



**GRUPPO ITALIANO PER LA VALUTAZIONE
DEGLI INTERVENTI IN TERAPIA INTENSIVA**



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2023

Regione Piemonte 25 TI

Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalò 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 = 6362)	13
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI (giorni)	13
2.4 Provenienza (reparto)	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
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 = 2870)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 3457)	19
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI (giorni)	19
4.4 Provenienza (reparto)	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI (giorni)	23
4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	23

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	24
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2414)	25
5.1 Provenienza (reparto)	25
5.2 Trauma	25
5.3 Stato Chirurgico	25
5.4 Motivo di ammissione	26
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	26
5.6 Infezione multisito	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	27
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 474)	33
6.1 Tipologia di peritonite	33
6.2 Tipo di infezione	33
6.3 Infezione batteriémica	33
6.4 Infezioni multisito	34
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	34
6.6 Mortalità in TI	34
6.7 Mortalità ospedaliera *	34
6.8 Degenza in TI (giorni)	35
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	35
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	36
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 876)	41
7.1 Trauma	41
7.2 Stato Chirurgico	41
7.3 Tipo di infezione	41
7.4 Infezione batteriémica	42
7.5 Infezioni multisito	42
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	42
7.7 Mortalità in TI	43
7.8 Mortalità ospedaliera *	43
7.9 Degenza in TI (giorni)	43
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	44
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	44
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	49
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	55
8 Pazienti infetti in degenza (N = 752)	56
8.1 Sesso	56
8.2 Età	56
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	56
8.4 Provenienza (reparto)	57
8.5 Trauma	57
8.6 Stato Chirurgico	57
8.7 Motivo di ammissione	58
8.8 Insufficienza neurologica	58
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	58
8.10 Insufficienza neurologica insorta	59
8.11 Mortalità in TI	59
8.12 Mortalità ospedaliera *	59
8.13 Degenza in TI (giorni)	60
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	60

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	61
8.16	Infezione multisito	61
8.17	Infezioni in degenza	62
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	62
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	62
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	63
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	65
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 296)	70
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	70
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 456)	76
10.1	Gravità massima dell'infezione	76
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	76
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	76
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	82
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 292)	83
11.1	Trauma	83
11.2	Stato Chirurgico	83
11.3	Infezione batteriémica	83
11.4	Infezioni multisito	84
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	84
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	84
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza	85
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 249)	88
12.1	VAP precoce	88
12.2	Diagnosi	88
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	89
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 6362)	90
12.5	Giorni di VM pre-VAP	91
12.6	Incidenza di VAP	91
12.7	Mortalità in TI	92
12.8	Mortalità ospedaliera *	93
12.9	Degenza in TI (giorni)	93
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	93
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	94
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	97
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	101
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 289)	105
13.1	Trauma	105
13.2	Stato Chirurgico	105
13.3	Tipologia	105
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	106
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	106
14	Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 104)	111
14.1	Infezioni multisito	111
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	111
14.3	Mortalità in TI	112
14.4	Mortalità ospedaliera *	112
14.5	Degenza in TI (giorni)	112
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	113

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza	113
15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 92)	117
15.1	Infezione multisito	117
15.2	Fattori di rischio	117
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	118
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	119
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	119
15.6	Mortalità in TI	120
15.7	Mortalità ospedaliera *	120
15.8	Degenza in TI (giorni)	120
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	121
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	121
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 130)	126
16.1	Infezioni associate (top 10)	126
16.2	Mortalità in TI	126
16.3	Mortalità ospedaliera *	127
16.4	Degenza in TI (giorni)	127
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	127
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	128
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 18)	132
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	132
Appendice		136
	Definizione di MDR	136
	Raggruppamento Microrganismi	136

Petalo Infectionlight

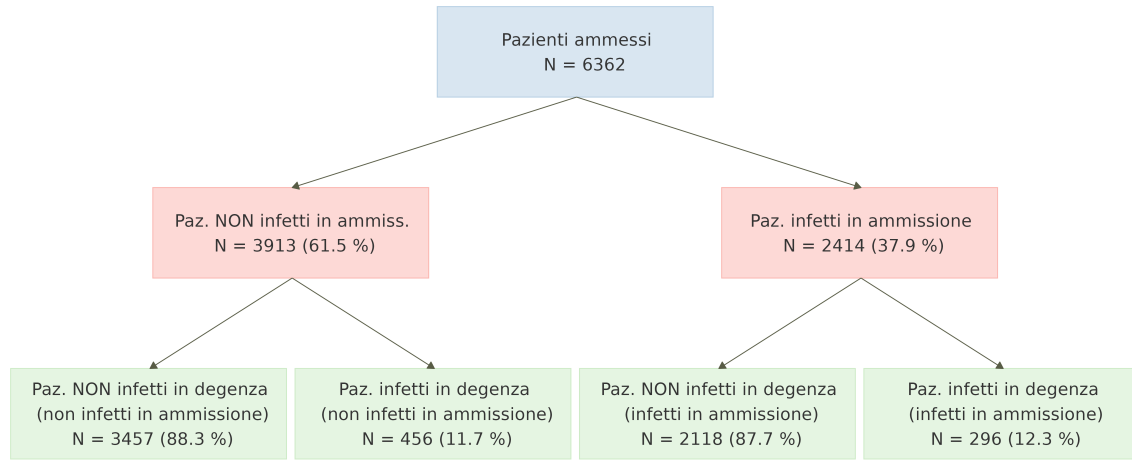
Anno 2023

Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

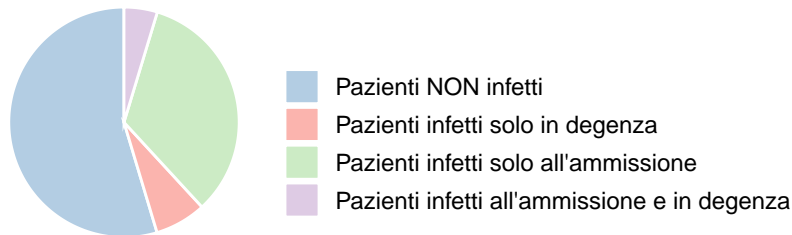
Popolazione complessiva: 25 TI

TI Piemonte

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



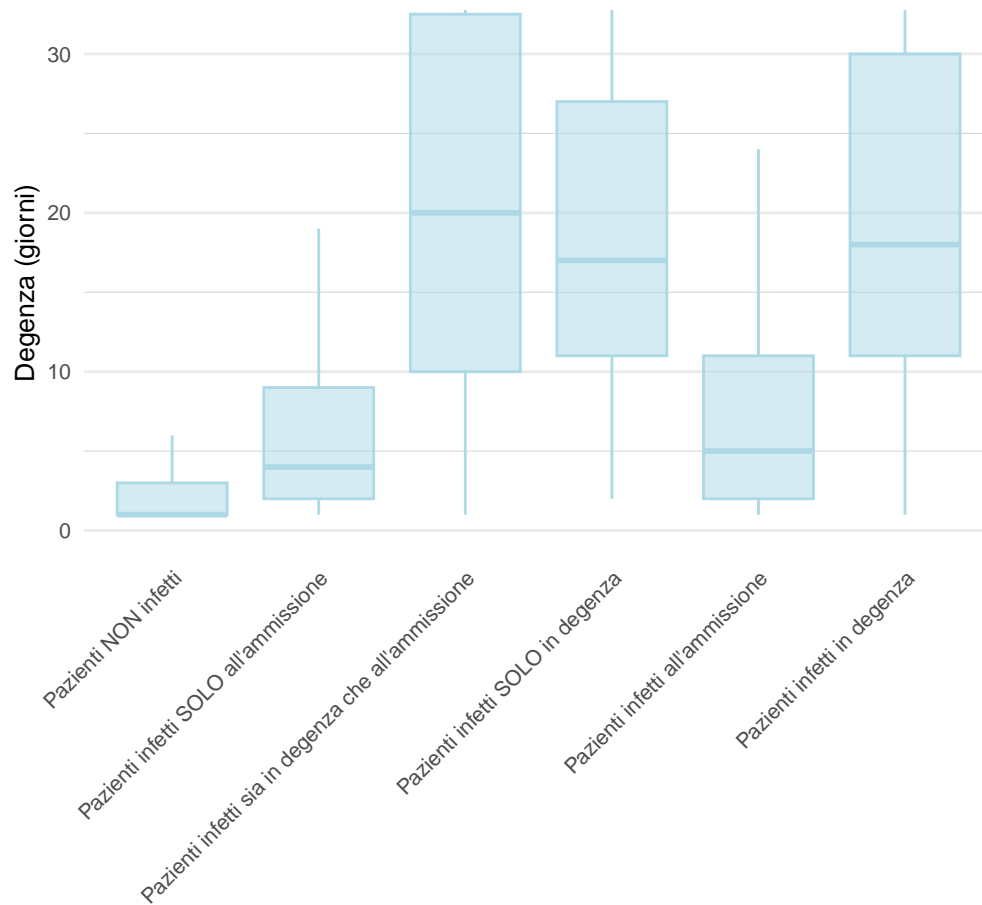
Per N = 35 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	3457	54.6
Pazienti infetti solo in degenza	456	7.2
Pazienti infetti solo all'ammissione	2118	33.5
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	296	4.7

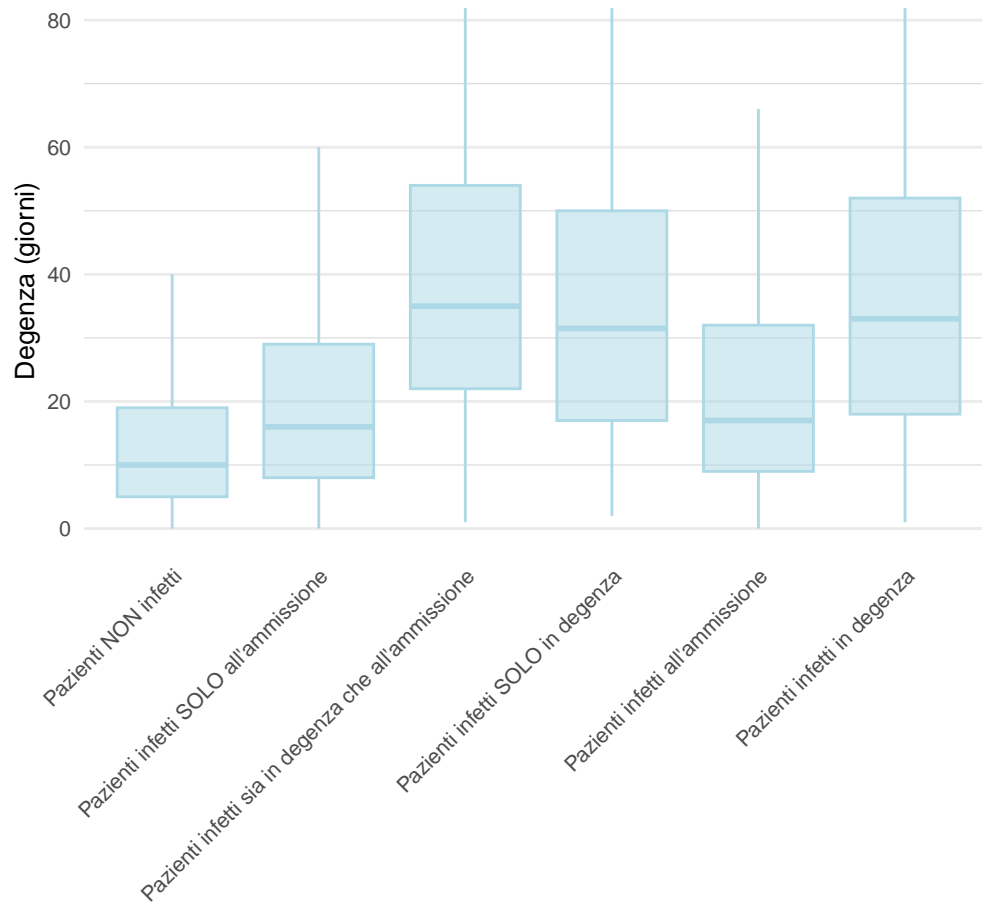
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 6327).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	3457	54.3	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2118	33.3	4	(2 - 9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	296	4.7	20	(10 - 32)
Pazienti infetti SOLO in degenza	456	7.2	17	(11 - 27)
Pazienti infetti all'ammissione	2414	37.9	5	(2 - 11)
Pazienti infetti in degenza	752	11.8	18	(11 - 30)

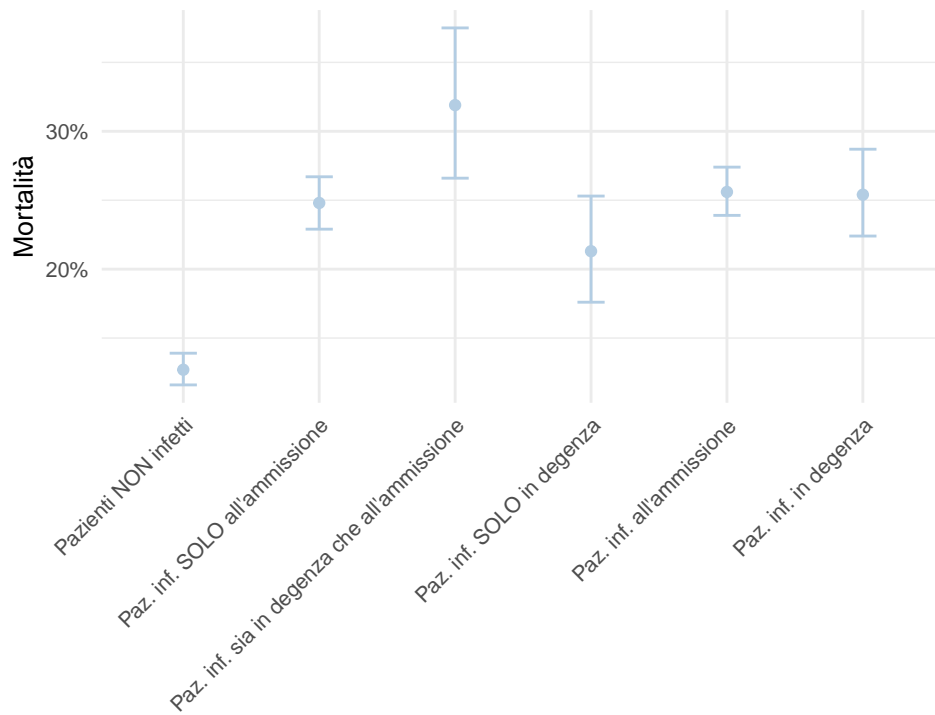
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	3457	54.3	10	(5 - 19)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2118	33.3	16	(8 - 29)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	296	4.7	35	(22 - 54)
Pazienti infetti SOLO in degenza	456	7.2	32	(17 - 50)
Pazienti infetti all'ammissione	2414	37.9	17	(9 - 32)
Pazienti infetti in degenza	752	11.8	33	(18 - 52)

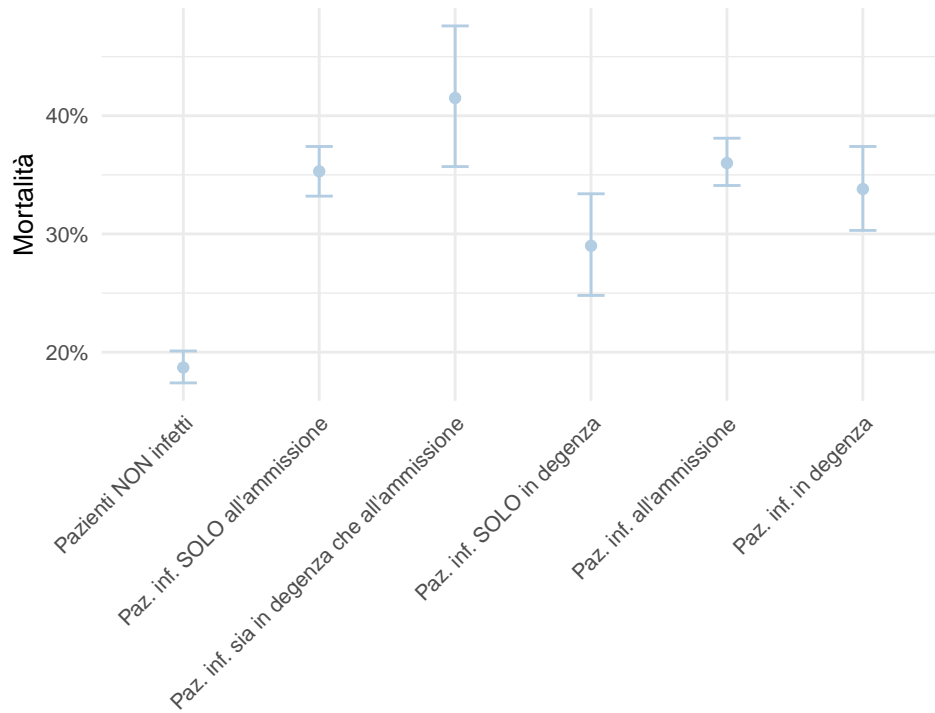
* escluse le riammissioni (N = 185)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3457	439	12.7	(11.6 - 13.9)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2118	524	24.8	(22.9 - 26.7)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	296	94	31.9	(26.6 - 37.5)
Pazienti infetti SOLO in degenza	456	97	21.3	(17.6 - 25.3)
Pazienti infetti all'ammissione	2414	618	25.6	(23.9 - 27.4)
Pazienti infetti in degenza	752	191	25.4	(22.4 - 28.7)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

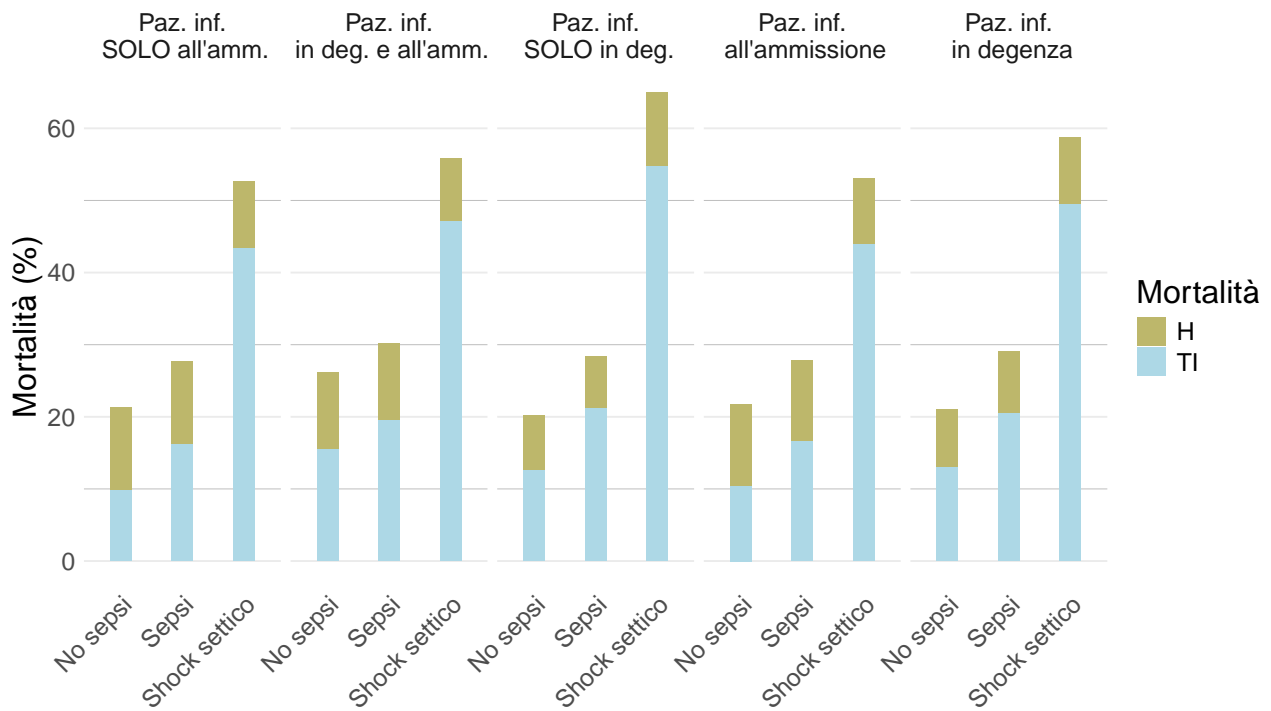


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3457	632	18.7	(17.4 - 20.1)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2118	708	35.3	(33.2 - 37.4)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	296	115	41.5	(35.7 - 47.6)
Pazienti infetti SOLO in degenza	456	128	29.0	(24.8 - 33.4)
Pazienti infetti all'ammissione	2414	823	36.0	(34.1 - 38.1)
Pazienti infetti in degenza	752	243	33.8	(30.3 - 37.4)

* escluse le riammissioni (N = 185)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	2118	483	860	774	22.8	40.6	36.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	296	45	113	138	15.2	38.2	46.6
Pazienti infetti SOLO in degenza	456	238	155	62	52.3	34.1	13.6
Pazienti infetti all'ammissione	2414	528	973	912	21.9	40.3	37.8
Pazienti infetti in degenza	752	283	268	200	37.7	35.7	26.6



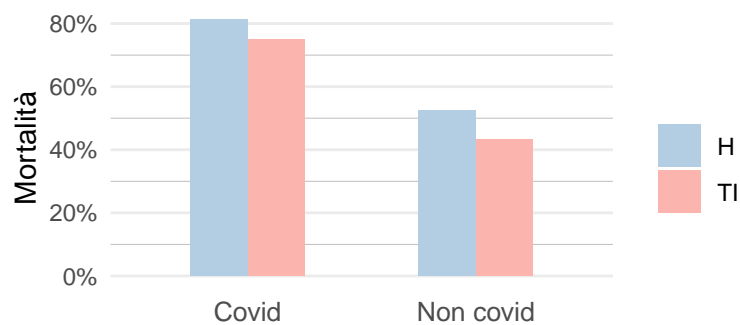
1 *FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI*

Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	483	48	9.9	465	99	21.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	45	7	15.6	42	11	26.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	238	30	12.6	233	47	20.2
Pazienti infetti all'ammissione	528	55	10.4	507	110	21.7
Pazienti infetti in degenza	283	37	13.1	275	58	21.1

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	860	140	16.3	810	224	27.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	113	22	19.6	106	32	30.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	155	33	21.3	148	42	28.4
Pazienti infetti all'ammissione	973	162	16.7	916	256	27.9
Pazienti infetti in degenza	268	55	20.6	254	74	29.1

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	774	335	43.4	730	384	52.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	138	65	47.1	129	72	55.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	62	34	54.8	60	39	65.0
Pazienti infetti all'ammissione	912	400	44.0	859	456	53.1
Pazienti infetti in degenza	200	99	49.5	189	111	58.7

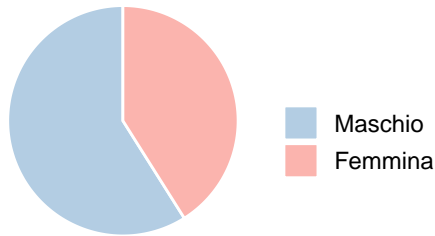
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	16	12	75.0	16	13	81.2
Non covid	896	388	43.4	850	443	52.6

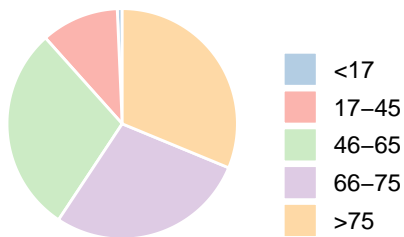
2 Tutti i pazienti (N = 6362)

2.1 Sesso



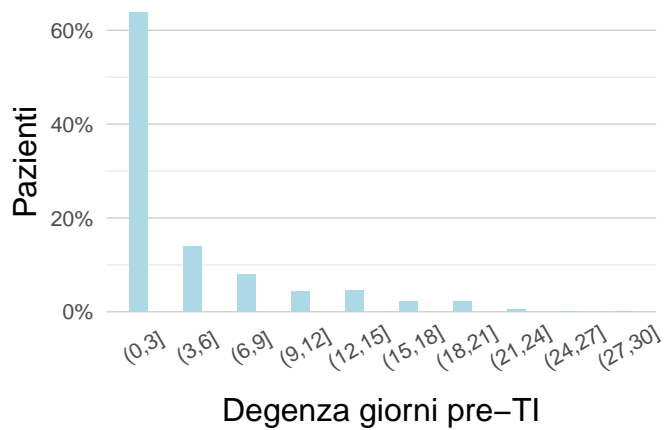
Sesso	N	%
Maschio	3750	59.0
Femmina	2611	41.0
Missing	1	0

2.2 Età



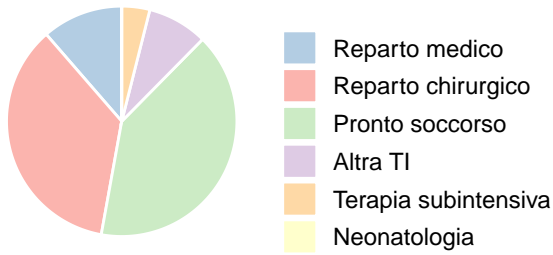
Range età	N	%
<17	44	0.7
17-45	695	10.9
46-65	1849	29.1
66-75	1787	28.1
>75	1987	31.2
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



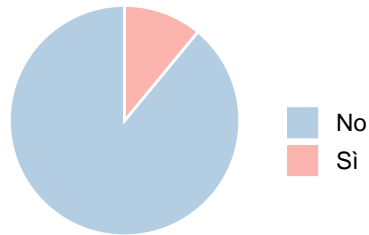
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	12.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	21

2.4 Provenienza (reparto)



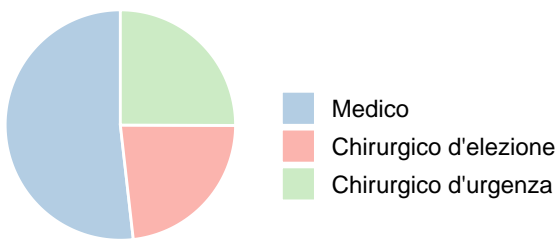
Provenienza	N	%
Reparto medico	720	11.4
Reparto chirurgico	2264	35.8
Pronto soccorso	2560	40.5
Altra TI	535	8.5
Terapia subintensiva	249	3.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	34	0

2.5 Trauma



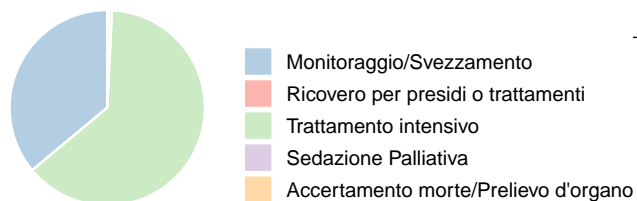
Trauma	N	%
No	5649	89.0
Si	697	11.0
Missing	16	0

2.6 Stato Chirurgico



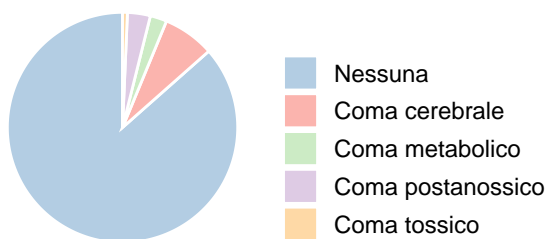
Stato chirurgico	N	%
Medico	3287	51.8
Chirurgico d'elezione	1469	23.1
Chirurgico d'urgenza	1590	25.1
Missing	16	0

2.7 Motivo di ammissione



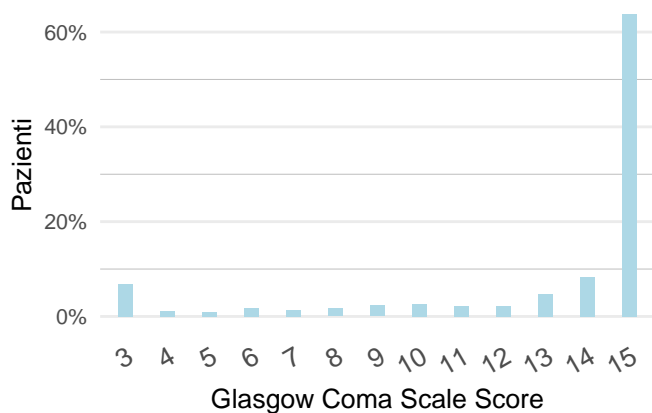
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	2287	36.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	4007	63.2
Sedazione Palliativa	30	0.5
Accertamento morte/Prelievo d'organo	19	0.3
Missing	19	0

2.8 Insufficienza neurologica



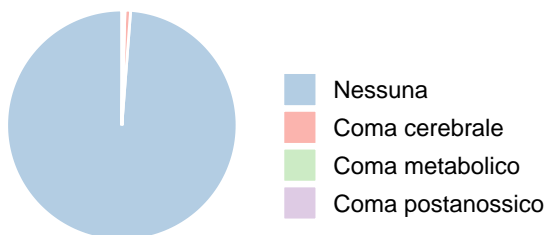
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	4316	86.5
Coma cerebrale	361	7.2
Coma metabolico	117	2.3
Coma postanossico	160	3.2
Coma tossico	34	0.7
Missing	1374	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



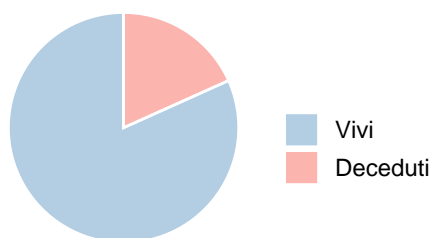
Indicatore	Valore
Media	13.0
DS	3.7
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



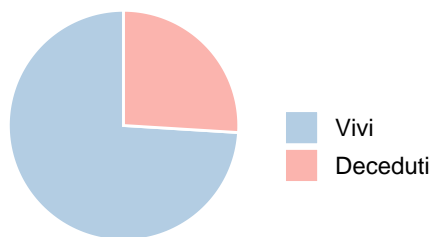
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	6253	98.8
Coma cerebrale	50	0.8
Coma metabolico	14	0.2
Coma postanossico	13	0.2
Missing	33	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	5176	81.7
Deceduti	1158	18.3
Missing	28	0

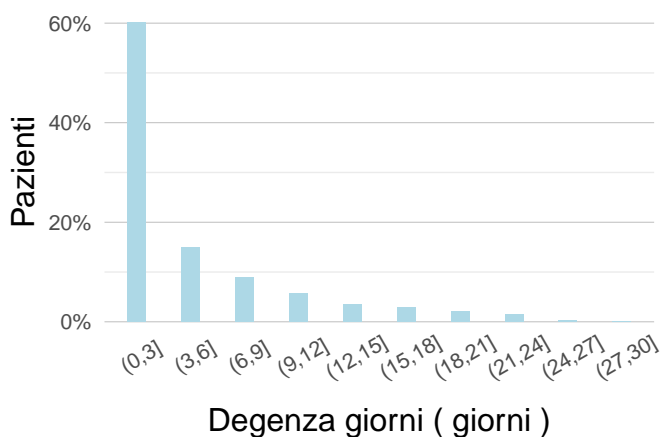
2.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	4523	74.0
Deceduti	1587	26.0
Missing	65	0

* Statistiche calcolate su 6175 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 187).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.7 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-8)
Missing	27

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

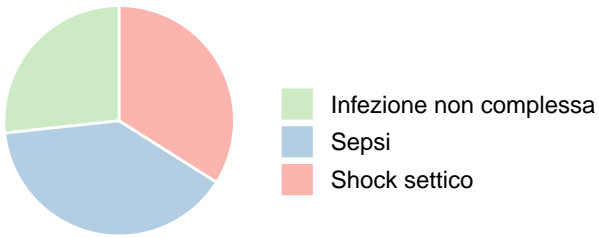


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.6 (23.0)
Mediana (Q1-Q3)	13 (7-26)
Missing	63

* Statistiche calcolate su 6175 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 187).

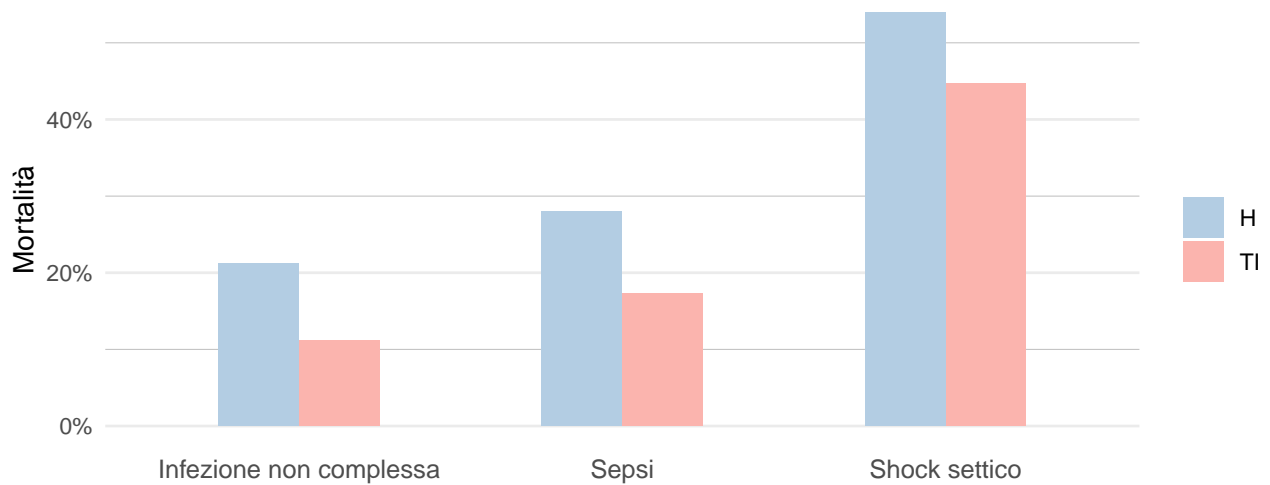
3 Pazienti infetti (N = 2870)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	766	26.7
Sepsi	1128	39.3
Shock settico	974	34.0
Missing	2	0

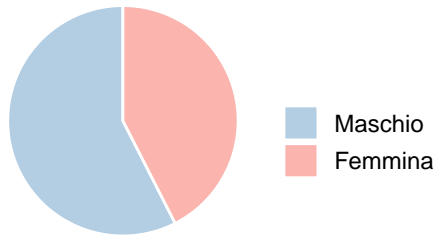
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	11.1	21.2
Sepsi	17.3	28.0
Shock settico	44.7	53.9

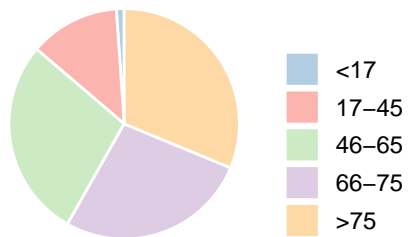
4 Pazienti non infetti (N = 3457)

4.1 Sesso



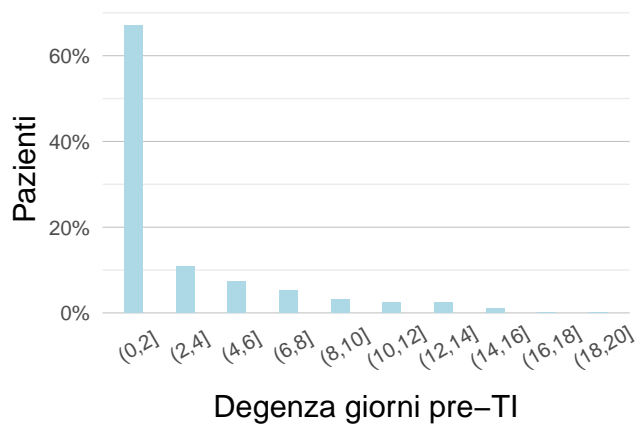
Sesso	N	%
Maschio	1988	57.5
Femmina	1469	42.5
Missing	0	0

4.2 Età



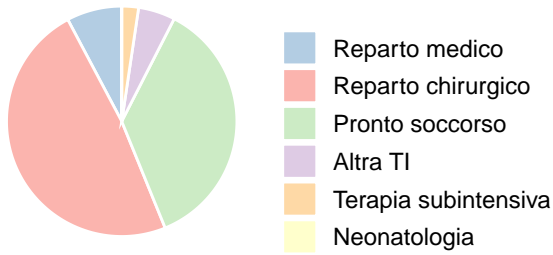
Range età	N	%
<17	38	1.1
17-45	438	12.7
46-65	969	28.0
66-75	932	27.0
>75	1080	31.2
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



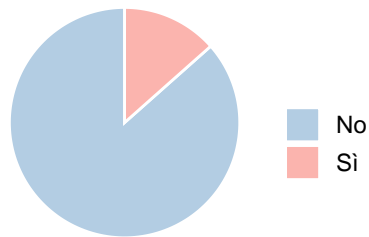
Indicatore	Valore
Media	3.3
DS	9.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	3

4.4 Provenienza (reparto)



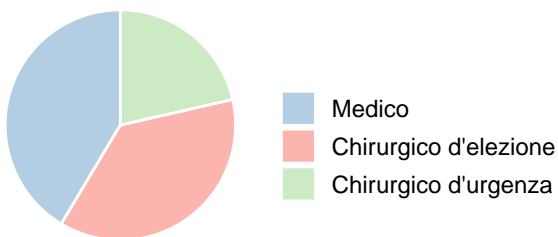
Provenienza	N	%
Reparto medico	267	7.8
Reparto chirurgico	1665	48.4
Pronto soccorso	1249	36.3
Altra TI	178	5.2
Terapia subintensiva	81	2.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	17	0

4.5 Trauma



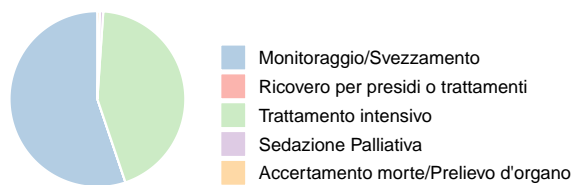
Trauma	N	%
No	2992	86.5
Si	465	13.5
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



