



GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2022

Sud 9 TI

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

Le regioni appartenenti all'area Sud sono: Basilicata,

Calabria, Campania, Molise, Puglia, Sardegna, Sicilia.

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 1496)	12
2.1 Sesso	12
2.2 Età	12
2.3 Degenza Pre TI (giorni)	13
2.4 Provenienza (reparto)	13
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	14
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI (giorni)	17
2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	17
3 Pazienti infetti (N = 552)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 934)	19
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI (giorni)	20
4.4 Provenienza (reparto)	20
4.5 Trauma	21
4.6 Stato Chirurgico	21
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	22
4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	22
4.10 Insufficienza neurologica insorta	23
4.11 Mortalità in TI	23
4.12 Mortalità ospedaliera *	23
4.13 Degenza in TI (giorni)	24
4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	24

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	26
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 456)	27
5.1 Provenienza (reparto)	27
5.2 Trauma	27
5.3 Stato Chirurgico	27
5.4 Motivo di ammissione	28
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	29
5.6 Infezione multisito	29
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	30
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	30
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 114)	37
6.1 Tipologia di peritonite	37
6.2 Tipo di infezione	37
6.3 Infezione batteriemica	37
6.4 Infezioni multisito	38
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	38
6.6 Mortalità in TI	39
6.7 Mortalità ospedaliera *	39
6.8 Degenza in TI (giorni)	40
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	40
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	40
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 139)	45
7.1 Trauma	45
7.2 Stato Chirurgico	45
7.3 Tipo di infezione	45
7.4 Infezione batteriemica	46
7.5 Infezioni multisito	46
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	46
7.7 Mortalità in TI	47
7.8 Mortalità ospedaliera *	47
7.9 Degenza in TI (giorni)	48
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	48
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	48
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	54
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	59
8 Pazienti infetti in degenza (N = 174)	60
8.1 Sesso	60
8.2 Età	60
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	61
8.4 Provenienza (reparto)	61
8.5 Trauma	62
8.6 Stato Chirurgico	62
8.7 Motivo di ammissione	62
8.8 Insufficienza neurologica	63
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	63
8.10 Insufficienza neurologica insorta	64
8.11 Mortalità in TI	64
8.12 Mortalità ospedaliera *	64
8.13 Degenza in TI (giorni)	65
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	65

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	66
8.16	Infezione multisito	67
8.17	Infezioni in degenza	67
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	67
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	68
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	69
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	70
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 78)	76
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	76
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 96)	82
10.1	Gravità massima dell'infezione	82
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	83
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	83
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	89
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 55)	90
11.1	Trauma	90
11.2	Stato Chirurgico	90
11.3	Infezione batteriemica	90
11.4	Infezioni multisito	91
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	91
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	91
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 50)	92
12.1	VAP precoce	92
12.2	Diagnosi	92
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	93
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 1496)	93
12.5	Giorni di VM pre-VAP	95
12.6	Incidenza di VAP	95
12.7	Mortalità in TI	96
12.8	Mortalità ospedaliera *	96
12.9	Degenza in TI (giorni)	97
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	97
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	98
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	102
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	105
13	Pazienti con batteriemia in degenza (N = 78)	108
13.1	Trauma	108
13.2	Stato Chirurgico	108
13.3	Tipologia	109
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	109
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza	109
14	Pazienti con batteriemia (origine sconosciuta) in degenza (N = 23)	114
14.1	Infezioni multisito	114
14.2	Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)	114
14.3	Mortalità in TI	115
14.4	Mortalità ospedaliera *	115
14.5	Degenza in TI (giorni)	116
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	116
14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza	117

15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 18)	121
15.1	Infezione multisito	121
15.2	Fattori di rischio	121
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	123
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	123
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	124
15.6	Mortalità in TI	124
15.7	Mortalità ospedaliera *	125
15.8	Degenza in TI (giorni)	125
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	126
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	126
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 41)	130
16.1	Infezioni associate (top 10)	130
16.2	Mortalità in TI	131
16.3	Mortalità ospedaliera *	131
16.4	Degenza in TI (giorni)	132
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	132
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	132
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 4)	137
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	137
18	Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate (N = 26)	139
18.1	Catetere urinario (N = 1496)	139
18.2	Infezione delle vie urinarie catetere correlata	139
18.3	Giorni di catetere urinario pre-IVU	141
18.4	Incidenza IVU catetere correlata	141
18.5	Mortalità in TI	142
18.6	Mortalità ospedaliera *	142
18.7	Degenza in TI (giorni)	143
18.8	Degenza ospedaliera (giorni) *	143
18.9	Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata	144
Appendice		148
	Definizione di MDR	148
	Raggruppamento Microrganismi	148

Petalo Infectionlight

Anno 2022

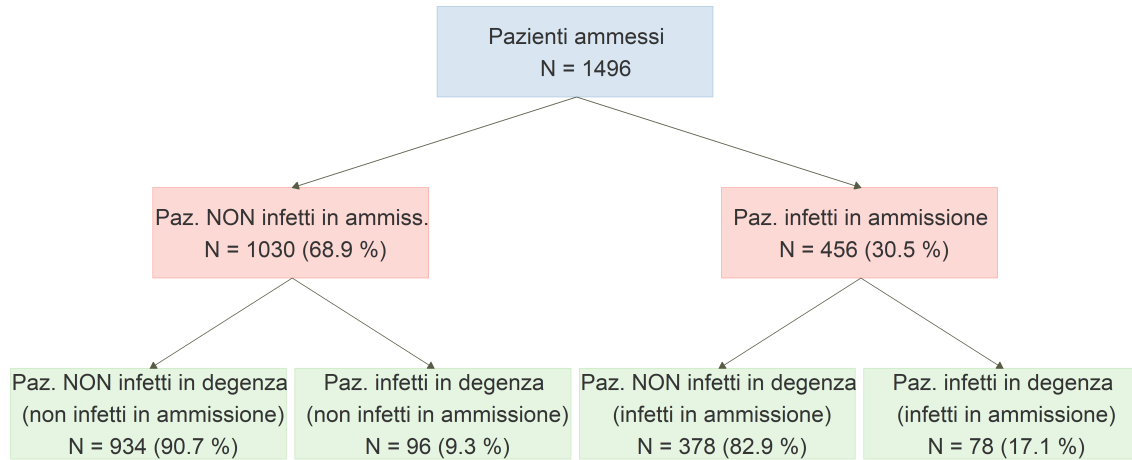
Periodo analizzato 2022-01-01 - 2022-12-31

Popolazione complessiva: 9 TI

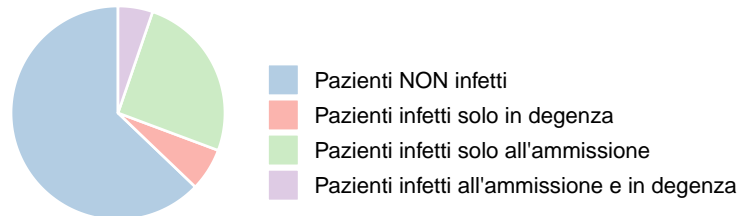
TI Sud

Le regioni appartenenti all'area Sud sono: Basilicata, Calabria, Campania, Molise, Puglia, Sardegna, Sicilia.

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



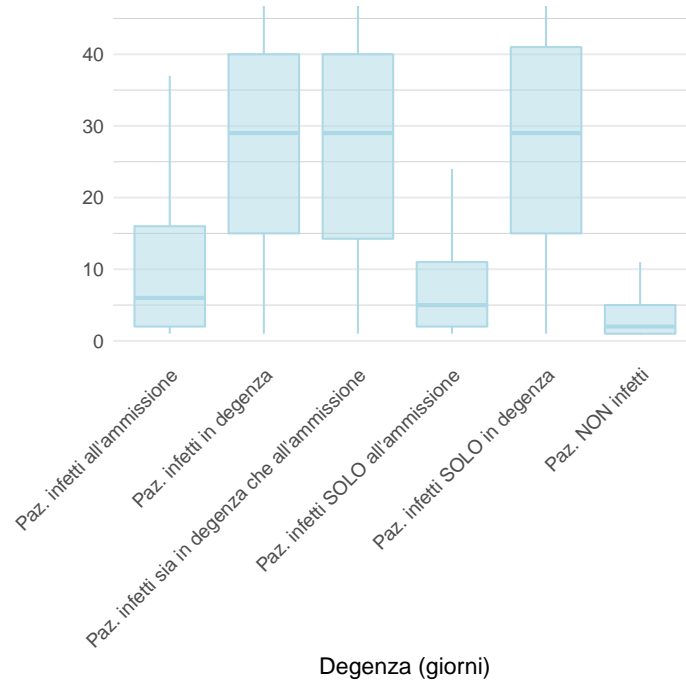
Per N = 10 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	934	62.9
Pazienti infetti solo in degenza	96	6.5
Pazienti infetti solo all'ammissione	378	25.4
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	78	5.2

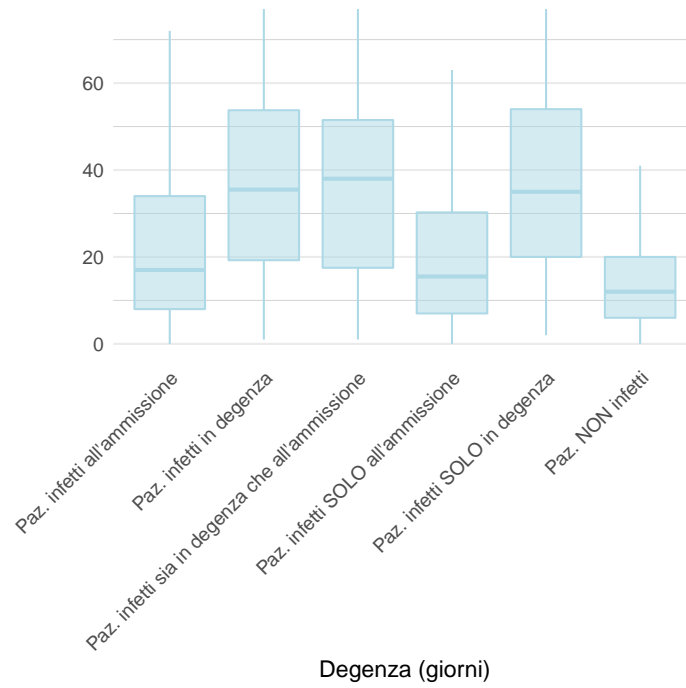
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1486).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	934	62.4	2	(1 - 5)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	378	25.3	5	(2 - 11)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	78	5.2	29	(14 - 40)
Pazienti infetti SOLO in degenza	96	6.4	29	(15 - 41)
Pazienti infetti all'ammissione	456	30.5	6	(2 - 16)
Pazienti infetti in degenza	174	11.6	29	(15 - 40)

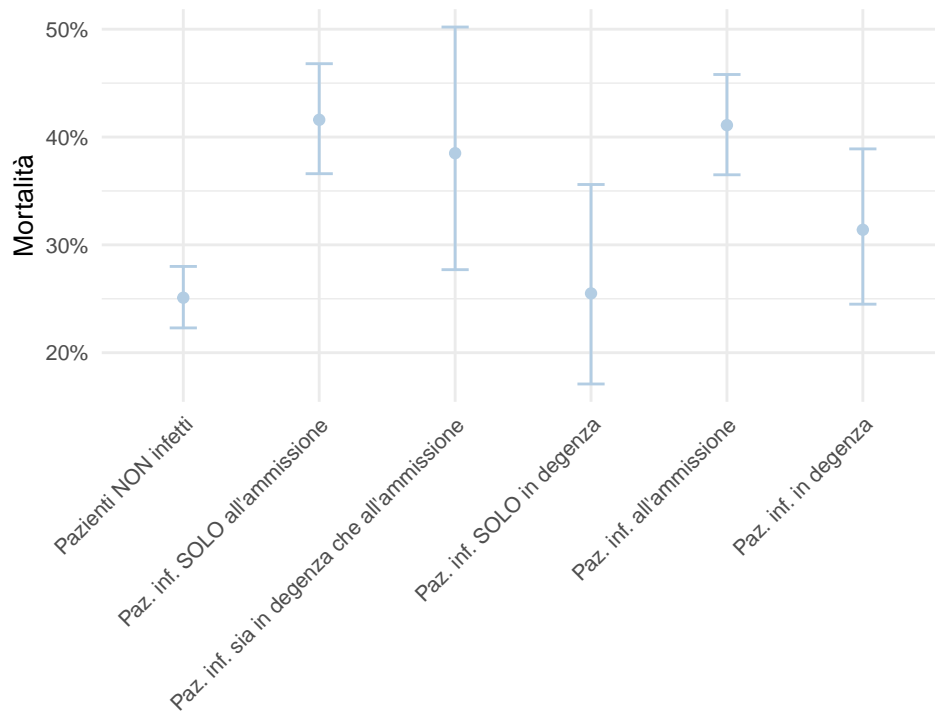
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Pazienti	Degenza ospedaliera (giorni)			
	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	934	62.4	12	(6 - 20)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	378	25.3	16	(7 - 30)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	78	5.2	38	(18 - 52)
Pazienti infetti SOLO in degenza	96	6.4	35	(20 - 54)
Pazienti infetti all'ammissione	456	30.5	17	(8 - 34)
Pazienti infetti in degenza	174	11.6	36	(19 - 54)

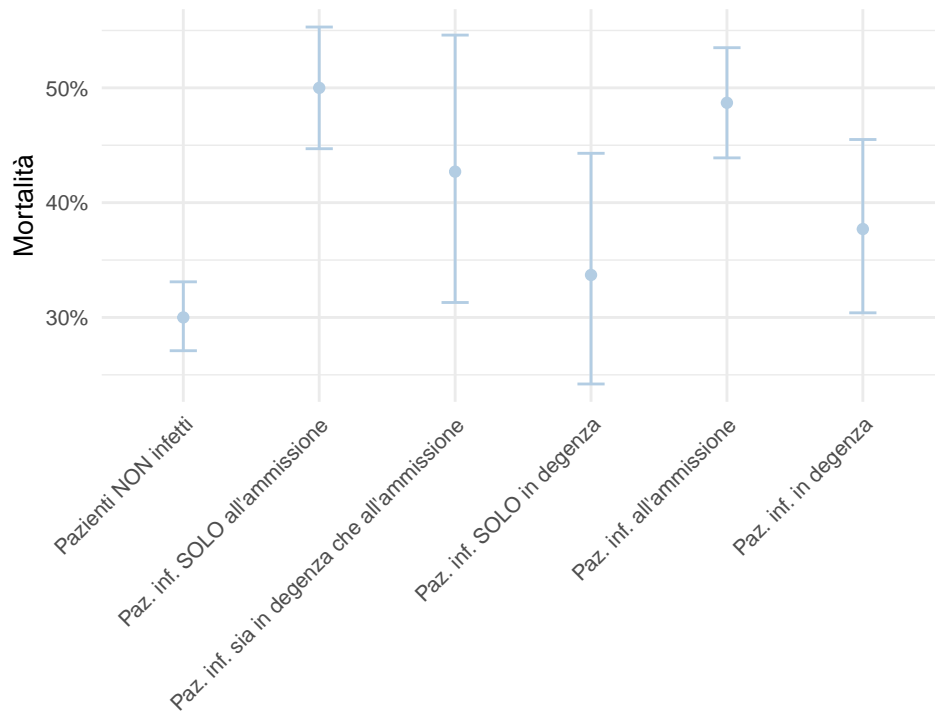
* escluse le riammissioni (N = 36)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	934	234	25.1	(22.3 - 28)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	378	157	41.6	(36.6 - 46.8)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	78	30	38.5	(27.7 - 50.2)
Pazienti infetti SOLO in degenza	96	24	25.5	(17.1 - 35.6)
Pazienti infetti all'ammissione	456	187	41.1	(36.5 - 45.8)
Pazienti infetti in degenza	174	54	31.4	(24.5 - 38.9)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

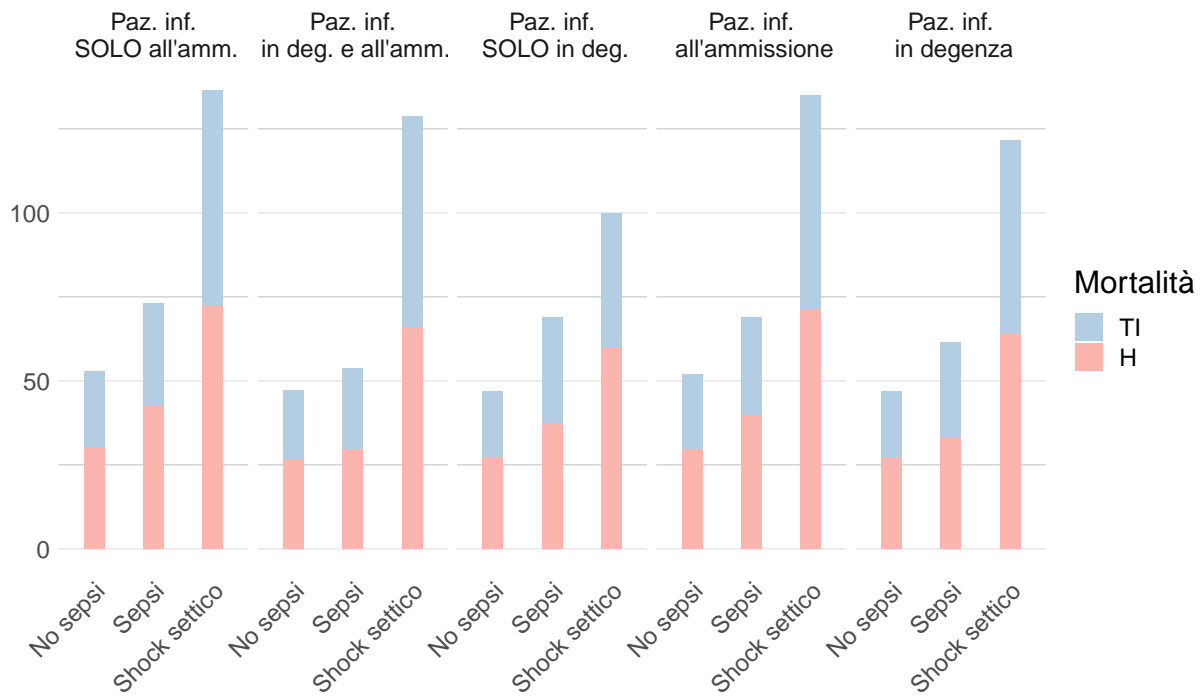


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	934	274	30.0	(27.1 - 33.1)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	378	180	50.0	(44.7 - 55.3)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	78	32	42.7	(31.3 - 54.6)
Pazienti infetti SOLO in degenza	96	31	33.7	(24.2 - 44.3)
Pazienti infetti all'ammissione	456	212	48.7	(43.9 - 53.5)
Pazienti infetti in degenza	174	63	37.7	(30.4 - 45.5)

* escluse le riammissioni (N = 36)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	378	123	102	153	32.5	27.0	40.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	78	19	29	30	24.4	37.2	38.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	96	56	29	11	58.3	30.2	11.5
Pazienti infetti all'ammissione	456	142	131	183	31.1	28.7	40.1
Pazienti infetti in degenza	174	75	58	41	43.1	33.3	23.6



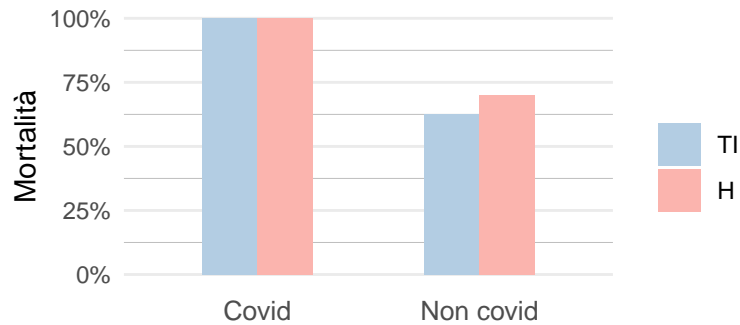
Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	123	28	22.8	120	36	30.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	19	4	21.1	19	5	26.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	56	11	19.6	55	15	27.3
Pazienti infetti all'ammissione	142	32	22.5	139	41	29.5
Pazienti infetti in degenza	75	15	20.0	74	20	27.0

1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	102	31	30.7	101	42	42.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	29	7	24.1	27	8	29.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	29	9	32.1	27	10	37.0
Pazienti infetti all'ammissione	131	38	29.2	128	50	39.7
Pazienti infetti in degenza	58	16	28.1	54	18	33.3

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti ospedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	153	98	64.1	143	102	72.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	30	19	63.3	29	19	65.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	11	4	40.0	11	6	60.0
Pazienti infetti all'ammissione	183	117	63.9	172	121	71.2
Pazienti infetti in degenza	41	23	57.5	40	25	64.1

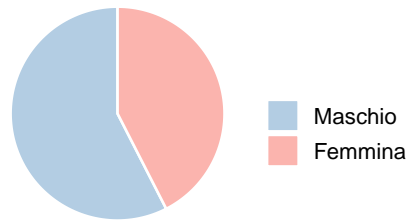
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	6	6	100.0	6	6	100.0
Non covid	177	111	62.7	166	115	70.1

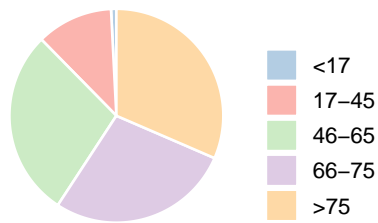
2 Tutti i pazienti (N = 1496)

2.1 Sesso



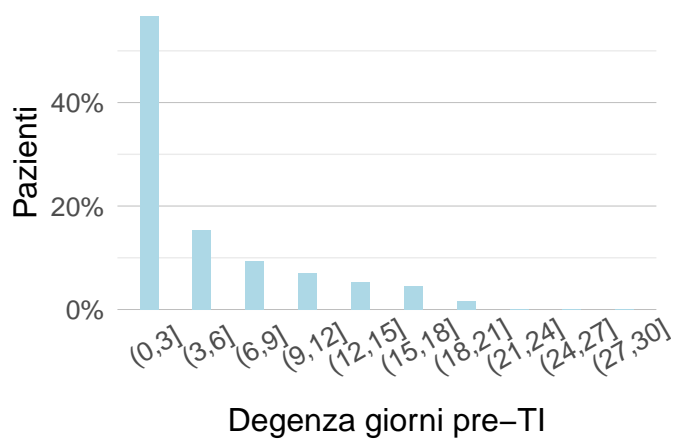
Sesso	N	%
Maschio	860	57.5
Femmina	635	42.5
Missing	1	0

2.2 Età



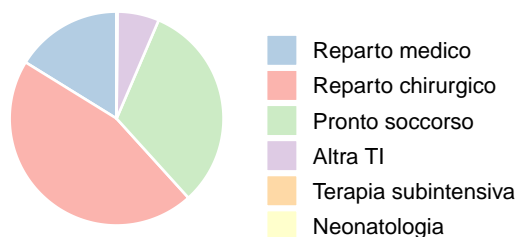
Range età	N	%
<17	12	0.8
17-45	173	11.6
46-65	425	28.4
66-75	415	27.7
>75	471	31.5
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



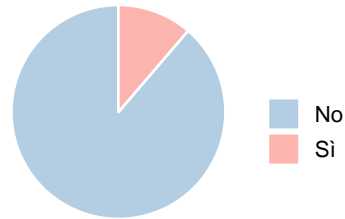
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	9.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	8

2.4 Provenienza (reparto)



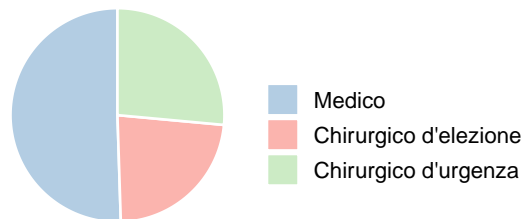
Provenienza	N	%
Reparto medico	239	16.2
Reparto chirurgico	672	45.5
Pronto soccorso	470	31.8
Altra TI	93	6.3
Terapia subintensiva	2	0.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	20	0

2.5 Trauma



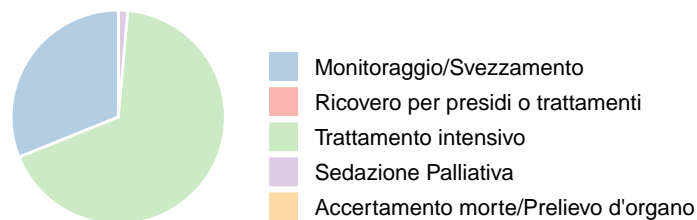
Trauma	N	%
No	1321	88.7
Sì	168	11.3
Missing	7	0

2.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	752	50.5
Chirurgico d'elezione	343	23.0
Chirurgico d'urgenza	394	26.5
Missing	7	0

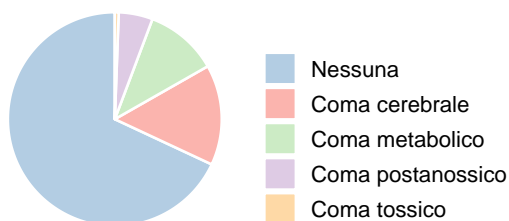
2.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	463	31.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

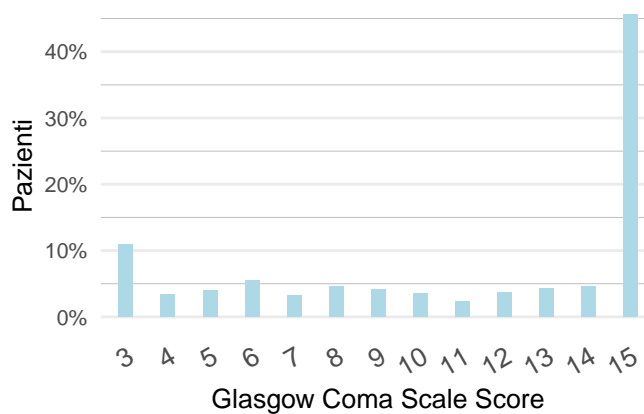
Trattamento intensivo	1004	67.5
Sedazione Palliativa	20	1.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.1
Missing	8	0

2.8 Insufficienza neurologica



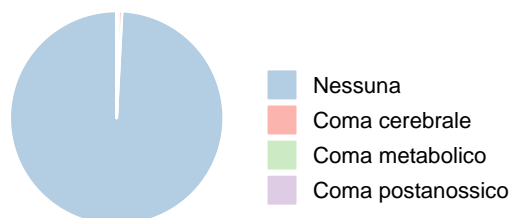
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	820	68.0
Coma cerebrale	183	15.2
Coma metabolico	133	11.0
Coma postanossico	62	5.1
Coma tossico	7	0.6
Missing	291	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



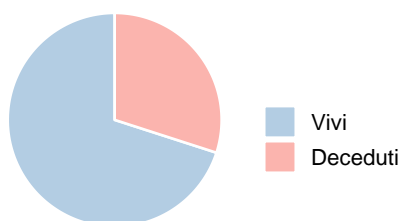
Indicatore	Valore
Media	11.1
DS	4.5
Mediana	14
Q1-Q3	7-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



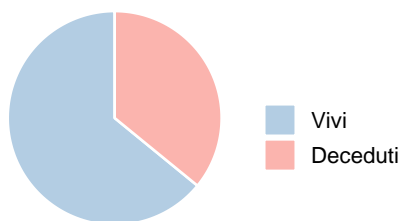
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1474	99.2
Coma cerebrale	8	0.5
Coma metabolico	4	0.3
Coma postanossico	0	0.0
Missing	10	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1040	70.0
Deceduti	445	30.0
Missing	11	0

2.12 Mortalità ospedaliera *

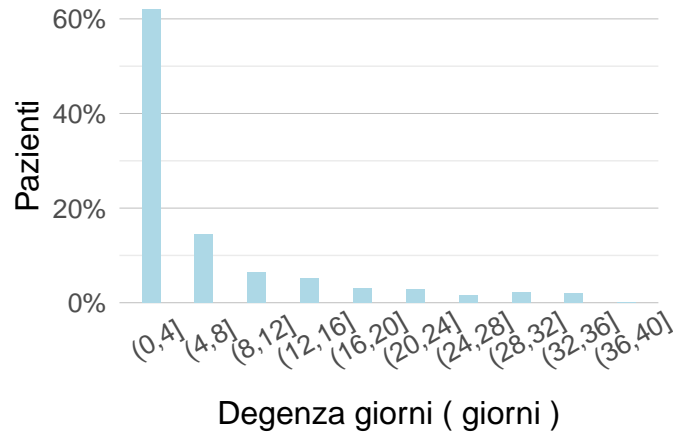


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	923	64.1
Deceduti		
Missing		

Deceduti	517	35.9
Missing	18	0

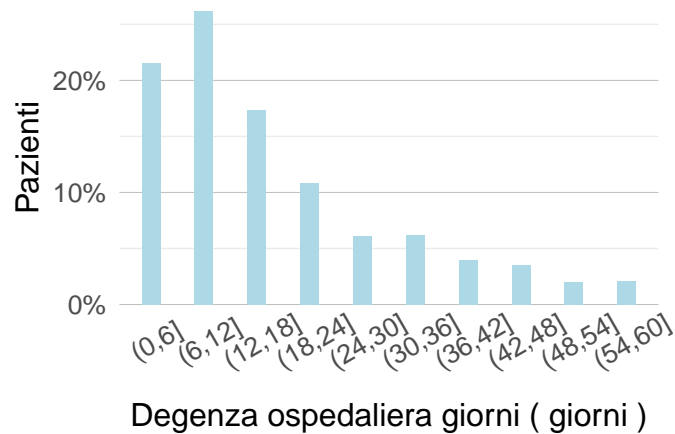
* Statistiche calcolate su 1458 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 38).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	9.0 (14.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-10)
Missing	11

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

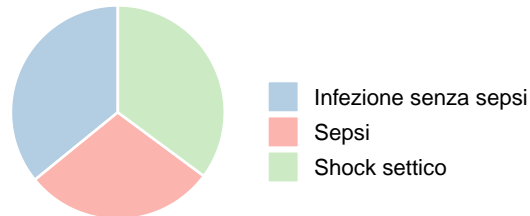


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.8 (25.3)
Mediana (Q1-Q3)	14 (7-27)
Missing	18

* Statistiche calcolate su 1458 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 38).

