

Resistenzbericht Österreich – AURES 2023

Antibiotikaresistenz und Verbrauch antimikrobieller Substanzen in
Österreich



Impressum

Medieninhaber:in und Herausgeber:in:

Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK),
Stubenring 1, 1010 Wien

Verlagsort: Wien

Herstellungsort: (Sitz der Druckerei einfügen)

Druck: (Namen und Anschrift der Hersteller/Druckerei einfügen)

Fotonachweis: © (Copyright Angabe einfügen)

Wien, 2023. Stand: 9. April 2025

Copyright und Haftung:

Ein auszugsweiser Abdruck ist nur mit Quellenangabe gestattet, alle sonstigen Rechte sind ohne schriftliche Zustimmung des Medieninhabers unzulässig. Dies gilt insbesondere für jede Art der Vervielfältigung, der Übersetzung, der Speicherung auf Datenträgern zu kommerziellen Zwecken, sowie für die Verbreitung und Einspeicherung in elektronische Medien wie z. B. Internet oder CD Rom.

Im Falle von Zitierungen (im Zuge von wissenschaftlichen Arbeiten) ist als Quellenangabe anzugeben: Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK) (Hg.); Titel der jeweiligen Publikation, Erscheinungsjahr.

Es wird darauf verwiesen, dass alle Angaben in dieser Publikation trotz sorgfältiger Bearbeitung ohne Gewähr erfolgen und eine Haftung des Bundesministeriums für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK) und der Autorin/des Autors ausgeschlossen ist. Rechtausführungen stellen die unverbindliche Meinung der Autorin/des Autors dar und können der Rechtsprechung der unabhängigen Gerichte keinesfalls vorgreifen

Bestellinfos: Diese und weitere Publikationen sind kostenlos über das Broschürenservice des Sozialministeriums unter www.sozialministerium.at/broschuerenservice sowie unter der Telefonnummer 01 711 00-86 25 25 zu beziehen.

Projektkoordination

PDⁱⁿ DDr.ⁱⁿ Reinhild Strauß, MSc

Stellvertretende Leiterin der Gruppe VII/A

Leiterin der Abteilung VII/A/9 (Öffentlicher Gesundheitsdienst, Antibiotikaresistenz, Krankenhaushygiene, Gesundheitssystem-assoziierte Infektionen, Oberster Sanitätsrat)

Prim.^a Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Petra Apfalter

Nationales Referenzzentrum für Antimikrobielle Resistenzen am Ordensklinikum Linz-Elisabethinen

In Kooperation mit

Mag. Florian Fellingner

Leiter der Gruppe III/B

Leiter der Abteilung III/B/15 (Zoonosen, Tierarzneimittelanwendung sowie Koordination der internationalen Angelegenheiten des Fachbereiches und MNKP)

Mag.^a Verena Rücker

Stellvertretende Leiterin der Abteilung III/B/15 (Zoonosen, Tierarzneimittelanwendung sowie Koordination der internationalen Angelegenheiten des Fachbereiches und MNKP)

AURES Redaktionsteam (alphabetisch):

Prim.^a Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Petra Apfalter, Lucia Berning, MSc, Gabriela El Belazi, , Mag. Florian Fellingner, Univ.-Doz. DI Dr. Klemens Fuchs, Dr. Reinhard Fuchs, Dr. Rainer Hartl, Dr.ⁱⁿ Ingrid Heller, Dr. Florian Heger, MSc, DI Günter Igler, MBA, Dr.ⁱⁿ Sandra-Brigitta Köberl-Jelovcan, Dr.ⁱⁿ Fiona Költringer, Dr. Christian Kornschöber, Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Cornelia Lass-Flörl, Mag.^a Dr.ⁱⁿ Ingeborg Lederer, Mag.^a Angela Lehner, Mariam Lerch, DIⁱⁿ Karin Manner, Mag.^a Claudia Mikula-Pratschke, Dr. Peter Much, David Neumayer, BSc, Dr.ⁱⁿ Shiva Pekard-Amenitsch, MSc, Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Elisabeth Presterl, Mtra. Natalia Ramirez Espinola, Dr.ⁱⁿ Verena Rücker, Maria Stadler, Dr.ⁱⁿ Stefanie Schindler, PDⁱⁿ DDr.ⁱⁿ Reinhild Strauß, Mag.^a Stefanie Strickner, Hao Bakk. Sun, rer. soc. oec., MSc., Khazhar Takanaeva, Dr.ⁱⁿ Julia Weber, LL.M., Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Birgit Willinger, Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle

Endfassung im Cooporate Design

Khazhar Takanaeva

Abteilung VII/A/9 (Öffentlicher Gesundheitsdienst, Antibiotikaresistenz, Krankenhaushygiene, Gesundheitssystem-assoziierte Infektionen, Oberster Sanitätsrat)

Inhalt

Impressum.....	2
Projektkoordination.....	3
Inhalt.....	4
Zusammenfassung.....	6
Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen.....	20
Einleitung.....	22
Ausgangslage.....	23
Executive Summary.....	29
Antibiotikaresistenz bei ausgewählten invasiven bakteriellen Infektionserregern.....	32
Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Infektionserreger.....	119
Projektbericht CARBA-Net.....	155
Resistenzbericht <i>Streptococcus pneumoniae</i>	182
Resistenzbericht <i>Salmonella</i>	202
Resistenzbericht Yersinien.....	223
Resistenzbericht Tuberkulose.....	229
Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2023.....	240
Resistenzbericht <i>Neisseria gonorrhoeae</i>	253
Resistenzbericht Schimmelpilze.....	267
Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 1: Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich.....	280
Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 2: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie.....	297
Resistenzbericht <i>Shigellen</i>	321
Resistenzbericht <i>Campylobacter</i>	332
Resistenzbericht Hefepilze.....	346
Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 in Österreich, 2023.....	418

Antibiotikaverbrauch in der Humanmedizin in Österreich.....	467
Tabellenverzeichnis.....	515
Abbildungsverzeichnis.....	525
Abkürzungen.....	534

Zusammenfassung

European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)

Die österreichischen EARS-Net-Daten repräsentieren eine Datensammlung von derzeit 92 Akutkrankenanstalten, die von 34 Laboratorien betreut werden. Die Resistenzraten der invasiven Indikatorerreger bilden somit eine zuverlässige Ersatzmaßzahl für die Prävalenz der Resistenz der jeweiligen Erreger gegenüber den ausgewählten antibiotischen Substanzen. Die österreichischen Ergebnisse für 2023 lassen sich wie folgt zusammenfassen:

Bei ***Streptococcus pneumoniae*** zeigt sich bei Penicillin ein seit Jahren stabiles Bild. Gemäß den in Abhängigkeit von Klinik und beabsichtigter Verabreichungsform unterschiedlichen EUCAST-Grenzwerten würde bei einer MHK von >2 mg/L von hochresistenten Isolaten gesprochen werden. In Österreich wurde 2023 kein solches Isolat nachgewiesen. Bei Makroliden ist die Resistenzrate im Vergleich zu 2022 von 12,9 % auf 11,1 % gesunken.

Die **Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA)-Rate** ist im 5-Jahres-Rückblick weiterhin rückläufig und liegt 2023 bei 4,4 %. Bei drei invasiven *Staphylococcus aureus*-Isolaten wurde eine herabgesetzte Empfindlichkeit gegenüber Vancomycin berichtet, für eine Bestätigung standen die Isolate nicht zur Verfügung.

Die Resistenzrate für ***Escherichia coli* (*E. coli*)** ist bei Aminopenicillinen (47,1 %) seit 2019 auf sehr hohem Niveau stabil. Im Vergleich zu 2022 blieben die Resistenzraten bei Fluorochinolonen (von 15,3 % auf 16,0 %), 3.-Generations-Cephalosporinen (von 8,6 % auf 10,3 %) und Aminoglykosiden (von 5,1 % auf 5,4 %) auf ähnlichem Niveau.

Bei **Enterokokken** war die Resistenzrate gegenüber Aminopenicillin im Vergleich zu den Vorjahren im Wesentlichen stabil. Gegenüber Aminoglykosiden ist im Vergleich zu 2022 bei *Enterococcus faecalis* (von 10,7 % auf 14,7 %) und bei *Enterococcus faecium* (von 24,3 % auf 30,0 %) ein Anstieg der Resistenzrate zu verzeichnen. Die **Vancomycin-resistente Enterokokken (VRE)-Rate** lag bei *Enterococcus faecalis* bei 0,1 % und bei *Enterococcus faecium* bei 3,2 %.

Die Resistenzrate für ***Klebsiella pneumoniae*** gegenüber Fluorochinolonen ist im Wesentlichen wie bei 3.-Generations-Cephalosporinen und Aminoglykosiden im 5 Jahresvergleich stabil geblieben. Im Jahr 2023 liegen die Resistenzraten gegenüber

Fluorochinolonen bei 14,0 %, gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen bei 14,0 % und gegenüber Aminoglykosiden bei 4,0 %.

Carbapenem-resistente *Enterobacterales*-Isolate: Im Jahr 2023 wurde bei 43 invasiven Stämmen, wovon 16 auf *Escherichia coli* und 27 auf *Klebsiella pneumoniae* entfielen, eine Carbapenem Resistenz dokumentiert. Somit zeigt sich in dieser Gruppe ein geringer aber stetiger Anstieg.

Bei *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) ist 2023 die Resistenzrate bei Carbapenemen leicht auf 8,4 % (- 3,3 %) gesunken. Die Resistenzraten bei den Aminoglykosiden (Amikacin 2,4 %, Tobramycin 1,9 %) blieben stabil, ebenso bei folgenden Substanzen: Fluorochinolone 7,7 % (- 1,9 %), Piperacillin/Tazobactam (Pip/Taz) gleichbleibend bei 12,0 %, Ceftazidim 11,3 % (- 0,9 %).

Bei *Acinetobacter* spp. lagen die Resistenzraten bei insgesamt 106 Isolaten gegenüber Aminoglykosiden bei 15,7 %, gegenüber Fluorochinolonen bei 5,6 % und gegenüber Carbapenemen bei 6,6 %.

Insgesamt zeigt sich in Österreich vor allem bei grampositiven Erregern wie MRSA im 5-Jahres-Rückblick ein rückläufiger Trend. Komplexer stellen sich die AMR-Raten weiterhin bei den gramnegativen Erregern dar, wobei aktuell die Zahlen aber auch hier stagnieren und sich teils im Vorjahresvergleich sogar ein leicht rückläufiger Trend zeigt.

Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Infektionserreger

Der Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Erreger ergänzt EARS-Net, das Resistenzen von Blutkultur- und Liquorisolaten betrachtet, und komplettiert damit die Erfassung der österreichischen Resistenzlage in der Humanmedizin in Hinblick auf wichtige bakterielle Erreger. Das Spektrum umfasst Schlüsselerreger von Infektionen des Respirations- und Harntraktes, aber auch *S. aureus* und β -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A aus diversen Untersuchungsmaterialien. Daten von Antibiogrammen aus der Routinediagnostik von 13 österreichischen Laboratorien, die mikrobiologische Diagnostik betreiben, werden hierfür zusammengefasst, ausgewertet und dargestellt.

Die Ergebnisse werden seit dem AURES 2017 in ein Ampelsystem eingeordnet, das eine Einschätzung empirischer Therapiemöglichkeiten auf einen Blick erlaubt und den Vergleich mit den EARS-Net-Zahlen erleichtern soll.

Zusammenfassend lässt sich für 2023 Folgendes festhalten:

1. **Respirationstrakt: β -hämolisierende Streptokokken der Gruppe A** (n=5.542) zeigen im Vergleich zu **Pneumokokken** (n=1.170) eine niedrigere Makrolid-Resistenzrate (7,0 % versus 18,7 %). Die Makrolid-Resistenzrate für Pneumokokken liegt etwas über jener der invasiven Pneumokokken mit 11,1 % (EARS-Net AT). Die Resistenzraten bei ***H. influenzae*** (n=3.272) liegen für Aminopenicilline bei 24,9 %, für Aminopenicilline mit β -Laktamaseinhibitor bei 8,0 % und für Fluorochinolone bei 1,1 %.
2. **Harntrakt:** Die Ceph3-Resistenzrate bei ***E. coli*** (n=78.699) ist gesamthaft mit 6,6 % in den letzten fünf Jahren etwa gleichgeblieben. Die höchsten Resistenzraten zeigen Sulfamethoxazol/Trimethoprim mit 19,6 % und Fluorochinolone mit 13,3 %. ***Klebsiella pneumoniae*** (n=17.676): Die Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen liegt 2023 bei 8,2 %, die Resistenz gegenüber Carbapenemen bei 0,8 %.
3. ***Staphylococcus aureus*:** MRSA (n=1.779): Im Vergleich zum Vorjahr ist die MRSA-Rate mit 6,1 % auf einem stabilen Niveau. Es wurden keine Linezolid-resistenten MRSA-Isolate und keine Vancomycin-resistenten *S. aureus*-Stämme berichtet.
4. ***Pseudomonas aeruginosa*:** Im Trachealsekret (n=706) kann eine rückläufige Tendenz bei der Resistenz aller Indikatorsubstanzen, insbesondere gegenüber Piperacillin/Tazobactam (16,0 %), festgestellt werden. Die Carbapenem-Resistenz liegt aktuell bei 13,0 % und die Ceftazidim-Resistenz bei 13,7 %. Bei den Ohrabstrichen (n=1.064) liegt eine Resistenzrate von 2,3 % gegenüber Aminoglykosiden und von 6,3 % gegenüber Ciprofloxacin vor. Im erstmals berichteten Harntrakt zeigten sich bei *P. aeruginosa* Isolat (n=6.484) folgende Resistenzraten: Carbapeneme 4,2 %, Ceftazidim 6,2 % und Piperacillin/Tazobactam 5,3 %.

Insgesamt spiegelt die Auswahl an nicht-invasiven Erregern weiterhin eine stabile Resistenzsituation in Österreich wider. Empirische Therapieoptionen sind für alle Erreger weiterhin gegeben, wobei bei den gramnegativen Erregern die Bedeutung des Antibiotogramms aufgrund der vorliegenden Resistenzen an Bedeutung zunimmt: Für viele Substanzen liegen die erhobenen Resistenzraten zwischen 10 und 25 %. Eine in diese Kategorie fallende Resistenzrate würde bedeuten, dass das entsprechende Antibiotikum nur nach entsprechender Austestung im Antibiotogramm verwendet werden soll.

Projektbericht CARBA-Net

Carbapenem-resistente gramnegative Erreger stellen eine besondere medizinische Herausforderung in Hinblick auf Diagnostik, limitierte Therapieoptionen sowie notwendige

krankenhaushygienische Maßnahmen dar. Im Projektjahr 2023 waren insgesamt 541 Einsendungen an das Projekt CARBA-Net zu verzeichnen. Bei einer Gesamtzahl von 361 aus allen Bundesländern eingesendeten *Enterobacterales* konnte in 300 Fällen mindestens ein Carbapenemasegen nachgewiesen werden. Die Enzyme waren den Ambler-Klassen A (*blaKPC* [n=24]), B (*blaNDM* [n=113] und *blaVIM* [n=30]), D (*blaOXA-48* like [n=97] *blaOXA-43* [n=1]) sowie einer Kombination aus A und B (*blaKPC* like und *blaNDM* like [n=3], *blaKPC* like und *blaVIM* like [n=4]) und einer Kombination aus B und D (*blaNDM* und *blaOXA-48* [n=26], *blaVIM* und *blaOXA-48* [n=2]) zuzuordnen. Die Resistenzrate gegenüber Colistin betrug 9,3 %, wobei keine Plasmid-kodierte Colistin-Resistenz vom Typ *mcr* nachgewiesen wurde. Auch 2023 wurde das Vorkommen von *blaOXA-244* bei *Escherichia coli* mittels Ganzgenomsequenzierung in 28 von 41 Isolaten bestätigt. Bei 124 verdächtigen *Pseudomonas aeruginosa*-Isolaten konnten 48 Nachweise mindestens einer Carbapenemase erbracht werden, wobei Carbapenemasegene vom Typ *blaVIM* (n=30), *blaNDM* (n=10) und *blaIMP* (n=6) sowie eine Kombination solcher Gene (*blaGES* und *blaVIM* [n=1], *blaNDM* und *blaVIM* [n=1]) detektiert wurden. Bei 56 *Acinetobacter baumannii*-Gruppe-Isolaten waren die Carbapenemasegene *blaOXA-23* [n=30], *blaXOA-24* [n=14], *blaXOA 51* [n=3], und *blaNDM* like [n=3] isoliert bzw. in unterschiedlichen Kombinationen aus Enzymen der Ambler-Klasse B und D [n=6] nachweisbar.

Resistenzbericht *Streptococcus pneumoniae*

Im Jahr 2023 erhielt die Nationale Referenzzentrale für Pneumokokken 708 re-kultivierbare invasive Pneumokokken-Isolate. Von den getesteten Isolaten waren 12,3 % (87/708) resistent (MHK >0,25 mg/L) gegenüber Erythromycin, 10 % (71/708) resistent gegen Clindamycin (MHK >0,5 mg/L) und 10,3 % (73/708) resistent (MHK >1 mg/L) gegen Tetrazyklin. Gemäß den Vorgaben von EUCAST ist für Ceftriaxon und Penicillin die Interpretation der MHK je nach vorliegender klinischer Manifestation der Pneumokokken-Infektion unterschiedlich. Bei einem MHK-Breakpoint von ≤ 0,5 mg/L waren 98,9 % (700/708) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Ceftriaxon. Bei einem MHK-Breakpoint von ≤ 0,06 mg/L waren 90 % (637/708) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Penicillin.

Resistenzbericht *Salmonella*

Im Jahr 2023 wurde an der Nationalen Referenzzentrale für Salmonellen eine Zunahme der Anzahl eingesandter humaner Erstisolate um 4,5 % gegenüber dem Vorjahr registriert.

Wie schon in den Vorjahren lagen auch 2023 die Resistenzraten gegenüber mehreren Antibiotika (Ampicillin, Sulfonamide, Tetracycline) über 10 %. Ursache dafür ist vor allem das gehäufte Auftreten von multiresistenten *S. Typhimurium*-Stämmen. Aufgrund des gehäuften Vorkommens von Nalidixinsäure-/Low-Level Ciprofloxacin-resistenten *S. Enteritidis*- und *S. Infantis*-Isolaten lag die Nalidixinsäure bzw. Low-Level Ciprofloxacin-Resistenzrate über 25 %. Der Anteil an multiresistenten Isolaten (definiert als Resistenz gegenüber drei oder mehr Antibiotikaklassen) lag bei 12,0 %.

High-Level Resistenzen gegen Ciprofloxacin sowie Resistenzen gegen Cephalosporine der dritten Generation (Cefotaxim, Ceftazidim) traten nur vereinzelt auf (<1 %).

Resistenzbericht *Yersinien*

Im Jahr 2023 wurden 192 humane Erstisolate an die Nationale Referenzzentrale für Yersinien gesandt. Von den Stämmen konnten 100 als pathogene und 92 als apathogene Isolate identifiziert werden. Bei den pathogenen Isolaten wurden 98 Stämme als *Y. enterocolitica* identifiziert, in 2 Fällen wurde *Y. pseudotuberculosis* nachgewiesen. Die Inzidenz der durch die Referenzzentrale kulturell bestätigten Fälle lag im Jahr 2023 bei 1,09 pro 100.000 EW. Das Resistenzverhalten der pathogenen Yersinien zeigte keine Auffälligkeiten – 34 *Y. enterocolitica*-Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure, zwei Isolate resistent gegenüber Tetracyclinen und zwei gegen Co-Trimoxazol.

Resistenzbericht Tuberkulose

Die Verbreitung resistenter *Mycobacterium tuberculosis complex* (MTC) Stämme, insbesondere jene mit Resistenzen gegen Erstlinien-Therapeutika, stellen weltweit eine Herausforderung in der effektiven Behandlung der Tuberkulose dar und sind ein wichtiger Faktor, der zur Ausbreitung der Erkrankung beiträgt. Die Surveillance resistenter MTC erfolgt in Österreich nach dem Tuberkulosegesetz über das elektronische Meldesystem entsprechend dem europäischen Reporting Protokoll für Tuberkulose. Die Resistenzbestimmungen der kulturbestätigten Fälle werden an der nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose durchgeführt. Im Jahr 2023 wurden in Österreich insgesamt sieben Fälle (2,19 %) einer multiresistenten Tuberkulose (MDR-TB) und zwei Fälle (0,02 %) einer prä-extremresistenten Tuberkulose (Prä-XDR-TB) an der nationalen Referenzzentrale bestätigt. Die Gesamtinzidenz für MDR-TB betrug 2023 in Österreich 0,08 pro 100.000 Einwohner und für prä-XDR-TB 0,02 pro 100.000 Einwohner. Es wurde im Jahr 2023 kein Fall einer Rifampicin-resistenten (RR) TB registriert. 85,7 % respektive 100 % der MDR/prä-XDR-Fälle entfielen im Jahr 2023 anteilmäßig auf die nicht-Nativbevölkerung Österreichs. Seit dem Jahr 2021 kam es in Österreich zu einer Zunahme von MDR-TB Fällen gegenüber 2019 und 2020, in denen es aufgrund pandemiebedingter Einschränkungen zu einem deutlichen Rückgang der Meldungen gekommen ist. Die Anzahl der registrierten MDR-TB Fälle liegt jedoch weiterhin deutlich unter dem präpandemischen Niveau. Der Eintrag von MDR-TB nach Österreich dürfte anhand der gemeldeten Geburtsländer primär in Zusammenhang mit Flucht- und Migrationsbewegungen aus Ostafrika und Osteuropa stehen. Ein Großteil der MDR-TB Isolate war 2023 phylogenetisch der Linie 2 (Beijing) zuzuordnen.

Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2023

Im Jahr 2023 wurden in Österreich 32,54 Tonnen antimikrobiell wirksame Substanzen zur Behandlung von Nutztieren von pharmazeutischen Unternehmen und Pharmagroßhändlern in Verkehr gebracht. Die Verkaufsmenge war um 1,72 Tonnen (-5 %) niedriger als im Jahr 2022.

Der Großteil der Wirkstoffmenge (über 90 %) wurde über Antibiotika zur systemischen Anwendung (ATCvet Code QJ01) verkauft, wobei systemische Anwendungen sowohl als parenterale als auch als orale Verabreichung erfolgen können. Rund die Hälfte der zur systemischen Behandlung vorgesehenen Antibiotika entfiel 2023 auf die Wirkstoffgruppe

der Tetracykline, gefolgt von der Wirkstoffgruppe der Penicilline mit erweitertem Spektrum, den Sulfonamiden und den Makroliden.

Die oral anzuwendenden Präparate – diese umfassen Pulver, Lösungen, Tabletten und Pasten – liegen mit rund 80 % auch 2023 weit vor den anderen Anwendungsformen. Die parenteral anzuwendenden Präparate liegen mit rund 15 % an zweiter Stelle, gefolgt von den intramammär anzuwendenden Präparaten mit rund 3 %.

Bei der Gesamtmenge der Wirkstoffgruppen, welche laut WHO zu den „Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA)“ zählen, hat es im Jahr 2023 eine Abnahme um 8 % auf 4 Tonnen gegeben. Der Anteil der HPCIA an der Gesamtmenge der verkauften Antibiotika ist über die letzten Jahre relativ konstant geblieben und liegt bei 12 % bis 13 %.

Resistenzbericht *Neisseria gonorrhoeae*

Die relativ rasche Entwicklung von Antibiotika-Resistenzen von *Neisseria gonorrhoeae* stellt eine besondere Herausforderung für die Therapie und Kontrolle der Gonorrhoe dar, weshalb der kontinuierlichen Überwachung der antimikrobiellen Resistenz des Erregers eine hohe Priorität eingeräumt wird. 2016 hat das Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien der AGES (IMED-Wien) in Kooperation mit dem Mikrobiologischen Labor MB-LAB Innsbruck die Aufgaben einer Nationalen Referenzzentrale für *Neisseria gonorrhoeae* übernommen. Über ein österreichweites, flächendeckendes Sentinel-System wurden 2023 von 19 mikrobiologischen Labors *Neisseria gonorrhoeae* Isolate für die Empfindlichkeitstestung zur Verfügung gestellt. Die Resistenzdaten von 403 Isolaten konnten ausgewertet werden.

Nachdem 2022 erstmals ein Ceftriaxon- und Cefixim-resistentes Isolat detektiert wurde, konnten 2023 glücklicherweise keine Resistenzen gegenüber diesen Substanzen gefunden werden. Für Ciprofloxacin betrug die Resistenzrate 73,4 % und für Tetracyclin 66,7 %. Bei 22,8 % der Isolate zeigte sich mit einer MHK von >1mg/l ein Hinweis auf eine erworbene Resistenz gegenüber Azithromycin. Der Anteil an Penicillinase *produzierenden Neisseria gonorrhoeae* Isolaten (PPNG) betrug 20,1 %.

Resistenzbericht Schimmelpilze

Im Jahr 2023 wurden von der Medizinischen Universität Wien/Abteilung für Klinische Mikrobiologie, von der Medizinischen Universität Innsbruck/Institut für Hygiene und

Medizinische Mikrobiologie, von der Medizinischen Universität Graz/Diagnostik und Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, von der analyse BioLab GmbH Linz und von der Klinik Landstraße Wien 277 Schimmelpilzkulturen aus infektionsrelevanten Regionen gesammelt; *Aspergillus*-Spezies sind mit 60 % (166/277) nach wie vor führend unter den Schimmelpilzen, wobei es sich hierbei in 63 % (104/166) um Isolate aus dem *Aspergillus fumigatus* Komplex handelt.

Sieht man von den *Aspergillus terreus*-Isolaten ab, die eine intrinsische Resistenz gegenüber Amphotericin B aufweisen, zeigten 7 % (6/87) der getesteten Isolate erhöhte Minimale Hemmkonzentrationen (MHK > 1 mg/l) gegenüber Amphotericin B (3 *A. flavus*-Isolate und je 1 *A. fumigatus*-, *A. lentulus* und *A. ochraceus*-Isolat); 7 % (6/87) erhöhte MHKs (> 0,25 mg/l) gegenüber Posaconazol (je 2 *A. niger*- und *A. flavus*-Isolate und je 1 *A. lentulus* und *A. ochraceus*-Isolat) und 5 % (4/87) gegenüber Itraconazol (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-Isolate und 1 *A. ochraceus*-Isolat) auf. Von 87 auf Resistenz gegen Isavuconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (52 *A. fumigatus*-, 21 *A. niger*-, 5 *A. flavus*-Isolate, je 2 *A. terreus*, *A. nidulans*-, *A. lentulus*-Isolate und je 1 *A. ustus*, *A. tamarii*, *A. ochraceus*-Isolat) zeigten 100 % (87/87) Isolate MHKs ≤ 2 mg/l und sind somit als in vitro empfindlich zu werten. Von den auf Resistenz gegenüber Voriconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (n=105) zeigten sich mit Ausnahme von 1 Isolat (*A. lentulus*) alle Isolate mit einer MHK ≤ 2 sensibel.

Unter den getesteten Non-*Aspergillus*-Spezies lag die MHK für Amphotericin B bei 66 % (21/32) > 1 mg/l, für Posaconazol bei 81 % (25/31) > 0,125 mg/l und für Voriconazol bei 52 % (16/31) > 1 mg/l.

Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 1: Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich

Von 2003 bis Dezember 2023 wurden neu diagnostizierte PatientInnen aus neun Zentren analysiert.

Die Berechnung des Zeitpunktes der Infektion bei frischinfizierten Patient:innen erfolgte entweder durch den Zeitpunkt der akuten HIV-Infektion oder als Mittel zwischen dem letzten negativen und dem ersten positiven HIV-Test. Bei Patientinnen/Patienten mit chronischer Infektion wurde die Rate der Resistenz gegen das Jahr der HIV-Diagnose abgebildet.

Ergebnisse: Insgesamt hatten 3.998 von 6.606 Patientinnen/Patienten einen amplifizierbaren Resistenztest. Die Gesamtprävalenz der TDR betrug 7,0 % (282 von 3.998 Patientinnen/Patienten; 95 %-CI: 6,3 %–7,9 %). Die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 2,9 % (2,5 %–3,5 %), die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 3,0 % (2,5 %–3,5 %) und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 1,7 % (1,3 %–2,2 %). Das relative Risiko der TDR bei homosexuellen Männern im Vergleich zu einer heterosexuellen Infektion lag bei 1,5 (95 %-CI: 1,1–1,9). Die Prävalenzrate der TDR von den 1.159 Patient:innen mit akuter/frischer Infektion belief sich auf 7,6 % (65 von 860 Patient:innen; 6,0 %–9,5 %). Ein Patient (0,1 %) wies eine TDR gegenüber 3 Medikamentenklassen (K70R; K103N; L90M) auf. Die Prävalenzrate der TDR bei den 5423 Patient:innen mit chronischer Infektion betrug 6,4 % (217 von 3.381 Patient:innen; 5,6 %–7,3 %).

Schlussfolgerungen: Die Prävalenz der TDR bei den neu diagnostizierten Patient:innen erwies sich als stabil. Es waren keine Schwierigkeiten bei der Behandlung von TDR zu beobachten.

Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 2: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie

Methode: Es wurden aktuell betreute Patient:innen aus neun Zentren analysiert, die jemals unter antiretroviraler Therapie (ART) standen.

Ergebnisse: Insgesamt erhielten 4.744 Patient:innen jemals eine ART, 1.248 hatten einen Resistenztest nach ART (26,3 %). Die Gesamtprävalenz der Resistenzentwicklung betrug 63,3 % (790 von 1.248 Patient:innen), die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 30,1 %, die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 24,8 % und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 53,1 %. 163 von 1.248 Patient:innen (13,1 %) entwickelten eine 3-Klassen-Resistenz.

Schlussfolgerung: Die Gesamtprävalenz irgendeiner Resistenz unter Therapie ist zwar relativ hoch, nicht jedoch die einer therapeutisch relevanten Resistenz. Das Risiko einer Resistenzentwicklung ist bei rezenterem Therapiebeginn gering.

Resistenzbericht *Shigellen*

Im Jahr 2023 wurden in Österreich insgesamt 85 bestätigte Shigellose-Fälle an die zuständigen Gesundheitsbehörden gemeldet. Die Zahl der in der Referenzzentrale

nachgewiesenen *Shigella*-Erstisolate betrug 93. Die vorherrschende Spezies war *Shigella sonnei* mit 61,3 %. Drei Isolate waren gegenüber allen getesteten antimikrobiellen Wirkstoffgruppen sensibel. Bei 37 Isolaten konnte eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin nachgewiesen werden, bei insgesamt 45 Stämmen eine Nalidixinsäure-Resistenz. 46 *Shigella*-Isolate wurden als ESBL-Bildner (49,5 %) identifiziert.

Resistenzbericht *Campylobacter*

2023 wurden bei *C. jejuni* und *C. coli* aus Humanproben und aus Geflügelfleisch erneut extrem hohe Resistenzraten für Fluorochinolone und hohe bis sehr hohe für Tetracycline festgestellt. Die Fluorochinolon-Resistenz bei Humanisolaten betrug 84 % in *C. jejuni* bzw. 89,6 % in *C. coli*, nur sehr wenige Isolate zeigten Makrolidresistenz (0,5 % bei *C. jejuni*). In sehr wenigen Humanisolaten konnte zudem eine *erm*(B)-vermittelte High-Level Makrolid-Resistenz beobachtet werden.

Resistenzbericht Hefepilze

Im Jahr 2023 wurden von sieben verschiedenen Zentren, die über das gesamte Bundesgebiet verteilt sind, 290 verschiedene Hefepilze aus Blutkulturen erfasst. *C. albicans* ist nach wie vor der häufigste Erreger gefolgt von *N. glabratus*, *C. parapsilosis* und *C. dubliniensis*. Die meisten Candidämien fanden sich auf Intensivstationen (34 %) und internen Stationen (20 %), gefolgt von chirurgischen Stationen (15 %; Chirurgie, Neurochirurgie, Unfallchirurgie).

Nach wie vor gilt, dass eine geringe Resistenzrate bei Candida und anderen Hefen, die aus Blutkulturen nachgewiesen wurden, zu beobachten ist. Dabei wurde die höchste Resistenzrate für Itraconazol gefunden, hier sind 13,5 % der getesteten Stämme resistent. Die Resistenzraten für die anderen getesteten Azole liegen zwischen 0,5 und 5,5 %.

Die Resistenzsituation bei Echinocandinen ist zurzeit ebenfalls nicht besorgniserregend. Die Resistenzrate liegt zwischen 2,5 und 5,5 %, wobei sich die höchste in vitro-Resistenzrate bei Anidulafungin fand. Generell ist keine Tendenz zu einer stärkeren Resistenzentwicklung zu beobachten. Bei der Beurteilung der Verteilung der MHK der erfassten Candida-Arten über den gesamten Beobachtungszeitraum zeigte sich ein geringfügiger Anstieg bei der Anidulafungin-Resistenz während der letzten fünf Jahre.

Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 in Österreich, 2023

Seit 2004 hat das Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz gemeinsam mit der Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES) und beauftragten Tierärzten in den Ländern bei Nutztieren jährlich Monitoringprogramme durchgeführt, um die Prävalenz bestimmter Zoonoseerreger und deren Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika und der von Indikatorbakterien festzustellen. Seit 2021 basierend auf dem Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729, haben die Mitgliedstaaten bei zoonotischen und kommensalen Bakterien Antibiotikaresistenzen zu überwachen, die von lebensmittelerzeugenden Tierpopulationen sowie deren Lebensmitteln stammen. Dazu mussten im Jahr 2023 in Österreich frisch geschlachtete Mastschweine und Rinder unter einem Jahr am Schlachthof nach einem randomisierten Stichprobenplan ausgewählt und deren Blinddarminhalte auf thermotolerante *Campylobacter*, Salmonellen, Indikator *E. coli*, β -Laktamase-bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum und Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden. Ebenso mussten im Einzelhandel österreichweit nach einem Stichprobenplan frisches Schweine- und Rindfleisch auf das Vorkommen von β -Laktamase-bildenden *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum und Carbapenemase bildenden *E. coli* analysiert werden. In den Abteilungen Veterinärmikrobiologie und Lebensmittelmikrobiologie der AGES Graz wurden die Proben analysiert und die gewonnenen Isolate in den entsprechenden nationalen Referenzlaboratorien spezifiziert, typisiert und auf ihre antimikrobielle Empfindlichkeit gegenüber einer vorgegebenen Auswahl von Antibiotika ausgetestet bzw. das gesamte Genom der gewonnenen β -Laktamase-bildenden *E. coli*-Isolate sequenziert. Die Bewertung der mikrobiologischen Resistenzen erfolgte nach Anwendung der epidemiologischen Cut-Off-Werte nach EUCAST.

Aus 180 von 184 untersuchten Proben von Caecuminhalten von Mastschweinen (97,8 %) wurden *Campylobacter* Isolate gewonnen, die Speziesdifferenzierung ergab für alle Isolate *C. coli*, aus einer Probe wurde zusätzlich ein *C. jejuni* isoliert. Alle Isolate wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet. Nur 10 Isolate (5,6 %, KI95 % [3,1-9,9]) erwiesen sich vollständig empfindlich gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen. Extrem hohe Resistenzanteile wurden gegenüber Tetracyclin und sehr hohe Anteile gegenüber Ciprofloxacin gefunden. Gegenüber Chloramphenicol lagen keine Resistenzen vor, gegenüber Erythromycin waren 3,9 % der Isolate resistent. Eines dieser Isolate zeigte neben Resistenzen gegenüber Erythromycin gleichzeitig welche gegenüber Gentamicin

(sowie Ciprofloxacin und Tetracyclin). Antibiotikaresistenzen bei *C. coli* gewonnen aus Mastschweinen wurden bisher in den Jahren 2004, 2005, 2008 und 2021 geprüft, die Resistenzentwicklung zeigt im angegebenen Zeitraum gegenüber Ciprofloxacin einen signifikanten Anstieg, gegenüber Erythromycin eine signifikante Abnahme der Resistenzanteile.

Erstmalig wurden 2023 Caecumproben von Rindern <1 Jahr auf *Campylobacter* untersucht. Aus 107 von 273 Proben wurden diese Keime isoliert, aus 105 Proben *C. jejuni*, aus sechs Proben *C. coli* (in vier Proben konnten beide Spezies detektiert werden). Hundertvier *C. jejuni*-Isolate und sechs *C. coli* wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet. Als vollständig empfindlich erwiesen sich 34,6 % KI 95 % [26,2-44,2] der *C. jejuni*-Isolate. Sehr hohe Resistenzanteile wurden gegenüber Ciprofloxacin, hohe Anteile gegenüber Tetracyclin gefunden. Gegenüber Chloramphenicol, Erythromycin und Gentamicin konnten alle Isolate von Rindern <1 Jahr als Wildtypen bestätigt werden.

Salmonella spp. wurde in acht Proben von Mastschweinen und in vier von Rindern <1 Jahr nachgewiesen. Sechs Isolate von Mastschweinen zeigten Resistenzen gegenüber zwei Antibiotikasubstanzen oder mehr, bei den Isolaten von Rindern <1 Jahr wurden keine Resistenzen festgestellt.

Von den 172 ausgetesteten Indikator *E. coli*-Isolaten von Mastschweinen erwiesen sich 57,0 % als voll empfindlich, der höchste Anteil seit Beginn des EU-AMR-Monitoringprogrammes im Jahr 2015. Hohe Resistenzanteile lagen gegenüber Tetracyclin und Sulfonamiden vor, mäßige gegenüber Ampicillin und Trimethoprim, gegenüber allen anderen Substanzen waren die Resistenzen kleiner als 5 %. Resistenzen gegenüber Colistin und Meropenem wurden nicht gefunden. Signifikante Tendenzen, was die Resistenzanteile betrifft, konnten im Verlauf der letzten Jahre keine gefunden werden.

Bei den Indikator *E. coli* von Rindern <1 Jahr (n=181) lag der Anteil an voll empfindlichen Isolaten bei 84 %. Mäßige Resistenzanteile wurden gegenüber Tetracyclin ermittelt, gegenüber den übrigen Substanzen lagen die Anteile unter 10 %, gegenüber Amikazin, Azithromycin, Colistin, Gentamicin, Meropenem und Tigecyclin wurden keine mikrobiologischen Resistenzen festgestellt.

Mittels selektivem Anreicherungsverfahren wurden verdächtige β -Laktamase-bildende *E. coli* in 194 der 297 analysierten Proben von Caecuminhalten von Schweinen (65,3 %)

jedoch nur in 15 von 321 Schweinefleischproben (4,7 %) nachgewiesen. Die Sequenzierung der Resistenzgene ergab bei den Mastschweinen 181 Proben (60,9 %) mit ESBL-, 12 Proben (4,0 %) mit AmpC- und eine Probe (0,3 %) mit ESBL+AmpC-bildenden *E. coli*. Das *bla*_{CTX-M-1}-Gen wurde am häufigsten identifiziert, in 153 und 13 Isolaten von Mastschweinen und Schweinefleisch. Der Anteil an Mastschweinen mit β -Laktamase-bildenden *E. coli* in den Darminhalten hat sich seit dem Beginn der Untersuchungen im Jahr 2015 signifikant erhöht, von 53 % auf 65 %, bei Schweinefleisch reduziert von >8 % auf <5 %.

In 77 von 276 (27,9 %) der analysierten Proben von Caecuminhalten von Rindern <1 Jahr, sowie in acht von 317 Rindfleischproben (2,5 %) wurden β -Laktamase-bildende *E. coli* nachgewiesen. In 66 Caecum-Proben (23,9 %) wurden ESBL- und in 11 Proben (4,0 %) AmpC-bildende *E. coli* identifiziert. Am häufigsten wurde ebenfalls das *bla*_{CTX-M-1}-Gen gefunden, in 29 Isolaten von Rindern <1 Jahr und fünf Isolaten von Rindfleisch.

Carbapenemase-bildende *E. coli* wurden im Jahr 2023 sowie im Rahmen gesamten seit 2015 laufenden AMR-Monitorings in keiner der untersuchten Proben von Schweinen bzw. Schweinefleisch und Rindern bzw. Rindfleisch gefunden.

Antibiotikaverbrauch in der Humanmedizin in Österreich

Im vorliegenden AURES-Bericht wird der Antibiotika-Verbrauch in der Humanmedizin auf Basis der Daten des Dachverbands der Sozialversicherungsträger für das Jahr 2023 präsentiert. Zusätzlich wird der Antibiotika-Verbrauch auf Basis der Daten der Firma IQVIA™ im stationären und niedergelassenen Bereich für das Jahr 2023 dargestellt.

Der systemische Gesamtverbrauch von Antibiotika in Kilogramm Wirksubstanz betrug in der Humanmedizin in Österreich im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 63.186 kg mit einem Anteil von 66,6 % im niedergelassenen Bereich. Dies stellt eine Erhöhung im Vergleich zu 2022 dar. Der Gesamtverbrauch 2023 nähert sich dem Verbrauch aus 2018 an.

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2023 laut Dachverband-Daten der größte Verbrauch bei den β -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,92 DDD/1.000 EW pro Tag und bei der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 2,97 DDD/1.000 EW pro Tag.

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch 2023 laut IQVIA™-Daten 36,35 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Die β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) hatten mit 14,71 DDD/100 Belagstage pro Jahr den größten Anteil, gefolgt von den anderen β -Lactam-Antibiotika (J01D) mit 10,66 DDD/100 Belagstage pro Jahr.

Resistenzbericht Meningokokken

Im Jahr 2023 wurden 16 Fälle einer laborbestätigten invasiven Meningokokken-Erkrankung (IME) registriert. Daraus resultiert eine Jahresinzidenz von 0,18 Fällen pro 100.000 EW.

Von allen 16 Fällen einer IME konnten serologische oder molekularbiologische Sero- bzw. Kapselgruppen-Bestimmungen durchgeführt werden (15 Isolate, 1 Nukleinsäure). Von den 16 Fällen wurden 11 durch *N. meningitidis* der Serogruppe B (69 %), je 2 Fälle durch *N. meningitidis* der Serogruppe Y (13 %) bzw. durch Capsule null locus (cnl)- Isolate (13 %) und ein Fall durch *N. meningitidis* der Serogruppe C (6 %) verursacht

Gemäß den EUCAST-Grenzwerten wurden zwei Serogruppe B-Isolate als resistent gegenüber Penicillin (MHK > 0,25 mg/L) klassifiziert. Gegenüber Ceftriaxon, Rifampicin und Ciprofloxacin wurden keine Resistenzen festgestellt.

Für 2023 entfällt ein detaillierter Bericht.

Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen

Tabelle 1: Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen

Beiträge	Autor:innen Co-Autor:innen	Reviewer:innen
Antibiotikaresistenz bei ausgewählten invasiven bakteriellen Infektionserregern	Prim. ^a Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Petra Apfalter Lucia Berning, MSc	OA Dr. Rainer Hartl
Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Infektionserreger	Prim. ^a Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Petra Apfalter Lucia Berning, MSc	OA Dr. Rainer Hartl
Projektbericht CARBA-Net	OA Dr. Rainer Hartl	Prim.a Univ.-Prof.in Dr.in Petra Apfalter
Resistenzbericht <i>Streptococcus pneumoniae</i>	Mag. ^a Claudia Mikula-Pratschke	Dr. Christian Kornschober
Resistenzbericht <i>Neisseria gonorrhoeae</i>	Dr. ⁱⁿ Ingrid Heller Dr. ⁱⁿ Stefanie Schindler	Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle
Resistenzbericht <i>Salmonella</i>	Dr. Christian Kornschober	PD Dr. Burkhard Springer
Resistenzbericht Shigellen	Mag. ^a Dr. ⁱⁿ Ingeborg Lederer	Dr. Christian Kornschober
Resistenzbericht <i>Campylobacter</i>	Dr. ⁱⁿ Sandra Köberl-Jelovcan	Dr. Christian Kornschober
Resistenzbericht Yersinien	Dr. ⁱⁿ Shiva Pekard-Amenitsch	Dr. Christian Kornschober
Resistenzbericht Hefepilze	a.o. Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Birgit Willinger	Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Cornelia Lass-Flörl
Resistenzbericht Tuberkulose	Dr. ⁱⁿ Fiona Költringer Dr. Florian Heger	
Resistenzbericht Schimmelpilze	Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Cornelia Lass-Flörl	Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Birgit Willinger
Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 1: Übertragung	Mag. ^a Stefanie Strickner Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle	

medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich		
Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 2: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie	Mag. ^a Stefanie Strickner Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle	
Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss der Kommission 2020/1729/EU in Österreich, 2023	Dr. med. vet. Peter Much Hao Sun, Bakk. ⁱⁿ rer. soc. oec.	Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Annemarie Käsbohrer
Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2023	Univ.-Doz. DI Dr. Klemens Fuchs Mag. Reinhard Fuchs DI ⁱⁿ Karin Manner	Mag. Florian Fellingner

Einleitung

Der vorliegende Bericht AURES 2023 ist, wie bereits die Berichte der Vorjahre, aus der intersektoralen Zusammenarbeit im Human-, Veterinär- und Lebensmittelbereich hervorgegangen. Dabei werden die in den einzelnen Bereichen getrennt aufbereiteten Informationen über eine im Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK) etablierte AMR-Plattform (AMR = antimikrobielle Resistenz) zusammengeführt. Ziel des AURES ist die vergleichbare Darstellung bestehender repräsentativer Daten zur antimikrobiellen Resistenz und zum Verbrauch antimikrobieller Substanzen für Österreich. Die dargestellten Daten werden nur insofern mit Kommentaren und Interpretationen versehen, als es einer besonderen Erläuterung wie etwa von Einschränkungen oder einer Erklärung von Datenquellen dienlich ist.

Der AURES soll als Grundlage zur Beurteilung, ob Maßnahmen effektiv sind, dienen. Dafür sind die validen Daten des AURES essenziell.

Als Beispiel für eine diesbezügliche Veröffentlichung kann auf den 2022 in aktualisierter Form vom Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz publizierten Nationalen Aktionsplan zur Antibiotikaresistenz (NAP-AMR) verwiesen werden.

