



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



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2023

Regione Puglia 6 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 = 1159)	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 = 354)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 781)	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 = 297)	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 = 66)	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 = 58)	40
7.1 Trauma	40
7.2 Stato Chirurgico	40
7.3 Tipo di infezione	40
7.4 Infezione batteriémica	41
7.5 Infezioni multisito	41
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	41
7.7 Mortalità in TI	42
7.8 Mortalità ospedaliera *	42
7.9 Degenza in TI (giorni)	42
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	43
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	43
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	47
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	52
8 Pazienti infetti in degenza (N = 96)	53
8.1 Sesso	53
8.2 Età	53
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	53
8.4 Provenienza (reparto)	54
8.5 Trauma	54
8.6 Stato Chirurgico	54
8.7 Motivo di ammissione	55
8.8 Insufficienza neurologica	55
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	55
8.10 Insufficienza neurologica insorta	56
8.11 Mortalità in TI	56
8.12 Mortalità ospedaliera *	56
8.13 Degenza in TI (giorni)	57
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	57

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	58
8.16	Infezione multisito	58
8.17	Infezioni in degenza	59
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	59
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	59
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	60
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	62
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 39)	67
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	67
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 57)	72
10.1	Gravità massima dell'infezione	72
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	72
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	72
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	77
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 20)	78
11.1	Trauma	78
11.2	Stato Chirurgico	78
11.3	Infezione batteriémica	78
11.4	Infezioni multisito	79
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	79
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	79
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza	80
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 13)	82
12.1	VAP precoce	82
12.2	Diagnosi	82
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	83
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 1159)	84
12.5	Giorni di VM pre-VAP	85
12.6	Incidenza di VAP	85
12.7	Mortalità in TI	86
12.8	Mortalità ospedaliera *	87
12.9	Degenza in TI (giorni)	87
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	87
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	88
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	90
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	93
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 55)	96
13.1	Trauma	96
13.2	Stato Chirurgico	96
13.3	Tipologia	96
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	97
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	97
14	Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 28)	101
14.1	Infezioni multisito	101
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	101
14.3	Mortalità in TI	102
14.4	Mortalità ospedaliera *	102
14.5	Degenza in TI (giorni)	102
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	103

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza	103
15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 12)	107
15.1	Infezione multisito	107
15.2	Fattori di rischio	107
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	108
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	109
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	109
15.6	Mortalità in TI	110
15.7	Mortalità ospedaliera *	110
15.8	Degenza in TI (giorni)	110
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	111
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	111
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 20)	116
16.1	Infezioni associate (top 10)	116
16.2	Mortalità in TI	116
16.3	Mortalità ospedaliera *	117
16.4	Degenza in TI (giorni)	117
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	117
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	118
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 7)	121
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	121
Appendice		125
	Definizione di MDR	125
	Raggruppamento Microrganismi	125

Petalo Infectionlight

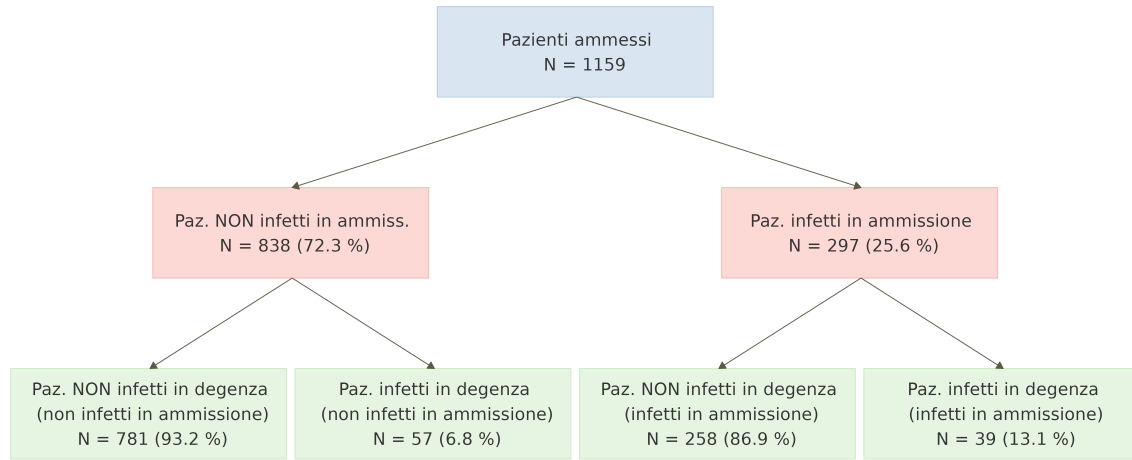
Anno 2023

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

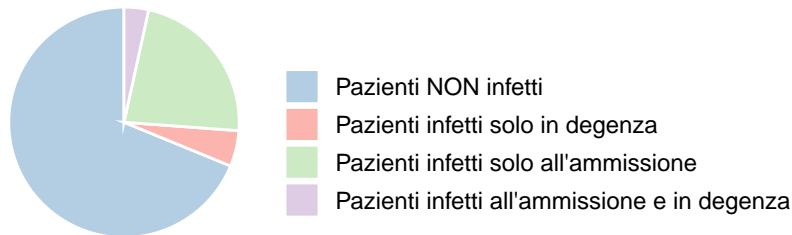
Popolazione complessiva: 6 TI

TI Puglia

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



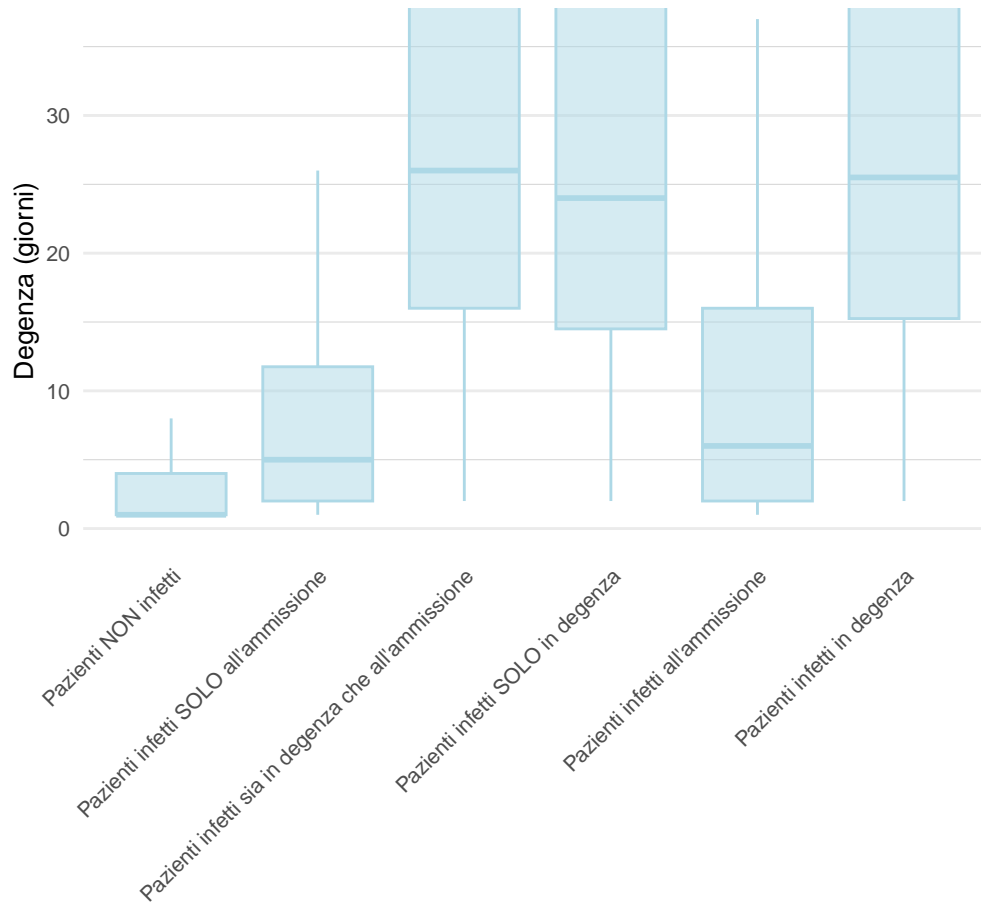
Per N = 24 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	781	68.8
Pazienti infetti solo in degenza	57	5.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	258	22.7
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	39	3.4

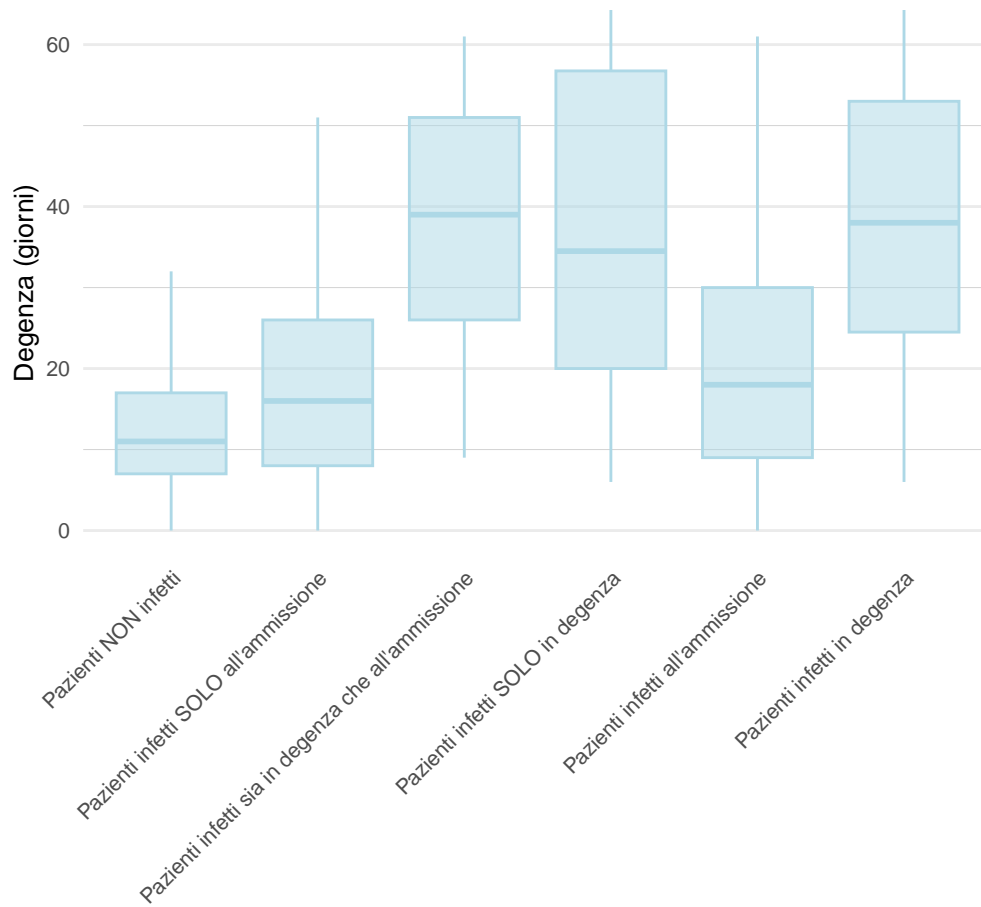
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1135).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	781	67.4	1	(1 - 4)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	258	22.3	5	(2 - 12)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	39	3.4	26	(16 - 42)
Pazienti infetti SOLO in degenza	57	4.9	24	(14 - 38)
Pazienti infetti all'ammissione	297	25.6	6	(2 - 16)
Pazienti infetti in degenza	96	8.3	26	(15 - 39)

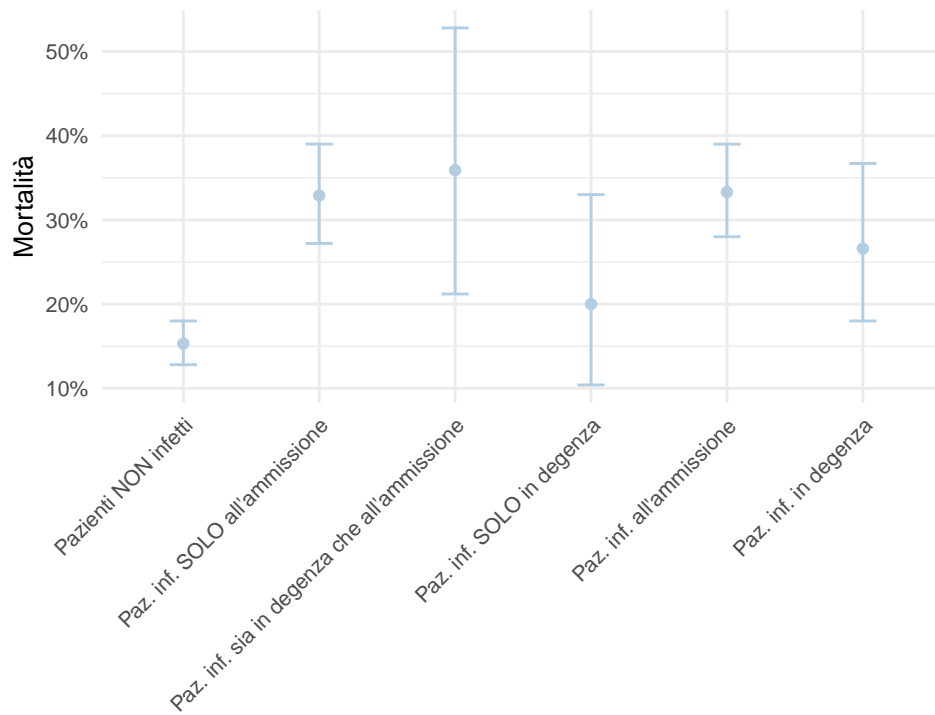
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	781	67.4	11	(7 - 17)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	258	22.3	16	(8 - 26)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	39	3.4	39	(26 - 51)
Pazienti infetti SOLO in degenza	57	4.9	34	(20 - 57)
Pazienti infetti all'ammissione	297	25.6	18	(9 - 30)
Pazienti infetti in degenza	96	8.3	38	(24 - 53)

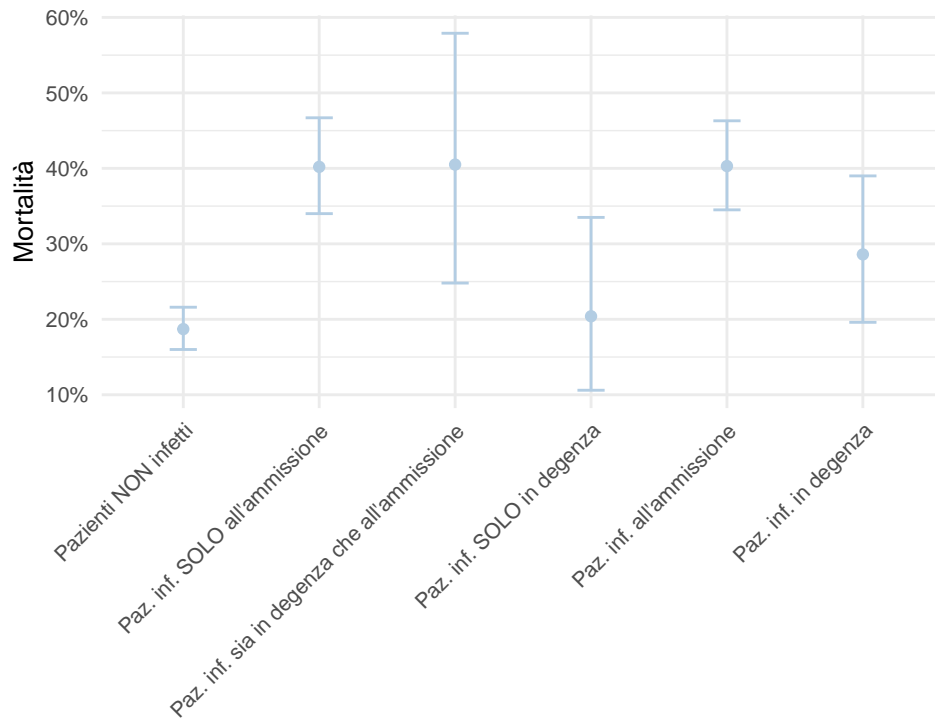
* escluse le riammissioni (N = 30)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	781	119	15.3	(12.8 - 18)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	258	85	32.9	(27.2 - 39)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	39	14	35.9	(21.2 - 52.8)
Pazienti infetti SOLO in degenza	57	11	20.0	(10.4 - 33)
Pazienti infetti all'ammissione	297	99	33.3	(28 - 39)
Pazienti infetti in degenza	96	25	26.6	(18 - 36.7)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

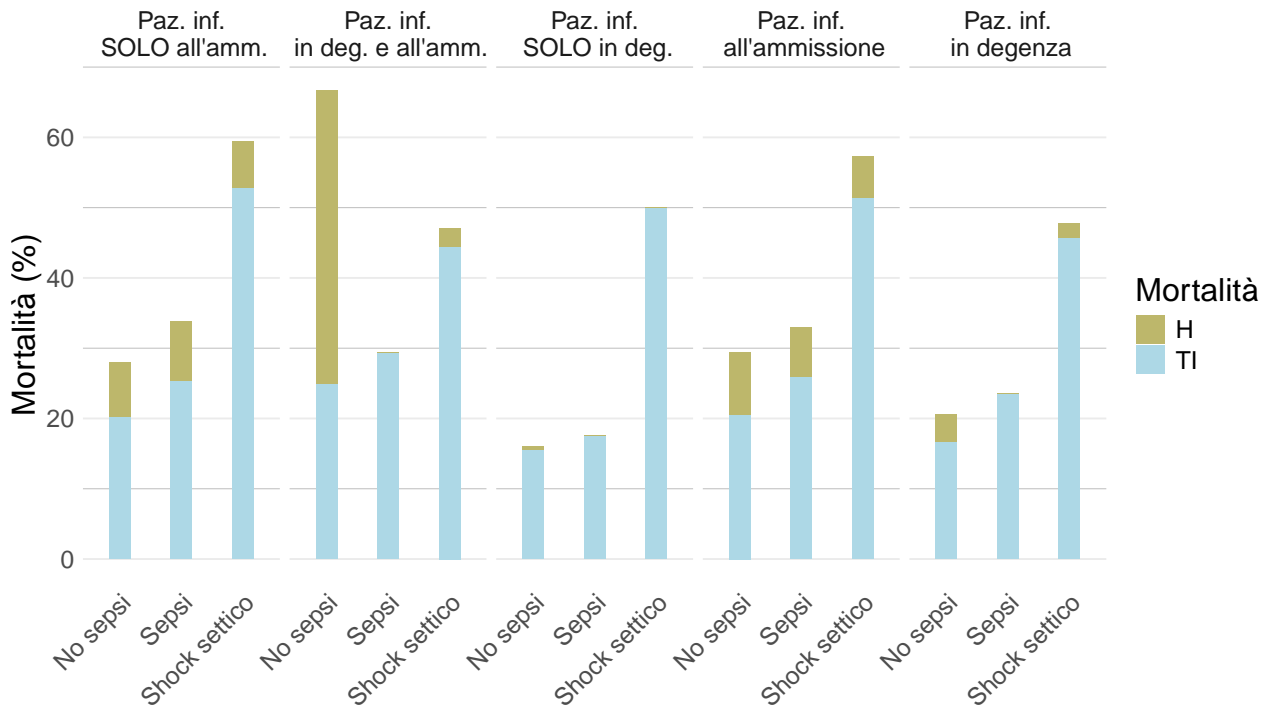


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	781	142	18.7	(16 - 21.6)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	258	97	40.2	(34 - 46.7)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	39	15	40.5	(24.8 - 57.9)
Pazienti infetti SOLO in degenza	57	11	20.4	(10.6 - 33.5)
Pazienti infetti all'ammissione	297	112	40.3	(34.5 - 46.3)
Pazienti infetti in degenza	96	26	28.6	(19.6 - 39)

* escluse le riammissioni (N = 30)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	258	84	87	87	32.6	33.7	33.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	39	4	17	18	10.3	43.6	46.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	57	34	17	6	59.6	29.8	10.5
Pazienti infetti all'ammissione	297	88	104	105	29.6	35.0	35.4
Pazienti infetti in degenza	96	38	34	24	39.6	35.4	25.0



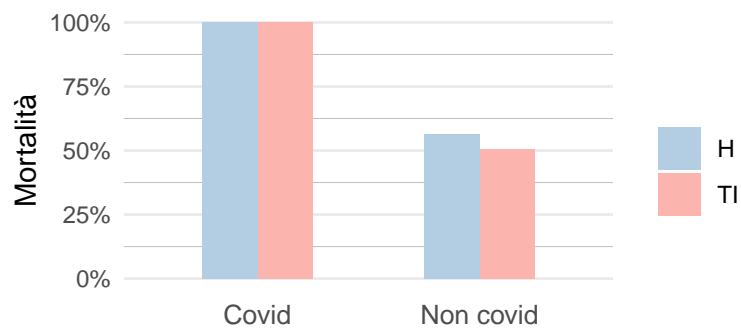
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	84	17	20.2	82	23	28.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	4	1	25.0	3	2	66.7
Pazienti infetti SOLO in degenza	34	5	15.6	31	5	16.1
Pazienti infetti all'ammissione	88	18	20.5	85	25	29.4
Pazienti infetti in degenza	38	6	16.7	34	7	20.6

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	87	22	25.3	80	27	33.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	17	5	29.4	17	5	29.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	17	3	17.6	17	3	17.6
Pazienti infetti all'ammissione	104	27	26.0	97	32	33.0
Pazienti infetti in degenza	34	8	23.5	34	8	23.5

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	87	46	52.9	79	47	59.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	18	8	44.4	17	8	47.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	6	3	50.0	6	3	50.0
Pazienti infetti all'ammissione	105	54	51.4	96	55	57.3
Pazienti infetti in degenza	24	11	45.8	23	11	47.8

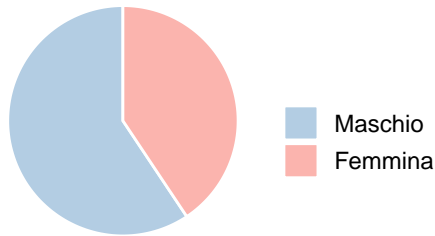
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	2	2	100.0	2	2	100.0
Non covid	103	52	50.5	95	53	56.4

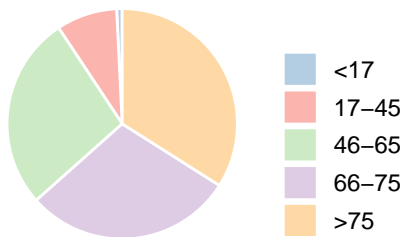
2 Tutti i pazienti (N = 1159)

2.1 Sesso



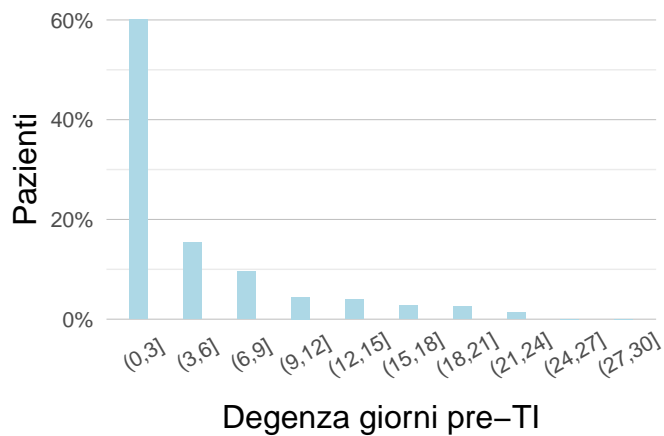
Sesso	N	%
Maschio	688	59.4
Femmina	471	40.6
Missing	0	0

2.2 Età

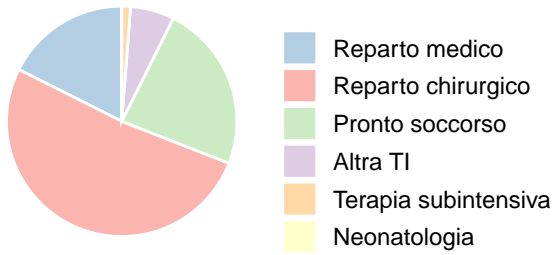


Range età	N	%
<17	9	0.8
17-45	99	8.5
46-65	316	27.3
66-75	341	29.4
>75	394	34.0
Missing	0	0

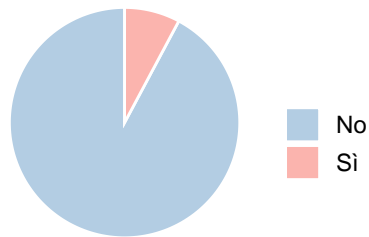
2.3 Degenza Pre TI (giorni)



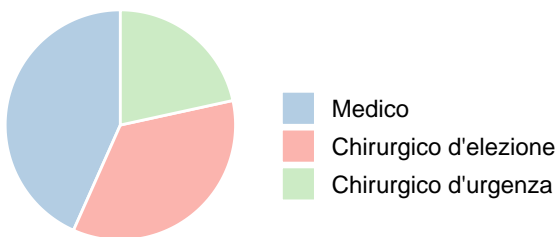
Indicatore	Valore
Media	5.0
DS	9.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-5
Missing	19

2.4 Provenienza (reparto)

Provenienza	N	%
Reparto medico	200	17.6
Reparto chirurgico	586	51.5
Pronto soccorso	268	23.6
Altra TI	70	6.2
Terapia subintensiva	14	1.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	21	0

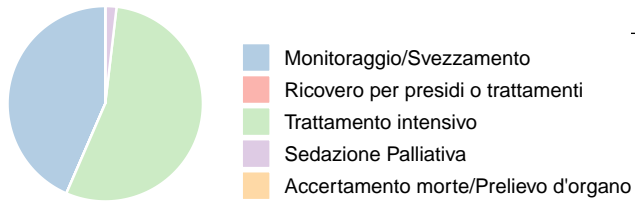
2.5 Trauma

Trauma	N	%
No	1051	92.2
Si	89	7.8
Missing	19	0

2.6 Stato Chirurgico

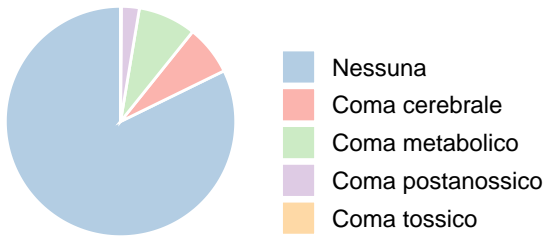
Stato chirurgico	N	%
Medico	494	43.3
Chirurgico d'elezione	400	35.1
Chirurgico d'urgenza	246	21.6
Missing	19	0

2.7 Motivo di ammissione



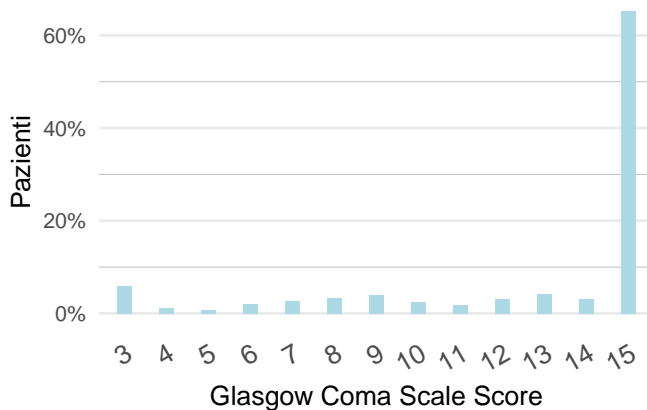
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	491	43.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	617	54.7
Sedazione Palliativa	21	1.9
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	30	0

2.8 Insufficienza neurologica



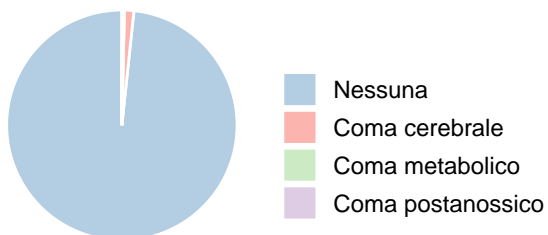
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	718	82.2
Coma cerebrale	61	7.0
Coma metabolico	71	8.1
Coma postanossico	22	2.5
Coma tossico	1	0.1
Missing	286	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



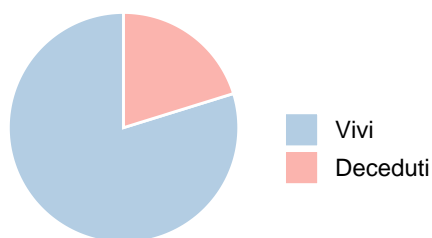
Indicatore	Valore
Media	12.8
DS	3.7
Mediana	15
Q1-Q3	12-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



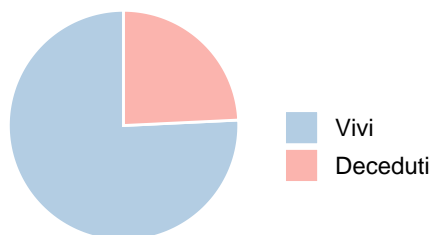
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1117	98.4
Coma cerebrale	15	1.3
Coma metabolico	3	0.3
Coma postanossico	1	0.1
Missing	24	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	904	79.8
Deceduti	229	20.2
Missing	26	0

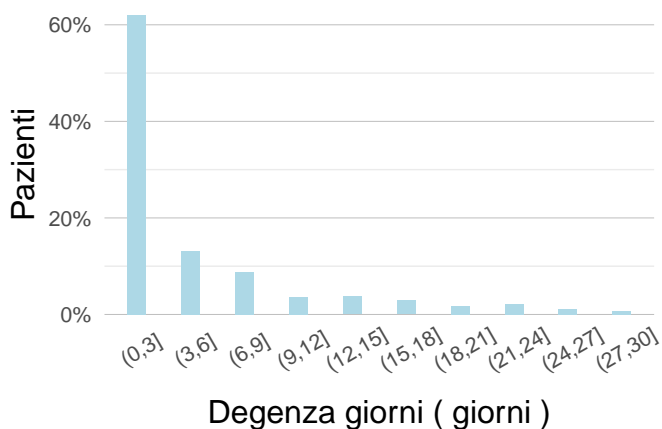
2.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	828	75.8
Deceduti	265	24.2
Missing	36	0

* Statistiche calcolate su 1129 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 30).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.2 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	25

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

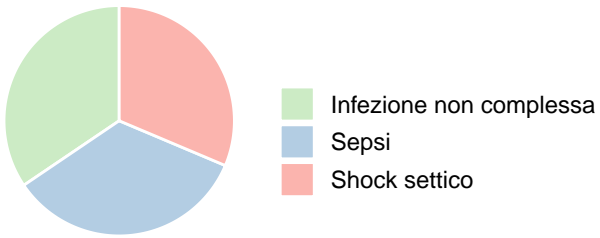


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.9 (18.8)
Mediana (Q1-Q3)	12 (7-23)
Missing	36

* Statistiche calcolate su 1129 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 30).

