

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalò Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 4431 )</b>	<b>13</b>
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
<b>3 Pazienti infetti ( N = 587 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 3838 )</b>	<b>19</b>
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

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>24</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 368)</b>	<b>25</b>
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
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 21)</b>	<b>32</b>
6.1 Tipologia di peritonite . . . . .	32
6.2 Tipo di infezione . . . . .	32
6.3 Infezione batteriemica . . . . .	32
6.4 Infezioni multisito . . . . .	33
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	33
6.6 Mortalità in TI . . . . .	33
6.7 Mortalità ospedaliera * . . . . .	33
6.8 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	34
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	34
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione . . . . .	35
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 50)</b>	<b>39</b>
7.1 Trauma . . . . .	39
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	39
7.3 Tipo di infezione . . . . .	39
7.4 Infezione batteriemica . . . . .	40
7.5 Infezioni multisito . . . . .	40
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	40
7.7 Mortalità in TI . . . . .	41
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	41
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	41
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	42
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	42
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	46
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>50</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 267)</b>	<b>51</b>
8.1 Sesso . . . . .	51
8.2 Età . . . . .	51
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	51
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	52
8.5 Trauma . . . . .	52
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	52
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	53
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	53
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	53
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	54
8.11 Mortalità in TI . . . . .	54
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	54
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	55
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	55

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	56
8.16	Infezione multisito . . . . .	56
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	57
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	57
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	57
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	58
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	60
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 48)</b>	<b>65</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	65
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 219)</b>	<b>70</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	70
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	70
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	70
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>75</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 99)</b>	<b>76</b>
11.1	Trauma . . . . .	76
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	76
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	76
11.4	Infezioni multisito . . . . .	77
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	77
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	77
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	78
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 77)</b>	<b>80</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	80
12.2	Diagnosi . . . . .	80
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	81
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 4431 ) . . . . .	82
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	83
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	83
12.7	Mortalità in TI . . . . .	84
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	85
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	85
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	85
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	86
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	89
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	92
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 78)</b>	<b>96</b>
13.1	Trauma . . . . .	96
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	96
13.3	Tipologia . . . . .	96
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	97
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	97
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 25)</b>	<b>101</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	101
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	101
14.3	Mortalità in TI . . . . .	102
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	102
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	102
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	103

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	103
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 21)</b>	<b>107</b>
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
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 42)</b>	<b>116</b>
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
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 7)</b>	<b>122</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	122
<b>Appendice</b>		<b>125</b>
	Definizione di MDR . . . . .	125
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	125

## Petalo Infectionlight

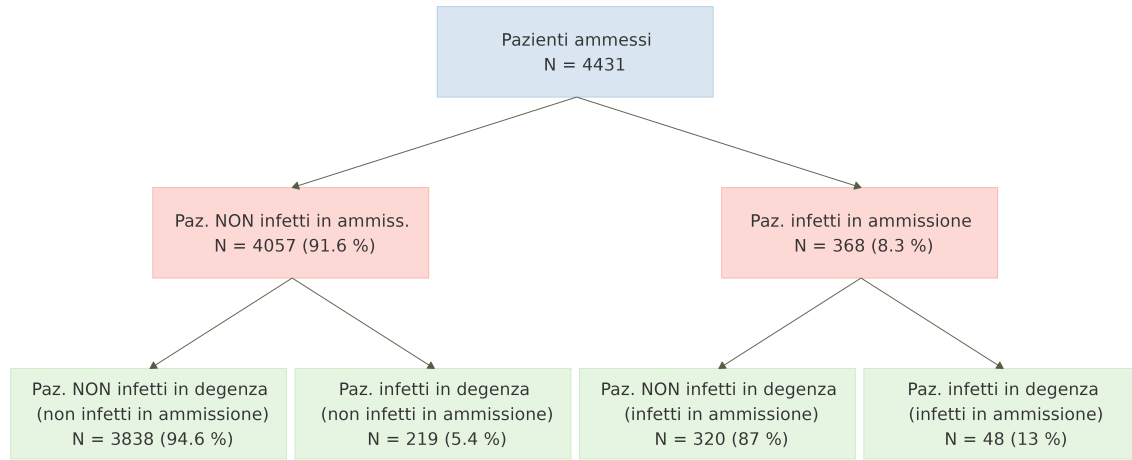
Anno 2023

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

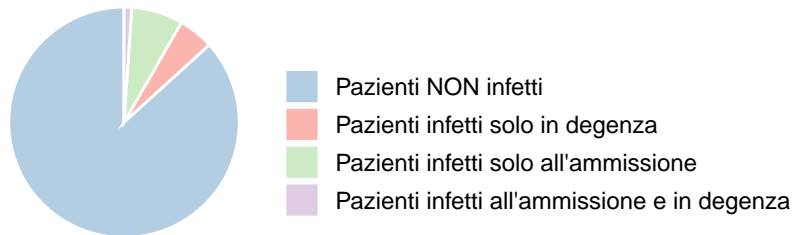
Popolazione complessiva: 8 TI

TI TI CARDIOCHIRURGICHE

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



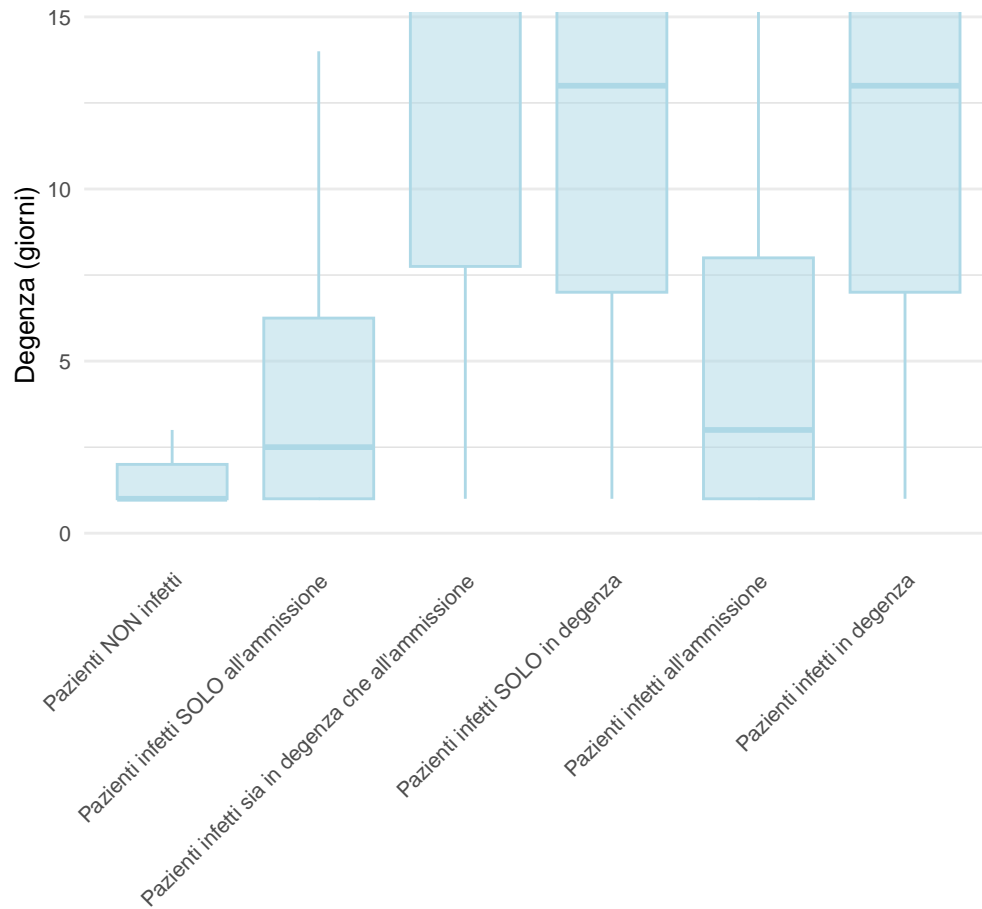
Per N = 6 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	3838	86.7
Pazienti infetti solo in degenza	219	4.9
Pazienti infetti solo all'ammissione	320	7.2
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	48	1.1

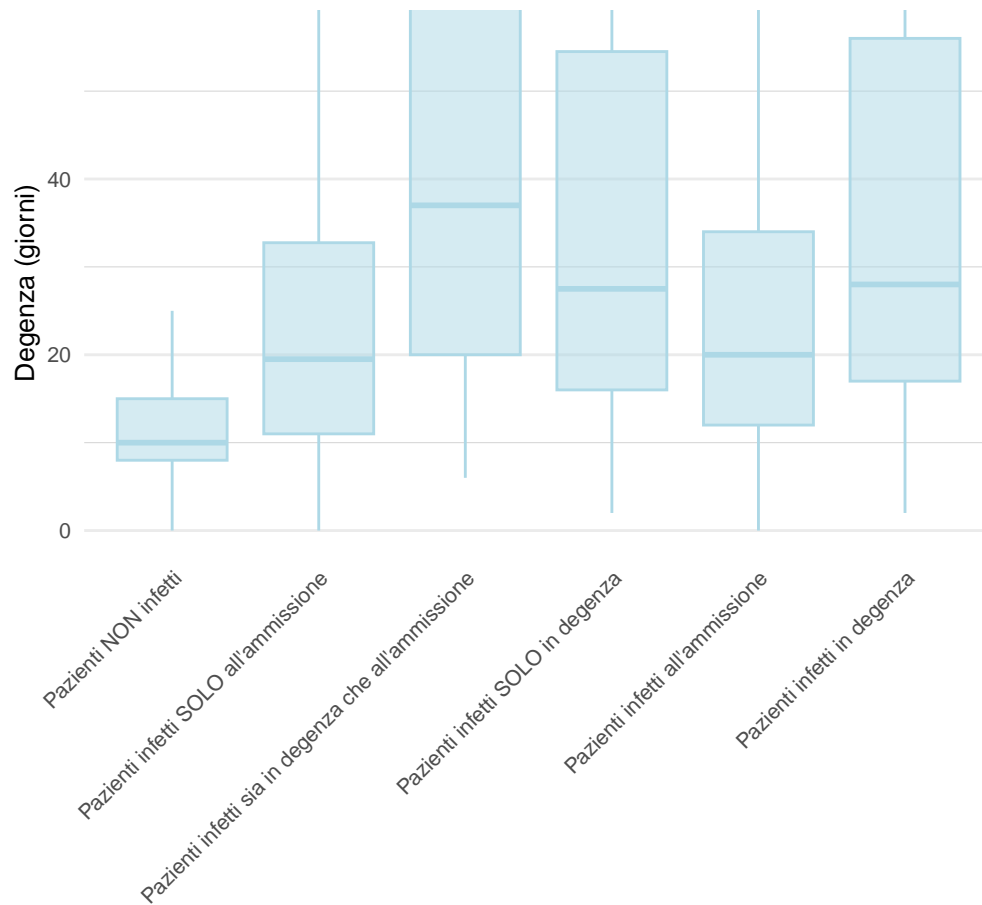
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 4425).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	3838	86.6	1	( 1 - 2 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	320	7.2	2	( 1 - 6 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	48	1.1	18	( 8 - 33 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	219	4.9	13	( 7 - 26 )
Pazienti infetti all'ammissione	368	8.3	3	( 1 - 8 )
Pazienti infetti in degenza	267	6.0	13	( 7 - 29 )

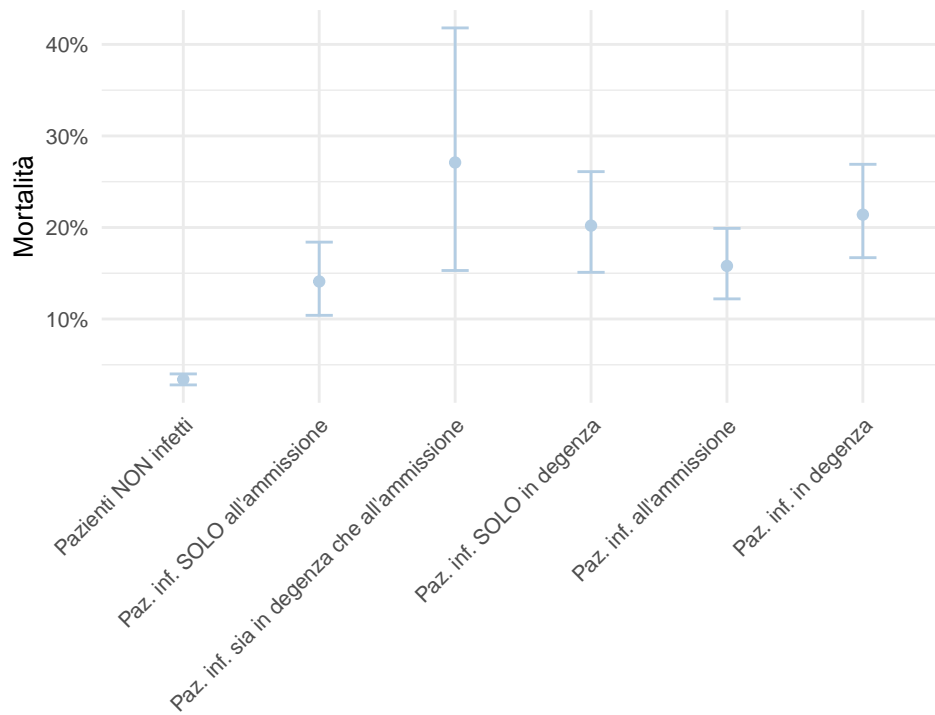
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	3838	86.6	10	( 8 - 15 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	320	7.2	20	( 11 - 33 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	48	1.1	37	( 20 - 62 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	219	4.9	28	( 16 - 54 )
Pazienti infetti all'ammissione	368	8.3	20	( 12 - 34 )
Pazienti infetti in degenza	267	6.0	28	( 17 - 56 )

\* escluse le riammissioni (N = 144)

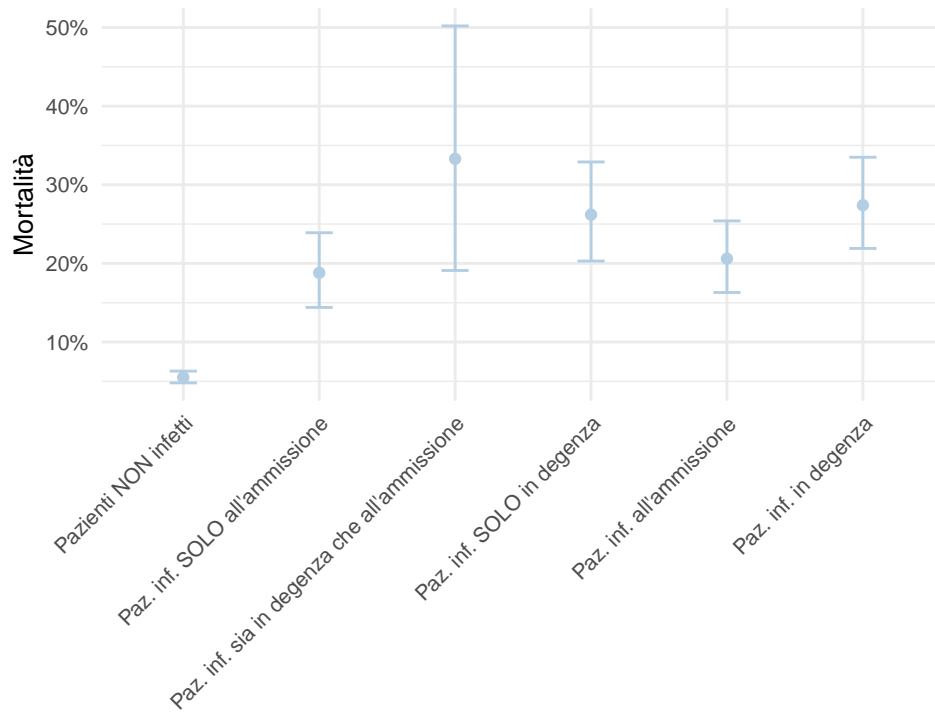
## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3838	129	3.4	( 2.8 - 4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	320	45	14.1	( 10.4 - 18.4 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	48	13	27.1	( 15.3 - 41.8 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	219	44	20.2	( 15.1 - 26.1 )
Pazienti infetti all'ammissione	368	58	15.8	( 12.2 - 19.9 )
Pazienti infetti in degenza	267	57	21.4	( 16.7 - 26.9 )



## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

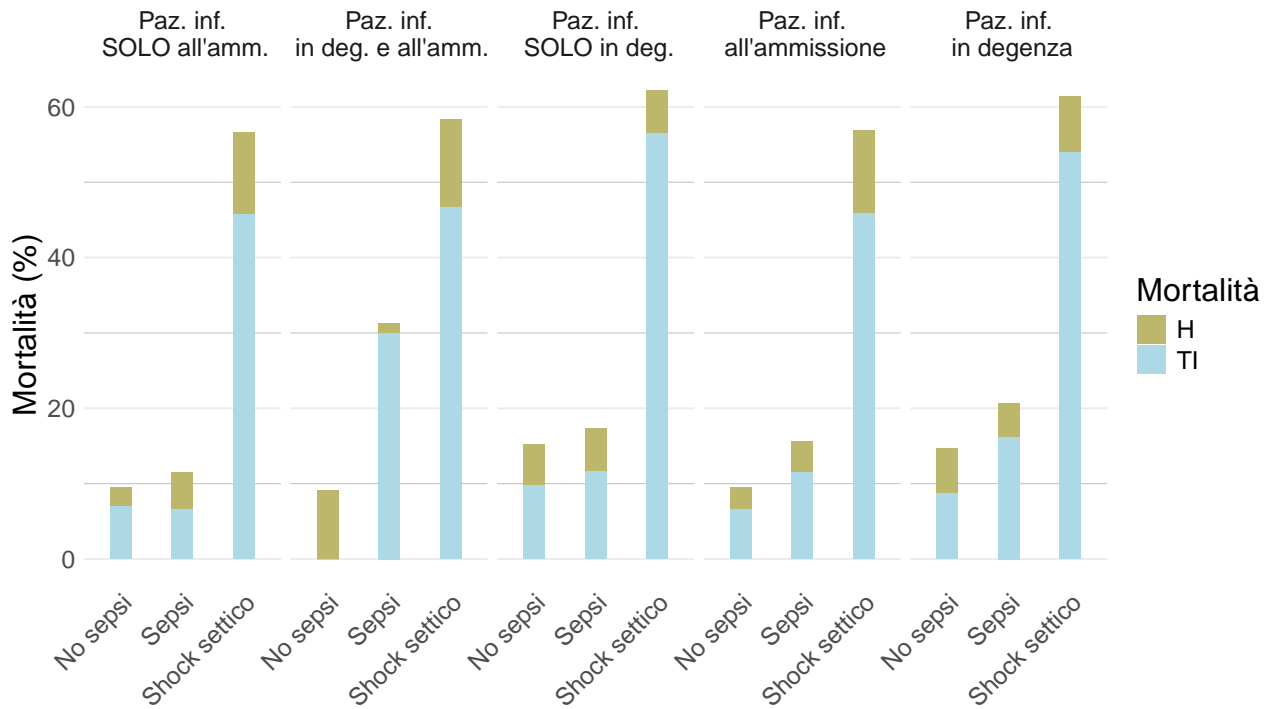


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	3838	207	5.5	( 4.8 - 6.3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	320	53	18.8	( 14.4 - 23.9 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	48	13	33.3	( 19.1 - 50.2 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	219	53	26.2	( 20.3 - 32.9 )
Pazienti infetti all'ammissione	368	66	20.6	( 16.3 - 25.4 )
Pazienti infetti in degenza	267	66	27.4	( 21.9 - 33.5 )

\* escluse le riammissioni (N = 144)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	320	185	76	59	57.8	23.8	18.4
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	48	13	20	15	27.1	41.7	31.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	219	113	60	46	51.6	27.4	21.0
Pazienti infetti all'ammissione	368	198	96	74	53.8	26.1	20.1
Pazienti infetti in degenza	267	126	80	61	47.2	30.0	22.8



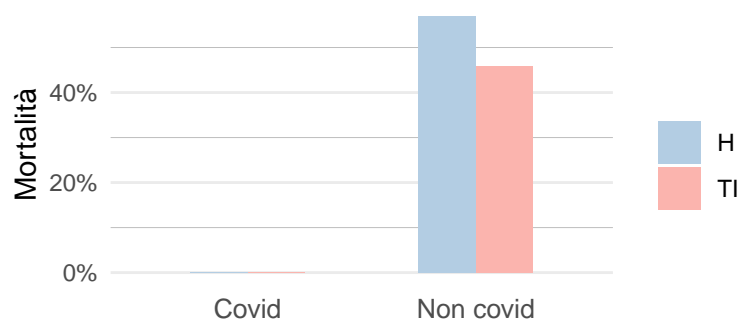
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	185	13	7.0	168	16	9.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	13	0	0.0	11	1	9.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	113	11	9.8	105	16	15.2
Pazienti infetti all'ammissione	198	13	6.6	179	17	9.5
Pazienti infetti in degenza	126	11	8.8	116	17	14.7

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	76	5	6.6	61	7	11.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	20	6	30.0	16	5	31.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	60	7	11.7	52	9	17.3
Pazienti infetti all'ammissione	96	11	11.5	77	12	15.6
Pazienti infetti in degenza	80	13	16.2	68	14	20.6

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	59	27	45.8	53	30	56.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	15	7	46.7	12	7	58.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	46	26	56.5	45	28	62.2
Pazienti infetti all'ammissione	74	34	45.9	65	37	56.9
Pazienti infetti in degenza	61	33	54.1	57	35	61.4

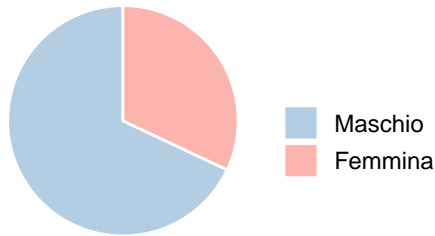
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	0	0	0.0	0	0	0.0
Non covid	74	34	45.9	65	37	56.9

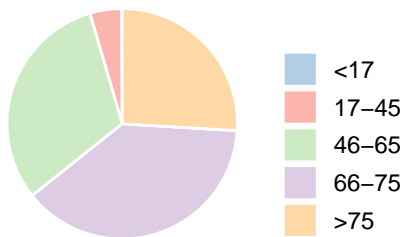
## 2 Tutti i pazienti ( N = 4431 )

### 2.1 Sesso



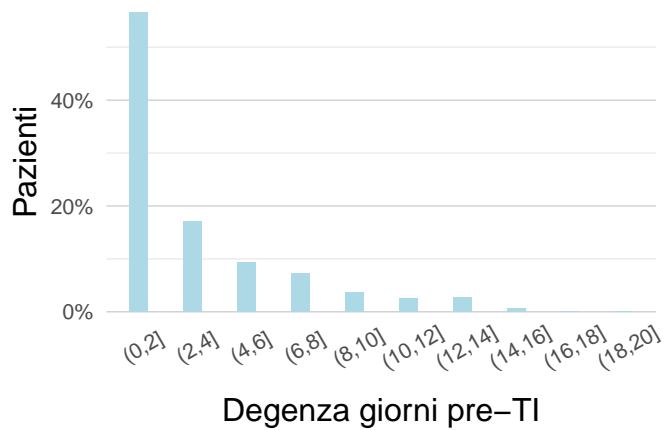
Sesso	N	%
Maschio	3013	68.0
Femmina	1418	32.0
Missing	0	0

### 2.2 Età



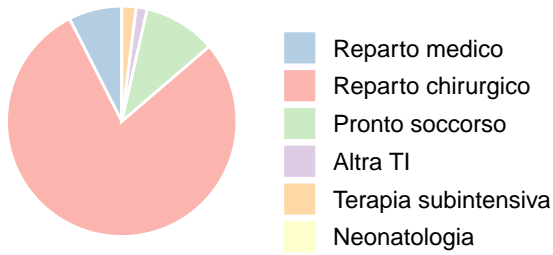
Range età	N	%
<17	4	0.1
17-45	197	4.4
46-65	1382	31.2
66-75	1698	38.3
>75	1150	26.0
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



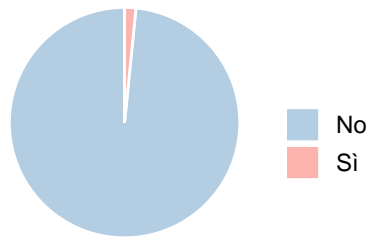
Indicatore	Valore
Media	4.5
DS	9.1
Mediana	2
Q1-Q3	1-5
Missing	4

## 2.4 Provenienza ( reparto )



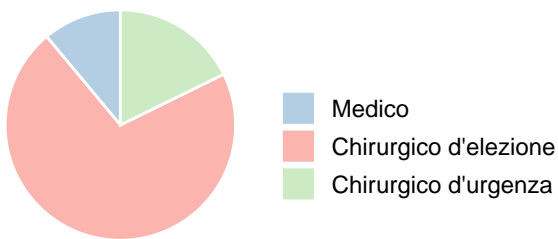
Provenienza	N	%
Reparto medico	332	7.5
Reparto chirurgico	3489	78.8
Pronto soccorso	451	10.2
Altra TI	68	1.5
Terapia subintensiva	89	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	2	0

## 2.5 Trauma



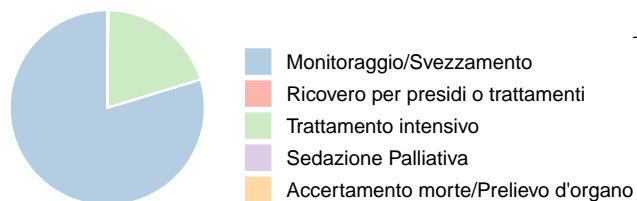
Trauma	N	%
No	4359	98.4
Si	70	1.6
Missing	2	0

## 2.6 Stato Chirurgico



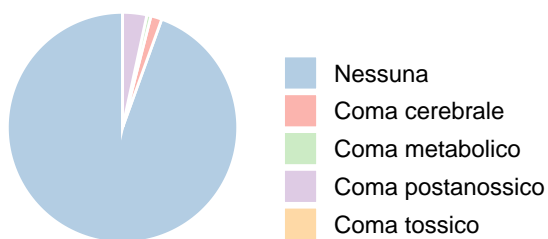
Stato chirurgico	N	%
Medico	490	11.1
Chirurgico d'elezione	3155	71.2
Chirurgico d'urgenza	785	17.7
Missing	1	0

## 2.7 Motivo di ammissione



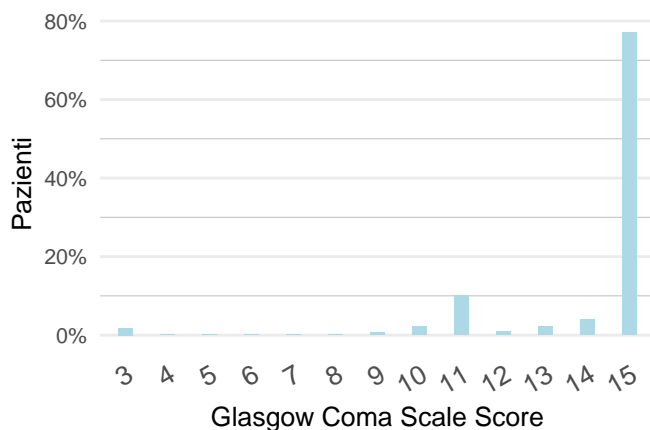
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3530	79.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	892	20.1
Sedazione Palliativa	1	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	6	0.1
Missing	2	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



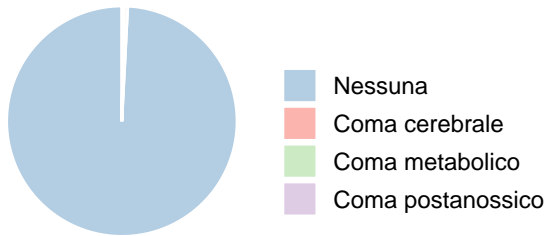
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	974	94.5
Coma cerebrale	16	1.6
Coma metabolico	6	0.6
Coma postanossico	35	3.4
Coma tossico	0	0.0
Missing	3400	0

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



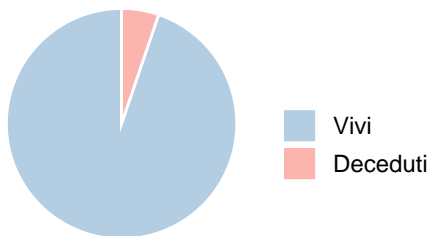
Indicatore	Valore
Media	14.0
DS	2.2
Mediana	15
Q1-Q3	15-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



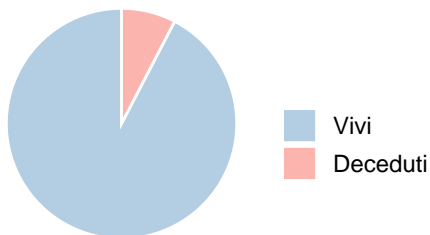
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	4389	99.2
Coma cerebrale	21	0.5
Coma metabolico	3	0.1
Coma postanossico	12	0.3
Missing	6	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4193	94.8
Deceduti	231	5.2
Missing	7	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*

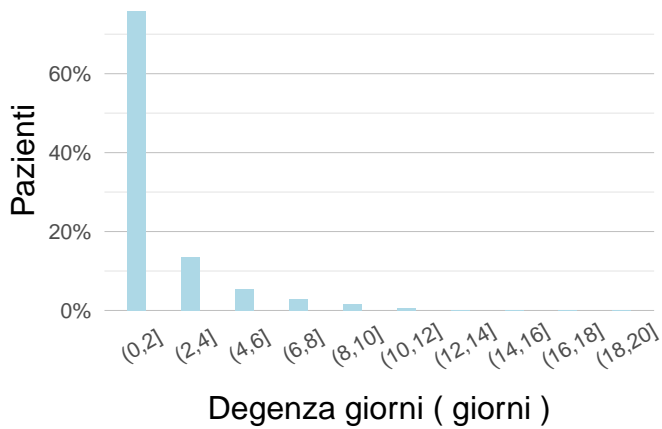


Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3948	92.4
Deceduti	326	7.6
Missing	13	0

\* Statistiche calcolate su 4287 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 144 ).



## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.4 (8.3)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	8

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

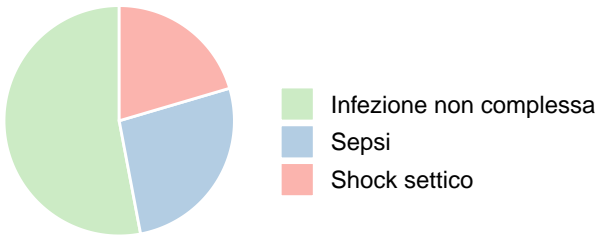


Indicatore	Valore
Media (DS)	16.3 (17.9)
Mediana (Q1-Q3)	11 (8-18)
Missing	13

\* Statistiche calcolate su 4287 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 144 ).

