



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



Progetto Sorveglianza Infezioni

Petalo Infection Light



Anno 2023

Regione Marche 6 TI

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

Progetto Sorveglianza Infezioni

Contents

Petalo Infectionlight	4
1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti	5
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
2 Tutti i pazienti (N = 1337)	13
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI (giorni)	13
2.4 Provenienza (reparto)	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI (giorni)	17
2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	17
3 Pazienti infetti (N = 527)	18
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
4 Pazienti non infetti (N = 796)	19
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI (giorni)	19
4.4 Provenienza (reparto)	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI (giorni)	23
4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *	23

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE	24
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 451)	25
5.1 Provenienza (reparto)	25
5.2 Trauma	25
5.3 Stato Chirurgico	25
5.4 Motivo di ammissione	26
5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)	26
5.6 Infezione multisito	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione	27
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 78)	32
6.1 Tipologia di peritonite	32
6.2 Tipo di infezione	32
6.3 Infezione batteriémica	32
6.4 Infezioni multisito	33
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *	33
6.6 Mortalità in TI	33
6.7 Mortalità ospedaliera *	33
6.8 Degenza in TI (giorni)	34
6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*	34
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione	35
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 163)	39
7.1 Trauma	39
7.2 Stato Chirurgico	39
7.3 Tipo di infezione	39
7.4 Infezione batteriémica	40
7.5 Infezioni multisito	40
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *	40
7.7 Mortalità in TI	41
7.8 Mortalità ospedaliera *	41
7.9 Degenza in TI (giorni)	41
7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*	42
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti	42
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI	46
PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA	51
8 Pazienti infetti in degenza (N = 148)	52
8.1 Sesso	52
8.2 Età	52
8.3 Degenza Pre TI (giorni)	52
8.4 Provenienza (reparto)	53
8.5 Trauma	53
8.6 Stato Chirurgico	53
8.7 Motivo di ammissione	54
8.8 Insufficienza neurologica	54
8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore	54
8.10 Insufficienza neurologica insorta	55
8.11 Mortalità in TI	55
8.12 Mortalità ospedaliera *	55
8.13 Degenza in TI (giorni)	56
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*	56

8.15	Infezioni in degenza (top 10)	57
8.16	Infezione multisito	57
8.17	Infezioni in degenza	58
8.18	Giorni per contrarre l'infezione	58
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2	58
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti	59
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza	61
9	Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 72)	66
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza	66
10	Pazienti infetti solo in degenza (N = 76)	71
10.1	Gravità massima dell'infezione	71
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione	71
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza	71
10.4	Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza	76
11	Pazienti con polmonite in degenza (N = 74)	77
11.1	Trauma	77
11.2	Stato Chirurgico	77
11.3	Infezione batteriémica	77
11.4	Infezioni multisito	78
11.5	Nuovi episodi oltre il primo	78
11.6	Polmonite associata a ventilazione (VAP) *	78
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza	79
12	Pazienti con VAP in degenza (N = 66)	81
12.1	VAP precoce	81
12.2	Diagnosi	81
12.3	Criteri diagnostici microbiologici	82
12.4	Fattori di rischio per VAP (N = 1337)	83
12.5	Giorni di VM pre-VAP	84
12.6	Incidenza di VAP	84
12.7	Mortalità in TI	85
12.8	Mortalità ospedaliera *	86
12.9	Degenza in TI (giorni)	86
12.10	Degenza ospedaliera (giorni) *	86
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP	87
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe	90
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)	93
13	Pazienti con batteriémia in degenza (N = 26)	97
13.1	Trauma	97
13.2	Stato Chirurgico	97
13.3	Tipologia	97
13.4	Nuovi episodi oltre il primo	98
13.5	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriémia in degenza	98
14	Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 7)	102
14.1	Infezioni multisito	102
14.2	Incidenza di batteriémia (origine sconosciuta)	102
14.3	Mortalità in TI	103
14.4	Mortalità ospedaliera *	103
14.5	Degenza in TI (giorni)	103
14.6	Degenza ospedaliera (giorni) *	104

14.7	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza	104
15	Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 13)	108
15.1	Infezione multisito	108
15.2	Fattori di rischio	108
15.3	Giorni di CVC pre-batteriemia	109
15.4	Incidenza di CR-BSI (Catheter-related bloodstream infection)	110
15.5	Rischio di contrarre CR-BSI	110
15.6	Mortalità in TI	111
15.7	Mortalità ospedaliera *	111
15.8	Degenza in TI (giorni)	111
15.9	Degenza ospedaliera (giorni)*	112
15.10	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza	112
16	Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 9)	117
16.1	Infezioni associate (top 10)	117
16.2	Mortalità in TI	117
16.3	Mortalità ospedaliera *	118
16.4	Degenza in TI (giorni)	118
16.5	Degenza ospedaliera (giorni)*	118
16.6	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza	119
17	Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 1)	122
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)	122
Appendice		125
	Definizione di MDR	125
	Raggruppamento Microrganismi	125

Petalo Infectionlight

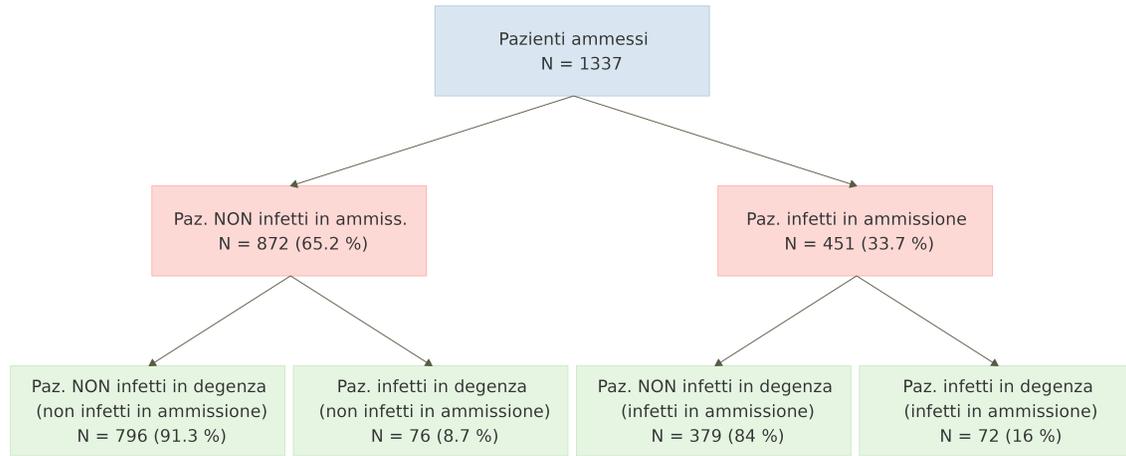
Anno 2023

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

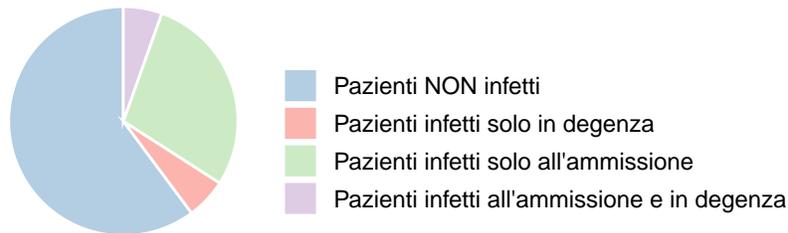
Popolazione complessiva: 6 TI

TI Marche

1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



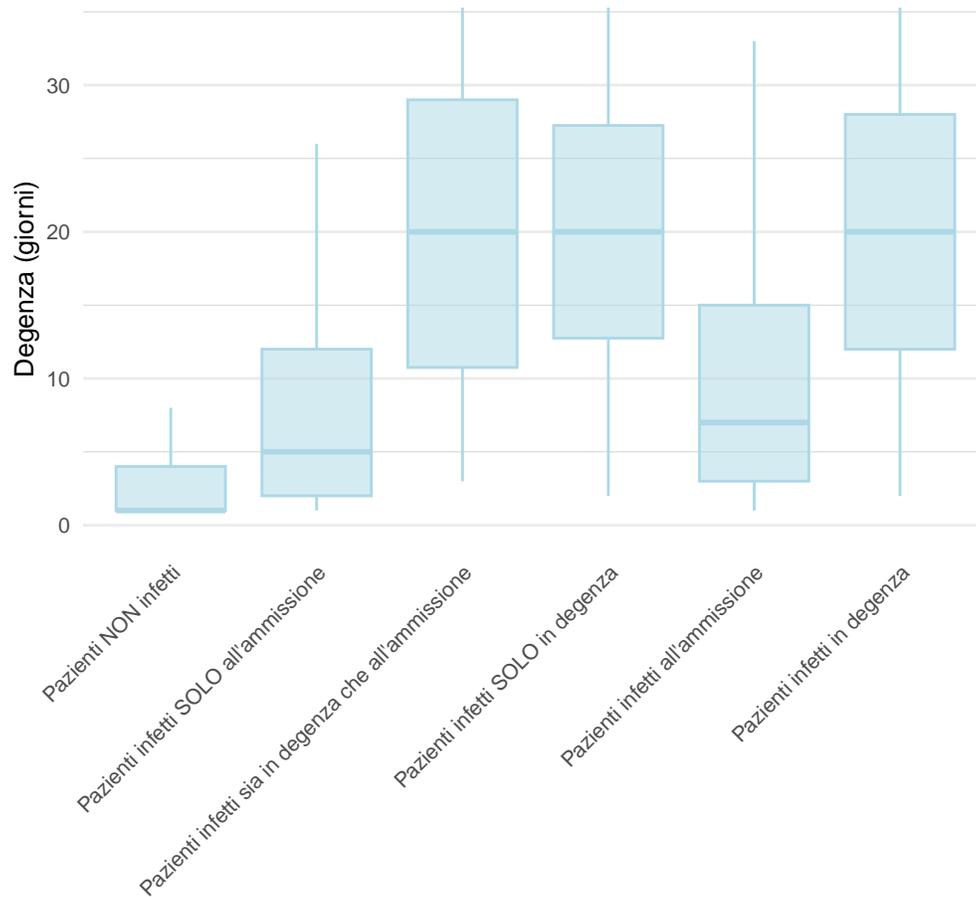
Per N = 14 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	796	60.2
Pazienti infetti solo in degenza	76	5.7
Pazienti infetti solo all'ammissione	379	28.6
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	72	5.4

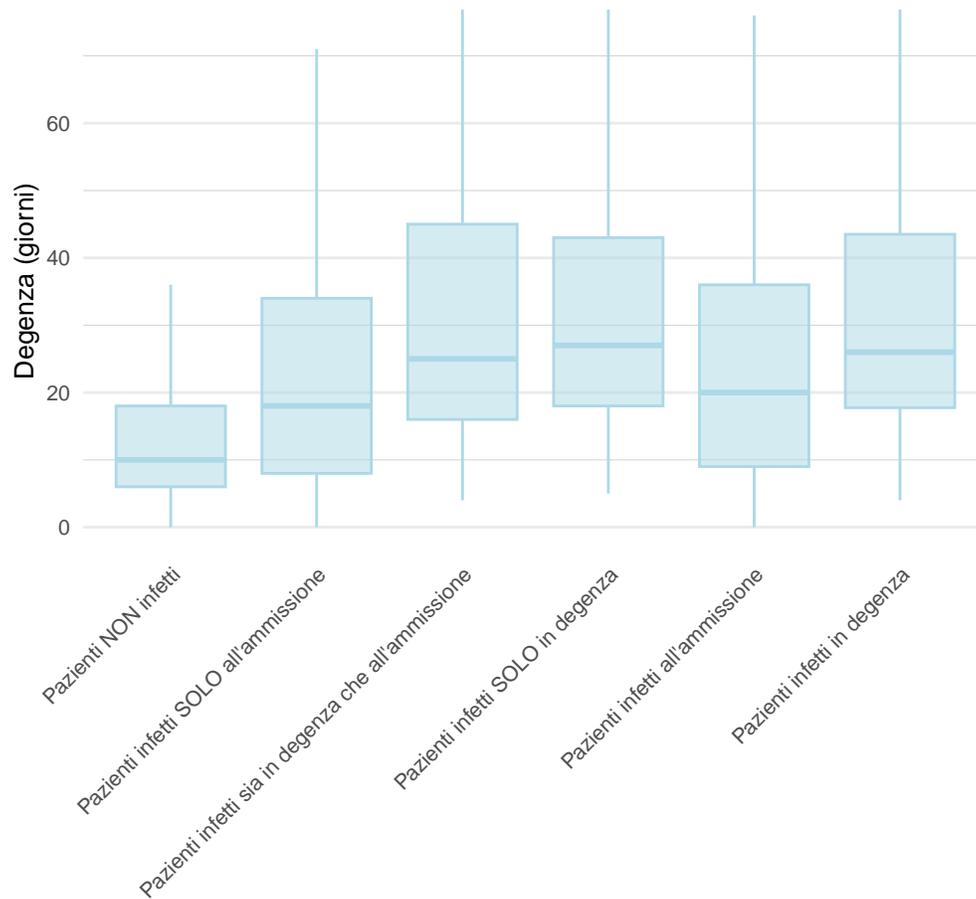
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1323).

1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	796	59.5	1	(1 - 4)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	379	28.3	5	(2 - 12)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	72	5.4	20	(11 - 29)
Pazienti infetti SOLO in degenza	76	5.7	20	(13 - 27)
Pazienti infetti all'ammissione	451	33.7	7	(3 - 15)
Pazienti infetti in degenza	148	11.1	20	(12 - 28)

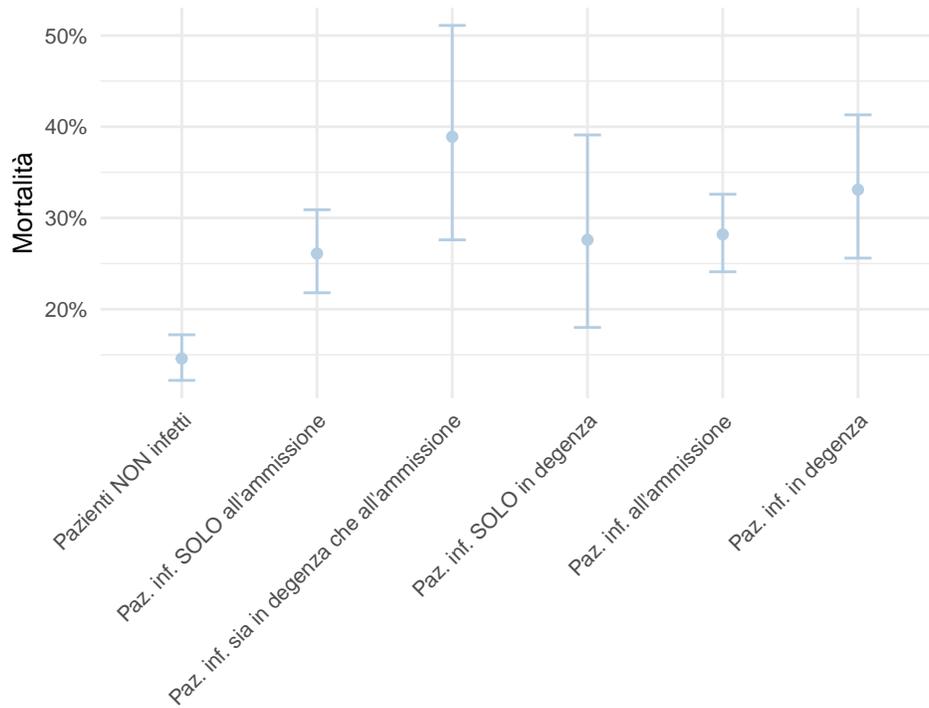
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *



Degenza ospedaliera (giorni)				
Pazienti	N	%	Mediana	(Q1 - Q3)
Pazienti NON infetti	796	59.5	10	(6 - 18)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	379	28.3	18	(8 - 34)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	72	5.4	25	(16 - 45)
Pazienti infetti SOLO in degenza	76	5.7	27	(18 - 43)
Pazienti infetti all'ammissione	451	33.7	20	(9 - 36)
Pazienti infetti in degenza	148	11.1	26	(18 - 44)

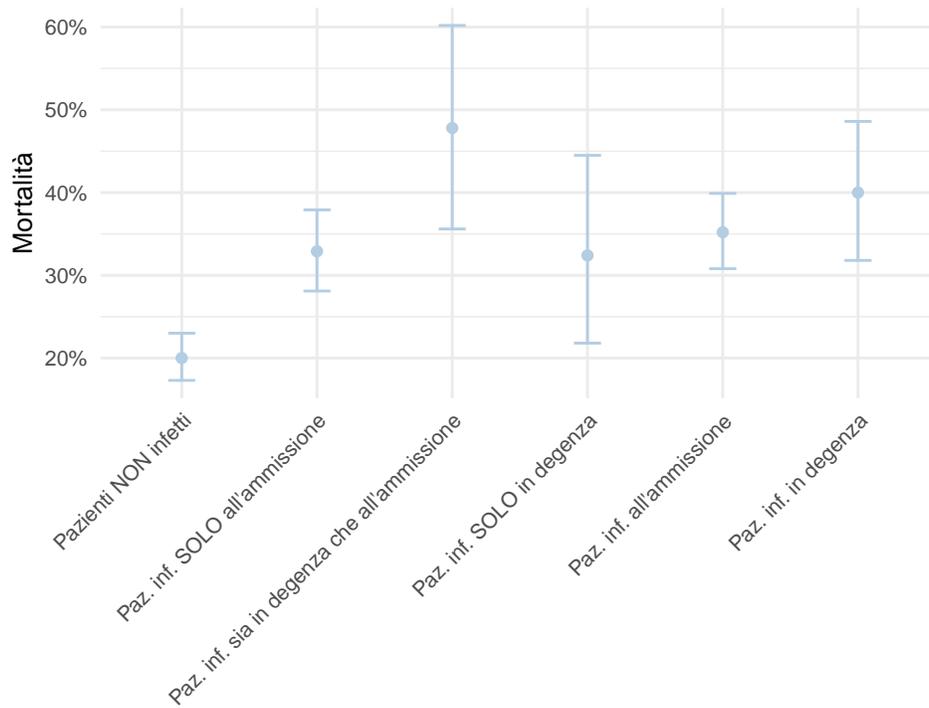
* escluse le riammissioni (N = 32)

1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	796	116	14.6	(12.2 - 17.2)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	379	99	26.1	(21.8 - 30.9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	72	28	38.9	(27.6 - 51.1)
Pazienti infetti SOLO in degenza	76	21	27.6	(18 - 39.1)
Pazienti infetti all'ammissione	451	127	28.2	(24.1 - 32.6)
Pazienti infetti in degenza	148	49	33.1	(25.6 - 41.3)

1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *

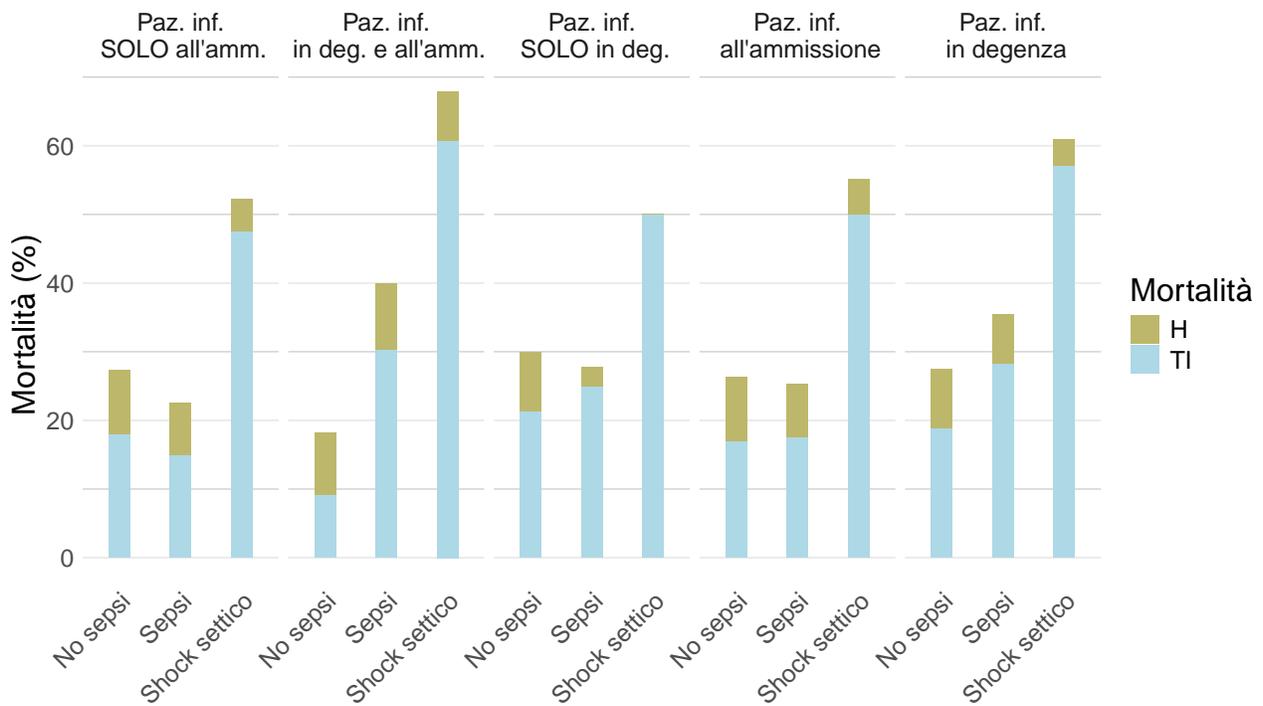


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	796	156	20.0	(17.3 - 23)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	379	121	32.9	(28.1 - 37.9)
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	72	33	47.8	(35.6 - 60.2)
Pazienti infetti SOLO in degenza	76	23	32.4	(21.8 - 44.5)
Pazienti infetti all'ammissione	451	154	35.2	(30.8 - 39.9)
Pazienti infetti in degenza	148	56	40.0	(31.8 - 48.6)

* escluse le riammissioni (N = 32)

1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	379	89	167	122	23.5	44.2	32.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	72	11	33	28	15.3	45.8	38.9
Pazienti infetti SOLO in degenza	76	42	20	14	55.3	26.3	18.4
Pazienti infetti all'ammissione	451	100	200	150	22.2	44.4	33.3
Pazienti infetti in degenza	148	53	53	42	35.8	35.8	28.4



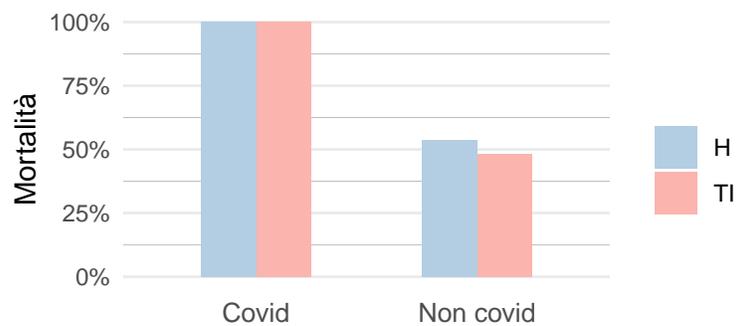
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

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	89	16	18.0	88	24	27.3
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	11	1	9.1	11	2	18.2
Pazienti infetti SOLO in degenza	42	9	21.4	40	12	30.0
Pazienti infetti all'ammissione	100	17	17.0	99	26	26.3
Pazienti infetti in degenza	53	10	18.9	51	14	27.5

Mortalità - Pazienti con sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	167	25	15.0	164	37	22.6
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	33	10	30.3	30	12	40.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	20	5	25.0	18	5	27.8
Pazienti infetti all'ammissione	200	35	17.5	194	49	25.3
Pazienti infetti in degenza	53	15	28.3	48	17	35.4

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	122	58	47.5	115	60	52.2
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	28	17	60.7	28	19	67.9
Pazienti infetti SOLO in degenza	14	7	50.0	13	6	46.2
Pazienti infetti all'ammissione	150	75	50.0	143	79	55.2
Pazienti infetti in degenza	42	24	57.1	41	25	61.0

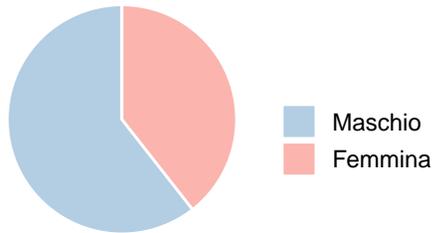
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	5	5	100.0	5	5	100.0
Non covid	145	70	48.3	138	74	53.6

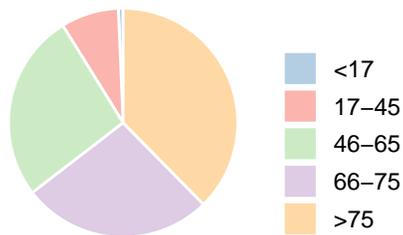
2 Tutti i pazienti (N = 1337)

2.1 Sesso



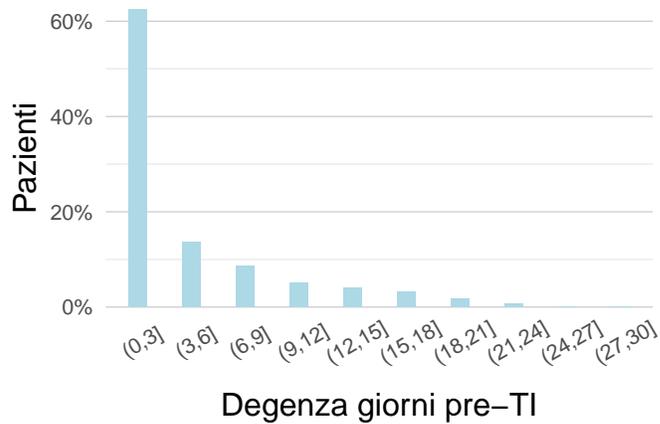
Sesso	N	%
Maschio	810	60.6
Femmina	527	39.4
Missing	0	0

2.2 Età



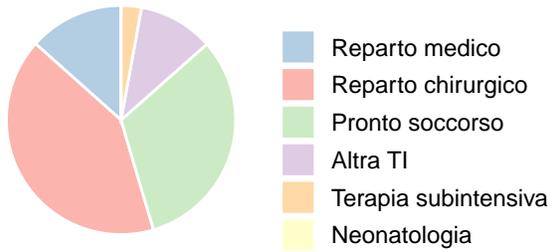
Range età	N	%
<17	9	0.7
17-45	109	8.2
46-65	356	26.6
66-75	360	26.9
>75	503	37.6
Missing	0	0

2.3 Degenza Pre TI (giorni)



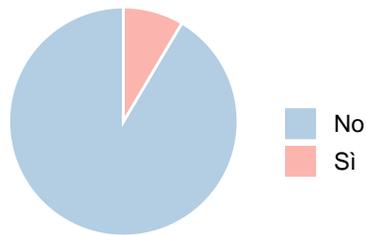
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	10.5
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	11

2.4 Provenienza (reparto)



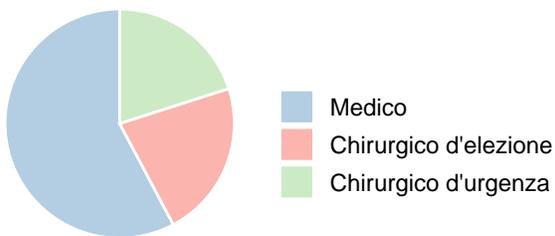
Provenienza	N	%
Reparto medico	177	13.4
Reparto chirurgico	544	41.2
Pronto soccorso	422	31.9
Altra TI	140	10.6
Terapia subintensiva	38	2.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	16	0

2.5 Trauma



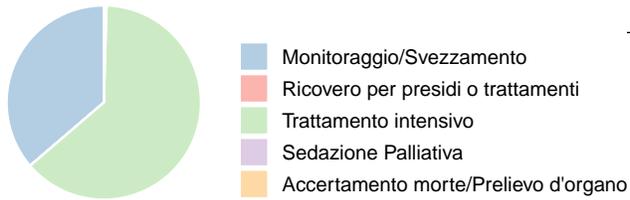
Trauma	N	%
No	1213	91.5
Si	113	8.5
Missing	11	0

2.6 Stato Chirurgico



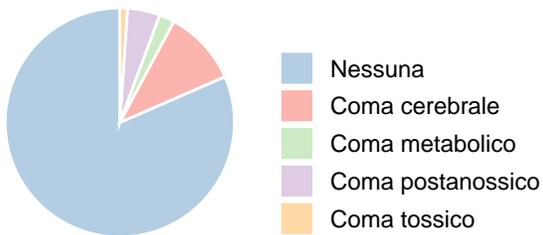
Stato chirurgico	N	%
Medico	766	57.8
Chirurgico d'elezione	294	22.2
Chirurgico d'urgenza	266	20.1
Missing	11	0

2.7 Motivo di ammissione



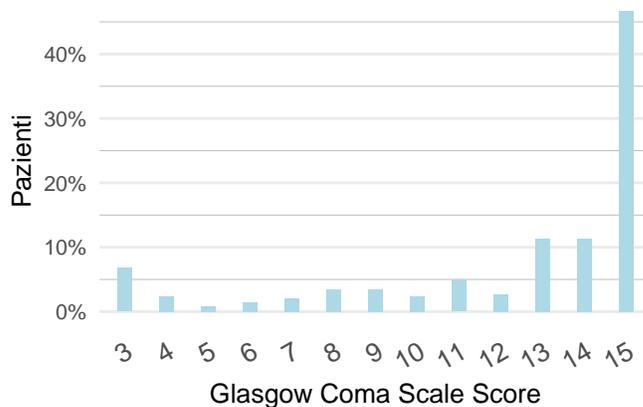
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	480	36.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	837	63.3
Sedazione Palliativa	5	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.1
Missing	14	0

2.8 Insufficienza neurologica



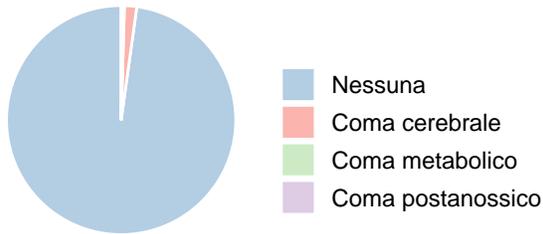
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	981	81.5
Coma cerebrale	128	10.6
Coma metabolico	26	2.2
Coma postanossico	55	4.6
Coma tossico	13	1.1
Missing	134	0

2.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



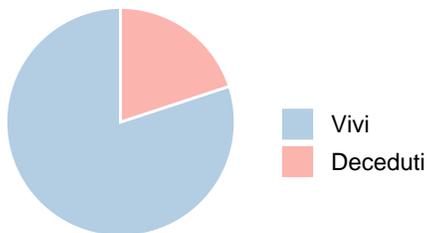
Indicatore	Valore
Media	12.3
DS	3.8
Mediana	14
Q1-Q3	11-15

2.10 Insufficienza neurologica insorta



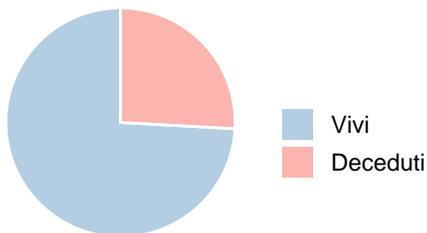
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1296	98.0
Coma cerebrale	23	1.7
Coma metabolico	2	0.2
Coma postanossico	4	0.3
Missing	14	

2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1060	80.1
Deceduti	264	19.9
Missing	13	0

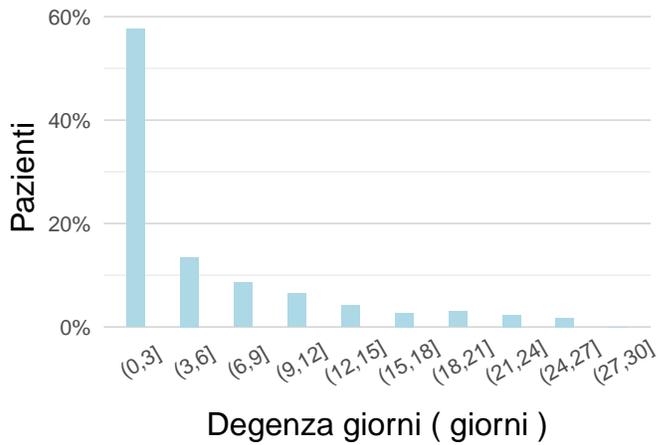
2.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	954	74.1
Deceduti	333	25.9
Missing	18	0

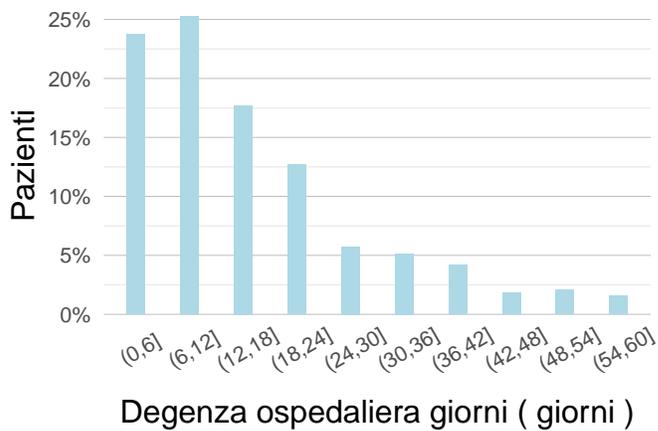
* Statistiche calcolate su 1305 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 32).

2.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.2 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-9)
Missing	13

2.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

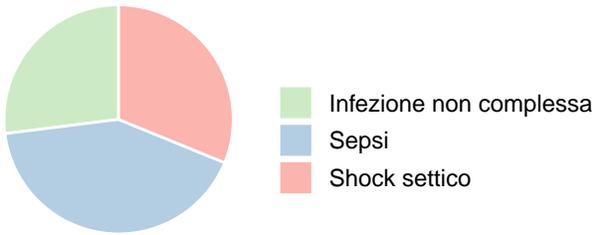


Indicatore	Valore
Media (DS)	19.6 (20.7)
Mediana (Q1-Q3)	13 (7-24)
Missing	18

* Statistiche calcolate su 1305 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 32).