Die Daten der vom BMSGPK ernannten Nationalen Referenzzentren bzw. -laboratorien und der jeweiligen Projekte sind in eigenen Kapiteln dargestellt. Diese Vorgangsweise wurde gewählt, um die unterschiedlichen Ansätze, mit welchen bei der Datenerhebung gearbeitet wurde, zu berücksichtigen. Ein direkter Vergleich der aus den Bereichen Veterinär- und Humanmedizin gewonnenen Daten ist aufgrund der Anwendung unterschiedlicher Testverfahren bzw. Labormethoden, antimikrobieller Grenzwerte (epidemiologische Cut-offs und klinische Grenzwerte) sowie des Erregerspektrums (z. B. kommensale E. coli von gesunden geschlachteten Tieren versus pathogene Patient:innen-Isolate) nur sehr eingeschränkt möglich. Die Integration der verschiedenen Datenbestände sowie die gemeinsame Auswertung und Interpretation sind in Planung.

Der AURES 2023 stellt Daten für eine fachliche Diskussion bereit und soll in weiterer Folge zur Optimierung des Einsatzes antimikrobieller Substanzen in Österreich beitragen.

Ausgangslage

Antibiotika werden schon seit Jahrzehnten zur Behandlung und Verhütung von Infektionskrankheiten und Infektionen eingesetzt. Die Verwendung antimikrobieller Mittel hat in hohem Maße zur Verbesserung des Gesundheitszustandes von Mensch und Tier beigetragen. Antibiotika sind in der modernen Medizin und in modernen Verfahren unverzichtbar; Transplantationen, Chemotherapien gegen Krebs oder orthopädische Chirurgie könnten ohne ihren Einsatz nicht durchgeführt werden. Mit ihrem breiten Einsatz geht jedoch auch ein zunehmendes Auftreten von resistenten Mikroorganismen einher. Die EU-Gesundheitsminister:innen verabschiedeten im Jahr 2012 eine Erklärung, in der betont wird, dass diese zunehmende Antibiotikaresistenz in Europa und auf der gesamten Welt ein wachsendes Gesundheitsproblem für Mensch und Tier ist, das zu begrenzten oder unzureichenden Behandlungsmöglichkeiten führt und somit die Lebensqualität mindert [1]. Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) hatte im Jahr 2011 für den World Health Day am 7. April 2011 das Thema „Antimicrobial resistance: no action today, no cure tomorrow“ gewählt [2]. Seit 2008 findet auf Initiative des Europäischen Parlaments alljährlich am 18. November der Europäische Antibiotiktag statt mit dem Ziel, die Bevölkerung und Fachkreise über den umsichtigen Einsatz von antimikrobiell wirksamen Substanzen zu informieren. Zudem wurde das Problem der antimikrobiellen Resistenz von der Europäischen Kommission in ihrem Arbeitsprogramm 2015 als "Key Priority" (von höchster Dringlichkeit) verankert [3]. Das Thema Antibiotikaresistenzen wurde 2015 beim G7 (Gruppe der Sieben)-Gipfel auf Schloss Elmau, Deutschland, besprochen. Der globale Aktionsplan der WHO soll unterstützt werden. Die G7-Staaten wollen den "One-Health"-Ansatz beachten [4]. Auch auf dem G20 (Gruppe der Zwanzig)-Gipfel im Jahr 2017 in Hamburg wurden die Bekämpfung antimikrobieller Resistenzen und eine bessere Kontrolle des Antibiotikaeinsatzes beim Menschen nochmals bekräftigt [5].

In der Humanmedizin werden die Verwendung von antibakteriellen Wirkstoffen für die Behandlung viraler Infektionen, der ungerechtfertigte Einsatz von Substanzen mit einem extrem breiten Wirkspektrum, ein zu langer „prophylaktischer“ Antibiotikaeinsatz bei chirurgischen Eingriffen und der Einsatz von Antibiotika bei bloßer Kolonisierung (und nicht bei einer Infektion) der Patientin bzw. des Patienten als die wesentlichen Ursachen des Resistenzproblems angesehen. Zudem tragen Patient:innen (bei Kindern deren Eltern) mit Therapieforderungen zur missbräuchlichen Verwendung von Antibiotika bei. Der kausale Zusammenhang von Antibiotikaeinsatz und Resistenzentstehung bei Bakterien

kann sowohl für Infektionen bei Patient:innen niedergelassener Ärzt:innen als auch für nosokomiale Infektionen belegt werden [6]. Bereits in der Empfehlung des Rates vom 15. November 2001 zur umsichtigen Verwendung antimikrobieller Mittel in der Humanmedizin wurden die Mitgliedstaaten aufgefordert, sicherzustellen, dass spezifische Strategien für die umsichtige Verwendung antimikrobieller Mittel vorhanden sind und mit dem Ziel umgesetzt werden, die Zunahme der gegenüber diesen Mitteln resistenten Mikroorganismen zu beschränken [7]. Bestrebungen, die Resistenzentwicklung durch einen vernünftigen Antibiotikaeinsatz im niedergelassenen Bereich einzuschränken, finden sich europaweit [8]. Die Bemühungen richten sich hierbei vor allem auf den Verzicht auf einen Antibiotikaeinsatz bei der Behandlung viraler Infekte. Die Tatsache, dass nicht überall in Österreich mikrobiologische Diagnostik in hoher Qualität zur Verfügung steht, erschwert der Ärztin bzw. dem Arzt in vielen Fällen eine klare Differenzierung behandlungsbedürftiger Infektionen von solchen, die keiner antimikrobiellen Therapie bedürfen. Darüber hinaus kann initial oft nur eine sehr breite antimikrobielle Therapie erfolgen. Daraus resultieren ein unnötiger Antibiotikaeinsatz und die bevorzugte Verwendung von Substanzen mit einem extrem breiten Wirkspektrum – beides sind Faktoren, die aufgrund des immanenten Selektionsdrucks die Entwicklung von Antibiotikaresistenzen fördern. Aufgrund der verbesserten Behandelbarkeit von viralen Erkrankungen erlangen auch medikamentenresistente Viren zunehmend Bedeutung. Die größte Gefährdung durch medikamentenresistente Viren besteht derzeit bei der HIV-Infektion. Hier kann es zu einer eingeschränkten oder fehlenden Wirksamkeit der antiretroviralen Therapie sowohl bei bereits in Behandlung stehenden Patient:innen als auch bei Personen, die sich mit diesen resistenten Viren infizieren, kommen. In Krankenhäusern, und hier vor allem auf den Intensivstationen, stellen multiresistente Krankenhauskeime bereits ein alltägliches Problem dar. Die Kombination von „abwehrgeschwächten“ Patient:innen, einem intensiven und lang andauernden Antibiotikaeinsatz sowie Keimübertragungen von Patient:in zu Patient:in führt zum Auftreten von Infektionen mit multiresistenten Erregern, die manchmal einer antibiotischen Therapie nicht mehr zugänglich sind. Im Dokument „WHO Global Strategy for Containment of Antimicrobial Resistance“ werden Krankenhäuser von der WHO als „a critical component of the antimicrobial resistance problem worldwide“ bezeichnet [9].

Wenngleich unverändert gilt, dass „most of the problems with resistance in human medicine are correlated to use of antimicrobials in humans“, so steht heute auch außer Zweifel, dass im Bereich der tierischen Lebensmittel die Frage Antibiotikaresistenz ebenfalls von Bedeutung ist [10, 11]. Das Panel on Biological Hazards (BIOHAZ) der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) hat schon im Jahr 2008 die

Erarbeitung und Implementierung spezifischer Maßnahmen zur Kontrolle von rohem Geflügel-, Schweine- und Rindfleisch empfohlen, wobei Maßnahmen zur Bekämpfung der Antibiotikaresistenz als prioritär eingestuft wurden [12]. Im Veterinärbereich werden in Österreich bereits seit 2004 verpflichtend Monitorings zur Prävalenz von Zoonosen und ausgewählten Zoonoseerregern sowie deren Empfindlichkeiten gegenüber antimikrobiellen Wirkstoffen in der Nutztierpopulation Österreichs (in Form von randomisierten Stichprobenplänen bei gesunden geschlachteten Rindern, Schweinen und Geflügel) durchgeführt [13]. Auch die OIE (Weltorganisation für Tiergesundheit) hat zum Schutz der Tiergesundheit und der Lebensmittelsicherheit Empfehlungen zur Bekämpfung der antimikrobiellen Resistenz entwickelt [14]. So bestehen bezüglich des Monitorings der Antibiotikaresistenz und der Erfassung von Antibiotika-Mengenströmen Vorgaben zur Harmonisierung von nationalen Programmen und Empfehlungen zum verantwortungsvollen Gebrauch von Antibiotika in der Veterinärmedizin und zur Risikobewertung der Antibiotikaresistenz bei der Anwendung an Tieren sowie für Labormethoden zum Nachweis von Antibiotikaresistenzen.

Die zunehmende Antibiotikaresistenz humanpathogener Erreger stellt heute ein Problem dar, welches von allen beteiligten Bereichen (Humanmedizin, Veterinärmedizin, primäre Tierproduktion, Lebensmittelverarbeitung und -zubereitung, Verbraucher:innen) die Bereitschaft erfordert, in ihrem jeweiligen Wirkungsbereich die Verantwortung dafür wahrzunehmen, dass die Entstehung und die Weiterverbreitung von antimikrobieller Resistenz hintangehalten werden. Im Juni 2019 präsentierte die WHO einen globalen Plan gegen die Ausbreitung multiresistenter Erreger. Diese seien eines der „dringlichsten Gesundheitsrisiken unserer Zeit und stellen eine Bedrohung für den medizinischen Fortschritt eines ganzen Jahrhunderts dar“, sagte WHO-Chef Tedros Adhanom Ghebreyesus [15].

Im Jahre 2016 wurden die „Schlussfolgerungen des Rates zu den nächsten Schritten im Rahmen eines "Eine Gesundheit-Konzepts" zur Bekämpfung der Antibiotikaresistenz veröffentlicht [16]. Am 21. September 2016 wurde eine Tagung der Vereinten Nationen zum Thema Antibiotikaresistenzen abgehalten [17]. Daraus resultierten die Veröffentlichung einer politischen Erklärung („Political declaration of the high-level meeting of the General Assembly on antimicrobial resistance“) [18] sowie die Etablierung einer Arbeitsgruppe (Interagency Coordination Group on Antimicrobial Resistance – IACG) und eine Publikation des Berichtes dieser Arbeitsgruppe an den Generalsekretär der Vereinten Nationen „No Time to Wait: Securing the future from drug-resistant infections“ im April 2019 [19]. Die Europäische Kommission hat im Juni 2017 einen neuen Aktionsplan

zur Bekämpfung antimikrobieller Resistenzen publiziert [20]. Im Jahr 2019 wurden im Amtsblatt der Europäischen Union die Schlussfolgerungen des Rates zu den nächsten Schritten auf dem Weg, die EU zu einer Vorreiter-Region bei der Bekämpfung von antimikrobieller Resistenz zu machen (Amtsblatt der Europäischen Union, 25. Juni 2019, 2019/C 214/01), bekannt gemacht [21]. Koordinierte Maßnahmen zur Hintanhaltung der Verbreitung antimikrobieller Resistenzen erfordern Surveillance-Systeme. Nur so ist es möglich, zu beurteilen, wie lokale und globale Resistenzsituationen auf einen geänderten Antibiotikaeinsatz und neue Infektionskontrollmaßnahmen reagieren. Im Humanbereich nehmen viele österreichische Krankenanstalten am Europäischen System zur Überwachung von Resistenzen gegenüber antimikrobiellen Wirkstoffen („European Antimicrobial Resistance Surveillance Network“ [EARS-Net]) und am „European Surveillance of Antibiotic Consumption Network“

(ESAC-Net) teil. EARS-Net und ESAC-Net sind von der Gemeinschaft initiierte und in ihrer Bedeutung durch den EU-Rat bestätigte Überwachungsprogramme, in deren Rahmen normierte, harmonisierte und vergleichbare humanmedizinische Daten zu den Resistenzen gegenüber bakteriellen Krankheitserregern bzw. zur Verwendung von Antibiotika gesammelt werden [1]. Der vorliegende Resistenzbericht stellt die im Rahmen der österreichweiten Resistenzüberwachung ermittelten Daten der Öffentlichkeit zur Verfügung.

Referenzen

[1] Rat der Europäischen Union: Schlussfolgerungen des Rates vom 22. Juni 2012 zu den Auswirkungen der Antibiotikaresistenz in der Human- und Tiermedizin – Die Initiative „Eine Gesundheit“ (2012/C 211/02), 2012.

[2] World Health Organization: World Health Day – 7 April 2011: Antimicrobial resistance: no action today, no cure tomorrow, 2011.

[3] European Commission: COMMUNICATION FROM THE COMMISSION TO THE EUROPEAN PARLIAMENT, THE COUNCIL, THE EUROPEAN ECONOMIC AND SOCIAL COMMITTEE AND THE COMMITTEE OF THE REGIONS. Commission Work Programme 2015 – A New Start. COM (2014) 910 final, 2014.

[4] Zitat: Abschlusserklärung G7-Gipfel, 7. – 8. Juni 2015.

- [5] Presse- und Informationsamt der Bundesregierung: Erklärung der Staats- und Regierungschefs G20 Gipfel, 2017.
- [6] Andersson DI, Hughes D.: Antibiotic resistance and its cost: is it possible to reverse resistance? *Nature Reviews Microbiology* 8, 2010: 260–271.
- [7] Rat der Europäischen Union: Empfehlung des Rates vom 15. November 2001 zur umsichtigen Verwendung antimikrobieller Mittel in der Humanmedizin (2002/77/EG). Amtsblatt der Europäischen Gemeinschaften L34 vom 5.2.2002, 2002: 13–16.
- [8] Allerberger F., Gareis R., Jindrák V., Struelens MJ: Antibiotic stewardship implementation in the European Union: The way forward. *Expert Rev Anti Infect Ther.* 7, 2009: 1175–1183.
- [9] World Health Organization: WHO Global Strategy for Containment of Antimicrobial Resistance. World Health Organization, Switzerland, 2001.
- [10] Committee for Medicinal Products for Veterinary Use (CVMP): Infections in humans with fluoroquinolone and macrolide resistant *Campylobacters* have resulted in increased risk of hospitalisation and complications. EMEA, 2006.
- [11] World Health Organization: The Medical Impact of Antimicrobial Use in Food Animals. Report of a WHO Meeting. Berlin, Germany, 13–17 October 1997, WHO/EMC/ZOO/97. 4, 1997.
- [12] EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ) Panel: Foodborne antimicrobial resistance as a biological hazard – Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards (Question No EFSA-Q–2007-089), 2008.
- [13] Europäisches Parlament und Rat der Europäischen Union: Richtlinie 2003/99/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 17. November 2003 zur Überwachung von Zoonosen und Zoonoseerregern und zur Änderung der Entscheidung 90/424/EWG des Rates sowie zur Aufhebung der Richtlinie 92/117/EWG des Rates. Amtsblatt der Europäischen Union 325, 2003: 31–40.
- [14] Vose D., Acar J., Anthony F., Franklin A., Gupta R., Nicholls T., Tamura Y., Thompson S., Threlfall EJ, van Vuuren M., White DG, Wegener HC, Costarrica ML: Antimicrobial

resistance: risk analysis methodology for the potential impact on public health of antimicrobial resistant bacteria of animal origin. Rev Sci Tech. 20, 2001: 811–827.

[15] Globaler Plan der WHO gegen die Ausbreitung multiresistenter Erreger. News release 18 June 2019 Geneva APA0500 5 CA 0487 AA Di, 18. Juni 2019.

[16] Schlussfolgerungen des Rates zu den nächsten Schritten im Rahmen eines "Eine-Gesundheit-Konzepts" zur Bekämpfung der Antibiotikaresistenz, 2016.

[17] World Health Organization: United Nations high-level meeting in antimicrobial resistance. Antimicrobial resistance summit to shape the international agenda, 2016.

[18] United Nations Seventy-first session, Agenda item 127, Resolution adopted by the General Assembly on 5 October 2016, 71/3. Political declaration of the high-level meeting of the General Assembly on antimicrobial resistance, 2016.

[19] Interagency Coordination Group on Antimicrobial Resistance (IACG): No time to Wait: Securing the future from drug-resistant infections. Report to the Secretary-General of the United Nations, 2019.

[20] A European One Health Action Plan against Antimicrobial Resistance (AMR).

[21] Schlussfolgerungen des Rates zu den nächsten Schritten auf dem Weg, die EU zu einer Vorreiter-Region bei der Bekämpfung von antimikrobieller Resistenz zu machen. Amtsblatt der Europäischen Union, 25. Juni 2019, 2019/C 214/01, 2019.

Executive Summary

Antibiotikaresistenz in der Human- und Veterinärmedizin

Antibiotika tragen wesentlich zur Therapie bakterieller Infektionskrankheiten bei und somit zur Gesundheit der Bevölkerung, der Tiere und der Sicherung tierischer Lebensmittel. Die Kenntnis von lokalen Antibiotikaresistenzen (AMR) ist für eine angemessene antimikrobielle Therapie unabkömmlich.

Die Entwicklung von AMR wurde durch den Einsatz von Antibiotika bei Mensch und Tier beschleunigt. Österreich betreibt seit Jahrzehnten ein umfassendes und sektorenübergreifendes AMR-Monitoring und stellt die Ergebnisse seit 2005 jährlich im österreichischen Resistenzbericht AURES dar.

Die unterschiedlichen Programme und Projekte ermöglichen eine differenzierte Betrachtung der AMR-Thematik und erlauben eine gesamtheitliche Einschätzung der österreichischen Situation. Darüber hinaus werden Daten ausgewählter Projekte des ECDC zum internationalen Vergleich herangezogen.

Im humanmedizinischen Bereich werden in Österreich fünf Aspekte betrachtet: (1) Blutkulturisolate schwer Erkrankter, von denen ausgewählte Erreger-Antibiotika-Kombinationen nach einem internationalen Protokoll ausgewertet werden (EARS-Net), (2) Bakterienisolate ausgewählter Erreger von wichtigen Infektionen wie z. B. der Harnwege oder der Atemwege (SURV-Net) und Durchfallerreger, (3) ein Monitoring der derzeit als sehr kritisch eingestuften Carbapenem-Resistenz bei *Enterobacterales* und wichtigen Nonfermentern (CARBA-Net), (4) Meningokokken, Gonokokken sowie Pneumokokken, die die häufigsten und wichtigsten Erreger der bakteriellen Lungenentzündung sind, und (5) Pilze, Tuberkuloseerreger und HIV.

In der Veterinärmedizin und im Lebensmittelbereich werden in Österreich und EU-weit harmonisierten Daten zu Antibiotikaresistenzen und deren Entwicklungen erhoben. Dies erfolgt durch Analysen repräsentativer Stichproben von geschlachteten Hühner- und Putenherden (in geraden Jahren), Mastschweinen und Rindern unter einem Jahr (in ungeraden Jahren). Zudem werden Proben aus dem Einzelhandel von frischem Hühner- und Putenfleisch (gerade Jahre) sowie Schweine- und Rindfleisch (ungerade Jahre)

untersucht. Alle genannten Proben werden auf das Vorkommen von β -Laktamase produzierenden *Escherichia (E.) coli* mit erweitertem Wirkspektrum mittels selektiver Anreicherung analysiert. Zudem werden aus Darminhalten der erwähnten Tierarten gewonnene (1) kommensale Indikatorbakterien *E. coli*, (2) thermotolerante *Campylobacter* sowie (3) Salmonellen auf die Verbreitung und Entwicklung von Antibiotikaresistenzen untersucht. Auch Isolate aus den Salmonellen-Bekämpfungsprogrammen verschiedener Geflügelsparten werden zur Resistenztestung herangezogen.

Im Jahr 2023 stieg der Anteil empfindlicher *E. coli*-Isolate von Mastschweinen gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika auf 57 % - den höchsten Wert seit Beginn des Antibiotikaresistenz-Monitorings in Österreich. Im Gegenzug nahm der Anteil an β -Laktamase bildenden *E. coli* weiter zu (oberes Drittel EU-weit).

Bei Rindern unter einem Jahr, die erstmals seit 2017 wieder beprobt wurden, waren 84 % der Indikator-*E. coli* vollständig empfindlich - der höchste in der EU gemessene Anteil bei dieser Tierkategorie. Der Anteil β -Laktamase bildender *E. coli* lag bei diesen Tieren bei 28 % (unteres Drittel EU-weit).

In Schweine- und Rindfleischproben blieben die Anteile an β -Laktamase bildenden *E. coli* über die letzten Jahre stabil auf niedrigem Niveau (4,7 % bei Schweinefleisch, 2,5 % bei Rindfleisch).

Bei Geflügel-Isolaten betrug der Anteil vollständig empfindlicher Indikator-*E. coli* 31 % (Masthühner) und 47 % (Mastputen) – Werte, die im oberen EU-Drittel liegen. Auch die Anteile an β -Laktamase bildenden *E. coli* von Masthühnern und Hühnerfleisch liegen im EU-Schnitt günstig. Im Gegensatz dazu sind die Werte für Mastputen (mittleres EU-Niveau) und insbesondere für Putenfleisch (dritthöchster Anteil) weniger günstig.

In der Humanmedizin zeigt der grampositive Bereich 2023 beispielhaft bei *S. pneumoniae* und Penicillin, das weiterhin die Therapie der Wahl darstellt, ein über die Jahre stabiles Bild. Der während der SARS-CoV-2-Pandemie deutliche Rückgang der Gesamtzahl an Pneumokokken aus Blutkulturen ist 2023 weiter zurückgegangen und erreicht scheinbar das vorpandemische Niveau. Die MRSA-Rate ist im 5-Jahres-Rückblick stabil niedrig und liegt 2023 bei 4,4 % aus Blutkulturen und bei 6,1 % aus anderen Materialien (ident zum Vorjahr).

Im gramnegativen Bereich ist die Situation komplexer: Viele der untersuchten Bug-Drug-Kombinationen weisen weiterhin AMR-Raten von > 10 bis 25 % auf und sind für eine empirische Therapie nur mit Vorbehalt zu empfehlen bzw. sollten nur nach Austestung im Antibiogramm verwendet werden.

Bei *E. coli* und *K. pneumoniae* liegt die Resistenzrate in Österreich 2023 im 5-Jahresvergleich stabil bei Fluorochinolonen im Blut und Harn und ebenso bei den 3.-Generations-Cephalosporinen. Wie in den Vorjahren wurden invasive Carbapenem-resistente (CPE) *K. pneumoniae*-Stämme im unteren zweistelligen Bereich sowie einzelne *E. coli*-Stämme gefunden. Das CPE-Monitoring aus CARBA-Net zeigt weiterhin, dass alle genetischen Typen im Land vorhanden sind und sich die epidemiologische Situation in Österreich im Vergleich mit dem europäischen Trend stabil darstellt.

Antibiotikaresistenz bei ausgewählten invasiven bakteriellen Infektionserregern

Daten aus dem Humanbereich

Ein Projekt des Nationalen Referenzzentrums für Antimikrobielle Resistenzen im Rahmen der Teilnahme am European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)

Ansprechpersonen/Autorinnen

Prim.^a Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Petra Apfalter
Lucia Berning, MSc

Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen
Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin
Nationales Referenzzentrum für Antimikrobielle Resistenzen
Fadingerstraße 1
4020 Linz
E-Mail: petra.apfalter@analyse.eu
www.referenzzentrum.at

Reviewer

OA Dr. Rainer Hartl

Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen
Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin
Nationales Referenzzentrum für Antimikrobielle Resistenzen
Fadingerstraße 1
4020 Linz
E-Mail: rainer.hartl@analyse.eu
www.referenzzentrum.at

Inhaltsverzeichnis

European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net).....	37
Zusammenfassung.....	37
Abstract	38
EARS-Net-Resistenzraten auf einen Blick.....	40
Einleitung.....	43
Ziel des Netzwerks.....	43
Geschichte des Netzwerks	43
Netzwerkabdeckung in Österreich und Europa	43
Methodik	44
Die EARS-Net-Datenbasis	45
Teilnehmende Laboratorien.....	45
Meldungen in EARS-Net nach Erregern	50
Geografische Verteilung der gemeldeten Erregerdaten.....	50
<i>Streptococcus pneumoniae</i>.....	51
Klinische und epidemiologische Bedeutung	51
Demographische Daten	52
<i>Streptococcus pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter	52
<i>Streptococcus pneumoniae</i> und Penicillin.....	53
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin nicht empfindlich Österreich gesamt.....	55
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Altersgruppen.....	56
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Bundesland.....	57
<i>Streptococcus pneumoniae</i> und Makrolide.....	57
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent Österreich gesamt.....	57
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent nach Altersgruppen	58
<i>Staphylococcus aureus</i>	59
Klinische und epidemiologische Bedeutung	59
Demographische Daten	60
<i>Staphylococcus aureus</i> nach Geschlecht und Lebensalter.....	60
MRSA	61
MRSA-Raten – Österreich gesamt.....	61
MRSA-Raten nach Geschlecht und Lebensalter.....	61
MRSA-Raten nach Altersgruppen	62
MRSA-Raten nach Bundesländern	63
Staphylococcus aureus und Vancomycin	64

<i>Escherichia coli</i>.....	64
Klinische und epidemiologische Bedeutung	64
Demographische Daten	65
<i>Escherichia coli</i> nach Geschlecht und Lebensalter.....	65
<i>Escherichia coli</i> und Aminopenicilline	66
<i>Escherichia coli</i> – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt	66
<i>Escherichia coli</i> – Aminopenicillin-resistent nach Altersgruppen	66
<i>Escherichia coli</i> – Aminopenicillin-resistent nach Bundesländern.....	67
<i>Escherichia coli</i> und Fluorochinolone.....	68
<i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt.....	68
<i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen.....	68
<i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent nach Bundesländern	69
<i>Escherichia coli</i> und 3.-Generations-Cephalosporine	70
<i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt	70
<i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent nach Altersgruppen	70
<i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent nach Bundesländern.....	71
<i>Escherichia coli</i> und Aminoglykoside.....	72
<i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt	72
<i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen	73
<i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern	73
<i>Escherichia coli</i> und Carbapeneme	74
<i>Escherichia coli</i> – Carbapenemen-resistent Österreich gesamt.....	74
<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i>	75
Klinische und epidemiologische Bedeutung	75
Demographische Daten	76
Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter.....	76
Enterokokken und Aminopenicilline	77
Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt	77
Enterokokken und Aminoglykoside.....	77
Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden	77
Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden Österreich gesamt	78
Enterokokken und Vancomycin.....	78
Enterokokken – Vancomycin-resistent Österreich gesamt	79
Enterokokken – Vancomycin-resistent nach Bundesland.....	79
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	80
Klinische und epidemiologische Bedeutung	80

Demographische Daten	80
<i>Klebsiella pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter	80
<i>Klebsiella pneumoniae</i> und Fluorochinolone	81
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt	81
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen	82
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern	82
<i>Klebsiella pneumoniae</i> und 3.-Generations-Cephalosporine	83
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt	83
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen	84
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Bundesländern	84
<i>Klebsiella pneumoniae</i> und Aminoglykoside	86
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt	86
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen	87
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern	87
<i>Klebsiella pneumoniae</i> und Carbapeneme	88
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt	89
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	89
Klinische und epidemiologische Bedeutung	89
Demographische Daten	90
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> nach Geschlecht und Lebensalter	90
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> nach Geschlecht und Lebensalter	91
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt	92
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen	93
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern	94
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Fluorochinolone	96
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt	96
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen	97
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern	97
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Ceftazidim	98
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent Österreich gesamt	98
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen	99
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent nach Bundesländern	99
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Piperacillin/Tazobactam	100
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent Österreich gesamt	100
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen ..	101

<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Bundesländern	102
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Carbapeneme	102
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt	102
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen	103
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent nach Bundesländern	104
<i>Acinetobacter</i> spp	104
Klinische und epidemiologische Bedeutung	104
Demographische Daten	105
<i>Acinetobacter</i> spp. nach Geschlecht und Lebensalter	105
<i>Acinetobacter</i> spp. und Aminoglykoside	107
<i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt	107
<i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern	108
<i>Acinetobacter</i> spp. und <i>Fluorochinolone</i>	109
<i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt	109
<i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern	110
<i>Acinetobacter</i> spp. und Carbapeneme	111
<i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt	111
<i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent nach Bundesländern	112
Diskussion	112
Danksagung	117
Referenzen	117

European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)

Zusammenfassung

Die österreichischen EARS-Net-Daten repräsentieren eine Datensammlung von derzeit 92 Akutkrankenanstalten, die von 34 Laboratorien betreut werden. Die Resistenzraten der invasiven Indikatorerreger bilden somit eine zuverlässige Ersatzmaßzahl für die Prävalenz der Resistenz der jeweiligen Erreger gegenüber den ausgewählten antibiotischen Substanzen. Die österreichischen Ergebnisse für 2023 lassen sich wie folgt zusammenfassen:

Bei ***Streptococcus pneumoniae*** zeigt sich bei Penicillin ein seit Jahren stabiles Bild. Gemäß den in Abhängigkeit von Klinik und beabsichtigter Verabreichungsform unterschiedlichen EUCAST-Grenzwerten würde bei einer MHK von >2 mg/L von hochresistenten Isolaten gesprochen werden. In Österreich wurde 2023 kein solches Isolat nachgewiesen. Bei Makroliden ist die Resistenzrate im Vergleich zu 2022 von 12,9 % auf 11,1 % gesunken.

Die **Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA)**-Rate ist im 5-Jahres-Rückblick weiterhin rückläufig und liegt 2023 bei 4,4 %. Bei 3 invasiven *Staphylococcus aureus*-Isolaten wurde eine herabgesetzte Empfindlichkeit gegenüber Vancomycin berichtet, für eine Bestätigung standen die Isolate nicht zur Verfügung.

Die Resistenzrate für ***Escherichia coli* (*E. coli*)** ist bei Aminopenicillinen (47,1 %) seit 2019 auf sehr hohem Niveau stabil. Im Vergleich zu 2022 blieben die Resistenzraten bei Fluorochinolonen (von 15,3 % auf 16,0 %), 3.-Generations-Cephalosporinen (von 8,6 % auf 10,3 %) und Aminoglykosiden (von 5,1 % auf 5,4 %) auf ähnlichem Niveau.

Bei **Enterokokken** war die Resistenzrate gegenüber Aminopenicillin im Vergleich zu den Vorjahren im Wesentlichen stabil. Gegenüber Aminoglykosiden ist im Vergleich zu 2022 bei *Enterococcus faecalis* (von 10,7 % auf 14,7 %) und bei *Enterococcus faecium* (von 24,3 % auf 30,0 %) ein Anstieg der Resistenzrate zu verzeichnen. Die **Vancomycin-resistente Enterokokken (VRE)**-Rate lag bei *Enterococcus faecalis* bei 0,1 % und bei *Enterococcus faecium* bei 3,2 %.

Die Resistenzrate für ***Klebsiella pneumoniae*** gegenüber Fluorochinolonen ist im Wesentlichen wie bei 3.-Generations-Cephalosporinen und Aminoglykosiden im 5 Jahres-Vergleich stabil geblieben. Im Jahr 2023 liegen die Resistenzraten gegenüber

Fluorochinolonen bei 14,0 %, gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen bei 14,0 % und gegenüber Aminoglykosiden bei 4,0 %.

Carbapenem-resistente *Enterobacterales*-Isolate: Im Jahr 2023 wurde bei 43 invasiven Stämmen, wovon 16 auf *Escherichia coli* und 27 auf *Klebsiella pneumoniae* entfielen, eine Carbapenem Resistenz dokumentiert. Somit zeigt sich in dieser Gruppe ein geringer, aber stetiger Anstieg.

Bei *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) ist 2023 die Resistenzrate bei Carbapenemen leicht auf 8,4 % (- 3,3 %) gesunken. Die Resistenzraten bei den Aminoglykosiden (Amikacin 2,4 %, Tobramycin 1,9 %) blieben stabil, ebenso bei folgenden Substanzen: Fluorochinolone 7,7 % (- 1,9 %), Piperacillin/Tazobactam (Pip/Taz) gleichbleibend bei 12,0 %, Ceftazidim 11,3 % (- 0,9 %).

Bei *Acinetobacter* spp. lagen die Resistenzraten bei insgesamt 106 Isolaten gegenüber Aminoglykosiden bei 15,7 %, gegenüber Fluorochinolonen bei 5,6 % und gegenüber Carbapenemen bei 6,6 %.

Insgesamt zeigt sich in Österreich vor allem bei grampositiven Erregern wie MRSA im 5-Jahres-Rückblick ein rückläufiger Trend. Komplexer stellen sich die AMR-Raten weiterhin bei den gramnegativen Erregern dar, wobei aktuell die Zahlen aber auch hier stagnieren und sich teils im Vorjahresvergleich sogar ein leicht rückläufiger Trend zeigt.

Abstract

In 2023, EARS-Net in Austria includes data from 92 acute care hospitals. The resistance rates of the invasive indicator pathogens can be interpreted as a reliable surrogate marker for the resistance of the included antibiotic substances. The Austrian results for 2023 are summarized as follows:

Streptococcus pneumoniae: With regard to penicillin, the resistance rates are stable at a low level. As EUCAST breakpoints differ depending on clinical indication and intended formulation of administration, isolates having an MIC of > 2 mg/L are regarded as high-level resistant. In 2023, no such isolate was detected in Austria. The resistance rate of macrolides decreased from 12.9% to 11.1%.

The **MRSA rate** has continuously decreased in the last five years, with a rate of 4.4% in 2023. In 2023 three isolates with reduced susceptibility to vancomycin were reported, however, these isolates were not available for confirmation.

Escherichia coli: The resistance rate to aminopenicillins (47.1%) has remained stable at a high level since 2019. In comparison to 2022, the resistance rate remained stable with regard to fluoroquinolones (from 15.3% to 16.0%), 3rd generation cephalosporins (from 8.6% to 10.3%) and aminoglycosides (from 5.1% to 5.4%), respectively.

In ***Enterococci***, the resistance rate of aminopenicillins was stable in comparison to the previous years. In comparison to 2022, resistance rate with regard to aminoglycosides increased for *Enterococcus faecalis* from 10.7% to 14.7% and for *Enterococcus faecium* from 24.3% to 30.0%. In 2023, the **VRE** rate was 0.1% in *Enterococcus faecalis* and 3.2% in *Enterococcus faecium*.

In ***Klebsiella pneumoniae***, the resistance rate of fluoroquinolones has remained stable in the last five years, as well as for 3rd generation cephalosporins and aminoglycosides. In 2023, the resistance rates for fluoroquinolones, for 3rd generation cephalosporins and for aminoglycosides were 14.0%, 14.0% and 4.0%, respectively.

Carbapenem resistant isolates in *Enterobacterales*: In 2023, 43 invasive strains with resistance to carbapenem were reported, thereof 16 *Escherichia coli* isolates and 27 *Klebsiella pneumonia* isolates. A slight but steady increase can therefore be observed in this group.

Pseudomonas aeruginosa: In 2023, the carbapenem resistance rate decreased to 8.4% (-3.3%). Aminoglycosides resulted in resistance rates of 2.4% for Amikacin and of 1.9% for Tobramycin. The resistance rates of the following substances did not change significantly compared to the previous years: fluoroquinolone 7.7% (-1.9%), piperacillin/tazobactam 12.0% (+0.0%) and ceftazidime 11.3% (-0.9%).

Data of 106 ***Acinetobacter spp.*** isolates were reported. Resistance rates for aminoglycosides, fluoroquinolones and carbapenem were 15.7%, 5.6% and 6.6%, respectively.

Resistance rates have declined in the last five years in Austria, especially with regard to nosocomial gram-positive pathogens like MRSA. Multidrug resistant gram-negative

bacteria remain a rather problematic field, however, with currently stable numbers and a marginal negative trend compared to the previous year.

EARS-Net-Resistenzraten auf einen Blick

In den folgenden zwei Tabellen sind die Stichprobengrößen und die Resistenzraten der wichtigsten in EARS-Net definierten Bug-Drug-Kombinationen für 2023 zusammengefasst. Die Symbole in Klammer zeigen den Trend der österreichischen Resistenzraten im Mittel über 5 Jahre an. Eine Einordnung in den internationalen Kontext findet sich in einer eigenen Grafik. In Abbildung 1 sind die Resistenzraten in Hinblick auf einen möglichen Einsatz der Substanzen in der empirischen Therapie gemäß dem im Kapitel Methodik ausführlich erläuterten Ampelsystem dargestellt.

Tabelle 2: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2023 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – grampositive Erreger

	Grampositiv (n = 6.677)			
	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Enterococcus faecium</i>
Anzahl Isolate (max. Wert)	706	4.176	1.125	679
% RESISTENT				
Aminoglykoside			14,7 (↔)	30,0 (↔)
Aminopenicilline			3,9 (↔)	92,5 (↔)
Cefoxitin/Oxacillin		4,4 (↔)		
Makrolide	11,1 (↔)			
Penicillin	1,6 (↔)			
Vancomycin		0,1 (↔)	0,1 (↔)	3,2 (↔)

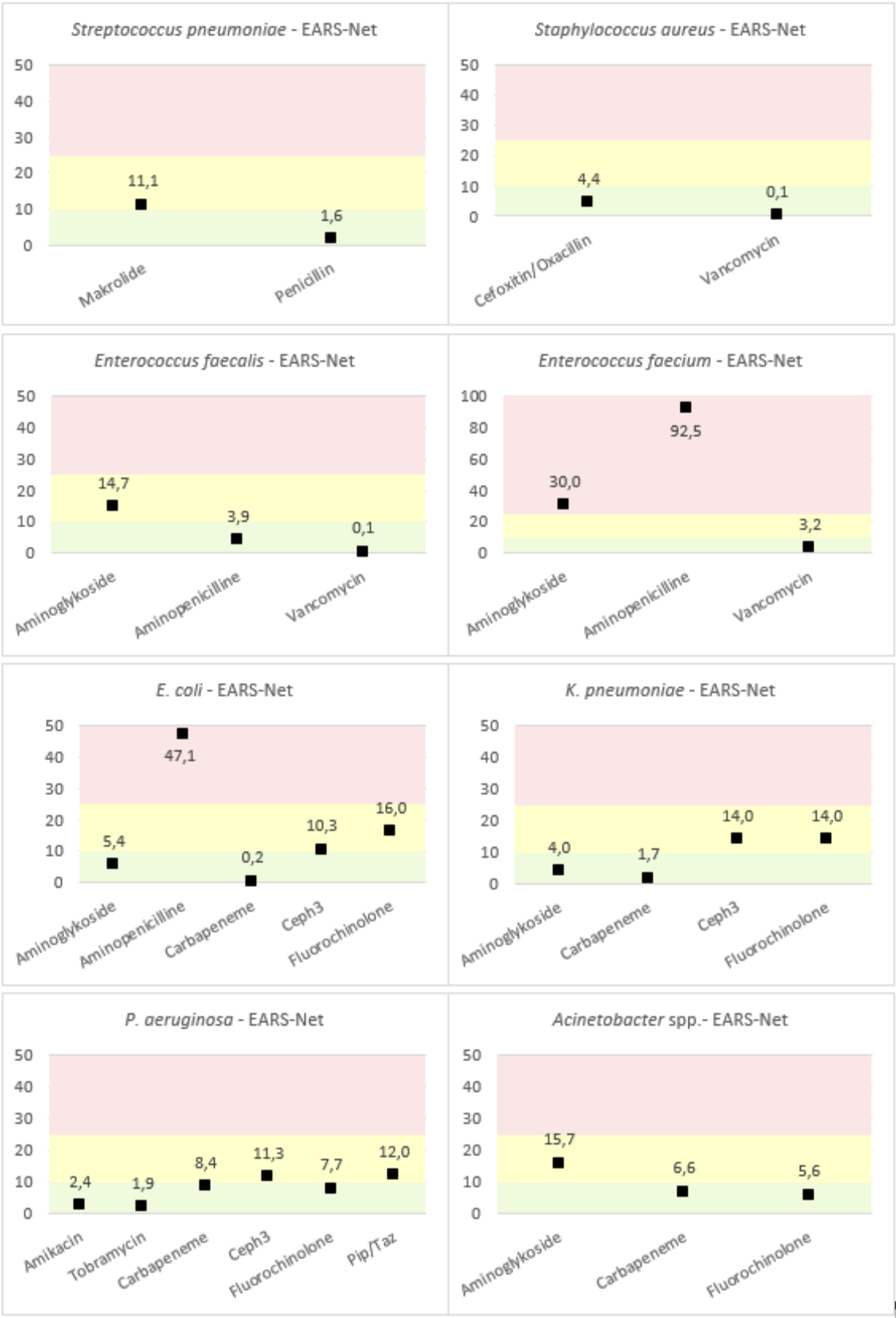
↑...Anstieg im 5-Jahres-Trend, ↓...Rückgang im 5-Jahres-Trend, ↔...stabil im 5-Jahres-Trend

Tabelle 3: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2023 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – gramnegative Erreger

	Gramnegativ (n = 9.351)			
	<i>Escherichia coli</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Acinetobacter</i> spp.
Anzahl Isolate (max. Wert)	6.752	1.609	884	106
% RESISTENT				
Aminoglykoside	5,4 (↔)	4,0 (↔)		15,7 (↑)
Amikacin			2,4 (↔)	
Tobramycin			1,9 (↔)	
Aminopenicilline	47,1 (↔)			
Carbapeneme	0,2 (↔)	1,7 (↔)	8,4 (↔)	6,6 (↔)
3.-Generations-Cephalosporine	10,3 (↔)	14,0 (↔)	11,3 (↔)	
Fluorochinolone	16,0 (↔)	14,0 (↔)	7,7 (↓)	5,6 (↑)
Piperacillin/Tazobactam			12,0 (↔)	

↑...Anstieg im 5-Jahres-Trend, ↓...Rückgang im 5-Jahres-Trend, ↔...stabil im 5-Jahres-Trend

Abbildung 1: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem für 2023



Einleitung

Ziel des Netzwerks

EARS-Net ist ein internationales Netzwerk basierend auf nationalen Surveillance-Systemen mit dem Ziel, möglichst vergleichbare, nachhaltige und repräsentative Resistenzdaten von ausgewählten invasiven Bakterien aus Blutkulturen und Liquor für Aktivitäten der öffentlichen Gesundheitsvorsorge zu sammeln und bereitzustellen.

Geschichte des Netzwerks

Bereits seit Beginn der internationalen Projektaktivitäten 1998 nimmt auch Österreich an der Datensammlung teil. Seit 2000 ist die Sammlung und Meldung der Resistenzdaten fixer Bestandteil der österreichischen Aktivitäten in der Infektions- und Resistenzsurveillance.

Mit Jänner 2010 wurde EARSS vom „European Centre for Disease Prevention and Control“ (ECDC) übernommen und wird seither unter der Bezeichnung „European Antimicrobial Resistance Surveillance Network“ (EARS-Net) geführt.

Netzwerkabdeckung in Österreich und Europa

In Österreich beteiligen sich 34 Laboratorien (Stand 31.12.2023) freiwillig an der EARS-Net-Datenmeldung. Insgesamt wurden im Jahr 2023 Daten von 92 Akutkrankenanstalten gesammelt. Zusätzlich konnten Daten von 8 sonstigen Krankenanstalten erhoben werden.

Tabelle 4: EARS-Net – Erfassungsgrad der Akutkrankenanstalten

Krankenanstaltstyp	Anzahl	EARS-Net	Erfassungsgrad
Zentralversorgungsfunktion	7	7	100 %
Schwerpunktversorgungsfunktion	28	23	82 %
Standardversorgungsfunktion	55	48	87 %
Sonderkrankenanstalt	62	14	23 %
Sonstige Krankenanstalten (Sanatorien)	32	8	25 %

Quelle: Gesundheit Österreich GmbH (03.04.2024), Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen

Europaweit sind aktuell 30 Länder in das Netzwerk eingebunden [1].

Methodik

Die Datenbasis von EARS-Net baut ausschließlich auf Routinedaten auf, die nach einem gemeinsamen Protokoll erhoben werden. Dies erlaubt die kontinuierliche Erfassung der Resistenzsituation zu vertretbaren Kosten. Voraussetzung für valide Daten ist die Qualität der mikrobiologischen Befundung, vor allem der Resistenztestung, in den teilnehmenden Laboratorien. Von Oktober 2010 bis Ende des Jahres 2011 erfolgte in Österreich kontinuierlich die Umstellung der Resistenzbestimmung von CLSI- auf EUCAST-Kriterien (www.eucast.org). Zur Sicherung der Qualität der Daten stellt EARS-Net Protokolle sowie einen jährlichen Rundversuch zur Verfügung. Der AURES beinhaltet seit 2012 Daten, die nach EUCAST-Kriterien erstellt werden.

Zur Sammlung werden Indikatorkeime mit besonderer Bedeutung in bestimmten Infektionssituationen ausgewählt. Von diesen werden wichtige Resistenzphänomene, die einen Rückschluss auf die allgemeine Resistenzsituation erlauben, gemeldet. Es werden ausschließlich Daten von invasiven Infektionen, d. h. von Blutkulturisolaten und in einzelnen Fällen von Liquorisolaten, registriert. Damit ist einerseits eine gute Vergleichbarkeit gegeben, andererseits ist sichergestellt, dass die erhobenen Daten auch klinische Relevanz haben.

Derzeit werden folgende Erreger erfasst:

- *Staphylococcus aureus* (Blutkulturen, seit 01/2001)
- *Streptococcus pneumoniae* (Blutkulturen und Liquor, seit 01/2001)
- *Escherichia coli* (Blutkulturen und Liquor, seit 01/2001)
- *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* (Blutkulturen, seit 01/2001)
- *Klebsiella pneumoniae* (Blutkulturen und Liquor, seit 09/2005)
- *Pseudomonas aeruginosa* (Blutkulturen und Liquor, 09/2005)
- *Acinetobacter* spp. (Blutkulturen und Liquor, seit 01/2013)

Berichte und Protokolle können auch über die Website des European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) www.ecdc.europa.eu abgerufen werden [2].

