



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



Progetto Sorveglianza Infezioni

**Petalo Infection Light**



Anno 2023

TI POST-CHIRURGICHE 4 TI

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

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalò Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 1336 )</b>	<b>13</b>
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI ( giorni )	13
2.4 Provenienza ( reparto )	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI ( giorni )	17
2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	17
<b>3 Pazienti infetti ( N = 354 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 950 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni )	19
4.4 Provenienza ( reparto )	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI ( giorni )	23
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	23

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>24</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 262)</b>	<b>25</b>
5.1 Provenienza ( reparto ) . . . . .	25
5.2 Trauma . . . . .	25
5.3 Stato Chirurgico . . . . .	25
5.4 Motivo di ammissione . . . . .	26
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 ) . . . . .	26
5.6 Infezione multisito . . . . .	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione . . . . .	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione . . . . .	27
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 76)</b>	<b>33</b>
6.1 Tipologia di peritonite . . . . .	33
6.2 Tipo di infezione . . . . .	33
6.3 Infezione batteriémica . . . . .	33
6.4 Infezioni multisito . . . . .	34
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	34
6.6 Mortalità in TI . . . . .	34
6.7 Mortalità ospedaliera * . . . . .	34
6.8 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	35
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	35
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione . . . . .	36
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 44)</b>	<b>40</b>
7.1 Trauma . . . . .	40
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	40
7.3 Tipo di infezione . . . . .	40
7.4 Infezione batteriémica . . . . .	41
7.5 Infezioni multisito . . . . .	41
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	41
7.7 Mortalità in TI . . . . .	42
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	42
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	42
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	43
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	43
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	47
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>52</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 139)</b>	<b>53</b>
8.1 Sesso . . . . .	53
8.2 Età . . . . .	53
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	53
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	54
8.5 Trauma . . . . .	54
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	54
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	55
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	55
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	55
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	56
8.11 Mortalità in TI . . . . .	56
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	56
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	57
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	57

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	58
8.16	Infezione multisito . . . . .	58
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	59
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	59
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	59
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	60
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	62
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 47)</b>	<b>67</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	67
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 92)</b>	<b>72</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	72
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	72
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	72
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>77</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 69)</b>	<b>78</b>
11.1	Trauma . . . . .	78
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	78
11.3	Infezione batteriemica . . . . .	78
11.4	Infezioni multisito . . . . .	79
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	79
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	79
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	80
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 53)</b>	<b>82</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	82
12.2	Diagnosi . . . . .	82
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	83
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 1336 ) . . . . .	84
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	85
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	85
12.7	Mortalità in TI . . . . .	86
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	87
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	87
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	87
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	88
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	91
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	94
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriemia in degenza (N = 35)</b>	<b>98</b>
13.1	Trauma . . . . .	98
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	98
13.3	Tipologia . . . . .	98
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	99
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza . . . . .	99
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 5)</b>	<b>103</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	103
14.2	Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta ) . . . . .	103
14.3	Mortalità in TI . . . . .	104
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	104
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	104
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	105

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	105
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 7)</b>	<b>109</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	109
15.2	Fattori di rischio . . . . .	109
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	110
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	111
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	111
15.6	Mortalità in TI . . . . .	112
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	112
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	112
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	113
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	113
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 27)</b>	<b>118</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	118
16.2	Mortalità in TI . . . . .	118
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	119
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	119
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	119
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	120
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 1)</b>	<b>124</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	124
<b>Appendice</b>		<b>128</b>
	Definizione di MDR . . . . .	128
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	128

## Petalo Infectionlight

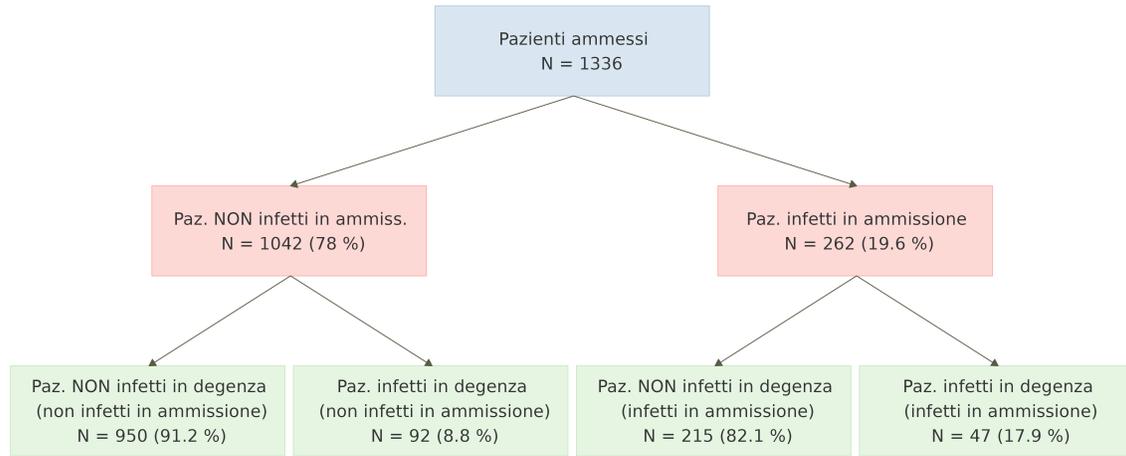
Anno 2023

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

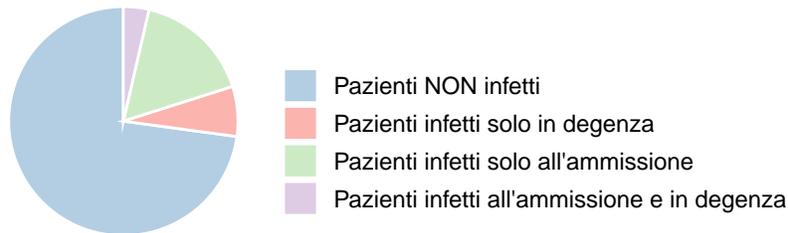
Popolazione complessiva: 4 TI

TI TI POST-CHIRURGICHE

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



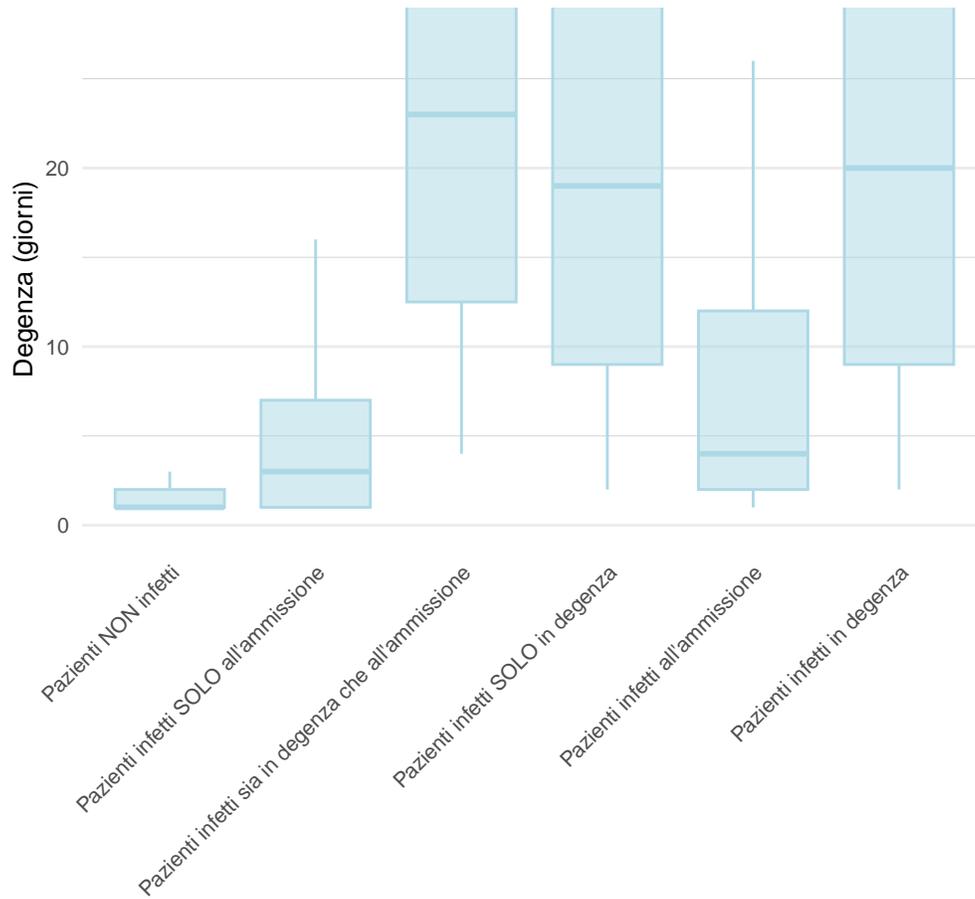
Per N = 32 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	950	72.9
Pazienti infetti solo in degenza	92	7.1
Pazienti infetti solo all'ammissione	215	16.5
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	47	3.6

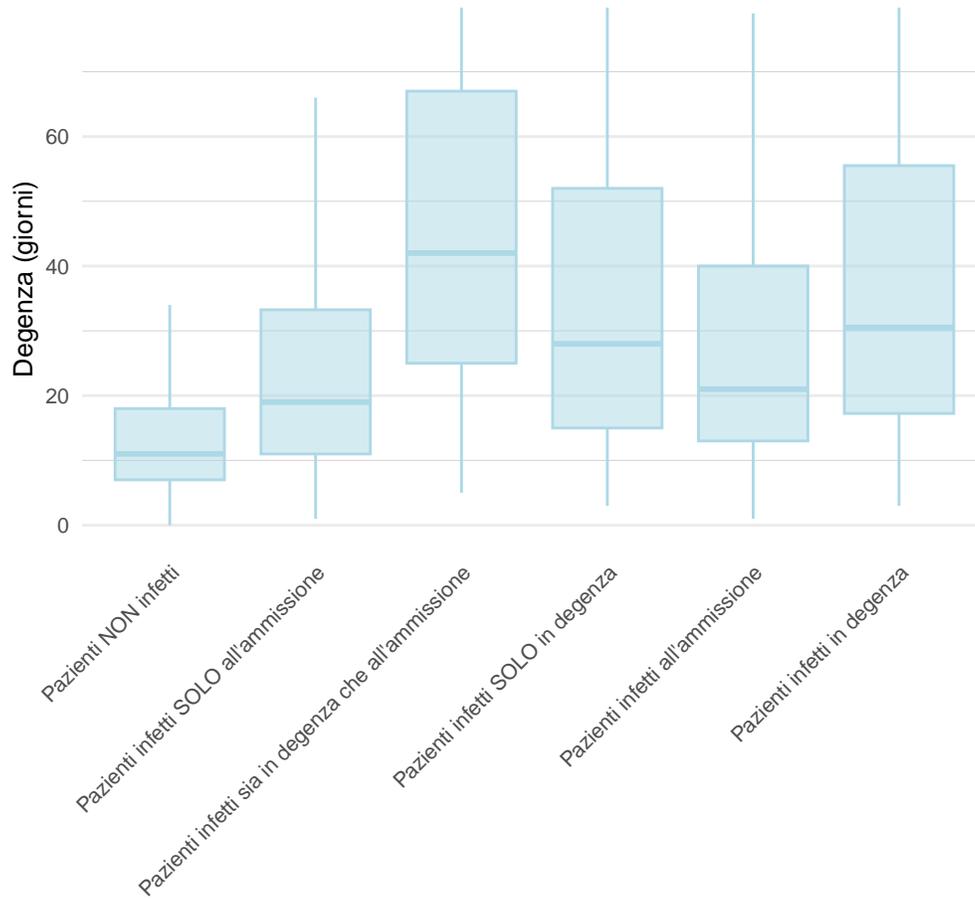
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1304).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	950	71.1	1	( 1 - 2 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	215	16.1	3	( 1 - 7 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	3.5	23	( 12 - 36 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	92	6.9	19	( 9 - 30 )
Pazienti infetti all'ammissione	262	19.6	4	( 2 - 12 )
Pazienti infetti in degenza	139	10.4	20	( 9 - 32 )

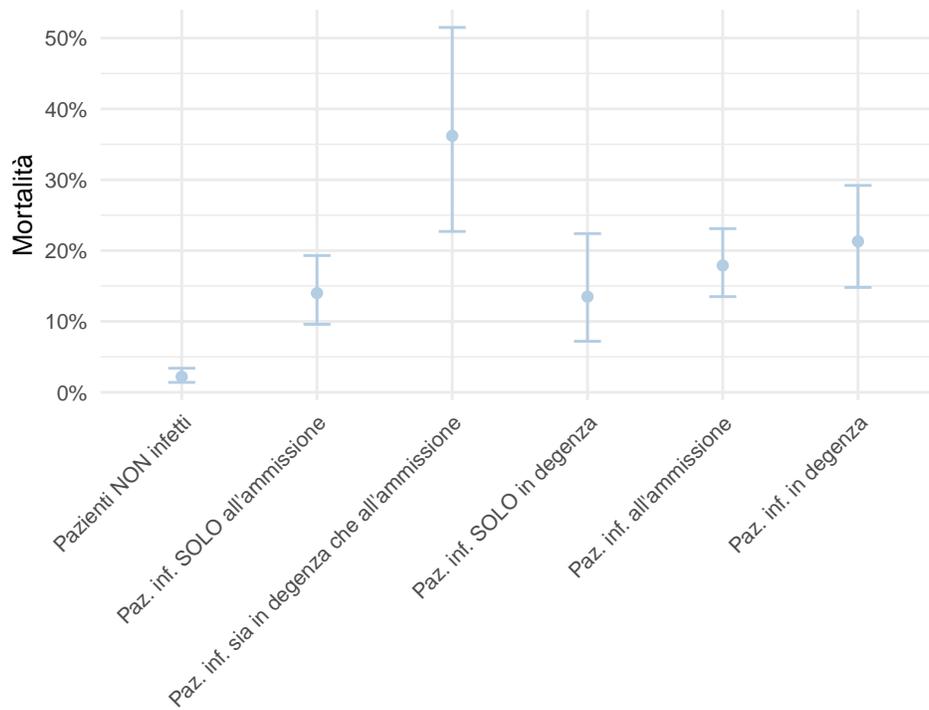
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	950	71.1	11	( 7 - 18 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	215	16.1	19	( 11 - 33 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	3.5	42	( 25 - 67 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	92	6.9	28	( 15 - 52 )
Pazienti infetti all'ammissione	262	19.6	21	( 13 - 40 )
Pazienti infetti in degenza	139	10.4	30	( 17 - 56 )

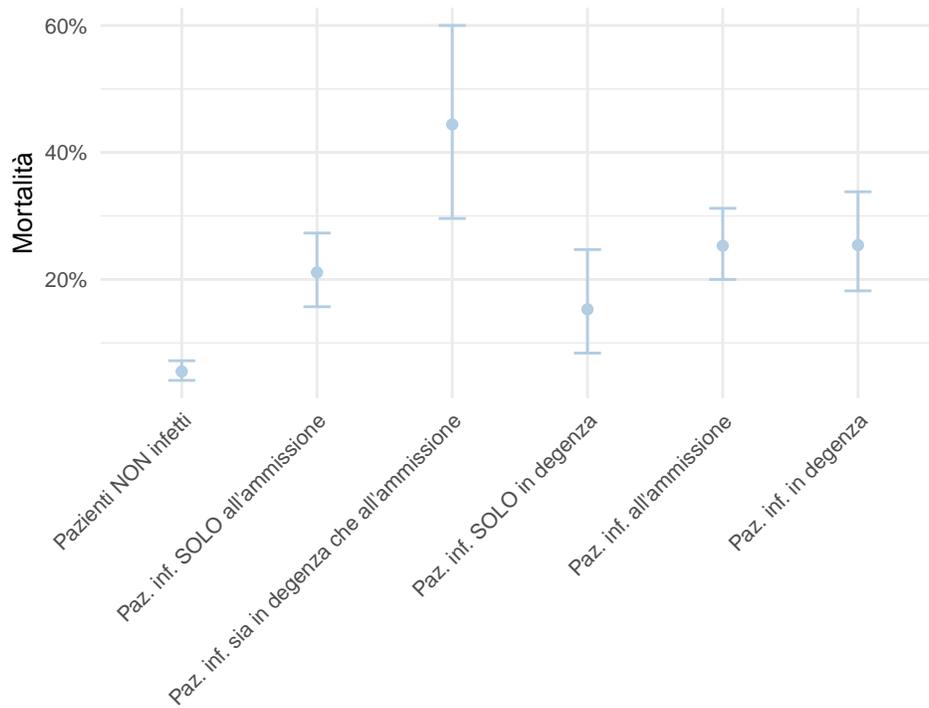
\* escluse le riammissioni (N = 28)

## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	950	21	2.2	( 1.4 - 3.4 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	215	30	14.0	( 9.6 - 19.3 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	17	36.2	( 22.7 - 51.5 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	92	12	13.5	( 7.2 - 22.4 )
Pazienti infetti all'ammissione	262	47	17.9	( 13.5 - 23.1 )
Pazienti infetti in degenza	139	29	21.3	( 14.8 - 29.2 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

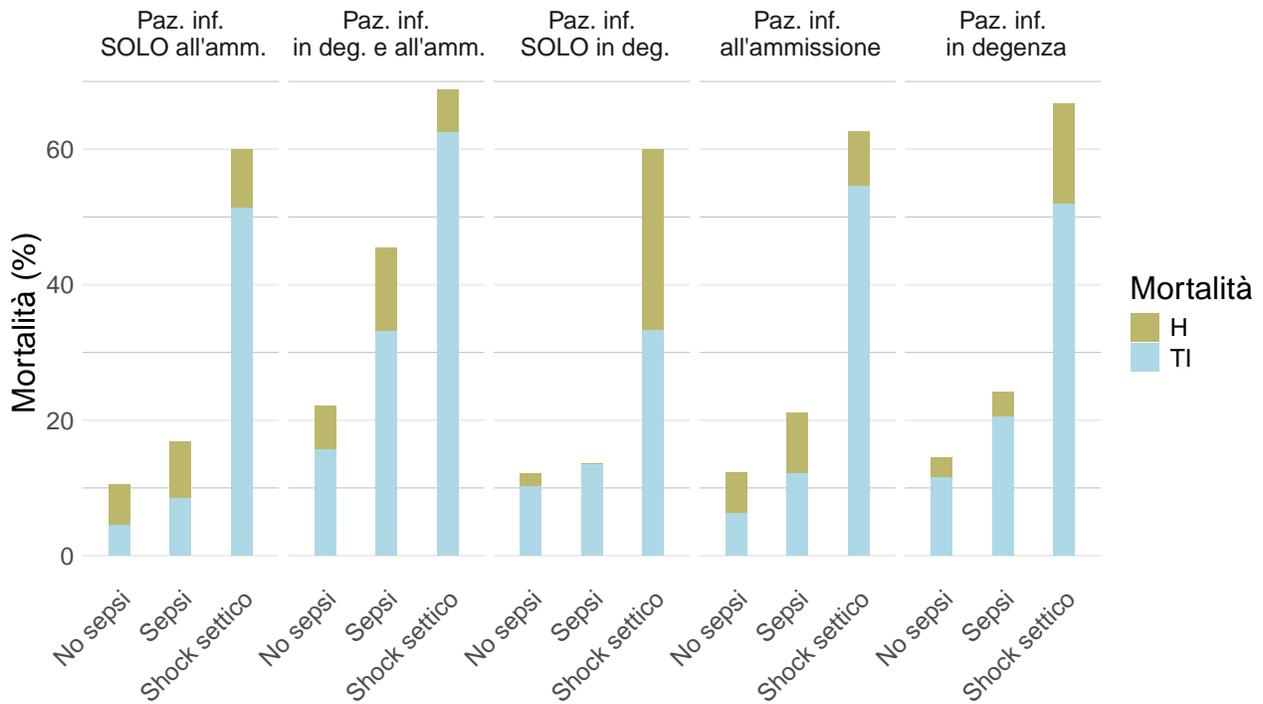


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	950	51	5.5	( 4.1 - 7.2 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	215	43	21.1	( 15.7 - 27.3 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	20	44.4	( 29.6 - 60 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	92	13	15.3	( 8.4 - 24.7 )
Pazienti infetti all'ammissione	262	63	25.3	( 20 - 31.2 )
Pazienti infetti in degenza	139	33	25.4	( 18.2 - 33.8 )

\* escluse le riammissioni (N = 28)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	215	108	70	37	50.2	32.6	17.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	47	19	12	16	40.4	25.5	34.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	92	58	24	10	63.0	26.1	10.9
Pazienti infetti all'ammissione	262	127	82	53	48.5	31.3	20.2
Pazienti infetti in degenza	139	77	36	26	55.4	25.9	18.7



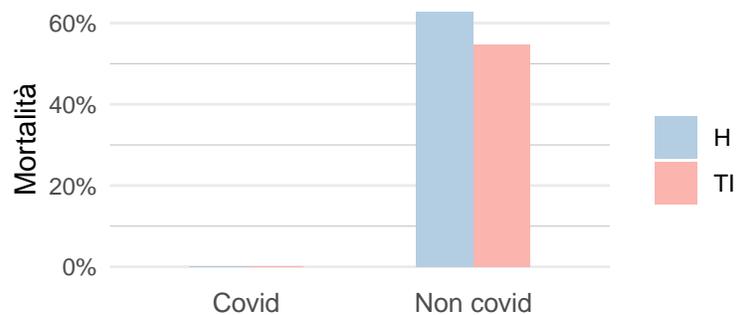
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	108	5	4.6	104	11	10.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	19	3	15.8	18	4	22.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	58	6	10.3	58	7	12.1
Pazienti infetti all'ammissione	127	8	6.3	122	15	12.3
Pazienti infetti in degenza	77	9	11.7	76	11	14.5

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	70	6	8.6	65	11	16.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	12	4	33.3	11	5	45.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	24	3	13.6	22	3	13.6
Pazienti infetti all'ammissione	82	10	12.2	76	16	21.1
Pazienti infetti in degenza	36	7	20.6	33	8	24.2

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	37	19	51.4	35	21	60.0
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	16	10	62.5	16	11	68.8
Pazienti infetti SOLO in degenza	10	3	33.3	5	3	60.0
Pazienti infetti all'ammissione	53	29	54.7	51	32	62.7
Pazienti infetti in degenza	26	13	52.0	21	14	66.7

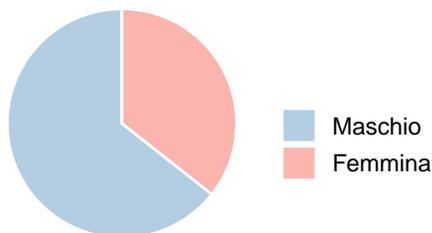
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	0	0	0.0	0	0	0.0
Non covid	53	29	54.7	51	32	62.7

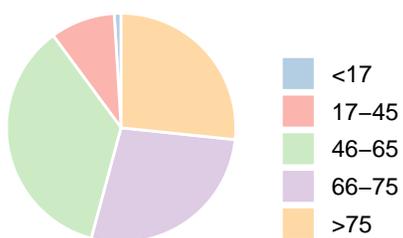
## 2 Tutti i pazienti ( N = 1336 )

### 2.1 Sesso



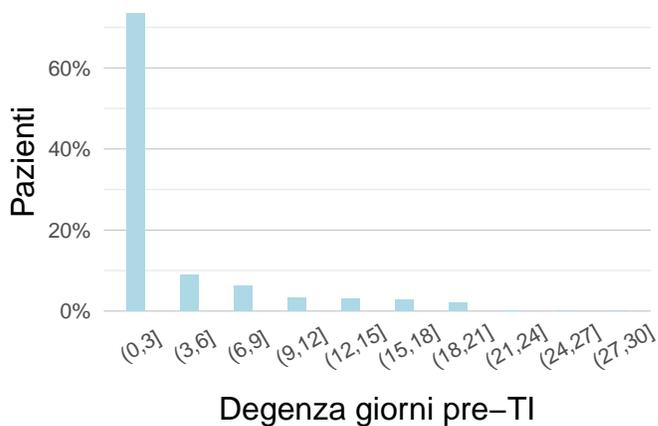
Sesso	N	%
Maschio	860	64.4
Femmina	476	35.6
Missing	0	0

### 2.2 Età



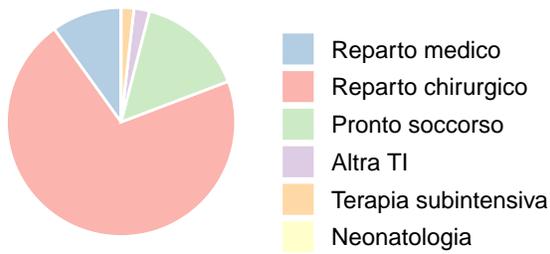
Range età	N	%
<17	13	1.0
17-45	122	9.1
46-65	477	35.7
66-75	368	27.5
>75	356	26.6
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



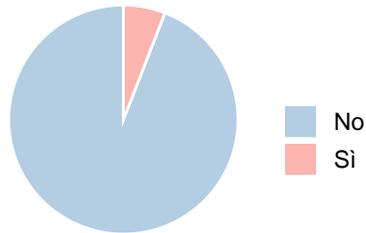
Indicatore	Valore
Media	4.9
DS	12.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	16

## 2.4 Provenienza ( reparto )



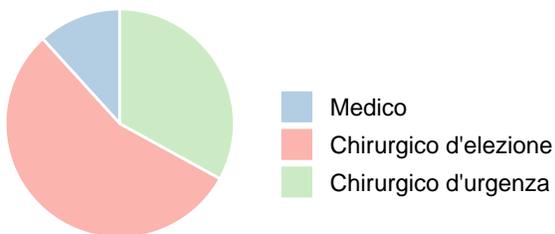
Provenienza	N	%
Reparto medico	131	9.9
Reparto chirurgico	936	70.9
Pronto soccorso	201	15.2
Altra TI	29	2.2
Terapia subintensiva	24	1.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	15	0

## 2.5 Trauma



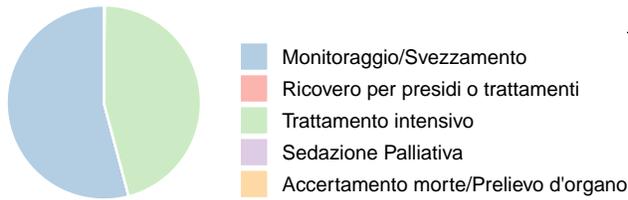
Trauma	N	%
No	1243	94.1
Si	78	5.9
Missing	15	0

## 2.6 Stato Chirurgico



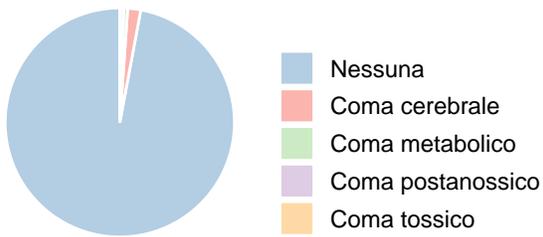
Stato chirurgico	N	%
Medico	155	11.7
Chirurgico d'elezione	730	55.3
Chirurgico d'urgenza	436	33.0
Missing	15	0

### 2.7 Motivo di ammissione



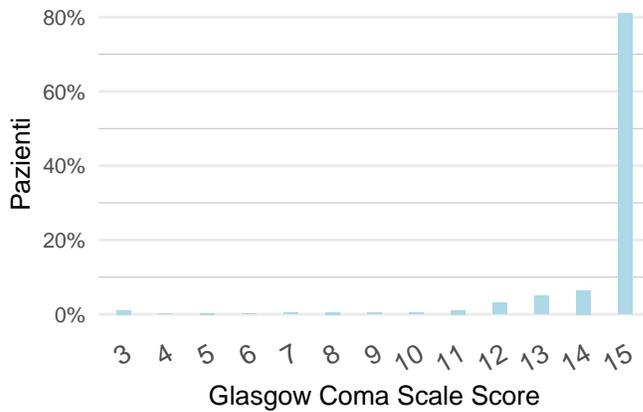
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	714	54.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	603	45.7
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.1
Missing	17	0

### 2.8 Insufficienza neurologica



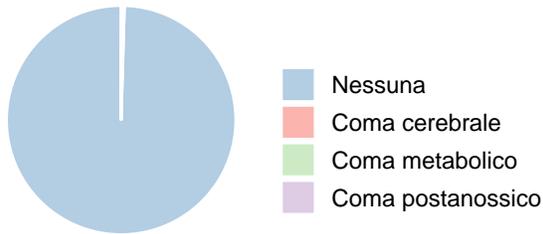
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1059	97.1
Coma cerebrale	20	1.8
Coma metabolico	6	0.5
Coma postanossico	5	0.5
Coma tossico	1	0.1
Missing	245	0

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



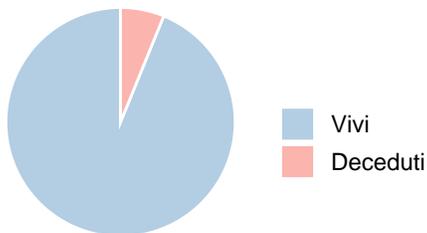
Indicatore	Valore
Media	14.4
DS	1.8
Mediana	15
Q1-Q3	15-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



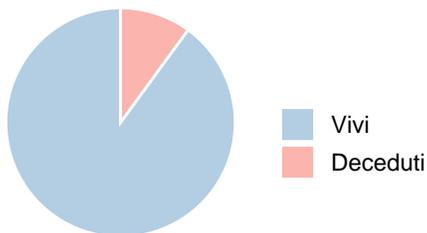
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1300	99.5
Coma cerebrale	2	0.2
Coma metabolico	3	0.2
Coma postanossico	1	0.1
Missing	30	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1221	93.9
Deceduti	80	6.1
Missing	35	0

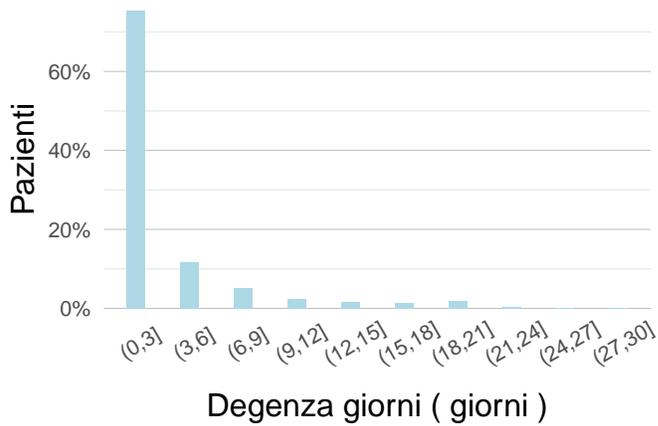
## 2.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1140	90.0
Deceduti	127	10.0
Missing	39	0

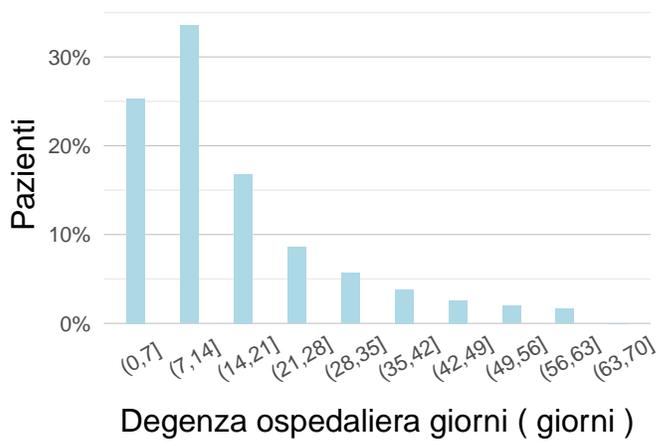
\* Statistiche calcolate su 1306 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 30 ).

## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	5.2 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-4)
Missing	33

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

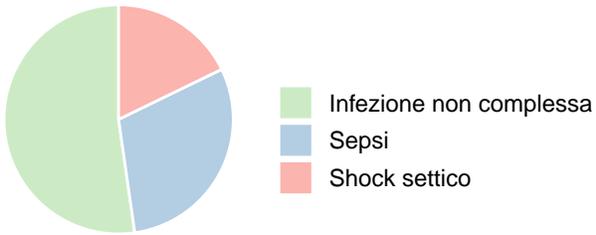


Indicatore	Valore
Media (DS)	20.1 (21.8)
Mediana (Q1-Q3)	13 (8-25)
Missing	39

\* Statistiche calcolate su 1306 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 30 ).

