



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE  
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

## Petalo Infection Light



Anno 2022

NCH 4 TI

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

TI NEUROCHIRURGICHE

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalo Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 1242 )</b>	<b>12</b>
2.1 Sesso	12
2.2 Età	12
2.3 Degenza Pre TI ( giorni )	13
2.4 Provenienza ( reparto )	13
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	14
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI ( giorni )	17
2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	17
<b>3 Pazienti infetti ( N = 268 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 966 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni )	20
4.4 Provenienza ( reparto )	20
4.5 Trauma	21
4.6 Stato Chirurgico	21
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	22
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	22
4.10 Insufficienza neurologica insorta	23
4.11 Mortalità in TI	23
4.12 Mortalità ospedaliera *	23
4.13 Degenza in TI ( giorni )	24
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	24

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>26</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 83)</b>	<b>27</b>
5.1 Provenienza ( reparto ) . . . . .	27
5.2 Trauma . . . . .	27
5.3 Stato Chirurgico . . . . .	27
5.4 Motivo di ammissione . . . . .	28
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 ) . . . . .	29
5.6 Infezione multisito . . . . .	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione . . . . .	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione . . . . .	30
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione</b>	<b>35</b>
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 27)</b>	<b>36</b>
7.1 Trauma . . . . .	36
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	36
7.3 Tipo di infezione . . . . .	36
7.4 Infezione batteriémica . . . . .	37
7.5 Infezioni multisito . . . . .	37
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	37
7.7 Mortalità in TI . . . . .	38
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	38
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	39
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	39
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	39
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	43
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>47</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 201)</b>	<b>48</b>
8.1 Sesso . . . . .	48
8.2 Età . . . . .	48
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	49
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	49
8.5 Trauma . . . . .	50
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	50
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	50
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	51
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	51
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	52
8.11 Mortalità in TI . . . . .	52
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	52
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	53
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	53
8.15 Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	54
8.16 Infezione multisito . . . . .	55
8.17 Infezioni in degenza . . . . .	55
8.18 Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	55
8.19 Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	56
8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	57
8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	58
<b>9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 16)</b>	<b>64</b>
9.1 Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	64

<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 185)</b>	<b>69</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	69
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	69
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	69
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>75</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 90)</b>	<b>76</b>
11.1	Trauma . . . . .	76
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	76
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	77
11.4	Infezioni multisito . . . . .	77
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	77
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	78
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 82)</b>	<b>78</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	78
12.2	Diagnosi . . . . .	79
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	79
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 1242 ) . . . . .	80
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	81
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	81
12.7	Mortalità in TI . . . . .	83
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	83
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	84
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	84
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	84
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	89
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	93
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 83)</b>	<b>96</b>
13.1	Trauma . . . . .	96
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	96
13.3	Tipologia . . . . .	96
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	97
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	97
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia (origine sconosciuta) in degenza (N = 24)</b>	<b>101</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	101
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	101
14.3	Mortalità in TI . . . . .	102
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	102
14.5	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	103
14.6	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	103
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	104
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriémia da catetere in degenza (N = 18)</b>	<b>107</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	107
15.2	Fattori di rischio . . . . .	107
15.3	Giorni di CVC pre-batteriémia . . . . .	109
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	109
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	110
15.6	Mortalità in TI . . . . .	110
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	111
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	111
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	112

15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	112
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 55)</b>	<b>116</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	116
16.2	Mortalità in TI . . . . .	117
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	117
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	118
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	118
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	118
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 4)</b>	<b>123</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	123
<b>18</b>	<b>Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 55)</b>	<b>126</b>
18.1	Catetere urinario ( N = 1242 ) . . . . .	126
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata . . . . .	126
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU . . . . .	128
18.4	Incidenza IVU catetere correlata . . . . .	128
18.5	Mortalità in TI . . . . .	129
18.6	Mortalità ospedaliera * . . . . .	129
18.7	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	130
18.8	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	130
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata . . . . .	131
<b>Appendice</b>		<b>135</b>
	Definizione di MDR . . . . .	135
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	135

## Petalo Infectionlight

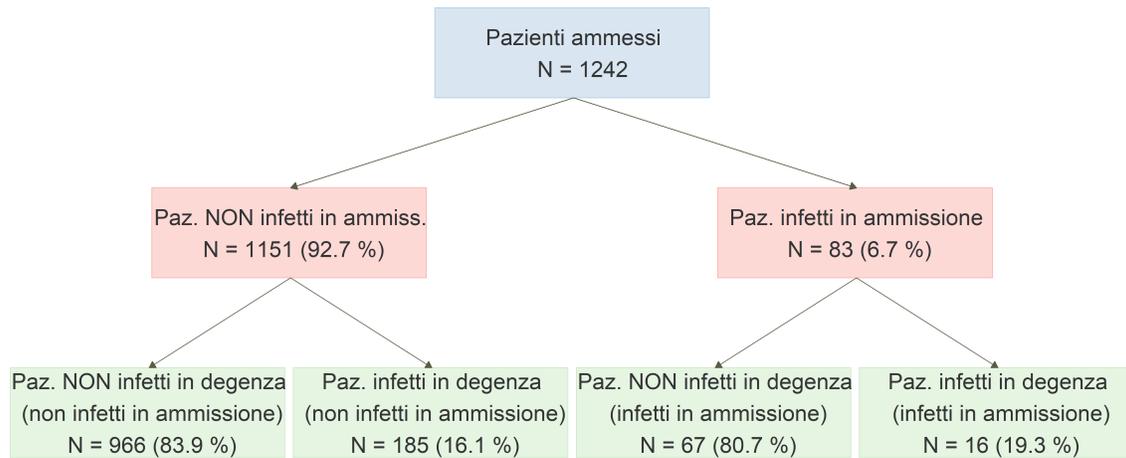
Anno 2022

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

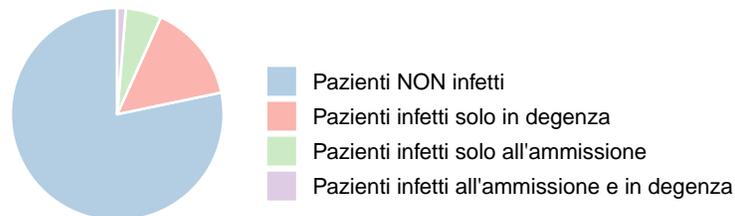
Popolazione complessiva: 4 TI

TI NCH

## 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



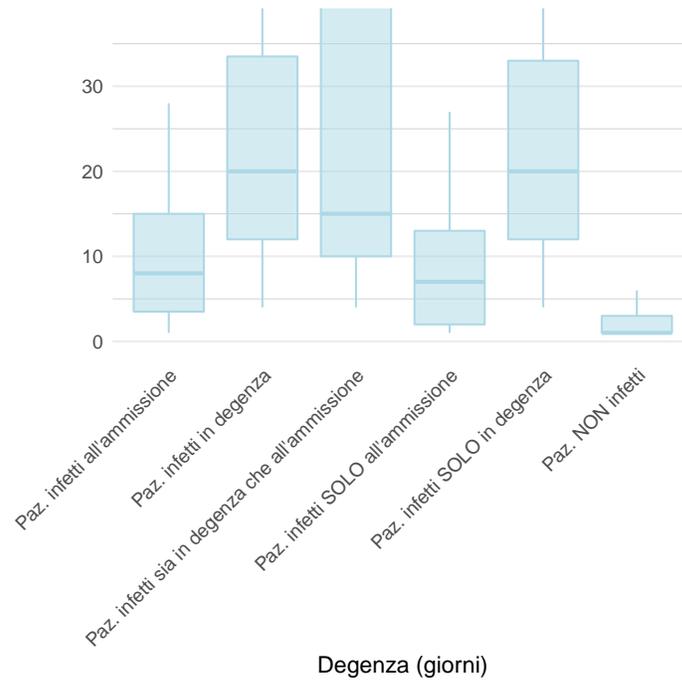
Per N = 8 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	966	78.3
Pazienti infetti solo in degenza	185	15.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	67	5.4
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	16	1.3

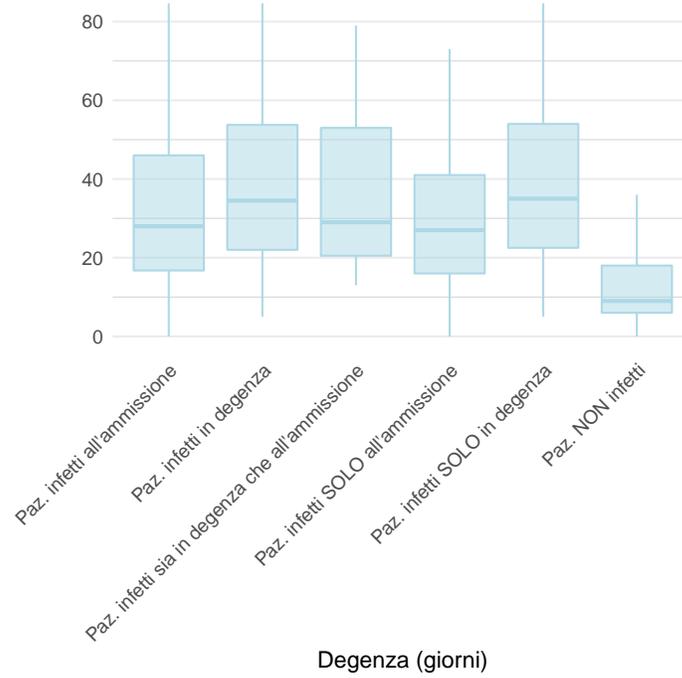
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1234).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	966	77.8	1	( 1 - 3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	67	5.4	7	( 2 - 13 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	16	1.3	15	( 10 - 40 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	185	14.9	20	( 12 - 33 )
Pazienti infetti all'ammissione	83	6.7	8	( 4 - 15 )
Pazienti infetti in degenza	201	16.2	20	( 12 - 34 )

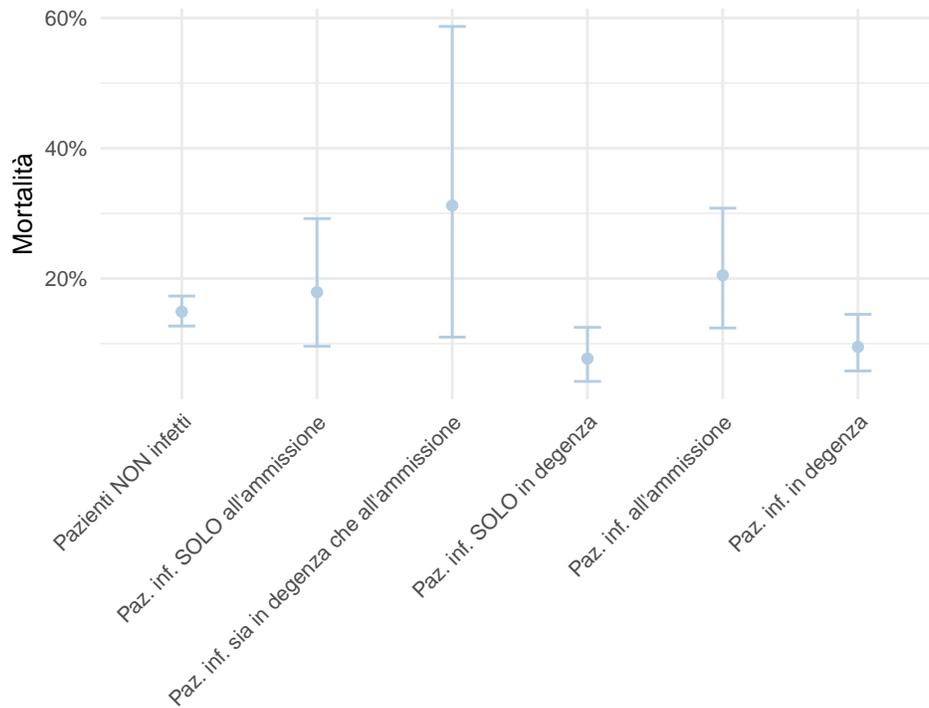
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	966	77.8	9	( 6 - 18 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	67	5.4	27	( 16 - 41 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	16	1.3	29	( 20 - 53 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	185	14.9	35	( 22 - 54 )
Pazienti infetti all'ammissione	83	6.7	28	( 17 - 46 )
Pazienti infetti in degenza	201	16.2	34	( 22 - 54 )

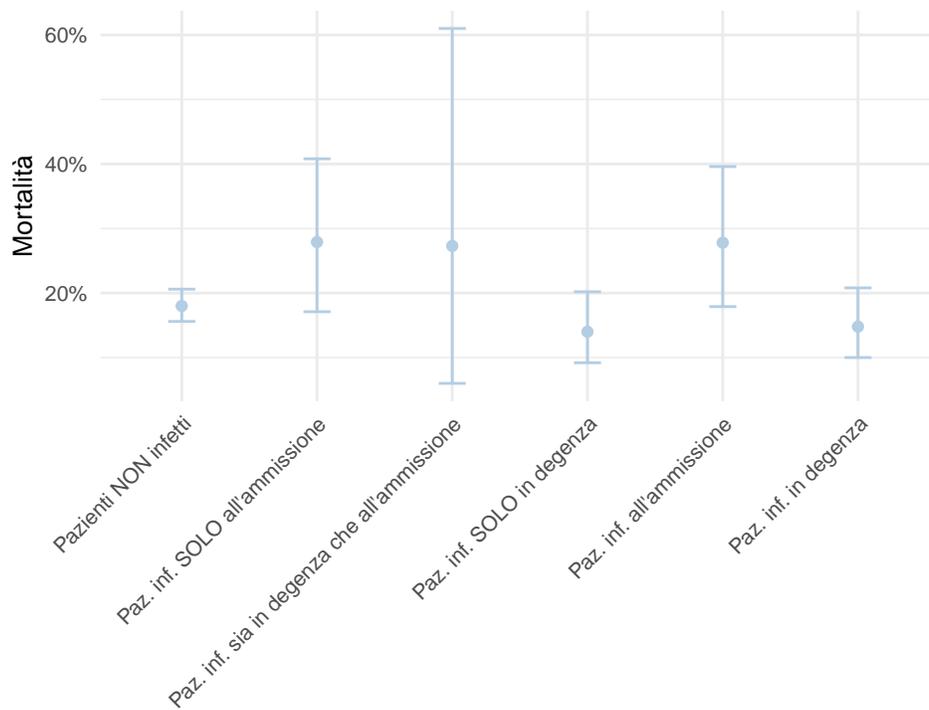
\* escluse le riammissioni (N = 49)

## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	966	144	14.9	( 12.7 - 17.3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	67	12	17.9	( 9.6 - 29.2 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	16	5	31.2	( 11 - 58.7 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	185	14	7.7	( 4.2 - 12.5 )
Pazienti infetti all'ammissione	83	17	20.5	( 12.4 - 30.8 )
Pazienti infetti in degenza	201	19	9.5	( 5.8 - 14.5 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

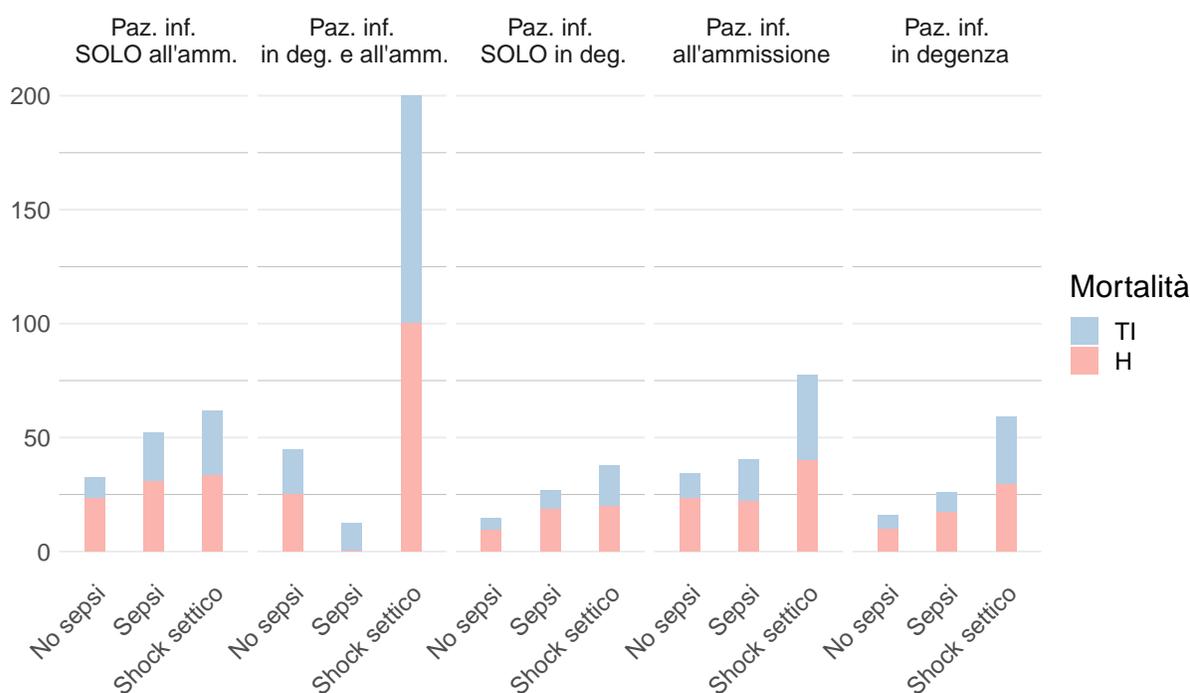


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	966	168	18.0	( 15.6 - 20.6 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	67	17	27.9	( 17.1 - 40.8 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	16	3	27.3	( 6 - 61 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	185	24	14.0	( 9.2 - 20.2 )
Pazienti infetti all'ammissione	83	20	27.8	( 17.9 - 39.6 )
Pazienti infetti in degenza	201	27	14.8	( 10 - 20.8 )

\* escluse le riammissioni (N = 49)

## 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	67	32	14	21	47.8	20.9	31.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	16	5	8	3	31.2	50.0	18.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	185	93	75	17	50.3	40.5	9.2
Pazienti infetti all'ammissione	83	37	22	24	44.6	26.5	28.9
Pazienti infetti in degenza	201	98	83	20	48.8	41.3	10.0



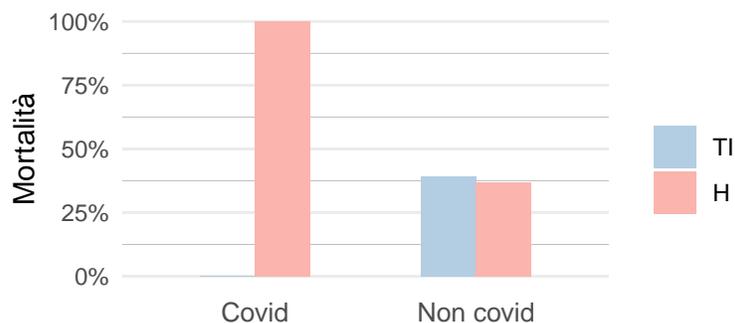
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	32	3	9.4	30	7	23.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	5	1	20.0	4	1	25.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	93	5	5.4	88	8	9.3
Pazienti infetti all'ammissione	37	4	10.8	34	8	23.5
Pazienti infetti in degenza	98	6	6.1	92	9	10.0

## 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	14	3	21.4	13	4	30.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	8	1	12.5	5	0	0.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	75	6	8.2	73	13	18.6
Pazienti infetti all'ammissione	22	4	18.2	18	4	22.2
Pazienti infetti in degenza	83	7	8.6	78	13	17.3

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	21	6	28.6	18	6	33.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3	3	100.0	2	2	100.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	17	3	17.6	16	3	20.0
Pazienti infetti all'ammissione	24	9	37.5	20	8	40.0
Pazienti infetti in degenza	20	6	30.0	18	5	29.4

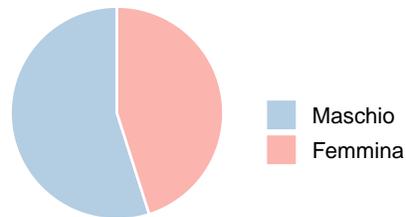
### 1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	1	0	0.0	1	1	100.0
Non covid	23	9	39.1	19	7	36.8

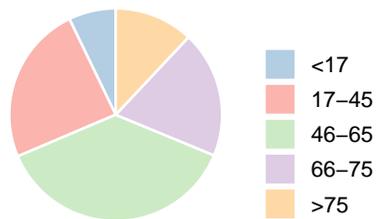
## 2 Tutti i pazienti ( N = 1242 )

### 2.1 Sesso



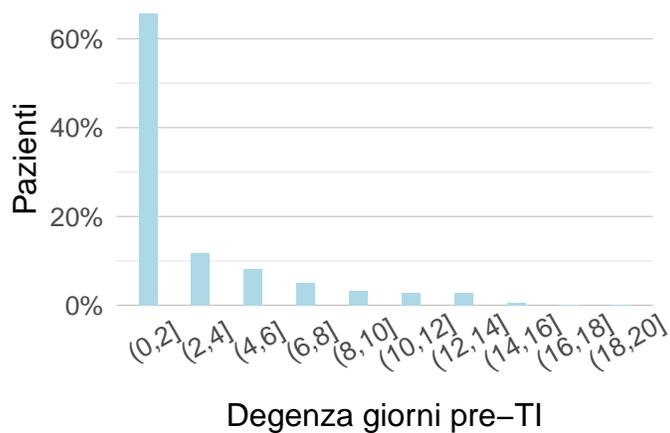
Sesso	N	%
Maschio	682	54.9
Femmina	560	45.1
Missing	0	0

### 2.2 Età



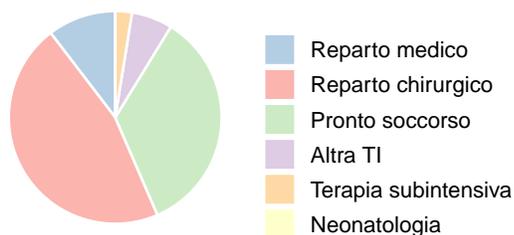
Range età	N	%
<17	89	7.2
17-45	301	24.2
46-65	464	37.4
66-75	239	19.2
>75	149	12.0
Missing	0	0

## 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



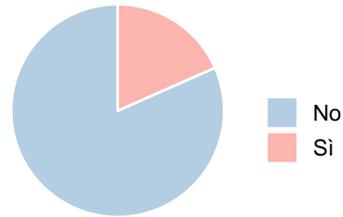
Indicatore	Valore
Media	3.7
DS	8.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	9

## 2.4 Provenienza ( reparto )



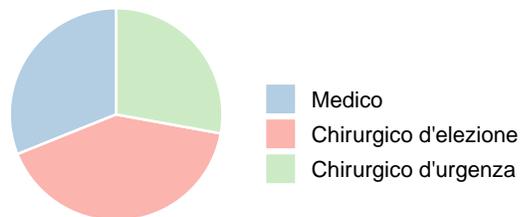
Provenienza	N	%
Reparto medico	127	10.4
Reparto chirurgico	564	46.1
Pronto soccorso	425	34.8
Altra TI	76	6.2
Terapia subintensiva	31	2.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	19	0

## 2.5 Trauma



Trauma	N	%
No	1008	81.6
Sì	227	18.4
Missing	7	0

## 2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	384	31.1
Chirurgico d'elezione	507	41.1
Chirurgico d'urgenza	344	27.9
Missing	7	0

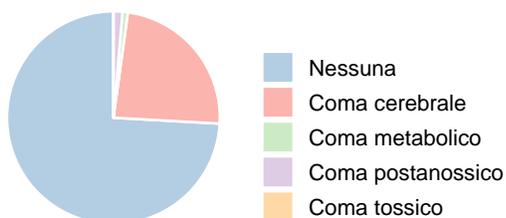
## 2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	540	43.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

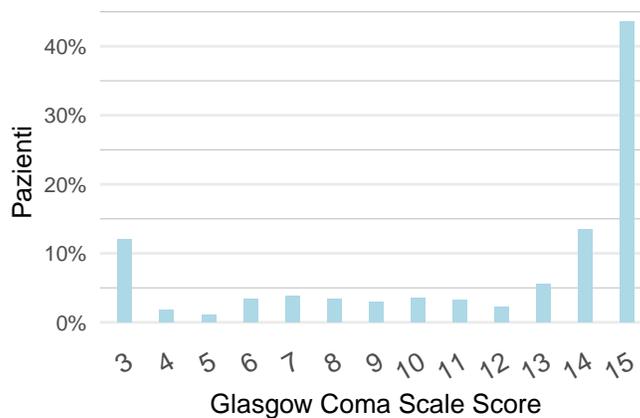
Trattamento intensivo	658	53.3
Sedazione Palliativa	3	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	33	2.7
Missing	8	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



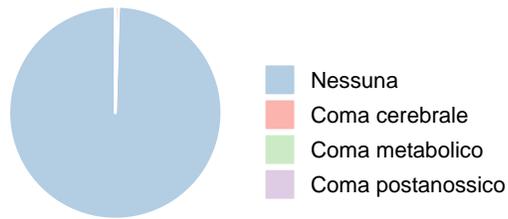
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	650	74.1
Coma cerebrale	208	23.7
Coma metabolico	7	0.8
Coma postanossico	12	1.4
Coma tossico	0	0.0
Missing	365	0

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



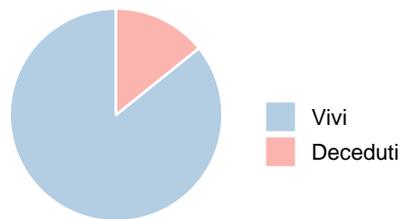
Indicatore	Valore
Media	11.6
DS	4.4
Mediana	14
Q1-Q3	8-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



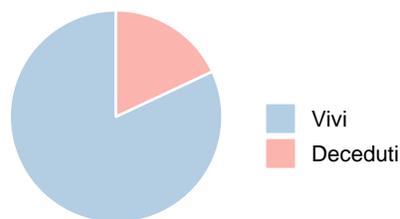
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1228	99.5
Coma cerebrale	6	0.5
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	8	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1057	85.8
Deceduti	175	14.2
Missing	10	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

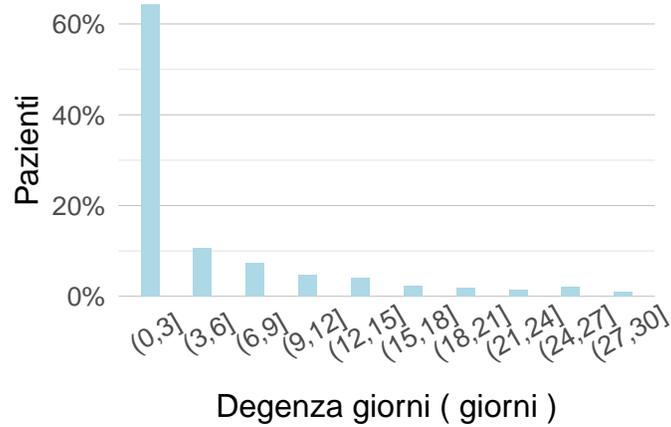


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	965	82.0

Deceduti	212	18.0
Missing	16	0

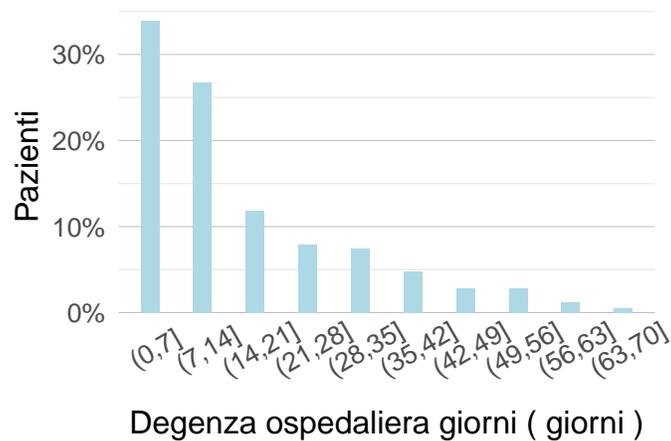
\* Statistiche calcolate su 1193 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 49 ).

### 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.3 (12.1)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	10

### 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

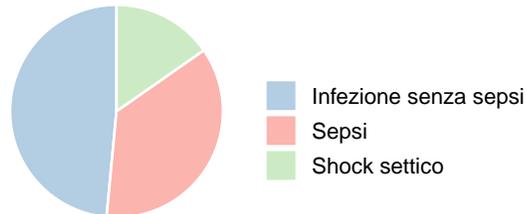


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.4 (23.1)
Mediana (Q1-Q3)	12 (7-27)
Missing	16

\* Statistiche calcolate su 1193 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 49 ).