Bei der Ergebnisdarstellung im AURES werden alle Daten berücksichtigt, die im Nationalen Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen (Bug-Drug-Kombinationen) eingegangen sind. Aufgrund unterschiedlicher Kriterien, die zur Auswertung herangezogen werden, können die Datensätze in externen Berichten und deren Darstellung, wie z. B. vom ECDC, abweichen.

Die EARS-Net-Datenbasis

Teilnehmende Laboratorien

Tabelle 5 zeigt die teilnehmenden Laboratorien und deren eingebrachte Meldungen der letzten 5 Jahre. Im Jahr 2023 meldeten 34 Laboratorien Daten.

Tabelle 5: Teilnehmende Zentren und Anzahl der Erstisolate in der EARS-Net AT-Datenbank

Labor	Zentrum	2019	2020	2021	2022	2023
AT001	Ordensklinikum Linz Elisabethinen/analyse Biolab GmbH	646	620	567	690	721
AT002	Klinisches Institut für Labormedizin, Abteilung für Klinische Mikrobiologie, Medizinische Universität Wien	895	887	641	868	904

Labor	Zentrum	2019	2020	2021	2022	2023
AT003	Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, Medizinische Universität Graz	193	171	154	140	139
AT005	Sektion für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie, Medizinische Universität Innsbruck	2.332	2.121	1.029	2.477	2.508
AT006	Universitätsinstitut für Medizinisch-Chemische Labordiagnostik und Medizinische Mikrobiologie, Uniklinikum Salzburg, Landeskrankenhaus	662	617	645	785	759
AT007	Institut für Labordiagnostik und Mikrobiologie, Klinikum Klagenfurt	753	633	504	712	865
AT008	Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene, Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH – Wien	19	18	15	5	5
AT009	Institut für Pathologie und Mikrobiologie 2, Neuromed Campus, Kepler Universitätsklinikum GmbH	37	¹	¹	¹	¹
AT010	Institut für Pathologie, Landeskrankenhaus Feldkirch	438	496	110	452	0 ²
AT011	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Krankenhaus Oberwart	252	252	163	422	164
AT012	Institut für Klinische Pathologie und Molekularpathologie, Landesklinikum Horn	300	262	250	277	277
AT014	Klinische Pathologie, Mikrobiologie und Infektionsdiagnostik, Krankenhaus der Barmherzigen Schwestern Ried	180	408	143	434	280
AT015	Institut für Pathologie, Landesklinikum Amstetten	213	232	299	265	298

¹ Änderung der Organisation, AT009 ab 2020 in AT040 integriert.

² EDV-technisch in 2023 kein Datenexport möglich.

Labor	Zentrum	2019	2020	2021	2022	2023
AT016	Institut für Hygiene und Mikrobiologie, Infektiologie und Tropenmedizin, Klinikum Wels-Grieskirchen GmbH	578	563	496	539	555
AT017	Klinisches Institut für Pathologie, Universitätsklinikum Krems	186	175	161	_ ³	_ ³
AT018	Institut für klinische Pathologie, Landeskrankenhaus Mistelbach-Gänserndorf	375	440	444	476	478
AT019	Klinisches Institut für Hygiene und Mikrobiologie, Universitätsklinikum St. Pölten	461	0 ⁴	0 ⁴	445	487
AT020	Institut für Pathologie, Landeskrankenhaus Wiener Neustadt	404	382	366	194	0 ⁵
AT021	Institut für Pathologie, Landeskrankenhaus Villach	266	285	225	259	434
AT022	Institut für Pathologie, LKH Hochsteiermark, Standort Leoben	473	409	391	431	446
AT023	Institut für Pathologie, Pyhrn-Eisenwurzen Klinikum Steyr	360	376	382	312	378
AT024	Pathologie, Salzkammergut-Klinikum Vöcklabruck	902	860	397	860	776
AT025	Pathologisch-bakteriologisches Institut, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Favoriten	463	343	344	447	435
AT026	Pathologie und Mikrobiologie, Kardinal Schwarzenberg Klinikum	160	157	141	136	148
AT027	Jakob-Erdheim-Institut für Pathologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Hietzing	542	536	494	439	427
AT028	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Landstraße	362	340	356	223	210

³ Änderung der Organisation, AT017 ab 2022 in AT019 integriert.

⁴ EDV-technisch in 2020 und 2021 kein Datenexport möglich.

⁵ EDV-technisch in 2023 kein Datenexport möglich.

Labor	Zentrum	2019	2020	2021	2022	2023
AT030	Institut für Krankenhaushygiene und Mikrobiologie, Graz	833	668	463	668	823
AT031	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Ottakring	421	339	536	944	760
AT033	Pathologisch-bakteriologisches Institut, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Donaustadt	446	324	415	247	425
AT034	Krankenhaus der Barmherzigen Brüder Eisenstadt	210	226	185	213	233
AT035	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Hanusch-Krankenhaus	176	158	119	143	139
AT036	Medizinisch-chemisches Labor Dr. Mustafa, Dr. Richter OG	77	76	62	105	86
AT037	Sektion für Infektiologie und Tropenmedizin, Universitätsklinik für Innere Medizin, LKH Universitätsklinikum Graz	480	528	397	510	542
AT038	Institut für klinische Pathologie, Landesklinikum Baden-Mödling	305	309	242	189	247
AT040	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Med Campus III, Kepler Universitätsklinikum	222	336	328	242	336
AT042	Labor Dr. Breuer	86	52	46	58	51
AT043	LABCON – Medizinische Laboratorien GmbH	302	338	333	310	326
AT044	Institut für Pathologie und Bakteriologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Floridsdorf	-	333	380	381	366

Die Datenbasis umfasst seit dem Jahr 2000 Resistenzdaten zu nunmehr 212.946 Isolaten klinisch relevanter Infektionen aus Blutkulturen und Liquor. Da sich durch Umstrukturierungen in den Laboratorien, die mikrobiologische Diagnostik betreiben, und durch sich verändernde Einsendegewohnheiten der Spitäler die Anzahl der Isolate pro Labor über die Jahre zum Teil erheblich verändert hat, werden alle Laboratorien in

Österreich, die Blutkulturen und/oder Liquor-Kulturen bearbeiten, wenn möglich in das EARS-Net-Netzwerk eingebunden.

Seit Sommer 2019 wurde die EARS-Net-Datenbasis neu organisiert und auf eine neue Datenbank umgestellt. Da die EARS-Net-Daten in TESSy (The European Surveillance System) einfließen, wurde die neue Datenbank TESSy-konform gestaltet. Die Datensätze gehen als Befundkopien und in verschiedenen Versionen von Reporting-Forms in Hardcopy per Post, per Fax oder eingescannt per E-Mail und unterschiedlich beschriftet im NRZ ein. Ebenso werden Datensätze in vielen unterschiedlichen Formaten als elektronische Files geschickt. 2023 haben 28 von den 34 teilnehmenden Laboratorien die Daten elektronisch geschickt. Je nach Form der Datenübermittlung, zum Beispiel bei der manuellen Erfassung von schlecht lesbaren Befundausdrucken, ist die Fehleranfälligkeit mehr oder weniger hoch. Mit der Umstellung der Datenbasis erstellte daher das NRZ auch ein neues Template als Vorlage für die elektronische Übermittlung der Daten durch die teilnehmenden Laboratorien, um einerseits den Import zu optimieren und andererseits auch die Fehleranfälligkeit zu minimieren.

Mit der Umstellung der Datenbasis wurde die Darstellung der österreichischen EARS-Net-Daten 2019 für den AURES neugestaltet und an SURV-Net angepasst. Diese Anpassung soll eine bessere Vergleichbarkeit der Resistenzraten aus beiden Projekten ermöglichen. Zur raschen Orientierung bezüglich der empirischen Therapiemöglichkeiten sind die Resistenzraten, analog zum SURV-Net-Kapitel, in den Grafiken in ein Ampelfarben-Prinzip eingeordnet. **Grün** weist Resistenzraten von 0 bis 10 % aus. Eine in diese Kategorie fallende Resistenzrate bedeutet, dass das entsprechende Antibiotikum für eine empirische Therapie herangezogen werden kann. **Gelb** weist Resistenzraten von > 10 bis 25 % aus. Eine in diese Kategorie fallende Resistenzrate bedeutet, dass das entsprechende Antibiotikum nur nach empfindlicher Austestung im Antibiogramm verwendet werden soll. **Rot** weist eine Resistenzrate von > 25 % aus. Ein empirischer Einsatz der Substanz ist kritisch zu werten, da die Wahrscheinlichkeit eines Therapieversagens hoch ist. Der Einsatz sollte deshalb nur gezielt nach empfindlicher Austestung im Antibiogramm erfolgen. Andere Therapieoptionen sind zur Vermeidung einer weiteren Resistenzentwicklung zu erwägen.

Wie auch SURV-Net berichtet EARS-Net ab 2019 aufgrund der neuen EUCAST-Definition der Kategorie „I“ (= empfindlich bei erhöhter Exposition) nur mehr die Kategorie „R“ (resistent). Dort, wo Zeitverläufe über 5 Jahre dargestellt werden, sind die Vorjahre noch in der alten Auswertung angegeben (S-I-R). Mit den künftigen EARS-Net-Kapiteln der Folgejahre und dem Wegfall des jeweiligen ältesten Vergleichsjahres wird der zeitliche

Rückblick schrittweise in die ausschließliche Darstellung der R-Kategorie überführt werden.

Meldungen in EARS-Net nach Erregern

Tabelle 6: Anzahl der Meldungen nach Erregern 2019 bis 2023

Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Acinetobacter</i> spp.	91	77	87	105	106
<i>Enterococcus faecalis</i>	900	1.105	798	1.148	1.125
<i>Enterococcus faecium</i>	640	675	624	803	679
<i>Escherichia coli</i>	7.182	6.845	5.267	6.886	6.752
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.549	1.441	1.187	1.546	1.609
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	909	874	707	827	884
<i>Staphylococcus aureus</i>	4.126	3.896	3.246	4.440	4.167
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	643	358	322	543	706

Tabelle 6 zeigt die Anzahl der Meldungen je Erreger in den letzten 5 Jahren. Am häufigsten wurden 2023 *Escherichia coli* mit 6.752 Isolaten gemeldet, gefolgt von *Staphylococcus aureus* mit 4.167 Isolaten und *Klebsiella pneumoniae* mit 1.609 Isolaten. Die Anzahl invasiver Pneumokokken ist in 2023 wieder auf das vorpandemische Niveau gestiegen.

Geografische Verteilung der gemeldeten Erregerdaten

Die regionale Verteilung der eingesandten Daten hat sich im Zeitraum von 2000 bis 2023 verschoben. Zu Projektbeginn kam der überwiegende Anteil der Datenmeldungen aus Westösterreich. Mittlerweile kommt der Großteil – entsprechend dem Bevölkerungsanteil – aus Wien, Niederösterreich und Oberösterreich [3].

Tabelle 7: Bevölkerungszahlen 2023 absolut und relativ nach Bundesländern

Österreich	B	K	NÖ	OÖ	S	ST	T	V	W
9.159.993	301.966	569.835	1.723.981	1.530.571	571.528	1.269.945	776.082	409.951	2.006.134
100 %	3,3 %	6,2 %	18,8 %	16,7 %	6,2 %	13,9 %	8,5 %	4,5 %	21,9 %

Quelle: Statistik Austria, Stand 01.01.2024

Tabelle 8: Anzahl der Erstisolate pro Bundesland

	2019	2020	2021	2022	2023
B	341	462	478	348	397
K	742	1.019	918	729	1.299
NÖ	2.079	2.244	1.800	1.762	1.787
OÖ	2.308	2.925	3.163	2.313	3.046
S	825	899	850	848	993
ST	1.598	1.979	1.776	1.405	1.950
T	1.072	2.332	2.121	1.029	2.508
V	417	438	496	110	0 ⁶
W	3.602	3.742	3.669	3.680	4.048

Streptococcus pneumoniae

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Infektionen durch Streptokokken gehören zu den häufigsten Infektionskrankheiten, insbesondere bei Kindern, Patient:innen im höheren Lebensalter und Patient:innen mit

⁶ EDV-technisch in 2023 kein Datenexport möglich.

Immundefekten. *Streptococcus pneumoniae* nimmt dabei eine besondere Rolle als Auslöser von Pneumonien, Bakteriämien, Meningitiden und Otitis media ein.

Seit 2012 steht in Österreich die 10-valente konjugierte Pneumokokkenimpfung für alle Kinder im kostenfreien Impfkonzep zur Verfügung, ab 2020 ist laut Impfplan ein 13-valenter Impfstoff verfügbar [4]. Durch hohe Durchimpfungsraten soll nicht nur Individualschutz, sondern auch Gemeinschaftsschutz erreicht werden. Der Erfolg des Einsatzes von Impfungen hängt in hohem Maße von den vorherrschenden Pneumokokken-Serotypen ab, von denen über 90 bekannt sind. In Österreich führt die Nationale Referenzzentrale für Pneumokokken in Graz Untersuchungen an Pneumokokken-Bakterienstämmen kostenlos durch und trägt auf diese Weise zur Bereitstellung dieser wichtigen Informationen bei. Im vorliegenden AURES 2023 wird den Pneumokokken ein eigenes Kapitel gewidmet, weshalb die Darstellung der Serogruppen der Blutkulturisolate an dieser Stelle entfällt.

Tabelle 9: Anzahl der Erstisolate von *Streptococcus pneumoniae* seit dem Jahr 2019

Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	643	358	322	543	706

Im Jahr 2023 wurden in Österreich 706 Pneumokokken-Erstisolate aus Blutkulturen und/oder Liquor isoliert. Die Inzidenz beträgt damit 7,7 Fälle pro 100.000 Einwohner:innen (EW). In Europa reicht die Inzidenz von 0,2 Fällen pro 100.000 EW in Luxemburg bis zu 16,0 Fällen pro 100.000 EW in den Niederlanden [5].

Demographische Daten

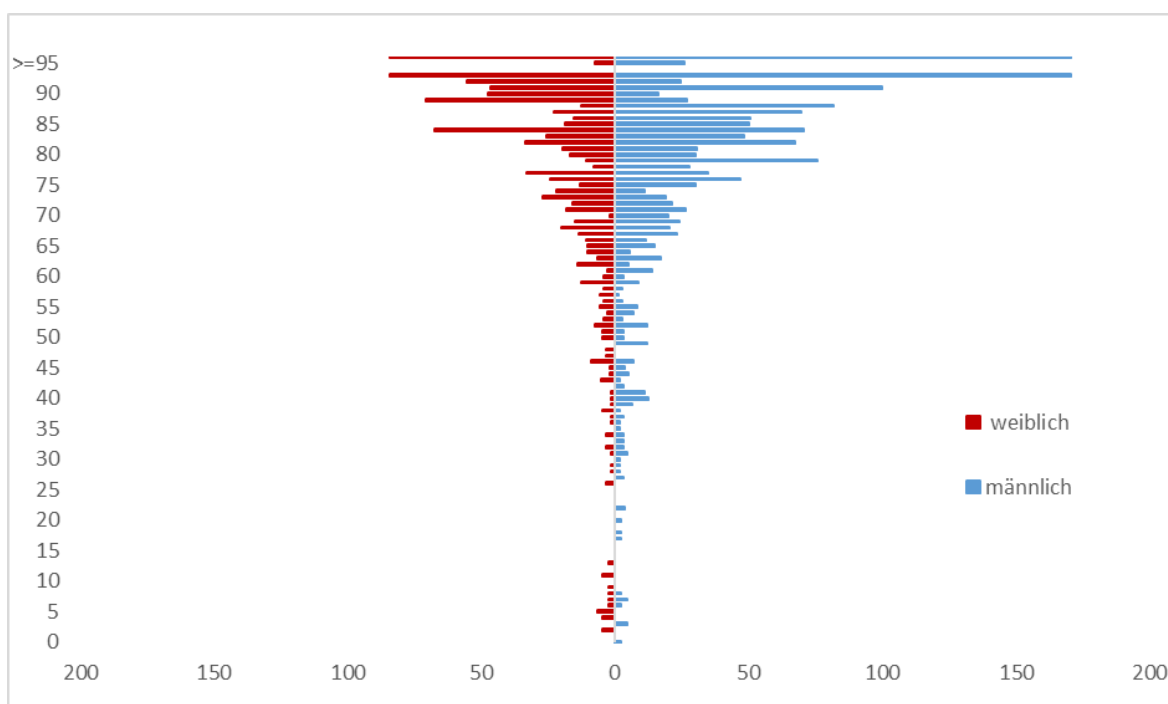
Streptococcus pneumoniae nach Geschlecht und Lebensalter

Streptococcus pneumoniae-Bakteriämien kommen bei Männern (n = 380) häufiger vor als bei Frauen (n = 318). Die Daten von 8 Isolatn mit Geschlecht „unbekannt“ fließen nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Im Kleinkindalter und vor allem im höheren Lebensalter ist die Häufigkeit von invasiven Pneumokokken-Infektionen im Vergleich zu den übrigen Altersgruppen erhöht.

Abbildung 2 zeigt die Inzidenz von invasiven Pneumokokken-Infektionen nach Lebensjahren pro 100.000 EW. Im europäischen Vergleich zeigt sich, dass die Inzidenzen allein bei Kindern der Altersgruppe unter zwei Jahren von 11,83 Fällen pro 100.000 EW pro Jahr in der Schweiz bis zu 80 Fällen pro 100.000 EW pro Jahr in Spanien reichen [6].

Abbildung 2: *Streptococcus pneumoniae* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

***Streptococcus pneumoniae* und Penicillin**

Penicilline bleiben bei der Therapie von invasiven Infektionen Mittel der ersten Wahl. 29 von 706 Isolaten wurden im Jahr 2023 von den entsprechenden Laboratorien als „intermediär/sensibel bei erhöhter Exposition“ deklariert. Es wurden 11 Penicillin-resistente Isolate erfasst. Da nach EUCAST in Abhängigkeit von Klinik und beabsichtigter Verabreichungsform unterschiedliche Grenzwerte zur Anwendung kommen, werden die korrespondierenden Minimale Hemmkonzentration (MHK)-Werte in Tabelle 10 im Detail ausgewiesen. Bei 597 Isolaten wurden keine Daten zur MHK-Bestimmung mitgeteilt. Die MHK des Erregers für Penicillin ist bei Meningitis bis $\leq 0,06$ mg/L und bei anderen Infektionen bis 2 mg/L nach EUCAST als empfindlich zu interpretieren (Tabelle 11).

Von einem hochresistenten Isolat würde bei einer MHK von > 2 mg/L gesprochen werden. In Österreich wurde 2023 kein solches Isolat nachgewiesen.

Tabelle 10: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin, MHK-Werte 2023 im Detail

Material	Interpretation	Anzahl Isolate	MHK mg/L
Blut	R	1	1
Blut	R	2	0,5
Blut	R	7	*
Liquor	R	1	*
Blut	I	1	2
Blut	I	1	1
Blut	I	3	0,25
Blut	I	1	0,125
Blut	I	23	*
Blut	S	3	0,06
Blut	S	27	≤0,06
Liquor	S	1	≤0,06
Blut	S	10	0,03
Blut	S	42	≤0,03
Blut	S	9	0,016
Blut	S	4	≤0,016
Blut	S	2	≤0,008
Blut	S	1	0,004
Blut	S	1	≤0,004
Blut	S	563	*
Liquor	S	3	*

*ohne MHK übermittelt; bei Blutkulturisolaten kann sowohl eine Pneumonie als auch Meningitis vorliegen, daher sind die gemessenen MHK-Werte in diesem Kontext und in der nachfolgenden Tabelle mit den

Referenzwerten zu interpretieren. Die Angabe R oder I in der Spalte Interpretation entspricht der übermittelten interpretativen Kategorie aus dem Routinebefund des jeweiligen Labors.

Tabelle 11: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin, aus EUCAST Clinical Breakpoints Table v.12.0

Penicilline	MIC Breakpoints (mg/L)	
	S≤	R>
Benzylpenicillin (andere Infektionen als Meningitis)	0,06	2
Benzylpenicillin (Meningitis)	0,06	0,06

Quelle: EUCAST, Stand 01.01.2023

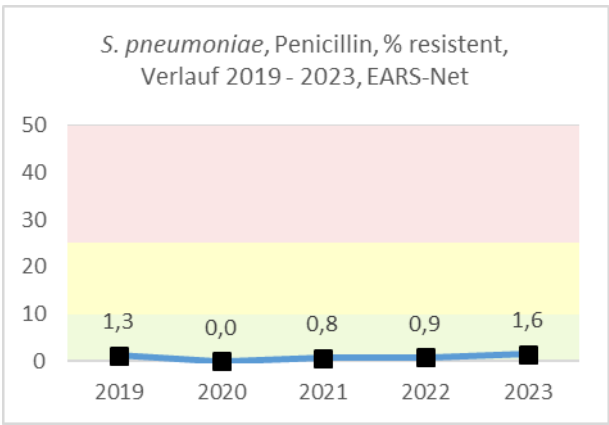
***Streptococcus pneumoniae* – Penicillin nicht empfindlich Österreich gesamt**

Tabelle 12: *Streptococcus pneumoniae* und Penicillin seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	556	1,3
2020	306	0,0
2021	377	0,8
2022	543	0,9
2023	706	1,6

Die Zahlen der Tabelle 12 sind unmittelbar im Kontext mit den einleitenden Worten zum Kapitel *Streptococcus pneumoniae* und Penicillin sowie den zugrundeliegenden MHK-Werten (Tabelle 10) zu interpretieren. Dies gilt auch für Abbildung 3.

Abbildung 3: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent, Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 13: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	13	0,0	10	0,0	19	0,0	18	0,0	22	4,5
15–24	3	0,0	1	0,0	2	0,0	12	8,3	5	0,0
25–44	44	0,0	26	0,0	39	2,6	42	0,0	65	6,2
45–64	147	0,0	96	0,0	115	1,7	171	0,6	150	0,7
65–75	141	2,1	75	0,0	93	0,0	145	1,4	173	1,7
>75	208	1,9	98	0,0	109	0,0	155	0,6	291	0,7

***Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent nach Bundesland**

Tabelle 14: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent nach Bundesland seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	16	6,3	9	0,0	14	0,0	12	0,0	8	0,0
K	28	0,0	12	0,0	19	0,0	26	0,0	44	0,0
NÖ	60	0,0	36	0,0	37	2,7	53	0,0	62	0,0
OÖ	153	1,3	72	0,0	84	0,0	102	1,0	105	2,9
S	38	0,0	21	0,0	35	2,9	49	2,0	51	0,0
ST	60	3,3	50	0,0	52	0,0	83	1,2	122	1,6
T	103	1,0	38	0,0	47	0,0	106	0,0	156	0,6
V	1	0,0	2	0,0	19	5,3	21	0,0	-	-
W	97	1,0	66	0,0	70	0,0	91	2,2	158	3,2

***Streptococcus pneumoniae* und Makrolide⁷**

Makrolide gehören zur Therapie der ersten Wahl bei der Behandlung von Pneumokokken-Infektionen im Fall einer Penicillin-Unverträglichkeit oder -Allergie.

***Streptococcus pneumoniae* – Makrolide-resistent Österreich gesamt**

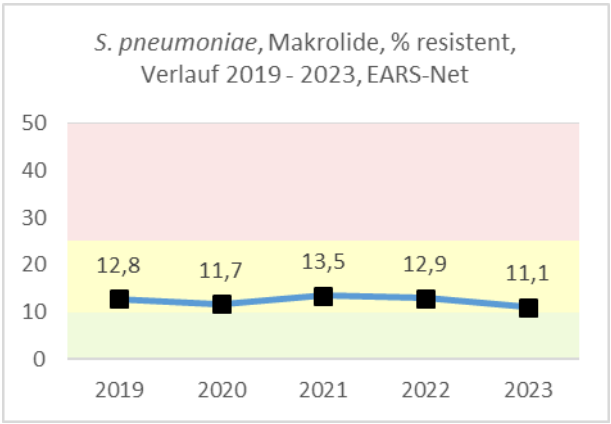
Die Resistenzraten sind hier deutlich höher als bei Penicillin. Im Vergleich über die letzten 5 Jahre ist die Resistenzrate stabil und liegt im Jahr 2023 bei 11,1 %.

⁷ Azithromycin, Clarithromycin, Erythromycin

Tabelle 15: *Streptococcus pneumoniae* – Makrolide seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	704	12,8
2020	341	11,7
2021	490	13,5
2022	643	12,9
2023	794	11,1

Abbildung 4: *Streptococcus pneumoniae* – Makrolide-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Streptococcus pneumoniae* – Makrolide-resistent nach Altersgruppen**

Die Auswertung der Resistenzraten nach Altersgruppen ergibt keine deutlichen Unterschiede. Die Daten schwanken über die Jahre, wie in Tabelle 16 erkennbar ist.

Tabelle 16: *Streptococcus pneumoniae* – Makrolide resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	14	14,3	13	15,4	21	28,6	19	10,5	22	18,2

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
15–24	2	50,0	3	33,3	2	0,0	17	11,8	5	0,0
25–44	46	10,9	34	8,8	53	30,2	47	14,9	79	11,4
45–64	182	9,3	101	9,9	150	6,7	199	7,5	183	10,9
65–75	190	9,5	81	8,6	117	16,2	167	12,0	194	11,9
>75	270	17,4	109	15,6	147	10,2	194	19,1	311	10,3

Staphylococcus aureus

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Staphylococcus aureus ist ein grampositives Bakterium, welches rund 20 % der gesunden Bevölkerung kolonisiert. In Österreich liegt dieser Wert laut der APRES-Studie mit 16 % unter diesem europäischen Mittelwert [7]. Das Spektrum der klinischen Erscheinungsbilder durch *Staphylococcus aureus* reicht von einer asymptomatischen Kolonisation über leichte, lokalisierte Infektionen bis hin zu schweren Erscheinungsbildern inklusive Septitiden mit tödlichem Ausgang. *Staphylococcus aureus* kann direkt über eine Reihe von Virulenzfaktoren, aber auch über Toxin vermittelte pathophysiologische Reaktionen eine Vielzahl von Organen schädigen und schwere Krankheitsverläufe auch durch immunologische Wirtsreaktionen bewirken. Vor allem bei der Verursachung von nosokomialen Infektionen im Krankenhaus spielt *Staphylococcus aureus* und hier vor allem die Oxacillin-resistente und damit schwerer behandelbare Form (MRSA) eine bedeutende Rolle.

Tabelle 17: Anzahl der Erstisolate von *Staphylococcus aureus* seit dem Jahr 2019

Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Staphylococcus aureus</i>	4.126	3.896	3.246	4.440	4.167

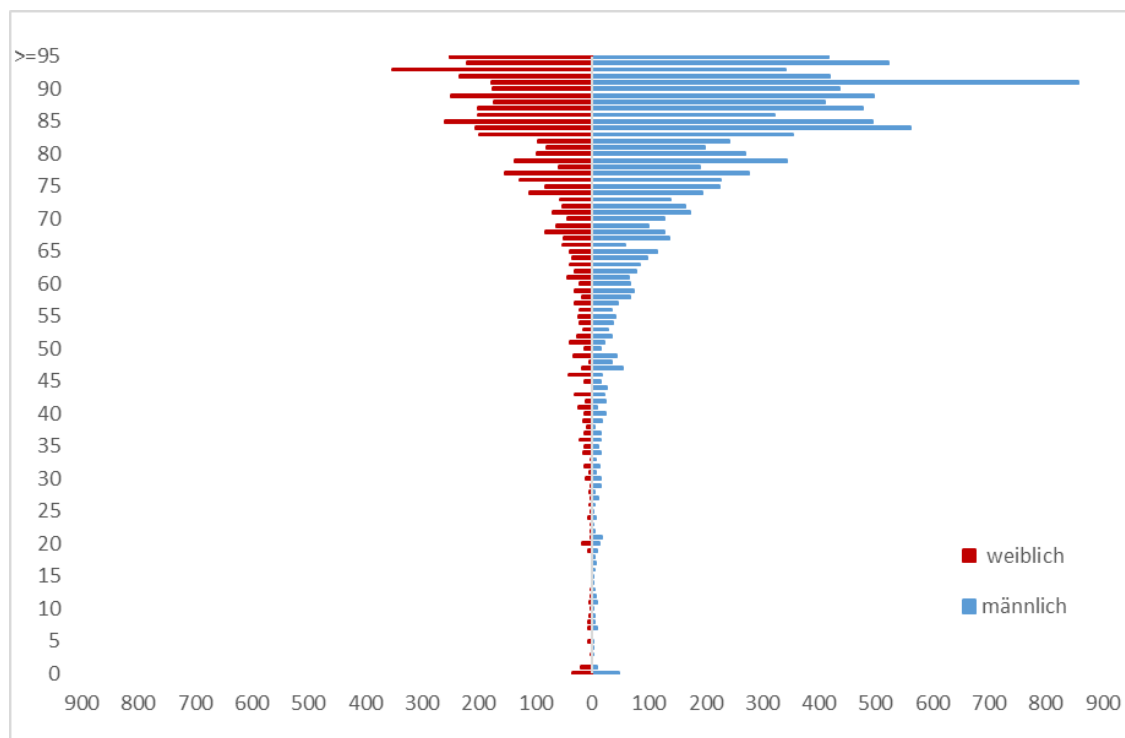
Im Jahr 2023 sind 4.167 Meldungen einer *Staphylococcus aureus*-Bakteriämie eingelangt. Dies entspricht einer Inzidenz von 45,5 Fällen pro 100.000 EW. *Staphylococcus aureus* liegt in der Häufigkeit aller EARS-Net-Erreger damit an zweiter Stelle hinter *Escherichia coli*.

Demographische Daten

***Staphylococcus aureus* nach Geschlecht und Lebensalter**

Staphylococcus aureus-Bakteriämien kommen bei Männern (n = 2.510) häufiger vor als bei Frauen (n = 1.580). Besonders deutlich wird dies bei der Betrachtung der auf die österreichische Bevölkerung standardisierten Daten in Abbildung 5 und Abbildung 7. Im höheren Lebensalter etwa ab dem 70. Lebensjahr kommt es bei beiden Geschlechtern zu einer deutlichen Zunahme der Häufigkeit von *Staphylococcus aureus*-Bakteriämien. Die Inzidenz von *Staphylococcus aureus*-Bakteriämien pro 100.000 EW steigt bei Frauen ab dem 75. Lebensjahr, bei Männern ab dem 65. Lebensjahr kontinuierlich. (siehe Abbildung 5). Die Daten von 77 Isolaten mit Geschlecht „unbekannt“ fließen nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Abbildung 5: *Staphylococcus aureus* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



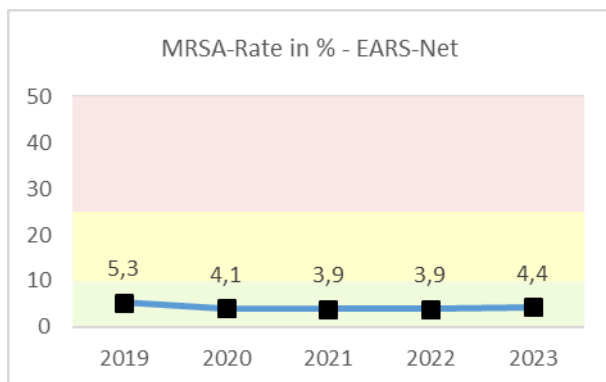
Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

MRSA⁸

Die MRSA-Rate liegt aktuell bei 4,4 % und ist im 5-Jahres-Rückblick als leicht fallend zu betrachten.

MRSA-Raten – Österreich gesamt

Abbildung 6: *Staphylococcus aureus* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



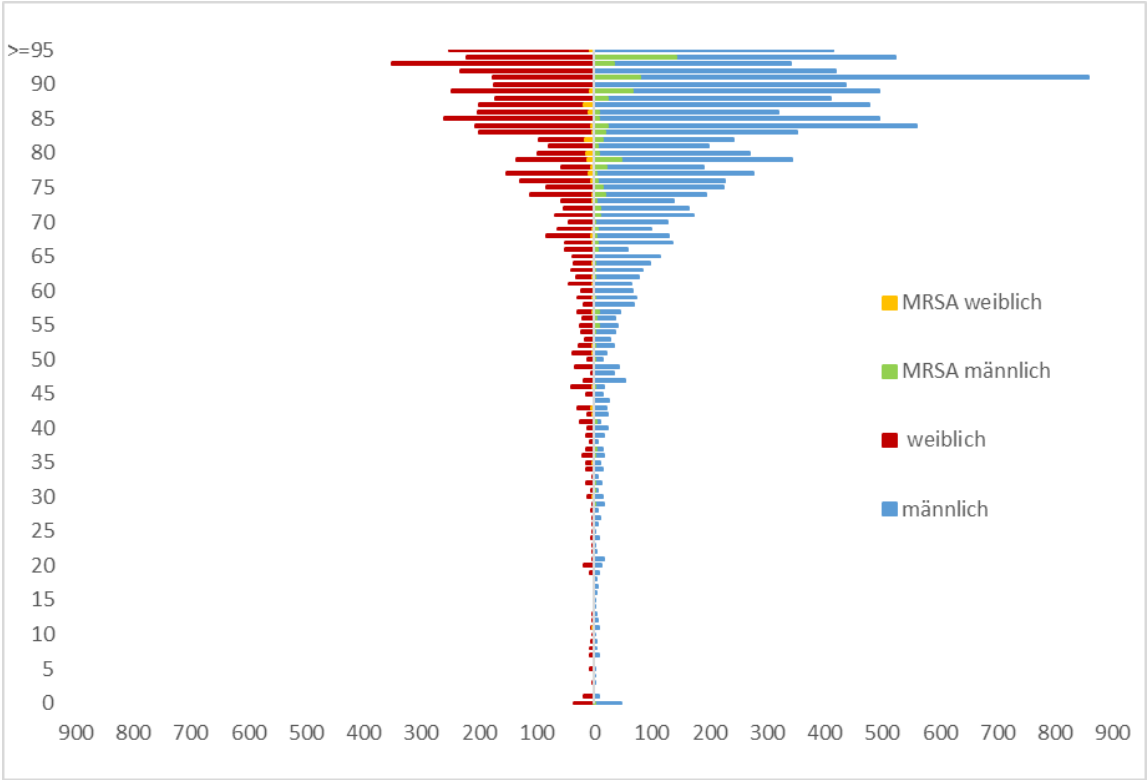
MRSA-Raten nach Geschlecht und Lebensalter

MRSA-Bakteriämien kommen bei Männern (n = 118) häufiger vor als bei Frauen (n = 59).

Die Daten von 8 Isolaten mit Geschlecht „unbekannt“ fließen nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

⁸ Resistent gegenüber Methicillin, Oxacillin oder Cefoxitin

Abbildung 7: Anzahl *Staphylococcus aureus*-Fälle und MRSA-Anteil nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

MRSA-Raten nach Altersgruppen

Tabelle 18: MRSA-Raten nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	75	5,3	48	2,1	66	3,0	79	5,1	86	2,3
15–24	44	9,1	22	4,5	40	0,0	53	0,0	51	2,0
25–44	259	5,4	263	4,9	322	2,8	357	4,8	290	5,5
45–64	931	5,4	894	5,5	977	4,2	1.006	3,1	966	3,3

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
65–75	1.098	5,6	887	3,7	1.014	2,9	1.087	4,5	981	4,0
>75	1.726	4,9	1.588	3,9	1.720	2,6	1.858	3,8	1.793	5,3

MRSA-Raten nach Bundesländern

Die MRSA-Raten variieren zwischen den Bundesländern.

Tabelle 19: MRSA-Raten im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	123	10,6	120	8,3	123	0,8	169	2,4	112	7,1
K	302	3,6	213	4,7	296	0,0	305	1,0	371	1,1
NÖ	459	8,1	495	5,7	495	4,6	529	3,2	484	4,1
OÖ	773	3,0	814	3,8	895	1,6	873	2,9	929	3,8
S	254	2,4	258	3,1	287	3,8	278	4,3	250	1,6
ST	491	3,9	343	2,3	364	5,8	333	4,8	290	2,1
T	604	6,1	592	4,2	704	0,7	676	3,1	664	5,1
V	100	2,0	110	2,7	101	1,0	104	0,0	0	-
W	69	6,7	758	4,7	874	5,6	1.173	6,2	1.067	6,9

In Kärnten ergibt sich in der diesjährigen Auswertung österreichweit gesehen die niedrigste MRSA-Rate von 1,1 %. In den restlichen Bundesländern ist die MRSA-Rate im 5-Jahres-Vergleich konstant niedrig.

***Staphylococcus aureus* und Vancomycin**

Tabelle 20: *Staphylococcus aureus* – Vancomycin nicht empfindlich Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	3.357	0,0
2020	3.132	0,0
2021	3.403	0,0
2022	3.186	0,0
2023	3.042	0,1

Im Jahr 2023 wurden 3 Isolate jeweils mit einer MHK von >8 mg/L resistent gegenüber Vancomycin gemeldet, allerdings standen diese Isolate für eine Bestätigung nicht zur Verfügung.

Escherichia coli

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Escherichia coli ist der häufigste gramnegative Erreger von Bakteriämien insgesamt. Darüber hinaus ist er der häufigste Erreger außerhalb und innerhalb des Krankenhauses erworbener Harnwegsinfektionen. Das Spektrum der Infektionen reicht von Harnwegsinfektionen und Peritonitis über Wundinfektionen bis hin zu Lebensmittel-assoziierten gastrointestinalen Infektionen [8].

In der EARS-Net-Datensammlung ist *Escherichia coli* ebenfalls der am häufigste gemeldete Erreger von Bakteriämien. Im Jahr 2023 wurden in Österreich 6.752 Fälle erfasst.

Die Inzidenz von *Escherichia coli*-Bakteriämien liegt bei 73,7 Fällen pro 100.000 EW.

Tabelle 21: Anzahl der Erstisolate von *Escherichia coli* seit dem Jahr 2019

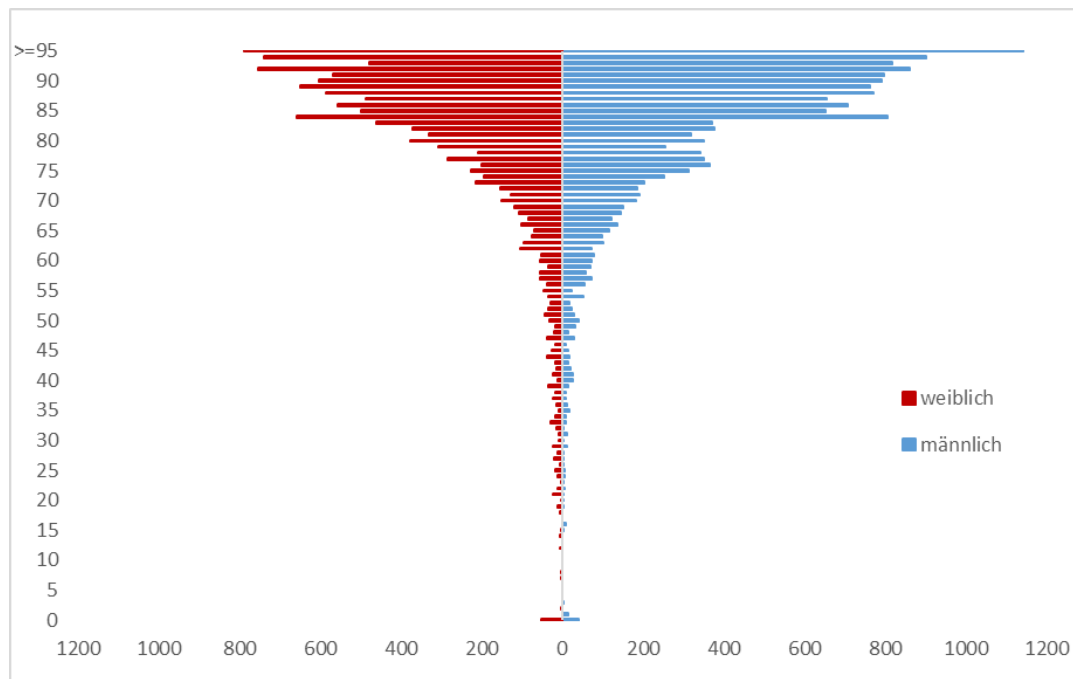
Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Escherichia coli</i>	7.182	6.845	5.267	6.886	6.752

Demographische Daten

Escherichia coli nach Geschlecht und Lebensalter

Escherichia coli-Bakteriämien kommen bei Frauen (n = 3.587) häufiger vor als bei Männern (n = 3.090). Bei 75 Datensätzen wurde das Geschlecht mit „unbekannt“ übermittelt, diese fließen somit nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein. Das Lebensalter der Patient:innen liegt zwischen 0 und 103 Jahren. Im höheren Lebensalter sind Männer häufiger von *Escherichia coli*-Bakteriämien betroffen. Der Altersgipfel liegt bei 80 Lebensjahren und darüber, wie Abbildung 8 entnommen werden kann.

Abbildung 8: *Escherichia coli* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



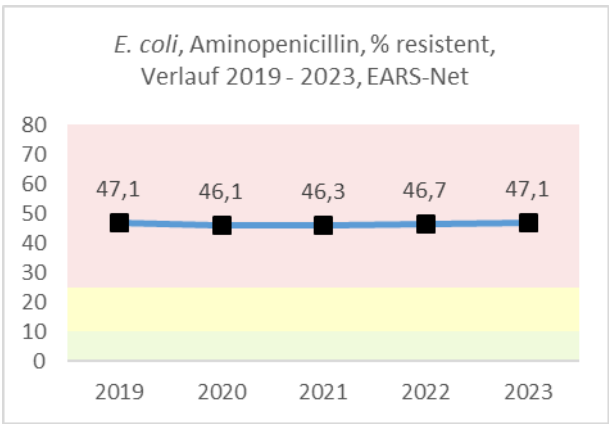
Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

Escherichia coli und Aminopenicilline⁹

Die Resistenzrate von Aminopenicillinen ist in den letzten 5 Jahren auf anhaltend hohem Niveau stabil. Demnach sind Aminopenicilline bei jedem zweiten Isolat nicht mehr wirksam und de facto nicht für den empirischen Einsatz geeignet.

Escherichia coli – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt

Abbildung 9: *Escherichia coli* – Aminopenicillin-resistent in Prozent seit dem Jahr 2019



Escherichia coli – Aminopenicillin-resistent nach Altersgruppen

Bei der Verteilung der Resistenzraten nach Altersgruppen ist kein eindeutiger Trend abzulesen.

Tabelle 22: *Escherichia coli* – Aminopenicillin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	57	49,1	42	54,8	40	50,0	57	70,2	49	59,2
15–24	53	41,5	45	37,8	48	41,7	49	51,0	50	56,0

⁹ Amoxicillin, Ampicillin

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
25–44	236	48,3	321	42,1	273	44,7	344	50,0	334	47,3
45–64	1.184	46,7	1.040	45,8	1.071	50,8	1.154	44,3	1.163	49,4
65–75	1.507	49,6	1.455	47,4	1.431	45,0	1.516	47,8	1.429	45,3
>75	3.603	46,1	3.149	46,0	2.941	45,4	3.298	46,3	3.235	46,7

***Escherichia coli* – Aminopenicillin-resistent nach Bundesländern**

Im Vergleich zum Vorjahr bleiben die Resistenzraten bei den Aminopenicillinen in allen Bundesländern annähernd gleich hoch.

Tabelle 23: *Escherichia coli* – Aminopenicillin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland*	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	201	47,3	204	45,6	149	45,6	313	42,8	154	39,6
K	423	48,9	387	40,3	382	39,8	393	44,8	365	42,2
NÖ	1028	45,4	849	43,0	837	44,8	783	42,3	819	42,5
OÖ	1.304	44,2	1.430	41,7	1.204	44,5	1.311	44,2	1.248	46,6
S	389	45,0	100	41,0	100	40,0	108	35,2	115	37,4
ST	818	49,4	822	43,2	815	40,9	829	47,2	989	46,1
T	1.100	46,2	909	53,0	1.078	52,9	1.156	49,5	1.100	49,5
W	1.377	50,4	1.351	51,9	1.239	49,4	1.525	51,2	1.470	51,8

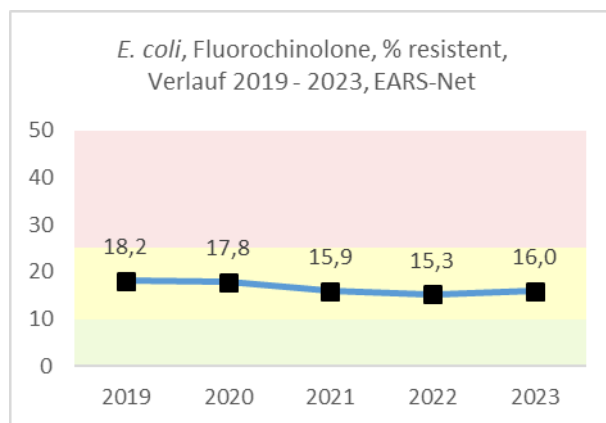
*keine Testung der Drug-Bug-Kombination *E. coli* und Aminopenicillin in Vorarlberg

***Escherichia coli* und Fluorochinolone¹⁰**

Die Substanzklasse der Fluorochinolone ist eine wichtige Therapieoption bei schweren Infektionen mit *Escherichia coli*. Seit dem Jahr 2019 ist die Resistenzrate von *Escherichia coli* gegenüber dieser Substanzgruppe stabil und liegt aktuell bei 16,0 %.

***Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt**

Abbildung 10: *Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen**

Der Anteil an resistenten Erregern in der Altersgruppe 15-24 Jahre ist mit 29,1 % im 5 Jahres-Vergleich hoch.

