



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



Progetto Sorveglianza Infezioni

## Petalo Infection Light



Anno 2023

Regioni appartenenti all'area Sud: Basilicata, Calabria,  
Campania, Molise, Puglia, Sardegna, Sicilia.

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

# Progetto Sorveglianza Infezioni

## Contents

<b>Petalò Infectionlight</b>	<b>4</b>
<b>1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti</b>	<b>5</b>
1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti	6
1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	7
1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti	8
1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti *	9
1.5 Gravità dell'infezione	10
<b>2 Tutti i pazienti ( N = 1912 )</b>	<b>13</b>
2.1 Sesso	13
2.2 Età	13
2.3 Degenza Pre TI ( giorni )	13
2.4 Provenienza ( reparto )	14
2.5 Trauma	14
2.6 Stato Chirurgico	14
2.7 Motivo di ammissione	15
2.8 Insufficienza neurologica	15
2.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	15
2.10 Insufficienza neurologica insorta	16
2.11 Mortalità in TI	16
2.12 Mortalità ospedaliera *	16
2.13 Degenza in TI ( giorni )	17
2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	17
<b>3 Pazienti infetti ( N = 673 )</b>	<b>18</b>
3.1 Gravità massima dell'infezione	18
3.2 Mortalità per gravità dell'infezione	18
<b>4 Pazienti non infetti ( N = 1203 )</b>	<b>19</b>
4.1 Sesso	19
4.2 Età	19
4.3 Degenza Pre TI ( giorni )	19
4.4 Provenienza ( reparto )	20
4.5 Trauma	20
4.6 Stato Chirurgico	20
4.7 Motivo di ammissione	21
4.8 Insufficienza neurologica	21
4.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore	21
4.10 Insufficienza neurologica insorta	22
4.11 Mortalità in TI	22
4.12 Mortalità ospedaliera *	22
4.13 Degenza in TI ( giorni )	23
4.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) *	23

<b>PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE</b>	<b>24</b>
<b>5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 580)</b>	<b>25</b>
5.1 Provenienza ( reparto ) . . . . .	25
5.2 Trauma . . . . .	25
5.3 Stato Chirurgico . . . . .	25
5.4 Motivo di ammissione . . . . .	26
5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 ) . . . . .	26
5.6 Infezione multisito . . . . .	27
5.7 Gravità massima raggiunta in degenza dell'infezione all'ammissione . . . . .	27
5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione . . . . .	27
<b>6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 140)</b>	<b>33</b>
6.1 Tipologia di peritonite . . . . .	33
6.2 Tipo di infezione . . . . .	33
6.3 Infezione batteriémica . . . . .	33
6.4 Infezioni multisito . . . . .	34
6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	34
6.6 Mortalità in TI . . . . .	34
6.7 Mortalità ospedaliera * . . . . .	34
6.8 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	35
6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	35
6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione . . . . .	36
<b>7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 177)</b>	<b>40</b>
7.1 Trauma . . . . .	40
7.2 Stato Chirurgico . . . . .	40
7.3 Tipo di infezione . . . . .	40
7.4 Infezione batteriémica . . . . .	41
7.5 Infezioni multisito . . . . .	41
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione * . . . . .	41
7.7 Mortalità in TI . . . . .	42
7.8 Mortalità ospedaliera * . . . . .	42
7.9 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	42
7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	43
7.11 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmoniti . . . . .	43
7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI . . . . .	47
<b>PAZIENTI INFETTI IN DEGENZA</b>	<b>52</b>
<b>8 Pazienti infetti in degenza (N = 161)</b>	<b>53</b>
8.1 Sesso . . . . .	53
8.2 Età . . . . .	53
8.3 Degenza Pre TI ( giorni ) . . . . .	53
8.4 Provenienza ( reparto ) . . . . .	54
8.5 Trauma . . . . .	54
8.6 Stato Chirurgico . . . . .	54
8.7 Motivo di ammissione . . . . .	55
8.8 Insufficienza neurologica . . . . .	55
8.9 GCS ( Glasgow Coma Scale ) nelle prime 24 ore . . . . .	55
8.10 Insufficienza neurologica insorta . . . . .	56
8.11 Mortalità in TI . . . . .	56
8.12 Mortalità ospedaliera * . . . . .	56
8.13 Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	57
8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )* . . . . .	57

8.15	Infezioni in degenza ( top 10 ) . . . . .	58
8.16	Infezione multisito . . . . .	58
8.17	Infezioni in degenza . . . . .	59
8.18	Giorni per contrarre l'infezione . . . . .	59
8.19	Incidenza di infezione in degenza: Incidenza 1 e Incidenza 2 . . . . .	59
8.20	Incidenza di infezioni in degenza e percentuale di infezioni multiresistenti . . . . .	60
8.21	Microrganismi isolati in pazienti infetti in degenza . . . . .	62
<b>9</b>	<b>Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 68)</b>	<b>67</b>
9.1	Microrganismi isolati in pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza . . . . .	67
<b>10</b>	<b>Pazienti infetti solo in degenza (N = 93)</b>	<b>72</b>
10.1	Gravità massima dell'infezione . . . . .	72
10.2	Mortalità per gravità dell'infezione . . . . .	72
10.3	Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza . . . . .	72
10.4	<b>Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza</b> . . . . .	<b>77</b>
<b>11</b>	<b>Pazienti con polmonite in degenza (N = 49)</b>	<b>78</b>
11.1	Trauma . . . . .	78
11.2	Stato Chirurgico . . . . .	78
11.3	Infezione batteriémica . . . . .	78
11.4	Infezioni multisito . . . . .	79
11.5	Nuovi episodi oltre il primo . . . . .	79
11.6	Polmonite associata a ventilazione ( VAP ) * . . . . .	79
11.7	Microrganismi isolati nei pazienti con polmonite in degenza . . . . .	80
<b>12</b>	<b>Pazienti con VAP in degenza (N = 35)</b>	<b>82</b>
12.1	VAP precoce . . . . .	82
12.2	Diagnosi . . . . .	82
12.3	Criteri diagnostici microbiologici . . . . .	83
12.4	Fattori di rischio per VAP ( N = 1912 ) . . . . .	84
12.5	Giorni di VM pre-VAP . . . . .	85
12.6	Incidenza di VAP . . . . .	85
12.7	Mortalità in TI . . . . .	86
12.8	Mortalità ospedaliera * . . . . .	87
12.9	Degenza in TI ( giorni ) . . . . .	87
12.10	Degenza ospedaliera ( giorni ) * . . . . .	87
12.11	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP . . . . .	88
12.12	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP certe . . . . .	90
12.13	Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi) . . . . .	93
<b>13</b>	<b>Pazienti con batteriémia in degenza (N = 77)</b>	<b>97</b>
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
<b>14</b>	<b>Pazienti con batteriémia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 37)</b>	<b>102</b>
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
<b>15</b>	<b>Pazienti con batteriemia da catetere in degenza (N = 15)</b>	<b>108</b>
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
<b>16</b>	<b>Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 31)</b>	<b>117</b>
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
<b>17</b>	<b>Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 8)</b>	<b>122</b>
17.1	Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi) . . . . .	122
<b>Appendice</b>		<b>125</b>
	Definizione di MDR . . . . .	125
	Raggruppamento Microrganismi . . . . .	126

## Petalo Infectionlight

Anno 2023

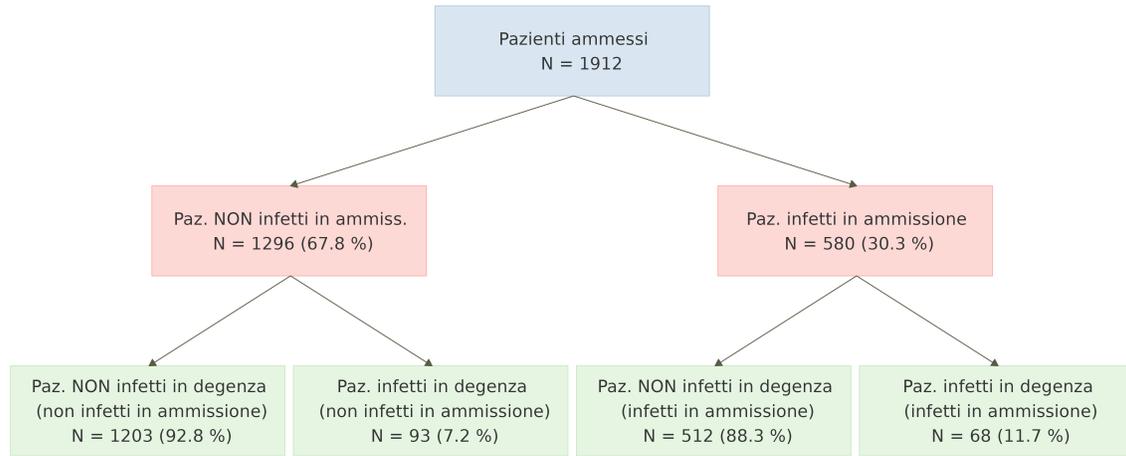
Periodo analizzato 2023-01-01 - 2023-12-31

Popolazione complessiva: 12 TI

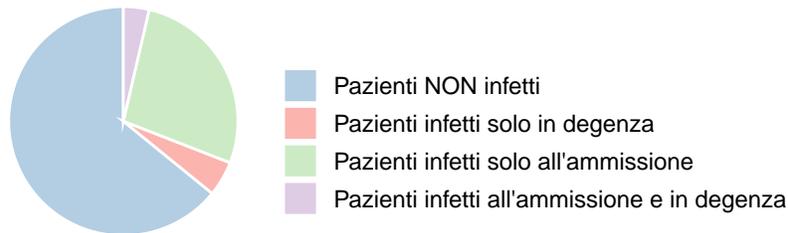
TI Sud

Le regioni appartenenti all'area Sud sono: Basilicata, Calabria, Campania, Molise, Puglia, Sardegna, Sicilia.

# 1 Flow-chart sulla tipologia dei pazienti



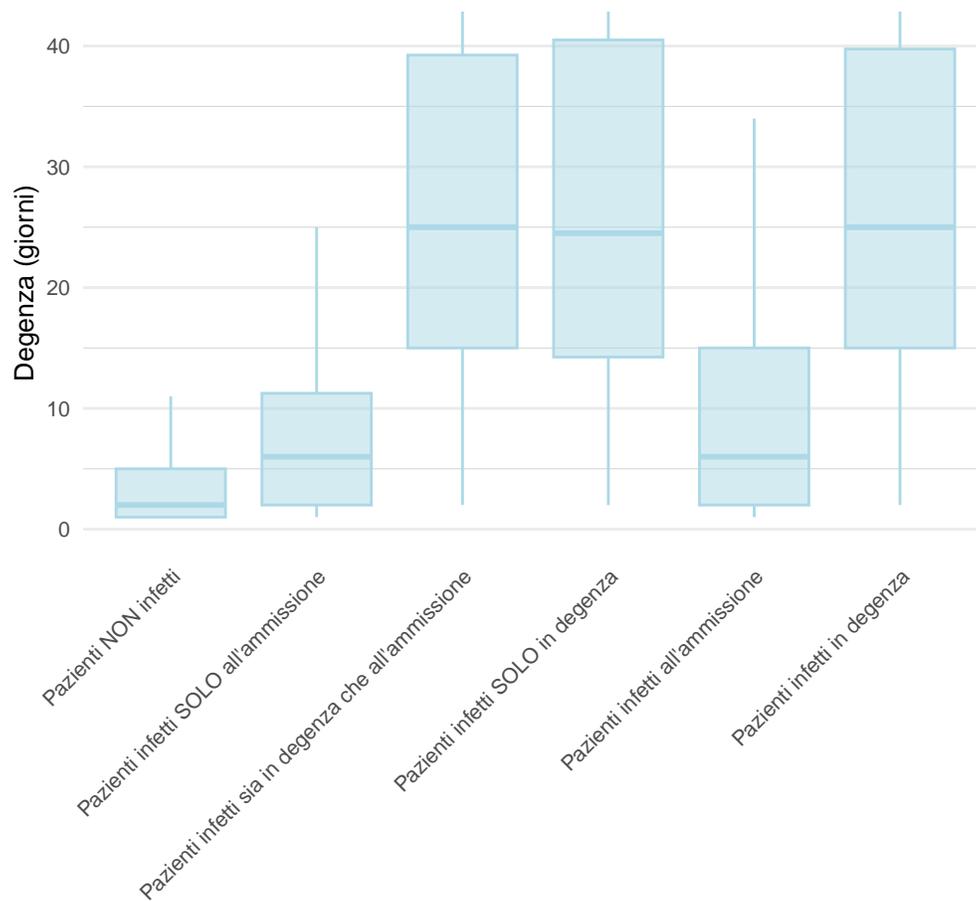
Per N = 36 pazienti non è presente l'informazione completa relativa allo stato di infezione.



Pazienti	N	%
Pazienti NON infetti	1203	64.1
Pazienti infetti solo in degenza	93	5.0
Pazienti infetti solo all'ammissione	512	27.3
Pazienti infetti all'ammissione e in degenza	68	3.6

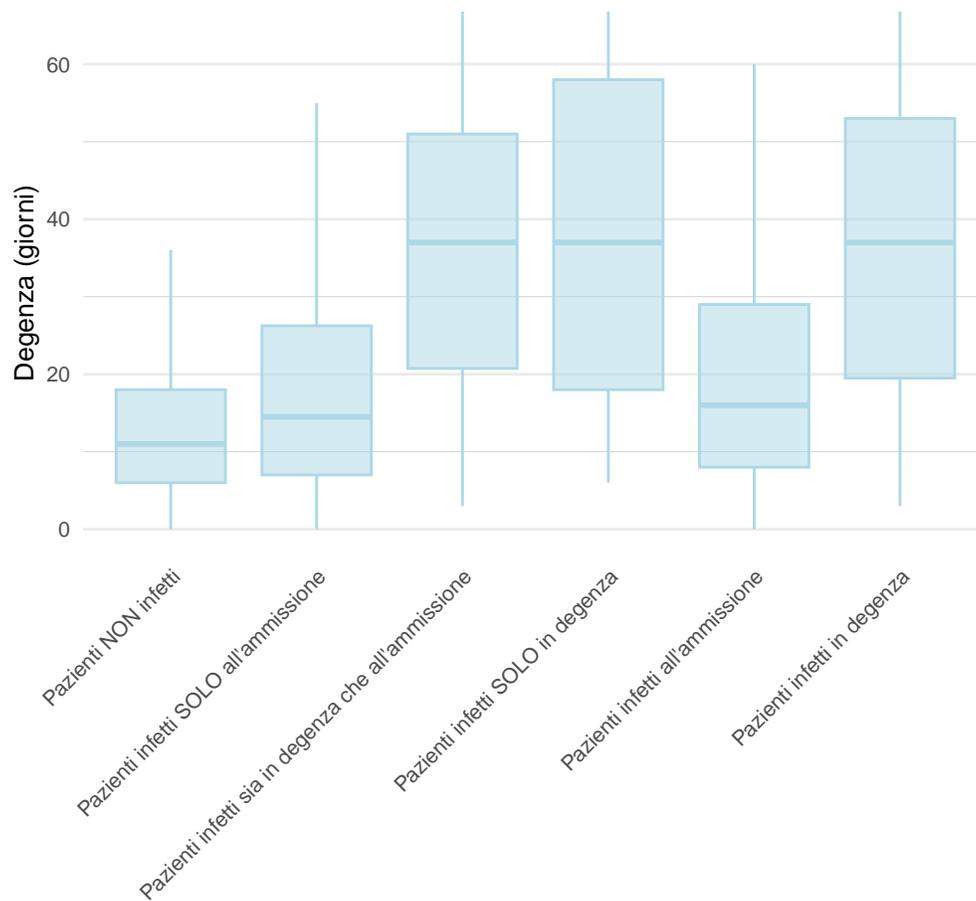
La percentuale viene calcolata sul totale dei pazienti ammessi con informazione completa rispetto lo stato di infezione (N = 1876).

## 1.1 Durata degenza in TI nei sottogruppi di pazienti



Degenza in TI ( giorni )				
Pazienti	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	1203	62.9	2	( 1 - 5 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	512	26.8	6	( 2 - 11 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	68	3.6	25	( 15 - 39 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	93	4.9	24	( 14 - 40 )
Pazienti infetti all'ammissione	580	30.3	6	( 2 - 15 )
Pazienti infetti in degenza	161	8.4	25	( 15 - 40 )

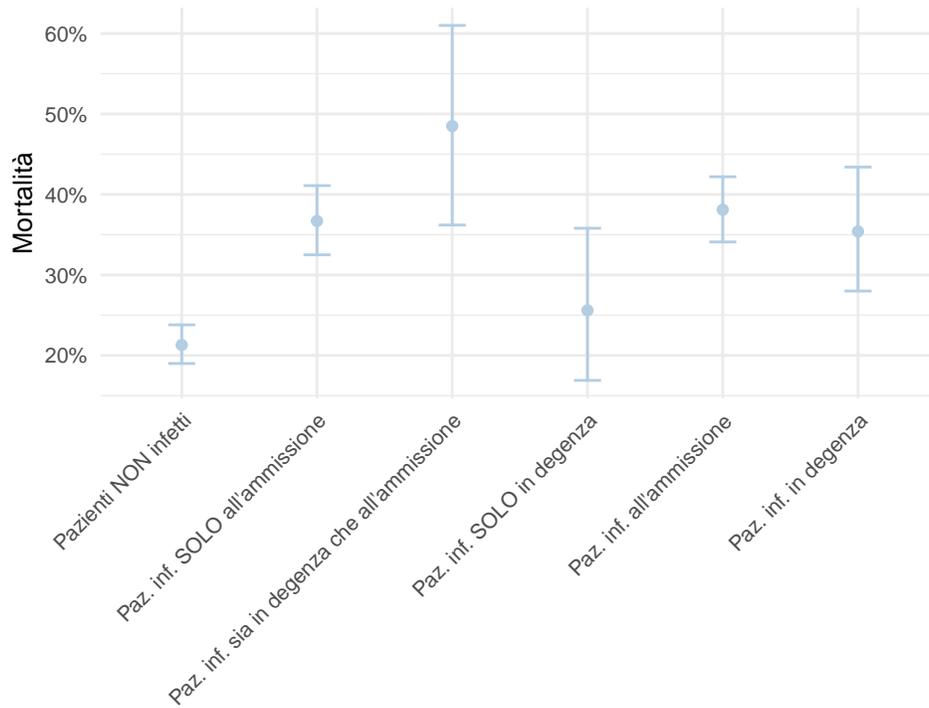
## 1.2 Durata degenza ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*



Pazienti	Degenza ospedaliera ( giorni )			
	N	%	Mediana	( Q1 - Q3 )
Pazienti NON infetti	1203	62.9	11	( 6 - 18 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	512	26.8	14	( 7 - 26 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	68	3.6	37	( 21 - 51 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	93	4.9	37	( 18 - 58 )
Pazienti infetti all'ammissione	580	30.3	16	( 8 - 29 )
Pazienti infetti in degenza	161	8.4	37	( 20 - 53 )

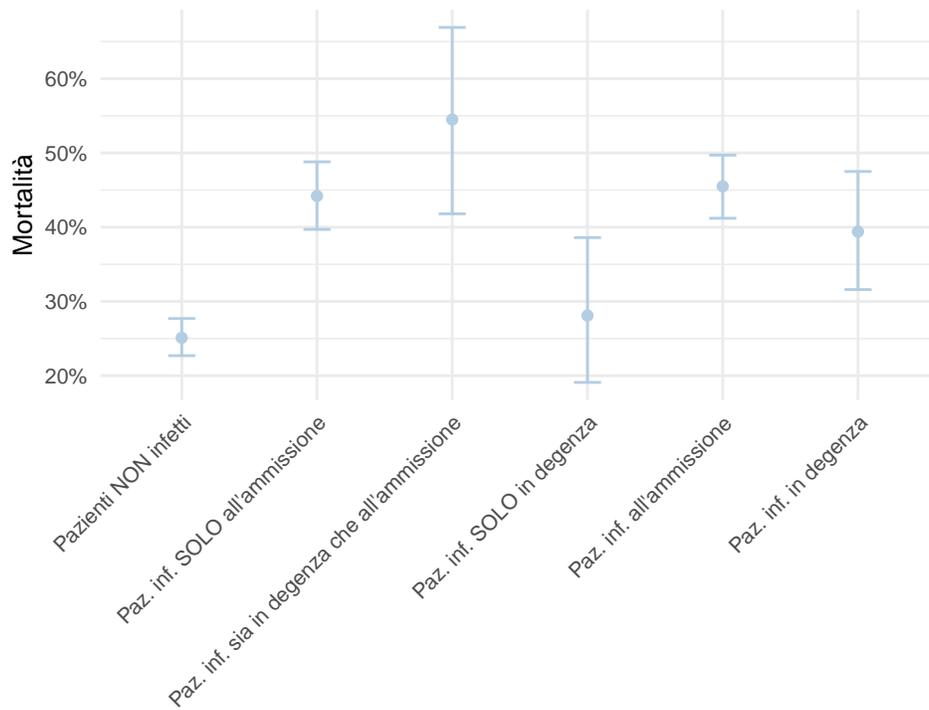
\* escluse le riammissioni (N = 45)

## 1.3 Mortalità in TI nei sottogruppi di pazienti



Mortalità in TI				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1203	256	21.3	( 19 - 23.8 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	512	188	36.7	( 32.5 - 41.1 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	68	33	48.5	( 36.2 - 61 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	93	23	25.6	( 16.9 - 35.8 )
Pazienti infetti all'ammissione	580	221	38.1	( 34.1 - 42.2 )
Pazienti infetti in degenza	161	56	35.4	( 28 - 43.4 )

## 1.4 Mortalità ospedaliera nei sottogruppi di pazienti \*

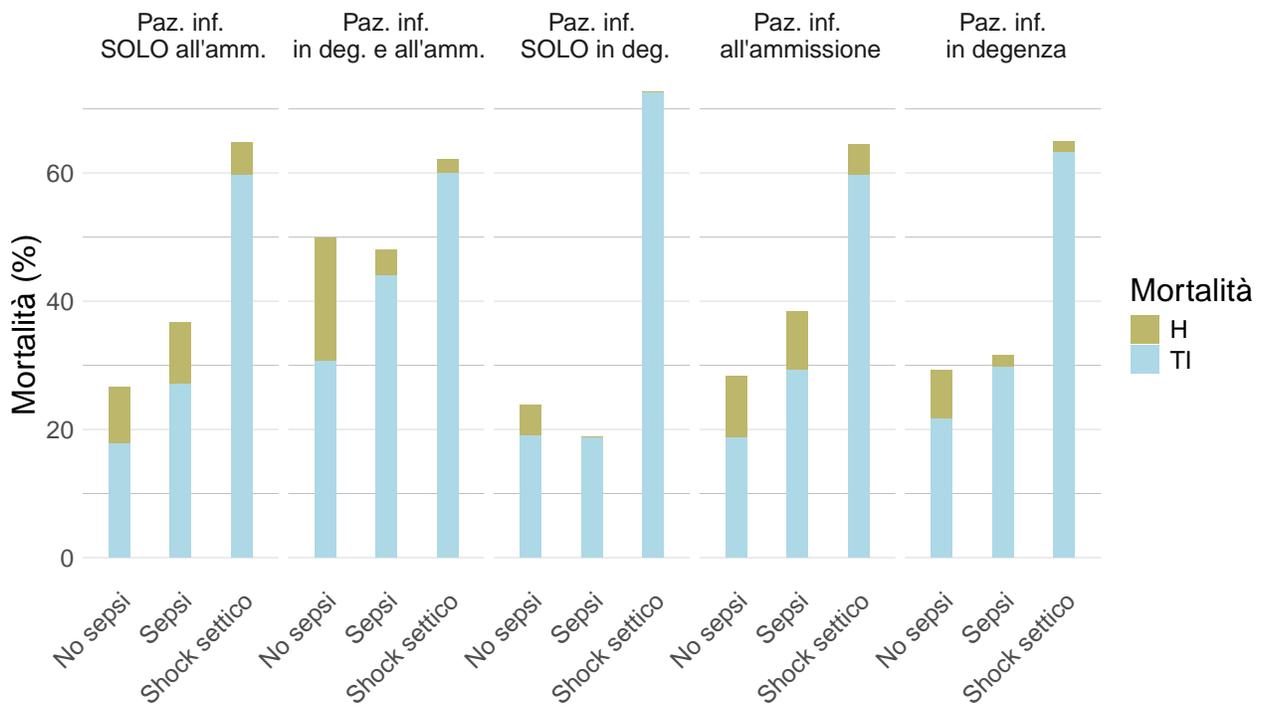


Mortalità ospedaliera				
Pazienti	N	N morti	Mortalità	Intervallo di confidenza
Pazienti NON infetti	1203	295	25.1	( 22.7 - 27.7 )
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	512	214	44.2	( 39.7 - 48.8 )
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	68	36	54.5	( 41.8 - 66.9 )
Pazienti infetti SOLO in degenza	93	25	28.1	( 19.1 - 38.6 )
Pazienti infetti all'ammissione	580	250	45.5	( 41.2 - 49.7 )
Pazienti infetti in degenza	161	61	39.4	( 31.6 - 47.5 )

\* escluse le riammissioni (N = 45)

### 1.5 Gravità dell'infezione

Pazienti	N	No sepsi	Sepsi	Shock settico	% no sepsi	% sepsi	% shock settico
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	512	156	162	194	30.5	31.6	37.9
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	68	13	25	30	19.1	36.8	44.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	93	49	32	11	53.3	34.8	12.0
Pazienti infetti all'ammissione	580	169	187	224	29.1	32.2	38.6
Pazienti infetti in degenza	161	62	57	41	38.8	35.6	25.6



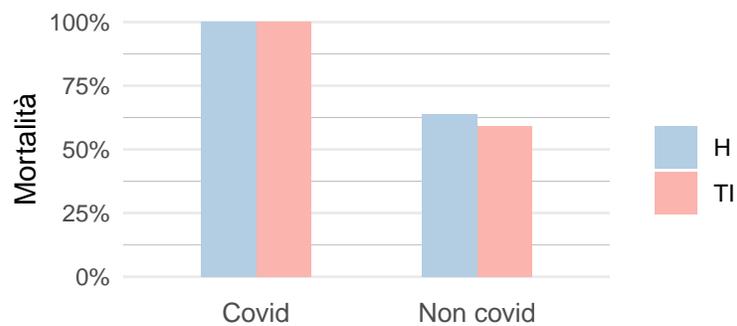
1 FLOW-CHART SULLA TIPOLOGIA DEI PAZIENTI

Mortalità - Pazienti senza sepsi						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	156	28	17.9	150	40	26.7
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	13	4	30.8	12	6	50.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	49	9	19.1	46	11	23.9
Pazienti infetti all'ammissione	169	32	18.9	162	46	28.4
Pazienti infetti in degenza	62	13	21.7	58	17	29.3

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	162	44	27.2	152	56	36.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	25	11	44.0	25	12	48.0
Pazienti infetti SOLO in degenza	32	6	18.8	32	6	18.8
Pazienti infetti all'ammissione	187	55	29.4	177	68	38.4
Pazienti infetti in degenza	57	17	29.8	57	18	31.6

Mortalità - Pazienti con shock settico						
Pazienti	N paz.	N morti TI	TI (%)	N paz. (escluso riamm.)	N morti os- pedalieri	Ospedaliera (%)
Pazienti infetti SOLO all'ammissione	194	116	59.8	182	118	64.8
Pazienti infetti sia in degenza che all'ammissione	30	18	60.0	29	18	62.1
Pazienti infetti SOLO in degenza	11	8	72.7	11	8	72.7
Pazienti infetti all'ammissione	224	134	59.8	211	136	64.5
Pazienti infetti in degenza	41	26	63.4	40	26	65.0

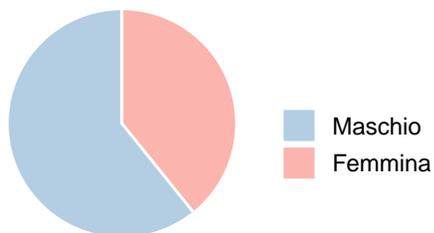
1.5.1 Mortalità - Pazienti infetti all'ammissione con shock settico - COVID VS NON COVID



Pazienti	Mortalità					
	N pazienti	N morti TI	TI	N pazienti (escluso riamm.)	N morti H	H
Covid	3	3	100.0	3	3	100.0
Non covid	221	131	59.3	209	133	63.9

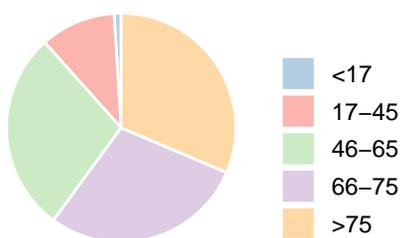
## 2 Tutti i pazienti ( N = 1912 )

### 2.1 Sesso



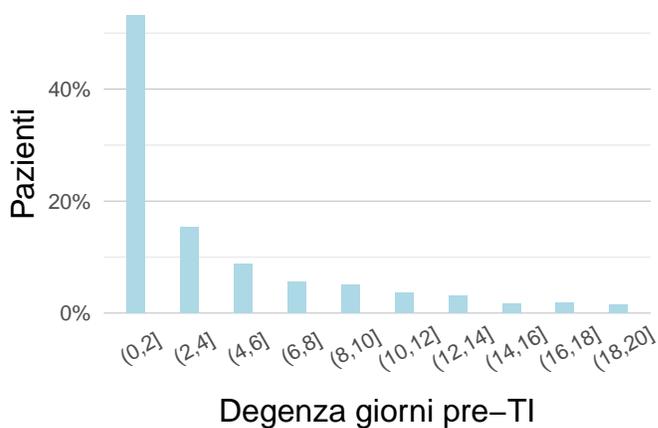
Sesso	N	%
Maschio	1161	60.8
Femmina	749	39.2
Missing	2	0

### 2.2 Età



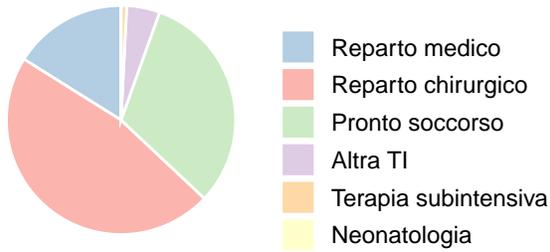
Range età	N	%
<17	19	1.0
17-45	203	10.6
46-65	542	28.3
66-75	548	28.7
>75	600	31.4
Missing	0	0

### 2.3 Degenza Pre TI ( giorni )



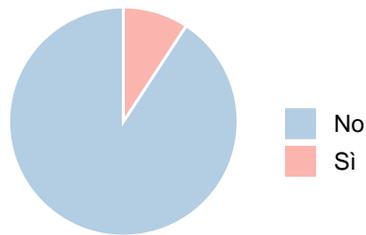
Indicatore	Valore
Media	4.2
DS	9.1
Mediana	1
Q1-Q3	0-4
Missing	26

## 2.4 Provenienza ( reparto )



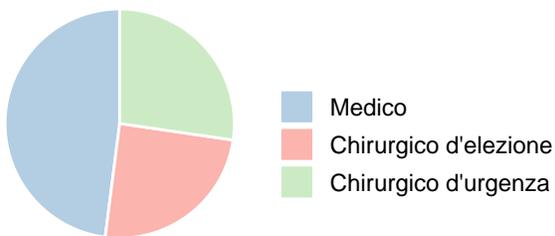
Provenienza	N	%
Reparto medico	303	16.1
Reparto chirurgico	883	46.9
Pronto soccorso	594	31.5
Altra TI	88	4.7
Terapia subintensiva	15	0.8
Neonatologia	0	0.0
Missing	29	0

## 2.5 Trauma



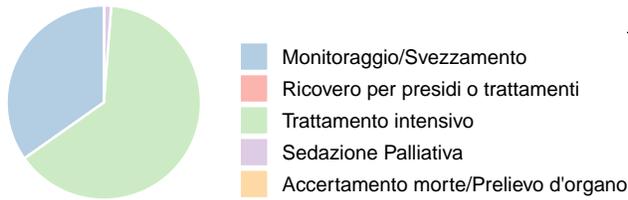
Trauma	N	%
No	1712	90.8
Si	174	9.2
Missing	26	0

## 2.6 Stato Chirurgico



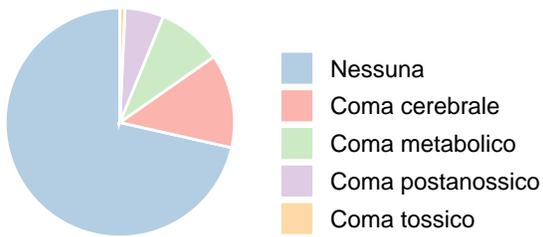
Stato chirurgico	N	%
Medico	905	48.0
Chirurgico d'elezione	466	24.7
Chirurgico d'urgenza	515	27.3
Missing	26	0

## 2.7 Motivo di ammissione



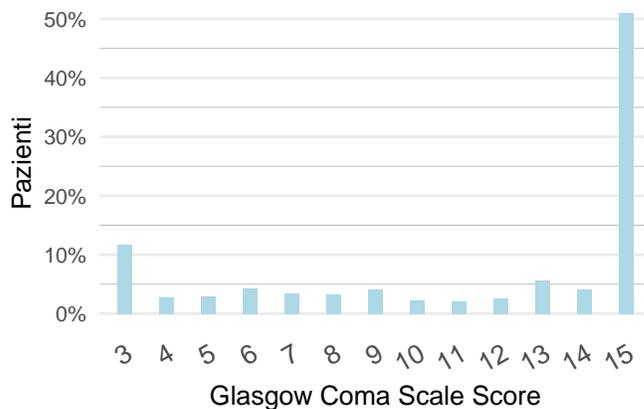
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	652	34.8
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	1200	64.0
Sedazione Palliativa	23	1.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	37	0

## 2.8 Insufficienza neurologica



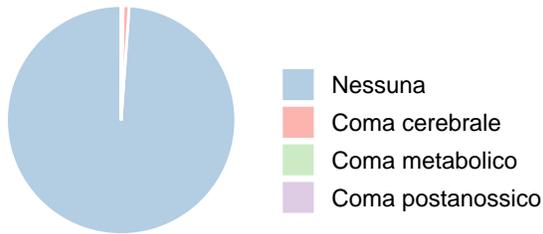
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	992	71.5
Coma cerebrale	184	13.3
Coma metabolico	126	9.1
Coma postanossico	76	5.5
Coma tossico	10	0.7
Missing	524	0

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



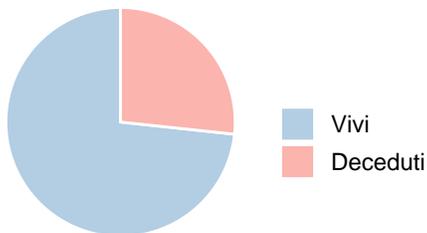
Indicatore	Valore
Media	11.4
DS	4.5
Mediana	15
Q1-Q3	7-15

## 2.10 Insufficienza neurologica insorta



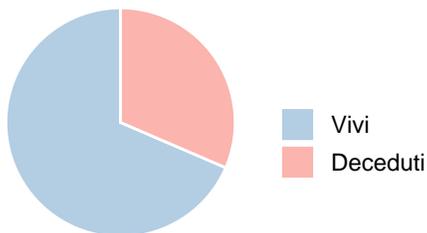
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1857	98.9
Coma cerebrale	16	0.9
Coma metabolico	3	0.2
Coma postanossico	2	0.1
Missing	35	

## 2.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	1373	73.3
Deceduti	500	26.7
Missing	39	0

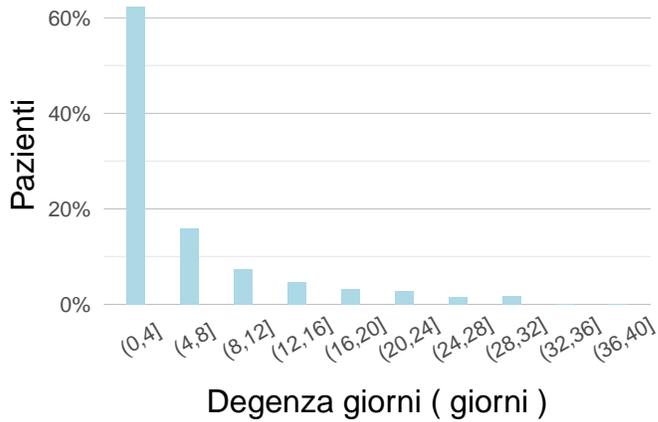
## 2.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	1243	68.5
Deceduti	571	31.5
Missing	53	0

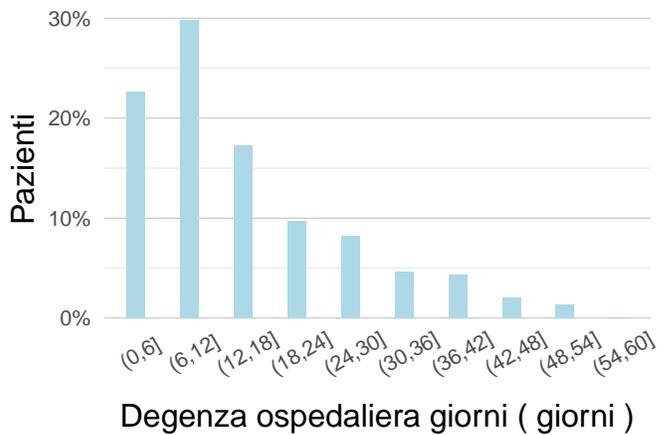
\* Statistiche calcolate su 1867 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 45 ).

## 2.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	8.2 (13.2)
Mediana (Q1-Q3)	3 (1-9)
Missing	37

## 2.14 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*

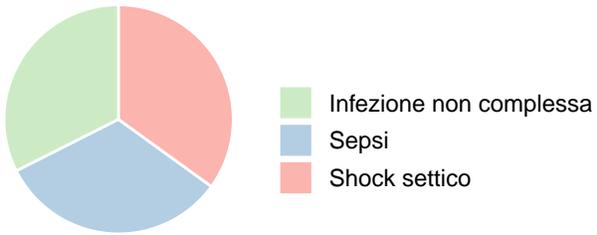


Indicatore	Valore
Media (DS)	18.5 (20.6)
Mediana (Q1-Q3)	12 (7-24)
Missing	54

\* Statistiche calcolate su 1867 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 45 ).