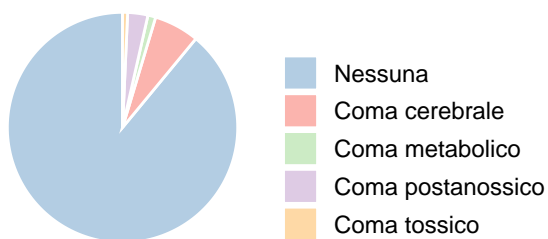
Stato chirurgico	N	%
Medico	1432	41.4
Chirurgico d'elezione	1284	37.1
Chirurgico d'urgenza	741	21.4
Missing	0	0

4.7 Motivo di ammissione



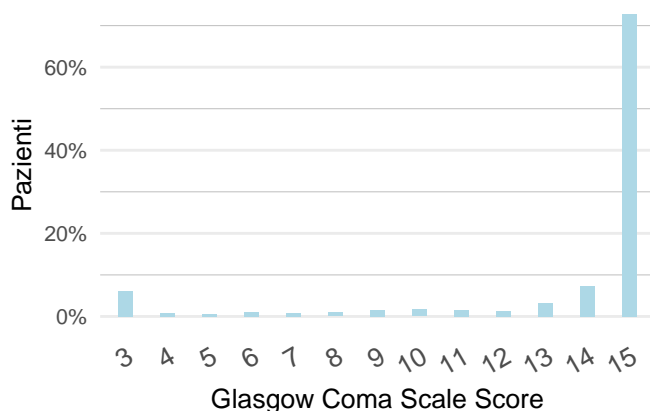
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1907	55.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1512	43.8
Sedazione Palliativa	21	0.6
Accertamento morte/Prelievo d'organo	16	0.5
Missing	1	0

4.8 Insufficienza neurologica



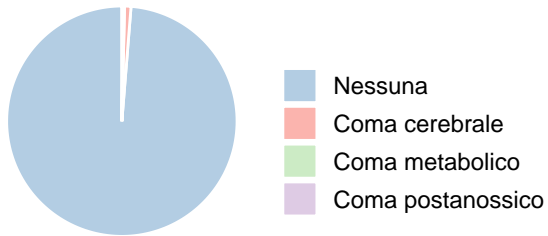
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	2511	89.0
Coma cerebrale	179	6.3
Coma metabolico	31	1.1
Coma postanossico	80	2.8
Coma tossico	20	0.7
Missing	636	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



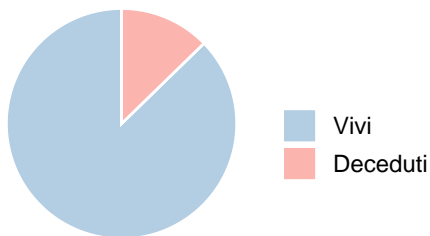
Indicatore	Valore
Media	11.5
DS	3.4
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



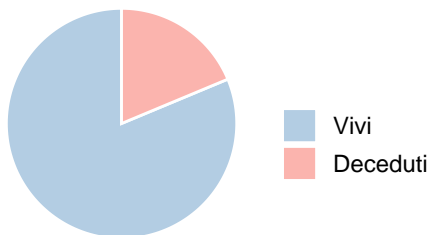
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3413	98.7
Coma cerebrale	31	0.9
Coma metabolico	6	0.2
Coma postanossico	7	0.2
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3015	87.3
Deceduti	439	12.7
Missing	3	0

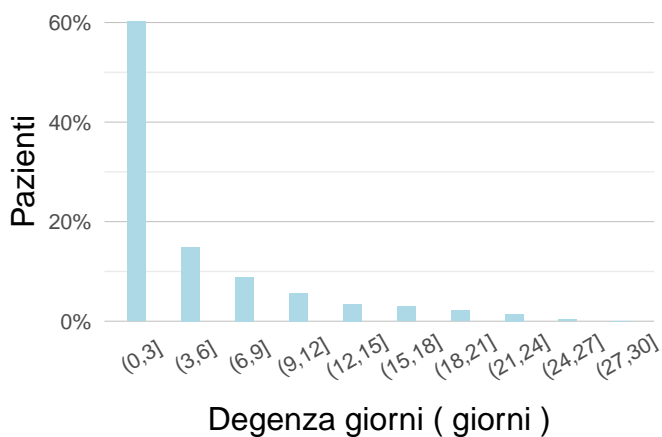
4.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	2746	81.3
Deceduti	632	18.7
Missing	13	0

* Statistiche calcolate su 3391 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 66).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.9 (4.1)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	1

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

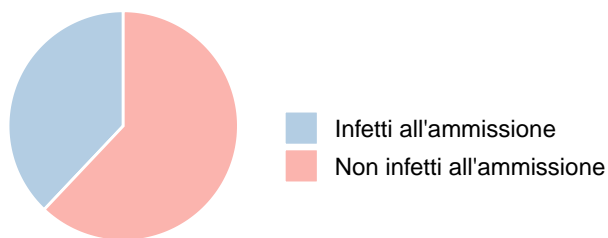


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.3 (17.1)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-19)
Missing	13

* Statistiche calcolate su 3391 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 66).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

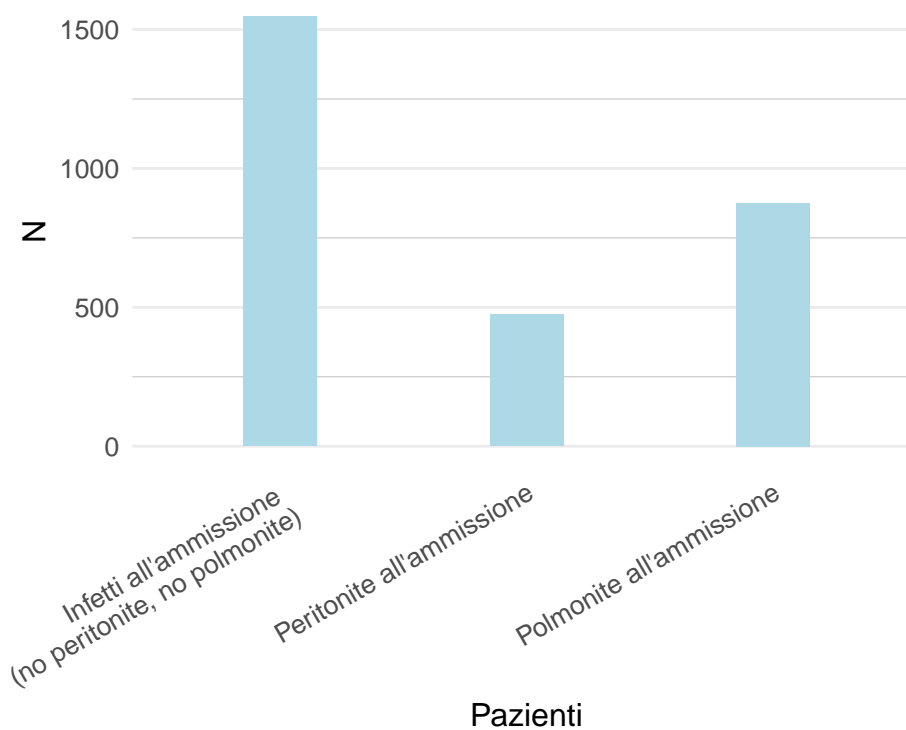
Sono presenti 2414 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 37.94% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	2414	37.94
Non infetti all'ammissione	3948	62.06

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 6362).

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

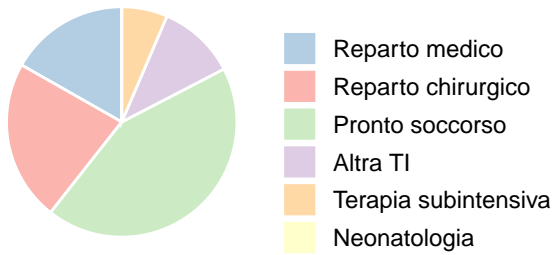


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	1548	64.13
Peritonite all'ammissione	474	19.64
Polmonite all'ammissione	876	36.29

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 2414).

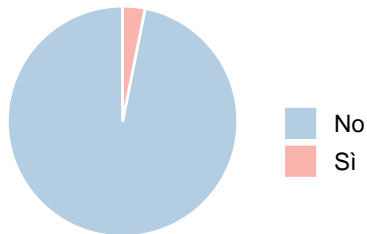
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 2414)

5.1 Provenienza (reparto)



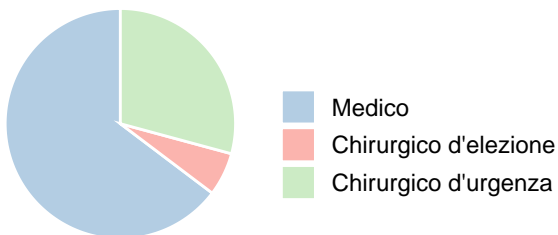
Provenienza	N	%
Reparto medico	404	16.8
Reparto chirurgico	545	22.6
Pronto soccorso	1041	43.2
Altra TI	264	11.0
Terapia subintensiva	155	6.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

5.2 Trauma



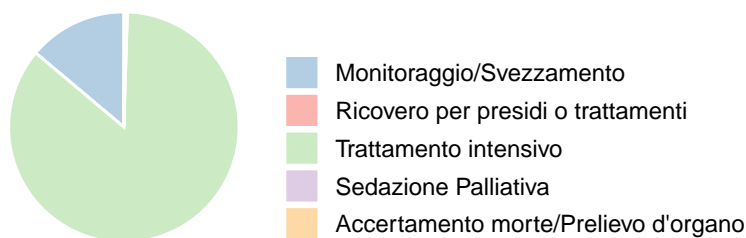
Trauma	N	%
No	2338	96.9
Si	76	3.1
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



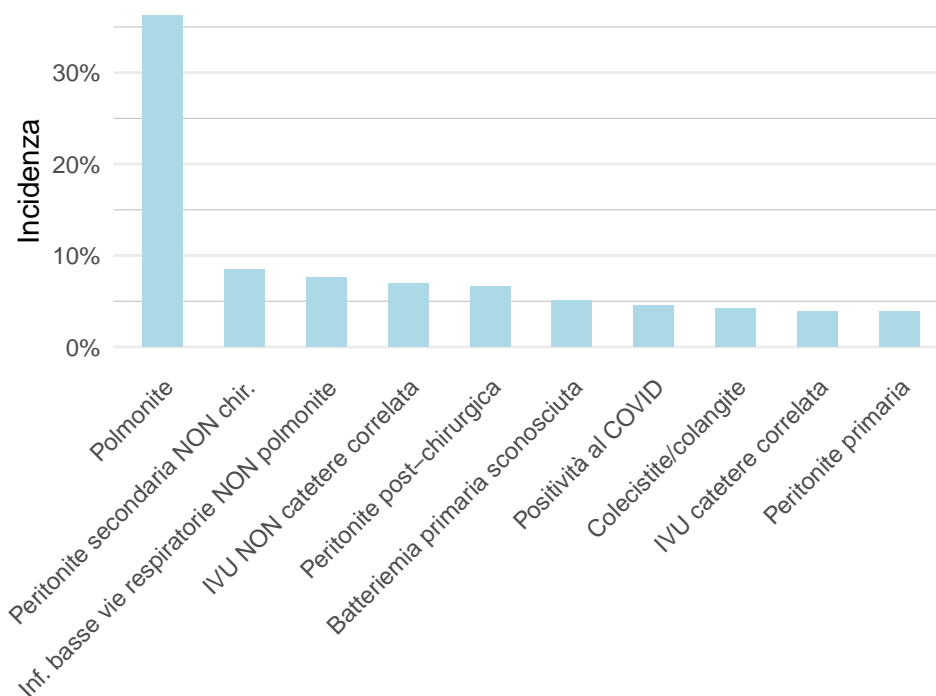
Stato chirurgico	N	%
Medico	1562	64.7
Chirurgico d'elezione	147	6.1
Chirurgico d'urgenza	705	29.2
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	335	13.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2067	85.6
Sedazione Palliativa	9	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)

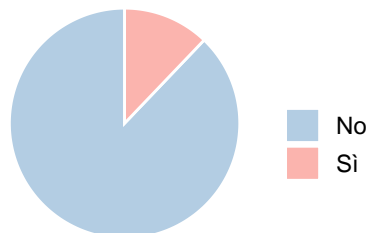


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	876	36.3
Peritonite secondaria NON chir.	206	8.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	183	7.6
IVU NON catetere correlata	167	6.9
Peritonite post-chirurgica	160	6.6
Batteriemia primaria sconosciuta	124	5.1
Positivita al COVID	108	4.5

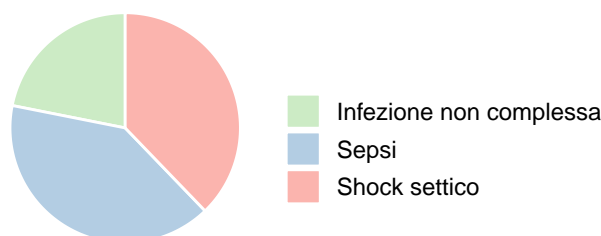
Colecistite/colangite	102	4.2
Peritonite primaria	95	3.9
IVU catetere correlata	93	3.9
Missing	0	

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2121	87.9
Si	293	12.1
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	528	21.9
Sepsi	973	40.3
Shock settico	912	37.8
Missing	1	0

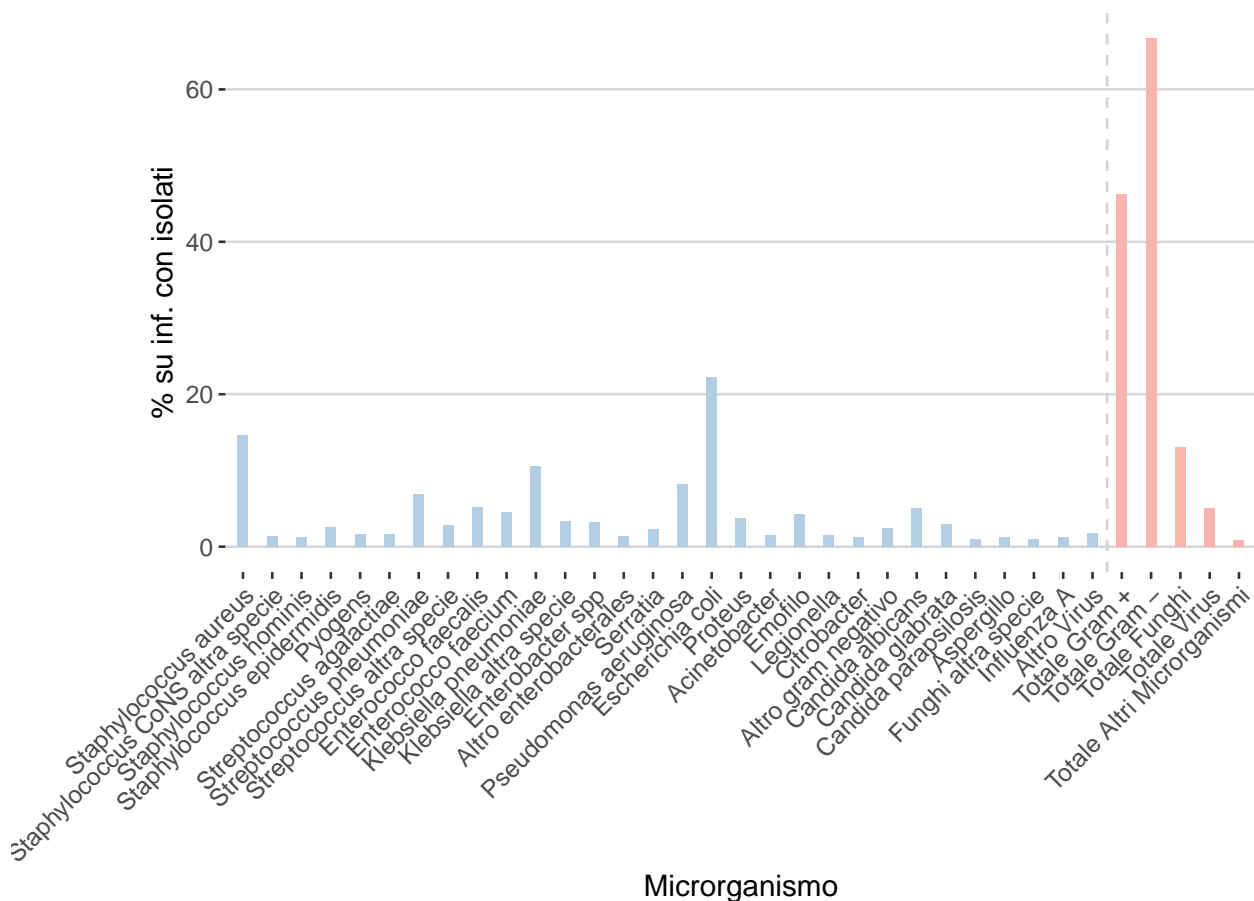
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	877	35.0
Si	1627	65.0
Missing	10	
Totale infezioni	2514	
Totale microrganismi isolati	2191	

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa cat-

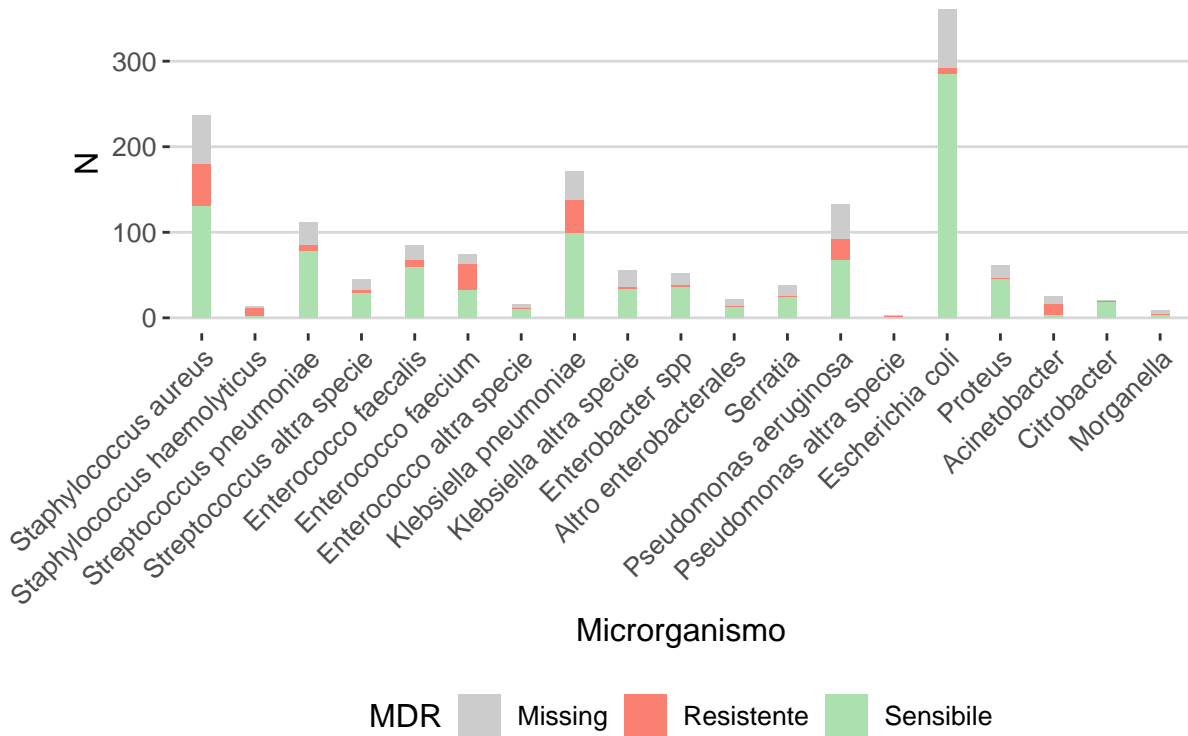
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	237	14.6	180	49	27.2
Staphylococcus capitis	8	0.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	22	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	14	0.9	11	9	81.8
Staphylococcus hominis	19	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	41	2.5	0	0	0
Pyogens	26	1.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	28	1.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	112	6.9	85	6	7.1
Streptococcus altra specie	46	2.8	32	3	9.4
Enterococcus faecalis	85	5.2	68	8	11.8
Enterococcus faecium	74	4.5	63	30	47.6
Enterococcus altra specie	16	1.0	12	1	8.3
Clostridium difficile	16	1.0	0	0	0
Clostridium altra specie	7	0.4	0	0	0
Totale Gram +	751	46.2	451	106	23.5
Klebsiella pneumoniae	172	10.6	137	38	27.7
Klebsiella altra specie	55	3.4	36	2	5.6
Enterobacter spp	52	3.2	38	2	5.3

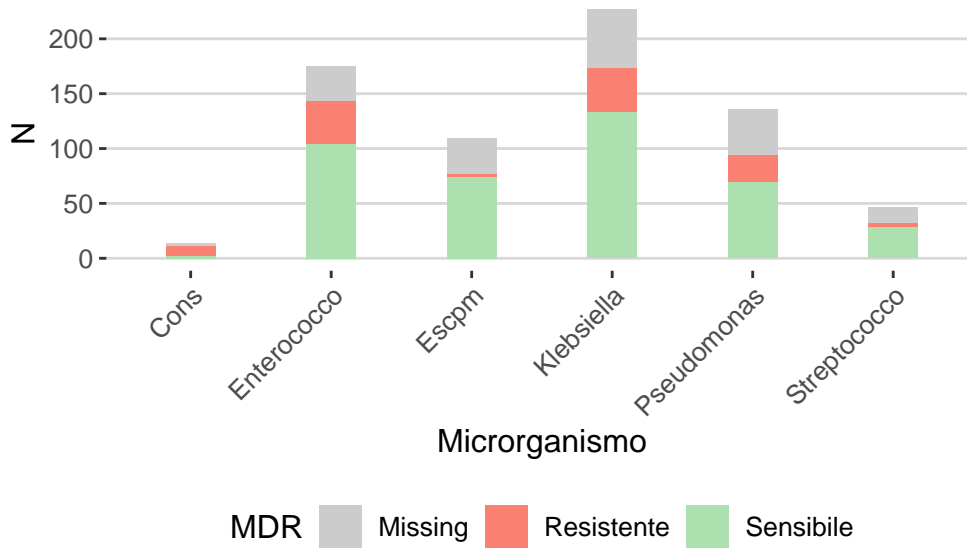
Altro enterobacterales	22	1.4	14	1	7.1
Serratia	38	2.3	26	1	3.8
Pseudomonas aeruginosa	133	8.2	92	24	26.1
Pseudomonas altra specie	3	0.2	2	0	0
Escherichia coli	361	22.2	292	6	2.1
Proteus	62	3.8	46	1	2.2
Acinetobacter	25	1.5	16	12	75
Emofilo	68	4.2	0	0	0
Legionella	24	1.5	0	0	0
Citrobacter	21	1.3	19	0	0
Morganella	9	0.6	4	0	0
Providencia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	39	2.4	0	0	0
Totale Gram -	1085	66.7	722	87	12
Candida albicans	82	5.0	0	0	0
Candida glabrata	47	2.9	0	0	0
Candida krusei	11	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	17	1.0	0	0	0
Candida tropicalis	9	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	3	0.2	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	19	1.2	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	0.3	0	0	0
Funghi altra specie	17	1.0	0	0	0
Totale Funghi	211	13.0	0	0	0
Influenza A	21	1.3			
Influenza AH3N2	3	0.2			
Influenza altro A	1	0.1			
Influenza B	5	0.3			
Influenza tipo non specificato	3	0.2			
Citomegalovirus	7	0.4			
Herpes simplex	12	0.7			
Altro Virus	29	1.8			
Totale Virus	81	5.0	0	0	0
Mycoplasma	6	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	0.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	13	0.8	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, 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 anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33

Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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.

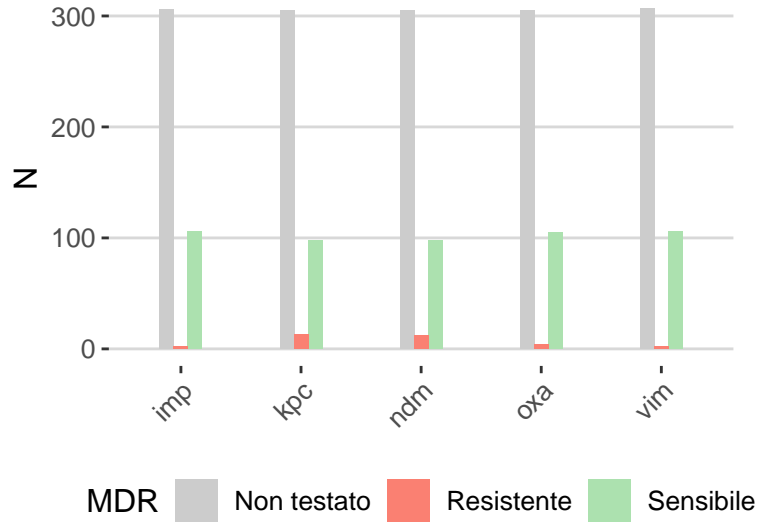
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	137	Ertapenem	24	17.52
Klebsiella pneumoniae	136	Meropenem	33	24.26
Klebsiella altra specie	36	Ertapenem	2	5.56
Klebsiella altra specie	36	Meropenem	2	5.56
Enterobacter spp	38	Ertapenem	2	5.26
Altro enterobacterales	14	Ertapenem	1	7.14
Escherichia coli	290	Ertapenem	6	2.07
Escherichia coli	292	Meropenem	4	1.37
Proteus	45	Meropenem	1	2.22
Serratia	26	Ertapenem	1	3.85
Acinetobacter	16	Imipenem	7	43.75
Acinetobacter	16	Meropenem	12	75.00
Pseudomonas aeruginosa	91	Imipenem	24	26.37
Pseudomonas aeruginosa	92	Meropenem	15	16.30
Staphylococcus haemolyticus	11	Meticillina	9	81.82
Staphylococcus aureus	180	Meticillina	49	27.22
Streptococcus pneumoniae	85	Penicillina	6	7.06
Streptococcus altra specie	32	Penicillina	3	9.38
Enterococco faecalis	68	Vancomicina	8	11.76
Enterococco faecium	63	Vancomicina	30	47.62
Enterococco altra specie	12	Vancomicina	1	8.33

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

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

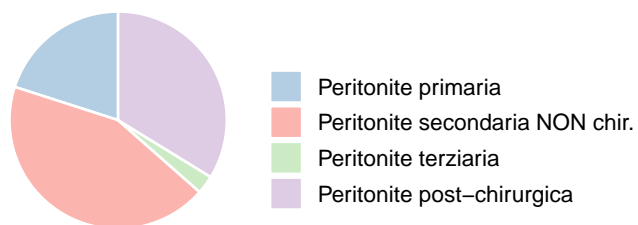
	N	%
Si	25	5.98
No	85	20.33
Non testato	308	73.68
Missing	375	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	2	6.1	106	306
kpc	13	39.4	98	305
ndm	12	36.4	98	305
oxa	4	12.1	105	305
vim	2	6.1	106	307



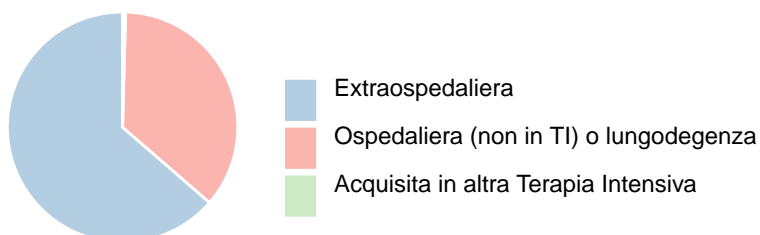
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 474)

6.1 Tipologia di peritonite



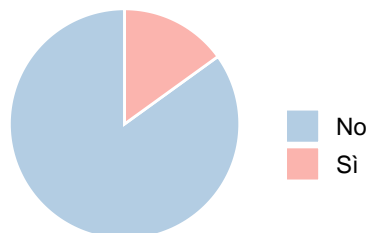
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	95	20.0
Peritonite secondaria NON chir.	206	43.5
Peritonite terziaria	13	2.7
Peritonite post-chirurgica	160	33.8
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



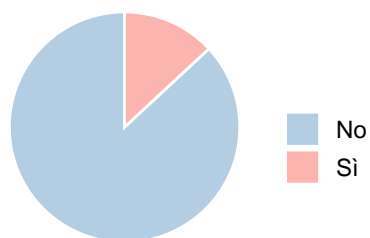
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	301	63.6
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	170	35.9
Acquisita in altra Terapia Intensiva	2	0.4
Missing	1	0

6.3 Infezione batteriemica



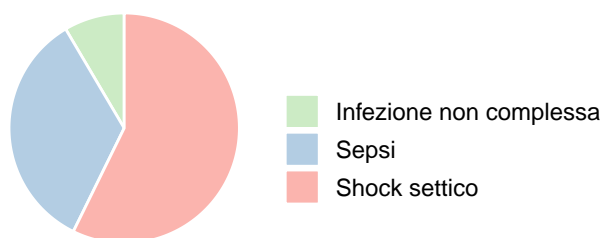
Batteriemica	N	%
No	401	85.0
Sì	71	15.0
Missing	2	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	412	86.9
Si	62	13.1
Missing	0	0

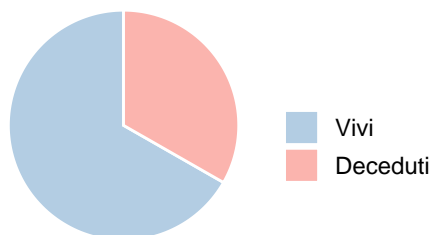
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	35	8.5
Sepsi	141	34.2
Shock settico	236	57.3
Missing	0	0

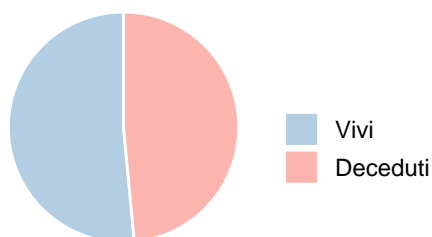
* Statistiche calcolate su 412 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 62).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	315	66.7
Deceduti	157	33.3
Missing	2	0

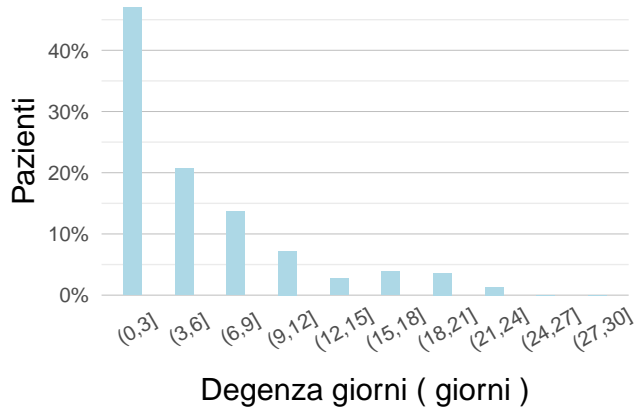
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	223	51.5
Deceduti	210	48.5
Missing	4	0

* Statistiche calcolate su 437 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 37).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.5 (9.2)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-9)
Missing	2

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	26.8 (26.9)
Mediana (Q1-Q3)	19 (10-35)
Missing	4

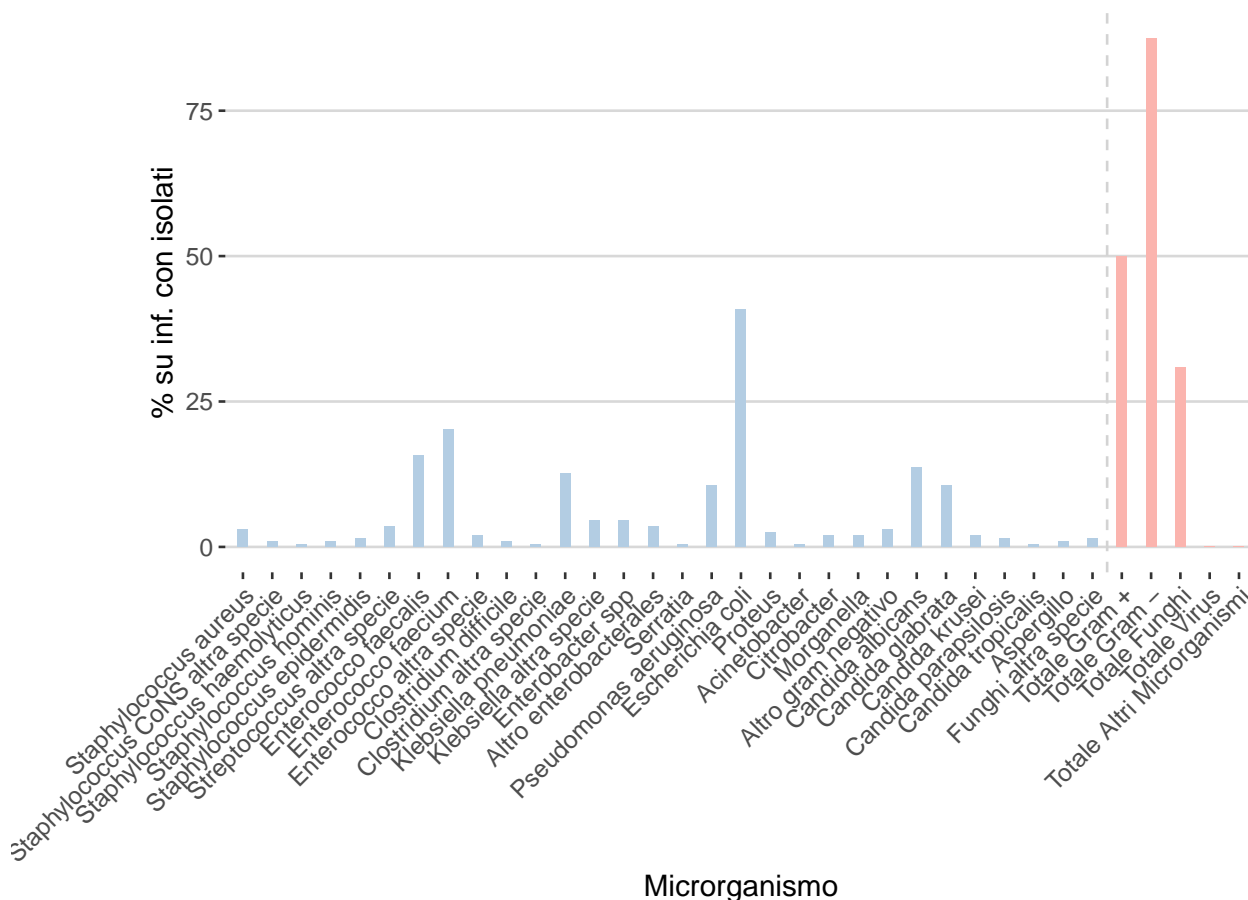
* Statistiche calcolate su 437 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 37).