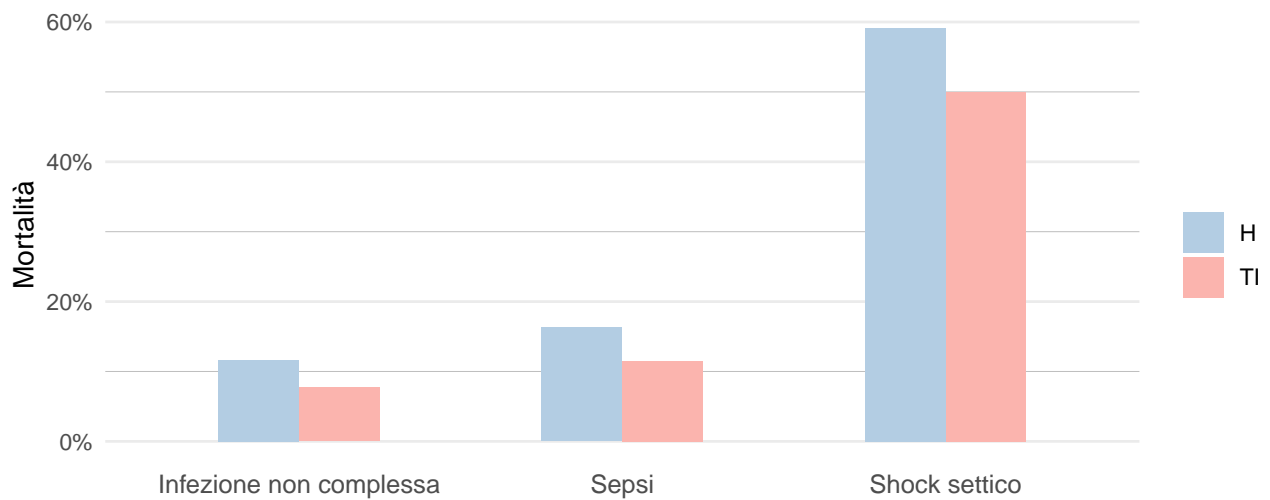
### 3 Pazienti infetti ( N = 587 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	311	53.0
Sepsi	156	26.6
Shock settico	120	20.4
Missing	0	0

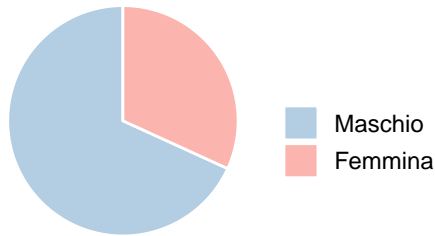
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	7.7	11.6
Sepsi	11.5	16.3
Shock settico	50.0	59.1

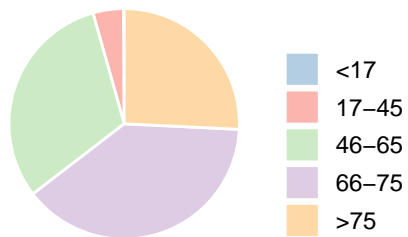
## 4 Pazienti non infetti ( N = 3838 )

### 4.1 Sesso



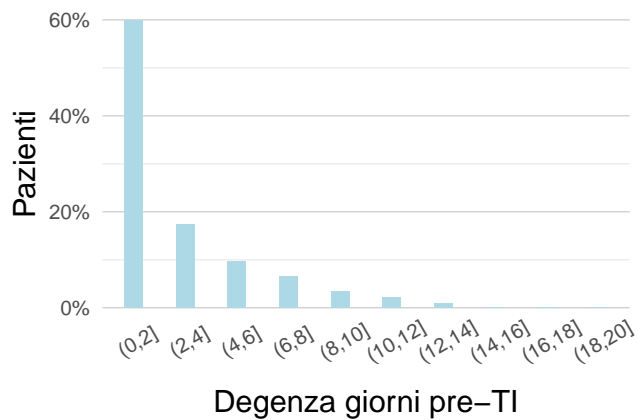
Sesso	N	%
Maschio	2617	68.2
Femmina	1221	31.8
Missing	0	0

### 4.2 Età



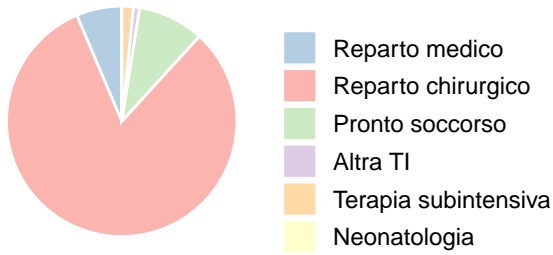
Range età	N	%
<17	4	0.1
17-45	164	4.3
46-65	1192	31.1
66-75	1489	38.8
>75	989	25.8
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



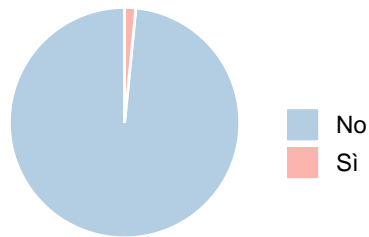
Indicatore	Valore
Media	3.9
DS	7.7
Mediana	2
Q1-Q3	1-4
Missing	2

## 4.4 Provenienza ( reparto )



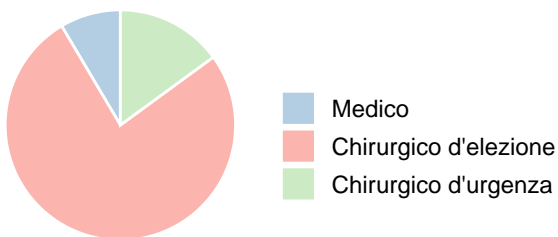
Provenienza	N	%
Reparto medico	245	6.4
Reparto chirurgico	3140	81.8
Pronto soccorso	357	9.3
Altra TI	33	0.9
Terapia subintensiva	62	1.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

## 4.5 Trauma



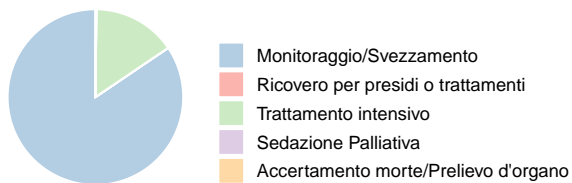
Trauma	N	%
No	3778	98.4
Si	60	1.6
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



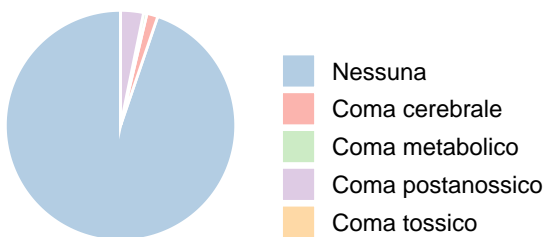
Stato chirurgico	N	%
Medico	327	8.5
Chirurgico d'elezione	2937	76.5
Chirurgico d'urgenza	574	15.0
Missing	0	0

## 4.7 Motivo di ammissione



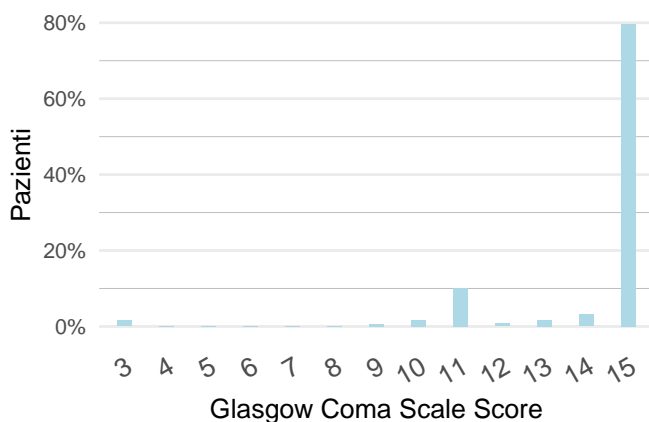
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	3241	84.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	589	15.4
Sedazione Palliativa	1	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	6	0.2
Missing	1	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



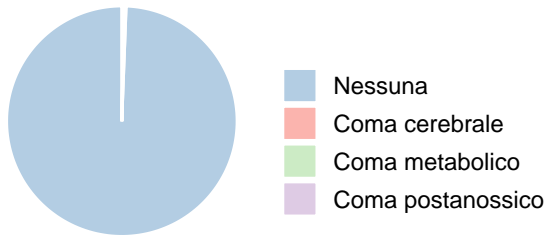
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	796	94.8
Coma cerebrale	13	1.5
Coma metabolico	4	0.5
Coma postanossico	27	3.2
Coma tossico	0	0.0
Missing	2998	0

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



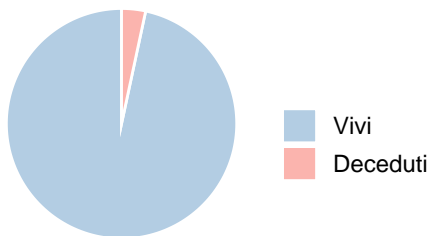
Indicatore	Valore
Media	12.1
DS	2.1
Mediana	13
Q1-Q3	13-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



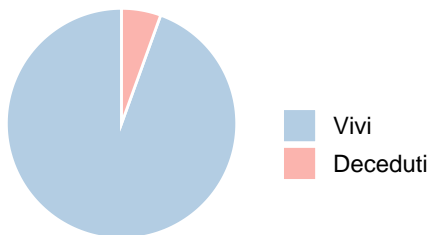
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3815	99.4
Coma cerebrale	13	0.3
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	10	0.3
Missing	0	

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3709	96.6
Deceduti	129	3.4
Missing	0	0

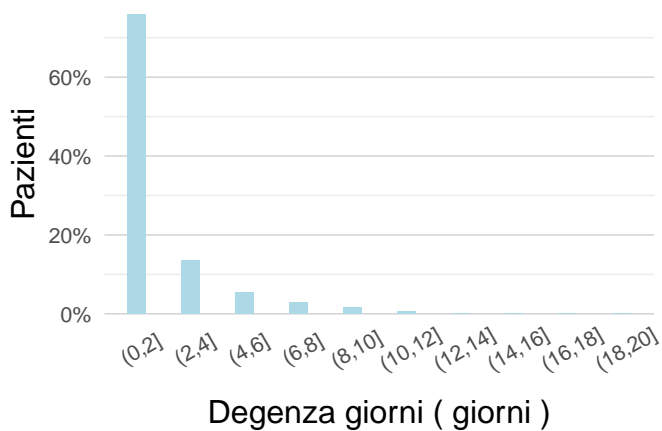
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3544	94.5
Deceduti	207	5.5
Missing	3	0

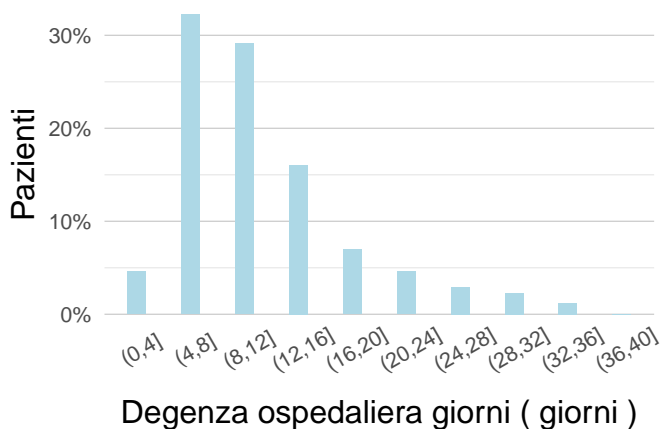
\* Statistiche calcolate su 3754 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 84 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.1 (4.3)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-2)
Missing	1

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

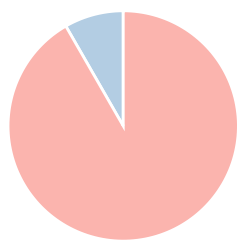


Indicatore	Valore
Media (DS)	14.1 (14.3)
Mediana (Q1-Q3)	10 (8-15)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 3754 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 84 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

Sono presenti 368 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 8.31% della popolazione totale ammessa in TI.

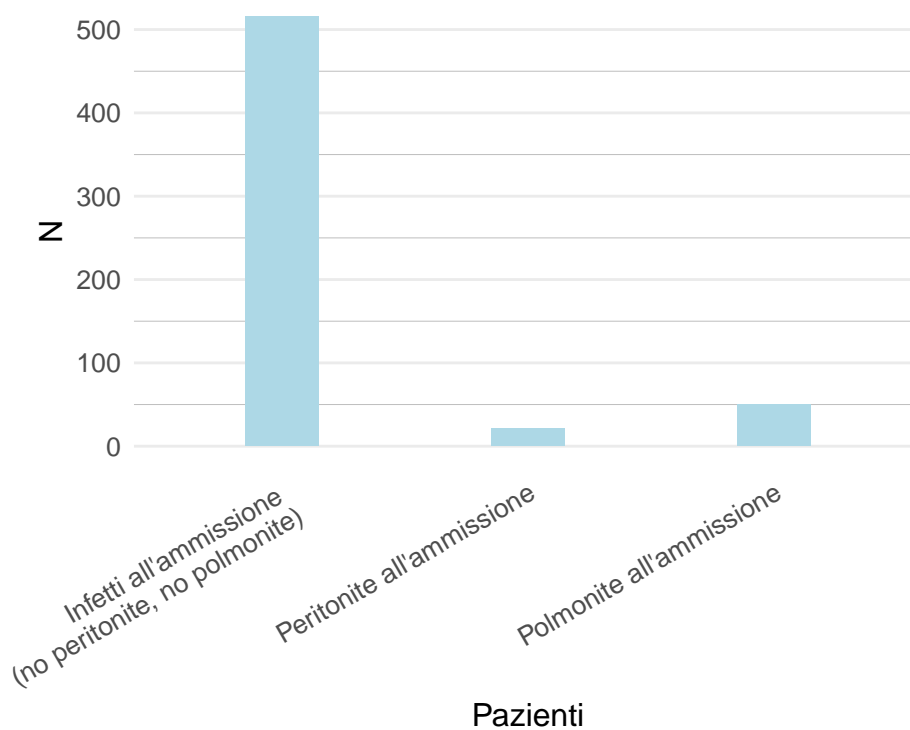


■ Infetti all'ammissione  
■ Non infetti all'ammissione

Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	368	8.31
Non infetti all'ammissione	4063	91.69

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 4431).

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



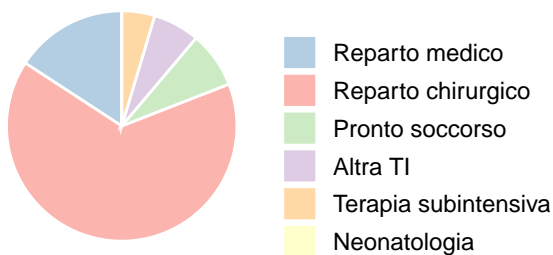
Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	516	140.22
Peritonite all'ammissione	21	5.71
Polmonite all'ammissione	50	13.59

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 368).



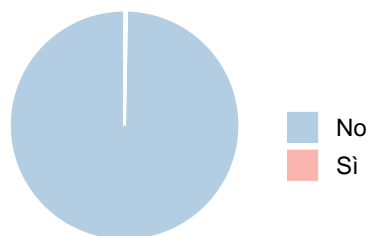
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 368)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



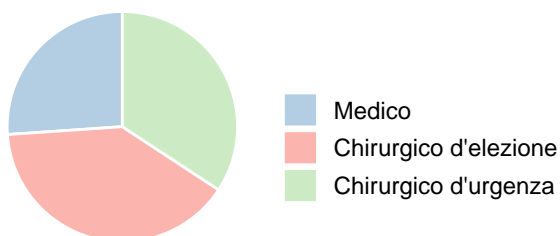
Provenienza	N	%
Reparto medico	58	15.8
Reparto chirurgico	239	65.1
Pronto soccorso	29	7.9
Altra TI	24	6.5
Terapia subintensiva	17	4.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

### 5.2 Trauma



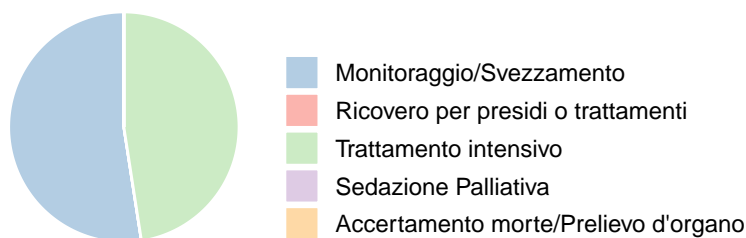
Trauma	N	%
No	367	99.7
Sì	1	0.3
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



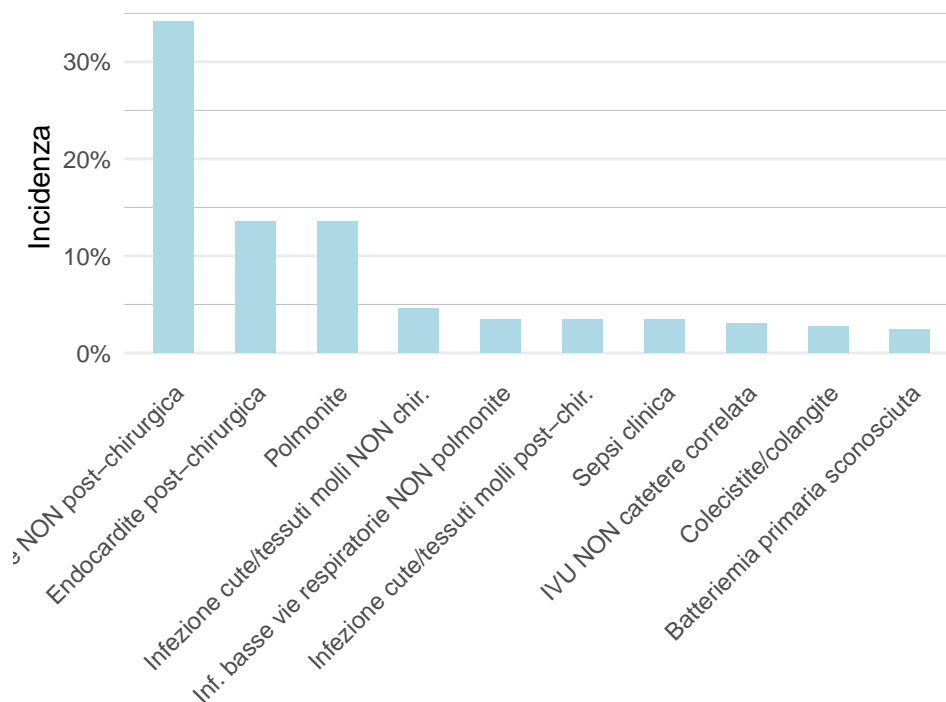
Stato chirurgico	N	%
Medico	96	26.1
Chirurgico d'elezione	146	39.7
Chirurgico d'urgenza	126	34.2
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	193	52.4
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	175	47.6
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )

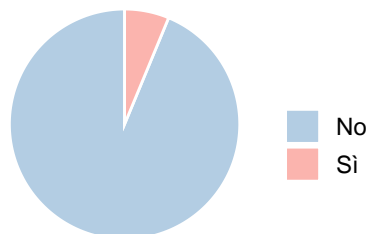


## Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Endocardite NON post-chirurgica	126	34.2
Endocardite post-chirurgica	50	13.6
Polmonite	50	13.6
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	17	4.6
Sepsi clinica	13	3.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	13	3.5

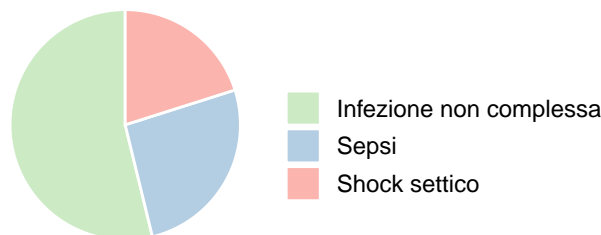
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	13	3.5
IVU NON catetere correlata	11	3.0
Colecistite/colangite	10	2.7
Batteriemia primaria sconosciuta	9	2.4
Missing	0	NA

### 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	345	93.8
Sì	23	6.2
Missing	0	0

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



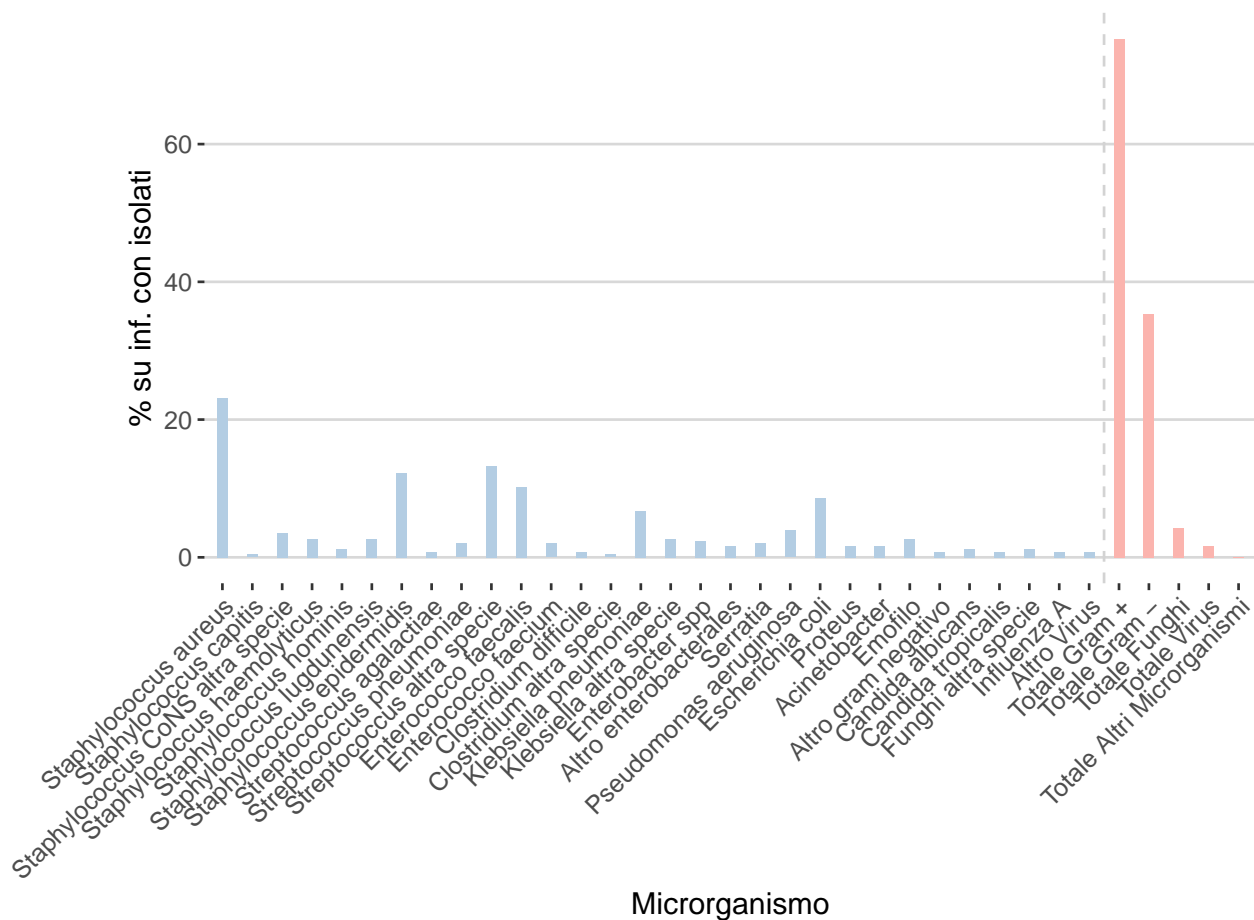
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	198	53.8
Sepsi	96	26.1
Shock settico	74	20.1
Missing	0	0

### 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	120	32.0
Sì	255	68.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>375</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>304</b>	

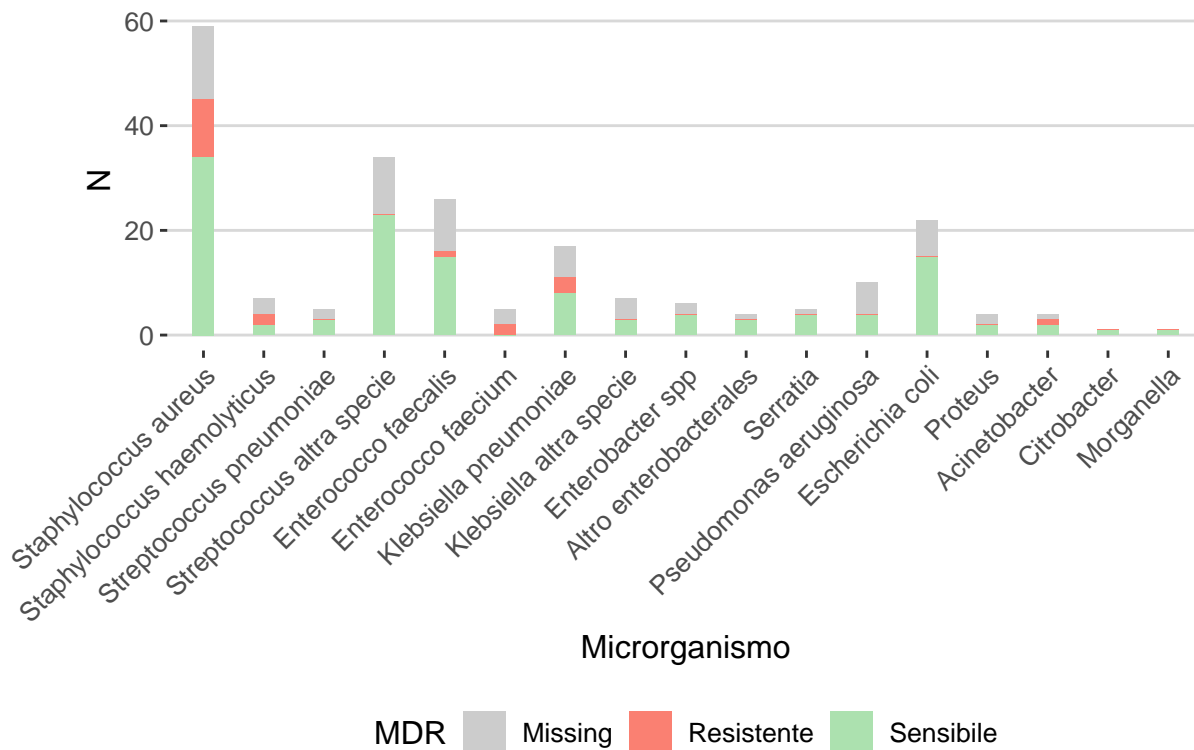
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	59	23.1	45	11	24.4
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	9	3.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	2.7	4	2	50
Staphylococcus hominis	3	1.2	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	7	2.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	31	12.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	2.0	3	0	0
Streptococcus altra specie	34	13.3	23	0	0
Enterococco faecalis	26	10.2	16	1	6.2
Enterococco faecium	5	2.0	2	2	100
Clostridium difficile	2	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>192</b>	<b>75.3</b>	<b>93</b>	<b>16</b>	<b>17.2</b>
Klebsiella pneumoniae	17	6.7	11	3	27.3
Klebsiella altra specie	7	2.7	3	0	0

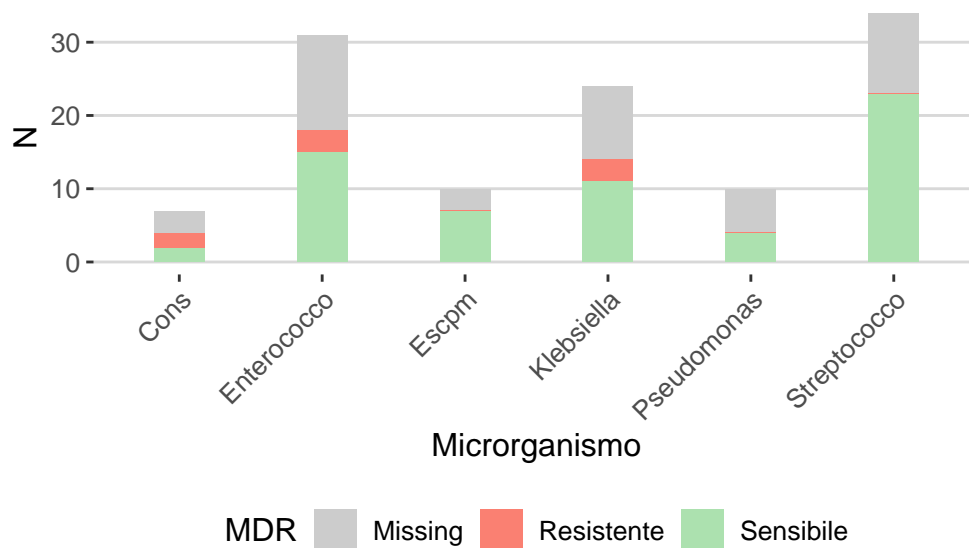
Enterobacter spp	6	2.4	4	0	0
Altro enterobacterales	4	1.6	3	0	0
Serratia	5	2.0	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	3.9	4	0	0
Escherichia coli	22	8.6	15	0	0
Proteus	4	1.6	2	0	0
Acinetobacter	4	1.6	3	1	33.3
Emofilo	7	2.7	0	0	0
Citrobacter	1	0.4	1	0	0
Morganella	1	0.4	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>90</b>	<b>35.3</b>	<b>51</b>	<b>4</b>	<b>7.8</b>
Candida albicans	3	1.2	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.8	0	0	0
Candida altra specie	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>11</b>	<b>4.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.8			
Altro Virus	2	0.8			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>1.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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	11	Ertapenem	1	9.09
Klebsiella pneumoniae	11	Meropenem	2	18.18
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus haemolyticus	4	Meticillina	2	50.00

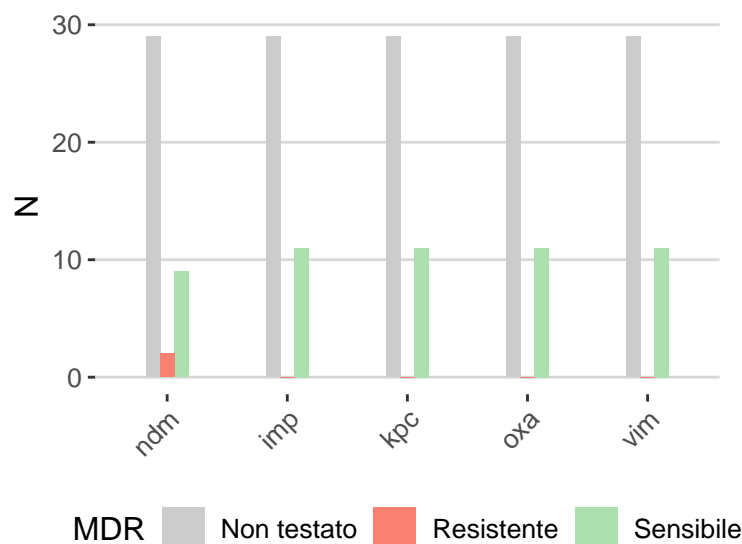
Staphylococcus aureus	45	Meticillina	11	24.44
Enterococco faecalis	16	Vancomicina	1	6.25
Enterococco faecium	2	Vancomicina	2	100.00

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

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

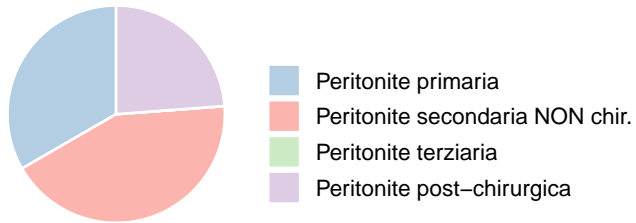
	N	%
Sì	2	5
No	9	22.5
Non testato	29	72.5
Missing	27	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	11	29
kpc	0	0	11	29
ndm	2	100	9	29
oxa	0	0	11	29
vim	0	0	11	29



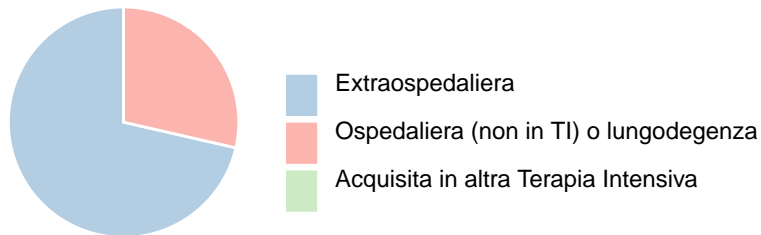
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 21)

### 6.1 Tipologia di peritonite



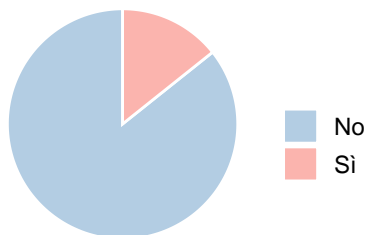
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	7	33.3
Peritonite secondaria NON chir.	9	42.9
Peritonite terziaria	0	0.0
Peritonite post-chirurgica	5	23.8
Missing	0	0

### 6.2 Tipo di infezione



Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	15	71.4
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	6	28.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

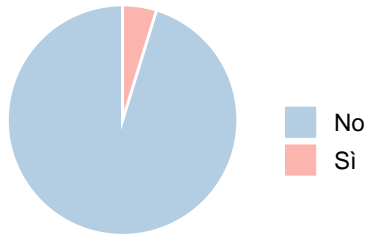
### 6.3 Infezione batteriemica



Batteriemica	N	%
No	18	85.7
Si	3	14.3
Missing	0	0

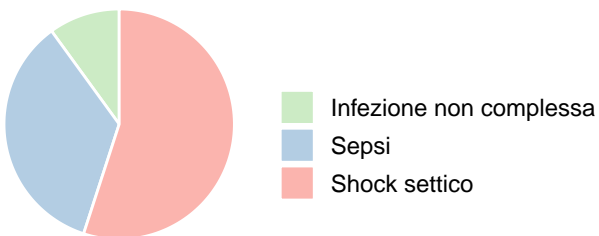


## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	20	95.2
Si	1	4.8
Missing	0	0

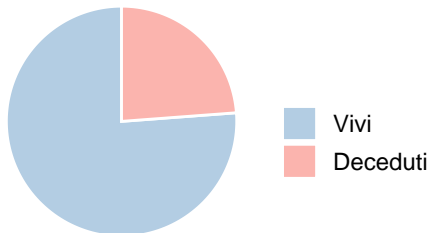
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	2	10.0
Sepsi	7	35.0
Shock settico	11	55.0
Missing	0	0

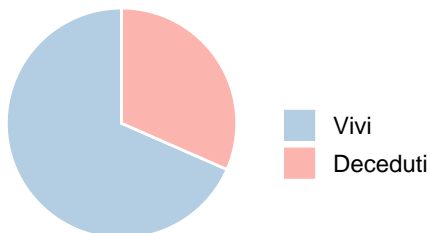
\* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 1 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	16	76.2
Deceduti	5	23.8
Missing	0	0

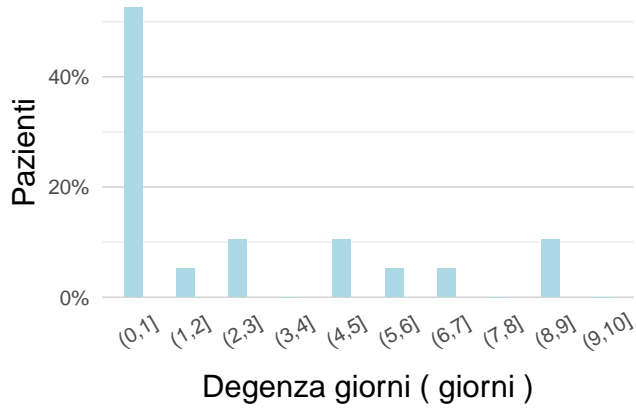
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	13	68.4
Deceduti	6	31.6
Missing	0	0

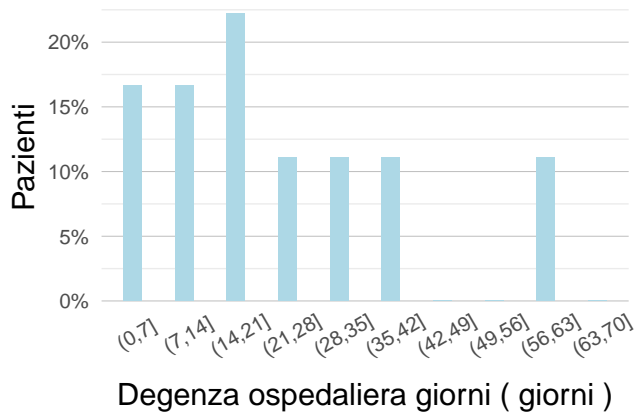
\* Statistiche calcolate su 19 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	4.5 (5.3)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-6)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.4 (25.1)
Mediana (Q1-Q3)	21 (11.5-35)
Missing	0

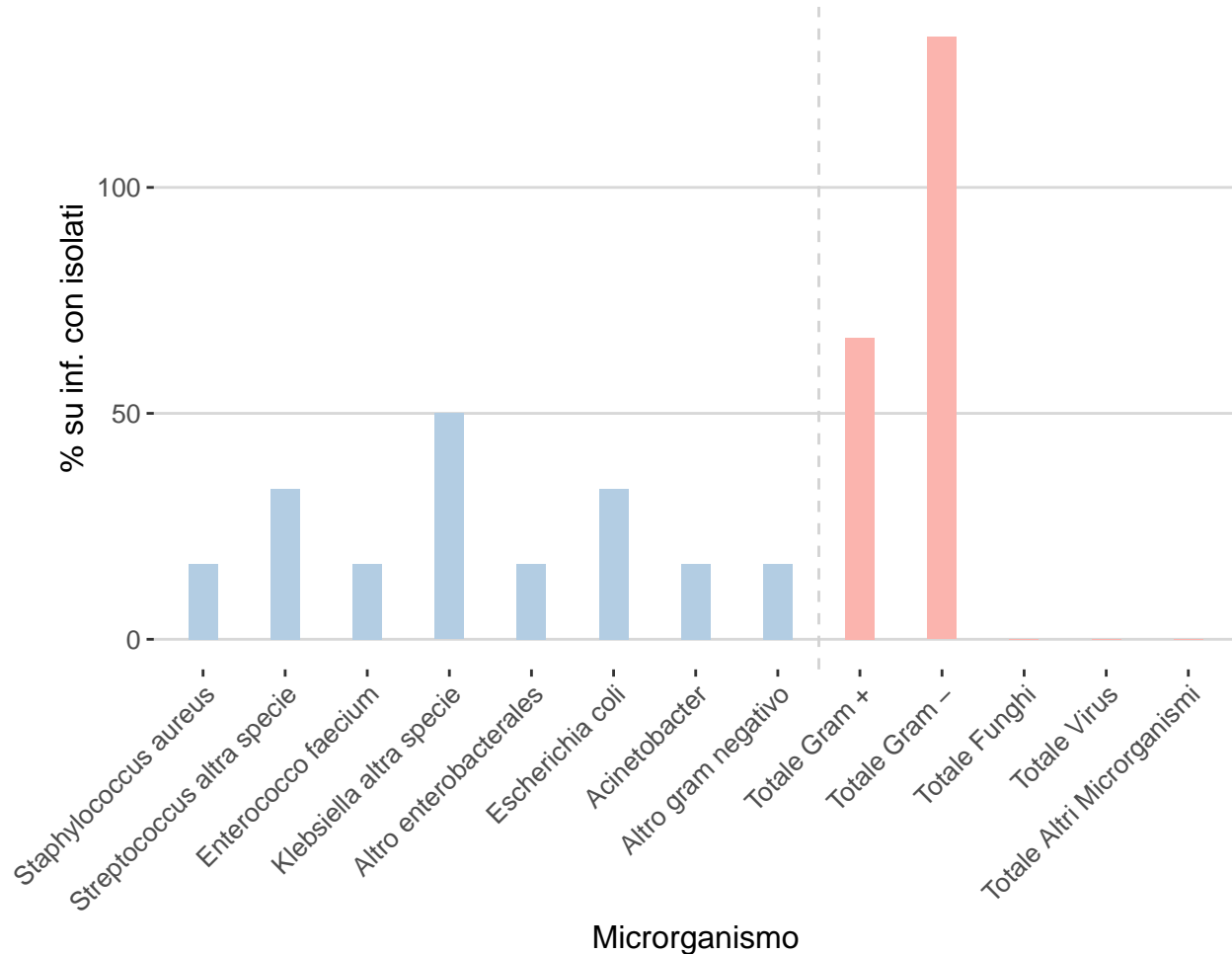
\* Statistiche calcolate su 19 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

## 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	15	71.4
Sì	6	28.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>21</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>12</b>	

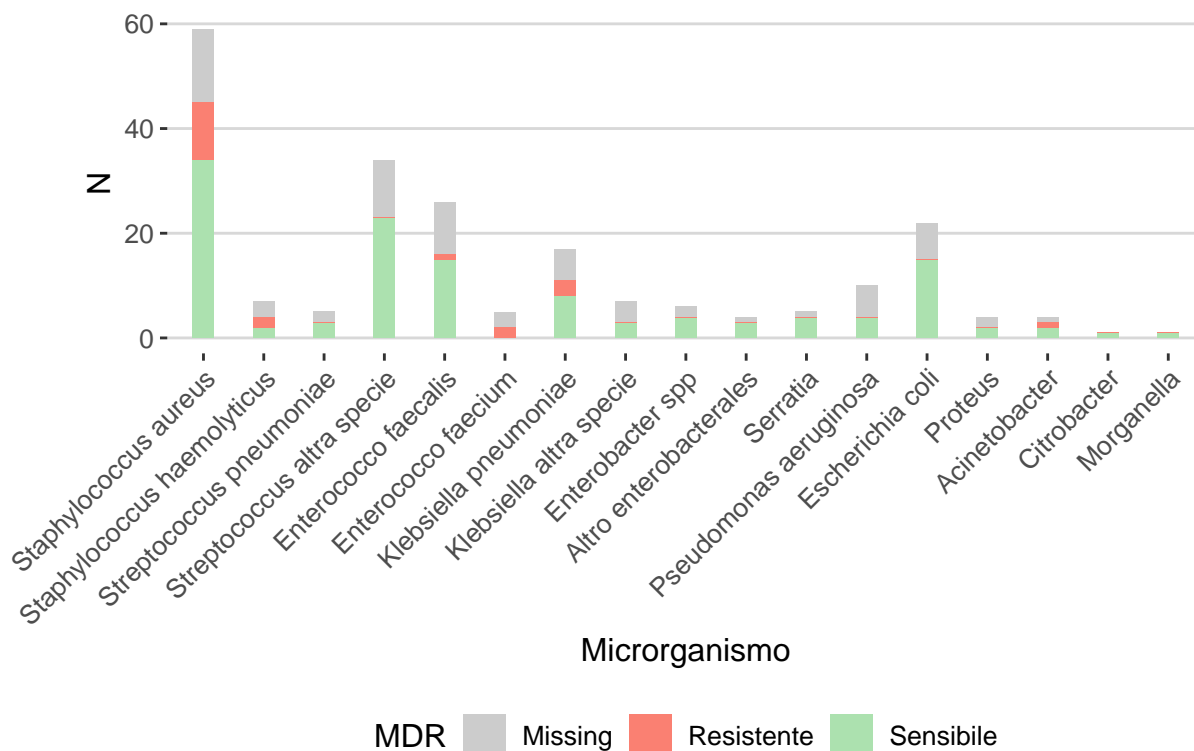
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	16.7	1	0	0
Streptococcus altra specie	2	33.3	1	0	0

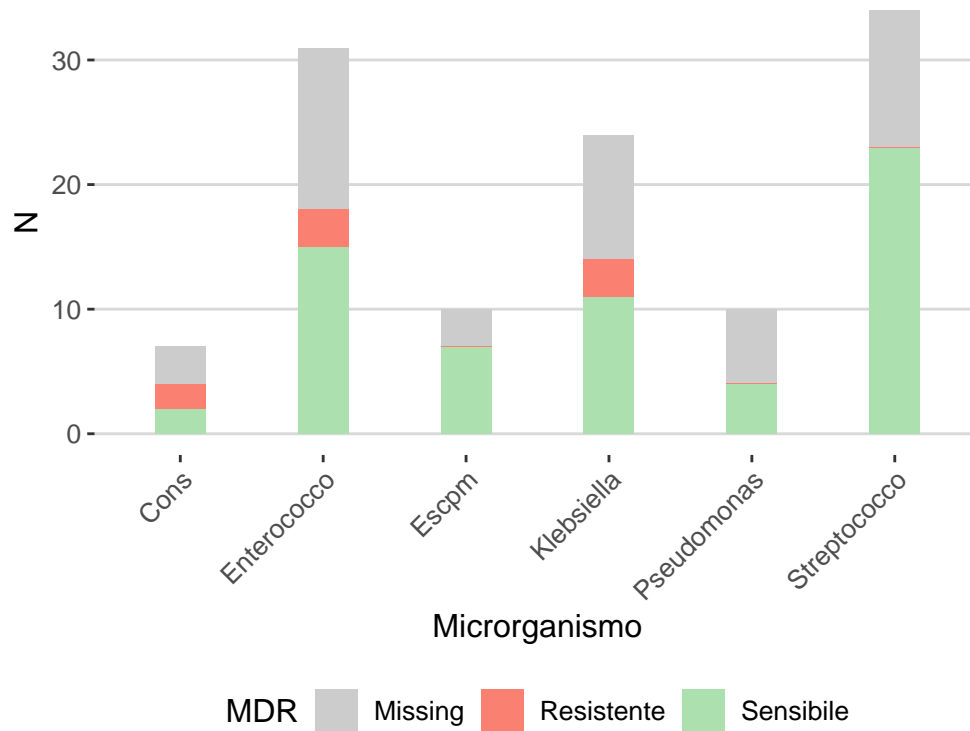
Enterococco faecium	1	16.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>66.7</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella altra specie	3	50.0	3	0	0
Altro enterobacterales	1	16.7	0	0	0
Escherichia coli	2	33.3	1	0	0
Acinetobacter	1	16.7	1	1	100
Altro gram negativo	1	16.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>8</b>	<b>133.3</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>20</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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.