¹⁰ Ciprofloxacin, Ofloxacin, Levofloxacin

Tabelle 24: *Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	82	6,1	77	11,7	58	6,9	67	22,4	59	15,3
15–24	84	10,7	73	11,0	70	11,4	61	8,2	79	29,1
25–44	333	19,5	492	14,2	370	11,9	470	14,0	542	15,3
45–64	1.769	16,5	1.562	19,1	1.628	15,8	1.590	14,8	1.668	19,4
65–75	2.228	20,2	2.240	16,3	2.174	16,4	2.124	16,4	2.063	15,7
>75	5.368	18,1	4.759	18,8	4.480	16,1	4.676	15,0	4.735	14,8

Escherichia coli – Fluorochinolone-resistent nach Bundesländern

Im Jahr 2023 zeigt sich in allen Bundesländern ein gleichbleibender Trend.

Tabelle 25: *Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	393	17,6	317	20,2	202	12,9	511	9,2	353	16,1
K	483	21,7	395	15,9	386	16,1	279	12,9	543	15,7
NÖ	1.288	17,5	1.102	16,6	999	14,7	805	12,4	832	10,5
OÖ	1.938	14,2	2.058	12,5	1.674	13,3	1.681	11,9	1.795	15,8
S	457	15,8	383	12,3	361	15,0	460	12,0	445	12,4
ST	1.266	18,2	1.219	21,2	1.040	14,4	1.096	17,0	1.435	15,5
T	2.196	19,1	1.816	21,0	2.148	18,8	2.310	18,5	2.194	16,4
V	220	12,3	237	14,8	236	16,9	232	17,7	0	-
W	1.623	22,6	1.676	21,1	1.734	16,6	1.614	17,3	1.549	20,1

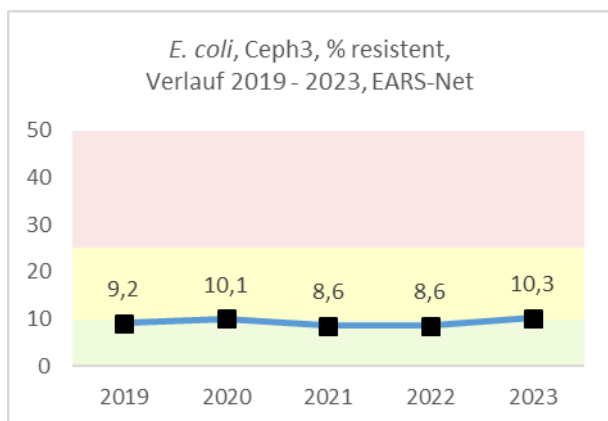
***Escherichia coli* und 3.-Generations-Cephalosporine¹¹**

Das Monitoring der Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen (Ceph3) bei *Escherichia coli* dient als Indikator der Detektion von Breitspektrum- β -Laktamasen (Extended Spectrum Betalactamases, (ESBL)). Wenngleich diese Definition nicht zu 100 % mit der ESBL-Definition übereinstimmt (es gibt auch andere Gründe/Mechanismen für eine Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen), sind die Ergebnisse doch gut auf das Vorhandensein von ESBL umlegbar und daher als Indikator für das Resistenzmonitoring von Trends bei ESBL geeignet.

***Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt**

Seit dem Jahr 2019 ist die Resistenzrate von *Escherichia coli* gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen auf einem gleichbleibenden Niveau.

Abbildung 11: *Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent nach Altersgruppen**

Die Resistenzraten nach Altersgruppen schwanken über die Jahre. Es ist keine eindeutige Tendenz erkennbar.

¹¹ Cefotaxim, Ceftazidim, Ceftriaxon

Tabelle 26: *Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	62	8,1	62	11,3	46	4,3	67	6,0	54	13,0
15–24	57	1,8	51	5,9	49	8,2	53	5,7	55	9,1
25–44	235	6,8	332	9,3	302	6,3	352	6,8	350	10,6
45–64	1.168	8,3	1.059	10,6	1.150	7,9	1.191	8,7	1.213	11,6
65–75	1.493	10,0	1.495	10,4	1.493	8,0	1.588	8,9	1.561	10,0
>75	3.604	9,5	3.224	9,9	3.093	9,3	3.489	8,7	3.496	9,9

***Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent nach Bundesländern**

Der Vergleich der Resistenzraten in allen Bundesländern über 5 Jahre lässt keine eindeutige Tendenz erkennen.

Tabelle 27: *Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	201	9,5	204	8,3	149	8,1	313	2,6	156	8,3
K	454	8,6	387	7,5	379	5,8	393	5,9	525	5,5
NÖ	869	8,4	694	6,1	682	6,3	722	6,5	814	6,5
OÖ	1.305	7,6	1.345	7,3	1.148	7,2	1.307	7,0	1.330	9,5
S	394	9,6	352	7,1	329	7,9	411	7,1	402	11,4
ST	878	8,8	853	10,8	824	6,3	834	7,1	988	8,3
T	1.100	9,0	909	13,1	1.078	11,8	1.155	12,3	1.100	13,9
V	220	3,6	236	9,3	234	6,8	232	6,0	0	-
W	1.198	13,2	1.243	14,6	1.310	11,0	1.373	12,0	1.414	13,4

***Escherichia coli* und Aminoglykoside¹²**

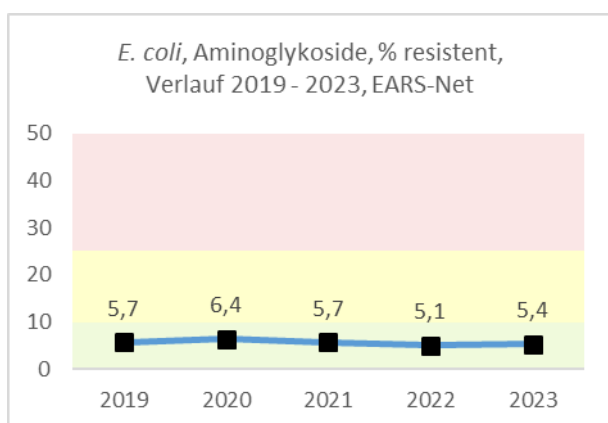
Bei dieser Antibiotikaklasse handelt es sich sowohl um einen Kombinationspartner bei diversen Indikationen als auch um eine Reserve-Therapieoption bei problematischen AMR-Konstellationen gerade im gramnegativen Bereich, wobei die Resistenzrate aktuell bei 5,4 % liegt.

Seit EUCAST 2020 wird keine Kategorie „I“ mehr für Gentamicin ausgewiesen bzw. sind Breakpoints nur mehr für Infektionen, die vom Harntrakt ausgehen (S $\geq$ 17mm, R < 17mm), verfügbar. Zudem soll bei systemischen Infektionen bei fehlendem Hinweis auf einen erworbenen Resistenzmechanismus ein Hinweis auf die notwendige Kombinationstherapie am Befund angegeben werden.

Um dem Rechnung zu tragen (und um AMR-Raten im Vergleich zu den Vorjahren aufgrund methodischer Details nicht überhöht darzustellen), wurden alle als „I“ übermittelten Daten (n = 162) auch im AURES 2023 nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „S“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet. Dies gilt sinngemäß auch für *P. aeruginosa* und *Acinetobacter* spp.

***Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt**

Abbildung 12: *Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



¹² Amikacin, Gentamicin, Tobramycin

***Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 28: *Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	63	6,3	55	3,6	36	11,1	46	21,7	37	13,5
15–24	59	6,8	51	0,0	45	0,0	41	0,0	39	7,7
25–44	247	6,9	325	7,1	284	6,7	268	4,5	289	3,8
45–64	1.231	5,3	1.078	6,5	1.086	4,5	931	4,8	931	7,2
65–75	1.592	6,6	1.519	7,0	1.419	7,0	1.212	5,9	1.171	4,0
>75	3.766	5,4	3.256	6,2	2.925	5,9	2.610	4,7	2.633	5,5

***Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern**

Im Vergleich zu 2022 sind die Resistenzraten in allen Bundesländern bei vereinzelt (B) niedrigeren Fallzahlen auf gleichem Niveau.

Tabelle 29: *Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	201	3,5	204	6,4	149	2,0	94	1,1	89	2,2
K	455	4,2	385	4,9	381	5,0	393	2,3	525	5,3
NÖ	1.028	4,5	844	4,7	836	3,6	798	4,1	787	2,7
OÖ	1.312	4,8	1.215	4,9	1.009	6,7	1.064	4,7	935	5,7
S	395	6,1	351	3,4	329	2,7	417	1,9	401	5,2
ST	878	7,9	874	6,5	810	5,8	800	7,3	944	5,1
T	1.100	5,3	908	7,7	1.077	6,8	1.149*	0,8	1.100*	0,0

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
V	220	5,9	237	6,3	235	3,0	233	1,7	0	-
W	1.369	7,4	1.266	9,2	969	9,2	1.309	7,4	1.419	7,3

*Wert für Amikacin, fließt nicht in die Gesamtbeurteilung ein.

***Escherichia coli* und Carbapeneme¹³**

In Österreich wurden 2023 16 Blutkultur-Isolate mit einer Resistenz gegenüber Carbapenemen gefunden.

***Escherichia coli* – Carbapenemen-resistent Österreich gesamt**

Tabelle 30: *Escherichia coli* – Carbapenemen-resistent in Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	6.810	0,0
2020	6.444	0,1
2021	6.418	0,03
2022	6.886	0,1
2023	6.752	0,2

¹³ Imipenem, Meropenem

Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Enterokokken gehören zur Normalflora des Gastrointestinaltraktes von Menschen, Säugetieren, Vögeln und Reptilien. Unter normalen Umständen sind diese Erreger harmlose Besiedler. Wenn die Beziehung zwischen Wirt und Erreger jedoch gestört wird, wie etwa durch eine Immunsuppression des Wirtes, kann es zu schweren Infektionen kommen.

Die Bandbreite klinischer Entitäten reicht von Endokarditis über Bakteriämien, Meningitis, Wundinfektionen und Harnwegsinfekten bis hin zu Peritonitis und intraabdominellen Abszessen. Der Großteil der Infektionen wird durch *Enterococcus faecalis* verursacht [9].

Enterokokken weisen gegenüber einer Vielzahl von Antibiotika eine natürliche Resistenz auf. Dieser Umstand sowie ihre leichte Übertragbarkeit von Mensch zu Mensch räumen den Enterokokken ein nicht zu vernachlässigendes Gefährdungspotenzial für nosokomiale Infektionen ein.

Jährlich treten in Österreich pro 100.000 EW gesamt 19,7 Fälle von *Enterococcus faecalis*- und *Enterococcus faecium*-Bakteriämien auf. Das Verhältnis von *Enterococcus faecalis* zu *Enterococcus faecium* beträgt 12,3 zu 7,4 Fälle pro 100.000 EW.

Tabelle 31: Anzahl der Erstisolate von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* seit dem Jahr 2019

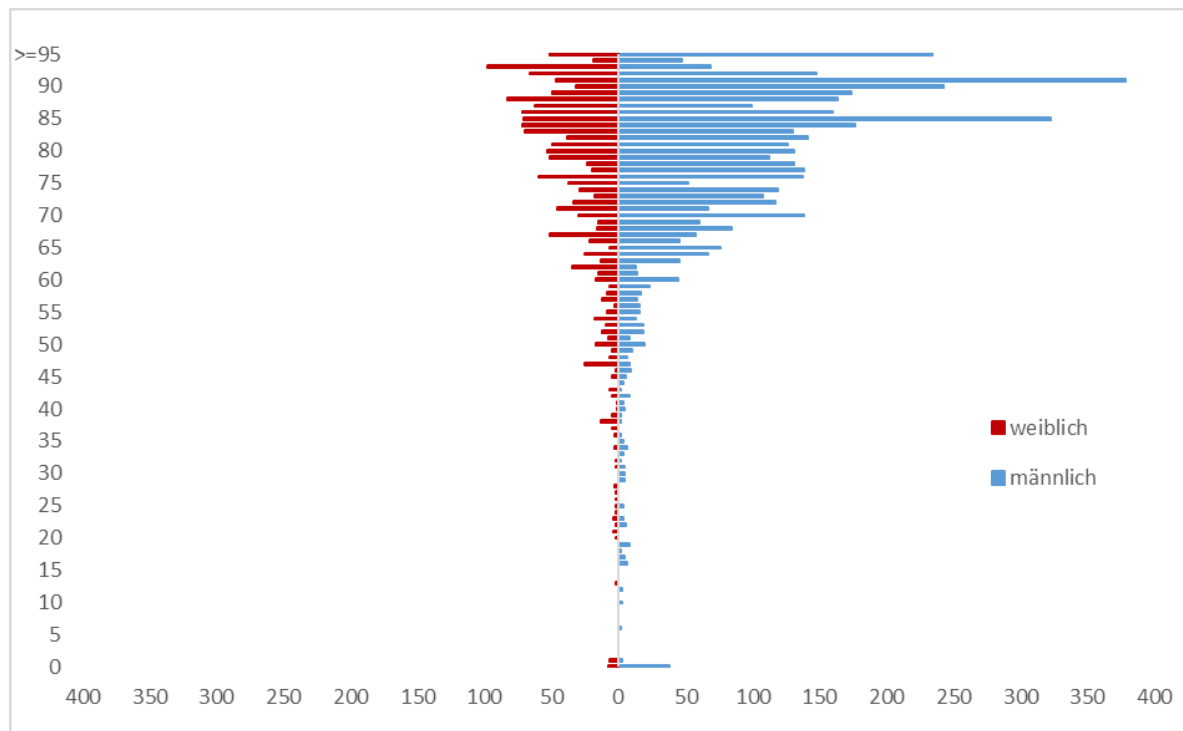
Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Enterococcus faecalis</i>	900	1.105	798	1.148	1.125
<i>Enterococcus faecium</i>	640	675	624	803	679

Demographische Daten

Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter

Enterokokken-Bakteriämien treten bei Männern (n = 1.171) häufiger auf als bei Frauen (n = 604). Die höchste Inzidenz von Enterokokken-Bakteriämien liegt bei Männern im höheren Lebensalter (> 70 Jahre) vor. Bei 29 Datensätzen wurde das Geschlecht mit „unbekannt“ übermittelt, diese fließen somit nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Abbildung 13: Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023

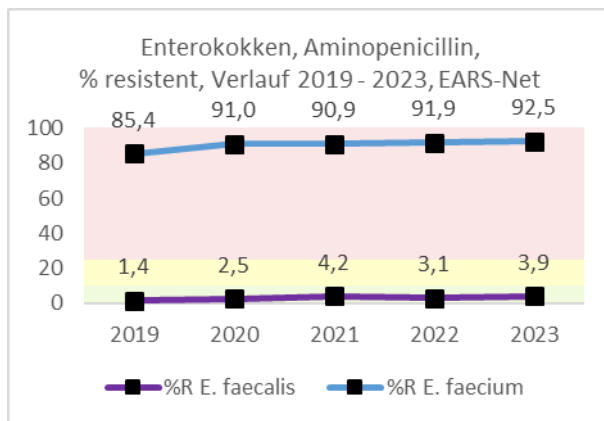


Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

Enterokokken und Aminopenicilline

Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt

Abbildung 14: Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



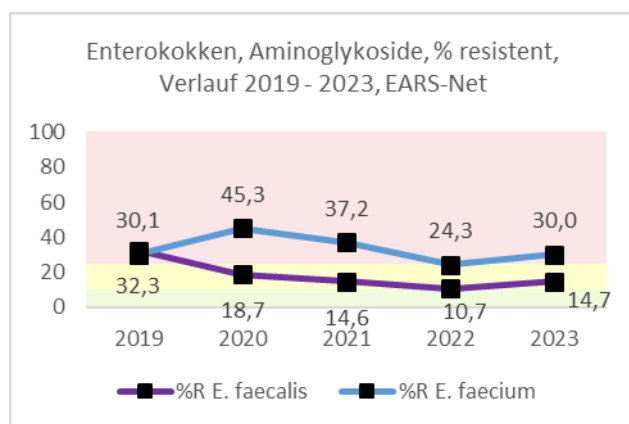
Enterokokken und Aminoglykoside

Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden

Die Raten von Isolaten mit hochgradiger Gentamicin-Resistenz sind über die Jahre relativ stabil geblieben. Im Vergleich zu 2022 ist die Resistenzrate bei *Enterococcus faecalis* (von 10,7 % auf 14,7 %) und bei *Enterococcus faecium* (von 24,3 % auf 30,0 %) jeweils leicht gestiegen.

Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden Österreich gesamt

Abbildung 15: *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* – hochgradig Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

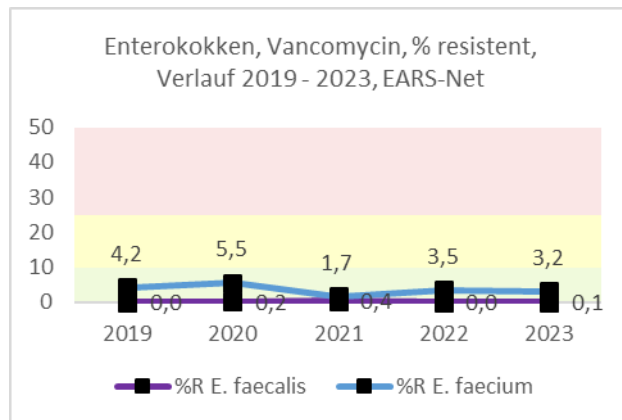


Enterokokken und Vancomycin

Die Resistenzentwicklung gegenüber Vancomycin zeigt in Österreich 2023 bei *Enterococcus faecalis*-Isolaten einen leichten Anstieg (von 0,0 % auf 0,1 %) und bei *Enterococcus faecium*-Isolaten einen Rückgang (von 3,5 % auf 3,2 %).

Enterokokken – Vancomycin-resistent Österreich gesamt

Abbildung 16: *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* – Vancomycin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



Enterokokken – Vancomycin-resistent nach Bundesland

Tabelle 32: Enterokokken –Vancomycin-resistent nach Bundesland 2023

Bundesland	<i>E. faecalis</i>		<i>E. faecium</i>	
	n	%R	n	%R
B	40	0,0	15	0,0
K	109	0,0	49	2,0
NÖ	99	0,0	62	1,6
OÖ	192	0,5	112	0,9
S	64	0,0	39	17,9
ST	145	0,0	62	3,2
T	165	0,0	87	6,9
V	0	-	0	-
W	311	0,0	253	1,6

Klebsiella pneumoniae

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Nach *Escherichia coli* ist *Klebsiella pneumoniae* der zweithäufigste gramnegative Erreger von Bakteriämien. Als Besiedler von Gastrointestinaltrakt, Haut und anderen Körperregionen bei hospitalisierten Patient:innen kommt *Klebsiella pneumoniae* als Auslöser opportunistischer Infektionen eine große Bedeutung zu. *Klebsiella pneumoniae* ist vor allem als Erreger nosokomialer Infektionen bekannt und kann leicht von Mensch zu Mensch übertragen werden. Je nach Grunderkrankung wie etwa Diabetes mellitus oder Alkoholabhängigkeit kann es durch Immundefizite zu schweren Infektionen kommen [10].

Im Jahr 2023 wurden 1.609 Fälle von *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien gemeldet. Dies entspricht einer Inzidenz von 17,6 Fällen pro 100.000 EW.

Tabelle 33: Anzahl der Erstisolate von *Klebsiella pneumoniae* seit dem Jahr 2019

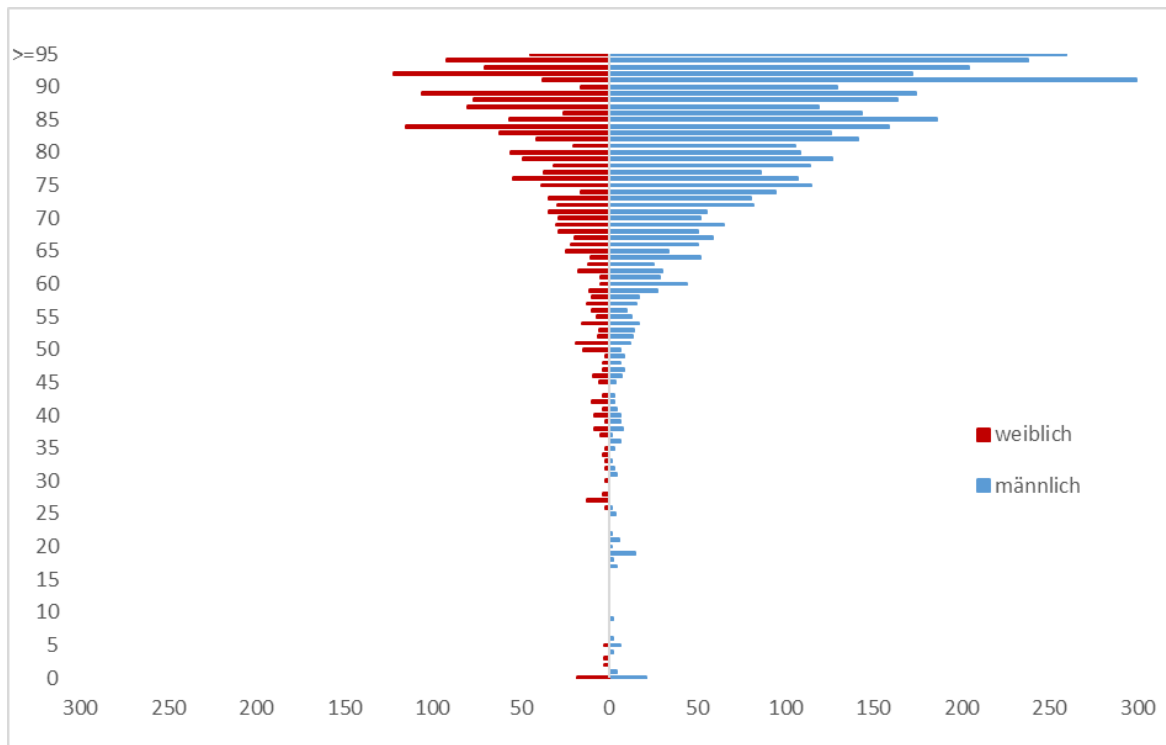
Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.549	1.441	1.187	1.546	1.609

Demographische Daten

Klebsiella pneumoniae nach Geschlecht und Lebensalter

Anders als bei *Escherichia coli*-Bakteriämien sind Männer (n = 1.018) häufiger von *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien betroffen als Frauen (n = 563). Der Altersgipfel liegt bei *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien im hohen Lebensalter von 80 Jahren und darüber. Bei 28 Datensätzen wurde das Geschlecht mit „unbekannt“ übermittelt, diese fließen somit nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Abbildung 17: *Klebsiella pneumoniae* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

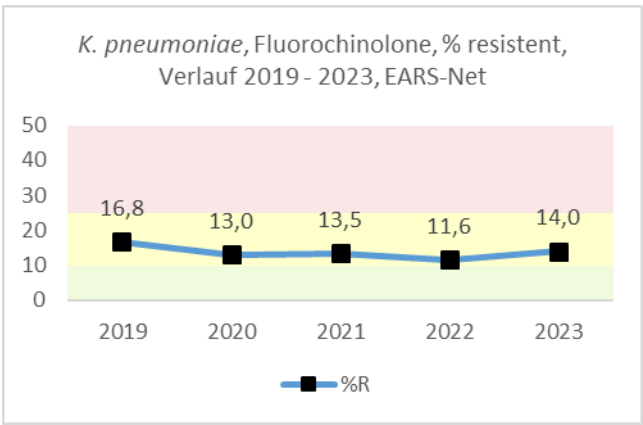
***Klebsiella pneumoniae* und Fluorochinolone¹⁴**

***Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt**

Der Anteil der gegenüber Fluorochinolonen resistenten *Klebsiella pneumoniae*-Stämme liegt im Jahr 2023 bei 14,0 %. Die Resistenzrate hat sich seit 2019 auf einem stabilen Niveau eingependelt.

¹⁴ Ciprofloxacin, Norfloxacin, Ofloxacin, Levofloxacin

Abbildung 18: *Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 34: *Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	27	22,2	14	28,6	14	7,1	17	23,5	15	20,0
15–24	8	25,0	8	25,0	9	11,1	13	38,5	15	66,7
25–44	76	26,3	75	26,7	84	20,2	57	10,5	66	7,6
45–64	382	18,1	349	15,5	363	15,4	342	12,0	345	13,3
65–75	397	18,1	376	10,6	376	13,6	393	11,7	446	14,8
>75	614	13,5	575	10,8	571	11,6	632	10,6	661	13,0

***Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern**

Die Resistenzraten weisen in den einzelnen Bundesländern und über die Jahre gesehen deutliche Unterschiede auf. Die höchste Resistenzrate im Jahr 2023 (21,0 %) ist in Tirol zu verzeichnen.

Tabelle 35: *Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	56	12,5	38	5,3	48	25,0	27	11,1	36	13,9
K	84	13,1	78	6,4	61	14,8	93	14,0	109	8,3
NÖ	210	16,7	180	11,1	190	10,0	198	10,1	182	9,3
OÖ	218	11,5	307	6,8	220	6,8	265	6,8	342	11,7
S	82	12,2	81	9,9	71	7,0	98	4,1	99	5,1
ST	173	18,5	142	26,1	145	17,2	171	13,5	199	13,6
T	218	17,0	174	25,9	225	18,7	190	17,9	224	21,0
V	42	9,5	60	8,3	39	7,7	47	8,5	0	-
W	421	21,6	337	11,6	418	14,8	365	13,7	357	18,5

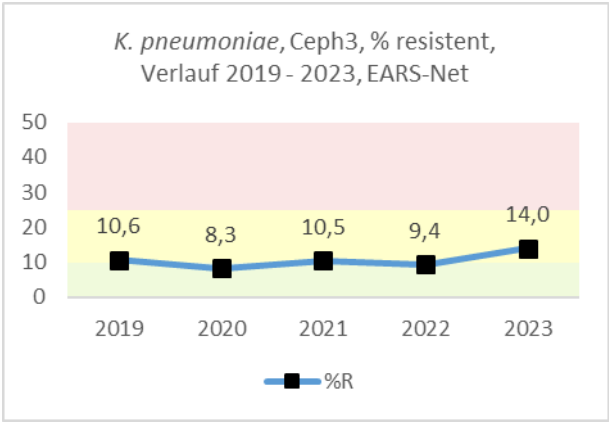
***Klebsiella pneumoniae* und 3.-Generations-Cephalosporine¹⁵**

***Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt**

Die Resistenzrate gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen weist 2023 im Vergleich zu den Vorjahren einen Anstieg auf und liegt bei 14,0 %.

¹⁵ Cefotaxim, Ceftazidim, Ceftriaxon

Abbildung 19: *Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 36: *Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	26	11,5	15	33,3	13	0,0	19	26,3	26	19,2
15–24	8	25,0	8	25,0	10	10,0	16	31,3	14	71,4
25–44	75	38,7	75	21,3	82	20,7	65	15,4	73	9,6
45–64	356	11,0	328	10,4	353	12,7	342	10,5	361	13,6
65–75	376	9,3	358	4,7	357	10,4	398	8,3	459	14,6
>75	601	7,5	528	6,6	569	8,1	644	7,8	657	12,8

***Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Bundesländern**

Im Vergleich zu 2022 zeigten sich 2023 ähnliche Resistenzraten bei vergleichbar hohen Fallzahlen.

Tabelle 37: *Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	57	10,5	38	2,6	48	4,2	27	3,7	27	3,7
K	83	4,8	75	1,3	62	4,8	58	5,2	105	6,7
NÖ	162	5,6	130	6,9	140	4,3	177	7,9	181	9,4
OÖ	254	2,4	285	4,9	217	4,6	264	6,4	323	9,9
S	82	11,0	82	7,3	71	5,6	98	2,0	99	5,1
ST	173	15,0	140	6,4	145	10,3	168	11,9	198	11,6
T	218	17,4	174	19,0	225	16,4	190	13,7	224	23,7
V	42	7,1	60	6,7	39	7,7	47	8,5	0	-
W	371	14,0	328	9,8	437	15,1	455	11,4	433	19,4

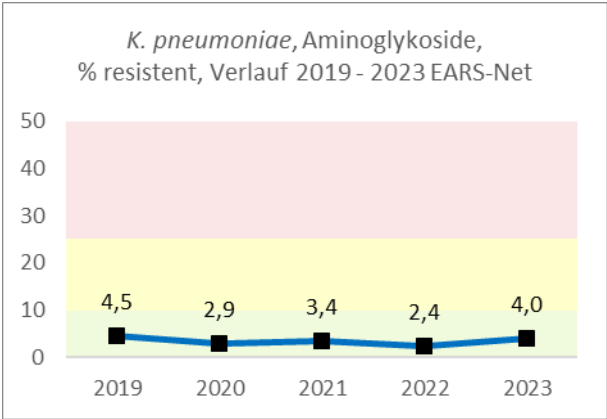
***Klebsiella pneumoniae* und Aminoglykoside¹⁶**

***Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt**

Die Aminoglykosid-Resistenzrate ist seit 2019 stabil auf gleichbleibendem Niveau und liegt 2023 bei 4,0 %. Wie bei *E. coli* detailliert ausgeführt, wurden in 2023 gemäß EUCAST als Kategorie „I“ übermittelte Daten für Gentamicin (n = 49) ausgeschlossen.

¹⁶ Amikacin, Gentamicin, Tobramycin

Abbildung 20: *Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen**

Die Resistenzraten bei *Klebsiella pneumoniae* gegenüber Aminoglykosiden zeigen keine steigende Tendenz bezüglich der Resistenzentwicklung.

Tabelle 38: *Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	27	0,0	14	7,1	13	15,4	14	14,3	23	13,0
15–24	8	25,0	7	0,0	7	0,0	12	8,3	5	20,0
25–44	73	6,8	75	12,0	76	6,6	54	3,7	67	1,5
45–64	381	3,4	334	2,1	324	3,1	294	3,7	284	4,6
65–75	408	6,1	361	0,3	346	4,3	327	0,9	367	3,3
>75	628	3,8	549	3,8	524	2,3	536	2,1	516	3,9

***Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern**

In Österreich findet sich die höchste Resistenzrate von *Klebsiella pneumoniae* gegenüber Aminoglykosiden mit 5,4 % in der Steiermark

Tabelle 39: *Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	53	3,8	38	0,0	48	0,0	27	0,0	27	0,0
K	84	1,2	74	1,4	61	1,6	89	2,2	108	0,9
NÖ	210	3,8	179	3,4	187	2,1	189	1,1	175	4,6
OÖ	254	3,5	267	1,1	195	2,1	210	2,4	228	4,8
S	82	8,5	82	2,4	71	0,0	98	0,0	94	1,1
ST	173	2,3	143	1,4	140	0,7	159	3,1	184	5,4
T	218	7,8	174	8,0	225	5,8	189*	2,6	224*	3,1
V	42	2,4	60	3,3	39	0,0	47	0,0	0	-
W	409	4,9	323	2,8	324	6,5	416	3,8	446	4,3

* Wert für Amikacin, fließt nicht in die Gesamtbeurteilung ein.

***Klebsiella pneumoniae* und Carbapeneme¹⁷**

In Österreich wurden 2023 in Blutkulturen entsprechend den EUCAST-Breakpoints für die klinische Anwendung 27 Carbapenem-resistente Isolate gefunden. Das entspricht mit 1,7 % dem höchsten Prozentsatz der letzten 5 Jahre.

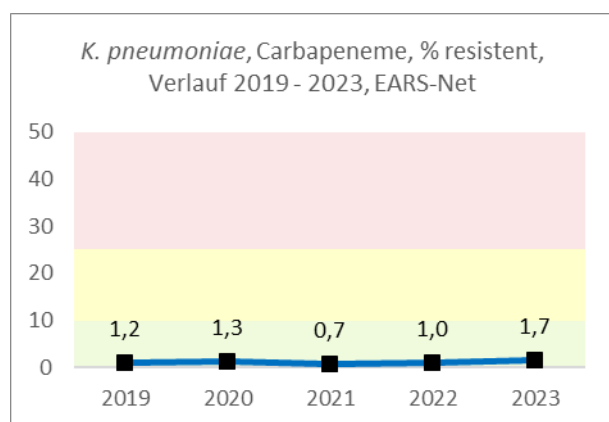
¹⁷ Imipenem, Meropenem

***Klebsiella pneumoniae* – Carbapenem-resistent Österreich gesamt**

Tabelle 40: *Klebsiella pneumoniae* – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	1.510	1,2
2020	1.353	1,3
2021	1.440	0,7
2022	1.546	1,0
2023	1.609	1,7

Abbildung 21: *Klebsiella pneumoniae* – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



Pseudomonas aeruginosa

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Pseudomonas aeruginosa zählt zur Gruppe der gramnegativen Nonfermenter und ist in der Humanmedizin der wichtigste Vertreter dieser Gruppe. Besonders als Auslöser von nosokomialen Infektionen und bei Grunderkrankungen wie zystischer Fibrose ist *Pseudomonas aeruginosa* bedeutend. *Pseudomonas aeruginosa* ist äußerst anspruchslos

und kann sich sogar in destilliertem Wasser vermehren. Die Letalität bei Bakteriämien durch *Pseudomonas aeruginosa* ist hoch. Dies ist einerseits durch die schlechte Ausgangslage der Patient:innen aufgrund deren Grunderkrankung und andererseits durch die besonderen Resistenzeigenschaften des Erregers bedingt [11].

Im Jahr 2023 wurden in Österreich 884 *Pseudomonas aeruginosa*-Erstisolate aus Blutkulturen gemeldet. Die Inzidenz liegt bei 9,7 Fällen pro 100.000 EW.

Tabelle 41: Anzahl der Erstisolate von *Pseudomonas aeruginosa* seit dem Jahr 2019

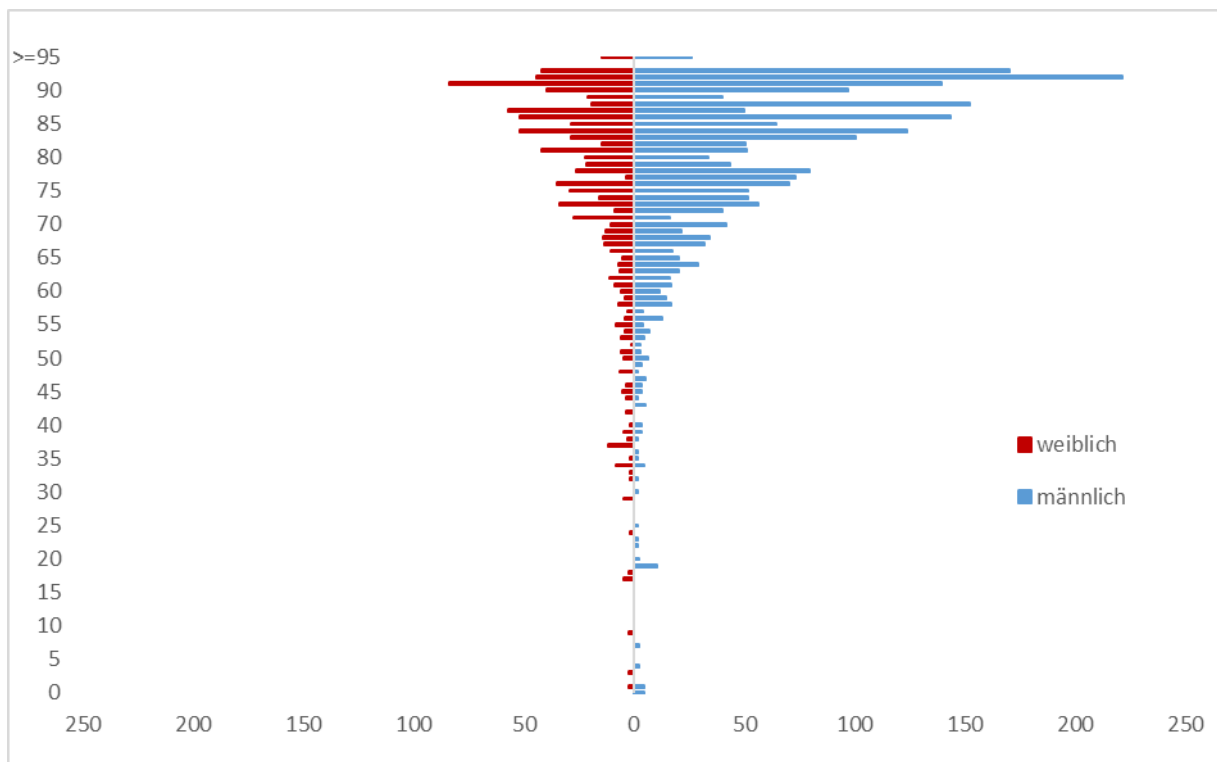
Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	909	874	707	827	884

Demographische Daten

Pseudomonas aeruginosa nach Geschlecht und Lebensalter

Bei Männern (n = 542) wurden Bakteriämien mit *Pseudomonas aeruginosa* häufiger festgestellt als bei Frauen (n = 330). Im höheren Lebensalter werden die meisten *Pseudomonas aeruginosa*-Bakteriämien festgestellt. Der Altersgipfel nach Geschlecht und Lebensjahr liegt bei Frauen und Männern um 75 Jahre und darüber. Bei 12 Datensätzen wurde das Geschlecht mit „unbekannt“ übermittelt, diese fließen somit nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Abbildung 22: *Pseudomonas aeruginosa* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

***Pseudomonas aeruginosa* und Aminoglykoside¹⁸**

Aufgrund von Änderungen seitens EUCAST für Aminoglykoside in 2020 wurde die Resistenzrate bei *Pseudomonas aeruginosa* neu dargestellt und betrachtet: Ab der EUCAST-Version 2020 werden für die Bug-Drug-Kombination *Pseudomonas aeruginosa* und Gentamicin keine Breakpoints mehr ausgewiesen. Deshalb scheidet Gentamicin als Indikatorsubstanz aus und es werden ab diesem Jahr Amikacin und Tobramycin dargestellt und bewertet. Ebenso wird bei Amikacin und Tobramycin keine Kategorie „I“ mehr ausgewiesen bzw. sind Breakpoints nur mehr für Infektionen, die vom Harntrakt ausgehen, verfügbar. Zudem soll bei systemischen Infektionen bei fehlendem Hinweis auf einen erworbenen Resistenzmechanismus ein Hinweis auf die notwendige Kombinationstherapie am Befund angegeben werden. Um diesen Änderungen Rechnung zu tragen (und um AMR-Raten im Vergleich zu den Vorjahren aufgrund methodischer

¹⁸ Amikacin, Tobramycin

Details nicht überhöht darzustellen), werden alle als „I“ übermittelten Daten (für 2023: n = 3 für Amikacin, n = 5 für Tobramycin) in allen weiteren Auswertungen nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „S“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet.

Pseudomonas aeruginosa – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt

Tabelle 42: *Pseudomonas aeruginosa* – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Amikacin	-	-	742	3,5	762	5,0	700	3,9	676	2,4
Tobramycin	-	-	521	2,7	479	4,0	479	4,0	513	1,9
Gentamicin	808	4,7	-	-	-	-	-	-	-	-

Abbildung 23: *Pseudomonas aeruginosa* – Amikacin-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

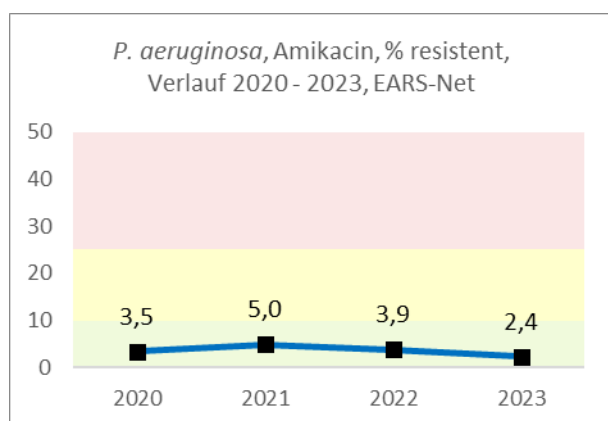
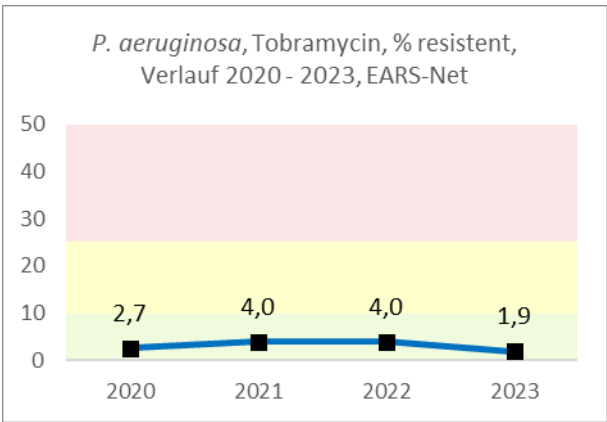


Abbildung 24: *Pseudomonas aeruginosa* – Tobramycin-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



***Pseudomonas aeruginosa* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 43: *Pseudomonas aeruginosa* – Amikacin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	13	0,0	9	11,1	9	0,0	7	0,0
15–24	8	37,5	6	16,7	7	0,0	11	45,5
25–44	36	0,0	35	2,9	38	2,6	39	0,0
45–64	217	6,5	235	7,7	167	7,8	153	3,9
65–75	206	2,9	222	7,2	219	2,7	182	1,1
>75	262	1,1	255	0,4	260	2,7	284	1,1

Tabelle 44: *Pseudomonas aeruginosa* – Tobramycin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	8	0,0	9	11,1	10	0,0	6	0,0
15–24	5	0,0	4	25,0	5	0,0	5	40,0
25–44	26	0,0	21	9,5	19	0,0	36	0,0
45–64	142	2,8	141	6,4	101	5,0	115	4,3
65–75	148	4,1	129	3,1	155	5,2	132	0,8
>75	192	2,1	175	1,1	189	3,2	219	0,9

Tabelle 45: *Pseudomonas aeruginosa* – Gentamicin-resistent nach Altersgruppen im Jahr 2019

Altersgruppen	2019	
	n	%R
≤14	11	0,0
15–24	4	0,0
25–44	49	12,2
45–64	202	6,4
65–75	221	4,1
>75	321	3,1

***Pseudomonas aeruginosa* – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern**

Im Bundesländervergleich variieren die Resistenzraten stark. (Achtung: Die Fallzahlen sind größtenteils gering!)

Tabelle 46: *Pseudomonas aeruginosa* – Amikacin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	19	0,0	11	0,0	4	50,0	3	0,0
K	37	2,7	52	13,5	26	3,8	60	0,0
NÖ	53	0,0	32	0,0	50	2,0	37	0,0
OÖ	146	2,7	175	0,6	143	3,5	96	0,0
S	40	0,0	47	0,0	60	5,0	79	1,3
ST	90	6,7	113	12,4	97	9,3	71	11,3
T	104	11,5	99	11,1	71	4,2	88	6,8
V	18	0,0	21	0,0	25	4,0	0	-
W	235	1,3	212	2,4	224	0,9	242	0,4

Tabelle 47: *Pseudomonas aeruginosa* – Tobramycin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	19	0,0	8	0,0	3	66,7	3	0,0
K	45	4,4	52	13,5	26	3,8	60	0,0
NÖ	40	0,0	30	0,0	40	7,5	37	0,0
OÖ	154	2,6	153	2,6	147	2,7	112	0,9
S	40	0,0	47	0,0	59	5,1	81	2,5
ST	66	6,1	43	4,7	23	0,0	53	3,8
T	1	0,0	3	0,0	5	0,0	1	0,0
V	18	0,0	21	0,0	25	4,0	0	-
W	138	2,9	122	4,9	151	3,3	166	3,0

Tabelle 48: *Pseudomonas aeruginosa* – Gentamicin-resistent im Bundesländervergleich im Jahr 2019

Bundesland	2019	
	n	%R
B	11	0,0
K	37	10,8
NÖ	124	4,8
OÖ	100	9,0
S	53	1,9
ST	146	4,8
T	83	7,2
V	20	0,0
W	250	4,0

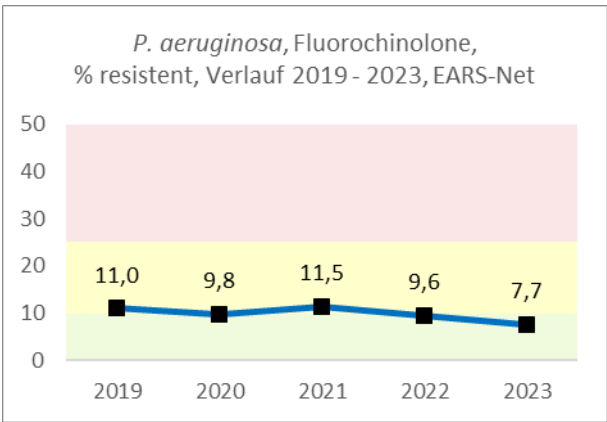
***Pseudomonas aeruginosa* und Fluorochinolone¹⁹**

***Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt**

Die Resistenzrate bei *Pseudomonas aeruginosa* gegenüber Fluorochinolonen liegt im Beobachtungszeitraum von 5 Jahren auf einem stabilen Niveau. Im Vergleich zu 2022 sank die Resistenzrate 2023 von 9,6 % auf 7,7 %.

¹⁹ Ciprofloxacin, Norfloxacin, Ofloxacin, Levofloxacin

Abbildung 25: *Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 49: *Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	11	9,1	11	0,0	7	0,0	7	0,0	8	0,0
15–24	9	11,1	6	50,0	5	0,0	6	33,3	10	50,0
25–44	51	23,5	29	10,3	36	11,1	38	15,8	33	12,1
45–64	218	13,3	212	16,0	246	15,4	170	14,1	161	13,0
65–75	239	9,6	231	8,2	242	15,3	253	9,5	204	7,4
>75	354	8,8	311	6,1	328	6,1	325	6,5	361	4,2

***Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern**

Im Bundesländervergleich variieren die Resistenzraten stark.

