

# 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 = 3691 )</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 = 1252 )</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 = 2414 )</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 = 1104)</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 = 171)</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 = 324)</b>	<b>41</b>
7.1 Trauma . . . . .	41
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	41
7.3 Tipo di infezione . . . . .	41
7.4 Infezione batteriémica . . . . .	42
7.5 Infezioni multisito . . . . .	42
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	42
7.7 Mortalità in TI . . . . .	43
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	43
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	43
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	44
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	44
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	49
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>54</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 245)</b>	<b>55</b>
8.1 Sesso . . . . .	55
8.2 Età . . . . .	55
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	55
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	56
8.5 Trauma . . . . .	56
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	56
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	57
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	57
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	57
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	58
8.11 Mortalità in TI . . . . .	58
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	58
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	59
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	59

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	60
8.16	Infezione multisito . . . . .	60
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	61
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	61
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	61
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	62
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	64
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 97)</b>	<b>69</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	69
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 148)</b>	<b>74</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	74
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	74
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	74
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>79</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 51)</b>	<b>80</b>
11.1	Trauma . . . . .	80
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	80
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	80
11.4	Infezioni multisito . . . . .	81
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	81
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	81
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	82
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 39)</b>	<b>84</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	84
12.2	Diagnosi . . . . .	84
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	85
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 3691 ) . . . . .	86
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	87
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	87
12.7	Mortalità in TI . . . . .	88
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	89
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	89
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	89
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	90
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	93
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	95
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 75)</b>	<b>99</b>
13.1	Trauma . . . . .	99
13.2	Stato Chirurgico . . . . .	99
13.3	Tipologia . . . . .	99
13.4	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	100
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza . . . . .	100
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 26)</b>	<b>104</b>
14.1	Infezioni multisito . . . . .	104
14.2	Incidenza di batteriémia ( origine sconosciuta ) . . . . .	104
14.3	Mortalità in TI . . . . .	105
14.4	Mortalità ospedaliera * . . . . .	105
14.5	Degenza in TI (giorni) . . . . .	105
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) * . . . . .	106

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza . . . . .	106
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 25)</b>	<b>110</b>
15.1	Infezione multisito . . . . .	110
15.2	Fattori di rischio . . . . .	110
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia . . . . .	111
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection) . . . . .	112
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI . . . . .	112
15.6	Mortalità in TI . . . . .	113
15.7	Mortalità ospedaliera * . . . . .	113
15.8	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	113
15.9	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	114
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza . . . . .	114
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 29)</b>	<b>119</b>
16.1	Infezioni associate ( top 10 ) . . . . .	119
16.2	Mortalità in TI . . . . .	119
16.3	Mortalità ospedaliera * . . . . .	120
16.4	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	120
16.5	Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	120
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza . . . . .	121
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 4)</b>	<b>124</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	124
<b>Appendice</b>		<b>127</b>
	Definizione di MDR . . . . .	127
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	128

## Petalo Infectionlight

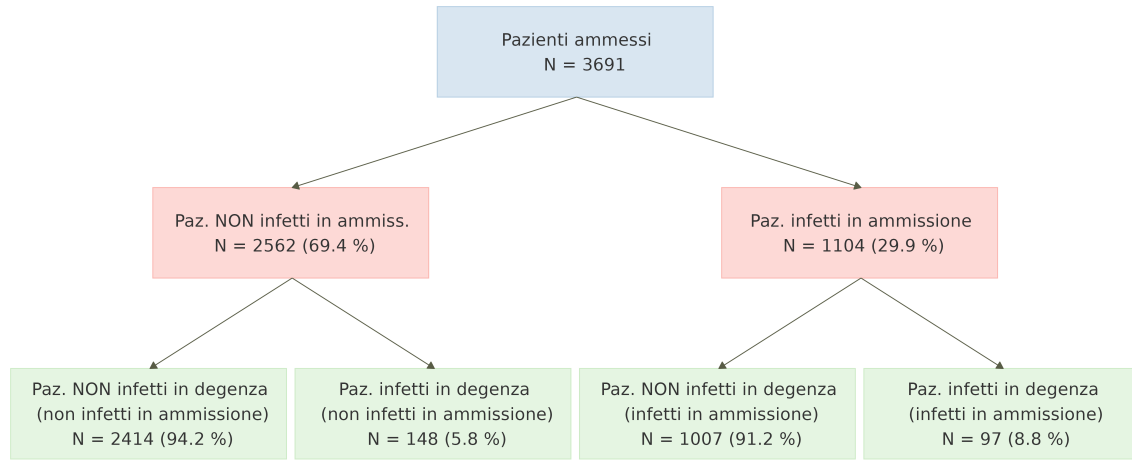
Anno 2023

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

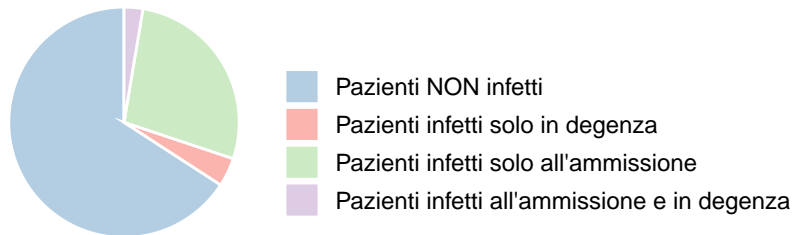
Popolazione complessiva: 9 TI

TI Veneto

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



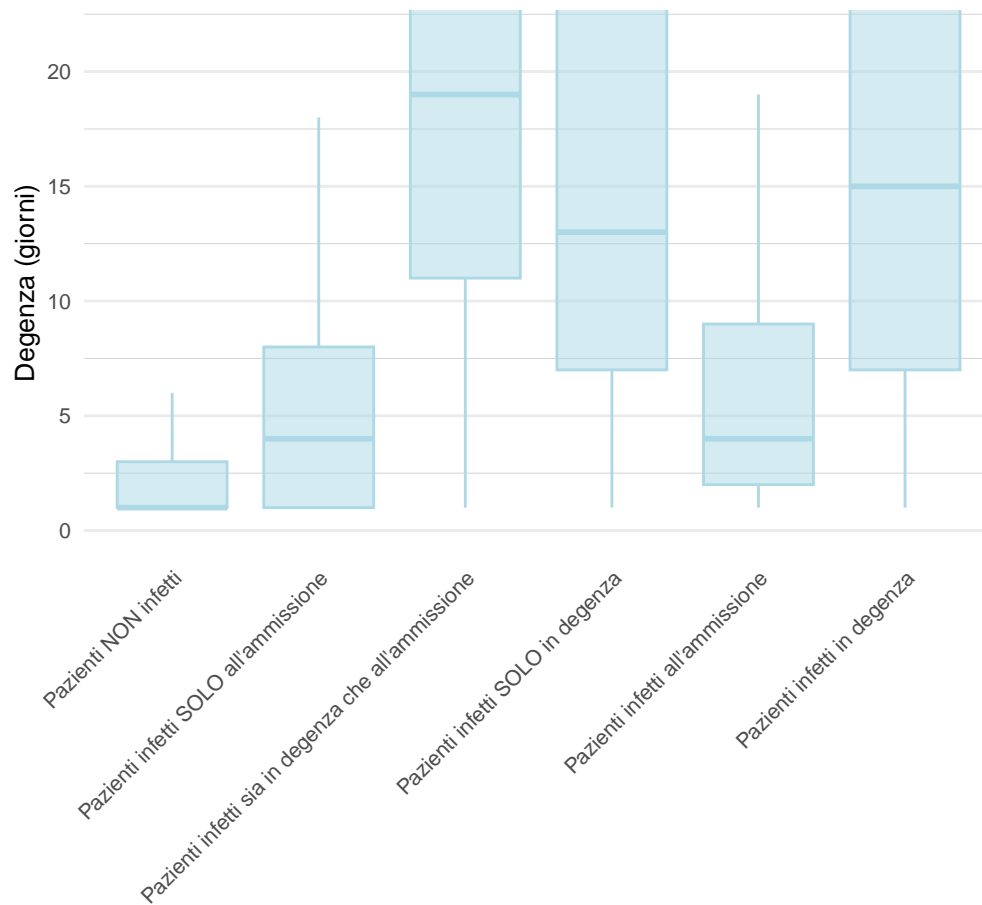
Per N = 25 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	2414	65.8
Pazienti infetti solo in degenza	148	4.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	1007	27.5
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	97	2.6

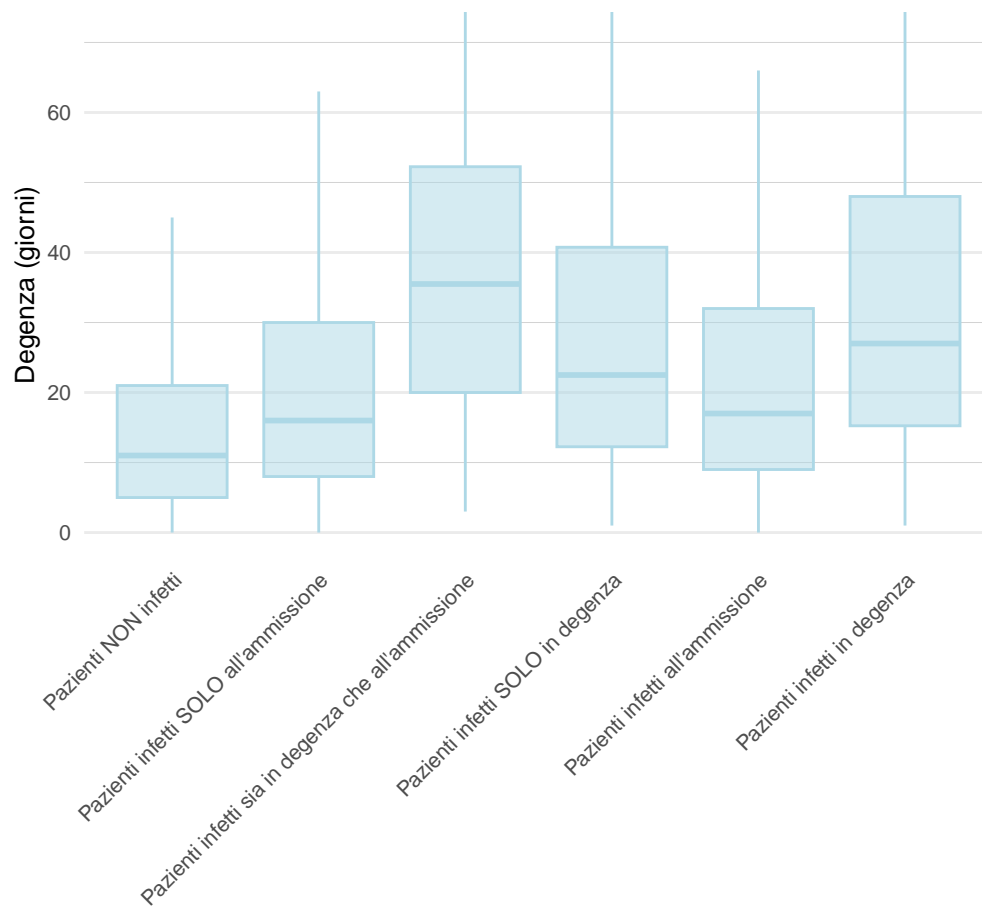
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 3666).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	2414	65.4	1	( 1 - 3 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1007	27.3	4	( 1 - 8 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	97	2.6	19	( 11 - 29 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	148	4.0	13	( 7 - 23 )
Pazienti infetti all'ammissione	1104	29.9	4	( 2 - 9 )
Pazienti infetti in degenza	245	6.6	15	( 7 - 25 )

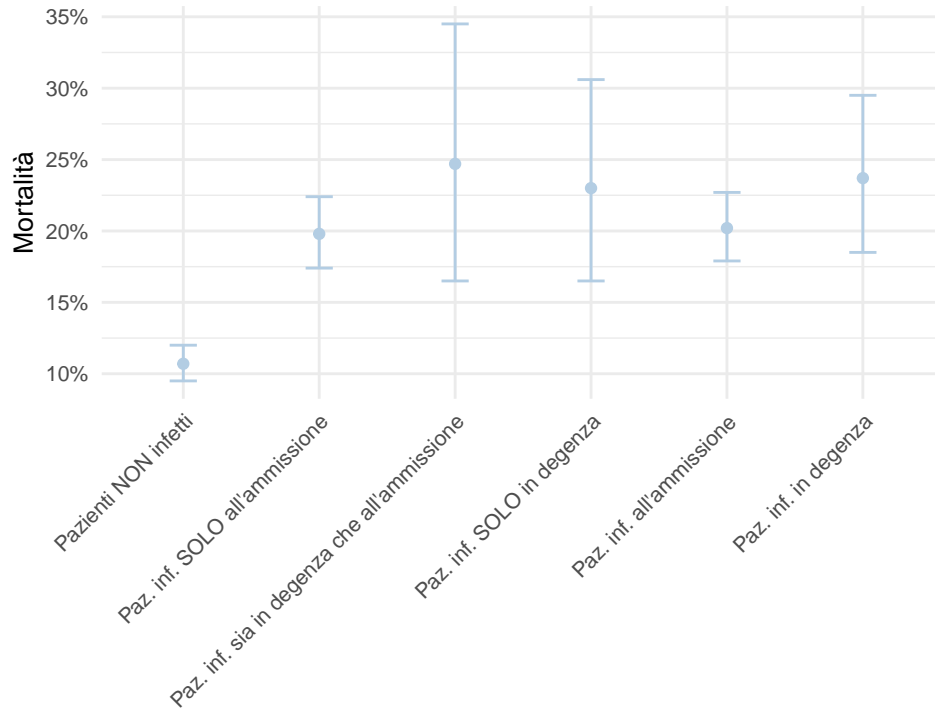
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Degenza ospedaliera ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	2414	65.4	11	( 5 - 21 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1007	27.3	16	( 8 - 30 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	97	2.6	36	( 20 - 52 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	148	4.0	22	( 12 - 41 )
Pazienti infetti all'ammissione	1104	29.9	17	( 9 - 32 )
Pazienti infetti in degenza	245	6.6	27	( 15 - 48 )

\* escluse le riammissioni (N = 119)

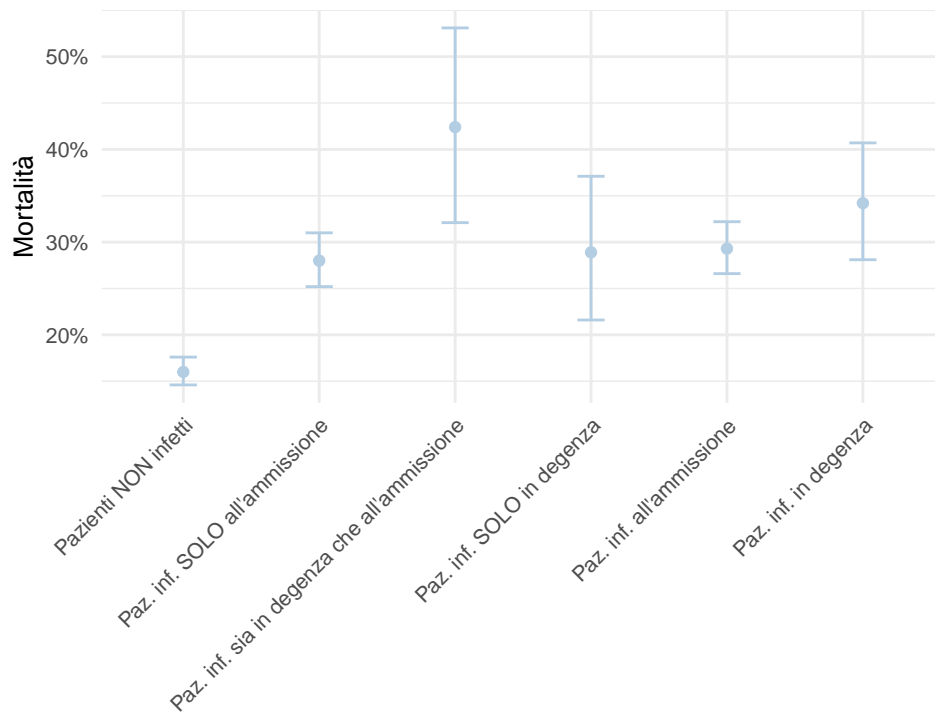
### 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	2414	258	10.7	( 9.5 - 12 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1007	199	19.8	( 17.4 - 22.4 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	97	24	24.7	( 16.5 - 34.5 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	148	34	23.0	( 16.5 - 30.6 )
Pazienti infetti all'ammissione	1104	223	20.2	( 17.9 - 22.7 )
Pazienti infetti in degenza	245	58	23.7	( 18.5 - 29.5 )



## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

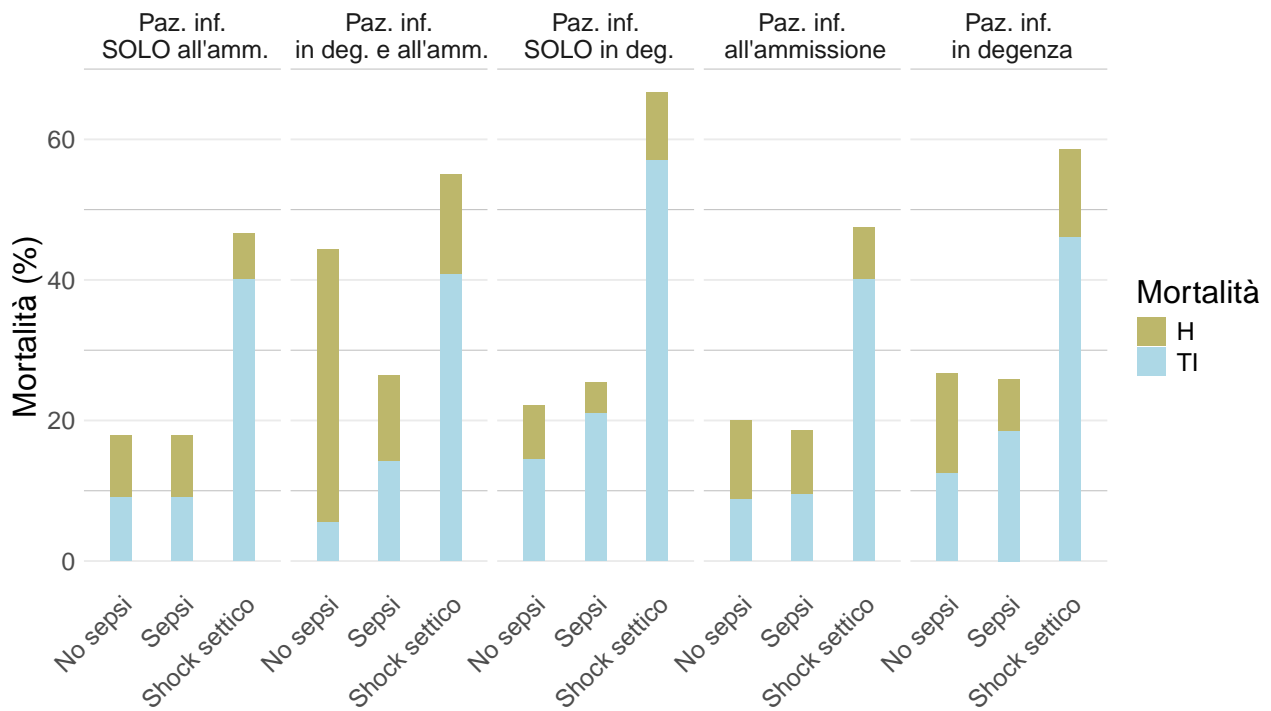


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	2414	375	16.0	( 14.6 - 17.6 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1007	268	28.0	( 25.2 - 31 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	97	39	42.4	( 32.1 - 53.1 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	148	41	28.9	( 21.6 - 37.1 )
Pazienti infetti all'ammissione	1104	307	29.3	( 26.6 - 32.2 )
Pazienti infetti in degenza	245	80	34.2	( 28.1 - 40.7 )

\* escluse le riammissioni (N = 119)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	1007	228	435	343	22.7	43.2	34.1
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	97	18	35	44	18.6	36.1	45.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	148	69	57	21	46.9	38.8	14.3
Pazienti infetti all'ammissione	1104	246	470	387	22.3	42.6	35.1
Pazienti infetti in degenza	245	87	92	65	35.7	37.7	26.6



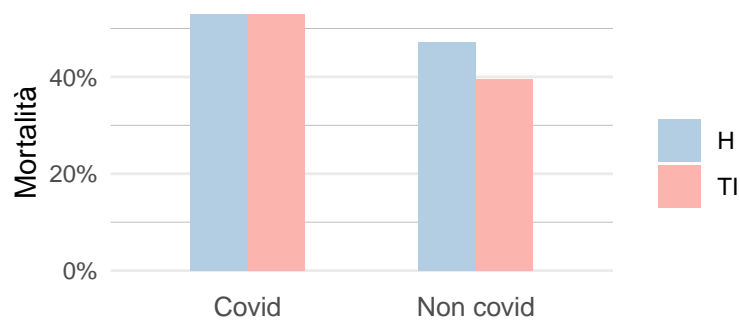
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	228	21	9.2	212	38	17.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	18	1	5.6	18	8	44.4
Pazienti infetti SOLO in degenza	69	10	14.5	68	15	22.1
Pazienti infetti all'ammissione	246	22	8.9	230	46	20.0
Pazienti infetti in degenza	87	11	12.6	86	23	26.7

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	435	40	9.2	408	73	17.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	35	5	14.3	34	9	26.5
Pazienti infetti SOLO in degenza	57	12	21.1	55	14	25.5
Pazienti infetti all'ammissione	470	45	9.6	442	82	18.6
Pazienti infetti in degenza	92	17	18.5	89	23	25.8

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	343	137	40.1	335	156	46.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	44	18	40.9	40	22	55.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	21	12	57.1	18	12	66.7
Pazienti infetti all'ammissione	387	155	40.2	375	178	47.5
Pazienti infetti in degenza	65	30	46.2	58	34	58.6

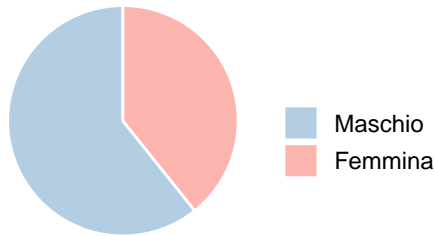
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	17	9	52.9	17	9	52.9
Non covid	370	146	39.6	361	169	47.2

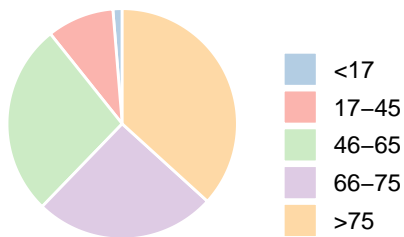
## 2 Tutti i pazienti ( N = 3691 )

### 2.1 Sesso



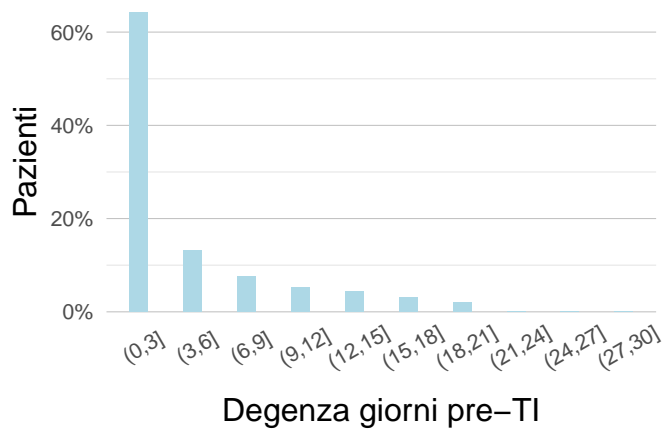
Sesso	N	%
Maschio	2242	60.7
Femmina	1449	39.3
Missing	0	0

### 2.2 Età



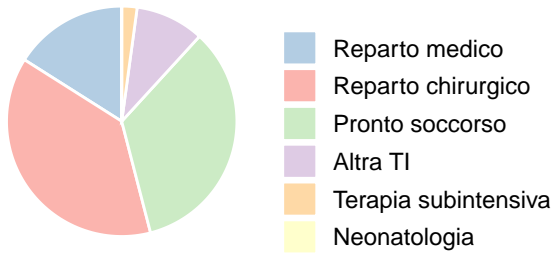
Range età	N	%
<17	48	1.3
17-45	348	9.4
46-65	998	27.0
66-75	941	25.5
>75	1356	36.7
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



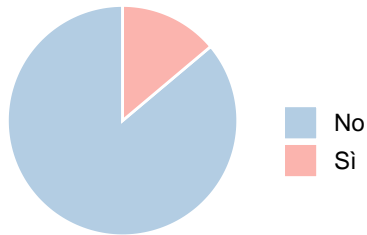
Indicatore	Valore
Media	4.1
DS	11.8
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	14

## 2.4 Provenienza ( reparto )



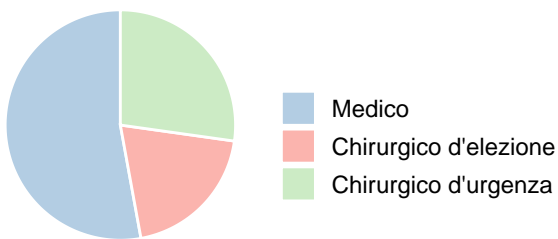
Provenienza	N	%
Reparto medico	588	16.0
Reparto chirurgico	1395	38.0
Pronto soccorso	1254	34.2
Altra TI	354	9.6
Terapia subintensiva	79	2.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	21	0

## 2.5 Trauma



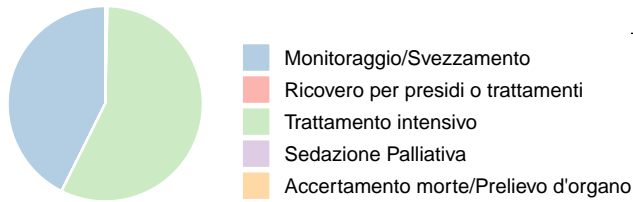
Trauma	N	%
No	3167	86.1
Si	510	13.9
Missing	14	0

## 2.6 Stato Chirurgico



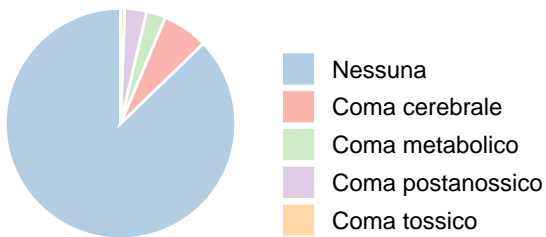
Stato chirurgico	N	%
Medico	1944	52.9
Chirurgico d'elezione	732	19.9
Chirurgico d'urgenza	1001	27.2
Missing	14	0

## 2.7 Motivo di ammissione



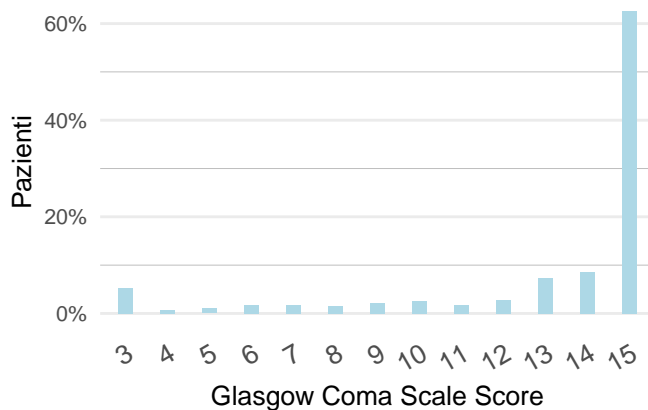
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1565	42.6
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	2094	57.0
Sedazione Palliativa	9	0.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	4	0.1
Missing	19	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



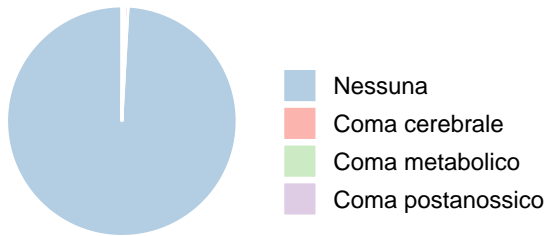
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	2606	87.2
Coma cerebrale	191	6.4
Coma metabolico	81	2.7
Coma postanossico	92	3.1
Coma tossico	17	0.6
Missing	704	0

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



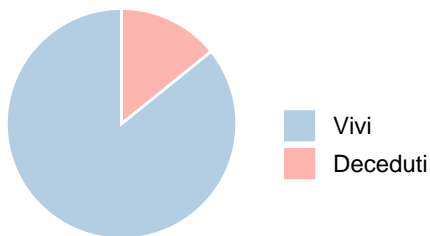
Indicatore	Valore
Media	13.1
DS	3.4
Mediana	15
Q1-Q3	13-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



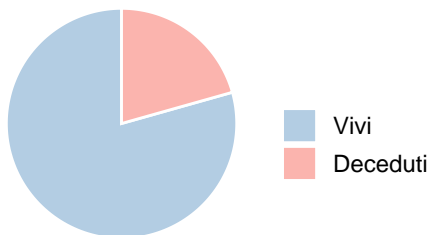
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	3635	99.2
Coma cerebrale	17	0.5
Coma metabolico	8	0.2
Coma postanossico	7	0.2
Missing	25	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	3151	85.8
Deceduti	521	14.2
Missing	19	0

## 2.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	2805	79.4
Deceduti	729	20.6
Missing	36	0

\* Statistiche calcolate su 3570 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 121 ).



## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	4.9 (7.8)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-6)
Missing	19

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

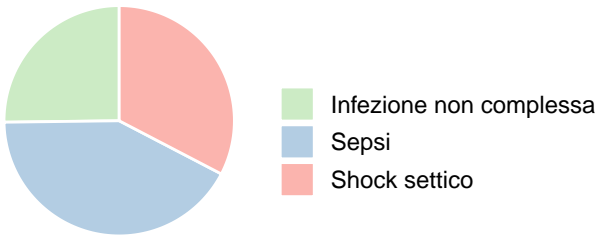


Indicatore	Valore
Media (DS)	19.7 (21.4)
Mediana (Q1-Q3)	13 (6-26)
Missing	36

\* Statistiche calcolate su 3570 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 121 ).

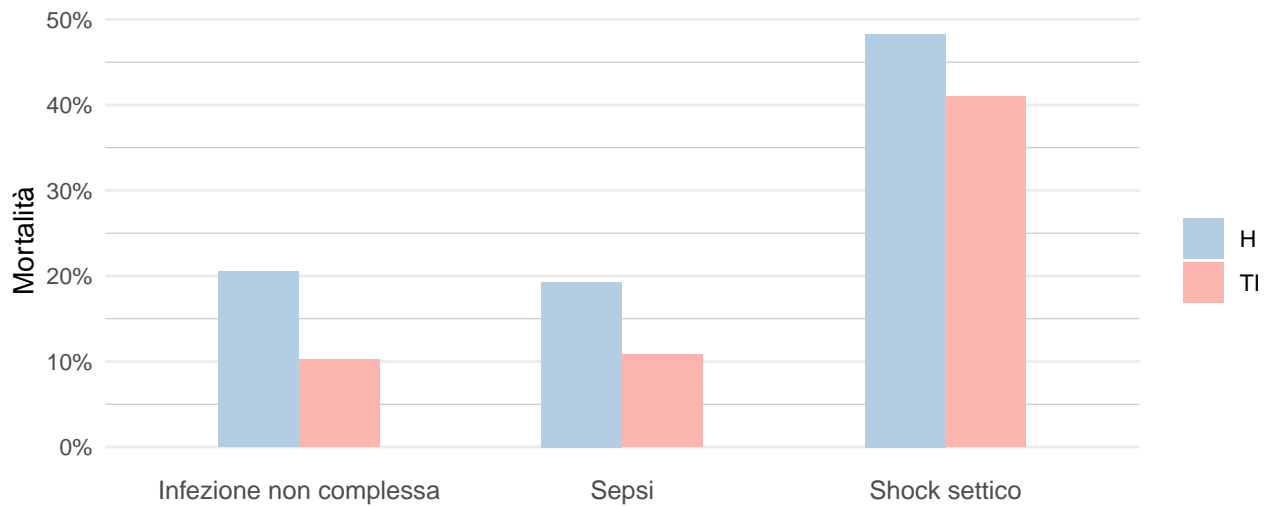
### 3 Pazienti infetti ( N = 1252 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	315	25.2
Sepsi	527	42.2
Shock settico	408	32.6
Missing	2	0

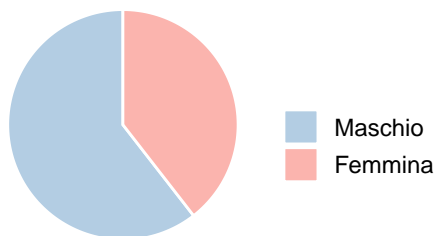
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	10.2	20.5
Sepsi	10.8	19.3
Shock settico	41.0	48.3

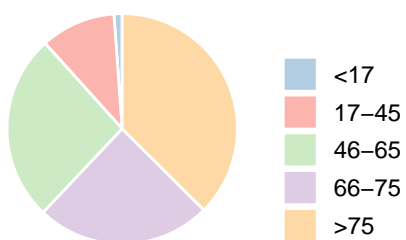
## 4 Pazienti non infetti ( N = 2414 )

### 4.1 Sesso



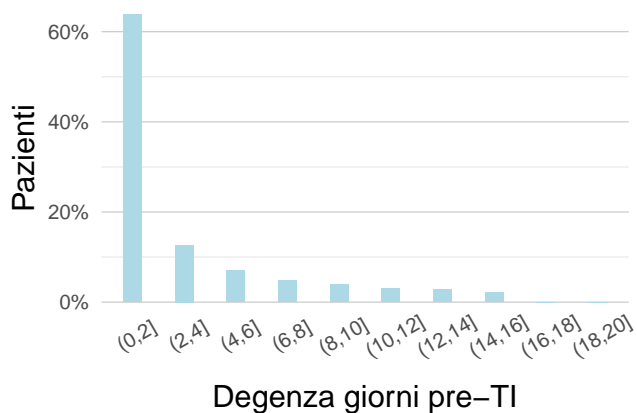
Sesso	N	%
Maschio	1461	60.5
Femmina	953	39.5
Missing	0	0

### 4.2 Età



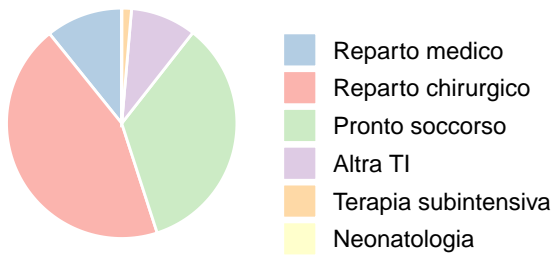
Range età	N	%
<17	28	1.2
17-45	254	10.5
46-65	634	26.3
66-75	594	24.6
>75	904	37.4
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



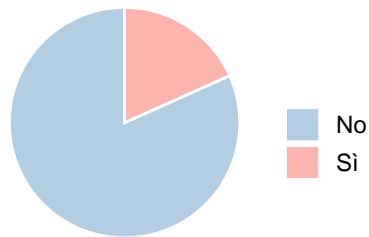
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	12.1
Mediana	0
Q1-Q3	0-2
Missing	0

## 4.4 Provenienza ( reparto )



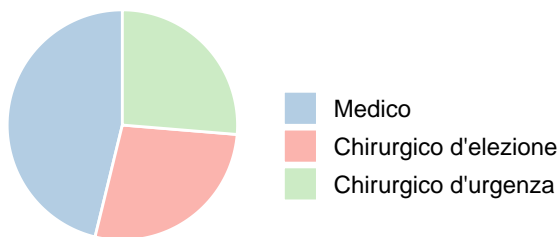
Provenienza	N	%
Reparto medico	260	10.8
Reparto chirurgico	1064	44.2
Pronto soccorso	829	34.4
Altra TI	222	9.2
Terapia subintensiva	33	1.4
Neonatologia	0	0.0
Missing	6	0

## 4.5 Trauma



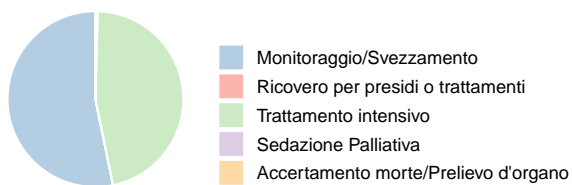
Trauma	N	%
No	1972	81.7
Si	442	18.3
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



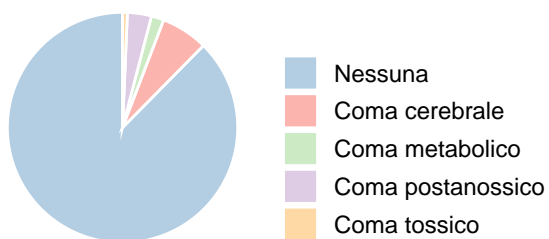
Stato chirurgico	N	%
Medico	1115	46.2
Chirurgico d'elezione	664	27.5
Chirurgico d'urgenza	635	26.3
Missing	0	0

## 4.7 Motivo di ammissione



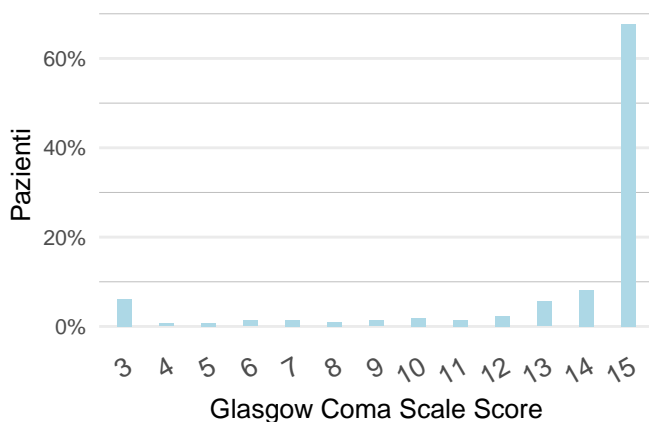
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	1284	53.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1118	46.4
Sedazione Palliativa	7	0.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	3	0.1
Missing	2	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



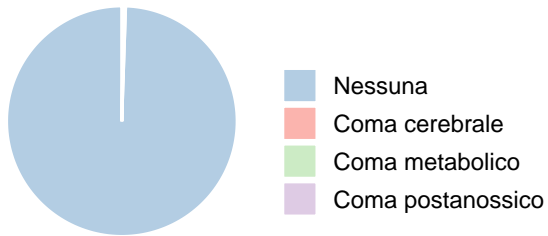
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	1689	87.6
Coma cerebrale	127	6.6
Coma metabolico	34	1.8
Coma postanossico	65	3.4
Coma tossico	13	0.7
Missing	486	0

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



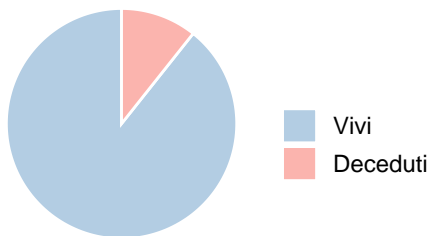
Indicatore	Valore
Media	11.3
DS	3.4
Mediana	13
Q1-Q3	12-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



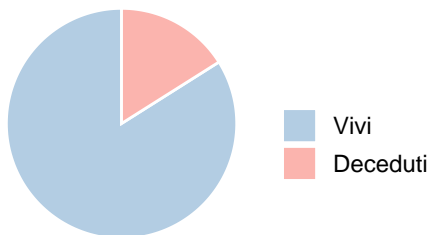
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	2402	99.5
Coma cerebrale	5	0.2
Coma metabolico	3	0.1
Coma postanossico	5	0.2
Missing	0	0

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	2156	89.3
Deceduti	258	10.7
Missing	0	0

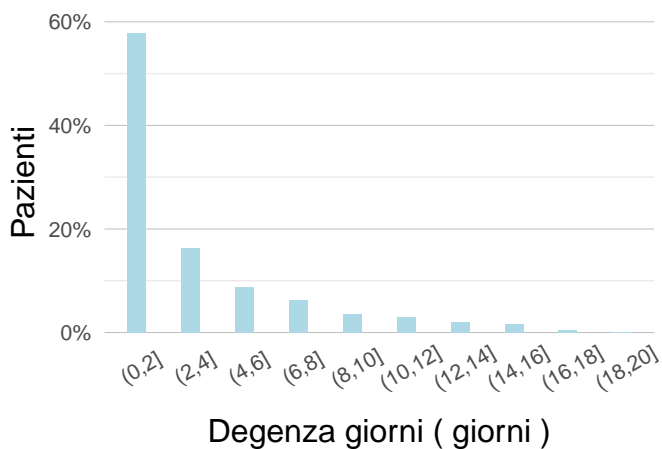
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1963	84.0
Deceduti	375	16.0
Missing	10	0

\* Statistiche calcolate su 2348 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 66 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.1 (4.2)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-3)
Missing	0

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

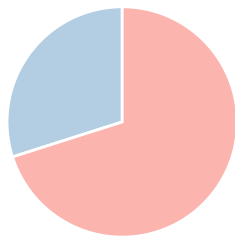


Indicatore	Valore
Media (DS)	17.2 (19.8)
Mediana (Q1-Q3)	11 (5-21)
Missing	10

\* Statistiche calcolate su 2348 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 66 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

Sono presenti 1104 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 29.91% della popolazione totale ammessa in TI.