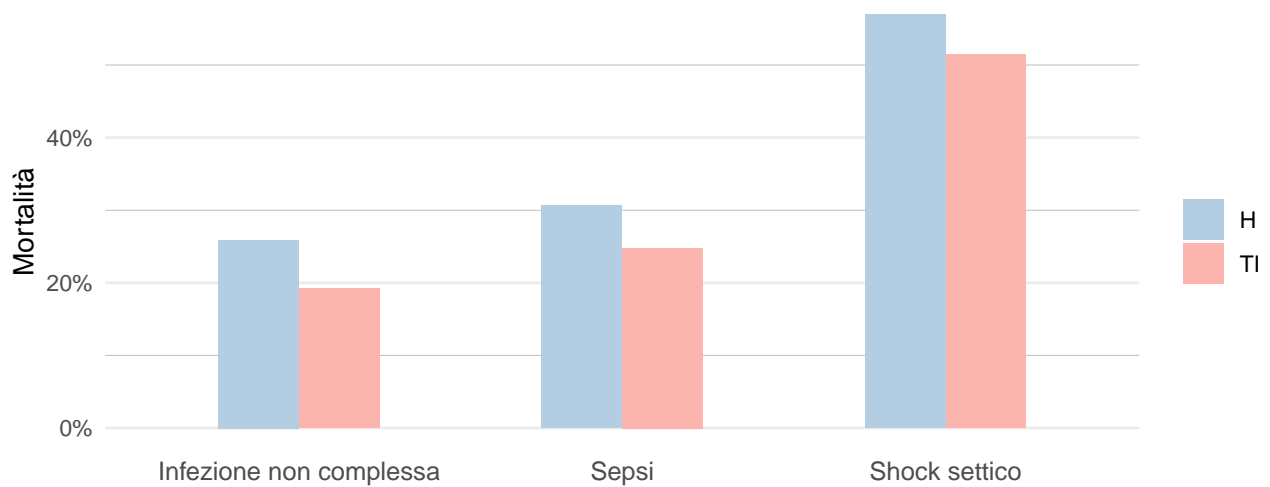
3 Pazienti infetti (N = 354)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	122	34.5
Sepsi	121	34.2
Shock settico	111	31.4
Missing	0	0

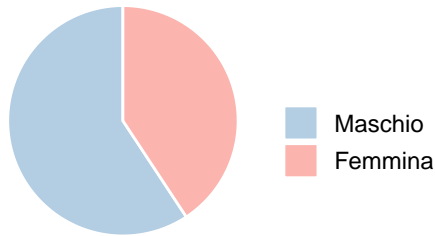
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	19.2	25.9
Sepsi	24.8	30.7
Shock settico	51.4	56.9

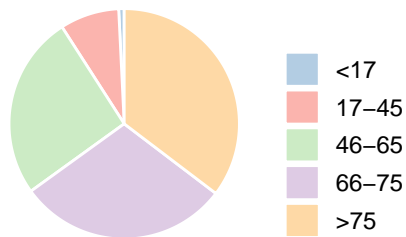
4 Pazienti non infetti (N = 781)

4.1 Sesso



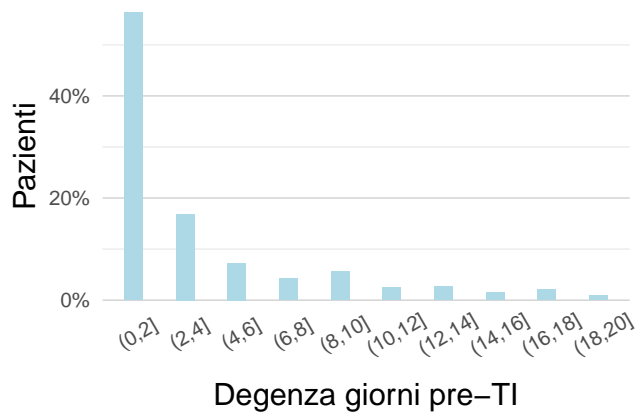
Sesso	N	%
Maschio	463	59.3
Femmina	318	40.7
Missing	0	0

4.2 Età



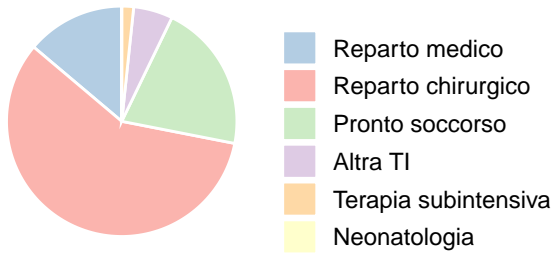
Range età	N	%
<17	6	0.8
17-45	65	8.3
46-65	202	25.9
66-75	232	29.7
>75	276	35.3
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



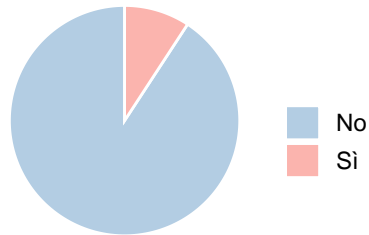
Indicatore	Valore
Media	4.2
DS	8.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	1

4.4 Provenienza (reparto)



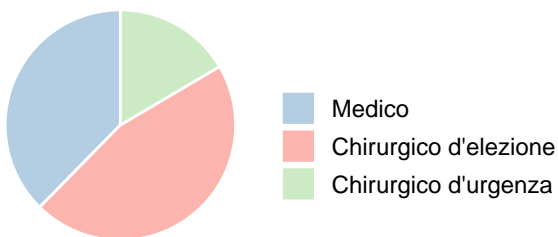
Provenienza	N	%
Reparto medico	108	13.8
Reparto chirurgico	453	58.1
Pronto soccorso	163	20.9
Altra TI	43	5.5
Terapia subintensiva	13	1.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

4.5 Trauma



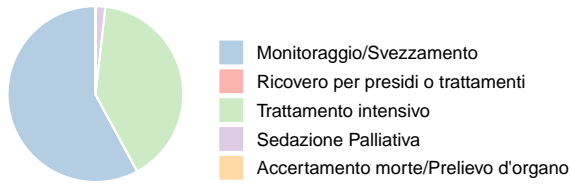
Trauma	N	%
No	709	90.8
Si	72	9.2
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



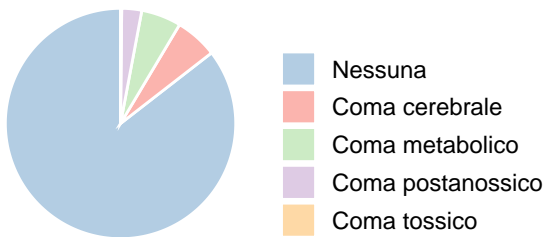
Stato chirurgico	N	%
Medico	294	37.6
Chirurgico d'elezione	358	45.8
Chirurgico d'urgenza	129	16.5
Missing	0	0

4.7 Motivo di ammissione



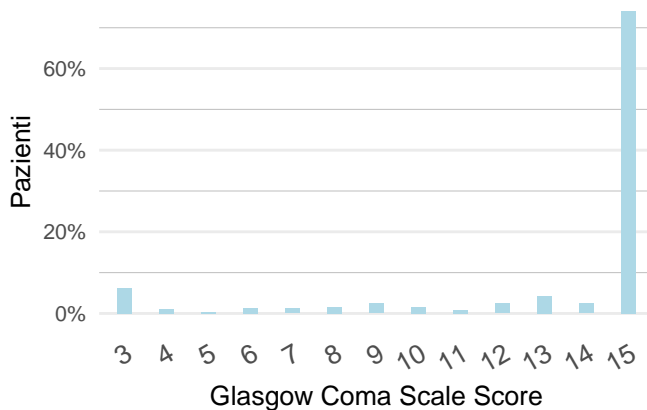
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	447	57.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	311	40.3
Sedazione Palliativa	14	1.8
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	9	0

4.8 Insufficienza neurologica



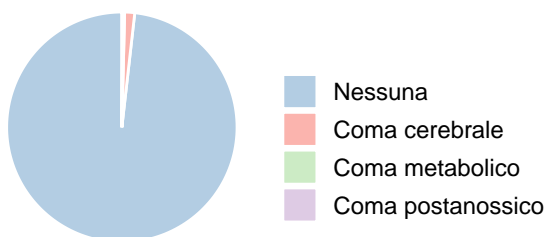
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	519	85.5
Coma cerebrale	36	5.9
Coma metabolico	34	5.6
Coma postanossico	17	2.8
Coma tossico	1	0.2
Missing	174	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



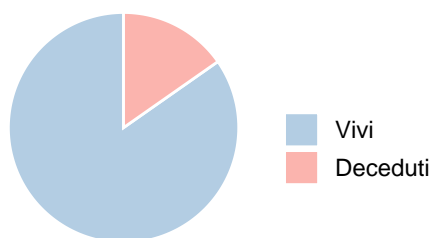
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.5
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



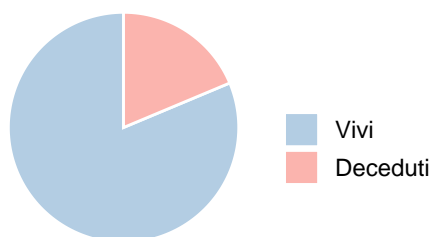
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	768	98.3
Coma cerebrale	11	1.4
Coma metabolico	2	0.3
Coma postanossico	1	0.1
Missing	0	0

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	660	84.7
Deceduti	119	15.3
Missing	2	0

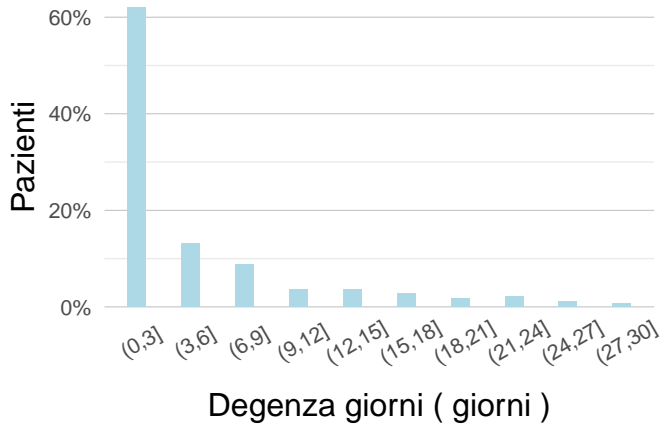
4.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	618	81.3
Deceduti	142	18.7
Missing	9	0

* Statistiche calcolate su 769 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 12).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.8 (5.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-4)
Missing	1

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

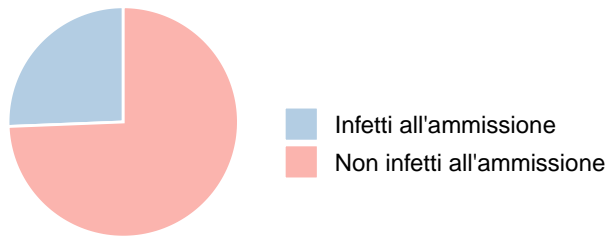


Indicatore	Valore
Media (DS)	14.0 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	11 (7-17)
Missing	9

* Statistiche calcolate su 769 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 12).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

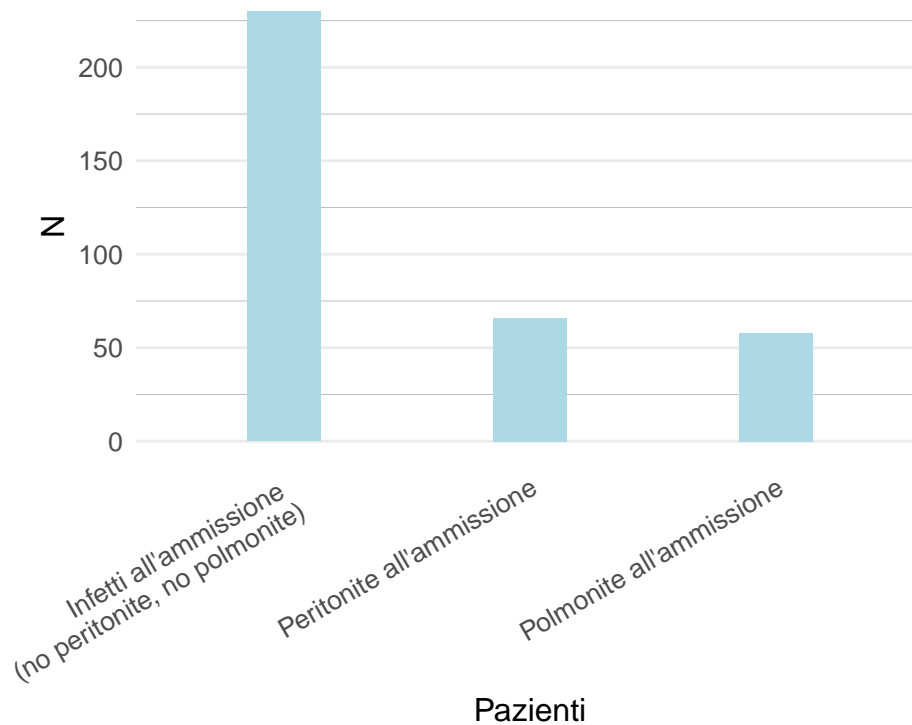
Sono presenti 297 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 25.63% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	297	25.63
Non infetti all'ammissione	862	74.37

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1159).

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

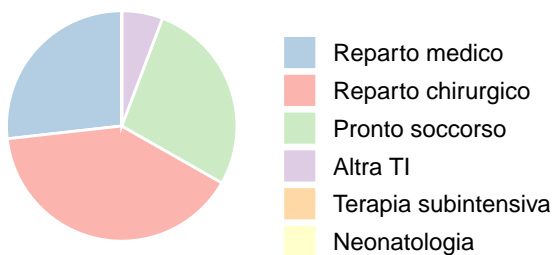


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	230	77.44
Peritonite all'ammissione	66	22.22
Polmonite all'ammissione	58	19.53

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 297).

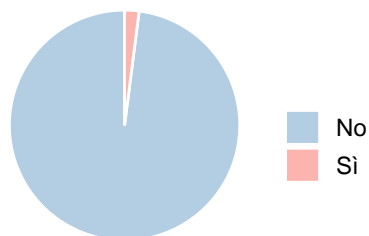
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 297)

5.1 Provenienza (reparto)



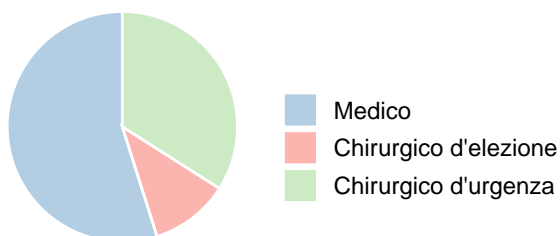
Provenienza	N	%
Reparto medico	79	26.8
Reparto chirurgico	118	40.0
Pronto soccorso	81	27.5
Altra TI	17	5.8
Terapia subintensiva	0	0.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	2	0

5.2 Trauma



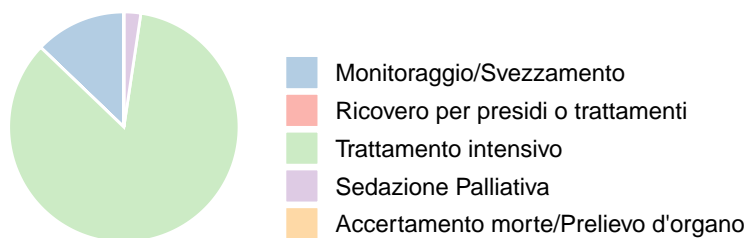
Trauma	N	%
No	291	98.0
Sì	6	2.0
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



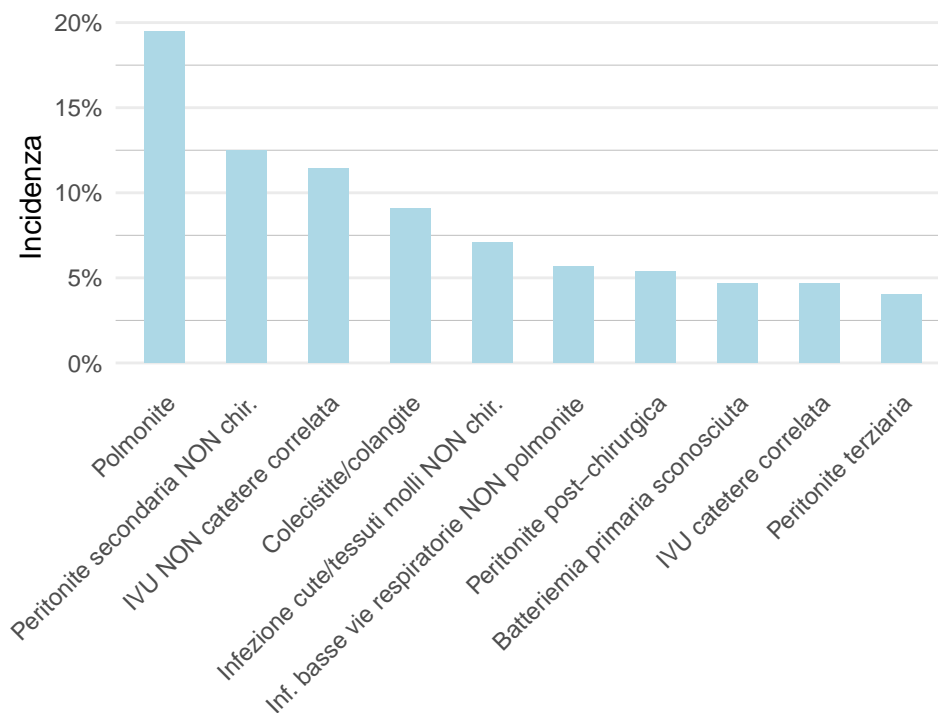
Stato chirurgico	N	%
Medico	163	54.9
Chirurgico d'elezione	33	11.1
Chirurgico d'urgenza	101	34.0
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	38	12.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	251	84.8
Sedazione Palliativa	7	2.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)

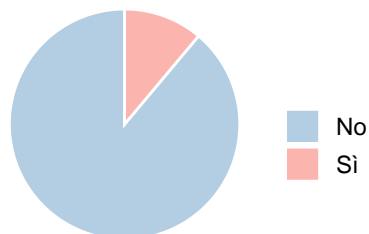


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	58	19.5
Peritonite secondaria NON chir.	37	12.5
IVU NON catetere correlata	34	11.4
Colecistite/colangite	27	9.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	21	7.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	17	5.7

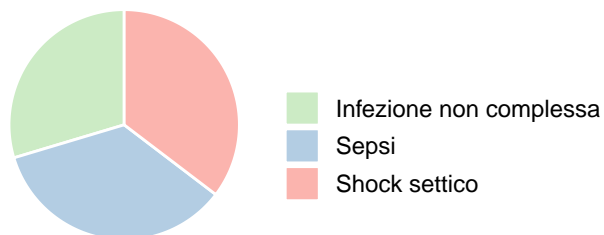
Peritonite post-chirurgica	16	5.4
Batteriemia primaria sconosciuta	14	4.7
IVU catetere correlata	14	4.7
Peritonite terziaria	12	4.0
Missing	0	

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	264	88.9
Sì	33	11.1
Missing	0	0

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



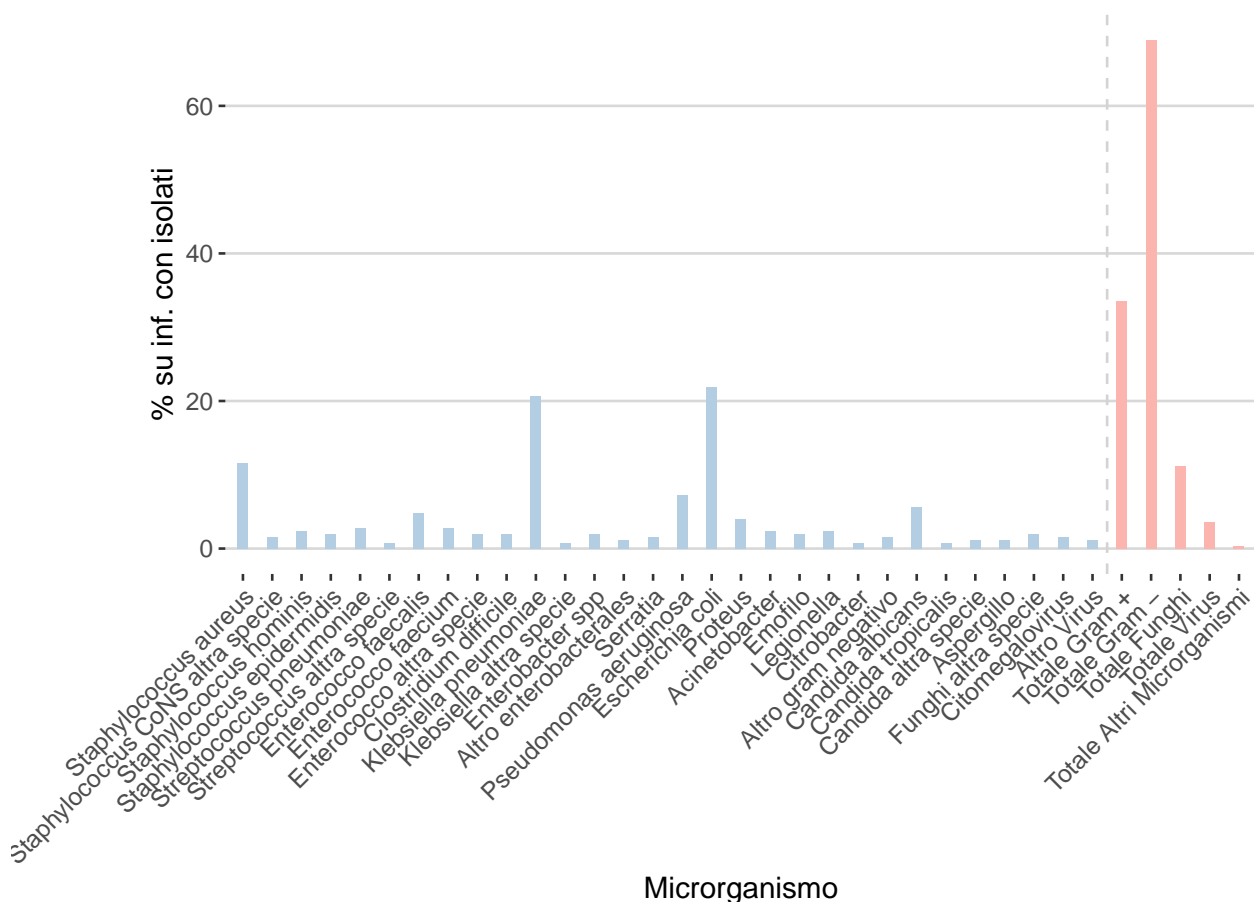
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	88	29.6
Sepsi	104	35.0
Shock settico	105	35.4
Missing	0	0

5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	65	20.6
Sì	251	79.4
Missing	2	
Totale infezioni	318	
Totale microrganismi isolati	300	

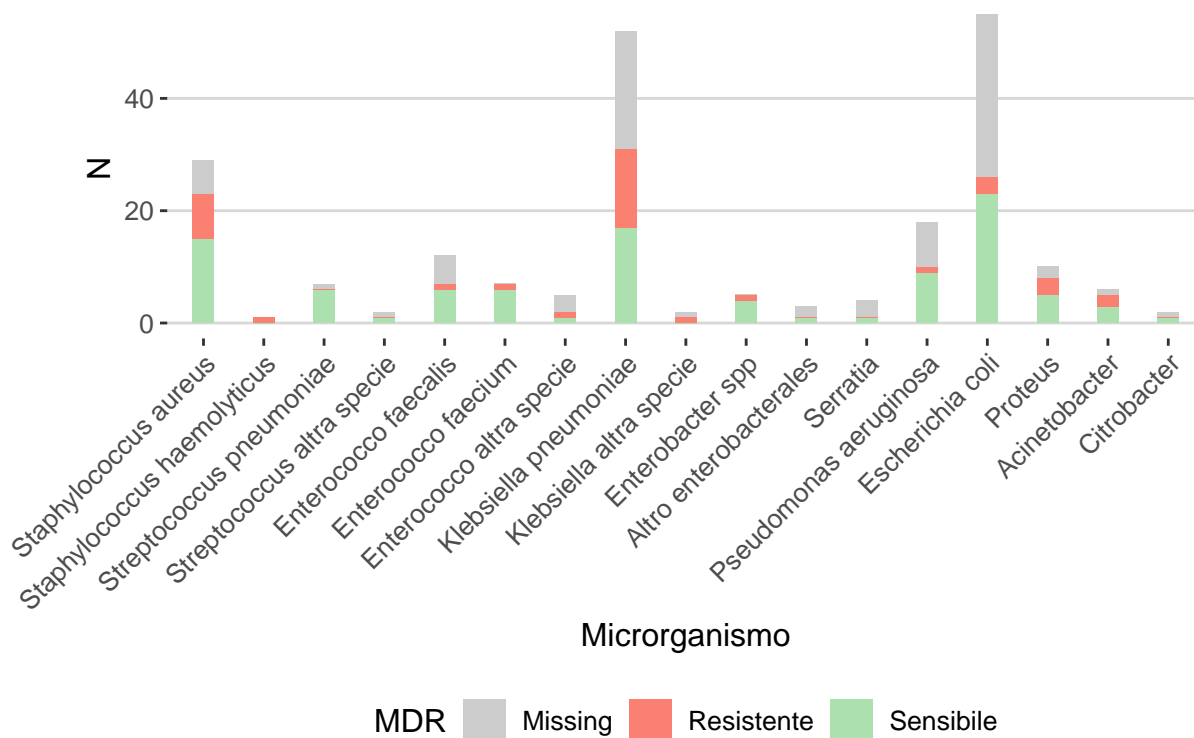
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	29	11.6	23	8	34.8
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.4	1	1	100
Staphylococcus hominis	6	2.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	2.0	0	0	0
Pyogens	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	2.8	6	0	0
Streptococcus altra specie	2	0.8	1	0	0
Enterococco faecalis	12	4.8	7	1	14.3
Enterococco faecium	7	2.8	7	1	14.3
Enterococco altra specie	5	2.0	2	1	50
Clostridium difficile	5	2.0	0	0	0
Totale Gram +	84	33.5	47	12	25.5
Klebsiella pneumoniae	52	20.7	31	14	45.2
Klebsiella altra specie	2	0.8	1	1	100
Enterobacter spp	5	2.0	5	1	20
Altro enterobacterales	3	1.2	1	0	0
Serratia	4	1.6	1	0	0

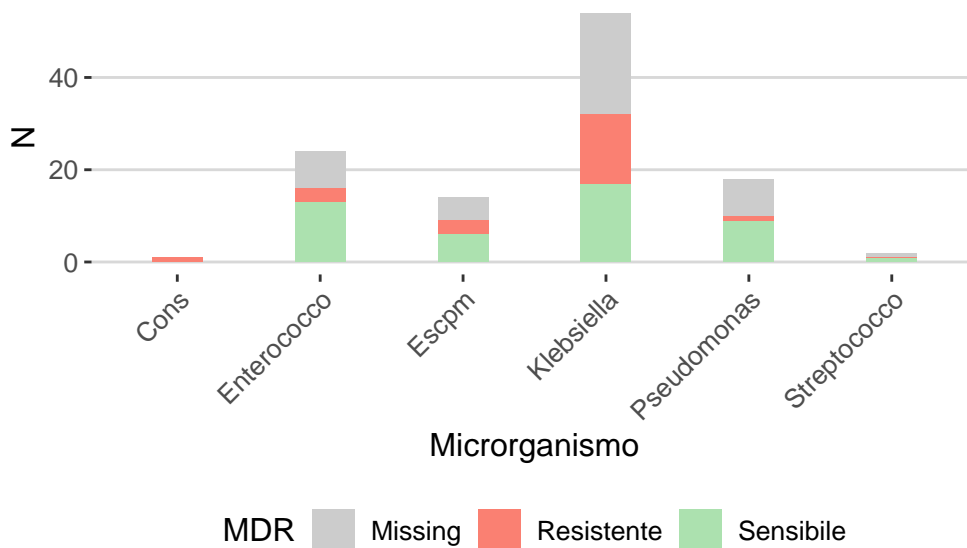
Pseudomonas aeruginosa	18	7.2	10	1	10
Escherichia coli	55	21.9	26	3	11.5
Proteus	10	4.0	8	3	37.5
Acinetobacter	6	2.4	5	2	40
Emofilo	5	2.0	0	0	0
Legionella	6	2.4	0	0	0
Citrobacter	2	0.8	1	0	0
Providencia	1	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.6	0	0	0
Totale Gram -	173	68.9	89	25	28.1
Candida albicans	14	5.6	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.8	0	0	0
Candida altra specie	3	1.2	0	0	0
Aspergillo	3	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	5	2.0	0	0	0
Totale Funghi	28	11.2	0	0	0
Influenza A	2	0.8			
Citomegalovirus	4	1.6			
Altro Virus	3	1.2			
Totale Virus	9	3.6	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.4	0	0	0

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



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

5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibioti-gramma	N sensibili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	29	Ertapenem	9	31.03
Klebsiella pneumoniae	31	Meropenem	12	38.71
Klebsiella altra specie	1	Ertapenem	1	100.00
Klebsiella altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00

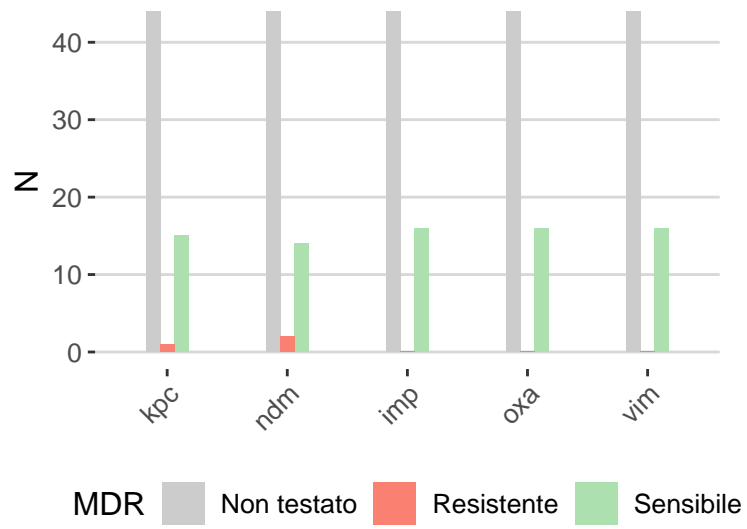
Escherichia coli	24	Ertapenem	2	8.33
Escherichia coli	26	Meropenem	1	3.85
Proteus	8	Ertapenem	3	37.50
Proteus	8	Meropenem	2	25.00
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40.00
Acinetobacter	5	Meropenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	1	11.11
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	23	Meticillina	8	34.78
Enterococco faecalis	7	Vancomicina	1	14.29
Enterococco faecium	7	Vancomicina	1	14.29
Enterococco altra specie	2	Vancomicina	1	50.00

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

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

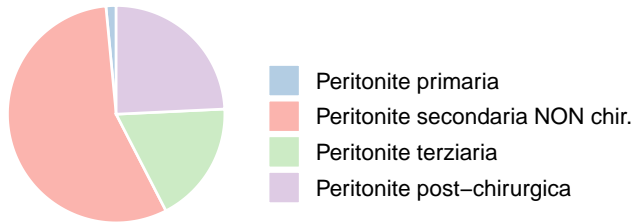
	N	%
Sì	3	5
No	13	21.67
Non testato	44	73.33
Missing	74	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	16	44
kpc	1	33.3	15	44
ndm	2	66.7	14	44
oxa	0	0.0	16	44
vim	0	0.0	16	44



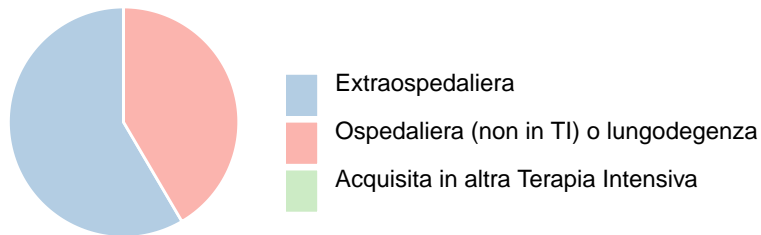
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 66)

6.1 Tipologia di peritonite



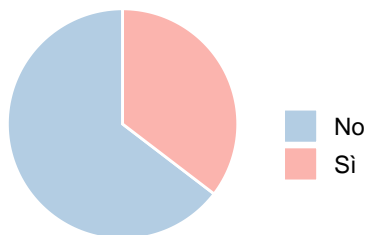
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	1	1.5
Peritonite secondaria NON chir.	37	56.1
Peritonite terziaria	12	18.2
Peritonite post-chirurgica	16	24.2
Missing	0	0

6.2 Tipo di infezione



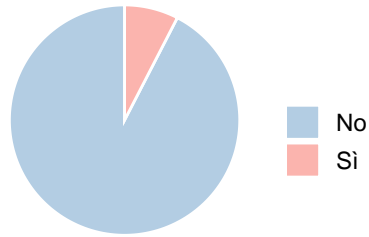
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	38	58.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	27	41.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	1	0

6.3 Infezione batteriemica



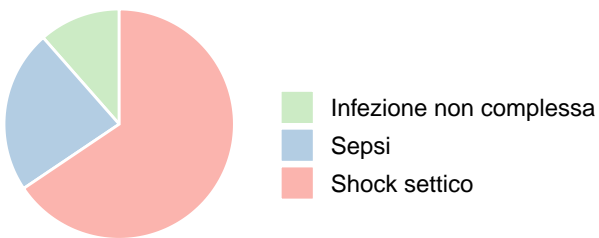
Batteriemica	N	%
No	42	64.6
Sì	23	35.4
Missing	1	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	61	92.4
Si	5	7.6
Missing	0	0

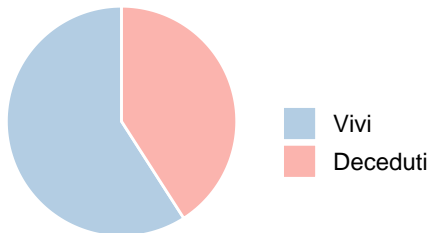
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	7	11.5
Sepsi	14	23.0
Shock settico	40	65.6
Missing	0	0

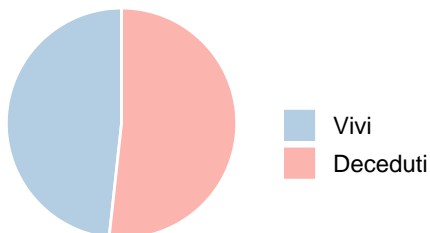
* Statistiche calcolate su 61 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 5).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	39	59.1
Deceduti	27	40.9
Missing	0	0

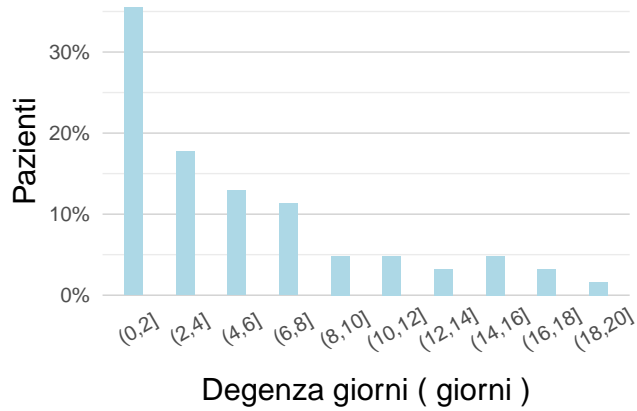
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	28	48.3
Deceduti	30	51.7
Missing	0	0

* Statistiche calcolate su 58 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.9 (10.4)
Mediana (Q1-Q3)	4.5 (1-10)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.6 (22.8)
Mediana (Q1-Q3)	14 (6.2-26)
Missing	0

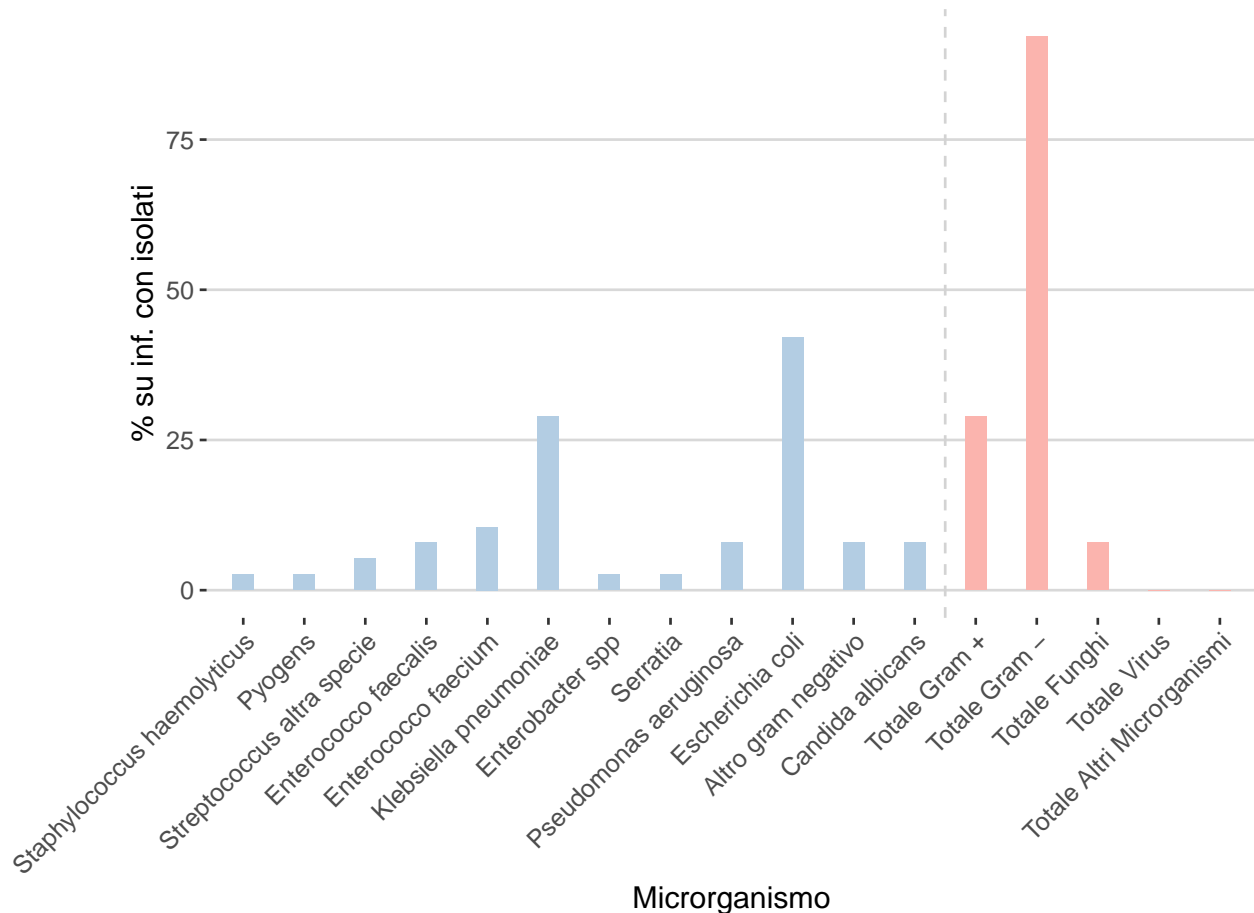
* Statistiche calcolate su 58 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 8).