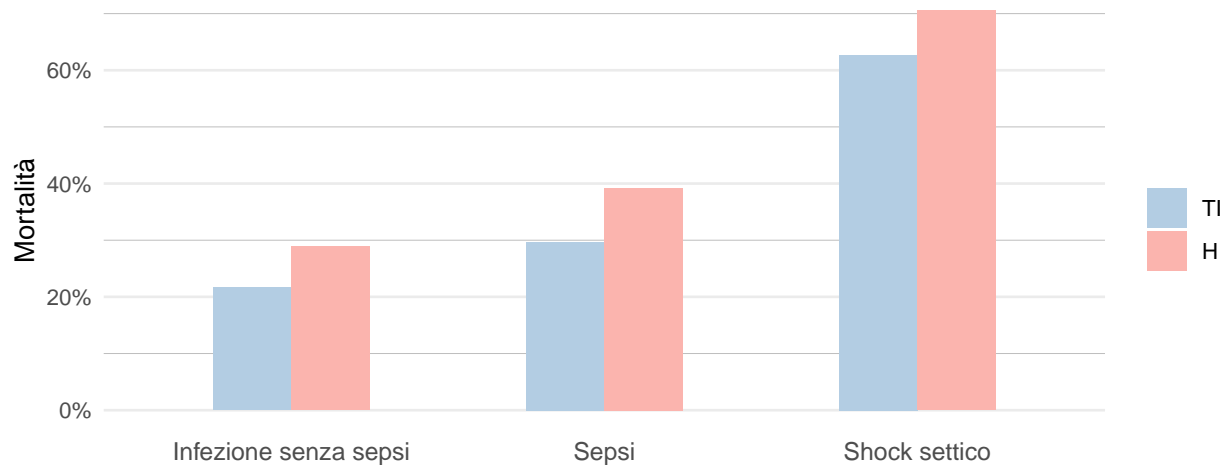
3 Pazienti infetti (N = 552)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	198	35.9
Sepsis	160	29.0
Shock settico	194	35.1
Missing	0	0

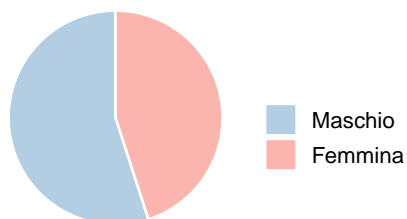
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	21.7	28.9
Sepsis	29.7	39.2
Shock settico	62.7	70.6

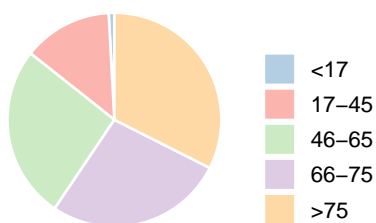
4 Pazienti non infetti (N = 934)

4.1 Sesso



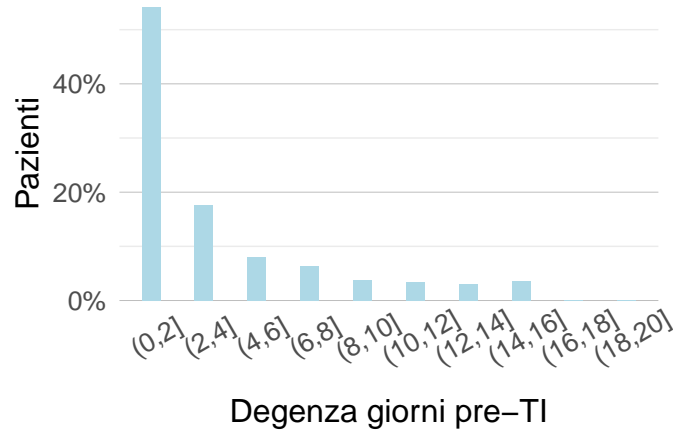
Sesso	N	%
Maschio	513	55.0
Femmina	420	45.0
Missing	1	0

4.2 Età



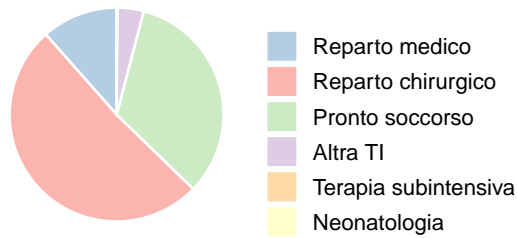
Range età	N	%
<17	8	0.9
17-45	126	13.5
46-65	245	26.2
66-75	252	27.0
>75	303	32.4
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



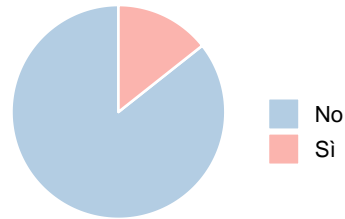
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	7.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	1

4.4 Provenienza (reparto)



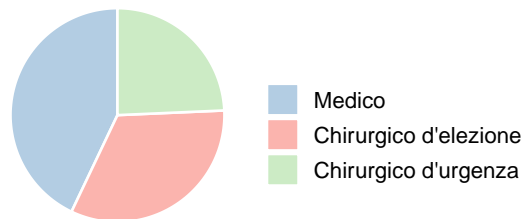
Provenienza	N	%
Reparto medico	107	11.5
Reparto chirurgico	476	51.2
Pronto soccorso	308	33.2
Altra TI	37	4.0
Terapia subintensiva	1	0.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

4.5 Trauma



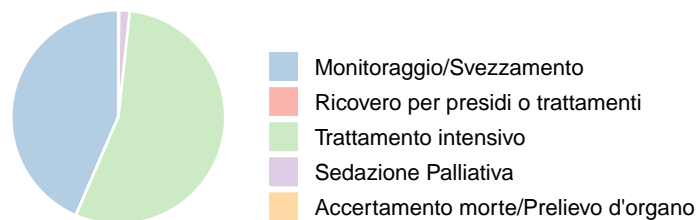
Trauma	N	%
No	800	85.7
Si	134	14.3
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	401	42.9
Chirurgico d'elezione	306	32.8
Chirurgico d'urgenza	227	24.3
Missing	0	0

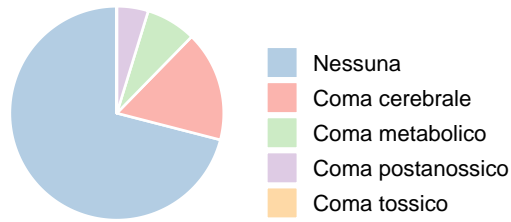
4.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	406	43.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

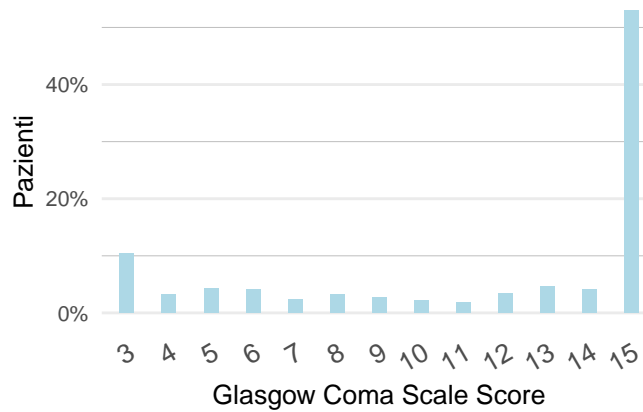
Trattamento intensivo	511	54.8
Sedazione Palliativa	15	1.6
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.1
Missing	1	0

4.8 Insufficienza neurologica



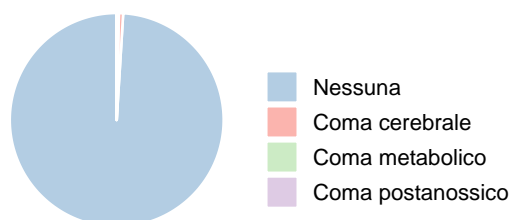
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	553	71.0
Coma cerebrale	130	16.7
Coma metabolico	59	7.6
Coma postanossico	37	4.7
Coma tossico	0	0.0
Missing	155	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



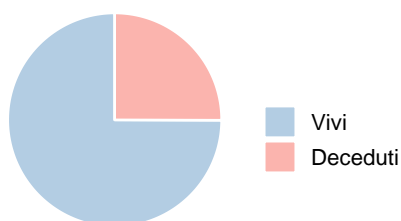
Indicatore	Valore
Media	9.6
DS	4.5
Mediana	13
Q1-Q3	6-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



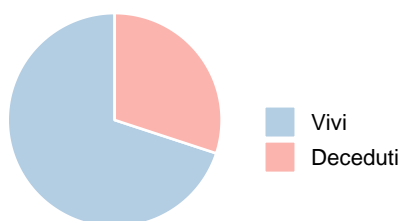
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	925	99.0
Coma cerebrale	6	0.6
Coma metabolico	3	0.3
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	0.0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	700	74.9
Deceduti	234	25.1
Missing	0	0.0

4.12 Mortalità ospedaliera *

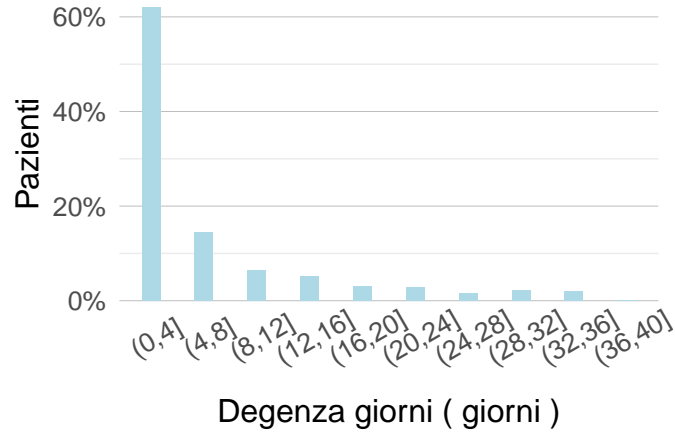


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	638	70.0
Deceduti	270	30.0
Missing	0	0.0

Deceduti	274	30.0
Missing	4	0

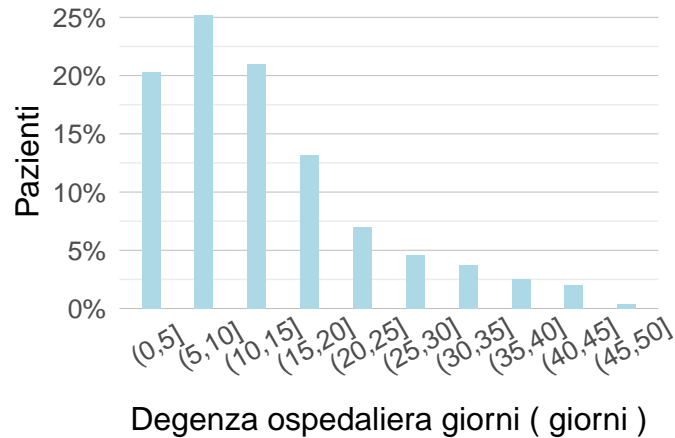
* Statistiche calcolate su 916 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 18).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	4.9 (8.1)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-5)
Missing	0

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

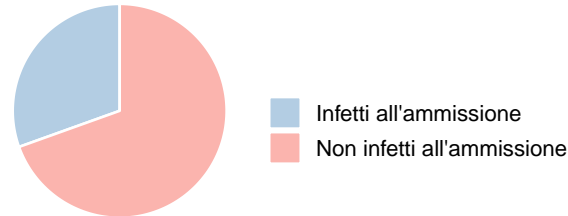


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.1 (16.2)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-20)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 916 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ($N = 18$).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

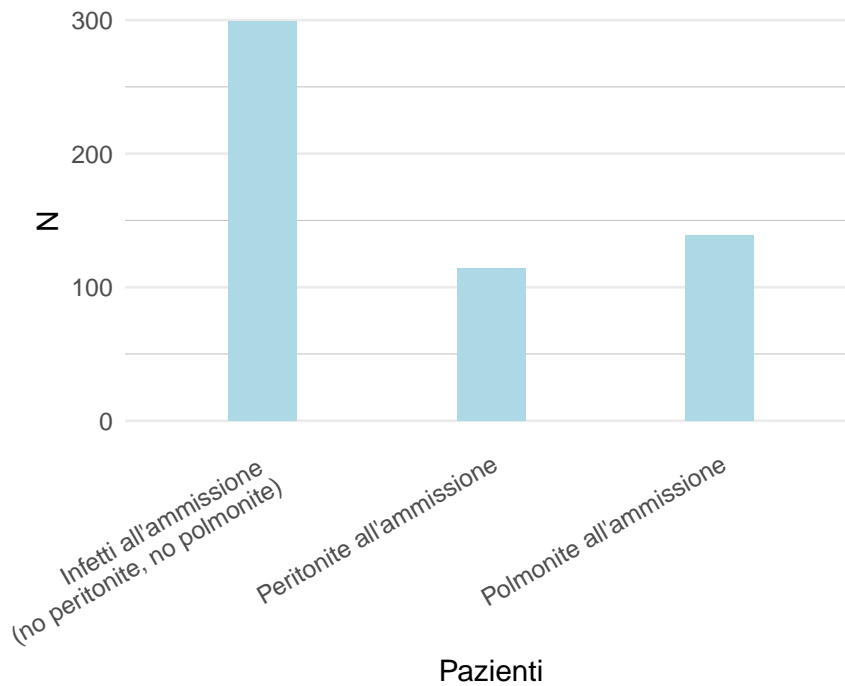
Sono presenti 456 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 30.48% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	456	30.48
Non infetti all'ammissione	1040	69.52

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1496).

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

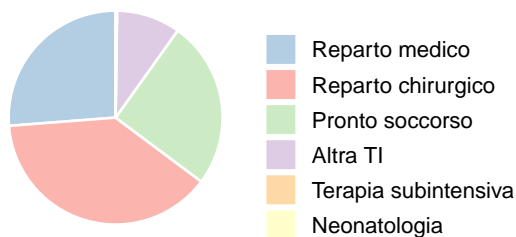


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	299	65.57
Peritonite all'ammissione	114	25.00
Polmonite all'ammissione	139	30.48

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 456).

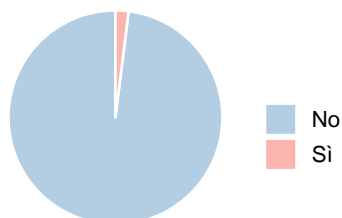
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 456)

5.1 Provenienza (reparto)



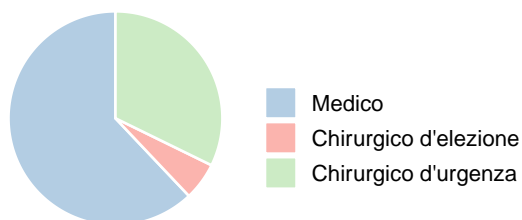
Provenienza	N	%
Reparto medico	117	26.2
Reparto chirurgico	172	38.6
Pronto soccorso	113	25.3
Altra TI	43	9.6
Terapia subintensiva	1	0.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	10	0

5.2 Trauma



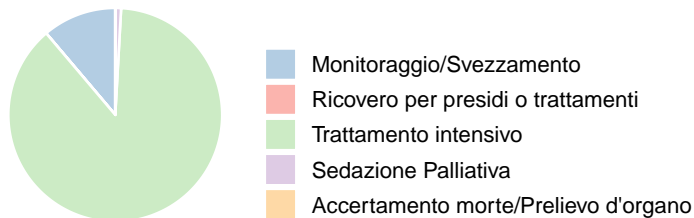
Trauma	N	%
No	447	98.0
Sì	9	2.0
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



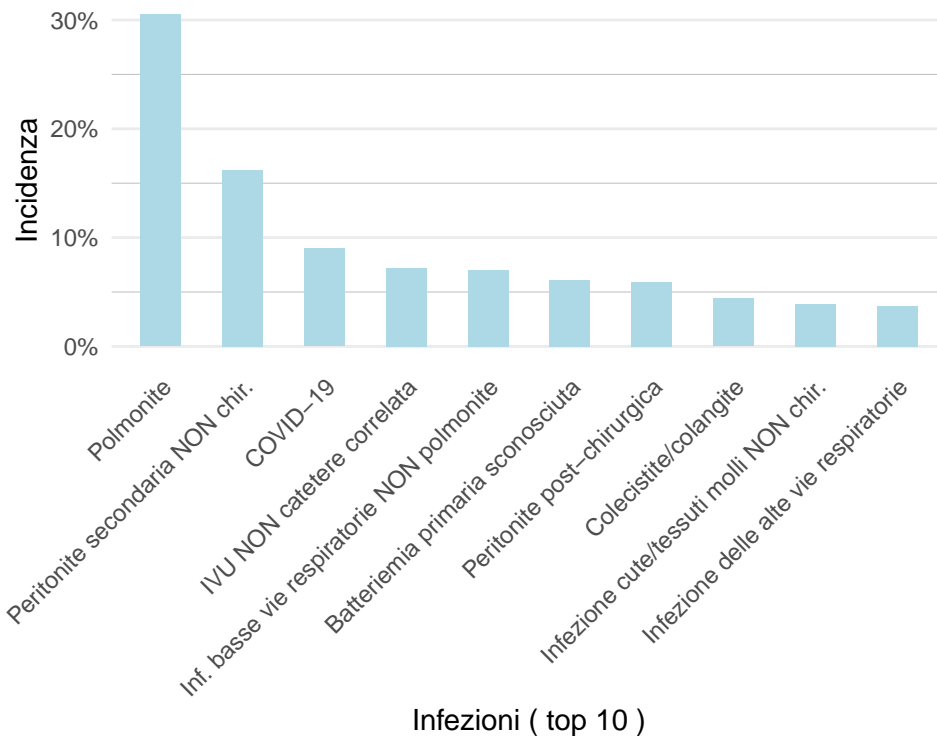
Stato chirurgico	N	%
Medico	283	62.1
Chirurgico d'elezione	26	5.7
Chirurgico d'urgenza	147	32.2
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



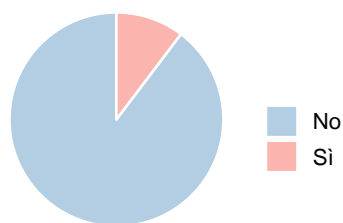
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	51	11.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	401	87.9
Sedazione Palliativa	4	0.9
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)



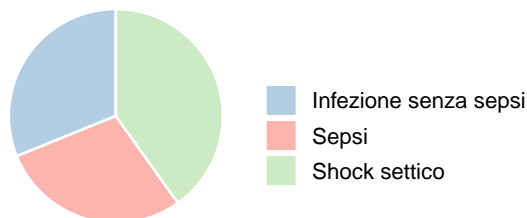
Infezione	N	%
Polmonite	139	30.5
Peritonite secondaria NON chir.	74	16.2
COVID-19	41	9.0
IVU NON catetere correlata	33	7.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	32	7.0
Batteriemia primaria sconosciuta	28	6.1
Peritonite post-chirurgica	27	5.9
Colecistite/colangite	20	4.4
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	18	3.9
Infezione delle alte vie respiratorie	17	3.7
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	409	89.7
Sì	47	10.3
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione senza sepsi	142	31.1
Sepsi	131	28.7
Shock settico	183	40.1
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

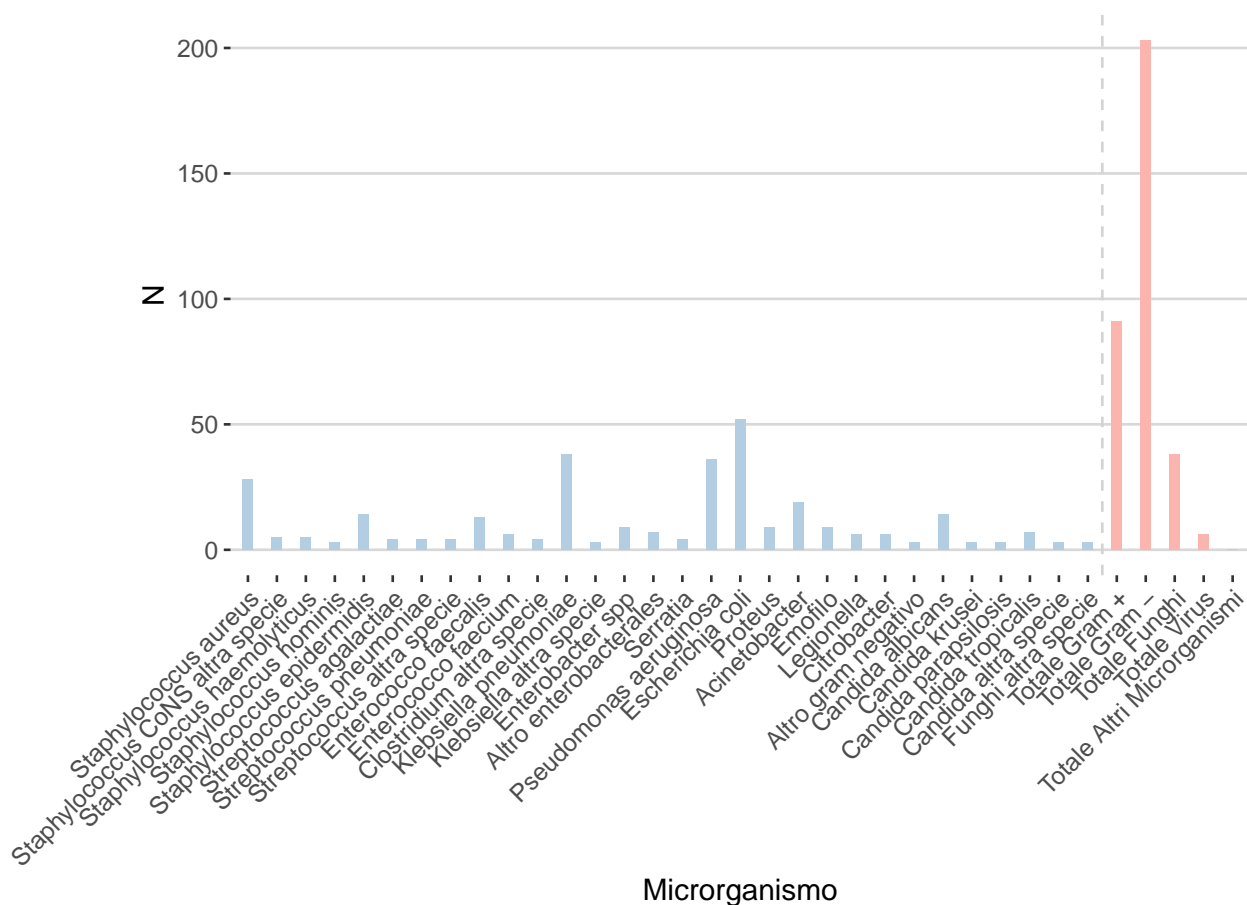
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	161	34.1
Sì	311	65.9
Missing	2	
Totale infezioni	474	
Totale microrganismi isolati	363	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	28	9.0	15	7	46.7
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	1.6	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	3	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	4.5	0	0	0

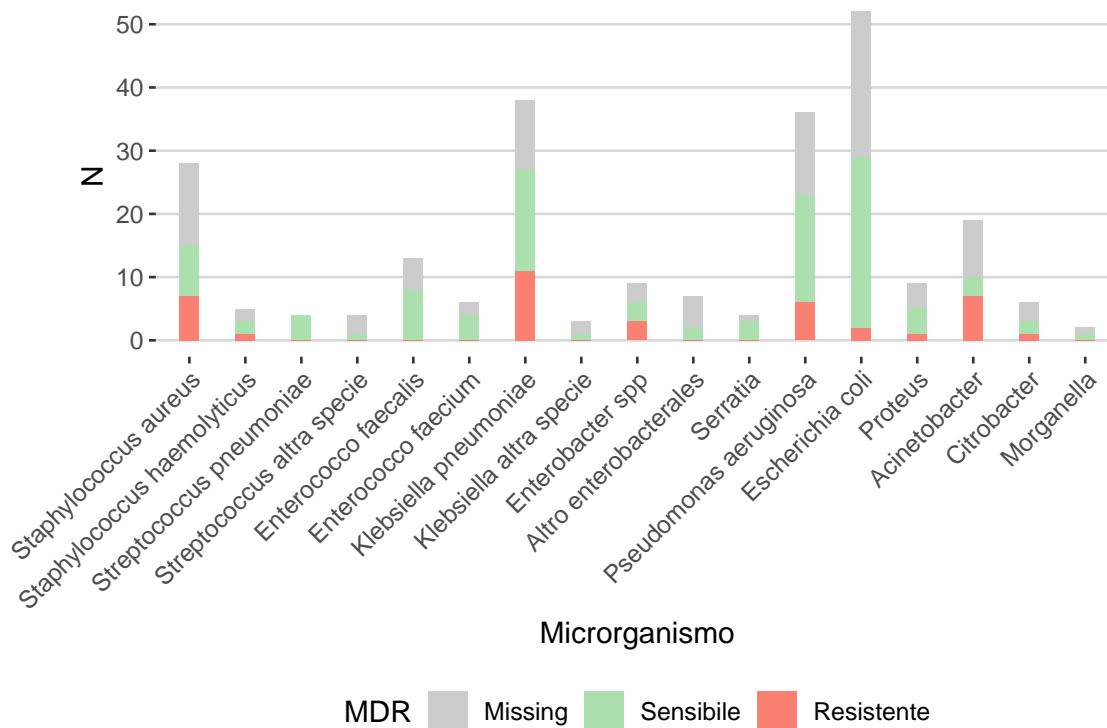
Streptococcus agalactiae	4	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.3	4	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.3	1	0	0
Enterococco faecalis	13	4.2	8	0	0
Enterococco faecium	6	1.9	4	0	0
Clostridium altra specie	4	1.3	0	0	0
Totale Gram +	91	29.3	35	8	22.9
Klebsiella pneumoniae	38	12.2	27	11	40.7
Klebsiella altra specie	3	1.0	1	0	0
Enterobacter spp	9	2.9	6	3	50
Altro enterobacterales	7	2.3	2	0	0
Serratia	4	1.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	36	11.6	23	6	26.1
Escherichia coli	52	16.7	29	2	6.9
Proteus	9	2.9	5	1	20
Acinetobacter	19	6.1	10	7	70
Emofilo	9	2.9	0	0	0
Legionella	6	1.9	0	0	0
Citrobacter	6	1.9	3	1	33.3
Morganella	2	0.6	1	0	0
Altro gram negativo	3	1.0	0	0	0
Totale Gram -	203	65.3	110	31	28.2
Candida albicans	14	4.5	0	0	0
Candida glabrata	2	0.6	0	0	0
Candida krusei	3	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.0	0	0	0
Candida tropicalis	7	2.3	0	0	0
Candida altra specie	3	1.0	0	0	0
Aspergillo	2	0.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.0	0	0	0
Totale Funghi	38	12.2	0	0	0
Influenza A	1	0.3			
Influenza AH3N2	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	3	1.0			
Totale Virus	6	1.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	28	9.0	15	7	46.7
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	1.6	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	3	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	4.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	1.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.3	4	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.3	1	0	0
Enterococco faecalis	13	4.2	8	0	0
Enterococco faecium	6	1.9	4	0	0
Clostridium altra specie	4	1.3	0	0	0
Totale Gram +	91	29.3	35	8	22.9
Klebsiella pneumoniae	38	12.2	27	11	40.7
Klebsiella altra specie	3	1.0	1	0	0
Enterobacter spp	9	2.9	6	3	50
Altro enterobacterales	7	2.3	2	0	0
Serratia	4	1.3	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	36	11.6	23	6	26.1
Escherichia coli	52	16.7	29	2	6.9
Proteus	9	2.9	5	1	20
Acinetobacter	19	6.1	10	7	70

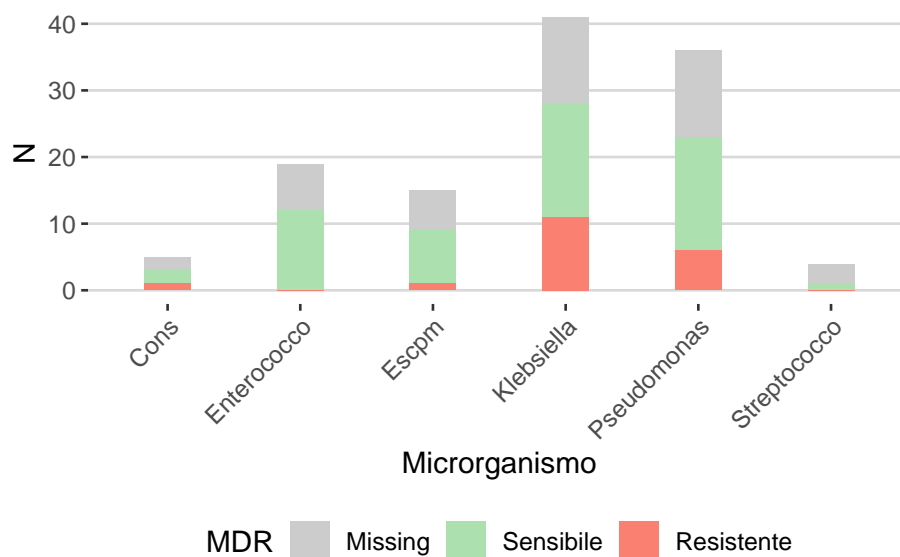
Emofilo	9	2.9	0	0	0
Legionella	6	1.9	0	0	0
Citrobacter	6	1.9	3	1	33.3
Morganella	2	0.6	1	0	0
Altro gram negativo	3	1.0	0	0	0
Totale Gram -	203	65.3	110	31	28.2
Candida albicans	14	4.5	0	0	0
Candida glabrata	2	0.6	0	0	0
Candida krusei	3	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.0	0	0	0
Candida tropicalis	7	2.3	0	0	0
Candida altra specie	3	1.0	0	0	0
Aspergillo	2	0.6	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.0	0	0	0
Totale Funghi	38	12.2	0	0	0
Influenza A	1	0.3			
Influenza AH3N2	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	3	1.0			
Totale Virus	6	1.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	5	3	2	1	33.33	2
Enterococco	19	12	12	0	0.00	7
Escpm	15	9	8	1	11.11	6
Klebsiella	41	28	17	11	39.29	13
Pseudomonas	36	23	17	6	26.09	13
Streptococco	4	1	1	0	0.00	3

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	26	Ertapenem	9	34.62
Klebsiella pneumoniae	27	Meropenem	10	37.04
Citrobacter	3	Meropenem	1	33.33
Enterobacter spp	5	Ertapenem	2	40.00
Enterobacter spp	6	Meropenem	2	33.33

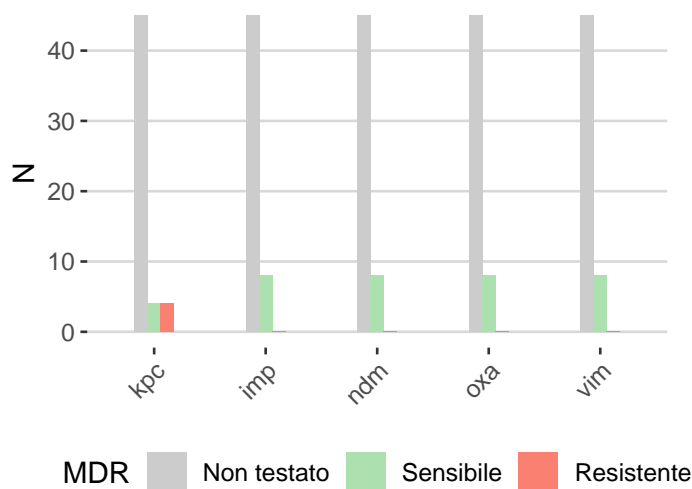
Escherichia coli	26	Ertapenem	1	3.85
Escherichia coli	29	Meropenem	1	3.45
Proteus	4	Ertapenem	1	25.00
Acinetobacter	8	Imipenem	5	62.50
Acinetobacter	10	Meropenem	7	70.00
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	3	15.79
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	6	26.09
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	1	33.33
Staphylococcus aureus	15	Meticillina	7	46.67

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

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

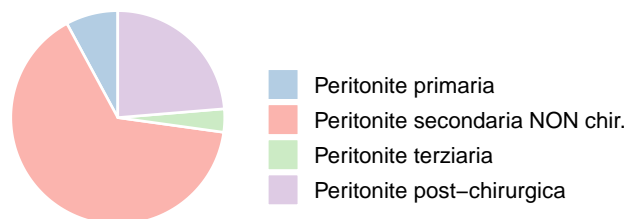
	N	%
Sì	4	7.55
No	4	7.55
Non testato	45	84.91
Missing	77	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	8	45
kpc	4	100	4	45
ndm	0	0	8	45
oxa	0	0	8	45
vim	0	0	8	45



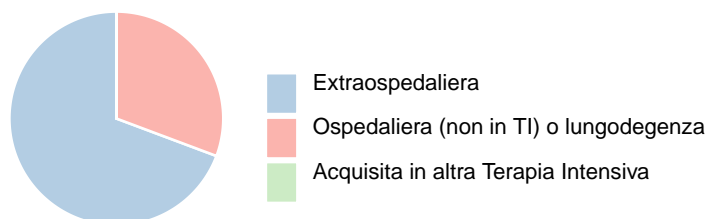
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 114)

6.1 Tipologia di peritonite



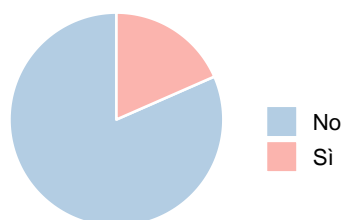
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	9	7.9
Peritonite secondaria NON chir.	74	64.9
Peritonite terziaria	4	3.5
Peritonite post-chirurgica	27	23.7
Missing	0	0

6.2 Tipo di infezione



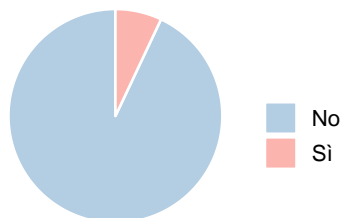
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	79	69.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	35	30.7
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemia



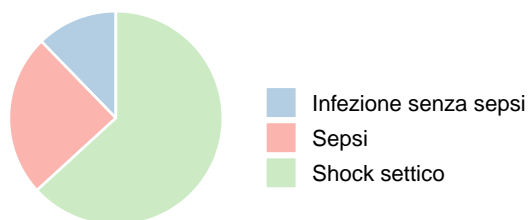
Batteriemica	N	%
No	93	81.6
Sì	21	18.4
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	106	93.0
Sì	8	7.0
Missing	0	0

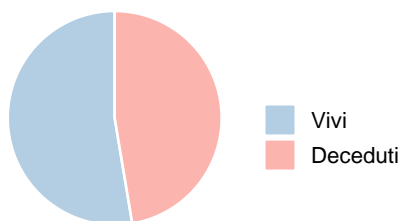
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	13	12.3
Sepsi	26	24.5
Shock settico	67	63.2
Missing	0	0

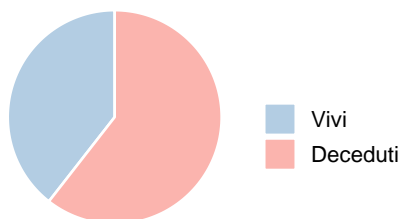
* Statistiche calcolate su 106 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 8).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	60	52.6
Deceduti	54	47.4
Missing	0	0

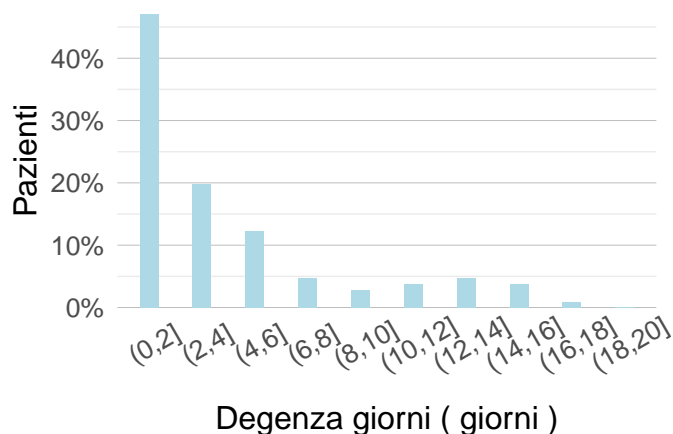
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	43	39.4
Deceduti	66	60.6
Missing	1	0

* Statistiche calcolate su 110 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.6 (14.1)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	1

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.5 (40.2)
Mediana (Q1-Q3)	14 (5-24)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 110 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

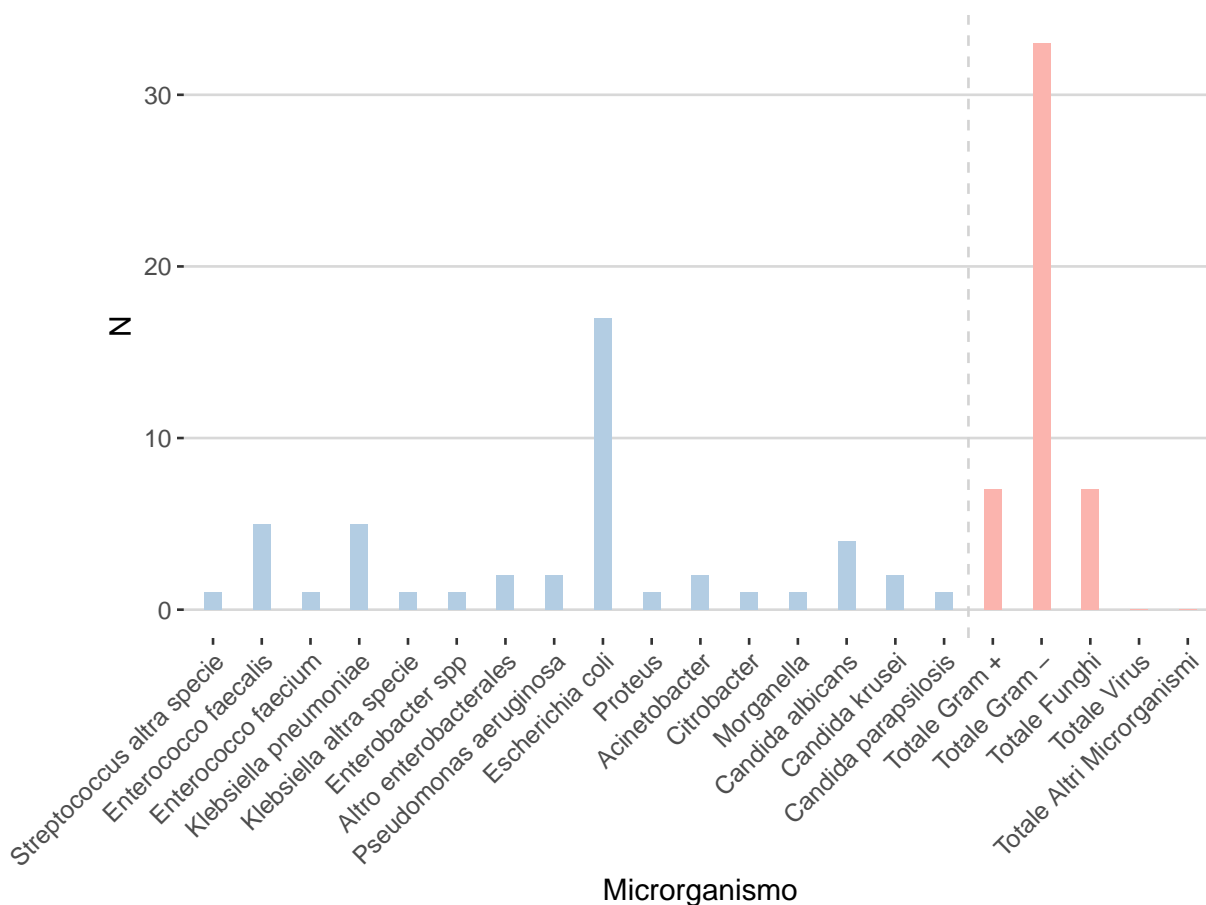
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	78	68.4
Sì	36	31.6
Missing	0	
Totale infezioni	114	
Totale microrganismi isolati	47	