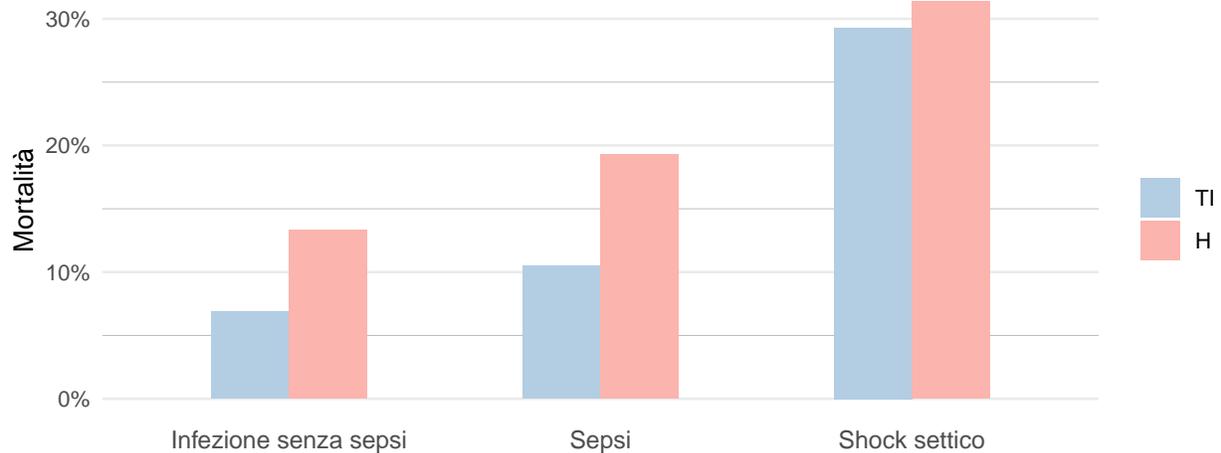
### 3 Pazienti infetti ( N = 268 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	130	48.5
Sepsi	97	36.2
Shock settico	41	15.3
Missing	0	0

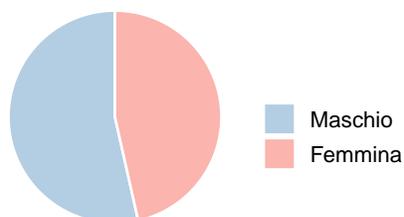
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	6.9	13.3
Sepsi	10.5	19.3
Shock settico	29.3	31.4

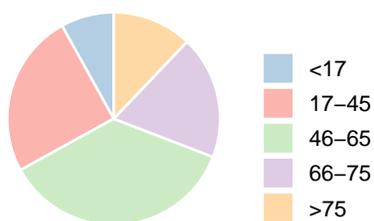
## 4 Pazienti non infetti ( N = 966 )

### 4.1 Sesso



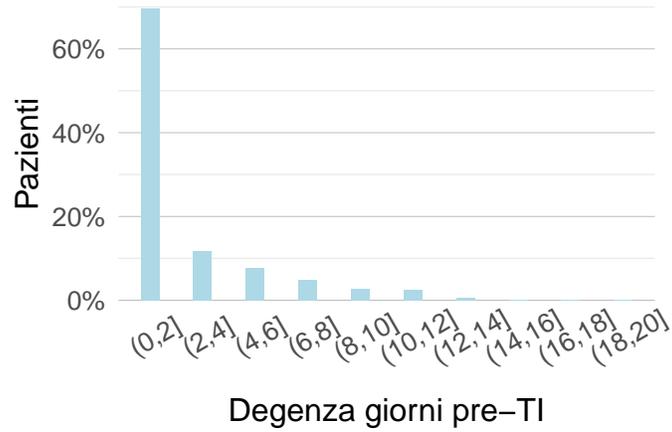
Sesso	N	%
Maschio	517	53.5
Femmina	449	46.5
Missing	0	0

### 4.2 Età



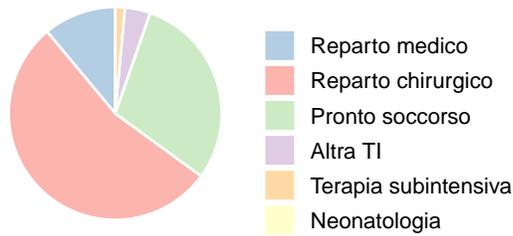
Range età	N	%
<17	78	8.1
17-45	241	24.9
46-65	349	36.1
66-75	181	18.7
>75	117	12.1
Missing	0	0

## 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



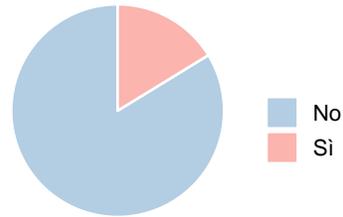
Indicatore	Valore
Media	3.1
DS	6.6
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	1

## 4.4 Provenienza ( reparto )



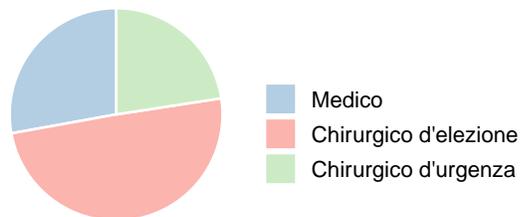
Provenienza	N	%
Reparto medico	106	11.1
Reparto chirurgico	517	53.9
Pronto soccorso	285	29.7
Altra TI	37	3.9
Terapia subintensiva	14	1.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	7	0

## 4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	809	83.7
Si	157	16.3
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	269	27.8
Chirurgico d'elezione	479	49.6
Chirurgico d'urgenza	218	22.6
Missing	0	0

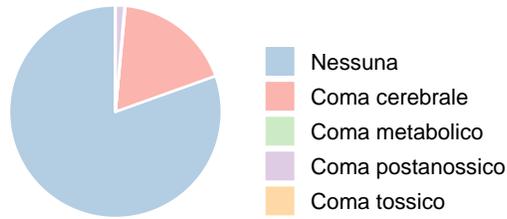
## 4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	524	54.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

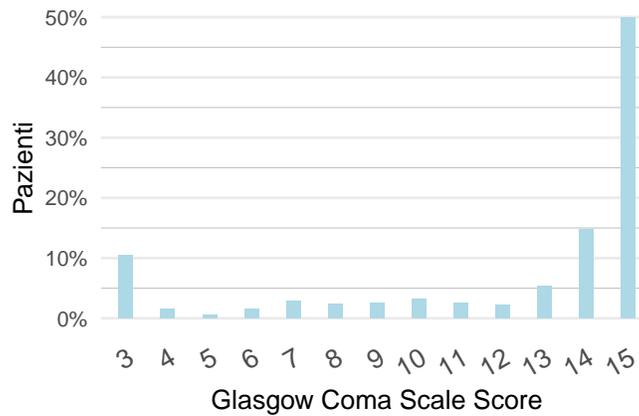
Trattamento intensivo	408	42.3
Sedazione Palliativa	2	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	31	3.2
Missing	1	0

#### 4.8 Insufficienza neurologica



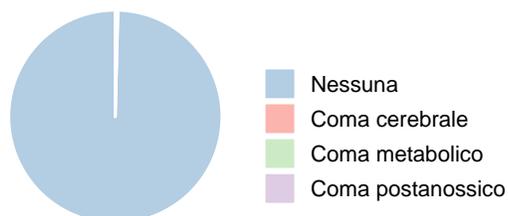
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	589	80.5
Coma cerebrale	132	18.0
Coma metabolico	1	0.1
Coma postanossico	10	1.4
Coma tossico	0	0.0
Missing	234	0

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



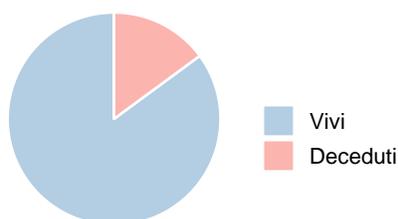
Indicatore	Valore
Media	10.2
DS	4.1
Mediana	12
Q1-Q3	8-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



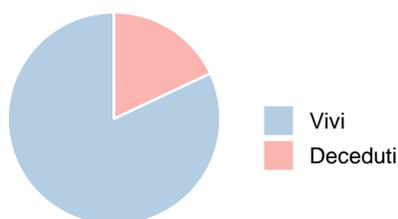
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	962	99.6
Coma cerebrale	4	0.4
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	822	85.1
Deceduti	144	14.9
Missing	0	0

## 4.12 Mortalità ospedaliera \*

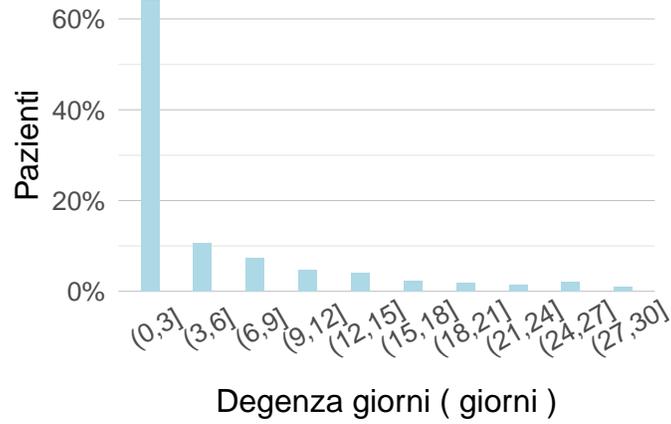


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	766	82.0

Deceduti	168	18.0
Missing	3	0

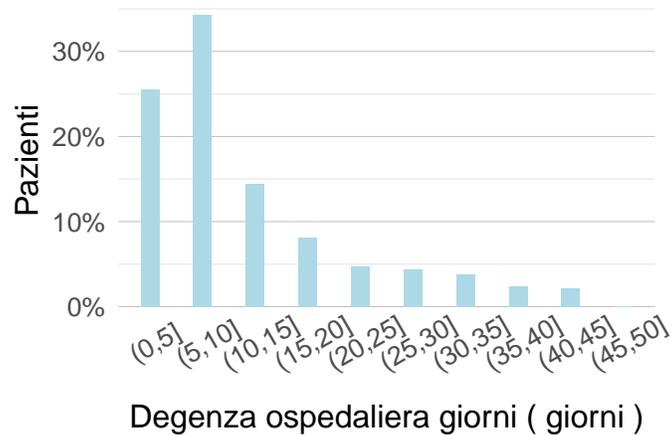
\* Statistiche calcolate su 937 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 29 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.4 (5.2)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	0

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

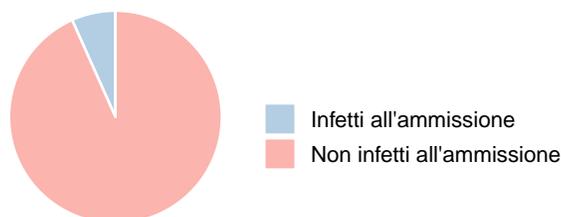


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.4 (18.2)
Mediana (Q1-Q3)	9 (6-18)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 937 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (  $N = 29$  ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

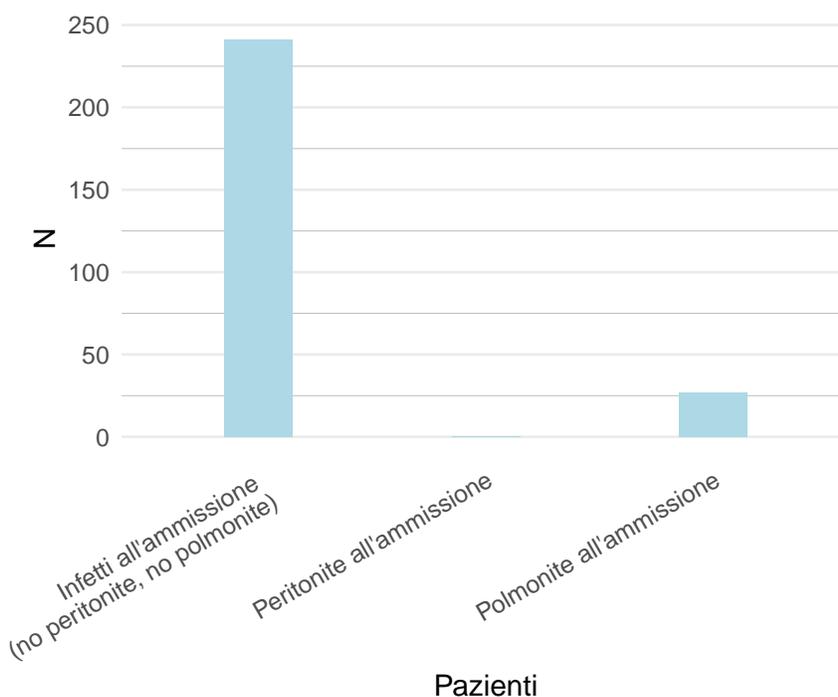
Sono presenti 83 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 6.68% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	83	6.68
Non infetti all'ammissione	1159	93.32

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1242).

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

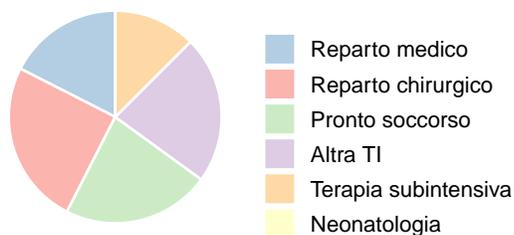


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	241	290.36
Peritonite all'ammissione	0	0.00
Polmonite all'ammissione	27	32.53

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 83).

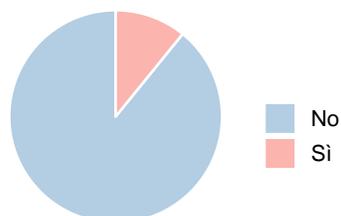
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 83)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



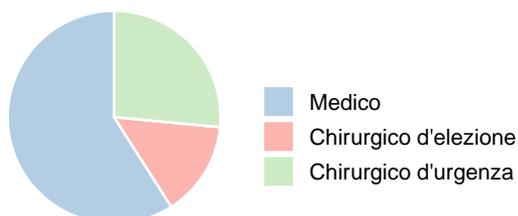
Provenienza	N	%
Reparto medico	14	17.5
Reparto chirurgico	20	25.0
Pronto soccorso	18	22.5
Altra TI	18	22.5
Terapia subintensiva	10	12.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

### 5.2 Trauma



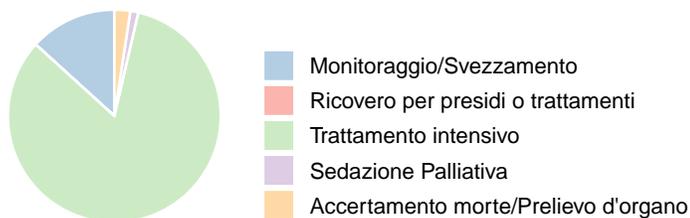
Trauma	N	%
No	74	89.2
Sì	9	10.8
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



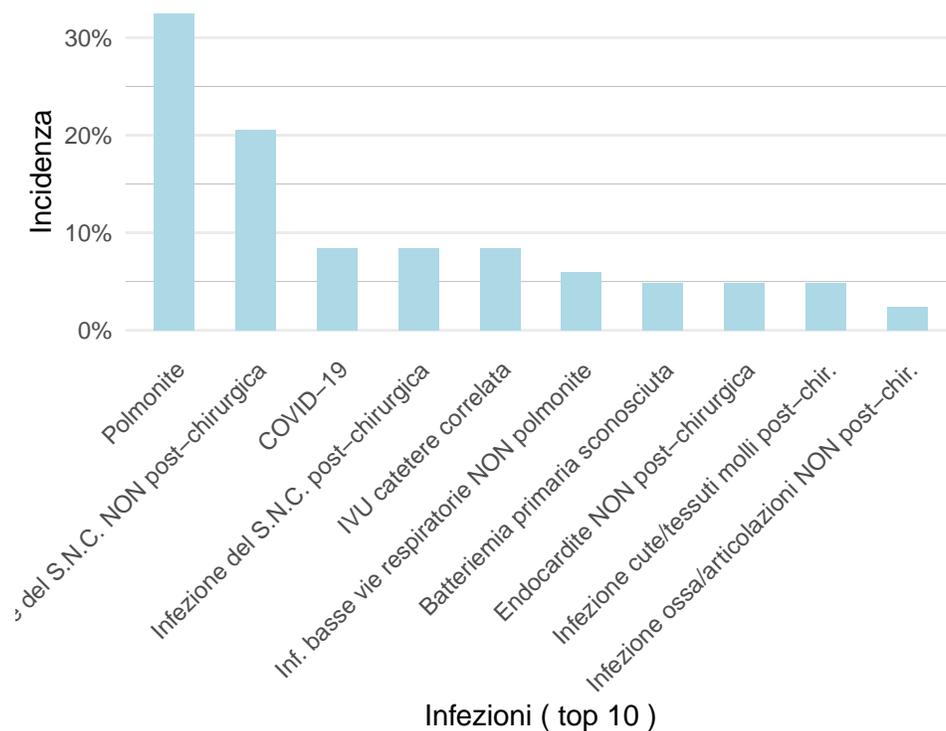
Stato chirurgico	N	%
Medico	49	59.0
Chirurgico d'elezione	12	14.5
Chirurgico d'urgenza	22	26.5
Missing	0	0

#### 5.4 Motivo di ammissione



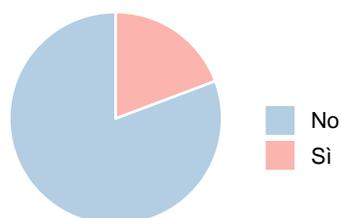
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	11	13.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	69	83.1
Sedazione Palliativa	1	1.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	2	2.4
Missing	0	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



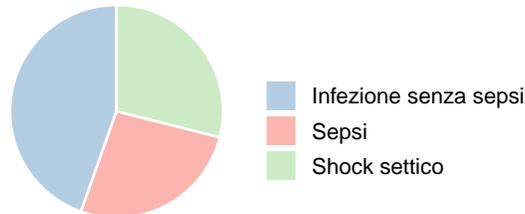
Infezione	N	%
Polmonite	27	32.5
Infezione del S.N.C. NON post-chirurgica	17	20.5
Infezione del S.N.C. post-chirurgica	7	8.4
COVID-19	7	8.4
IVU catetere correlata	7	8.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	5	6.0
Batteriemia primaria sconosciuta	4	4.8
Endocardite NON post-chirurgica	4	4.8
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	4	4.8
Infezione ossa/articolazioni NON post-chir.	2	2.4
Missing	0	NA

## 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	67	80.7
Sì	16	19.3
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	37	44.6
Sepsi	22	26.5
Shock settico	24	28.9
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	21	22.6
Sì	72	77.4
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>94</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>92</b>	

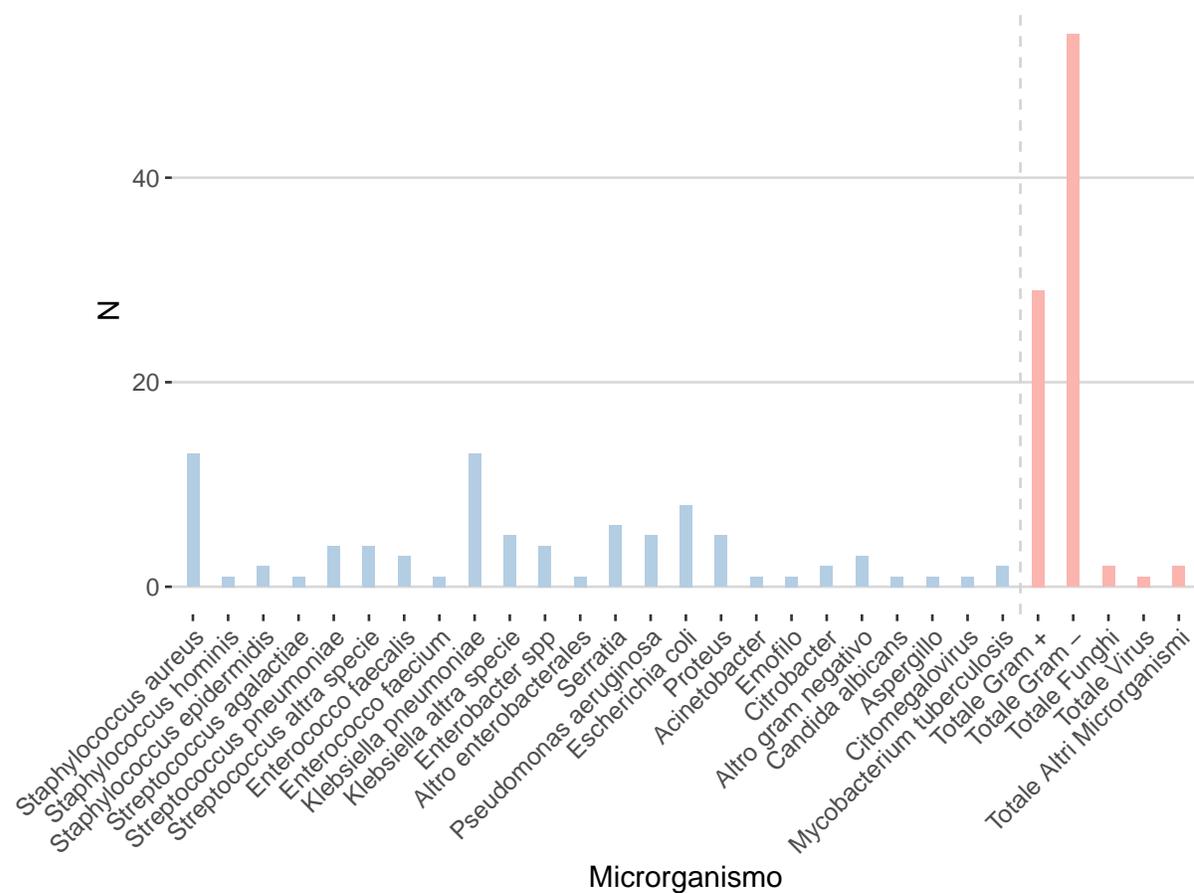
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	13	18.1	7	1	14.3
Staphylococcus hominis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	2.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	5.6	4	0	0
Streptococcus altra specie	4	5.6	3	0	0

---

Enterococco faecalis	3	4.2	3	0	0
Enterococco faecium	1	1.4	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>29</b>	<b>40.3</b>	<b>18</b>	<b>2</b>	<b>11.1</b>
Klebsiella pneumoniae	13	18.1	9	4	44.4
Klebsiella altra specie	5	6.9	4	0	0
Enterobacter spp	4	5.6	4	0	0
Altro enterobacterales	1	1.4	0	0	0
Serratia	6	8.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	6.9	2	1	50
Escherichia coli	8	11.1	6	0	0
Proteus	5	6.9	4	0	0
Acinetobacter	1	1.4	1	1	100
Emofilo	1	1.4	0	0	0
Citrobacter	2	2.8	1	0	0
Altro gram negativo	3	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>54</b>	<b>75.0</b>	<b>34</b>	<b>6</b>	<b>17.6</b>
Candida albicans	1	1.4	0	0	0
Aspergillo	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>2.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	1.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	2.8	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>2.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

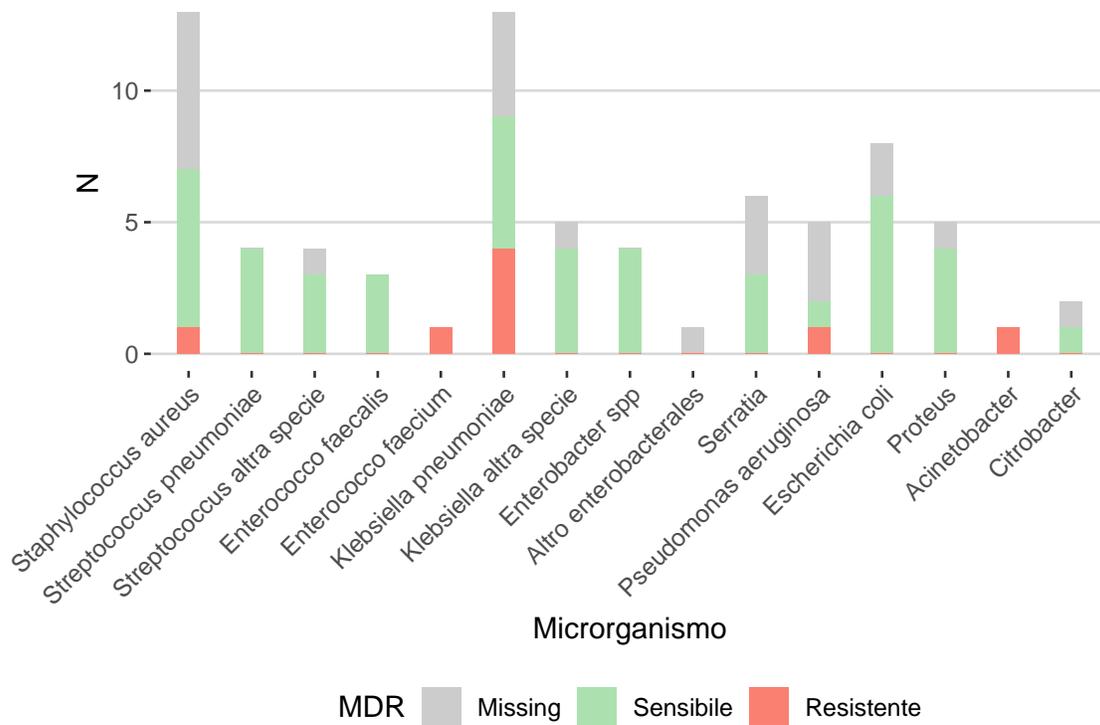
---



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	13	18.1	7	1	14.3
Staphylococcus hominis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	2.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	5.6	4	0	0
Streptococcus altra specie	4	5.6	3	0	0
Enterococco faecalis	3	4.2	3	0	0
Enterococco faecium	1	1.4	1	1	100
<b>Totale Gram +</b>	<b>29</b>	<b>40.3</b>	<b>18</b>	<b>2</b>	<b>11.1</b>
Klebsiella pneumoniae	13	18.1	9	4	44.4
Klebsiella altra specie	5	6.9	4	0	0
Enterobacter spp	4	5.6	4	0	0
Altro enterobacterales	1	1.4	0	0	0
Serratia	6	8.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	6.9	2	1	50
Escherichia coli	8	11.1	6	0	0
Proteus	5	6.9	4	0	0
Acinetobacter	1	1.4	1	1	100
Emofilo	1	1.4	0	0	0
Citrobacter	2	2.8	1	0	0
Altro gram negativo	3	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>54</b>	<b>75.0</b>	<b>34</b>	<b>6</b>	<b>17.6</b>

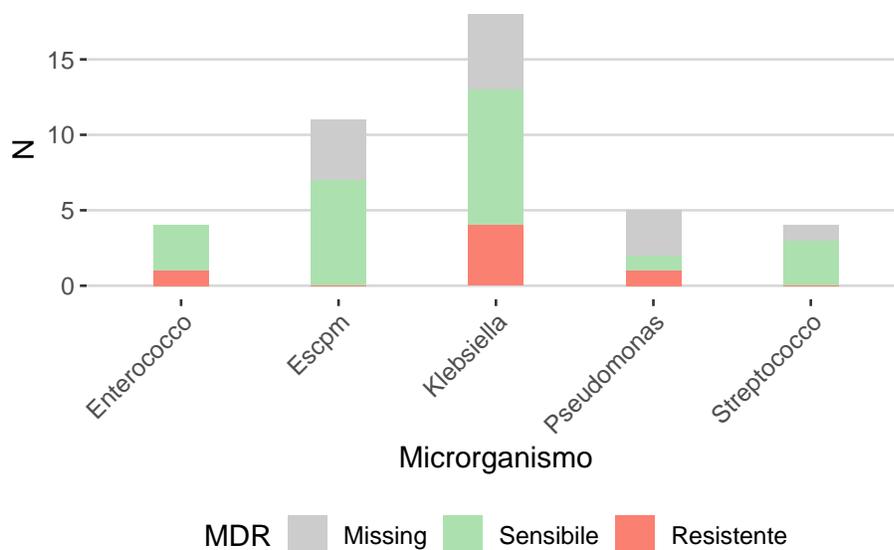
Candida albicans	1	1.4	0	0	0
Aspergillo	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>2.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	1.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	2.8	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>2.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

## 5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	4	4	3	1	25.00	0
Escpm	11	7	7	0	0.00	4
Klebsiella	18	13	9	4	30.77	5
Pseudomonas	5	2	1	1	50.00	3
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

## 5.8.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Ertapenem	4	44.44
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	4	44.44
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	1	14.29

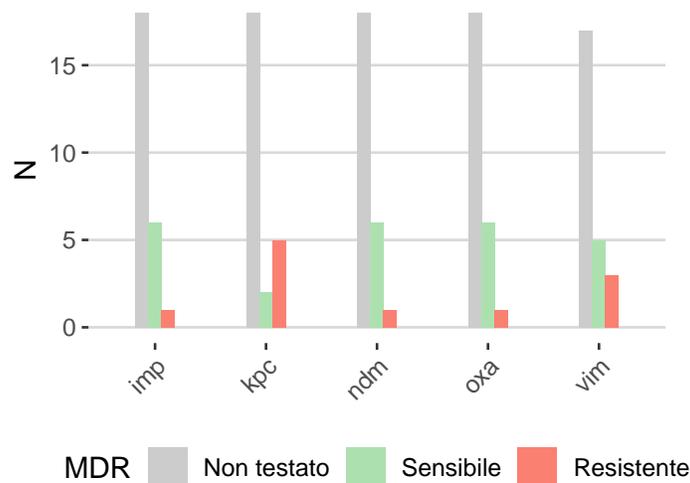
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00
---------------------	---	-------------	---	--------

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

	N	%
Sì	6	24
No	2	8
Non testato	17	68
Missing	19	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	9.1	6	18
kpc	5	45.5	2	18
ndm	1	9.1	6	18
oxa	1	9.1	6	18
vim	3	27.3	5	17

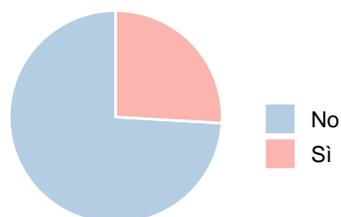


## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione

Non sono presenti pazienti con peritonite all'ammissione.

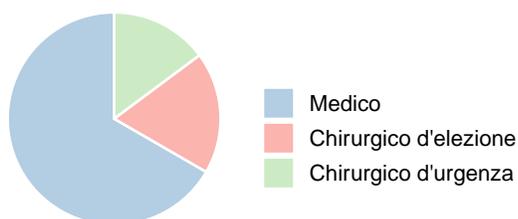
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 27)

### 7.1 Trauma



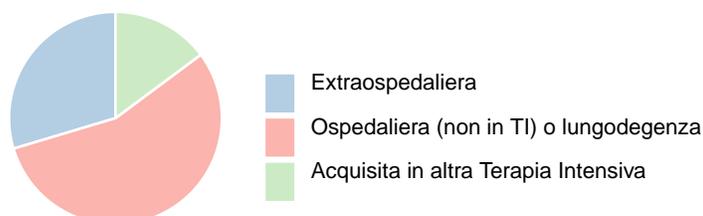
Trauma	N	%
No	20	74.1
Si	7	25.9
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	18	66.7
Chirurgico d'elezione	5	18.5
Chirurgico d'urgenza	4	14.8
Missing	0	0

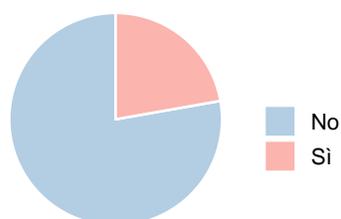
### 7.3 Tipo di infezione



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

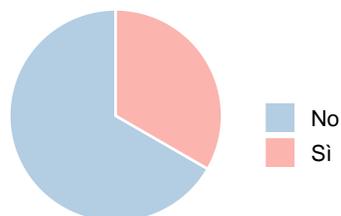
Extraospedaliera	8	29.6
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	15	55.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	4	14.8
Missing	0	0

#### 7.4 Infezione batteriemicca



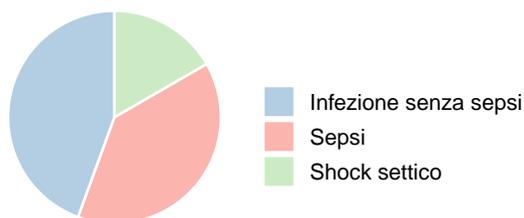
Batteriemicca	N	%
No	21	77.8
Sì	6	22.2
Missing	0	0

#### 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	18	66.7
Sì	9	33.3
Missing	0	0

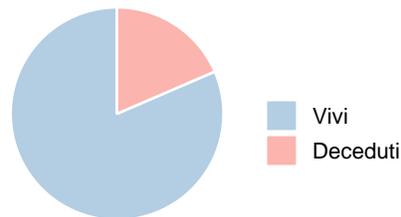
#### 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	8	44.4
Sepsi	7	38.9
Shock settico	3	16.7
Missing	0	0

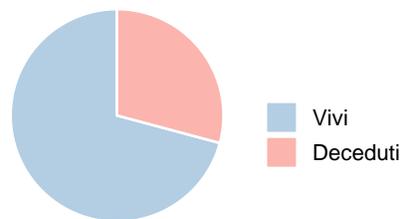
\* Statistiche calcolate su 18 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 9 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	22	81.5
Deceduti	5	18.5
Missing	0	0

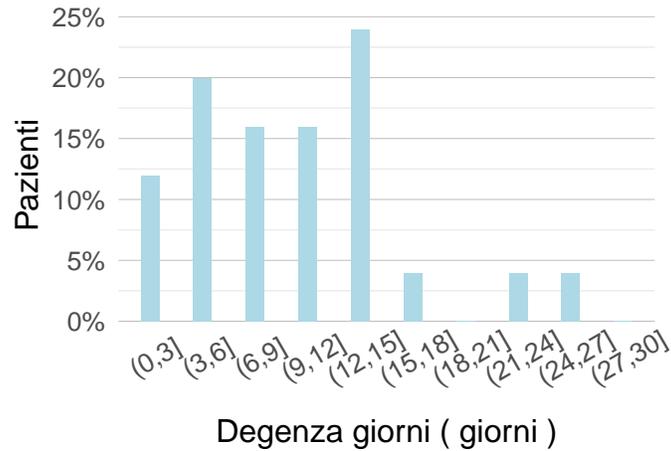
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	17	70.8
Deceduti	7	29.2
Missing	0	0

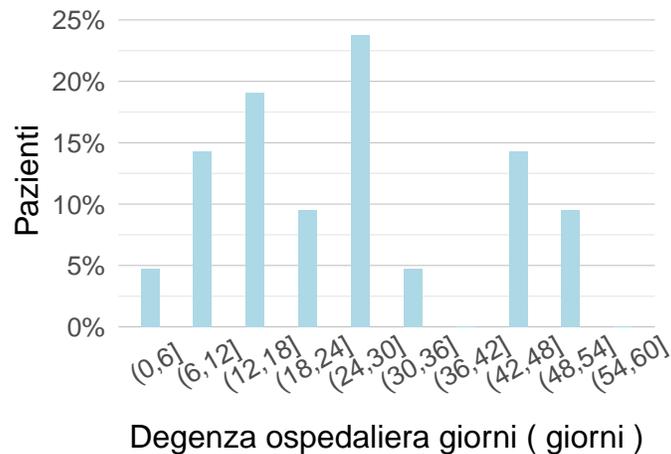
\* Statistiche calcolate su 24 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	13.2 (14.8)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-14.5)
Missing	0

