

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalò Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 1661)	13
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI (giorni)	13
2.4 Provenienza (reparto)	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI (giorni)	17
2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	17
3 Pazienti infetti (N = 297)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 1347)	19
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI (giorni)	19
4.4 Provenienza (reparto)	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI (giorni)	23
4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	23

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	24
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 118)	25
5.1 Provenienza (reparto)	25
5.2 Trauma	25
5.3 Stato Chirurgico	25
5.4 Motivo di ammissione	26
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	26
5.6 Infezione multisito	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	27
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 2)	32
6.1 Tipologia di peritonite	32
6.2 Tipo di infezione	32
6.3 Infezione batteriémica	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
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 25)	38
7.1 Trauma	38
7.2 Stato Chirurgico	38
7.3 Tipo di infezione	38
7.4 Infezione batteriémica	39
7.5 Infezioni multisito	39
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	39
7.7 Mortalità in TI	40
7.8 Mortalità ospedaliera *	40
7.9 Degenza in TI (giorni)	40
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	41
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	41
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	45
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	49
8 Pazienti infetti in degenza (N = 194)	50
8.1 Sesso	50
8.2 Età	50
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	50
8.4 Provenienza (reparto)	51
8.5 Trauma	51
8.6 Stato Chirurgico	51
8.7 Motivo di ammissione	52
8.8 Insufficienza neurologica	52
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	52
8.10 Insufficienza neurologica insorta	53
8.11 Mortalità in TI	53
8.12 Mortalità ospedaliera *	53
8.13 Degenza in TI (giorni)	54
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	54

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	55
8.16	Infezione multisito	55
8.17	Infezioni in degenza	56
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	56
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	56
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	57
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	59
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 15)	64
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	64
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 179)	68
10.1	Gravità massima dell'infezione	68
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	68
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	68
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	73
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 83)	74
11.1	Trauma	74
11.2	Stato Chirurgico	74
11.3	Infezione batteriemica	74
11.4	Infezioni multisito	75
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	75
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	75
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza	76
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 71)	78
12.1	VAP precoce	78
12.2	Diagnosi	78
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	79
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 1661)	80
12.5	Giorni di VM pre-VAP	81
12.6	Incidenza di VAP	81
12.7	Mortalità in TI	82
12.8	Mortalità ospedaliera *	83
12.9	Degenza in TI (giorni)	83
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	83
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	84
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	87
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	89
13	Pazienti con batteriemia in degenza (N = 86)	93
13.1	Trauma	93
13.2	Stato Chirurgico	93
13.3	Tipologia	93
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	94
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza	94
14	Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 22)	98
14.1	Infezioni multisito	98
14.2	Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)	98
14.3	Mortalità in TI	99
14.4	Mortalità ospedaliera *	99
14.5	Degenza in TI (giorni)	99
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	100

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza	100
15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 31)	104
15.1	Infezione multisito	104
15.2	Fattori di rischio	104
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	105
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	106
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	106
15.6	Mortalità in TI	107
15.7	Mortalità ospedaliera *	107
15.8	Degenza in TI (giorni)	107
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	108
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	108
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 46)	113
16.1	Infezioni associate (top 10)	113
16.2	Mortalità in TI	113
16.3	Mortalità ospedaliera *	114
16.4	Degenza in TI (giorni)	114
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	114
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	115
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 5)	118
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	118
Appendice		122
	Definizione di MDR	122
	Raggruppamento Microrganismi	122

Petalo Infectionlight

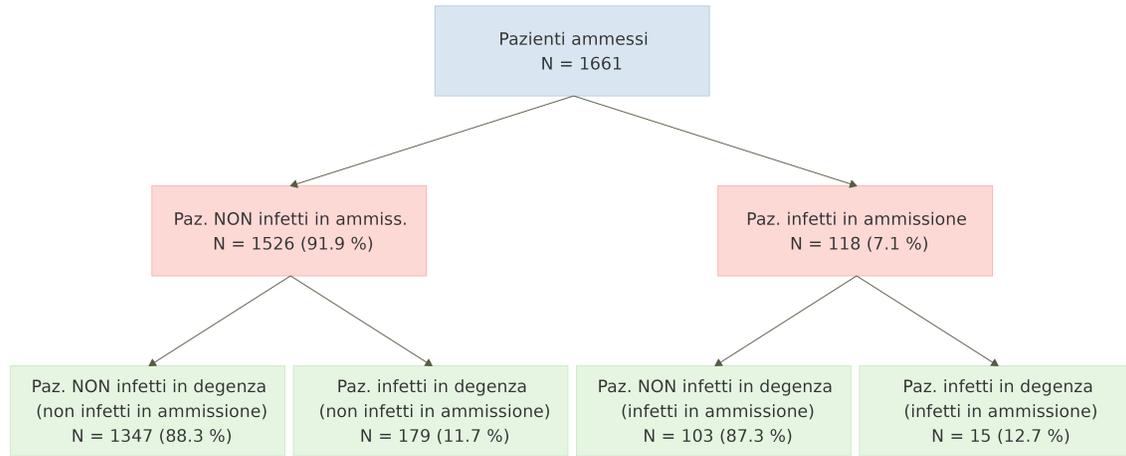
Anno 2023

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

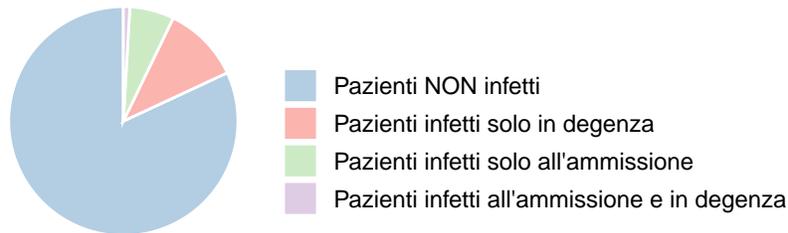
Popolazione complessiva: 5 TI

TI TI NEUROCHIRURGICHE

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



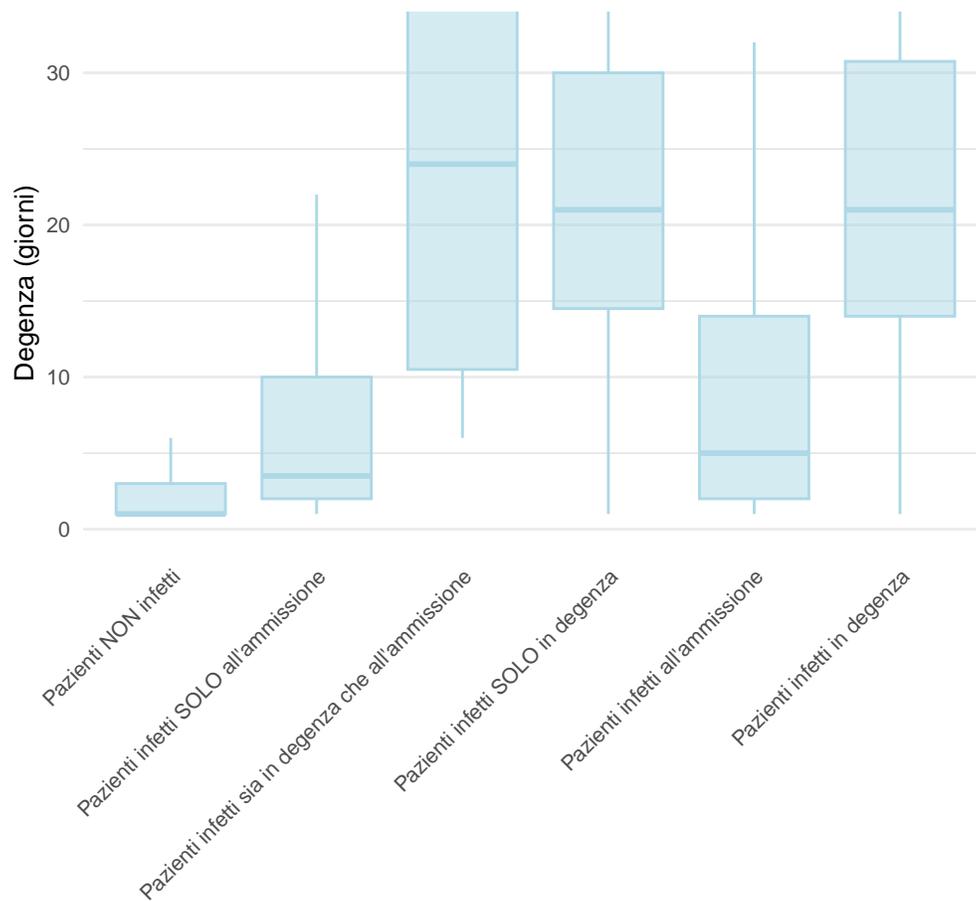
Per N = 17 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	1347	81.9
Pazienti infetti solo in degenza	179	10.9
Pazienti infetti solo all'ammissione	103	6.3
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	15	0.9

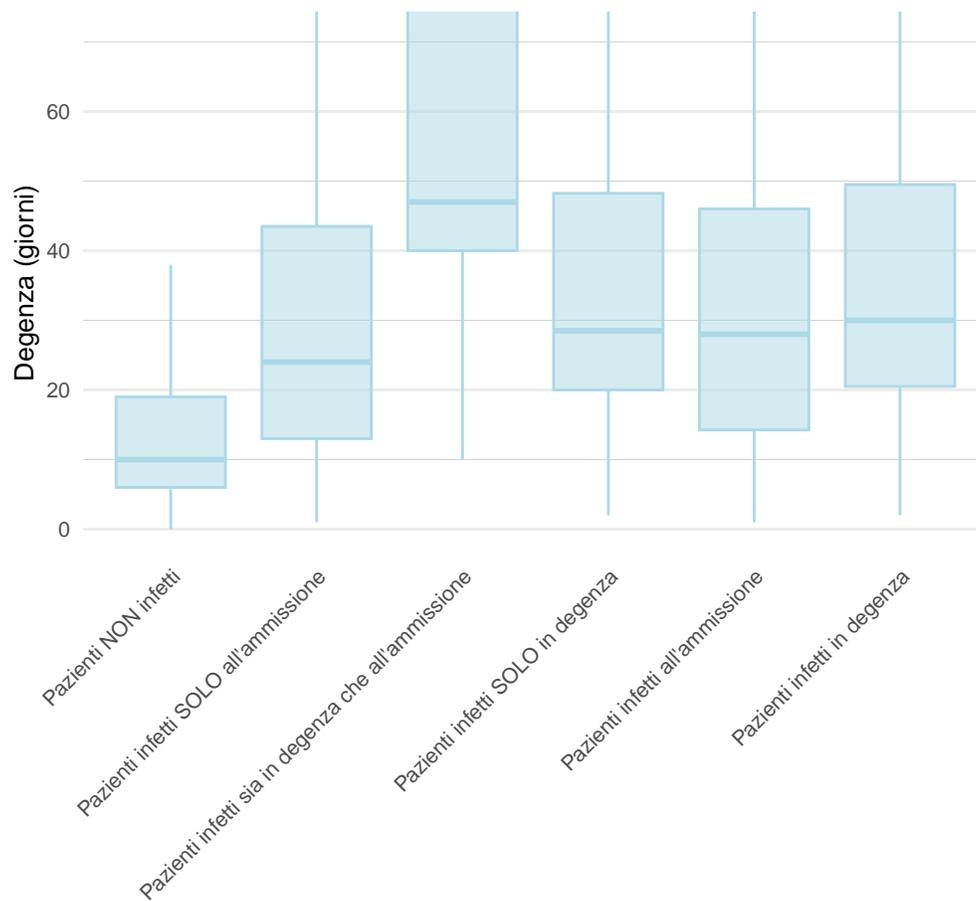
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1644).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	1347	81.1	1	(1 - 3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	103	6.2	4	(2 - 10)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	15	0.9	24	(10 - 36)
Pazienti infetti SOLO in degenza	179	10.8	21	(14 - 30)
Pazienti infetti all'ammissione	118	7.1	5	(2 - 14)
Pazienti infetti in degenza	194	11.7	21	(14 - 31)

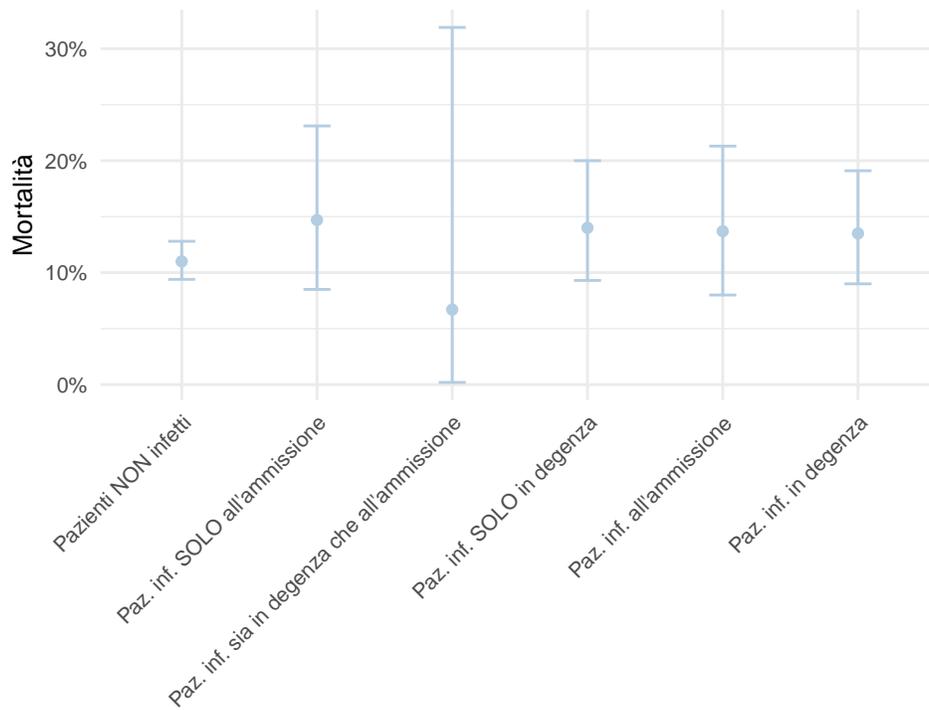
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	1347	81.1	10	(6 - 19)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	103	6.2	24	(13 - 44)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	15	0.9	47	(40 - 87)
Pazienti infetti SOLO in degenza	179	10.8	28	(20 - 48)
Pazienti infetti all'ammissione	118	7.1	28	(14 - 46)
Pazienti infetti in degenza	194	11.7	30	(20 - 50)

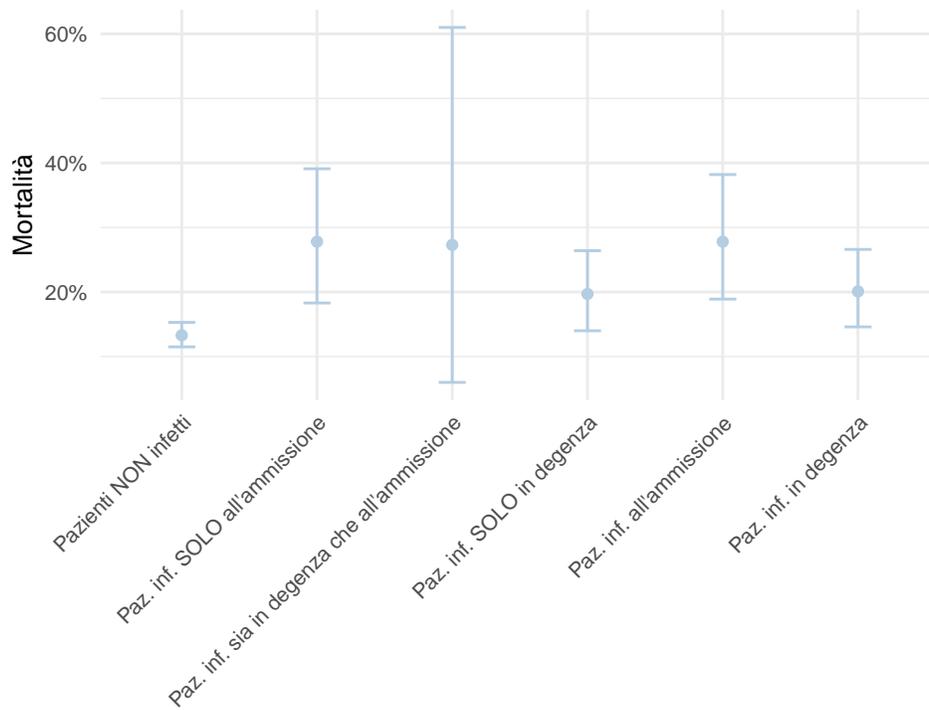
* escluse le riammissioni (N = 72)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1347	148	11.0	(9.4 - 12.8)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	103	15	14.7	(8.5 - 23.1)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	15	1	6.7	(0.2 - 31.9)
Pazienti infetti SOLO in degenza	179	25	14.0	(9.3 - 20)
Pazienti infetti all'ammissione	118	16	13.7	(8 - 21.3)
Pazienti infetti in degenza	194	26	13.5	(9 - 19.1)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

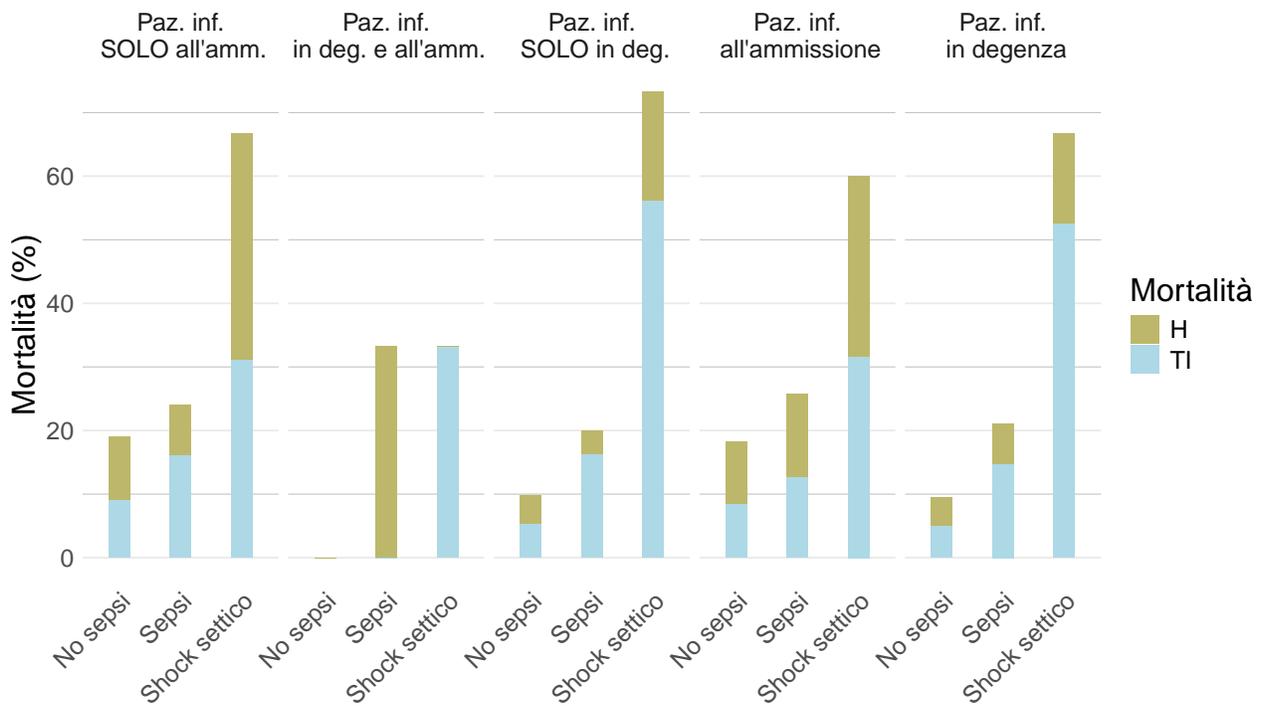


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1347	174	13.3	(11.5 - 15.3)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	103	22	27.8	(18.3 - 39.1)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	15	3	27.3	(6 - 61)
Pazienti infetti SOLO in degenza	179	34	19.7	(14 - 26.4)
Pazienti infetti all'ammissione	118	25	27.8	(18.9 - 38.2)
Pazienti infetti in degenza	194	37	20.1	(14.6 - 26.6)

* escluse le riammissioni (N = 72)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	103	55	31	17	53.4	30.1	16.5
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	15	4	8	3	26.7	53.3	20.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	179	96	67	16	53.6	37.4	8.9
Pazienti infetti all'ammissione	118	59	39	20	50.0	33.1	16.9
Pazienti infetti in degenza	194	100	75	19	51.5	38.7	9.8



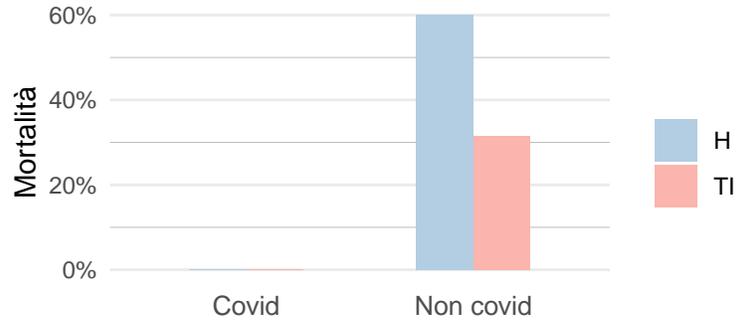
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	55	5	9.1	42	8	19.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	4	0	0.0	2	0	0.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	96	5	5.3	92	9	9.8
Pazienti infetti all'ammissione	59	5	8.5	44	8	18.2
Pazienti infetti in degenza	100	5	5.1	94	9	9.6

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	31	5	16.1	25	6	24.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	8	0	0.0	6	2	33.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	67	11	16.4	65	13	20.0
Pazienti infetti all'ammissione	39	5	12.8	31	8	25.8
Pazienti infetti in degenza	75	11	14.7	71	15	21.1

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	17	5	31.2	12	8	66.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	3	1	33.3	3	1	33.3
Pazienti infetti SOLO in degenza	16	9	56.2	15	11	73.3
Pazienti infetti all'ammissione	20	6	31.6	15	9	60.0
Pazienti infetti in degenza	19	10	52.6	18	12	66.7

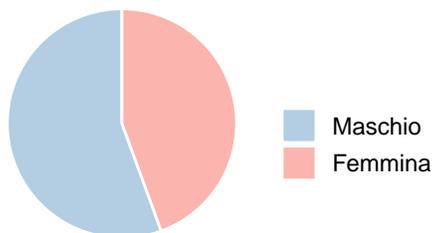
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	0	0	0.0	0	0	0
Non covid	20	6	31.6	16	9	60

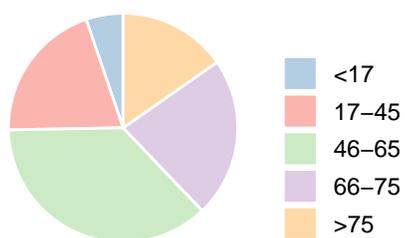
2 Tutti i pazienti (N = 1661)

2.1 Sesso



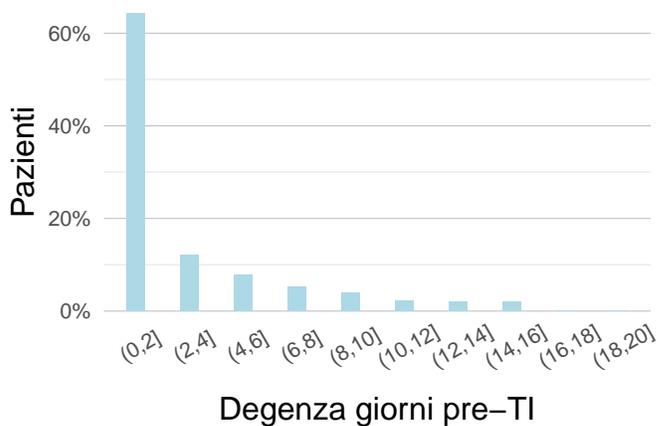
Sesso	N	%
Maschio	923	55.6
Femmina	738	44.4
Missing	0	0

2.2 Età

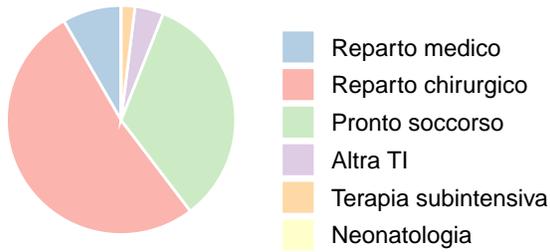


Range età	N	%
<17	87	5.2
17-45	333	20.0
46-65	612	36.8
66-75	375	22.6
>75	254	15.3
Missing	0	0

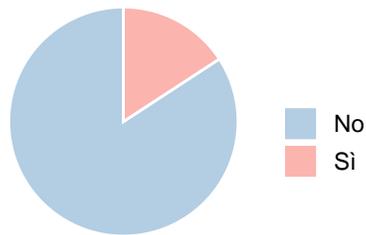
2.3 Degenza Pre TI (giorni)



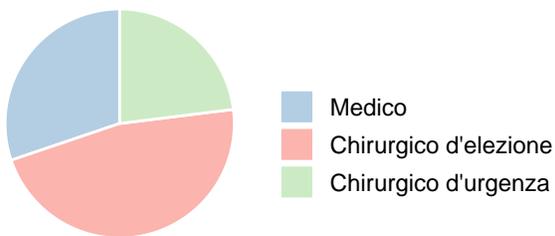
Indicatore	Valore
Media	4.4
DS	13.2
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	14

2.4 **Provenienza (reparto)**

Provenienza	N	%
Reparto medico	136	8.3
Reparto chirurgico	849	52.0
Pronto soccorso	549	33.6
Altra TI	66	4.0
Terapia subintensiva	32	2.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	29	0

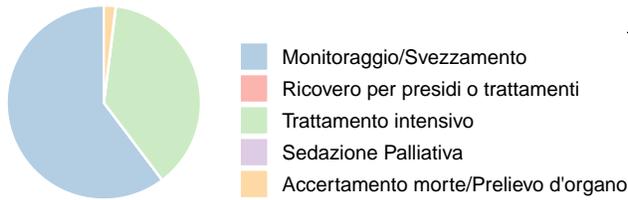
2.5 **Trauma**

Trauma	N	%
No	1386	84.2
Si	260	15.8
Missing	15	0

2.6 **Stato Chirurgico**

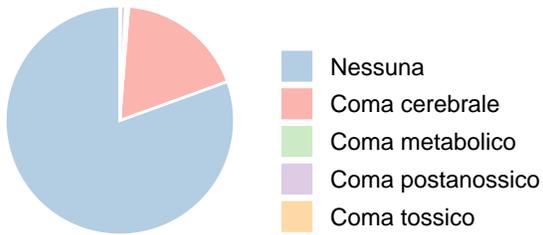
Stato chirurgico	N	%
Medico	497	30.2
Chirurgico d'elezione	770	46.8
Chirurgico d'urgenza	379	23.0
Missing	15	0

2.7 Motivo di ammissione



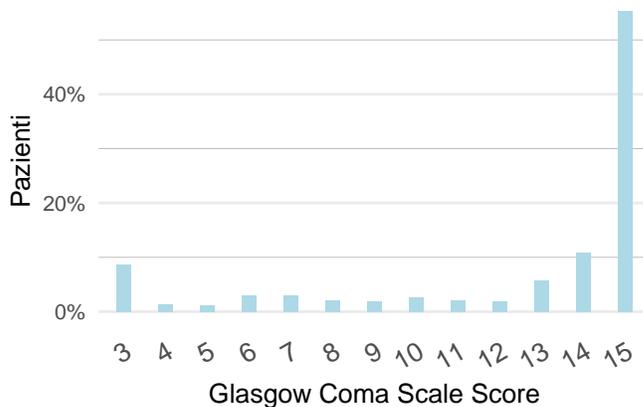
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	991	60.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	620	37.7
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	32	1.9
Missing	17	0

2.8 Insufficienza neurologica



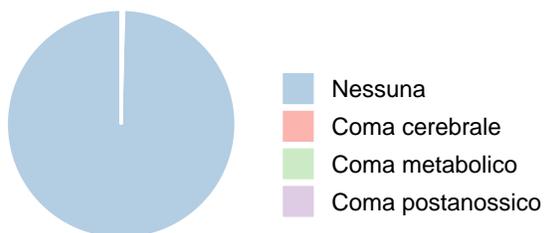
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	906	80.5
Coma cerebrale	205	18.2
Coma metabolico	5	0.4
Coma postanossico	8	0.7
Coma tossico	1	0.1
Missing	536	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



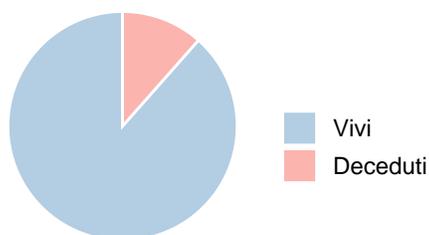
Indicatore	Valore
Media	12.4
DS	4.0
Mediana	15
Q1-Q3	11-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



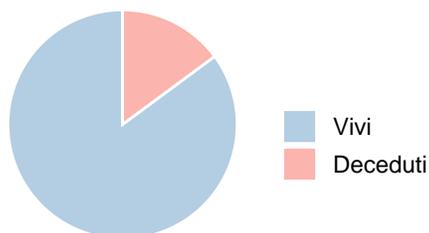
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1638	99.6
Coma cerebrale	6	0.4
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	17	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1452	88.5
Deceduti	189	11.5
Missing	20	0

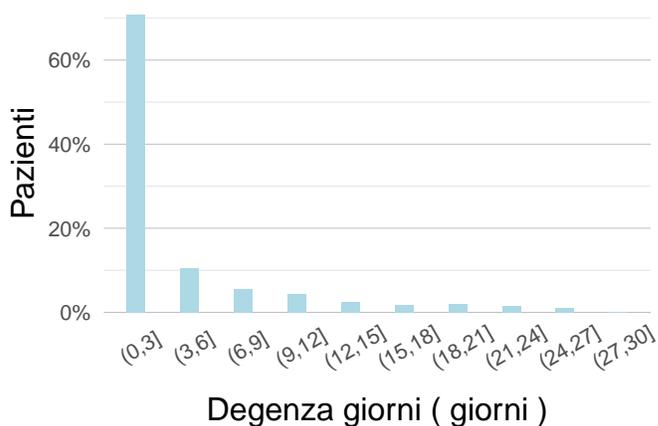
2.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1334	85.1
Deceduti	233	14.9
Missing	22	0

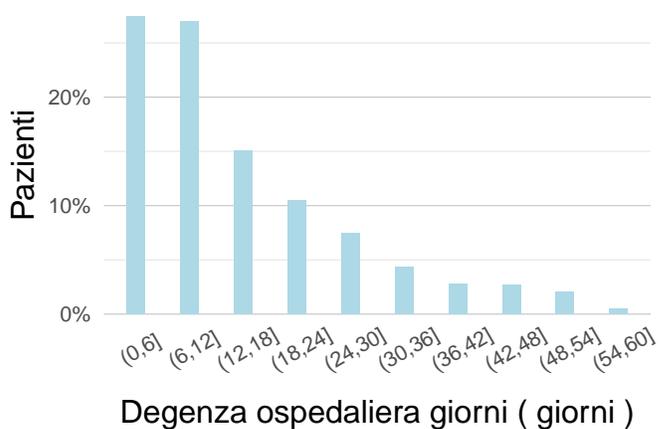
* Statistiche calcolate su 1589 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 72).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.9 (9.9)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-6)
Missing	19

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

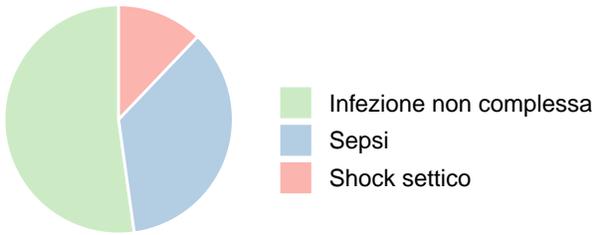


Indicatore	Valore
Media (DS)	18.7 (20.1)
Mediana (Q1-Q3)	12 (6-24)
Missing	23

* Statistiche calcolate su 1589 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 72).