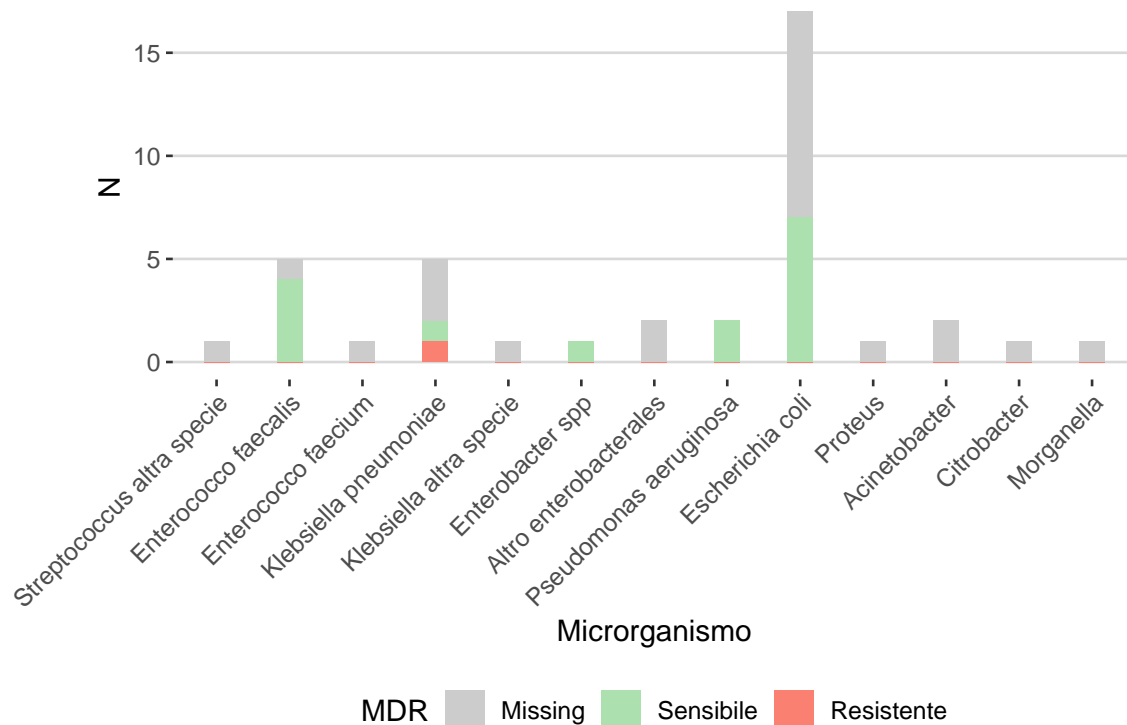
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Streptococcus altra specie	1	2.8	0	0	0
Enterococco faecalis	5	13.9	4	0	0
Enterococco faecium	1	2.8	0	0	0
Totale Gram +	7	19.4	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	13.9	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	2.8	0	0	0
Enterobacter spp	1	2.8	1	0	0
Altro enterobacterales	2	5.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	5.6	2	0	0
Escherichia coli	17	47.2	7	0	0
Proteus	1	2.8	0	0	0
Acinetobacter	2	5.6	0	0	0
Citrobacter	1	2.8	0	0	0
Morganella	1	2.8	0	0	0
Totale Gram -	33	91.7	12	1	8.3
Candida albicans	4	11.1	0	0	0
Candida krusei	2	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.8	0	0	0
Totale Funghi	7	19.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Streptococcus altra specie	1	2.8	0	0	0
Enterococco faecalis	5	13.9	4	0	0
Enterococco faecium	1	2.8	0	0	0
Totale Gram +	7	19.4	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	13.9	2	1	50
Klebsiella altra specie	1	2.8	0	0	0
Enterobacter spp	1	2.8	1	0	0
Altro enterobacterales	2	5.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	5.6	2	0	0
Escherichia coli	17	47.2	7	0	0
Proteus	1	2.8	0	0	0
Acinetobacter	2	5.6	0	0	0
Citrobacter	1	2.8	0	0	0
Morganella	1	2.8	0	0	0
Totale Gram -	33	91.7	12	1	8.3
Candida albicans	4	11.1	0	0	0
Candida krusei	2	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.8	0	0	0
Totale Funghi	7	19.4	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

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

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

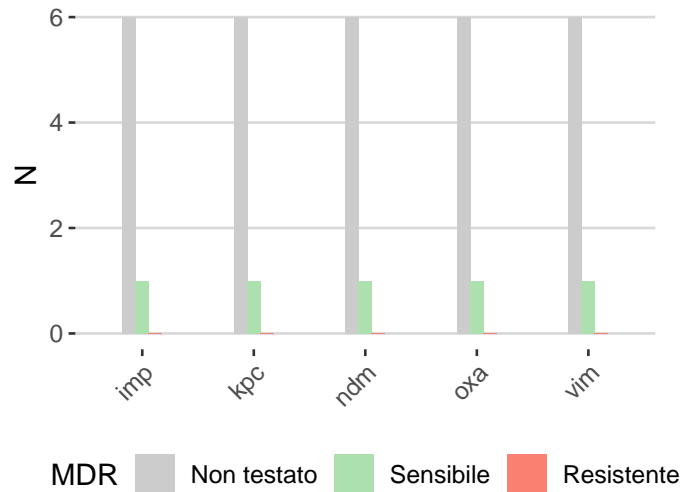
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50

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

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

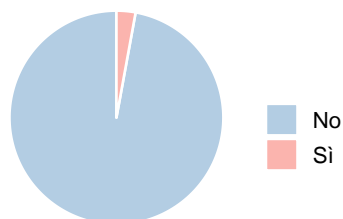
	N	%
Sì	0	0
No	1	14.29
Non testato	6	85.71
Missing	16	

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



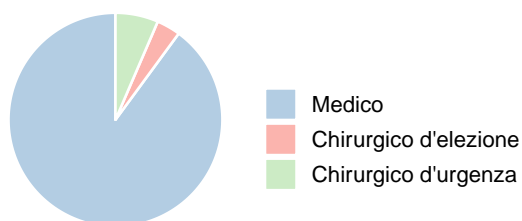
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 139)

7.1 Trauma



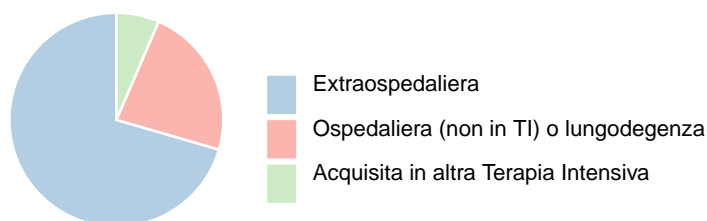
Trauma	N	%
No	135	97.1
Si	4	2.9
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	125	89.9
Chirurgico d'elezione	5	3.6
Chirurgico d'urgenza	9	6.5
Missing	0	0

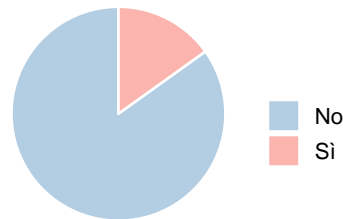
7.3 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	125	89.9
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	5	3.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	9	6.5

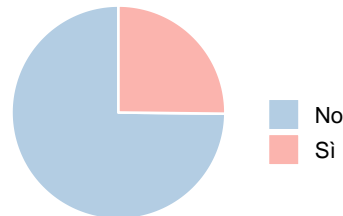
Extraospedaliera	98	70.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	32	23.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	9	6.5
Missing	0	0

7.4 Infezione batteriemicca



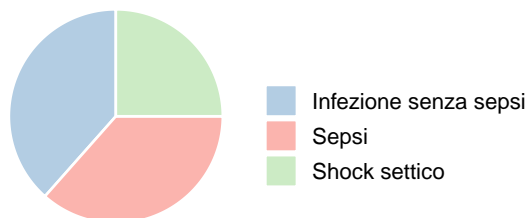
Batteriemicca	N	%
No	118	84.9
Si	21	15.1
Missing	0	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	104	74.8
Si	35	25.2
Missing	0	0

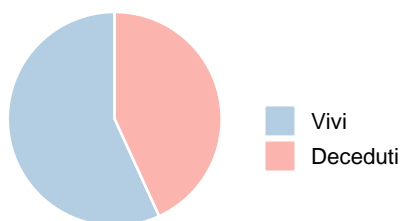
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione senza sepsi	40	38.5
Sepsi	38	36.5
Shock settico	26	25.0
Missing	0	0

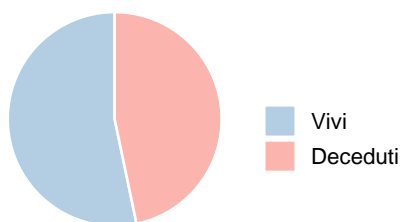
* Statistiche calcolate su 104 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 35).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	79	56.8
Deceduti	60	43.2
Missing	0	0

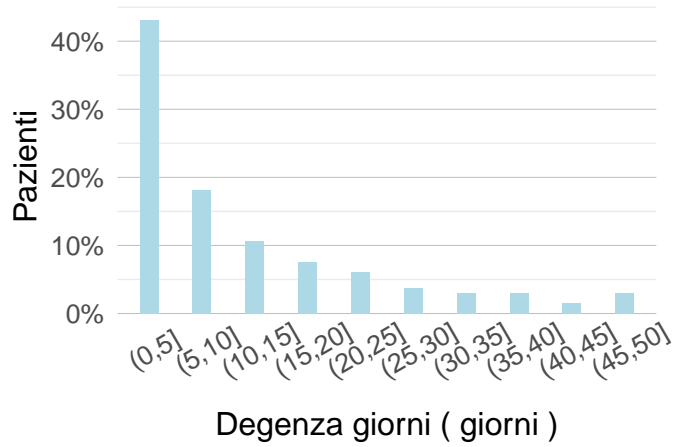
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	73	53.3
Deceduti	64	46.7
Missing	1	0

* Statistiche calcolate su 138 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	16.0 (22.8)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3-20)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.7 (30.2)
Mediana (Q1-Q3)	16 (6-34)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 138 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

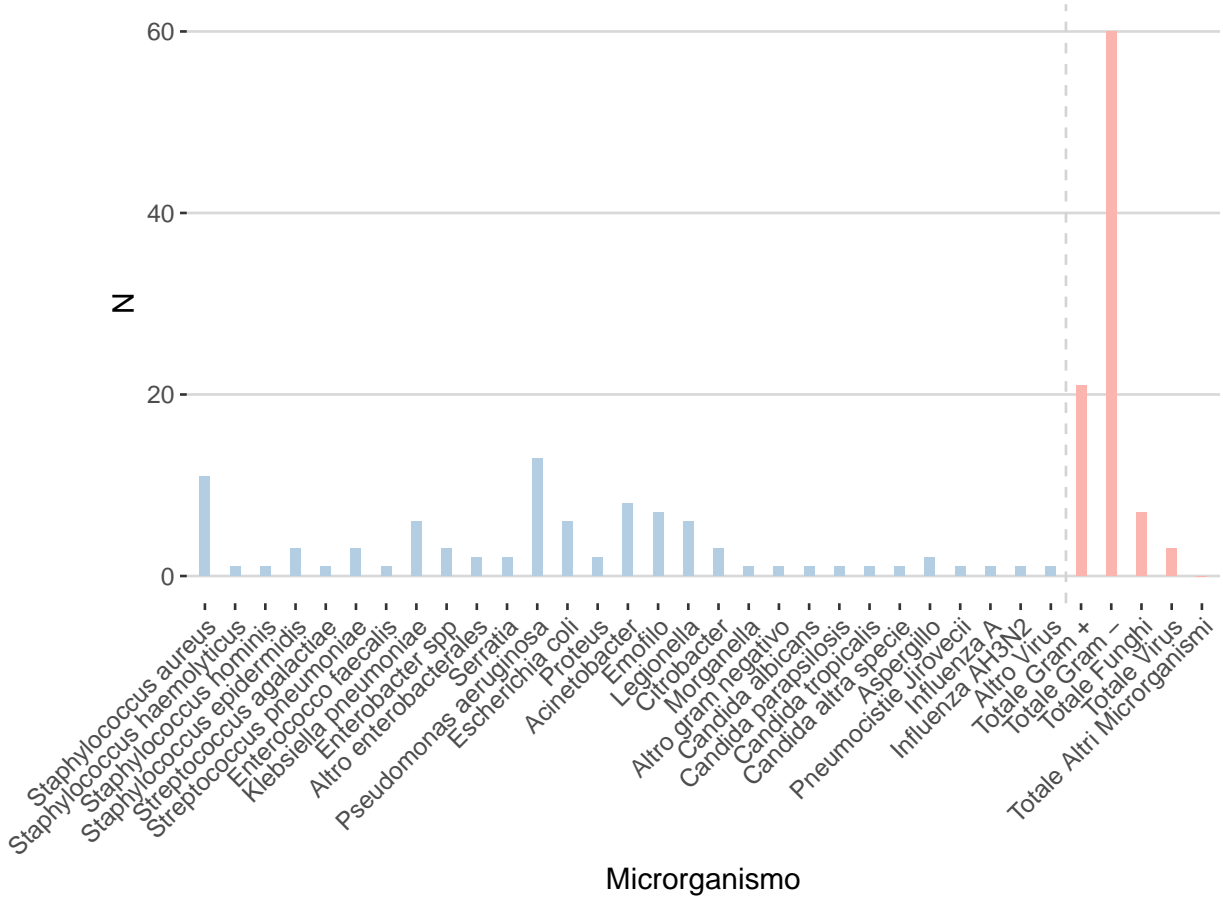
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	44	31.7
Sì	95	68.3
Missing	0	
Totale infezioni	139	
Totale microrganismi isolati	112	

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

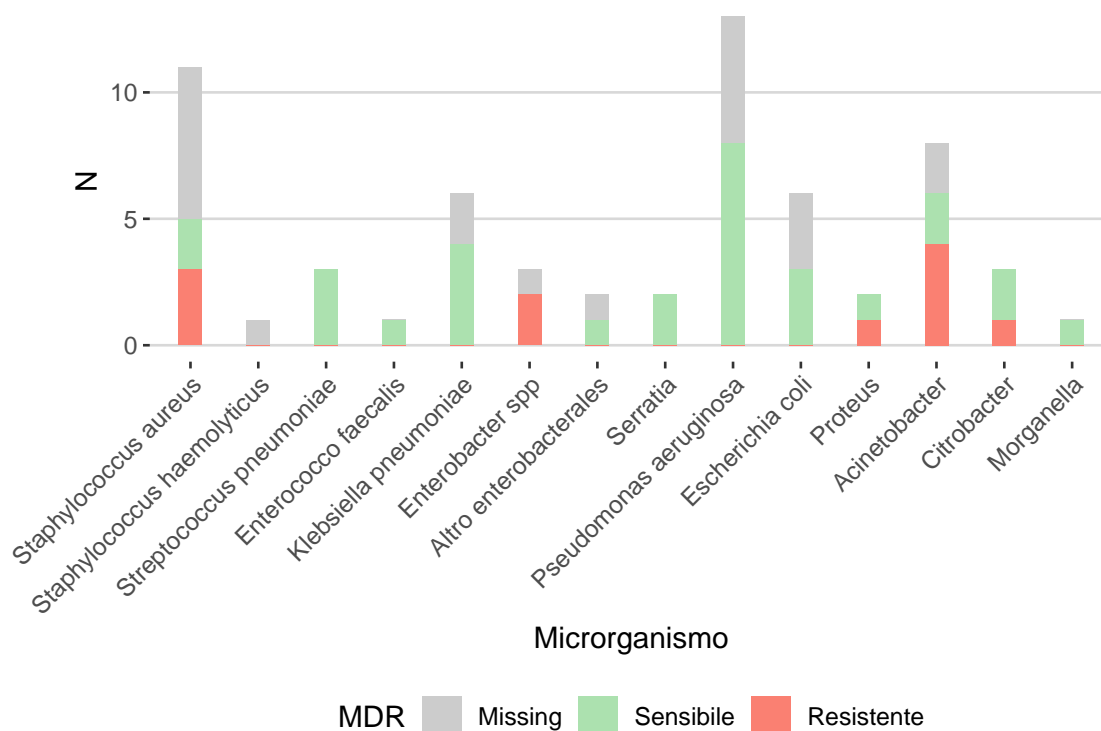
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	11.6	5	3	60
Staphylococcus haemolyticus	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	3.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	3.2	3	0	0
Enterococco faecalis	1	1.1	1	0	0
Totale Gram +	21	22.1	9	3	33.3
Klebsiella pneumoniae	6	6.3	4	0	0
Enterobacter spp	3	3.2	2	2	100
Altro enterobacterales	2	2.1	1	0	0
Serratia	2	2.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	13.7	8	0	0
Escherichia coli	6	6.3	3	0	0
Proteus	2	2.1	2	1	50
Acinetobacter	8	8.4	6	4	66.7
Emofilo	7	7.4	0	0	0
Legionella	6	6.3	0	0	0
Citrobacter	3	3.2	3	1	33.3
Morganella	1	1.1	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.1	0	0	0
Totale Gram -	60	63.2	32	8	25
Candida albicans	1	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.1	0	0	0
Candida altra specie	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	2	2.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	7	7.4	0	0	0
Influenza A	1	1.1			
Influenza AH3N2	1	1.1			
Altro Virus	1	1.1			
Totale Virus	3	3.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	11.6	5	3	60
Staphylococcus haemolyticus	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	3.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	3.2	3	0	0
Enterococcus faecalis	1	1.1	1	0	0
Totale Gram +	21	22.1	9	3	33.3
Klebsiella pneumoniae	6	6.3	4	0	0
Enterobacter spp	3	3.2	2	2	100
Altro enterobacterales	2	2.1	1	0	0
Serratia	2	2.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	13.7	8	0	0
Escherichia coli	6	6.3	3	0	0
Proteus	2	2.1	2	1	50
Acinetobacter	8	8.4	6	4	66.7
Emofilo	7	7.4	0	0	0
Legionella	6	6.3	0	0	0
Citrobacter	3	3.2	3	1	33.3
Morganella	1	1.1	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.1	0	0	0

Totale Gram -	60	63.2	32	8	25
Candida albicans	1	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.1	0	0	0
Candida altra specie	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	2	2.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	7	7.4	0	0	0
Influenza A	1	1.1			
Influenza AH3N2	1	1.1			
Altro Virus	1	1.1			
Totale Virus	3	3.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

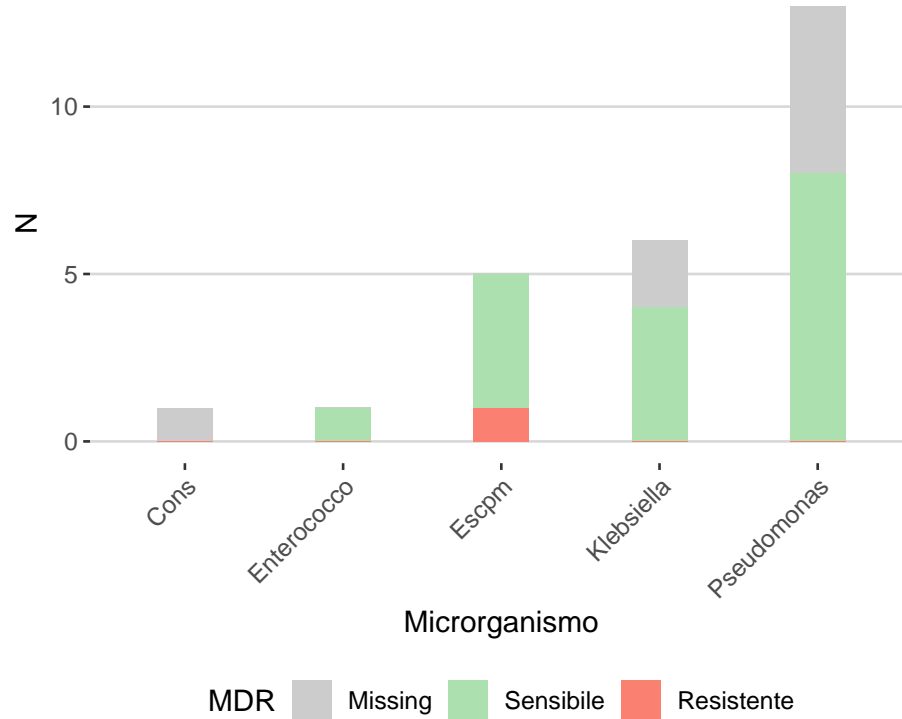
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococcus faecium, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Funghi altra specie, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza altro

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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	0	0	0	NaN	1
Enterococco	1	1	1	0	0	0
Escpm	5	5	4	1	20	0
Klebsiella	6	4	4	0	0	2
Pseudomonas	13	8	8	0	0	5

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

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

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

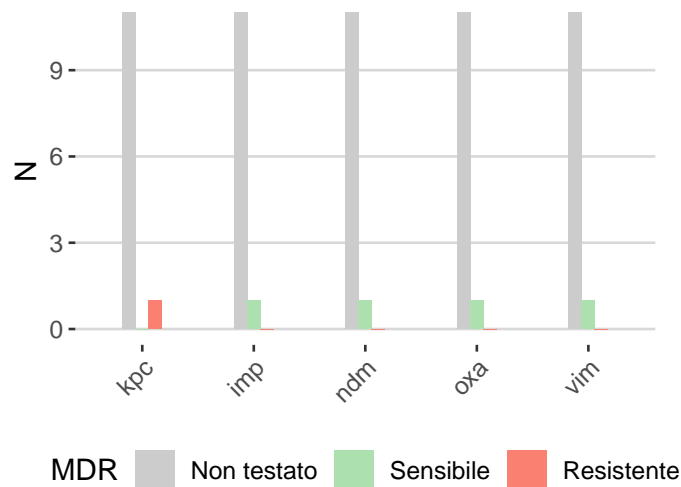
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Citrobacter	3	Meropenem	1	33.33
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100.00
Enterobacter spp	2	Meropenem	1	50.00
Proteus	2	Ertapenem	1	50.00
Acinetobacter	4	Imipenem	2	50.00
Acinetobacter	6	Meropenem	4	66.67
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	3	60.00

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

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

	N	%
Sì	1	8.33
No	0	0
Non testato	11	91.67
Missing	13	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	11
kpc	1	100	0	11
ndm	0	0	1	11
oxa	0	0	1	11
vim	0	0	1	11



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

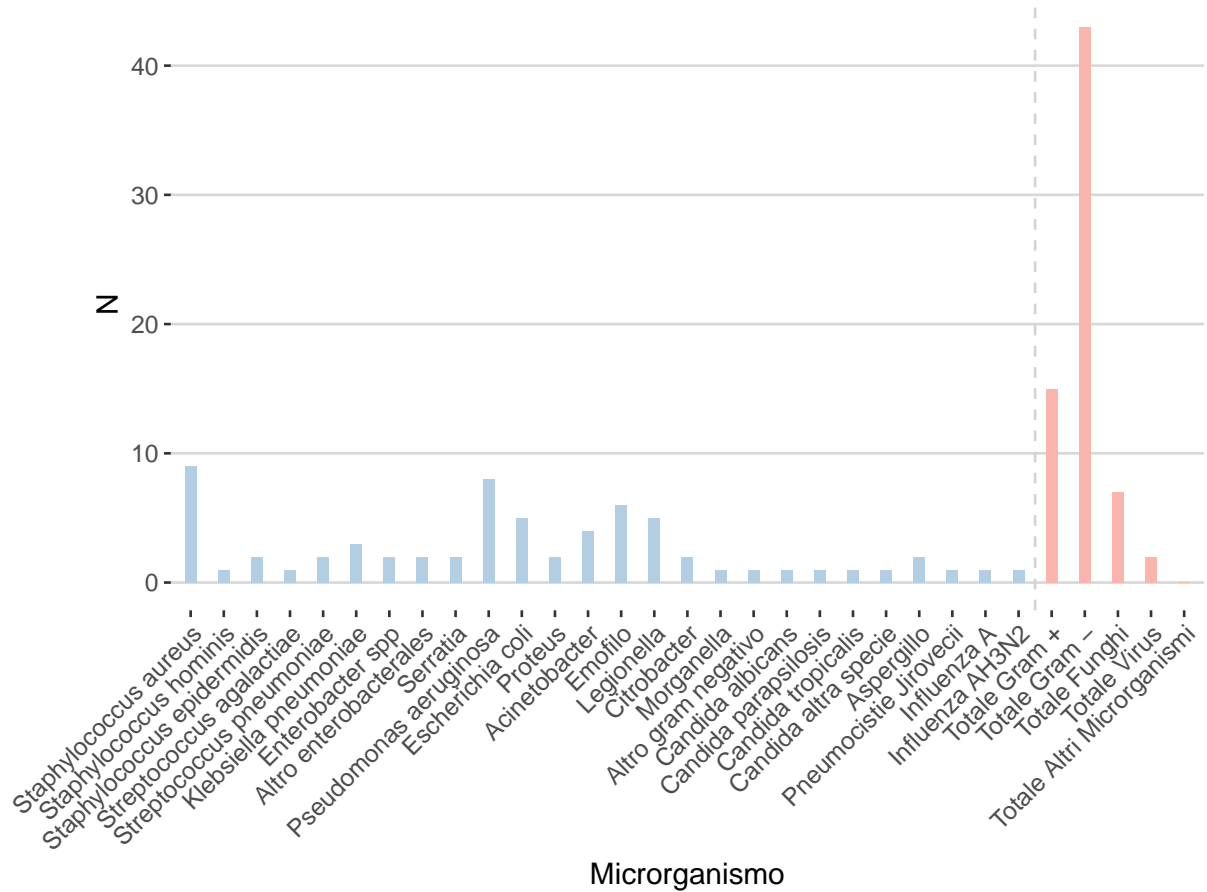
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	35	32.7
Sì	72	67.3
Missing	0	
Totale infezioni	107	
Totale microrganismi isolati	85	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	12.5	3	1	33.3
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	2	2.8	2	0	0
Totale Gram +	15	20.8	5	1	20
Klebsiella pneumoniae	3	4.2	1	0	0
Enterobacter spp	2	2.8	1	1	100
Altro enterobacterales	2	2.8	1	0	0
Serratia	2	2.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	11.1	5	0	0
Escherichia coli	5	6.9	3	0	0
Proteus	2	2.8	2	1	50
Acinetobacter	4	5.6	3	2	66.7
Emofilo	6	8.3	0	0	0
Legionella	5	6.9	0	0	0
Citrobacter	2	2.8	2	0	0
Morganella	1	1.4	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.4	0	0	0
Totale Gram -	43	59.7	21	4	19
Candida albicans	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Candida altra specie	1	1.4	0	0	0
Aspergillo	2	2.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	1.4	0	0	0
Totale Funghi	7	9.7	0	0	0
Influenza A	1	1.4			
Influenza AH3N2	1	1.4			
Totale Virus	2	2.8	0	0	0

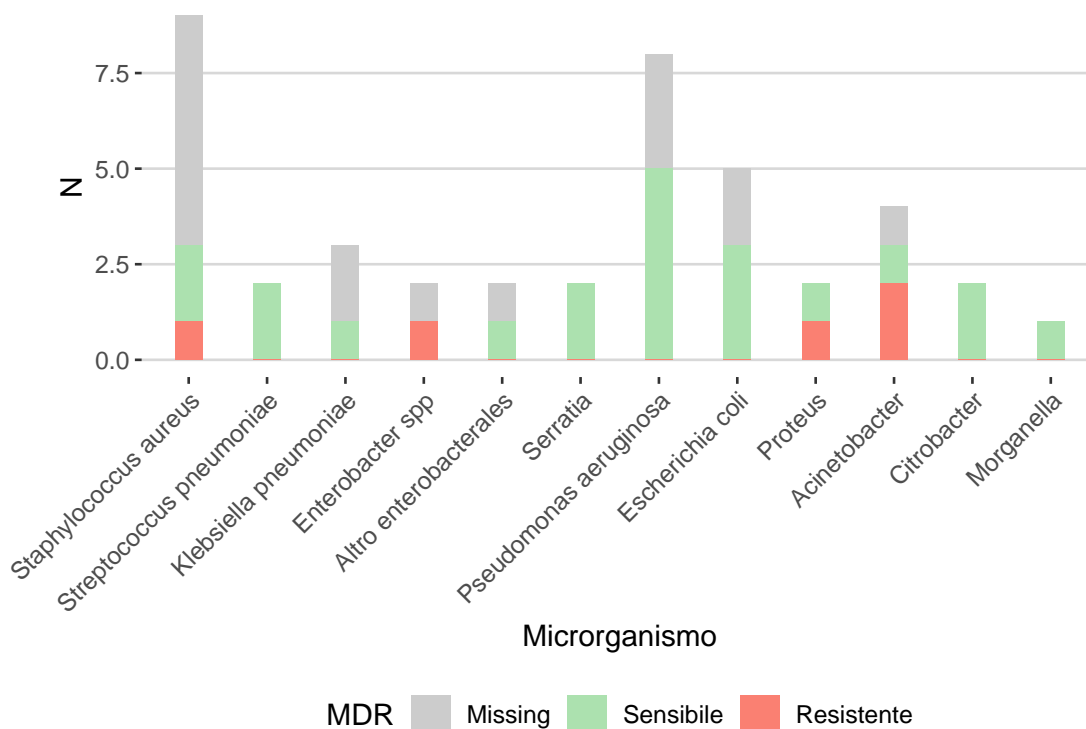
Totale Altri Microrganismi 0 0.0 0 0 0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	12.5	3	1	33.3
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	2	2.8	2	0	0
Totale Gram +	15	20.8	5	1	20
Klebsiella pneumoniae	3	4.2	1	0	0
Enterobacter spp	2	2.8	1	1	100
Altro enterobacterales	2	2.8	1	0	0
Serratia	2	2.8	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	11.1	5	0	0
Escherichia coli	5	6.9	3	0	0
Proteus	2	2.8	2	1	50
Acinetobacter	4	5.6	3	2	66.7
Emofilo	6	8.3	0	0	0
Legionella	5	6.9	0	0	0
Citrobacter	2	2.8	2	0	0
Morganella	1	1.4	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.4	0	0	0

Totale Gram -	43	59.7	21	4	19
Candida albicans	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.4	0	0	0
Candida altra specie	1	1.4	0	0	0
Aspergillo	2	2.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	1.4	0	0	0
Totale Funghi	7	9.7	0	0	0
Influenza A	1	1.4			
Influenza AH3N2	1	1.4			
Totale Virus	2	2.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

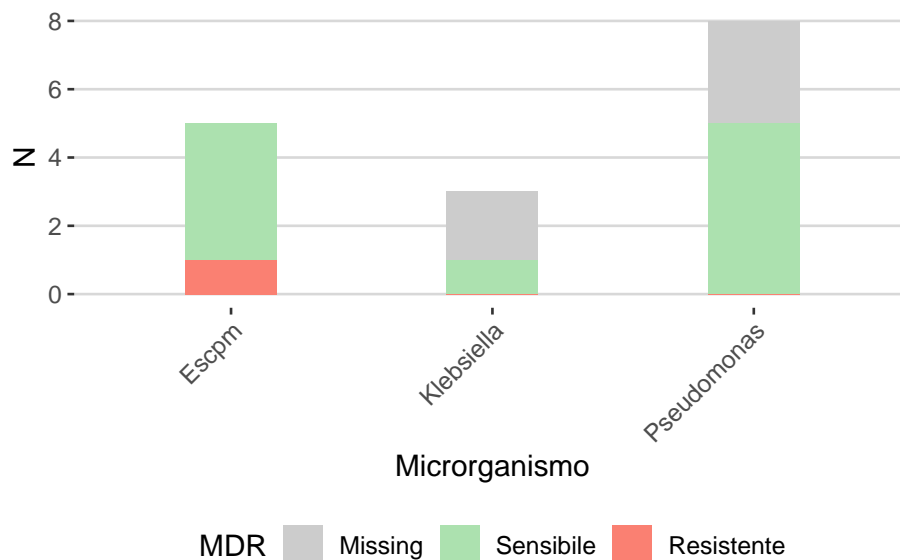
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococcus faecalis, Enterococcus faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Pyogens, Clamidia, Klebsiella altra specie, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Funghi altra specie, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Escpm	5	5	4	1	20	0
Klebsiella	3	1	1	0	0	2
Pseudomonas	8	5	5	0	0	3

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100.00
Proteus	2	Ertapenem	1	50.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67

Staphylococcus aureus	3	Meticillina	1	33.33
-----------------------	---	-------------	---	-------

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

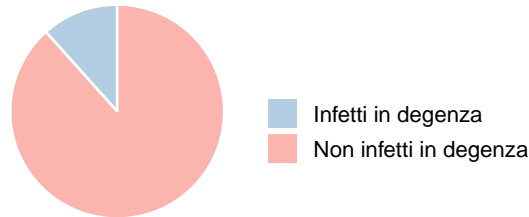
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

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

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.

