco altra specie	7	0.9	1	0	0
Clostridium difficile	10	1.2	0	0	0
Totale Gram +	306	37.2	210	44	21
Klebsiella pneumoniae	137	16.6	112	23	20.5
Klebsiella altra specie	31	3.8	23	1	4.3
Enterobacter spp	42	5.1	34	4	11.8
Altro enterobacterales	6	0.7	6	0	0
Serratia	29	3.5	25	0	0
Pseudomonas aeruginosa	121	14.7	100	23	23
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	1	100
Escherichia coli	113	13.7	86	1	1.2
Proteus	14	1.7	10	0	0
Acinetobacter	34	4.1	31	24	77.4
Emofilo	30	3.6	0	0	0
Citrobacter	26	3.2	22	0	0
Morganella	8	1.0	4	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	12	1.5	0	0	0
Totale Gram -	605	73.5	454	77	17
Candida albicans	47	5.7	0	0	0
Candida glabrata	17	2.1	0	0	0
Candida krusei	2	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	16	1.9	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.2	0	0	0
Candida altra specie	4	0.5	0	0	0
Aspergillo	31	3.8	0	0	0
Funghi altra specie	9	1.1	0	0	0
Totale Funghi	132	16.0	0	0	0

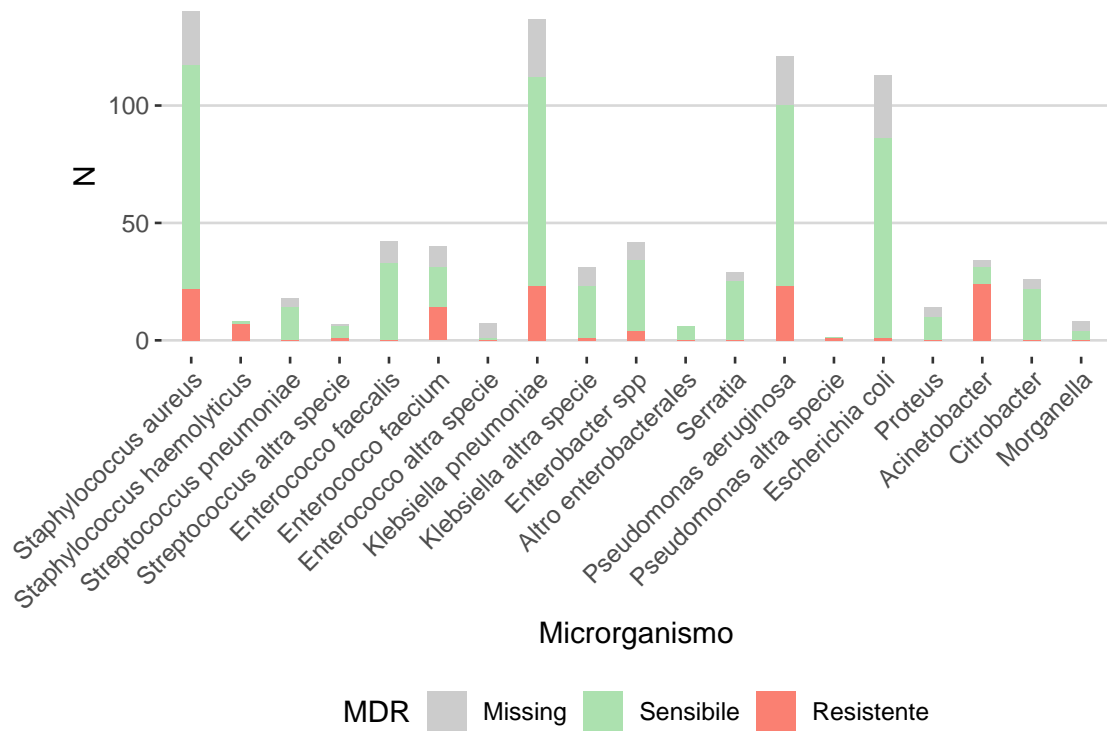
Citomegalovirus	9	1.1			
Herpes simplex	6	0.7			
Altro Virus	1	0.1			
Totale Virus	16	1.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	140	17.0	117	22	18.8
Staphylococcus capitis	3	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	1.0	8	7	87.5
Staphylococcus hominis	6	0.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	20	2.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	18	2.2	14	0	0
Streptococcus altra specie	7	0.9	6	1	16.7
Enterococco faecalis	42	5.1	33	0	0
Enterococco faecium	40	4.9	31	14	45.2
Enterococco altra specie	7	0.9	1	0	0
Clostridium difficile	10	1.2	0	0	0
Totale Gram +	306	37.2	210	44	21

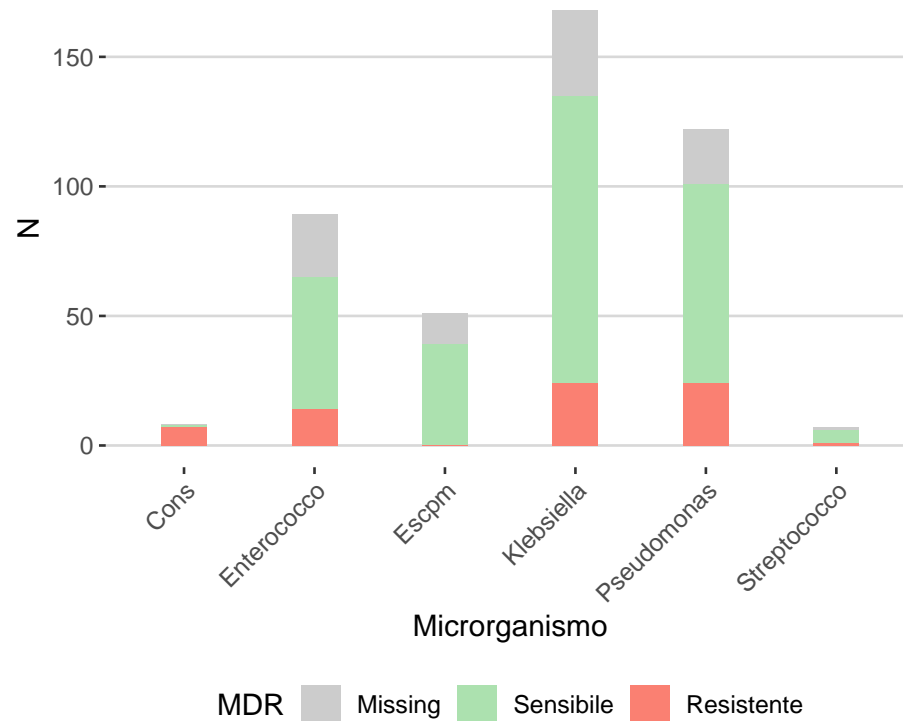
Klebsiella pneumoniae	137	16.6	112	23	20.5
Klebsiella altra specie	31	3.8	23	1	4.3
Enterobacter spp	42	5.1	34	4	11.8
Altro enterobacterales	6	0.7	6	0	0
Serratia	29	3.5	25	0	0
Pseudomonas aeruginosa	121	14.7	100	23	23
Pseudomonas altra specie	1	0.1	1	1	100
Escherichia coli	113	13.7	86	1	1.2
Proteus	14	1.7	10	0	0
Acinetobacter	34	4.1	31	24	77.4
Emofilo	30	3.6	0	0	0
Citrobacter	26	3.2	22	0	0
Morganella	8	1.0	4	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	12	1.5	0	0	0
Totale Gram -	605	73.5	454	77	17
Candida albicans	47	5.7	0	0	0
Candida glabrata	17	2.1	0	0	0
Candida krusei	2	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	16	1.9	0	0	0
Candida tropicalis	4	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.2	0	0	0
Candida altra specie	4	0.5	0	0	0
Aspergillo	31	3.8	0	0	0
Funghi altra specie	9	1.1	0	0	0
Totale Funghi	132	16.0	0	0	0
Citomegalovirus	9	1.1			
Herpes simplex	6	0.7			
Altro Virus	1	0.1			
Totale Virus	16	1.9	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 (Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	8	8	1	7	87.50	0
Enterococco	89	65	51	14	21.54	24
Escpm	51	39	39	0	0.00	12
Klebsiella	168	135	111	24	17.78	33
Pseudomonas	122	101	77	24	23.76	21
Streptococco	7	6	5	1	16.67	1

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

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

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

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

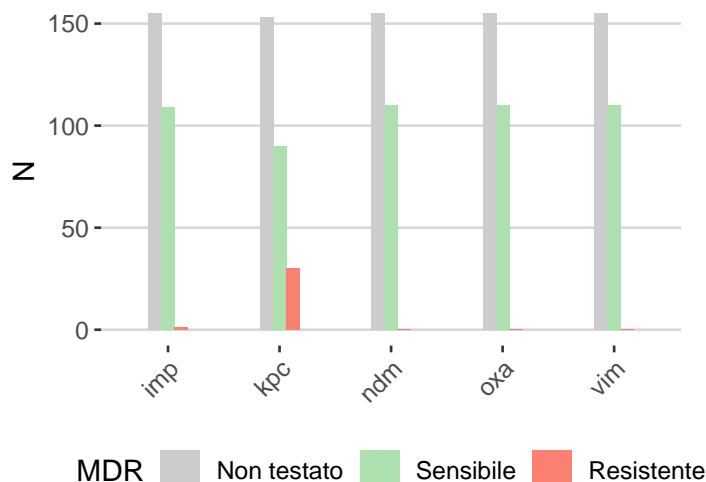
Klebsiella pneumoniae	110	Ertapenem	21	19.09
Klebsiella pneumoniae	112	Meropenem	21	18.75
Klebsiella altra specie	23	Ertapenem	1	4.35
Enterobacter spp	34	Ertapenem	4	11.76
Enterobacter spp	34	Meropenem	2	5.88
Escherichia coli	86	Ertapenem	1	1.16
Acinetobacter	31	Imipenem	24	77.42
Acinetobacter	31	Meropenem	24	77.42
Pseudomonas aeruginosa	99	Imipenem	22	22.22
Pseudomonas aeruginosa	100	Meropenem	20	20.00
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	8	Meticillina	7	87.50
Staphylococcus aureus	117	Meticillina	22	18.80
Streptococcus altra specie	6	Penicillina	1	16.67
Enterococco faecium	31	Vancomicina	14	45.16

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

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

	N	%
Si	31	11.57
No	89	33.21
Non testato	148	55.22
Missing	159	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	3.2	109	155
kpc	30	96.8	90	153
ndm	0	0.0	110	155
oxa	0	0.0	110	155
vim	0	0.0	110	155



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 328)

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

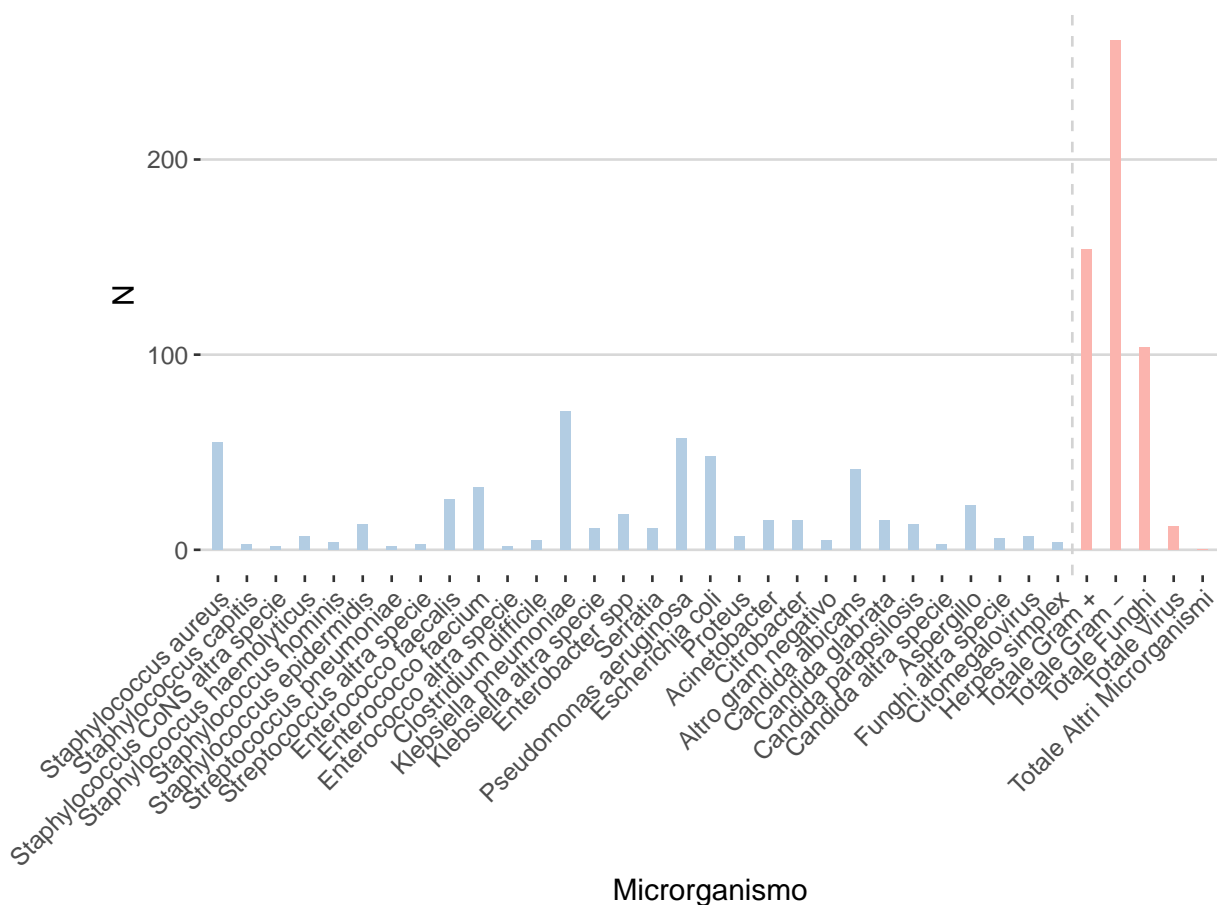
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	91	12.0
Sì	667	88.0
Missing	3	
Totale infezioni	761	
Totale microrganismi isolati	867	

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	55	14.3	47	11	23.4
Staphylococcus capitis	3	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.8	6	5	83.3
Staphylococcus hominis	4	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	3.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.5	2	0	0
Streptococcus altra specie	3	0.8	2	0	0
Enterococco faecalis	26	6.8	21	0	0
Enterococco faecium	32	8.3	27	13	48.1
Enterococco altra specie	2	0.5	1	0	0
Clostridium difficile	5	1.3	0	0	0

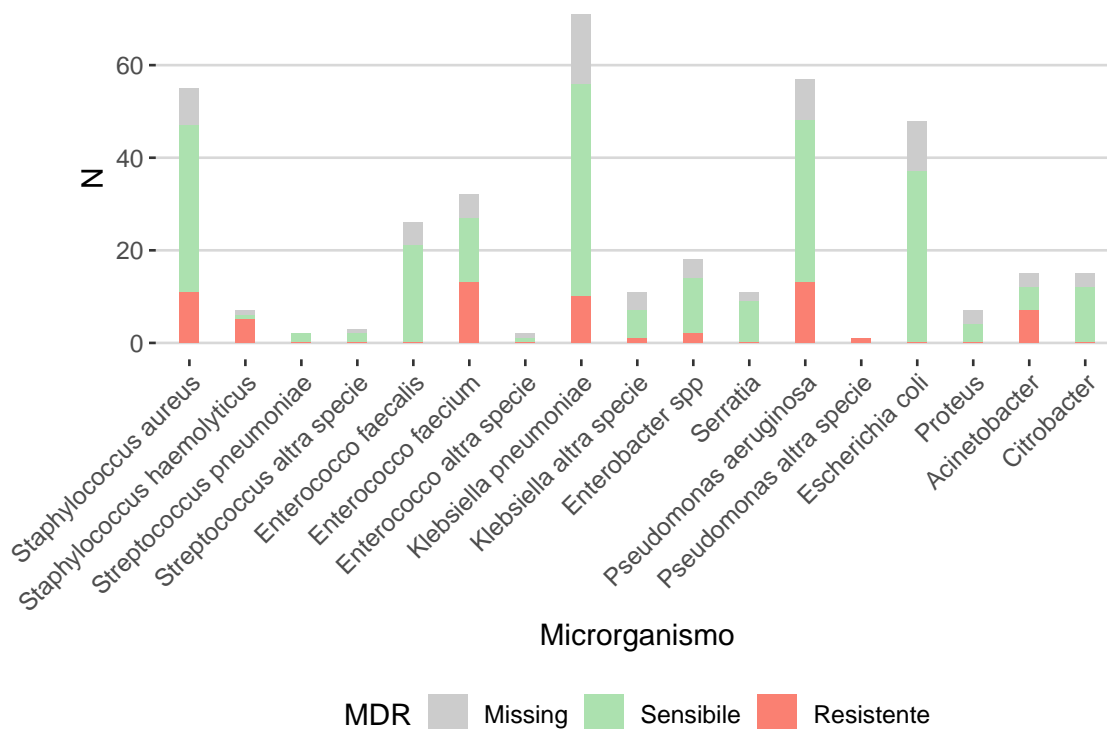
Totale Gram +	154	40.0	106	29	27.4
Klebsiella pneumoniae	71	18.4	56	10	17.9
Klebsiella altra specie	11	2.9	7	1	14.3
Enterobacter spp	18	4.7	14	2	14.3
Serratia	11	2.9	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	57	14.8	48	13	27.1
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	1	100
Escherichia coli	48	12.5	37	0	0
Proteus	7	1.8	4	0	0
Acinetobacter	15	3.9	12	7	58.3
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	15	3.9	12	0	0
Altro gram negativo	5	1.3	0	0	0
Totale Gram -	261	67.8	200	34	17
Candida albicans	41	10.6	0	0	0
Candida glabrata	15	3.9	0	0	0
Candida parapsilosis	13	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.5	0	0	0
Candida altra specie	3	0.8	0	0	0
Aspergillo	23	6.0	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.6	0	0	0
Totale Funghi	104	27.0	0	0	0
Citomegalovirus	7	1.8			
Herpes simplex	4	1.0			
Altro Virus	1	0.3			
Totale Virus	12	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	55	14.3	47	11	23.4
Staphylococcus capitis	3	0.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.8	6	5	83.3
Staphylococcus hominis	4	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	3.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.5	2	0	0
Streptococcus altra specie	3	0.8	2	0	0
Enterococcus faecalis	26	6.8	21	0	0
Enterococcus faecium	32	8.3	27	13	48.1
Enterococcus altra specie	2	0.5	1	0	0
Clostridium difficile	5	1.3	0	0	0
Totale Gram +	154	40.0	106	29	27.4
Klebsiella pneumoniae	71	18.4	56	10	17.9
Klebsiella altra specie	11	2.9	7	1	14.3
Enterobacter spp	18	4.7	14	2	14.3
Serratia	11	2.9	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	57	14.8	48	13	27.1
Pseudomonas altra specie	1	0.3	1	1	100
Escherichia coli	48	12.5	37	0	0
Proteus	7	1.8	4	0	0
Acinetobacter	15	3.9	12	7	58.3

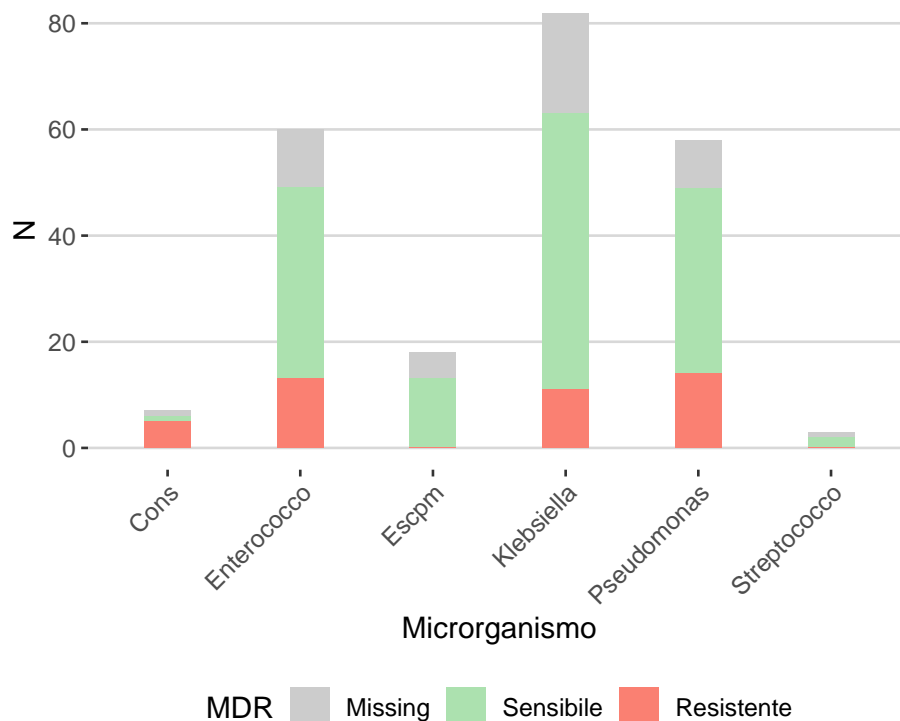
Emofilo	2	0.5	0	0	0
Citrobacter	15	3.9	12	0	0
Altro gram negativo	5	1.3	0	0	0
Totale Gram -	261	67.8	200	34	17
Candida albicans	41	10.6	0	0	0
Candida glabrata	15	3.9	0	0	0
Candida parapsilosis	13	3.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0
Candida specie non determinata	2	0.5	0	0	0
Candida altra specie	3	0.8	0	0	0
Aspergillo	23	6.0	0	0	0
Funghi altra specie	6	1.6	0	0	0
Totale Funghi	104	27.0	0	0	0
Citomegalovirus	7	1.8			
Herpes simplex	4	1.0			
Altro Virus	1	0.3			
Totale Virus	12	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, Morganella, Altro enterobacterales, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, 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	7	6	1	5	83.33	1
Enterococco	60	49	36	13	26.53	11
Escpm	18	13	13	0	0.00	5
Klebsiella	82	63	52	11	17.46	19
Pseudomonas	58	49	35	14	28.57	9
Streptococco	3	2	2	0	0.00	1