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	27	41.5
Sì	38	58.5
Missing	1	
Totale infezioni	66	
Totale microrganismi isolati	49	

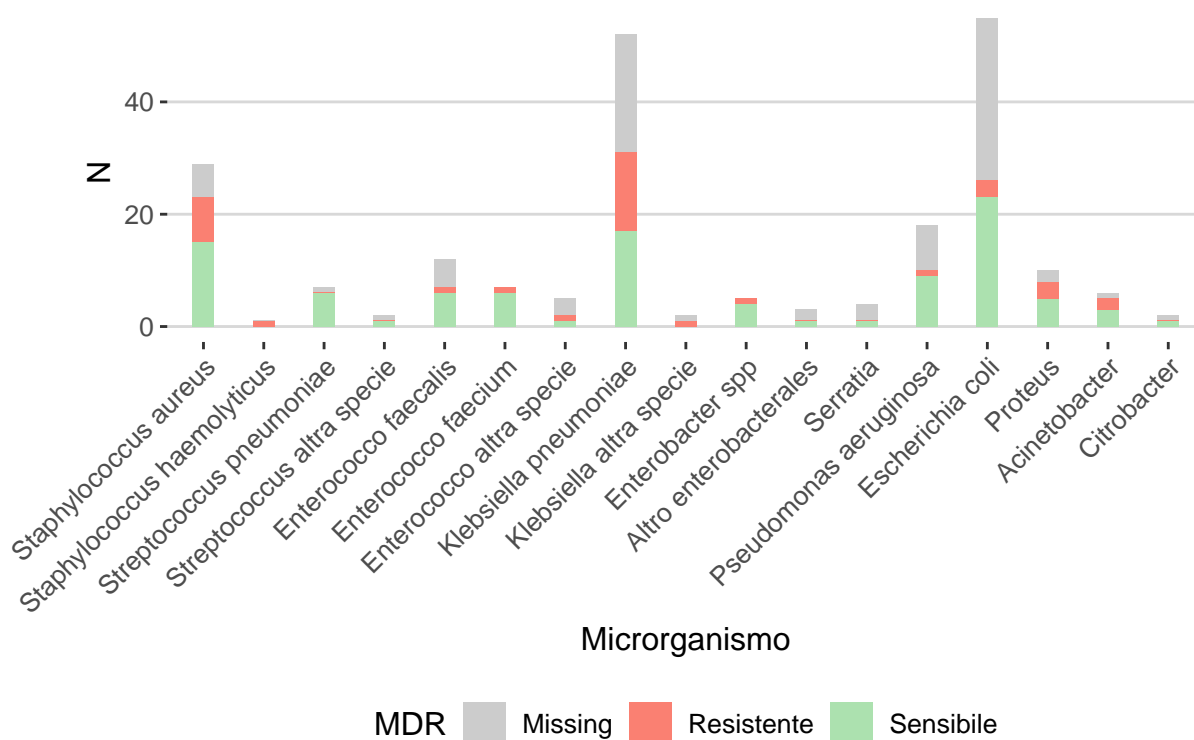
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	2.6	1	1	100
Pyogens	1	2.6	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	5.3	1	0	0

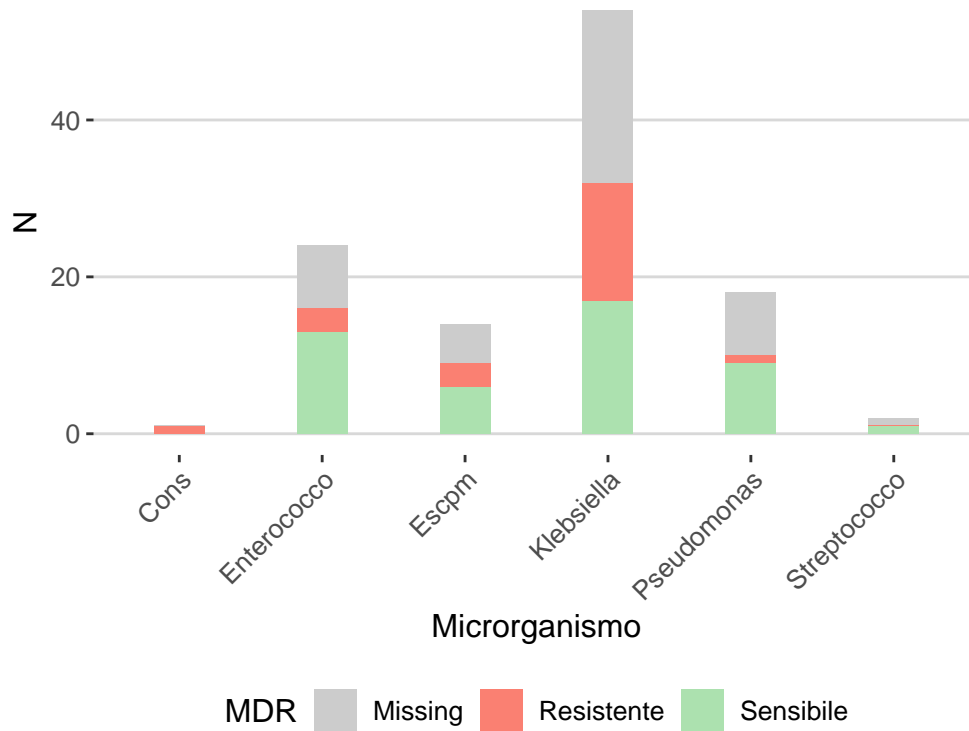
Enterococco faecalis	3	7.9	2	0	0
Enterococco faecium	4	10.5	4	0	0
Totale Gram +	11	28.9	8	1	12.5
Klebsiella pneumoniae	11	28.9	3	1	33.3
Enterobacter spp	1	2.6	1	1	100
Serratia	1	2.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	7.9	2	0	0
Escherichia coli	16	42.1	6	0	0
Altro gram negativo	3	7.9	0	0	0
Totale Gram -	35	92.1	12	2	16.7
Candida albicans	3	7.9	0	0	0
Totale Funghi	3	7.9	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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.

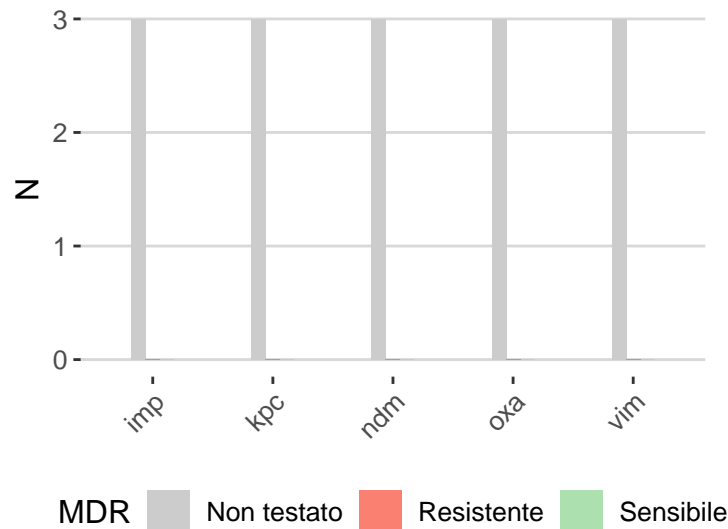
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Ertapenem	1	33.33
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00

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.

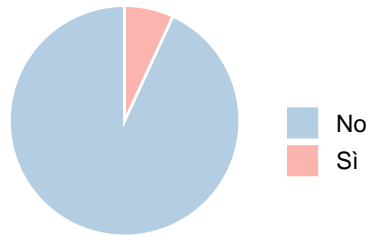
	N	%
Si	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	23	

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



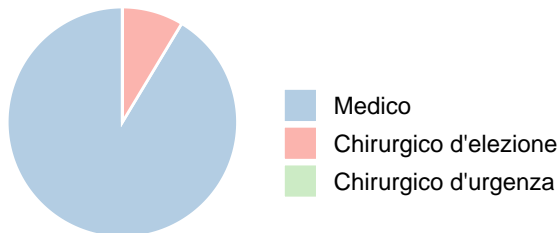
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 58)

7.1 Trauma



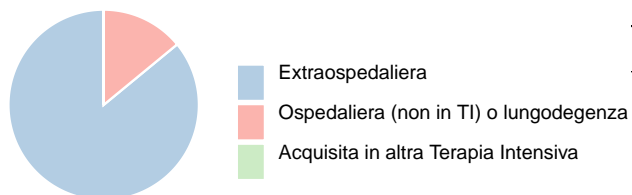
Trauma	N	%
No	54	93.1
Si	4	6.9
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



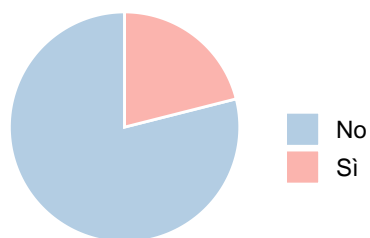
Stato chirurgico	N	%
Medico	53	91.4
Chirurgico d'elezione	5	8.6
Chirurgico d'urgenza	0	0.0
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



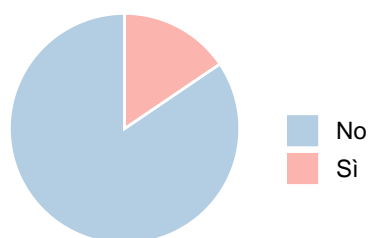
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	49	86.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	8	14.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	1	0

7.4 Infezione batteriemica



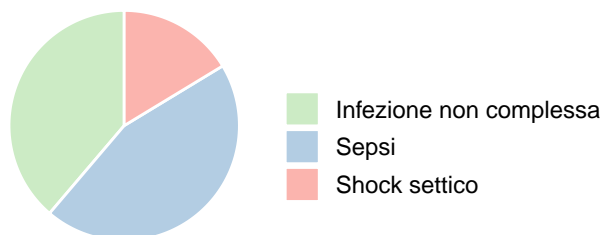
Batteriemica	N	%
No	45	78.9
Si	12	21.1
Missing	1	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	49	84.5
Si	9	15.5
Missing	0	0

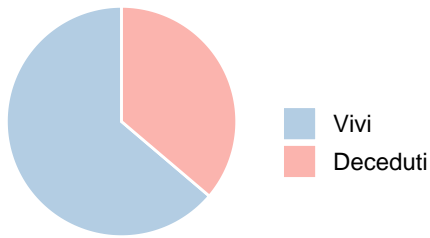
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	19	38.8
Sepsi	22	44.9
Shock settico	8	16.3
Missing	0	0

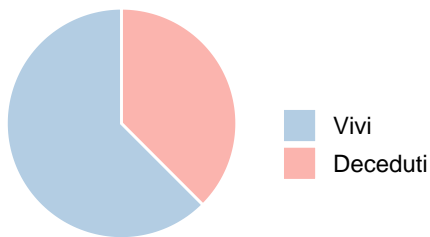
* Statistiche calcolate su 49 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 9).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	37	63.8
Deceduti	21	36.2
Missing	0	0

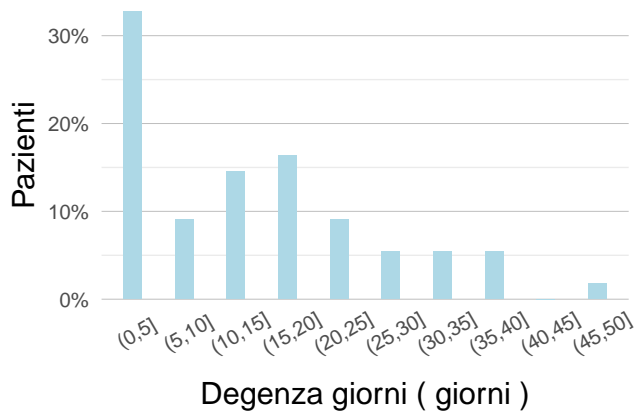
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	35	62.5
Deceduti	21	37.5
Missing	0	0

* Statistiche calcolate su 56 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	17.4 (17.7)
Mediana (Q1-Q3)	14.5 (4-23.5)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.2 (19.9)
Mediana (Q1-Q3)	18.5 (10.5-34.8)
Missing	0

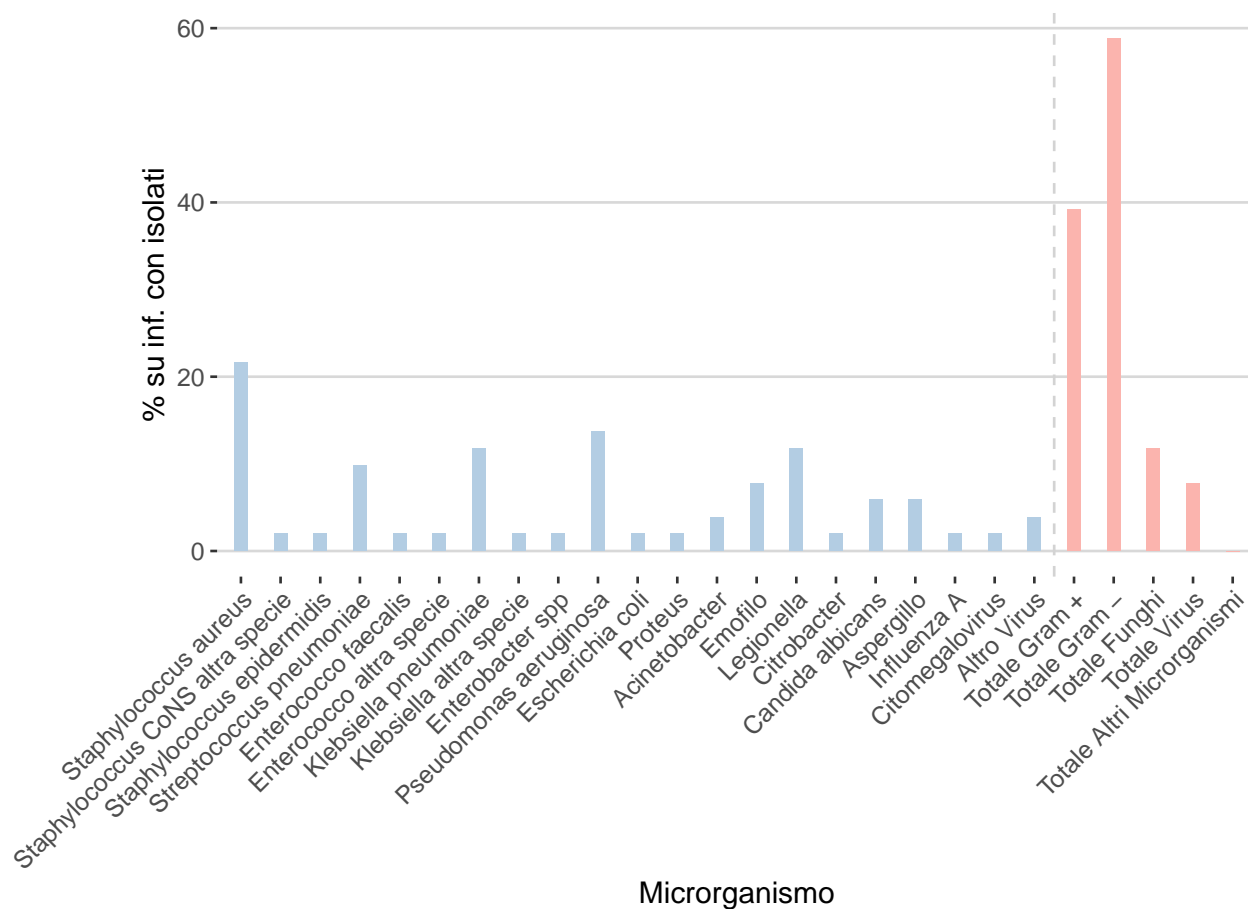
* Statistiche calcolate su 56 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	10.5
Sì	51	89.5
Missing	1	
Totale infezioni	58	
Totale microrganismi isolati	65	

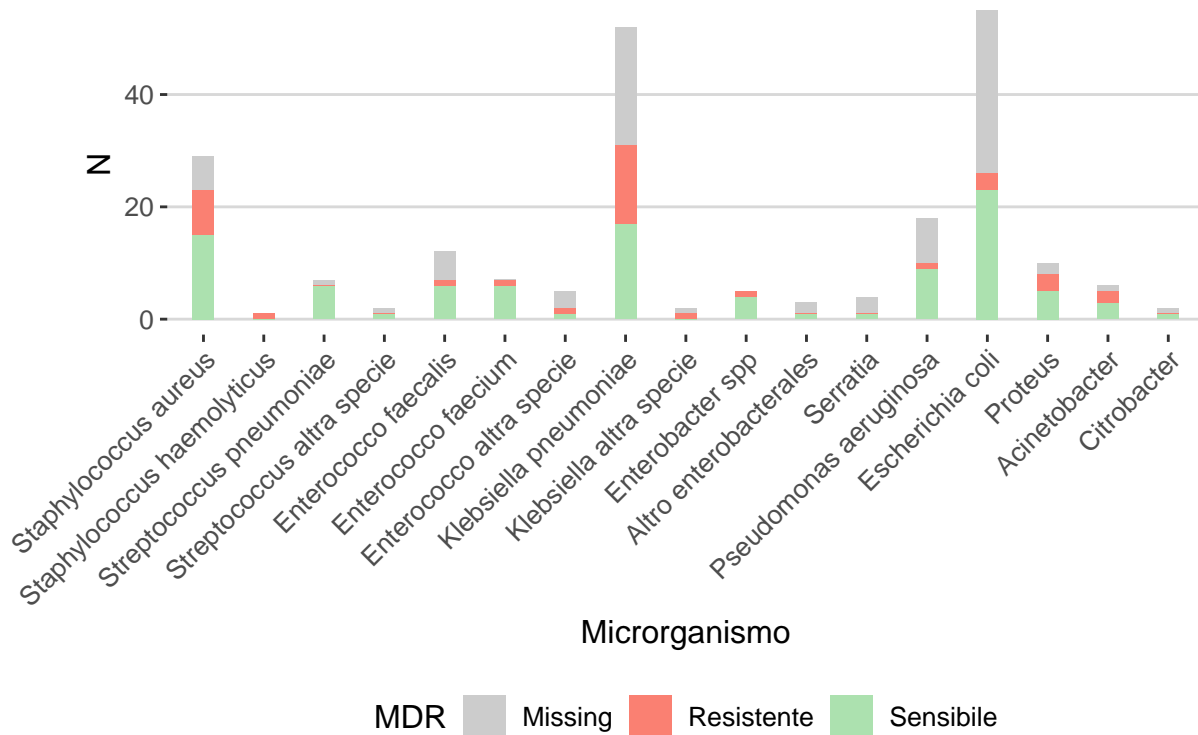
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	21.6	9	6	66.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	9.8	4	0	0
Enterococco faecalis	1	2.0	1	0	0
Enterococco altra specie	1	2.0	1	0	0
Totale Gram +	20	39.2	15	6	40
Klebsiella pneumoniae	6	11.8	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	2.0	1	1	100
Enterobacter spp	1	2.0	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	13.7	3	0	0
Escherichia coli	1	2.0	0	0	0
Proteus	1	2.0	1	0	0
Acinetobacter	2	3.9	2	0	0
Emofilo	4	7.8	0	0	0
Legionella	6	11.8	0	0	0
Citrobacter	1	2.0	0	0	0
Totale Gram -	30	58.8	11	2	18.2
Candida albicans	3	5.9	0	0	0
Aspergillo	3	5.9	0	0	0
Totale Funghi	6	11.8	0	0	0
Influenza A	1	2.0	0	0	0

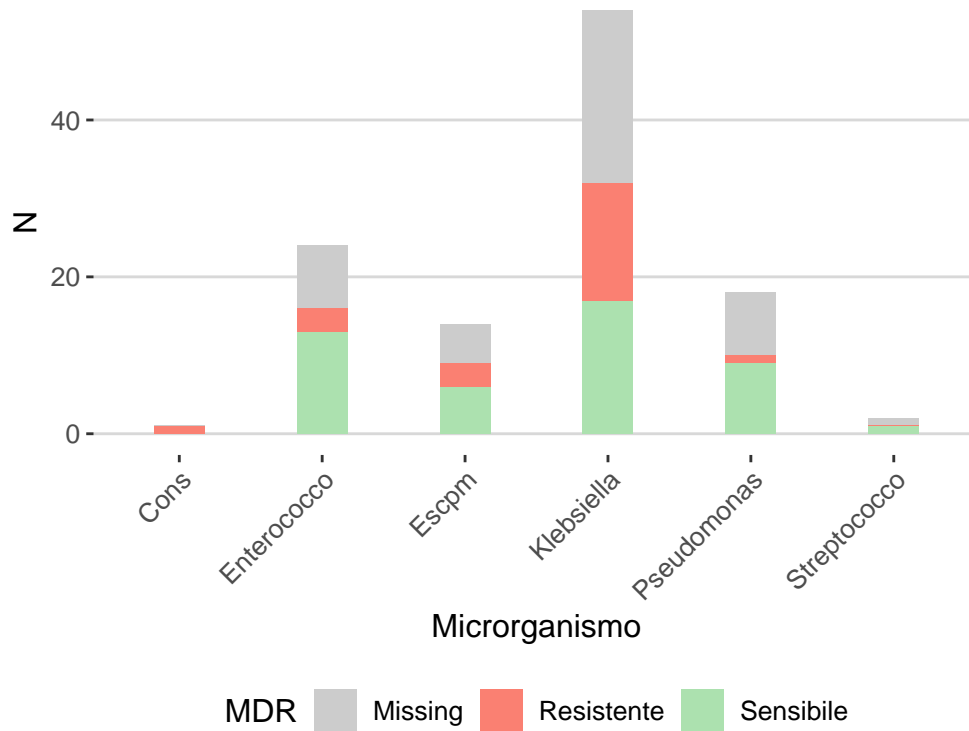
Citomegalovirus	1	2.0			
Altro Virus	2	3.9			
Totale Virus	4	7.8	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

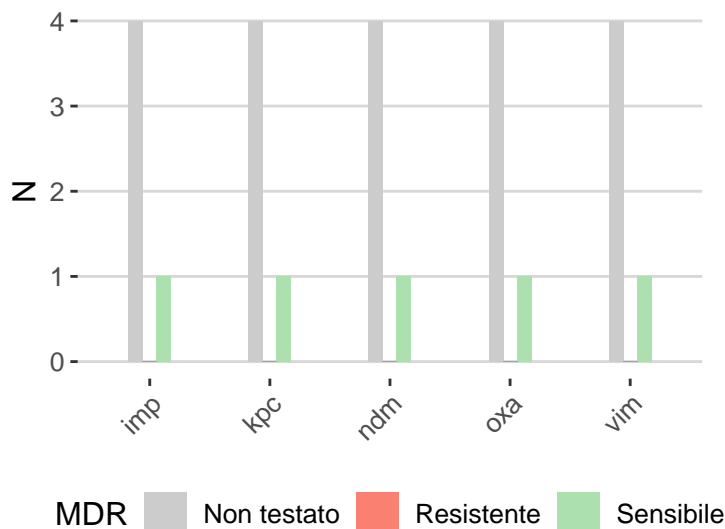
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Klebsiella altra specie	1	Ertapenem	1	100.00
Klebsiella altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	6	66.67

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	1	20
Non testato	4	80
Missing	6	

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



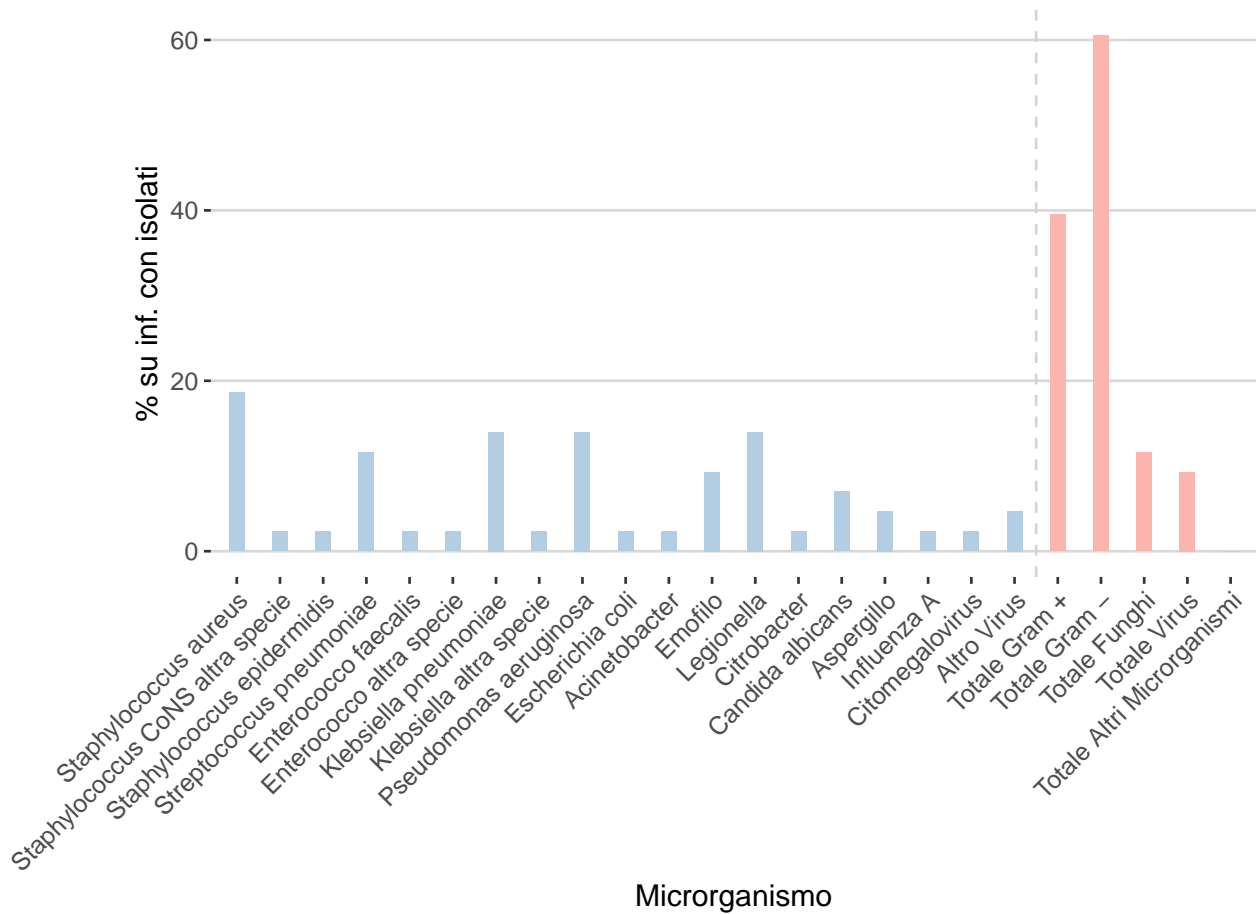
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	12.2
Sì	43	87.8
Missing	0	

Totale infezioni 49
Totale microrganismi isolati 57

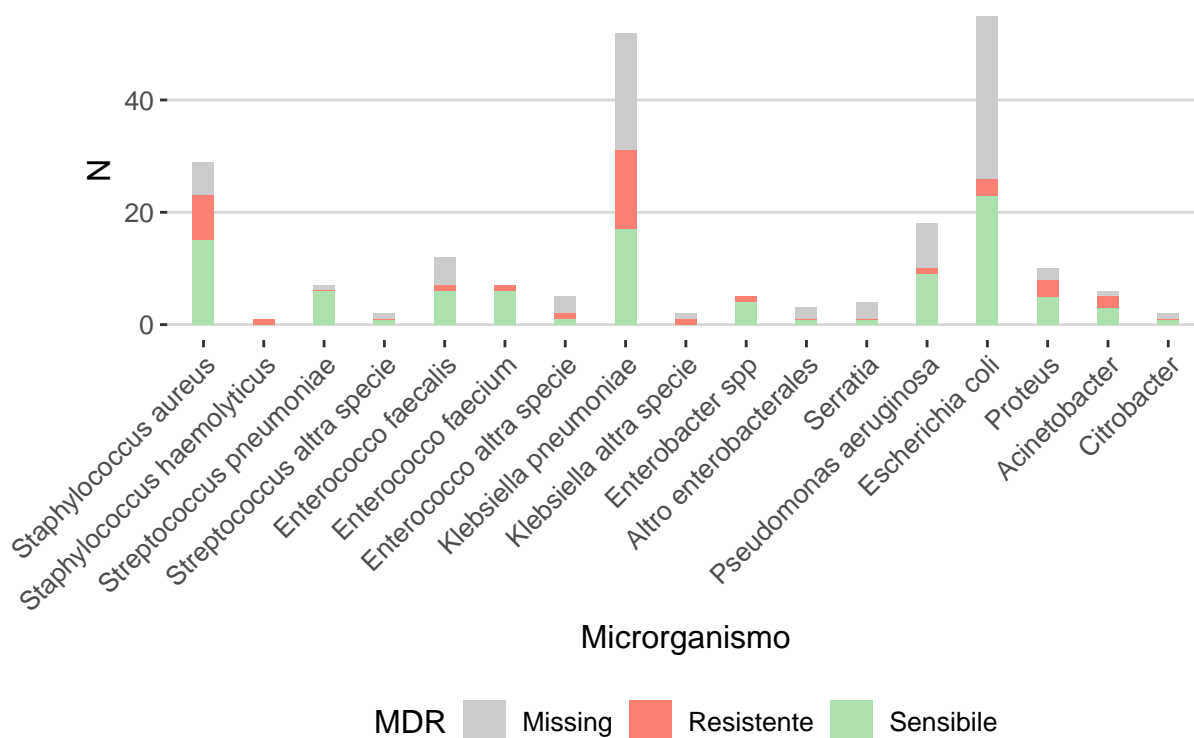
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	18.6	6	4	66.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	2.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	11.6	4	0	0
Enterococcus faecalis	1	2.3	1	0	0
Enterococcus altra specie	1	2.3	1	0	0
Totale Gram +	17	39.5	12	4	33.3
Klebsiella pneumoniae	6	14.0	3	1	33.3
Klebsiella altra specie	1	2.3	1	1	100
Pseudomonas aeruginosa	6	14.0	2	0	0
Escherichia coli	1	2.3	0	0	0
Acinetobacter	1	2.3	1	0	0
Emofilo	4	9.3	0	0	0

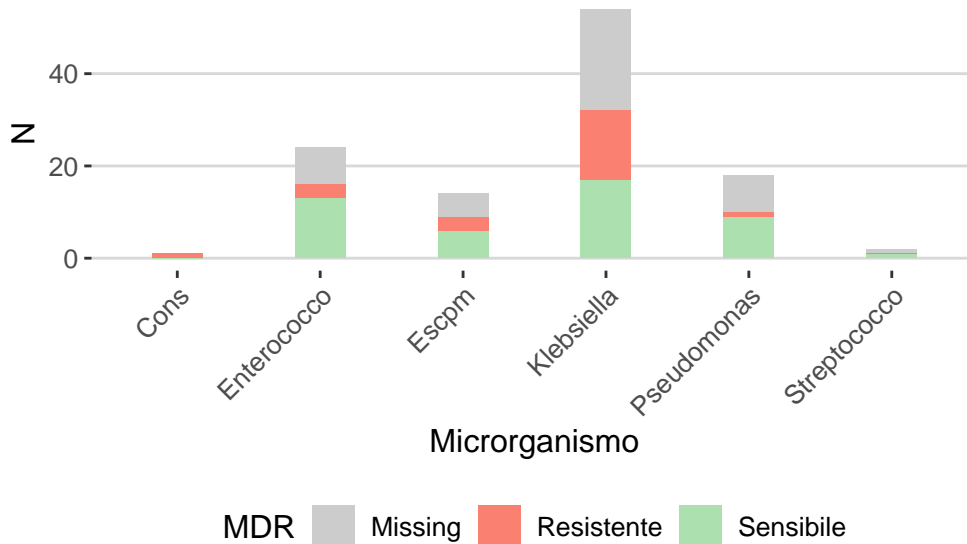
Legionella	6	14.0	0	0	0
Citrobacter	1	2.3	0	0	0
Totale Gram -	26	60.5	7	2	28.6
Candida albicans	3	7.0	0	0	0
Aspergillo	2	4.7	0	0	0
Totale Funghi	5	11.6	0	0	0
Influenza A	1	2.3			
Citomegalovirus	1	2.3			
Altro Virus	2	4.7			
Totale Virus	4	9.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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 (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Pseudomonas altra specie, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Klebsiella altra specie	1	Ertapenem	1	100.00
Klebsiella altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	4	66.67

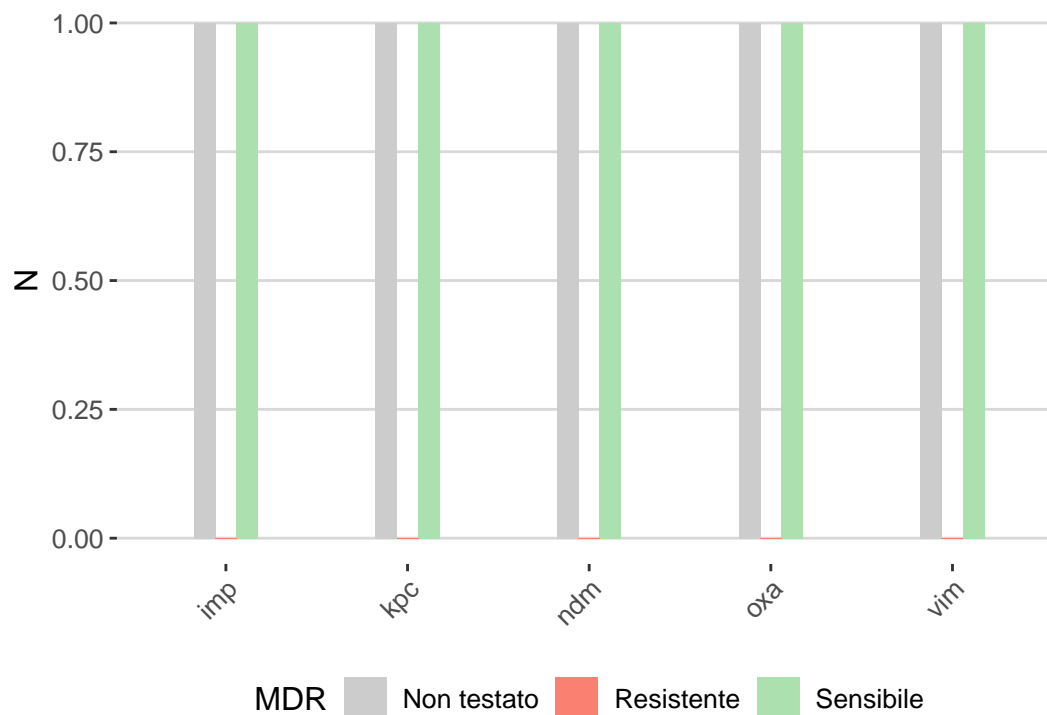
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

	N	%
Sì	0	0
No	1	50
Non testato	1	50
Missing	5	

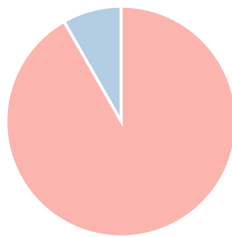
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	1
kpc	0	0	1	1
ndm	0	0	1	1
oxa	0	0	1	1
vim	0	0	1	1



PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA

I pazienti infetti in degenza comprendono tutti i pazienti che contraggono un'infezione durante la loro degenza a prescindere dal fatto che siano infetti all'ammissione o meno.

Sono presenti 96 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 8.3% della popolazione totale ammessa in TI.