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	273	58.0
Sì	198	42.0
Missing	3	
Totale infezioni	474	
Totale microrganismi isolati	336	

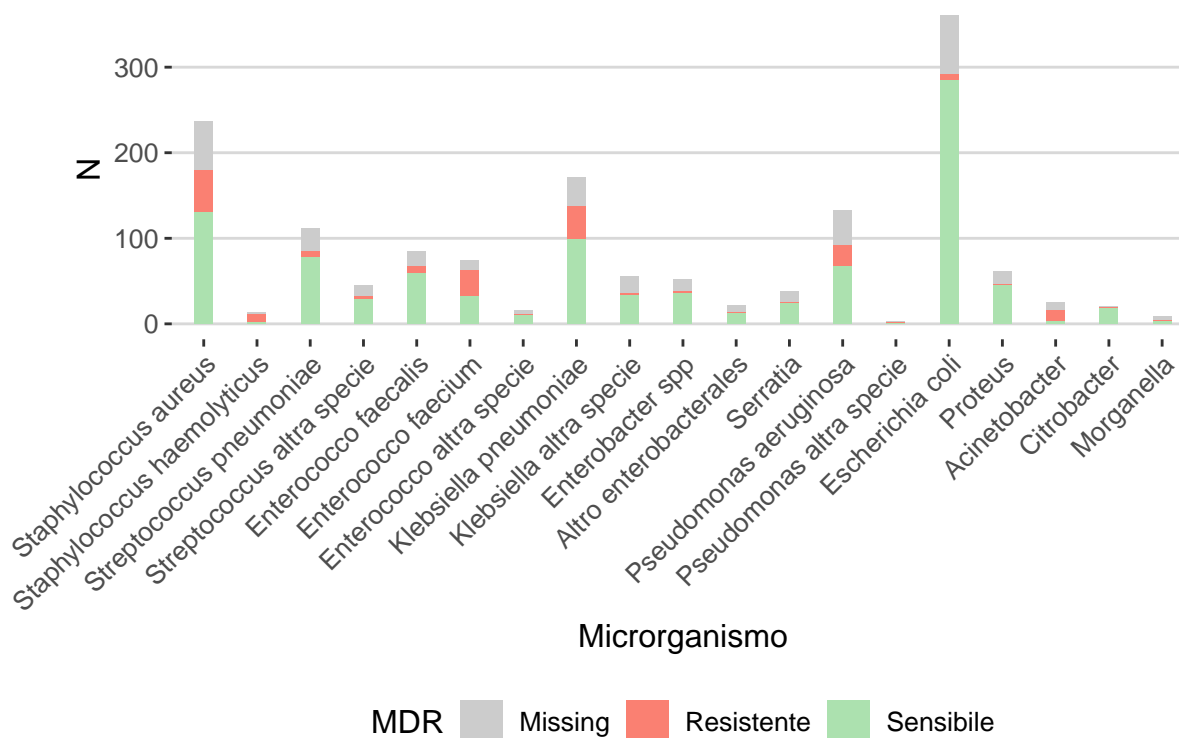
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	3.0	3	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	1.0	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.5	1	1	100
Staphylococcus hominis	2	1.0	0	0	0

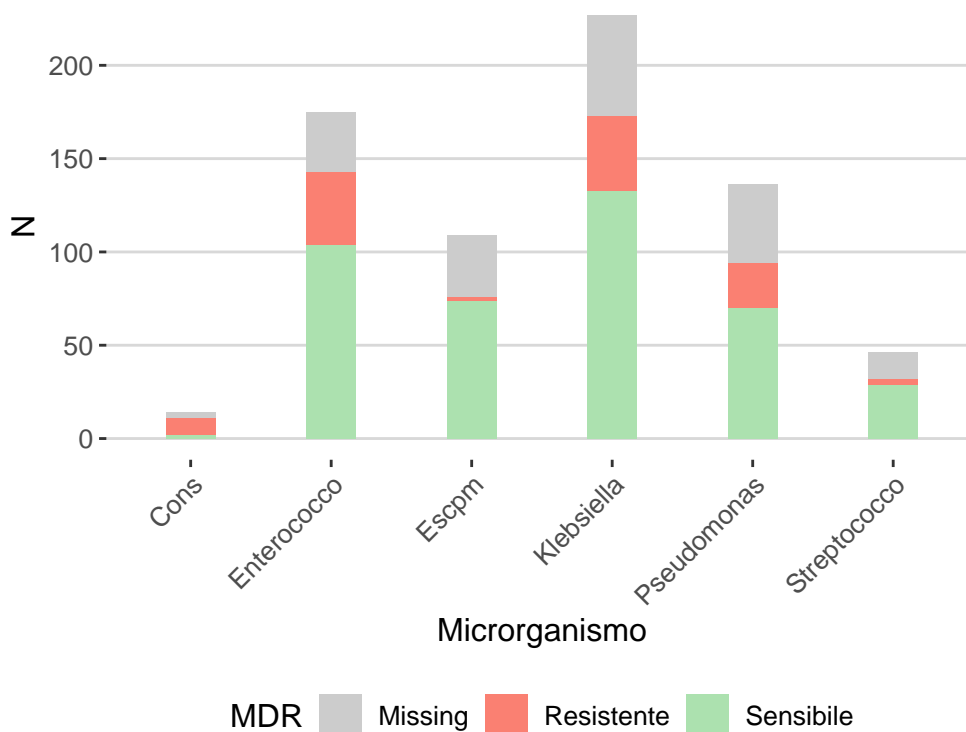
Staphylococcus epidermidis	3	1.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	7	3.5	5	0	0
Enterococco faecalis	31	15.7	26	4	15.4
Enterococco faecium	40	20.2	33	14	42.4
Enterococco altra specie	4	2.0	3	1	33.3
Clostridium difficile	2	1.0	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	99	50.0	71	20	28.2
Klebsiella pneumoniae	25	12.6	23	4	17.4
Klebsiella altra specie	9	4.5	7	1	14.3
Enterobacter spp	9	4.5	5	1	20
Altro enterobacterales	7	3.5	4	1	25
Serratia	1	0.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	21	10.6	16	5	31.2
Escherichia coli	81	40.9	65	2	3.1
Proteus	5	2.5	5	0	0
Acinetobacter	1	0.5	1	1	100
Citrobacter	4	2.0	4	0	0
Morganella	4	2.0	0	0	0
Altro gram negativo	6	3.0	0	0	0
Totale Gram -	173	87.4	131	15	11.5
Candida albicans	27	13.6	0	0	0
Candida glabrata	21	10.6	0	0	0
Candida krusei	4	2.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Aspergillo	2	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.5	0	0	0
Totale Funghi	61	30.8	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 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	23	Ertapenem	2	8.70
Klebsiella pneumoniae	23	Meropenem	4	17.39
Klebsiella altra specie	7	Ertapenem	1	14.29
Klebsiella altra specie	7	Meropenem	1	14.29
Enterobacter spp	5	Ertapenem	1	20.00
Altro enterobacterales	4	Ertapenem	1	25.00
Escherichia coli	63	Ertapenem	2	3.17
Escherichia coli	65	Meropenem	2	3.08
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	16	Imipenem	5	31.25
Pseudomonas aeruginosa	16	Meropenem	2	12.50
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecalis	26	Vancomicina	4	15.38
Enterococco faecium	33	Vancomicina	14	42.42
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

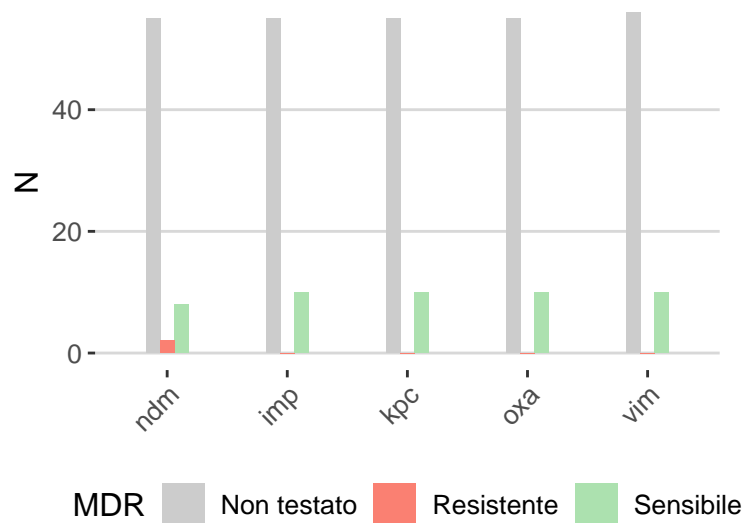
6.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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	2	3.03
No	8	12.12
Non testato	56	84.85

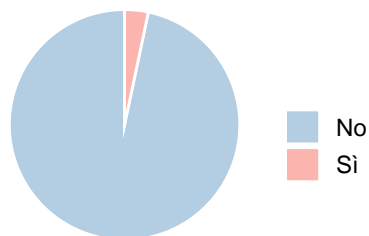
Missing 61

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	10	55
kpc	0	0	10	55
ndm	2	100	8	55
oxa	0	0	10	55
vim	0	0	10	56



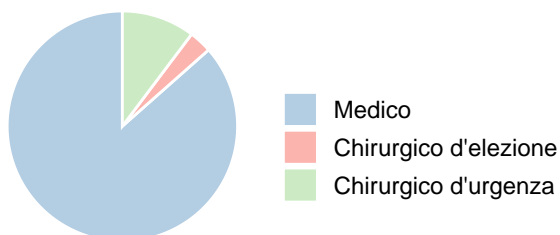
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 876)

7.1 Trauma



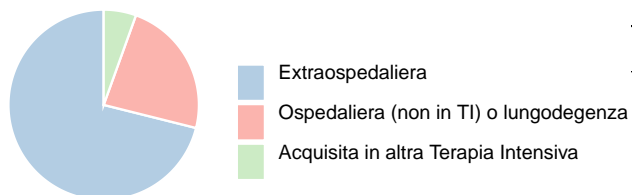
Trauma	N	%
No	847	96.7
Si	29	3.3
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



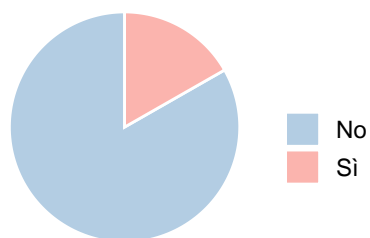
Stato chirurgico	N	%
Medico	758	86.5
Chirurgico d'elezione	28	3.2
Chirurgico d'urgenza	90	10.3
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



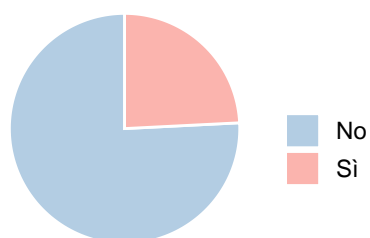
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	620	71.1
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	204	23.4
Acquisita in altra Terapia Intensiva	48	5.5
Missing	4	0

7.4 Infezione batteriemica



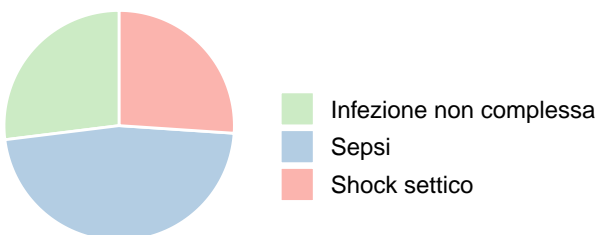
Batteriemica	N	%
No	726	83.3
Si	146	16.7
Missing	4	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	664	75.8
Si	212	24.2
Missing	0	0

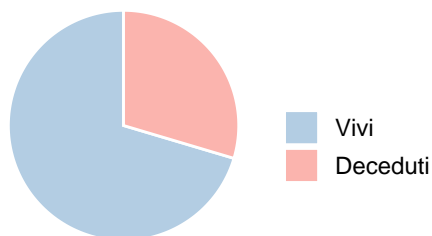
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	179	27.0
Sepsi	312	47.0
Shock settico	173	26.1
Missing	0	0

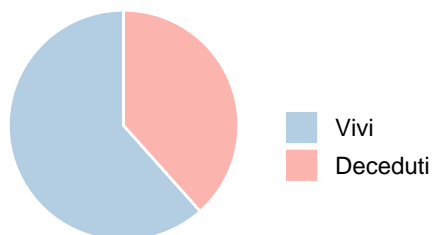
* Statistiche calcolate su 664 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 212).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	616	70.4
Deceduti	259	29.6
Missing	1	0

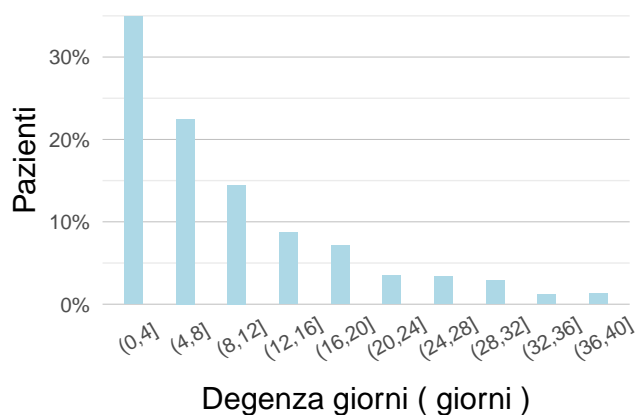
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	507	61.6
Deceduti	316	38.4
Missing	10	0

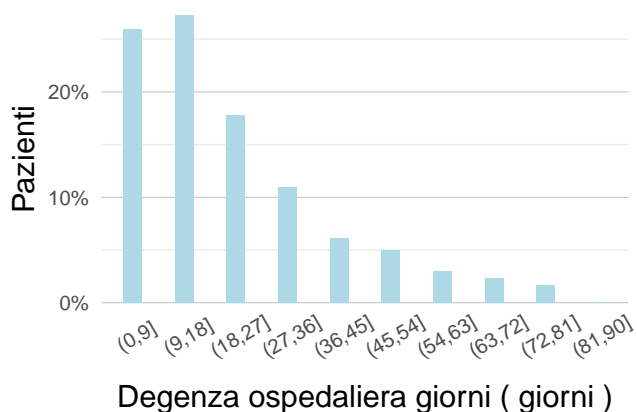
* Statistiche calcolate su 833 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 43).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.4 (14.5)
Mediana (Q1-Q3)	7.5 (3-16)
Missing	2

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.9 (25.0)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-33)
Missing	10

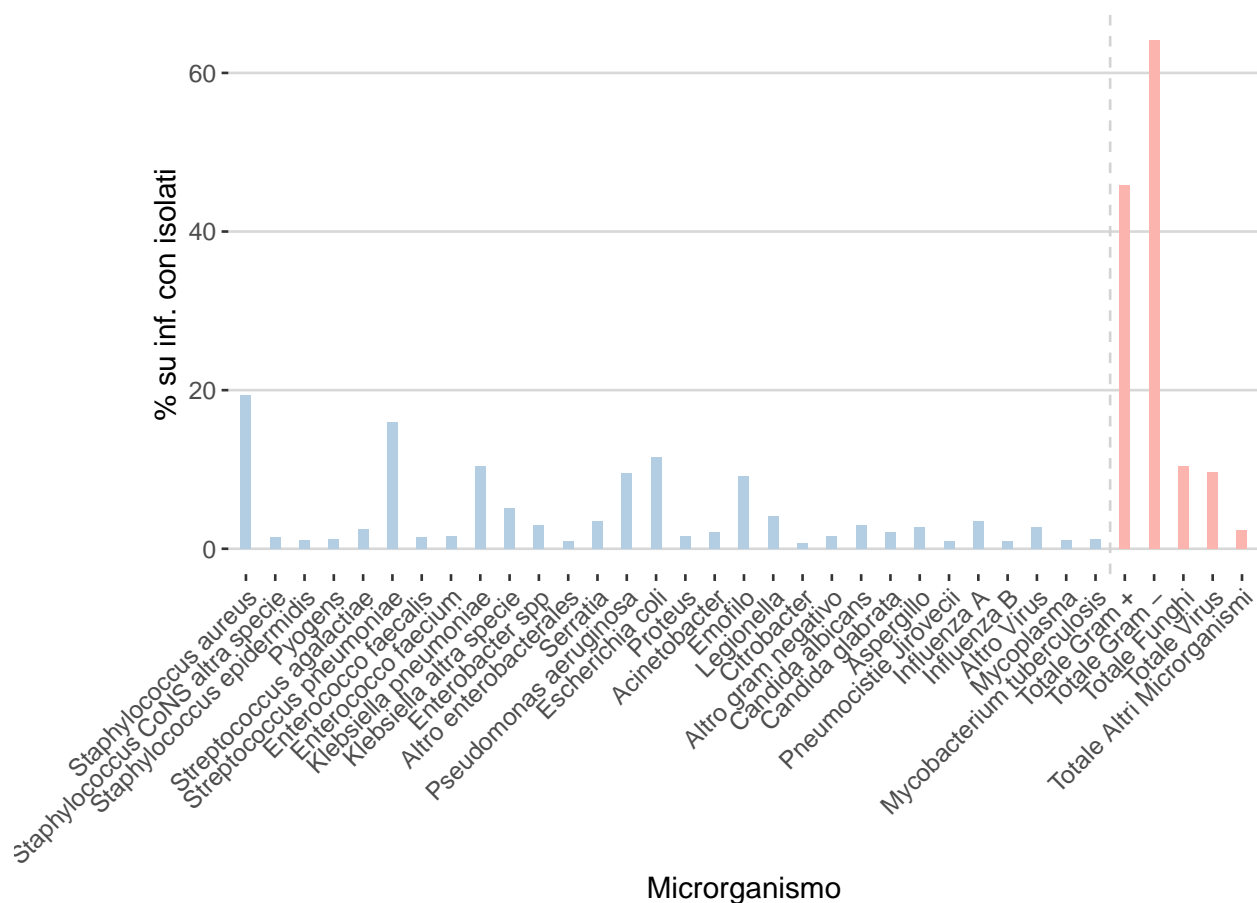
* Statistiche calcolate su 833 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 43).

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	305	35.0
Sì	566	65.0
Missing	5	
Totale infezioni	876	
Totale microrganismi isolati	787	

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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

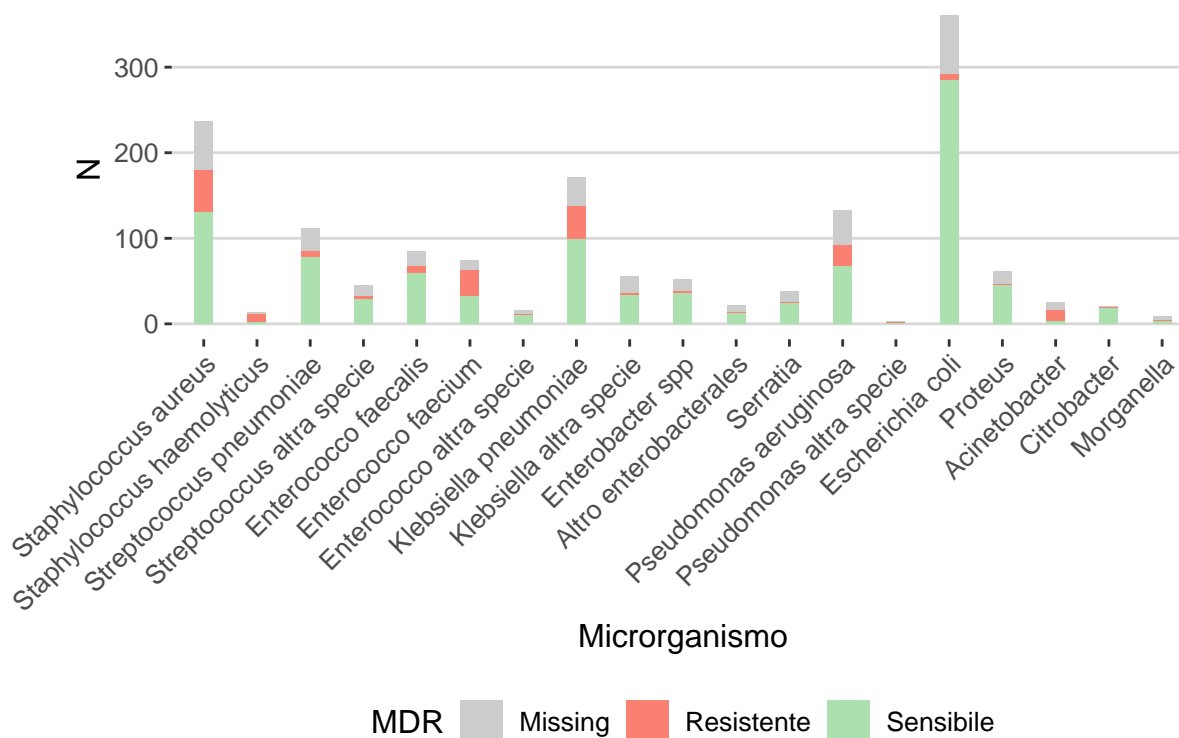


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	110	19.4	82	23	28
Staphylococcus CoNS altra specie	8	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.4	2	2	100
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	1.1	0	0	0
Pyogens	7	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	14	2.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	90	15.9	67	5	7.5
Streptococcus altra specie	3	0.5	2	0	0
Enterococcus faecalis	8	1.4	6	2	33.3
Enterococcus faecium	9	1.6	7	2	28.6
Enterococcus altra specie	1	0.2	1	0	0
Totale Gram +	259	45.8	167	34	20.4
Klebsiella pneumoniae	59	10.4	47	10	21.3
Klebsiella altra specie	29	5.1	18	1	5.6
Enterobacter spp	17	3.0	14	1	7.1
Altro enterobacterales	5	0.9	3	0	0
Serratia	20	3.5	15	1	6.7
Pseudomonas aeruginosa	54	9.5	33	9	27.3
Pseudomonas altra specie	2	0.4	1	0	0
Escherichia coli	65	11.5	50	1	2
Proteus	9	1.6	6	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 876)

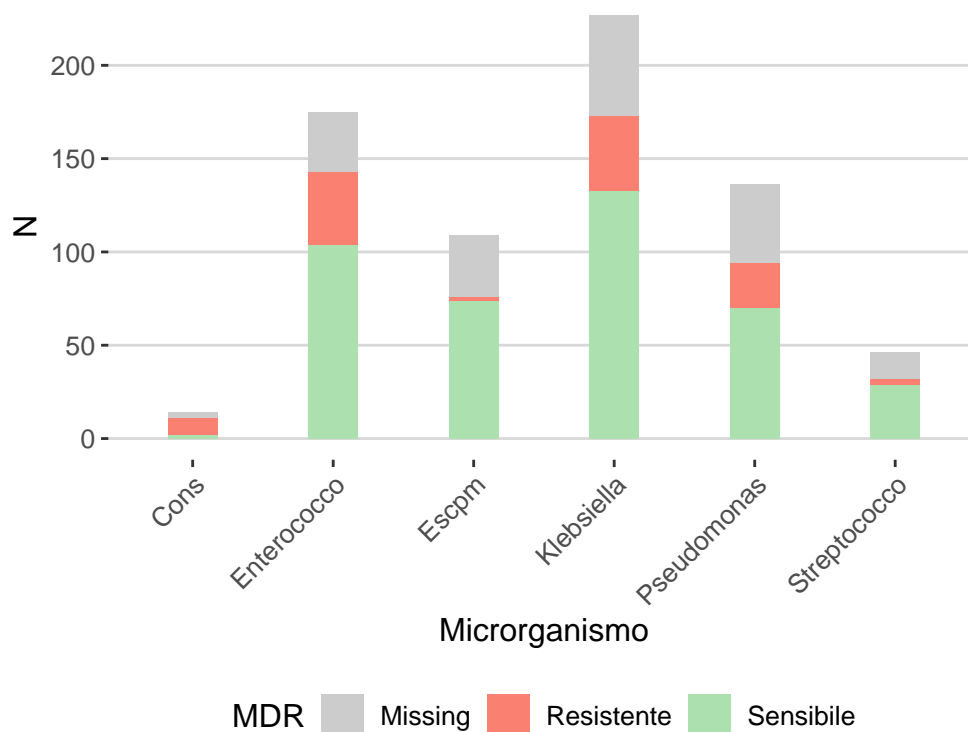
Acinetobacter	12	2.1	8	5	62.5
Emofilo	52	9.2	0	0	0
Legionella	23	4.1	0	0	0
Citrobacter	4	0.7	3	0	0
Morganella	2	0.4	1	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	9	1.6	0	0	0
Totale Gram -	363	64.1	199	28	14.1
Candida albicans	17	3.0	0	0	0
Candida glabrata	12	2.1	0	0	0
Candida krusei	2	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.4	0	0	0
Aspergillo	15	2.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	0.9	0	0	0
Funghi altra specie	3	0.5	0	0	0
Totale Funghi	59	10.4	0	0	0
Influenza A	20	3.5			
Influenza AH3N2	3	0.5			
Influenza altro A	1	0.2			
Influenza B	5	0.9			
Influenza tipo non specificato	3	0.5			
Citomegalovirus	4	0.7			
Herpes simplex	4	0.7			
Altro Virus	15	2.7			
Totale Virus	55	9.7	0	0	0
Mycoplasma	6	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	1.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	13	2.3	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, 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	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	47	Ertapenem	5	10.64
Klebsiella pneumoniae	47	Meropenem	7	14.89
Klebsiella altra specie	18	Ertapenem	1	5.56
Klebsiella altra specie	18	Meropenem	1	5.56
Enterobacter spp	14	Ertapenem	1	7.14
Escherichia coli	50	Ertapenem	1	2.00
Serratia	15	Ertapenem	1	6.67
Acinetobacter	8	Imipenem	2	25.00
Acinetobacter	8	Meropenem	5	62.50
Pseudomonas aeruginosa	33	Imipenem	9	27.27
Pseudomonas aeruginosa	33	Meropenem	5	15.15
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	82	Meticillina	23	28.05
Streptococcus pneumoniae	67	Penicillina	5	7.46
Enterococco faecalis	6	Vancomicina	2	33.33
Enterococco faecium	7	Vancomicina	2	28.57

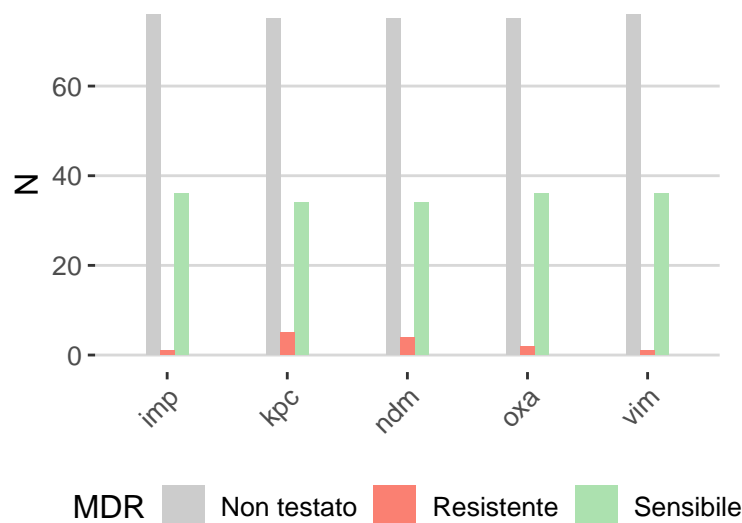
7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

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	9	7.89
No	28	24.56
Non testato	77	67.54

Missing 97

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	7.7	36	76
kpc	5	38.5	34	75
ndm	4	30.8	34	75
oxa	2	15.4	36	75
vim	1	7.7	36	76

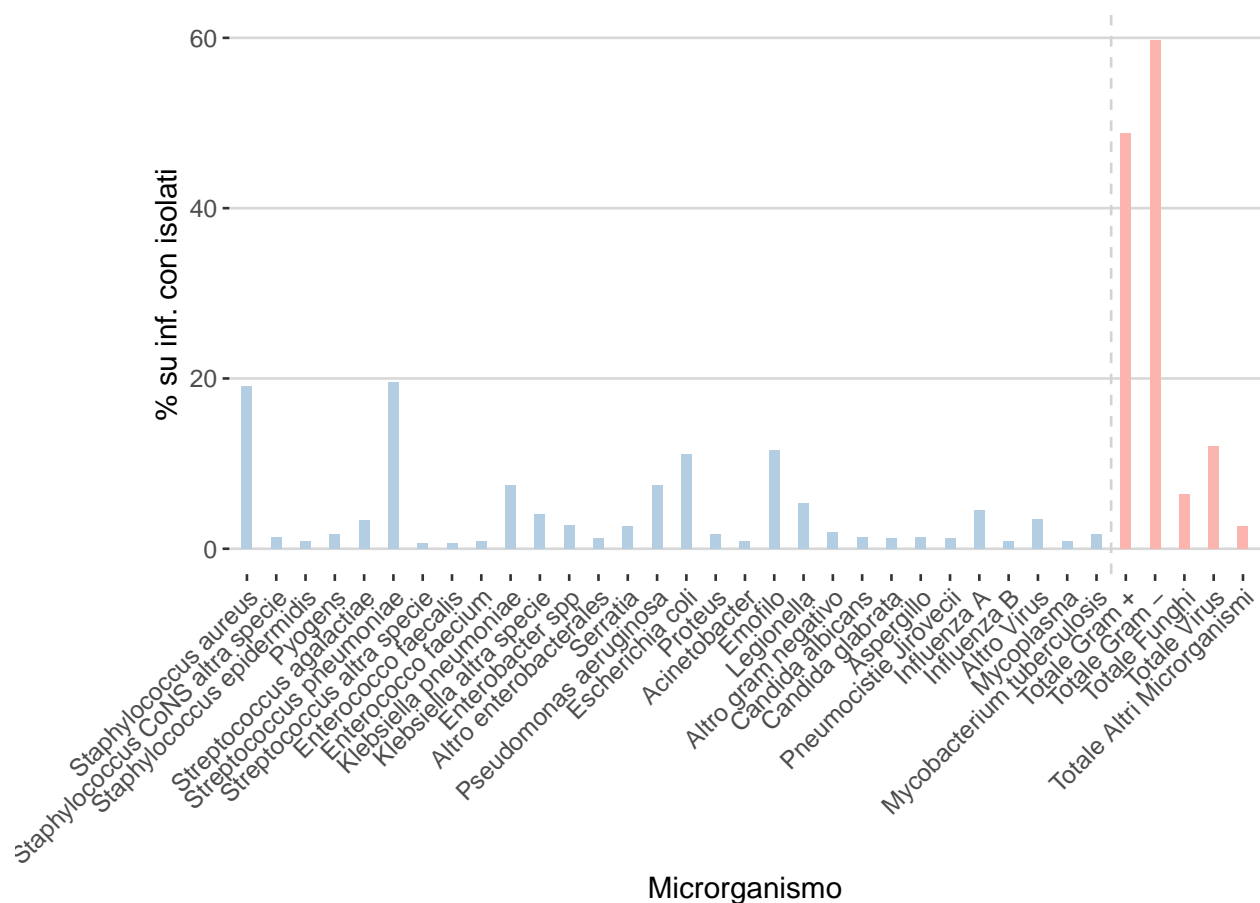


7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	244	36.5
Sì	424	63.5
Missing	0	
Totale infezioni	668	
Totale microrganismi isolati	579	

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 ("% su inf. con isolati"). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

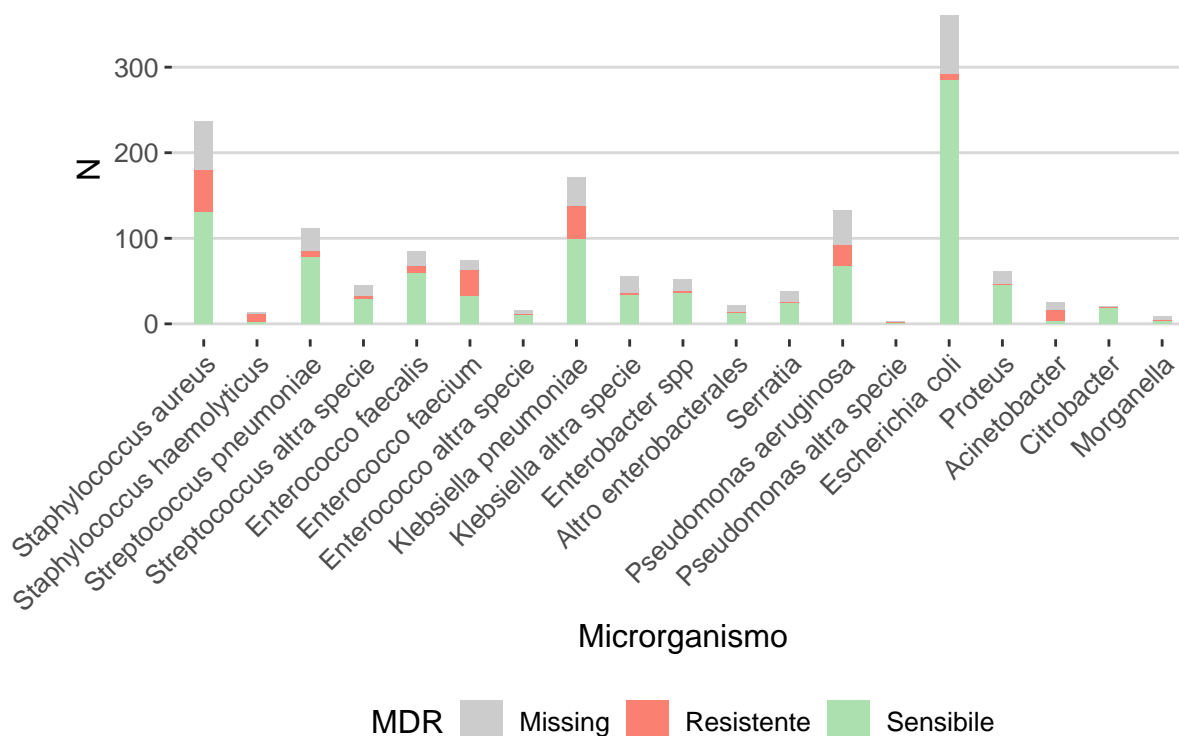


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	81	19.1	63	17	27
Staphylococcus CoNS altra specie	6	1.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	0.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	0.9	0	0	0
Pyogens	7	1.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	14	3.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	83	19.6	62	4	6.5
Streptococcus altra specie	3	0.7	2	0	0
Enterococco faecalis	3	0.7	2	2	100
Enterococco faecium	4	0.9	3	0	0
Totale Gram +	207	48.8	133	24	18
Klebsiella pneumoniae	32	7.5	27	3	11.1
Klebsiella altra specie	17	4.0	11	0	0
Enterobacter spp	12	2.8	9	0	0
Altro enterobacterales	5	1.2	3	0	0
Serratia	11	2.6	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	32	7.5	19	3	15.8
Pseudomonas altra specie	1	0.2	0	0	0
Escherichia coli	47	11.1	37	1	2.7
Proteus	7	1.7	5	0	0
Acinetobacter	4	0.9	3	2	66.7

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 876)

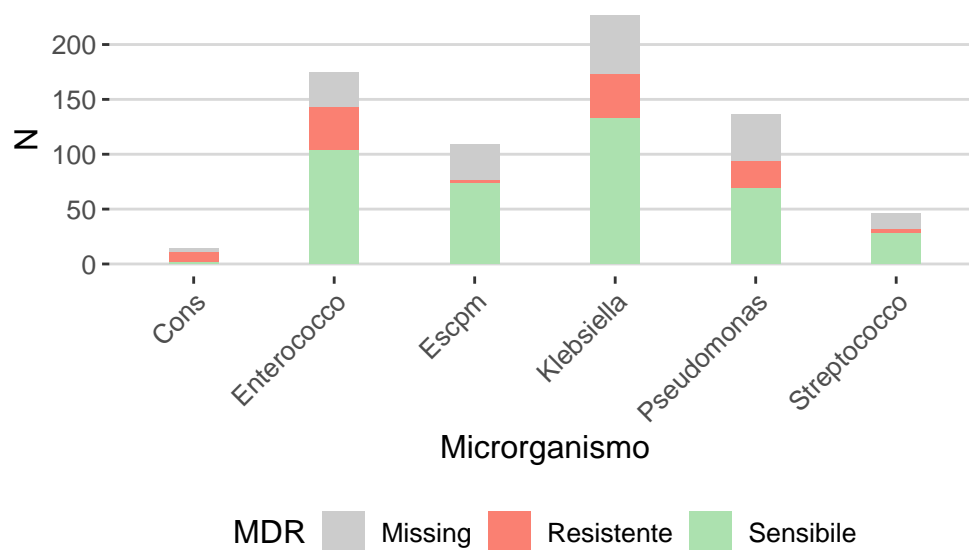
Emofilo	49	11.6	0	0	0
Legionella	23	5.4	0	0	0
Citrobacter	3	0.7	2	0	0
Morganella	2	0.5	1	0	0
Altro gram negativo	8	1.9	0	0	0
Totale Gram -	253	59.7	126	9	7.1
Candida albicans	6	1.4	0	0	0
Candida glabrata	5	1.2	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.5	0	0	0
Aspergillo	6	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	5	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.5	0	0	0
Totale Funghi	27	6.4	0	0	0
Influenza A	19	4.5			
Influenza AH3N2	3	0.7			
Influenza altro A	1	0.2			
Influenza B	4	0.9			
Influenza tipo non specificato	3	0.7			
Citomegalovirus	3	0.7			
Herpes simplex	3	0.7			
Altro Virus	15	3.5			
Totale Virus	51	12.0	0	0	0
Mycoplasma	4	0.9	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	1.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	11	2.6	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, 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 anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32

Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	27	Meropenem	3	11.11
Escherichia coli	37	Ertapenem	1	2.70
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	3	15.79
Pseudomonas aeruginosa	19	Meropenem	1	5.26
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	63	Meticillina	17	26.98
Streptococcus pneumoniae	62	Penicillina	4	6.45
Enterococco faecalis	2	Vancomicina	2	100.00

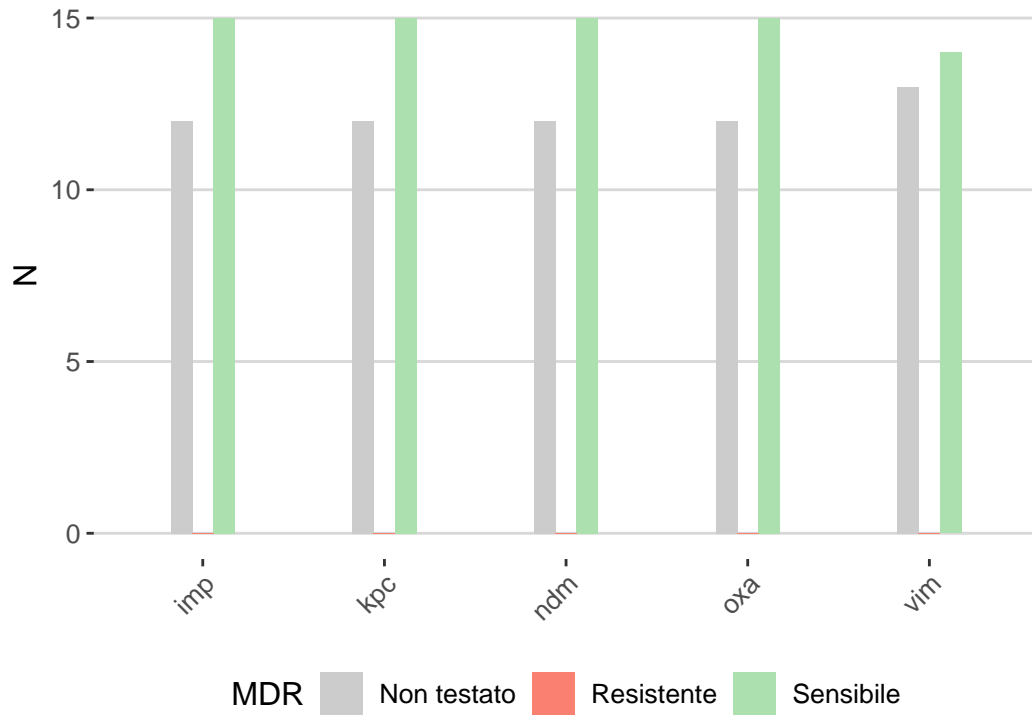
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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	14	51.85
Non testato	13	48.15
Missing	24	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	15	12
kpc	0	0	15	12
ndm	0	0	15	12
oxa	0	0	15	12
vim	0	0	14	13

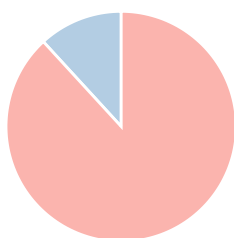
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 876)



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 752 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.8% della popolazione totale ammessa in TI.