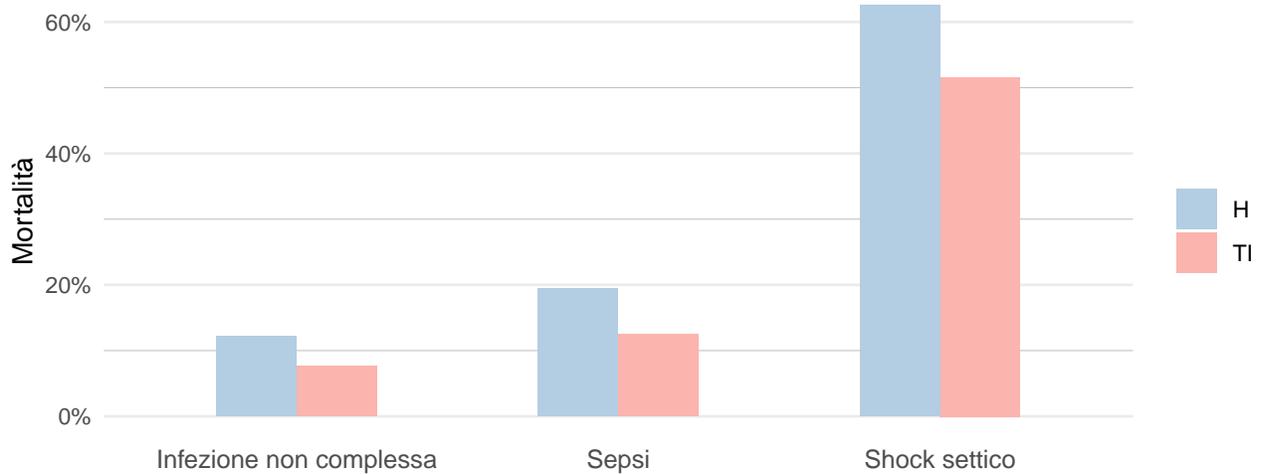
### 3 Pazienti infetti ( N = 354 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	185	52.3
Sepsi	106	29.9
Shock settico	63	17.8
Missing	0	0

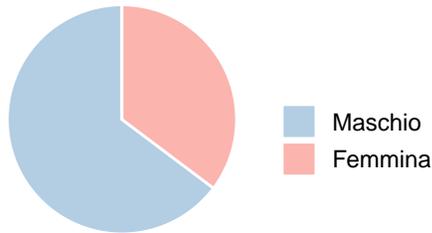
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	7.6	12.2
Sepsi	12.5	19.4
Shock settico	51.6	62.5

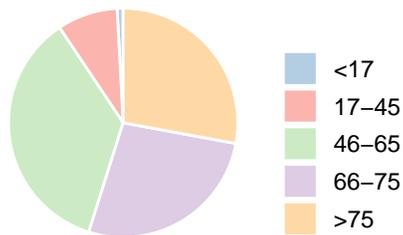
## 4 Pazienti non infetti ( N = 950 )

### 4.1 Sesso



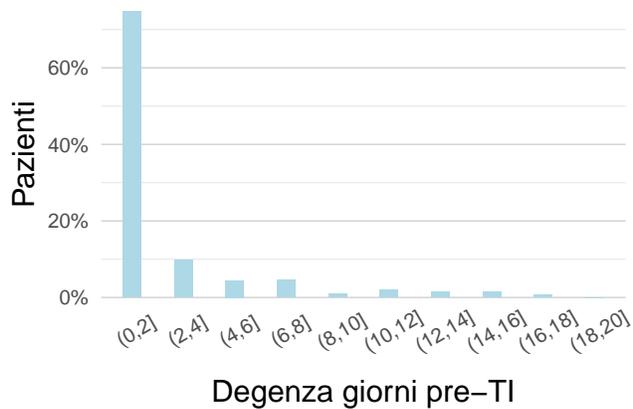
Sesso	N	%
Maschio	615	64.7
Femmina	335	35.3
Missing	0	0

### 4.2 Età



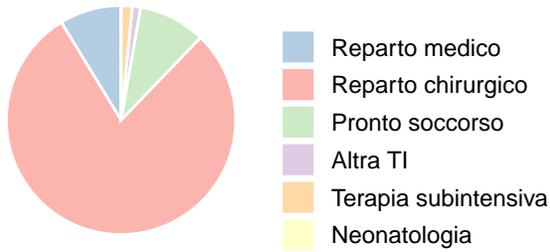
Range età	N	%
<17	8	0.8
17-45	81	8.5
46-65	340	35.8
66-75	256	26.9
>75	265	27.9
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



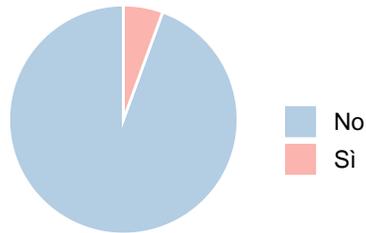
Indicatore	Valore
Media	3.8
DS	11.6
Mediana	1
Q1-Q3	0-2
Missing	2

## 4.4 Provenienza ( reparto )



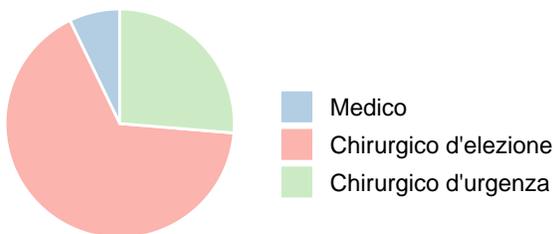
Provenienza	N	%
Reparto medico	83	8.7
Reparto chirurgico	751	79.1
Pronto soccorso	90	9.5
Altra TI	11	1.2
Terapia subintensiva	15	1.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

## 4.5 Trauma



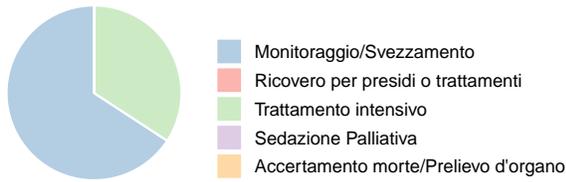
Trauma	N	%
No	897	94.4
Si	53	5.6
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



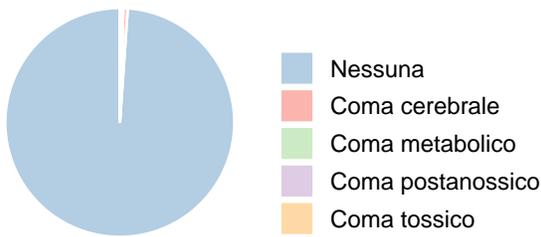
Stato chirurgico	N	%
Medico	68	7.2
Chirurgico d'elezione	632	66.5
Chirurgico d'urgenza	250	26.3
Missing	0	0

#### 4.7 Motivo di ammissione



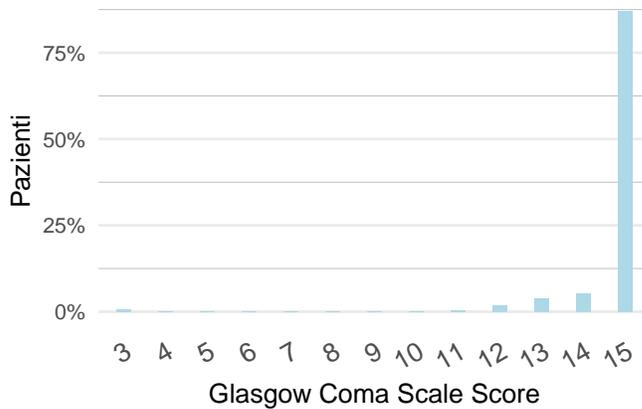
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	625	65.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	324	34.1
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.1
Missing	0	0

#### 4.8 Insufficienza neurologica



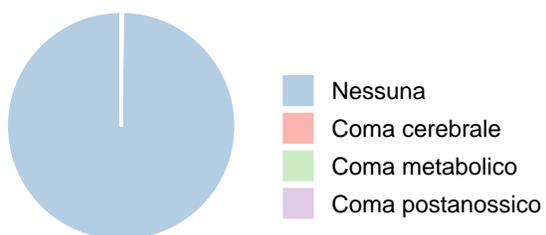
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	816	98.9
Coma cerebrale	5	0.6
Coma metabolico	1	0.1
Coma postanossico	2	0.2
Coma tossico	1	0.1
Missing	125	0

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



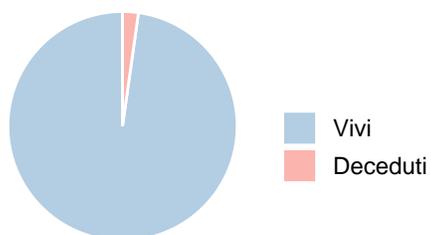
Indicatore	Valore
Media	12.7
DS	1.3
Mediana	13
Q1-Q3	13-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



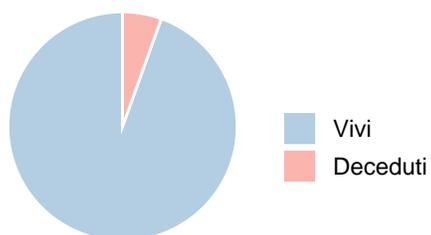
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	948	99.8
Coma cerebrale	2	0.2
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	0.0

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	925	97.8
Deceduti	21	2.2
Missing	4	0.0

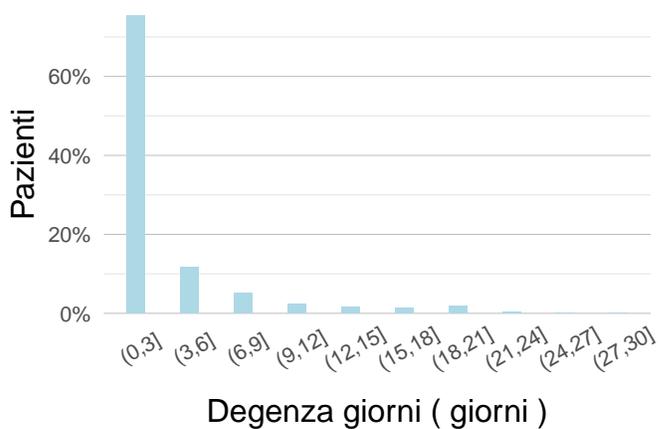
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	877	94.5
Deceduti	51	5.5
Missing	6	0.0

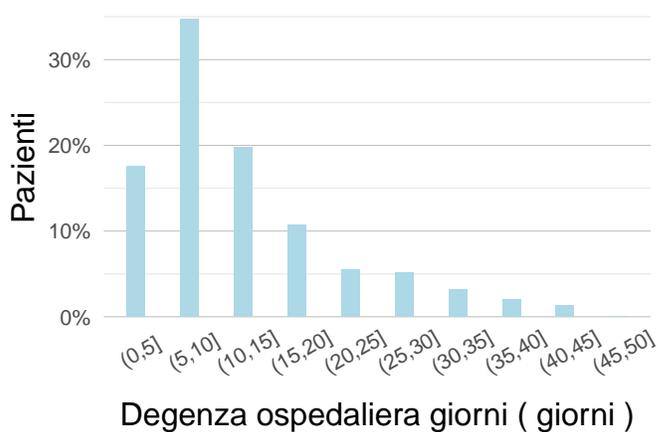
\* Statistiche calcolate su 934 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 16 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	2.2 (2.8)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-2)
Missing	3

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

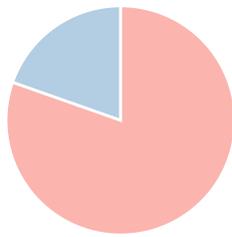


Indicatore	Valore
Media (DS)	15.8 (16.4)
Mediana (Q1-Q3)	11 (7-18)
Missing	6

\* Statistiche calcolate su 934 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 16 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

Sono presenti 262 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 19.61% della popolazione totale ammessa in TI.

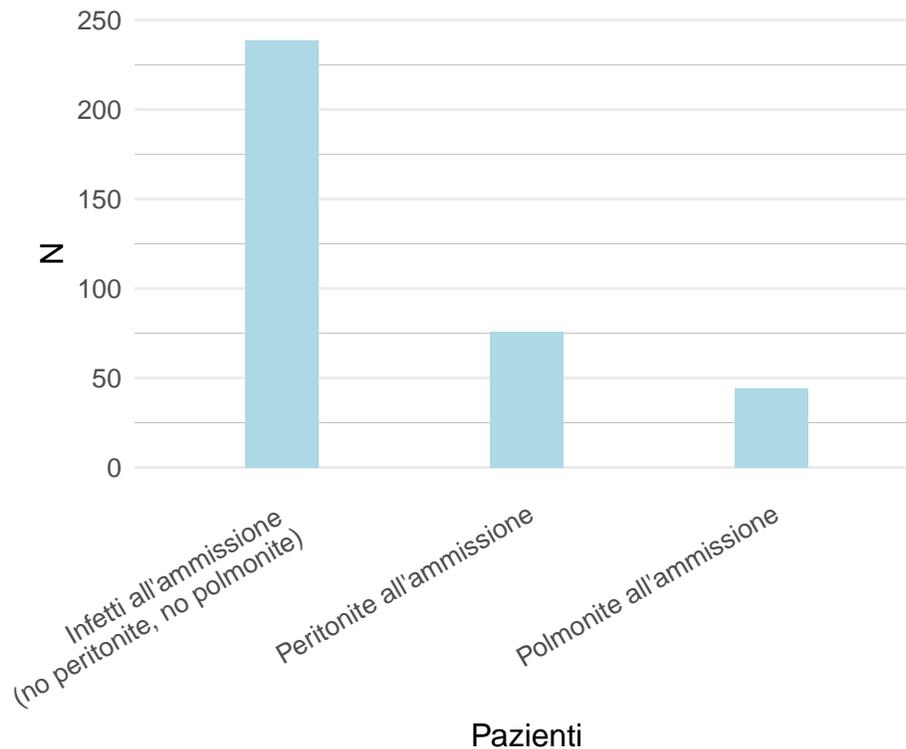


■ Infetti all'ammissione  
■ Non infetti all'ammissione

Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	262	19.61
Non infetti all'ammissione	1074	80.39

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1336).

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

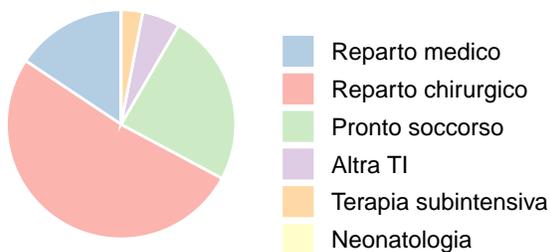


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	239	91.22
Peritonite all'ammissione	76	29.01
Polmonite all'ammissione	44	16.79

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 262).

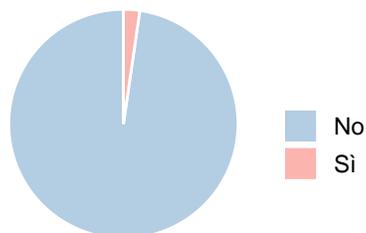
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 262)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



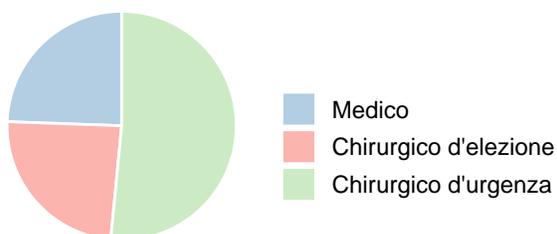
Provenienza	N	%
Reparto medico	41	15.6
Reparto chirurgico	135	51.5
Pronto soccorso	64	24.4
Altra TI	14	5.3
Terapia subintensiva	8	3.1
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

### 5.2 Trauma



Trauma	N	%
No	256	97.7
Sì	6	2.3
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



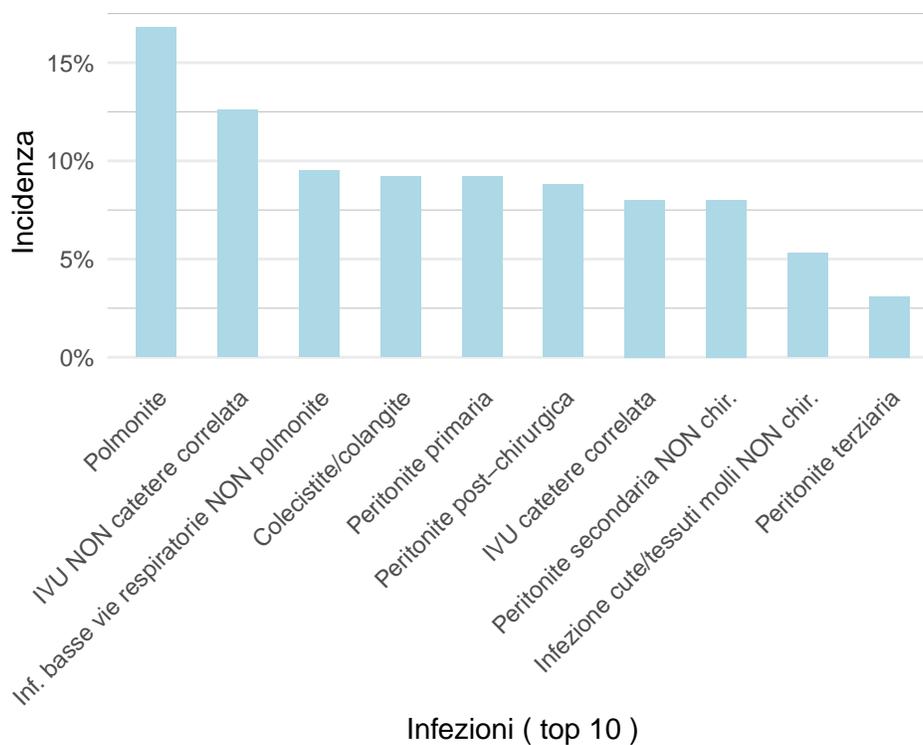
Stato chirurgico	N	%
Medico	64	24.4
Chirurgico d'elezione	63	24.0
Chirurgico d'urgenza	135	51.5
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	64	24.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	196	75.1
Sedazione Palliativa	1	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

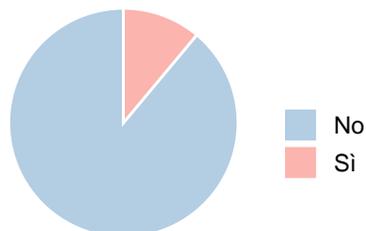
## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )



Infezione	N	%
Polmonite	44	16.8
IVU NON catetere correlata	33	12.6
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	25	9.5
Colecistite/colangite	24	9.2
Peritonite primaria	24	9.2
Peritonite post-chirurgica	23	8.8

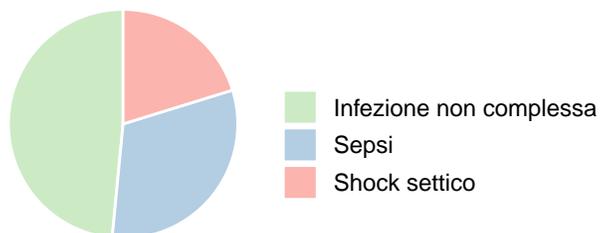
Peritonite secondaria NON chir.	21	8.0
IVU catetere correlata	21	8.0
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	14	5.3
Peritonite terziaria	8	3.1
Missing	0	NA

### 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	233	88.9
Sì	29	11.1
Missing	0	0

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



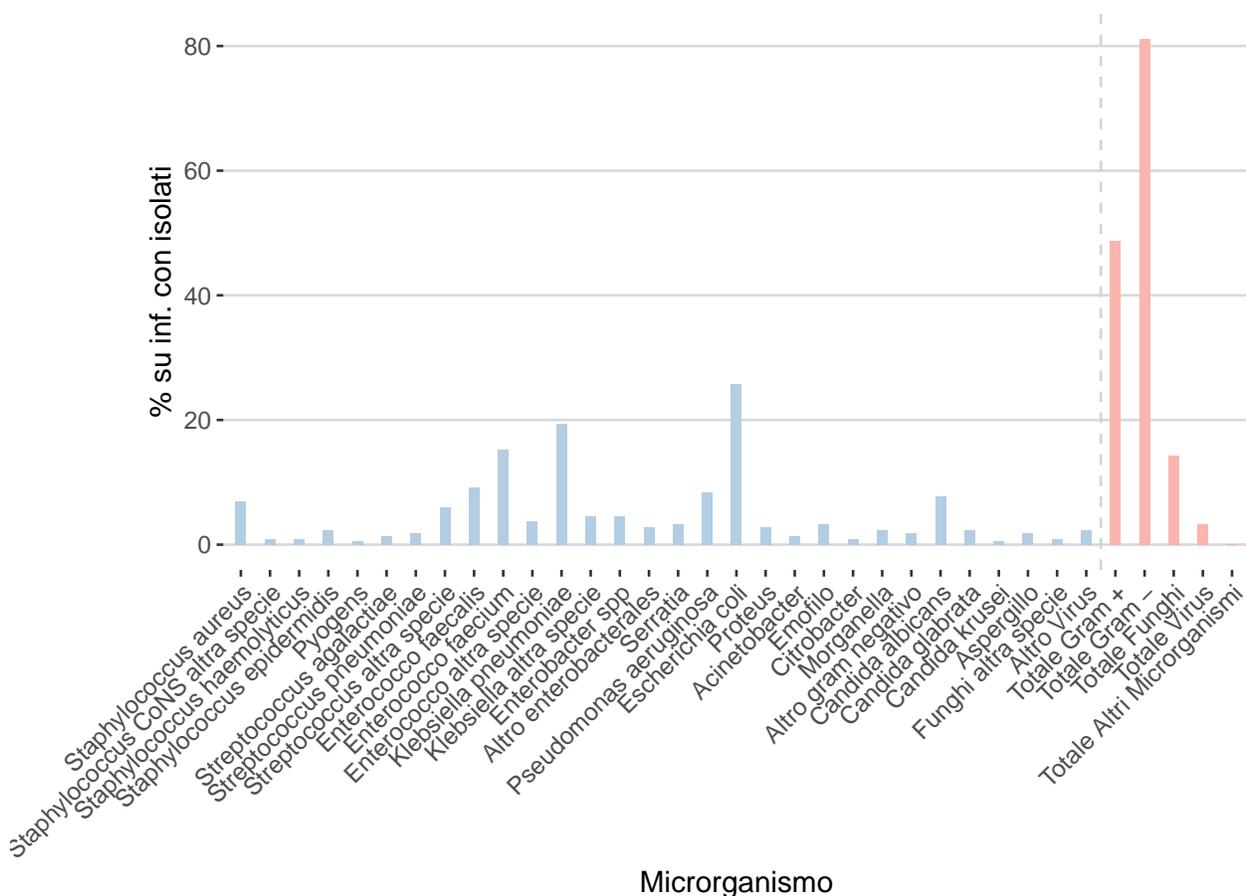
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	127	48.5
Sepsi	82	31.3
Shock settico	53	20.2
Missing	0	0

### 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	69	24.1
Sì	217	75.9
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>288</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>321</b>	

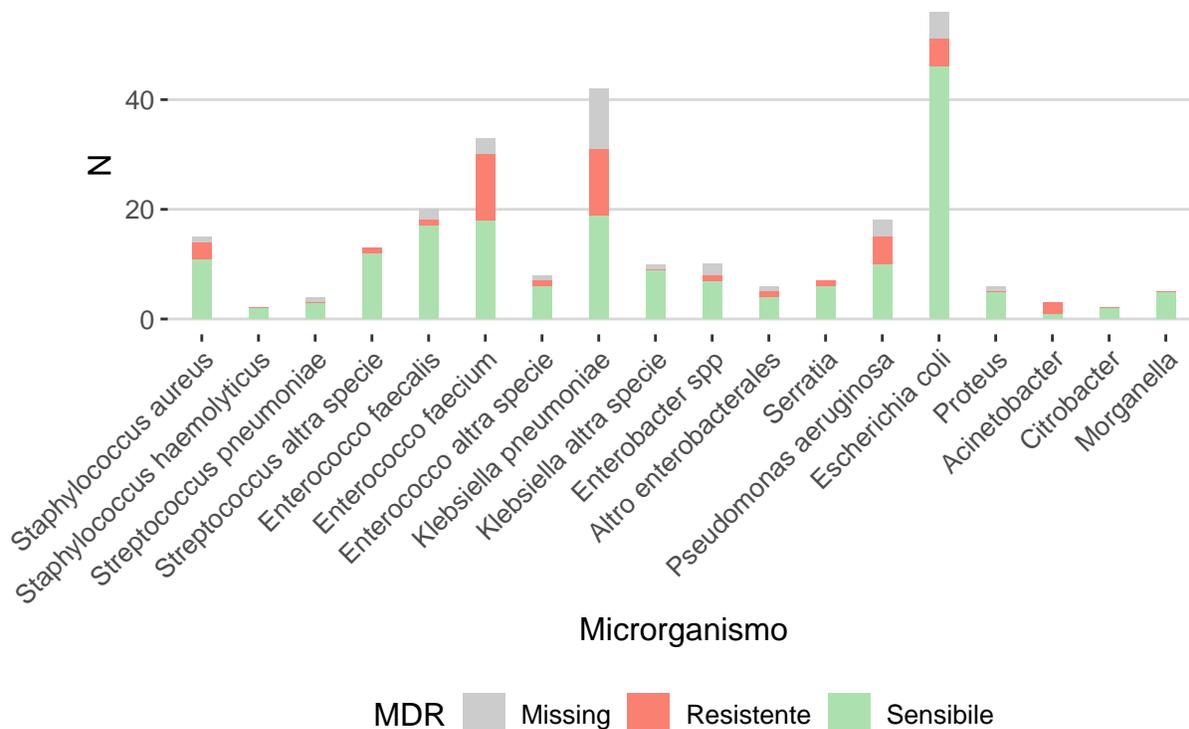
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	6.9	14	3	21.4
Staphylococcus CoNS altra specie	2	0.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	0.9	2	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	2.3	0	0	0
Pyogens	1	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	3	1.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	1.8	3	0	0
Streptococcus altra specie	13	6.0	13	1	7.7
Enterococcus faecalis	20	9.2	18	1	5.6
Enterococcus faecium	33	15.2	30	12	40
Enterococcus altra specie	8	3.7	7	1	14.3
<b>Totale Gram +</b>	<b>106</b>	<b>48.8</b>	<b>87</b>	<b>18</b>	<b>20.7</b>
Klebsiella pneumoniae	42	19.4	31	12	38.7
Klebsiella altra specie	10	4.6	9	0	0
Enterobacter spp	10	4.6	8	1	12.5
Altro enterobacterales	6	2.8	5	1	20
Serratia	7	3.2	7	1	14.3
Pseudomonas aeruginosa	18	8.3	15	5	33.3

Escherichia coli	56	25.8	51	5	9.8
Proteus	6	2.8	5	0	0
Acinetobacter	3	1.4	3	2	66.7
Emofilo	7	3.2	0	0	0
Citrobacter	2	0.9	2	0	0
Morganella	5	2.3	5	0	0
Altro gram negativo	4	1.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>176</b>	<b>81.1</b>	<b>141</b>	<b>27</b>	<b>19.1</b>
Candida albicans	17	7.8	0	0	0
Candida glabrata	5	2.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.5	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.5	0	0	0
Aspergillo	4	1.8	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>31</b>	<b>14.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.5			
Herpes simplex	1	0.5			
Altro Virus	5	2.3			
<b>Totale Virus</b>	<b>7</b>	<b>3.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

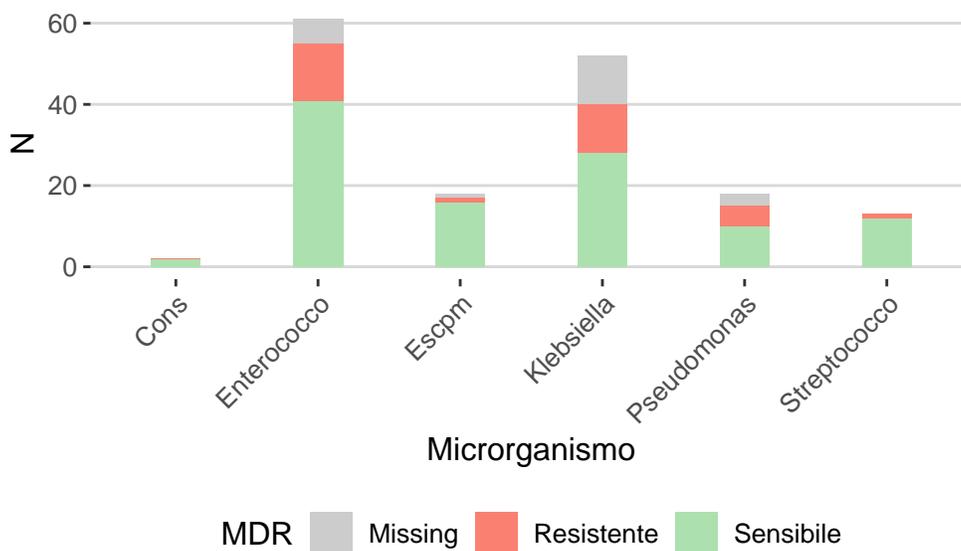
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra

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

### 5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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	31	Ertapenem	4	12.90
Klebsiella pneumoniae	30	Meropenem	11	36.67
Enterobacter spp	8	Ertapenem	1	12.50
Enterobacter spp	8	Meropenem	1	12.50
Altro enterobacterales	3	Ertapenem	1	33.33
Altro enterobacterales	5	Meropenem	1	20.00
Escherichia coli	49	Ertapenem	5	10.20

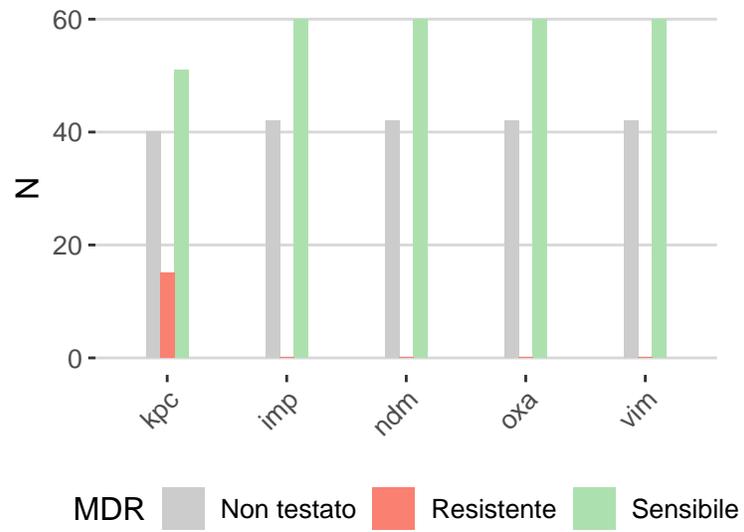
Escherichia coli	51	Meropenem	2	3.92
Serratia	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	15	Imipenem	5	33.33
Pseudomonas aeruginosa	15	Meropenem	4	26.67
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	3	21.43
Streptococcus altra specie	13	Penicillina	1	7.69
Enterococco faecalis	18	Vancomicina	1	5.56
Enterococco faecium	30	Vancomicina	12	40.00
Enterococco altra specie	7	Vancomicina	1	14.29

### 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.

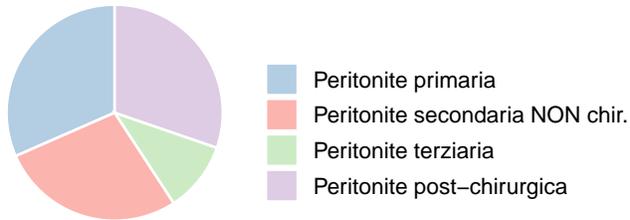
	N	%
Sì	15	14.15
No	51	48.11
Non testato	40	37.74
Missing	38	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	60	42
kpc	15	100	51	40
ndm	0	0	60	42
oxa	0	0	60	42
vim	0	0	60	42



## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 76)

### 6.1 Tipologia di peritonite



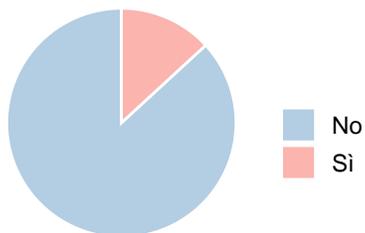
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	24	31.6
Peritonite secondaria NON chir.	21	27.6
Peritonite terziaria	8	10.5
Peritonite post-chirurgica	23	30.3
Missing	0	0

### 6.2 Tipo di infezione



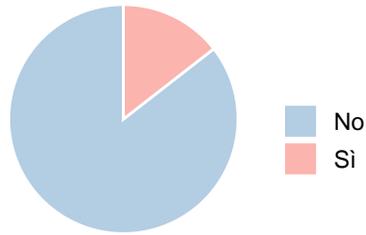
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	29	38.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	46	60.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	1	1.3
Missing	0	0

### 6.3 Infezione batteriemica



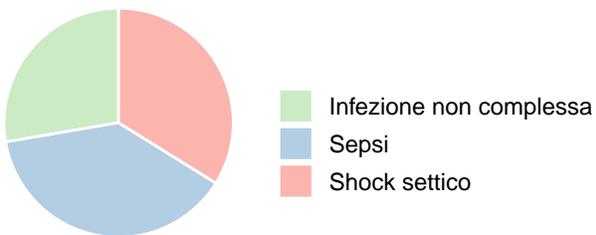
Batteriemica	N	%
No	66	86.8
Si	10	13.2
Missing	0	0

#### 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	65	85.5
Si	11	14.5
Missing	0	0

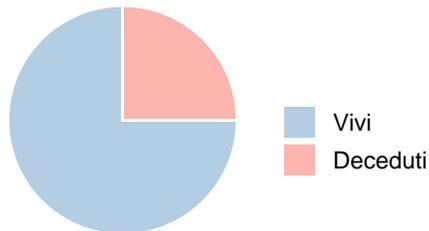
#### 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	18	27.7
Sepsi	25	38.5
Shock settico	22	33.8
Missing	0	0

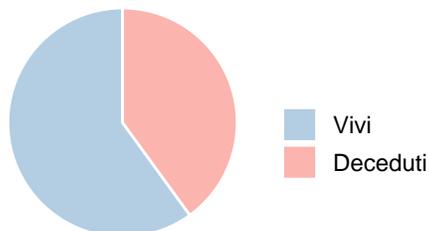
\* Statistiche calcolate su 65 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 11 ).

#### 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	57	75.0
Deceduti	19	25.0
Missing	0	0

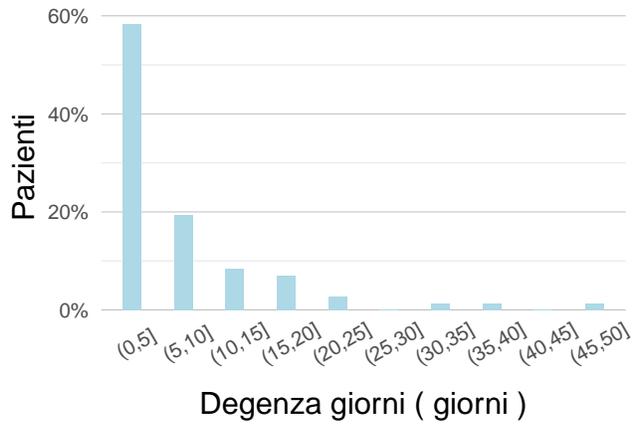
#### 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	42	60.0
Deceduti	28	40.0
Missing	0	0

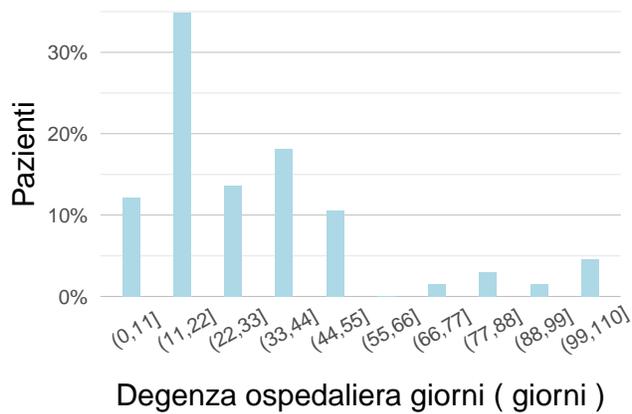
\* Statistiche calcolate su 70 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 6 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	11.1 (18.3)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-12.2)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.4 (33.3)
Mediana (Q1-Q3)	26 (15-44.8)
Missing	0

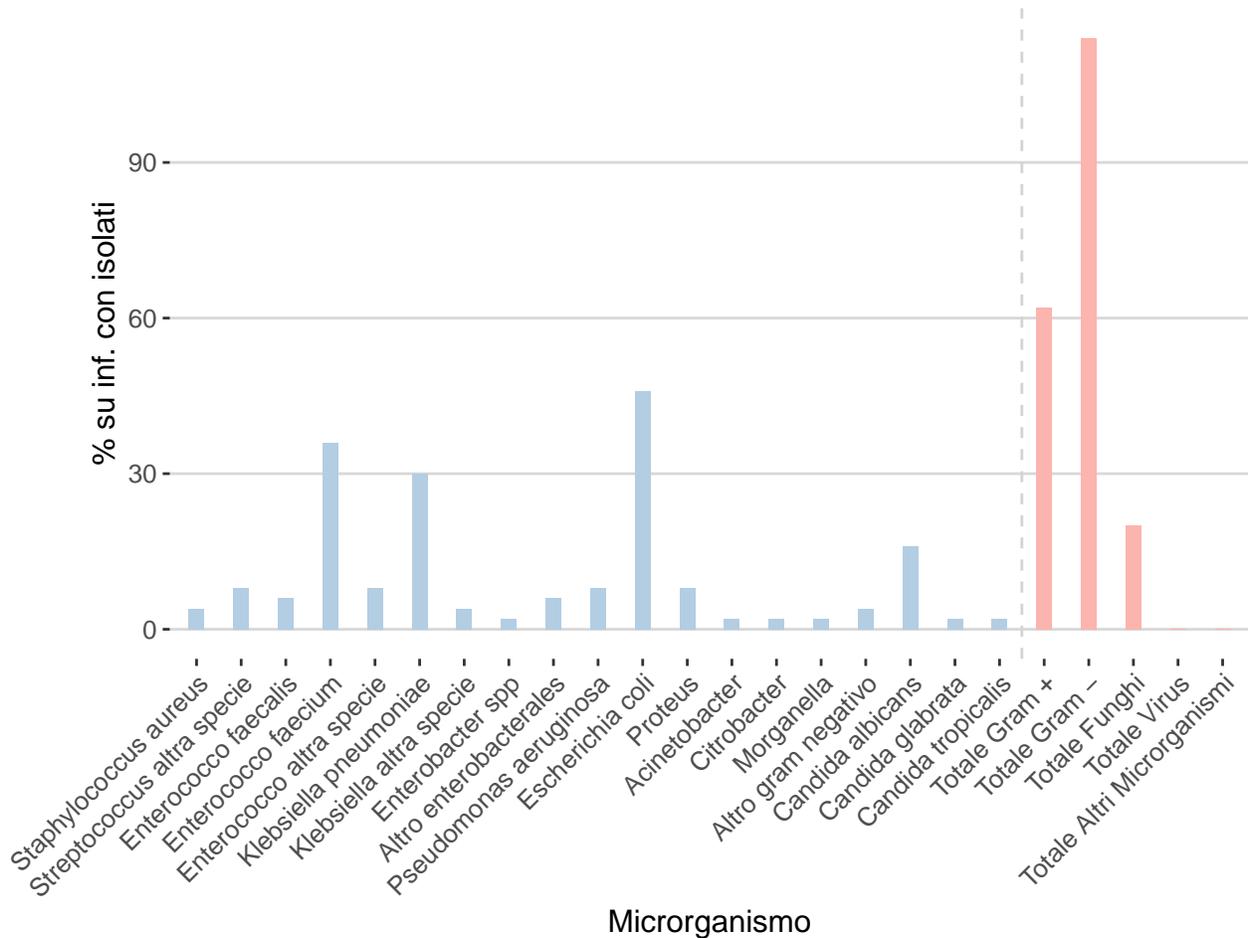
\* Statistiche calcolate su 70 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 6 ).