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

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

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

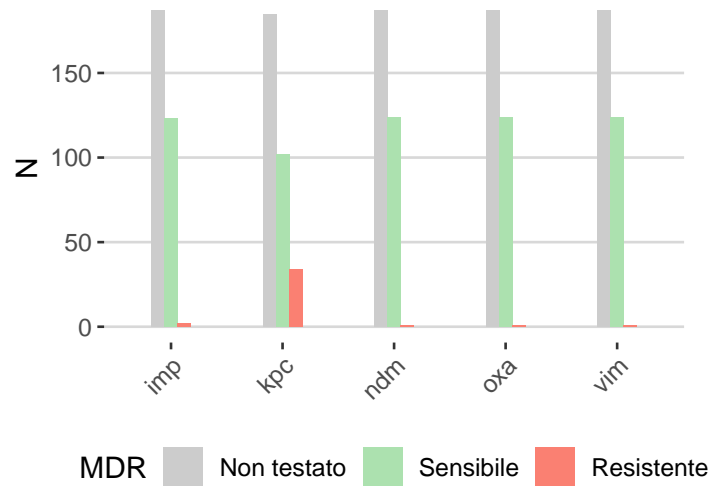
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	67	Ertapenem	10	14.93
Klebsiella pneumoniae	69	Meropenem	11	15.94
Klebsiella altra specie	11	Ertapenem	1	9.09
Enterobacter spp	19	Ertapenem	2	10.53
Enterobacter spp	19	Meropenem	2	10.53
Acinetobacter	16	Imipenem	10	62.50
Acinetobacter	16	Meropenem	10	62.50
Pseudomonas aeruginosa	61	Imipenem	14	22.95
Pseudomonas aeruginosa	62	Meropenem	10	16.13
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	5	83.33
Staphylococcus aureus	71	Meticillina	14	19.72
Streptococcus pneumoniae	14	Penicillina	3	21.43
Enterococco faecium	38	Vancomicina	15	39.47

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

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

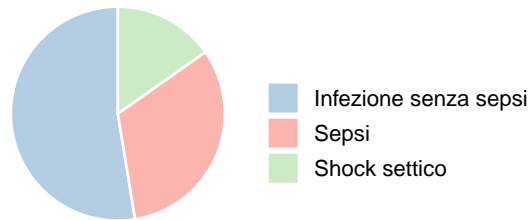
	N	%
Sì	35	11.15
No	99	31.53
Non testato	180	57.32
Missing	184	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	5.1	123	187
kpc	34	87.2	102	185
ndm	1	2.6	124	187
oxa	1	2.6	124	187
vim	1	2.6	124	187



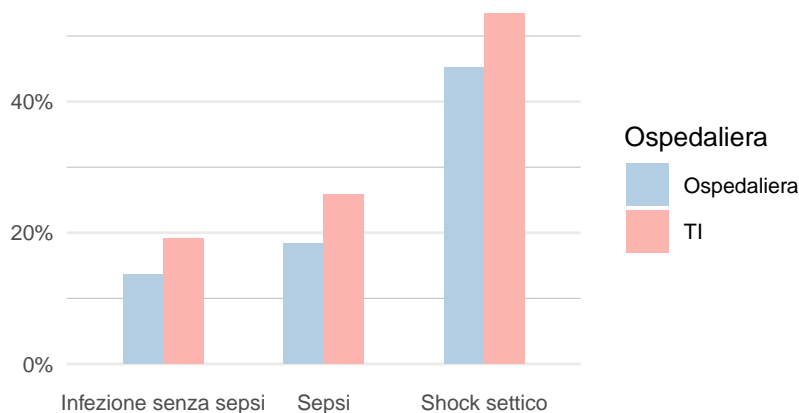
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 407)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	214	52.6
Sepsis	131	32.2
Shock settico	62	15.2
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	13.7	19.1
Sepsi	18.3	25.8
Shock settico	45.2	53.4

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

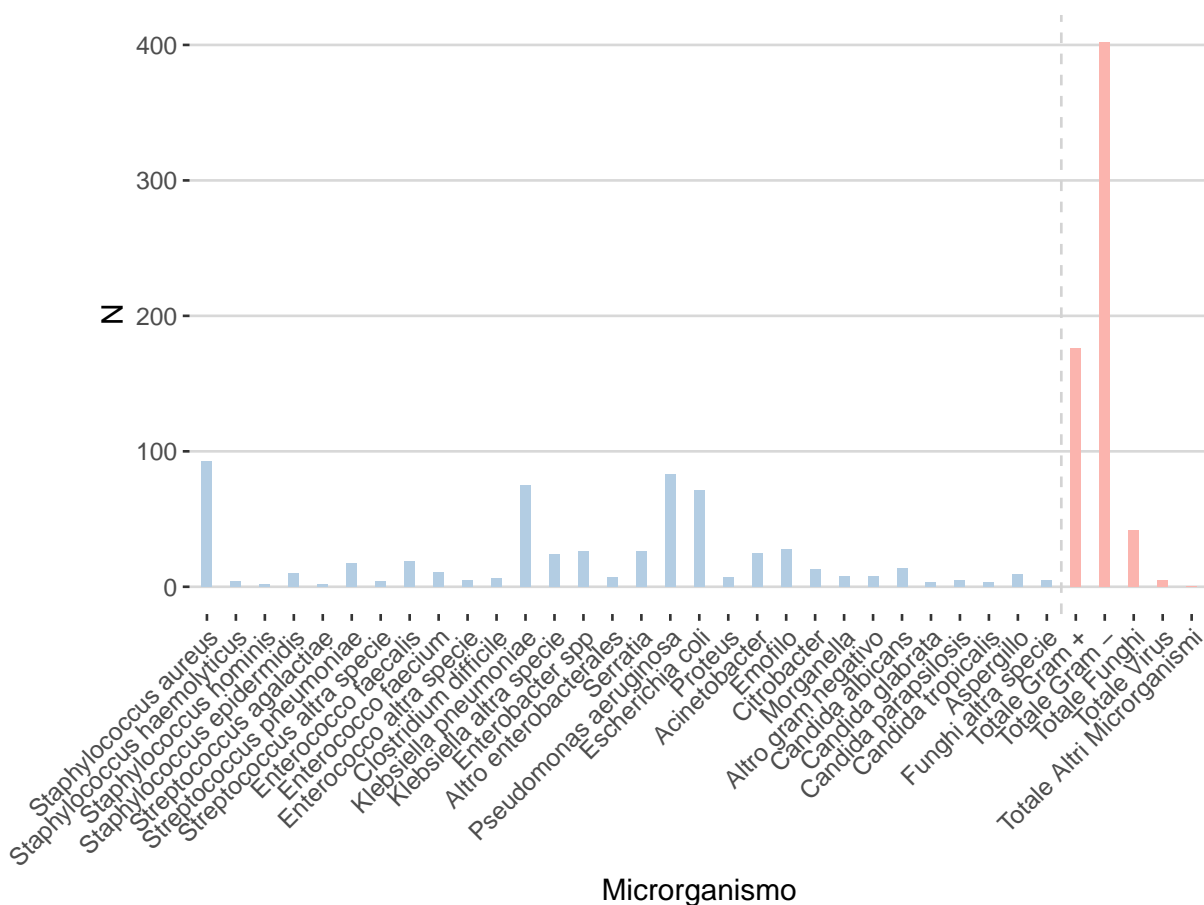
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	39	7.6
Sì	472	92.4
Missing	1	
Totale infezioni	512	
Totale microrganismi isolati	635	

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	93	21.2	77	14	18.2
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	0.9	4	2	50
Staphylococcus hominis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	2.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	17	3.9	13	0	0

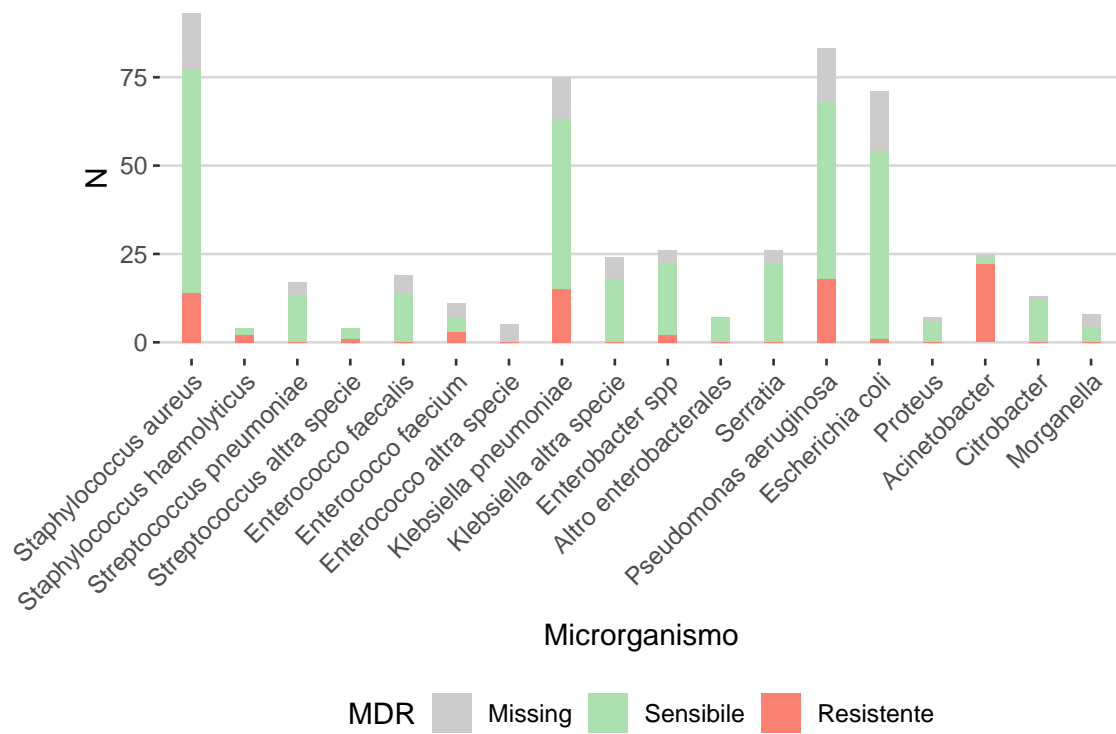
Streptococcus altra specie	4	0.9	4	1	25
Enterococco faecalis	19	4.3	14	0	0
Enterococco faecium	11	2.5	7	3	42.9
Enterococco altra specie	5	1.1	0	0	0
Clostridium difficile	6	1.4	0	0	0
Totale Gram +	176	40.2	119	20	16.8
Klebsiella pneumoniae	75	17.1	63	15	23.8
Klebsiella altra specie	24	5.5	18	0	0
Enterobacter spp	26	5.9	22	2	9.1
Altro enterobacterales	7	1.6	7	0	0
Serratia	26	5.9	22	0	0
Pseudomonas aeruginosa	83	18.9	68	18	26.5
Escherichia coli	71	16.2	54	1	1.9
Proteus	7	1.6	6	0	0
Acinetobacter	25	5.7	24	22	91.7
Emofilo	28	6.4	0	0	0
Citrobacter	13	3.0	12	0	0
Morganella	8	1.8	4	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	8	1.8	0	0	0
Totale Gram -	402	91.8	300	58	19.3
Candida albicans	14	3.2	0	0	0
Candida glabrata	3	0.7	0	0	0
Candida krusei	2	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	9	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.1	0	0	0
Totale Funghi	42	9.6	0	0	0
Citomegalovirus	2	0.5			
Herpes simplex	2	0.5			
Altro Virus	1	0.2			
Totale Virus	5	1.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	93	21.2	77	14	18.2
Staphylococcus capitis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	0.9	4	2	50
Staphylococcus hominis	2	0.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	2.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	17	3.9	13	0	0
Streptococcus altra specie	4	0.9	4	1	25
Enterococco faecalis	19	4.3	14	0	0
Enterococco faecium	11	2.5	7	3	42.9
Enterococco altra specie	5	1.1	0	0	0
Clostridium difficile	6	1.4	0	0	0
Totale Gram +	176	40.2	119	20	16.8
Klebsiella pneumoniae	75	17.1	63	15	23.8
Klebsiella altra specie	24	5.5	18	0	0
Enterobacter spp	26	5.9	22	2	9.1
Altro enterobacterales	7	1.6	7	0	0
Serratia	26	5.9	22	0	0
Pseudomonas aeruginosa	83	18.9	68	18	26.5
Escherichia coli	71	16.2	54	1	1.9

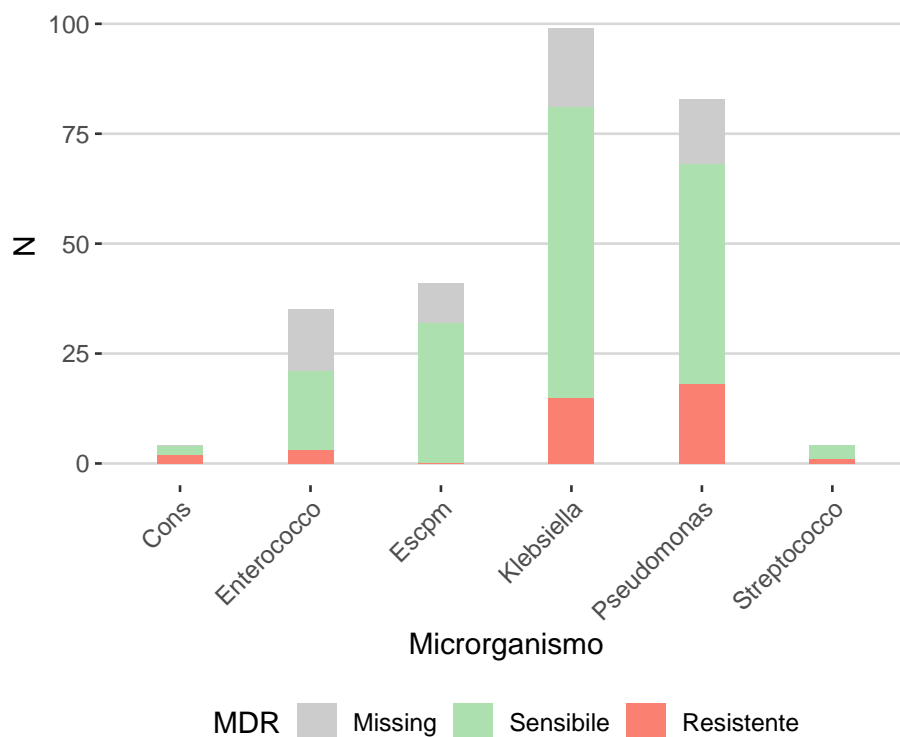
Proteus	7	1.6	6	0	0
Acinetobacter	25	5.7	24	22	91.7
Emofilo	28	6.4	0	0	0
Citrobacter	13	3.0	12	0	0
Morganella	8	1.8	4	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	8	1.8	0	0	0
Totale Gram -	402	91.8	300	58	19.3
Candida albicans	14	3.2	0	0	0
Candida glabrata	3	0.7	0	0	0
Candida krusei	2	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	5	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.7	0	0	0
Candida altra specie	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	9	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.1	0	0	0
Totale Funghi	42	9.6	0	0	0
Citomegalovirus	2	0.5			
Herpes simplex	2	0.5			
Altro Virus	1	0.2			
Totale Virus	5	1.1	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 (Clostridium altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Candida auris, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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	4	4	2	2	50.00	0
Enterococco	35	21	18	3	14.29	14
Escpm	41	32	32	0	0.00	9
Klebsiella	99	81	66	15	18.52	18
Pseudomonas	83	68	50	18	26.47	15
Streptococco	4	4	3	1	25.00	0

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

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

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

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

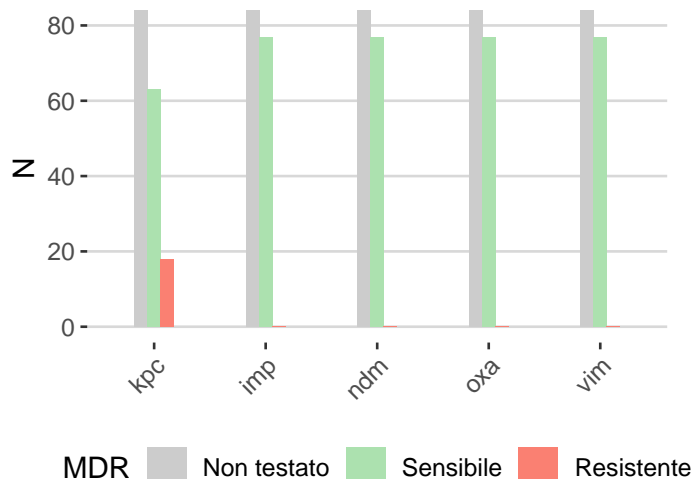
Klebsiella pneumoniae	63	Ertapenem	15	23.81
Klebsiella pneumoniae	63	Meropenem	14	22.22
Enterobacter spp	22	Ertapenem	2	9.09
Escherichia coli	54	Ertapenem	1	1.85
Acinetobacter	24	Imipenem	21	87.50
Acinetobacter	24	Meropenem	22	91.67
Pseudomonas aeruginosa	68	Imipenem	17	25.00
Pseudomonas aeruginosa	68	Meropenem	15	22.06
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	2	50.00
Staphylococcus aureus	77	Meticillina	14	18.18
Streptococcus altra specie	4	Penicillina	1	25.00
Enterococco faecium	7	Vancomicina	3	42.86

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

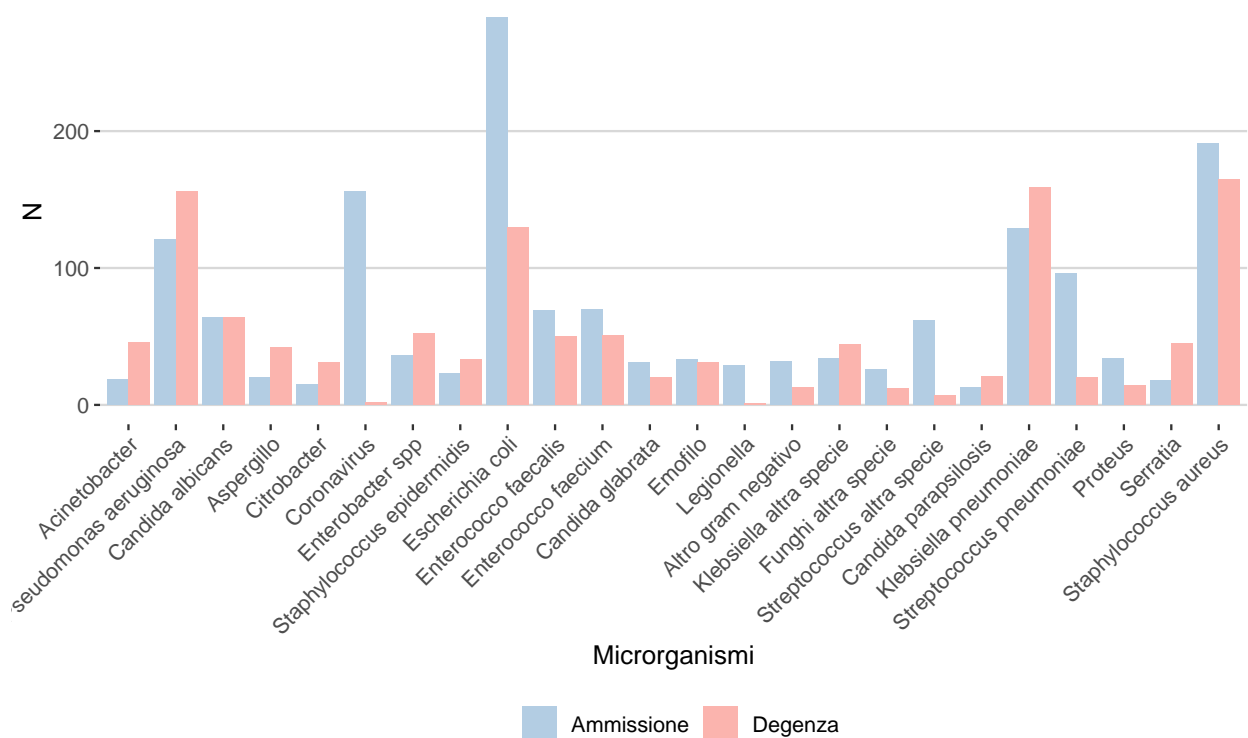
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	18	11.04
No	63	38.65
Non testato	82	50.31
Missing	88	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	77	84
kpc	18	100	63	84
ndm	0	0	77	84
oxa	0	0	77	84
vim	0	0	77	84



10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza

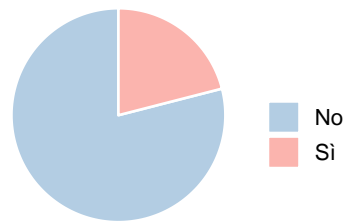


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	65	19	29.2	46	70.8
Pseudomonas aeruginosa	277	121	43.7	156	56.3
Candida albicans	128	64	50	64	50
Aspergillo	62	20	32.3	42	67.7
Citrobacter	46	15	32.6	31	67.4
Coronavirus	158	156	98.7	2	1.3

Enterobacter spp	88	36	40.9	52	59.1
Staphylococcus epidermidis	56	23	41.1	33	58.9
Escherichia coli	413	283	68.5	130	31.5
Enterococco faecalis	119	69	58	50	42
Enterococco faecium	121	70	57.9	51	42.1
Candida glabrata	51	31	60.8	20	39.2
Emofilo	64	33	51.6	31	48.4
Legionella	30	29	96.7	1	3.3
Altro gram negativo	45	32	71.1	13	28.9
Klebsiella altra specie	78	34	43.6	44	56.4
Funghi altra specie	38	26	68.4	12	31.6
Streptococcus altra specie	69	62	89.9	7	10.1
Candida parapsilosis	34	13	38.2	21	61.8
Klebsiella pneumoniae	288	129	44.8	159	55.2
Streptococcus pneumoniae	116	96	82.8	20	17.2
Proteus	48	34	70.8	14	29.2
Serratia	63	18	28.6	45	71.4
Staphylococcus aureus	356	191	53.7	165	46.3

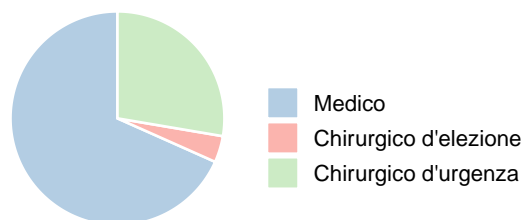
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 300)

11.1 Trauma



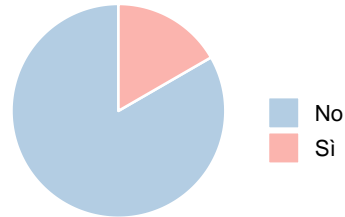
Trauma	N	%
No	237	79.0
Si	63	21.0
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



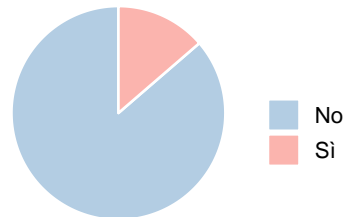
Stato chirurgico	N	%
Medico	205	68.3
Chirurgico d'elezione	12	4.0
Chirurgico d'urgenza	83	27.7
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



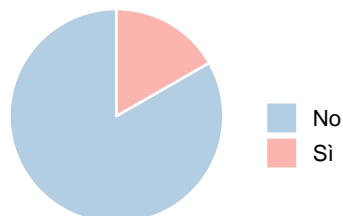
Batteriémica	N	%
No	250	83.3
Si	50	16.7
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



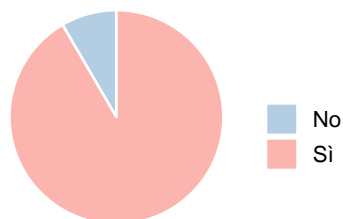
Infezione multisito	N	%
No	259	86.3
Si	41	13.7
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	249	83.3
Si	50	16.7
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

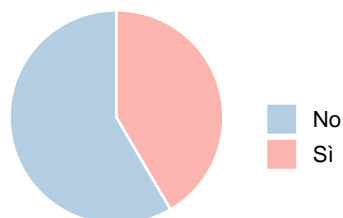


Polmonite associata a VAP	N	%
No	25	8.4
Si	272	91.6
Missing	3	0

* 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).