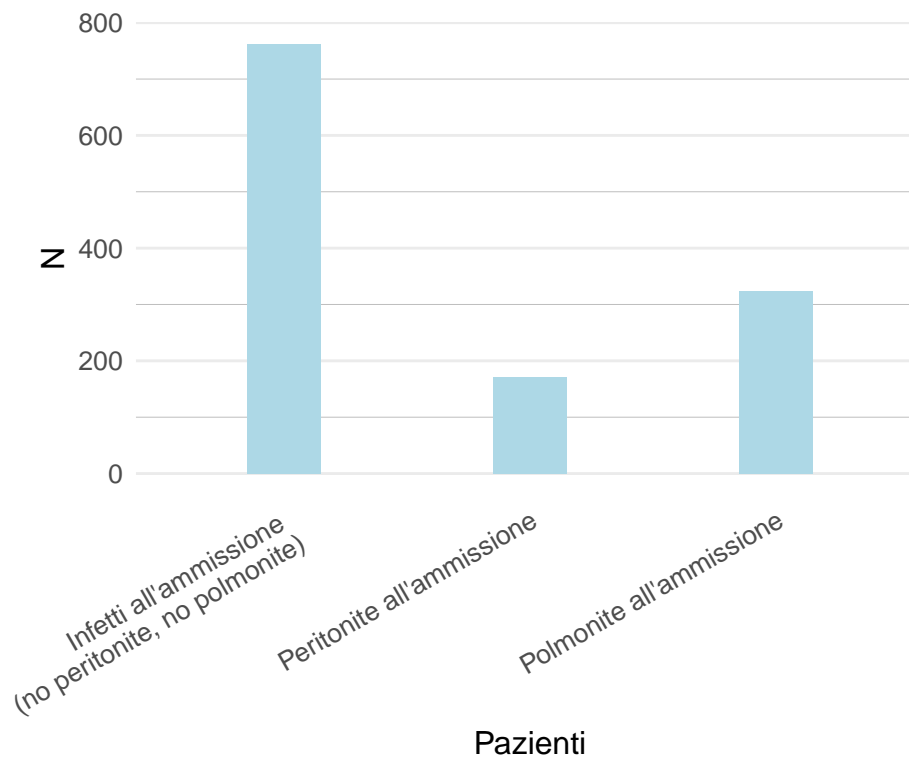


■ Infetti all'ammissione  
■ Non infetti all'ammissione

Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	1104	29.91
Non infetti all'ammissione	2587	70.09

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 3691).

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



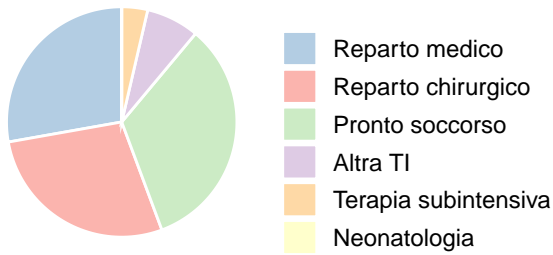
Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	763	69.11
Peritonite all'ammissione	171	15.49
Polmonite all'ammissione	324	29.35

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 1104).



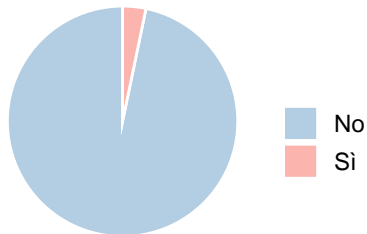
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 1104)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



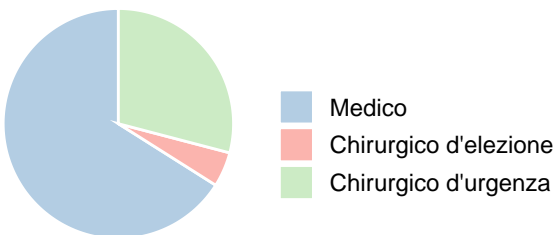
Provenienza	N	%
Reparto medico	306	27.8
Reparto chirurgico	307	27.9
Pronto soccorso	366	33.2
Altra TI	82	7.4
Terapia subintensiva	40	3.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

### 5.2 Trauma



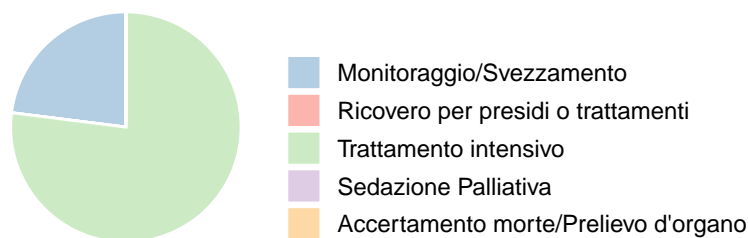
Trauma	N	%
No	1068	96.7
Si	36	3.3
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



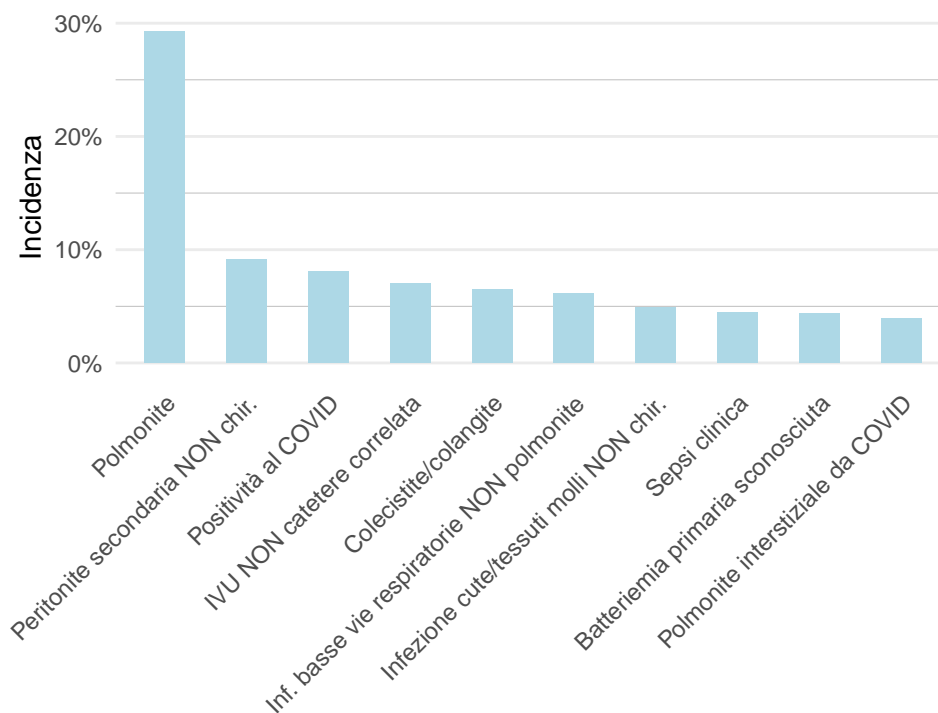
Stato chirurgico	N	%
Medico	729	66.0
Chirurgico d'elezione	54	4.9
Chirurgico d'urgenza	321	29.1
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	254	23.0
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	849	76.9
Sedazione Palliativa	1	0.1
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )

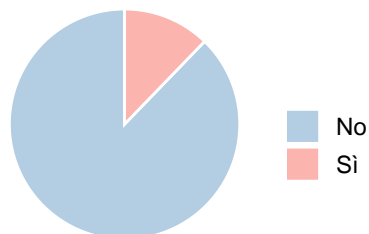


## Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	324	29.3
Peritonite secondaria NON chir.	101	9.1
Positivit al COVID	89	8.1
IVU NON catetere correlata	77	7.0
Colecistite/colangite	72	6.5
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	67	6.1

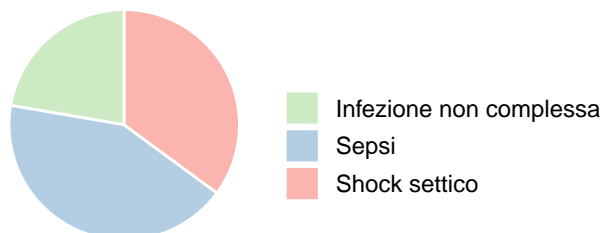
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	54	4.9
Sepsi clinica	50	4.5
Batteriemia primaria sconosciuta	49	4.4
Polmonite interstiziale da COVID	43	3.9
Missing	0	

### 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	969	87.8
Sì	135	12.2
Missing	0	0

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



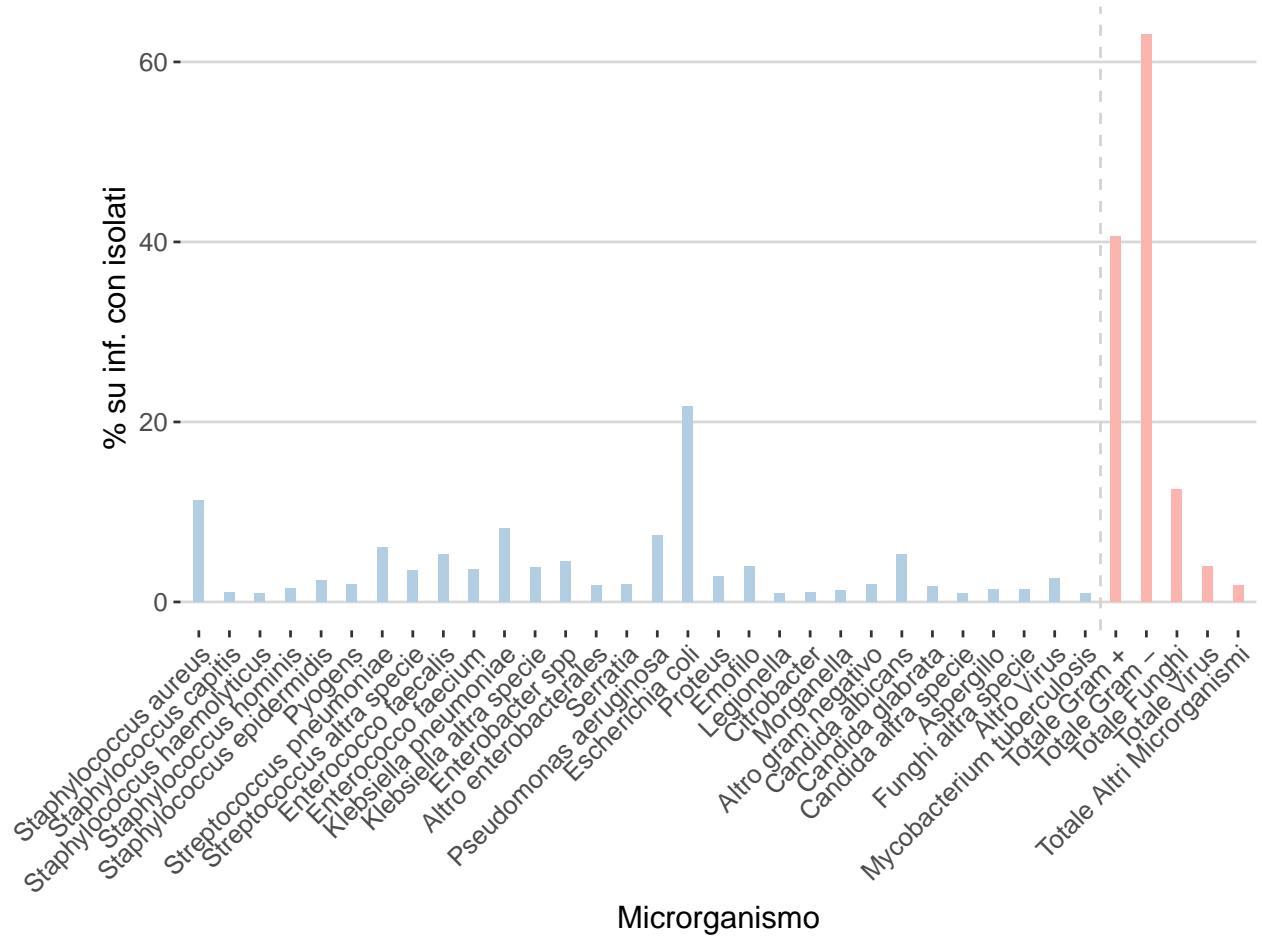
Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	246	22.3
Sepsi	470	42.6
Shock settico	387	35.1
Missing	1	0

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	361	33.4
Sì	719	66.6
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>1082</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>916</b>	

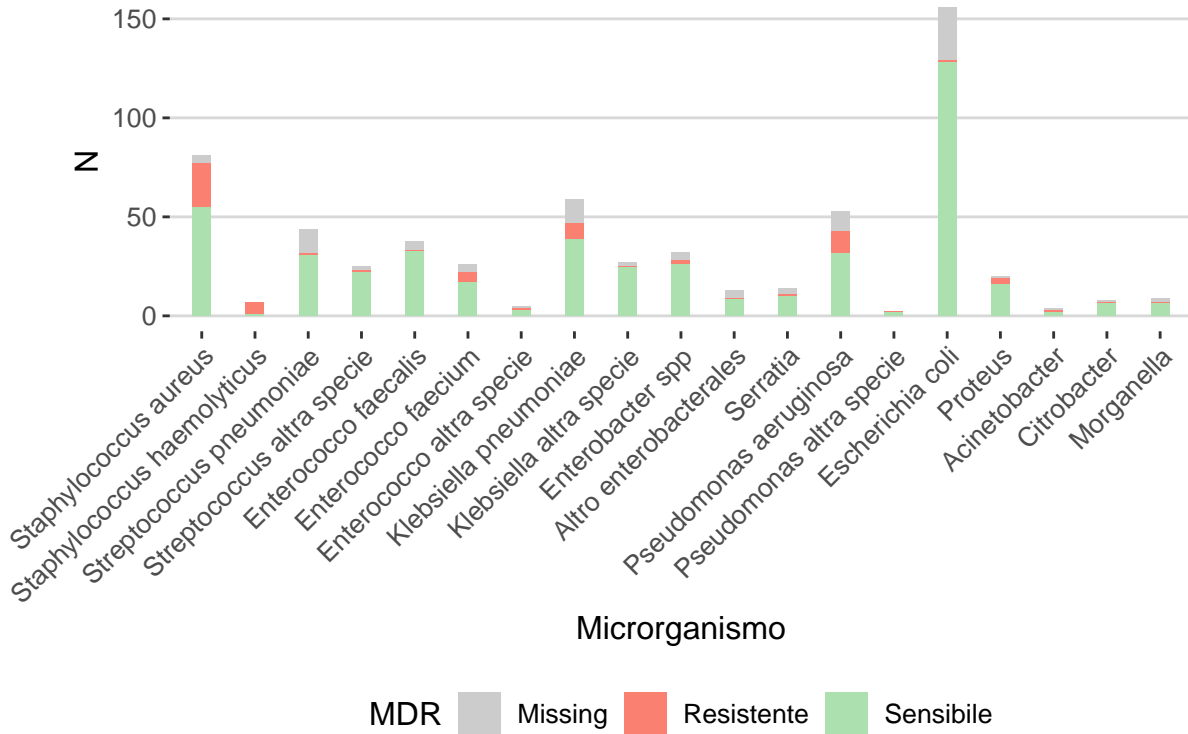
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	81	11.3	77	22	28.6
Staphylococcus capitis	8	1.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	4	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	7	1.0	7	6	85.7
Staphylococcus hominis	11	1.5	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	17	2.4	0	0	0
Pyogens	14	1.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	4	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	44	6.1	32	1	3.1
Streptococcus altra specie	25	3.5	23	1	4.3
Enterococcus faecalis	38	5.3	33	0	0
Enterococcus faecium	26	3.6	22	5	22.7
Enterococcus altra specie	5	0.7	4	1	25
Clostridium difficile	6	0.8	0	0	0
Clostridium altra specie	1	0.1	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>292</b>	<b>40.6</b>	<b>198</b>	<b>36</b>	<b>18.2</b>
Klebsiella pneumoniae	59	8.2	47	8	17

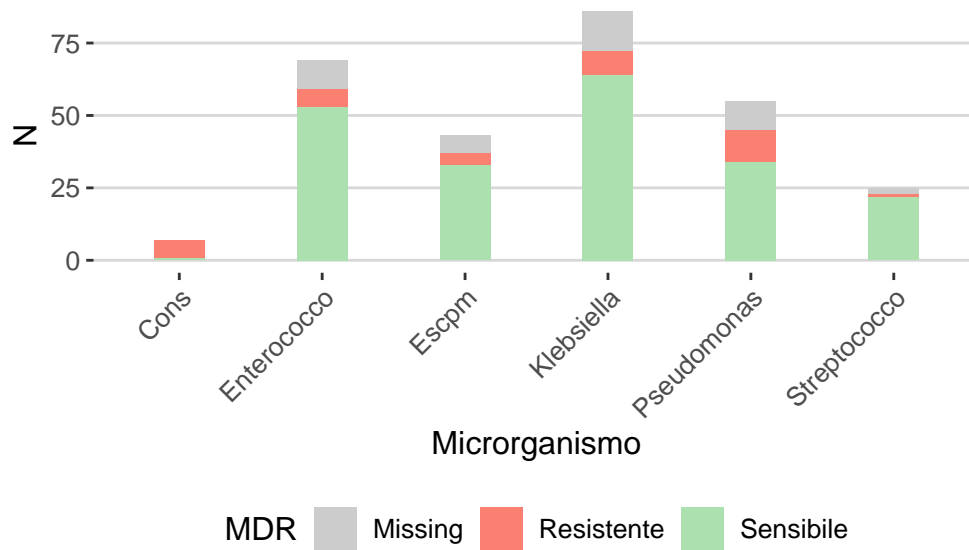
Klebsiella altra specie	27	3.8	25	0	0
Enterobacter spp	32	4.5	28	2	7.1
Altro enterobacterales	13	1.8	9	0	0
Serratia	14	1.9	11	1	9.1
Pseudomonas aeruginosa	53	7.4	43	11	25.6
Pseudomonas altra specie	2	0.3	2	0	0
Escherichia coli	156	21.7	129	1	0.8
Proteus	20	2.8	19	3	15.8
Acinetobacter	4	0.6	3	1	33.3
Emofilo	28	3.9	0	0	0
Legionella	7	1.0	0	0	0
Citrobacter	8	1.1	7	0	0
Morganella	9	1.3	7	0	0
Providencia	6	0.8	0	0	0
Clamidia	1	0.1	0	0	0
Altro gram negativo	14	1.9	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>453</b>	<b>63.0</b>	<b>330</b>	<b>27</b>	<b>8.2</b>
Candida albicans	38	5.3	0	0	0
Candida glabrata	12	1.7	0	0	0
Candida krusei	3	0.4	0	0	0
Candida parapsilosis	3	0.4	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.4	0	0	0
Candida altra specie	7	1.0	0	0	0
Aspergillo	10	1.4	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	0.6	0	0	0
Funghi altra specie	10	1.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>90</b>	<b>12.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.3			
Influenza AH3N2	1	0.1			
Influenza tipo non specificato	1	0.1			
Citomegalovirus	2	0.3			
Herpes simplex	3	0.4			
Altro Virus	19	2.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>28</b>	<b>3.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	3	0.4	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	7	1.0	0	0	0
Mycobacterium altra specie	3	0.4	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>13</b>	<b>1.8</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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6

Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	47	Ertapenem	6	12.77
Klebsiella pneumoniae	47	Meropenem	7	14.89
Enterobacter spp	27	Ertapenem	2	7.41
Escherichia coli	128	Meropenem	1	0.78
Proteus	19	Ertapenem	2	10.53
Proteus	19	Meropenem	1	5.26
Serratia	11	Ertapenem	1	9.09
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	43	Imipenem	10	23.26
Pseudomonas aeruginosa	43	Meropenem	7	16.28
Staphylococcus haemolyticus	7	Meticillina	6	85.71
Staphylococcus aureus	77	Meticillina	22	28.57
Streptococcus pneumoniae	32	Penicillina	1	3.12
Streptococcus altra specie	23	Penicillina	1	4.35
Enterococco faecium	22	Vancomicina	5	22.73
Enterococco altra specie	4	Vancomicina	1	25.00

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

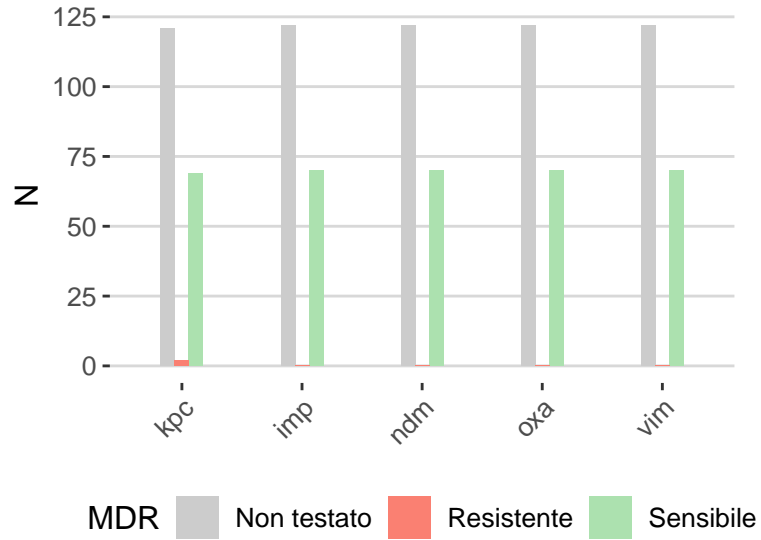
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	2	1.04
No	69	35.94
Non testato	121	63.02
Missing	152	

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

5 PAZIENTI INFETTI ALL'AMMISSIONE (N = 1104)

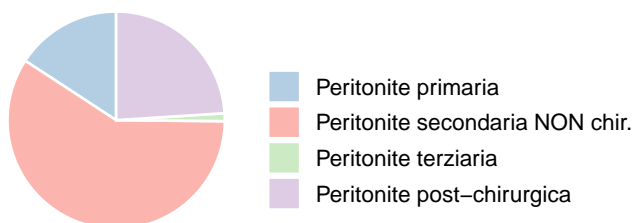
imp	0	0	70	122
kpc	2	100	69	121
ndm	0	0	70	122
oxa	0	0	70	122
vim	0	0	70	122





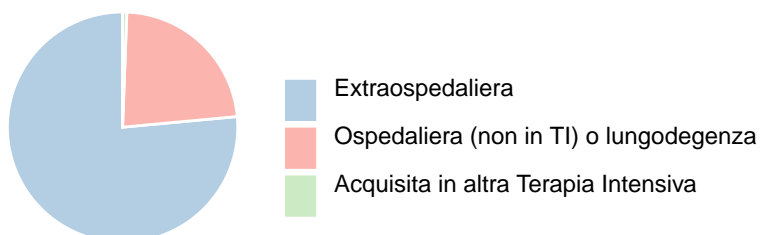
## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 171)

### 6.1 Tipologia di peritonite



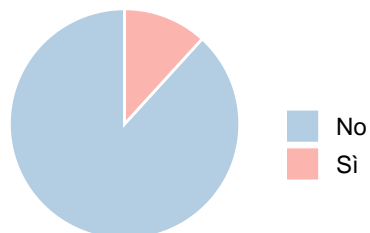
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	27	15.8
Peritonite secondaria NON chir.	101	59.1
Peritonite terziaria	2	1.2
Peritonite post-chirurgica	41	24.0
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



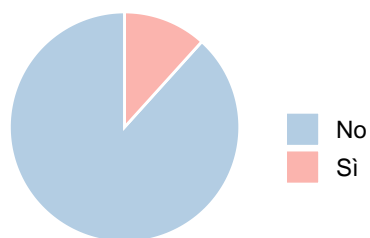
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	130	76.5
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	39	22.9
Acquisita in altra Terapia Intensiva	1	0.6
Missing	1	0

### 6.3 Infezione batteriemica



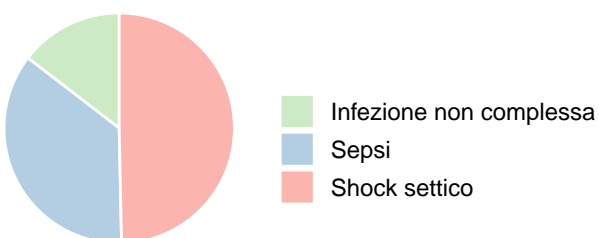
Batteriemica	N	%
No	150	88.2
Sì	20	11.8
Missing	1	0

## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	151	88.3
Si	20	11.7
Missing	0	0

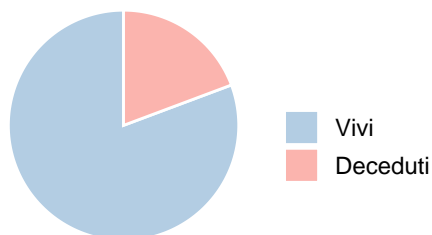
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	22	14.6
Sepsi	54	35.8
Shock settico	75	49.7
Missing	0	0

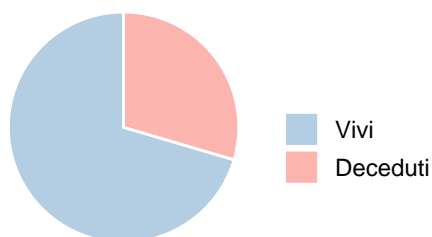
\* Statistiche calcolate su 151 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 20 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	138	80.7
Deceduti	33	19.3
Missing	0	0

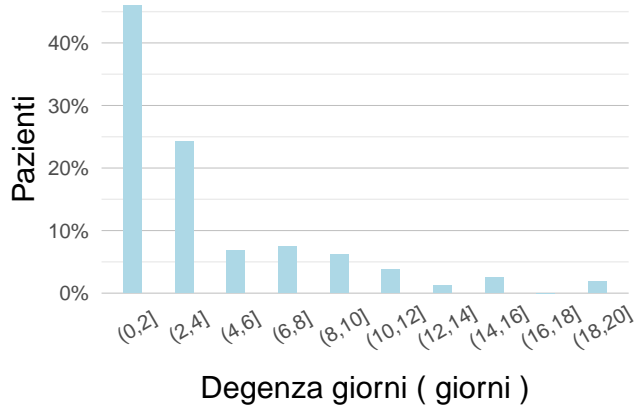
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	112	70.4
Deceduti	47	29.6
Missing	2	0

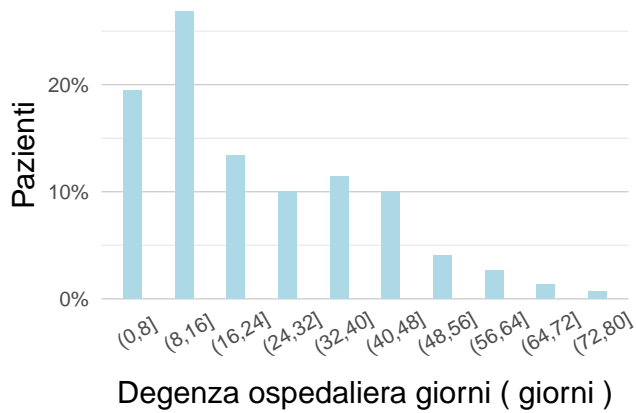
\* Statistiche calcolate su 161 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 10 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	6.4 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-7)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	27.2 (25.5)
Mediana (Q1-Q3)	19 (10-37.5)
Missing	2

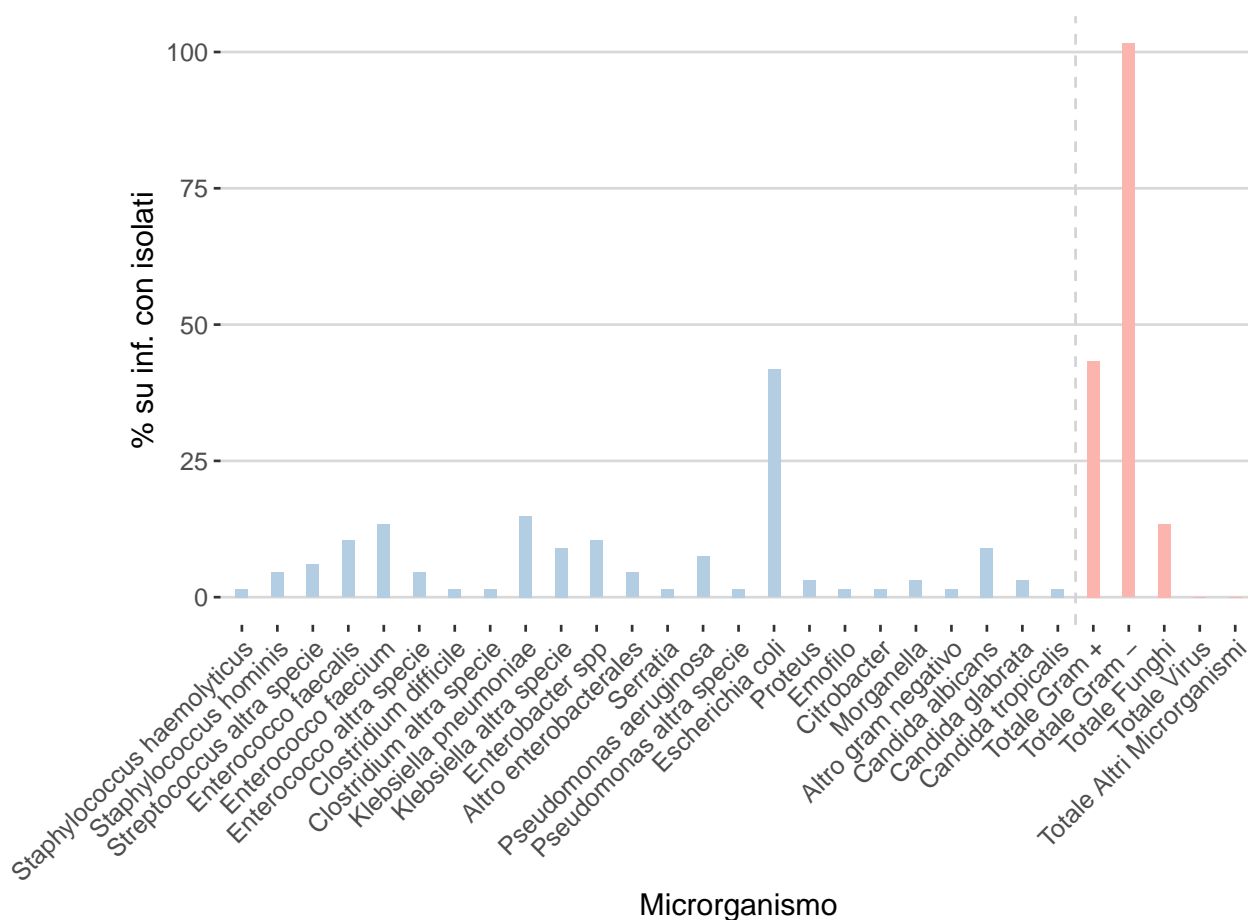
\* Statistiche calcolate su 161 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 10 ).

## 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	103	60.6
Sì	67	39.4
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>171</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>106</b>	

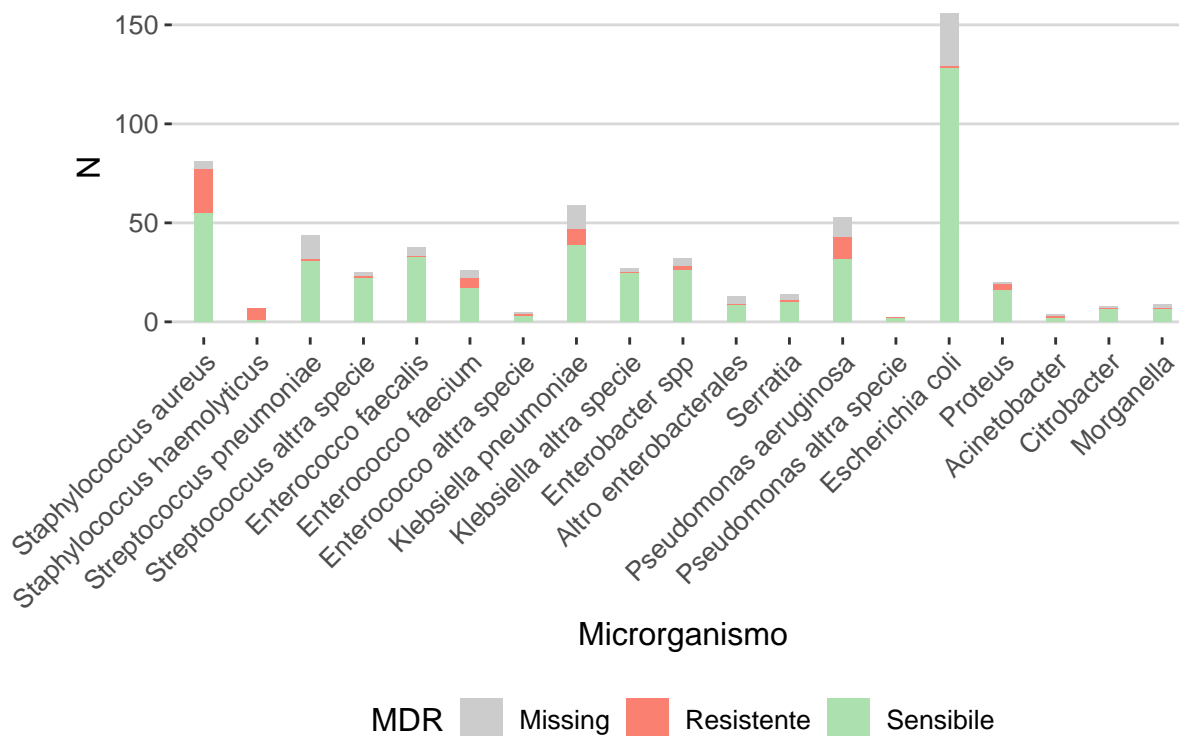
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	1.5	1	1	100
Staphylococcus hominis	3	4.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	4	6.0	3	0	0

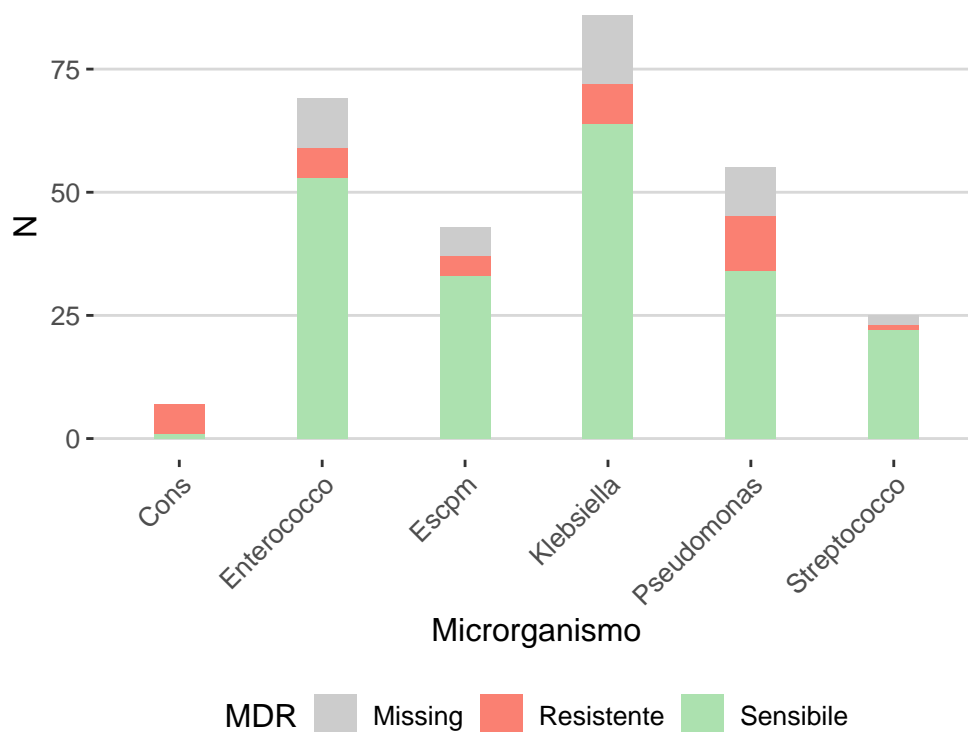
Enterococco faecalis	7	10.4	5	0	0
Enterococco faecium	9	13.4	8	2	25
Enterococco altra specie	3	4.5	3	1	33.3
Clostridium difficile	1	1.5	0	0	0
Clostridium altra specie	1	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>29</b>	<b>43.3</b>	<b>20</b>	<b>4</b>	<b>20</b>
Klebsiella pneumoniae	10	14.9	8	0	0
Klebsiella altra specie	6	9.0	6	0	0
Enterobacter spp	7	10.4	6	0	0
Altro enterobacterales	3	4.5	3	0	0
Serratia	1	1.5	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	7.5	5	1	20
Pseudomonas altra specie	1	1.5	1	0	0
Escherichia coli	28	41.8	24	0	0
Proteus	2	3.0	2	1	50
Emofilo	1	1.5	0	0	0
Citrobacter	1	1.5	1	0	0
Morganella	2	3.0	2	0	0
Altro gram negativo	1	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>68</b>	<b>101.5</b>	<b>58</b>	<b>2</b>	<b>3.4</b>
Candida albicans	6	9.0	0	0	0
Candida glabrata	2	3.0	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>9</b>	<b>13.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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.