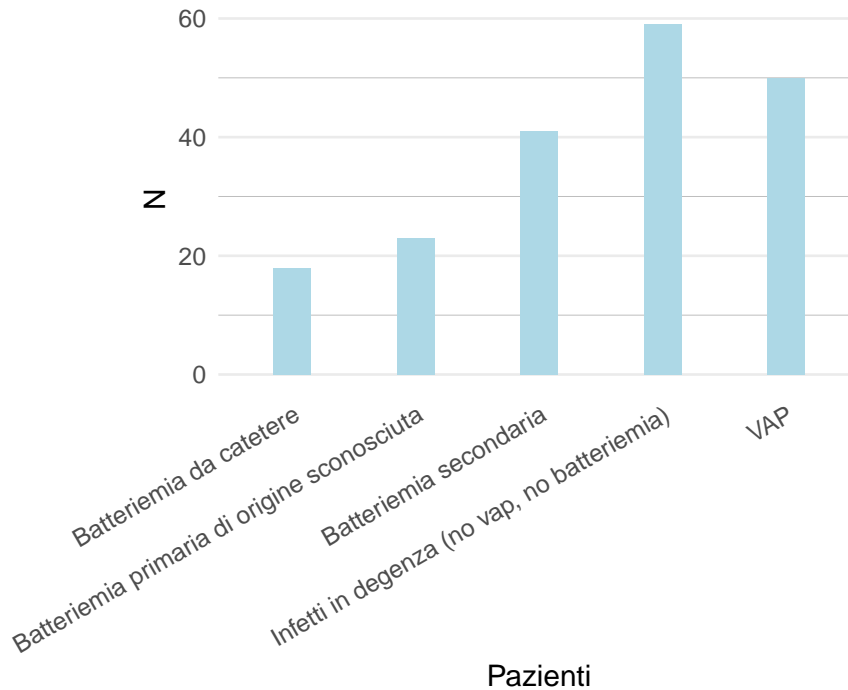
Sono presenti 174 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.6% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti in degenza	174	11.6
Non infetti in degenza	1322	88.4

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1496).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



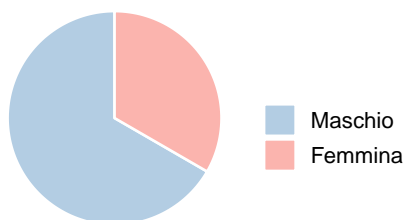
Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	59	33.9
VAP	50	28.7

Batteriemia primaria di origine sconosciuta	23	13.2
Batteriemia da catetere	18	10.3
Batteriemia secondaria	41	23.6

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 174)

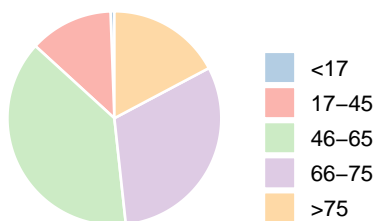
8 Pazienti infetti in degenza (N = 174)

8.1 Sesso



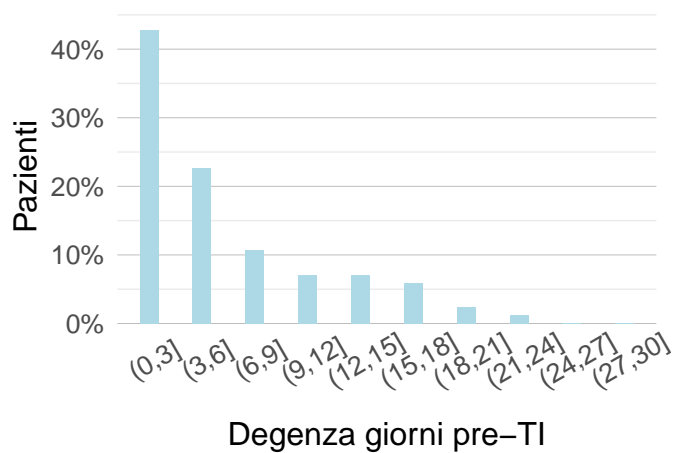
Sesso	N	%
Maschio	116	66.7
Femmina	58	33.3
Missing	0	0

8.2 Età



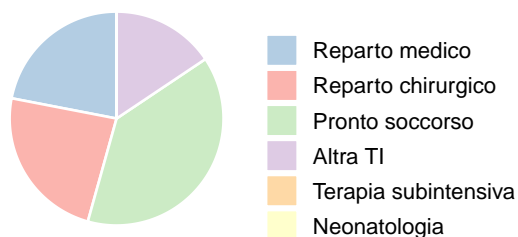
Range età	N	%
<17	1	0.6
17-45	22	12.6
46-65	67	38.5
66-75	54	31.0
>75	30	17.2
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



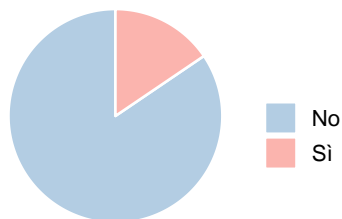
Indicatore	Valore
Media	5.0
DS	9.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-6
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



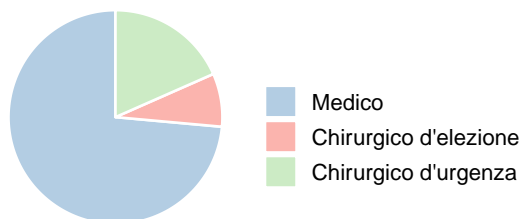
Provenienza	N	%
Reparto medico	38	22.0
Reparto chirurgico	41	23.7
Pronto soccorso	67	38.7
Altra TI	27	15.6
Terapia subintensiva	0	0.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

8.5 Trauma



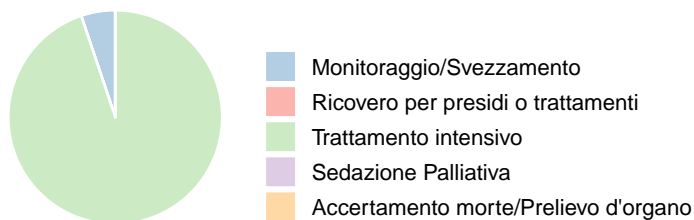
Trauma	N	%
No	147	84.5
Si	27	15.5
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	128	73.6
Chirurgico d'elezione	14	8.0
Chirurgico d'urgenza	32	18.4
Missing	0	0

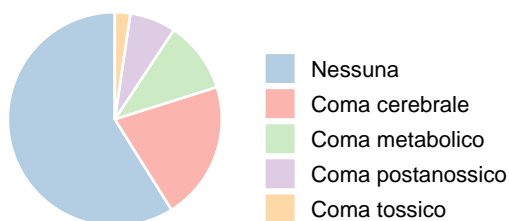
8.7 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	9	5.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0

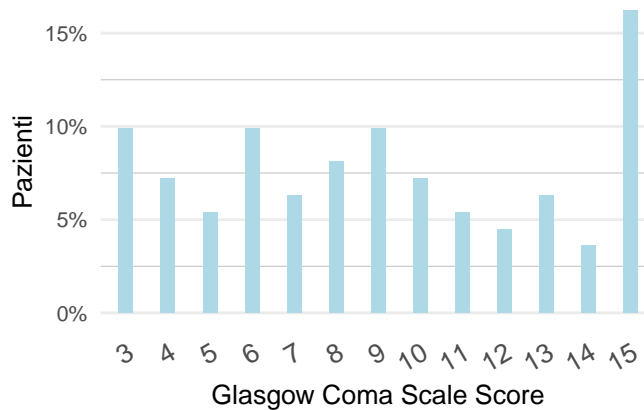
Trattamento intensivo	165	94.8
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



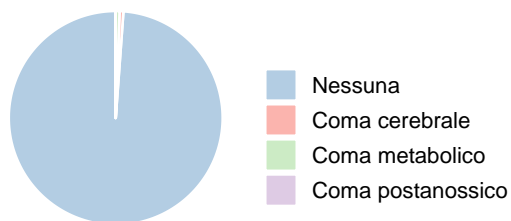
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	76	58.9
Coma cerebrale	27	20.9
Coma metabolico	14	10.9
Coma postanossico	9	7.0
Coma tossico	3	2.3
Missing	45	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



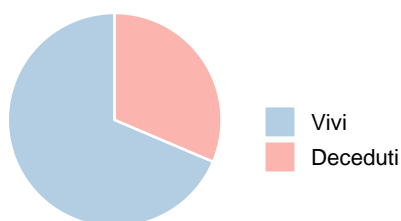
Indicatore	Valore
Media	7.0
DS	4.0
Mediana	7
Q1-Q3	4-11

8.10 Insufficienza neurologica insorta



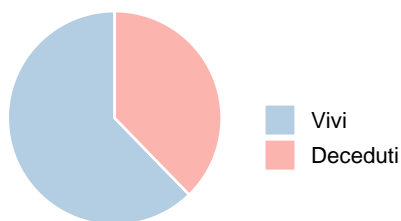
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	172	98.9
Coma cerebrale	1	0.6
Coma metabolico	1	0.6
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	118	68.6
Deceduti	54	31.4
Missing	2	0

8.12 Mortalità ospedaliera *

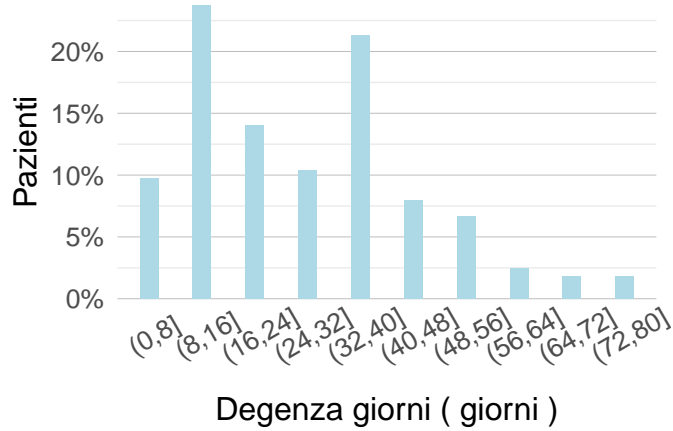


Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	104	62.3

Deceduti	63	37.7
Missing	1	0

* Statistiche calcolate su 168 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.8 (25.8)
Mediana (Q1-Q3)	29 (15-40)
Missing	1

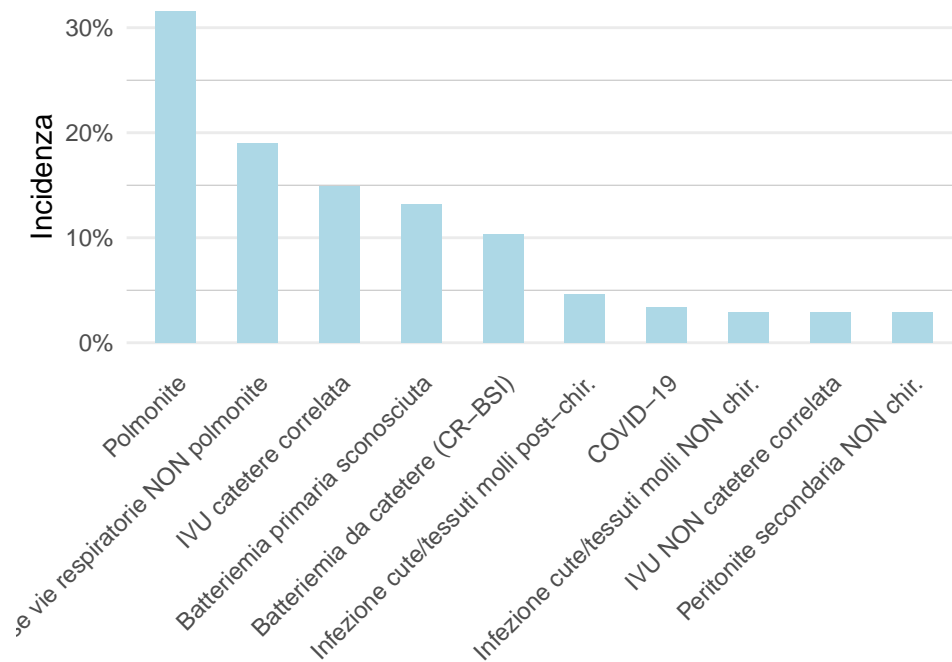
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.0 (32.0)
Mediana (Q1-Q3)	35.5 (19.2-53.8)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 168 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

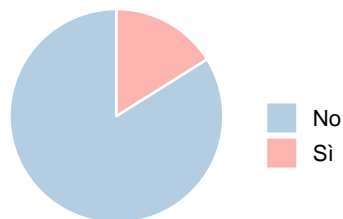
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	55	31.6
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	33	19.0
IVU catetere correlata	26	14.9
Batteriemia primaria sconosciuta	23	13.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	18	10.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	8	4.6
COVID-19	6	3.4
Peritonite secondaria NON chir.	5	2.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	5	2.9
IVU NON catetere correlata	5	2.9
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



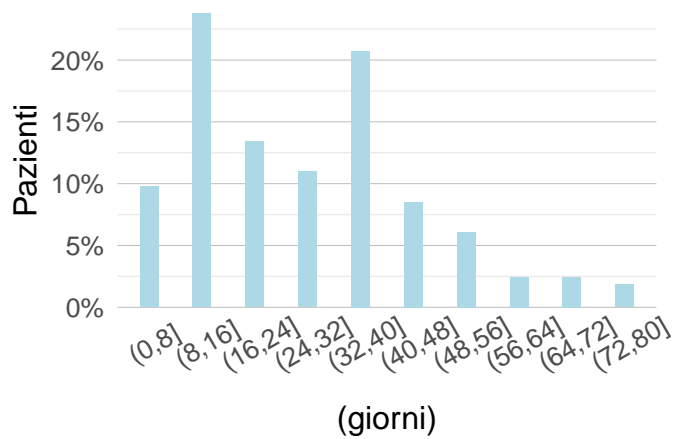
Infezione multisito	N	%
No	146	83.9
Si	28	16.1
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	202
Numero totale di microrganismi isolati	218

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	32.9
DS	25.8
Mediana	29
Q1-Q3	15-41
Missing	1

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

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

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

Il primo:

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

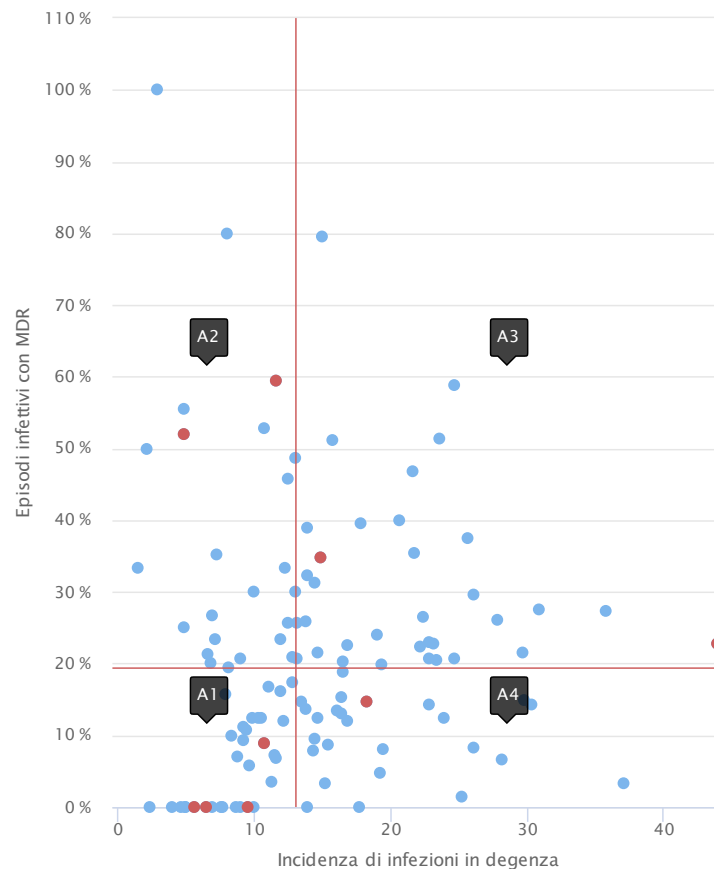
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

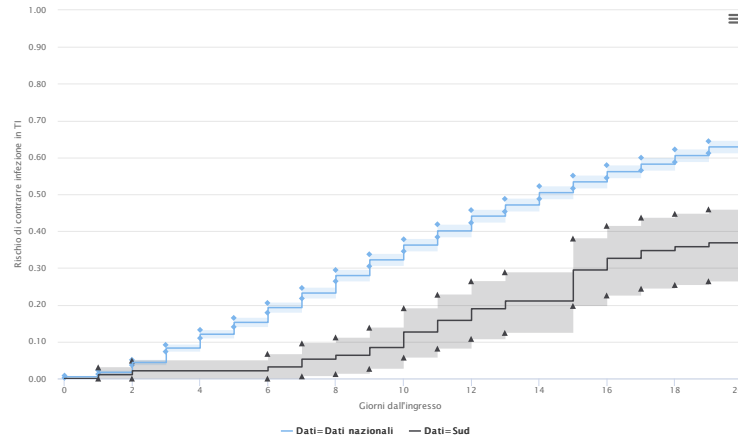
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: *'Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?'*.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

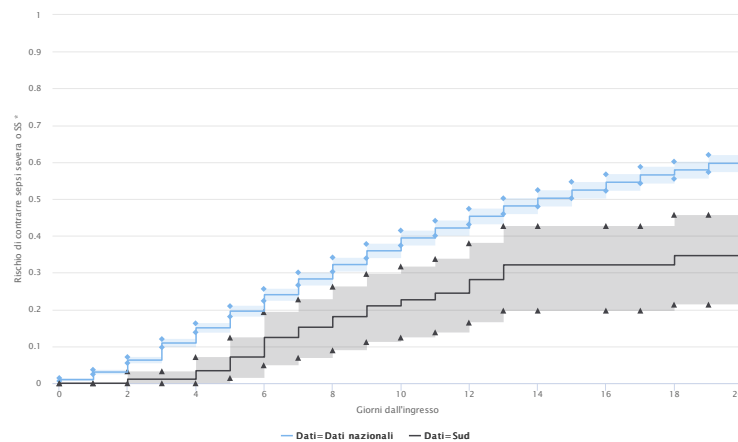


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe S. Coagulasi negativo meticillina resistente). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico in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

Rischio di contrarre infezione in TI



di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



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

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

8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

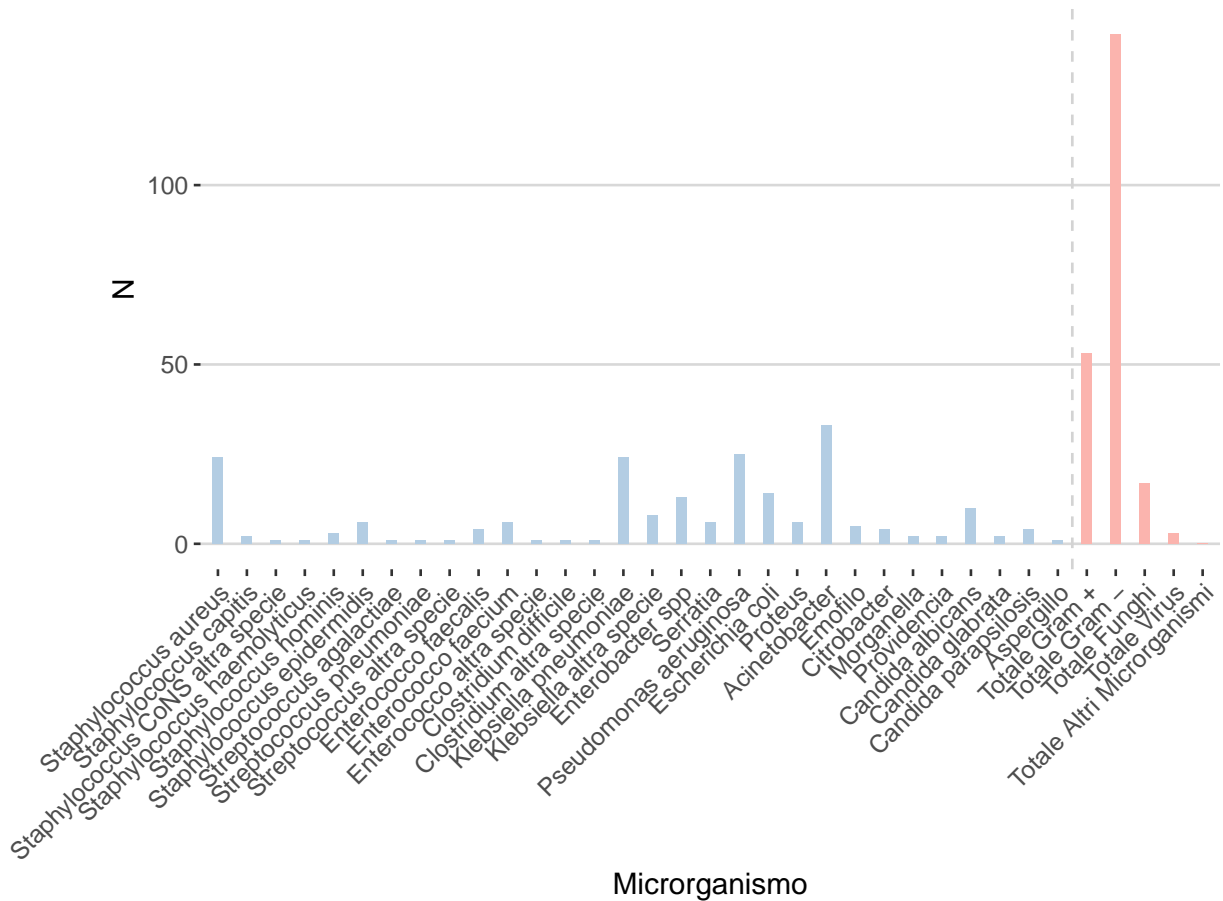
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	17	8.5
Sì	182	91.5
Missing	3	

Totale infezioni 202
Totale microrganismi isolati 218

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.

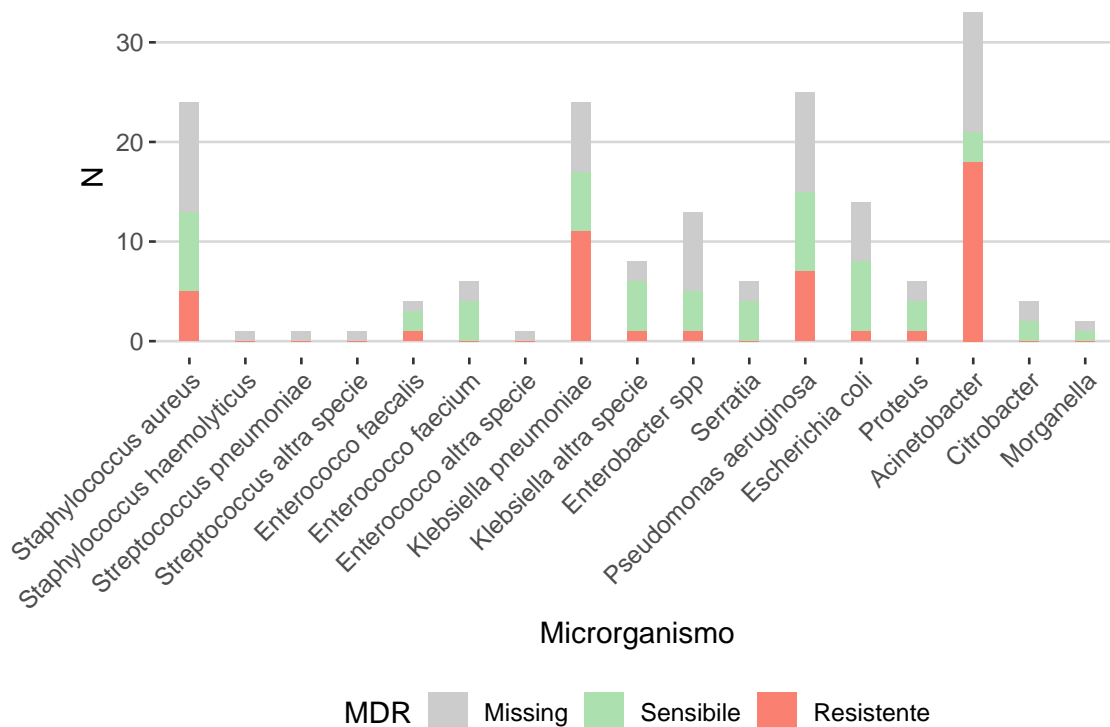
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	24	13.0	13	5	38.5
Staphylococcus capitis	2	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	3.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.5	0	0	0
Enterococco faecalis	4	2.2	3	1	33.3
Enterococco faecium	6	3.3	4	0	0
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	53	28.8	20	6	30
Klebsiella pneumoniae	24	13.0	17	11	64.7
Klebsiella altra specie	8	4.3	6	1	16.7
Enterobacter spp	13	7.1	5	1	20
Serratia	6	3.3	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	25	13.6	15	7	46.7
Escherichia coli	14	7.6	8	1	12.5
Proteus	6	3.3	4	1	25
Acinetobacter	33	17.9	21	18	85.7
Emofilo	5	2.7	0	0	0
Citrobacter	4	2.2	2	0	0
Morganella	2	1.1	1	0	0
Providencia	2	1.1	0	0	0
Totale Gram -	142	77.2	83	40	48.2
Candida albicans	10	5.4	0	0	0
Candida glabrata	2	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	2.2	0	0	0
Aspergillo	1	0.5	0	0	0
Totale Funghi	17	9.2	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.5			
Herpes simplex	1	0.5			
Altro Virus	1	0.5			
Totale Virus	3	1.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	24	13.0	13	5	38.5
Staphylococcus capitis	2	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	3.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.5	0	0	0
Enterococco faecalis	4	2.2	3	1	33.3
Enterococco faecium	6	3.3	4	0	0
Enterococco altra specie	1	0.5	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	53	28.8	20	6	30
Klebsiella pneumoniae	24	13.0	17	11	64.7
Klebsiella altra specie	8	4.3	6	1	16.7
Enterobacter spp	13	7.1	5	1	20
Serratia	6	3.3	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	25	13.6	15	7	46.7
Escherichia coli	14	7.6	8	1	12.5
Proteus	6	3.3	4	1	25

Acinetobacter	33	17.9	21	18	85.7
Emofilo	5	2.7	0	0	0
Citrobacter	4	2.2	2	0	0
Morganella	2	1.1	1	0	0
Providencia	2	1.1	0	0	0
Totale Gram -	142	77.2	83	40	48.2
Candida albicans	10	5.4	0	0	0
Candida glabrata	2	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	2.2	0	0	0
Aspergillo	1	0.5	0	0	0
Totale Funghi	17	9.2	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.5			
Herpes simplex	1	0.5			
Altro Virus	1	0.5			
Totale Virus	3	1.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

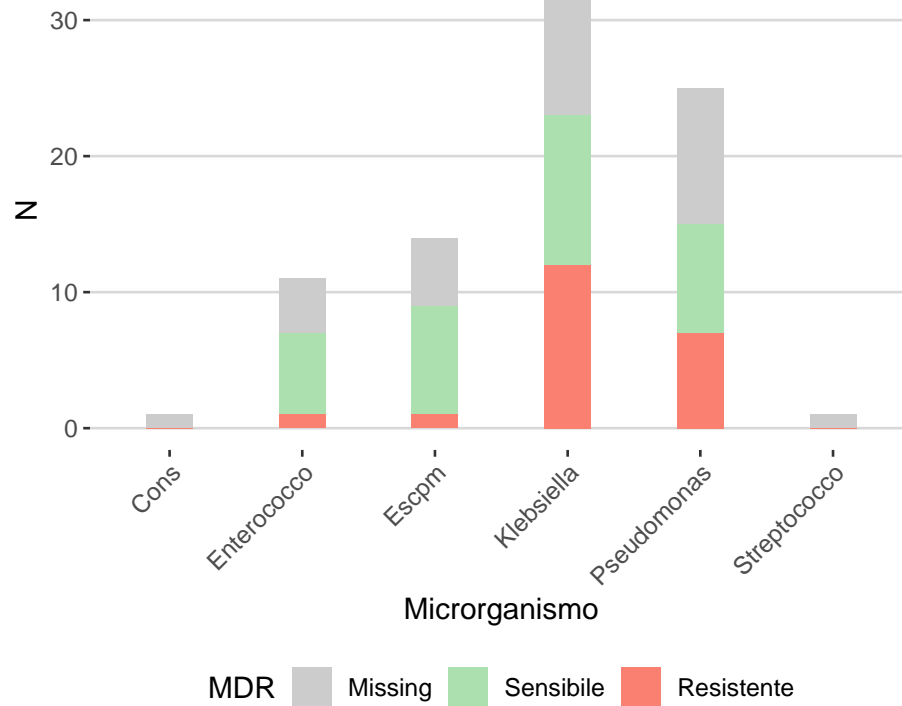
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Pyogens, Clamidia, Legionella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra

specie, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	0	0	0	NaN	1
Enterococco	11	7	6	1	14.29	4
Escpm	14	9	8	1	11.11	5
Klebsiella	32	23	11	12	52.17	9
Pseudomonas	25	15	8	7	46.67	10
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

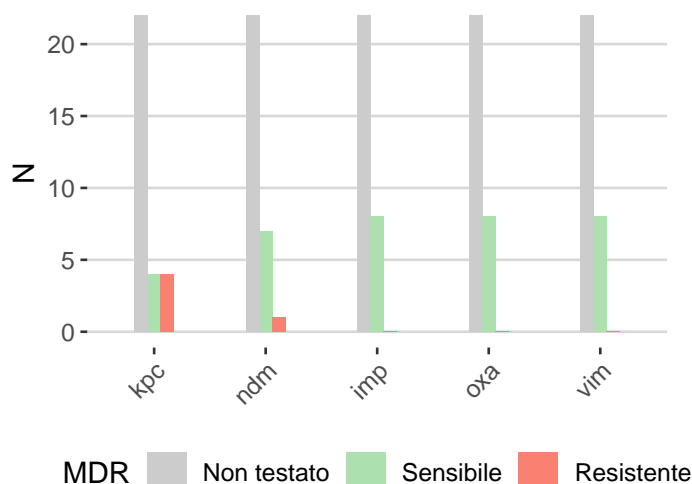
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	13	Ertapenem	5	38.46
Klebsiella pneumoniae	17	Meropenem	11	64.71
Klebsiella altra specie	6	Meropenem	1	16.67
Enterobacter spp	5	Meropenem	1	20.00
Escherichia coli	5	Ertapenem	1	20.00
Escherichia coli	8	Meropenem	1	12.50
Proteus	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	18	Imipenem	13	72.22
Acinetobacter	21	Meropenem	18	85.71
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	2	22.22
Pseudomonas aeruginosa	15	Meropenem	6	40.00
Staphylococcus aureus	13	Meticillina	5	38.46
Enterococco faecalis	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	4	14.81
No	2	7.41
Non testato	21	77.78
Missing	55	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	8	22
kpc	4	80	4	22
ndm	1	20	7	22
oxa	0	0	8	22
vim	0	0	8	22



9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 78)

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

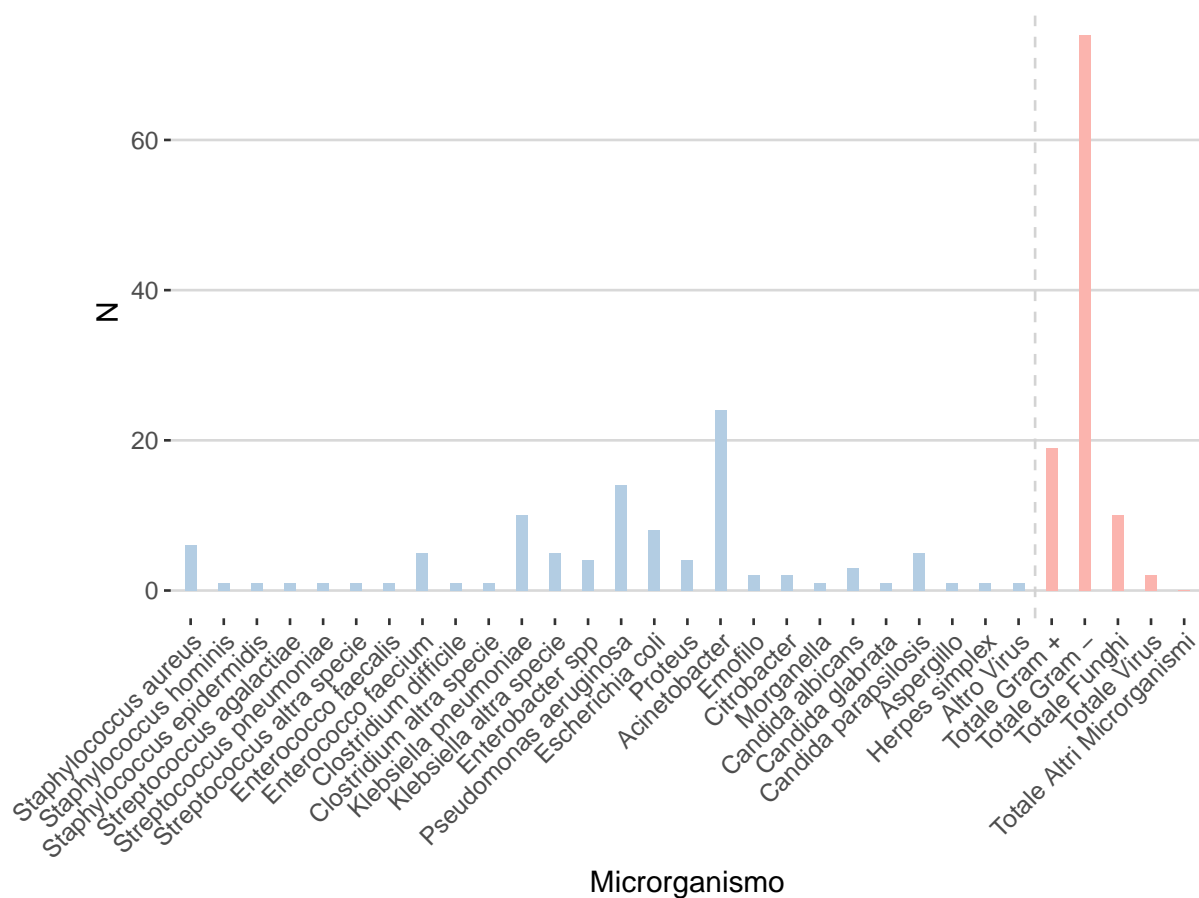
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	24	12.7
Sì	165	87.3
Missing	1	
Totale infezioni	190	
Totale microrganismi isolati	190	

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	7.1	2	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.2	0	0	0
Enterococco faecalis	1	1.2	1	1	100
Enterococco faecium	5	6.0	3	0	0
Clostridium difficile	1	1.2	0	0	0
Clostridium altra specie	1	1.2	0	0	0
Totale Gram +	19	22.6	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	10	11.9	8	6	75