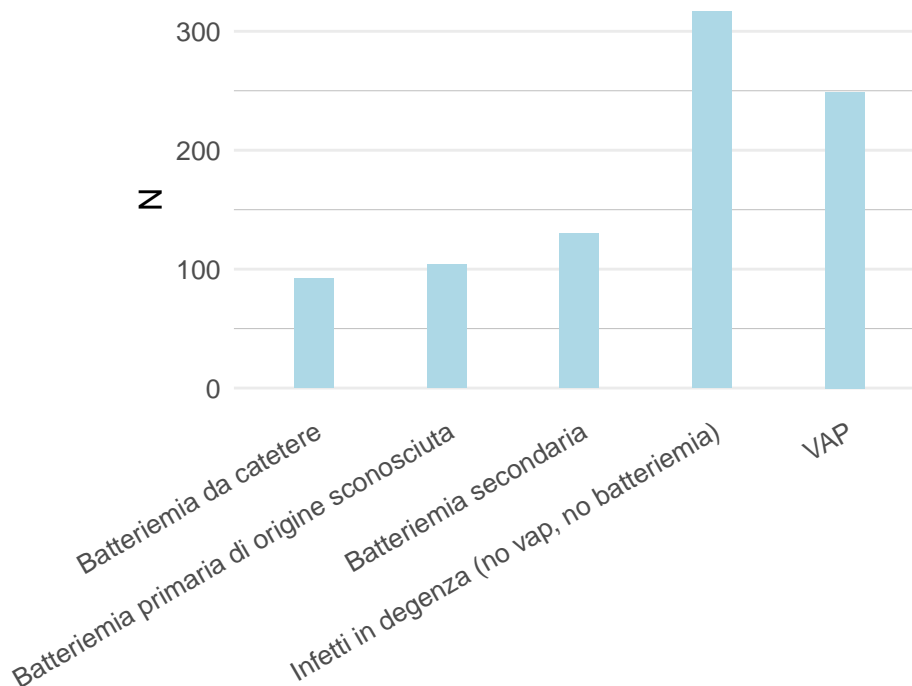


■ Infetti in degenza
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	752	11.8
Non infetti in degenza	5610	88.2

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 6362).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



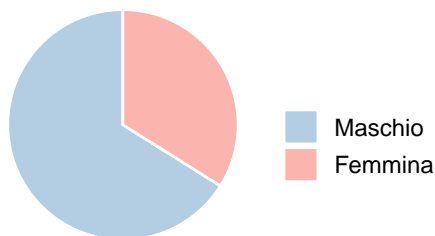
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	317	42.2
VAP	249	33.1
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	104	13.8
Batteriemia da catetere	92	12.2
Batteriemia secondaria	130	17.3

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 752)

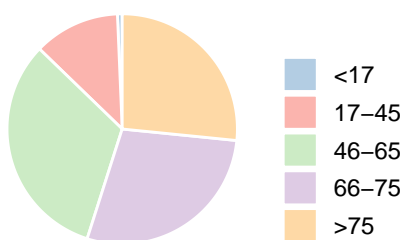
8 Pazienti infetti in degenza (N = 752)

8.1 Sesso



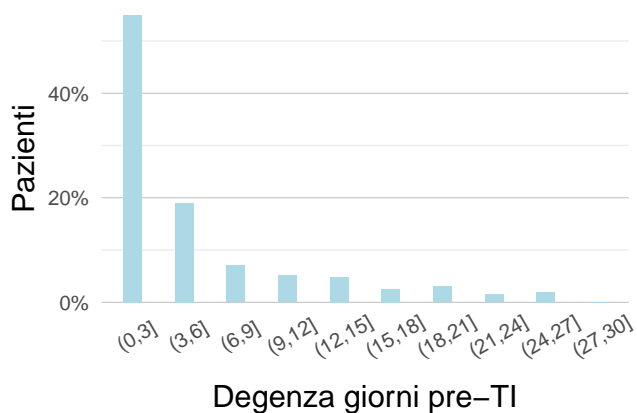
Sesso	N	%
Maschio	497	66.1
Femmina	255	33.9
Missing	0	0

8.2 Età



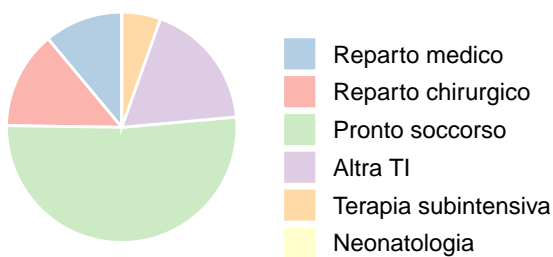
Range età	N	%
<17	5	0.7
17-45	91	12.1
46-65	243	32.3
66-75	213	28.3
>75	200	26.6
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



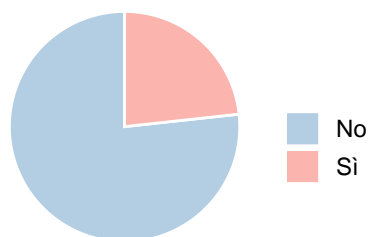
Indicatore	Valore
Media	6.1
DS	15.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	1

8.4 Provenienza (reparto)



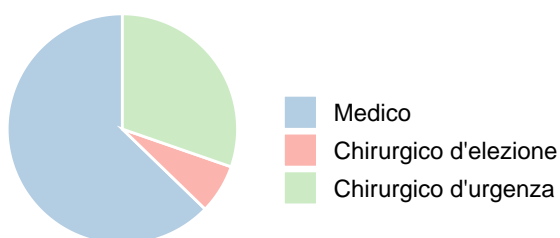
Provenienza	N	%
Reparto medico	83	11.1
Reparto chirurgico	103	13.7
Pronto soccorso	388	51.7
Altra TI	136	18.1
Terapia subintensiva	41	5.5
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

8.5 Trauma



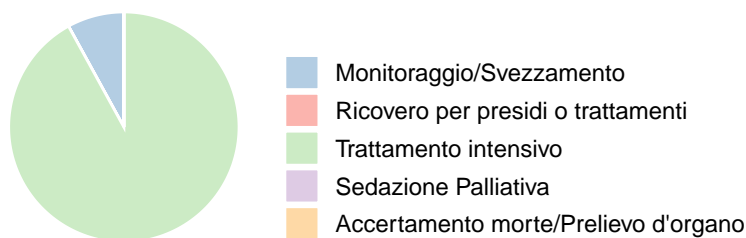
Trauma	N	%
No	577	76.7
Sì	175	23.3
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



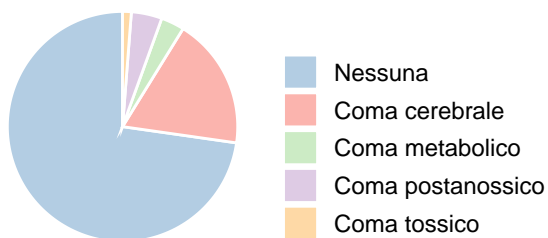
Stato chirurgico	N	%
Medico	472	62.8
Chirurgico d'elezione	52	6.9
Chirurgico d'urgenza	228	30.3
Missing	0	0

8.7 Motivo di ammissione



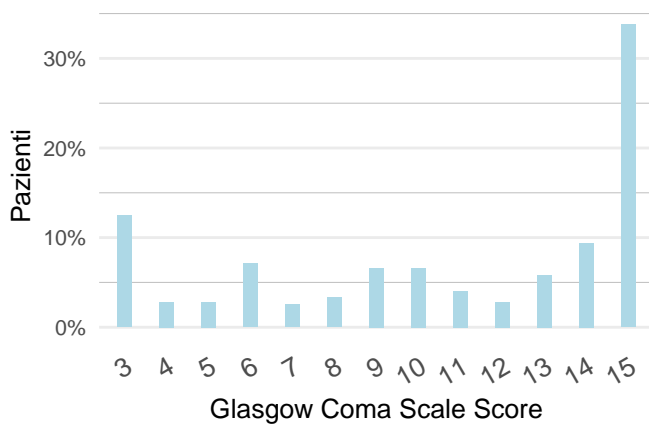
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	60	8.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	691	92.0
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

8.8 Insufficienza neurologica



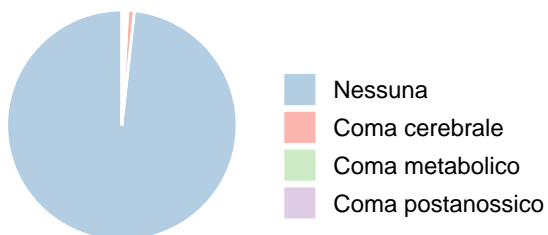
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	355	72.7
Coma cerebrale	90	18.4
Coma metabolico	16	3.3
Coma postanossico	21	4.3
Coma tossico	6	1.2
Missing	264	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



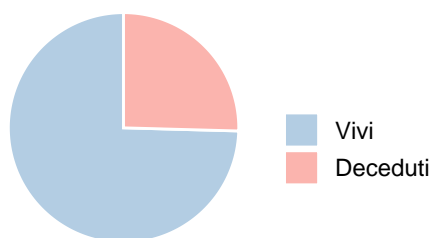
Indicatore	Valore
Media	8.7
DS	4.4
Mediana	10
Q1-Q3	4.2-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



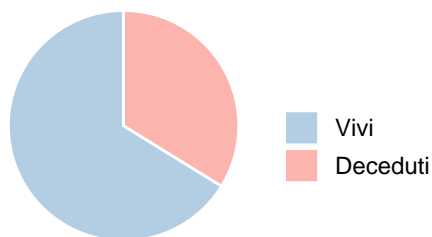
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	739	98.3
Coma cerebrale	7	0.9
Coma metabolico	3	0.4
Coma postanossico	3	0.4
Missing	0	0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	560	74.6
Deceduti	191	25.4
Missing	1	0

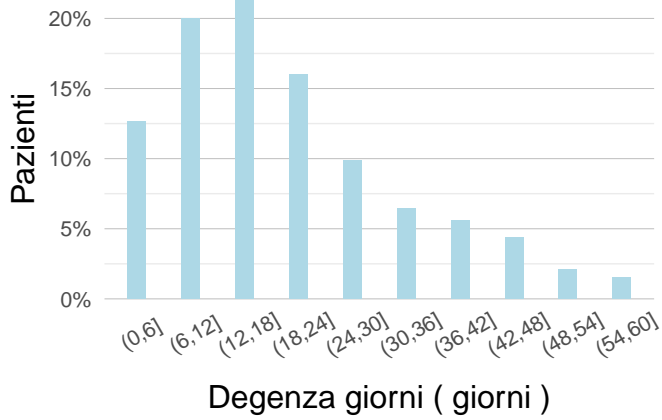
8.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	476	66.2
Deceduti	243	33.8
Missing	10	0

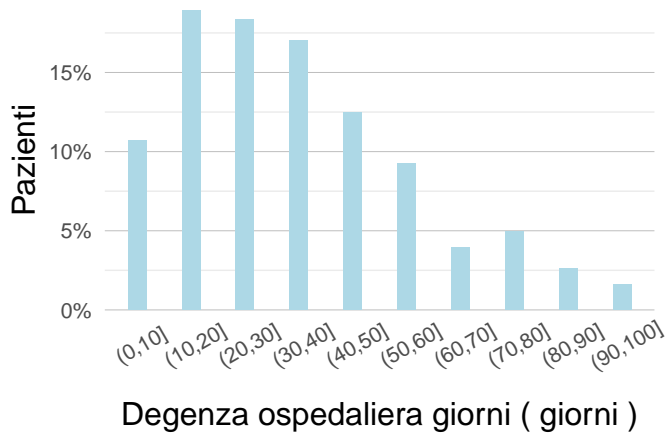
* Statistiche calcolate su 729 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 23).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.0 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	18 (11-30)
Missing	1

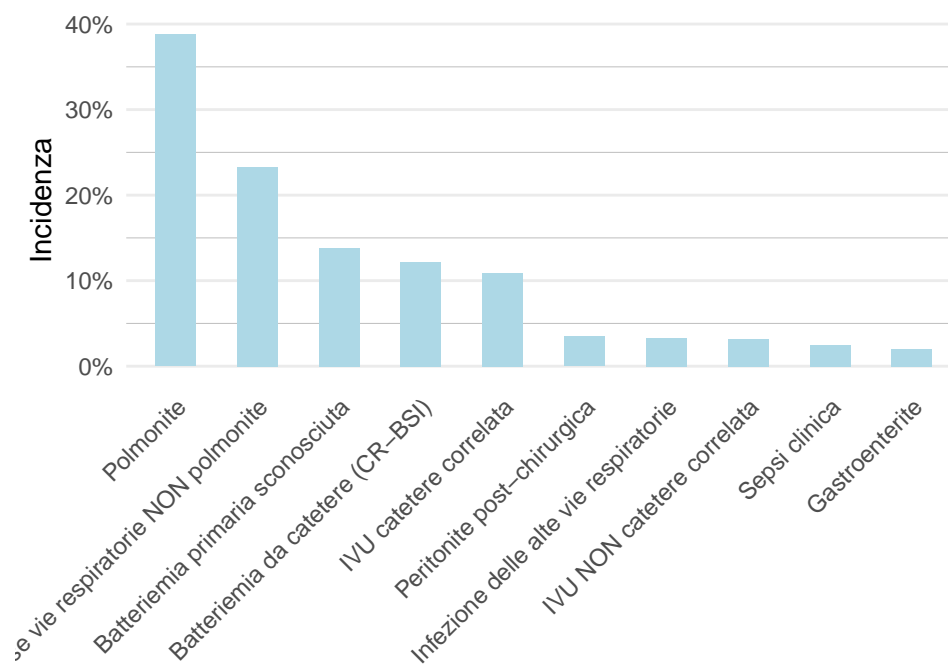
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.3 (31.0)
Mediana (Q1-Q3)	33 (18-52)
Missing	10

* Statistiche calcolate su 729 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 23).

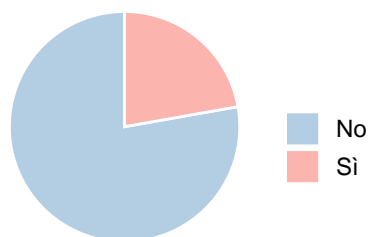
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	292	38.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	175	23.3
Batteriemia primaria sconosciuta	104	13.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	92	12.2
IVU catetere correlata	82	10.9
Peritonite post-chirurgica	26	3.5
Infezione delle alte vie respiratorie	25	3.3
IVU NON catetere correlata	24	3.2
Sepsi clinica	19	2.5
Gastroenterite	15	2.0
Missing	0	

8.16 Infezione multisito



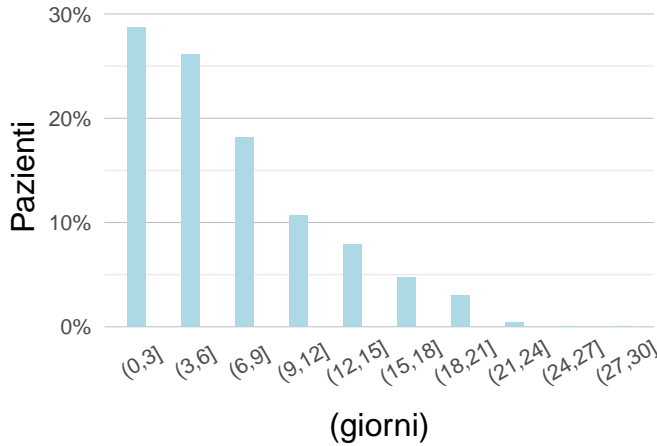
Infezione multisito	N	%
No	585	77.8
Sì	167	22.2
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	933
Numero totale di microrganismi isolati	1137

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	7.9
DS	7.6
Mediana	6
Q1-Q3	3-10
Missing	5

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	23.2	16.3 %
CI (95%)	21.6 - 25.0	15.1 - 17.5

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

Il primo:

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

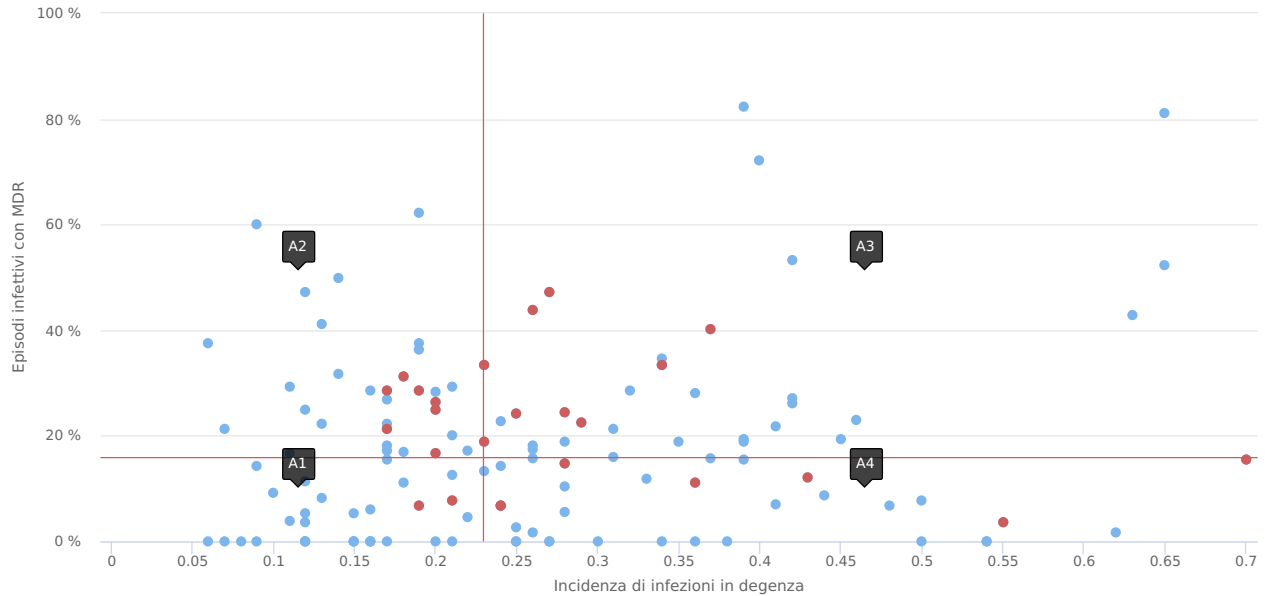
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

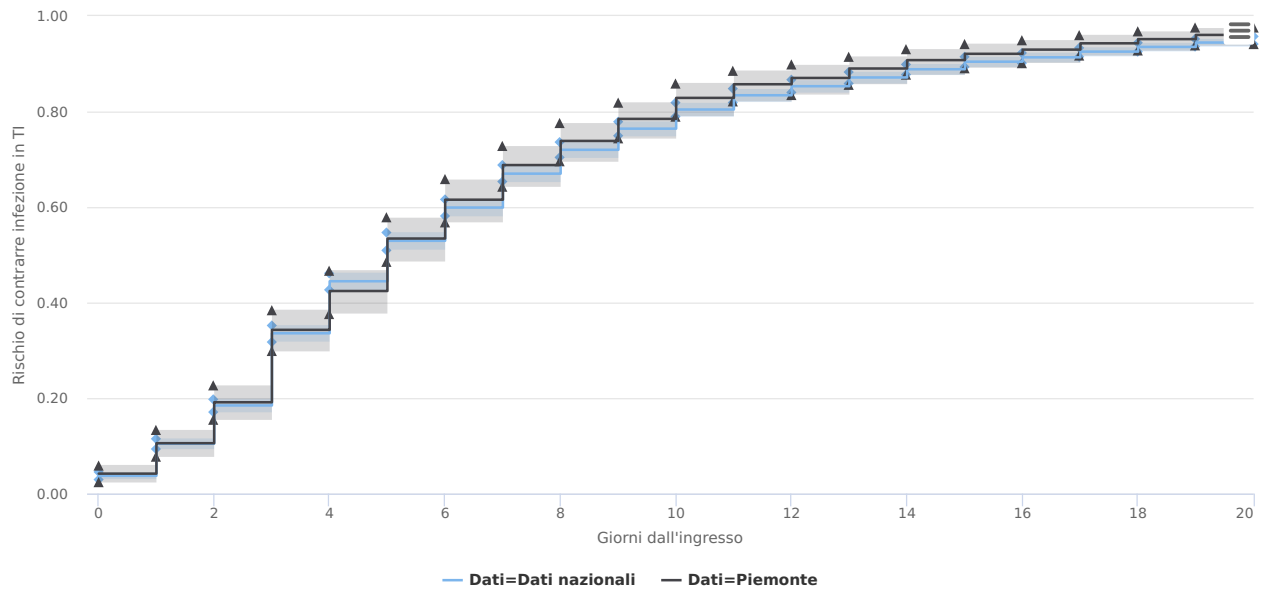
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

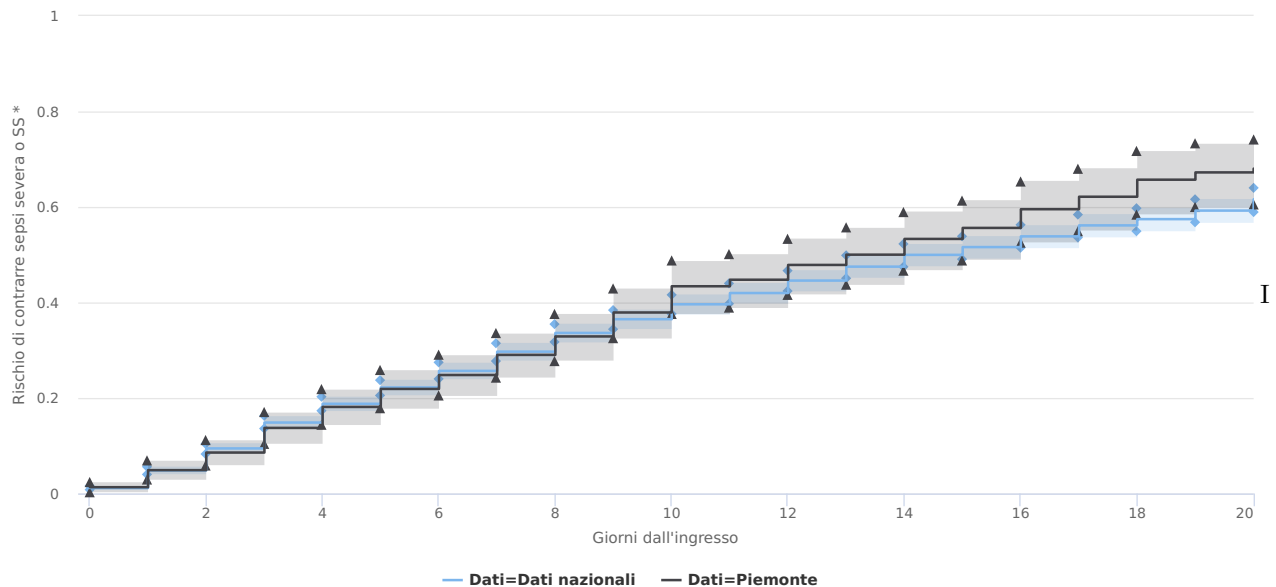


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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



Rischio 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.

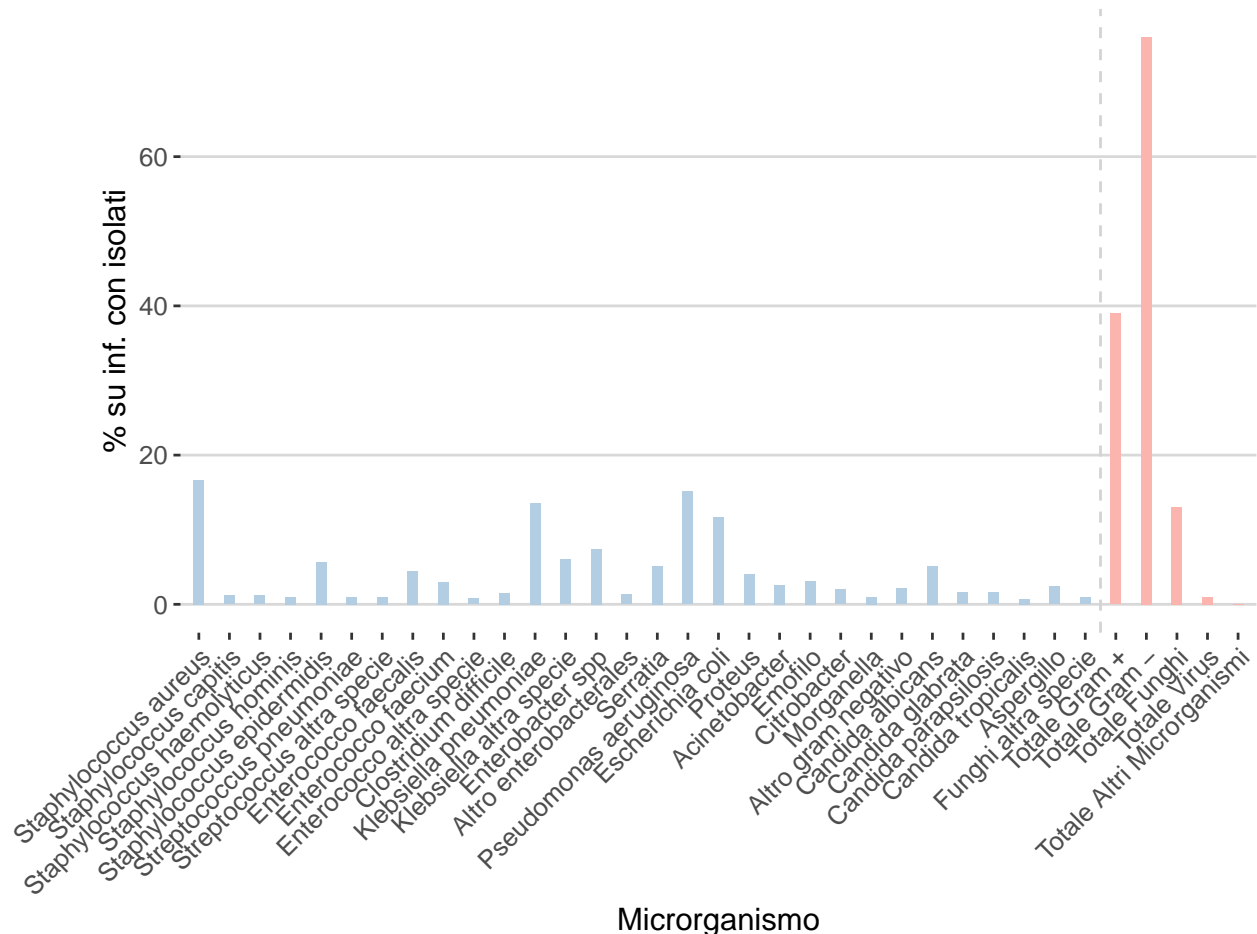
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delimitano 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	67	7.2
Sì	859	92.8
Missing	7	
Totale infezioni	933	
Totale microrganismi isolati	1137	

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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.

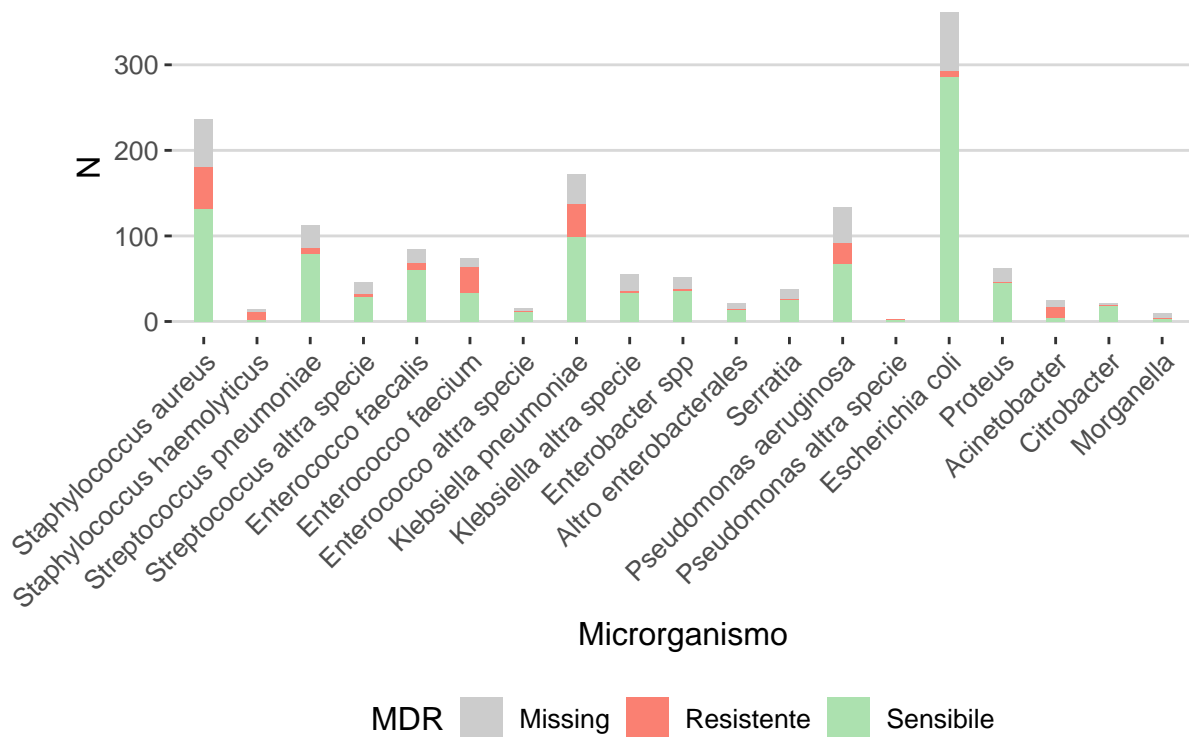


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	144	16.7	114	27	23.7
Staphylococcus capitis	10	1.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	0.6	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	10	1.2	8	6	75
Staphylococcus hominis	9	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	49	5.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	9	1.0	7	0	0
Streptococcus altra specie	9	1.0	7	1	14.3
Enterococco faecalis	39	4.5	32	2	6.2
Enterococco faecium	26	3.0	20	9	45
Enterococco altra specie	7	0.8	3	1	33.3
Clostridium difficile	13	1.5	0	0	0
Clostridium altra specie	3	0.3	0	0	0
Totale Gram +	336	39.0	191	46	24.1
Klebsiella pneumoniae	117	13.6	82	21	25.6
Klebsiella altra specie	52	6.0	40	1	2.5
Enterobacter spp	64	7.4	51	2	3.9
Altro enterobacterales	11	1.3	7	0	0
Serratia	44	5.1	31	0	0
Pseudomonas aeruginosa	130	15.1	97	25	25.8
Pseudomonas altra specie	3	0.3	2	0	0
Escherichia coli	101	11.7	79	3	3.8
Proteus	35	4.1	28	2	7.1
Acinetobacter	22	2.6	18	11	61.1
Emofilo	27	3.1	0	0	0
Legionella	1	0.1	0	0	0
Citrobacter	17	2.0	10	0	0
Morganella	9	1.0	8	0	0
Providencia	3	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	18	2.1	0	0	0
Totale Gram -	654	76.0	453	65	14.3
Candida albicans	44	5.1	0	0	0
Candida auris	1	0.1	0	0	0
Candida glabrata	14	1.6	0	0	0
Candida krusei	2	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	14	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	6	0.7	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.1	0	0	0
Candida altra specie	1	0.1	0	0	0
Aspergillo	21	2.4	0	0	0
Funghi altra specie	8	0.9	0	0	0
Totale Funghi	112	13.0	0	0	0
Influenza A	1	0.1			
Citomegalovirus	1	0.1			
Herpes simplex	3	0.3			
Altro Virus	4	0.5			
Totale Virus	9	1.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

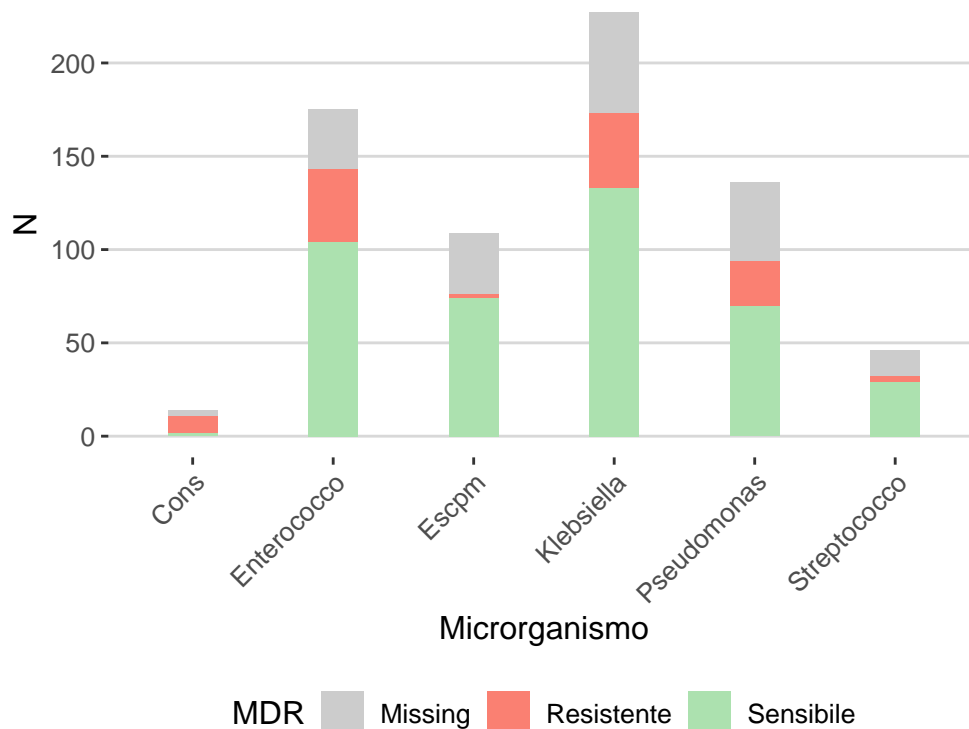
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono

mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *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	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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	82	Ertapenem	19	23.17
Klebsiella pneumoniae	82	Meropenem	21	25.61
Klebsiella altra specie	40	Ertapenem	1	2.50
Enterobacter spp	51	Ertapenem	2	3.92
Escherichia coli	79	Ertapenem	2	2.53
Escherichia coli	79	Meropenem	3	3.80
Proteus	28	Ertapenem	2	7.14
Proteus	28	Meropenem	2	7.14
Acinetobacter	18	Imipenem	8	44.44
Acinetobacter	17	Meropenem	10	58.82
Pseudomonas aeruginosa	97	Imipenem	25	25.77
Pseudomonas aeruginosa	97	Meropenem	20	20.62
Staphylococcus haemolyticus	8	Meticillina	6	75.00
Staphylococcus aureus	114	Meticillina	27	23.68
Streptococcus altra specie	7	Penicillina	1	14.29
Enterococco faecalis	32	Vancomicina	2	6.25
Enterococco faecium	20	Vancomicina	9	45.00
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

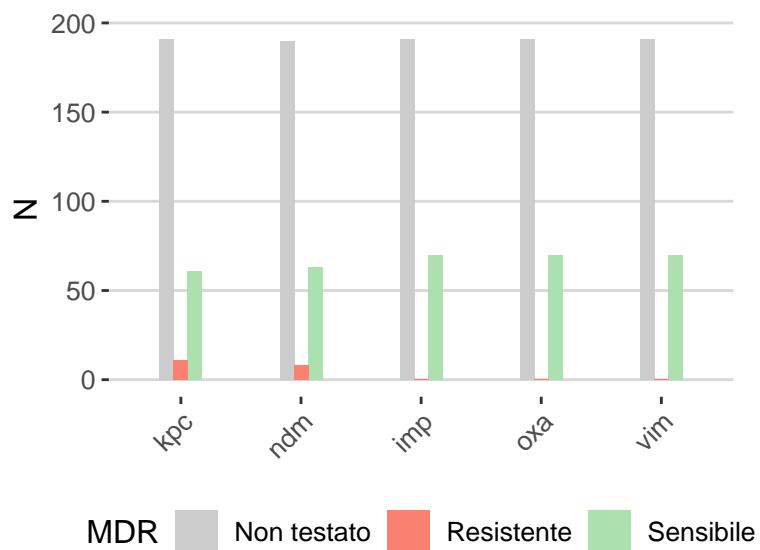
8.21.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti in degenza

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

N	%
---	---

Sì	17	6.54
No	55	21.15
Non testato	188	72.31
Missing	229	

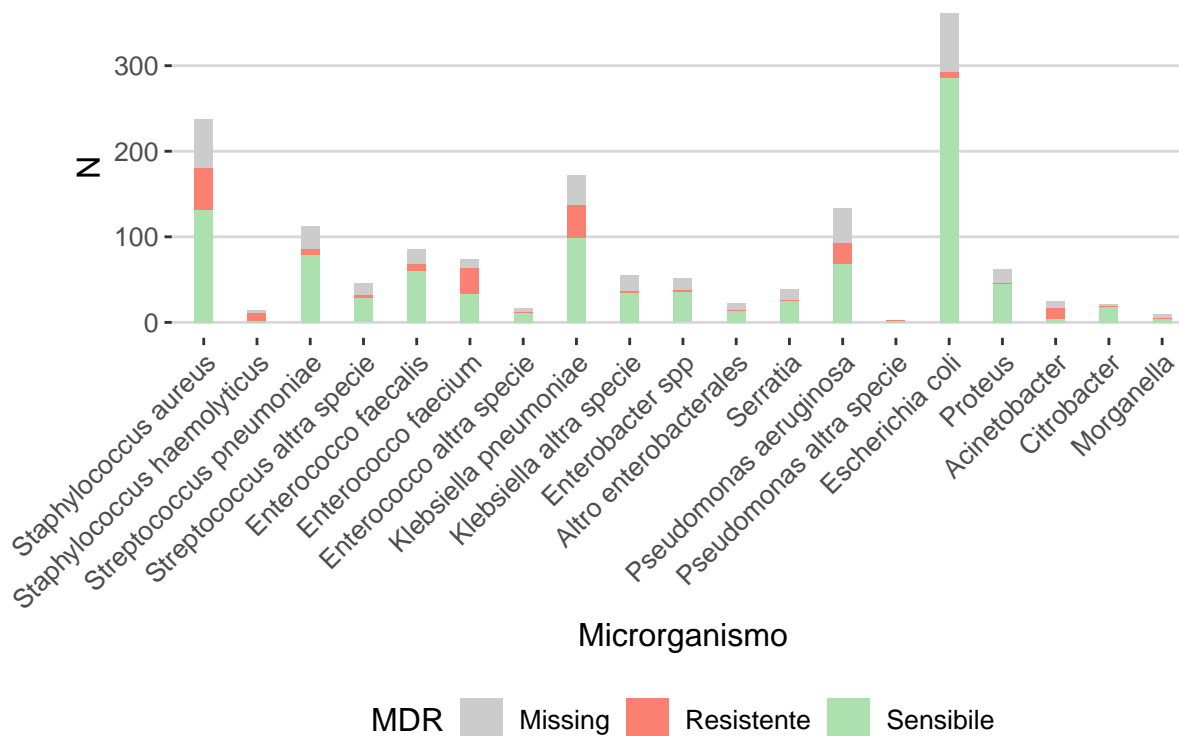
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	70	191
kpc	11	57.9	61	191
ndm	8	42.1	63	190
oxa	0	0.0	70	191
vim	0	0.0	70	191