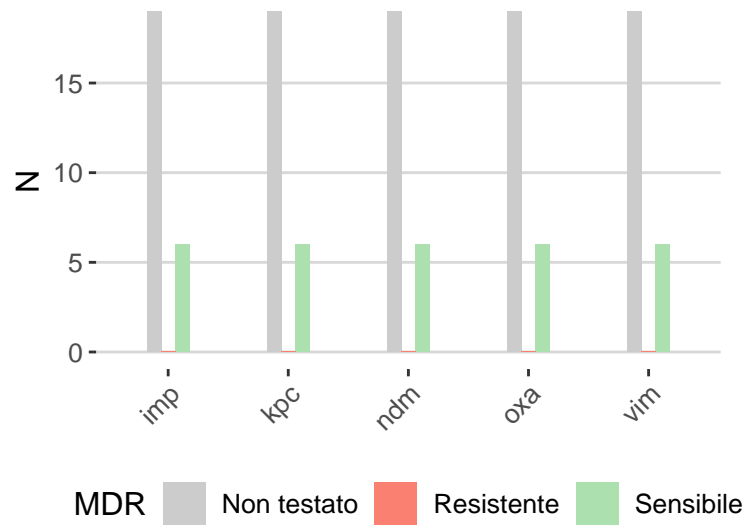
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Proteus	2	Meropenem	1	50.00
Pseudomonas aeruginosa	5	Imipenem	1	20.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecium	8	Vancomicina	2	25.00
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

### 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	0	0
No	6	24
Non testato	19	76
Missing	23	

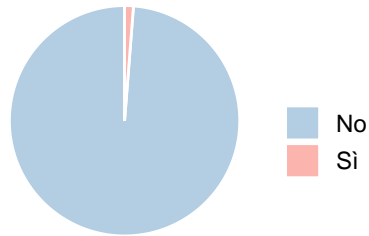
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	6	19
kpc	0	0	6	19
ndm	0	0	6	19
oxa	0	0	6	19
vim	0	0	6	19





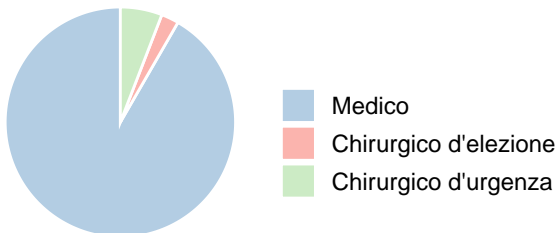
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 324)

### 7.1 Trauma



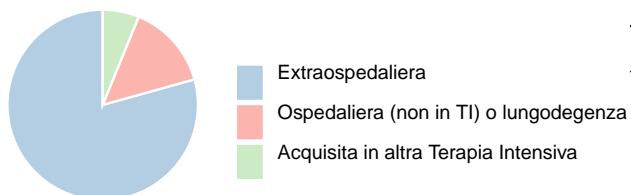
Trauma	N	%
No	320	98.8
Si	4	1.2
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



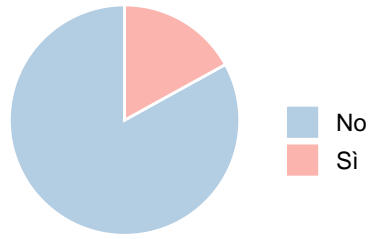
Stato chirurgico	N	%
Medico	297	91.7
Chirurgico d'elezione	8	2.5
Chirurgico d'urgenza	19	5.9
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



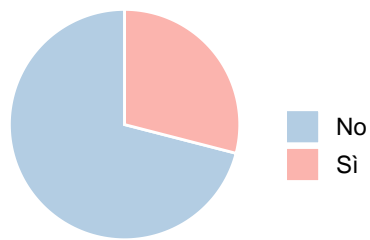
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	257	79.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	47	14.5
Acquisita in altra Terapia Intensiva	20	6.2
Missing	0	0

#### 7.4 Infezione batteriémica



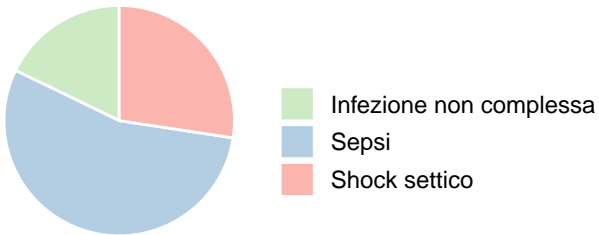
Batteriémica	N	%
No	269	83.0
Si	55	17.0
Missing	0	0

#### 7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	230	71.0
Si	94	29.0
Missing	0	0

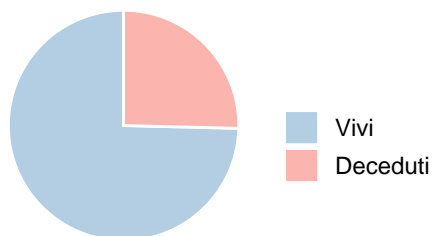
#### 7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	41	17.8
Sepsi	126	54.8
Shock settico	63	27.4
Missing	0	0

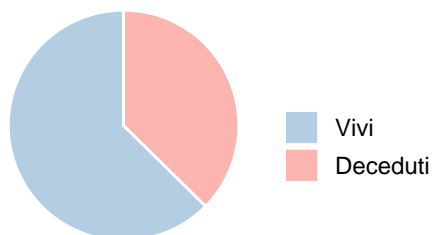
\* Statistiche calcolate su 230 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 94 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	241	74.6
Deceduti	82	25.4
Missing	1	0

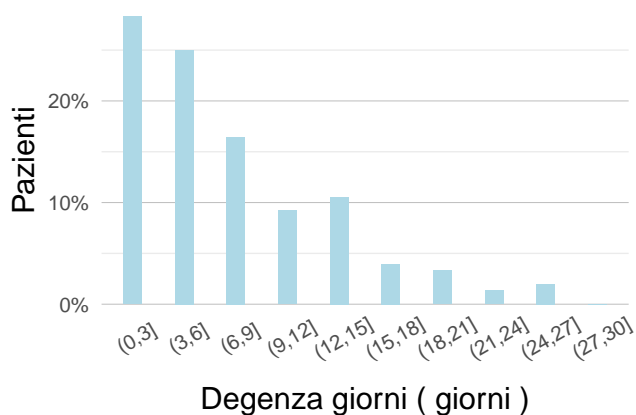
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	191	62.6
Deceduti	114	37.4
Missing	2	0

\* Statistiche calcolate su 307 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 17 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	10.0 (12.2)
Mediana (Q1-Q3)	6 (3-13)
Missing	1

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.2 (22.7)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-31)
Missing	2

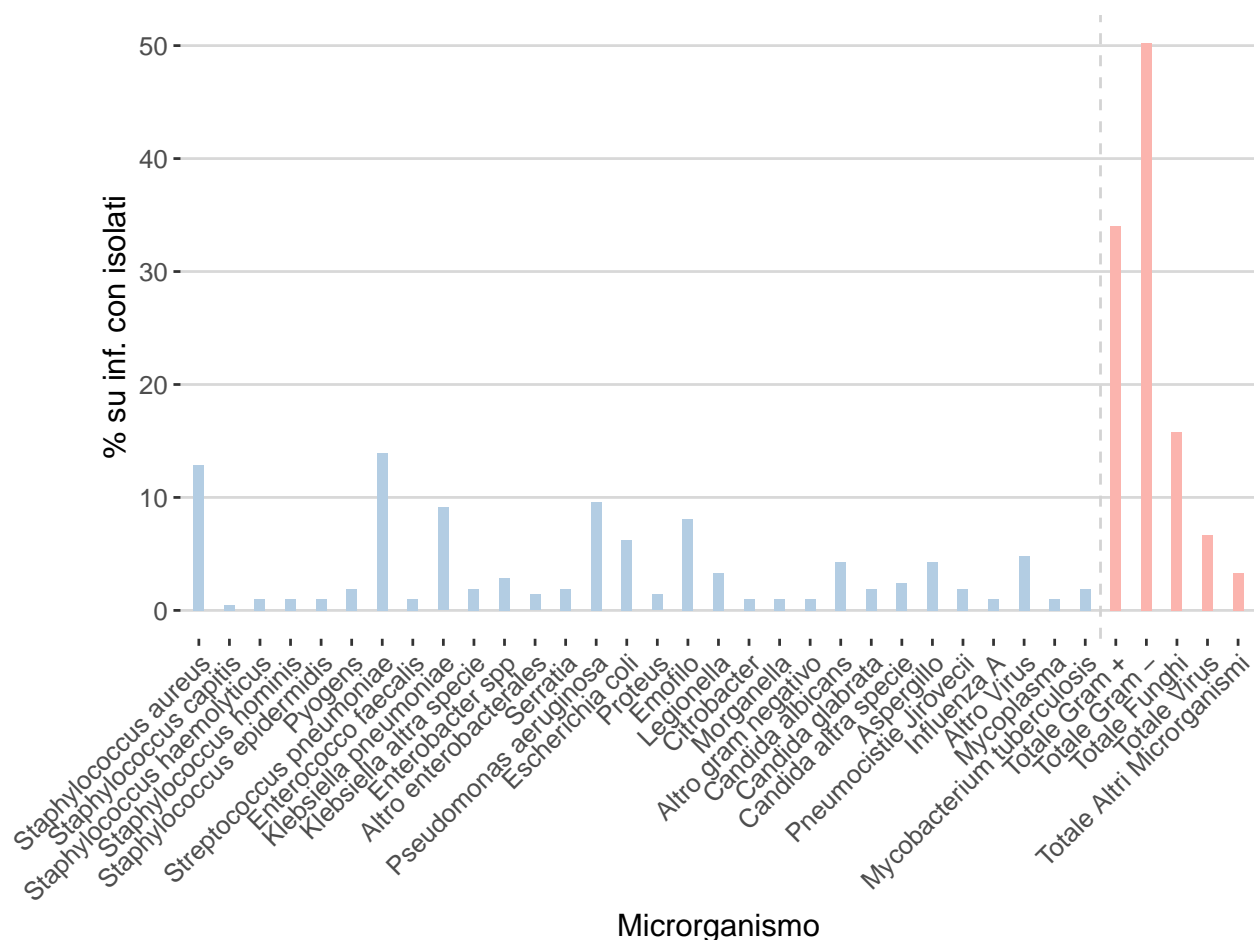
\* Statistiche calcolate su 307 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 17 ).

## 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	115	35.5
Sì	209	64.5
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>324</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>268</b>	

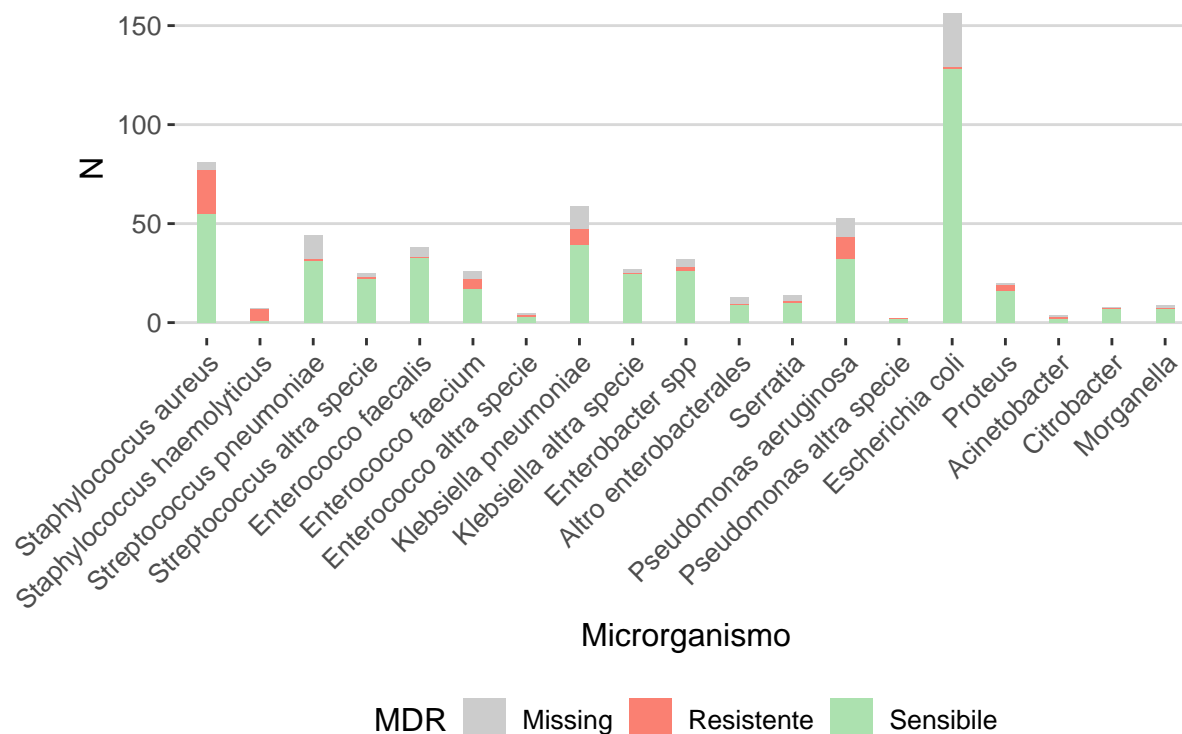
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	12.9	25	8	32
Staphylococcus capitis	1	0.5	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	2	1.0	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	1.0	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	1.0	0	0	0
Pyogens	4	1.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	29	13.9	20	1	5
Streptococcus altra specie	1	0.5	1	0	0
Enterococcus faecalis	2	1.0	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>71</b>	<b>34.0</b>	<b>50</b>	<b>11</b>	<b>22</b>
Klebsiella pneumoniae	19	9.1	13	3	23.1
Klebsiella altra specie	4	1.9	4	0	0
Enterobacter spp	6	2.9	5	0	0
Altro enterobacteriales	3	1.4	2	0	0
Serratia	4	1.9	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	20	9.6	16	1	6.2
Escherichia coli	13	6.2	9	1	11.1
Proteus	3	1.4	3	0	0
Acinetobacter	1	0.5	1	0	0
Emofilo	17	8.1	0	0	0

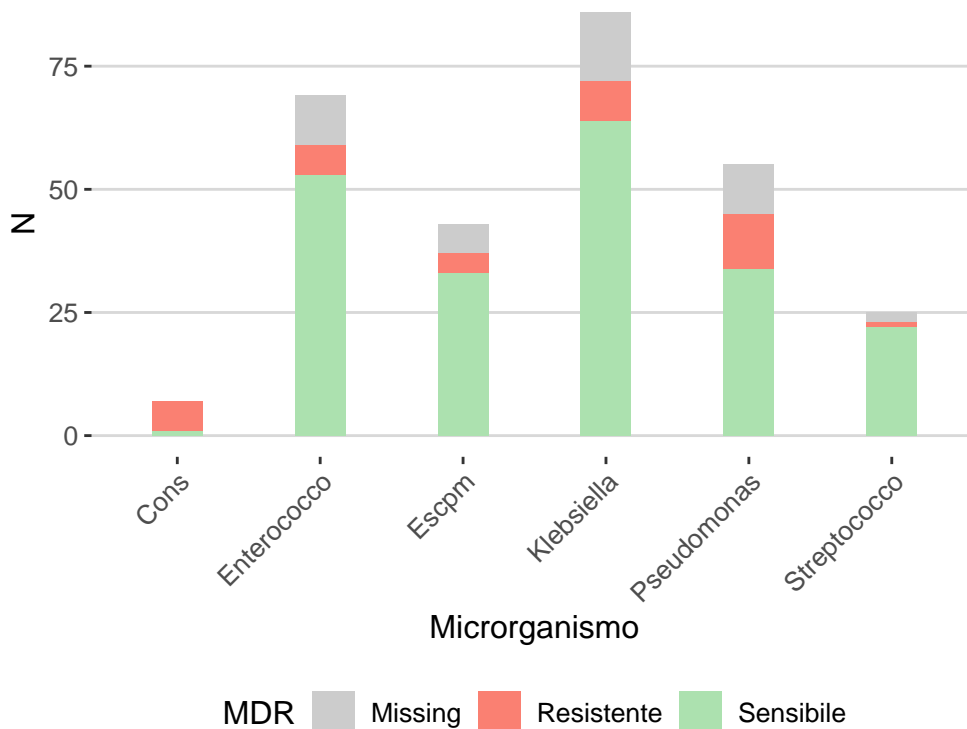
Legionella	7	3.3	0	0	0
Citrobacter	2	1.0	2	0	0
Morganella	2	1.0	1	0	0
Providencia	1	0.5	0	0	0
Clamidia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	2	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>105</b>	<b>50.2</b>	<b>59</b>	<b>5</b>	<b>8.5</b>
Candida albicans	9	4.3	0	0	0
Candida glabrata	4	1.9	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida altra specie	5	2.4	0	0	0
Aspergillo	9	4.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	1.9	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>33</b>	<b>15.8</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	1.0			
Influenza AH3N2	1	0.5			
Influenza tipo non specificato	1	0.5			
Altro Virus	10	4.8			
<b>Totale Virus</b>	<b>14</b>	<b>6.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	2	1.0	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	4	1.9	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>7</b>	<b>3.3</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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	13	Ertapenem	3	23.08
Klebsiella pneumoniae	13	Meropenem	3	23.08

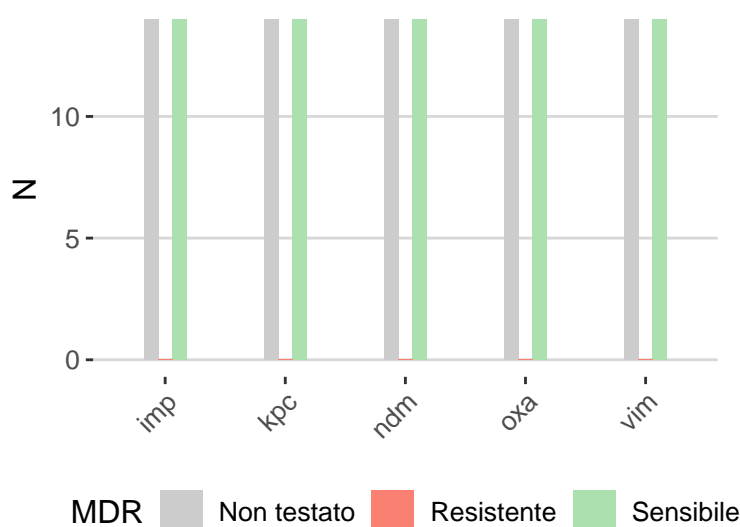
Escherichia coli	9	Meropenem	1	11.11
Pseudomonas aeruginosa	16	Imipenem	1	6.25
Pseudomonas aeruginosa	16	Meropenem	1	6.25
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	25	Meticillina	8	32.00
Streptococcus pneumoniae	20	Penicillina	1	5.00

### 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	0	0
No	14	50
Non testato	14	50
Missing	29	

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



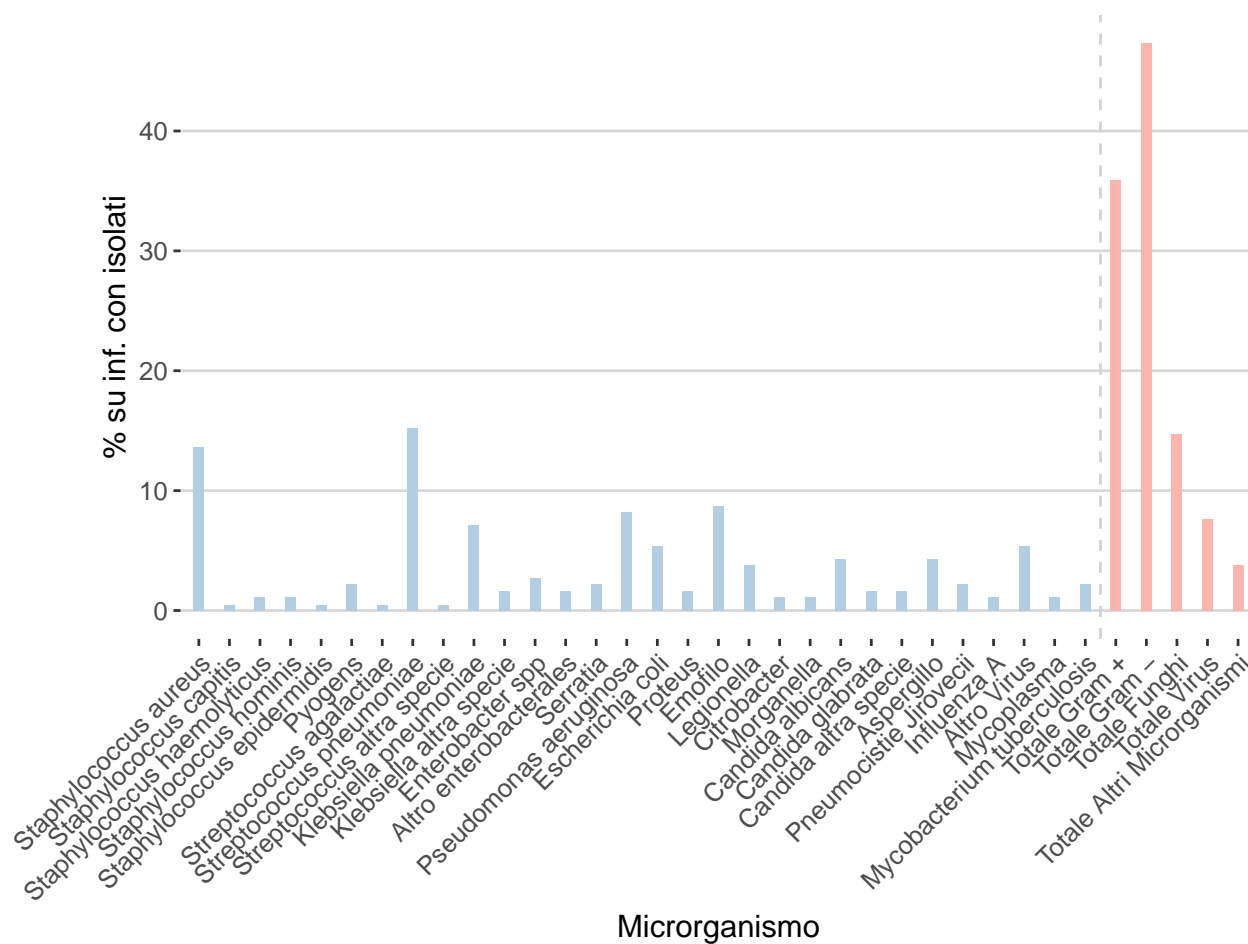


## 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	93	33.6
Sì	184	66.4
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>277</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>239</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.

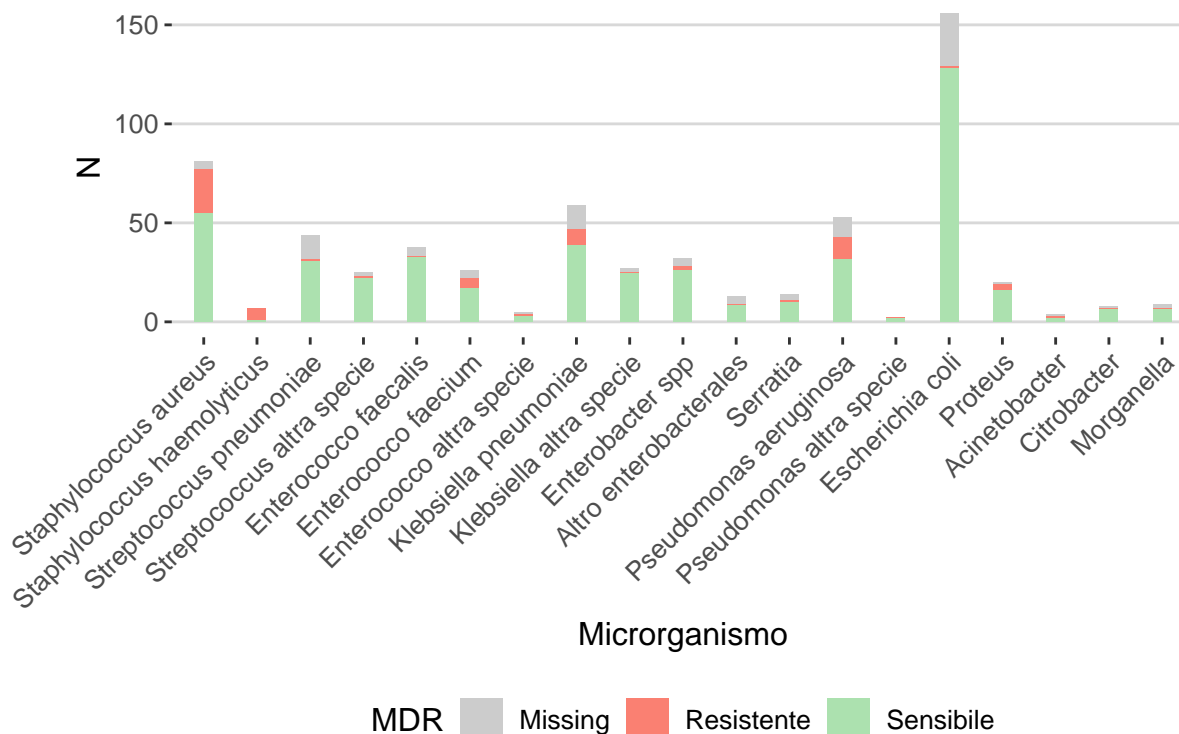


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	25	13.6	23	8	34.8
Staphylococcus capitis	1	0.5	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 324)

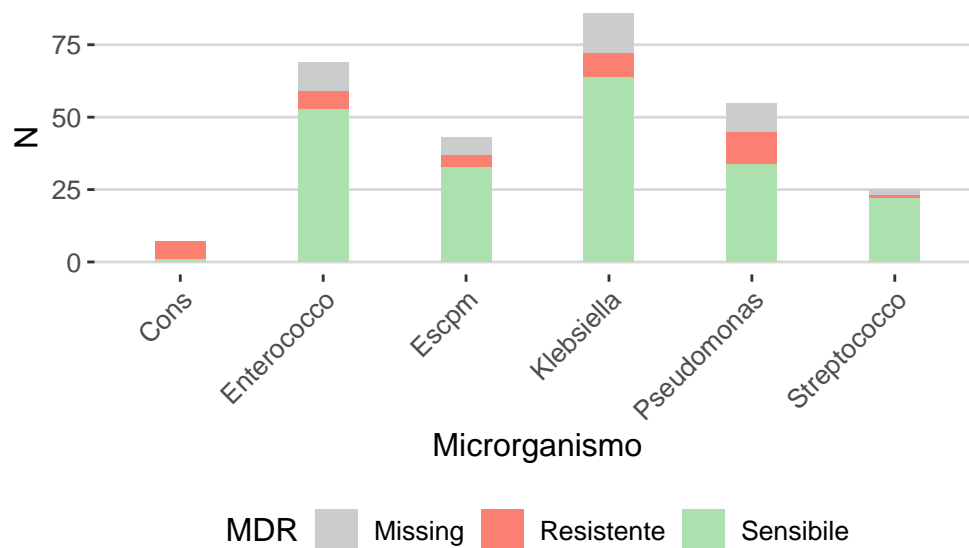
Staphylococcus haemolyticus	2	1.1	2	2	100
Staphylococcus hominis	2	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	0.5	0	0	0
Pyogens	4	2.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	28	15.2	19	1	5.3
Streptococcus altra specie	1	0.5	1	0	0
Enterococco faecalis	1	0.5	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>66</b>	<b>35.9</b>	<b>46</b>	<b>11</b>	<b>23.9</b>
Klebsiella pneumoniae	13	7.1	10	1	10
Klebsiella altra specie	3	1.6	3	0	0
Enterobacter spp	5	2.7	4	0	0
Altro enterobacterales	3	1.6	2	0	0
Serratia	4	2.2	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	8.2	12	0	0
Escherichia coli	10	5.4	6	1	16.7
Proteus	3	1.6	3	0	0
Acinetobacter	1	0.5	1	0	0
Emofilo	16	8.7	0	0	0
Legionella	7	3.8	0	0	0
Citrobacter	2	1.1	2	0	0
Morganella	2	1.1	1	0	0
Providencia	1	0.5	0	0	0
Clamidia	1	0.5	0	0	0
Altro gram negativo	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>87</b>	<b>47.3</b>	<b>47</b>	<b>2</b>	<b>4.3</b>
Candida albicans	8	4.3	0	0	0
Candida glabrata	3	1.6	0	0	0
Candida krusei	1	0.5	0	0	0
Candida altra specie	3	1.6	0	0	0
Aspergillo	8	4.3	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	4	2.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>27</b>	<b>14.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	1.1			
Influenza AH3N2	1	0.5			
Influenza tipo non specificato	1	0.5			
Altro Virus	10	5.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>14</b>	<b>7.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycoplasma	2	1.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	4	2.2	0	0	0
Mycobacterium altra specie	1	0.5	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>7</b>	<b>3.8</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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10

Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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	1	10.00
Escherichia coli	6	Meropenem	1	16.67
Staphylococcus haemolyticus	2	Meticillina	2	100.00
Staphylococcus aureus	23	Meticillina	8	34.78
Streptococcus pneumoniae	19	Penicillina	1	5.26

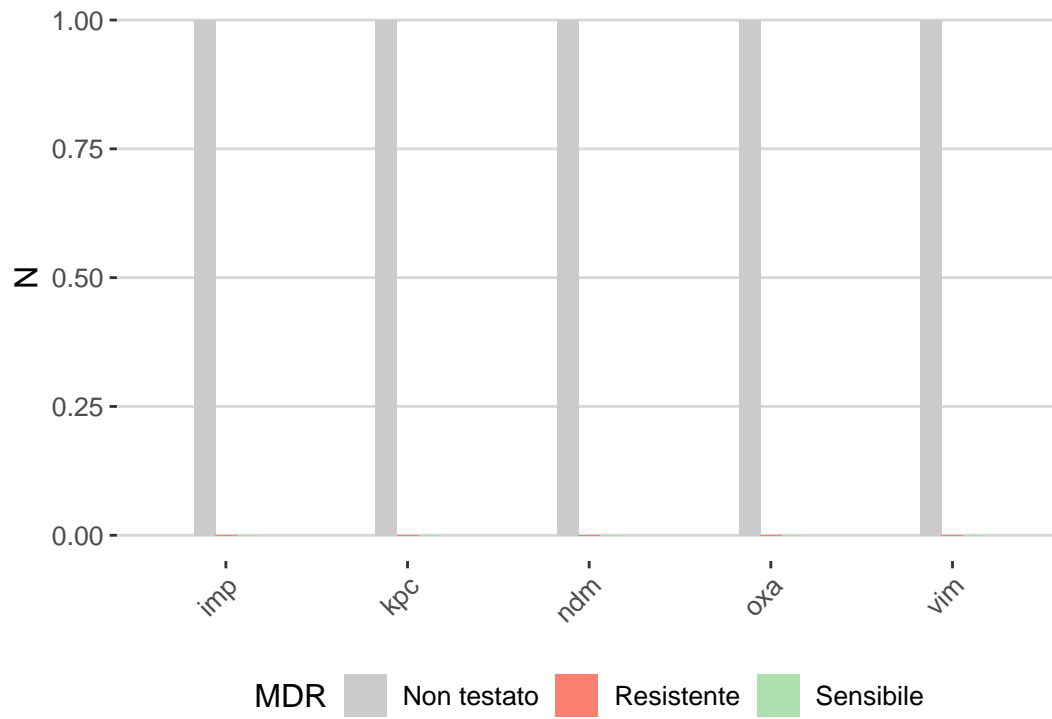
### 7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

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

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

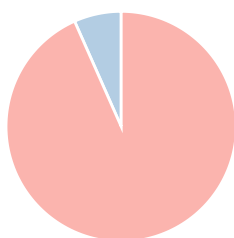
7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 324)



## 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 245 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 6.6% della popolazione totale ammessa in TI.