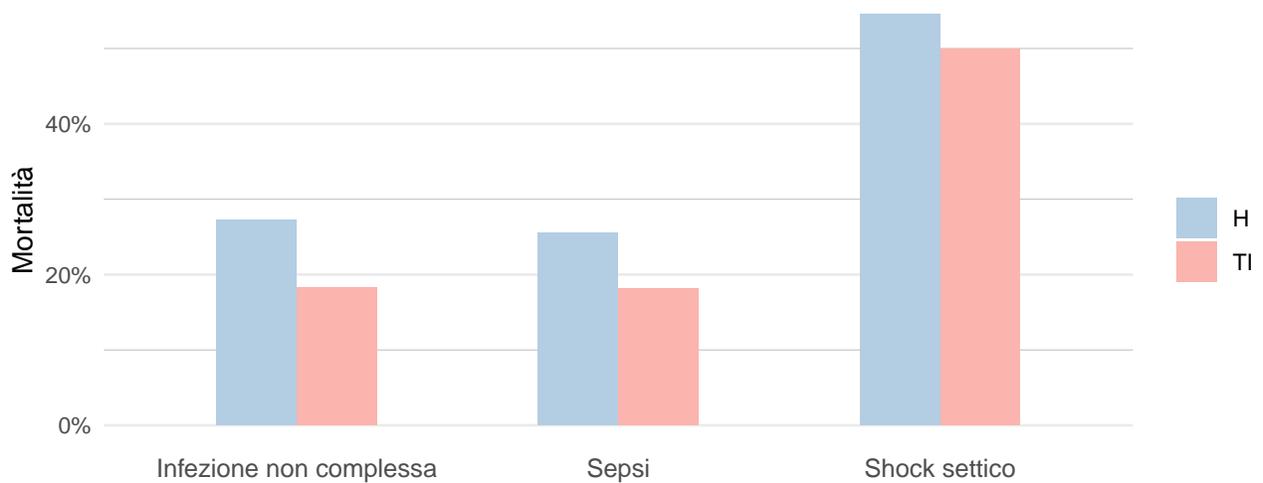
3 Pazienti infetti (N = 527)

3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	142	27.0
Sepsi	220	41.8
Shock settico	164	31.2
Missing	1	0

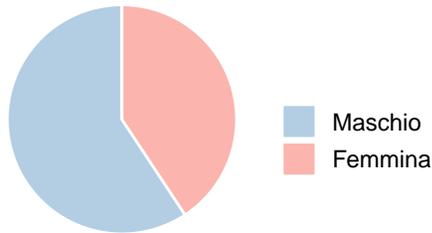
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	18.3	27.3
Sepsi	18.2	25.5
Shock settico	50.0	54.5

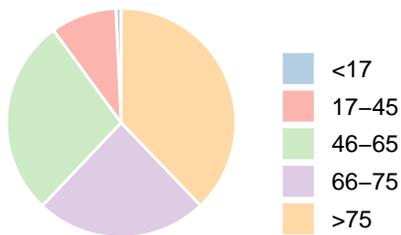
4 Pazienti non infetti (N = 796)

4.1 Sesso



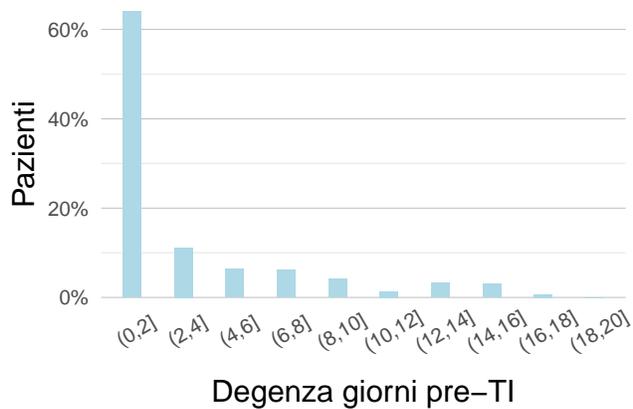
Sesso	N	%
Maschio	472	59.3
Femmina	324	40.7
Missing	0	0

4.2 Età



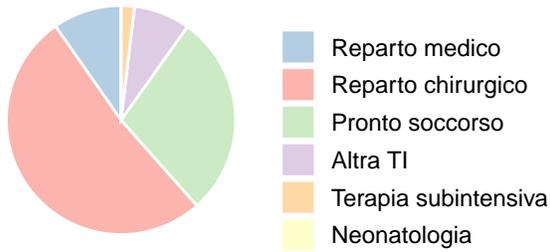
Range età	N	%
<17	6	0.8
17-45	74	9.3
46-65	222	27.9
66-75	193	24.2
>75	301	37.8
Missing	0	0

4.3 Degenza Pre TI (giorni)



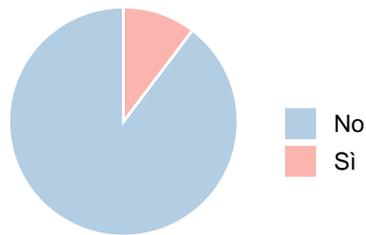
Indicatore	Valore
Media	3.5
DS	7.7
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	1

4.4 Provenienza (reparto)



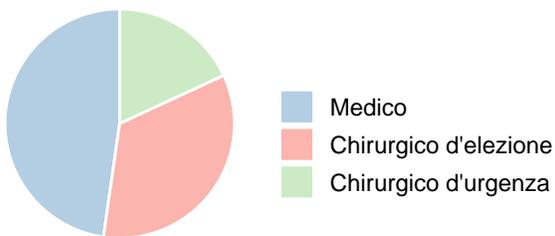
Provenienza	N	%
Reparto medico	77	9.7
Reparto chirurgico	411	51.8
Pronto soccorso	227	28.6
Altra TI	63	7.9
Terapia subintensiva	15	1.9
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

4.5 Trauma



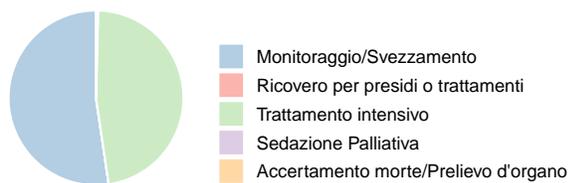
Trauma	N	%
No	714	89.7
Si	82	10.3
Missing	0	0

4.6 Stato Chirurgico



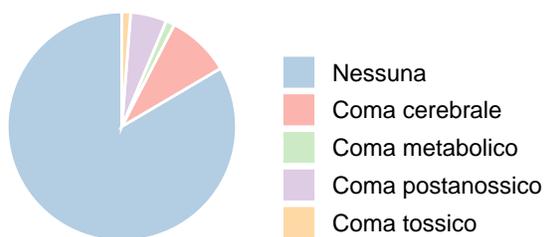
Stato chirurgico	N	%
Medico	380	47.7
Chirurgico d'elezione	272	34.2
Chirurgico d'urgenza	144	18.1
Missing	0	0

4.7 Motivo di ammissione



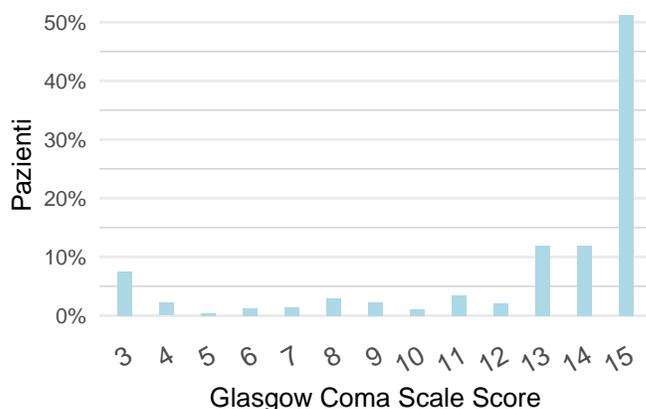
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	416	52.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	376	47.3
Sedazione Palliativa	3	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

4.8 Insufficienza neurologica



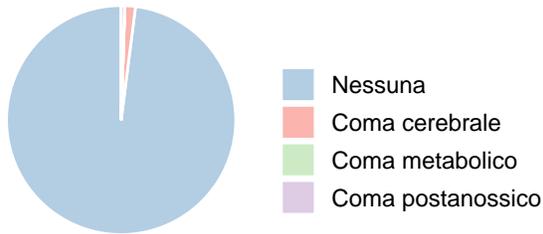
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	606	83.5
Coma cerebrale	65	9.0
Coma metabolico	9	1.2
Coma postanossico	37	5.1
Coma tossico	9	1.2
Missing	70	0

4.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



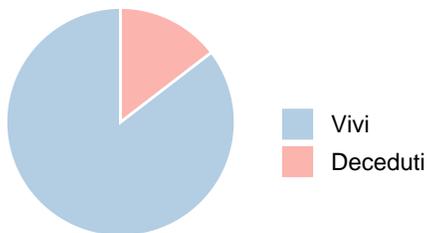
Indicatore	Valore
Media	10.6
DS	3.8
Mediana	13
Q1-Q3	11-13

4.10 Insufficienza neurologica insorta



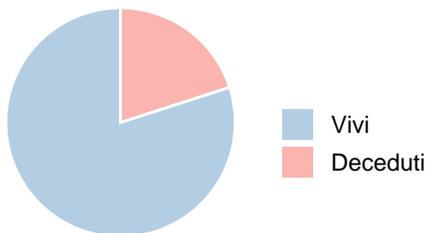
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	782	98.2
Coma cerebrale	12	1.5
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	4	0.5
Missing	0	

4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	680	85.4
Deceduti	116	14.6
Missing	0	0

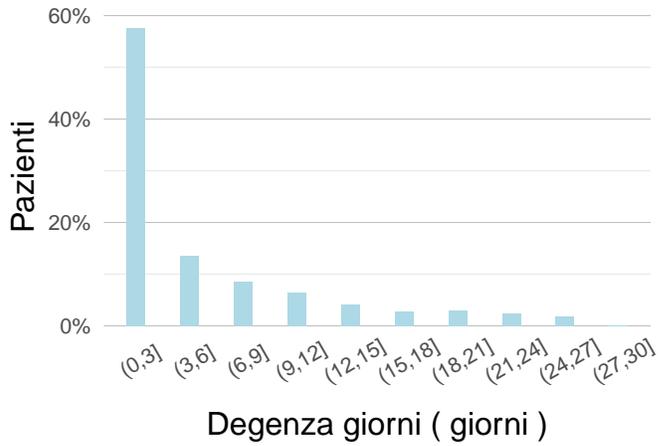
4.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	623	80.0
Deceduti	156	20.0
Missing	2	0

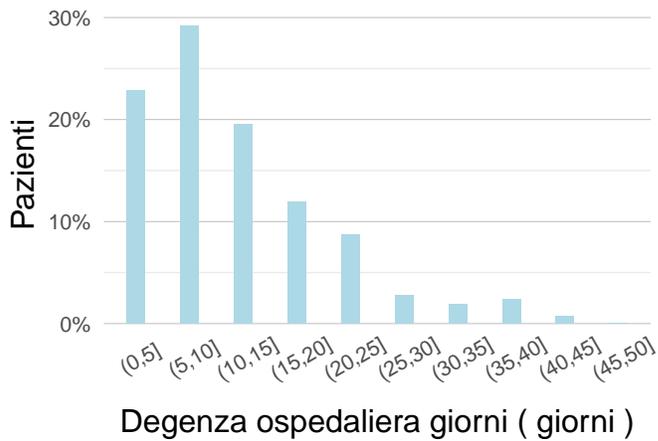
* Statistiche calcolate su 781 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 15).

4.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	3.6 (5.1)
Mediana (Q1-Q3)	1 (1-4)
Missing	0

4.14 Degenza ospedaliera (giorni) *

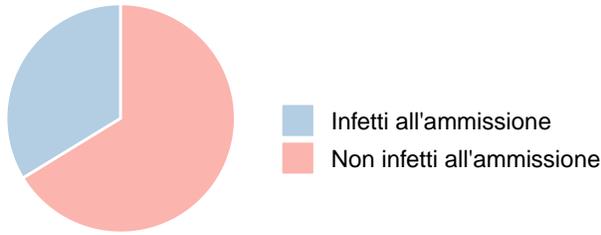


Indicatore	Valore
Media (DS)	14.8 (15.6)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-18)
Missing	2

* Statistiche calcolate su 781 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 15).

PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

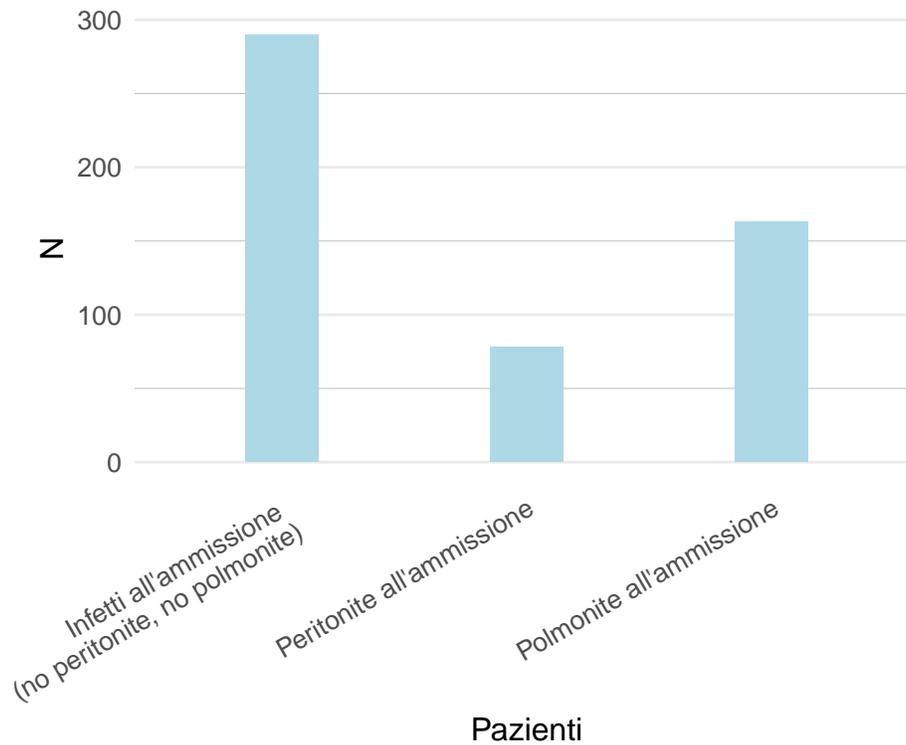
Sono presenti 451 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 33.73% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	451	33.73
Non infetti all'ammissione	886	66.27

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1337).

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

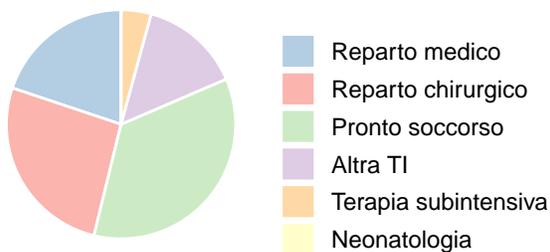


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	290	64.30
Peritonite all'ammissione	78	17.29
Polmonite all'ammissione	163	36.14

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 451).

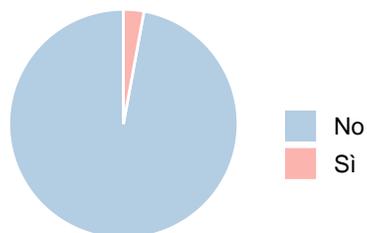
5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 451)

5.1 Provenienza (reparto)



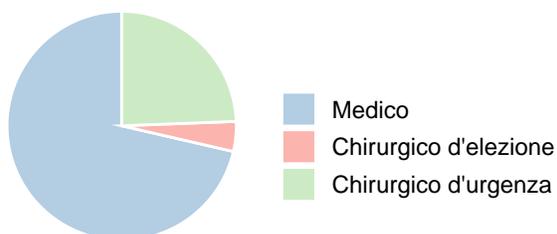
Provenienza	N	%
Reparto medico	89	19.9
Reparto chirurgico	118	26.3
Pronto soccorso	158	35.3
Altra TI	64	14.3
Terapia subintensiva	19	4.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

5.2 Trauma



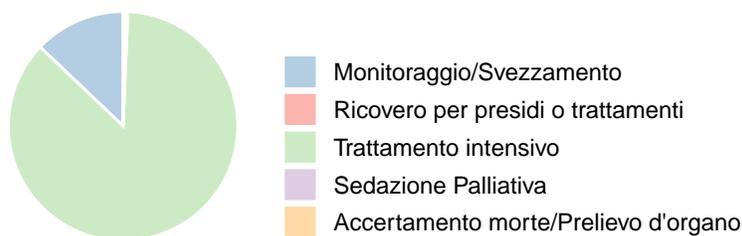
Trauma	N	%
No	438	97.1
Sì	13	2.9
Missing	0	0

5.3 Stato Chirurgico



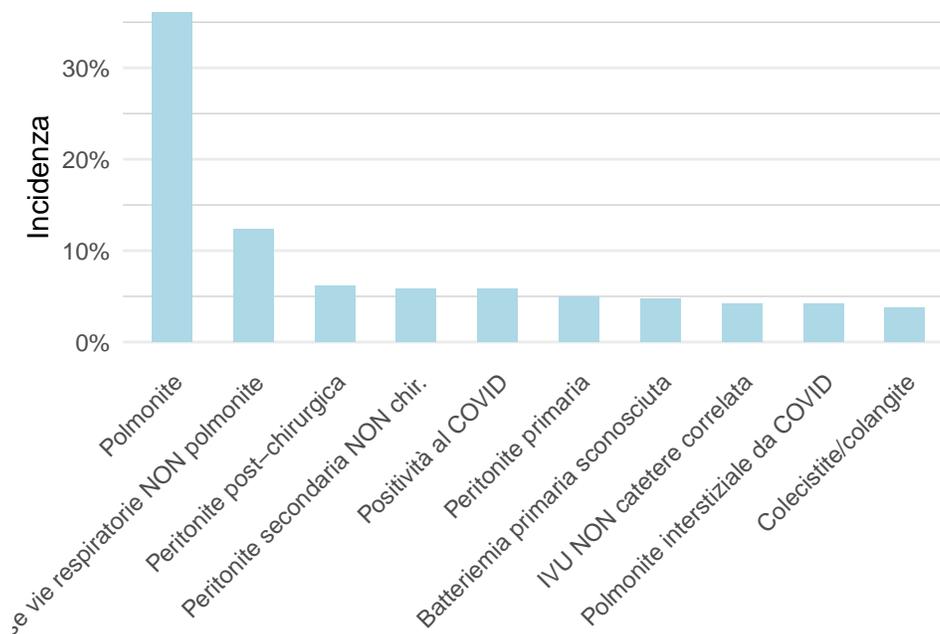
Stato chirurgico	N	%
Medico	322	71.4
Chirurgico d'elezione	19	4.2
Chirurgico d'urgenza	110	24.4
Missing	0	0

5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	58	12.9
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	389	86.4
Sedazione Palliativa	2	0.4
Accertamento morte/Prelievo d'organo	1	0.2
Missing	1	0

5.5 Infezioni all'ammissione (top 10)

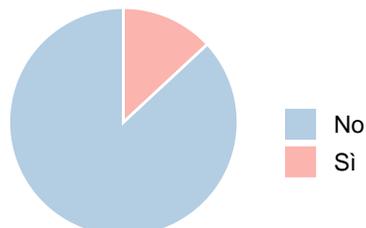


Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	163	36.1
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	56	12.4
Peritonite post-chirurgica	28	6.2
Positivita al COVID	26	5.8
Peritonite secondaria NON chir.	26	5.8
Peritonite primaria	22	4.9
Batteriemia primaria sconosciuta	21	4.7

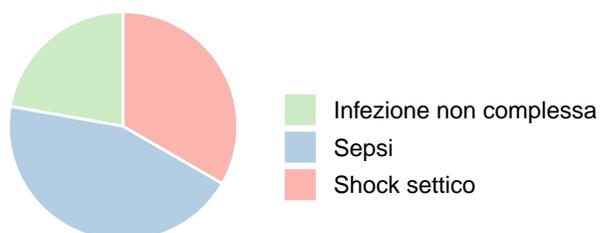
Polmonite interstiziale da COVID	19	4.2
IVU NON catetere correlata	19	4.2
Colecistite/colangite	17	3.8
Missing	0	

5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	392	86.9
Sì	59	13.1
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	100	22.2
Sepsi	200	44.4
Shock settico	150	33.3
Missing	1	0

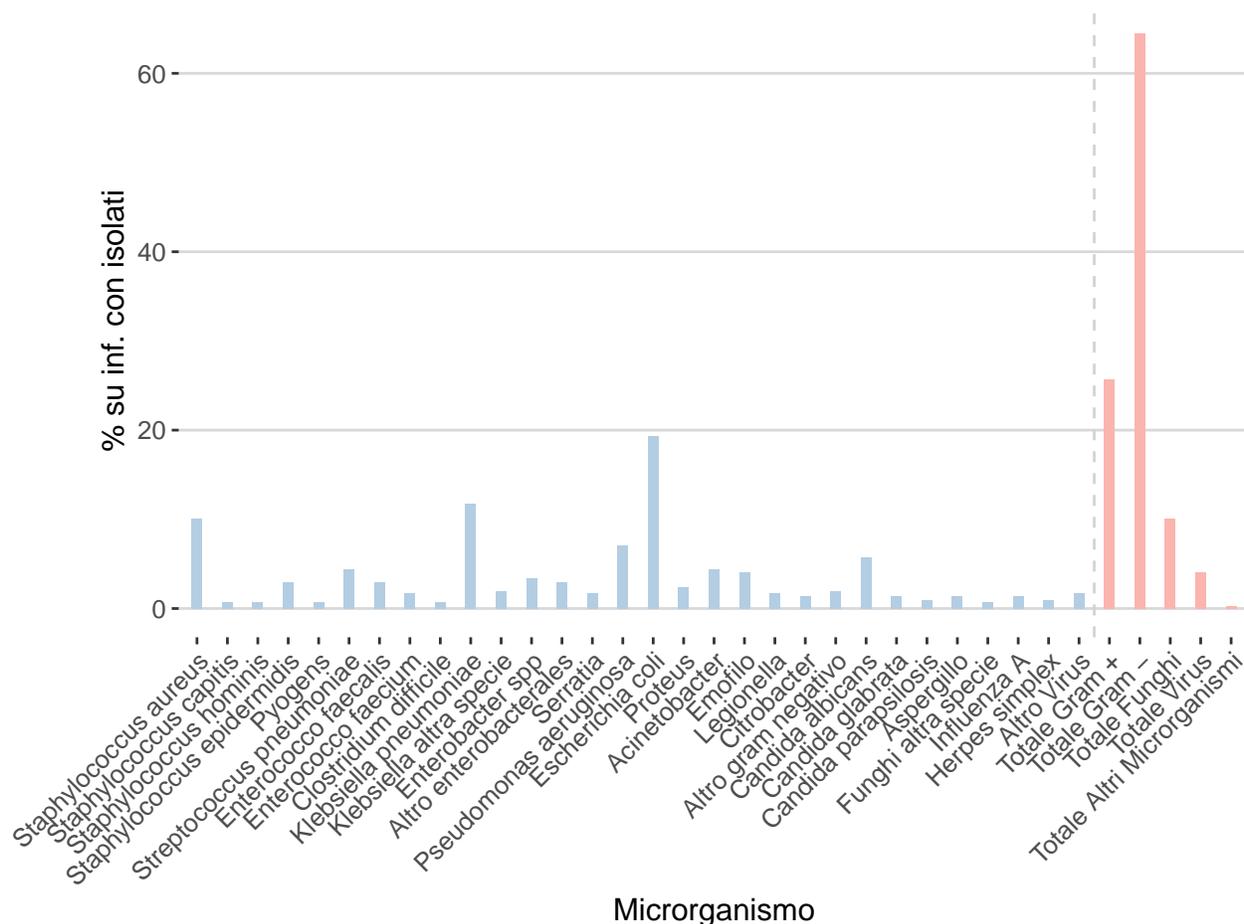
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	167	36.1
Sì	296	63.9
Missing	9	
Totale infezioni	472	
Totale microrganismi isolati	335	

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

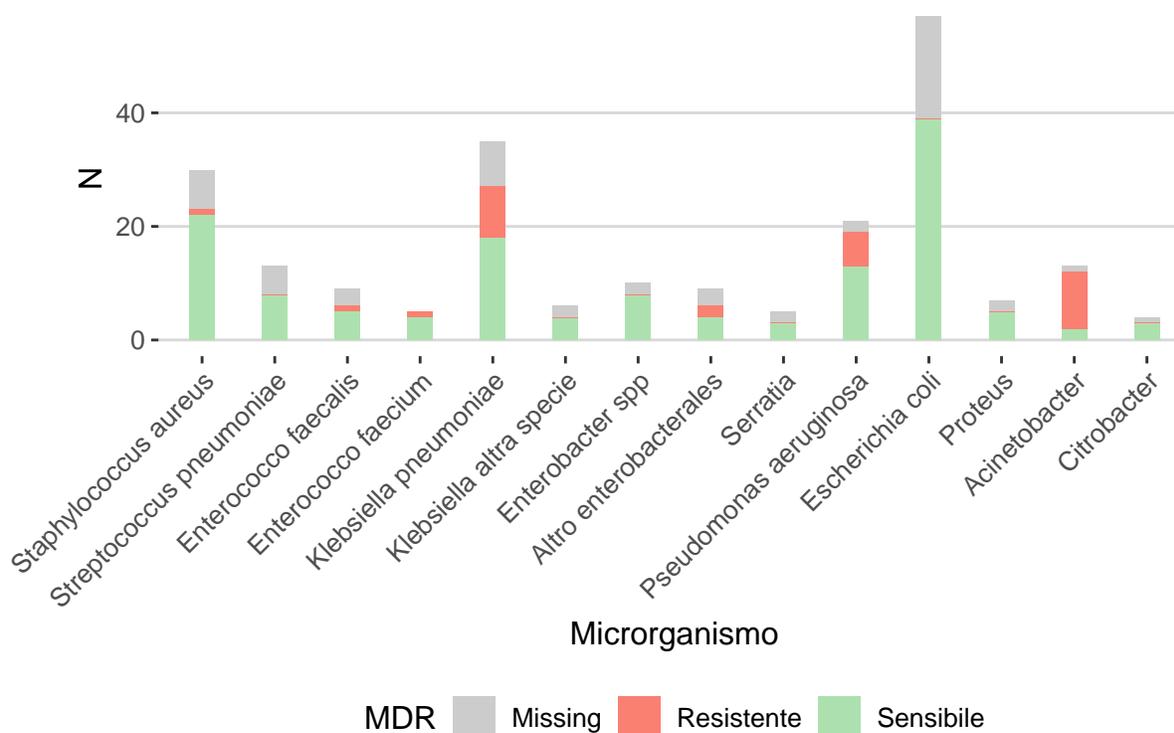
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	30	10.1	23	1	4.3
Staphylococcus capitis	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	0.7	0	0	0
Staphylococcus lugdunensis	1	0.3	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	3.0	0	0	0
Pyogens	2	0.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.3	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	4.4	8	0	0
Enterococcus faecalis	9	3.0	6	1	16.7
Enterococcus faecium	5	1.7	5	1	20
Clostridium difficile	2	0.7	0	0	0
Totale Gram +	76	25.7	42	3	7.1
Klebsiella pneumoniae	35	11.8	27	9	33.3
Klebsiella altra specie	6	2.0	4	0	0
Enterobacter spp	10	3.4	8	0	0
Altro enterobacterales	9	3.0	6	2	33.3
Serratia	5	1.7	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	21	7.1	19	6	31.6
Escherichia coli	57	19.3	39	0	0

Proteus	7	2.4	5	0	0
Acinetobacter	13	4.4	12	10	83.3
Emofilo	12	4.1	0	0	0
Legionella	5	1.7	0	0	0
Citrobacter	4	1.4	3	0	0
Clamidia	1	0.3	0	0	0
Altro gram negativo	6	2.0	0	0	0
Totale Gram -	191	64.5	126	27	21.4
Candida albicans	17	5.7	0	0	0
Candida glabrata	4	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	3	1.0	0	0	0
Aspergillo	4	1.4	0	0	0
Funghi altra specie	2	0.7	0	0	0
Totale Funghi	30	10.1	0	0	0
Influenza A	4	1.4			
Herpes simplex	3	1.0			
Altro Virus	5	1.7			
Totale Virus	12	4.1	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	0.3	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	0.3	0	0	0

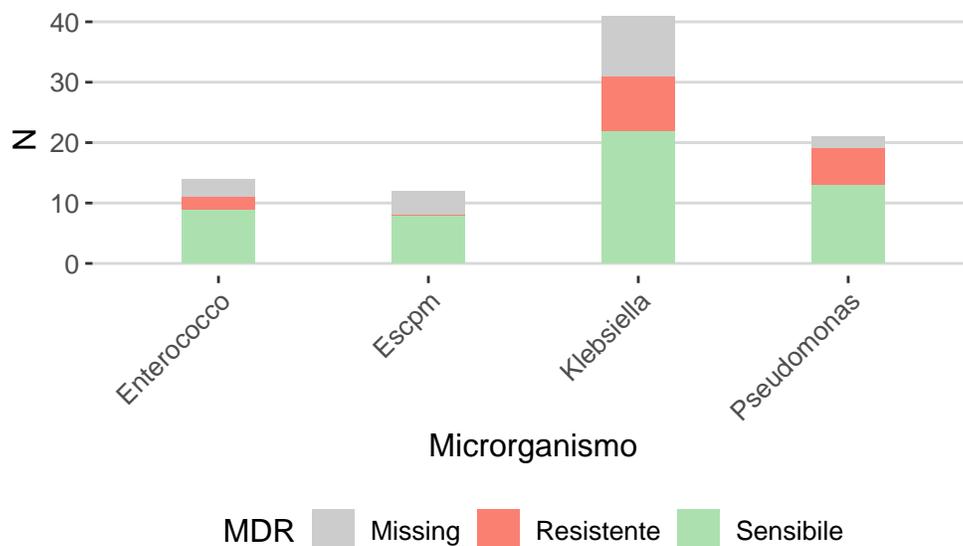
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei,

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

5.8.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti all'ammissione



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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.

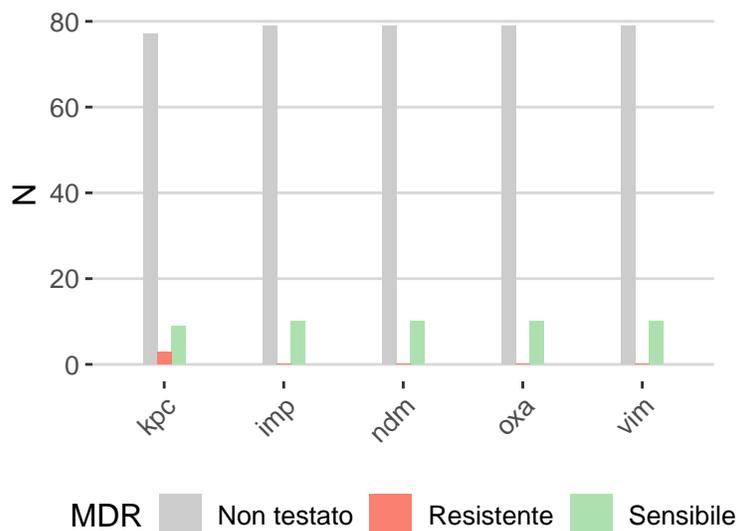
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	27	Ertapenem	5	18.52
Klebsiella pneumoniae	27	Meropenem	9	33.33
Altro enterobacterales	6	Ertapenem	2	33.33
Acinetobacter	12	Imipenem	8	66.67
Acinetobacter	12	Meropenem	10	83.33
Pseudomonas aeruginosa	19	Imipenem	4	21.05
Pseudomonas aeruginosa	19	Meropenem	3	15.79
Staphylococcus aureus	23	Meticillina	1	4.35
Enterococco faecalis	6	Vancomicina	1	16.67
Enterococco faecium	5	Vancomicina	1	20.00

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

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

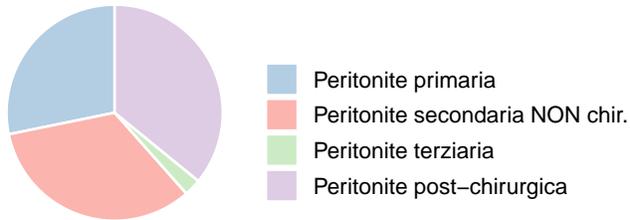
	N	%
Sì	3	3.37
No	9	10.11
Non testato	77	86.52
Missing	44	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	10	79
kpc	3	100	9	77
ndm	0	0	10	79
oxa	0	0	10	79
vim	0	0	10	79



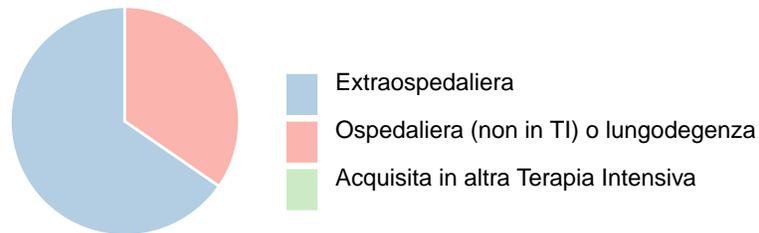
6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 78)

6.1 Tipologia di peritonite



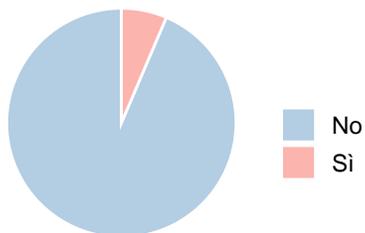
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	22	28.2
Peritonite secondaria NON chir.	26	33.3
Peritonite terziaria	2	2.6
Peritonite post-chirurgica	28	35.9
Missing	0	

6.2 Tipo di infezione



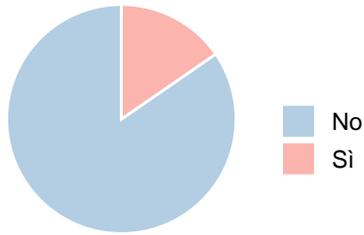
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	51	65.4
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	27	34.6
Acquisita in altra Terapia Intensiva	0	0.0
Missing	0	0

6.3 Infezione batteriemica



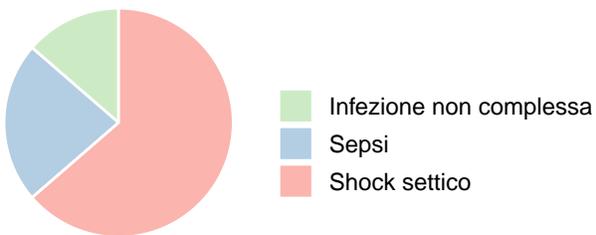
Batteriemica	N	%
No	73	93.6
Si	5	6.4
Missing	0	0

6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	66	84.6
Si	12	15.4
Missing	0	0

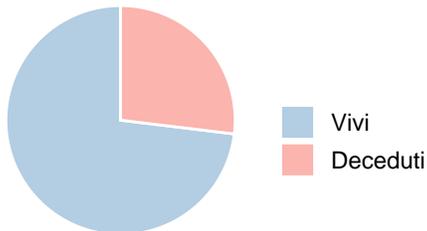
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	9	13.6
Sepsi	15	22.7
Shock settico	42	63.6
Missing	0	0

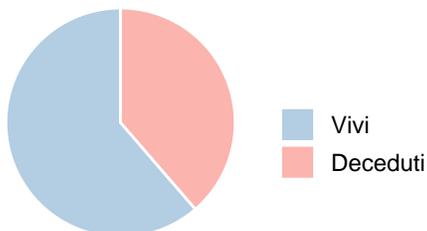
* Statistiche calcolate su 66 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 12).