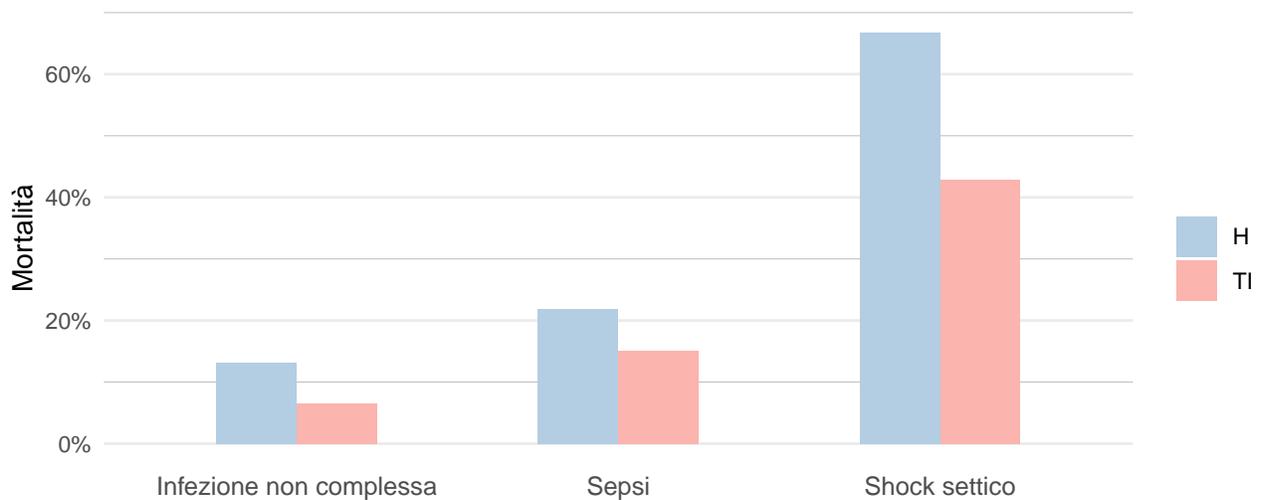
3 Pazienti infetti (N = 297)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	155	52.2
Sepsi	106	35.7
Shock settico	36	12.1
Missing	0	0

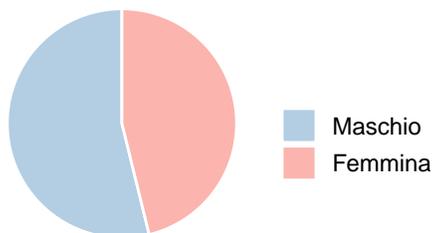
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	6.5	13.1
Sepsi	15.1	21.9
Shock settico	42.9	66.7

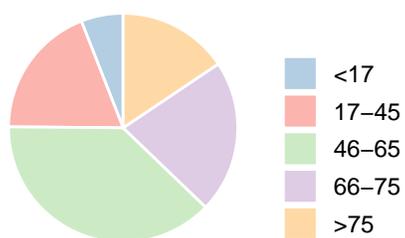
4 Pazienti non infetti (N = 1347)

4.1 Sesso



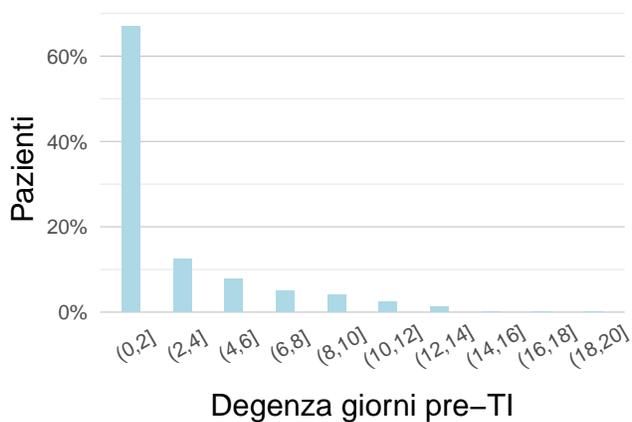
Sesso	N	%
Maschio	725	53.8
Femmina	622	46.2
Missing	0	0

4.2 Età



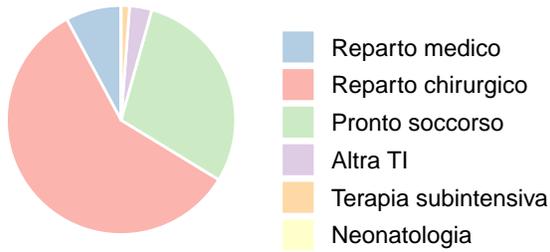
Range età	N	%
<17	80	5.9
17-45	255	18.9
46-65	511	37.9
66-75	291	21.6
>75	210	15.6
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



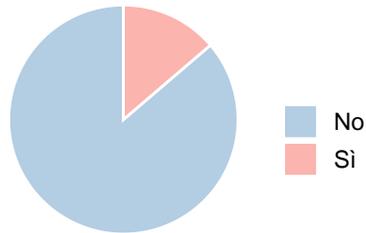
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	12.0
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	1

4.4 Provenienza (reparto)



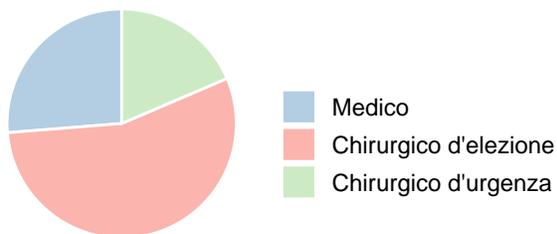
Provenienza	N	%
Reparto medico	105	7.9
Reparto chirurgico	781	58.4
Pronto soccorso	393	29.4
Altra TI	42	3.1
Terapia subintensiva	16	1.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	10	0

4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	1162	86.3
Si	185	13.7
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



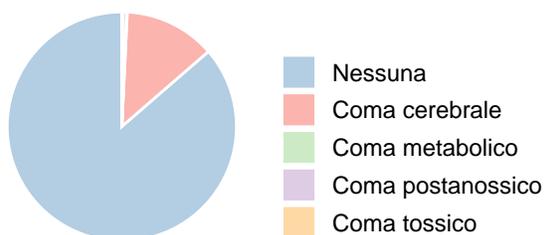
Stato chirurgico	N	%
Medico	354	26.3
Chirurgico d'elezione	743	55.2
Chirurgico d'urgenza	250	18.6
Missing	0	0

4.7 Motivo di ammissione



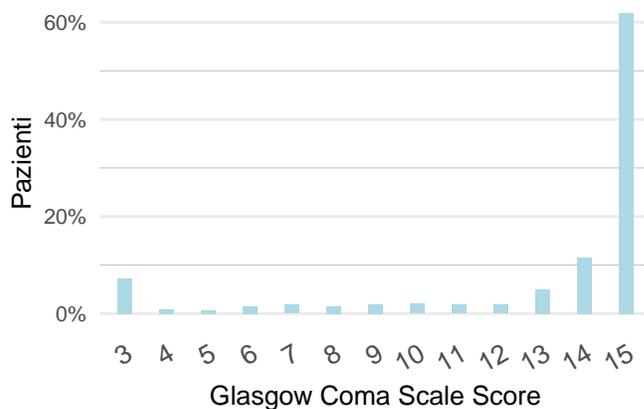
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	938	69.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	377	28.0
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	30	2.2
Missing	1	0

4.8 Insufficienza neurologica



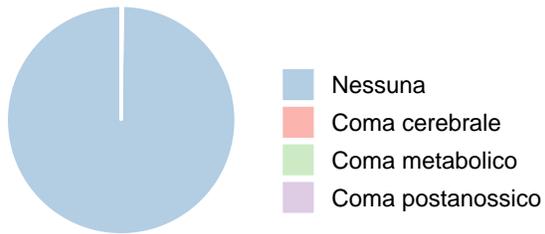
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	798	86.4
Coma cerebrale	119	12.9
Coma metabolico	1	0.1
Coma postanossico	5	0.5
Coma tossico	1	0.1
Missing	423	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



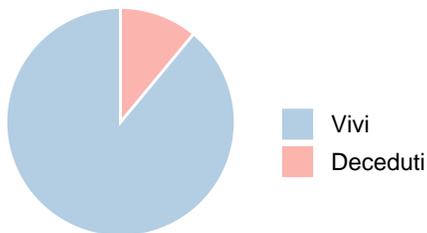
Indicatore	Valore
Media	11.0
DS	3.7
Mediana	13
Q1-Q3	11-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



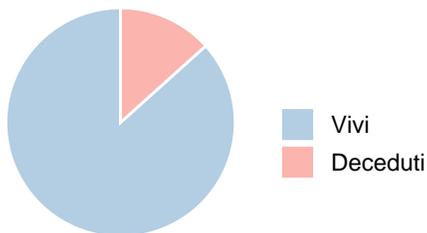
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1344	99.8
Coma cerebrale	3	0.2
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1198	89.0
Deceduti	148	11.0
Missing	1	0

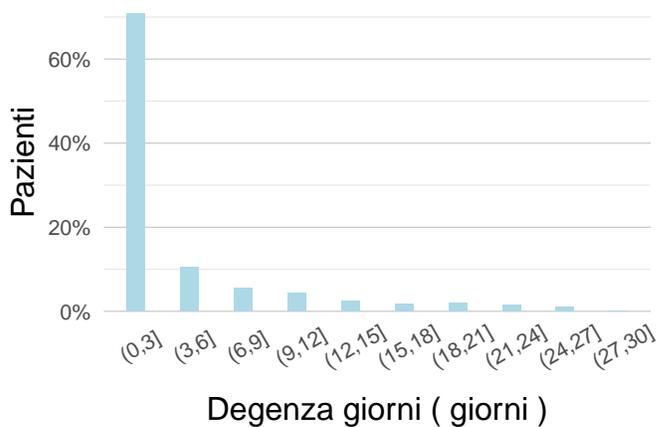
4.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1130	86.7
Deceduti	174	13.3
Missing	5	0

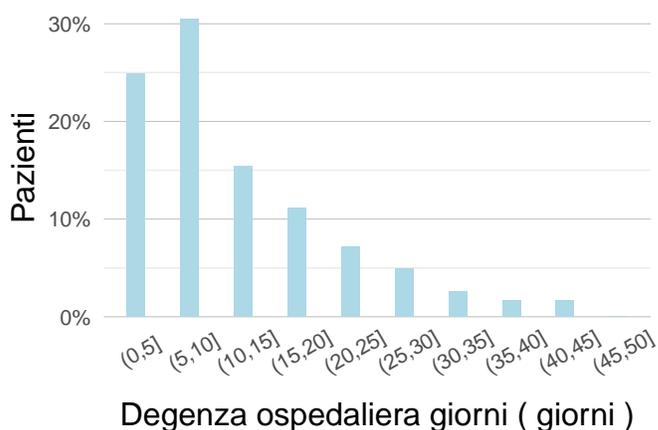
* Statistiche calcolate su 1309 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 38).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.0 (5.1)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	1

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

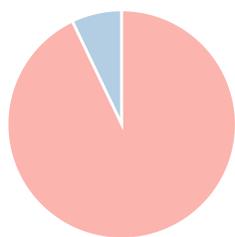


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.2 (16.0)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-19)
Missing	5

* Statistiche calcolate su 1309 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 38).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

Sono presenti 118 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 7.1% della popolazione totale ammessa in TI.

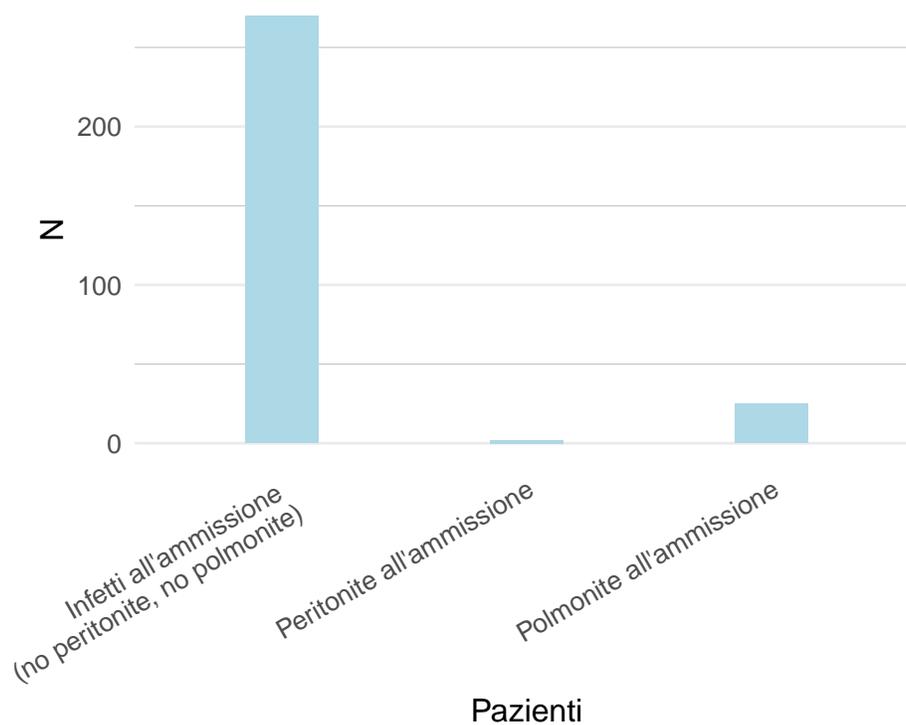


■ Infetti all'ammissione
■ Non infetti all'ammissione

Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	118	7.1
Non infetti all'ammissione	1543	92.9

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1661).

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

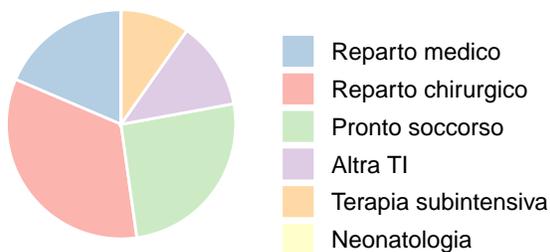


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	270	228.81
Peritonite all'ammissione	2	1.69
Polmonite all'ammissione	25	21.19

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 118).

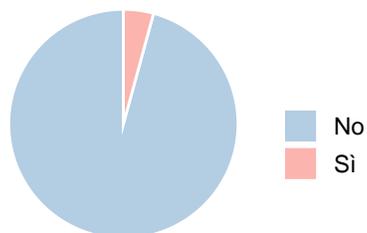
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 118)

5.1 Provenienza (reparto)



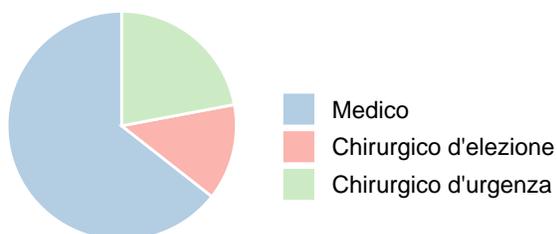
Provenienza	N	%
Reparto medico	21	18.6
Reparto chirurgico	38	33.6
Pronto soccorso	29	25.7
Altra TI	14	12.4
Terapia subintensiva	11	9.7
Neonatologia	0	0.0
Missing	5	0

5.2 Trauma



Trauma	N	%
No	113	95.8
Sì	5	4.2
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



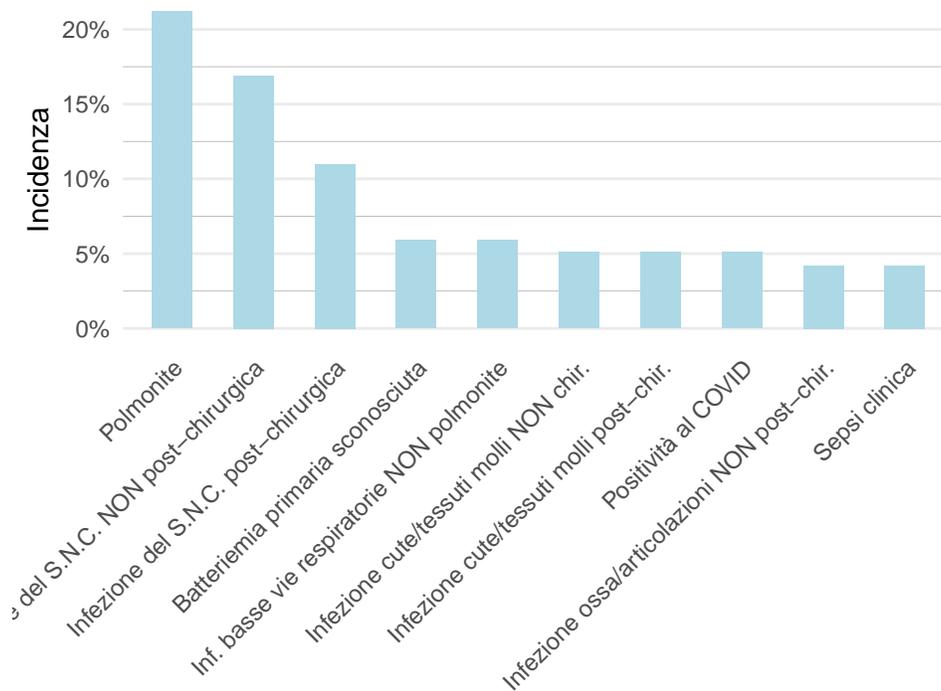
Stato chirurgico	N	%
Medico	76	64.4
Chirurgico d'elezione	16	13.6
Chirurgico d'urgenza	26	22.0
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	40	33.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	76	64.4
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	2	1.7
Missing	0	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)

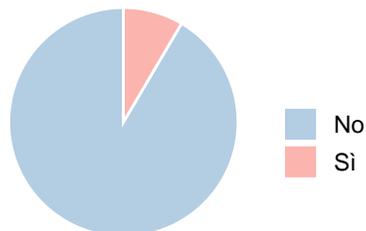


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	25	21.2
Infezione del S.N.C. NON post-chirurgica	20	16.9
Infezione del S.N.C. post-chirurgica	13	11.0
Batteriemia primaria sconosciuta	7	5.9
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	7	5.9
Positivit al COVID	6	5.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	6	5.1

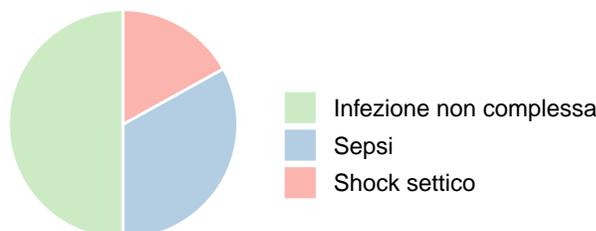
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	6	5.1
Infezione ossa/articolazioni NON post-chir.	5	4.2
Sepsi clinica	5	4.2
Missing	0	NA

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	108	91.5
Sì	10	8.5
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	59	50.0
Sepsi	39	33.1
Shock settico	20	16.9
Missing	0	0

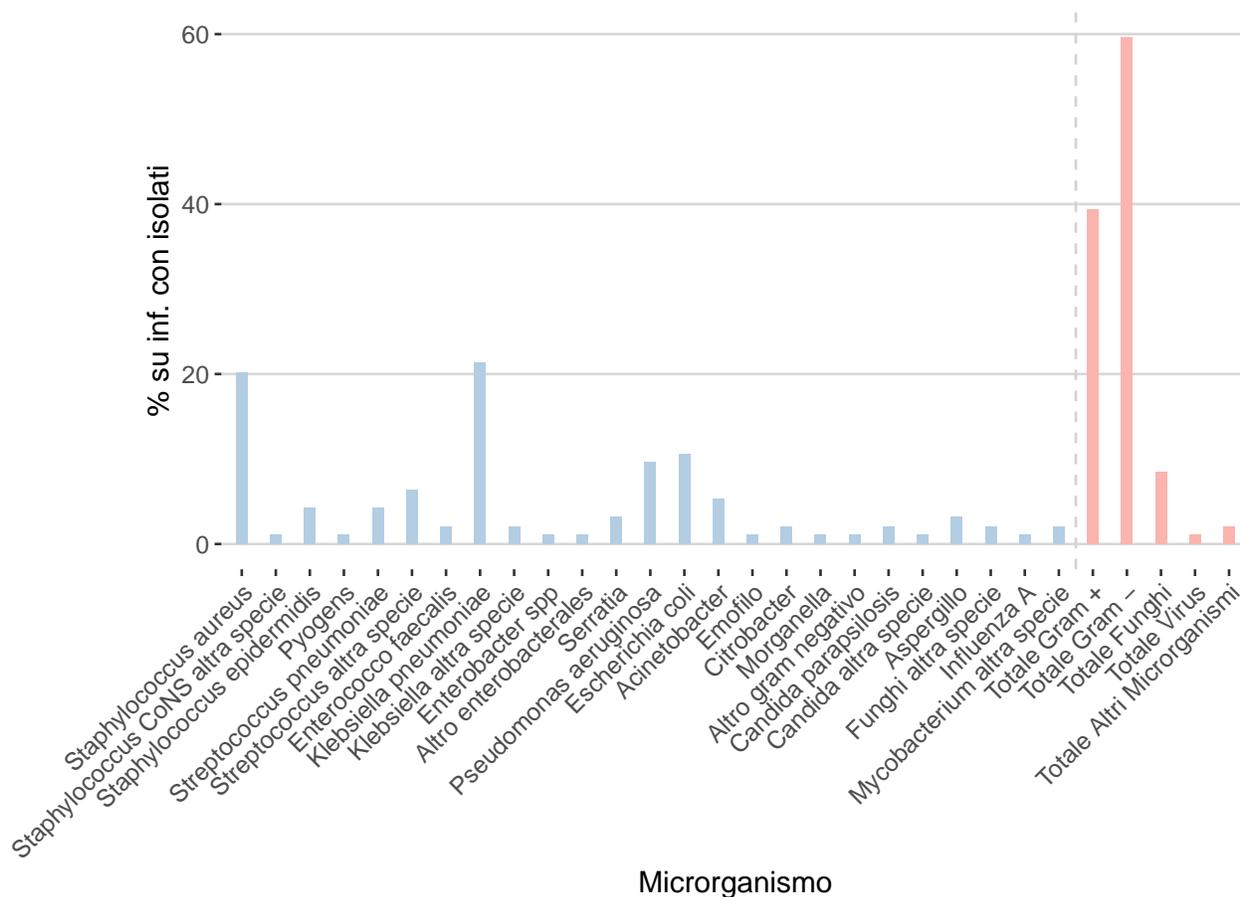
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	23	19.7
Sì	94	80.3
Missing	0	
Totale infezioni	117	
Totale microrganismi isolati	104	

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

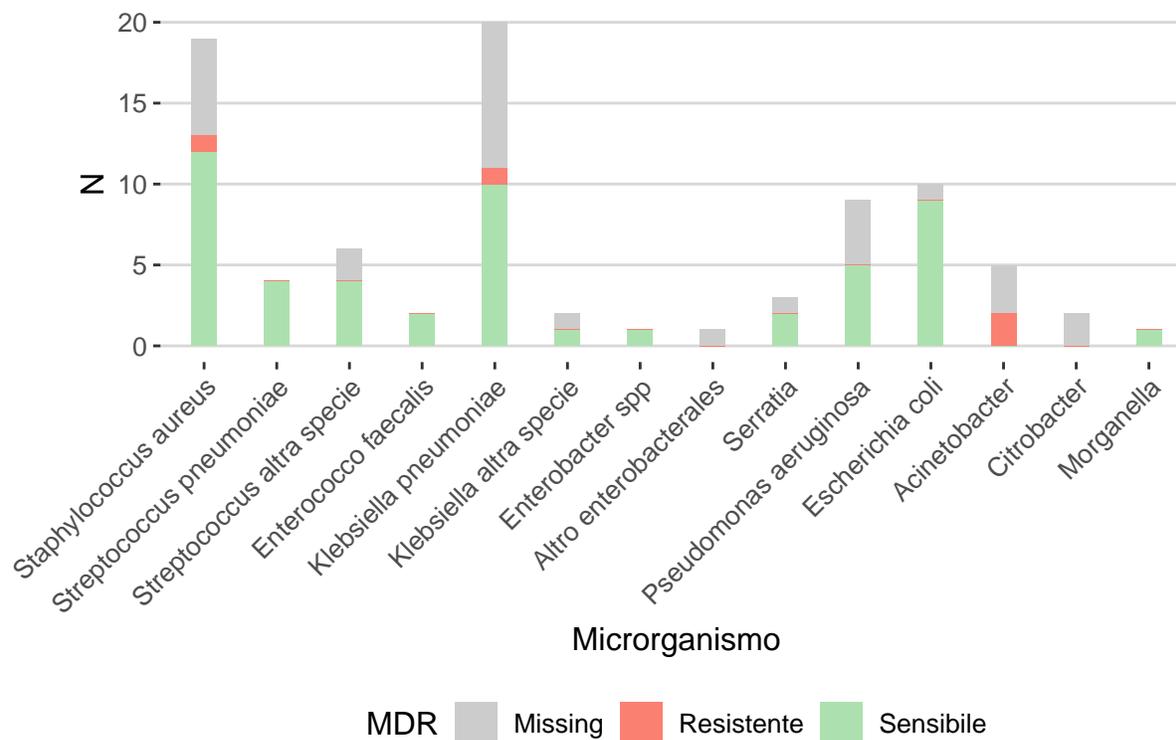
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	20.2	13	1	7.7
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	4.3	0	0	0
Pyogens	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	4.3	4	0	0
Streptococcus altra specie	6	6.4	4	0	0
Enterococco faecalis	2	2.1	2	0	0
Totale Gram +	37	39.4	23	1	4.3
Klebsiella pneumoniae	20	21.3	11	1	9.1
Klebsiella altra specie	2	2.1	1	0	0
Enterobacter spp	1	1.1	1	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.1	0	0	0
Serratia	3	3.2	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	9.6	5	0	0
Escherichia coli	10	10.6	9	0	0
Acinetobacter	5	5.3	2	2	100
Emofilo	1	1.1	0	0	0
Citrobacter	2	2.1	0	0	0
Morganella	1	1.1	1	0	0

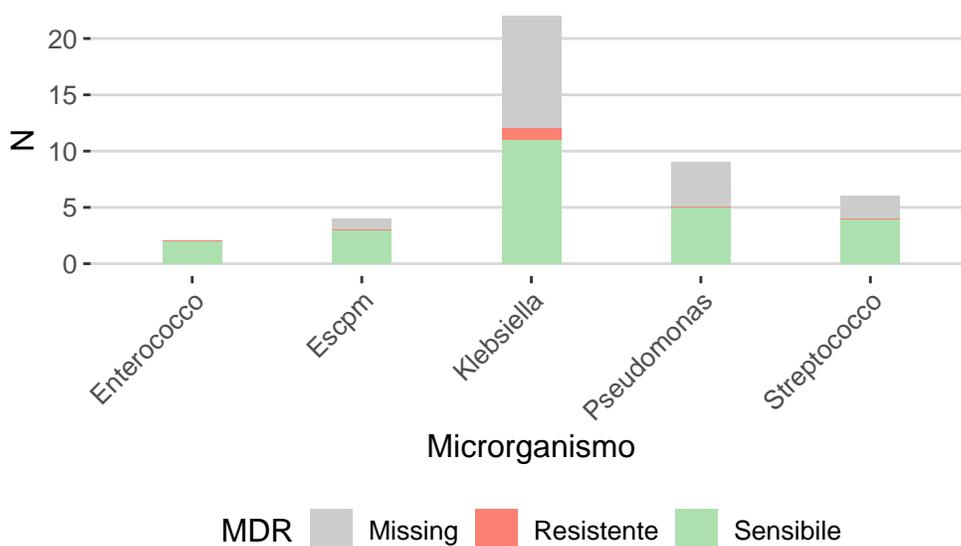
Altro gram negativo	1	1.1	0	0	0
Totale Gram -	56	59.6	32	3	9.4
Candida parapsilosis	2	2.1	0	0	0
Candida altra specie	1	1.1	0	0	0
Aspergillo	3	3.2	0	0	0
Funghi altra specie	2	2.1	0	0	0
Totale Funghi	8	8.5	0	0	0
Influenza A	1	1.1			
Totale Virus	1	1.1	0	0	0
Mycobacterium altra specie	2	2.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	2	2.1	0	0	0

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



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

5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	1	9.09
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus aureus	13	Meticillina	1	7.69

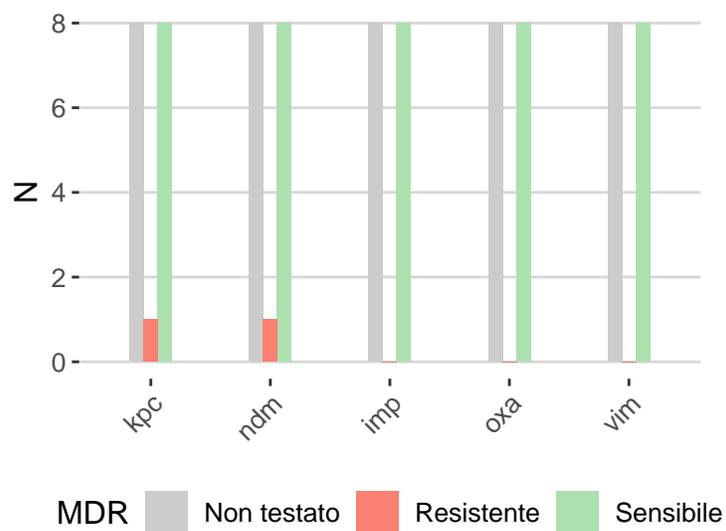
5.8.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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.

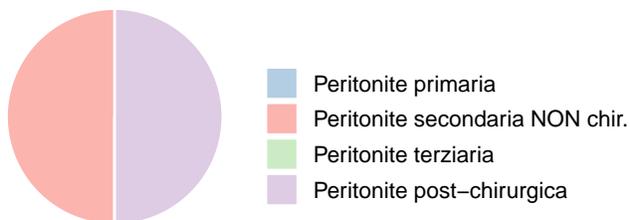
	N	%
Sì	2	11.11
No	8	44.44
Non testato	8	44.44
Missing	22	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	8	8
kpc	1	50	8	8
ndm	1	50	8	8
oxa	0	0	8	8
vim	0	0	8	8



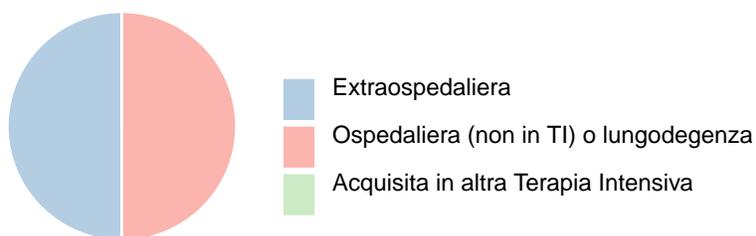
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 2)

6.1 Tipologia di peritonite



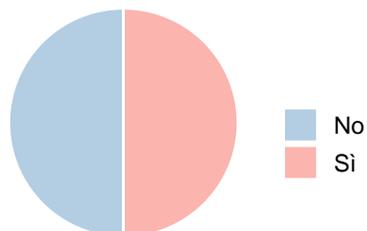
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	0	0.0
Peritonite secondaria NON chir.	1	50.0
Peritonite terziaria	0	0.0
Peritonite post-chirurgica	1	50.0
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



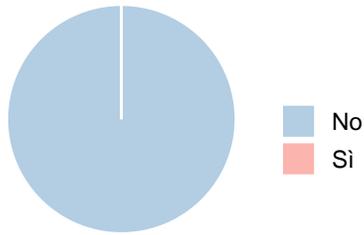
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	1	50.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	1	50.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemica



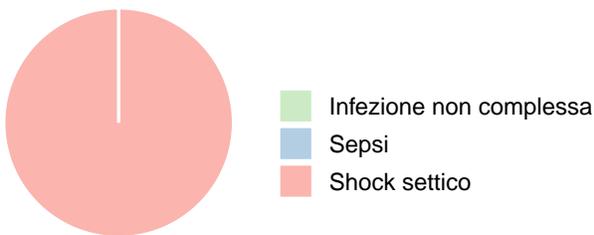
Batteriemica	N	%
No	1	50.0
Sì	1	50.0
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	2	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

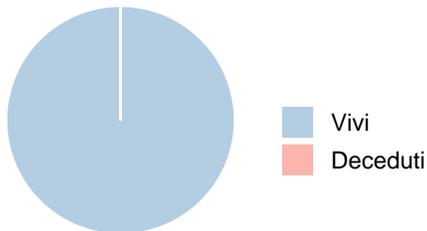
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	0	0.0
Sepsi	0	0.0
Shock settico	2	100.0
Missing	0	0

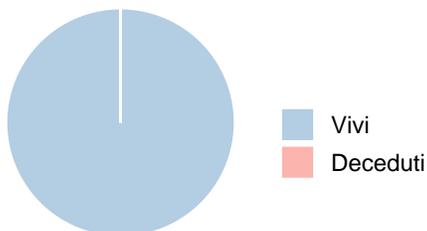
* Statistiche calcolate su 2 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 0).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2	100.0
Deceduti	0	0.0
Missing	0	0

6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	2	100.0
Deceduti	0	0.0
Missing	0	0

* Statistiche calcolate su 2 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

6.8 Degenza in TI (giorni)

Indicatore	Valore
Media (DS)	1.0 (0.0)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-1)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*

Indicatore	Valore
Media (DS)	31.5 (16.3)
Mediana (Q1-Q3)	31.5 (25.8-37.2)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 2 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

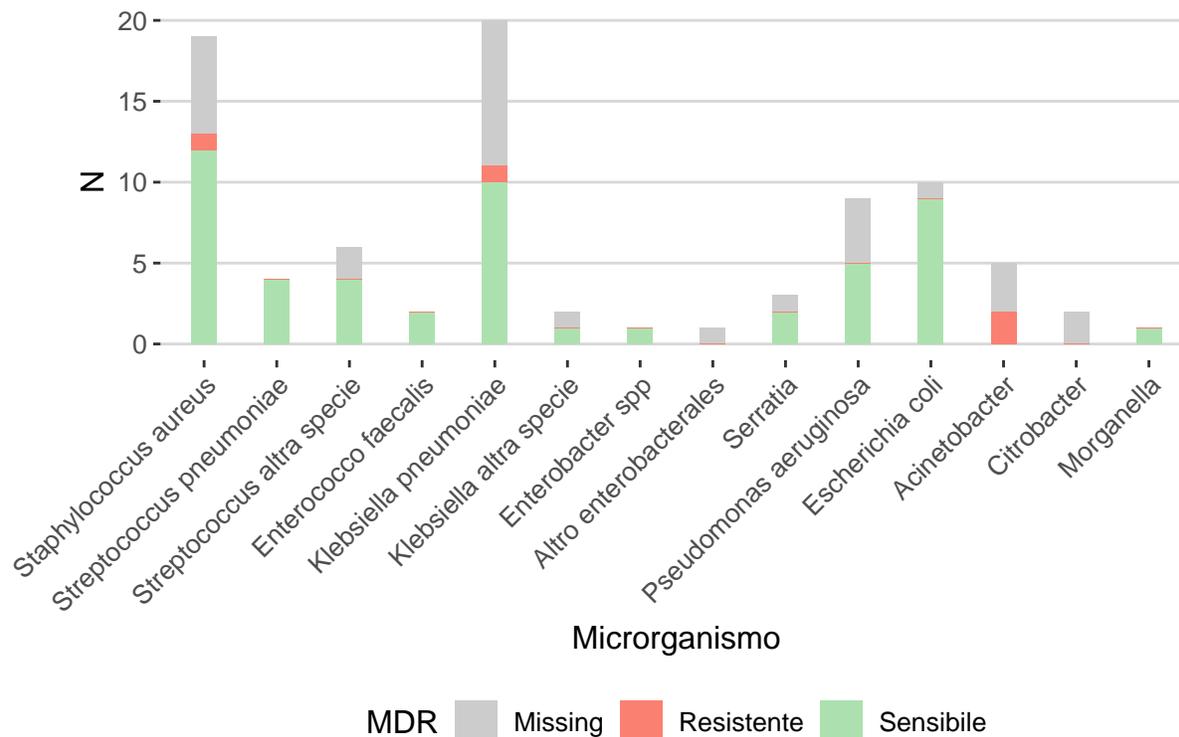
Nella seguente tabella vengono considerate tutte le infezioni, ad esclusione dell'influenza A/H1N1 e del Covid-19.

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	1	50.0
Sì	1	50.0
Missing	0	
Totale infezioni	2	
Totale microrganismi isolati	1	

Non sono stati isolati microrganismi per questo gruppo di pazienti.

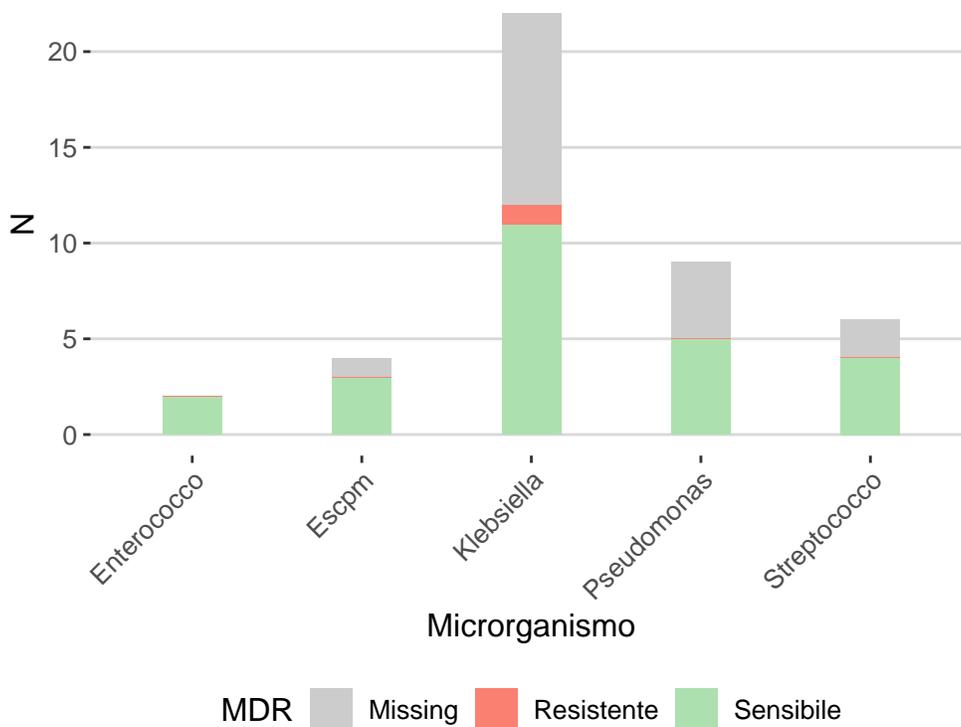
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Totale Gram +	0	0	0	0	0
Escherichia coli	1	100	1	0	0
Totale Gram -	1	100	1	0	0
Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Enterococcus altra specie*, *Clamidia*, *Legionella*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Candida albicans*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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

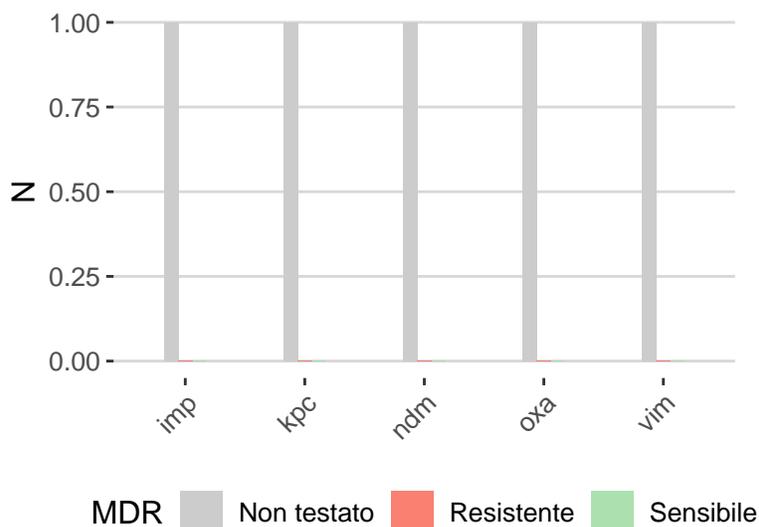
Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

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.