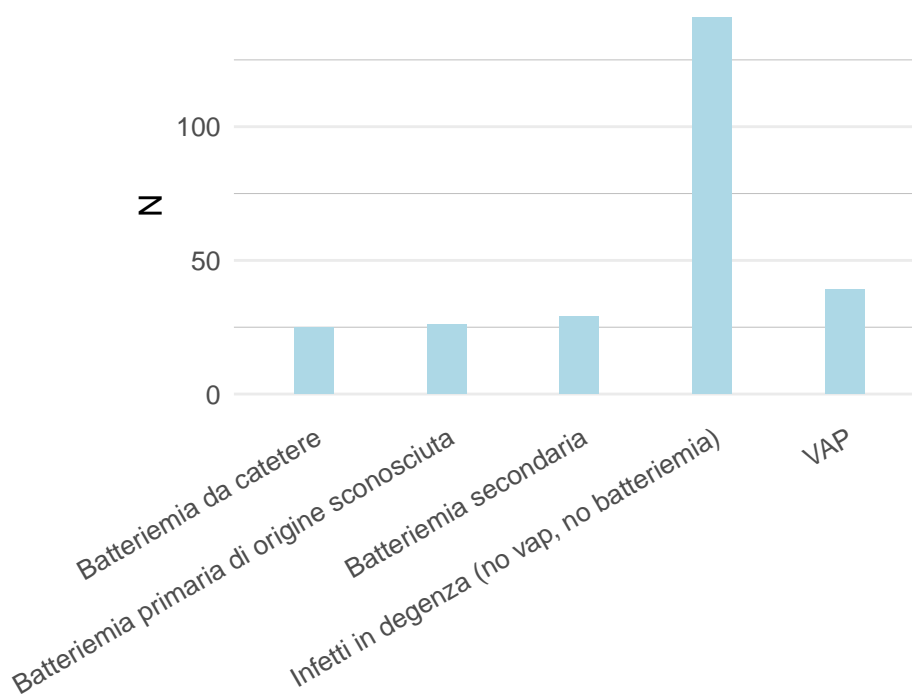


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	245	6.6
Non infetti in degenza	3446	93.4

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 3691).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



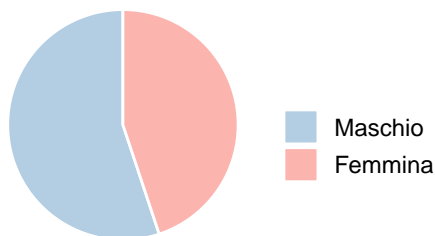
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	141	57.6
VAP	39	15.9
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	26	10.6
Batteriemia da catetere	25	10.2
Batteriemia secondaria	29	11.8

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 245)

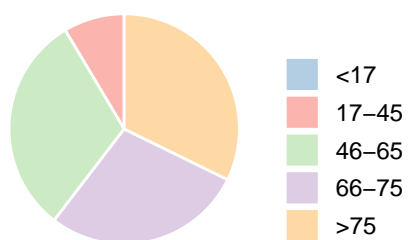
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 245)

### 8.1 Sesso



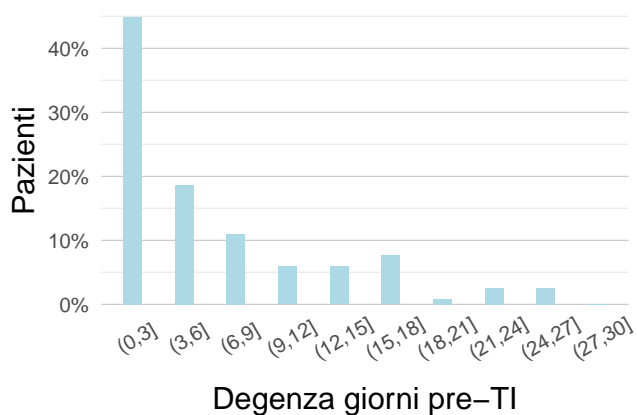
Sesso	N	%
Maschio	135	55.1
Femmina	110	44.9
Missing	0	0

### 8.2 Età



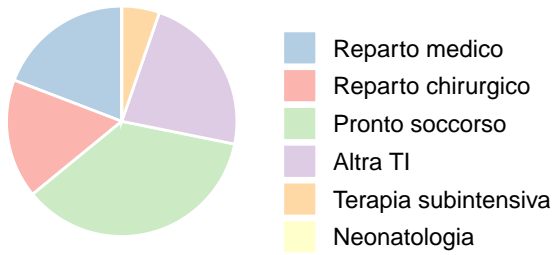
Range età	N	%
<17	0	0.0
17-45	21	8.6
46-65	76	31.0
66-75	69	28.2
>75	79	32.2
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



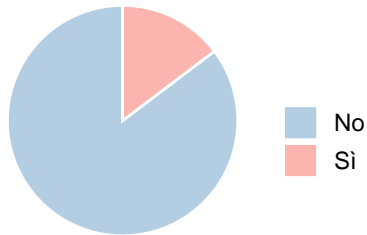
Indicatore	Valore
Media	6.0
DS	13.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-6
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



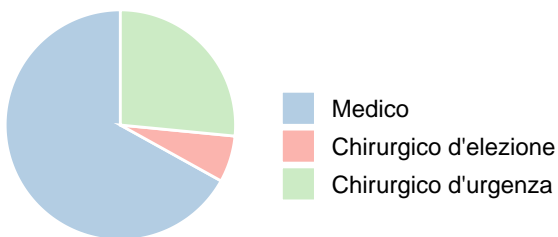
Provenienza	N	%
Reparto medico	47	19.2
Reparto chirurgico	41	16.7
Pronto soccorso	88	35.9
Altra TI	56	22.9
Terapia subintensiva	13	5.3
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

## 8.5 Trauma



Trauma	N	%
No	209	85.3
Sì	36	14.7
Missing	0	0

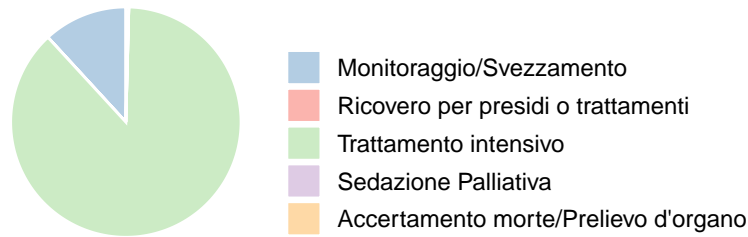
## 8.6 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	164	66.9
Chirurgico d'elezione	16	6.5
Chirurgico d'urgenza	65	26.5
Missing	0	0

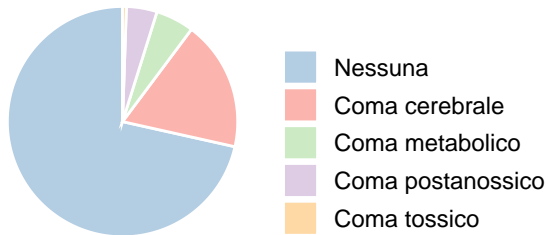


## 8.7 Motivo di ammissione



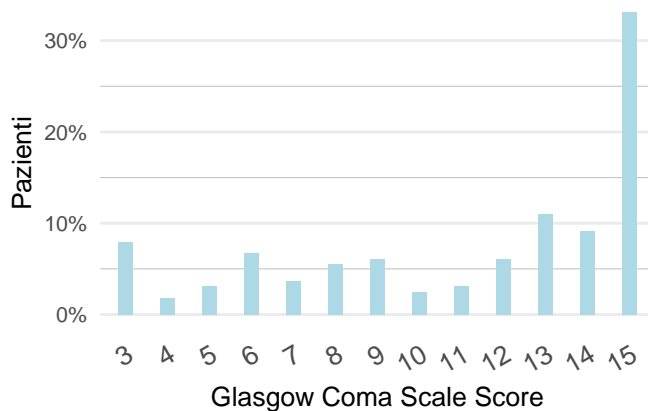
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	29	11.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	215	87.8
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.4
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



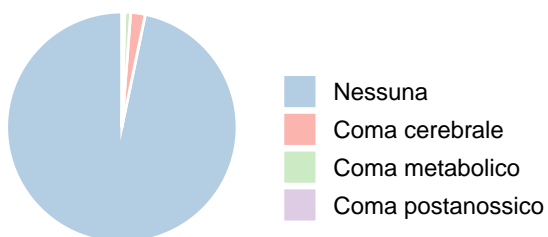
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	133	71.5
Coma cerebrale	34	18.3
Coma metabolico	10	5.4
Coma postanossico	8	4.3
Coma tossico	1	0.5
Missing	59	0

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



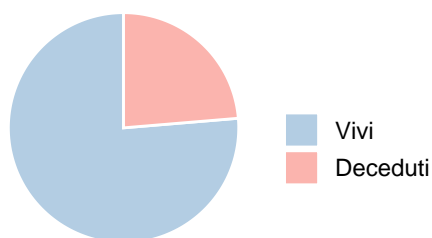
Indicatore	Valore
Media	9.1
DS	4.1
Mediana	11
Q1-Q3	6-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



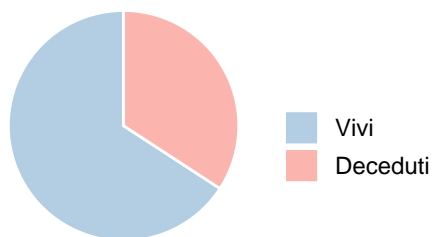
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	237	96.7
Coma cerebrale	5	2.0
Coma metabolico	2	0.8
Coma postanossico	1	0.4
Missing	0	0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	187	76.3
Deceduti	58	23.7
Missing	0	0

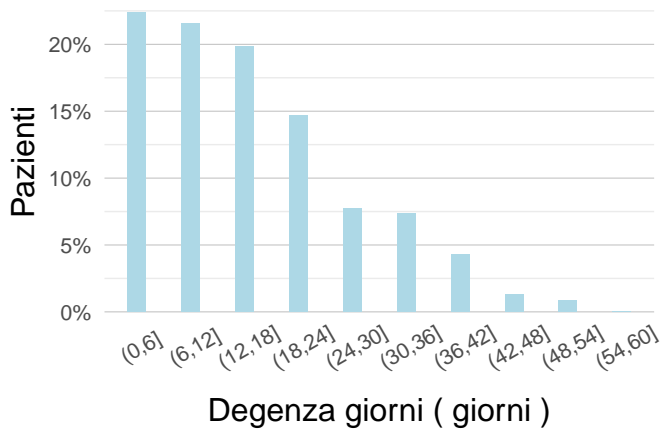
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	154	65.8
Deceduti	80	34.2
Missing	3	0

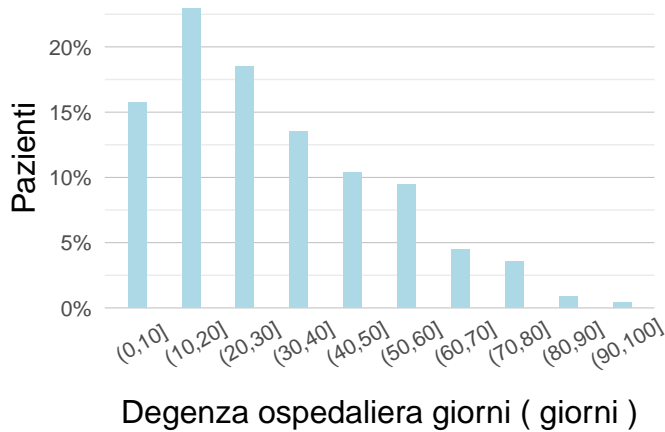
\* Statistiche calcolate su 237 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 8 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	19.4 (18.1)
Mediana (Q1-Q3)	15 (7-25)
Missing	0

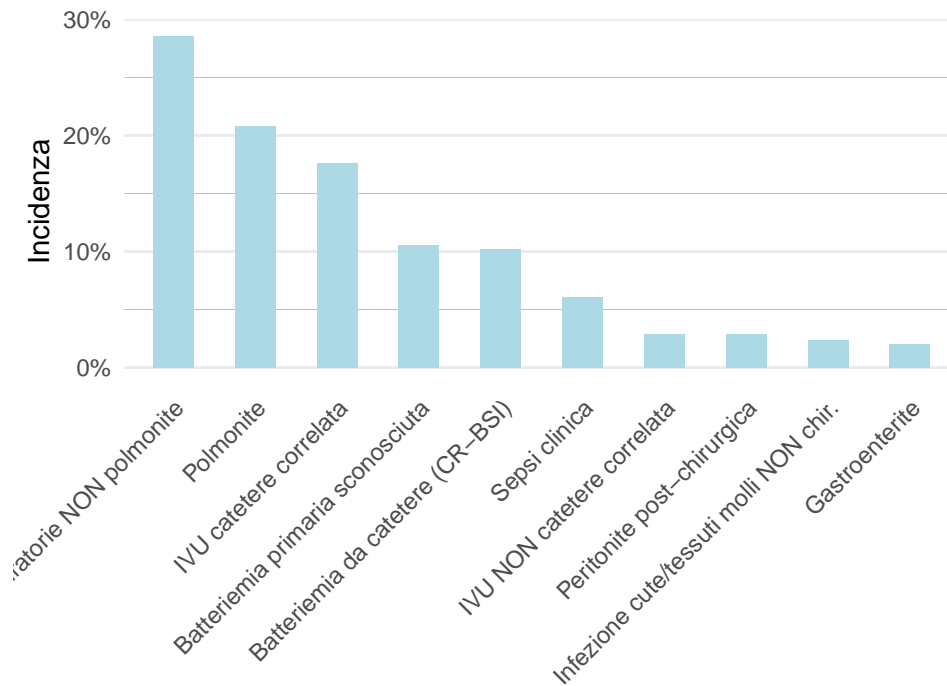
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.7 (30.5)
Mediana (Q1-Q3)	27 (15.2-48)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 237 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 8 ).

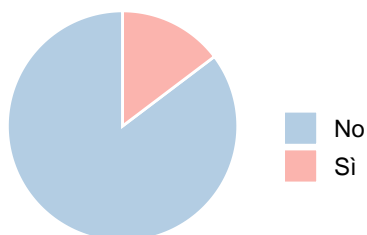
### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	70	28.6
Polmonite	51	20.8
IVU catetere correlata	43	17.6
Batteriemia primaria sconosciuta	26	10.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	25	10.2
Sepsi clinica	15	6.1
Peritonite post-chirurgica	7	2.9
IVU NON catetere correlata	7	2.9
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	6	2.4
Gastroenterite	5	2.0
Missing	0	

### 8.16 Infezione multisito



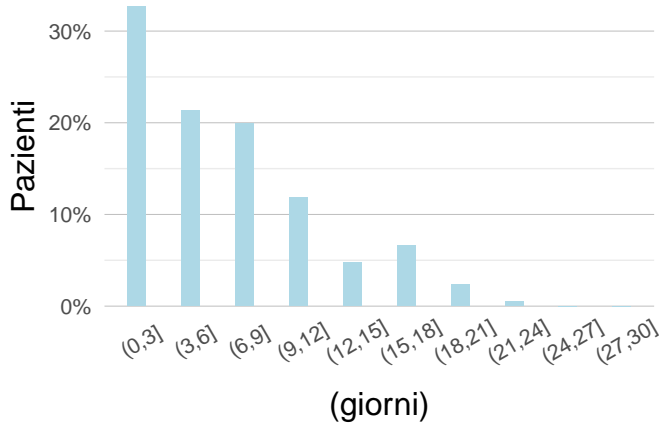
Infezione multisito	N	%
No	209	85.3
Si	36	14.7
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	270
Numero totale di microrganismi isolati	328

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.3
DS	9.4
Mediana	6
Q1-Q3	2-10
Missing	0

## 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	15.0	10.5 %
CI ( 95% )	13.1 - 17.1	9.2 - 12.0

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

Il primo:

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

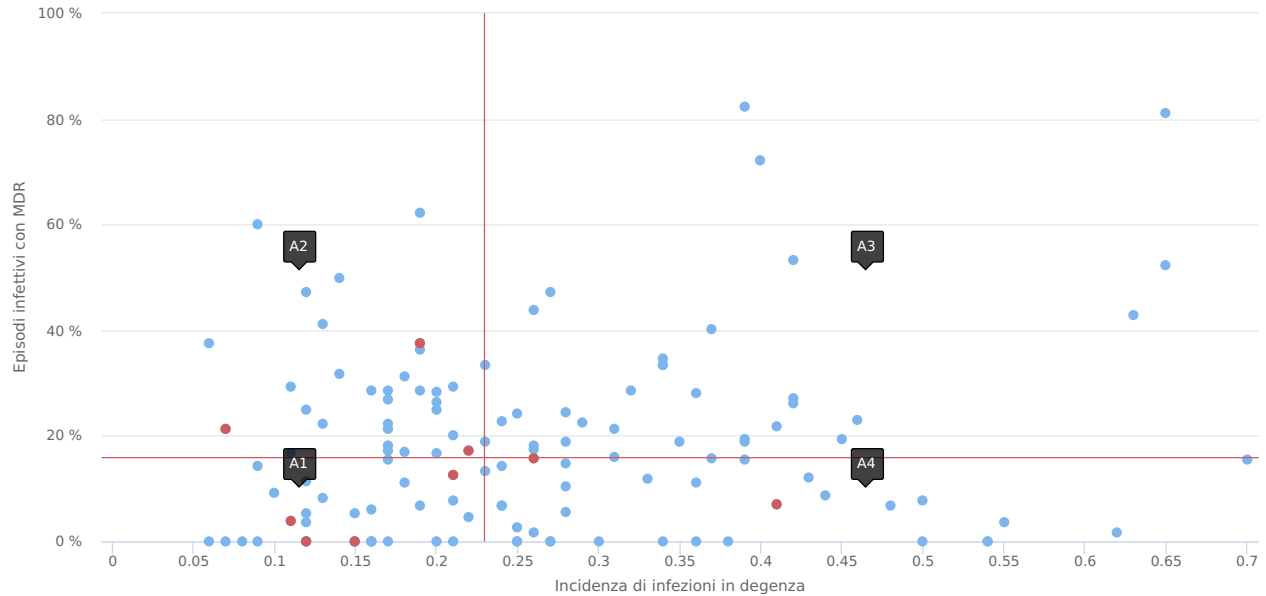
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

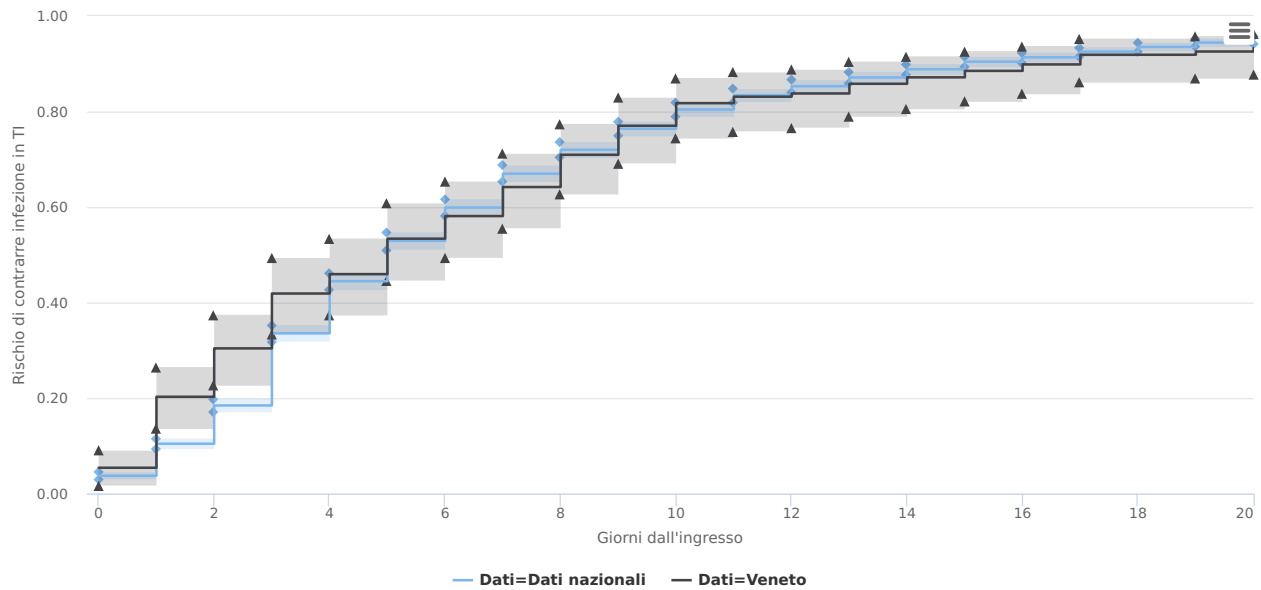
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

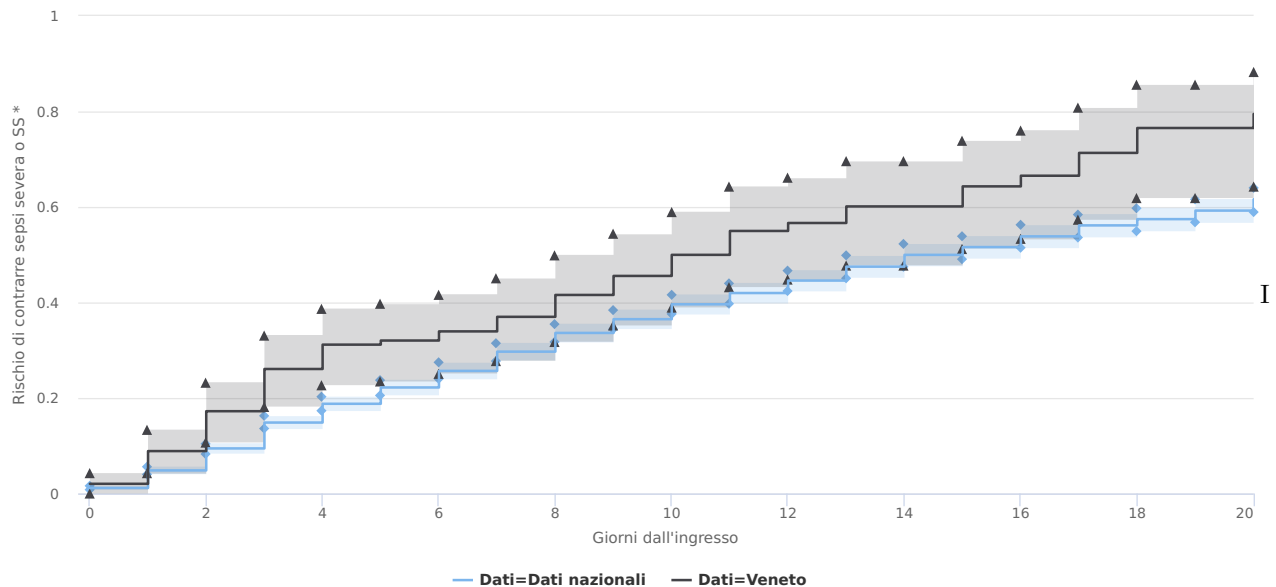


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

### Rischio di contrarre infezioni in TI



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



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

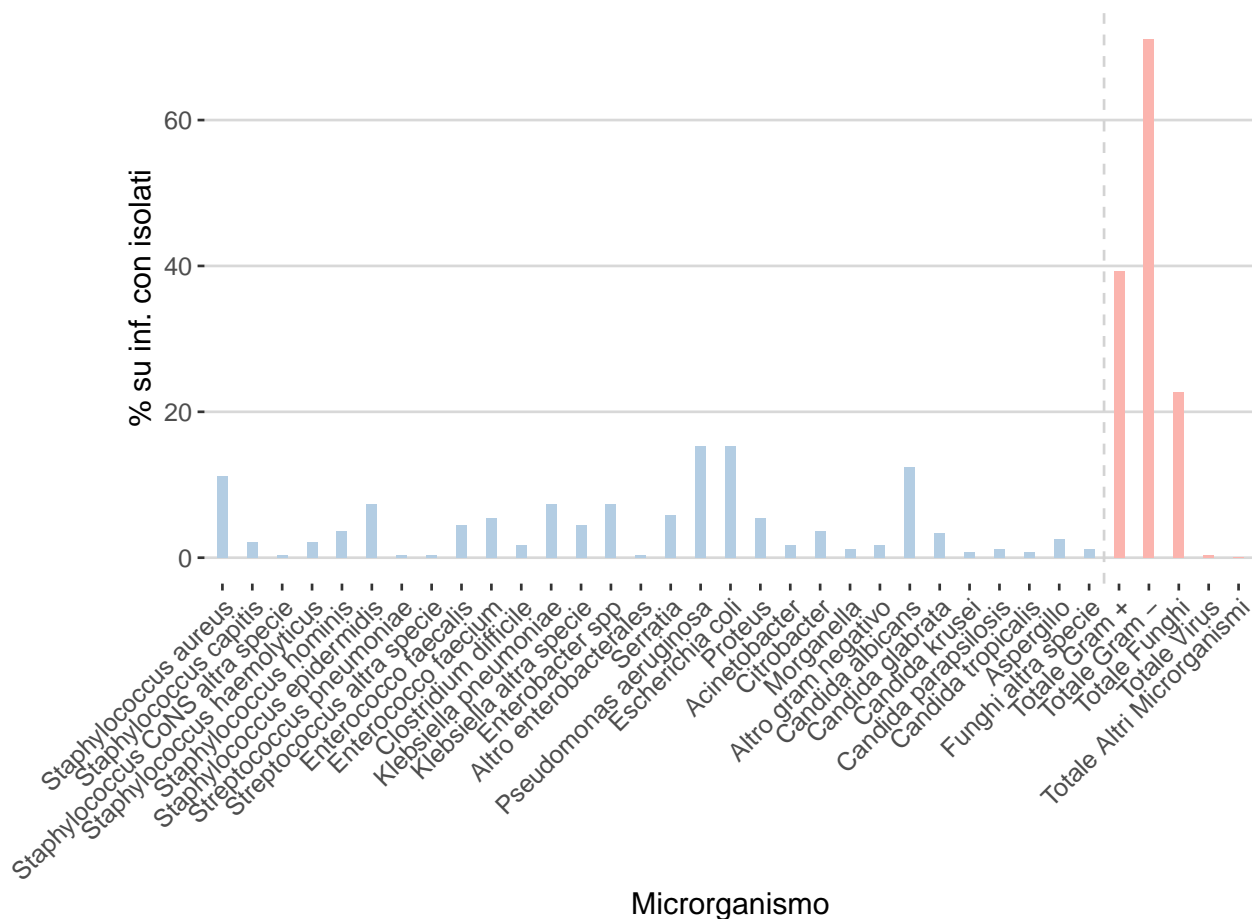
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime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

## 8.21 Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	25	9.4
Sì	241	90.6
Missing	4	
<b>Totale infezioni</b>	<b>270</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>328</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.

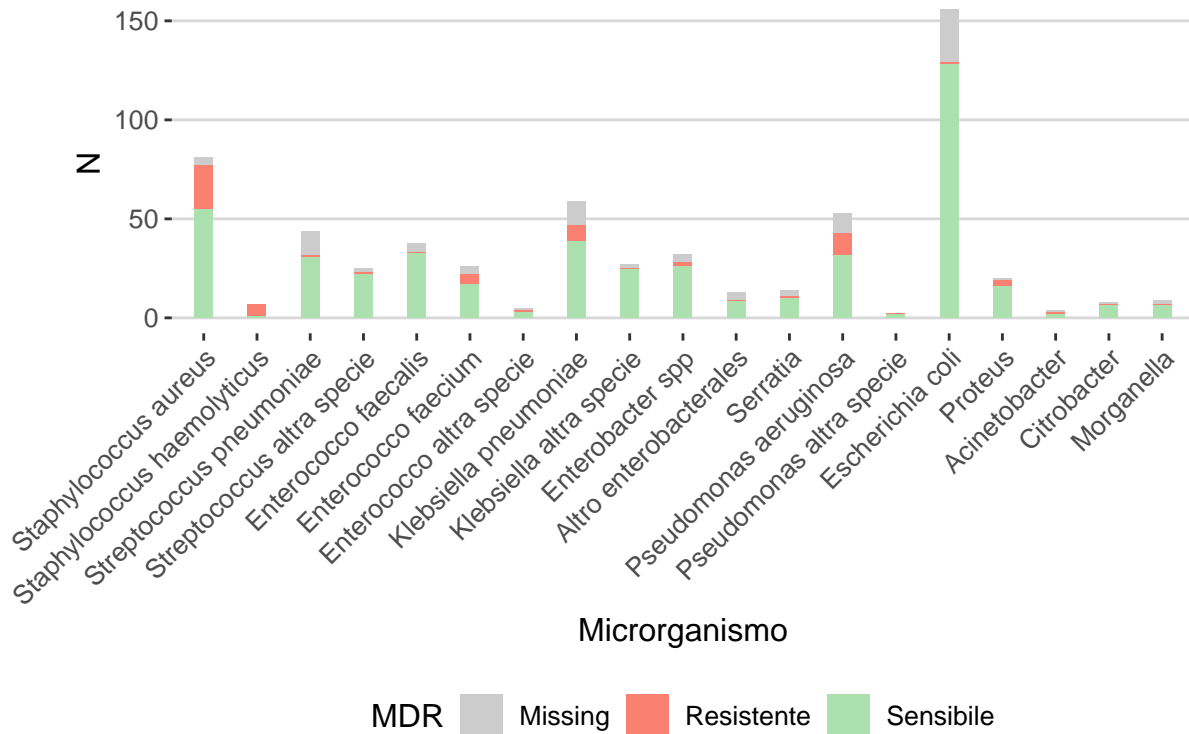


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	27	11.2	25	5	20
Staphylococcus capitis	5	2.1	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.4	0	0	0



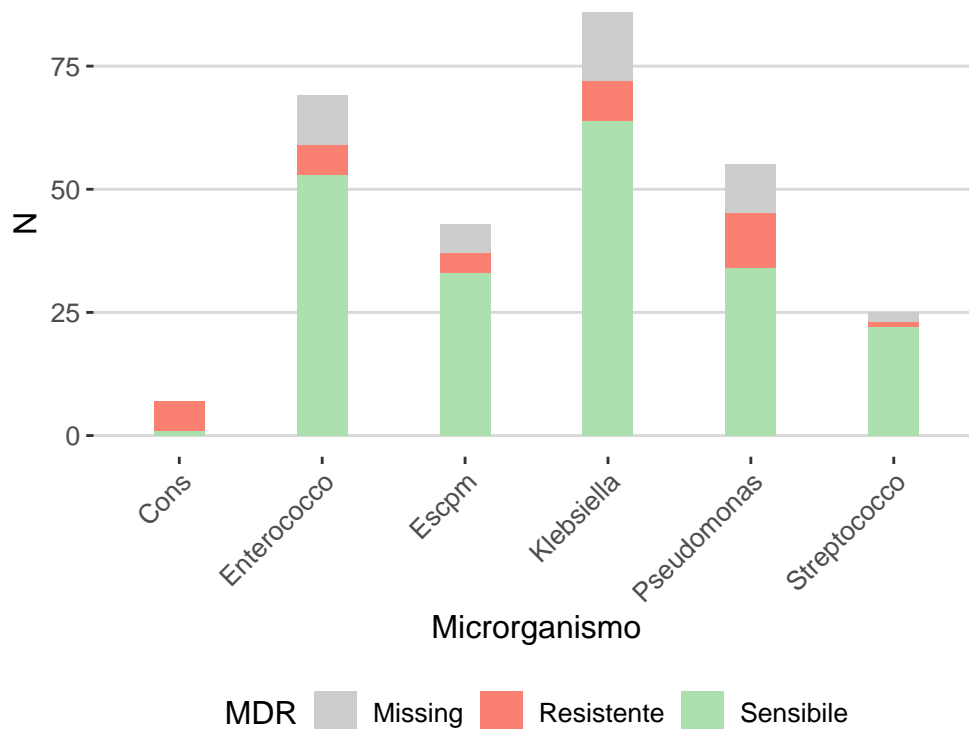
Staphylococcus haemolyticus	5	2.1	5	4	80
Staphylococcus hominis	9	3.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	18	7.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	0.4	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.4	1	0	0
Enterococco faecalis	11	4.5	9	0	0
Enterococco faecium	13	5.4	13	1	7.7
Clostridium difficile	4	1.7	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>95</b>	<b>39.3</b>	<b>53</b>	<b>10</b>	<b>18.9</b>
Klebsiella pneumoniae	18	7.4	13	2	15.4
Klebsiella altra specie	11	4.5	9	0	0
Enterobacter spp	18	7.4	13	1	7.7
Altro enterobacterales	1	0.4	1	0	0
Serratia	14	5.8	12	0	0
Pseudomonas aeruginosa	37	15.3	29	5	17.2
Pseudomonas altra specie	1	0.4	1	0	0
Escherichia coli	37	15.3	31	0	0
Proteus	13	5.4	12	0	0
Acinetobacter	4	1.7	1	0	0
Emofilo	1	0.4	0	0	0
Citrobacter	9	3.7	7	0	0
Morganella	3	1.2	2	0	0
Providencia	1	0.4	0	0	0
Altro gram negativo	4	1.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>172</b>	<b>71.1</b>	<b>131</b>	<b>8</b>	<b>6.1</b>
Candida albicans	30	12.4	0	0	0
Candida glabrata	8	3.3	0	0	0
Candida krusei	2	0.8	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.2	0	0	0
Candida tropicalis	2	0.8	0	0	0
Aspergillo	6	2.5	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	0.4	0	0	0
Funghi altra specie	3	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>55</b>	<b>22.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

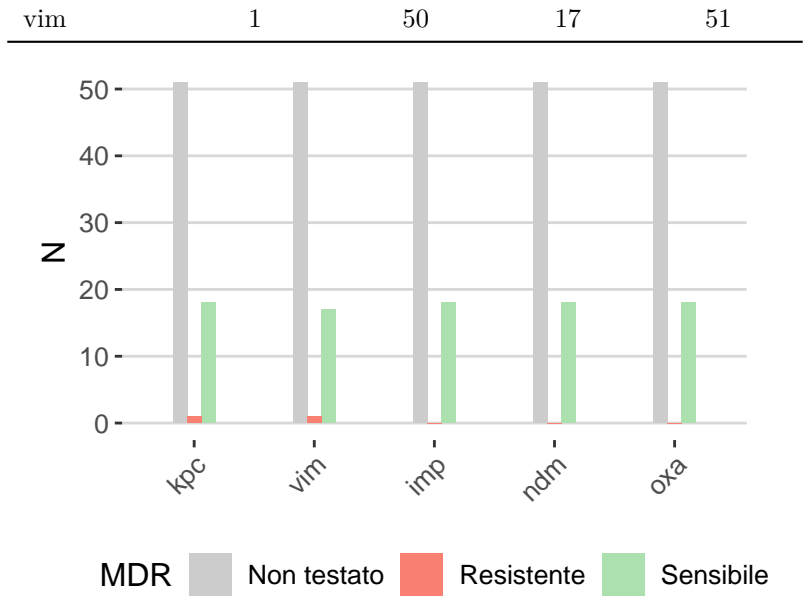
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	13	Ertapenem	2	15.38
Klebsiella pneumoniae	13	Meropenem	2	15.38
Enterobacter spp	13	Ertapenem	1	7.69
Pseudomonas aeruginosa	28	Imipenem	4	14.29
Pseudomonas aeruginosa	29	Meropenem	3	10.34
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	4	80.00
Staphylococcus aureus	25	Meticillina	5	20.00
Enterococco faecium	13	Vancomicina	1	7.69

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

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

	N	%
Sì	2	2.86
No	17	24.29
Non testato	51	72.86
Missing	59	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	18	51
kpc	1	50	18	51
ndm	0	0	18	51
oxa	0	0	18	51



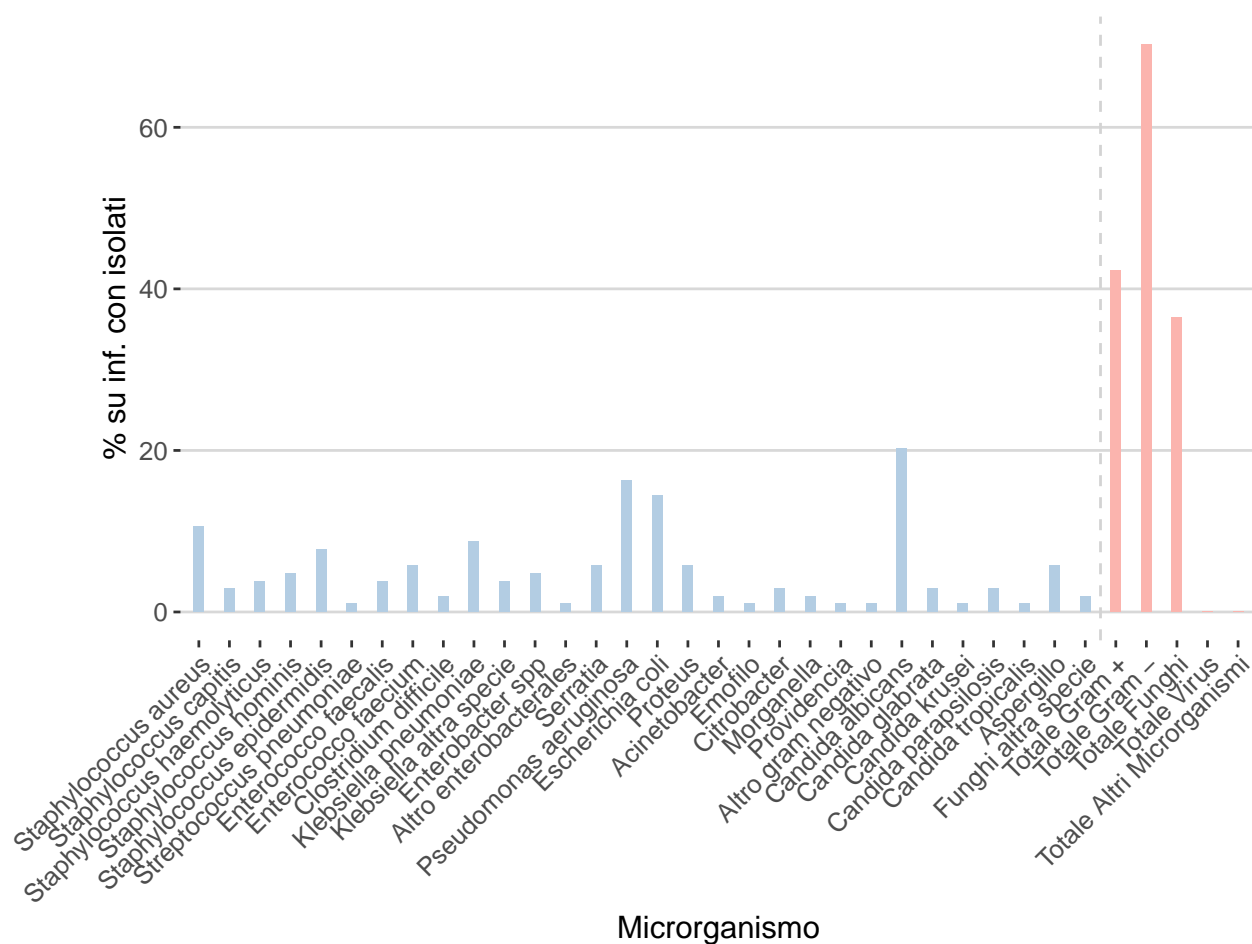
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 97)

### 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	31	13.7
Sì	196	86.3
Missing	3	
<b>Totale infezioni</b>	<b>230</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>276</b>	

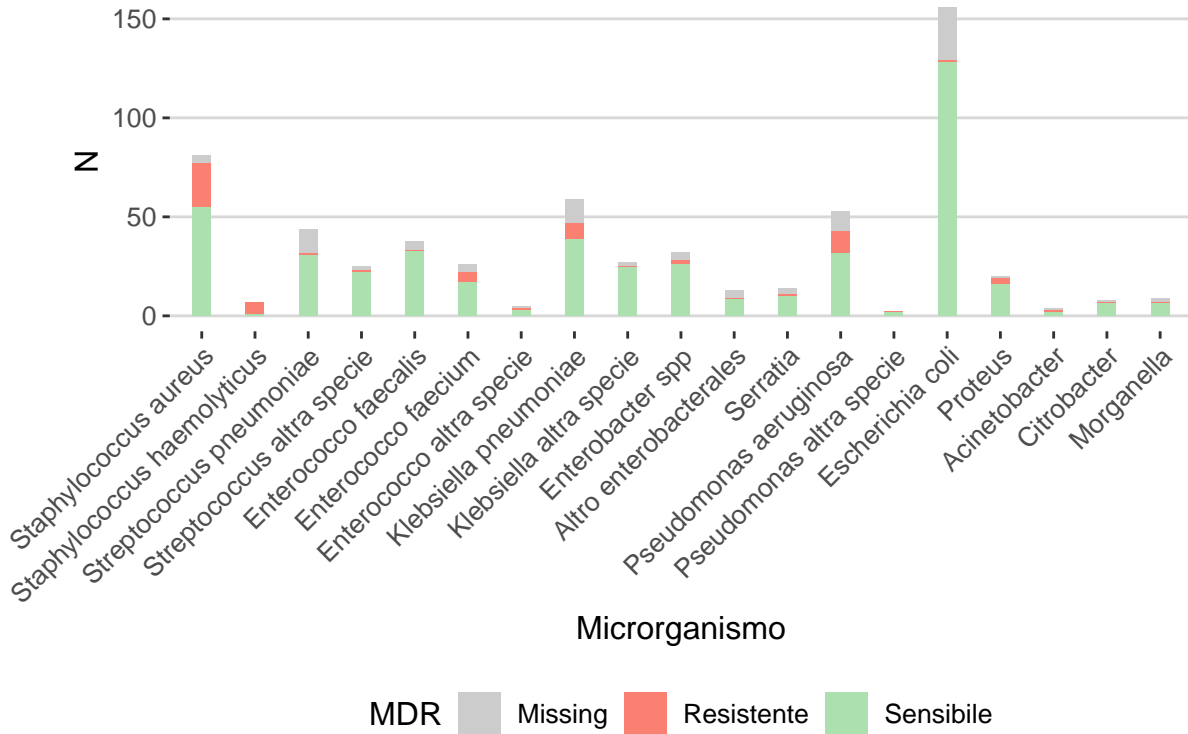
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	11	10.6	11	5	45.5