Tabelle 50: *Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

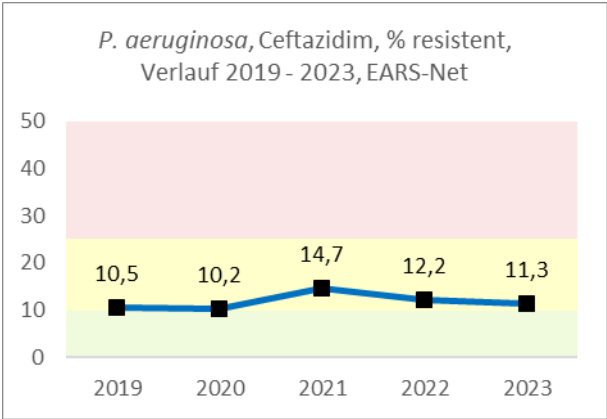
Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	11	18,2	24	8,3	28	0,0	41	7,3	38	13,2
K	43	14,0	45	8,9	66	13,6	26	3,8	83	3,6
NÖ	106	11,3	95	6,3	85	7,1	72	11,1	71	0,0
OÖ	170	10,0	176	4,5	184	8,7	172	9,3	121	2,5
S	53	11,3	40	10,0	48	2,1	60	10,0	81	6,2
ST	146	11,0	92	16,3	120	15,8	109	16,5	130	10,8
T	83	16,9	104	26,0	99	27,3	71	14,1	88	21,6
V	20	10,0	18	0,0	21	4,8	25	0,0	0	-
W	250	8,8	206	5,8	213	9,4	223	6,7	165	6,7

***Pseudomonas aeruginosa* und Ceftazidim**

***Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent Österreich gesamt**

Die Resistenzrate von *Pseudomonas aeruginosa* gegenüber Ceftazidim hat sich über die Jahre auf einem stabilen Niveau eingependelt und liegt im Jahr 2023 bei 11,3 %. Ab der EUCAST-Version 2020 werden für die Bug-Drug-Kombination *Pseudomonas aeruginosa* und Ceftazidim nur noch Breakpoints für R und I ($R < 17 \text{ mm}$, $S \geq 50 \text{ mm}$) ausgewiesen. Deshalb kann faktisch keine Kategorie „S“ mehr ausgewiesen werden. Alle als „S“ übermittelten Daten für Ceftazidim ($n = 7$) werden in den weiteren Auswertungen nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „I“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet.

Abbildung 26: *Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 51: *Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	11	9,1	13	0,0	9	22,2	13	15,4	9	0,0
15–24	9	0,0	8	37,5	6	16,7	8	0,0	12	58,3
25–44	50	20,0	35	14,3	42	4,8	42	19,0	46	13,0
45–64	218	15,1	235	15,3	269	19,7	183	14,8	192	12,0
65–75	246	7,7	231	9,5	251	18,7	270	10,7	239	10,0
>75	352	8,5	305	5,9	319	8,5	294	11,2	379	10,3

***Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent nach Bundesländern**

Die Unterschiede über die Jahre und zwischen den Bundesländern sind erheblich, allerdings sind die Fallzahlen gering.

Tabelle 52: *Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

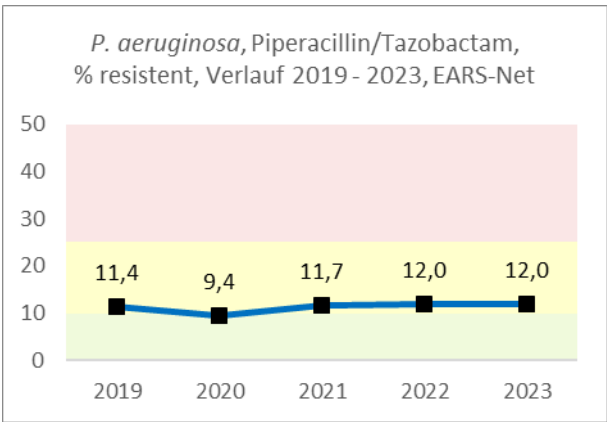
Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	12	8,3	24	16,7	28	10,7	41	12,2	38	18,4
K	42	16,7	44	13,6	66	12,1	26	3,8	83	6,0
NÖ	111	5,4	98	7,1	85	7,1	77	9,1	76	11,8
OÖ	168	10,1	174	5,2	181	6,1	169	12,4	116	7,8
S	53	1,9	40	5	48	10,4	61	11,5	82	9,8
ST	146	11,6	92	9,8	120	22,5	108	13,9	130	11,5
T	83	13,3	104	16,3	99	27,3	71	16,9	88	12,5
V	1	0,0	0	-	0	-	0	-	0	-
W	270	12,2	251	12	269	16,7	257	12,1	264	13,3

***Pseudomonas aeruginosa* und Piperacillin/Tazobactam**

***Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin/Tazobactam-resistent Österreich gesamt**

Die Resistenzrate für Piperacillin/Tazobactam ist seit 2019 stabil und liegt 2023 bei 12,0 %. Ab der EUCAST-Version 2020 werden für die Bug-Drug-Kombination *Pseudomonas aeruginosa* und Piperacillin/Tazobactam nur noch Breakpoints für R und I (R < 18 mm, S >= 50 mm) ausgewiesen. Deshalb kann faktisch keine Kategorie „S“ mehr ausgewiesen werden. Ein Isolat wurde als „S“ für Piperacillin/Tazobactam übermittelt und wird folglich in den weiteren Auswertungen nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „I“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet.

Abbildung 27: *Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin-/Tazobactam-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 53: *Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	8	12,5	9	11,1	9	11,1	13	15,4	8	12,5
15–24	7	0,0	4	0,0	4	25,0	7	0,0	7	28,6
25–44	42	28,6	33	12,1	41	9,8	43	14,0	43	11,6
45–64	177	15,3	206	13,1	225	14,2	145	11,7	154	16,2
65–75	205	6,3	211	6,2	197	15,7	232	11,6	182	9,9
>75	305	10,5	281	8,9	267	6,7	286	12,2	287	10,8

***Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Bundesländern**

Tabelle 54: *Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin/Tazobactam-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	11	18,2	24	20,8	28	21,4	41	12,2	38	18,4
K	41	14,6	45	13,3	14	14,3	0	-	0	-
NÖ	76	7,9	98	8,2	86	7,0	50	10,0	60	11,7
OÖ	168	10,7	176	5,7	184	6,5	172	12,8	121	9,9
S	53	5,7	40	5,0	44	11,4	58	15,5	81	11,1
ST	146	11,6	92	12,0	120	25,8	107	14,0	131	13,7
T	1	0,0	0	-	0	-	0	-	0	-
V	20	30,0	18	5,6	21	0,0	24	8,3	0	-
W	228	11,8	251	10,8	246	10,2	274	10,6	250	11,6

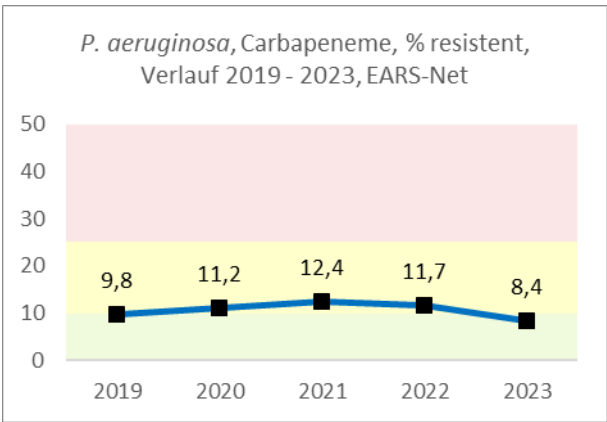
***Pseudomonas aeruginosa* und Carbapeneme²⁰**

***Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent Österreich gesamt**

Die Resistenzrate liegt seit 2019 auf einem stabilen Niveau und liegt im Jahr 2023 bei 8,4 %.

²⁰ Imipenem, Meropenem

Abbildung 28: *Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



***Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen**

Tabelle 55: *Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019

Altersgruppen	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	10	10,0	12	0,0	9	0,0	13	0,0	9	11,1
15–24	9	0,0	8	37,5	6	33,3	8	0,0	12	16,7
25–44	51	25,5	33	9,1	43	11,6	41	12,2	44	11,4
45–64	222	14,4	219	17,8	272	18,0	187	17,6	187	11,8
65–75	239	8,8	230	12,2	259	14,3	259	12,7	220	9,5
>75	355	5,6	311	5,8	329	6,4	314	8,0	366	5,2

***Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent nach Bundesländern**

Tabelle 56: *Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	12	0,0	24	8,3	28	3,6	13	15,4	9	11,1
K	44	18,2	45	8,9	65	24,6	26	11,5	83	6,0
NÖ	110	3,6	98	5,1	86	5,8	81	11,1	81	3,7
OÖ	170	10,6	177	9,0	183	6,0	167	10,2	115	3,5
S	52	1,9	40	0,0	48	0,0	60	5,0	79	2,5
ST	146	11,0	92	17,4	120	24,2	109	21,1	131	12,2
T	83	14,5	104	19,2	99	22,2	71	22,5	88	12,5
V	20	10,0	18	0,0	21	0,0	25	4,0	0	-
W	12	0,0	24	8,3	268	11,2	270	8,1	252	11,1

***Acinetobacter* spp.**

Klinische und epidemiologische Bedeutung

Grundsätzlich sind gramnegative Nonfermenter des Genus *Acinetobacter* häufig anzutreffende Boden- und Wasserbewohner, die aber auch zur normalen Haut- und Schleimhautflora des Menschen gehören und dort in der Regel nicht pathogen sind. In der Humanmedizin nehmen sie zunehmend eine bedeutende Rolle als Auslöser von nosokomialen Infektionen ein, weswegen der Erreger 2012 in das EARS-Net-Protokoll aufgenommen wurde.

Acinetobacter-Infektionen treten vermehrt nach Naturkatastrophen und in Kriegsgebieten auf. Auch heute sind diese Infektionen bei schwer verwundeten Soldat:innen häufig. Der Erreger bevorzugt das heiße und feuchte Klima der Tropen und ist deshalb auch öfters bei Patient:innen mit Kontakt zum ausländischen Gesundheitssystem oder bei Reisenden

nachweisbar. Seit zwei Jahrzehnten jedoch besiedelt er vor allem als nosokomialer Keim auch kältere Regionen der gemäßigten Breiten. Dabei löst er meist Infektionen aus, die mit Gesundheitspflege assoziiert sind. *Acinetobacter* spp. ist sehr widerstandsfähig, überlebt wochenlange Trockenzeiten und verfügt über eine Reihe von Resistenzmechanismen wie etwa Efflux-Pumpen. Zudem ist der Erreger resistent gegenüber vielen Antibiotika, besonders bei *Acinetobacter baumannii* ist mit Mehrfachresistenzen zu rechnen.

Mit einer Sterblichkeit von ca. 30 % gilt der Krankenhauskeim *Acinetobacter* spp. vor allem für schwerkranke Patient:innen, die beatmet und katheterisiert im Krankenhaus auf Intensivpflege sind, als gefährlich. Die hauptsächlich verursachten schweren nosokomialen Infektionen sind Atemwegsinfekte, Bakteriämien sowie sekundäre Meningitiden, aber auch Wund- und Weichteilinfektionen sowie Infektionen bei Verbrennungen.

Im Jahr 2023 wurden in Österreich 106 *Acinetobacter* spp.-Erstisolate aus Blutkulturen und Liquor gemeldet. Die Inzidenz beträgt damit 1,2 Fälle pro 100.000 EW.

Tabelle 57: Anzahl Erstisolate *Acinetobacter* spp. seit 2019

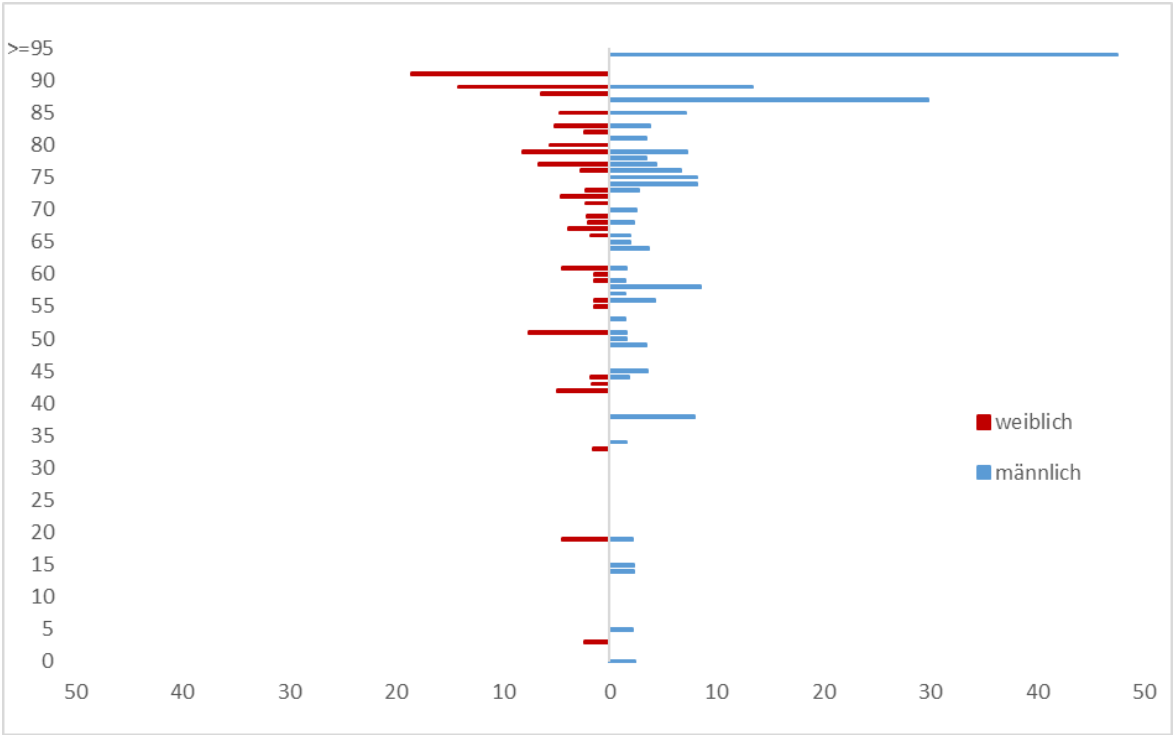
Erreger	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Acinetobacter</i> spp.	91	77	87	105	106

Demographische Daten

Acinetobacter spp. nach Geschlecht und Lebensalter

Bakteriämien mit *Acinetobacter* spp. werden bei Männern (n = 58) etwas häufiger als bei Frauen (n = 47) festgestellt. Da die Fallzahlen gering sind, lässt sich bezüglich der Altersverteilung kein Trend feststellen. Bei einem Datensatz wurde das Geschlecht mit „unbekannt“ übermittelt und fließt somit nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Abbildung 29: *Acinetobacter* spp. nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Lebensalter in Jahren

Tabelle 58: Anzahl der Erstisolate von *Acinetobacter* spp. nach Bundesländern seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019	2020	2021	2022	2023
B	1	1	1	1	1
K	4	2	5	0	5
NÖ	4	2	4	4	0
OÖ	18	15	17	23	12
S	8	10	6	13	7
ST	4	12	16	20	13
T	17	2	10	13	24
V	3	2	1	1	0

Bundesland	2019	2020	2021	2022	2023
W	32	31	27	30	44

***Acinetobacter* spp. und Aminoglykoside²¹**

***Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt**

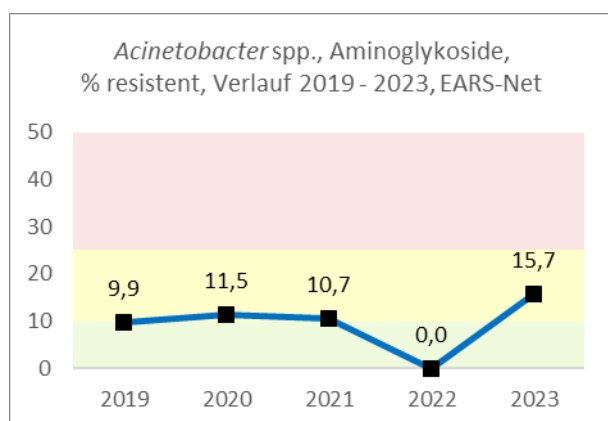
Die Änderungen in Hinblick auf die Empfindlichkeitskategorie „I“ bzw. die Notwendigkeit einer Kombinationstherapie in Abhängigkeit von der zugrundeliegenden Indikation wurde bereits bei *P. aeruginosa* erläutert. Die Resistenzrate für Aminoglykoside lag in den Jahren 2019 bis 2021 bei rund 10 %. Im Jahr 2022 zeigte sich eine signifikante Änderung insofern, als für keine der 2 eingeschlossenen Substanzen (Gentamicin, Tobramycin) ein Aminoglykosid-resistentes Blutkulturisolat rückgemeldet wurde. Im Jahr 2023 wurden wieder resistente Ergebnisse rückgemeldet, die Resistenzrate für Aminoglykoside liegt nun bei 15,7 %.

Tabelle 59: *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	91	9,9
2020	61	11,5
2021	50	10,7
2022	56	0,0
2023	51	15,7

²¹ Gentamicin, Tobramycin

Abbildung 30: *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



Acinetobacter spp. – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern

Tabelle 60: *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0
K	5	25,0	2	100,0	5	40,0	0	-	5	20,0
NÖ	4	75,0	2	0,0	3	0,0	0	-	0	-
OÖ	18	0,0	8	12,5	8	0,0	13	0,0	6	83,3
S	8	0,0	9	0,0	6	0,0	13	0,0	7	0,0
ST	4	0,0	11	27,3	10	30,0	8	0,0	4	0,0
T	17	11,8	2	0,0	10	0,0	2	0,0	2	0,0
V	3	0,0	2	0,0	1	0,0	1	0,0	0	-
W	32	9,4	24	4,2	12	8,3	18	0,0	26	7,7

***Acinetobacter* spp. und Fluorochinolone²²**

***Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt**

Die Resistenzrate für Fluorochinolone lag im Zeitraum 2019 bis 2021 stabil bei rund 11 %. Im Jahr 2022 lag die Resistenzrate bei 1,1 %, in 2023 ist wieder ein leichter Anstieg der Resistenzrate auf 5,6 % zu verzeichnen.

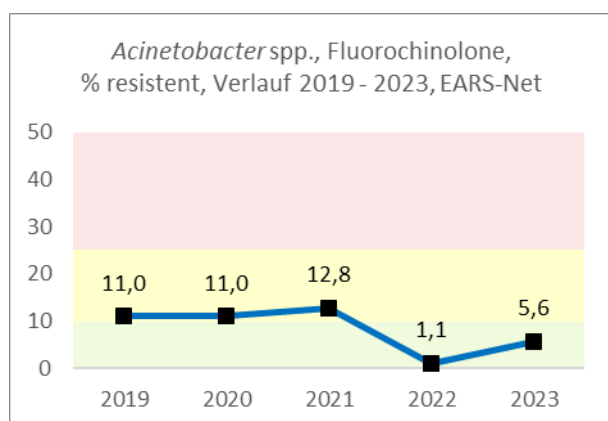
Ab der EUCAST-Version 2020 werden für die Bug-Drug-Kombination *Acinetobacter* spp. und Fluorochinolone nur noch Breakpoints für „R“ und „I“ (R < 17 mm, S ≥ 50 mm) ausgewiesen. Deshalb kann faktisch keine Kategorie „S“ mehr ausgewiesen werden. Alle als „S“ übermittelten Daten für Fluorochinolone (n = 2) werden in den weiteren Auswertungen nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „I“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet.

Tabelle 61: *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	91	11,0
2020	73	11,0
2021	86	12,8
2022	94	1,1
2023	90	5,6

²² Ciprofloxacin, Levofloxacin

Abbildung 31: *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



Acinetobacter spp. – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern

Tabelle 62: *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0
K	4	25,0	2	100,0	5	40,0	0	-	5	20,0
NÖ	4	75,0	2	0,0	4	0,0	4	0,0	0	-
OÖ	18	0,0	12	8,3	16	6,3	23	0,0	10	0,0
S	8	12,5	9	0,0	6	0,0	13	7,7	7	0,0
ST	4	0,0	12	33,3	16	37,5	18	0,0	13	0,0
T	17	5,9	2	0,0	10	0,0	13	0,0	24	4,2
V	3	0,0	2	0,0	1	0,0	1	0,0	0	-
W	32	12,5	31	3,2	27	7,4	21	0,0	30	10,0

***Acinetobacter* spp. und Carbapeneme²³**

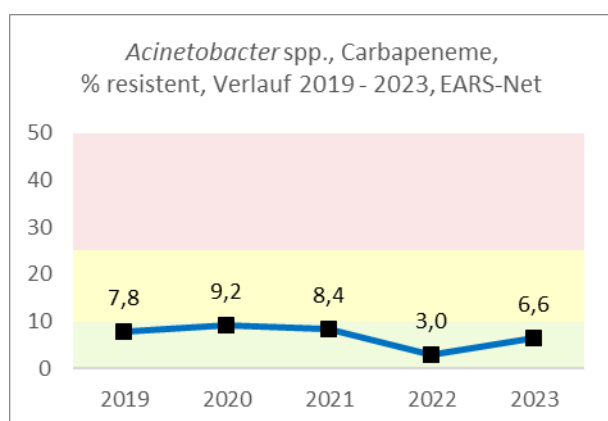
2023 wurden in Österreich 7 Isolate mit einer Resistenz gegenüber Carbapenemen in Blutkulturen gemeldet.

***Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt**

Tabelle 63: *Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019

Jahr	n	%R
2019	90	7,8
2020	76	9,2
2021	83	8,4
2022	101	3,0
2023	106	6,6

Abbildung 32: *Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019



²³ Imipenem, Meropenem

Acinetobacter spp. – Carbapenem-resistent nach Bundesländern

Tabelle 64: *Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019

Bundesland	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0
K	5	25,0	2	100,0	5	40,0	0	-	5	20,0
NÖ	4	0,0	2	0,0	4	0,0	4	0,0	0	-
OÖ	17	5,9	15	6,7	17	0,0	24	0,0	12	8,3
S	8	0,0	9	0,0	6	0,0	13	7,7	7	14,3
ST	4	0,0	12	25,0	16	18,8	20	5,0	13	7,7
T	17	11,8	2	0,0	10	0,0	13	0,0	24	4,2
V	3	0,0	2	0,0	1	0,0	1	0,0	0	-
W	32	9,4	31	3,2	23	8,7	25	4,0	44	4,5

Diskussion

Aufgrund der zunehmenden Häufigkeit des Vorkommens multiresistenter Erreger in allen Lebensbereichen und einer evidenzbasierten, von Guidelines geprägten Medizin ist die Kenntnis von Resistenzen für die angemessene antimikrobielle Therapie bakterieller Infektionen unabkömmlich. Die Thematik Antibiotikaresistenz ist global und nur durch gemeinsame Betrachtung sowie Maßnahmen letztlich steuerbar. EARS-Net ist als internationales Netzwerk basierend auf nationalen Surveillance-Systemen das Instrument, um nachhaltige und repräsentative Resistenzdaten von ausgewählten Bakterien aus Blutkulturen und Liquor aus der EU für Aktivitäten der öffentlichen Gesundheitsvorsorge zu sammeln und bereitzustellen.

EARS-Net spiegelt dabei Resistenzdaten invasiver Verläufe wider, also Daten von schwerkranken Patient:innen, bei denen ausgewählte Erreger in der Blutkultur

nachgewiesen wurden. Für invasive Erreger bietet EARS-Net seit vielen Jahren damit eine gute Datengrundlage und erlaubt darüber hinaus den Vergleich zwischen den Ländern.

Aufgrund unterschiedlicher Zeitpunkte der Datenaufbereitung seitens des ECDC einerseits und des AURES andererseits ist ein internationaler Vergleich für den Interessierten am besten durch die Nutzung des interaktiven Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC ersichtlich [12]. Exemplarisch sind im Anschluss an die Diskussion ausgewählte Bug-Drug-Kombinationen jeweils aus dem Vorjahresbeobachtungszeitraum dargestellt (hier: 2022), da angenommen werden darf, dass sich die Verhältnisse der Resistenzraten in Bezug auf den Vergleich zwischen den Ländern im Beobachtungszeitraum nicht wesentlich geändert haben.

Im grampositiven Bereich zeigt sich 2023 beispielhaft bei *Streptococcus pneumoniae* und Penicillin, das weiterhin die Therapie der Wahl darstellt, ein seit Jahren stabiles Bild. Die MRSA-Rate in Österreich bei invasiven Isolaten ist im 5-Jahres-Rückblick weiterhin als leicht fallend zu betrachten und liegt 2023 bei 4,4 %.

Im gramnegativen Bereich ist die Situation komplexer: Bei *Escherichia coli* blieben in Österreich 2023 die Resistenzraten bei Fluorochinolonen (von 15,3 % auf 16,0 %), 3.-Generations-Cephalosporinen (von 8,6 % auf 10,3 %) und Aminoglykosiden (von 5,1 % auf 5,4 %) auf ähnlichem Niveau. Weiters wurden 16 Carbapenem-resistente *Escherichia coli*-Isolate in Blutkulturen gefunden. Bei *Klebsiella pneumoniae* kam es hingegen zu einem leichten Anstieg der Resistenzrate gegenüber Fluorochinolonen (von 11,6 % auf 14,0 %) und gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen (von 9,4 % auf 14,0 %). 2023 wurden Daten zu 27 invasiven Carbapenem-resistenten *Klebsiella pneumoniae*-Stämmen rückgemeldet. Einen kritischen Bereich stellen in Österreich damit weiterhin die *Enterobacterales* dar. In der Gruppe der Nonfermenter zeigte sich bei *Pseudomonas aeruginosa* im 5-Jahres-Rückblick eine weitgehend stabile Resistenzsituation, während hingegen bei *Acinetobacter* spp. die Resistenzsituation aufgrund der eingeschränkten Stichprobengröße mit Vorsicht zu interpretieren ist. Für manche Bug-Drug-Kombinationen (z. B. *P. aeruginosa* und Ceftazidim, *E. coli* und Aminoglykoside) wurde eine interpretative Kategorie „S“ bzw. „I“ rückgemeldet, die laut EUCAST 2023 nicht mehr zulässig ist. Diese Daten wurden geprüft und aus der Beurteilung ausgeschlossen. Der Ausschluss solcher unplausibler Daten kann allerdings, vor allem bei geringen Fallzahlen, zu vermeintlich niedrigeren Resistenzraten führen.

Um die Resistenzentwicklung hintanzuhalten, ist ein verantwortungsvoller Umgang mit Antibiotika dringend erforderlich. Die Indikationsstellung und die Wahl der Substanz müssen nach rationalen Gesichtspunkten erfolgen. Der vorliegende Bericht soll gemeinsam mit den SURV-Net-Daten die hierfür nötige Grundlage bereitstellen.

Abbildung 33: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2022 (Stand 24.04.2024) Teil 1

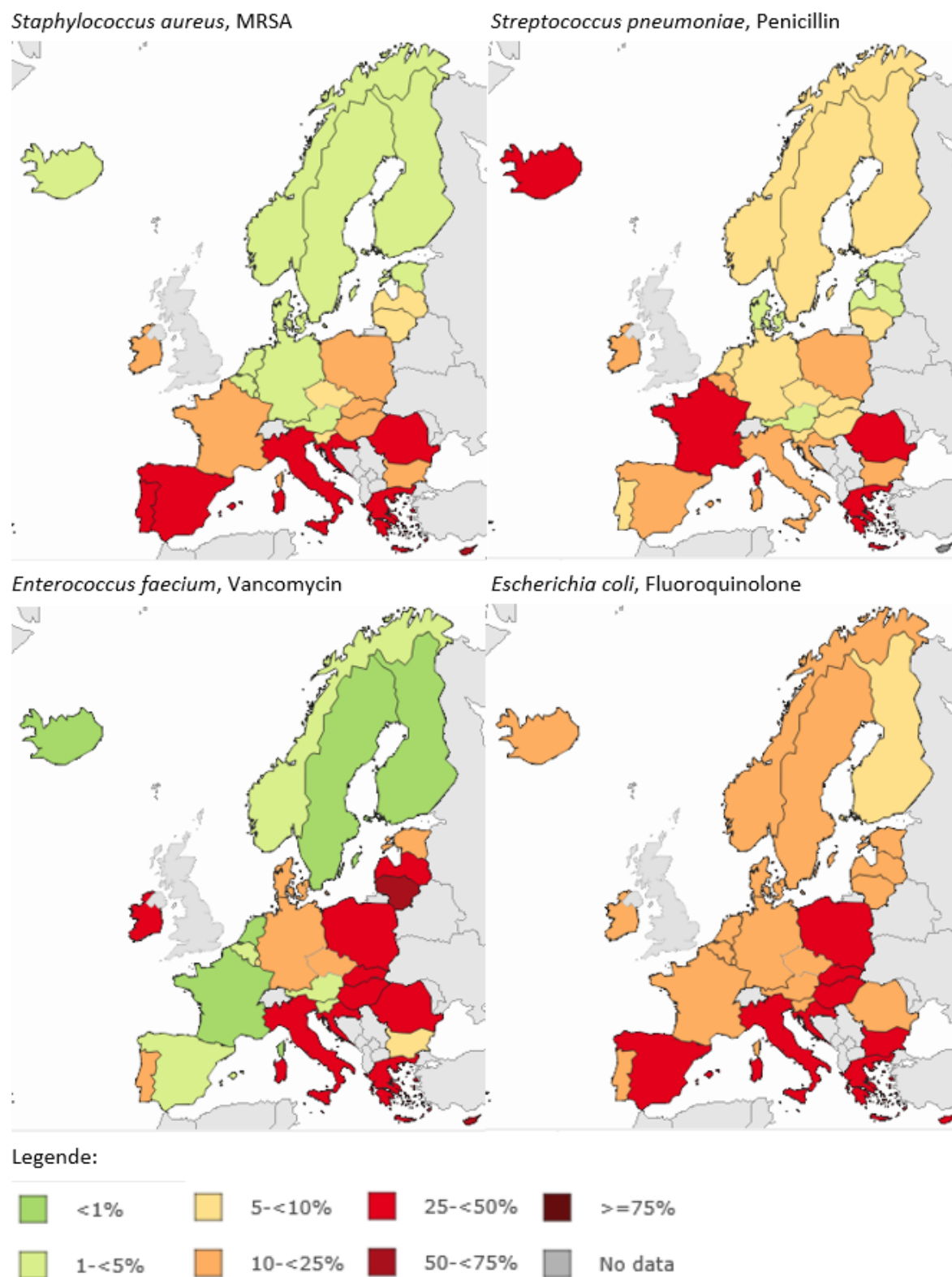
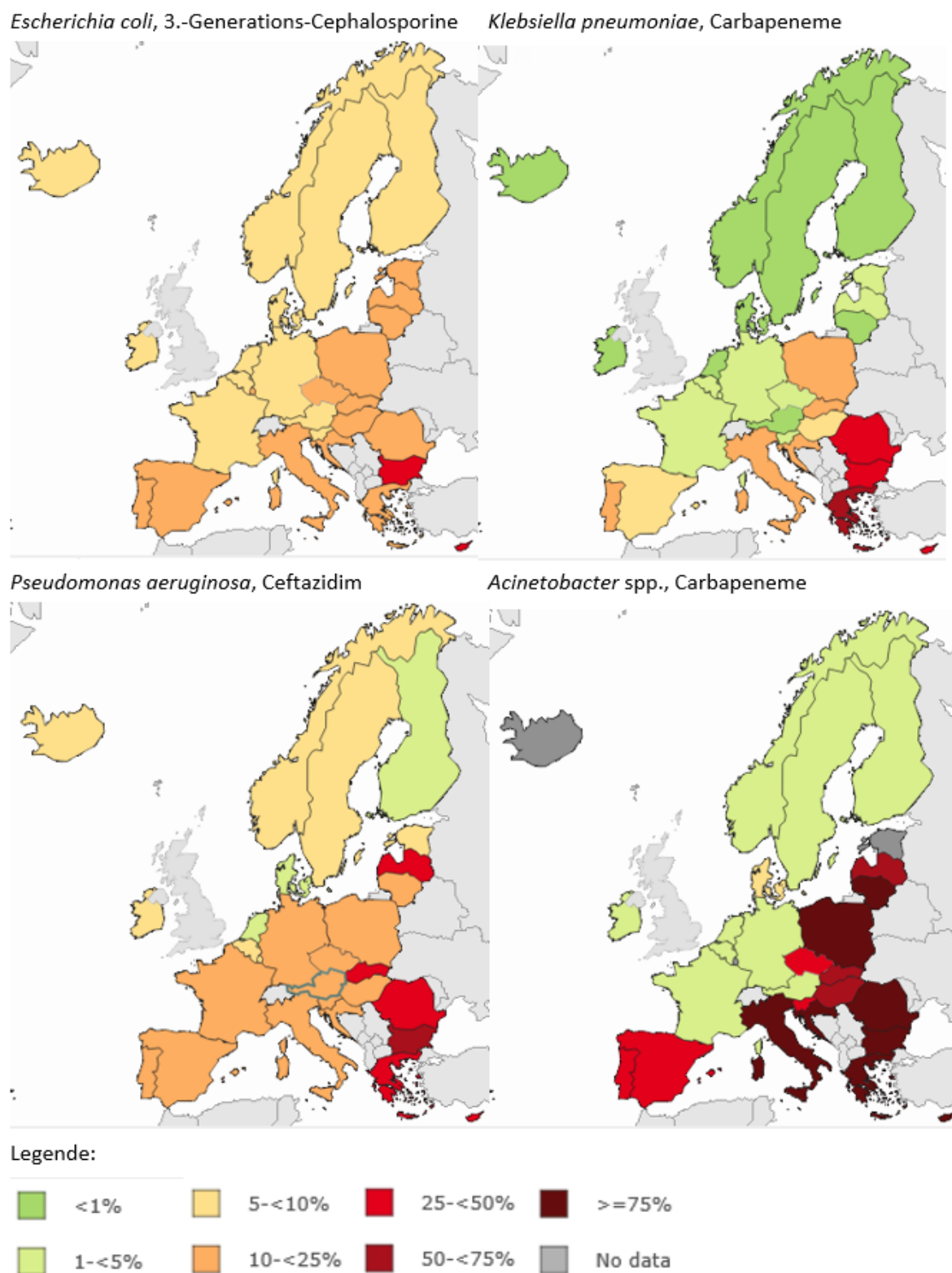


Abbildung 34: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2022 (Stand 24.04.2024), Teil 2



Danksagung

Seit nunmehr 25 Jahren (!) – seit dem Beginn der Datensammlung im Jahr 1999 – ist die Zahl der freiwillig teilnehmenden Laboratorien stetig angestiegen, sodass mittlerweile Daten von 92 Akutkrankenanstalten erfasst werden. Wir danken auf diesem Weg allen österreichischen EARS-Net-Laboratorien sehr herzlich für die fruchtbare, partnerschaftliche und nicht zuletzt deshalb sehr erfolgreiche Zusammenarbeit seit einem Vierteljahrhundert!

Referenzen

- [1] WHO Regional Office for Europe/European Centre for Disease Prevention and Control. Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2022 – 2020 data. Copenhagen: WHO Regional Office for Europe; 2022.
- [2] European Centre for Disease Prevention and Control, European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net), www.ecdc.europa.eu, abgefragt: 26.05.2023.
- [3] STATISTIK AUSTRIA, Statistik des Bevölkerungsstandes, abgefragt: 24.04.2023.
- [4] Impfplan 2022 des Sozialministeriums.
- [5] European Centre for Disease Prevention and Control. Invasive pneumococcal disease. In: ECDC. Annual epidemiological report for 2018. Stockholm: ECDC; 2020.
- [6] Jefferson T, et al. Streptococcus pneumoniae in Western Europe: serotype distribution and incidence in children less than 2 years old. Lancet Infect Dis, 2006. 6: 405–10.
- [7] den Heijer CD, van Bijnen EM, Paget WJ, Pringle M, Goossens H, Bruggeman CA, Schellevis FG, Stobberingh EE; APRES Study Team: Hoffmann K, Apfalter P, Bartholomeeusen S, Katic M, Budimir A, Hebbrecht G, Kolozsvári L, Konya J, Bolibar B, Grenzner E, Mölstad S, Matussek A, Flemming D. Prevalence and resistance of commensal Staphylococcus aureus, including meticillin-resistant S aureus, in nine European countries: a cross-sectional study. Lancet Infect Dis. 2013 May; 13(5): 409–15.

[8] Orth D. *Escherichia coli*, in *Spektrum der Infektionskrankheiten*, H. Mittermayer and F. Allerberger, Editors. 2006, Spitta Verlag GmbH & Co. KG: Balingen. 554–567.

[9] EARSS Management Team. *EARSS Annual Report 2005. 2006*, National Institute of Public Health and the Environment: Bilthoven. 35–77.

[10] Grisold A. *Klebsiella*, in *Spektrum der Infektionskrankheiten*, H. Mittermayer and F. Allerberger, Editors. 2006, Spitta Verlag GmbH & Co. KG: Balingen. 568–570.

[11] Mittermayer H. *Pseudomonas, Burkholderia, Stenotrophomonas und andere gramnegative Nonfermenter*, in *Spektrum der Infektionskrankheiten*, H. Mittermayer and F. Allerberger, Editors. 2006, Spitta Verlag GmbH & Co. KG: Balingen. 605–628.

[12] *Surveillance Atlas of Infectious Diseases*
(<https://www.ecdc.europa.eu/en/surveillance-atlas-infectious-diseases>), abgefragt 26.05.2023.

Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Infektionserreger

Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Arbeitsgruppe Resistenzberichterstattung

Ansprechpersonen/Autorinnen

Prim.^a Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Petra Apfalter
Lucia Berning, MSc

Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen
Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin und
analyse BioLab GmbH
Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen
Fadingerstraße 1
4020 Linz
E-Mail: petra.apfalter@analyse.eu
www.referenzzentrum.at

Reviewer

OA Dr. Rainer Hartl

Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen
Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin
Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen
Fadingerstraße 1
4020 Linz
E-Mail: rainer.hartl@analyse.eu
www.referenzzentrum.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	121
Abstract	122
Einleitung	123
Methodik	124
Mitglieder der Arbeitsgruppe und teilnehmende Laboratorien	125
Indikatorerreger und –substanzen	129
Ergebnisse	130
Infektionserreger des Respirationstraktes	135
β -hämolisierende Streptokokken der Gruppe A	136
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	137
<i>Haemophilus influenzae</i>	137
Infektionserreger des Harntraktes	139
<i>Escherichia coli</i>	139
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	142
<i>Staphylococcus aureus</i>	145
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	147
Diskussion	150
Referenzen	153

Zusammenfassung

Der Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Erreger ergänzt EARS-Net, das Resistenzen von Blutkultur- und Liquorisolaten betrachtet, und komplettiert damit die Erfassung der österreichischen Resistenzlage in der Humanmedizin in Hinblick auf wichtige bakterielle Erreger. Das Spektrum umfasst Schlüsselerreger von Infektionen des Respirations- und Harntraktes, aber auch *S. aureus* und β -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A aus diversen Untersuchungsmaterialien. Daten von Antibiotogrammen aus der Routinediagnostik von 13 österreichischen Laboratorien, die mikrobiologische Diagnostik betreiben, werden hierfür zusammengefasst, ausgewertet und dargestellt.

Die Ergebnisse werden seit dem AURES 2017 in ein Ampelsystem eingeordnet, das eine Einschätzung empirischer Therapiemöglichkeiten auf einen Blick erlaubt und den Vergleich mit den EARS-Net-Zahlen erleichtern soll.

Zusammenfassend lässt sich für 2023 Folgendes festhalten:

- 1. Respirationstrakt: β -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A** (n=5.542) zeigen im Vergleich zu **Pneumokokken** (n=1.170) eine niedrigere Makrolid-Resistenzrate (7,0 % versus 18,7 %). Die Makrolid-Resistenzrate für Pneumokokken liegt etwas über jener der invasiven Pneumokokken mit 11,1 % (EARS-Net AT). Die Resistenzraten bei ***H. influenzae*** (n=3.272) liegen für Aminopenicilline bei 24,9 %, für Aminopenicilline mit β -Laktamaseinhibitor bei 8,0 % und für Fluorochinolone bei 1,1 %.
- 2. Harntrakt:** Die 3.-Generations-Cephalosporine-Resistenzrate bei ***E. coli*** (n=78.699) ist gesamthaft mit 6,6 % in den letzten fünf Jahren etwa gleichgeblieben. Die höchsten Resistenzraten zeigen Sulfamethoxazol/Trimethoprim mit 19,6 % und Fluorochinolone mit 13,3 %. ***Klebsiella pneumoniae*** (n=17.676): Die Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen liegt 2023 bei 8,2 %, die Resistenz gegenüber Carbapenemen bei 0,8 %.
- 3. *Staphylococcus aureus*:** MRSA (n=1.779): Im Vergleich zum Vorjahr ist die MRSA-Rate mit 6,1 % auf einem stabilen Niveau. Es wurden keine Linezolid-resistenten MRSA-Isolate und keine Vancomycin-resistenten *S. aureus*-Stämme berichtet.
- 4. *Pseudomonas aeruginosa*:** Im Trachealsekret (n=706) kann eine rückläufige Tendenz bei der Resistenz aller Indikatorsubstanzen, insbesondere gegenüber Piperacillin/Tazobactam (16,0 %), festgestellt werden. Die Carbapenem-Resistenz liegt aktuell bei 13,0 % und die Ceftazidim-Resistenz bei 13,7 %. Bei den Ohrabstrichen (n=1.064) liegt eine Resistenzrate von 2,3 % gegenüber Aminoglykosiden und von

6,3 % gegenüber Ciprofloxacin vor. Im erstmals berichteten Harntrakt zeigten sich bei *P. aeruginosa*-Isolaten (n=6.484) folgende Resistenzraten: Carbapeneme 4,2 %, Ceftazidim 6,2 % und Piperacillin/Tazobactam 5,3 %.

Insgesamt spiegelt die Auswahl an nicht-invasiven Erregern weiterhin eine stabile Resistenzsituation in Österreich wider. Empirische Therapieoptionen sind für alle Erreger weiterhin gegeben, wobei bei den gramnegativen Erregern das Antibiotogramm aufgrund der vorliegenden Resistenzen an Bedeutung zunimmt: Für viele Substanzen liegen die erhobenen Resistenzraten zwischen 10 und 25 %. Eine in diese Kategorie fallende Resistenzrate würde bedeuten, dass das entsprechende Antibiotikum nur nach entsprechender Austestung im Antibiotogramm verwendet werden soll.

Abstract

The antimicrobial resistance report on selected non-invasive pathogens supplements EARS-Net, which focuses on isolates cultivated from blood culture and cerebrospinal fluid, and therefore completes the assessment of the resistance situation of relevant bacterial pathogens in Austria. The included species comprise not only key pathogens of infections of the respiratory and urinary tract but also *S. aureus* and group A streptococci from various clinical materials. Data supplied by 13 Austrian laboratories providing diagnostic microbiological services have been summarized and evaluated.

In the present AURES, the results are arranged in a colour-coded ranking system, which offers an assessment of empirical therapy options and complements the EARS-Net data.

Summary of the data collected in 2023:

- 1. Respiratory tract:** Compared to **pneumococci** (n=1,170), **group A streptococci** (n=5,542) show a lower macrolide resistance rate (7.0% versus 18.7%). The macrolide resistance rate of non-invasive pneumococci is higher than the rate of invasive isolates (11.1%, EARS-Net AT). The resistance rates of ***H. influenzae*** (n=3,272) are for aminopenicillins 24.9%, for aminopenicillins with beta-lactamase inhibitor 8.0% and for fluoroquinolones 1.1%.
- 2. Urinary tract:** The 3rd generation cephalosporin resistance rate of ***E. coli*** isolates (n=78,699) of 6.6% is stable compared to the last five years period. The fluoroquinolones and sulfamethoxazole/trimethoprim resistance rates show the

highest resistance rates with 13.3% and 19.6%, respectively. *Klebsiella pneumoniae* (n=17,676): The resistance rate with regard to 3rd generation cephalosporins was 8.2% in 2023, the carbapenem resistance rate was 0.8%.

3. ***Staphylococcus aureus***: MRSA (n=1,779): The MRSA rate of 6.1% did not change significantly compared to the preceding years. No linezolid resistant MRSA isolates and no vancomycin resistant *S. aureus* strains were reported.
4. ***Pseudomonas aeruginosa***: In tracheal secretion (n=706), a decreasing trend in resistance rates was observed for all indicator substances, in particular for piperacillin/tazobactam (16.0%). The carbapenem and ceftazidime resistance rates were 13.0%, and 13.7%, respectively. In ear swabs (n=1,064), there is currently a resistance rate of 2.3% with regard to aminoglycosides and 6.3% with regard to ciprofloxacin. In *P. aeruginosa* isolates originating from the urinary tract (n=6,484) the following resistance rates were reported: carbapenems 4.2%, ceftazidime 6.2% and piperacillin/tazobactam 5.3%.

In conclusion, resistance rates of non-invasive pathogens are stable in Austria. Empiric therapy options are still available for all pathogens. With regard to gram-negative pathogens, the importance of antibiotic susceptibility testing is steadily increasing due to emerging resistance mechanisms: For many substances, the resistance rates are between 10 and 25%. A rate within this range implies that the antibiotic substance should only be used after previous antimicrobial susceptibility testing.

Einleitung

Seit dem Jahr 2000 werden in Österreich Resistenzdaten von invasiven Infektionserregern im Rahmen von EARS-Net (European Antimicrobial Resistance Surveillance Network) erfasst. 34 Laboratorien, die mikrobiologische Diagnostik betreiben, stellen dabei ihre Daten aus der Routinediagnostik von Blut- und Liquorisolaten zur Verfügung. EARS-Net-Daten stellen eine hohe klinische Relevanz sicher, weil nur invasive Verläufe erfasst werden. Sie bieten aber keinen Einblick in die Resistenzsituation von Erregern wichtiger Infektionen, die nicht septisch verlaufen und mittels anderer Kulturmethoden nachgewiesen wurden. Blutkulturen sind darüber hinaus auch bei septischen Verlaufsformen wenig sensitiv (max. 15 %) und im niedergelassenen Bereich meist schlecht verfügbar.