Staphylococcus capitis	5	1.5	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	8	2.4	6	5	83.3
Staphylococcus hominis	2	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	32	9.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	1.5	5	0	0
Streptococcus altra specie	3	0.9	2	0	0
Enterococco faecalis	23	6.8	18	2	11.1
Enterococco faecium	17	5.0	14	7	50
Enterococco altra specie	3	0.9	0	0	0
Clostridium difficile	10	2.9	0	0	0
Clostridium altra specie	2	0.6	0	0	0
Totale Gram +	153	45.1	74	26	35.1
Klebsiella pneumoniae	46	13.6	28	7	25
Klebsiella altra specie	22	6.5	14	0	0
Enterobacter spp	14	4.1	12	1	8.3
Altro enterobacterales	2	0.6	1	0	0
Serratia	14	4.1	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	65	19.2	42	12	28.6
Pseudomonas altra specie	1	0.3	0	0	0
Escherichia coli	33	9.7	23	3	13
Proteus	9	2.7	9	0	0
Acinetobacter	18	5.3	15	11	73.3
Emofilo	5	1.5	0	0	0
Legionella	1	0.3	0	0	0
Citrobacter	3	0.9	0	0	0
Morganella	2	0.6	2	0	0
Providencia	3	0.9	0	0	0
Altro gram negativo	8	2.4	0	0	0
Totale Gram -	246	72.6	152	34	22.4
Candida albicans	27	8.0	0	0	0
Candida auris	1	0.3	0	0	0
Candida glabrata	8	2.4	0	0	0
Candida krusei	1	0.3	0	0	0
Candida parapsilosis	14	4.1	0	0	0
Candida tropicalis	5	1.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.3	0	0	0
Candida altra specie	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	17	5.0	0	0	0
Funghi altra specie	4	1.2	0	0	0
Totale Funghi	79	23.3	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.3			
Herpes simplex	1	0.3			
Altro Virus	3	0.9			
Totale Virus	5	1.5	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

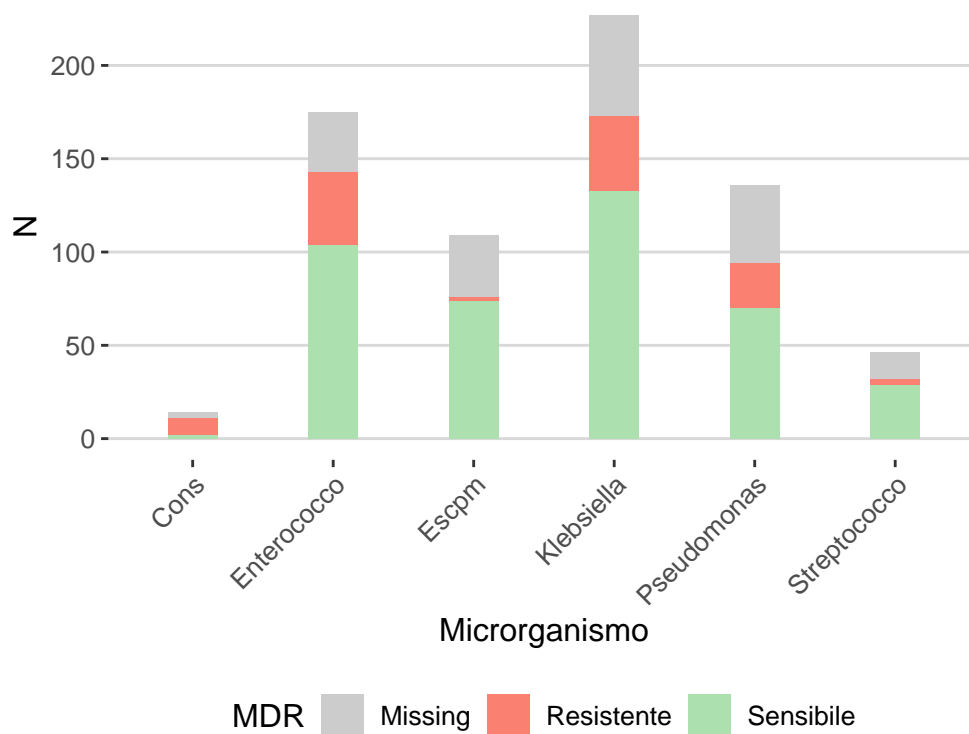
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

sistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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	42	Ertapenem	9	21.43
Klebsiella pneumoniae	42	Meropenem	10	23.81
Klebsiella altra specie	24	Ertapenem	1	4.17
Klebsiella altra specie	24	Meropenem	1	4.17
Enterobacter spp	16	Ertapenem	1	6.25

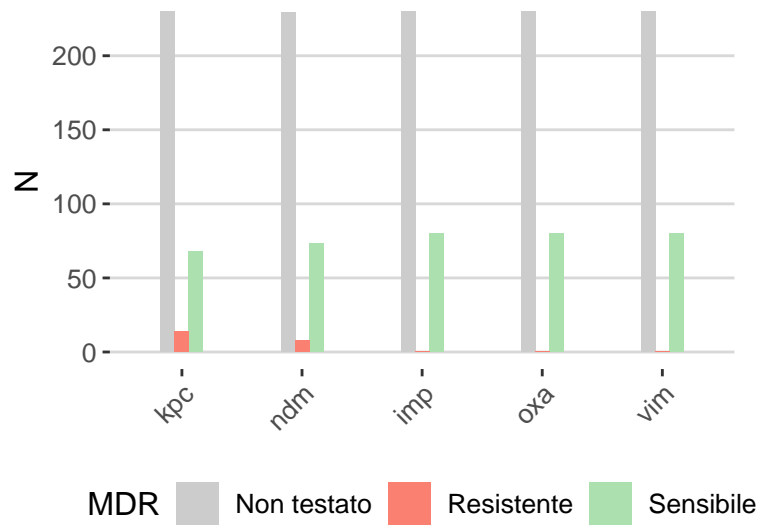
Altro enterobacterales	2	Ertapenem	1	50.00
Escherichia coli	50	Ertapenem	3	6.00
Escherichia coli	51	Meropenem	4	7.84
Acinetobacter	19	Imipenem	8	42.11
Acinetobacter	18	Meropenem	13	72.22
Pseudomonas aeruginosa	61	Imipenem	14	22.95
Pseudomonas aeruginosa	61	Meropenem	11	18.03
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	6	85.71
Staphylococcus aureus	48	Meticillina	16	33.33
Enterococco faecalis	31	Vancomicina	4	12.90
Enterococco faecium	29	Vancomicina	14	48.28
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

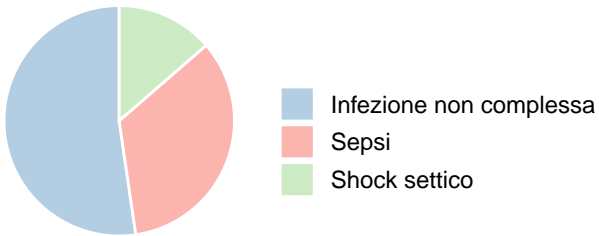
	N	%
Si	18	5.98
No	61	20.27
Non testato	222	73.75
Missing	274	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	80	230
kpc	14	63.6	68	230
ndm	8	36.4	73	229
oxa	0	0.0	80	230
vim	0	0.0	80	230



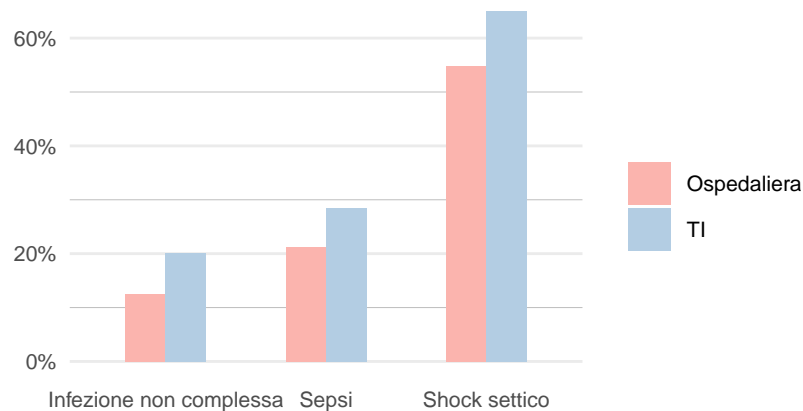
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 456)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	238	52.3
Sepsì	155	34.1
Shock settico	62	13.6
Missing	1	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	12.6	20.2
Sepsì	21.3	28.4
Shock settico	54.8	65.0

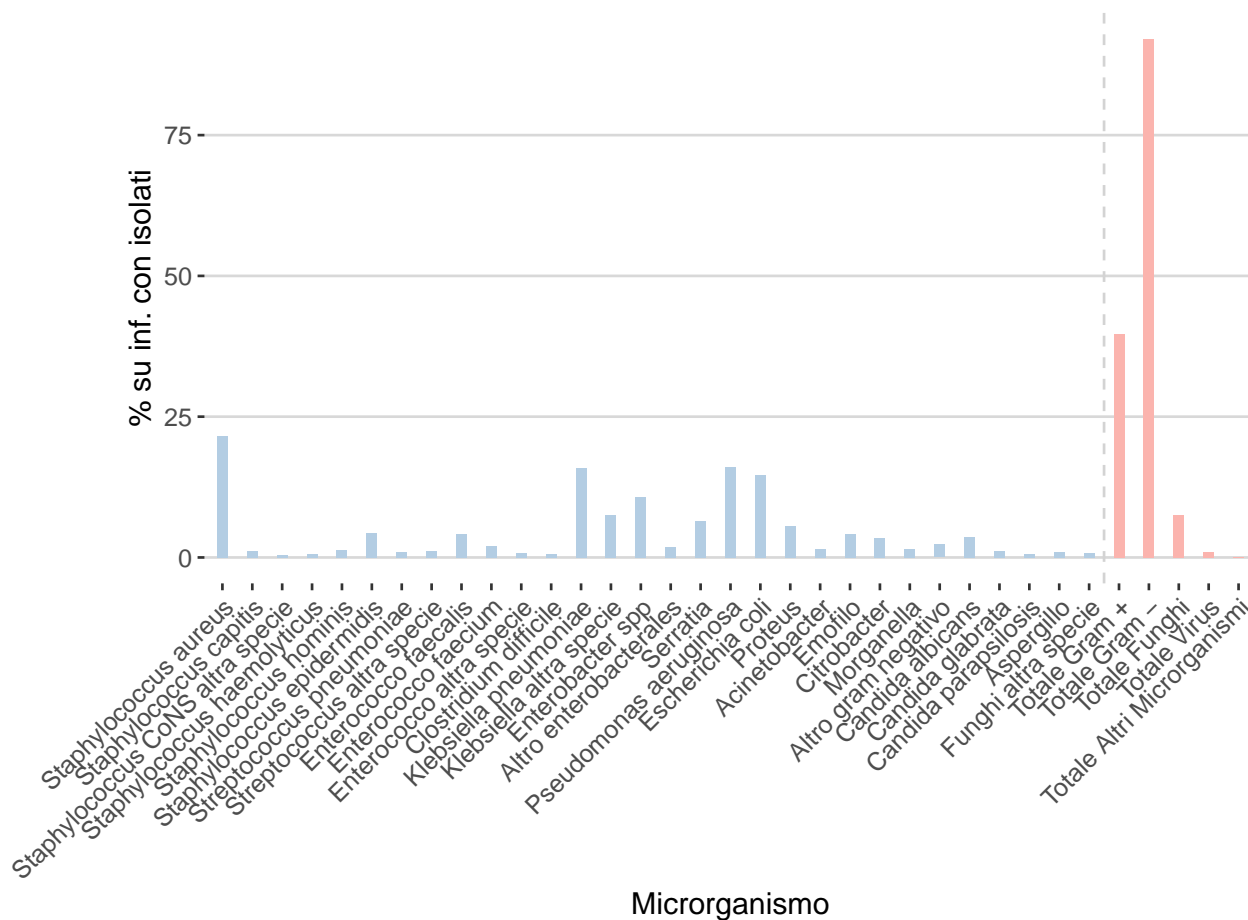
10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	37	6.2
Sì	560	93.8
Missing	4	
Totale infezioni	601	
Totale microrganismi isolati	745	

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa cat-

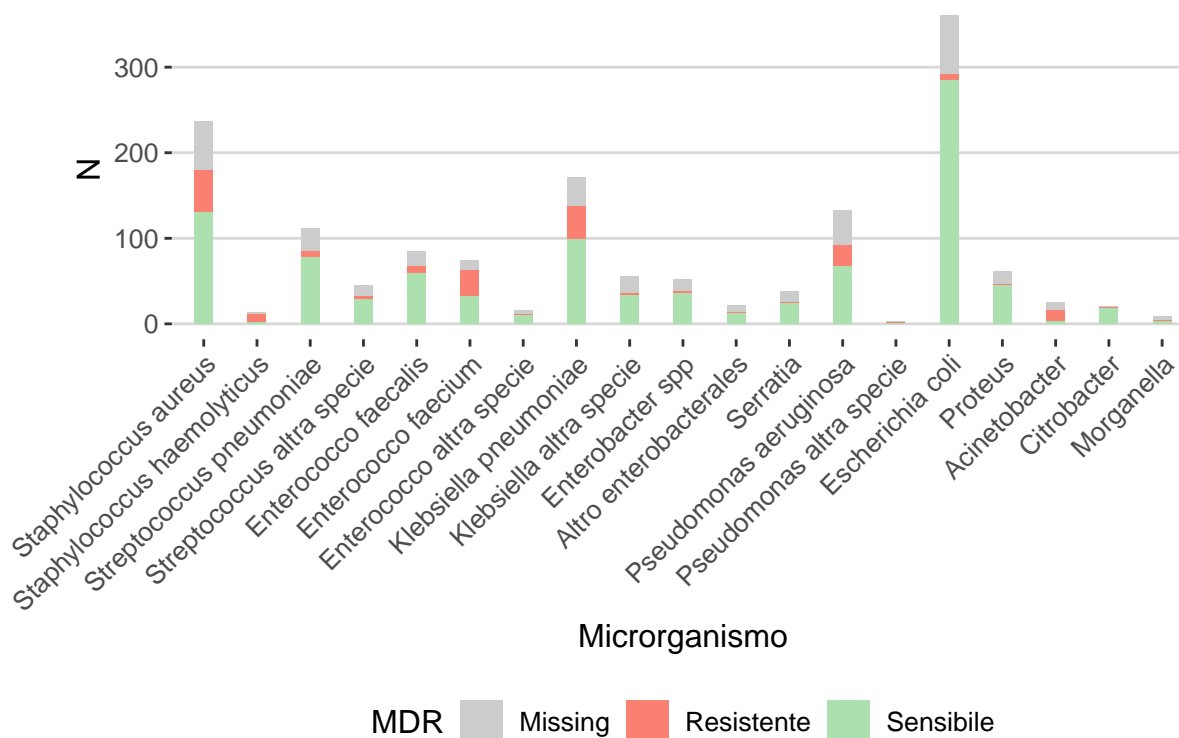
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	113	21.6	91	19	20.9
Staphylococcus capitis	6	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	3	0.6	2	1	50
Staphylococcus hominis	7	1.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	23	4.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	1.0	3	0	0
Streptococcus altra specie	6	1.1	5	1	20
Enterococcus faecalis	22	4.2	18	0	0
Enterococcus faecium	11	2.1	8	4	50
Enterococcus altra specie	4	0.8	3	1	33.3
Clostridium difficile	3	0.6	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.2	0	0	0
Totale Gram +	207	39.7	130	26	20
Klebsiella pneumoniae	83	15.9	64	17	26.6
Klebsiella altra specie	39	7.5	31	1	3.2
Enterobacter spp	56	10.7	44	1	2.3

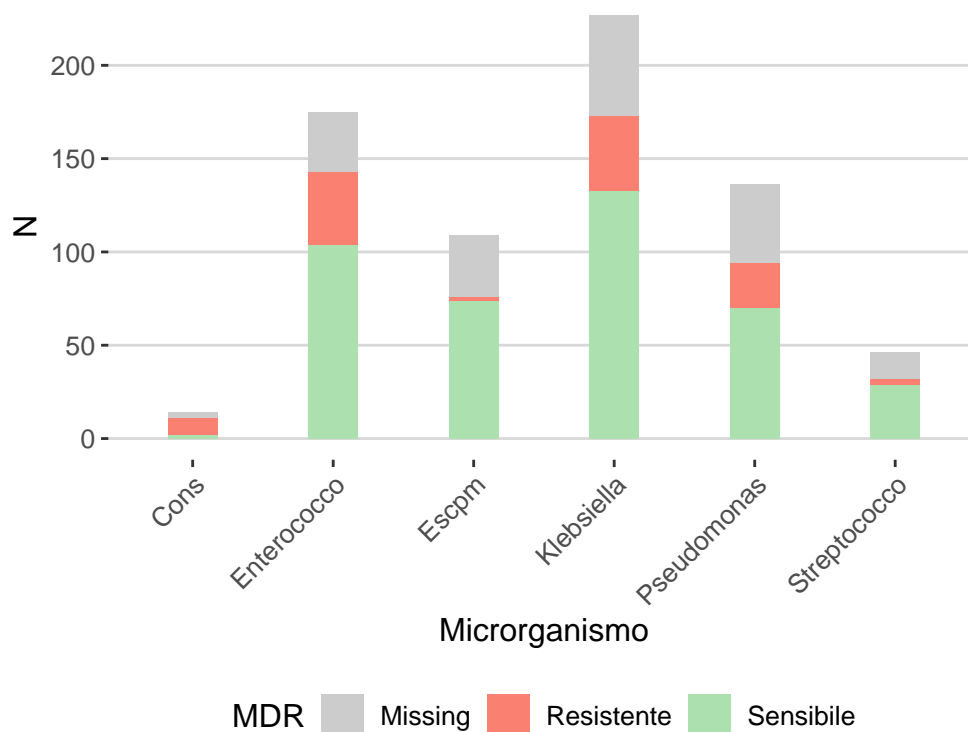
Altro enterobacterales	10	1.9	7	0	0
Serratia	34	6.5	28	0	0
Pseudomonas aeruginosa	84	16.1	66	16	24.2
Pseudomonas altra specie	2	0.4	2	0	0
Escherichia coli	76	14.6	63	1	1.6
Proteus	29	5.6	22	2	9.1
Acinetobacter	8	1.5	6	3	50
Emofilo	22	4.2	0	0	0
Citrobacter	18	3.4	12	0	0
Morganella	8	1.5	7	0	0
Altro gram negativo	12	2.3	0	0	0
Totale Gram -	481	92.1	352	41	11.6
Candida albicans	19	3.6	0	0	0
Candida glabrata	6	1.1	0	0	0
Candida krusei	1	0.2	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.2	0	0	0
Aspergillo	5	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	4	0.8	0	0	0
Totale Funghi	39	7.5	0	0	0
Influenza A	1	0.2			
Herpes simplex	2	0.4			
Altro Virus	2	0.4			
Totale Virus	5	1.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, 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	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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	64	Ertapenem	15	23.44
Klebsiella pneumoniae	64	Meropenem	17	26.56
Klebsiella altra specie	31	Ertapenem	1	3.23
Enterobacter spp	44	Ertapenem	1	2.27
Escherichia coli	63	Ertapenem	1	1.59
Proteus	22	Ertapenem	2	9.09
Proteus	22	Meropenem	2	9.09
Acinetobacter	6	Imipenem	2	33.33
Acinetobacter	6	Meropenem	3	50.00
Pseudomonas aeruginosa	66	Imipenem	16	24.24
Pseudomonas aeruginosa	66	Meropenem	12	18.18
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	91	Meticillina	19	20.88
Streptococcus altra specie	5	Penicillina	1	20.00
Enterococco faecium	8	Vancomicina	4	50.00
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

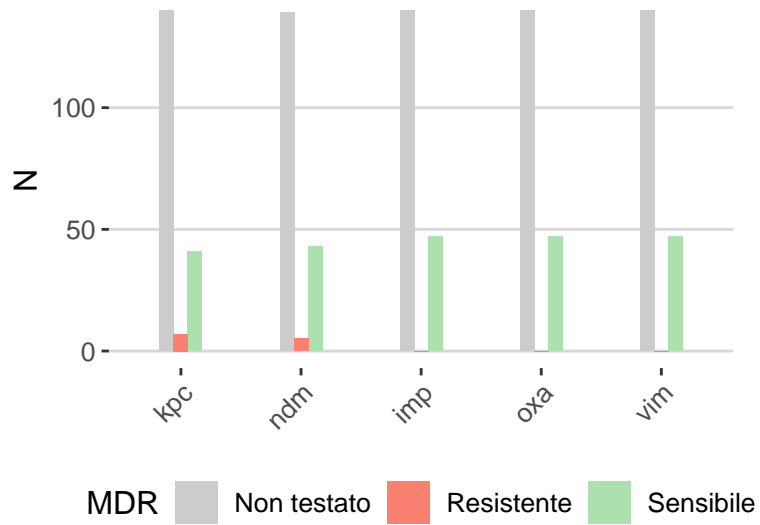
10.3.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

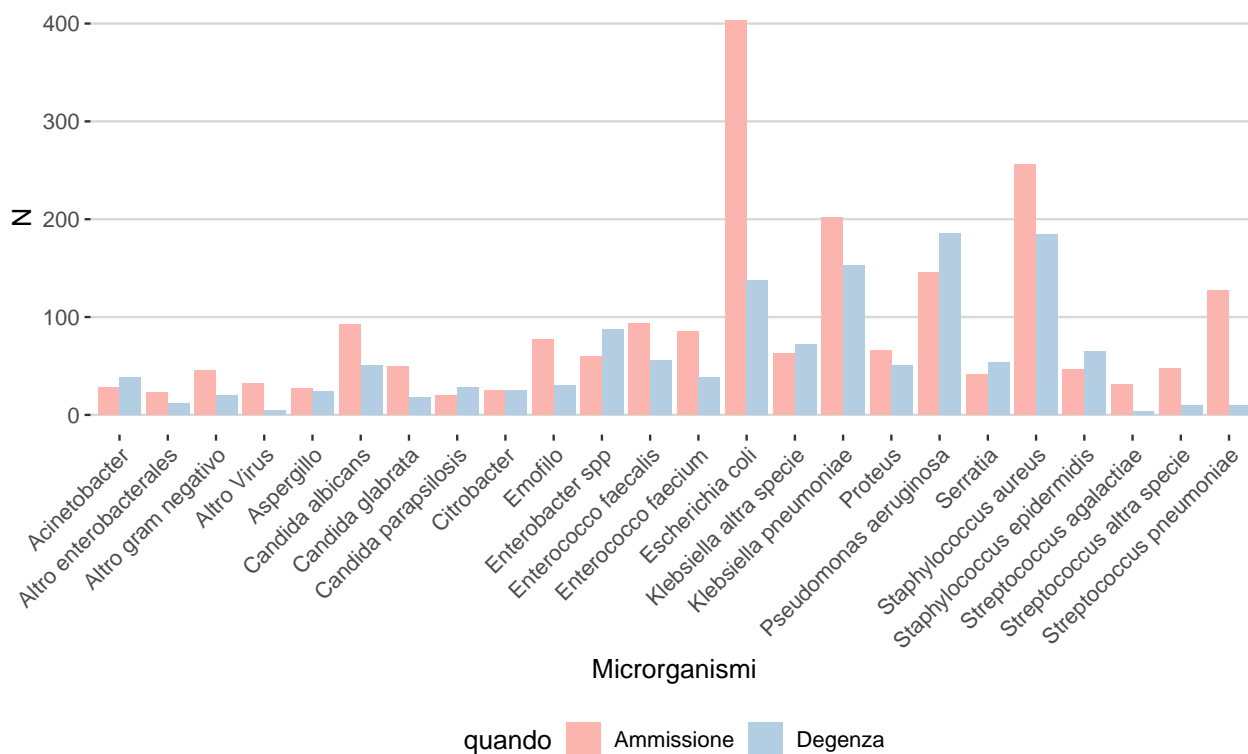
	N	%
Si	11	5.88
No	37	19.79
Non testato	139	74.33

Missing 160

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	47	140
kpc	7	58.3	41	140
ndm	5	41.7	43	139
oxa	0	0.0	47	140
vim	0	0.0	47	140



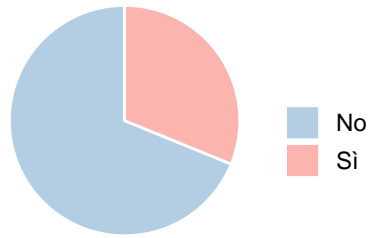
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	66	28	42.4	38	57.6
Pseudomonas aeruginosa	332	146	44	186	56
Streptococcus agalactiae	35	31	88.6	4	11.4
Candida albicans	144	93	64.6	51	35.4
Aspergillo	51	27	52.9	24	47.1
Citrobacter	50	25	50	25	50
Enterobacter spp	147	60	40.8	87	59.2
Staphylococcus epidermidis	111	46	41.4	65	58.6
Escherichia coli	540	403	74.6	137	25.4
Enterococco faecalis	150	94	62.7	56	37.3
Enterococco faecium	123	85	69.1	38	30.9
Candida glabrata	68	50	73.5	18	26.5
Emofilo	107	77	72	30	28
Altro gram negativo	65	45	69.2	20	30.8
Altro enterobacterales	35	23	65.7	12	34.3
Klebsiella altra specie	135	63	46.7	72	53.3
Streptococcus altra specie	58	48	82.8	10	17.2
Altro Virus	37	32	86.5	5	13.5
Candida parapsilosis	48	20	41.7	28	58.3
Klebsiella pneumoniae	355	202	56.9	153	43.1
Streptococcus pneumoniae	137	127	92.7	10	7.3
Proteus	117	66	56.4	51	43.6
Serratia	95	41	43.2	54	56.8
Staphylococcus aureus	441	256	58	185	42

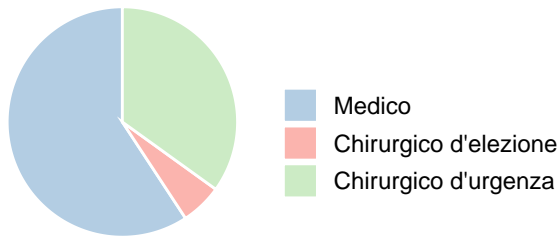
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 292)

11.1 Trauma



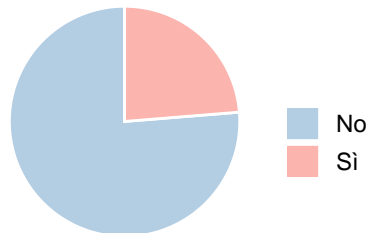
Trauma	N	%
No	201	68.8
Si	91	31.2
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



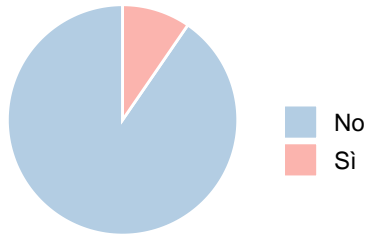
Stato chirurgico	N	%
Medico	173	59.2
Chirurgico d'elezione	17	5.8
Chirurgico d'urgenza	102	34.9
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



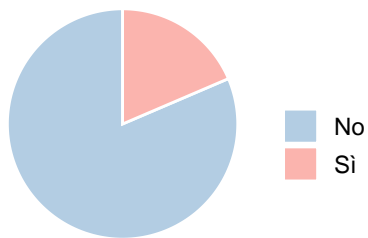
Batteriémica	N	%
No	222	76.3
Si	69	23.7
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



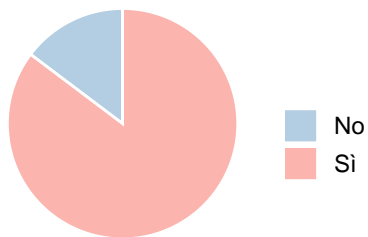
Infezione multisito	N	%
No	264	90.4
Sì	28	9.6
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	237	81.4
Sì	54	18.6
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

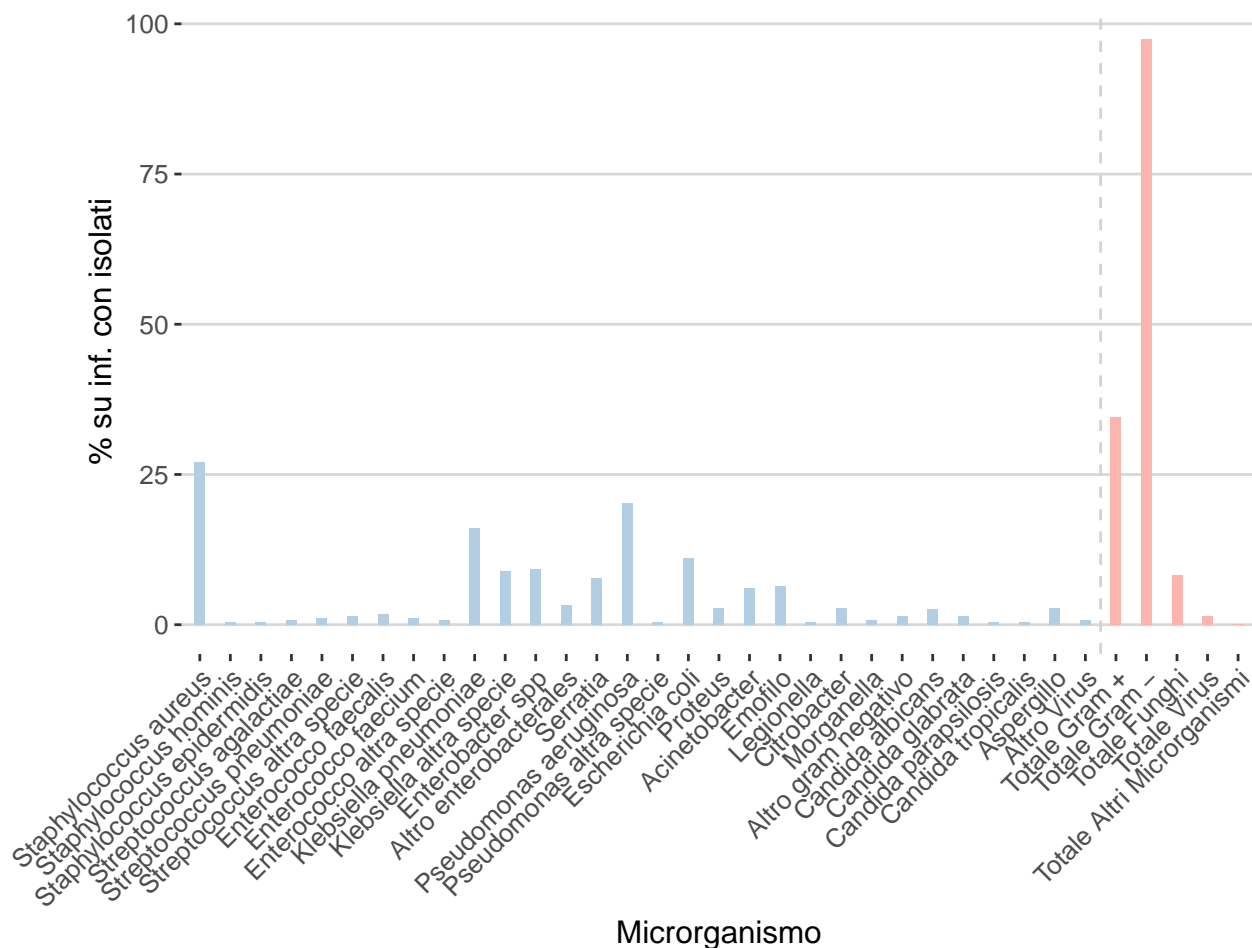


Polmonite associata a VAP	N	%
No	43	14.7
Sì	249	85.3
Missing	0	0

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

11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

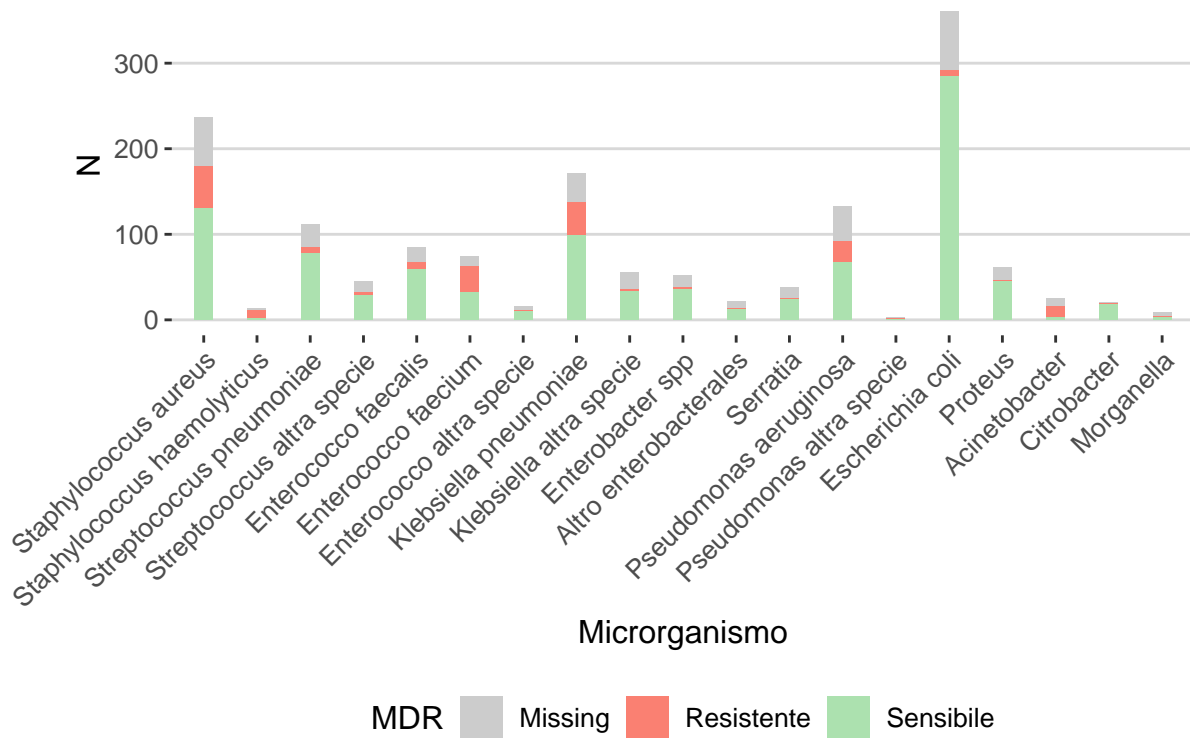
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	76	27.0	62	13	21
Staphylococcus hominis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	1.1	2	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.4	2	1	50
Enterococcus faecalis	5	1.8	5	0	0
Enterococcus faecium	3	1.1	2	1	50
Enterococcus altra specie	2	0.7	1	0	0
Totale Gram +	97	34.5	74	15	20.3
Klebsiella pneumoniae	45	16.0	33	10	30.3
Klebsiella altra specie	25	8.9	21	0	0

Enterobacter spp	26	9.3	20	0	0
Altro enterobacterales	9	3.2	6	0	0
Serratia	22	7.8	14	0	0
Pseudomonas aeruginosa	57	20.3	43	14	32.6
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	0	0
Escherichia coli	31	11.0	23	0	0
Proteus	8	2.8	6	1	16.7
Acinetobacter	17	6.0	15	8	53.3
Emofilo	18	6.4	0	0	0
Legionella	1	0.4	0	0	0
Citrobacter	8	2.8	5	0	0
Morganella	2	0.7	1	0	0
Altro gram negativo	4	1.4	0	0	0
Totale Gram -	274	97.5	188	33	17.6
Candida albicans	7	2.5	0	0	0
Candida glabrata	4	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	8	2.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Funghi	23	8.2	0	0	0
Influenza A	1	0.4			
Herpes simplex	1	0.4			
Altro Virus	2	0.7			
Totale Virus	4	1.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

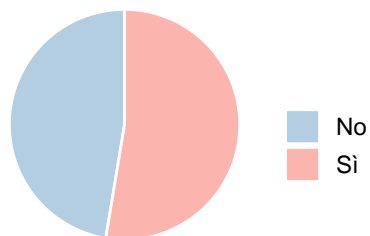
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

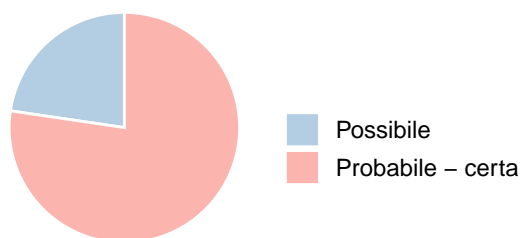
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 249)