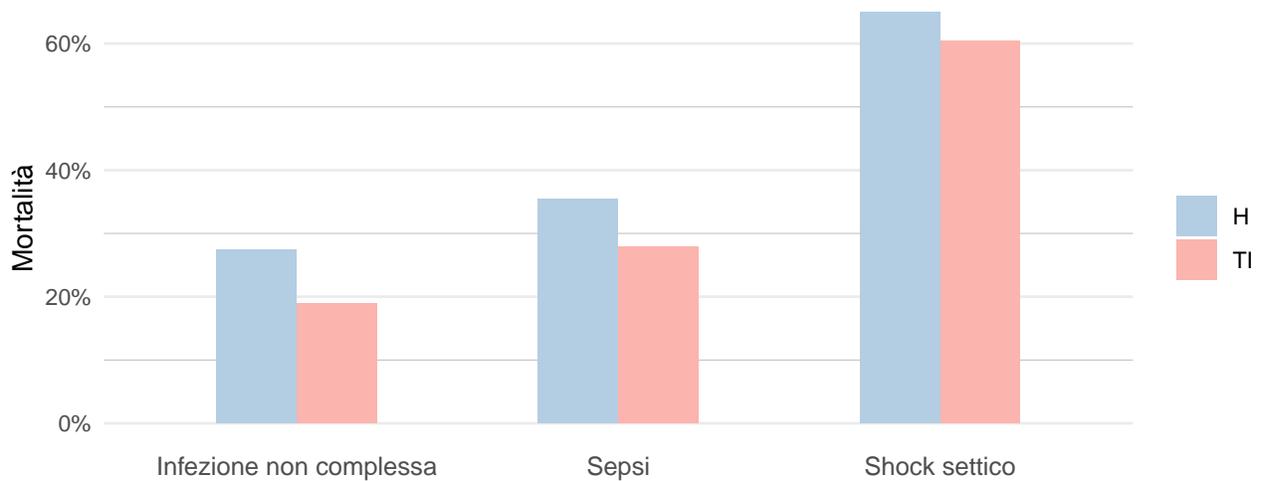
### 3 Pazienti infetti ( N = 673 )

#### 3.1 Gravità massima dell'infezione



Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	218	32.4
Sepsi	219	32.6
Shock settico	235	35.0
Missing	1	0

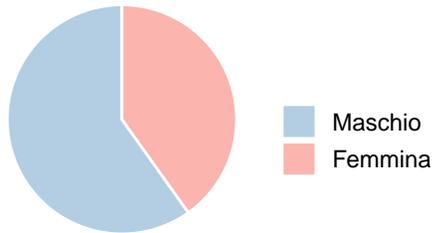
#### 3.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	19.0	27.4
Sepsi	27.9	35.4
Shock settico	60.4	64.9

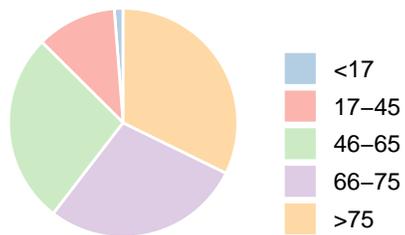
## 4 Pazienti non infetti ( N = 1203 )

### 4.1 Sesso



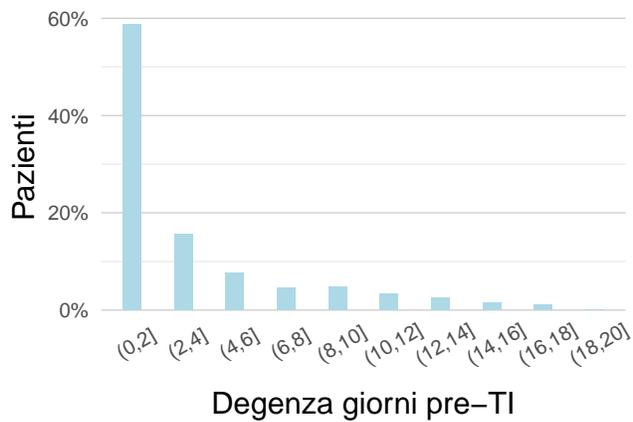
Sesso	N	%
Maschio	720	59.9
Femmina	483	40.1
Missing	0	0

### 4.2 Età



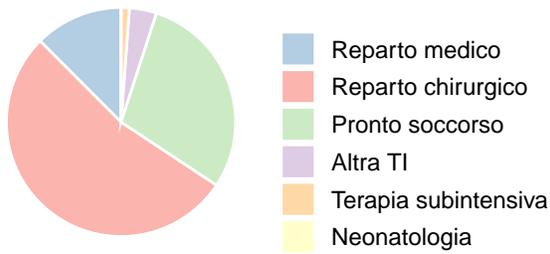
Range età	N	%
<17	15	1.2
17-45	136	11.3
46-65	325	27.0
66-75	339	28.2
>75	388	32.3
Missing	0	0

### 4.3 Degenza Pre TI ( giorni )



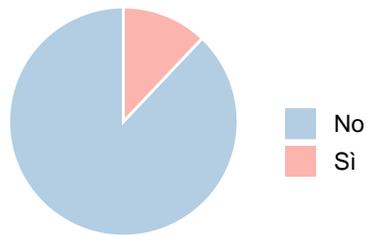
Indicatore	Valore
Media	3.6
DS	7.6
Mediana	1
Q1-Q3	0-3
Missing	1

## 4.4 Provenienza ( reparto )



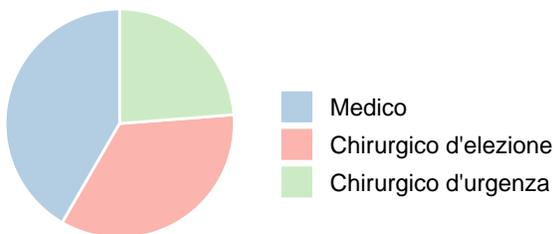
Provenienza	N	%
Reparto medico	150	12.5
Reparto chirurgico	639	53.2
Pronto soccorso	352	29.3
Altra TI	46	3.8
Terapia subintensiva	14	1.2
Neonatologia	0	0.0
Missing	2	0

## 4.5 Trauma



Trauma	N	%
No	1058	87.9
Si	145	12.1
Missing	0	0

## 4.6 Stato Chirurgico



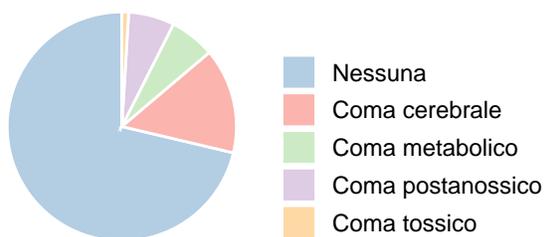
Stato chirurgico	N	%
Medico	501	41.6
Chirurgico d'elezione	416	34.6
Chirurgico d'urgenza	286	23.8
Missing	0	0

## 4.7 Motivo di ammissione



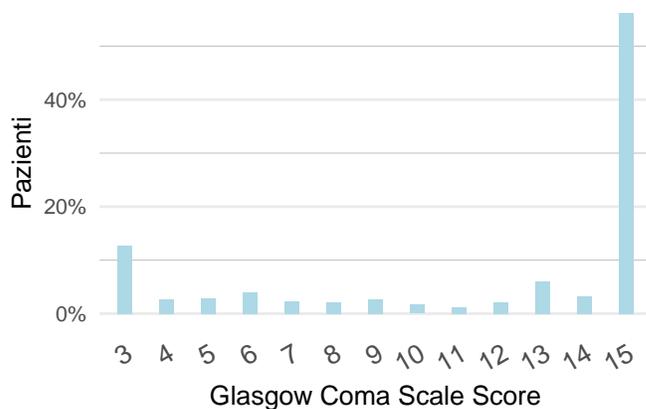
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	563	47.2
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	615	51.5
Sedazione Palliativa	16	1.3
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	9	0

## 4.8 Insufficienza neurologica



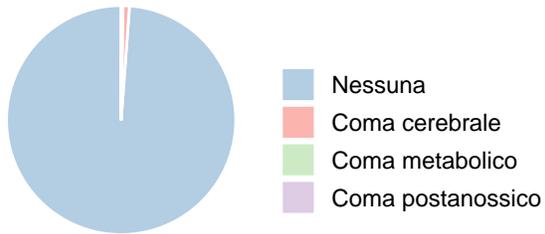
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	671	71.3
Coma cerebrale	140	14.9
Coma metabolico	60	6.4
Coma postanossico	61	6.5
Coma tossico	9	1.0
Missing	262	0

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



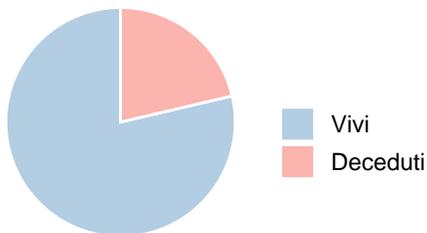
Indicatore	Valore
Media	9.7
DS	4.6
Mediana	13
Q1-Q3	6-13

## 4.10 Insufficienza neurologica insorta



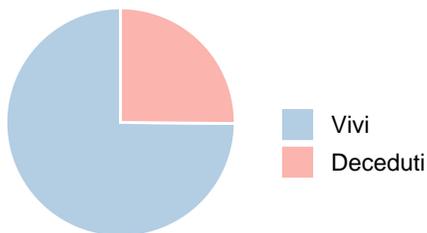
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	1190	98.9
Coma cerebrale	11	0.9
Coma metabolico	2	0.2
Coma postanossico	1	0.1
Missing	0	0

## 4.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	944	78.7
Deceduti	256	21.3
Missing	3	0

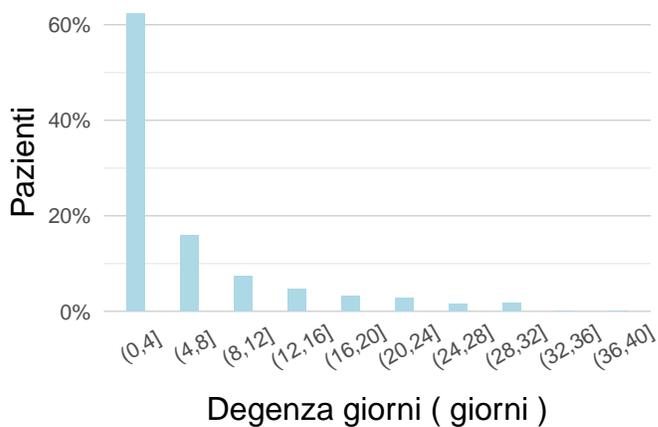
## 4.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	878	74.9
Deceduti	295	25.1
Missing	12	0

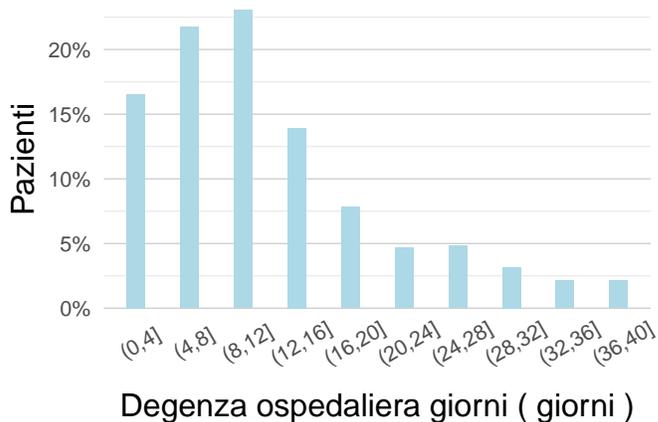
\* Statistiche calcolate su 1185 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 18 ).

#### 4.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	4.6 (6.9)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-5)
Missing	2

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

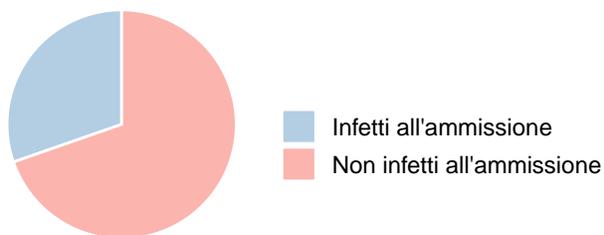


Indicatore	Valore
Media (DS)	14.6 (14.7)
Mediana (Q1-Q3)	11 (6-18)
Missing	13

\* Statistiche calcolate su 1185 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 18 ).

## PAZIENTI CON INFEZIONE ALL'AMMISSIONE

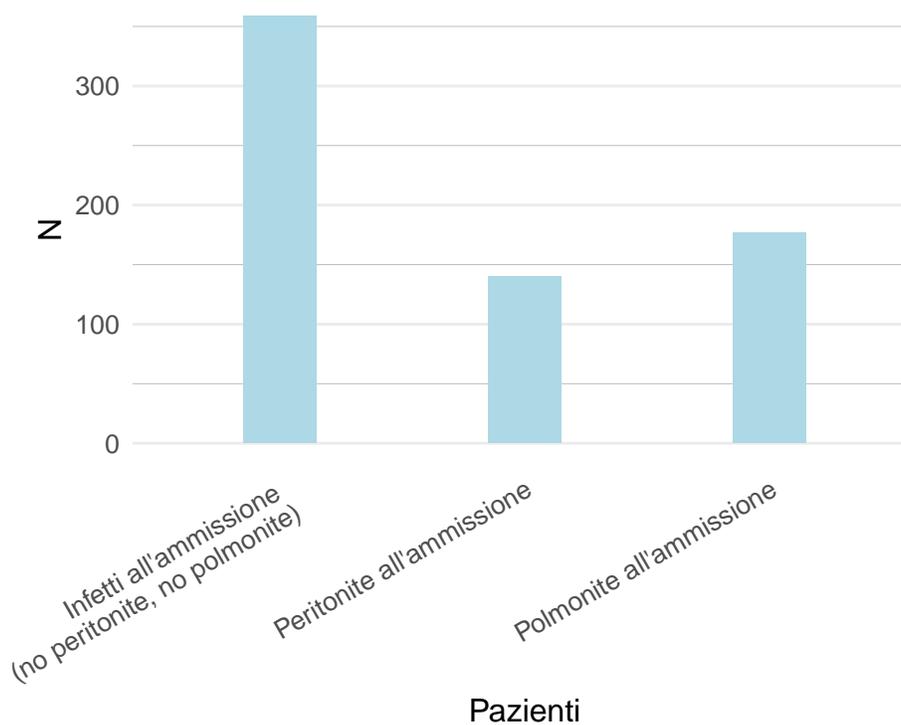
Sono presenti 580 pazienti che contraggono un'infezione all'ammissione, i quali rappresentano il 30.33% della popolazione totale ammessa in TI.



Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione	580	30.33
Non infetti all'ammissione	1332	69.67

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1912).

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

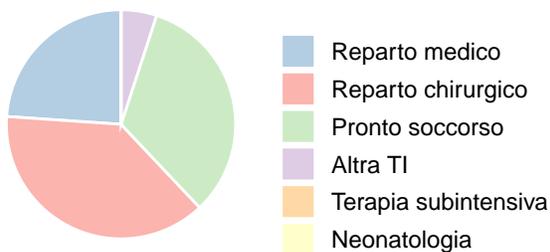


Pazienti	N	%
Infetti all'ammissione (no peritonite, no polmonite)	359	61.90
Peritonite all'ammissione	140	24.14
Polmonite all'ammissione	177	30.52

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti infetti all'ammissione (N = 580).

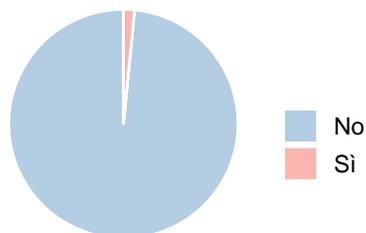
## 5 Pazienti infetti all'ammissione (N = 580)

### 5.1 Provenienza ( reparto )



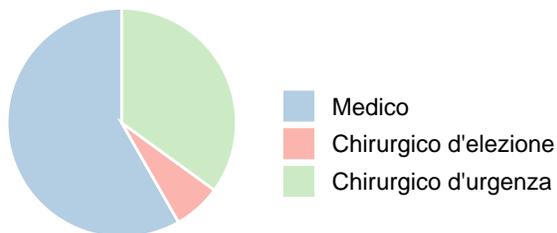
Provenienza	N	%
Reparto medico	138	23.9
Reparto chirurgico	220	38.1
Pronto soccorso	190	32.9
Altra TI	29	5.0
Terapia subintensiva	0	0.0
Neonatologia	0	0.0
Missing	3	0

### 5.2 Trauma



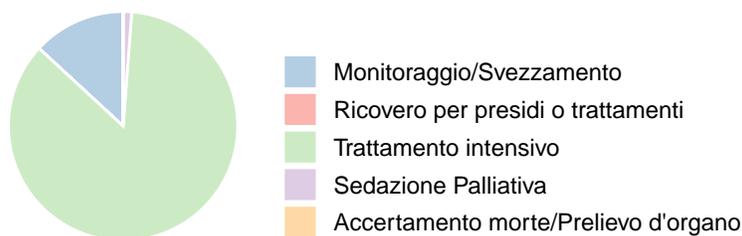
Trauma	N	%
No	571	98.4
Sì	9	1.6
Missing	0	0

### 5.3 Stato Chirurgico



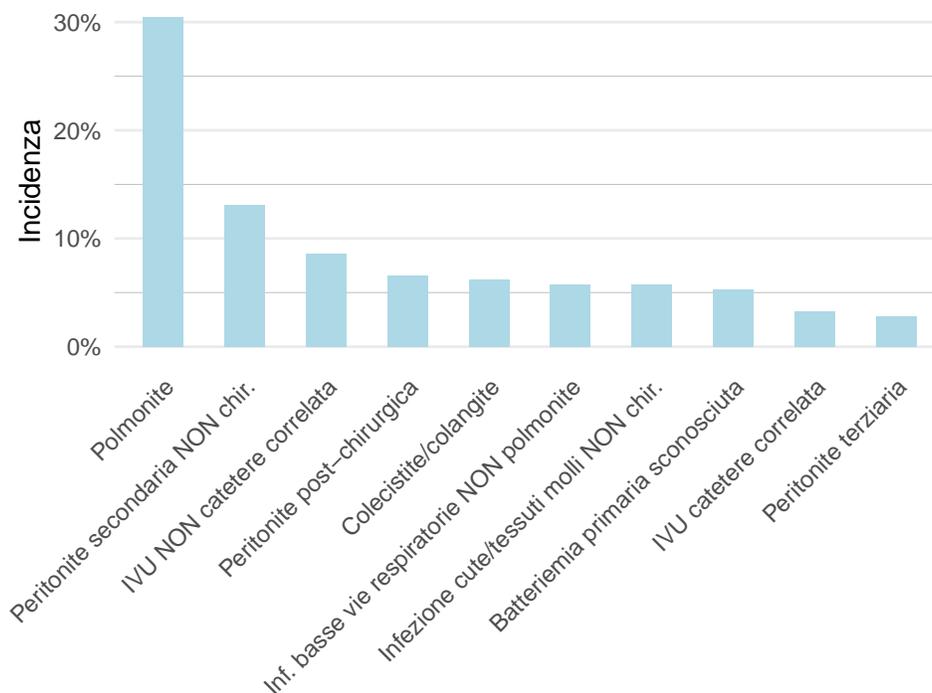
Stato chirurgico	N	%
Medico	338	58.3
Chirurgico d'elezione	39	6.7
Chirurgico d'urgenza	203	35.0
Missing	0	0

## 5.4 Motivo di ammissione



Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	76	13.1
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	496	85.7
Sedazione Palliativa	7	1.2
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	1	0

## 5.5 Infezioni all'ammissione ( top 10 )

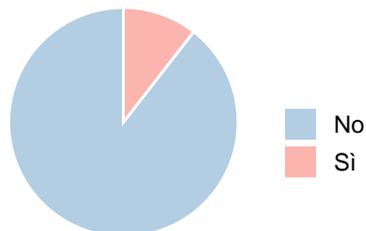


Infezioni ( top 10 )

Infezione	N	%
Polmonite	177	30.5
Peritonite secondaria NON chir.	76	13.1
IVU NON catetere correlata	50	8.6
Peritonite post-chirurgica	38	6.6
Colecistite/colangite	36	6.2
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	33	5.7
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	33	5.7

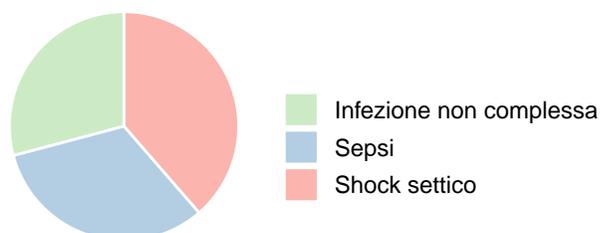
Batteriemia primaria sconosciuta	31	5.3
IVU catetere correlata	19	3.3
Peritonite terziaria	16	2.8
Missing	0	NA

### 5.6 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	519	89.5
Sì	61	10.5
Missing	0	0

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



Gravità massima dell'infezione all'ammissione	N	%
Infezione non complessa	169	29.1
Sepsi	187	32.2
Shock settico	224	38.6
Missing	0	0

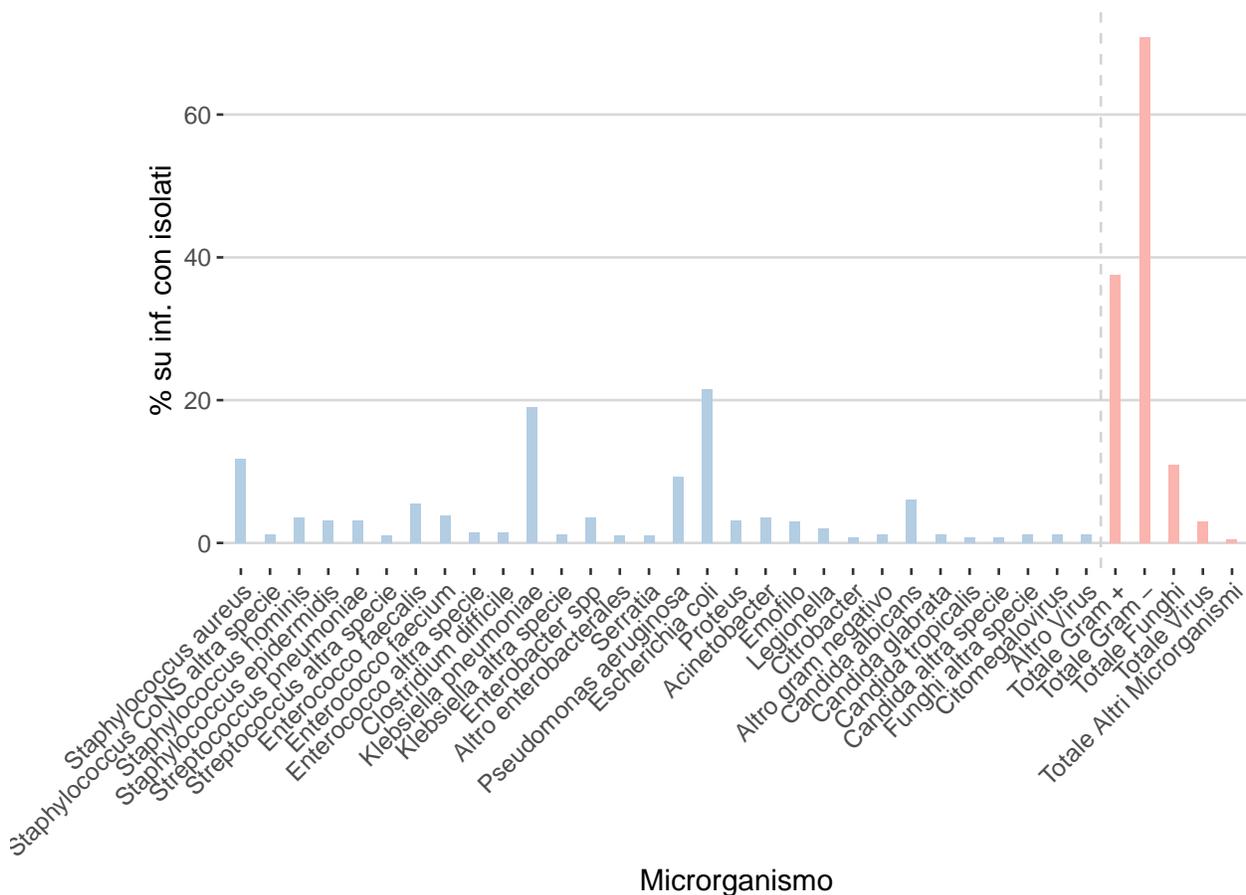
### 5.8 Microrganismi isolati nei pazienti infetti all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	217	35.2
Sì	400	64.8
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>619</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>498</b>	

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

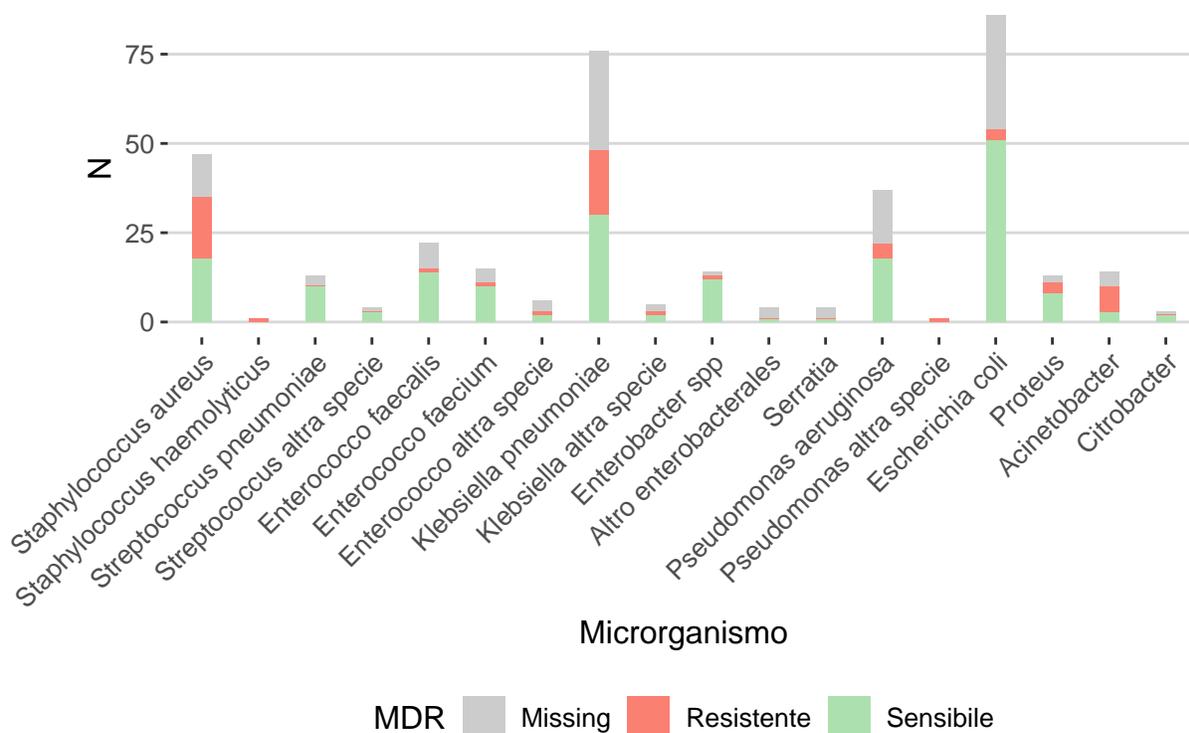
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	47	11.8	35	17	48.6
Staphylococcus CoNS altra specie	5	1.2	0	0	0
Staphylococcus haemolyticus	1	0.2	1	1	100
Staphylococcus hominis	14	3.5	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	13	3.2	0	0	0
Pyogens	2	0.5	0	0	0
Streptococcus agalactiae	2	0.5	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	13	3.2	10	0	0
Streptococcus altra specie	4	1.0	3	0	0
Enterococcus faecalis	22	5.5	15	1	6.7
Enterococcus faecium	15	3.8	11	1	9.1
Enterococcus altra specie	6	1.5	3	1	33.3
Clostridium difficile	6	1.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>150</b>	<b>37.5</b>	<b>78</b>	<b>21</b>	<b>26.9</b>
Klebsiella pneumoniae	76	19.0	48	18	37.5
Klebsiella altra specie	5	1.2	3	1	33.3
Enterobacter spp	14	3.5	13	1	7.7
Altro enterobacterales	4	1.0	1	0	0
Serratia	4	1.0	1	0	0

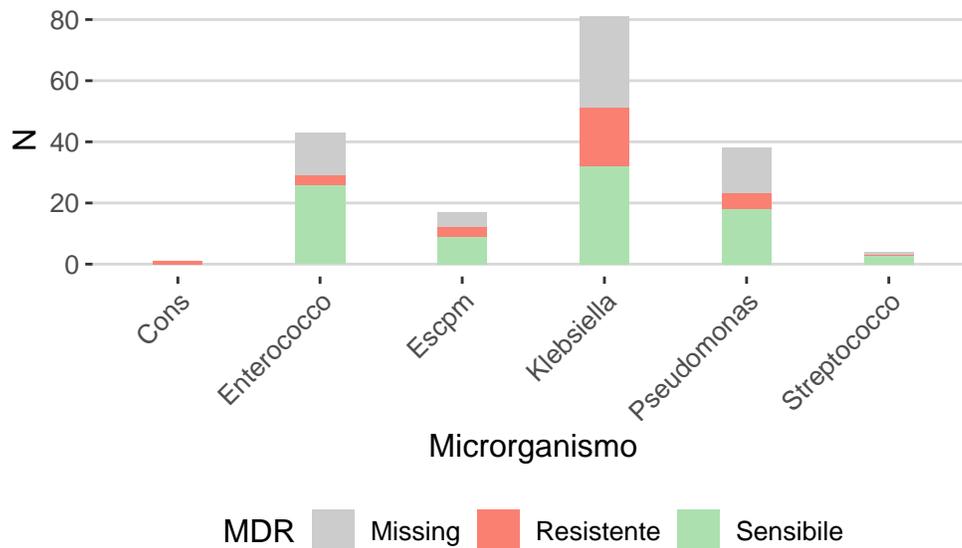
Pseudomonas aeruginosa	37	9.2	22	4	18.2
Pseudomonas altra specie	1	0.2	1	1	100
Escherichia coli	86	21.5	54	3	5.6
Proteus	13	3.2	11	3	27.3
Acinetobacter	14	3.5	10	7	70
Emofilo	12	3.0	0	0	0
Legionella	8	2.0	0	0	0
Citrobacter	3	0.8	2	0	0
Providencia	1	0.2	0	0	0
Altro gram negativo	5	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>283</b>	<b>70.8</b>	<b>166</b>	<b>38</b>	<b>22.9</b>
Candida albicans	24	6.0	0	0	0
Candida glabrata	5	1.2	0	0	0
Candida parapsilosis	1	0.2	0	0	0
Candida tropicalis	3	0.8	0	0	0
Candida altra specie	3	0.8	0	0	0
Aspergillo	3	0.8	0	0	0
Funghi altra specie	5	1.2	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>44</b>	<b>11.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	2	0.5			
Citomegalovirus	5	1.2			
Altro Virus	5	1.2			
<b>Totale Virus</b>	<b>12</b>	<b>3.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	2	0.5	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>2</b>	<b>0.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, Influenza AH3N2, Influenza altra 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0

Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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.

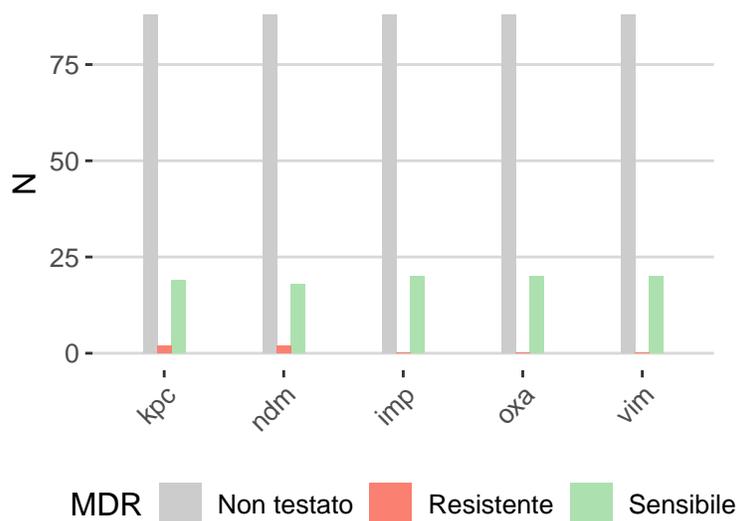
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	45	Ertapenem	9	20.00
Klebsiella pneumoniae	48	Meropenem	16	33.33
Klebsiella altra specie	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella altra specie	3	Meropenem	1	33.33
Enterobacter spp	11	Ertapenem	1	9.09
Escherichia coli	50	Ertapenem	2	4.00
Escherichia coli	54	Meropenem	1	1.85
Proteus	10	Ertapenem	3	30.00
Proteus	11	Meropenem	2	18.18
Acinetobacter	9	Imipenem	6	66.67
Acinetobacter	10	Meropenem	7	70.00
Pseudomonas aeruginosa	21	Meropenem	4	19.05
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00
Staphylococcus aureus	35	Meticillina	17	48.57
Enterococco faecalis	15	Vancomicina	1	6.67
Enterococco faecium	11	Vancomicina	1	9.09
Enterococco altra specie	3	Vancomicina	1	33.33

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

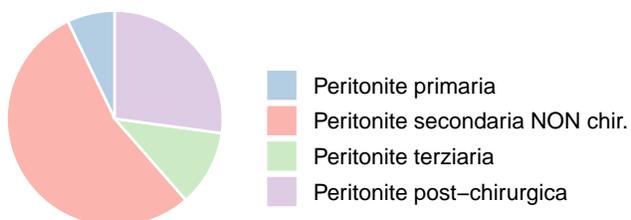
	N	%
Sì	4	3.67
No	17	15.6
Non testato	88	80.73
Missing	97	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	20	88
kpc	2	50	19	88
ndm	2	50	18	88
oxa	0	0	20	88
vim	0	0	20	88



## 6 Pazienti con peritonite all'ammissione (N = 140)

### 6.1 Tipologia di peritonite



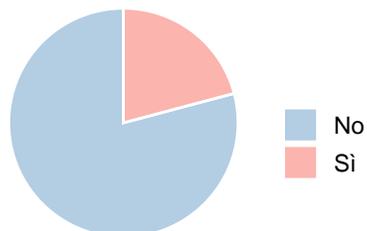
Tipologia	N	%
Peritonite primaria	10	7.1
Peritonite secondaria NON chir.	76	54.3
Peritonite terziaria	16	11.4
Peritonite post-chirurgica	38	27.1
Missing	0	

### 6.2 Tipo di infezione



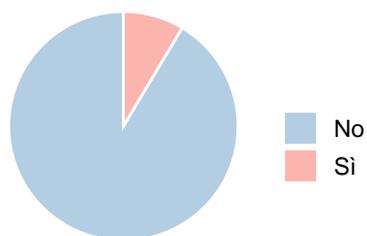
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	95	68.3
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	42	30.2
Acquisita in altra Terapia Intensiva	2	1.4
Missing	1	0

### 6.3 Infezione batteriemica



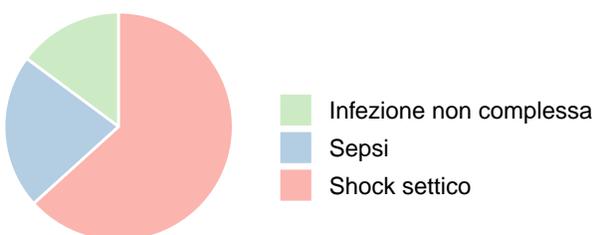
Batteriemica	N	%
No	110	79.1
Sì	29	20.9
Missing	1	0

## 6.4 Infezioni multisito



Multisito	N	%
No	128	91.4
Si	12	8.6
Missing	0	0

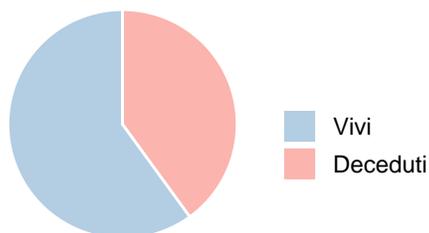
## 6.5 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	19	14.8
Sepsi	28	21.9
Shock settico	81	63.3
Missing	0	0

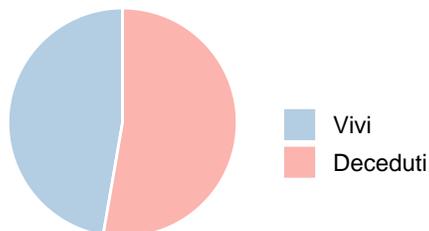
\* Statistiche calcolate su 128 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 12 ).

## 6.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	84	60.0
Deceduti	56	40.0
Missing	0	0

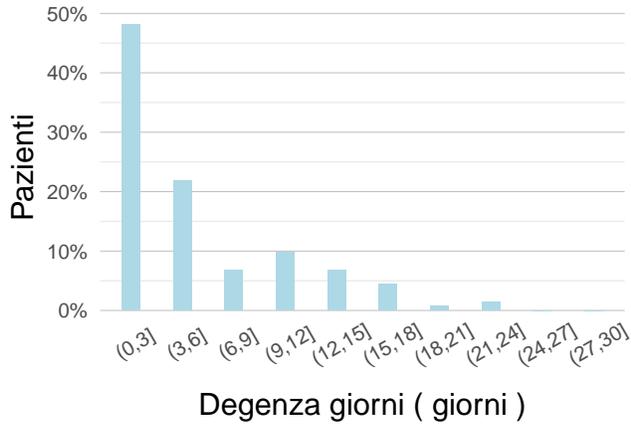
## 6.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	61	47.3
Deceduti	68	52.7
Missing	1	0

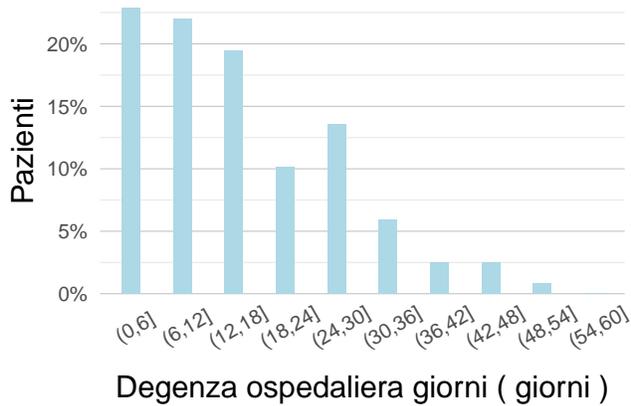
\* Statistiche calcolate su 130 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 10 ).

### 6.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	7.6 (10.8)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1.8-10)
Missing	0

### 6.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	19.5 (20.2)
Mediana (Q1-Q3)	15 (7-26)
Missing	1

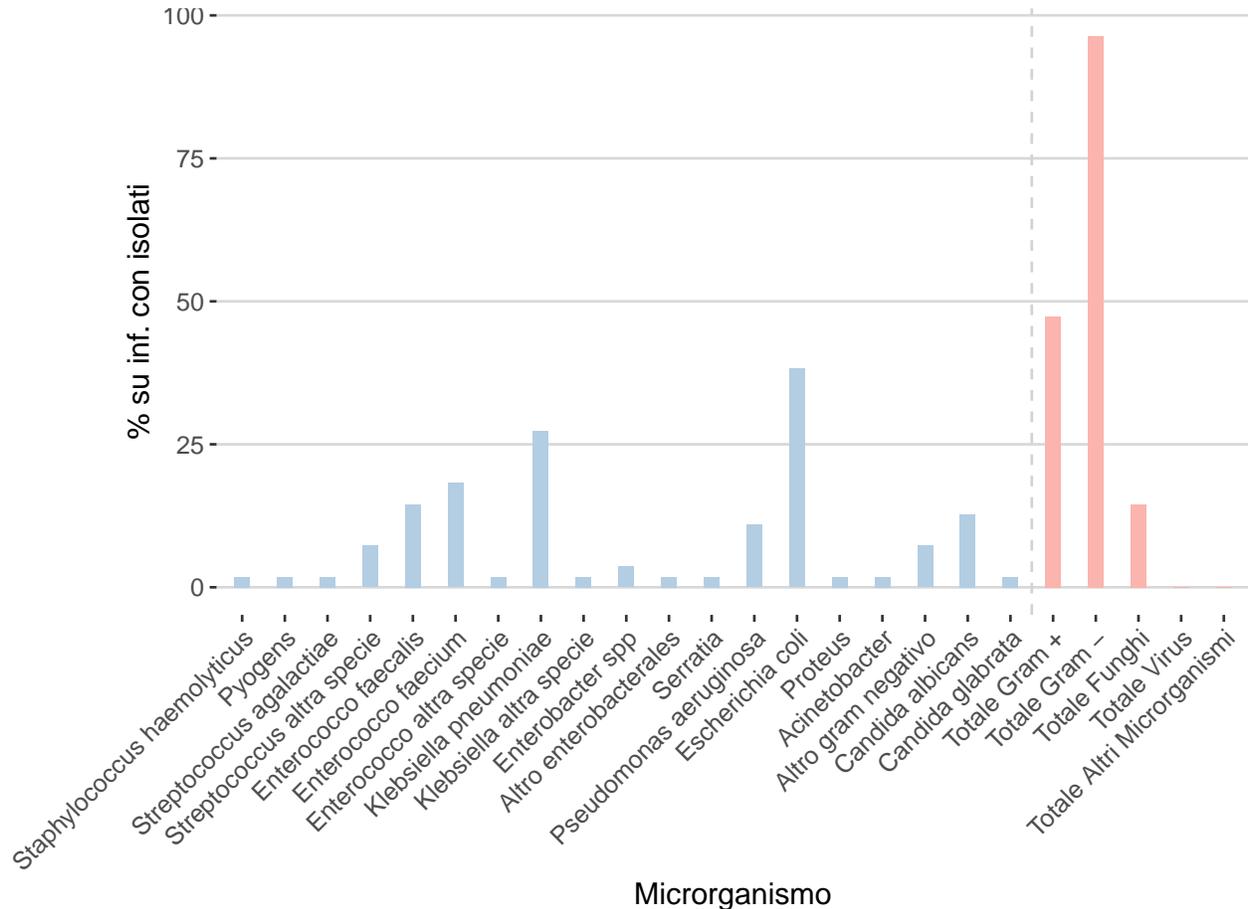
\* Statistiche calcolate su 130 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 10 ).