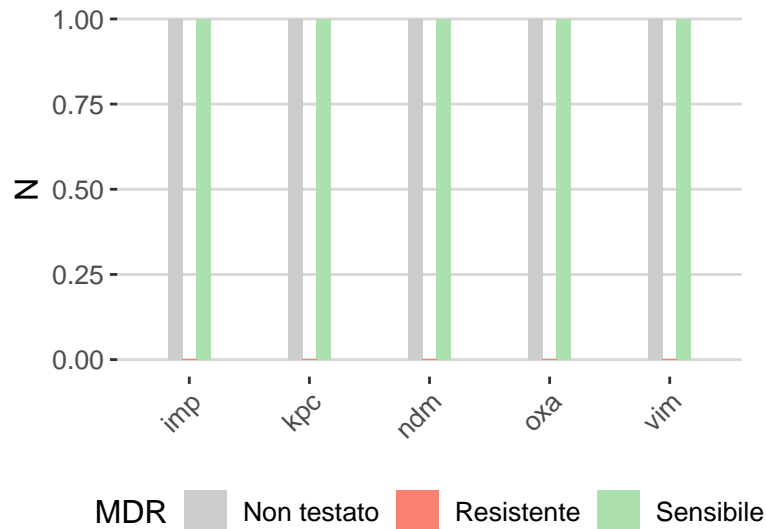
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100

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

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

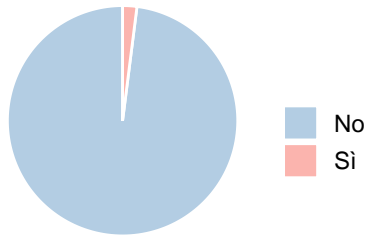
	N	%
Sì	0	0
No	1	50
Non testato	1	50
Missing	2	

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



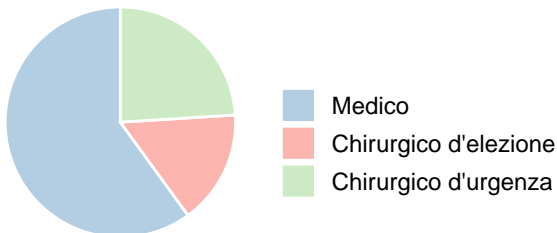
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 50)

### 7.1 Trauma



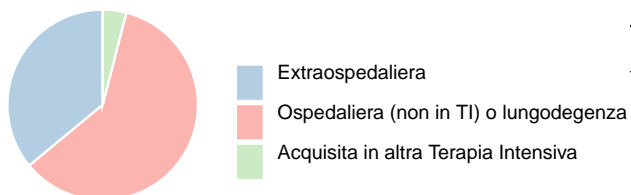
Trauma	N	%
No	49	98.0
Si	1	2.0
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



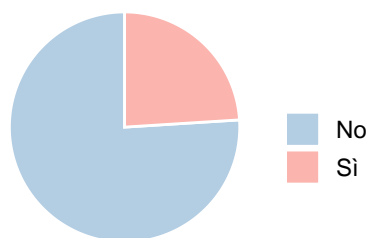
Stato chirurgico	N	%
Medico	30	60.0
Chirurgico d'elezione	8	16.0
Chirurgico d'urgenza	12	24.0
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



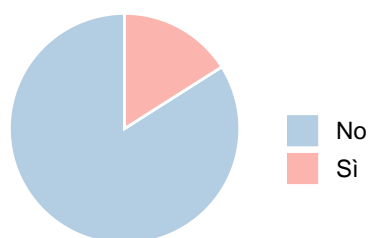
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	18	36.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	30	60.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	2	4.0
Missing	0	0

## 7.4 Infezione batteriemica



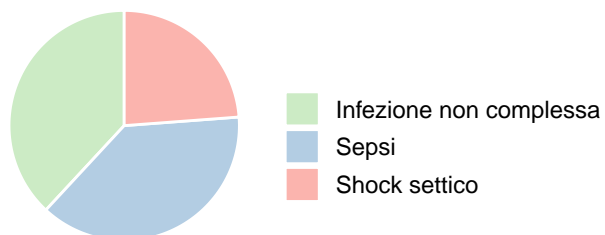
Batteriemica	N	%
No	38	76.0
Si	12	24.0
Missing	0	0

## 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	42	84.0
Si	8	16.0
Missing	0	0

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

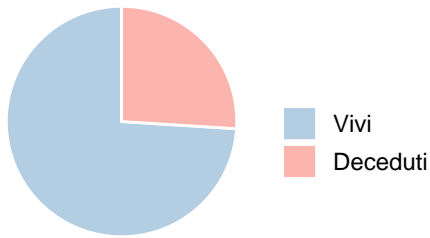


Gravità	N	%
Infezione non complessa	16	38.1
Sepsi	16	38.1
Shock settico	10	23.8
Missing	0	0



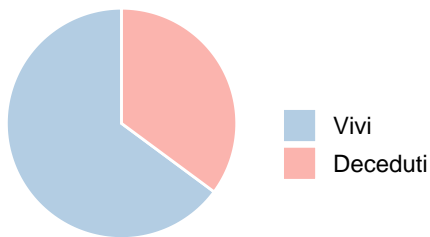
\* Statistiche calcolate su 42 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 8 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	37	74.0
Deceduti	13	26.0
Missing	0	0

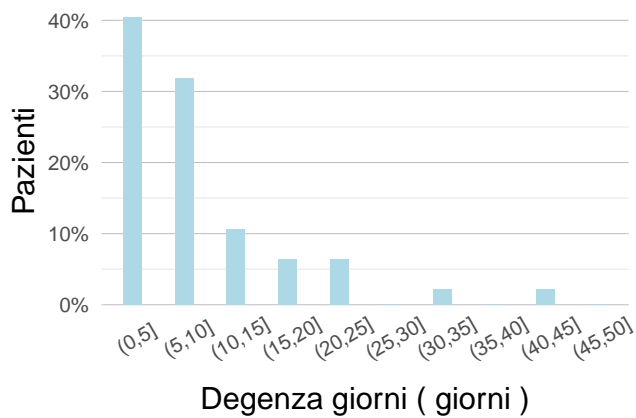
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	24	64.9
Deceduti	13	35.1
Missing	0	0

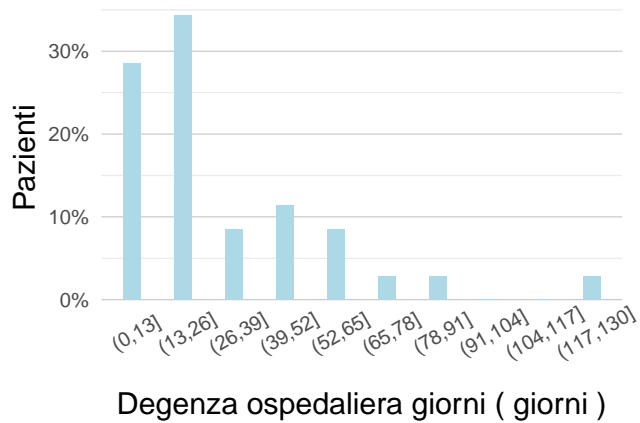
\* Statistiche calcolate su 37 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 13 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.9 (13.7)
Mediana (Q1-Q3)	7 (4-13)
Missing	0

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.8 (38.8)
Mediana (Q1-Q3)	19 (13-50)
Missing	0

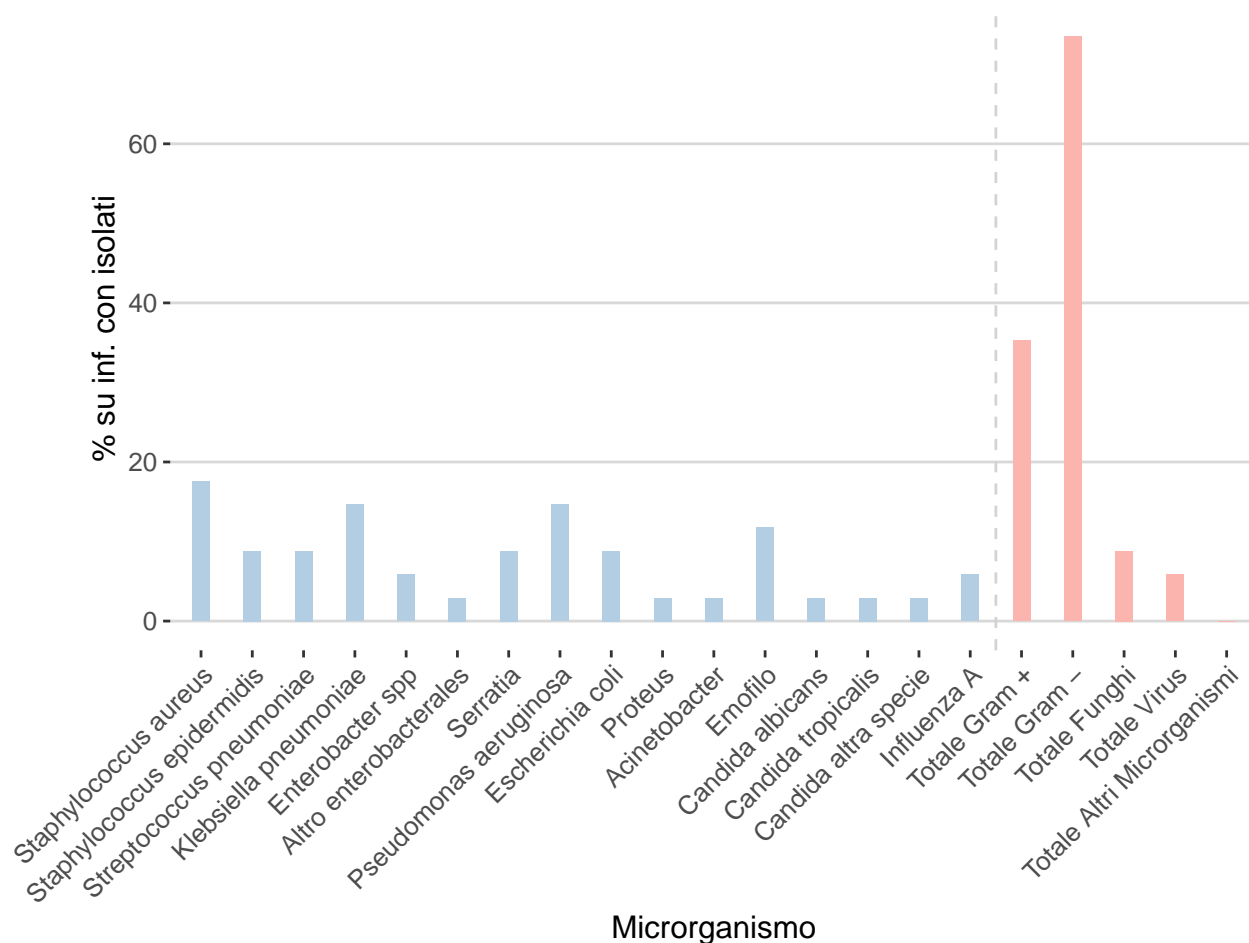
\* Statistiche calcolate su 37 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 13 ).

## 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	16	32.0
Sì	34	68.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>50</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>46</b>	

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



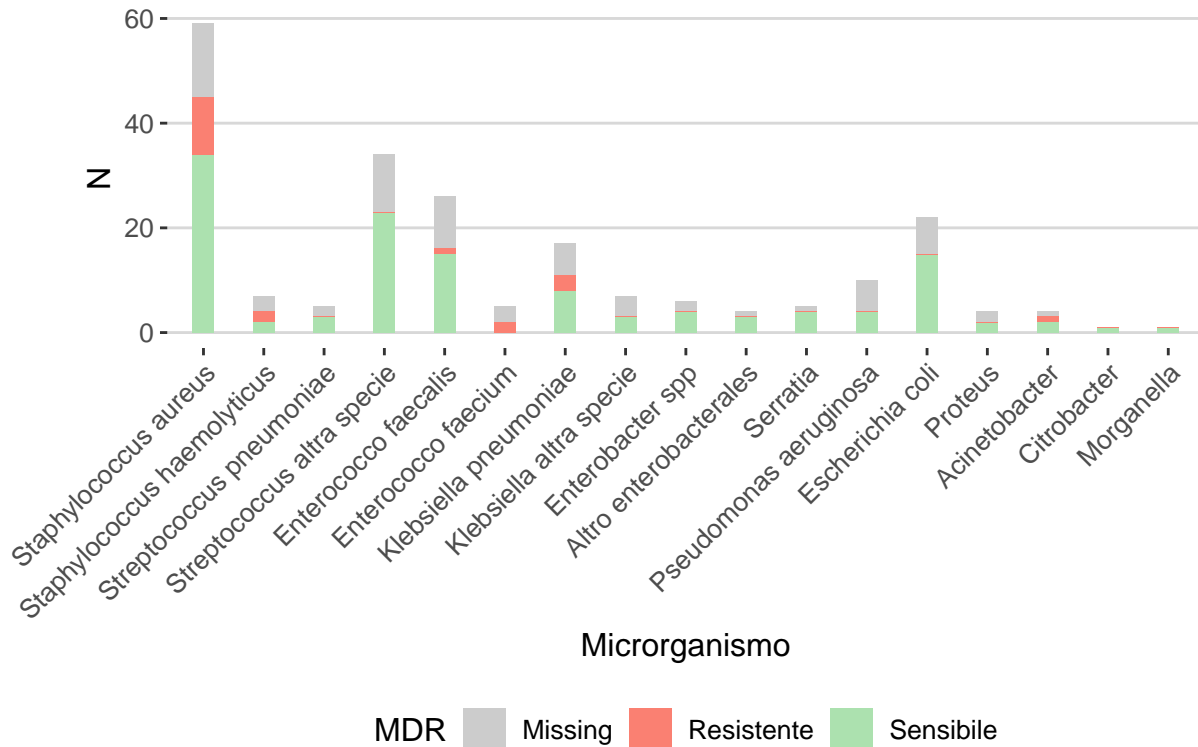
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	17.6	4	2	50
Staphylococcus epidermidis	3	8.8	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	8.8	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>12</b>	<b>35.3</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	5	14.7	3	1	33.3
Enterobacter spp	2	5.9	2	0	0
Altro enterobacterales	1	2.9	1	0	0
Serratia	3	8.8	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	14.7	3	0	0
Escherichia coli	3	8.8	1	0	0
Proteus	1	2.9	0	0	0
Acinetobacter	1	2.9	1	0	0
Emofilo	4	11.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>25</b>	<b>73.5</b>	<b>14</b>	<b>1</b>	<b>7.1</b>
Candida albicans	1	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	1	2.9	0	0	0
Candida altra specie	1	2.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>8.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	5.9	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>5.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

---

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

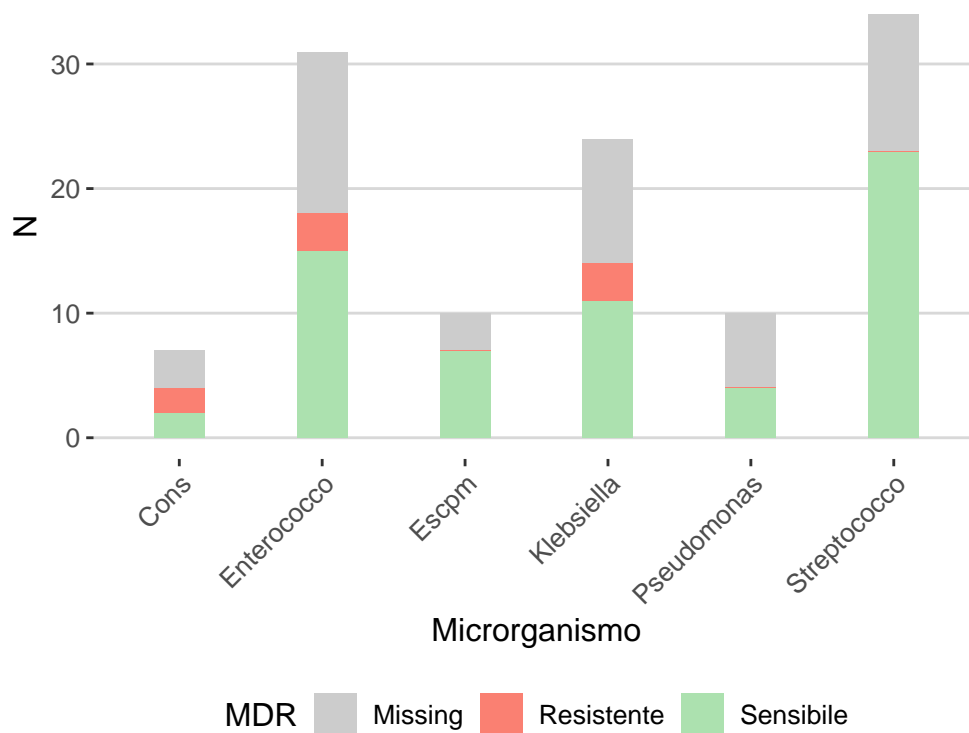
---

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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.

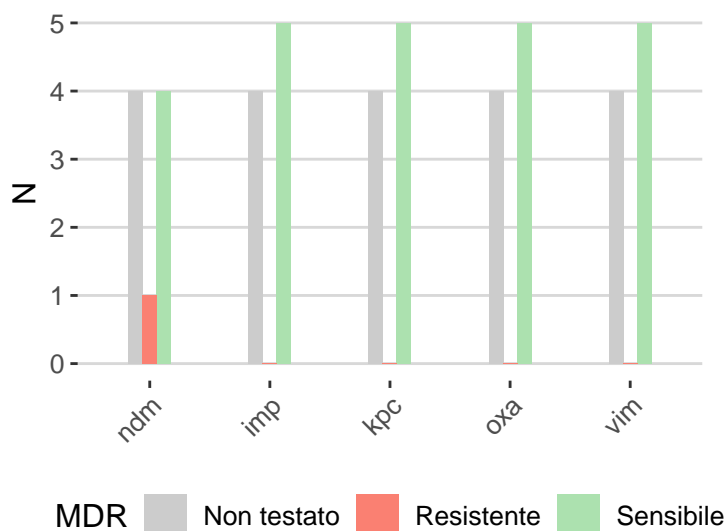
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	2	50.00

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

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

	N	%
Sì	1	11.11
No	4	44.44
Non testato	4	44.44
Missing	6	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	5	4
kpc	0	0	5	4
ndm	1	100	4	4
oxa	0	0	5	4
vim	0	0	5	4



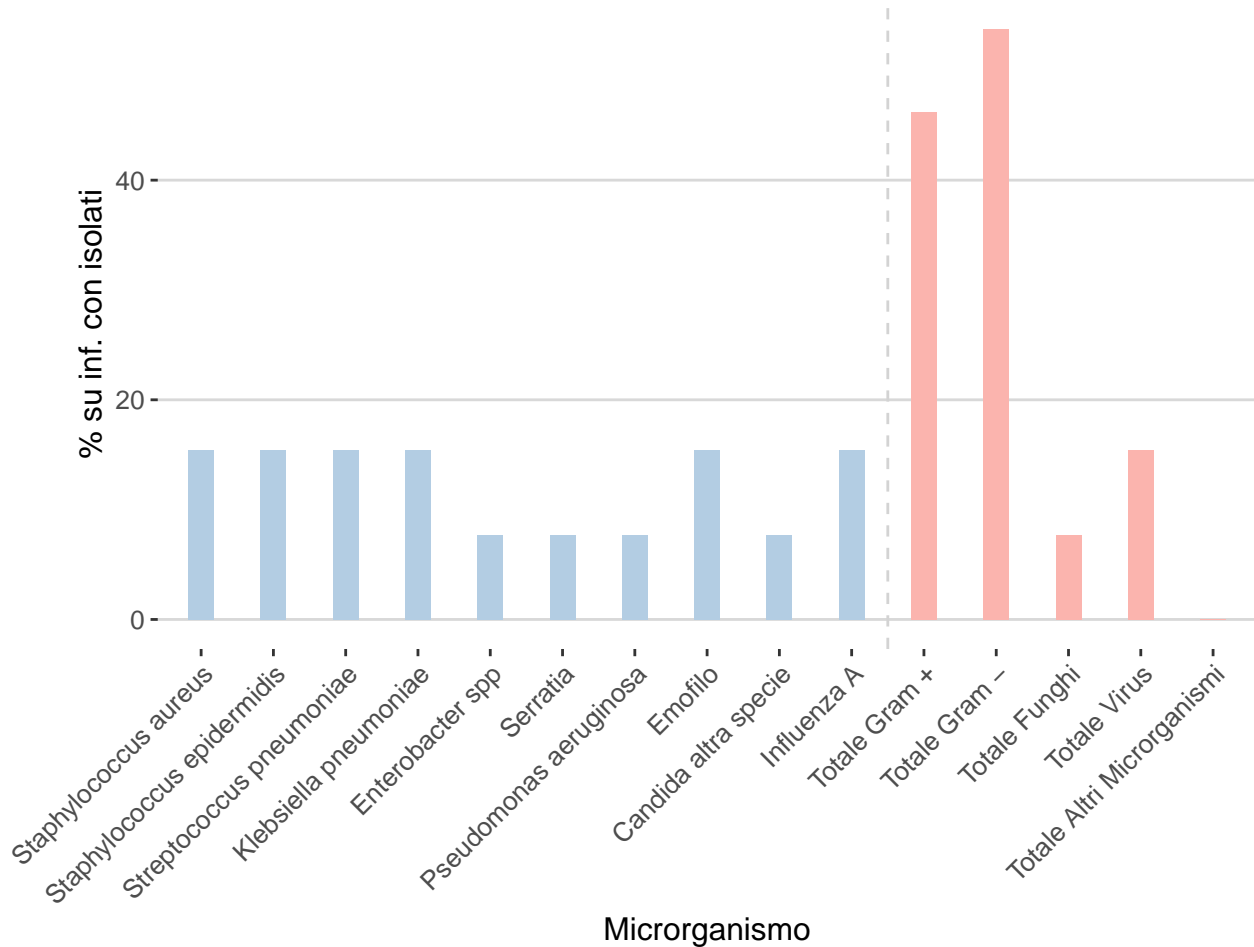
### 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	7	35.0
Sì	13	65.0
Missing	0	

**Totale infezioni 20**  
**Totale microrganismi isolati 18**

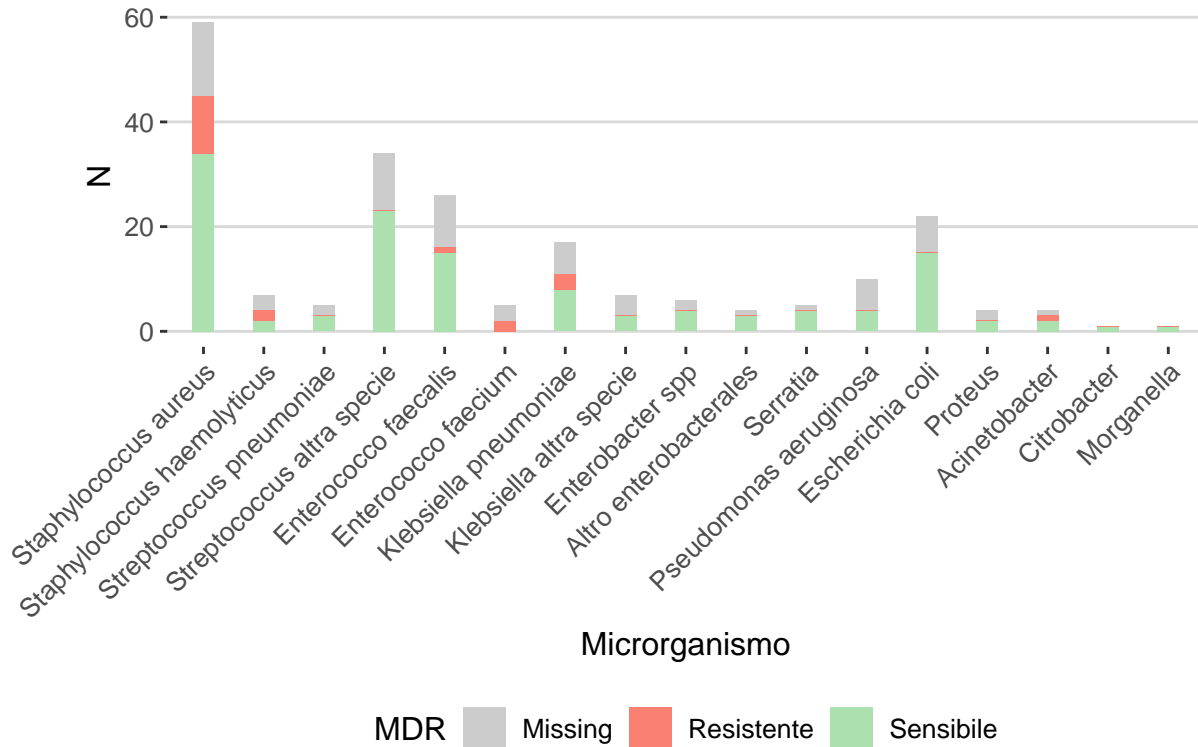
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	15.4	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	2	15.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	15.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>6</b>	<b>46.2</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	2	15.4	1	0	0
Enterobacter spp	1	7.7	1	0	0
Serratia	1	7.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	7.7	1	0	0
Emofilo	2	15.4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>7</b>	<b>53.8</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida altra specie	1	7.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>7.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

Influenza A	2	15.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>15.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

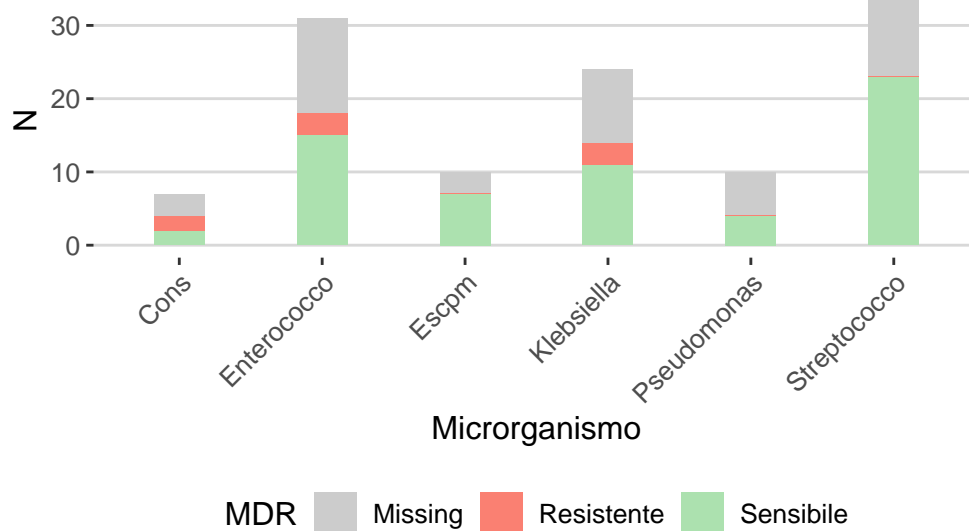
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.



## 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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	%
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100

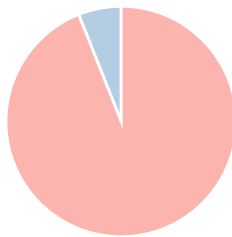
## 7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

## 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 267 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 6% della popolazione totale ammessa in TI.