### 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.8 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	26.5 (13.8-46)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 24 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

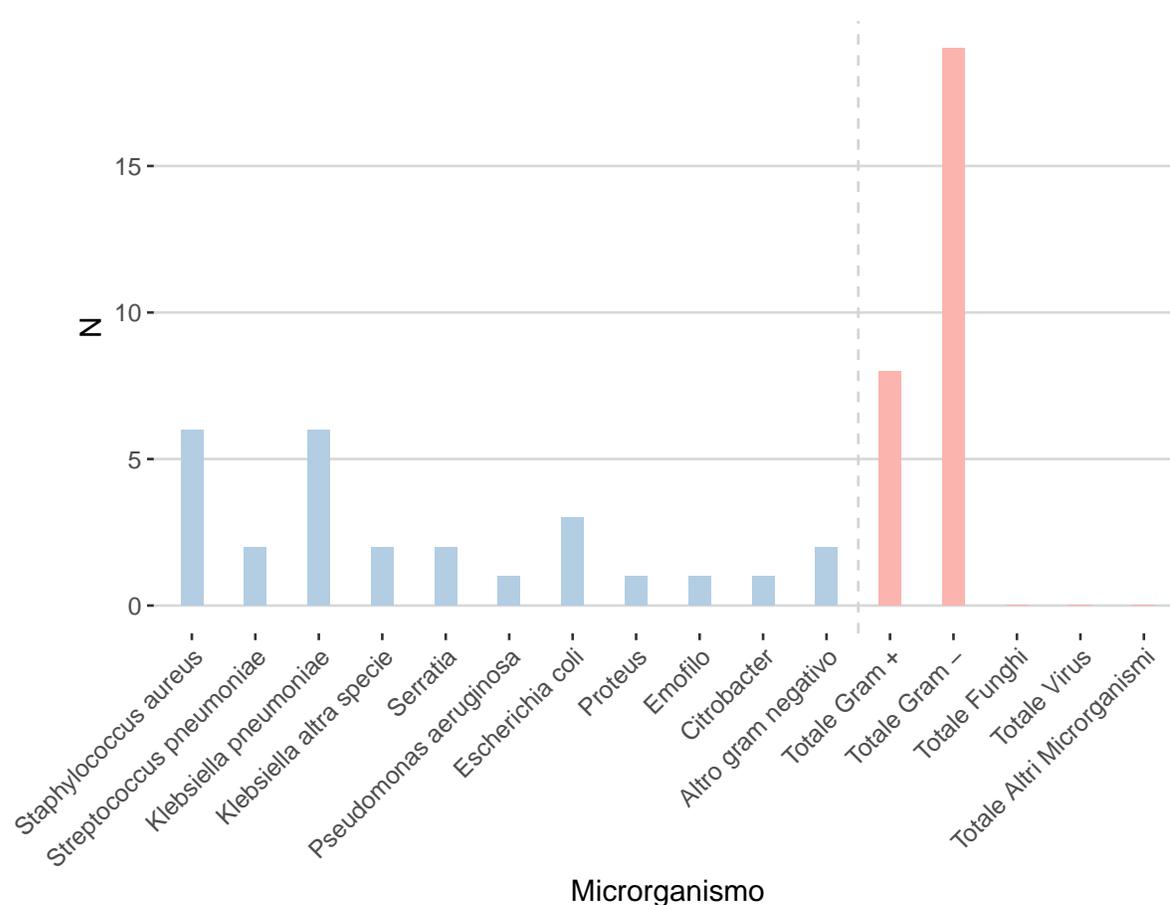
### 7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	22.2
Sì	21	77.8
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>27</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>29</b>	

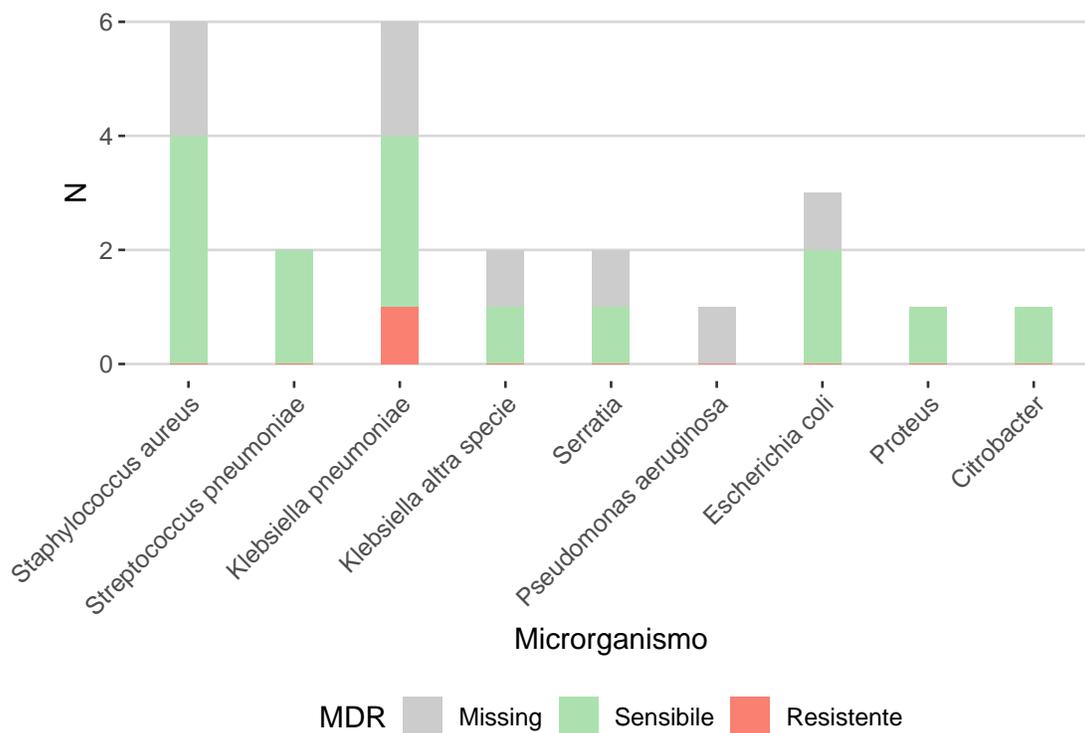
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	28.6	4	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	9.5	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>38.1</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	6	28.6	4	1	25
Klebsiella altra specie	2	9.5	1	0	0
Serratia	2	9.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.8	0	0	0
Escherichia coli	3	14.3	2	0	0
Proteus	1	4.8	1	0	0
Emofilo	1	4.8	0	0	0
Citrobacter	1	4.8	1	0	0
Altro gram negativo	2	9.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>19</b>	<b>90.5</b>	<b>10</b>	<b>1</b>	<b>10</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	28.6	4	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	9.5	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>38.1</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	6	28.6	4	1	25
Klebsiella altra specie	2	9.5	1	0	0
Serratia	2	9.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.8	0	0	0
Escherichia coli	3	14.3	2	0	0
Proteus	1	4.8	1	0	0
Emofilo	1	4.8	0	0	0
Citrobacter	1	4.8	1	0	0
Altro gram negativo	2	9.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>19</b>	<b>90.5</b>	<b>10</b>	<b>1</b>	<b>10</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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

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

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

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

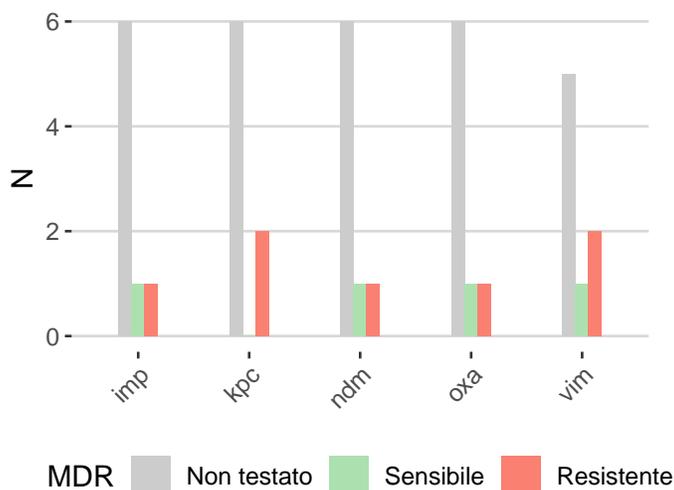
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	Ertapenem	1	25
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	Meropenem	1	25

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

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

	N	%
Sì	3	37.5
No	0	0
Non testato	5	62.5
Missing	7	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	14.3	1	6
kpc	2	28.6	0	6
ndm	1	14.3	1	6
oxa	1	14.3	1	6
vim	2	28.6	1	5



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

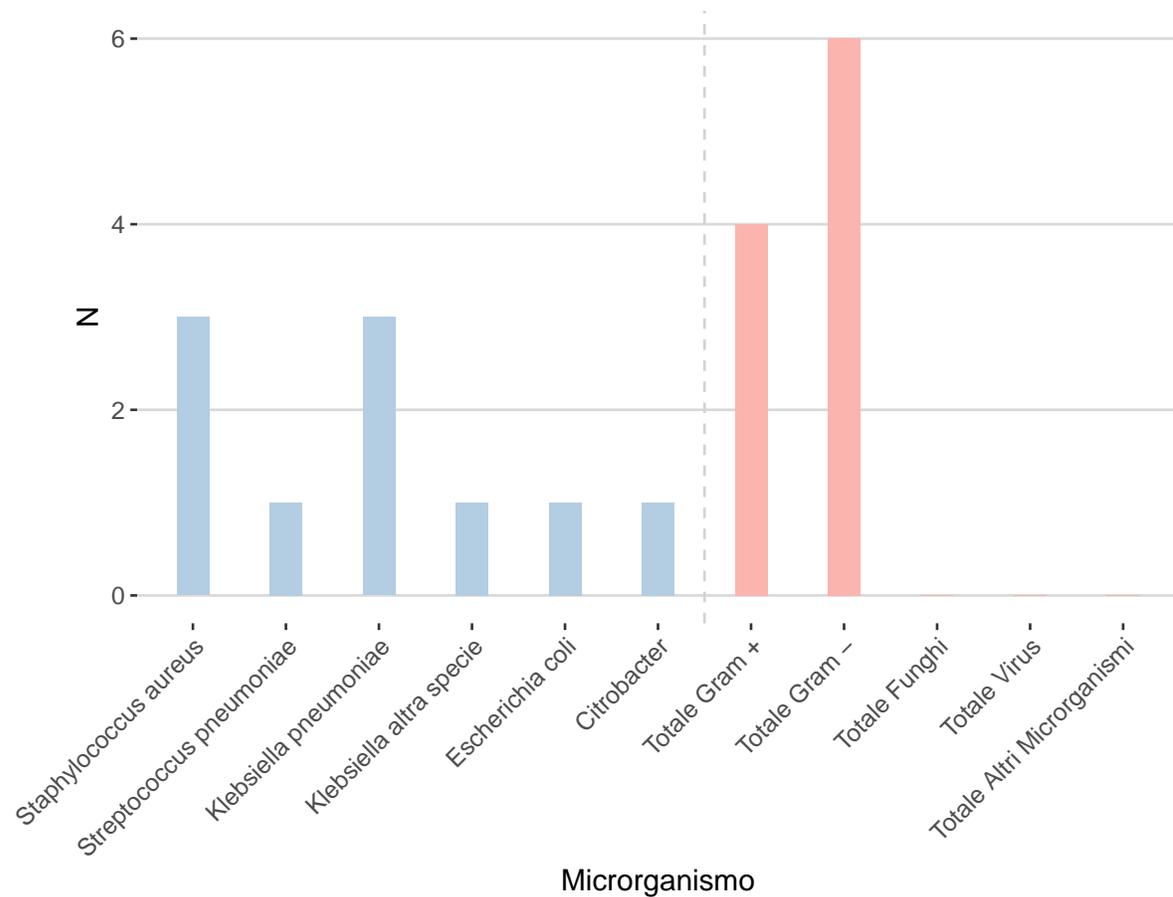
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	3	25.0
Sì	9	75.0

Missing	0
<b>Totale infezioni</b>	<b>12</b>
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>12</b>

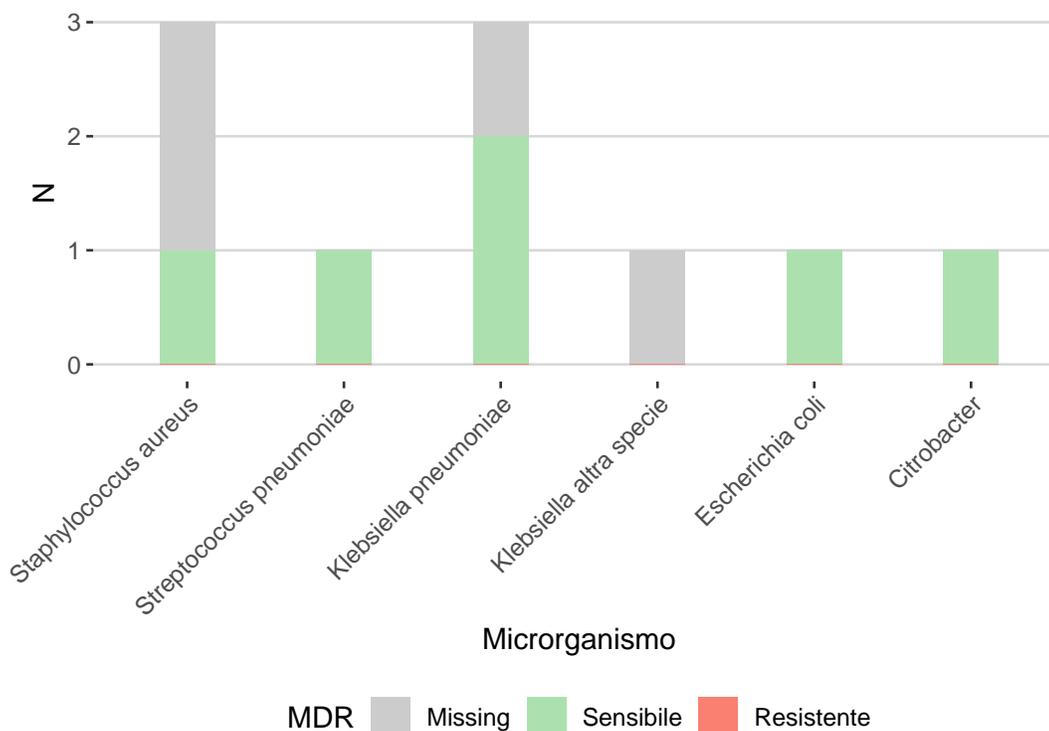
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	33.3	1	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	11.1	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>44.4</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	33.3	2	0	0
Klebsiella altra specie	1	11.1	0	0	0
Escherichia coli	1	11.1	1	0	0
Citrobacter	1	11.1	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>66.7</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	33.3	1	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	11.1	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>44.4</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	33.3	2	0	0
Klebsiella altra specie	1	11.1	0	0	0
Escherichia coli	1	11.1	1	0	0
Citrobacter	1	11.1	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>66.7</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus epidermidis, Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Acinetobacter, Pseudomonas aeruginosa, Clamidia, Enterobacter spp, Emofilo, Legionella,

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

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

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

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

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

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

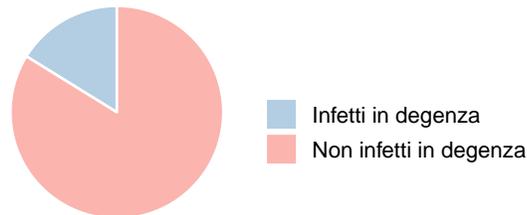
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	2	

## 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.

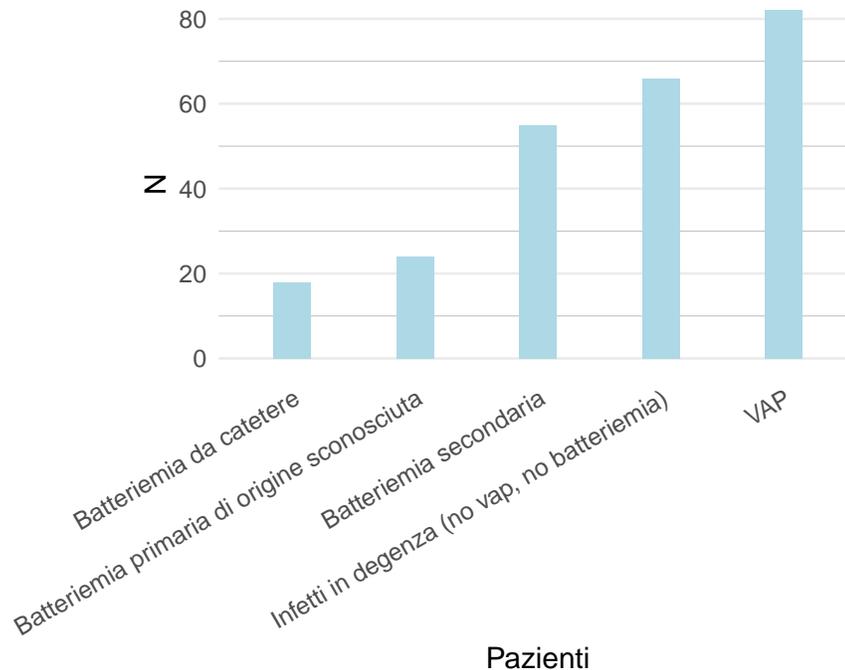
Sono presenti 201 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 16.2% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	201	16.2
Non infetti in degenza	1041	83.8

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1242).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



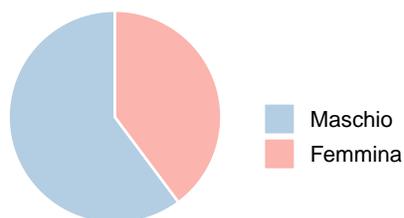
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	66	32.8
VAP	82	40.8

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	24	11.9
Batteriemia da catetere	18	9.0
Batteriemia secondaria	55	27.4

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 201)

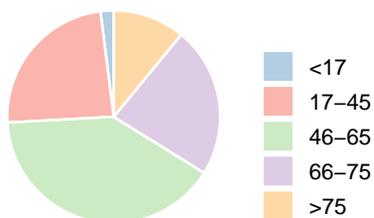
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 201)

### 8.1 Sesso



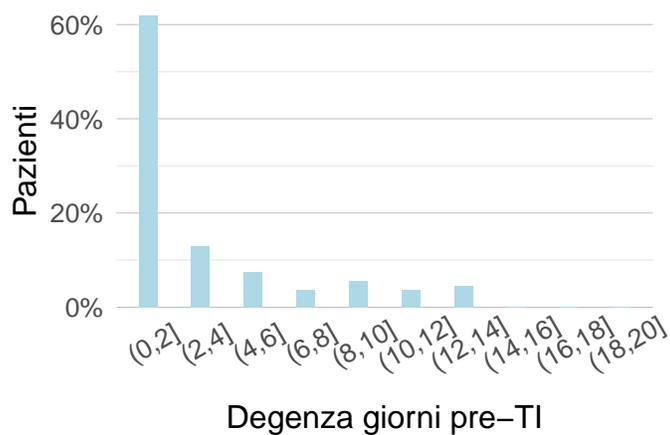
Sesso	N	%
Maschio	121	60.2
Femmina	80	39.8
Missing	0	0

### 8.2 Età



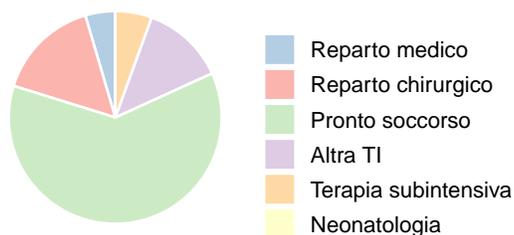
Range età	N	%
<17	4	2.0
17-45	48	23.9
46-65	81	40.3
66-75	46	22.9
>75	22	10.9
Missing	0	0

## 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



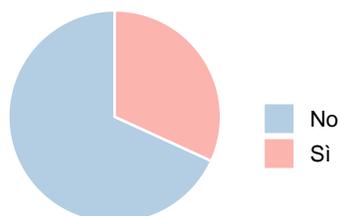
Indicatore	Valore
Media	3.8
DS	9.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	1

## 8.4 Provenienza ( reparto )



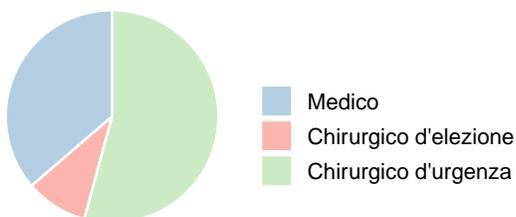
Provenienza	N	%
Reparto medico	9	4.5
Reparto chirurgico	31	15.7
Pronto soccorso	122	61.6
Altra TI	25	12.6
Terapia subintensiva	11	5.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

## 8.5 Trauma



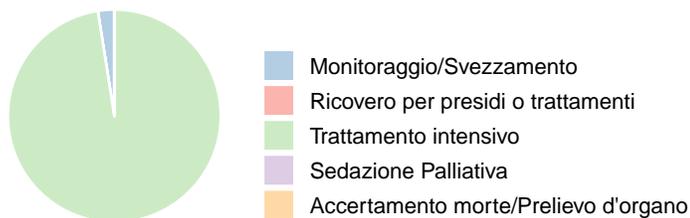
Trauma	N	%
No	137	68.2
Si	64	31.8
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	73	36.3
Chirurgico d'elezione	19	9.5
Chirurgico d'urgenza	109	54.2
Missing	0	0

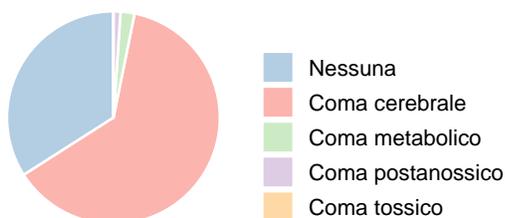
## 8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	5	2.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

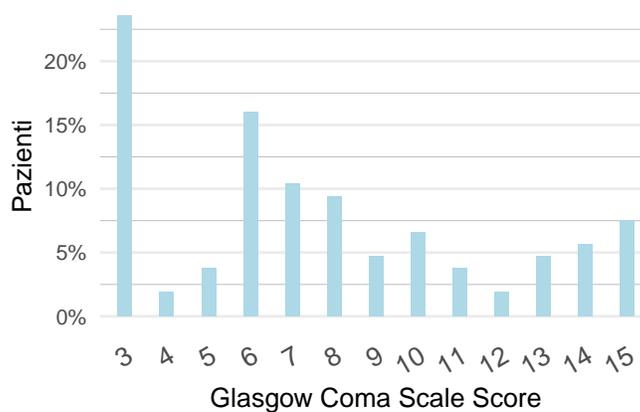
Trattamento intensivo	196	97.5
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



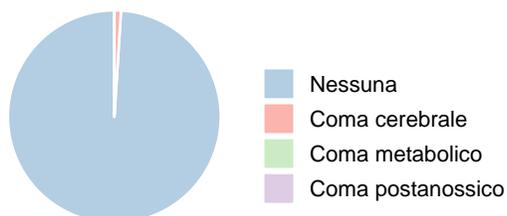
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	32	34.0
Coma cerebrale	59	62.8
Coma metabolico	2	2.1
Coma postanossico	1	1.1
Coma tossico	0	0.0
Missing	107	0

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



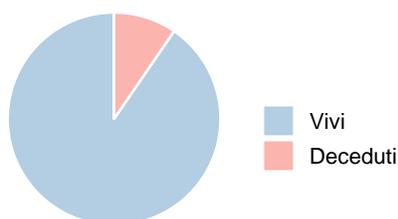
Indicatore	Valore
Media	5.7
DS	3.9
Mediana	5
Q1-Q3	2.2-8

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



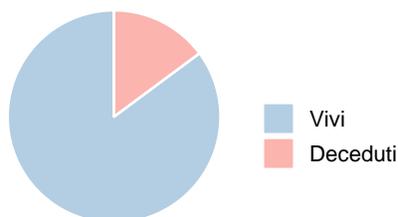
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	199	99.0
Coma cerebrale	2	1.0
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	180	90.5
Deceduti	19	9.5
Missing	2	0

## 8.12 Mortalità ospedaliera \*

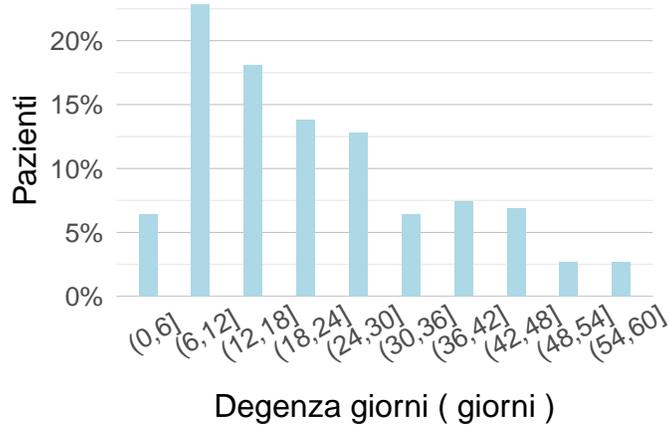


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	155	85.2

Deceduti	27	14.8
Missing	6	0

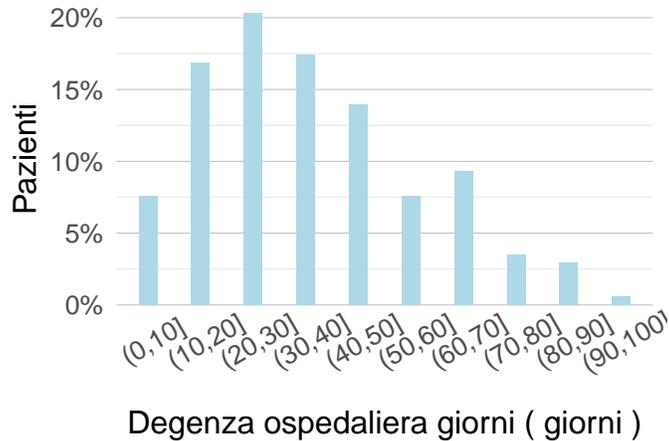
\* Statistiche calcolate su 188 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 13 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.5 (18.4)
Mediana (Q1-Q3)	20 (12-33.5)
Missing	2

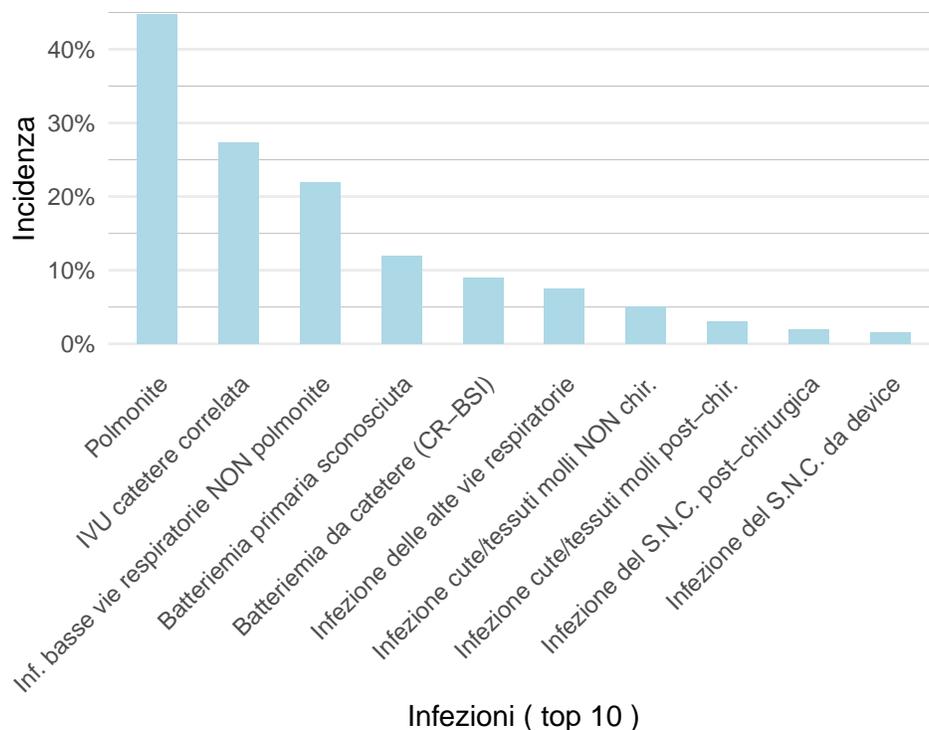
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.7 (28.8)
Mediana (Q1-Q3)	34.5 (22-53.8)
Missing	6

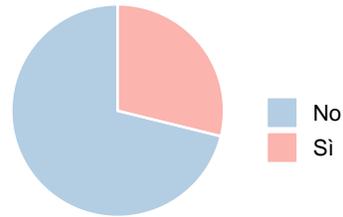
\* Statistiche calcolate su 188 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 13 ).

### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



Infezione	N	%
Polmonite	90	44.8
IVU catetere correlata	55	27.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	44	21.9
Batteriemia primaria sconosciuta	24	11.9
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	18	9.0
Infezione delle alte vie respiratorie	15	7.5
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	10	5.0
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	6	3.0
Infezione del S.N.C. post-chirurgica	4	2.0
Infezione del S.N.C. da device	3	1.5
Missing	0	NA

## 8.16 Infezione multisito



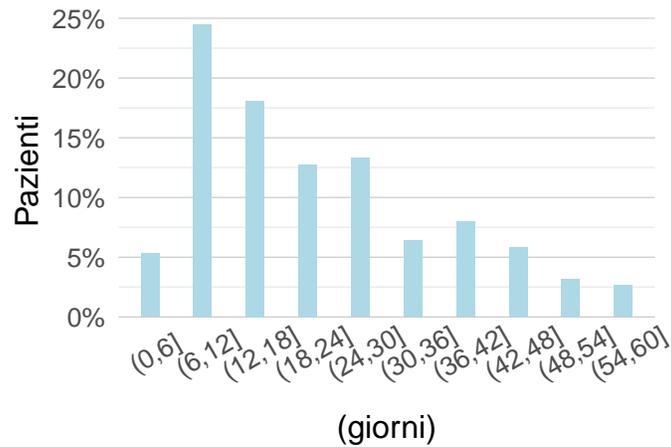
Infezione multisito	N	%
No	143	71.1
Si	58	28.9
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	282
Numero totale di microrganismi isolati	362

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	25.4
DS	18.4
Mediana	20
Q1-Q3	12-33.5
Missing	2

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

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

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

Il primo:

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

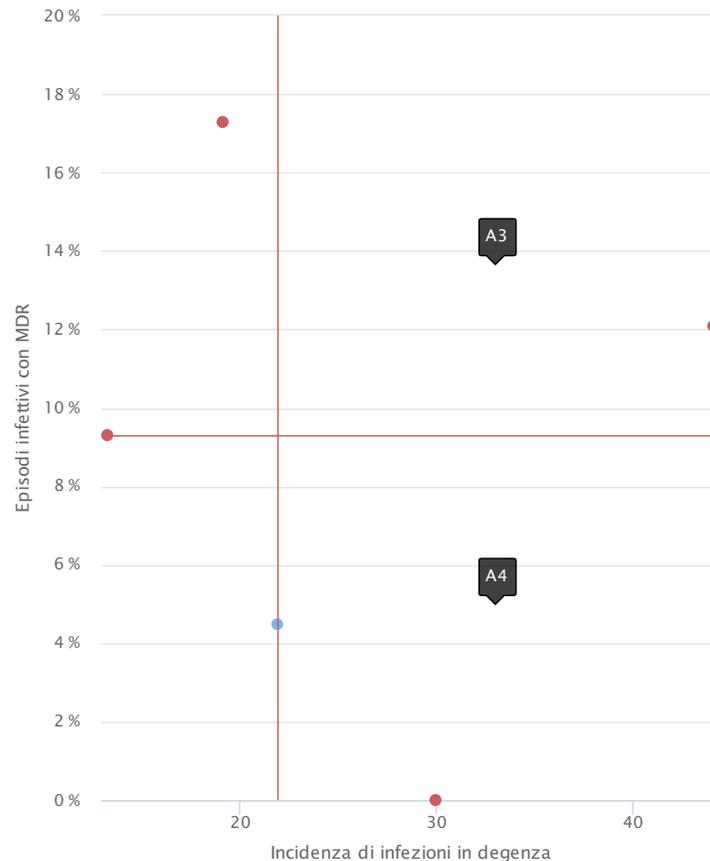
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

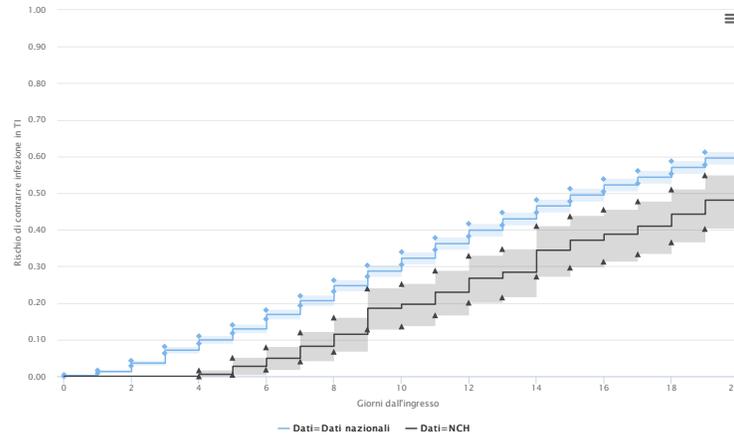
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

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

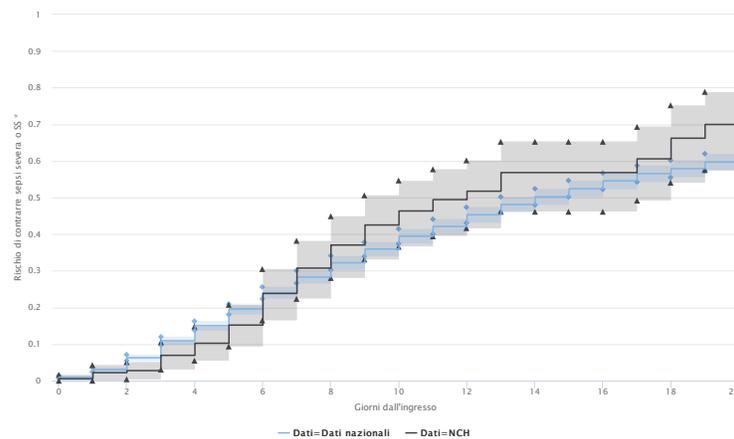


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI NCH . Le due linee rosse intersecano il grafico in corrispondenza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

**Rischio di contrarre infezione in TI**



### di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



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

Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 78% 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

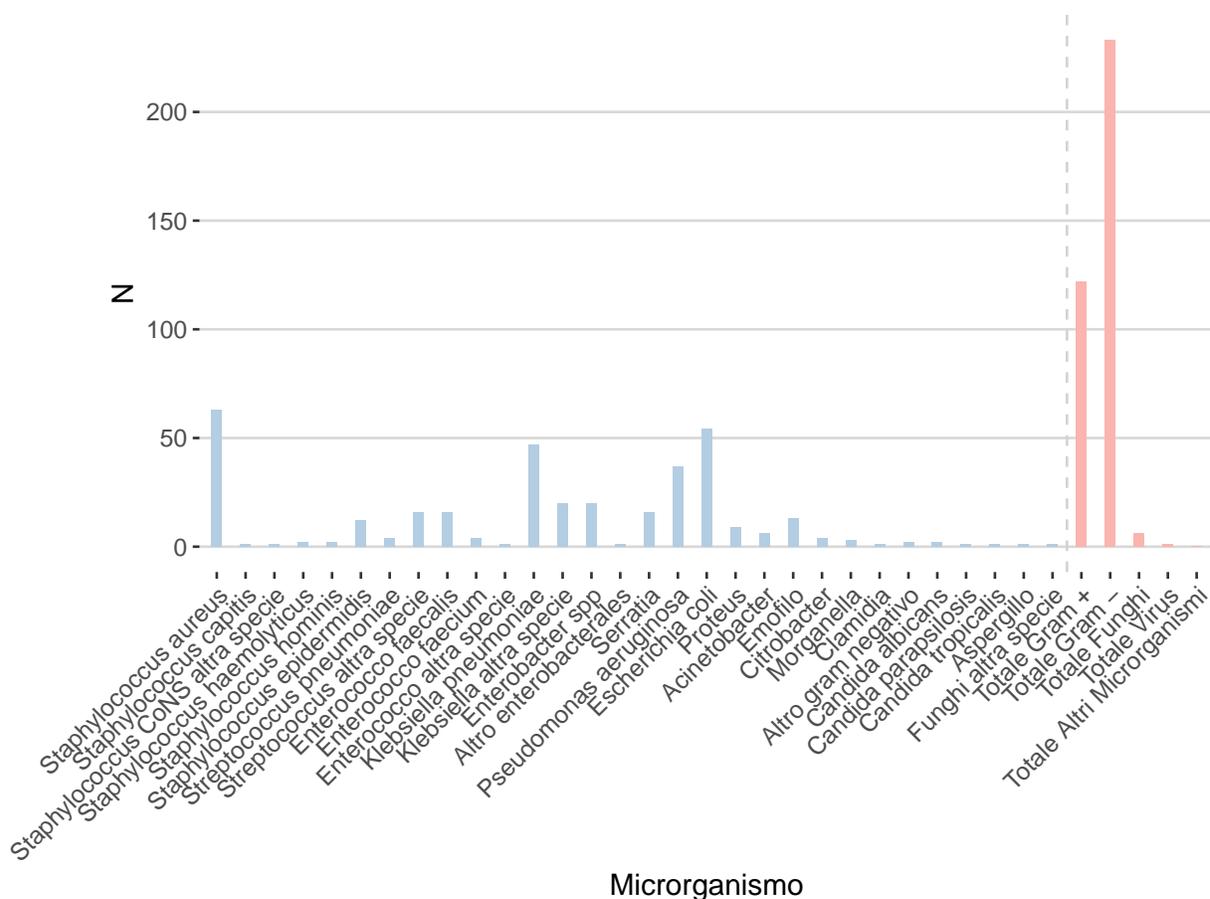
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	9	3.2
Sì	271	96.8
Missing	2	

<b>Totale infezioni</b>	<b>282</b>
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>362</b>

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

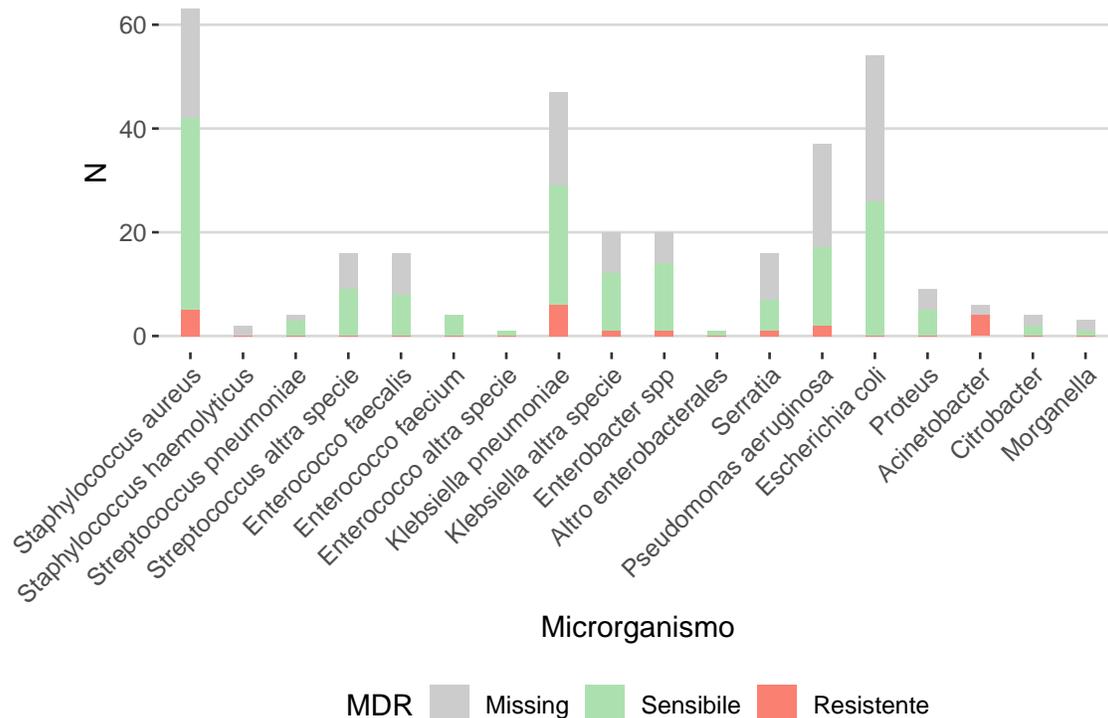
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	63	23.2	42	5	11.9
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	4.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.5	3	0	0
Streptococcus altra specie	16	5.9	9	0	0
Enterococco faecalis	16	5.9	8	0	0
Enterococco faecium	4	1.5	4	0	0
Enterococco altra specie	1	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>122</b>	<b>45.0</b>	<b>67</b>	<b>5</b>	<b>7.5</b>
Klebsiella pneumoniae	47	17.3	29	6	20.7
Klebsiella altra specie	20	7.4	12	1	8.3
Enterobacter spp	20	7.4	14	1	7.1
Altro enterobacterales	1	0.4	1	0	0
Serratia	16	5.9	7	1	14.3
Pseudomonas aeruginosa	37	13.7	17	2	11.8
Escherichia coli	54	19.9	26	0	0
Proteus	9	3.3	5	0	0
Acinetobacter	6	2.2	4	4	100
Emofilo	13	4.8	0	0	0
Citrobacter	4	1.5	2	0	0
Morganella	3	1.1	1	0	0
Clamidia	1	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>233</b>	<b>86.0</b>	<b>118</b>	<b>15</b>	<b>12.7</b>
Candida albicans	2	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>2.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Herpes simplex	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	63	23.2	42	5	11.9
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	12	4.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.5	3	0	0
Streptococcus altra specie	16	5.9	9	0	0
Enterococcus faecalis	16	5.9	8	0	0
Enterococcus faecium	4	1.5	4	0	0
Enterococcus altra specie	1	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>122</b>	<b>45.0</b>	<b>67</b>	<b>5</b>	<b>7.5</b>
Klebsiella pneumoniae	47	17.3	29	6	20.7
Klebsiella altra specie	20	7.4	12	1	8.3
Enterobacter spp	20	7.4	14	1	7.1
Altro enterobacterales	1	0.4	1	0	0
Serratia	16	5.9	7	1	14.3
Pseudomonas aeruginosa	37	13.7	17	2	11.8
Escherichia coli	54	19.9	26	0	0
Proteus	9	3.3	5	0	0
Acinetobacter	6	2.2	4	4	100
Emofilo	13	4.8	0	0	0

Citrobacter	4	1.5	2	0	0
Morganella	3	1.1	1	0	0
Clamidia	1	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>233</b>	<b>86.0</b>	<b>118</b>	<b>15</b>	<b>12.7</b>
Candida albicans	2	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>2.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Herpes simplex	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

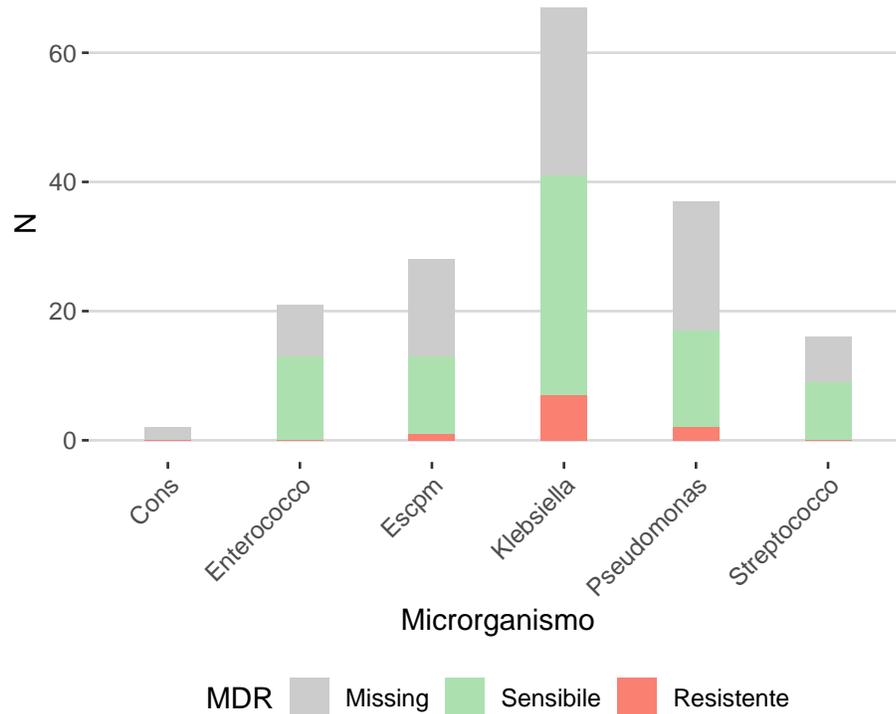
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza A, Influenza AH3N2,

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

### 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	2	0	0	0	NaN	2
Enterococco	21	13	13	0	0.00	8
Escpm	28	13	12	1	7.69	15
Klebsiella	67	41	34	7	17.07	26
Pseudomonas	37	17	15	2	11.76	20
Streptococco	16	9	9	0	0.00	7

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.

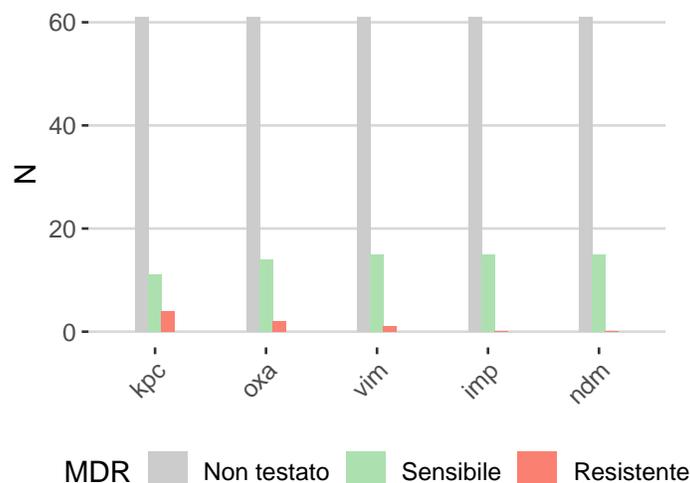
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	29	Ertapenem	5	17.24
Klebsiella pneumoniae	29	Meropenem	6	20.69
Klebsiella altra specie	12	Ertapenem	1	8.33
Enterobacter spp	14	Ertapenem	1	7.14
Enterobacter spp	14	Meropenem	1	7.14
Serratia	7	Ertapenem	1	14.29
Acinetobacter	4	Imipenem	3	75.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	2	11.76
Pseudomonas aeruginosa	17	Meropenem	1	5.88
Staphylococcus aureus	42	Meticillina	5	11.90

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

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

	N	%
Sì	7	8.97
No	10	12.82
Non testato	61	78.21
Missing	102	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	15	61
kpc	4	57.1	11	61
ndm	0	0.0	15	61
oxa	2	28.6	14	61
vim	1	14.3	15	61



## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 16)

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

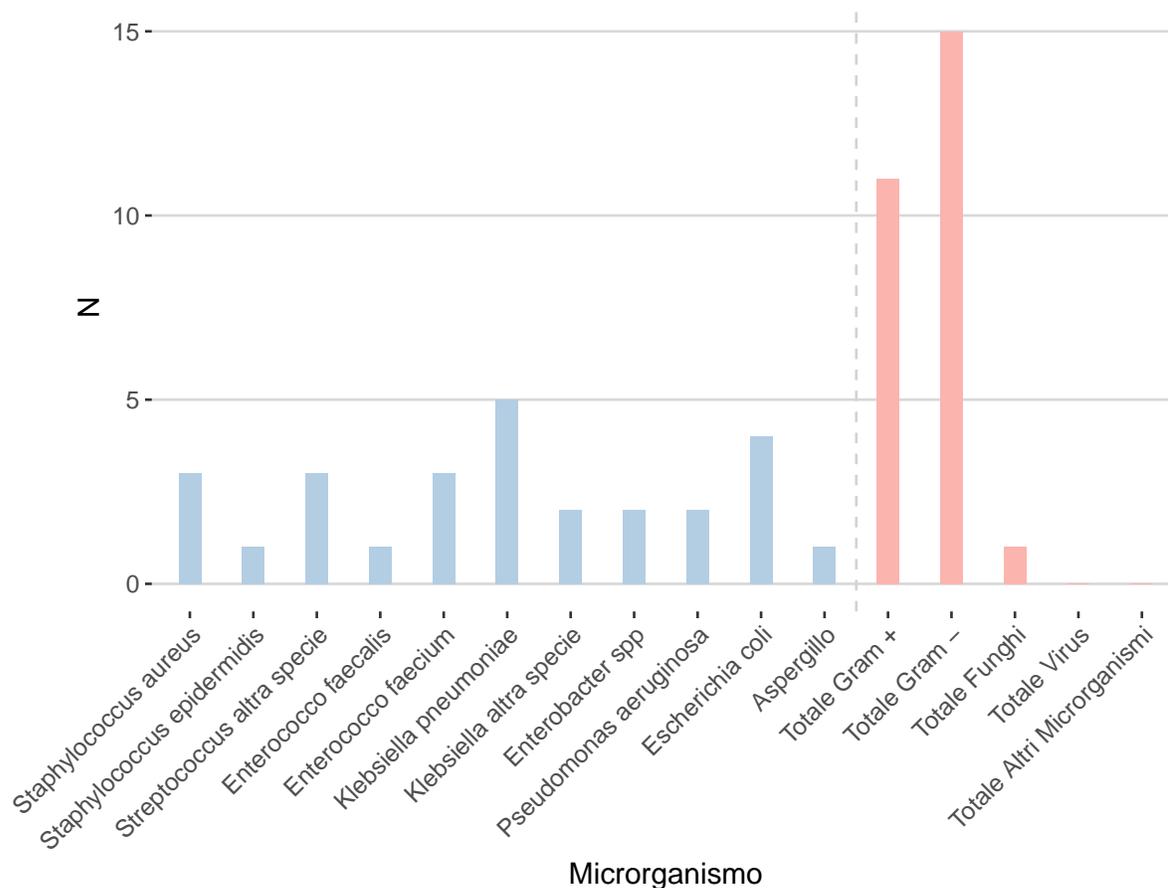
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	4.8
Sì	40	95.2
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>42</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>45</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	12.5	3	1	33.3
Staphylococcus epidermidis	1	4.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	12.5	3	0	0
Enterococco faecalis	1	4.2	0	0	0
Enterococco faecium	3	12.5	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>11</b>	<b>45.8</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Klebsiella pneumoniae	5	20.8	3	0	0
Klebsiella altra specie	2	8.3	2	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8.3	1	0	0
Escherichia coli	4	16.7	4	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>15</b>	<b>62.5</b>	<b>11</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

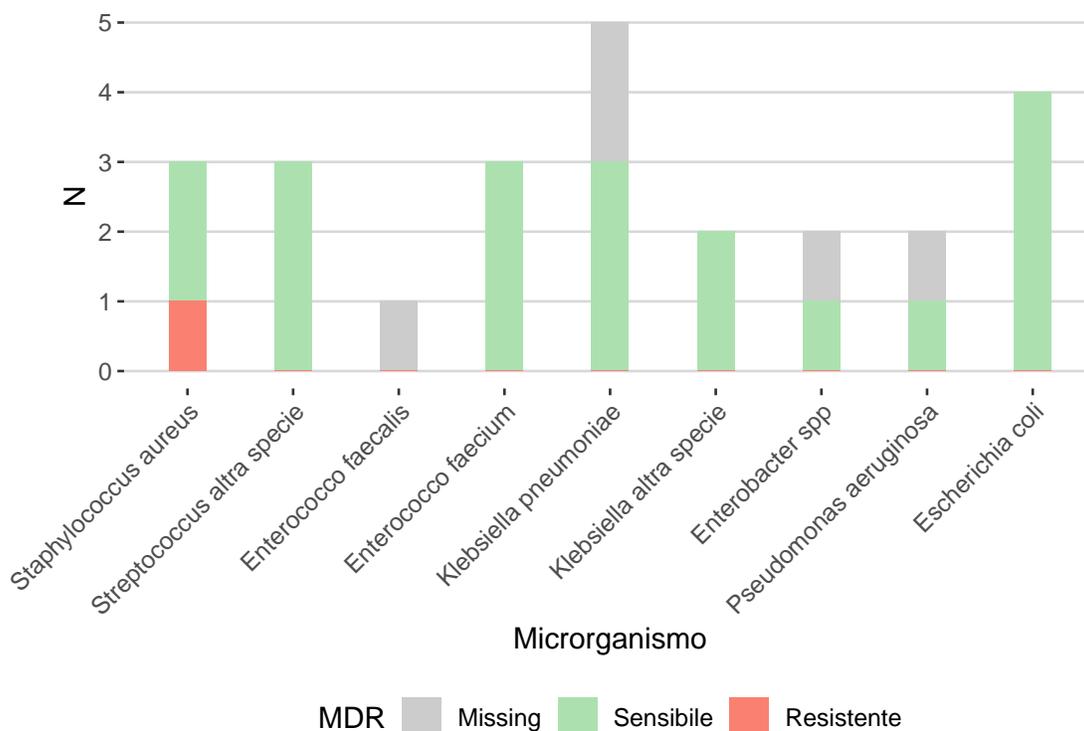
Aspergillo	1	4.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>4.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	12.5	3	1	33.3
Staphylococcus epidermidis	1	4.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	12.5	3	0	0
Enterococco faecalis	1	4.2	0	0	0
Enterococco faecium	3	12.5	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>11</b>	<b>45.8</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Klebsiella pneumoniae	5	20.8	3	0	0
Klebsiella altra specie	2	8.3	2	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8.3	1	0	0
Escherichia coli	4	16.7	4	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>15</b>	<b>62.5</b>	<b>11</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Aspergillo	1	4.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>4.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

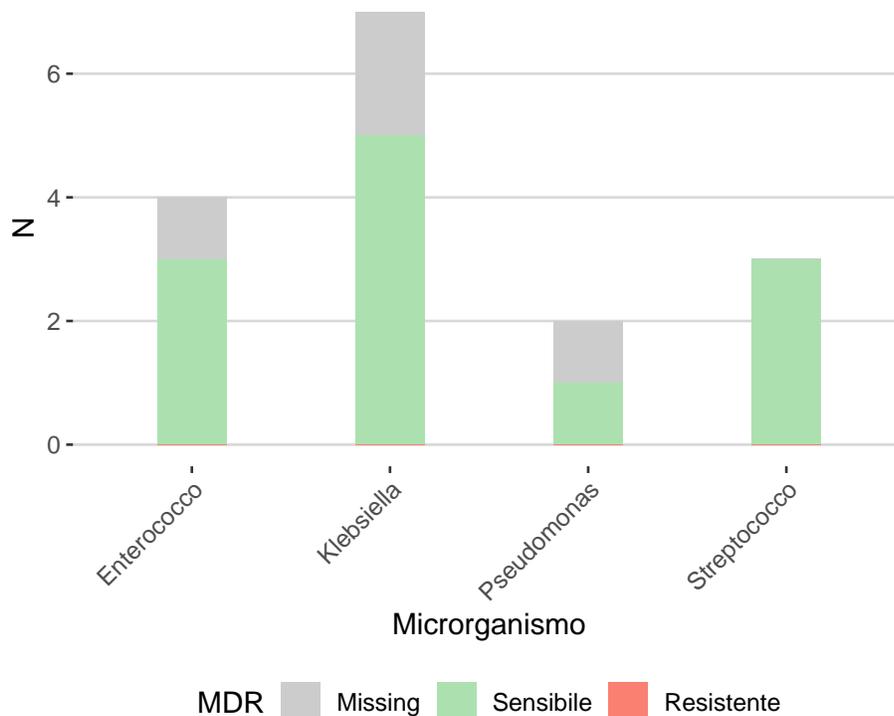
**Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0**

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	4	3	3	0	0	1
Klebsiella	7	5	5	0	0	2
Pseudomonas	2	1	1	0	0	1
Streptococco	3	3	3	0	0	0

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

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

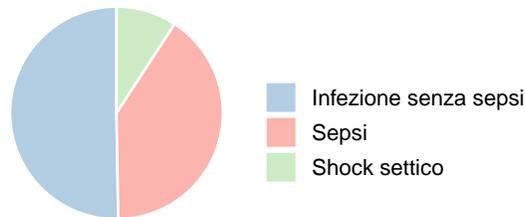
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	1	25



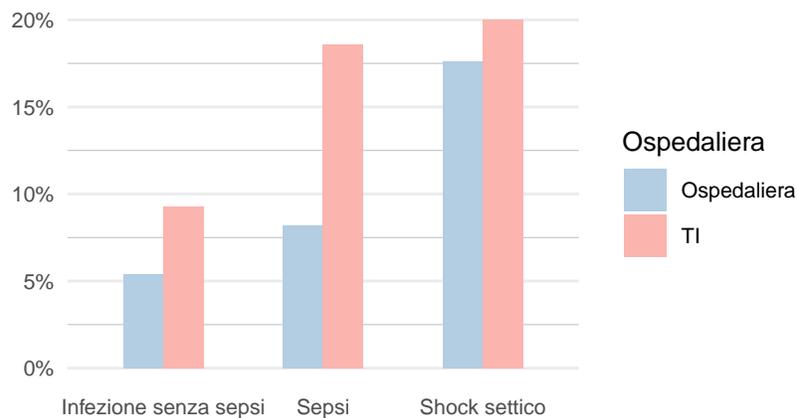
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 185)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	93	50.3
Sepsi	75	40.5
Shock settico	17	9.2
Missing	0	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	5.4	9.3
Sepsi	8.2	18.6
Shock settico	17.6	20.0

### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

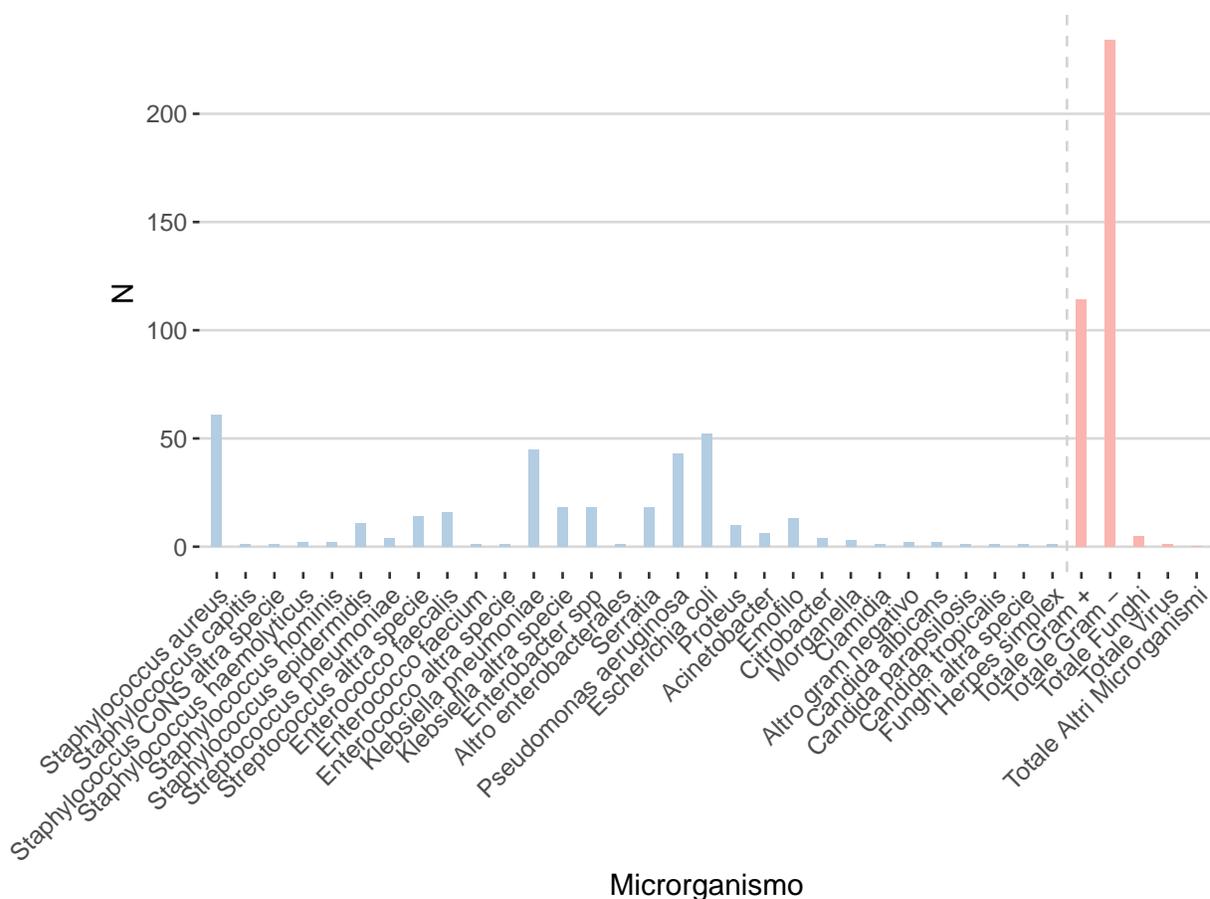
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati	
N	%

No	10	3.7
Sì	262	96.3
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>274</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>355</b>	