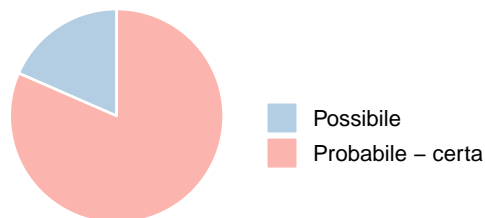
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 272)

12.1 VAP precoce



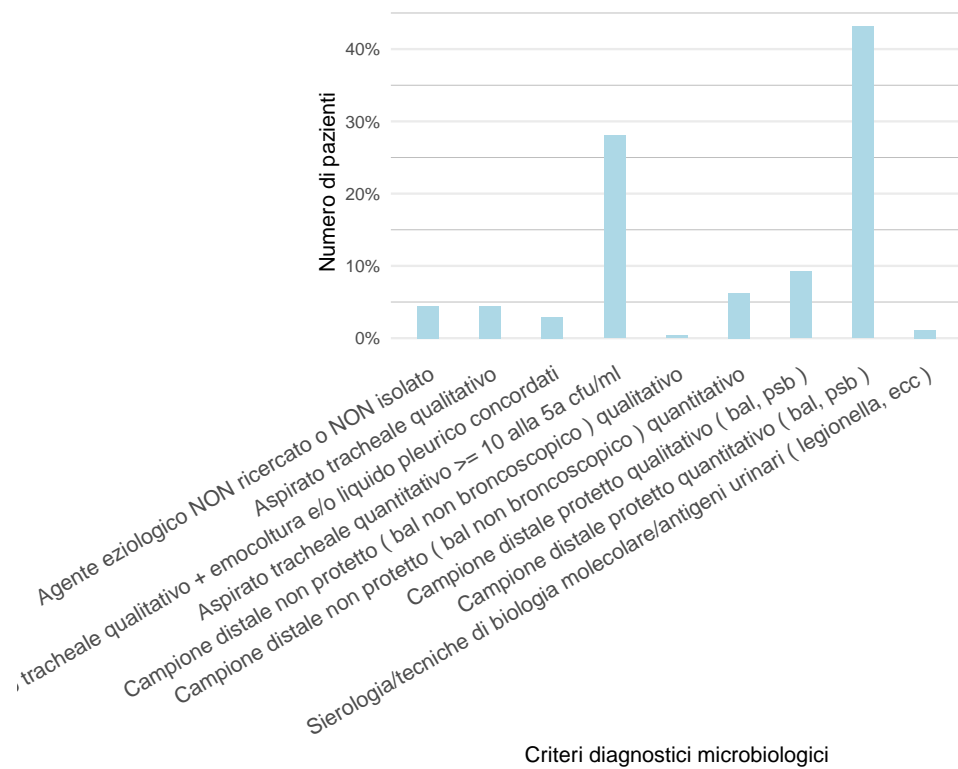
VAP precoce	N	%
No	159	58.5
Sì	113	41.5
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	50	18.5
Probabile - certa	221	81.5
Missing	1	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

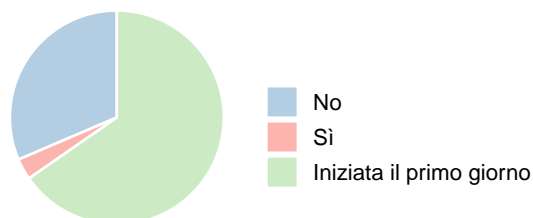


Criteri diagnostici microbiologici

Criteria diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	3	1.1
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	17	6.3
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	0.4
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	25	9.2
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	117	43.2
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	76	28.0
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	8	3.0
Aspirato tracheale qualitativo	12	4.4
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	12	4.4
Missing	1	0

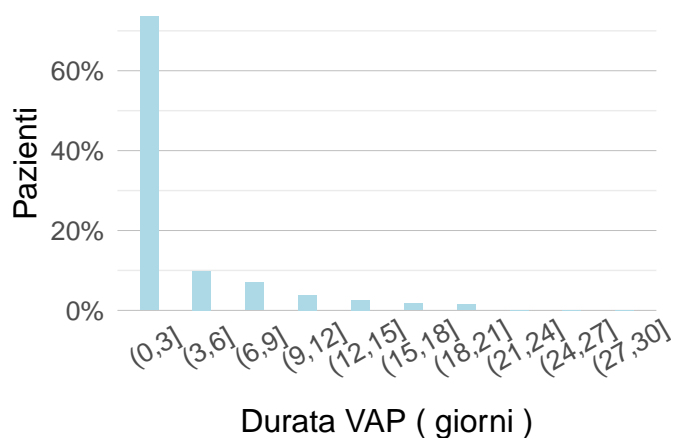
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 7111)

12.4.1 Ventilazione invasiva



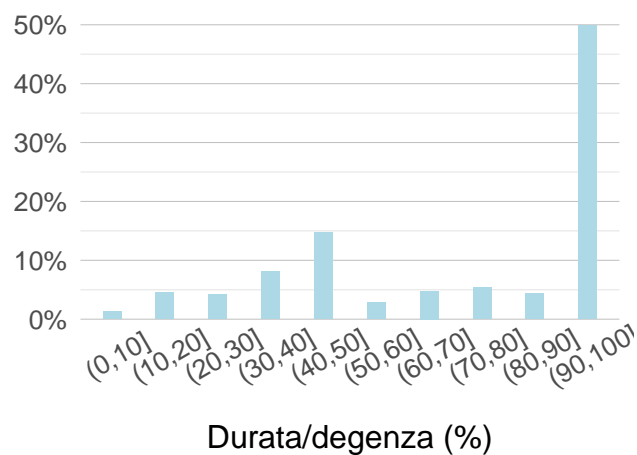
Ventilazione invasiva	N	%
No	2233	31.4
Si	4871	68.6
Iniziata il primo giorno	4642	65.3
Missing	7	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



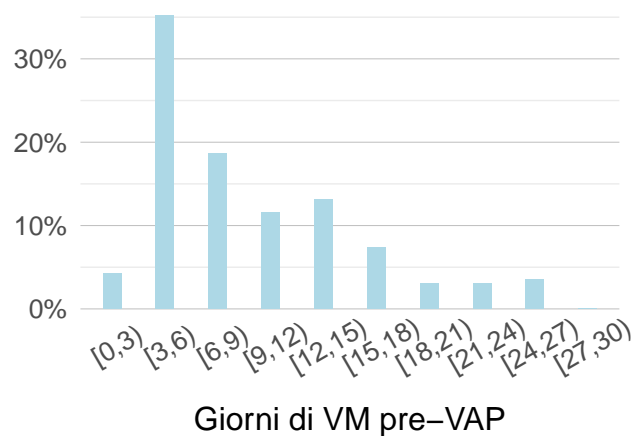
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.0 (8.9)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-5)
Missing	4

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	74.3 (29.4)
Mediana (Q1-Q3)	90 (50-100)
Missing	8

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	272
Media (DS)	10.3 (8.8)
Mediana (Q1-Q3)	8 (4-14)

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	14.1	9.8 %
CI (95%)	12.4 - 15.8	8.7 - 11.1

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

Il primo:

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

dove la variabile *Giornate di ventilazione meccanica pre-VAP* è pari alla somma delle giornate di ventilazione meccanica pre-VAP di tutti i pazienti ammessi in reparto. È pari alla durata totale della ventilazione meccanica per i pazienti che non sviluppano VAP e alla differenza tra la data di insorgenza della VAP e la data di inizio della ventilazione meccanica per i pazienti infetti. Sono esclusi dal denominatore i giorni di ventilazione meccanica dei pazienti dimessi o deceduti entro 2 giorni dall'inizio della ventilazione.

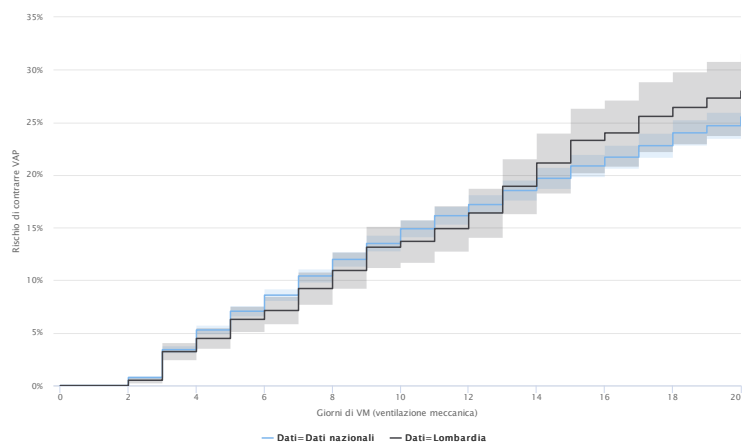
Il secondo invece:

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

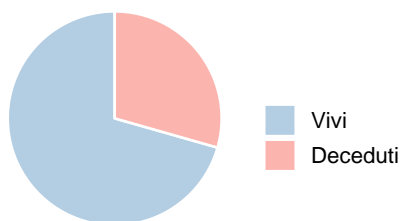
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

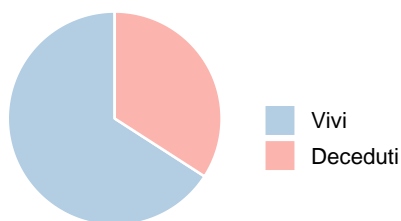


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	192	70.6
Deceduti	80	29.4
Missing	0	0

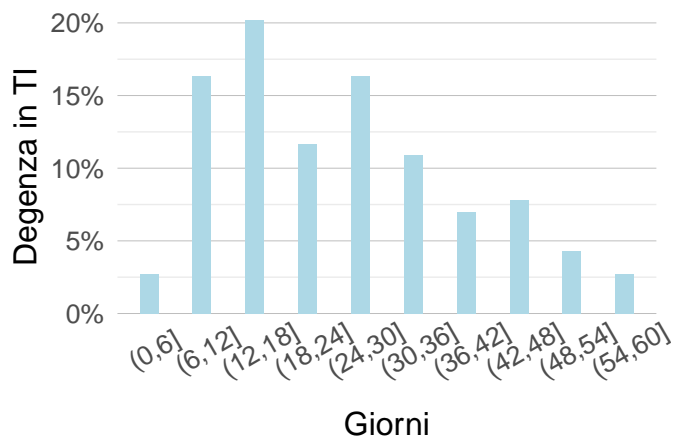
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	170	65.9
Deceduti	88	34.1
Missing	4	0

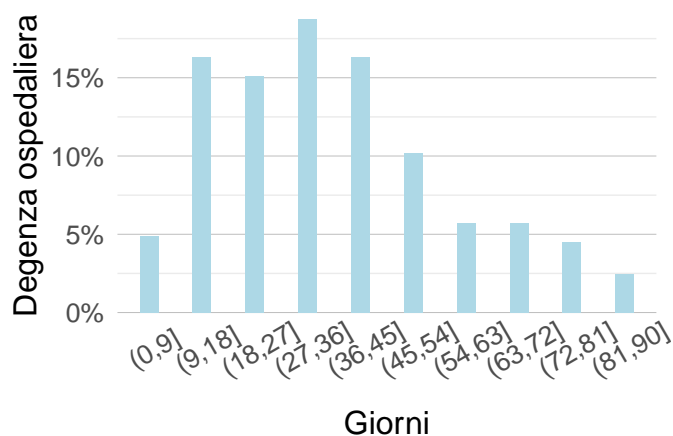
* Statistiche calcolate su 262 escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.4 (18.1)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (15-38)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.4 (25.8)
Mediana (Q1-Q3)	35.5 (22-52.8)
Missing	4

* Statistiche calcolate su 262 escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

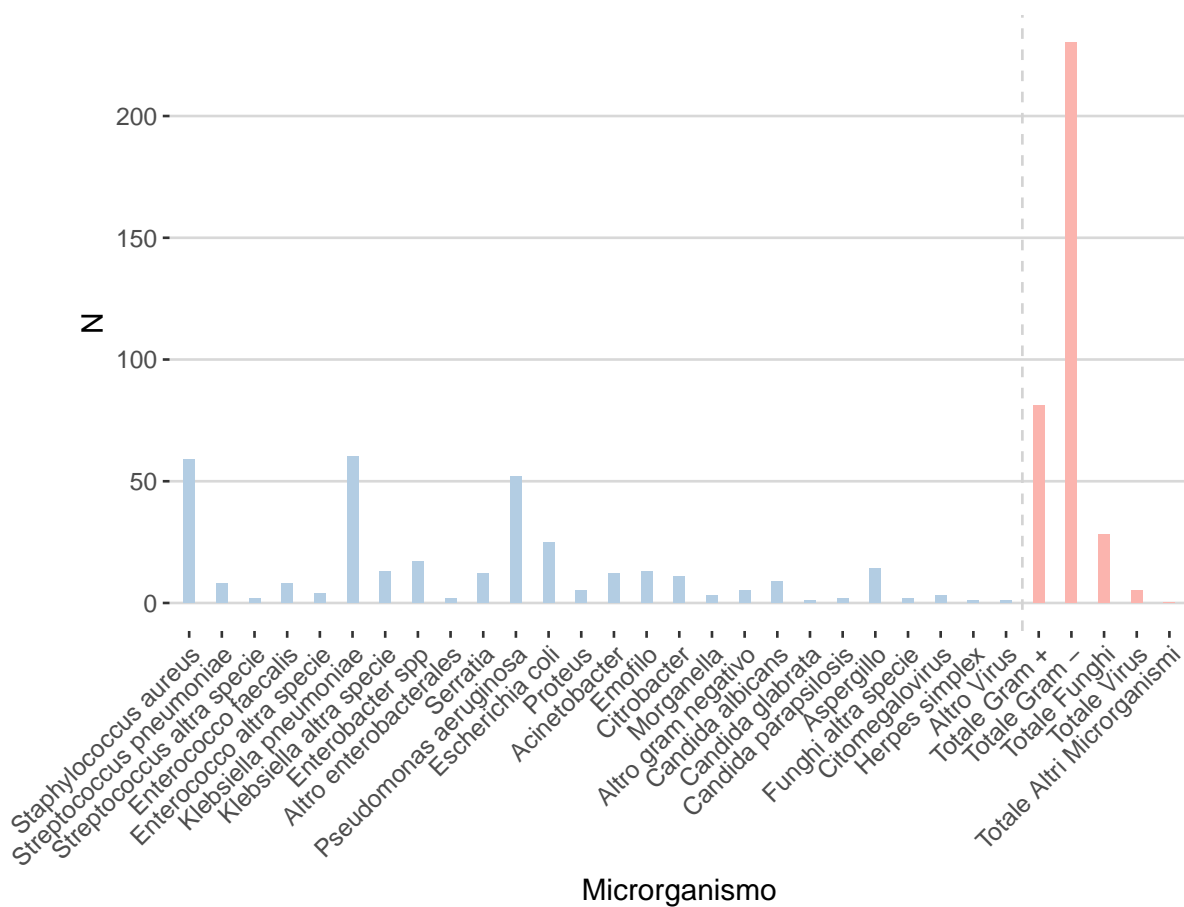
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

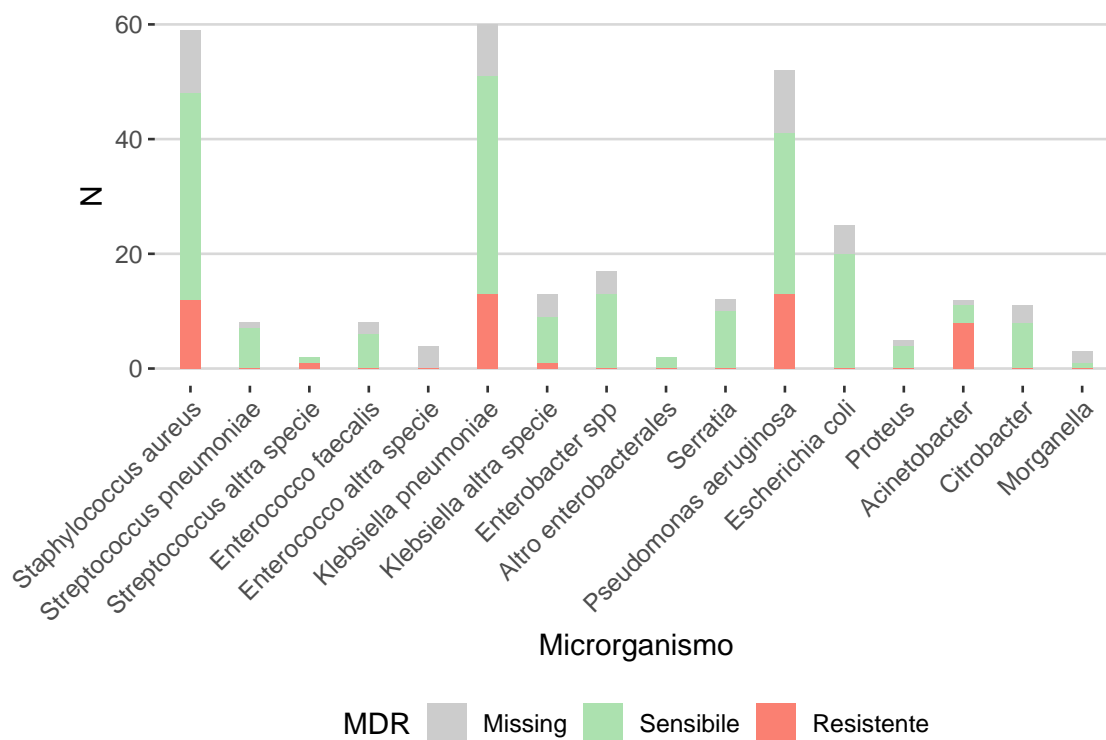
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	12	4.4
Sì	260	95.6
Missing	0	
Totale infezioni	272	
Totale microrganismi isolati	354	

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	59	22.7	48	12	25
Streptococcus pneumoniae	8	3.1	7	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.8	2	1	50
Enterococco faecalis	8	3.1	6	0	0
Enterococco altra specie	4	1.5	0	0	0
Totale Gram +	81	31.2	63	13	20.6
Klebsiella pneumoniae	60	23.1	51	13	25.5
Klebsiella altra specie	13	5.0	9	1	11.1
Enterobacter spp	17	6.5	13	0	0
Altro enterobacterales	2	0.8	2	0	0
Serratia	12	4.6	10	0	0
Pseudomonas aeruginosa	52	20.0	41	13	31.7
Escherichia coli	25	9.6	20	0	0
Proteus	5	1.9	4	0	0
Acinetobacter	12	4.6	11	8	72.7
Emofilo	13	5.0	0	0	0
Citrobacter	11	4.2	8	0	0
Morganella	3	1.2	1	0	0
Altro gram negativo	5	1.9	0	0	0
Totale Gram -	230	88.5	170	35	20.6
Candida albicans	9	3.5	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	14	5.4	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.8	0	0	0
Totale Funghi	28	10.8	0	0	0
Citomegalovirus	3	1.2			
Herpes simplex	1	0.4			
Altro Virus	1	0.4			
Totale Virus	5	1.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

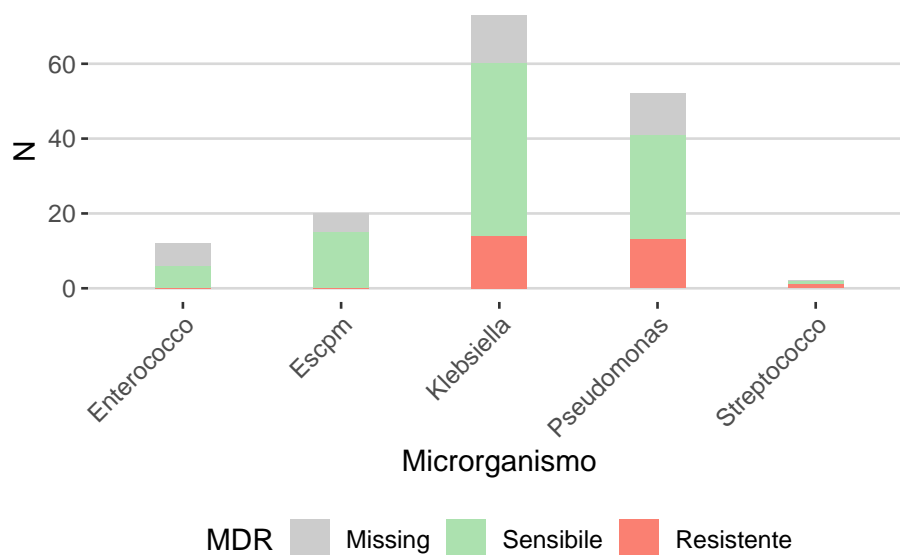


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

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	12	6	6	0	0.00	6
Escpm	20	15	15	0	0.00	5
Klebsiella	73	60	46	14	23.33	13
Pseudomonas	52	41	28	13	31.71	11
Streptococco	2	2	1	1	50.00	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	50	Ertapenem	12	24.00
Klebsiella pneumoniae	51	Meropenem	12	23.53
Klebsiella altra specie	9	Ertapenem	1	11.11
Acinetobacter	11	Imipenem	8	72.73
Acinetobacter	11	Meropenem	8	72.73
Pseudomonas aeruginosa	40	Imipenem	13	32.50
Pseudomonas aeruginosa	41	Meropenem	12	29.27