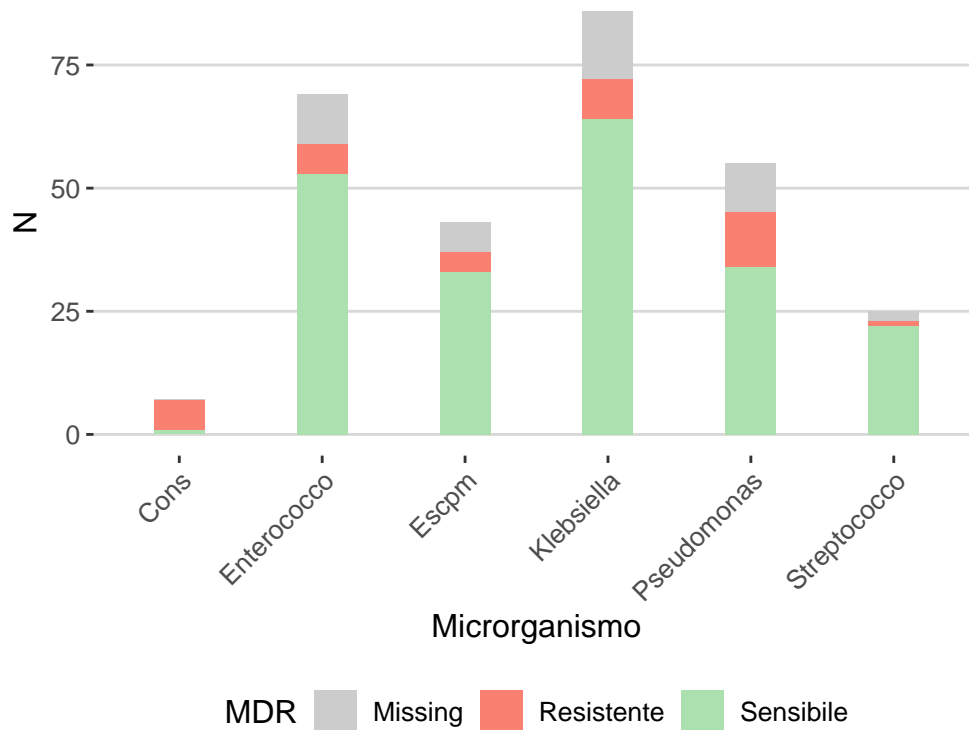
Staphylococcus capitis	3	2.9	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	4	3.8	4	3	75
Staphylococcus hominis	5	4.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	7.7	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.0	0	0	0
Enterococco faecalis	4	3.8	3	0	0
Enterococco faecium	6	5.8	6	1	16.7
Clostridium difficile	2	1.9	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>44</b>	<b>42.3</b>	<b>24</b>	<b>9</b>	<b>37.5</b>
Klebsiella pneumoniae	9	8.7	7	1	14.3
Klebsiella altra specie	4	3.8	3	0	0
Enterobacter spp	5	4.8	5	2	40
Altro enterobacterales	1	1.0	1	0	0
Serratia	6	5.8	6	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	16.3	14	2	14.3
Escherichia coli	15	14.4	11	0	0
Proteus	6	5.8	6	0	0
Acinetobacter	2	1.9	1	1	100
Emofilo	1	1.0	0	0	0
Citrobacter	3	2.9	3	0	0
Morganella	2	1.9	1	0	0
Providencia	1	1.0	0	0	0
Altro gram negativo	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>73</b>	<b>70.2</b>	<b>58</b>	<b>6</b>	<b>10.3</b>
Candida albicans	21	20.2	0	0	0
Candida glabrata	3	2.9	0	0	0
Candida krusei	1	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	3	2.9	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.0	0	0	0
Aspergillo	6	5.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	1.0	0	0	0
Funghi altra specie	2	1.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>38</b>	<b>36.5</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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	13	Ertapenem	1	7.69
Klebsiella pneumoniae	13	Meropenem	3	23.08
Enterobacter spp	10	Ertapenem	2	20.00
Enterobacter spp	10	Meropenem	1	10.00
Escherichia coli	22	Meropenem	1	4.55
Acinetobacter	2	Imipenem	2	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Pseudomonas aeruginosa	16	Imipenem	1	6.25
Pseudomonas aeruginosa	16	Meropenem	1	6.25
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	4	80.00
Staphylococcus aureus	26	Meticillina	7	26.92
Enterococco faecium	12	Vancomicina	1	8.33

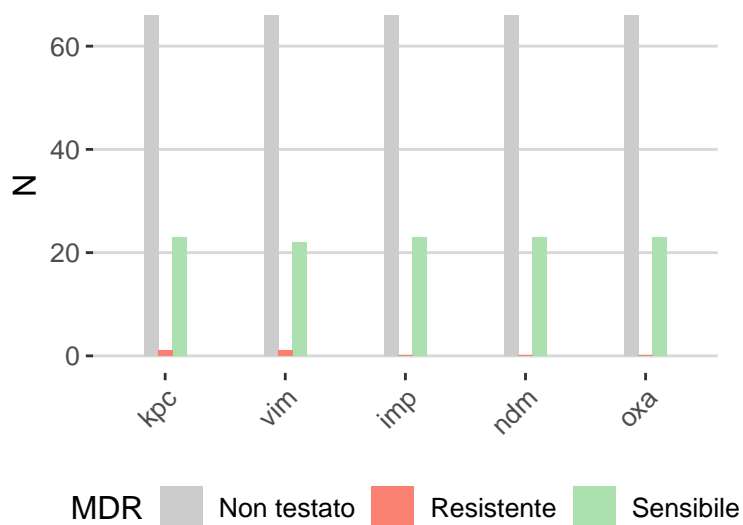
### 9.1.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza

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

	N	%
Sì	2	2.22
No	22	24.44
Non testato	66	73.33
Missing	74	

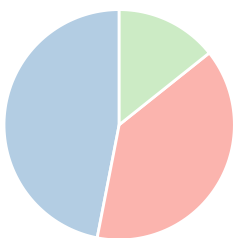


Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	23	66
kpc	1	50	23	66
ndm	0	0	23	66
oxa	0	0	23	66
vim	1	50	22	66



## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 148)

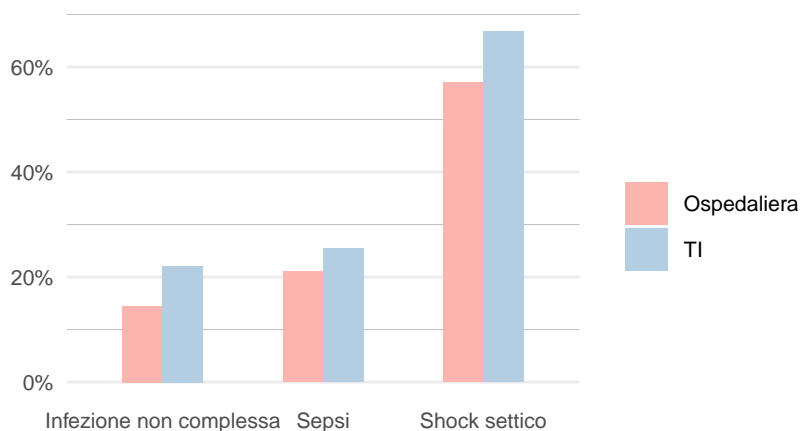
### 10.1 Gravità massima dell'infezione



■ Infezione non complessa  
 ■ Sepsi  
 ■ Shock settico

Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	69	46.9
Sepsi	57	38.8
Shock settico	21	14.3
Missing	1	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



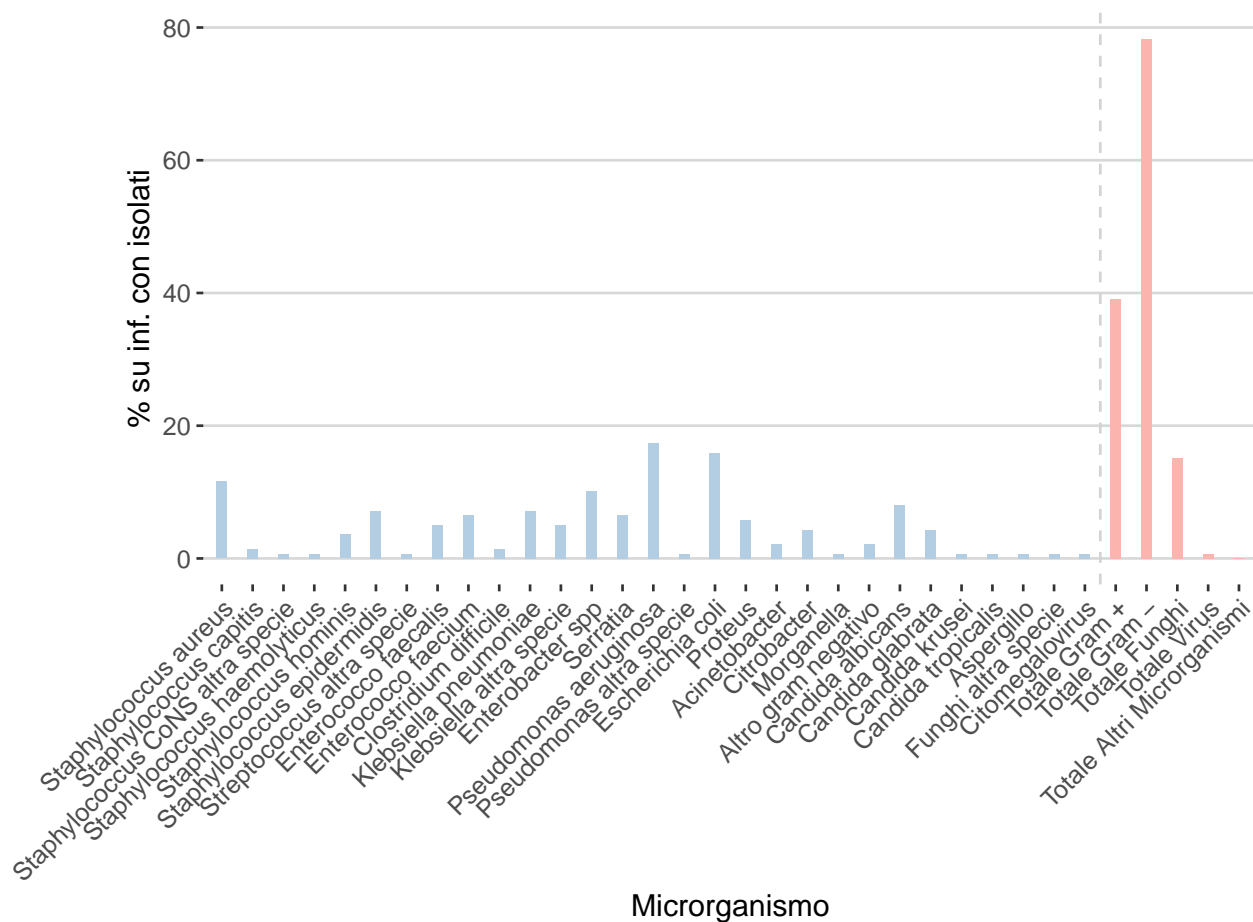
Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	14.5	22.1
Sepsi	21.1	25.5
Shock settico	57.1	66.7

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	16	10.3
Sì	139	89.7
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>157</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>184</b>	

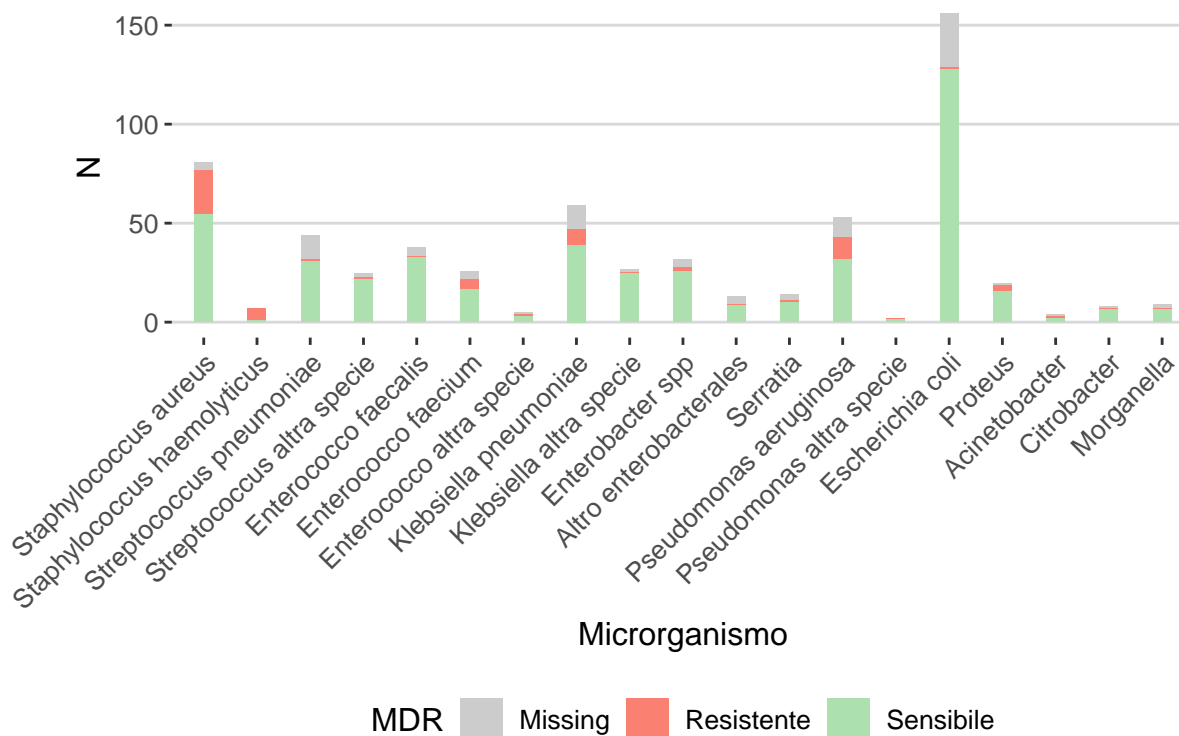
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	16	11.6	14	0	0
Staphylococcus capitis	2	1.4	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.7	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.7	1	1	100
Staphylococcus hominis	5	3.6	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	10	7.2	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.7	1	0	0
Enterococco faecalis	7	5.1	6	0	0
Enterococco faecium	9	6.5	9	1	11.1
Clostridium difficile	2	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>54</b>	<b>39.1</b>	<b>31</b>	<b>2</b>	<b>6.5</b>
Klebsiella pneumoniae	10	7.2	7	1	14.3
Klebsiella altra specie	7	5.1	6	0	0
Enterobacter spp	14	10.1	9	0	0
Serratia	9	6.5	7	0	0
Pseudomonas aeruginosa	24	17.4	18	3	16.7
Pseudomonas altra specie	1	0.7	1	0	0

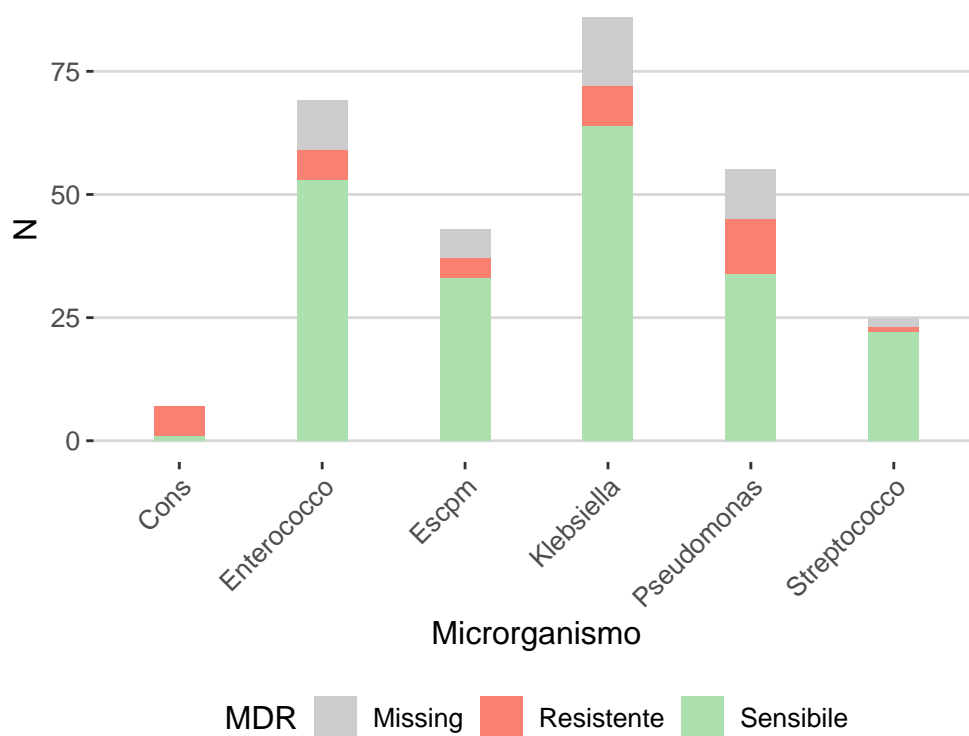
Escherichia coli	22	15.9	20	0	0
Proteus	8	5.8	7	0	0
Acinetobacter	3	2.2	1	0	0
Citrobacter	6	4.3	4	0	0
Morganella	1	0.7	1	0	0
Altro gram negativo	3	2.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>108</b>	<b>78.3</b>	<b>81</b>	<b>4</b>	<b>4.9</b>
Candida albicans	11	8.0	0	0	0
Candida glabrata	6	4.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.7	0	0	0
Candida tropicalis	1	0.7	0	0	0
Aspergillo	1	0.7	0	0	0
Funghi altra specie	1	0.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>21</b>	<b>15.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	0.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.7</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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

## 10.3.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti solo in degenza

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

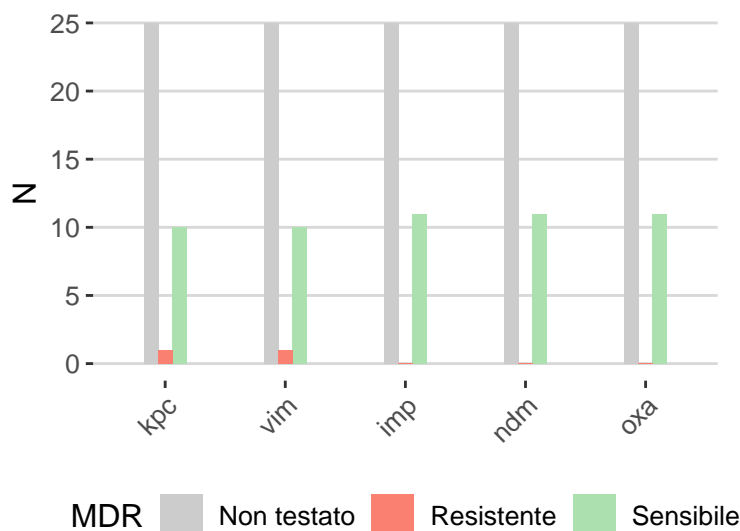
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	7	Ertapenem	1	14.29
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	1	14.29
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	3	17.65
Pseudomonas aeruginosa	18	Meropenem	2	11.11
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Enterococco faecium	9	Vancomicina	1	11.11

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

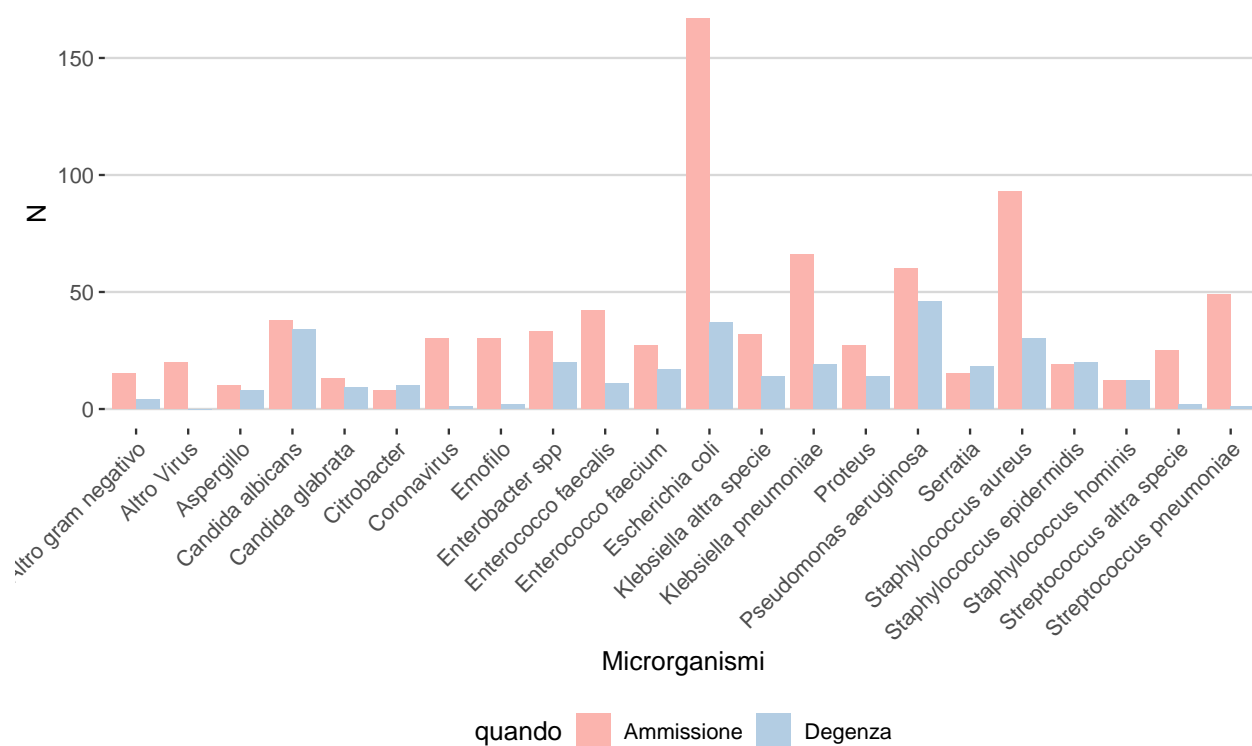
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	2	5.56
No	9	25
Non testato	25	69.44
Missing	41	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	11	25
kpc	1	50	10	25
ndm	0	0	11	25
oxa	0	0	11	25
vim	1	50	10	25



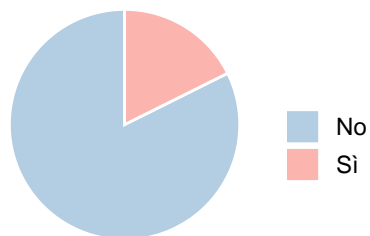
## 10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Pseudomonas aeruginosa	106	60	56.6	46	43.4
Candida albicans	72	38	52.8	34	47.2
Aspergillo	18	10	55.6	8	44.4
Citrobacter	18	8	44.4	10	55.6
Coronavirus	31	30	96.8	1	3.2
Enterobacter spp	53	33	62.3	20	37.7
Staphylococcus epidermidis	39	19	48.7	20	51.3
Escherichia coli	204	167	81.9	37	18.1
Enterococco faecalis	53	42	79.2	11	20.8
Enterococco faecium	44	27	61.4	17	38.6
Candida glabrata	22	13	59.1	9	40.9
Emofilo	32	30	93.8	2	6.2
Staphylococcus hominis	24	12	50	12	50
Altro gram negativo	19	15	78.9	4	21.1
Klebsiella altra specie	46	32	69.6	14	30.4
Streptococcus altra specie	27	25	92.6	2	7.4
Altro Virus	20	20	100	0	0
Klebsiella pneumoniae	85	66	77.6	19	22.4
Streptococcus pneumoniae	50	49	98	1	2
Proteus	41	27	65.9	14	34.1
Serratia	33	15	45.5	18	54.5
Staphylococcus aureus	123	93	75.6	30	24.4

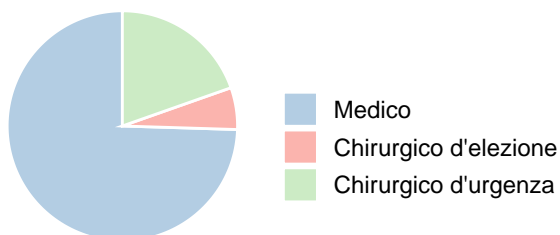
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 51)

### 11.1 Trauma



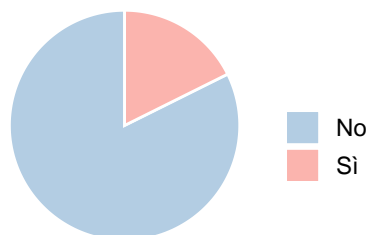
Trauma	N	%
No	42	82.4
Si	9	17.6
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



Stato chirurgico	N	%
Medico	38	74.5
Chirurgico d'elezione	3	5.9
Chirurgico d'urgenza	10	19.6
Missing	0	0

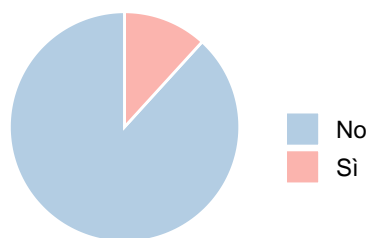
### 11.3 Infezione batteriémica



Batteriémica	N	%
No	42	82.4
Si	9	17.6
Missing	0	0

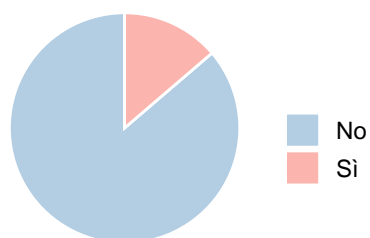


## 11.4 Infezioni multisito



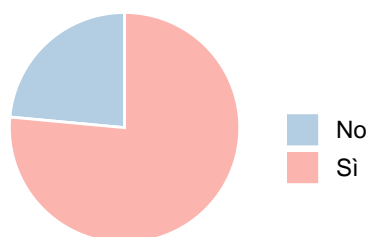
Infezione multisito	N	%
No	45	88.2
Si	6	11.8
Missing	0	0

## 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	44	86.3
Si	7	13.7
Missing	0	0

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

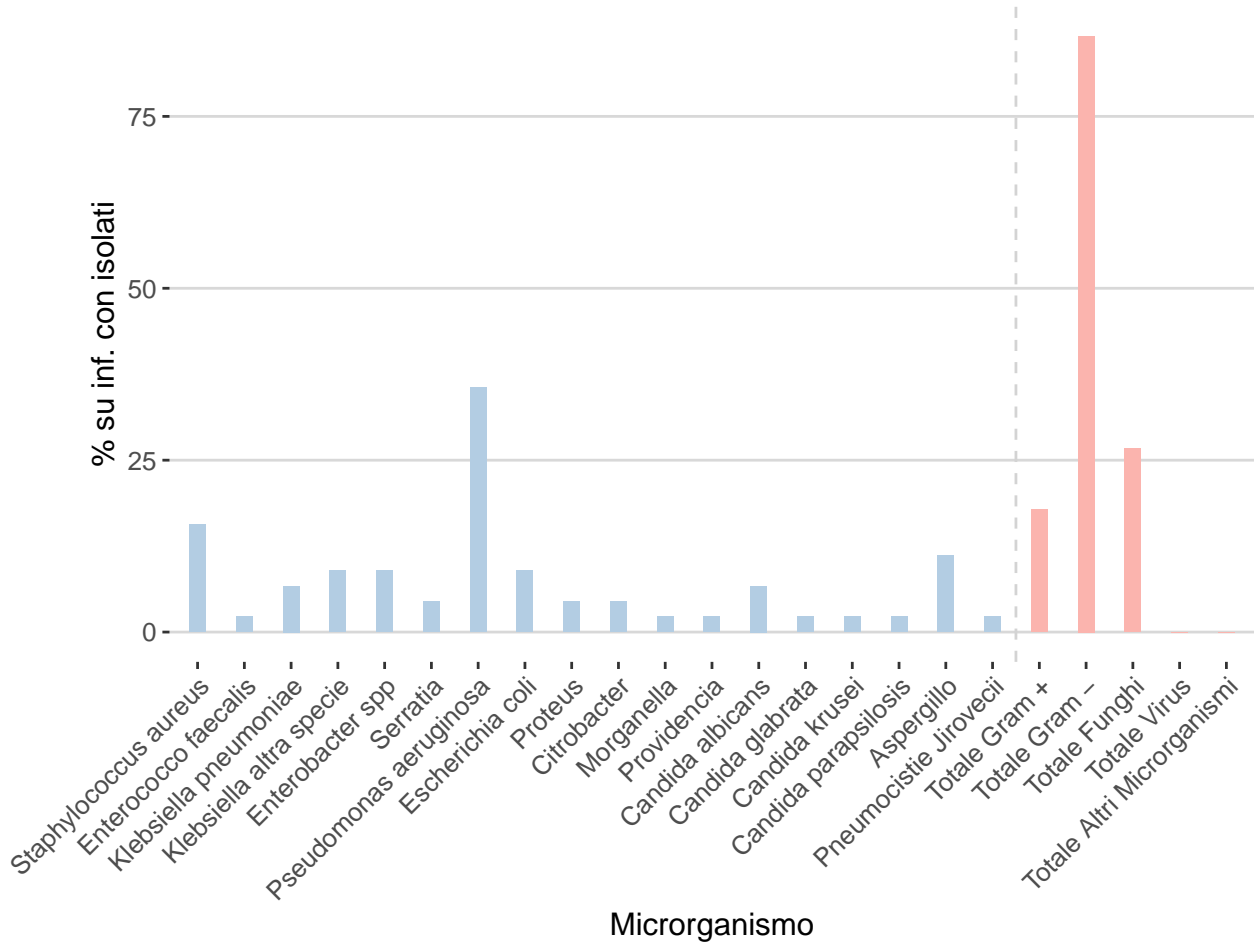


Polmonite associata a VAP	N	%
No	12	23.5
Si	39	76.5
Missing	0	0

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

### 11.7 Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza

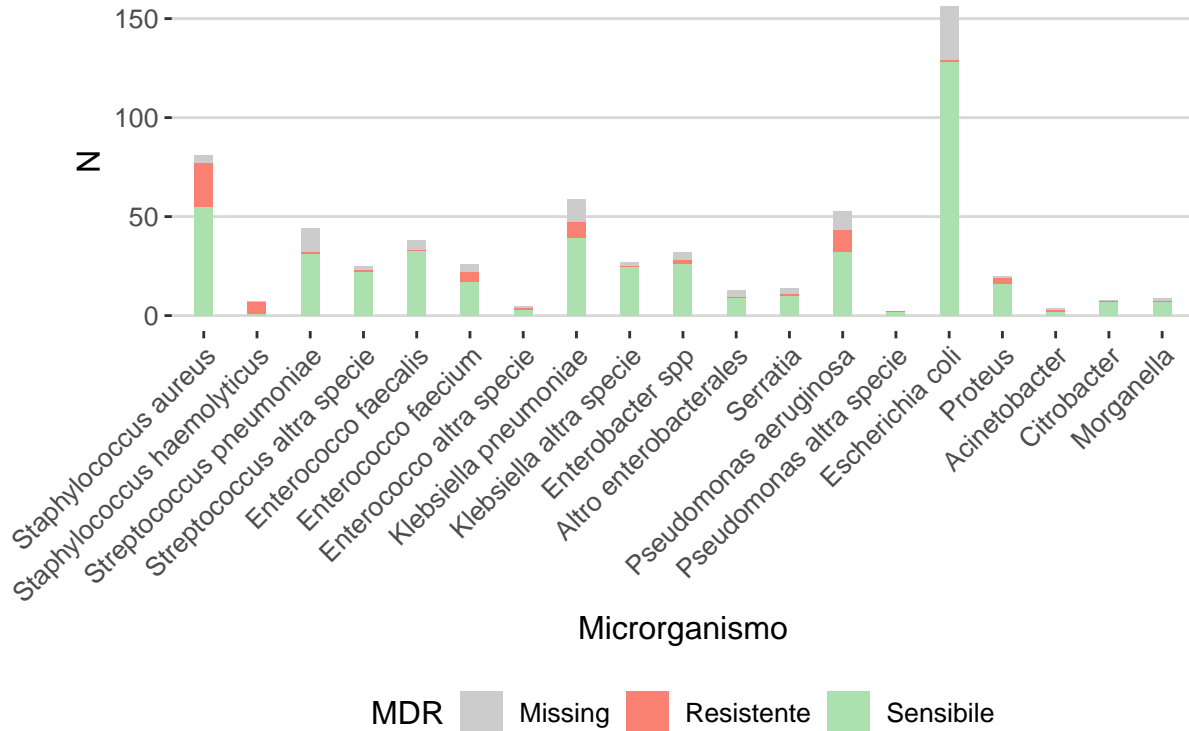
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	15.6	6	2	33.3
Enterococco faecalis	1	2.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>17.8</b>	<b>7</b>	<b>2</b>	<b>28.6</b>
Klebsiella pneumoniae	3	6.7	2	0	0
Klebsiella altra specie	4	8.9	3	0	0
Enterobacter spp	4	8.9	2	0	0
Serratia	2	4.4	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	16	35.6	14	3	21.4
Escherichia coli	4	8.9	3	0	0
Proteus	2	4.4	2	0	0
Citrobacter	2	4.4	1	0	0
Morganella	1	2.2	0	0	0

Providencia	1	2.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>39</b>	<b>86.7</b>	<b>29</b>	<b>3</b>	<b>10.3</b>
Candida albicans	3	6.7	0	0	0
Candida glabrata	1	2.2	0	0	0
Candida krusei	1	2.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	2.2	0	0	0
Aspergillo	5	11.1	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	2.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>26.7</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>

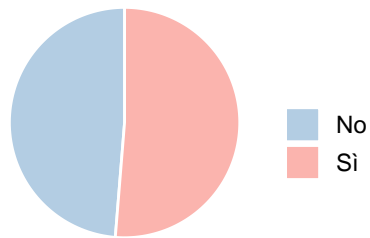
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

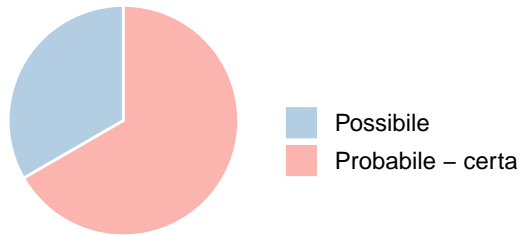
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 39)

### 12.1 VAP precoce



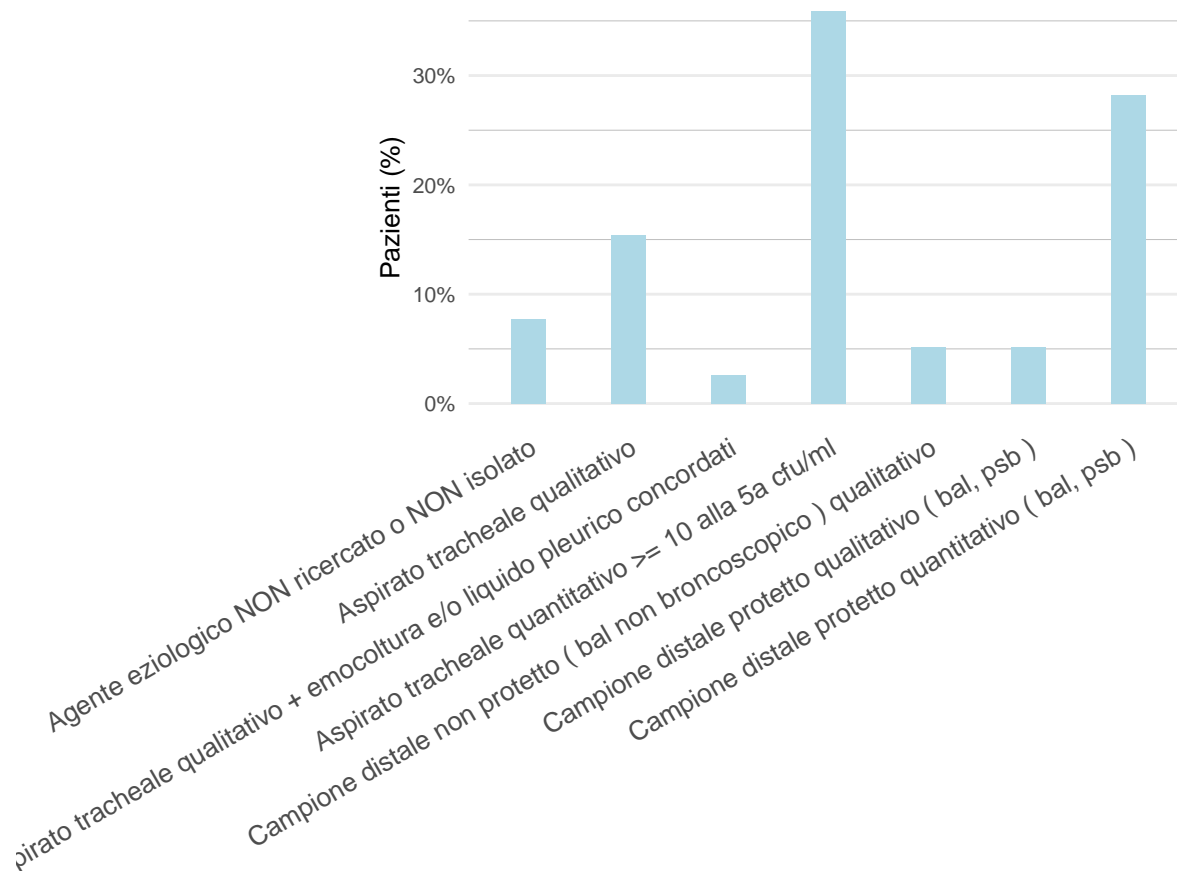
VAP precoce	N	%
No	19	48.7
Si	20	51.3
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	13	33.3
Probabile - certa	26	66.7
Missing	9	0

## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici

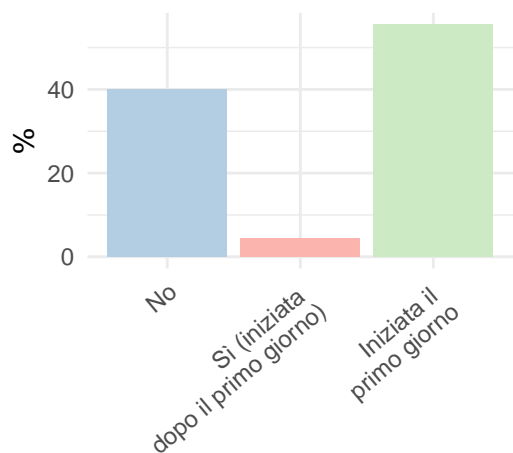


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	2	5.1
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	2	5.1
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	11	28.2
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	14	35.9
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	1	2.6
Aspirato tracheale qualitativo	6	15.4
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	3	7.7
Missing	9	0

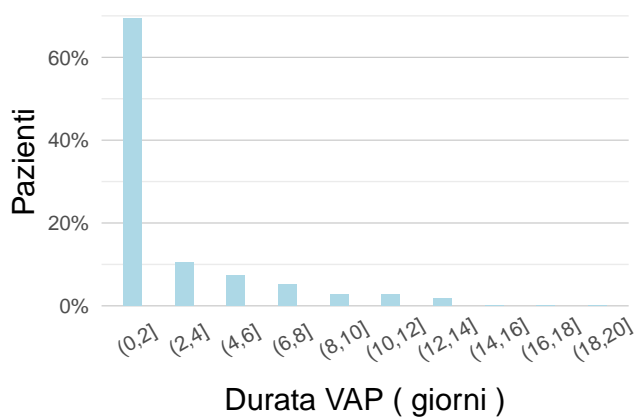
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 3691 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



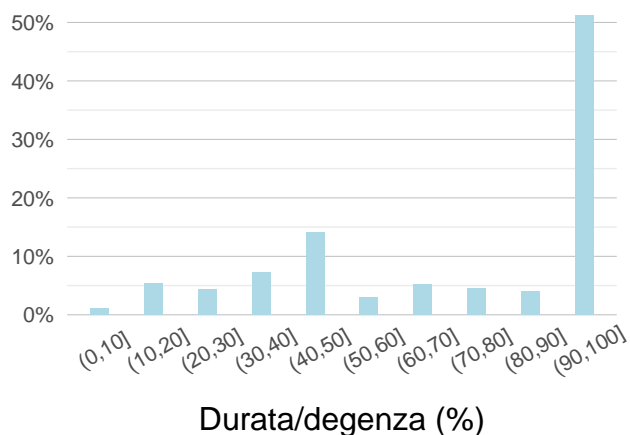
Ventilazione invasiva	N	%
No	1472	40.1
Sì	2203	59.9
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>2047</b>	<b>55.5</b>
Missing	16	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



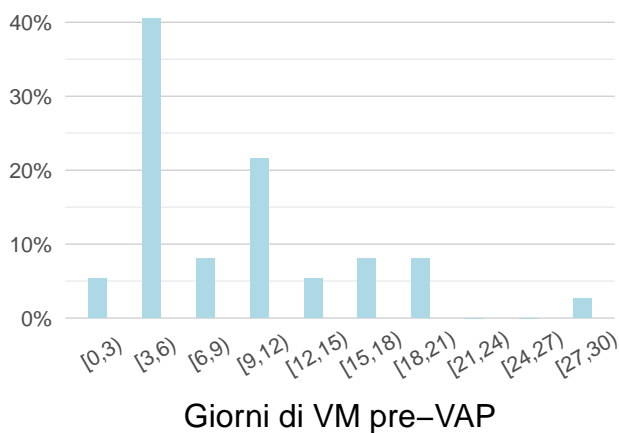
Indicatore	Valore
Media (DS)	4.0 (6.8)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-4)
Missing	1

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	74.6 (29.8)
Mediana (Q1-Q3)	94.4 (50-100)
Missing	1

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	39
Media (DS)	10.7 (12.5)
Mediana (Q1-Q3)	8 (3.5-12.5)
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	5.2	3.6 %
CI ( 95% )	3.7 - 7.1	2.6 - 5.0

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.