12.1 VAP precoce



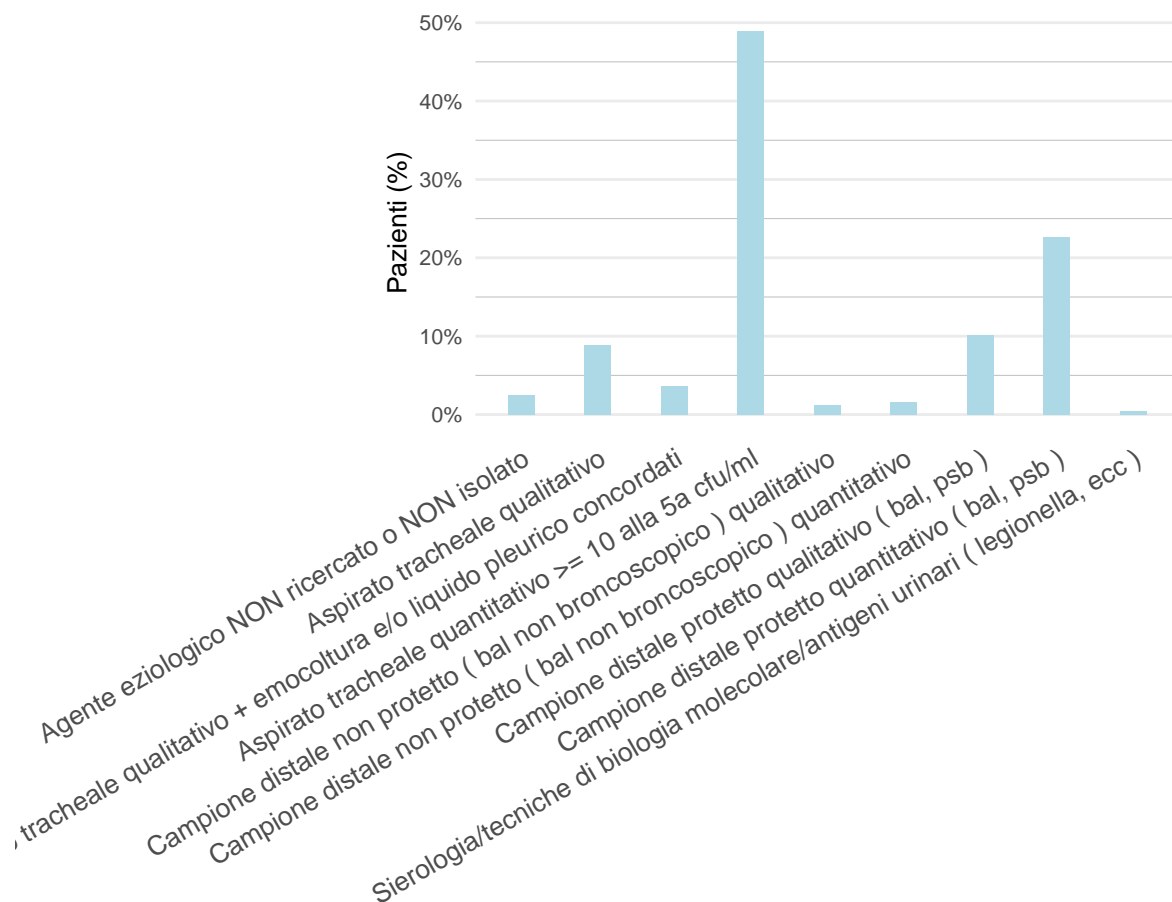
VAP precoce	N	%
No	118	47.4
Sì	131	52.6
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	56	22.7
Probabile - certa	191	77.3
Missing	119	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

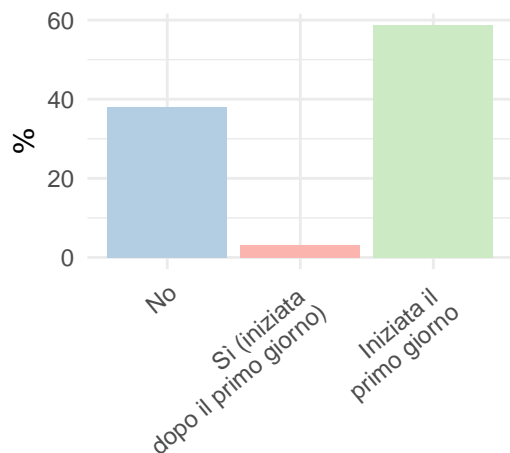


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	1	0.4
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	4	1.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	3	1.2
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	25	10.1
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	56	22.7
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	121	49.0
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	9	3.6
Aspirato tracheale qualitativo	22	8.9
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	6	2.4
Missing	119	0

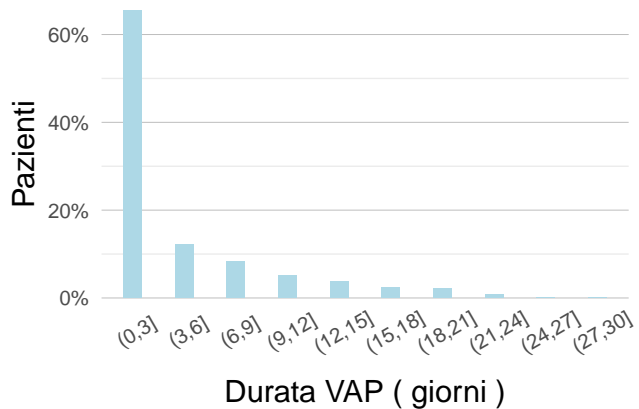
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 6362)

12.4.1 Ventilazione invasiva



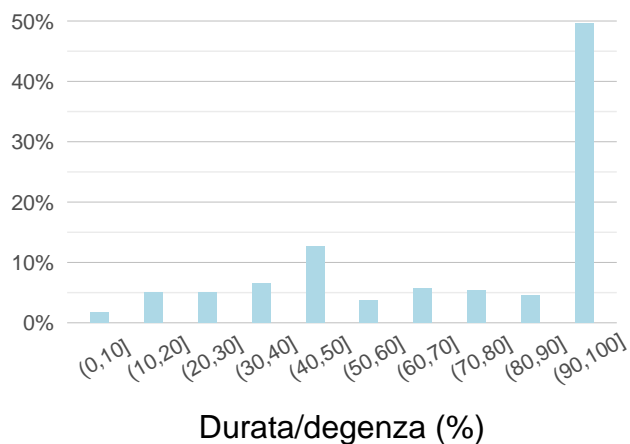
Ventilazione invasiva	N	%
No	2414	38.1
Sì	3930	61.9
Iniziata il primo giorno	3734	58.7
Missing	18	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



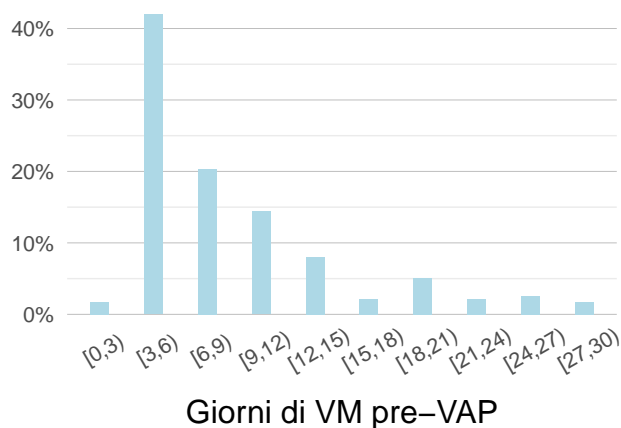
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.1 (9.7)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	14

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	74.1 (29.9)
Mediana (Q1-Q3)	90 (50-100)
Missing	16

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	249
Media (DS)	9.9 (9.3)
Mediana (Q1-Q3)	6 (4-12)
Missing	0

12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	12.7	8.9 %
CI (95%)	11.2 - 14.4	7.8 - 10.1

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. E grave; 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.

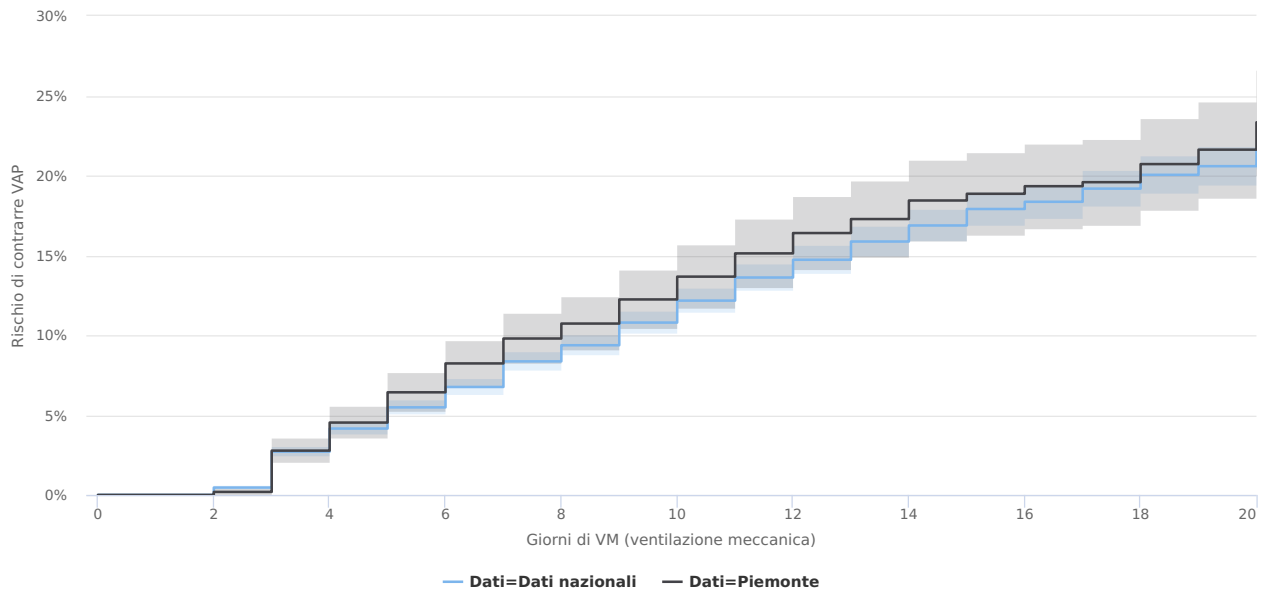
Il secondo invece:

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

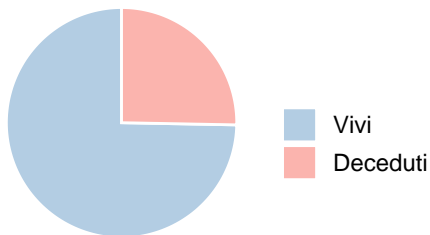
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

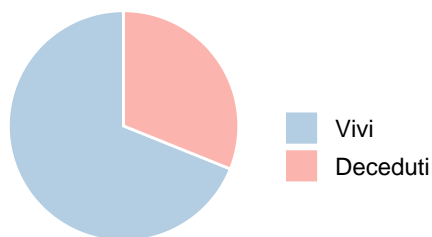


12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	186	74.7
Deceduti	63	25.3
Missing	0	0

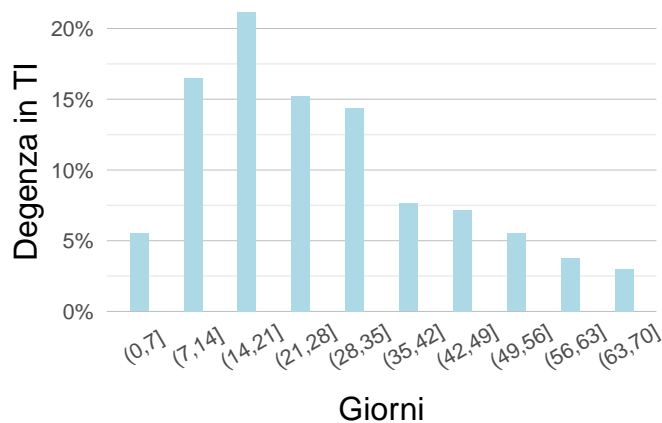
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	164	68.9
Deceduti	74	31.1
Missing	7	0

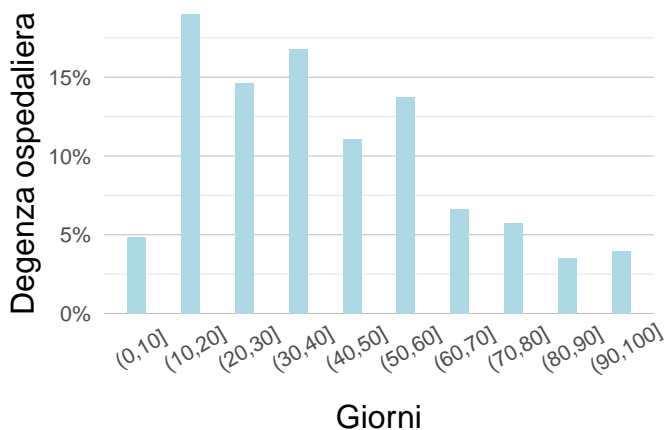
* Statistiche calcolate su 245 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.8 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	25 (16-41)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *

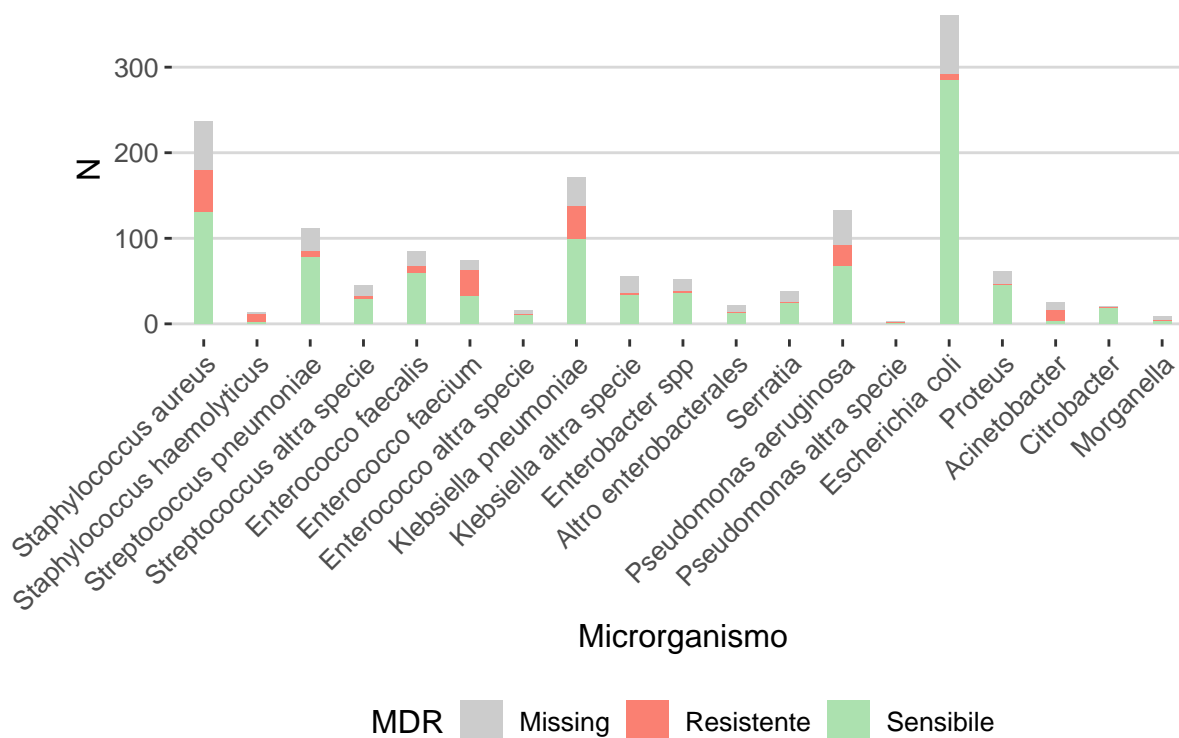


Indicatore	Valore
Media (DS)	45.0 (28.7)
Mediana (Q1-Q3)	38 (22-60)
Missing	7

* Statistiche calcolate su 245 escludendo le riammissioni da reparto (N = 4).

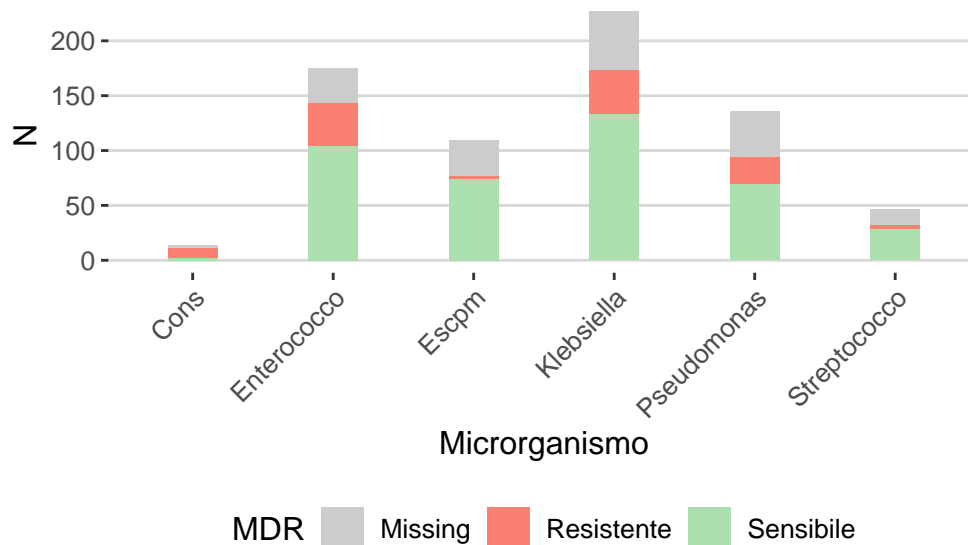
Staphylococcus haemolyticus	3	0.9	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	16	4.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	0.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.6	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.1	2	1	50
Enterococco faecalis	15	4.3	13	1	7.7
Enterococco faecium	6	1.7	5	2	40
Enterococco altra specie	1	0.3	0	0	0
Clostridium difficile	2	0.6	0	0	0
Totale Gram +	134	38.1	84	19	22.6
Klebsiella pneumoniae	53	15.1	41	11	26.8
Klebsiella altra specie	24	6.8	21	0	0
Enterobacter spp	32	9.1	26	1	3.8
Altro enterobacterales	9	2.6	6	0	0
Serratia	28	8.0	18	0	0
Pseudomonas aeruginosa	62	17.6	49	14	28.6
Pseudomonas altra specie	2	0.6	1	0	0
Escherichia coli	35	9.9	26	0	0
Proteus	9	2.6	8	2	25
Acinetobacter	15	4.3	14	8	57.1
Emofilo	16	4.5	0	0	0
Legionella	1	0.3	0	0	0
Citrobacter	9	2.6	6	0	0
Morganella	2	0.6	1	0	0
Altro gram negativo	7	2.0	0	0	0
Totale Gram -	304	86.4	217	36	16.6
Candida albicans	16	4.5	0	0	0
Candida auris	1	0.3	0	0	0
Candida glabrata	4	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.6	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	9	2.6	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.3	0	0	0
Totale Funghi	38	10.8	0	0	0
Influenza A	1	0.3			
Herpes simplex	2	0.6			
Altro Virus	3	0.9			
Totale Virus	6	1.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *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 anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33

Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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.

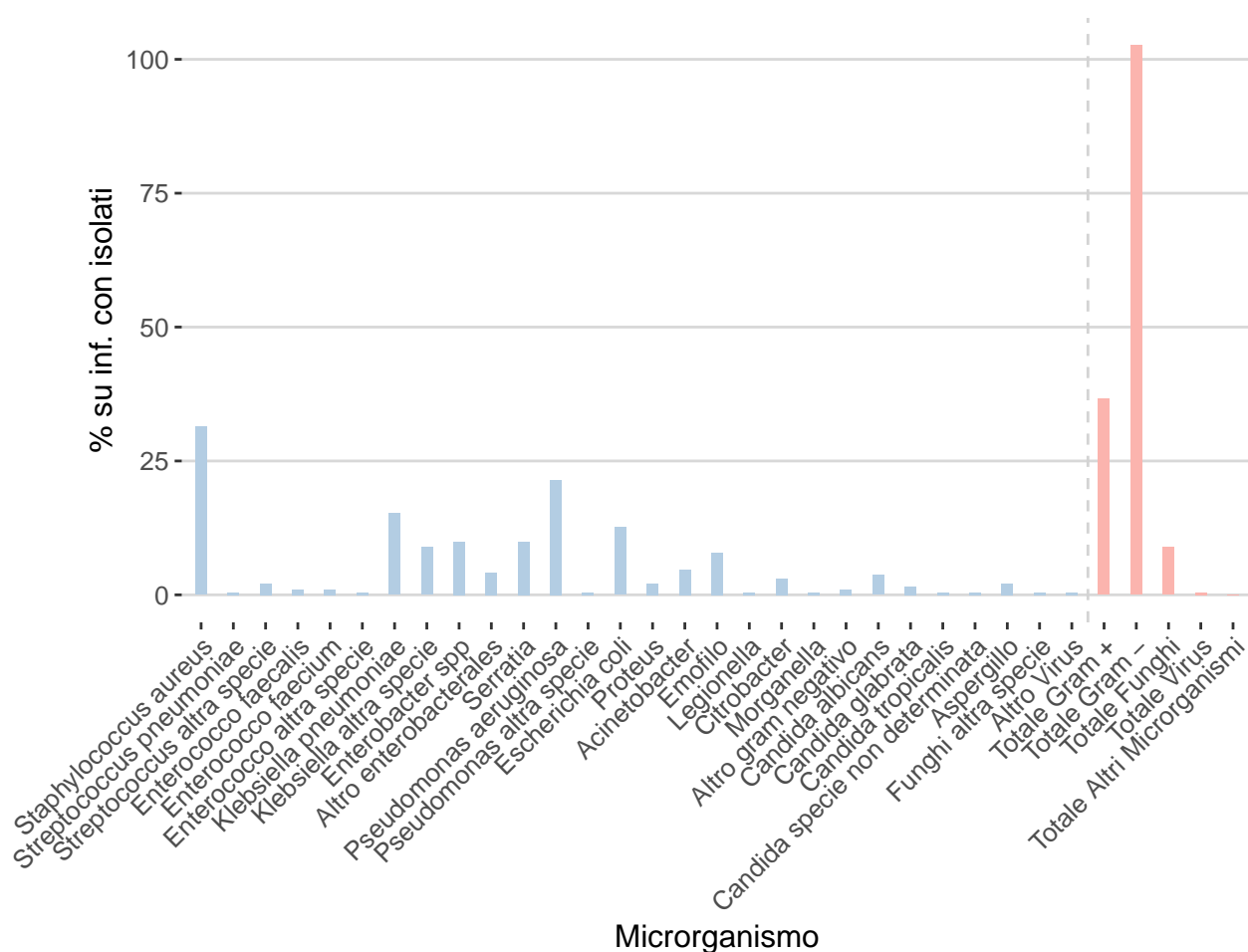
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	41	Ertapenem	9	21.95
Klebsiella pneumoniae	41	Meropenem	11	26.83
Enterobacter spp	26	Ertapenem	1	3.85
Proteus	8	Ertapenem	2	25.00
Proteus	8	Meropenem	2	25.00
Acinetobacter	14	Imipenem	6	42.86
Acinetobacter	14	Meropenem	8	57.14
Pseudomonas aeruginosa	49	Imipenem	14	28.57
Pseudomonas aeruginosa	49	Meropenem	9	18.37
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	61	Meticillina	13	21.31
Streptococcus altra specie	2	Penicillina	1	50.00
Enterococco faecalis	13	Vancomicina	1	7.69
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	40.00

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	191	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	191	
Totale microrganismi isolati	292	

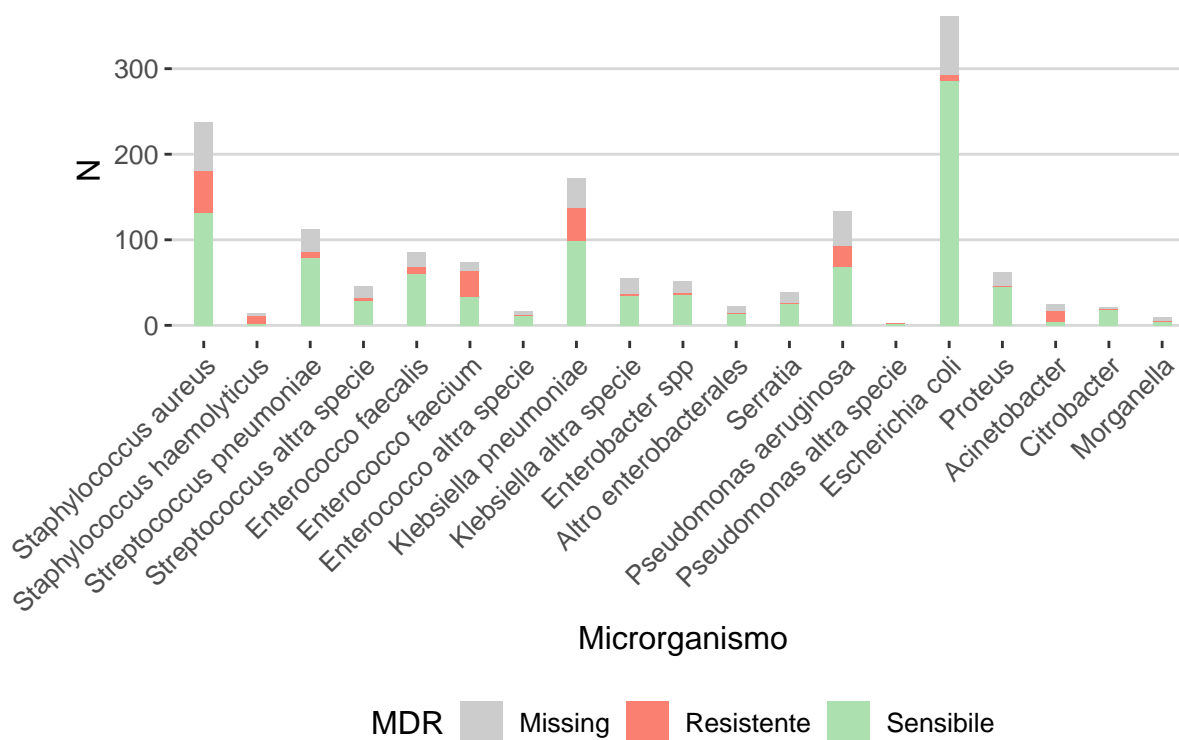
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	60	31.4	52	11	21.2
Streptococcus pneumoniae	1	0.5	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	2.1	2	1	50
Enterococcus faecalis	2	1.0	2	0	0
Enterococcus faecium	2	1.0	2	1	50
Enterococcus altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Gram +	70	36.6	59	13	22
Klebsiella pneumoniae	29	15.2	22	4	18.2
Klebsiella altra specie	17	8.9	16	0	0
Enterobacter spp	19	9.9	17	0	0
Altro enterobacteriales	8	4.2	5	0	0
Serratia	19	9.9	13	0	0
Pseudomonas aeruginosa	41	21.5	31	8	25.8
Pseudomonas altra specie	1	0.5	1	0	0
Escherichia coli	24	12.6	18	0	0
Proteus	4	2.1	4	0	0
Acinetobacter	9	4.7	8	2	25
Emofilo	15	7.9	0	0	0
Legionella	1	0.5	0	0	0
Citrobacter	6	3.1	4	0	0

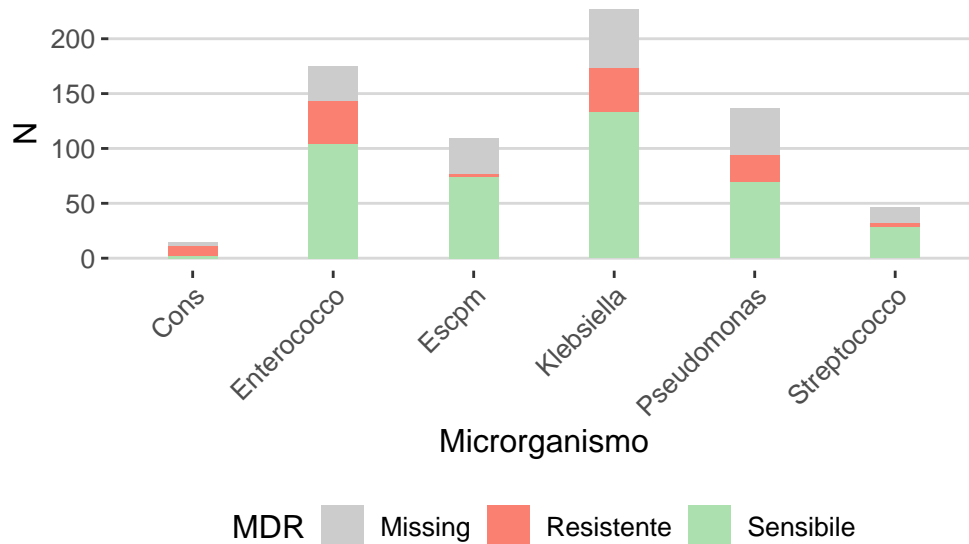
Morganella	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.0	0	0	0
Totale Gram -	196	102.6	139	14	10.1
Candida albicans	7	3.7	0	0	0
Candida glabrata	3	1.6	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Candida specie non determinata	1	0.5	0	0	0
Aspergillo	4	2.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Funghi	17	8.9	0	0	0
Altro Virus	1	0.5			
Totale Virus	1	0.5	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 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

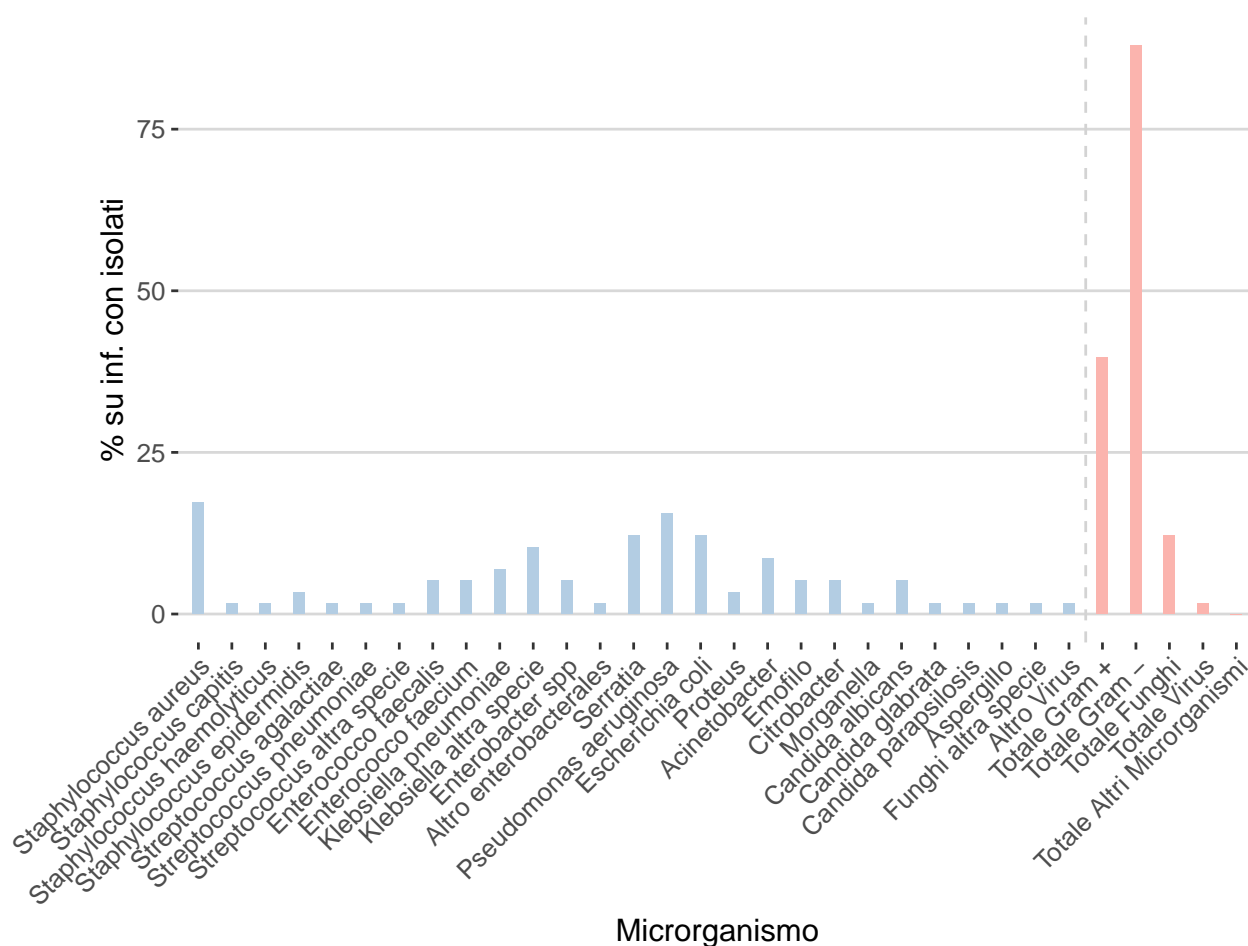
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	22	Ertapenem	3	13.64
Klebsiella pneumoniae	22	Meropenem	4	18.18
Acinetobacter	8	Imipenem	2	25.00
Acinetobacter	8	Meropenem	2	25.00
Pseudomonas aeruginosa	31	Imipenem	8	25.81
Pseudomonas aeruginosa	31	Meropenem	6	19.35
Staphylococcus aureus	52	Meticillina	11	21.15
Streptococcus altra specie	2	Penicillina	1	50.00
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	58	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	58	
Totale microrganismi isolati	83	

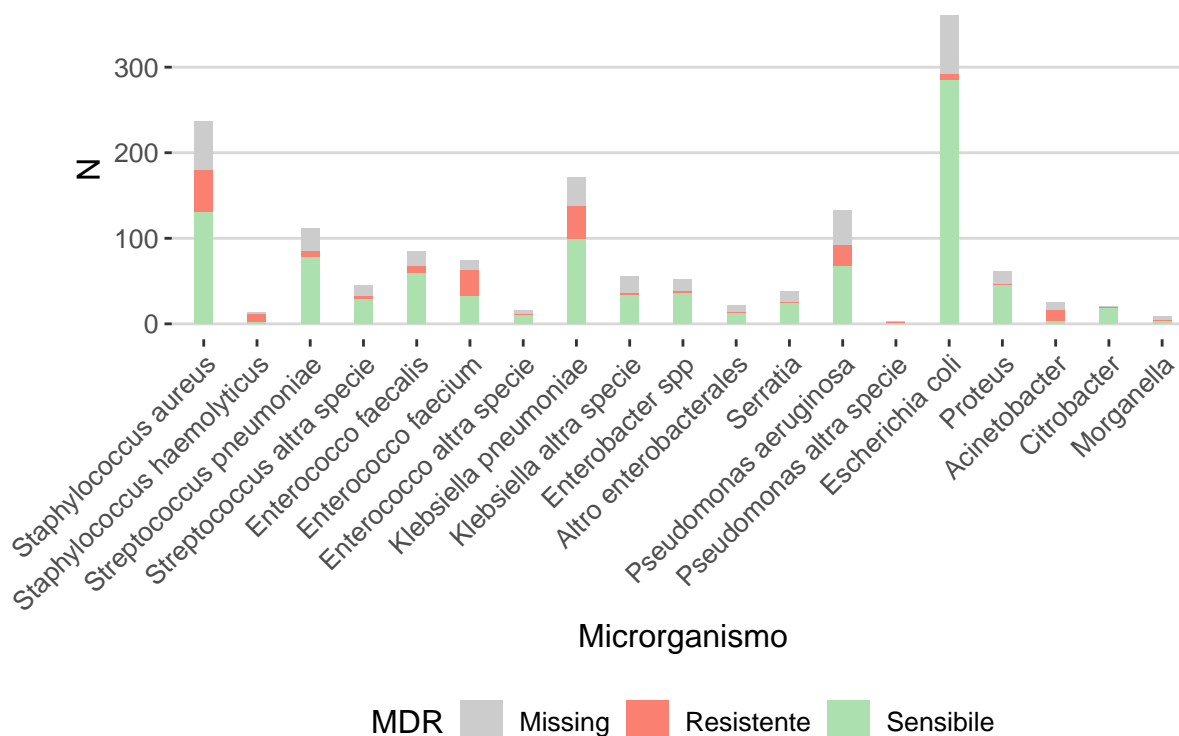
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	10	17.2	9	2	22.2

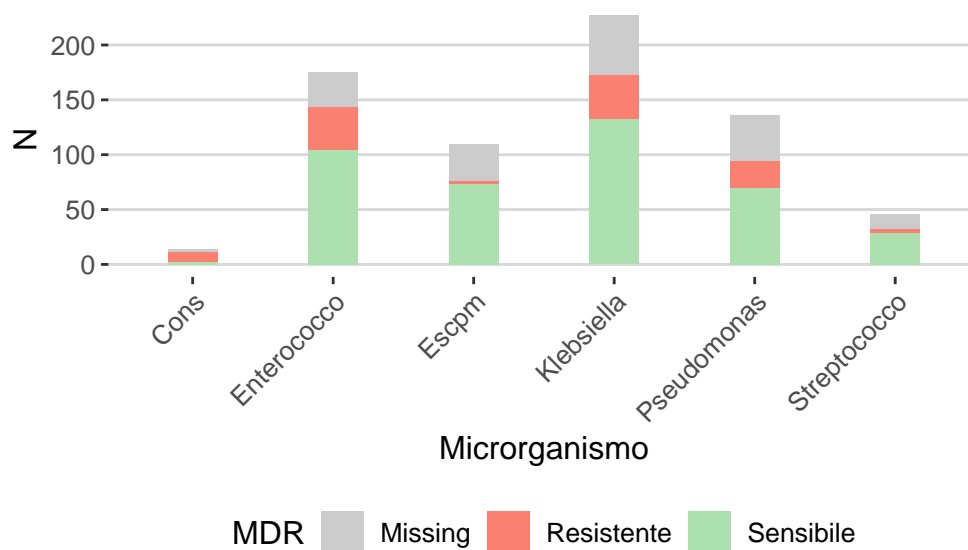
Staphylococcus capitis	1	1.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	3.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.7	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.7	1	1	100
Enterococco faecalis	3	5.2	3	0	0
Enterococco faecium	3	5.2	2	1	50
Totale Gram +	23	39.7	16	4	25
Klebsiella pneumoniae	4	6.9	4	1	25
Klebsiella altra specie	6	10.3	4	0	0
Enterobacter spp	3	5.2	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.7	1	0	0
Serratia	7	12.1	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	15.5	7	0	0
Escherichia coli	7	12.1	5	0	0
Proteus	2	3.4	1	0	0
Acinetobacter	5	8.6	5	3	60
Emofilo	3	5.2	0	0	0
Citrobacter	3	5.2	1	0	0
Morganella	1	1.7	1	0	0
Totale Gram -	51	87.9	35	4	11.4
Candida albicans	3	5.2	0	0	0
Candida glabrata	1	1.7	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.7	0	0	0
Aspergillo	1	1.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.7	0	0	0
Totale Funghi	7	12.1	0	0	0
Altro Virus	1	1.7			
Totale Virus	1	1.7	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus lugdunensis*, *Clamidia*, *Candida auris*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32

Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

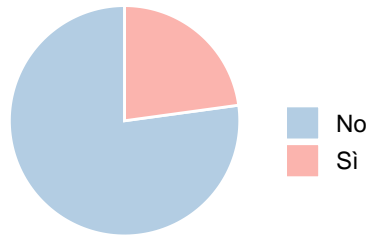
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Ertapenem	1	25.00
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	1	25.00
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40.00
Acinetobacter	5	Meropenem	3	60.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	2	22.22
Streptococcus altra specie	1	Penicillina	1	100.00
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00

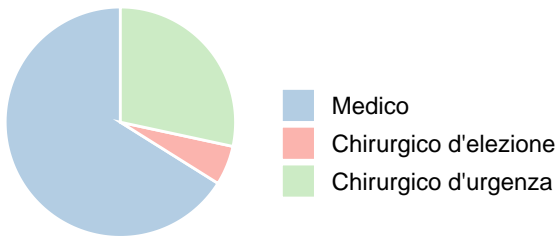
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 289)

13.1 Trauma



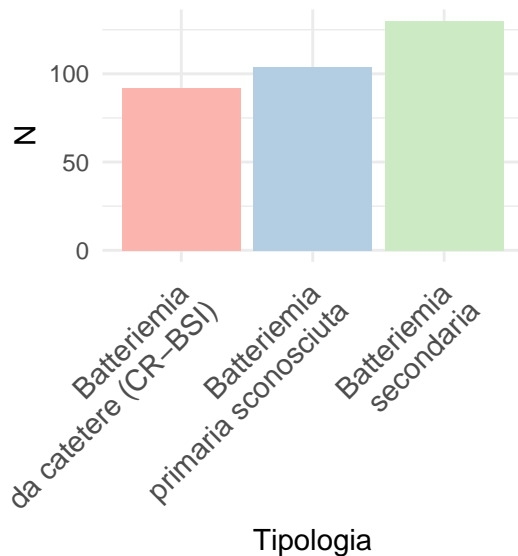
Trauma	N	%
No	223	77.2
Si	66	22.8
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



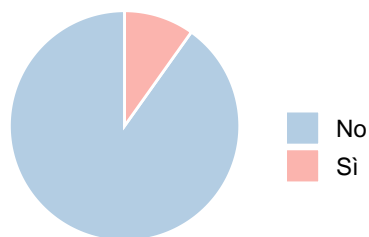
Stato chirurgico	N	%
Medico	191	66.1
Chirurgico d'elezione	16	5.5
Chirurgico d'urgenza	82	28.4
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	104	31.9
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	92	28.2
Batteriemia secondaria	130	39.9
Missing	0	0.0

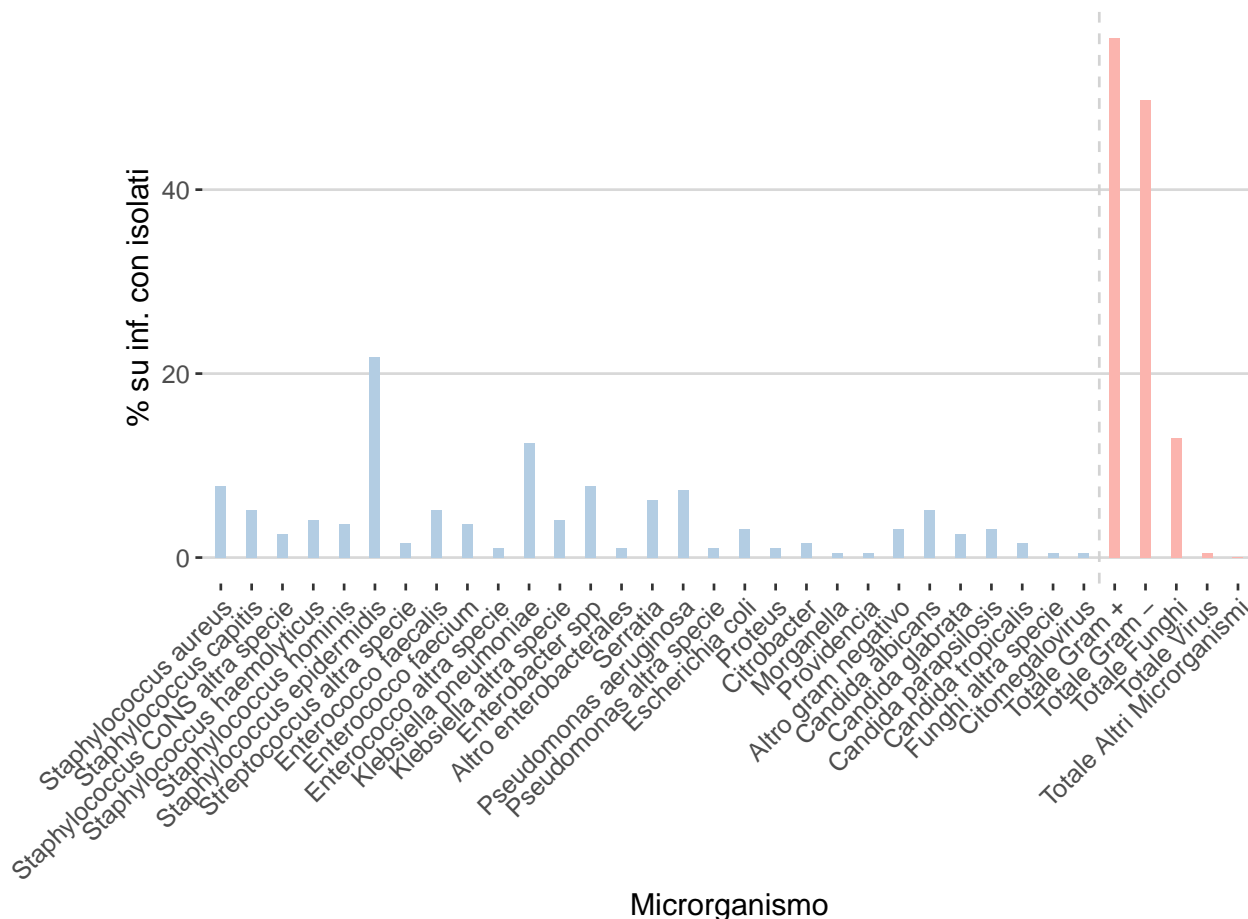
13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	174	90.2
Sì	19	9.8
Missing	3	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

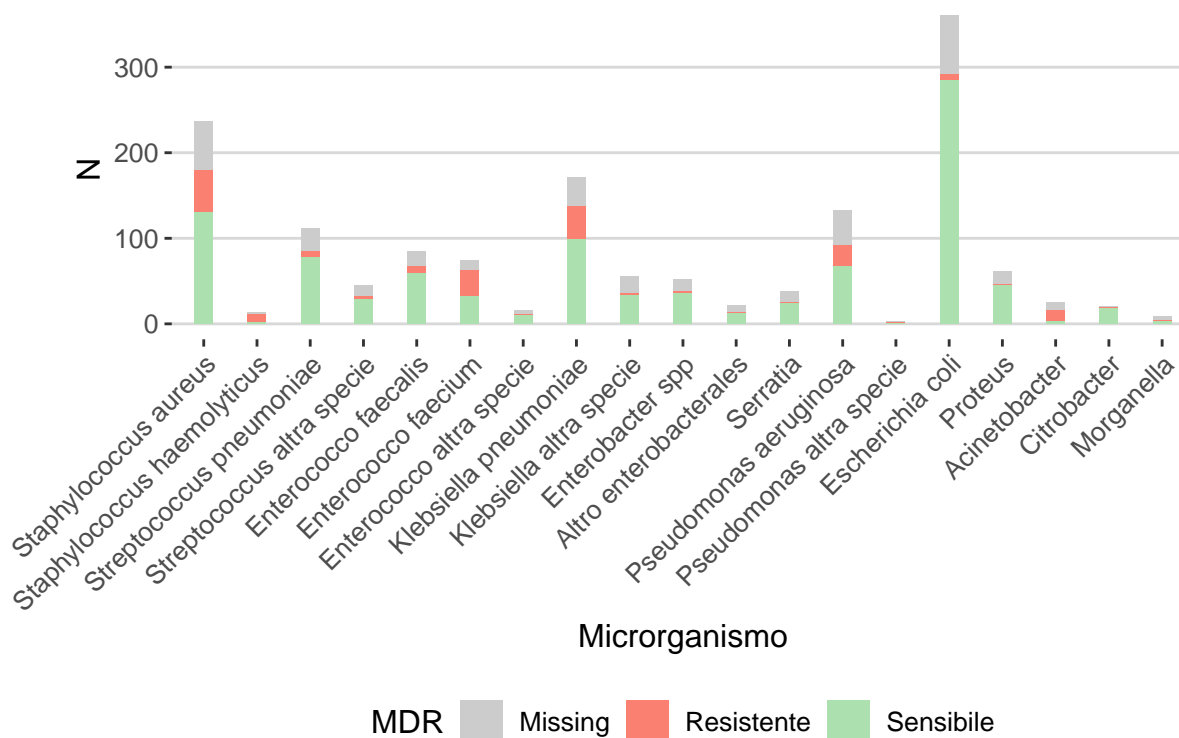
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	7.8	11	2	18.2
Staphylococcus capitis	10	5.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	5	2.6	0	0	0

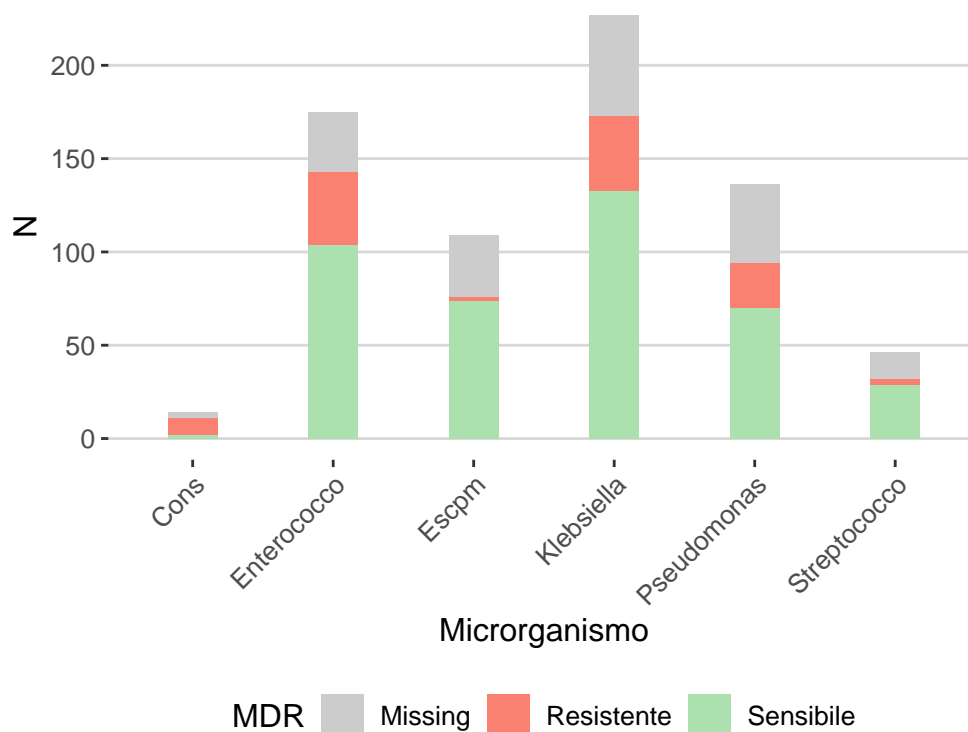
Staphylococcus haemolyticus	8	4.1	7	5	71.4
Staphylococcus hominis	7	3.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	42	21.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.6	3	0	0
Enterococco faecalis	10	5.2	6	2	33.3
Enterococco faecium	7	3.6	4	3	75
Enterococco altra specie	2	1.0	0	0	0
Totale Gram +	109	56.5	31	12	38.7
Klebsiella pneumoniae	24	12.4	15	7	46.7
Klebsiella altra specie	8	4.1	6	0	0
Enterobacter spp	15	7.8	11	2	18.2
Altro enterobacterales	2	1.0	1	0	0
Serratia	12	6.2	9	0	0
Pseudomonas aeruginosa	14	7.3	11	2	18.2
Pseudomonas altra specie	2	1.0	1	0	0
Escherichia coli	6	3.1	5	0	0
Proteus	2	1.0	2	0	0
Citrobacter	3	1.6	2	0	0
Morganella	1	0.5	1	0	0
Providencia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	6	3.1	0	0	0
Totale Gram -	96	49.7	64	11	17.2
Candida albicans	10	5.2	0	0	0
Candida glabrata	5	2.6	0	0	0
Candida parapsilosis	6	3.1	0	0	0
Candida tropicalis	3	1.6	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
Totale Funghi	25	13.0	0	0	0
Citomegalovirus	1	0.5			
Totale Virus	1	0.5	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 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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	15	Ertapenem	6	40.00
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	7	46.67
Enterobacter spp	11	Ertapenem	2	18.18
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	2	18.18
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	1	9.09
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	5	71.43
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	2	18.18
Enterococco faecalis	6	Vancomicina	2	33.33
Enterococco faecium	4	Vancomicina	3	75.00

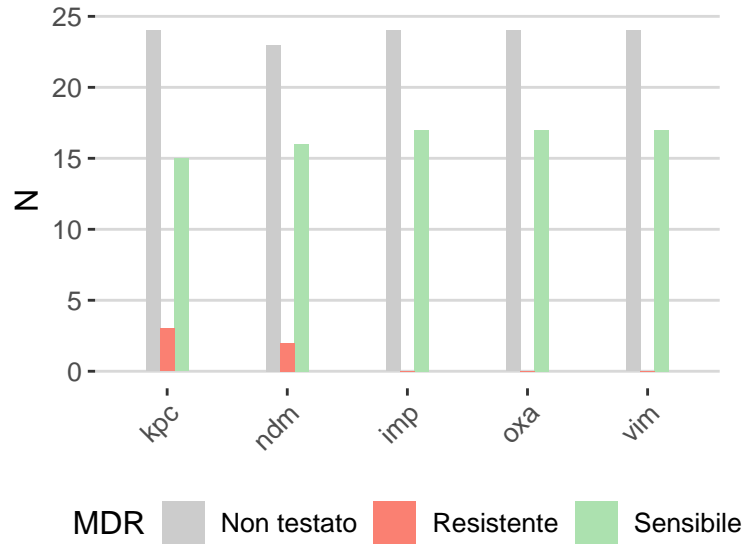
13.5.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

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

	N	%
Sì	5	11.9
No	14	33.33
Non testato	23	54.76
Missing	36	

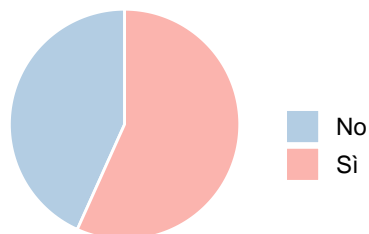
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	17	24
kpc	3	60	15	24
ndm	2	40	16	23

oxa	0	0	17	24
vim	0	0	17	24



14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 104)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	45	43.3
Si	59	56.7
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	2.5	1.8 %
CI (95%)	2.0 - 3.0	1.4 - 2.1

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

Il primo:

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

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

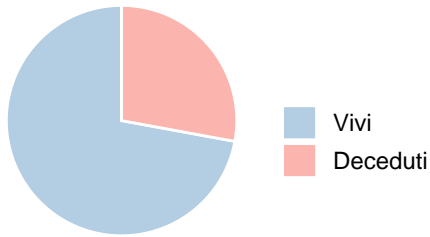
Il secondo:

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

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

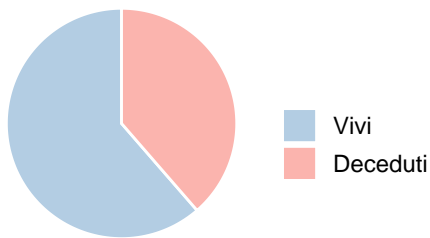
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	75	72.1
Deceduti	29	27.9
Missing	0	0

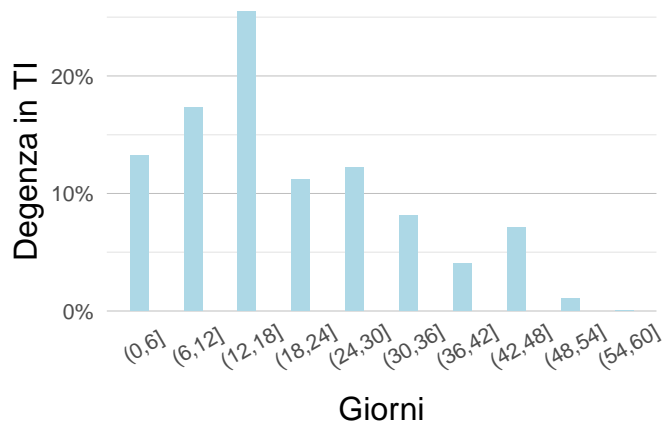
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	62	61.4
Deceduti	39	38.6
Missing	2	0

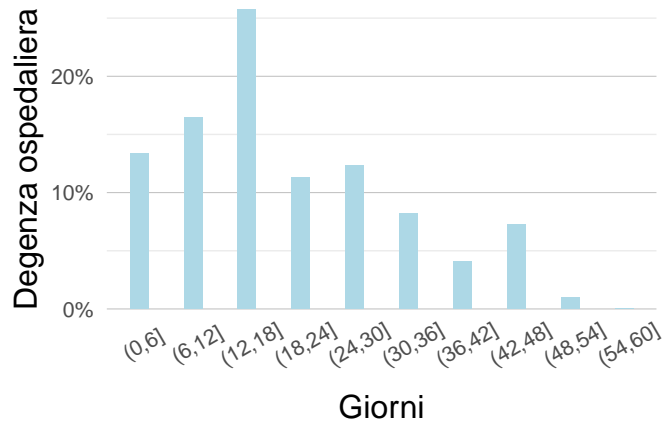
* Statistiche calcolate su 103 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.3 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10.8-30.2)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *

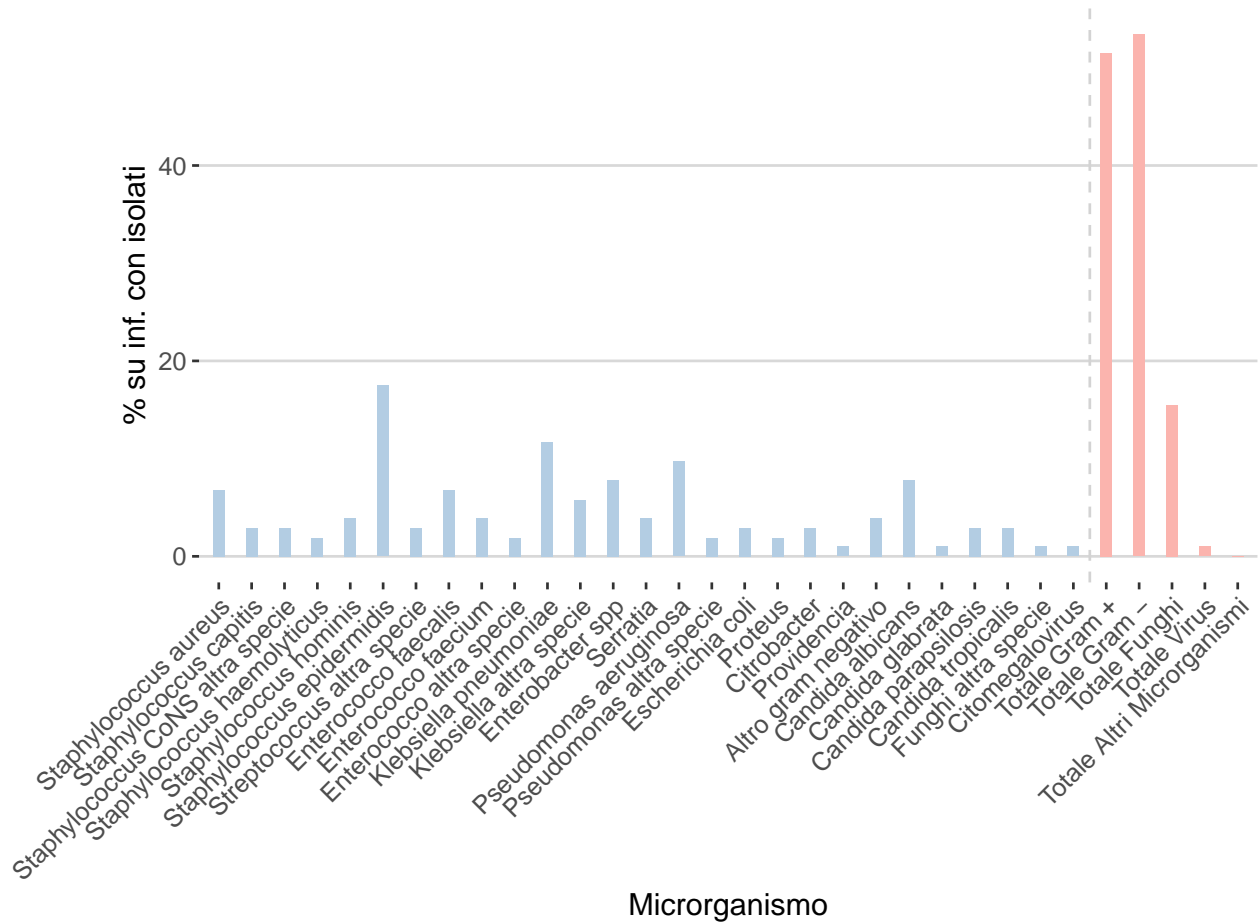


Indicatore	Valore
Media (DS)	40.3 (35.2)
Mediana (Q1-Q3)	33 (18-48)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 103 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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

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

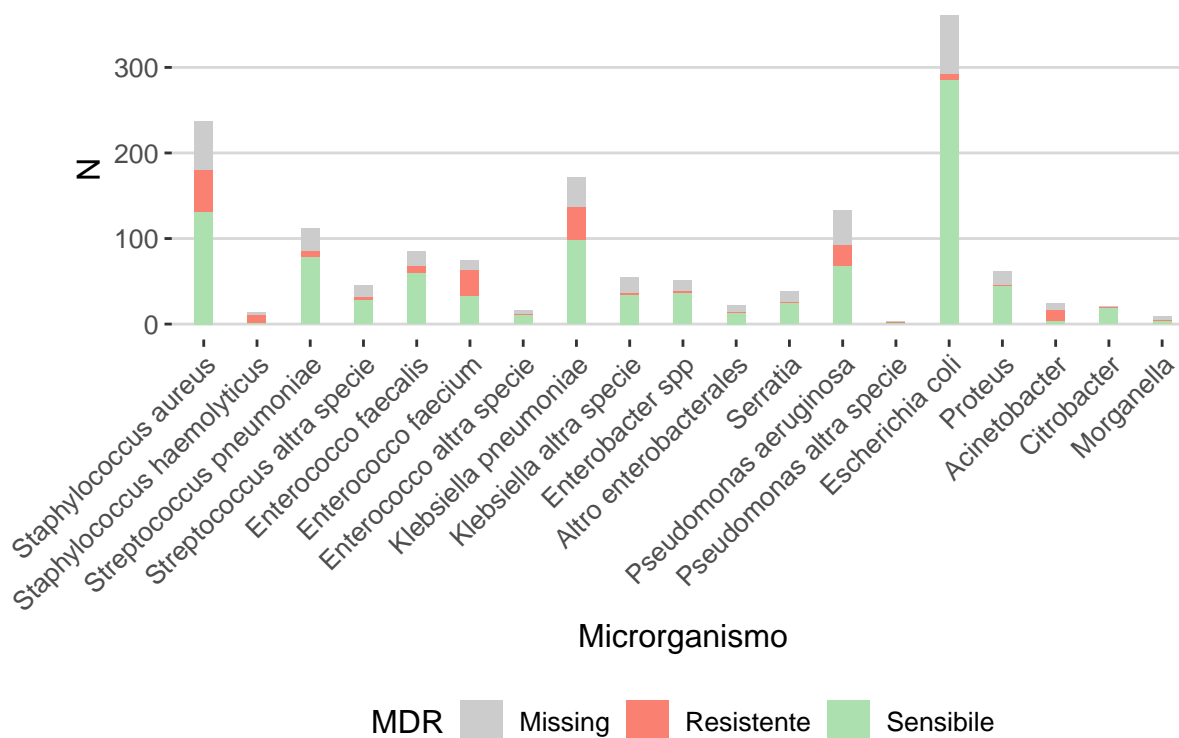


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	6.8	5	2	40
Staphylococcus capitis	3	2.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	2.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	1.9	1	1	100
Staphylococcus hominis	4	3.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	17.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	3	2.9	3	0	0
Enterococco faecalis	7	6.8	3	2	66.7
Enterococco faecium	4	3.9	3	2	66.7
Enterococco altra specie	2	1.9	0	0	0
Totale Gram +	53	51.5	15	7	46.7
Klebsiella pneumoniae	12	11.7	5	3	60
Klebsiella altra specie	6	5.8	5	0	0
Enterobacter spp	8	7.8	6	2	33.3
Serratia	4	3.9	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	9.7	8	1	12.5
Pseudomonas altra specie	2	1.9	1	0	0
Escherichia coli	3	2.9	3	0	0
Proteus	2	1.9	2	0	0
Citrobacter	3	2.9	2	0	0
Providencia	1	1.0	0	0	0

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 104)

Altro gram negativo	4	3.9	0	0	0
Totale Gram -	55	53.4	36	6	16.7
Candida albicans	8	7.8	0	0	0
Candida glabrata	1	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	3	2.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.0	0	0	0
Totale Funghi	16	15.5	0	0	0
Citomegalovirus	1	1.0			
Totale Virus	1	1.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, 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	5	Ertapenem	3	60.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	3	60.00

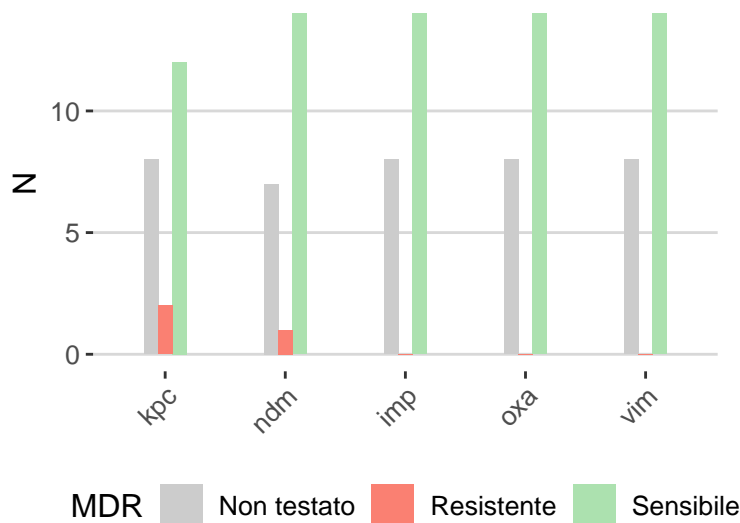
Enterobacter spp	6	Ertapenem	2	33.33
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	2	40.00
Enterococco faecalis	3	Vancomicina	2	66.67
Enterococco faecium	3	Vancomicina	2	66.67

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

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

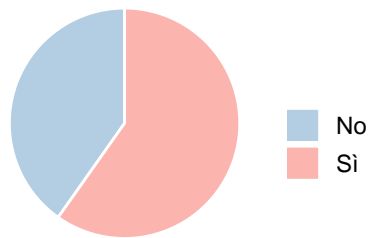
	N	%
Sì	3	13.64
No	12	54.55
Non testato	7	31.82
Missing	19	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	14	8
kpc	2	66.7	12	8
ndm	1	33.3	14	7
oxa	0	0.0	14	8
vim	0	0.0	14	8



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 92)

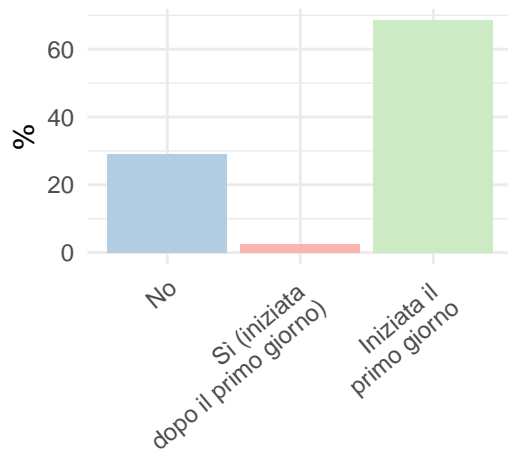
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	37	40.2
Sì	55	59.8
Missing	0	0

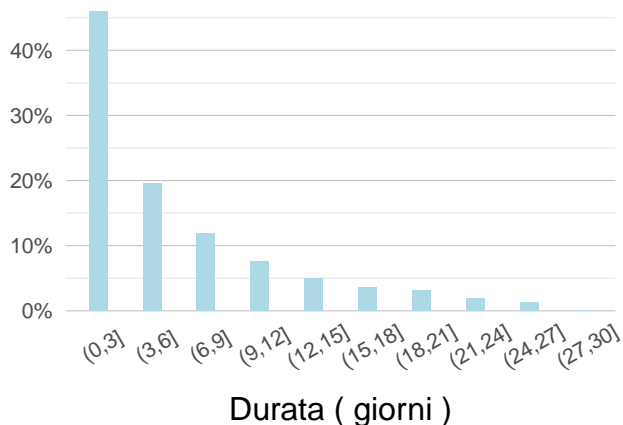
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 6362)



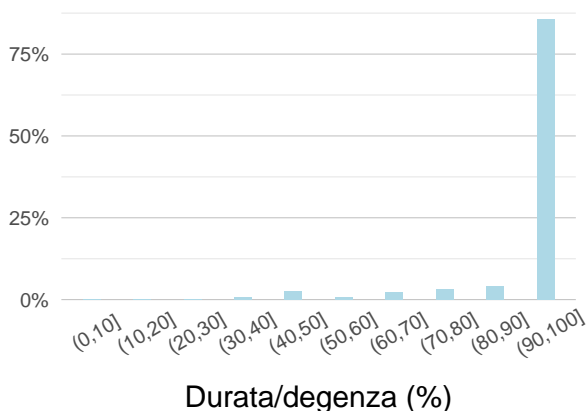
Cvc	N	%
No	1839	29.0
Sì	4505	71.0
Iniziata il primo giorno	4357	68.5
Missing	18	

15.2.2 Durata (giorni)



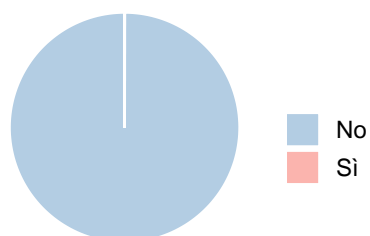
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.2 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-10)
Missing	17

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



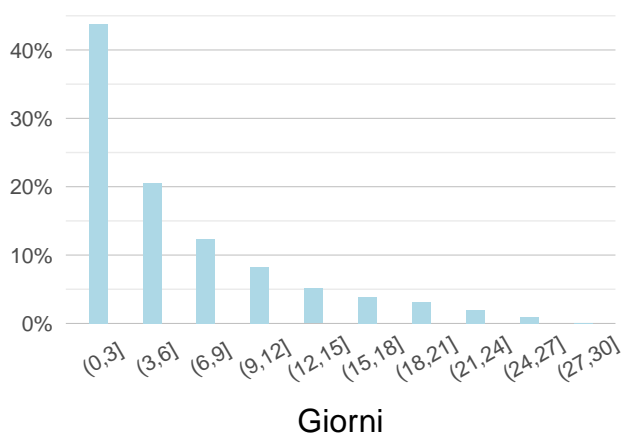
Indicatore	Valore
Media (DS)	95.0 (13.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	18

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 6362)



Infezione locale da catetere	N	%
No	6346	100.0
Si	1	0.0
Missing	15	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	89
Media (DS)	14.8 (14.7)
Mediana (Q1-Q3)	10 (5-17)
Missing	3

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	2.6	1.8 %
CI (95%)	2.1 - 3.2	1.5 - 2.2

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

Il primo:

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

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

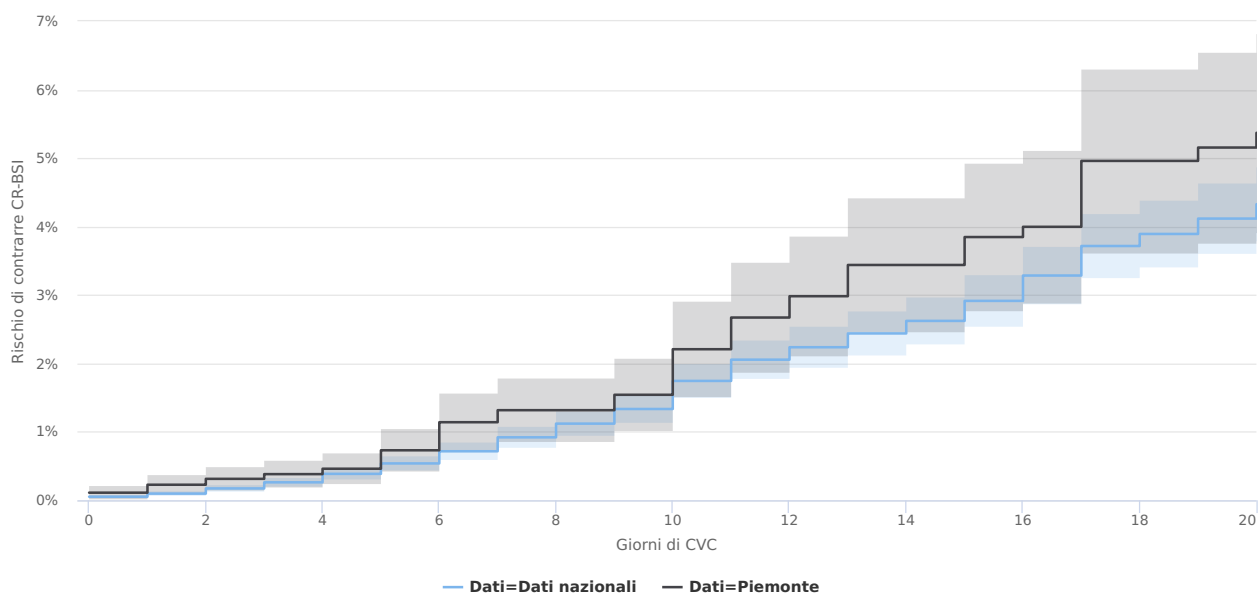
Il secondo invece:

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

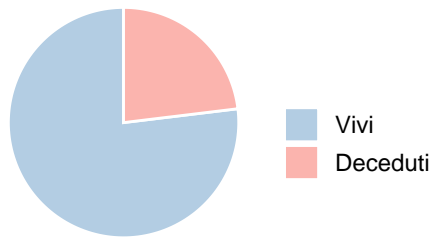
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

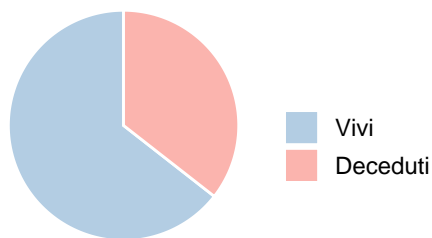


15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	70	76.9
Deceduti	21	23.1
Missing	1	0

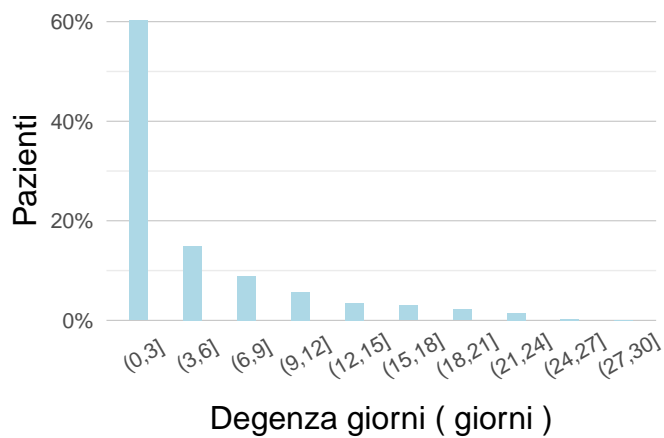
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	58	64.4
Deceduti	32	35.6
Missing	1	0

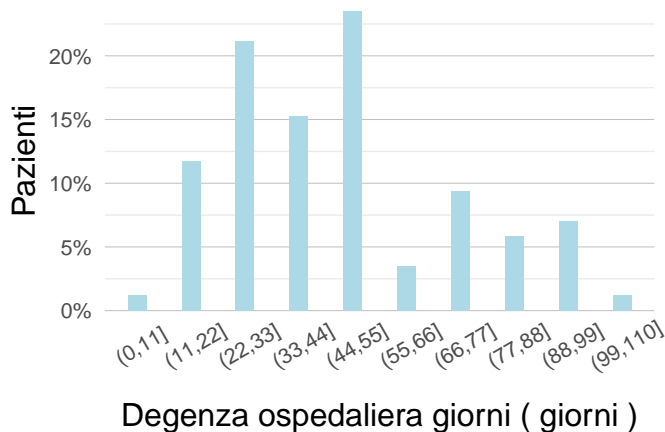
* Statistiche calcolate su 91 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.0 (24.0)
Mediana (Q1-Q3)	29 (17.5-47)
Missing	1