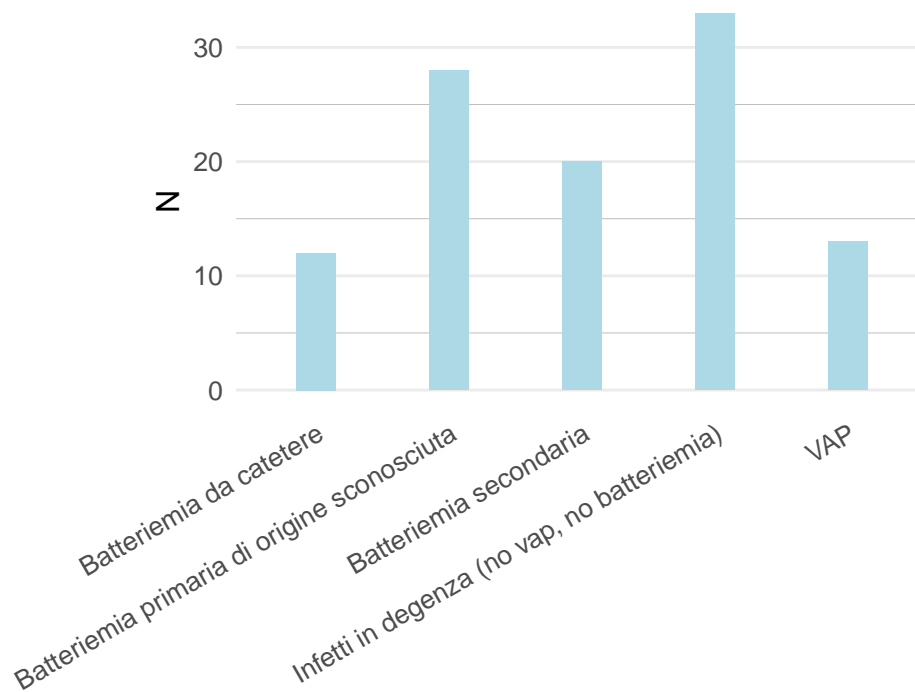


■ Infetti in degenza
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	96	8.3
Non infetti in degenza	1063	91.7

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1159).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



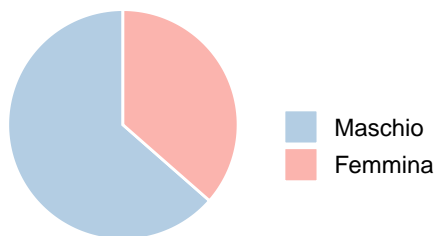
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	33	34.4
VAP	13	13.5
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	28	29.2
Batteriemia da catetere	12	12.5
Batteriemia secondaria	20	20.8

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 96)

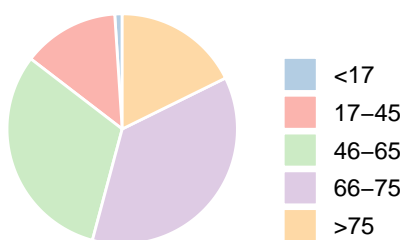
8 Pazienti infetti in degenza (N = 96)

8.1 Sesso



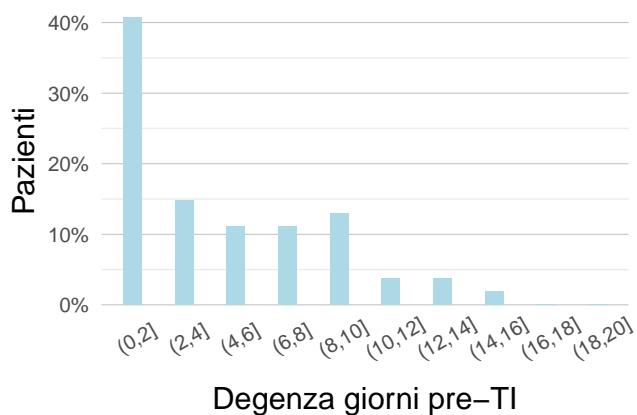
Sesso	N	%
Maschio	61	63.5
Femmina	35	36.5
Missing	0	0

8.2 Età



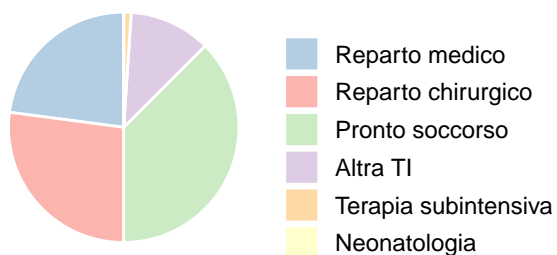
Range età	N	%
<17	1	1.0
17-45	13	13.5
46-65	30	31.2
66-75	35	36.5
>75	17	17.7
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



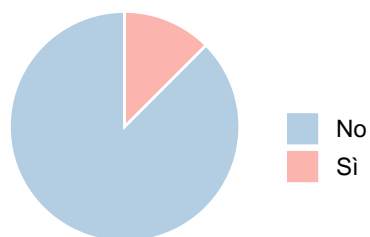
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	8.2
Mediana	1
Q1-Q3	0-6.2
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



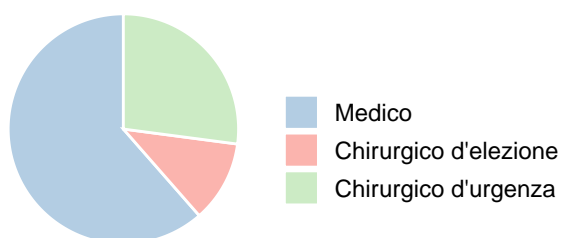
Provenienza	N	%
Reparto medico	22	22.9
Reparto chirurgico	26	27.1
Pronto soccorso	36	37.5
Altra TI	11	11.5
Terapia subintensiva	1	1.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

8.5 Trauma



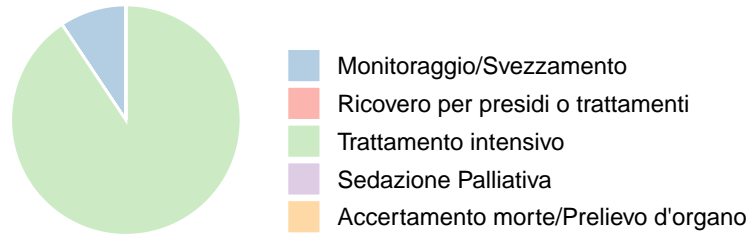
Trauma	N	%
No	84	87.5
Si	12	12.5
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



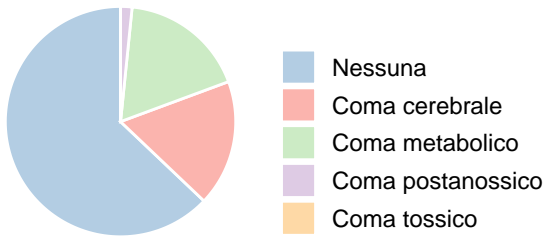
Stato chirurgico	N	%
Medico	59	61.5
Chirurgico d'elezione	11	11.5
Chirurgico d'urgenza	26	27.1
Missing	0	0

8.7 Motivo di ammissione



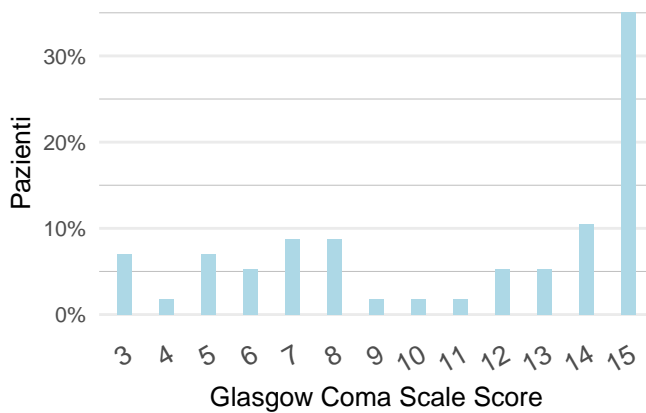
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	9	9.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	87	90.6
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



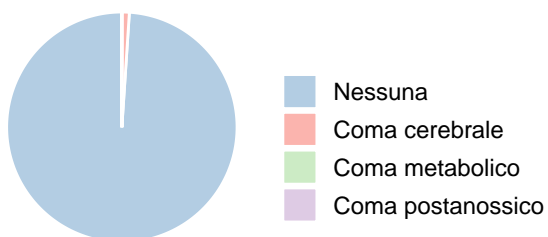
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	39	62.9
Coma cerebrale	11	17.7
Coma metabolico	11	17.7
Coma postanossico	1	1.6
Coma tossico	0	0.0
Missing	34	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



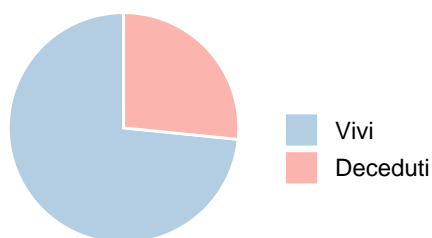
Indicatore	Valore
Media	8.8
DS	4.3
Mediana	11
Q1-Q3	5-13

8.10 Insufficienza neurologica insorta



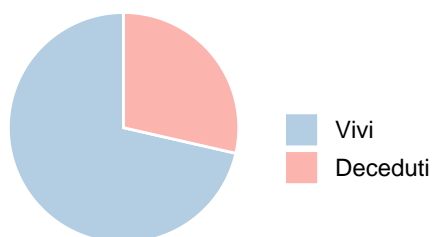
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	95	99.0
Coma cerebrale	1	1.0
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	0.0

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	69	73.4
Deceduti	25	26.6
Missing	2	0

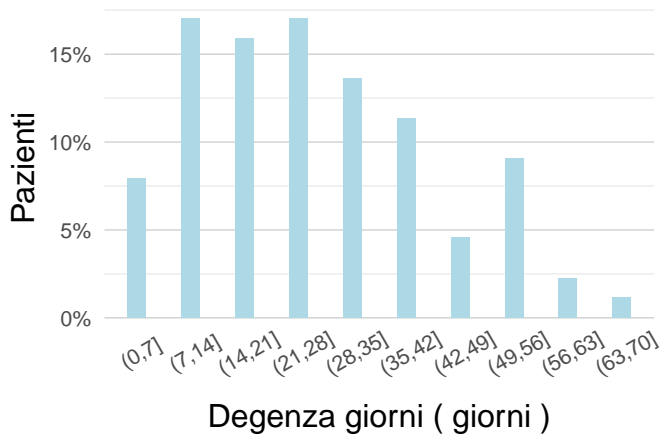
8.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	65	71.4
Deceduti	26	28.6
Missing	3	0

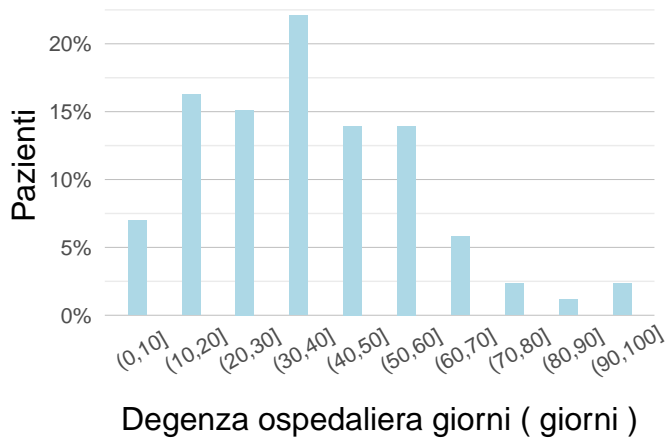
* Statistiche calcolate su 94 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.0 (22.6)
Mediana (Q1-Q3)	25.5 (15.2-39)
Missing	2

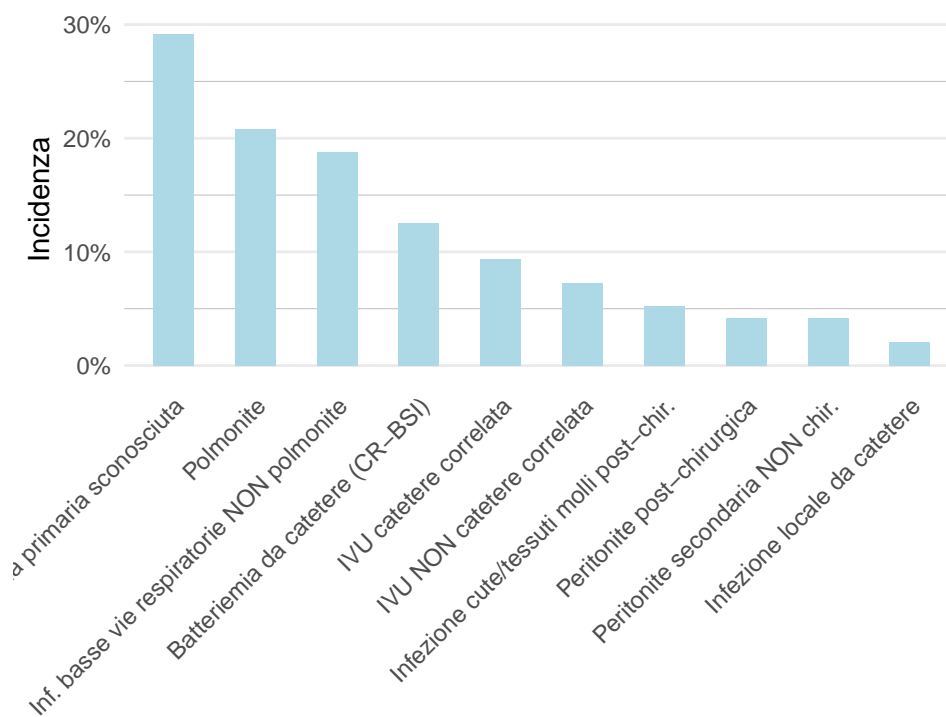
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.4 (34.9)
Mediana (Q1-Q3)	38 (24.5-53)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 94 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

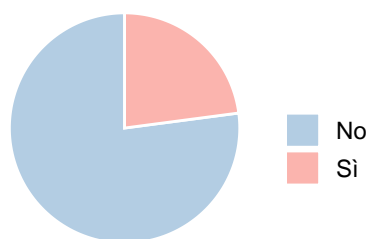
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	28	29.2
Polmonite	20	20.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	18	18.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	12	12.5
IVU catetere correlata	9	9.4
IVU NON catetere correlata	7	7.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	5	5.2
Peritonite post-chirurgica	4	4.2
Peritonite secondaria NON chir.	4	4.2
Infezione locale da catetere	2	2.1
Missing	0	

8.16 Infezione multisito



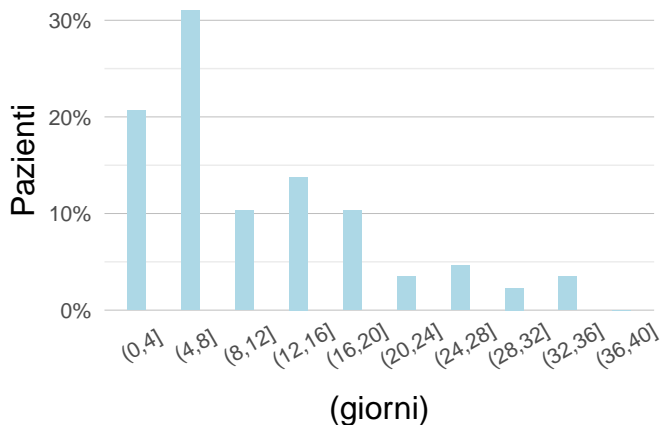
Infezione multisito	N	%
No	74	77.1
Si	22	22.9
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	119
Numero totale di microrganismi isolati	119

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	12.9
DS	12.4
Mediana	8
Q1-Q3	5-17.5
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza infezioni in degenza (Paz. con infez. in deg./1000 gg. di deg.) **
Stima	14.5	10.1 %
CI (95%)	11.7 - 17.7	8.2 - 12.4

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

Il primo:

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

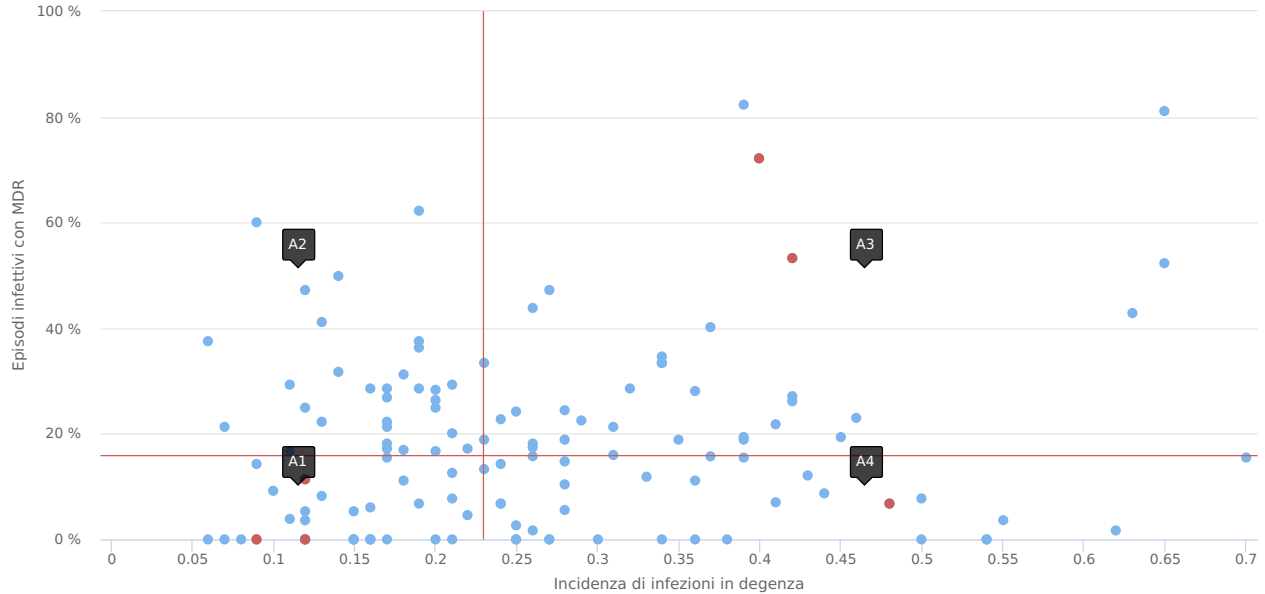
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

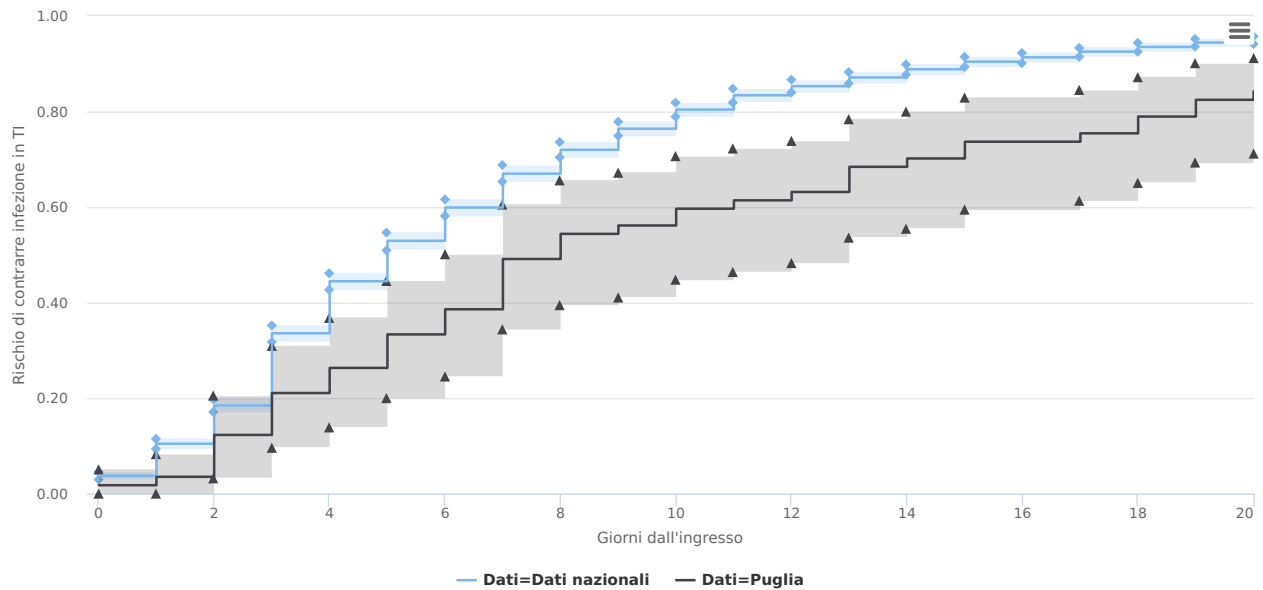
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

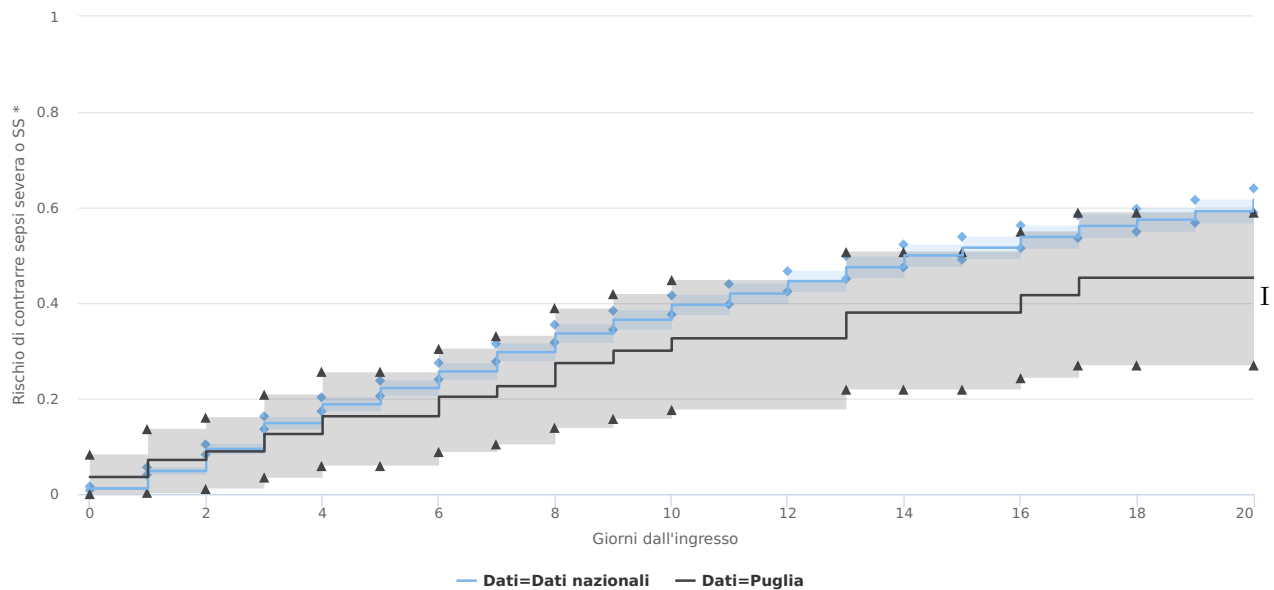


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo* meticillina resistente). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

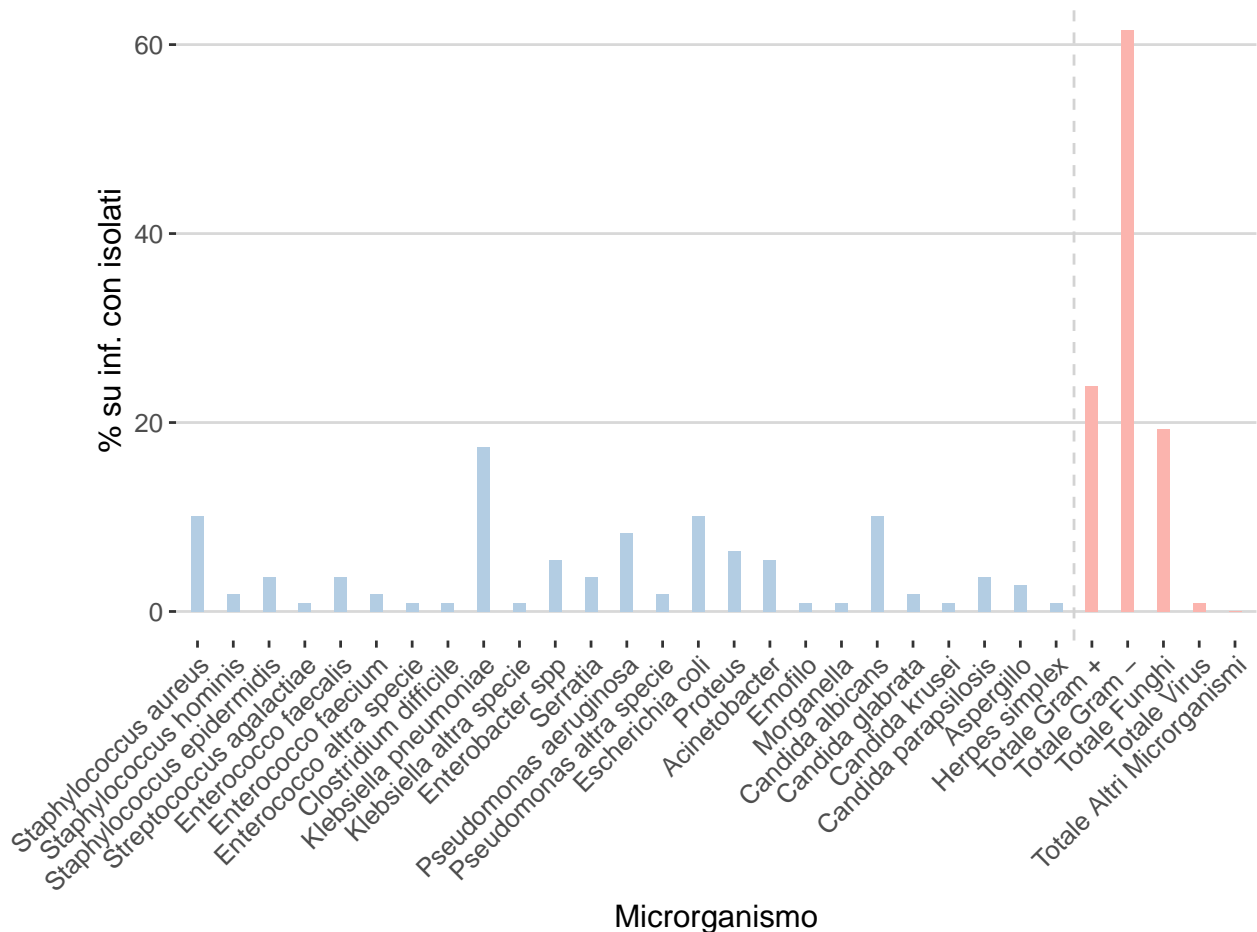
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delineano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	10	8.5
Sì	108	91.5
Missing	1	
Totale infezioni	119	
Totale microrganismi isolati	119	

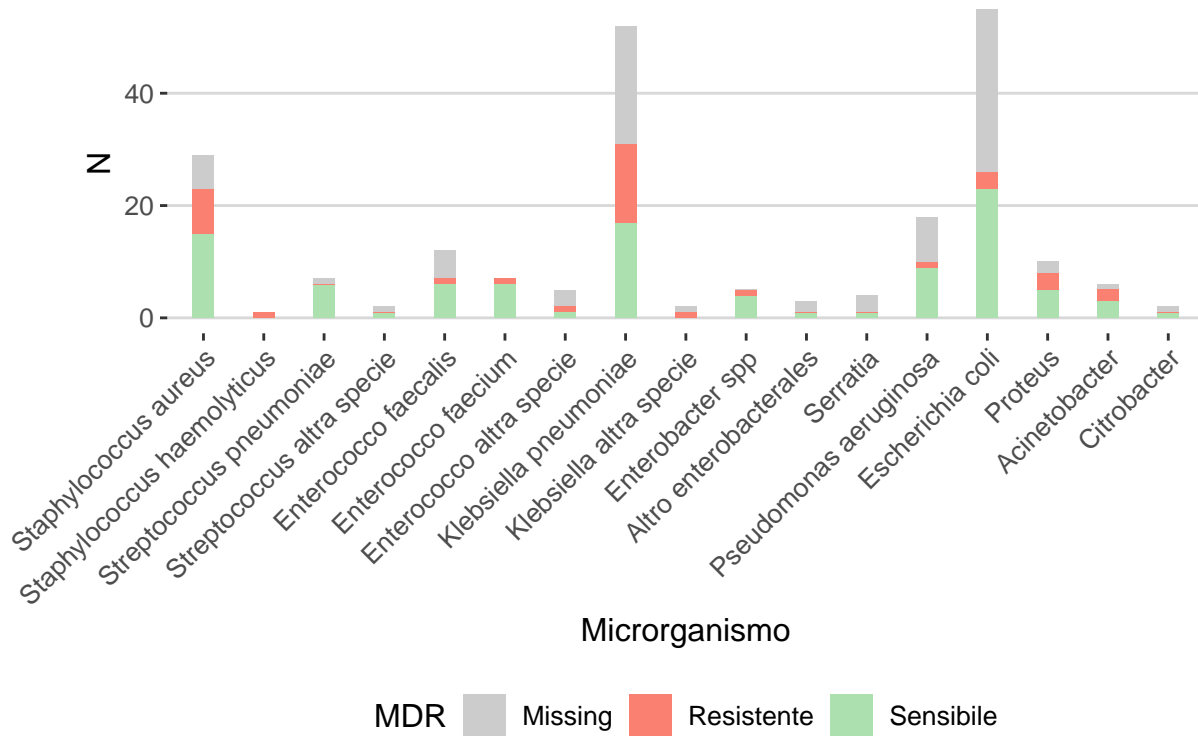
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	10.1	7	2	28.6
Staphylococcus hominis	2	1.8	0	0	0

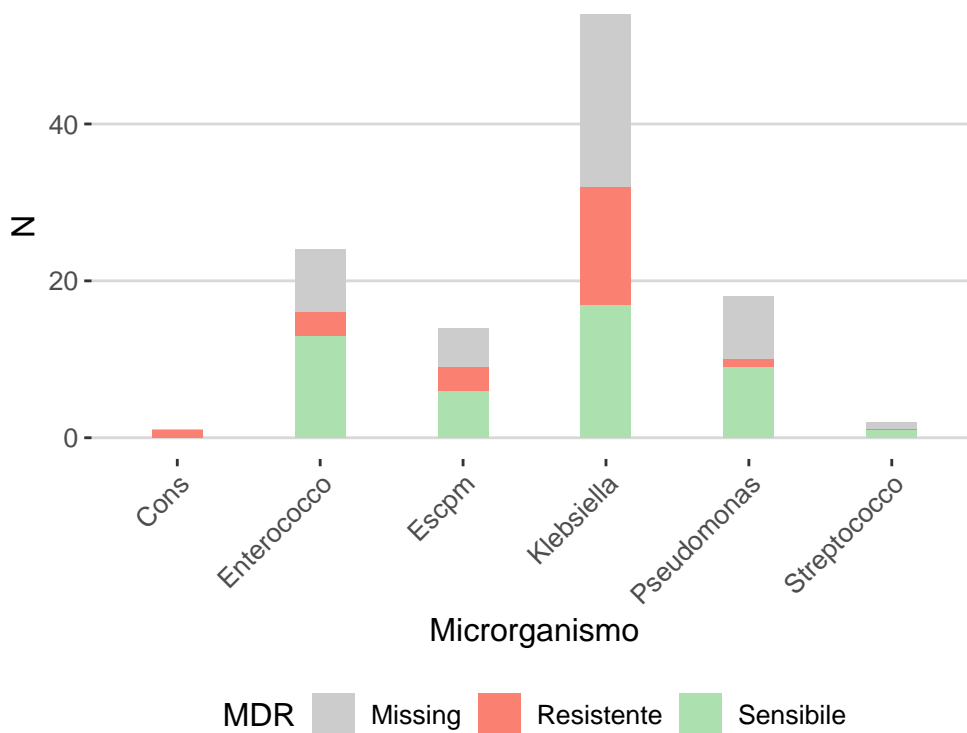
Staphylococcus epidermidis	4	3.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.9	0	0	0
Enterococco faecalis	4	3.7	2	0	0
Enterococco faecium	2	1.8	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.9	1	1	100
Clostridium difficile	1	0.9	0	0	0
Totale Gram +	26	23.9	11	3	27.3
Klebsiella pneumoniae	19	17.4	16	12	75
Klebsiella altra specie	1	0.9	1	0	0
Enterobacter spp	6	5.5	6	0	0
Serratia	4	3.7	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	8.3	8	1	12.5
Pseudomonas altra specie	2	1.8	2	2	100
Escherichia coli	11	10.1	6	1	16.7
Proteus	7	6.4	3	2	66.7
Acinetobacter	6	5.5	1	1	100
Emofilo	1	0.9	0	0	0
Morganella	1	0.9	1	0	0
Totale Gram -	67	61.5	46	19	41.3
Candida albicans	11	10.1	0	0	0
Candida glabrata	2	1.8	0	0	0
Candida krusei	1	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	4	3.7	0	0	0
Aspergillo	3	2.8	0	0	0
Totale Funghi	21	19.3	0	0	0
Herpes simplex	1	0.9			
Totale Virus	1	0.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	16	Ertapenem	10	62.50
Klebsiella pneumoniae	16	Meropenem	8	50.00
Escherichia coli	6	Ertapenem	1	16.67
Proteus	3	Ertapenem	2	66.67
Proteus	3	Meropenem	1	33.33
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00

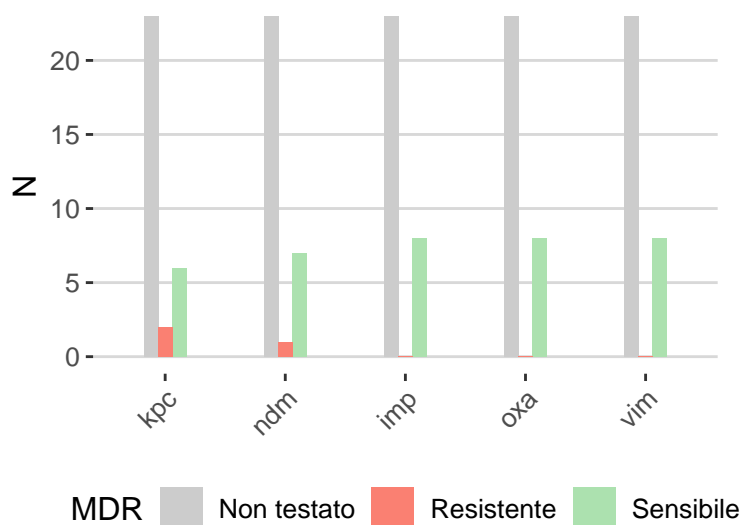
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	1	12.50
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	2	28.57
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	3	10.34
No	5	17.24
Non testato	21	72.41
Missing	21	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	8	23
kpc	2	66.7	6	23
ndm	1	33.3	7	23
oxa	0	0.0	8	23
vim	0	0.0	8	23



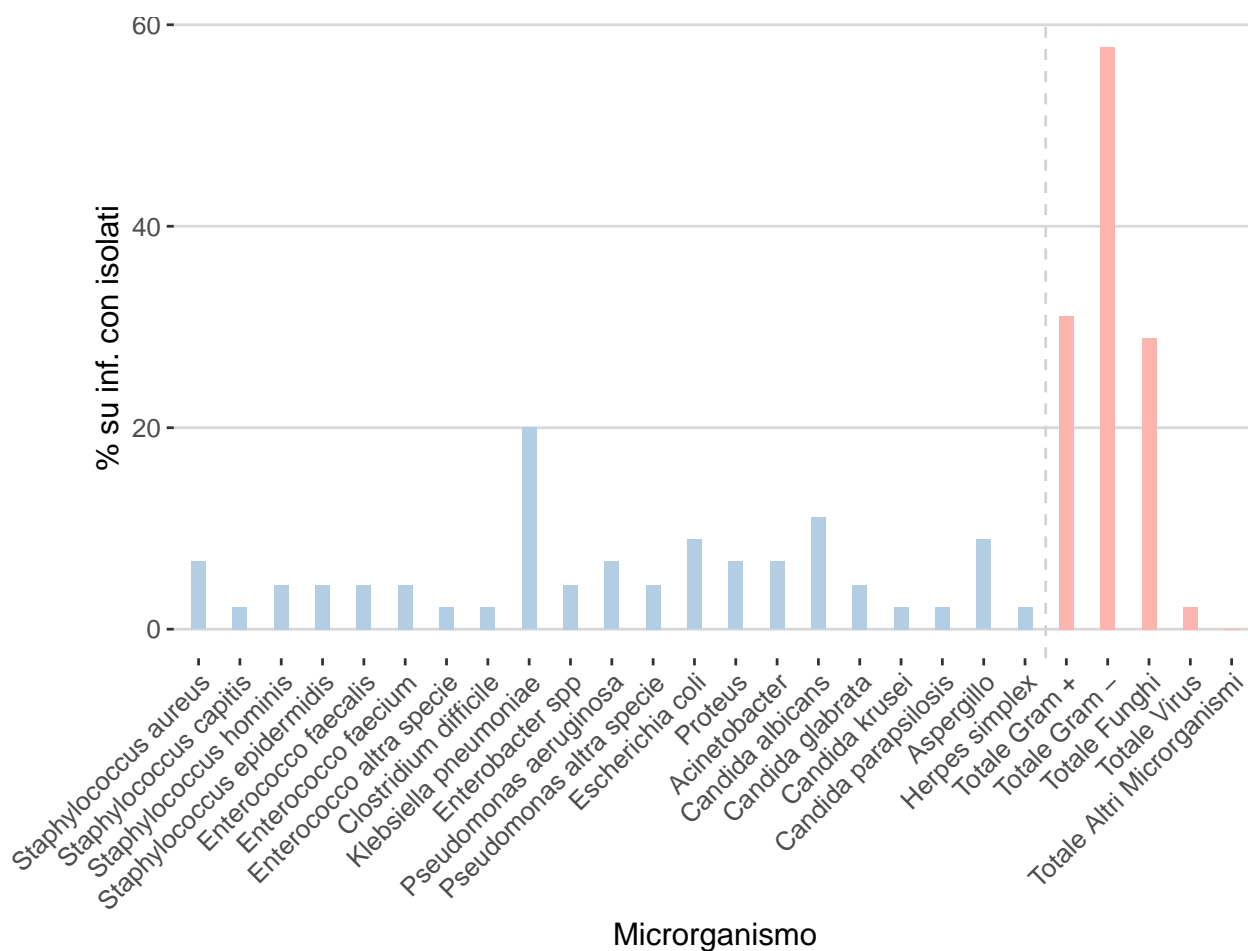
9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 39)