## 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	26	34.2
Sì	50	65.8
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>76</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>98</b>	

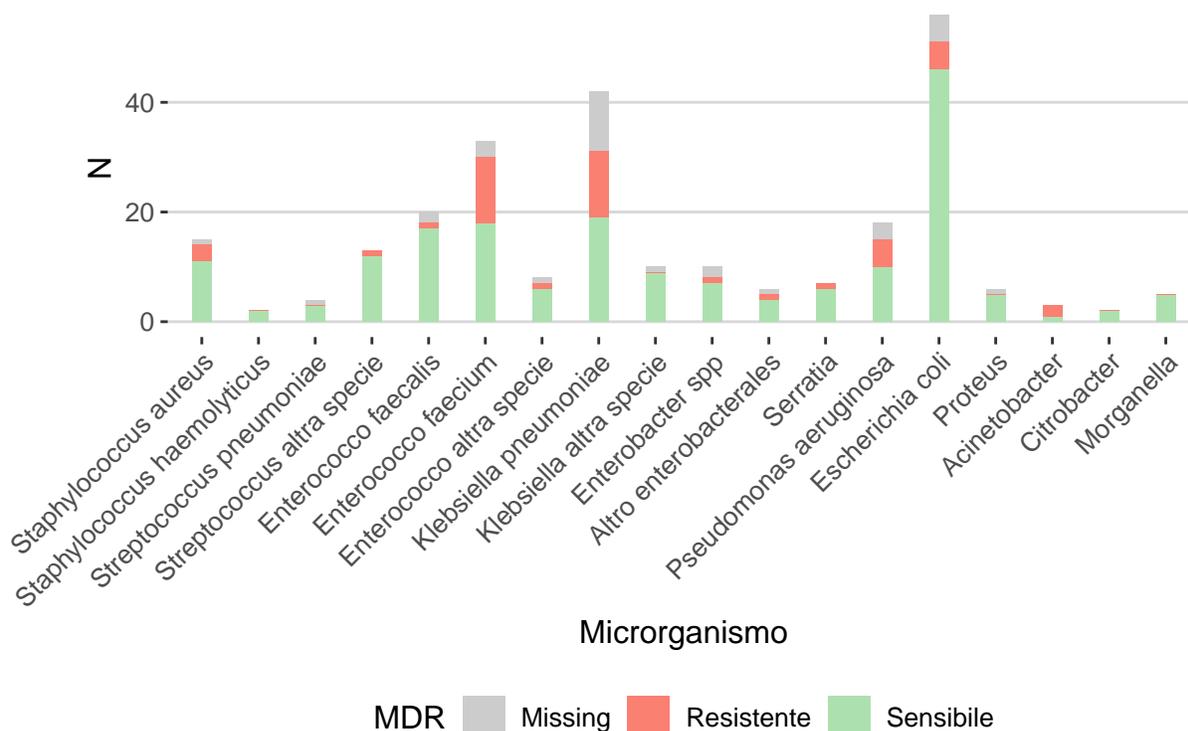
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	4	2	0	0
Streptococcus altra specie	4	8	4	0	0

Enterococco faecalis	3	6	2	0	0
Enterococco faecium	18	36	16	4	25
Enterococco altra specie	4	8	3	1	33.3
<b>Totale Gram +</b>	<b>31</b>	<b>62</b>	<b>27</b>	<b>5</b>	<b>18.5</b>
Klebsiella pneumoniae	15	30	10	3	30
Klebsiella altra specie	2	4	2	0	0
Enterobacter spp	1	2	1	0	0
Altro enterobacterales	3	6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	4	8	4	1	25
Escherichia coli	23	46	20	0	0
Proteus	4	8	3	0	0
Acinetobacter	1	2	1	1	100
Citrobacter	1	2	1	0	0
Morganella	1	2	1	0	0
Altro gram negativo	2	4	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>57</b>	<b>114</b>	<b>46</b>	<b>5</b>	<b>10.9</b>
Candida albicans	8	16	0	0	0
Candida glabrata	1	2	0	0	0
Candida tropicalis	1	2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>10</b>	<b>20</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

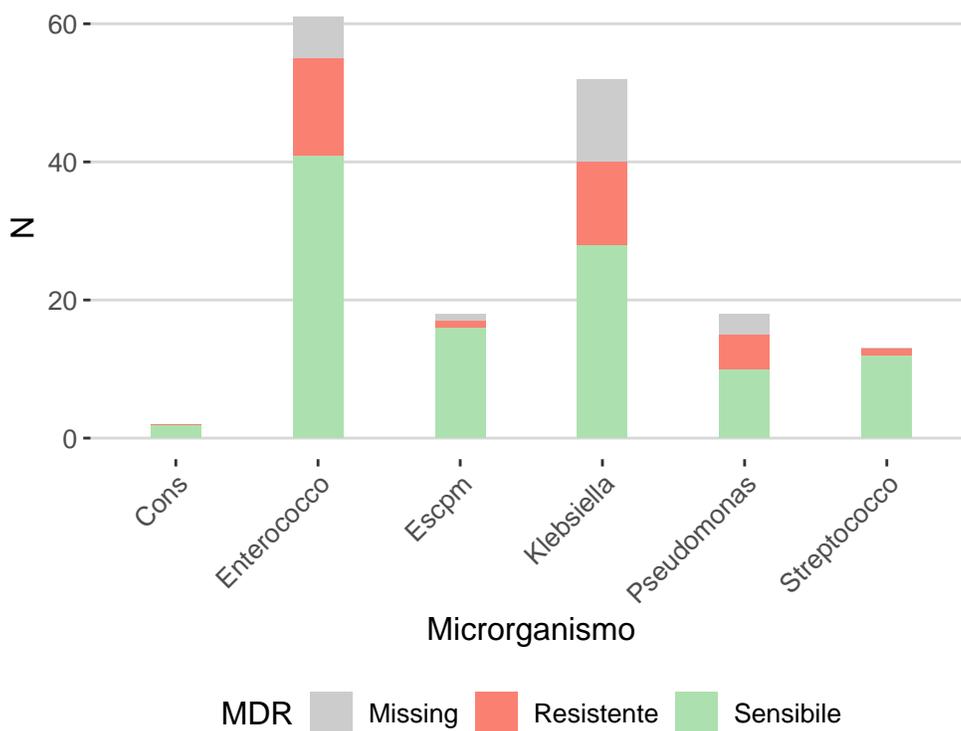
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

coccus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycobacterium tuberculosis, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibioti-ogramma	N sensibili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

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

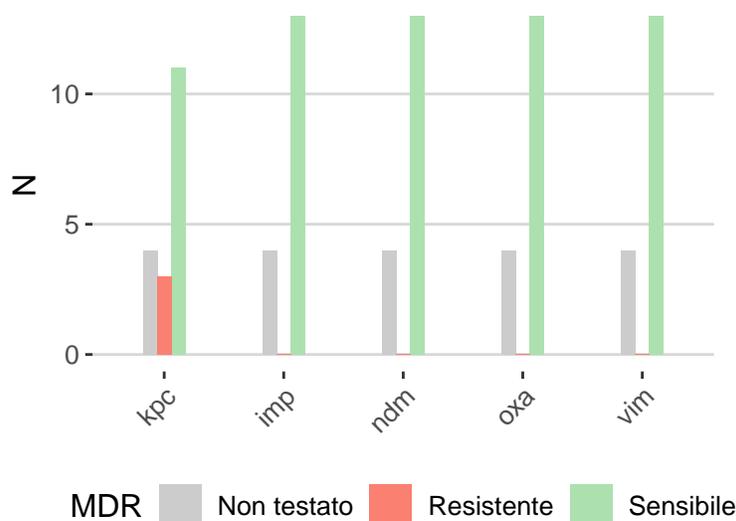
Klebsiella pneumoniae	10	Ertapenem	1	10.00
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	3	30.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	1	25.00
Enterococco faecium	16	Vancomicina	4	25.00
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

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

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

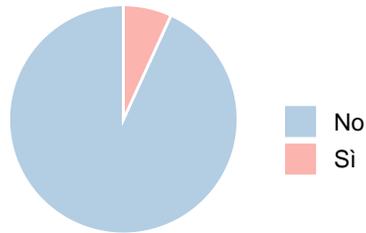
	N	%
Sì	3	16.67
No	11	61.11
Non testato	4	22.22
Missing	10	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	4
kpc	3	100	11	4
ndm	0	0	13	4
oxa	0	0	13	4
vim	0	0	13	4



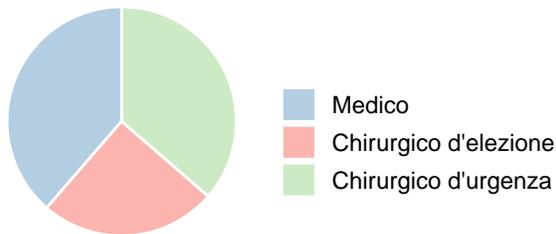
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 44)

### 7.1 Trauma



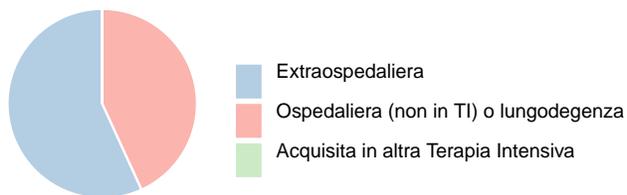
Trauma	N	%
No	41	93.2
Sì	3	6.8
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



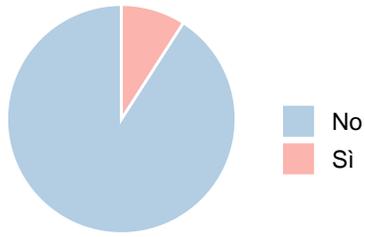
Stato chirurgico	N	%
Medico	17	38.6
Chirurgico d'elezione	11	25.0
Chirurgico d'urgenza	16	36.4
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



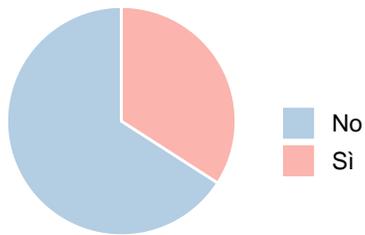
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	25	56.8
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	19	43.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

7.4 Infezione batteriemica



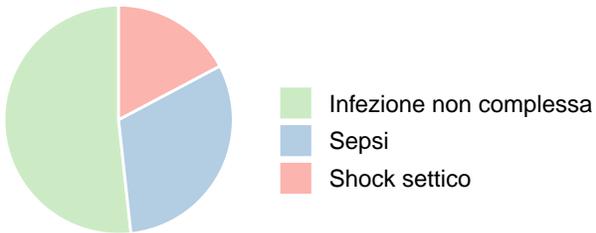
Batteriemica	N	%
No	40	90.9
Si	4	9.1
Missing	0	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	29	65.9
Si	15	34.1
Missing	0	0

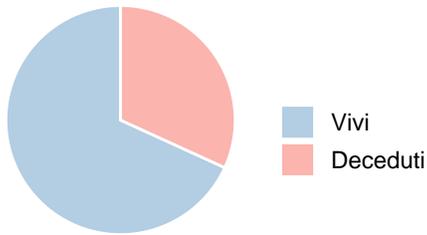
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	15	51.7
Sepsi	9	31.0
Shock settico	5	17.2
Missing	0	0

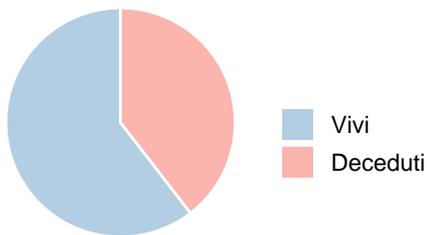
\* Statistiche calcolate su 29 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 15 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	30	68.2
Deceduti	14	31.8
Missing	0	0

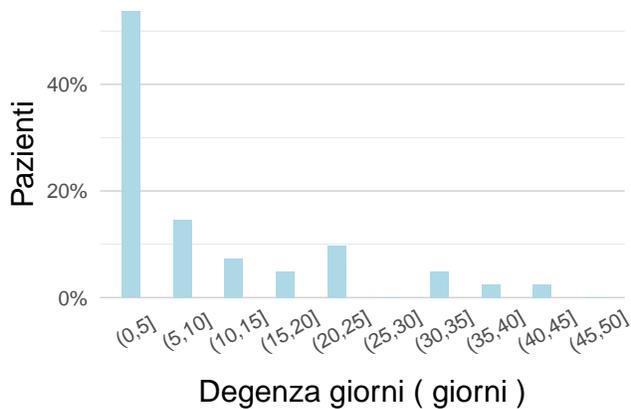
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	26	60.5
Deceduti	17	39.5
Missing	0	0

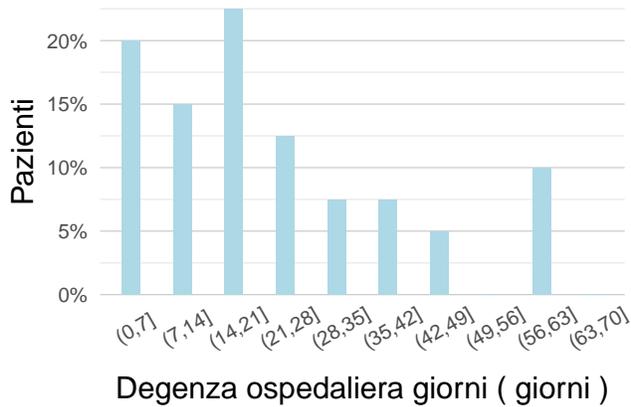
\* Statistiche calcolate su 43 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	14.2 (19.3)
Mediana (Q1-Q3)	5.5 (3-18.8)
Missing	0

### 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.7 (22.6)
Mediana (Q1-Q3)	19 (12-37)
Missing	0

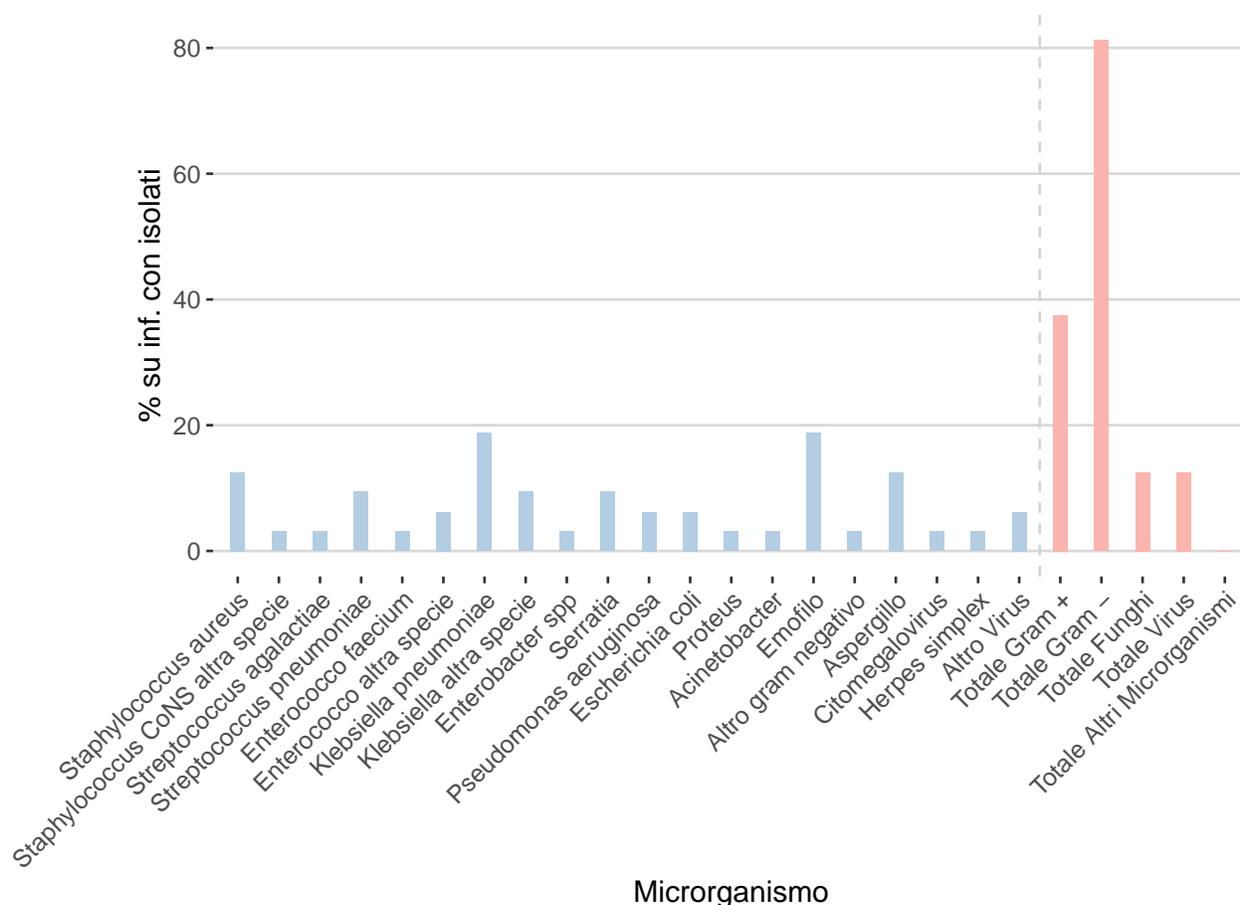
\* Statistiche calcolate su 43 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	12	27.3
Sì	32	72.7
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>44</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>47</b>	

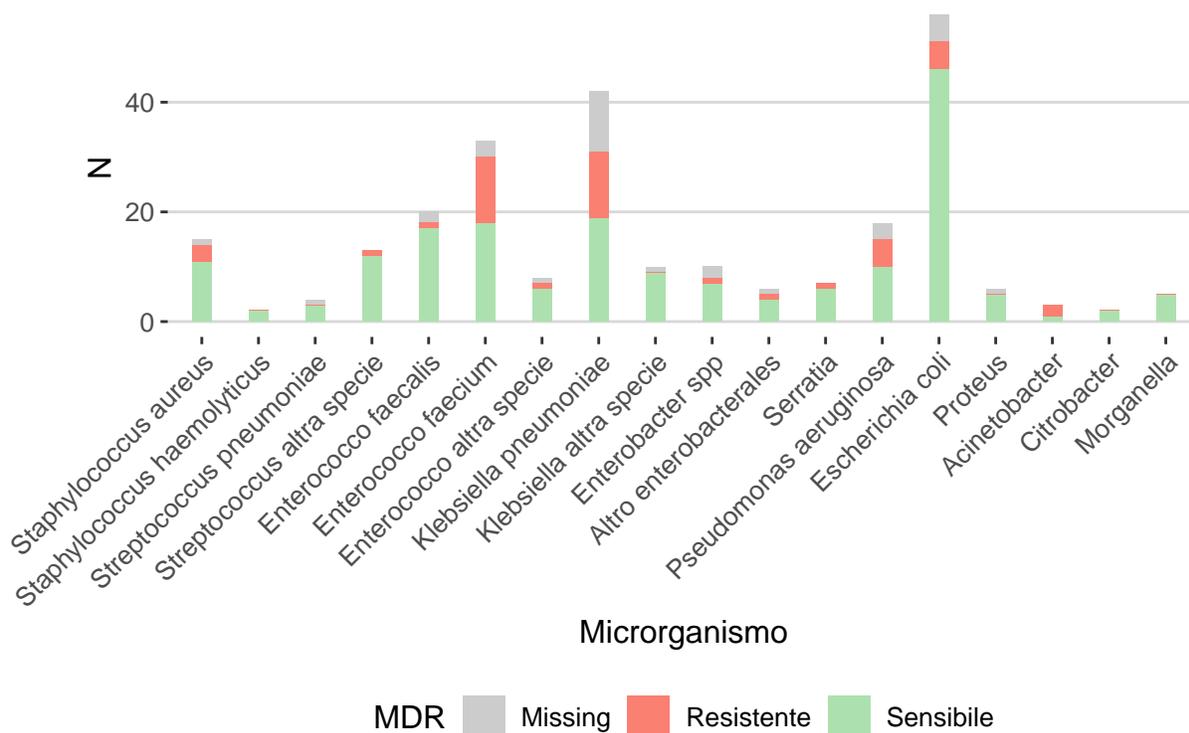
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	12.5	4	1	25
Staphylococcus CoNS altra specie	1	3.1	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	3.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	9.4	2	0	0
Enterococcus faecium	1	3.1	1	1	100
Enterococcus altra specie	2	6.2	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>12</b>	<b>37.5</b>	<b>9</b>	<b>2</b>	<b>22.2</b>
Klebsiella pneumoniae	6	18.8	4	1	25
Klebsiella altra specie	3	9.4	2	0	0
Enterobacter spp	1	3.1	1	0	0
Serratia	3	9.4	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	6.2	2	0	0
Escherichia coli	2	6.2	2	0	0
Proteus	1	3.1	1	0	0
Acinetobacter	1	3.1	1	0	0
Emofilo	6	18.8	0	0	0
Altro gram negativo	1	3.1	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>26</b>	<b>81.2</b>	<b>16</b>	<b>1</b>	<b>6.2</b>
Aspergillo	4	12.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>12.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	3.1			
Herpes simplex	1	3.1			

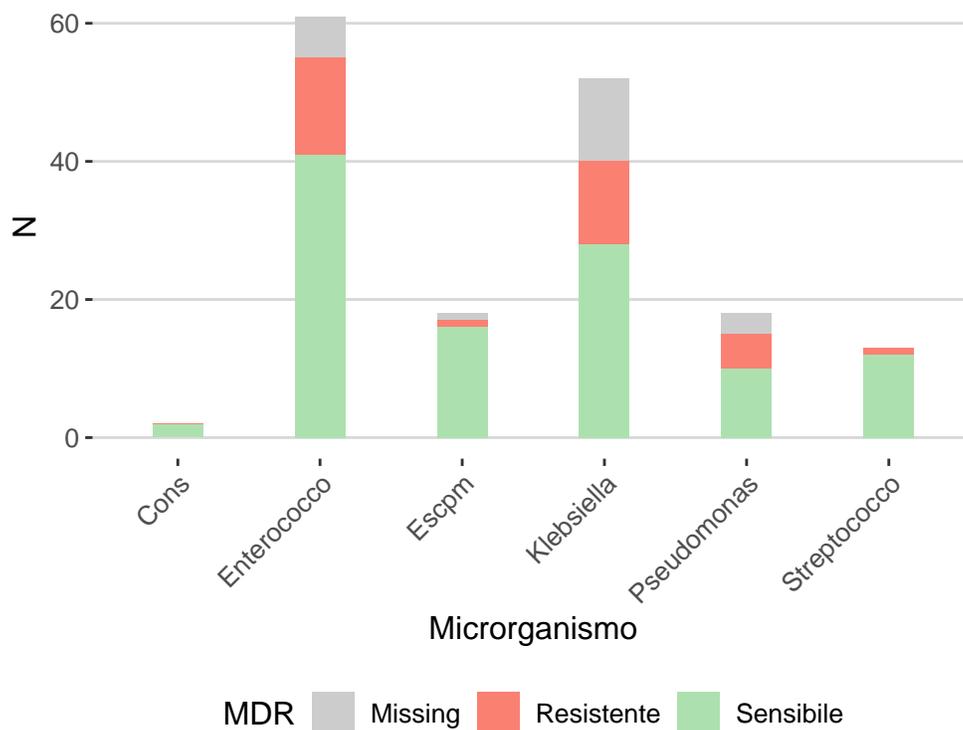
Altro Virus	2	6.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>4</b>	<b>12.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

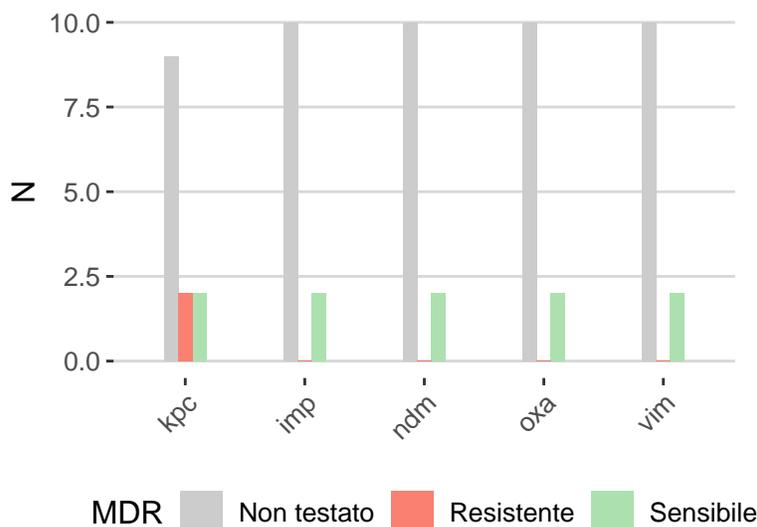
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	1	25.00
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	2	15.38
No	2	15.38
Non testato	9	69.23
Missing	3	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	10
kpc	2	100	2	9
ndm	0	0	2	10
oxa	0	0	2	10
vim	0	0	2	10



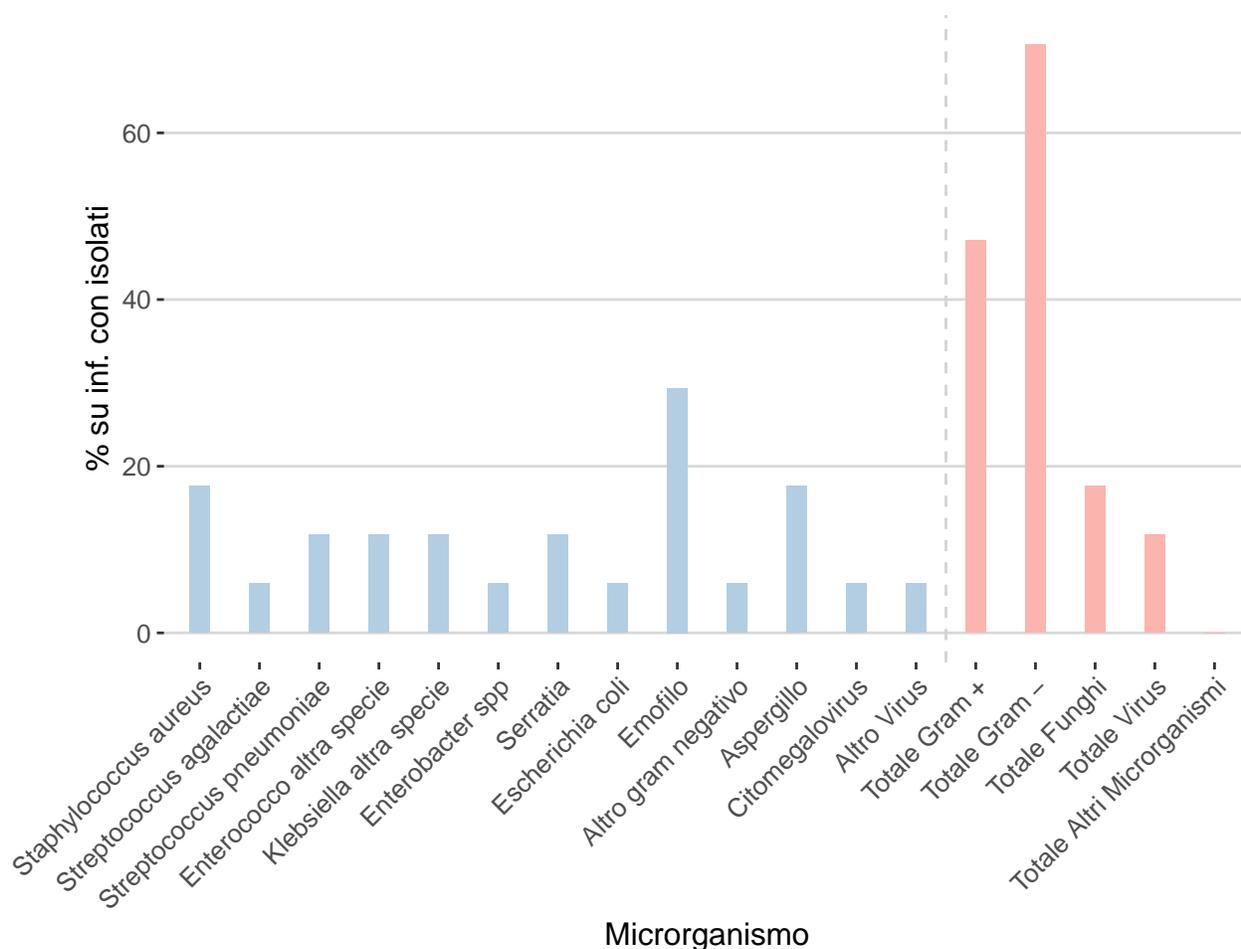
### 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	8	32.0
Sì	17	68.0
Missing	0	

**Totale infezioni** 25  
**Totale microrganismi isolati** 25

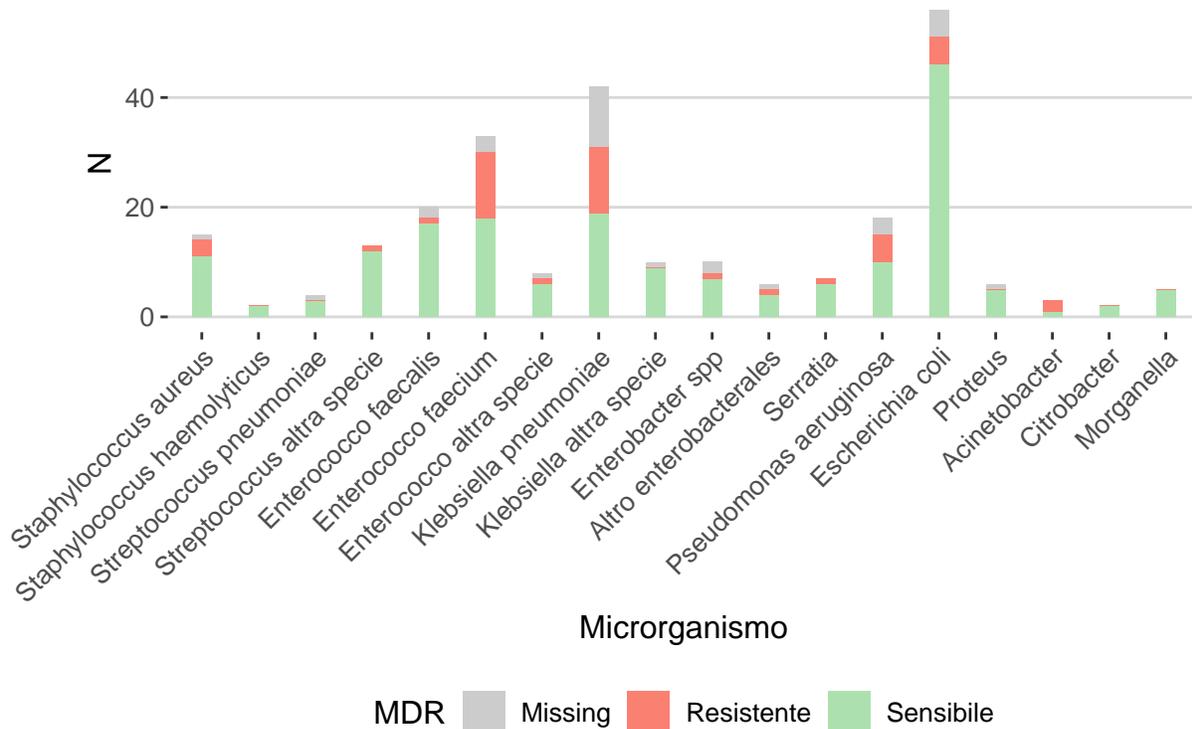
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	17.6	3	1	33.3
Streptococcus agalactiae	1	5.9	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	11.8	2	0	0
Enterococco altra specie	2	11.8	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>47.1</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>14.3</b>
Klebsiella altra specie	2	11.8	2	0	0
Enterobacter spp	1	5.9	1	0	0
Serratia	2	11.8	2	0	0
Escherichia coli	1	5.9	1	0	0
Emofilo	5	29.4	0	0	0
Altro gram negativo	1	5.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>12</b>	<b>70.6</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

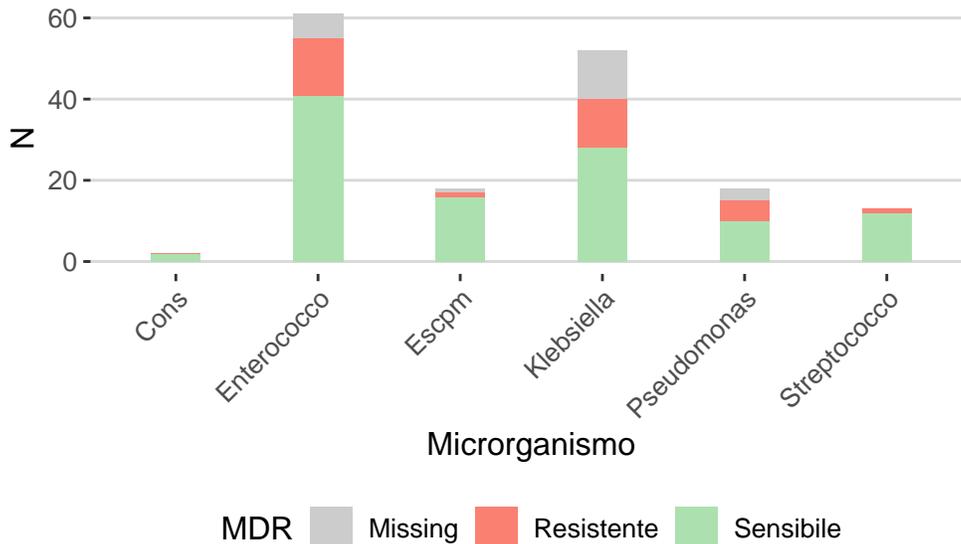
Aspergillo	3	17.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>17.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	5.9			
Altro Virus	1	5.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>11.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

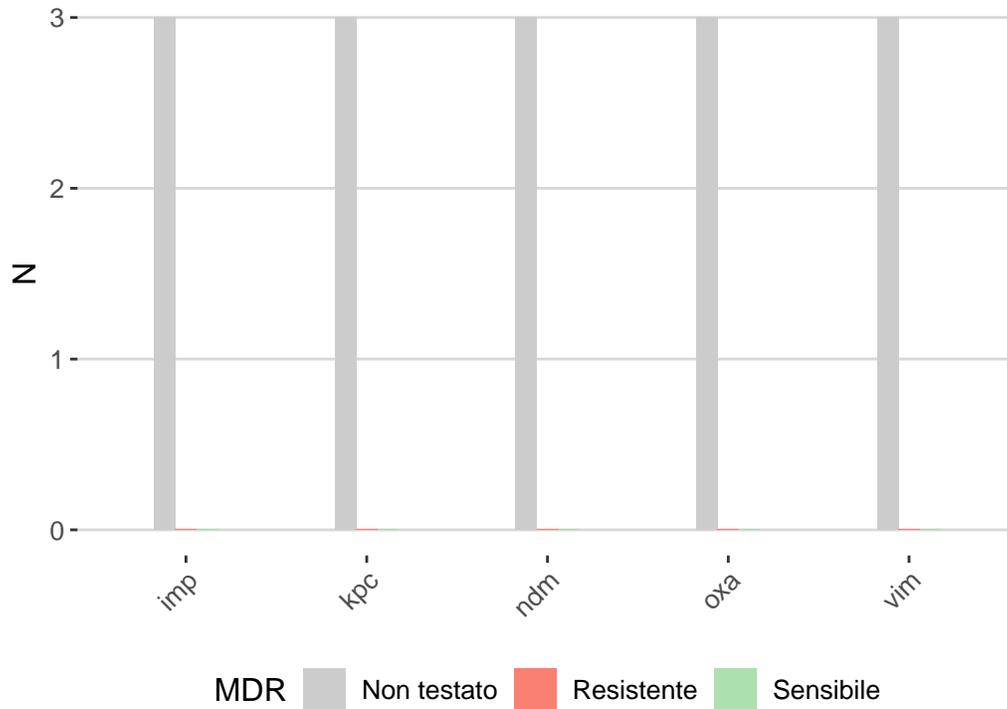
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	1	33.33

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	4	

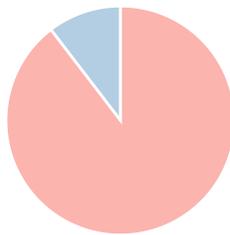
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	0	3
kpc	0	0	0	3
ndm	0	0	0	3
oxa	0	0	0	3
vim	0	0	0	3



## 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 139 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 10.4% della popolazione totale ammessa in TI.