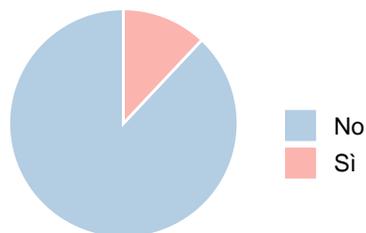
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	0	

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



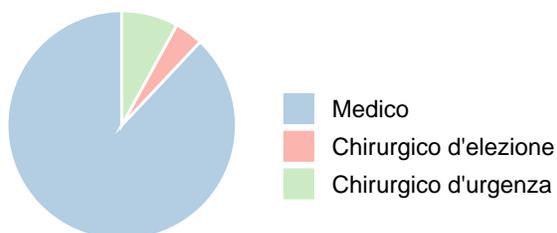
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 25)

7.1 Trauma



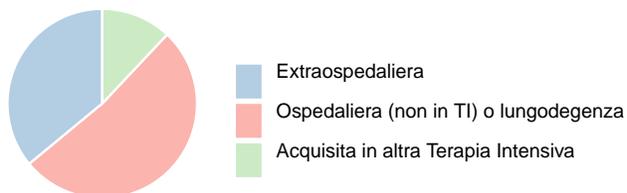
Trauma	N	%
No	22	88.0
Sì	3	12.0
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



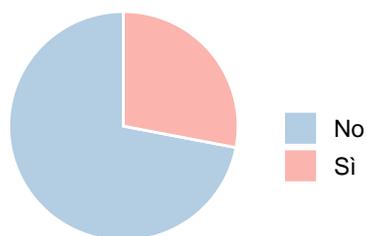
Stato chirurgico	N	%
Medico	22	88.0
Chirurgico d'elezione	1	4.0
Chirurgico d'urgenza	2	8.0
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



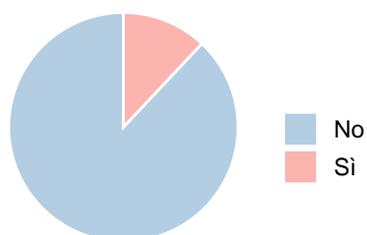
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	9	36.0
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	13	52.0
Acquisita in altra Terapia Intensiva	3	12.0
Missing	0	0

7.4 Infezione batteriemica



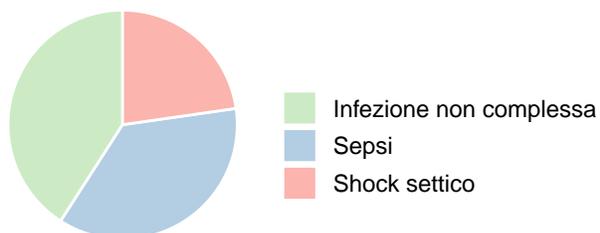
Batteriemica	N	%
No	18	72.0
Si	7	28.0
Missing	0	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	22	88.0
Si	3	12.0
Missing	0	0

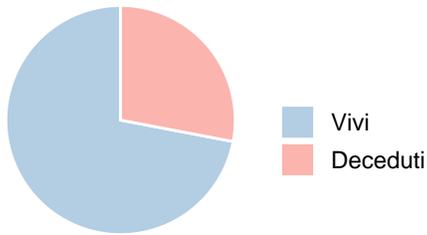
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	9	40.9
Sepsi	8	36.4
Shock settico	5	22.7
Missing	0	0

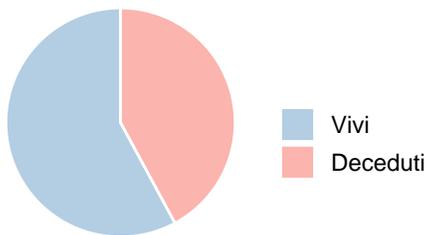
* Statistiche calcolate su 22 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 3).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	72.0
Deceduti	7	28.0
Missing	0	0

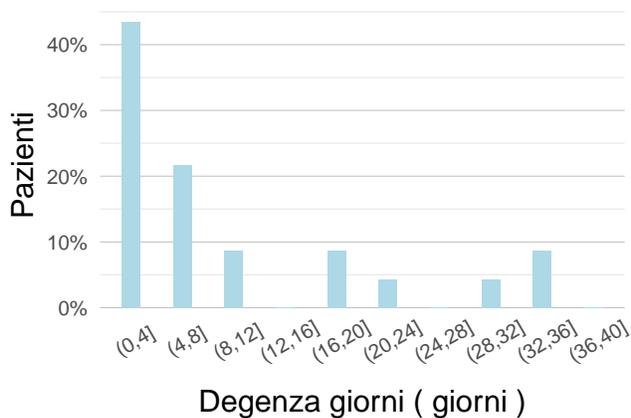
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	11	57.9
Deceduti	8	42.1
Missing	0	0

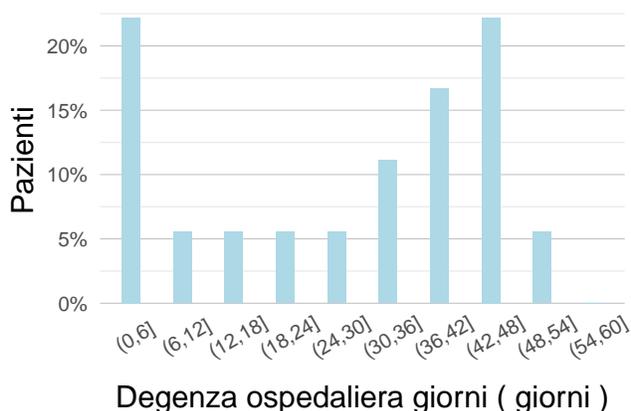
* Statistiche calcolate su 19 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	12.6 (13.4)
Mediana (Q1-Q3)	6 (3-19)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.4 (31.8)
Mediana (Q1-Q3)	35 (12-45)
Missing	0

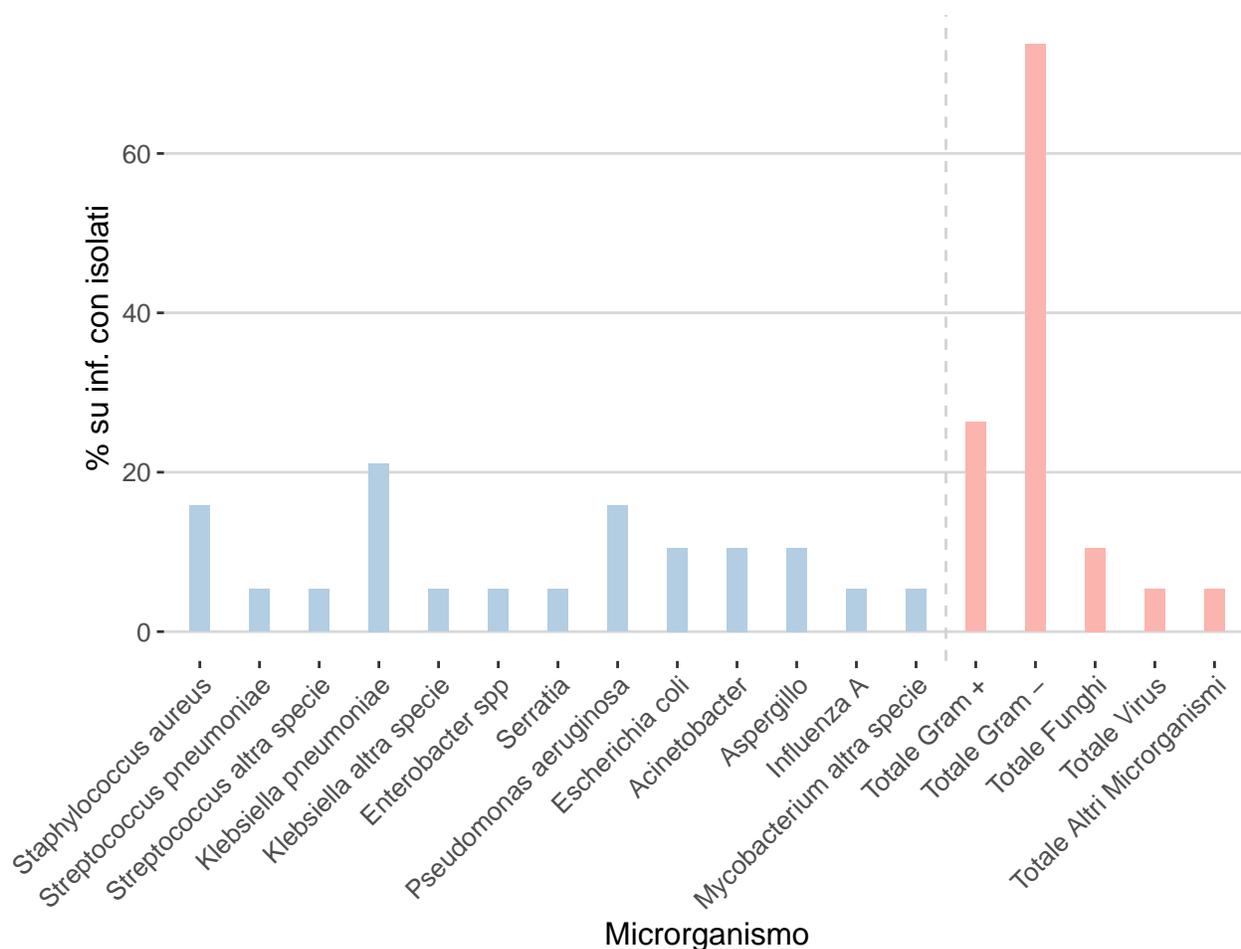
* Statistiche calcolate su 19 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 6).

7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	24.0
Sì	19	76.0
Missing	0	
Totale infezioni	25	
Totale microrganismi isolati	23	

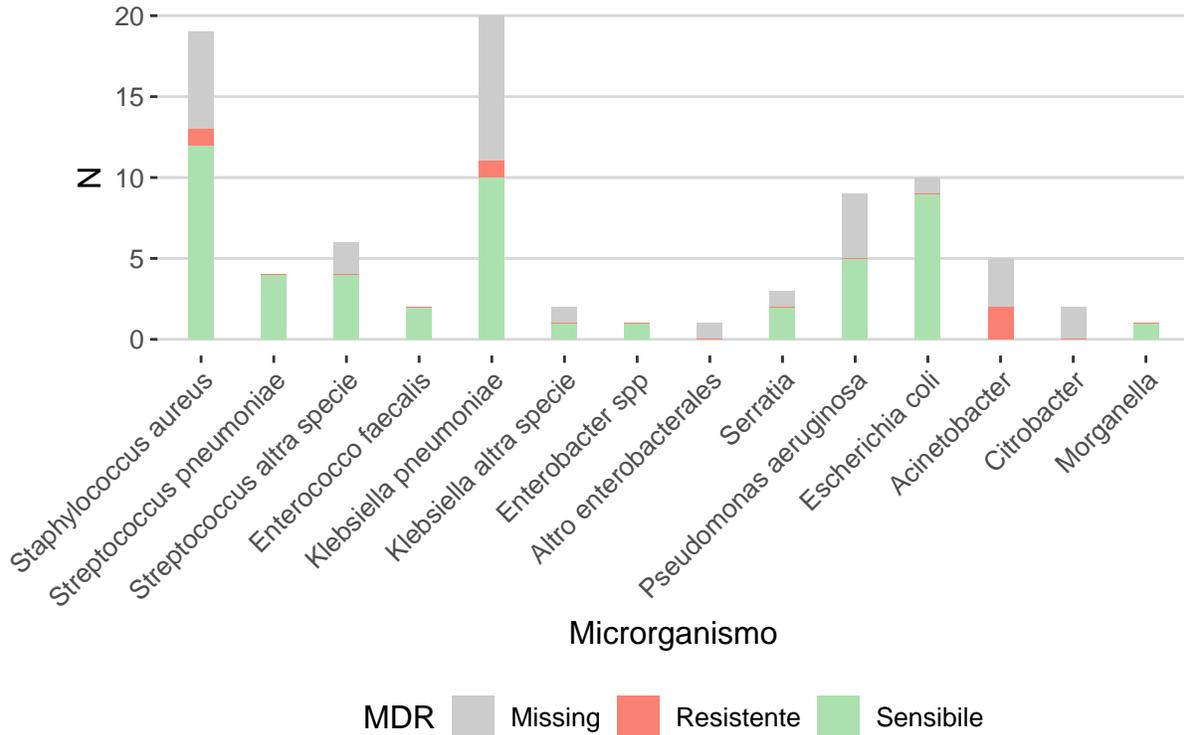
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	15.8	2	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	5.3	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	5.3	1	0	0
Totale Gram +	5	26.3	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	4	21.1	2	0	0
Klebsiella altra specie	1	5.3	0	0	0
Enterobacter spp	1	5.3	1	0	0
Serratia	1	5.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	15.8	2	0	0
Escherichia coli	2	10.5	2	0	0
Acinetobacter	2	10.5	1	1	100
Totale Gram -	14	73.7	9	1	11.1
Aspergillo	2	10.5	0	0	0
Totale Funghi	2	10.5	0	0	0
Influenza A	1	5.3	0	0	0
Totale Virus	1	5.3	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	5.3	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	1	5.3	0	0	0

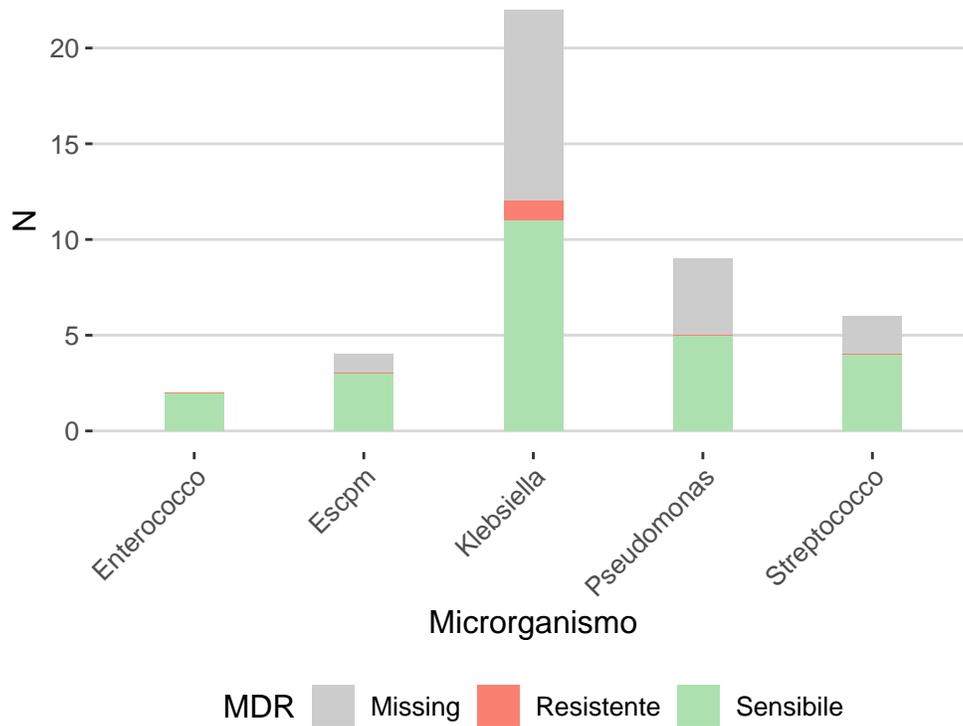
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100

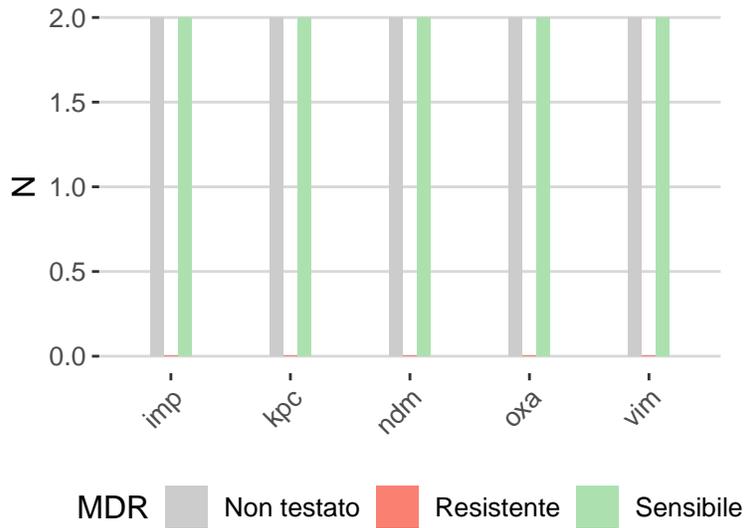
7.11.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite all'ammissione

Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo

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

	N	%
Sì	0	0
No	2	50
Non testato	2	50
Missing	5	

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

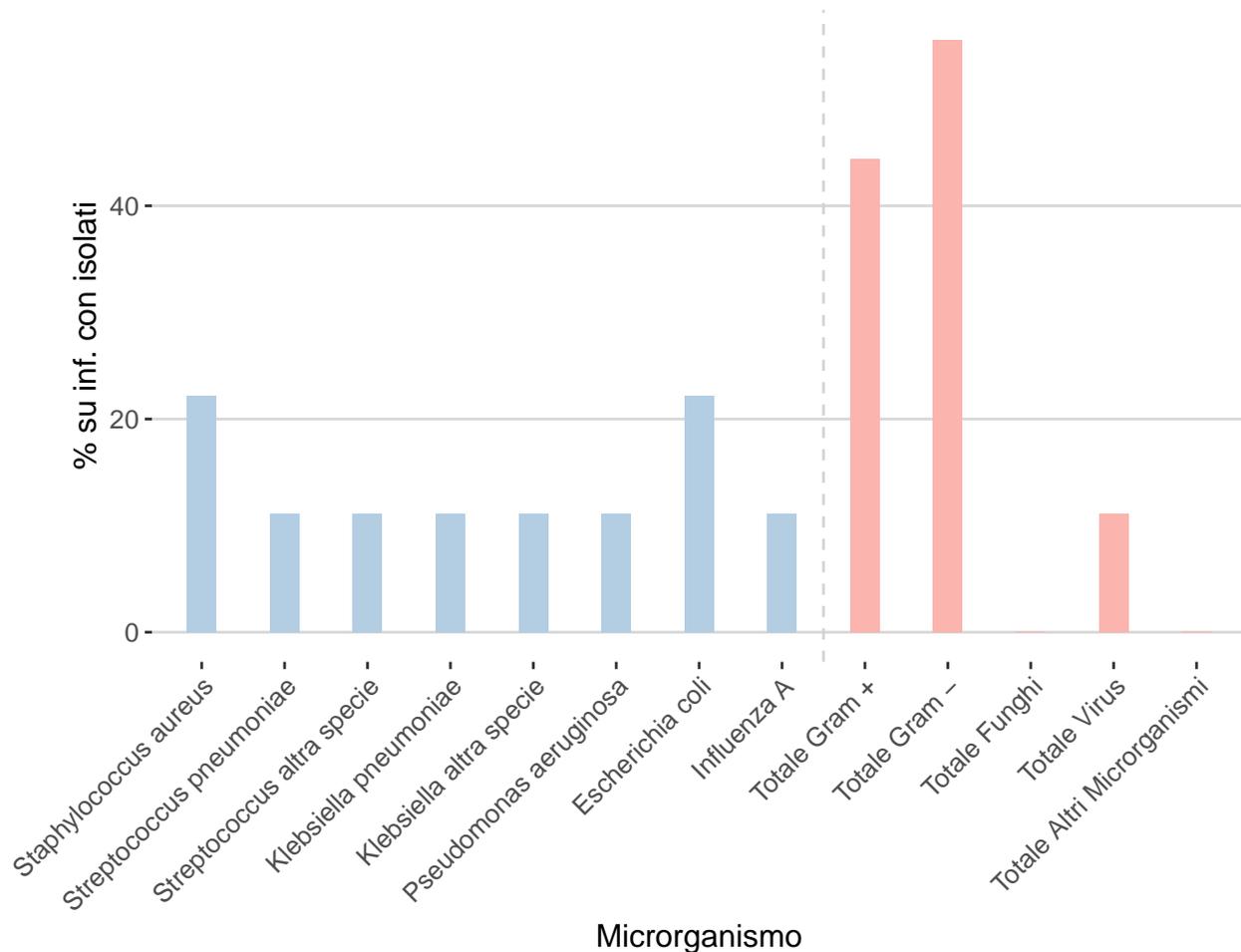


7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	3	25.0
Sì	9	75.0
Missing	0	
Totale infezioni	12	
Totale microrganismi isolati	10	

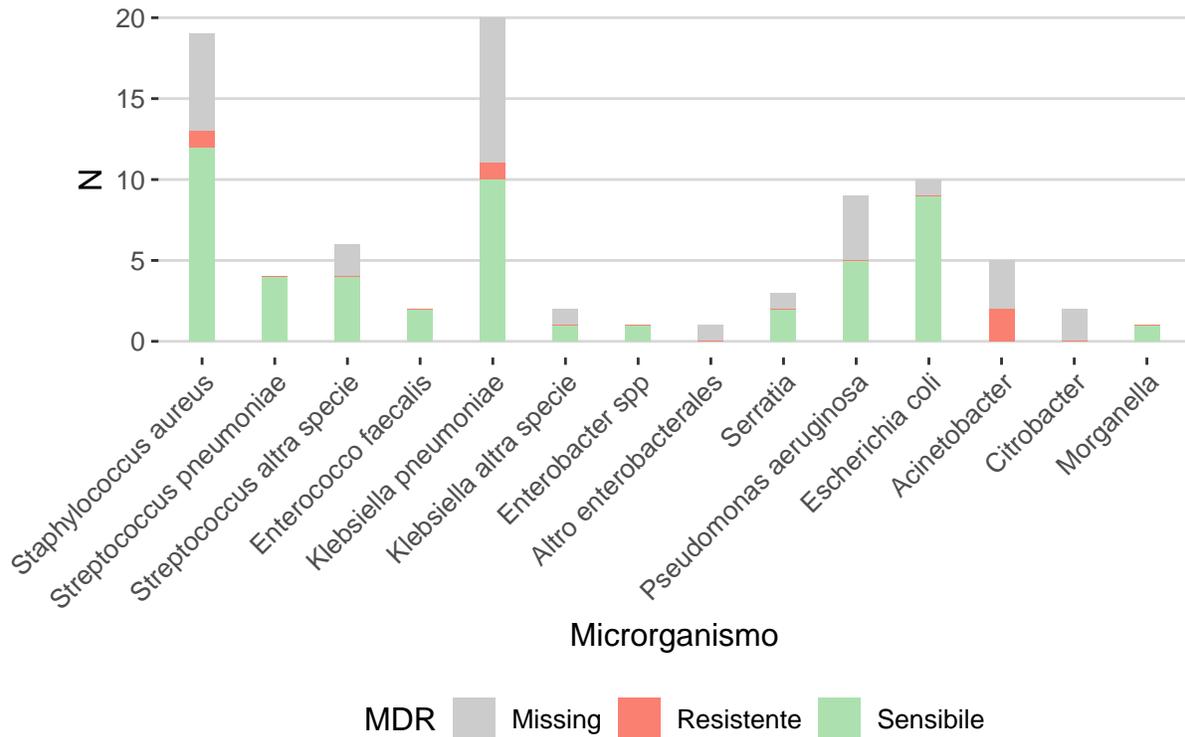
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	22.2	1	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	11.1	1	0	0
Streptococcus altra specie	1	11.1	1	0	0
Totale Gram +	4	44.4	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	11.1	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	11.1	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	11.1	1	0	0
Escherichia coli	2	22.2	2	0	0
Totale Gram -	5	55.6	4	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Influenza A	1	11.1			
Totale Virus	1	11.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

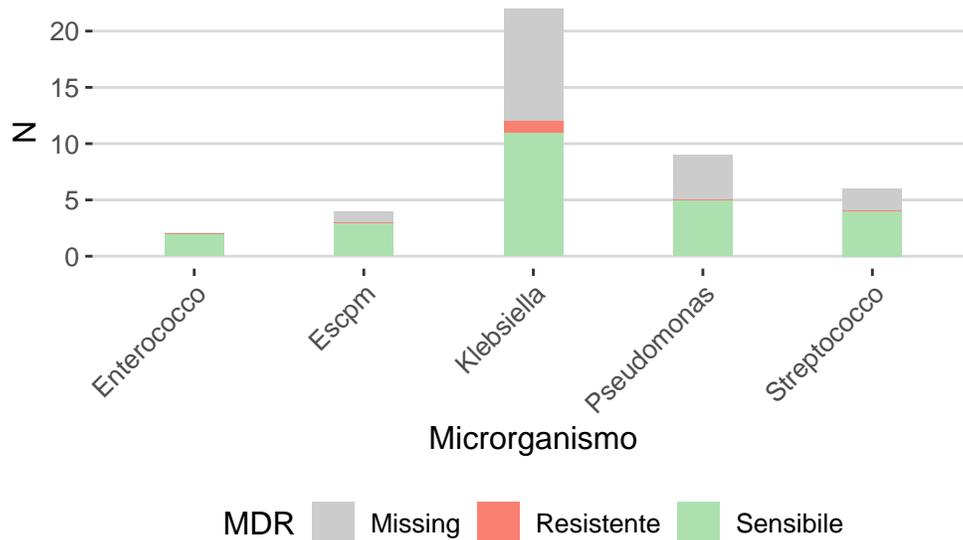
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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

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

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

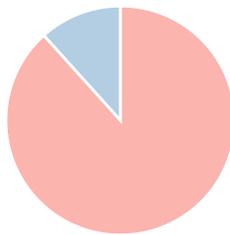
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

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

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 194 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.7% della popolazione totale ammessa in TI.

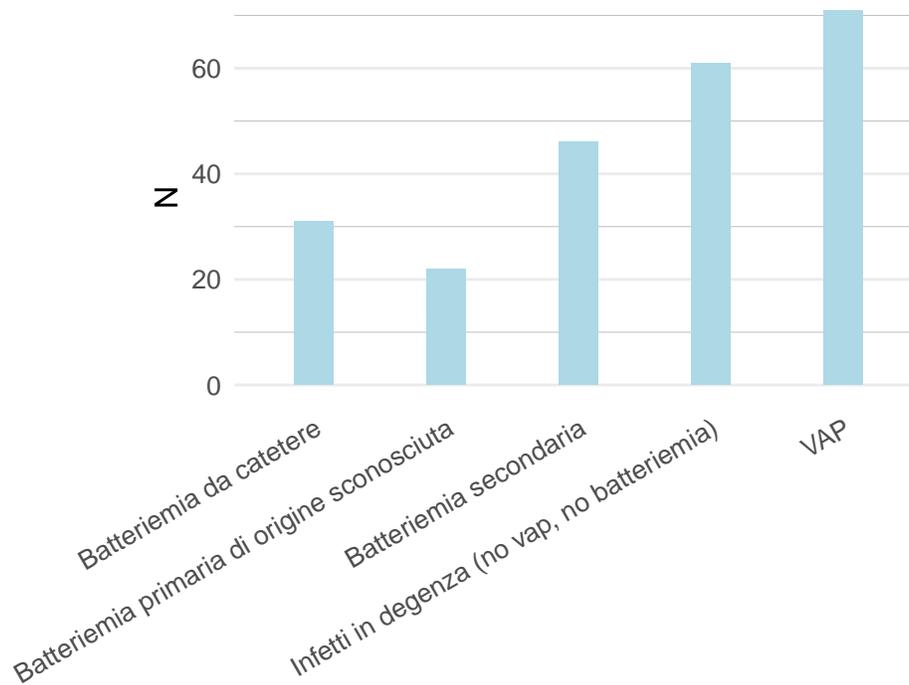


■ Infetti in degenza
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	194	11.7
Non infetti in degenza	1467	88.3

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1661).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



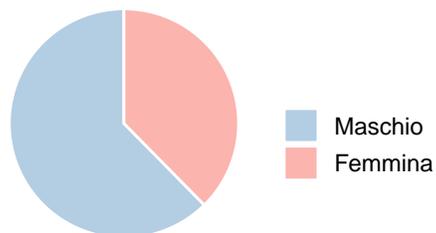
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	61	31.4
VAP	71	36.6
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	22	11.3
Batteriemia da catetere	31	16.0
Batteriemia secondaria	46	23.7

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 194)

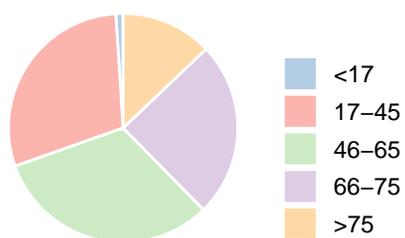
8 Pazienti infetti in degenza (N = 194)

8.1 Sesso



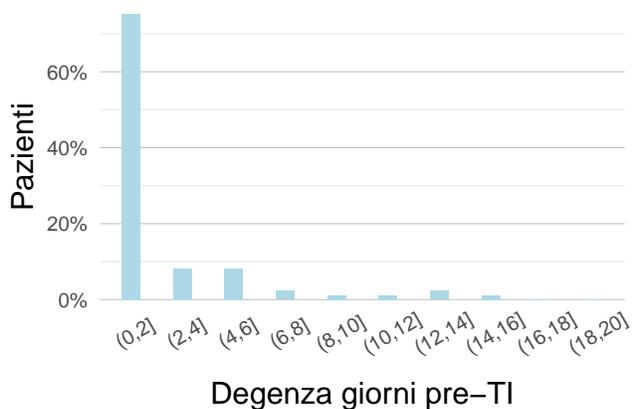
Sesso	N	%
Maschio	121	62.4
Femmina	73	37.6
Missing	0	0

8.2 Età



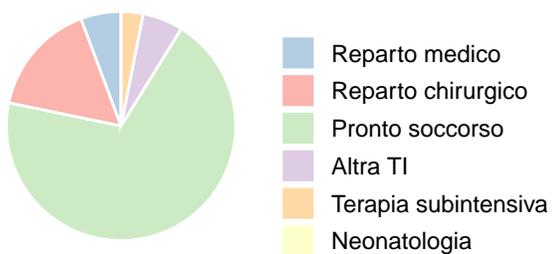
Range età	N	%
<17	2	1.0
17-45	57	29.4
46-65	62	32.0
66-75	48	24.7
>75	25	12.9
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



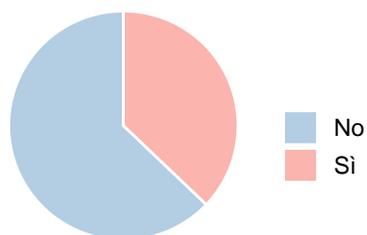
Indicatore	Valore
Media	3.3
DS	11.0
Mediana	0
Q1-Q3	0-1
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



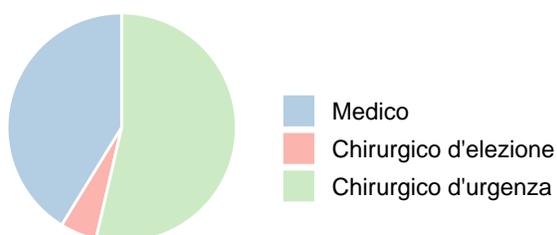
Provenienza	N	%
Reparto medico	11	5.7
Reparto chirurgico	31	16.1
Pronto soccorso	134	69.4
Altra TI	11	5.7
Terapia subintensiva	6	3.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

8.5 Trauma



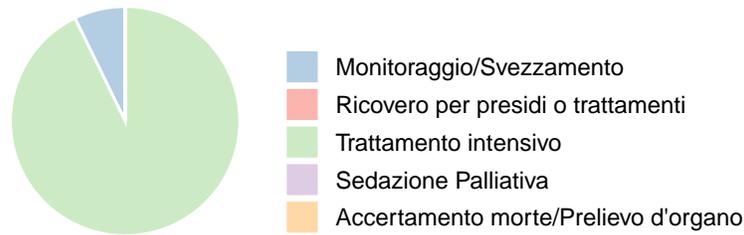
Trauma	N	%
No	122	62.9
Sì	72	37.1
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



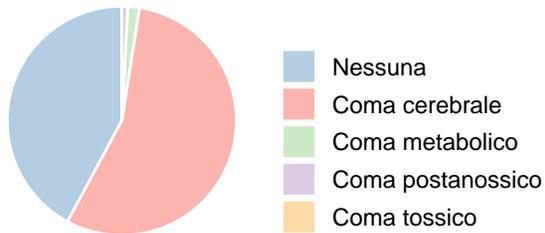
Stato chirurgico	N	%
Medico	80	41.2
Chirurgico d'elezione	10	5.2
Chirurgico d'urgenza	104	53.6
Missing	0	0

8.7 Motivo di ammissione



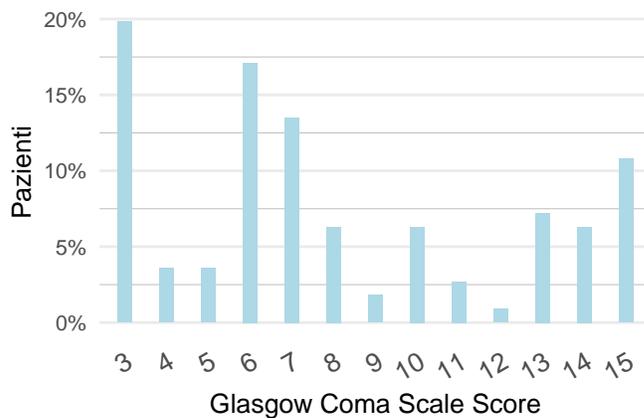
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	14	7.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	180	92.8
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



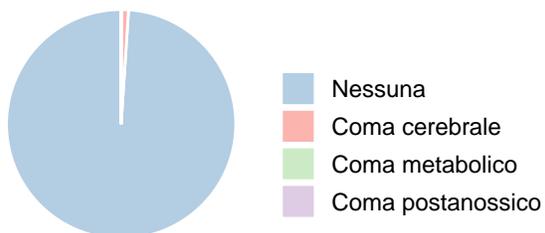
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	51	42.1
Coma cerebrale	67	55.4
Coma metabolico	2	1.7
Coma postanossico	1	0.8
Coma tossico	0	0.0
Missing	73	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



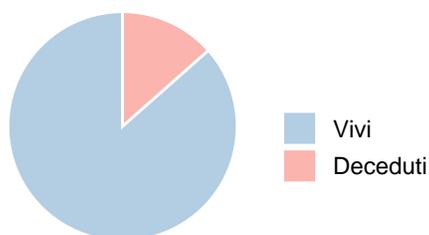
Indicatore	Valore
Media	6.0
DS	4.1
Mediana	5
Q1-Q3	3-9.5

8.10 Insufficienza neurologica insorta



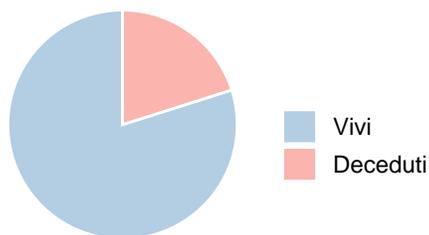
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	192	99.0
Coma cerebrale	2	1.0
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	167	86.5
Deceduti	26	13.5
Missing	1	0

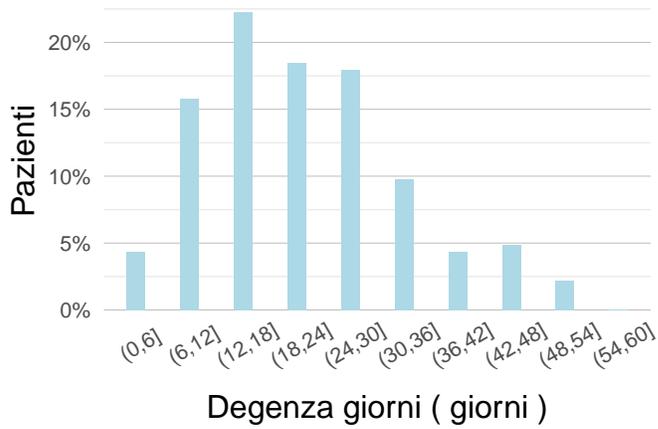
8.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	147	79.9
Deceduti	37	20.1
Missing	0	0

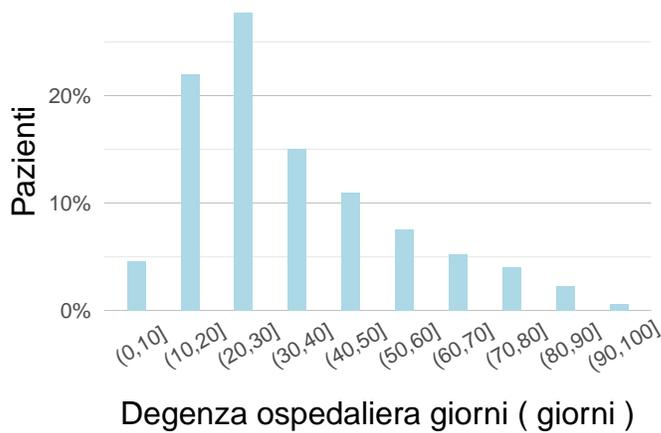
* Statistiche calcolate su 184 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.4 (14.4)
Mediana (Q1-Q3)	21 (14-30.8)
Missing	0

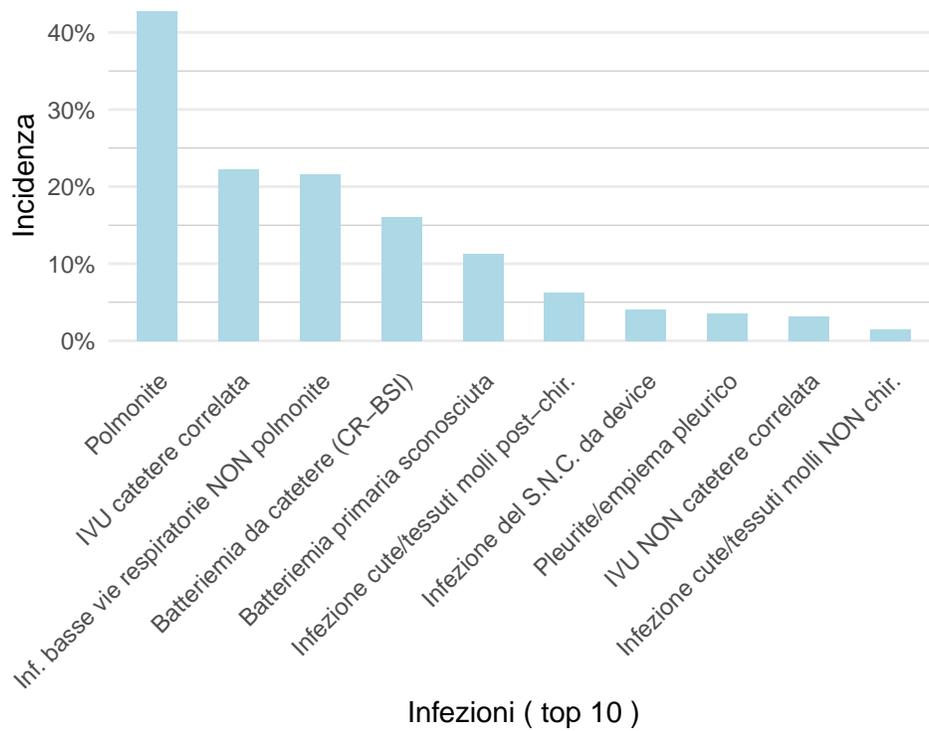
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	38.2 (25.9)
Mediana (Q1-Q3)	30 (20.5-49.5)
Missing	1

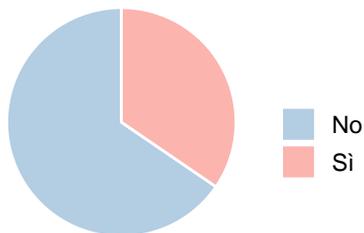
* Statistiche calcolate su 184 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 10).