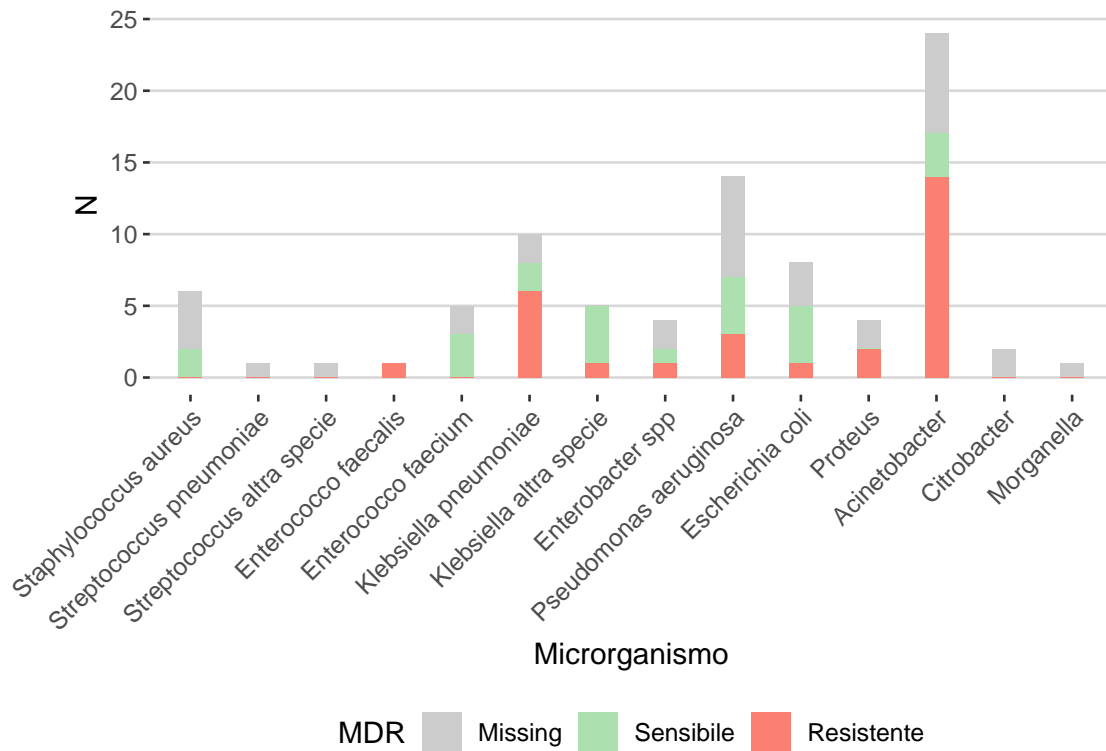
Klebsiella altra specie	5	6.0	5	1	20
Enterobacter spp	4	4.8	2	1	50
Pseudomonas aeruginosa	14	16.7	7	3	42.9
Escherichia coli	8	9.5	5	1	20
Proteus	4	4.8	2	2	100
Acinetobacter	24	28.6	17	14	82.4
Emofilo	2	2.4	0	0	0
Citrobacter	2	2.4	0	0	0
Morganella	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	74	88.1	46	28	60.9
Candida albicans	3	3.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	5	6.0	0	0	0
Aspergillo	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	10	11.9	0	0	0
Herpes simplex	1	1.2			
Altro Virus	1	1.2			
Totale Virus	2	2.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
----------------	---	--------------	---------------------	-------	-------

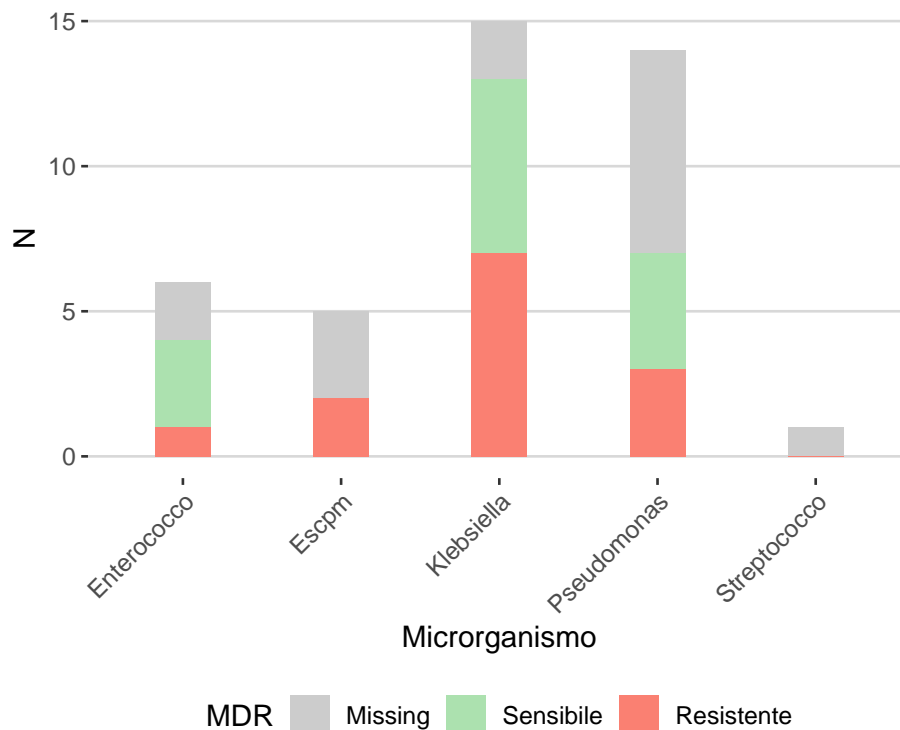
Staphylococcus aureus	6	7.1	2	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.2	0	0	0
Enterococco faecalis	1	1.2	1	1	100
Enterococco faecium	5	6.0	3	0	0
Clostridium difficile	1	1.2	0	0	0
Clostridium altra specie	1	1.2	0	0	0
Totale Gram +	19	22.6	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	10	11.9	8	6	75
Klebsiella altra specie	5	6.0	5	1	20
Enterobacter spp	4	4.8	2	1	50
Pseudomonas aeruginosa	14	16.7	7	3	42.9
Escherichia coli	8	9.5	5	1	20
Proteus	4	4.8	2	2	100
Acinetobacter	24	28.6	17	14	82.4
Emofilo	2	2.4	0	0	0
Citrobacter	2	2.4	0	0	0
Morganella	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	74	88.1	46	28	60.9
Candida albicans	3	3.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	5	6.0	0	0	0
Aspergillo	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	10	11.9	0	0	0
Herpes simplex	1	1.2			
Altro Virus	1	1.2			
Totale Virus	2	2.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	6	4	3	1	25.00	2
Escpm	5	2	0	2	100.00	3
Klebsiella	15	13	6	7	53.85	2
Pseudomonas	14	7	4	3	42.86	7
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	20	Ertapenem	11	55.00

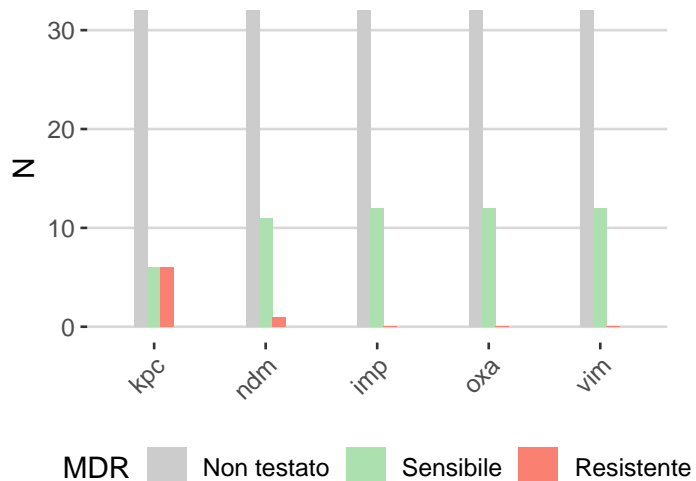
Klebsiella pneumoniae	20	Meropenem	13	65.00
Klebsiella altra specie	5	Meropenem	1	20.00
Citrobacter	1	Meropenem	1	100.00
Enterobacter spp	3	Ertapenem	1	33.33
Enterobacter spp	4	Meropenem	1	25.00
Escherichia coli	6	Ertapenem	1	16.67
Escherichia coli	8	Meropenem	1	12.50
Proteus	2	Ertapenem	1	50.00
Proteus	2	Meropenem	2	100.00
Acinetobacter	16	Imipenem	12	75.00
Acinetobacter	18	Meropenem	15	83.33
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	4	36.36
Pseudomonas aeruginosa	14	Meropenem	5	35.71
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20.00
Enterococco faecalis	2	Vancomicina	1	50.00

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

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

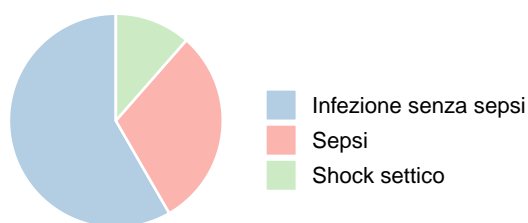
	N	%
Sì	5	12.82
No	3	7.69
Non testato	31	79.49
Missing	61	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	12	32
kpc	6	85.7	6	32
ndm	1	14.3	11	32
oxa	0	0.0	12	32
vim	0	0.0	12	32



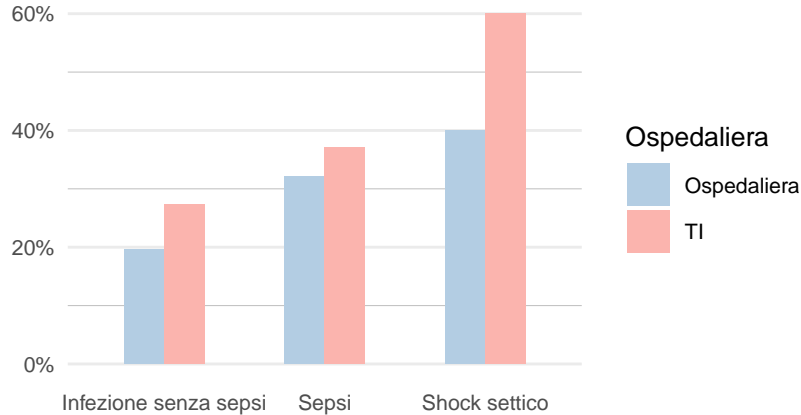
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 96)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione senza sepsi	56	58.3
Sepsi	29	30.2
Shock settico	11	11.5
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione senza sepsi	19.6	27.3
Sepsi	32.1	37.0
Shock settico	40.0	60.0

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

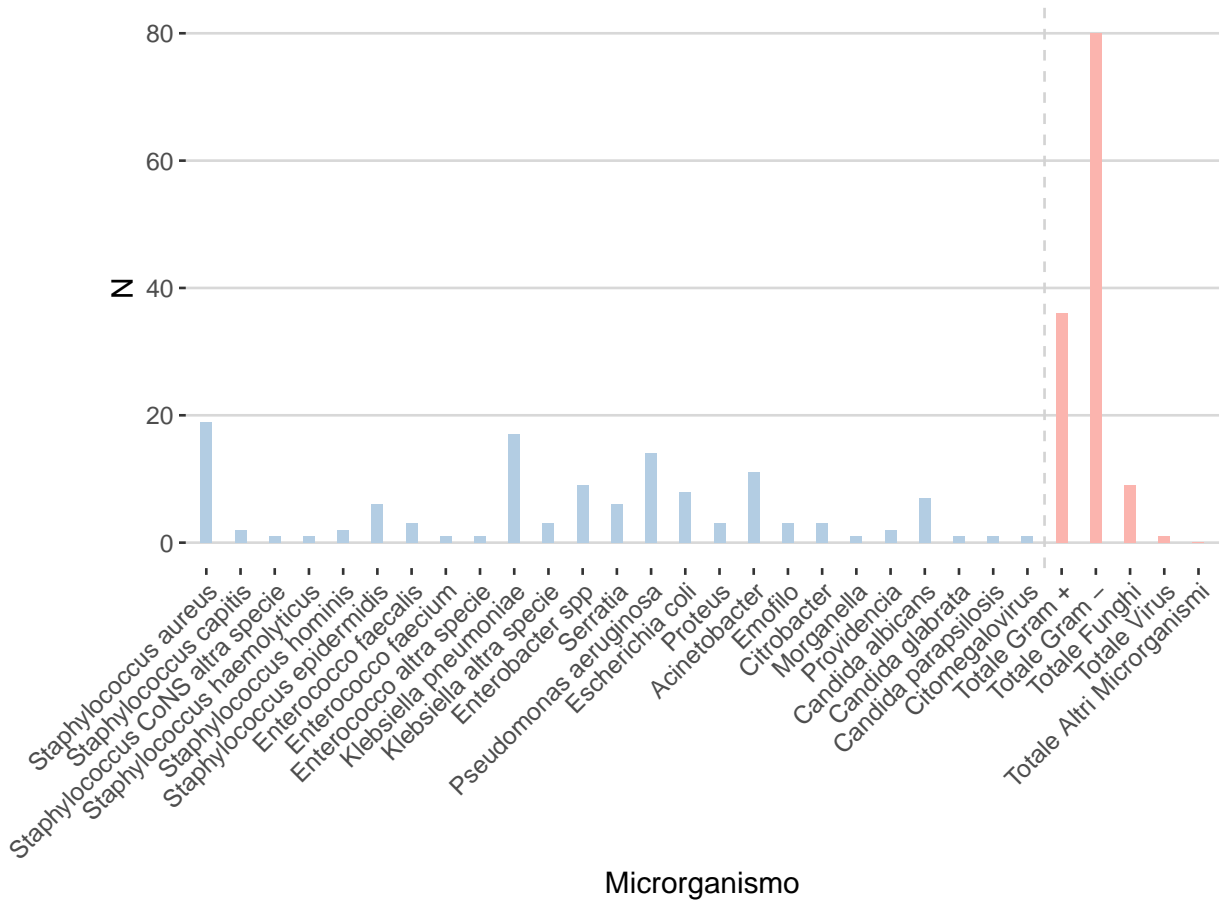
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	11	9.3
Sì	107	90.7
Missing	2	
Totale infezioni	120	
Totale microrganismi isolati	128	

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.

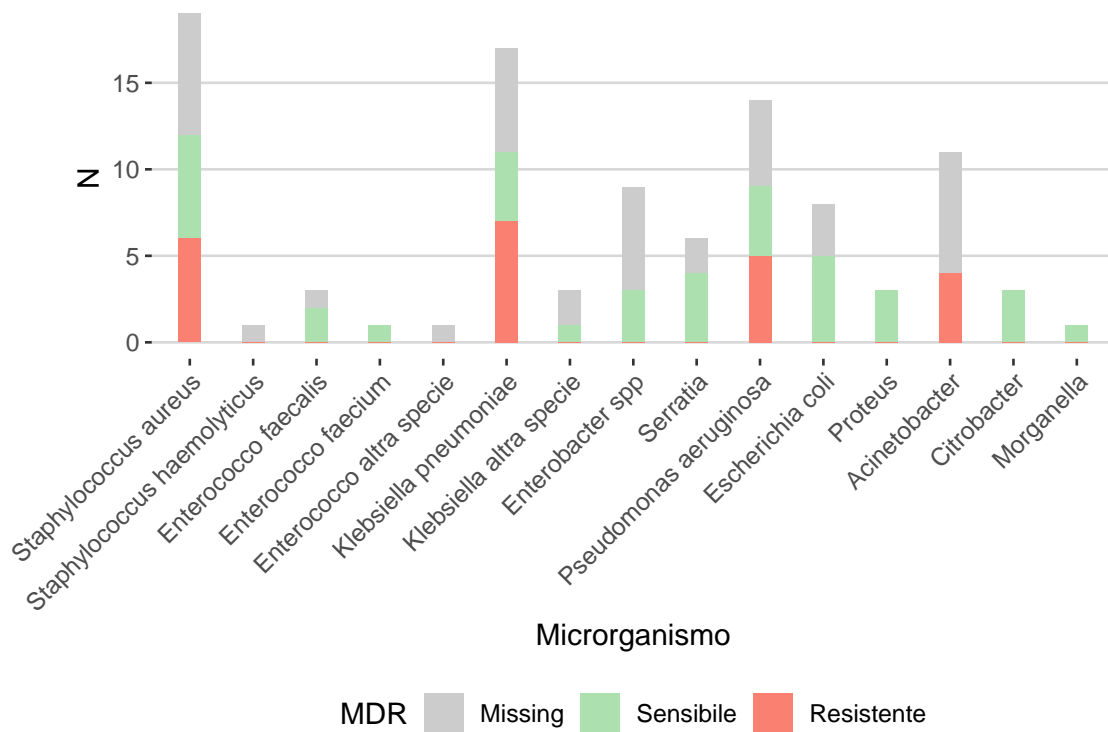
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	19	12	6	50
Staphylococcus capitis	2	2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	6	0	0	0
Enterococco faecalis	3	3	2	0	0
Enterococco faecium	1	1	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1	0	0	0

Totale Gram +	36	36	15	6	40
Klebsiella pneumoniae	17	17	11	7	63.6
Klebsiella altra specie	3	3	1	0	0
Enterobacter spp	9	9	3	0	0
Serratia	6	6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	14	9	5	55.6
Escherichia coli	8	8	5	0	0
Proteus	3	3	3	0	0
Acinetobacter	11	11	4	4	100
Emofilo	3	3	0	0	0
Citrobacter	3	3	3	0	0
Morganella	1	1	1	0	0
Providencia	2	2	0	0	0
Totale Gram -	80	80	44	16	36.4
Candida albicans	7	7	0	0	0
Candida glabrata	1	1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1	0	0	0
Totale Funghi	9	9	0	0	0
Citomegalovirus	1	1			
Totale Virus	1	1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



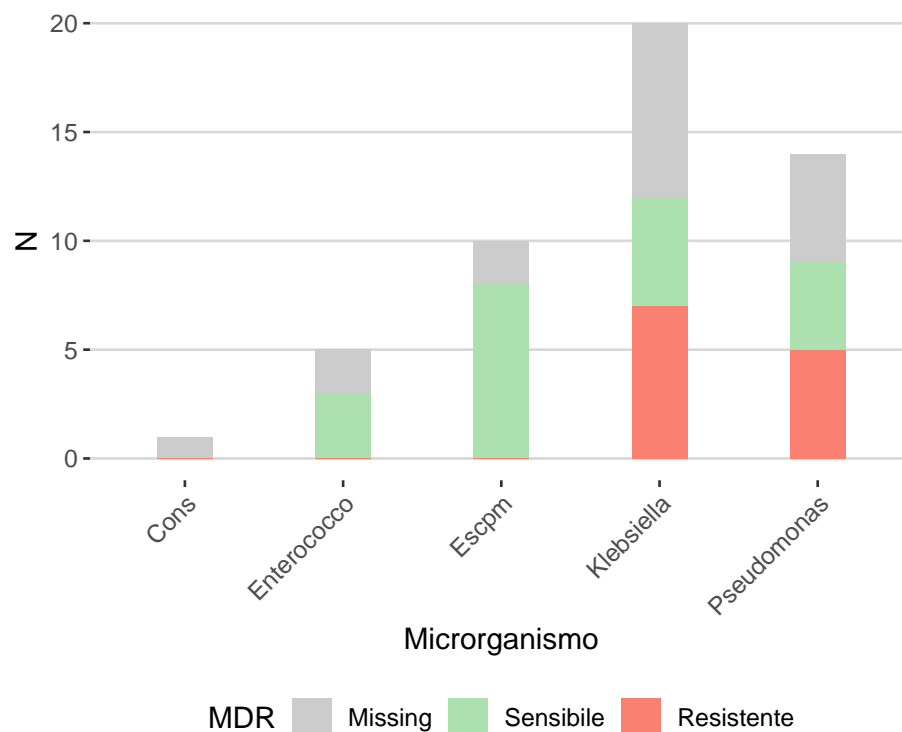
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	19	12	6	50
Staphylococcus capitis	2	2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	6	0	0	0
Enterococco faecalis	3	3	2	0	0
Enterococco faecium	1	1	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1	0	0	0
Totale Gram +	36	36	15	6	40
Klebsiella pneumoniae	17	17	11	7	63.6
Klebsiella altra specie	3	3	1	0	0
Enterobacter spp	9	9	3	0	0
Serratia	6	6	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	14	9	5	55.6
Escherichia coli	8	8	5	0	0
Proteus	3	3	3	0	0
Acinetobacter	11	11	4	4	100
Emofilo	3	3	0	0	0
Citrobacter	3	3	3	0	0
Morganella	1	1	1	0	0
Providencia	2	2	0	0	0
Totale Gram -	80	80	44	16	36.4
Candida albicans	7	7	0	0	0
Candida glabrata	1	1	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1	0	0	0
Totale Funghi	9	9	0	0	0
Citomegalovirus	1	1			
Totale Virus	1	1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

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



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

10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	0	0	0	NaN	1
Enterococco	5	3	3	0	0.00	2
Escpm	10	8	8	0	0.00	2
Klebsiella	20	12	5	7	58.33	8
Pseudomonas	14	9	4	5	55.56	5

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	1	16.67
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	7	63.64

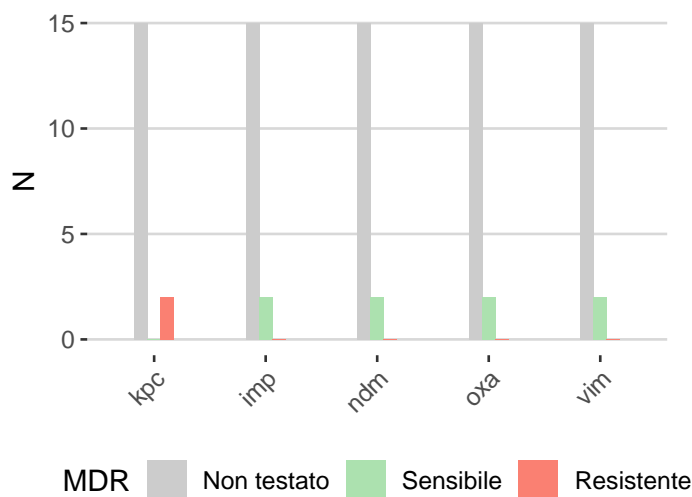
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	5	55.56
Staphylococcus aureus	12	Meticillina	6	50.00

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

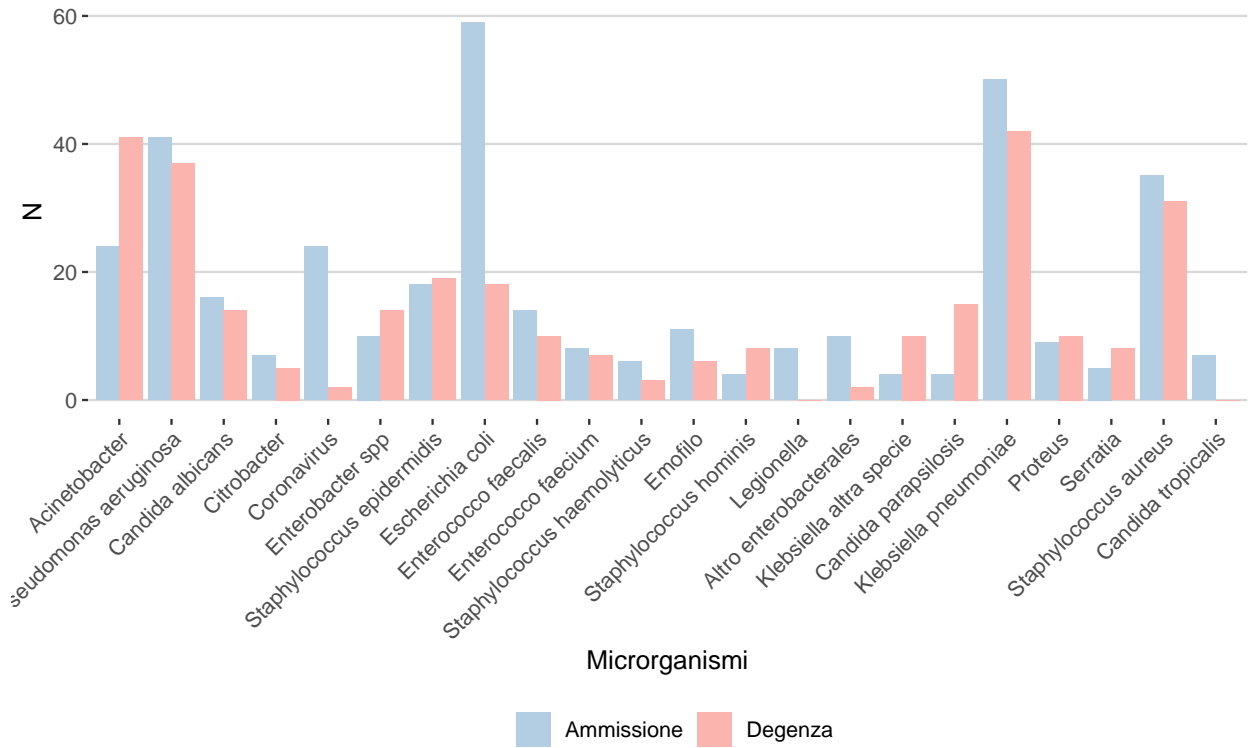
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	2	12.5
No	0	0
Non testato	14	87.5
Missing	34	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	15
kpc	2	100	0	15
ndm	0	0	2	15
oxa	0	0	2	15
vim	0	0	2	15



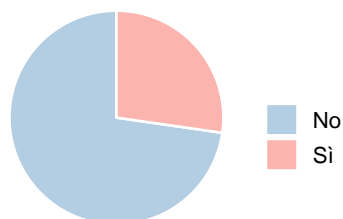
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	65	24	36.9	41	63.1
Pseudomonas aeruginosa	78	41	52.6	37	47.4
Candida albicans	30	16	53.3	14	46.7
Citrobacter	12	7	58.3	5	41.7
Coronavirus	26	24	92.3	2	7.7
Enterobacter spp	24	10	41.7	14	58.3
Staphylococcus epidermidis	37	18	48.6	19	51.4
Escherichia coli	77	59	76.6	18	23.4
Enterococco faecalis	24	14	58.3	10	41.7
Enterococco faecium	15	8	53.3	7	46.7
Staphylococcus haemolyticus	9	6	66.7	3	33.3
Emofilo	17	11	64.7	6	35.3
Staphylococcus hominis	12	4	33.3	8	66.7
Legionella	8	8	100	0	0
Altro enterobacterales	12	10	83.3	2	16.7
Klebsiella altra specie	14	4	28.6	10	71.4
Candida parapsilosis	19	4	21.1	15	78.9
Klebsiella pneumoniae	92	50	54.3	42	45.7
Proteus	19	9	47.4	10	52.6
Serratia	13	5	38.5	8	61.5
Staphylococcus aureus	66	35	53	31	47
Candida tropicalis	7	7	100	0	0

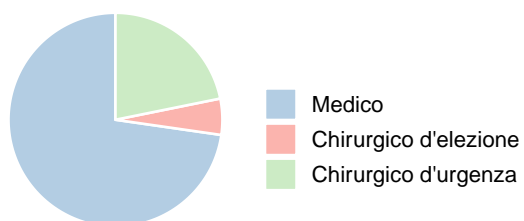
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 55)

11.1 Trauma



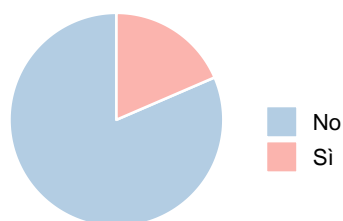
Trauma	N	%
No	40	72.7
Si	15	27.3
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	40	72.7
Chirurgico d'elezione	3	5.5
Chirurgico d'urgenza	12	21.8
Missing	0	0

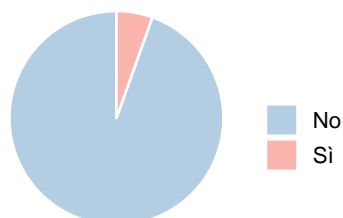
11.3 Infezione batteriémica



Batteriémica	N	%
No	40	72.7
Si	15	27.3
Missing	0	0

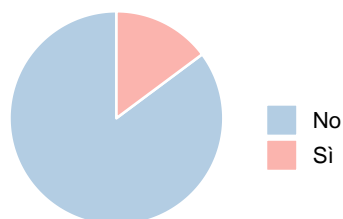
No	44	81.5
Sì	10	18.5
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



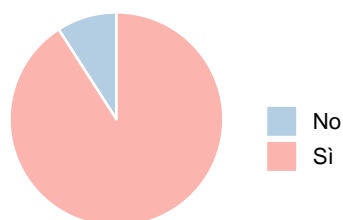
Infezione multisito	N	%
No	52	94.5
Sì	3	5.5
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	46	85.2
Sì	8	14.8
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

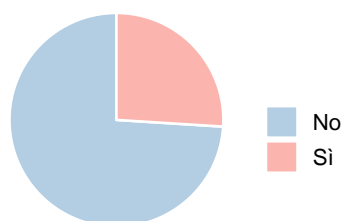


Polmonite associata a VAP	N	%
No	5	9.1
Sì	50	90.9
Missing	0	0

* 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).

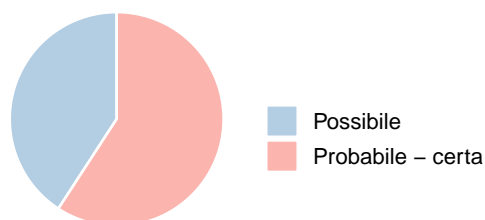
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 50)

12.1 VAP precoce



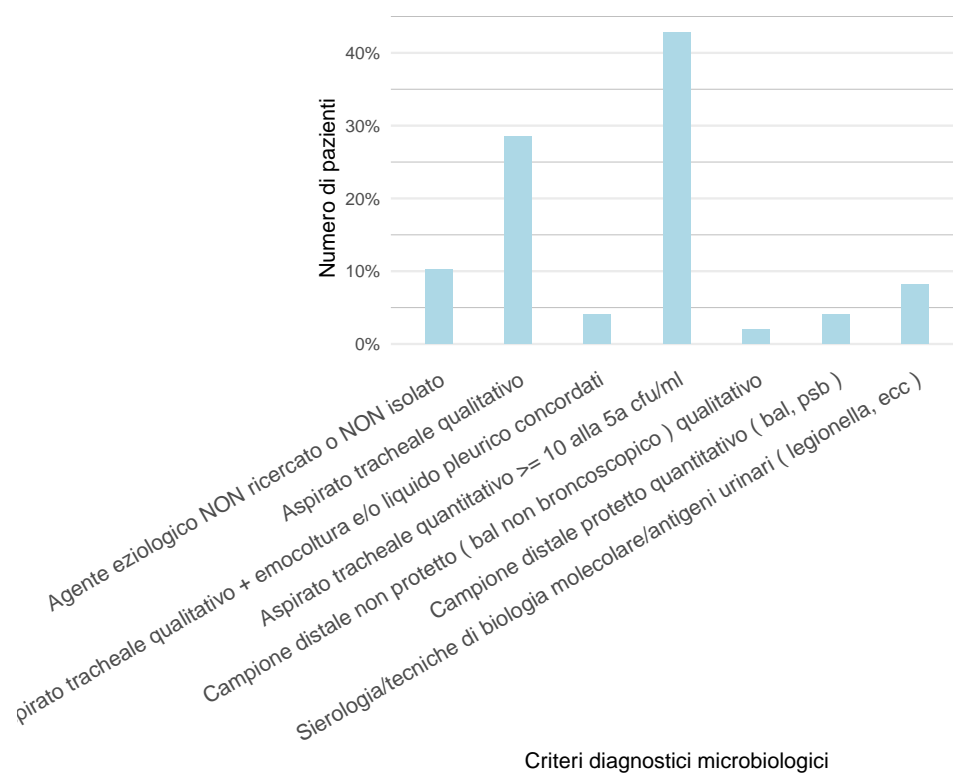
VAP precoce	N	%
No	37	74.0
Sì	13	26.0
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	20	40.8
Probabile - certa	29	59.2
Missing	1	0

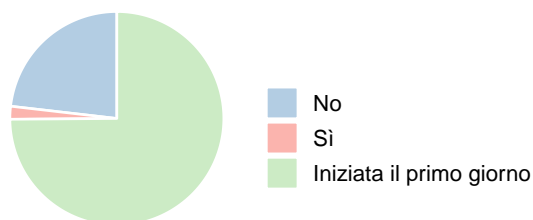
12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	4	8.2
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	2.0
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	0	0.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	2	4.1
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	21	42.9
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	2	4.1
Aspirato tracheale qualitativo	14	28.6
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	5	10.2
Missing	1	0

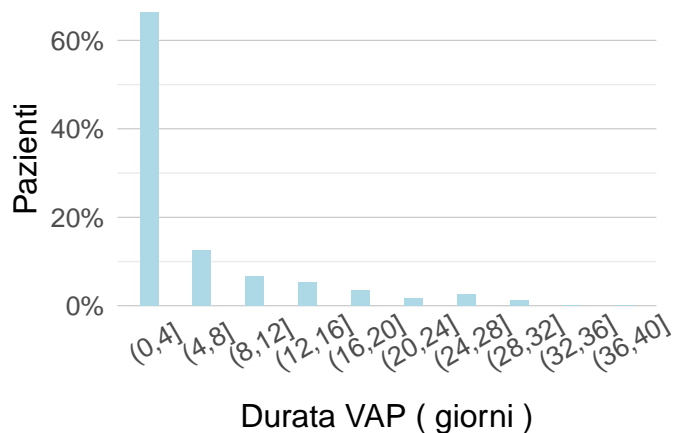
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 1496)

12.4.1 Ventilazione invasiva



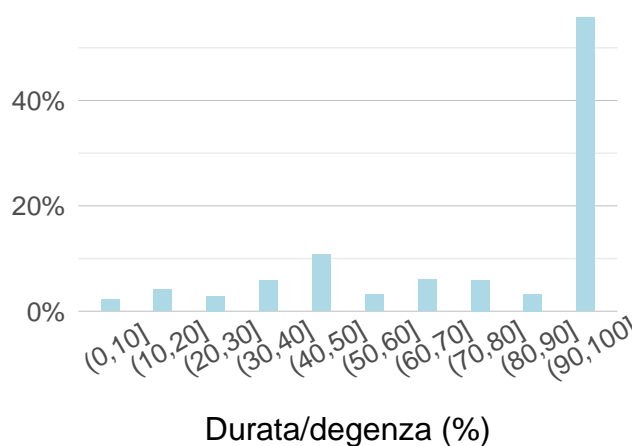
Ventilazione invasiva	N	%
No	345	23.2
Sì	1144	76.8
Iniziata il primo giorno	1115	74.5
Missing	7	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.8 (16.1)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-9)
Missing	5