Staphylococcus aureus	48	Meticillina	12	25.00
Streptococcus altra specie	2	Penicillina	1	50.00

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

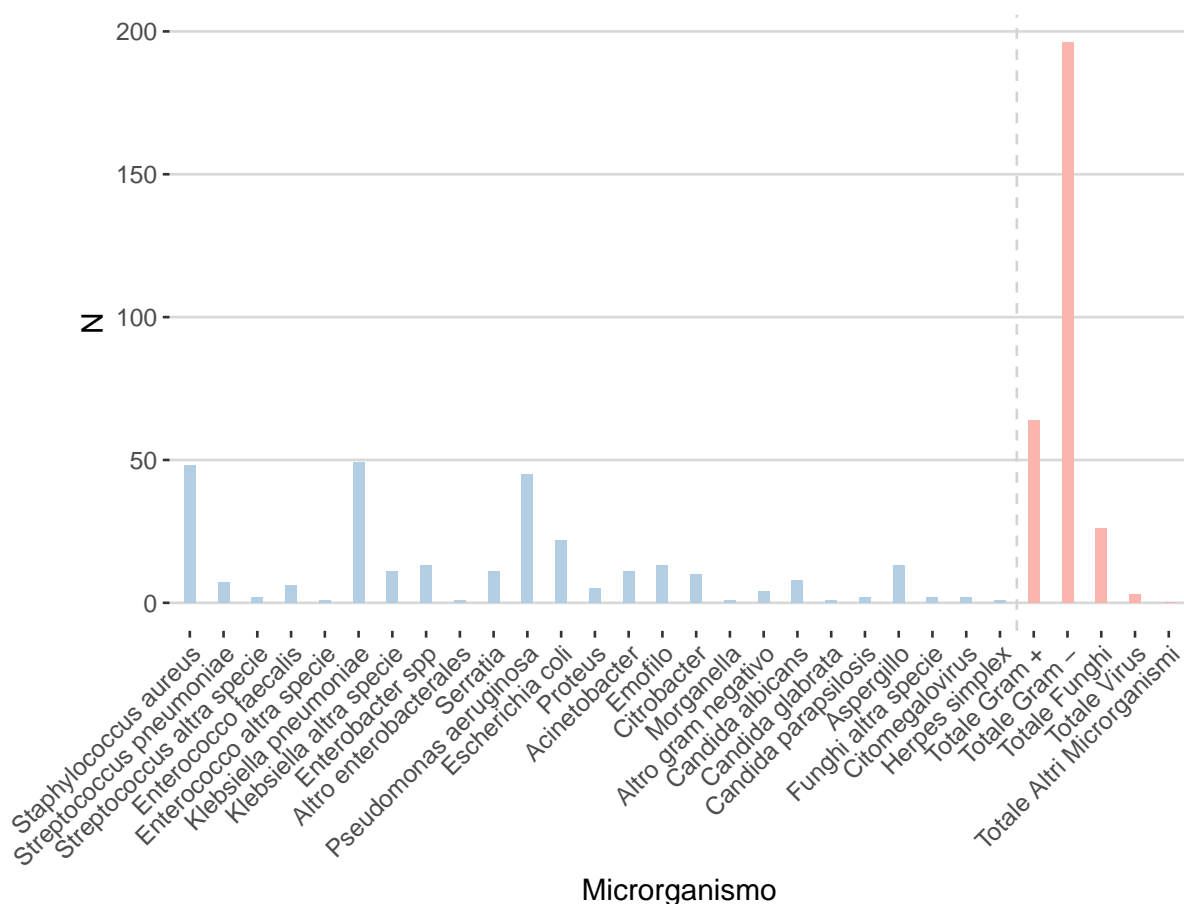
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	221	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	221	
Totale microrganismi isolati	297	

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	48	21.7	39	9	23.1
Streptococcus pneumoniae	7	3.2	6	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.9	2	1	50
Enterococco faecalis	6	2.7	4	0	0
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	64	29.0	51	10	19.6
Klebsiella pneumoniae	49	22.2	42	12	28.6
Klebsiella altra specie	11	5.0	8	1	12.5
Enterobacter spp	13	5.9	11	0	0
Altro enterobacterales	1	0.5	1	0	0
Serratia	11	5.0	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	45	20.4	36	10	27.8
Escherichia coli	22	10.0	18	0	0
Proteus	5	2.3	4	0	0
Acinetobacter	11	5.0	10	7	70
Emofilo	13	5.9	0	0	0
Citrobacter	10	4.5	7	0	0
Morganella	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.8	0	0	0
Totale Gram -	196	88.7	146	30	20.5
Candida albicans	8	3.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	13	5.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.9	0	0	0
Totale Funghi	26	11.8	0	0	0
Citomegalovirus	2	0.9			

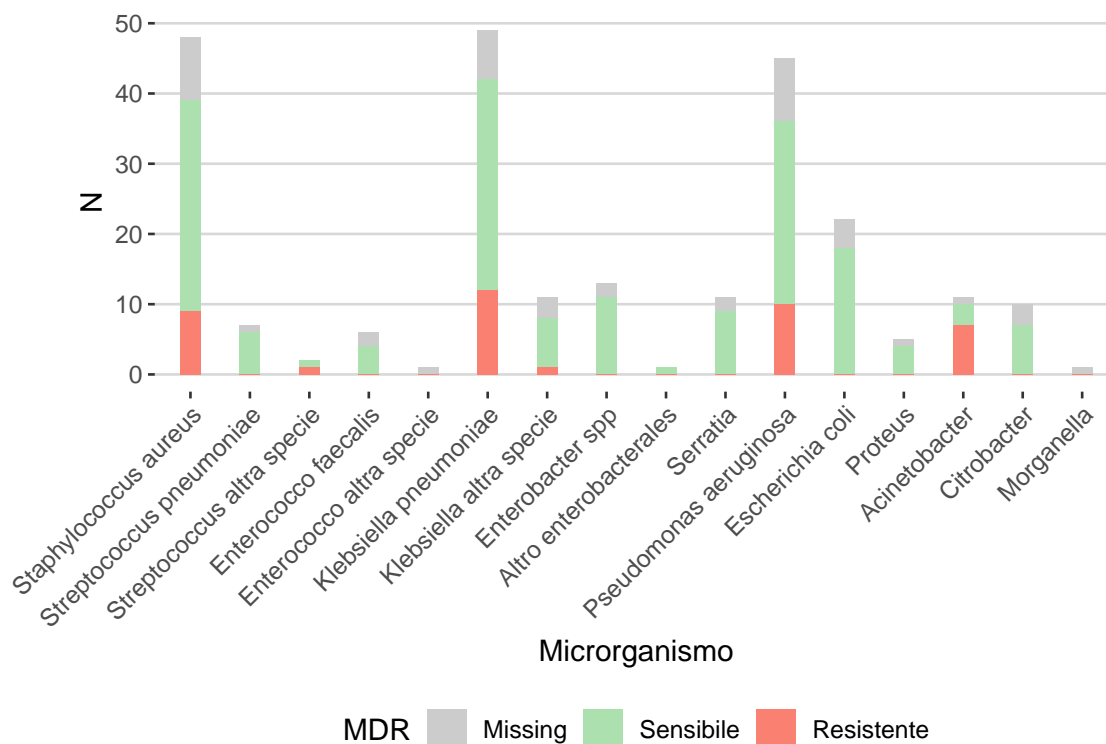
Herpes simplex	1	0.5			
Totale Virus	3	1.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	48	21.7	39	9	23.1
Streptococcus pneumoniae	7	3.2	6	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.9	2	1	50
Enterococcus faecalis	6	2.7	4	0	0
Enterococcus altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	64	29.0	51	10	19.6
Klebsiella pneumoniae	49	22.2	42	12	28.6
Klebsiella altra specie	11	5.0	8	1	12.5
Enterobacter spp	13	5.9	11	0	0
Altro enterobacterales	1	0.5	1	0	0
Serratia	11	5.0	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	45	20.4	36	10	27.8
Escherichia coli	22	10.0	18	0	0
Proteus	5	2.3	4	0	0
Acinetobacter	11	5.0	10	7	70
Emofilo	13	5.9	0	0	0
Citrobacter	10	4.5	7	0	0

Morganella	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.8	0	0	0
Totale Gram -	196	88.7	146	30	20.5
Candida albicans	8	3.6	0	0	0
Candida glabrata	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.9	0	0	0
Aspergillo	13	5.9	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.9	0	0	0
Totale Funghi	26	11.8	0	0	0
Citomegalovirus	2	0.9			
Herpes simplex	1	0.5			
Totale Virus	3	1.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

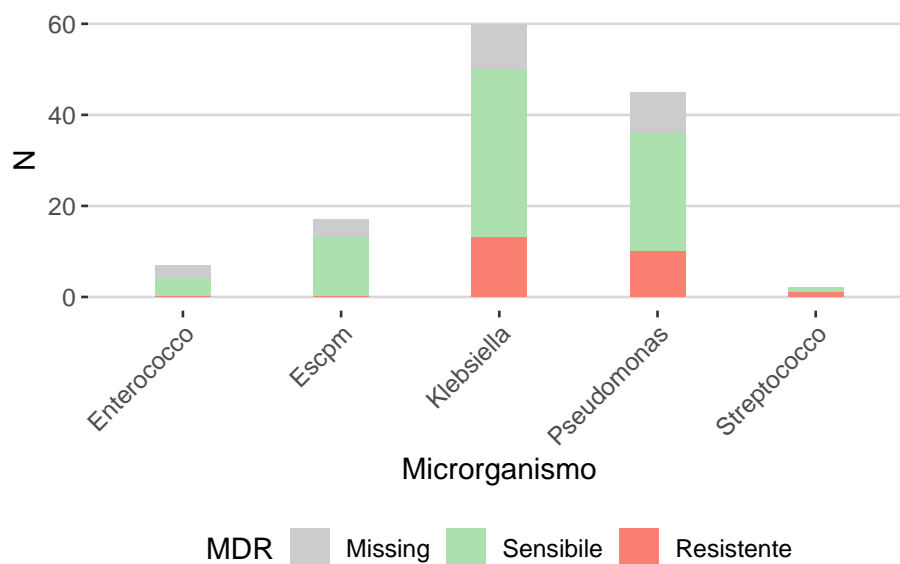
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococcus faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida

specie non determinata, 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	4	4	0	0.00	3
Escpm	17	13	13	0	0.00	4
Klebsiella	60	50	37	13	26.00	10
Pseudomonas	45	36	26	10	27.78	9
Streptococco	2	2	1	1	50.00	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	42	Ertapenem	11	26.19
Klebsiella pneumoniae	42	Meropenem	11	26.19

Klebsiella altra specie	8	Ertapenem	1	12.50
Acinetobacter	10	Imipenem	7	70.00
Acinetobacter	10	Meropenem	7	70.00
Pseudomonas aeruginosa	35	Imipenem	10	28.57
Pseudomonas aeruginosa	36	Meropenem	10	27.78
Staphylococcus aureus	39	Meticillina	9	23.08
Streptococcus altra specie	2	Penicillina	1	50.00

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

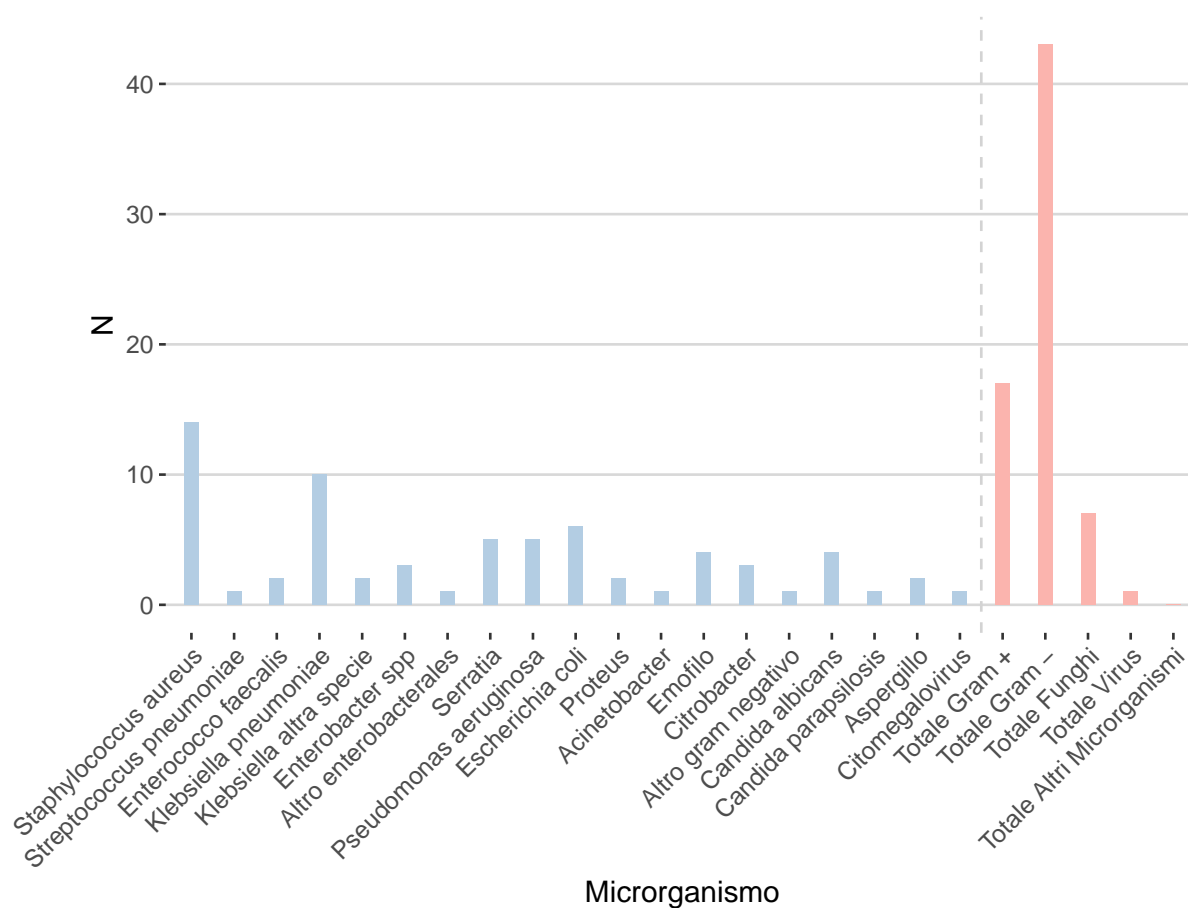
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	46	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	46	
Totale microrganismi isolati	69	

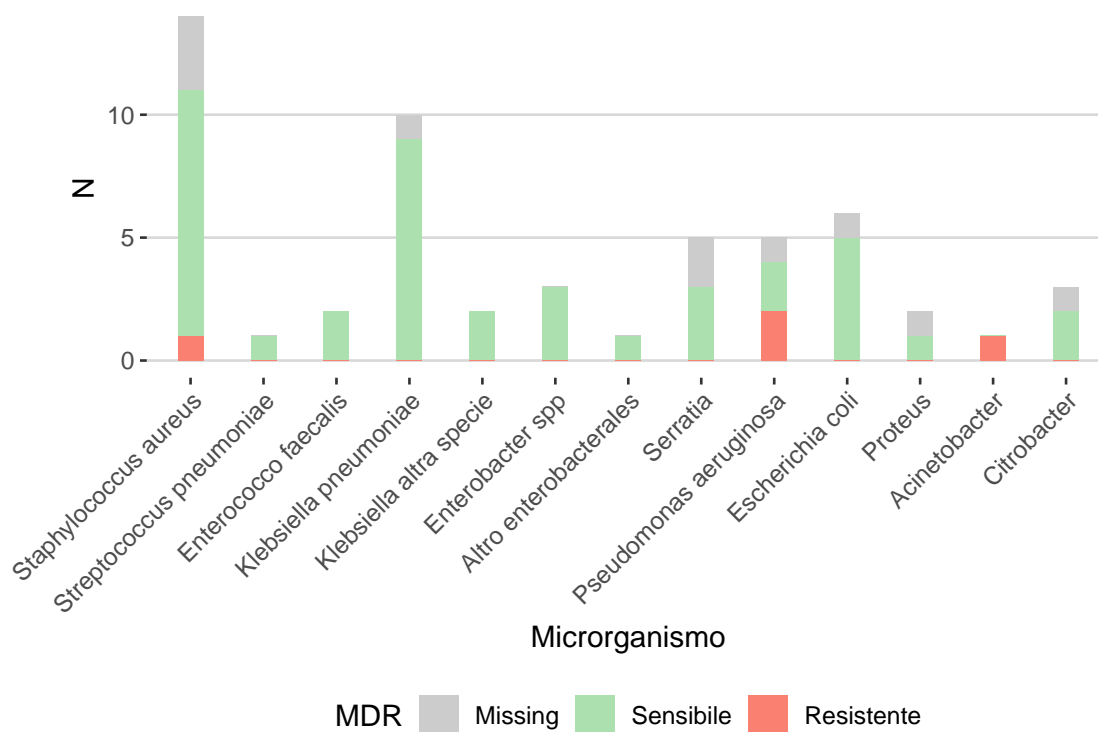
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	30.4	11	1	9.1
Streptococcus pneumoniae	1	2.2	1	0	0
Enterococco faecalis	2	4.3	2	0	0
Totale Gram +	17	37.0	14	1	7.1
Klebsiella pneumoniae	10	21.7	9	0	0
Klebsiella altra specie	2	4.3	2	0	0
Enterobacter spp	3	6.5	3	0	0
Altro enterobacterales	1	2.2	1	0	0
Serratia	5	10.9	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	10.9	4	2	50
Escherichia coli	6	13.0	5	0	0
Proteus	2	4.3	1	0	0
Acinetobacter	1	2.2	1	1	100
Emofilo	4	8.7	0	0	0
Citrobacter	3	6.5	2	0	0
Altro gram negativo	1	2.2	0	0	0
Totale Gram -	43	93.5	31	3	9.7
Candida albicans	4	8.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.2	0	0	0
Aspergillo	2	4.3	0	0	0
Totale Funghi	7	15.2	0	0	0

Citomegalovirus	1	2.2			
Totale Virus	1	2.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

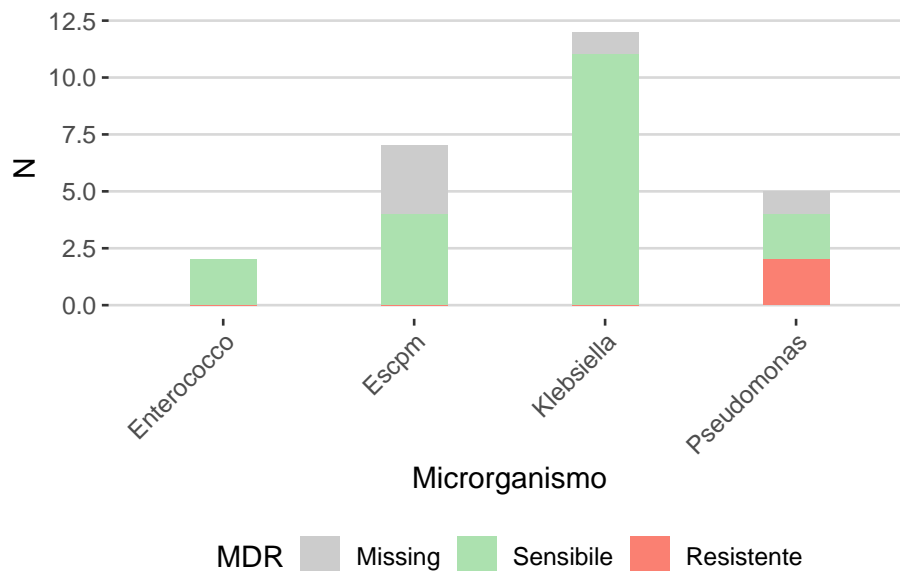


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Staphylococcus CoNS altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Streptococcus altra specie*, *Pyogens*, *Clamidia*, *Legionella*, *Morganella*, *Pseudomonas altra specie*, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Candida altra specie*, *Funghi 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	2	2	2	0	0	0
Escpm	7	4	4	0	0	3
Klebsiella	12	11	11	0	0	1
Pseudomonas	5	4	2	2	50	1

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

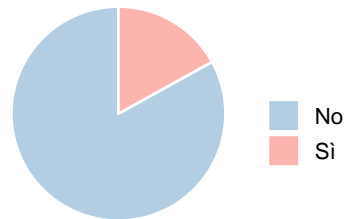
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	2	50.00
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	1	25.00
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	1	9.09

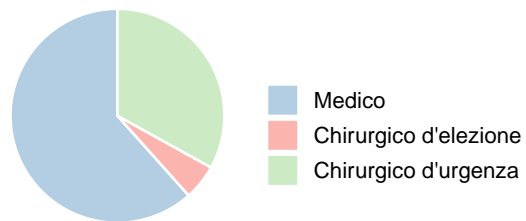
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 224)

13.1 Trauma



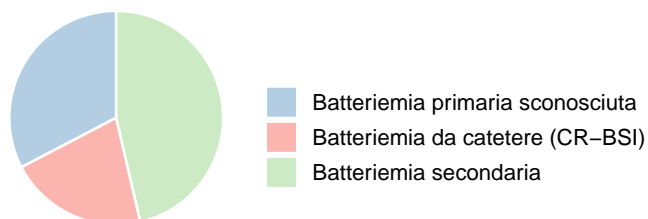
Trauma	N	%
No	186	83.0
Si	38	17.0
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	138	61.6
Chirurgico d'elezione	12	5.4
Chirurgico d'urgenza	74	33.0
Missing	0	0

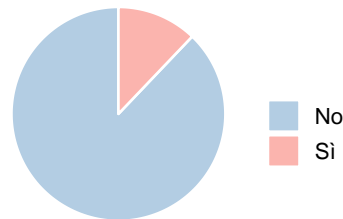
13.3 Tipologia



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

Batteriemia primaria sconosciuta	81	36.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	52	23.2
Batteriemia secondaria	115	51.3
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