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	12	11.7
Sì	91	88.3
Missing	0	
Totale infezioni	103	
Totale microrganismi isolati	106	

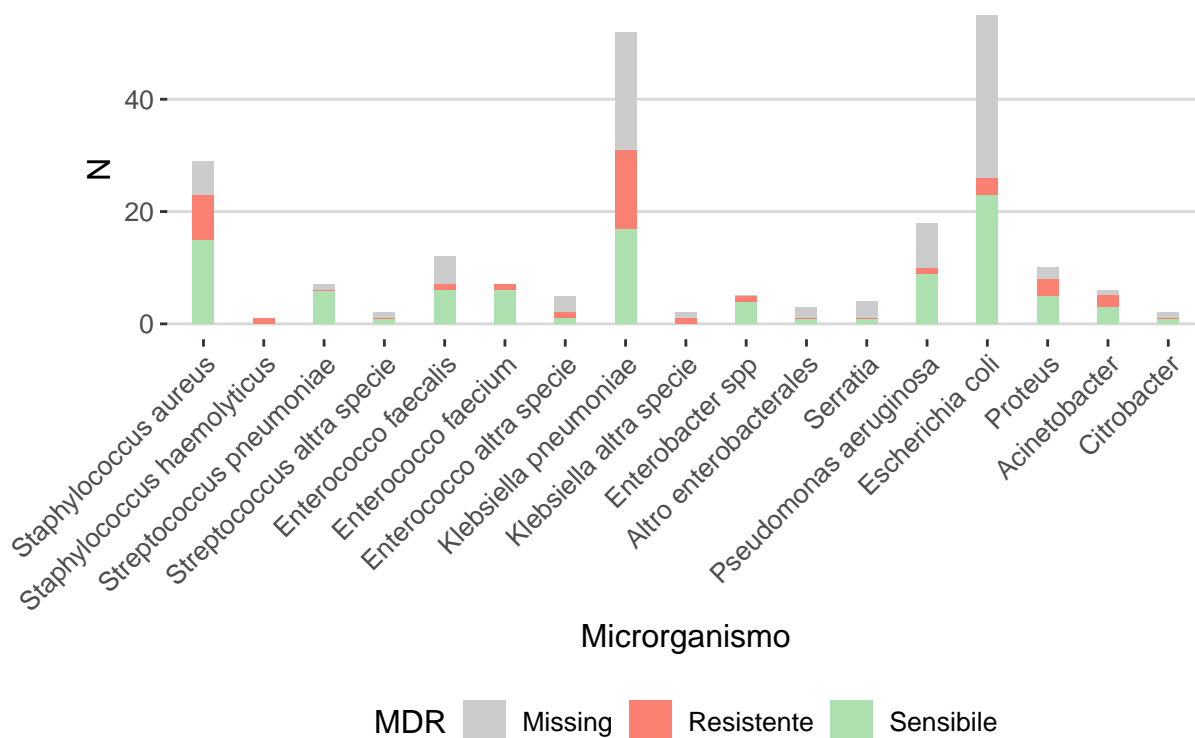
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

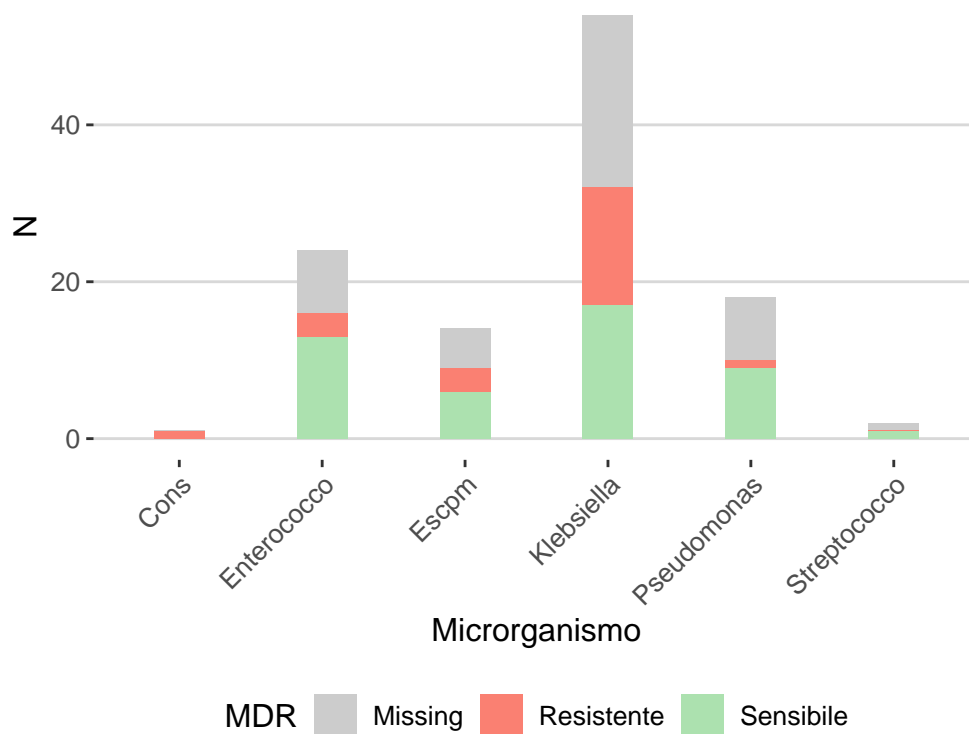
Staphylococcus aureus	3	6.7	3	0	0
Staphylococcus capitis	1	2.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	4.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	4.4	0	0	0
Enterococco faecalis	2	4.4	1	0	0
Enterococco faecium	2	4.4	2	1	50
Enterococco altra specie	1	2.2	1	1	100
Clostridium difficile	1	2.2	0	0	0
Totale Gram +	14	31.1	7	2	28.6
Klebsiella pneumoniae	9	20.0	9	6	66.7
Enterobacter spp	2	4.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	6.7	2	0	0
Pseudomonas altra specie	2	4.4	2	2	100
Escherichia coli	4	8.9	3	1	33.3
Proteus	3	6.7	2	1	50
Acinetobacter	3	6.7	0	0	0
Totale Gram -	26	57.8	20	10	50
Candida albicans	5	11.1	0	0	0
Candida glabrata	2	4.4	0	0	0
Candida krusei	1	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.2	0	0	0
Aspergillo	4	8.9	0	0	0
Totale Funghi	13	28.9	0	0	0
Herpes simplex	1	2.2			
Totale Virus	1	2.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	17	Ertapenem	8	47.06
Klebsiella pneumoniae	18	Meropenem	7	38.89
Klebsiella altra specie	1	Ertapenem	1	100.00
Klebsiella altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Enterobacter spp	3	Ertapenem	1	33.33

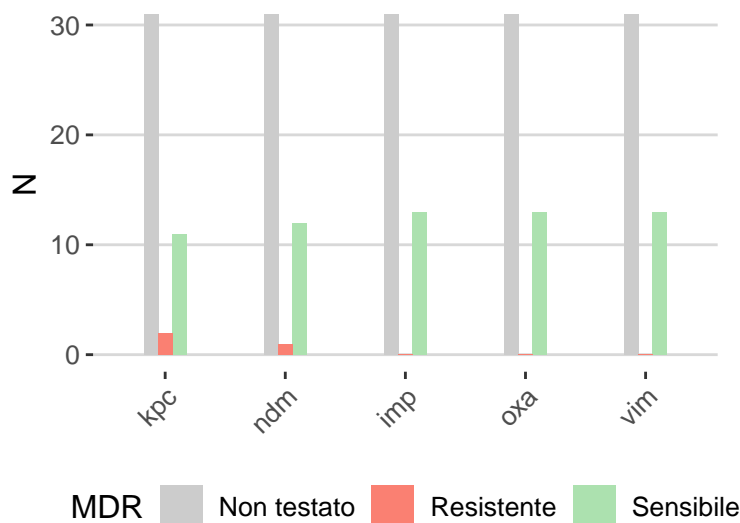
Escherichia coli	8	Ertapenem	2	25.00
Proteus	3	Ertapenem	1	33.33
Proteus	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100.00
Enterococco faecium	2	Vancomicina	1	50.00
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

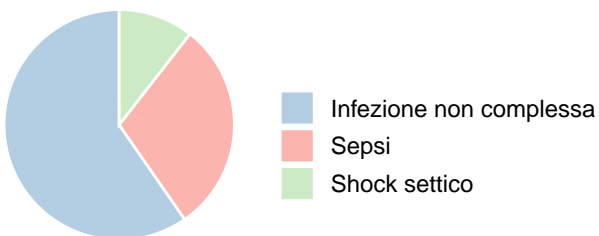
	N	%
Sì	3	7.32
No	9	21.95
Non testato	29	70.73
Missing	30	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	13	31
kpc	2	66.7	11	31
ndm	1	33.3	12	31
oxa	0	0.0	13	31
vim	0	0.0	13	31



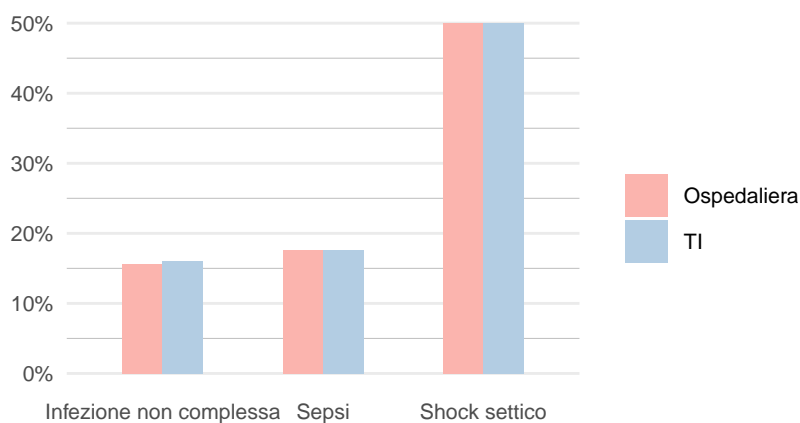
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 57)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	34	59.6
Sepsi	17	29.8
Shock settico	6	10.5
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



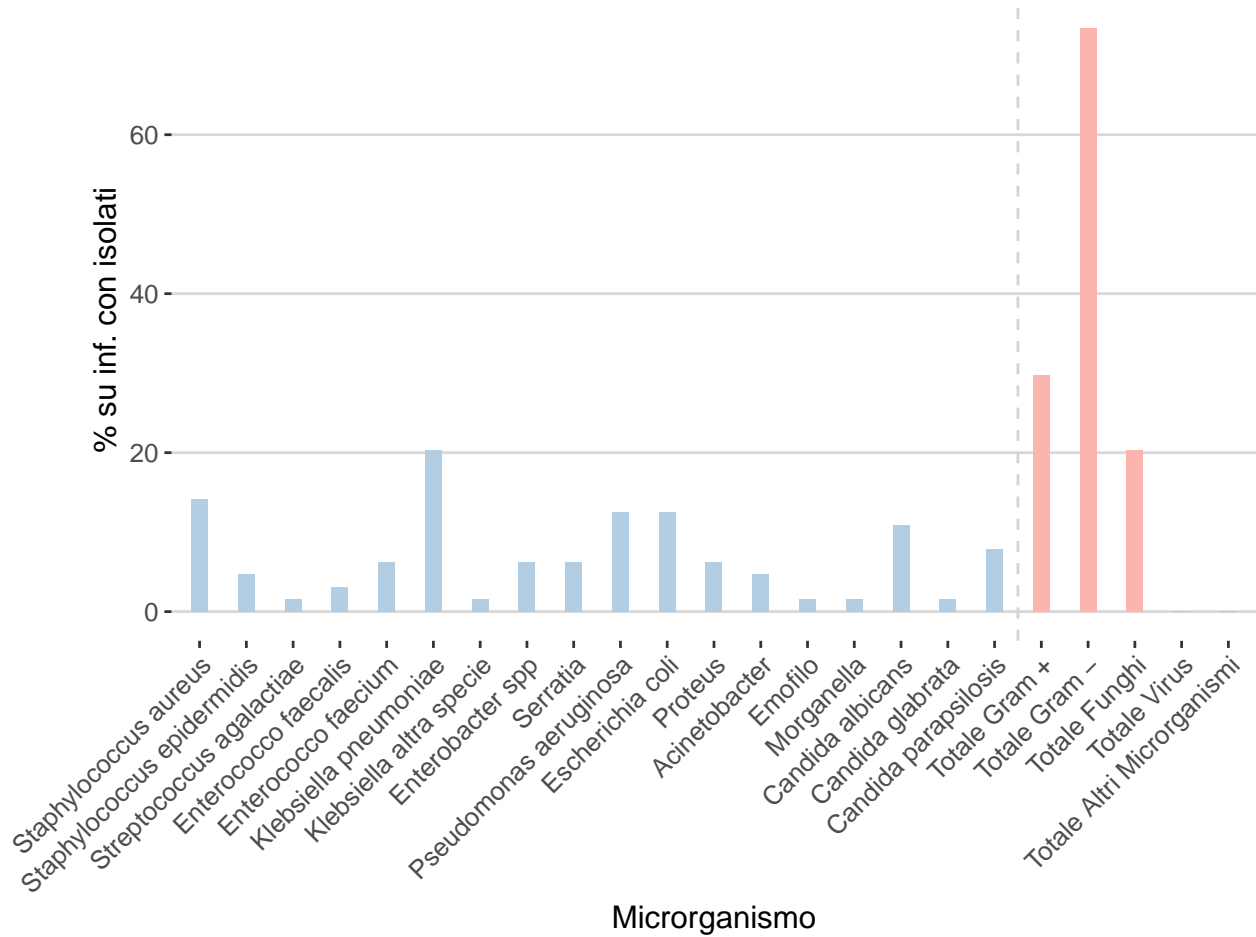
Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	15.6	16.1
Sepsi	17.6	17.6
Shock settico	50.0	50.0

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	4	5.4
Sì	70	94.6
Missing	1	
Totale infezioni	75	
Totale microrganismi isolati	83	

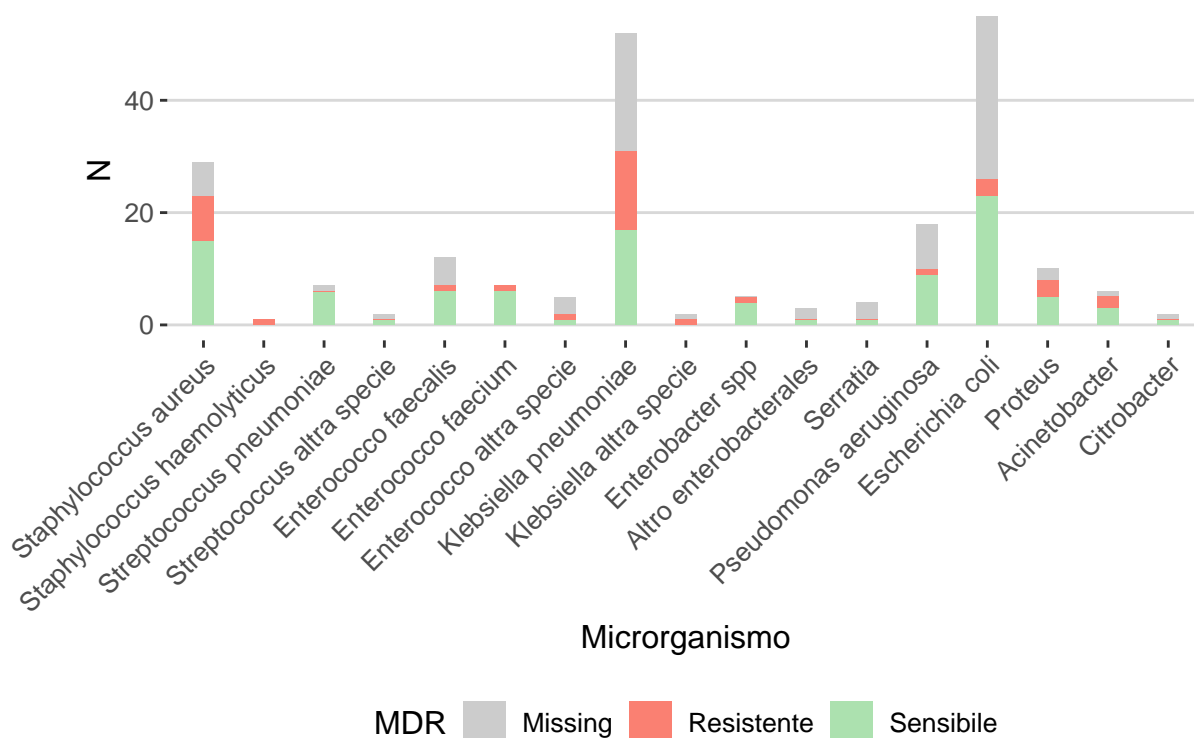
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	14.1	5	2	40
Staphylococcus epidermidis	3	4.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.6	0	0	0
Enterococcus faecalis	2	3.1	1	0	0
Enterococcus faecium	4	6.2	1	0	0
Totale Gram +	19	29.7	7	2	28.6
Klebsiella pneumoniae	13	20.3	10	8	80
Klebsiella altra specie	1	1.6	1	0	0
Enterobacter spp	4	6.2	4	0	0
Serratia	4	6.2	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	12.5	7	1	14.3
Escherichia coli	8	12.5	3	0	0
Proteus	4	6.2	1	1	100
Acinetobacter	3	4.7	1	1	100
Emofilo	1	1.6	0	0	0
Morganella	1	1.6	1	0	0
Totale Gram -	47	73.4	30	11	36.7

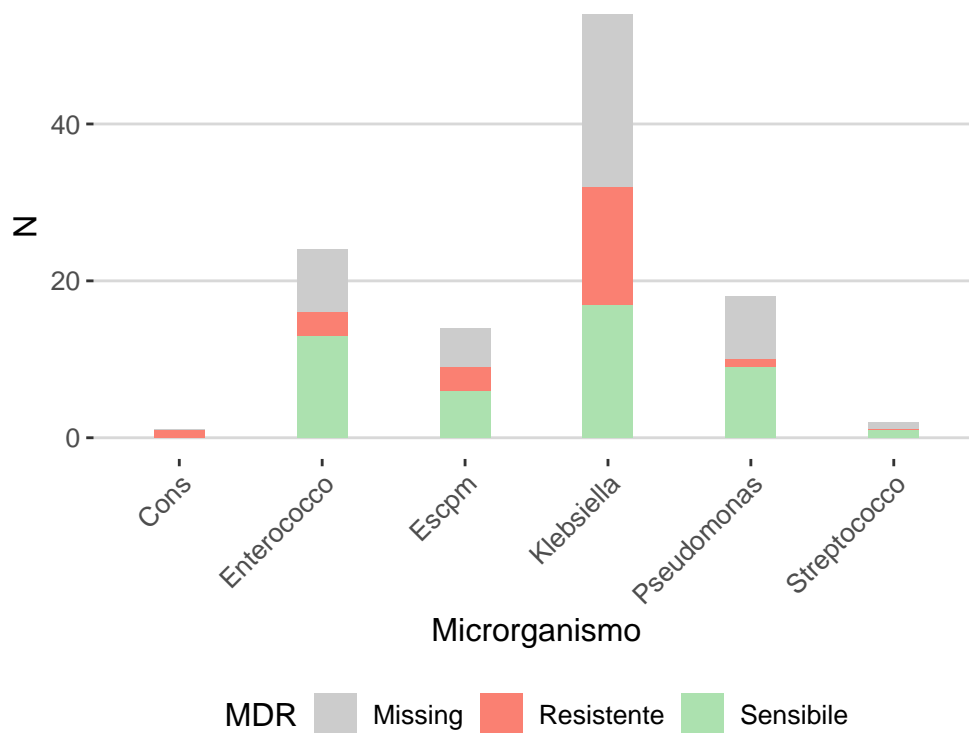
Candida albicans	7	10.9	0	0	0
Candida glabrata	1	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	5	7.8	0	0	0
Totale Funghi	13	20.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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	9	Ertapenem	5	55.56
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	6	60.00
Proteus	1	Ertapenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	7	Imipenem	1	14.29

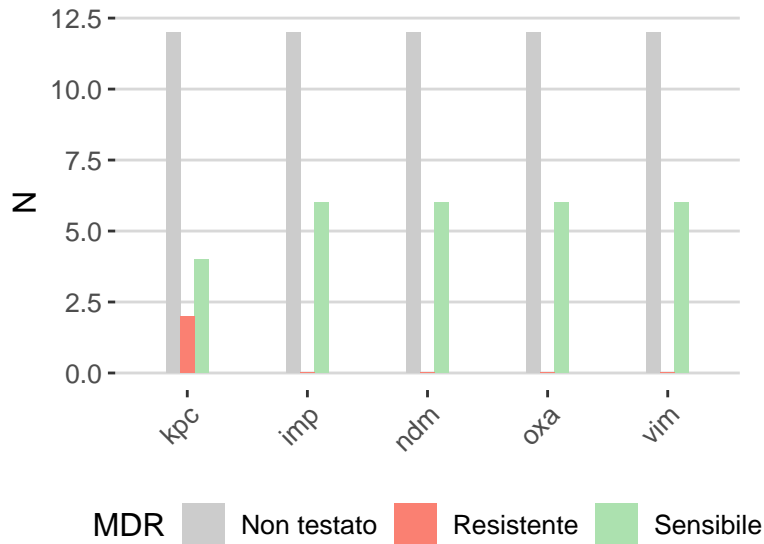
Pseudomonas aeruginosa	7	Meropenem	1	14.29
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	2	40.00

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

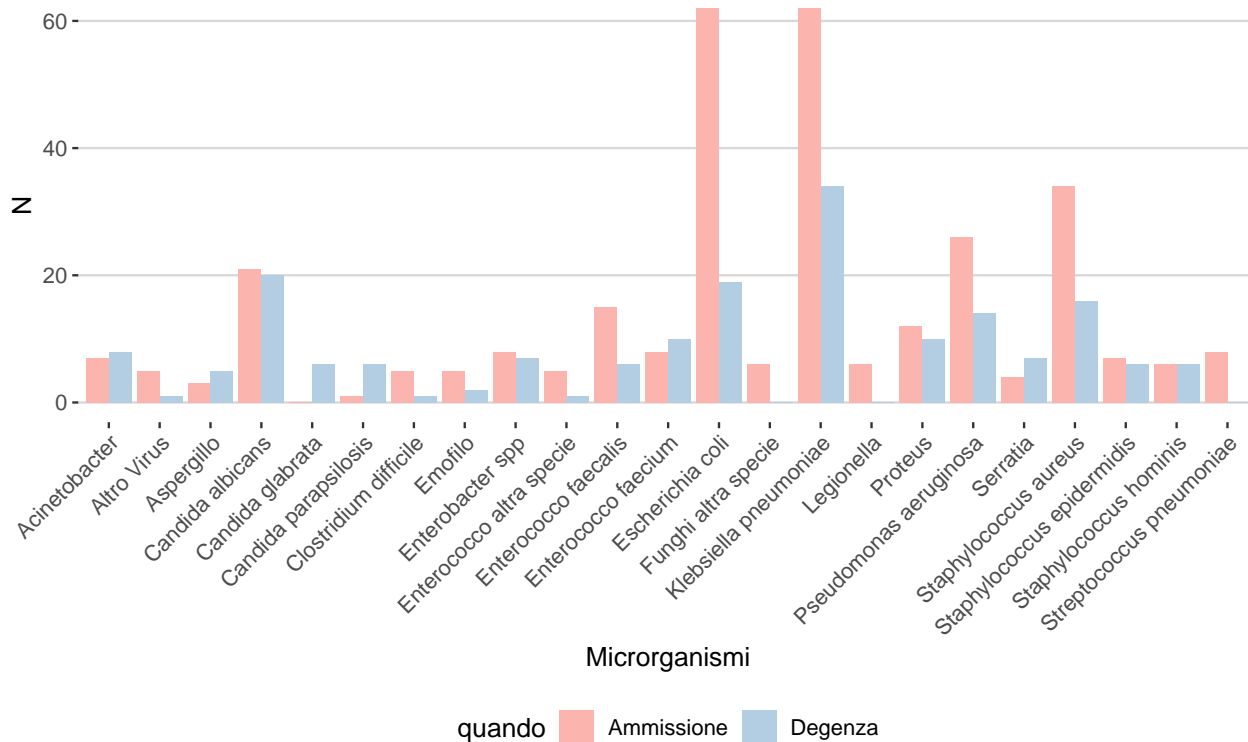
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	2	11.76
No	4	23.53
Non testato	11	64.71
Missing	16	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	6	12
kpc	2	100	4	12
ndm	0	0	6	12
oxa	0	0	6	12
vim	0	0	6	12



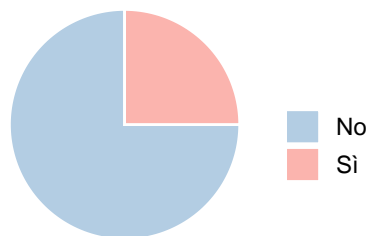
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	15	7	46.7	8	53.3
Pseudomonas aeruginosa	40	26	65	14	35
Candida albicans	41	21	51.2	20	48.8
Aspergillo	8	3	37.5	5	62.5
Clostridium difficile	6	5	83.3	1	16.7
Enterobacter spp	15	8	53.3	7	46.7
Staphylococcus epidermidis	13	7	53.8	6	46.2
Escherichia coli	81	62	76.5	19	23.5
Enterococco faecalis	21	15	71.4	6	28.6
Enterococco faecium	18	8	44.4	10	55.6
Candida glabrata	6	0	0	6	100
Emofilo	7	5	71.4	2	28.6
Staphylococcus hominis	12	6	50	6	50
Legionella	6	6	100	0	0
Enterococco altra specie	6	5	83.3	1	16.7
Funghi altra specie	6	6	100	0	0
Altro Virus	6	5	83.3	1	16.7
Candida parapsilosis	7	1	14.3	6	85.7
Klebsiella pneumoniae	96	62	64.6	34	35.4
Streptococcus pneumoniae	8	8	100	0	0
Proteus	22	12	54.5	10	45.5
Serratia	11	4	36.4	7	63.6
Staphylococcus aureus	50	34	68	16	32

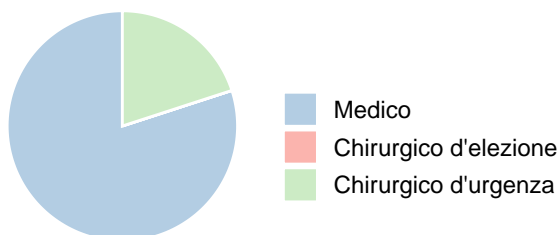
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 20)

11.1 Trauma



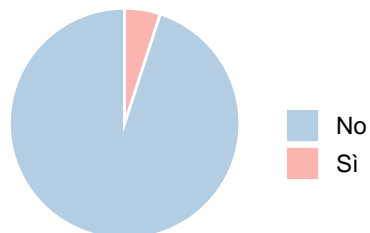
Trauma	N	%
No	15	75.0
Sì	5	25.0
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



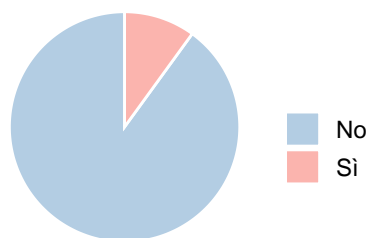
Stato chirurgico	N	%
Medico	16	80.0
Chirurgico d'elezione	0	0.0
Chirurgico d'urgenza	4	20.0
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriémica



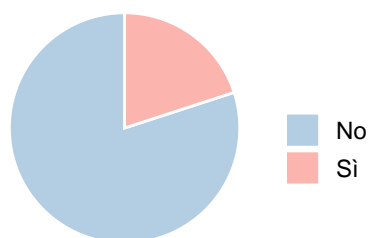
Batteriémica	N	%
No	19	95.0
Sì	1	5.0
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



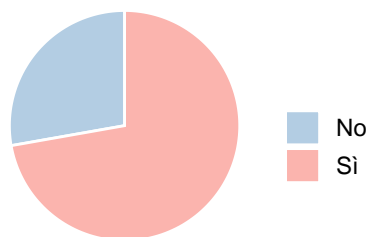
Infezione multisito	N	%
No	18	90.0
Si	2	10.0
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	16	80.0
Si	4	20.0
Missing	0	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

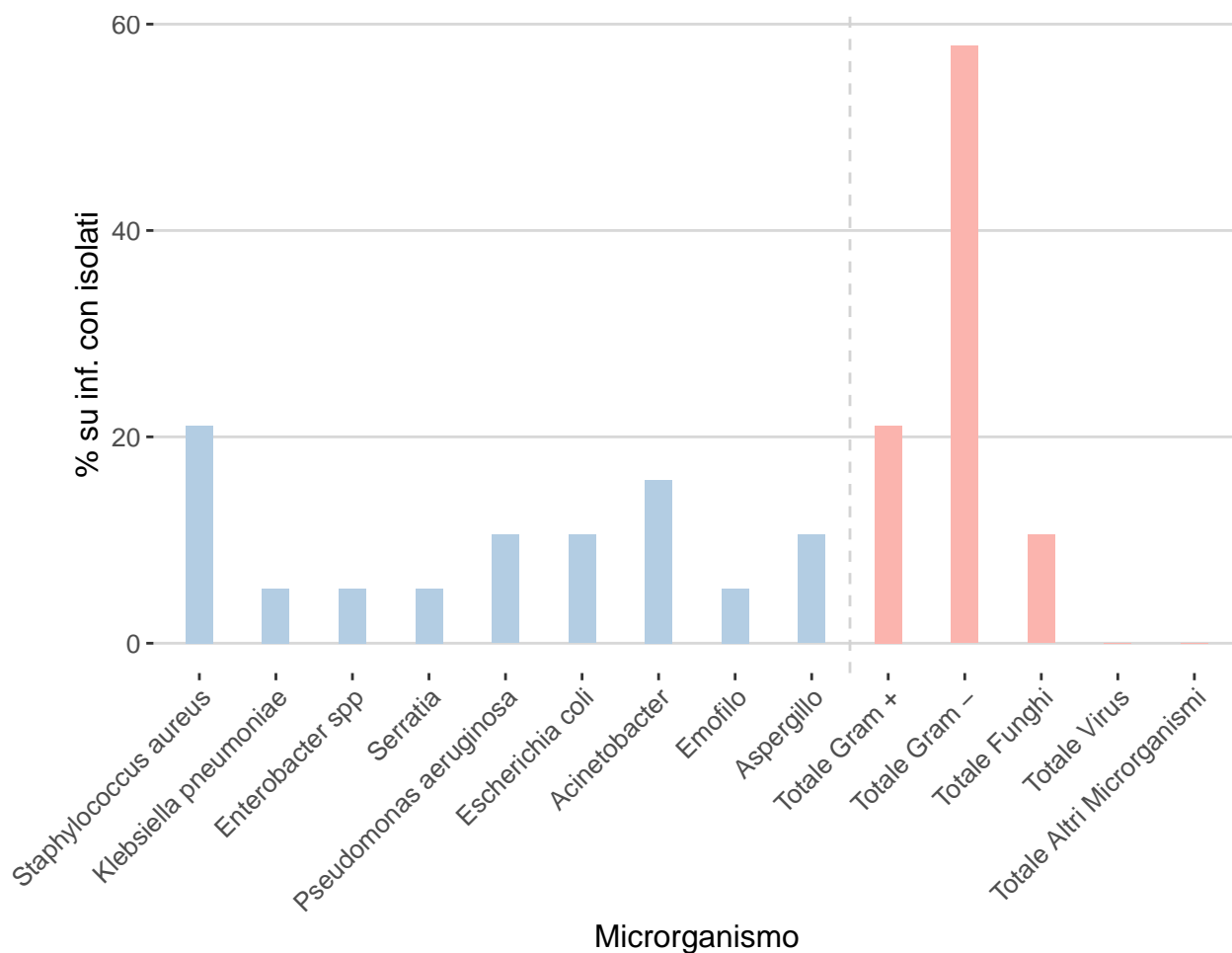


Polmonite associata a VAP	N	%
No	5	27.8
Si	13	72.2
Missing	2	0

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

11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

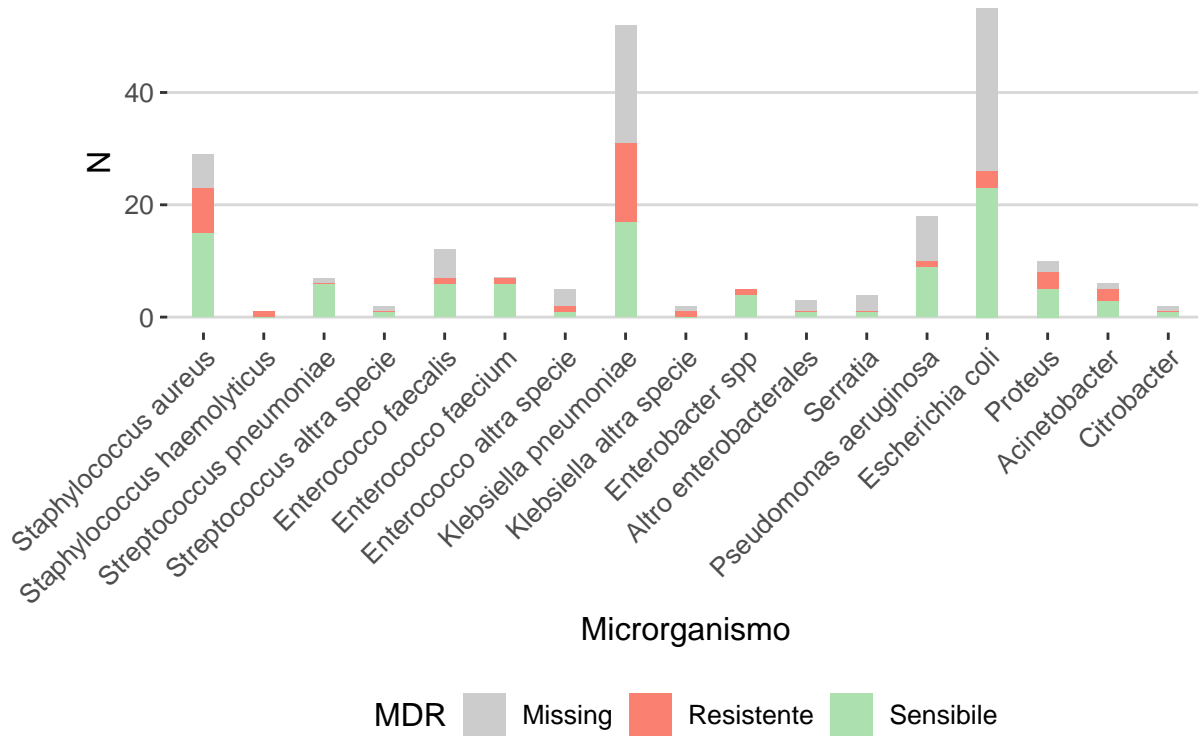
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	21.1	3	0	0
Totale Gram +	4	21.1	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	5.3	0	0	0
Enterobacter spp	1	5.3	1	0	0
Serratia	1	5.3	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	10.5	2	0	0
Escherichia coli	2	10.5	2	0	0
Acinetobacter	3	15.8	1	1	100
Emofilo	1	5.3	0	0	0
Totale Gram -	11	57.9	6	1	16.7
Aspergillo	2	10.5	0	0	0
Totale Funghi	2	10.5	0	0	0