6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	57	73.1
Deceduti	21	26.9
Missing	0	0

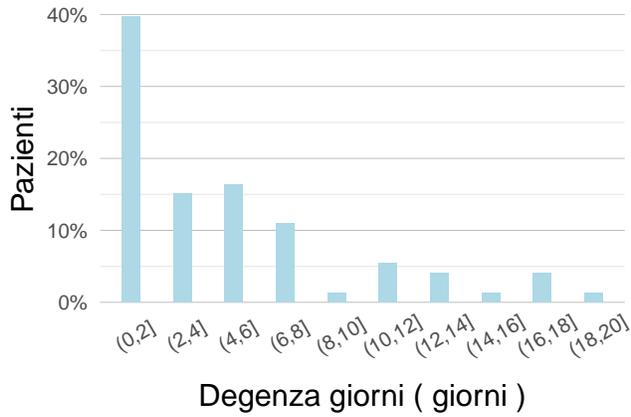
6.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	46	61.3
Deceduti	29	38.7
Missing	0	0

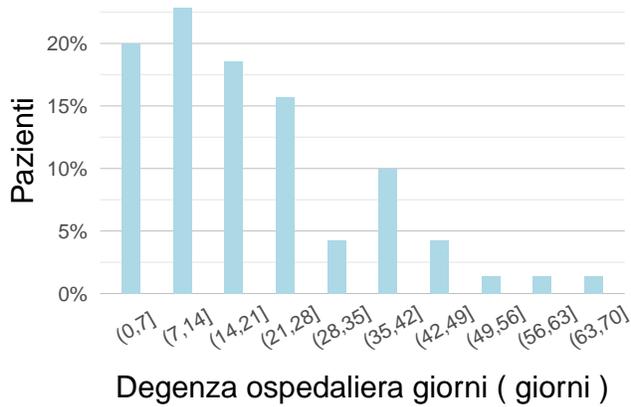
* Statistiche calcolate su 75 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

6.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.3 (10.8)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-8)
Missing	0

6.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	23.5 (22.7)
Mediana (Q1-Q3)	18 (9-29)
Missing	0

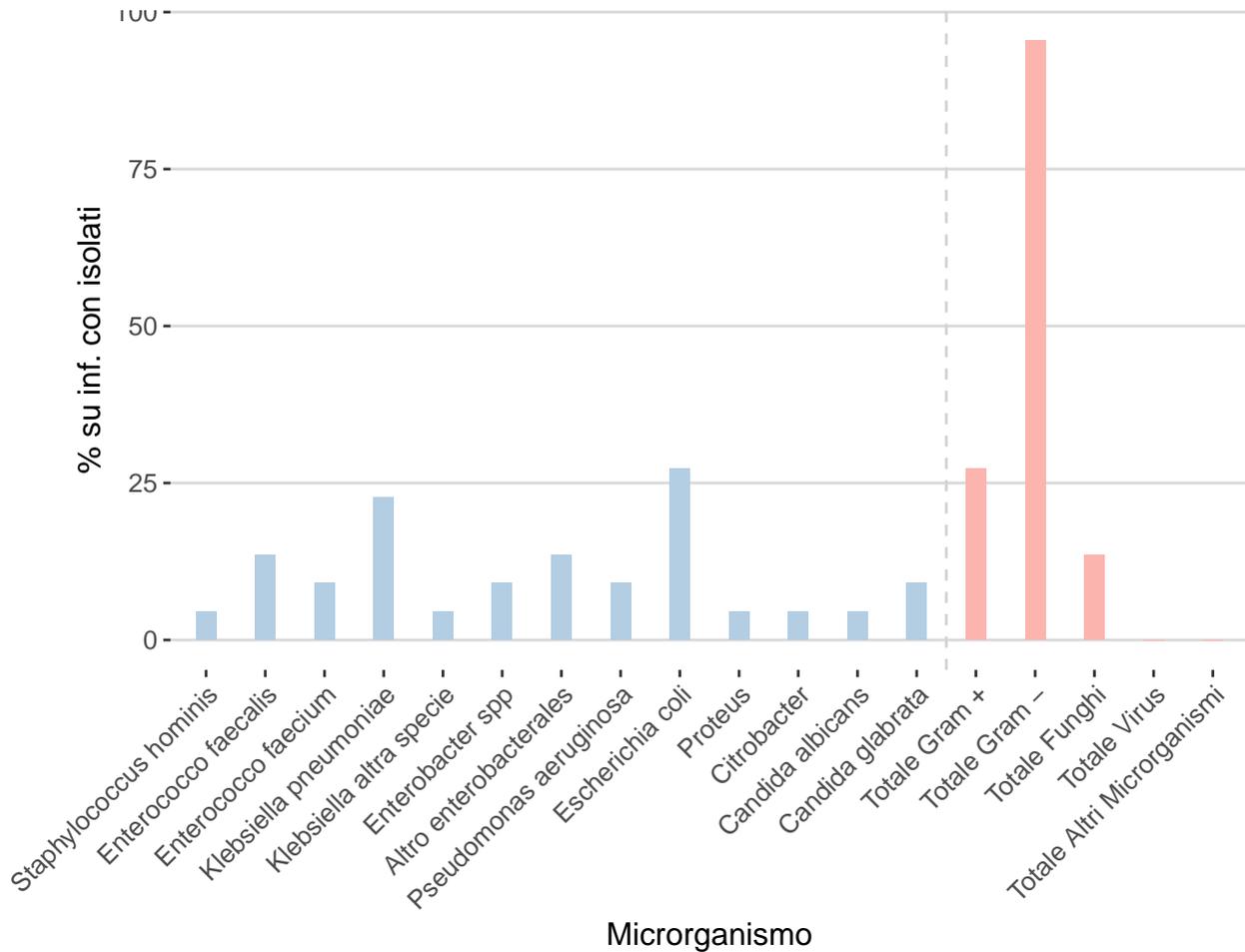
* Statistiche calcolate su 75 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

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	56	71.8
Sì	22	28.2
Missing	0	
Totale infezioni	78	
Totale microrganismi isolati	30	

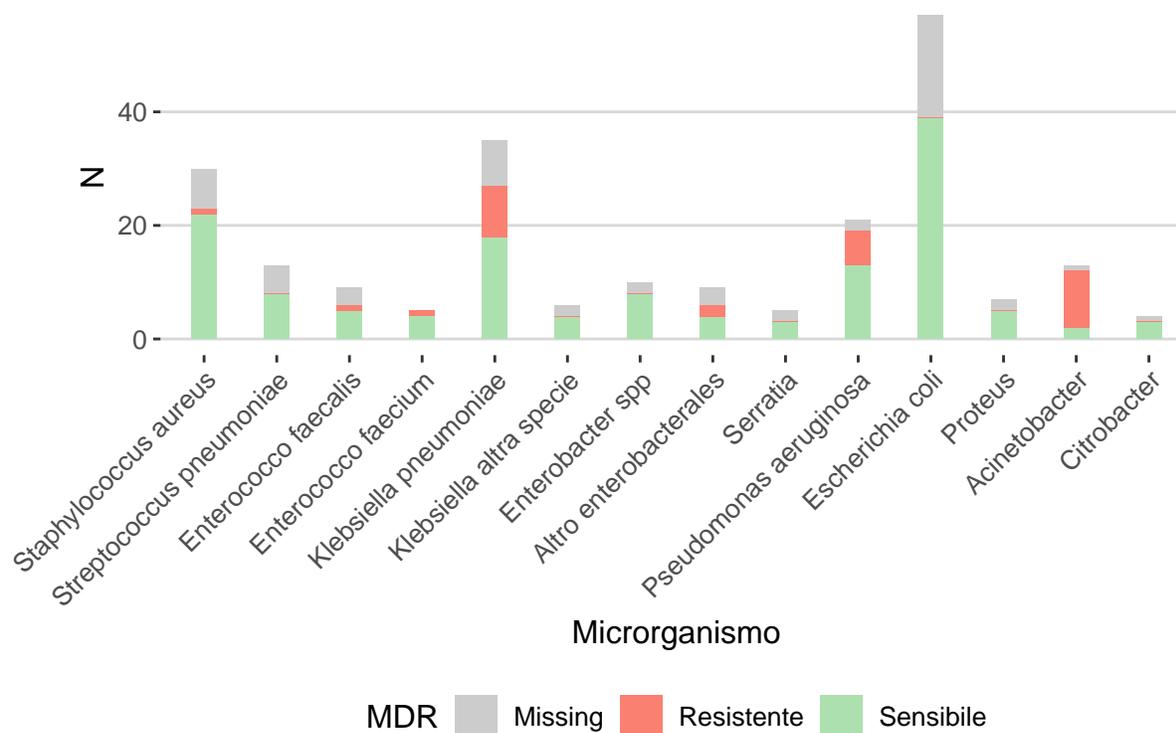
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus hominis	1	4.5	0	0	0
Enterococco faecalis	3	13.6	1	1	100

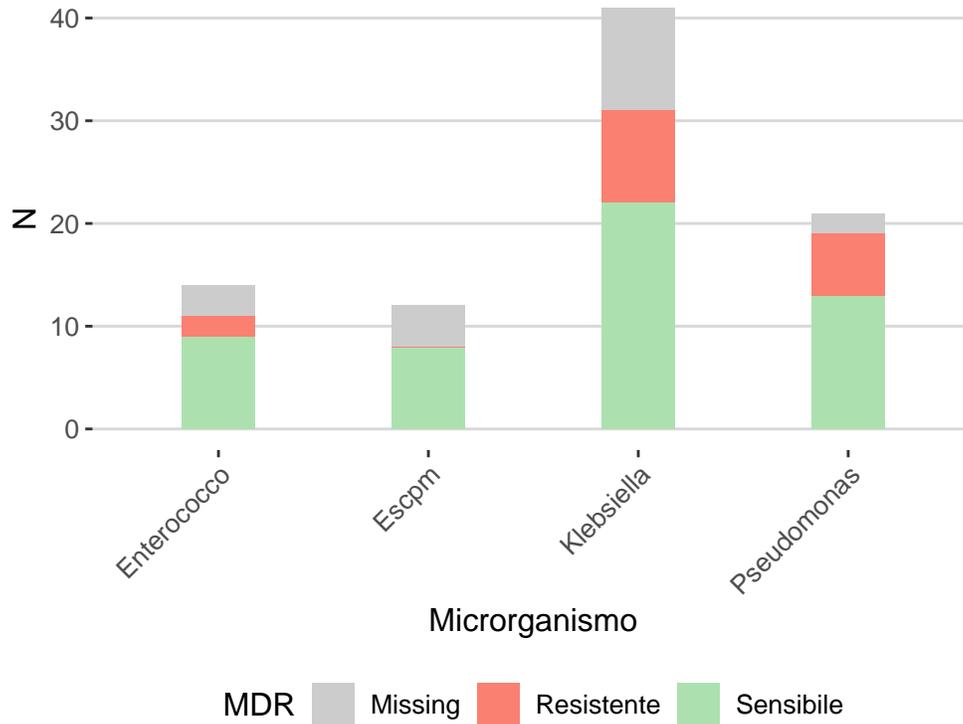
Enterococco faecium	2	9.1	2	0	0
Totale Gram +	6	27.3	3	1	33.3
Klebsiella pneumoniae	5	22.7	4	1	25
Klebsiella altra specie	1	4.5	1	0	0
Enterobacter spp	2	9.1	1	0	0
Altro enterobacterales	3	13.6	3	2	66.7
Pseudomonas aeruginosa	2	9.1	1	1	100
Escherichia coli	6	27.3	4	0	0
Proteus	1	4.5	0	0	0
Citrobacter	1	4.5	1	0	0
Totale Gram -	21	95.5	15	4	26.7
Candida albicans	1	4.5	0	0	0
Candida glabrata	2	9.1	0	0	0
Totale Funghi	3	13.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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.

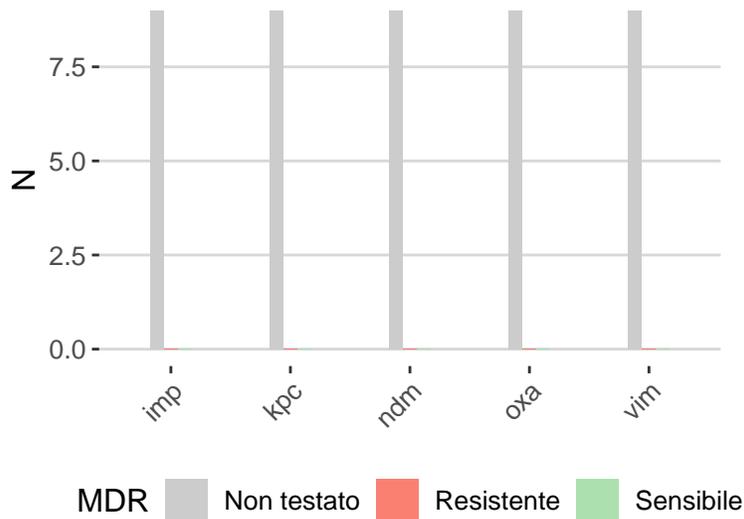
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	4	Meropenem	1	25.00
Altro enterobacterales	3	Ertapenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	1	Meropenem	1	100.00
Enterococco faecalis	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

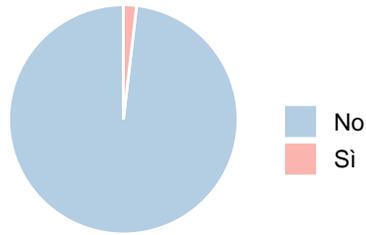
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	9	100
Missing	5	

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



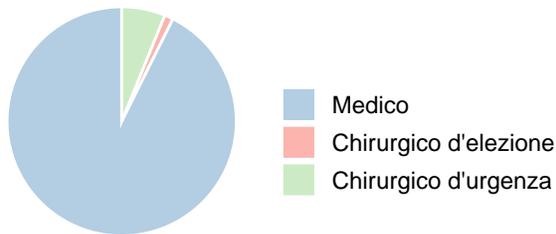
7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 163)

7.1 Trauma



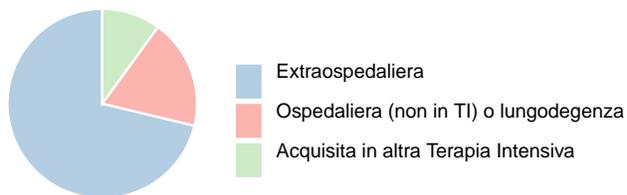
Trauma	N	%
No	160	98.2
Si	3	1.8
Missing	0	0

7.2 Stato Chirurgico



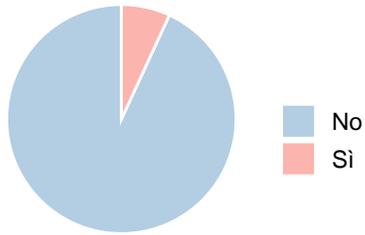
Stato chirurgico	N	%
Medico	151	92.6
Chirurgico d'elezione	2	1.2
Chirurgico d'urgenza	10	6.1
Missing	0	0

7.3 Tipo di infezione



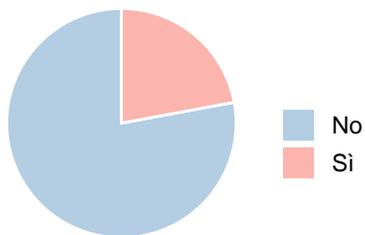
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	114	71.2
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	30	18.8
Acquisita in altra Terapia Intensiva	16	10.0
Missing	3	0

7.4 Infezione batteriemica



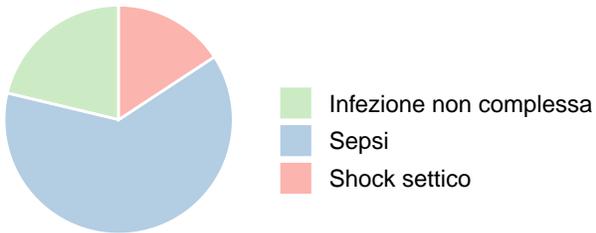
Batteriemica	N	%
No	149	93.1
Si	11	6.9
Missing	3	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	127	77.9
Si	36	22.1
Missing	0	0

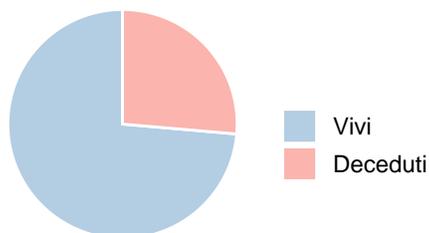
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione *



Gravità	N	%
Infezione non complessa	27	21.3
Sepsi	80	63.0
Shock settico	20	15.7
Missing	0	0

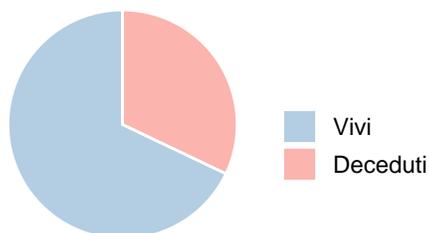
* Statistiche calcolate su 127 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple (N = 36).

7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	120	73.6
Deceduti	43	26.4
Missing	0	0

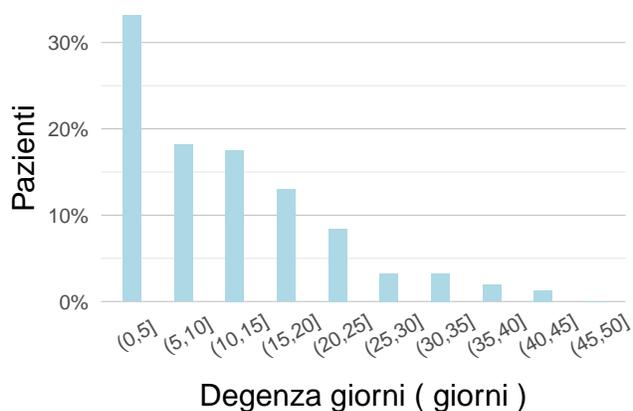
7.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	108	67.9
Deceduti	51	32.1
Missing	1	0

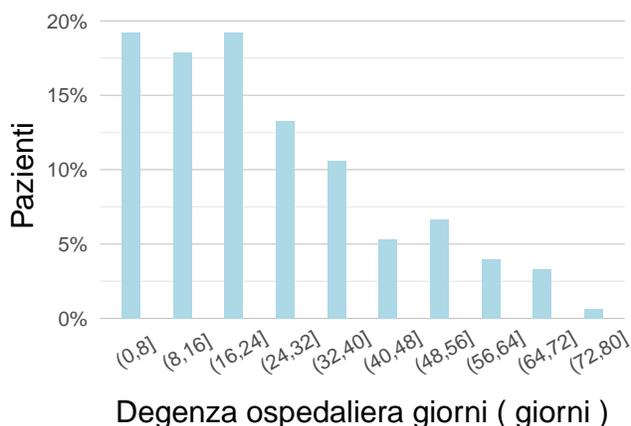
* Statistiche calcolate su 160 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

7.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	14.7 (14.2)
Mediana (Q1-Q3)	11 (4-19.5)
Missing	0

7.10 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	28.9 (22.8)
Mediana (Q1-Q3)	24 (10.5-39.5)
Missing	1

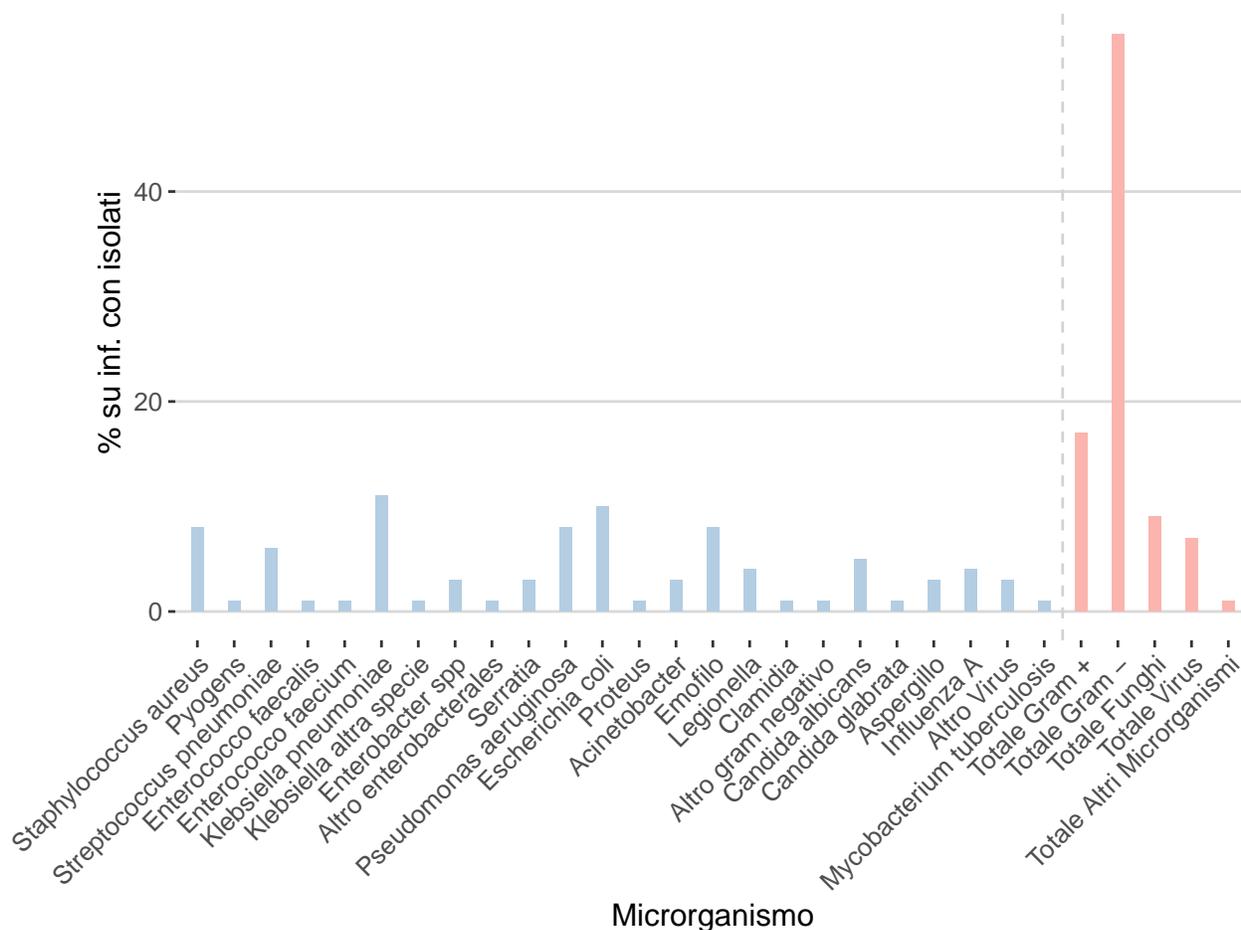
* Statistiche calcolate su 160 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 3).

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	60	37.5
Sì	100	62.5
Missing	3	
Totale infezioni	163	
Totale microrganismi isolati	112	

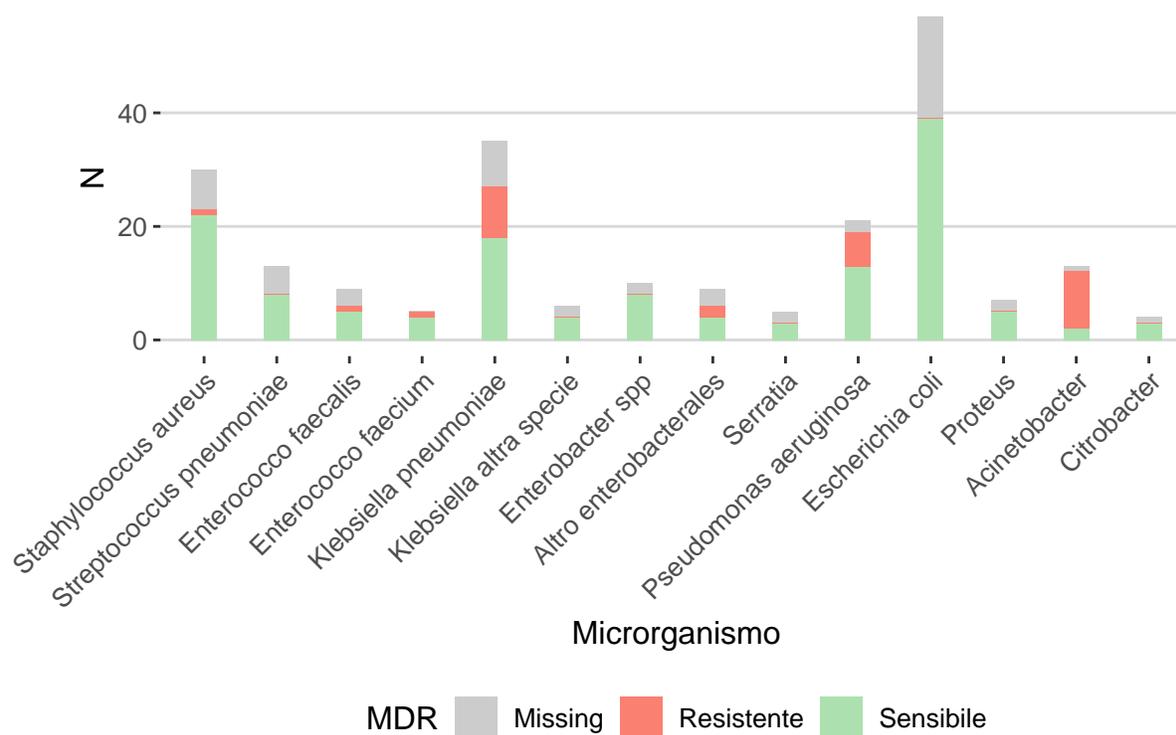
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	8	7	1	14.3
Pyogens	1	1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	6	6	3	0	0
Enterococco faecalis	1	1	1	0	0
Enterococco faecium	1	1	1	1	100
Totale Gram +	17	17	12	2	16.7
Klebsiella pneumoniae	11	11	10	3	30
Klebsiella altra specie	1	1	1	0	0
Enterobacter spp	3	3	3	0	0
Altro enterobacteriales	1	1	1	0	0
Serratia	3	3	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	8	8	2	25
Escherichia coli	10	10	10	0	0
Proteus	1	1	1	0	0
Acinetobacter	3	3	3	3	100
Emofilo	8	8	0	0	0
Legionella	4	4	0	0	0
Clamidia	1	1	0	0	0
Altro gram negativo	1	1	0	0	0
Totale Gram -	55	55	38	8	21.1
Candida albicans	5	5	0	0	0

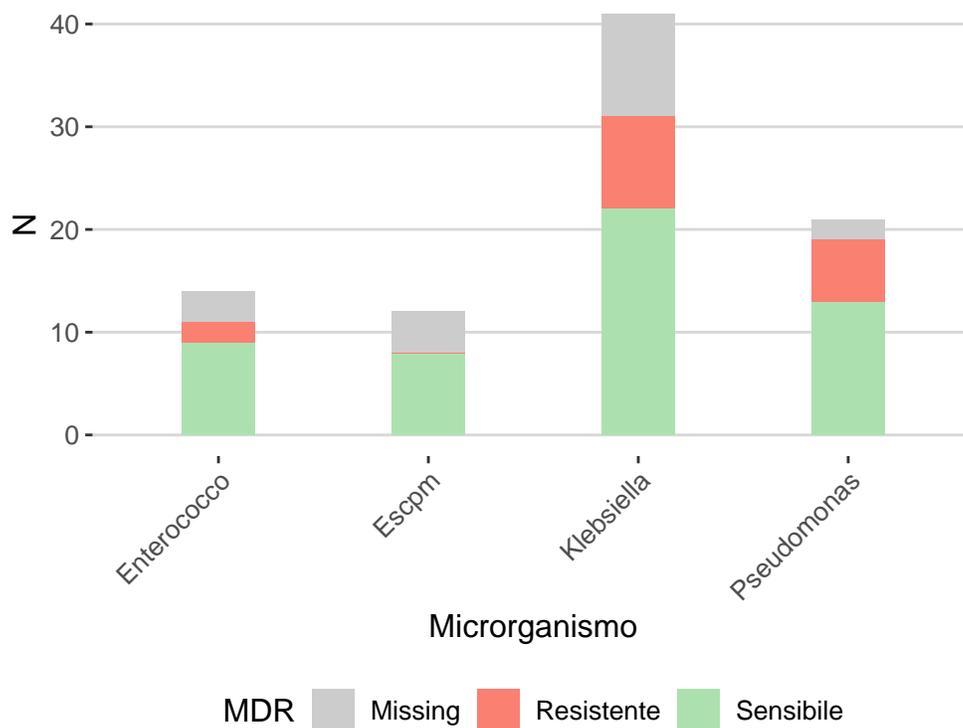
Candida glabrata	1	1	0	0	0
Aspergillo	3	3	0	0	0
Totale Funghi	9	9	0	0	0
Influenza A	4	4			
Altro Virus	3	3			
Totale Virus	7	7	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	1	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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.

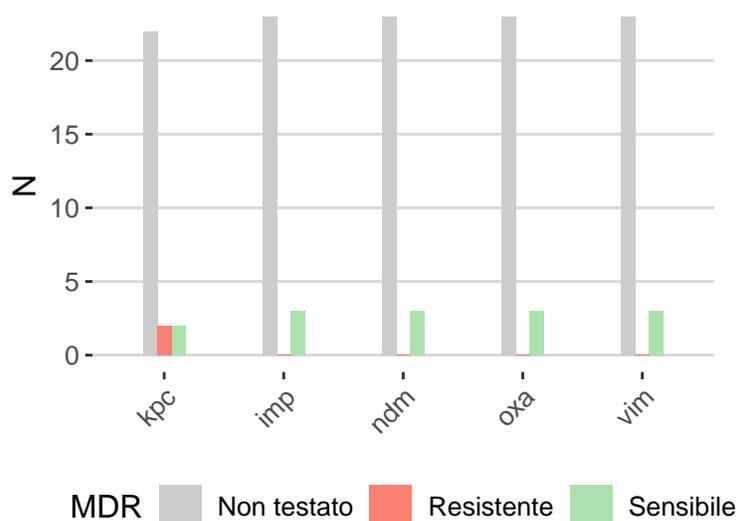
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	10	Ertapenem	2	20.00
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	3	30.00
Acinetobacter	3	Imipenem	2	66.67
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100.00
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	2	25.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	1	14.29
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	2	7.69
No	2	7.69
Non testato	22	84.62
Missing	4	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	23
kpc	2	100	2	22
ndm	0	0	3	23
oxa	0	0	3	23
vim	0	0	3	23



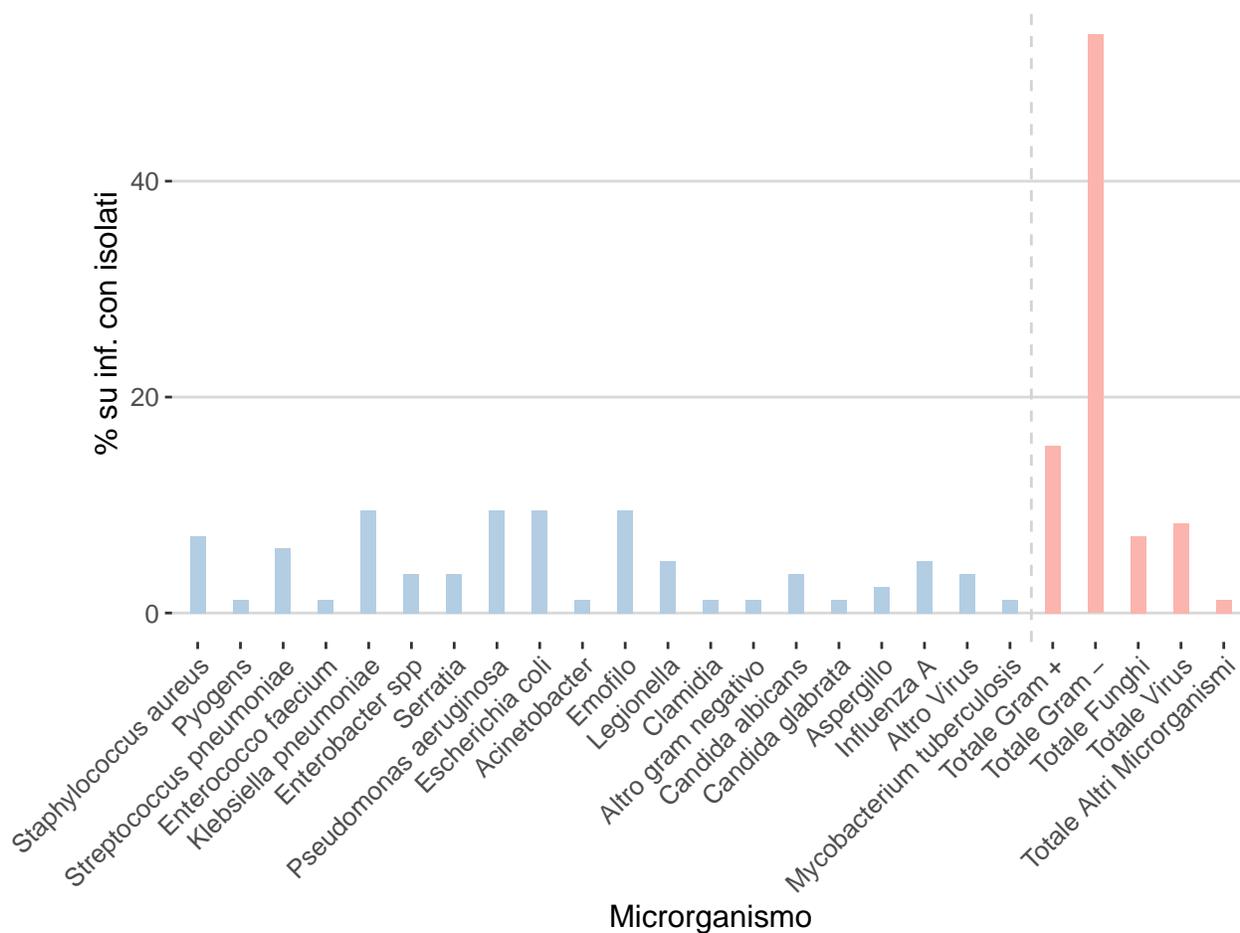
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	46	35.4
Sì	84	64.6
Missing	0	

Totale infezioni 130
Totale microrganismi isolati 92

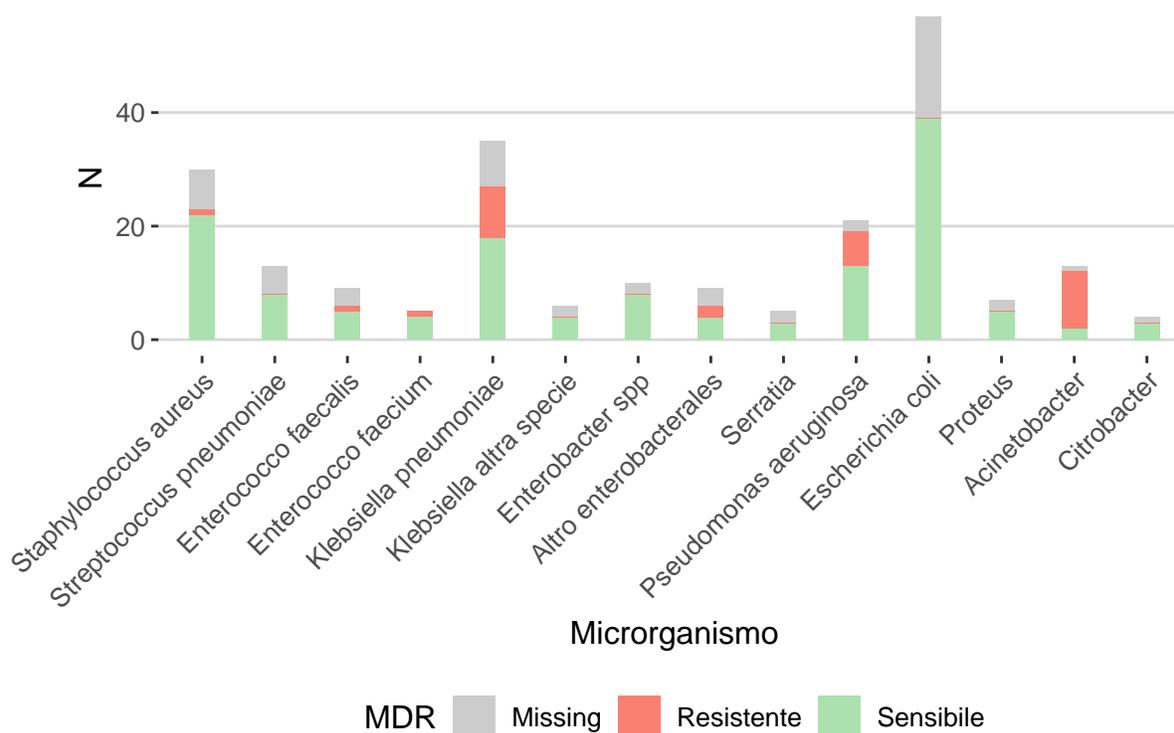
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	7.1	5	1	20
Pyogens	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	5	6.0	2	0	0
Enterococco faecium	1	1.2	1	1	100
Totale Gram +	13	15.5	8	2	25
Klebsiella pneumoniae	8	9.5	8	2	25
Enterobacter spp	3	3.6	3	0	0
Serratia	3	3.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	9.5	8	2	25
Escherichia coli	8	9.5	8	0	0
Acinetobacter	1	1.2	1	1	100
Emofilo	8	9.5	0	0	0

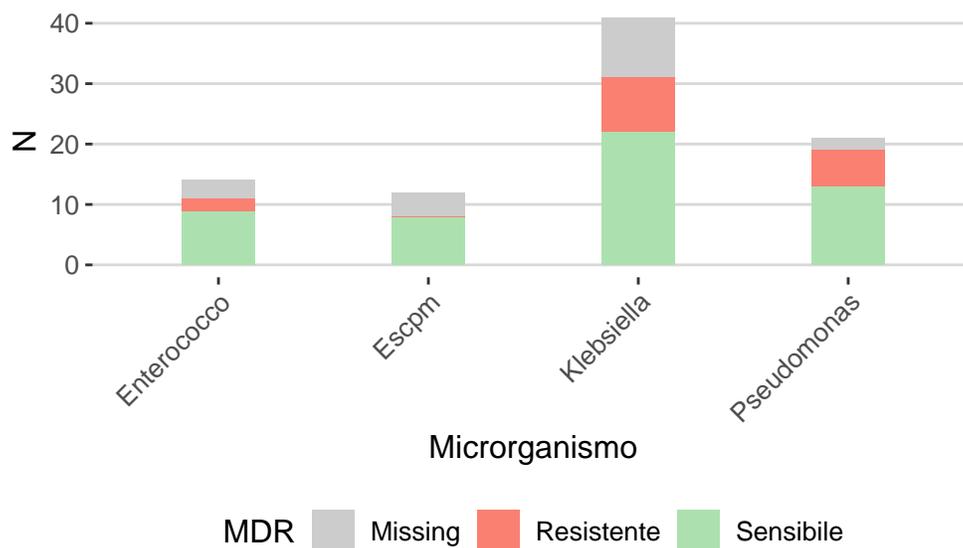
Legionella	4	4.8	0	0	0
Clamidia	1	1.2	0	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	45	53.6	29	5	17.2
Candida albicans	3	3.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.2	0	0	0
Aspergillo	2	2.4	0	0	0
Totale Funghi	6	7.1	0	0	0
Influenza A	4	4.8			
Altro Virus	3	3.6			
Totale Virus	7	8.3	0	0	0
Mycobacterium tuberculosis	1	1.2	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	1	1.2	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 (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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	8	Ertapenem	2	25
Klebsiella pneumoniae	8	Meropenem	2	25
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100
Pseudomonas aeruginosa	8	Meropenem	2	25
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20
Enterococco faecium	1	Vancomicina	1	100

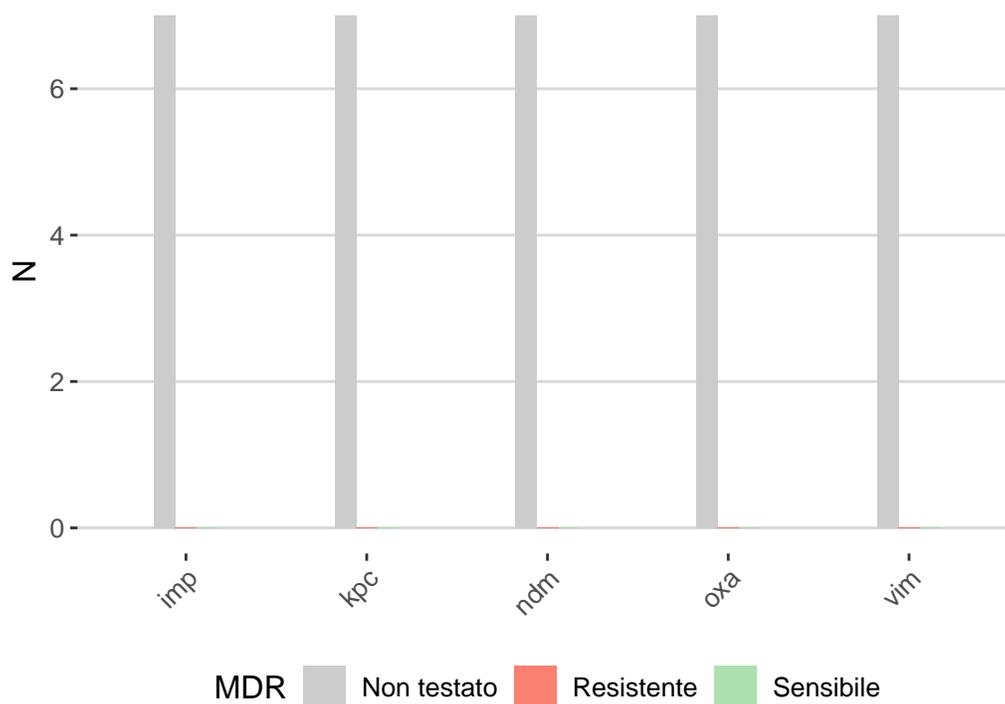
7.12.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con polmonite ospedaliera o da altra TI

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	7	100
Missing	3	

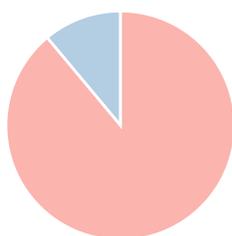
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	0	7
kpc	0	0	0	7
ndm	0	0	0	7
oxa	0	0	0	7
vim	0	0	0	7



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 148 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 11.1% della popolazione totale ammessa in TI.