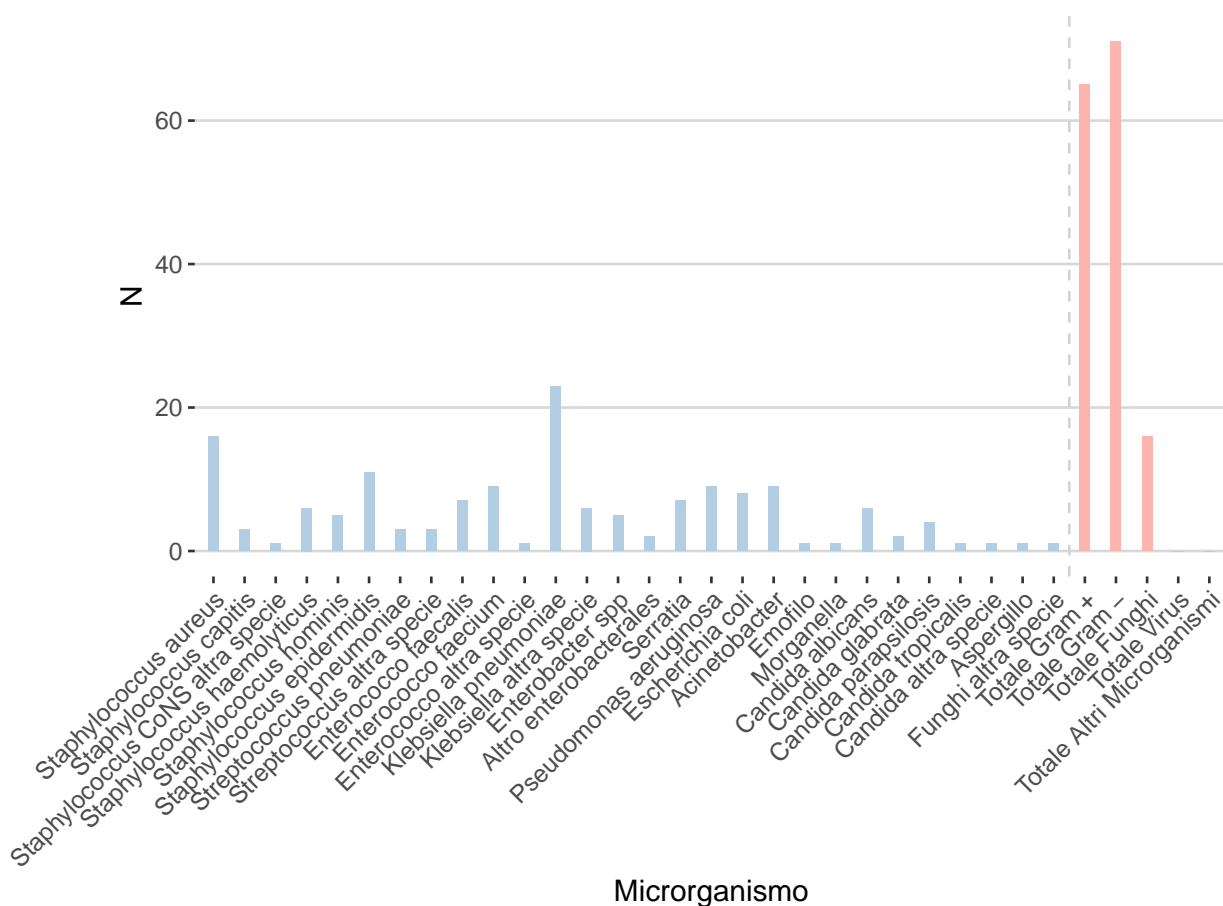
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	116	87.9
Sì	16	12.1
Missing	1	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	16	12.0	11	2	18.2
Staphylococcus capitis	3	2.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	4.5	6	5	83.3
Staphylococcus hominis	5	3.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	11	8.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.3	3	0	0
Streptococcus altra specie	3	2.3	2	0	0
Enterococco faecalis	7	5.3	6	0	0
Enterococco faecium	9	6.8	7	4	57.1
Enterococco altra specie	1	0.8	1	0	0
Totale Gram +	65	48.9	36	11	30.6
Klebsiella pneumoniae	23	17.3	17	3	17.6
Klebsiella altra specie	6	4.5	3	0	0
Enterobacter spp	5	3.8	4	2	50
Altro enterobacterales	2	1.5	2	0	0
Serratia	7	5.3	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	6.8	7	0	0
Escherichia coli	8	6.0	6	0	0
Acinetobacter	9	6.8	8	6	75

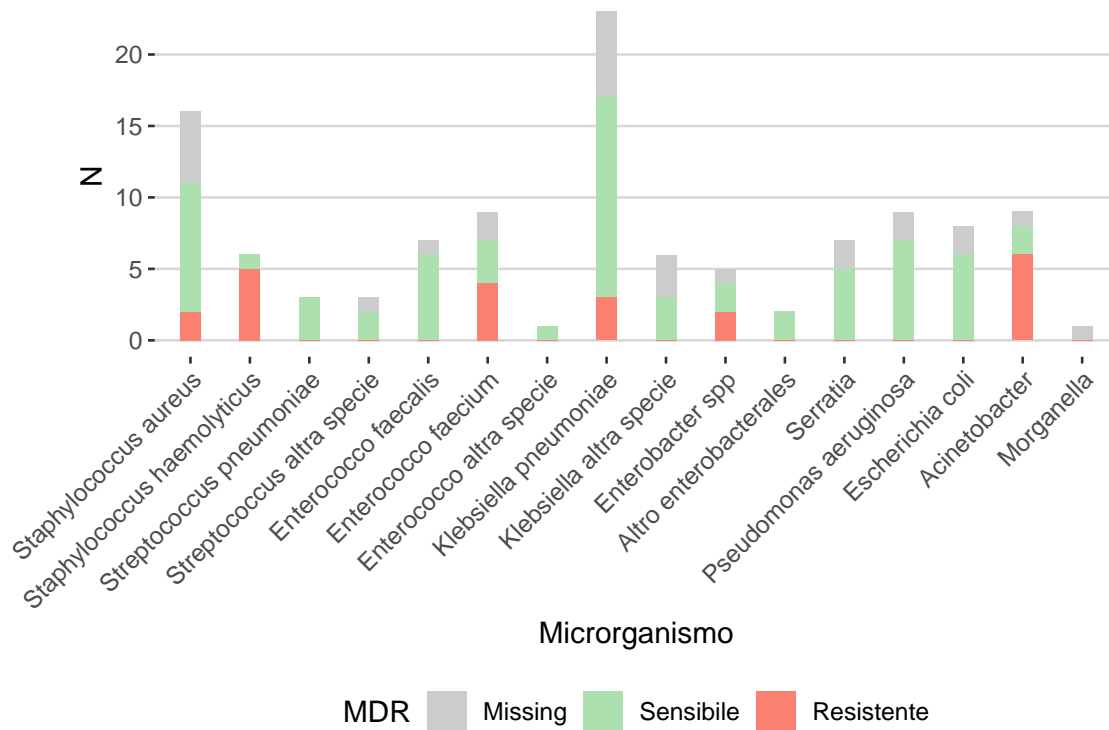
Emofilo	1	0.8	0	0	0
Morganella	1	0.8	0	0	0
Totale Gram -	71	53.4	52	11	21.2
Candida albicans	6	4.5	0	0	0
Candida glabrata	2	1.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	3.0	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
Candida altra specie	1	0.8	0	0	0
Aspergillo	1	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Funghi	16	12.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	16	12.0	11	2	18.2
Staphylococcus capitis	3	2.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	4.5	6	5	83.3
Staphylococcus hominis	5	3.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	11	8.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.3	3	0	0

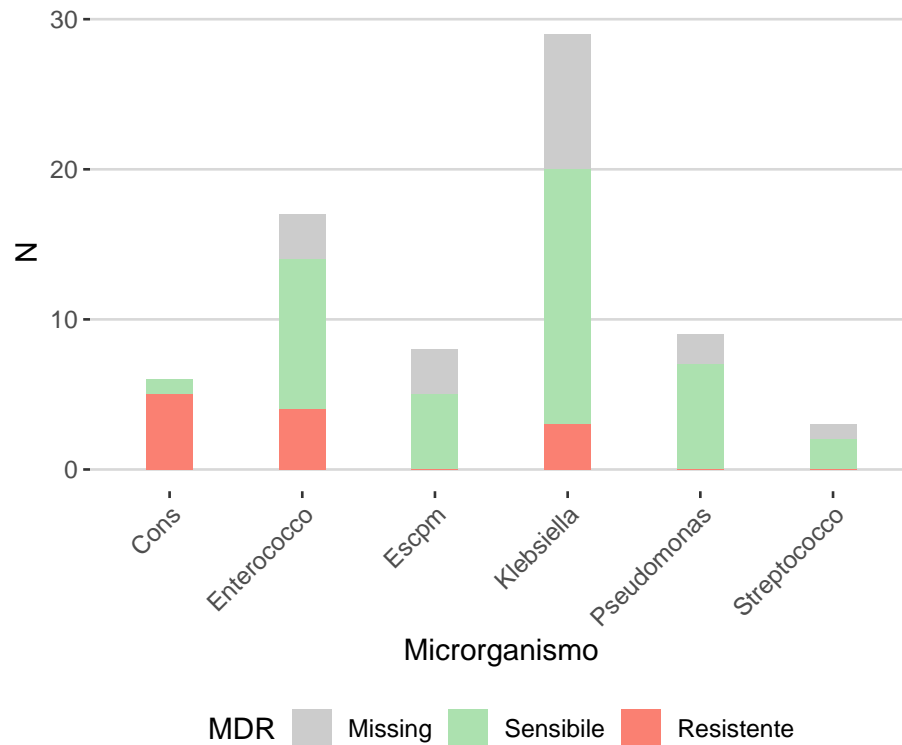
Streptococcus altra specie	3	2.3	2	0	0
Enterococco faecalis	7	5.3	6	0	0
Enterococco faecium	9	6.8	7	4	57.1
Enterococco altra specie	1	0.8	1	0	0
Totale Gram +	65	48.9	36	11	30.6
Klebsiella pneumoniae	23	17.3	17	3	17.6
Klebsiella altra specie	6	4.5	3	0	0
Enterobacter spp	5	3.8	4	2	50
Altro enterobacterales	2	1.5	2	0	0
Serratia	7	5.3	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	6.8	7	0	0
Escherichia coli	8	6.0	6	0	0
Acinetobacter	9	6.8	8	6	75
Emofilo	1	0.8	0	0	0
Morganella	1	0.8	0	0	0
Totale Gram -	71	53.4	52	11	21.2
Candida albicans	6	4.5	0	0	0
Candida glabrata	2	1.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	3.0	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.8	0	0	0
Candida altra specie	1	0.8	0	0	0
Aspergillo	1	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.8	0	0	0
Totale Funghi	16	12.0	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, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Legionella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	6	6	1	5	83.33	0
Enterococco	17	14	10	4	28.57	3
Escpm	8	5	5	0	0.00	3
Klebsiella	29	20	17	3	15.00	9
Pseudomonas	9	7	7	0	0.00	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	%
---------------	---	------------	--------------	---

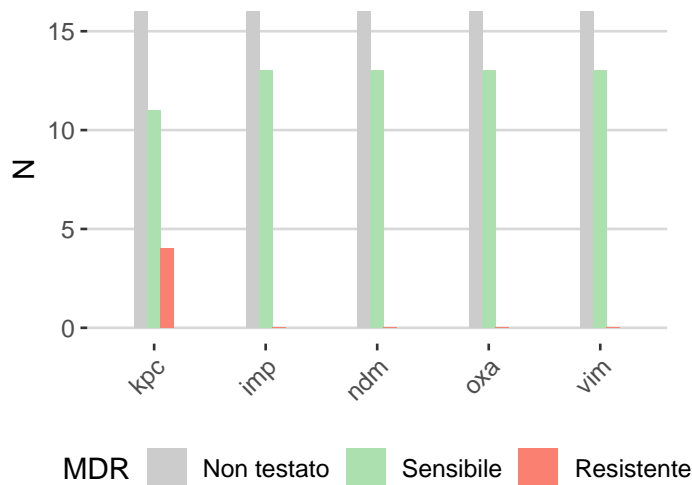
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	2	12.50
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	3	17.65
Enterobacter spp	4	Ertapenem	2	50.00
Enterobacter spp	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	8	Imipenem	6	75.00
Acinetobacter	8	Meropenem	6	75.00
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	5	83.33
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	2	18.18
Enterococco faecium	7	Vancomicina	4	57.14

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.

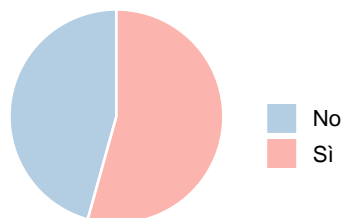
	N	%
Sì	4	13.33
No	11	36.67
Non testato	15	50
Missing	26	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	16
kpc	4	100	11	16
ndm	0	0	13	16
oxa	0	0	13	16
vim	0	0	13	16



14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 81)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	37	45.7
Sì	44	54.3
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	2.0	1.4 %
CI (95%)	1.6 - 2.5	1.1 - 1.7

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.

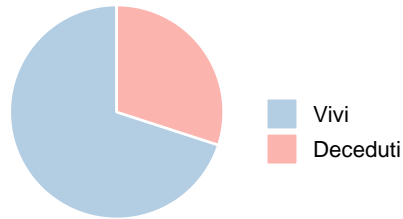
Il secondo:

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

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.

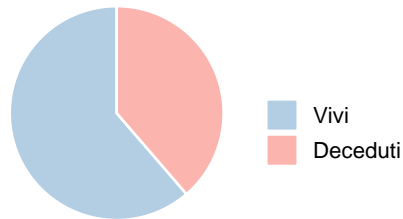
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	56	70.0
Deceduti	24	30.0
Missing	1	0

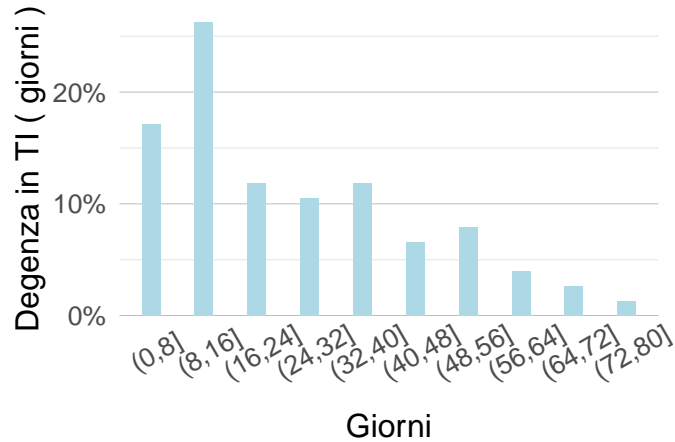
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	46	61.3
Deceduti	29	38.7
Missing	1	0

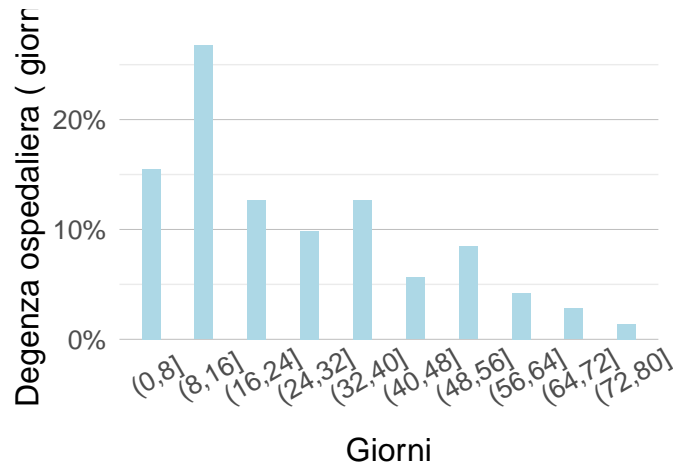
* Statistiche calcolate su 76 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.9 (22.7)
Mediana (Q1-Q3)	21.5 (12-41.5)
Missing	1

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



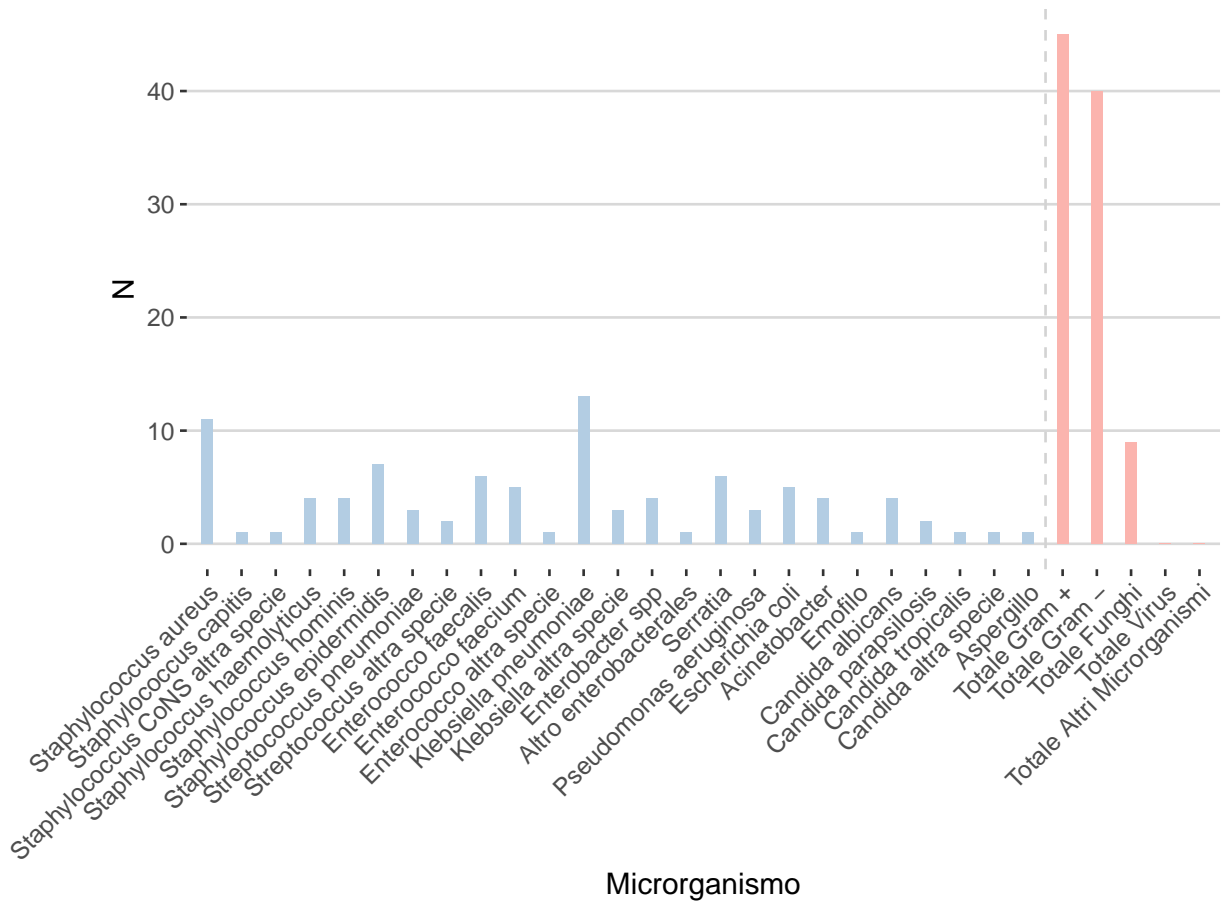
Indicatore	Valore
Media (DS)	48.4 (35.8)
Mediana (Q1-Q3)	43 (26.5-66.5)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 76 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

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	11	13.6	9	1	11.1
Staphylococcus capitis	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	4.9	4	3	75
Staphylococcus hominis	4	4.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	8.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	3.7	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.5	1	0	0
Enterococco faecalis	6	7.4	5	0	0
Enterococco faecium	5	6.2	5	3	60
Enterococco altra specie	1	1.2	1	0	0
Totale Gram +	45	55.6	28	7	25
Klebsiella pneumoniae	13	16.0	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	3	3.7	2	0	0
Enterobacter spp	4	4.9	4	2	50
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	6	7.4	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	3.7	3	0	0
Escherichia coli	5	6.2	4	0	0
Acinetobacter	4	4.9	3	3	100
Emofilo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	40	49.4	31	6	19.4
Candida albicans	4	4.9	0	0	0
Candida parapsilosis	2	2.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.2	0	0	0
Candida altra specie	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	9	11.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

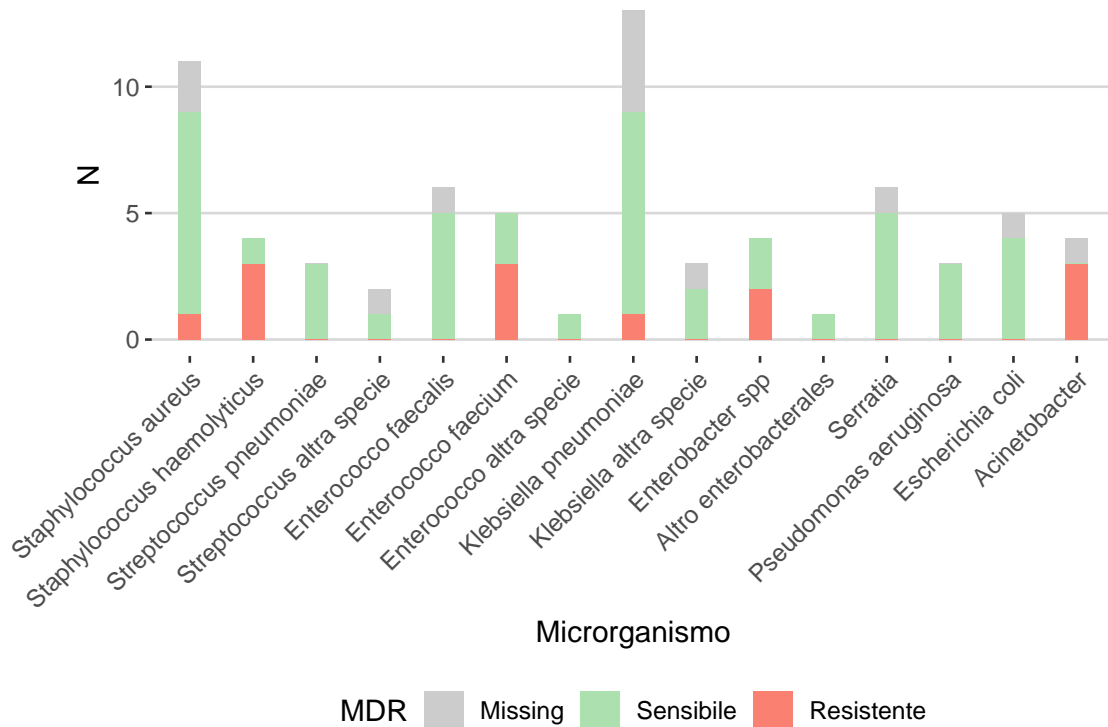


Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	13.6	9	1	11.1
Staphylococcus capitis	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	4.9	4	3	75
Staphylococcus hominis	4	4.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	8.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	3.7	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.5	1	0	0
Enterococcus faecalis	6	7.4	5	0	0
Enterococcus faecium	5	6.2	5	3	60
Enterococcus altra specie	1	1.2	1	0	0
Totale Gram +	45	55.6	28	7	25
Klebsiella pneumoniae	13	16.0	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	3	3.7	2	0	0
Enterobacter spp	4	4.9	4	2	50
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	6	7.4	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	3.7	3	0	0
Escherichia coli	5	6.2	4	0	0
Acinetobacter	4	4.9	3	3	100
Emofilo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	40	49.4	31	6	19.4

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 81)

Candida albicans	4	4.9	0	0	0
Candida parapsilosis	2	2.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.2	0	0	0
Candida altra specie	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	9	11.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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.