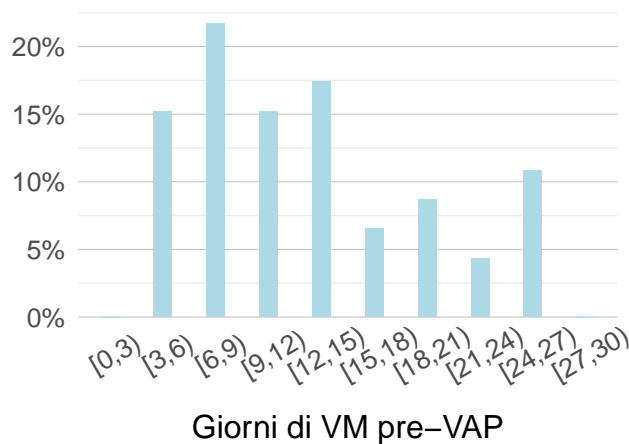
12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	77.6 (28.9)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)

Missing	6
---------	---

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	50
Media (DS)	14.4 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6.2-18)
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	6.6	4.6 %
CI (95%)	4.9 - 8.7	3.4 - 6.1

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

Il primo:

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

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

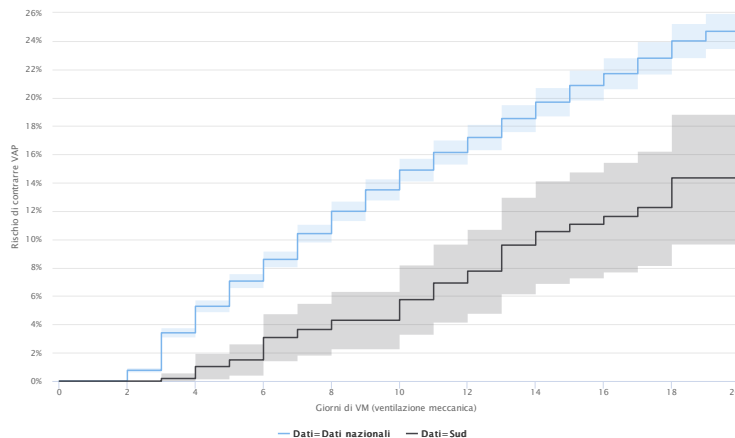
Il secondo invece:

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

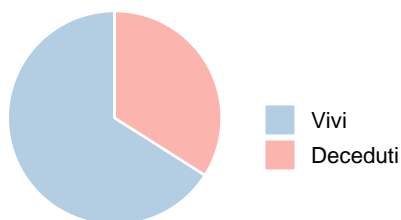
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

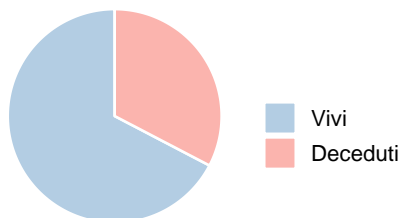


12.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	33	66.0
Deceduti	17	34.0
Missing	0	0

12.8 Mortalità ospedaliera *

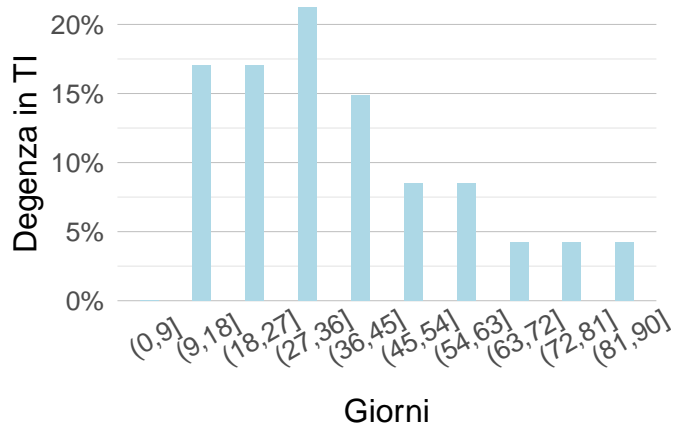


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	33	67.3

Deceduti	16	32.7
Missing	0	0

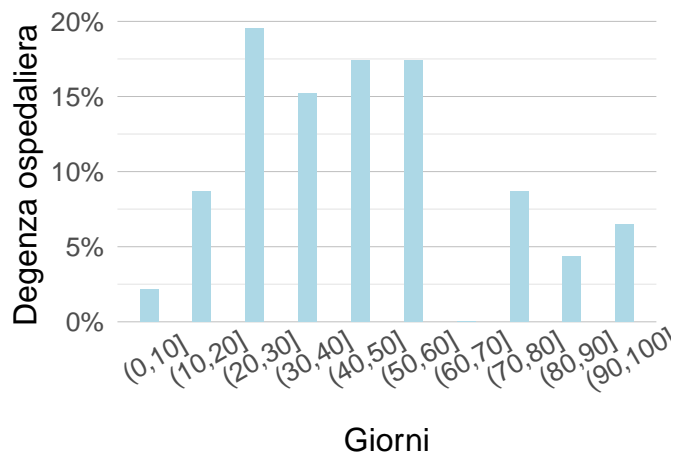
* Statistiche calcolate su 49 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.6 (25.0)
Mediana (Q1-Q3)	36 (23.2-54.5)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.9 (30.2)
Mediana (Q1-Q3)	44 (29-57)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 49 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

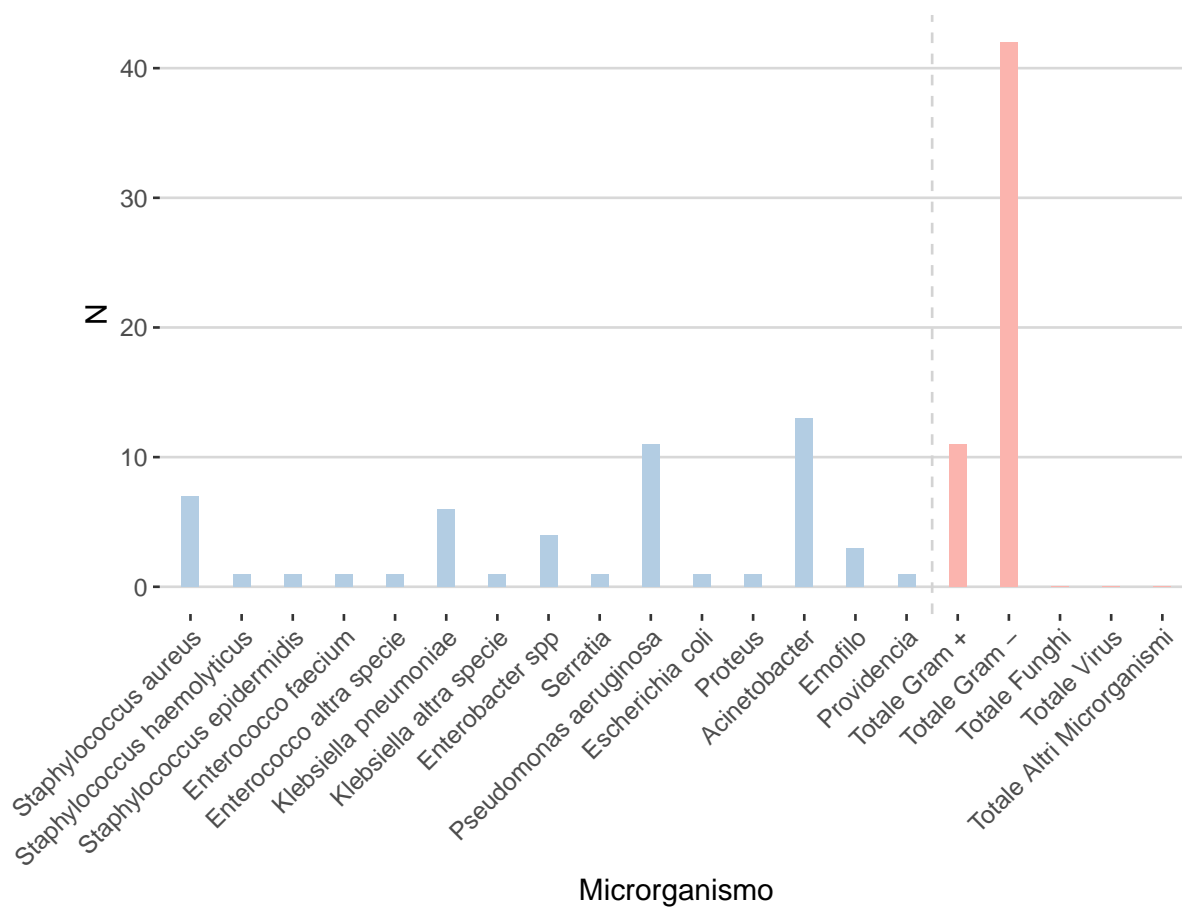
12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

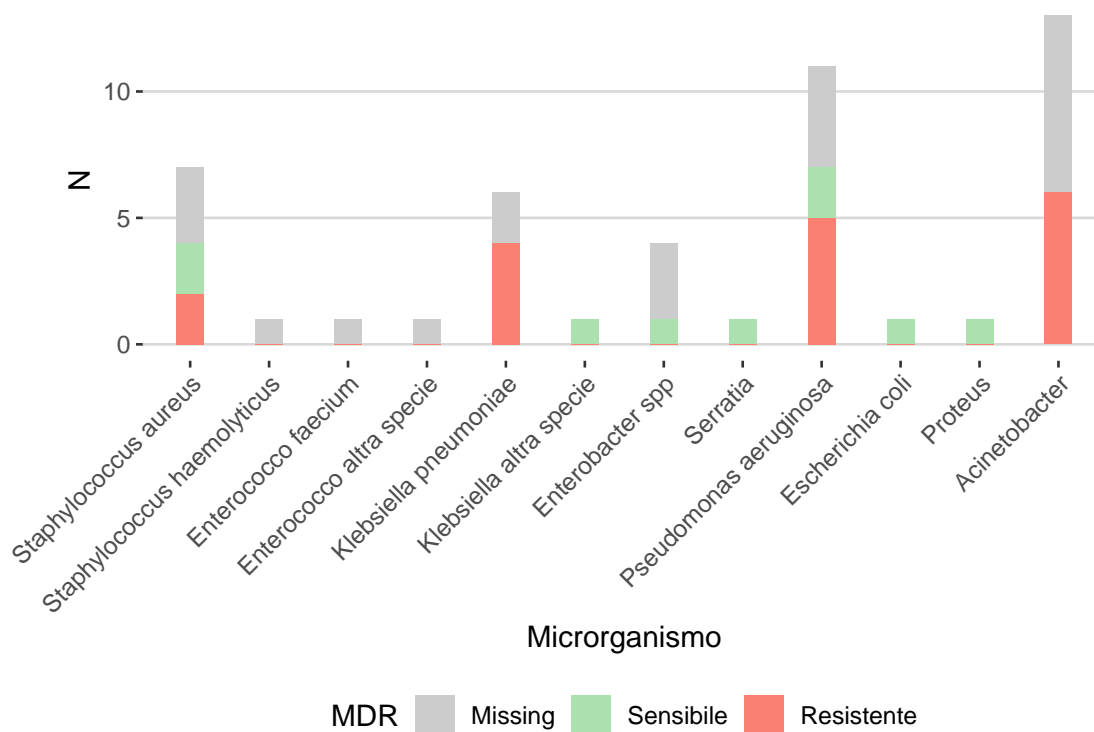
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	5	10.2
Sì	44	89.8
Missing	1	
Totale infezioni	50	
Totale microrganismi isolati	54	

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	15.6	4	2	50
Staphylococcus haemolyticus	1	2.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.2	0	0	0
Enterococco faecium	1	2.2	0	0	0
Enterococco altra specie	1	2.2	0	0	0
Totale Gram +	11	24.4	4	2	50
Klebsiella pneumoniae	6	13.3	4	4	100
Klebsiella altra specie	1	2.2	1	0	0
Enterobacter spp	4	8.9	1	0	0
Serratia	1	2.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	24.4	7	5	71.4
Escherichia coli	1	2.2	1	0	0
Proteus	1	2.2	1	0	0
Acinetobacter	13	28.9	6	6	100
Emofilo	3	6.7	0	0	0
Providencia	1	2.2	0	0	0
Totale Gram -	42	93.3	22	15	68.2
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	0	0	0	NaN	1
Enterococco	2	0	0	0	NaN	2
Escpm	2	2	2	0	0.00	0
Klebsiella	7	5	1	4	80.00	2
Pseudomonas	11	7	2	5	71.43	4

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	4	Meropenem	4	100.00
Acinetobacter	4	Imipenem	4	100.00
Acinetobacter	6	Meropenem	6	100.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	7	Meropenem	4	57.14
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	2	50.00

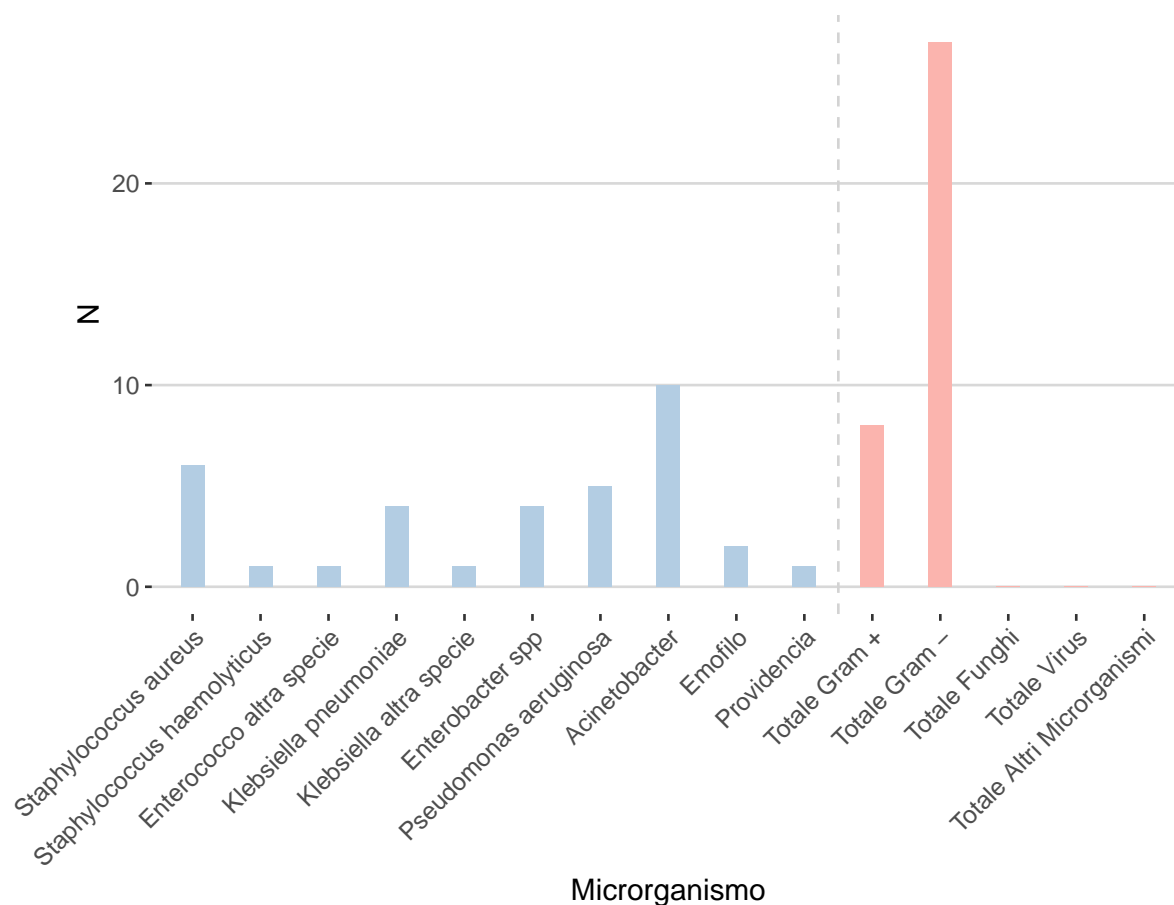
12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	29	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	29	
Totale microrganismi isolati	35	

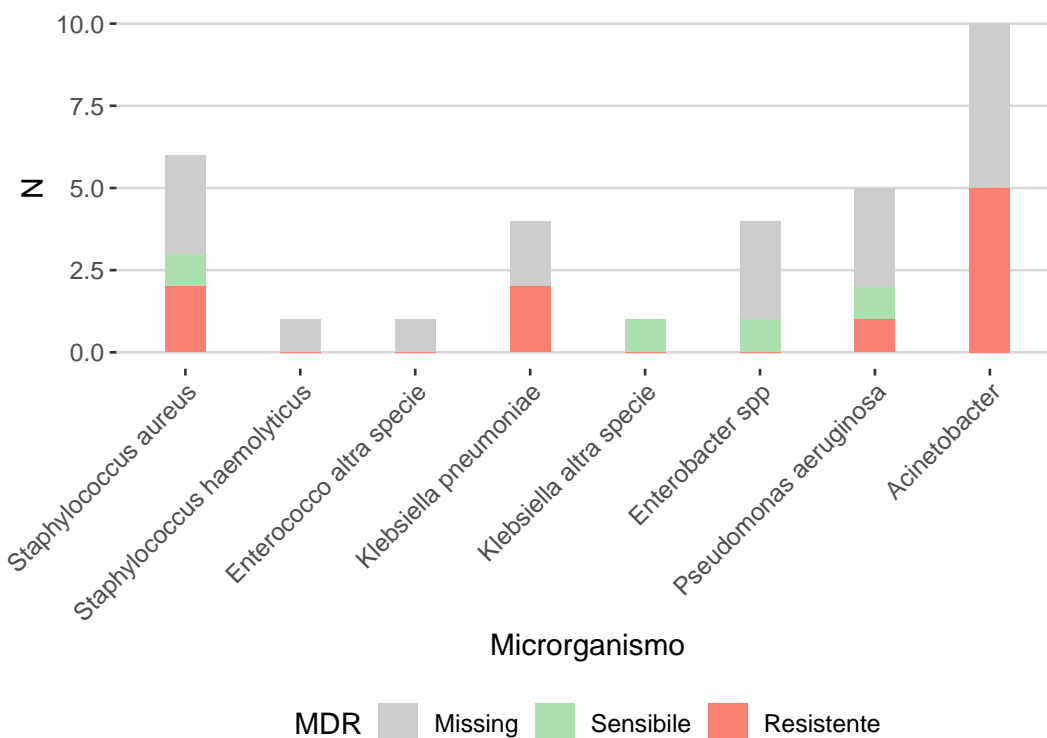
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	20.7	3	2	66.7
Staphylococcus haemolyticus	1	3.4	0	0	0
Enterococco altra specie	1	3.4	0	0	0
Totale Gram +	8	27.6	3	2	66.7
Klebsiella pneumoniae	4	13.8	2	2	100
Klebsiella altra specie	1	3.4	1	0	0
Enterobacter spp	4	13.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	17.2	2	1	50
Acinetobacter	10	34.5	5	5	100
Emofilo	2	6.9	0	0	0
Providencia	1	3.4	0	0	0
Totale Gram -	27	93.1	11	8	72.7
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	20.7	3	2	66.7
Staphylococcus haemolyticus	1	3.4	0	0	0
Enterococco altra specie	1	3.4	0	0	0
Totale Gram +	8	27.6	3	2	66.7
Klebsiella pneumoniae	4	13.8	2	2	100
Klebsiella altra specie	1	3.4	1	0	0
Enterobacter spp	4	13.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	17.2	2	1	50
Acinetobacter	10	34.5	5	5	100
Emofilo	2	6.9	0	0	0
Providencia	1	3.4	0	0	0
Totale Gram -	27	93.1	11	8	72.7
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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

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

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

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

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

Klebsiella pneumoniae	2	Meropenem	2	100.00
Acinetobacter	4	Imipenem	4	100.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67

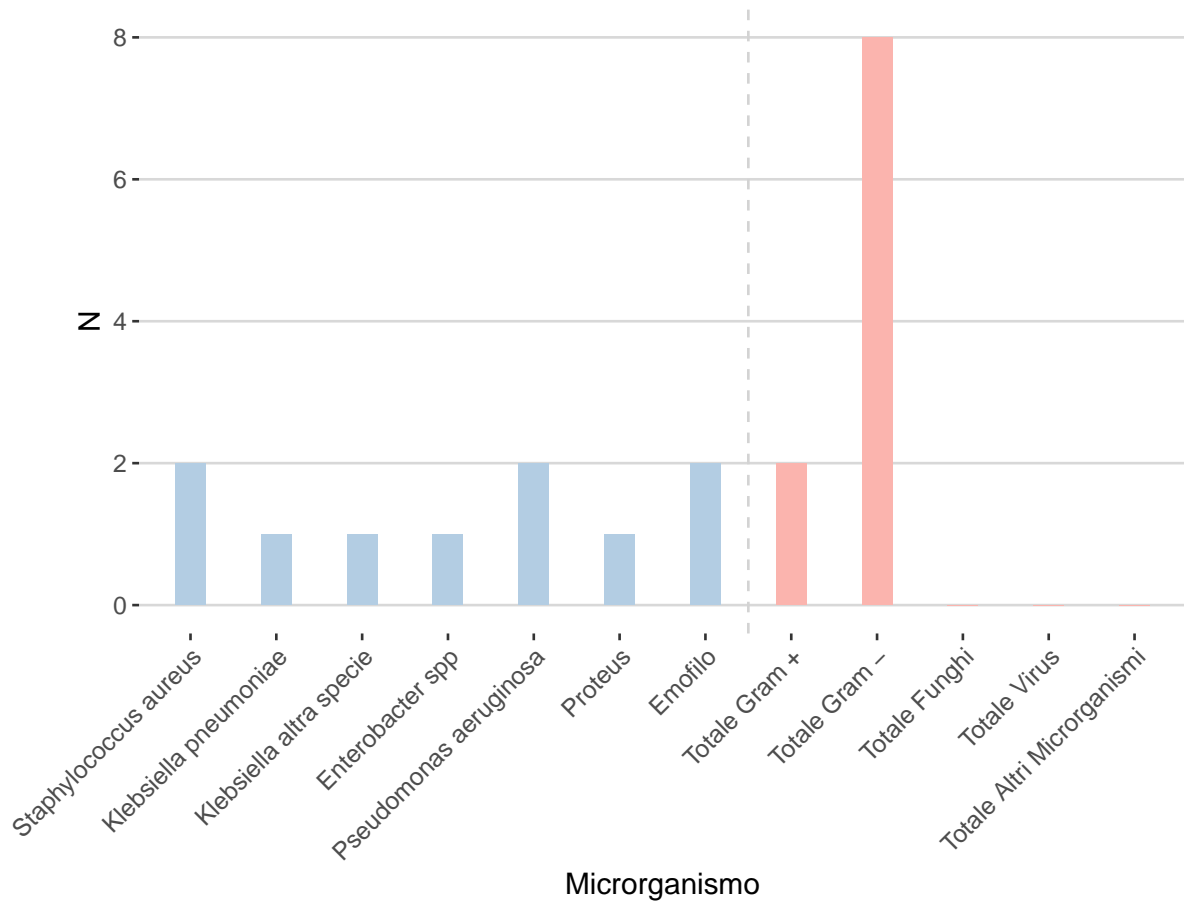
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

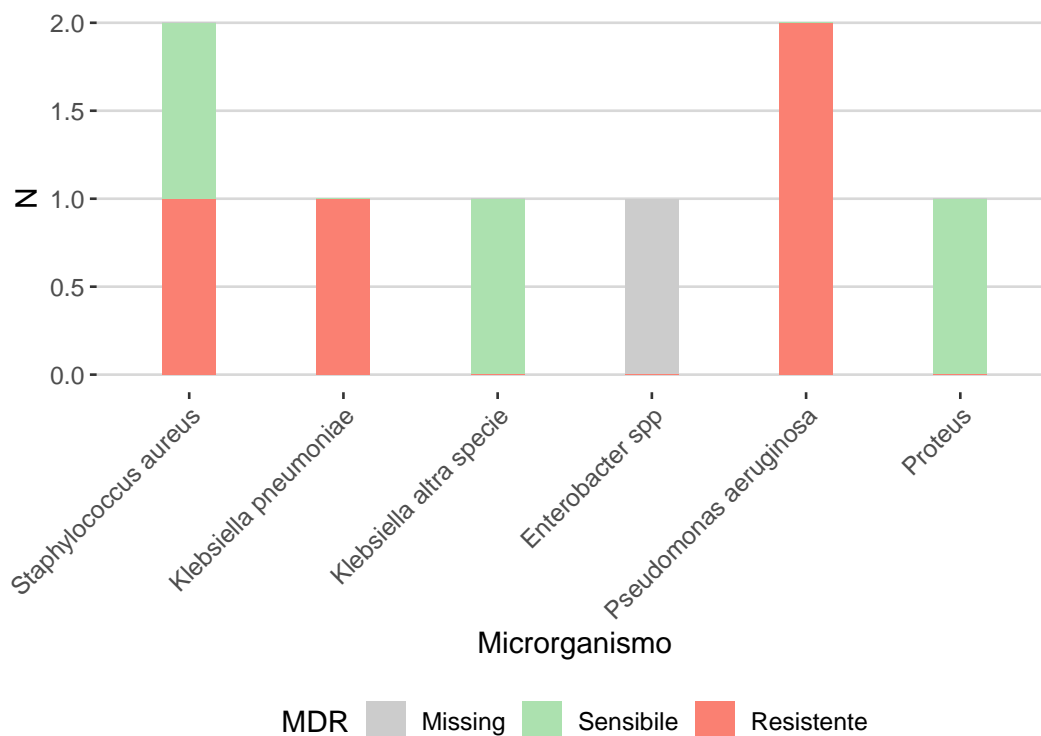
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	12.5
Sì	7	87.5
Missing	0	
Totale infezioni	8	
Totale microrganismi isolati	11	

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	25.0	2	1	50
Totale Gram +	2	25.0	2	1	50
Klebsiella pneumoniae	1	12.5	1	1	100
Klebsiella altra specie	1	12.5	1	0	0
Enterobacter spp	1	12.5	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	25.0	2	2	100
Proteus	1	12.5	1	0	0
Emofilo	2	25.0	0	0	0
Totale Gram -	8	100.0	5	3	60
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



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



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

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

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

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

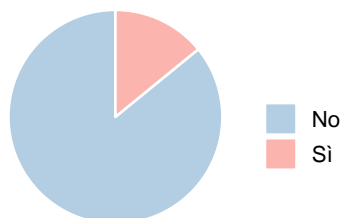
Nella tabella seguente sono riportate le resistenze agli antibiotici che sono state individuate. Per l'elenco completo delle resistenze che vengono testate si veda la sezione Definizione di MDR.

Micorganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
--------------	---	------------	--------------	---

Klebsiella pneumoniae	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	1	Imipenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50

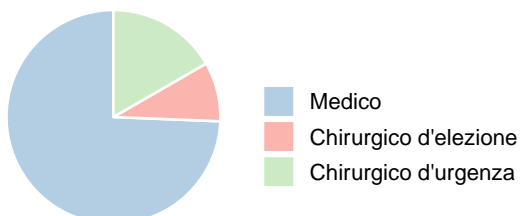
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 78)

13.1 Trauma



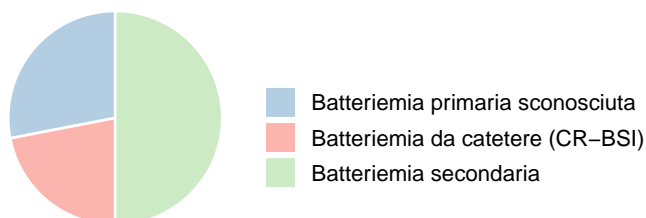
Trauma	N	%
No	67	85.9
Si	11	14.1
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



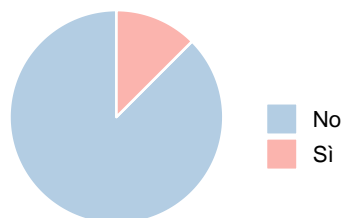
Stato chirurgico	N	%
Medico	58	74.4
Chirurgico d'elezione	7	9.0
Chirurgico d'urgenza	13	16.7
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	23	29.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	18	23.1
Batteriemia secondaria	41	52.6
Missing	0	0.0

13.4 Nuovi episodi oltre il primo



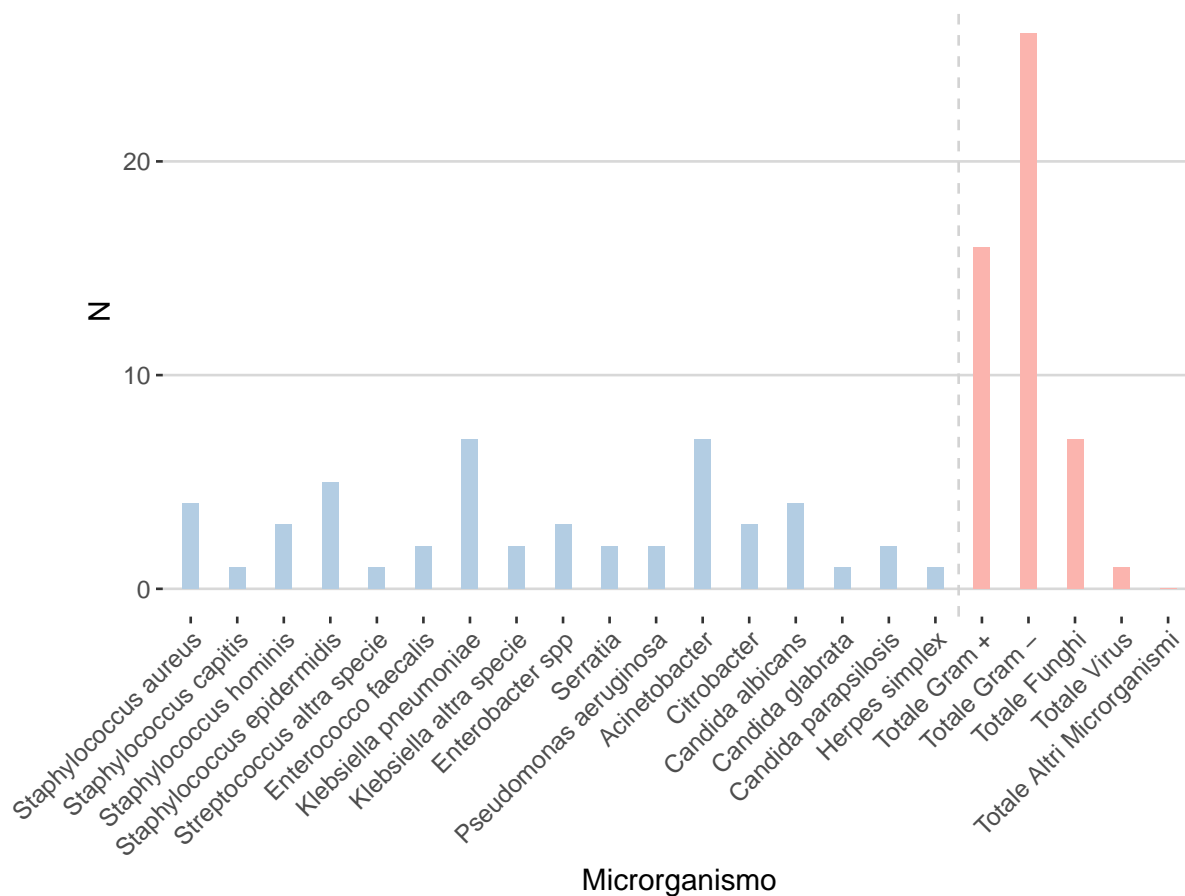
Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	35	87.5
Si	5	12.5
Missing	1	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	9.8	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	2.4	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	7.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	12.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.4	0	0	0
Enterococco faecalis	2	4.9	1	0	0
Totale Gram +	16	39.0	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	7	17.1	5	2	40

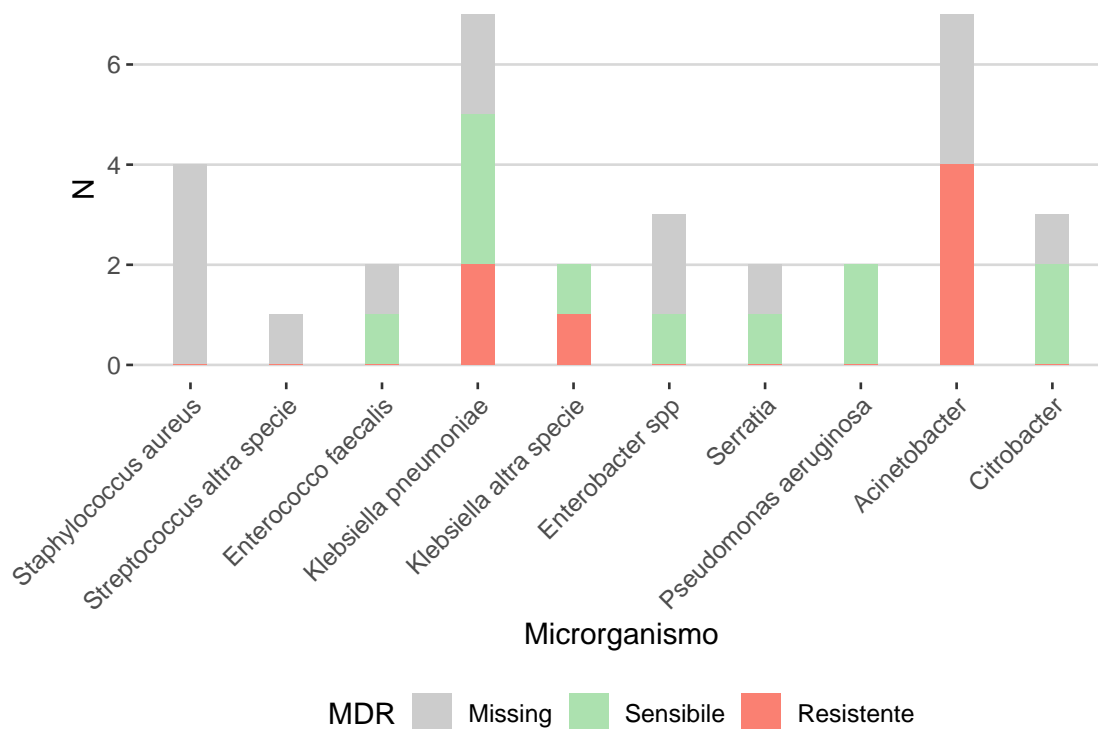
Klebsiella altra specie	2	4.9	2	1	50
Enterobacter spp	3	7.3	1	0	0
Serratia	2	4.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	4.9	2	0	0
Acinetobacter	7	17.1	4	4	100
Citrobacter	3	7.3	2	0	0
Totale Gram -	26	63.4	17	7	41.2
Candida albicans	4	9.8	0	0	0
Candida glabrata	1	2.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	4.9	0	0	0
Totale Funghi	7	17.1	0	0	0
Herpes simplex	1	2.4			
Totale Virus	1	2.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	9.8	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	2.4	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	7.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	12.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.4	0	0	0

Enterococco faecalis	2	4.9	1	0	0
Totale Gram +	16	39.0	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	7	17.1	5	2	40
Klebsiella altra specie	2	4.9	2	1	50
Enterobacter spp	3	7.3	1	0	0
Serratia	2	4.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	4.9	2	0	0
Acinetobacter	7	17.1	4	4	100
Citrobacter	3	7.3	2	0	0
Totale Gram -	26	63.4	17	7	41.2
Candida albicans	4	9.8	0	0	0
Candida glabrata	1	2.4	0	0	0
Candida parapsilosis	2	4.9	0	0	0
Totale Funghi	7	17.1	0	0	0
Herpes simplex	1	2.4			
Totale Virus	1	2.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

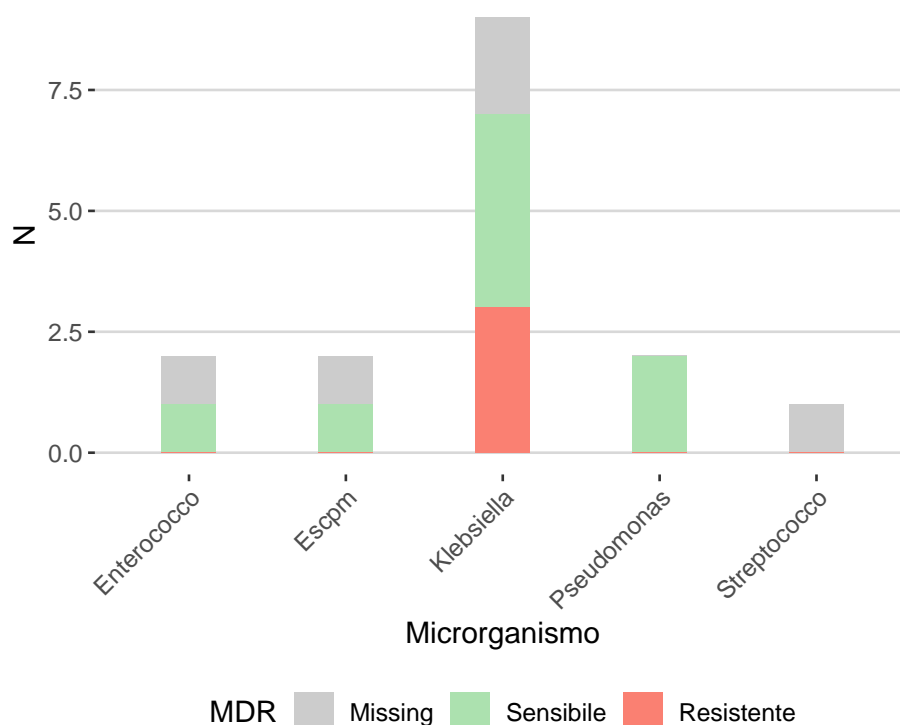
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

agalactiae, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacteriales, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	1	1	0	0.00	1
Escpm	2	1	1	0	0.00	1
Klebsiella	9	7	4	3	42.86	2
Pseudomonas	2	2	2	0	0.00	0
Streptococco	1	0	0	0	NaN	1

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

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

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

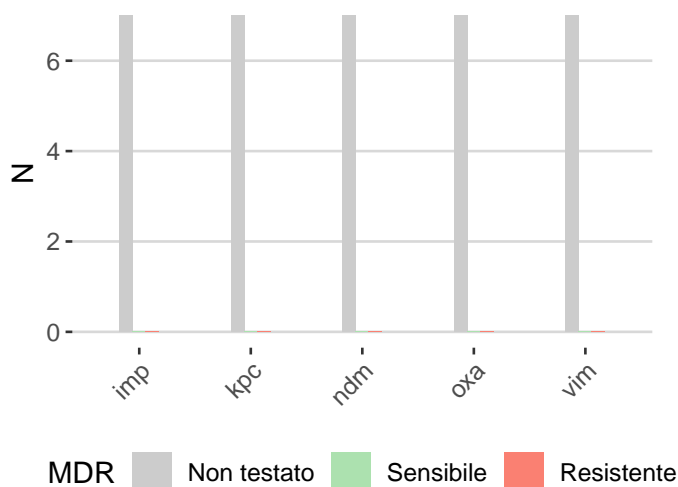
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Ertapenem	1	25
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40
Klebsiella altra specie	2	Meropenem	1	50
Acinetobacter	4	Imipenem	3	75
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100

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.