Seit 2008 werden daher im Rahmen der Arbeitsgruppe (AG) Resistenzberichterstattung zusätzlich zu EARS-Net Routinedaten von nicht-invasiven bakteriellen Erregern strukturiert gesammelt, ausgewertet und als eigenes Kapitel im AURES dargestellt. Das Bestreben der AG Resistenzberichterstattung ist es, bestehende österreichische Daten auf Basis einer gemeinsamen Vorlage für Österreich in einer gemeinsamen Datenbasis zusammenzufassen. Diese Vorlage umfasst klinik- und praxisrelevante Daten, die in einer gemeinsamen Auswertung veröffentlicht werden.

Seit der Ausgabe AURES 2017 wird eine zusammenfassende Darstellung der Resistenzsituation aller gewählten Bug-Drug-Kombinationen auf einen Blick den Details vorangestellt, was einen Vergleich mit den EARS-Net-Daten erleichtern soll. Die graphische Darstellung der aktuellen Resistenzzahlen der Indikatorerreger in einem Ampelsystem, das zudem einen Vergleich mit den Vorjahren erlaubt, wurde beibehalten.

Methodik

Zur Auswertung werden Primärisolate aller Patientenmaterialien inkl. Screening-Isolate herangezogen, Isolate aus Blutkulturen und Liquor werden ausgeschlossen. Als Primärisolat wird das jeweils erste kultivierte Isolat eines Indikatorerregers pro Patient:in und Materialgruppe in einem Zeitraum von einem Jahr definiert.

Seit Mitte 2008 werden von der Arbeitsgruppe (siehe Tabelle 65) gemeinsame Standards für Datenerhebung und Auswertung erarbeitet. Zunächst wurden relevante Indikatorerreger sowie dafür jeweils relevante antibiotische Indikatorsubstanzen ausgewählt. Eine laufende Anpassung – sowohl Reduzierung als auch Erweiterung von Indikatorerregern und -substanzen – wird dabei gegebenenfalls vorgenommen (siehe Tabelle 66).

Die Sammlung und Auswertung der Daten erfolgte ab 2008 jeweils für einen Bewertungszeitraum von einem Jahr. Die Empfindlichkeitstestung wurde ursprünglich nach den jeweils gültigen CLSI-Richtlinien durchgeführt, seit 2012 wird sie an allen Zentren nach EUCAST durchgeführt. Als wesentliche Grundlagen für die Datenanalyse und die Datenpräsentation wurden das CLSI-Dokument M39-A4-2014 [1], der ESGARS (European Study Group of Antimicrobial Resistance Surveillance)-Report aus 2004 [2] und der Antimicrobial Resistance Surveillance in Europe 2015. Annual Report of the European

Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). Stockholm: ECDC; 2017 [3] herangezogen. [4, 5]

Zur raschen Orientierung bezüglich der empirischen Therapiemöglichkeiten sind die Resistenzraten in den Grafiken in ein Ampelfarben-Prinzip eingeordnet. **Grün** weist Resistenzraten von 0 bis 10 % aus. Eine in diese Kategorie fallende Resistenzrate bedeutet, dass das entsprechende Antibiotikum für eine empirische Therapie herangezogen werden kann. **Gelb** weist Resistenzraten von > 10 bis 25 % aus. Eine in diese Kategorie fallende Resistenzrate bedeutet, dass das entsprechende Antibiotikum nur nach empfindlicher Austestung im Antibiogramm verwendet werden soll. **Rot** weist eine Resistenzrate von > 25 % aus. Ein empirischer Einsatz der Substanz ist kritisch zu werten, da die Wahrscheinlichkeit eines Therapieversagens hoch ist. Der Einsatz sollte deshalb nur gezielt nach empfindlicher Austestung im Antibiogramm erfolgen. Andere Therapieoptionen sind zur Vermeidung einer weiteren Resistenzentwicklung zu erwägen.

Ab der AURES-Version 2019 wurde die Darstellung der Resistenzberichterstattung aufgrund der neuen EUCAST-Definition der Kategorie „I“ (intermediär empfindlich), die seit 1.1.2019 gültig ist, auf die Kategorie „R“ (resistent) als Konstante fokussiert. Das seither neu definierte EUCAST „I“ entspricht nun einem „S“ – empfindlich bei erhöhter Exposition –, wobei für die Folgejahre seitens EUCAST schrittweise weitere Wechsel von S auf I bei diversen Bug-Drug-Kombinationen zu erwarten sind und vor allem der Jahresvergleich in den S- und I-Kategorien damit zukünftig schwierig zu interpretieren und letztlich wenig relevant sein würde.

Mitglieder der Arbeitsgruppe und teilnehmende Laboratorien

Die Arbeitsgruppe Resistenzberichterstattung besteht aus Vertreter:innen von 13 Netzwerkzentren, die auch an EARS-Net und damit ebenso an den jährlichen gemeinsamen EARS-Net-Ringversuchen teilnehmen. Tabelle 65 listet die Zentren auf und gibt auch einen Einblick in den Versorgungsbereich bzw. das Einzugsgebiet der analysierten Untersuchungsmaterialien sowie einen groben Überblick der verwendeten Methoden zur Empfindlichkeitstestung.

Tabelle 65: Projektpartner:innen und Ansprechpersonen

Projektpartner:innen	Affiliation	E-Mail	%-Verteilung der Datenbasis	Methode
Prim. ^a Univ.-Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Petra Apfalter	Ordensklinikum Linz Elisabethinen / analyse BioLab GmbH / Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen	izim@ordensklinikum.at petra.apfalter@analyse.eu	65 % Krankenhausbereich 35 % niedergelassener Bereich	P, G, MD
Lucia Berning, MSc	analyse BioLab GmbH	lucia.berning@analyse.eu		
Maria Stadler, Bakk. rer. nat	Ordensklinikum Linz Elisabethinen / Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen Institutsmanagement	maria.stadler2@ordensklinikum.at		
OA Dr. Stefan Doppler	Kepler Universitätsklinikum Med Campus III, Institut für Pathologie und Mikrobiologie (Daten OÖG Regionalkliniken – Mikrobiologie Vöcklabruck und Steyr)	stefan.doppler@kepleruniklinikum.at	90 % Krankenhausbereich 10 % niedergelassener Bereich	P, G, V
PD ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Dorothea Orth-Höller Dr. ⁱⁿ Ingrid Heller	MB-LAB Mikrobiologisches Labor, PD ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Dorothea Orth-Höller	ih@mb-lab.com	100 % niedergelassener Bereich	P, G

Projektpartner:innen	Affiliation	E-Mail	%-Verteilung der Datenbasis	Methode
PD ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Eva Leitner-Meyer PD Dr. Karl Dichtl PD ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Alexandra Badura	Medizinische Universität Graz, Diagnostik- & Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin	eva.leitner@medunigraz.at karl.dichtl@medunigraz.at alexandra.badura@medunigraz.at	50 % Krankenhausbereich 50 % niedergelassener Bereich	P, G, V
Dr. ⁱⁿ Miriam Govrins	Medizinische Universität Innsbruck, Hygiene und Medizinische Mikrobiologie	miriam.govrins@i-med.ac.at	55 % Krankenhausbereich 45 % niedergelassener Bereich	P, G, MD, V
OA Dr. Harald Dirschmid	LKH Feldkirch, Institut für Pathologie	harald.dirschmid@lkhf.at	60 % Krankenhausbereich 40 % niedergelassener Bereich	P, V
PD Dr. Markus Hell Irene Schwingenschlögel	MEDILAB Dr. Mustafa Dr. Richter OG, Lehrlaboratorium der Paracelsus Medizinischen Privatuniversität Salzburg	markus.hell@medilab.at irene.schwingenschloegel@medilab.at	6 % Krankenhausbereich 94 % niedergelassener Bereich	P, V, Ph
OA Dr. Harald Kirschner	Wiener Gesundheitsverbund, Klinik Favoriten, Pathologisch- bakteriologisches Institut	harald.kirschner@gesundheitsverbund.at	100 % Krankenhausbereich	P, G, MD, V
OÄ Dr. ⁱⁿ Mojgan Prinz	LABCON – Medizinische Laboratorien GmbH, Mikrobiologie	mojgan.prinz@labcon.at	100 % Krankenhausbereich	P, G, Ph
Prim. ^a Clin. Ass. Prof. ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Barbara Ströbele OÄ ⁱⁿ Dr. ⁱⁿ Ildiko-Julia Pap	Universitätsklinikum St. Pölten, Klinisches Institut für Hygiene und Mikrobiologie	barbara.stroebele@stpoelten.lknoe.at ildiko-julia.pap@stpoelten.lknoe.at	100 % Krankenhausbereich	P, G

Projektpartner:innen	Affiliation	E-Mail	%-Verteilung der Datenbasis	Methode
OA Dr. Jan Marco Kern OA Dr. Patrick Stalzer HFK Christa Bernhofer Barbara Gigler	SALK-Uniklinikum der Paracelsus Medizinischen Privatuniversität, Krankenhaushygiene	j.kern@salk.at p.stalzer@salk.at c.bernhofersalk.at b.gigler@salk.at	100 % Krankenhausbereich	P, V
Eva-Maria Zeitlberger Dr. ⁱⁿ Astrid Dopita	Wiener Gesundheitsverbund, Klinik Donaustadt, Pathologisch- Bakteriologisches Institut	eva- maria.zeitlberger@gesundheitsverbund.at astrid.dopita@gesundheitsverbund.at	100 % Krankenhausbereich	P, G, MD, V
Dr. ⁱⁿ Sonja Lener Univ.-Prof. Dr. Alexander Hirschl	labors.at	s.lener@labors.at mikrobiologie@labors.at	100 % niedergelassener Bereich	P, G

P Plättchen
 G Gradiententest
 MD Mikrodilution
 V Vitek
 Ph Phoenix

Indikatorerreger und –substanzen

Tabelle 66: Indikatorerreger und -substanzen

Materialgruppe	Indikatorerreger	Indikatorsubstanz
Respirationstrakt	β-hämolysierende Streptokokken	Penicillin, Makrolide
	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Penicillin, Makrolide
	<i>Haemophilus influenzae</i>	Ampicillin oder Amoxicillin, Aminopenicilline + β-Laktamaseinhibitor (iv oder oral), Fluorochinolone
Harntrakt	<i>Escherichia coli</i> (inkl. ESBL)	Ampicillin oder Amoxicillin (iv oder oral), Aminopenicilline + β-Laktamaseinhibitor (iv und oral), 2.-Generations-Cephalosporine, 3.-Generations-Cephalosporine, Sulfonamide + Trimethoprim oder Trimethoprim, Nitrofurantoin, Fluorochinolone, Pivmecillinam, Aminoglykoside, Carbapeneme
	<i>Klebsiella pneumoniae</i> (inkl. ESBL)	Aminopenicilline + β-Laktamaseinhibitor (iv und oral), Pivmecillinam, 2.-Generations-Cephalosporine, 3.-Generations-Cephalosporine, Sulfonamide + Trimethoprim oder Trimethoprim, Fluorochinolone, Aminoglykoside, Meropenem
Gesamt*	<i>Staphylococcus aureus</i> (inkl. MRSA)	Oxacillin/Cefoxitin, Gentamicin, Tetrazyklin, Erythromycin, Clindamycin, Fusidinsäure, Sulfamethoxazol + Trimethoprim, Vancomycin, Linezolid, Rifampicin, Daptomycin
	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> **	Piperacillin/Tazobactam, Aminoglykoside, Ceftazidim, 4.-Generations-Cephalosporine, Carbapeneme, Fluorochinolone (Ciprofloxacin)

*Gesamt = Material ohne Einschränkungen außer Blutkulturen und Liquor (= Gesamtpatientenmaterial ohne invasives Material)

** *P. aeruginosa* = Material zusätzlich eingeschränkt auf den unteren Respirationstrakt (vorwiegend stationärer Bereich), Ohrabstriche (vorwiegend niedergelassener Bereich) und ab 2023 Harn.

Adaptierungen hinsichtlich der Indikatorsubstanzen wurden 2015 vorgenommen: Daptomycin wurde für *S. aureus* (inkl. MRSA) aufgenommen, 1.-Generations-Cephalosporin bei Harn-*E. coli* und Ertapenem bei *Klebsiella pneumoniae* wurden entfernt, Pivmecillinam wurde aufgenommen. Auf eine gesonderte Darstellung von ESBL-*E. coli* und ESBL-*K. pneumoniae* wird ab dem Bericht von 2017 verzichtet. Ab 2020 wird die

Indikatorsubstanz Carbapeneme für *E. coli* erfasst. Ab 2023 wird für den Indikatorerreger *P. aeruginosa* zusätzlich zu den Daten von Isolaten aus dem unteren Respirationstrakt und Ohrabstrichen die Materialgruppe Harn erfasst und ausgewertet.

Ergebnisse

Indikatorerreger und -substanzen sind in Tabelle 66 und Abbildung 35 und Abbildung 36 in einer gepoolten Gesamtübersicht tabellarisch und graphisch für das aktuelle Berichtsjahr 2023 dargestellt. Die Farbcodierung nach dem Ampelsystem in Abbildung 35 und Abbildung 36 zeigt Konsequenzen für die empirische Antibiotikatherapie auf, wie unter Punkt Methodik im Detail erklärt wird. Hieraus ist gut ersichtlich, dass nur in einer Konstellation (*E. coli*/Ampicillin) die 25 %-Marke deutlich überschritten und bei einer weiteren Konstellation (*H. influenzae*/Aminopen) die 25 %-Marke erstmals überschritten wird.

Tabelle 67: Übersicht Erreger (n = 145.772) und ausgewählte Indikatorsubstanzen aus 2023 – resistent in Prozent

	Gramnegativ (n = 107.901)						Grampositiv (n = 37.871)			
	<i>E. coli</i>	<i>K. pneumoniae</i>	<i>P. aeruginosa</i> Harn	<i>P. aeruginosa</i> Ohrabstrich	<i>P. aeruginosa</i> Trachealsekret	<i>H. influenzae</i>	<i>S. aureus</i>	MRSA	ß-hämo. Streptokokken der Gruppe A	<i>S. pneumoniae</i>
Anzahl Isolate (max. Wert)	78.699	17.676	6.484	1.064	706	3.272	29.380	1.779	5.542	1.170
% RESISTENT										
Aminoglykoside	4,1	3,1	1,5	2,3	1,8					
Ampen						24,9				
Ampen (iv oder oral)	38,6									
Ampen+BLI	17,9	16,4								
Ampen+BLI (iv)	20,0	16,5								
Ampen+BLI (iv oder oral)						8,0				
Ampen+BLI (oral)	12,7	11,2								
Carbapeneme	0,0	0,8	4,2	1,8	13,0					
Cefepim			5,3	4,7	11,0					
Cefoxitin							6,1			
Ceph2	9,0	11,1								

	Gramnegativ (n = 107.901)						Grampositiv (n = 37.871)			
	<i>E. coli</i>	<i>K. pneumoniae</i>	<i>P. aeruginosa</i> Harn	<i>P. aeruginosa</i> Ohrabstrich	<i>P. aeruginosa</i> Trachealsekret	<i>H. influenzae</i>	<i>S. aureus</i>	MRSA	ß-hämo. Streptokokken der Gruppe A	<i>S. pneumoniae</i>
Ceph3	6,6	8,2	6,2	2,1	13,7					
Clindamycin							20,4	41,9		
Daptomycin							0,3	0,1		
Fluorochinolone	13,3	8,8	7,4	6,3	7,4	1,1				
Fusidinsäure							2,6	12,9		
Gentamicin							3,6	19,1		
Linezolid							0,0	0,0		
Makrolide							21,6	50,3	7,0	18,7
Nitrofurantoin	0,6									
Penicillin									0,0	2,1
Piperacillin/ Tazobactam			5,3	2,5	16,0					
Pivmecillinam	4,9	7,0								
Rifampicin							0,2	1,1		
SXT	19,6	12,7					1,1	8,3		
Tetrazyklin							4,3	29,9		
Trimethoprim	21,1									

	Gramnegativ (n = 107.901)						Grampositiv (n = 37.871)			
	<i>E. coli</i>	<i>K. pneumoniae</i>	<i>P. aeruginosa</i> Harn	<i>P. aeruginosa</i> Ohrabstrich	<i>P. aeruginosa</i> Trachealsekret	<i>H. influenzae</i>	<i>S. aureus</i>	MRSA	ß-hämo. Streptokokken der Gruppe A	<i>S. pneumoniae</i>
Vancomycin							0,0	0,0		

Abbildung 35: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, KH und NG zusammengefasst, 2023 (Teil 1)

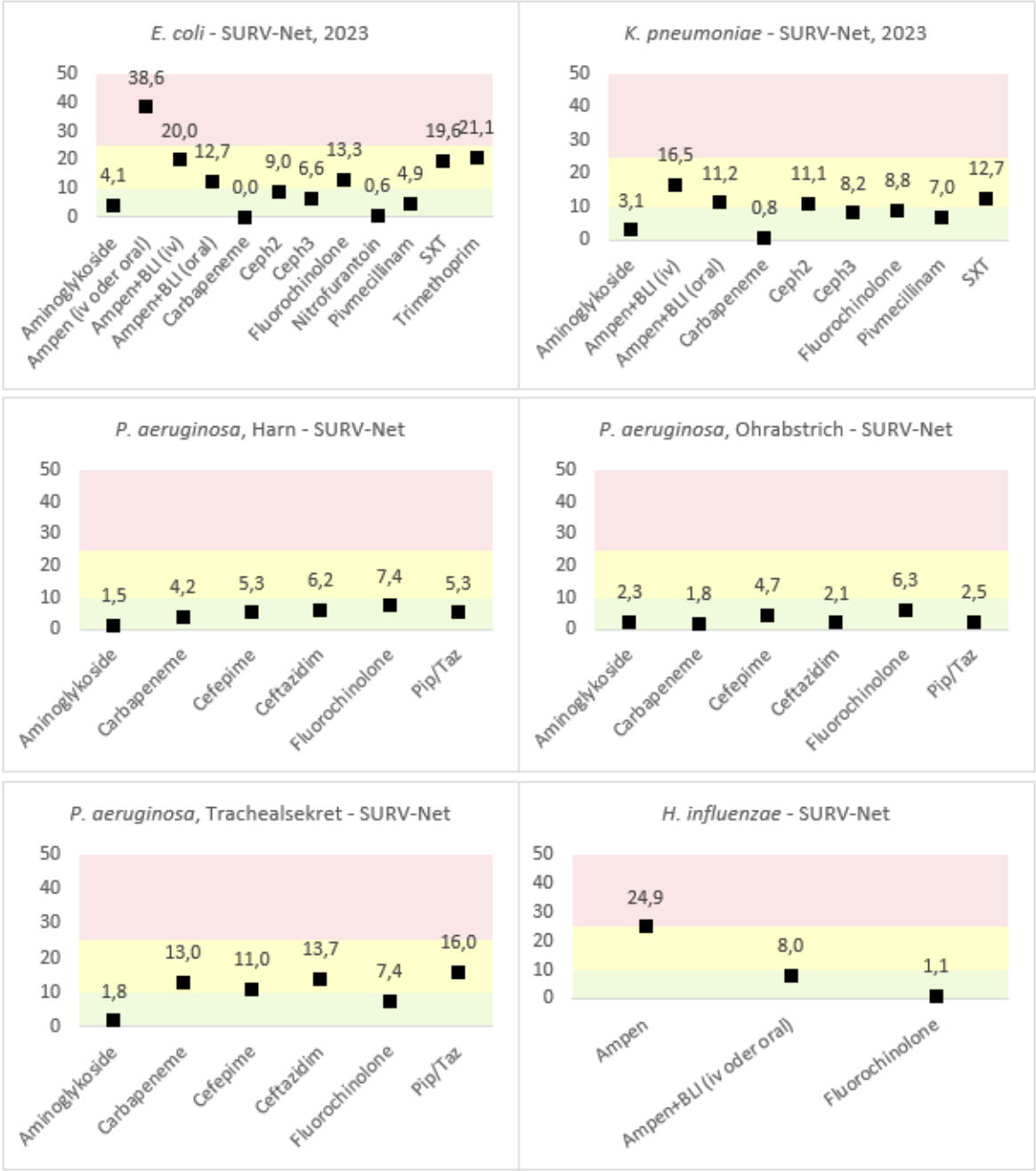
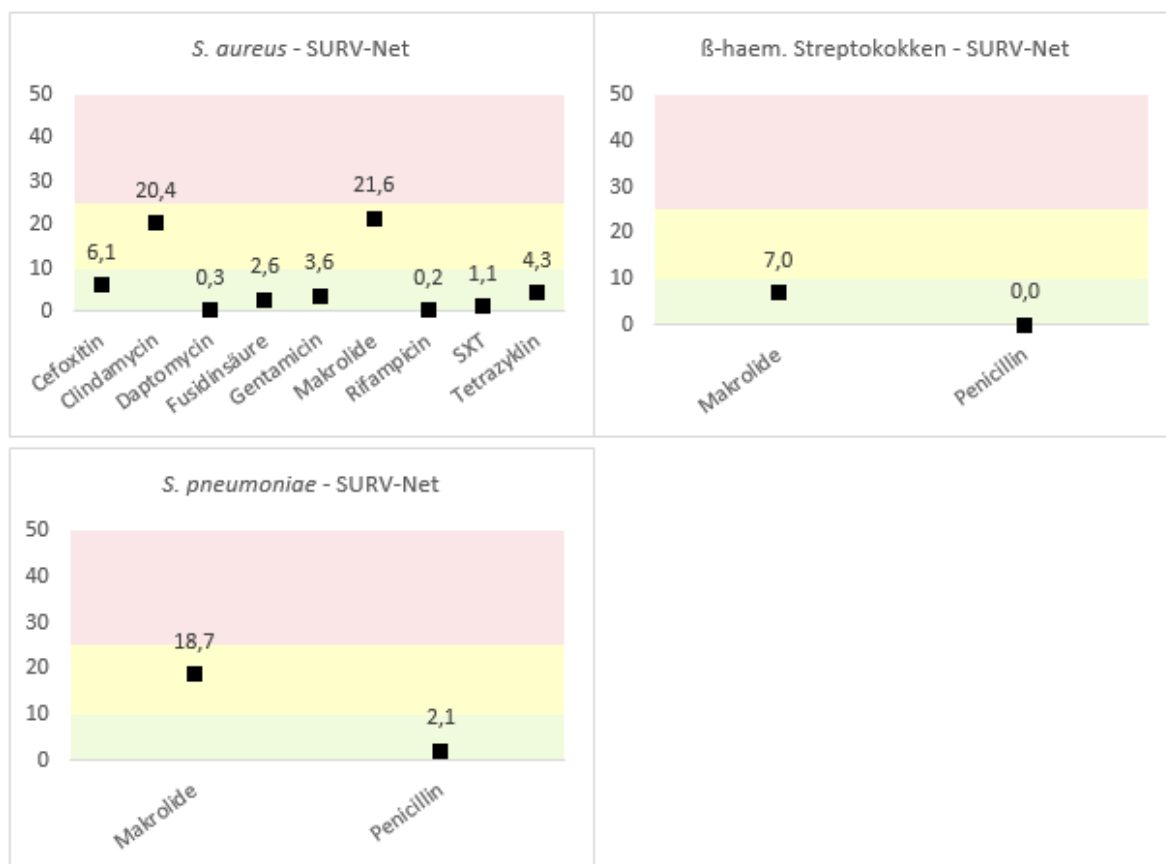


Abbildung 36: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, KH und NG zusammengefasst, 2023 (Teil 2)



Infektionserreger des Respirationstraktes

Im Jahr 2023 wurden aus dem oberen und dem unteren Respirationstrakt insgesamt 9.984 Primärisolate ausgewertet: 5.542 Isolate von β-hämolysierenden Streptokokken der Gruppe A, 1.170 von *S. pneumoniae* und 3.272 von *H. influenzae*.

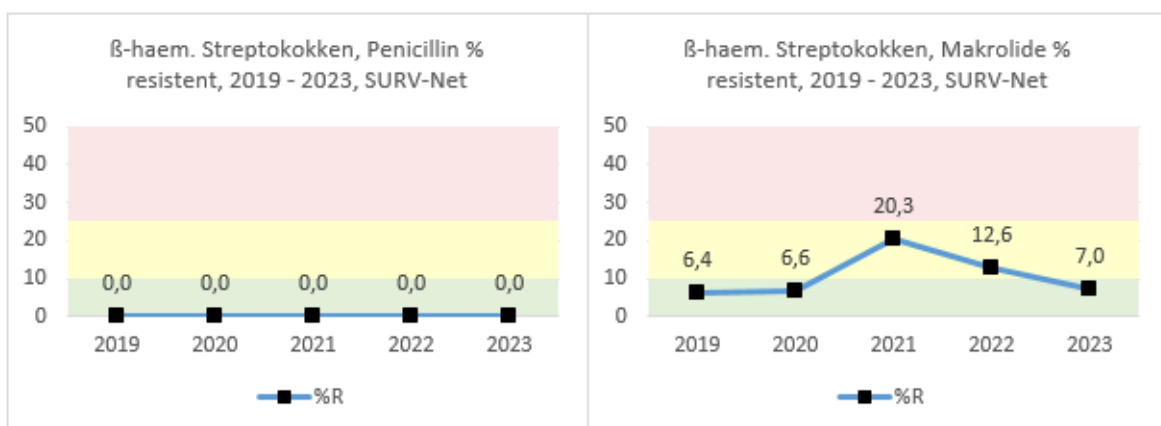
β-hämolysierende Streptokokken der Gruppe A

Tabelle 68: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei β-hämolysierenden Streptokokken der Gruppe A von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Makrolide	3.235	6,4	1.318	6,6	557	20,3	1.834	12,6	5.444	7,0
Penicillin	3.282	0,0	1.340	0,0	535	0,0	1.720	0,0	5.542	0,0

Die Pandemie-Jahre zeigten im Vergleich zu den Vorjahren eine deutlich geringere Anzahl an isolierten Erregern, im Vergleich zu 2019 gar nur ein Sechstel. In 2023 war wieder ein Anstieg der Anzahl der gemeldeten Isolate zu verzeichnen: Es wurden Daten von mehr als doppelt so vielen Isolaten im Vergleich zum Vorjahr rückgemeldet. Die einmalig deutlich erhöhte Makrolidresistenzrate in 2021 ist 2023 wieder auf dem vorpandemischen Niveau angekommen. Seitens EUCAST wurden keine Breakpoint-Veränderungen im Vergleich zum Vorjahr vorgenommen und ein ähnlicher Anstieg einer Makrolidresistenz wie in 2021 für Pneumokokken fand sich bei keinem anderen Erreger in diesem Ausmaß, womit die Ursache dieser Auslenkung letztlich nicht eindeutig identifiziert werden kann.

Abbildung 37: β-hämolysierende Streptokokken der Gruppe A – Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2019 bis 2023

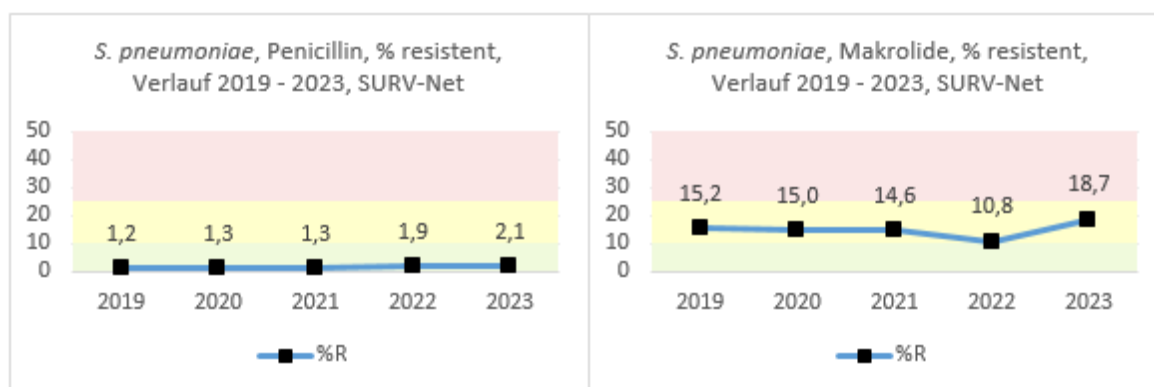


Streptococcus pneumoniae

Tabelle 69: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *S. pneumoniae* von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Makrolide	1.362	15,2	778	15,0	837	14,6	897	10,8	1.170	18,7
Penicillin	1.363	1,2	772	1,3	834	1,3	893	1,9	1.170	2,1

Abbildung 38: *S. pneumoniae* –Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2019 bis 2023



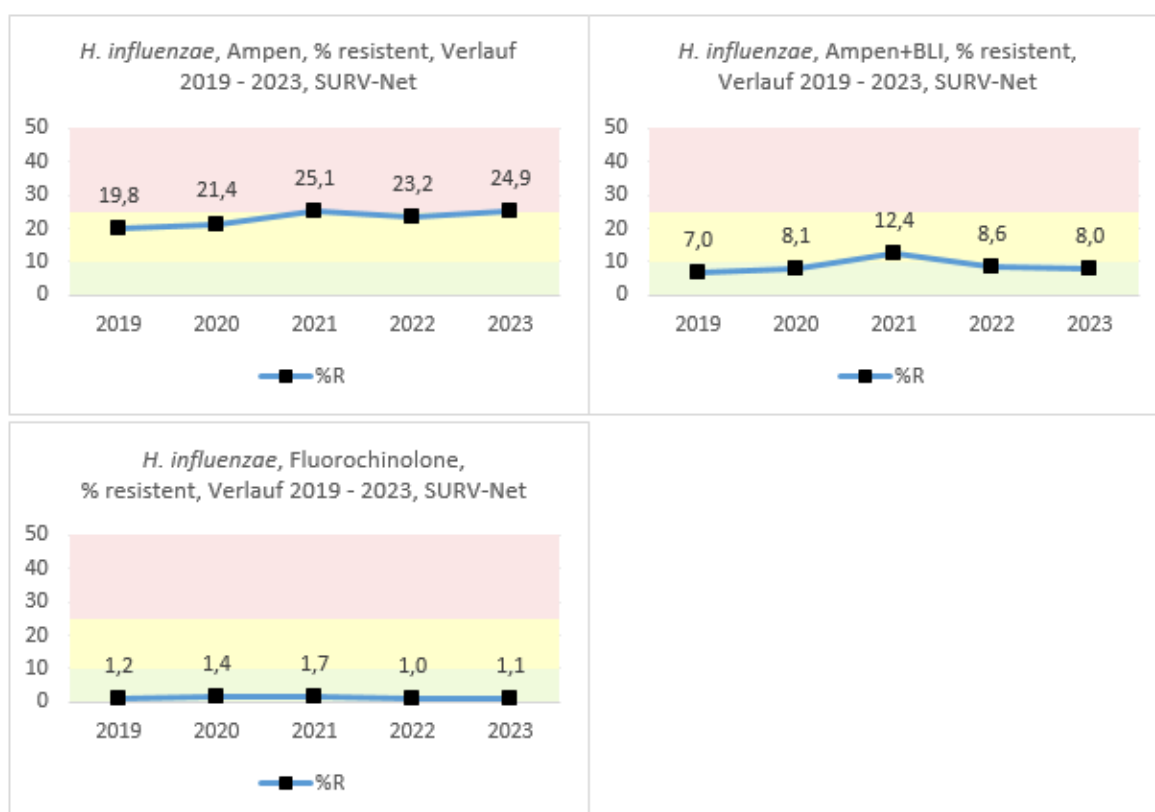
Haemophilus influenzae

Im 5-Jahres-Vergleich liegt die Resistenzrate bei der Bug-Drug-Kombination *H. influenzae* und Aminopenicilline erneut knapp an der 25 %-Marke.

Tabelle 70: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *H. influenzae* von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	N	%R	N	%R	N	%R	N	%R	N	%R
Ampen	3.149	19,8	1.389	21,4	1.200	25,1	2.949	23,2	3.428	24,9
Ampen + BLI	3.179	7,0	1.426	8,1	1.199	12,4	2.954	8,6	-	-
Ampen + BLI, iv oder oral	-	-	-	-	-	-	-	-	3.272	8,0
Fluorochinolone	3.182	1,2	1.437	1,4	1.201	1,7	2.957	1,0	3.267	1,1

Abbildung 39: *H. influenzae* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023



Infektionserreger des Harntraktes

Für das Jahr 2023 wurden 96.375 Primärisolate aus dem Harn (78.699 *E. coli*- und 17.676 *Klebsiella pneumoniae*-Isolate) ausgewertet. Auf eine gesonderte Darstellung von ESBL-*E. coli* und ESBL-*K. pneumoniae* wurde ab dem Bericht von 2017 verzichtet.

Escherichia coli

Von der Gesamtzahl der *E. coli*-Isolate (n=78.699) wurden im Jahr 2023 6,6 % ESBL bildende Isolate (gemessen an der Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen als Surrogate) berichtet (siehe Tabelle 71, Abbildung 40 und Abbildung 41). Ab 2023 erfolgt die Auswertung von Ampen + BLI getrennt nach iv und oral, um die Änderungen gemäß EUCAST 2023 abzubilden (dabei wurde die Interpretation der Teilnehmer:innen ohne Differenzierung der indikationsabhängigen Breakpoints übernommen).

Tabelle 71: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *E. coli* von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Aminoglykoside	69.686	4,5	62.320	4,1	60.151	3,9	42.965	3,8	18.906	4,1
Ampen	77.328	39,8	70.974	38,4	80.152	37,7	77.026	37,8	-	-
Ampen, iv oder oral	-	-	-	-	-	-	-	-	76.810	38,6
Ampen + BLI	77.502	13,6	69.872	12,2	78.005	12,8	76.638	12,9	-	-
Ampen + BLI, iv	-	-	-	-	-	-	-	-	32.222	20,0
Ampen + BLI, oral	-	-	-	-	-	-	-	-	57.093	12,7
Carbapeneme	n.d.		56.794	0,0¹	58.772	0,0²	61.567	0,0³	66.770	0,0⁴
Ceph2	74.617	8,7	69.778	8,0	79.021	7,7	75.730	8,0	76.740	9,0
Ceph3	77.091	6,8	70.339	6,4	79.702	5,5	75.881	5,8	78.640	6,6
Fluorochinolone	77.363	14,7	70.765	13,8	80.038	13,4	76.996	12,7	78.699	13,3
Nitrofurantoin	76.079	0,9	70.146	1,1	77.699	0,8	74.731	0,8	74.634	0,6
Pivmecillinam	71.211	6,8	67.339	7,9	74.505	7,7	71.281	6,6	75.057	4,9
SXT	44.803	21,0	40.568	20,2	46.191	19,2	45.448	18,7	47.339	19,6
Trimethoprim	72.011	21,9	65.693	20,9	73.339	20,5	71.120	20,5	74.626	21,1

1 neu ab 2020: 0,02 %R (14 R von 56.794)

2 2021: 0,01 % R (8 R von 58.772 Isolaten)

3 2022: 0,01 % R (8 R von 61.567 Isolaten)

4 2023: 0,03 % R (18 R von 66.770 Isolaten)

Abbildung 40: *E. coli* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023 (Teil 1)

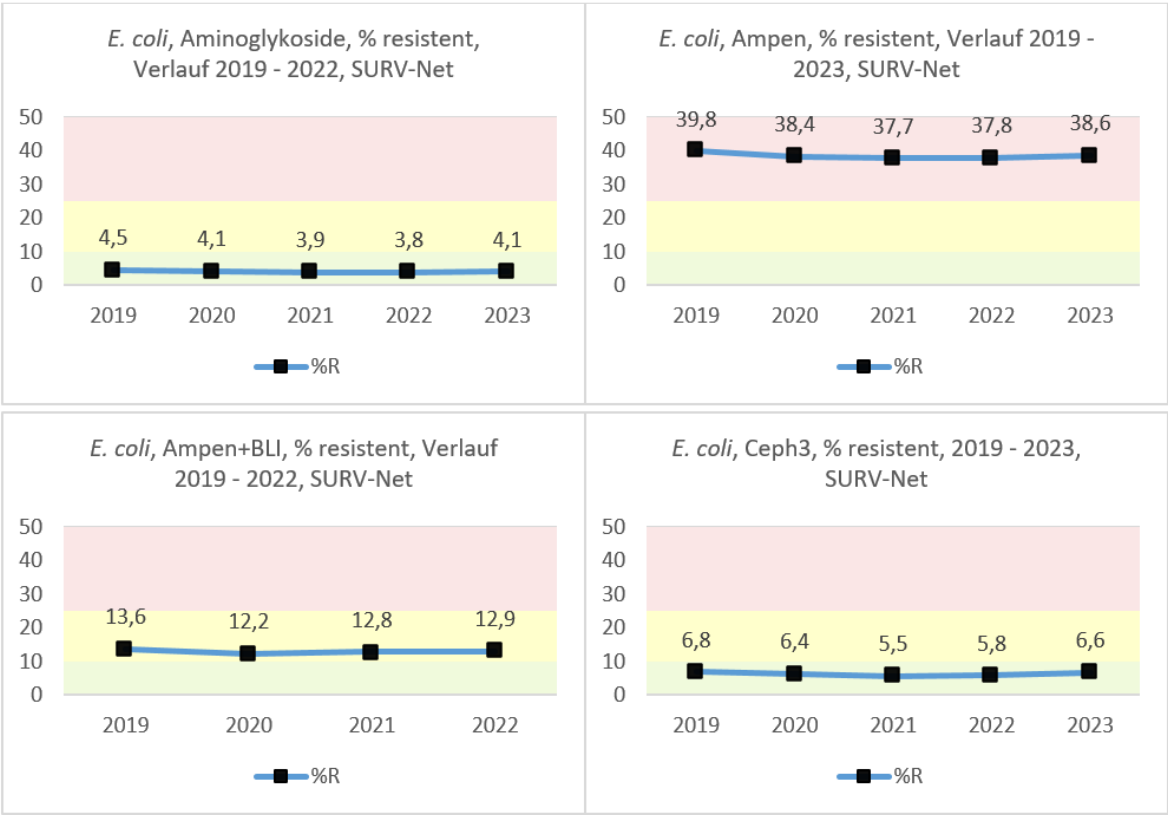
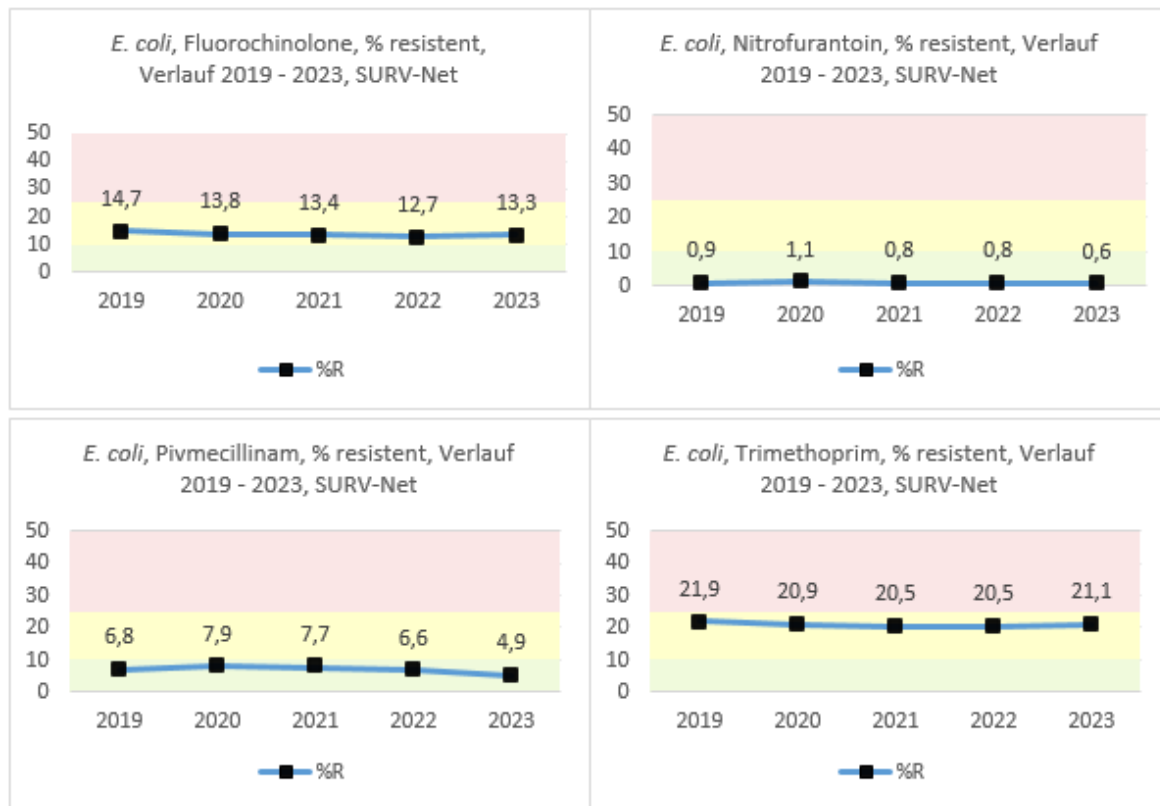


Abbildung 41: *E. coli* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023 (Teil 2)



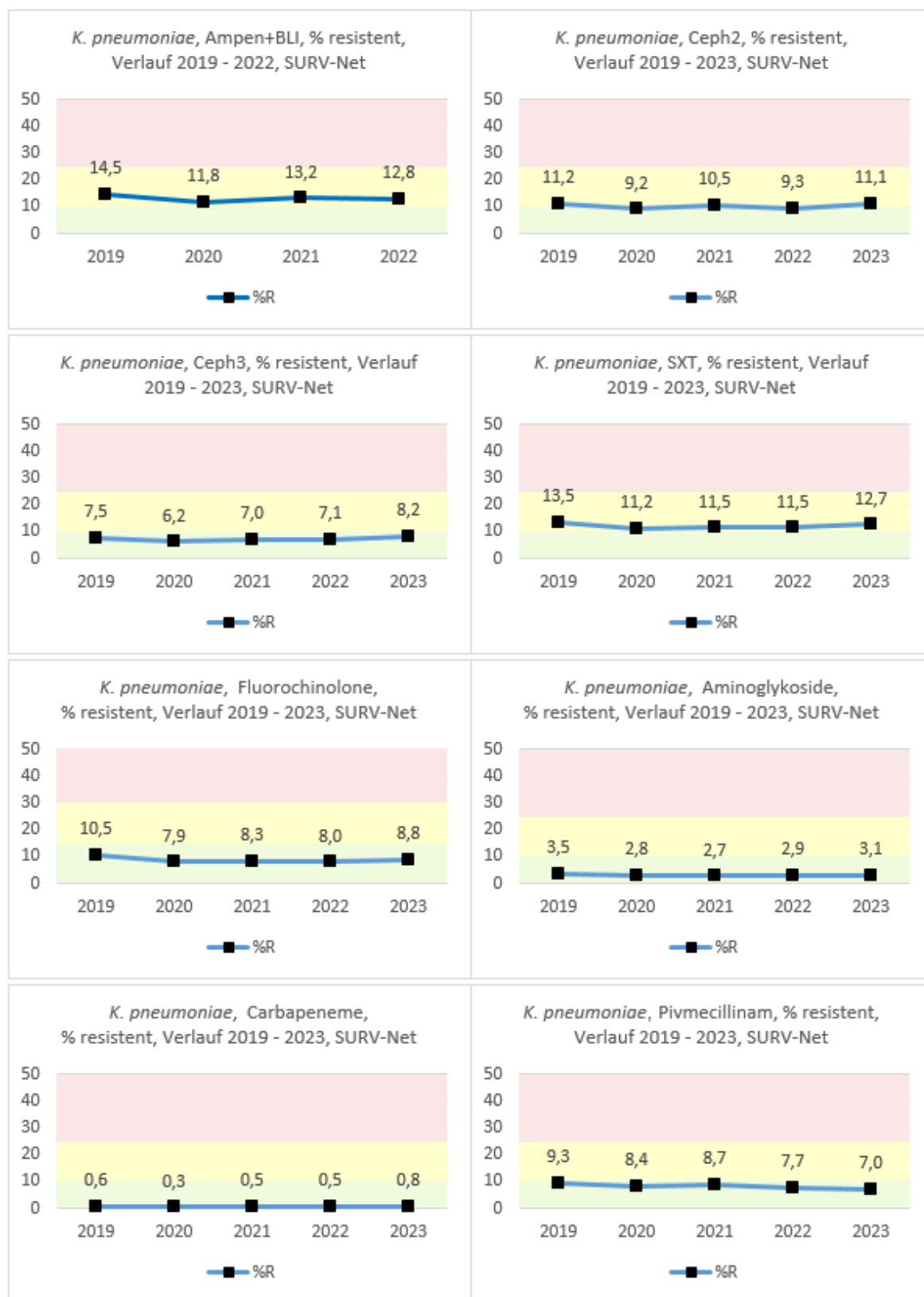
Klebsiella pneumoniae

Klebsiella pneumoniae aus dem Harn (n=17.676) wurde seit Beginn der Datenerhebung 2011 ohne Differenzierung nach stationärem und niedergelassenem Bereich ausgewertet, um einerseits einen weiteren vergleichbaren Indikatorerreger zu den invasiven Erregern (EARS-Net) und andererseits einen zusätzlichen Indikator für Bakterien mit ESBL-Produktion (3.-Generations-Cephalosporine-Resistenz) sowie einen Indikator für die Carbapenem-Resistenz (Carbapenemaseproduktion) darzustellen. Ab 2023 erfolgt die Auswertung von Ampen + BLI getrennt nach iv und oral, um die Änderungen gemäß EUCAST 2023 abzubilden (dabei wurde die Interpretation der Teilnehmer:innen ohne Differenzierung der indikationsabhängigen Breakpoints übernommen).