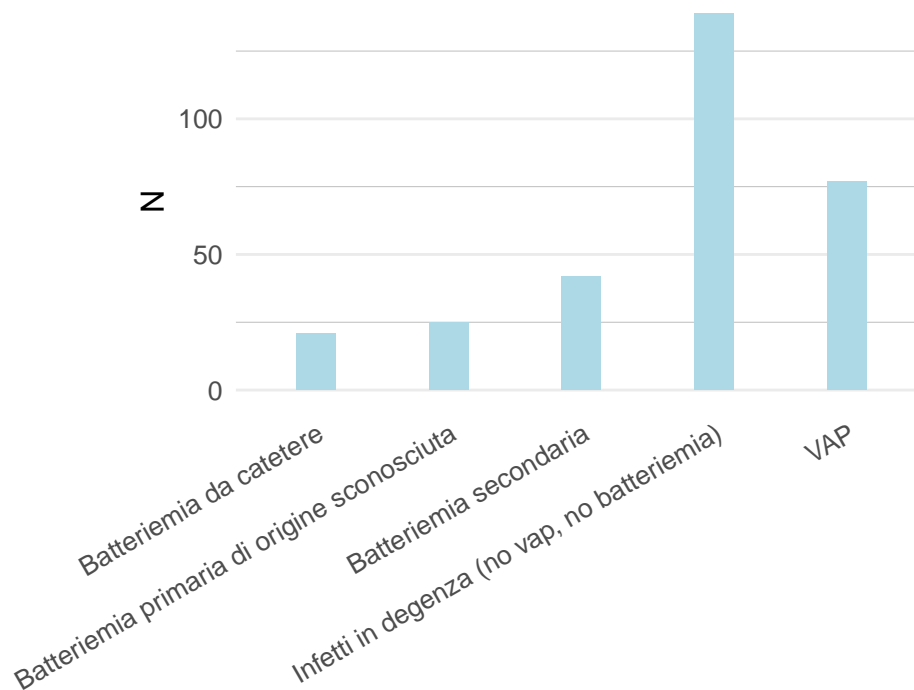


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	267	6
Non infetti in degenza	4164	94

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 4431).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



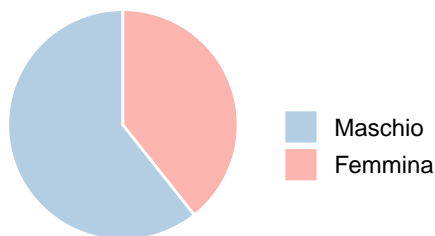
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	139	52.1
VAP	77	28.8
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	25	9.4
Batteriemia da catetere	21	7.9
Batteriemia secondaria	42	15.7

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 267)

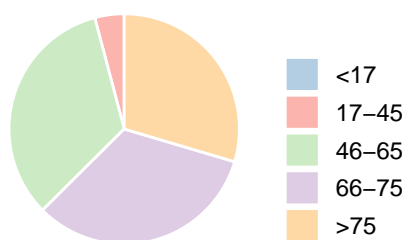
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 267)

### 8.1 Sesso



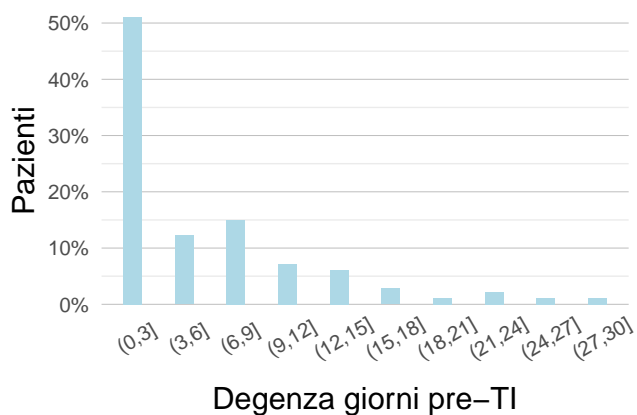
Sesso	N	%
Maschio	162	60.7
Femmina	105	39.3
Missing	0	0

### 8.2 Età



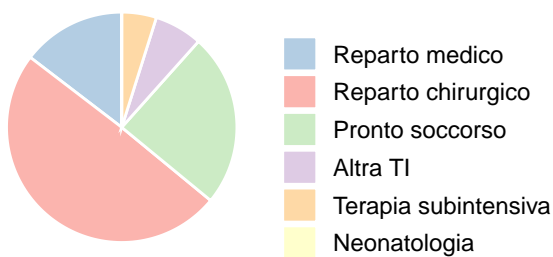
Range età	N	%
<17	0	0.0
17-45	11	4.1
46-65	89	33.3
66-75	88	33.0
>75	79	29.6
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



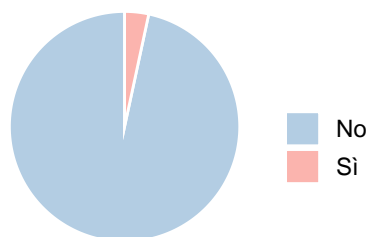
Indicatore	Valore
Media	7.3
DS	16.4
Mediana	2
Q1-Q3	0-7
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



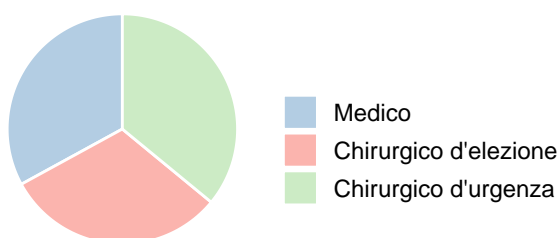
Provenienza	N	%
Reparto medico	39	14.6
Reparto chirurgico	132	49.4
Pronto soccorso	65	24.3
Altra TI	18	6.7
Terapia subintensiva	13	4.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

## 8.5 Trauma



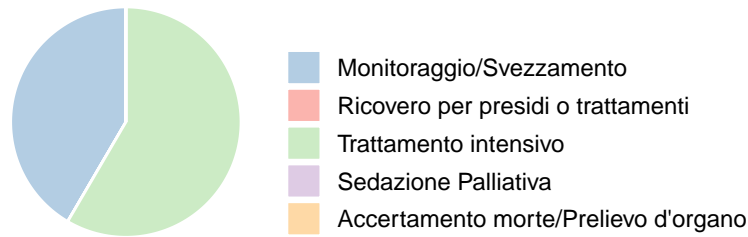
Trauma	N	%
No	258	96.6
Si	9	3.4
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



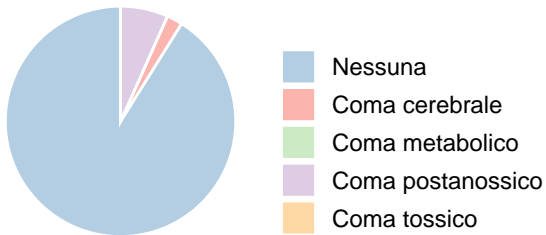
Stato chirurgico	N	%
Medico	88	33.0
Chirurgico d'elezione	83	31.1
Chirurgico d'urgenza	96	36.0
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



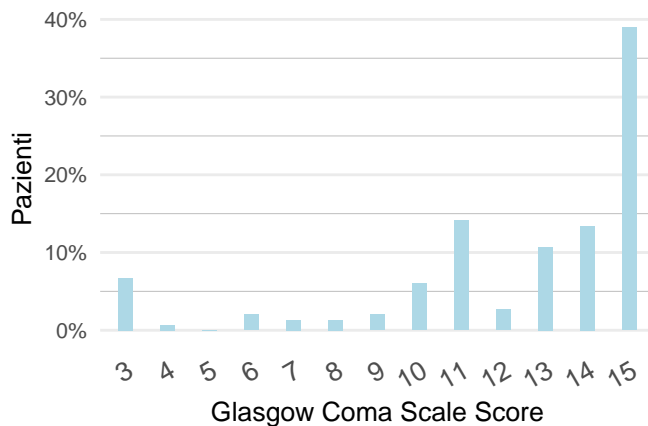
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	111	41.6
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	156	58.4
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



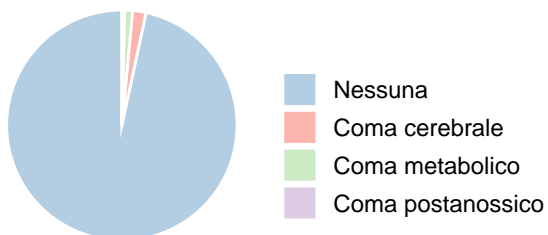
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	82	91.1
Coma cerebrale	2	2.2
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	6	6.7
Coma tossico	0	0.0
Missing	177	0

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



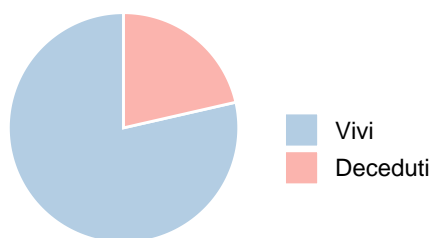
Indicatore	Valore
Media	10.3
DS	3.4
Mediana	12
Q1-Q3	9-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



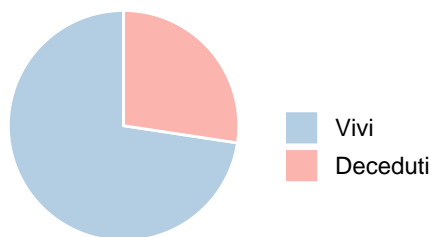
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	258	96.6
Coma cerebrale	5	1.9
Coma metabolico	3	1.1
Coma postanossico	1	0.4
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	209	78.6
Deceduti	57	21.4
Missing	1	0

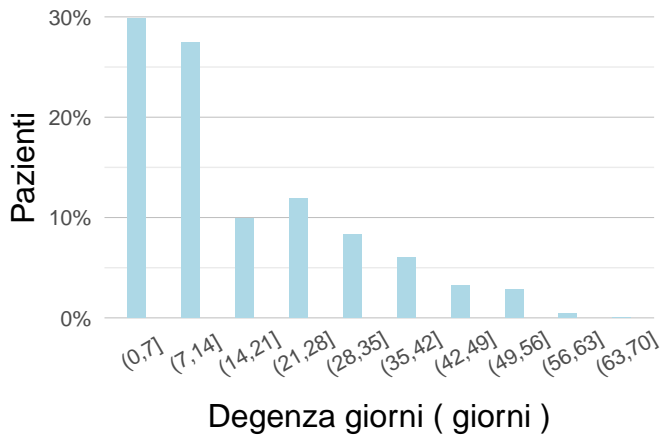
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	175	72.6
Deceduti	66	27.4
Missing	4	0

\* Statistiche calcolate su 245 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 22 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	20.8 (22.3)
Mediana (Q1-Q3)	13 (7-28.8)
Missing	1

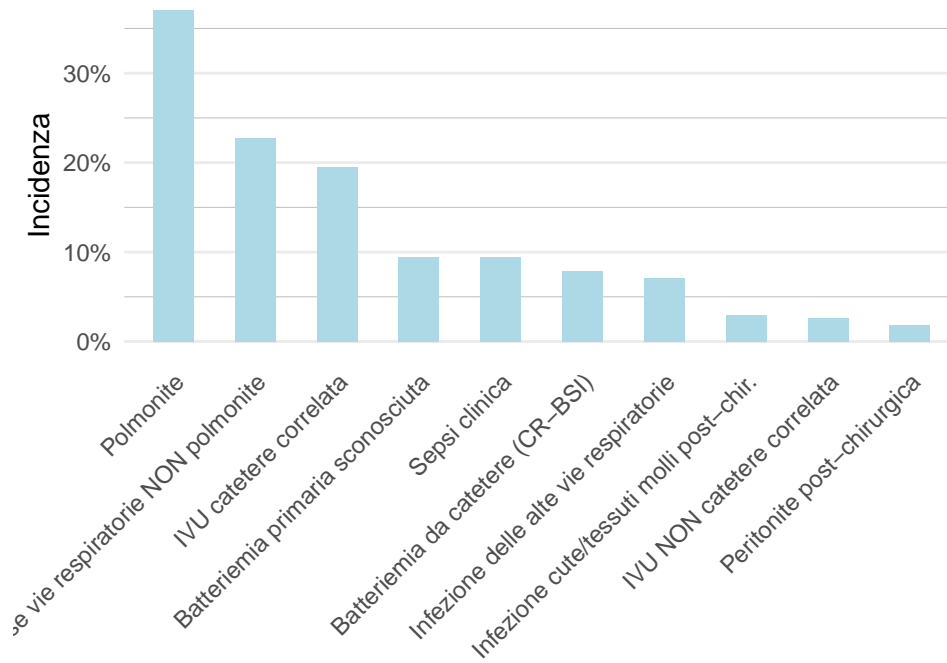
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.5 (34.5)
Mediana (Q1-Q3)	28 (17-56)
Missing	4

\* Statistiche calcolate su 245 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 22 ).

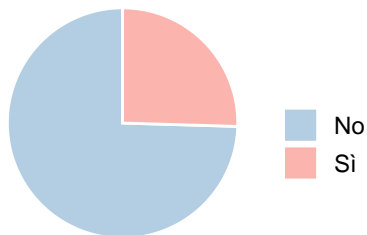
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	99	37.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	61	22.8
IVU catetere correlata	52	19.5
Batteriemia primaria sconosciuta	25	9.4
Sepsi clinica	25	9.4
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	21	7.9
Infezione delle alte vie respiratorie	19	7.1
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	8	3.0
IVU NON catetere correlata	7	2.6
Peritonite post-chirurgica	5	1.9
Missing	0	NA

### 8.16 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	199	74.5
Si	68	25.5
Missing	0	0

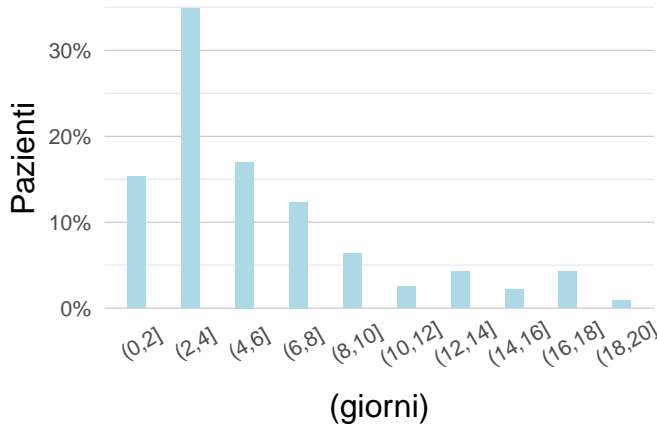


## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	329
Numero totale di microrganismi isolati	406

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	6.6
DS	6.3
Mediana	4
Q1-Q3	3-8
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	19.8	13.9 %
CI ( 95% )	17.4 - 22.4	12.2 - 15.7

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

Il primo:

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

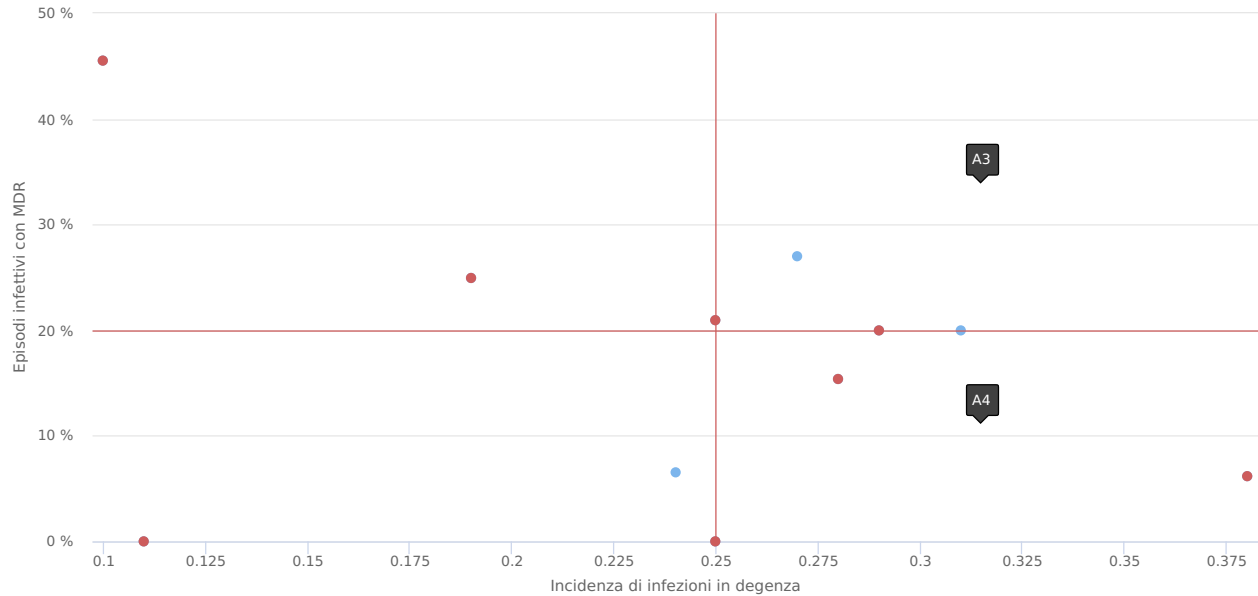
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

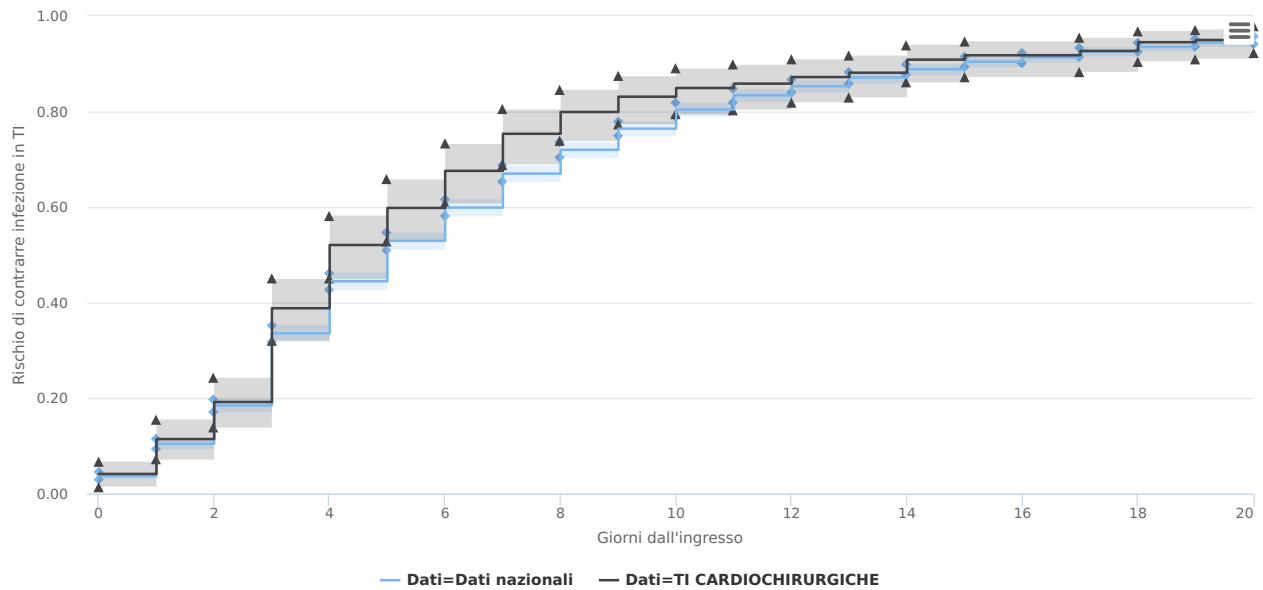
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

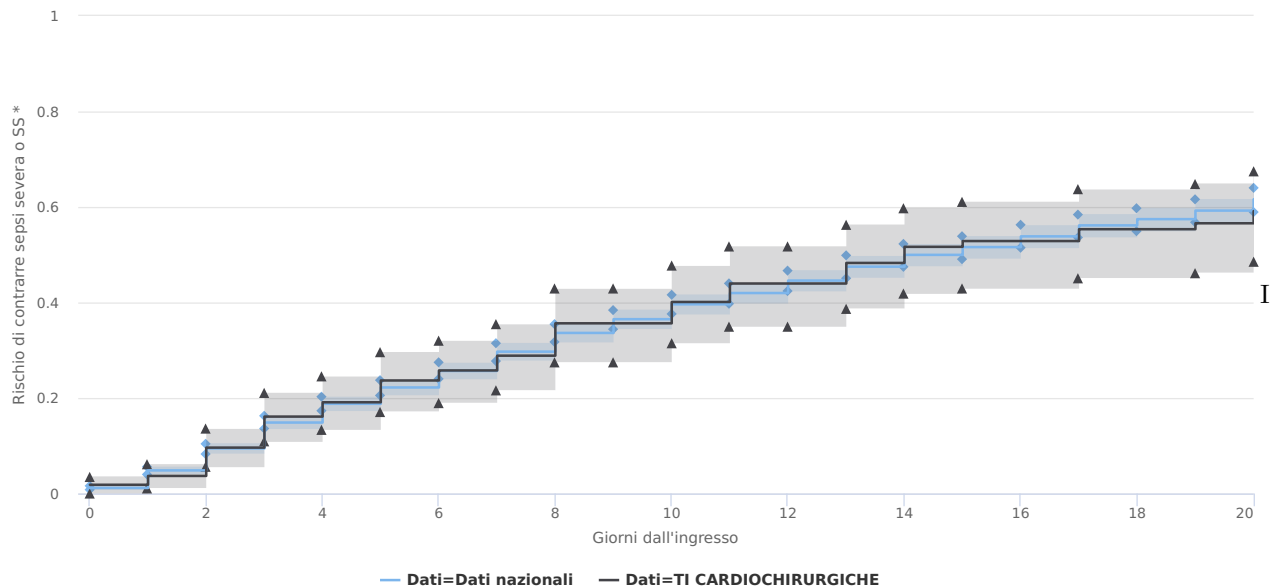


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo* meticillina resistente ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

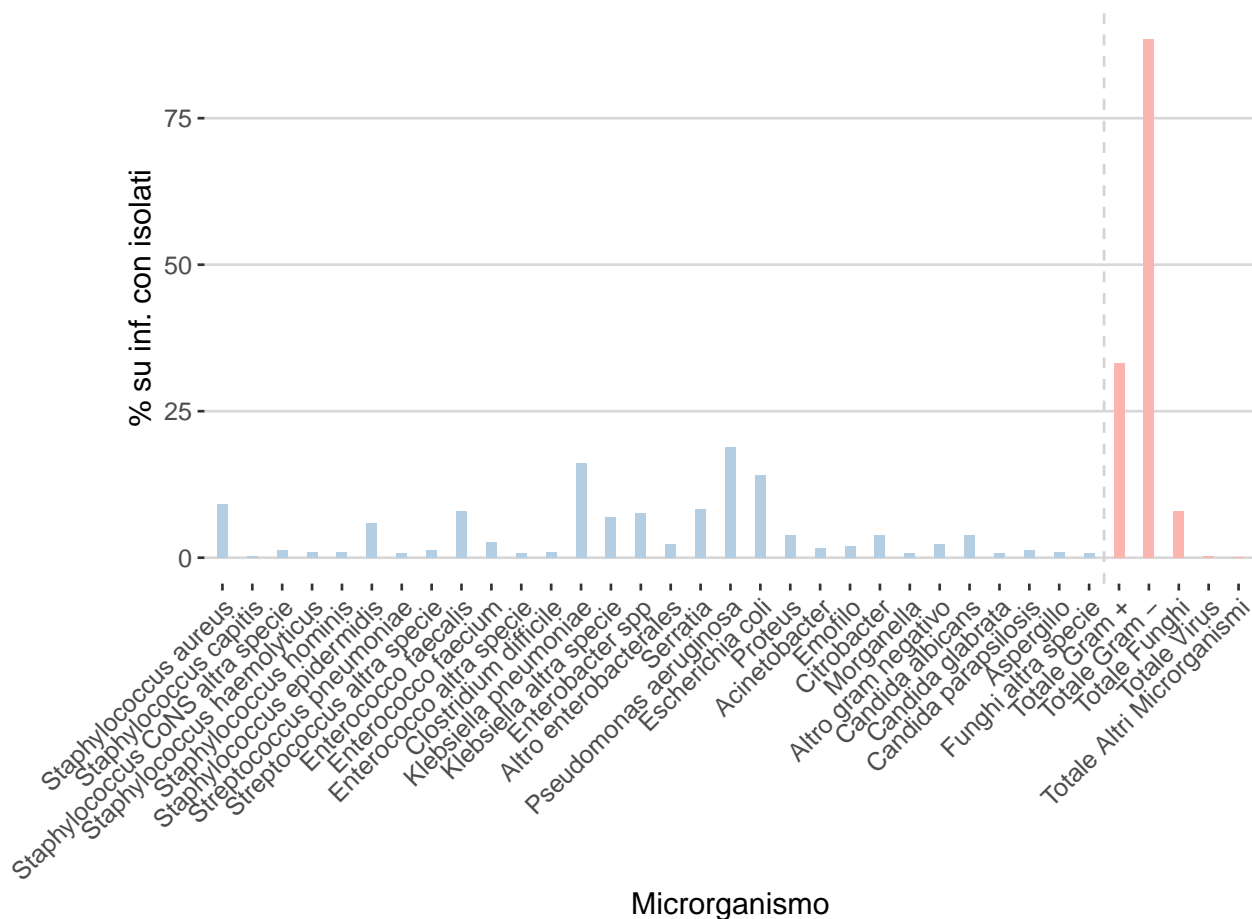
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 81% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 93% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime successive, basate sui pochi pazienti con degenza superiore a 20 giorni, sarebbero risultate instabili. Le aree ombreggiate delimitano l'intervallo di confidenza al 95% delle stime.

## 8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	23	7.0
Sì	304	93.0
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>329</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>406</b>	

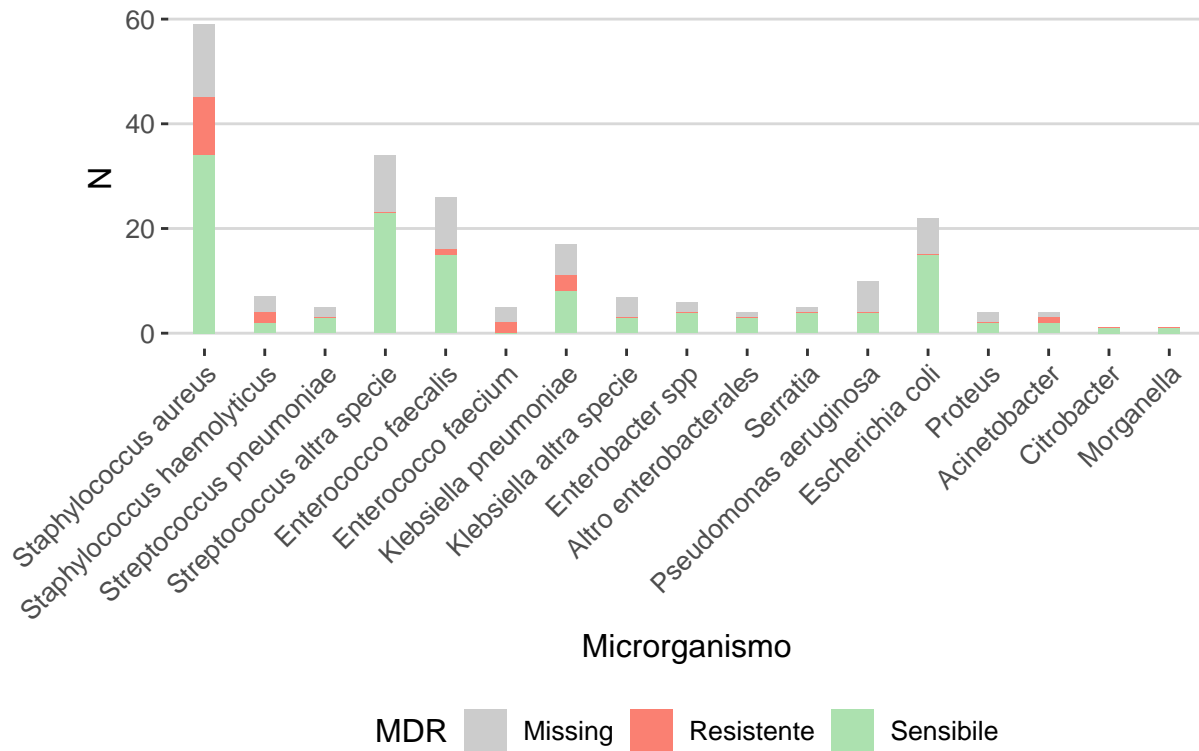
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	28	9.2	22	8	36.4
Staphylococcus capitis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	1.3	0	0	0

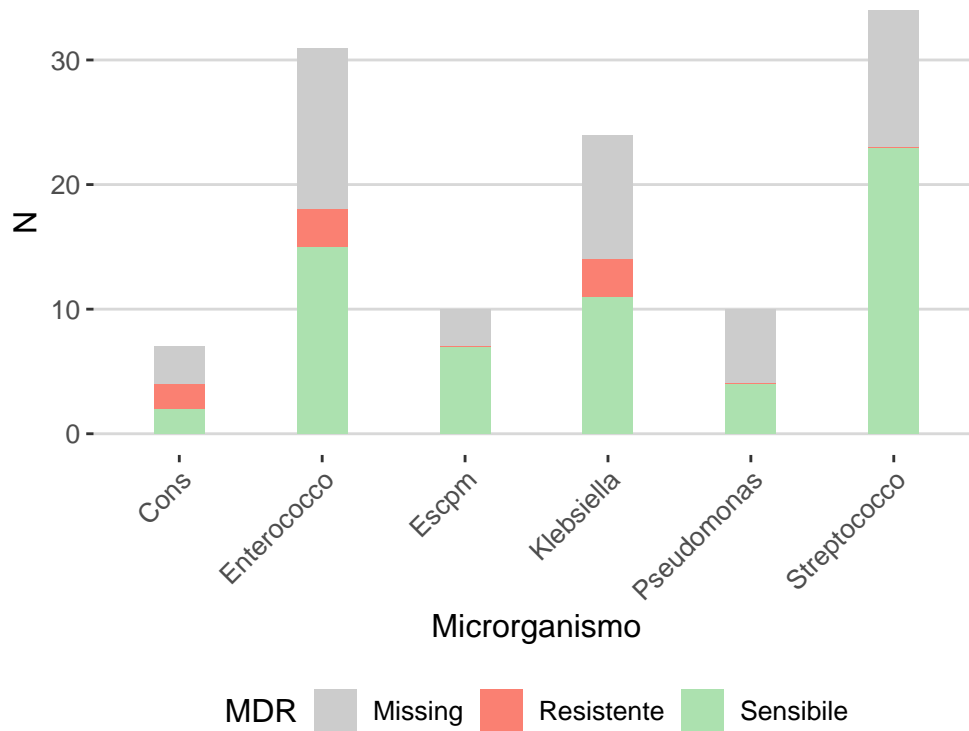
Staphylococcus haemolyticus	3	1.0	3	1	33.3
Staphylococcus hominis	3	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	5.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.7	1	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.3	3	0	0
Enterococco faecalis	24	7.9	19	0	0
Enterococco faecium	8	2.6	7	3	42.9
Enterococco altra specie	2	0.7	1	1	100
Clostridium difficile	3	1.0	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>101</b>	<b>33.2</b>	<b>56</b>	<b>13</b>	<b>23.2</b>
Klebsiella pneumoniae	49	16.1	34	6	17.6
Klebsiella altra specie	21	6.9	13	2	15.4
Enterobacter spp	23	7.6	21	1	4.8
Altro enterobacterales	7	2.3	4	0	0
Serratia	25	8.2	18	0	0
Pseudomonas aeruginosa	57	18.8	39	7	17.9
Escherichia coli	43	14.1	33	0	0
Proteus	12	3.9	9	0	0
Acinetobacter	5	1.6	5	2	40
Emofilo	6	2.0	0	0	0
Citrobacter	12	3.9	7	0	0
Morganella	2	0.7	2	0	0
Altro gram negativo	7	2.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>269</b>	<b>88.5</b>	<b>185</b>	<b>18</b>	<b>9.7</b>
Candida albicans	12	3.9	0	0	0
Candida glabrata	2	0.7	0	0	0
Candida parapsilosis	4	1.3	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.3	0	0	0
Aspergillo	3	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>24</b>	<b>7.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza B	1	0.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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	32	Ertapenem	4	12.50
Klebsiella pneumoniae	34	Meropenem	5	14.71
Klebsiella altra specie	13	Ertapenem	1	7.69
Klebsiella altra specie	13	Meropenem	1	7.69
Enterobacter spp	20	Ertapenem	1	5.00
Enterobacter spp	21	Meropenem	1	4.76

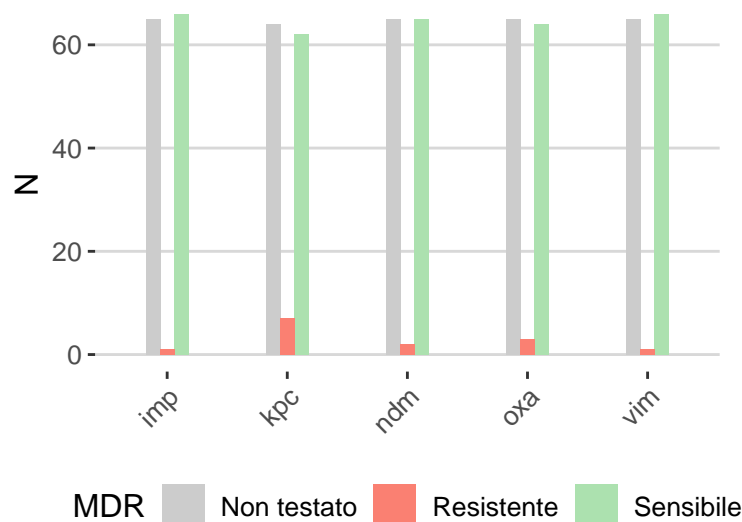
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40.00
Acinetobacter	5	Meropenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	37	Imipenem	5	13.51
Pseudomonas aeruginosa	39	Meropenem	7	17.95
Staphylococcus haemolyticus	3	Meticillina	1	33.33
Staphylococcus aureus	22	Meticillina	8	36.36
Enterococco faecium	7	Vancomicina	3	42.86
Enterococco 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	8	6.11
No	59	45.04
Non testato	64	48.85
Missing	73	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	7.1	66	65
kpc	7	50.0	62	64
ndm	2	14.3	65	65
oxa	3	21.4	64	65
vim	1	7.1	66	65





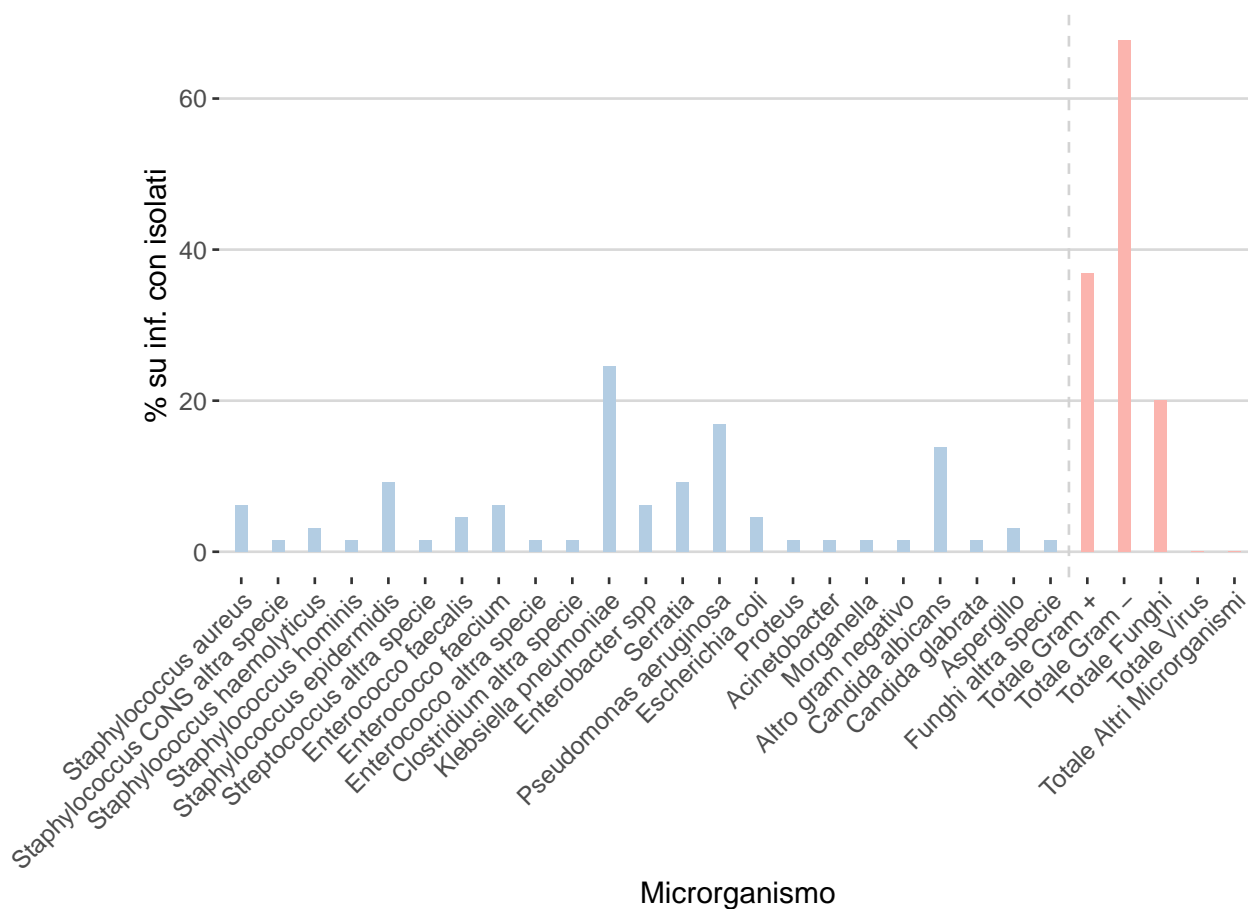
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 48)

### 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	15	12.1
Sì	109	87.9
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>124</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>136</b>	

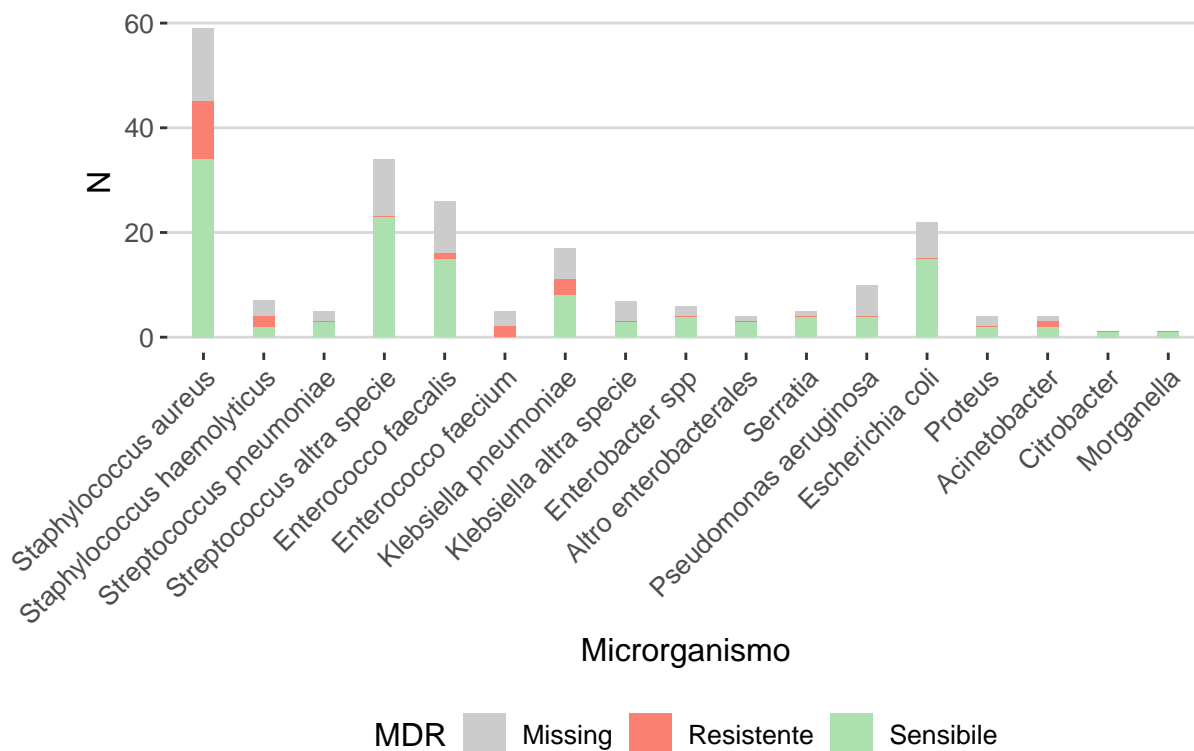
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	6.2	4	3	75