### 6.10 Microrganismi isolati nei pazienti con peritonite all'ammissione

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	84	60.4
Sì	55	39.6
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>140</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>87</b>	

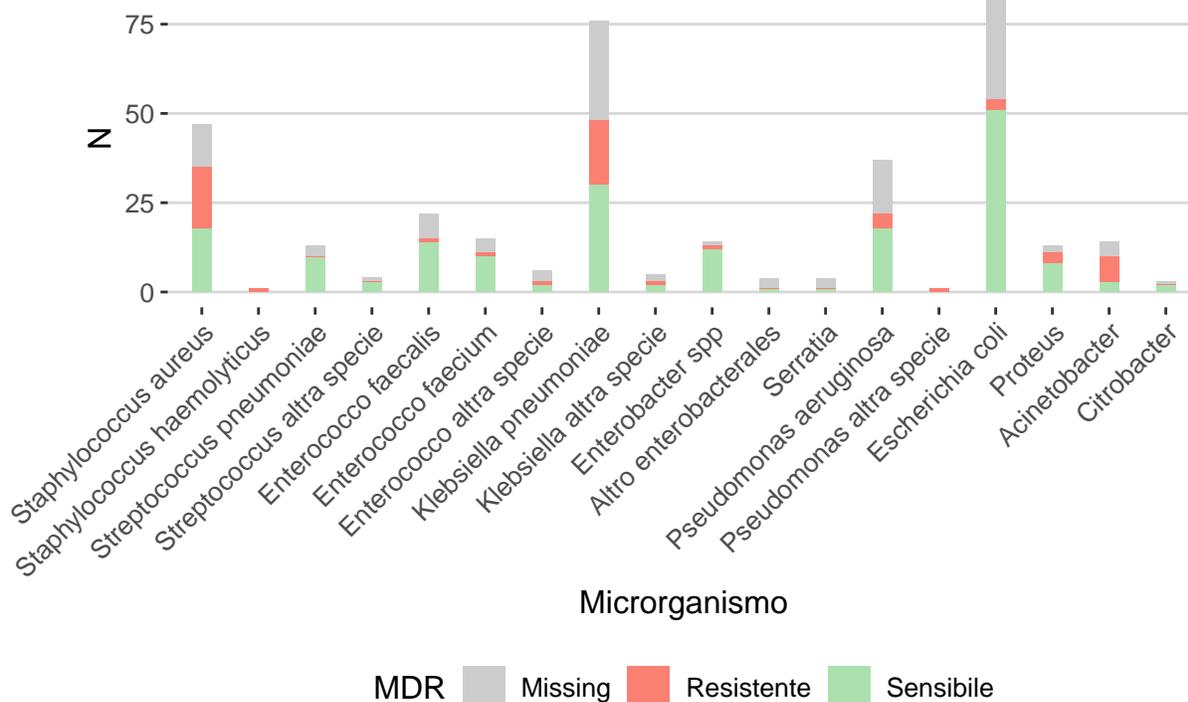
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus haemolyticus	1	1.8	1	1	100
Pyogens	1	1.8	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.8	0	0	0

Streptococcus altra specie	4	7.3	3	0	0
Enterococco faecalis	8	14.5	7	0	0
Enterococco faecium	10	18.2	8	0	0
Enterococco altra specie	1	1.8	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>26</b>	<b>47.3</b>	<b>20</b>	<b>1</b>	<b>5</b>
Klebsiella pneumoniae	15	27.3	7	1	14.3
Klebsiella altra specie	1	1.8	0	0	0
Enterobacter spp	2	3.6	2	1	50
Altro enterobacterales	1	1.8	0	0	0
Serratia	1	1.8	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	6	10.9	5	0	0
Escherichia coli	21	38.2	11	0	0
Proteus	1	1.8	1	0	0
Acinetobacter	1	1.8	1	1	100
Altro gram negativo	4	7.3	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>53</b>	<b>96.4</b>	<b>27</b>	<b>3</b>	<b>11.1</b>
Candida albicans	7	12.7	0	0	0
Candida glabrata	1	1.8	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>8</b>	<b>14.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

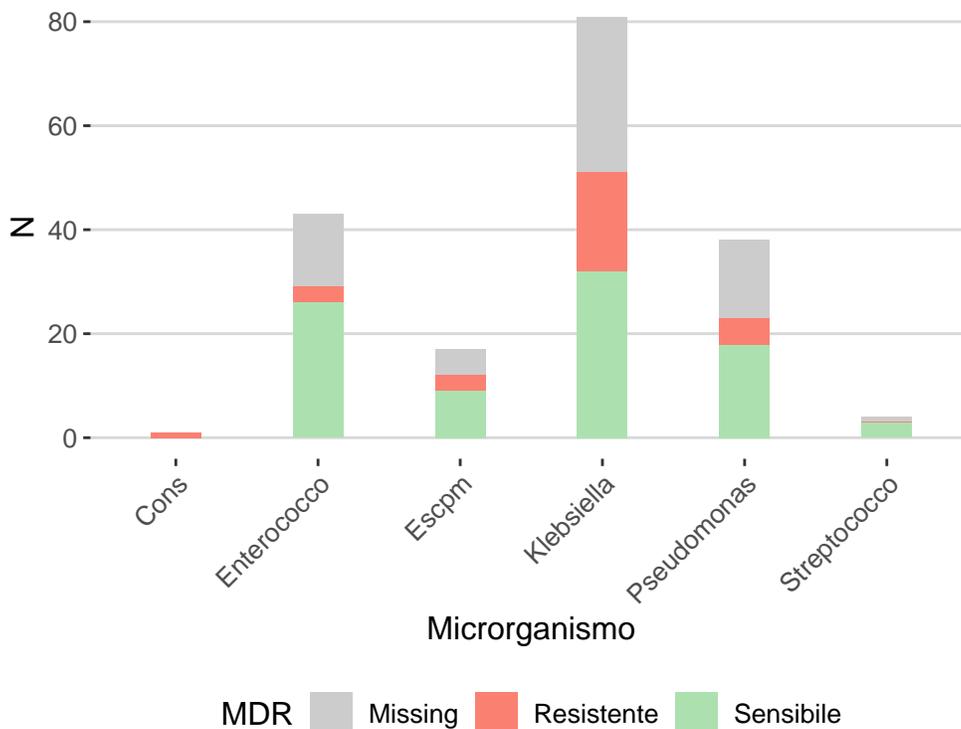
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida

krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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 antibiotiogramma	N sensibili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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	7	Ertapenem	1	14.29
Enterobacter spp	2	Ertapenem	1	50.00

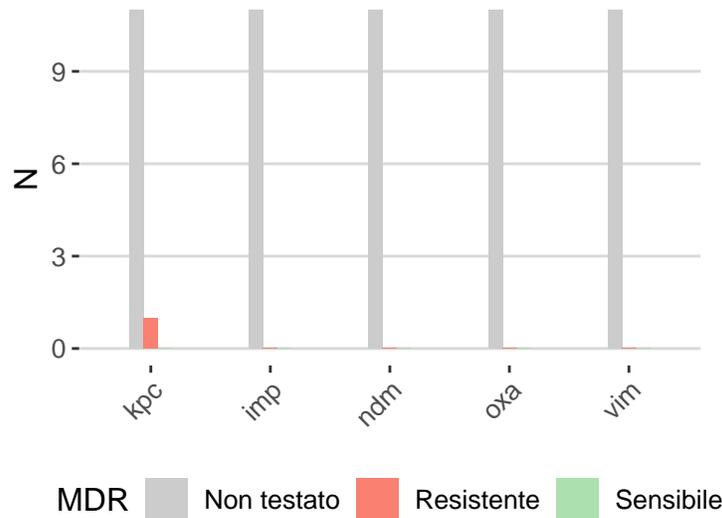
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus haemolyticus	1	Meticillina	1	100.00

### 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.

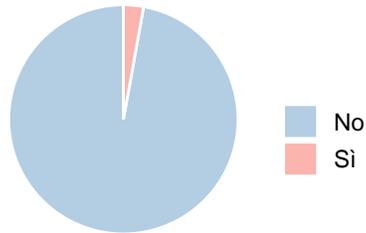
	N	%
Sì	1	8.33
No	0	0
Non testato	11	91.67
Missing	26	

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



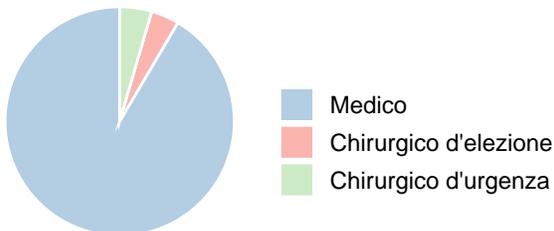
## 7 Pazienti con polmonite all'ammissione (N = 177)

### 7.1 Trauma



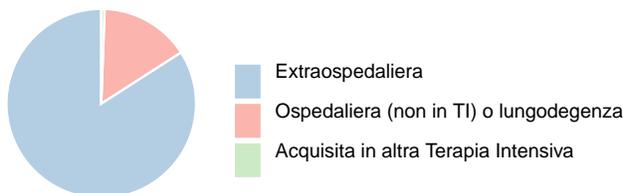
Trauma	N	%
No	172	97.2
Si	5	2.8
Missing	0	0

### 7.2 Stato Chirurgico



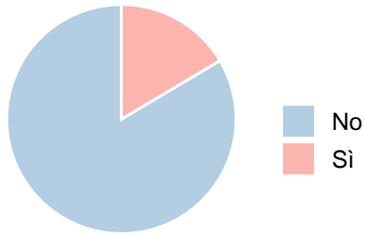
Stato chirurgico	N	%
Medico	162	91.5
Chirurgico d'elezione	7	4.0
Chirurgico d'urgenza	8	4.5
Missing	0	0

### 7.3 Tipo di infezione



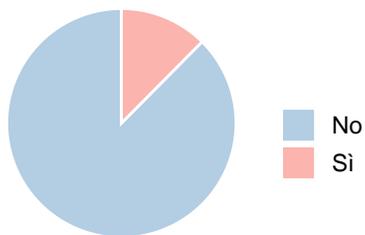
Tipo di infezione	N	%
Extraospedaliera	148	84.1
Ospedaliera (non in TI) o lungodegenza	27	15.3
Acquisita in altra Terapia Intensiva	1	0.6
Missing	1	0

7.4 Infezione batteriemica



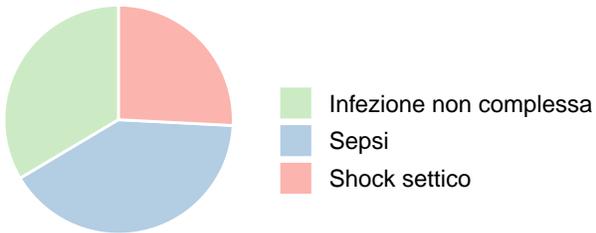
Batteriemica	N	%
No	147	83.5
Si	29	16.5
Missing	1	0

7.5 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	155	87.6
Si	22	12.4
Missing	0	0

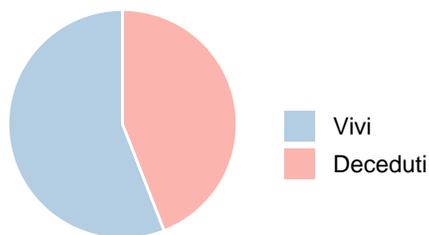
7.6 Gravità dell'infezione all'ammissione \*



Gravità	N	%
Infezione non complessa	52	33.5
Sepsi	63	40.6
Shock settico	40	25.8
Missing	0	0

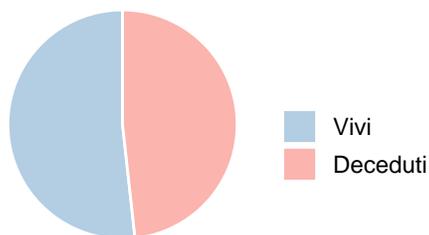
\* Statistiche calcolate su 155 pazienti, escludendo i pazienti con infezioni multiple ( N = 22 ).

### 7.7 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	99	55.9
Deceduti	78	44.1
Missing	0	0

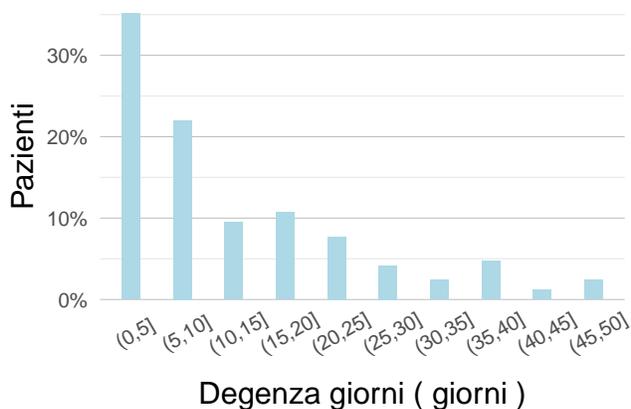
### 7.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	89	51.7
Deceduti	83	48.3
Missing	0	0

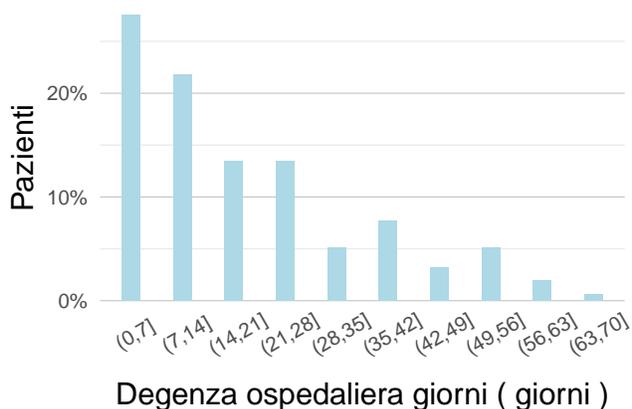
\* Statistiche calcolate su 172 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

### 7.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	16.1 (18.6)
Mediana (Q1-Q3)	10 (4-21)
Missing	0

## 7.10 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	22.6 (23.3)
Mediana (Q1-Q3)	15 (6-33.2)
Missing	0

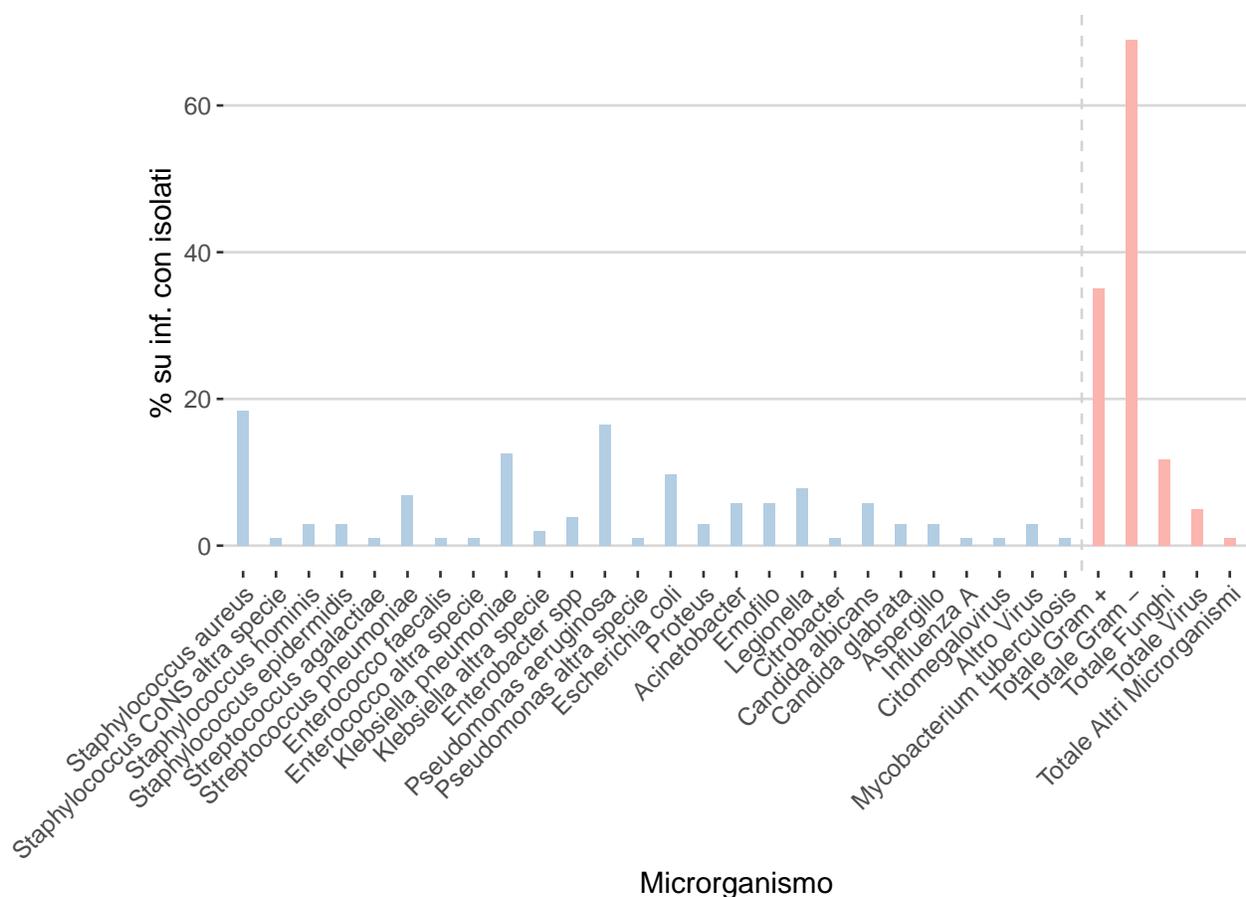
\* Statistiche calcolate su 172 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 5 ).

## 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	73	41.5
Sì	103	58.5
Missing	1	
<b>Totale infezioni</b>	<b>177</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>131</b>	

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

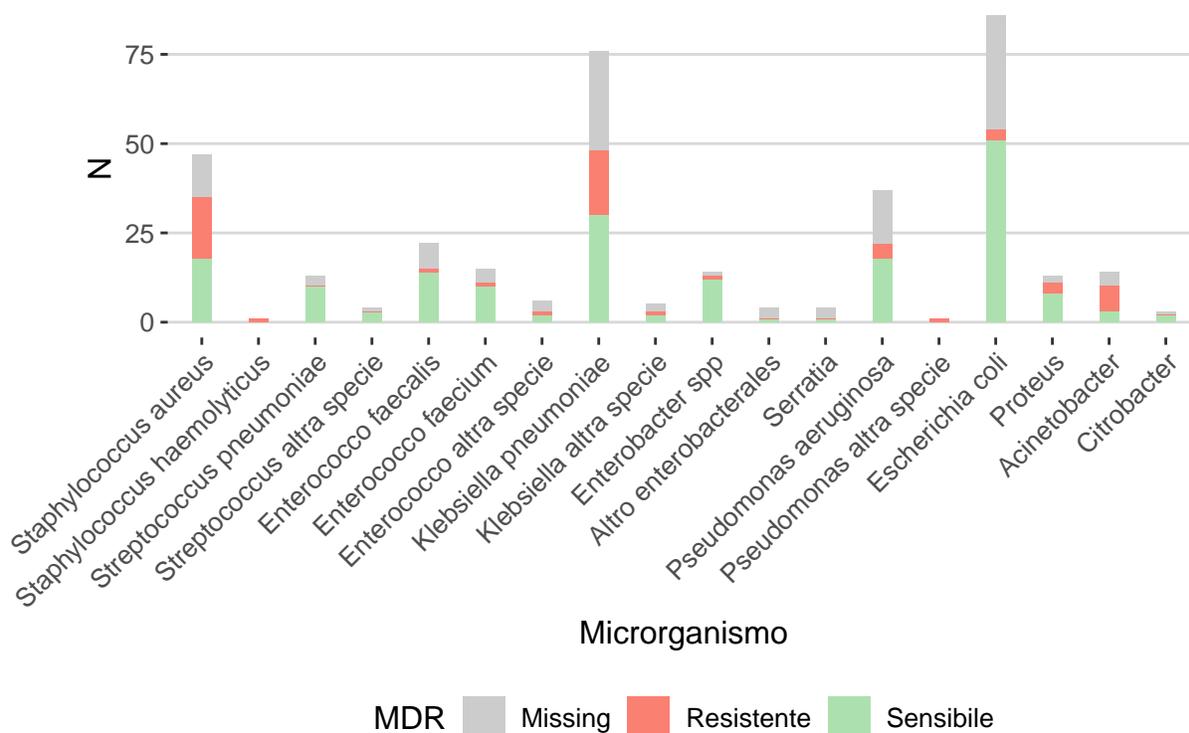


Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	19	18.4	14	11	78.6
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.0	0	0	0
Staphylococcus hominis	3	2.9	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	3	2.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.0	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	6.8	6	0	0
Enterococcus faecalis	1	1.0	1	0	0
Enterococcus altra specie	1	1.0	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>36</b>	<b>35.0</b>	<b>22</b>	<b>11</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	13	12.6	5	1	20
Klebsiella altra specie	2	1.9	2	1	50
Enterobacter spp	4	3.9	4	0	0
Pseudomonas aeruginosa	17	16.5	9	3	33.3
Pseudomonas altra specie	1	1.0	1	1	100
Escherichia coli	10	9.7	9	0	0
Proteus	3	2.9	3	0	0
Acinetobacter	6	5.8	4	2	50
Emofilo	6	5.8	0	0	0
Legionella	8	7.8	0	0	0
Citrobacter	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>71</b>	<b>68.9</b>	<b>37</b>	<b>8</b>	<b>21.6</b>
Candida albicans	6	5.8	0	0	0

7 PAZIENTI CON POLMONITE ALL'AMMISSIONE (N = 177)

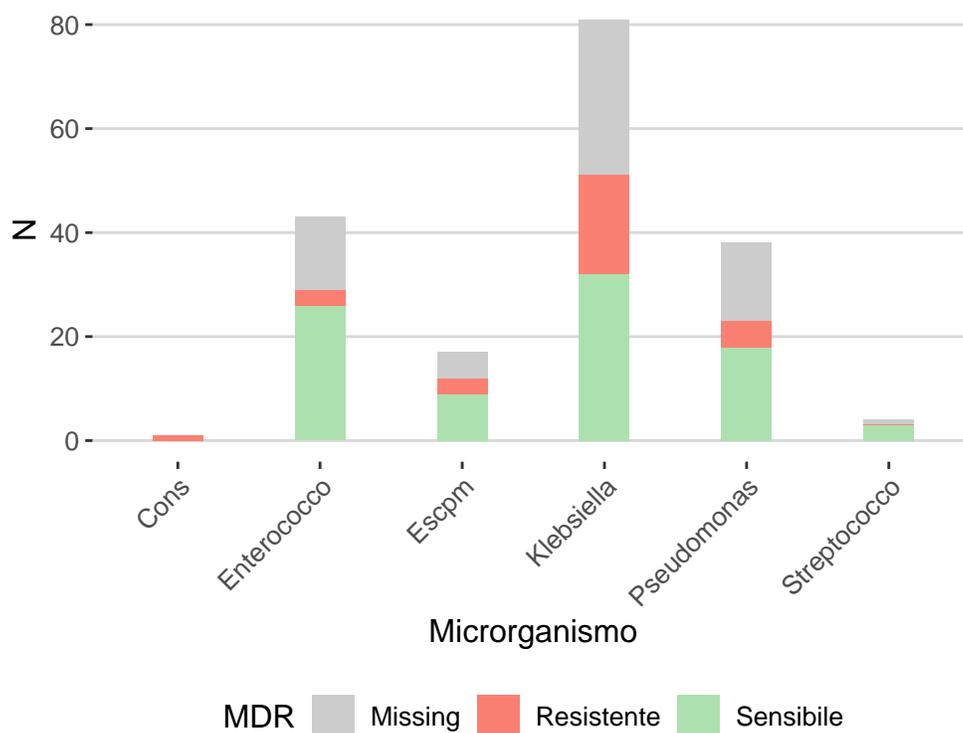
Candida glabrata	3	2.9	0	0	0
Aspergillo	3	2.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>12</b>	<b>11.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	1.0			
Citomegalovirus	1	1.0			
Altro Virus	3	2.9			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>4.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>1.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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	5	Ertapenem	1	20.00
Klebsiella pneumoniae	5	Meropenem	1	20.00
Klebsiella altra specie	2	Ertapenem	1	50.00
Klebsiella altra specie	2	Meropenem	1	50.00
Acinetobacter	3	Imipenem	1	33.33
Acinetobacter	4	Meropenem	2	50.00

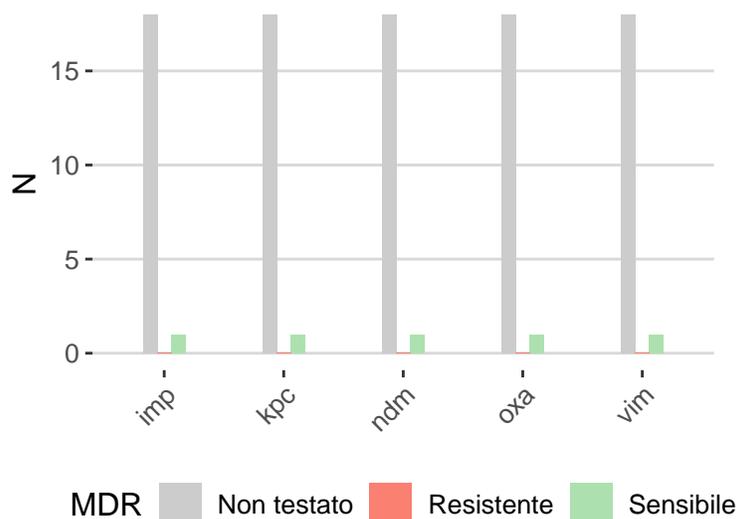
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	3	33.33
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	14	Meticillina	11	78.57

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	1	5.26
Non testato	18	94.74
Missing	14	

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

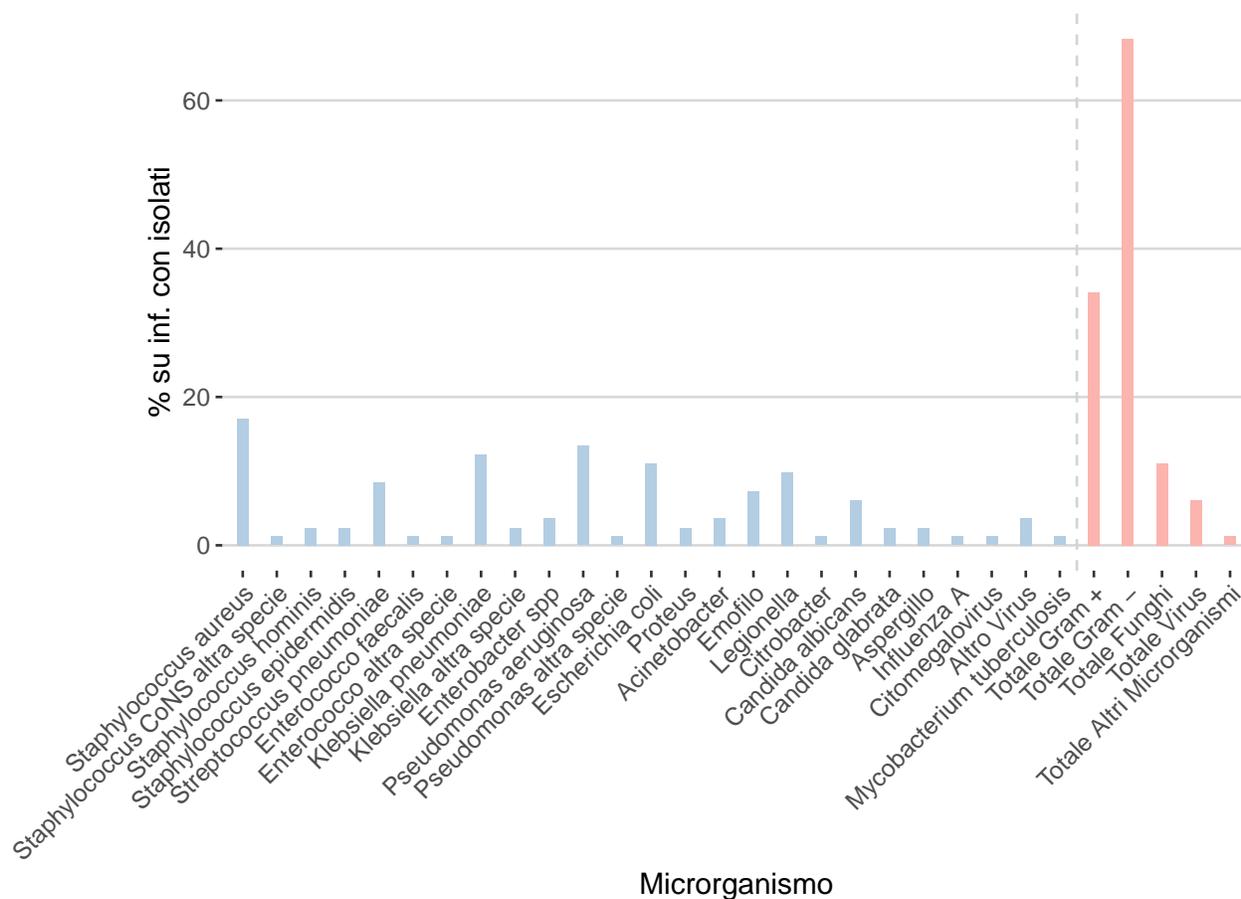


## 7.12 Microrganismi isolati nelle infezioni da polmonite ospedaliera o da altra TI

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	67	45.0
Sì	82	55.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>149</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>105</b>	

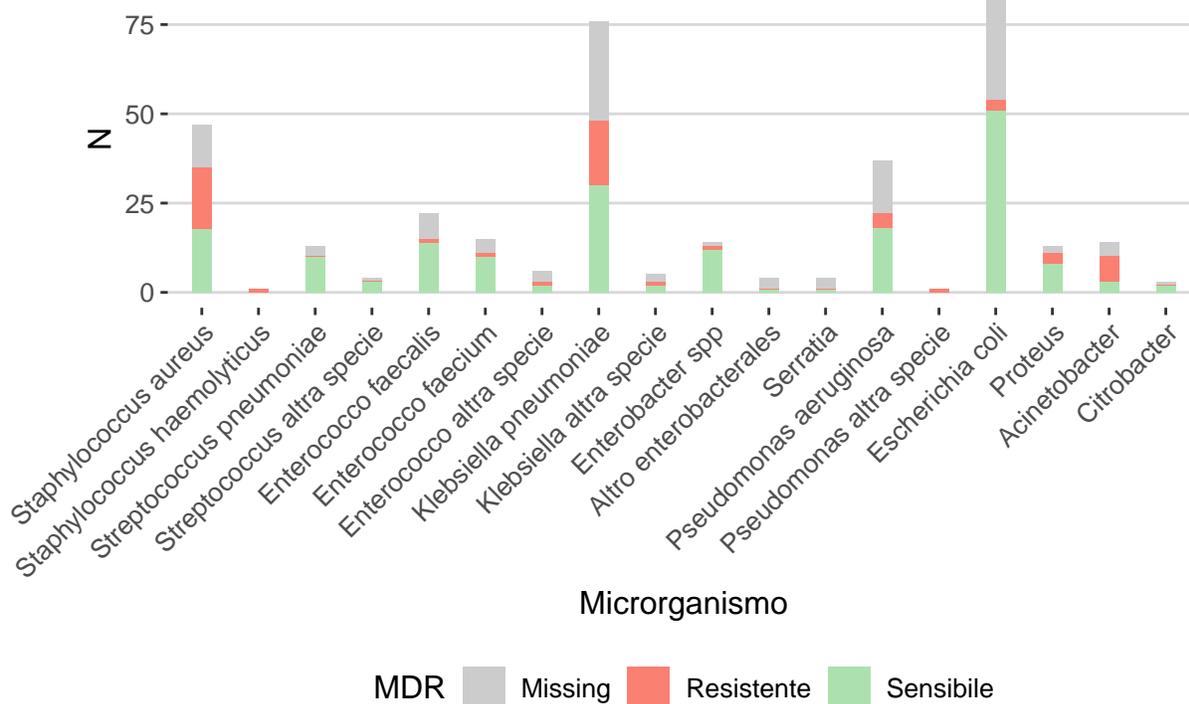
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	14	17.1	11	9	81.8
Staphylococcus CoNS altra specie	1	1.2	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	2.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	2.4	0	0	0
Streptococcus pneumoniae	7	8.5	6	0	0
Enterococco faecalis	1	1.2	1	0	0
Enterococco altra specie	1	1.2	1	0	0

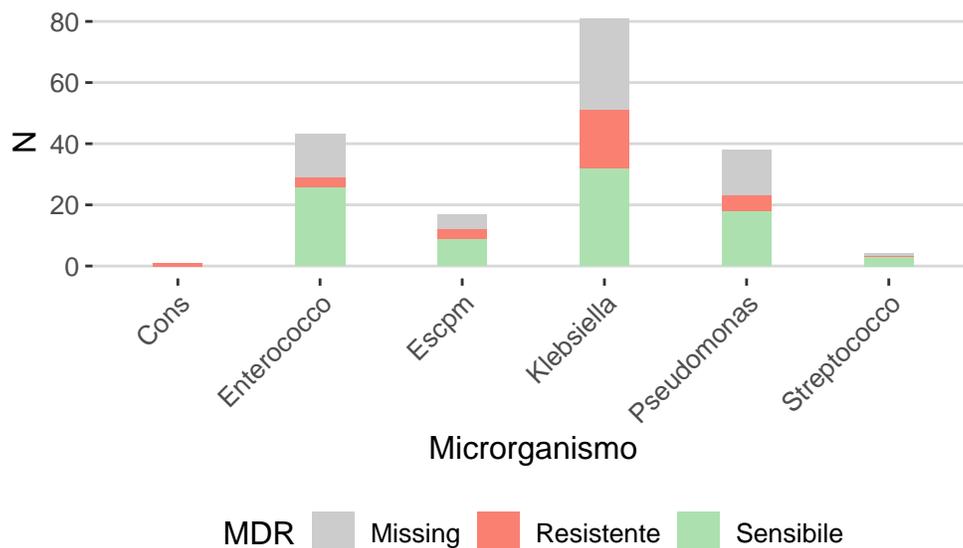
<b>Totale Gram +</b>	<b>28</b>	<b>34.1</b>	<b>19</b>	<b>9</b>	<b>47.4</b>
Klebsiella pneumoniae	10	12.2	5	1	20
Klebsiella altra specie	2	2.4	2	1	50
Enterobacter spp	3	3.7	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	11	13.4	5	1	20
Pseudomonas altra specie	1	1.2	1	1	100
Escherichia coli	9	11.0	8	0	0
Proteus	2	2.4	2	0	0
Acinetobacter	3	3.7	1	0	0
Emofilo	6	7.3	0	0	0
Legionella	8	9.8	0	0	0
Citrobacter	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>56</b>	<b>68.3</b>	<b>27</b>	<b>4</b>	<b>14.8</b>
Candida albicans	5	6.1	0	0	0
Candida glabrata	2	2.4	0	0	0
Aspergillo	2	2.4	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>9</b>	<b>11.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Influenza A	1	1.2			
Citomegalovirus	1	1.2			
Altro Virus	3	3.7			
<b>Totale Virus</b>	<b>5</b>	<b>6.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Mycobacterium tuberculosis	1	1.2	0	0	0
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>1</b>	<b>1.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium* altra specie, *Chlamidia*, *Morganella*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida* specie non determinata, *Herpes simplex*, *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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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	%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	5	Ertapenem	1	20.00
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	5	Meropenem	1	20.00
<i>Klebsiella</i> altra specie	2	Ertapenem	1	50.00
<i>Klebsiella</i> altra specie	2	Meropenem	1	50.00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	5	Meropenem	1	20.00

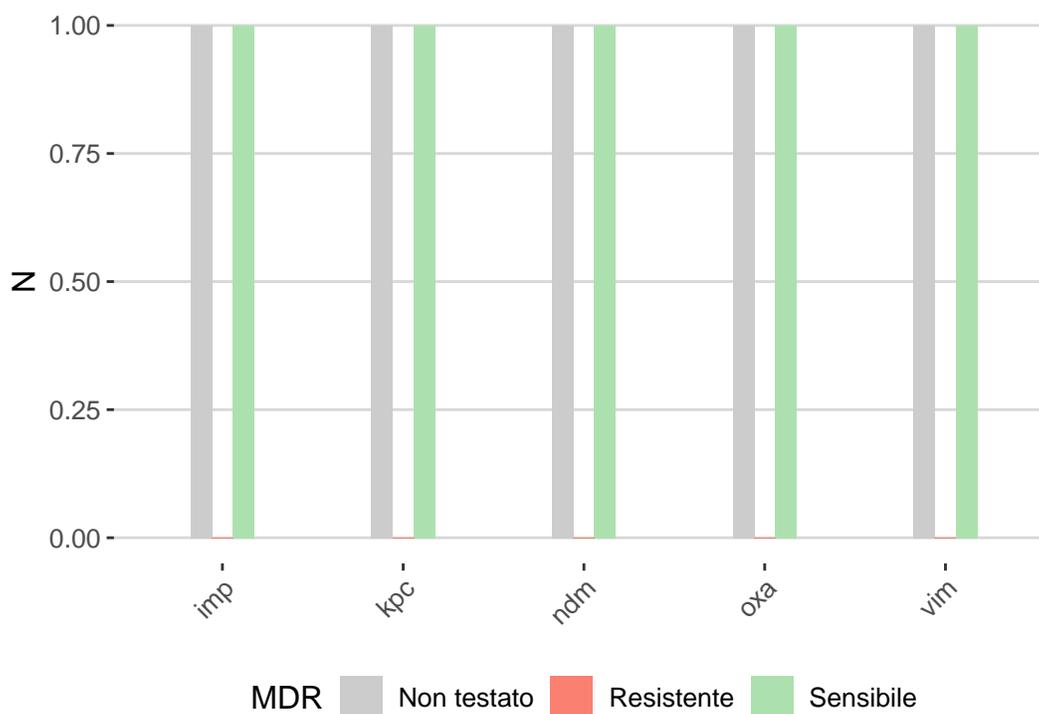
Pseudomonas altra specie	1	Imipenem	1	100.00
Pseudomonas altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	9	81.82

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	1	50
Non testato	1	50
Missing	5	

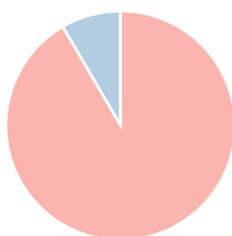
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	1
kpc	0	0	1	1
ndm	0	0	1	1
oxa	0	0	1	1
vim	0	0	1	1



## 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 161 pazienti infetti in degenza, che rappresentano il 8.4% della popolazione totale ammessa in TI.