Tabelle 72: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *K. pneumoniae* von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Aminoglykoside	13.130	3,5	13.031	2,8	12.520	2,7	9.870	2,9	6.310	3,1
Ampen + BLI	14.648	14,5	14.629	11,8	16.577	13,2	16.650	12,8	-	-
Ampen + BLI, iv	-	-	-	-	-	-	-	-	8.059	16,5
Ampen + BLI, oral	-	-	-	-	-	-	-	-	11.244	11,2
Carbapeneme	12.691	0,6	13.438	0,3	15.500	0,5	15.019	0,5	17.193	0,8
Ceph2	13.558	11,2	13.841	9,2	16.219	10,5	14.429	9,3	16.017	11,1
Ceph3	14.063	7,5	14.465	6,2	15.874	7,0	15.557	7,1	17.026	8,2
Fluorochinolone	14.675	10,5	14.894	7,9	17.073	8,3	16.764	8,0	17.676	8,8
Pivmecillinam	9.008	9,3	9.687	8,4	11.190	8,7	11.093	7,7	11.143	7,0
SXT	12.308	13,5	12.889	11,2	14.842	11,5	14.510	11,5	15.601	12,7

Abbildung 42: *K. pneumoniae* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023



Staphylococcus aureus

Insgesamt wurden im Jahr 2023 29.380 *S. aureus*-Isolate in die Auswertung einbezogen.

Die MRSA-Rate gesamt betrug 6,1 %, ist damit weiter stabil niedrig und liegt 1,7 % über der in EARS-Net berichteten Rate von 4,4 %. Insgesamt wurden 2 Linezolid-resistente und 3 Vancomycin resistente *S. aureus*-Isolate gemeldet. Da insbesondere bei letzterer Substanz methodische Schwierigkeiten in der Testung bekannt sind und die Isolate nicht an das NRZ zur Bestätigung weitergeleitet wurden, sind diese Zahlen sehr vorsichtig zu interpretieren.

Tabelle 73: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *S. aureus* von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Cefoxitin	30.018	6,4	25.191	6,2	29.768	6,6	27.193	6,1	29.380	6,1
Clindamycin	27.393	17,4	22.836	18,1	28.052	18,2	25.234	18,8	27.676	20,4
Daptomycin	9.559	0,2	7.910	0,2	8.324	0,2	8.776	0,2	10.385	0,3
Fusidinsäure	26.784	1,5	22.304	1,4	26.995	1,7	24.510	2,3	26.657	2,6
Gentamicin	25.351	3,1	22.403	3,4	19.805	3,4	16.653	3,6	18.082	3,6
Linezolid	21.772	0,0	18.536	0,0	23.196	0,0	22.150	0,0^{*1}	22.311	0,0^{*2}
Makrolide	27.391	19,0	22.834	19,5	27.734	20,1	25.242	20,0	27.627	21,6
Rifampicin	24.612	0,4	20.000	0,3	24.844	0,2	23.830	0,2	25.843	0,2
SXT	28.430	1,3	24.266	1,1	29.299	0,7	27.248	0,7	29.557	1,1
Tetrazyklin	25.727	4,5	21.638	4,5	26.475	4,3	24.082	4,3	26.571	4,3
Vancomycin	15.715	0,0	13.026	0,0	13.504	0,0	13.977	0,0	13.397	0,0^{*2}

^{*1}Linezolid: 0,04 %R (9 R von 22.150)

^{*2}Linezolid: 0,01 %R (2 R von 22.311), Vancomycin: 0,02 %R (3 R von 13.397)

Abbildung 43: *S. aureus* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023

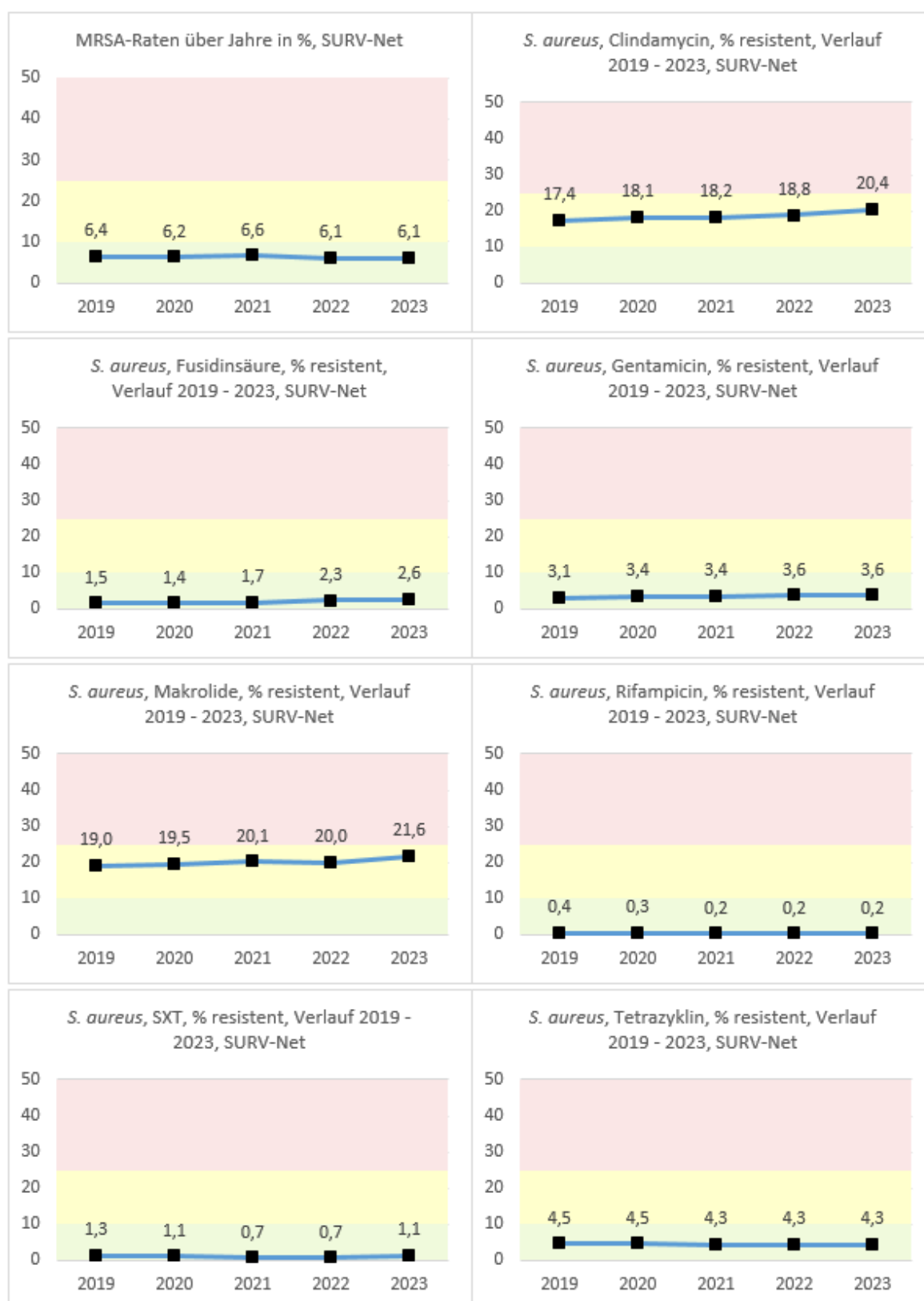
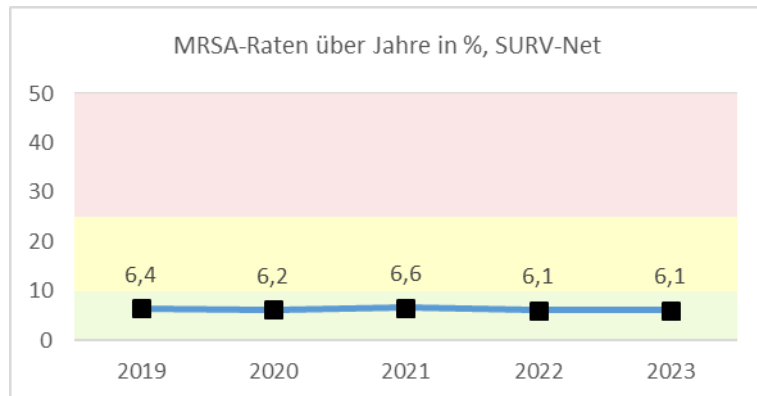


Tabelle 74: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei MRSA von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	2019		2020		2021		2022		2023	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Clindamycin	1.724	47,0	1.425	43,5	1.793	46,5	1.562	42,3	1.648	41,9
Daptomycin	965	0,3	904	0,2	878	0,3	855	0,5	1.001	0,1
Fusidinsäure	1.730	7,3	1.436	6,0	1.800	8,3	1.565	12,1	1.586	12,9
Gentamicin	1.481	12,5	1.202	12,5	1.095	15,2	842	18,8	907	19,1
Linezolid	1.480	0,0	1.257	0,0	1.665	0,0	1.364	0,1	1.496	0,0
Makrolide	1.725	51,9	1.425	49,3	1.793	52,9	1.563	47,2	1.643	50,3
Rifampicin	1.734	2,5	1.398	1,4	1.772	1,1	1.520	3,2	1.599	1,1
SXT	1.616	5,9	1.386	6,8	1.809	3,8	1.587	5,5	1.636	8,3
Tetrazyklin	1.596	27,2	1.348	27,9	1.699	32,3	1.456	30,5	1.513	29,9
Vancomycin	1.664	0,0	1.353	0,0	1.338	0,0	1.160	0,0	1.355	0,0

Abbildung 44: MRSA-Raten von 2019 bis 2023



Pseudomonas aeruginosa

2023 wurde erneut eine Auswertung des Indikatorerregers *P. aeruginosa* getrennt nach Ohrabstrichen und Trachealsekret durchgeführt, darüber hinaus wurden ab 2023 Daten für das Material Harn erhoben und ausgewertet. Aus Ohrabstrichen wurden insgesamt 1.064 Primärisolate ausgewertet, aus dem Trachealsekret insgesamt 706 Isolate und aus dem Harn 6.484 Isolate.

Trachealsekret steht (überwiegend) als Indikatormaterial für den stationären Bereich und repräsentiert hier wiederum hauptsächlich den Intensivstationsbereich.

Tabelle 75: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *P. aeruginosa*, getrennt nach Harn, Ohrabstrich und Trachealsekret von 2019 bis 2023

AB-Gruppe	Material	2019		2020		2021		2022		2023	
		n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Aminoglykoside	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	4.271	1,5
	Ohr	1.311	5,0	782	2,7	852	2,6	834	4,9	976	2,3
	Tracheal	917	7,6	675	6,1	567	6,7	573	4,4	610	1,8
Carbapeneme	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	5.718	4,2
	Ohr	1.309	2,6	1.074	2,3	1.128	2,9	960	1,7	1.060	1,8
	Tracheal	917	16,9	855	20,2	738	19,6	661	16,3	706	13,0
Cefepim	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	5.726	5,3
	Ohr	1.234	3,2	1.074	2,5	1.121	3,6	957	2,5	1.064	4,7
	Tracheal	917	16,8	852	18,0	735	16,3	664	13,7	693	11,0
Ceftazidim	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	6.026	6,2
	Ohr	1.309	2,1	1.077	2,2	1.129	2,7	962	2,1	1.064	2,1
	Tracheal	918	16,3	856	18,7	737	17,4	664	15,1	706	13,7
Fluorochinolone	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	6.484	7,4
	Ohr	1.311	5,1	1.027	6,2	1.131	6,0	962	5,1	1.064	6,3
	Tracheal	918	14,1	803	10,6	738	14,5	665	11,7	706	7,4
Pip./Taz.	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	6.482	5,3
	Ohr	1.281	2,4	1.077	1,9	1.130	2,7	961	2,5	1.064	2,5
	Tracheal	862	19,0	855	20,4	739	21,0	665	19,7	705	16,0

Abbildung 45: *P. aeruginosa* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich und Trachealsekret von 2019 bis 2023 (Teil 1)

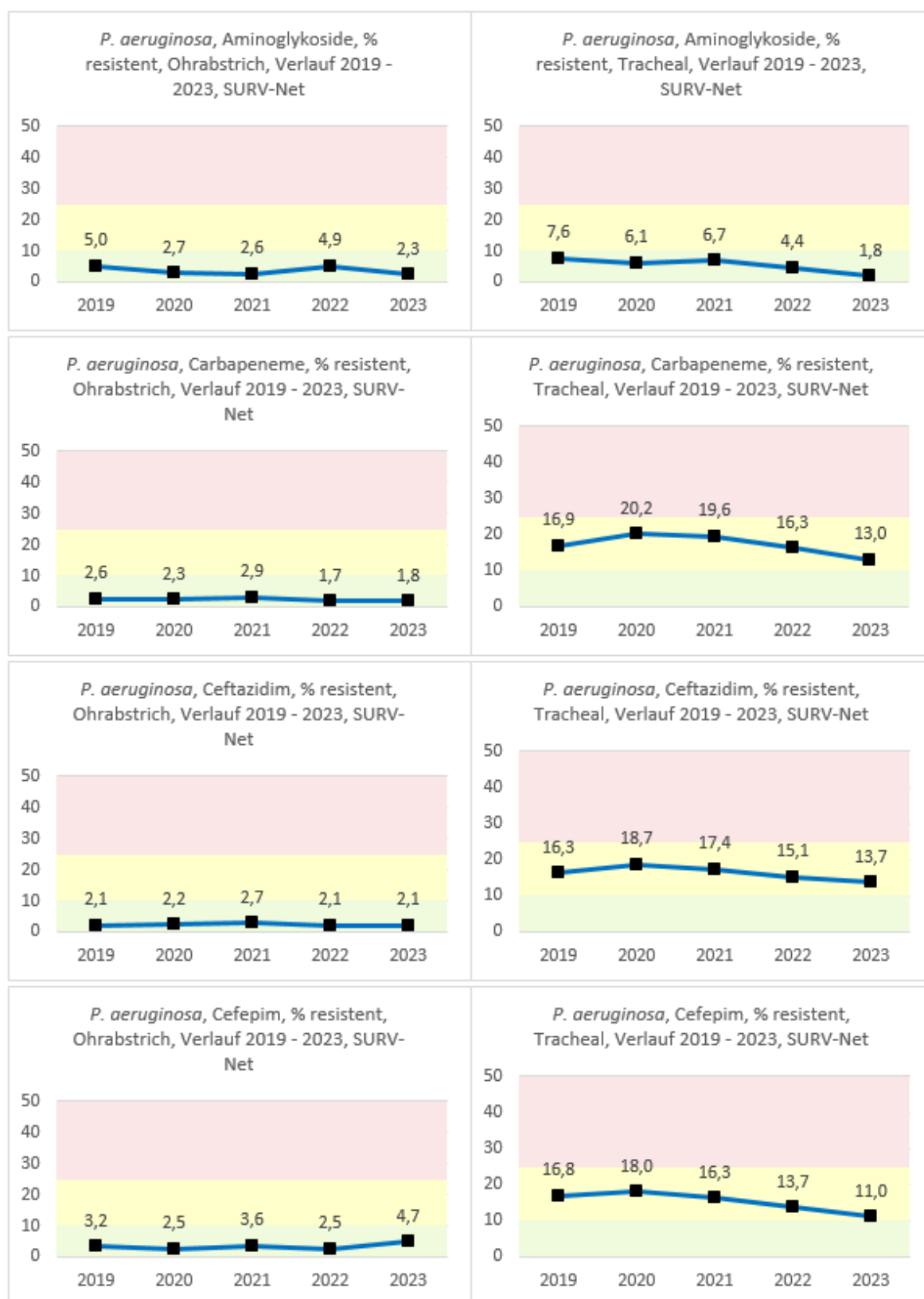
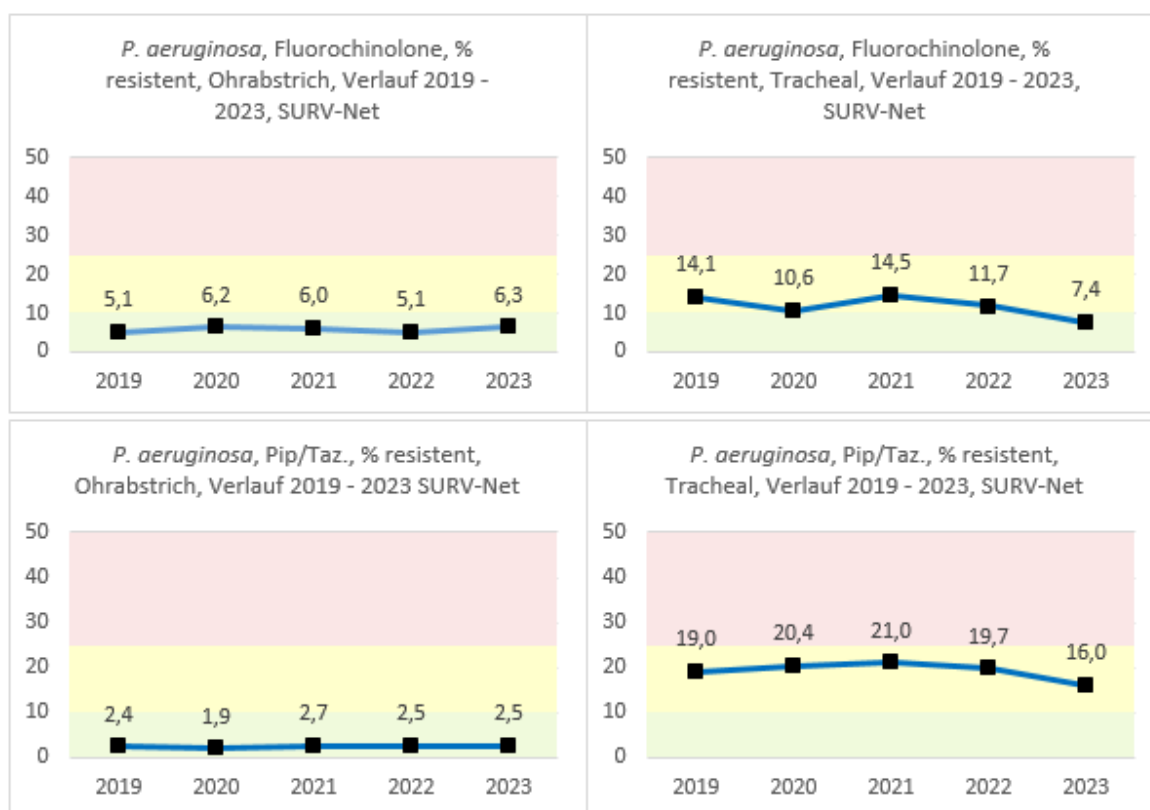


Abbildung 46: *P. aeruginosa* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich und Trachealsekret von 2019 bis 2023 (Teil 2)



Diskussion

Aufgrund der zunehmenden Häufigkeit des Vorkommens multiresistenter Erreger in allen Lebensbereichen und einer evidenzbasierten, von Guidelines geprägten Medizin ist die Kenntnis lokaler Resistenzen für die angemessene antimikrobielle Therapie bakterieller Infektionen unabkömmlich.

Empfehlungen zur antimikrobiellen Therapie von Infektionen liegen von verschiedenen Fachgesellschaften und Gremien aus dem In- und Ausland vor. Evidenzbasierte internationale Leitlinien sind zwar in ihren grundsätzlichen Aussagen auch für Österreich gültig, doch liegt ihnen üblicherweise die lokale Resistenzsituation des Landes zugrunde, aus dem diese Leitlinien stammen. Um gerade internationale Empfehlungen auf die österreichische Situation umlegen und angemessen interpretieren zu können, müssen lokale Resistenzen von wichtigen und häufigen bakteriellen Infektionserregern bekannt

sein. Nur so kann durch auf fundierten Daten basierendem Antimicrobial Stewardship eine hohe Patientensicherheit im Umgang mit Infektionen garantiert werden.

Für invasive Erreger bietet EARS-Net seit vielen Jahren hierfür eine gute Datengrundlage und erlaubt darüber hinaus den Vergleich mit anderen Ländern. EARS-Net spiegelt ausschließlich Resistenzdaten invasiver Verläufe wider, also Daten von schwerkranken Patient:innen, bei denen ausgewählte Erreger in der Blutkultur nachgewiesen wurden. Die Blutkultur ist zwar hierfür der Goldstandard, wird jedoch aufgrund der niedrigen Sensitivität und auch der Verfügbarkeit im niedergelassenen Bereich dort kaum bzw. nicht angewandt. Ob und wenn ja, in welchem Ausmaß die in EARS-Net erhobenen Resistenzdaten auf den niedergelassenen Bereich angewandt werden können, wird kontroversiell diskutiert.

Resistenzentwicklung steht in einem deutlichen Zusammenhang mit Menge und Art von Antibiotika, die in einer Population verwendet werden. Die Gesamtmenge an verbrauchten Antibiotika pro EW ist in Österreich im europäischen Vergleich zwar niedrig, allerdings werden rund 70 % der Gesamtmenge an Antibiotika in Österreich im niedergelassenen Bereich verschrieben. Der niedergelassene Bereich sollte somit bei allen Maßnahmen, die auf einen sorgsamen und bewussten Einsatz von Antibiotika abzielen, also Antimicrobial Stewardship, ganz besonders angesprochen werden.

Eine Motivation der Gründung einer Arbeitsgruppe „Resistenzberichterstattung“ war es, hier Abhilfe zu schaffen. Zudem wurden zusätzlich Resistenzdaten aus Routinebefunden von Laboratorien, die mikrobiologische Diagnostik betreiben, systematisiert zusammengeführt und gemeinsam ausgewertet. Über die Jahre steht hier ein Rückblick auf die Entwicklung der Resistenzen der Bug-Drug-Kombinationen zur Verfügung.

Die AG Resistenzberichterstattung hat unter anderem zusätzliche Erreger und andere Untersuchungsmaterialien als in EARS-Net betrachtet und als wichtig erachtet, z. B. β hämolysierende Streptokokken der Gruppe A, *H. influenzae* oder auch *P. aeruginosa* aus verschiedenen Materialien, um Resistenzen in verschiedenen Habitaten (Intensivbereich versus niedergelassenen Bereich) einschätzen zu können. Bei der häufigen Harnwegsinfektion wiederum wurden im Vergleich zu EARS-Net zusätzliche Antibiotika bei *E. coli* ausgewertet.

Seit über 10 Jahren liegen nun umfassende Resistenzdaten vor, die aufgrund der geographischen Verteilung der teilnehmenden Laboratorien und der Stichprobengröße als

repräsentativ angesehen werden können und einen erweiterten Einblick in die österreichische Resistenzsituation geben.

Die Jahre 2020 bis 2022 waren durch die SARS-CoV-2-Pandemie geprägt, die sich wie in diesem Beitrag sehr deutlich wird, auch auf die mikrobiologische Diagnostik von bakteriellen Infektionen auswirkte. Nach einer dramatischen Abnahme der Erregernachweise im Jahr 2020 zeigte sich im Jahr 2022, dass sich die Zahlen wieder dem vorpandemischen Niveau annäherten und dass sich 2023 dieser Trend fortsetzte.

In vielen Fällen ergaben die für den Krankenhausbereich und den niedergelassenen Bereich in der Historie aufgeschlüsselten Daten keine großen Unterschiede, weswegen ab 2017 begonnen wurde, die Bereiche gemeinsam auszuweisen. Eine Erklärung hierfür könnte sein, dass Erreger (und deren Antibiotogramme) aus dem niedergelassenen Bereich bereits selektioniertes Untersuchungsmaterial darstellen: Mikrobiologische Diagnostik wird oft erst nach mehrfach frustrierten empirischen Therapieversuchen oder bei komplizierten Krankheitsverläufen angeordnet. Zusätzlich vermischen sich Patient:innen und Bereiche bzw. ist von einem Wechsel der Patient:innen zwischen den Bereichen auszugehen.

Zusammenfassend zeigt die österreichische Resistenzsituation 2023 auch für nicht-invasiven Isolate bei den grampositiven Erregern ein über die Jahre stabiles Bild, wobei die MRSA-Rate 1,7 % über der MRSA-Rate invasiver Isolate aus EARS-Net liegt und 2023 bezogen auf alle nicht-invasiven Isolate mit 6,1 % weiter stabil ist. Eine Erklärung für die Differenz bei der MRSA-Rate ist auch im analysierten Datensatz zu suchen: Für SURV-Net werden Routinedaten aus den diversen Laborinformationssystemen der Teilnehmenden verwendet, die nicht völlig frei konfigurierbare Anforderungen an Abfragen zulassen. Es ist daher davon auszugehen, dass die höhere MRSA Rate in SURV-Net (verglichen mit EARS-Net) darin bedingt ist, dass zum Teil Doppel- bzw. Mehrfachbefunde (z. B. durch Screenings) erfasst werden. Bei Atemwegsinfektionen durch Pneumokokken und ebenso für β -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A bleibt Penicillin das Mittel der Wahl. Die Makrolidresistenz für Pneumokokken ist mit 18,7 % weiterhin gut mit EARS-Net (11,1 %) vergleichbar und deutlich höher als bei β -hämolyisierenden Streptokokken der Gruppe A mit aktuell 7,0 % (siehe auch Anmerkung oben im Text).

Etwas komplexer stellt sich die Situation im gramnegativen Bereich dar. Viele der untersuchten Bug-Drug-Kombinationen fallen in den gelben Bereich (= Resistenzraten von > 10 bis 25 %) des verwendeten Ampelsystems und sind für eine empirische Therapie nur

mit Vorbehalt zu empfehlen bzw. sollten nur nach Austestung im Antibiogramm verwendet werden. Das Überschreiten der 25 %-Resistenzmarke (rot) trifft seit Jahren auf *E. coli* und Ampicillin zu, weiterhin kritisch sind die Fluorochinolone und SXT im empirischen Einsatz einzustufen. Demgegenüber weisen Carbapeneme bei *E. coli* eine äußerst niedrige Resistenzrate auf (0,03 %). Ein ähnliches Bild ergibt sich für *K. pneumoniae*. Auch bei diesem Erreger zeigt sich eine, vergleichbar mit den EARS-Net-Daten, niedrige Resistenzrate bei Carbapenemen von unter 1 %. Nähere und detaillierte Information zur Carbapenem-Resistenz und diesen zugrundeliegenden Resistenzmechanismen bei gramnegativen Erregern finden sich im Beitrag CARBA-Net. Bei *P. aeruginosa* sind Ohrisolate, die den niedergelassenen Bereich widerspiegeln, bei allen Substanzen deutlich sensibler als Isolate aus dem Trachealsystem, das den stationären Bereich Krankenhaus respektive die ICU darstellen soll. Die Auswertung der Harnisolate bei *P. aeruginosa* zeigen ein Resistenzverhalten, welches beispielsweise bei 3.-Generations-Cephalosporinen und Carbapenemen zwischen dem der Ohrisolate und den Isolaten aus dem Trachealsystem einzuordnen ist.

Um die Resistenzentwicklung hintanzuhalten, ist ein verantwortungsvoller Umgang mit Antibiotika dringend erforderlich. Die Indikationsstellung und die Wahl der Substanz müssen nach rationalen Gesichtspunkten erfolgen. Der vorliegende Bericht soll gemeinsam mit den EARS-Net-Daten die hierfür nötige Grundlage bereitstellen.

Referenzen

[1] CLSI: Analysis and Presentation of Cumulative Antimicrobial Susceptibility Test Data, 4th Edition, Approved Guideline. M39-A4, 102 p.: Janet A. Hindler, MCLS, MT(ASCP); Jan.2014.

[2] Cornaglia G, Hryniewicz W, Jarlier V, Kahlmeter G, Mittermayer H, Stratchounski L, Baquero F. ESCMID Study Group for Antimicrobial Resistance Surveillance: European recommendations for antimicrobial resistance surveillance. Clin Microbiol Infect. 2004 Apr;10(4):349–83.

[3] European Centre for Disease Prevention and Control. Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). Stockholm: ECDC; 2017.

[4] Aumüller I. Diplomarbeit: Einfluss auf Resistenzberichterstattung und Therapieentscheidungen durch Umstellung auf neue europäische Standards (EUCAST European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing) zur Empfindlichkeitsprüfung von Bakterien. UMIT 2012: 87–88.

[5] Hombach M, Bloemberg GV, Böttger EC. Effects of clinical breakpoint changes in CLSI guidelines 2010/2011 and EUCAST guidelines 2011 on antibiotic susceptibility test reporting of Gram-negative bacilli. J Antimicrob Chemother.

Projektbericht CARBA-Net

Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität des Nationalen Referenzzentrums für Antimikrobielle Resistenzen (NRZ AMR)

Ansprechperson/Autor

OA Dr. Rainer Hartl
Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen
Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin
Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen
Fadingerstraße 1
4020 Linz
E-Mail: rainer.hartl@analyse.eu
www.referenzzentrum.at

Reviewerin

Prim.^a Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Petra Apfalter
Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen
Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin
Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen
Fadingerstraße 1
4020 Linz
E-Mail: petra.apfalter@analyse.eu
www.referenzzentrum.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	157
Abstract	157
CARBA-Net auf einen Blick	158
Einleitung	161
Methodik	162
Ergebnisse	162
<i>Enterobacterales</i>	162
Colistin-resistente <i>Enterobacterales</i>	166
Auftreten von <i>bla</i> OXA-244 bei eingesandten <i>E. coli</i> -Isolaten.....	171
<i>Enterobacterales</i> mit Mehrfachnachweis von Carbapenemasegenen	173
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	175
<i>Acinetobacter baumannii</i> -Gruppe.....	177
Diskussion.....	178
Referenzen	180

Zusammenfassung

Carbapenem-resistente gramnegative Erreger stellen eine besondere medizinische Herausforderung in Hinblick auf Diagnostik, limitierte Therapieoptionen sowie notwendige krankenhaushygienische Maßnahmen dar. Im Projektjahr 2023 waren insgesamt 541 Einsendungen an das Projekt CARBA-Net zu verzeichnen. Bei einer Gesamtzahl von 361 aus allen Bundesländern eingesandten *Enterobacterales* konnte in 300 Fällen mindestens ein Carbapenemasegen nachgewiesen werden. Die Enzyme waren den Ambler-Klassen A (*blaKPC* [n=24]), B (*blaNDM* [n=113] und *blaVIM* [n=30]), D (*blaOXA-48* like [n=97] *blaOXA-43* [n=1]) sowie einer Kombination aus A und B (*blaKPC* like und *blaNDM* like [n=3], *blaKPC* like und *blaVIM* like [n=4]) und einer Kombination aus B und D (*blaNDM* und *blaOXA-48* [n=26], *blaVIM* und *blaOXA-48* [n=2]) zuzuordnen. Die Resistenzrate gegenüber Colistin betrug 9,3 %, wobei keine Plasmid-kodierte Colistin-Resistenz vom Typ *mcr* nachgewiesen wurde. Auch 2023 wurde das Vorkommen von *blaOXA-244* bei *Escherichia coli* mittels Ganzgenomsequenzierung in 28 von 41 Isolaten bestätigt. Bei 124 verdächtigen *Pseudomonas aeruginosa*-Isolaten konnten 48 Nachweise mindestens einer Carbapenemase erbracht werden, wobei Carbapenemasegene vom Typ *blaVIM* (n=30), *blaNDM* (n=10) und *blaIMP* (n=6) sowie eine Kombination solcher Gene (*blaGES* und *blaVIM* [n=1], *blaNDM* und *blaVIM* [n=1]) detektiert wurden. Bei 56 *Acinetobacter baumannii*-Gruppe-Isolaten waren die Carbapenemasegene *blaOXA-23* [n=30], *blaXOA-24* [n=14], *blaXOA 51* [n=3] und *blaNDM* like [n=3] isoliert bzw. in unterschiedlichen Kombinationen aus Enzymen der Ambler-Klasse B und D [n=6] nachweisbar.

Abstract

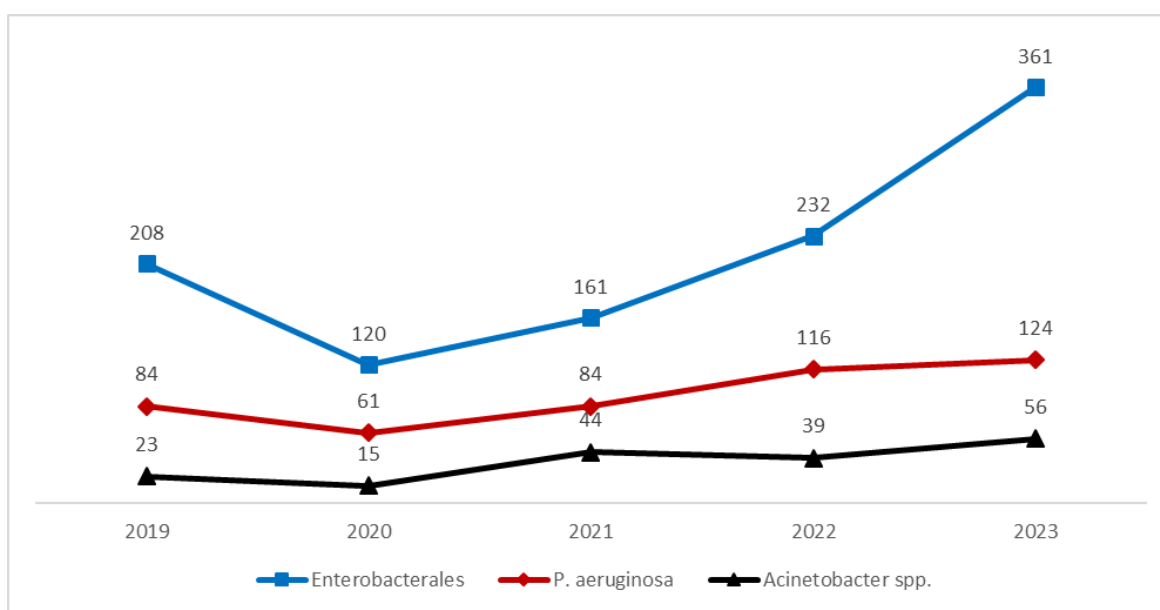
Increasing numbers of carbapenemase producing gram-negative bacteria are reported worldwide. Therefore, the surveillance project CARBA-Net was initiated in April 2015. In 2023, in 300 out of 361 *Enterobacterales* strains referred to the Austrian National Reference Laboratory due to decreased carbapenem susceptibility, a carbapenemase gene was confirmed. The enzymes could be assigned to Ambler classes A (*blaKPC* [n=24]), B (*blaNDM* [n=113] and *blaVIM* [n=30]), D (*blaOXA-48* like [n=97] and *blaOXA-43* [n=1]) and to different combinations (*blaKPC* like and *blaNDM* like [n=3], *blaKPC* like and *blaVIM* like [n=4], *blaNDM* like and *blaOXA-48* like [n=26], *blaVIM* like and *blaOXA-48* like [n=2]). No *mcr*-type plasmid encoded variant of colistin resistance was detected. With regard to other gram-negative bacilli, 48 out of 124 suspected *Pseudomonas aeruginosa* isolates

were positive for a carbapenemase (*bla*VIM like [n=30], *bla*NDM like [n=10] *bla*IMP like [n=6], *bla*GES und *bla*VIM [n=1] and *bla*NDM und *bla*VIM [n=1]), and 56 *Acinetobacter baumannii* complex isolates gave a positive result for at least one carbapenemase gene.

CARBA-Net auf einen Blick

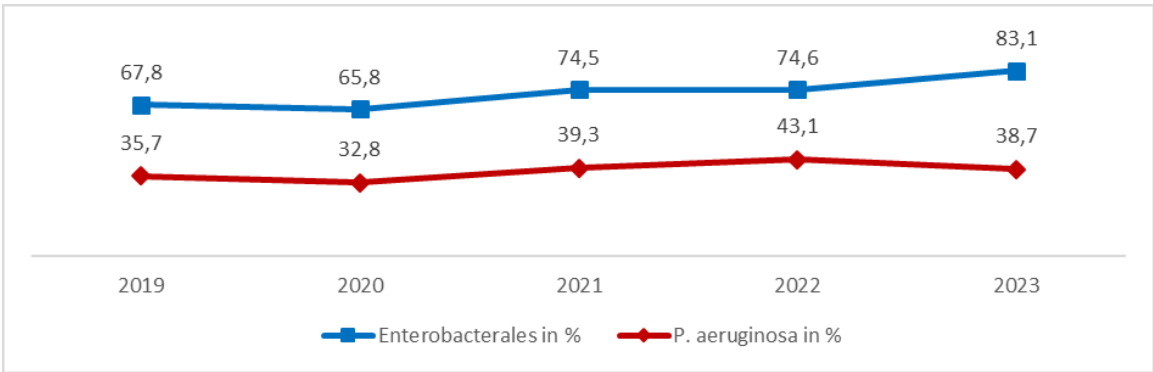
Um eine übersichtliche Darstellung der detaillierten Daten zu gewährleisten, erfolgt dem Kapitel vorangestellt eine Kurzzusammenfassung der wesentlichen Informationen. So zeigt sich im Vergleich zum Vorjahr wieder eine deutliche Zunahme der Einsendungen, wobei bei allen drei Keimgruppen das vorpandemische Niveau deutlich übertroffen wurde.

Abbildung 47: Entwicklung der Gesamtzahl der Einsendungen über 5 Jahre



Bei *Enterobacterales* wurden 2023 bei über 80 % der Einsendungen tatsächlich Carbapenemasen bestätigt. Das ist der höchste seit Projektbeginn erhobene Wert.

Abbildung 48: Entwicklung der Positivitätsrate (%) über 5 Jahre



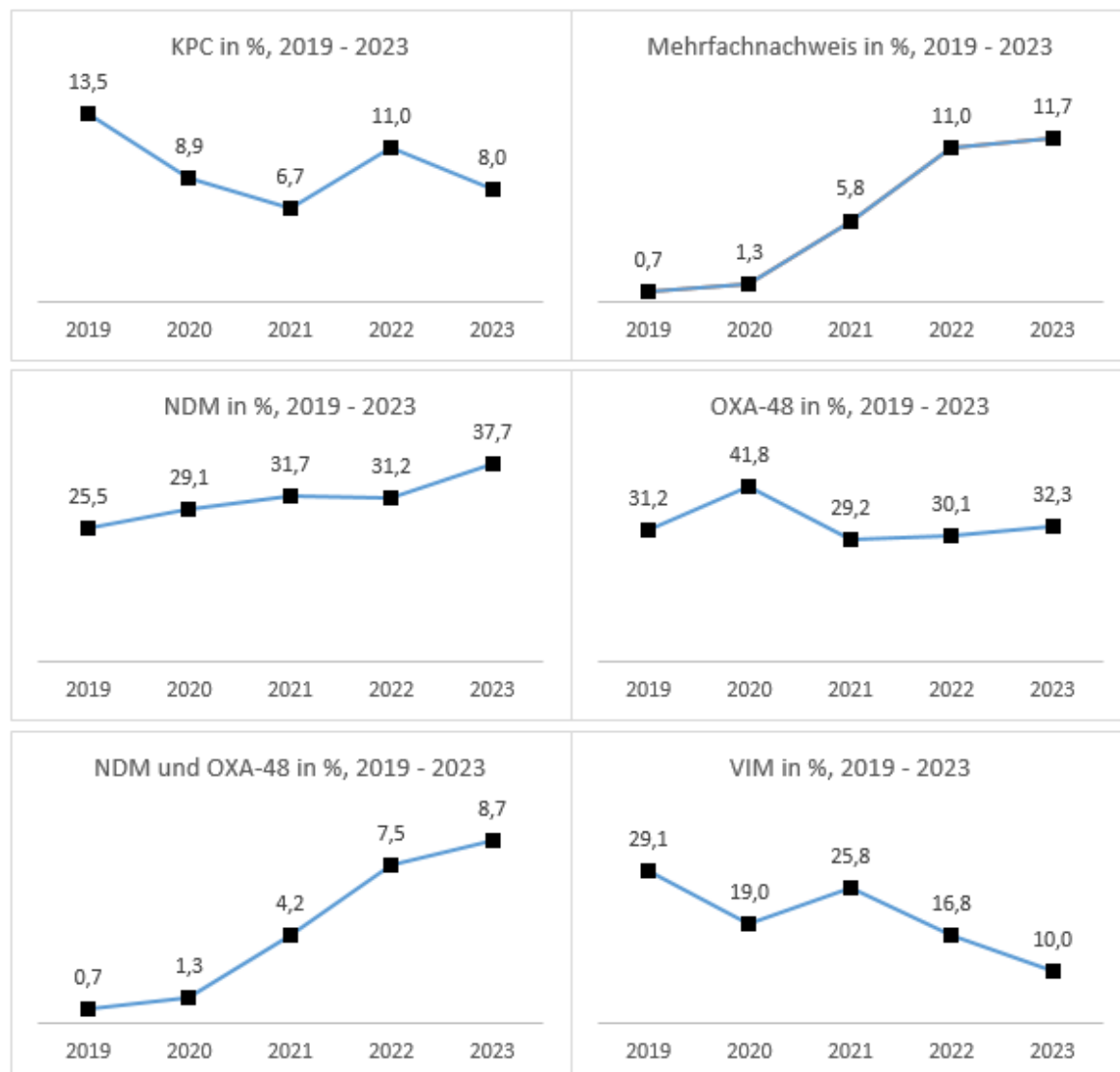
Bei CPE (Carbapenemase produzierenden *Enterobacterales*) war 2023 das Enzym NDM am häufigsten nachzuweisen. Bei diesem Enzym zeigte sich im 5-Jahres-Trend auch der deutlichste Anstieg. Im Gegensatz dazu kam es beim Enzym VIM in diesem Beobachtungszeitraum zu einem starken Rückgang auf zuletzt 10,0 %. Bei den Ambler-Klasse A- und D-Enzymen zeigte sich im Vergleich zum Vorjahr ein stabiler Trend.

Tabelle 76: Häufigkeit der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei *Enterobacterales* in 2023

<i>Enterobacterales</i>	Prozent
KPC	8,0 (↔)
NDM	37,7 (↑)
NDM, OXA-48	8,7 (↑)
OXA-48	32,3 (↔)
VIM	10,0 (↓)

↑...Anstieg im 5-Jahres-Trend, ↓...Rückgang im 5-Jahres-Trend, ↔...stabil im 5-Jahres-Trend

Abbildung 49: Entwicklung des Anteils der Enzyme bei *Enterobacterales* in Prozent über 5 Jahre



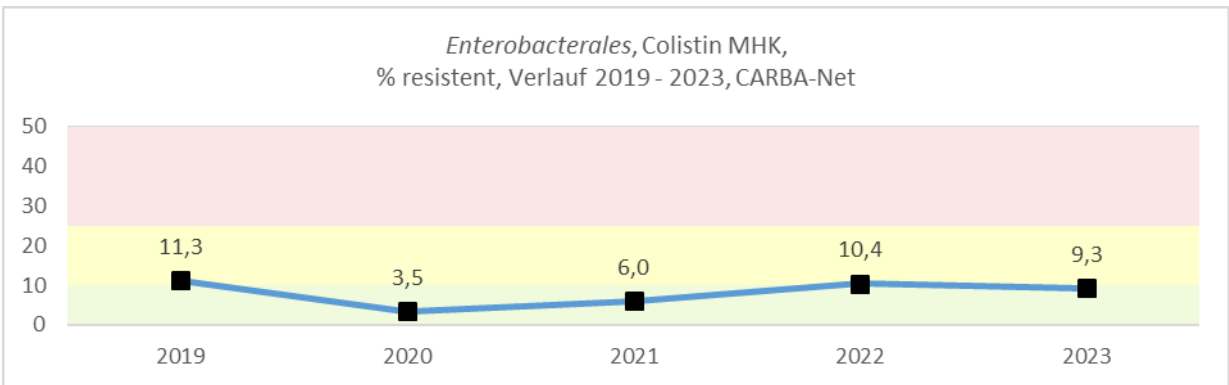
Bei der Reservesubstanz Colistin zeigte sich eine Resistenzrate von 9,3 %. Sie kann somit nach wie vor als zuverlässige Therapieoptionen bei Infektionen durch CPE eingesetzt werden.

Tabelle 77: Resistenzraten gegenüber Colistin bei *Enterobacterales* in 2023

<i>Enterobacterales</i>	Anzahl
Colistin resistent (ohne intrinsisch resistente Isolate)	9,3 (↔)

↑...Anstieg im 5-Jahres-Trend, ↓...Rückgang im 5-Jahres-Trend, ↔...stabil im 5-Jahres-Trend

Abbildung 50: Resistenzrate von Colistin bei *Enterobacterales* in Prozent über 5 Jahre



Einleitung

Carbapenem-resistente gramnegative Erreger wie Carbapenemase produzierende *Enterobacterales* (CPE), *Pseudomonas aeruginosa* und der *Acinetobacter baumannii*-Komplex (CRAB) stellen eine besondere medizinische Herausforderung in Hinblick auf Diagnostik, limitierte Therapieoptionen sowie notwendige krankenhaushygienische Maßnahmen dar. Reservesubstanzen wie Colistin, neue β -Laktame und neue β -Laktamaseinhibitoren, die bisher eine zuverlässige Therapiealternative bei schweren Infektionen mit multiresistenten gramnegativen Erregern darstellten, werden zunehmend durch neu aufgetretene Resistenzmechanismen unwirksam. Weltweit wird eine Zunahme dieser Erreger mit eingeschränkter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenem-Antibiotika beobachtet [1]. Das Hauptaugenmerk wird dabei auf Isolate gelegt, die als zugrundeliegenden Resistenzmechanismus eine bestimmte Art von Enzymen, sogenannte Carbapenemasen, aufweisen. Diese befinden sich meist auf mobilen genetischen Elementen und sind dementsprechend leicht zwischen Bakterien und auch über Spezies- und Gattungsgrenzen hinaus übertragbar. Die einschneidenden klinischen Konsequenzen

von Infektionen mit Carbapenem-resistenten Erregern machen eine effiziente Diagnostik und das rasche Einleiten von krankenhaushygienischen Maßnahmen unabdingbar.