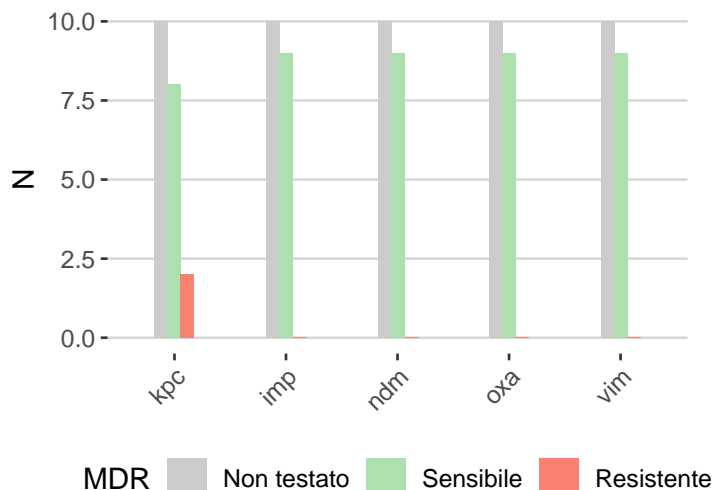
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	1	11.11
Enterobacter spp	4	Ertapenem	2	50.00
Enterobacter spp	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	3	75.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	1	11.11
Enterococco faecium	5	Vancomicina	3	60.00

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

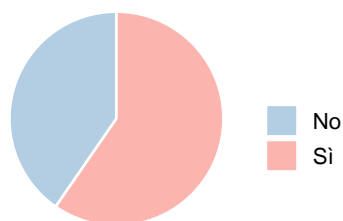
	N	%
Sì	2	10.53
No	8	42.11
Non testato	9	47.37
Missing	17	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	9	10
kpc	2	100	8	10
ndm	0	0	9	10
oxa	0	0	9	10
vim	0	0	9	10



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 52)

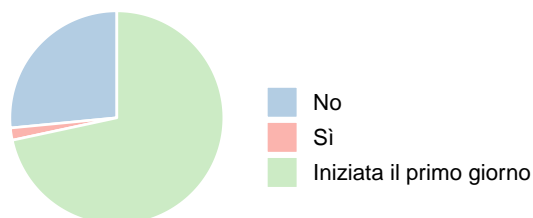
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	21	40.4
Si	31	59.6
Missing	0	0

15.2 Fattori di rischio

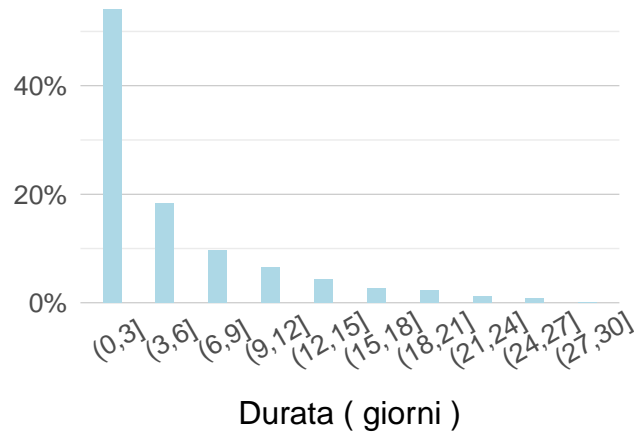
15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 7111)



Cvc	N	%
No	21	40.4
Si	31	59.6
Iniziata il primo giorno	0	0

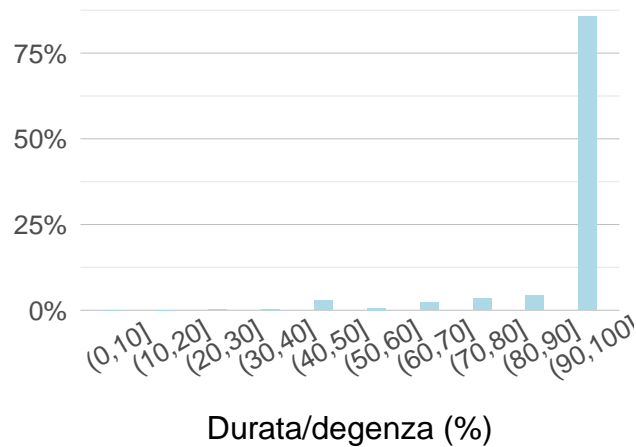
No	1884	26.5
Sì	5220	73.5
Iniziata il primo giorno	5089	71.6
Missing	7	

15.2.2 Durata (giorni)



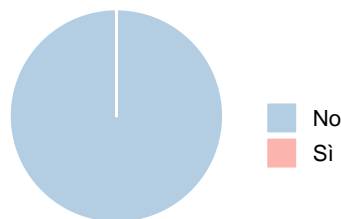
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.0 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	7

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



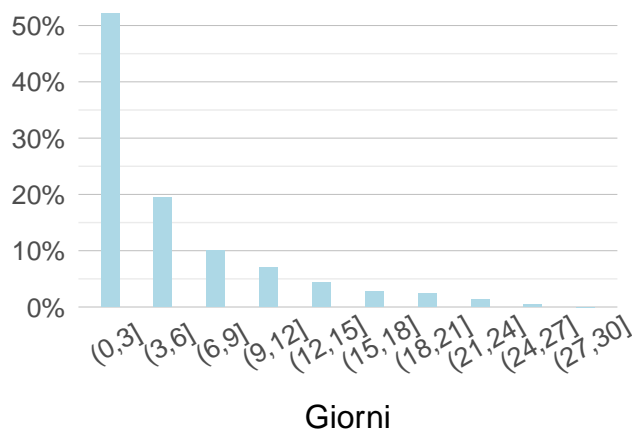
Indicatore	Valore
Media (DS)	95.3 (12.8)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	9

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 7111)



Infezione locale da catetere	N	%
No	7100	100.0
Si	3	0.0
Missing	8	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	50
Media (DS)	13.6 (13.1)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-12.8)
Missing	2

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.4	1.0 %
CI (95%)	1.1 - 1.9	0.8 - 1.3

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

Il primo:

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

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

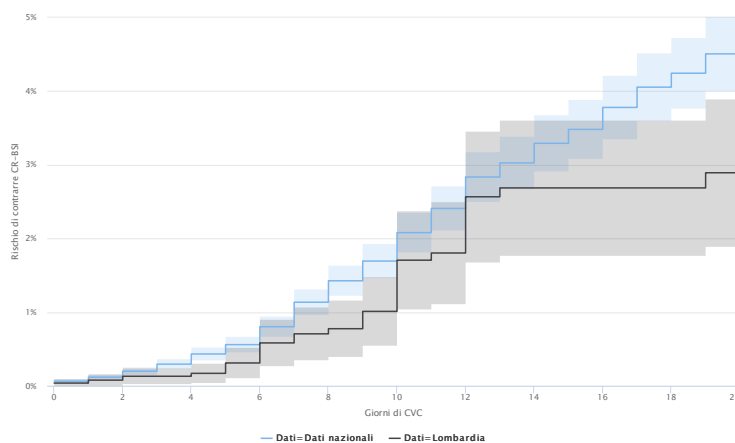
Il secondo invece:

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

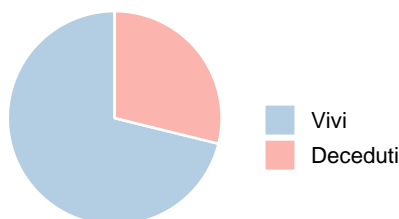
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



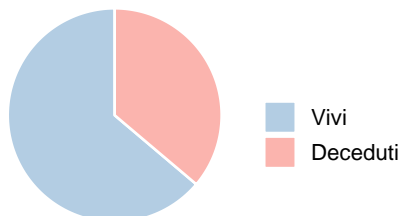
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	37	71.2
Deceduti	15	28.8

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

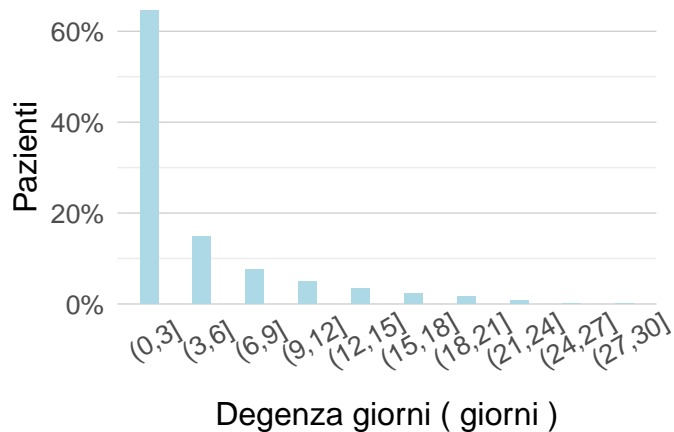
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	30	63.8
Deceduti	17	36.2
Missing	0	0

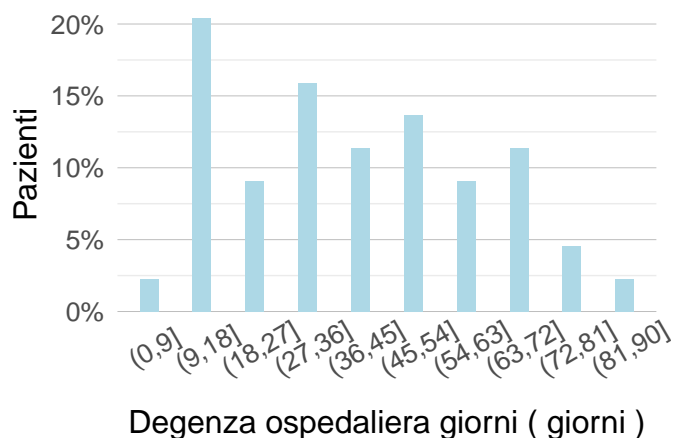
* Statistiche calcolate su 47 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.8 (20.5)
Mediana (Q1-Q3)	26 (14-39.2)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.1 (26.9)
Mediana (Q1-Q3)	41 (23.5-63)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 47 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

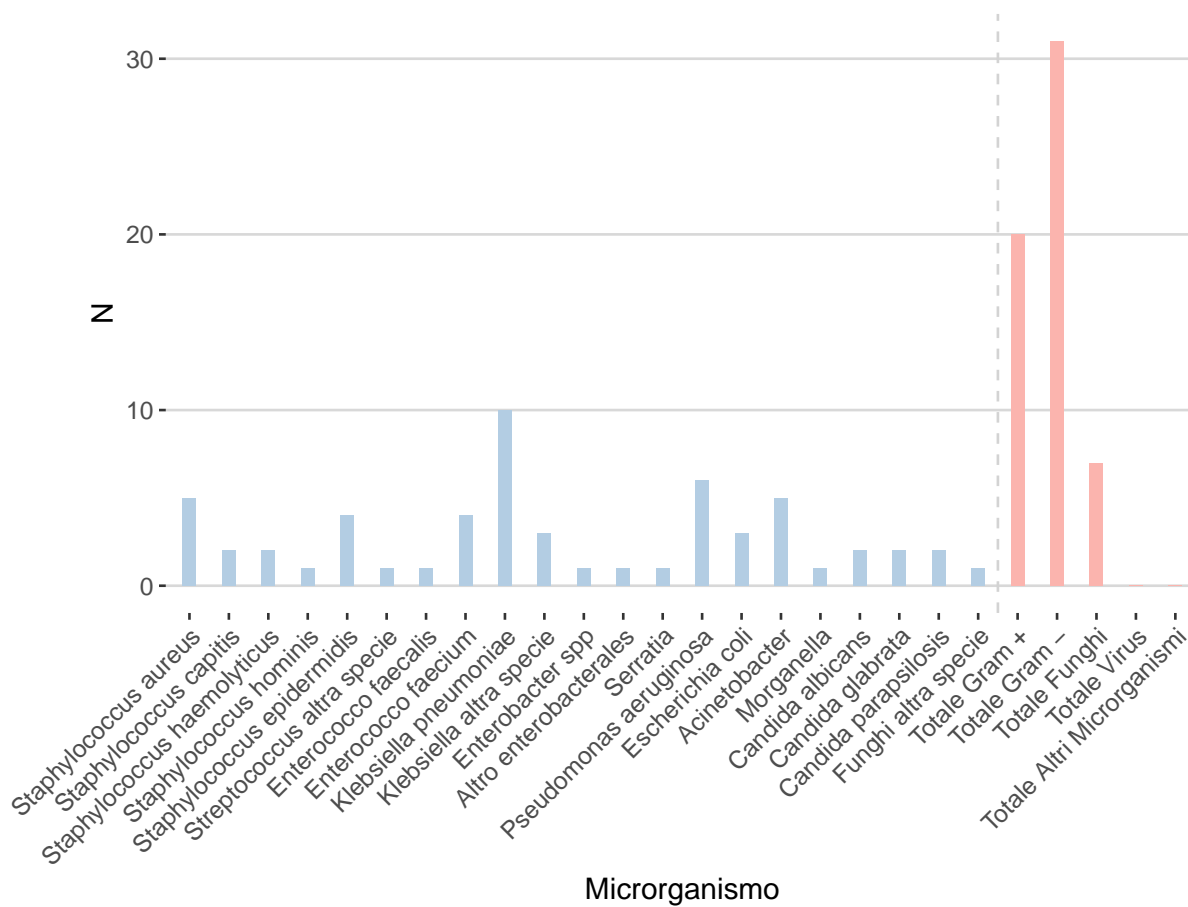
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	52	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	52	
Totale microrganismi isolati	60	

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

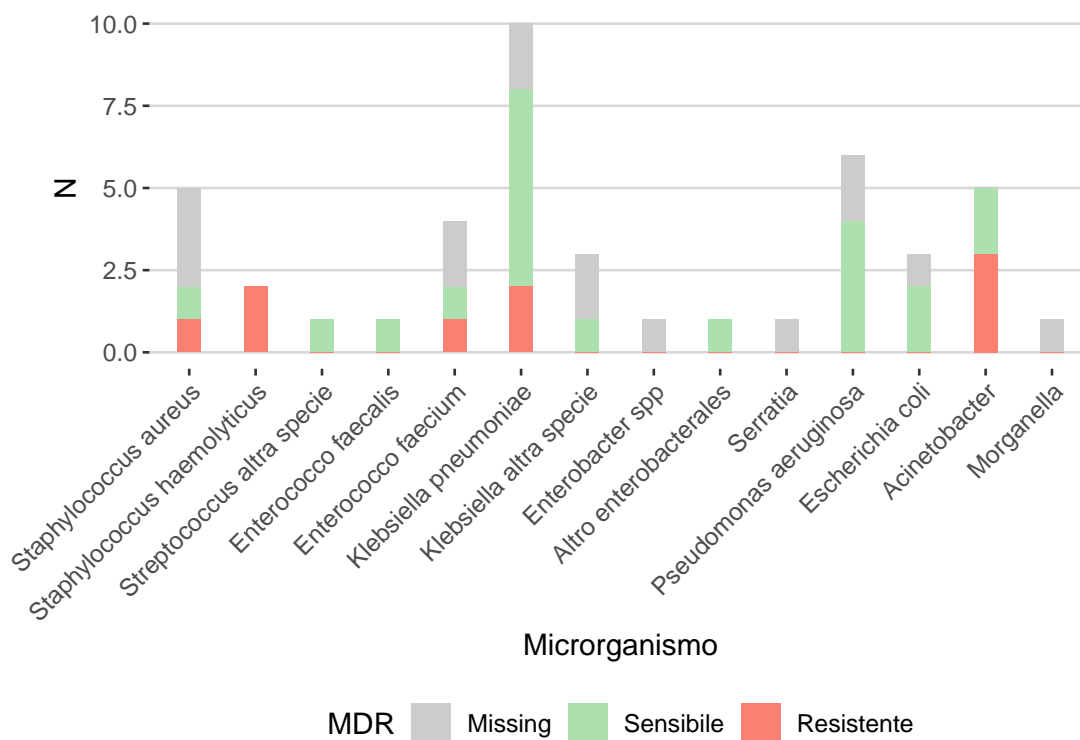
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	9.6	2	1	50
Staphylococcus capitis	2	3.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	3.8	2	2	100
Staphylococcus hominis	1	1.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	7.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.9	1	0	0

Enterococco faecalis	1	1.9	1	0	0
Enterococco faecium	4	7.7	2	1	50
Totale Gram +	20	38.5	8	4	50
Klebsiella pneumoniae	10	19.2	8	2	25
Klebsiella altra specie	3	5.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	1.9	0	0	0
Altro enterobacterales	1	1.9	1	0	0
Serratia	1	1.9	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	11.5	4	0	0
Escherichia coli	3	5.8	2	0	0
Acinetobacter	5	9.6	5	3	60
Morganella	1	1.9	0	0	0
Totale Gram -	31	59.6	21	5	23.8
Candida albicans	2	3.8	0	0	0
Candida glabrata	2	3.8	0	0	0
Candida parapsilosis	2	3.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.9	0	0	0
Totale Funghi	7	13.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



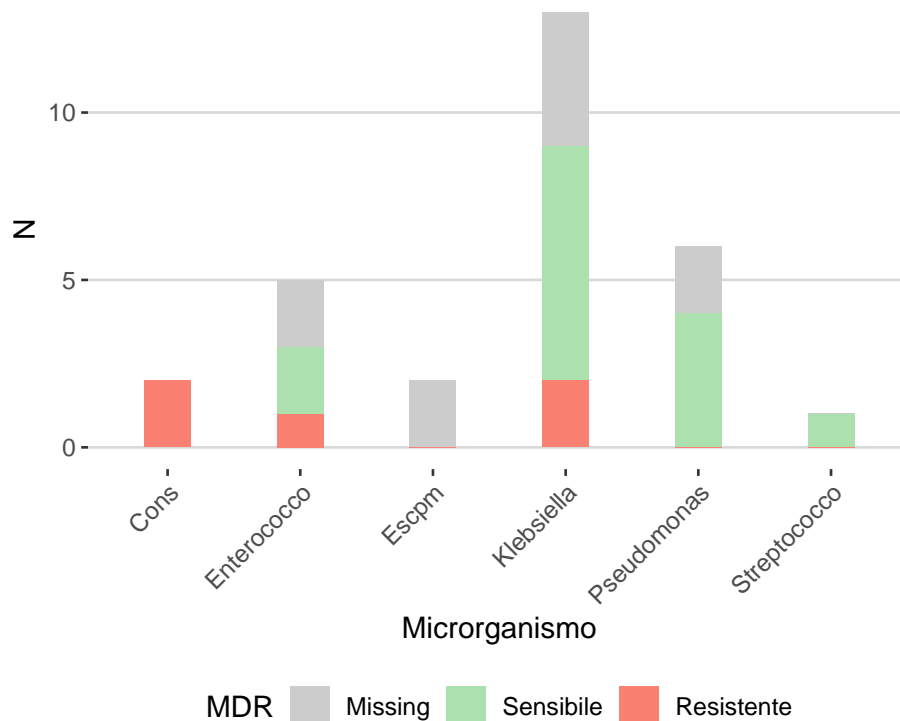
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	9.6	2	1	50
Staphylococcus capitis	2	3.8	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	3.8	2	2	100
Staphylococcus hominis	1	1.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	7.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.9	1	0	0
Enterococco faecalis	1	1.9	1	0	0
Enterococco faecium	4	7.7	2	1	50
Totale Gram +	20	38.5	8	4	50
Klebsiella pneumoniae	10	19.2	8	2	25
Klebsiella altra specie	3	5.8	1	0	0
Enterobacter spp	1	1.9	0	0	0
Altro enterobacterales	1	1.9	1	0	0
Serratia	1	1.9	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	11.5	4	0	0
Escherichia coli	3	5.8	2	0	0
Acinetobacter	5	9.6	5	3	60
Morganella	1	1.9	0	0	0
Totale Gram -	31	59.6	21	5	23.8
Candida albicans	2	3.8	0	0	0
Candida glabrata	2	3.8	0	0	0
Candida parapsilosis	2	3.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.9	0	0	0
Totale Funghi	7	13.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	0	2	100.00	0
Enterococco	5	3	2	1	33.33	2
Escpm	2	0	0	0	NaN	2
Klebsiella	13	9	7	2	22.22	4
Pseudomonas	6	4	4	0	0.00	2
Streptococco	1	1	1	0	0.00	0

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

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

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

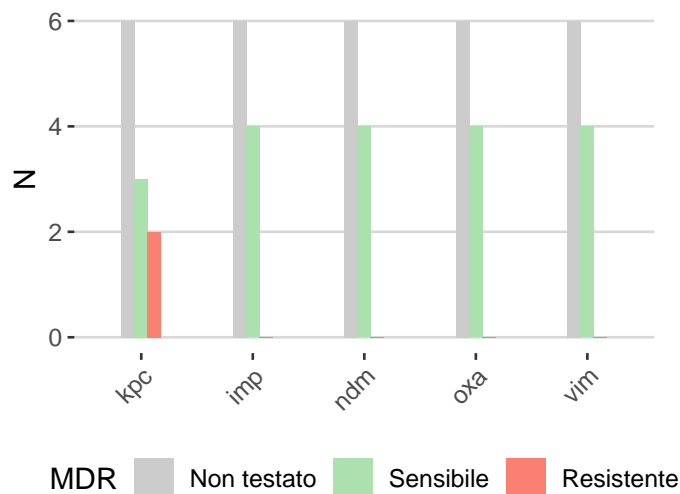
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	8	Ertapenem	2	25
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	2	25
Acinetobacter	5	Imipenem	3	60
Acinetobacter	5	Meropenem	3	60
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50