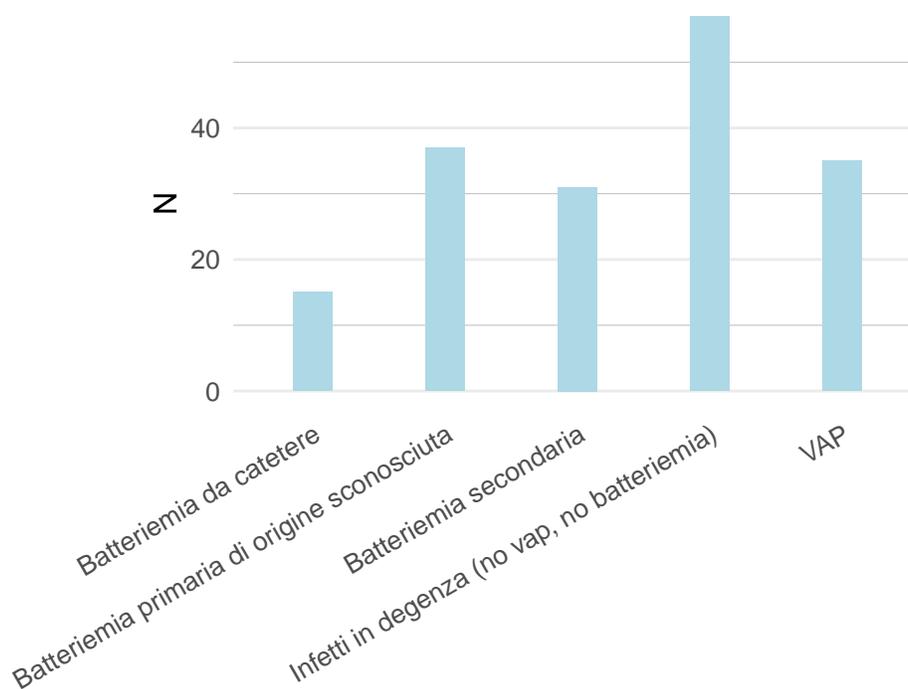


■ Infetti in degenza  
■ Non infetti in degenza

Pazienti	N	%
Infetti in degenza	161	8.4
Non infetti in degenza	1751	91.6

Le percentuali sono calcolate sul numero di pazienti ammessi (N = 1912).

I pazienti infetti in degenza possono presentare VAP o batteriemia:



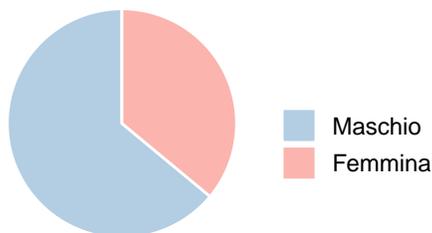
Pazienti

Pazienti	N	%
Infetti in degenza (no vap, no batteriemia)	57	35.4
VAP	35	21.7
Batteriemia primaria di origine sconosciuta	37	23.0
Batteriemia da catetere	15	9.3
Batteriemia secondaria	31	19.3

La percentuale è calcolata sul totale di pazienti infetti in degenza (N = 161)

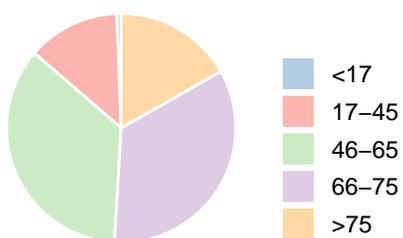
## 8 Pazienti infetti in degenza (N = 161)

### 8.1 Sesso



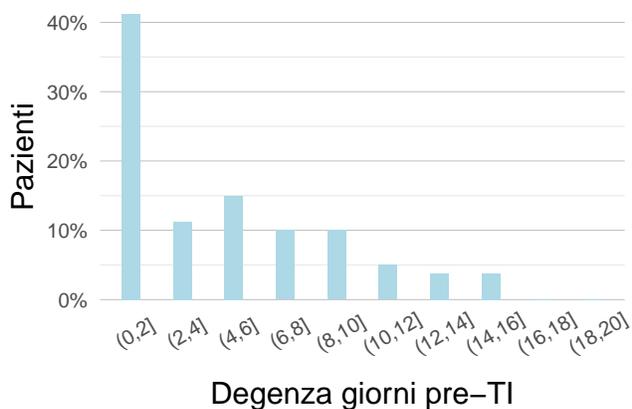
Sesso	N	%
Maschio	103	64.0
Femmina	58	36.0
Missing	0	0

### 8.2 Età



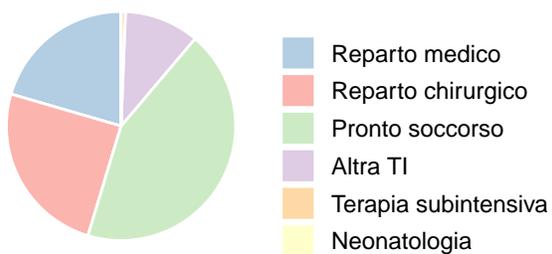
Range età	N	%
<17	1	0.6
17-45	21	13.0
46-65	57	35.4
66-75	55	34.2
>75	27	16.8
Missing	0	0

### 8.3 Degenza Pre TI ( giorni )



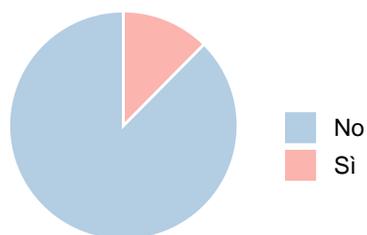
Indicatore	Valore
Media	4.7
DS	10.3
Mediana	1
Q1-Q3	0-6
Missing	0

## 8.4 Provenienza ( reparto )



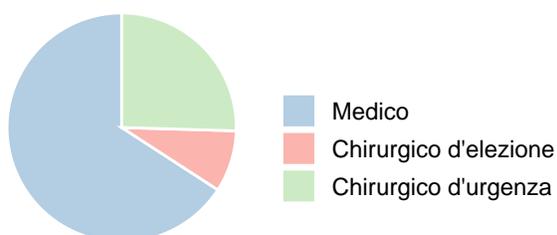
Provenienza	N	%
Reparto medico	33	20.5
Reparto chirurgico	40	24.8
Pronto soccorso	70	43.5
Altra TI	17	10.6
Terapia subintensiva	1	0.6
Neonatologia	0	0.0
Missing	0	0

## 8.5 Trauma



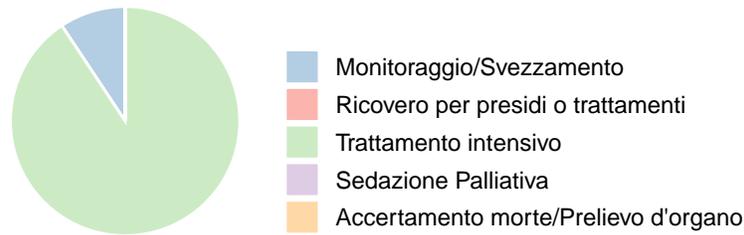
Trauma	N	%
No	141	87.6
Si	20	12.4
Missing	0	0

## 8.6 Stato Chirurgico



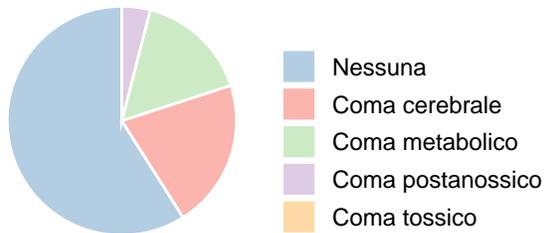
Stato chirurgico	N	%
Medico	106	65.8
Chirurgico d'elezione	14	8.7
Chirurgico d'urgenza	41	25.5
Missing	0	0

## 8.7 Motivo di ammissione



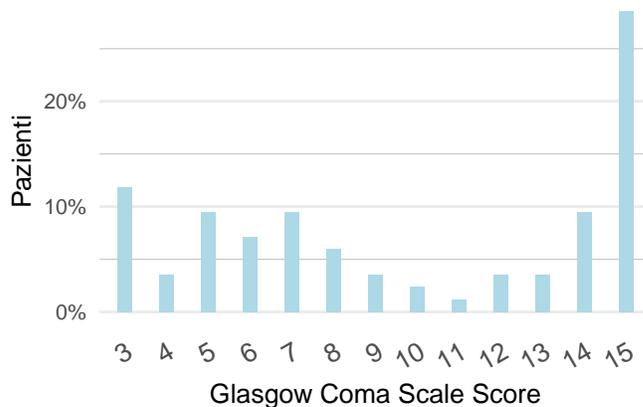
Motivo di ammissione	N	%
Monitoraggio/Svezzamento	15	9.3
Ricovero per presidi o trattamenti	0	0.0
Trattamento intensivo	146	90.7
Sedazione Palliativa	0	0.0
Accertamento morte/Prelievo d'organo	0	0.0
Missing	0	0

## 8.8 Insufficienza neurologica



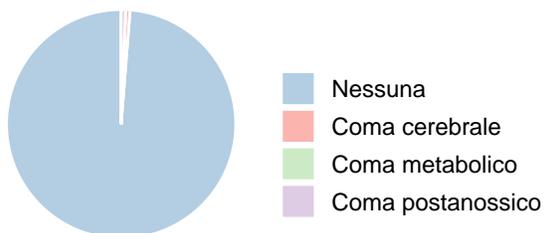
Insufficienza neurologica	N	%
Nessuna	59	59.0
Coma cerebrale	21	21.0
Coma metabolico	16	16.0
Coma postanossico	4	4.0
Coma tossico	0	0.0
Missing	61	0

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



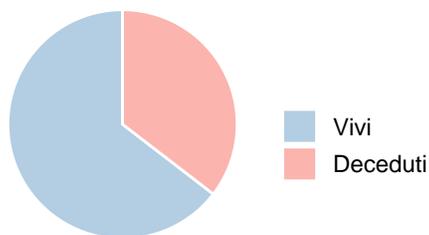
Indicatore	Valore
Media	7.8
DS	4.6
Mediana	7
Q1-Q3	3.8-13

## 8.10 Insufficienza neurologica insorta



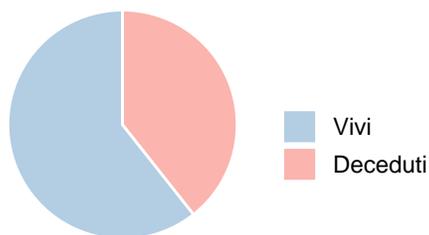
Insufficienza neurologica insorta	N	%
Nessuna	159	98.8
Coma cerebrale	1	0.6
Coma metabolico	0	0.0
Coma postanossico	1	0.6
Missing	0	0.0

## 8.11 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	102	64.6
Deceduti	56	35.4
Missing	3	0

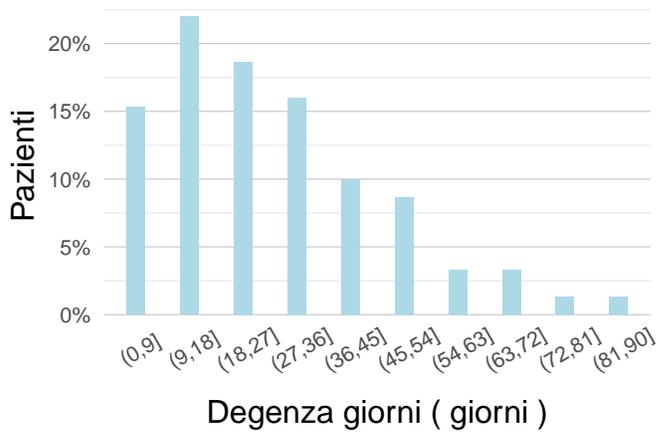
## 8.12 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità Ospedaliera	N	%
Vivi	94	60.6
Deceduti	61	39.4
Missing	4	0

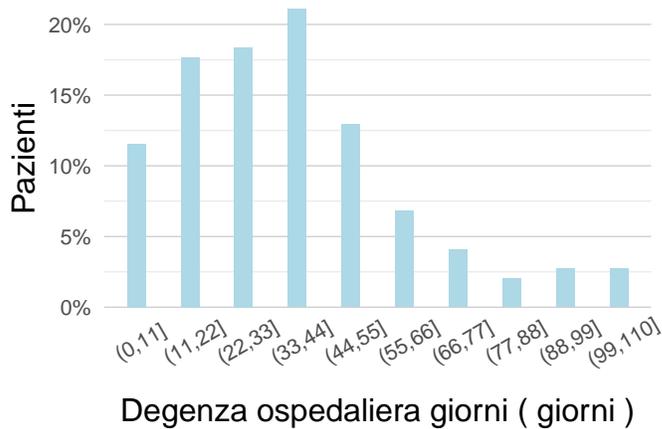
\* Statistiche calcolate su 159 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 8.13 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.0 (25.0)
Mediana (Q1-Q3)	25 (15-39.8)
Missing	3

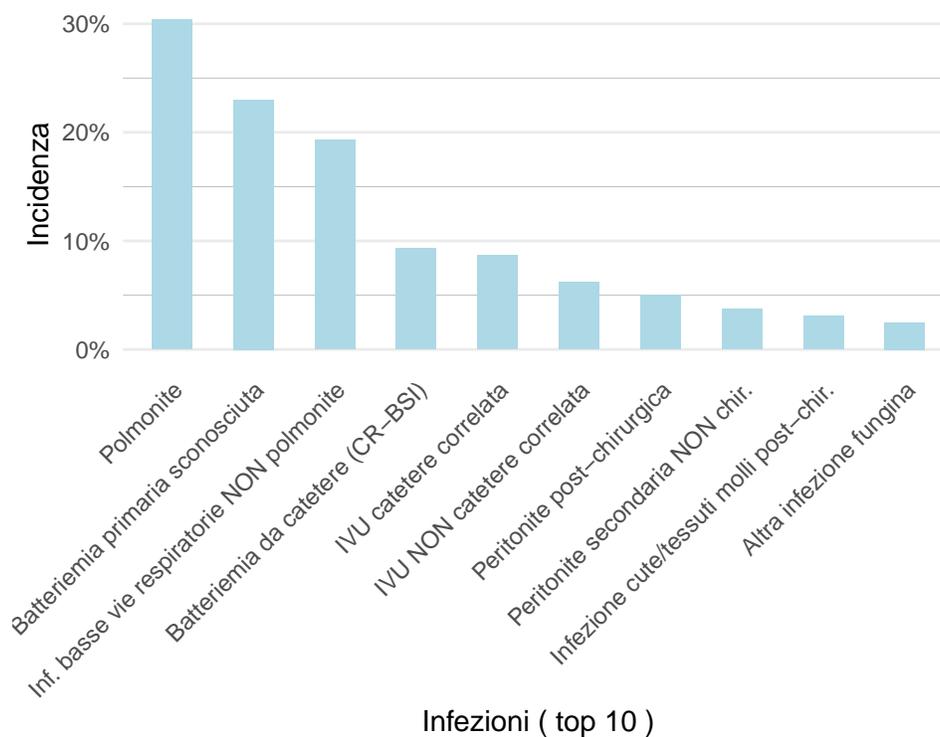
### 8.14 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	43.4 (35.4)
Mediana (Q1-Q3)	37 (19.5-53)
Missing	4

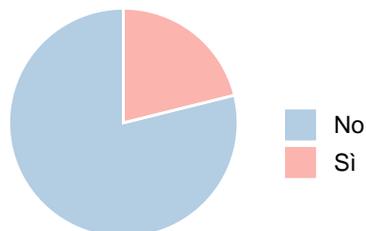
\* Statistiche calcolate su 159 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 2 ).

### 8.15 Infezioni in degenza ( top 10 )



Infezione	N	%
Polmonite	49	30.4
Batteriemia primaria sconosciuta	37	23.0
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	31	19.3
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	15	9.3
IVU catetere correlata	14	8.7
IVU NON catetere correlata	10	6.2
Peritonite post-chirurgica	8	5.0
Peritonite secondaria NON chir.	6	3.7
Infezione cute/tessuti molli post-chir.	5	3.1
Altra infezione fungina	4	2.5
Missing	0	NA

### 8.16 Infezione multisito



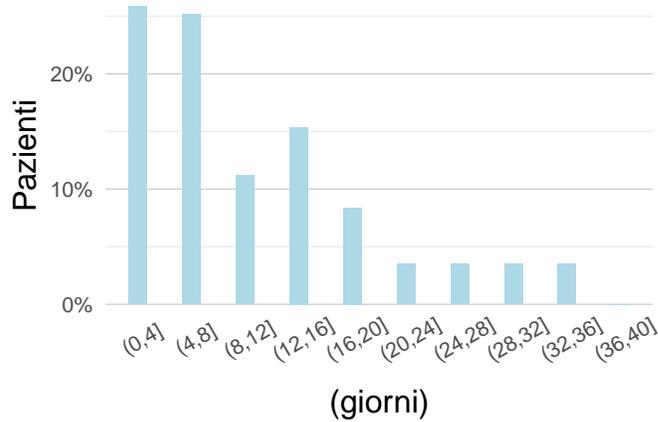
Infezione multisito	N	%
No	127	78.9
Si	34	21.1
Missing	0	0

## 8.17 Infezioni in degenza

	N
Numero totale di episodi infettivi *	195
Numero totale di microrganismi isolati	199

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

## 8.18 Giorni per contrarre l'infezione



Indicatore	Valore
Media	12.6
DS	12.3
Mediana	8
Q1-Q3	4-16.8
Missing	3

## 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	13.0	9.1 %
CI ( 95% )	11.0 - 15.1	7.7 - 10.6

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

Il primo:

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

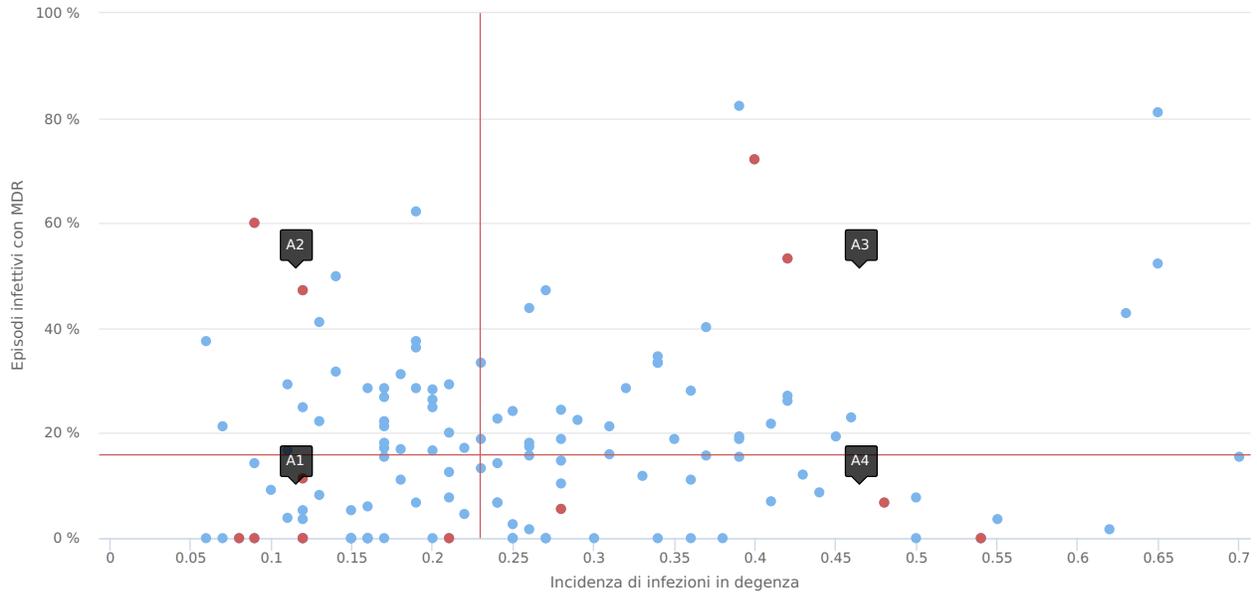
dove la variabile *Giornate di degenza pre-infezione* è pari alla somma, per tutti i pazienti ammessi in TI, delle giornate di degenza sino all'insorgenza dell'infezione o alla dimissione del paziente. È quindi pari alla degenza totale se il paziente non sviluppa infezione mentre è pari alla differenza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

Il secondo:

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

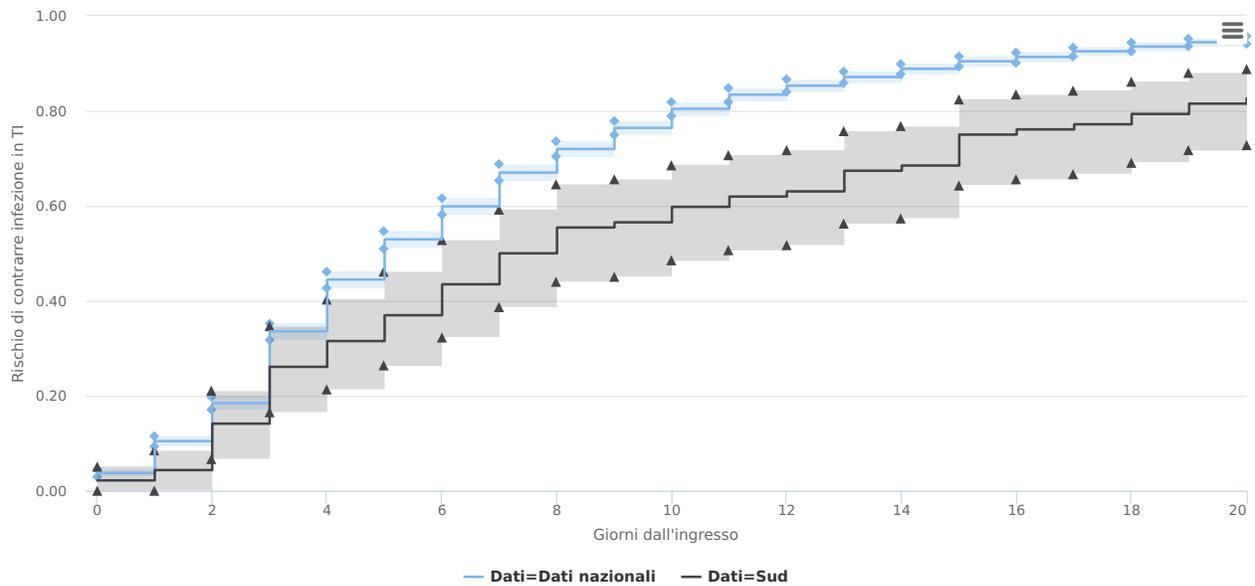
corrisponde ad una rielaborazione del primo e risponde alla domanda: ‘Su 100 settimane di degenza, quanti pazienti sviluppano infezione in degenza?’.

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

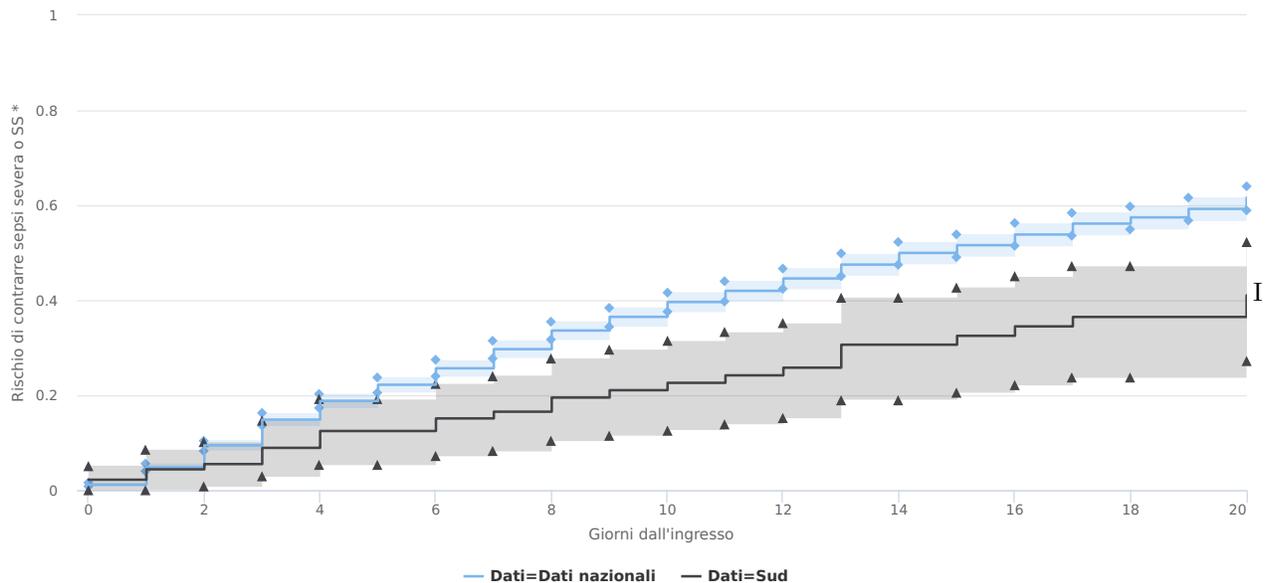


Il grafico sovrastante incrocia le variabili *Incidenza di infezioni in degenza* e *Percentuale di infezioni multiresistenti* ( ad esclusione del germe *S. Coagulasi negativo meticillina resistente* ). La nuvola di punti rappresenta i dati delle TI nazionali. Le due linee rosse intersecano il grafico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

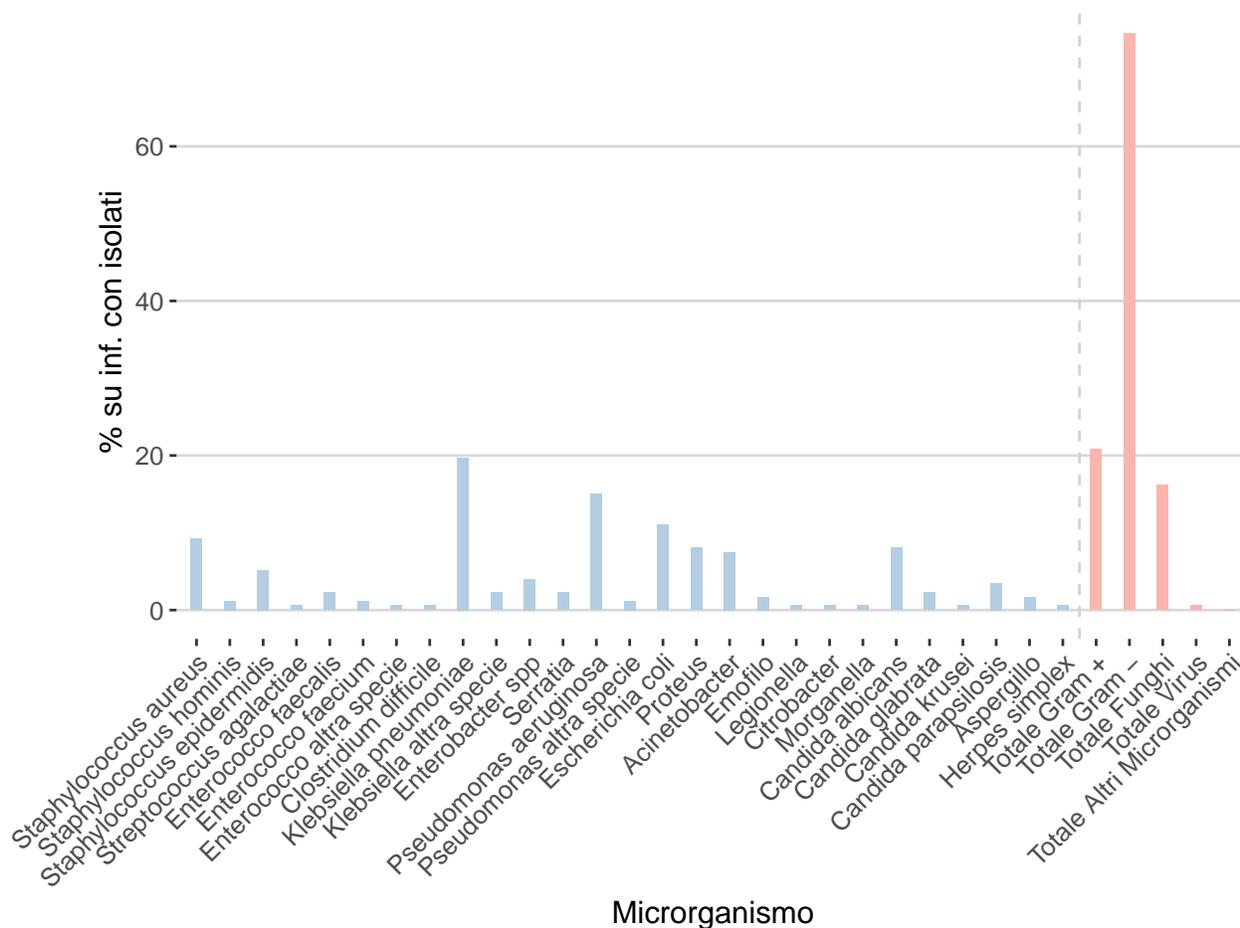
Per esempio, la probabilità di aver contratto un'infezione in TI è pari al 77% alla decima giornata di degenza. Tale probabilità sfiora il 94% se il paziente rimane ricoverato per almeno 20 giorni ( Dati nazionali ). Entrambi i grafici sono 'troncati' alla ventesima giornata di degenza poichè le stime 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	22	11.4
Sì	171	88.6
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>195</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>199</b>	

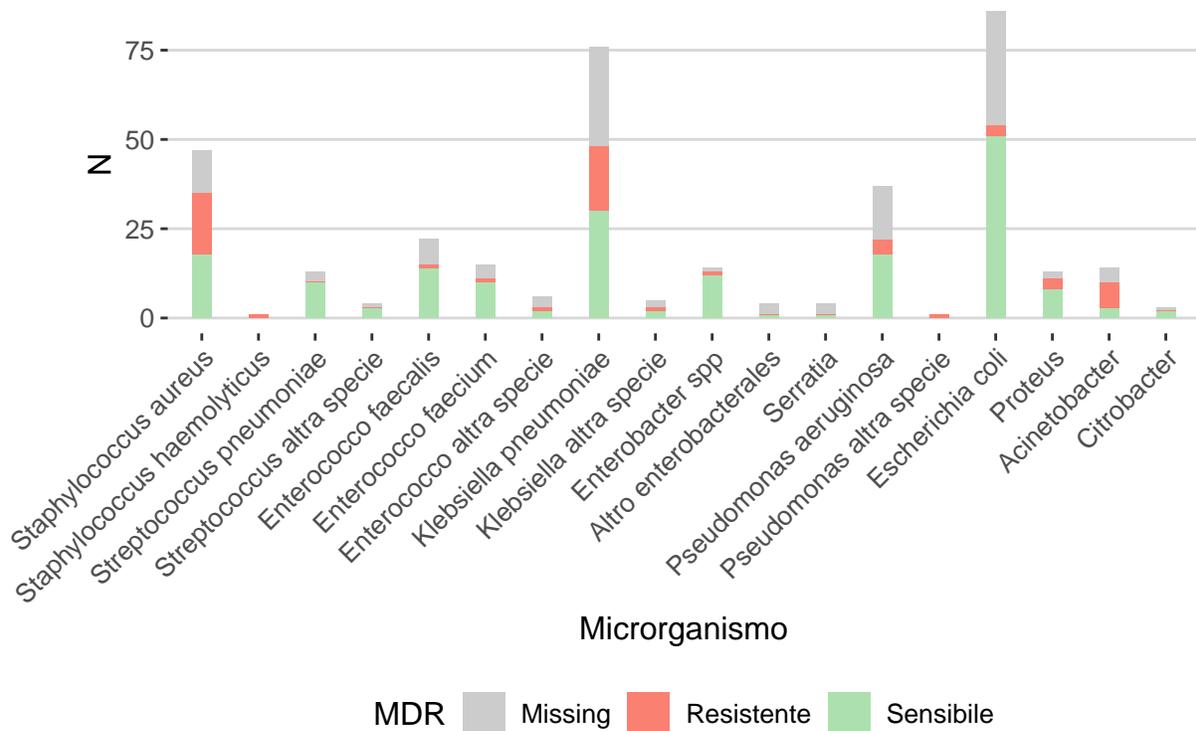
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	16	9.2	11	5	45.5
Staphylococcus hominis	2	1.2	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	5.2	0	0	0

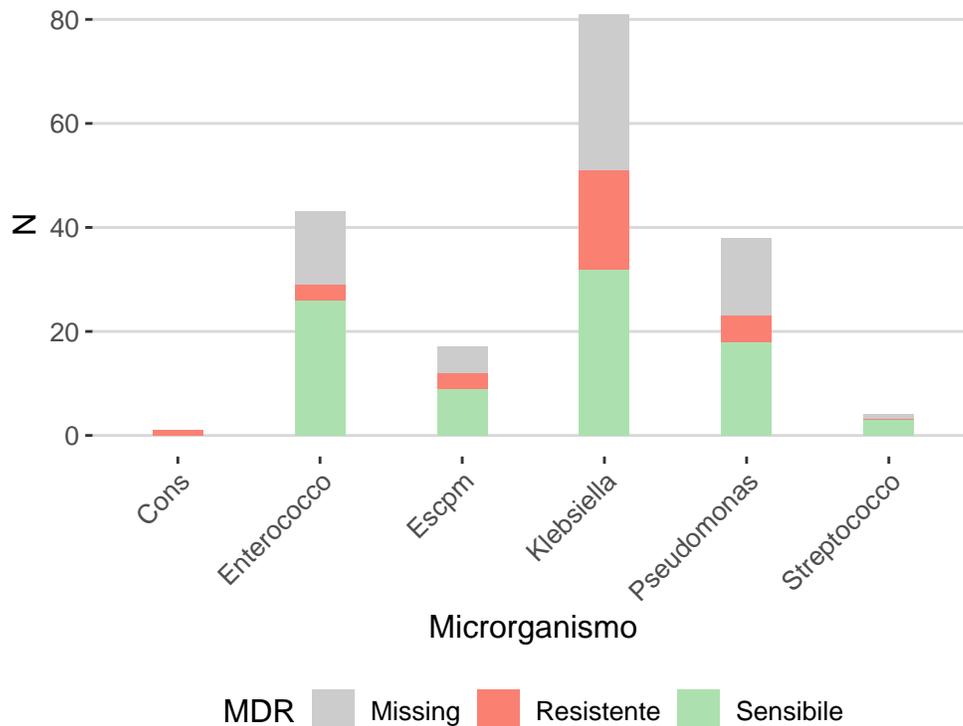
Streptococcus agalactiae	1	0.6	0	0	0
Enterococco faecalis	4	2.3	2	0	0
Enterococco faecium	2	1.2	1	0	0
Enterococco altra specie	1	0.6	1	1	100
Clostridium difficile	1	0.6	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>36</b>	<b>20.8</b>	<b>15</b>	<b>6</b>	<b>40</b>
Klebsiella pneumoniae	34	19.7	23	14	60.9
Klebsiella altra specie	4	2.3	1	0	0
Enterobacter spp	7	4.0	6	0	0
Serratia	4	2.3	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	26	15.0	19	8	42.1
Pseudomonas altra specie	2	1.2	2	2	100
Escherichia coli	19	11.0	10	1	10
Proteus	14	8.1	6	2	33.3
Acinetobacter	13	7.5	5	5	100
Emofilo	3	1.7	0	0	0
Legionella	1	0.6	0	0	0
Citrobacter	1	0.6	1	0	0
Morganella	1	0.6	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>129</b>	<b>74.6</b>	<b>76</b>	<b>32</b>	<b>42.1</b>
Candida albicans	14	8.1	0	0	0
Candida glabrata	4	2.3	0	0	0
Candida krusei	1	0.6	0	0	0
Candida parapsilosis	6	3.5	0	0	0
Aspergillo	3	1.7	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>28</b>	<b>16.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Herpes simplex	1	0.6			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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.