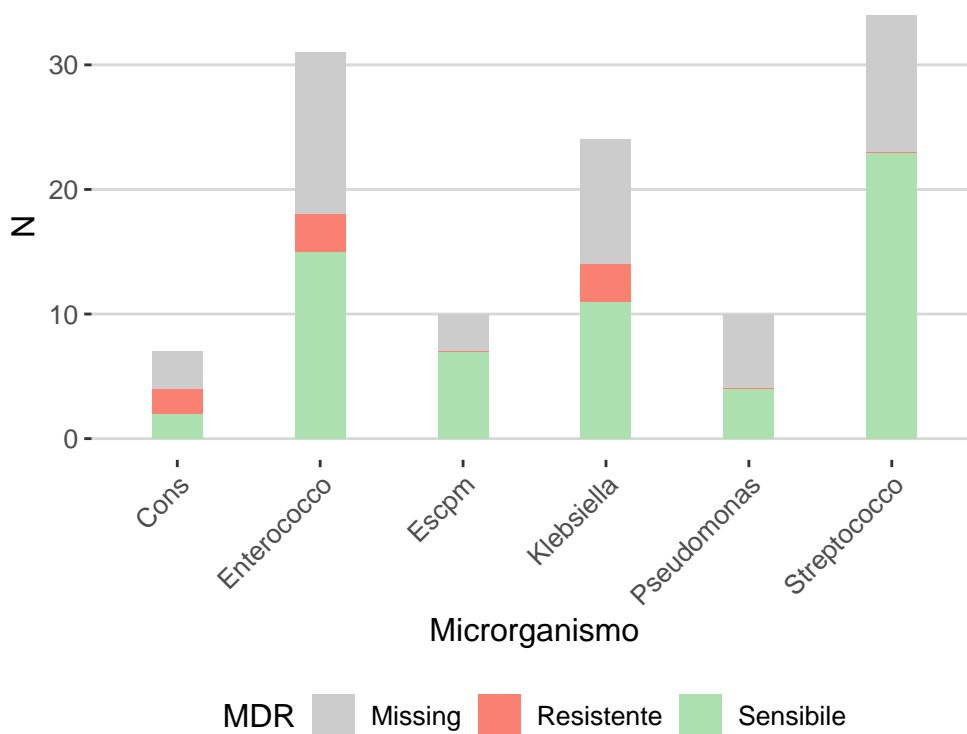
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	3.1	1	0	0
Staphylococcus hominis	1	1.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	9.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.5	0	0	0
Enterococco faecalis	3	4.6	3	0	0
Enterococco faecium	4	6.2	3	0	0
Enterococco altra specie	1	1.5	1	1	100
Clostridium altra specie	1	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>24</b>	<b>36.9</b>	<b>12</b>	<b>4</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	16	24.6	16	6	37.5
Enterobacter spp	4	6.2	4	0	0
Serratia	6	9.2	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	16.9	7	1	14.3
Escherichia coli	3	4.6	3	0	0
Proteus	1	1.5	0	0	0
Acinetobacter	1	1.5	1	0	0
Morganella	1	1.5	1	0	0
Altro gram negativo	1	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>44</b>	<b>67.7</b>	<b>37</b>	<b>7</b>	<b>18.9</b>
Candida albicans	9	13.8	0	0	0
Candida glabrata	1	1.5	0	0	0
Aspergillo	2	3.1	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>13</b>	<b>20.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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	19	Ertapenem	4	21.05
Klebsiella pneumoniae	19	Meropenem	5	26.32
Pseudomonas aeruginosa	8	Imipenem	1	12.50
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	1	12.50
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	7	70.00

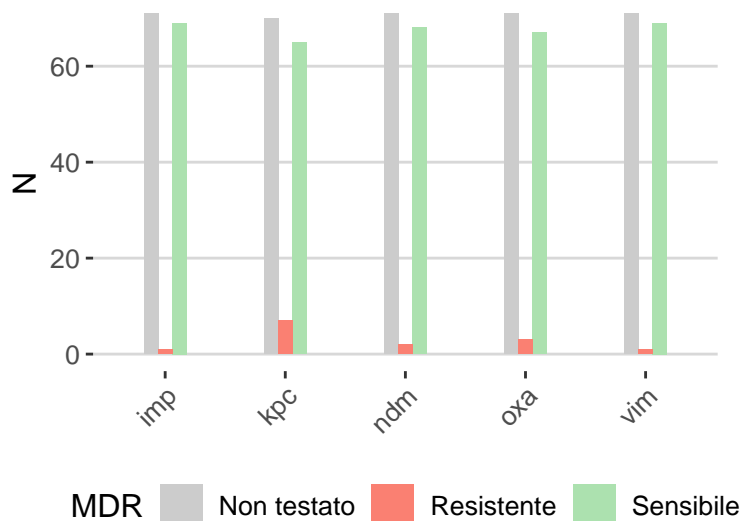
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00
--------------------------	---	-------------	---	--------

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

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

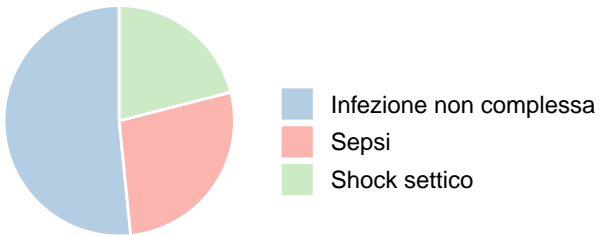
	N	%
Sì	8	5.76
No	62	44.6
Non testato	69	49.64
Missing	76	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	7.1	69	71
kpc	7	50.0	65	70
ndm	2	14.3	68	71
oxa	3	21.4	67	71
vim	1	7.1	69	71



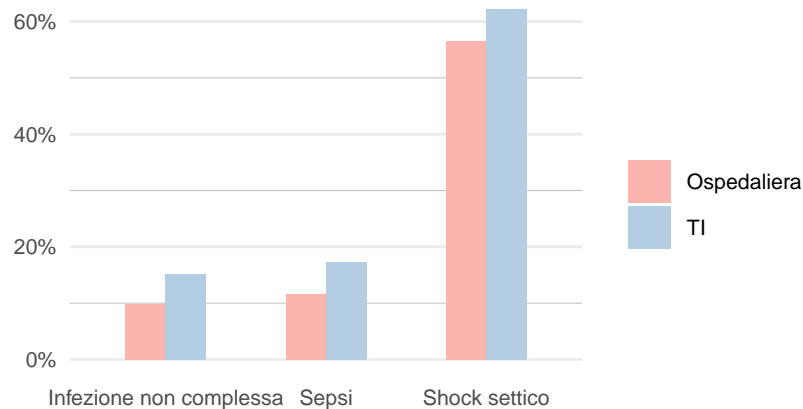
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 219)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	113	51.6
Sepsi	60	27.4
Shock settico	46	21.0
Missing	0	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	9.8	15.2
Sepsi	11.7	17.3
Shock settico	56.5	62.2

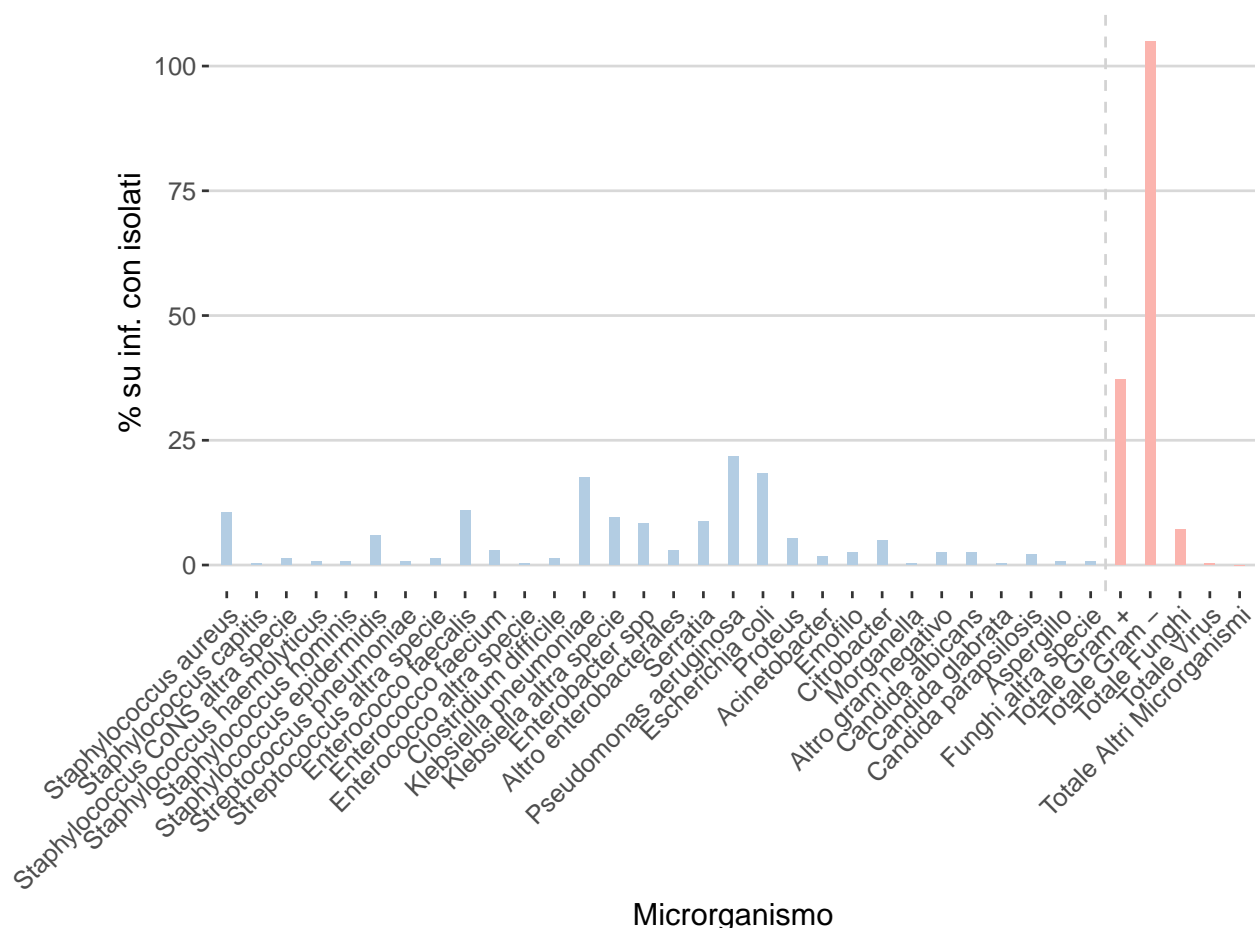
### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	23	8.0
Sì	266	92.0
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>291</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>362</b>	

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

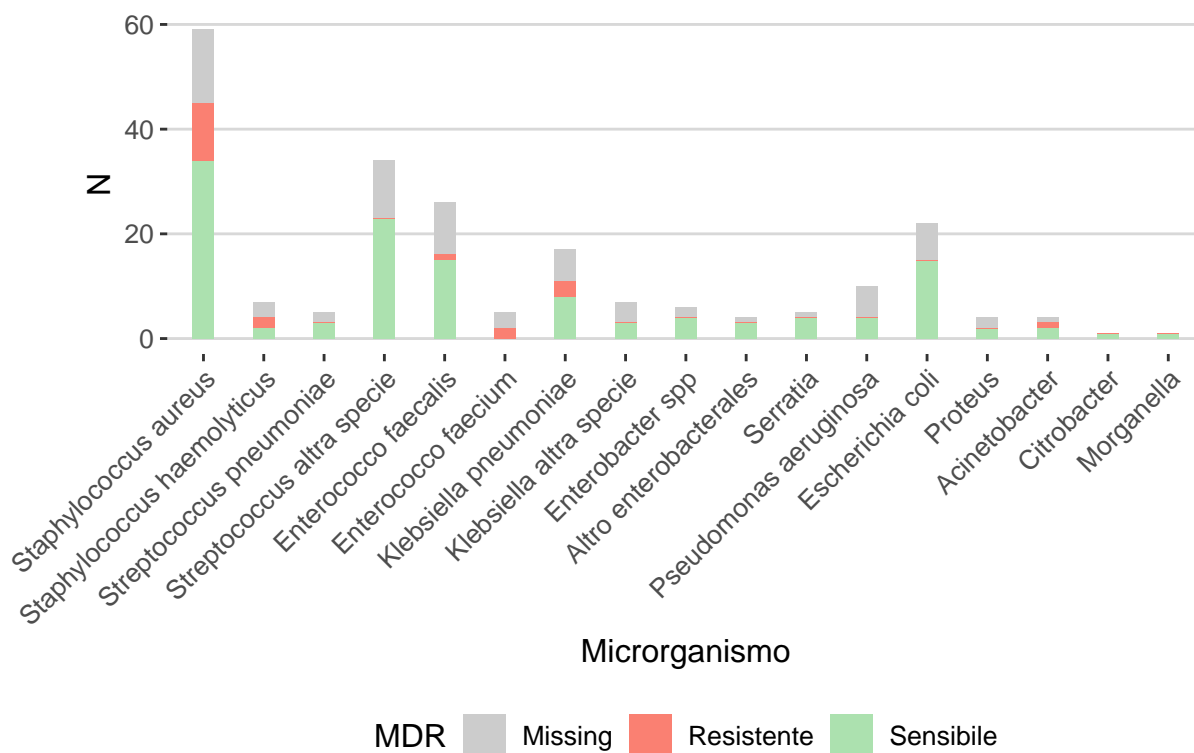
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	25	10.5	19	5	26.3
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	1.3	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	2	1	50
Staphylococcus hominis	2	0.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	14	5.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	0.8	1	0	0
Streptococcus altra specie	3	1.3	3	0	0
Enterococcus faecalis	26	10.9	21	0	0
Enterococcus faecium	7	2.9	6	3	50
Enterococcus altra specie	1	0.4	0	0	0
Clostridium difficile	3	1.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>89</b>	<b>37.2</b>	<b>52</b>	<b>9</b>	<b>17.3</b>
Klebsiella pneumoniae	42	17.6	24	1	4.2
Klebsiella altra specie	23	9.6	14	2	14.3
Enterobacter spp	20	8.4	18	1	5.6
Altro enterobacterales	7	2.9	4	0	0
Serratia	21	8.8	13	0	0

Pseudomonas aeruginosa	52	21.8	36	6	16.7
Escherichia coli	44	18.4	32	0	0
Proteus	13	5.4	10	0	0
Acinetobacter	4	1.7	4	2	50
Emofilo	6	2.5	0	0	0
Citrobacter	12	5.0	7	0	0
Morganella	1	0.4	1	0	0
Altro gram negativo	6	2.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>251</b>	<b>105.0</b>	<b>163</b>	<b>12</b>	<b>7.4</b>
Candida albicans	6	2.5	0	0	0
Candida glabrata	1	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	5	2.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.4	0	0	0
Aspergillo	2	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>17</b>	<b>7.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza B	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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

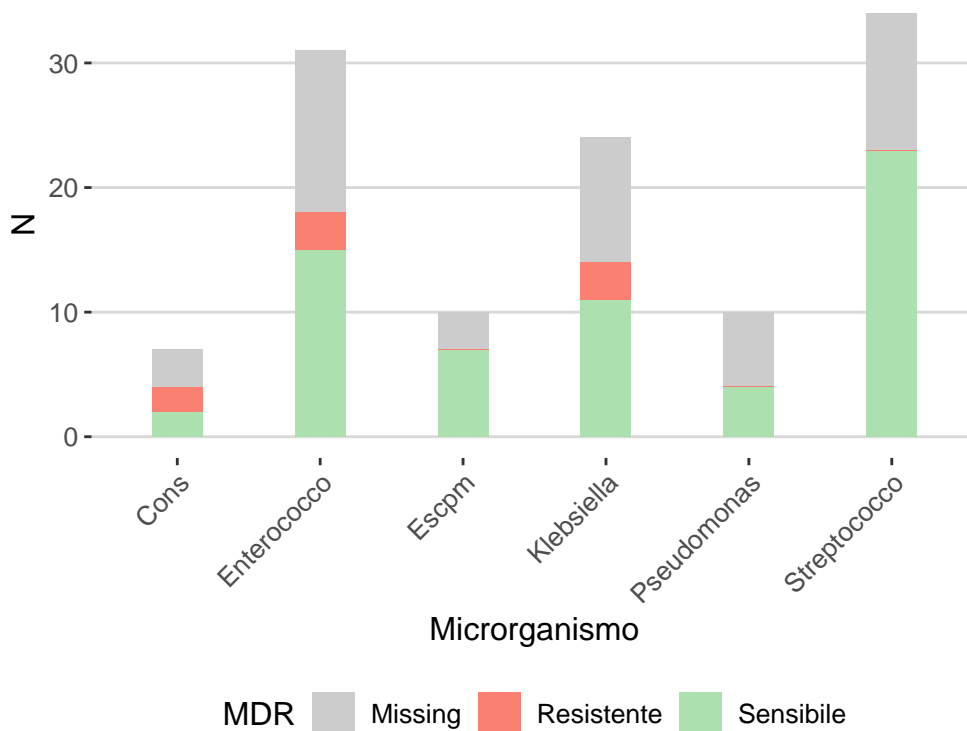


Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobac-



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

### 10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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	24	Meropenem	1	4.17
Klebsiella altra specie	14	Ertapenem	1	7.14
Klebsiella altra specie	14	Meropenem	1	7.14

Enterobacter spp	17	Ertapenem	1	5.88
Enterobacter spp	18	Meropenem	1	5.56
Acinetobacter	4	Imipenem	2	50.00
Acinetobacter	4	Meropenem	2	50.00
Pseudomonas aeruginosa	34	Imipenem	4	11.76
Pseudomonas aeruginosa	36	Meropenem	6	16.67
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	19	Meticillina	5	26.32
Enterococco faecium	6	Vancomicina	3	50.00

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

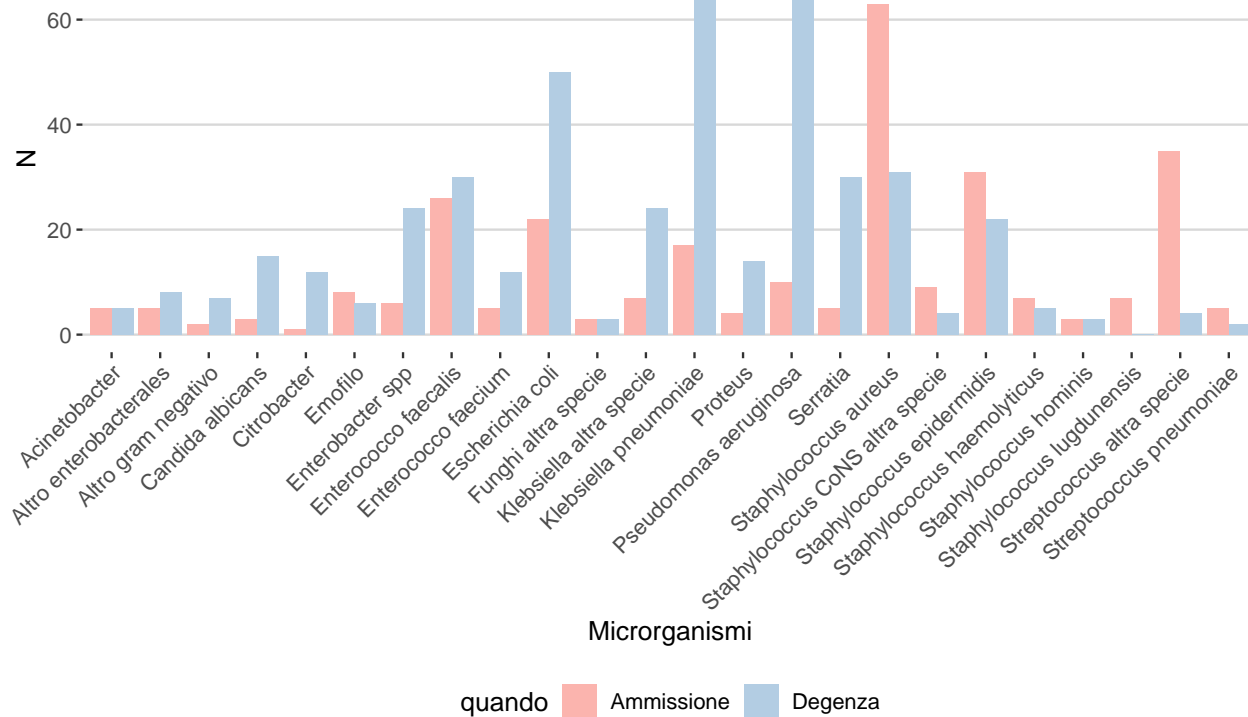
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	1	0.93
No	50	46.73
Non testato	56	52.34
Missing	67	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	51	57
kpc	0	0	52	56
ndm	0	0	51	57
oxa	1	100	50	57
vim	0	0	51	57



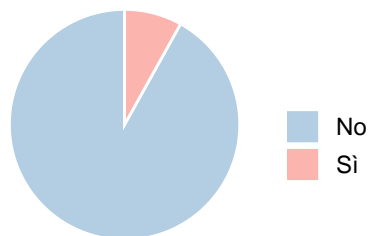
## 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	10	5	50	5	50
Pseudomonas aeruginosa	77	10	13	67	87
Candida albicans	18	3	16.7	15	83.3
Citrobacter	13	1	7.7	12	92.3
Enterobacter spp	30	6	20	24	80
Staphylococcus epidermidis	53	31	58.5	22	41.5
Escherichia coli	72	22	30.6	50	69.4
Enterococco faecalis	56	26	46.4	30	53.6
Enterococco faecium	17	5	29.4	12	70.6
Staphylococcus haemolyticus	12	7	58.3	5	41.7
Emofilo	14	8	57.1	6	42.9
Staphylococcus hominis	6	3	50	3	50
Staphylococcus lugdunensis	7	7	100	0	0
Altro gram negativo	9	2	22.2	7	77.8
Staphylococcus CoNS altra specie	13	9	69.2	4	30.8
Altro enterobacterales	13	5	38.5	8	61.5
Klebsiella altra specie	31	7	22.6	24	77.4
Funghi altra specie	6	3	50	3	50
Streptococcus altra specie	39	35	89.7	4	10.3
Klebsiella pneumoniae	82	17	20.7	65	79.3
Streptococcus pneumoniae	7	5	71.4	2	28.6
Proteus	18	4	22.2	14	77.8
Serratia	35	5	14.3	30	85.7
Staphylococcus aureus	94	63	67	31	33

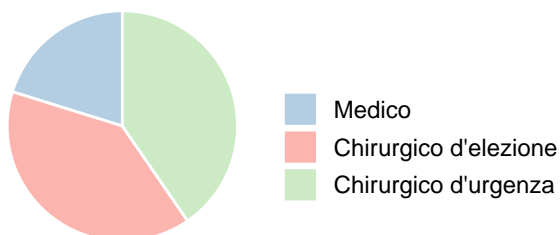
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 99)

### 11.1 Trauma



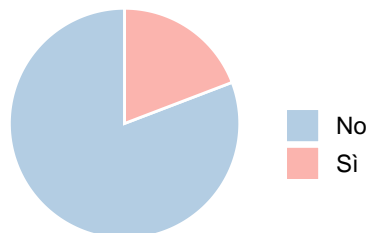
Trauma	N	%
No	91	91.9
Si	8	8.1
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



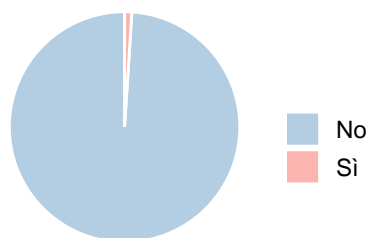
Stato chirurgico	N	%
Medico	20	20.2
Chirurgico d'elezione	39	39.4
Chirurgico d'urgenza	40	40.4
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



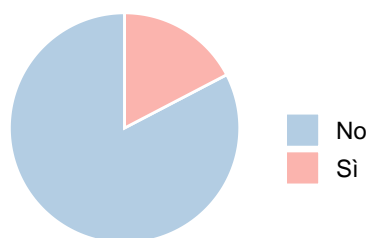
Batteriémica	N	%
No	80	80.8
Si	19	19.2
Missing	0	0

## 11.4 Infezioni multisito



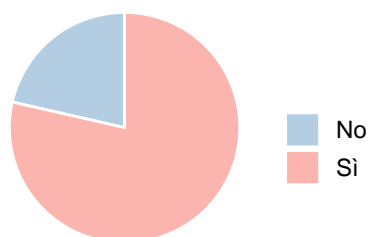
Infezione multisito	N	%
No	98	99.0
Si	1	1.0
Missing	0	0

## 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	81	82.7
Si	17	17.3
Missing	1	0

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

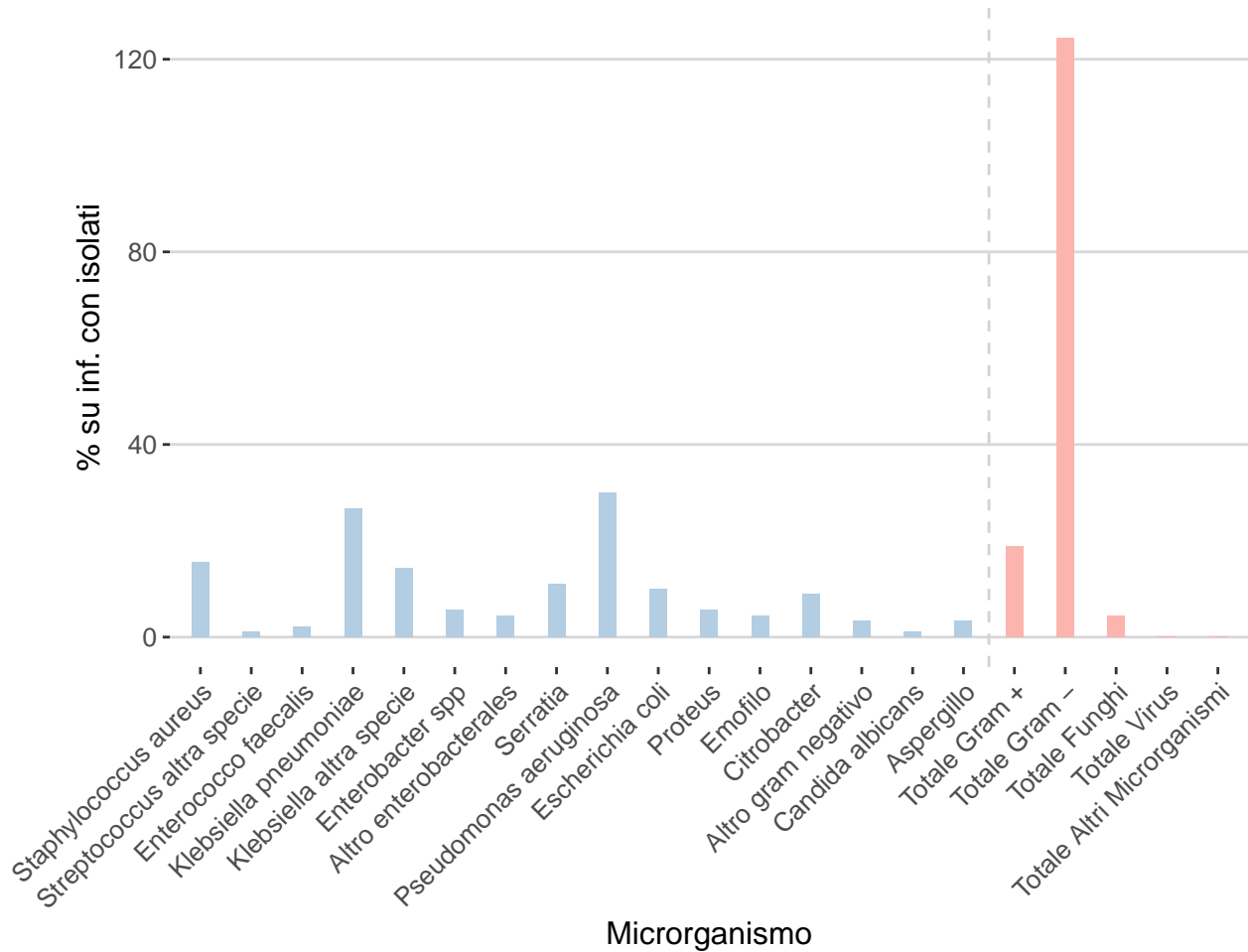


Polmonite associata a VAP	N	%
No	21	21.4
Si	77	78.6
Missing	1	0

\* 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

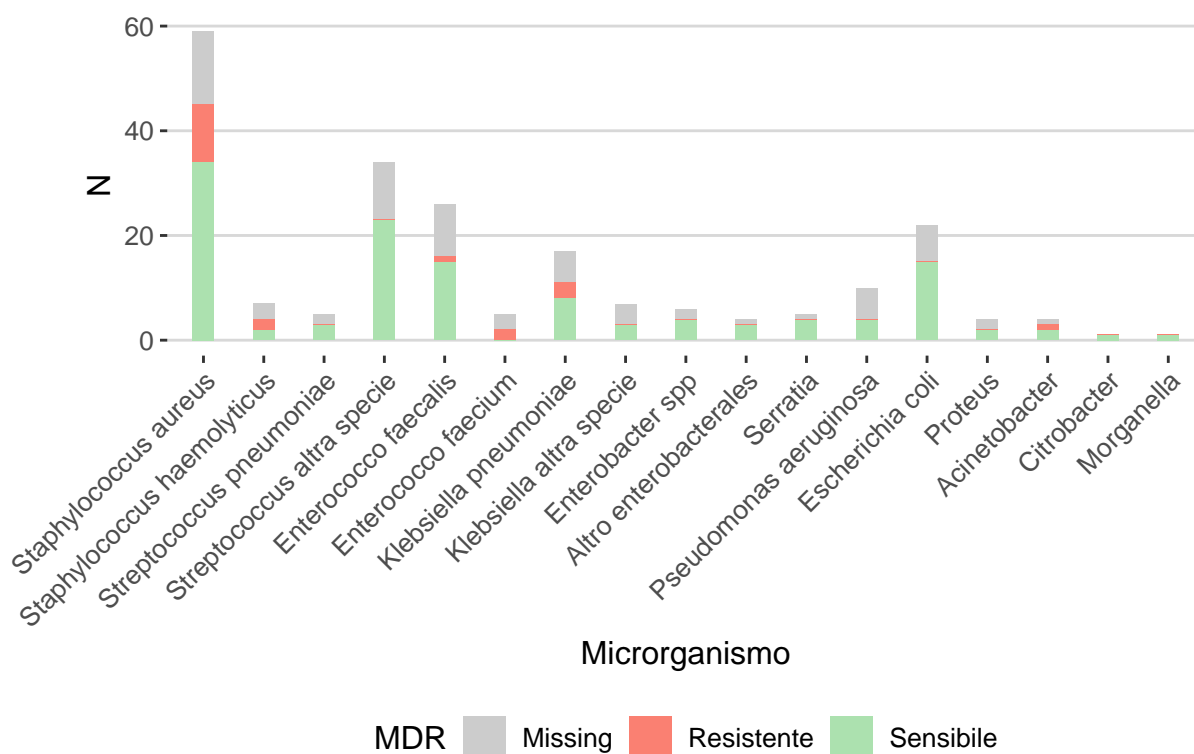
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	15.6	10	3	30
Streptococcus altra specie	1	1.1	1	0	0
Enterococco faecalis	2	2.2	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>17</b>	<b>18.9</b>	<b>13</b>	<b>3</b>	<b>23.1</b>
Klebsiella pneumoniae	24	26.7	16	2	12.5
Klebsiella altra specie	13	14.4	8	1	12.5
Enterobacter spp	5	5.6	3	0	0
Altro enterobacterales	4	4.4	3	0	0
Serratia	10	11.1	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	27	30.0	16	1	6.2
Escherichia coli	9	10.0	5	0	0
Proteus	5	5.6	3	0	0

Emofilo	4	4.4	0	0	0
Citrobacter	8	8.9	5	0	0
Altro gram negativo	3	3.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>112</b>	<b>124.4</b>	<b>64</b>	<b>4</b>	<b>6.2</b>
Candida albicans	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	3	3.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>4.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

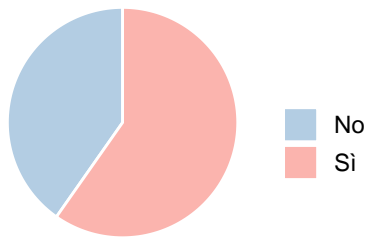
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

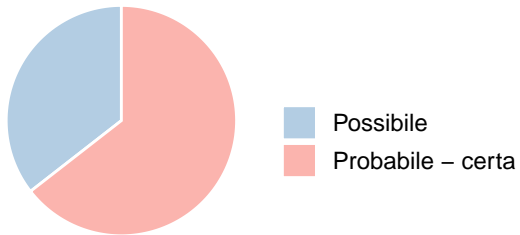
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 77)

### 12.1 VAP precoce



VAP precoce	N	%
No	31	40.3
Sì	46	59.7
Missing	0	0

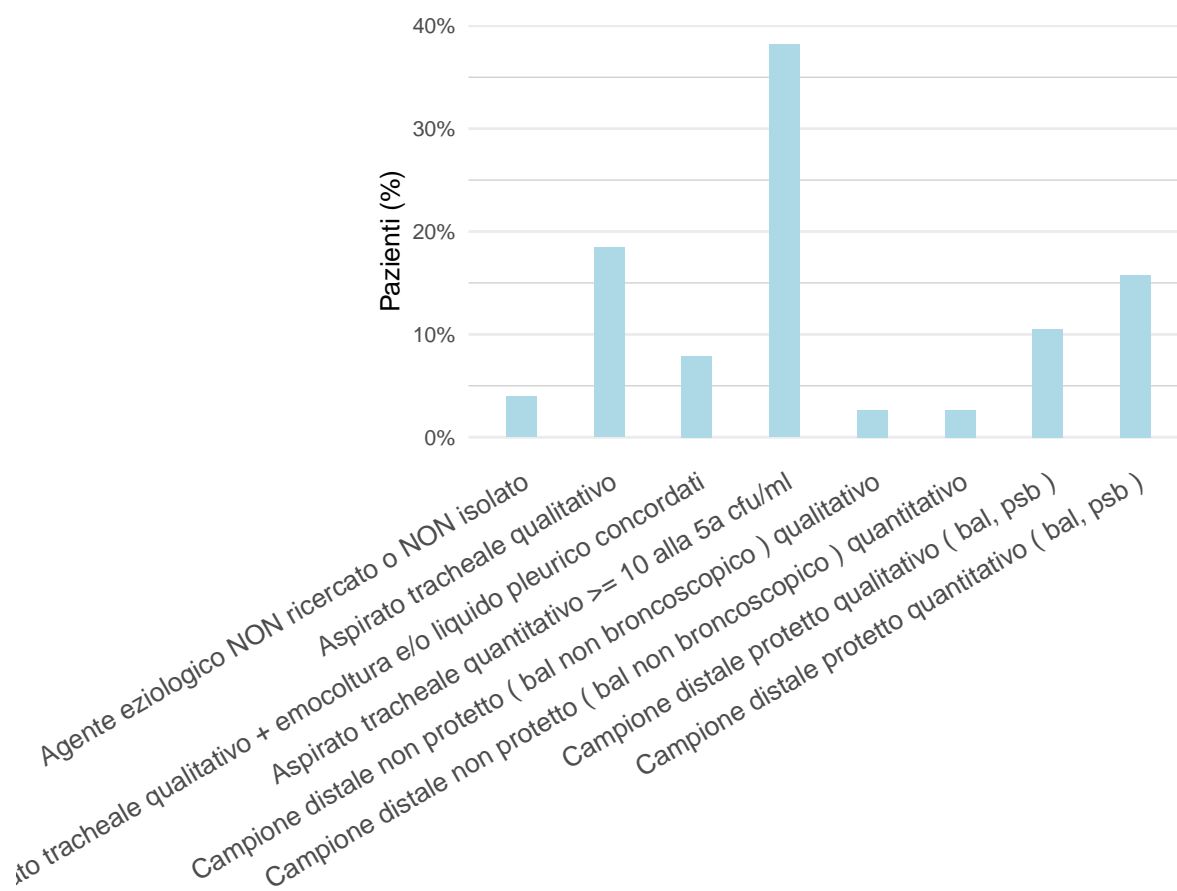
### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	27	35.5
Probabile - certa	49	64.5
Missing	43	0



## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

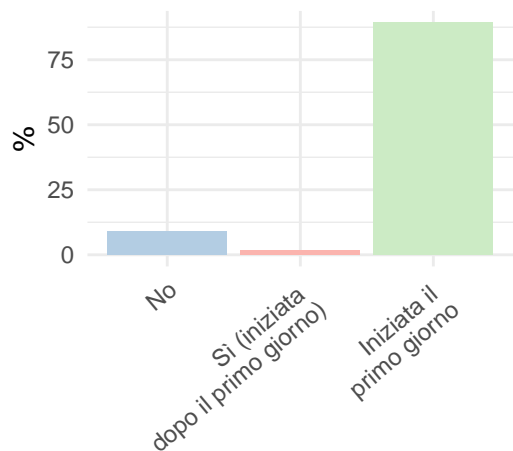


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	2	2.6
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	2	2.6
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	8	10.5
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	12	15.8
Aspirato tracheale quantitativo >= 10 alla 5a cfu/ml	29	38.2
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	6	7.9
Aspirato tracheale qualitativo	14	18.4
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	3	3.9
Missing	43	0

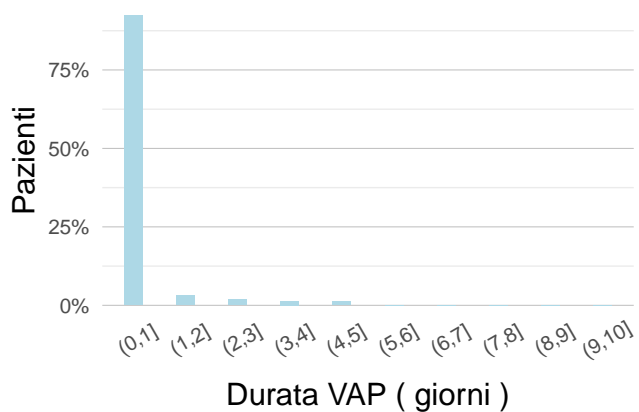
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 4431 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



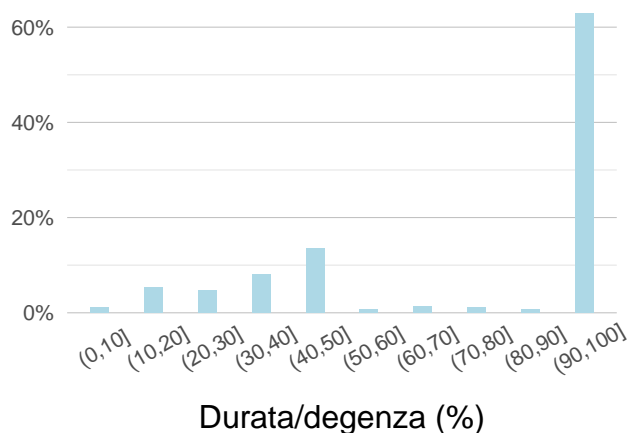
Ventilazione invasiva	N	%
No	395	8.9
Sì	4035	91.1
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>3957</b>	<b>89.3</b>
Missing	1	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



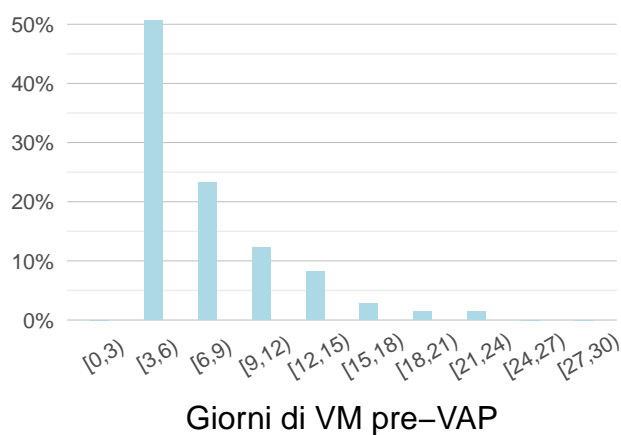
Indicatore	Valore
Media (DS)	2.0 (4.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-1)
Missing	7

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	77.5 (31.2)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	9

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	77
Media (DS)	7.7 (6.0)
Mediana (Q1-Q3)	6 (3-9)
Missing	0

## 12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	18.7	13.1 %
CI ( 95% )	14.7 - 23.4	10.3 - 16.3

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.