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	51.2 (28.3)
Mediana (Q1-Q3)	45 (29.2-72)
Missing	1

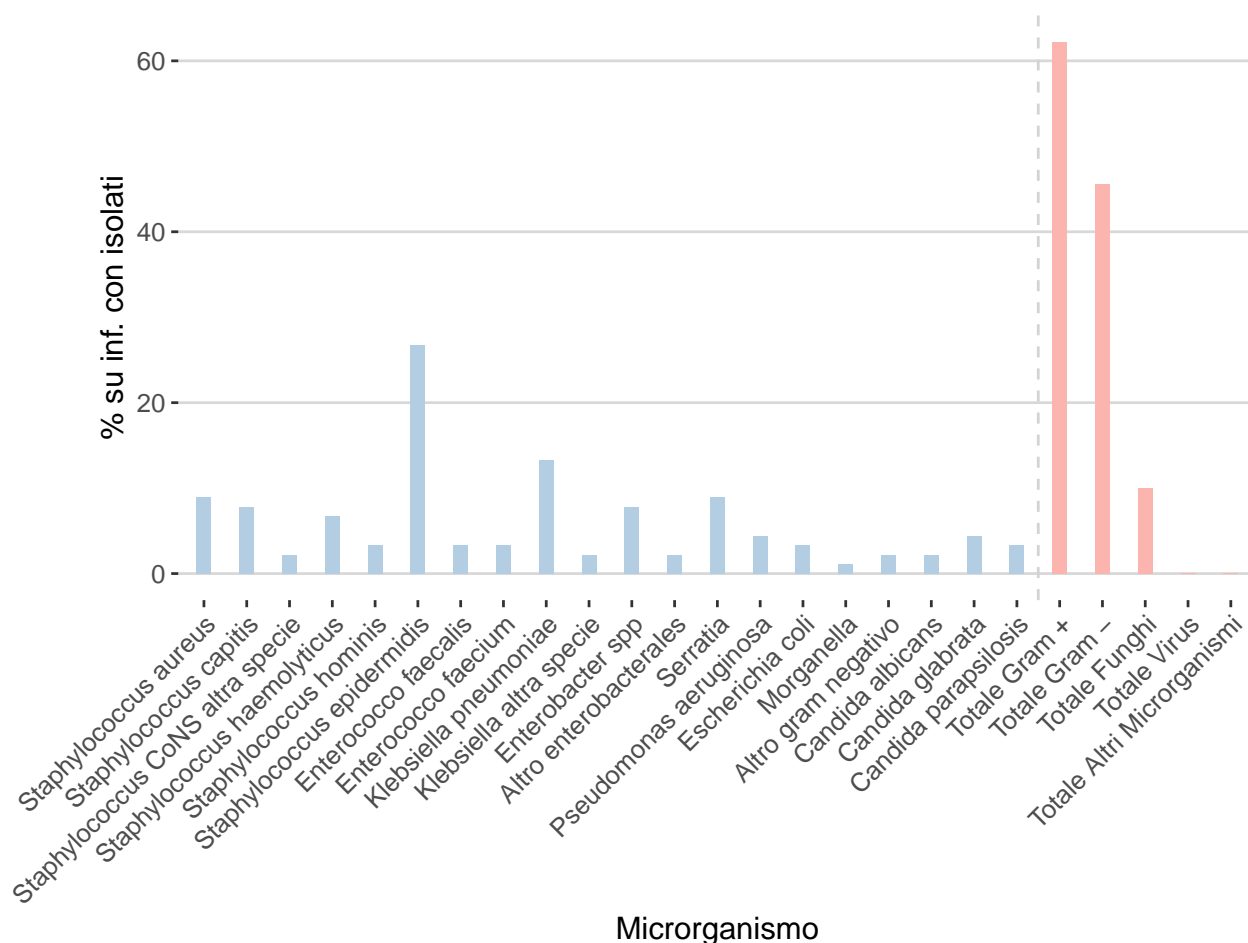
* Statistiche calcolate su 91 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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	90	100.0
Missing	2	
Totale infezioni	92	
Totale microrganismi isolati	106	

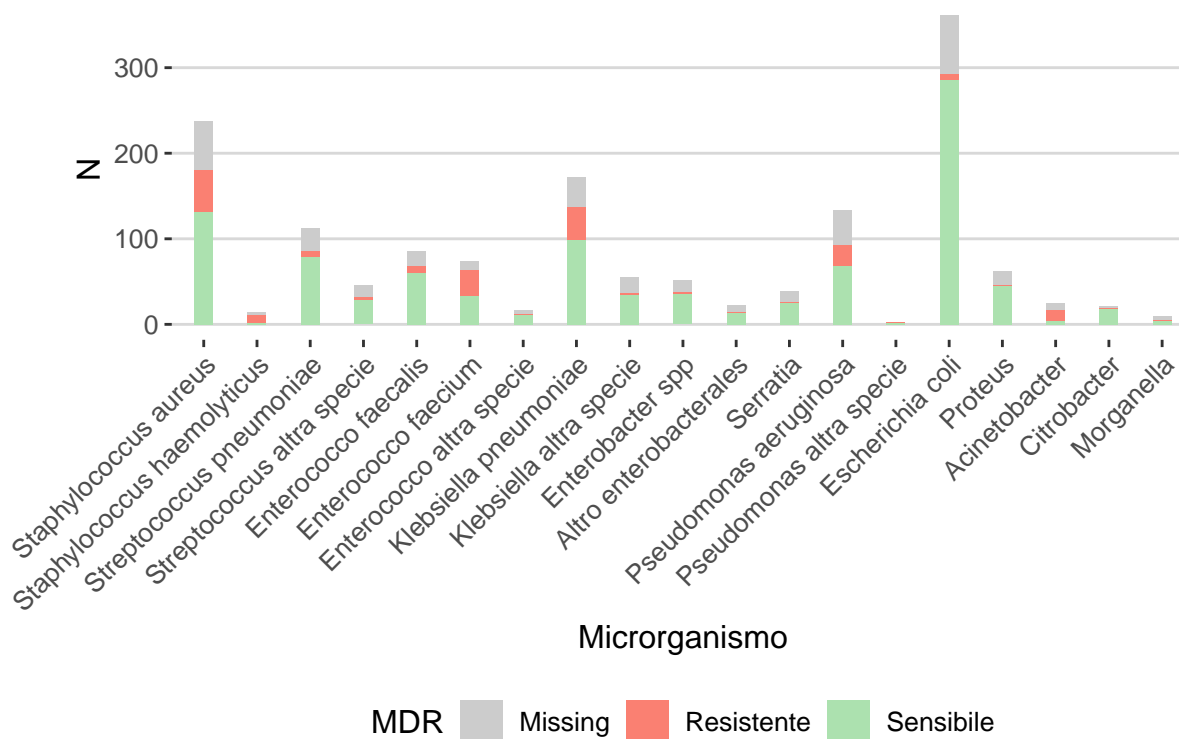
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	8.9	6	0	0
Staphylococcus capitis	7	7.8	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	2	2.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	6	6.7	6	4	66.7
Staphylococcus hominis	3	3.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	24	26.7	0	0	0
Enterococco faecalis	3	3.3	3	0	0
Enterococco faecium	3	3.3	1	1	100
Totale Gram +	56	62.2	16	5	31.2
Klebsiella pneumoniae	12	13.3	10	4	40
Klebsiella altra specie	2	2.2	1	0	0
Enterobacter spp	7	7.8	5	0	0
Altro enterobacteriales	2	2.2	1	0	0
Serratia	8	8.9	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	4.4	3	1	33.3
Escherichia coli	3	3.3	2	0	0
Morganella	1	1.1	1	0	0
Altro gram negativo	2	2.2	0	0	0
Totale Gram -	41	45.6	28	5	17.9
Candida albicans	2	2.2	0	0	0
Candida glabrata	4	4.4	0	0	0

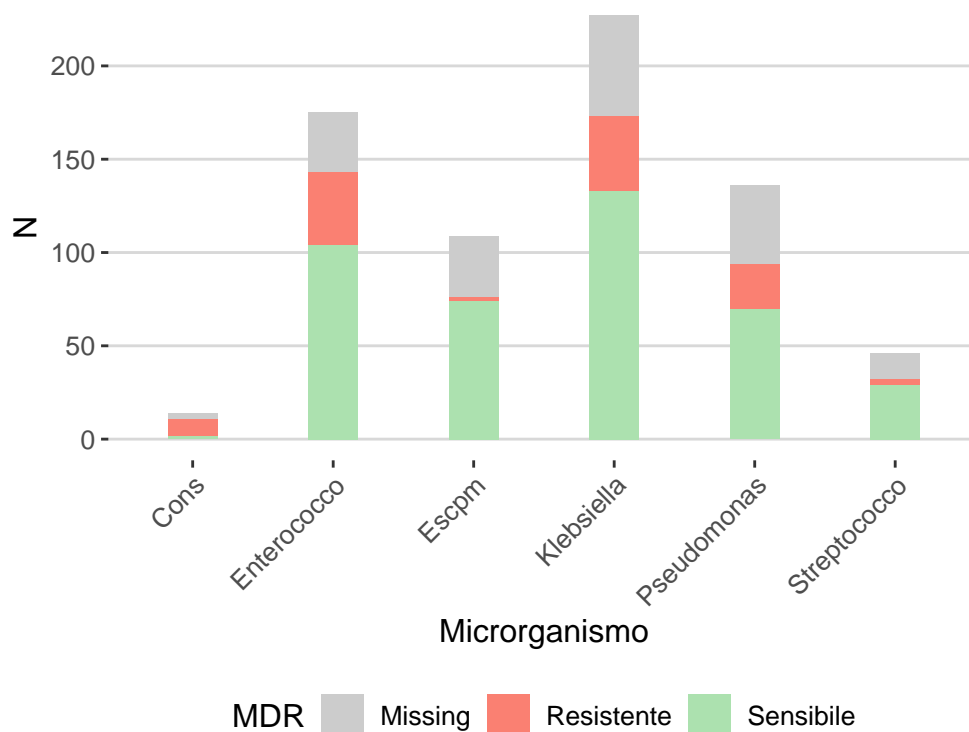
Candida parapsilosis	3	3.3	0	0	0
Totale Funghi	9	10.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	10	Ertapenem	3	30.00
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	4	40.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus haemolyticus	6	Meticillina	4	66.67

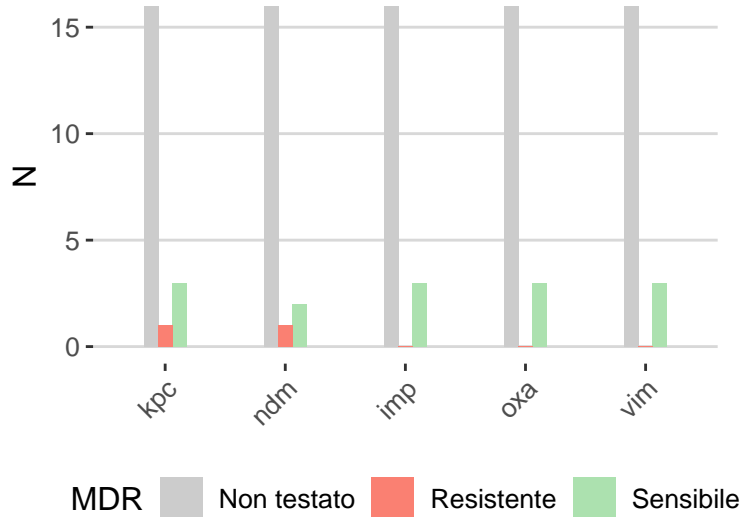
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00
---------------------	---	-------------	---	--------

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

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

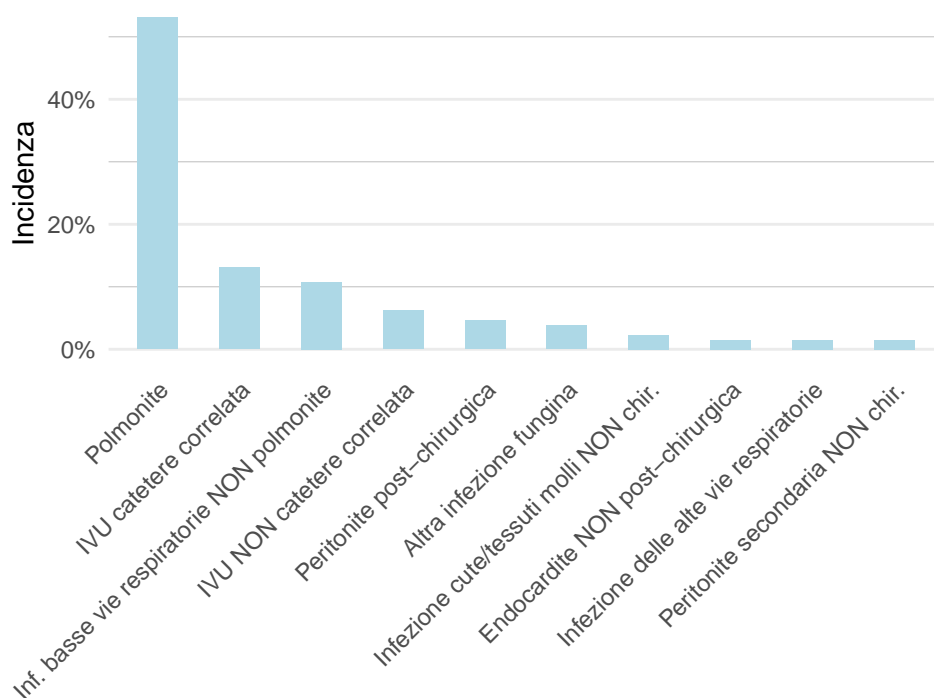
	N	%
Sì	2	10
No	2	10
Non testato	16	80
Missing	17	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	16
kpc	1	50	3	16
ndm	1	50	2	16
oxa	0	0	3	16
vim	0	0	3	16



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 130)

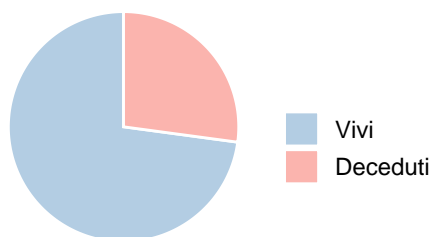
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

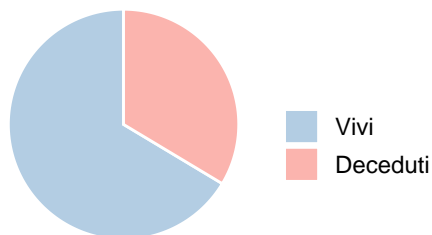
Infezione	N	%
Polmonite	69	53.1
IVU catetere correlata	17	13.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	14	10.8
IVU NON catetere correlata	8	6.2
Peritonite post-chirurgica	6	4.6
Altra infezione fungina	5	3.8
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	3	2.3
Infezione delle alte vie respiratorie	2	1.5
Endocardite NON post-chirurgica	2	1.5
Peritonite secondaria NON chir.	2	1.5
Missing	2	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	94	72.9
Deceduti	35	27.1
Missing	1	0

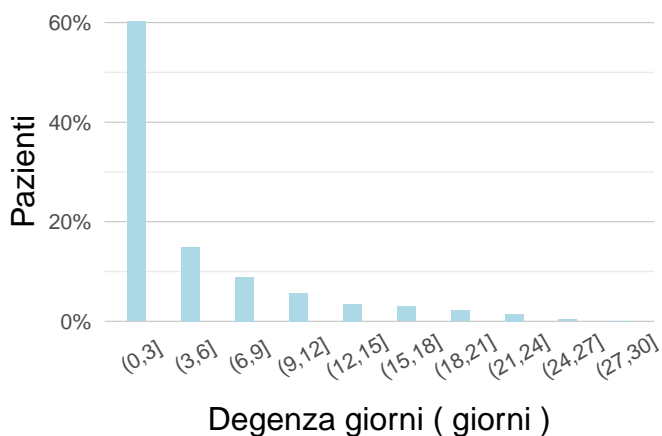
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	83	66.4
Deceduti	42	33.6
Missing	3	0

* Statistiche calcolate su 128 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.9 (22.9)
Mediana (Q1-Q3)	21 (13-35)
Missing	1

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	46.8 (34.0)
Mediana (Q1-Q3)	36 (22-61)
Missing	3

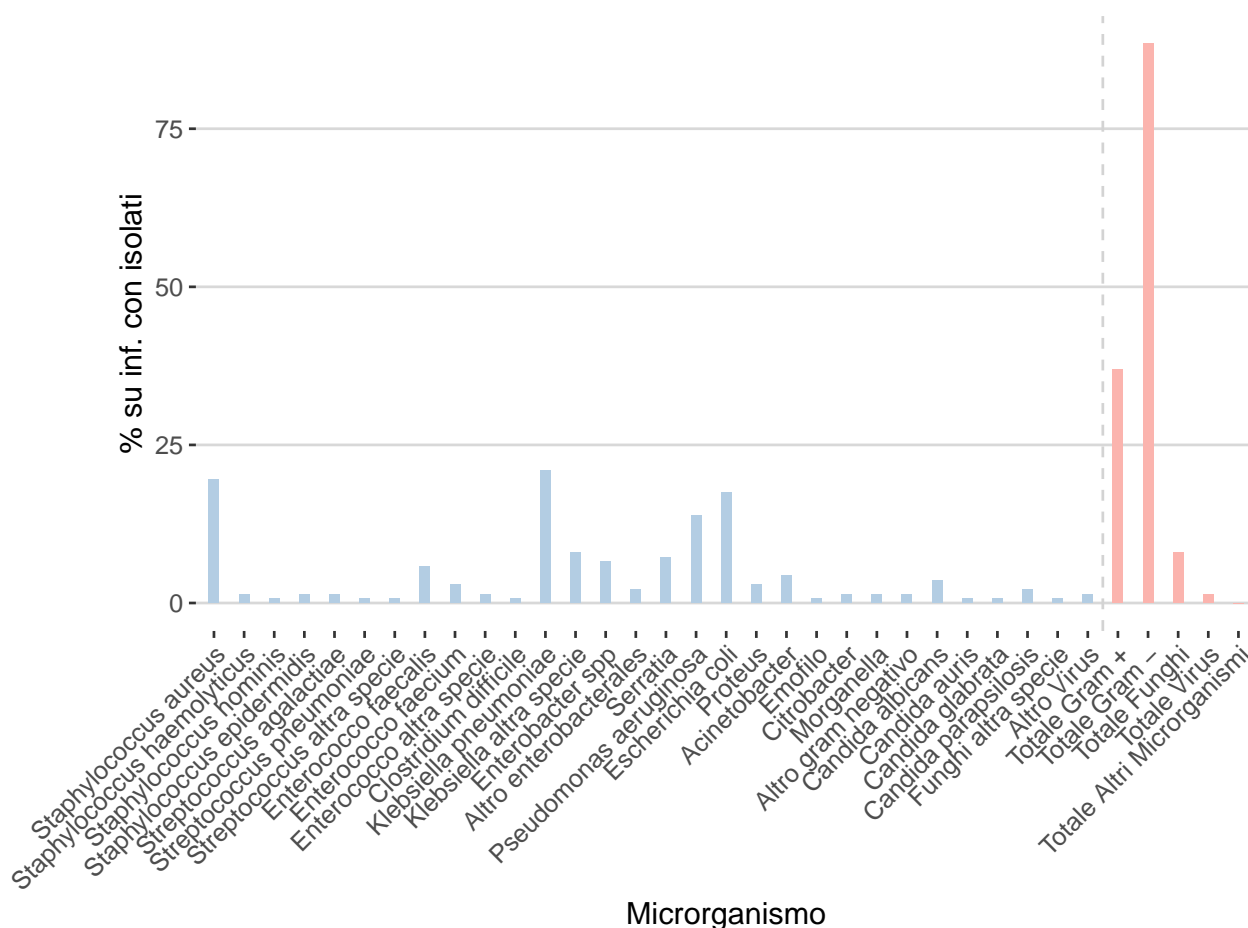
* Statistiche calcolate su 128 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

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	2	1.4
Sì	138	98.6
Missing	0	
Totale infezioni	140	
Totale microrganismi isolati	189	

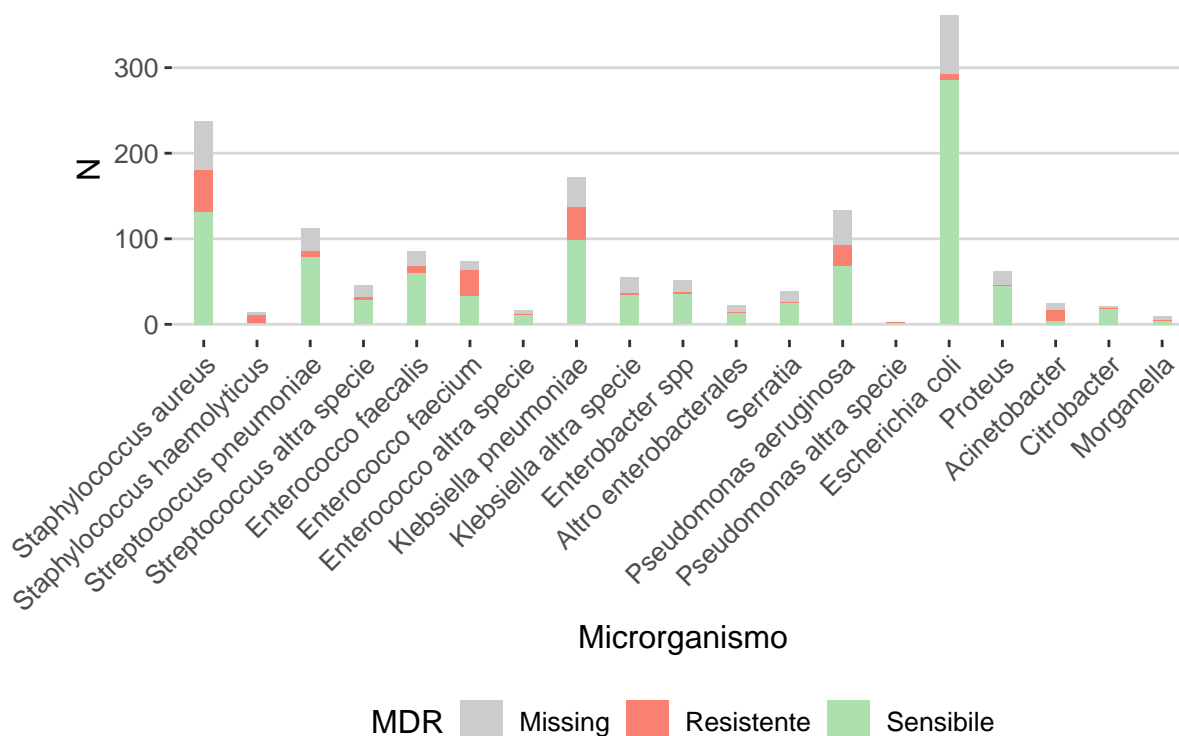
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
---------------	---	-----------------------	---------------------	-------	-------

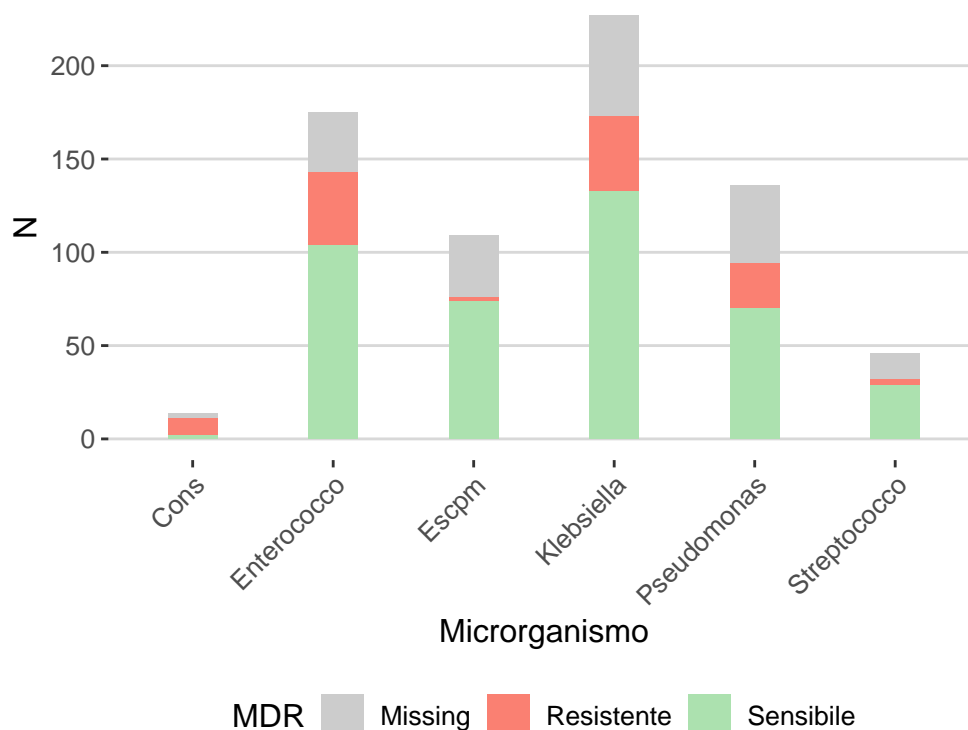
Staphylococcus aureus	27	19.6	20	7	35
Staphylococcus haemolyticus	2	1.4	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	1.4	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	1.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.7	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	0	0	0
Enterococco faecalis	8	5.8	6	0	0
Enterococco faecium	4	2.9	2	0	0
Enterococco altra specie	2	1.4	1	0	0
Clostridium difficile	1	0.7	0	0	0
Totale Gram +	51	37.0	31	8	25.8
Klebsiella pneumoniae	29	21.0	18	4	22.2
Klebsiella altra specie	11	8.0	8	0	0
Enterobacter spp	9	6.5	8	0	0
Altro enterobacterales	3	2.2	1	0	0
Serratia	10	7.2	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	19	13.8	14	4	28.6
Escherichia coli	24	17.4	15	0	0
Proteus	4	2.9	2	0	0
Acinetobacter	6	4.3	6	5	83.3
Emofilo	1	0.7	0	0	0
Citrobacter	2	1.4	0	0	0
Morganella	2	1.4	2	0	0
Altro gram negativo	2	1.4	0	0	0
Totale Gram -	122	88.4	78	13	16.7
Candida albicans	5	3.6	0	0	0
Candida auris	1	0.7	0	0	0
Candida glabrata	1	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.7	0	0	0
Totale Funghi	11	8.0	0	0	0
Altro Virus	2	1.4			
Totale Virus	2	1.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	18	Ertapenem	4	22.22
Klebsiella pneumoniae	18	Meropenem	4	22.22
Acinetobacter	6	Imipenem	2	33.33
Acinetobacter	6	Meropenem	5	83.33
Pseudomonas aeruginosa	14	Imipenem	4	28.57
Pseudomonas aeruginosa	14	Meropenem	3	21.43
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	20	Meticillina	7	35.00

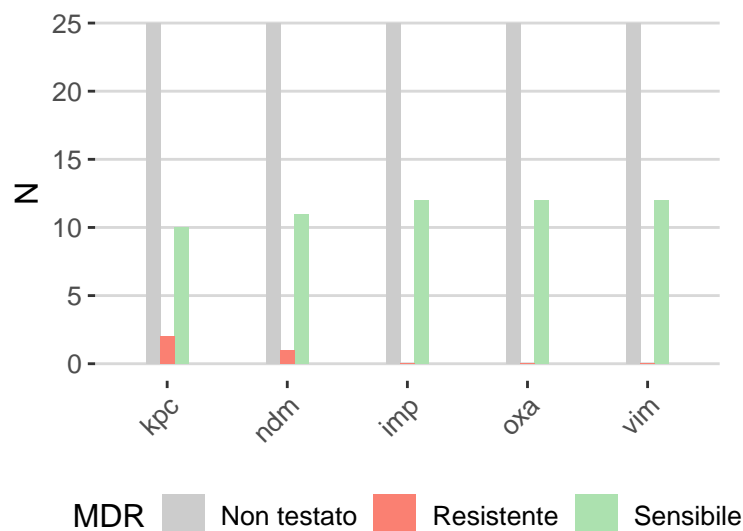
16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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	8.11
No	9	24.32
Non testato	25	67.57
Missing	57	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	12	25
kpc	2	66.7	10	25
ndm	1	33.3	11	25

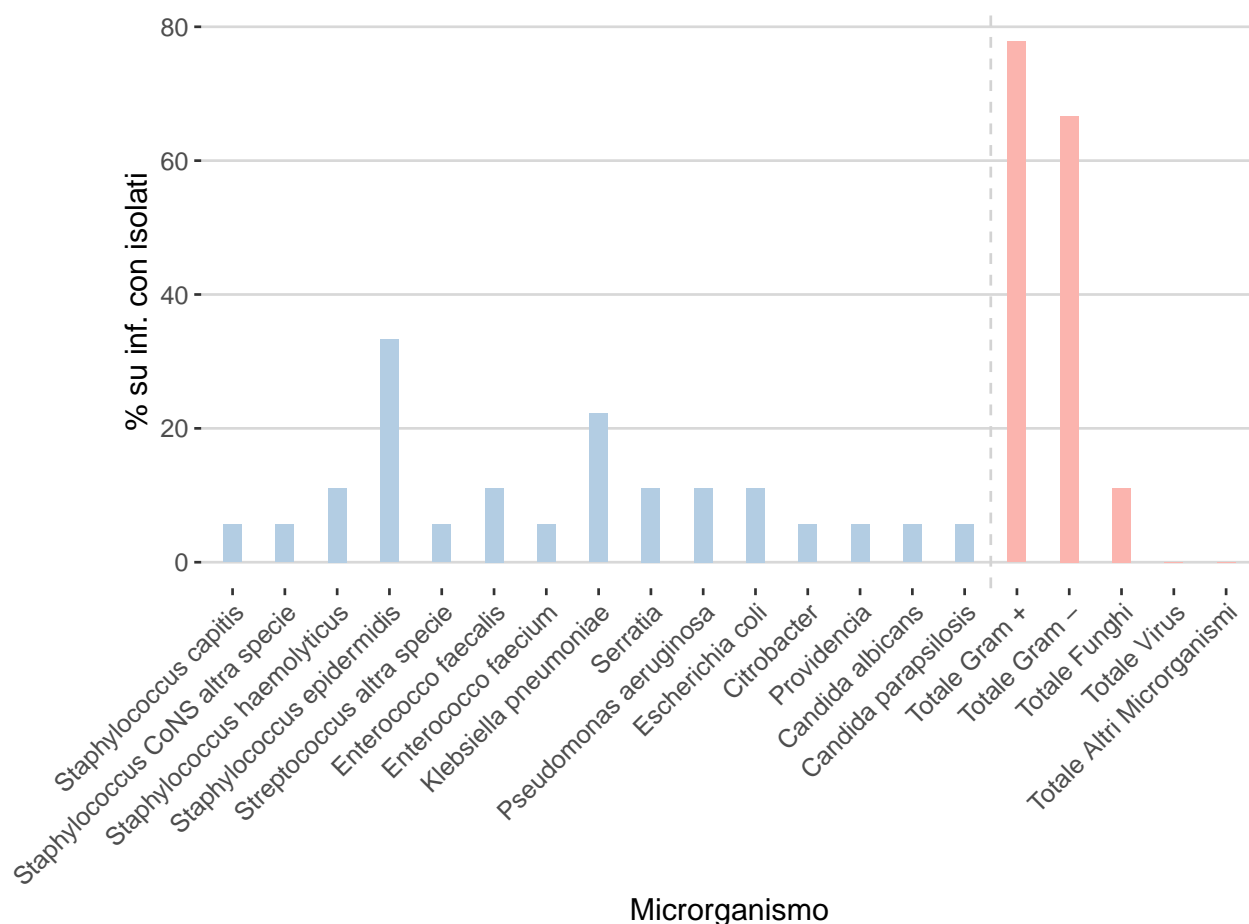
oxa	0	0.0	12	25
vim	0	0.0	12	25



17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 18)

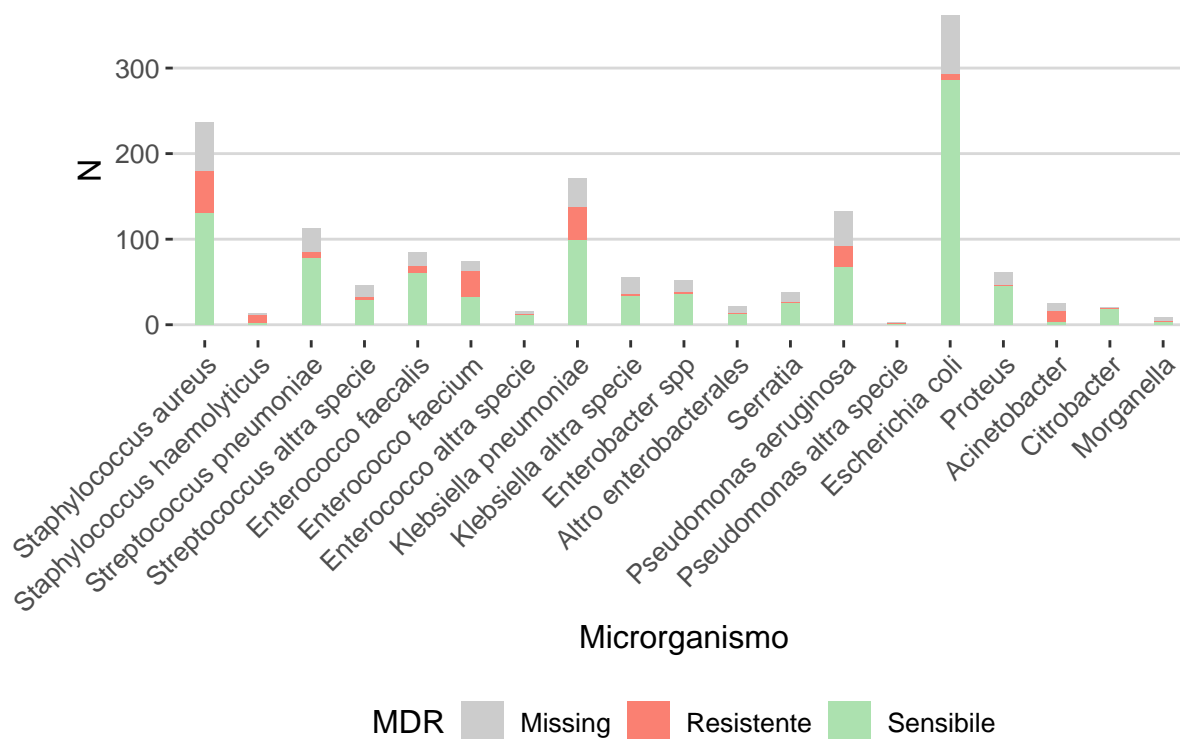
17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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 (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



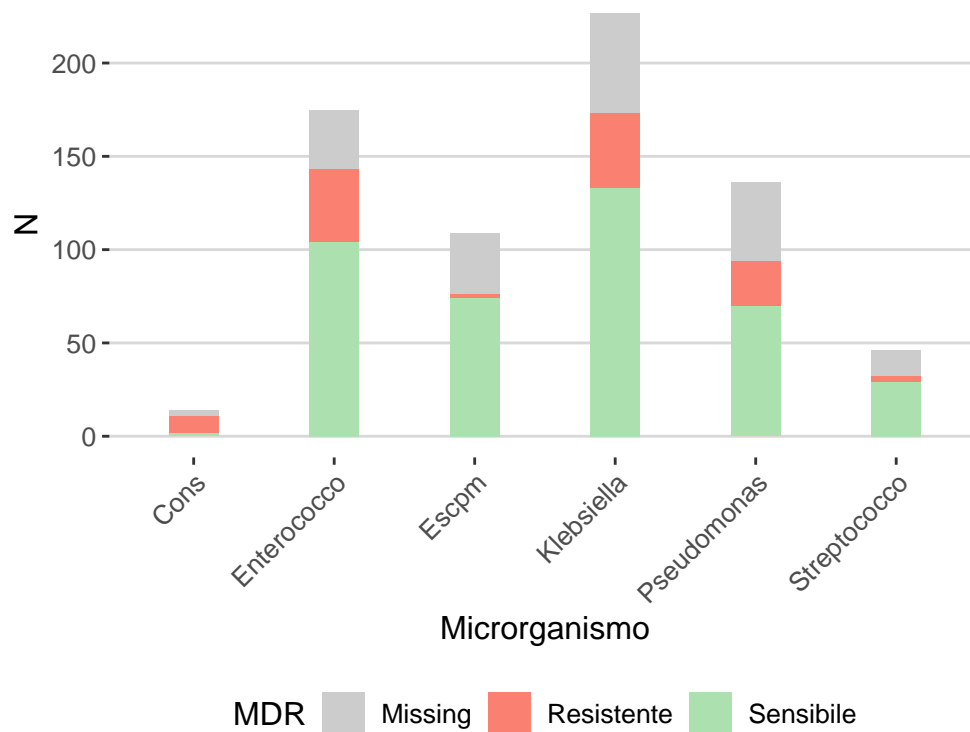
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	1	5.6	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	5.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	11.1	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	6	33.3	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	5.6	1	0	0
Enterococco faecalis	2	11.1	1	0	0
Enterococco faecium	1	5.6	0	0	0
Totale Gram +	14	77.8	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	4	22.2	2	0	0
Serratia	2	11.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	11.1	1	0	0
Escherichia coli	2	11.1	1	0	0
Citrobacter	1	5.6	1	0	0
Providencia	1	5.6	0	0	0
Totale Gram -	12	66.7	7	0	0
Candida albicans	1	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5.6	0	0	0
Totale Funghi	2	11.1	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus lugdunensis, Clamidia, Candida auris, 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	14	11	2	9	81.82	3
Enterococco	175	143	104	39	27.27	32
Escpm	109	76	74	2	2.63	33
Klebsiella	227	173	133	40	23.12	54
Pseudomonas	136	94	70	24	25.53	42
Streptococco	46	32	29	3	9.38	14

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

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

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

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

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

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	

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