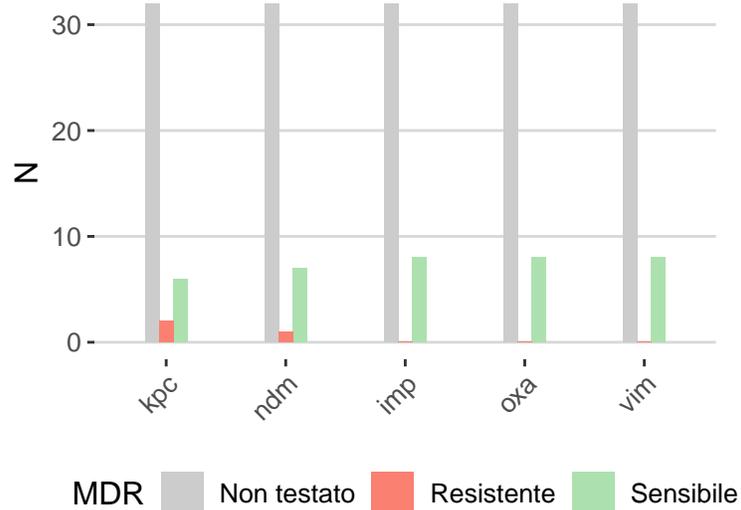
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	22	Ertapenem	10	45.45
Klebsiella pneumoniae	23	Meropenem	10	43.48
Escherichia coli	10	Ertapenem	1	10.00
Proteus	5	Ertapenem	2	40.00
Proteus	6	Meropenem	1	16.67
Acinetobacter	3	Imipenem	3	100.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas aeruginosa	13	Imipenem	2	15.38
Pseudomonas aeruginosa	19	Meropenem	8	42.11
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus aureus	11	Meticillina	5	45.45
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	3	7.89
No	5	13.16
Non testato	30	78.95
Missing	50	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0.0	8	32
kpc	2	66.7	6	32
ndm	1	33.3	7	32
oxa	0	0.0	8	32
vim	0	0.0	8	32



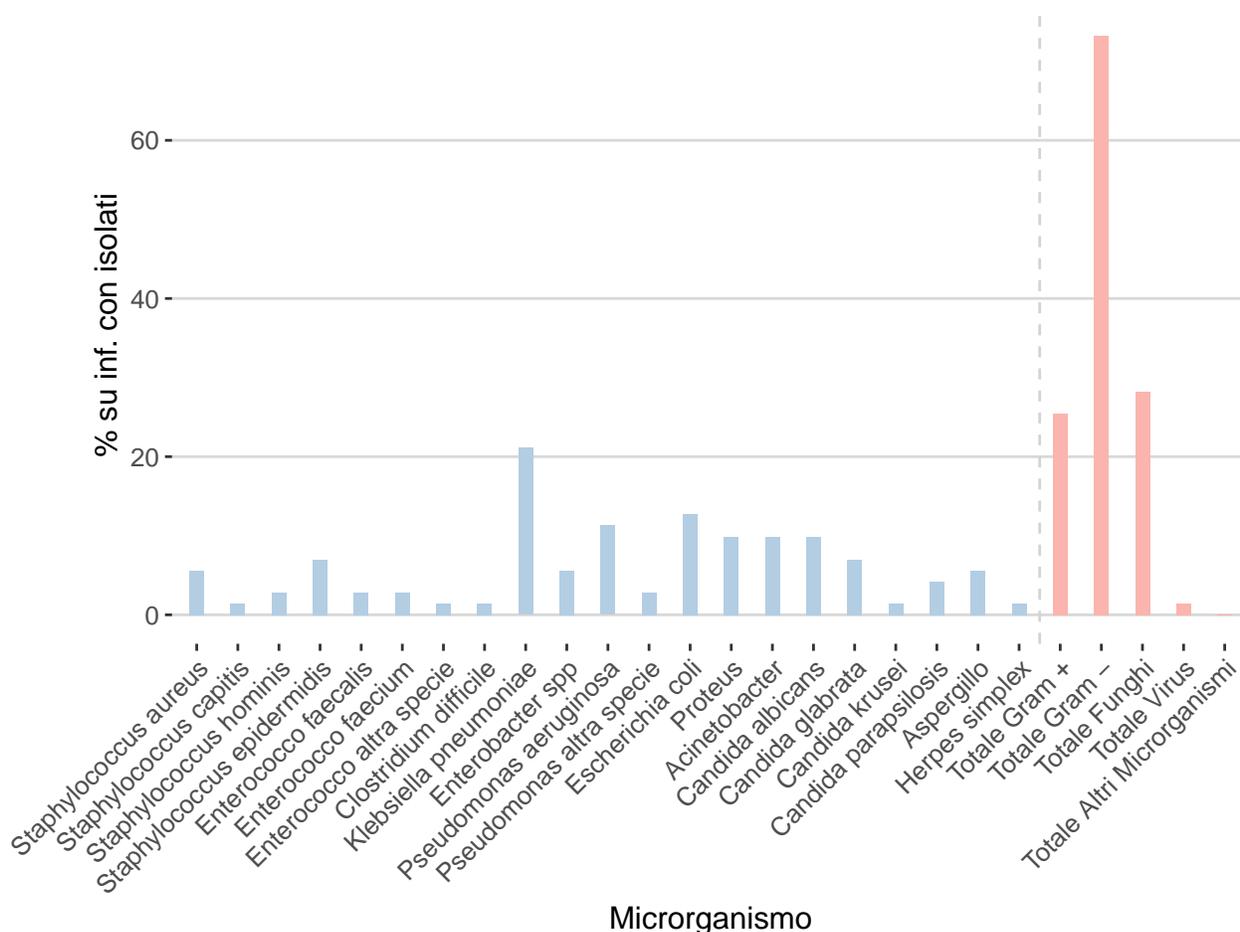
## 9 Pazienti infetti sia all'ammissione che in degenza (N = 68)

### 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	34	20.4
Sì	133	79.6
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>167</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>168</b>	

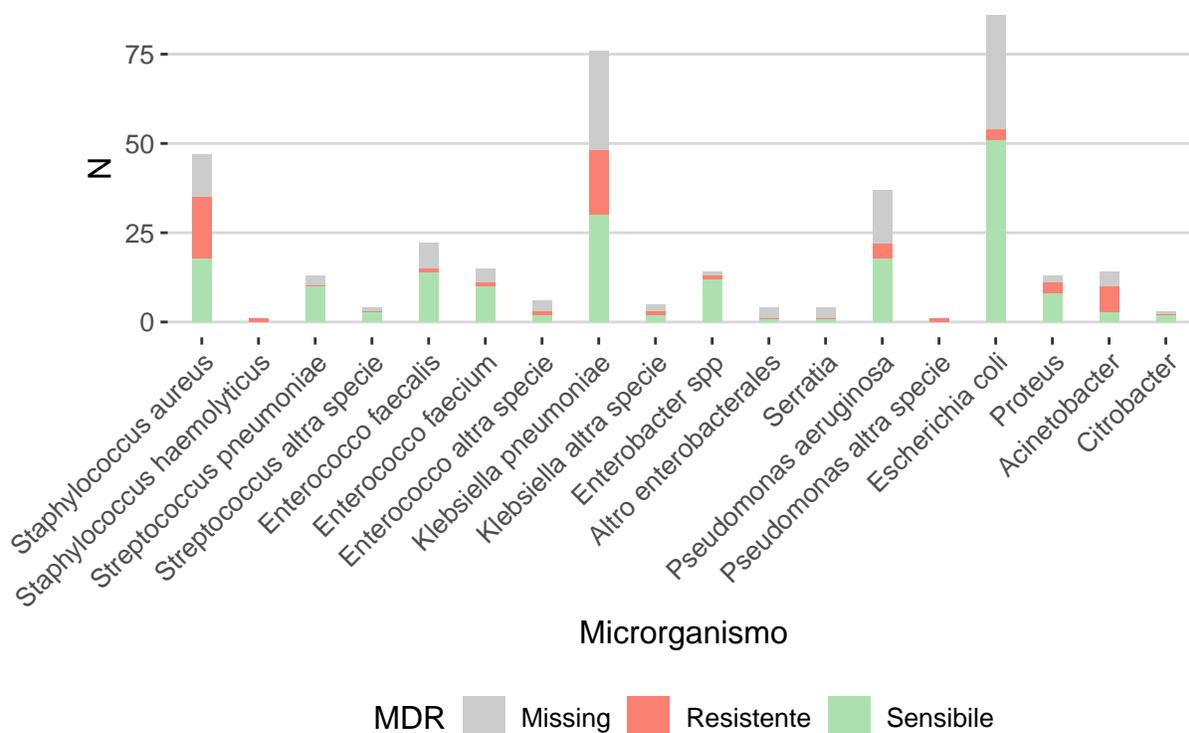
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

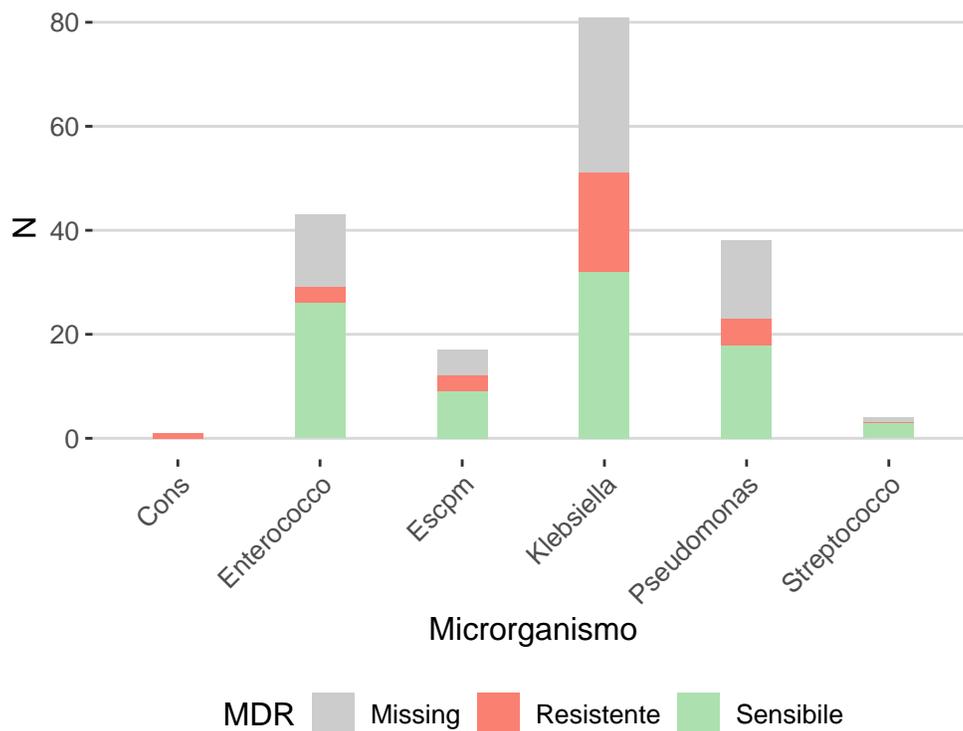
Staphylococcus aureus	4	5.6	3	0	0
Staphylococcus capitis	1	1.4	0	0	0
Staphylococcus hominis	2	2.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	5	7.0	0	0	0
Enterococco faecalis	2	2.8	1	0	0
Enterococco faecium	2	2.8	2	1	50
Enterococco altra specie	1	1.4	1	1	100
Clostridium difficile	1	1.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>18</b>	<b>25.4</b>	<b>7</b>	<b>2</b>	<b>28.6</b>
Klebsiella pneumoniae	15	21.1	11	7	63.6
Enterobacter spp	4	5.6	3	0	0
Pseudomonas aeruginosa	8	11.3	3	0	0
Pseudomonas altra specie	2	2.8	2	2	100
Escherichia coli	9	12.7	5	1	20
Proteus	7	9.9	3	1	33.3
Acinetobacter	7	9.9	3	3	100
<b>Totale Gram -</b>	<b>52</b>	<b>73.2</b>	<b>30</b>	<b>14</b>	<b>46.7</b>
Candida albicans	7	9.9	0	0	0
Candida glabrata	5	7.0	0	0	0
Candida krusei	1	1.4	0	0	0
Candida parapsilosis	3	4.2	0	0	0
Aspergillo	4	5.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>20</b>	<b>28.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Herpes simplex	1	1.4			
<b>Totale Virus</b>	<b>1</b>	<b>1.4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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



Microrganismo	N	N con antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	20	Ertapenem	8	40.00
Klebsiella pneumoniae	21	Meropenem	8	38.10
Klebsiella altra specie	1	Ertapenem	1	100.00
Klebsiella altra specie	1	Meropenem	1	100.00
Enterobacter spp	4	Ertapenem	1	25.00

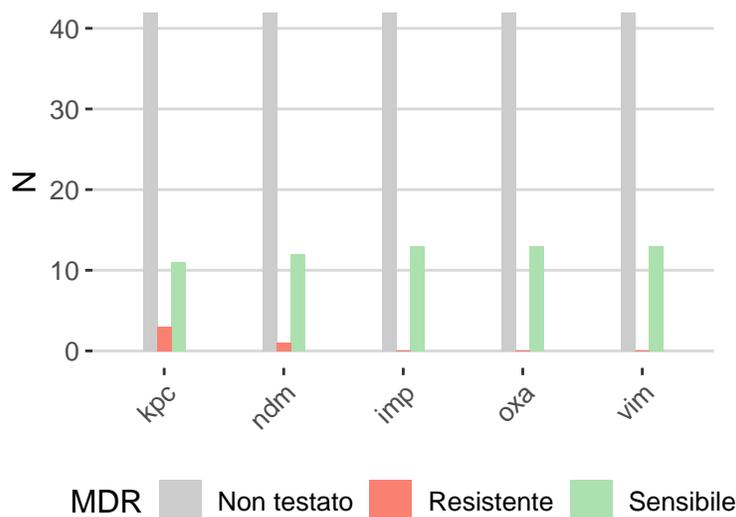
Escherichia coli	12	Ertapenem	2	16.67
Proteus	4	Ertapenem	1	25.00
Proteus	5	Meropenem	1	20.00
Acinetobacter	4	Imipenem	4	100.00
Acinetobacter	5	Meropenem	5	100.00
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100.00
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100.00
Enterococco faecium	4	Vancomicina	1	25.00
Enterococco altra specie	1	Vancomicina	1	100.00

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

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

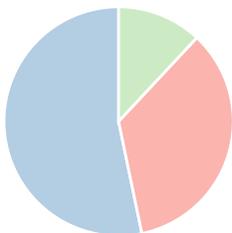
	N	%
Sì	4	7.55
No	9	16.98
Non testato	40	75.47
Missing	63	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	13	42
kpc	3	75	11	42
ndm	1	25	12	42
oxa	0	0	13	42
vim	0	0	13	42



## 10 Pazienti infetti solo in degenza (N = 93)

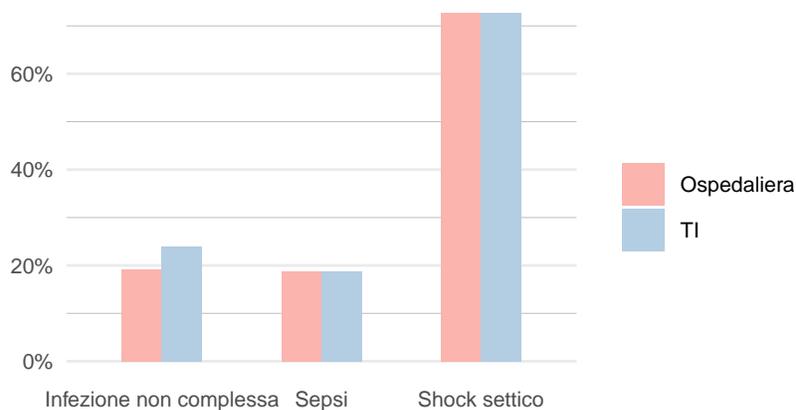
### 10.1 Gravità massima dell'infezione



■ Infezione non complessa  
 ■ Sepsis  
 ■ Shock settico

Gravità massima dell'infezione	N	%
Infezione non complessa	49	53.3
Sepsis	32	34.8
Shock settico	11	12.0
Missing	1	0

### 10.2 Mortalità per gravità dell'infezione



Mortalità per gravità infezione ( % )	TI	Ospedaliera
Infezione non complessa	19.1	23.9
Sepsis	18.8	18.8
Shock settico	72.7	72.7

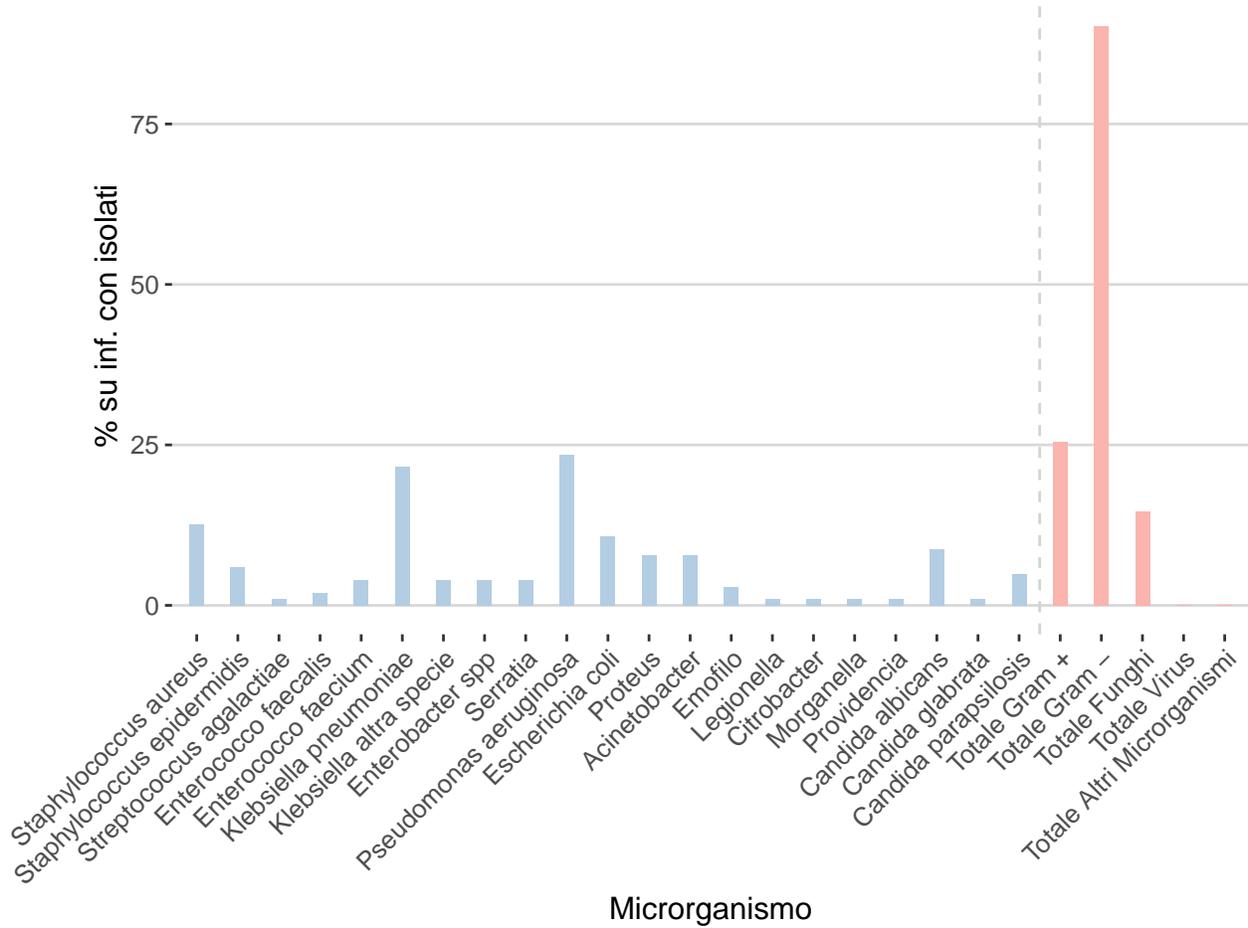
### 10.3 Microrganismi isolati in pazienti infetti solo in degenza

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	6	4.9
Sì	116	95.1
Missing	2	
<b>Totale infezioni</b>	<b>124</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>137</b>	

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

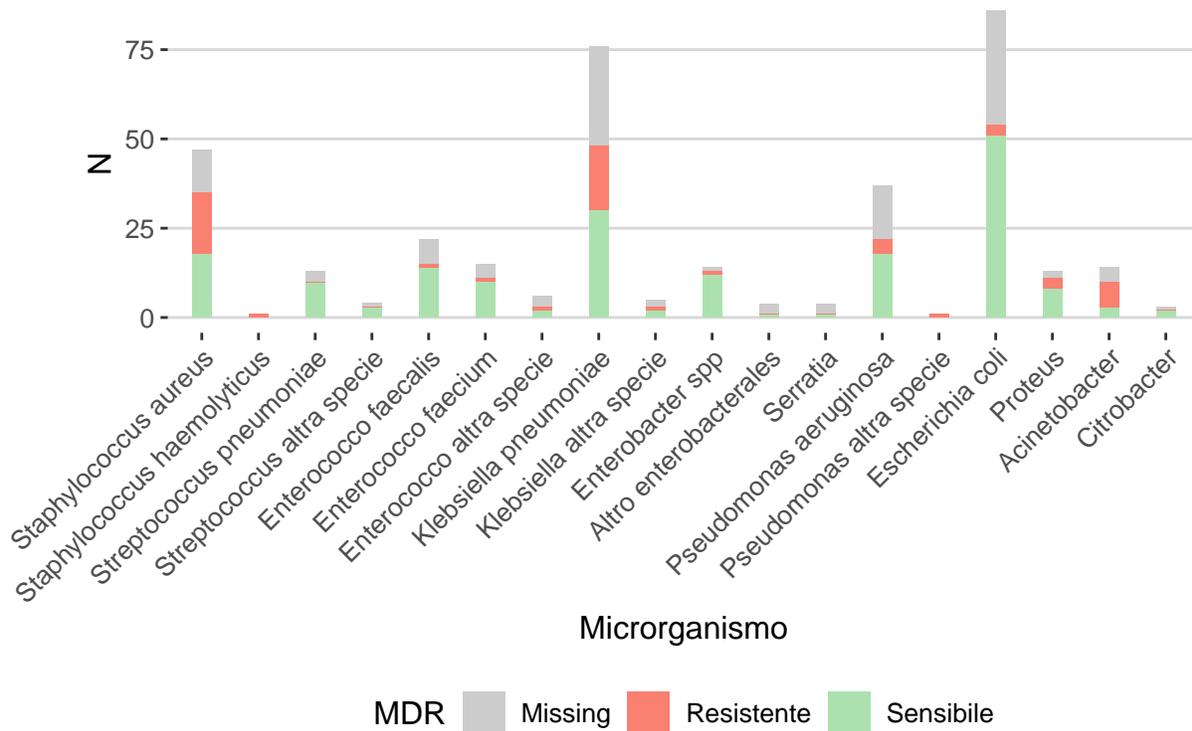
egoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	13	12.7	9	5	55.6
Staphylococcus epidermidis	6	5.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	1.0	0	0	0
Enterococco faecalis	2	2.0	1	0	0
Enterococco faecium	4	3.9	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>26</b>	<b>25.5</b>	<b>11</b>	<b>5</b>	<b>45.5</b>
Klebsiella pneumoniae	22	21.6	15	9	60
Klebsiella altra specie	4	3.9	1	0	0
Enterobacter spp	4	3.9	4	0	0
Serratia	4	3.9	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	24	23.5	19	9	47.4
Escherichia coli	11	10.8	5	0	0
Proteus	8	7.8	4	1	25
Acinetobacter	8	7.8	2	2	100
Emofilo	3	2.9	0	0	0
Legionella	1	1.0	0	0	0
Citrobacter	1	1.0	1	0	0
Morganella	1	1.0	1	0	0

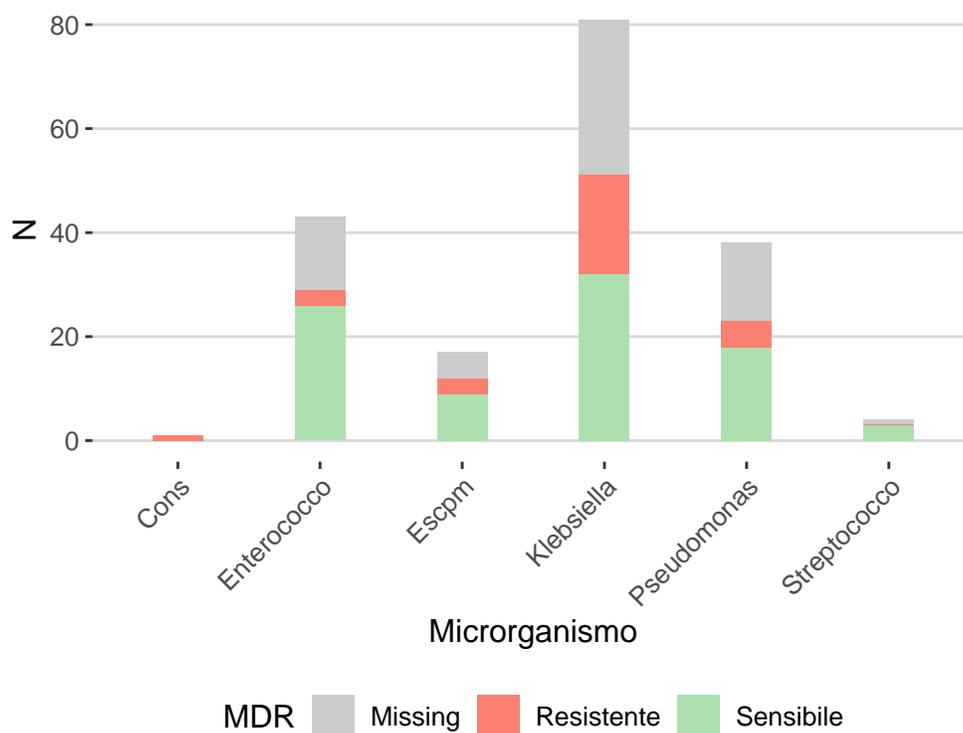
Providencia	1	1.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>92</b>	<b>90.2</b>	<b>54</b>	<b>21</b>	<b>38.9</b>
Candida albicans	9	8.8	0	0	0
Candida glabrata	1	1.0	0	0	0
Candida parapsilosis	5	4.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>15</b>	<b>14.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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	13	Ertapenem	5	38.46
Klebsiella pneumoniae	15	Meropenem	7	46.67
Proteus	2	Ertapenem	1	50.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Pseudomonas aeruginosa	12	Imipenem	2	16.67

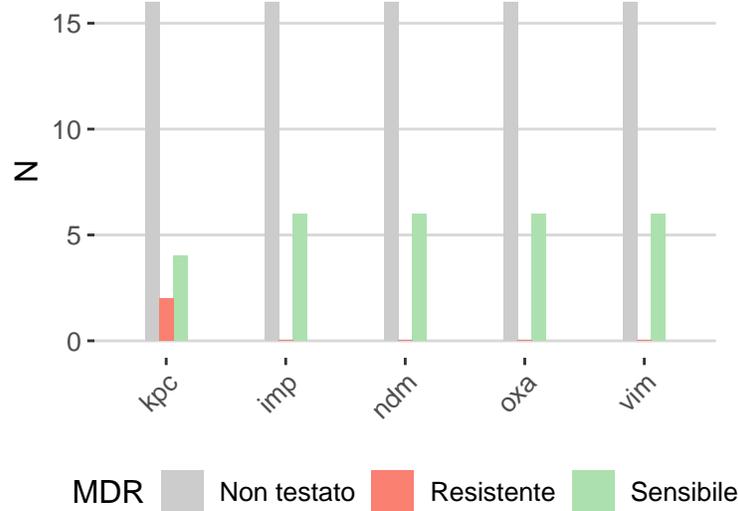
Pseudomonas aeruginosa	19	Meropenem	9	47.37
Staphylococcus aureus	9	Meticillina	5	55.56

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

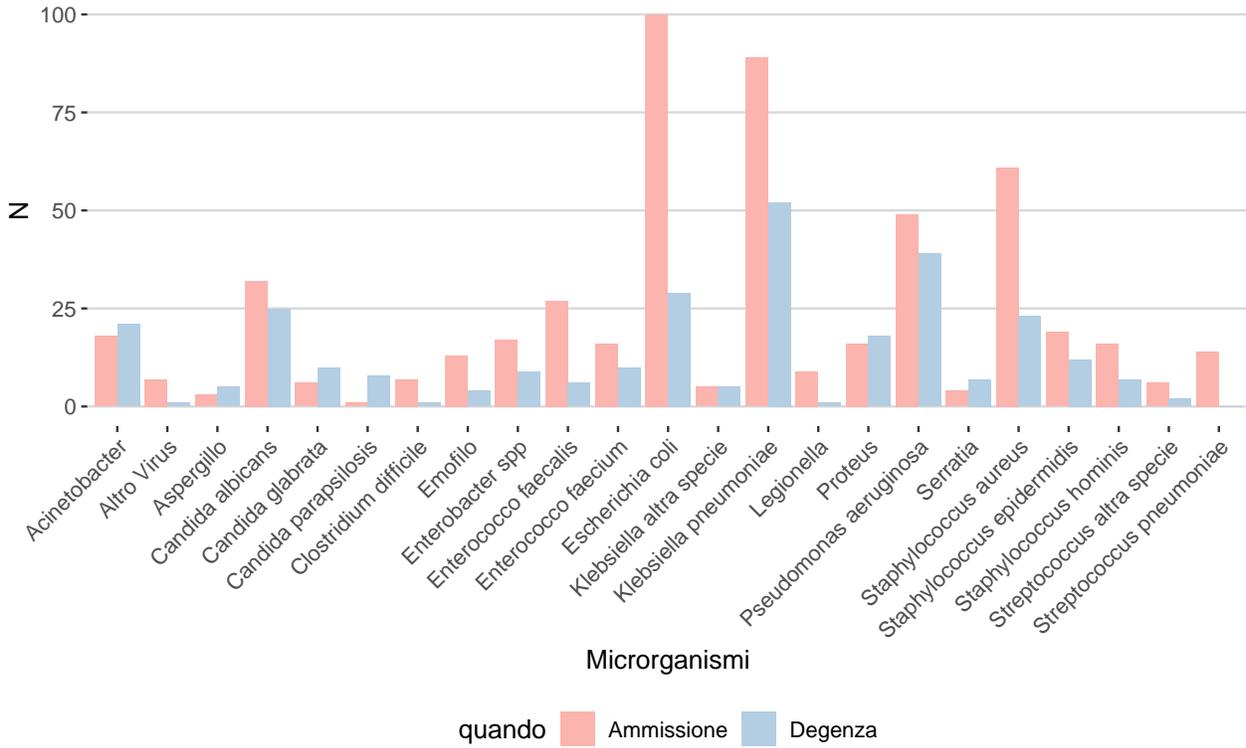
Nelle tabelle seguenti viene mostrato se sono stati effettuati dei test di resistenza genotipica e gli eventuali meccanismi di resistenza individuati. È sufficiente che un microrganismo sia resistente/non testato secondo un meccanismo affinché venga considerato resistente/non testato. Per risultare negativo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

	N	%
Sì	2	9.52
No	4	19.05
Non testato	15	71.43
Missing	33	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	6	16
kpc	2	100	4	16
ndm	0	0	6	16
oxa	0	0	6	16
vim	0	0	6	16



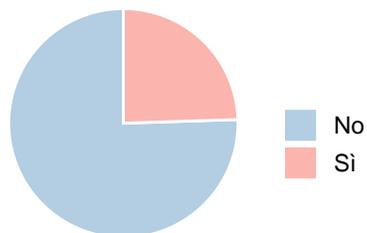
10.4 Confronto tra microrganismi isolati all'ammissione e in degenza



Microrganismo isolato	N	Ammissione	% amm.	Degenza	% deg.
Acinetobacter	39	18	46.2	21	53.8
Pseudomonas aeruginosa	88	49	55.7	39	44.3
Candida albicans	57	32	56.1	25	43.9
Aspergillo	8	3	37.5	5	62.5
Clostridium difficile	8	7	87.5	1	12.5
Enterobacter spp	26	17	65.4	9	34.6
Staphylococcus epidermidis	31	19	61.3	12	38.7
Escherichia coli	129	100	77.5	29	22.5
Enterococco faecalis	33	27	81.8	6	18.2
Enterococco faecium	26	16	61.5	10	38.5
Candida glabrata	16	6	37.5	10	62.5
Emofilo	17	13	76.5	4	23.5
Staphylococcus hominis	23	16	69.6	7	30.4
Legionella	10	9	90	1	10
Klebsiella altra specie	10	5	50	5	50
Streptococcus altra specie	8	6	75	2	25
Altro Virus	8	7	87.5	1	12.5
Candida parapsilosis	9	1	11.1	8	88.9
Klebsiella pneumoniae	141	89	63.1	52	36.9
Streptococcus pneumoniae	14	14	100	0	0
Proteus	34	16	47.1	18	52.9
Serratia	11	4	36.4	7	63.6
Staphylococcus aureus	84	61	72.6	23	27.4

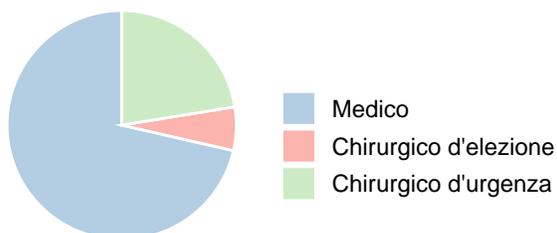
## 11 Pazienti con polmonite in degenza (N = 49)

### 11.1 Trauma



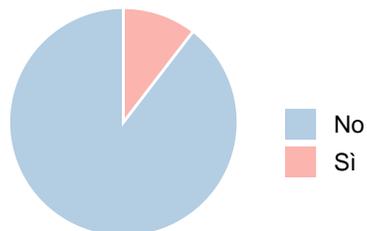
Trauma	N	%
No	37	75.5
Si	12	24.5
Missing	0	0

### 11.2 Stato Chirurgico



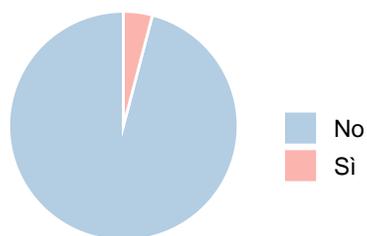
Stato chirurgico	N	%
Medico	35	71.4
Chirurgico d'elezione	3	6.1
Chirurgico d'urgenza	11	22.4
Missing	0	0

### 11.3 Infezione batteriémica



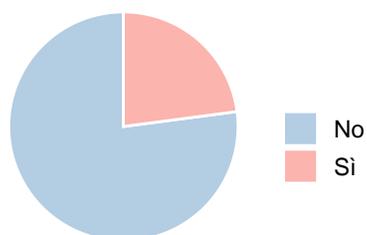
Batteriémica	N	%
No	43	89.6
Si	5	10.4
Missing	1	0

## 11.4 Infezioni multisito



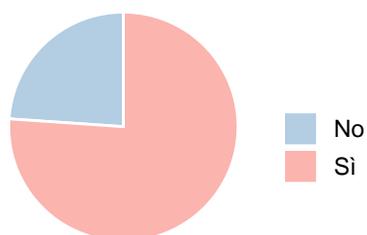
Infezione multisito	N	%
No	47	95.9
Si	2	4.1
Missing	0	0

## 11.5 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	37	77.1
Si	11	22.9
Missing	1	0

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

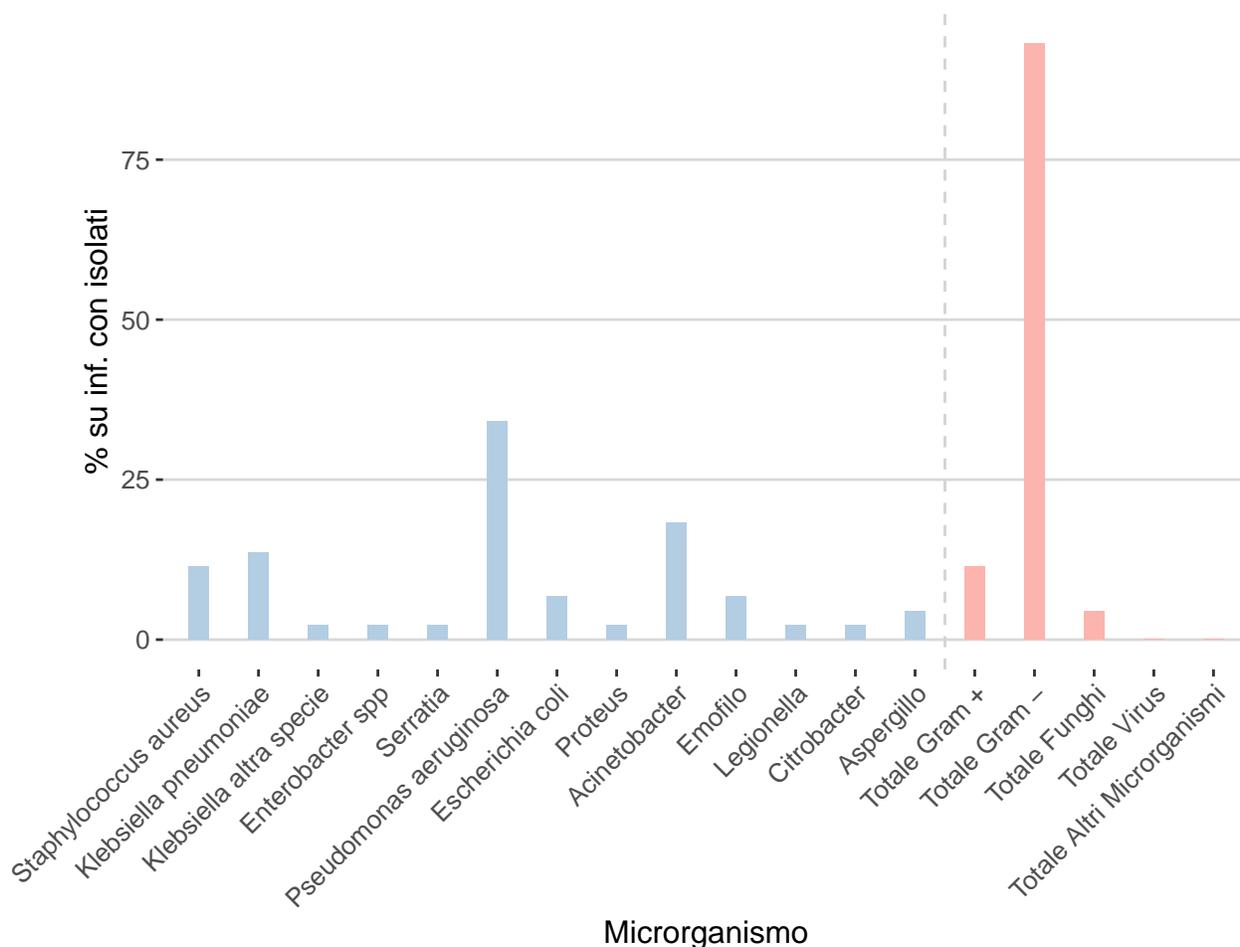


Polmonite associata a VAP	N	%
No	11	23.9
Si	35	76.1
Missing	3	0

\* 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

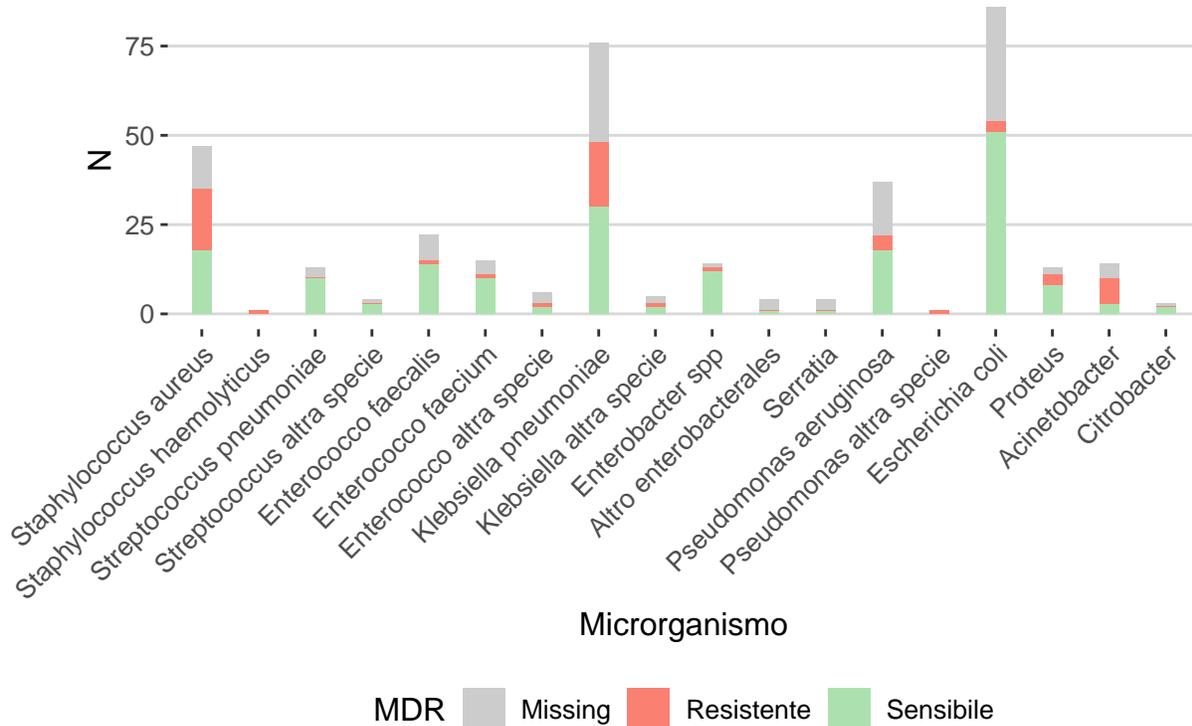
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	5	11.4	4	1	25
<b>Totale Gram +</b>	<b>5</b>	<b>11.4</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>25</b>
Klebsiella pneumoniae	6	13.6	3	0	0
Klebsiella altra specie	1	2.3	0	0	0
Enterobacter spp	1	2.3	1	0	0
Serratia	1	2.3	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	15	34.1	11	6	54.5
Escherichia coli	3	6.8	2	0	0
Proteus	1	2.3	0	0	0
Acinetobacter	8	18.2	3	3	100
Emofilo	3	6.8	0	0	0
Legionella	1	2.3	0	0	0

Citrobacter	1	2.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>41</b>	<b>93.2</b>	<b>21</b>	<b>9</b>	<b>42.9</b>
Aspergillo	2	4.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>4.5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

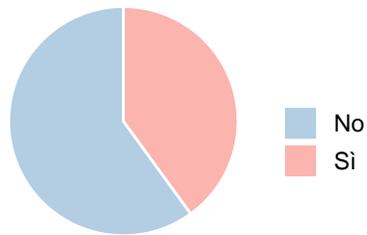
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Chlamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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.