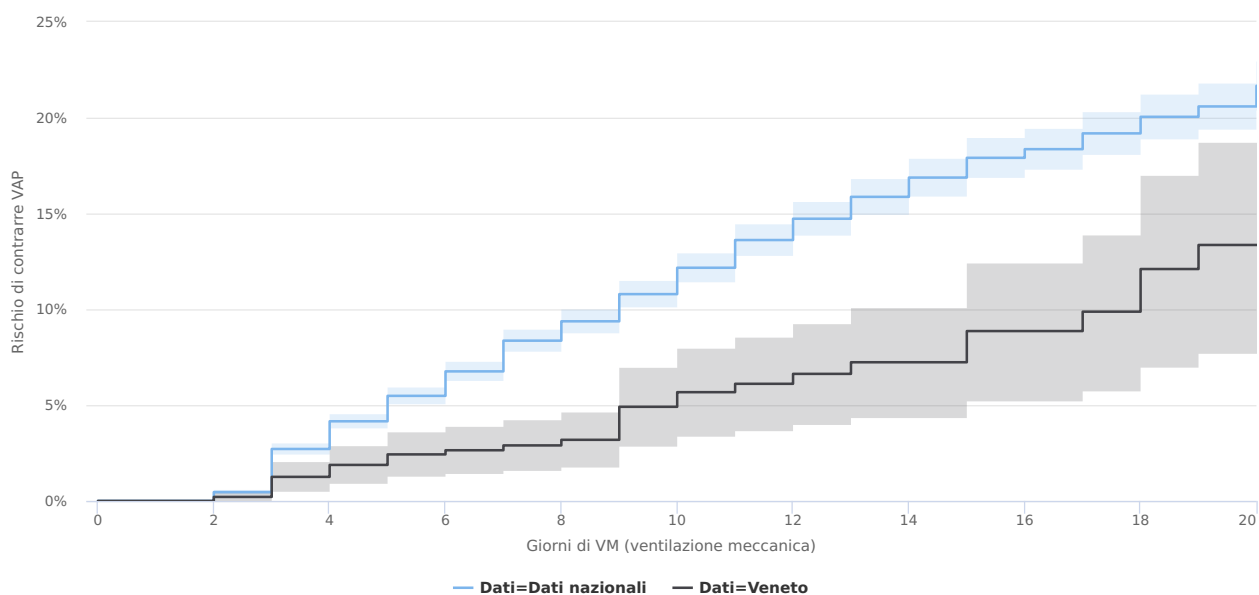
Il secondo invece:

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

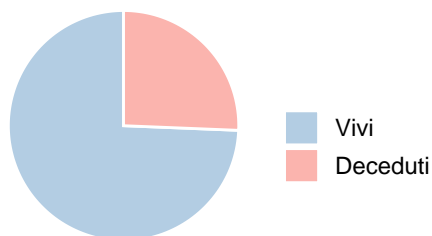
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI



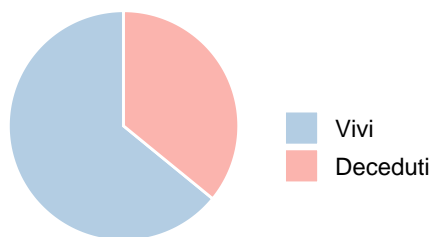
### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	29	74.4
Deceduti	10	25.6
Missing	0	0



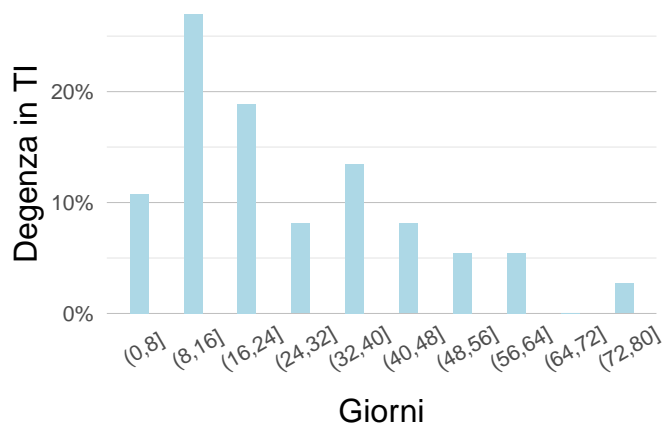
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	25	64.1
Deceduti	14	35.9
Missing	0	0

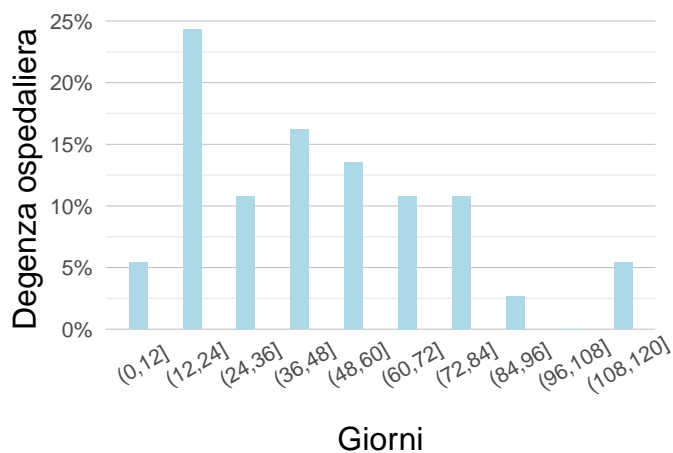
\* Statistiche calcolate su 39 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	30.2 (22.7)
Mediana (Q1-Q3)	21 (15-40)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	51.1 (35.6)
Mediana (Q1-Q3)	45 (22-67.5)
Missing	0

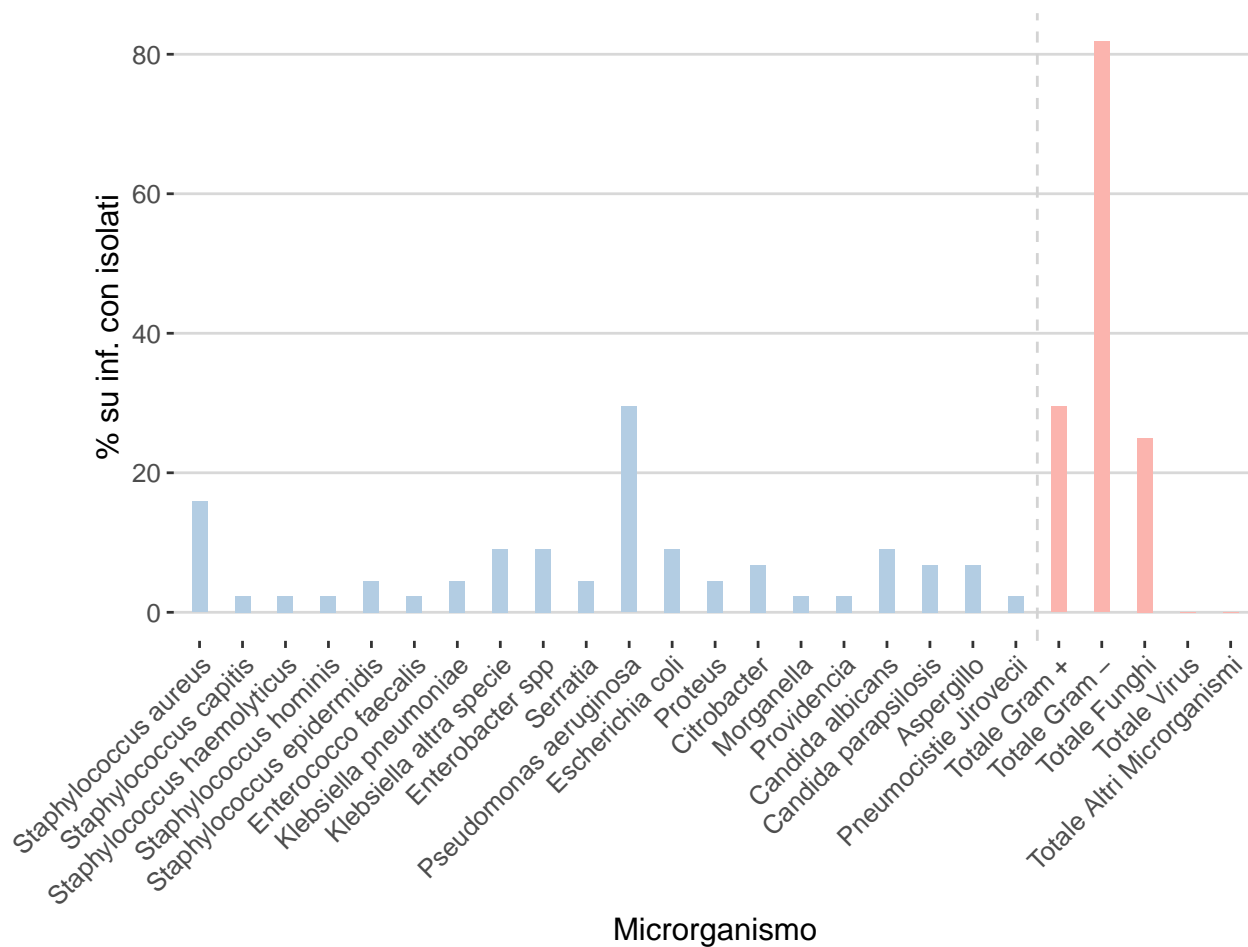
\* Statistiche calcolate su 39 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 12.11 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4	8.3
Sì	44	91.7
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>48</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>64</b>	

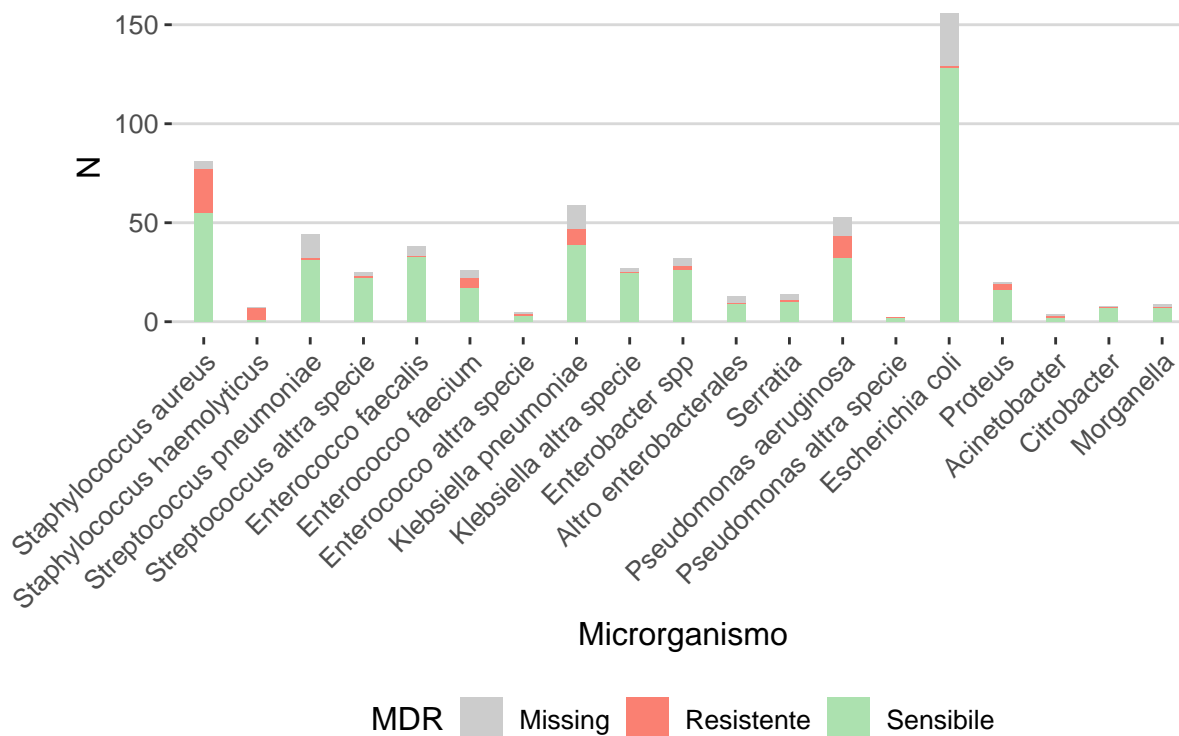
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	15.9	6	2	33.3
Staphylococcus capitis	1	2.3	0	0	0

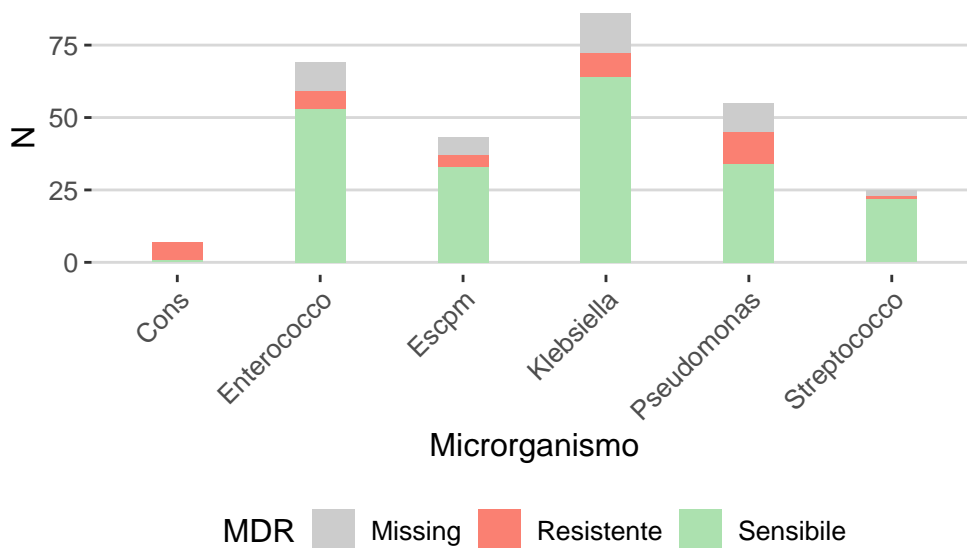
Staphylococcus haemolyticus	1	2.3	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	2.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	4.5	0	0	0
Enterococco faecalis	1	2.3	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>13</b>	<b>29.5</b>	<b>8</b>	<b>3</b>	<b>37.5</b>
Klebsiella pneumoniae	2	4.5	1	0	0
Klebsiella altra specie	4	9.1	3	0	0
Enterobacter spp	4	9.1	1	0	0
Serratia	2	4.5	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	29.5	11	3	27.3
Escherichia coli	4	9.1	3	0	0
Proteus	2	4.5	2	0	0
Citrobacter	3	6.8	2	0	0
Morganella	1	2.3	0	0	0
Providencia	1	2.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>36</b>	<b>81.8</b>	<b>25</b>	<b>3</b>	<b>12</b>
Candida albicans	4	9.1	0	0	0
Candida parapsilosis	3	6.8	0	0	0
Aspergillo	3	6.8	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	2.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>11</b>	<b>25.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Candida auris*, *Candida* specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

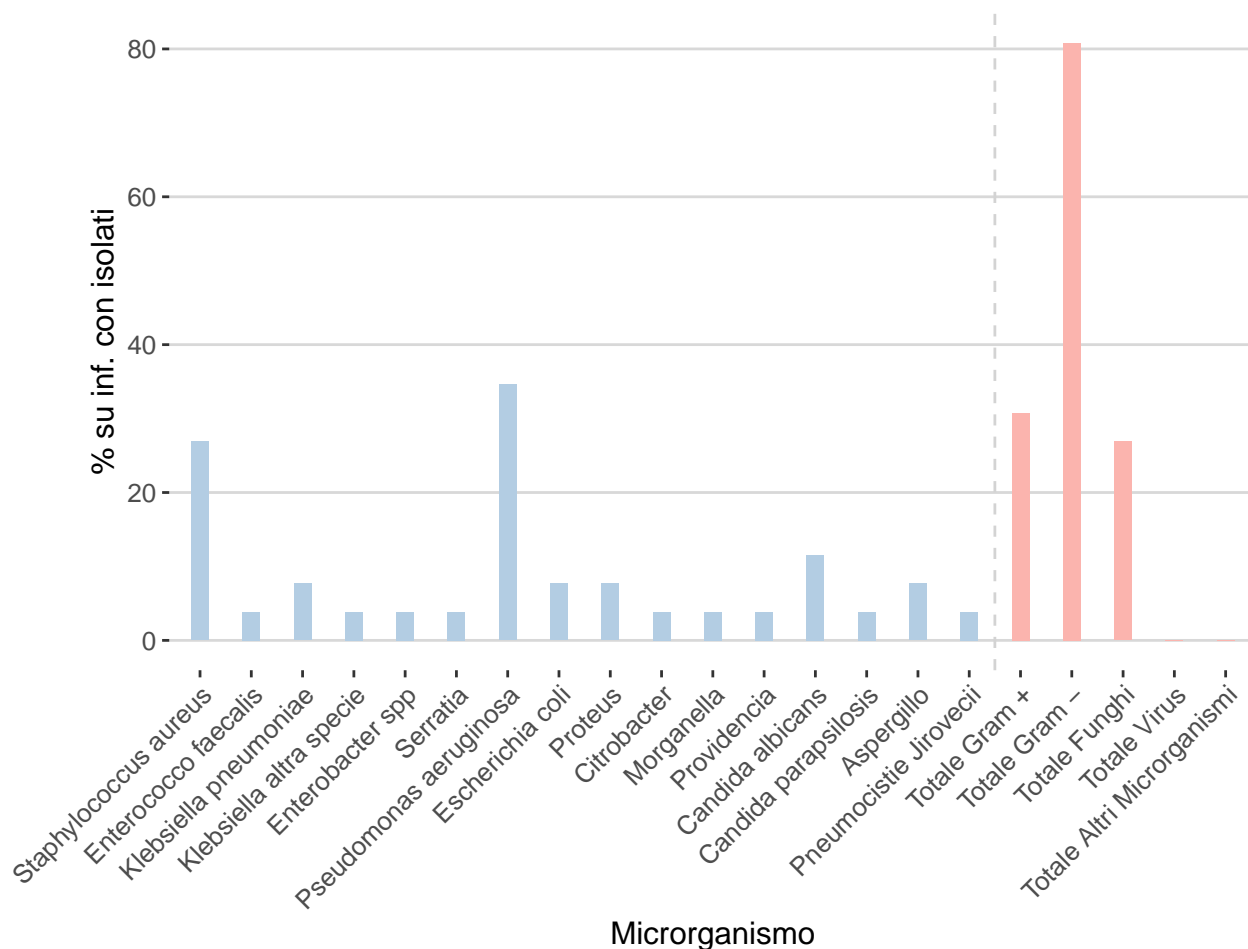
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	10	Imipenem	2	20.00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	11	Meropenem	2	18.18
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	1	Meticillina	1	100.00
<i>Staphylococcus aureus</i>	6	Meticillina	2	33.33

### 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	26	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>26</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>38</b>	

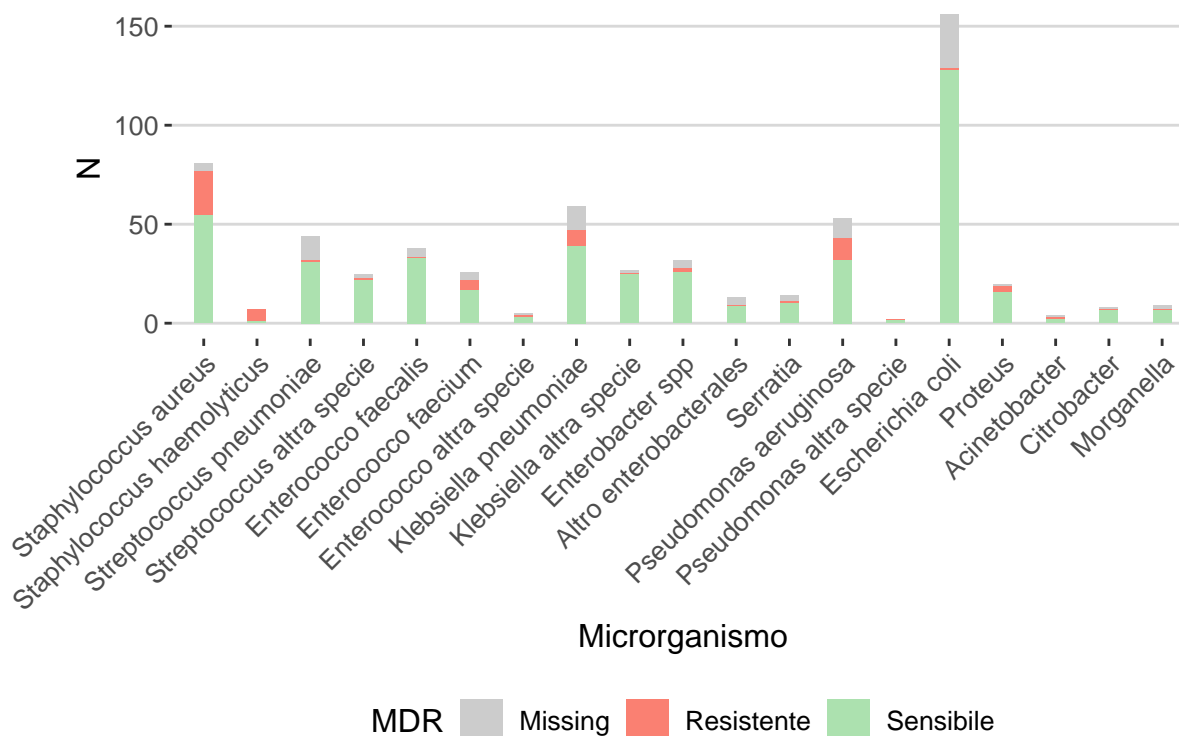
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	7	26.9	6	2	33.3
Enterococco faecalis	1	3.8	1	0	0

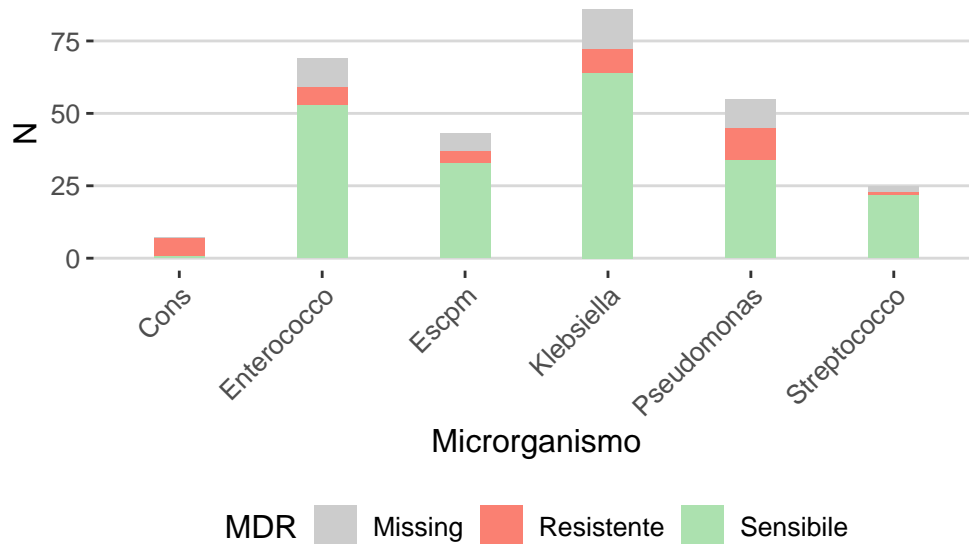
<b>Totale Gram +</b>	<b>8</b>	<b>30.8</b>	<b>7</b>	<b>2</b>	<b>28.6</b>
Klebsiella pneumoniae	2	7.7	1	0	0
Klebsiella altra specie	1	3.8	0	0	0
Enterobacter spp	1	3.8	0	0	0
Serratia	1	3.8	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	9	34.6	8	2	25
Escherichia coli	2	7.7	1	0	0
Proteus	2	7.7	2	0	0
Citrobacter	1	3.8	0	0	0
Morganella	1	3.8	0	0	0
Providencia	1	3.8	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>21</b>	<b>80.8</b>	<b>13</b>	<b>2</b>	<b>15.4</b>
Candida albicans	3	11.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	3.8	0	0	0
Aspergillo	2	7.7	0	0	0
Pneumocistie Jirovecii	1	3.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>26.9</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 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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

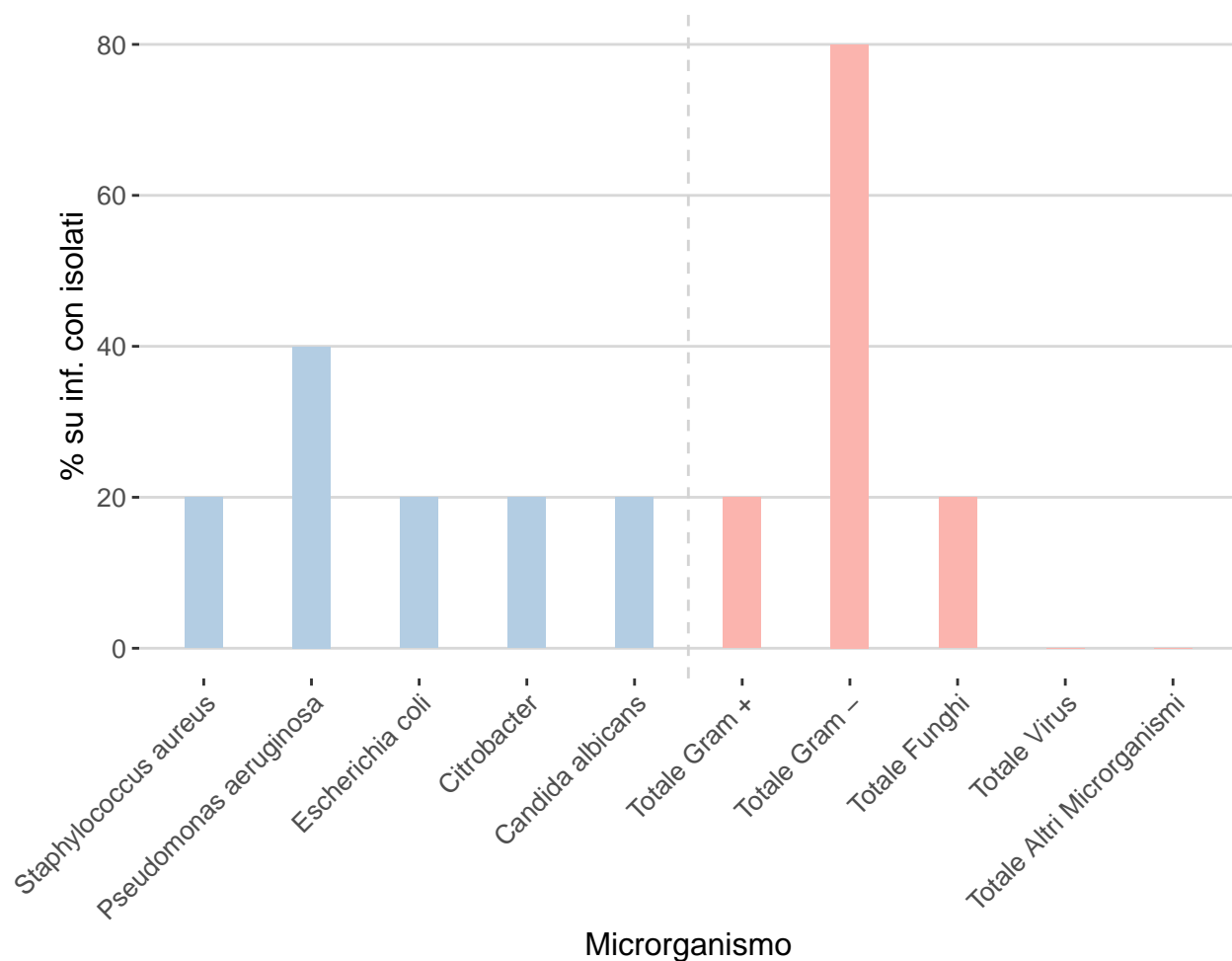
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas aeruginosa	7	Imipenem	1	14.29
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	1	12.50
Staphylococcus aureus	6	Meticillina	2	33.33

### 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	5	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>5</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>7</b>	

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

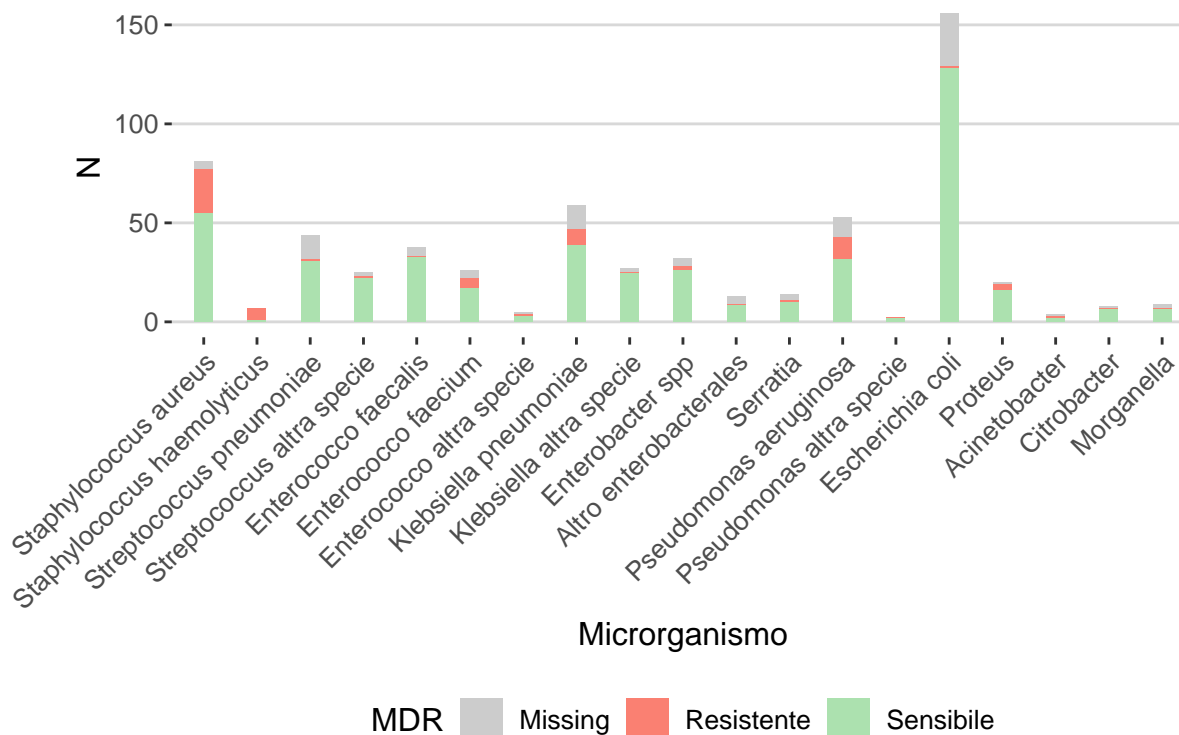


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	20	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>1</b>	<b>20</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Pseudomonas aeruginosa	2	40	2	1	50
Escherichia coli	1	20	1	0	0
Citrobacter	1	20	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>4</b>	<b>80</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>25</b>



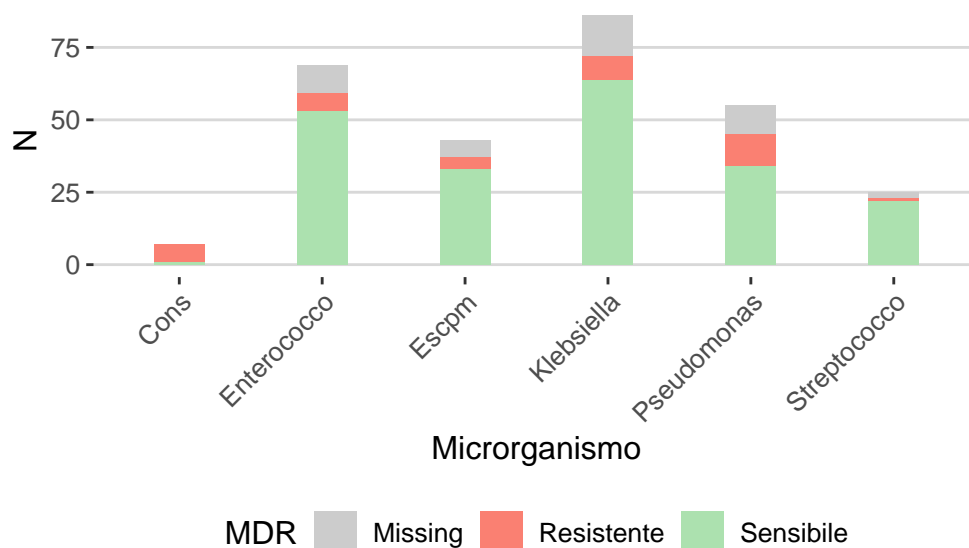
Candida albicans	1	20	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>20</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