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

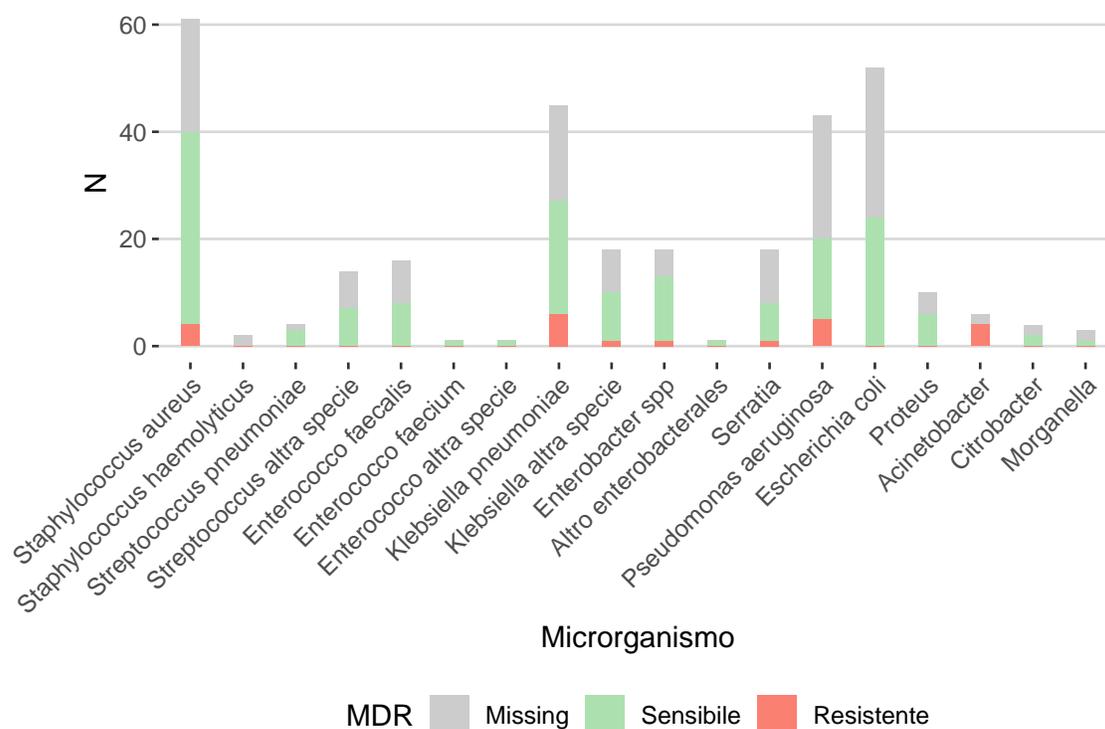
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	61	24.7	40	4	10
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	11	4.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	14	5.7	7	0	0
Enterococco faecalis	16	6.5	8	0	0
Enterococco faecium	1	0.4	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>114</b>	<b>46.2</b>	<b>60</b>	<b>4</b>	<b>6.7</b>
Klebsiella pneumoniae	45	18.2	27	6	22.2
Klebsiella altra specie	18	7.3	10	1	10
Enterobacter spp	18	7.3	13	1	7.7
Altro enterobacterales	1	0.4	1	0	0
Serratia	18	7.3	8	1	12.5
Pseudomonas aeruginosa	43	17.4	20	5	25
Escherichia coli	52	21.1	24	0	0
Proteus	10	4.0	6	0	0
Acinetobacter	6	2.4	4	4	100
Emofilo	13	5.3	0	0	0
Citrobacter	4	1.6	2	0	0
Morganella	3	1.2	1	0	0
Clamidia	1	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>234</b>	<b>94.7</b>	<b>116</b>	<b>18</b>	<b>15.5</b>
Candida albicans	2	0.8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>2.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Herpes simplex	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	61	24.7	40	4	10
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	11	4.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.6	3	0	0
Streptococcus altra specie	14	5.7	7	0	0
Enterococcus faecalis	16	6.5	8	0	0
Enterococcus faecium	1	0.4	1	0	0
Enterococcus altra specie	1	0.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>114</b>	<b>46.2</b>	<b>60</b>	<b>4</b>	<b>6.7</b>
Klebsiella pneumoniae	45	18.2	27	6	22.2
Klebsiella altra specie	18	7.3	10	1	10
Enterobacter spp	18	7.3	13	1	7.7
Altro enterobacteriales	1	0.4	1	0	0
Serratia	18	7.3	8	1	12.5
Pseudomonas aeruginosa	43	17.4	20	5	25
Escherichia coli	52	21.1	24	0	0
Proteus	10	4.0	6	0	0
Acinetobacter	6	2.4	4	4	100
Emofilo	13	5.3	0	0	0

Citrobacter	4	1.6	2	0	0
Morganella	3	1.2	1	0	0
Clamidia	1	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>234</b>	<b>94.7</b>	<b>116</b>	<b>18</b>	<b>15.5</b>
Candida albicans	2	0.8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>2.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Herpes simplex	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

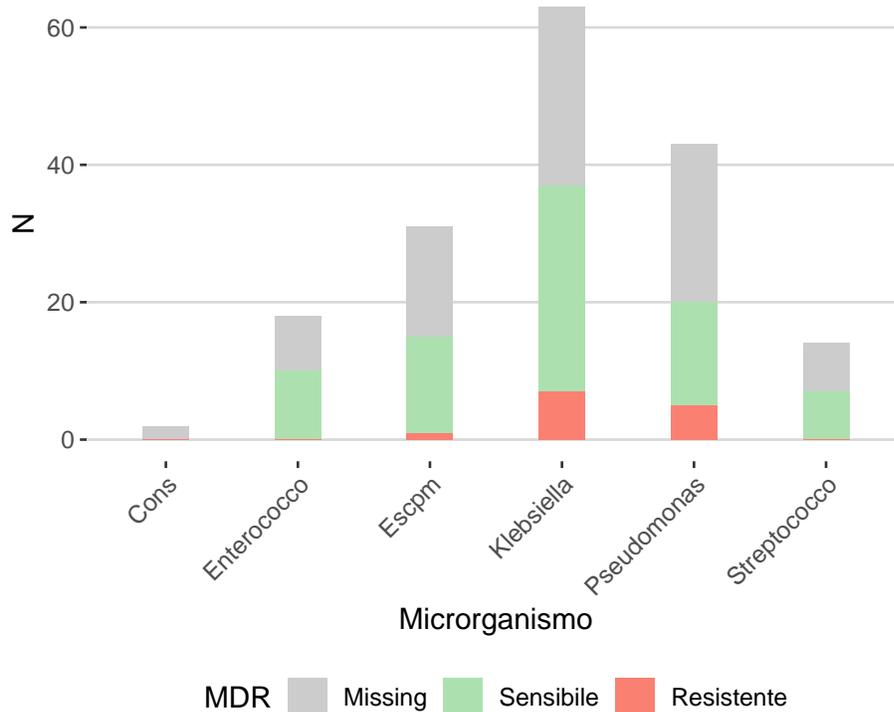
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Streptococcus agalactiae, Clostridium difficile, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Pyogens, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis,

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

### 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	2	0	0	0	NaN	2
Enterococco	18	10	10	0	0.00	8
Escpm	31	15	14	1	6.67	16
Klebsiella	63	37	30	7	18.92	26
Pseudomonas	43	20	15	5	25.00	23
Streptococco	14	7	7	0	0.00	7

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.

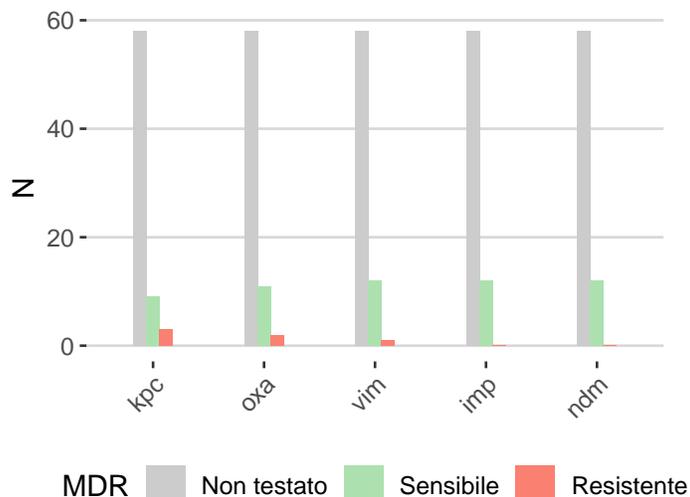
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	27	Ertapenem	5	18.52
Klebsiella pneumoniae	27	Meropenem	6	22.22
Klebsiella altra specie	10	Ertapenem	1	10.00
Enterobacter spp	13	Ertapenem	1	7.69
Enterobacter spp	13	Meropenem	1	7.69
Serratia	8	Ertapenem	1	12.50
Acinetobacter	4	Imipenem	3	75.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Imipenem	5	25.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	4	20.00
Staphylococcus aureus	40	Meticillina	4	10.00

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

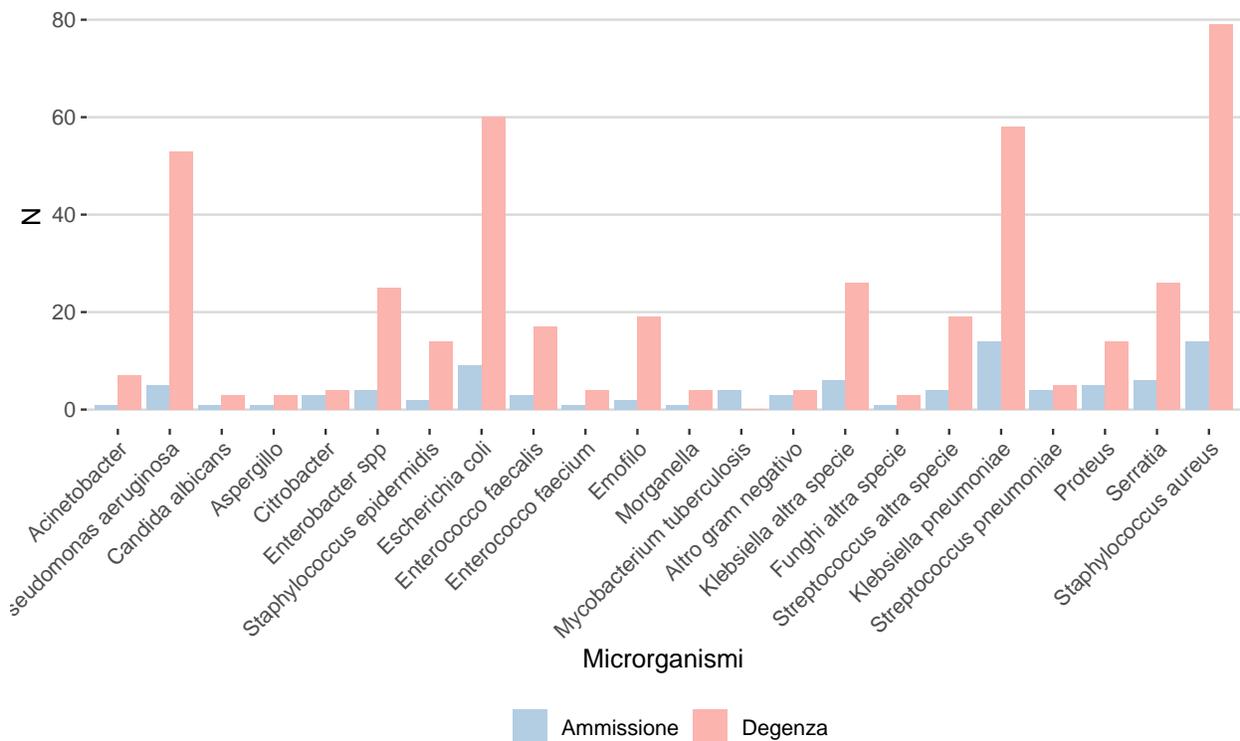
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	6	8.33
No	8	11.11
Non testato	58	80.56
Missing	96	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	12	58
kpc	3	50.0	9	58
ndm	0	0.0	12	58
oxa	2	33.3	11	58
vim	1	16.7	12	58



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

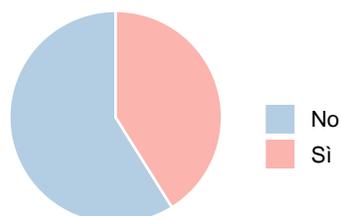


Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	8	1	12.5	7	87.5
Pseudomonas aeruginosa	58	5	8.6	53	91.4
Candida albicans	4	1	25	3	75
Aspergillo	4	1	25	3	75
Citrobacter	7	3	42.9	4	57.1
Enterobacter spp	29	4	13.8	25	86.2

Staphylococcus epidermidis	16	2	12.5	14	87.5
Escherichia coli	69	9	13	60	87
Enterococco faecalis	20	3	15	17	85
Enterococco faecium	5	1	20	4	80
Emofilo	21	2	9.5	19	90.5
Morganella	5	1	20	4	80
Mycobacterium tuberculosis	4	4	100	0	0
Altro gram negativo	7	3	42.9	4	57.1
Klebsiella altra specie	32	6	18.8	26	81.2
Funghi altra specie	4	1	25	3	75
Streptococcus altra specie	23	4	17.4	19	82.6
Klebsiella pneumoniae	72	14	19.4	58	80.6
Streptococcus pneumoniae	9	4	44.4	5	55.6
Proteus	19	5	26.3	14	73.7
Serratia	32	6	18.8	26	81.2
Staphylococcus aureus	93	14	15.1	79	84.9

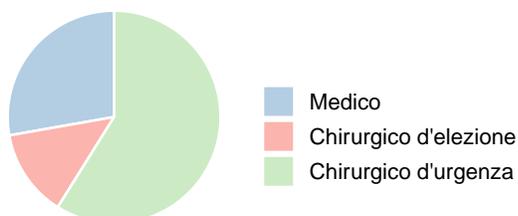
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 90)

### 11.1 Trauma



Trauma	N	%
No	53	58.9
Si	37	41.1
Missing	0	0

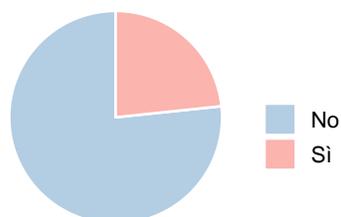
### 11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	34	37.8
Chirurgico d'elezione	10	22.2
Chirurgico d'urgenza	46	40

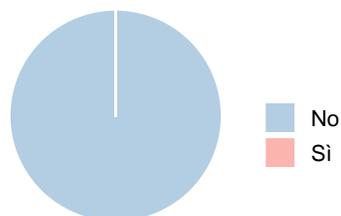
Medico	25	27.8
Chirurgico d'elezione	12	13.3
Chirurgico d'urgenza	53	58.9
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



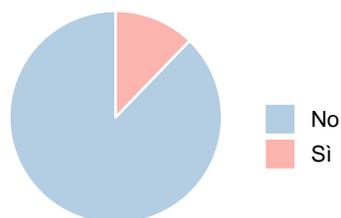
Batteriémica	N	%
No	69	76.7
Si	21	23.3
Missing	0	0

### 11.4 Infezioni multisito



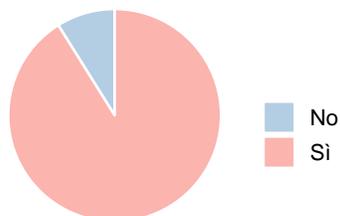
Infezione multisito	N	%
No	90	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

### 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	79	87.8
Sì	11	12.2
Missing	0	0

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

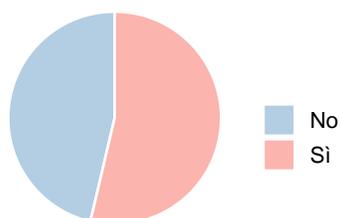


Polmonite associata a VAP	N	%
No	8	8.9
Sì	82	91.1
Missing	0	0

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

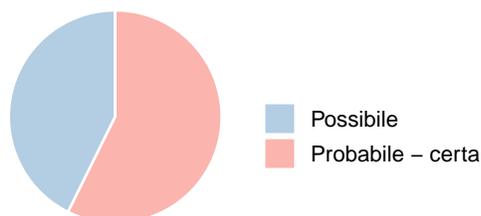
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 82)

### 12.1 VAP precoce



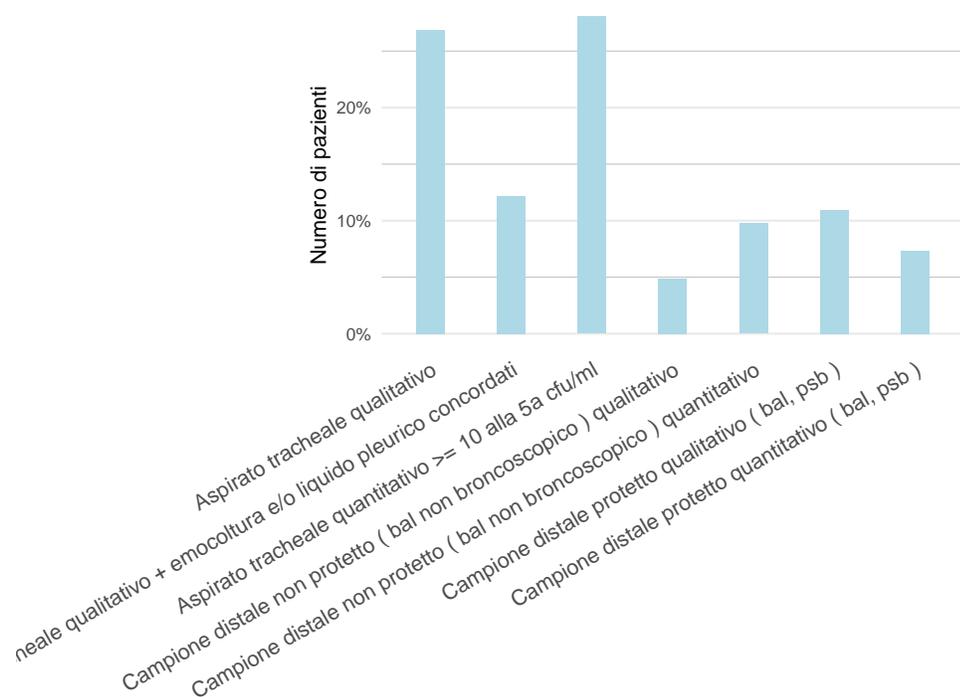
VAP precoce	N	%
No	38	46.3
Sì	44	53.7
Missing	0	0

## 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	35	42.7
Probabile - certa	47	57.3
Missing	0	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici



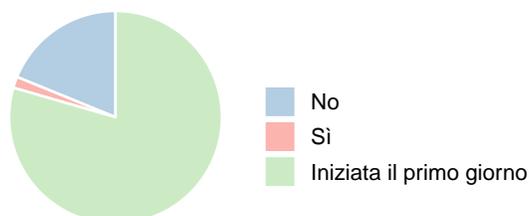
Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	8	9.8
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	4	4.9
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	9	11.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	6	7.3
Aspirato tracheale quantitativo >= 10 alla 5a cfu/ml	23	28.0

Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	10	12.2
Aspirato tracheale qualitativo	22	26.8
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	0	0.0
Missing	0	0

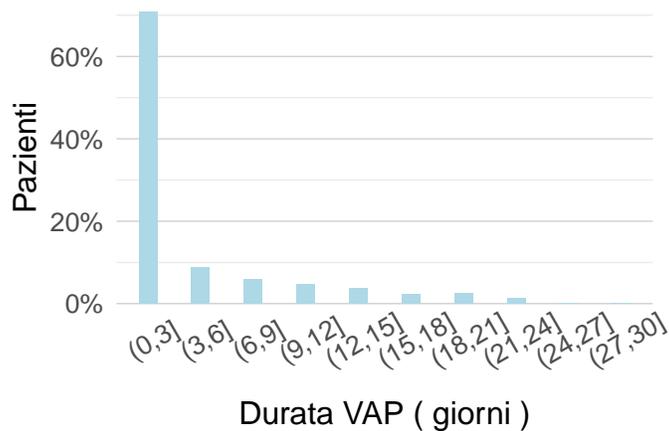
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 1242 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



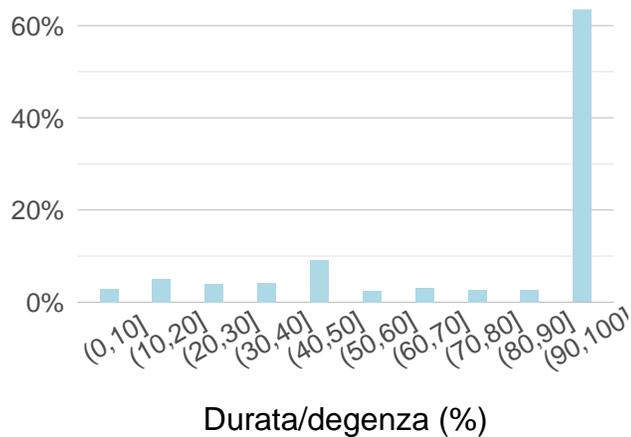
Ventilazione invasiva	N	%
No	232	18.8
Sì	1001	81.2
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>980</b>	<b>78.9</b>
Missing	9	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



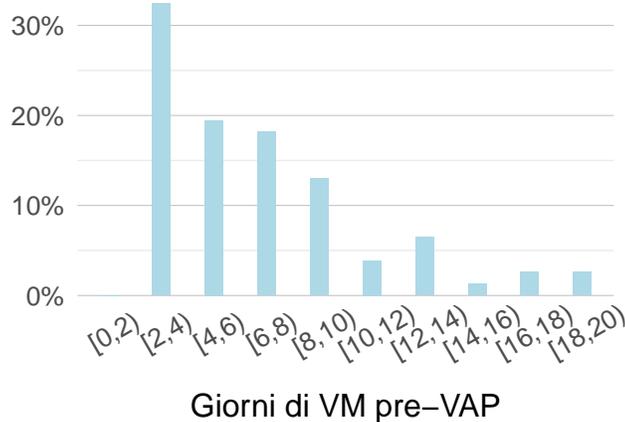
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.6 (8.8)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-6)
Missing	0

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	79.1 (30.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	1

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	82
Media (DS)	8.1 (8.1)
Mediana (Q1-Q3)	6 (3-9)
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	18.9	13.3 %
CI ( 95% )	15.1 - 23.5	10.5 - 16.4

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.

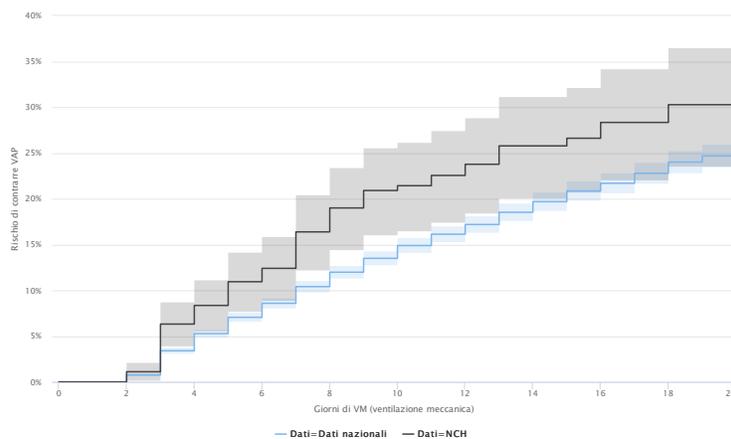
Il secondo invece:

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

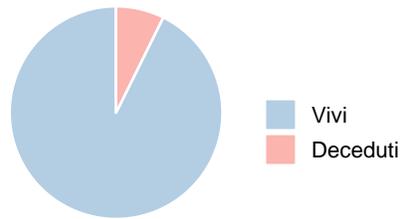
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

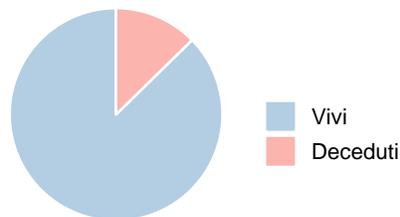


## 12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	76	92.7
Deceduti	6	7.3
Missing	0	0

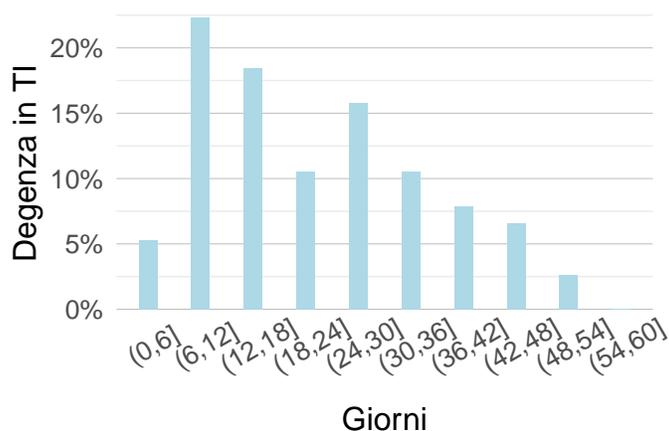
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	69	87.3
Deceduti	10	12.7
Missing	0	0

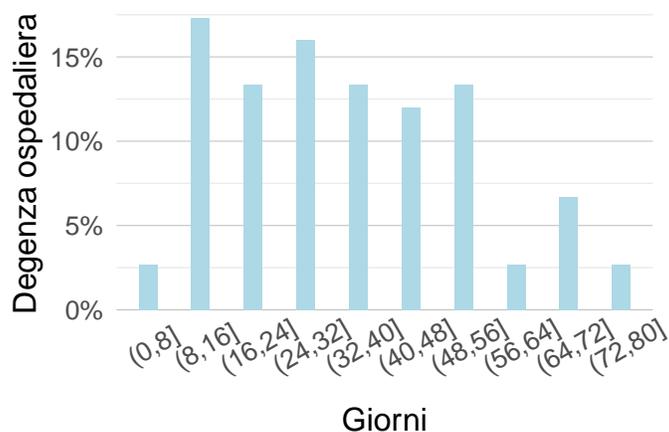
\* Statistiche calcolate su 79 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

### 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.4 (19.5)
Mediana (Q1-Q3)	21 (12.5-33.8)
Missing	0

### 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	38.7 (25.9)
Mediana (Q1-Q3)	33 (20.5-50)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 79 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

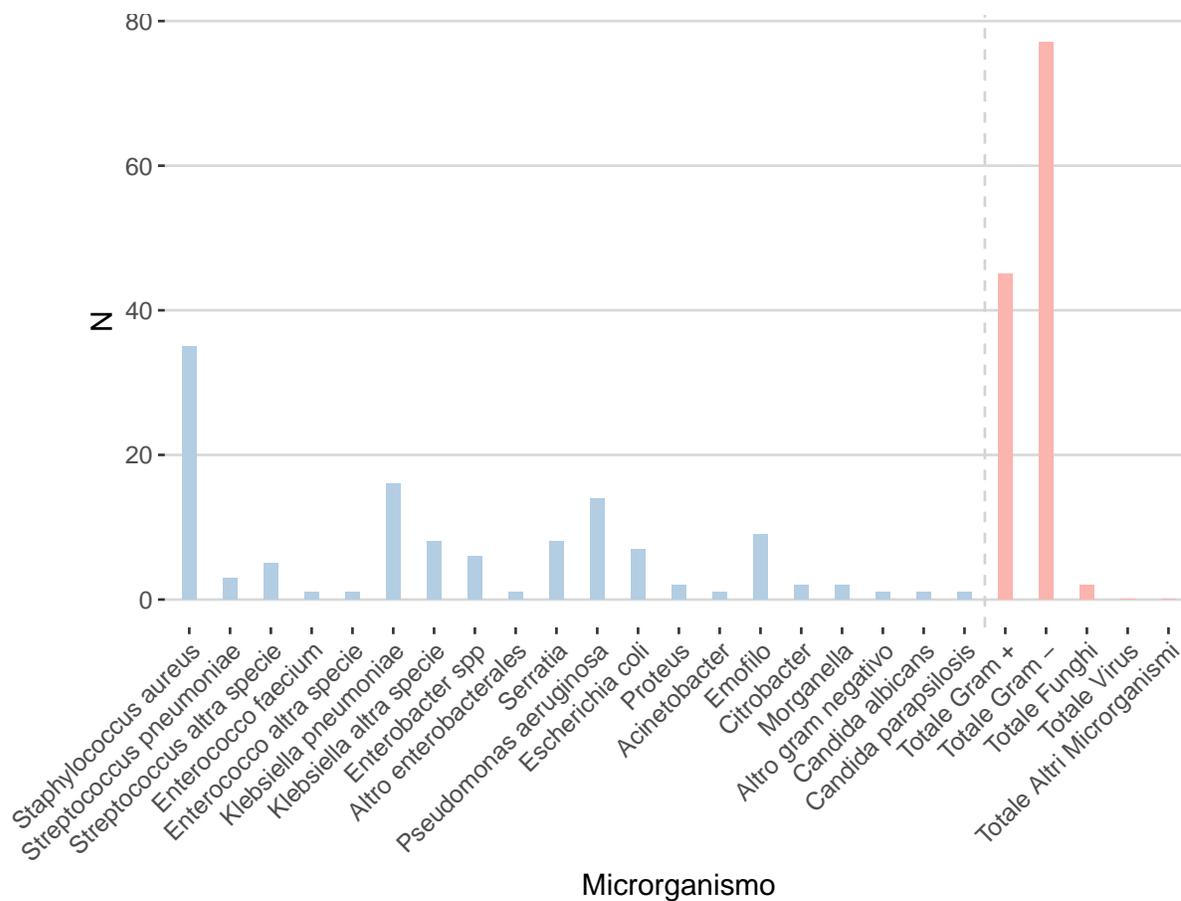
### 12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

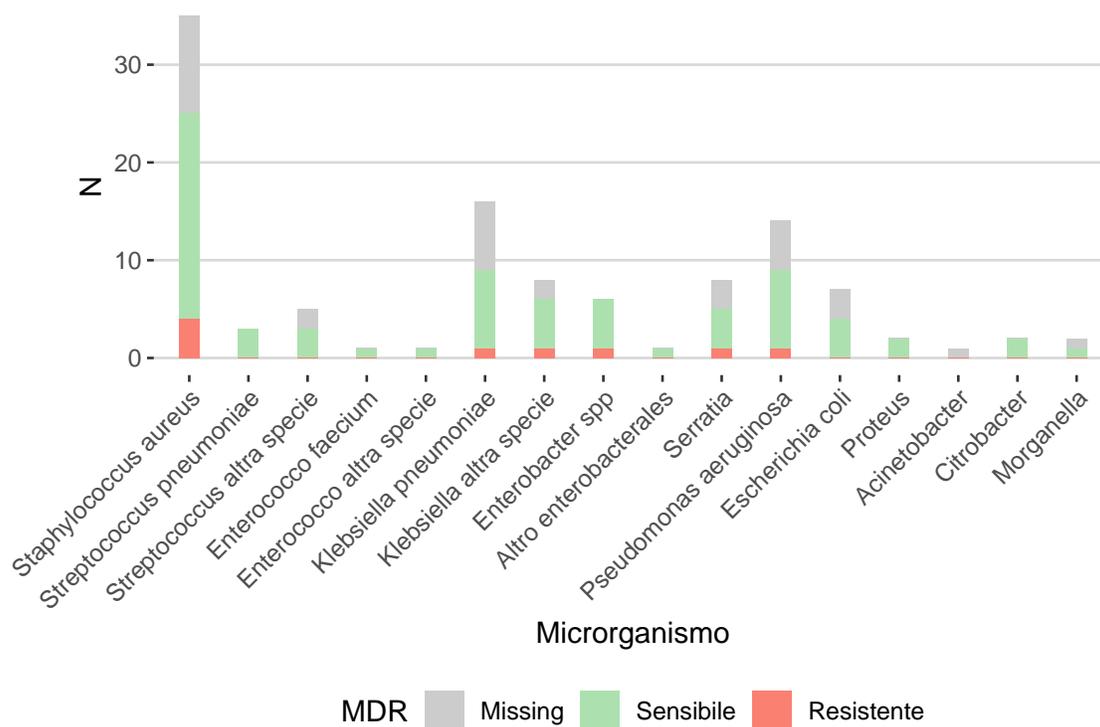
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	82	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>82</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>124</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	35	42.7	25	4	16
Streptococcus pneumoniae	3	3.7	3	0	0
Streptococcus altra specie	5	6.1	3	0	0
Enterococco faecium	1	1.2	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>45</b>	<b>54.9</b>	<b>33</b>	<b>4</b>	<b>12.1</b>
Klebsiella pneumoniae	16	19.5	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	8	9.8	6	1	16.7
Enterobacter spp	6	7.3	6	1	16.7
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	8	9.8	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	14	17.1	9	1	11.1
Escherichia coli	7	8.5	4	0	0
Proteus	2	2.4	2	0	0
Acinetobacter	1	1.2	0	0	0
Emofilo	9	11.0	0	0	0
Citrobacter	2	2.4	2	0	0
Morganella	2	2.4	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>77</b>	<b>93.9</b>	<b>45</b>	<b>5</b>	<b>11.1</b>
Candida albicans	1	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>2.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