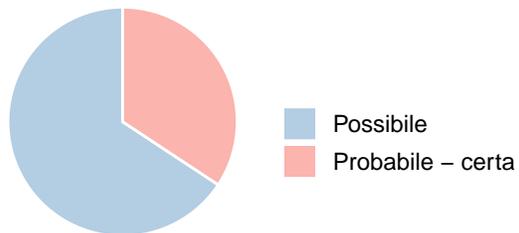
## 12 Pazienti con VAP in degenza (N = 35)

### 12.1 VAP precoce



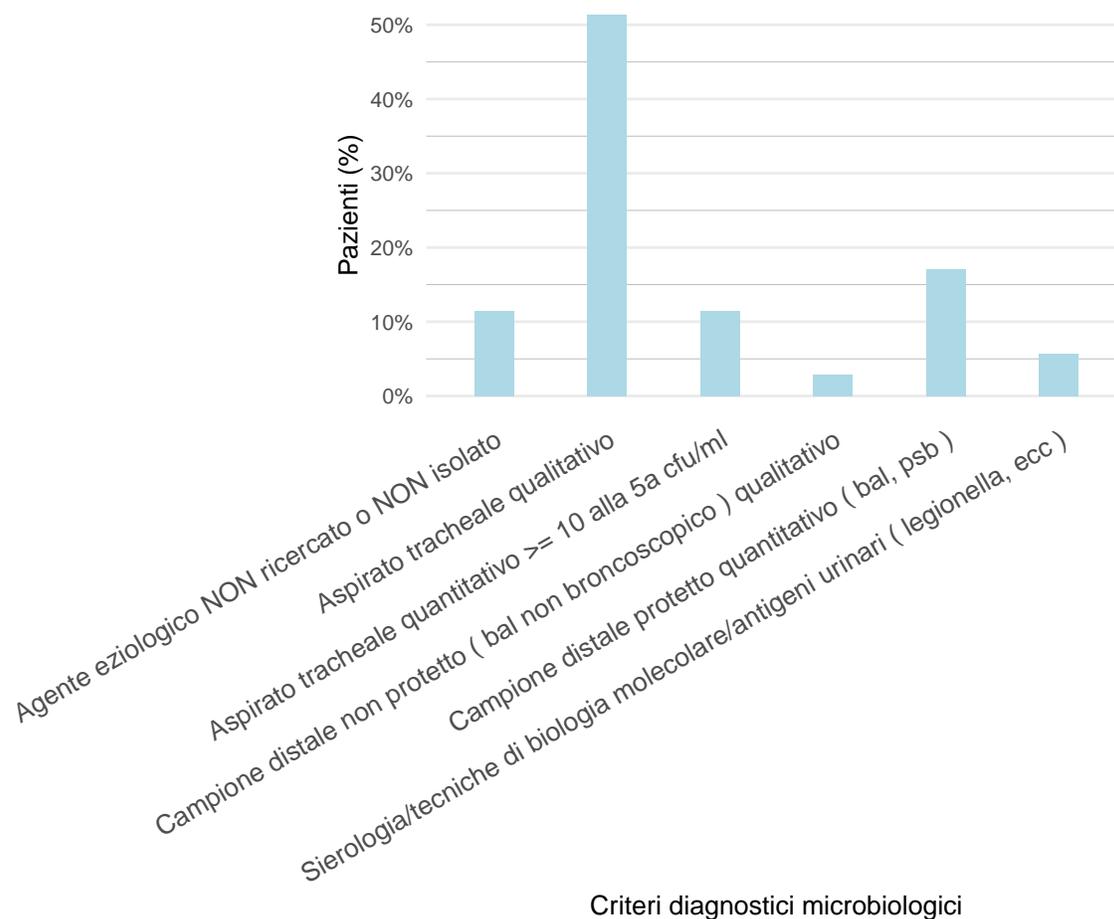
VAP precoce	N	%
No	21	60.0
Si	14	40.0
Missing	0	0

### 12.2 Diagnosi



Diagnosi	N	%
Possibile	23	65.7
Probabile - certa	12	34.3
Missing	9	0

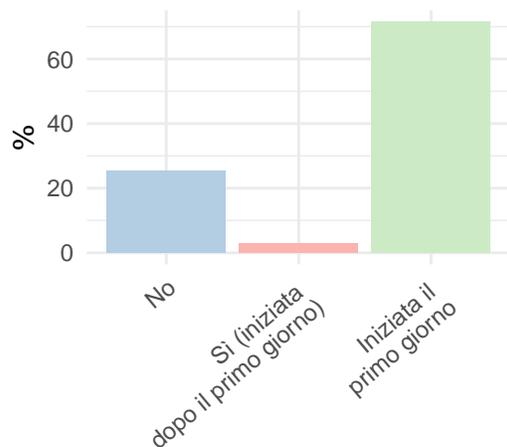
## 12.3 Criteri diagnostici microbiologici



Criteri diagnostici microbiologici	N	%
Sierologia/tecniche di biologia molecolare/antigeni urinari (legionella, ecc)	2	5.7
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) quantitativo	0	0.0
Campione distale non protetto (bal non broncoscopico) qualitativo	1	2.9
Campione distale protetto qualitativo (bal, psb)	0	0.0
Campione distale protetto quantitativo (bal, psb)	6	17.1
Aspirato tracheale quantitativo $\geq 10$ alla 5a cfu/ml	4	11.4
Aspirato tracheale qualitativo + emocoltura e/o liquido pleurico concordati	0	0.0
Aspirato tracheale qualitativo	18	51.4
Agente eziologico NON ricercato o NON isolato	4	11.4
Missing	9	0

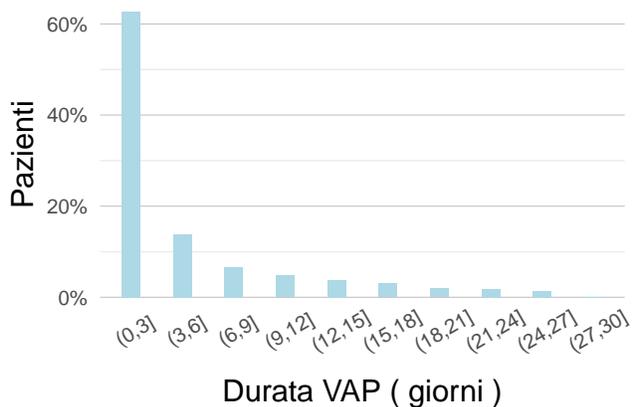
## 12.4 Fattori di rischio per VAP ( N = 1912 )

### 12.4.1 Ventilazione invasiva



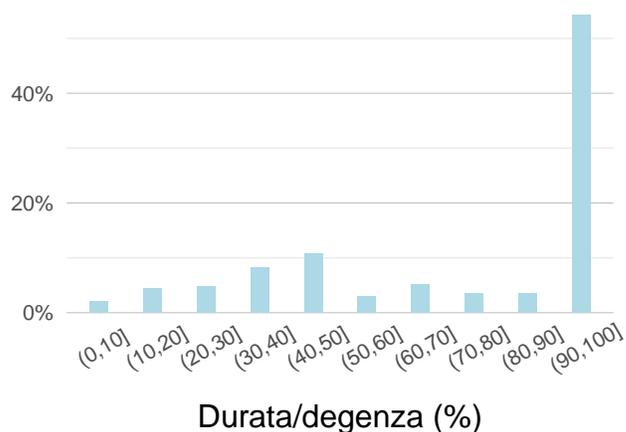
Ventilazione invasiva	N	%
No	481	25.5
Sì	1404	74.5
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>1368</b>	<b>71.5</b>
Missing	27	0.0

### 12.4.2 Durata ventilazione invasiva ( giorni )



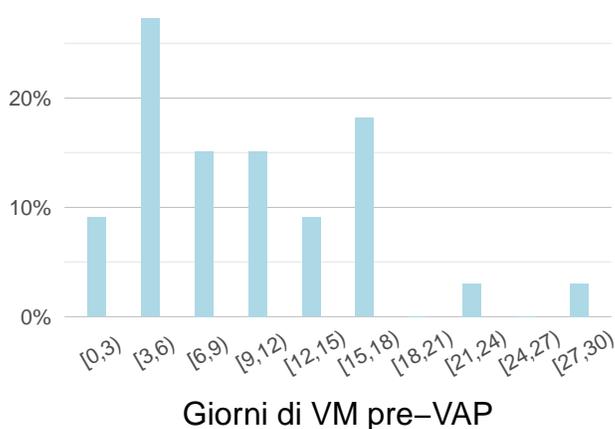
Indicatore	Valore
Media (DS)	6.9 (11.9)
Mediana (Q1-Q3)	2 (1-7)
Missing	10

## 12.4.3 Durata/degenza in TI ( % )



Indicatore	Valore
Media (DS)	75.3 (30.5)
Mediana (Q1-Q3)	100 (50-100)
Missing	11

## 12.5 Giorni di VM pre-VAP



Indicatore	Valore
N	35
Media (DS)	11.2 (10.7)
Mediana (Q1-Q3)	10 (3-15)
Missing	0

## 12.6 Incidenza di VAP

Indicatore	Incidenza VAP (Paz. con VAP/1000 gg. di VM pre-VAP) *	Incidenza VAP (Paz. con VAP/paz. ventilati per 7 gg.) **
Stima	4.0	2.8 %
CI ( 95% )	2.8 - 5.6	2.0 - 3.9

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.

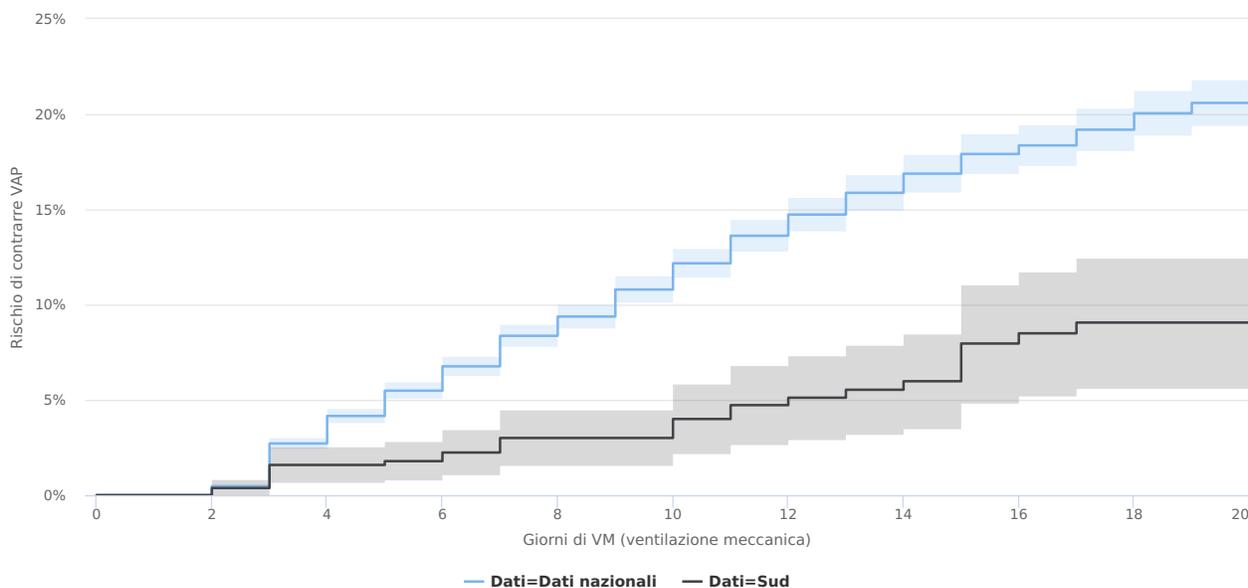
Il secondo invece:

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

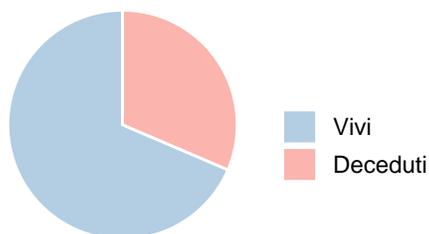
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più grave; semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *'Su 100 pazienti ventilati per 7 giorni in TI, quanti sviluppano VAP?'*. Il cutoff di una settimana e grave; stato stabilito per convenzione.

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

### Rischio di contrarre VAP in TI

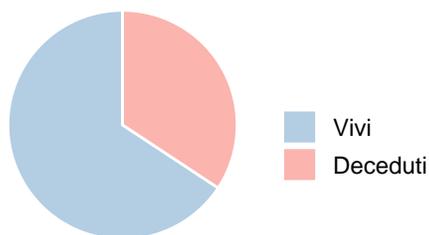


### 12.7 Mortalità in TI



Mortalità grave; in TI	N	%
Vivi	24	68.6
Deceduti	11	31.4
Missing	0	0

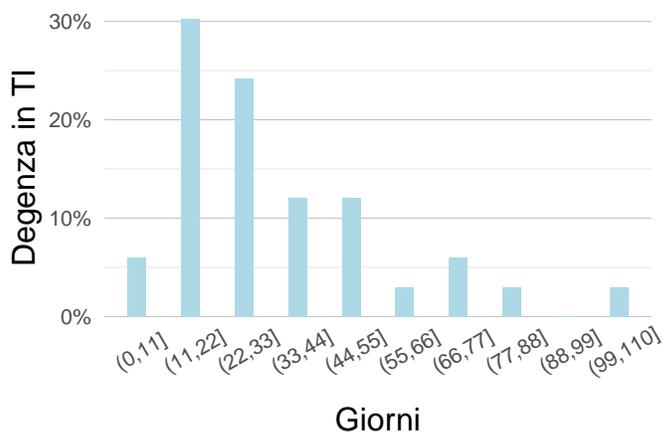
## 12.8 Mortalità ospedaliera \*



Mortalita grave; ospedaliera	N	%
Vivi	23	65.7
Deceduti	12	34.3
Missing	0	0

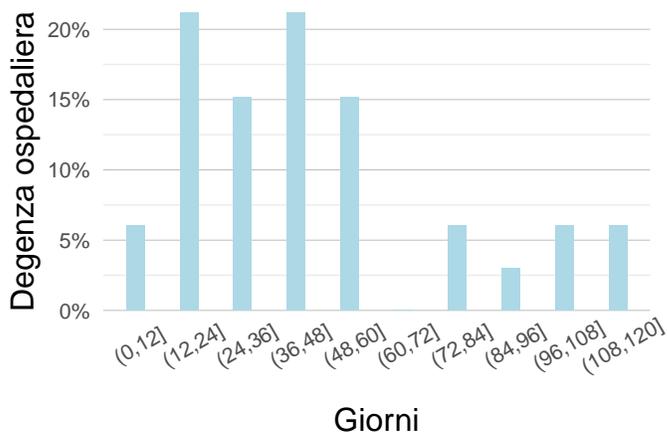
\* Statistiche calcolate su 35 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 12.9 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	39.2 (29.0)
Mediana (Q1-Q3)	30 (20-48.5)
Missing	0

## 12.10 Degenza ospedaliera ( giorni ) \*



Indicatore	Valore
Media (DS)	50.7 (34.9)
Mediana (Q1-Q3)	39 (25-64)
Missing	0

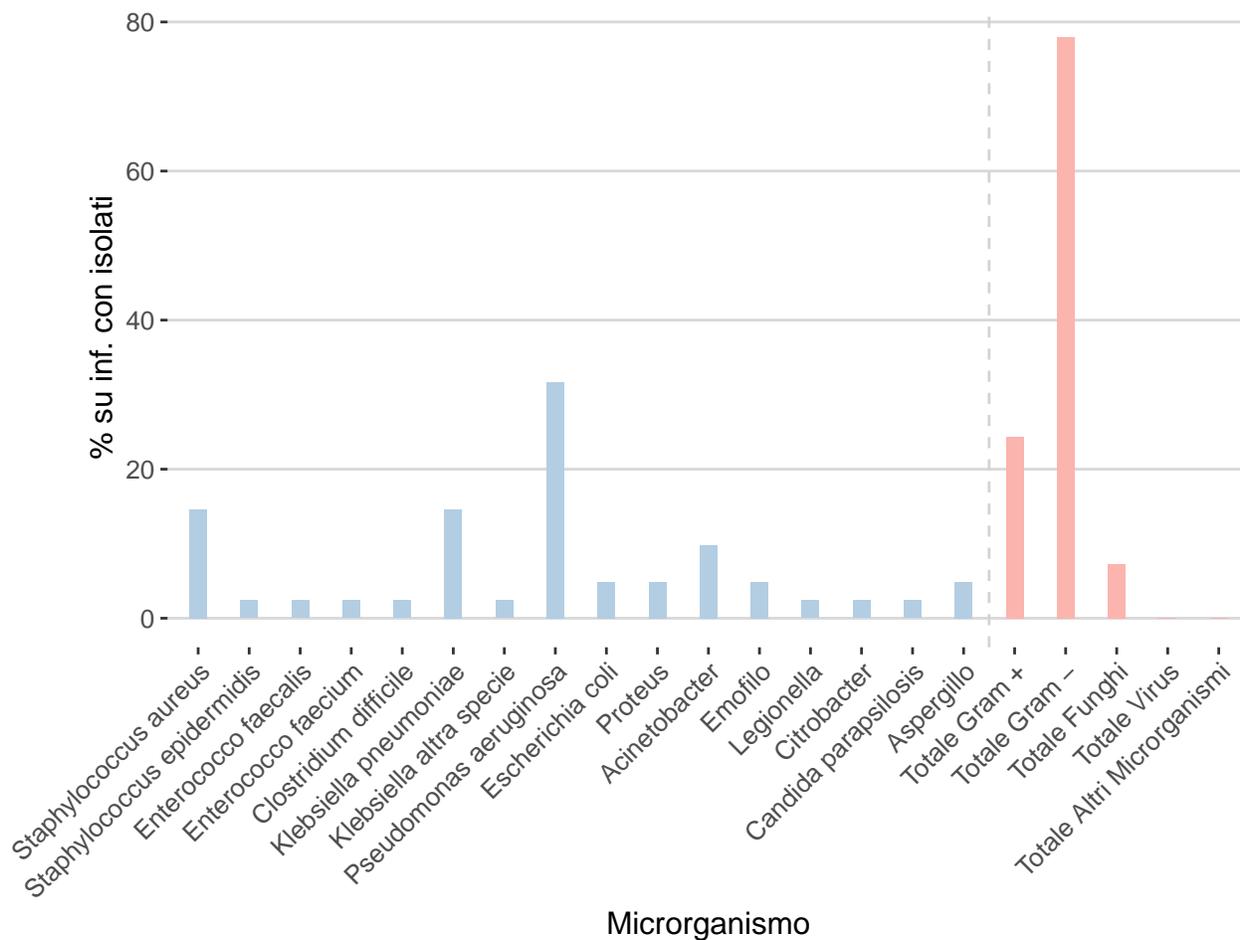
\* Statistiche calcolate su 35 escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	4	9.1
Sì	40	90.9
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>44</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>47</b>	

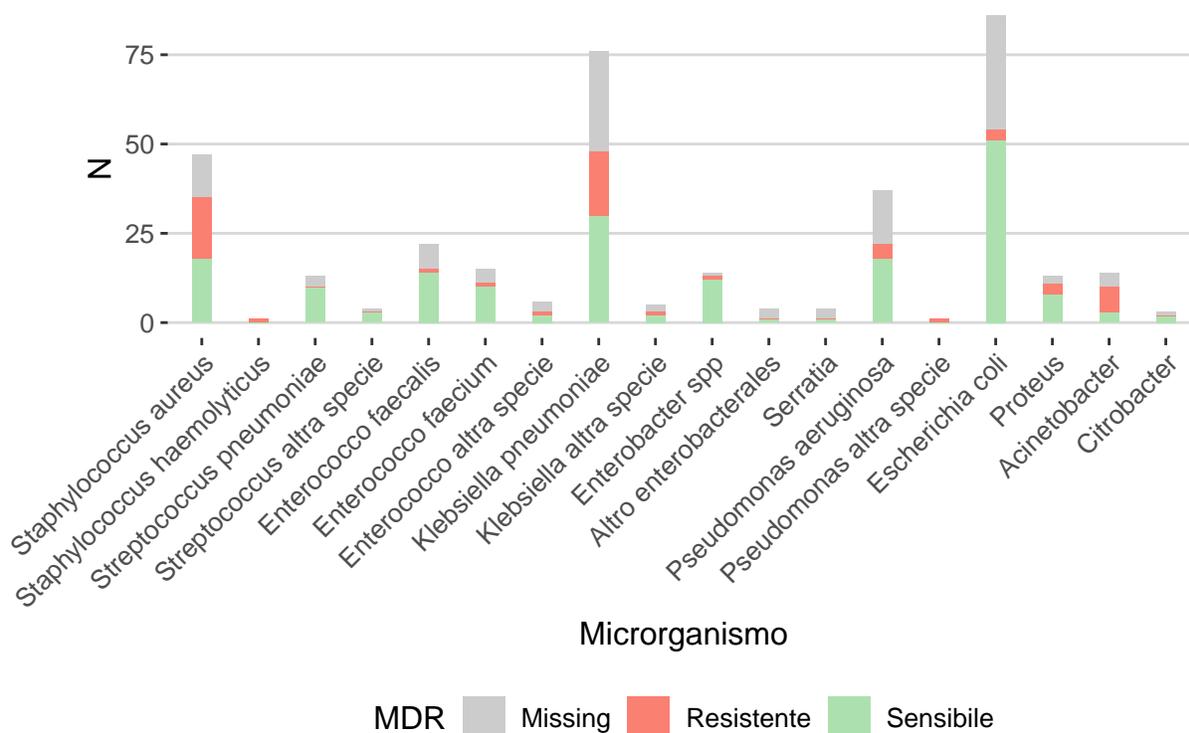
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	6	14.6	5	1	20
Staphylococcus epidermidis	1	2.4	0	0	0

Enterococco faecalis	1	2.4	1	0	0
Enterococco faecium	1	2.4	1	0	0
Clostridium difficile	1	2.4	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>10</b>	<b>24.4</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>14.3</b>
Klebsiella pneumoniae	6	14.6	3	0	0
Klebsiella altra specie	1	2.4	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	13	31.7	9	4	44.4
Escherichia coli	2	4.9	1	0	0
Proteus	2	4.9	0	0	0
Acinetobacter	4	9.8	2	2	100
Emofilo	2	4.9	0	0	0
Legionella	1	2.4	0	0	0
Citrobacter	1	2.4	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>32</b>	<b>78.0</b>	<b>16</b>	<b>6</b>	<b>37.5</b>
Candida parapsilosis	1	2.4	0	0	0
Aspergillo	2	4.9	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>3</b>	<b>7.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

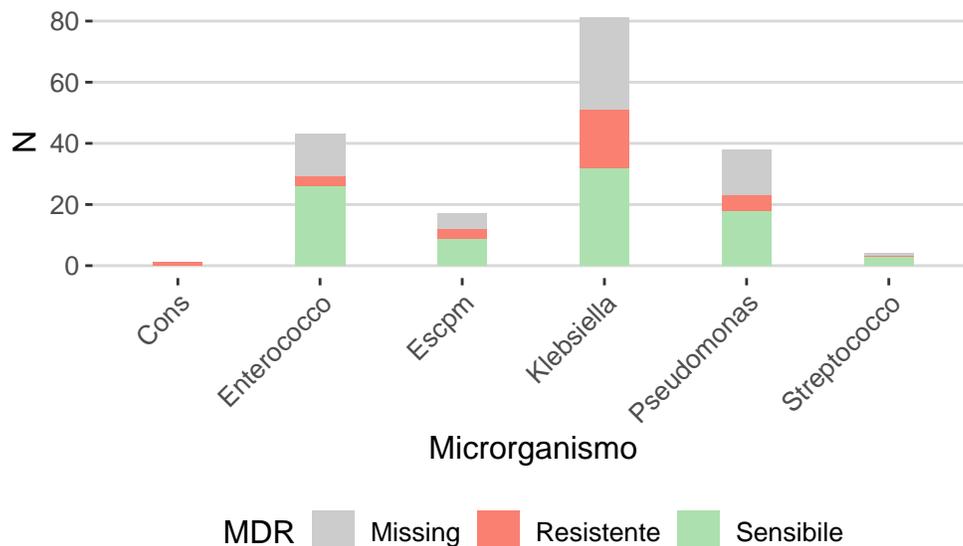
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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 antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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.

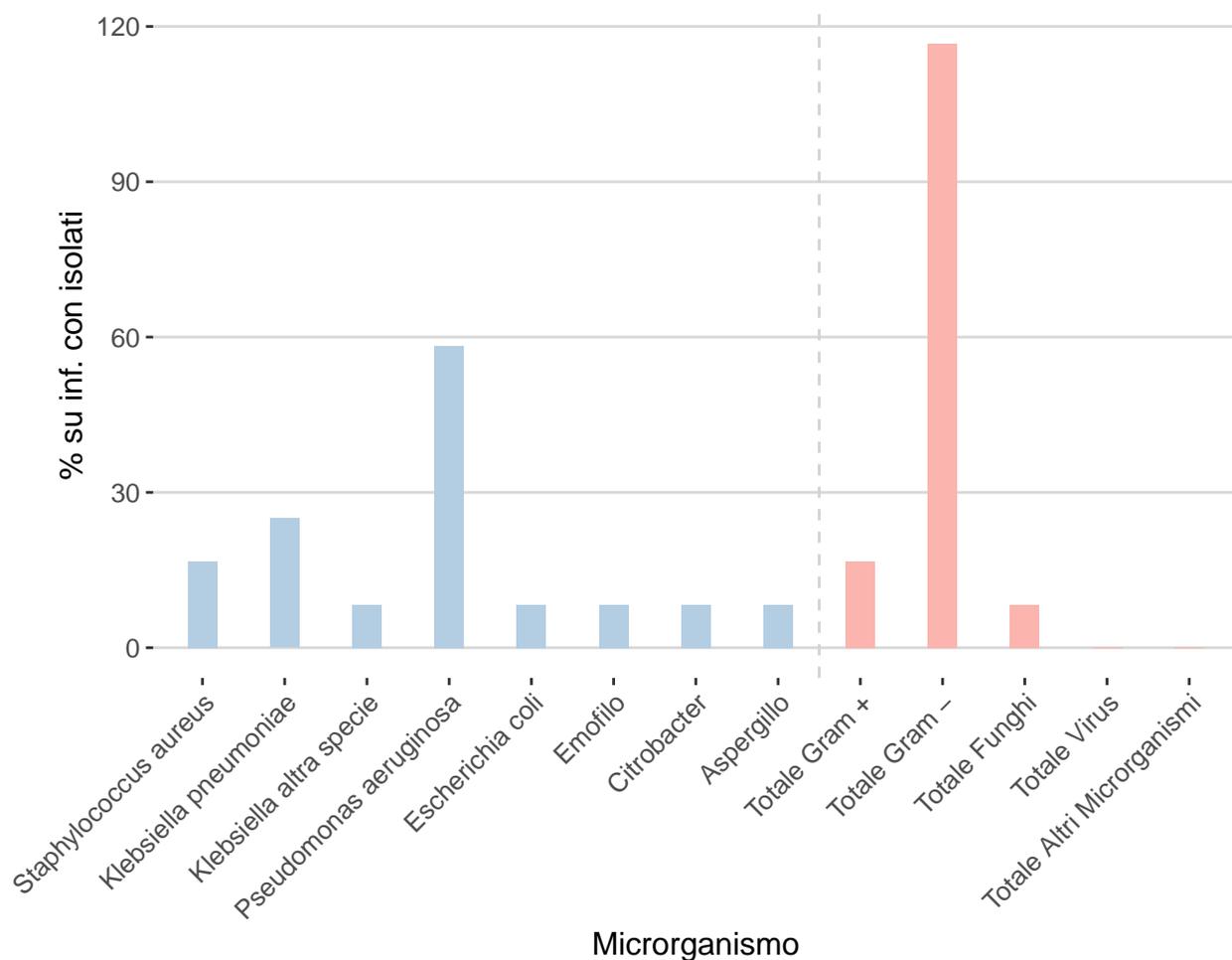
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Acinetobacter	2	Meropenem	2	100.00
Pseudomonas aeruginosa	9	Meropenem	4	44.44
Staphylococcus aureus	5	Meticillina	1	20.00

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

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

Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	12	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>12</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>17</b>	

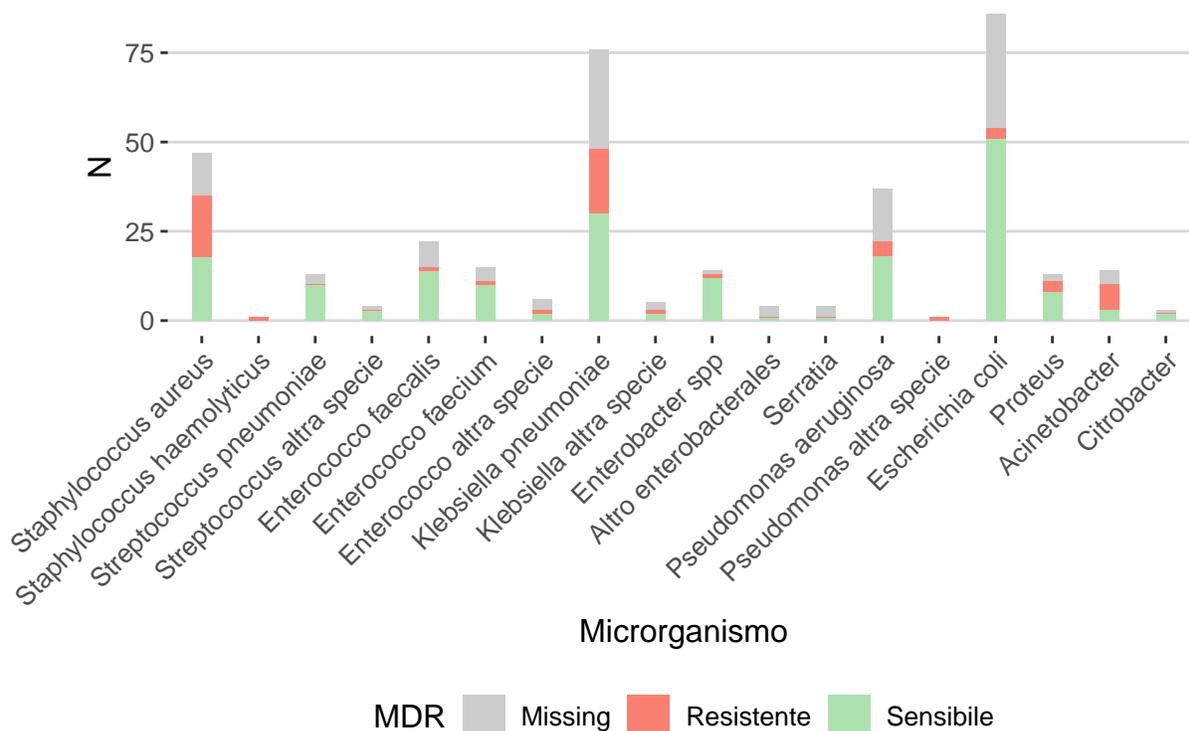
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	16.7	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>2</b>	<b>16.7</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	3	25.0	3	0	0
Klebsiella altra specie	1	8.3	0	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	58.3	5	1	20
Escherichia coli	1	8.3	0	0	0

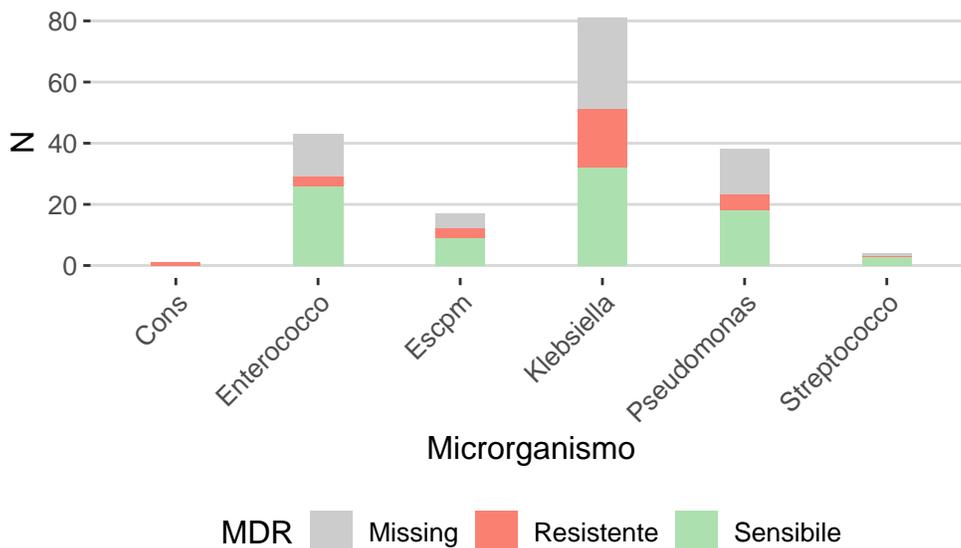
Emofilo	1	8.3	0	0	0
Citrobacter	1	8.3	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>14</b>	<b>116.7</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>11.1</b>
Aspergillo	1	8.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>1</b>	<b>8.3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Chlamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistis Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas aeruginosa	5	Meropenem	1	20
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50

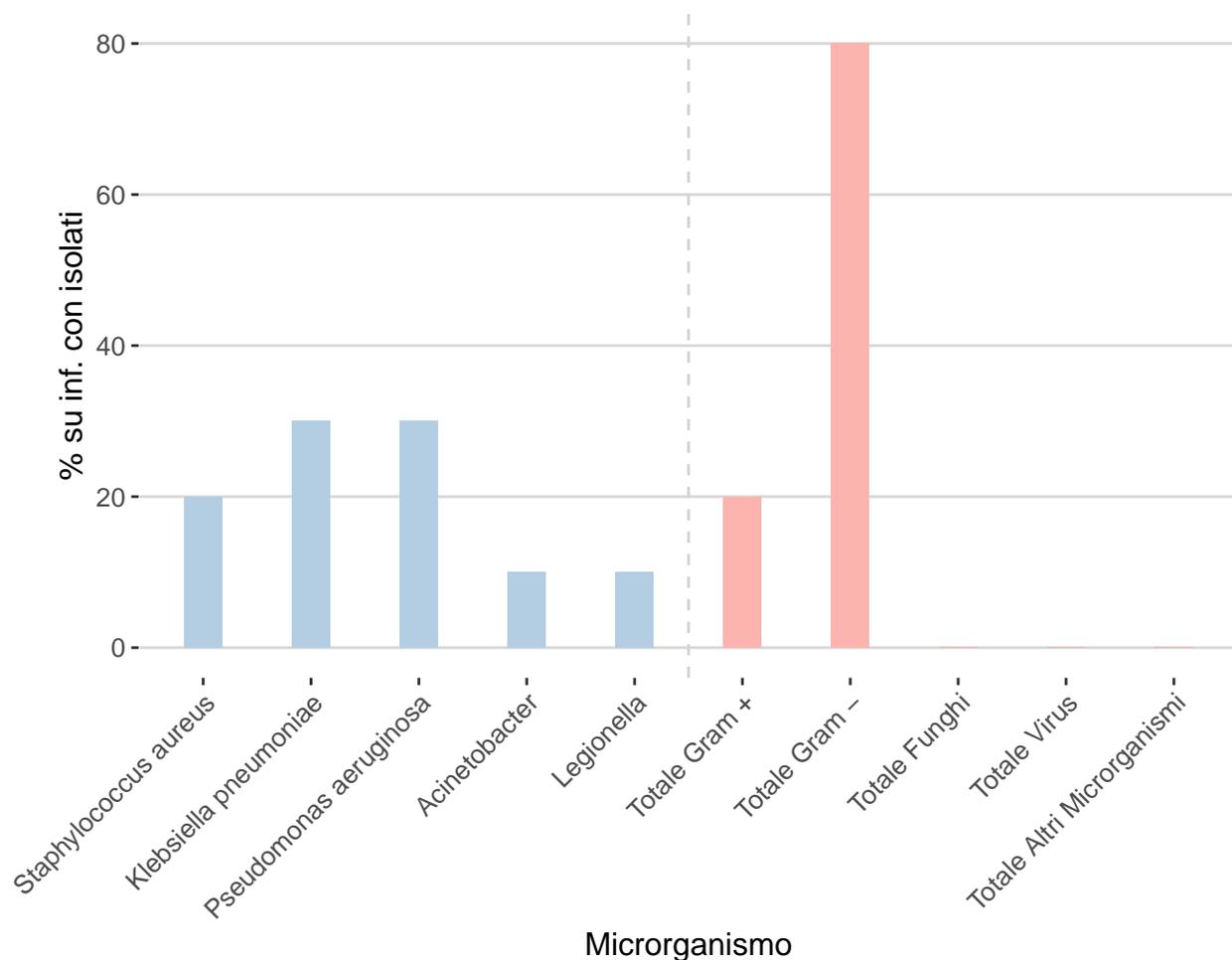
### 12.13 Microrganismi isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

Infezioni con Microrganismi isolati

	N	%
No	1	10.0
Sì	9	90.0
Missing	0	
<hr/>		
<b>Totale infezioni</b>	<b>10</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>11</b>	

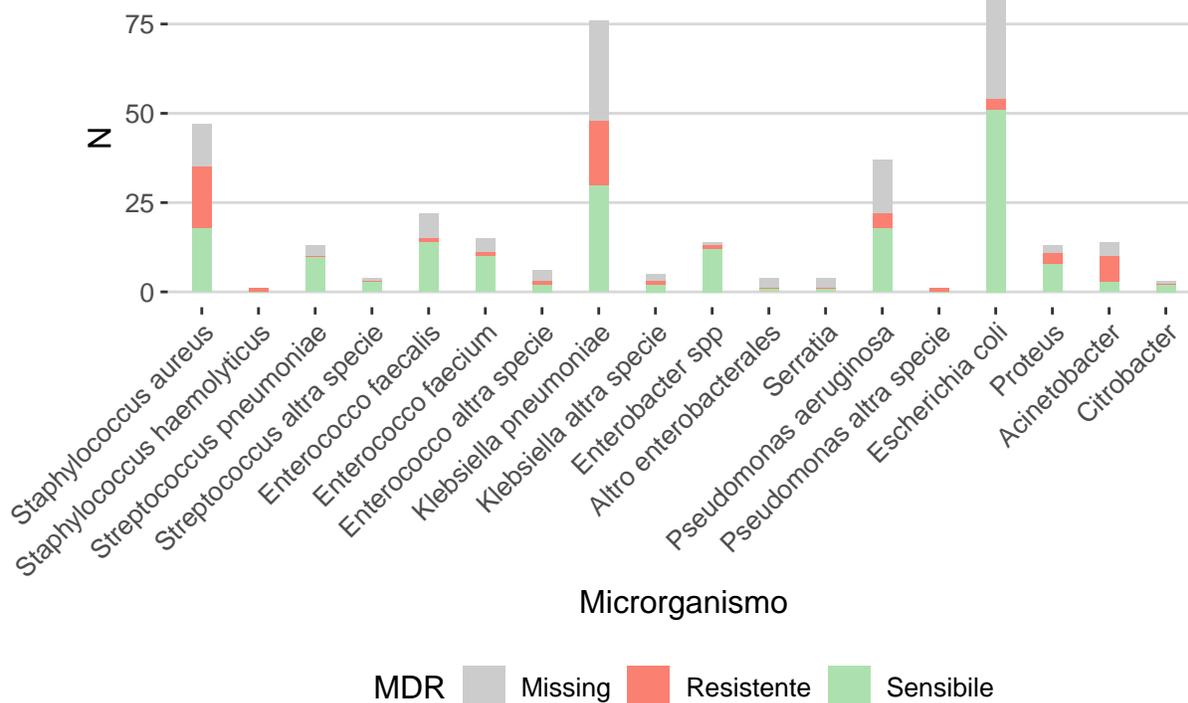
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	2	20	2	1	50
<b>Totale Gram +</b>	<b>2</b>	<b>20</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>50</b>
Klebsiella pneumoniae	3	30	2	0	0
Pseudomonas aeruginosa	3	30	3	2	66.7
Acinetobacter	1	10	0	0	0
Legionella	1	10	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>8</b>	<b>80</b>	<b>5</b>	<b>2</b>	<b>40</b>
<b>Totale Funghi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

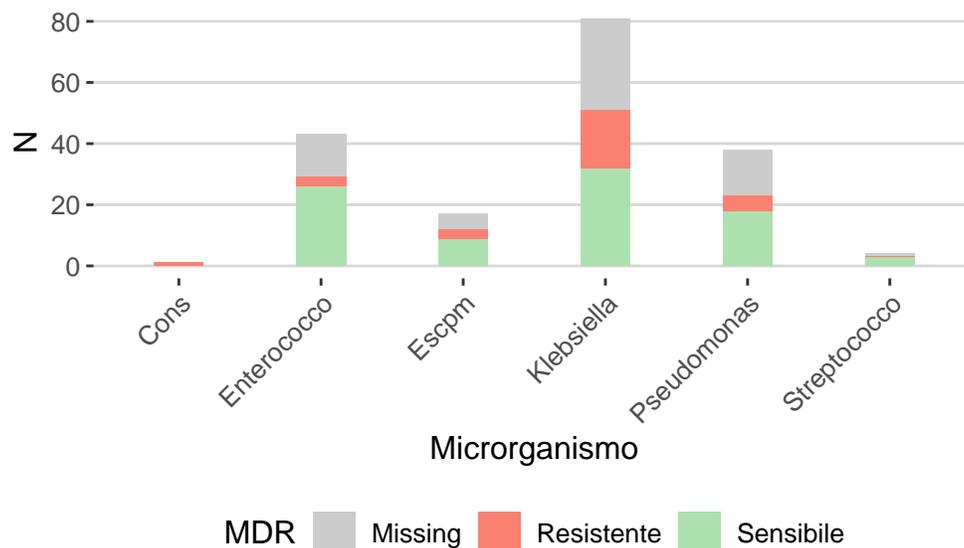
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