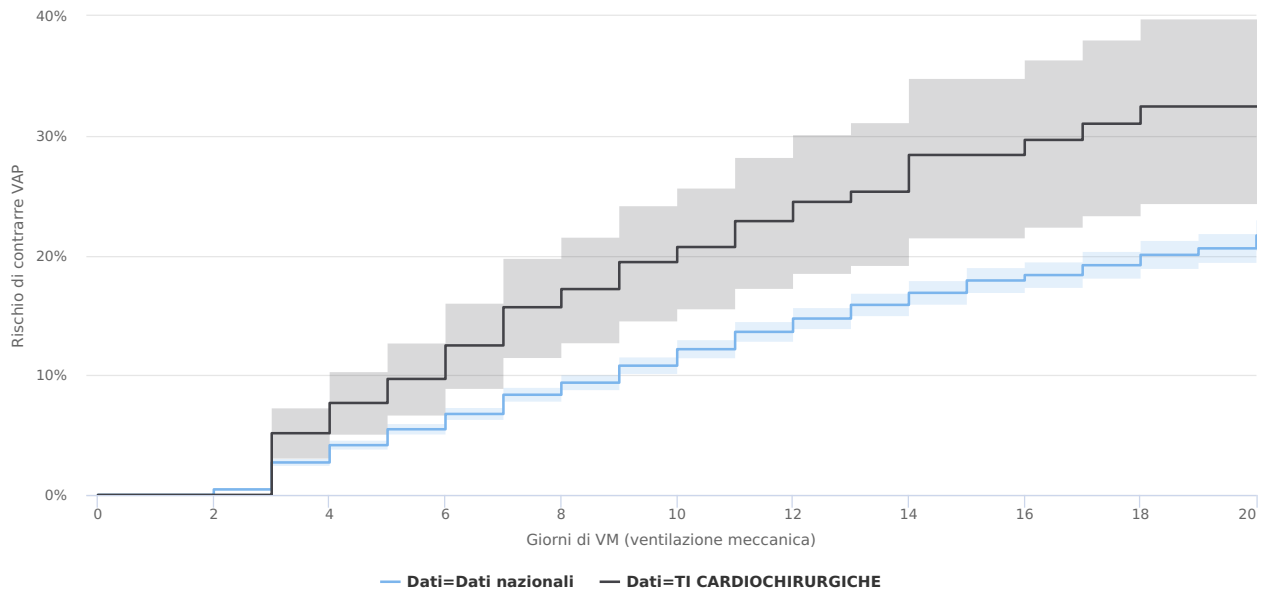
Il secondo invece:

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

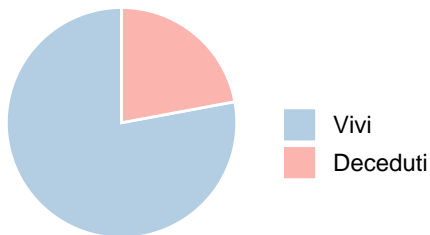
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

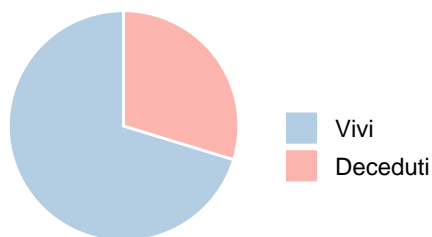


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	60	77.9
Deceduti	17	22.1
Missing	0	0

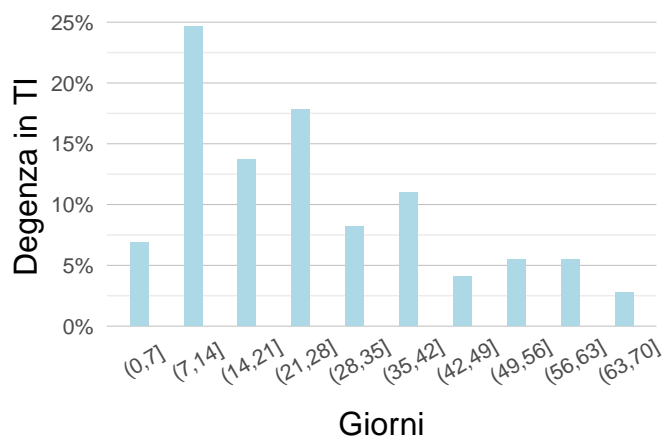
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	52	70.3
Deceduti	22	29.7
Missing	3	0

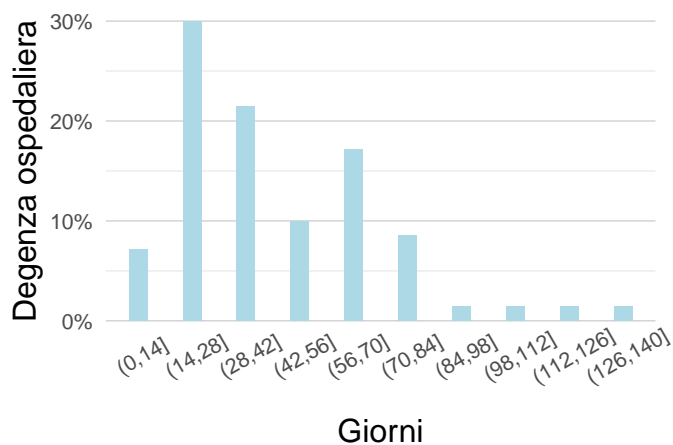
\* Statistiche calcolate su 77 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.1 (30.6)
Mediana (Q1-Q3)	22 (13-39)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.6 (40.9)
Mediana (Q1-Q3)	37.5 (22.2-64)
Missing	3

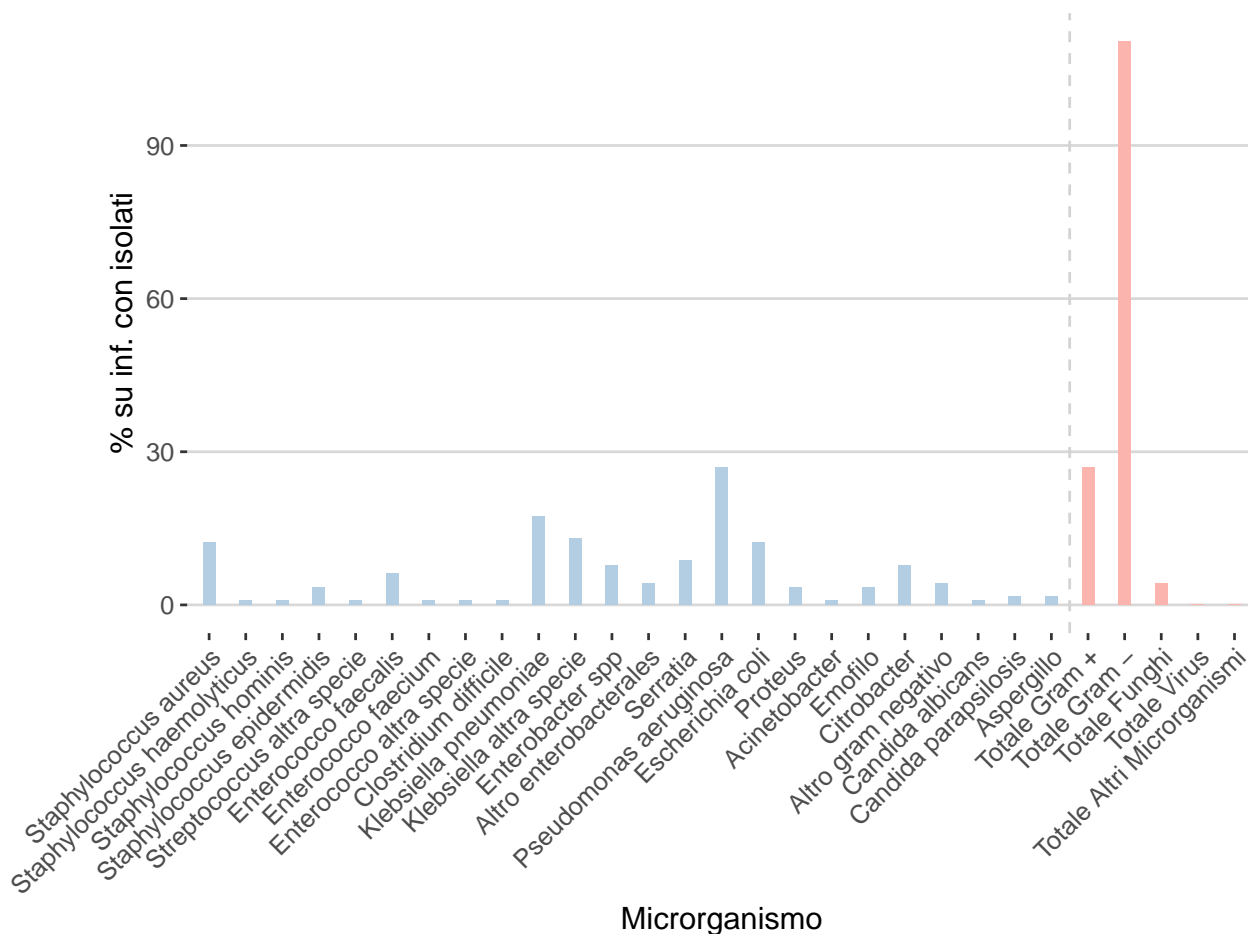
\* Statistiche calcolate su 77 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 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	4	3.4
Sì	115	96.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>119</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>171</b>	

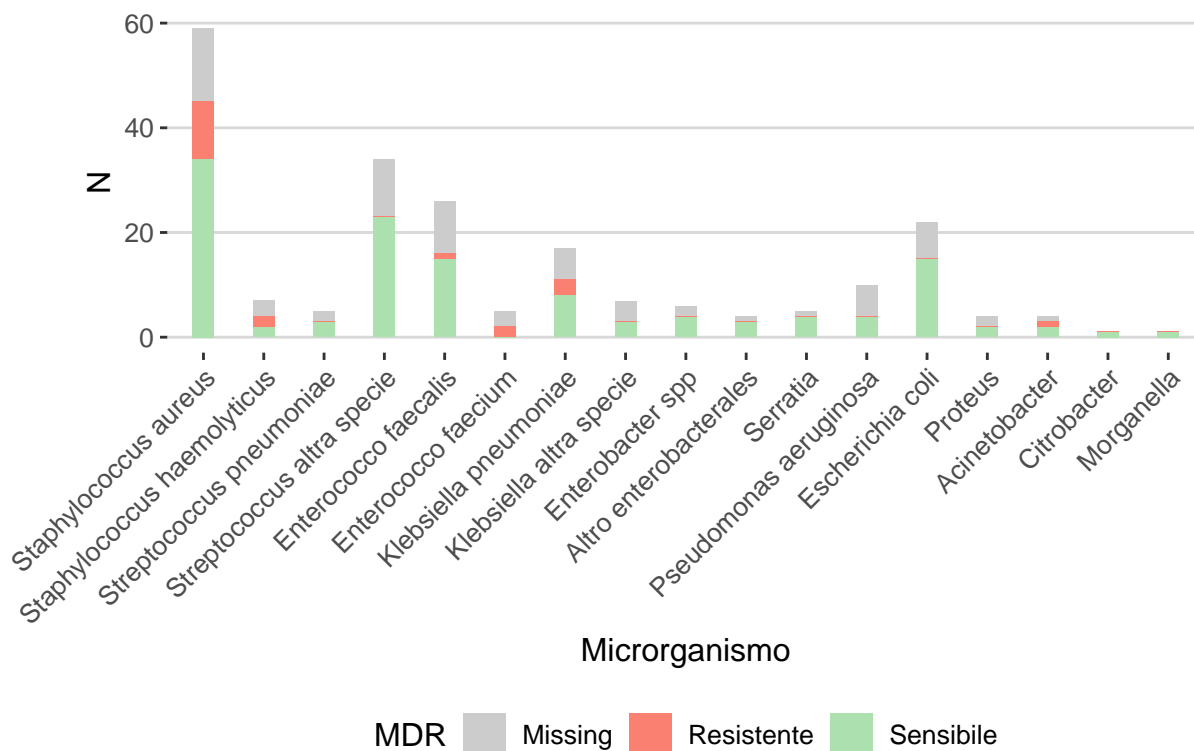
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	12.2	10	2	20
Staphylococcus haemolyticus	1	0.9	1	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.9	0	0	0

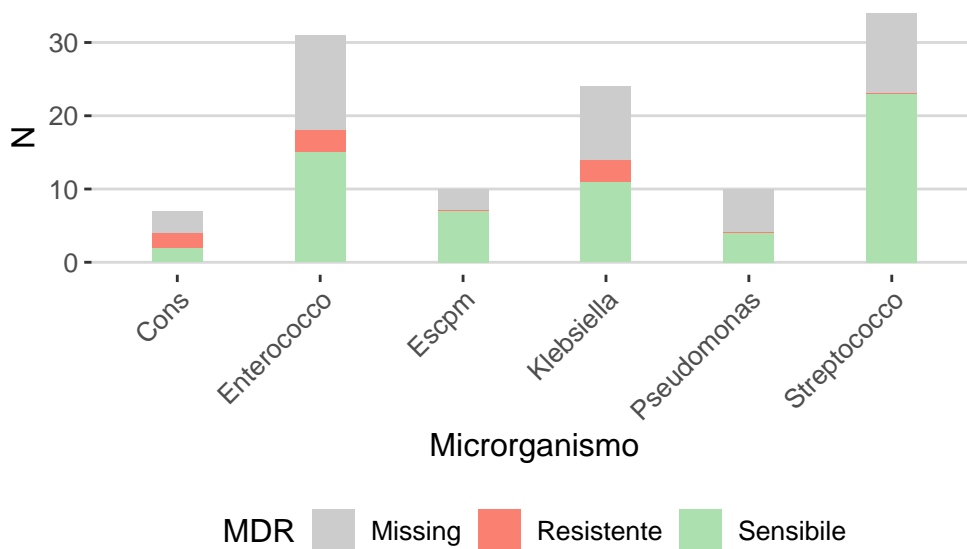
Staphylococcus epidermidis	4	3.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.9	1	0	0
Enterococco faecalis	7	6.1	6	0	0
Enterococco faecium	1	0.9	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.9	0	0	0
Clostridium difficile	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>31</b>	<b>27.0</b>	<b>19</b>	<b>2</b>	<b>10.5</b>
Klebsiella pneumoniae	20	17.4	14	2	14.3
Klebsiella altra specie	15	13.0	8	1	12.5
Enterobacter spp	9	7.8	7	1	14.3
Altro enterobacterales	5	4.3	2	0	0
Serratia	10	8.7	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	31	27.0	18	1	5.6
Escherichia coli	14	12.2	9	0	0
Proteus	4	3.5	3	0	0
Acinetobacter	1	0.9	1	0	0
Emofilo	4	3.5	0	0	0
Citrobacter	9	7.8	5	0	0
Altro gram negativo	5	4.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>127</b>	<b>110.4</b>	<b>74</b>	<b>5</b>	<b>6.8</b>
Candida albicans	1	0.9	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.7	0	0	0
Aspergillo	2	1.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>4.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
---------------	---	-----------------------------	------------------	----------	----------	--------------



Cons	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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

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

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

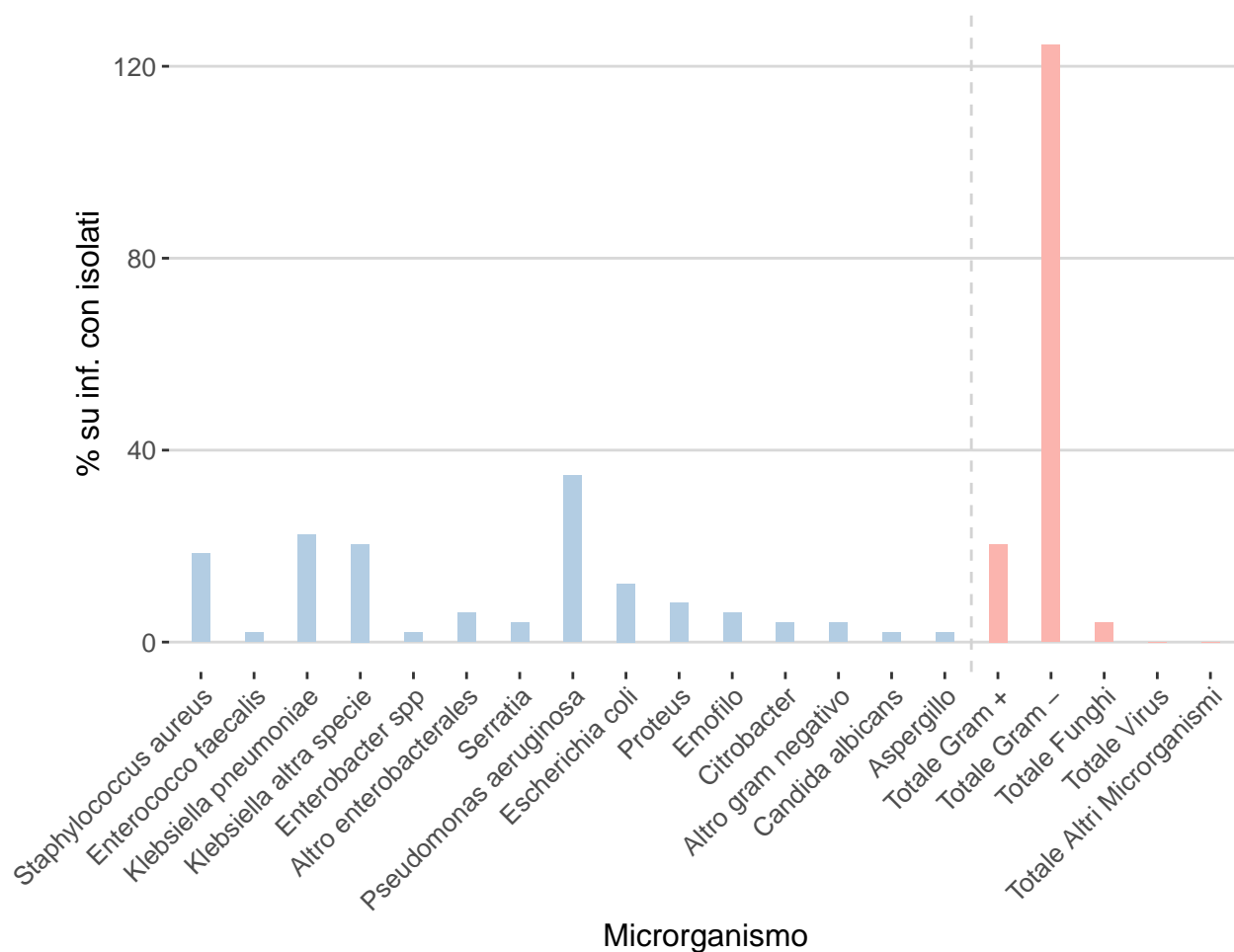
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	2	16.67
Klebsiella pneumoniae	14	Meropenem	2	14.29
Klebsiella altra specie	8	Ertapenem	1	12.50
Enterobacter spp	6	Ertapenem	1	16.67
Enterobacter spp	7	Meropenem	1	14.29
Pseudomonas aeruginosa	16	Imipenem	1	6.25
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	1	5.56
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	2	20.00

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

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

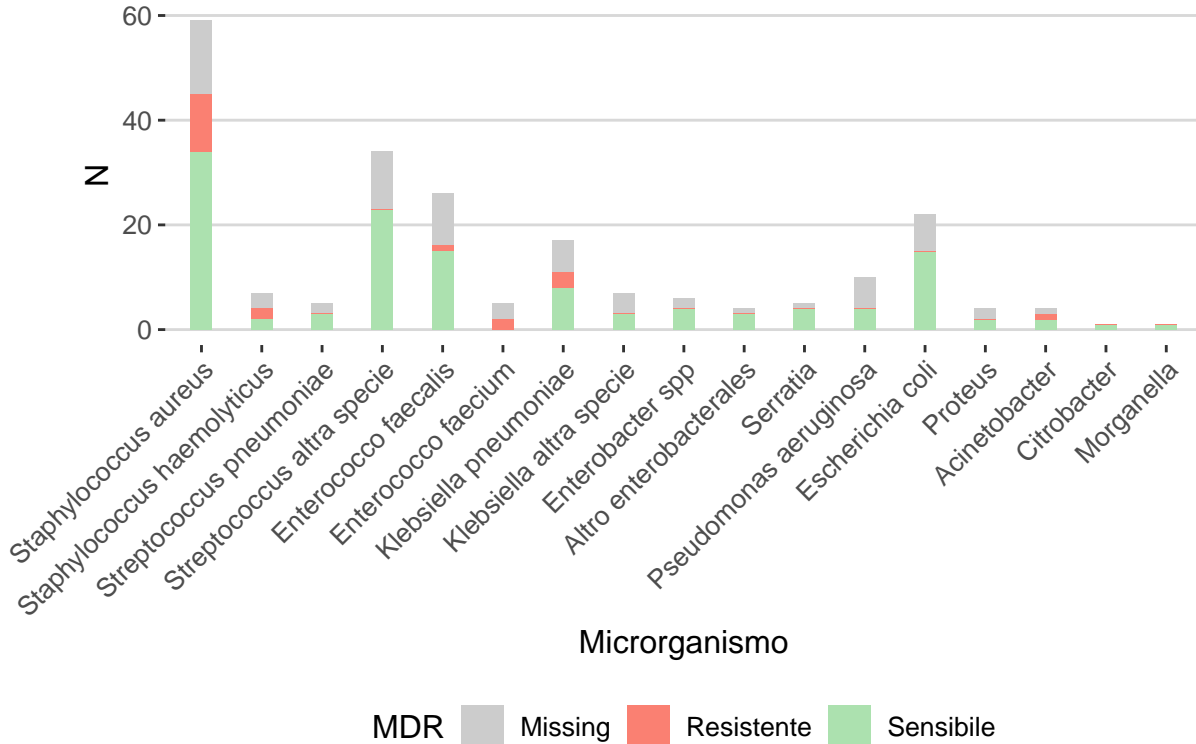
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	49	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>49</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>78</b>	

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



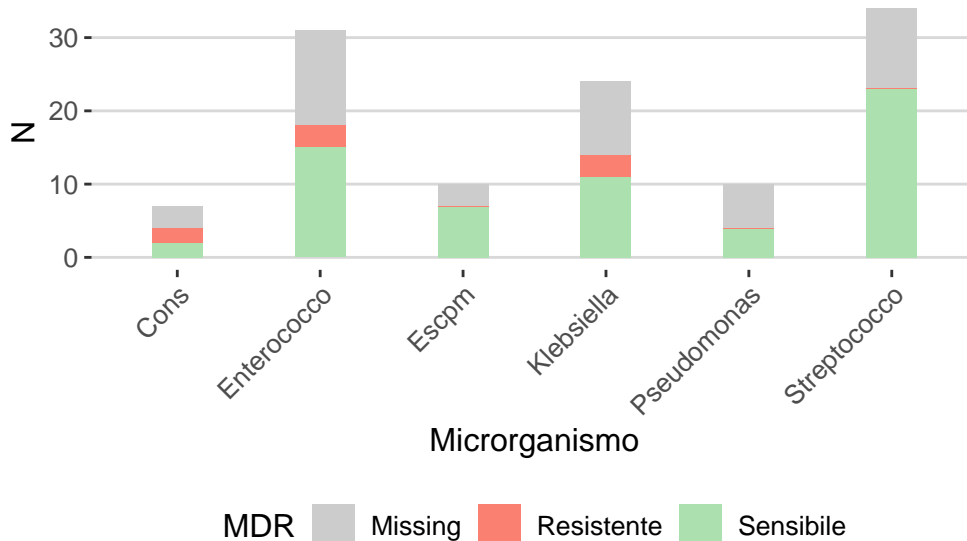
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	18.4	6	1	16.7
Enterococco faecalis	1	2.0	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>10</b>	<b>20.4</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>14.3</b>
Klebsiella pneumoniae	11	22.4	8	0	0
Klebsiella altra specie	10	20.4	7	1	14.3
Enterobacter spp	1	2.0	1	0	0
Altro enterobacteriales	3	6.1	2	0	0
Serratia	2	4.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	34.7	10	0	0
Escherichia coli	6	12.2	3	0	0
Proteus	4	8.2	3	0	0
Emofilo	3	6.1	0	0	0
Citrobacter	2	4.1	2	0	0
Altro gram negativo	2	4.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>61</b>	<b>124.5</b>	<b>38</b>	<b>1</b>	<b>2.6</b>
Candida albicans	1	2.0	0	0	0
Aspergillo	1	2.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>4.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

**12.12.1 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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

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

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

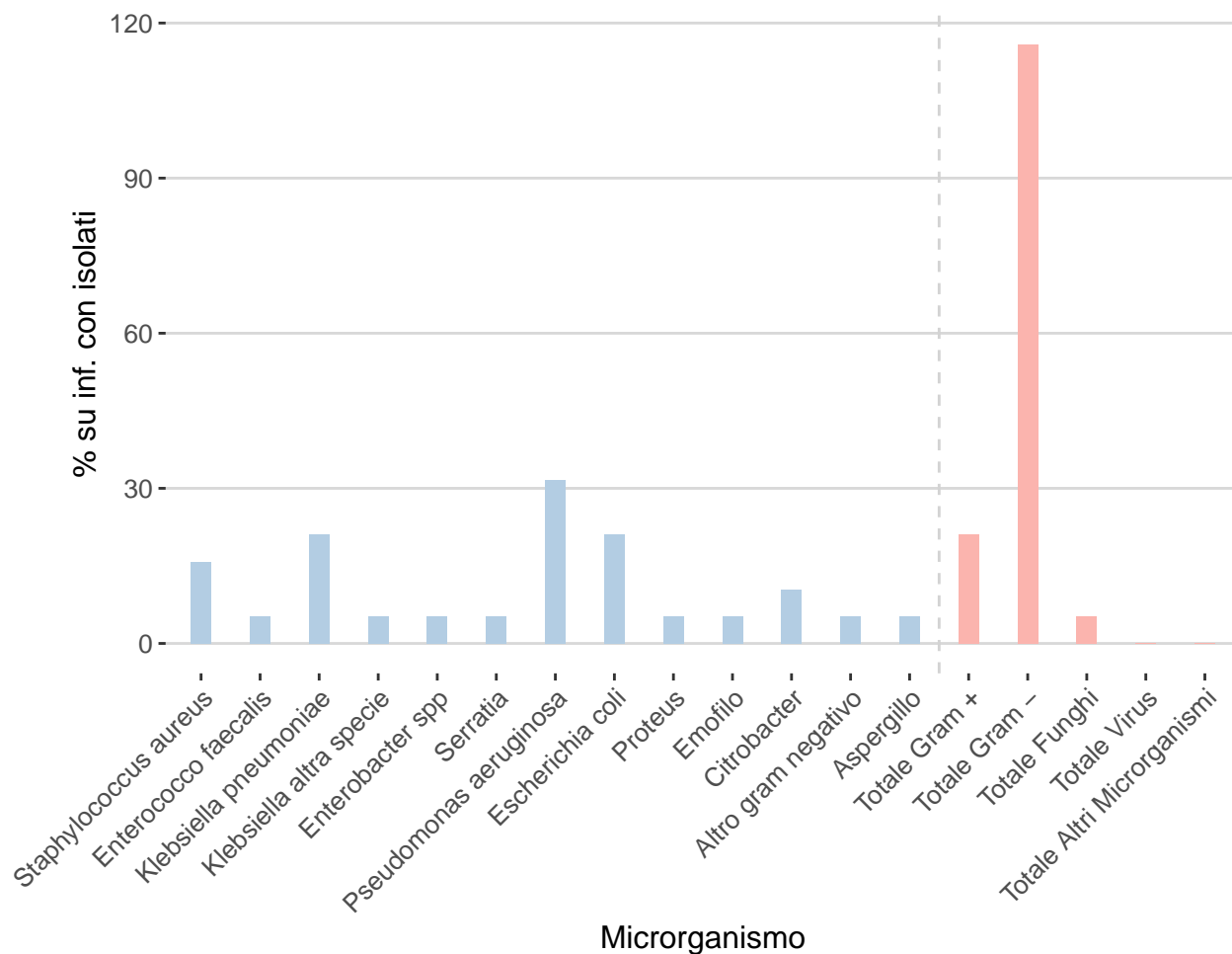
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella altra specie	7	Ertapenem	1	14.29
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	1	16.67

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

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

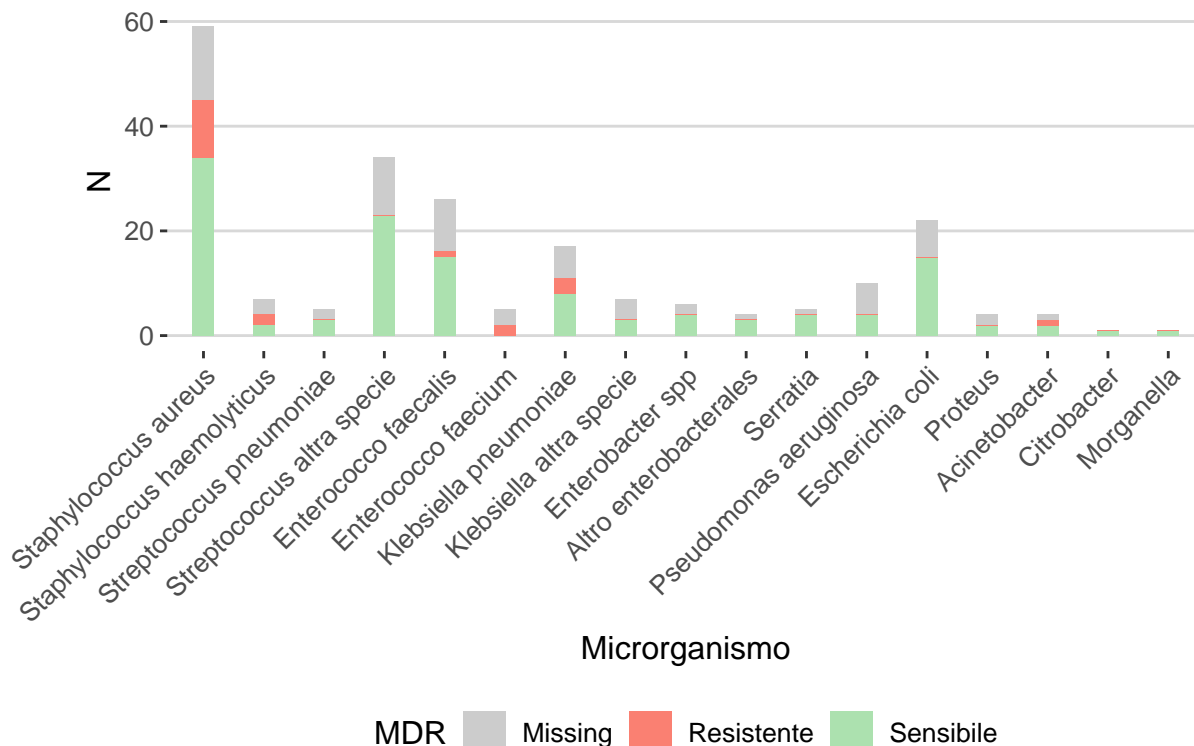
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	19	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>19</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>28</b>	