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

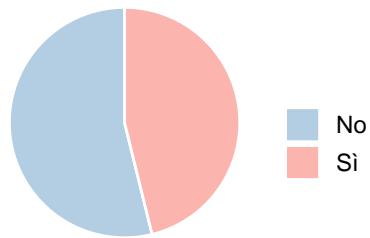
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

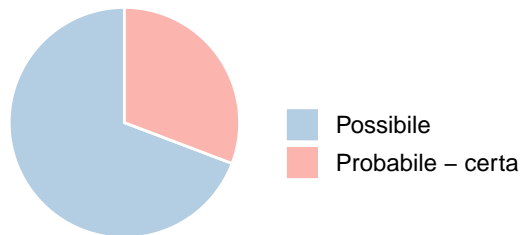
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 13)

12.1 VAP precoce



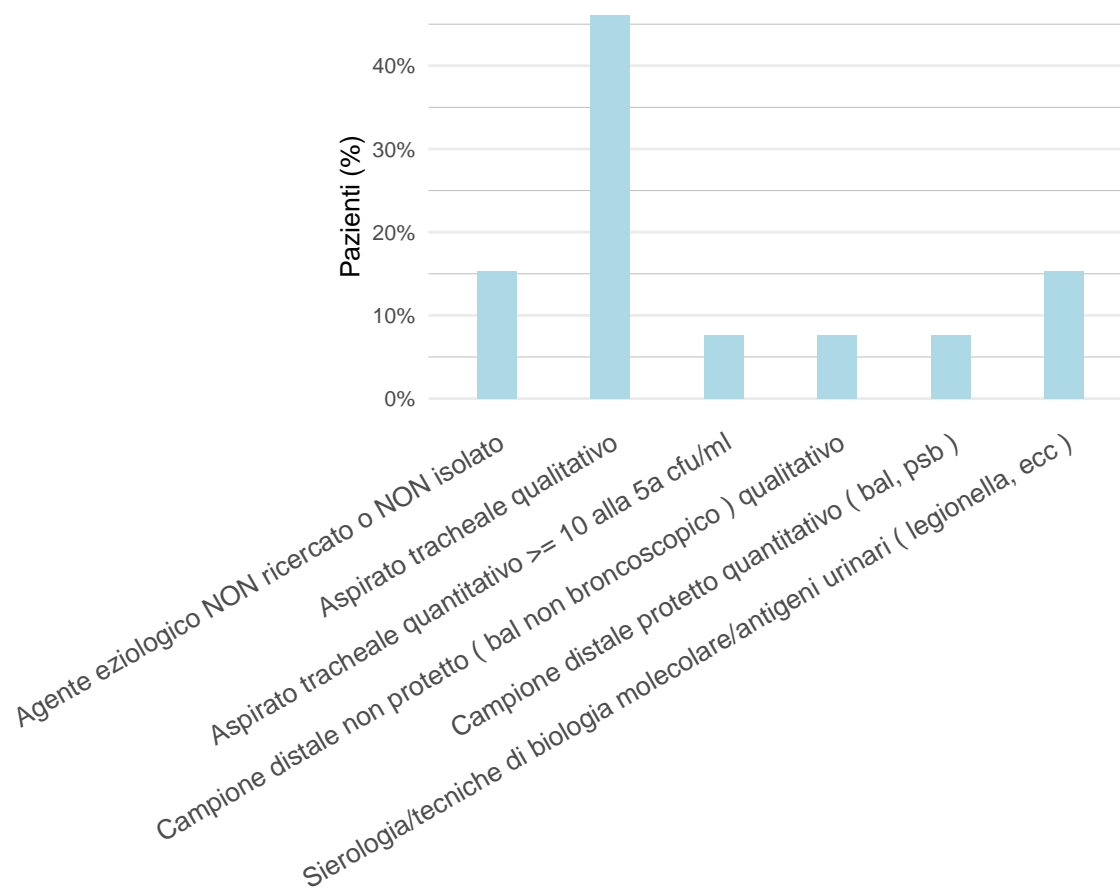
VAP precoce	N	%
No	7	53.8
Si	6	46.2
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	9	69.2
Probabile - certa	4	30.8
Missing	6	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

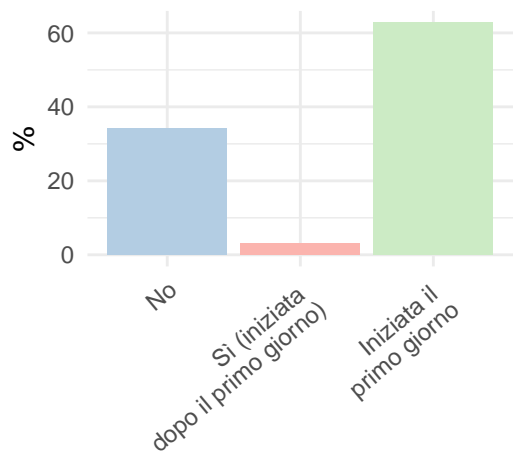


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	2	15.4
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	7.7
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	0	0.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	1	7.7
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	1	7.7
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	0	0.0
Aspirato tracheale qualitativo	6	46.2
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	2	15.4
Missing	6	0

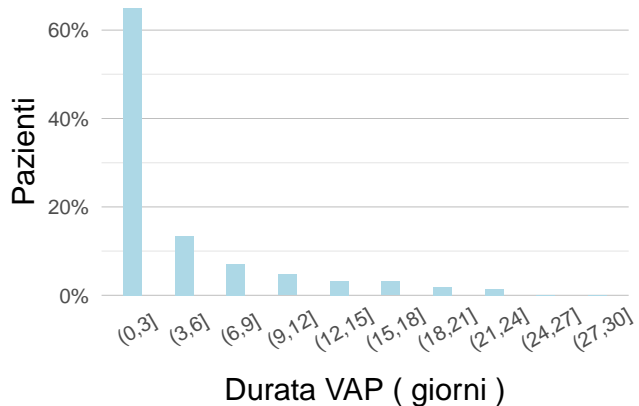
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 1159)

12.4.1 Ventilazione invasiva



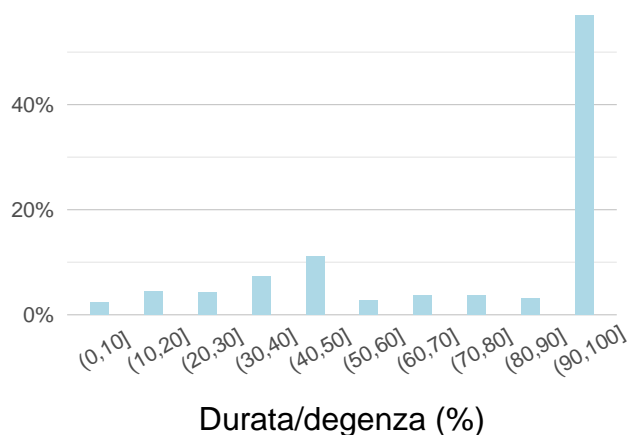
Ventilazione invasiva	N	%
No	389	34.1
Sì	751	65.9
Iniziata il primo giorno	728	62.8
Missing	19	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



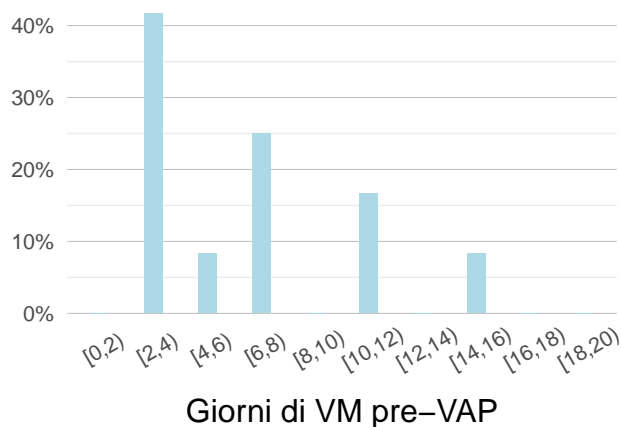
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.4 (11.3)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	7

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	76.4 (30.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	8

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	13
Media (DS)	7.0 (4.8)
Mediana (Q1-Q3)	7 (3-10)
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	2.9	2.0 %
CI (95%)	1.6 - 5.0	1.1 - 3.5

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.

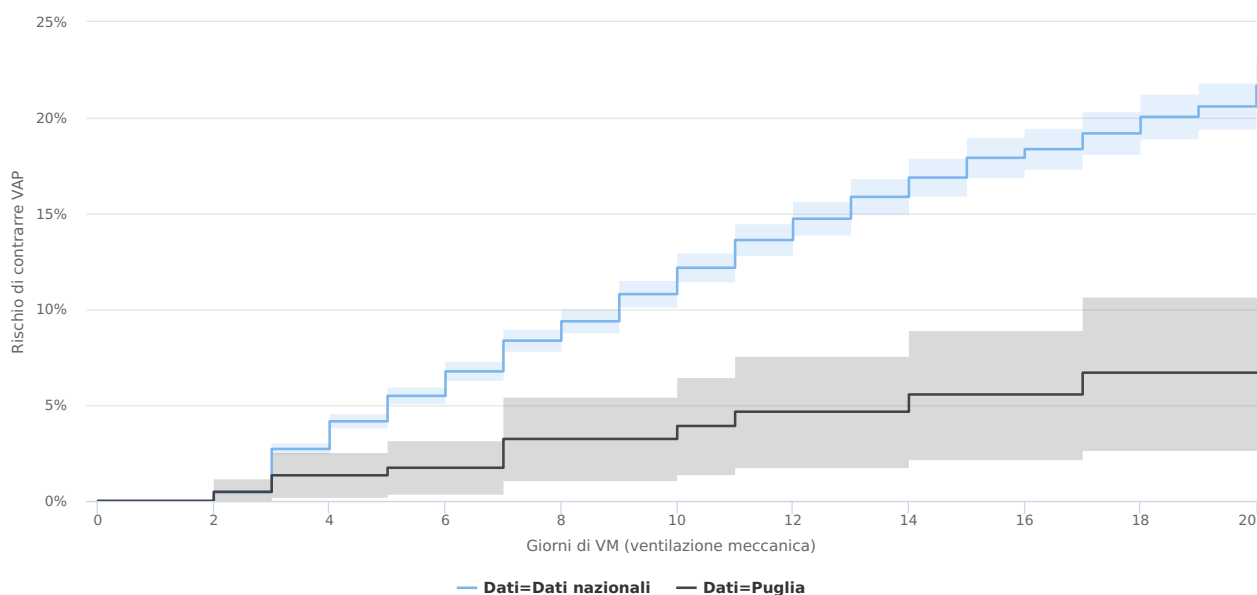
Il secondo invece:

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

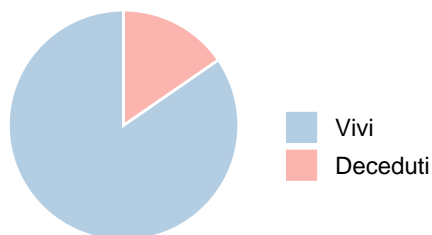
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

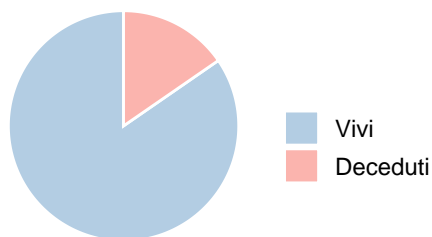


12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	11	84.6
Deceduti	2	15.4
Missing	0	0

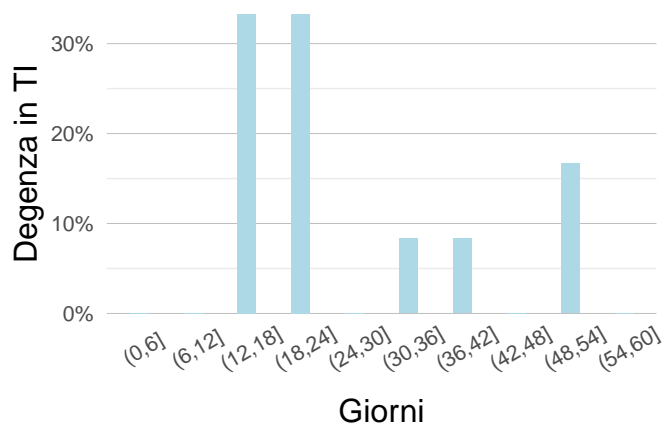
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	11	84.6
Deceduti	2	15.4
Missing	0	0

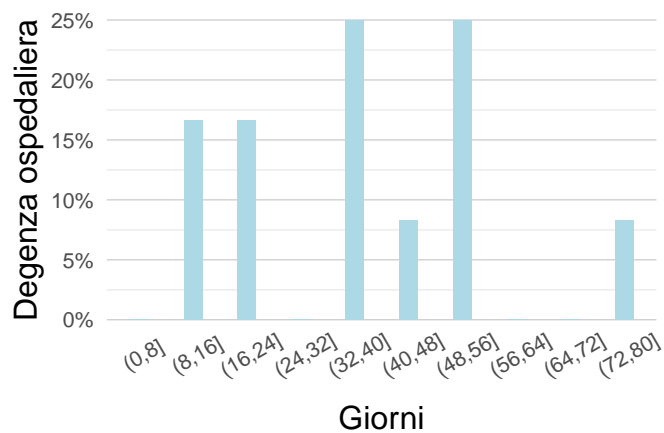
* Statistiche calcolate su 13 escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.3 (16.7)
Mediana (Q1-Q3)	23 (18-38)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.0 (24.7)
Mediana (Q1-Q3)	39 (23-51)
Missing	0

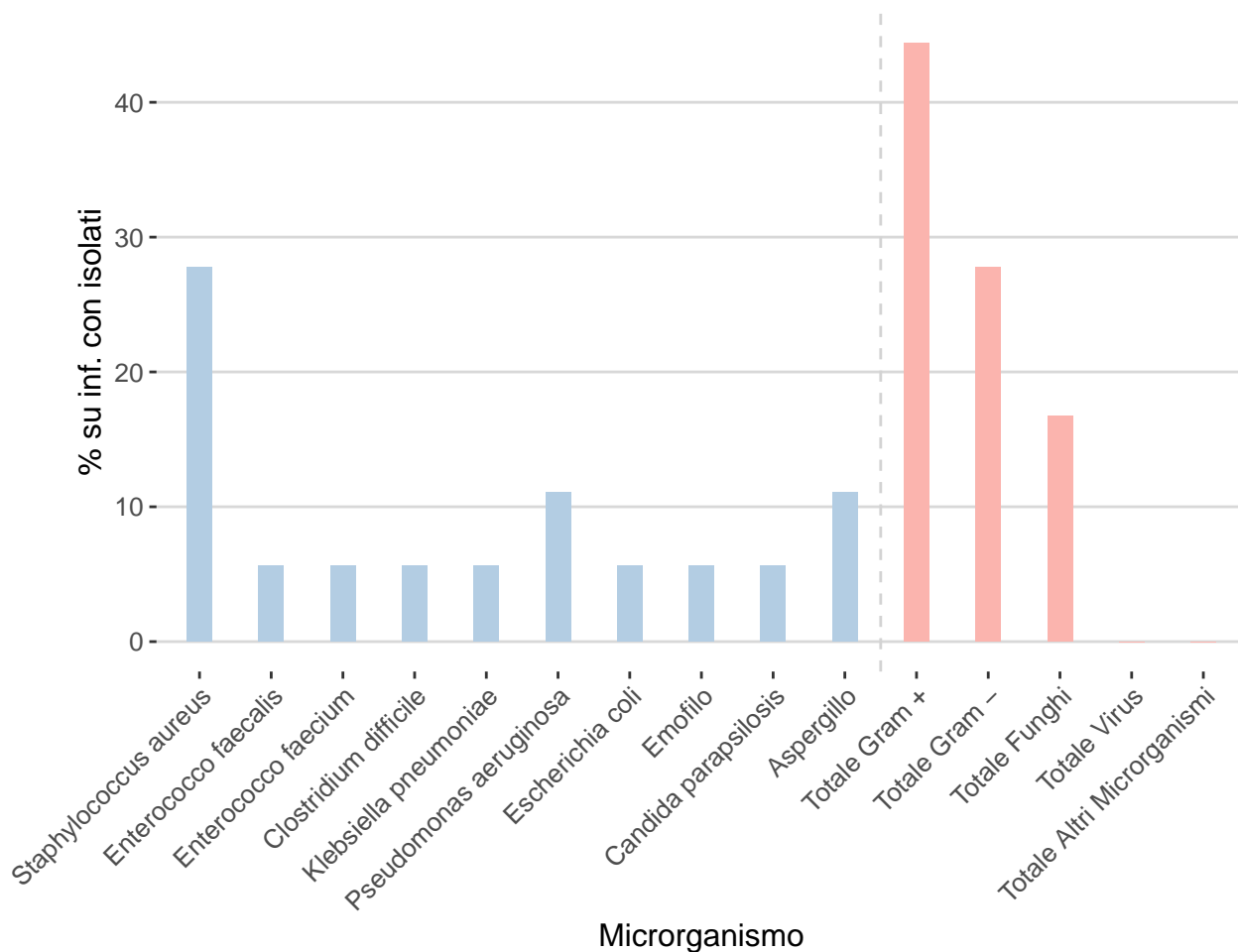
* Statistiche calcolate su 13 escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	10.5
Sì	17	89.5
Missing	0	
Totale infezioni	19	
Totale microrganismi isolati	18	

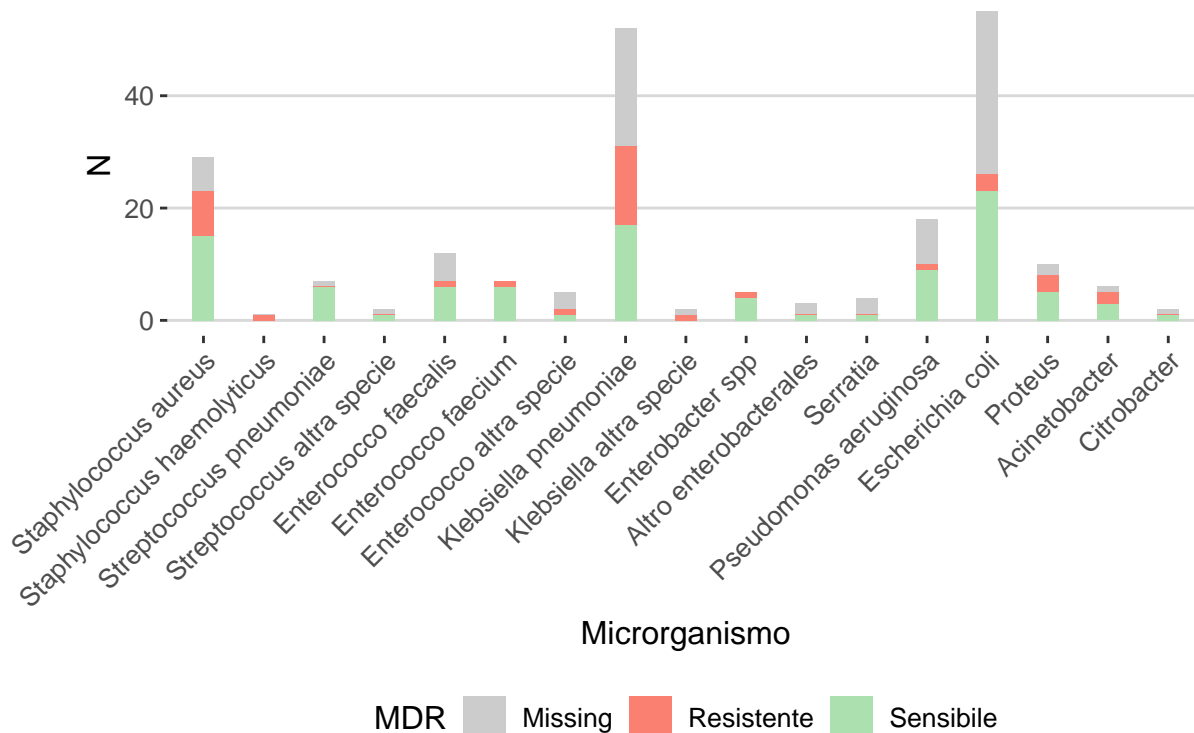
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	27.8	4	0	0
Enterococco faecalis	1	5.6	1	0	0

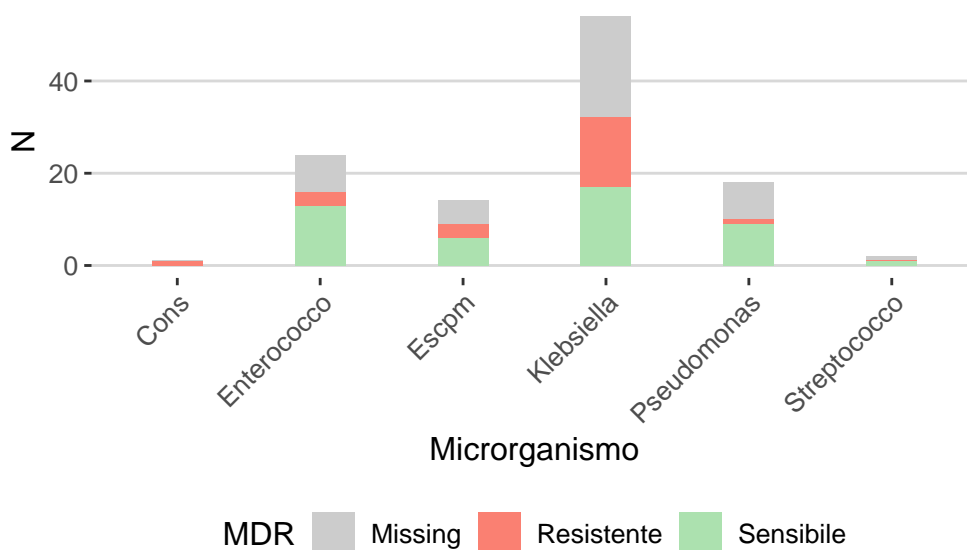
Enterococco faecium	1	5.6	1	0	0
Clostridium difficile	1	5.6	0	0	0
Totale Gram +	8	44.4	6	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	5.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	11.1	2	0	0
Escherichia coli	1	5.6	1	0	0
Emofilo	1	5.6	0	0	0
Totale Gram -	5	27.8	3	0	0
Candida parapsilosis	1	5.6	0	0	0
Aspergillo	2	11.1	0	0	0
Totale Funghi	3	16.7	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

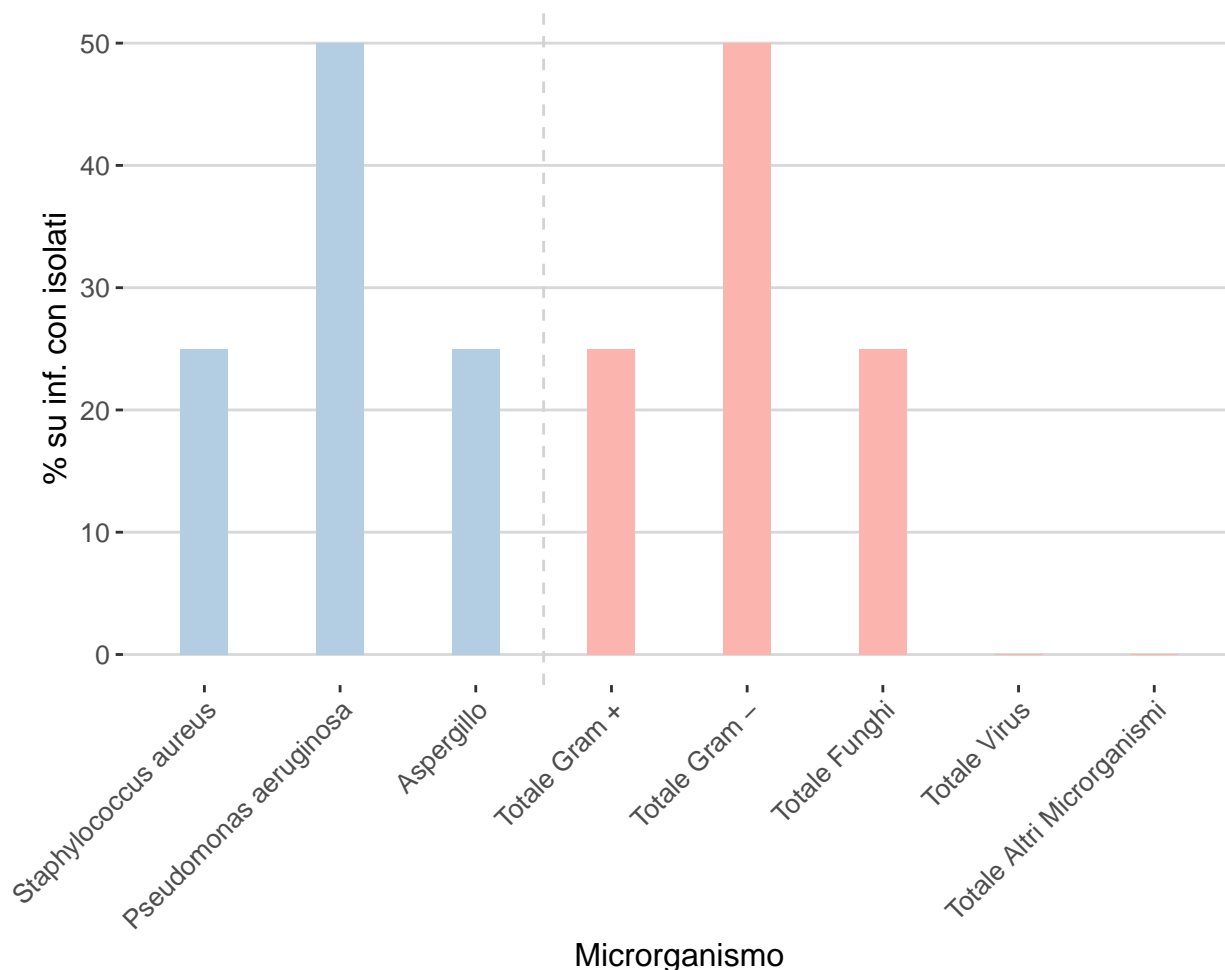
Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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.

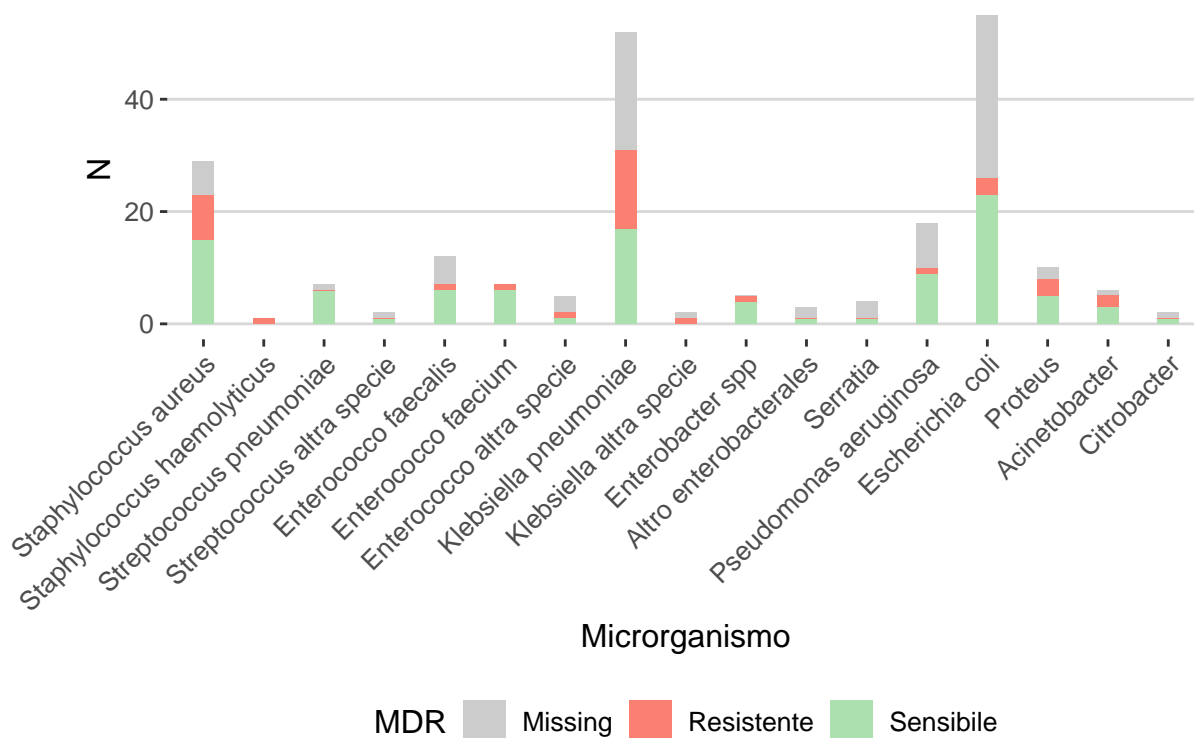
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	4	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	4	
Totale microrganismi isolati	4	

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.



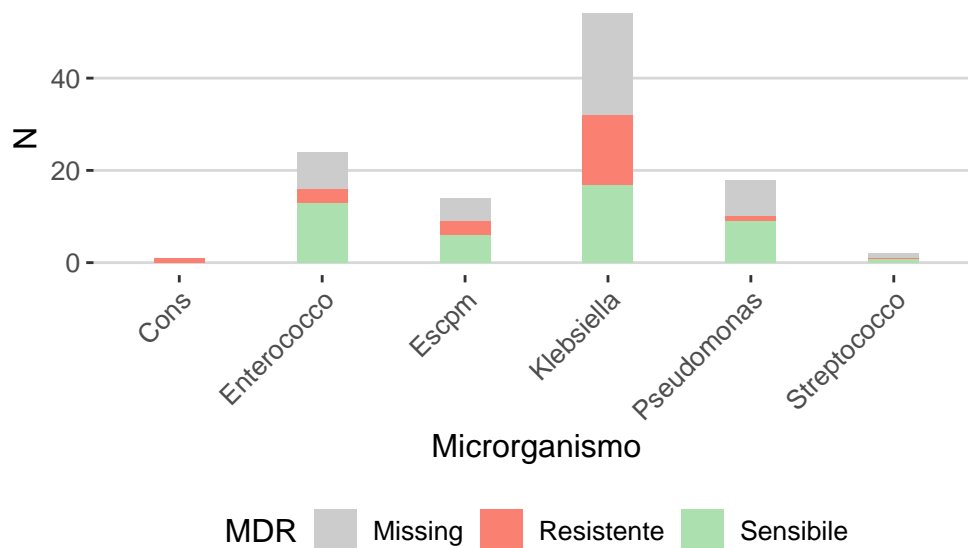
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	25	1	0	0
Totale Gram +	1	25	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	50	2	0	0
Totale Gram -	2	50	2	0	0
Aspergillo	1	25	0	0	0
Totale Funghi	1	25	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

Nel 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 (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Clamidia*, *Morganella*, *Pseudomonas altra specie*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *Herpes simplex*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Mycoplasma*, *Mycobacterium altra specie*). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

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

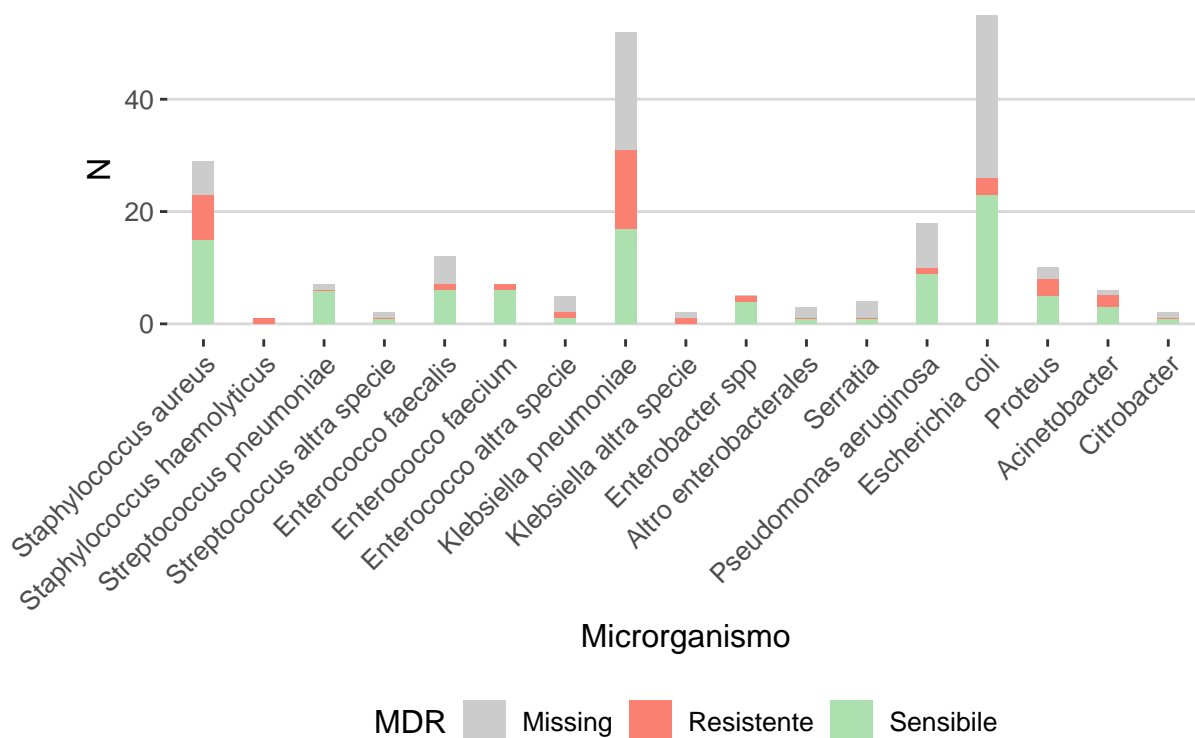
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	33.3
Sì	2	66.7
Missing	0	
Totale infezioni	3	
Totale microrganismi isolati	2	

Non sono stati isolati microrganismi per questo gruppo di pazienti.