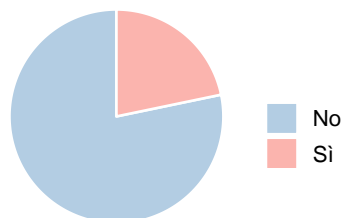
	N	%
Si	0	0
No	0	0
Non testato	6	100
Missing	13	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	0	7
kpc	0	0	0	7
ndm	0	0	0	7
oxa	0	0	0	7
vim	0	0	0	7



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

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	18	78.3
Sì	5	21.7
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.7	1.2 %
CI (95%)	1.1 - 2.6	0.8 - 1.8

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.

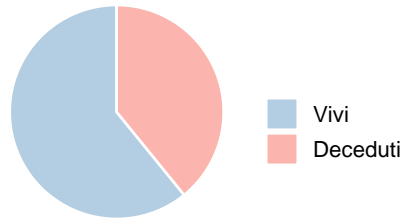
Il secondo:

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

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.

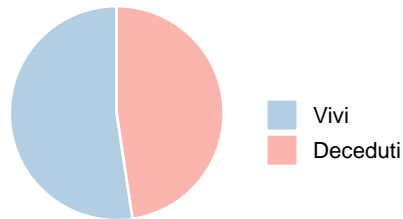
Il tasso sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	14	60.9
Deceduti	9	39.1
Missing	0	0

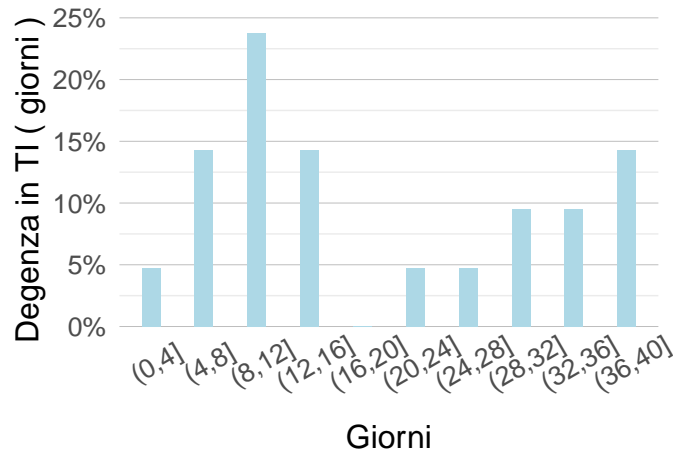
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	11	52.4
Deceduti	10	47.6
Missing	0	0

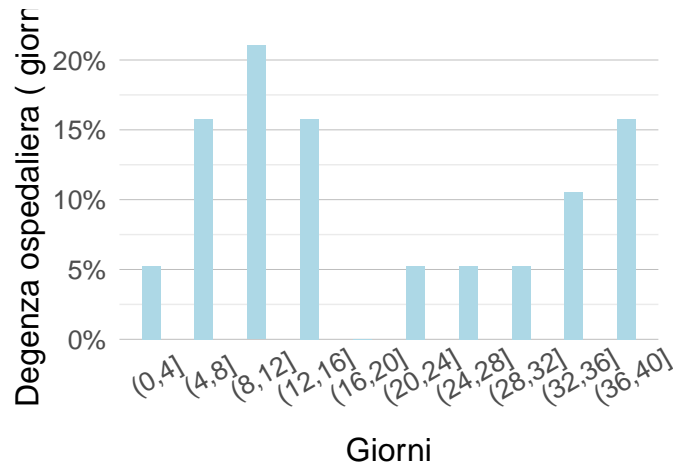
* Statistiche calcolate su 21 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.3 (19.1)
Mediana (Q1-Q3)	14 (9.5-35)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



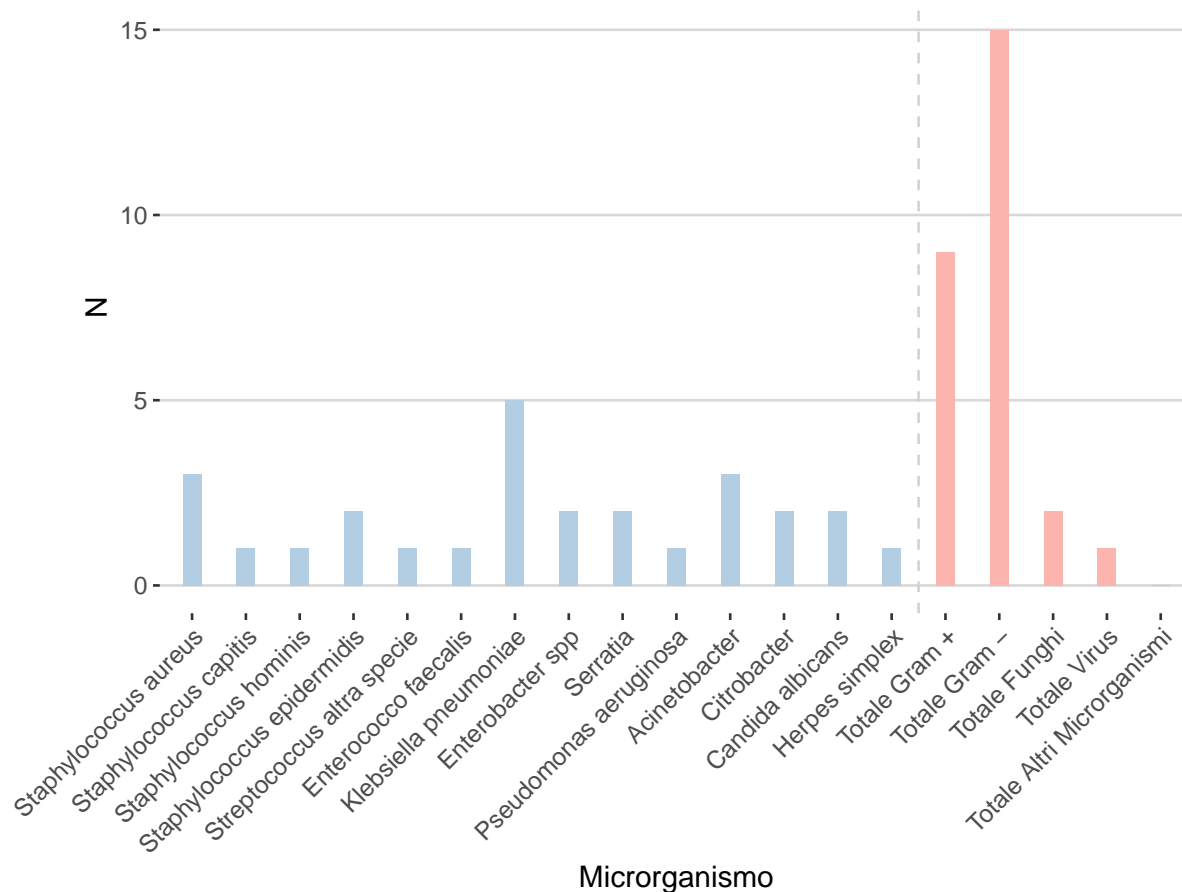
Indicatore	Valore
Media (DS)	27.6 (21.6)
Mediana (Q1-Q3)	29 (11-36)
Missing	0

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

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

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

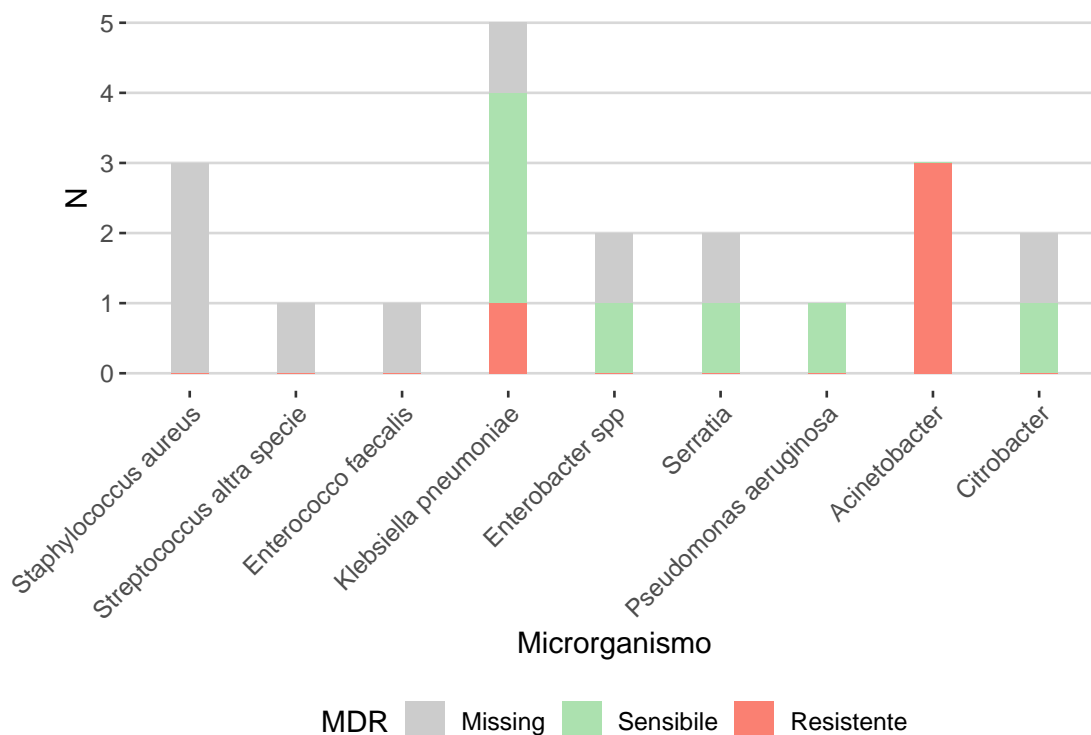
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	13.0	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	8.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.3	0	0	0
Totale Gram +	9	39.1	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	21.7	4	1	25
Enterobacter spp	2	8.7	1	0	0
Serratia	2	8.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.3	1	0	0
Acinetobacter	3	13.0	3	3	100
Citrobacter	2	8.7	1	0	0
Totale Gram -	15	65.2	11	4	36.4
Candida albicans	2	8.7	0	0	0
Totale Funghi	2	8.7	0	0	0
Herpes simplex	1	4.3			
Totale Virus	1	4.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microorganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	13.0	0	0	0
Staphylococcus capitis	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	4.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	8.7	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.3	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.3	0	0	0
Totale Gram +	9	39.1	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	21.7	4	1	25
Enterobacter spp	2	8.7	1	0	0
Serratia	2	8.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.3	1	0	0
Acinetobacter	3	13.0	3	3	100
Citrobacter	2	8.7	1	0	0
Totale Gram -	15	65.2	11	4	36.4
Candida albicans	2	8.7	0	0	0
Totale Funghi	2	8.7	0	0	0
Herpes simplex	1	4.3	0	0	0
Totale Virus	1	4.3	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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

fino ad un massimo di 25 microrganismi.



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

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

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

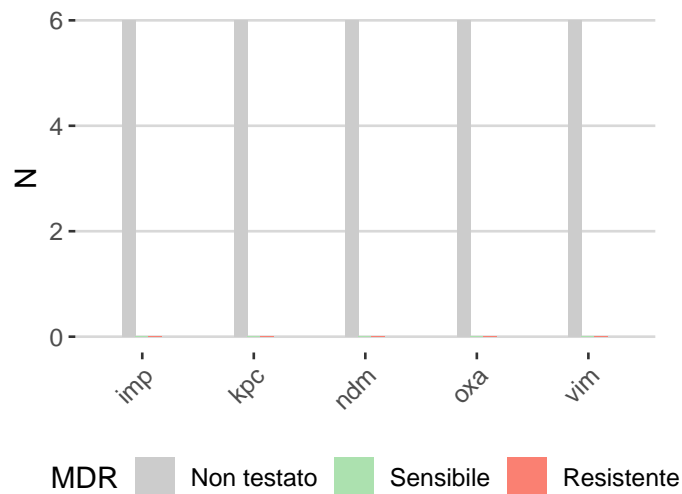
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00

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

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

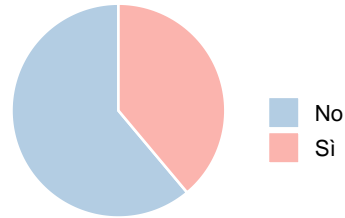
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	5	100
Missing	8	

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



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

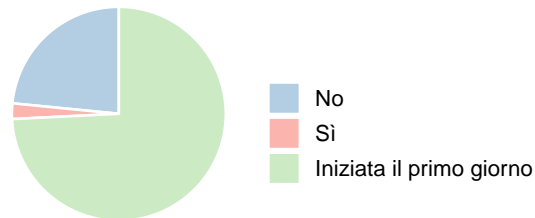
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	11	61.1
Sì	7	38.9
Missing	0	0

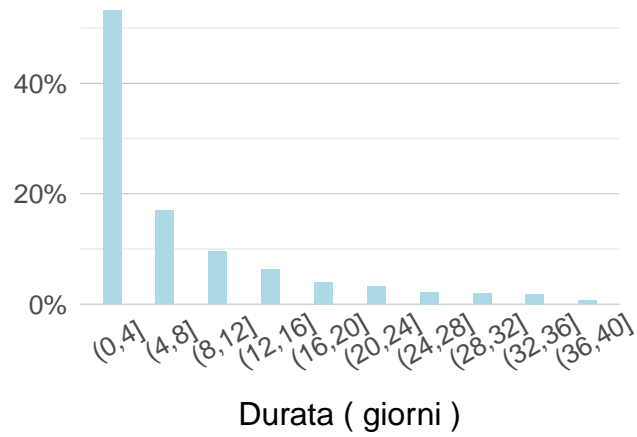
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 1496)



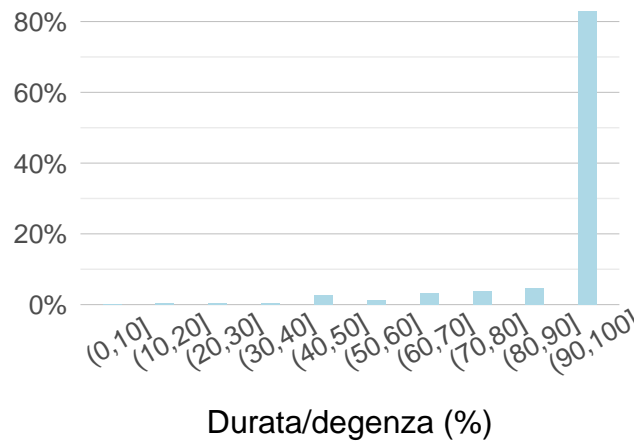
Cvc	N	%
No	349	23.4
Sì	1140	76.6
Iniziata il primo giorno	1105	73.9
Missing	7	

15.2.2 Durata (giorni)



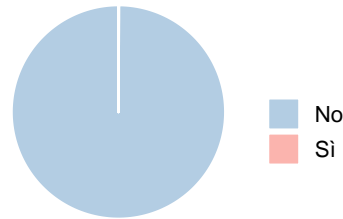
Indicatore	Valore
Media (DS)	10.4 (18.7)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-12)
Missing	4

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



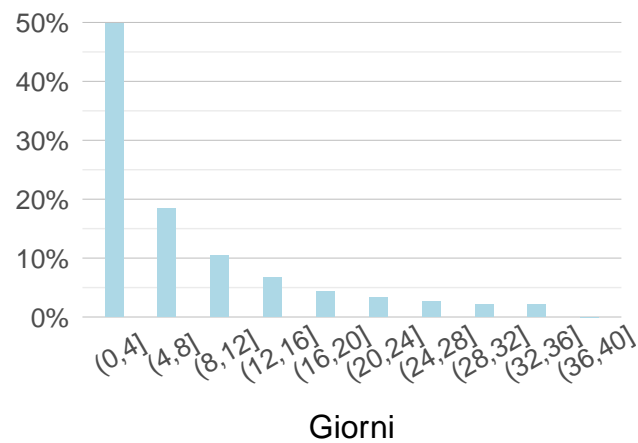
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.2 (14.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	5

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 1496)



Infezione locale da catetere	N	%
No	1487	99.9
Sì	1	0.1
Missing	8	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	18
Media (DS)	15.5 (12.8)
Mediana (Q1-Q3)	9.5 (4.5-27.5)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.6	1.1 %
CI (95%)	0.9 - 2.5	0.7 - 1.8

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.

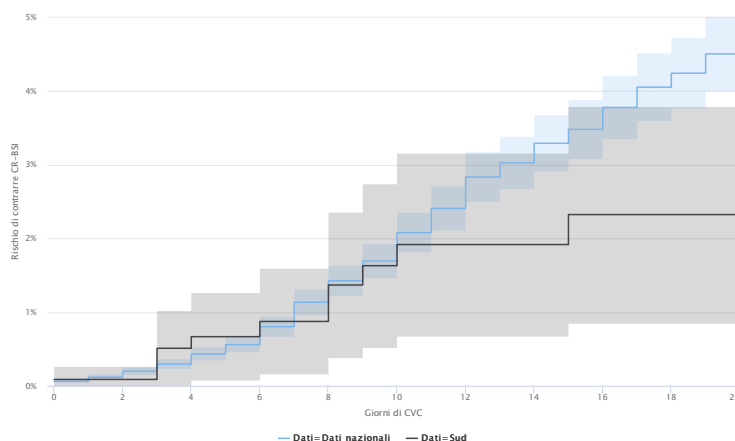
Il secondo invece:

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

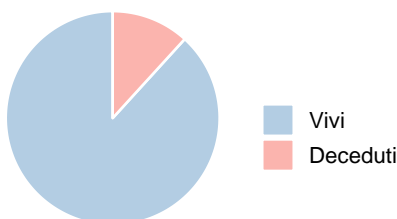
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?'*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



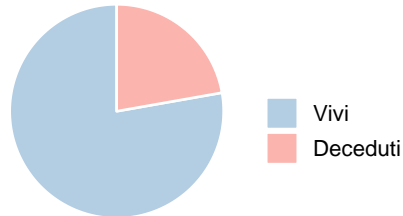
15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	15	88.2
Deceduti	2	11.8

Missing 1 0

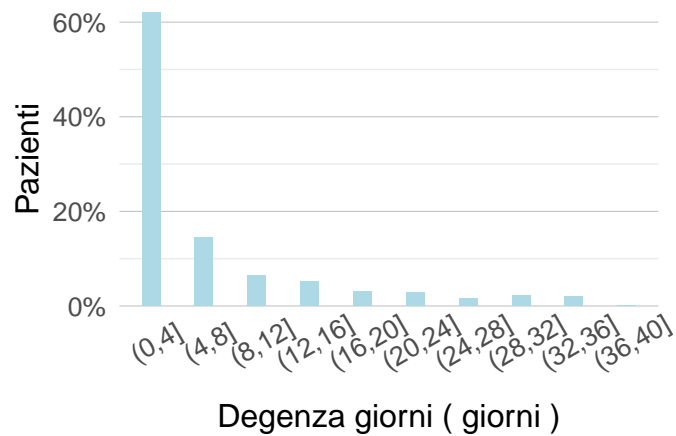
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	14	77.8
Deceduti	4	22.2
Missing	0	0

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

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	49.1 (41.7)
Mediana (Q1-Q3)	38 (22.8-60.2)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	69.4 (44.7)
Mediana (Q1-Q3)	63.5 (39-90)
Missing	0

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

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

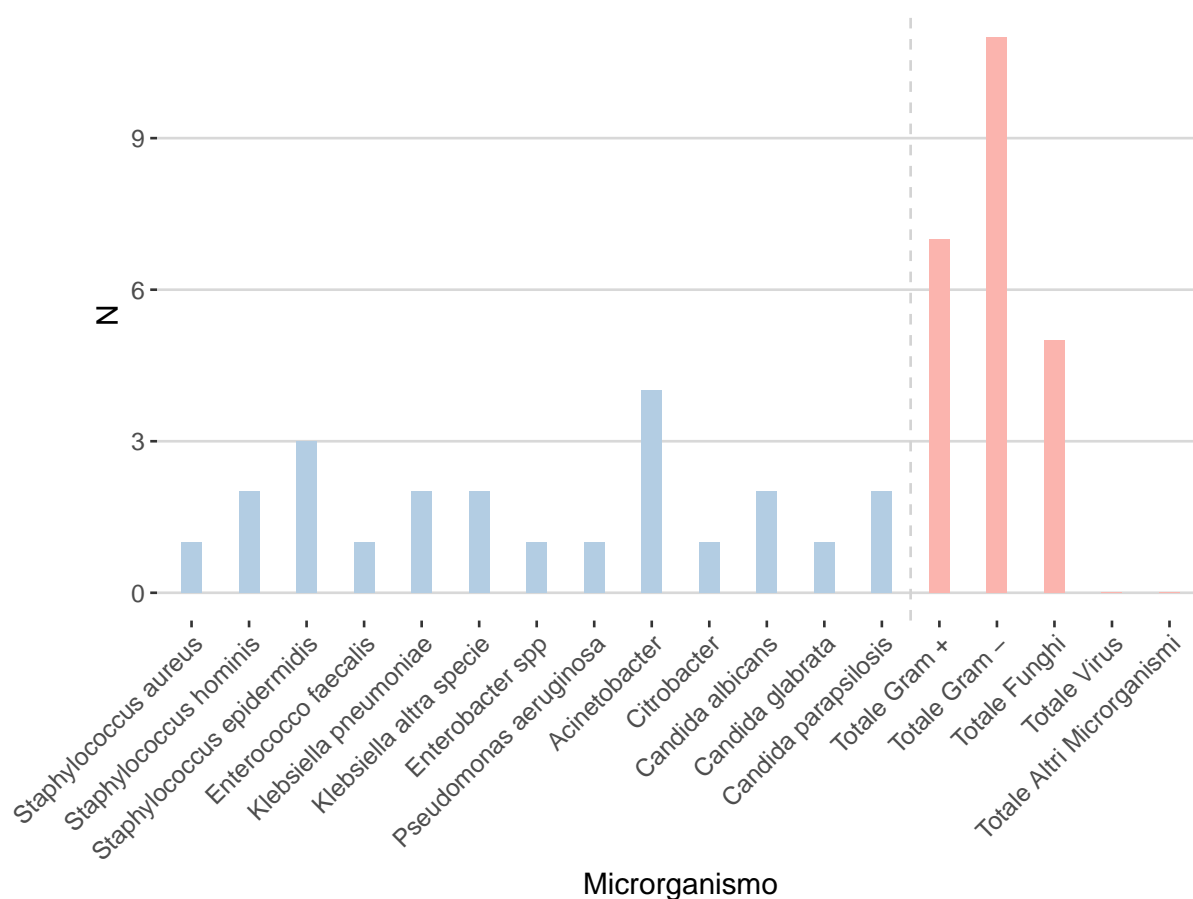
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

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

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

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	5.6	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	11.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	16.7	0	0	0
Enterococco faecalis	1	5.6	1	0	0
Totale Gram +	7	38.9	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	2	11.1	1	1	100

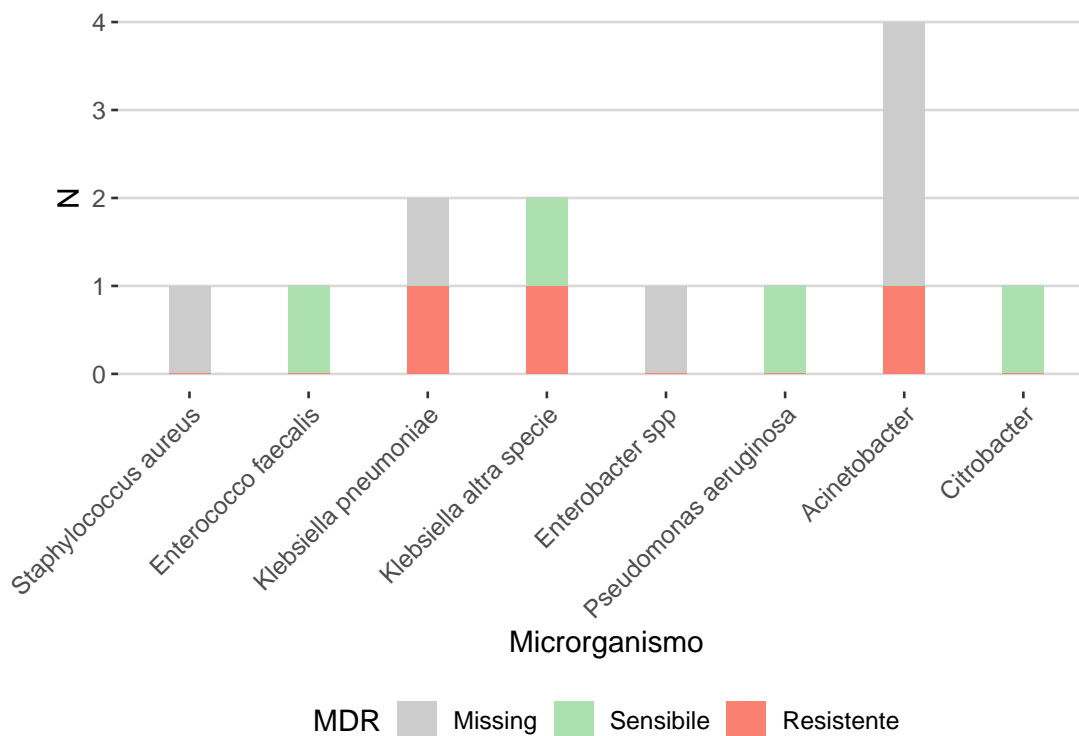
Klebsiella altra specie	2	11.1	2	1	50
Enterobacter spp	1	5.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	5.6	1	0	0
Acinetobacter	4	22.2	1	1	100
Citrobacter	1	5.6	1	0	0
Totale Gram -	11	61.1	6	3	50
Candida albicans	2	11.1	0	0	0
Candida glabrata	1	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	2	11.1	0	0	0
Totale Funghi	5	27.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	5.6	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	11.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	16.7	0	0	0
Enterococco faecalis	1	5.6	1	0	0
Totale Gram +	7	38.9	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	2	11.1	1	1	100
Klebsiella altra specie	2	11.1	2	1	50
Enterobacter spp	1	5.6	0	0	0

Pseudomonas aeruginosa	1	5.6	1	0	0
Acinetobacter	4	22.2	1	1	100
Citrobacter	1	5.6	1	0	0
Totale Gram -	11	61.1	6	3	50
Candida albicans	2	11.1	0	0	0
Candida glabrata	1	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	2	11.1	0	0	0
Totale Funghi	5	27.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Streptococcus pneumoniae, Pyogens, Clamidia, Escherichia coli, Emofilo, Legionella, Morganella, Altro gram negativo, Altro enterobacterales, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Serratia, Aspergillo, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Funghi altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus,

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

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.

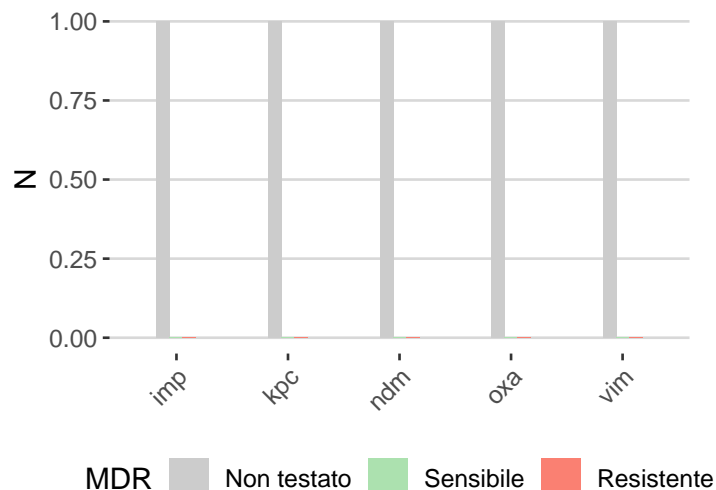
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	1	Meropenem	1	100
Klebsiella altra specie	2	Meropenem	1	50
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100

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. É sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microrganismo-mechanismo di resistenza. La percentuale di resistenza viene calcolata sul totale dei genotipi resistenti.