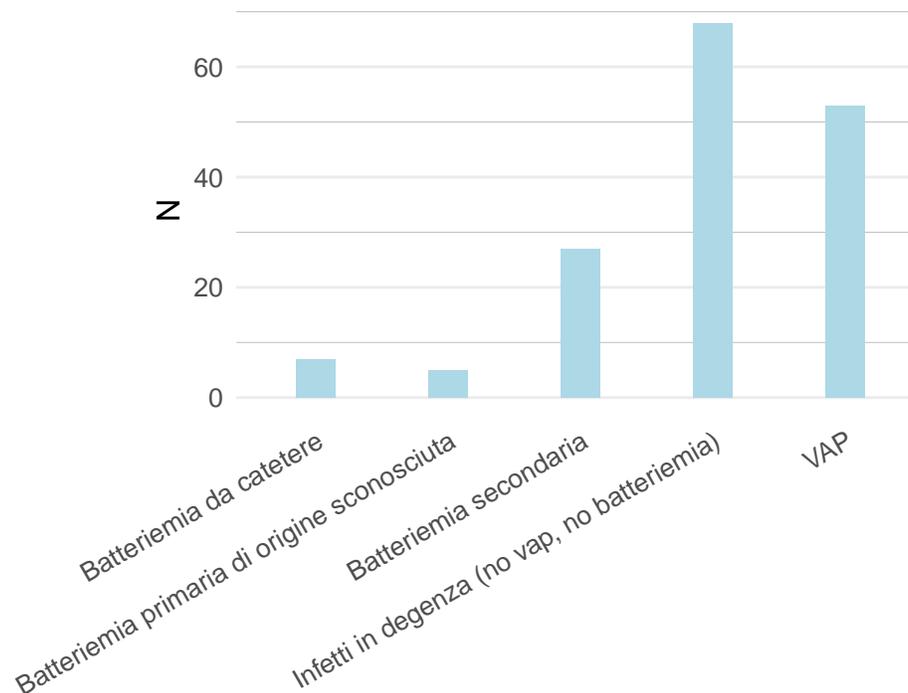


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	139	10.4
Non infetti in degenza	1197	89.6

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1336).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



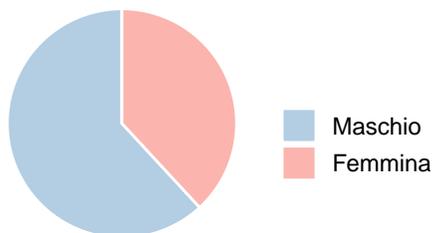
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	68	48.9
VAP	53	38.1
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	5	3.6
Batteriemia da catetere	7	5.0
Batteriemia secondaria	27	19.4

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 139)

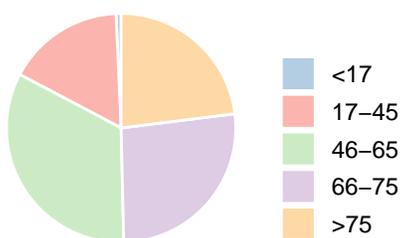
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 139)

### 8.1 Sesso



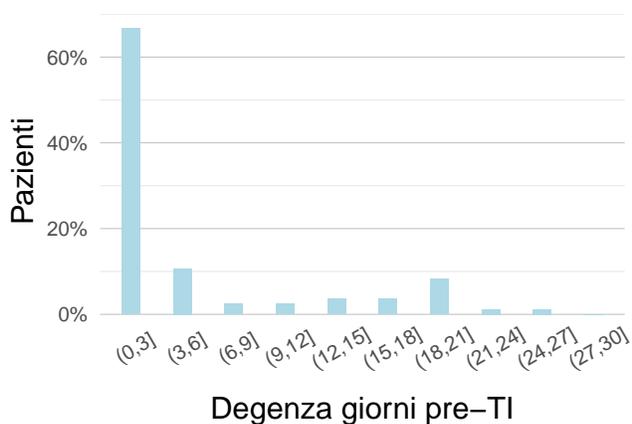
Sesso	N	%
Maschio	86	61.9
Femmina	53	38.1
Missing	0	0

### 8.2 Età



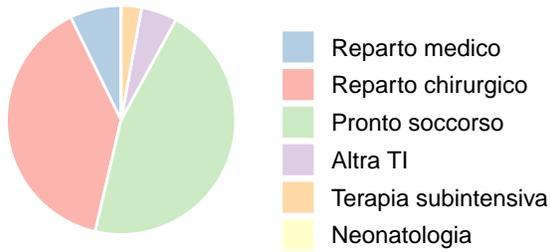
Range età	N	%
<17	1	0.7
17-45	23	16.5
46-65	46	33.1
66-75	37	26.6
>75	32	23.0
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



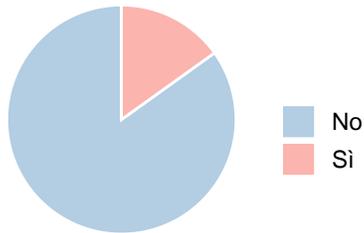
Indicatore	Valore
Media	5.8
DS	13.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-3.5
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



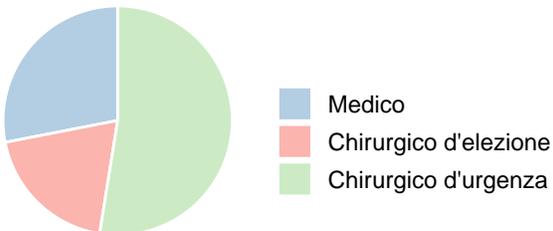
Provenienza	N	%
Reparto medico	10	7.2
Reparto chirurgico	54	39.1
Pronto soccorso	63	45.7
Altra TI	7	5.1
Terapia subintensiva	4	2.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

## 8.5 Trauma



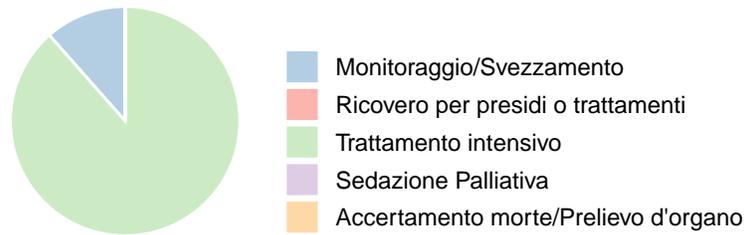
Trauma	N	%
No	118	84.9
Sì	21	15.1
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



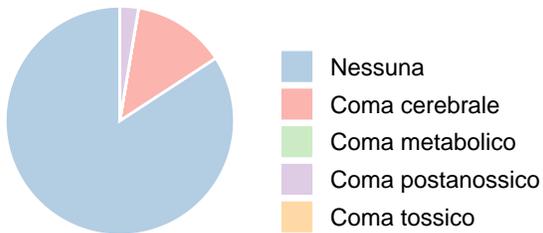
Stato chirurgico	N	%
Medico	39	28.1
Chirurgico d'elezione	27	19.4
Chirurgico d'urgenza	73	52.5
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



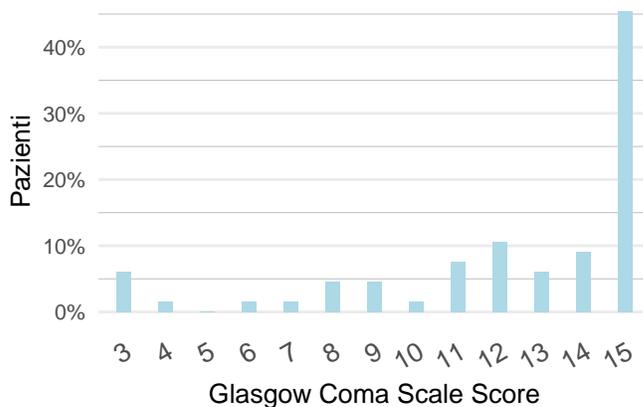
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	16	11.5
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	123	88.5
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



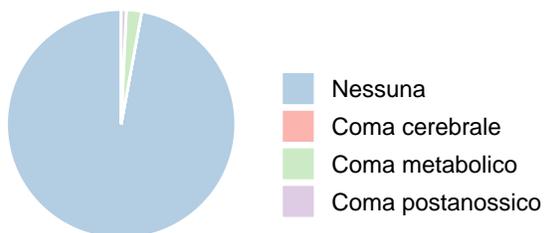
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	64	84.2
Coma cerebrale	10	13.2
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	2	2.6
Coma tossico	0	0.0
Missing	63	0

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



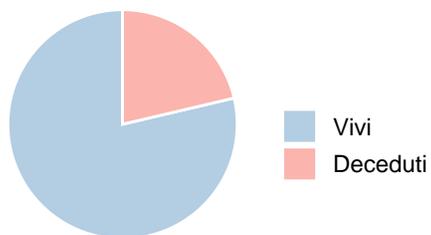
Indicatore	Valore
Media	10.3
DS	3.6
Mediana	12
Q1-Q3	9-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



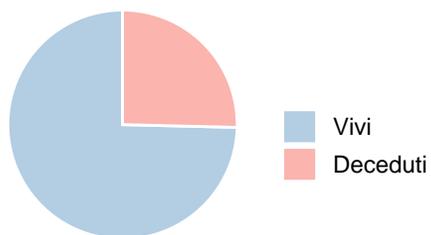
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	135	97.1
Coma cerebrale	0	0.0
Coma metabolico	3	2.2
Coma postanossico	1	0.7
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	107	78.7
Deceduti	29	21.3
Missing	3	0

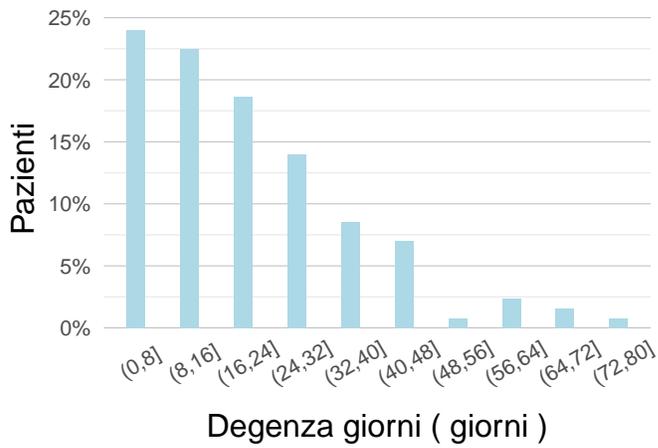
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	97	74.6
Deceduti	33	25.4
Missing	6	0

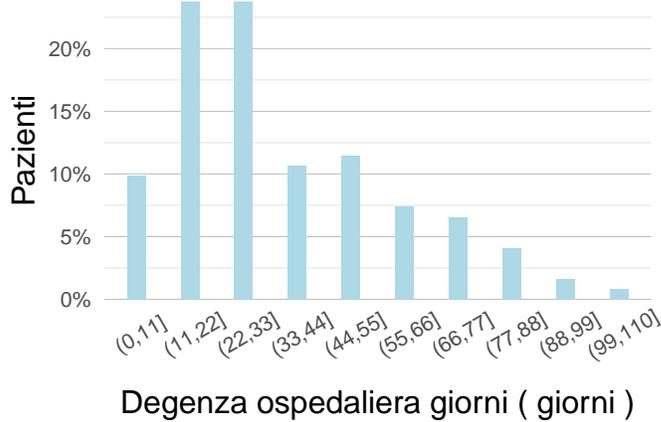
\* Statistiche calcolate su 136 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.1 (22.5)
Mediana (Q1-Q3)	20 (9-32.2)
Missing	3

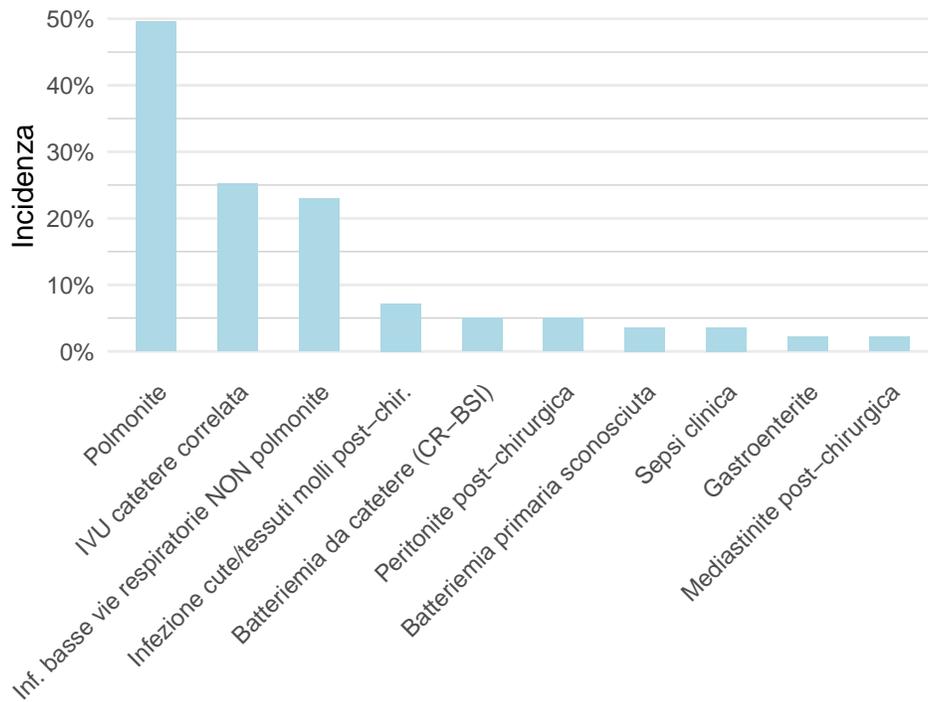
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	41.8 (33.2)
Mediana (Q1-Q3)	30.5 (17.2-55.5)
Missing	6

\* Statistiche calcolate su 136 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 3 ).

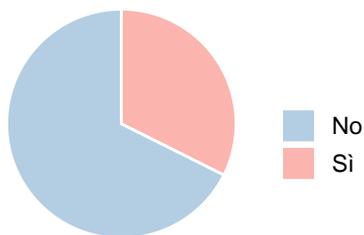
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	69	49.6
IVU catetere correlata	35	25.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	32	23.0
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	10	7.2
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	7	5.0
Peritonite post-chirurgica	7	5.0
Batteriemia primaria sconosciuta	5	3.6
Sepsi clinica	5	3.6
Gastroenterite	3	2.2
Mediastinite post-chirurgica	3	2.2
Missing	0	NA

### 8.16 Infezione multisito



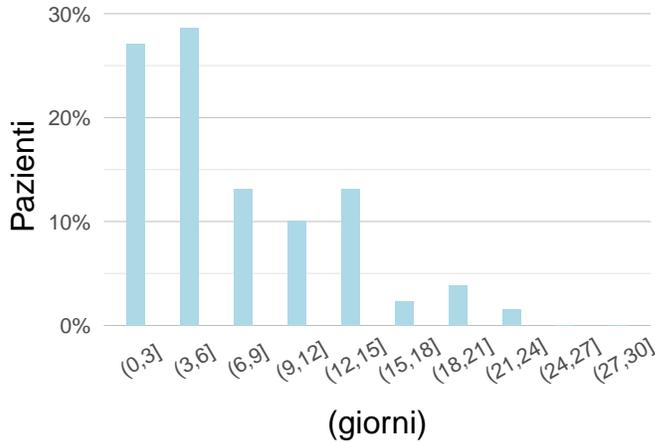
Infezione multisito	N	%
No	94	67.6
Si	45	32.4
Missing	0	0

### 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	187
Numero totale di microrganismi isolati	249

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

### 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.8
DS	8.4
Mediana	6
Q1-Q3	3-12
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	27.6	19.4 %
CI ( 95% )	23.2 - 32.8	16.2 - 22.9

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

Il primo:

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

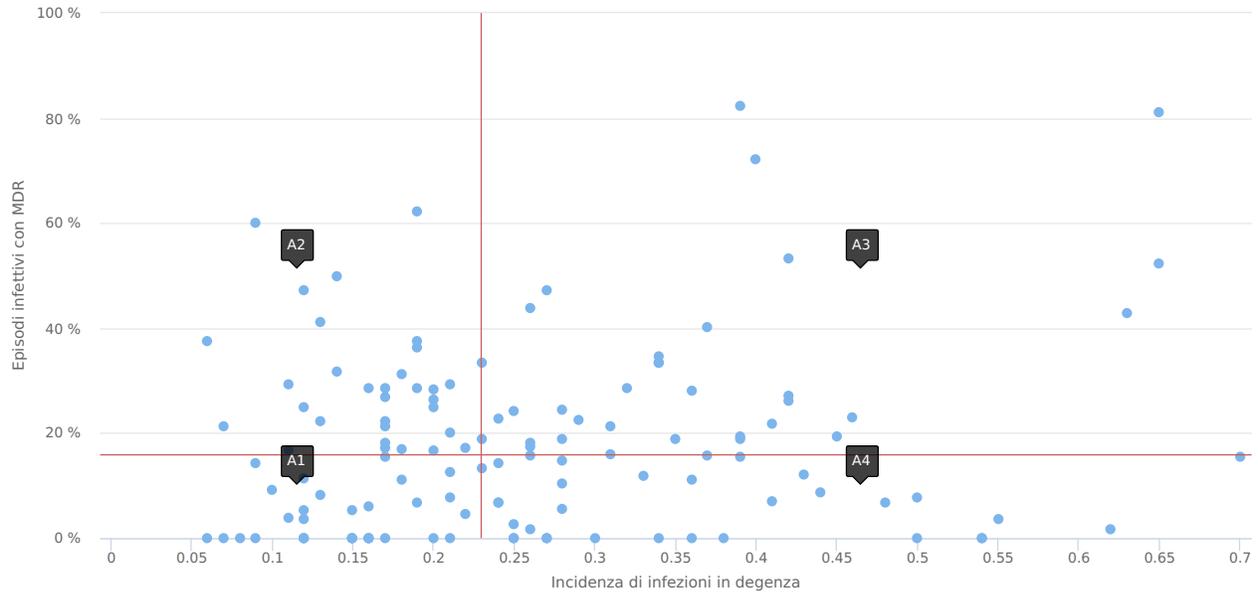
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

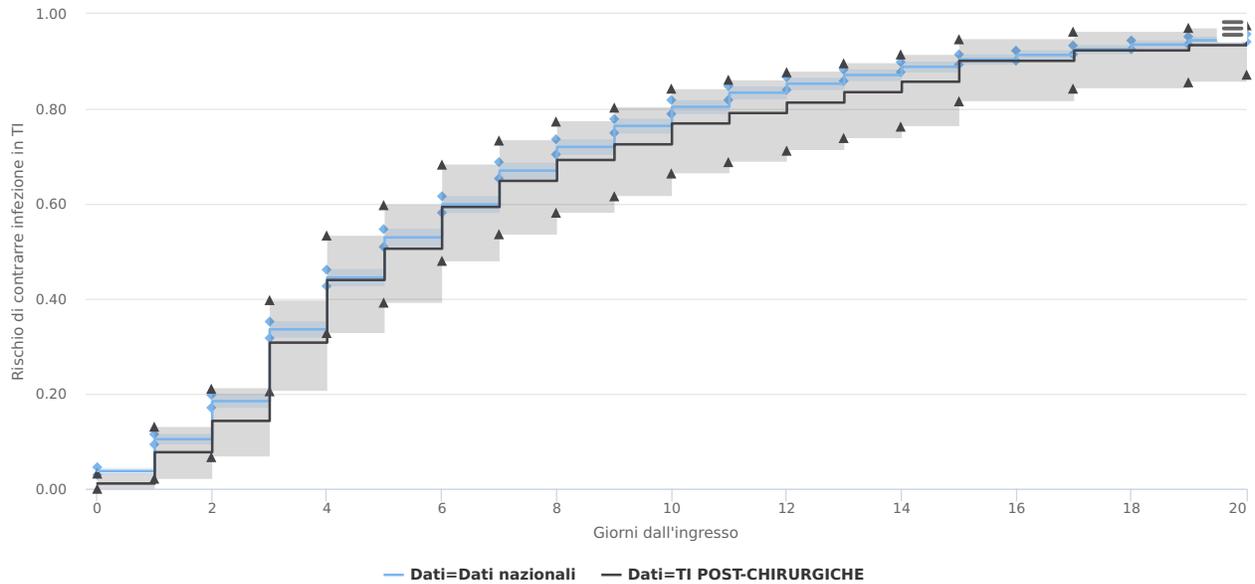
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

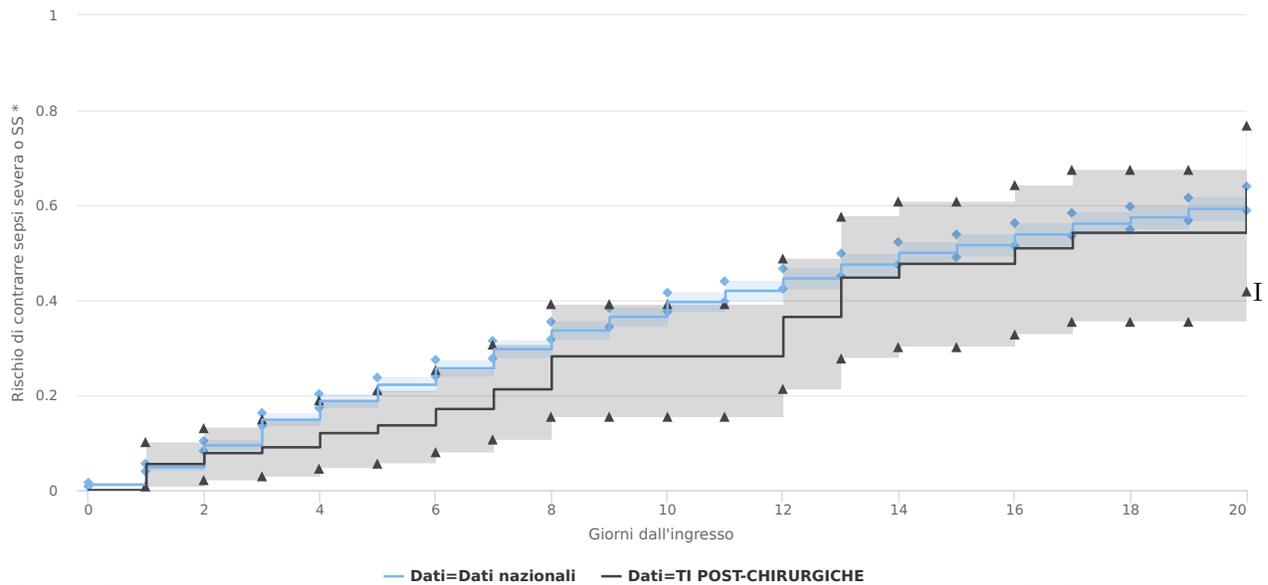


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. Le due linee rosse intersecano il grafico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

### Rischio di contrarre infezioni in TI



### Rischio di contrarre sepsi severa o shock settico in TI



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

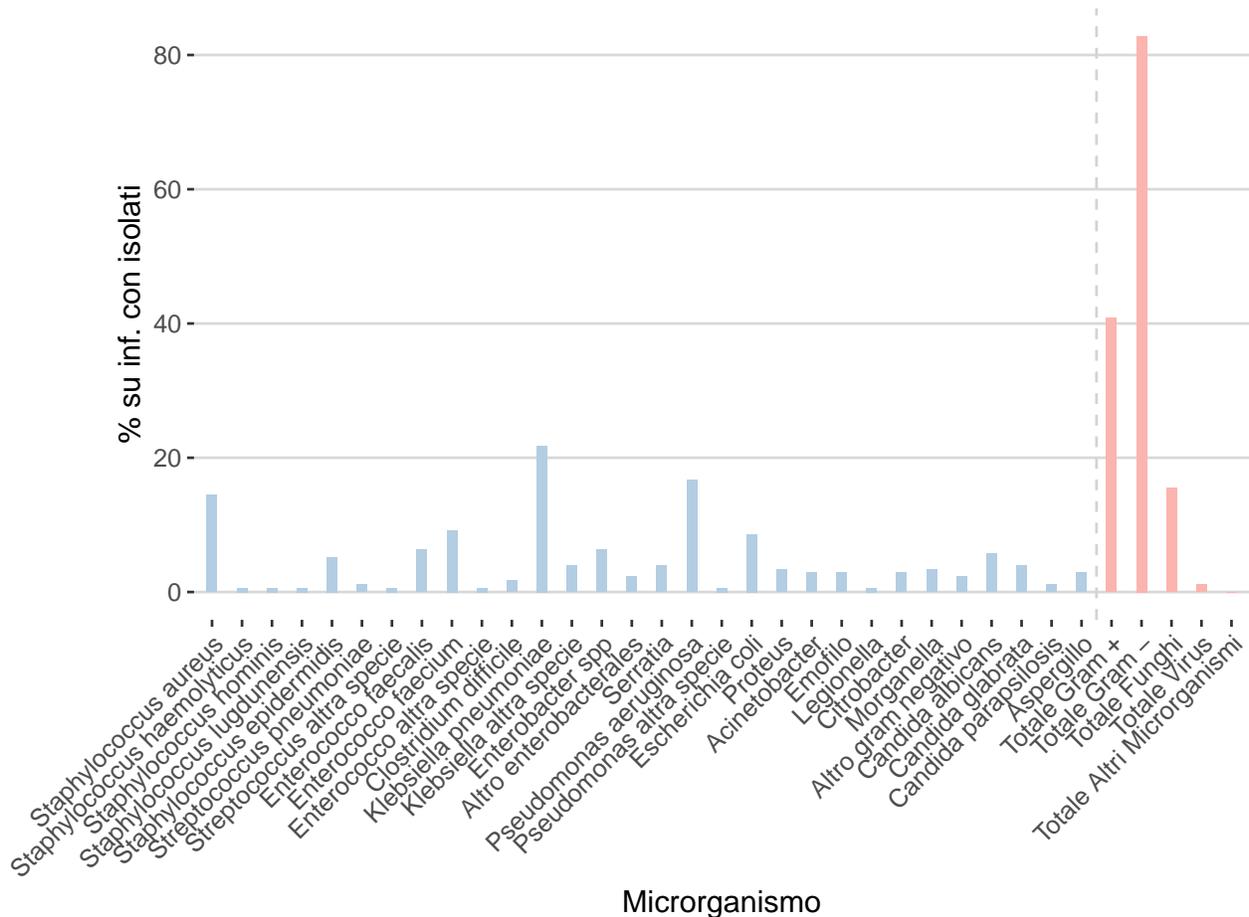
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime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

## 8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	12	6.5
Sì	174	93.5
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>187</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>249</b>	

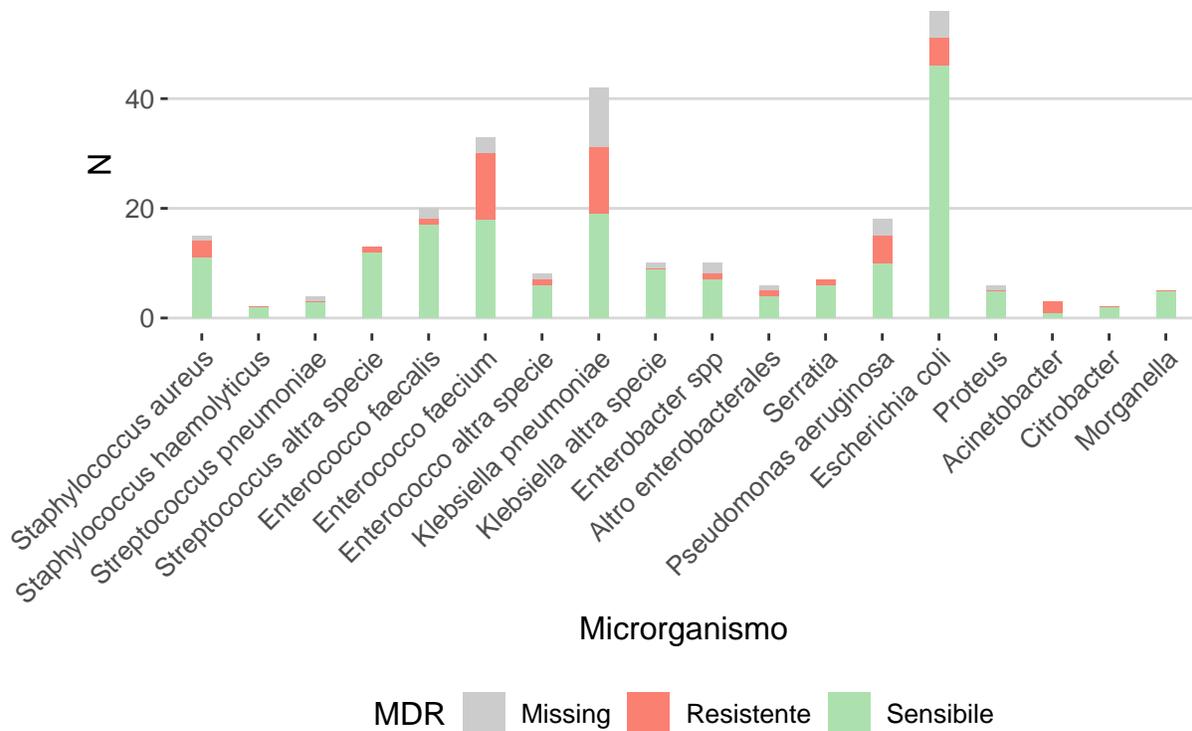
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	25	14.4	21	3	14.3
Staphylococcus haemolyticus	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0

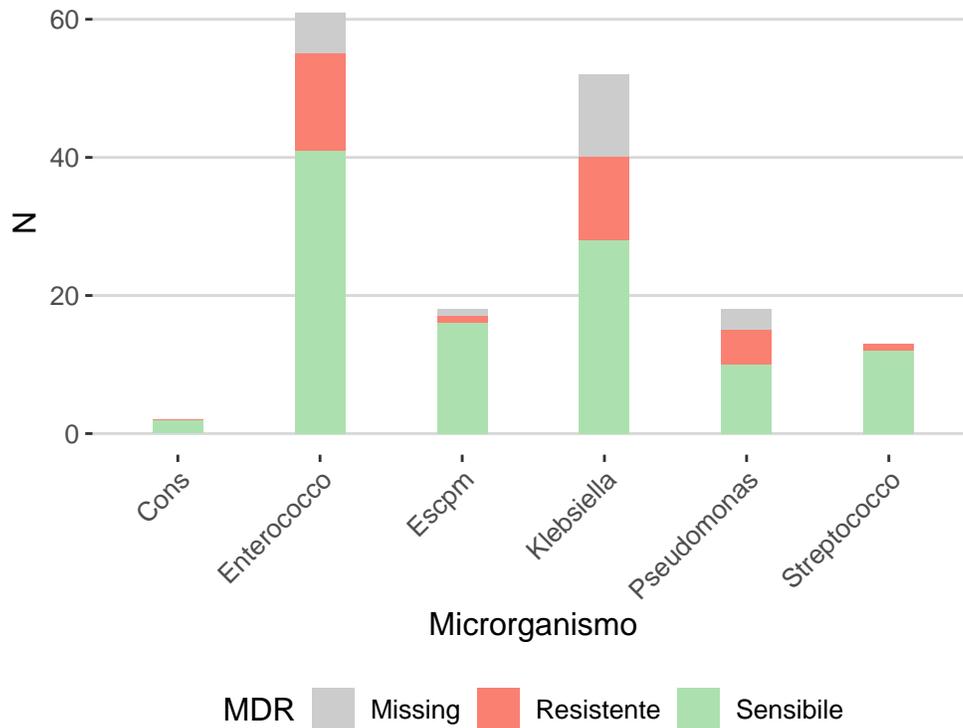
Staphylococcus lugdunensis	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	5.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.1	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.6	1	0	0
Enterococco faecalis	11	6.3	9	1	11.1
Enterococco faecium	16	9.2	12	6	50
Enterococco altra specie	1	0.6	0	0	0
Clostridium difficile	3	1.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>71</b>	<b>40.8</b>	<b>45</b>	<b>10</b>	<b>22.2</b>
Klebsiella pneumoniae	38	21.8	26	15	57.7
Klebsiella altra specie	7	4.0	6	0	0
Enterobacter spp	11	6.3	7	1	14.3
Altro enterobacterales	4	2.3	2	0	0
Serratia	7	4.0	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	29	16.7	23	8	34.8
Pseudomonas altra specie	1	0.6	1	1	100
Escherichia coli	15	8.6	15	0	0
Proteus	6	3.4	4	0	0
Acinetobacter	5	2.9	4	4	100
Emofilo	5	2.9	0	0	0
Legionella	1	0.6	0	0	0
Citrobacter	5	2.9	4	0	0
Morganella	6	3.4	4	0	0
Altro gram negativo	4	2.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>144</b>	<b>82.8</b>	<b>100</b>	<b>29</b>	<b>29</b>
Candida albicans	10	5.7	0	0	0
Candida glabrata	7	4.0	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.1	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.6	0	0	0
Candida altra specie	1	0.6	0	0	0
Aspergillo	5	2.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>27</b>	<b>15.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.6			
Altro Virus	1	0.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>2</b>	<b>1.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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	26	Ertapenem	6	23.08
Klebsiella pneumoniae	26	Meropenem	14	53.85
Enterobacter spp	7	Ertapenem	1	14.29
Acinetobacter	4	Imipenem	3	75.00
Acinetobacter	4	Meropenem	4	100.00
Pseudomonas aeruginosa	23	Imipenem	7	30.43

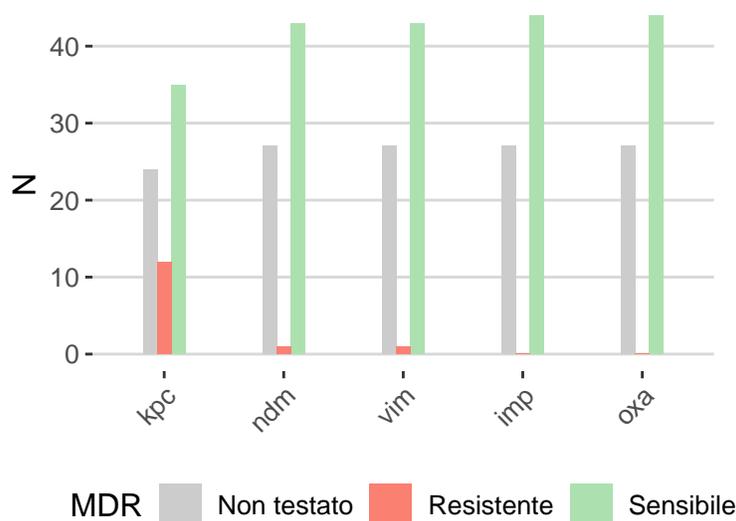
Pseudomonas aeruginosa	23	Meropenem	7	30.43
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	21	Meticillina	3	14.29
Enterococco faecalis	9	Vancomicina	1	11.11
Enterococco faecium	12	Vancomicina	6	50.00

### 8.21.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales 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	12	17.39
No	33	47.83
Non testato	24	34.78
Missing	36	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	44	27
kpc	12	85.7	35	24
ndm	1	7.1	43	27
oxa	0	0.0	44	27
vim	1	7.1	43	27



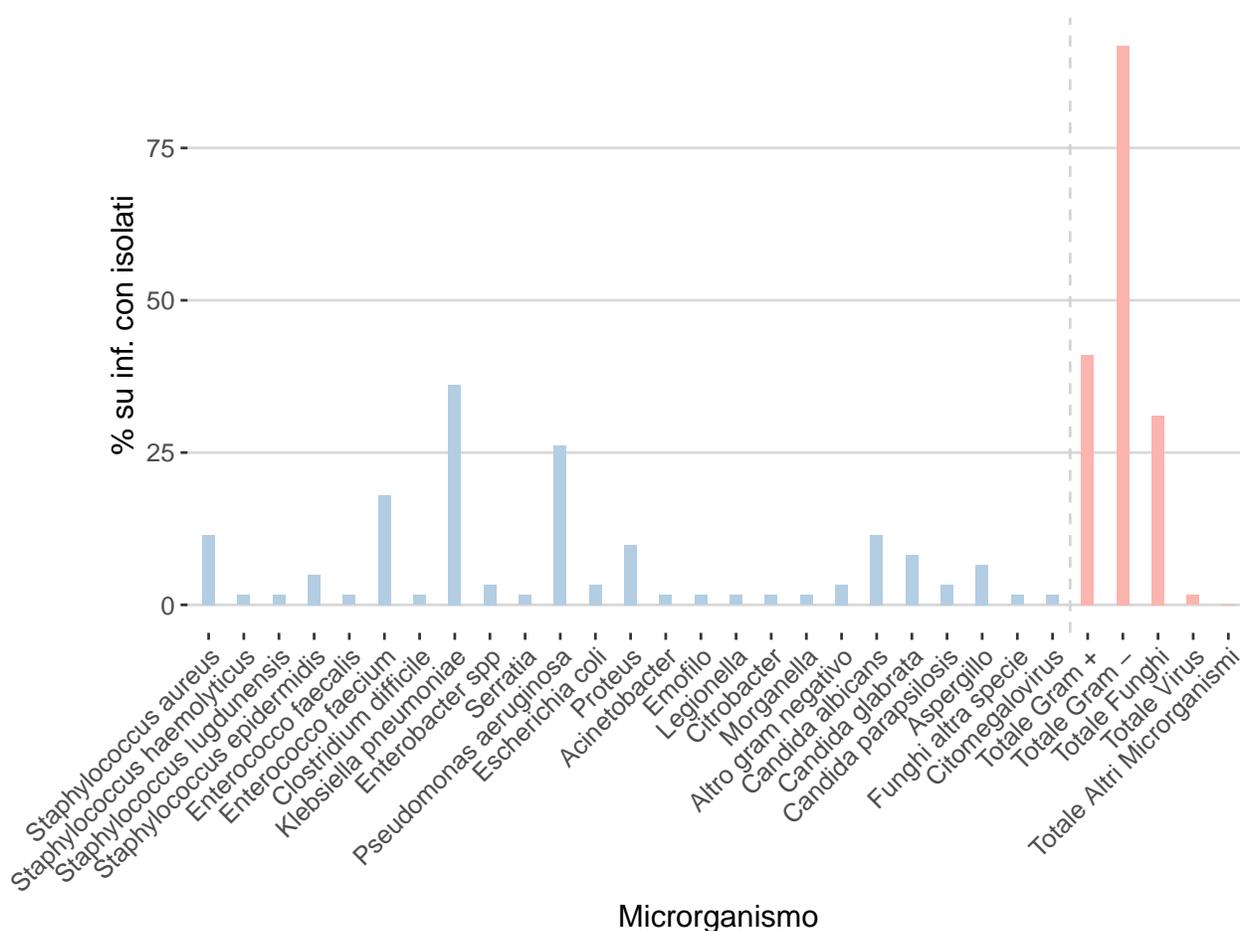
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 47)