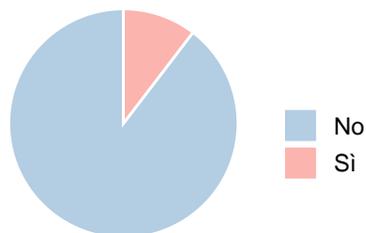
### 12.13.2 Resistenze antibiotiche di microrganismi responsabili MDR isolati nei pazienti infetti in degenza con VAP (nuovi episodi)

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	2	66.67
Staphylococcus aureus	2	Meticillina	1	50.00

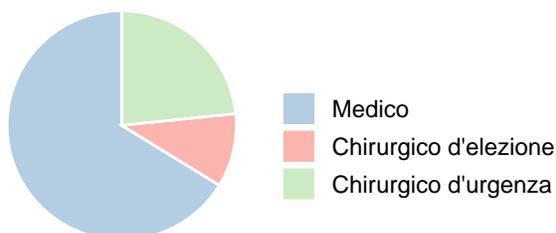
## 13 Pazienti con batteriemia in degenza (N = 77)

### 13.1 Trauma



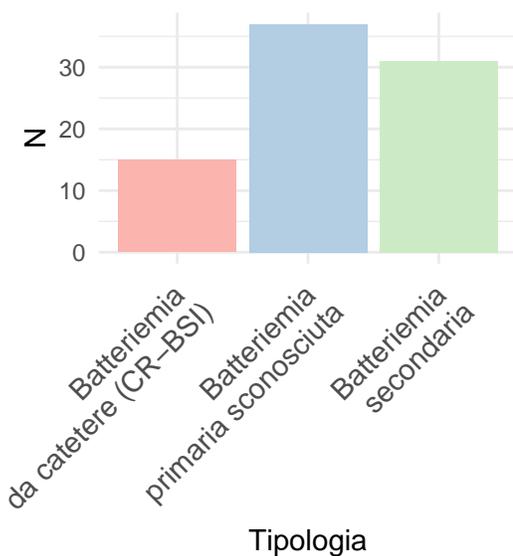
Trauma	N	%
No	69	89.6
Si	8	10.4
Missing	0	0

### 13.2 Stato Chirurgico



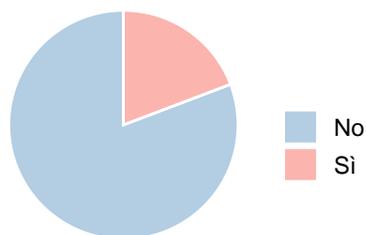
Stato chirurgico	N	%
Medico	51	66.2
Chirurgico d'elezione	8	10.4
Chirurgico d'urgenza	18	23.4
Missing	0	0

### 13.3 Tipologia



Tipologia	N	%
Batteriemia primaria sconosciuta	37	44.6
Batteriemia da catetere (CR-BSI)	15	18.1
Batteriemia secondaria	31	37.3
Missing	0	0.0

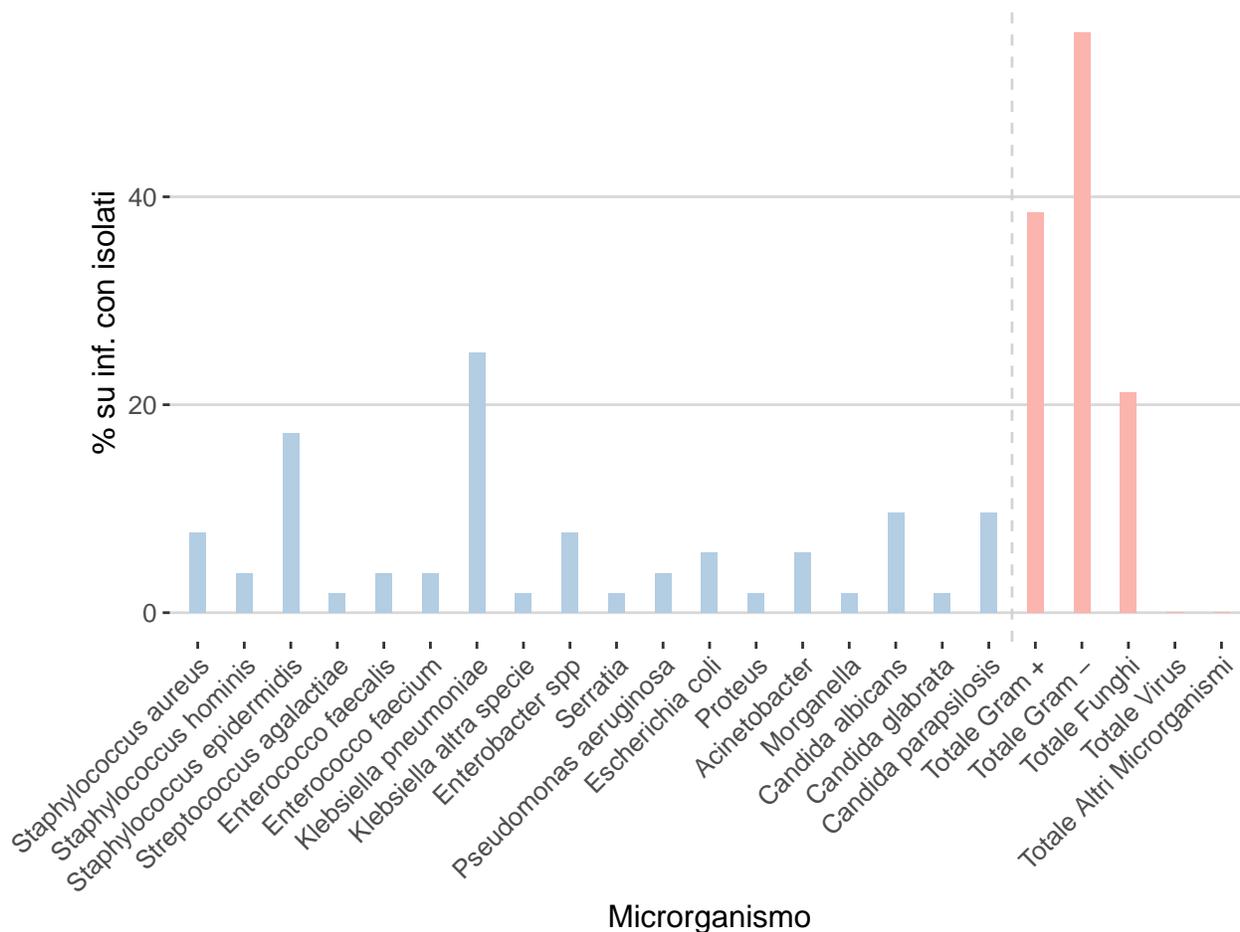
### 13.4 Nuovi episodi oltre il primo



Nuovi episodi oltre il primo	N	%
No	42	80.8
Si	10	19.2
Missing	0	0

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

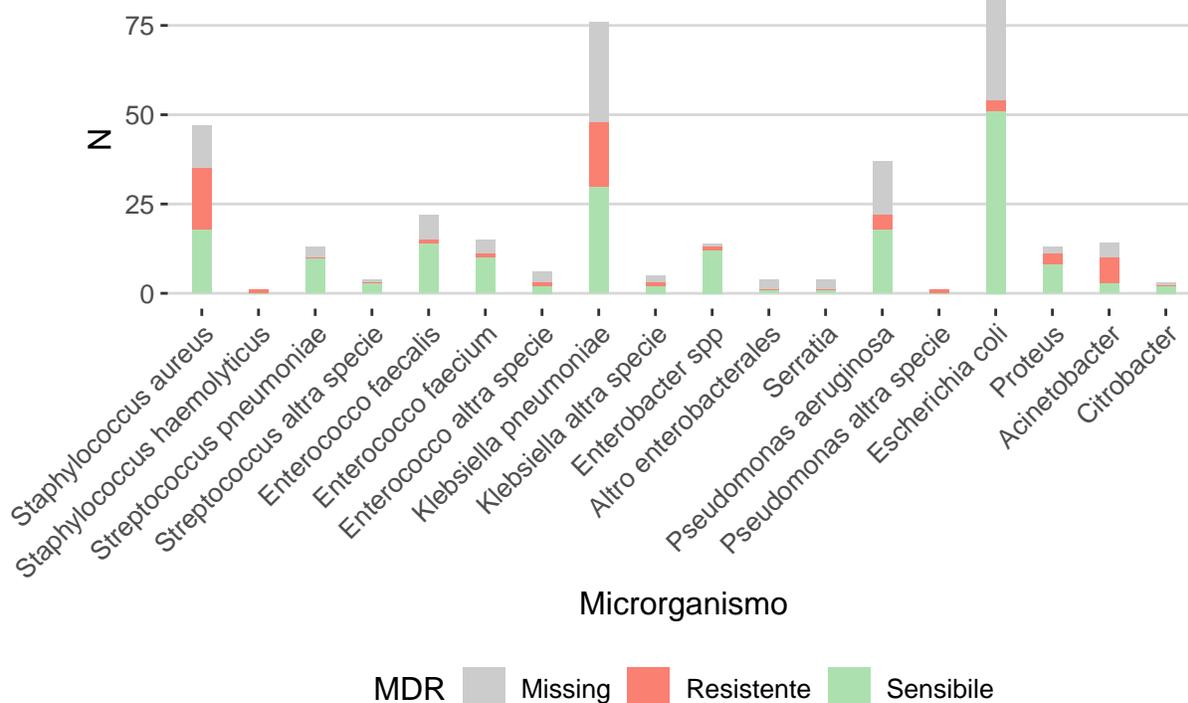
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	4	7.7	4	2	50
Staphylococcus hominis	2	3.8	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	9	17.3	0	0	0

Streptococcus agalactiae	1	1.9	0	0	0
Enterococco faecalis	2	3.8	2	0	0
Enterococco faecium	2	3.8	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>20</b>	<b>38.5</b>	<b>7</b>	<b>2</b>	<b>28.6</b>
Klebsiella pneumoniae	13	25.0	10	7	70
Klebsiella altra specie	1	1.9	1	0	0
Enterobacter spp	4	7.7	3	0	0
Serratia	1	1.9	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	2	3.8	2	0	0
Escherichia coli	3	5.8	0	0	0
Proteus	1	1.9	0	0	0
Acinetobacter	3	5.8	1	1	100
Morganella	1	1.9	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>29</b>	<b>55.8</b>	<b>19</b>	<b>8</b>	<b>42.1</b>
Candida albicans	5	9.6	0	0	0
Candida glabrata	1	1.9	0	0	0
Candida parapsilosis	5	9.6	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>11</b>	<b>21.2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

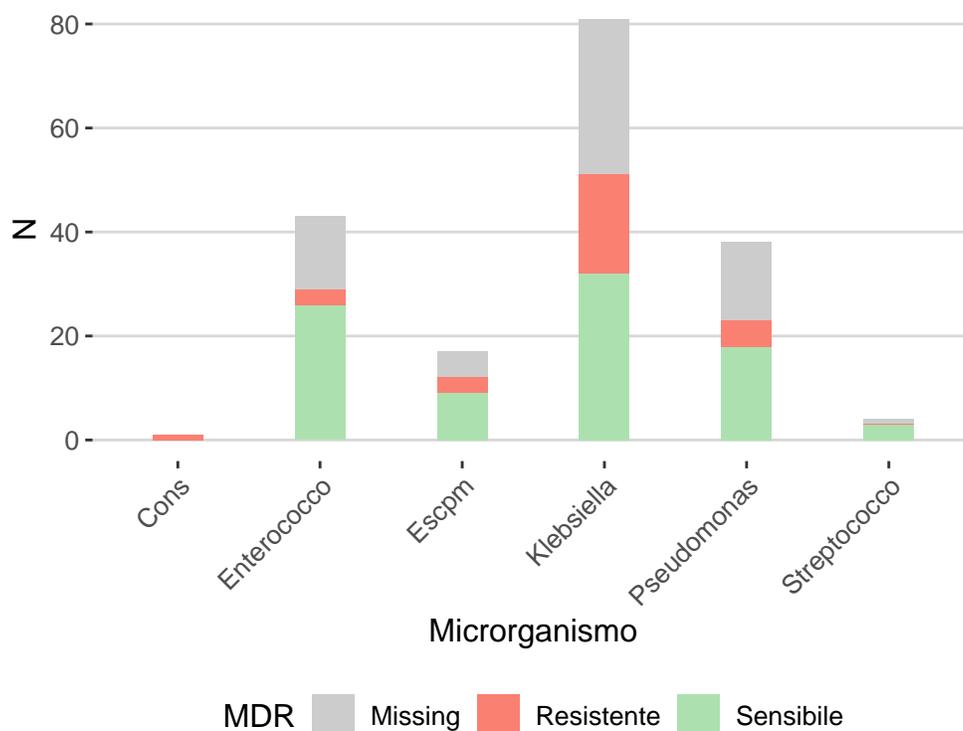
Nel seguente grafico sono riportati i microrganismi che possono sviluppare resistenze: in rosso i germi resistenti, in verde quelli sensibili e in grigio quelli per cui non è possibile risalire all'informazione. Vengono mostrati fino ad un massimo di 20 microrganismi.



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	9	Ertapenem	3	33.33
Klebsiella pneumoniae	10	Meropenem	7	70.00
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00

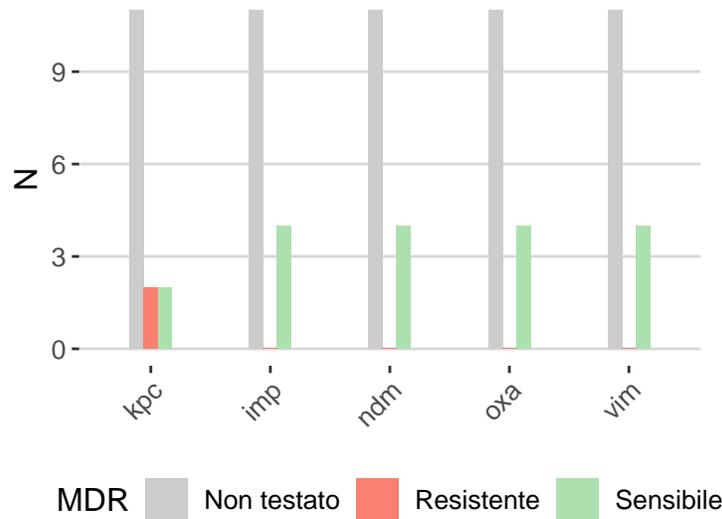
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	4	Meticillina	2	50.00

### 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.

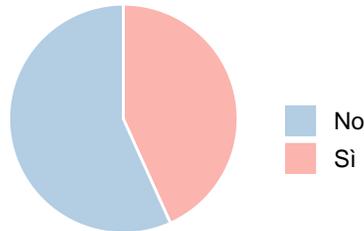
	N	%
Sì	2	15.38
No	2	15.38
Non testato	9	69.23
Missing	12	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	11
kpc	2	100	2	11
ndm	0	0	4	11
oxa	0	0	4	11
vim	0	0	4	11



## 14 Pazienti con batteriemia primaria (origine sconosciuta) in degenza (N = 37)

### 14.1 Infezioni multisito



Infezione multisito	N	%
No	21	56.8
Si	16	43.2
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	2.5	1.8 %
CI ( 95% )	1.8 - 3.5	1.2 - 2.4

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.

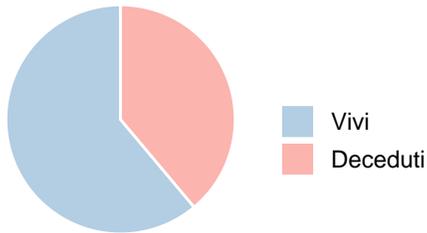
Il secondo:

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

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.

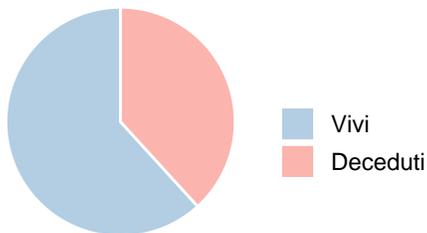
I tassi sono corredati dagli intervalli di confidenza al 95%.

### 14.3 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	22	61.1
Deceduti	14	38.9
Missing	1	0

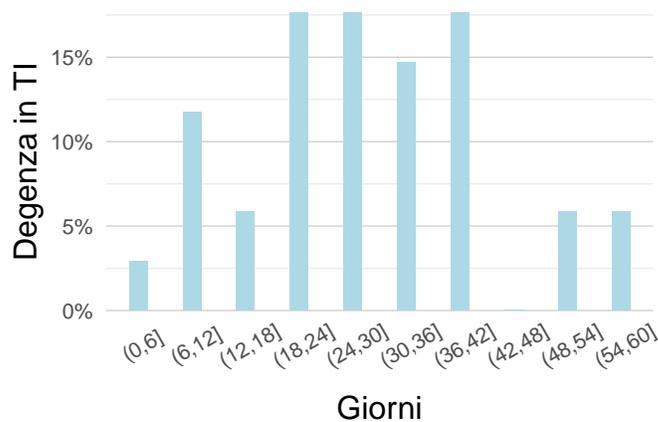
### 14.4 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	21	61.8
Deceduti	13	38.2
Missing	2	0

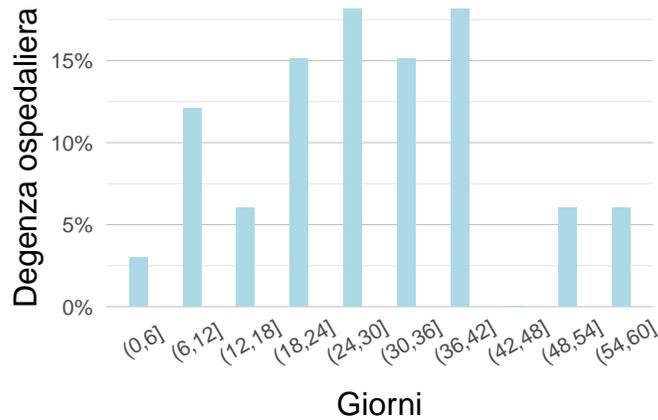
\* Statistiche calcolate su 36 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

### 14.5 Degenza in TI (giorni)



Indicatore	Valore
Media (DS)	32.3 (19.1)
Mediana (Q1-Q3)	29 (22-39)
Missing	1

### 14.6 Degenza ospedaliera (giorni) \*

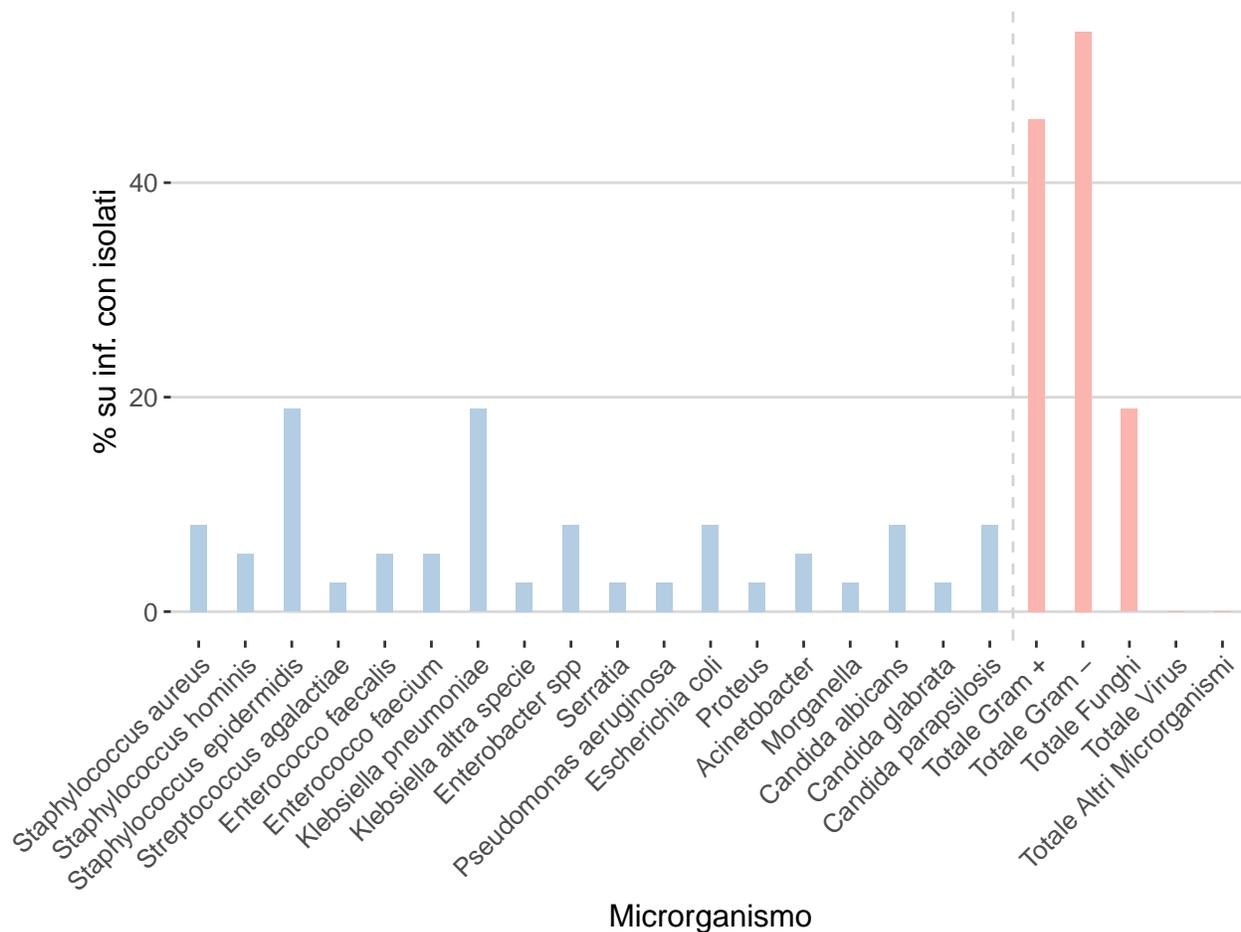


Indicatore	Valore
Media (DS)	47.0 (45.3)
Mediana (Q1-Q3)	37.5 (26.2-52.2)
Missing	2

\* Statistiche calcolate su 36 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 1 ).

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

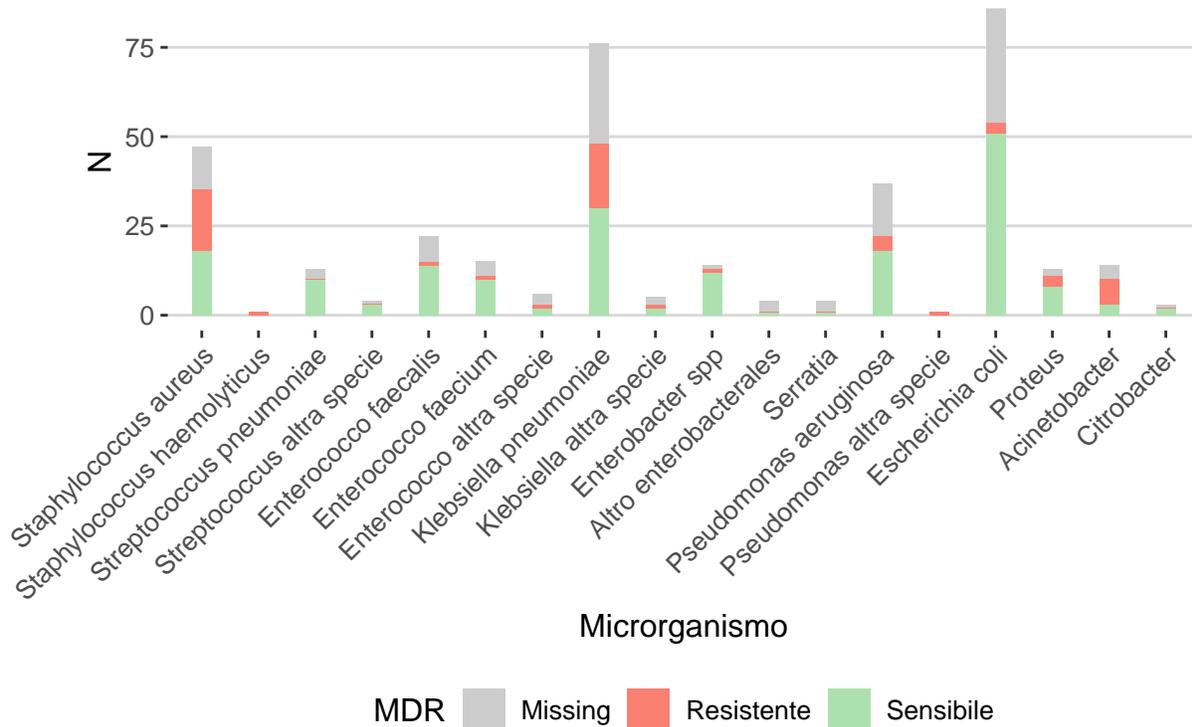
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	3	8.1	3	2	66.7
Staphylococcus hominis	2	5.4	0	0	0
Staphylococcus epidermidis	7	18.9	0	0	0
Streptococcus agalactiae	1	2.7	0	0	0
Enterococco faecalis	2	5.4	2	0	0
Enterococco faecium	2	5.4	1	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>17</b>	<b>45.9</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>33.3</b>
Klebsiella pneumoniae	7	18.9	7	5	71.4
Klebsiella altra specie	1	2.7	1	0	0
Enterobacter spp	3	8.1	2	0	0
Serratia	1	2.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	2.7	1	0	0
Escherichia coli	3	8.1	0	0	0
Proteus	1	2.7	0	0	0
Acinetobacter	2	5.4	1	1	100
Morganella	1	2.7	1	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>20</b>	<b>54.1</b>	<b>14</b>	<b>6</b>	<b>42.9</b>
Candida albicans	3	8.1	0	0	0
Candida glabrata	1	2.7	0	0	0
Candida parapsilosis	3	8.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>7</b>	<b>18.9</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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.

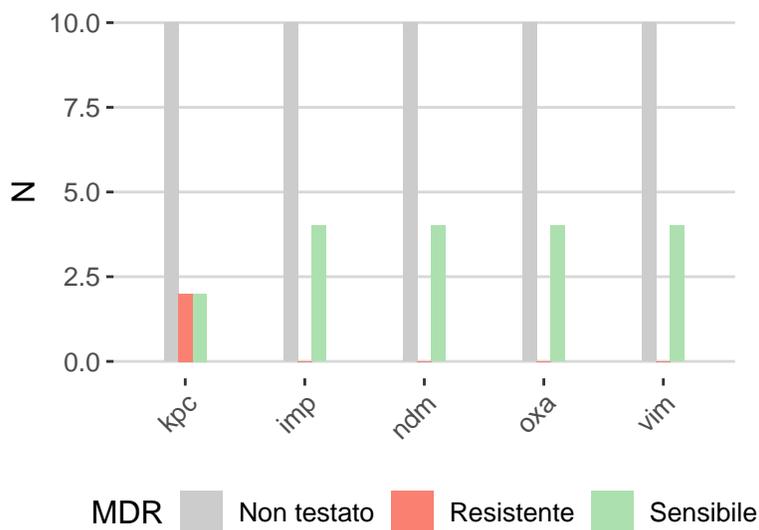
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	7	Ertapenem	2	28.57
Klebsiella pneumoniae	7	Meropenem	5	71.43
Acinetobacter	1	Imipenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Staphylococcus aureus	3	Meticillina	2	66.67

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

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

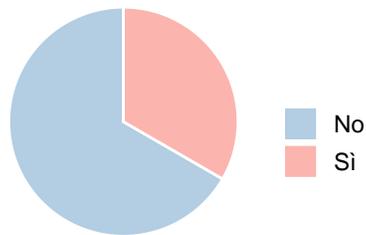
	N	%
Sì	2	16.67
No	2	16.67
Non testato	8	66.67
Missing	6	

Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	4	10
kpc	2	100	2	10
ndm	0	0	4	10
oxa	0	0	4	10
vim	0	0	4	10



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

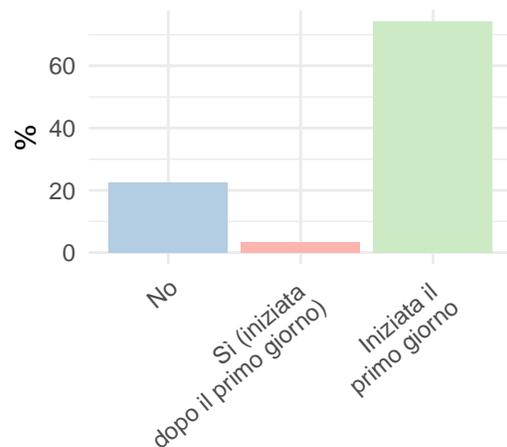
### 15.1 Infezione multisito



Infezione multisito	N	%
No	10	66.7
Si	5	33.3
Missing	0	0

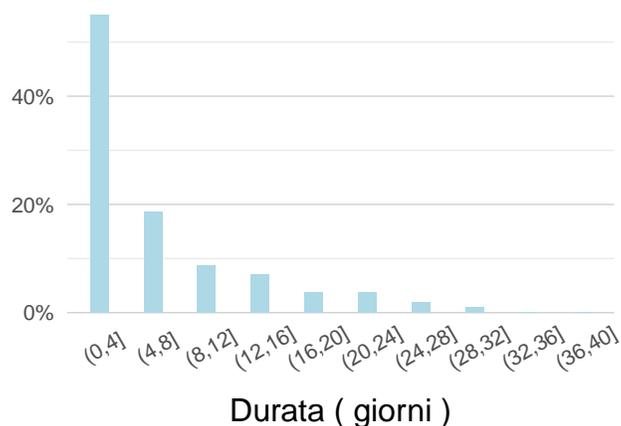
### 15.2 Fattori di rischio

#### 15.2.1 CVC ( Catetere Venoso Centrale ) ( N = 1912 )



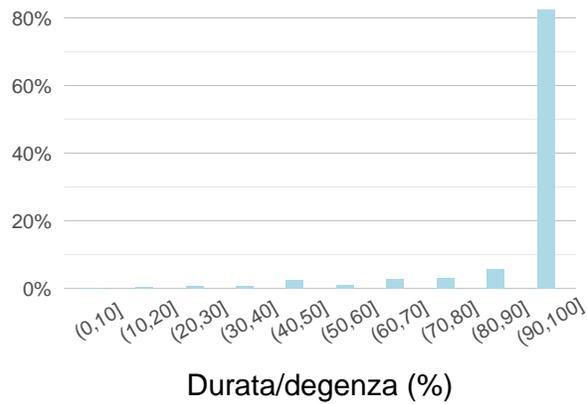
Cvc	N	%
No	425	22.5
Si	1460	77.5
<b>Iniziata il primo giorno</b>	<b>1418</b>	<b>74.2</b>
Missing	27	

#### 15.2.2 Durata (giorni)



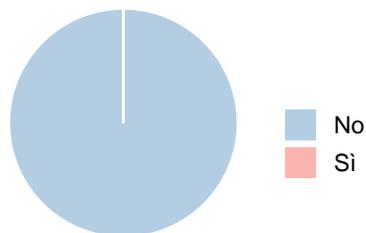
Indicatore	Valore
Media (DS)	8.7 (13.0)
Mediana (Q1-Q3)	4 (1-11)
Missing	7

15.2.3 Durata/degenza in TI ( % )



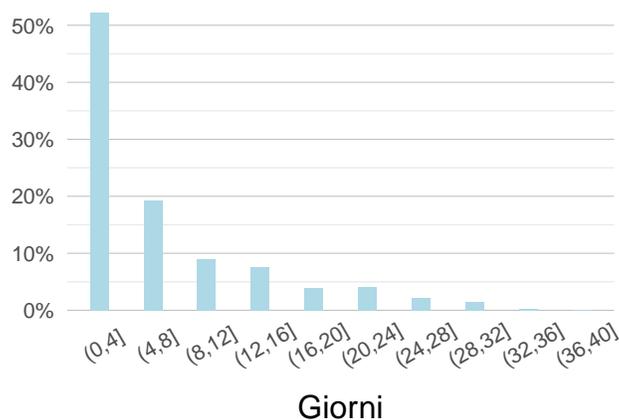
Indicatore	Valore
Media (DS)	93.9 (15.4)
Mediana (Q1-Q3)	100 (100-100)
Missing	9

15.2.4 Infezione locale da catetere ( N = 1912 )



Infezione locale da catetere	N	%
No	1884	100.0
Si	0	0.0
Missing	28	0

15.3 Giorni di CVC pre-batteriemia



Indicatore	Valore
N	14
Media (DS)	23.6 (15.8)
Mediana (Q1-Q3)	18 (13-37.2)
Missing	1

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

Indicatore	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/1000 gg. di CVC pre-CR-BSI) *	Incidenza CR-BSI (Paz. con CR-BSI/paz. con catetere per 7 gg.) **
Stima	1.2	0.8 %
CI ( 95% )	0.7 - 1.9	0.5 - 1.3

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.

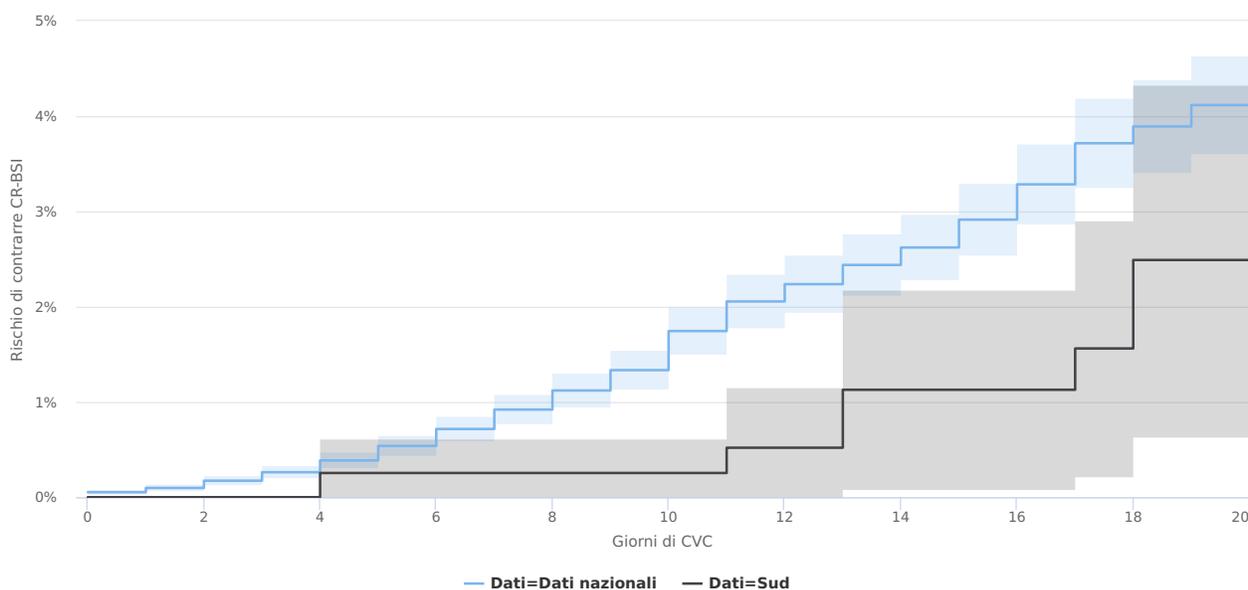
Il secondo invece:

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

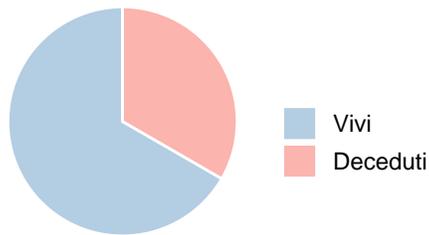
corrisponde ad una rielaborazione del precedente, per permettere una lettura più semplice del dato. Risponde infatti alla domanda: *‘Su 100 pazienti sottoposti a catetere per 7 giorni in TI, quanti sviluppano CR-BSI?’*. Il cutoff di una settimana è stato stabilito per convenzione.

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

### 15.5 Rischio di contrarre CR-BSI

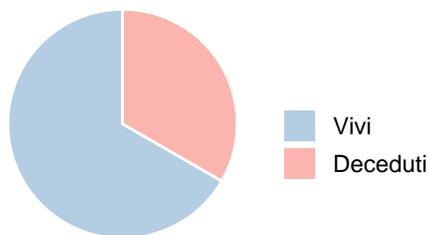


### 15.6 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	10	66.7
Deceduti	5	33.3
Missing	0	0

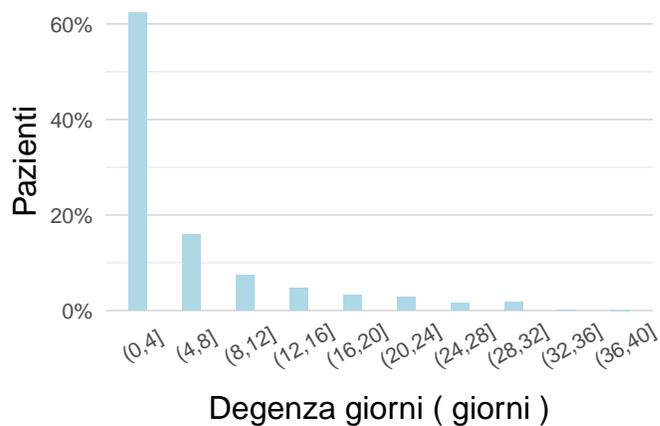
### 15.7 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	10	66.7
Deceduti	5	33.3
Missing	0	0

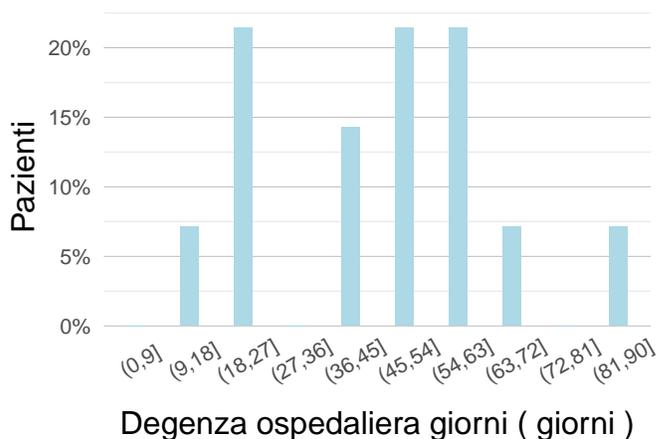
\* Statistiche calcolate su 15 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 15.8 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	40.0 (20.5)
Mediana (Q1-Q3)	38 (20-52.5)
Missing	0

## 15.9 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	49.0 (26.1)
Mediana (Q1-Q3)	51 (29-59.5)
Missing	0

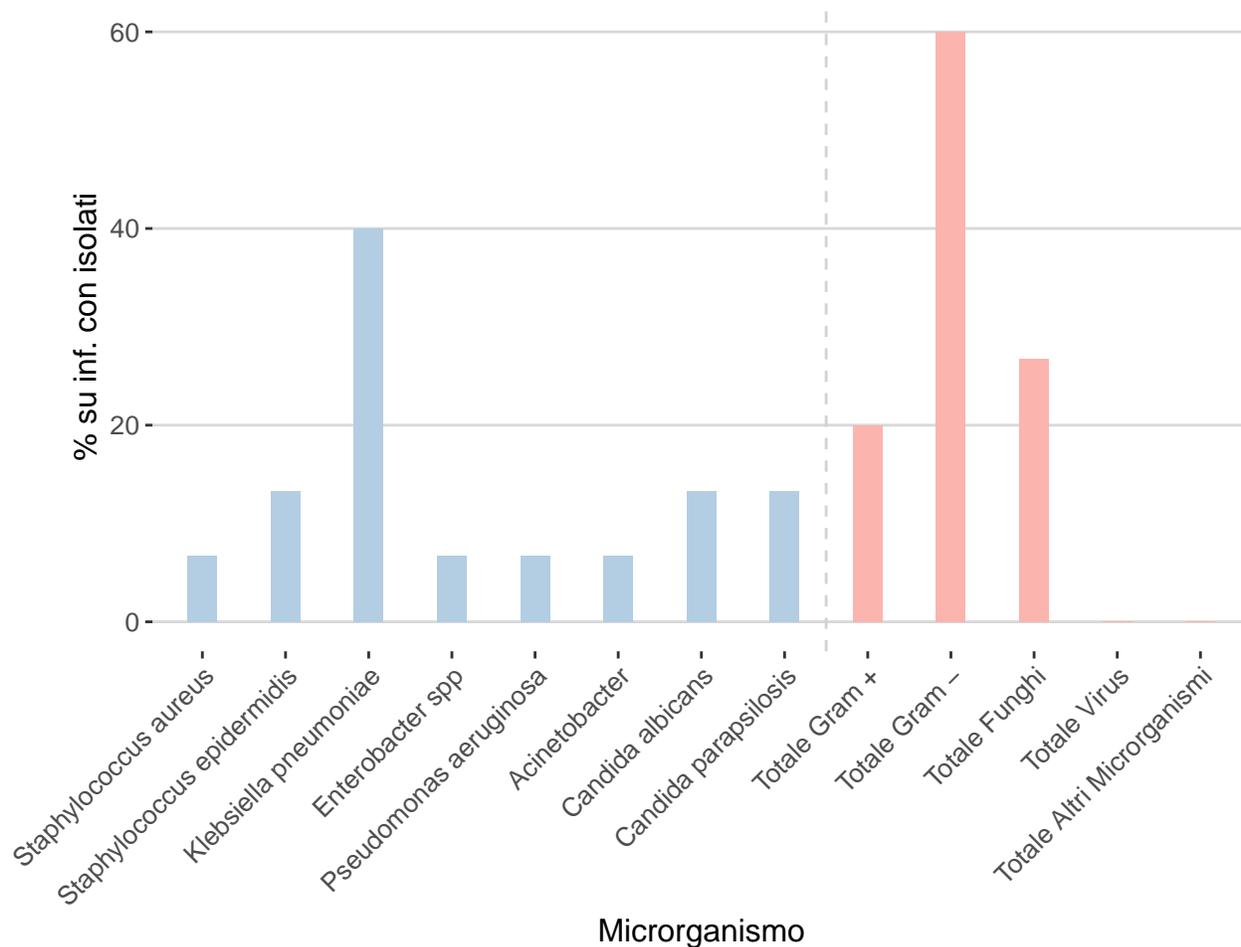
\* Statistiche calcolate su 15 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 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.