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



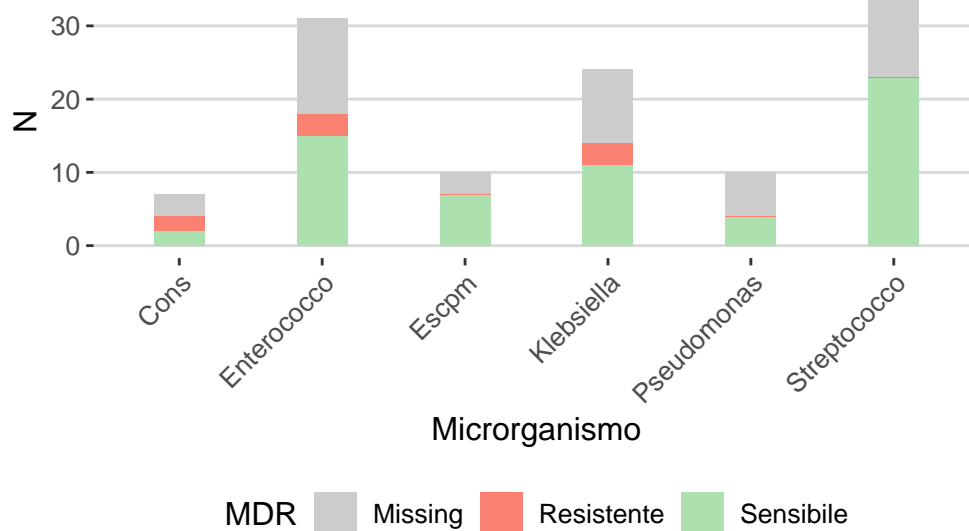
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	15.8	2	0	0
Enterococco faecalis	1	5.3	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>4</b>	<b>21.1</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	4	21.1	2	0	0
Klebsiella altra specie	1	5.3	1	0	0
Enterobacter spp	1	5.3	0	0	0
Serratia	1	5.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	31.6	5	0	0
Escherichia coli	4	21.1	3	0	0
Proteus	1	5.3	0	0	0
Emofilo	1	5.3	0	0	0
Citrobacter	2	10.5	1	0	0
Altro gram negativo	1	5.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>22</b>	<b>115.8</b>	<b>13</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Aspergillo	1	5.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>5.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 12.13.1 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

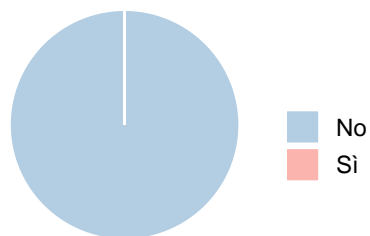
Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

### 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.

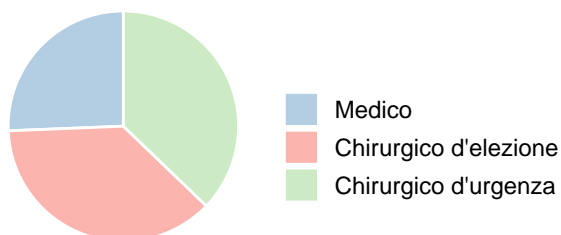
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 78)

### 13.1 Trauma



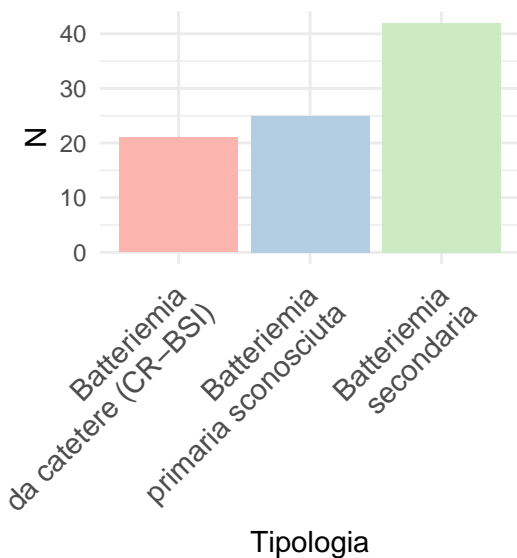
Trauma	N	%
No	78	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	20	25.6
Chirurgico d'elezione	29	37.2
Chirurgico d'urgenza	29	37.2
Missing	0	0

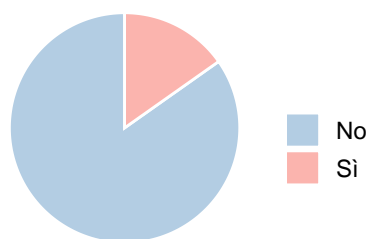
### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	25	28.4
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	21	23.9
Batteriemia secondaria	42	47.7
Missing	0	0.0



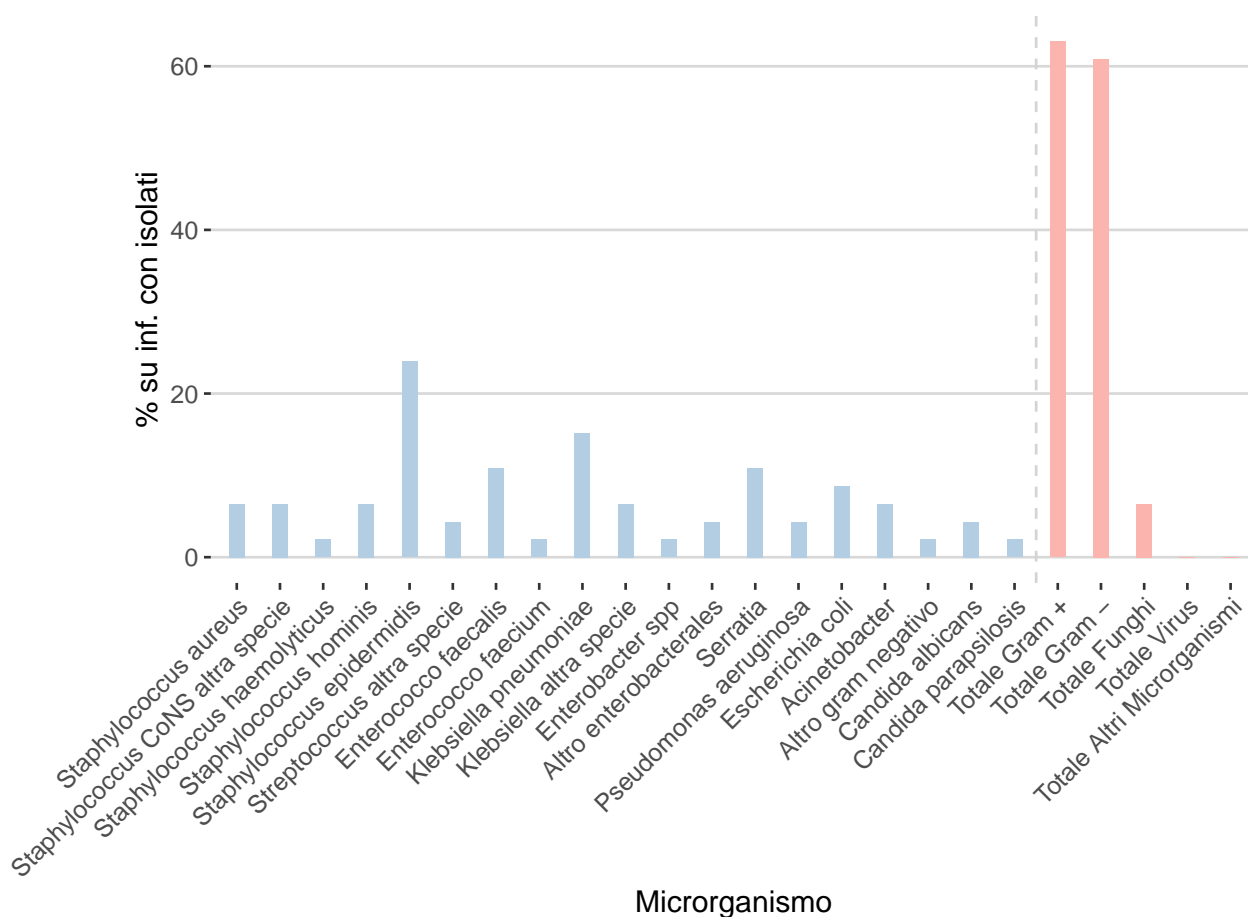
## 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	39	84.8
Sì	7	15.2
Missing	0	0

## 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

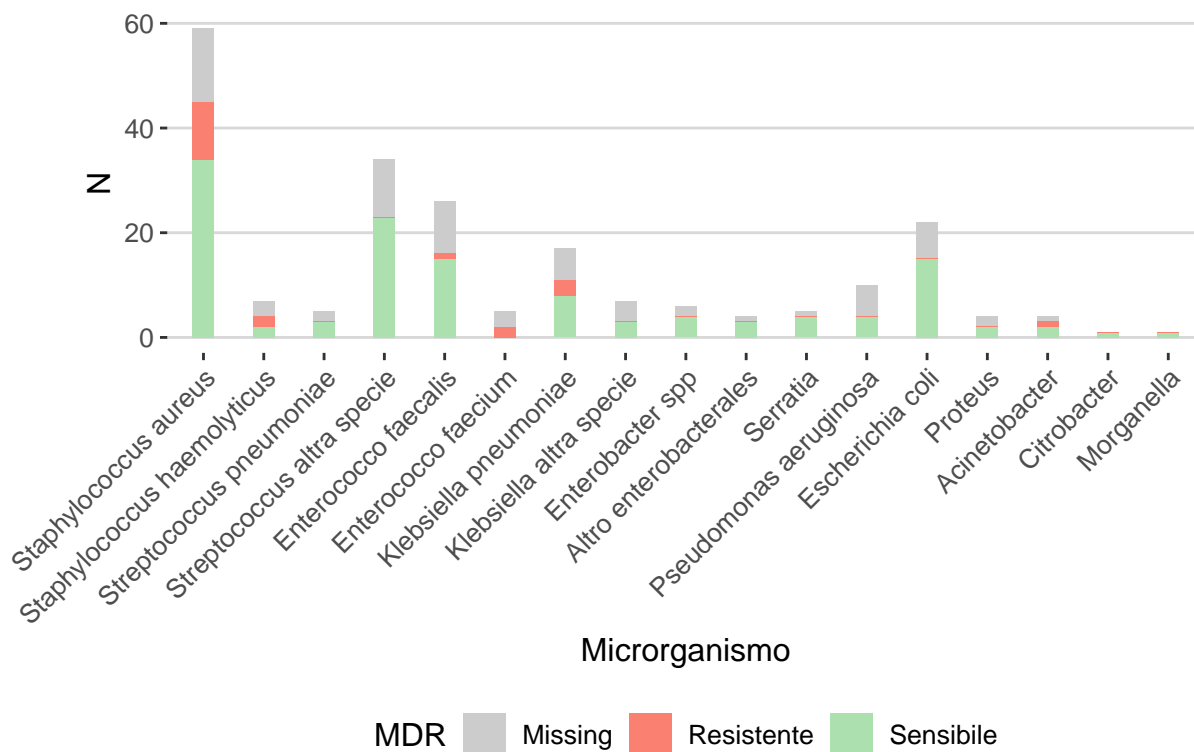
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	6.5	3	2	66.7
Staphylococcus CoNS altra specie	3	6.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	2.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	6.5	0	0	0

Staphylococcus epidermidis	11	23.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	4.3	1	0	0
Enterococco faecalis	5	10.9	3	0	0
Enterococco faecium	1	2.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>29</b>	<b>63.0</b>	<b>8</b>	<b>3</b>	<b>37.5</b>
Klebsiella pneumoniae	7	15.2	5	0	0
Klebsiella altra specie	3	6.5	1	1	100
Enterobacter spp	1	2.2	1	0	0
Altro enterobacterales	2	4.3	1	0	0
Serratia	5	10.9	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	4.3	2	0	0
Escherichia coli	4	8.7	4	0	0
Acinetobacter	3	6.5	3	1	33.3
Altro gram negativo	1	2.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>28</b>	<b>60.9</b>	<b>21</b>	<b>2</b>	<b>9.5</b>
Candida albicans	2	4.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>6.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

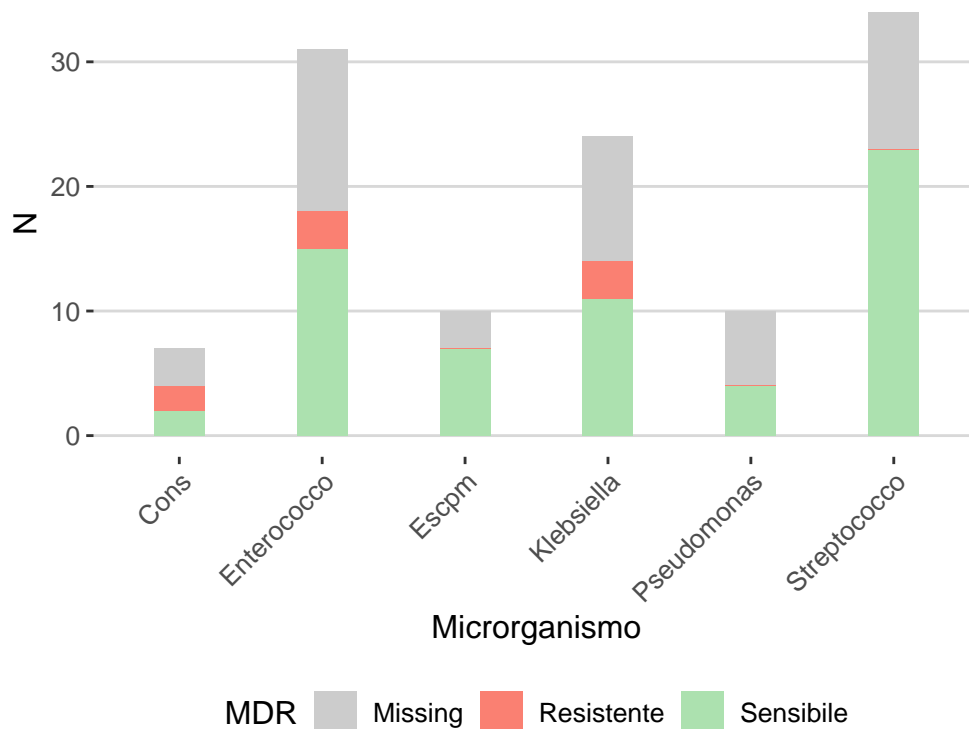
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus,

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

### 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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 altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33

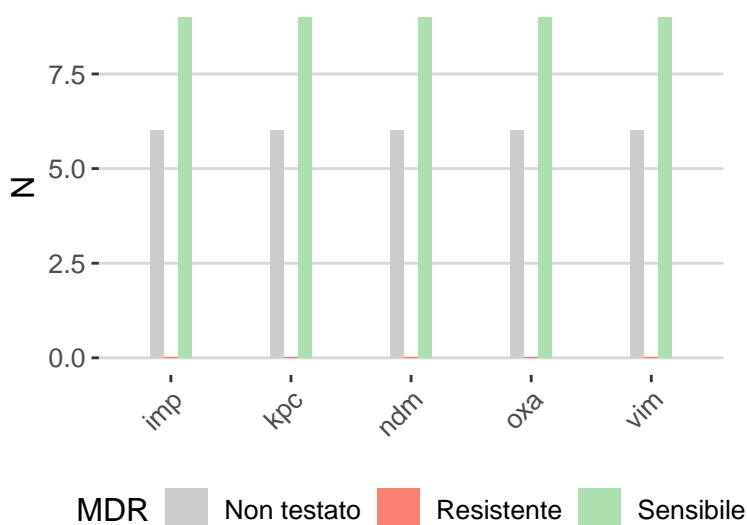
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67

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

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

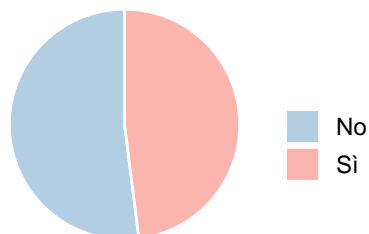
	N	%
Sì	0	0
No	9	60
Non testato	6	40
Missing	10	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	9	6
kpc	0	0	9	6
ndm	0	0	9	6
oxa	0	0	9	6
vim	0	0	9	6



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 25)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	13	52.0
Sì	12	48.0
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	1.6	1.1 %
CI ( 95% )	1.0 - 2.3	0.7 - 1.6

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.

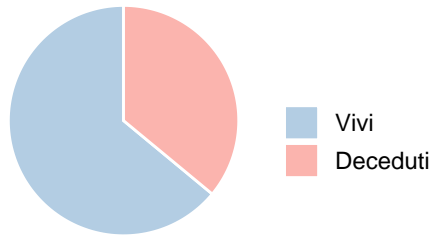
Il secondo:

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

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.

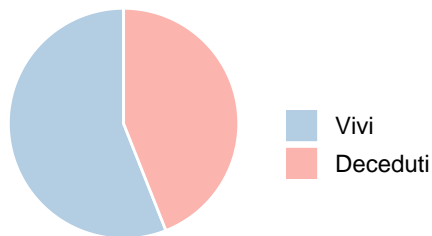
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	16	64.0
Deceduti	9	36.0
Missing	0	0

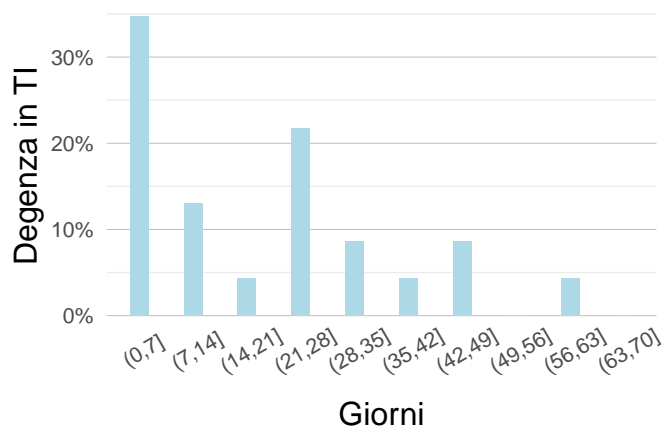
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	14	56.0
Deceduti	11	44.0
Missing	0	0

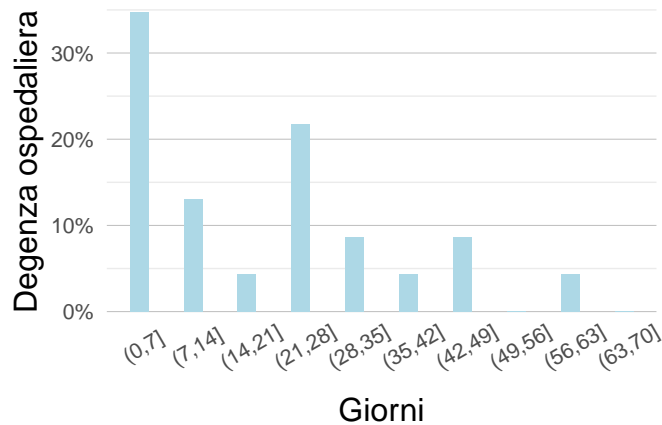
\* Statistiche calcolate su 25 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.4 (24.3)
Mediana (Q1-Q3)	22 (7-35)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*



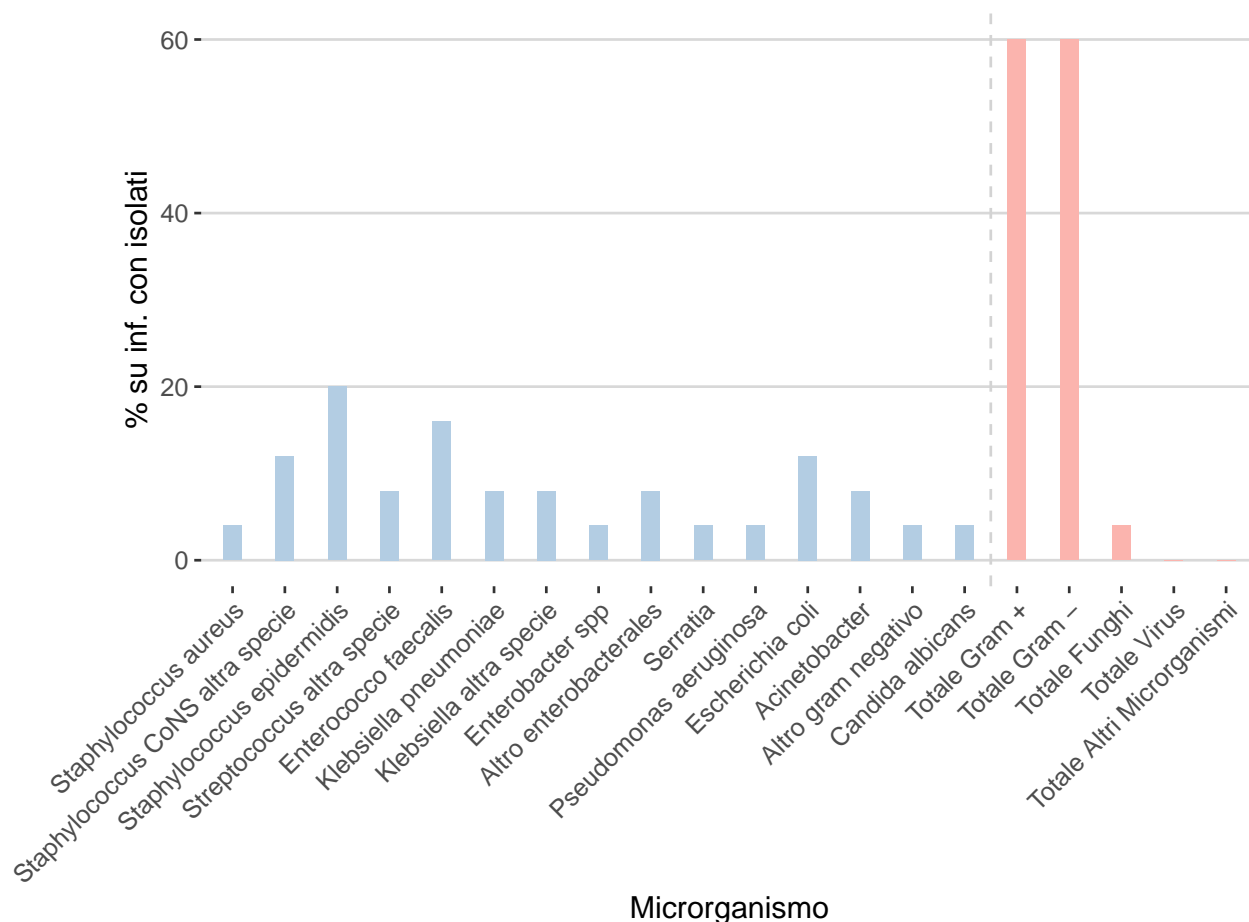
Indicatore	Valore
Media (DS)	48.7 (37.0)
Mediana (Q1-Q3)	37 (18-81)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 25 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 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.

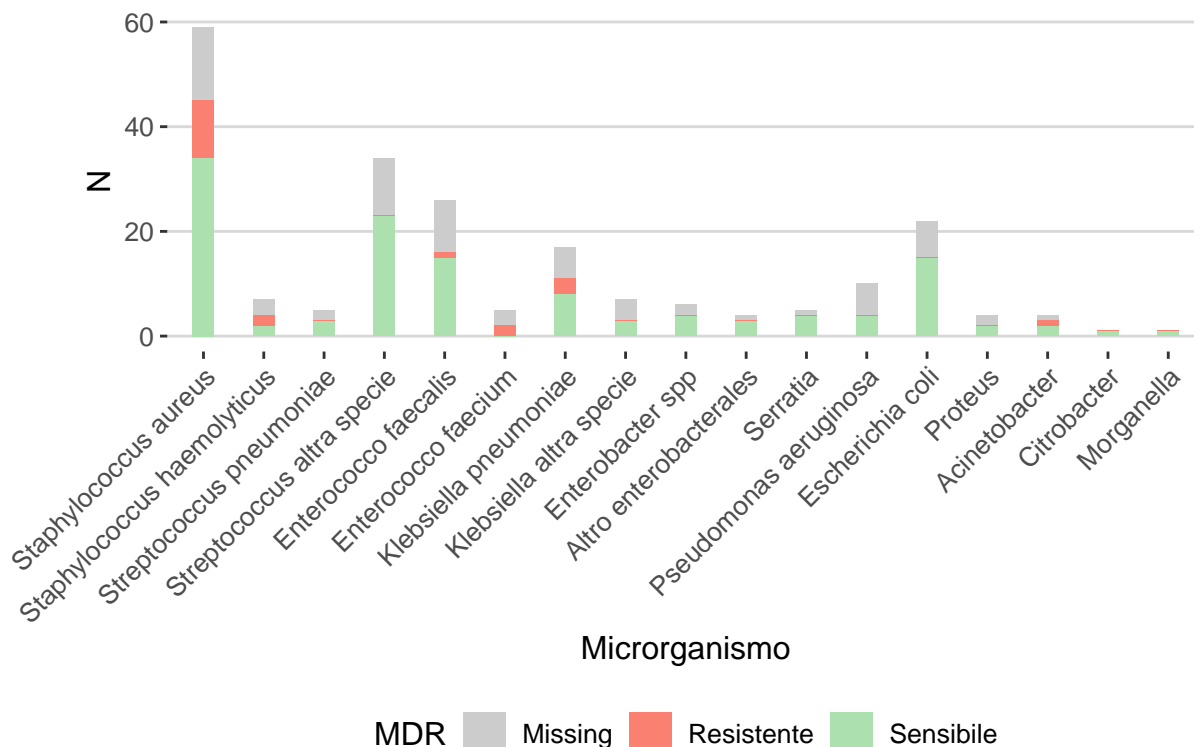
14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN  
DEGENZA (N = 25)



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	4	1	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	3	12	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	20	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	8	1	0	0
Enterococco faecalis	4	16	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>15</b>	<b>60</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	2	8	1	0	0
Klebsiella altra specie	2	8	1	1	100
Enterobacter spp	1	4	1	0	0
Altro enterobacterales	2	8	1	0	0
Serratia	1	4	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4	1	0	0
Escherichia coli	3	12	3	0	0
Acinetobacter	2	8	2	1	50
Altro gram negativo	1	4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>15</b>	<b>60</b>	<b>10</b>	<b>2</b>	<b>20</b>
Candida albicans	1	4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>



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 ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

#### 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 altra specie	1	Meropenem	1	100
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50

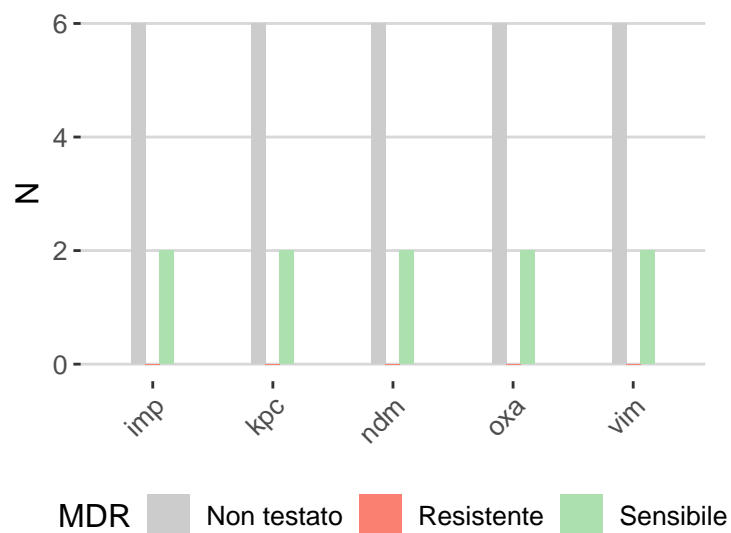
#### 14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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.

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 25)

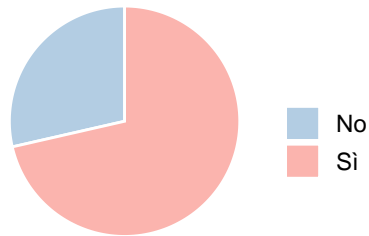
	N	%
Sì	0	0
No	2	25
Non testato	6	75
Missing	5	

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



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 21)

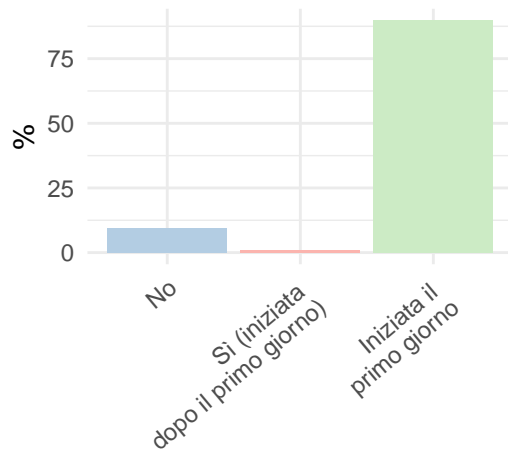
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	6	28.6
Sì	15	71.4
Missing	0	0

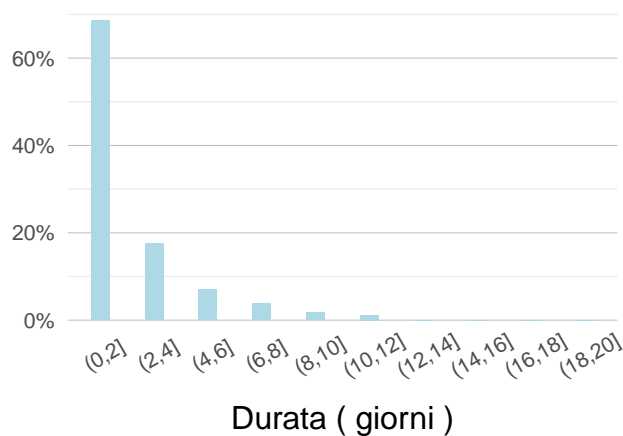
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 4431 )



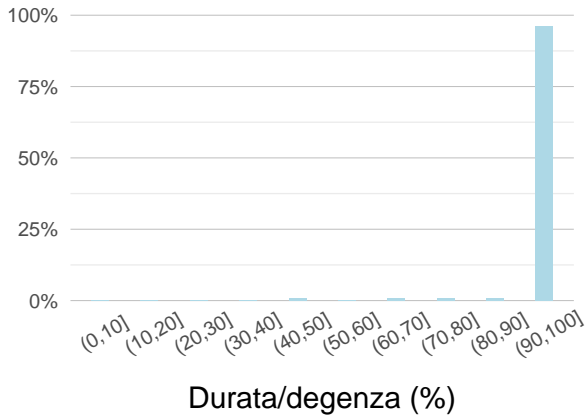
Cvc	N	%
No	414	9.3
Sì	4016	90.7
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>3981</b>	<b>89.8</b>
Missing	1	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



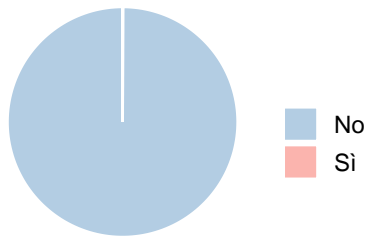
Indicatore	Valore
Media (DS)	3.7 (6.6)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-3)
Missing	8

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



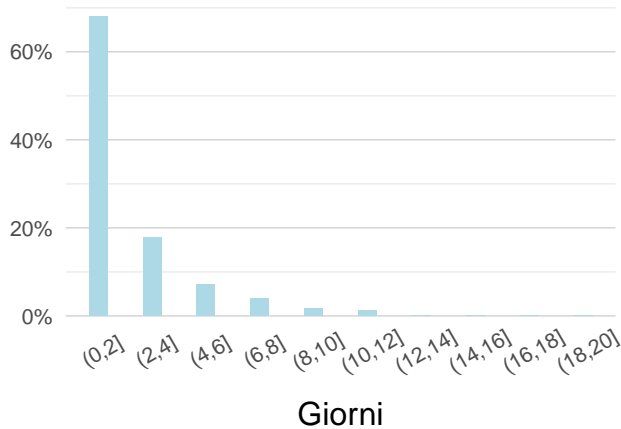
Indicatore	Valore
Media (DS)	98.7 (7.1)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	8

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 4431 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	4428	100.0
Si	2	0.0
Missing	1	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	21
Media (DS)	10.9 (9.8)
Mediana (Q1-Q3)	6 (4-16)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.5	1.0 %
CI ( 95% )	0.9 - 2.2	0.6 - 1.6

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.