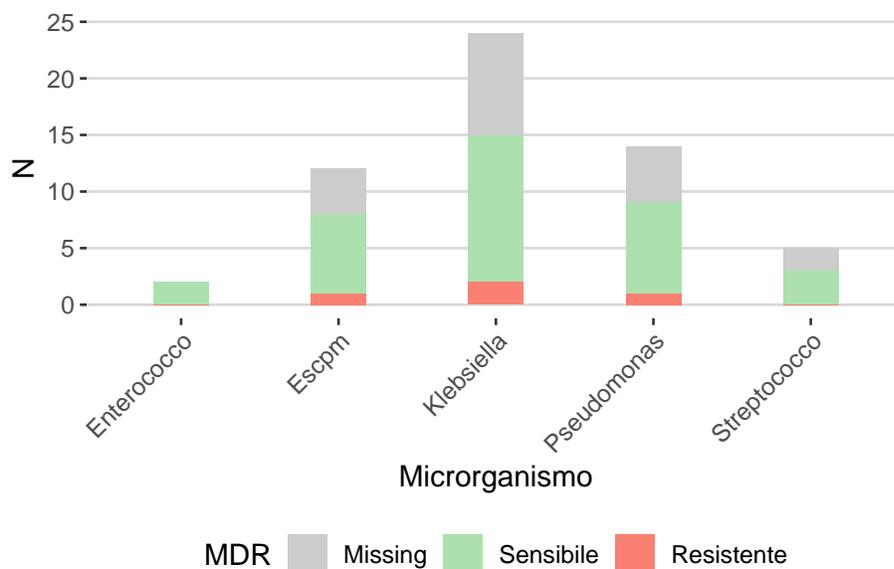


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

## 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	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	12	8	7	1	12.50	4
Klebsiella	24	15	13	2	13.33	9
Pseudomonas	14	9	8	1	11.11	5
Streptococco	5	3	3	0	0.00	2

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	9	Ertapenem	1	11.11
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	1	11.11
Klebsiella altra specie	6	Ertapenem	1	16.67
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Enterobacter spp	6	Meropenem	1	16.67
Serratia	5	Ertapenem	1	20.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	1	11.11

Staphylococcus aureus	25	Meticillina	4	16.00
-----------------------	----	-------------	---	-------

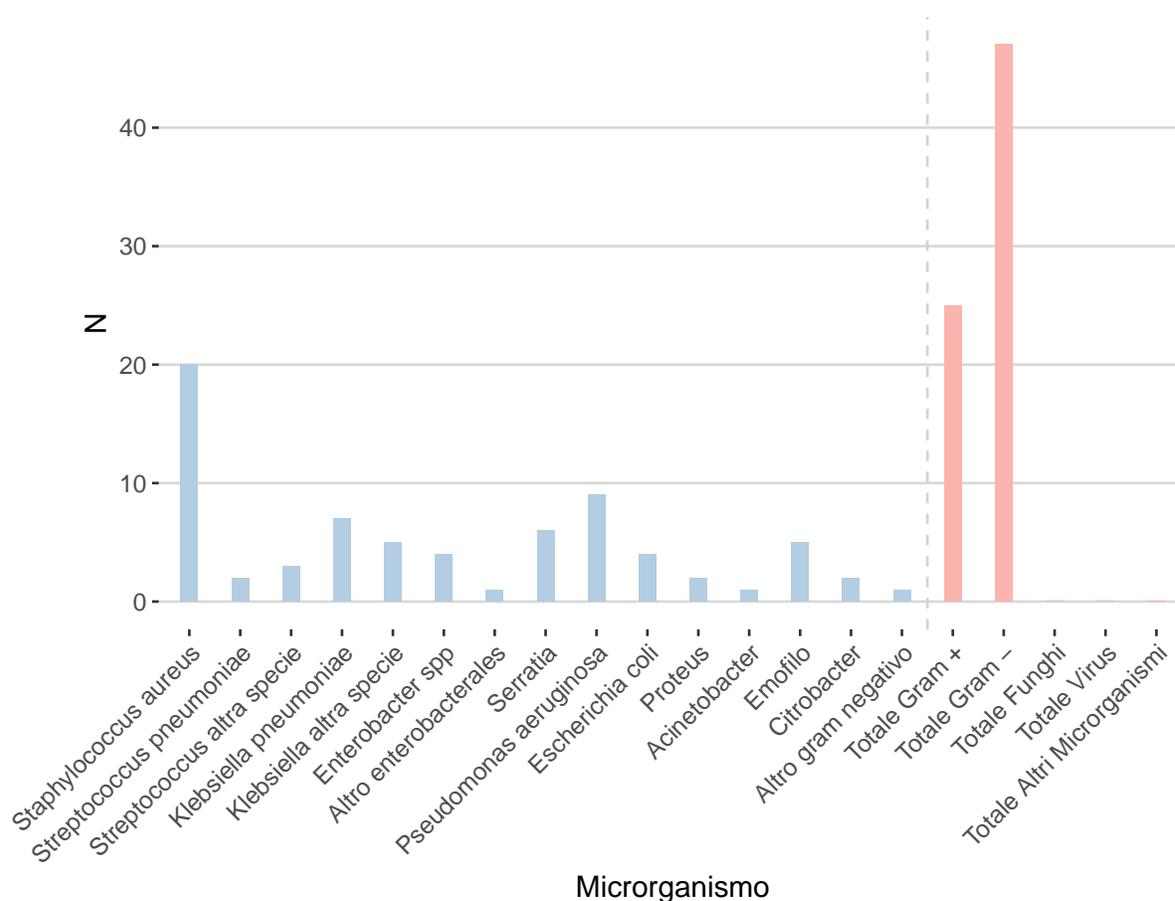
### 12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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	47	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>47</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>72</b>	

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

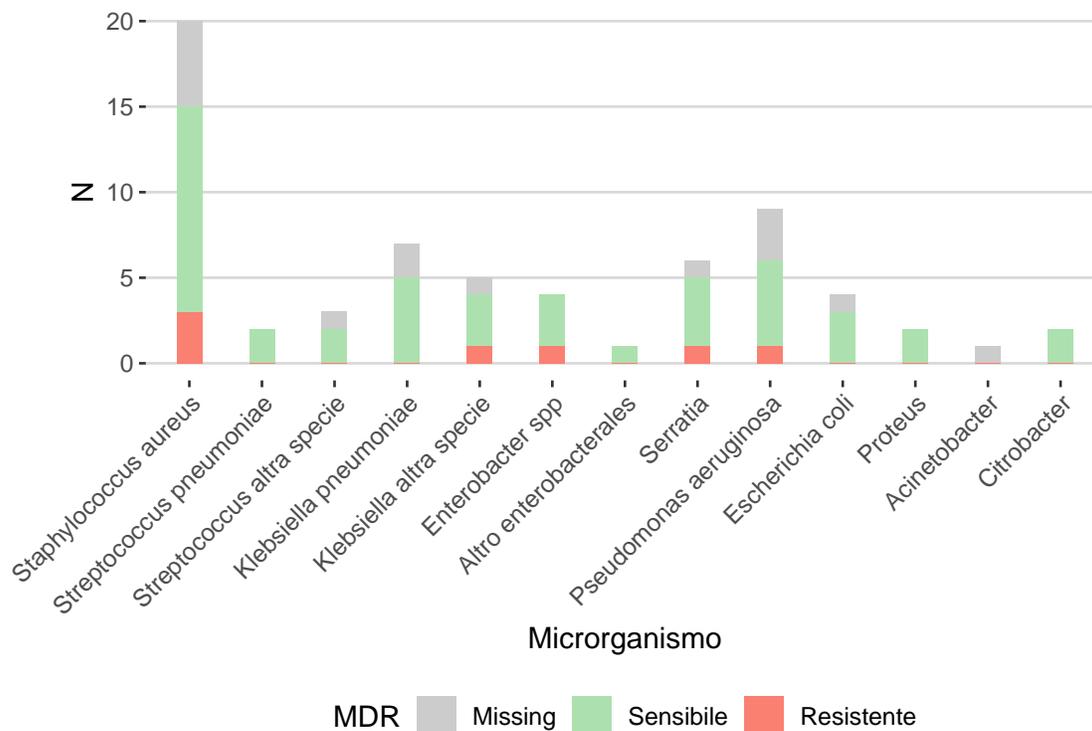
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	20	42.6	15	3	20
Streptococcus pneumoniae	2	4.3	2	0	0
Streptococcus altra specie	3	6.4	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>53.2</b>	<b>19</b>	<b>3</b>	<b>15.8</b>
Klebsiella pneumoniae	7	14.9	5	0	0
Klebsiella altra specie	5	10.6	4	1	25
Enterobacter spp	4	8.5	4	1	25
Altro enterobacterales	1	2.1	1	0	0
Serratia	6	12.8	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	9	19.1	6	1	16.7
Escherichia coli	4	8.5	3	0	0
Proteus	2	4.3	2	0	0
Acinetobacter	1	2.1	0	0	0
Emofilo	5	10.6	0	0	0
Citrobacter	2	4.3	2	0	0
Altro gram negativo	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>47</b>	<b>100.0</b>	<b>32</b>	<b>4</b>	<b>12.5</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	20	42.6	15	3	20
Streptococcus pneumoniae	2	4.3	2	0	0
Streptococcus altra specie	3	6.4	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>53.2</b>	<b>19</b>	<b>3</b>	<b>15.8</b>
Klebsiella pneumoniae	7	14.9	5	0	0
Klebsiella altra specie	5	10.6	4	1	25
Enterobacter spp	4	8.5	4	1	25
Altro enterobacteriales	1	2.1	1	0	0
Serratia	6	12.8	5	1	20
Pseudomonas aeruginosa	9	19.1	6	1	16.7
Escherichia coli	4	8.5	3	0	0
Proteus	2	4.3	2	0	0
Acinetobacter	1	2.1	0	0	0
Emofilo	5	10.6	0	0	0
Citrobacter	2	4.3	2	0	0
Altro gram negativo	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>47</b>	<b>100.0</b>	<b>32</b>	<b>4</b>	<b>12.5</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

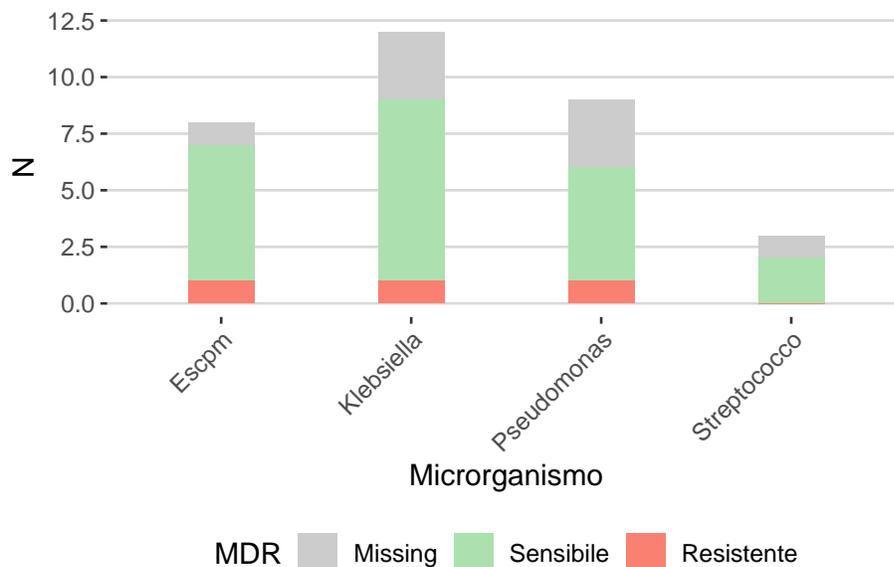
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti,

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Escpm	8	7	6	1	14.29	1
Klebsiella	12	9	8	1	11.11	3
Pseudomonas	9	6	5	1	16.67	3
Streptococco	3	2	2	0	0.00	1

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 altra specie	4	Ertapenem	1	25.00
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00
Enterobacter spp	4	Meropenem	1	25.00
Serratia	5	Ertapenem	1	20.00
Pseudomonas aeruginosa	6	Imipenem	1	16.67
Staphylococcus aureus	15	Meticillina	3	20.00

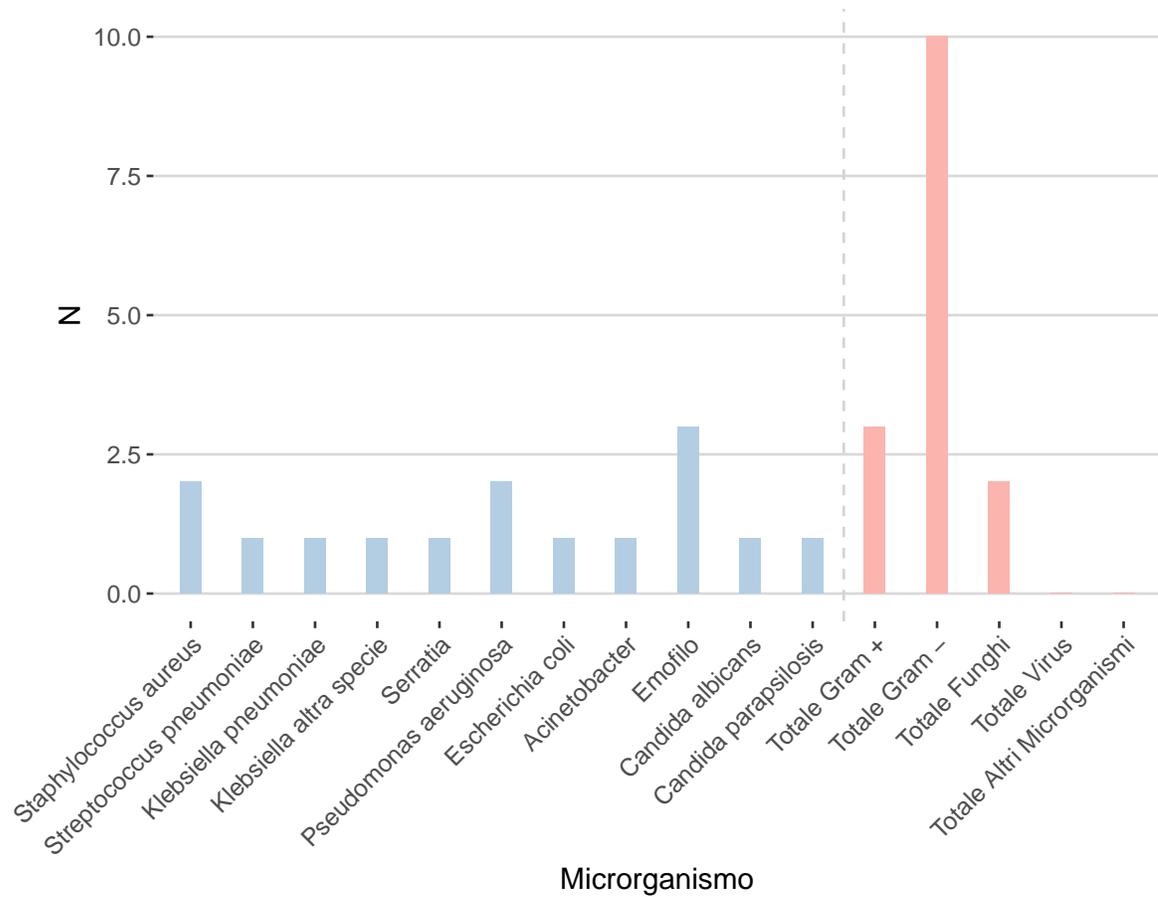
### 12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

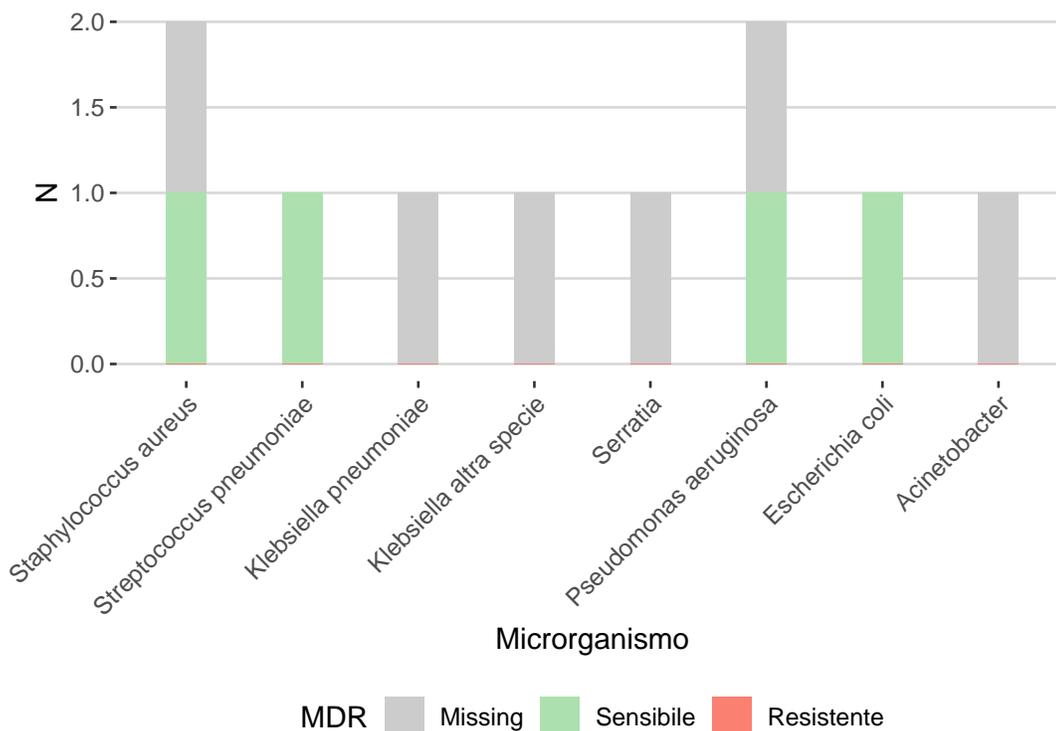
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	11	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>11</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>15</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	18.2	1	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	9.1	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>3</b>	<b>27.3</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	1	9.1	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	9.1	0	0	0
Serratia	1	9.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	18.2	1	0	0
Escherichia coli	1	9.1	1	0	0
Acinetobacter	1	9.1	0	0	0
Emofilo	3	27.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>10</b>	<b>90.9</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	1	9.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	9.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>18.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



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



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

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

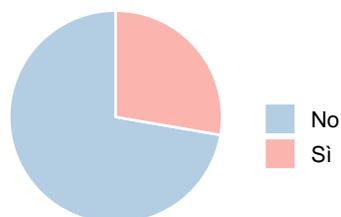
Non sono presenti abbastanza microrganismi (almeno 10 con antibiogramma) per presentare un raggruppamento nelle categorie definite nella sezione Raggruppamento microrganismi.

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

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

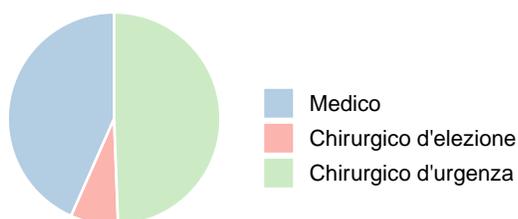
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 83)

### 13.1 Trauma



Trauma	N	%
No	60	72.3
Si	23	27.7
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	36	43.4
Chirurgico d'elezione	6	7.2
Chirurgico d'urgenza	41	49.4
Missing	0	0

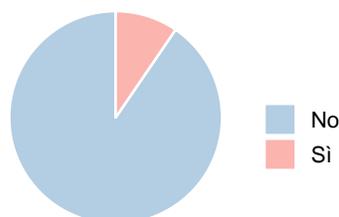
### 13.3 Tipologia



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

Batteriemia primaria sconosciuta	24	28.9
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	18	21.7
Batteriemia secondaria	55	66.3
Missing	0	0.0

### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



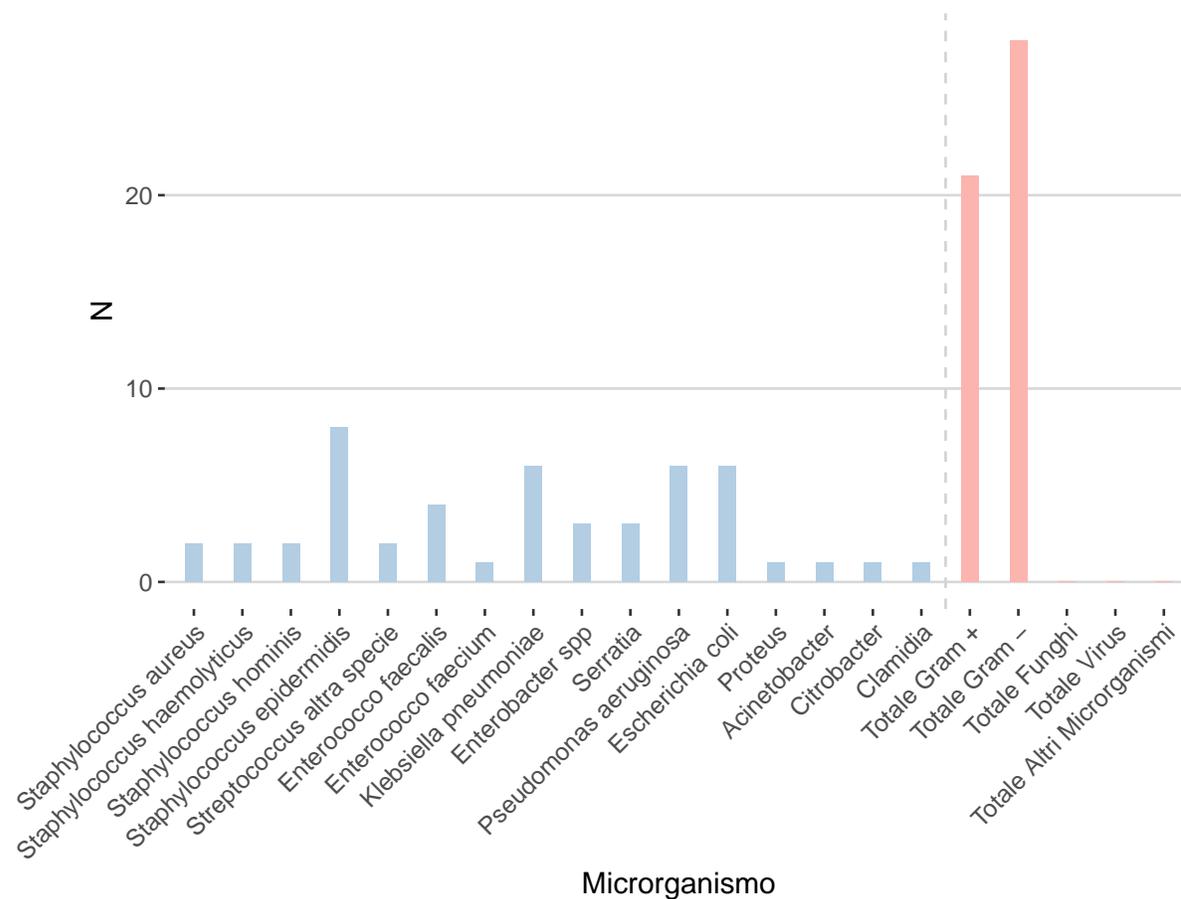
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	38	90.5
Si	4	9.5
Missing	0	0

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

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	4.8	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	4.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	4.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	19.0	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	4.8	0	0	0
Enterococco faecalis	4	9.5	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>21</b>	<b>50.0</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	6	14.3	4	0	0
Enterobacter spp	3	7.1	2	0	0
Serratia	3	7.1	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	14.3	1	1	100
Escherichia coli	6	14.3	4	0	0
Proteus	1	2.4	1	0	0
Acinetobacter	1	2.4	1	1	100
Citrobacter	1	2.4	0	0	0
Clamidia	1	2.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>28</b>	<b>66.7</b>	<b>14</b>	<b>2</b>	<b>14.3</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

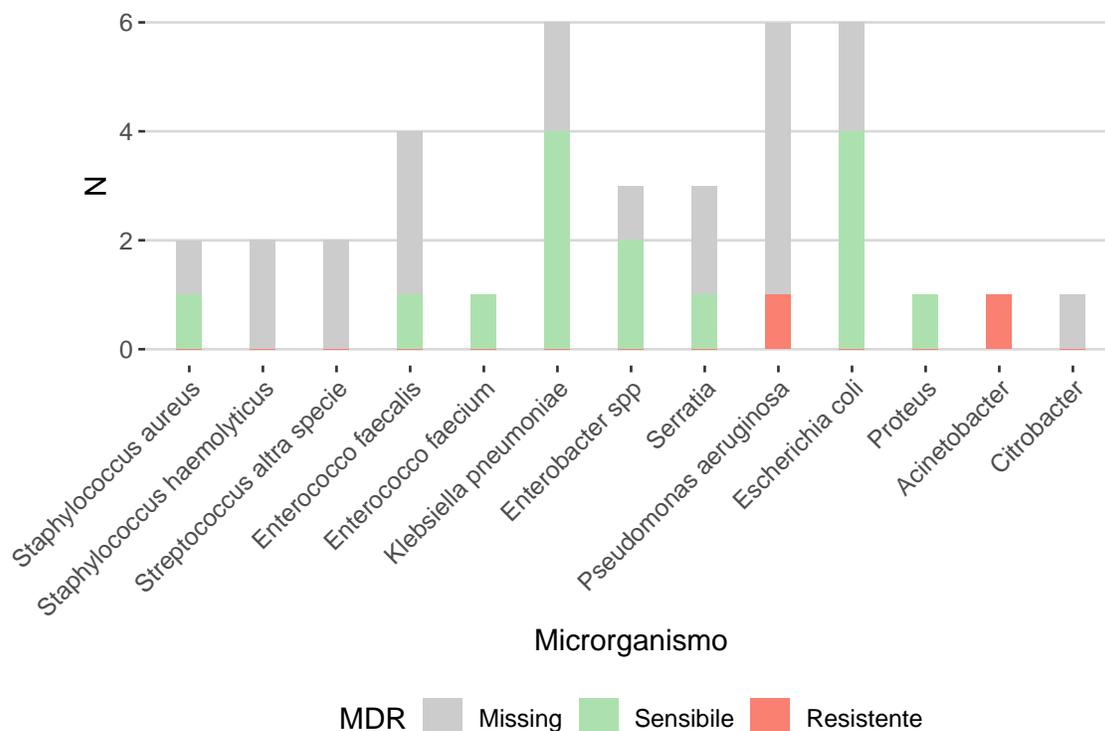
**Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0**



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	4.8	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	4.8	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	4.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	19.0	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	4.8	0	0	0
Enterococco faecalis	4	9.5	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>21</b>	<b>50.0</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	6	14.3	4	0	0
Enterobacter spp	3	7.1	2	0	0
Serratia	3	7.1	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	14.3	1	1	100
Escherichia coli	6	14.3	4	0	0
Proteus	1	2.4	1	0	0
Acinetobacter	1	2.4	1	1	100
Citrobacter	1	2.4	0	0	0
Clamidia	1	2.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>28</b>	<b>66.7</b>	<b>14</b>	<b>2</b>	<b>14.3</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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

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

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

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

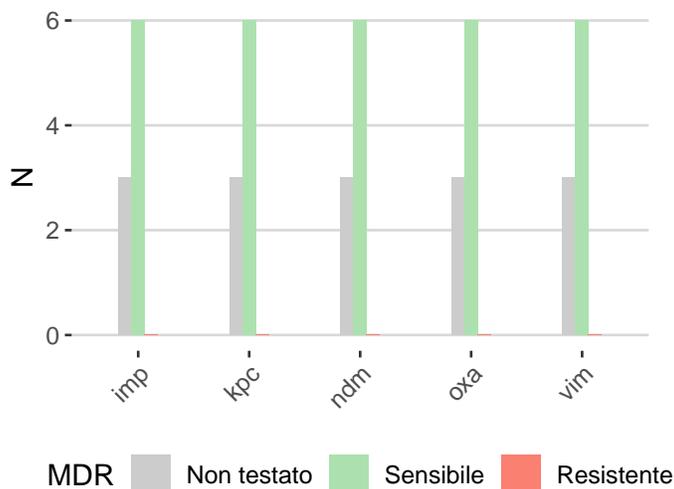
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	1	Imipenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	1	Meropenem	1	100

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

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

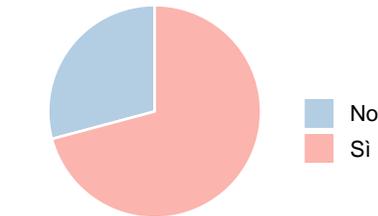
	N	%
Sì	0	0
No	6	66.67
Non testato	3	33.33
Missing	12	

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



## 14 Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 24)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	7	29.2
Sì	17	70.8
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	3.0	2.1 %
CI ( 95% )	1.9 - 4.4	1.3 - 3.1

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.

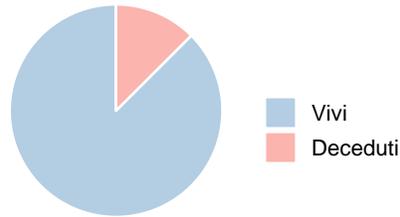
Il secondo:

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

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.