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	12	9.1
Sì	120	90.9
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>132</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>176</b>	

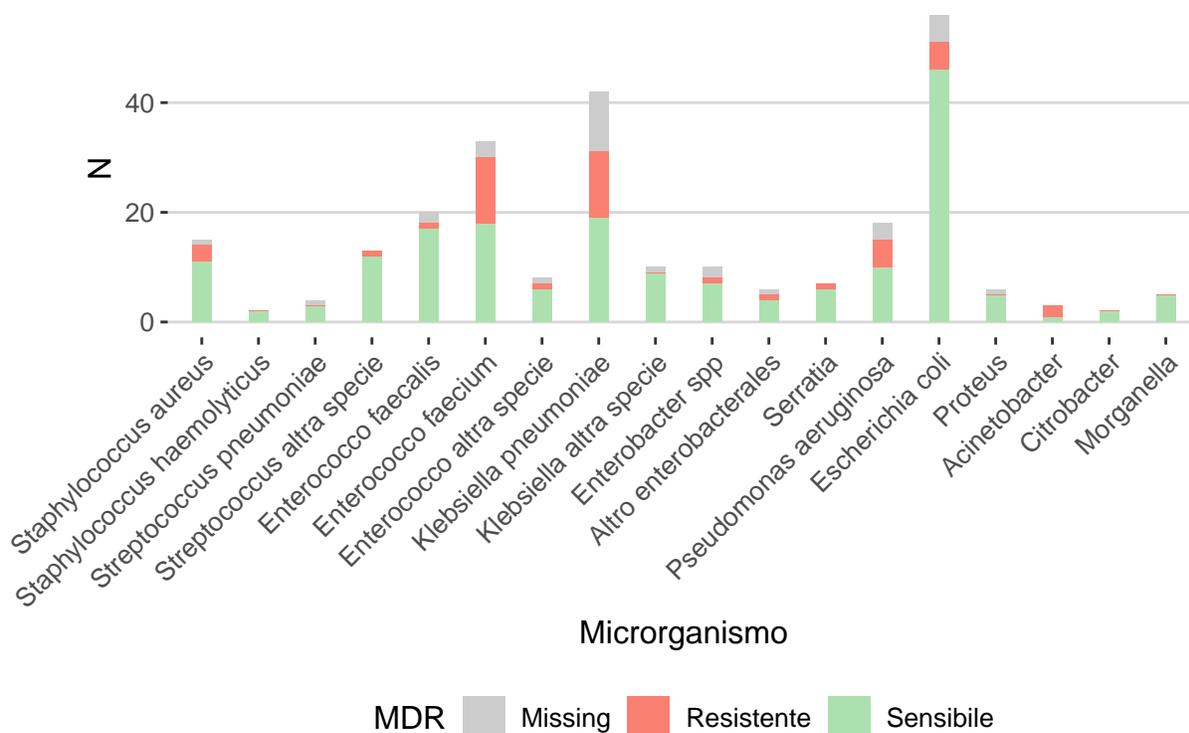
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	11.5	6	0	0

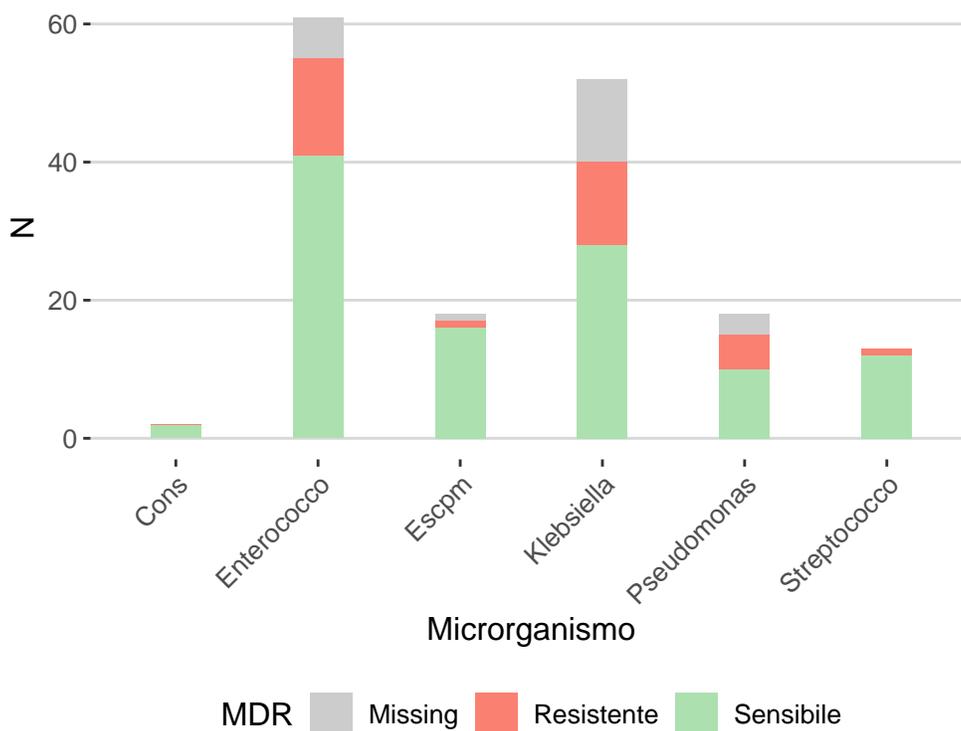
Staphylococcus haemolyticus	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	1.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	4.9	0	0	0
Enterococco faecalis	1	1.6	0	0	0
Enterococco faecium	11	18.0	9	4	44.4
Clostridium difficile	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>41.0</b>	<b>15</b>	<b>4</b>	<b>26.7</b>
Klebsiella pneumoniae	22	36.1	14	9	64.3
Enterobacter spp	2	3.3	1	1	100
Serratia	1	1.6	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	16	26.2	12	8	66.7
Escherichia coli	2	3.3	2	0	0
Proteus	6	9.8	4	0	0
Acinetobacter	1	1.6	1	1	100
Emofilo	1	1.6	0	0	0
Legionella	1	1.6	0	0	0
Citrobacter	1	1.6	1	1	100
Morganella	1	1.6	1	0	0
Altro gram negativo	2	3.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>56</b>	<b>91.8</b>	<b>36</b>	<b>20</b>	<b>55.6</b>
Candida albicans	7	11.5	0	0	0
Candida glabrata	5	8.2	0	0	0
Candida parapsilosis	2	3.3	0	0	0
Aspergillo	4	6.6	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>19</b>	<b>31.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	1.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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	18	Ertapenem	5	27.78
Klebsiella pneumoniae	18	Meropenem	11	61.11
Citrobacter	1	Ertapenem	1	100.00
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100.00
Escherichia coli	12	Ertapenem	2	16.67

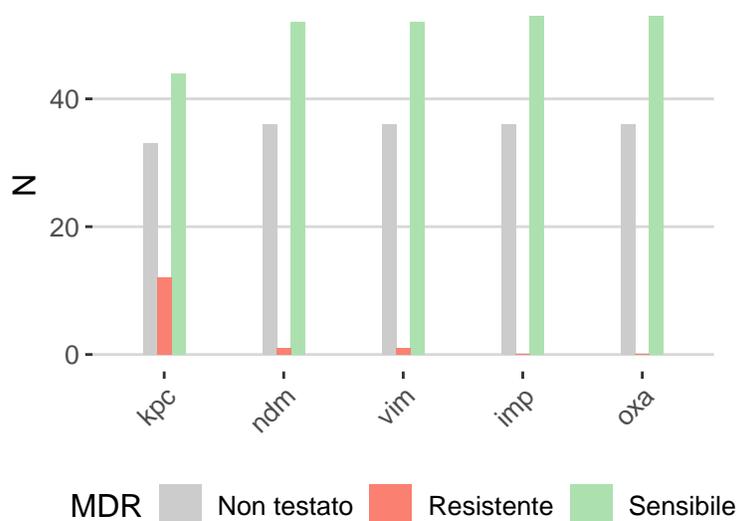
Serratia	1	Ertapenem	1	100.00
Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	14	Imipenem	9	64.29
Pseudomonas aeruginosa	14	Meropenem	8	57.14
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	1	14.29
Enterococco faecium	18	Vancomicina	6	33.33

### 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.

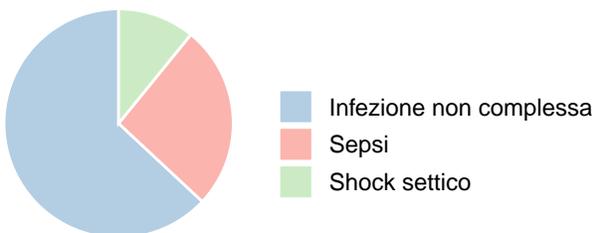
	N	%
Sì	12	13.79
No	42	48.28
Non testato	33	37.93
Missing	41	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	53	36
kpc	12	85.7	44	33
ndm	1	7.1	52	36
oxa	0	0.0	53	36
vim	1	7.1	52	36



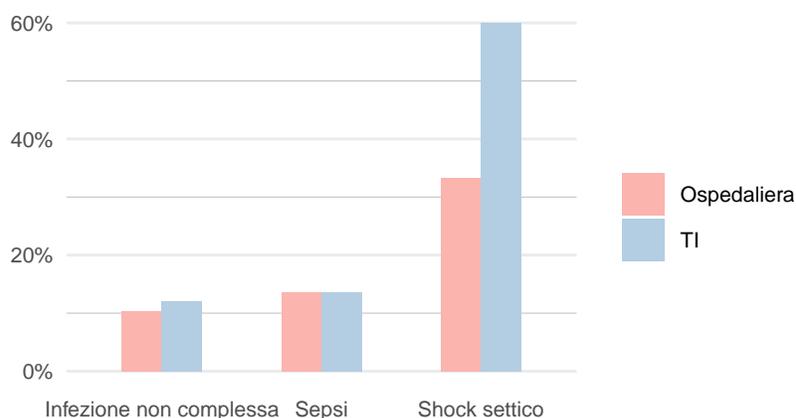
## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 92)

### 10.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	58	63.0
Sepsi	24	26.1
Shock settico	10	10.9
Missing	0	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



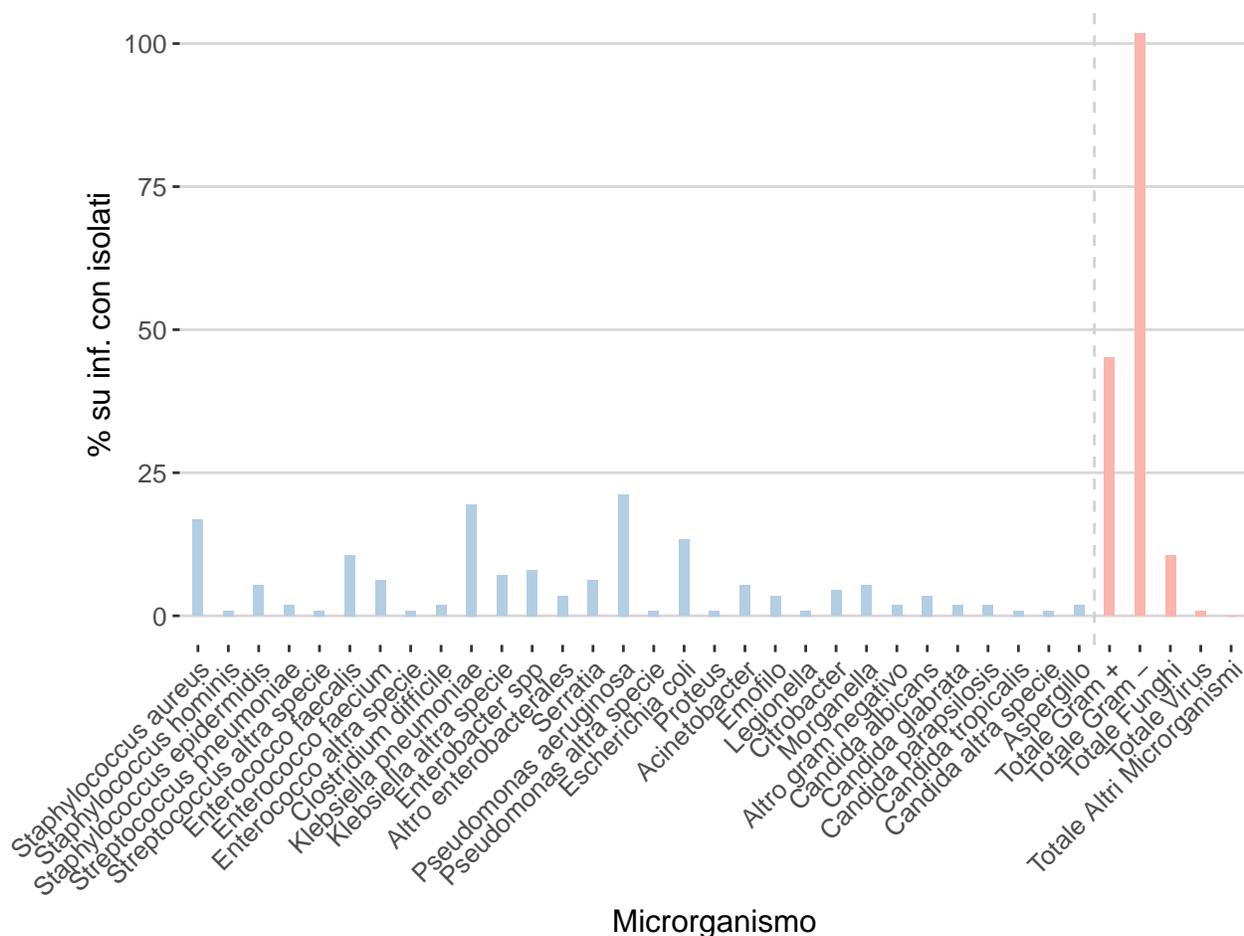
Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	10.3	12.1
Sepsi	13.6	13.6
Shock settico	33.3	60.0

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	11	7.9
Sì	129	92.1
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>141</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>181</b>	

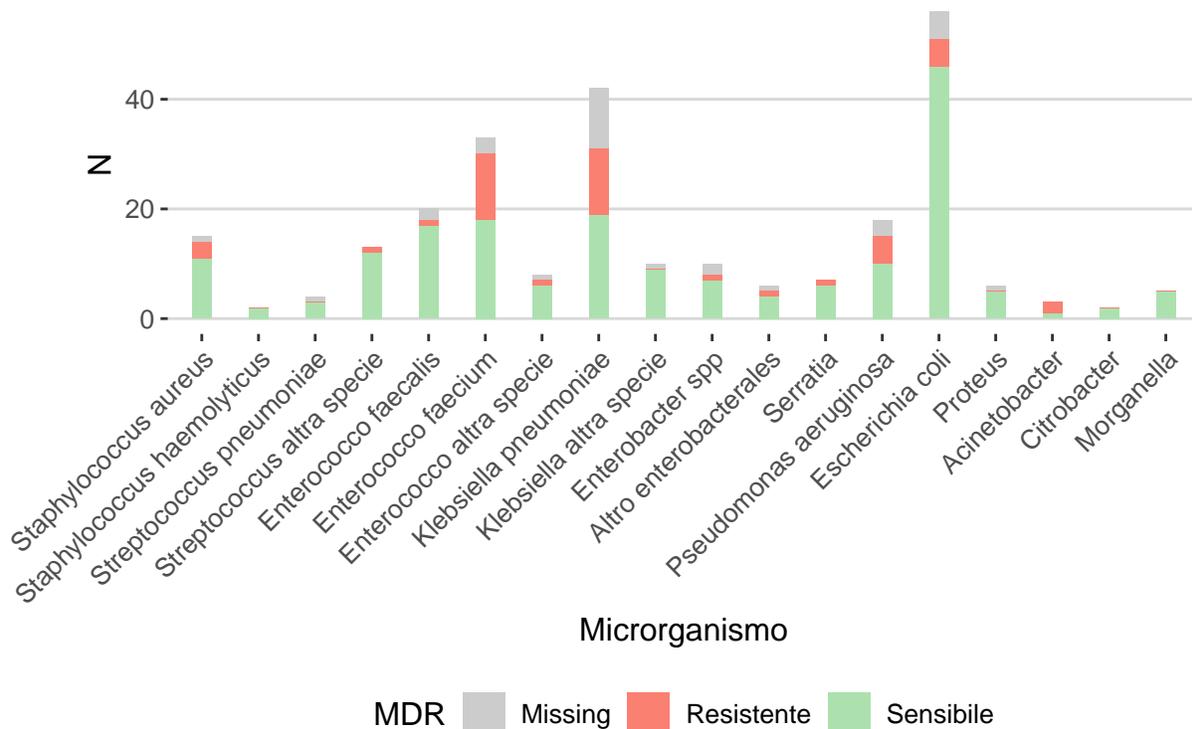
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	16.8	16	3	18.8
Staphylococcus hominis	1	0.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	6	5.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	1.8	2	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.9	1	0	0
Enterococco faecalis	12	10.6	11	1	9.1
Enterococco faecium	7	6.2	5	2	40
Enterococco altra specie	1	0.9	0	0	0
Clostridium difficile	2	1.8	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>51</b>	<b>45.1</b>	<b>35</b>	<b>6</b>	<b>17.1</b>
Klebsiella pneumoniae	22	19.5	15	6	40
Klebsiella altra specie	8	7.1	7	0	0
Enterobacter spp	9	8.0	6	0	0
Altro enterobacterales	4	3.5	2	0	0
Serratia	7	6.2	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	24	21.2	20	5	25
Pseudomonas altra specie	1	0.9	1	1	100

Escherichia coli	15	13.3	14	0	0
Proteus	1	0.9	0	0	0
Acinetobacter	6	5.3	5	4	80
Emofilo	4	3.5	0	0	0
Legionella	1	0.9	0	0	0
Citrobacter	5	4.4	4	0	0
Morganella	6	5.3	4	0	0
Altro gram negativo	2	1.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>115</b>	<b>101.8</b>	<b>82</b>	<b>16</b>	<b>19.5</b>
Candida albicans	4	3.5	0	0	0
Candida glabrata	2	1.8	0	0	0
Candida parapsilosis	2	1.8	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.9	0	0	0
Candida altra specie	1	0.9	0	0	0
Aspergillo	2	1.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>10.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Altro Virus	1	0.9	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

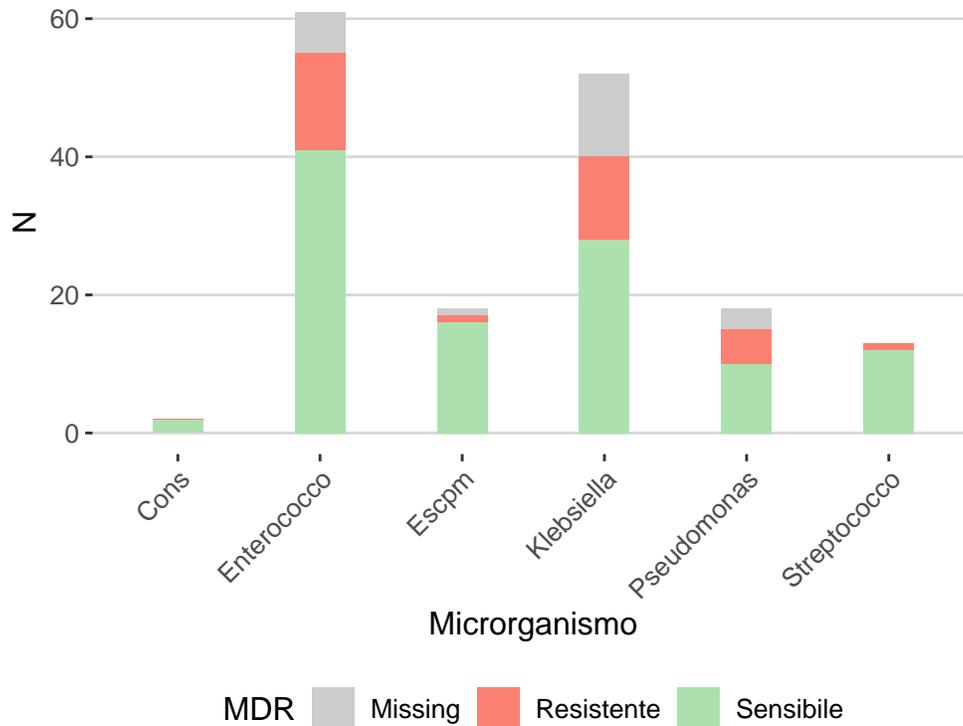
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Clostridium difficile, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Legionella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Influenza A, Influenza AH3N2, Influenza altro A,

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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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	15	Ertapenem	2	13.33
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	5	33.33
Acinetobacter	5	Imipenem	3	60.00

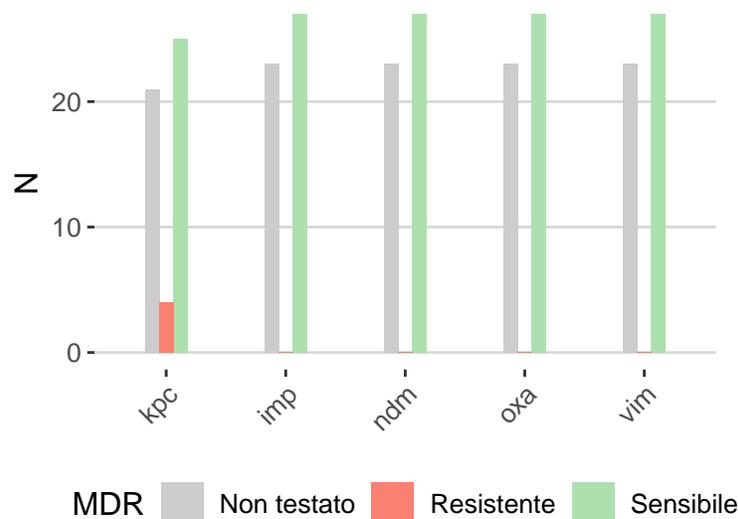
Acinetobacter	5	Meropenem	4	80.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Imipenem	3	15.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	4	20.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	16	Meticillina	3	18.75
Enterococco faecalis	11	Vancomicina	1	9.09
Enterococco faecium	5	Vancomicina	2	40.00

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

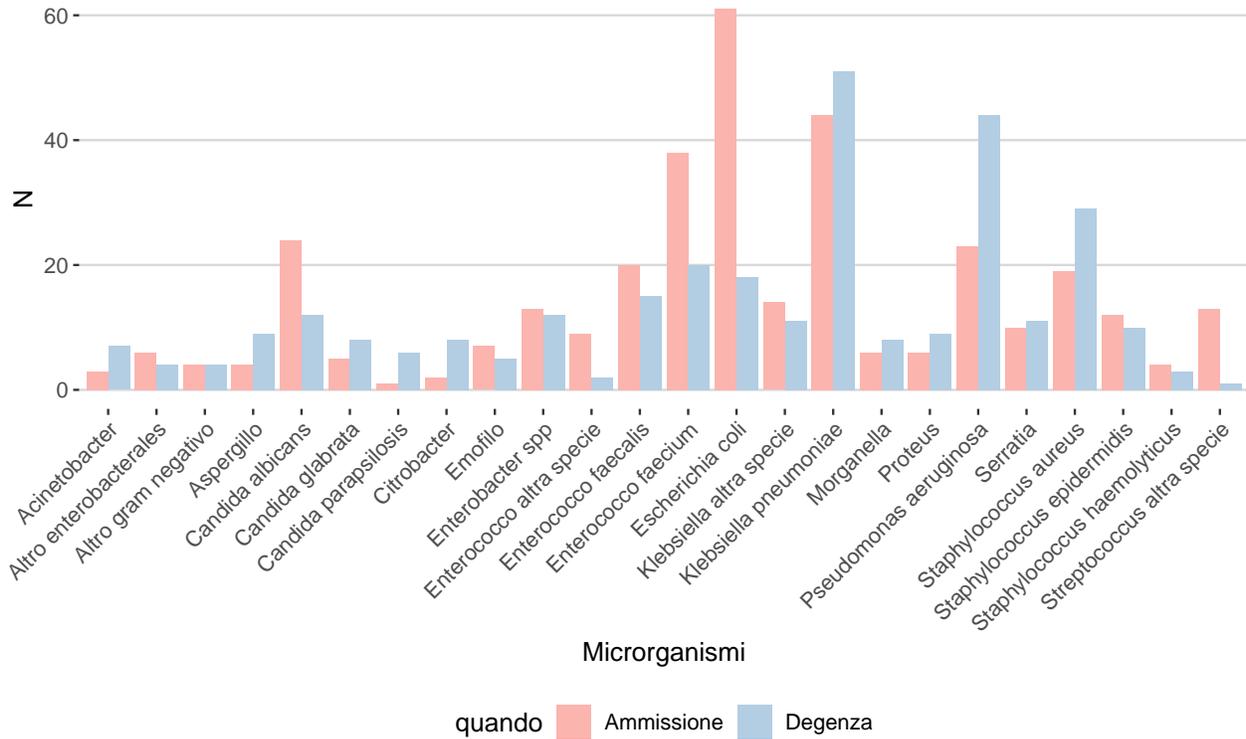
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	4	8
No	25	50
Non testato	21	42
Missing	24	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	27	23
kpc	4	100	25	21
ndm	0	0	27	23
oxa	0	0	27	23
vim	0	0	27	23



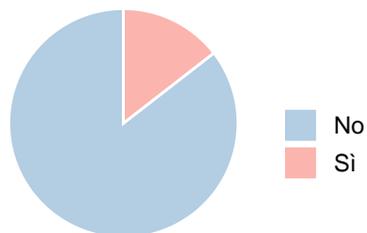
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	10	3	30	7	70
Pseudomonas aeruginosa	67	23	34.3	44	65.7
Candida albicans	36	24	66.7	12	33.3
Aspergillo	13	4	30.8	9	69.2
Citrobacter	10	2	20	8	80
Enterobacter spp	25	13	52	12	48
Staphylococcus epidermidis	22	12	54.5	10	45.5
Escherichia coli	79	61	77.2	18	22.8
Enterococco faecalis	35	20	57.1	15	42.9
Enterococco faecium	58	38	65.5	20	34.5
Candida glabrata	13	5	38.5	8	61.5
Staphylococcus haemolyticus	7	4	57.1	3	42.9
Emofilo	12	7	58.3	5	41.7
Morganella	14	6	42.9	8	57.1
Altro gram negativo	8	4	50	4	50
Altro enterobacterales	10	6	60	4	40
Enterococco altra specie	11	9	81.8	2	18.2
Klebsiella altra specie	25	14	56	11	44
Streptococcus altra specie	14	13	92.9	1	7.1
Candida parapsilosis	7	1	14.3	6	85.7
Klebsiella pneumoniae	95	44	46.3	51	53.7
Proteus	15	6	40	9	60
Serratia	21	10	47.6	11	52.4
Staphylococcus aureus	48	19	39.6	29	60.4

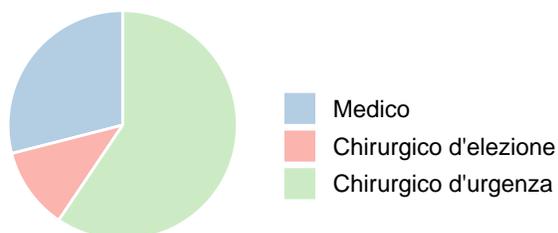
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 69)

### 11.1 Trauma



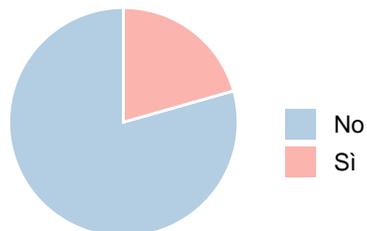
Trauma	N	%
No	59	85.5
Si	10	14.5
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



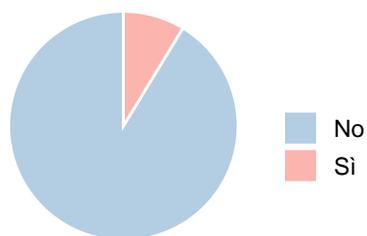
Stato chirurgico	N	%
Medico	20	29.0
Chirurgico d'elezione	8	11.6
Chirurgico d'urgenza	41	59.4
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriemica



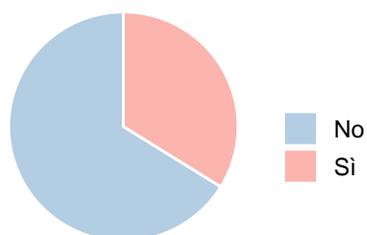
Batteriemica	N	%
No	54	79.4
Si	14	20.6
Missing	1	0

## 11.4 Infezioni multisito



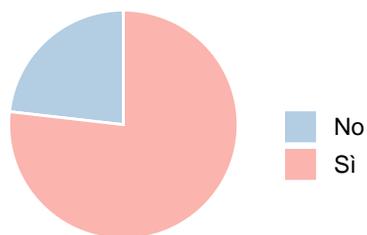
Infezione multisito	N	%
No	63	91.3
Si	6	8.7
Missing	0	0

## 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	45	66.2
Si	23	33.8
Missing	1	0

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

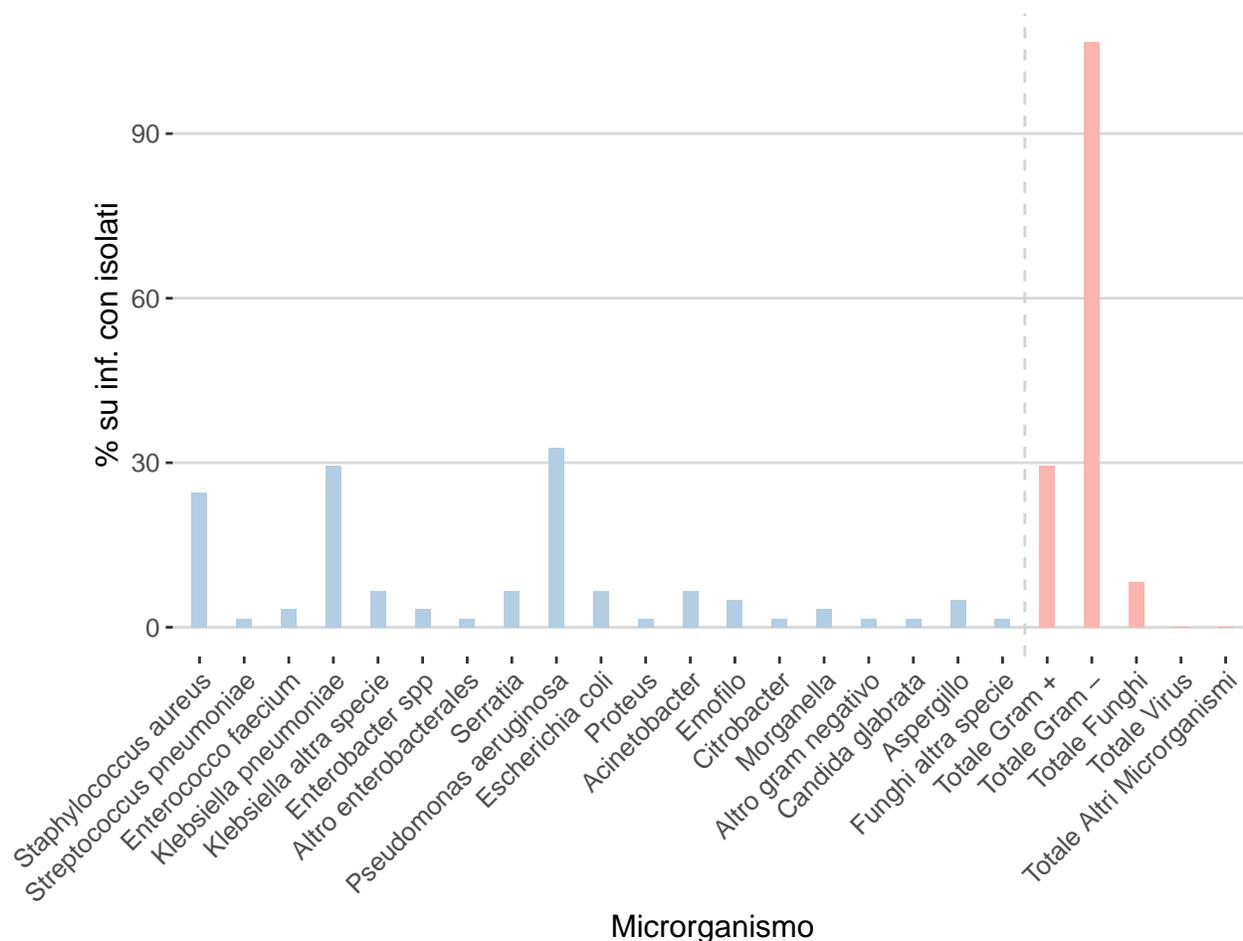


Polmonite associata a VAP	N	%
No	16	23.2
Si	53	76.8
Missing	0	0

\* 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

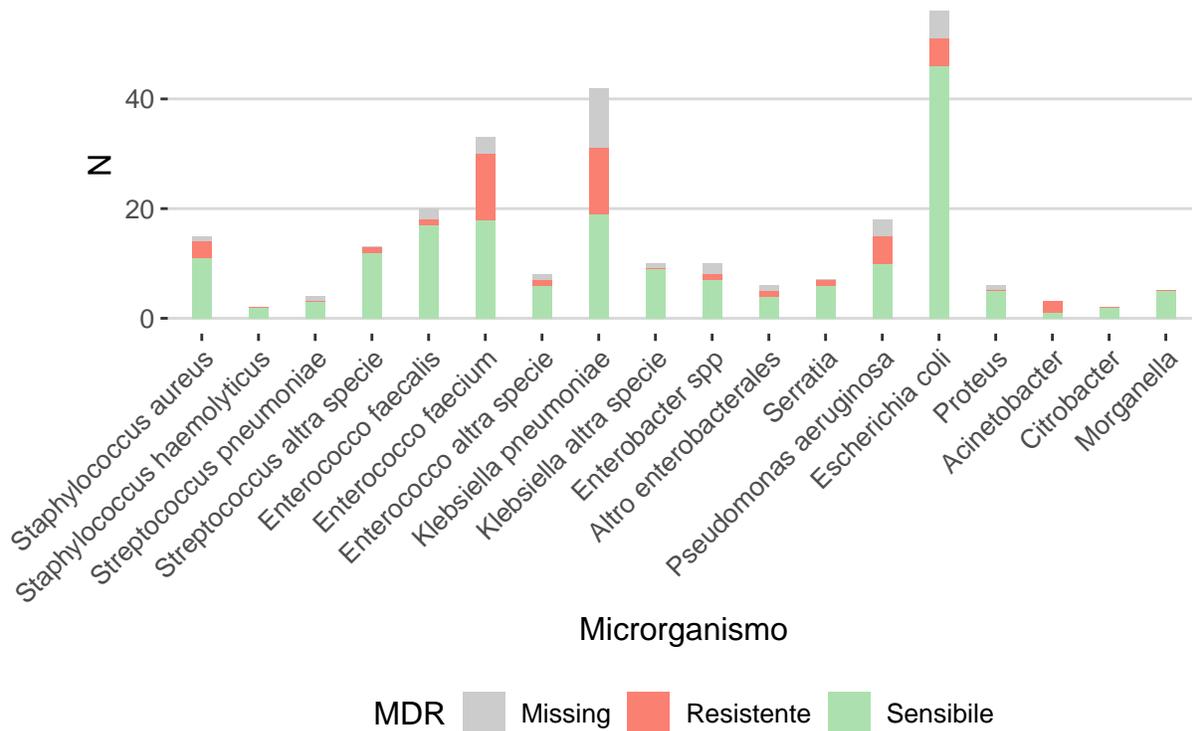
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	15	24.6	13	3	23.1
Streptococcus pneumoniae	1	1.6	1	0	0
Enterococcus faecium	2	3.3	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>18</b>	<b>29.5</b>	<b>16</b>	<b>4</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	18	29.5	14	7	50
Klebsiella altra specie	4	6.6	4	0	0
Enterobacter spp	2	3.3	1	0	0
Altro enterobacteriales	1	1.6	1	0	0
Serratia	4	6.6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	32.8	14	4	28.6
Escherichia coli	4	6.6	4	0	0
Proteus	1	1.6	1	0	0

Acinetobacter	4	6.6	3	3	100
Emofilo	3	4.9	0	0	0
Citrobacter	1	1.6	1	0	0
Morganella	2	3.3	2	0	0
Altro gram negativo	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>65</b>	<b>106.6</b>	<b>48</b>	<b>14</b>	<b>29.2</b>
Candida glabrata	1	1.6	0	0	0
Aspergillo	3	4.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	1.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>5</b>	<b>8.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

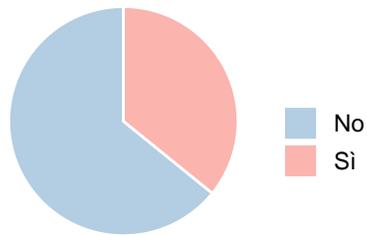
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