8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezione	N	%
Polmonite	83	42.8
IVU catetere correlata	43	22.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	42	21.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	31	16.0
Batteriemia primaria sconosciuta	22	11.3
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	12	6.2
Infezione del S.N.C. da device	8	4.1
Pleurite/empiema pleurico	7	3.6
IVU NON catetere correlata	6	3.1
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	3	1.5
Missing	0	NA

8.16 Infezione multisito



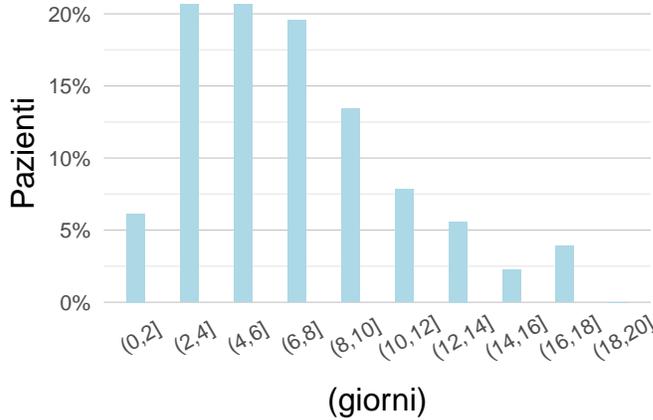
Infezione multisito	N	%
No	127	65.5
Si	67	34.5
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	271
Numero totale di microrganismi isolati	336

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.1
DS	5.5
Mediana	7
Q1-Q3	4-10
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	29.4	20.6 %
CI (95%)	25.4 - 33.9	17.8 - 23.7

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

Il primo:

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

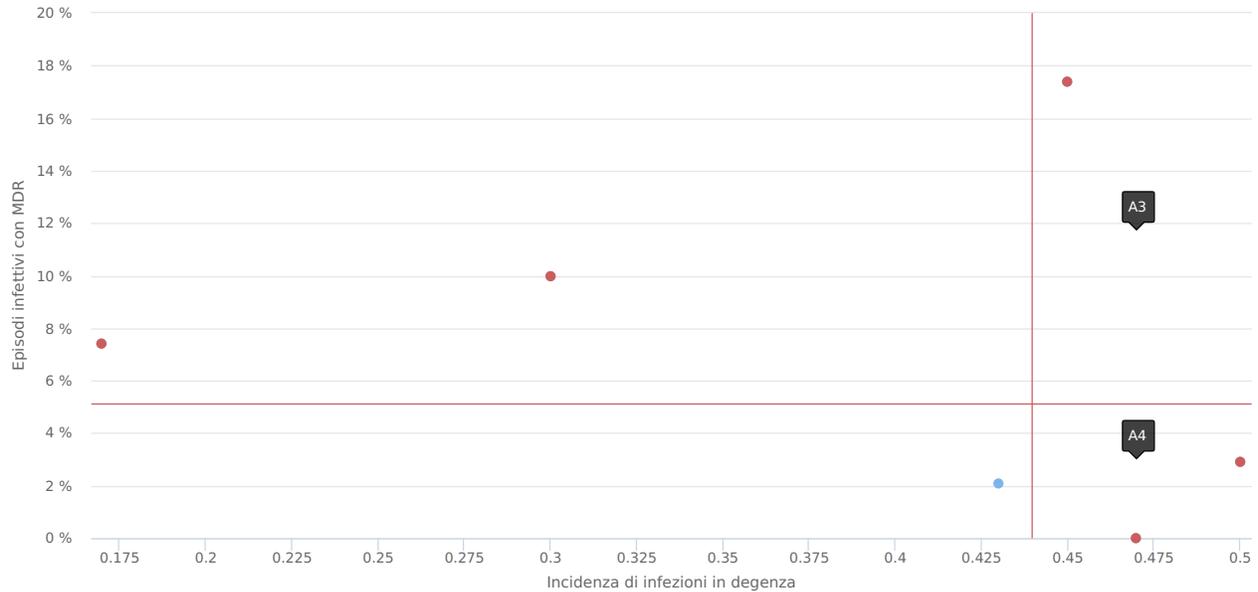
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

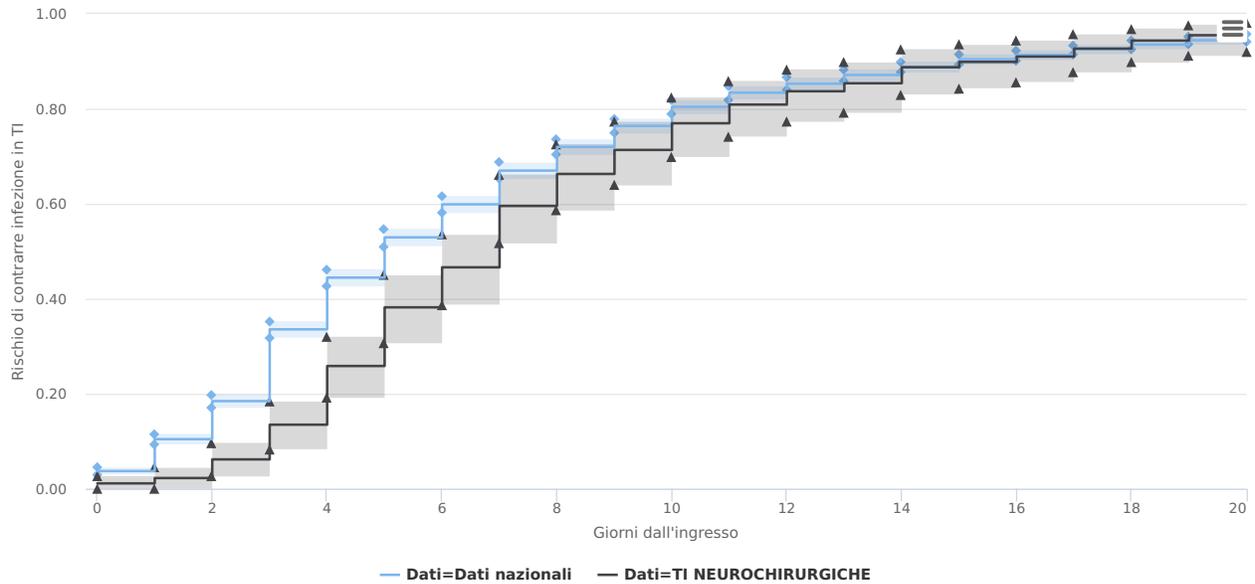
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

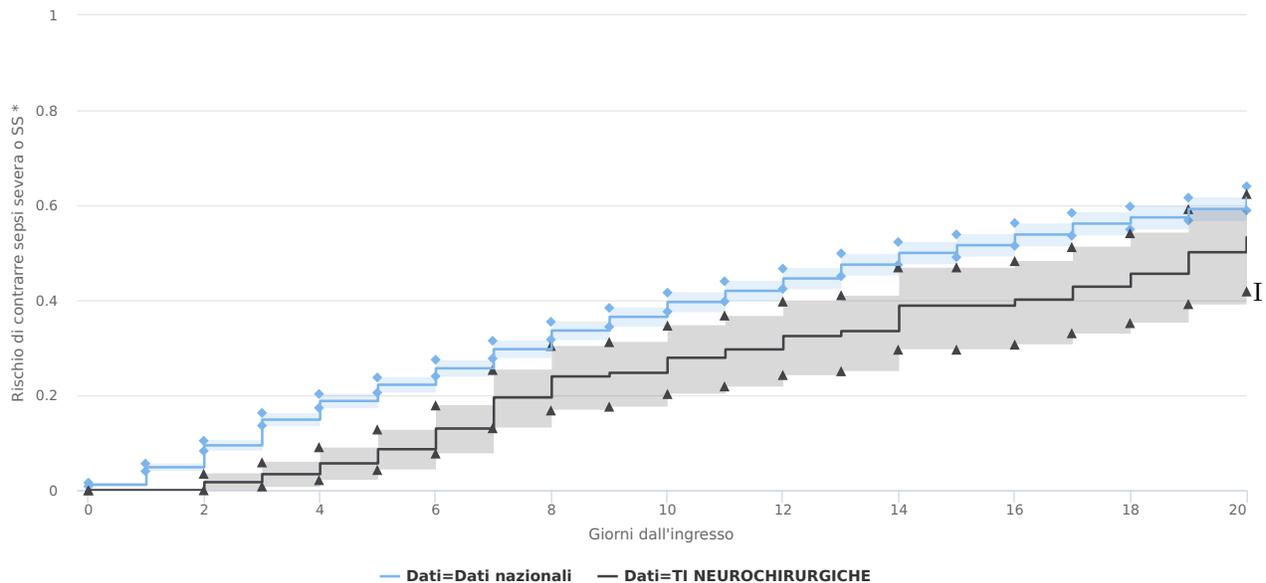


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo* meticillina resistente). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

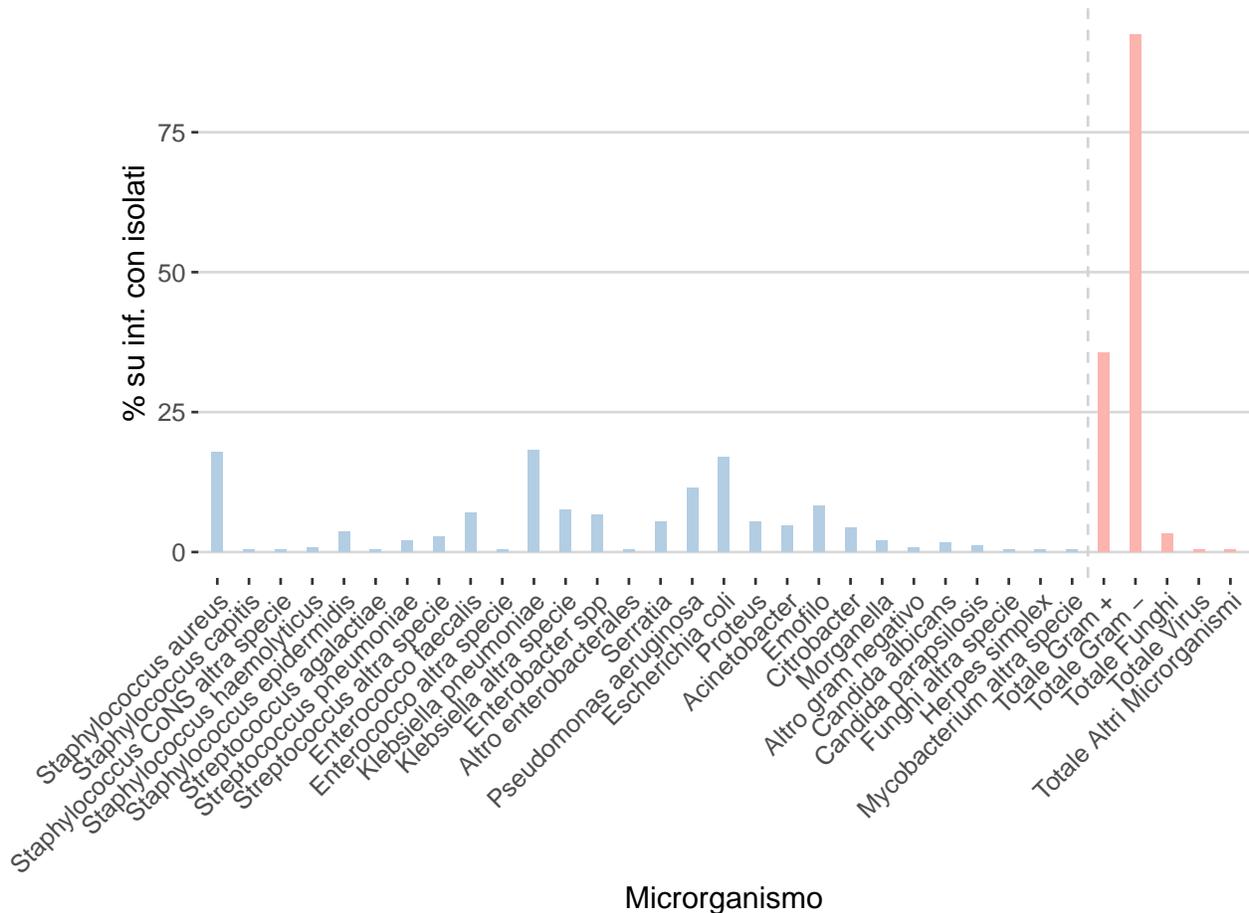
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 71% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 89% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime 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	17	6.3
Sì	253	93.7
Missing	1	
Totale infezioni	271	
Totale microrganismi isolati	336	

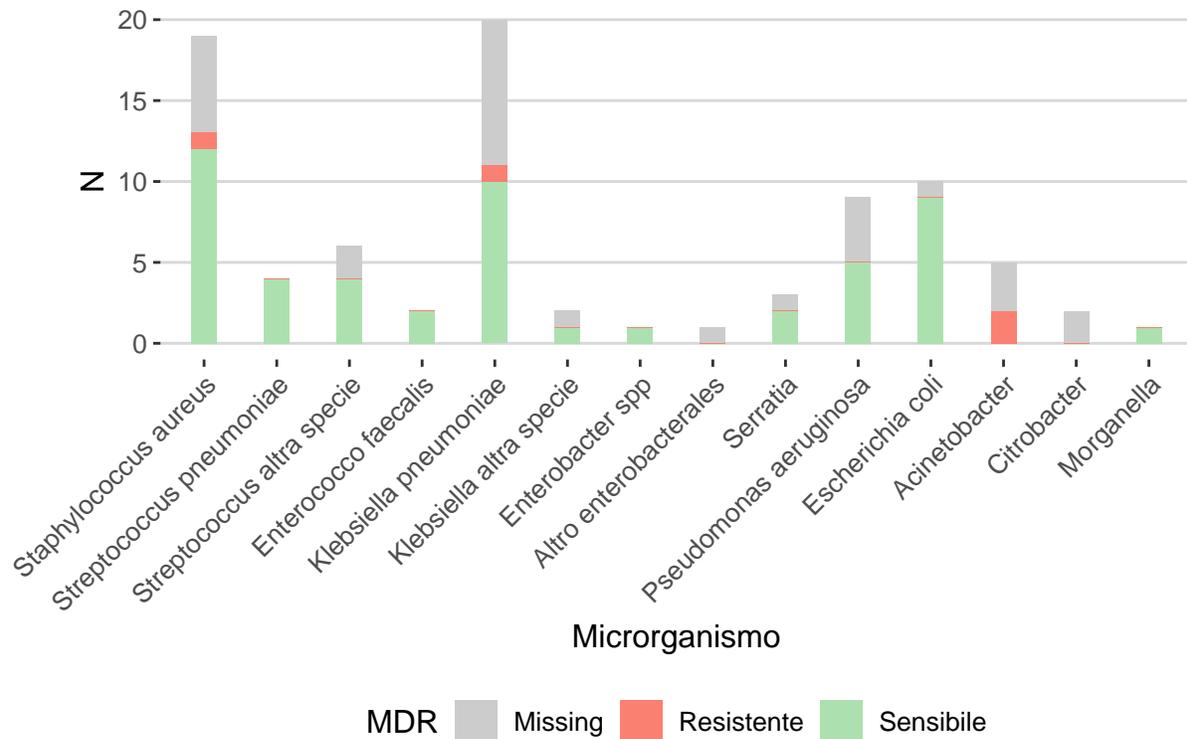
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	45	17.8	35	7	20
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0

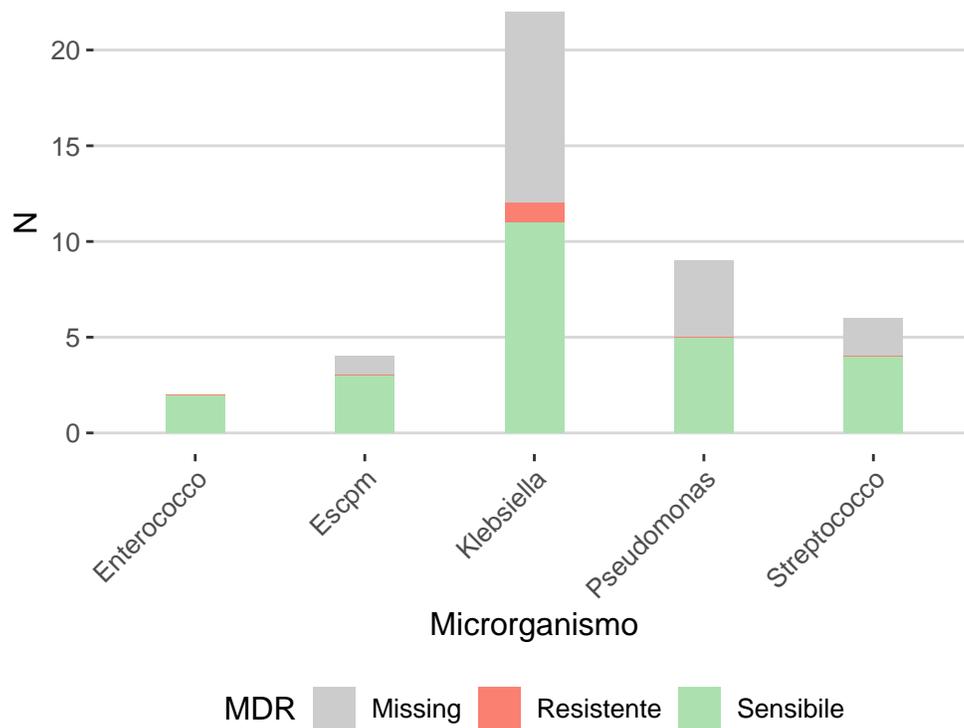
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	2	1	50
Staphylococcus epidermidis	9	3.6	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	2.0	4	0	0
Streptococcus altra specie	7	2.8	7	0	0
Enterococco faecalis	18	7.1	12	0	0
Enterococco altra specie	1	0.4	1	0	0
Totale Gram +	90	35.6	61	8	13.1
Klebsiella pneumoniae	46	18.2	28	2	7.1
Klebsiella altra specie	19	7.5	7	0	0
Enterobacter spp	17	6.7	16	1	6.2
Altro enterobacterales	1	0.4	0	0	0
Serratia	14	5.5	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	11.5	19	1	5.3
Escherichia coli	43	17.0	27	1	3.7
Proteus	14	5.5	10	0	0
Acinetobacter	12	4.7	5	3	60
Emofilo	21	8.3	0	0	0
Citrobacter	11	4.3	6	0	0
Morganella	5	2.0	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.8	0	0	0
Totale Gram -	234	92.5	125	8	6.4
Candida albicans	4	1.6	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.2	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Funghi	8	3.2	0	0	0
Herpes simplex	1	0.4			
Totale Virus	1	0.4	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.4	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus capitis*, *Clostridium difficile*, *Enterococco faecium*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Enterococco altra specie*, *Clamidia*, *Legionella*, *Pseudomonas altra specie*, *Proteus*, *Providencia*, *Candida albicans*, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida specie non determinata*, *Citomegalovirus*, *Herpes simplex*, *Influenza AH3N2*, *Influenza altro A*, *Influenza B*, *Influenza tipo non specificato*, *Altro Virus*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycoplasma*). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	28	Ertapenem	2	7.14
Klebsiella pneumoniae	28	Meropenem	2	7.14
Enterobacter spp	16	Meropenem	1	6.25
Escherichia coli	26	Ertapenem	1	3.85
Escherichia coli	27	Meropenem	1	3.70
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40.00
Acinetobacter	5	Meropenem	3	60.00
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	1	5.26

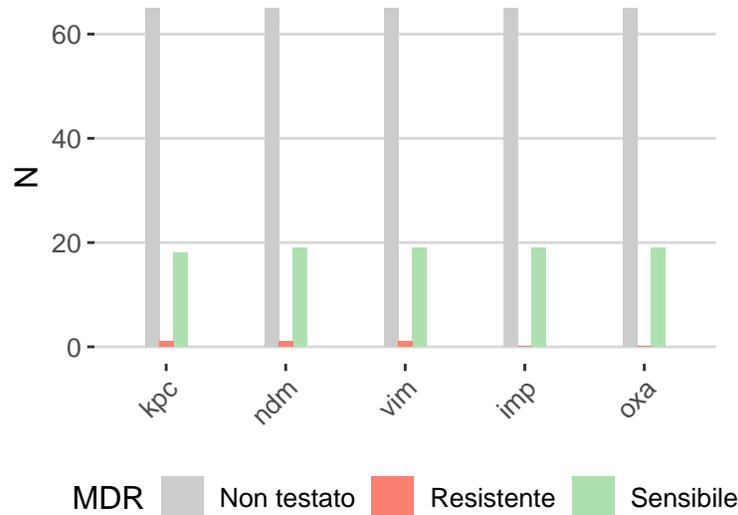
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	35	Meticillina	7	20.00

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

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

	N	%
Sì	3	3.53
No	17	20
Non testato	65	76.47
Missing	88	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	19	65
kpc	1	33.3	18	65
ndm	1	33.3	19	65
oxa	0	0.0	19	65
vim	1	33.3	19	65



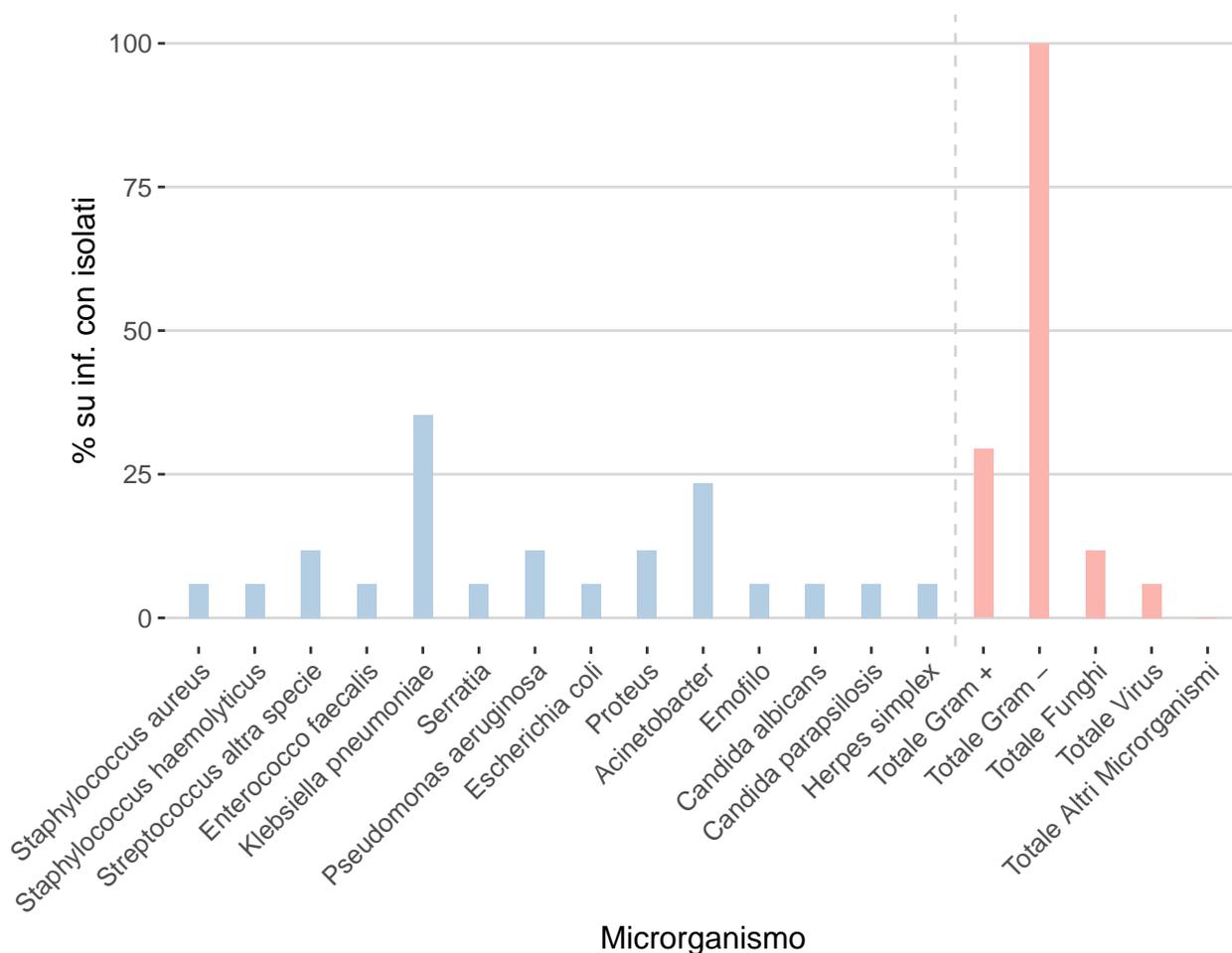
9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 15)

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	2	5.4
Sì	35	94.6
Missing	0	
Totale infezioni	37	
Totale microrganismi isolati	43	

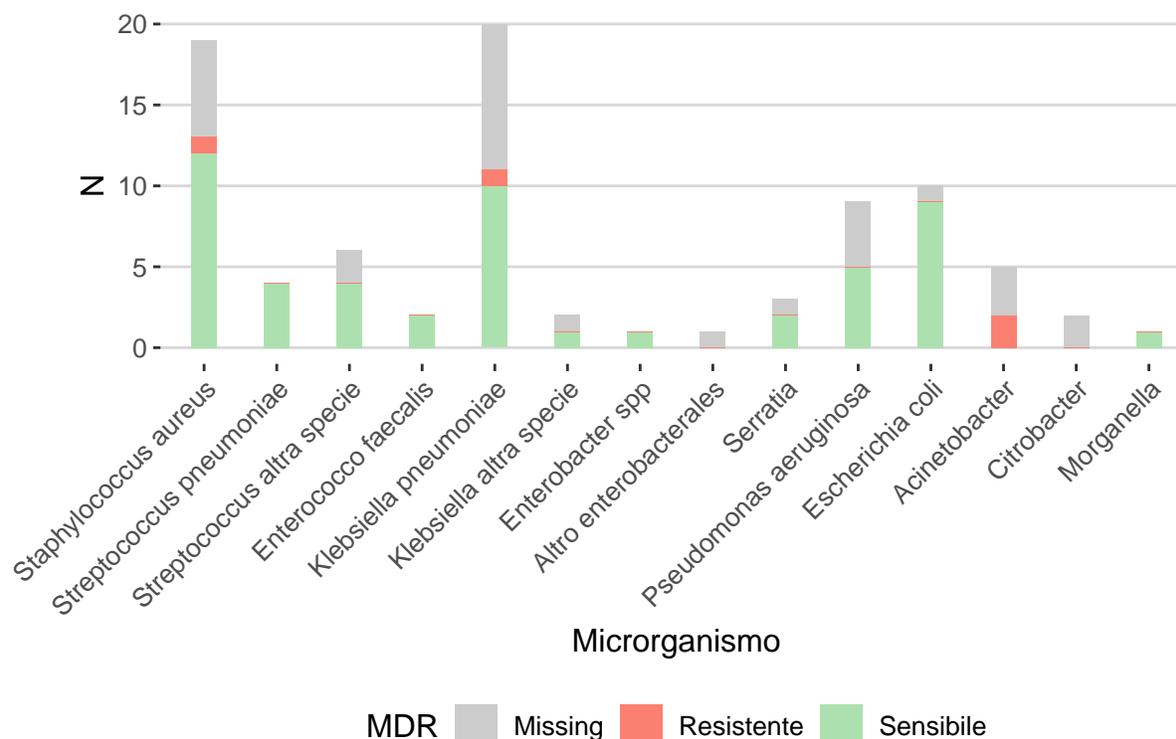
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

Staphylococcus aureus	1	5.9	1	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	5.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	2	11.8	2	0	0
Enterococco faecalis	1	5.9	1	0	0
Totale Gram +	5	29.4	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	6	35.3	5	1	20
Serratia	1	5.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	11.8	2	0	0
Escherichia coli	1	5.9	1	0	0
Proteus	2	11.8	2	0	0
Acinetobacter	4	23.5	3	2	66.7
Emofilo	1	5.9	0	0	0
Totale Gram -	17	100.0	14	3	21.4
Candida albicans	1	5.9	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5.9	0	0	0
Totale Funghi	2	11.8	0	0	0
Herpes simplex	1	5.9			
Totale Virus	1	5.9	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

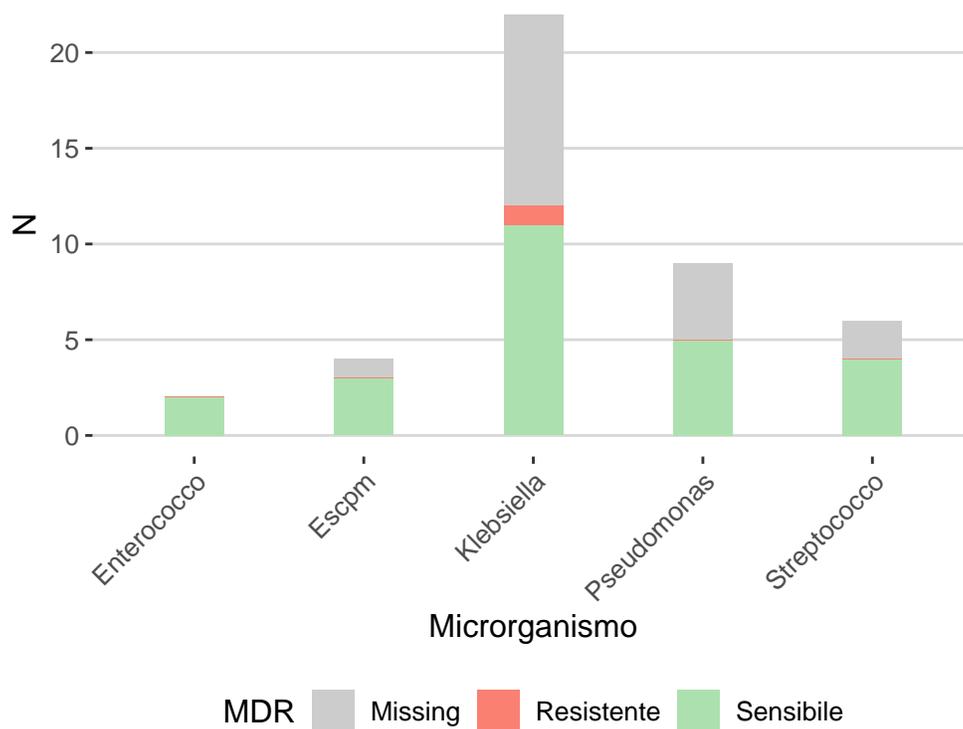
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris,

Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	8	Ertapenem	2	25
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	2	25

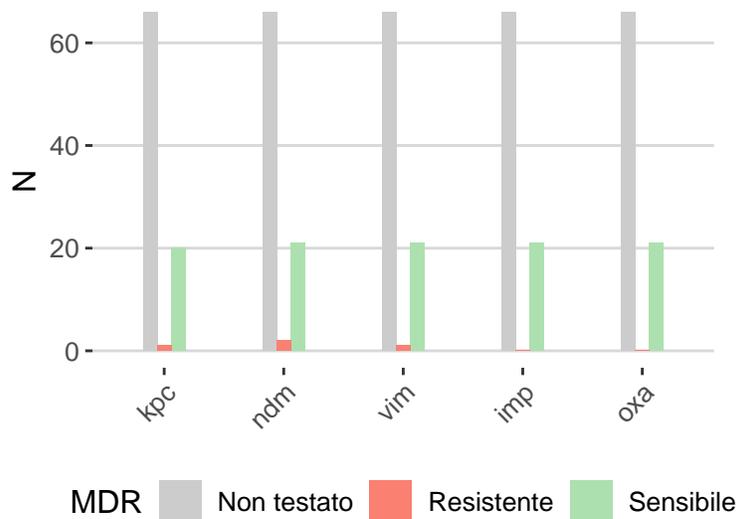
Acinetobacter	5	Imipenem	2	40
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80

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.