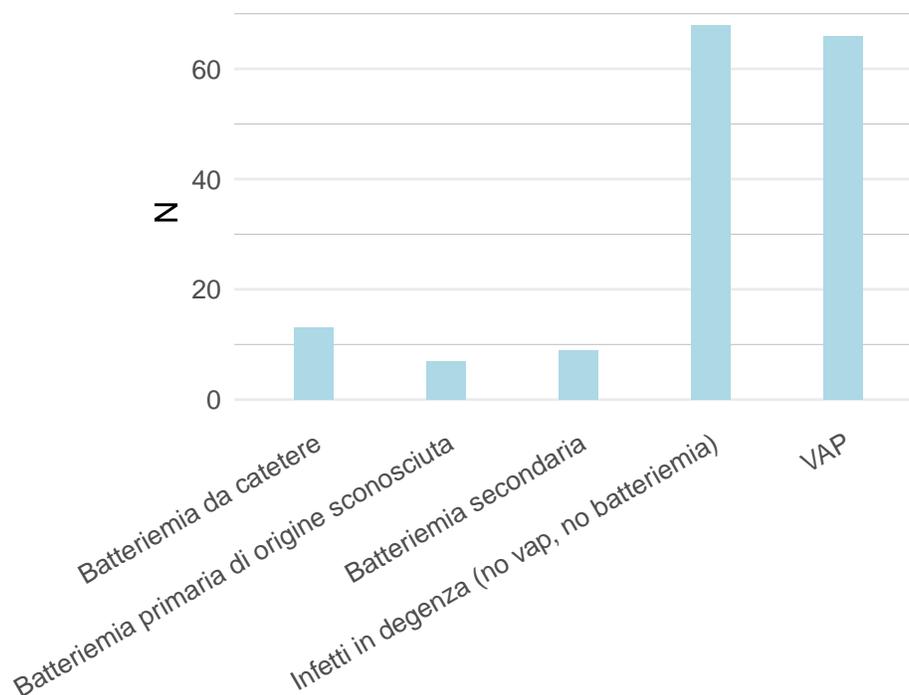


■ Infetti in degenza
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	148	11.1
Non infetti in degenza	1189	88.9

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1337).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



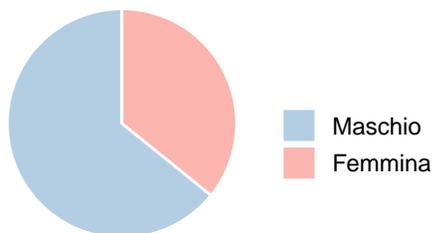
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	68	45.9
VAP	66	44.6
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	7	4.7
Batteriemia da catetere	13	8.8
Batteriemia secondaria	9	6.1

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 148)

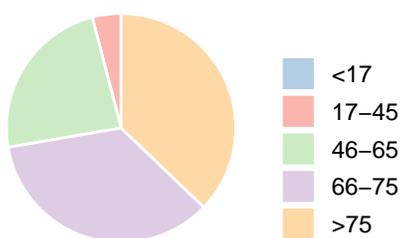
8 Pazienti infetti in degenza (N = 148)

8.1 Sesso



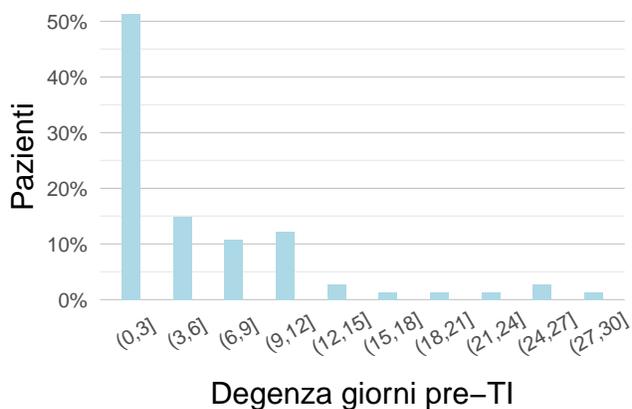
Sesso	N	%
Maschio	95	64.2
Femmina	53	35.8
Missing	0	0

8.2 Età



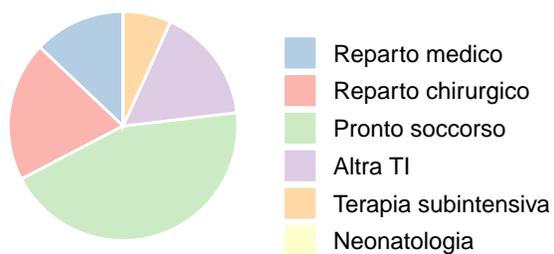
Range età	N	%
<17	0	0.0
17-45	6	4.1
46-65	35	23.6
66-75	52	35.1
>75	55	37.2
Missing	0	0

8.3 Degenza Pre TI (giorni)



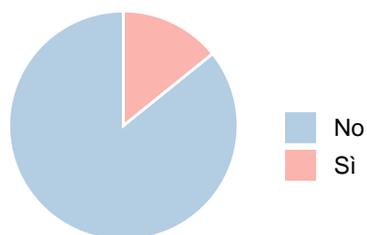
Indicatore	Valore
Media	5.8
DS	12.4
Mediana	1
Q1-Q3	0-6
Missing	0

8.4 Provenienza (reparto)



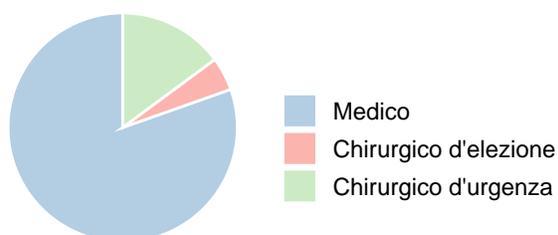
Provenienza	N	%
Reparto medico	19	12.9
Reparto chirurgico	29	19.7
Pronto soccorso	65	44.2
Altra TI	24	16.3
Terapia subintensiva	10	6.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	1	0

8.5 Trauma



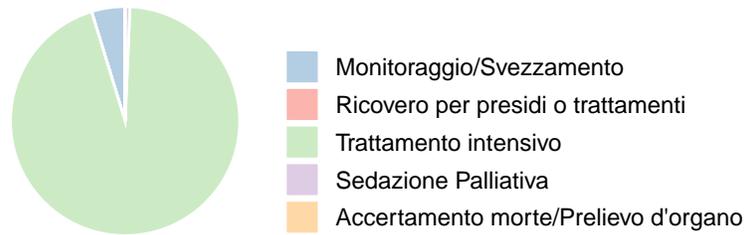
Trauma	N	%
No	127	85.8
Si	21	14.2
Missing	0	0

8.6 Stato Chirurgico



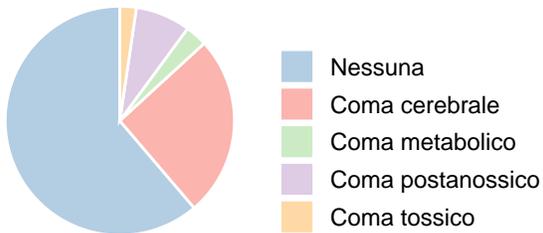
Stato chirurgico	N	%
Medico	119	80.4
Chirurgico d'elezione	7	4.7
Chirurgico d'urgenza	22	14.9
Missing	0	0

8.7 Motivo di ammissione



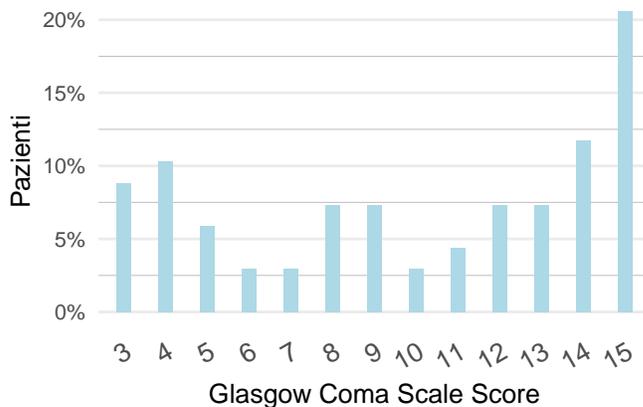
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	7	4.7
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	140	94.6
Sedazione Palliativa	1	0.7
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

8.8 Insufficienza neurologica



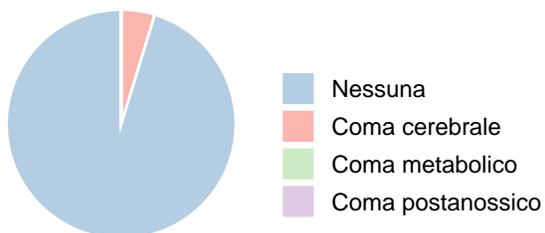
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	79	61.2
Coma cerebrale	33	25.6
Coma metabolico	4	3.1
Coma postanossico	10	7.8
Coma tossico	3	2.3
Missing	19	0

8.9 GCS (Glasgow Coma Scale) nelle prime 24 ore



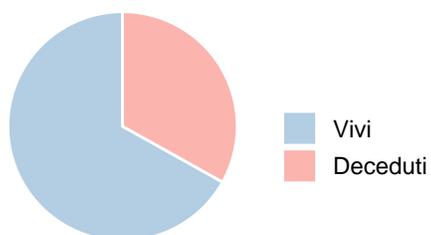
Indicatore	Valore
Media	8.0
DS	4.3
Mediana	9
Q1-Q3	3.8-12

8.10 Insufficienza neurologica insorta



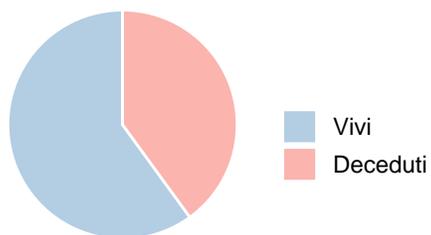
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	141	95.3
Coma cerebrale	7	4.7
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	0	0.0
Missing	0	

8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	99	66.9
Deceduti	49	33.1
Missing	0	0

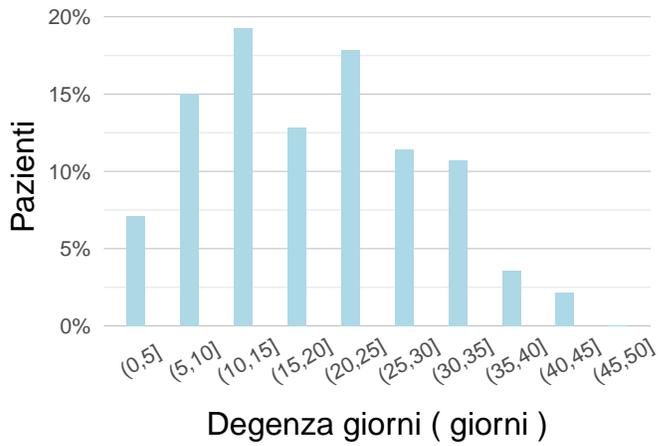
8.12 Mortalità ospedaliera *



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	84	60.0
Deceduti	56	40.0
Missing	3	0

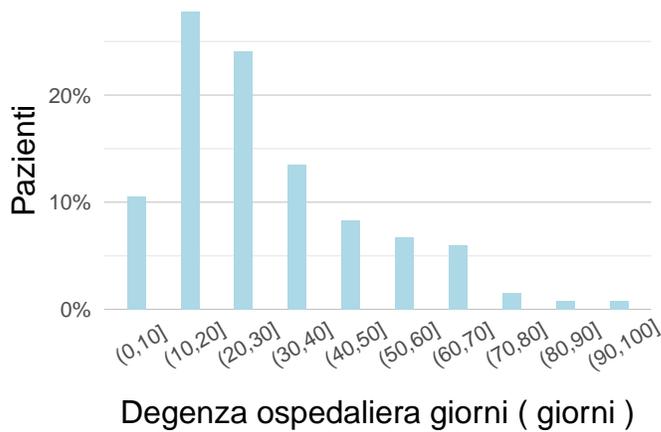
* Statistiche calcolate su 143 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

8.13 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	21.7 (13.7)
Mediana (Q1-Q3)	20 (12-28)
Missing	0

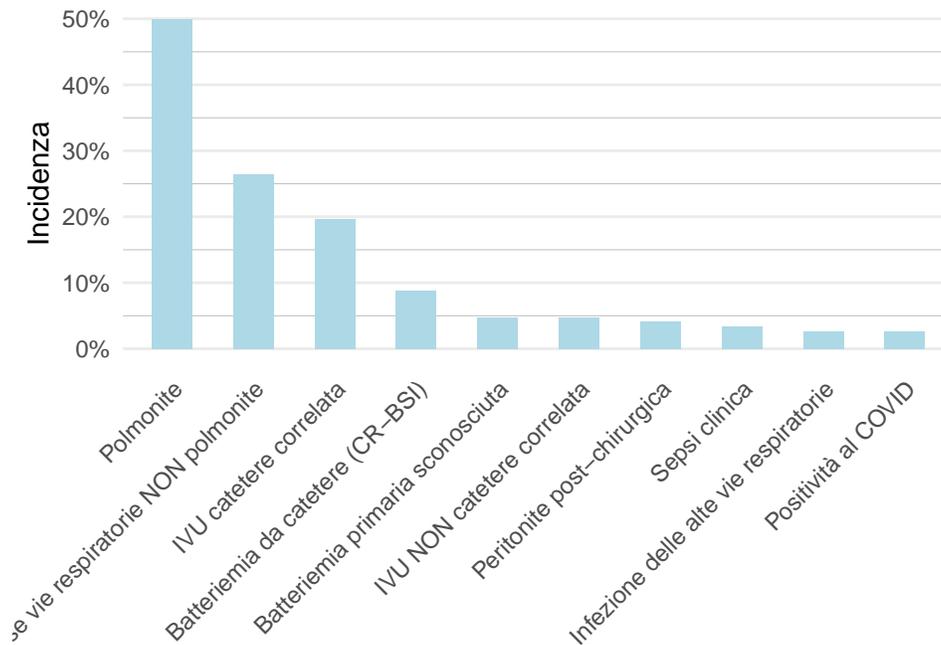
8.14 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	34.3 (26.9)
Mediana (Q1-Q3)	26 (17.8-43.5)
Missing	3

* Statistiche calcolate su 143 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 5).

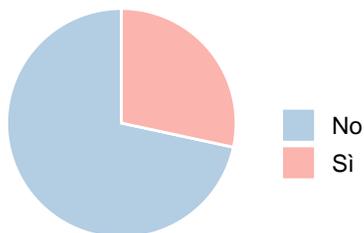
8.15 Infezioni in degenza (top 10)



Infezioni (top 10)

Infezione	N	%
Polmonite	74	50.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	39	26.4
IVU catetere correlata	29	19.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	13	8.8
Batteriemia primaria sconosciuta	7	4.7
IVU NON catetere correlata	7	4.7
Peritonite post-chirurgica	6	4.1
Sepsi clinica	5	3.4
Positività al COVID	4	2.7
Infezione delle alte vie respiratorie	4	2.7
Missing	0	

8.16 Infezione multisito



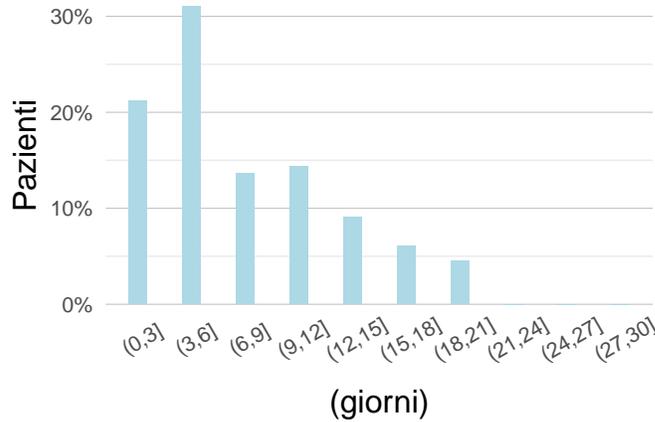
Infezione multisito	N	%
No	106	71.6
Si	42	28.4
Missing	0	0

8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	192
Numero totale di microrganismi isolati	215

* Non sono considerati gli episodi multipli nella stessa infezione.

8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	8.6
DS	6.6
Mediana	6
Q1-Q3	4-12
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	18.8	13.2 %
CI (95%)	15.8 - 22.1	11.1 - 15.5

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

Il primo:

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

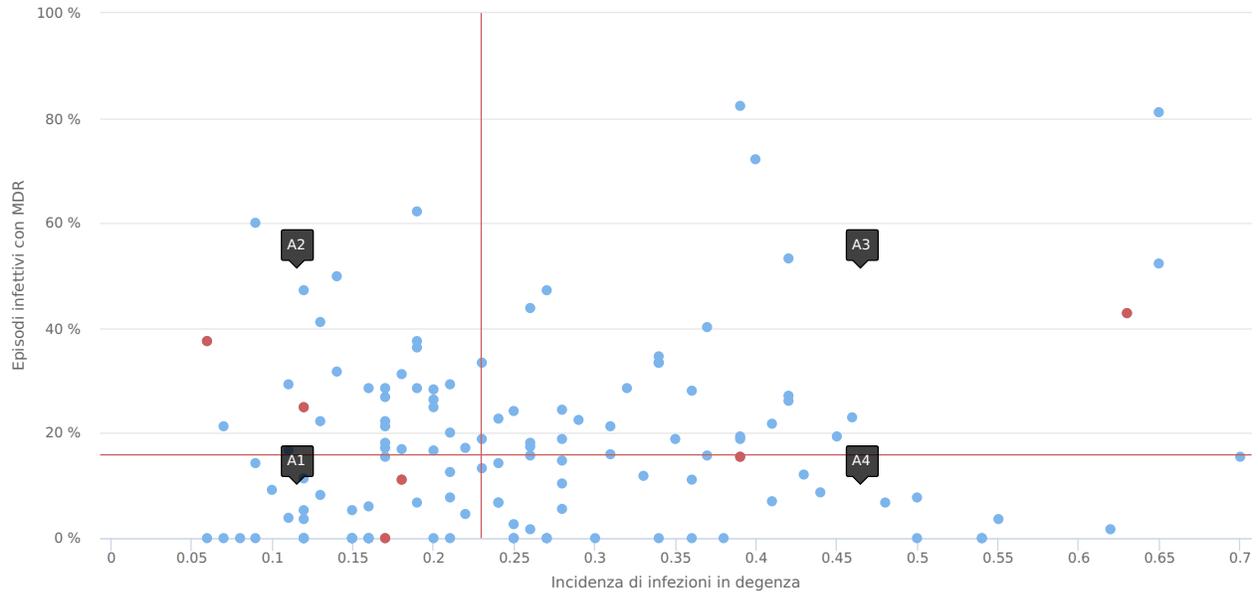
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

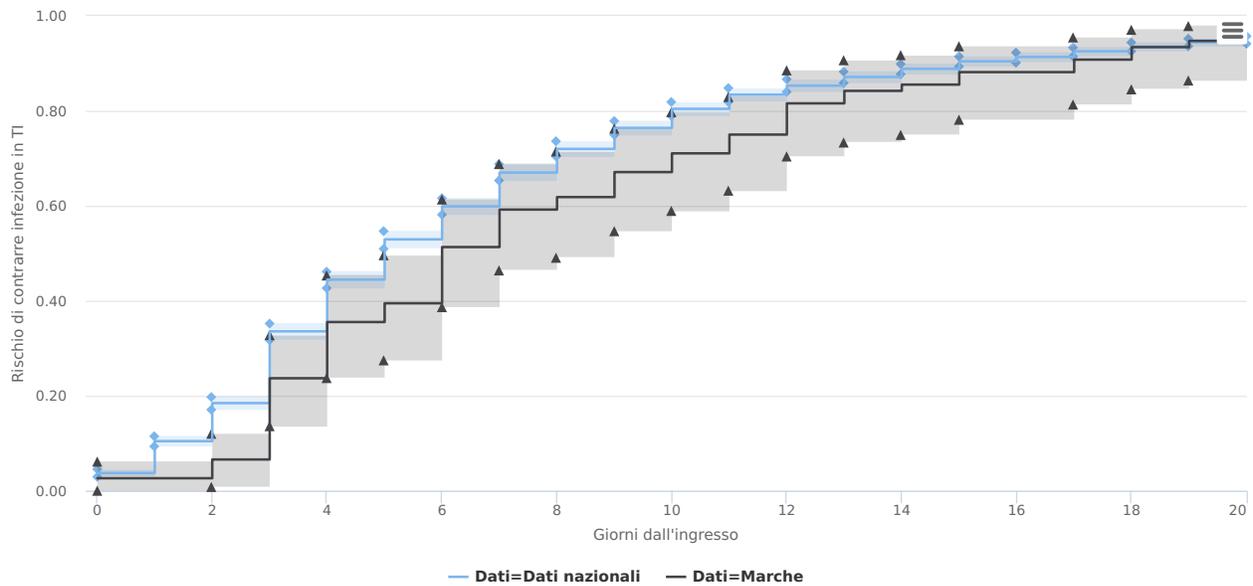
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

8.20 Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti

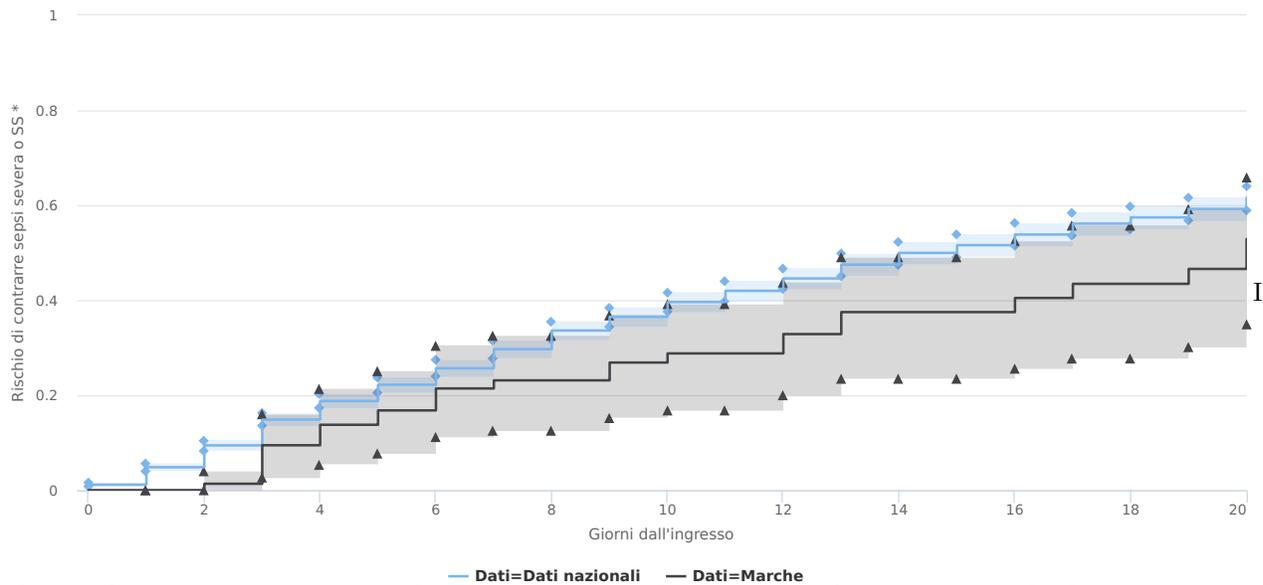


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* (ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente*). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. . Le due linee rosse intersecano il grafico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

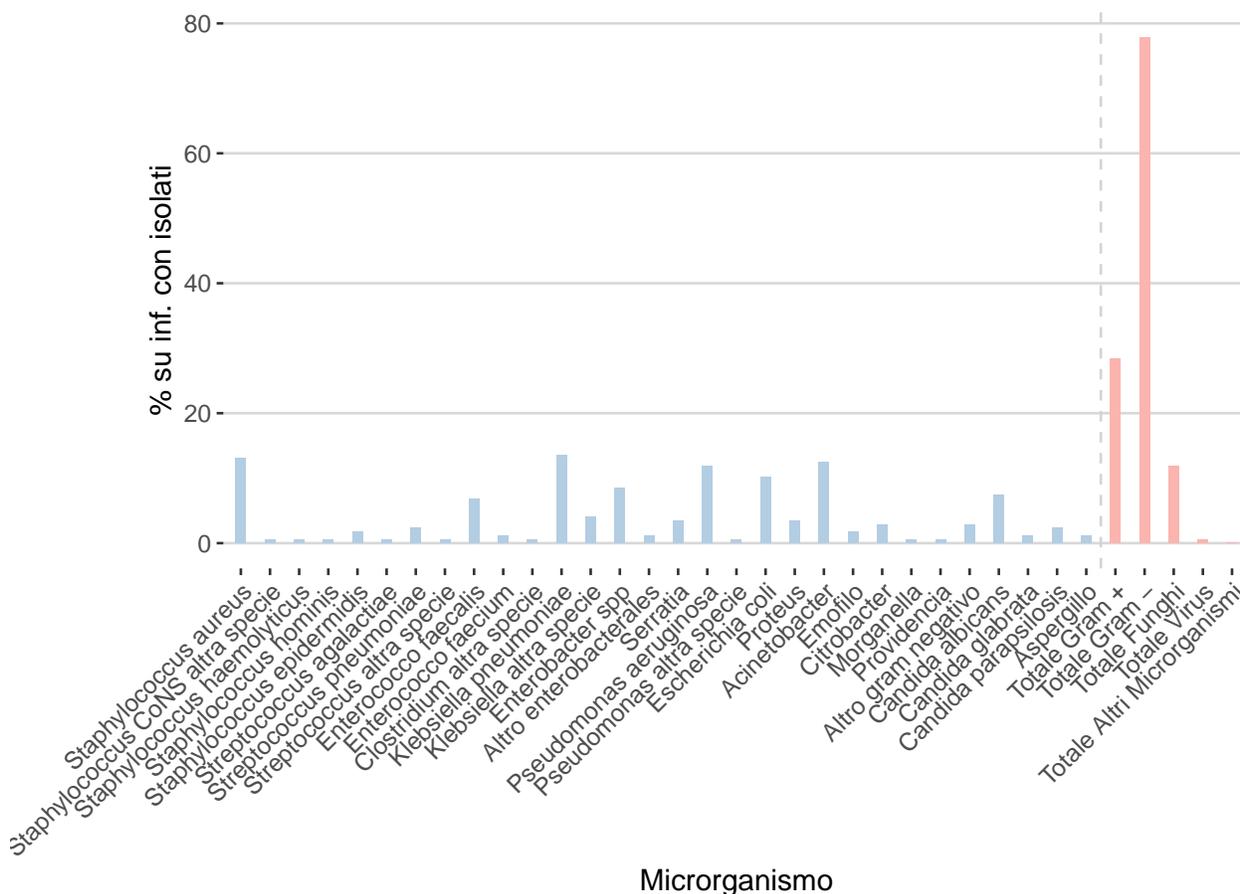
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni (Dati nazionali). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime 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	15	7.9
Sì	176	92.1
Missing	1	
Totale infezioni	192	
Totale microrganismi isolati	215	

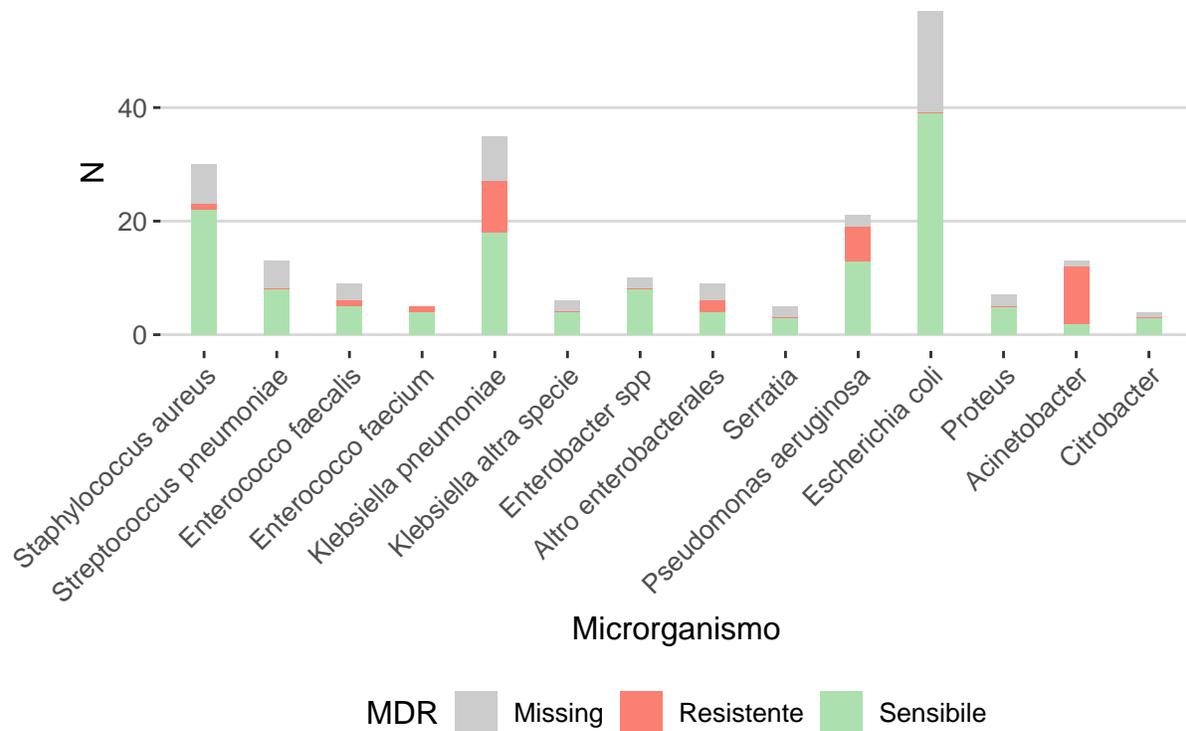
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	23	13.1	18	1	5.6
Staphylococcus CoNS altra specie	1	0.6	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.6	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	0.6	0	0	0

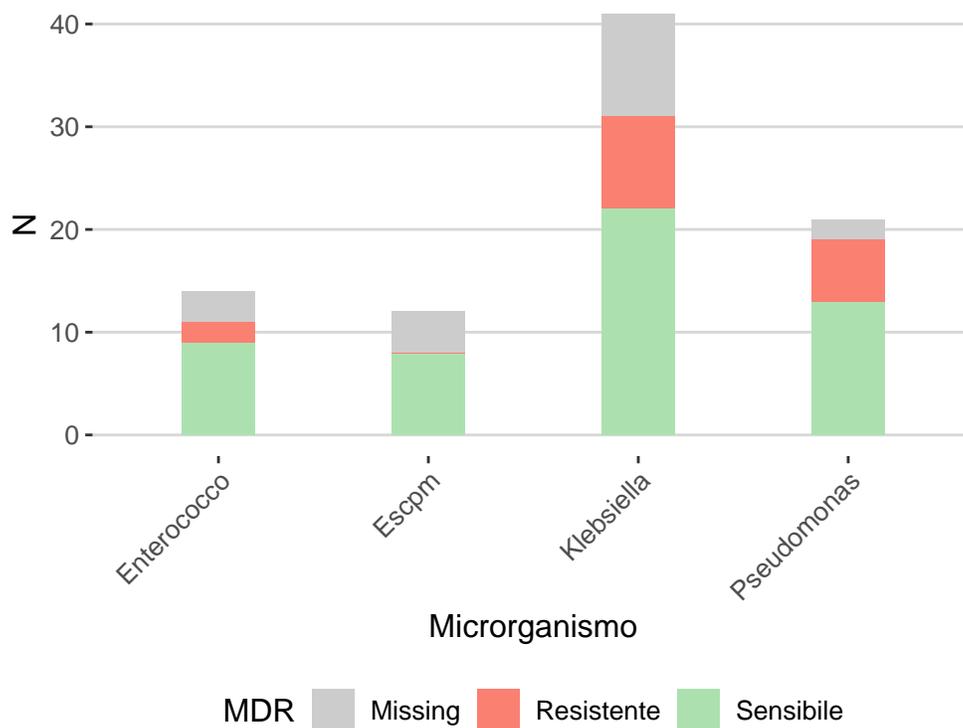
Staphylococcus epidermidis	3	1.7	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	0.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	4	2.3	4	0	0
Streptococcus altra specie	1	0.6	1	0	0
Enterococco faecalis	12	6.8	12	0	0
Enterococco faecium	2	1.1	2	0	0
Clostridium altra specie	1	0.6	0	0	0
Totale Gram +	50	28.4	38	2	5.3
Klebsiella pneumoniae	24	13.6	21	9	42.9
Klebsiella altra specie	7	4.0	7	0	0
Enterobacter spp	15	8.5	14	0	0
Altro enterobacterales	2	1.1	2	0	0
Serratia	6	3.4	5	0	0
Pseudomonas aeruginosa	21	11.9	17	5	29.4
Pseudomonas altra specie	1	0.6	0	0	0
Escherichia coli	18	10.2	16	0	0
Proteus	6	3.4	6	1	16.7
Acinetobacter	22	12.5	20	18	90
Emofilo	3	1.7	0	0	0
Citrobacter	5	2.8	4	0	0
Morganella	1	0.6	1	0	0
Providencia	1	0.6	0	0	0
Altro gram negativo	5	2.8	0	0	0
Totale Gram -	137	77.8	113	33	29.2
Candida albicans	13	7.4	0	0	0
Candida glabrata	2	1.1	0	0	0
Candida parapsilosis	4	2.3	0	0	0
Aspergillo	2	1.1	0	0	0
Totale Funghi	21	11.9	0	0	0
Altro Virus	1	0.6			
Totale Virus	1	0.6	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus haemolyticus*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus* CoNS altra specie, *Enterococcus* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Morganella*, *Pseudomonas* altra specie, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Influenza AH3N2*, *Influenza* altro A, *Influenza* B, *Influenza* tipo non specificato, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

8.21.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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	21	Ertapenem	4	19.05
Klebsiella pneumoniae	21	Meropenem	9	42.86
Proteus	6	Ertapenem	1	16.67
Acinetobacter	20	Imipenem	17	85.00
Acinetobacter	20	Meropenem	18	90.00
Pseudomonas aeruginosa	17	Imipenem	4	23.53
Pseudomonas aeruginosa	17	Meropenem	4	23.53
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00

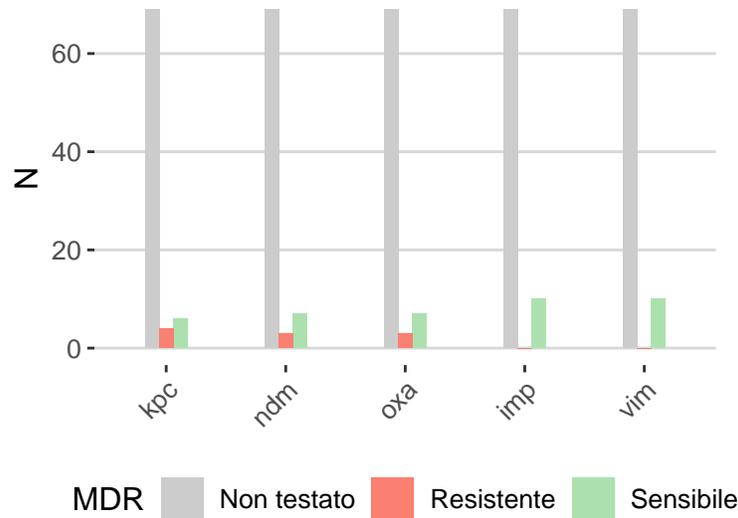
Staphylococcus aureus 18 Meticillina 1 5.56

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

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

	N	%
Sì	5	6.76
No	3	4.05
Non testato	66	89.19
Missing	19	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	10	69
kpc	4	40	6	69
ndm	3	30	7	69
oxa	3	30	7	69
vim	0	0	10	69