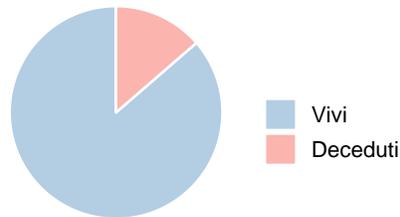
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



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

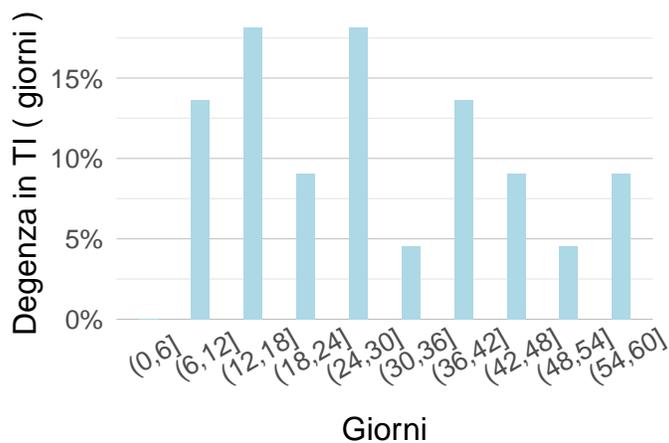
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	19	86.4
Deceduti	3	13.6
Missing	0	0

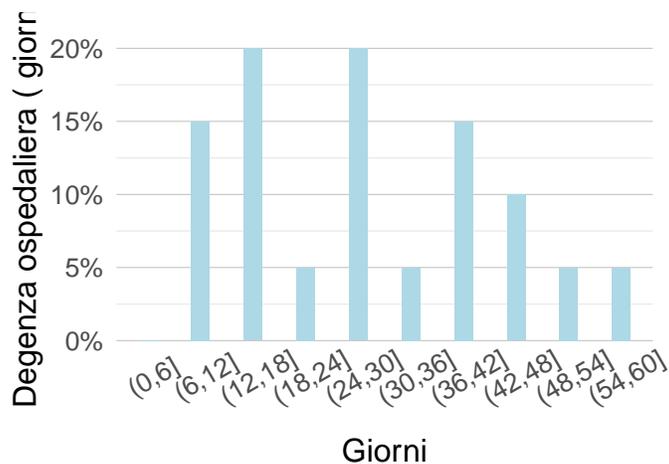
\* Statistiche calcolate su 22 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 14.5 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.7 (24.3)
Mediana (Q1-Q3)	27.5 (17.8-44)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



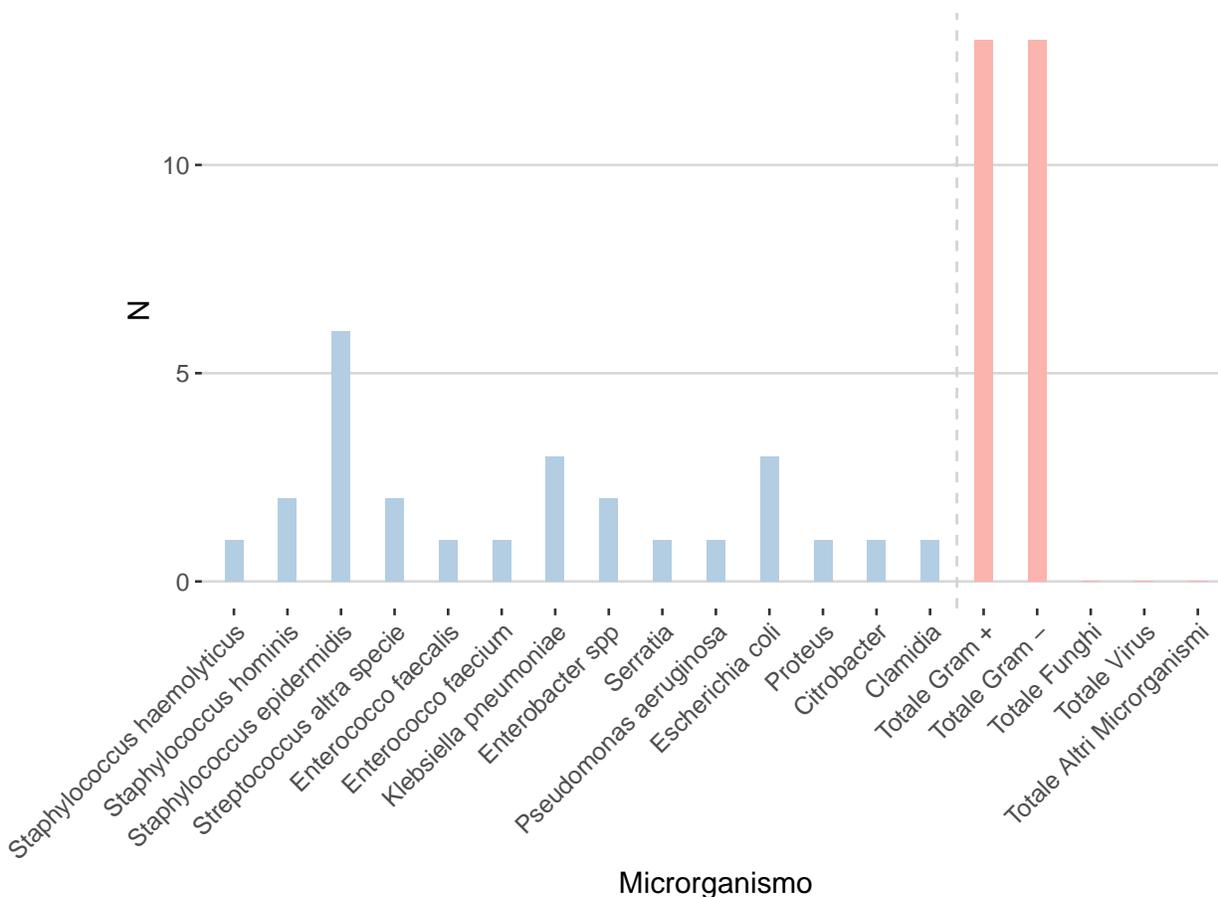
Indicatore	Valore
Media (DS)	58.9 (36.5)
Mediana (Q1-Q3)	53.5 (32.8-73.8)
Missing	0

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

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

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

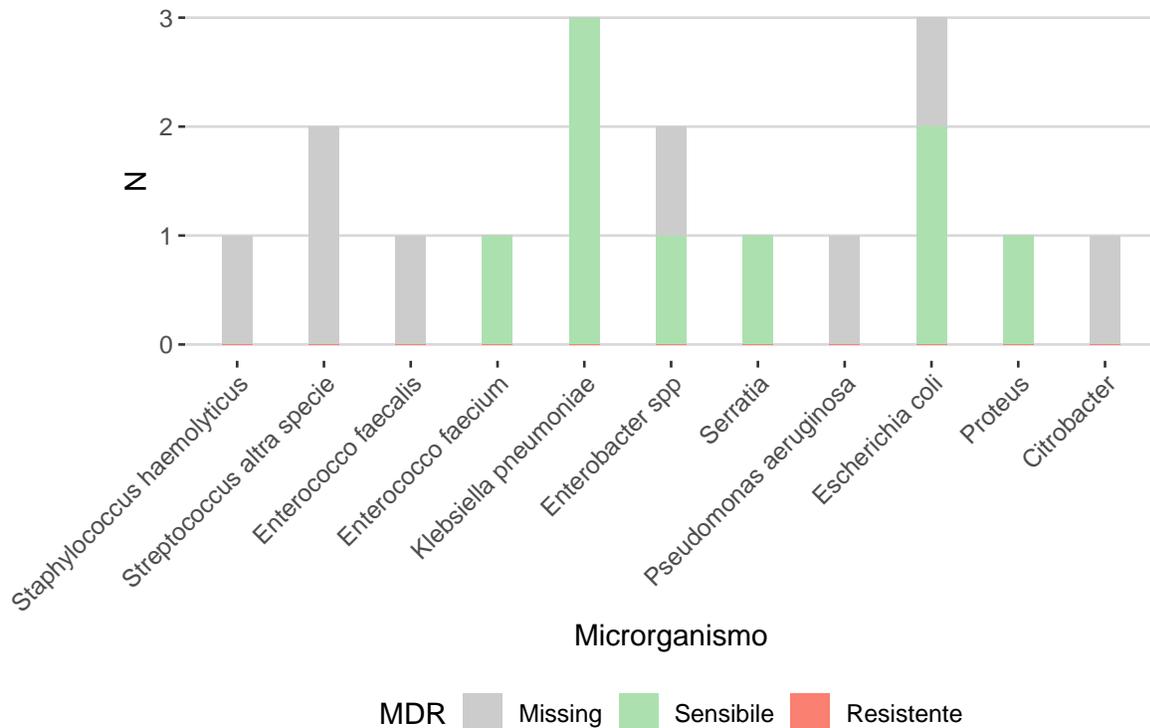
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	4.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	8.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	25.0	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	8.3	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.2	0	0	0
Enterococco faecium	1	4.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>13</b>	<b>54.2</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	12.5	3	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	1	0	0
Serratia	1	4.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.2	0	0	0
Escherichia coli	3	12.5	2	0	0
Proteus	1	4.2	1	0	0
Citrobacter	1	4.2	0	0	0
Clamidia	1	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>13</b>	<b>54.2</b>	<b>8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	4.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	8.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	25.0	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	8.3	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.2	0	0	0
Enterococco faecium	1	4.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>13</b>	<b>54.2</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	12.5	3	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	1	0	0
Serratia	1	4.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.2	0	0	0
Escherichia coli	3	12.5	2	0	0
Proteus	1	4.2	1	0	0
Citrobacter	1	4.2	0	0	0
Clamidia	1	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>13</b>	<b>54.2</b>	<b>8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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

fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

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

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

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

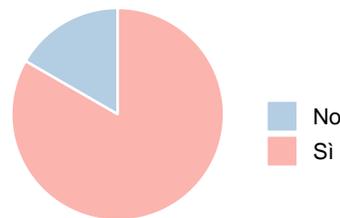
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. É sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere

negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microorganismo-mechanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

	N	%
Sì	0	0
No	5	100
Non testato	0	0
Missing	7	

## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 18)

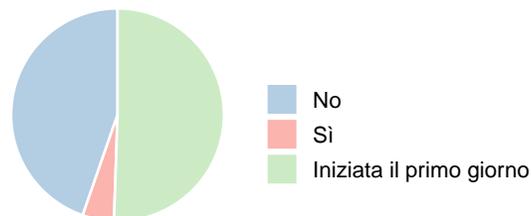
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	3	16.7
Sì	15	83.3
Missing	0	0

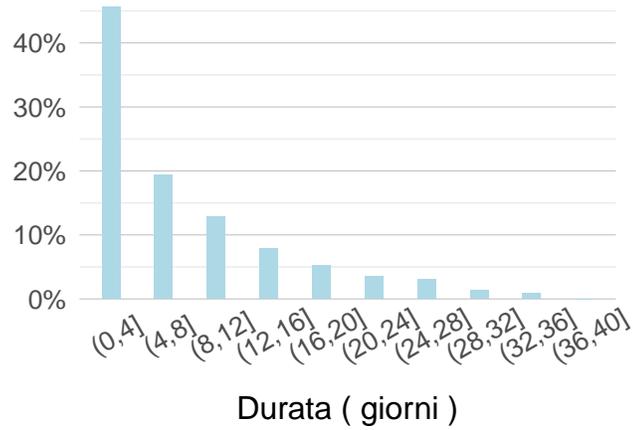
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 1242 )



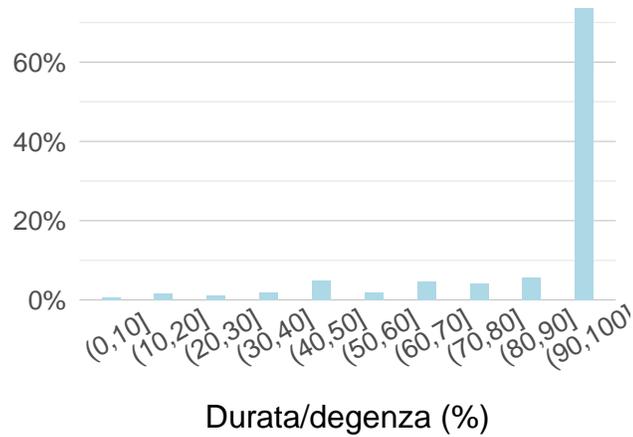
Cvc	N	%
No	551	44.7
Sì	682	55.3
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>623</b>	<b>50.2</b>
Missing	9	

15.2.2 Durata (giorni)



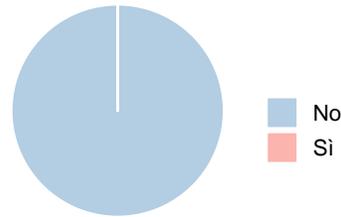
Indicatore	Valore
Media (DS)	10.1 (12.5)
Mediana (Q1-Q3)	6 (2-13)
Missing	1

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



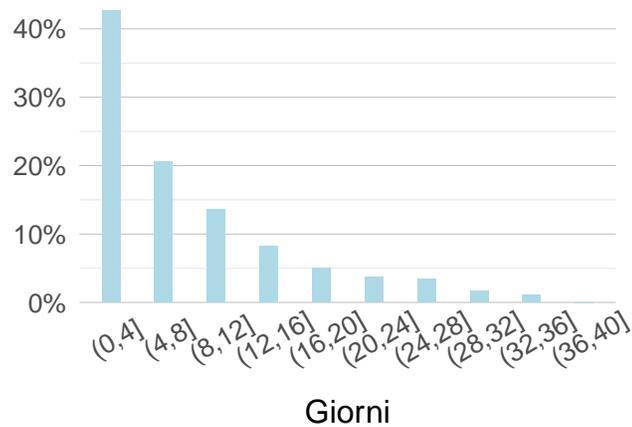
Indicatore	Valore
Media (DS)	89.0 (20.9)
Mediana (Q1-Q3)	100 (88.9-100)
Missing	1

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 1242 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	1235	100.0
Si	0	0.0
Missing	7	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	18
Media (DS)	15.6 (13.8)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-26.8)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	2.7	1.9 %
CI ( 95% )	1.6 - 4.2	1.1 - 3.0

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.

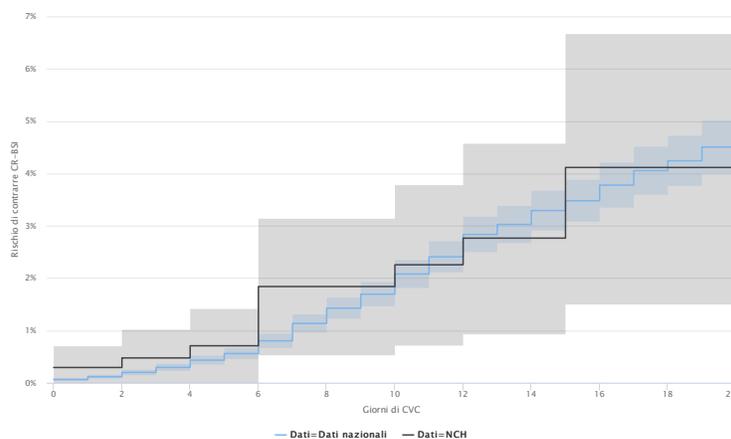
Il secondo invece:

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

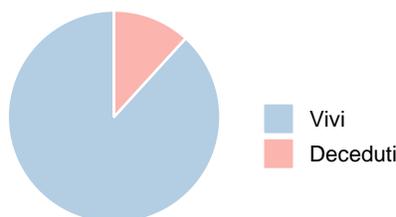
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

## 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



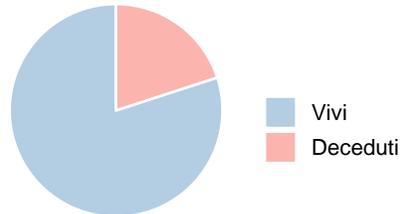
## 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	15	88.2
Deceduti	2	11.8

Missing 1 0

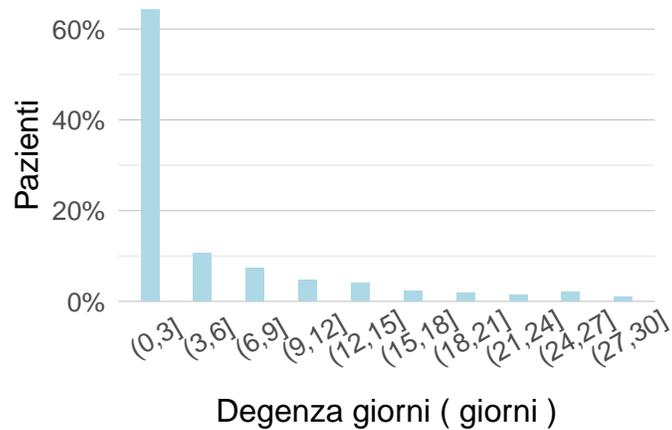
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	12	80.0
Deceduti	3	20.0
Missing	3	0

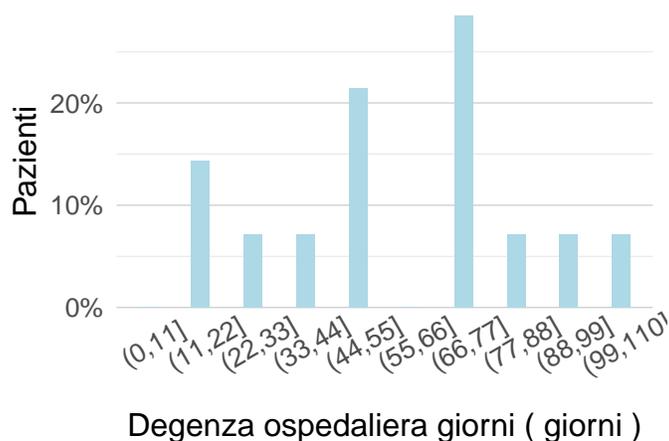
\* Statistiche calcolate su 18 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.2 (26.0)
Mediana (Q1-Q3)	38 (19-69)
Missing	1

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	59.5 (29.3)
Mediana (Q1-Q3)	68 (40-78)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 18 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

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

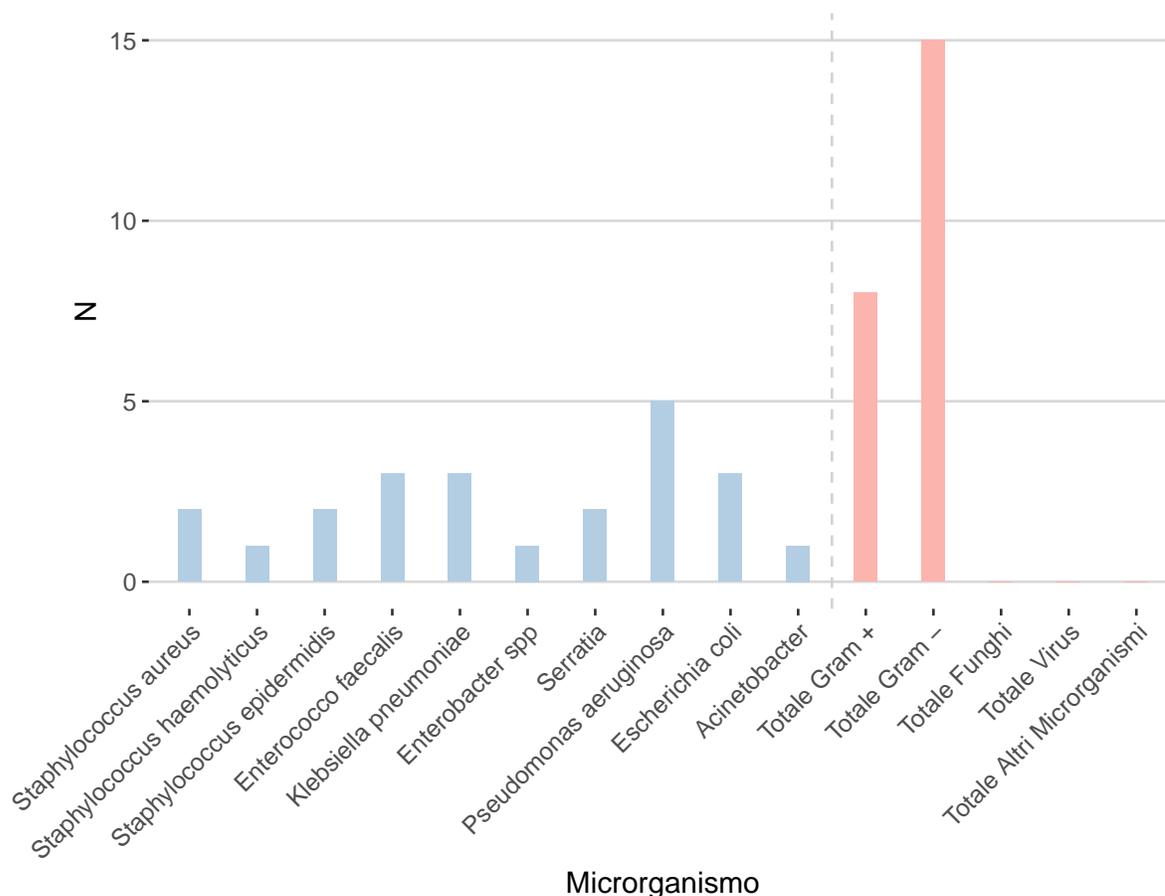
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	18	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>18</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>23</b>	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	11.1	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	5.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	11.1	0	0	0
Enterococco faecalis	3	16.7	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>44.4</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	16.7	1	0	0

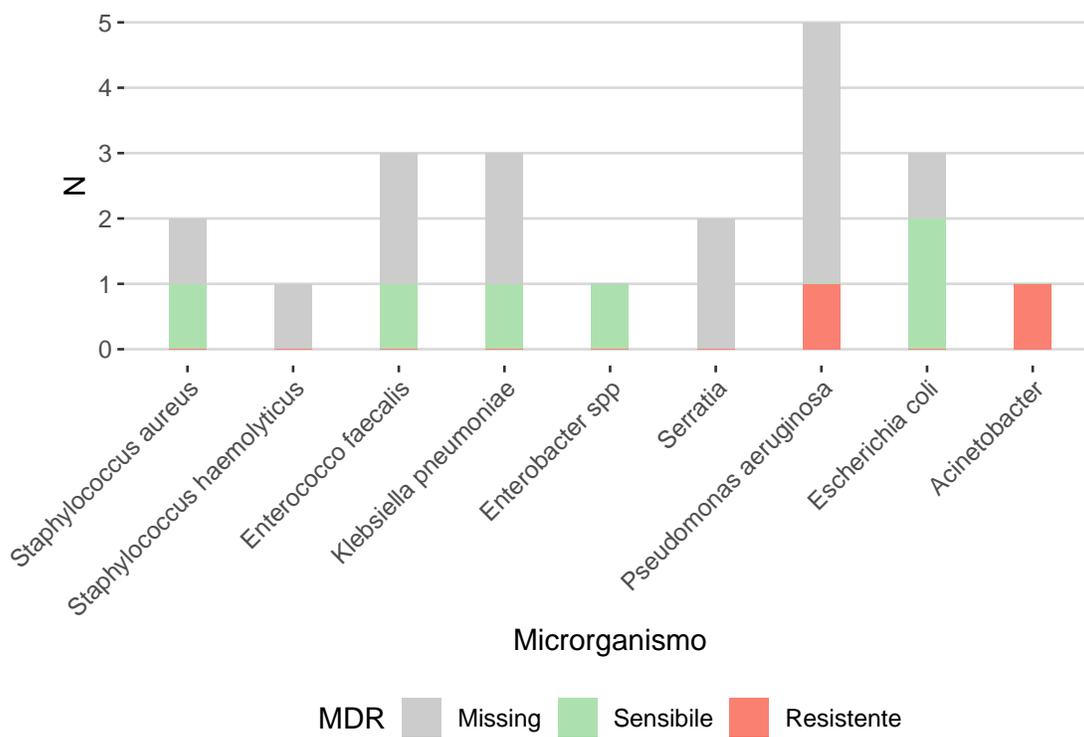
Enterobacter spp	1	5.6	1	0	0
Serratia	2	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	27.8	1	1	100
Escherichia coli	3	16.7	2	0	0
Acinetobacter	1	5.6	1	1	100
<b>Totale Gram -</b>	<b>15</b>	<b>83.3</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>33.3</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	11.1	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	5.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	11.1	0	0	0
Enterococcus faecalis	3	16.7	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>44.4</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	16.7	1	0	0
Enterobacter spp	1	5.6	1	0	0
Serratia	2	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	27.8	1	1	100
Escherichia coli	3	16.7	2	0	0
Acinetobacter	1	5.6	1	1	100

<b>Totale Gram -</b>	<b>15</b>	<b>83.3</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>33.3</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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

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

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

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

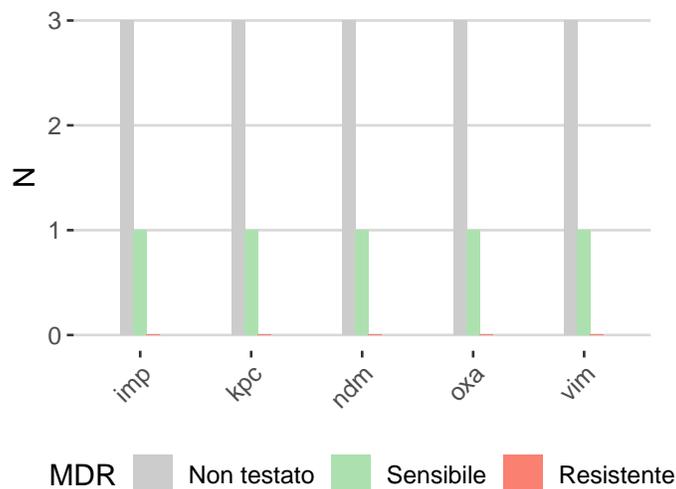
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	1	Imipenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	1	Meropenem	1	100

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

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

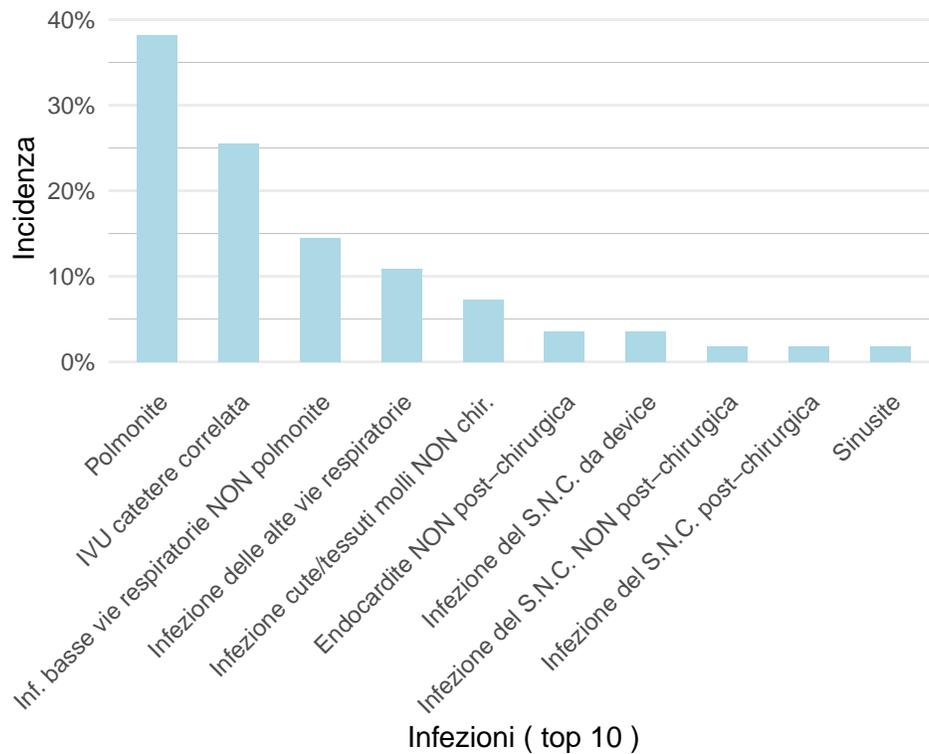
	N	%
Sì	0	0
No	1	25
Non testato	3	75
Missing	5	

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



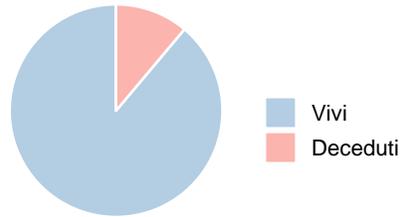
## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 55)

### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



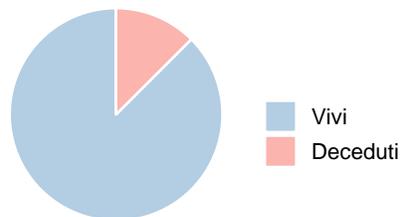
Infezione	N	%
Polmonite	21	38.2
IVU catetere correlata	14	25.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	8	14.5
Infezione delle alte vie respiratorie	6	10.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	4	7.3
Infezione del S.N.C. da device	2	3.6
Endocardite NON post-chirurgica	2	3.6
Infezione del S.N.C. NON post-chirurgica	1	1.8
Infezione del S.N.C. post-chirurgica	1	1.8
Sinusite	1	1.8
Missing	0	0

## 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	48	88.9
Deceduti	6	11.1
Missing	1	0

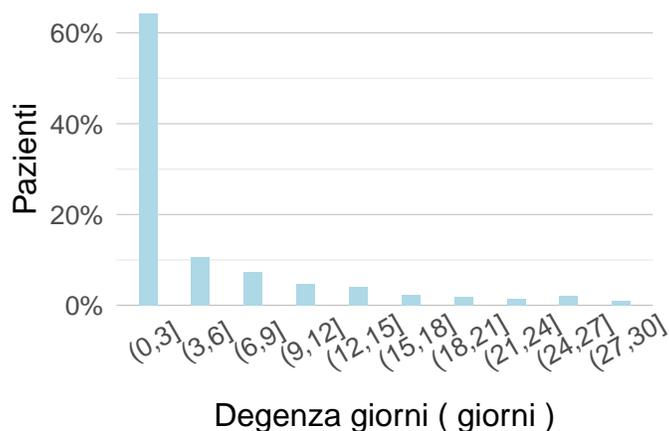
## 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	42	87.5
Deceduti	6	12.5
Missing	1	0

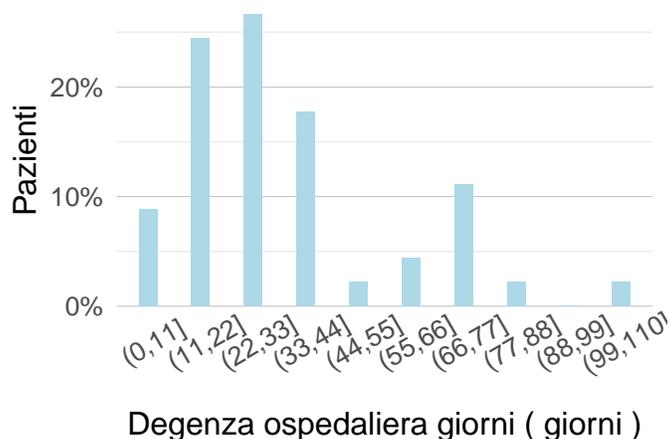
\* Statistiche calcolate su 49 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 6 ).

#### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.2 (24.2)
Mediana (Q1-Q3)	24 (10.2-37.8)
Missing	1

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



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.2 (33.4)
Mediana (Q1-Q3)	27.5 (18.8-55.8)
Missing	1

\* Statistiche calcolate su 49 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 6 ).