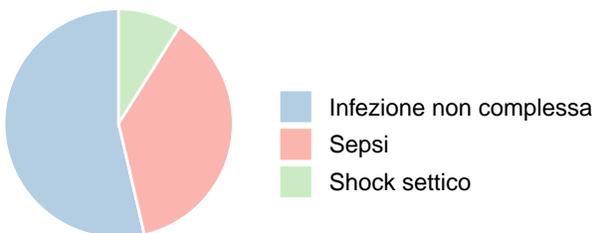
	N	%
Sì	4	4.49
No	19	21.35
Non testato	66	74.16
Missing	93	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	21	66
kpc	1	25	20	66
ndm	2	50	21	66
oxa	0	0	21	66
vim	1	25	21	66



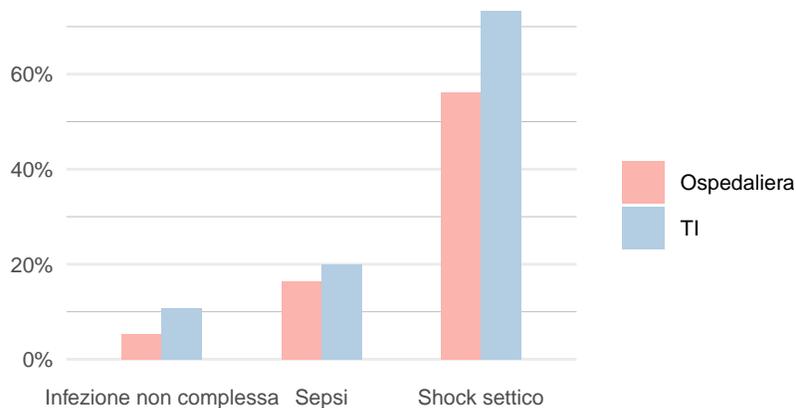
10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 179)

10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	96	53.6
Sepsi	67	37.4
Shock settico	16	8.9
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	5.3	10.8
Sepsi	16.4	20.0
Shock settico	56.2	73.3

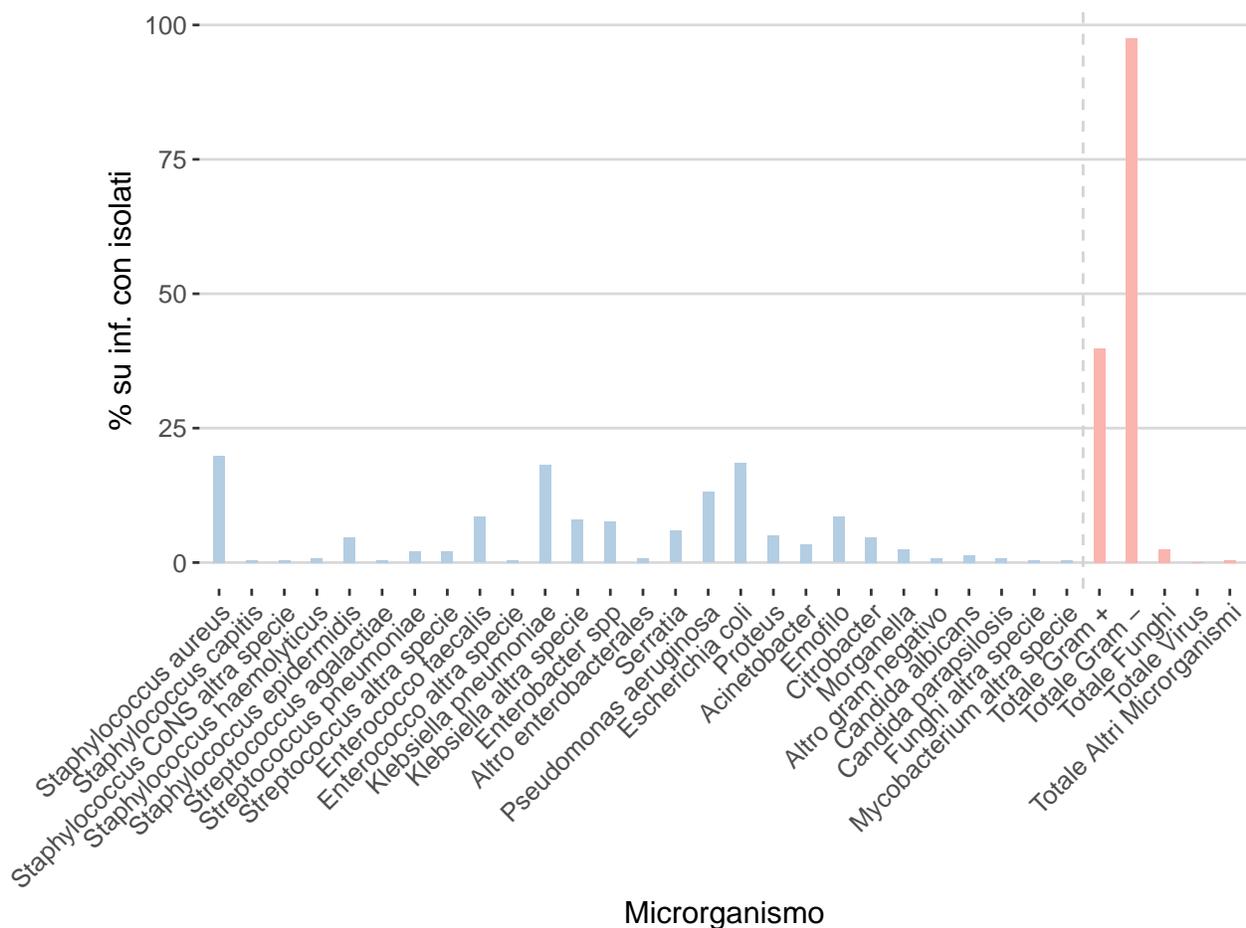
10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	16	6.0
Sì	252	94.0
Missing	1	
Totale infezioni	269	
Totale microrganismi isolati	333	

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

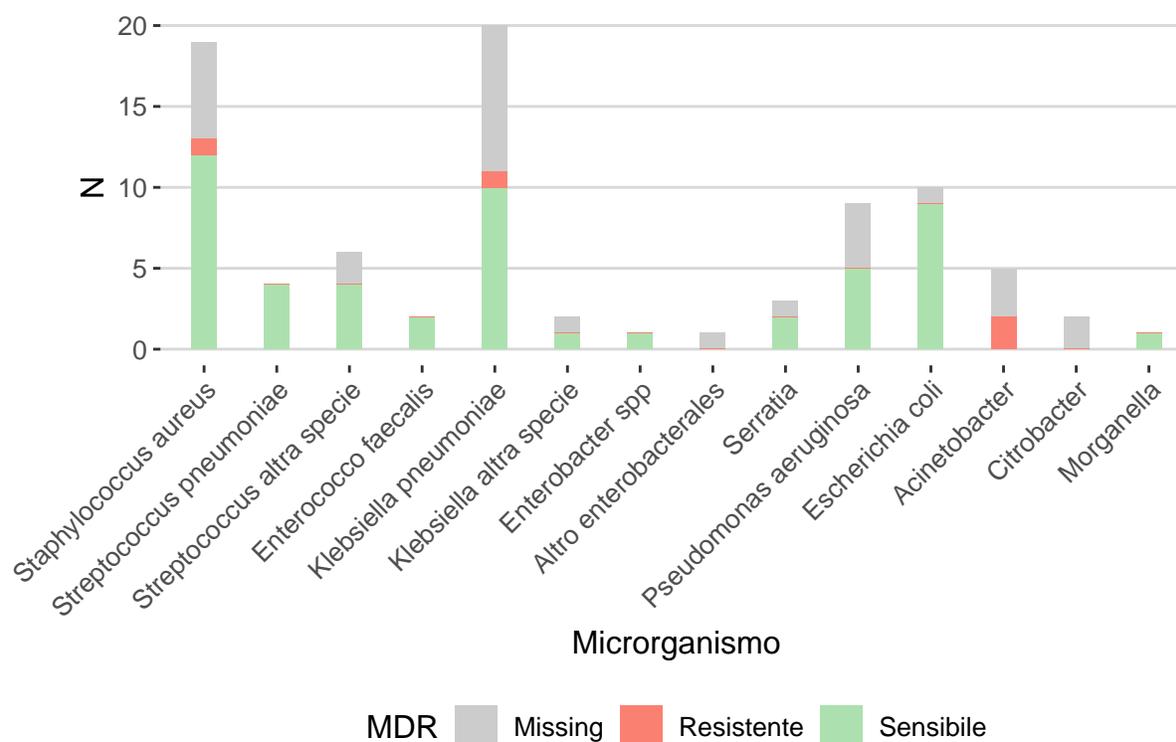
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	47	19.9	37	7	18.9
Staphylococcus capitis	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.8	2	1	50
Staphylococcus epidermidis	11	4.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	2.1	4	0	0
Streptococcus altra specie	5	2.1	5	0	0
Enterococcus faecalis	20	8.5	12	0	0
Enterococcus altra specie	1	0.4	1	0	0
Totale Gram +	94	39.8	61	8	13.1
Klebsiella pneumoniae	43	18.2	25	1	4
Klebsiella altra specie	19	8.1	7	0	0
Enterobacter spp	18	7.6	17	1	5.9
Altro enterobacterales	2	0.8	0	0	0
Serratia	14	5.9	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	31	13.1	19	1	5.3
Escherichia coli	44	18.6	26	1	3.8

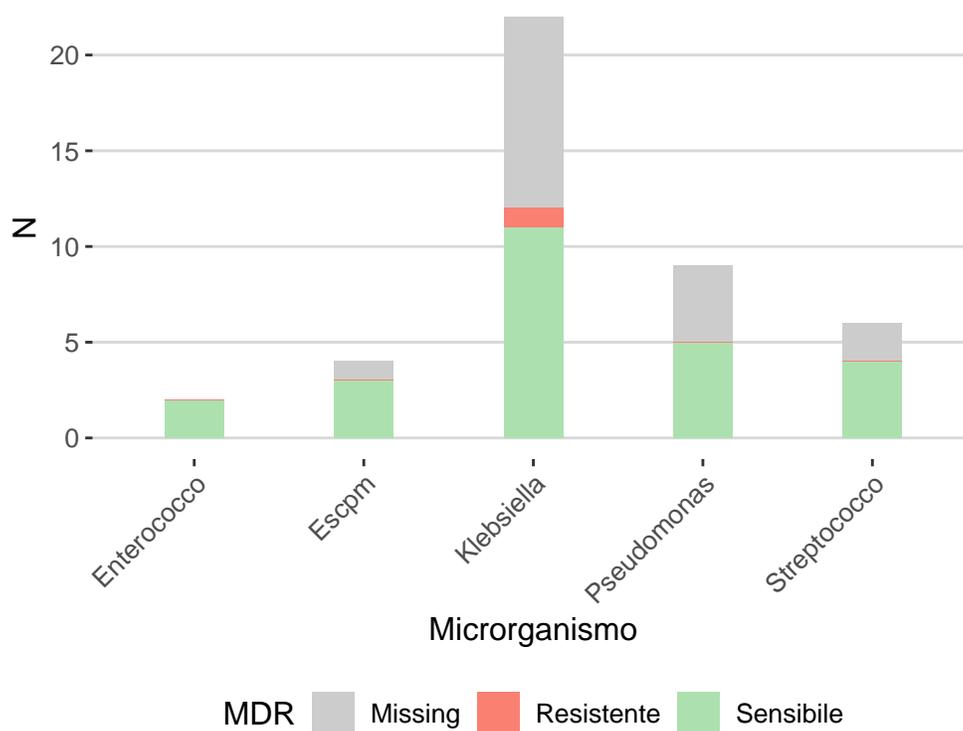
Proteus	12	5.1	8	0	0
Acinetobacter	8	3.4	2	1	50
Emofilo	20	8.5	0	0	0
Citrobacter	11	4.7	6	0	0
Morganella	6	2.5	1	0	0
Altro gram negativo	2	0.8	0	0	0
Totale Gram -	230	97.5	116	5	4.3
Candida albicans	3	1.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Funghi	6	2.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.4	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.4	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococcus faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococcus altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	25	Ertapenem	1	4.00
Klebsiella pneumoniae	25	Meropenem	1	4.00
Enterobacter spp	17	Meropenem	1	5.88
Escherichia coli	25	Ertapenem	1	4.00
Escherichia coli	26	Meropenem	1	3.85
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	1	5.26

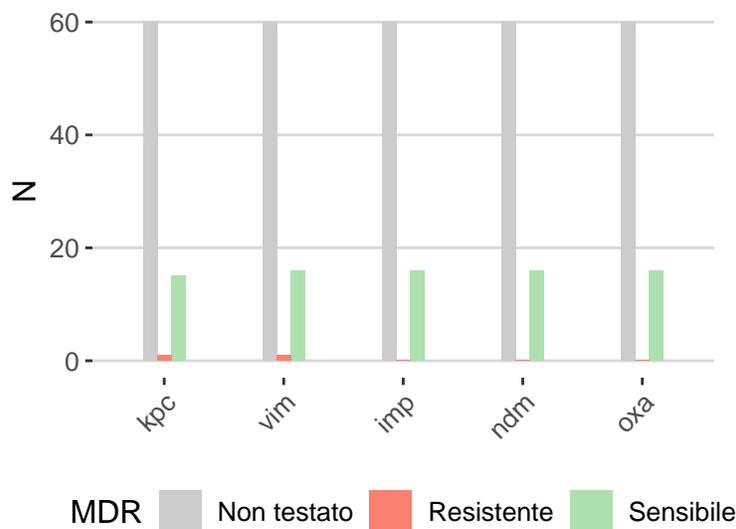
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	1	50.00
Staphylococcus aureus	37	Meticillina	7	18.92

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

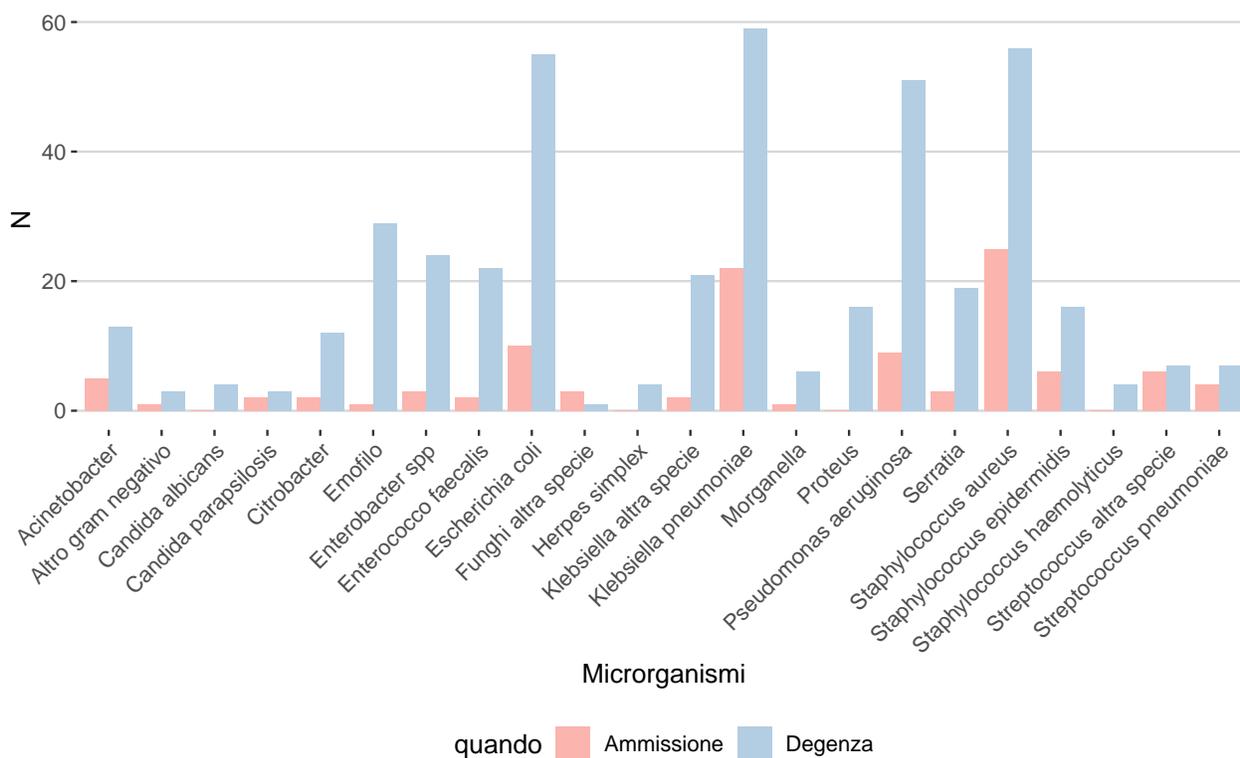
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	2	2.6
No	15	19.48
Non testato	60	77.92
Missing	87	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	16	60
kpc	1	50	15	60
ndm	0	0	16	60
oxa	0	0	16	60
vim	1	50	16	60



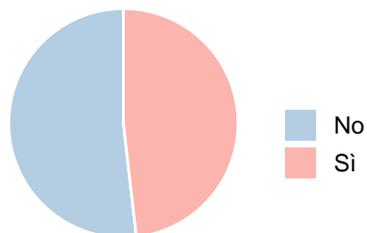
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	18	5	27.8	13	72.2
Pseudomonas aeruginosa	60	9	15	51	85
Candida albicans	4	0	0	4	100
Citrobacter	14	2	14.3	12	85.7
Enterobacter spp	27	3	11.1	24	88.9
Staphylococcus epidermidis	22	6	27.3	16	72.7
Escherichia coli	65	10	15.4	55	84.6
Enterococco faecalis	24	2	8.3	22	91.7
Staphylococcus haemolyticus	4	0	0	4	100
Emofilo	30	1	3.3	29	96.7
Herpes simplex	4	0	0	4	100
Morganella	7	1	14.3	6	85.7
Altro gram negativo	4	1	25	3	75
Klebsiella altra specie	23	2	8.7	21	91.3
Funghi altra specie	4	3	75	1	25
Streptococcus altra specie	13	6	46.2	7	53.8
Candida parapsilosis	5	2	40	3	60
Klebsiella pneumoniae	81	22	27.2	59	72.8
Streptococcus pneumoniae	11	4	36.4	7	63.6
Proteus	16	0	0	16	100
Serratia	22	3	13.6	19	86.4
Staphylococcus aureus	81	25	30.9	56	69.1

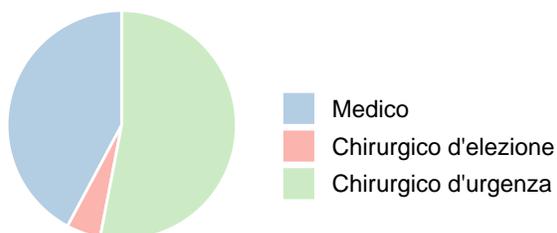
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 83)

11.1 Trauma



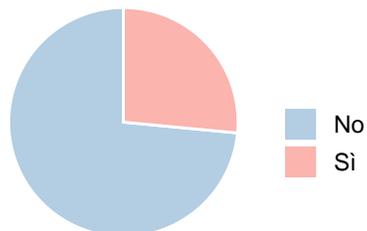
Trauma	N	%
No	43	51.8
Si	40	48.2
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



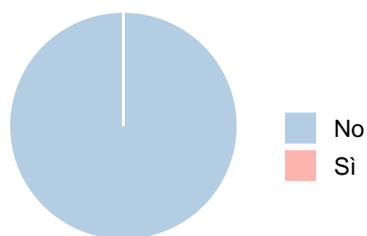
Stato chirurgico	N	%
Medico	35	42.2
Chirurgico d'elezione	4	4.8
Chirurgico d'urgenza	44	53.0
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriemica



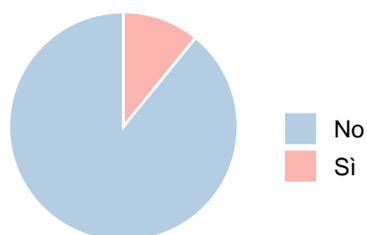
Batteriemica	N	%
No	61	73.5
Si	22	26.5
Missing	0	0

11.4 Infezioni multisito



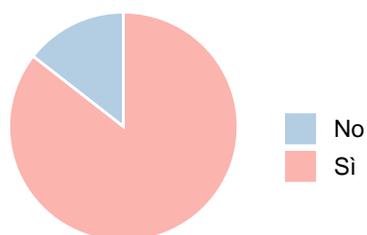
Infezione multisito	N	%
No	83	100.0
Si	0	0.0
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	74	89.2
Si	9	10.8
Missing	0	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

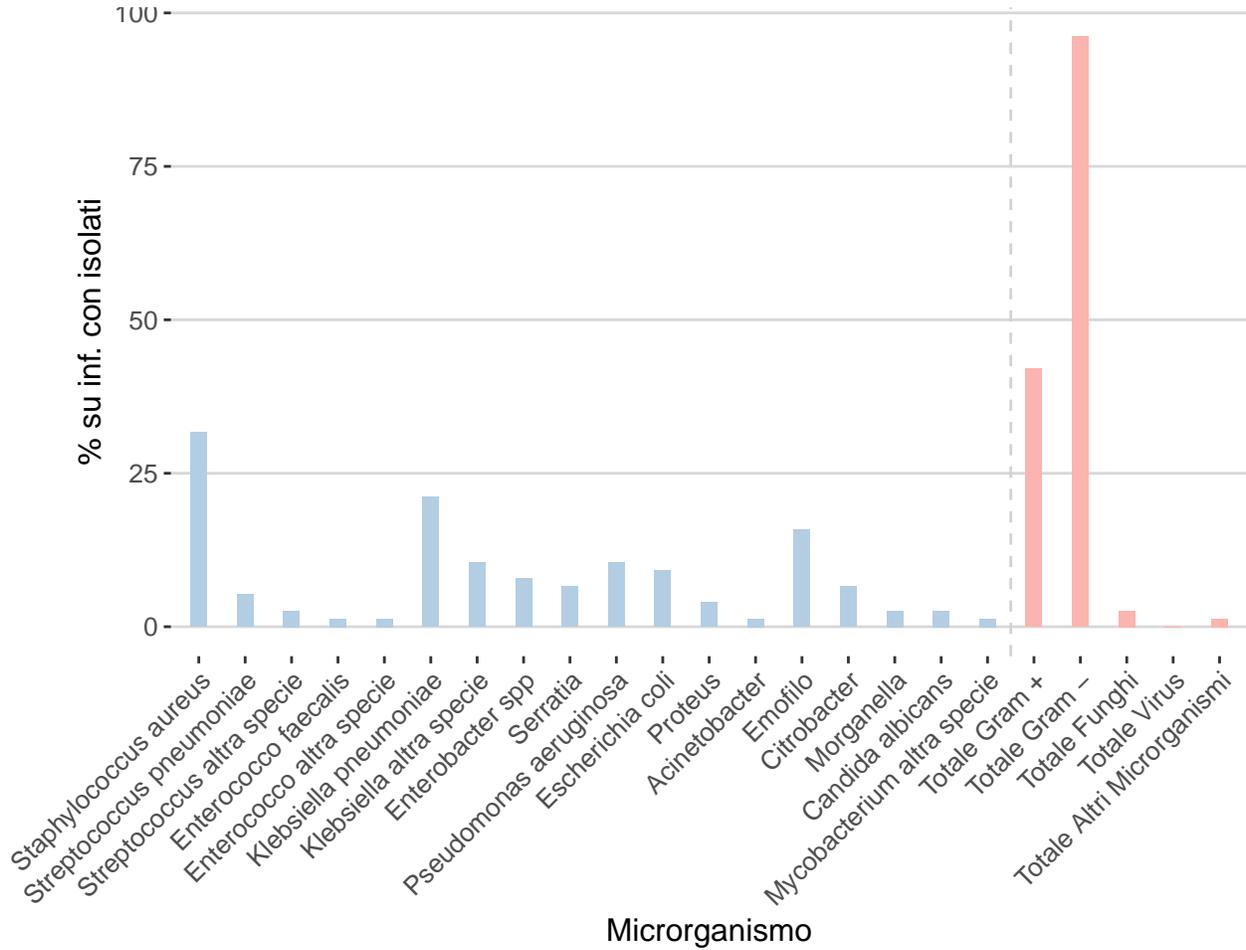


Polmonite associata a VAP	N	%
No	12	14.5
Si	71	85.5
Missing	0	0

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

11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

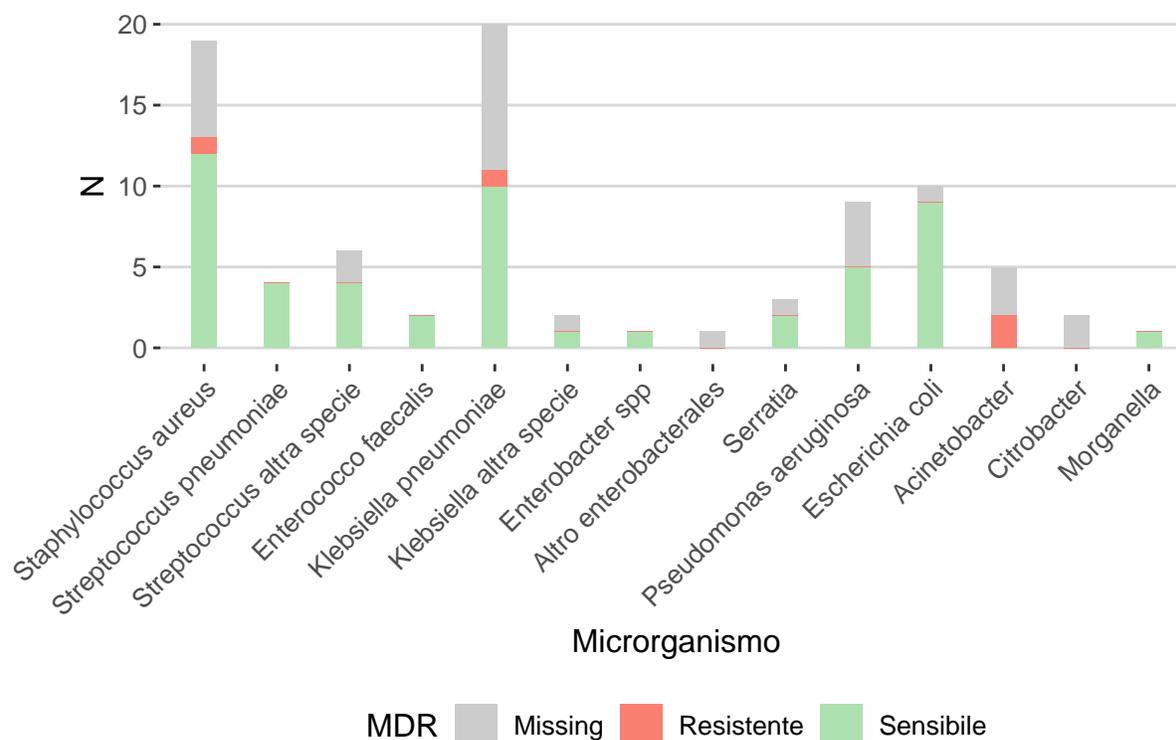
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	24	31.6	19	1	5.3
Streptococcus pneumoniae	4	5.3	4	0	0
Streptococcus altra specie	2	2.6	2	0	0
Enterococco faecalis	1	1.3	0	0	0
Enterococco altra specie	1	1.3	1	0	0
Totale Gram +	32	42.1	26	1	3.8
Klebsiella pneumoniae	16	21.1	10	0	0
Klebsiella altra specie	8	10.5	2	0	0
Enterobacter spp	6	7.9	5	0	0
Serratia	5	6.6	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	10.5	6	0	0
Escherichia coli	7	9.2	4	0	0

Proteus	3	3.9	2	0	0
Acinetobacter	1	1.3	0	0	0
Emofilo	12	15.8	0	0	0
Citrobacter	5	6.6	3	0	0
Morganella	2	2.6	0	0	0
Totale Gram -	73	96.1	34	0	0
Candida albicans	2	2.6	0	0	0
Totale Funghi	2	2.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	1.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	1.3	0	0	0

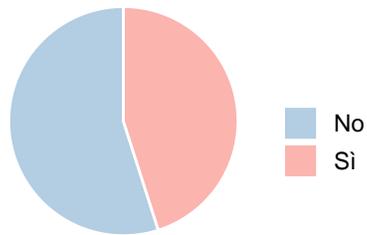
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

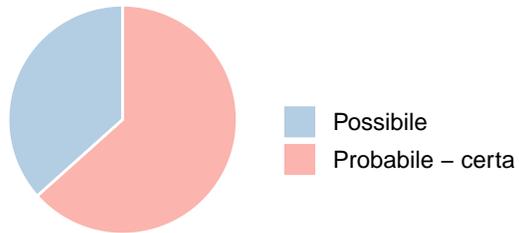
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 71)

12.1 VAP precoce



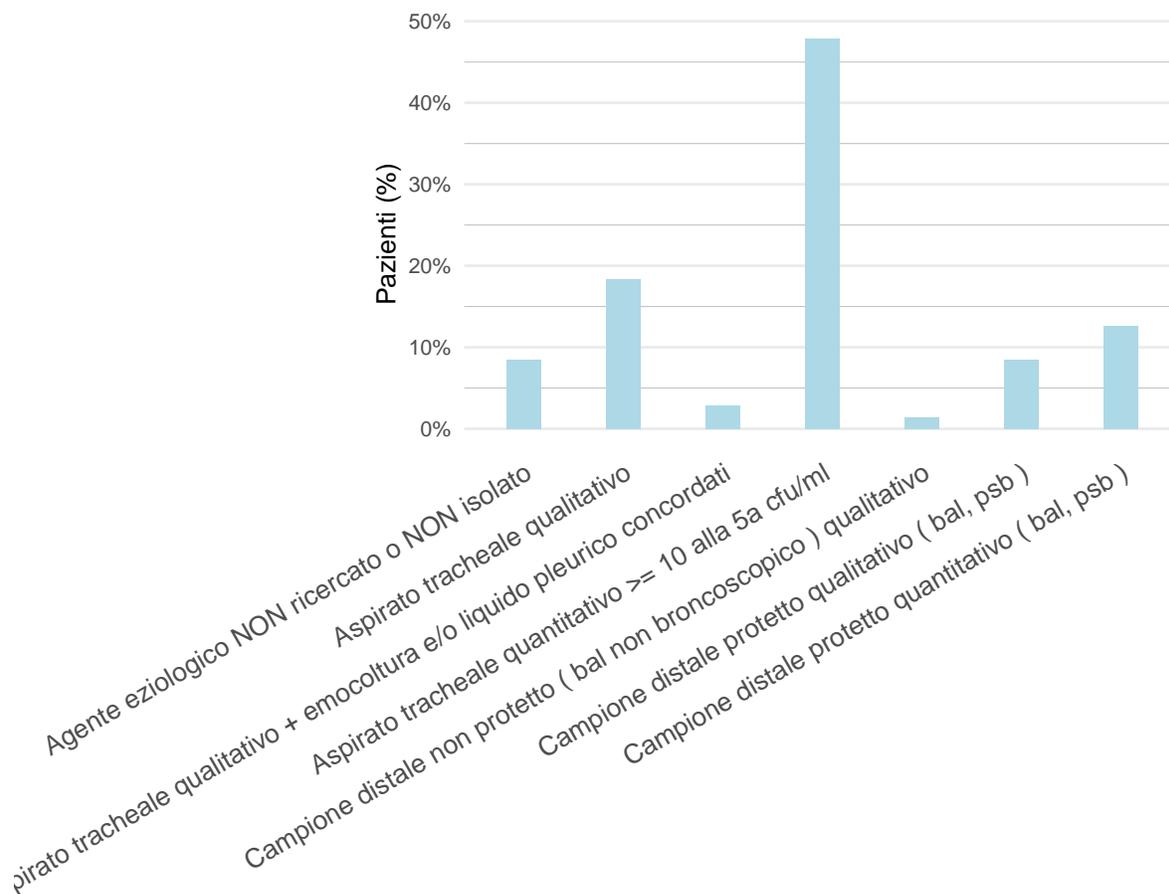
VAP precoce	N	%
No	39	54.9
Sì	32	45.1
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	26	36.6
Probabile - certa	45	63.4
Missing	29	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

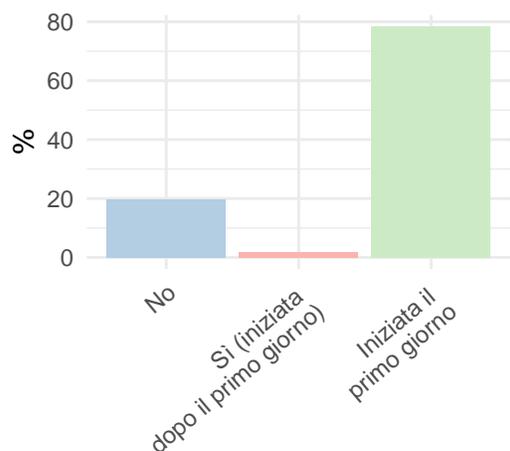


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	1.4
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	6	8.5
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	9	12.7
Aspirato tracheale quantitativo ≥ 10 alla 5a cfu/ml	34	47.9
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	2	2.8
Aspirato tracheale qualitativo	13	18.3
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	6	8.5
Missing	29	0

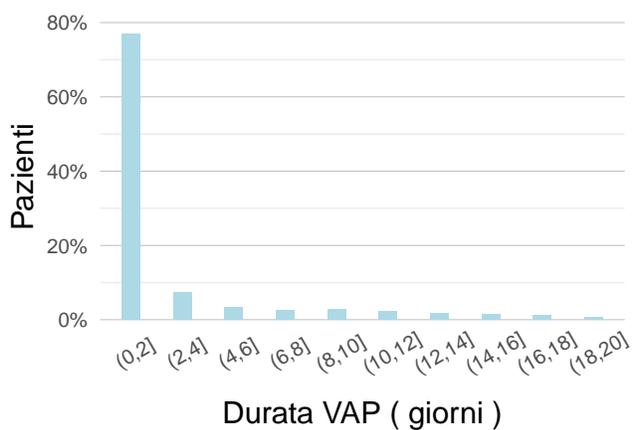
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 1661)

12.4.1 Ventilazione invasiva



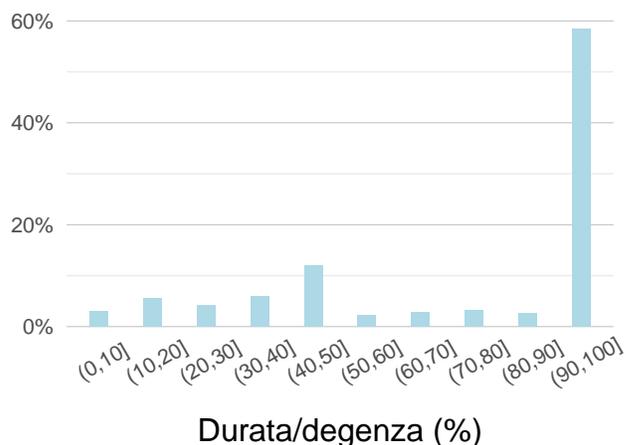
Ventilazione invasiva	N	%
No	325	19.8
Sì	1320	80.2
Iniziata il primo giorno	1303	78.4
Missing	16	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



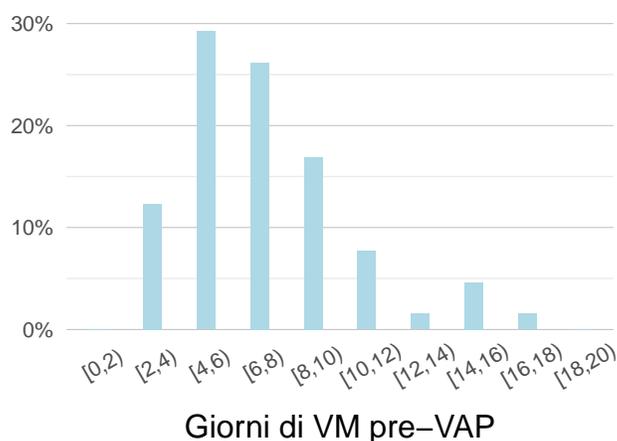
Indicatore	Valore
Media (DS)	4.2 (7.2)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	1

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	76.3 (31.3)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	2

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	71
Media (DS)	8.3 (5.8)
Mediana (Q1-Q3)	7 (5-9)
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	17.6	12.3 %
CI (95%)	13.8 - 22.2	9.6 - 15.6

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.