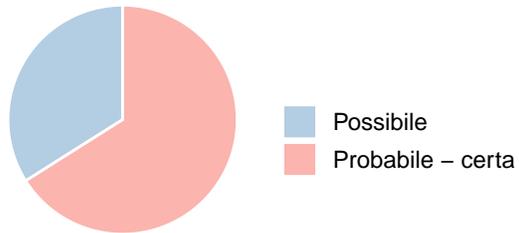
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 53)

### 12.1 VAP precoce



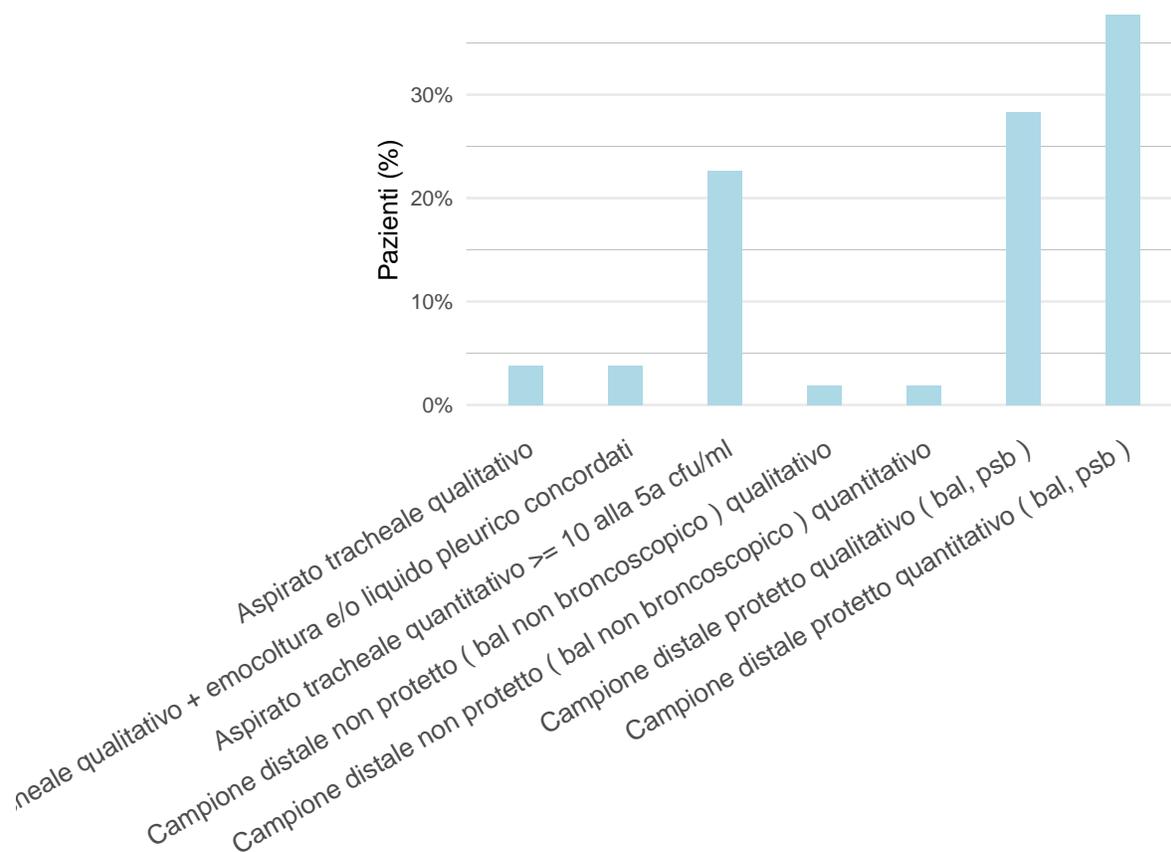
VAP precoce	N	%
No	34	64.2
Sì	19	35.8
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	18	34.0
Probabile - certa	35	66.0
Missing	28	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

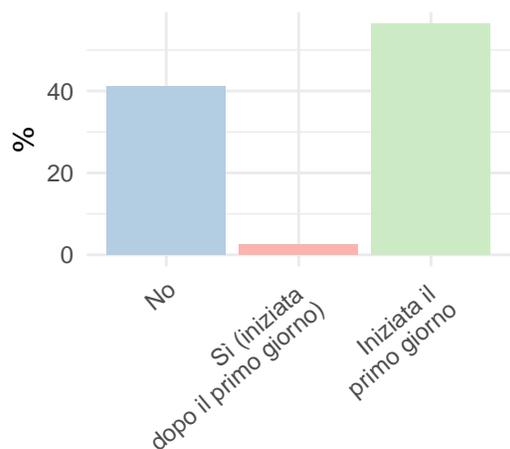


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	1	1.9
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	1.9
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	15	28.3
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	20	37.7
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	12	22.6
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	2	3.8
Aspirato tracheale qualitativo	2	3.8
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	0	0.0
Missing	28	0

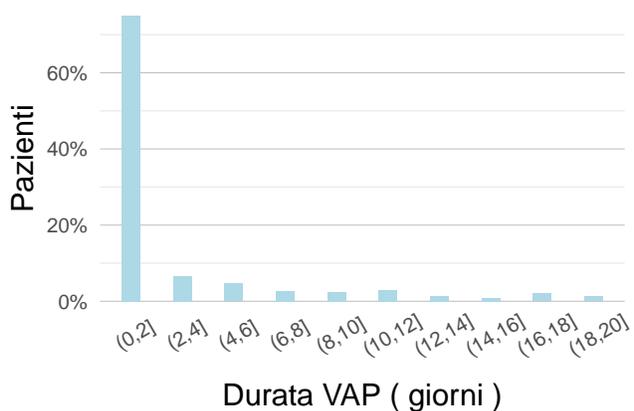
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 1336 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



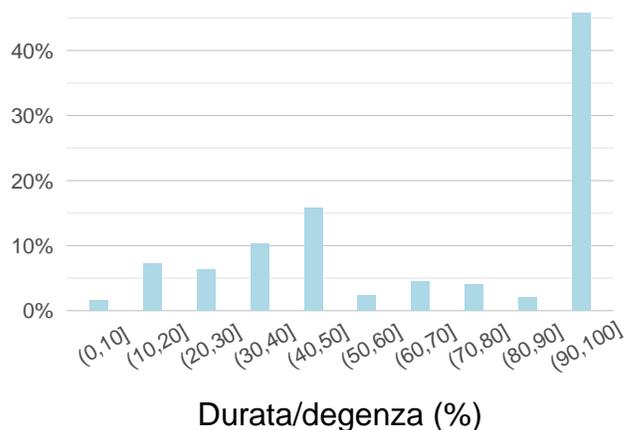
Ventilazione invasiva	N	%
No	542	41.1
Si	777	58.9
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>754</b>	<b>56.4</b>
Missing	17	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



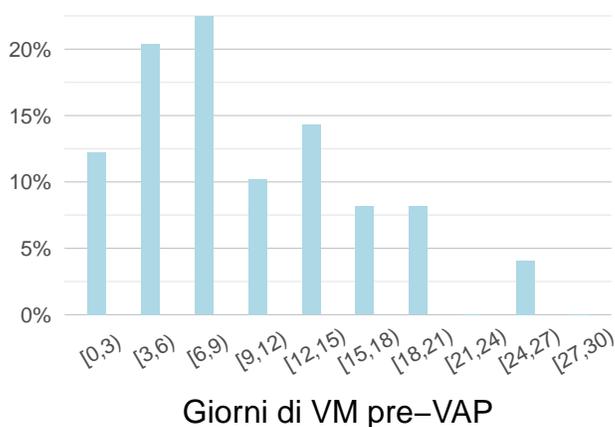
Indicatore	Valore
Media (DS)	5.2 (16.4)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	7

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	69.2 (31.8)
Mediana (Q1-Q3)	75.6 (40-100)
Missing	11

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	53
Media (DS)	12.3 (12.9)
Mediana (Q1-Q3)	8 (5-15)
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	19.3	13.5 %
CI ( 95% )	14.4 - 25.2	10.1 - 17.6

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.

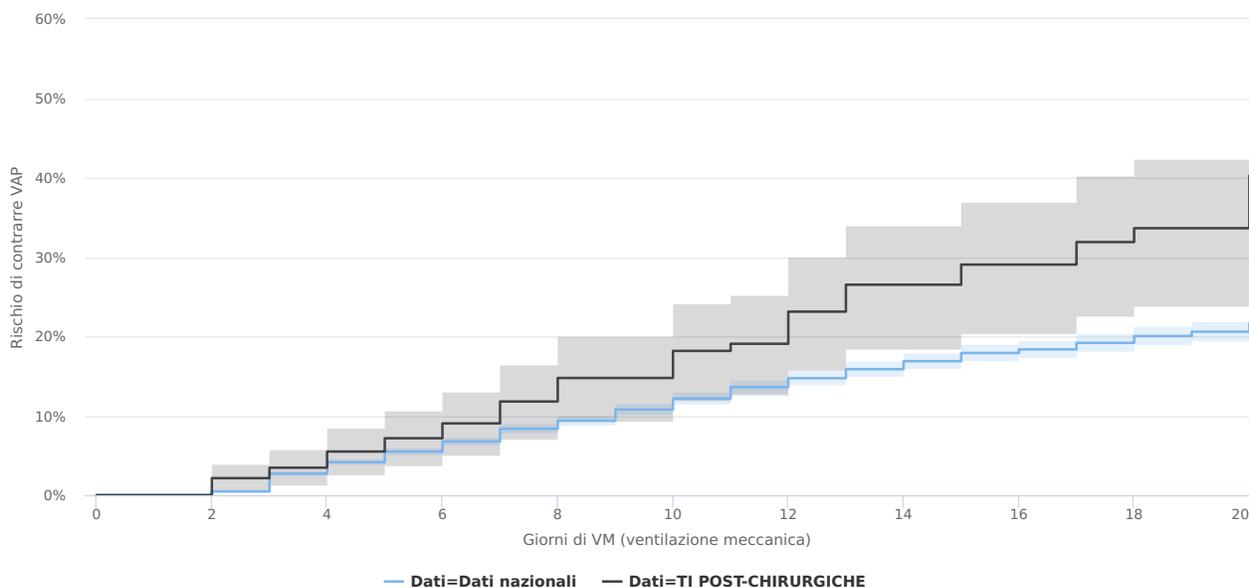
Il secondo invece:

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

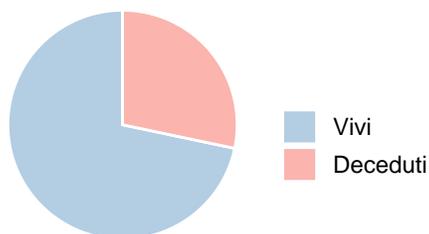
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

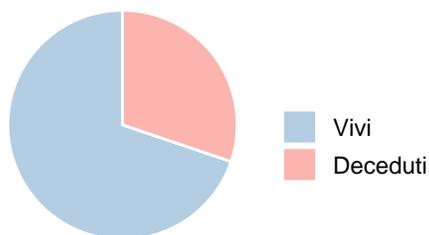


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	38	71.7
Deceduti	15	28.3
Missing	0	0

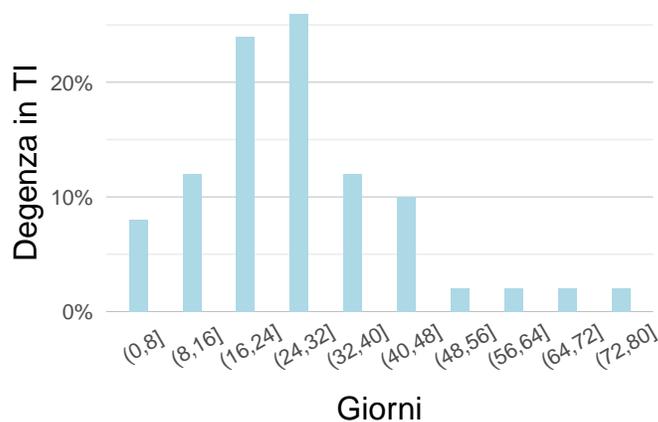
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	37	69.8
Deceduti	16	30.2
Missing	0	0

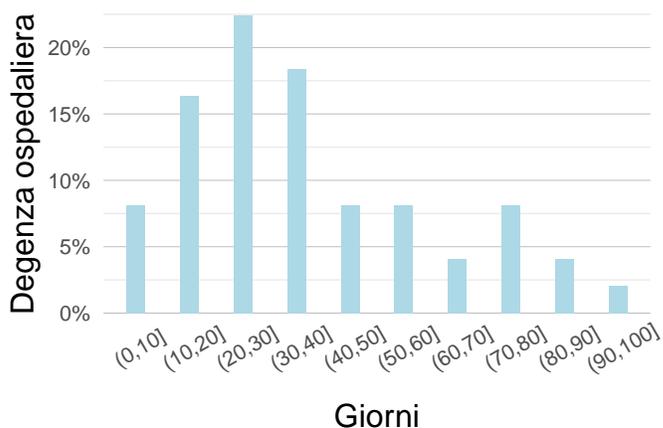
\* Statistiche calcolate su 53 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.4 (21.0)
Mediana (Q1-Q3)	26 (20-37)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	44.7 (36.6)
Mediana (Q1-Q3)	32 (23-58)
Missing	0

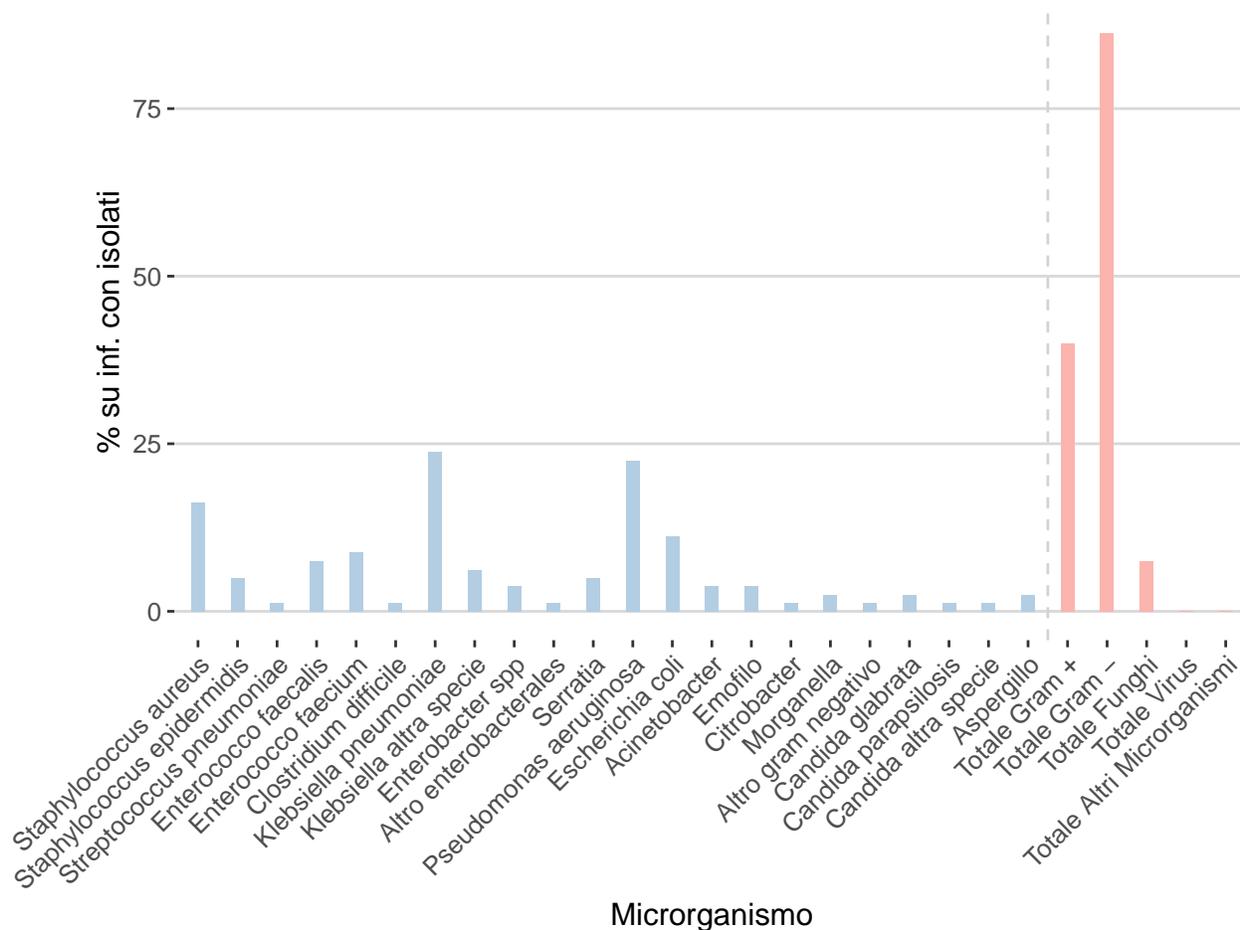
\* Statistiche calcolate su 53 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 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	1	1.2
Sì	80	98.8
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>81</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>110</b>	

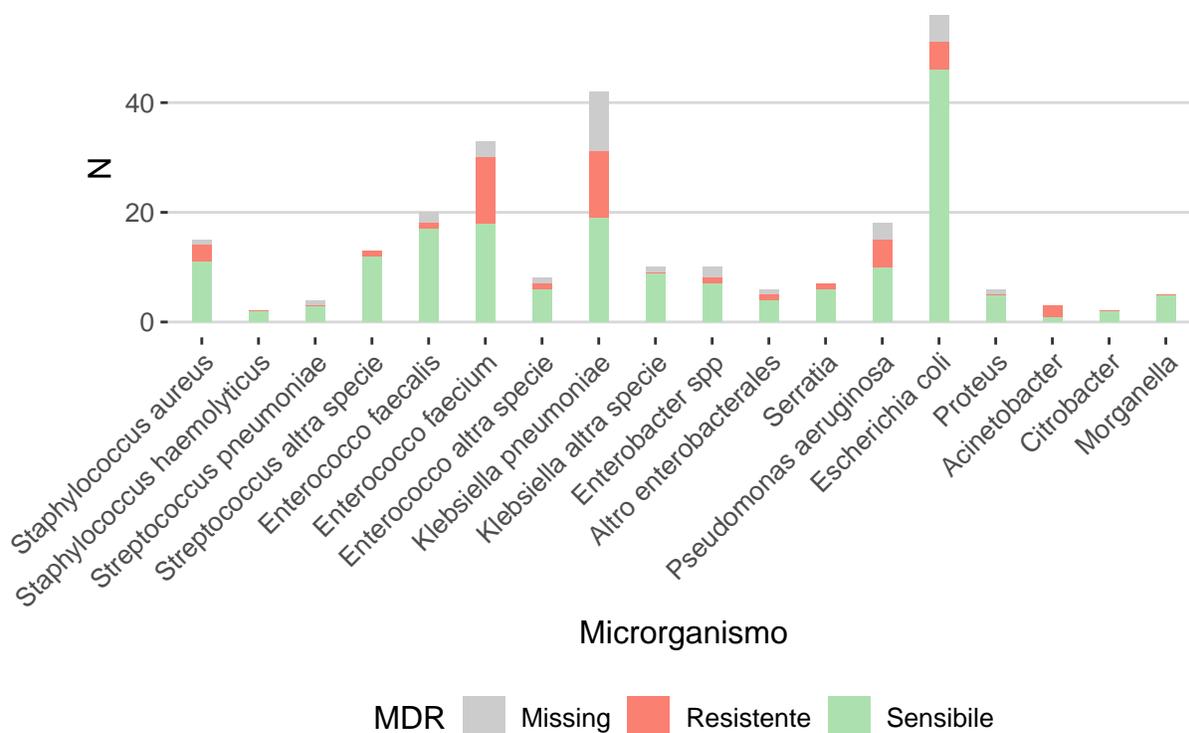
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	13	16.2	11	3	27.3
Staphylococcus epidermidis	4	5.0	0	0	0

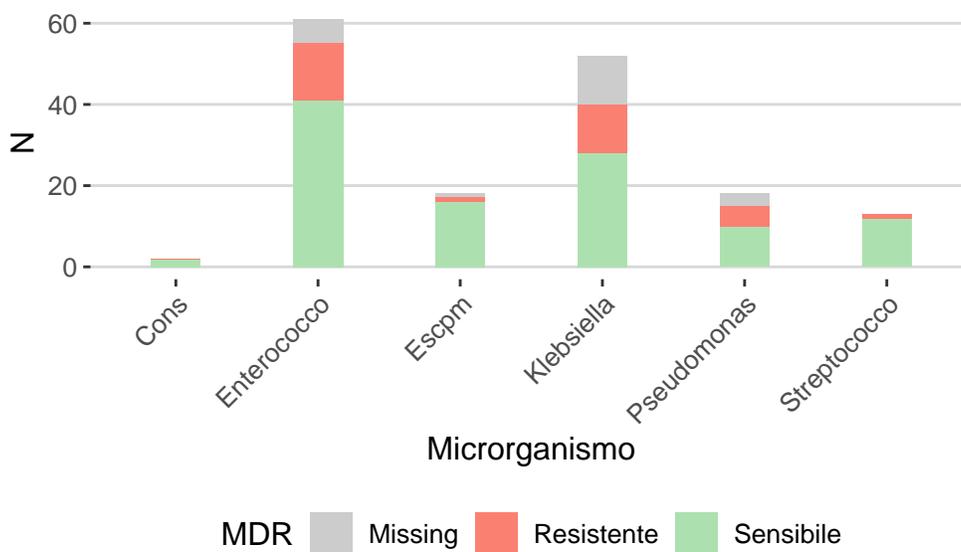
Streptococcus pneumoniae	1	1.2	1	0	0
Enterococco faecalis	6	7.5	5	1	20
Enterococco faecium	7	8.8	6	3	50
Clostridium difficile	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>32</b>	<b>40.0</b>	<b>23</b>	<b>7</b>	<b>30.4</b>
Klebsiella pneumoniae	19	23.8	12	6	50
Klebsiella altra specie	5	6.2	4	0	0
Enterobacter spp	3	3.8	3	1	33.3
Altro enterobacterales	1	1.2	1	0	0
Serratia	4	5.0	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	18	22.5	13	4	30.8
Escherichia coli	9	11.2	9	0	0
Acinetobacter	3	3.8	2	2	100
Emofilo	3	3.8	0	0	0
Citrobacter	1	1.2	1	0	0
Morganella	2	2.5	2	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>69</b>	<b>86.2</b>	<b>50</b>	<b>13</b>	<b>26</b>
Candida glabrata	2	2.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	1.2	0	0	0
Candida altra specie	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	2	2.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>6</b>	<b>7.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



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

Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

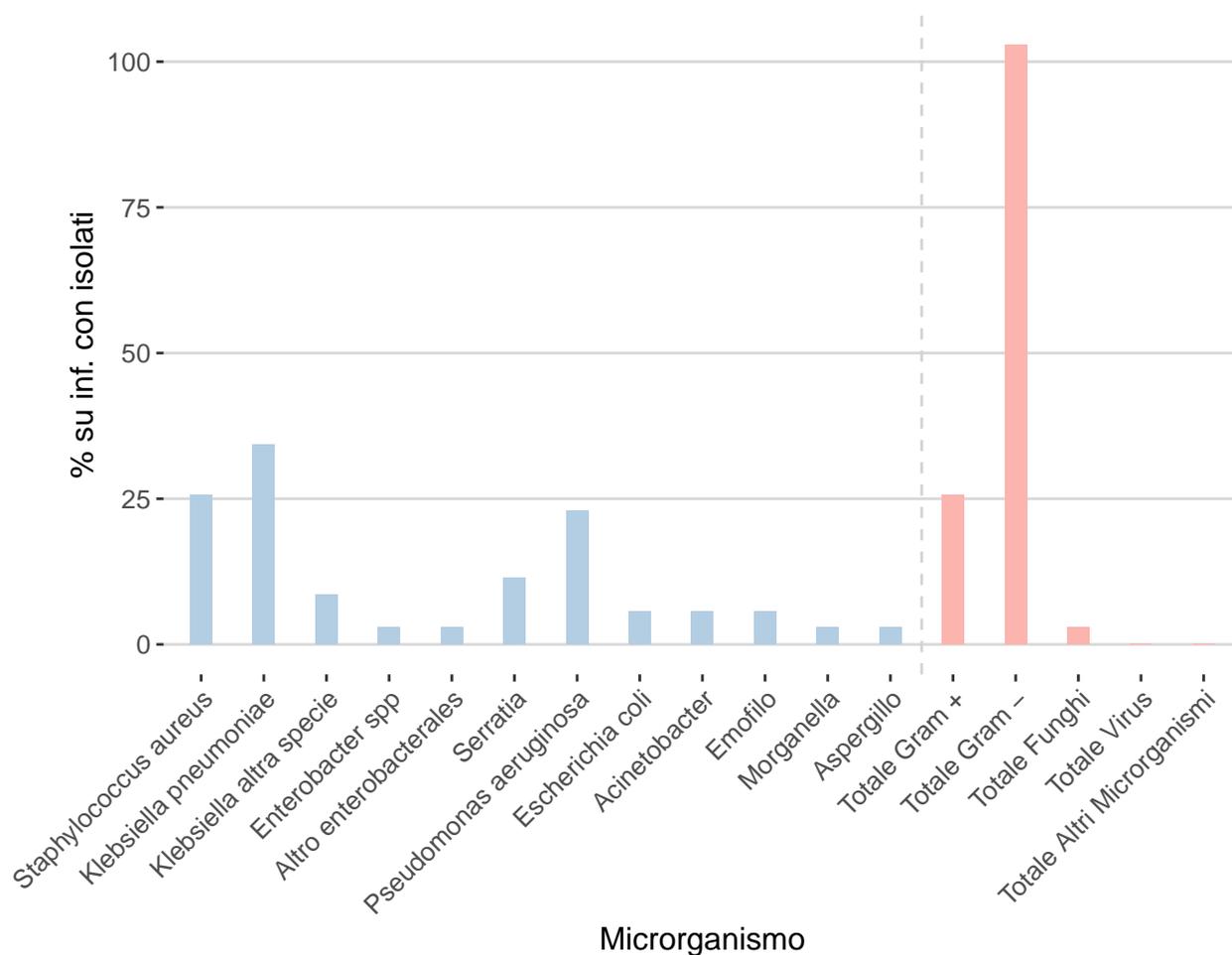
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	2	16.67
Klebsiella pneumoniae	12	Meropenem	6	50.00
Enterobacter spp	3	Ertapenem	1	33.33
Acinetobacter	2	Imipenem	1	50.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Pseudomonas aeruginosa	13	Imipenem	3	23.08
Pseudomonas aeruginosa	13	Meropenem	3	23.08
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	3	27.27
Enterococco faecalis	5	Vancomicina	1	20.00
Enterococco faecium	6	Vancomicina	3	50.00

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	35	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>35</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>49</b>	

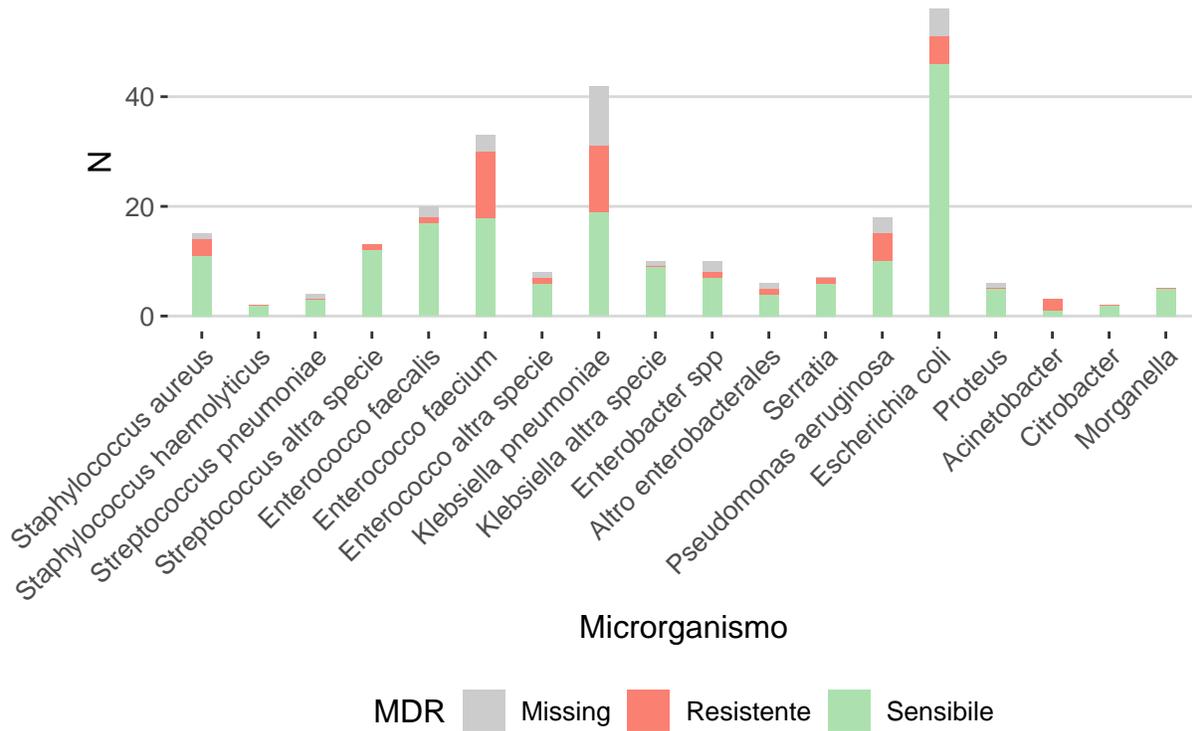
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	9	25.7	8	2	25
<b>Totale Gram +</b>	<b>9</b>	<b>25.7</b>	<b>8</b>	<b>2</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	12	34.3	9	4	44.4
Klebsiella altra specie	3	8.6	3	0	0
Enterobacter spp	1	2.9	1	0	0
Altro enterobacterales	1	2.9	1	0	0
Serratia	4	11.4	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	22.9	5	1	20
Escherichia coli	2	5.7	2	0	0
Acinetobacter	2	5.7	1	1	100
Emofilo	2	5.7	0	0	0
Morganella	1	2.9	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>36</b>	<b>102.9</b>	<b>26</b>	<b>6</b>	<b>23.1</b>
Aspergillo	1	2.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>2.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

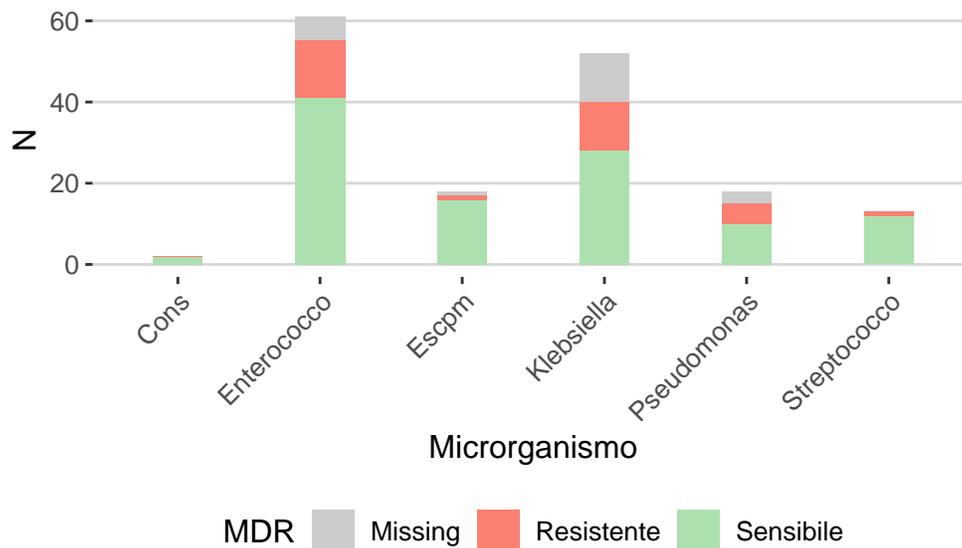
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

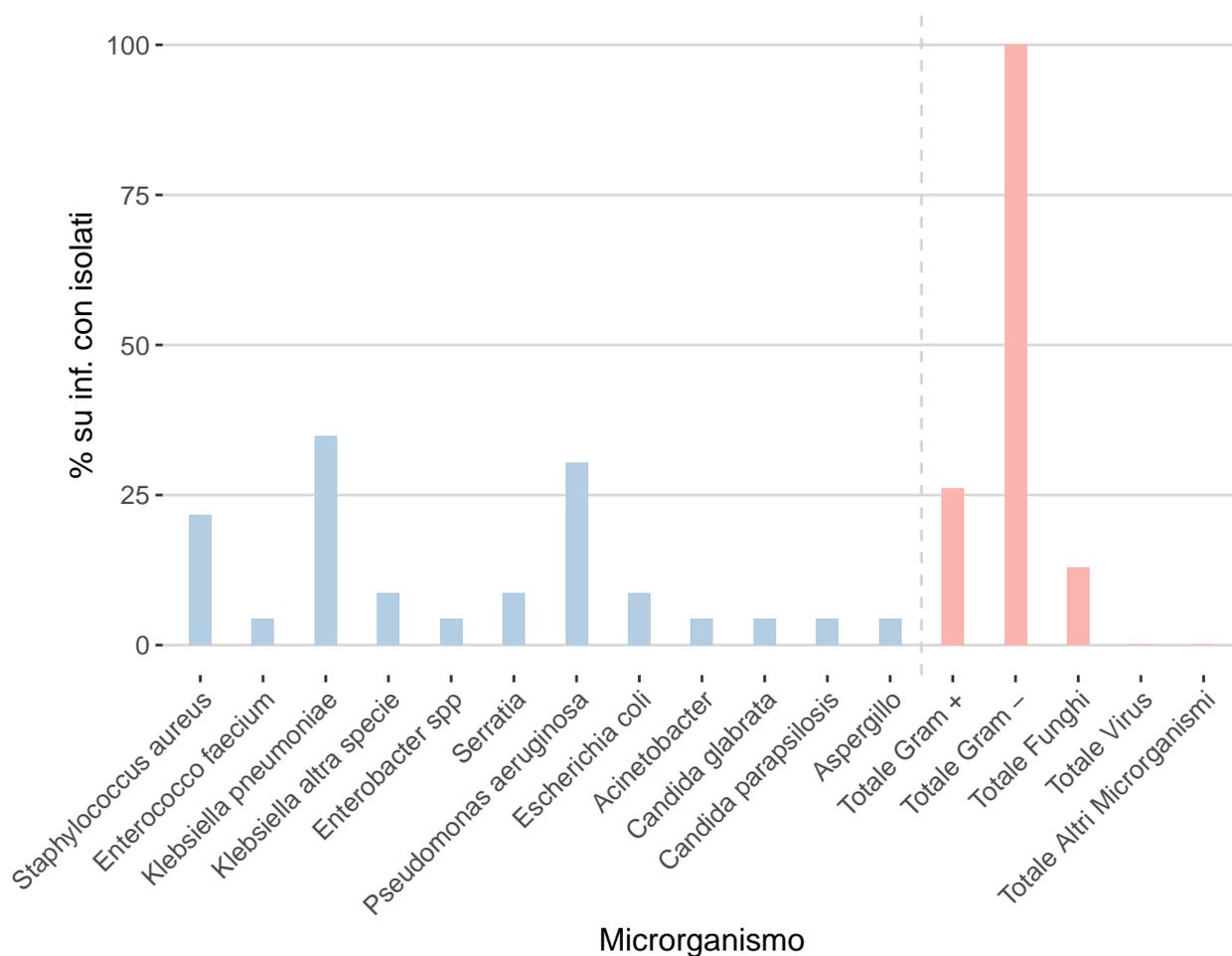
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Ertapenem	1	11.11
Klebsiella pneumoniae	9	Meropenem	4	44.44
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	1	20.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	1	20.00
Staphylococcus aureus	8	Meticillina	2	25.00

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	23	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>23</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>32</b>	