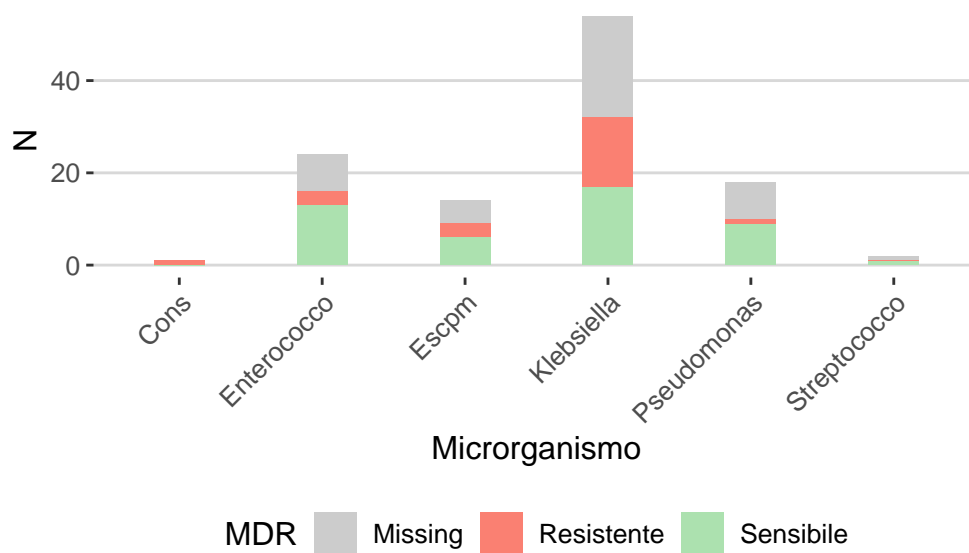
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	33.3	1	0	0
Totale Gram +	1	33.3	1	0	0
Totale Gram -	0	0.0	0	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

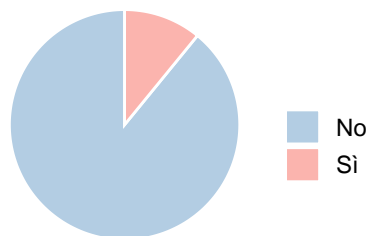
Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

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

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

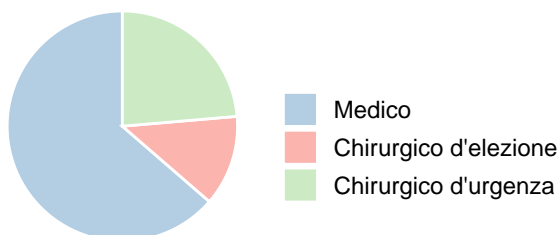
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 55)

13.1 Trauma



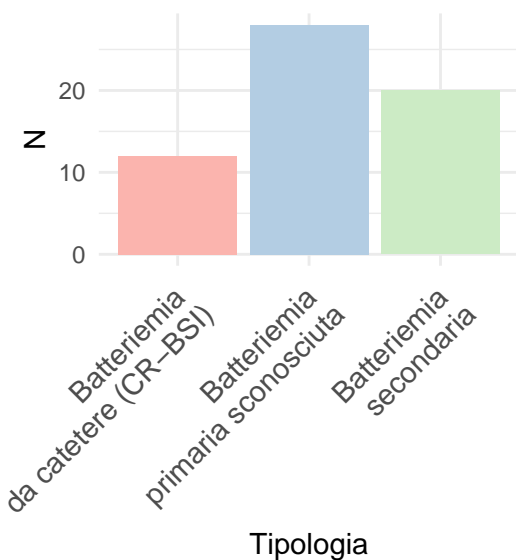
Trauma	N	%
No	49	89.1
Si	6	10.9
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



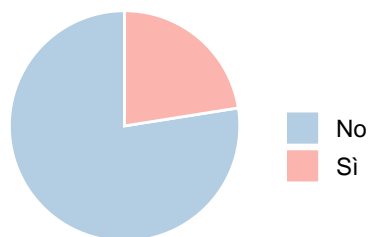
Stato chirurgico	N	%
Medico	35	63.6
Chirurgico d'elezione	7	12.7
Chirurgico d'urgenza	13	23.6
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	28	46.7
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	12	20.0
Batteriemia secondaria	20	33.3
Missing	0	0.0

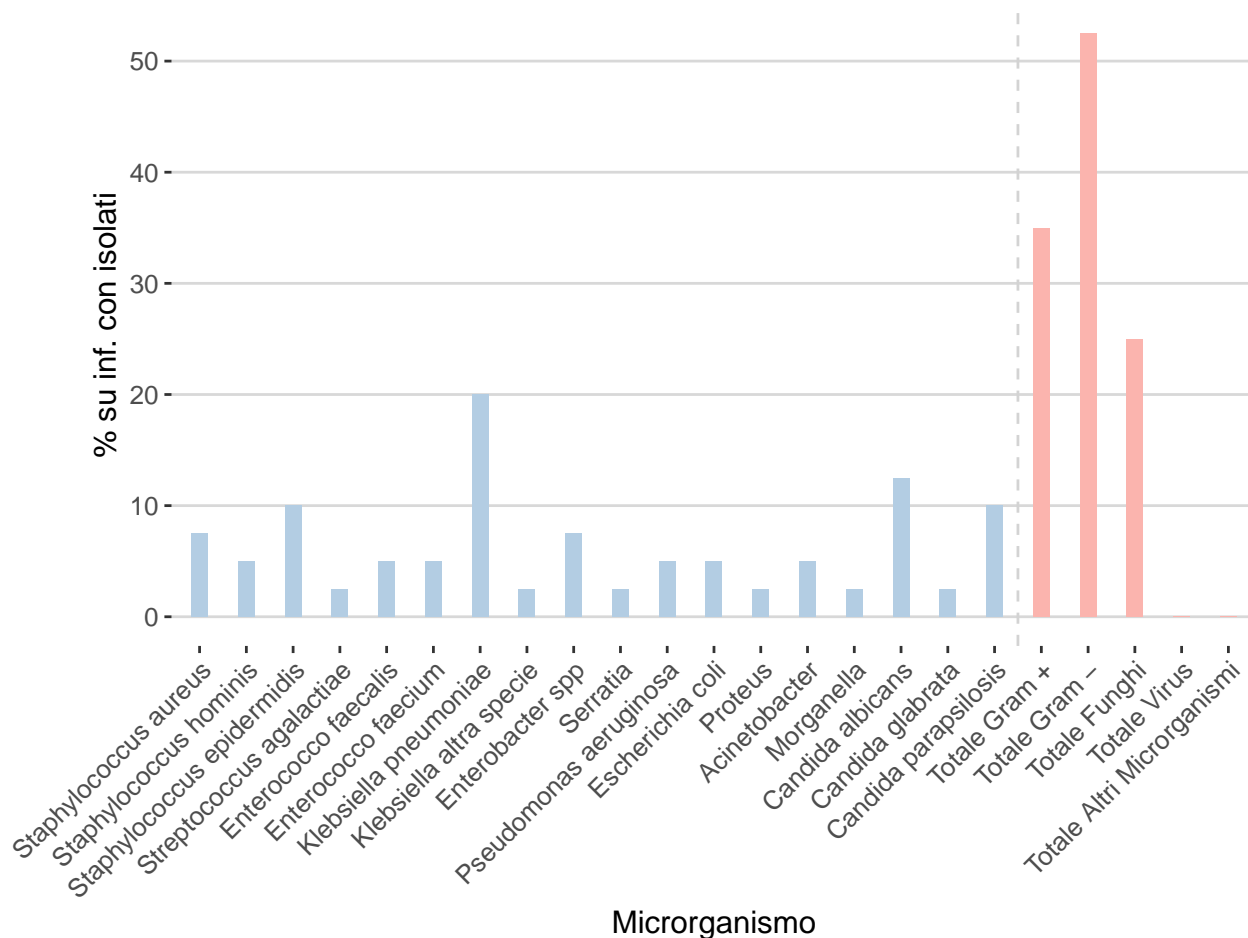
13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	31	77.5
Si	9	22.5
Missing	0	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

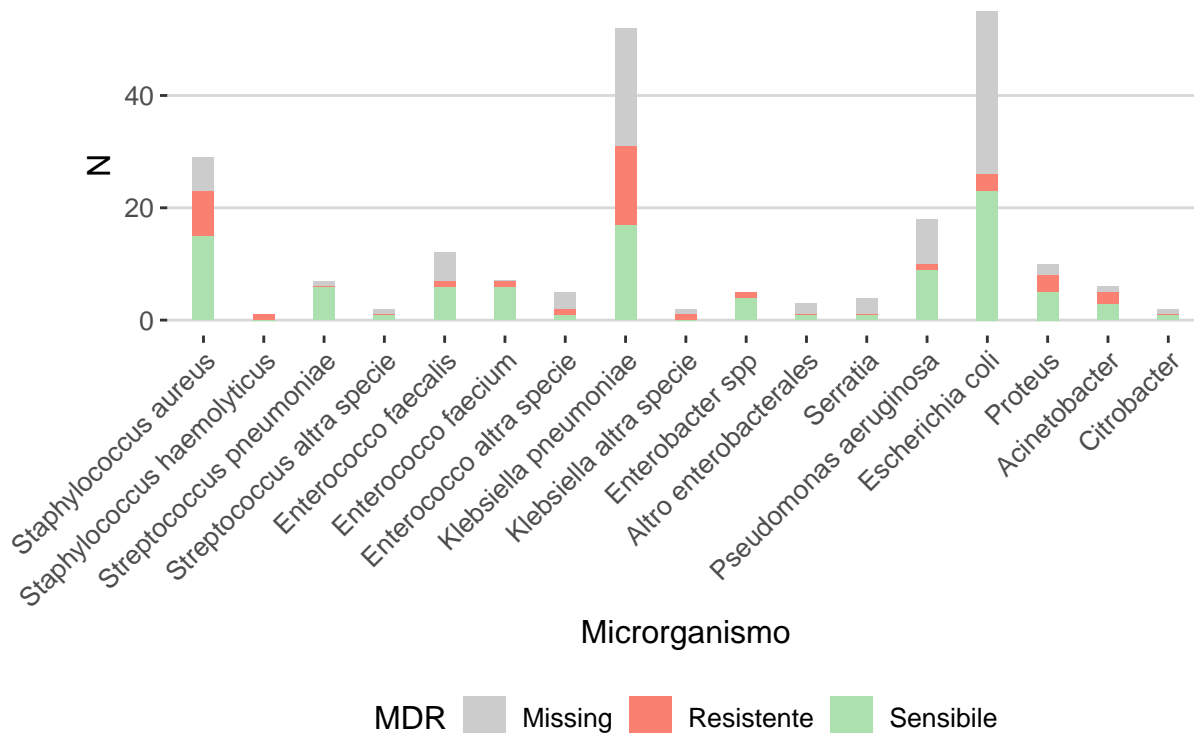
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	7.5	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	2	5.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	10.0	0	0	0

Streptococcus agalactiae	1	2.5	0	0	0
Enterococco faecalis	2	5.0	2	0	0
Enterococco faecium	2	5.0	1	0	0
Totale Gram +	14	35.0	6	1	16.7
Klebsiella pneumoniae	8	20.0	7	5	71.4
Klebsiella altra specie	1	2.5	1	0	0
Enterobacter spp	3	7.5	3	0	0
Serratia	1	2.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	5.0	2	0	0
Escherichia coli	2	5.0	0	0	0
Proteus	1	2.5	0	0	0
Acinetobacter	2	5.0	0	0	0
Morganella	1	2.5	1	0	0
Totale Gram -	21	52.5	15	5	33.3
Candida albicans	5	12.5	0	0	0
Candida glabrata	1	2.5	0	0	0
Candida parapsilosis	4	10.0	0	0	0
Totale Funghi	10	25.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

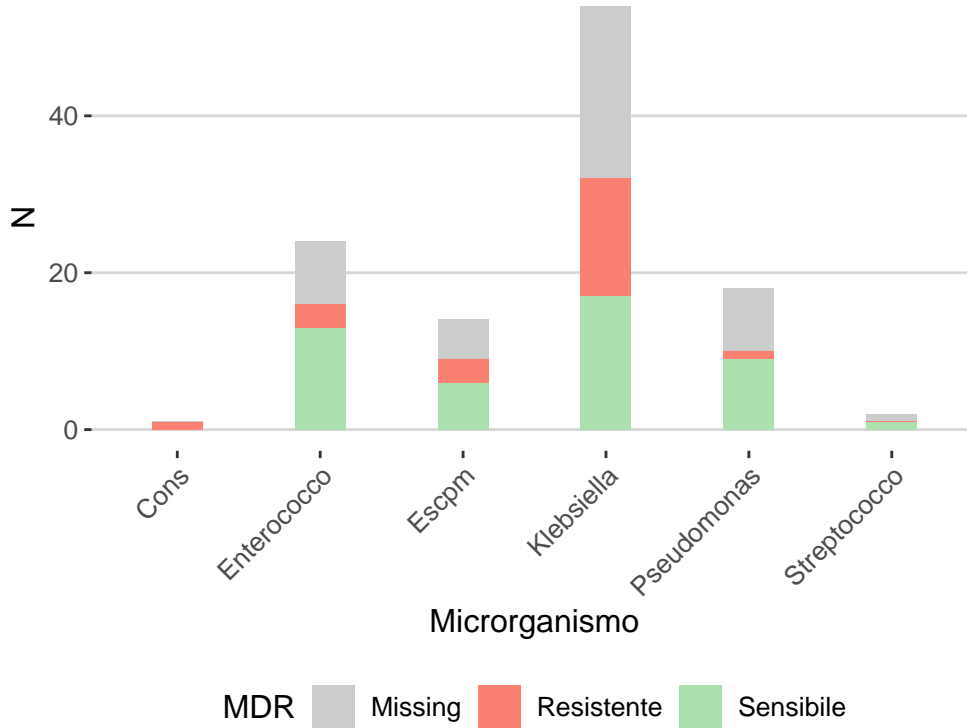
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Pseudomonas altra specie, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie

Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	7	Ertapenem	3	42.86
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	5	71.43

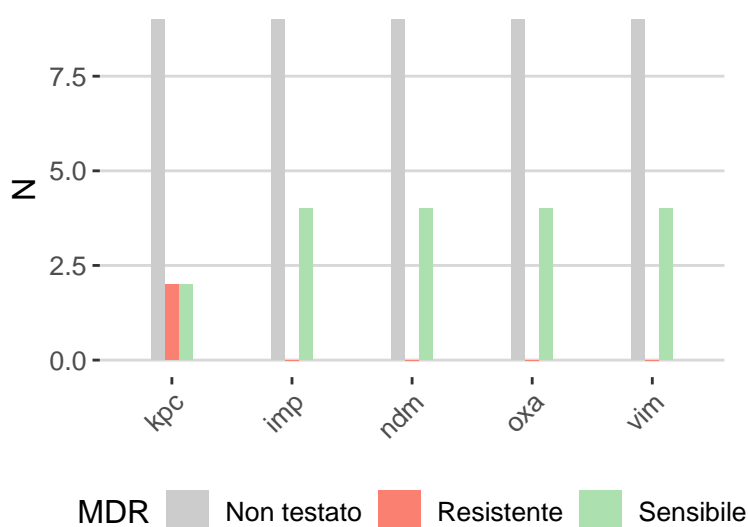
Staphylococcus aureus 3 Meticillina 1 33.33

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

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

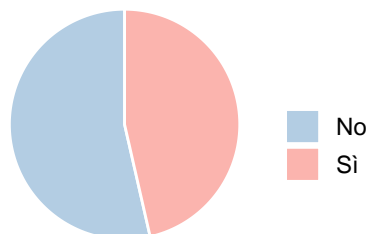
	N	%
Sì	2	18.18
No	2	18.18
Non testato	7	63.64
Missing	7	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	9
kpc	2	100	2	9
ndm	0	0	4	9
oxa	0	0	4	9
vim	0	0	4	9



14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 28)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	15	53.6
Sì	13	46.4
Missing	0	0

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	3.7	2.6 %
CI (95%)	2.4 - 5.3	1.7 - 3.7

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

Il primo:

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

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

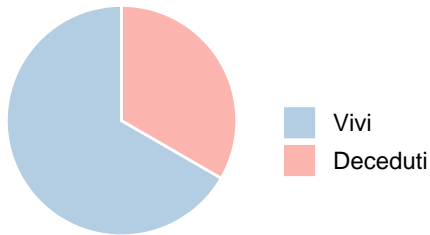
Il secondo:

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

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

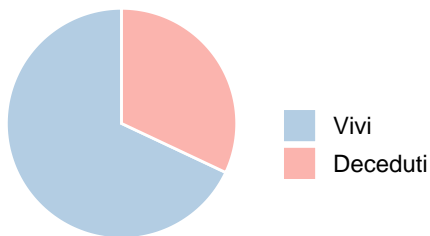
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	66.7
Deceduti	9	33.3
Missing	1	0

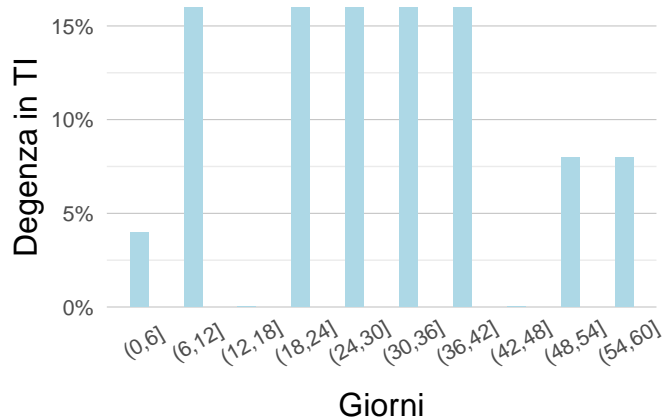
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	17	68.0
Deceduti	8	32.0
Missing	2	0

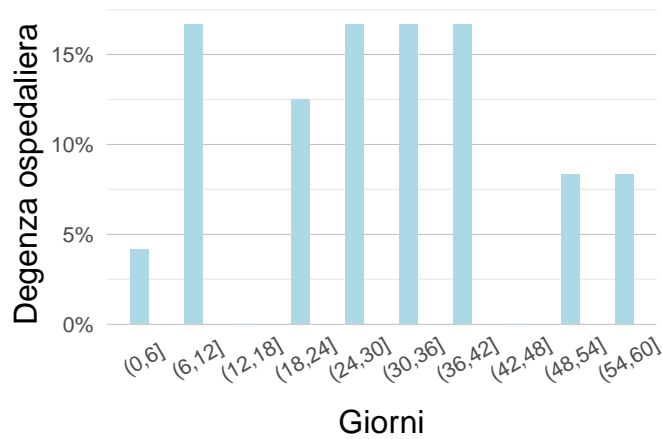
* Statistiche calcolate su 27 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.9 (21.2)
Mediana (Q1-Q3)	31 (22.5-39)
Missing	1

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *



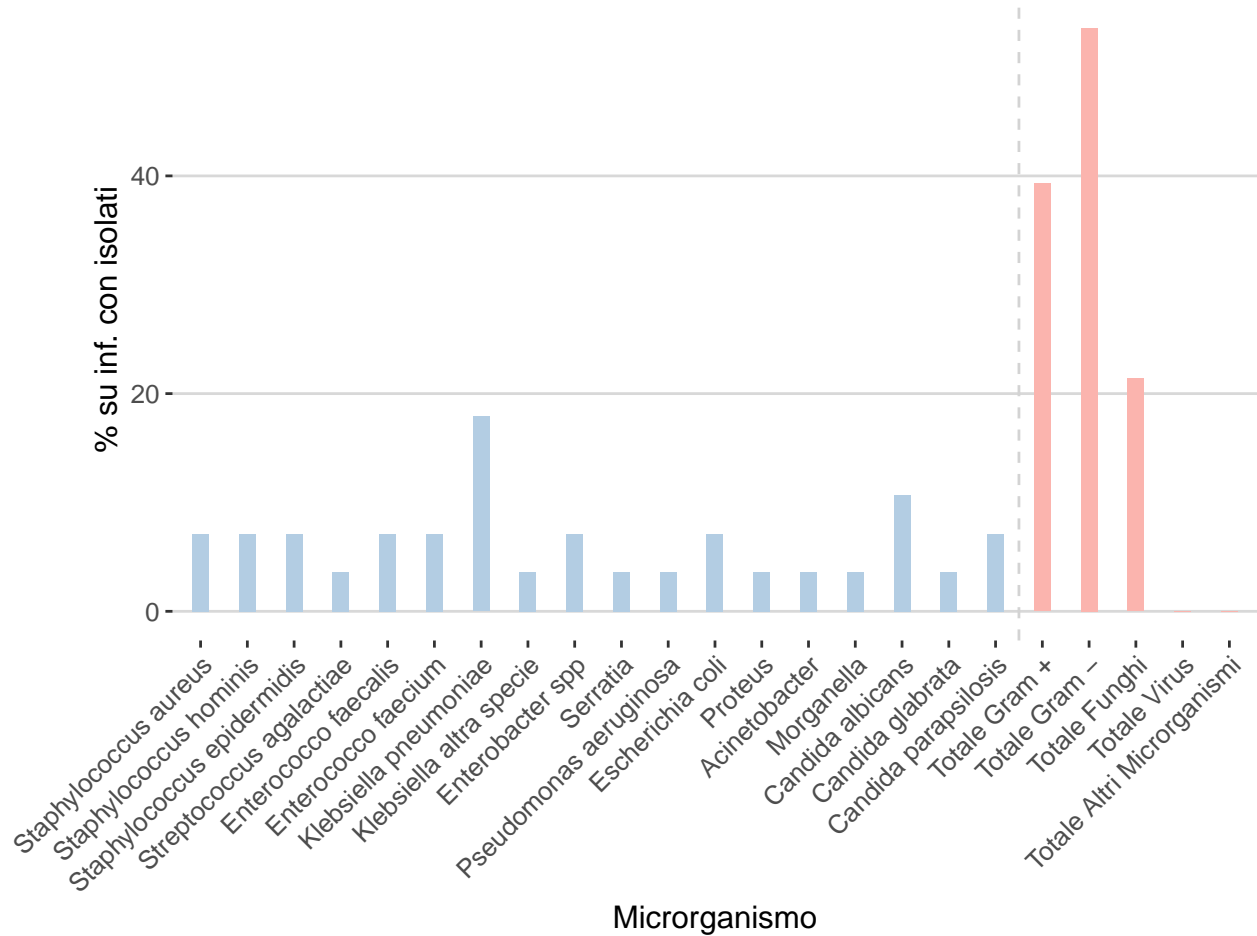
Indicatore	Valore
Media (DS)	52.5 (51.0)
Mediana (Q1-Q3)	39 (28-55)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 27 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.

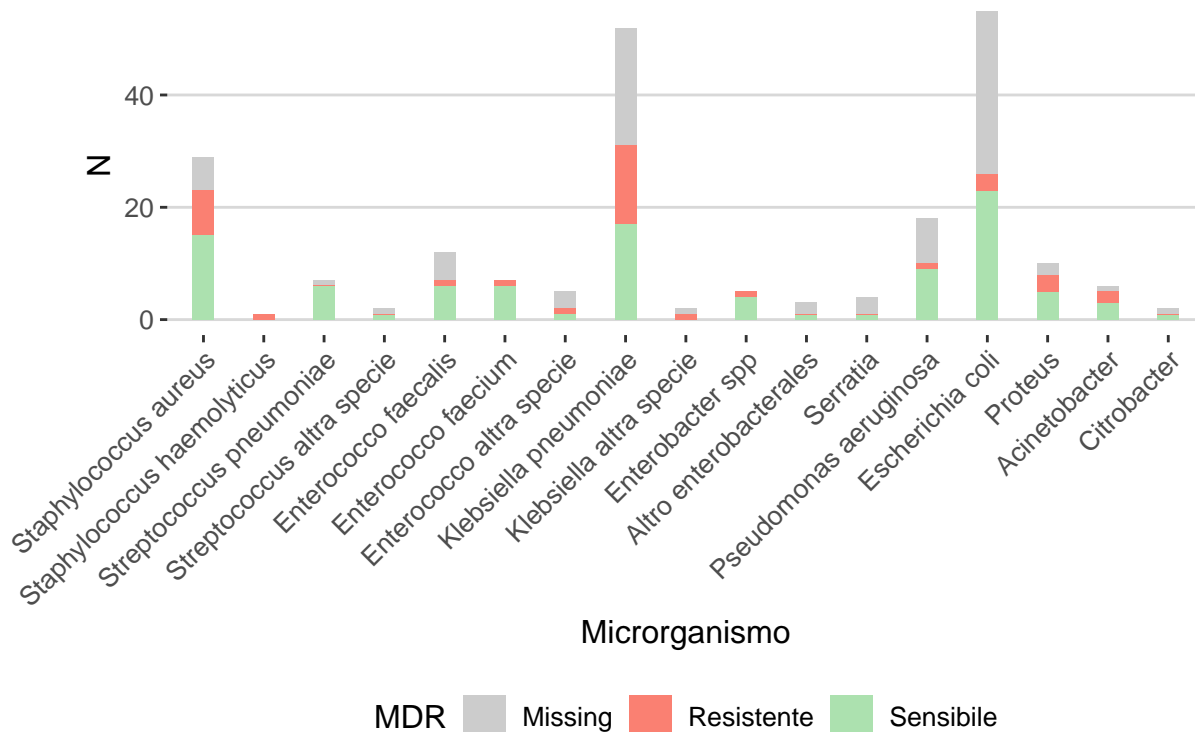
14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 28)



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	7.1	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	7.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	7.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	3.6	0	0	0
Enterococco faecalis	2	7.1	2	0	0
Enterococco faecium	2	7.1	1	0	0
Totale Gram +	11	39.3	5	1	20
Klebsiella pneumoniae	5	17.9	5	4	80
Klebsiella altra specie	1	3.6	1	0	0
Enterobacter spp	2	7.1	2	0	0
Serratia	1	3.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	3.6	1	0	0
Escherichia coli	2	7.1	0	0	0
Proteus	1	3.6	0	0	0
Acinetobacter	1	3.6	0	0	0
Morganella	1	3.6	1	0	0
Totale Gram -	15	53.6	11	4	36.4
Candida albicans	3	10.7	0	0	0
Candida glabrata	1	3.6	0	0	0
Candida parapsilosis	2	7.1	0	0	0
Totale Funghi	6	21.4	0	0	0

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

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



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

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

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

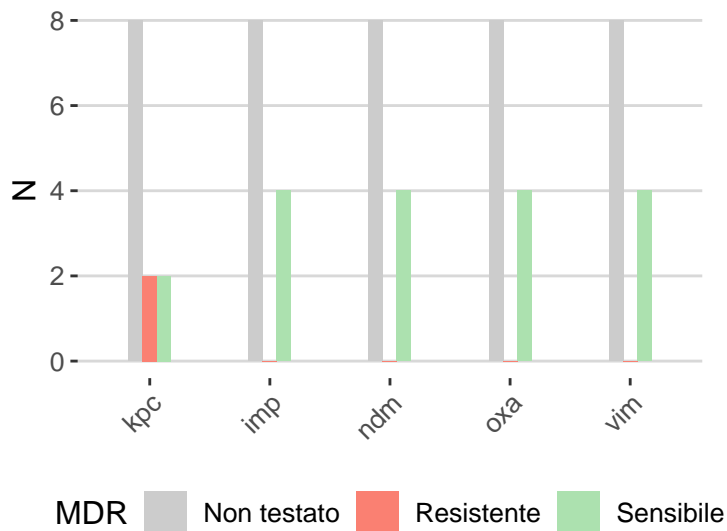
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Ertapenem	2	40
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	4	80
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50

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

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

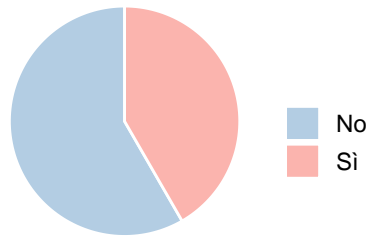
	N	%
Sì	2	20
No	2	20
Non testato	6	60
Missing	4	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	8
kpc	2	100	2	8
ndm	0	0	4	8
oxa	0	0	4	8
vim	0	0	4	8



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 12)

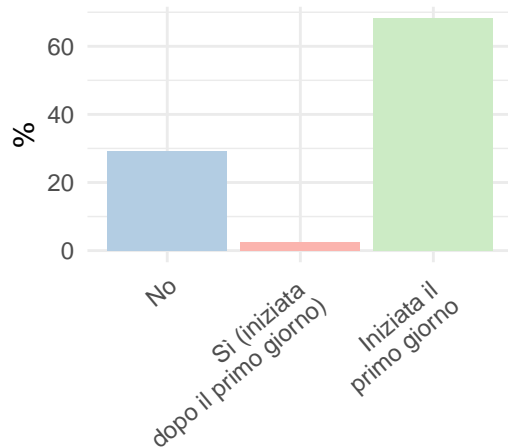
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	7	58.3
Si	5	41.7
Missing	0	0

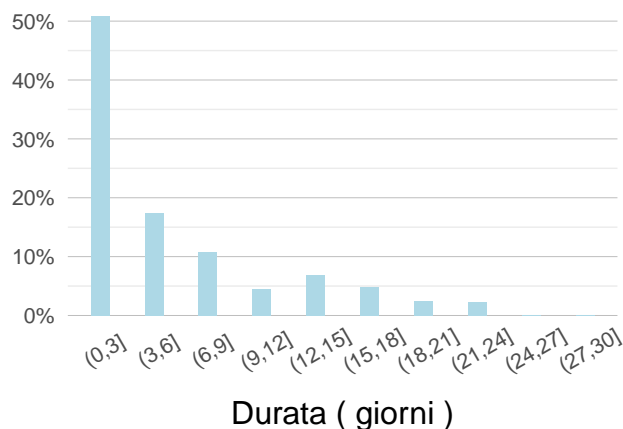
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 1159)



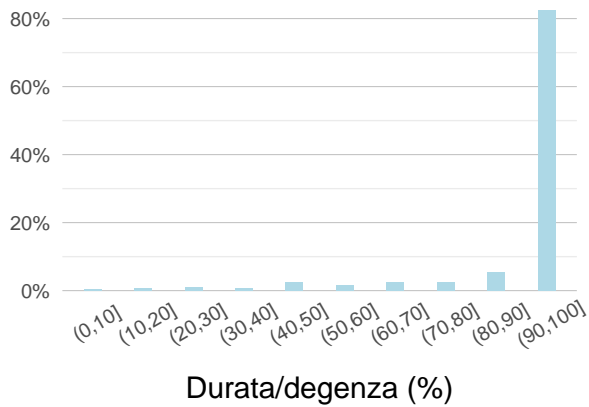
Cvc	N	%
No	333	29.2
Si	807	70.8
Iniziata il primo giorno	790	68.2
Missing	19	

15.2.2 Durata (giorni)



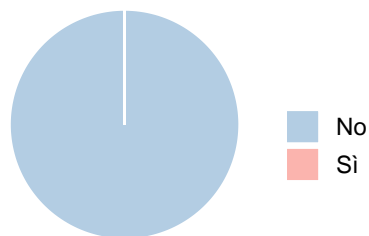
Indicatore	Valore
Media (DS)	7.7 (11.1)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-10)
Missing	4

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



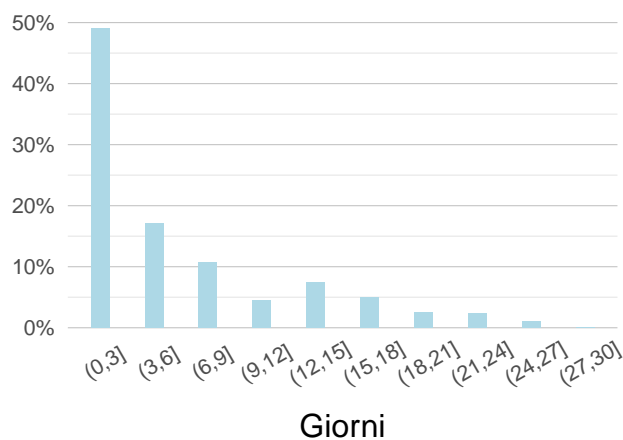
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.3 (17.0)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	6

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 1159)



Infezione locale da catetere	N	%
No	1139	100.0
Si	0	0.0
Missing	20	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	11
Media (DS)	24.3 (16.3)
Mediana (Q1-Q3)	18 (13-36.5)
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.9	1.3 %
CI (95%)	1.0 - 3.3	0.7 - 2.3

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

Il primo:

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

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

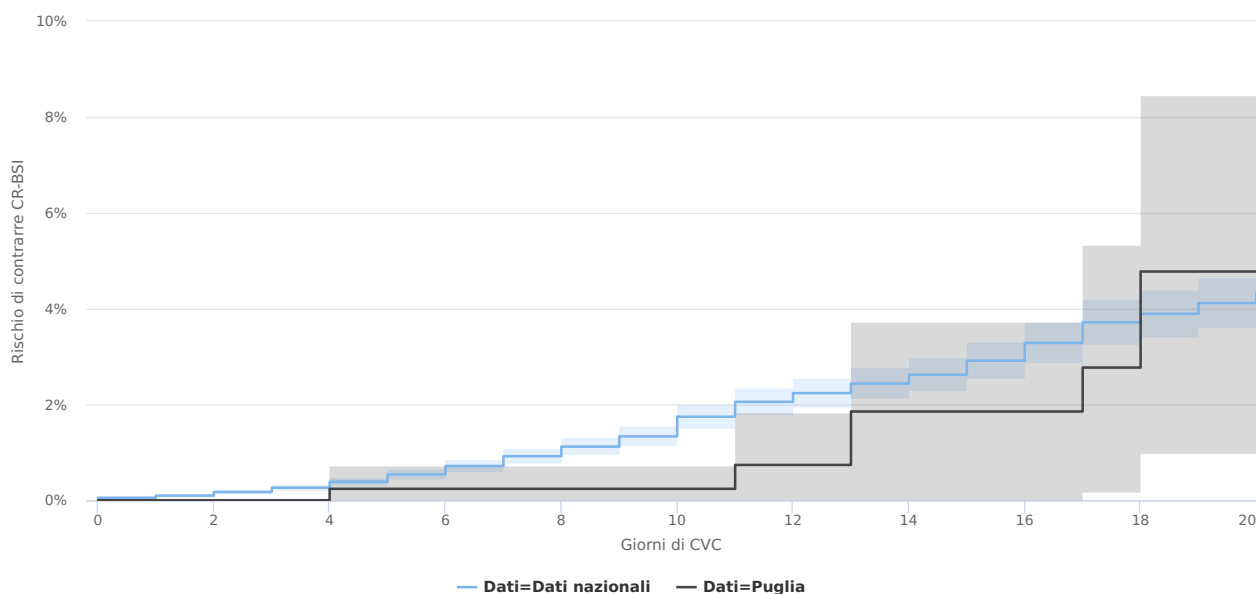
Il secondo invece:

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

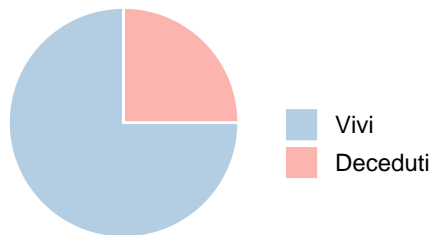
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

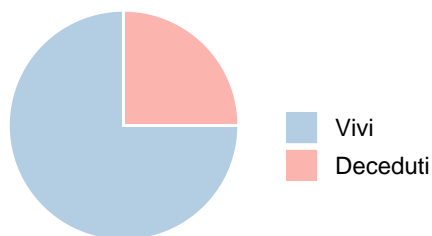


15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	9	75.0
Deceduti	3	25.0
Missing	0	0

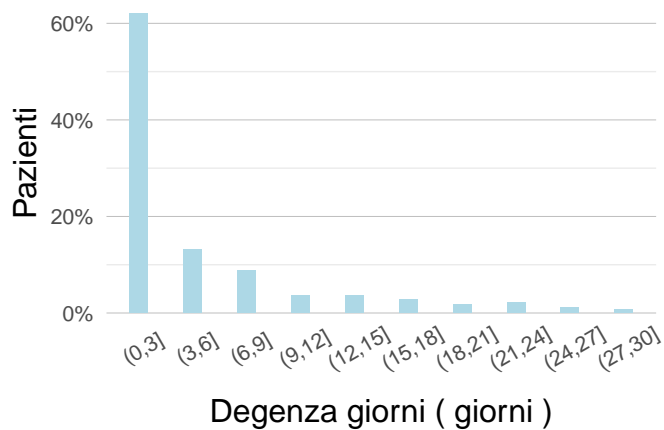
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	9	75.0
Deceduti	3	25.0
Missing	0	0

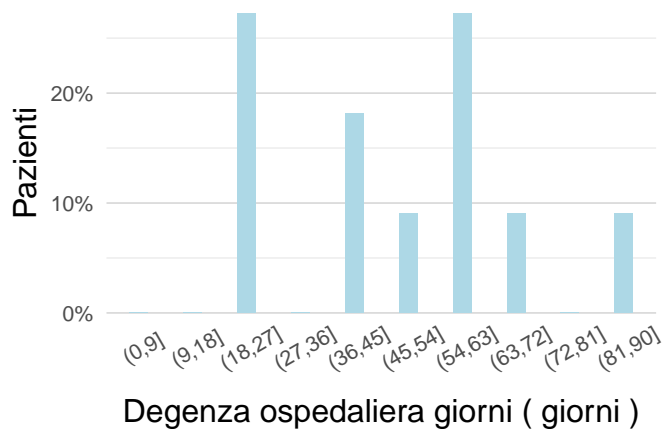
* Statistiche calcolate su 12 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.4 (21.2)
Mediana (Q1-Q3)	42.5 (20-54.8)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	52.2 (26.9)
Mediana (Q1-Q3)	54 (33-63.8)
Missing	0