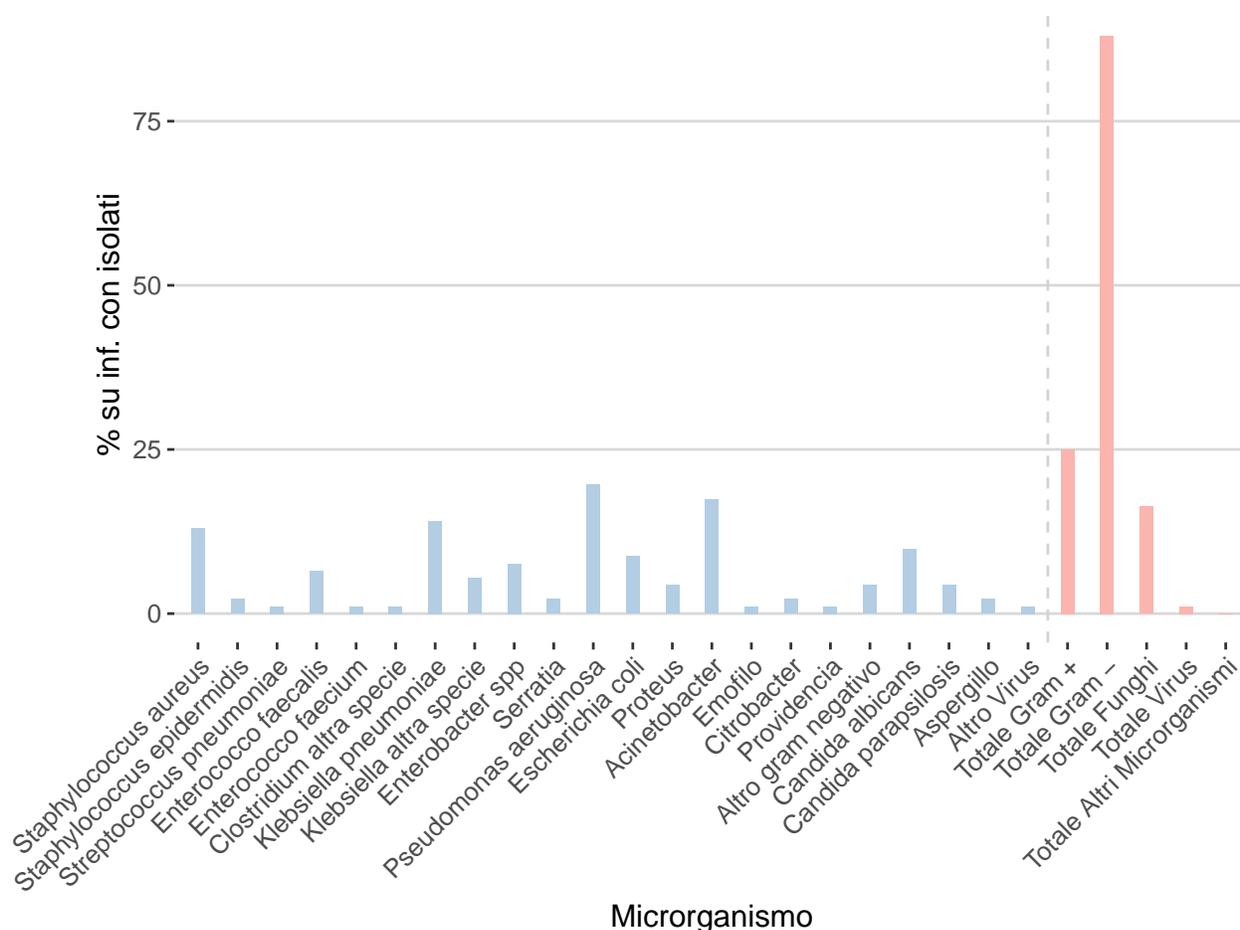
9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 72)

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	26	14.4
Sì	154	85.6
Missing	1	
Totale infezioni	181	
Totale microrganismi isolati	186	

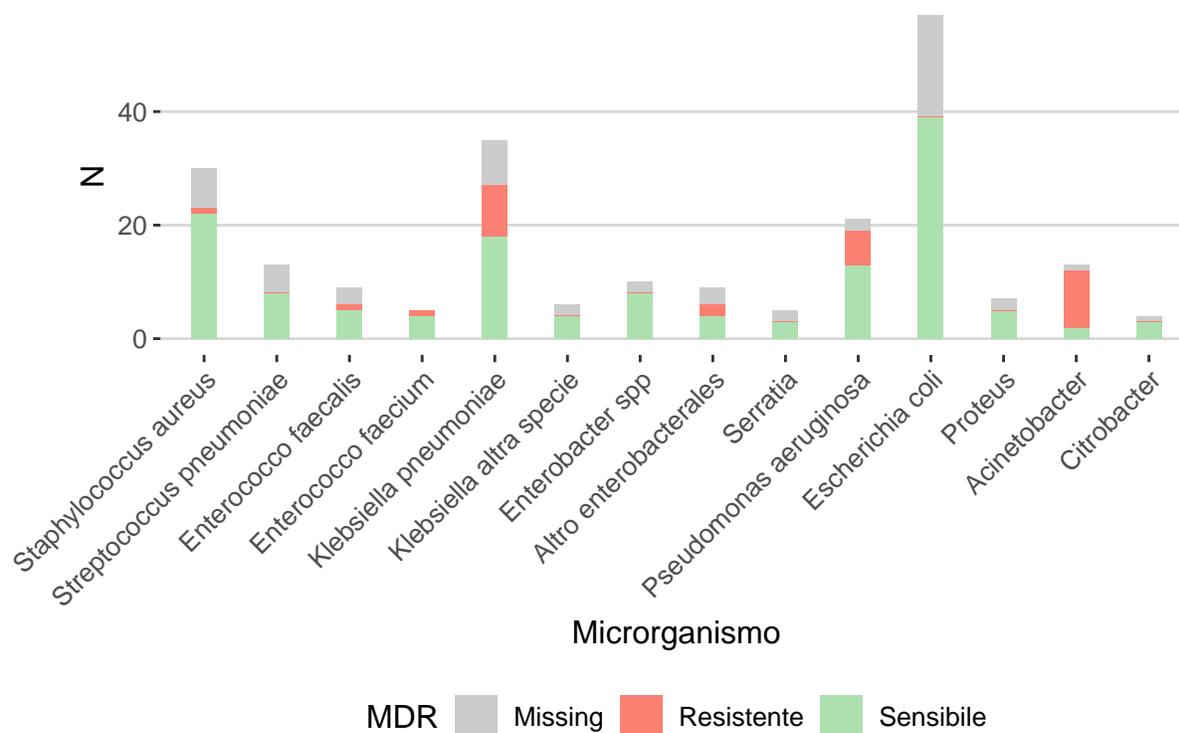
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

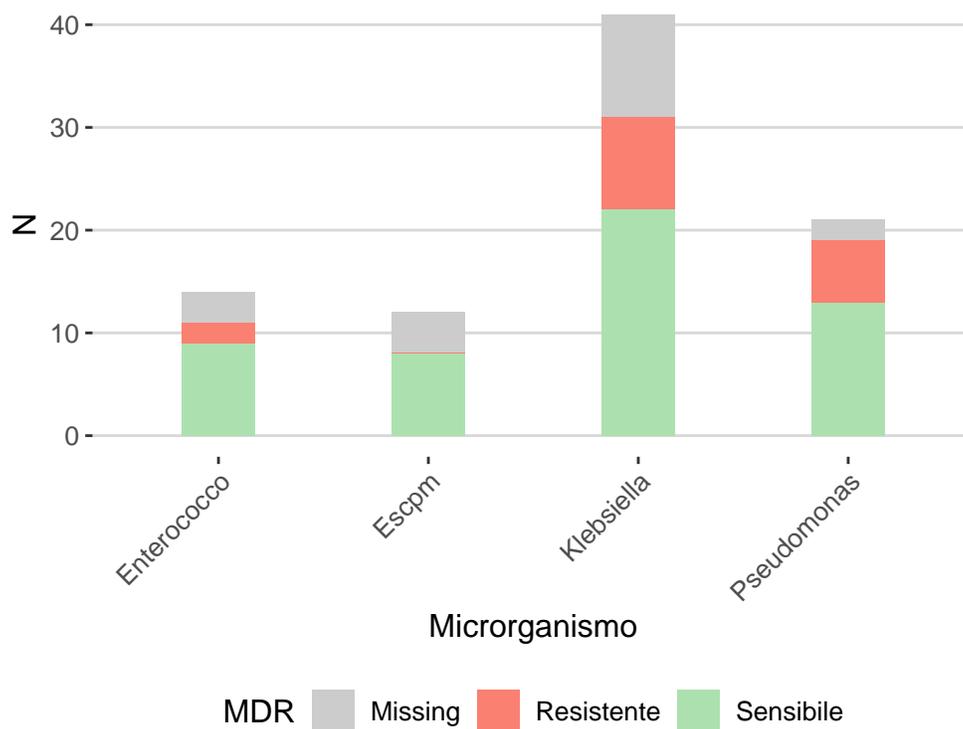
Staphylococcus aureus	12	13.0	10	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	2.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	1.1	1	0	0
Enterococco faecalis	6	6.5	6	0	0
Enterococco faecium	1	1.1	1	0	0
Clostridium altra specie	1	1.1	0	0	0
Totale Gram +	23	25.0	18	0	0
Klebsiella pneumoniae	13	14.1	11	7	63.6
Klebsiella altra specie	5	5.4	5	0	0
Enterobacter spp	7	7.6	6	0	0
Serratia	2	2.2	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	18	19.6	16	5	31.2
Escherichia coli	8	8.7	7	0	0
Proteus	4	4.3	4	0	0
Acinetobacter	16	17.4	15	15	100
Emofilo	1	1.1	0	0	0
Citrobacter	2	2.2	2	0	0
Providencia	1	1.1	0	0	0
Altro gram negativo	4	4.3	0	0	0
Totale Gram -	81	88.0	68	27	39.7
Candida albicans	9	9.8	0	0	0
Candida parapsilosis	4	4.3	0	0	0
Aspergillo	2	2.2	0	0	0
Totale Funghi	15	16.3	0	0	0
Altro Virus	1	1.1			
Totale Virus	1	1.1	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus haemolyticus*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus* CoNS altra specie, *Enterococcus* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Morganella*, *Pseudomonas* altra specie, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Influenza AH3N2*, *Influenza* altro A, *Influenza* B, *Influenza* tipo non specificato, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microorganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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.

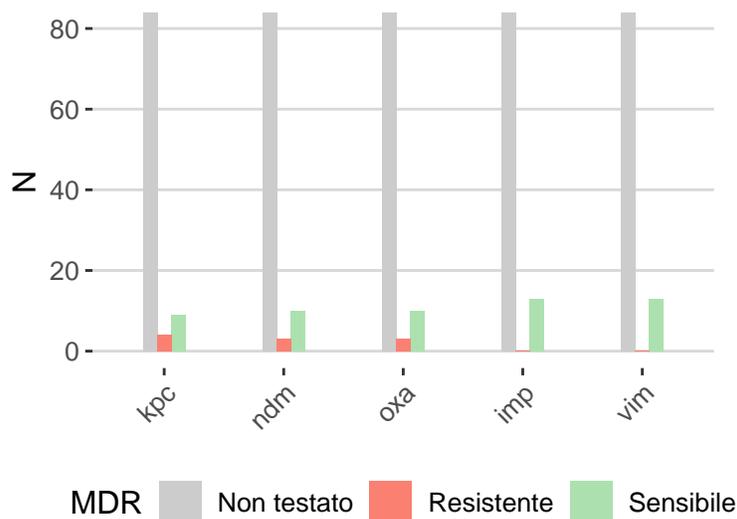
Microorganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	7	46.67
Acinetobacter	16	Imipenem	16	100.00
Acinetobacter	16	Meropenem	16	100.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Imipenem	7	35.00
Pseudomonas aeruginosa	20	Meropenem	3	15.00
Enterococco faecalis	8	Vancomicina	1	12.50

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

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

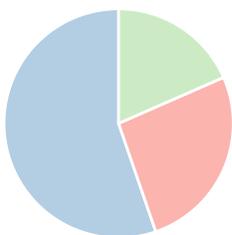
	N	%
Sì	5	5.81
No	5	5.81
Non testato	76	88.37
Missing	22	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	84
kpc	4	40	9	84
ndm	3	30	10	84
oxa	3	30	10	84
vim	0	0	13	84



10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 76)

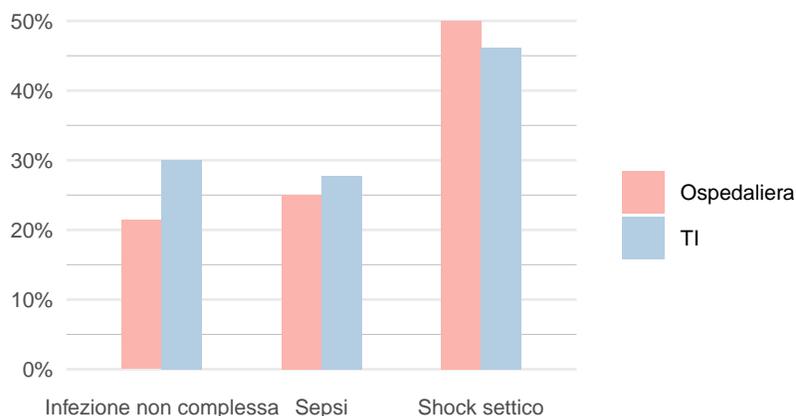
10.1 Gravità massima dell'infezione



■ Infezione non complessa
 ■ Sepsi
 ■ Shock settico

Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	42	55.3
Sepsi	20	26.3
Shock settico	14	18.4
Missing	0	0

10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



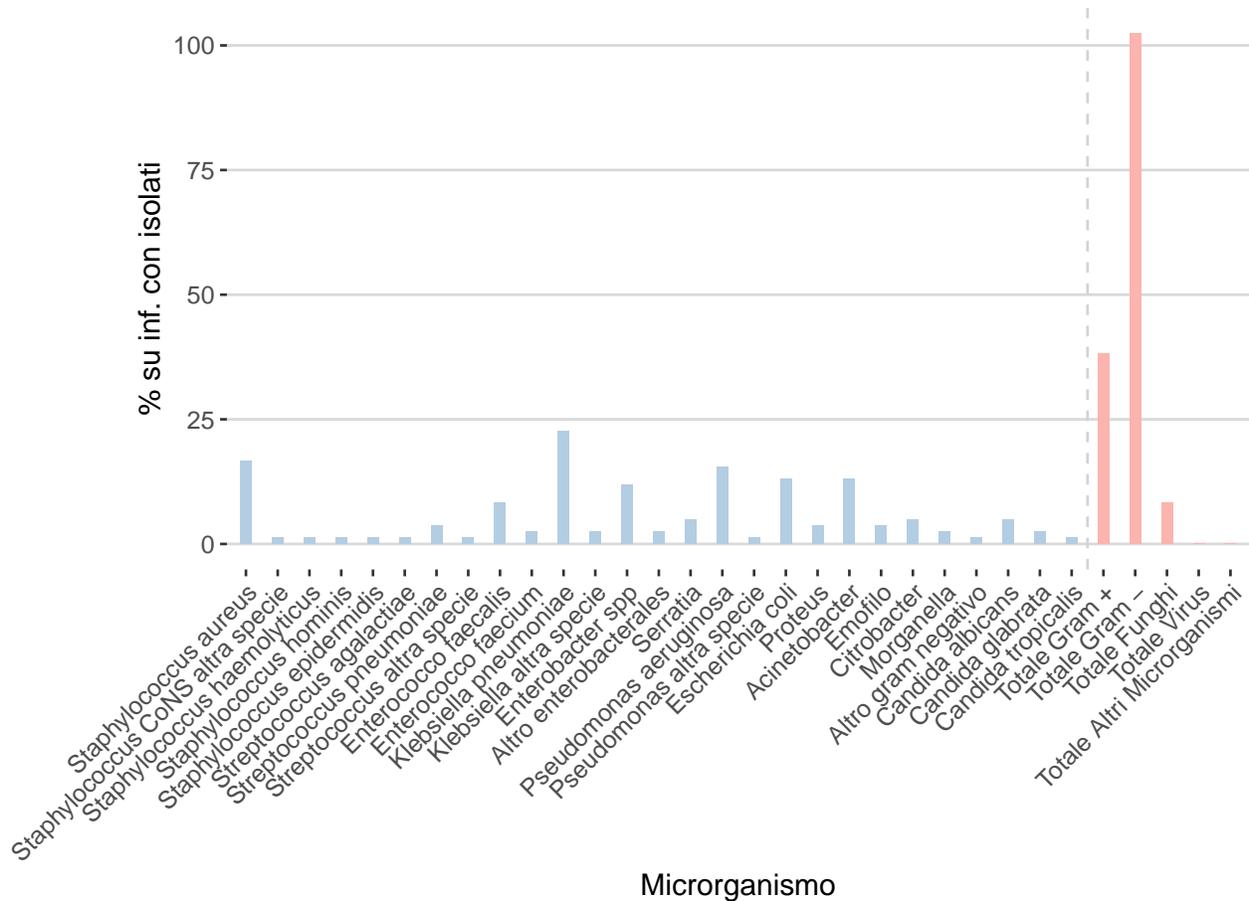
Mortalità per gravità infezione (%)	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	21.4	30.0
Sepsi	25.0	27.8
Shock settico	50.0	46.2

10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	17	14.9
Sì	97	85.1
Missing	0	
Totale infezioni	114	
Totale microrganismi isolati	125	

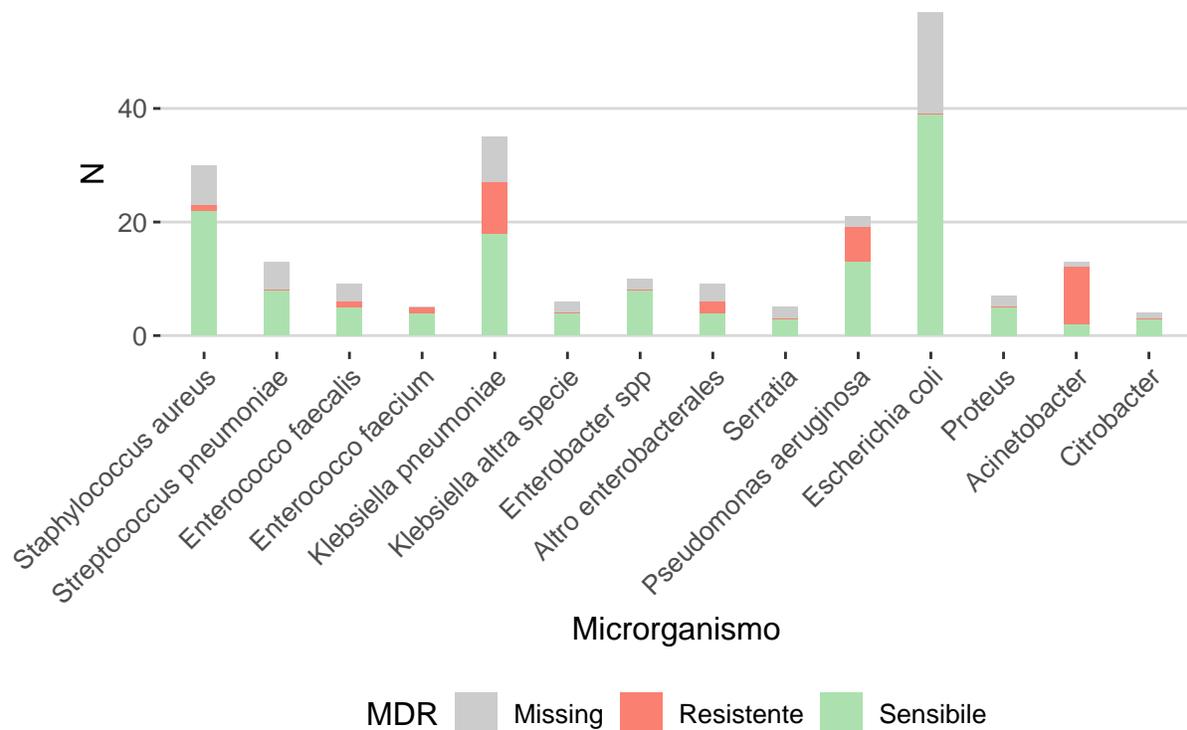
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	16.7	11	1	9.1
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	1.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.2	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	3	3.6	3	0	0
Streptococcus ultra specie	1	1.2	1	0	0
Enterococco faecalis	7	8.3	7	0	0
Enterococco faecium	2	2.4	2	0	0
Totale Gram +	32	38.1	25	2	8
Klebsiella pneumoniae	19	22.6	18	6	33.3
Klebsiella ultra specie	2	2.4	2	0	0
Enterobacter spp	10	11.9	10	0	0
Altro enterobacteriales	2	2.4	2	0	0
Serratia	4	4.8	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	15.5	11	4	36.4
Pseudomonas ultra specie	1	1.2	0	0	0

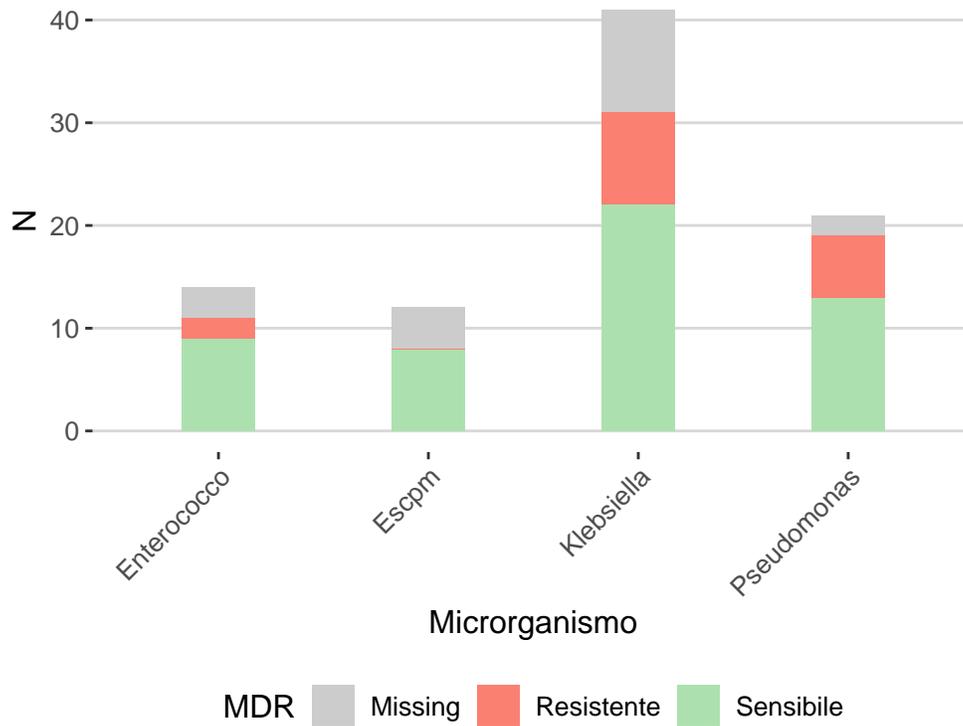
Escherichia coli	11	13.1	9	0	0
Proteus	3	3.6	3	1	33.3
Acinetobacter	11	13.1	10	7	70
Emofilo	3	3.6	0	0	0
Citrobacter	4	4.8	3	0	0
Morganella	2	2.4	2	0	0
Altro gram negativo	1	1.2	0	0	0
Totale Gram -	86	102.4	73	18	24.7
Candida albicans	4	4.8	0	0	0
Candida glabrata	2	2.4	0	0	0
Candida tropicalis	1	1.2	0	0	0
Totale Funghi	7	8.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

10.3.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti infetti solo in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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	18	Ertapenem	4	22.22
Klebsiella pneumoniae	18	Meropenem	6	33.33
Proteus	3	Ertapenem	1	33.33
Acinetobacter	10	Imipenem	6	60.00
Acinetobacter	10	Meropenem	7	70.00
Pseudomonas aeruginosa	11	Imipenem	1	9.09
Pseudomonas aeruginosa	11	Meropenem	4	36.36
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00

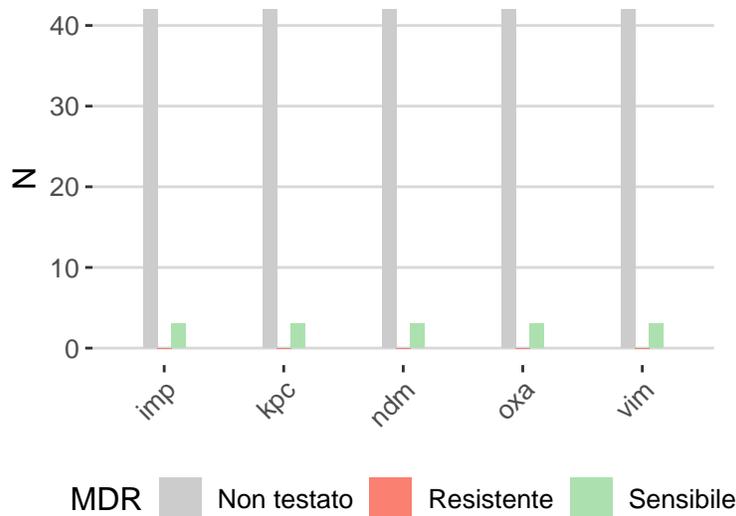
Staphylococcus aureus 11 Meticillina 1 9.09

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

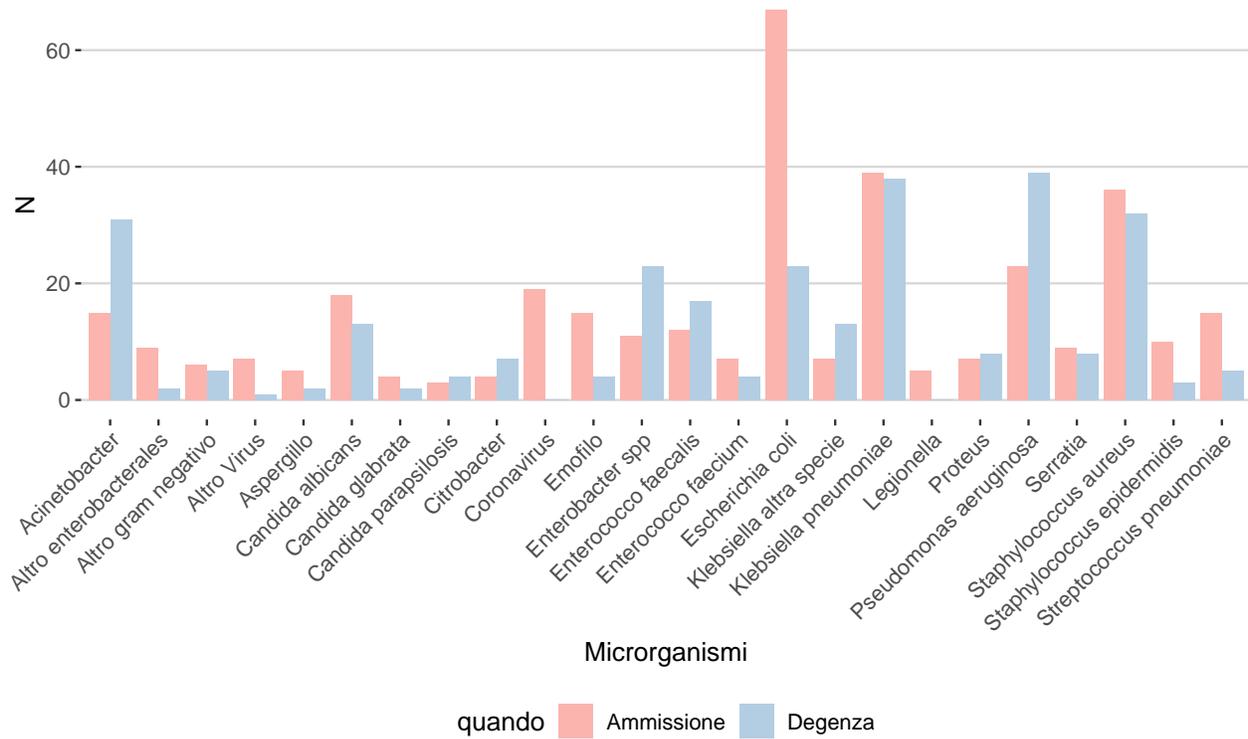
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	0	0
No	3	6.98
Non testato	40	93.02
Missing	11	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	3	42
kpc	0	0	3	42
ndm	0	0	3	42
oxa	0	0	3	42
vim	0	0	3	42



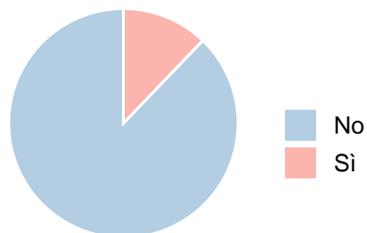
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	46	15	32.6	31	67.4
Pseudomonas aeruginosa	62	23	37.1	39	62.9
Candida albicans	31	18	58.1	13	41.9
Aspergillo	7	5	71.4	2	28.6
Citrobacter	11	4	36.4	7	63.6
Coronavirus	19	19	100	0	0
Enterobacter spp	34	11	32.4	23	67.6
Staphylococcus epidermidis	13	10	76.9	3	23.1
Escherichia coli	90	67	74.4	23	25.6
Enterococco faecalis	29	12	41.4	17	58.6
Enterococco faecium	11	7	63.6	4	36.4
Candida glabrata	6	4	66.7	2	33.3
Emofilo	19	15	78.9	4	21.1
Legionella	5	5	100	0	0
Altro gram negativo	11	6	54.5	5	45.5
Altro enterobacterales	11	9	81.8	2	18.2
Klebsiella altra specie	20	7	35	13	65
Altro Virus	8	7	87.5	1	12.5
Candida parapsilosis	7	3	42.9	4	57.1
Klebsiella pneumoniae	77	39	50.6	38	49.4
Streptococcus pneumoniae	20	15	75	5	25
Proteus	15	7	46.7	8	53.3
Serratia	17	9	52.9	8	47.1
Staphylococcus aureus	68	36	52.9	32	47.1

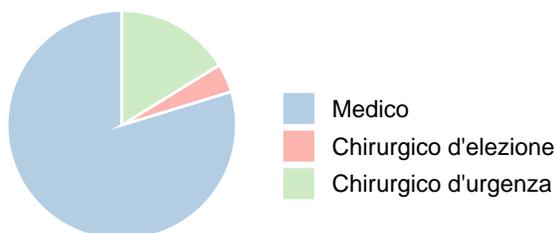
11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 74)

11.1 Trauma



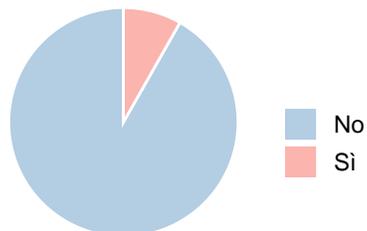
Trauma	N	%
No	65	87.8
Sì	9	12.2
Missing	0	0

11.2 Stato Chirurgico



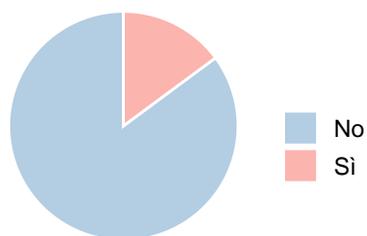
Stato chirurgico	N	%
Medico	59	79.7
Chirurgico d'elezione	3	4.1
Chirurgico d'urgenza	12	16.2
Missing	0	0

11.3 Infezione batteriemica



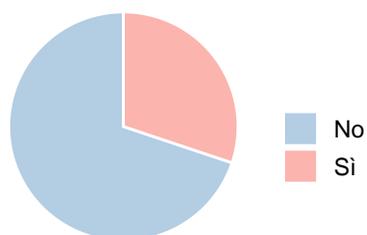
Batteriemica	N	%
No	67	91.8
Sì	6	8.2
Missing	1	0

11.4 Infezioni multisito



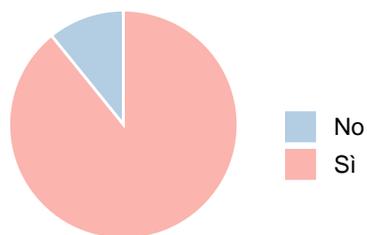
Infezione multisito	N	%
No	63	85.1
Si	11	14.9
Missing	0	0

11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	51	69.9
Si	22	30.1
Missing	1	0

11.6 Polmonite associata a ventilazione (VAP) *

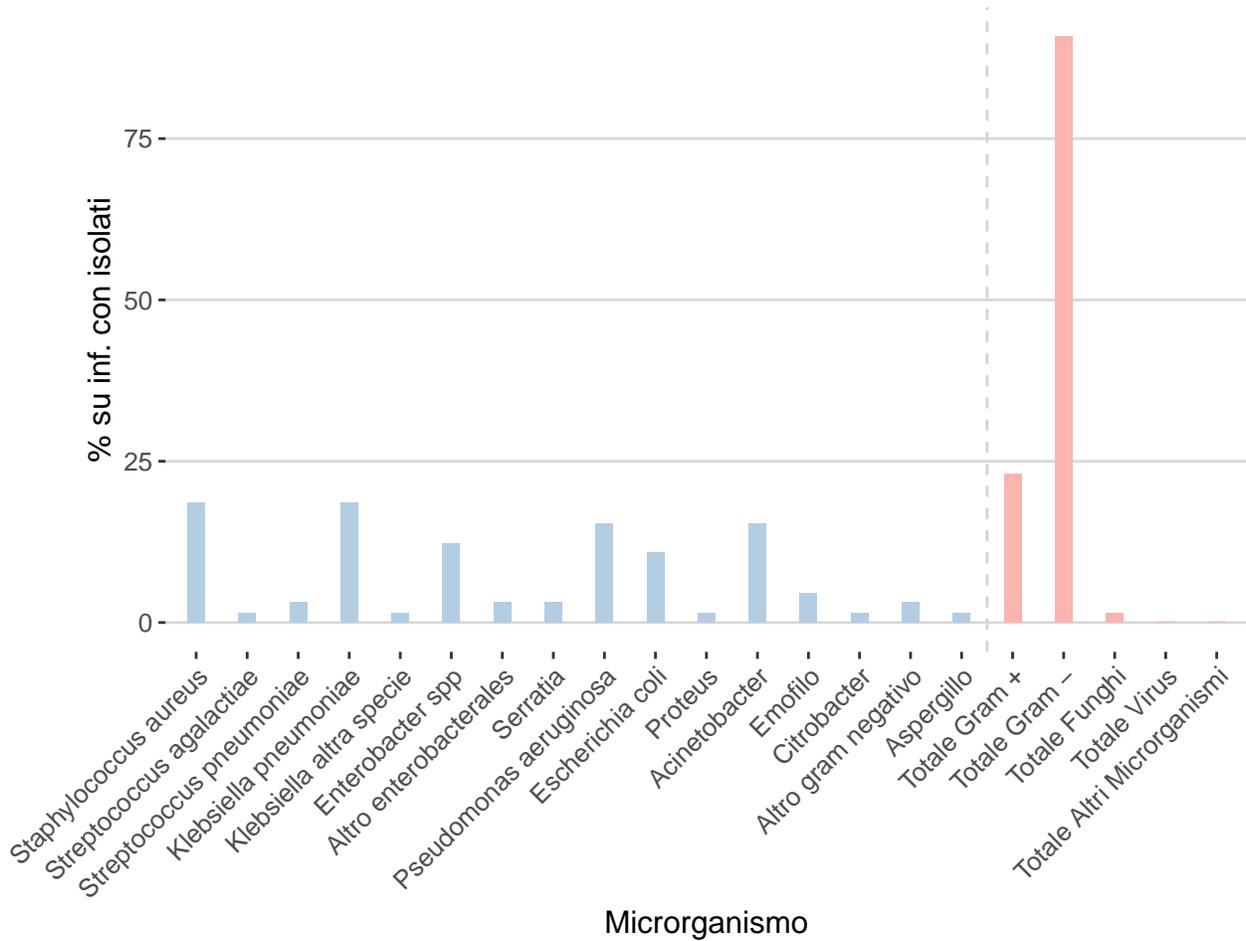


Polmonite associata a VAP	N	%
No	8	10.8
Si	66	89.2
Missing	0	0

* 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

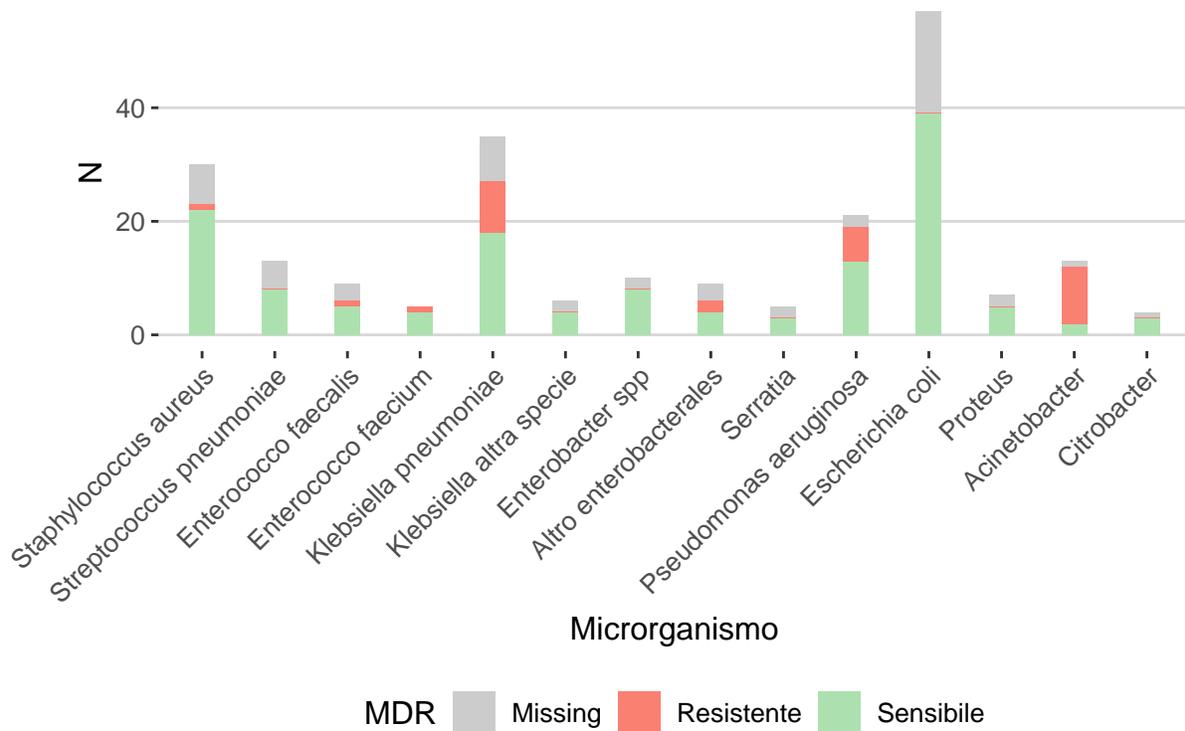
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	12	18.5	10	1	10
Streptococcus agalactiae	1	1.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	3.1	2	0	0
Totale Gram +	15	23.1	12	1	8.3
Klebsiella pneumoniae	12	18.5	12	6	50
Klebsiella altra specie	1	1.5	1	0	0
Enterobacter spp	8	12.3	8	0	0
Altro enterobacterales	2	3.1	2	0	0
Serratia	2	3.1	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	10	15.4	9	4	44.4
Escherichia coli	7	10.8	6	0	0
Proteus	1	1.5	1	0	0