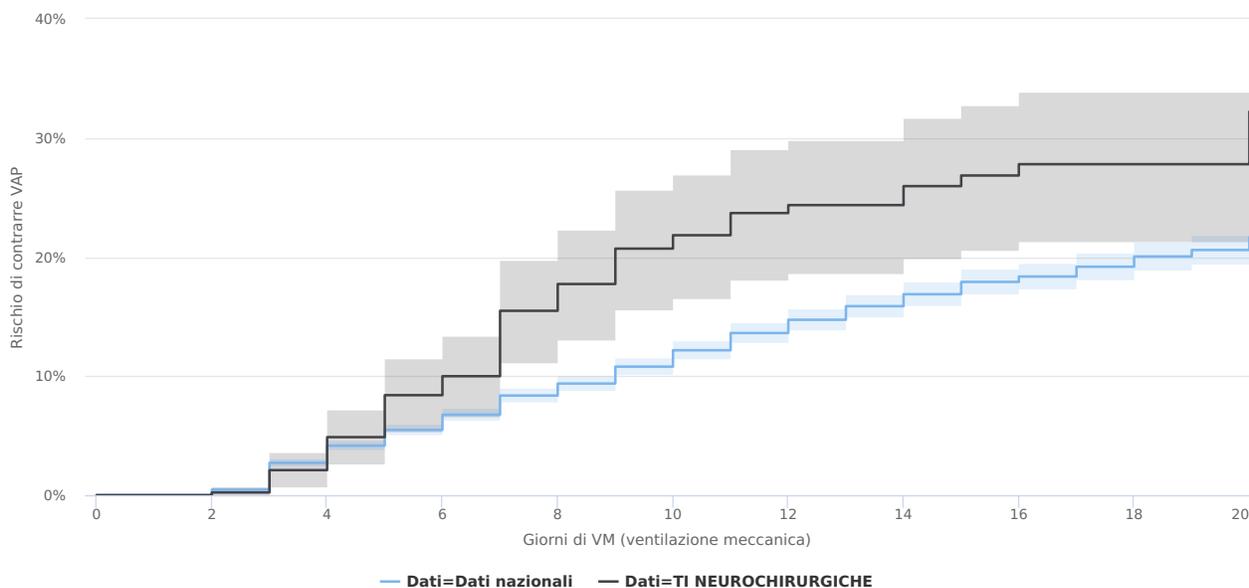
Il secondo invece:

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

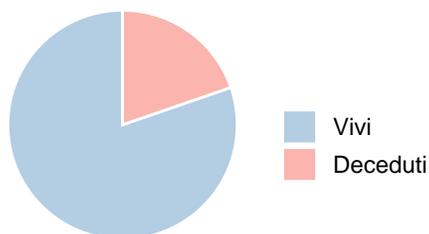
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

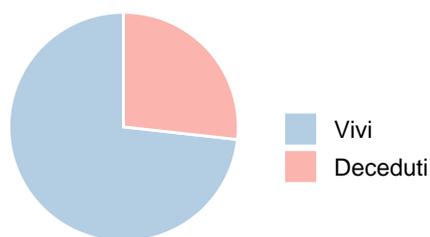


12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	57	80.3
Deceduti	14	19.7
Missing	0	0

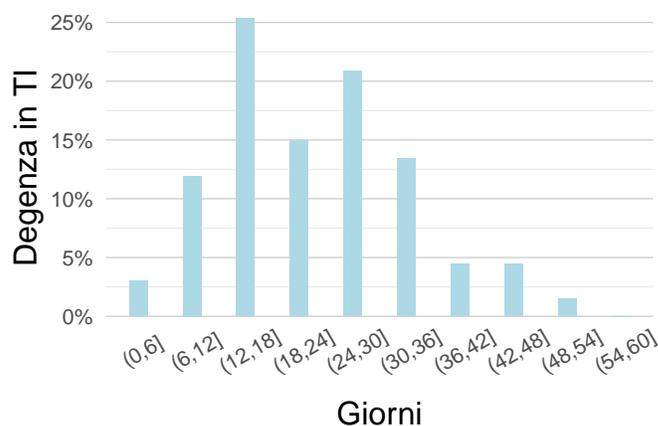
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	52	73.2
Deceduti	19	26.8
Missing	0	0

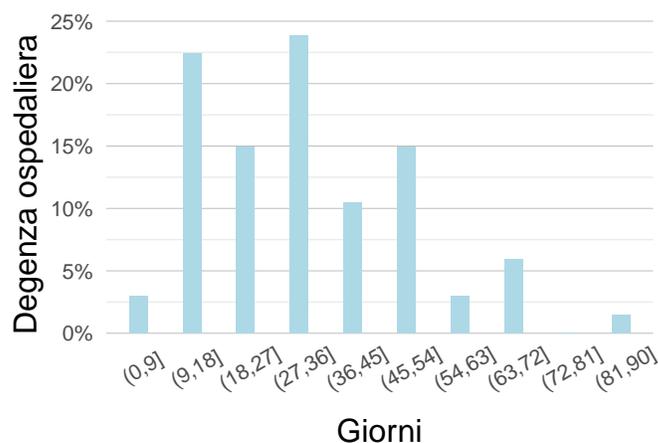
* Statistiche calcolate su 71 escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.5 (14.3)
Mediana (Q1-Q3)	22 (15-31)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.3 (23.8)
Mediana (Q1-Q3)	32 (20-48)
Missing	0

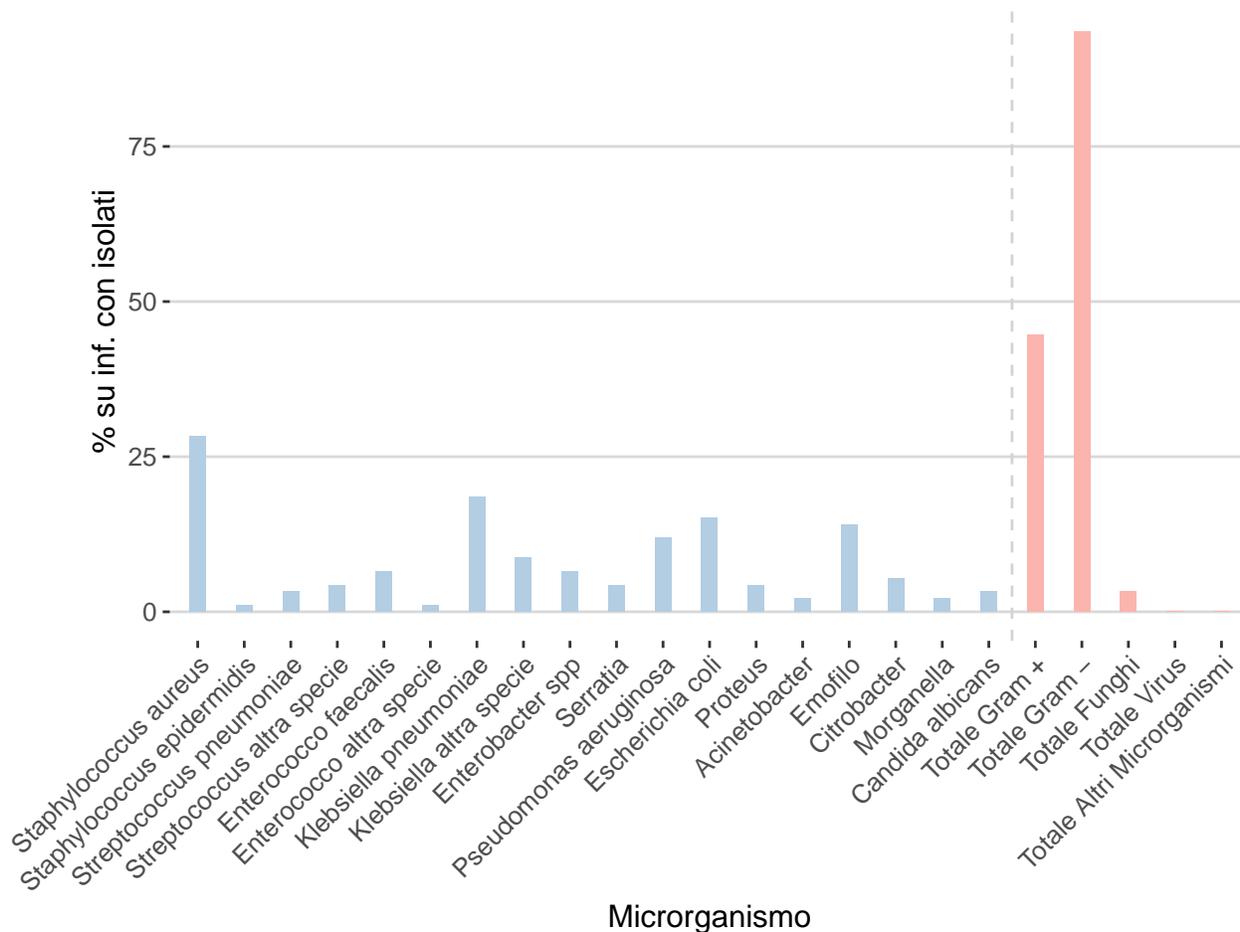
* Statistiche calcolate su 71 escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

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	8	8.0
Sì	92	92.0
Missing	0	
Totale infezioni	100	
Totale microrganismi isolati	131	

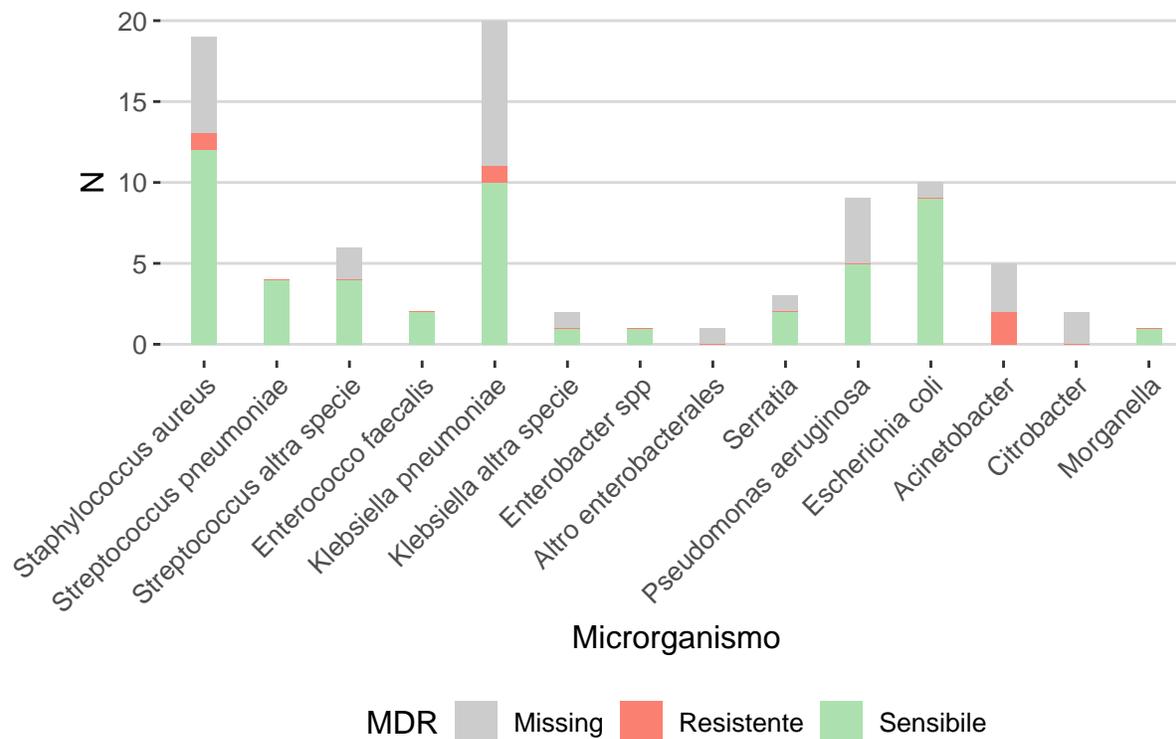
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	26	28.3	20	4	20
Staphylococcus epidermidis	1	1.1	0	0	0

Streptococcus pneumoniae	3	3.3	3	0	0
Streptococcus altra specie	4	4.3	4	0	0
Enterococco faecalis	6	6.5	4	0	0
Enterococco altra specie	1	1.1	1	0	0
Totale Gram +	41	44.6	32	4	12.5
Klebsiella pneumoniae	17	18.5	12	1	8.3
Klebsiella altra specie	8	8.7	2	0	0
Enterobacter spp	6	6.5	5	0	0
Serratia	4	4.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	12.0	9	1	11.1
Escherichia coli	14	15.2	9	1	11.1
Proteus	4	4.3	3	0	0
Acinetobacter	2	2.2	0	0	0
Emofilo	13	14.1	0	0	0
Citrobacter	5	5.4	4	0	0
Morganella	2	2.2	0	0	0
Totale Gram -	86	93.5	45	3	6.7
Candida albicans	3	3.3	0	0	0
Totale Funghi	3	3.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

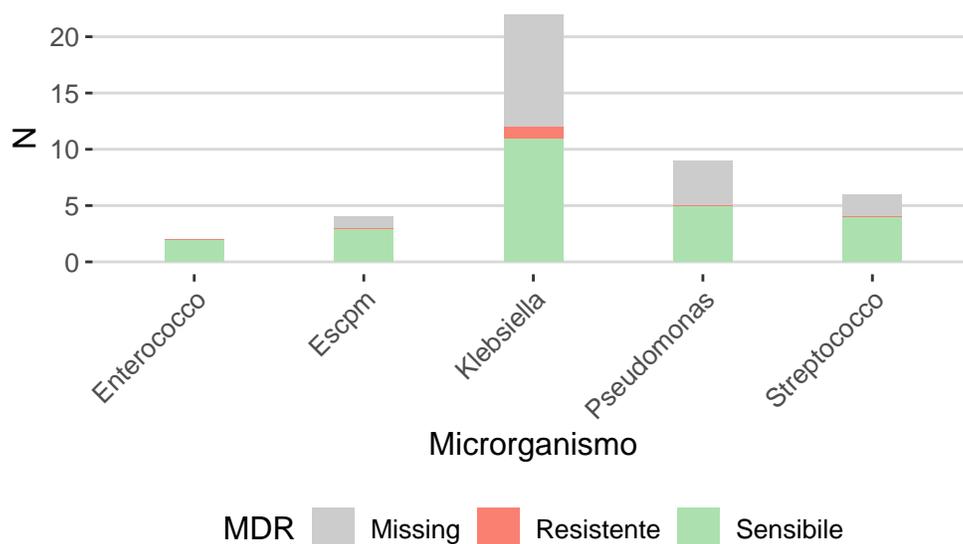
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus,

Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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

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

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

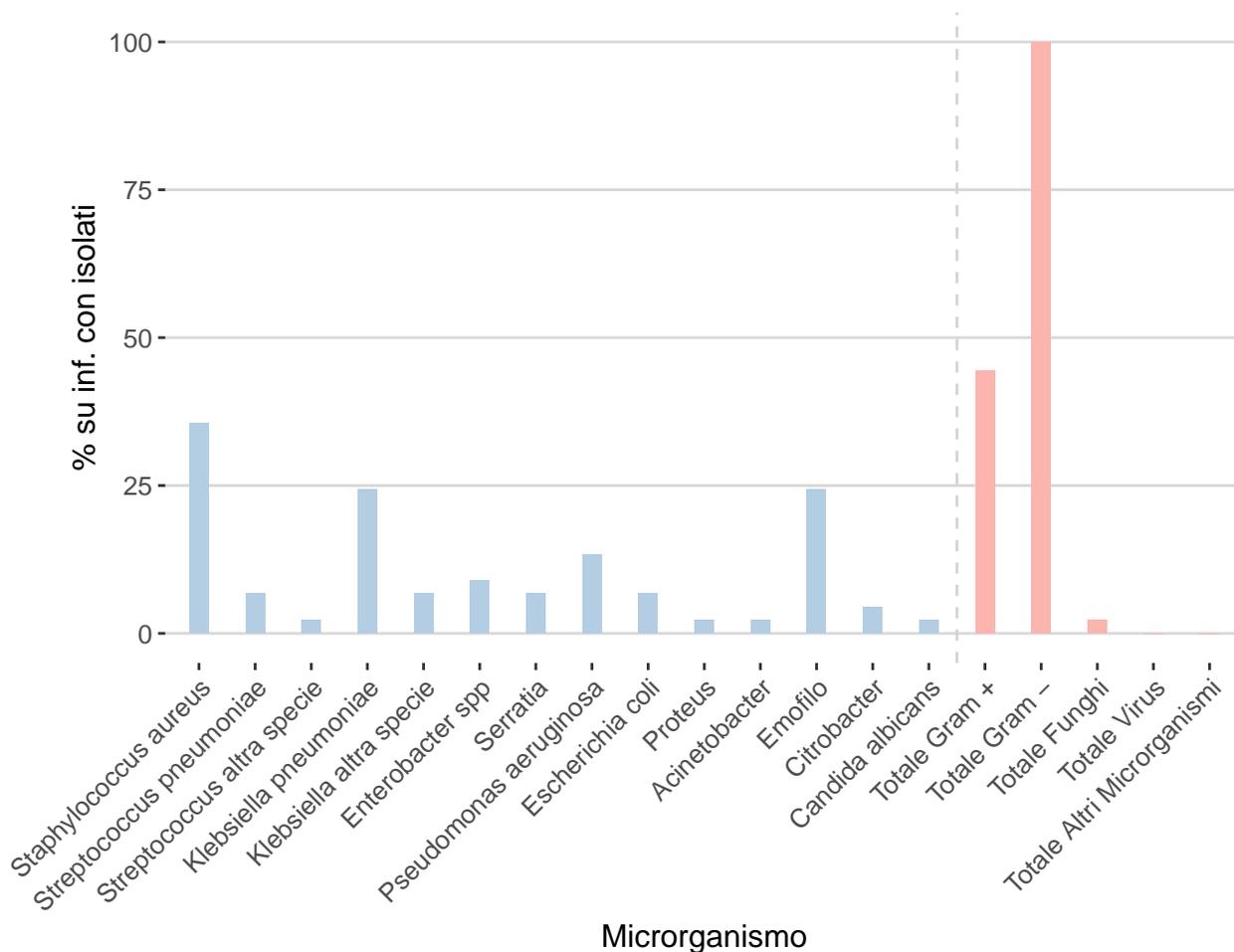
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	1	8.33
Klebsiella pneumoniae	12	Meropenem	1	8.33
Escherichia coli	8	Ertapenem	1	12.50
Escherichia coli	9	Meropenem	1	11.11
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	1	11.11
Staphylococcus aureus	20	Meticillina	4	20.00

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	45	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	45	
Totale microrganismi isolati	67	

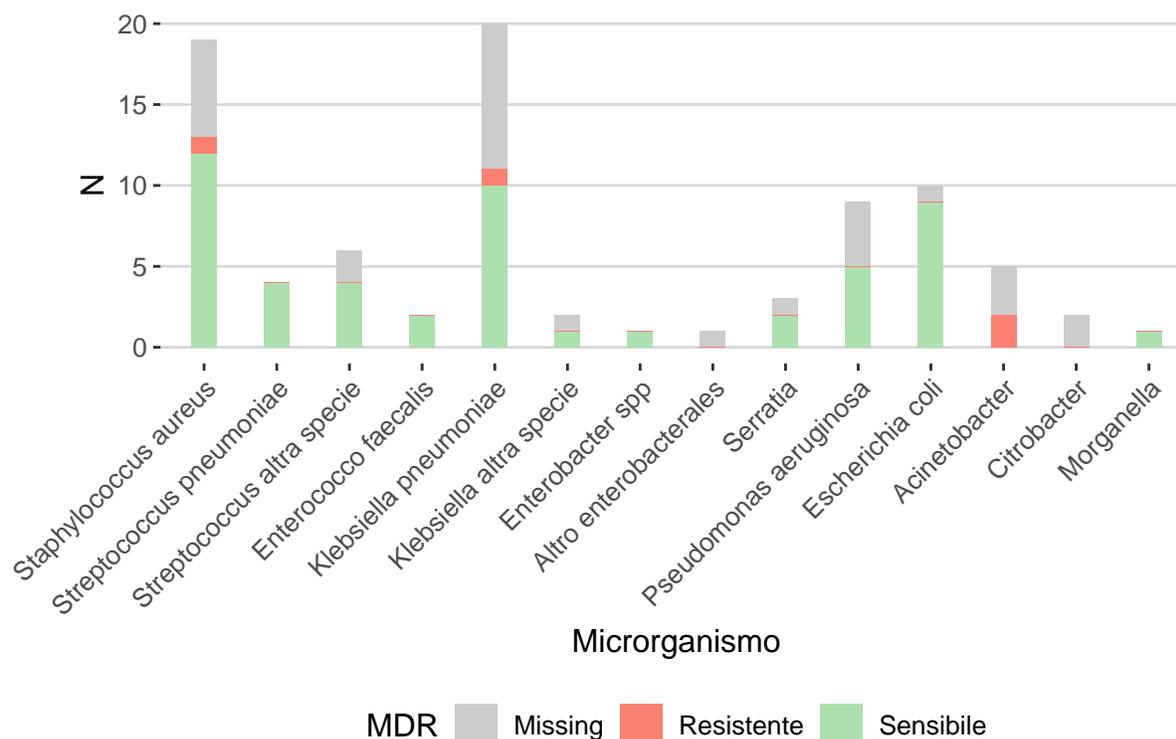
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	16	35.6	16	1	6.2
Streptococcus pneumoniae	3	6.7	3	0	0

Streptococcus altra specie	1	2.2	1	0	0
Totale Gram +	20	44.4	20	1	5
Klebsiella pneumoniae	11	24.4	9	0	0
Klebsiella altra specie	3	6.7	1	0	0
Enterobacter spp	4	8.9	4	0	0
Serratia	3	6.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	13.3	5	0	0
Escherichia coli	3	6.7	3	0	0
Proteus	1	2.2	1	0	0
Acinetobacter	1	2.2	0	0	0
Emofilo	11	24.4	0	0	0
Citrobacter	2	4.4	2	0	0
Totale Gram -	45	100.0	26	0	0
Candida albicans	1	2.2	0	0	0
Totale Funghi	1	2.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

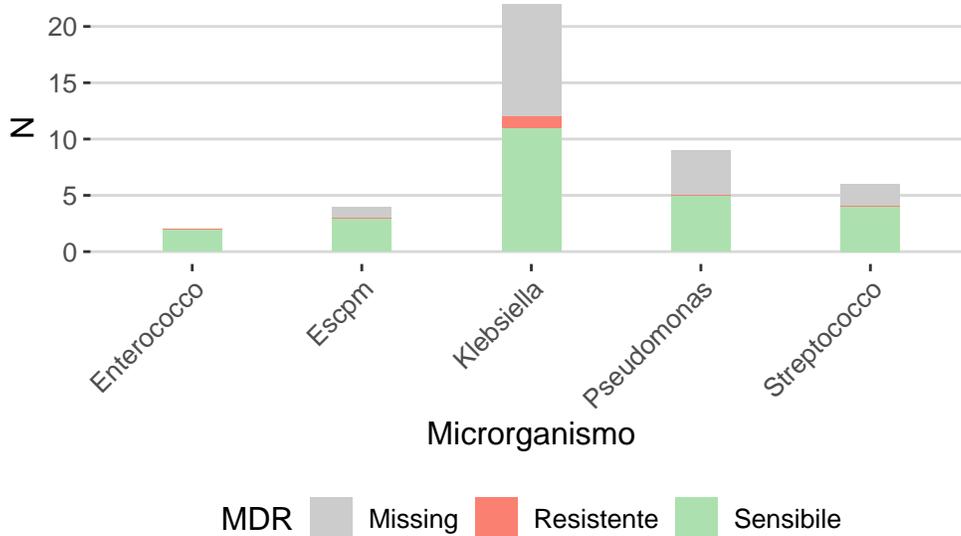
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non

specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	%
Staphylococcus aureus	16	Meticillina	1	6.25

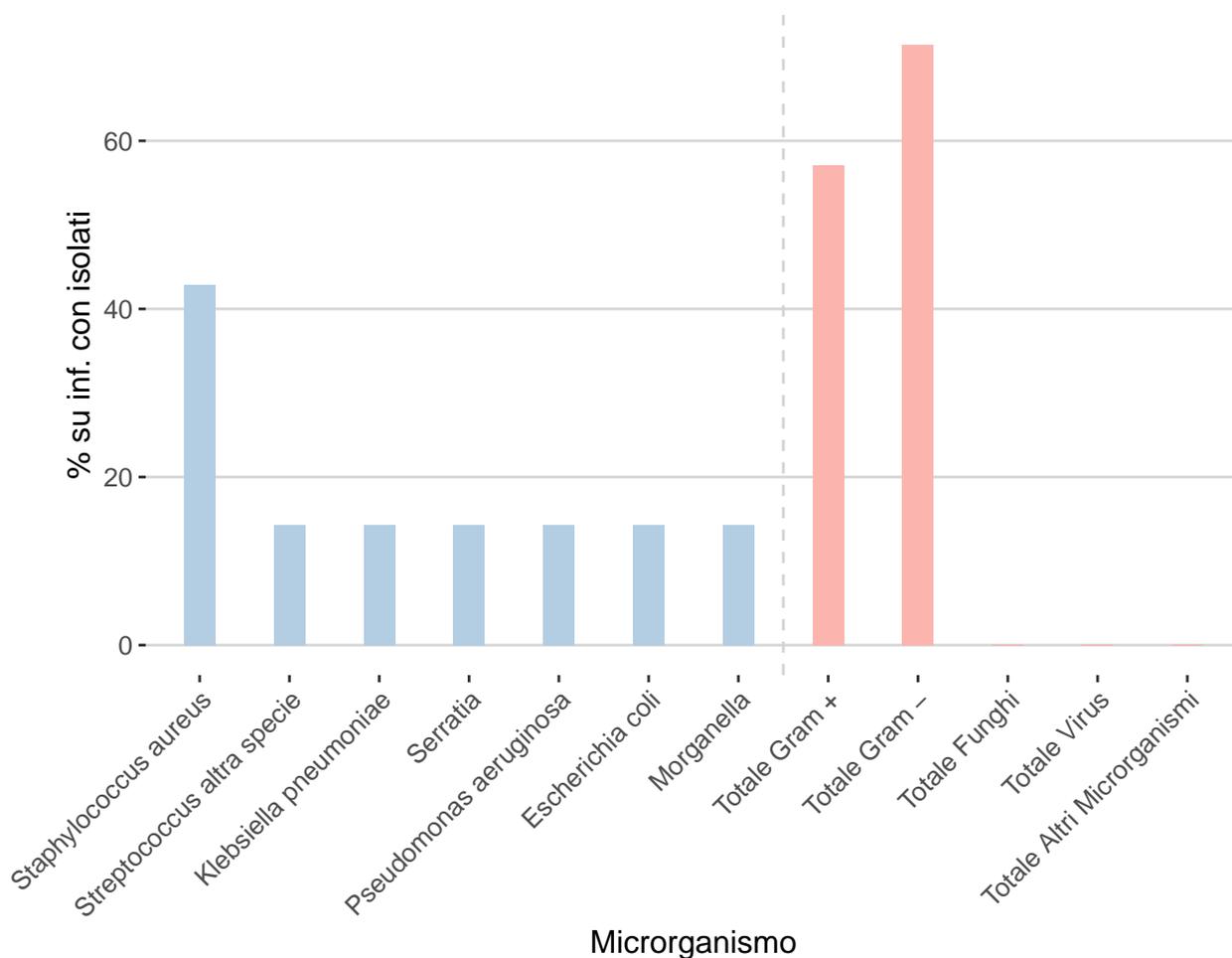
12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	7	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	7	
Totale microrganismi isolati	9	

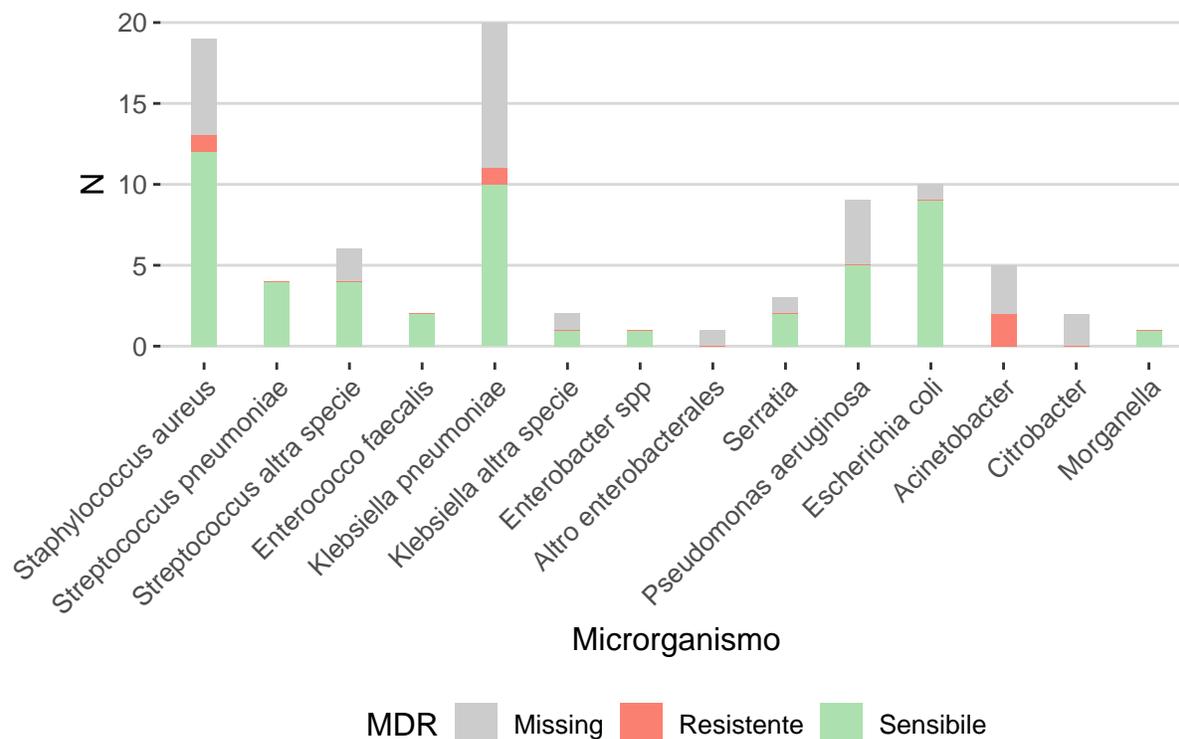
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	42.9	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	14.3	1	0	0
Totale Gram +	4	57.1	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	14.3	1	0	0
Serratia	1	14.3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	14.3	1	0	0

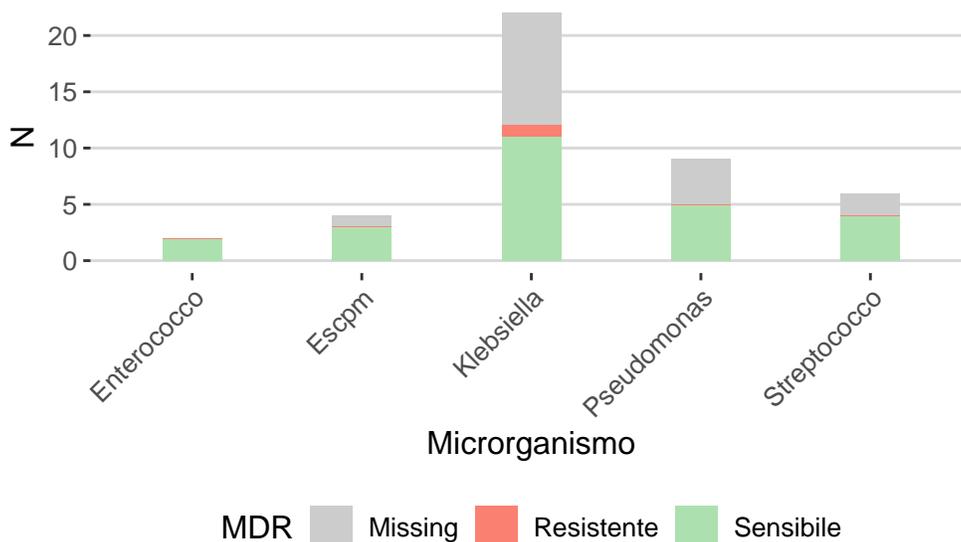
Escherichia coli	1	14.3	0	0	0
Morganella	1	14.3	0	0	0
Totale Gram -	5	71.4	3	0	0
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

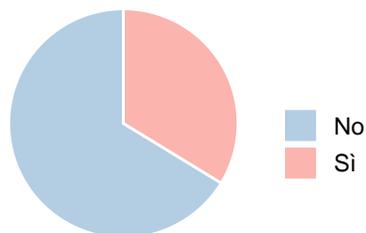
Per ulteriori informazioni riguardanti il criterio di raggruppamento eseguito si veda la sezione Raggruppamento microrganismi.

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.