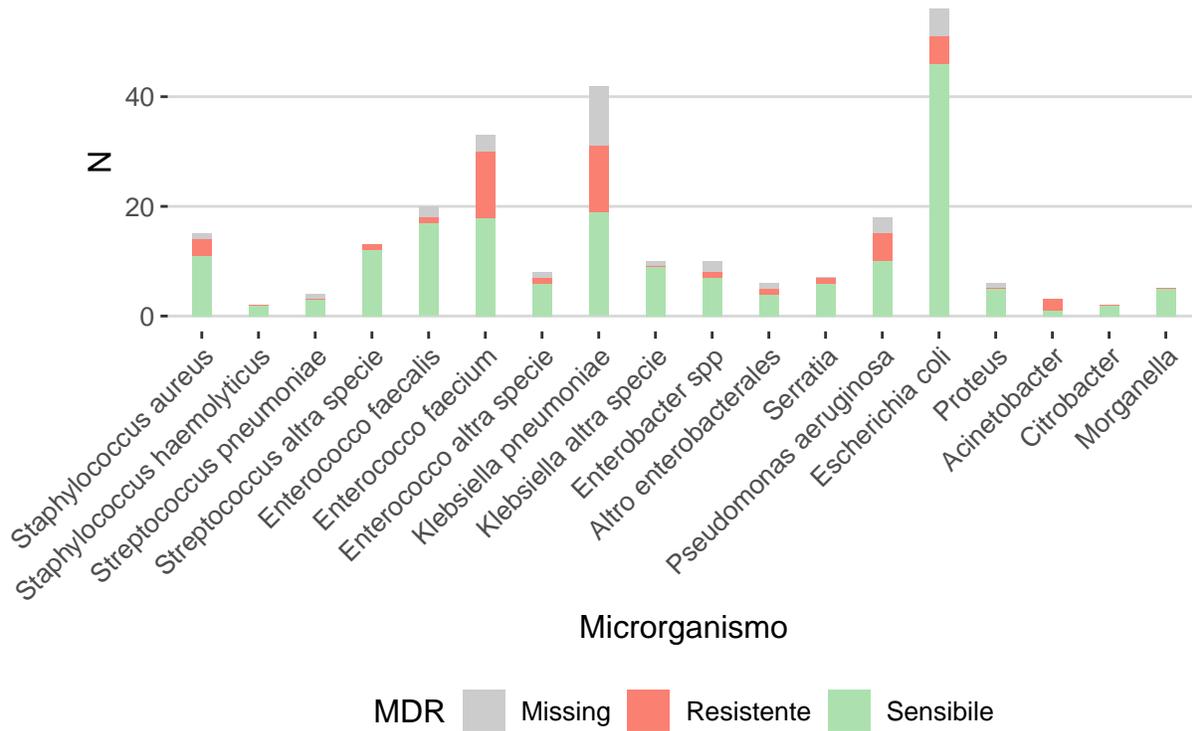
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	21.7	5	0	0
Enterococco faecium	1	4.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>6</b>	<b>26.1</b>	<b>5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	8	34.8	6	3	50
Klebsiella altra specie	2	8.7	2	0	0
Enterobacter spp	1	4.3	1	1	100
Serratia	2	8.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	30.4	5	3	60
Escherichia coli	2	8.7	2	0	0
Acinetobacter	1	4.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>23</b>	<b>100.0</b>	<b>17</b>	<b>7</b>	<b>41.2</b>
Candida glabrata	1	4.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	4.3	0	0	0
Aspergillo	1	4.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>13.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

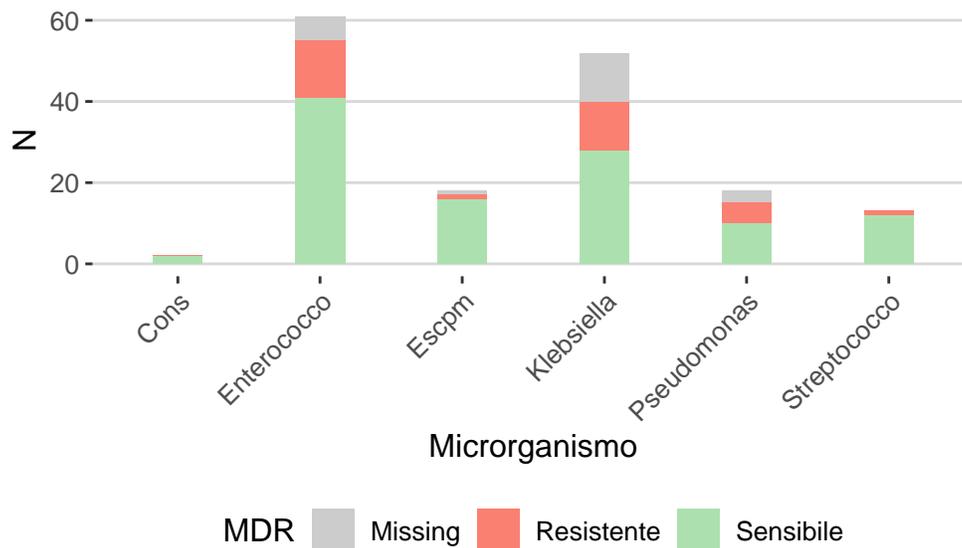
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

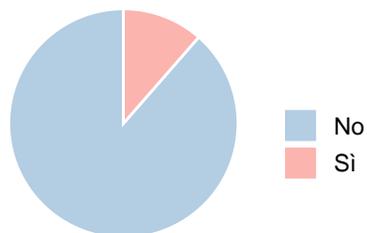
### 12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	6	Ertapenem	2	33.33
Klebsiella pneumoniae	6	Meropenem	3	50.00
Enterobacter spp	1	Ertapenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	2	40.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	2	40.00

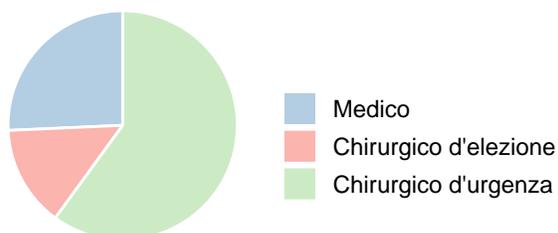
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 35)

### 13.1 Trauma



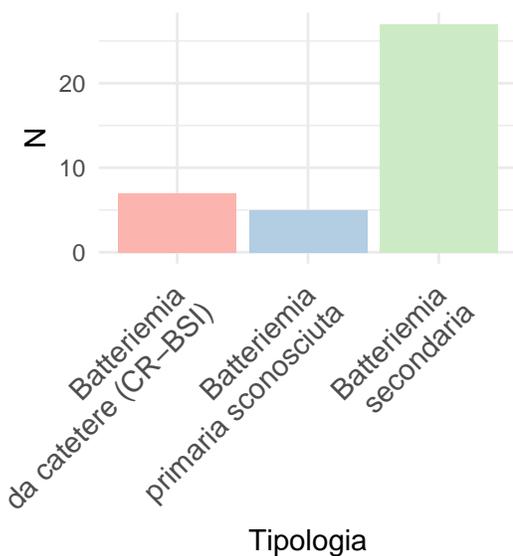
Trauma	N	%
No	31	88.6
Si	4	11.4
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



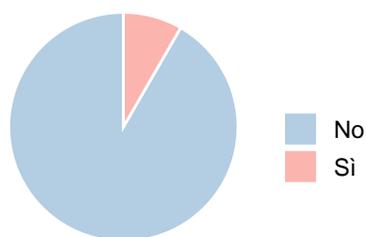
Stato chirurgico	N	%
Medico	9	25.7
Chirurgico d'elezione	5	14.3
Chirurgico d'urgenza	21	60.0
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	5	12.8
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	7	17.9
Batteriemia secondaria	27	69.2
Missing	0	0.0

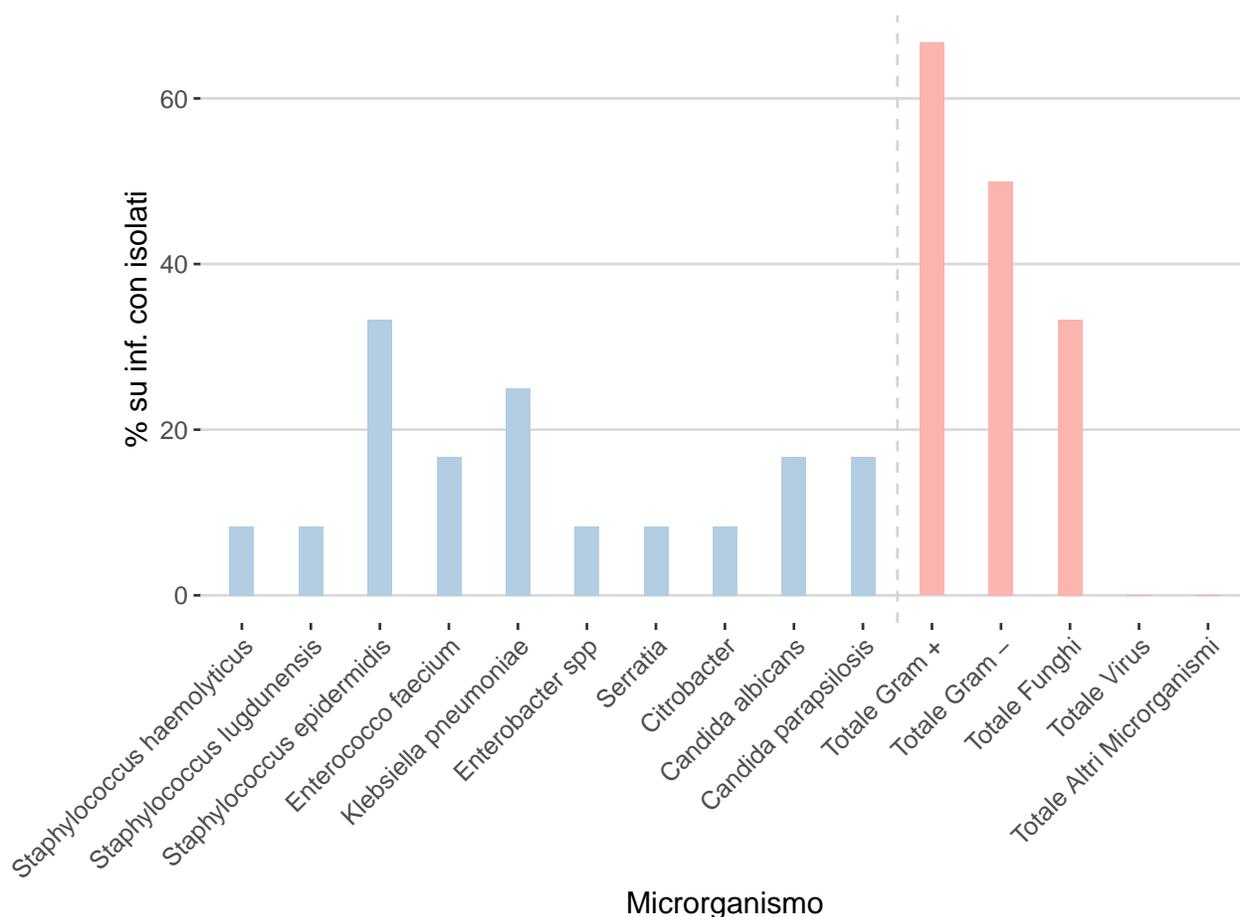
### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	11	91.7
Sì	1	8.3
Missing	0	0

### 13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

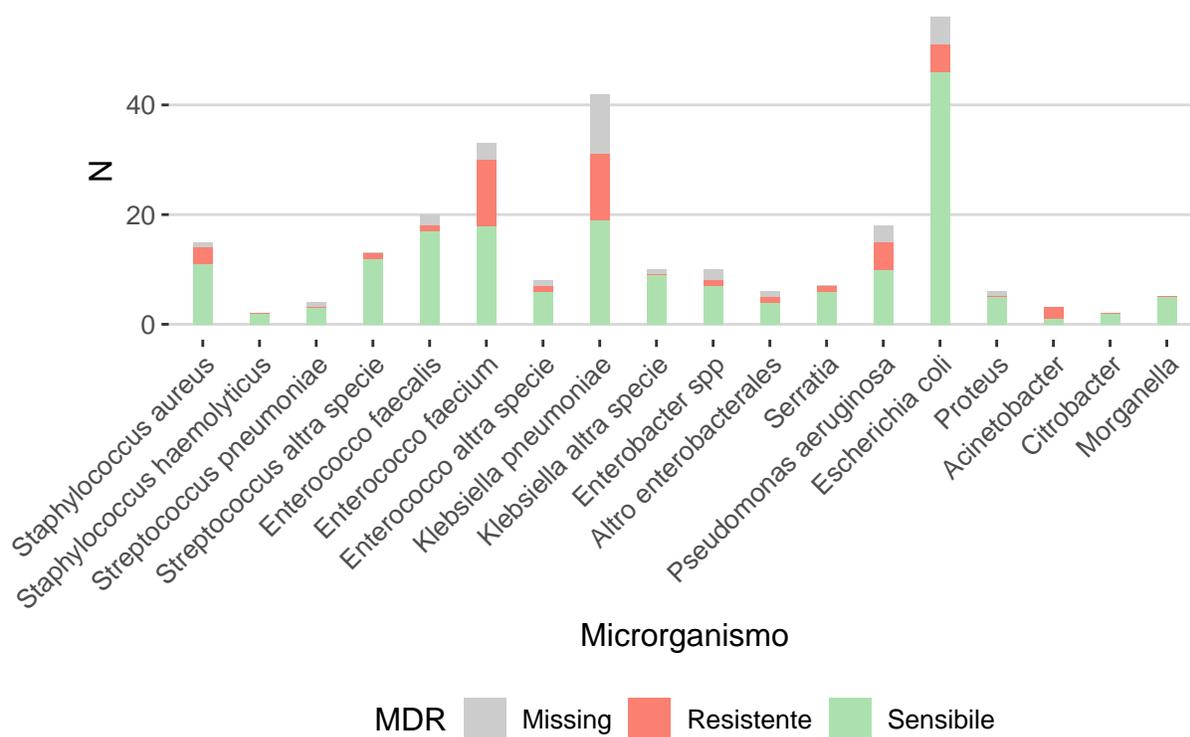
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	8.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	8.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	4	33.3	0	0	0

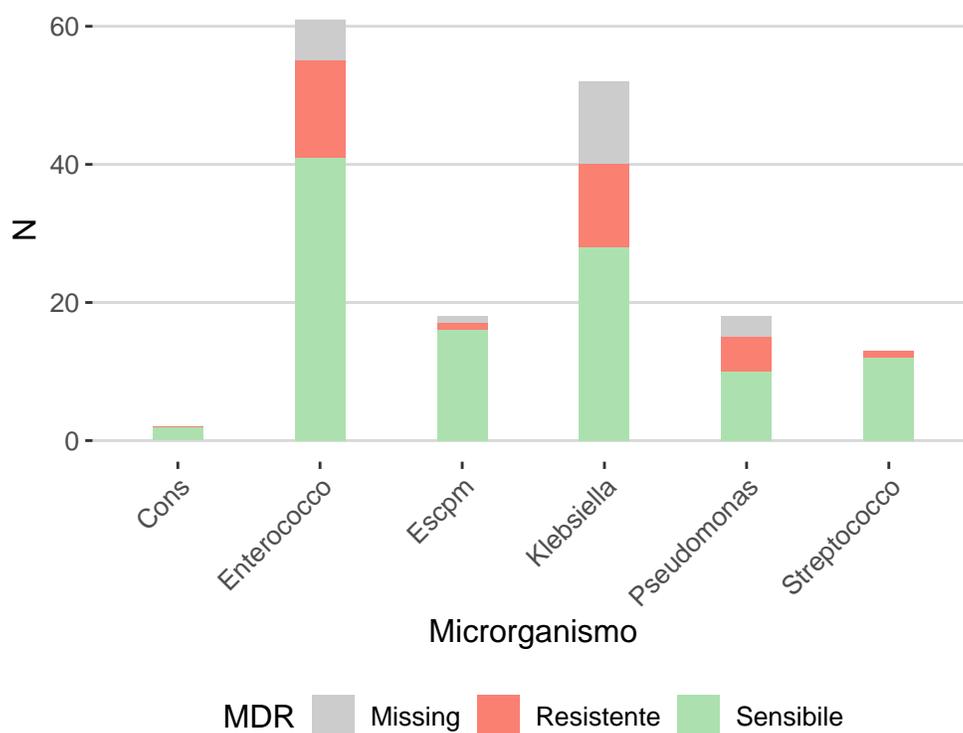
Enterococco faecium	2	16.7	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>66.7</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	25.0	0	0	0
Enterobacter spp	1	8.3	1	0	0
Serratia	1	8.3	0	0	0
Citrobacter	1	8.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>50.0</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	2	16.7	0	0	0
Candida parapsilosis	2	16.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>33.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

## 13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

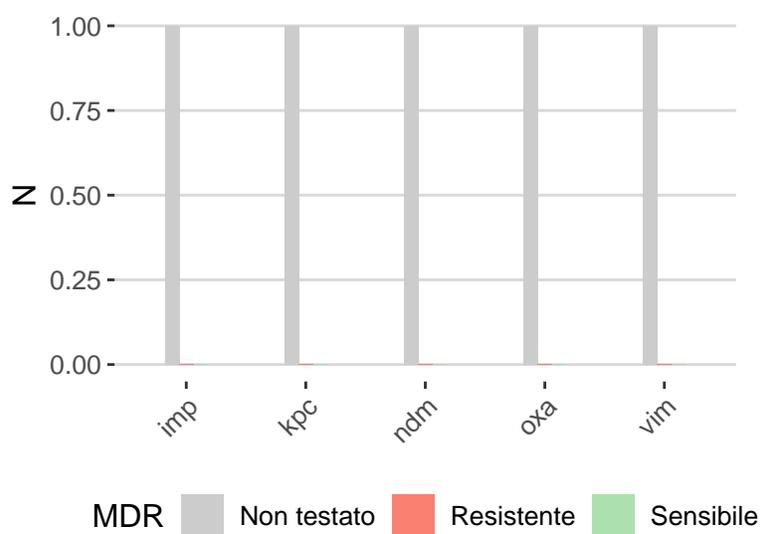
Non sono stati individuati microrganismi resistenti ad alcun antibiotico. Per maggiori informazioni sulle resistenze testate si veda la sezione Definizione di MDR.

## 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.

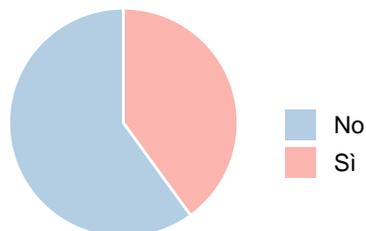
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	5	

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



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 5)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	3	60.0
Si	2	40.0
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima	0.7	0.5 %
CI ( 95% )	0.2 - 1.7	0.2 - 1.2

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.

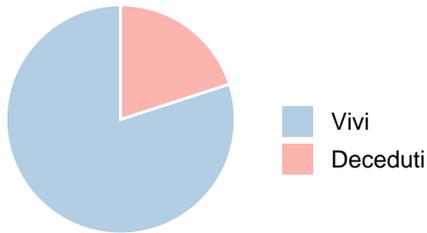
Il secondo:

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

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.

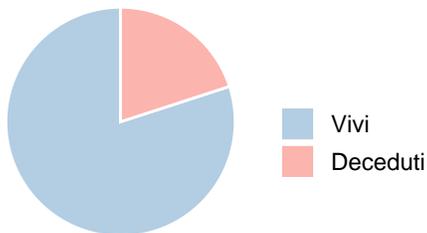
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4	80.0
Deceduti	1	20.0
Missing	0	0

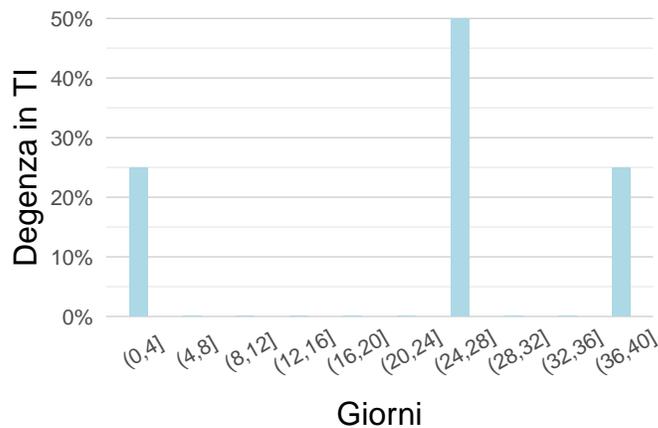
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	4	80.0
Deceduti	1	20.0
Missing	0	0

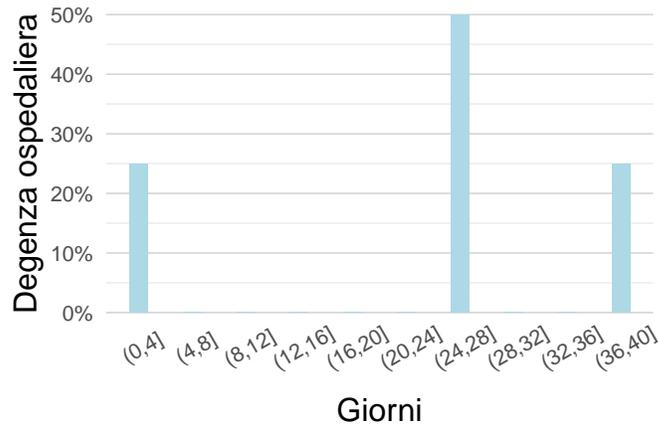
\* Statistiche calcolate su 5 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.8 (32.3)
Mediana (Q1-Q3)	26 (25-39)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*

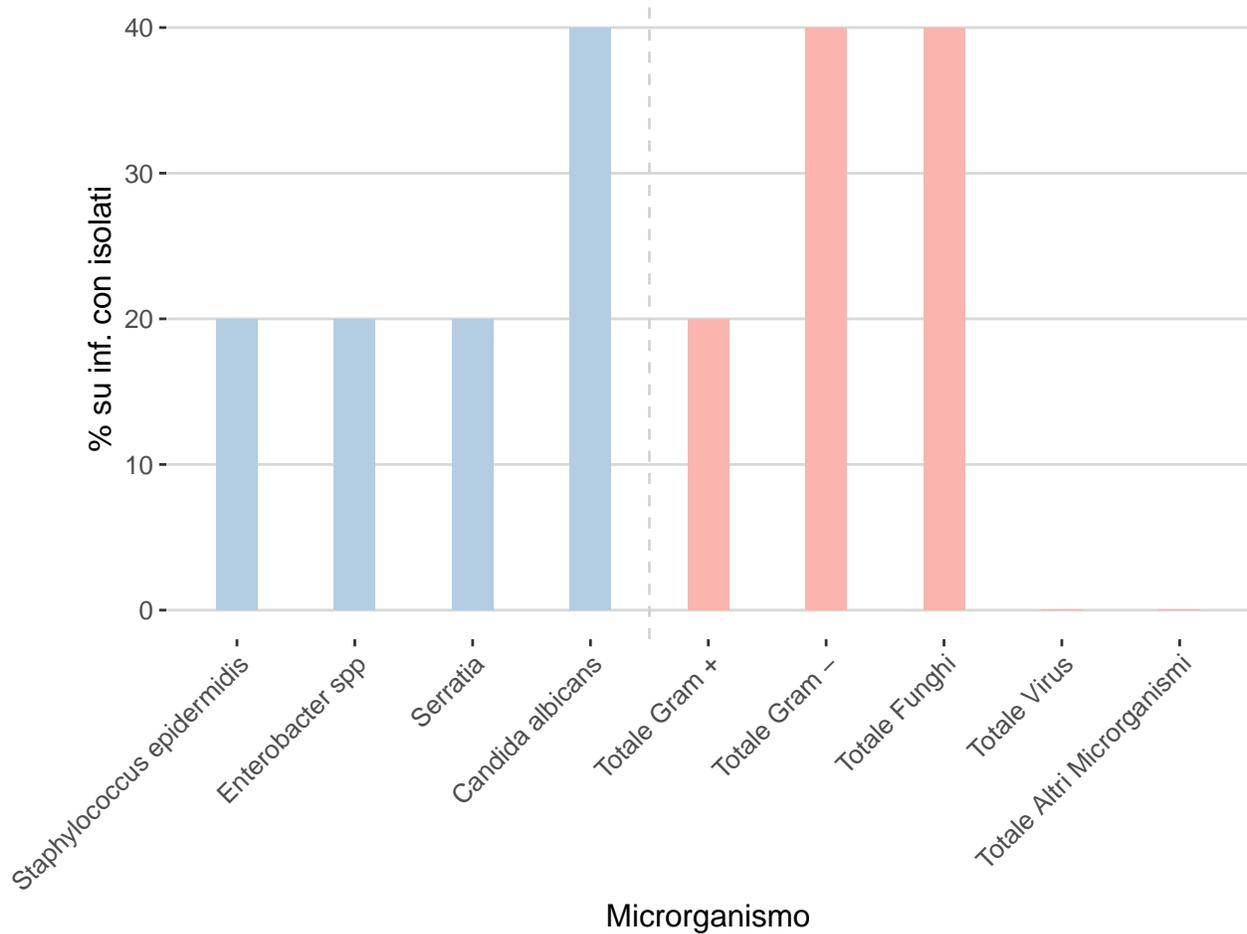


Indicatore	Valore
Media (DS)	46.8 (29.5)
Mediana (Q1-Q3)	39 (26-62)
Missing	0

\* Statistiche calcolate su 5 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

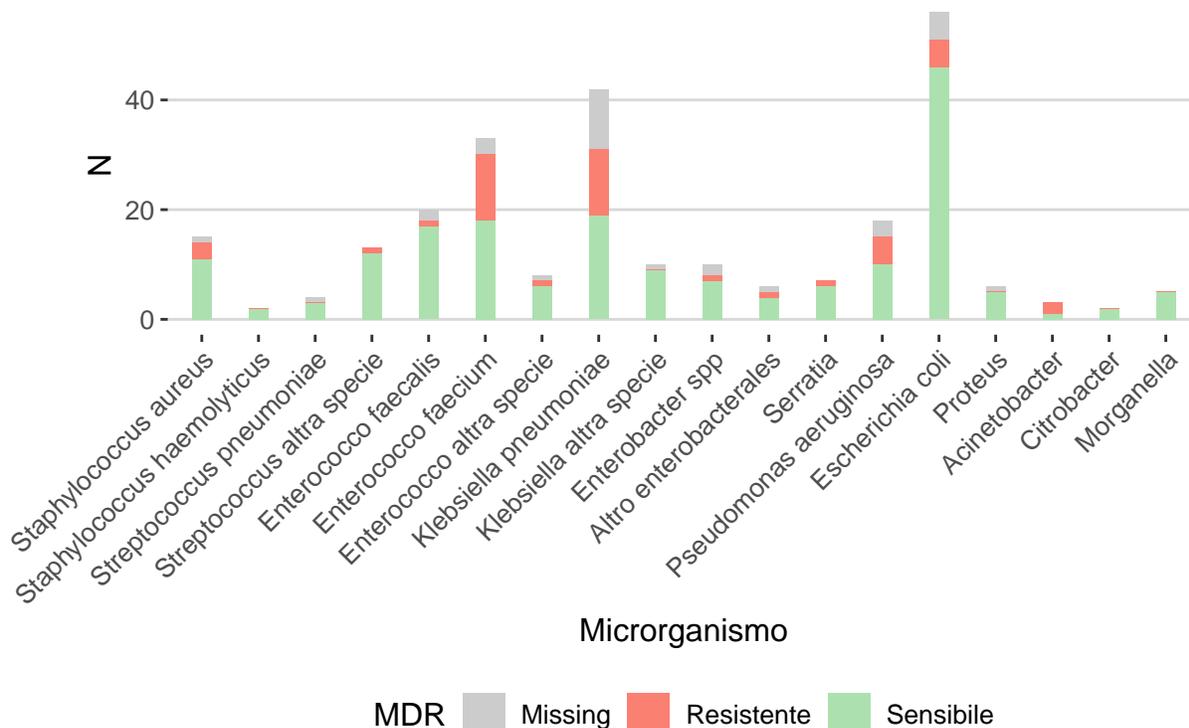
### 14.7 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus epidermidis	1	20	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>1</b>	<b>20</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Enterobacter spp	1	20	1	0	0
Serratia	1	20	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>2</b>	<b>40</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida albicans	2	40	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>40</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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

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

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

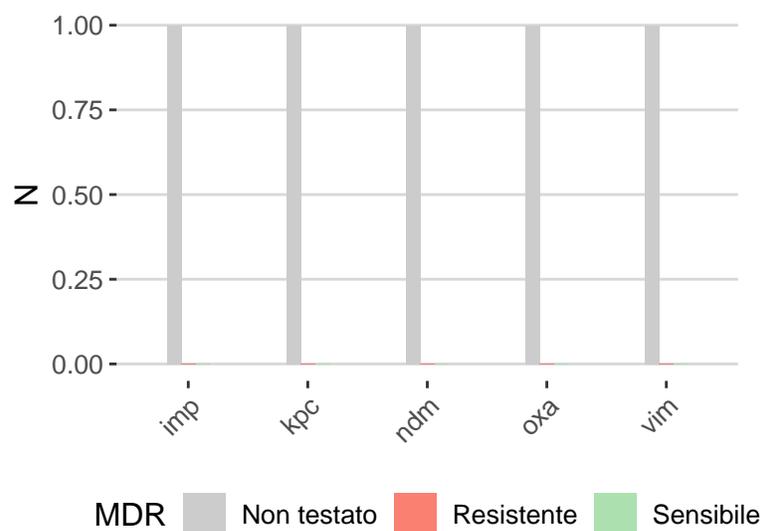
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo 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	0	0
Non testato	1	100
Missing	1	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
------------	------------	--------------	-----------	-------------

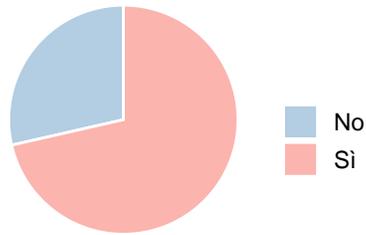
14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN  
 DEGENZA (N = 5)

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



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 7)

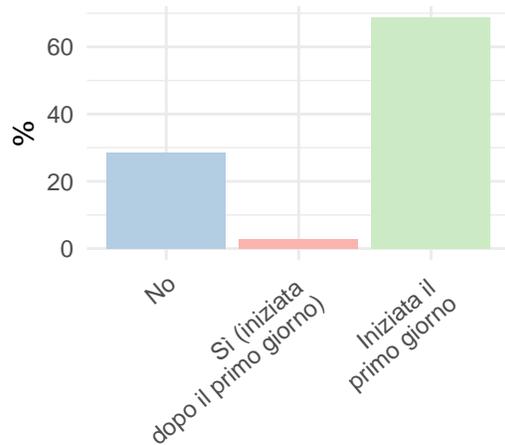
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	2	28.6
Si	5	71.4
Missing	0	0

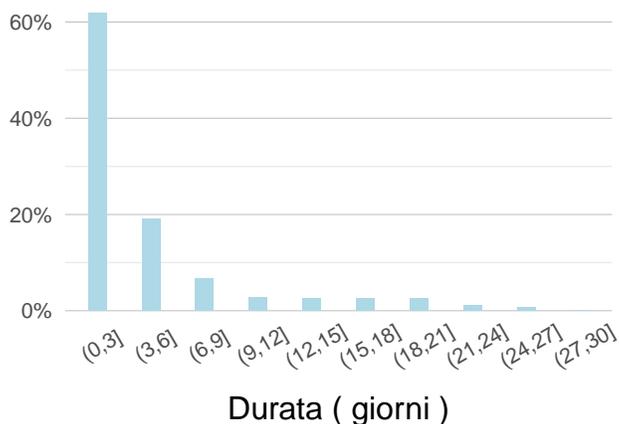
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 1336 )



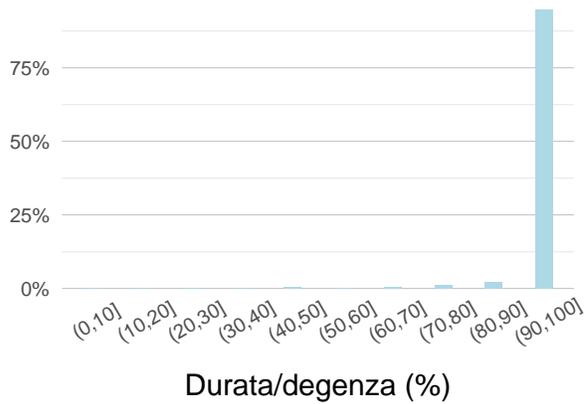
Cvc	N	%
No	376	28.5
Si	943	71.5
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>918</b>	<b>68.7</b>
Missing	17	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



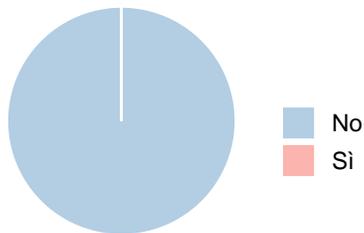
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.7 (11.8)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-6)
Missing	13

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



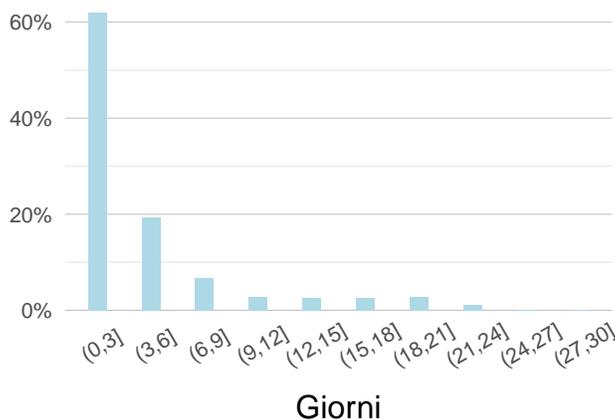
Indicatore	Valore
Media (DS)	98.4 (7.6)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	14

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 1336 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	1316	100.0
Si	0	0.0
Missing	20	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	6
Media (DS)	19.8 (19.0)
Mediana (Q1-Q3)	20.5 (5.8-24)
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.1	0.8 %
CI ( 95% )	0.5 - 2.3	0.3 - 1.6

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

Il primo:

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

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

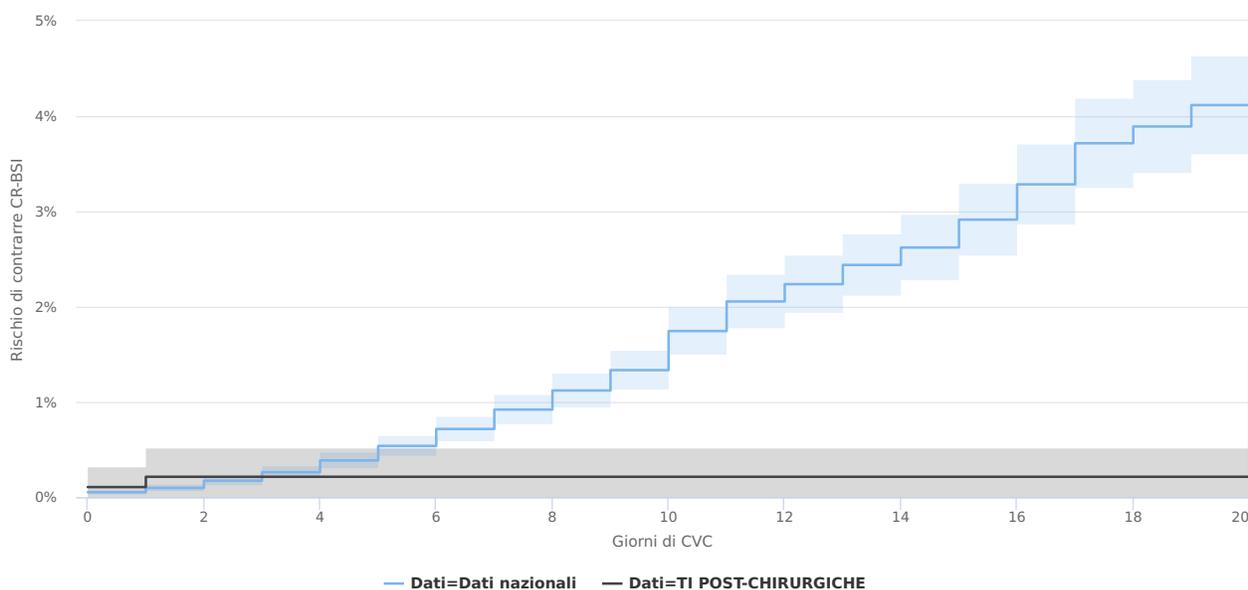
Il secondo invece:

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

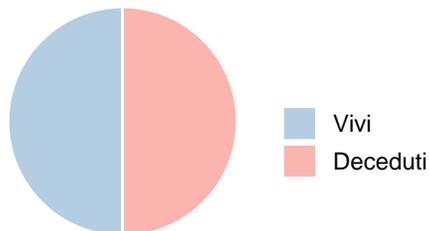
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

## 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

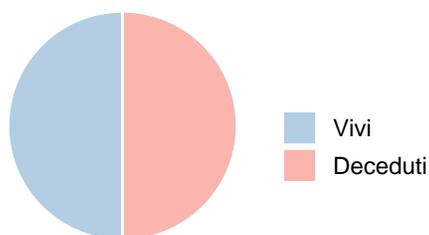


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3	50.0
Deceduti	3	50.0
Missing	1	0