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

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

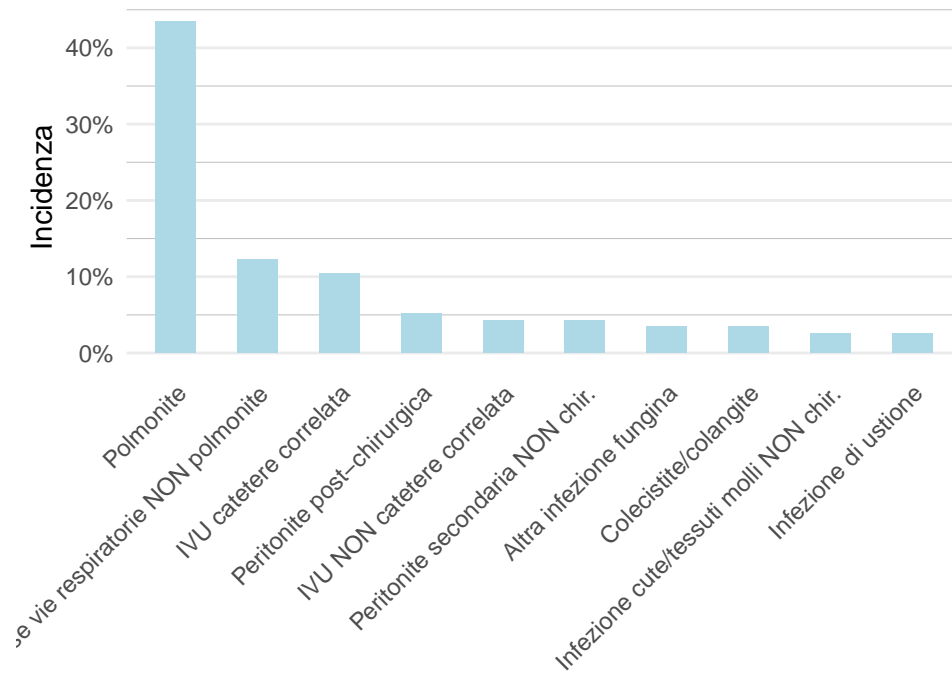
	N	%
Sì	2	18.18
No	3	27.27
Non testato	6	54.55
Missing	9	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	6
kpc	2	100	3	6
ndm	0	0	4	6
oxa	0	0	4	6
vim	0	0	4	6



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 115)

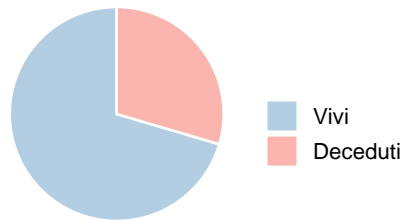
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

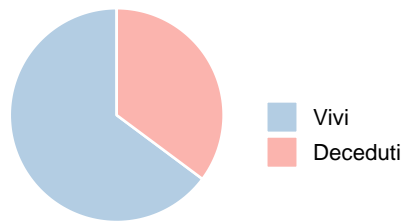
Infezione	N	%
Polmonite	50	43.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	14	12.2
IVU catetere correlata	12	10.4
Peritonite post-chirurgica	6	5.2
Peritonite secondaria NON chir.	5	4.3
IVU NON catetere correlata	5	4.3
Colecistite/colangite	4	3.5
Altra infezione fungina	4	3.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	3	2.6
Infezione di ustione	3	2.6
Missing	9	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	81	70.4
Deceduti	34	29.6
Missing	0	0

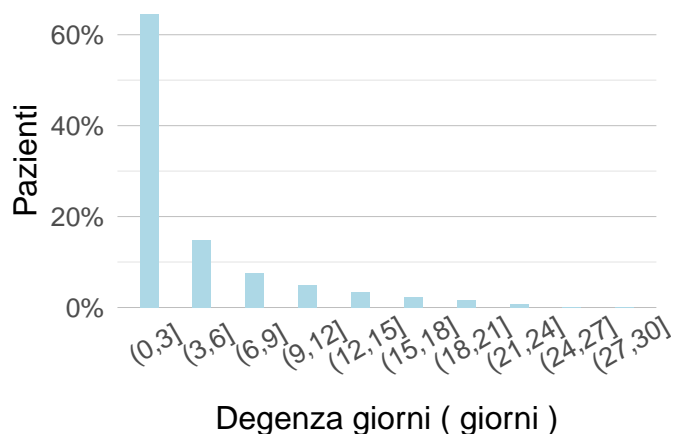
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	70	64.8
Deceduti	38	35.2
Missing	2	0

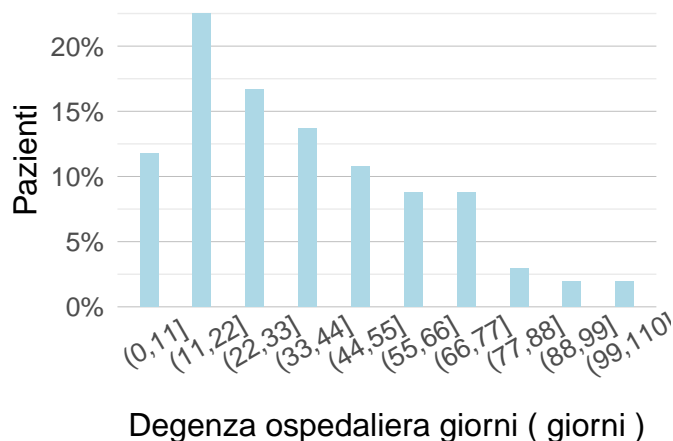
* Statistiche calcolate su 110 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.7 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	22 (11-38.5)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.7 (34.6)
Mediana (Q1-Q3)	34 (20-57.2)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 110 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

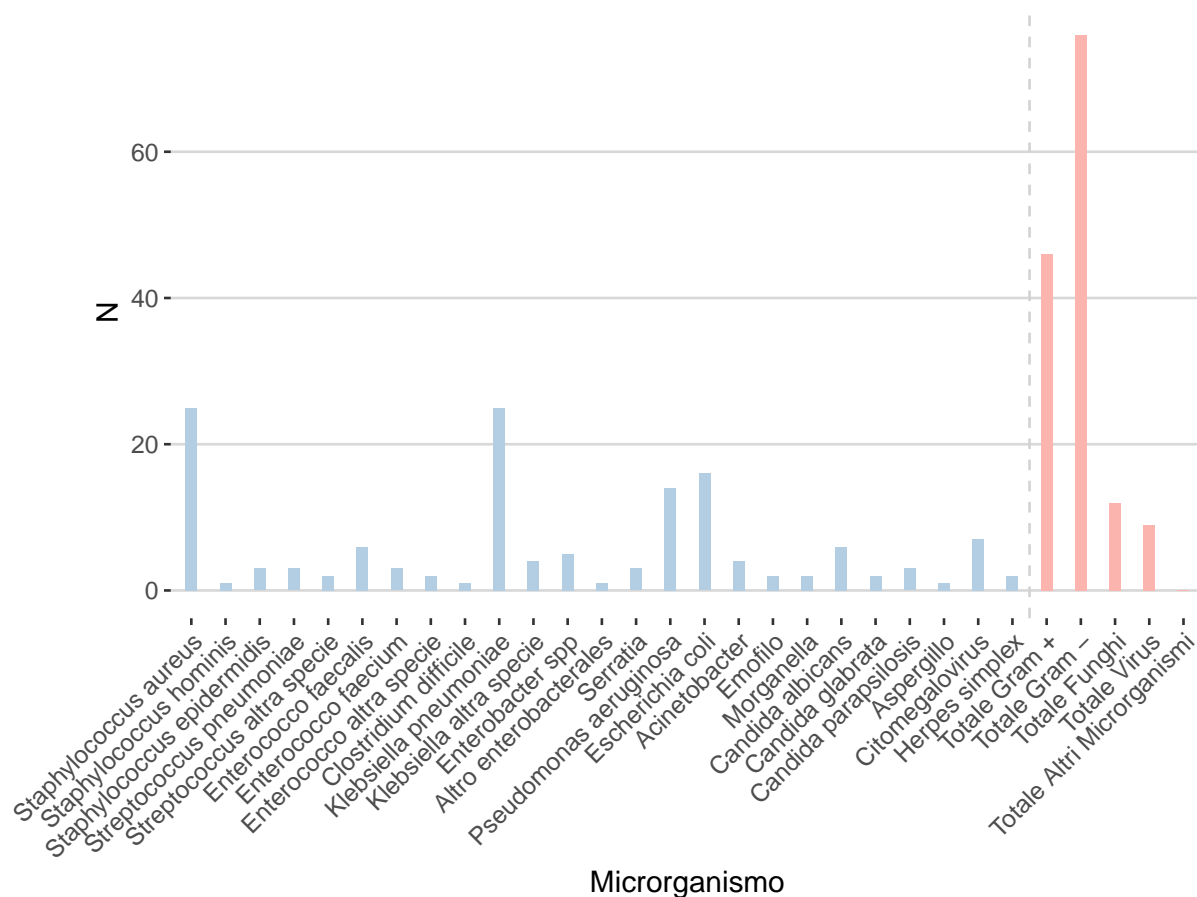
16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	4.9
Sì	117	95.1
Missing	0	
Totale infezioni	123	
Totale microrganismi isolati	145	

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.

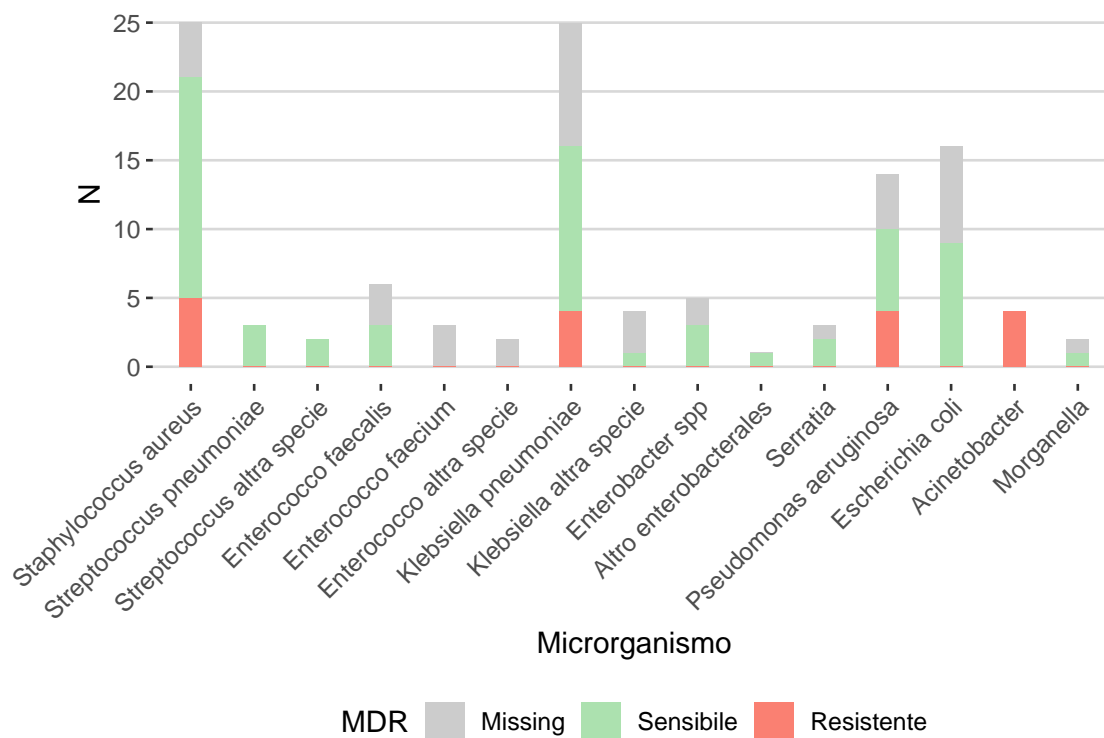
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	25	21.4	21	5	23.8
Staphylococcus hominis	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.7	2	0	0
Enterococco faecalis	6	5.1	3	0	0
Enterococco faecium	3	2.6	0	0	0
Enterococco altra specie	2	1.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.9	0	0	0
Totale Gram +	46	39.3	29	5	17.2
Klebsiella pneumoniae	25	21.4	16	4	25
Klebsiella altra specie	4	3.4	1	0	0
Enterobacter spp	5	4.3	3	0	0
Altro enterobacterales	1	0.9	1	0	0
Serratia	3	2.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	12.0	10	4	40
Escherichia coli	16	13.7	9	0	0
Acinetobacter	4	3.4	4	4	100
Emofilo	2	1.7	0	0	0
Morganella	2	1.7	1	0	0
Totale Gram -	76	65.0	47	12	25.5
Candida albicans	6	5.1	0	0	0
Candida glabrata	2	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.6	0	0	0
Aspergillo	1	0.9	0	0	0
Totale Funghi	12	10.3	0	0	0
Citomegalovirus	7	6.0			
Herpes simplex	2	1.7			
Totale Virus	9	7.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	25	21.4	21	5	23.8
Staphylococcus hominis	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	2.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	2	1.7	2	0	0
Enterococco faecalis	6	5.1	3	0	0
Enterococco faecium	3	2.6	0	0	0
Enterococco altra specie	2	1.7	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.9	0	0	0
Totale Gram +	46	39.3	29	5	17.2
Klebsiella pneumoniae	25	21.4	16	4	25
Klebsiella altra specie	4	3.4	1	0	0
Enterobacter spp	5	4.3	3	0	0
Altro enterobacteriales	1	0.9	1	0	0
Serratia	3	2.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	12.0	10	4	40
Escherichia coli	16	13.7	9	0	0
Acinetobacter	4	3.4	4	4	100
Emofilo	2	1.7	0	0	0
Morganella	2	1.7	1	0	0
Totale Gram -	76	65.0	47	12	25.5
Candida albicans	6	5.1	0	0	0

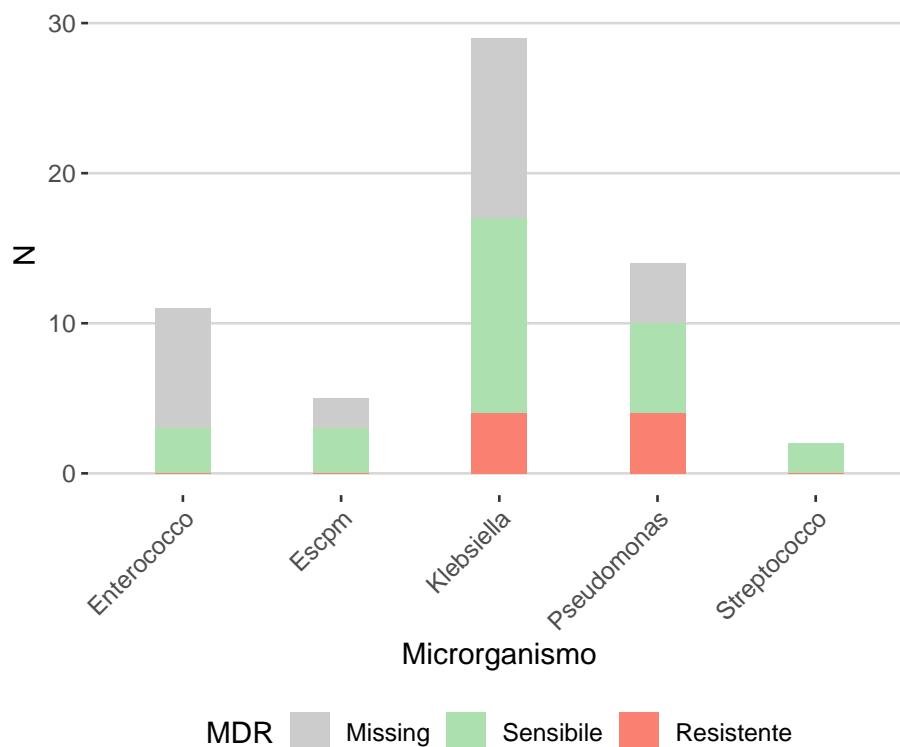
Candida glabrata	2	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.6	0	0	0
Aspergillo	1	0.9	0	0	0
Totale Funghi	12	10.3	0	0	0
Citomegalovirus	7	6.0			
Herpes simplex	2	1.7			
Totale Virus	9	7.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Pyogens, Clamidia, Citrobacter, Legionella, Altro gram negativo, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, 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	11	3	3	0	0.00	8
Escpm	5	3	3	0	0.00	2
Klebsiella	29	17	13	4	23.53	12
Pseudomonas	14	10	6	4	40.00	4
Streptococco	2	2	2	0	0.00	0

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	4	25.00

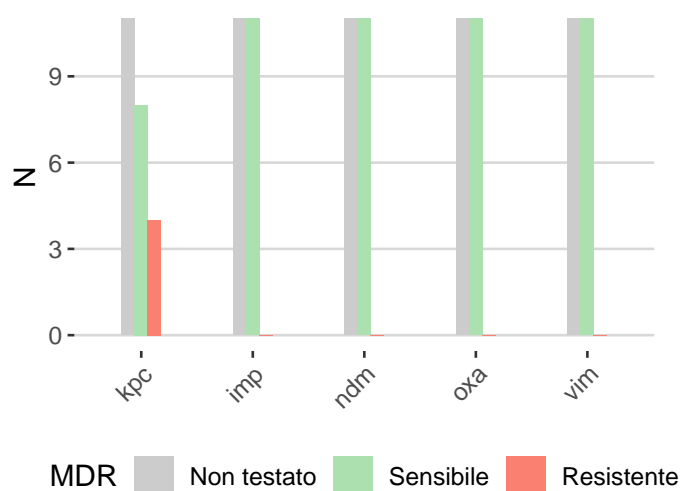
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	3	18.75
Acinetobacter	4	Imipenem	4	100.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Imipenem	4	40.00
Pseudomonas aeruginosa	10	Meropenem	3	30.00
Staphylococcus aureus	21	Meticillina	5	23.81

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	4	17.39
No	8	34.78
Non testato	11	47.83
Missing	33	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	11	11
kpc	4	100	8	11
ndm	0	0	11	11
oxa	0	0	11	11
vim	0	0	11	11

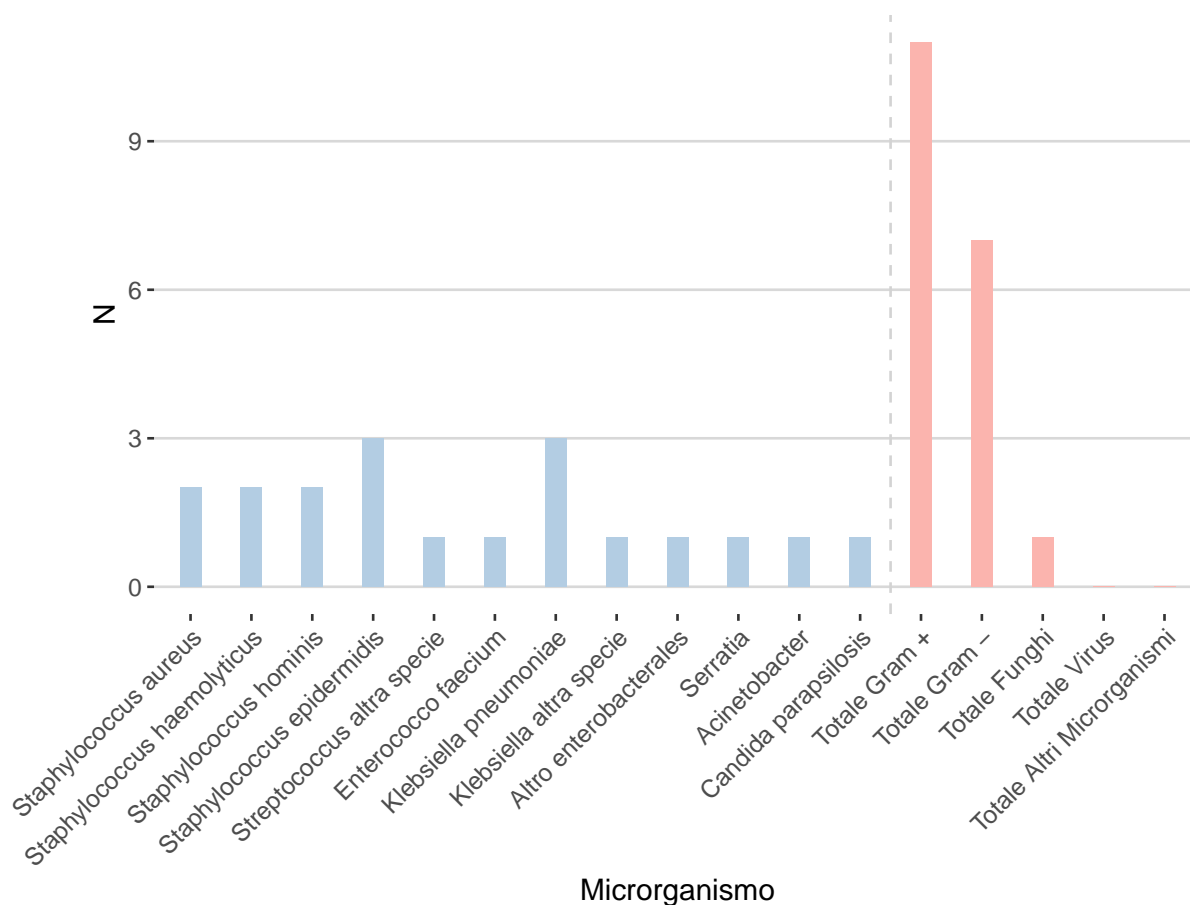


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 14)