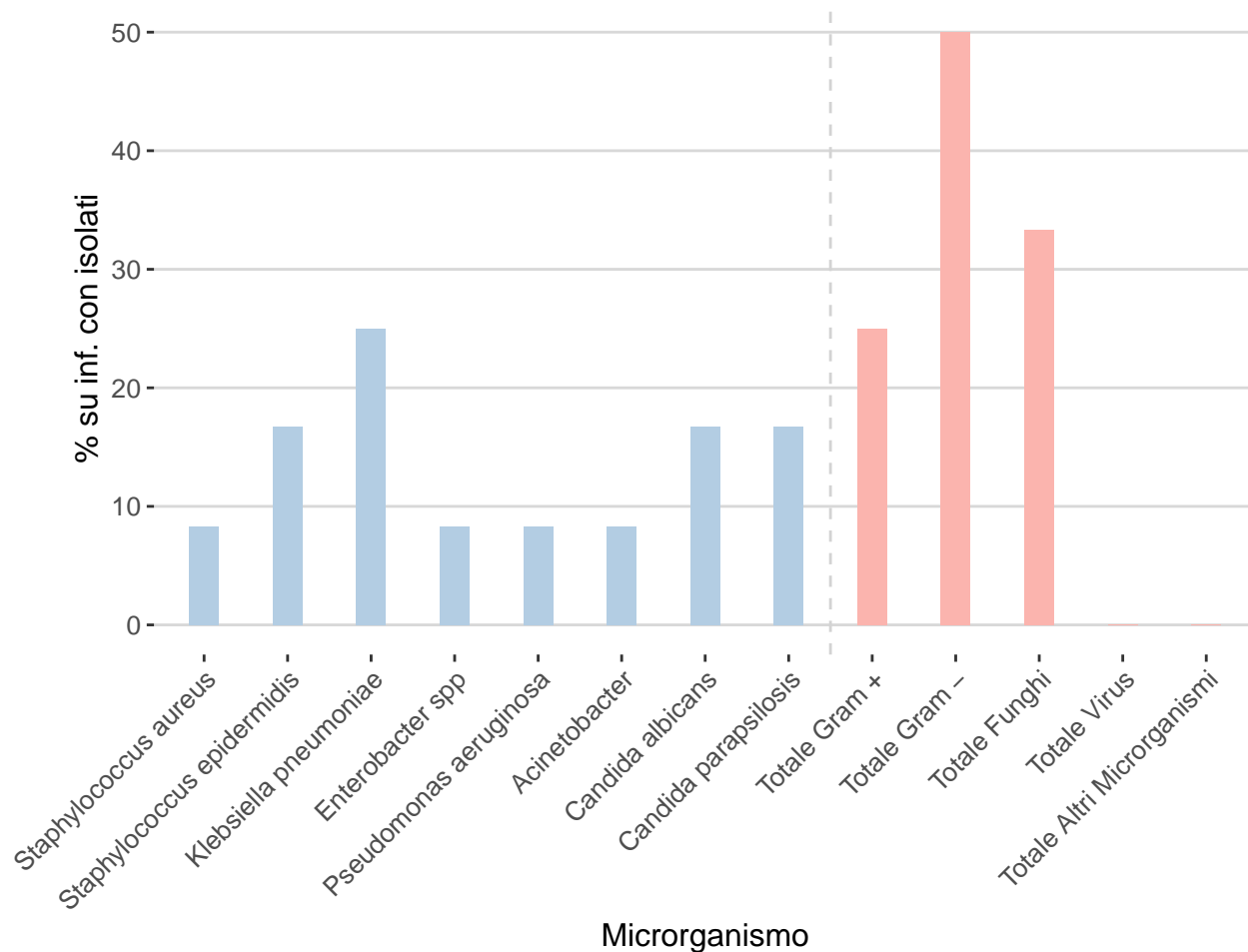
* Statistiche calcolate su 12 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

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

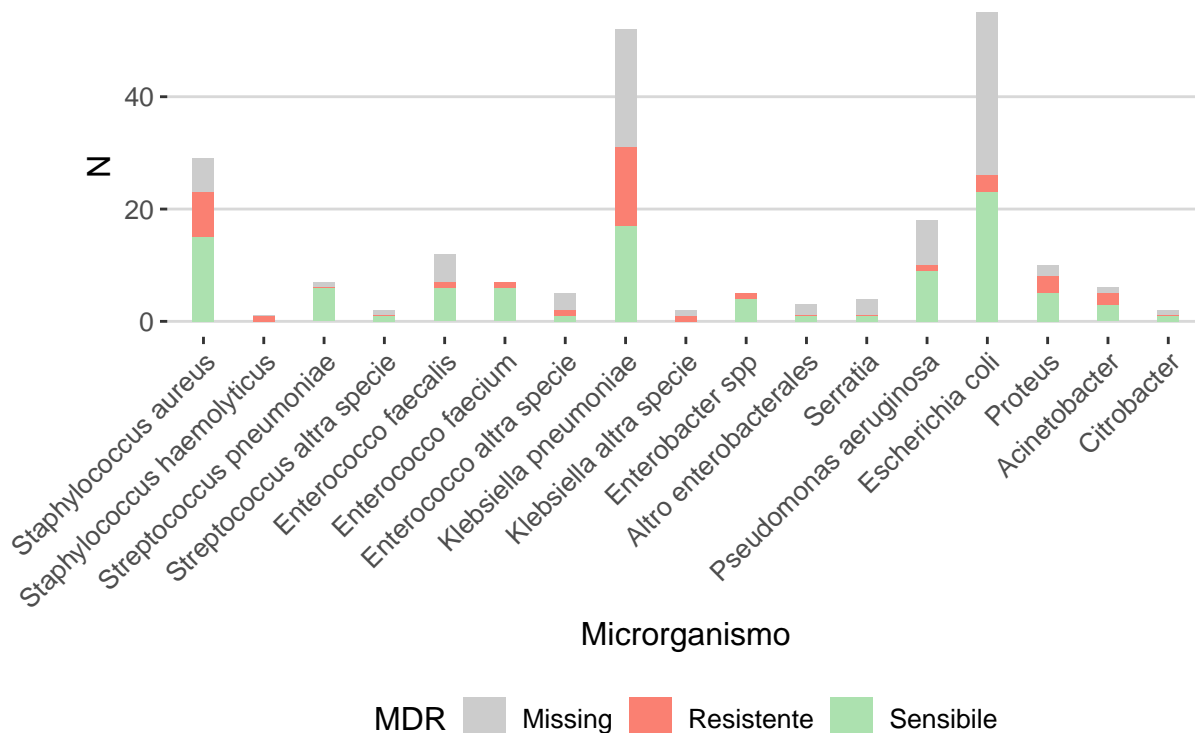
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	12	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	12	
Totale microrganismi isolati	13	

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.



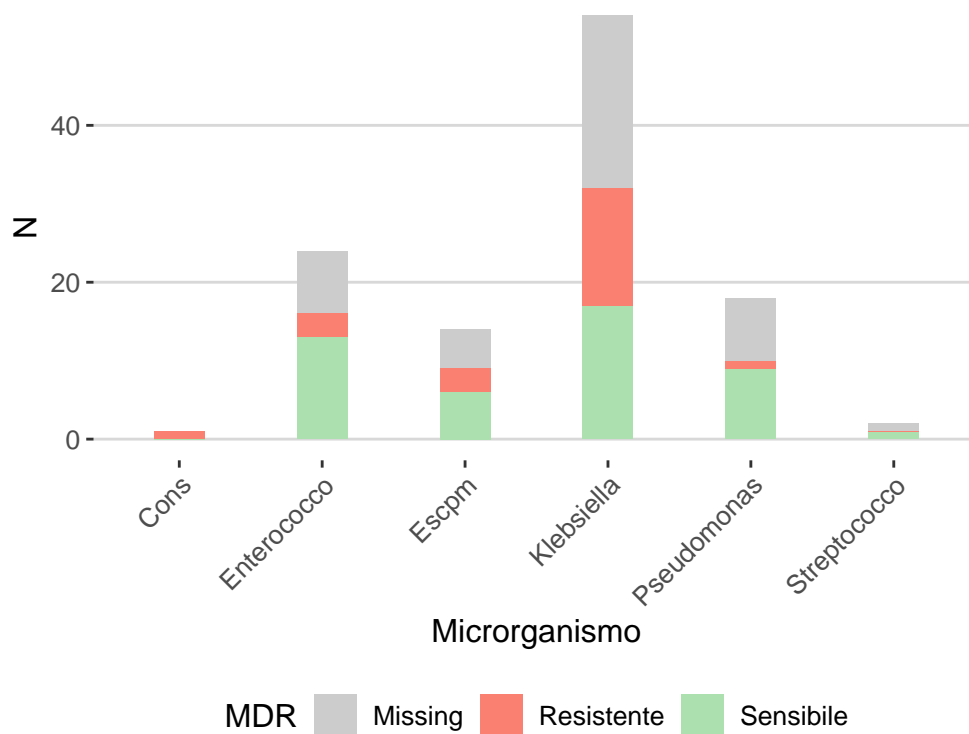
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	8.3	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	16.7	0	0	0
Totale Gram +	3	25.0	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	25.0	2	1	50
Enterobacter spp	1	8.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	8.3	1	0	0
Acinetobacter	1	8.3	0	0	0
Totale Gram -	6	50.0	4	1	25
Candida albicans	2	16.7	0	0	0
Candida parapsilosis	2	16.7	0	0	0
Totale Funghi	4	33.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

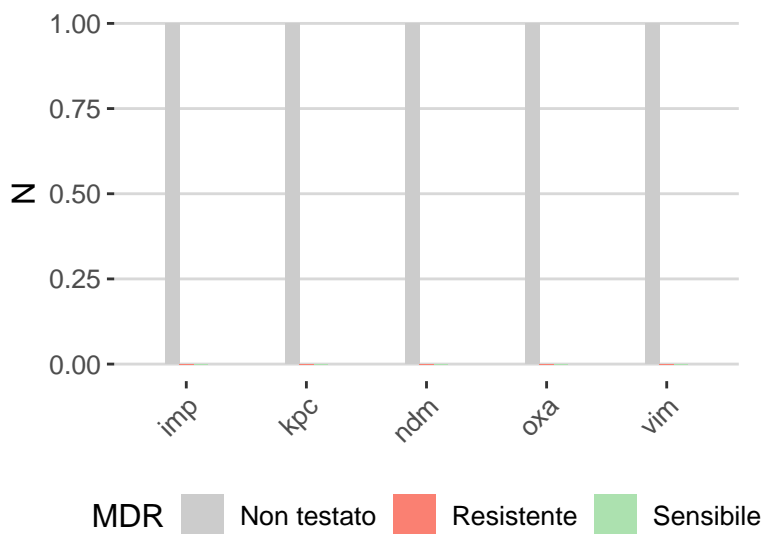
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50
Klebsiella pneumoniae	2	Meropenem	1	50

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

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

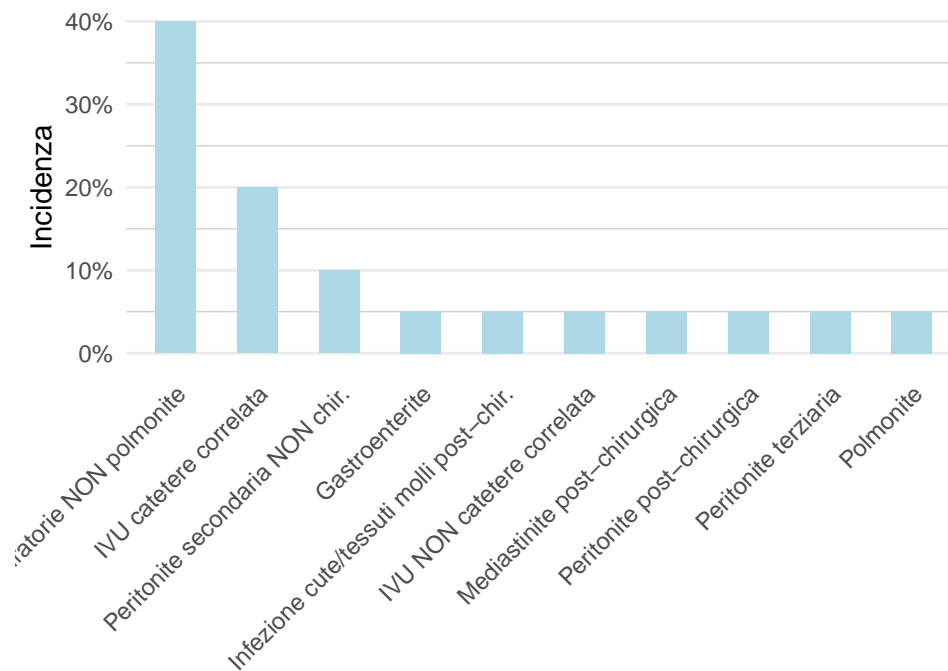
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	3	

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



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 20)

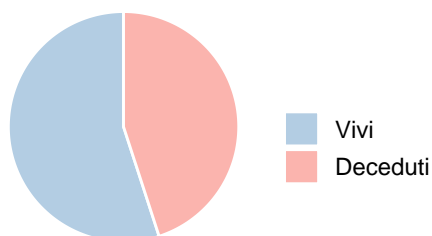
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

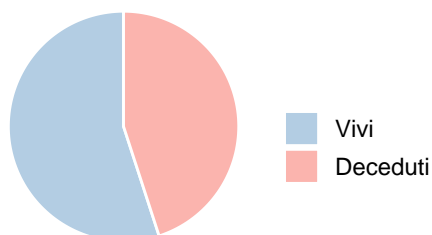
Infezione	N	%
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	8	40
IVU catetere correlata	4	20
Peritonite secondaria NON chir.	2	10
Polmonite	1	5
Mediastinite post-chirurgica	1	5
Peritonite terziaria	1	5
Peritonite post-chirurgica	1	5
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	1	5
IVU NON catetere correlata	1	5
Gastroenterite	1	5
Missing	0	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	11	55.0
Deceduti	9	45.0
Missing	0	0

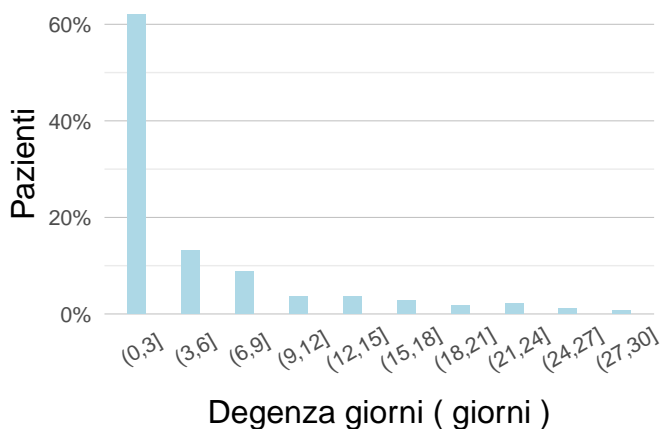
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	11	55.0
Deceduti	9	45.0
Missing	0	0

* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.0 (31.8)
Mediana (Q1-Q3)	36 (18.8-43.8)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.0 (31.3)
Mediana (Q1-Q3)	38.5 (19.2-46)
Missing	0

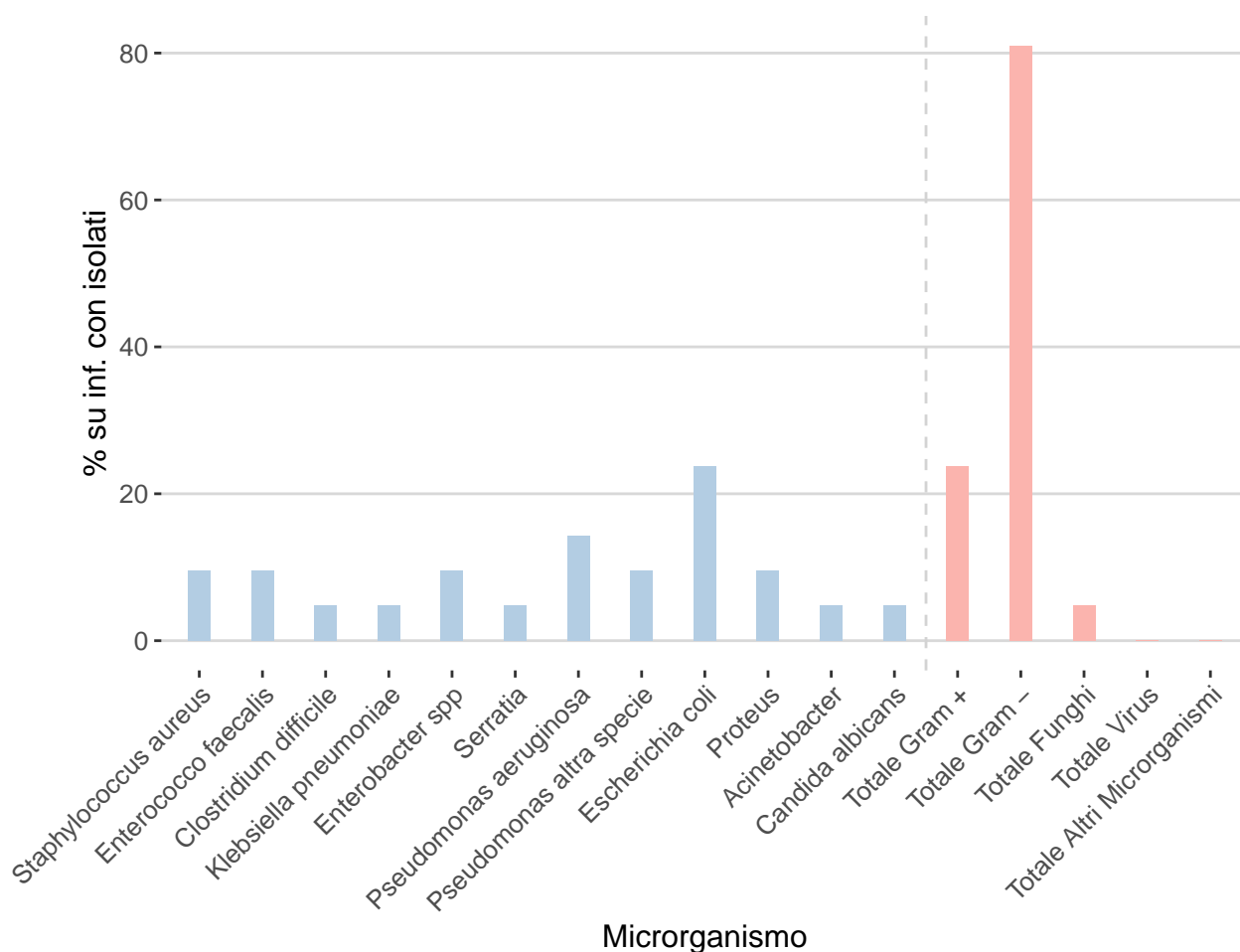
* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

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	0	0.0
Sì	21	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	21	
Totale microrganismi isolati	24	

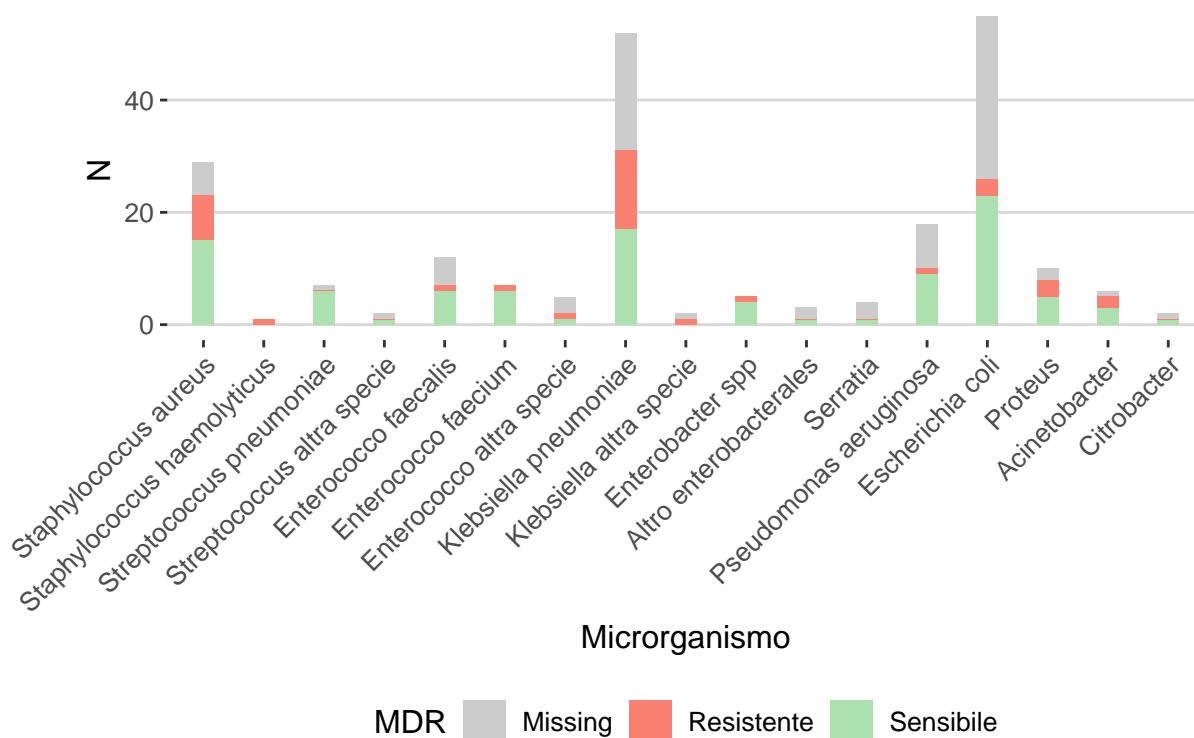
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

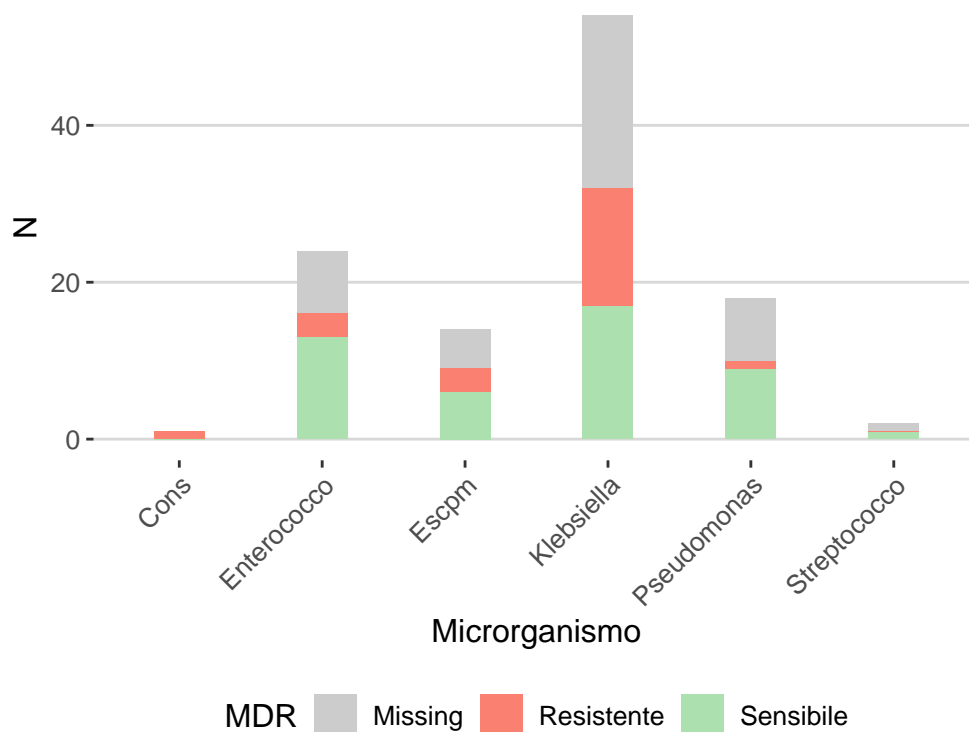
Staphylococcus aureus	2	9.5	0	0	0
Enterococco faecalis	2	9.5	0	0	0
Clostridium difficile	1	4.8	0	0	0
Totale Gram +	5	23.8	0	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	4.8	1	1	100
Enterobacter spp	2	9.5	2	0	0
Serratia	1	4.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	14.3	2	1	50
Pseudomonas altra specie	2	9.5	2	2	100
Escherichia coli	5	23.8	2	0	0
Proteus	2	9.5	0	0	0
Acinetobacter	1	4.8	0	0	0
Totale Gram -	17	81.0	10	4	40
Candida albicans	1	4.8	0	0	0
Totale Funghi	1	4.8	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 (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Pseudomonas altra specie, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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

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

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

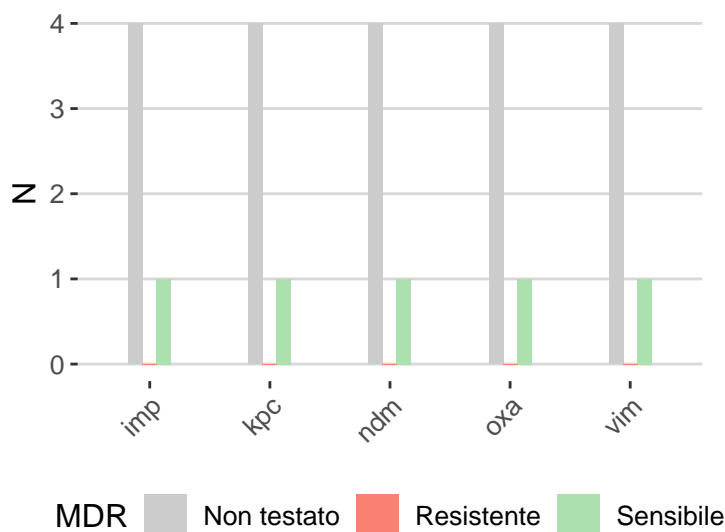
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	1	Ertapenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	2	Imipenem	1	50
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100

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	0	0
No	1	20
Non testato	4	80
Missing	6	

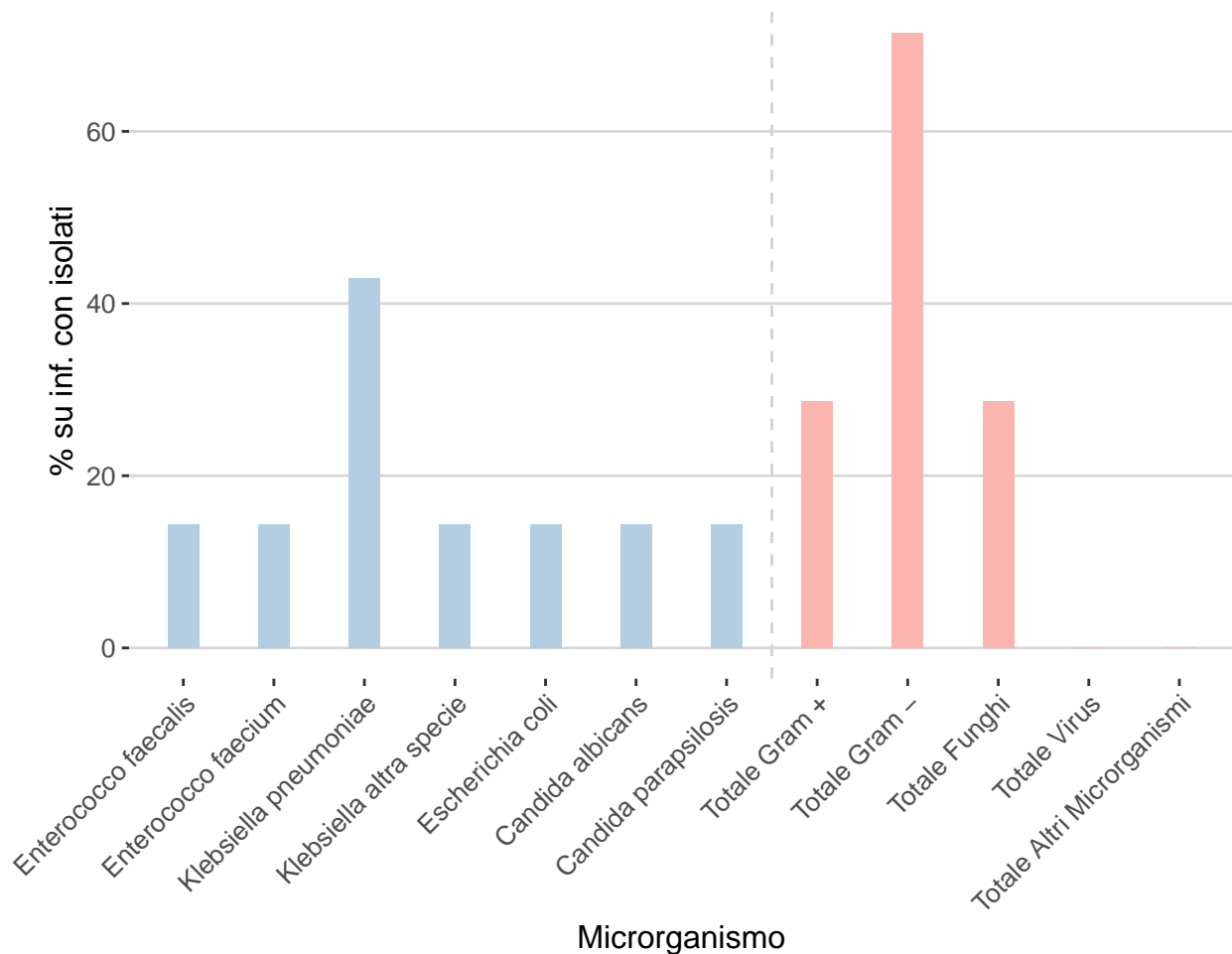
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	4
kpc	0	0	1	4
ndm	0	0	1	4
oxa	0	0	1	4
vim	0	0	1	4



17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 7)

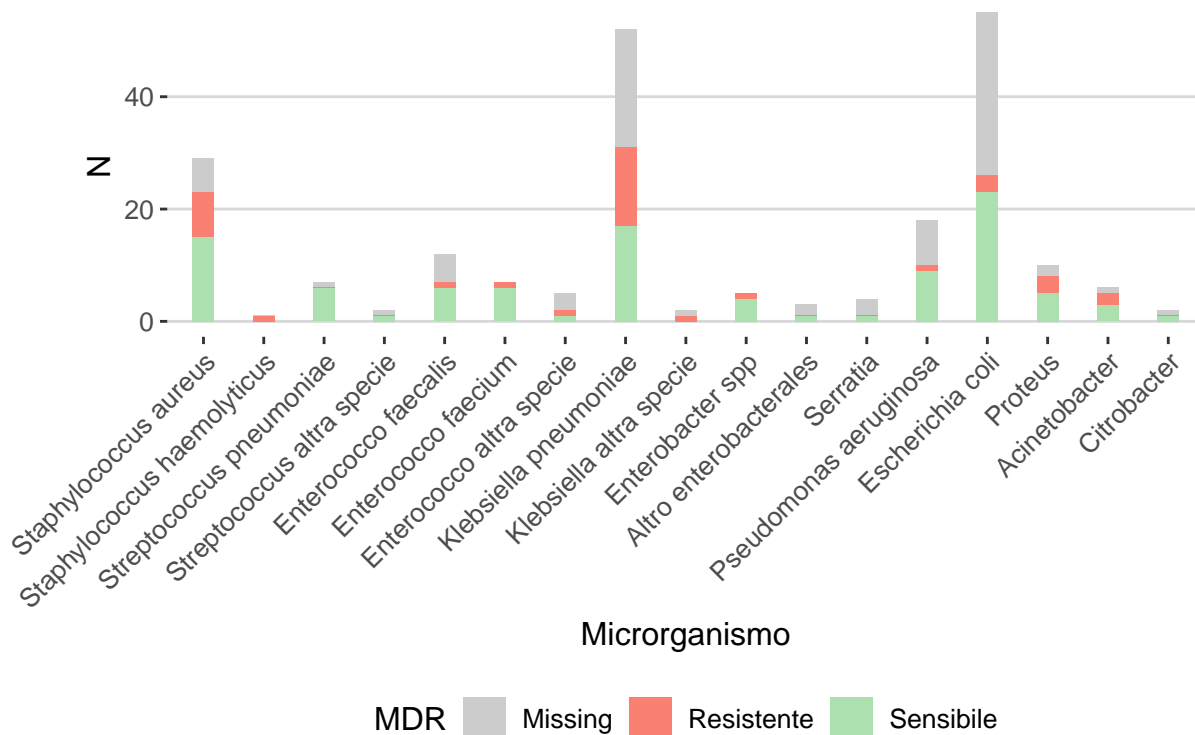
17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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.



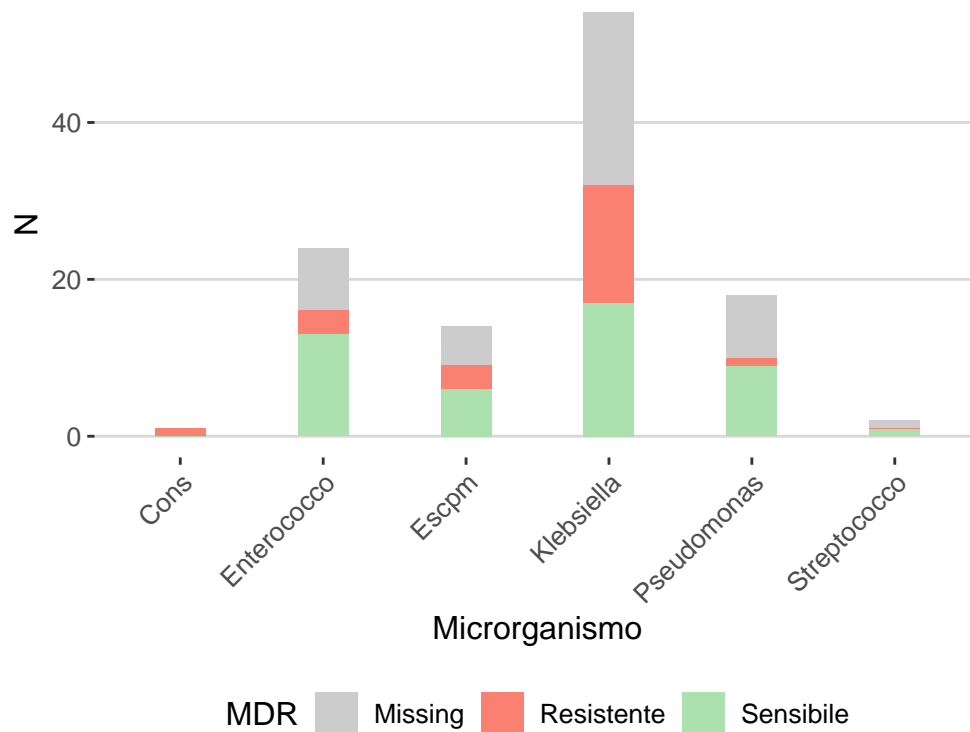
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	1	14.3	1	0	0
Enterococco faecium	1	14.3	0	0	0
Totale Gram +	2	28.6	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	3	42.9	3	3	100
Klebsiella altra specie	1	14.3	1	0	0
Escherichia coli	1	14.3	0	0	0
Totale Gram -	5	71.4	4	3	75
Candida albicans	1	14.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	14.3	0	0	0
Totale Funghi	2	28.6	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 (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Pseudomonas altra specie, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	24	16	13	3	18.75	8
Escpm	14	9	6	3	33.33	5
Klebsiella	54	32	17	15	46.88	22
Pseudomonas	18	10	9	1	10.00	8
Streptococco	2	1	1	0	0.00	1

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	%
Klebsiella pneumoniae	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	3	100.00

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

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