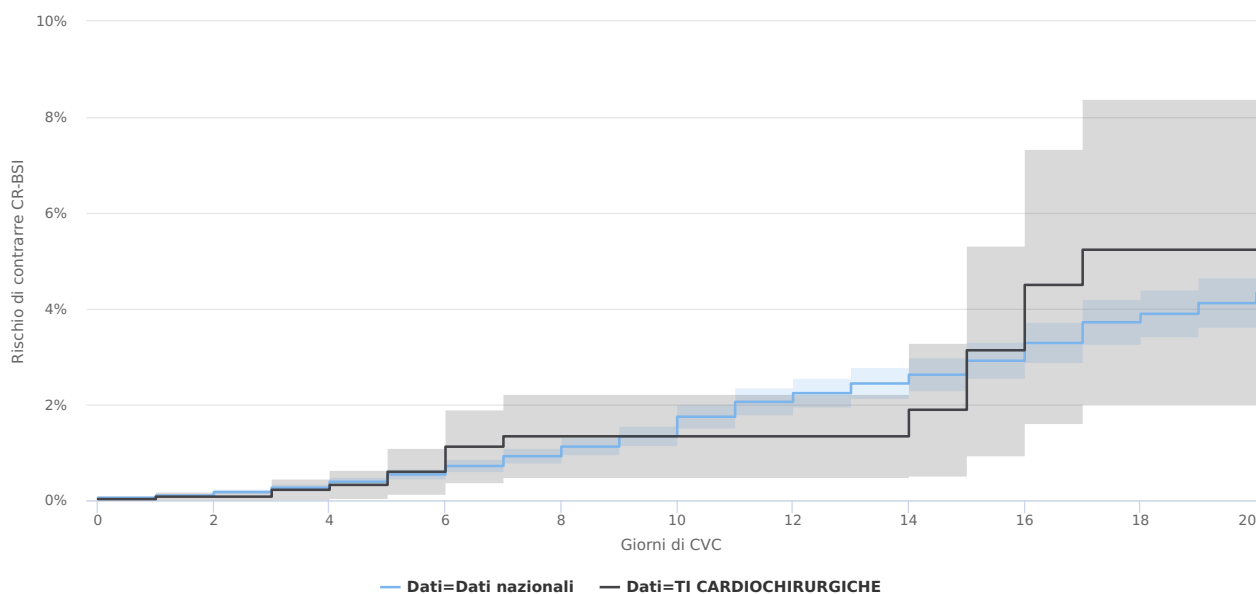
Il secondo invece:

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

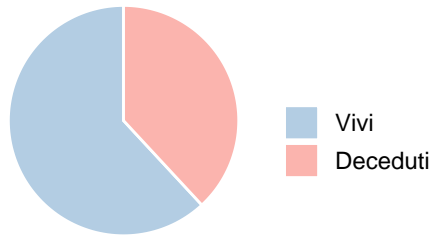
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

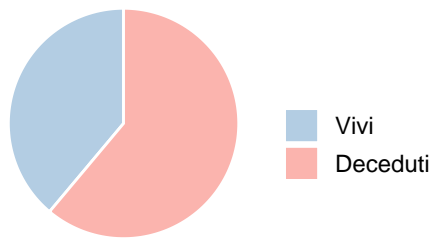


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	13	61.9
Deceduti	8	38.1
Missing	0	0

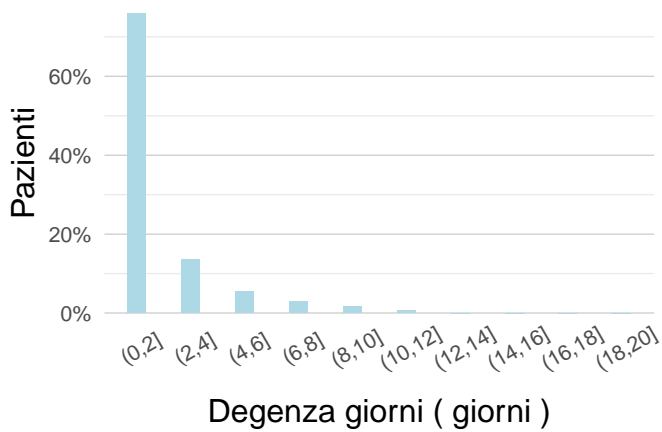
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	7	38.9
Deceduti	11	61.1
Missing	2	0

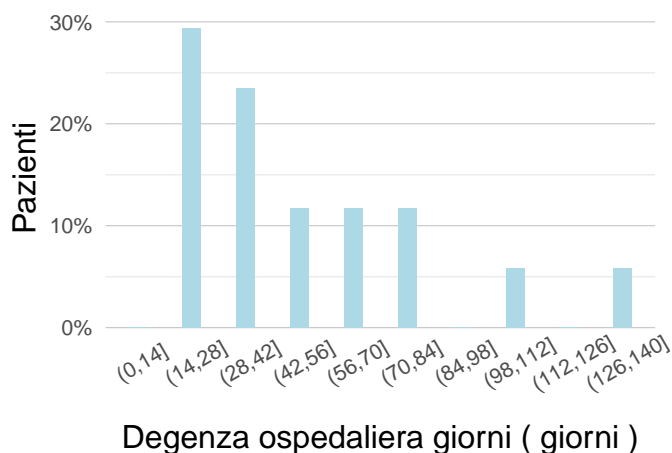
\* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.7 (26.0)
Mediana (Q1-Q3)	31 (22-35)
Missing	0

### 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	58.7 (41.8)
Mediana (Q1-Q3)	45 (28-72.5)
Missing	2

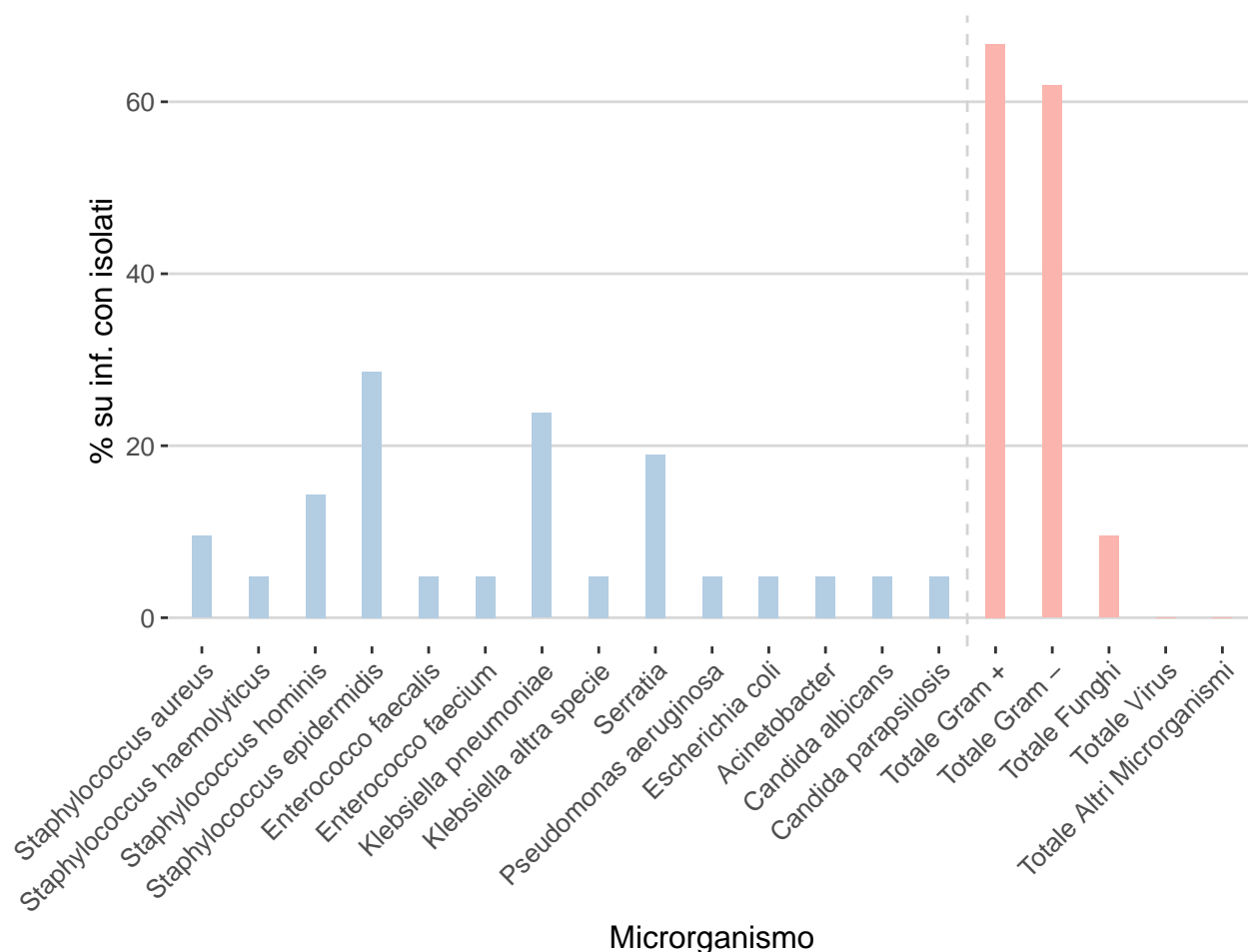
\* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	21	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>21</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>29</b>	

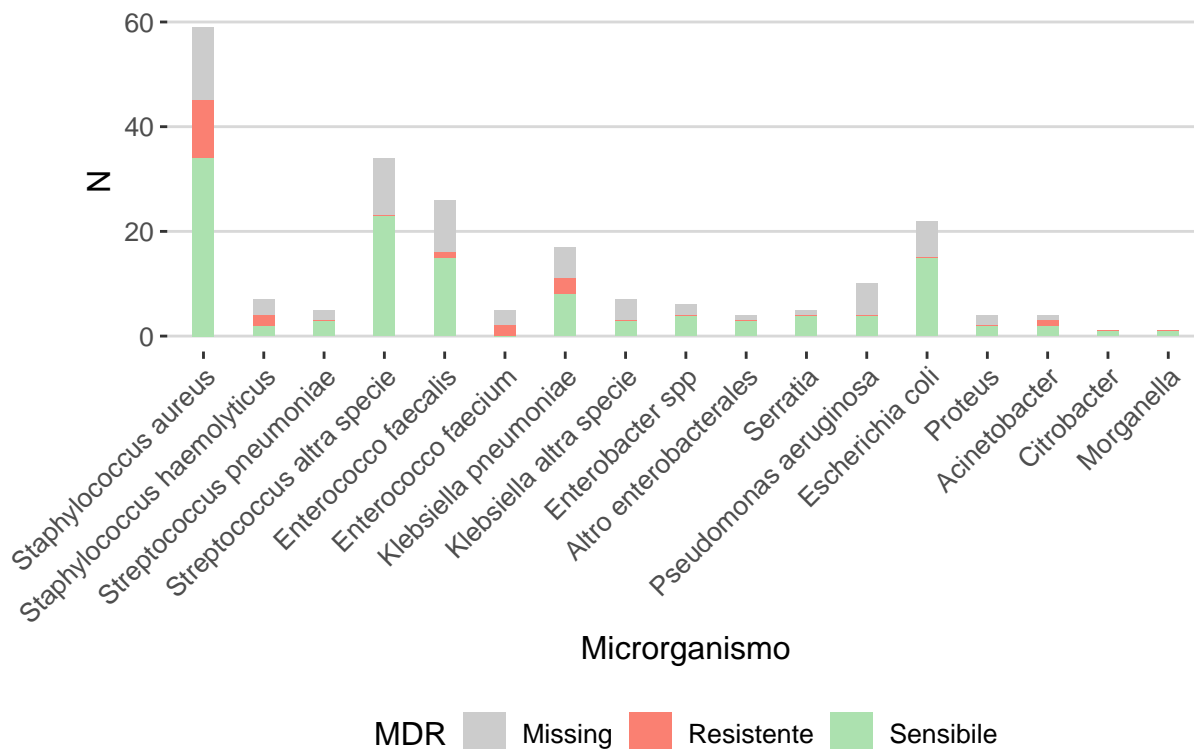
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	9.5	2	2	100
Staphylococcus haemolyticus	1	4.8	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	14.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	28.6	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4.8	1	0	0
Enterococco faecium	1	4.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>14</b>	<b>66.7</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>75</b>
Klebsiella pneumoniae	5	23.8	4	0	0
Klebsiella altra specie	1	4.8	0	0	0
Serratia	4	19.0	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	4.8	1	0	0
Escherichia coli	1	4.8	1	0	0
Acinetobacter	1	4.8	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>13</b>	<b>61.9</b>	<b>11</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	1	4.8	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>9.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

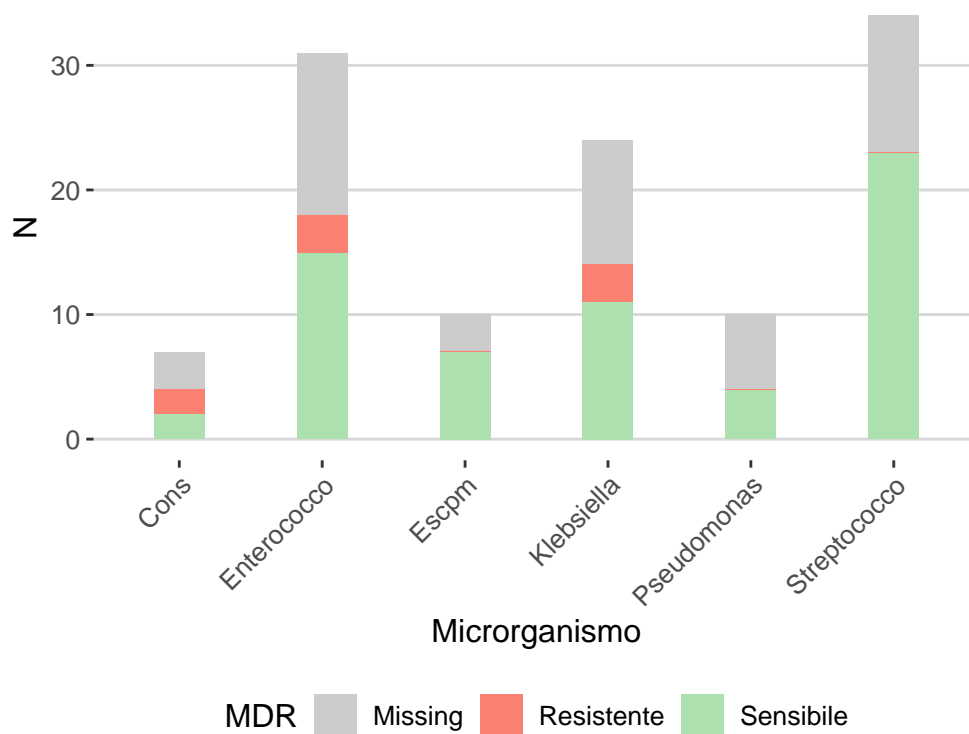


Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

### 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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	%
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	2	100

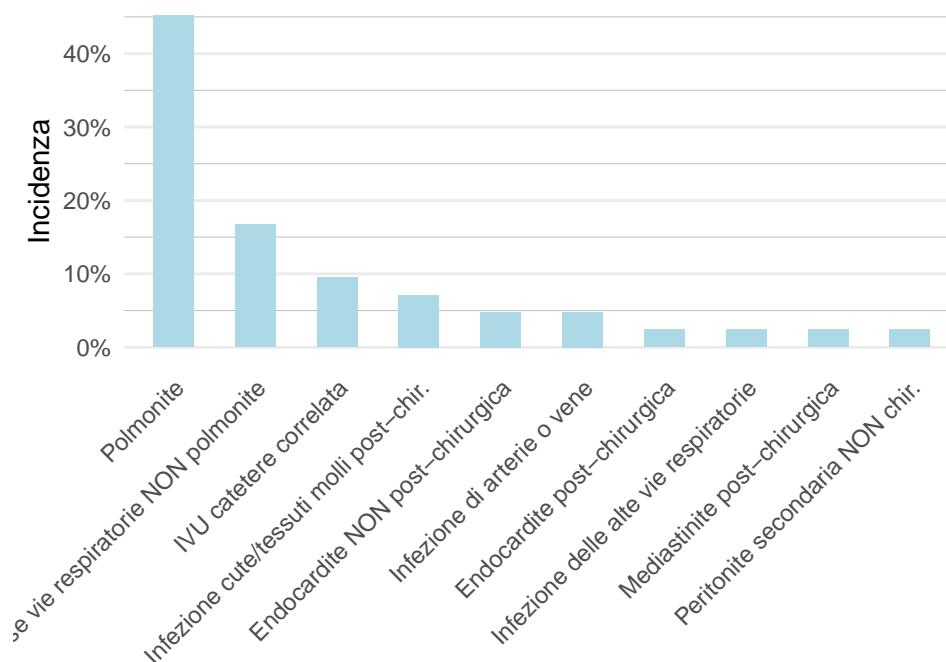
**15.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza**

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

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

## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 42)

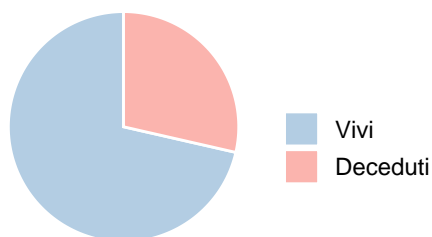
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

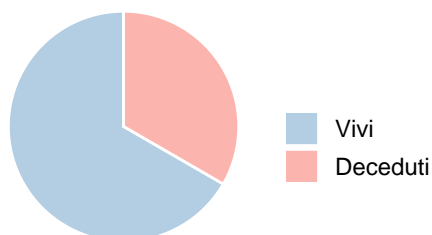
Infezione	N	%
Polmonite	19	45.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	7	16.7
IVU catetere correlata	4	9.5
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	3	7.1
Endocardite NON post-chirurgica	2	4.8
Infezione di arterie o vene	2	4.8
Infezione delle alte vie respiratorie	1	2.4
Mediastinite post-chirurgica	1	2.4
Endocardite post-chirurgica	1	2.4
Peritonite secondaria NON chir.	1	2.4
Missing	1	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	30	71.4
Deceduti	12	28.6
Missing	0	0

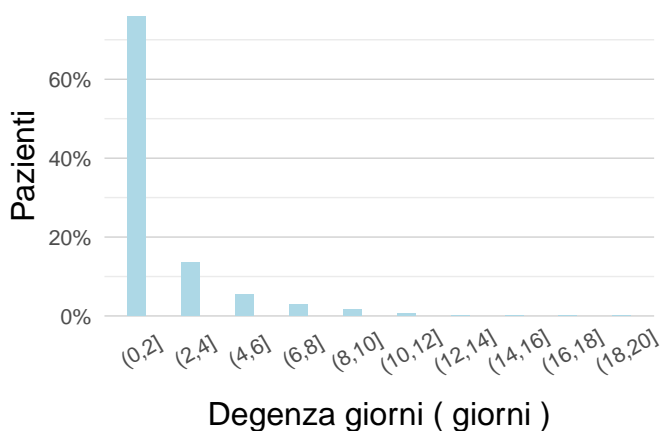
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	26	66.7
Deceduti	13	33.3
Missing	2	0

\* Statistiche calcolate su 41 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.3 (22.7)
Mediana (Q1-Q3)	18.5 (9.2-35)
Missing	0

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	46.8 (38.1)
Mediana (Q1-Q3)	34 (20.5-60)
Missing	2

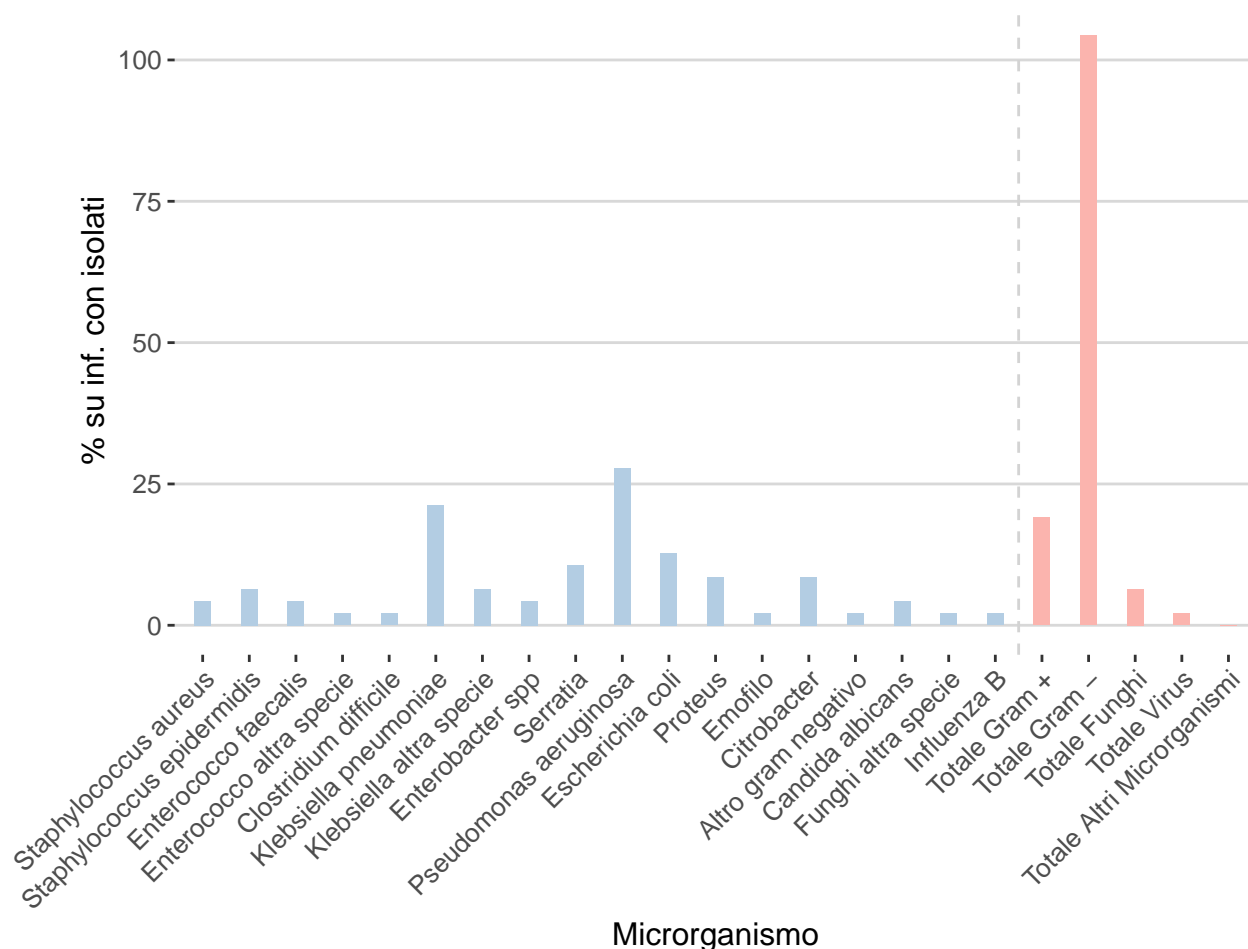
\* Statistiche calcolate su 41 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

## 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	47	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>47</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>64</b>	

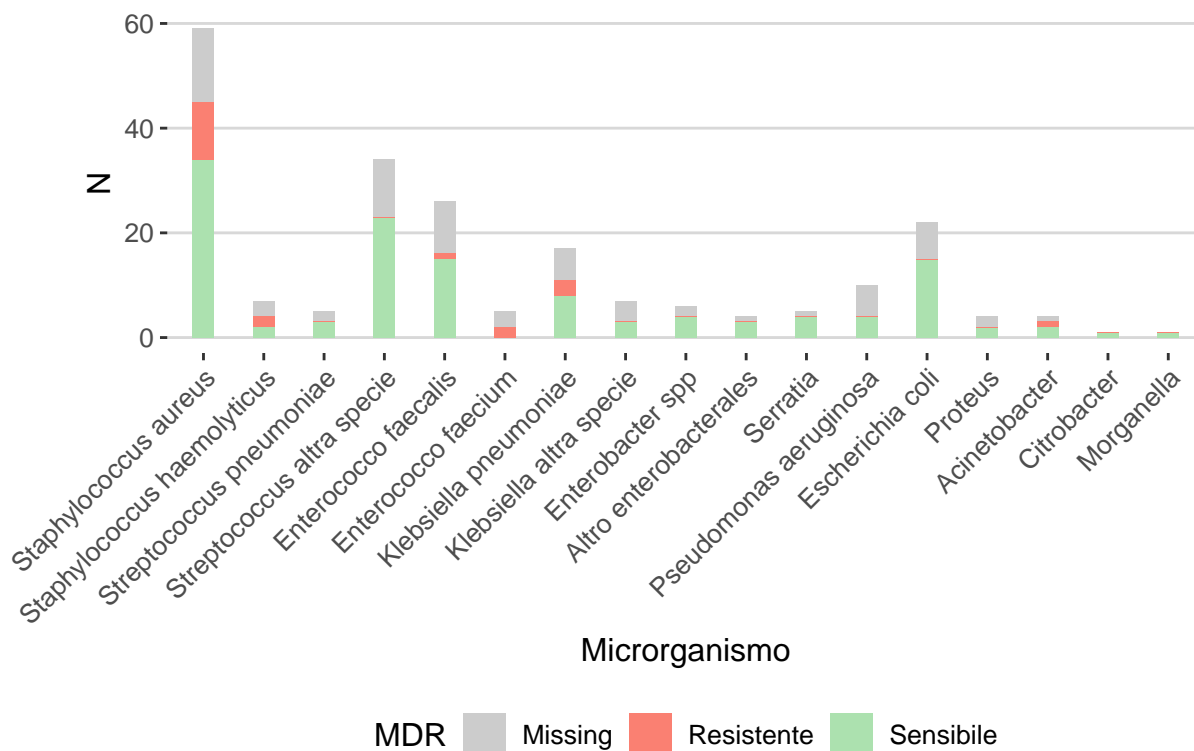
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

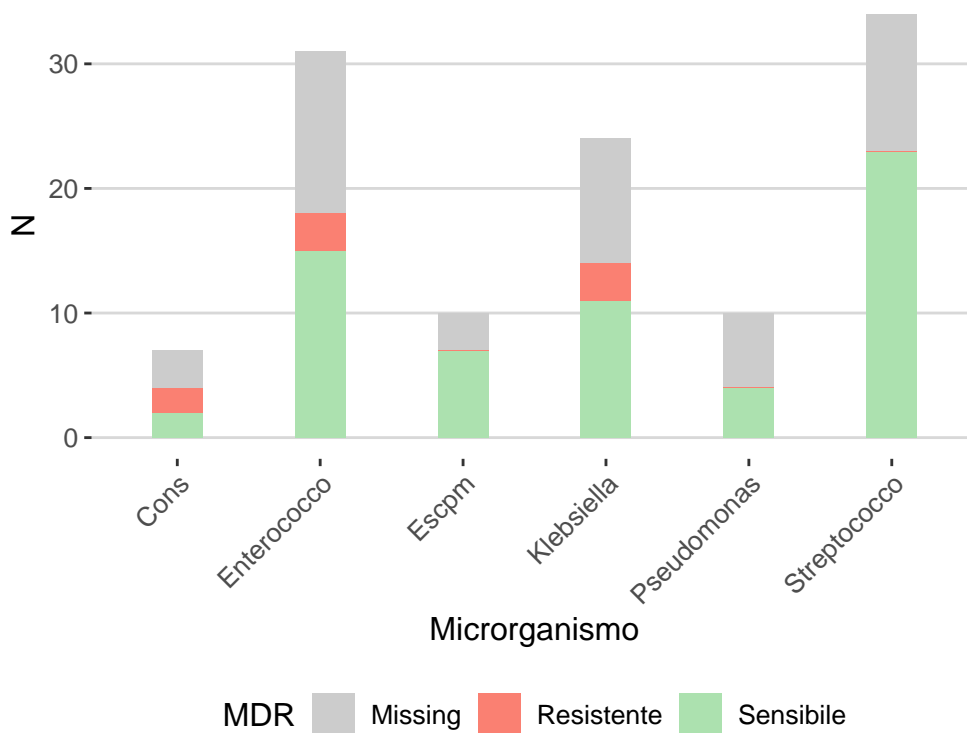
Staphylococcus aureus	2	4.3	2	1	50
Staphylococcus epidermidis	3	6.4	0	0	0
Enterococco faecalis	2	4.3	2	0	0
Enterococco altra specie	1	2.1	0	0	0
Clostridium difficile	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>9</b>	<b>19.1</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	10	21.3	7	3	42.9
Klebsiella altra specie	3	6.4	2	0	0
Enterobacter spp	2	4.3	2	1	50
Serratia	5	10.6	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	27.7	6	1	16.7
Escherichia coli	6	12.8	3	0	0
Proteus	4	8.5	3	0	0
Emofilo	1	2.1	0	0	0
Citrobacter	4	8.5	2	0	0
Altro gram negativo	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>49</b>	<b>104.3</b>	<b>30</b>	<b>5</b>	<b>16.7</b>
Candida albicans	2	4.3	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>6.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza B	1	2.1			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>2.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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.



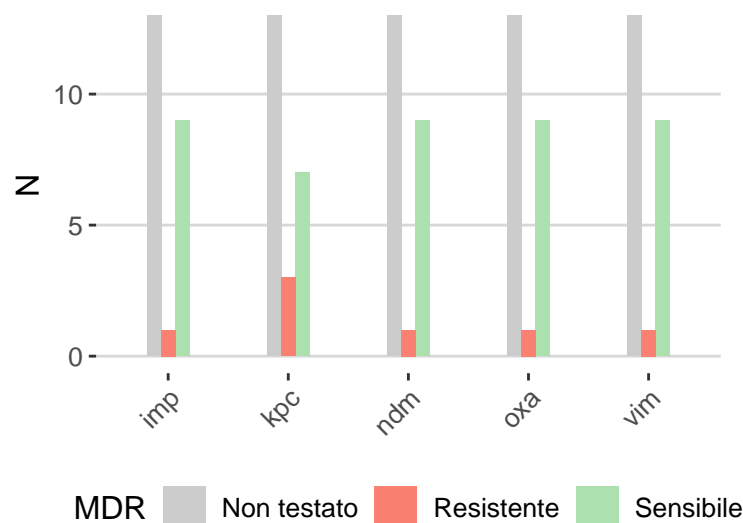
Microorganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	3	50.00
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	3	42.86
Enterobacter spp	2	Ertapenem	1	50.00
Enterobacter spp	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	6	Imipenem	1	16.67
Pseudomonas aeruginosa	6	Meropenem	1	16.67
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50.00

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

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microorganismo 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	3	13.04
No	7	30.43
Non testato	13	56.52
Missing	11	

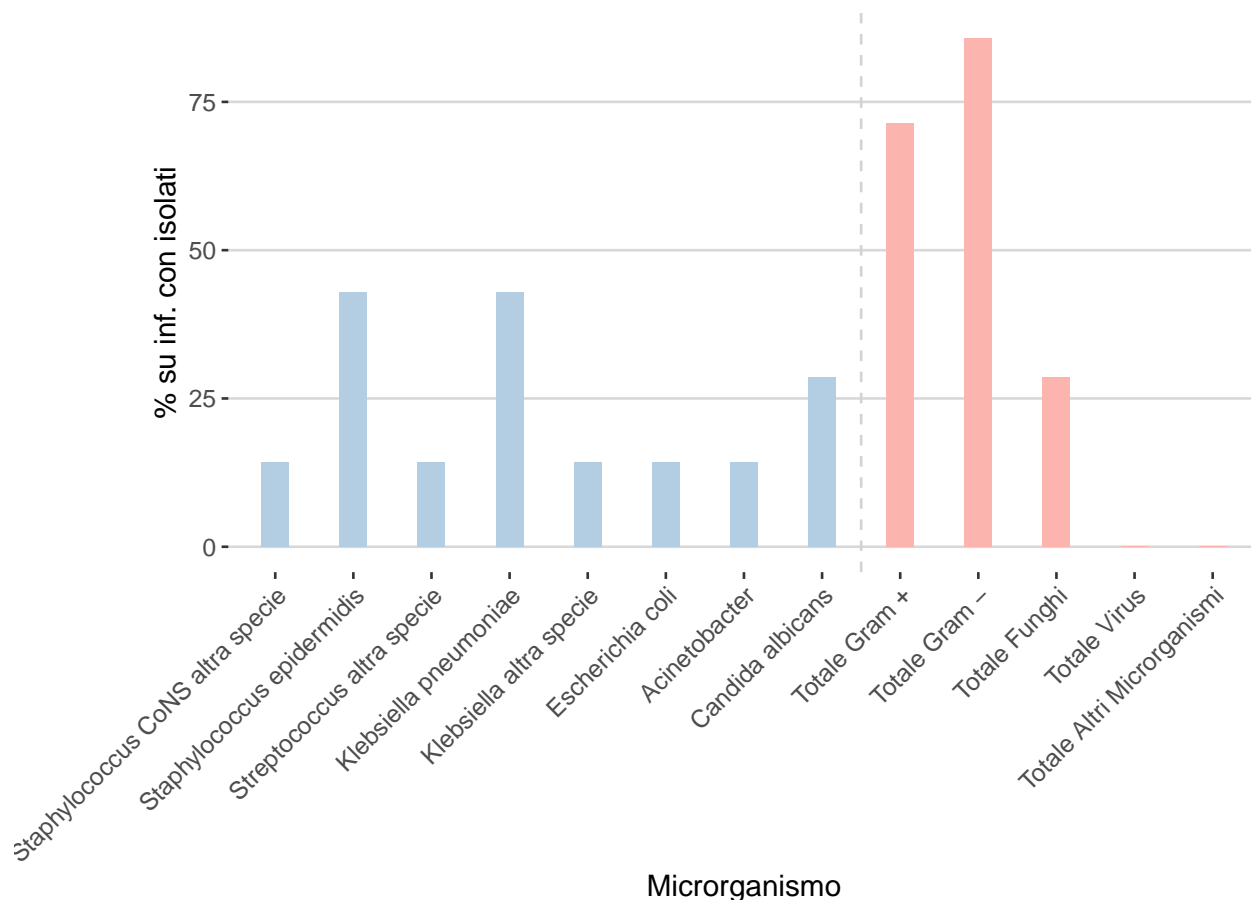
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	1	14.3	9	13
kpc	3	42.9	7	13
ndm	1	14.3	9	13
oxa	1	14.3	9	13
vim	1	14.3	9	13



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

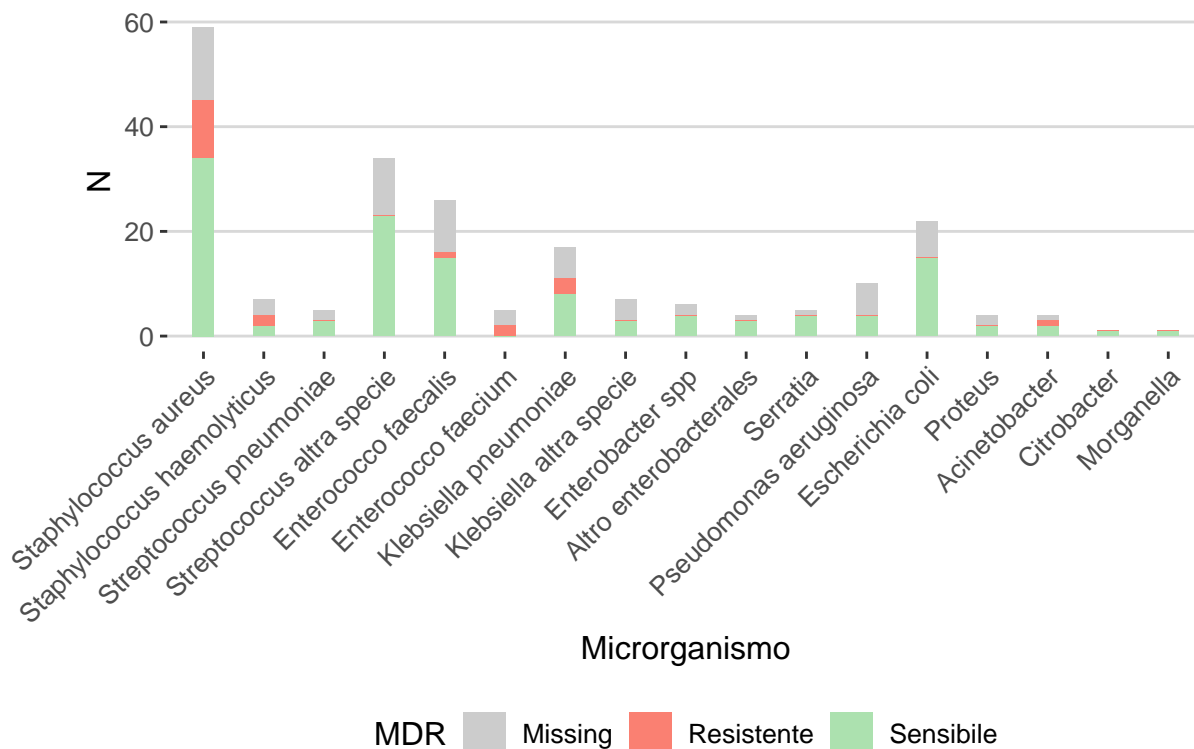
### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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.



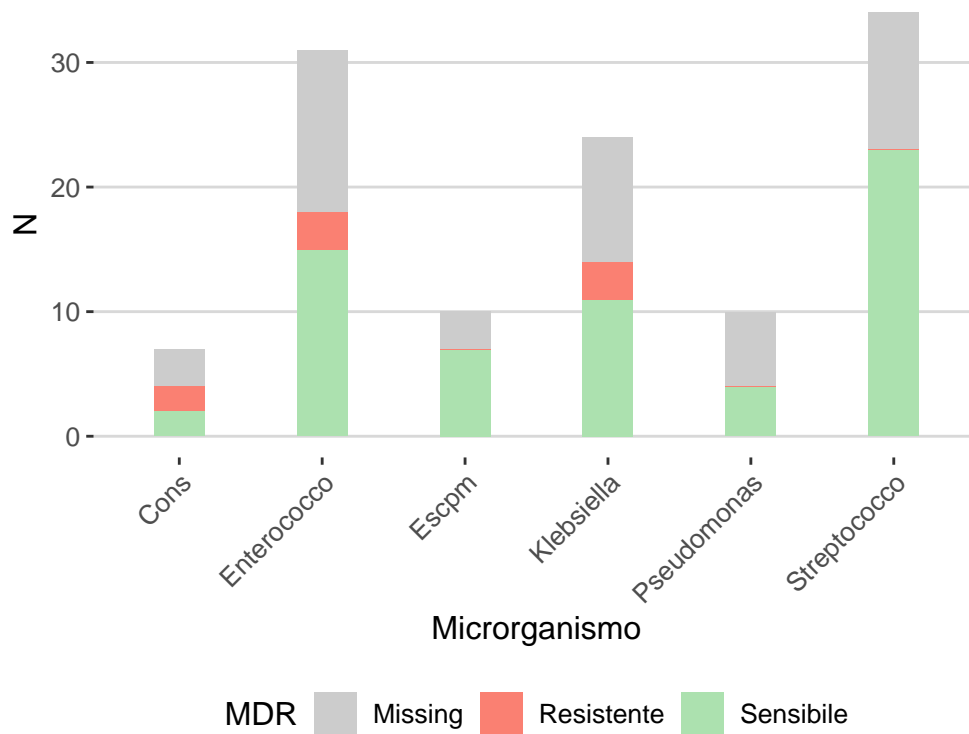
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus CoNS altra specie	1	14.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	42.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	14.3	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>5</b>	<b>71.4</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	42.9	3	0	0
Klebsiella altra specie	1	14.3	1	1	100
Escherichia coli	1	14.3	1	0	0
Acinetobacter	1	14.3	1	1	100
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>85.7</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>33.3</b>
Candida albicans	2	28.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>28.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Enterococco altra specie, Pyogens, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida parapsilosis, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

## 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	7	4	2	2	50.00	3
Enterococco	31	18	15	3	16.67	13
Escpm	10	7	7	0	0.00	3
Klebsiella	24	14	11	3	21.43	10
Pseudomonas	10	4	4	0	0.00	6
Streptococco	34	23	23	0	0.00	11

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 altra specie	1	Meropenem	1	100
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

## 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