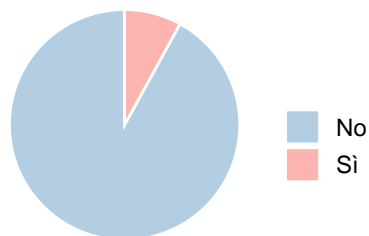
### 12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	%
Pseudomonas aeruginosa	2	Meropenem	1	50

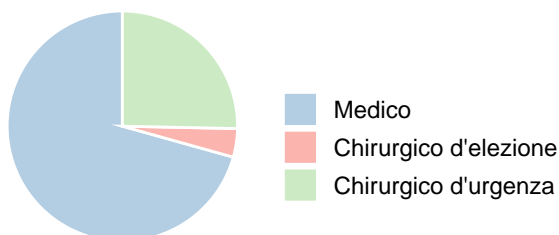
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 75)

### 13.1 Trauma



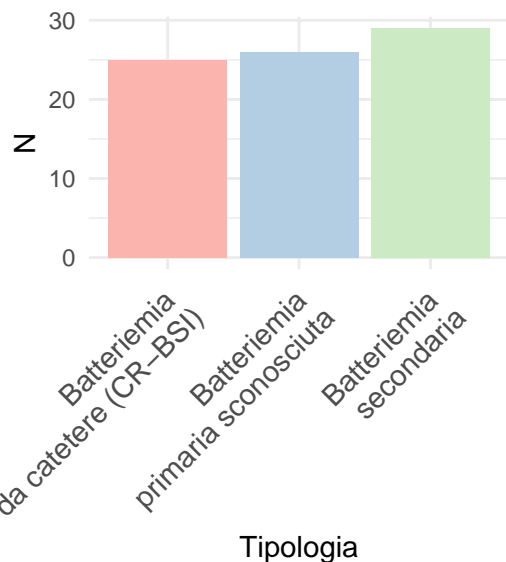
Trauma	N	%
No	69	92.0
Si	6	8.0
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



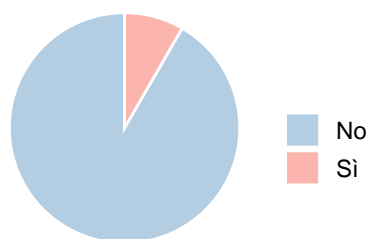
Stato chirurgico	N	%
Medico	53	70.7
Chirurgico d'elezione	3	4.0
Chirurgico d'urgenza	19	25.3
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	26	32.5
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	25	31.2
Batteriemia secondaria	29	36.2
Missing	0	0.0

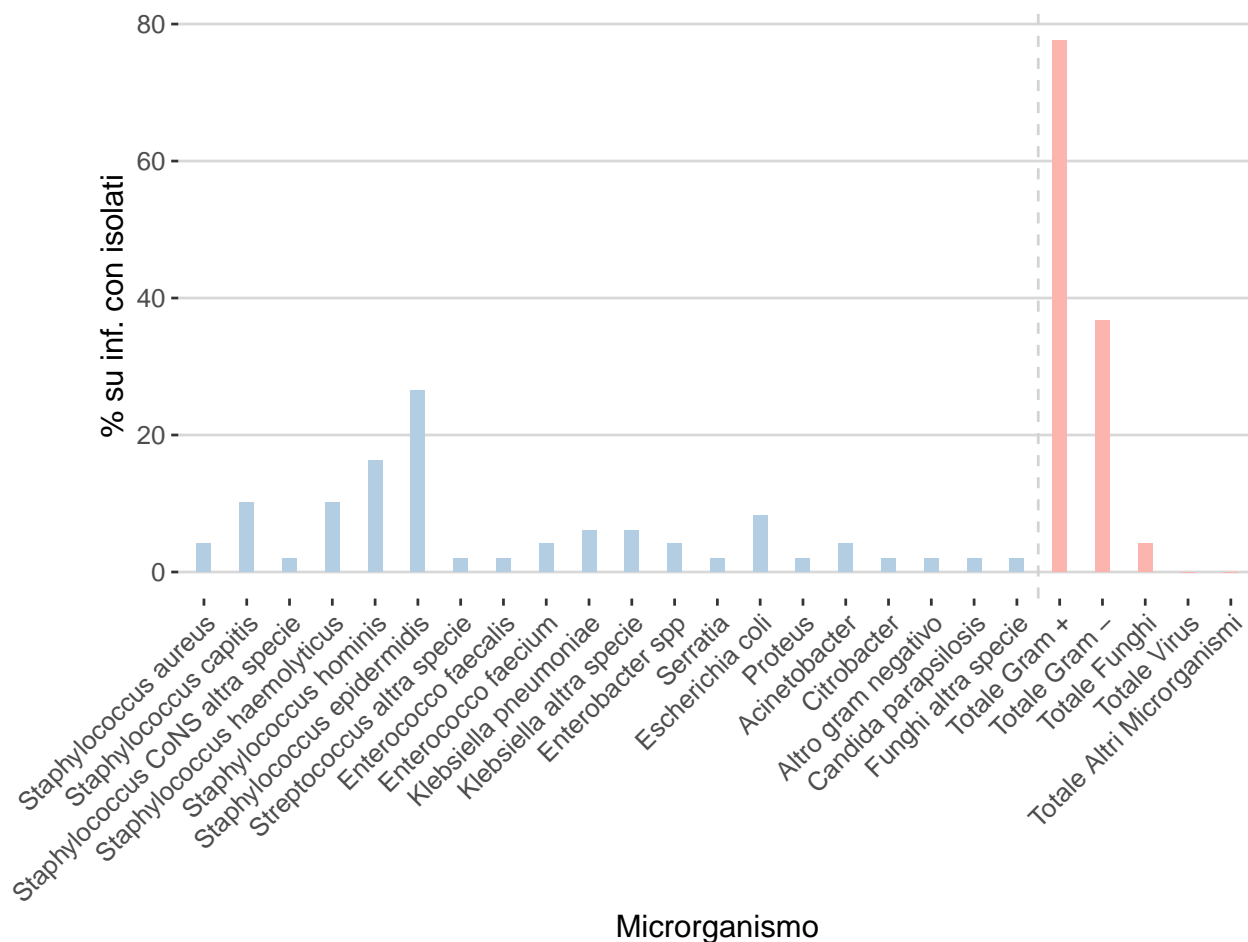
### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	44	91.7
Sì	4	8.3
Missing	3	0

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

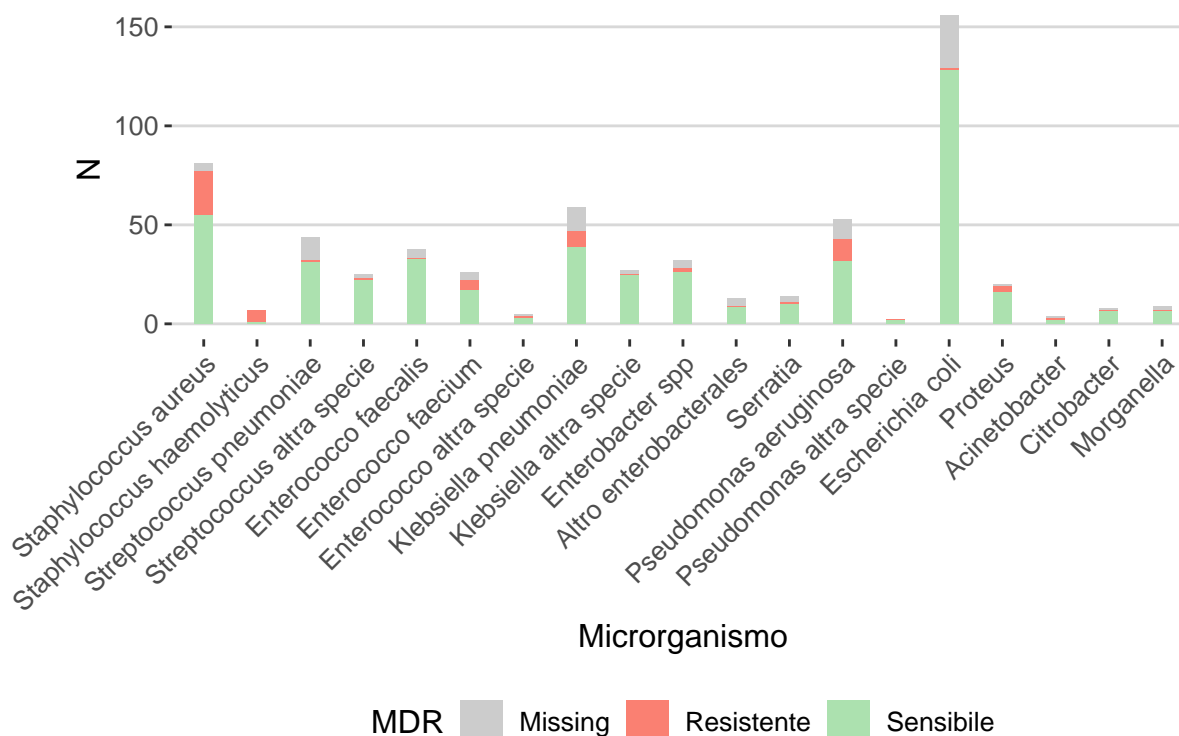
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	4.1	2	1	50
Staphylococcus capitis	5	10.2	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	2.0	0	0	0

Staphylococcus haemolyticus	5	10.2	5	4	80
Staphylococcus hominis	8	16.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	26.5	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	2.0	1	0	0
Enterococco faecalis	1	2.0	1	0	0
Enterococco faecium	2	4.1	2	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>38</b>	<b>77.6</b>	<b>11</b>	<b>5</b>	<b>45.5</b>
Klebsiella pneumoniae	3	6.1	2	1	50
Klebsiella altra specie	3	6.1	2	0	0
Enterobacter spp	2	4.1	2	0	0
Serratia	1	2.0	1	0	0
Escherichia coli	4	8.2	4	0	0
Proteus	1	2.0	1	0	0
Acinetobacter	2	4.1	0	0	0
Citrobacter	1	2.0	1	0	0
Altro gram negativo	1	2.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>18</b>	<b>36.7</b>	<b>13</b>	<b>1</b>	<b>7.7</b>
Candida parapsilosis	1	2.0	0	0	0
Funghi altra specie	1	2.0	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>4.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

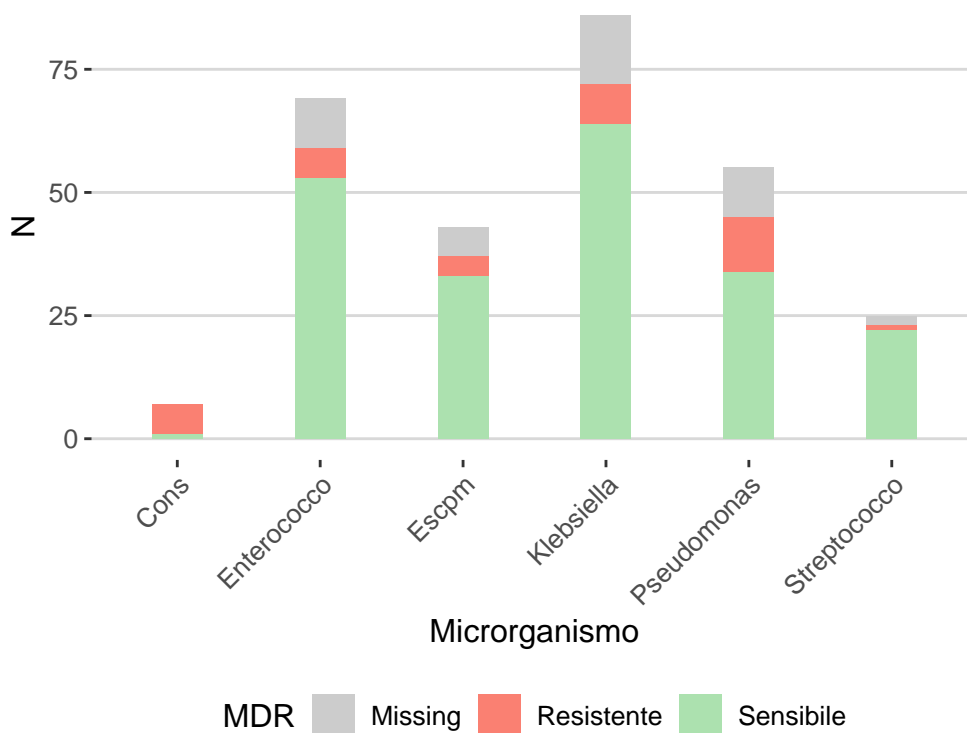
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



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

auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

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

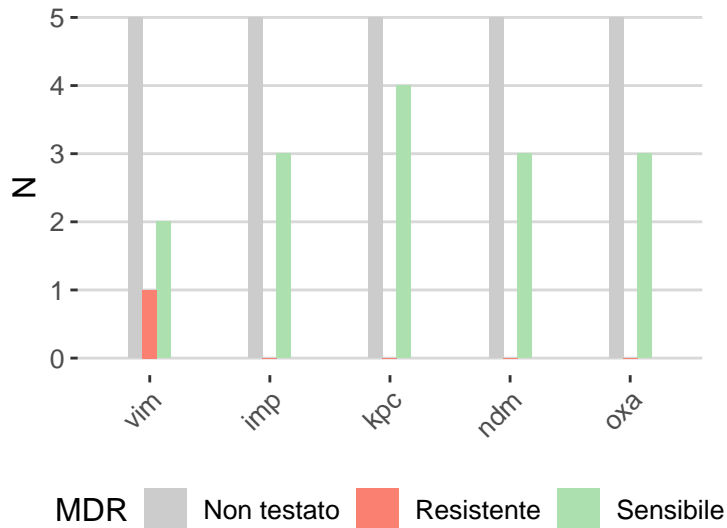
Staphylococcus aureus                      2    Meticillina                                      1    50

### 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.

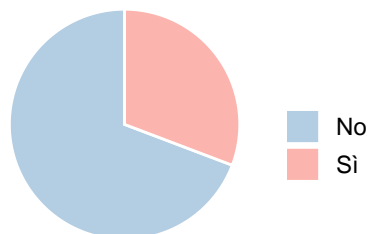
	N	%
Sì	1	11.11
No	3	33.33
Non testato	5	55.56
Missing	6	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	5
kpc	0	0	4	5
ndm	0	0	3	5
oxa	0	0	3	5
vim	1	100	2	5



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 26)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	18	69.2
Si	8	30.8
Missing	0	0

### 14.2 Incidenza di batteriemia ( origine sconosciuta )

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima CI ( 95% )	1.5 1.0 - 2.2	1.0 % 0.7 - 1.5

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

Il primo:

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

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

Il secondo:

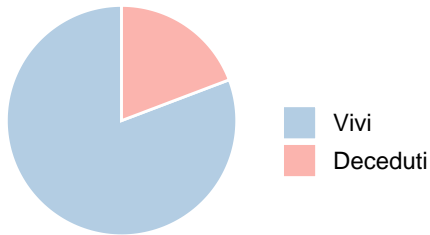
$$* \text{ Incidenza BO} = \frac{\text{Numero di pazienti con BO}}{(\text{Numero pazienti ricoverati})/7} \times 100$$

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

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

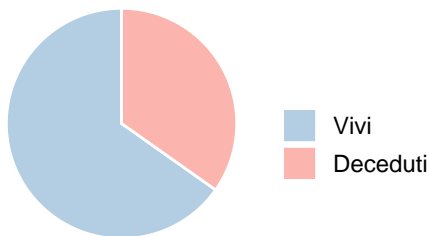


### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	21	80.8
Deceduti	5	19.2
Missing	0	0

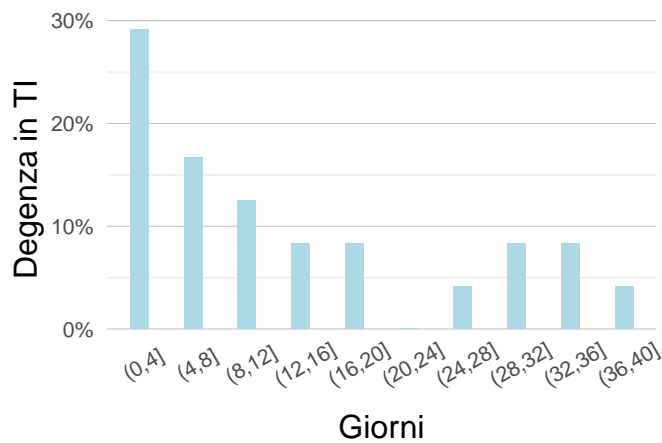
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	15	65.2
Deceduti	8	34.8
Missing	3	0

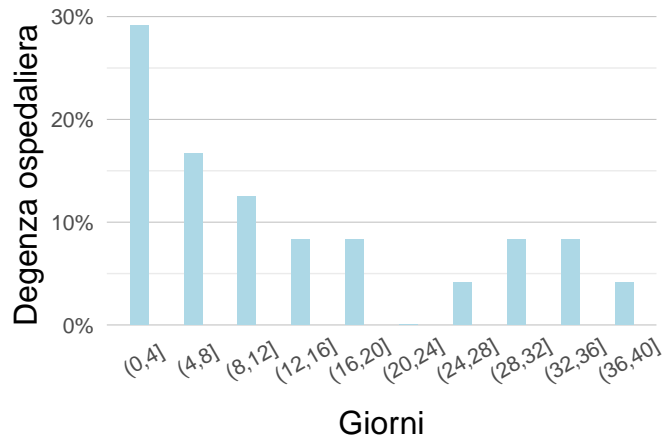
\* Statistiche calcolate su 26 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	17.4 (16.7)
Mediana (Q1-Q3)	11.5 (4.5-28.2)
Missing	0

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*



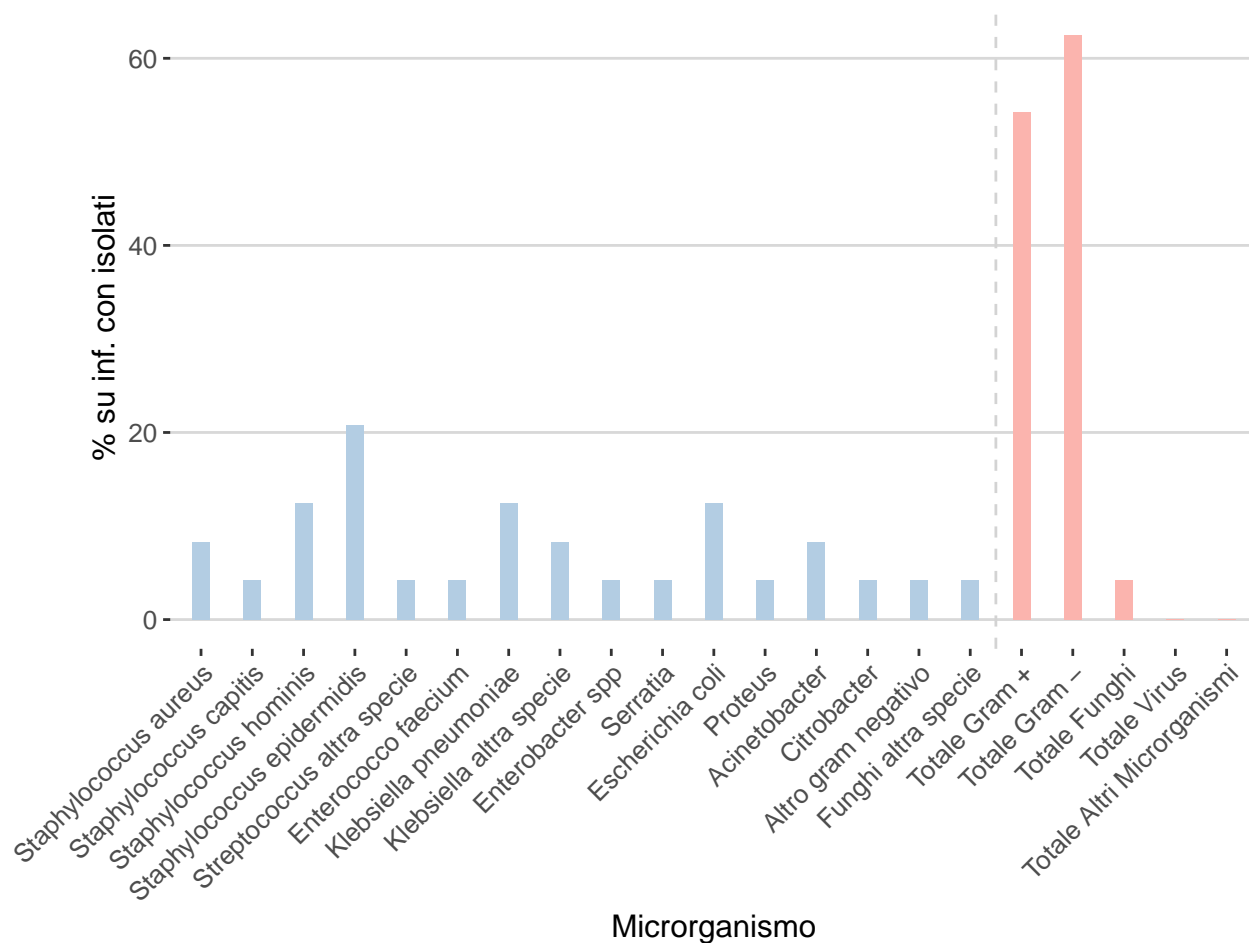
Indicatore	Valore
Media (DS)	35.7 (32.3)
Mediana (Q1-Q3)	24 (9.5-59)
Missing	3

\* Statistiche calcolate su 26 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

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

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

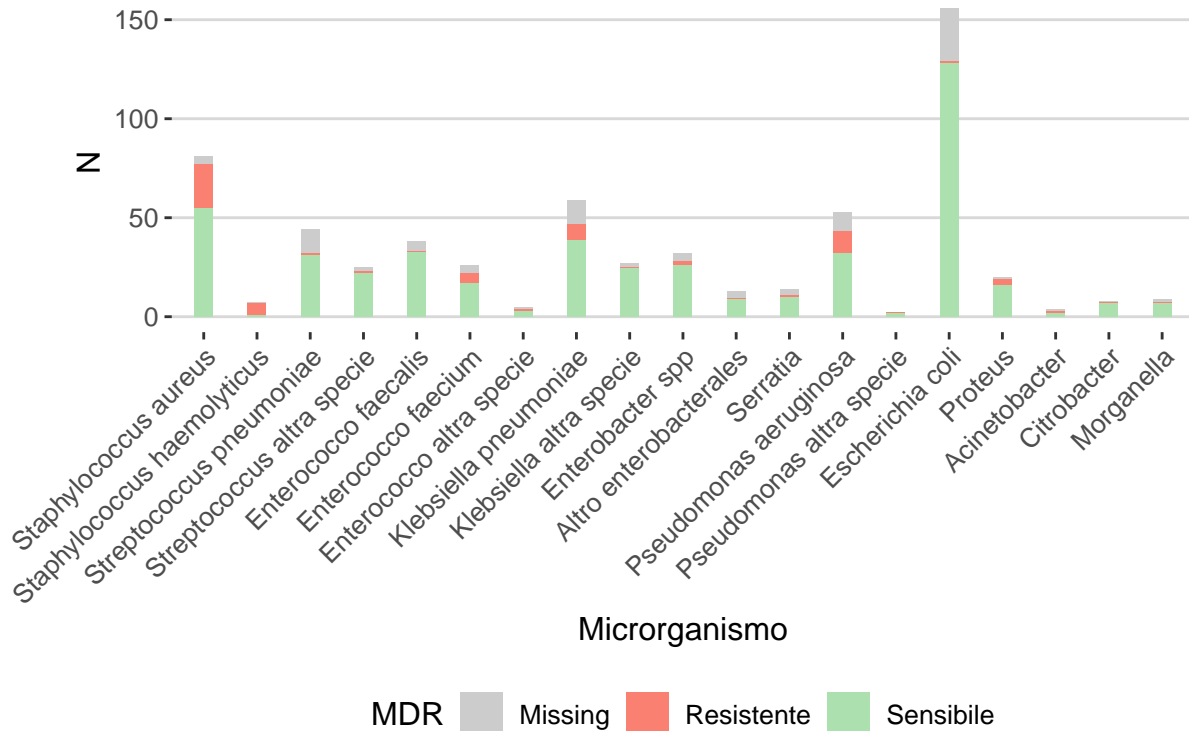
14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN  
DEGENZA (N = 26)



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	8.3	2	1	50
Staphylococcus capitis	1	4.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	12.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	20.8	0	0	0
Streptococcus altra specie	1	4.2	1	0	0
Enterococco faecium	1	4.2	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>13</b>	<b>54.2</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	3	12.5	2	1	50
Klebsiella altra specie	2	8.3	1	0	0
Enterobacter spp	1	4.2	1	0	0
Serratia	1	4.2	1	0	0
Escherichia coli	3	12.5	3	0	0
Proteus	1	4.2	1	0	0
Acinetobacter	2	8.3	0	0	0
Citrobacter	1	4.2	1	0	0
Altro gram negativo	1	4.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>15</b>	<b>62.5</b>	<b>10</b>	<b>1</b>	<b>10</b>
Funghi altra specie	1	4.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>4.2</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>

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

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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

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

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

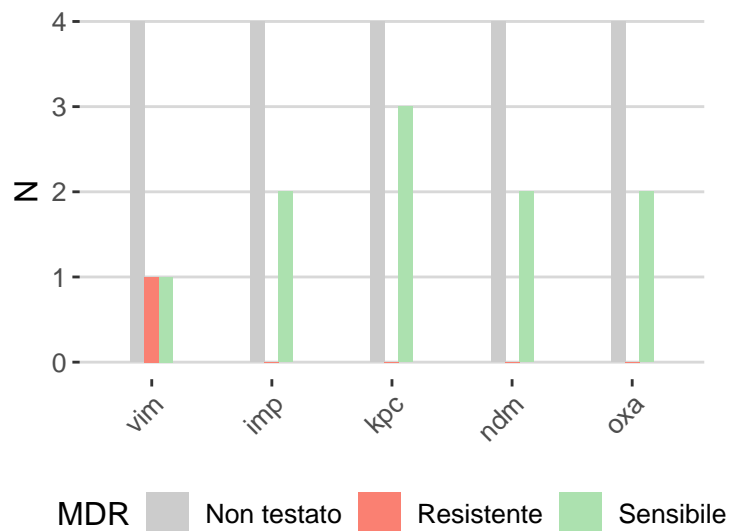
**14.7.2 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacteriales isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza**

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

14 PAZIENTI CON BATTERIEMIA PRIMARIA (ORIGINE SCONOSCIUTA) IN DEGENZA (N = 26)

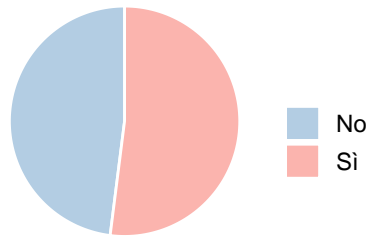
	N	%
Sì	1	14.29
No	2	28.57
Non testato	4	57.14
Missing	5	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	2	4
kpc	0	0	3	4
ndm	0	0	2	4
oxa	0	0	2	4
vim	1	100	1	4



## 15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 25)

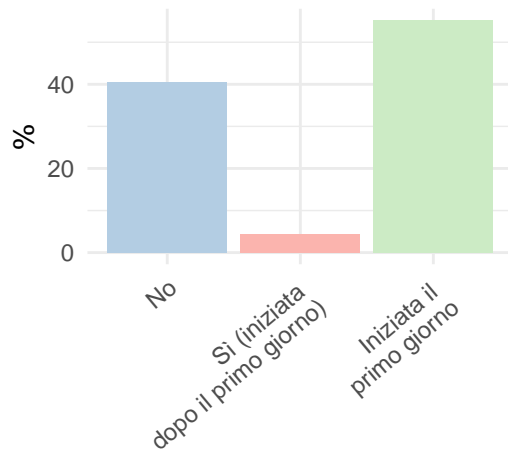
### 15.1 Infezione multisito



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

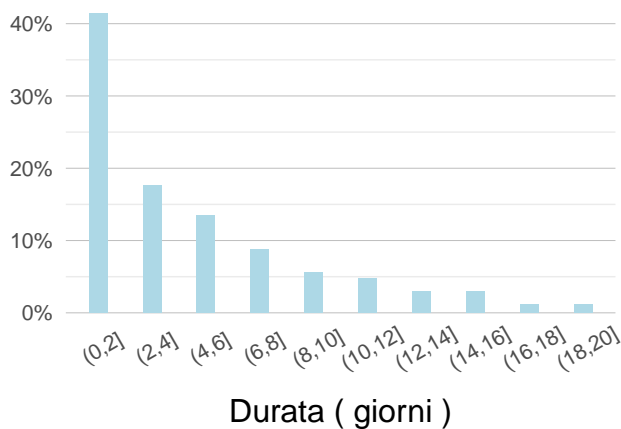
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 3691 )



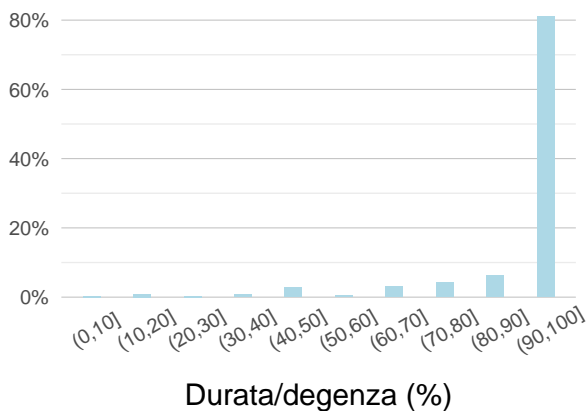
Cvc	N	%
No	1490	40.5
Sì	2185	59.5
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>2039</b>	<b>55.2</b>
Missing	16	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



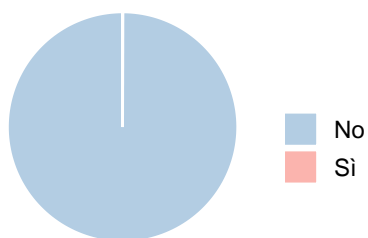
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.4 (8.4)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-8)
Missing	1

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



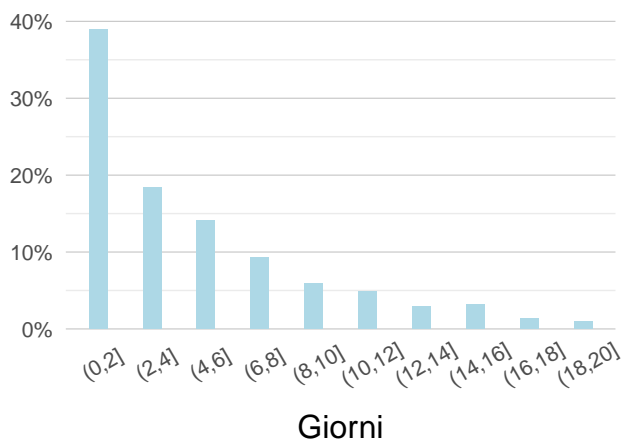
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.6 (15.7)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	1

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 3691 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	3675	100.0
Si	1	0.0
Missing	15	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	25
Media (DS)	12.6 (11.3)
Mediana (Q1-Q3)	10 (7-16)
Missing	0

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.8	1.3 %
CI ( 95% )	1.2 - 2.7	0.8 - 1.9

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

Il primo:

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

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

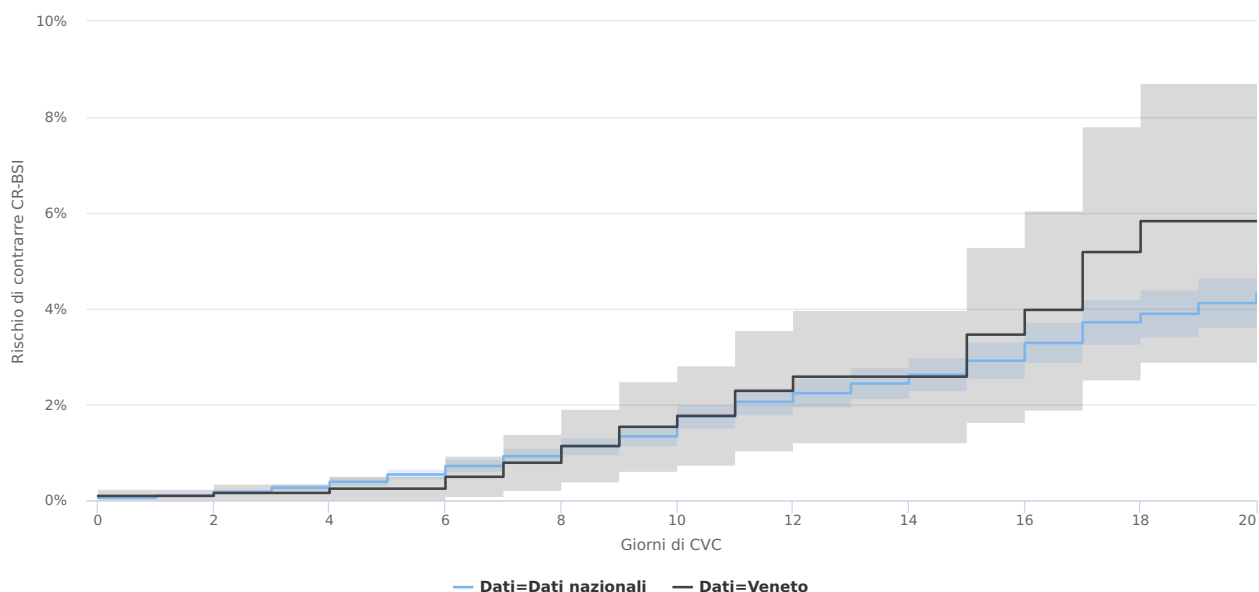
Il secondo invece:

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

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

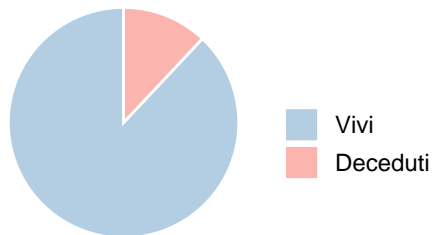
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

## 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI



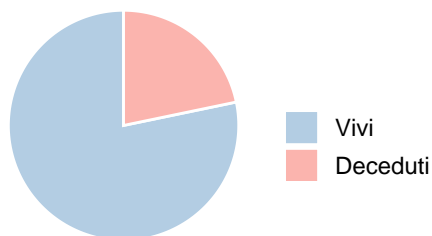


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	22	88.0
Deceduti	3	12.0
Missing	0	0

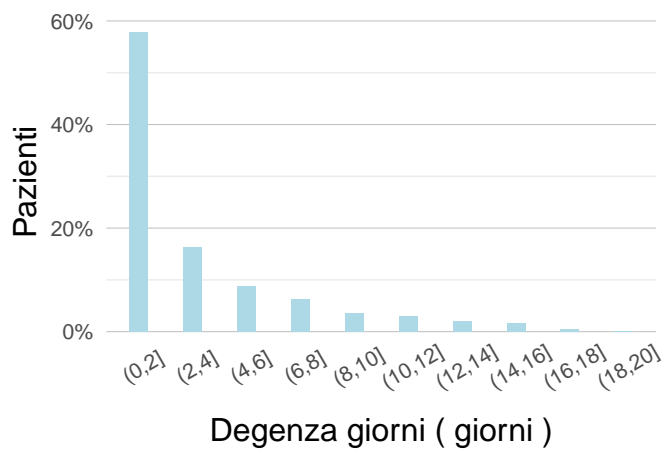
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	18	78.3
Deceduti	5	21.7
Missing	0	0

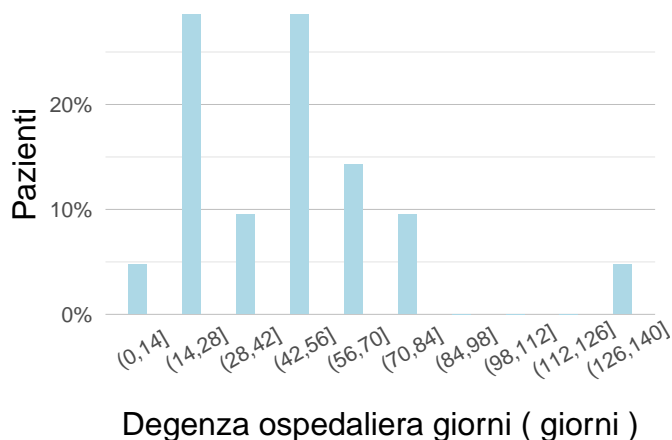
\* Statistiche calcolate su 23 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.5 (26.1)
Mediana (Q1-Q3)	25 (18-36)
Missing	0

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	56.2 (44.1)
Mediana (Q1-Q3)	48 (24.5-65.5)
Missing	0