Acinetobacter	10	15.4	9	7	77.8
Emofilo	3	4.6	0	0	0
Citrobacter	1	1.5	1	0	0
Altro gram negativo	2	3.1	0	0	0
Totale Gram -	59	90.8	51	17	33.3
Aspergillo	1	1.5	0	0	0
Totale Funghi	1	1.5	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

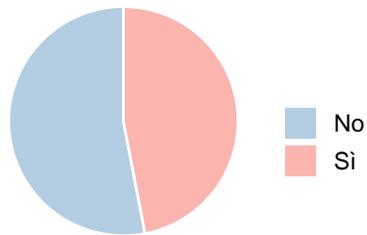
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

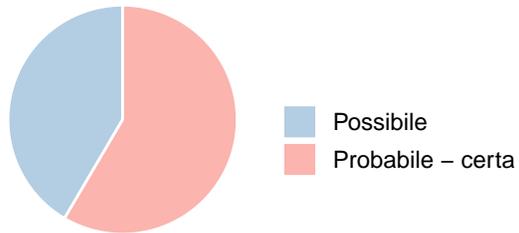
12 Pazienti con VAP in degenza (N = 66)

12.1 VAP precoce



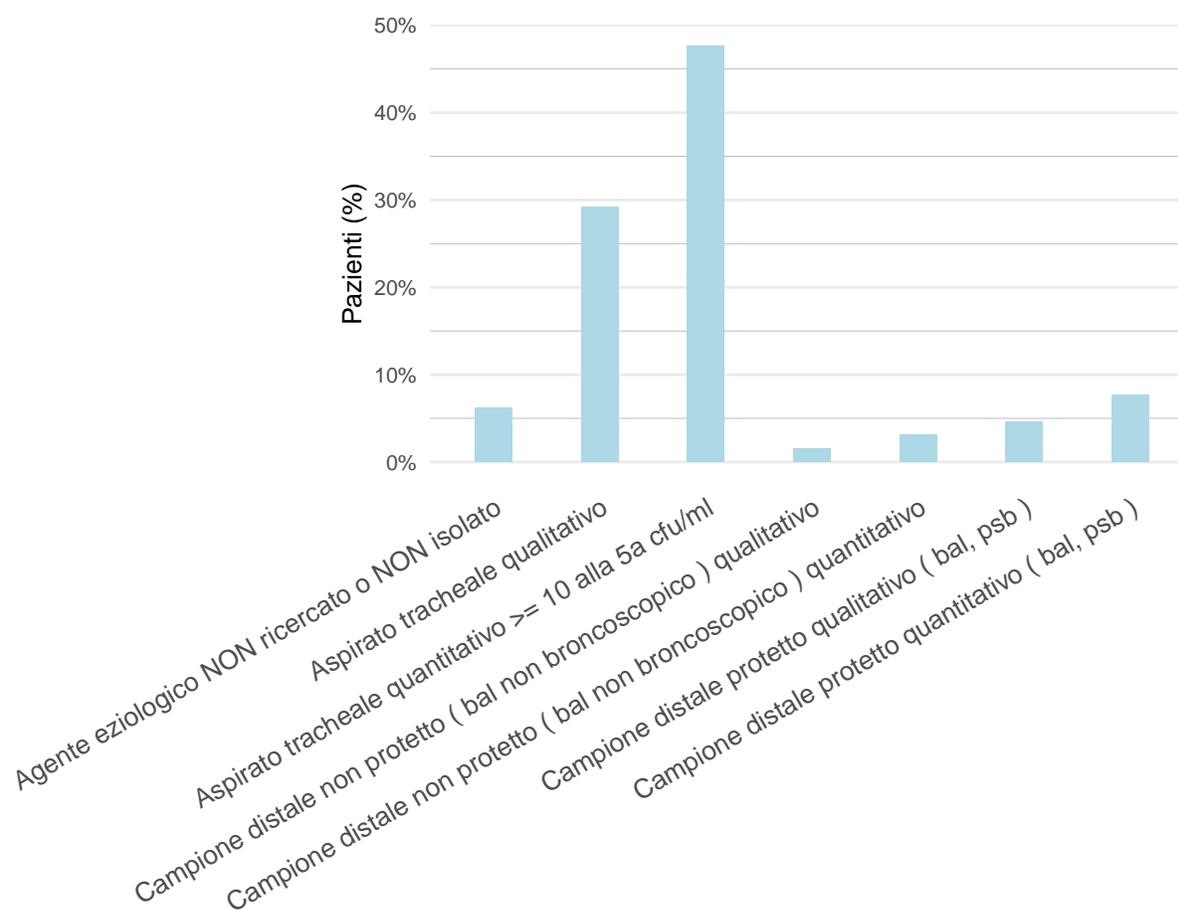
VAP precoce	N	%
No	35	53.0
Sì	31	47.0
Missing	0	0

12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	27	41.5
Probabile - certa	38	58.5
Missing	28	0

12.3 Criteri diagnostici microbiologici

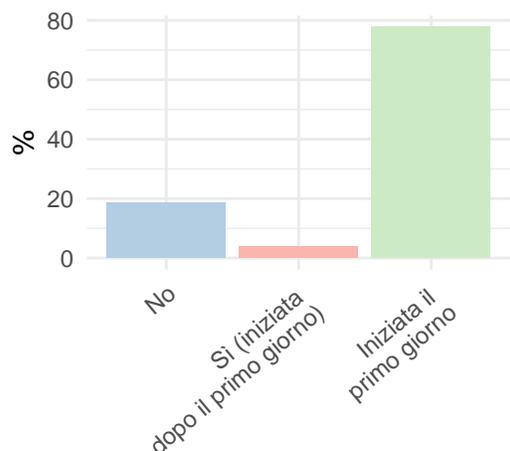


Criteri diagnostici microbiologici

Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	2	3.1
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	1.5
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	3	4.6
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	5	7.7
Aspirato tracheale quantitativo >= 10 alla 5a cfu/ml	31	47.7
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	0	0.0
Aspirato tracheale qualitativo	19	29.2
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	4	6.2
Missing	28	0

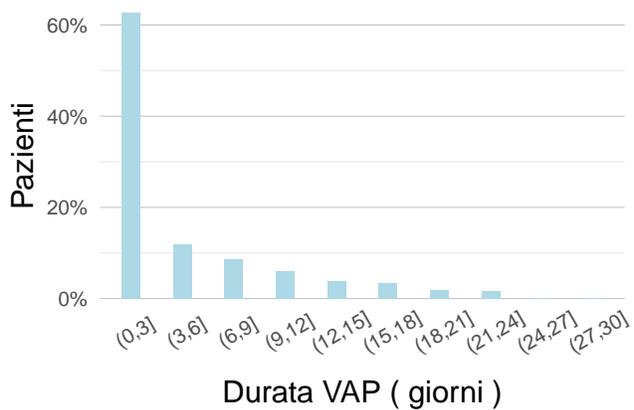
12.4 Fattori di rischio per VAP (N = 1337)

12.4.1 Ventilazione invasiva



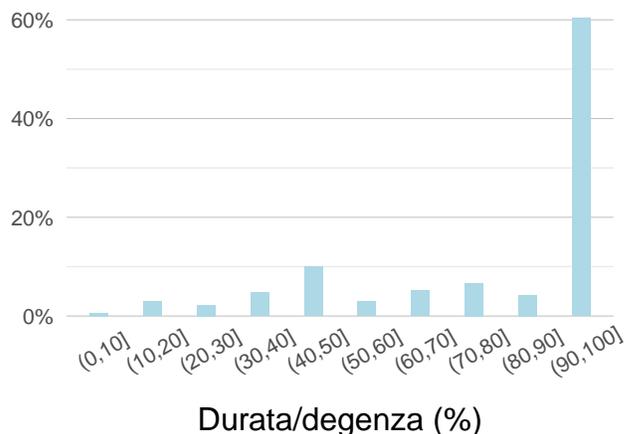
Ventilazione invasiva	N	%
No	245	18.5
Sì	1078	81.5
Iniziata il primo giorno	1039	77.7
Missing	14	0.0

12.4.2 Durata ventilazione invasiva (giorni)



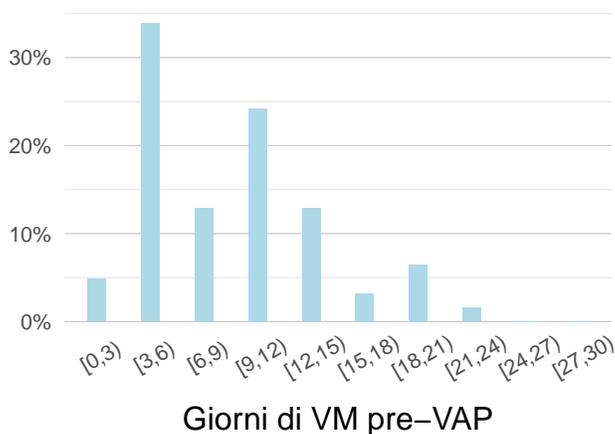
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.2 (9.2)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-8)
Missing	0

12.4.3 Durata/degenza in TI (%)



Indicatore	Valore
Media (DS)	81.6 (26.0)
Mediana (Q1-Q3)	100 (64.6-100)
Missing	0

12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	66
Media (DS)	9.2 (6.3)
Mediana (Q1-Q3)	9 (4-12)
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	11.6	8.1 %
CI (95%)	9.0 - 14.8	6.3 - 10.4

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.

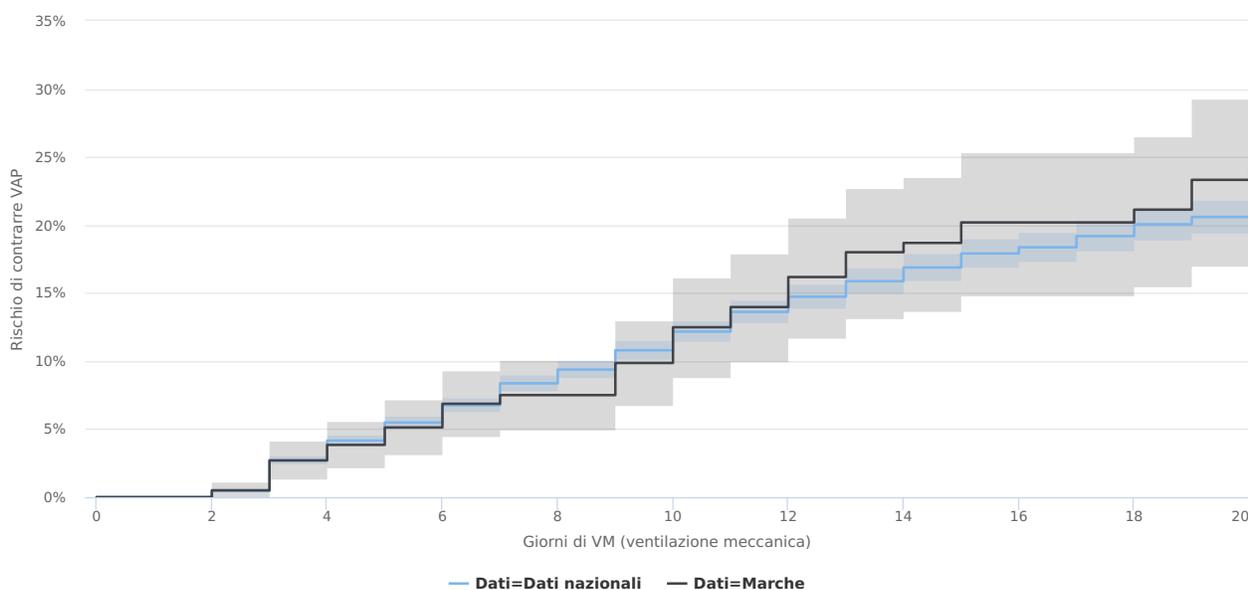
Il secondo invece:

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

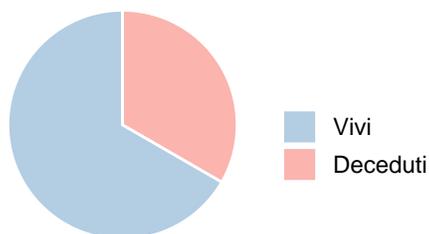
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

Rischio di contrarre VAP in TI

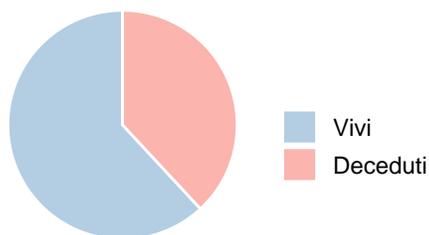


12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	44	66.7
Deceduti	22	33.3
Missing	0	0

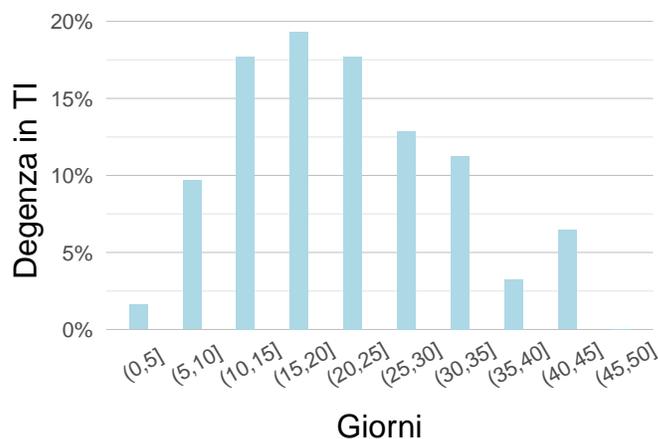
12.8 Mortalità ospedaliera *



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	39	61.9
Deceduti	24	38.1
Missing	2	0

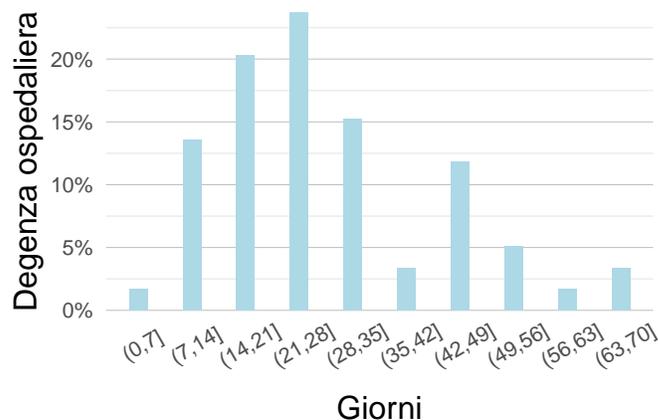
* Statistiche calcolate su 65 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

12.9 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	24.5 (13.4)
Mediana (Q1-Q3)	21.5 (15-30.8)
Missing	0

12.10 Degenza ospedaliera (giorni) *



Indicatore	Valore
Media (DS)	33.8 (24.2)
Mediana (Q1-Q3)	26 (20-44)
Missing	2

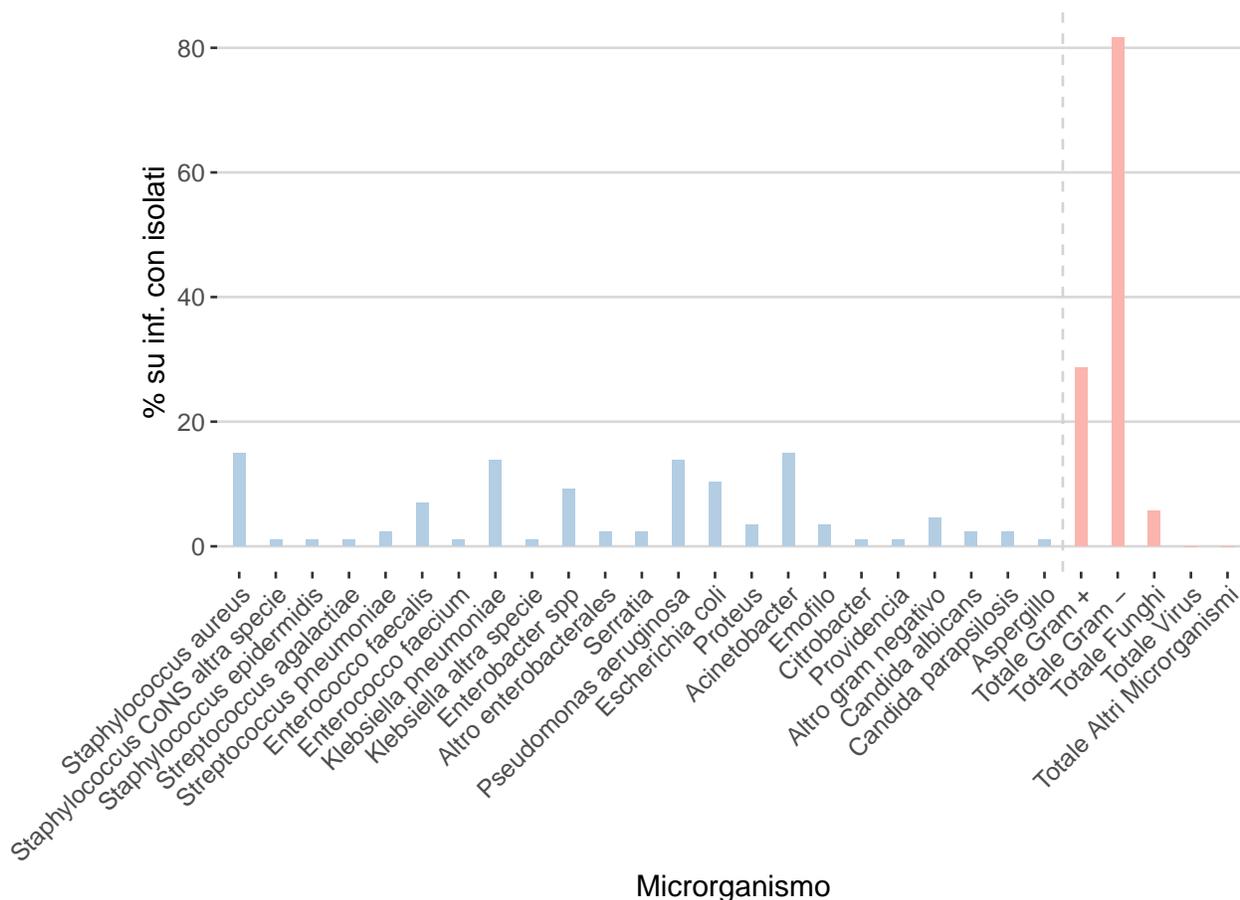
* Statistiche calcolate su 65 escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

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	5	5.4
Sì	87	94.6
Missing	1	
Totale infezioni	93	
Totale microrganismi isolati	103	

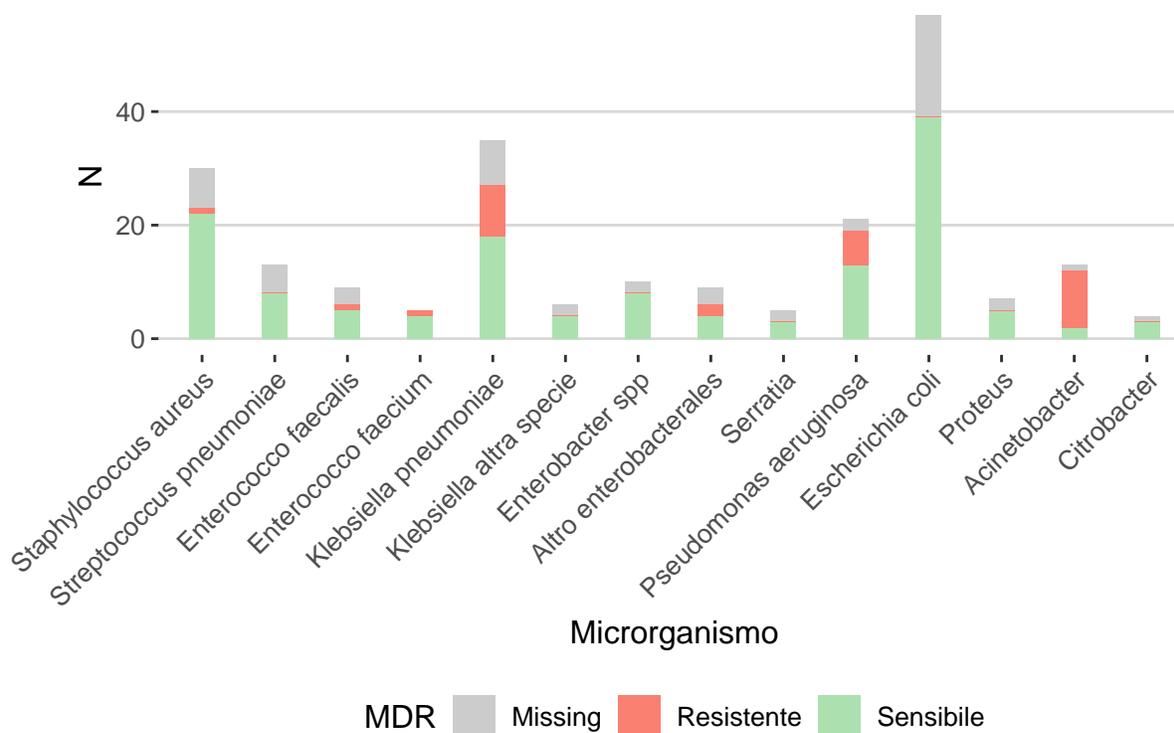
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	13	14.9	10	1	10
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.1	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	1	1.1	0	0	0

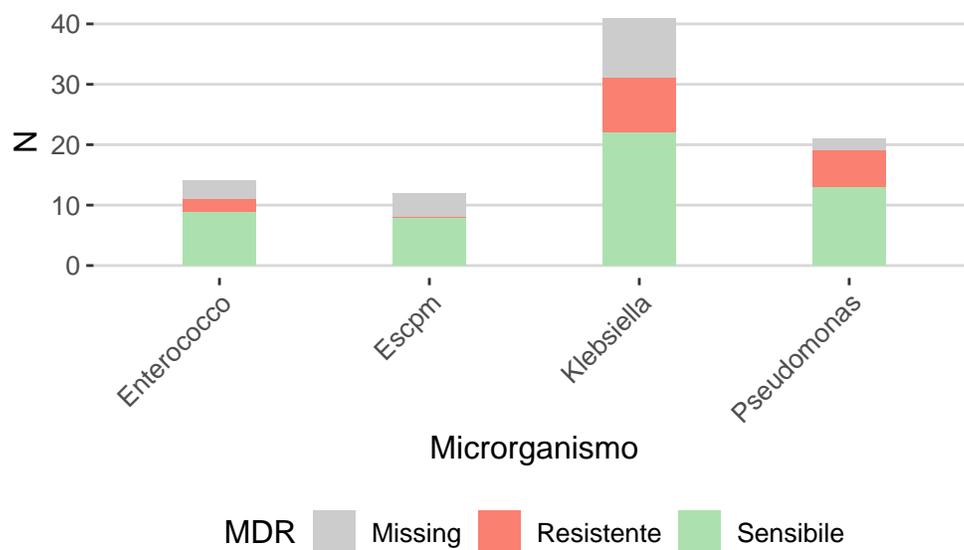
Streptococcus agalactiae	1	1.1	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	2.3	2	0	0
Enterococco faecalis	6	6.9	6	0	0
Enterococco faecium	1	1.1	1	0	0
Totale Gram +	25	28.7	19	1	5.3
Klebsiella pneumoniae	12	13.8	12	6	50
Klebsiella altra specie	1	1.1	1	0	0
Enterobacter spp	8	9.2	8	0	0
Altro enterobacterales	2	2.3	2	0	0
Serratia	2	2.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	12	13.8	9	4	44.4
Escherichia coli	9	10.3	8	0	0
Proteus	3	3.4	3	0	0
Acinetobacter	13	14.9	11	10	90.9
Emofilo	3	3.4	0	0	0
Citrobacter	1	1.1	1	0	0
Providencia	1	1.1	0	0	0
Altro gram negativo	4	4.6	0	0	0
Totale Gram -	71	81.6	57	20	35.1
Candida albicans	2	2.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	2.3	0	0	0
Aspergillo	1	1.1	0	0	0
Totale Funghi	5	5.7	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
---------------	---	--------------------------	------------------	-------	-------	-----------

Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	2

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

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

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

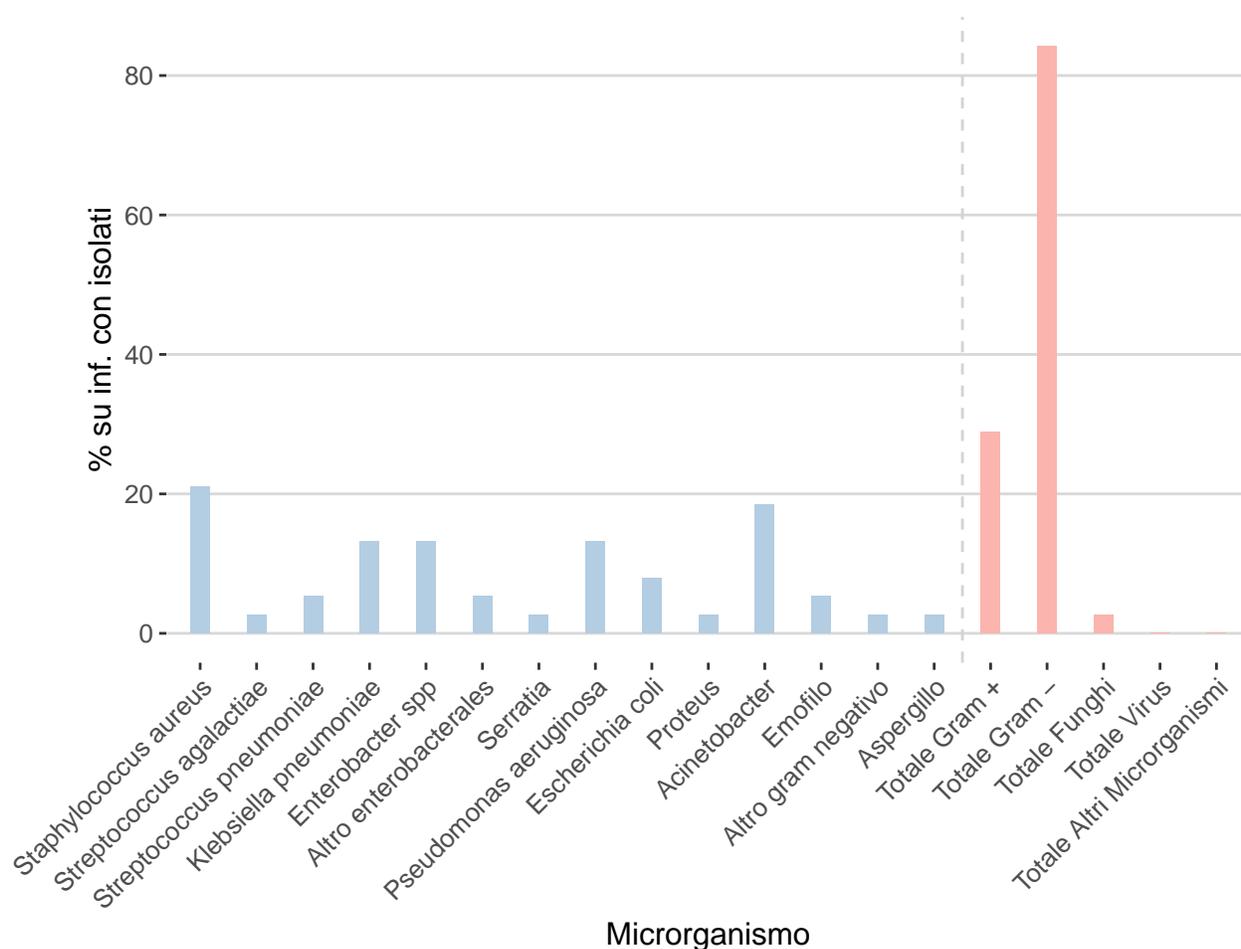
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	12	Ertapenem	4	33.33
Klebsiella pneumoniae	12	Meropenem	6	50.00
Acinetobacter	11	Imipenem	9	81.82
Acinetobacter	11	Meropenem	10	90.91
Pseudomonas aeruginosa	9	Imipenem	4	44.44
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	3	33.33
Staphylococcus aureus	10	Meticillina	1	10.00

12.12 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe

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

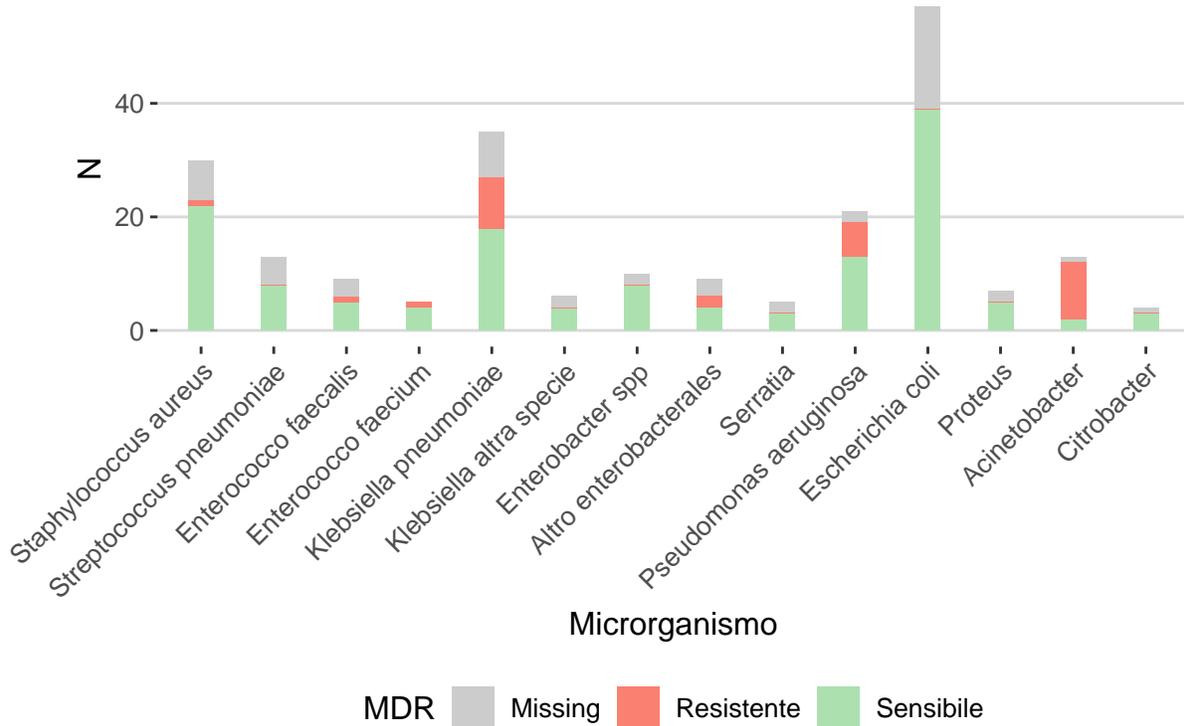
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	38	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	38	
Totale microrganismi isolati	45	

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.



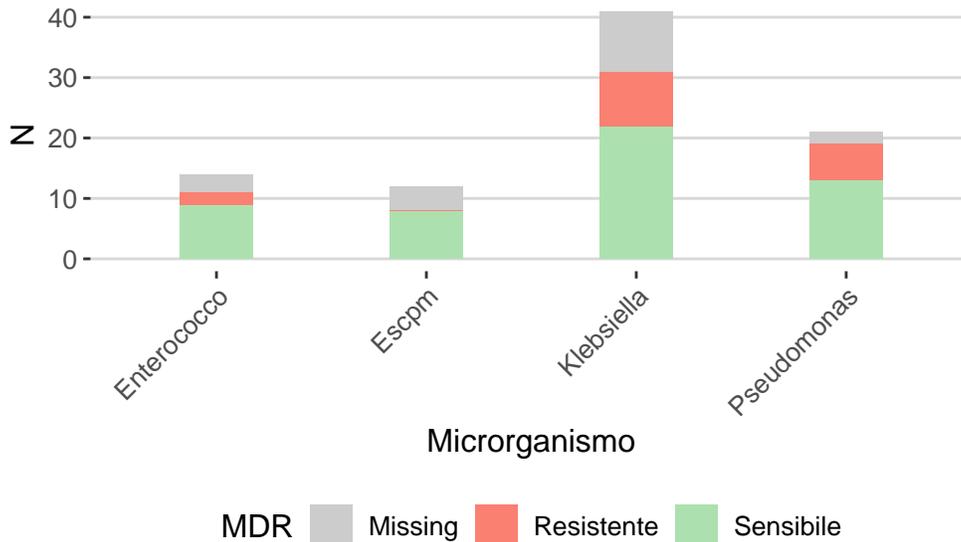
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	8	21.1	7	1	14.3
Streptococcus agalactiae	1	2.6	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	2	5.3	2	0	0
Totale Gram +	11	28.9	9	1	11.1
Klebsiella pneumoniae	5	13.2	5	2	40
Enterobacter spp	5	13.2	5	0	0
Altro enterobacteriales	2	5.3	2	0	0
Serratia	1	2.6	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	5	13.2	4	2	50
Escherichia coli	3	7.9	2	0	0
Proteus	1	2.6	1	0	0
Acinetobacter	7	18.4	6	5	83.3
Emofilo	2	5.3	0	0	0
Altro gram negativo	1	2.6	0	0	0
Totale Gram -	32	84.2	26	9	34.6
Aspergillo	1	2.6	0	0	0
Totale Funghi	1	2.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microorganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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.