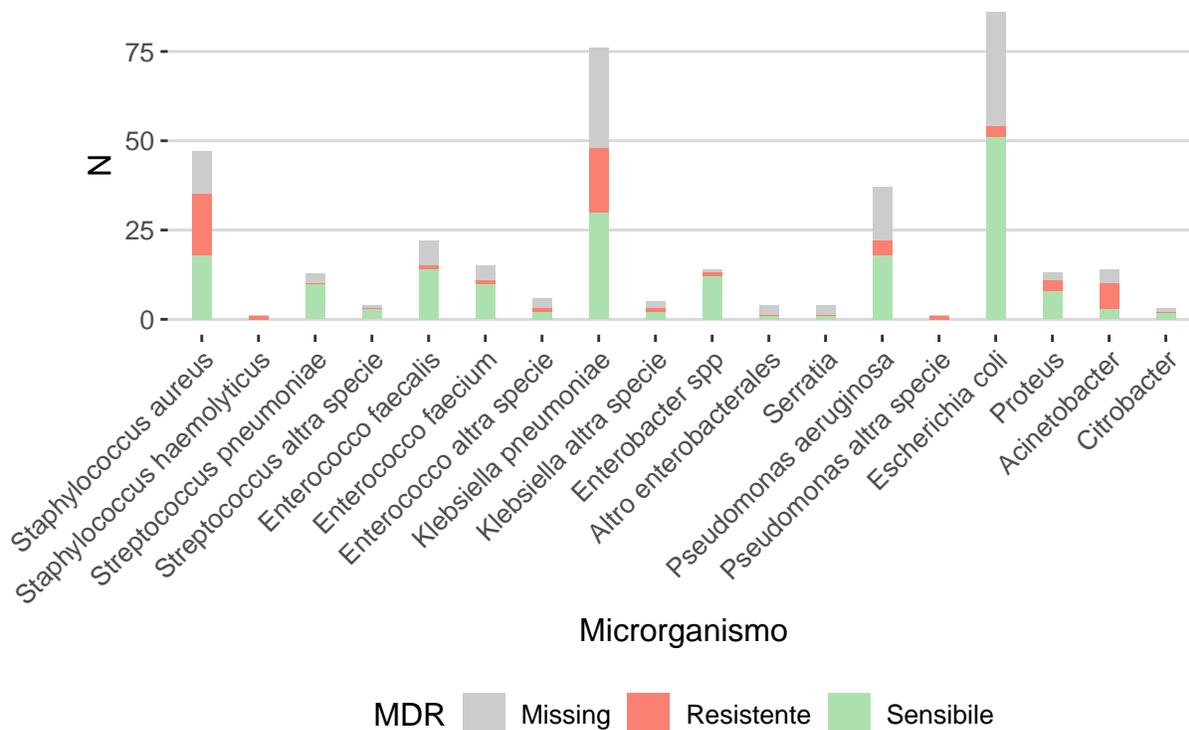
Infezioni con Microrganismi isolati		
	N	%
No	0	0.0
Sì	15	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>15</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>16</b>	

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



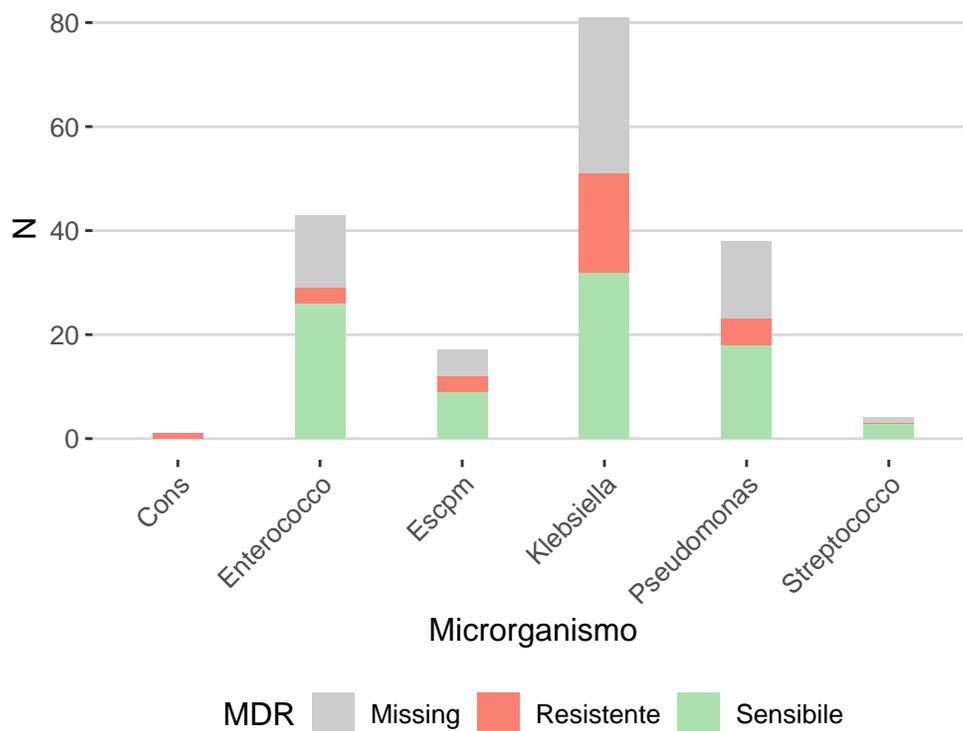
Microorganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Staphylococcus aureus	1	6.7	1	0	0
Staphylococcus epidermidis	2	13.3	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>3</b>	<b>20.0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	6	40.0	3	2	66.7
Enterobacter spp	1	6.7	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	1	6.7	1	0	0
Acinetobacter	1	6.7	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>9</b>	<b>60.0</b>	<b>5</b>	<b>2</b>	<b>40</b>
Candida albicans	2	13.3	0	0	0
Candida parapsilosis	2	13.3	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>4</b>	<b>26.7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microorganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Clostridium altra specie*, *Clamidia*, *Morganella*, *Candida auris*, *Candida krusei*, *Pneumocistie Jirovecii*, *Candida specie non determinata*, *Herpes simplex*, *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 antibi- ogramma	N sensi- bili	N MDR	% MDR	N missing
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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.

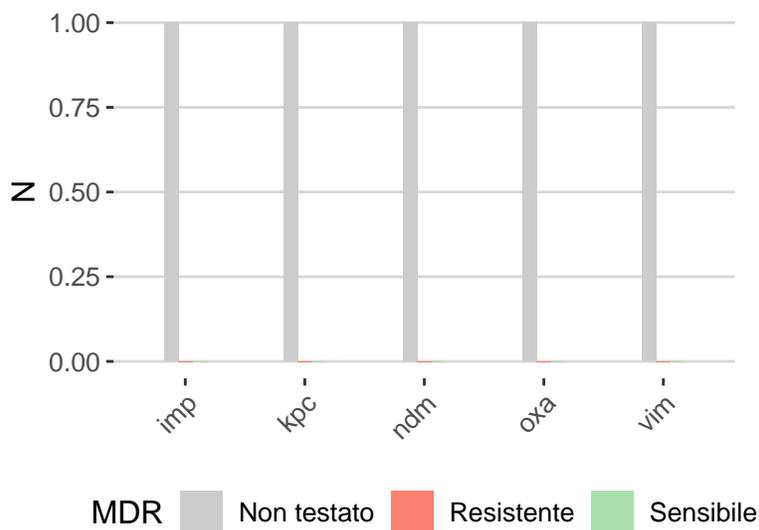
Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	2	Ertapenem	1	50.00
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	2	66.67

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

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

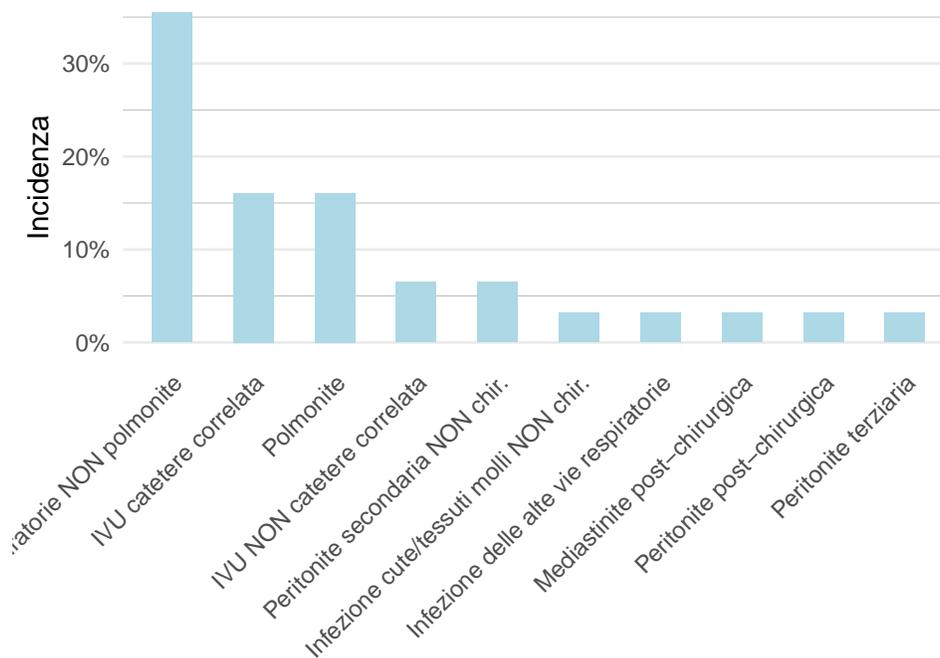
	N	%
Sì	0	0
No	0	0
Non testato	1	100
Missing	6	

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



## 16 Pazienti con batteriemia secondaria in degenza (N = 31)

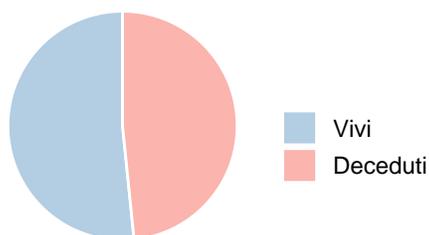
### 16.1 Infezioni associate ( top 10 )



### Infezioni ( top 10 )

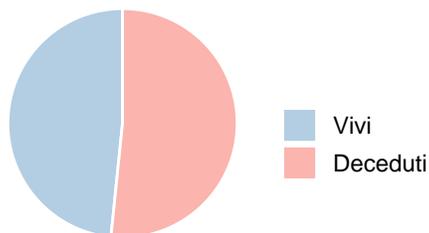
Infezione	N	%
Inf. basse vie respiratorie NON polmonite	11	35.5
Polmonite	5	16.1
IVU catetere correlata	5	16.1
Peritonite secondaria NON chir.	2	6.5
IVU NON catetere correlata	2	6.5
Infezione delle alte vie respiratorie	1	3.2
Mediastinite post-chirurgica	1	3.2
Peritonite terziaria	1	3.2
Peritonite post-chirurgica	1	3.2
Infezione cute/tessuti molli NON chir.	1	3.2
Missing	1	

### 16.2 Mortalità in TI



Mortalità in TI	N	%
Vivi	16	51.6
Deceduti	15	48.4
Missing	0	0

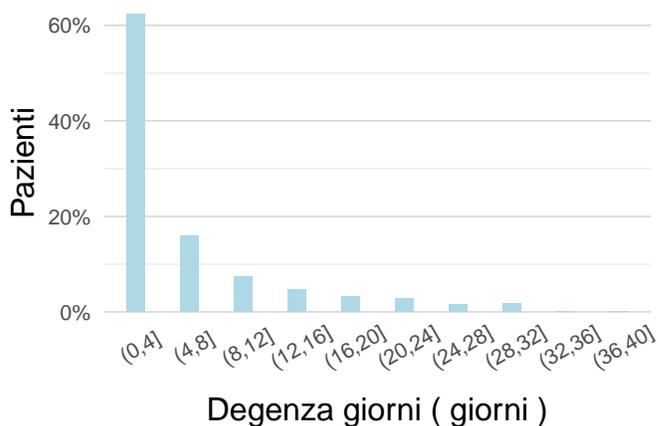
### 16.3 Mortalità ospedaliera \*



Mortalità ospedaliera	N	%
Vivi	15	48.4
Deceduti	16	51.6
Missing	0	0

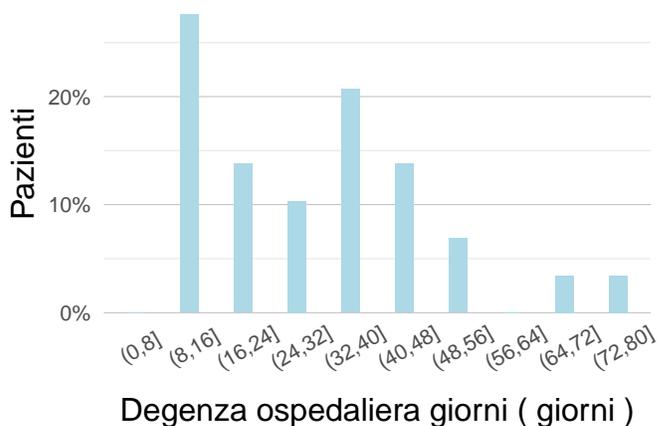
\* Statistiche calcolate su 31 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

### 16.4 Degenza in TI ( giorni )



Indicatore	Valore
Media (DS)	35.1 (28.4)
Mediana (Q1-Q3)	34 (15-40)
Missing	0

### 16.5 Degenza ospedaliera ( giorni )\*



Indicatore	Valore
Media (DS)	37.1 (27.8)
Mediana (Q1-Q3)	34 (16.5-42.5)
Missing	0

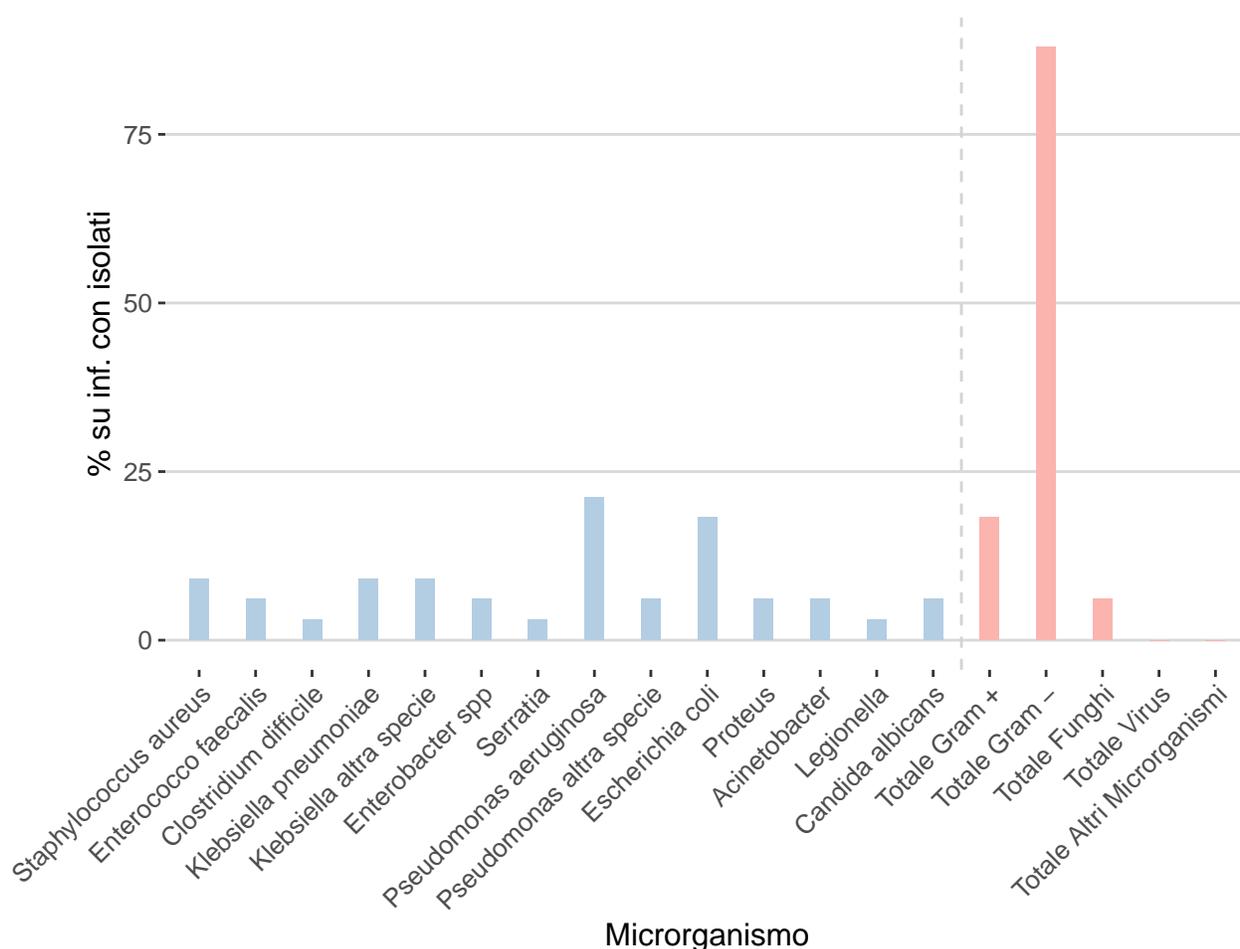
\* Statistiche calcolate su 31 pazienti, escludendo le riammissioni da reparto ( N = 0 ).

## 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	33	100.0
Missing	0	
<b>Totale infezioni</b>	<b>33</b>	
<b>Totale microrganismi isolati</b>	<b>38</b>	

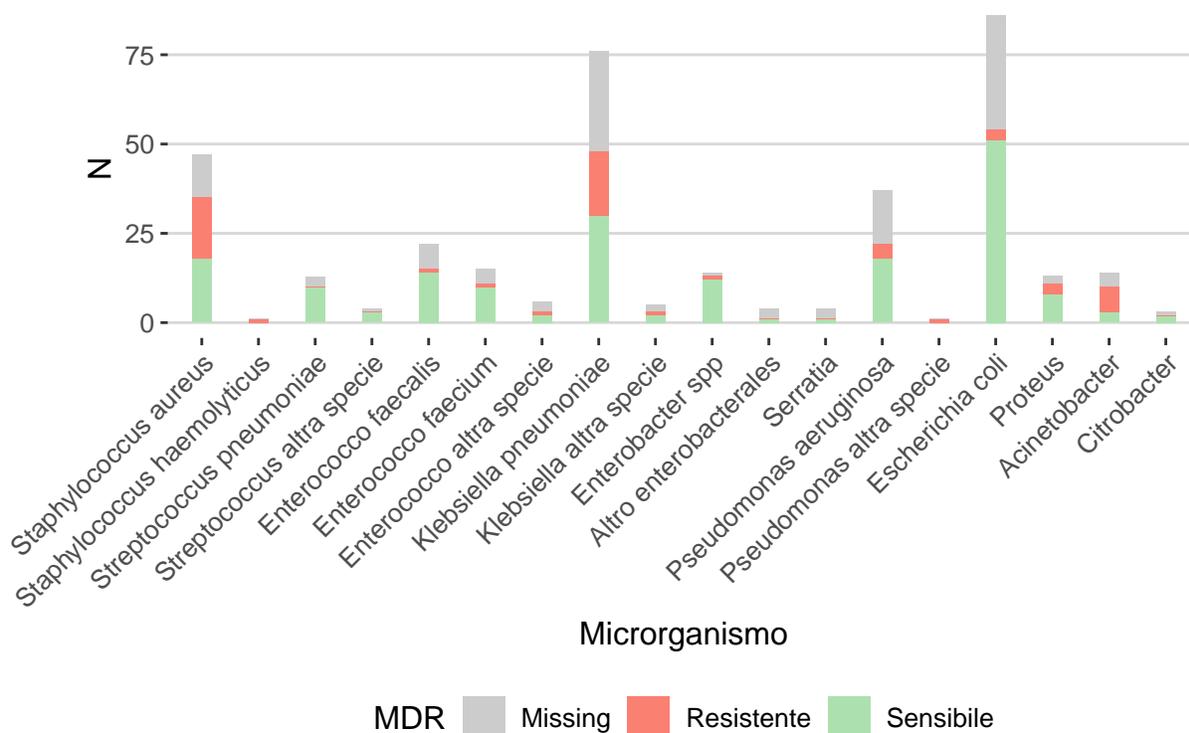
Nel seguente grafico e nella seguente tabella vengono riportati tutti i microrganismi isolati per questa categoria di pazienti. La percentuale riportata in tabella è calcolata sul totale di infezioni con microrganismi isolati (“% su inf. con isolati”). Vengono mostrati fino ad un massimo di 30 microrganismi.



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

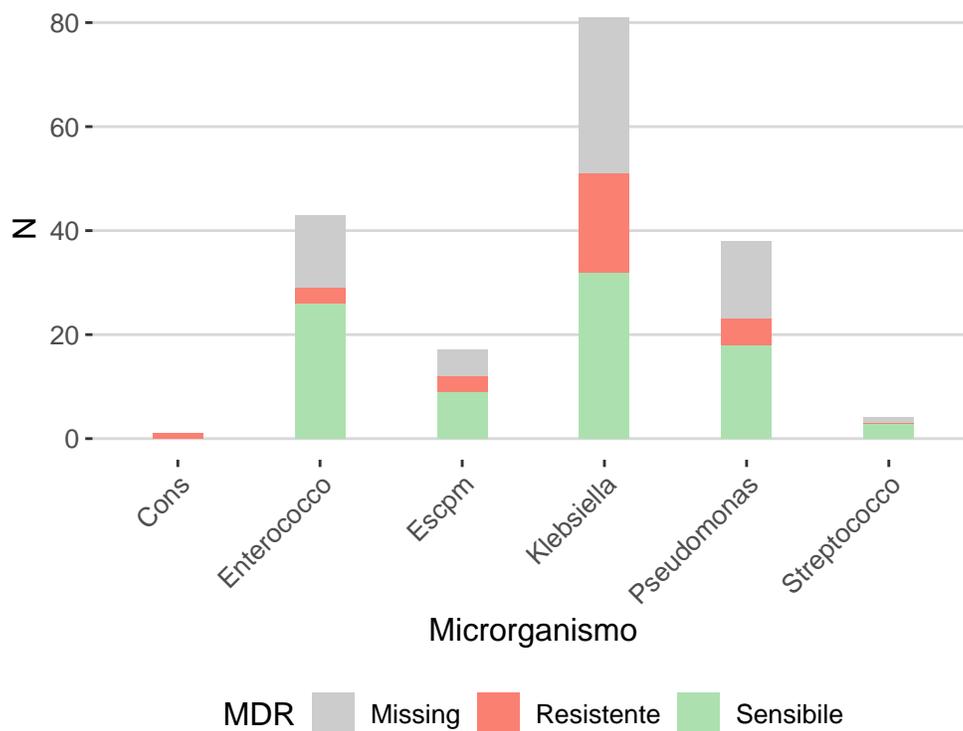
Staphylococcus aureus	3	9.1	1	1	100
Enterococco faecalis	2	6.1	0	0	0
Clostridium difficile	1	3.0	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>6</b>	<b>18.2</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>100</b>
Klebsiella pneumoniae	3	9.1	1	1	100
Klebsiella altra specie	3	9.1	0	0	0
Enterobacter spp	2	6.1	2	0	0
Serratia	1	3.0	1	0	0
Pseudomonas aeruginosa	7	21.2	3	2	66.7
Pseudomonas altra specie	2	6.1	2	2	100
Escherichia coli	6	18.2	2	0	0
Proteus	2	6.1	0	0	0
Acinetobacter	2	6.1	1	1	100
Legionella	1	3.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>29</b>	<b>87.9</b>	<b>12</b>	<b>6</b>	<b>50</b>
Candida albicans	2	6.1	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>6.1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	1	Ertapenem	1	100.00
Acinetobacter	1	Meropenem	1	100.00
Pseudomonas aeruginosa	3	Imipenem	2	66.67
Pseudomonas aeruginosa	3	Meropenem	2	66.67
Pseudomonas altra specie	2	Imipenem	2	100.00

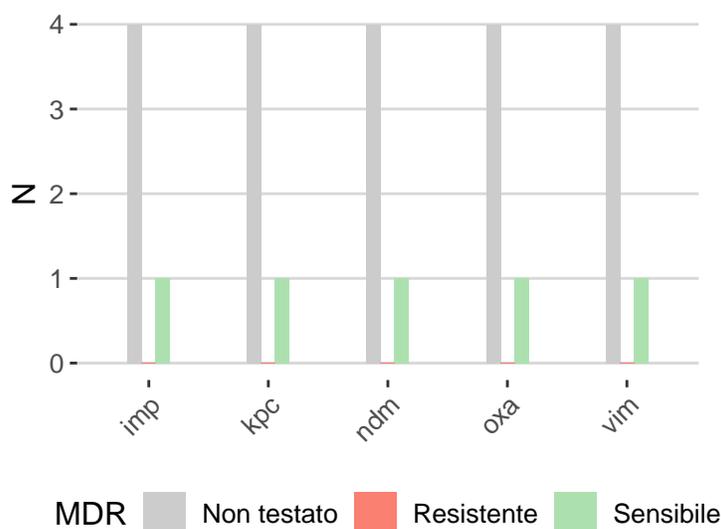
Pseudomonas altra specie	2	Meropenem	2	100.00
Staphylococcus aureus	1	Meticillina	1	100.00

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

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

	N	%
Sì	0	0
No	1	20
Non testato	4	80
Missing	12	

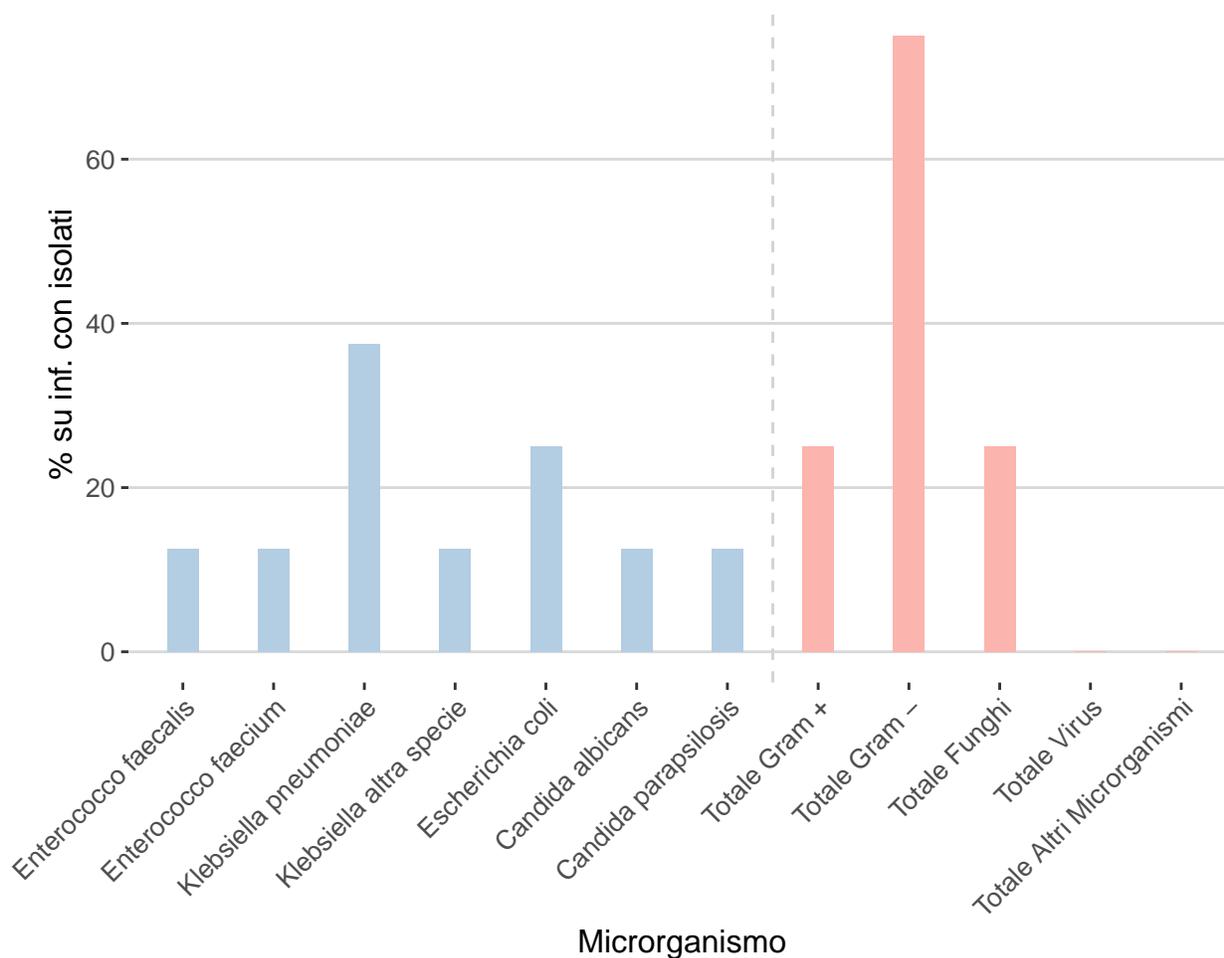
Meccanismo	Resistente	% resistente	Sensibile	Non testato
imp	0	0	1	4
kpc	0	0	1	4
ndm	0	0	1	4
oxa	0	0	1	4
vim	0	0	1	4



## 17 Pazienti con nuovi episodi di batteriemia in degenza (N = 8)

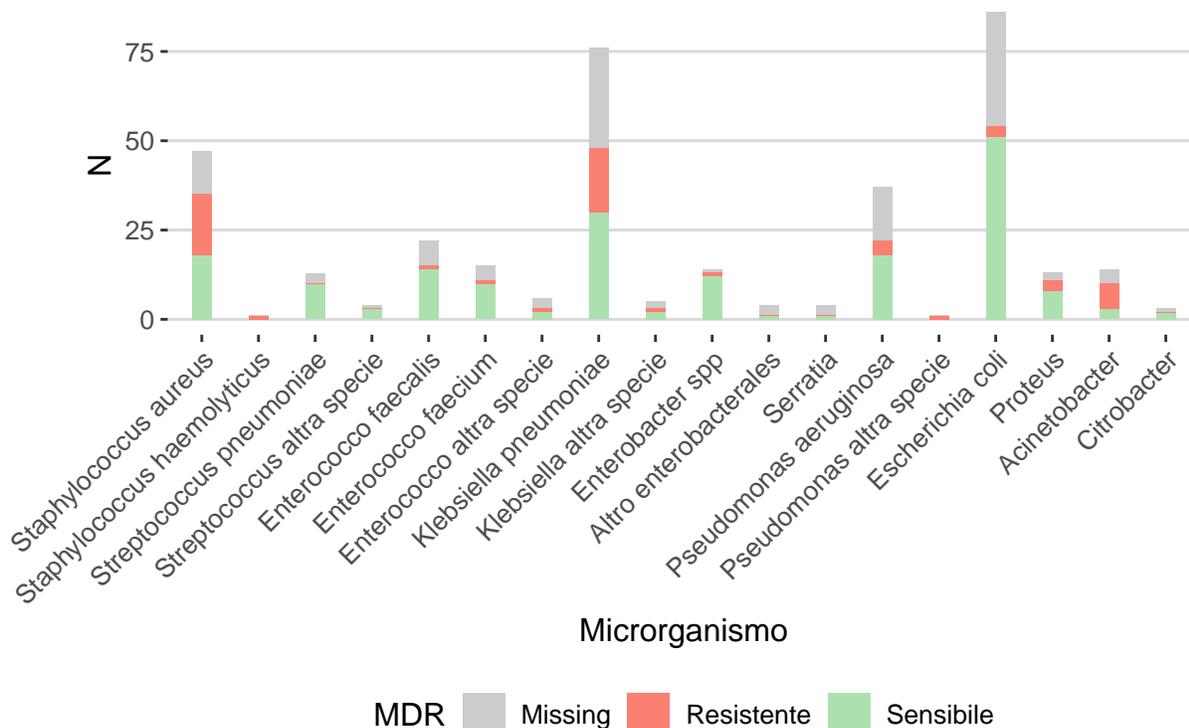
### 17.1 Microrganismi isolati nei pazienti con batteriemia (nuovi episodi)

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



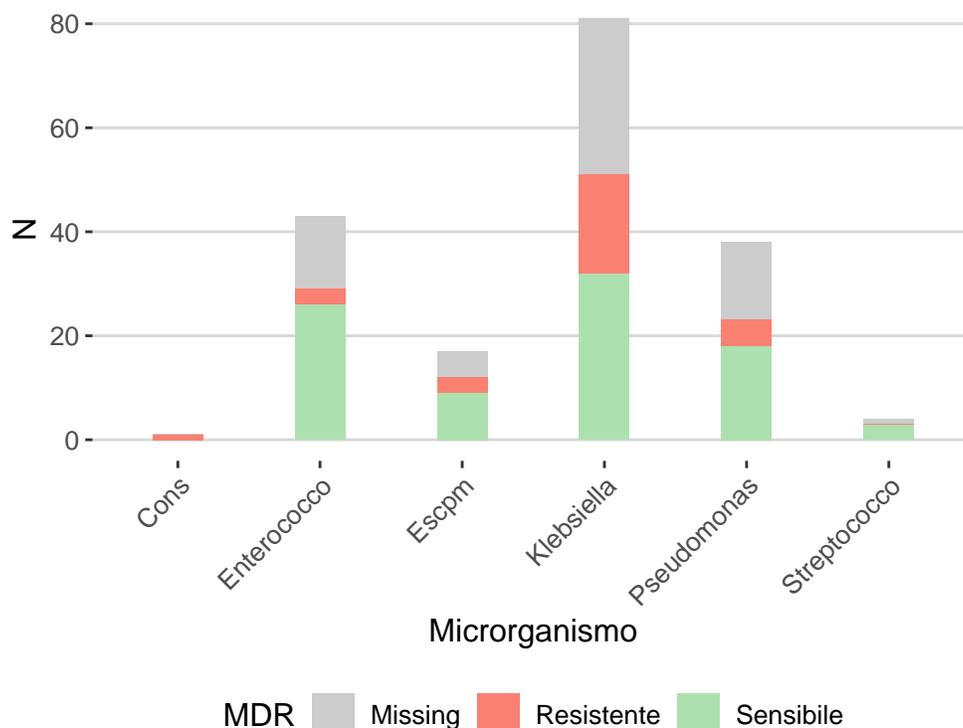
Microrganismo	N	% su inf. con isolati	N con antibiogramma	N MDR	% MDR
Enterococco faecalis	1	12.5	1	0	0
Enterococco faecium	1	12.5	0	0	0
<b>Totale Gram +</b>	<b>2</b>	<b>25.0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
Klebsiella pneumoniae	3	37.5	3	3	100
Klebsiella altra specie	1	12.5	1	0	0
Escherichia coli	2	25.0	0	0	0
<b>Totale Gram -</b>	<b>6</b>	<b>75.0</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>75</b>
Candida albicans	1	12.5	0	0	0
Candida parapsilosis	1	12.5	0	0	0
<b>Totale Funghi</b>	<b>2</b>	<b>25.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Virus</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Totale Altri Microrganismi</b>	<b>0</b>	<b>0.0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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



Nel grafico e nella tabella precedenti non sono stati riportati i germi che non sono stati isolati ( Staphylococcus capitis, Staphylococcus lugdunensis, Clostridium altra specie, Clamidia, Morganella, Candida auris, Candida krusei, Pneumocistie Jirovecii, Candida specie non determinata, Herpes simplex, 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
Cons	1	1	0	1	100.00	0
Enterococco	43	29	26	3	10.34	14
Escpm	17	12	9	3	25.00	5
Klebsiella	81	51	32	19	37.25	30
Pseudomonas	38	23	18	5	21.74	15
Streptococco	4	3	3	0	0.00	1

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

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

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

Microrganismo	N	Resistenza	N resistenza	%
Klebsiella pneumoniae	3	Ertapenem	1	33.33
Klebsiella pneumoniae	3	Meropenem	3	100.00

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

Non sono presenti informazioni relative al meccanismo di resistenza.

## Appendice

### Definizione di MDR

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

Microrganismo	Antibiotico
Klebsiella pneumoniae	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Klebsiella altra specie	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Citrobacter	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Enterobacter spp	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Altro enterobacterales	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Escherichia coli	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Morganella	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Proteus	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Serratia	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Acinetobacter	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Pseudomonas aeruginosa	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Pseudomonas altra specie	Ertapenem, Imipenem, Meropenem
Staphylococcus haemolyticus	Meticillina

Staphylococcus aureus	Meticillina
Streptococcus pneumoniae	Penicillina
Streptococcus altra specie	Penicillina
Enterococco faecalis	Vancomicina
Enterococco faecium	Vancomicina
Enterococco altra specie	Vancomicina

---

### Raggruppamento Microrganismi

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

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