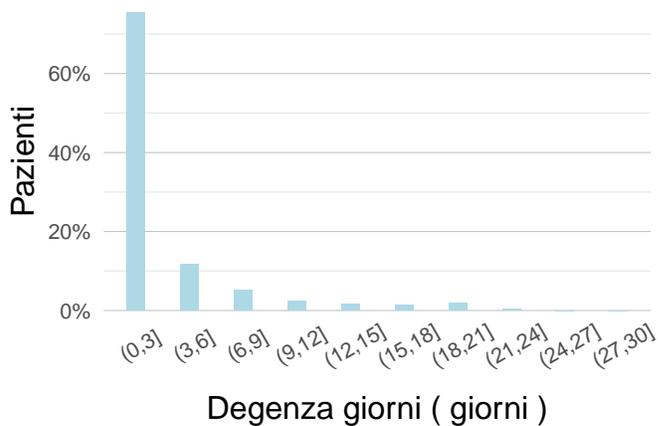
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	3	50.0
Deceduti	3	50.0
Missing	1	0

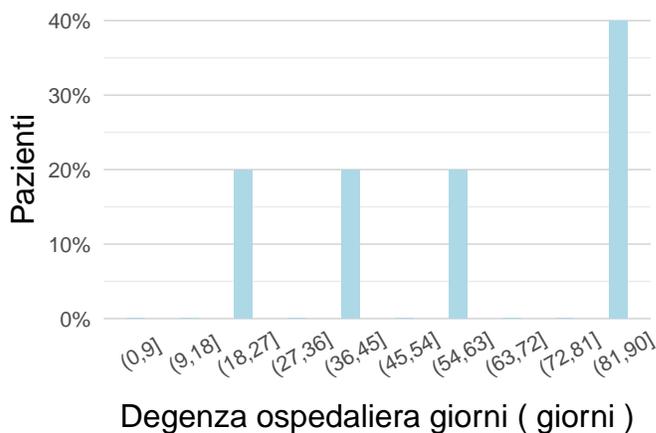
\* Statistiche calcolate su 7 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	45.5 (27.4)
Mediana (Q1-Q3)	35.5 (25.8-66.2)
Missing	1

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	73.3 (39.3)
Mediana (Q1-Q3)	73 (49.2-85.5)
Missing	1

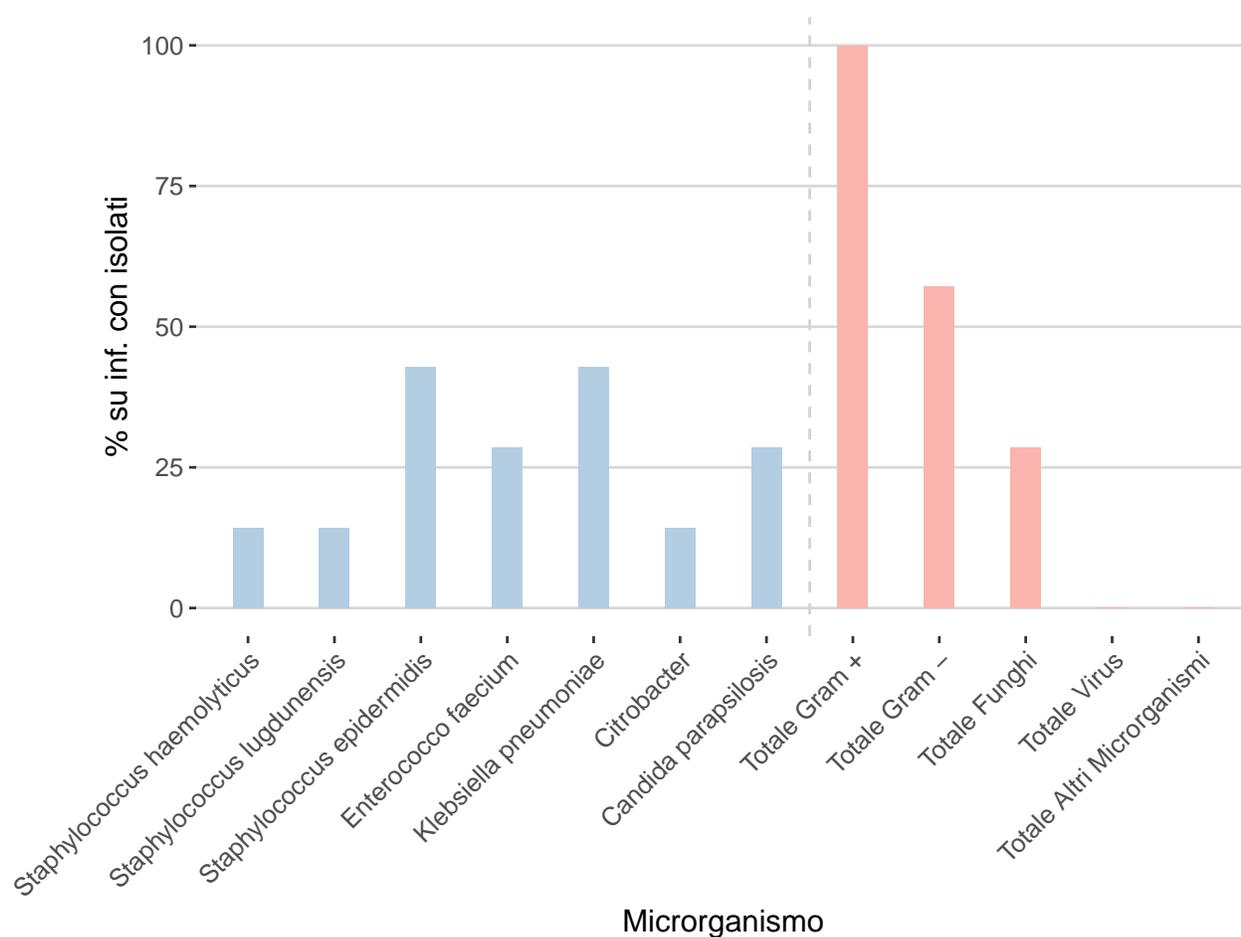
\* Statistiche calcolate su 7 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

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

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

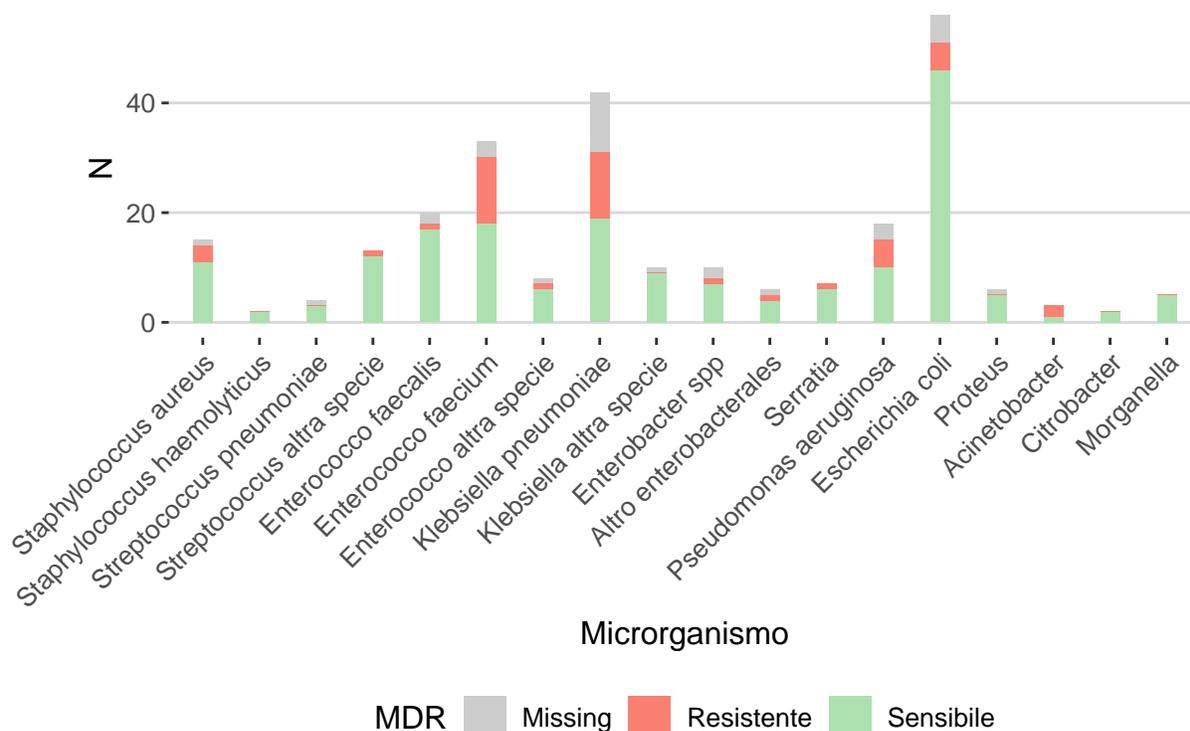
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	7	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>7</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>13</b>	

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



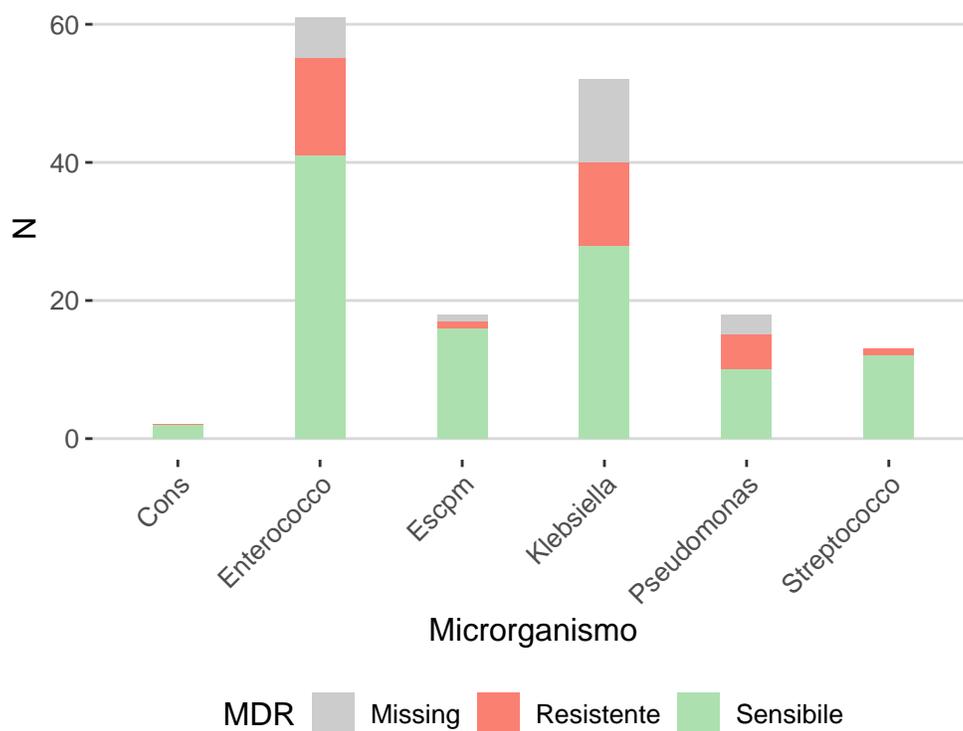
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	14.3	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	14.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	42.9	0	0	0
Enterococco faecium	2	28.6	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>7</b>	<b>100.0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	42.9	0	0	0
Citrobacter	1	14.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>4</b>	<b>57.1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida parapsilosis	2	28.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>28.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

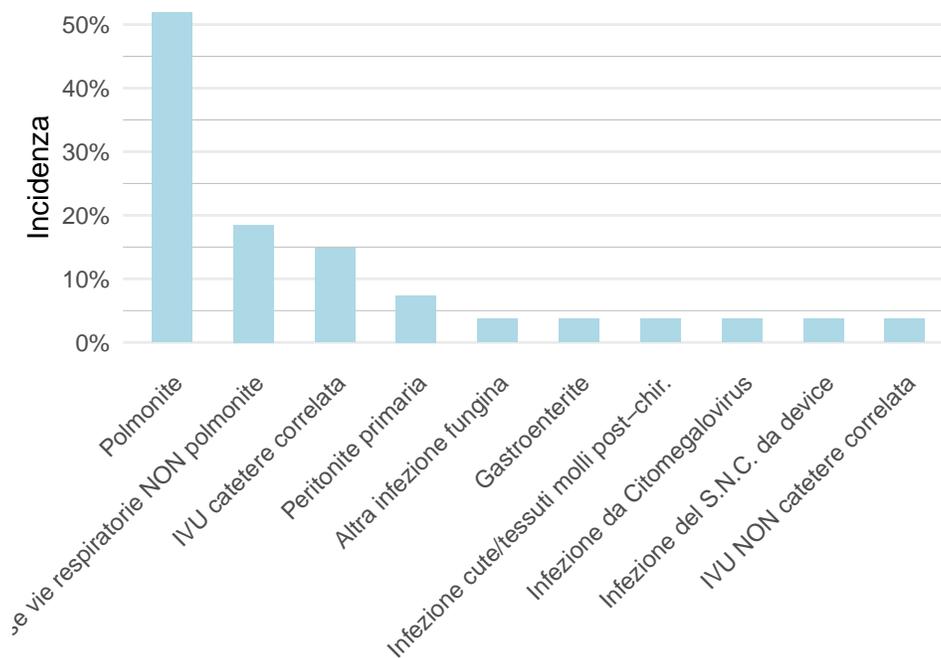
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo dovrà quindi essere

negativo per tutti i test. La seconda tabella fa invece riferimento alla singola resistenza microorganismo-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	4	

## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 27)

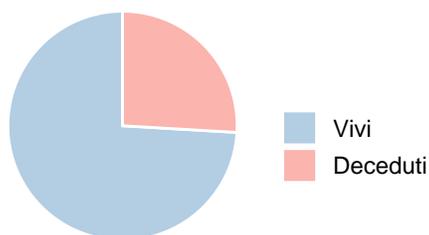
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

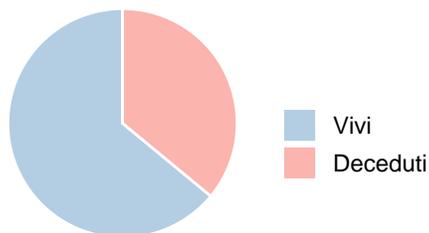
Infezione	N	%
Polmonite	14	51.9
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	5	18.5
IVU catetere correlata	4	14.8
Peritonite primaria	2	7.4
Infezione del S.N.C. da device	1	3.7
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	1	3.7
IVU NON catetere correlata	1	3.7
Gastroenterite	1	3.7
Altra infezione fungina	1	3.7
Infezione da Citomegalovirus	1	3.7
Missing	0	0

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	20	74.1
Deceduti	7	25.9
Missing	0	0

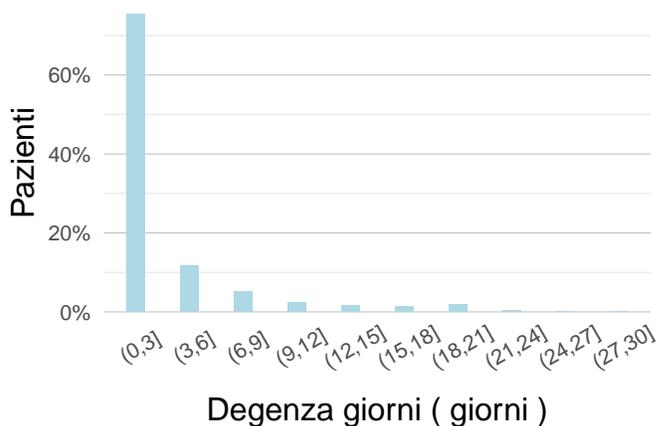
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	16	64.0
Deceduti	9	36.0
Missing	0	0

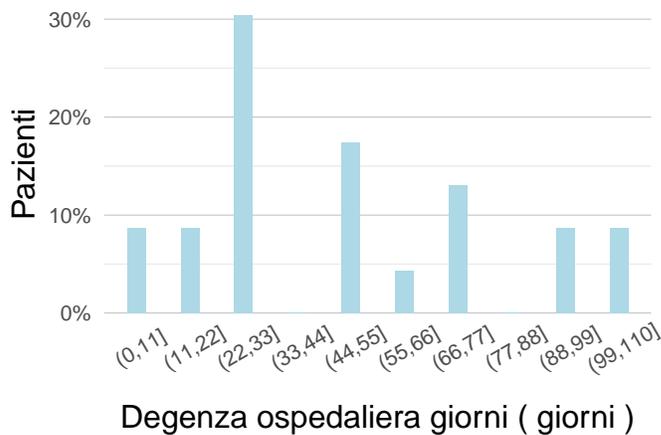
\* Statistiche calcolate su 25 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	36.8 (26.3)
Mediana (Q1-Q3)	30 (21-44)
Missing	0

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	55.6 (40.2)
Mediana (Q1-Q3)	48 (25-74)
Missing	0

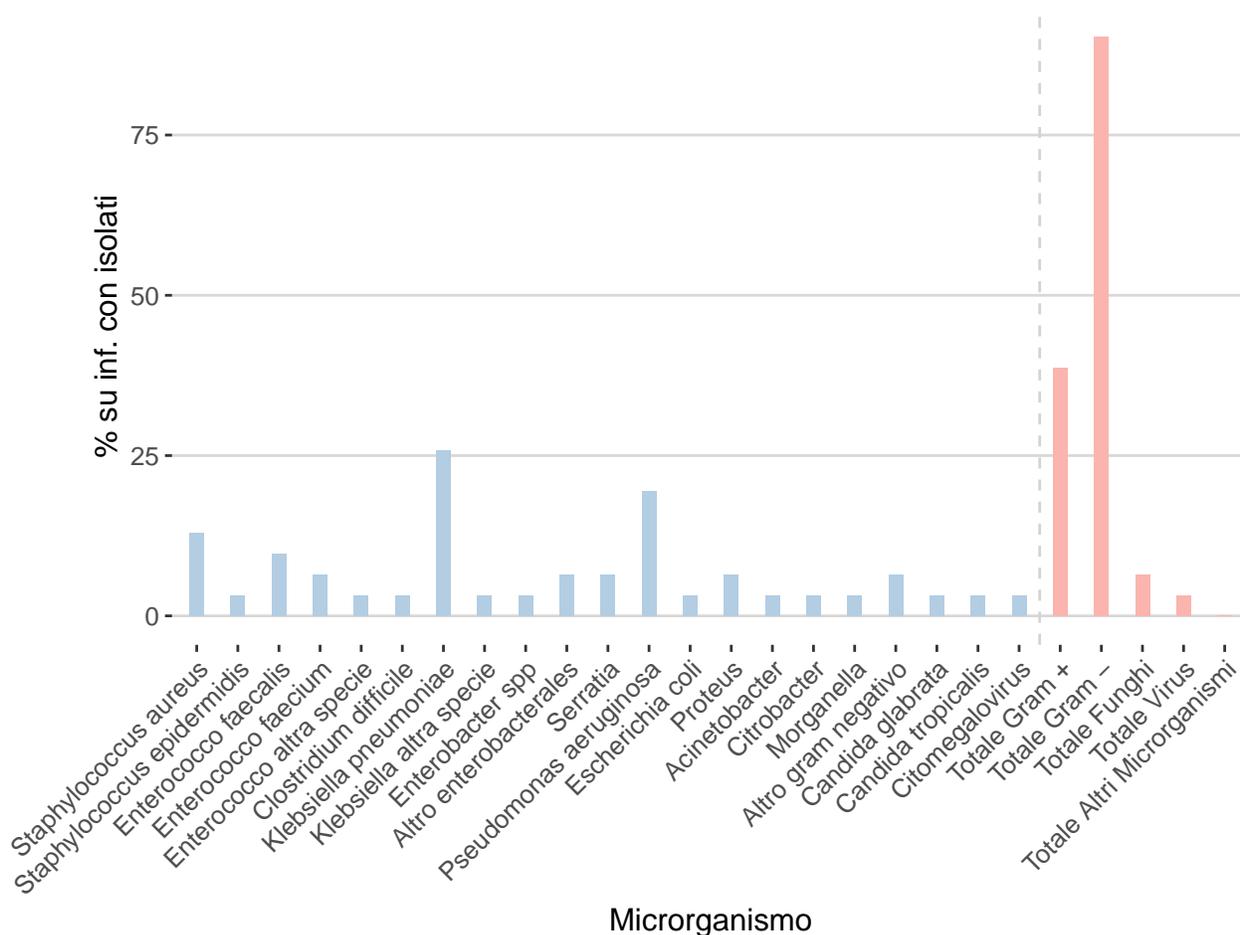
\* Statistiche calcolate su 25 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

## 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	31	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>31</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>44</b>	

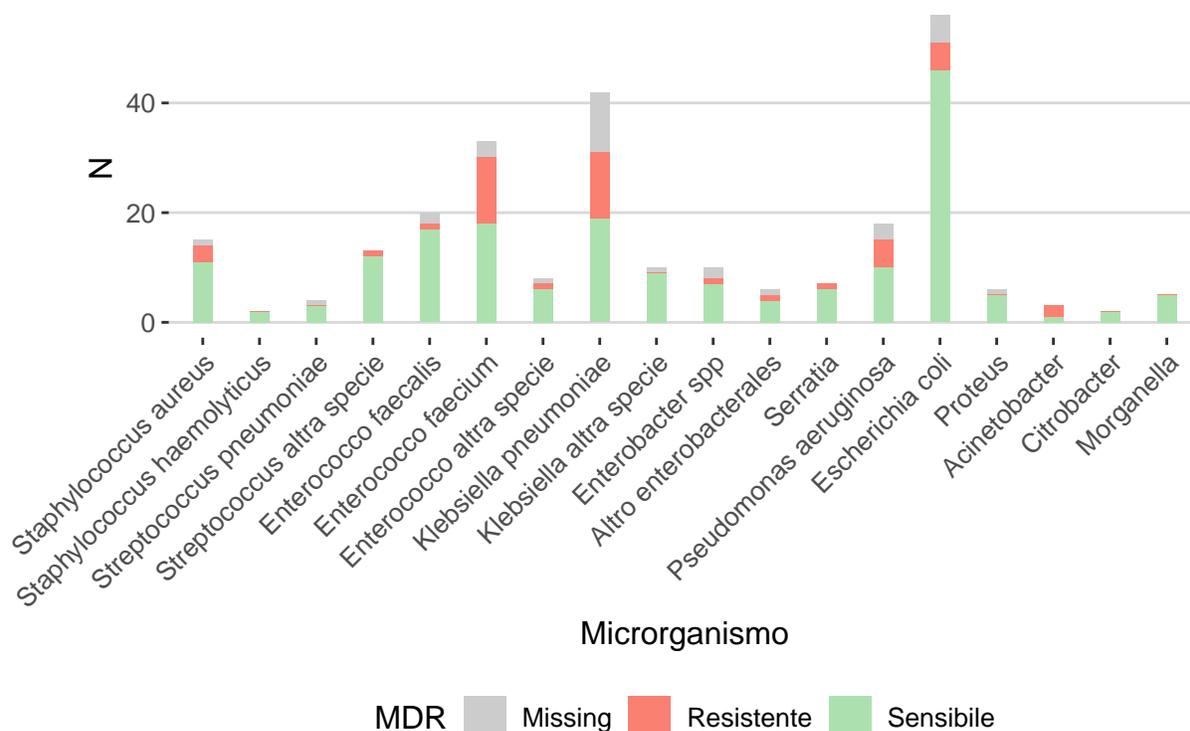
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

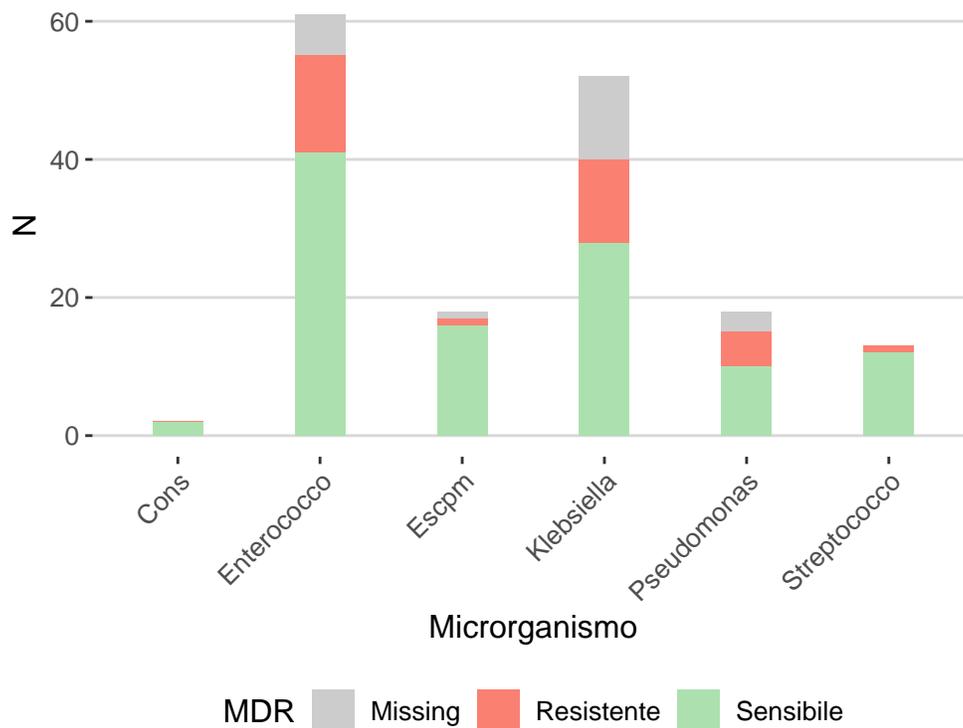
Staphylococcus aureus	4	12.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	3.2	0	0	0
Enterococco faecalis	3	9.7	1	0	0
Enterococco faecium	2	6.5	0	0	0
Enterococco altra specie	1	3.2	0	0	0
Clostridium difficile	1	3.2	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>12</b>	<b>38.7</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	8	25.8	2	2	100
Klebsiella altra specie	1	3.2	1	0	0
Enterobacter spp	1	3.2	0	0	0
Altro enterobacterales	2	6.5	1	0	0
Serratia	2	6.5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	19.4	5	3	60
Escherichia coli	1	3.2	1	0	0
Proteus	2	6.5	1	0	0
Acinetobacter	1	3.2	0	0	0
Citrobacter	1	3.2	0	0	0
Morganella	1	3.2	0	0	0
Altro gram negativo	2	6.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>28</b>	<b>90.3</b>	<b>12</b>	<b>5</b>	<b>41.7</b>
Candida glabrata	1	3.2	0	0	0
Candida tropicalis	1	3.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>6.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	3.2	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>3.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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

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

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

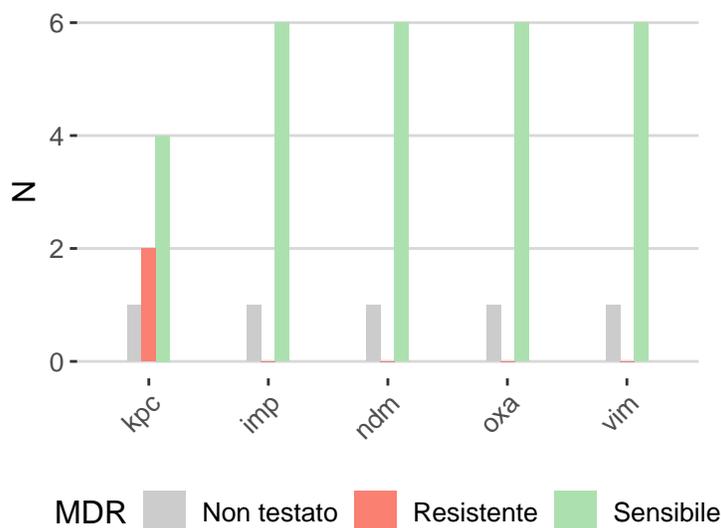
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50
Klebsiella pneumoniae	2	Meropenem	2	100
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	3	60
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	2	40

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

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

	N	%
Sì	2	28.57
No	4	57.14
Non testato	1	14.29
Missing	12	

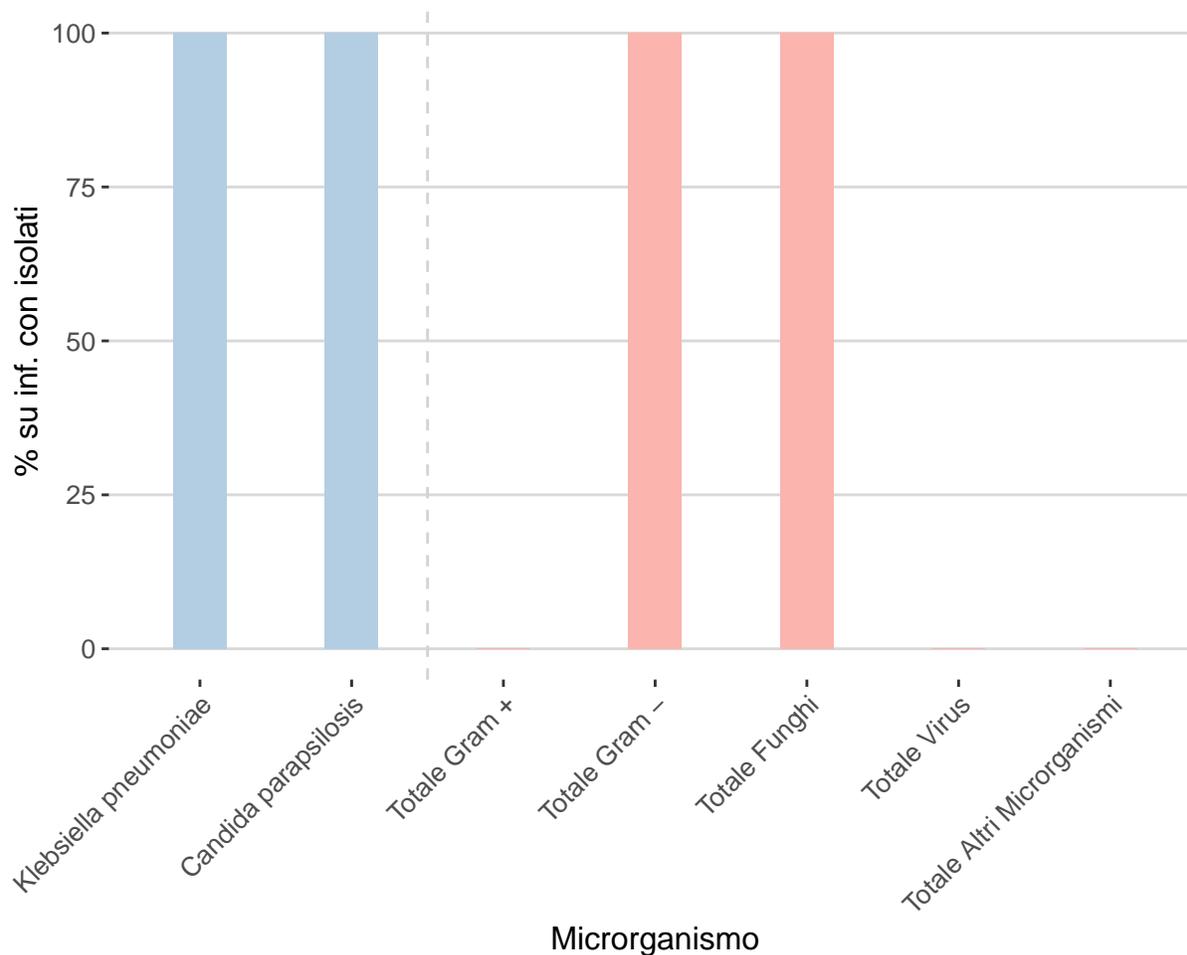
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	6	1
kpc	2	100	4	1
ndm	0	0	6	1
oxa	0	0	6	1
vim	0	0	6	1



## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 1)

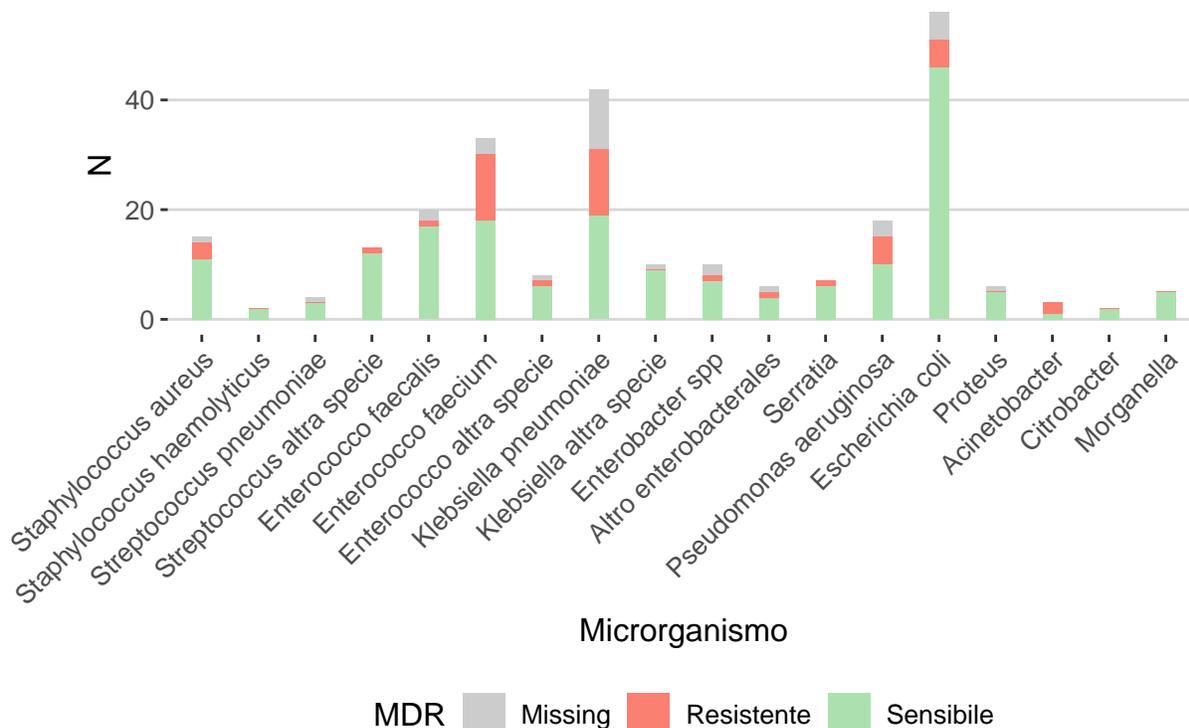
### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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.



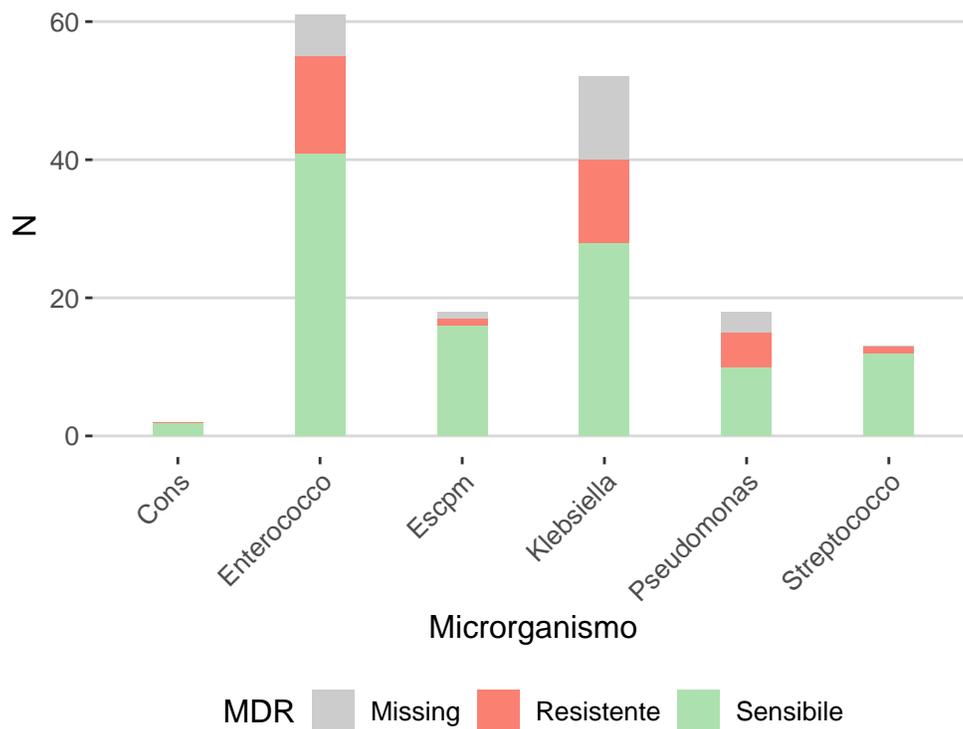
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
<b>Totale Gram +</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	1	100	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1</b>	<b>100</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida parapsilosis	1	100	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>100</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



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

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	2	2	2	0	0.00	0
Enterococco	61	55	41	14	25.45	6
Escpm	18	17	16	1	5.88	1
Klebsiella	52	40	28	12	30.00	12
Pseudomonas	18	15	10	5	33.33	3
Streptococco	13	13	12	1	7.69	0

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