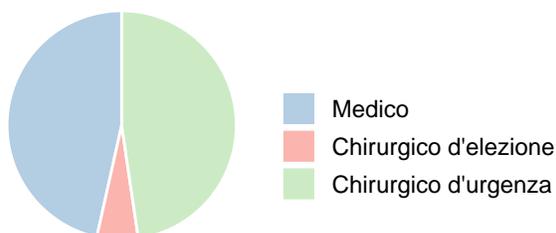
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 86)

13.1 Trauma



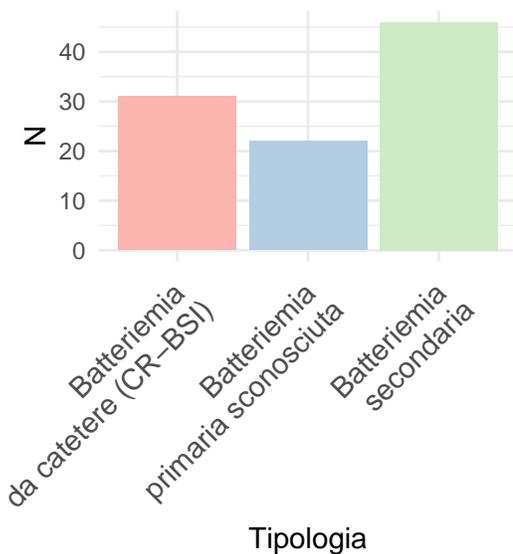
Trauma	N	%
No	57	66.3
Si	29	33.7
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



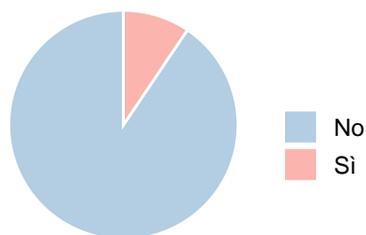
Stato chirurgico	N	%
Medico	40	46.5
Chirurgico d'elezione	5	5.8
Chirurgico d'urgenza	41	47.7
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	22	22.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	31	31.3
Batteriemia secondaria	46	46.5
Missing	0	0.0

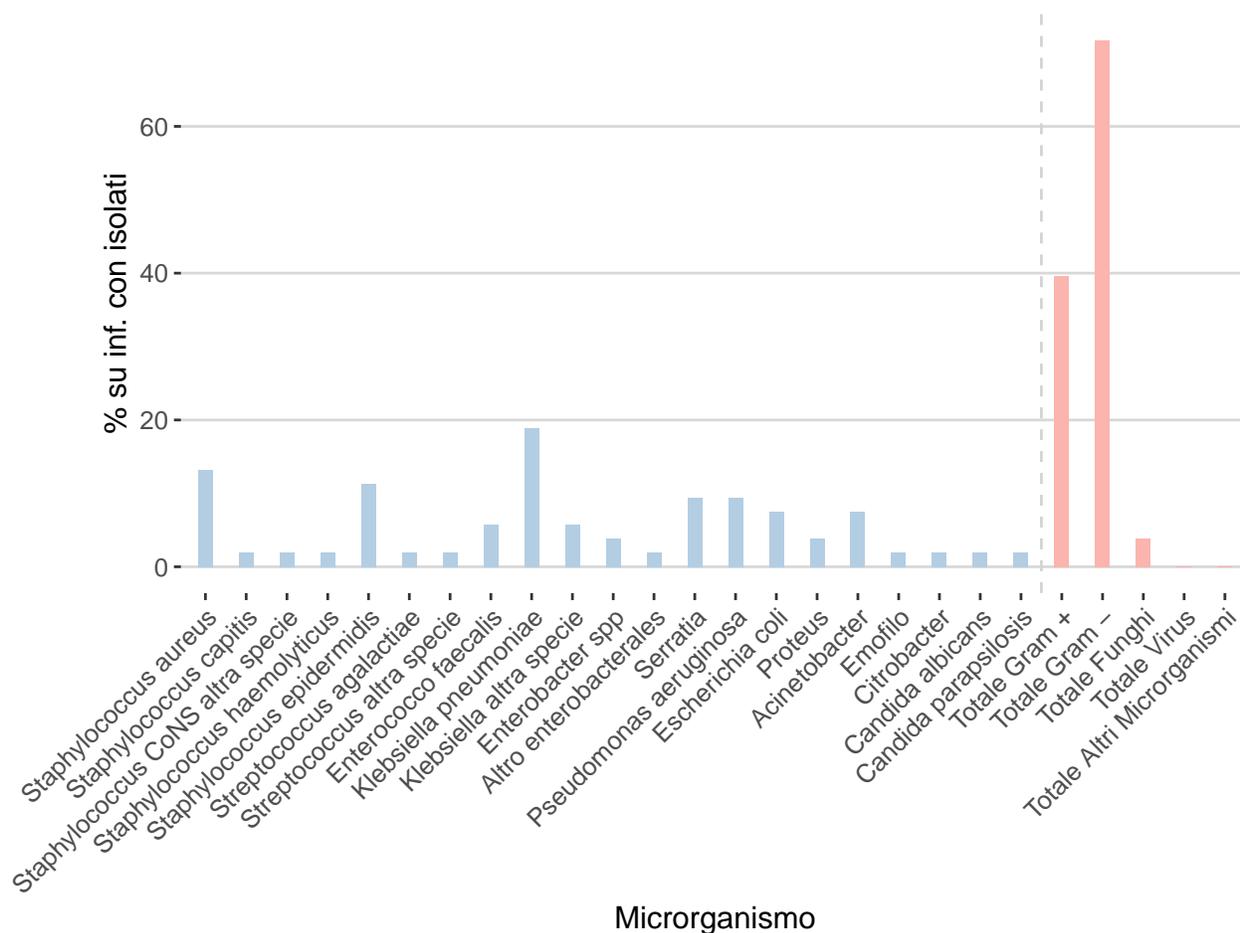
13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	48	90.6
Sì	5	9.4
Missing	0	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

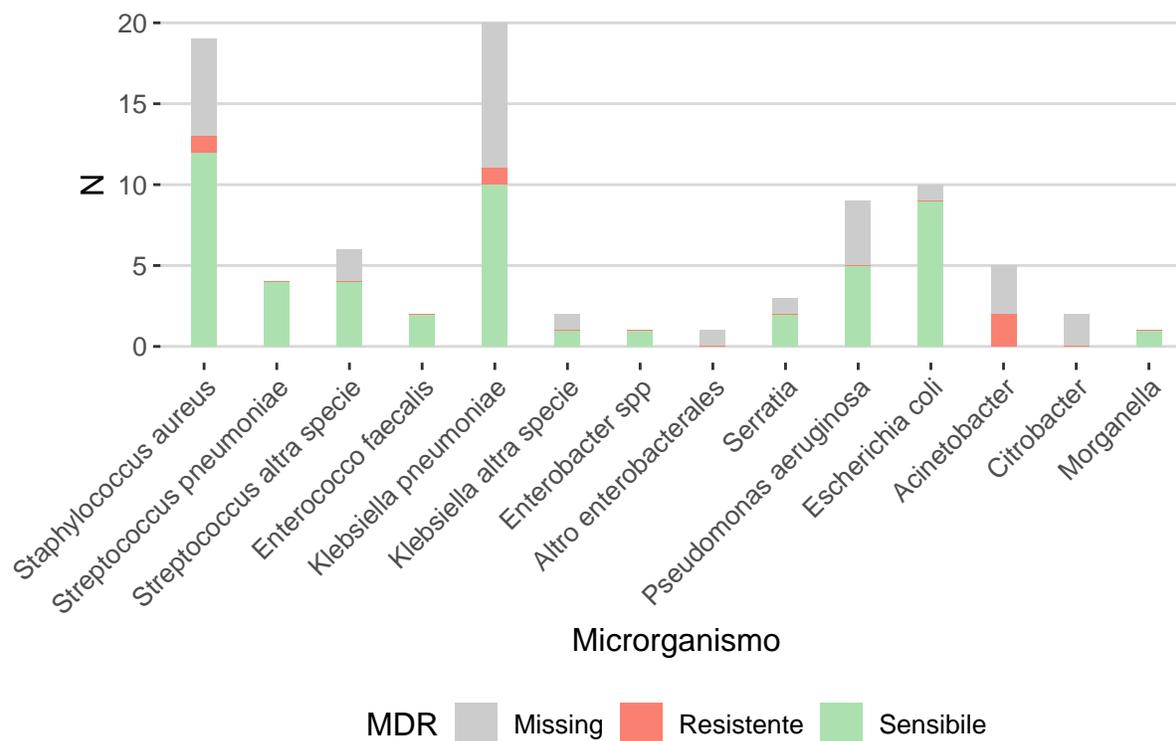
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	13.2	6	2	33.3
Staphylococcus capitis	1	1.9	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1.9	1	1	100

Staphylococcus epidermidis	6	11.3	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.9	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	1.9	1	0	0
Enterococco faecalis	3	5.7	2	0	0
Totale Gram +	21	39.6	10	3	30
Klebsiella pneumoniae	10	18.9	5	0	0
Klebsiella altra specie	3	5.7	1	0	0
Enterobacter spp	2	3.8	2	0	0
Altro enterobacterales	1	1.9	0	0	0
Serratia	5	9.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	9.4	2	0	0
Escherichia coli	4	7.5	3	0	0
Proteus	2	3.8	1	0	0
Acinetobacter	4	7.5	2	1	50
Emofilo	1	1.9	0	0	0
Citrobacter	1	1.9	0	0	0
Totale Gram -	38	71.7	18	1	5.6
Candida albicans	1	1.9	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.9	0	0	0
Totale Funghi	2	3.8	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

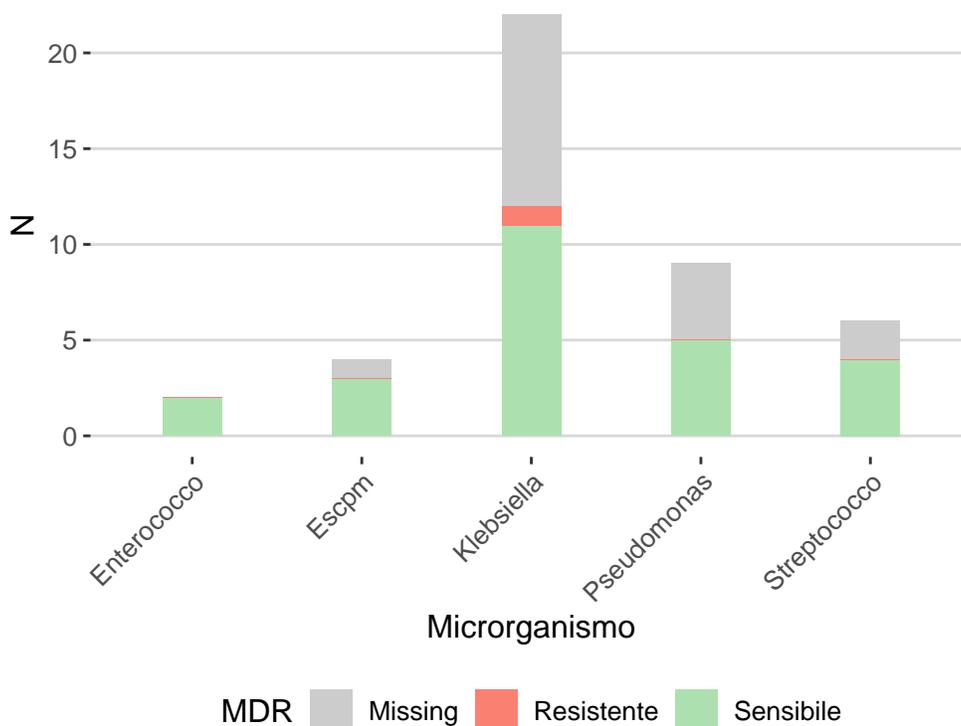
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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	%
---------------	---	------------	--------------	---

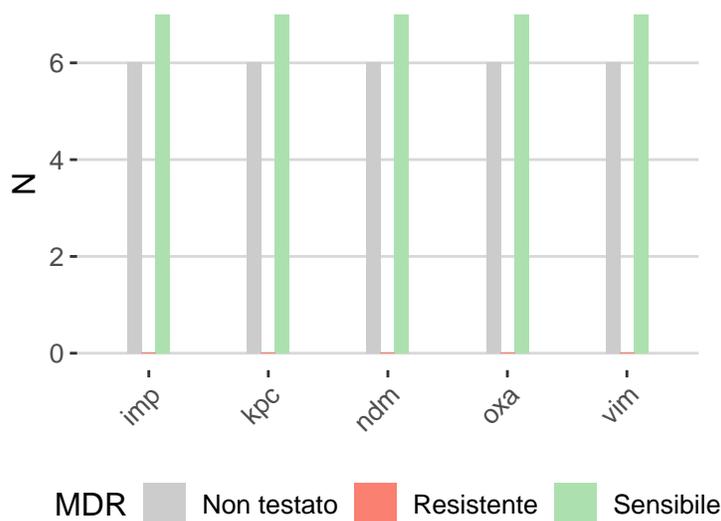
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	2	33.33

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

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

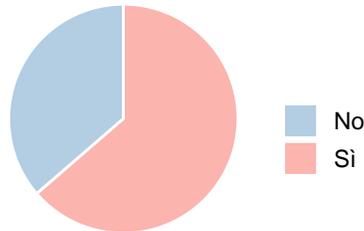
	N	%
Sì	0	0
No	6	50
Non testato	6	50
Missing	16	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	7	6
kpc	0	0	7	6
ndm	0	0	7	6
oxa	0	0	7	6
vim	0	0	7	6



14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 22)

14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	8	36.4
Sì	14	63.6
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 CI (95%)	2.3 1.5 - 3.5	1.6 % 1.0 - 2.5

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

Il primo:

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

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

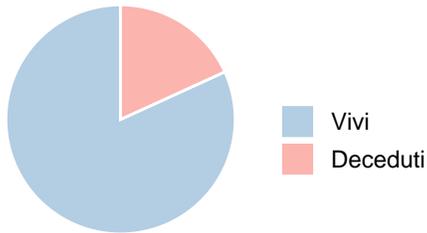
Il secondo:

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

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

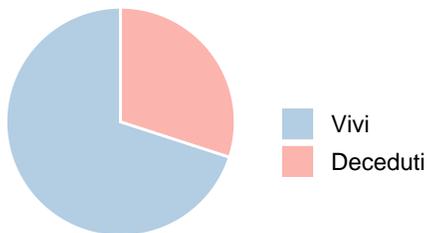
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	18	81.8
Deceduti	4	18.2
Missing	0	0

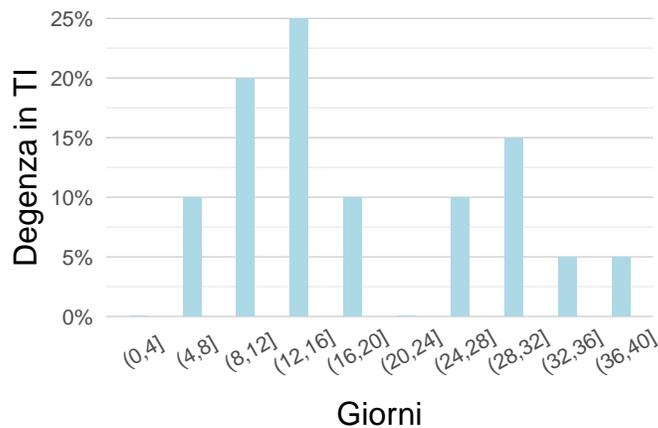
14.4 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	14	70.0
Deceduti	6	30.0
Missing	0	0

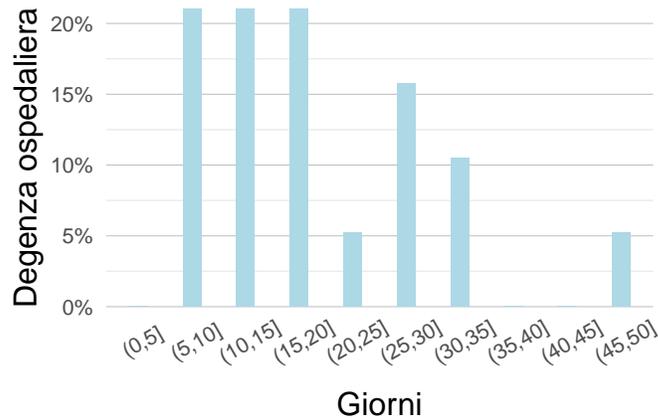
* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.7 (12.8)
Mediana (Q1-Q3)	18 (12.2-29.8)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *

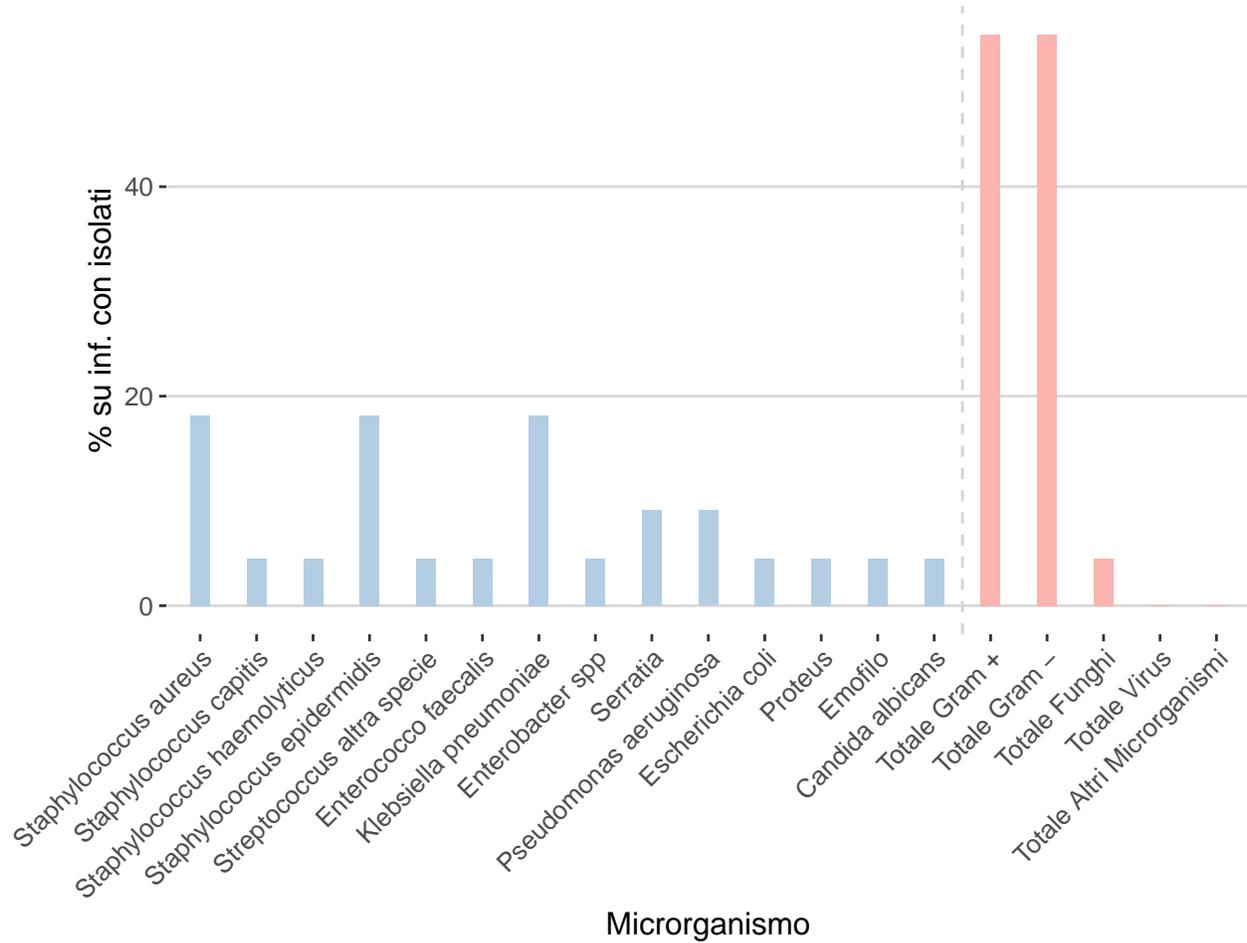


Indicatore	Valore
Media (DS)	35.1 (23.6)
Mediana (Q1-Q3)	28 (21.5-36.5)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 20 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

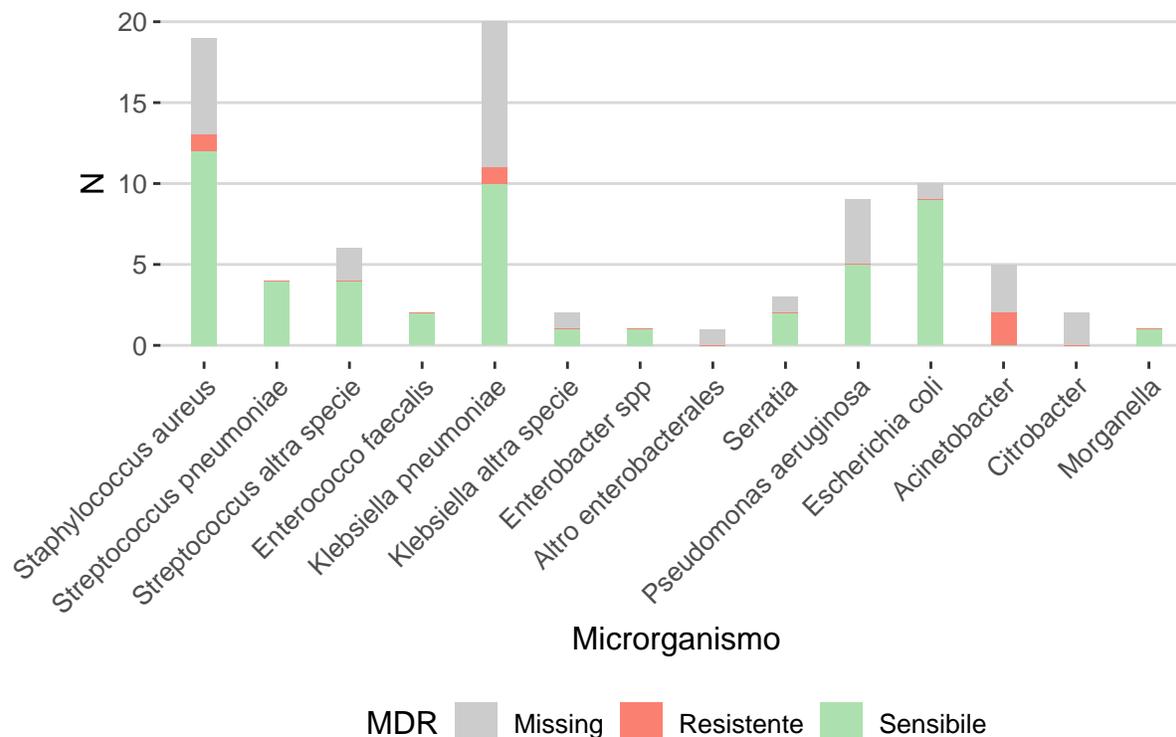
14.7 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% 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	18.2	4	2	50
Staphylococcus capitis	1	4.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	4.5	1	1	100
Staphylococcus epidermidis	4	18.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.5	1	0	0
Enterococco faecalis	1	4.5	0	0	0
Totale Gram +	12	54.5	6	3	50
Klebsiella pneumoniae	4	18.2	4	0	0
Enterobacter spp	1	4.5	1	0	0
Serratia	2	9.1	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	9.1	1	0	0
Escherichia coli	1	4.5	1	0	0
Proteus	1	4.5	1	0	0
Emofilo	1	4.5	0	0	0
Totale Gram -	12	54.5	9	0	0
Candida albicans	1	4.5	0	0	0
Totale Funghi	1	4.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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	%
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	2	50

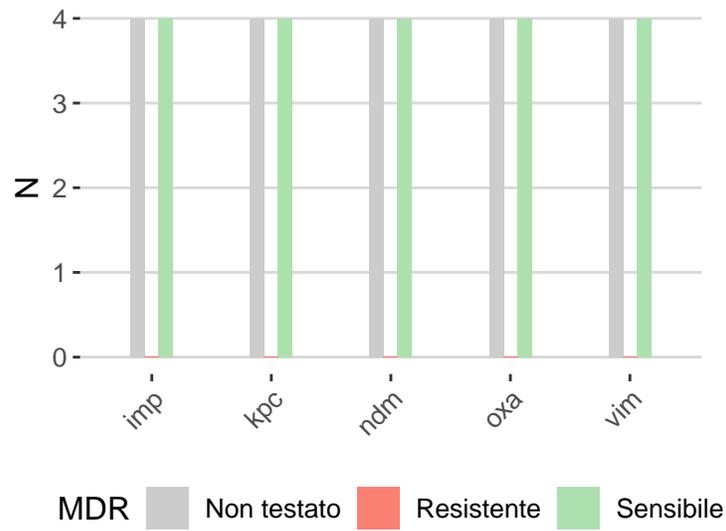
14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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

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

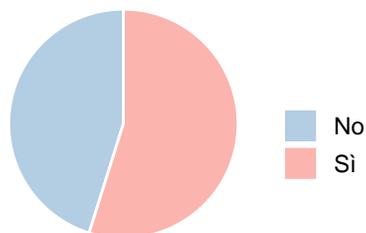
	N	%
Sì	0	0
No	3	42.86
Non testato	4	57.14
Missing	2	

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



15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 31)

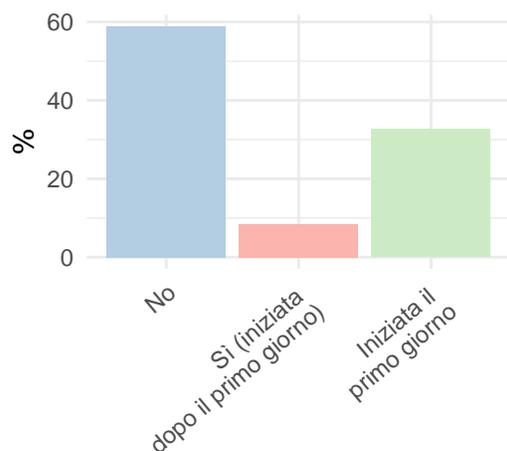
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	14	45.2
Si	17	54.8
Missing	0	0

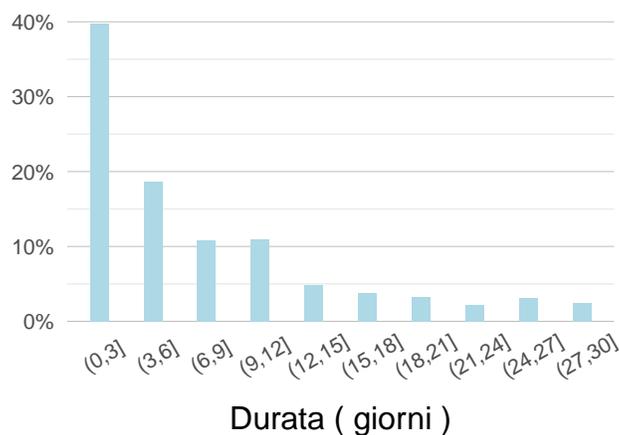
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 1661)



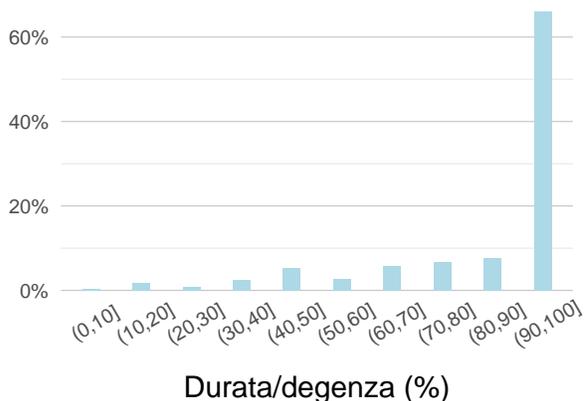
Cvc	N	%
No	969	58.9
Si	676	41.1
Iniziata il primo giorno	541	32.6
Missing	16	

15.2.2 Durata (giorni)



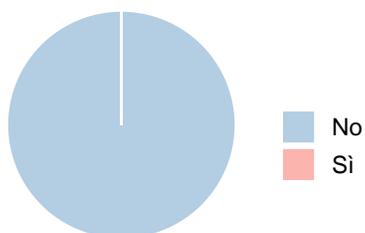
Indicatore	Valore
Media (DS)	9.6 (11.3)
Mediana (Q1-Q3)	5 (2-12)
Missing	1

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



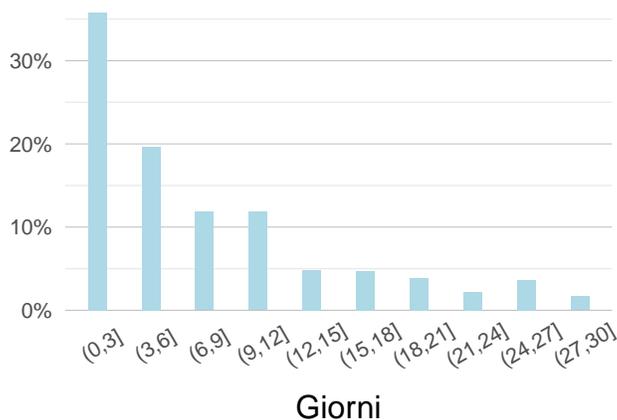
Indicatore	Valore
Media (DS)	86.8 (21.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (80-100)
Missing	1

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 1661)



Infezione locale da catetere	N	%
No	1645	100.0
Si	0	0.0
Missing	16	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	30
Media (DS)	13.0 (11.1)
Mediana (Q1-Q3)	9.5 (7-15.5)
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	5.0	3.5 %
CI (95%)	3.4 - 7.0	2.4 - 4.9

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.

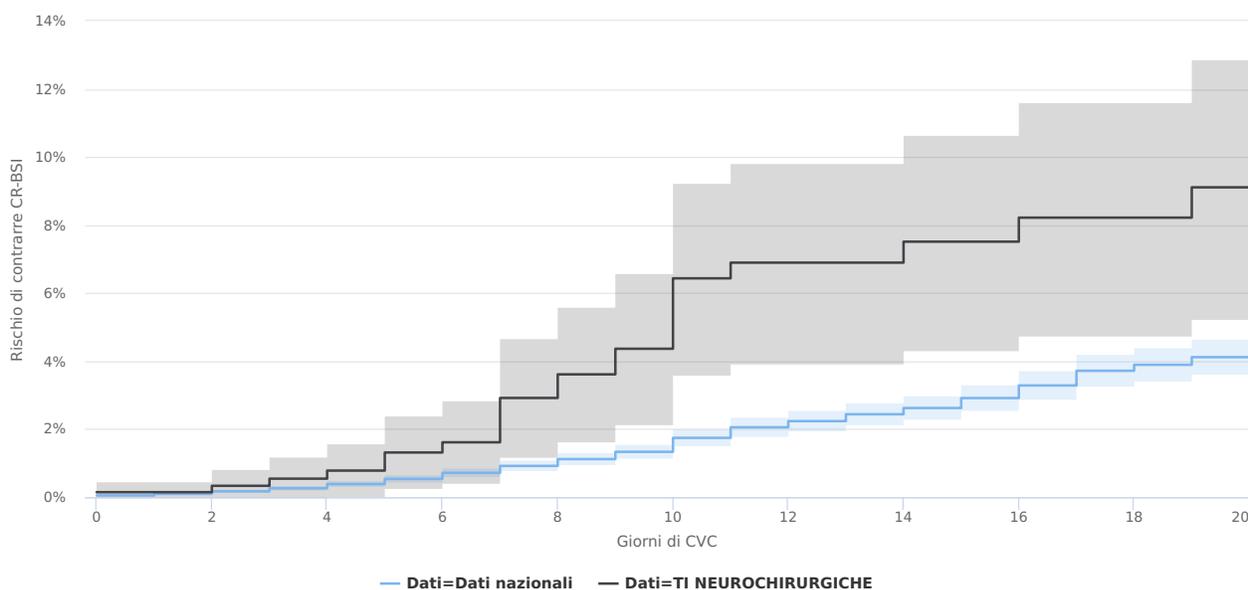
Il secondo invece:

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

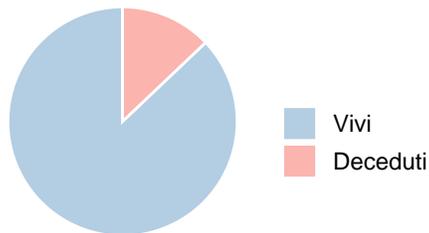
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

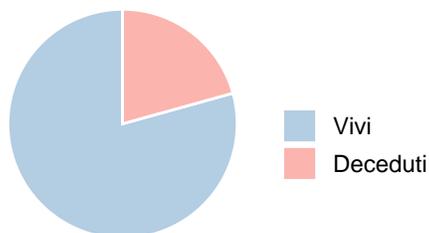


15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	27	87.1
Deceduti	4	12.9
Missing	0	0

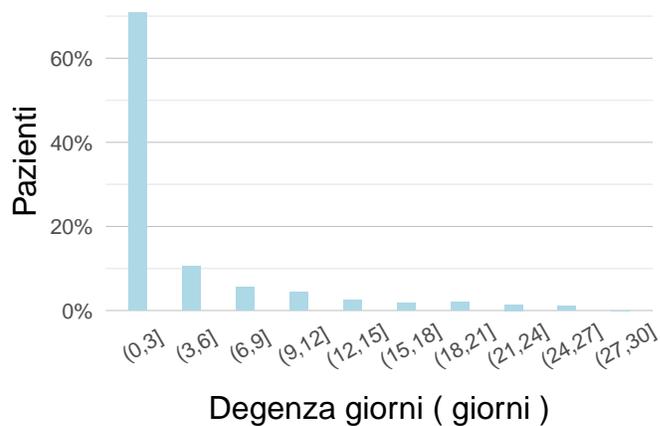
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	23	79.3
Deceduti	6	20.7
Missing	0	0

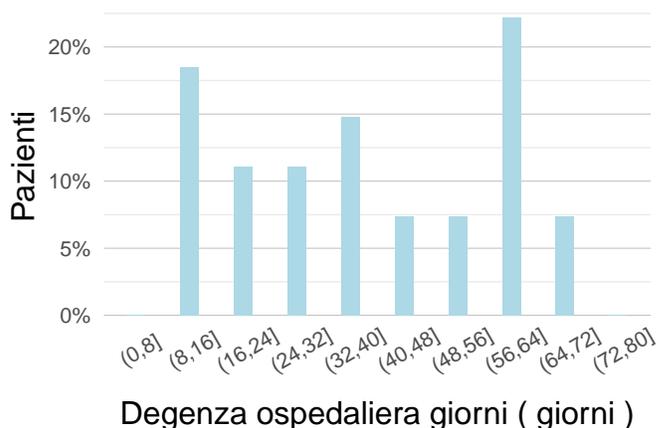
* Statistiche calcolate su 29 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.9 (16.3)
Mediana (Q1-Q3)	25 (13-38.5)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	42.7 (24.2)
Mediana (Q1-Q3)	40 (23-59)
Missing	0

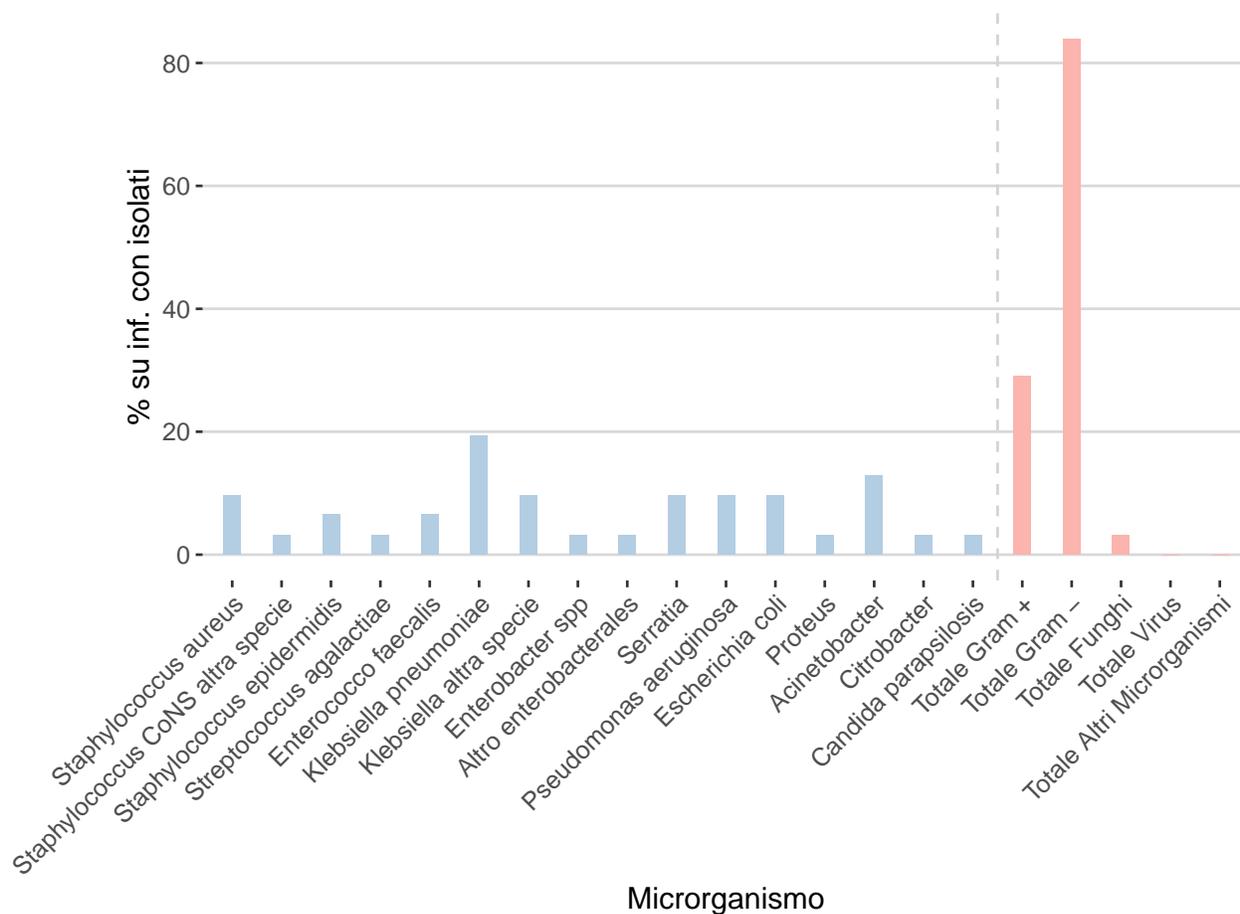
* Statistiche calcolate su 29 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

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.