17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

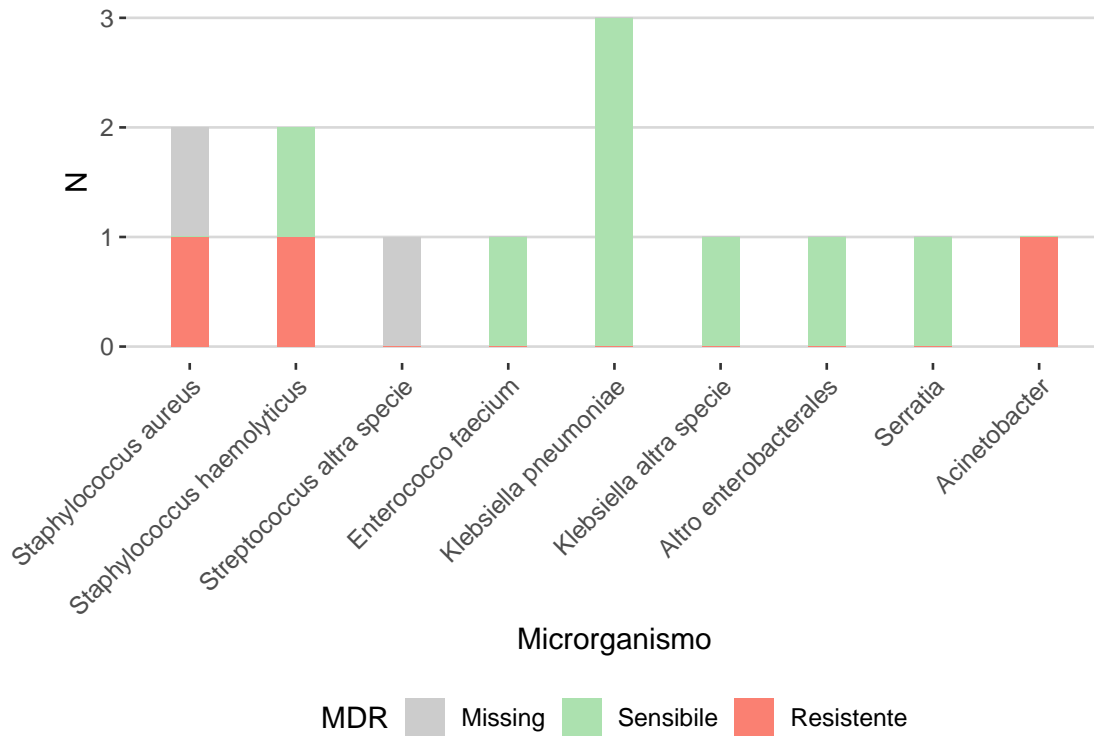
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	14.3	1	1	100
Staphylococcus haemolyticus	2	14.3	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	14.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	21.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	7.1	0	0	0
Enterococco faecium	1	7.1	1	0	0
Totale Gram +	11	78.6	4	2	50
Klebsiella pneumoniae	3	21.4	3	0	0
Klebsiella altra specie	1	7.1	1	0	0
Altro enterobacterales	1	7.1	1	0	0
Serratia	1	7.1	1	0	0
Acinetobacter	1	7.1	1	1	100
Totale Gram -	7	50.0	7	1	14.3
Candida parapsilosis	1	7.1	0	0	0
Totale Funghi	1	7.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	14.3	1	1	100
Staphylococcus haemolyticus	2	14.3	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	14.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	21.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	7.1	0	0	0
Enterococco faecium	1	7.1	1	0	0
Totale Gram +	11	78.6	4	2	50
Klebsiella pneumoniae	3	21.4	3	0	0
Klebsiella altra specie	1	7.1	1	0	0
Altro enterobacterales	1	7.1	1	0	0
Serratia	1	7.1	1	0	0
Acinetobacter	1	7.1	1	1	100
Totale Gram -	7	50.0	7	1	14.3
Candida parapsilosis	1	7.1	0	0	0
Totale Funghi	1	7.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100

Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100

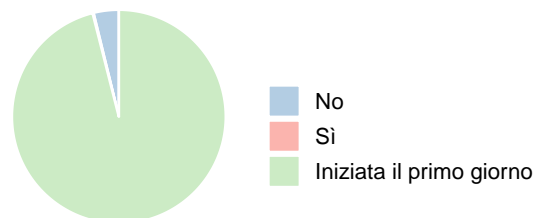
17.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con nuovi episodi di batteriemia

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

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

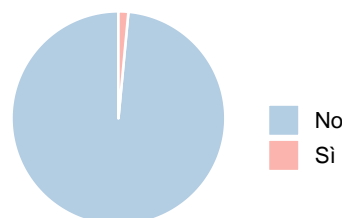
18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 106)

18.1 Catetere urinario (N = 7111)



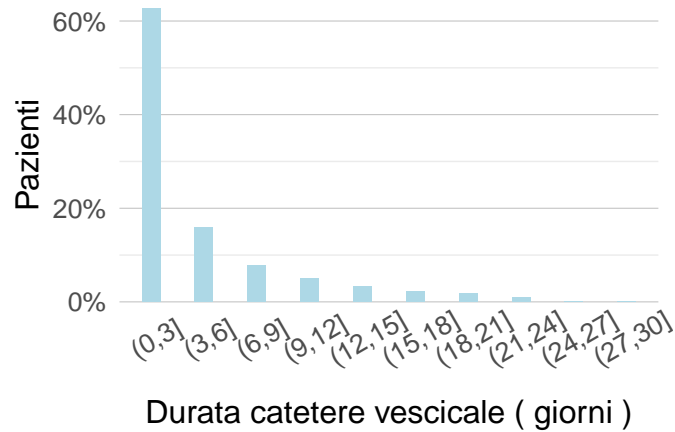
Catetere urinario	N	%
No	271	3.8
Sì	6833	96.2
Iniziativa il primo giorno	6823	95.9
Missing	7	

18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	6993	98.5
Si	106	1.5
Missing	12	0

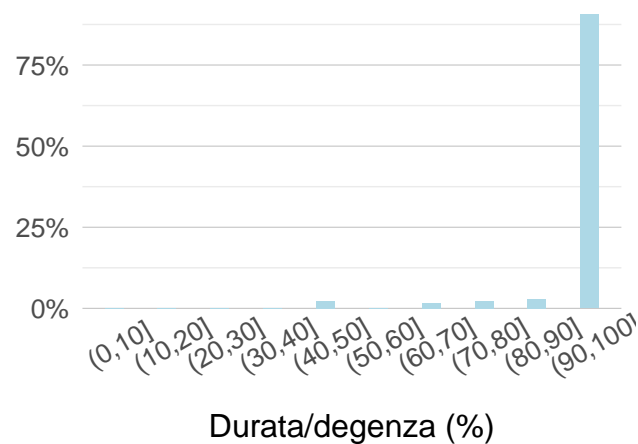
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

Indicatore	Valore
Media (DS)	6.1 (9.5)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	10

18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)

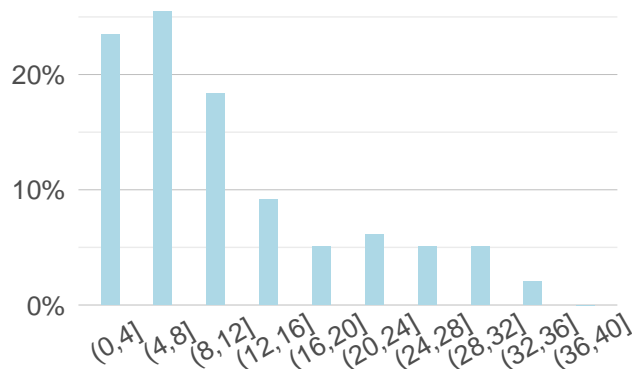


Durata/degenza (%)

Indicatore	Valore
Media (DS)	97.0 (10.0)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)

Missing 11

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Giorni di catetere urinario pre-IVU

Indicatore	Valore
N	106
Media (DS)	13.3 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	9 (5-17)
Missing	0

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	2.7	1.9 %
CI (95%)	2.2 - 3.2	1.5 - 2.3

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

Il primo:

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

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

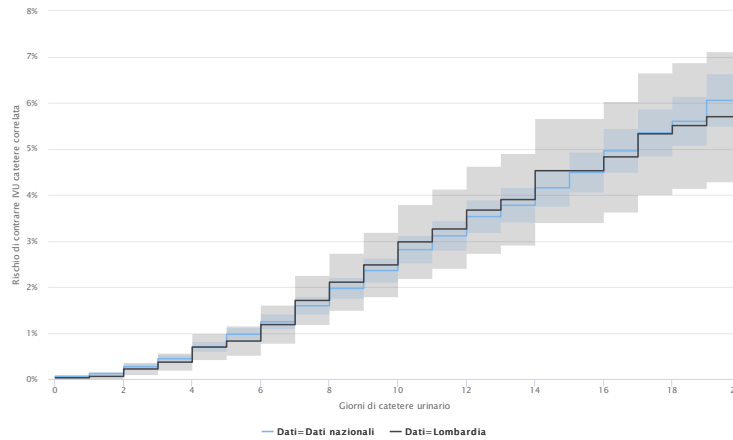
Il secondo invece:

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

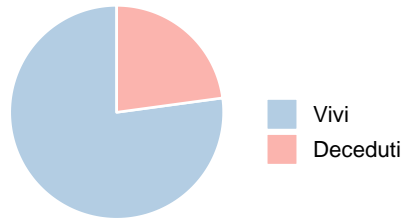
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

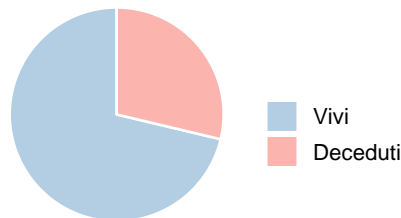


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	81	77.1
Deceduti	24	22.9
Missing	1	0

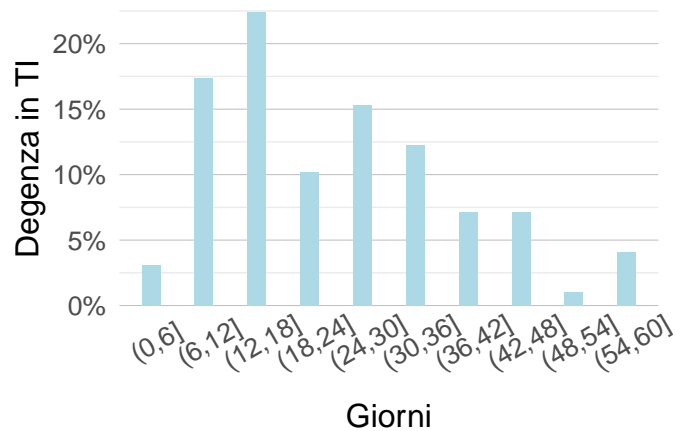
18.6 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	67	71.3
Deceduti	27	28.7
Missing	5	0

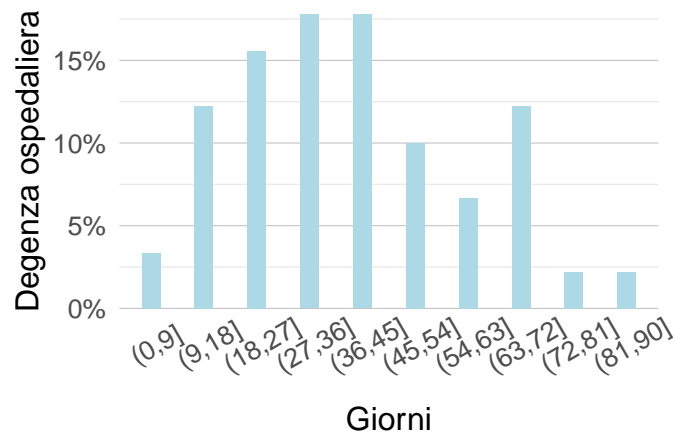
* Statistiche calcolate su 99 escludendo le riammissioni da reparto (N = 7).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (18.4)
Mediana (Q1-Q3)	25 (14-36)
Missing	1

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
------------	--------

Media (DS)	43.3 (26.7)
Mediana (Q1-Q3)	38 (23-58)
Missing	4

* Statistiche calcolate su 99 escludendo le riammissioni da reparto (N = 7).

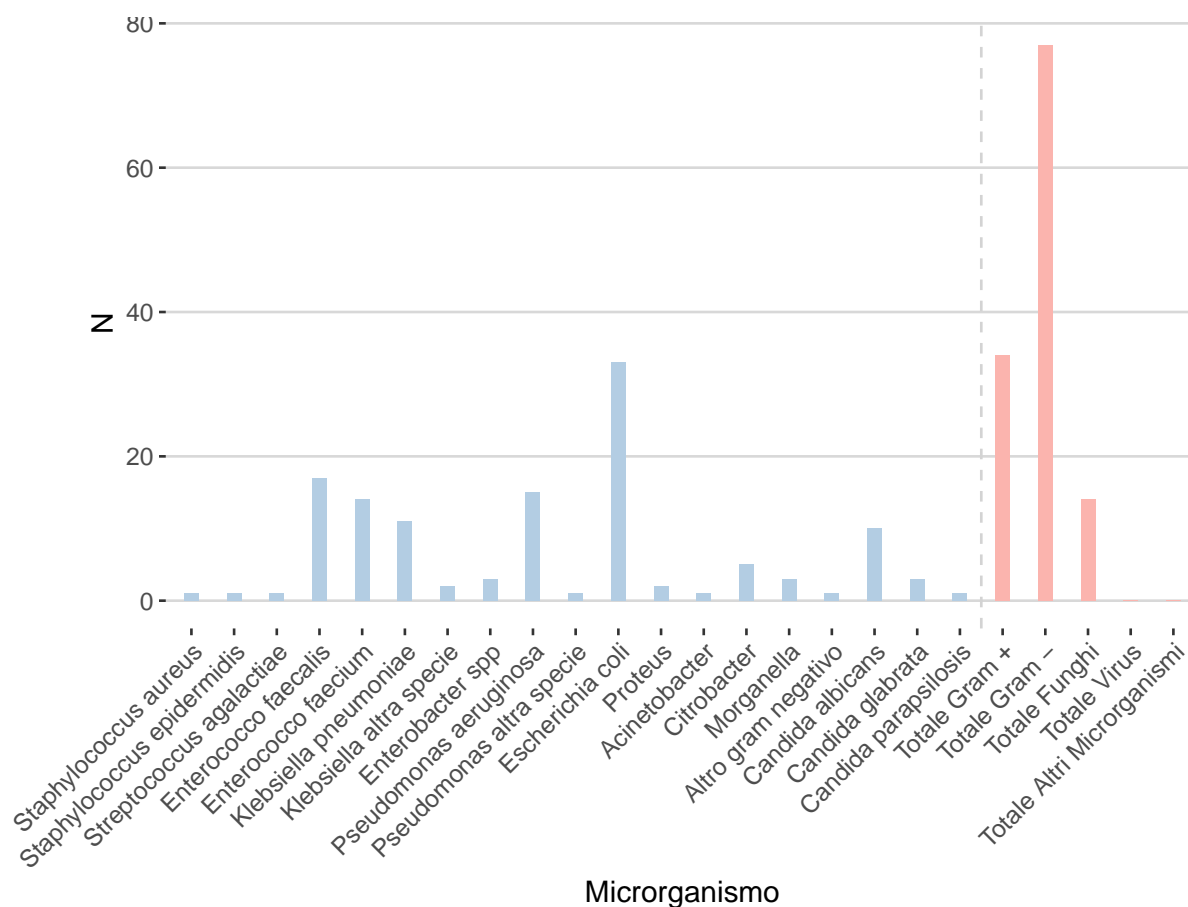
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	106	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	106	
Totale microrganismi isolati	125	

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

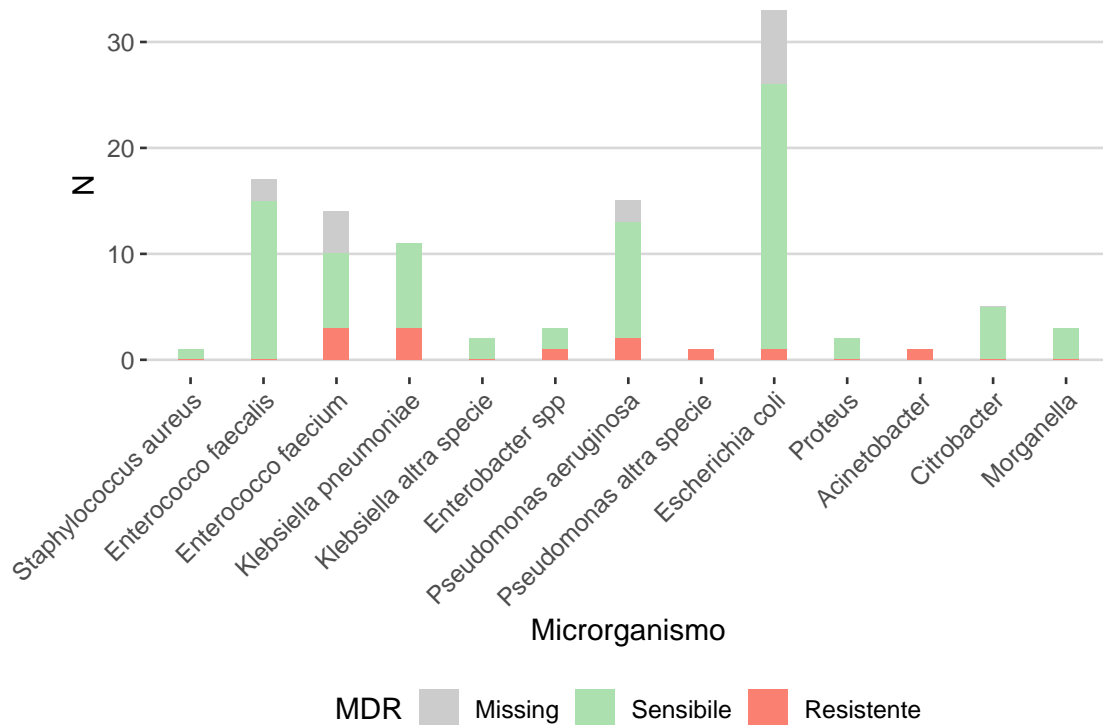
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	0.9	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.9	0	0	0
Enterococco faecalis	17	16.0	15	0	0
Enterococco faecium	14	13.2	10	3	30
Totale Gram +	34	32.1	26	3	11.5
Klebsiella pneumoniae	11	10.4	11	3	27.3
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	0	0
Enterobacter spp	3	2.8	3	1	33.3
Pseudomonas aeruginosa	15	14.2	13	2	15.4
Pseudomonas altra specie	1	0.9	1	1	100
Escherichia coli	33	31.1	26	1	3.8
Proteus	2	1.9	2	0	0
Acinetobacter	1	0.9	1	1	100
Citrobacter	5	4.7	5	0	0
Morganella	3	2.8	3	0	0
Altro gram negativo	1	0.9	0	0	0
Totale Gram -	77	72.6	67	9	13.4
Candida albicans	10	9.4	0	0	0
Candida glabrata	3	2.8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.9	0	0	0
Totale Funghi	14	13.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	0.9	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.9	0	0	0
Enterococcus faecalis	17	16.0	15	0	0
Enterococcus faecium	14	13.2	10	3	30
Totale Gram +	34	32.1	26	3	11.5
Klebsiella pneumoniae	11	10.4	11	3	27.3
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	0	0
Enterobacter spp	3	2.8	3	1	33.3
Pseudomonas aeruginosa	15	14.2	13	2	15.4
Pseudomonas altra specie	1	0.9	1	1	100
Escherichia coli	33	31.1	26	1	3.8
Proteus	2	1.9	2	0	0
Acinetobacter	1	0.9	1	1	100
Citrobacter	5	4.7	5	0	0
Morganella	3	2.8	3	0	0
Altro gram negativo	1	0.9	0	0	0
Totale Gram -	77	72.6	67	9	13.4
Candida albicans	10	9.4	0	0	0
Candida glabrata	3	2.8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.9	0	0	0

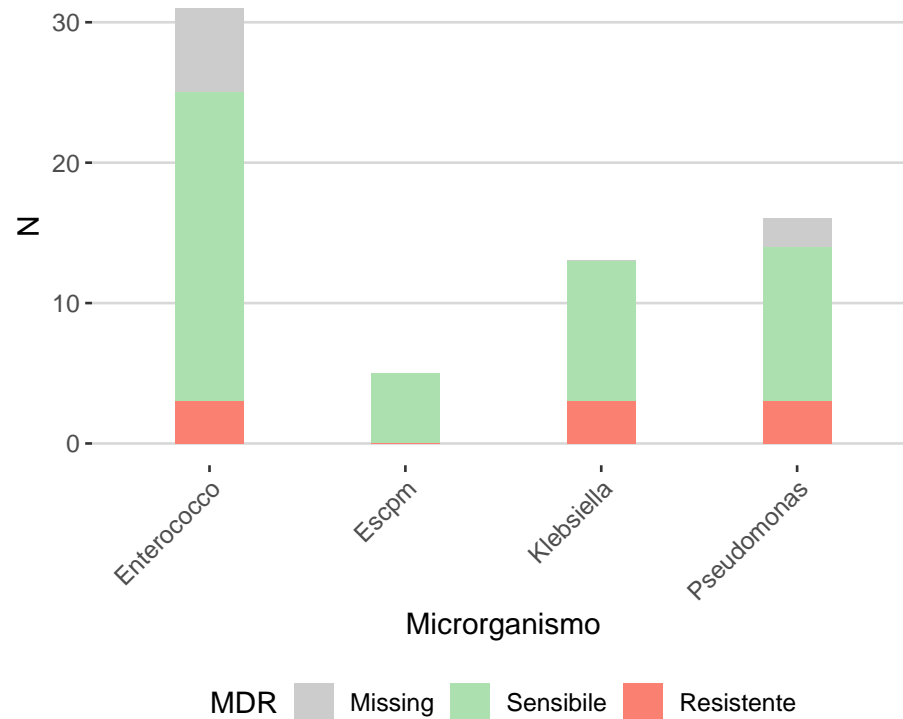
Totale Funghi	14	13.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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	31	25	22	3	12.00	6
Escpm	5	5	5	0	0.00	0
Klebsiella	13	13	10	3	23.08	0
Pseudomonas	16	14	11	3	21.43	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	11	Ertapenem	3	27.27
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	2	18.18
Enterobacter spp	3	Ertapenem	1	33.33

Enterobacter spp	3	Meropenem	1	33.33
Escherichia coli	26	Ertapenem	1	3.85
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	13	Imipenem	2	15.38
Pseudomonas aeruginosa	13	Meropenem	1	7.69
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Enterococco faecium	10	Vancomicina	3	30.00

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	44	

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