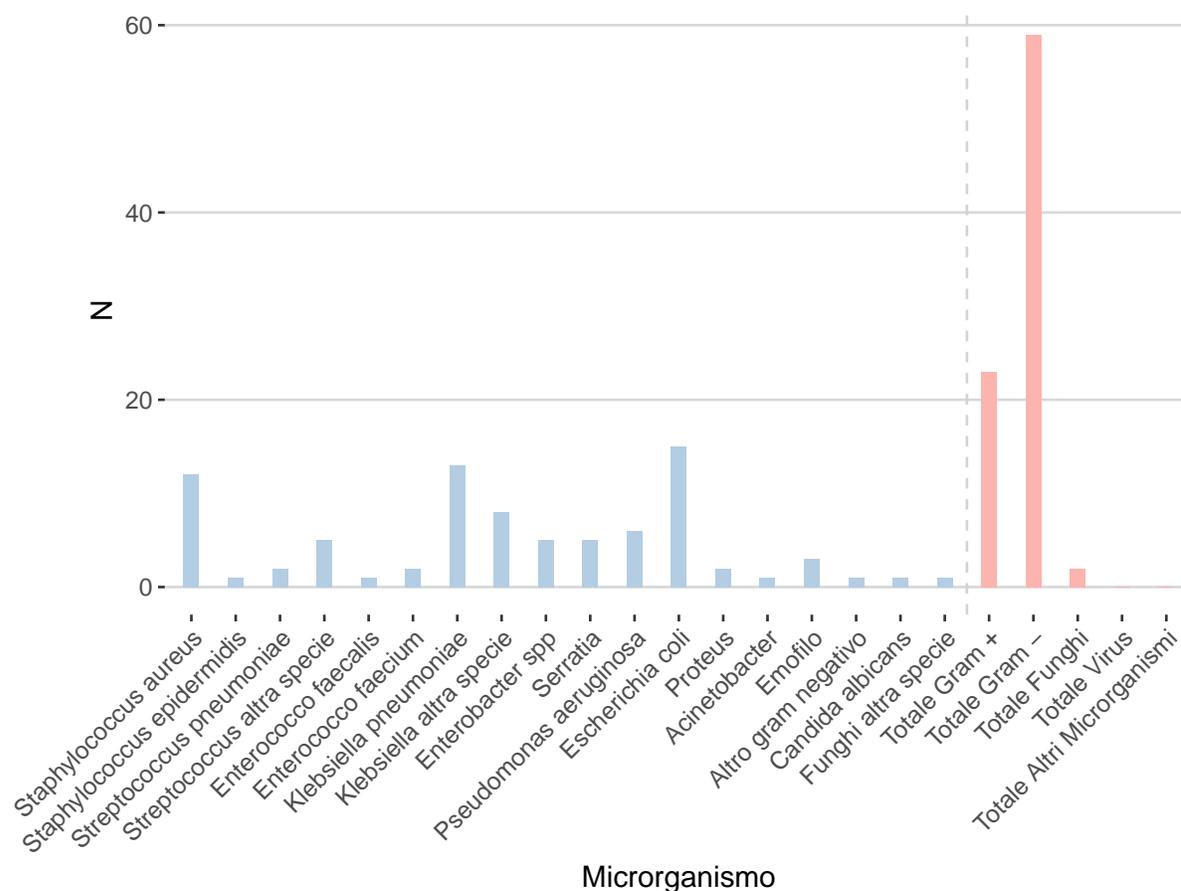
#### 16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	1.6
Sì	62	98.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>63</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>84</b>	

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

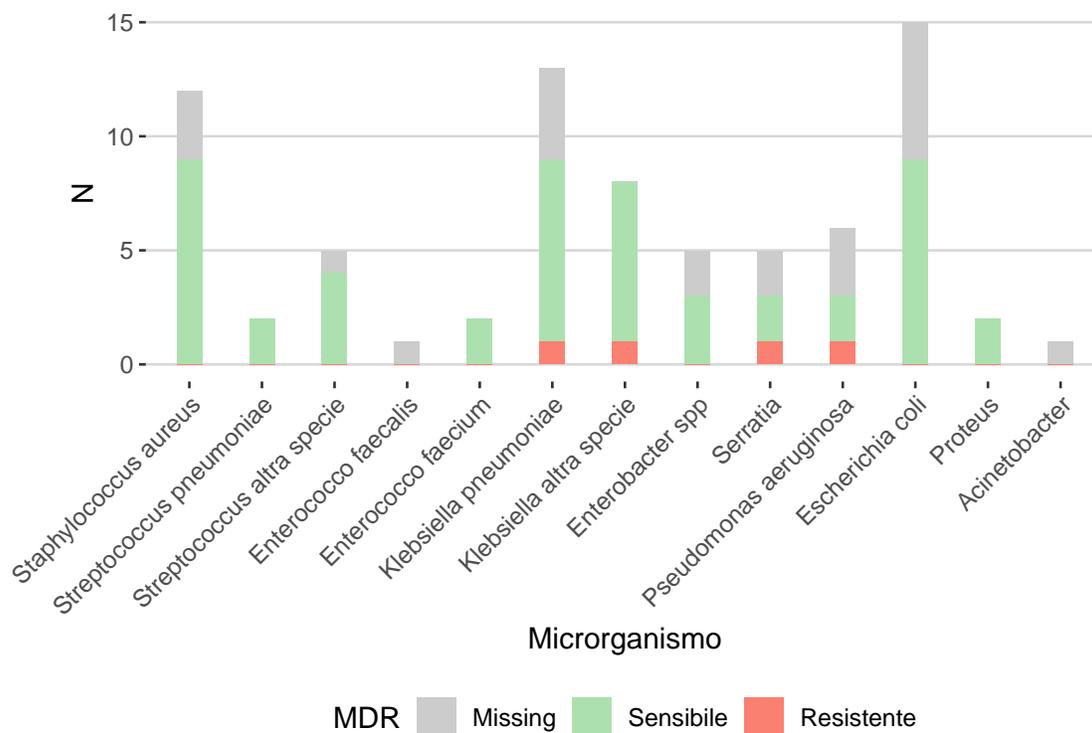
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	12	19.4	9	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	3.2	2	0	0
Streptococcus altra specie	5	8.1	4	0	0
Enterococco faecalis	1	1.6	0	0	0
Enterococco faecium	2	3.2	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>23</b>	<b>37.1</b>	<b>17</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	13	21.0	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	8	12.9	8	1	12.5
Enterobacter spp	5	8.1	3	0	0
Serratia	5	8.1	3	1	33.3
Pseudomonas aeruginosa	6	9.7	3	1	33.3
Escherichia coli	15	24.2	9	0	0
Proteus	2	3.2	2	0	0
Acinetobacter	1	1.6	0	0	0
Emofilo	3	4.8	0	0	0
Altro gram negativo	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>59</b>	<b>95.2</b>	<b>37</b>	<b>4</b>	<b>10.8</b>
Candida albicans	1	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>3.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	12	19.4	9	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	3.2	2	0	0
Streptococcus altra specie	5	8.1	4	0	0
Enterococco faecalis	1	1.6	0	0	0
Enterococco faecium	2	3.2	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>23</b>	<b>37.1</b>	<b>17</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	13	21.0	9	1	11.1
Klebsiella altra specie	8	12.9	8	1	12.5
Enterobacter spp	5	8.1	3	0	0
Serratia	5	8.1	3	1	33.3
Pseudomonas aeruginosa	6	9.7	3	1	33.3
Escherichia coli	15	24.2	9	0	0
Proteus	2	3.2	2	0	0
Acinetobacter	1	1.6	0	0	0
Emofilo	3	4.8	0	0	0
Altro gram negativo	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>59</b>	<b>95.2</b>	<b>37</b>	<b>4</b>	<b>10.8</b>
Candida albicans	1	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>3.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

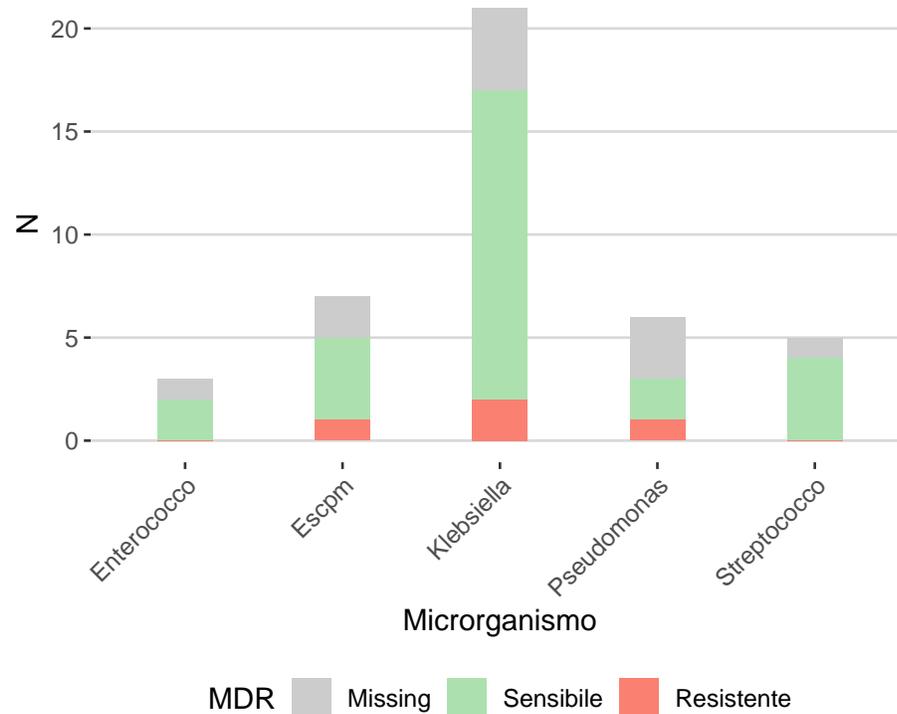
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
-----------------------------------	----------	------------	----------	----------	----------

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	3	2	2	0	0.00	1
Escpm	7	5	4	1	20.00	2
Klebsiella	21	17	15	2	11.76	4
Pseudomonas	6	3	2	1	33.33	3
Streptococco	5	4	4	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Ertapenem	1	11.11

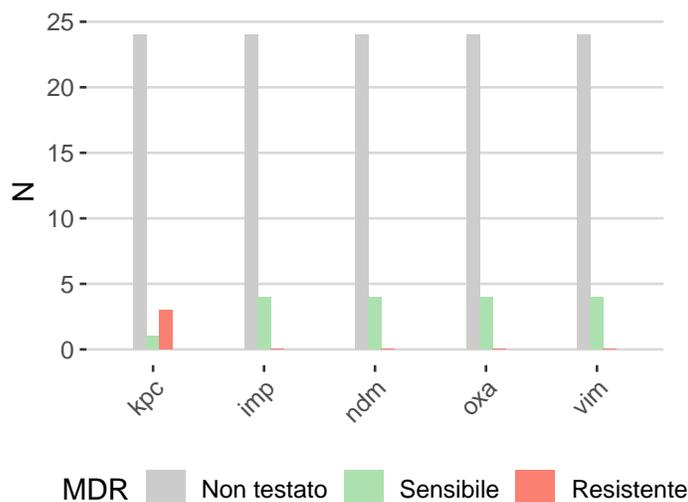
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	1	11.11
Klebsiella altra specie	8	Ertapenem	1	12.50
Serratia	3	Ertapenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	3	10.71
No	1	3.57
Non testato	24	85.71
Missing	20	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	24
kpc	3	100	1	24
ndm	0	0	4	24
oxa	0	0	4	24
vim	0	0	4	24



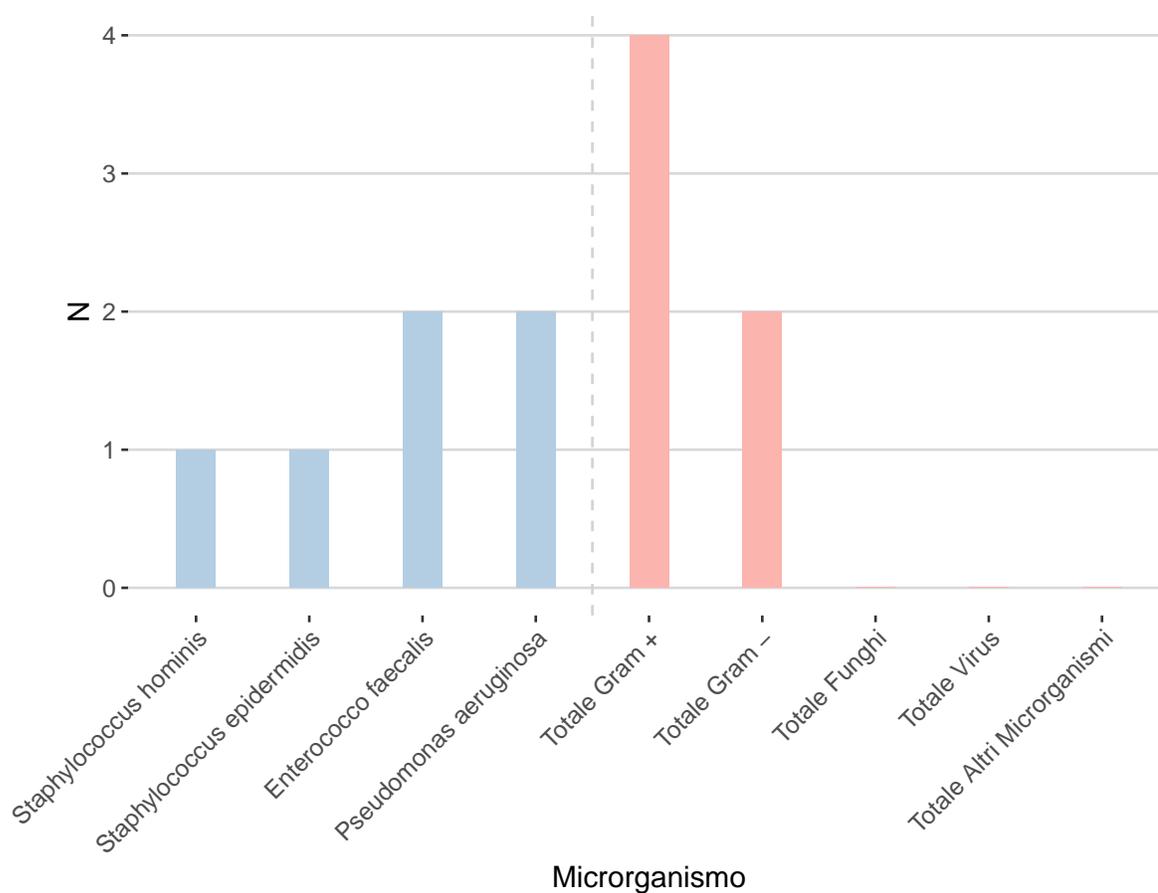
## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 4)

### 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.

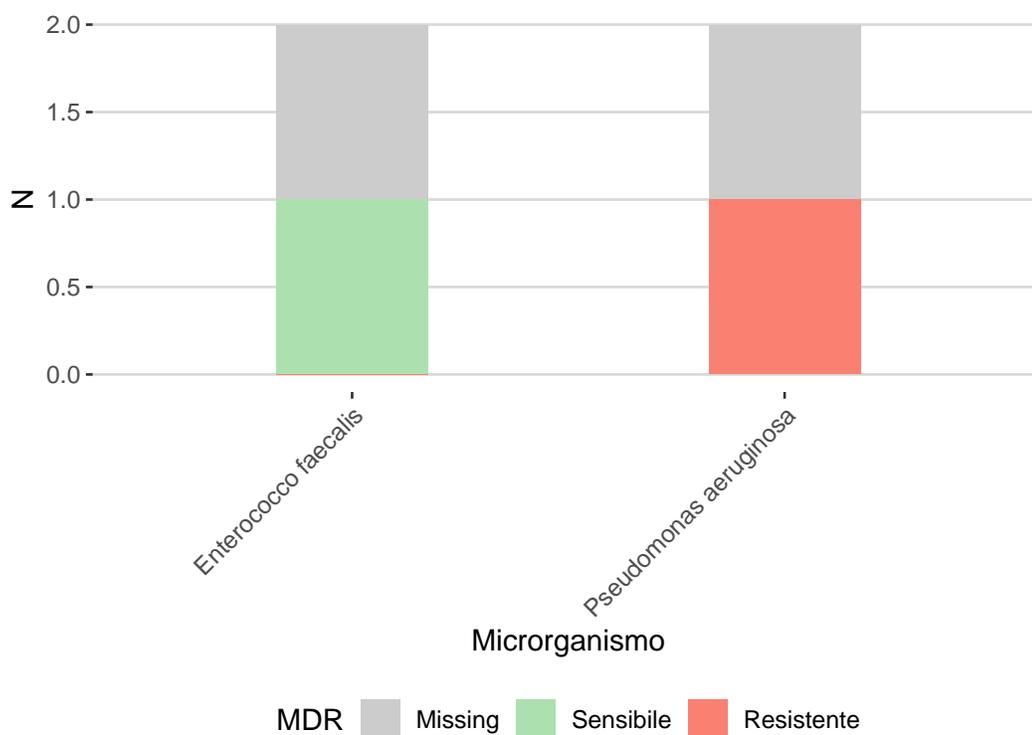
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus hominis	1	25	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	25	0	0	0
Enterococco faecalis	2	50	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>100</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Pseudomonas aeruginosa	2	50	1	1	100
<b>Totale Gram -</b>	<b>2</b>	<b>50</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>100</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus hominis	1	25	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	25	0	0	0
Enterococco faecalis	2	50	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>100</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Pseudomonas aeruginosa	2	50	1	1	100
<b>Totale Gram -</b>	<b>2</b>	<b>50</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>100</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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

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



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

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

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

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

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

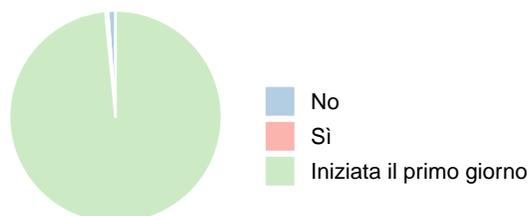
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas aeruginosa	1	Imipenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	1	Meropenem	1	100

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

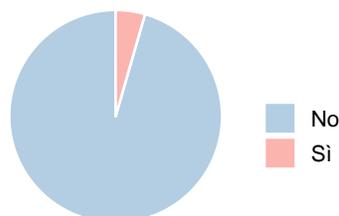
**18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 55)**

**18.1 Catetere urinario ( N = 1242 )**



Catetere urinario	N	%
No	14	1.1
Si	1219	98.9
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>1214</b>	<b>97.7</b>
Missing	9	

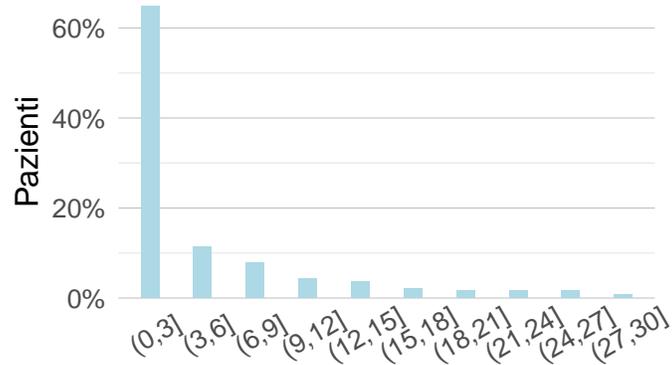
**18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata**



IVU catetere correlata	N	%
No	1179	95.5

Si	55	4.5
Missing	8	0

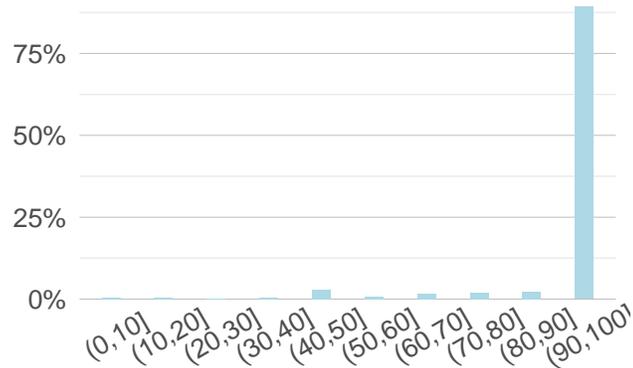
### 18.2.1 Durata catetere urinario ( giorni )



### Durata catetere vescicale ( giorni )

Indicatore	Valore
Media (DS)	6.9 (11.5)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	1

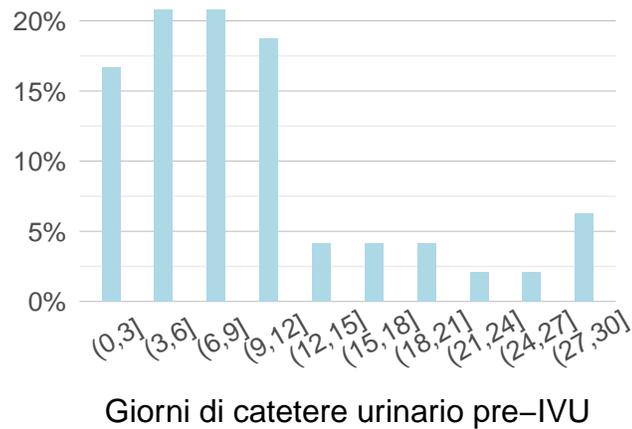
### 18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI ( % )



### Durata/degenza (%)

Indicatore	Valore
Media (DS)	95.7 (13.9)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	1

### 18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	53
Media (DS)	12.1 (12.7)
Mediana (Q1-Q3)	8 (5-13)
Missing	2

### 18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	7.3	5.1 %
CI ( 95% )	5.5 - 9.5	3.9 - 6.7

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.

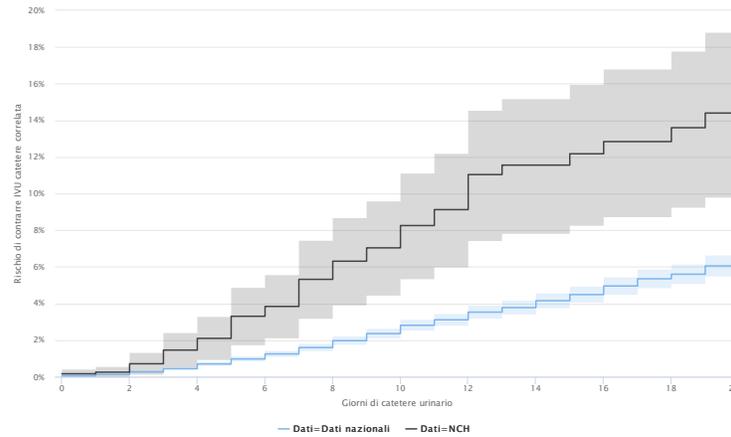
Il secondo invece:

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

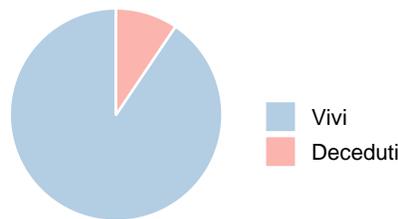
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

**Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI**

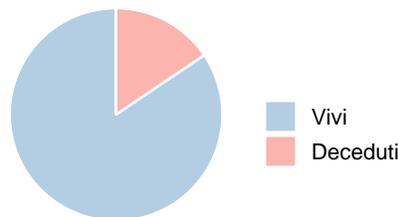


**18.5 Mortalità in TI**



Mortalità in TI	N	%
Vivi	48	90.6
Deceduti	5	9.4
Missing	2	0

**18.6 Mortalità ospedaliera \***

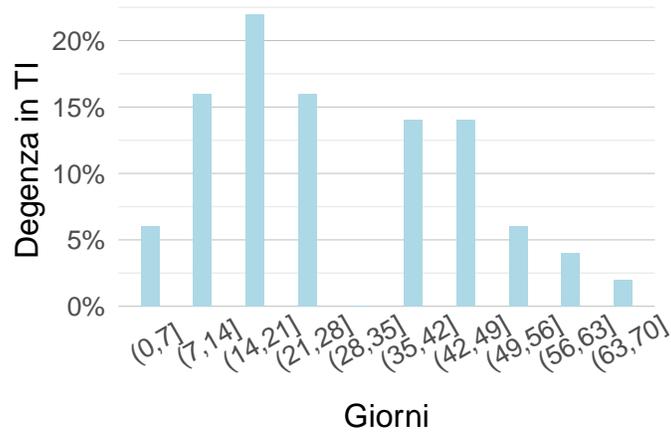


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	38	84.4

Deceduti	7	15.6
Missing	4	0

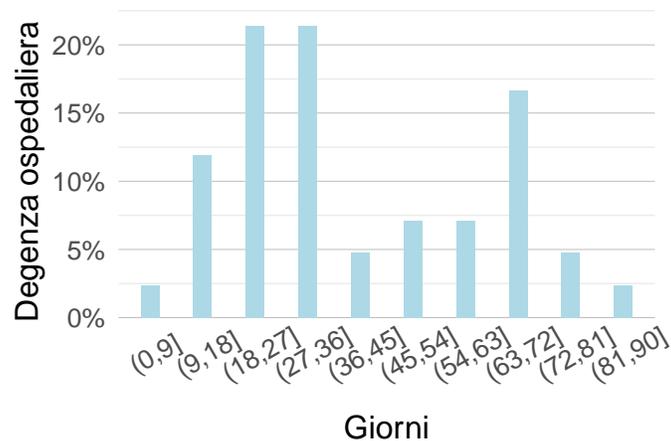
\* Statistiche calcolate su 49 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 6 ).

### 18.7 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.2 (19.7)
Mediana (Q1-Q3)	25 (15-44)
Missing	2

### 18.8 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	46.6 (32.3)
Mediana (Q1-Q3)	34 (25-66)
Missing	4

\* Statistiche calcolate su 49 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 6 ).

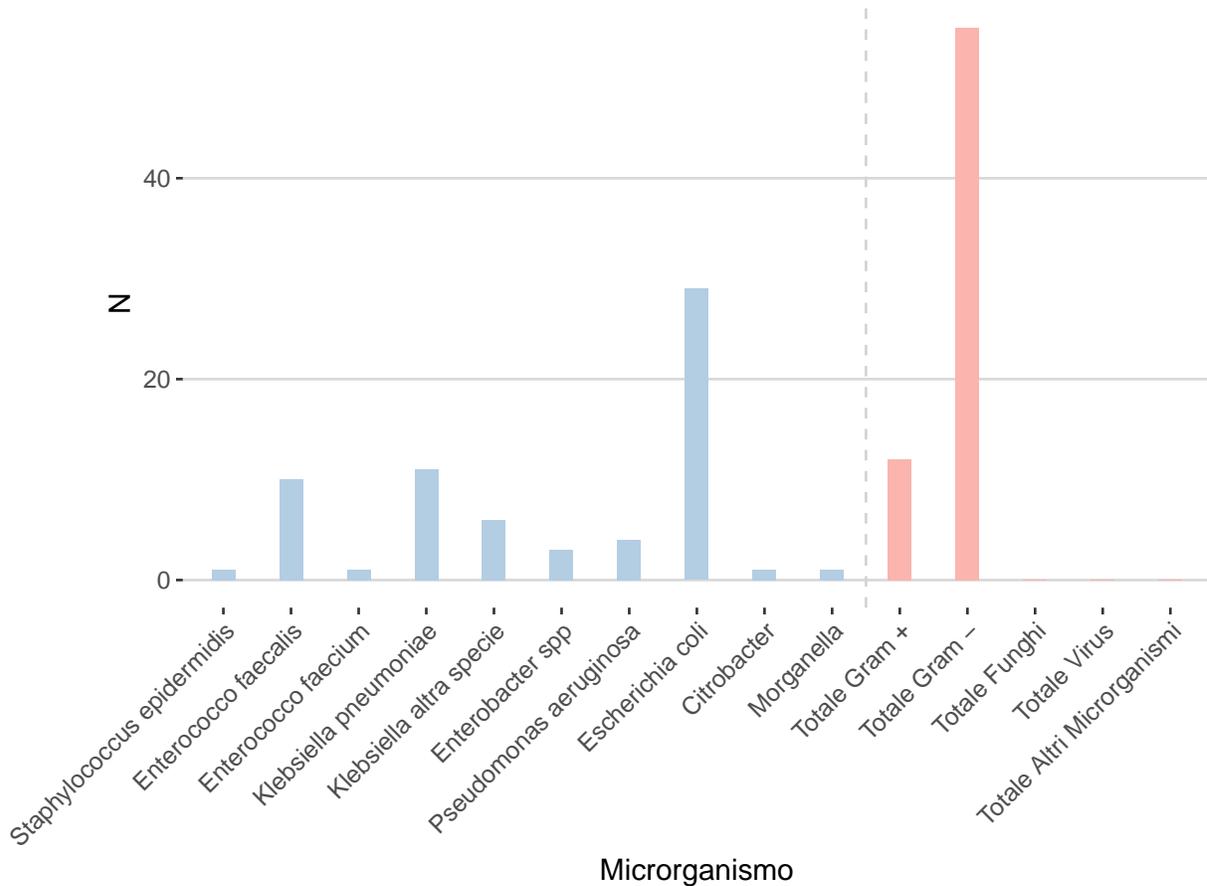
### 18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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	54	100.0
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>55</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>67</b>	

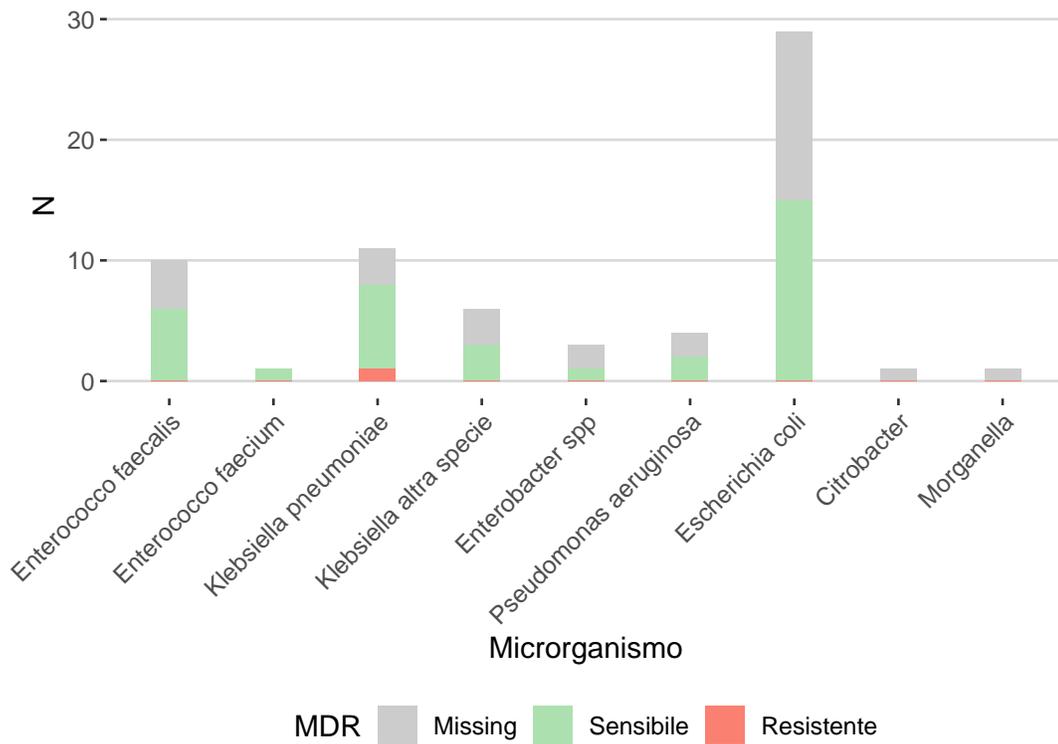
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus epidermidis	1	1.9	0	0	0
Enterococco faecalis	10	18.5	6	0	0
Enterococco faecium	1	1.9	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>12</b>	<b>22.2</b>	<b>7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	11	20.4	8	1	12.5
Klebsiella altra specie	6	11.1	3	0	0
Enterobacter spp	3	5.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	7.4	2	0	0
Escherichia coli	29	53.7	15	0	0
Citrobacter	1	1.9	0	0	0
Morganella	1	1.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>55</b>	<b>101.9</b>	<b>29</b>	<b>1</b>	<b>3.4</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



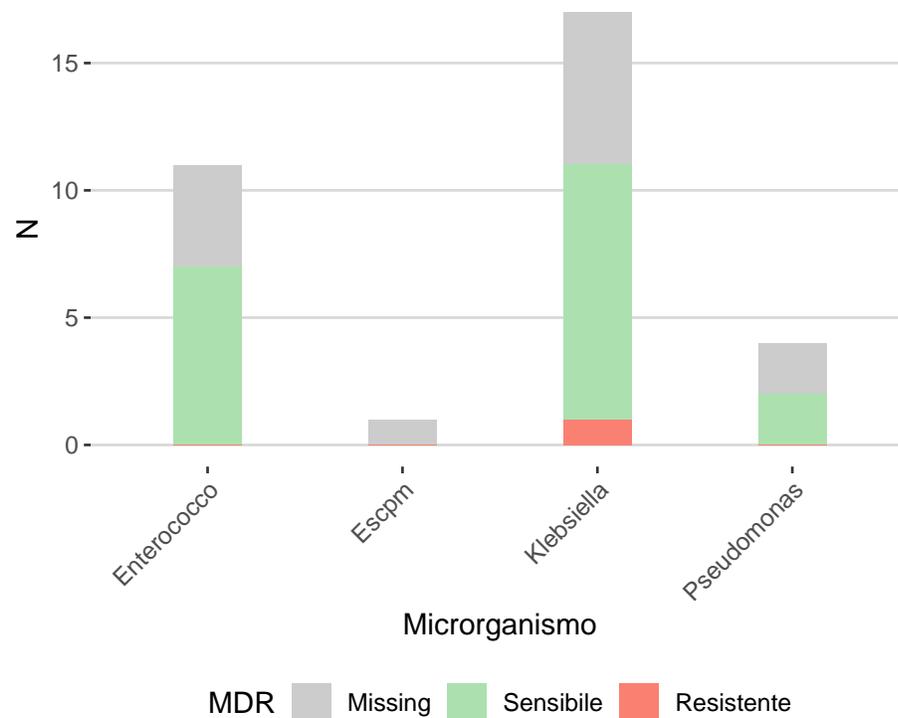
Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus epidermidis	1	1.9	0	0	0
Enterococco faecalis	10	18.5	6	0	0
Enterococco faecium	1	1.9	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>12</b>	<b>22.2</b>	<b>7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	11	20.4	8	1	12.5
Klebsiella altra specie	6	11.1	3	0	0
Enterobacter spp	3	5.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	7.4	2	0	0
Escherichia coli	29	53.7	15	0	0
Citrobacter	1	1.9	0	0	0
Morganella	1	1.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>55</b>	<b>101.9</b>	<b>29</b>	<b>1</b>	<b>3.4</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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	11	7	7	0	0.00	4
Escpm	1	0	0	0	NaN	1
Klebsiella	17	11	10	1	9.09	6
Pseudomonas	4	2	2	0	0.00	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	8	Ertapenem	1	12.5
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	1	12.5

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	26	

## 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