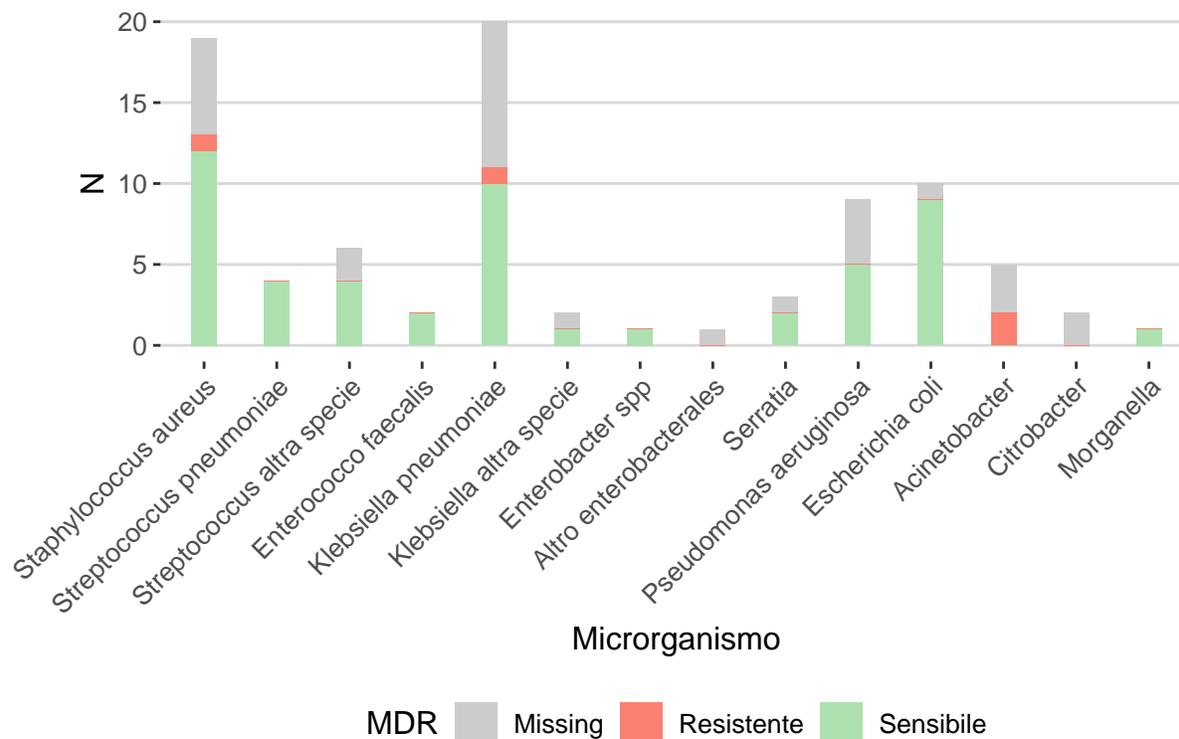
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	31	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	31	
Totale microrganismi isolati	36	

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.



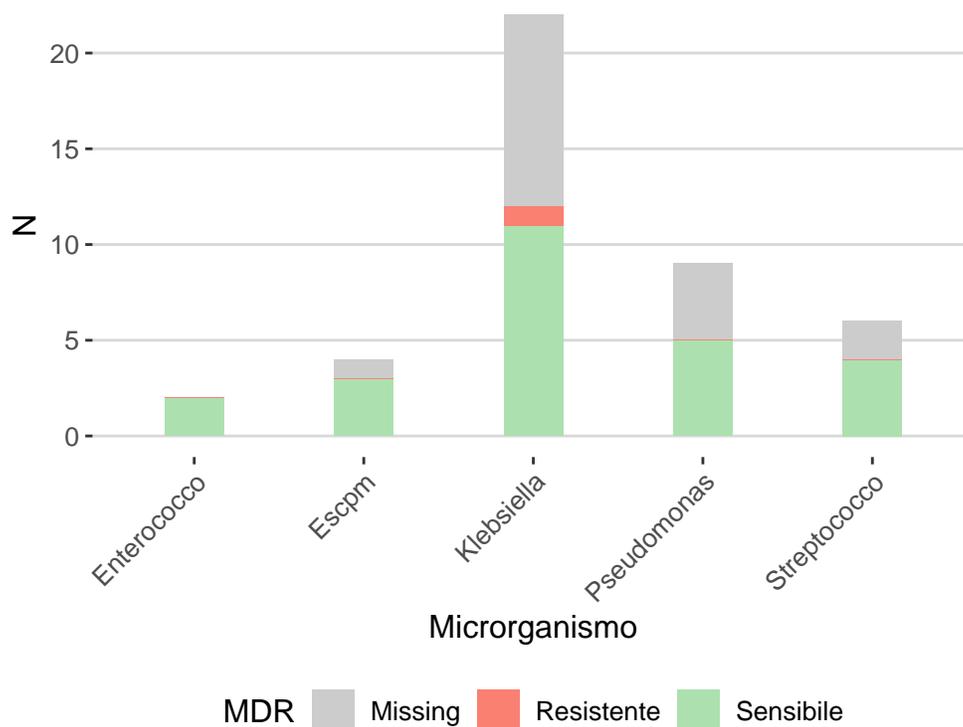
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	9.7	2	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	6.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	3.2	0	0	0
Enterococco faecalis	2	6.5	2	0	0
Totale Gram +	9	29.0	4	0	0
Klebsiella pneumoniae	6	19.4	1	0	0
Klebsiella altra specie	3	9.7	1	0	0
Enterobacter spp	1	3.2	1	0	0
Altro enterobacteriales	1	3.2	0	0	0
Serratia	3	9.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	9.7	1	0	0
Escherichia coli	3	9.7	2	0	0
Proteus	1	3.2	0	0	0
Acinetobacter	4	12.9	2	1	50
Citrobacter	1	3.2	0	0	0
Totale Gram -	26	83.9	9	1	11.1
Candida parapsilosis	1	3.2	0	0	0
Totale Funghi	1	3.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococcus faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococcus altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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 antibiotiogramma	N sensibili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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.

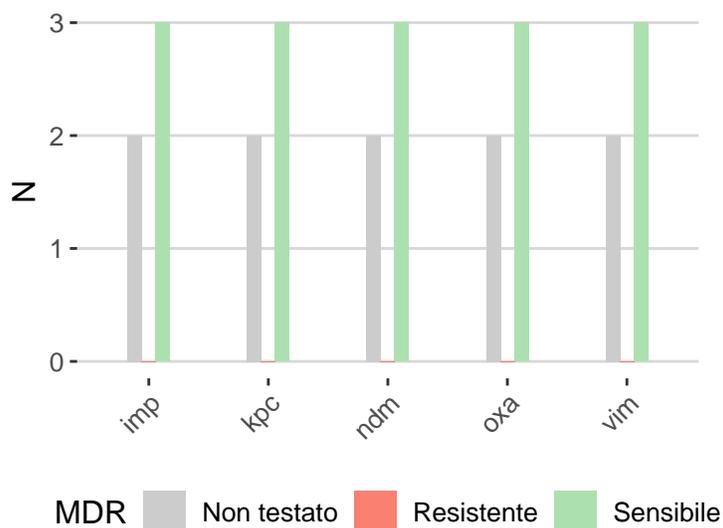
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50
Acinetobacter	2	Meropenem	1	50

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

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

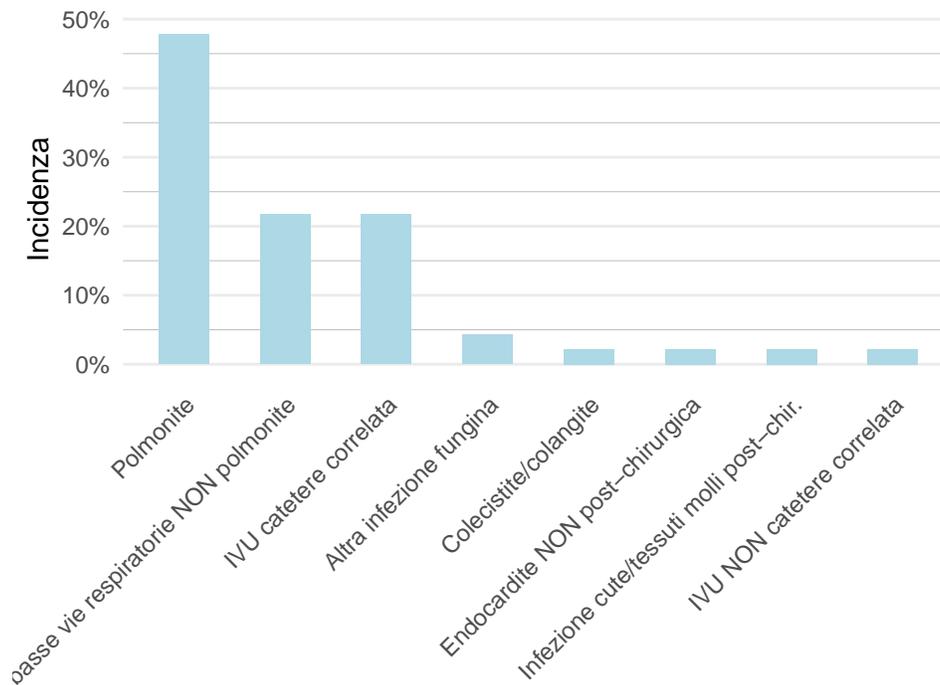
	N	%
Sì	0	0
No	3	60
Non testato	2	40
Missing	14	

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



16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 46)

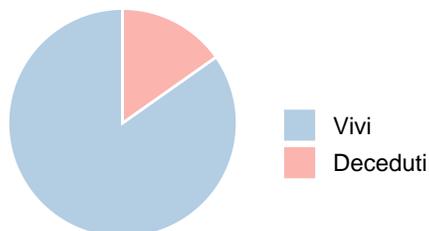
16.1 Infezioni associate (top 10)



Infezioni (top 10)

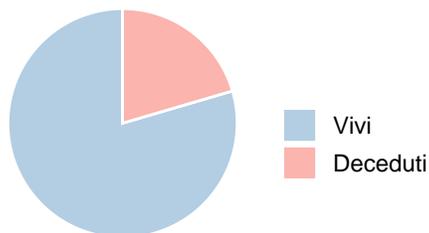
Infezione	N	%
Polmonite	22	47.8
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	10	21.7
IVU catetere correlata	10	21.7
Altra infezione fungina	2	4.3
Endocardite NON post-chirurgica	1	2.2
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	1	2.2
IVU NON catetere correlata	1	2.2
Colecistite/colangite	1	2.2
Missing	0	0

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	39	84.8
Deceduti	7	15.2
Missing	0	0

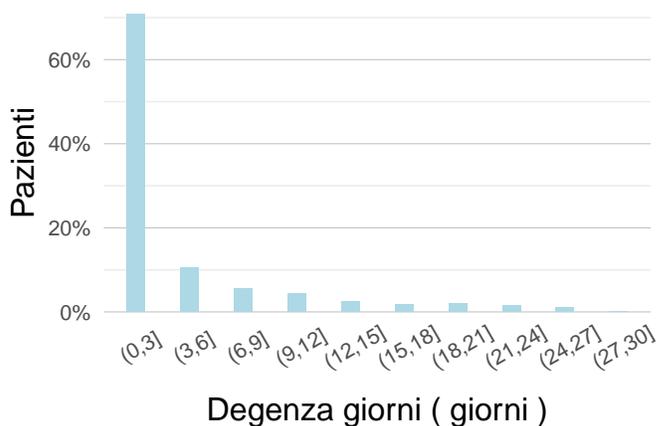
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	35	79.5
Deceduti	9	20.5
Missing	0	0

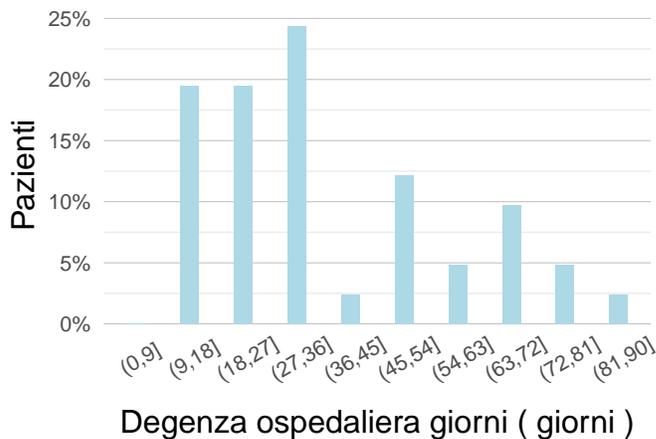
* Statistiche calcolate su 44 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.0 (15.4)
Mediana (Q1-Q3)	24 (15-33)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.6 (25.3)
Mediana (Q1-Q3)	32.5 (23.8-60.8)
Missing	0

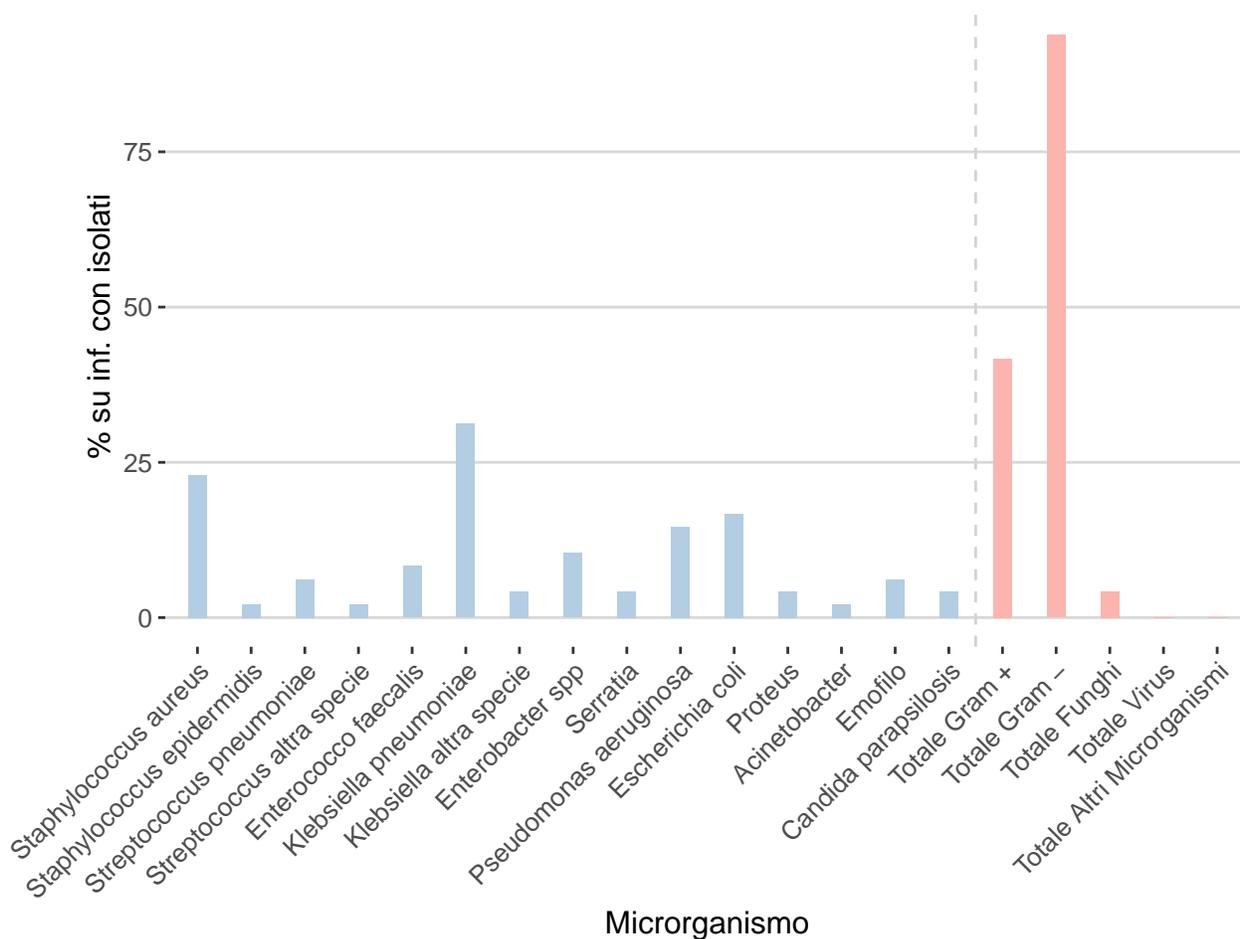
* Statistiche calcolate su 44 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 2).

16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	48	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	48	
Totale microrganismi isolati	67	

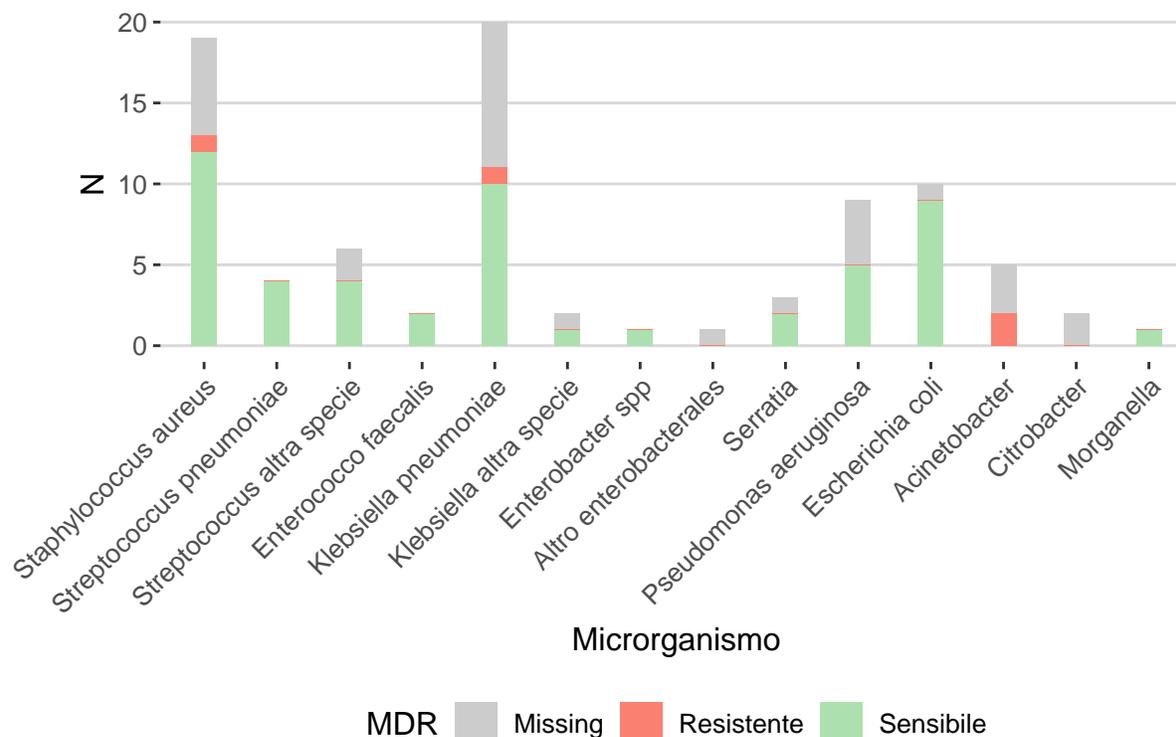
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

Staphylococcus aureus	11	22.9	11	2	18.2
Staphylococcus epidermidis	1	2.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	6.2	3	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.1	1	0	0
Enterococco faecalis	4	8.3	2	0	0
Totale Gram +	20	41.7	17	2	11.8
Klebsiella pneumoniae	15	31.2	9	0	0
Klebsiella altra specie	2	4.2	1	0	0
Enterobacter spp	5	10.4	5	0	0
Serratia	2	4.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	14.6	4	0	0
Escherichia coli	8	16.7	4	0	0
Proteus	2	4.2	2	0	0
Acinetobacter	1	2.1	1	1	100
Emofilo	3	6.2	0	0	0
Totale Gram -	45	93.8	27	1	3.7
Candida parapsilosis	2	4.2	0	0	0
Totale Funghi	2	4.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

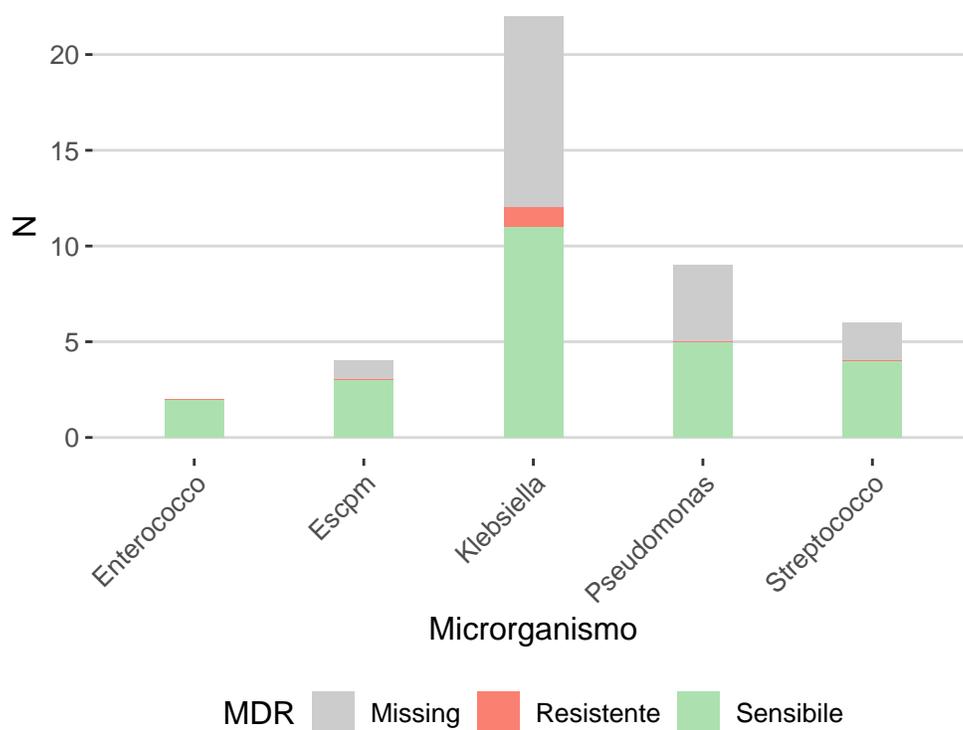
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie,

Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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 antibioti-gramma	N sensibili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00

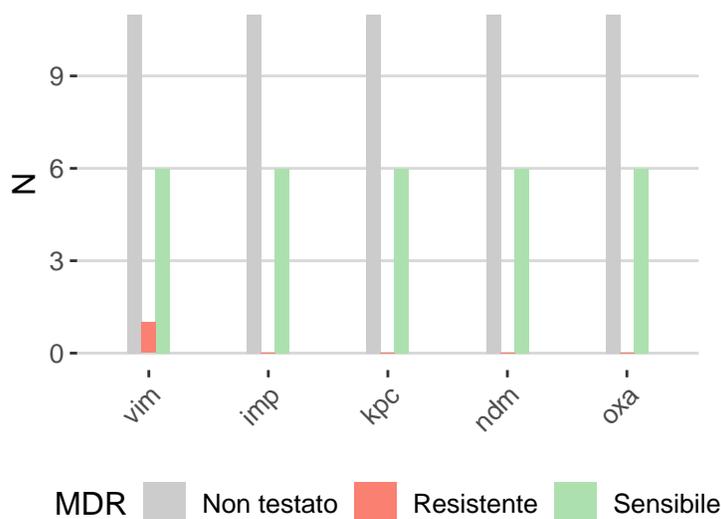
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	2	18.18

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

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

	N	%
Sì	1	5.56
No	6	33.33
Non testato	11	61.11
Missing	16	

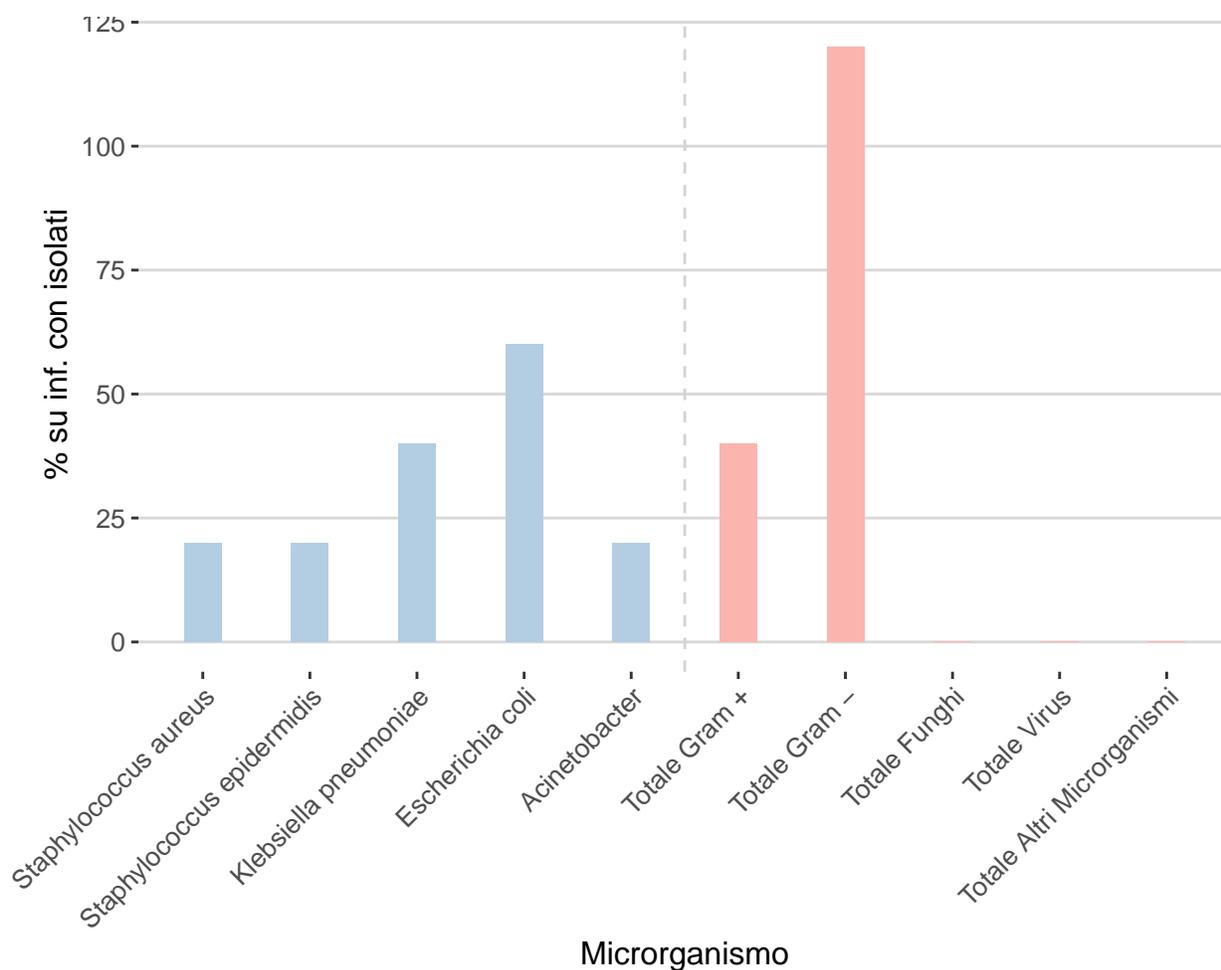
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	6	11
kpc	0	0	6	11
ndm	0	0	6	11
oxa	0	0	6	11
vim	1	100	6	11



17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 5)

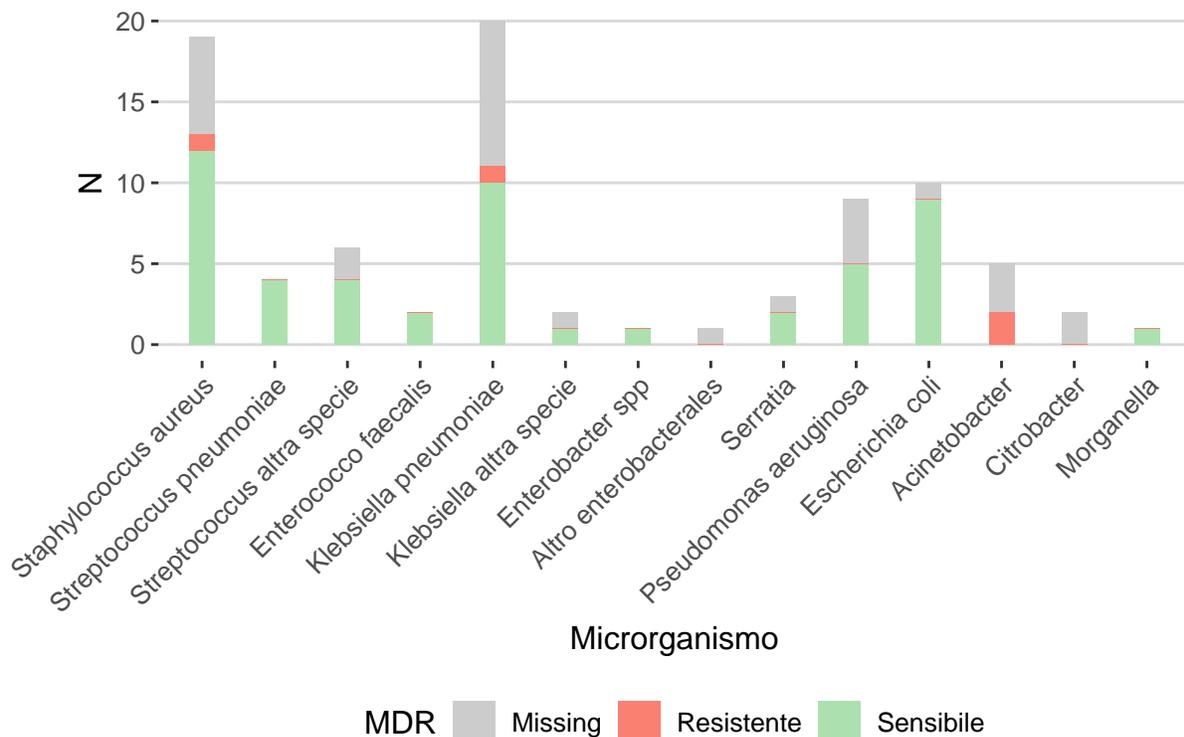
17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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.



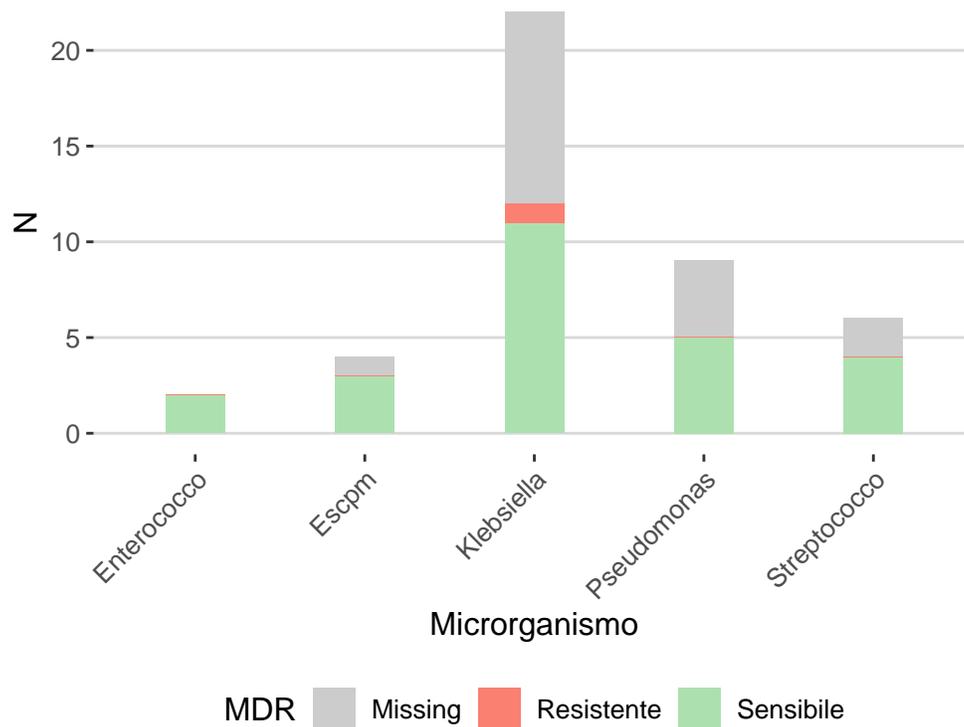
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	20	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	20	0	0	0
Totale Gram +	2	40	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	2	40	1	0	0
Escherichia coli	3	60	2	0	0
Acinetobacter	1	20	0	0	0
Totale Gram -	6	120	3	0	0
Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Streptococcus agalactiae, Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Enterococco faecium, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Enterococco altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Proteus, Providencia, Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Altro Virus, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma). 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
Enterococco	2	2	2	0	0.00	0
Escpm	4	3	3	0	0.00	1
Klebsiella	22	12	11	1	8.33	10
Pseudomonas	9	5	5	0	0.00	4
Streptococco	6	4	4	0	0.00	2

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

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

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

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