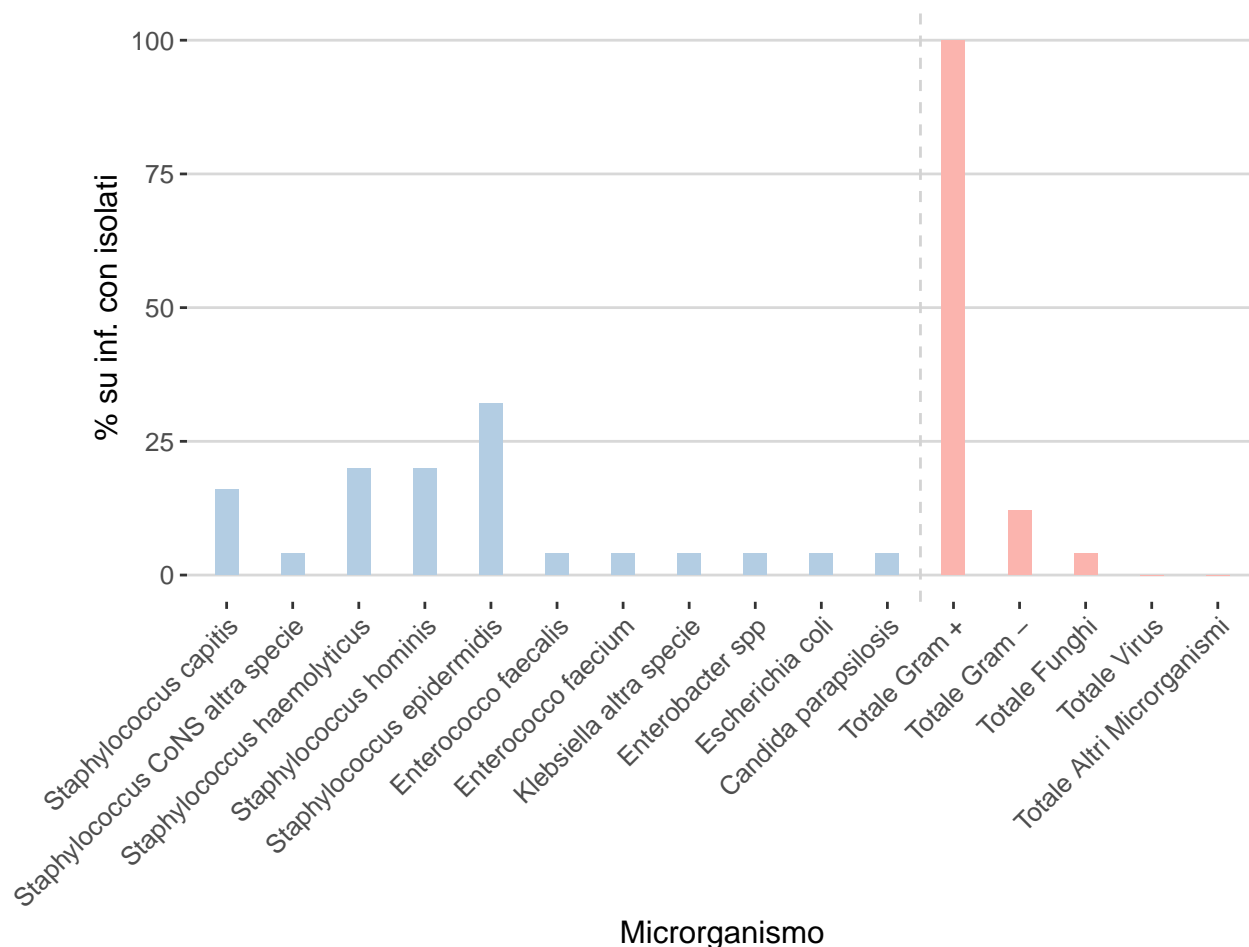
\* Statistiche calcolate su 23 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

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

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

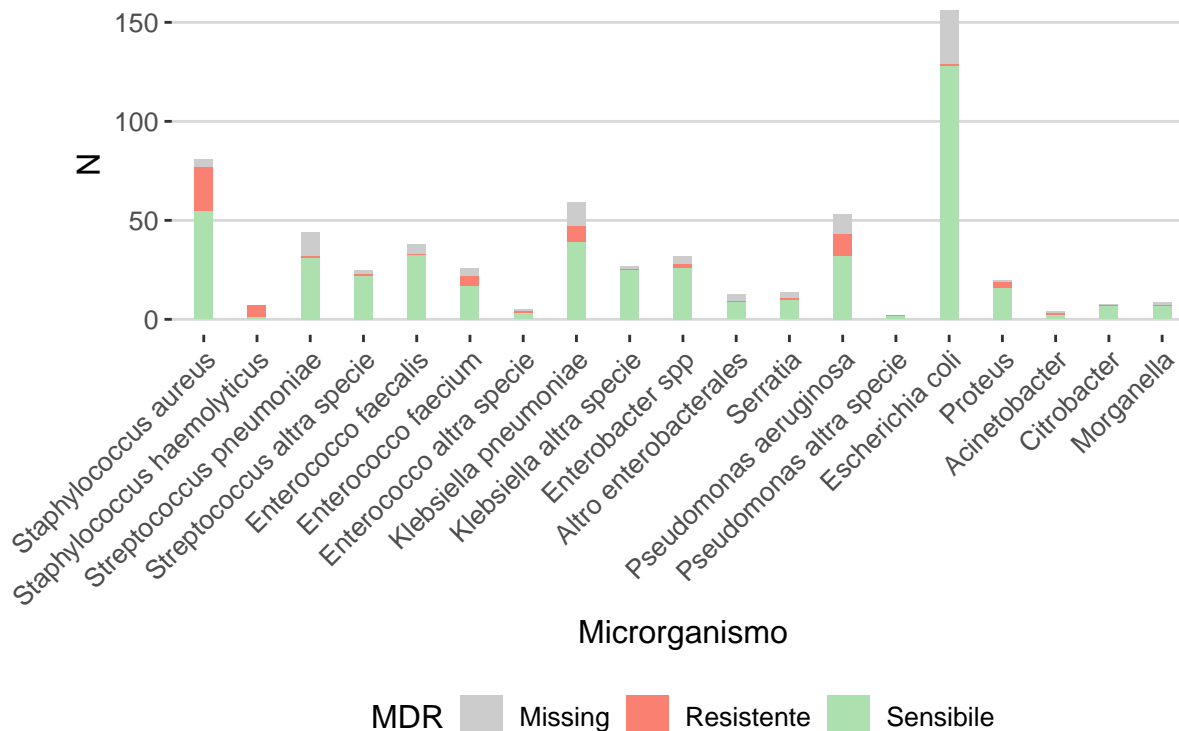
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	25	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>25</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>31</b>	

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.



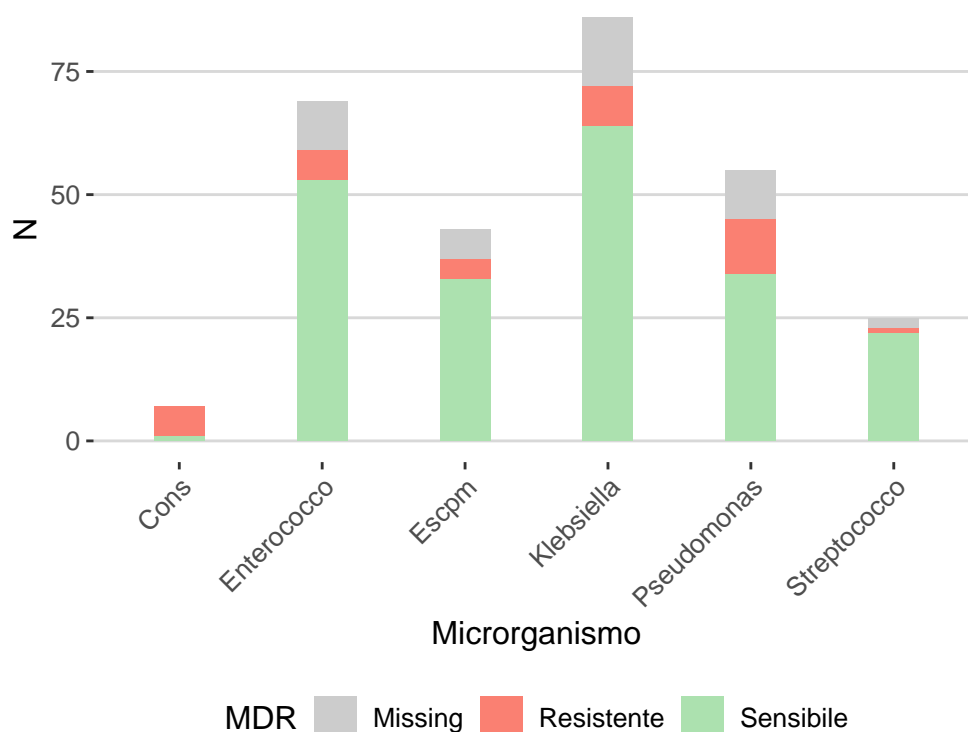
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus capitis	4	16	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	4	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	5	20	5	4	80
Staphylococcus hominis	5	20	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	8	32	0	0	0
Enterococco faecalis	1	4	1	0	0
Enterococco faecium	1	4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>25</b>	<b>100</b>	<b>7</b>	<b>4</b>	<b>57.1</b>
Klebsiella altra specie	1	4	1	0	0
Enterobacter spp	1	4	1	0	0
Escherichia coli	1	4	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>3</b>	<b>12</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Candida parapsilosis	1	4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri 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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

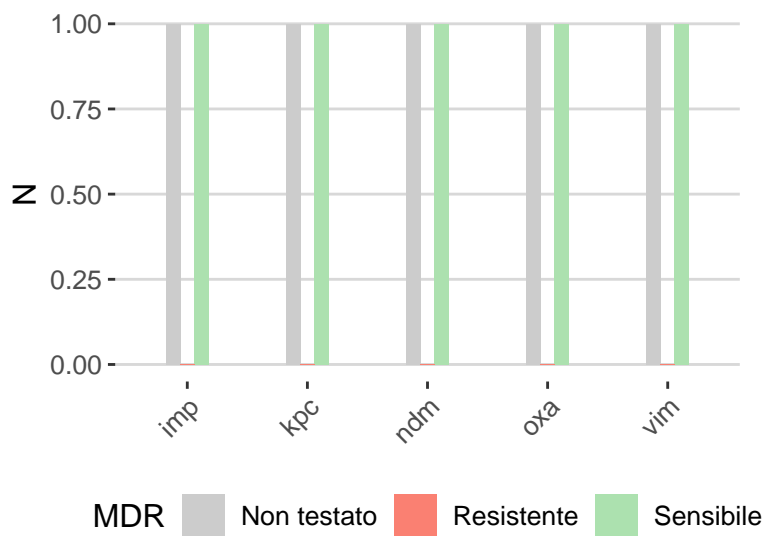
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Staphylococcus haemolyticus	5	Meticillina	4	80

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

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

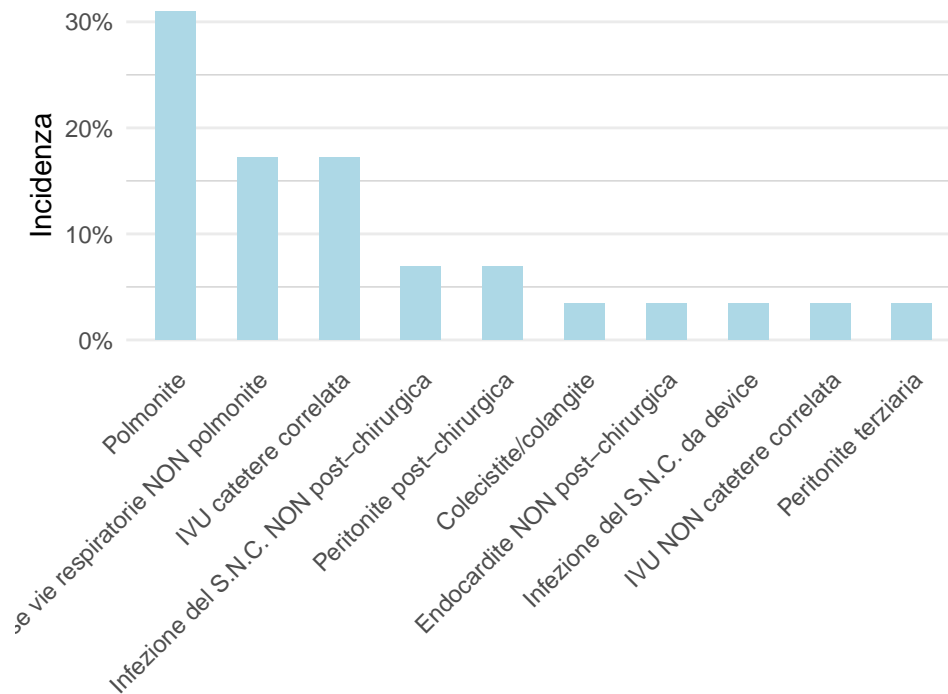
	N	%
Sì	0	0
No	1	50
Non testato	1	50
Missing	1	

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



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 29)

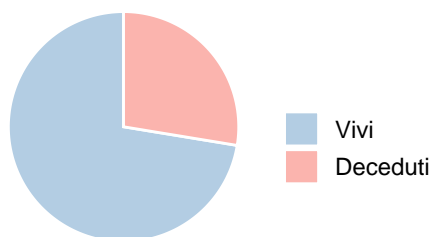
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



Infezioni ( top 10 )

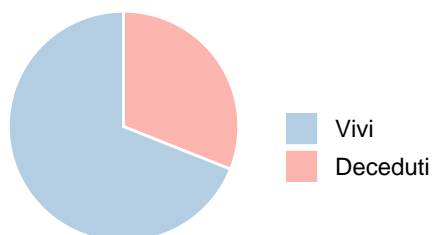
Infezione	N	%
Polmonite	9	31
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	5	17.2
IVU catetere correlata	5	17.2
Infezione del S.N.C. NON post-chirurgica	2	6.9
Peritonite post-chirurgica	2	6.9
Infezione del S.N.C. da device	1	3.4
Endocardite NON post-chirurgica	1	3.4
Peritonite terziaria	1	3.4
IVU NON catetere correlata	1	3.4
Colecistite/colangite	1	3.4
Missing	1	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	21	72.4
Deceduti	8	27.6
Missing	0	0

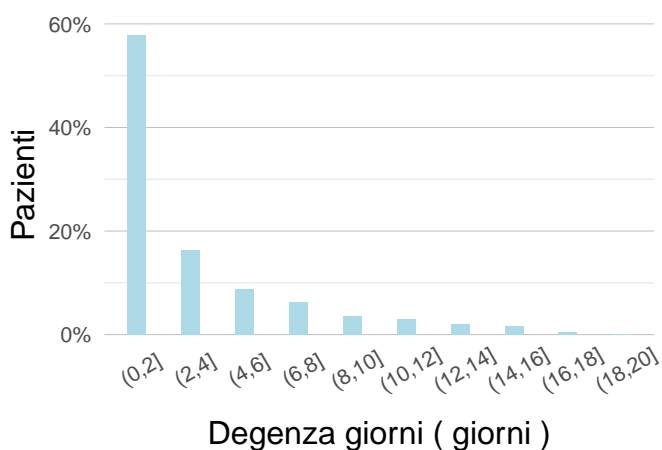
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	20	69.0
Deceduti	9	31.0
Missing	0	0

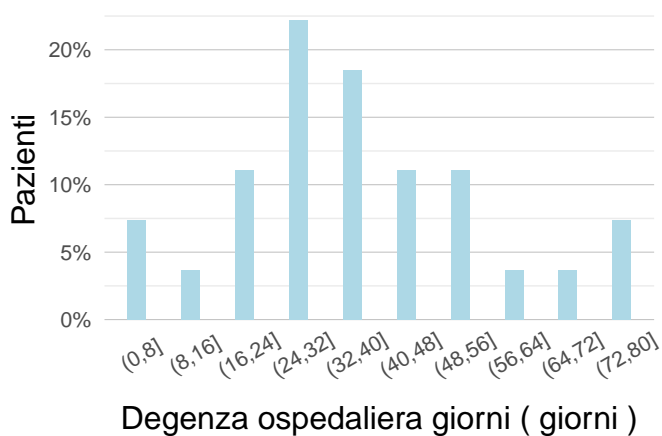
\* Statistiche calcolate su 29 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	29.8 (26.7)
Mediana (Q1-Q3)	19 (11-41)
Missing	0

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	44.9 (33.1)
Mediana (Q1-Q3)	35 (27-54)
Missing	0



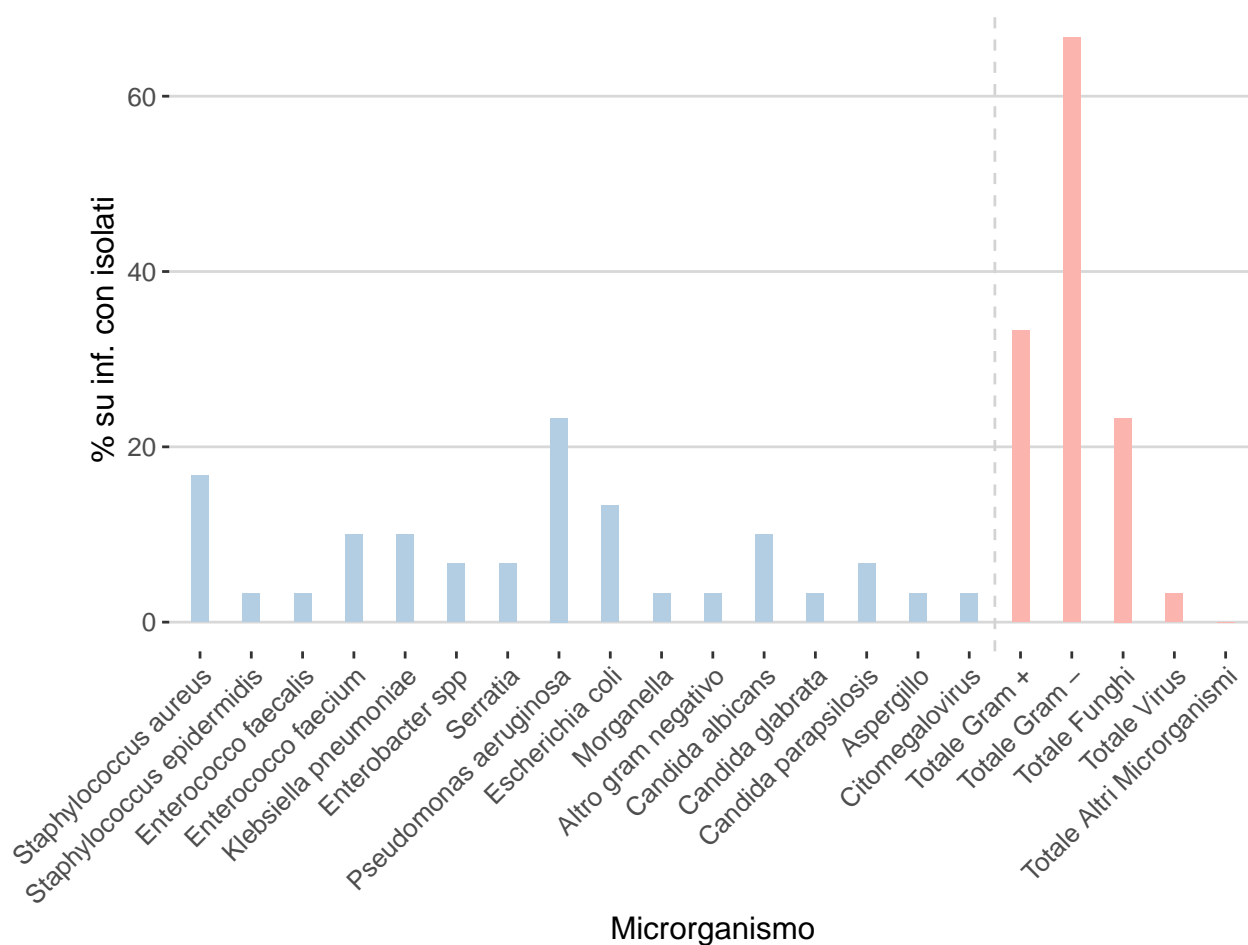
\* Statistiche calcolate su 29 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 16.6 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	30	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>30</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>40</b>	

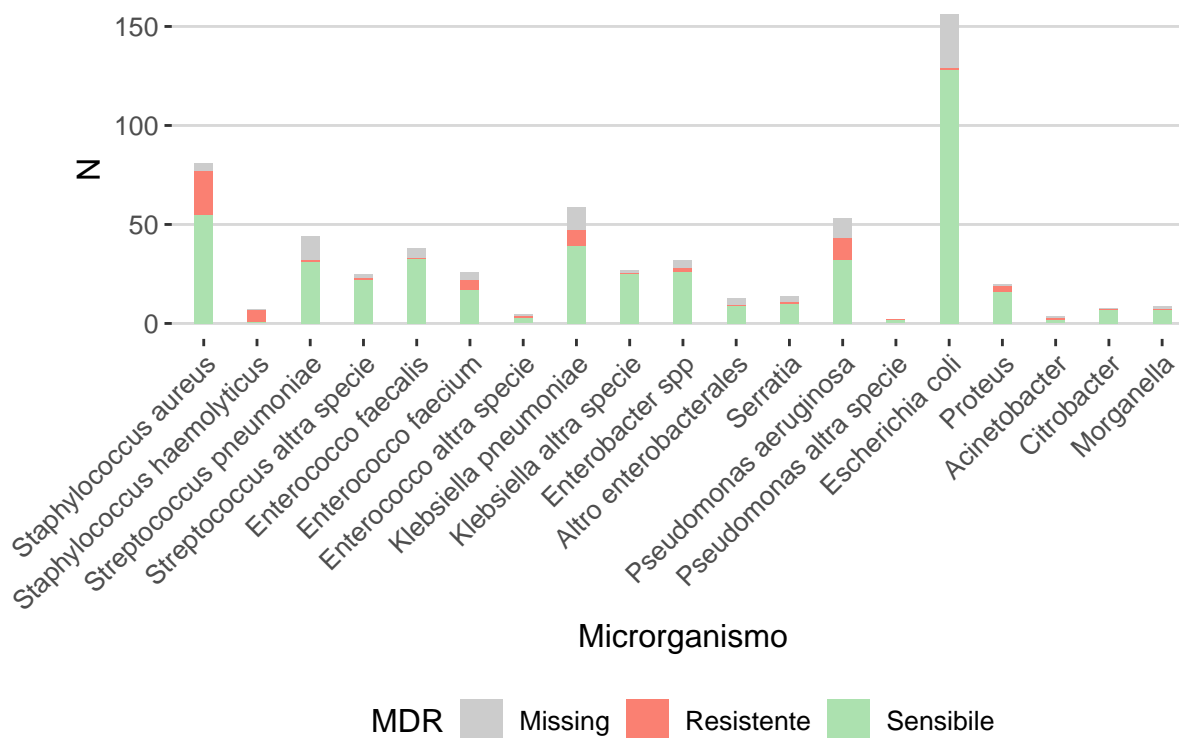
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

Staphylococcus aureus	5	16.7	5	1	20
Staphylococcus epidermidis	1	3.3	0	0	0
Enterococco faecalis	1	3.3	1	0	0
Enterococco faecium	3	10.0	3	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>10</b>	<b>33.3</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Klebsiella pneumoniae	3	10.0	1	0	0
Enterobacter spp	2	6.7	2	0	0
Serratia	2	6.7	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	23.3	3	1	33.3
Escherichia coli	4	13.3	1	0	0
Morganella	1	3.3	0	0	0
Altro gram negativo	1	3.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>20</b>	<b>66.7</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>14.3</b>
Candida albicans	3	10.0	0	0	0
Candida glabrata	1	3.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	6.7	0	0	0
Aspergillo	1	3.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>23.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Citomegalovirus	1	3.3	0	0	0
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>3.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

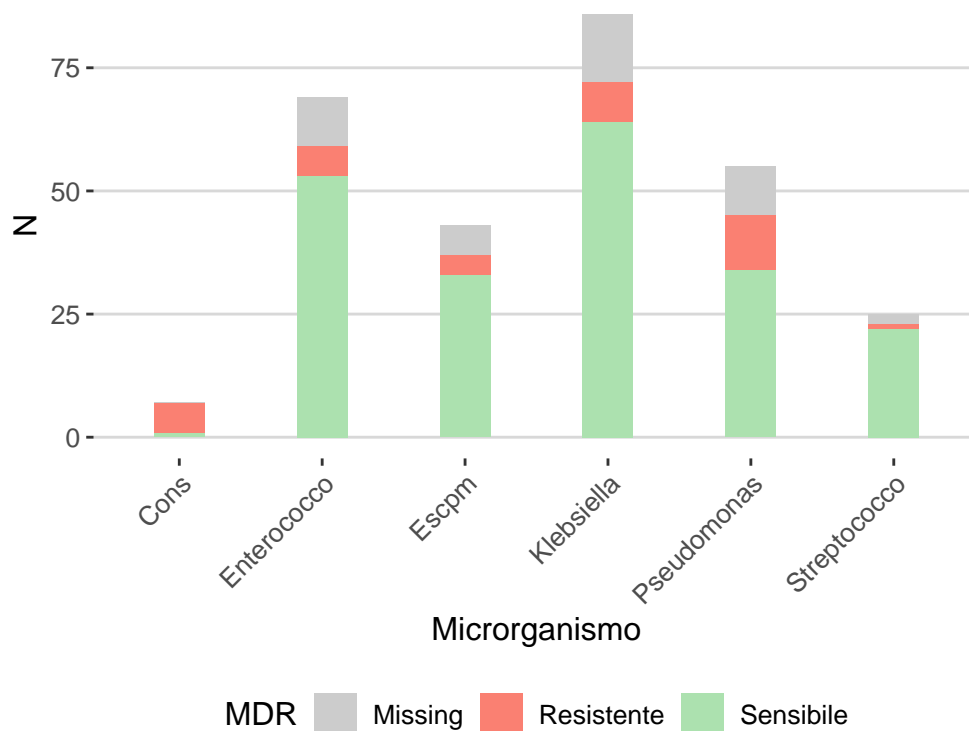
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda

la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

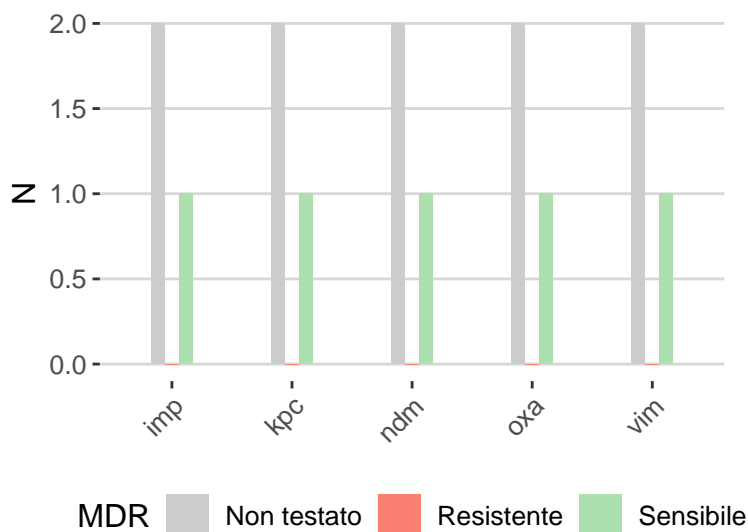
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	1	33.33
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	1	33.33
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20.00

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	1	33.33
Non testato	2	66.67
Missing	9	

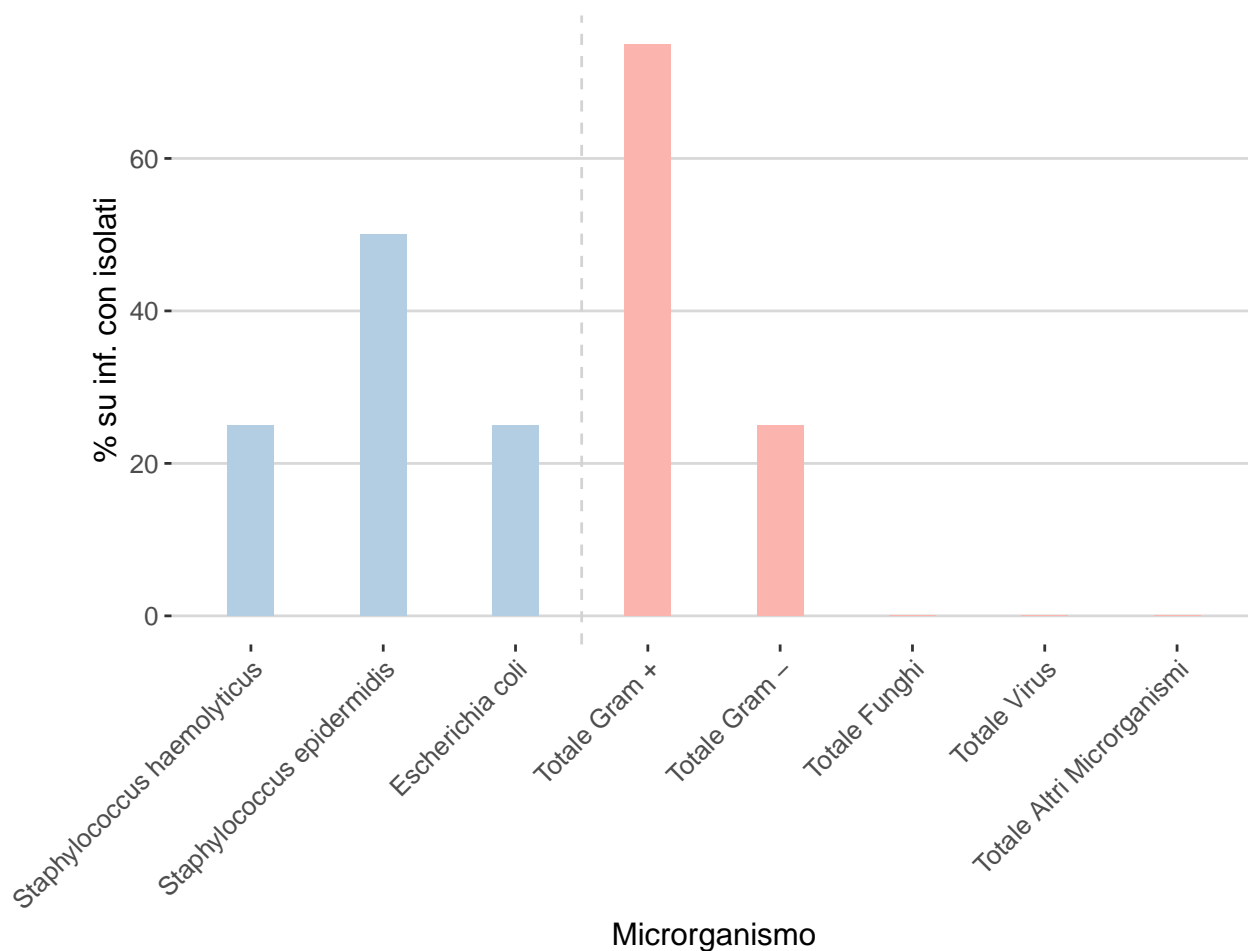
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	2
kpc	0	0	1	2
ndm	0	0	1	2
oxa	0	0	1	2
vim	0	0	1	2



## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 4)

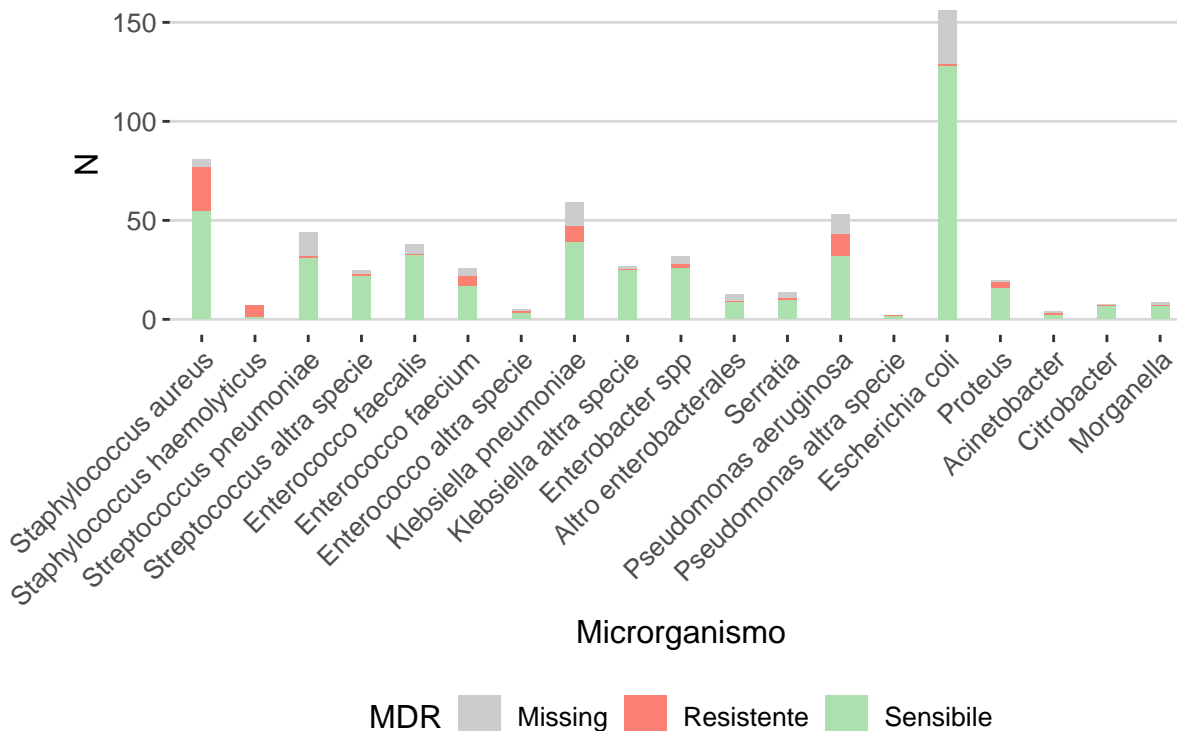
### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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



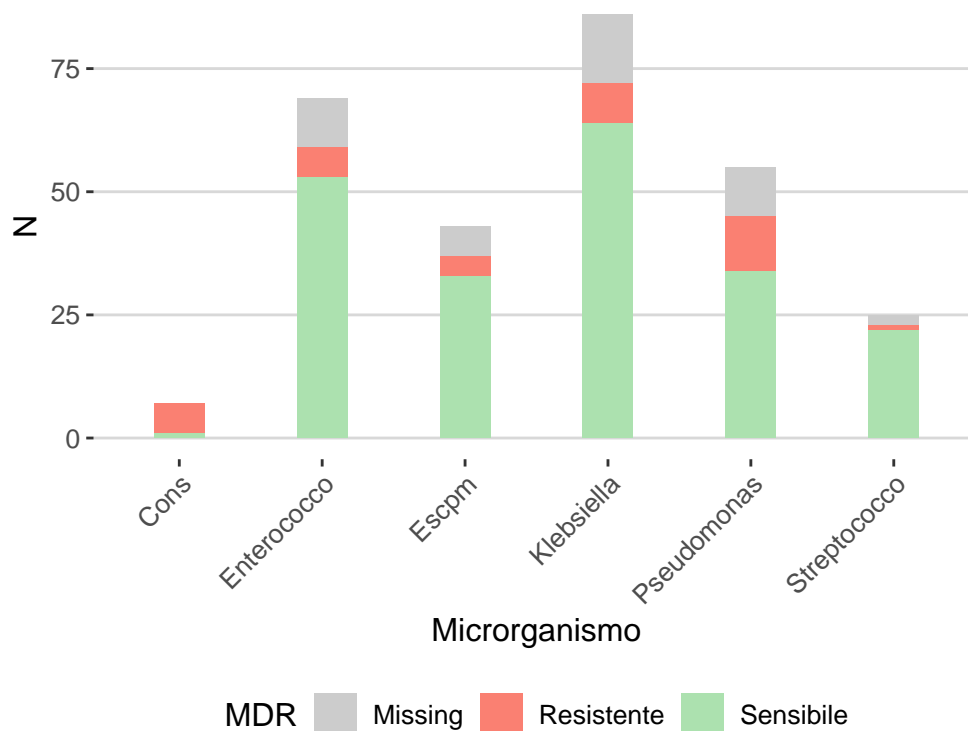
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	25	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	50	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>3</b>	<b>75</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Escherichia coli	1	25	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>1</b>	<b>25</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0</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 ( Candida auris, Candida specie non determinata, Influenza altro A, Influenza B ). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	7	7	1	6	85.71	0
Enterococco	69	59	53	6	10.17	10
Escpm	43	37	33	4	10.81	6
Klebsiella	86	72	64	8	11.11	14
Pseudomonas	55	45	34	11	24.44	10
Streptococco	25	23	22	1	4.35	2

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

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

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

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

## Appendice

### Definizione di MDR

Per microrganismo MDR intendiamo un microrganismo che presenti almeno una delle resistenze ai relativi antibiotici elencati in tabella:

Microrganismo	Antibiotico
Klebsiella pneumoniae	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Klebsiella altra specie	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Citrobacter	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Enterobacter spp	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Altro enterobacterales	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Escherichia coli	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Morganella	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Proteus	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Serratia	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Acinetobacter	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Pseudomonas aeruginosa	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Pseudomonas altra specie	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Staphylococcus haemolyticus	Meticillina
Staphylococcus aureus	Meticillina
Streptococcus pneumoniae	Penicillina
Streptococcus altra specie	Penicillina
Enterococco faecalis	Vancomicina
Enterococco faecium	Vancomicina
Enterococco altra specie	Vancomicina

## Raggruppamento Microrganismi

Il seguente raggruppamento è stato pensato per fornire una visualizzazione delle categorie principali di microrganismi, che sono state così definite:

- **Cons:** Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis
- **Streptococco:** Streptococcus pyogenes, Streptococcus agalactiae, Streptococcus altra specie
- **Enterococco:** Enterococco faecalis, Enterococco faecium, Enterococco altra specie
- **Klebsiella:** Klebsiella pneumoniae, Klebsiella altra specie
- **Escpm:** Proteus, Serratia, Providencia, Morganella
- **Pseudomonas:** Pseudomonas aeruginosa, Pseudomonas altra specie
- **Atipici:** Clamidia, Emofilo, Legionella
- **Candida:** Candida albicans, Candida auris, Candida glabrata, Candida krusei, Candida parapsilosis, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Candida altra specie