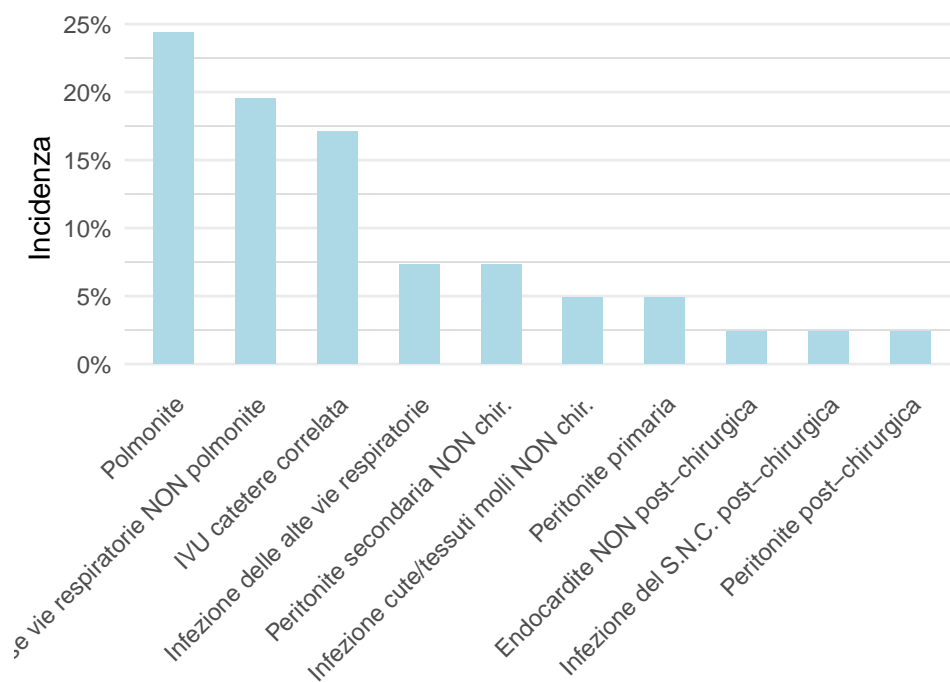
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	5	

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



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 41)

16.1 Infezioni associate (top 10)

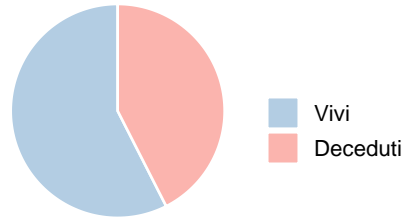


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	10	24.4
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	8	19.5
IVU catetere correlata	7	17.1
Infezione delle alte vie respiratorie	3	7.3
Peritonite secondaria NON chir.	3	7.3

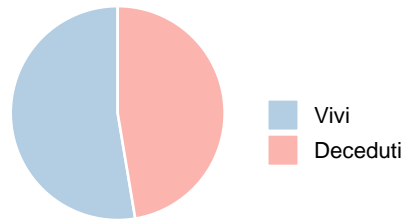
Peritonite primaria	2	4.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	2	4.9
Infezione del S.N.C. post-chirurgica	1	2.4
Endocardite NON post-chirurgica	1	2.4
Peritonite post-chirurgica	1	2.4
Missing	3	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	23	57.5
Deceduti	17	42.5
Missing	1	0

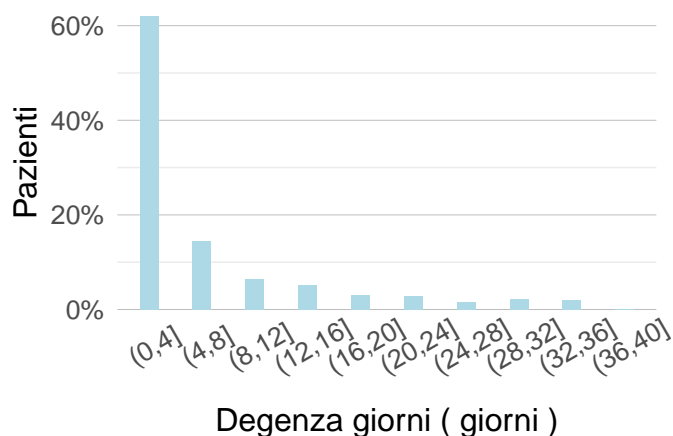
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	20	52.6
Deceduti	18	47.4
Missing	1	0

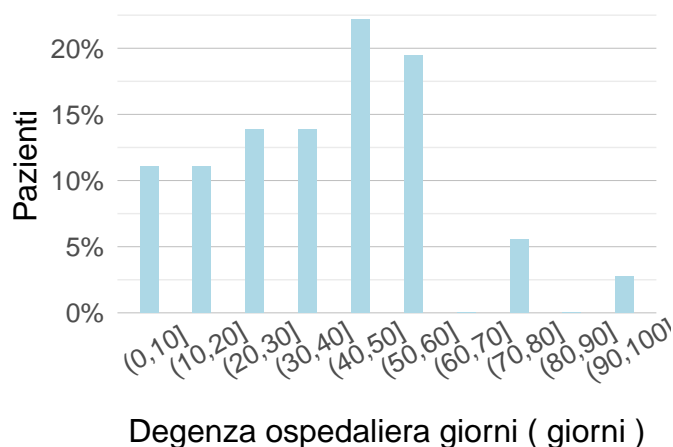
* Statistiche calcolate su 39 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.4 (17.4)
Mediana (Q1-Q3)	30.5 (14.5-38.5)
Missing	1

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.7 (25.6)
Mediana (Q1-Q3)	42 (22-54)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 39 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

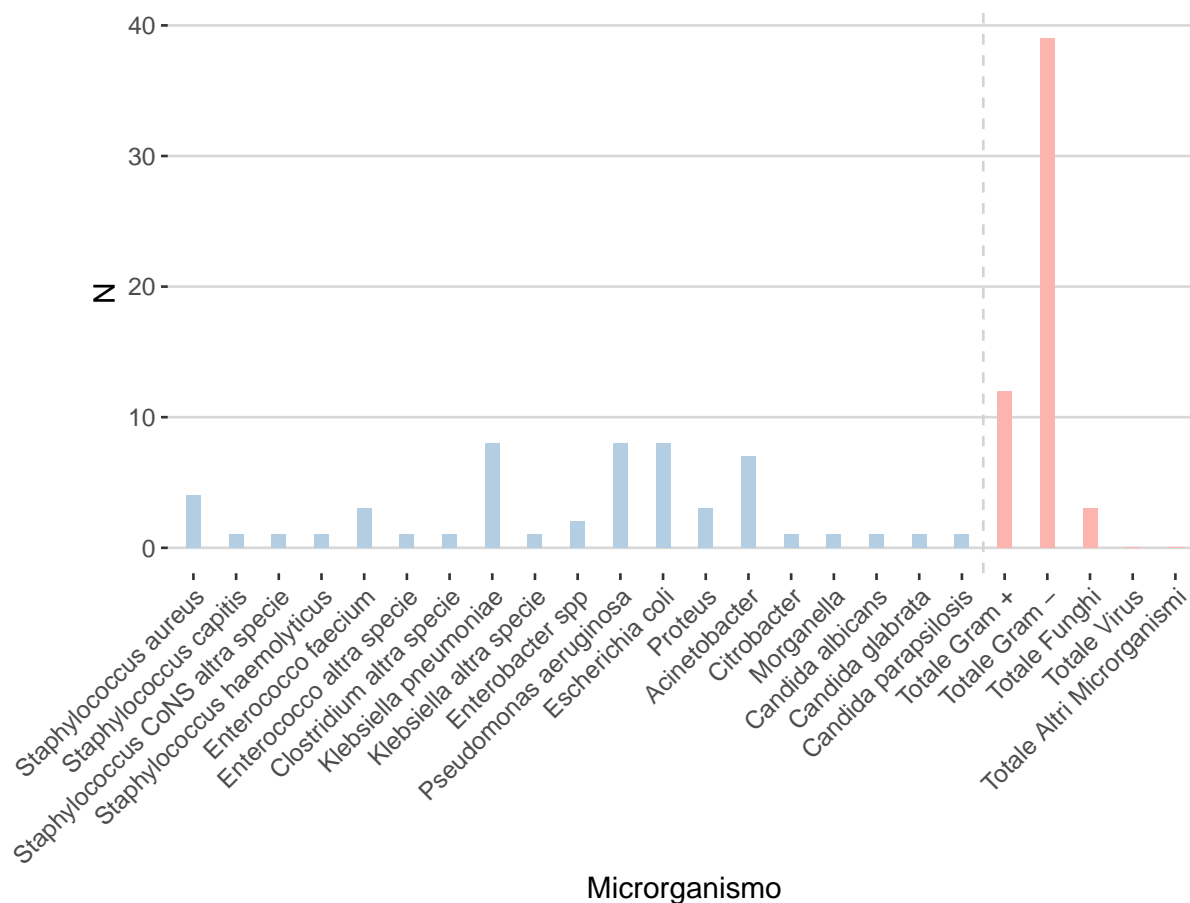
16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	2.4
Sì	41	97.6
Missing	0	
Totale infezioni	42	
Totale microrganismi isolati	55	

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.

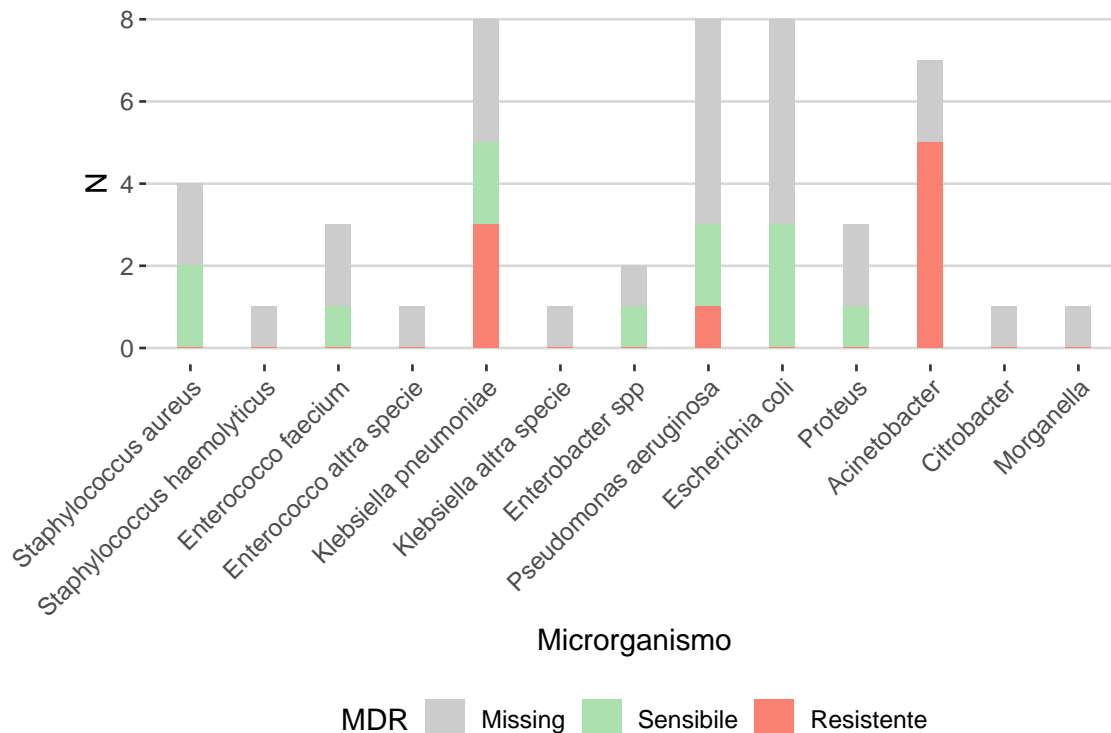
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	9.5	2	0	0
Staphylococcus capitis	1	2.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.4	0	0	0
Enterococco faecium	3	7.1	1	0	0
Enterococco altra specie	1	2.4	0	0	0
Clostridium altra specie	1	2.4	0	0	0
Totale Gram +	12	28.6	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	8	19.0	5	3	60
Klebsiella altra specie	1	2.4	0	0	0
Enterobacter spp	2	4.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	19.0	3	1	33.3
Escherichia coli	8	19.0	3	0	0
Proteus	3	7.1	1	0	0
Acinetobacter	7	16.7	5	5	100
Citrobacter	1	2.4	0	0	0
Morganella	1	2.4	0	0	0
Totale Gram -	39	92.9	18	9	50
Candida albicans	1	2.4	0	0	0
Candida glabrata	1	2.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.4	0	0	0
Totale Funghi	3	7.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	9.5	2	0	0
Staphylococcus capitis	1	2.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.4	0	0	0
Enterococco faecium	3	7.1	1	0	0
Enterococco altra specie	1	2.4	0	0	0
Clostridium altra specie	1	2.4	0	0	0
Totale Gram +	12	28.6	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	8	19.0	5	3	60
Klebsiella altra specie	1	2.4	0	0	0
Enterobacter spp	2	4.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	19.0	3	1	33.3
Escherichia coli	8	19.0	3	0	0
Proteus	3	7.1	1	0	0
Acinetobacter	7	16.7	5	5	100
Citrobacter	1	2.4	0	0	0
Morganella	1	2.4	0	0	0
Totale Gram -	39	92.9	18	9	50
Candida albicans	1	2.4	0	0	0
Candida glabrata	1	2.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.4	0	0	0
Totale Funghi	3	7.1	0	0	0

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

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



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

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

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

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

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

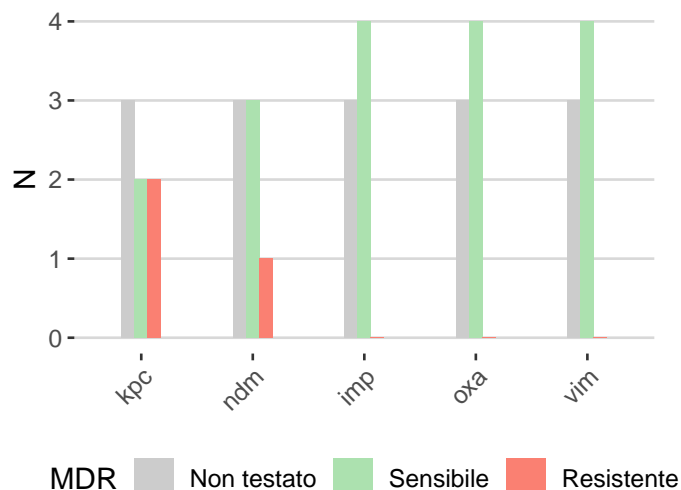
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	2	40.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	3	60.00
Acinetobacter	5	Imipenem	5	100.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	3	42.86
No	1	14.29
Non testato	3	42.86
Missing	17	

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

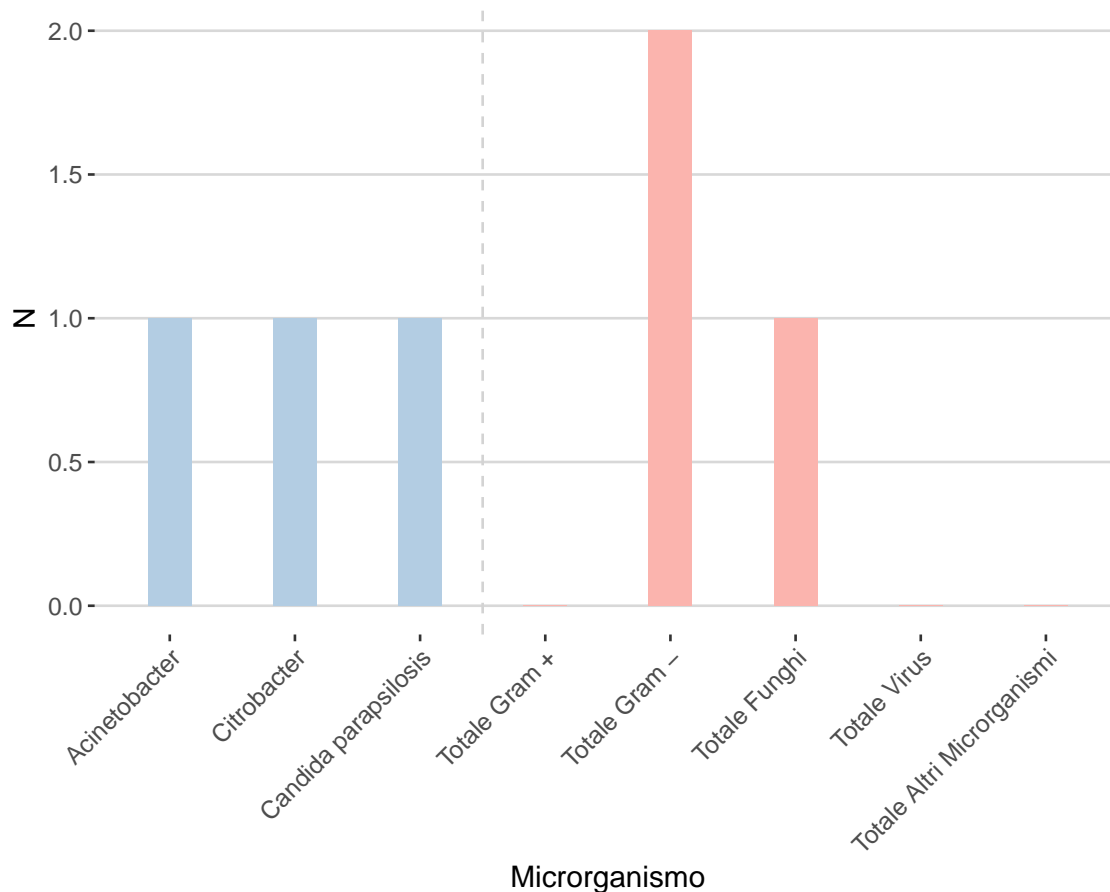


17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 4)

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
Totale Gram +	0	0	0	0	0
Acinetobacter	1	25	0	0	0
Citrobacter	1	25	1	0	0
Totale Gram -	2	50	1	0	0
Candida parapsilosis	1	25	0	0	0
Totale Funghi	1	25	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0



Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Totale Gram +	0	0	0	0	0
Acinetobacter	1	25	0	0	0
Citrobacter	1	25	1	0	0
Totale Gram -	2	50	1	0	0
Candida parapsilosis	1	25	0	0	0
Totale Funghi	1	25	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

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

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

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

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

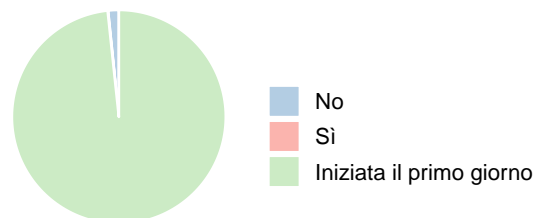
Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

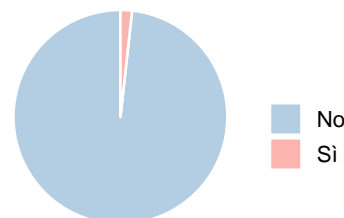
**18 Pazienti con infezioni delle vie urinarie (IVU) catetere correlate
(N = 26)**

18.1 Catetere urinario (N = 1496)



Catetere urinario	N	%
No	24	1.6
Sì	1465	98.4
Iniziativa il primo giorno	1464	97.9
Missing	7	

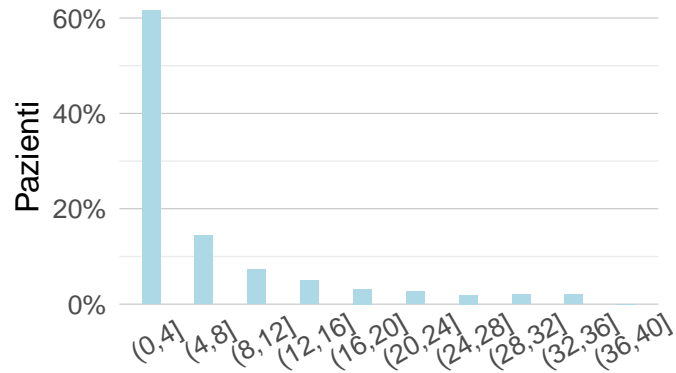
18.2 Infezione delle vie urinarie catetere correlata



IVU catetere correlata	N	%
No	1460	98.3
Sì	26	1.7

Missing	10	0
---------	----	---

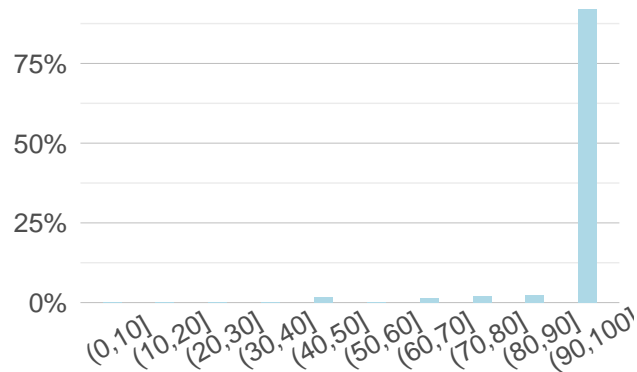
18.2.1 Durata catetere urinario (giorni)



Durata catetere vescicale (giorni)

Indicatore	Valore
Media (DS)	9.4 (17.6)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-10)
Missing	5

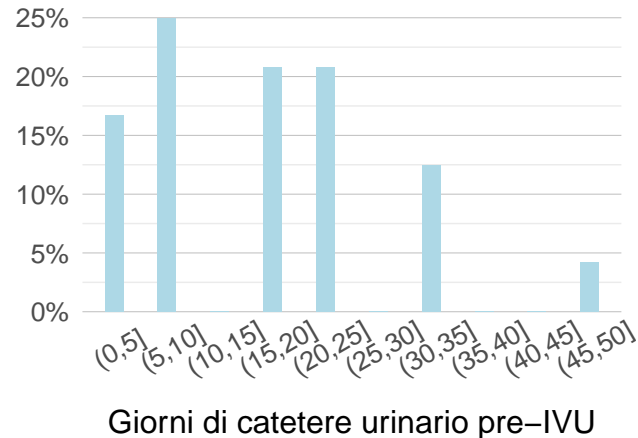
18.2.2 Durata catetere urinario/degenza in TI (%)



Durata/degenza (%)

Indicatore	Valore
Media (DS)	97.5 (9.1)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	6

18.3 Giorni di catetere urinario pre-IVU



Indicatore	Valore
N	26
Media (DS)	21.2 (17.5)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-25)
Missing	0

18.4 Incidenza IVU catetere correlata

Indicatore	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/1000 gg. di CV pre-IVU) *	Incidenza IVU (Paz. con IVU catetere correlata/paz. con CV per 7 gg.) **
Stima	2.0	1.4 %
CI (95%)	1.3 - 3.0	0.9 - 2.1

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

Il primo:

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

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

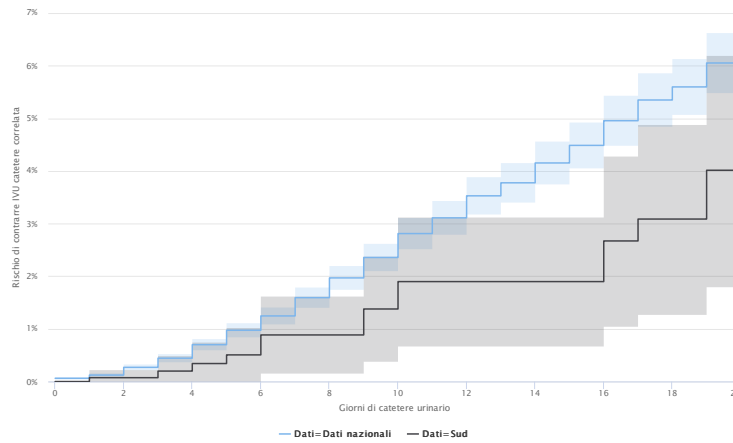
Il secondo invece:

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

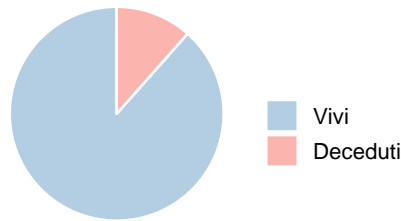
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: ‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere urinario per 7 giorni in TI, quanti sviluppano IVU?’. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre IVU catetere correlata in TI

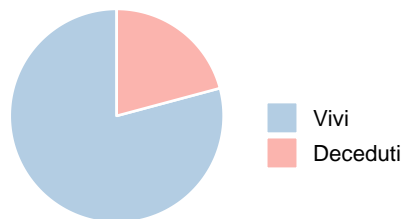


18.5 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	23	88.5
Deceduti	3	11.5
Missing	0	0

18.6 Mortalità ospedaliera *

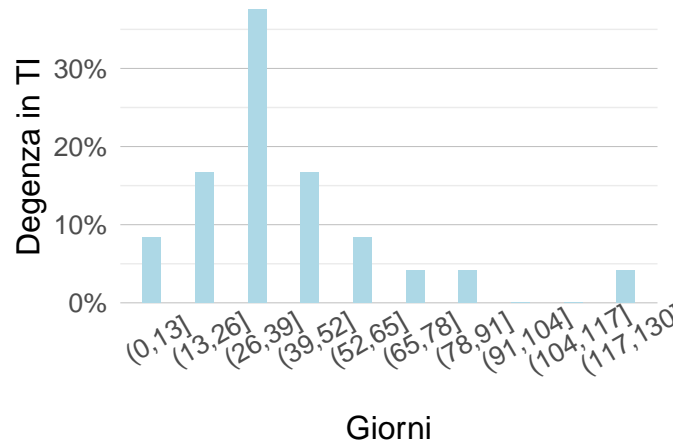


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	19	79.2

Deceduti	5	20.8
Missing	0	0

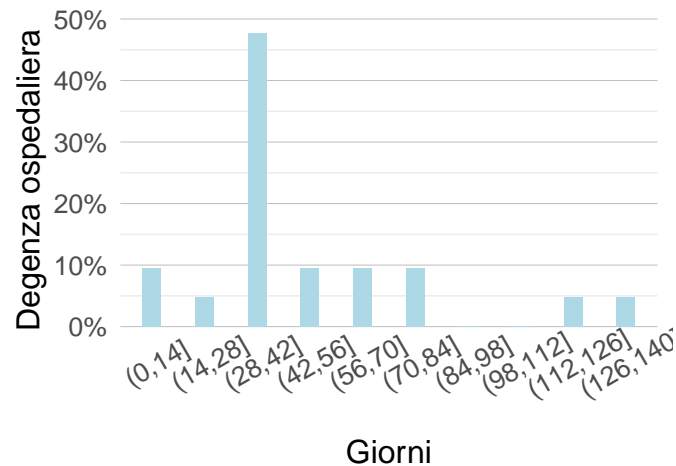
* Statistiche calcolate su 24 escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

18.7 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.3 (39.4)
Mediana (Q1-Q3)	37 (33-55)
Missing	0

18.8 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	59.2 (44.8)
Mediana (Q1-Q3)	38 (34.5-69)
Missing	1

* Statistiche calcolate su 24 escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

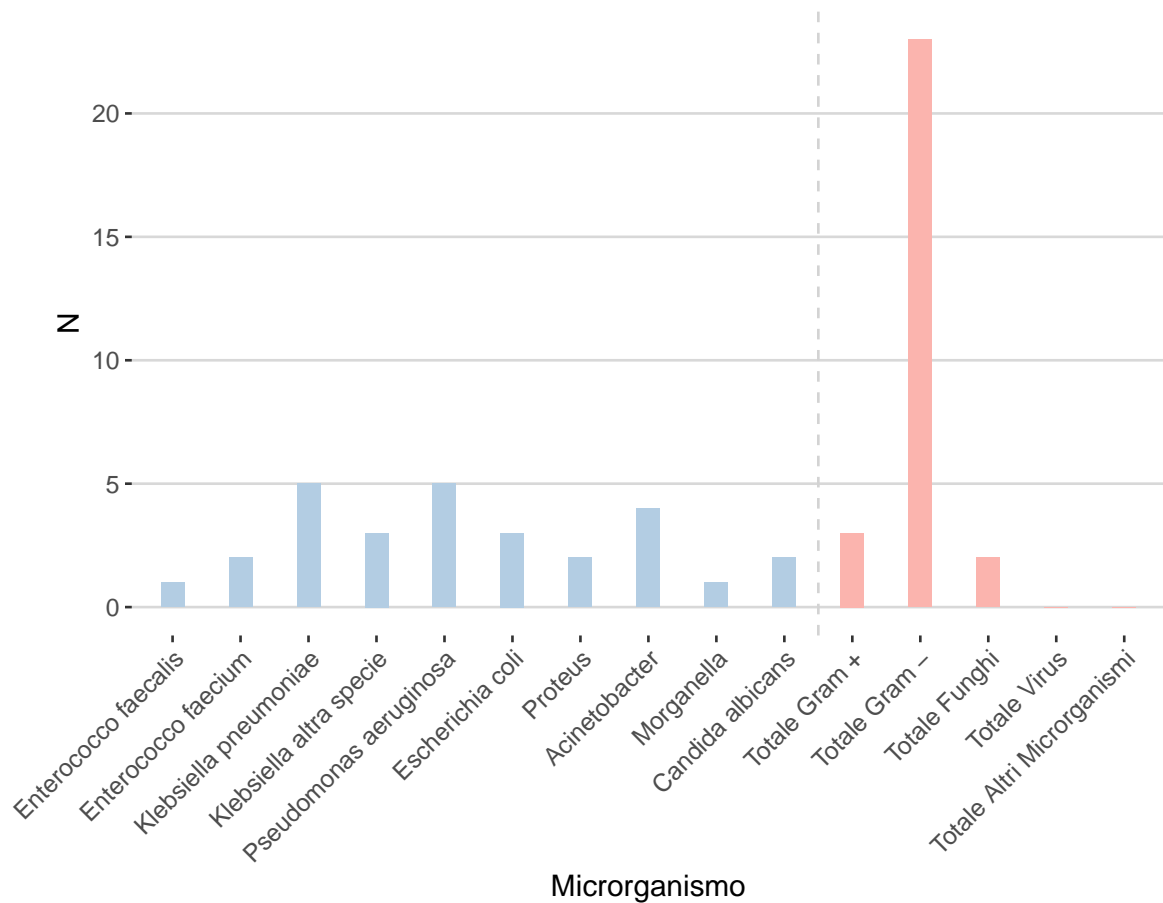
18.9 Microrganismi isolati nei pazienti infetti con IVU catetere correlata

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	26	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	26	
Totale microrganismi isolati	28	

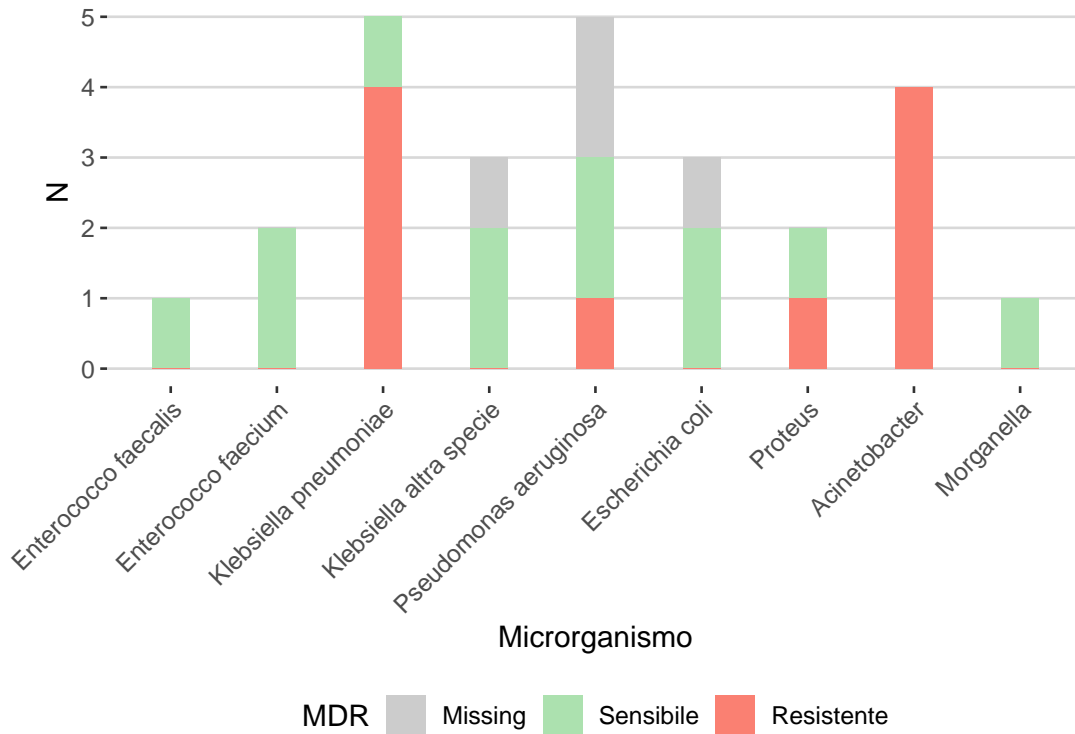
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati. Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	1	3.8	1	0	0
Enterococco faecium	2	7.7	2	0	0
Totale Gram +	3	11.5	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	19.2	5	4	80
Klebsiella altra specie	3	11.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	19.2	3	1	33.3
Escherichia coli	3	11.5	2	0	0
Proteus	2	7.7	2	1	50
Acinetobacter	4	15.4	4	4	100
Morganella	1	3.8	1	0	0
Totale Gram -	23	88.5	19	10	52.6
Candida albicans	2	7.7	0	0	0
Totale Funghi	2	7.7	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0



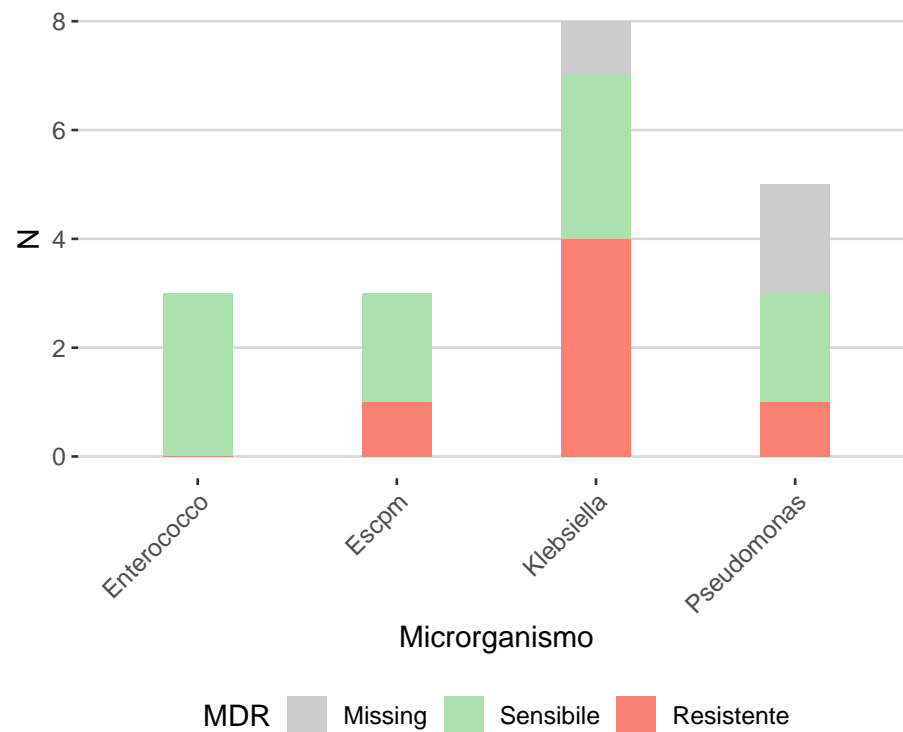
Microrganismo	N	% su isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	1	3.8	1	0	0
Enterococco faecium	2	7.7	2	0	0
Totale Gram +	3	11.5	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	5	19.2	5	4	80
Klebsiella altra specie	3	11.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	19.2	3	1	33.3
Escherichia coli	3	11.5	2	0	0
Proteus	2	7.7	2	1	50
Acinetobacter	4	15.4	4	4	100
Morganella	1	3.8	1	0	0
Totale Gram -	23	88.5	19	10	52.6
Candida albicans	2	7.7	0	0	0
Totale Funghi	2	7.7	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

18.9.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con IVU catetere correlata



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

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	4	80.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	4	80.00
Proteus	2	Meropenem	1	50.00

Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33

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

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

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

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