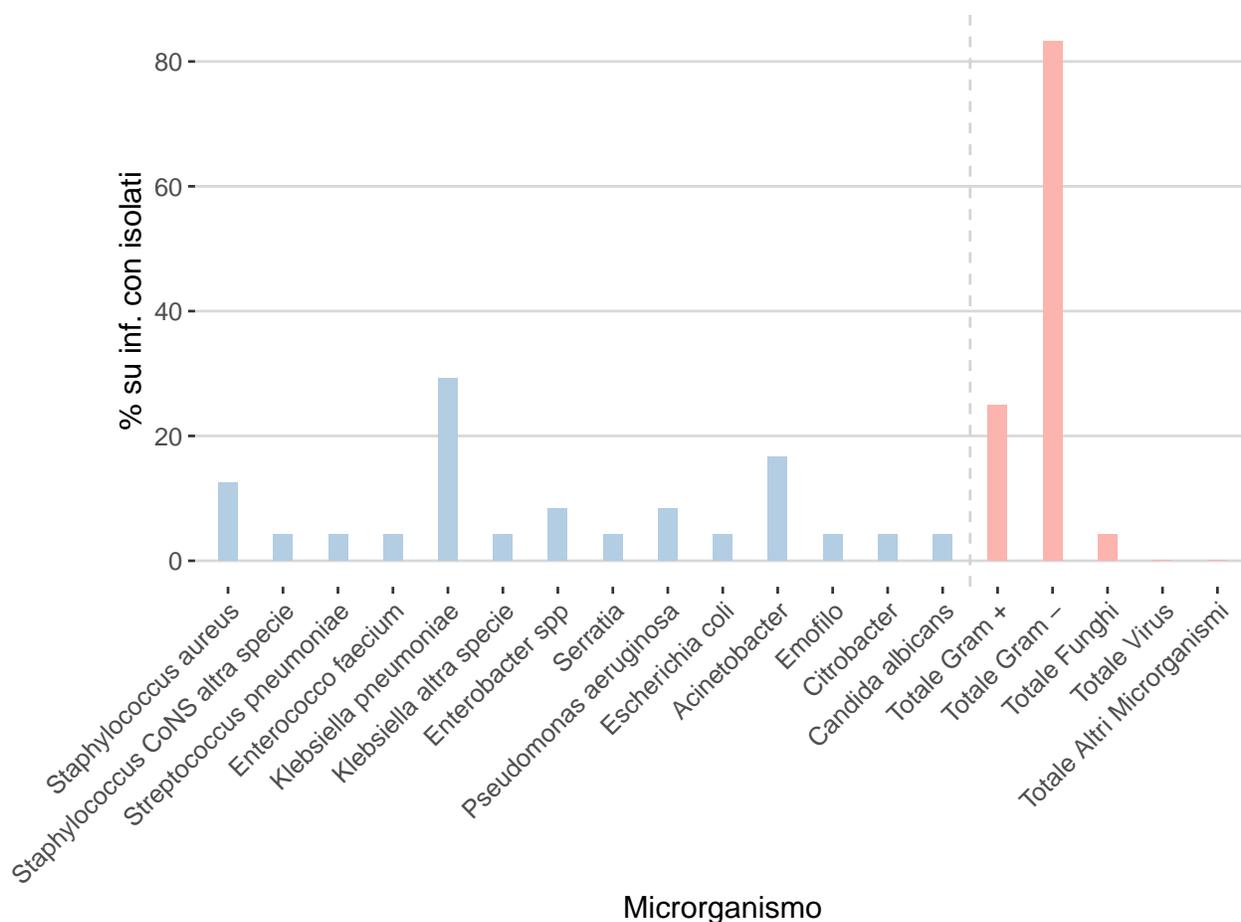
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	2	40.00
Acinetobacter	6	Imipenem	5	83.33
Acinetobacter	6	Meropenem	5	83.33
Pseudomonas aeruginosa	4	Imipenem	2	50.00
Pseudomonas aeruginosa	4	Meropenem	2	50.00
Staphylococcus aureus	7	Meticillina	1	14.29

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	24	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	24	
Totale microrganismi isolati	27	

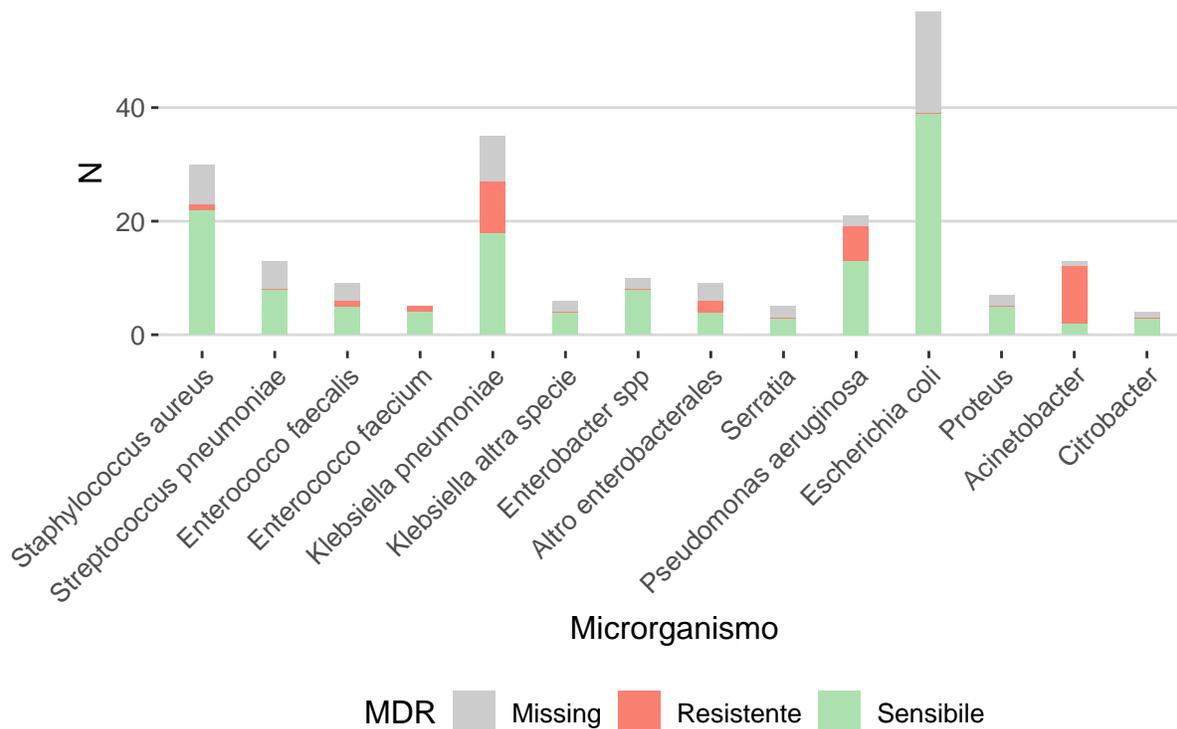
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	12.5	3	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	4.2	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	4.2	1	0	0
Enterococcus faecium	1	4.2	1	0	0
Totale Gram +	6	25.0	5	0	0
Klebsiella pneumoniae	7	29.2	7	3	42.9
Klebsiella altra specie	1	4.2	1	0	0
Enterobacter spp	2	8.3	2	0	0
Serratia	1	4.2	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	8.3	2	0	0
Escherichia coli	1	4.2	1	0	0
Acinetobacter	4	16.7	3	2	66.7
Emofilo	1	4.2	0	0	0
Citrobacter	1	4.2	1	0	0
Totale Gram -	20	83.3	18	5	27.8
Candida albicans	1	4.2	0	0	0
Totale Funghi	1	4.2	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

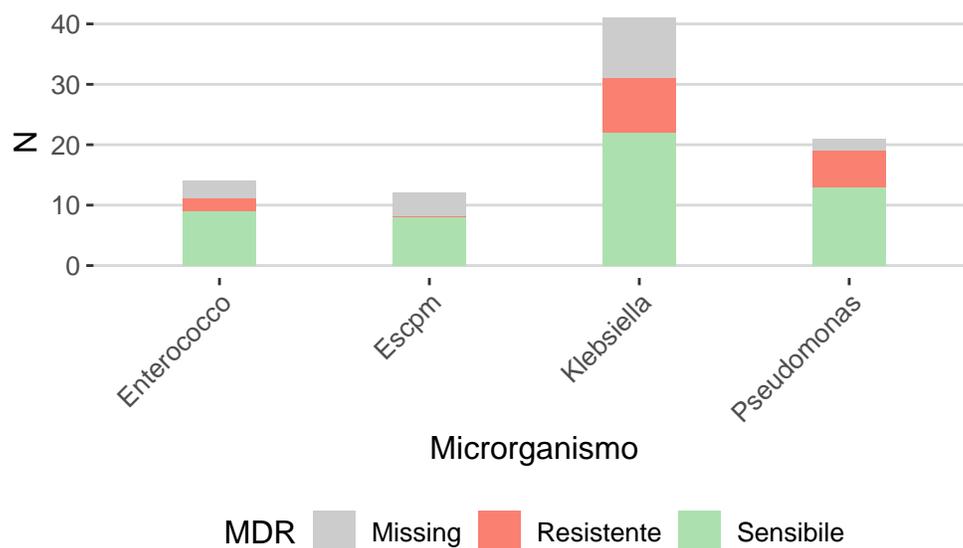
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi re-

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococcus altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	2

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

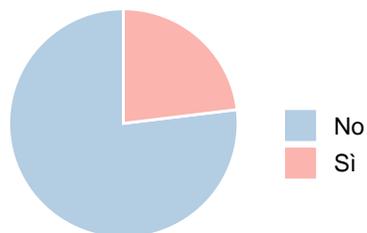
12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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	%
Klebsiella pneumoniae	7	Ertapenem	2	28.57
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	3	42.86
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	3	Meropenem	2	66.67

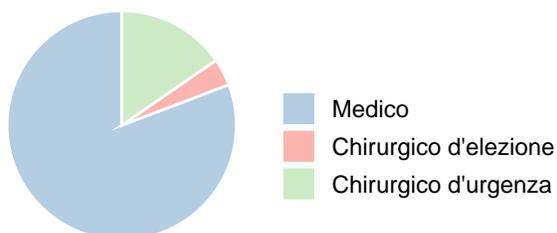
13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 26)

13.1 Trauma



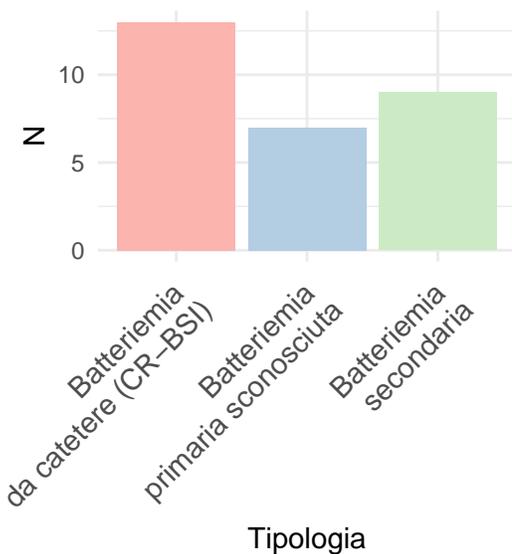
Trauma	N	%
No	20	76.9
Si	6	23.1
Missing	0	0

13.2 Stato Chirurgico



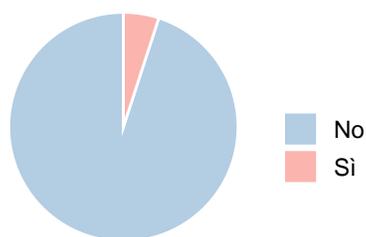
Stato chirurgico	N	%
Medico	21	80.8
Chirurgico d'elezione	1	3.8
Chirurgico d'urgenza	4	15.4
Missing	0	0

13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	7	24.1
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	13	44.8
Batteriemia secondaria	9	31.0
Missing	0	0.0

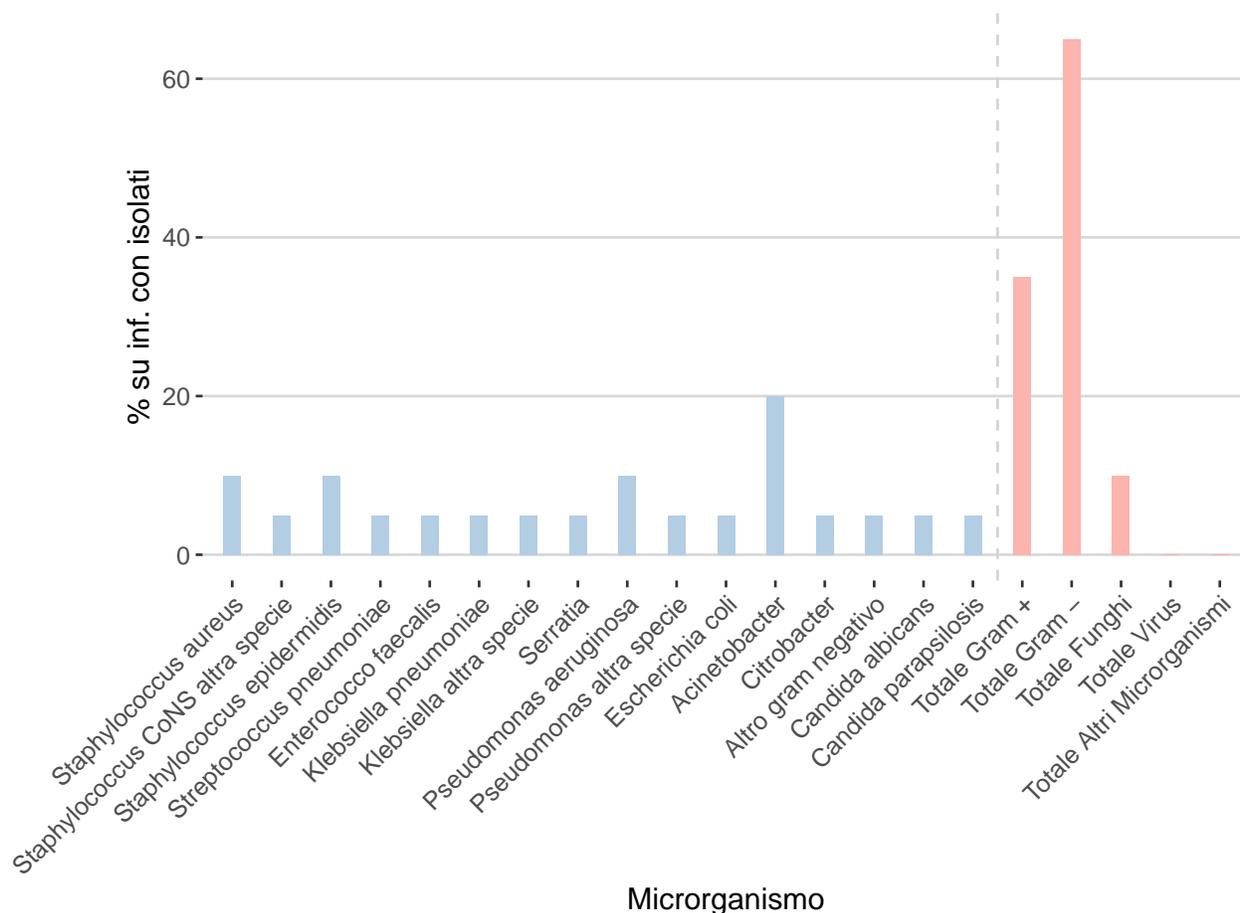
13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	19	95.0
Sì	1	5.0
Missing	0	0

13.5 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza

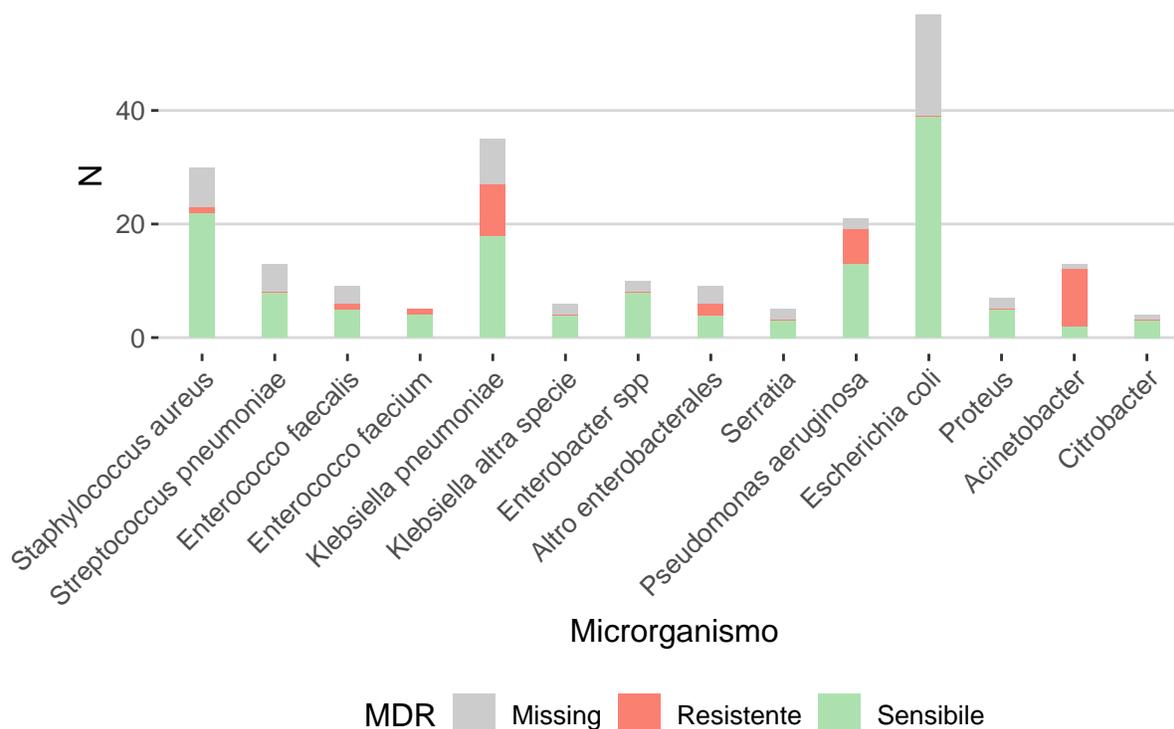
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	10	1	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	10	0	0	0

Streptococcus pneumoniae	1	5	1	0	0
Enterococco faecalis	1	5	1	0	0
Totale Gram +	7	35	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	5	0	0	0
Klebsiella altra specie	1	5	1	0	0
Serratia	1	5	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	10	1	0	0
Pseudomonas altra specie	1	5	0	0	0
Escherichia coli	1	5	1	0	0
Acinetobacter	4	20	3	3	100
Citrobacter	1	5	1	0	0
Altro gram negativo	1	5	0	0	0
Totale Gram -	13	65	8	3	37.5
Candida albicans	1	5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	5	0	0	0
Totale Funghi	2	10	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

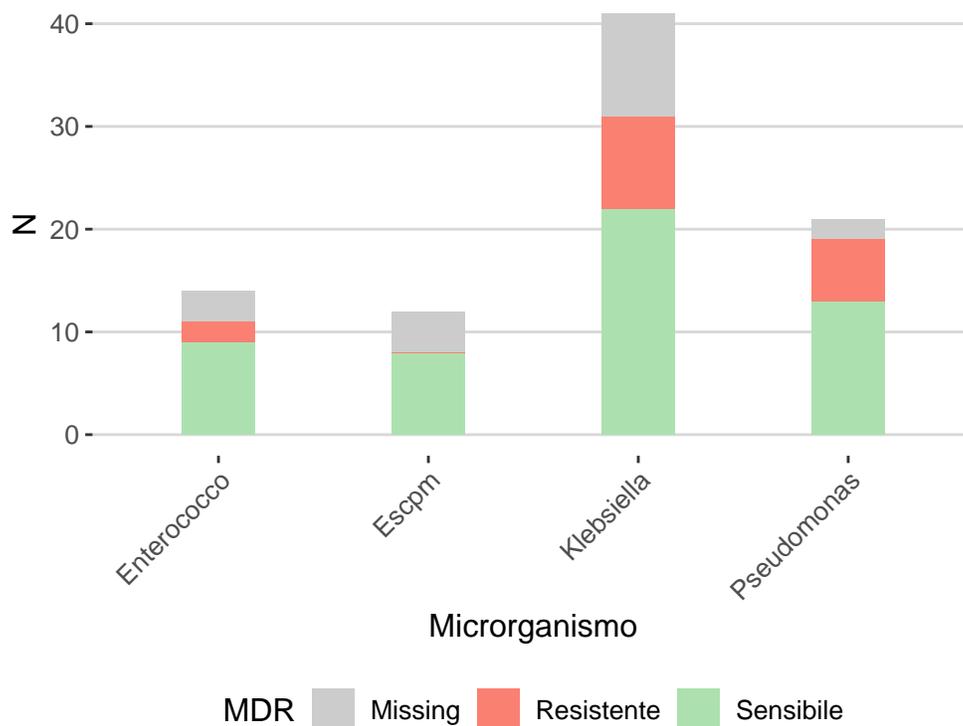
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma,

Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

13.5.1 Raggruppamento dei microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia in degenza



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	2

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

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

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

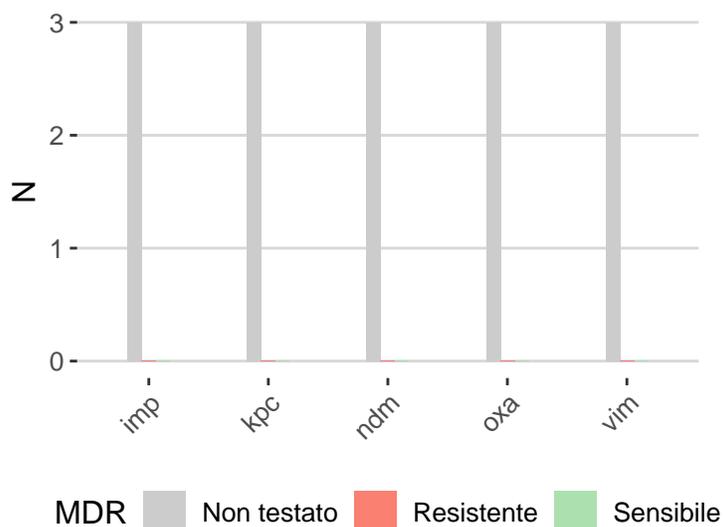
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	3	Imipenem	3	100
Acinetobacter	3	Meropenem	3	100

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

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

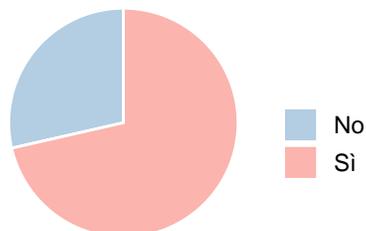
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	2	

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



14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 7)

14.1 Infezioni multisito



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

14.2 Incidenza di batteriemia (origine sconosciuta)

Indicatore	Incidenza BO (Paz. con BO in deg./1000 gg. di deg.) *	Incidenza BO (Paz. con BO/paz.degenti per 7 gg.) **
Stima CI (95%)	0.7 0.3 - 1.5	0.5 % 0.2 - 1.1

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

Il primo:

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

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

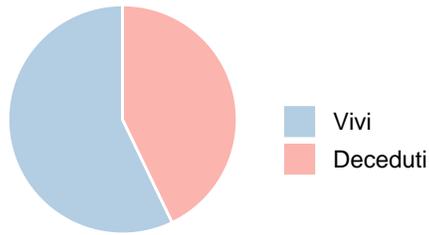
Il secondo:

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

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

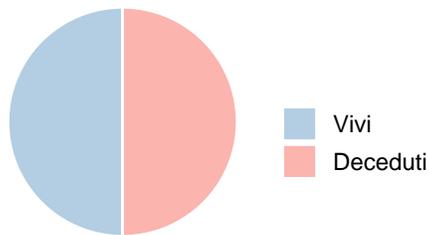
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	4	57.1
Deceduti	3	42.9
Missing	0	0

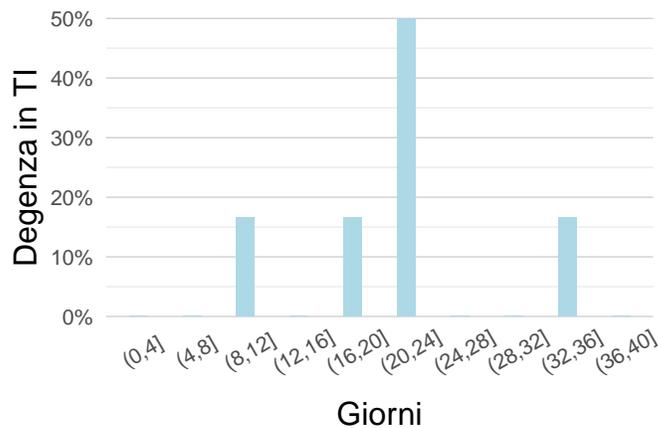
14.4 Mortalità ospedaliera *



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

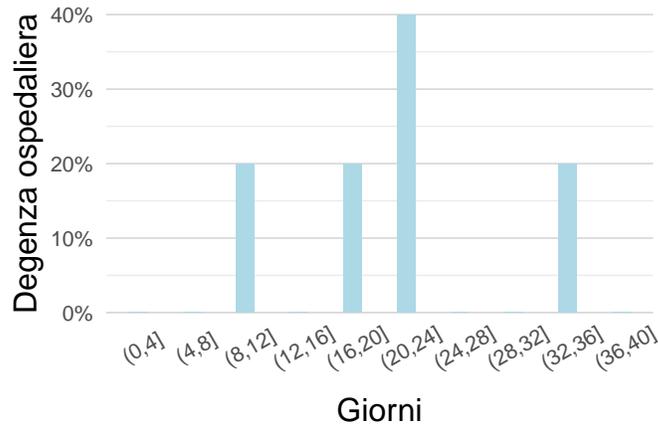
* Statistiche calcolate su 6 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.1 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	22 (19-29)
Missing	0

14.6 Degenza ospedaliera (giorni) *

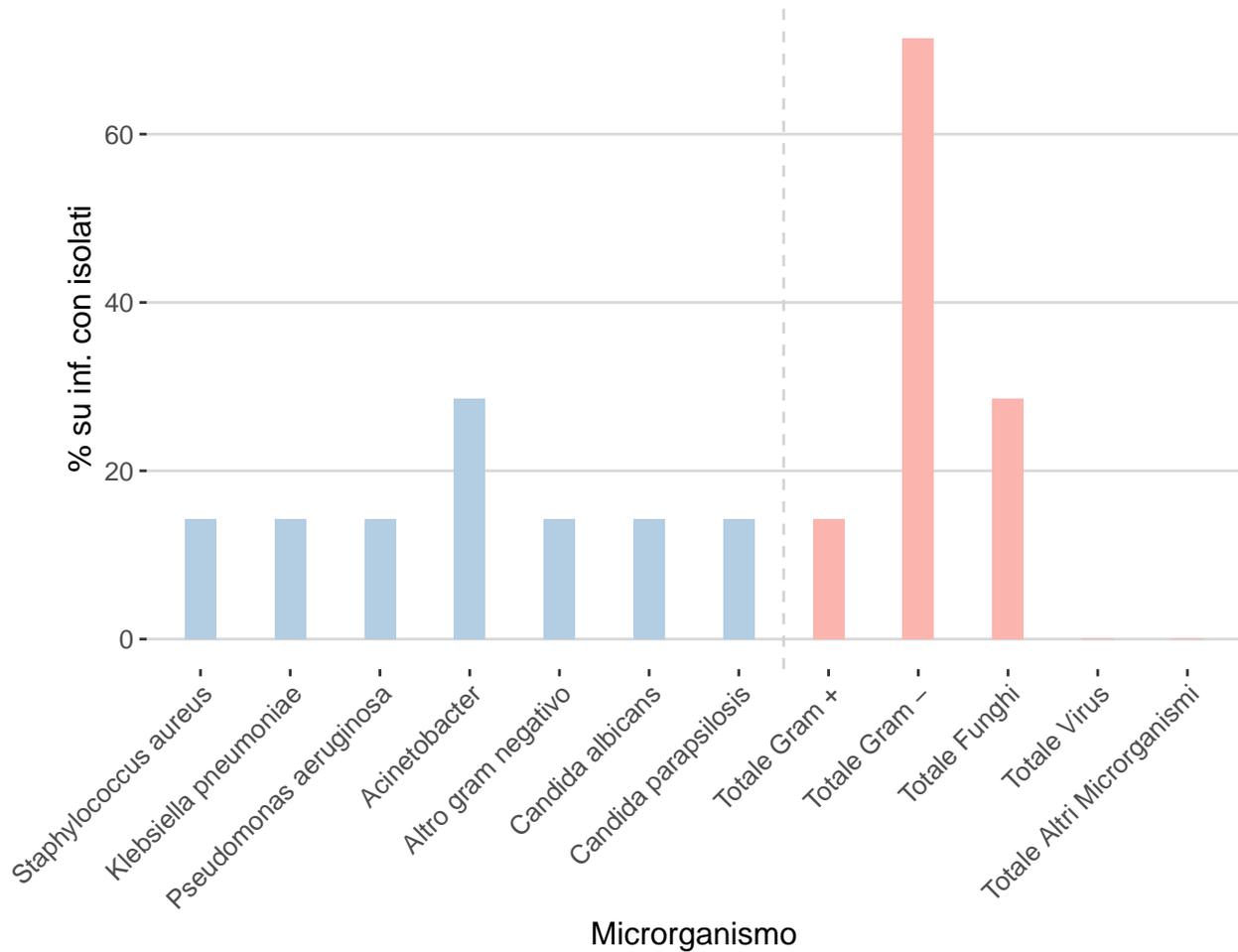


Indicatore	Valore
Media (DS)	30.8 (21.0)
Mediana (Q1-Q3)	22 (17.5-34.8)
Missing	0

* Statistiche calcolate su 6 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 1).

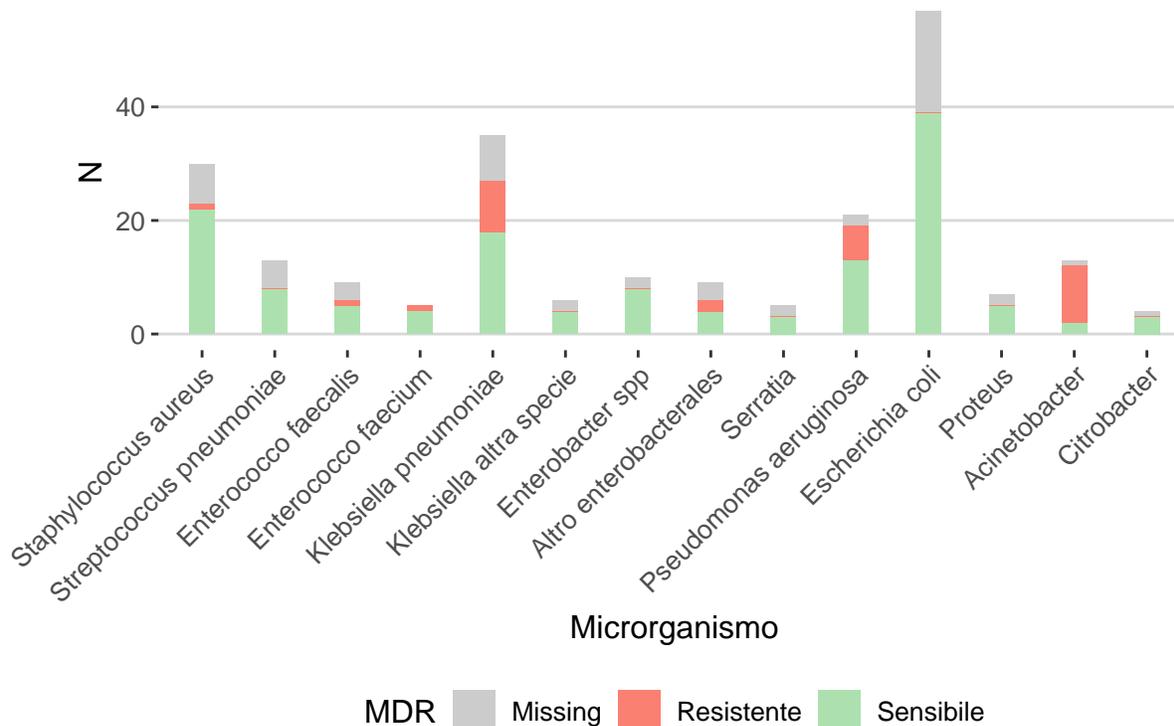
14.7 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia di origine sconosciuta in degenza

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



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	14.3	1	0	0
Totale Gram +	1	14.3	1	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	14.3	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	14.3	0	0	0
Acinetobacter	2	28.6	1	1	100
Altro gram negativo	1	14.3	0	0	0
Totale Gram -	5	71.4	1	1	100
Candida albicans	1	14.3	0	0	0
Candida parapsilosis	1	14.3	0	0	0
Totale Funghi	2	28.6	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus haemolyticus*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus* CoNS altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Morganella*, *Pseudomonas* altra specie, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Influenza AH3N2*, *Influenza* altro A, *Influenza* B, *Influenza* tipo non specificato, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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

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

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

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

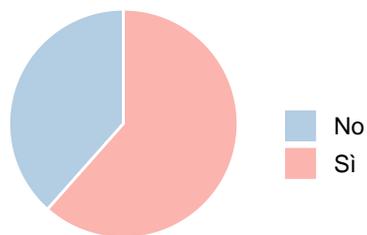
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0

Missing 1

15 Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 13)

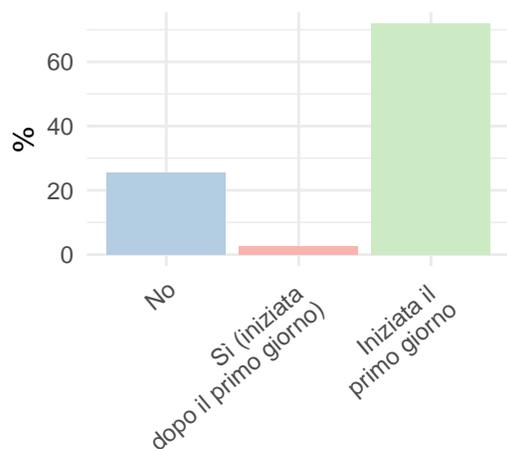
15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	5	38.5
Si	8	61.5
Missing	0	0

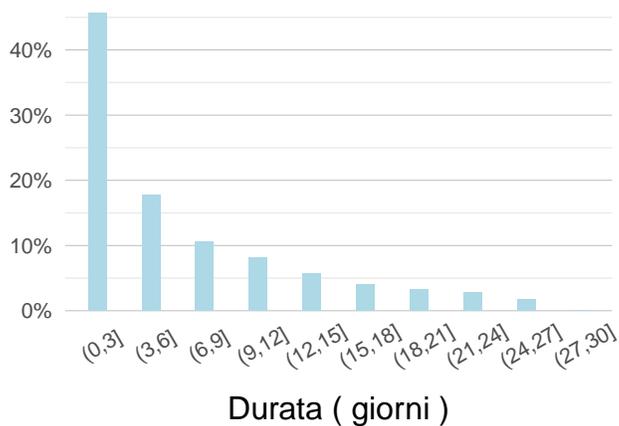
15.2 Fattori di rischio

15.2.1 CVC (Catetere Venoso Centrale) (N = 1337)



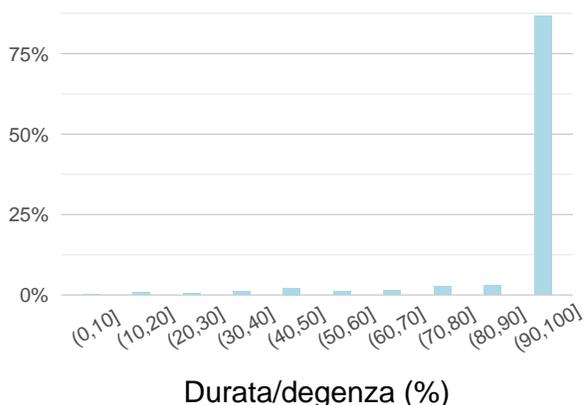
Cvc	N	%
No	337	25.5
Si	986	74.5
Iniziata il primo giorno	961	71.9
Missing	14	

15.2.2 Durata (giorni)



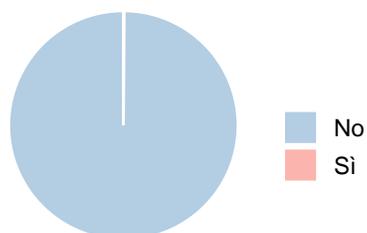
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.4 (10.1)
Mediana (Q1-Q3)	4 (2-11)
Missing	0

15.2.3 Durata/degenza in TI (%)



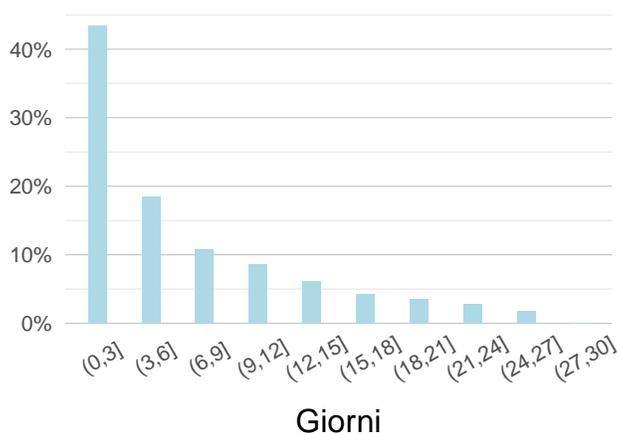
Indicatore	Valore
Media (DS)	94.5 (15.5)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	0

15.2.4 Infezione locale da catetere (N = 1337)



Infezione locale da catetere	N	%
No	1324	99.9
Si	1	0.1
Missing	12	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	13
Media (DS)	13.5 (13.4)
Mediana (Q1-Q3)	10 (6-15)
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	1.6	1.1 %
CI (95%)	0.8 - 2.7	0.6 - 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.

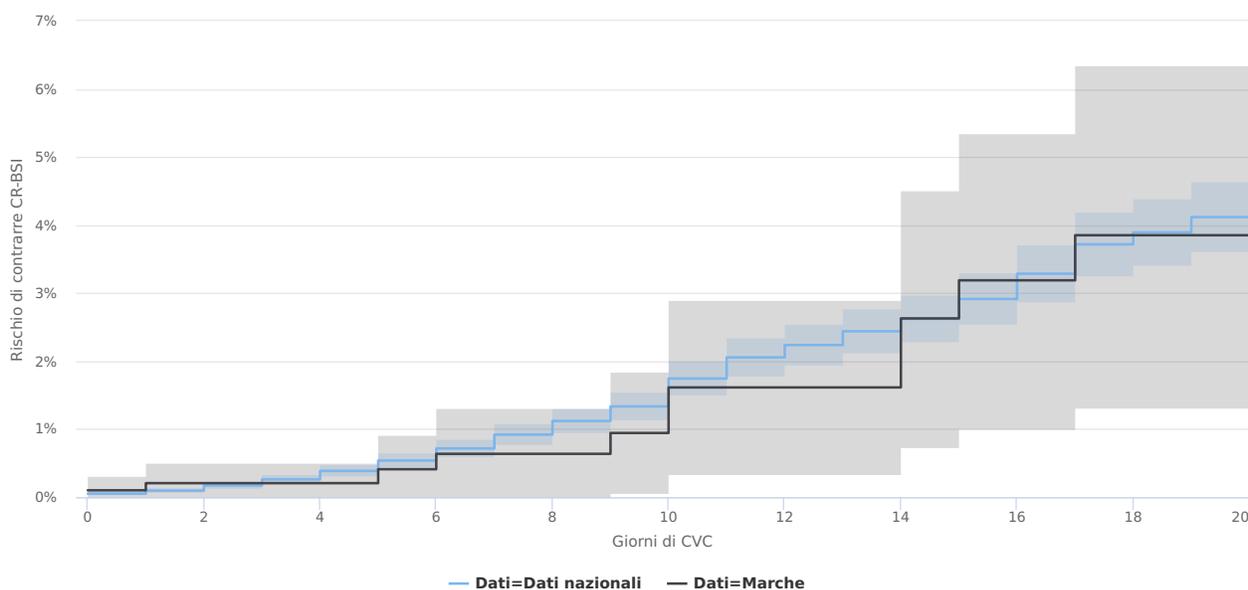
Il secondo invece:

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

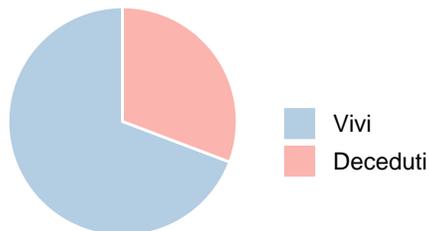
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

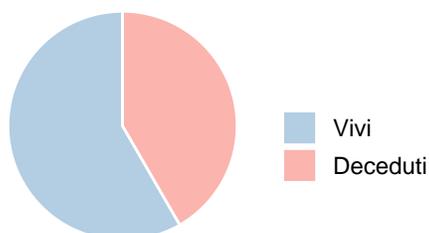


15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	9	69.2
Deceduti	4	30.8
Missing	0	0

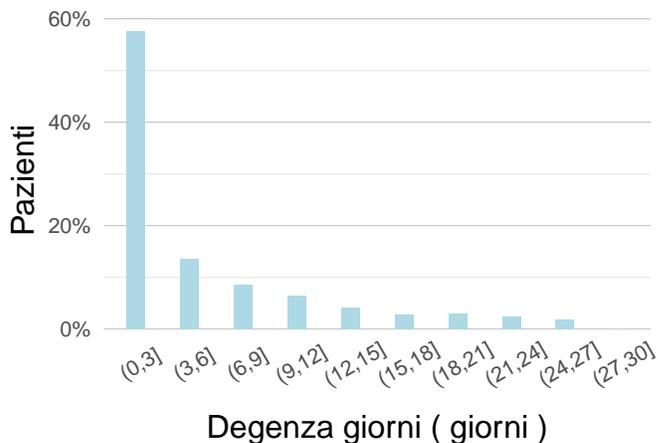
15.7 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	7	58.3
Deceduti	5	41.7
Missing	1	0

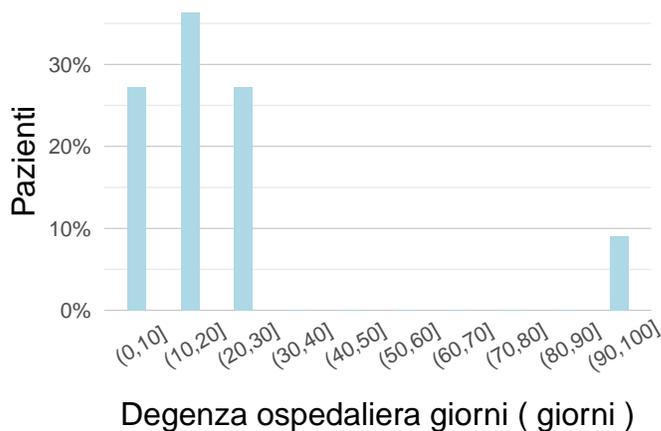
* Statistiche calcolate su 13 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.8 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	25.4 (23.0)
Mediana (Q1-Q3)	18 (10-25)
Missing	0

15.9 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	31.5 (35.7)
Mediana (Q1-Q3)	18 (12.8-24.8)
Missing	1

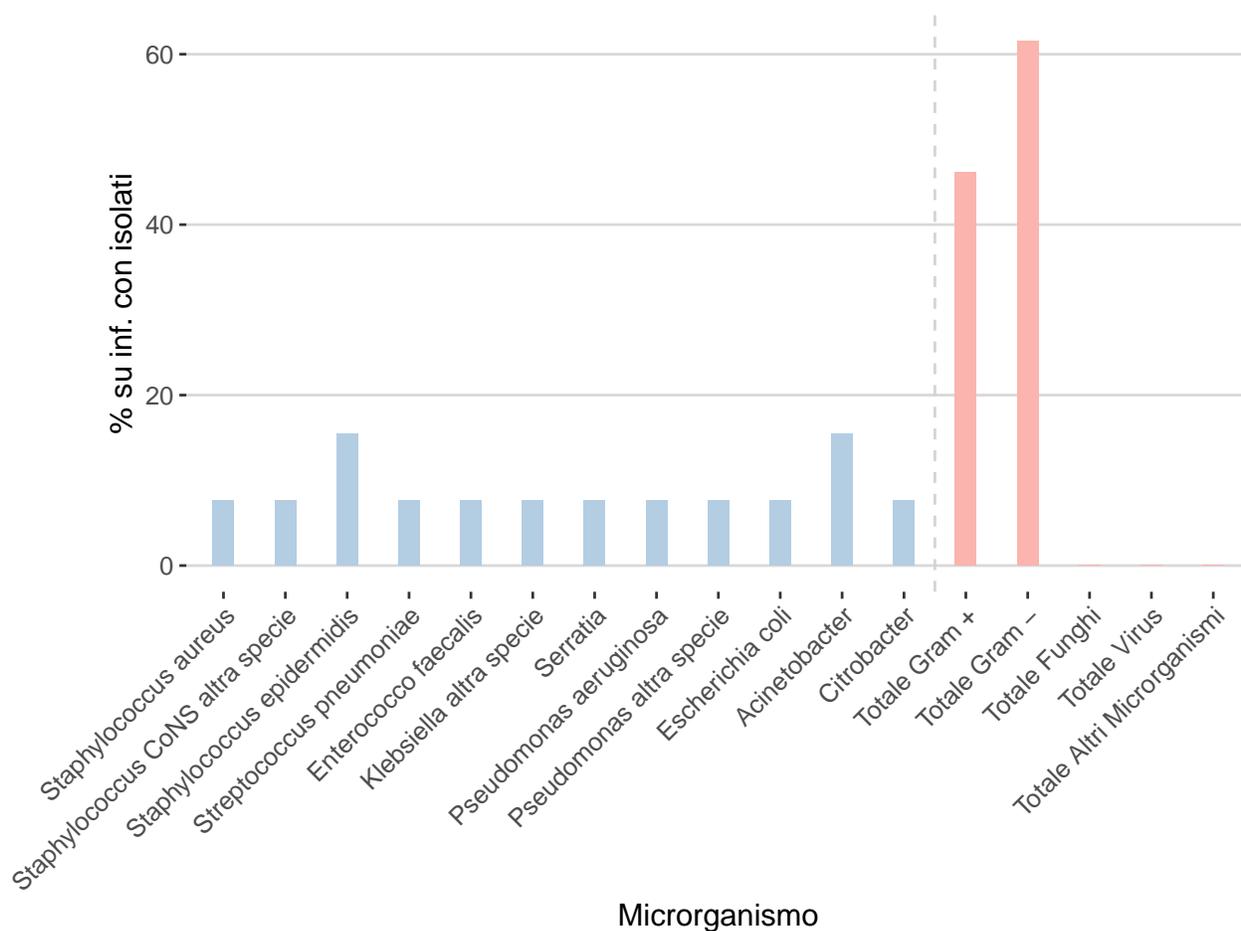
* Statistiche calcolate su 13 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

15.10 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	13	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	13	
Totale microrganismi isolati	14	

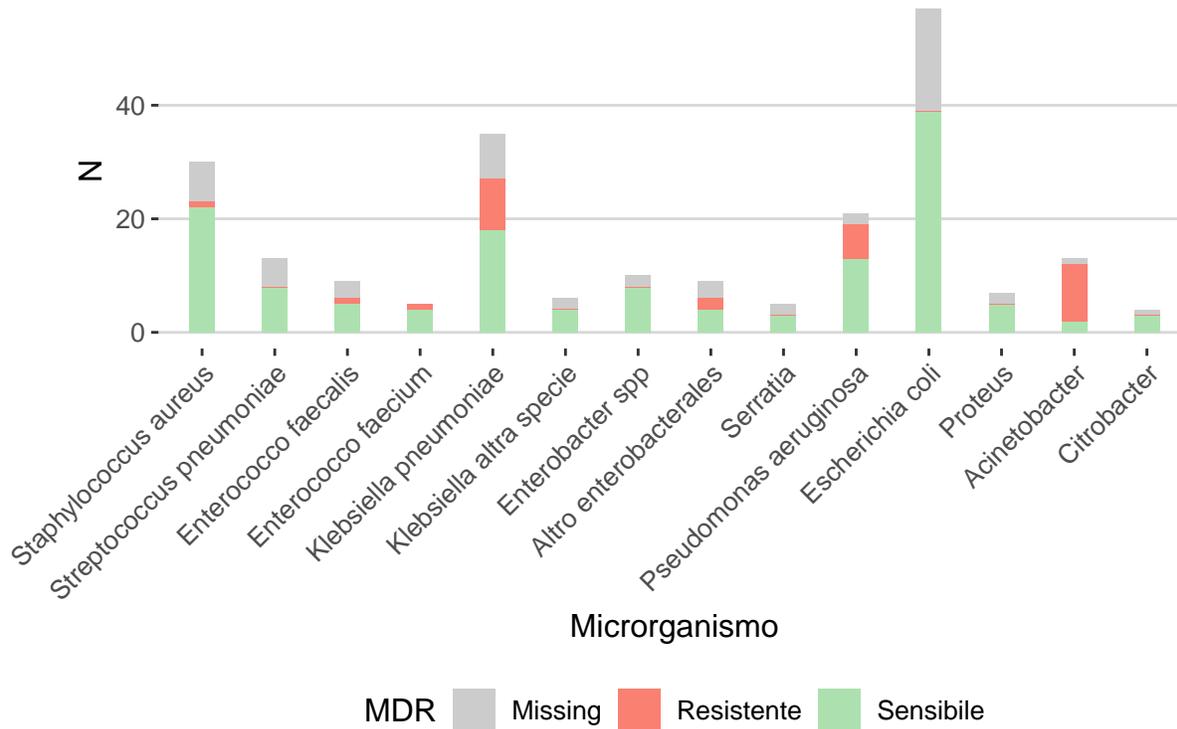
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	7.7	0	0	0
Staphylococcus CoNS altra specie	1	7.7	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	15.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	1	7.7	1	0	0
Enterococco faecalis	1	7.7	1	0	0
Totale Gram +	6	46.2	2	0	0
Klebsiella altra specie	1	7.7	1	0	0
Serratia	1	7.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	7.7	1	0	0
Pseudomonas altra specie	1	7.7	0	0	0
Escherichia coli	1	7.7	1	0	0
Acinetobacter	2	15.4	2	2	100
Citrobacter	1	7.7	1	0	0
Totale Gram -	8	61.5	7	2	28.6
Totale Funghi	0	0.0	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

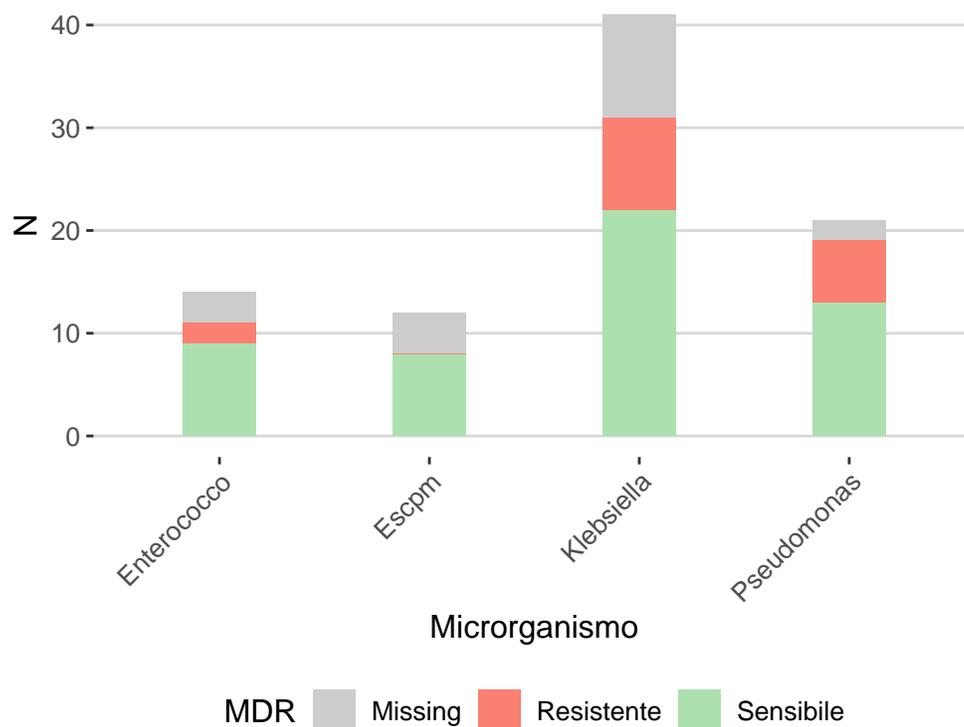
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono

mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (*Staphylococcus haemolyticus*, *Clostridium* altra specie, *Staphylococcus* CoNS altra specie, *Enterococco* altra specie, *Streptococcus* altra specie, *Morganella*, *Pseudomonas* altra specie, *Providencia*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Candida* altra specie, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida tropicalis*, *Candida* specie non determinata, *Citomegalovirus*, *Influenza AH3N2*, *Influenza* altro A, *Influenza* B, *Influenza* tipo non specificato, *Mycoplasma*, *Mycobacterium* altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con anti- biogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	2

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	2	Imipenem	2	100
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100

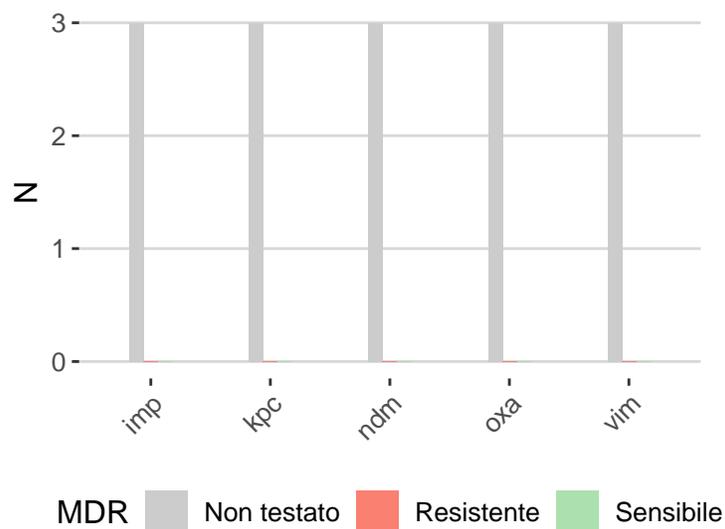
15.10.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia da catetere in degenza

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

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

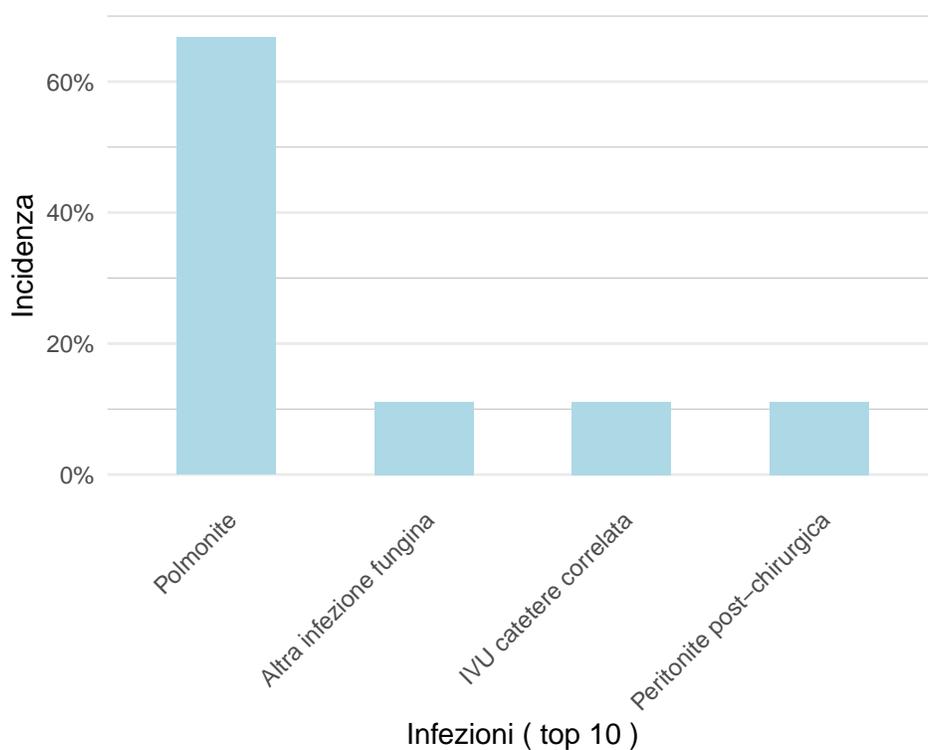
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	1	

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



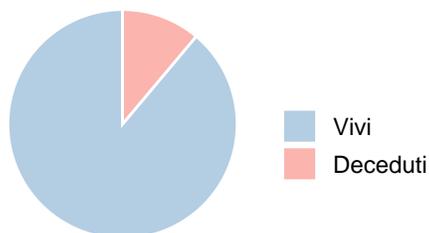
16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 9)

16.1 Infezioni associate (top 10)



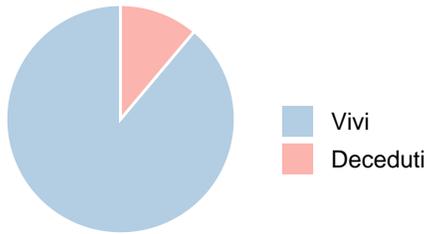
Infezione	N	%
Polmonite	6	66.7
Peritonite post-chirurgica	1	11.1
IVU catetere correlata	1	11.1
Altra infezione fungina	1	11.1
Missing	0	

16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	8	88.9
Deceduti	1	11.1
Missing	0	0

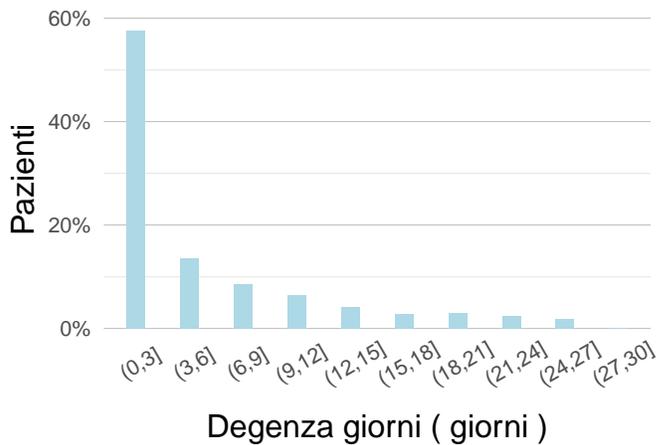
16.3 Mortalità ospedaliera *



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	8	88.9
Deceduti	1	11.1
Missing	0	0

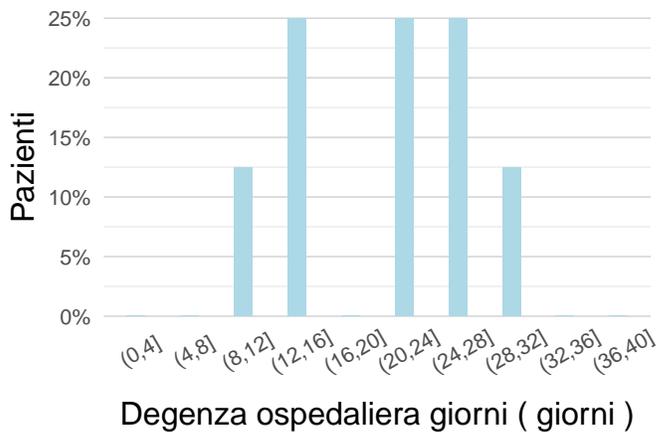
* Statistiche calcolate su 9 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

16.4 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	18.4 (7.8)
Mediana (Q1-Q3)	20 (11-23)
Missing	0

16.5 Degenza ospedaliera (giorni)*



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.9 (8.3)
Mediana (Q1-Q3)	24 (16-27)
Missing	0

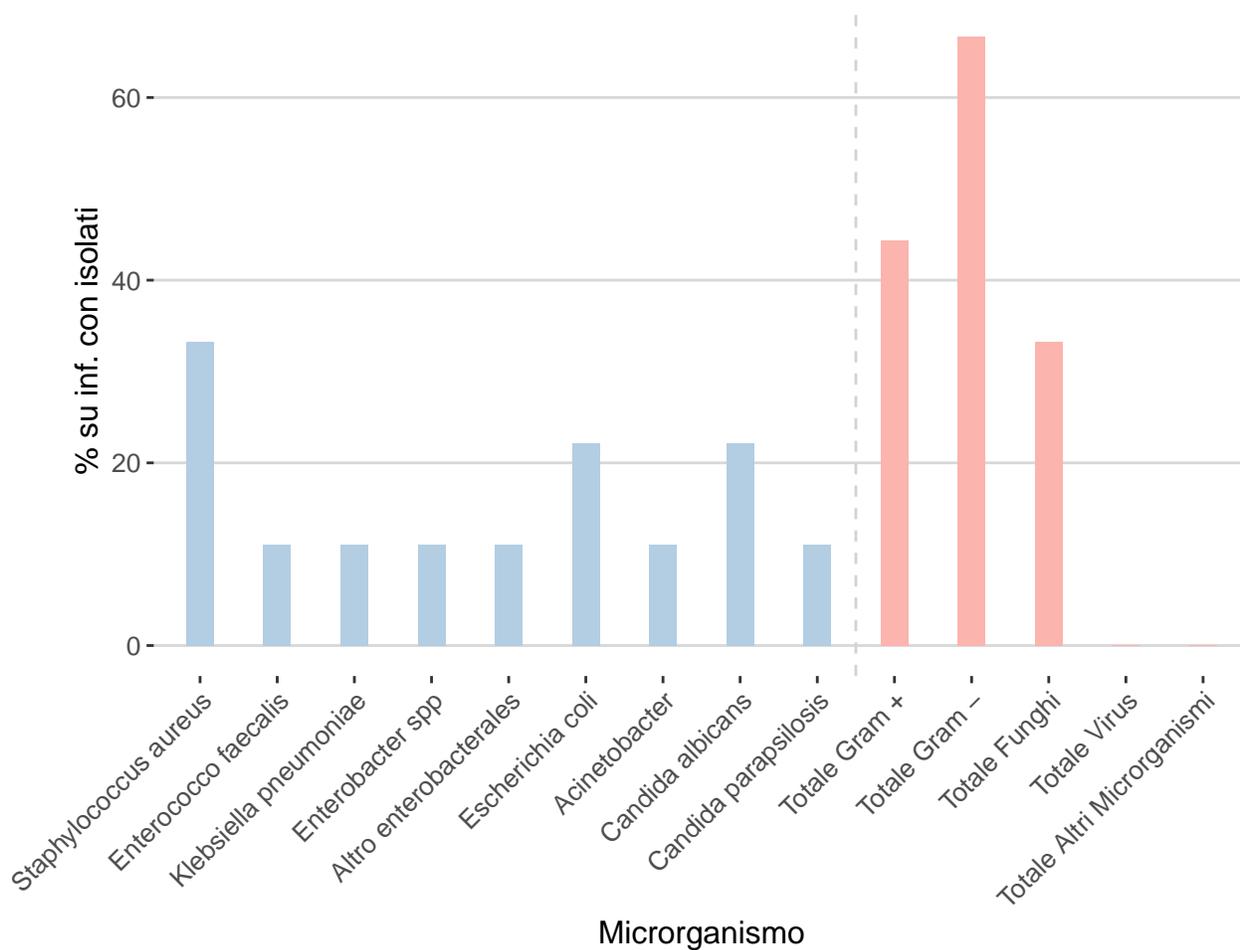
* Statistiche calcolate su 9 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto (N = 0).

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	9	100.0
Missing	0	
Totale infezioni	9	
Totale microrganismi isolati	13	

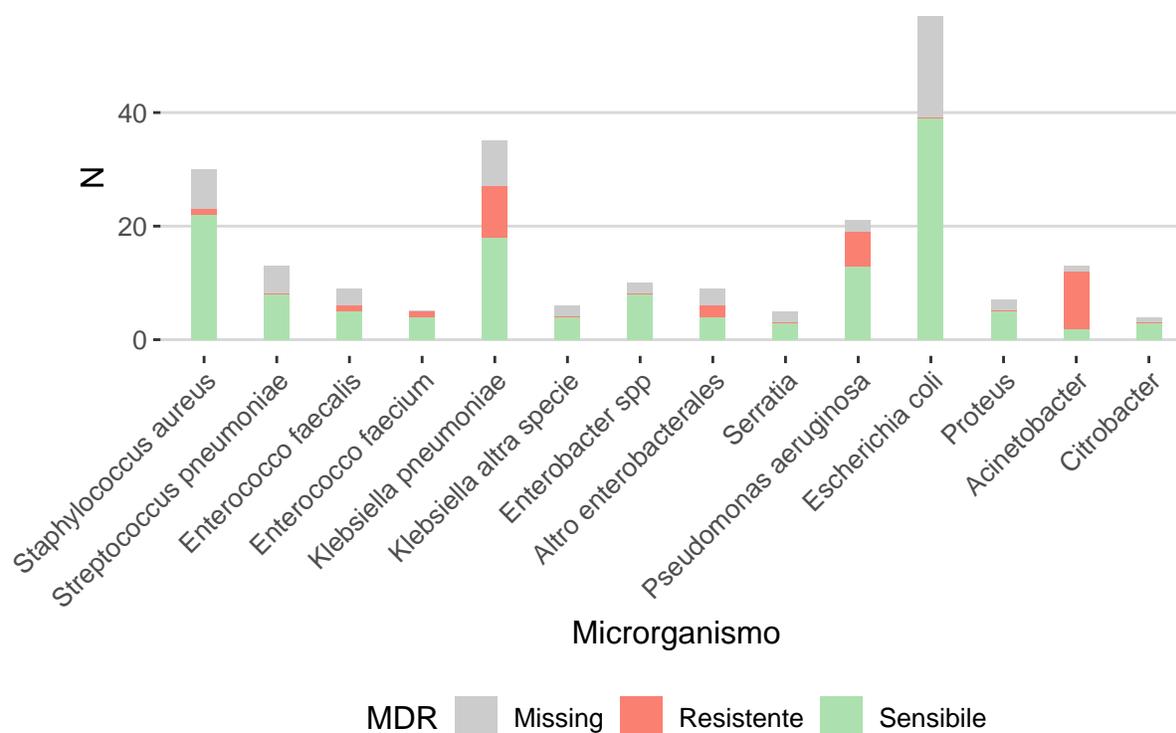
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

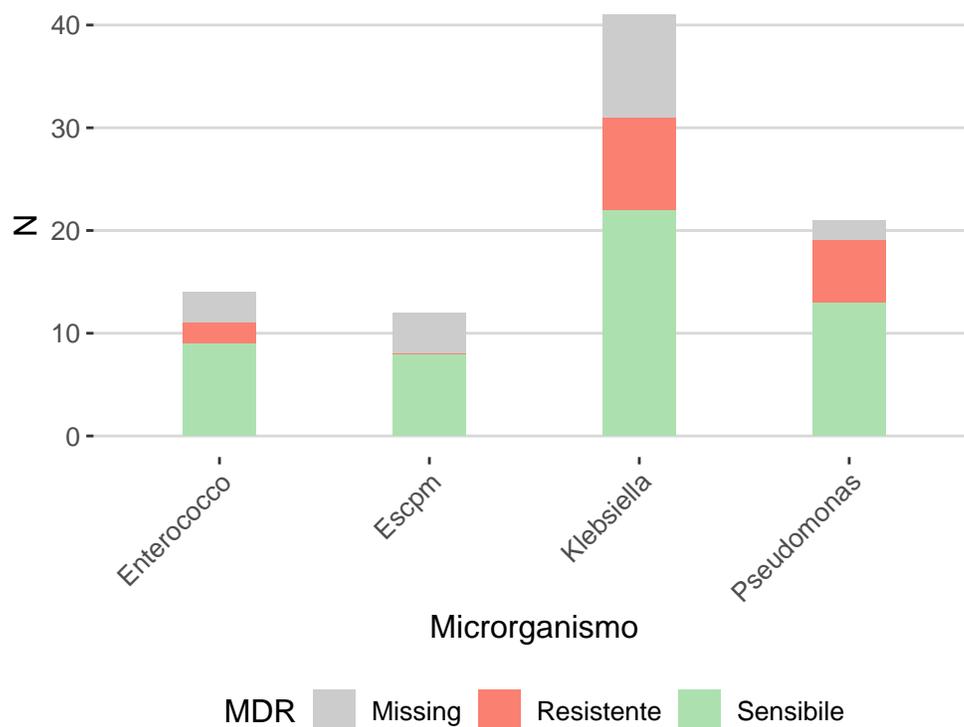
Staphylococcus aureus	3	33.3	2	0	0
Enterococco faecalis	1	11.1	1	0	0
Totale Gram +	4	44.4	3	0	0
Klebsiella pneumoniae	1	11.1	1	0	0
Enterobacter spp	1	11.1	1	0	0
Altro enterobacterales	1	11.1	1	0	0
Escherichia coli	2	22.2	2	0	0
Acinetobacter	1	11.1	1	1	100
Totale Gram -	6	66.7	6	1	16.7
Candida albicans	2	22.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	11.1	0	0	0
Totale Funghi	3	33.3	0	0	0
Totale Virus	0	0.0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0.0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	2

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

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

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

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

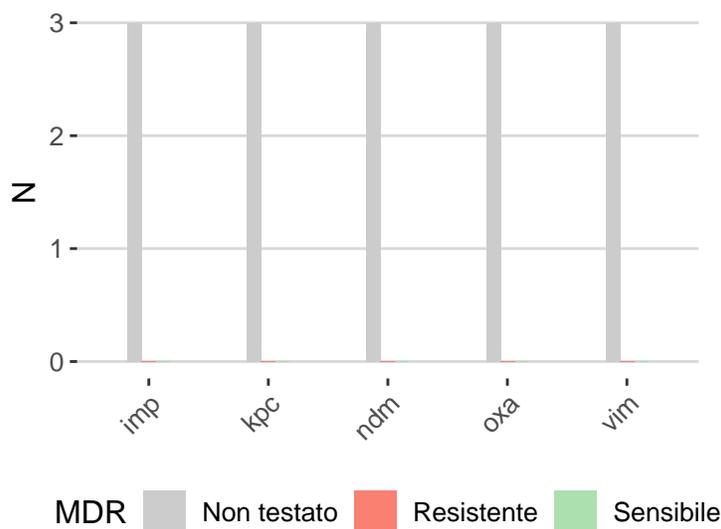
16.6.3 Meccanismi di resistenza genotipica per gli Enterobacterales isolati nei pazienti con batteriemia secondaria in degenza

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	3	100
Missing	2	

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



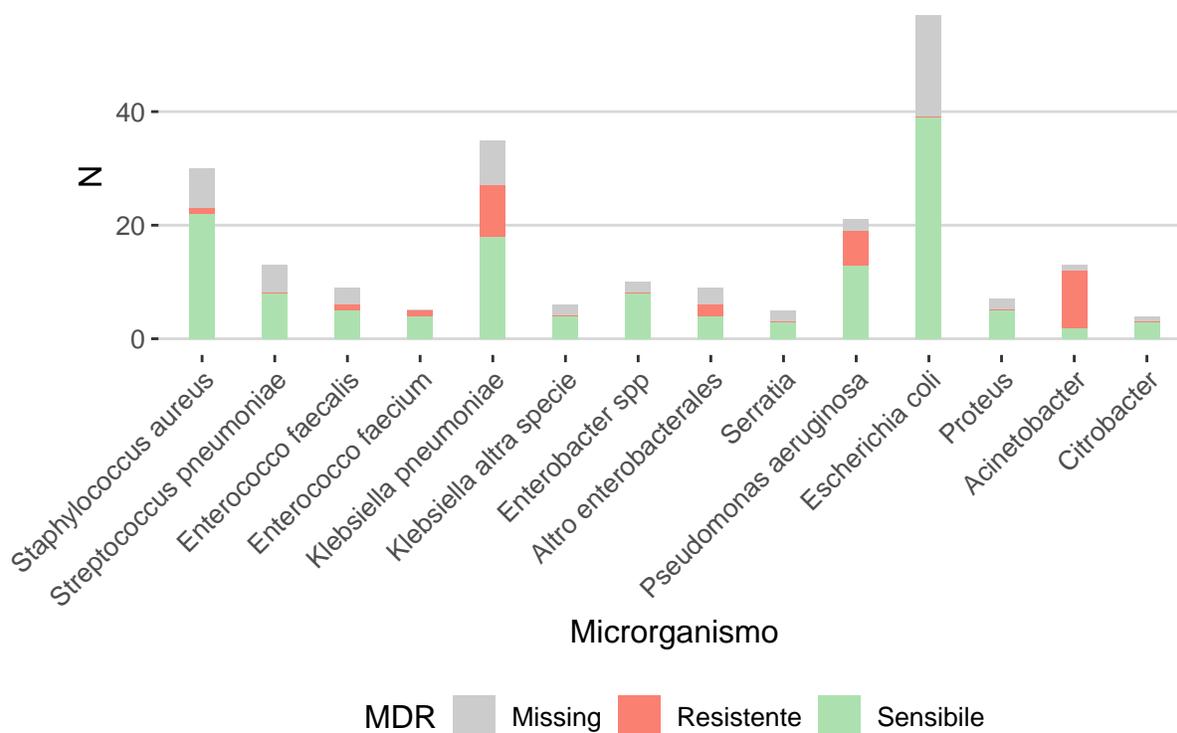
17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 1)

17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

Non sono stati isolati microrganismi per questo gruppo di pazienti.

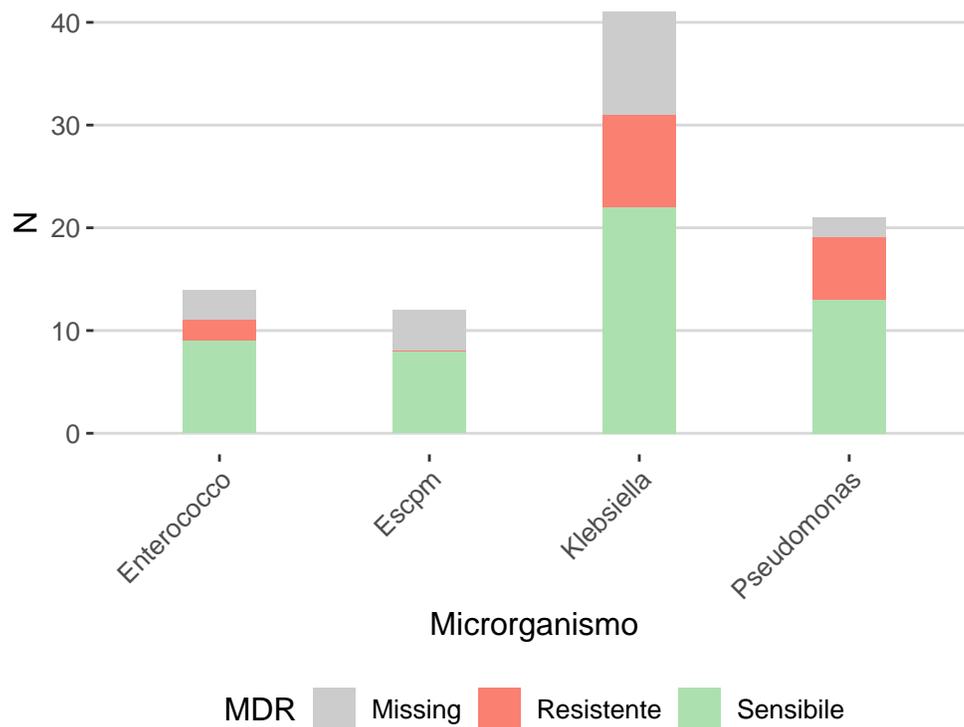
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus CoNS altra specie	1	100	0	0	0
Totale Gram +	1	100	0	0	0
Totale Gram -	0	0	0	0	0
Totale Funghi	0	0	0	0	0
Totale Virus	0	0	0	0	0
Totale Altri Microrganismi	0	0	0	0	0

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati (Staphylococcus haemolyticus, Clostridium altra specie, Staphylococcus CoNS altra specie, Enterococco altra specie, Streptococcus altra specie, Morganella, Pseudomonas altra specie, Providencia, Candida auris, Candida krusei, Candida altra specie, Pneumocistie Jirovecii, Candida tropicalis, Candida specie non determinata, Citomegalovirus, Influenza AH3N2, Influenza altro A, Influenza B, Influenza tipo non specificato, Mycoplasma, Mycobacterium altra specie). Per la definizione di MDR si veda la sezione Definizione di MDR.

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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Enterococco	14	11	9	2	18.18	3
Escpm	12	8	8	0	0.00	4
Klebsiella	41	31	22	9	29.03	10
Pseudomonas	21	19	13	6	31.58	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

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

N	%
---	---

Sì	0	0
No	0	0
Non testato	0	0
Missing	1	

Appendice

Definizione di MDR

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

Microorganismo	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