Methodik

Mikrobiologische Laboratorien aus Österreich können verdächtige Isolate an das NRZ für Antimikrobielle Resistenzen weiterleiten. Die Einsendekriterien wurden im Oktober 2023 überarbeitet und sind auf der Homepage des NRZ (<https://www.referenzzentrum.at/>) publiziert. In Hinblick auf *Enterobacterales* im Allgemeinen wird der epidemiologische Cut-off-Wert von Meropenem als Screening Breakpoint empfohlen (MHK >0,125 mg/L, Blättchenhemmhof <28 mm). Ergänzend oder alternativ kann bei *E. coli*, *K. pneumoniae*, *K. oxytoca*, *K. variicola* und *Proteus mirabilis* zur Sensitivitätssteigerung Ertapenem (Blättchenhemmhof <25 mm oder MHK >0,125 mg/L) verwendet werden. Alle Isolate werden einer phänotypischen Abklärung unterzogen (modifizierter Hodge-Test, Synergismus-Testung von Meropenem und Imipenem mit Borsäure, Dipikolinsäure, Cloxacillin sowie EDTA). Weiters werden Aktivitätstests, welche die hydrolytische Aktivität der Enzyme nachweisen, bei allen Isolaten durchgeführt. Abschließend erfolgt eine molekularbiologische Bestätigung, die derzeit den Goldstandard in der Carbapenemasediagnostik darstellt und eine genaue Zuordnung zu den einzelnen Enzymtypen erlaubt [2]. Die Subtypisierung spezieller Enzyme (z. B. OXA-244) erfolgt mittels Ganzgenomsequenzierung (WGS).

Ergebnisse

Enterobacterales

Zwischen 1.1.2023 und 31.12.2023 wurden 361 Isolate mit Verdacht auf Carbapenemase-Produktion (CPE) abgeklärt.

Abbildung 51 zeigt die Herkunftsbundesländer aller Isolate. Aus allen Bundesländern wurden Einsendungen an das NRZ weitergeleitet, wobei die Mehrzahl der Einsendungen aus Wien und Oberösterreich stammten. Die Spezies der eingesandten Isolate sind in Abbildung 51 angeführt, wobei *Klebsiella pneumoniae* (n=179) die am häufigsten zugewiesene Spezies war.

Abbildung 51: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2023

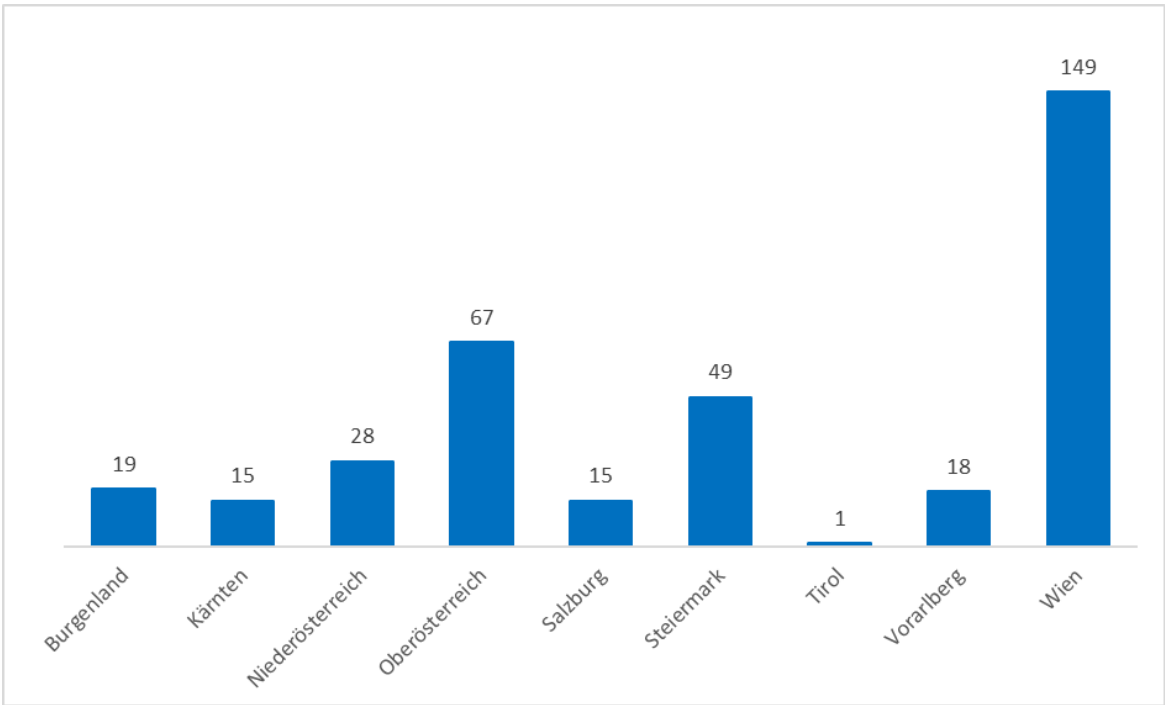
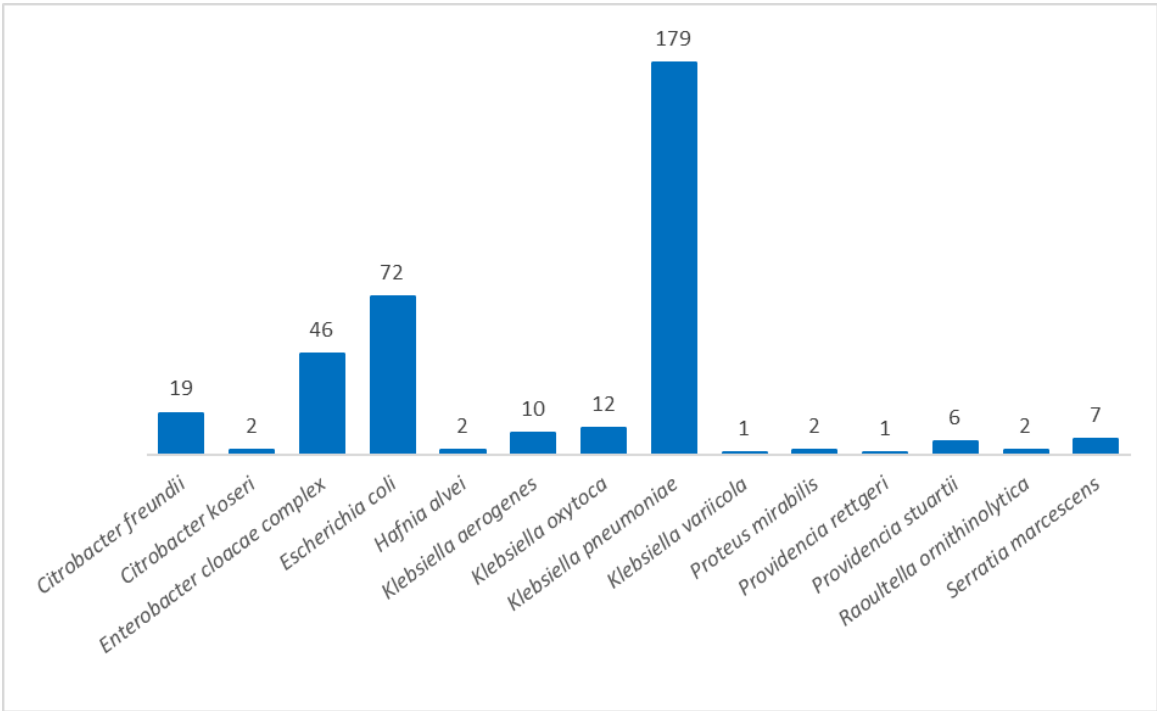


Abbildung 52: Anzahl der jeweiligen Spezies aller Einsendungen in 2023



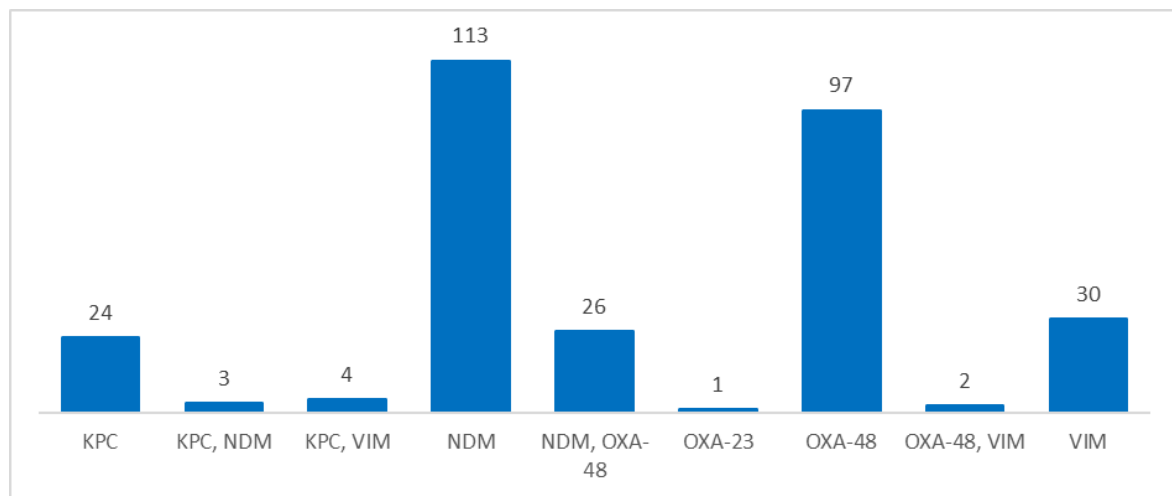
Bei 300 Isolaten (83,1 %) wurde ein Carbapenemasegen (*bla*CARBA) mittels PCR bestätigt. Folgende Carbapenemasegene waren im Detail nachweisbar (Tabelle 78, Abbildung 53).

Tabelle 78: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei *Enterobacterales* in 2023

<i>Enterobacterales</i>	n	%
<i>bla</i> KPClike	24	8,0
<i>bla</i> KPClike, <i>bla</i> NDMlike	3	1,0
<i>bla</i> KPClike, <i>bla</i> VIMlike	4	1,3
<i>bla</i> NDMlike	113	37,7
<i>bla</i> NDMlike, <i>bla</i> OXA-48like	26	8,7
<i>bla</i> OXA-43like	1	0,3
<i>bla</i> OXA-48like	97	32,3
<i>bla</i> OXA-48like, <i>bla</i> VIMlike	2	0,7
<i>bla</i> VIMlike	30	10,0

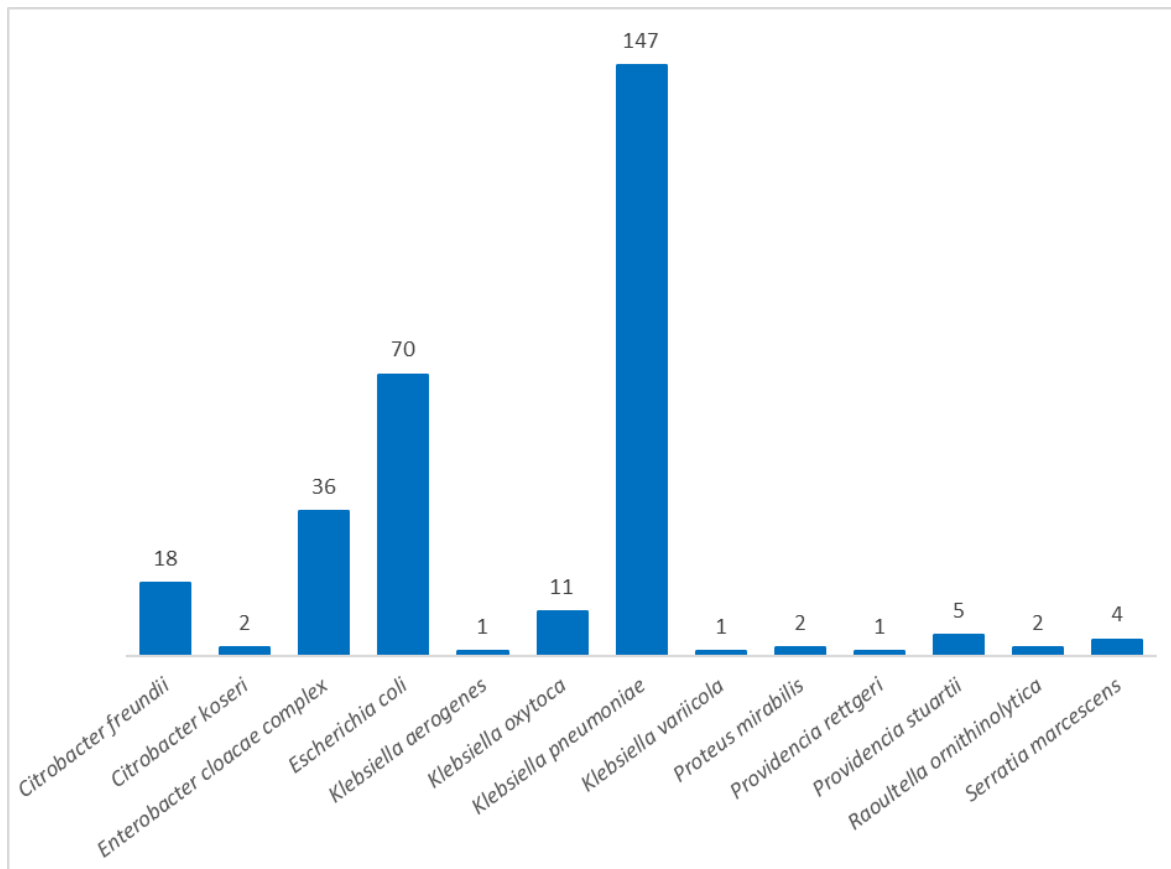
Bei den restlichen Isolaten konnten andere zu verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit führende Resistenzmechanismen, wie zum Beispiel eine ESBL- oder AmpC-Hyperproduktion in Verbindung mit Porinverlust, nachgewiesen werden.

Abbildung 53: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemasegene bei *Enterobacterales* in 2023



Die Speziesverteilung der molekularbiologisch bestätigten CPE ist in Abbildung 54 dargestellt. Die häufigsten Carbapenemasenachweise ergaben sich bei *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli* und dem *Enterobacter cloacae*-Komplex.

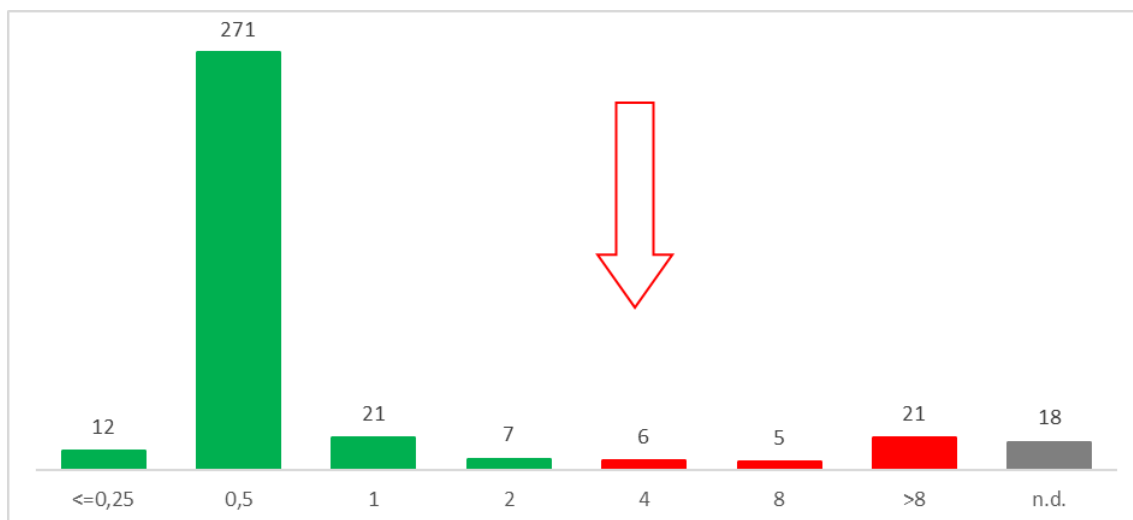
Abbildung 54: Anzahl der Spezies mit molekularbiologischem Carbapenemasenachweis in 2023



Colistin-resistente *Enterobacterales*

Im Jahr 2023 wurden alle Isolate einer Empfehlung des ECDC folgend [3] einer Colistin-Empfindlichkeitstestung mittels Bouillon-Mikrodilution unterzogen. Die Verteilung der minimalen Hemmkonzentrationen (MHK) von Colistin ist in Abbildung 55 ersichtlich, wobei zu beachten ist, dass lediglich nicht intrinsisch Colistin-resistente Spezies der Empfindlichkeitstestung unterzogen wurden.

Abbildung 55: Colistin-MHK-Werte bezogen auf alle CRE-Einsendungen in 2023



Legende: x-Achse untere Zahl: Colistin-MHK-Werte in mg/L; x-Achse Zahl über Balken: Anzahl der Isolate; n.d.: nicht durchgeführt; ↓ Klinischer Breakpoint gemäß EUCAST 2023: sensibel ≤ 2mg/L und resistent >2mg/L.

Bei 18 Isolaten handelte es sich um intrinsisch resistente Spezies, die daher keiner Empfindlichkeitstestung unterzogen wurden.

Bei 32 Isolaten (9,3 %) aus allen Einsendungen exklusive intrinsisch resistenter Spezies war die Colistin-MHK im resistenten Bereich, davon wurde bei 27 Isolaten (*Klebsiella pneumoniae* n=25, *Klebsiella oxytoca* n=1, *Enterobacter cloacae* Komplex n=1) mindestens eine Carbapenemase nachgewiesen. Bei 19 Isolaten mit einem erworbenen Resistenzmechanismus wurde eine weiterführende Abklärung mittels Ganzgenomsequenzierung (WGS) durchgeführt, wobei die plasmid-kodierte Colistin-Resistenz vom Typ *mcr* nicht nachweisbar war. Die Ergebnisse zeigen in einigen Fällen zu Colistin-Resistenz führende Punktmutationen, es liegen aber oft auch noch nicht näher definierte Resistenzmechanismen vor, wobei die Mechanismen der Resistenzentstehung bei Colistin noch nicht abschließend geklärt sind [4]. Die Details der WGS-Analyse finden sich in Tabelle 79. Darüber hinaus finden sich in Tabelle 80 mögliche Therapieoptionen für alle 27 Colistin-resistenten CPE-Isolate. Da in den letzten 5 Jahren die Colistin-Resistenzrate stabil war und in diesem Zeitraum keine plasmid-kodierte Colistin-Resistenz vom Typ *mcr* bestätigt werden konnte, wurde zur Jahresmitte 2023 die Abklärung Colistin-resistenter Isolate auf eine Bestätigung mittels konventioneller Multiplex-PCR umgestellt [5, 6]. Hierbei werden die Typen *mcr*-1 bis *mcr*-9 abgedeckt, bei keinem der 13 Isolate wurde ein Nachweis erbracht.

Tabelle 79: WGS-Ergebnisse – Colistin-resistente *Enterobacterales* in 2023

Spezies	n	blaCarba	mcr 1-9	Punktmutation				kein Nachweis
				pmrB_R256G	pmrB_T157P	pmrB_L24H	pmrB_D313N	
<i>Klebsiella oxytoca</i>	1	KPC-2, VIM-1	0	0	0	0	0	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1	KPC-2	0	1	0	0	0	0
	1	KPC-2	0	1	0	0	1	0
	4	NDM-1	0	4	1	1	0	0
	2	NDM-1, OXA-48	0	0	0	0	0	2
	2	NDM-1, OXA-48	0	0	0	0	0	1
	1	NDM-5, OXA-48	0	0	0	0	0	1
	1	OXA-48	0	0	0	0	0	1
	1	OXA-232	0	0	0	0	0	1
	4	negativ	0	1	0	0	0	3

Spezies	n	blaCarba	mcr 1-9	Punktmutation				kein Nachweis
				pmrB_R256G	pmrB_T157P	pmrB_L24H	pmrB_D313N	
<i>Klebsiella quasi-pneumoniae</i>	1	negativ	0	0	0	0	0	1

Tabelle 80: Therapieoptionen bei den 27 Colistin-resistenten CPE-Isolaten in 2023

Proben-ID	Cefiderocol	Tigecyclin	Fosfomycin	Imipenem- Relebactam	Meropenem- Vabor- bactam	Piperacillin- Tazobactam	Ceftolozan- Tazobactam	Cetazidim- Avibactam	Meropenem
2355	R	S	R	S	S	R	R	S	R
2295	S	R	S	S	S	R	R	R	I
2243	S	S	S	S	S	R	R	S	R
2164	R	S	R	S	S	R	R	S	R
2173	R	S	R	R	R	R	R	R	R
2051	R	R	R	S	S	R	R	S	R
2368	R	R	R	R	R	R	R	R	R
2290	R	S	R	R	R	R	R	R	R
2254	R	R	R	R	R	R	R	R	R
2160	R	R	R	R	S	R	R	R	R
2079	R	R	R	R	R	R	R	R	R
2065	S*	R	S	R	R	R	R	R	R
2050	S	R	S	S	S	R	R	R	I
2359	R	R	R	R	R	R	R	R	R
2225	R	R	S	R	R	R	R	R	R
2177	S	S	R	R	R	R	R	R	R
2076	S	R	R	R	R	R	R	R	R
2060	R	R	R	R	R	R	R	R	R
2367	S*	R	R	R	R	R	R	S	R
2357	R	R	R	R	R	R	R	S	R
2339	R	R	S	R	R	R	R	S	R
2314	S	R	R	R	R	R	R	S	R
2309	S	R	S	S	S	R	R	S	R
2297	R	R	S	R	S	R	R	R	R
2303	R	R	R	R	R	R	R	S	R

Proben-ID	Cefiderocol	Tigecyclin	Fosfomycin	Imipenem-Relebactam	Meropenem-Vaborbactam	Piperacillin-Tazobactam	Ceftolozan-Tazobactam	Cetazidim-Avibactam	Meropenem
2032	S	R	S	R	R	R	R	S	R
2083	S*	R	S	S	S	R	R	S	R

* im ATU-Bereich gemäß EUCAST 2023

Auftreten von *blaOXA-244* bei eingesandten *E. coli*-Isolaten

Einem Aufruf des ECDC folgend [7], insbesondere auf Ebene von Nationalen Referenzzentren besonderes Augenmerk auf das Vorkommen der OXA-48 Variante OXA-244 zu legen, wurden alle in der PCR *blaOXA-48* positiven *E. coli*-Isolate weiterführend abgeklärt. Dabei konnte mittels Ganzgenomsequenzierung bei 28 von insgesamt 41 Isolaten *blaOXA-244* bestätigt werden. Weiters wurden Enzyme vom Typ *blaOXA-48* (n=10), *blaOXA-181* (n=2) und *blaOXA 484* (n=1) nachgewiesen. Die Isolate mit *blaOXA-244* wiesen folgende Sequenztypen (MLST Warwick) auf: MLST 38 (n=16), MLST 10 (n=3), MLST 58 (n=2), MLST 131 (n=2) sowie weitere fünf MLSTs mit je einem Nachweis. Die Ergebnisse sind in Tabelle 81 zusammengefasst.

Tabelle 81: WGS-Ergebnisse – *blaOXA-48*like positive *E. coli* in 2023

Proben-ID	Bundesland	Station	Klinische Relevanz	Auslandsanamnese	MLST-Typ (Warwick)	<i>blaCarba</i> -Gen
2187	Wien	Ambulanz	Infektion	nicht erhebbar	167	<i>blaOXA-484</i>
2420	Wien	Normalstation	Kolonisation	nein	167	<i>blaOXA-48</i>
2405	Wien	Intensivstation	Kolonisation	ja, Ukraine	167	<i>blaOXA-48</i>
2371	Wien	Intensivstation	Kolonisation	nein	648	<i>blaOXA-181</i>
2106	Oberösterreich	Normalstation	Kolonisation	ja, Marokko	354	<i>blaOXA-48</i>
2231	Oberösterreich	Ambulanz	Kolonisation	nicht erhebbar	8489	<i>blaOXA-244</i>
2122	Salzburg	Ambulanz	Kolonisation	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2147	Steiermark	Normalstation	Kolonisation	ja, Land nicht erhebbar	131	<i>blaOXA-244</i>

Proben-ID	Bundesland	Station	Klinische Relevanz	Auslands-anamnese	MLST-Typ (Warwick)	<i>blaCarba-Gen</i>
2062	Wien	Normalstation	Infektion	nein	69	<i>blaOXA-48</i>
2082	Burgenland	Intensivstation	Kolonisation	nein	607	<i>blaOXA-48</i>
2224	Steiermark	Normalstation	Kolonisation	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2132	Wien	Ambulanz	Infektion	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>
2241	Steiermark	Ambulanz	Infektion	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2284	Steiermark	nicht erhebbar	Infektion	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2341	Wien	Ambulanz	nicht erhebbar	nicht erhebbar	13730	<i>blaOXA-244</i>
2144	Oberösterreich	Normalstation	Kolonisation	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>
2396	Steiermark	Intensivstation	Kolonisation	nein	69	<i>blaOXA-244</i>
2193	Steiermark	Normalstation	Infektion	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>
2149	Steiermark	Intensivstation	Infektion	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>
2202	Vorarlberg	Ambulanz	Infektion	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2087	Vorarlberg	Intensivstation	Kolonisation	nein	69	<i>blaOXA-48</i>
2150	Steiermark	Normalstation	nicht erhebbar	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>
2022	Wien	nicht erhebbar	nicht erhebbar	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>
2399	Oberösterreich	Ambulanz	Infektion	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2358	Wien	nicht erhebbar	nicht erhebbar	nicht erhebbar	131	<i>blaOXA-244</i>
2158	Wien	Normalstation	Infektion	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2344	Wien	Intensivstation	Kolonisation	nein	38	<i>blaOXA-48</i>
2265	Steiermark	Normalstation	Infektion	nein	38	<i>blaOXA-244</i>
2377	Niederösterreich	nicht erhebbar	nicht erhebbar	nicht erhebbar	617	<i>blaOXA-181</i>
2035	Oberösterreich	Ambulanz	Infektion	nicht erhebbar	38	<i>blaOXA-244</i>

Proben-ID	Bundesland	Station	Klinische Relevanz	Auslandsanamnese	MLST-Typ (Warwick)	blaCarba-Gen
2401	Wien	Ambulanz	Infektion	nicht erhebbar	38	blaOXA-244
2067	Wien	Ambulanz	Kolonisation	nein	38	blaOXA-48
2099	Oberösterreich	Intensivstation	Infektion	nein	58	blaOXA-244
2103	Burgenland	Normalstation	Infektion	Ja, ohne Kontakt zu Gesundheitssystem	167	blaNDM-1, blaOXA-244
2205	Steiermark	Ambulanz	Infektion	nein	58	blaOXA-244
2318	Wien	Ambulanz	Infektion	nicht erhebbar	10	blaOXA-244
2328	Wien	Normalstation	Infektion	nein	127	blaOXA-48
2071	Steiermark	Ambulanz	Infektion	Ja, ohne Kontakt zu Gesundheitssystem	4981	blaOXA-244
2216	Salzburg	Ambulanz	Infektion	nicht erhebbar	10	blaOXA-244
2412	Wien	Normalstation	Infektion	ja, Ukraine	1431	blaOXA-48
2046	Oberösterreich	Normalstation	Infektion	nicht erhebbar	10	blaOXA-244

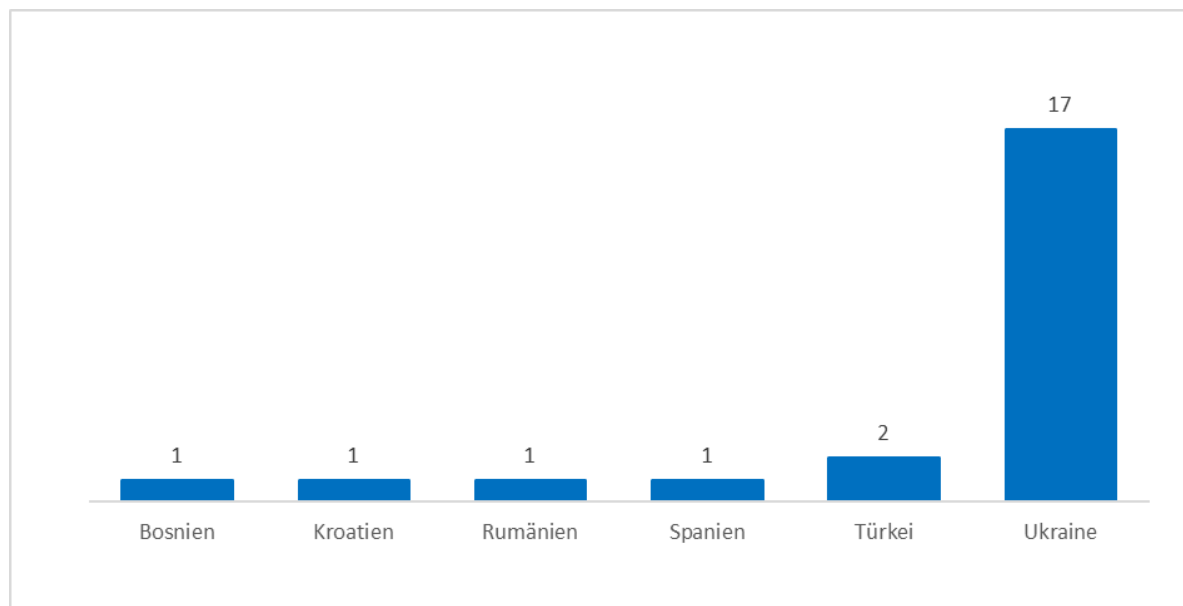
***Enterobacterales* mit Mehrfachnachweis von Carbapenemasegenen**

Bei 35 (11,7 %) von 300 *blaCarba* positiven *Enterobacterales*-Isolaten zeigte sich ein Mehrfachnachweis von Carbapenemase-Genen. Im 5-Jahres-Trend ist ein deutlicher Anstieg dieser Erregergruppe feststellbar. Am häufigsten erfolgte der Nachweis von 2 *blaCARBA*-Genen bei *Klebsiella pneumoniae* (n = 24, 68,6 %). Die Ergebnisse sind in Tabelle 82 zusammengefasst und beruhen auf einer Untersuchung aller dieser Isolate mittels WGS. Wenn bei der Erhebung der Patientendaten in der Auslandsanamnese der Kontakt zum einem ausländischen Gesundheitssystem angegeben wurde, so war bei 23 Isolaten auch ein Land erhebbar. Die Verteilung dieser Länder ist in Abbildung 56 dargestellt, wobei am öftesten ein Konnex zur Ukraine genannt wurde.

Tabelle 82: Speziesverteilung und Auslandsanamnese bei Mehrfachnachweis von *bla*Carba in 35 *Enterobacterales*-Isolaten in 2023

Spezies/ <i>bla</i> Carba	n	%	Auslandsanamnese		
			ja	nein	nicht erhebbar
<i>Citrobacter freundii</i>	1	2,8		1	
<i>bla</i> OXA-181, <i>bla</i> VIM-1	1			1	
<i>Escherichia coli</i>	3	8,6	3		
<i>bla</i> KPC-3, <i>bla</i> NDM-5	2		2		
<i>bla</i> NDM-1, <i>bla</i> OXA-244	1		1		
<i>Enterobacter hormaechei</i>	2	5,7	1	1	
<i>bla</i> NDM-1, <i>bla</i> OXA-181	1			1	
<i>bla</i> NDM-1, <i>bla</i> OXA-48	1		1		
<i>Klebsiella oxytoca</i>	3	8,6		3	
<i>bla</i> KPC-2, <i>bla</i> VIM-1	2			2	
<i>bla</i> OXA-181, <i>bla</i> VIM-1	1			1	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	24	68,6	18	4	2
<i>bla</i> KPC-3, <i>bla</i> NDM-1	1		1		
<i>bla</i> NDM-1, <i>bla</i> OXA-232	1		1		
<i>bla</i> NDM-1, <i>bla</i> OXA-48	17		14	2	1
<i>bla</i> NDM-5, <i>bla</i> OXA-232	2			2	
<i>bla</i> NDM-5, <i>bla</i> OXA-48	3		2		1
<i>Serratia marcescens</i>	2	5,7	1		1
<i>bla</i> KPC-3, <i>bla</i> VIM-1	2		1		1

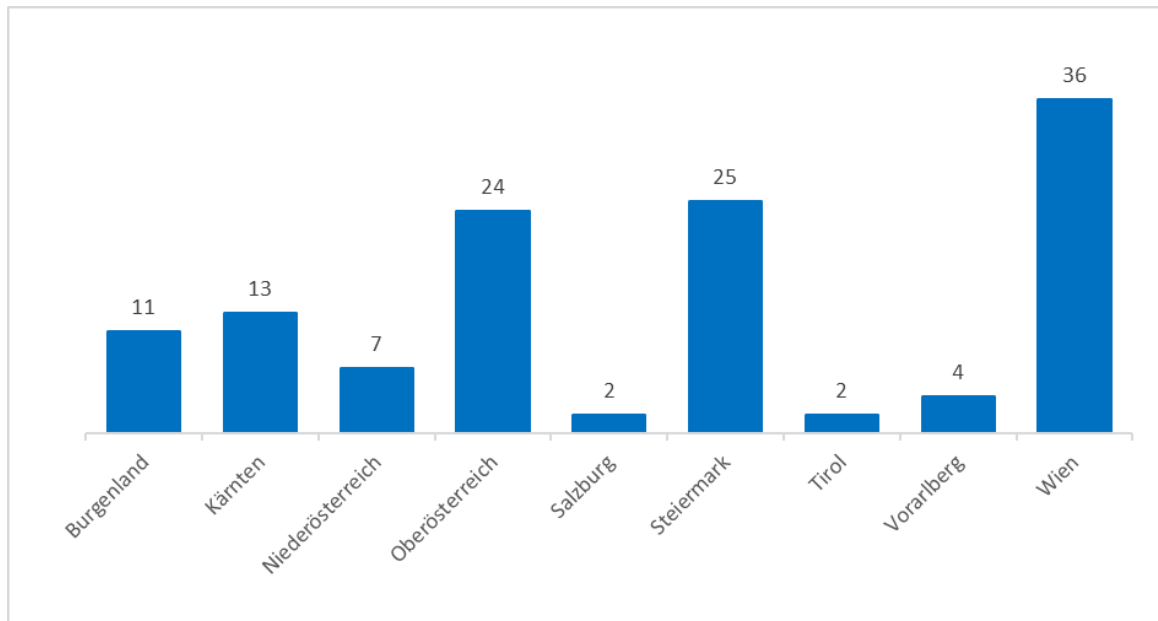
Abbildung 56: Verteilung der Länder bei Kontakt zum Gesundheitssystem – 23 *Enterobacterales*-Isolate mit *bla*Carba-Mehrfachnachweis in 2023



Pseudomonas aeruginosa

Im Zeitraum von 1.1.2023 bis 31.12.2023 wurden insgesamt 124 Isolate mit Verdacht auf Carbapenemase-Produktion zugewiesen. Diese entsprachen weitestgehend den vom NRZ empfohlenen Screening-Kriterien und stammten aus acht Bundesländern (Abbildung 57).

Abbildung 57: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland

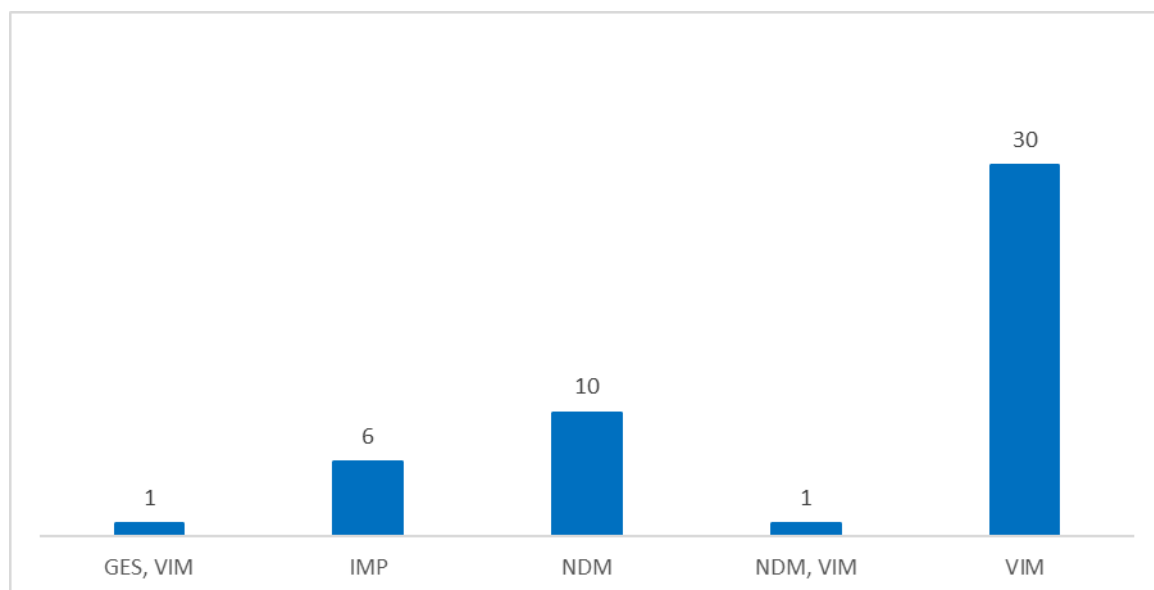


In 48 Fällen (38,7 %) wurde mittels PCR mindestens ein Carbapenemasegen bestätigt, wobei folgende Gene, mit einer Ausnahme Metallo- β -Laktamasen kodierend, im Detail nachweisbar waren (Abbildung 58):

Tabelle 83: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei *P. aeruginosa* in 2023

<i>Acinetobacter baumannii</i> -Gruppe	n	%
<i>bla</i> GESlike und <i>bla</i> VIMlike	1	2,1
<i>bla</i> IMPIlike	6	12,5
<i>bla</i> NDMlike	10	20,8
<i>bla</i> NDMlike und <i>bla</i> VIMlike	1	2,1
<i>bla</i> VIMlike	30	62,5

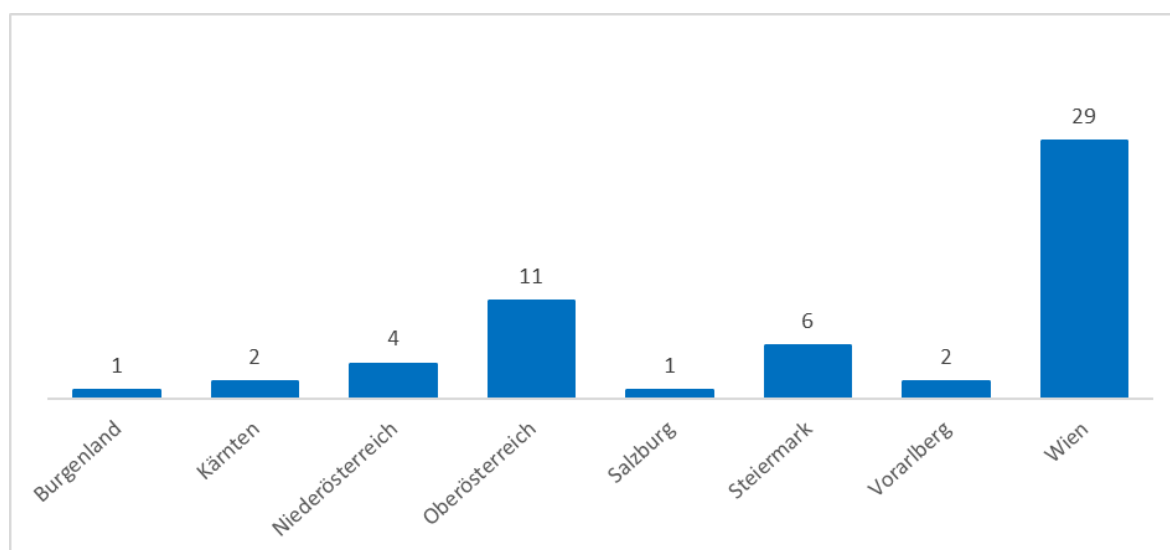
Abbildung 58: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemasegene bei *Pseudomonas aeruginosa* in 2023



***Acinetobacter baumannii*-Gruppe**

Zwischen 1.1.2023 und 31.12.2023 wurden 56 Isolate zur Bestätigung einer Carbapenemase-Produktion zugewiesen. Die Isolate stammten, wie in Abbildung 59 ersichtlich, aus acht Bundesländern.

Abbildung 59: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2023



Bei allen Isolaten war zumindest ein Carbapenemasegen nachweisbar. Die nachgewiesenen Enzymkombinationen finden sich im Detail in Tabelle 84.

Tabelle 84: Nachgewiesene Carbapenemase-Gen-Kombinationen bei der *Acinetobacter baumannii*-Gruppe in 2023

<i>Acinetobacter baumannii</i> -Gruppe	n	%
blaNDMlike	3	5,4
blaNDMlike, blaOXA-23like	2	3,5
blaNDMlike, blaOXA-24like	1	1,8
blaOXA-23like	30	53,6
blaOXA-23like, blaOXA-24like	2	3,5
blaOXA-24like	14	25,0
blaOXA-24like, blaOXA-58like	1	1,8
blaOXA-51like	3	5,4

Diskussion

2023 wurden insgesamt 541 Isolate zur weiterführenden Carbapenemaseabklärung an das NRZ weitergeleitet. Diese Zahl liegt um 39,8 % (n=154) über jener des Vorjahres. Bei allen drei Erregergruppen wurde das vorpandemische Niveau übertroffen.

Bezogen auf die Vorjahre konnte bei den 361 abgeklärten Enterobakterien die Trefferquote an echten Carbapenemaseproduzenten mit 83,1 % weiter gesteigert werden. Das NRZ wertet dies als Maß für die Eignung des vom NRZ 2023 aktualisierten Screening- sowie Bestätigungs-Algorithmus und dessen konsequente Umsetzung durch die mikrobiologischen Laboratorien.

Aufgrund der erhobenen Daten kann davon ausgegangen werden, dass sämtliche häufigen genetischen Varianten von Carbapenemasen im Land vorkommen. Dies steht in Einklang mit anderen bisher in Europa erhobenen epidemiologischen Daten und unterstreicht die Notwendigkeit einer individuellen mikrobiologischen Bestätigung und Empfindlichkeits-

testung solcher Isolate. Wie bereits im Vorjahr gezeigt, war die Metallo- β Laktamase NDM das am häufigsten nachgewiesene Enzym. Erstmals konnte auch eine OXA-23 Carbapenemase bei einem *Proteus mirabilis*-Isolat bestätigt werden. Im Jahr 2023 kam es erneut zu einem Anstieg der CPE-Isolate mit Nachweis von mehr als einem Carbapenemasen, wobei die Variante mit den Carbapenemasen NDM-1 und OXA-48 überwog. Diese Entwicklung steht in Einklang mit rezenten Beobachtungen in Deutschland [8] und unterstreicht die Notwendigkeit von skalierbaren Surveillance-Systemen, um epidemiologische Trends zeitnah zu detektieren. Besonders hingewiesen sei in diesem Zusammenhang auf die wichtige Funktion neuer Technologien wie die Ganzgenomsequenzierung, die eine deutlich höhere Auflösung als ältere Methoden erlauben und so einen besseren Einblick in die Epidemiologie von CPE ermöglichen. Als weiteres Anwendungsbeispiel kann hier die Typisierung von OXA-48 positiven *Escherichia coli*-Isolaten gesehen werden, die ein Überwiegen des Subtyps OXA-244 in den untersuchten Isolaten aufzeigte.

Bezogen auf die *bla*CARBA-positiven Spezies dominierte 2023 wieder *Klebsiella pneumoniae*, gefolgt von *Escherichia coli*. Der Umstand, dass dennoch zahlreiche CPE nicht den von den bisher etablierten Surveillance-Systemen wie EARS-Net abgedeckten Spezies angehören, unterstreicht die Wichtigkeit der ergänzenden Überwachung dieser Thematik mittels CARBA-Net. Dies ist umso mehr zutreffend, als die alleinige Anwendung von EARS-Net zu einer erheblichen Verzerrung der tatsächlichen Epidemiologie und einer Unterschätzung der Häufigkeit des Vorkommens von CPE in Österreich führen würde. Die erhobenen Daten bestätigen damit auch die im Rahmen großer epidemiologischer Studien beschriebene lokale Heterogenität in der Epidemiologie von CPE in Europa [9, 10].

In Bezug auf die Colistin-Empfindlichkeit der zugewiesenen Isolate konnte eine Resistenzrate von 9,3 % erhoben werden. Hervorzuheben ist dabei die Plasmid-vermittelte Resistenz gegenüber Colistin durch das *mcr*-Gen, die heuer nicht nachgewiesen werden konnte.

Neben den Enterobakterien waren 124 Stämme an *Pseudomonas aeruginosa* zu verzeichnen. In dieser Gruppe konnte bei einem deutlich geringeren Prozentsatz (38,7 %) ein Carbapenemase-Gen nachgewiesen werden, was wiederum Ausdruck fehlender einheitlicher Screeningempfehlungen in Kombination mit multifaktoriell bedingter Resistenzentstehung in dieser Erregergruppe ist. Es wurden mehrheitlich Metallo- β Laktamasen nachgewiesen, wobei analog zu den Vorjahren nach wie vor VIM dominiert. Neben den häufigen Enzymen konnten auch die relativ seltenen Enzymtypen IMP und GES

nachgewiesen werden. Diese Ergebnisse decken sich mit aktuellen für Europa publizierten epidemiologischen Daten [11].

Bei den 56 Isolaten der *Acinetobacter baumannii*-Gruppe waren bei allen Isolaten Carbapenemasogene nachweisbar, wobei sich Enzyme der Ambler-Klasse B und D in unterschiedlicher Kombination nachweisen ließen.

Referenzen

[1] Nordmann P, Poirel L. The difficult-to-control spread of carbapenemase producers among enterobacteriaceae worldwide. Clin Microbiol Infect 2014, 20: 821–830.

[2] Hrabák J, Chudáčková E, Papagiannitsis CC. Detection of carbapenemases in Enterobacteriaceae: a challenge for diagnostic microbiological laboratories. Clin Microbiol Infect 2014, 20: 839–853.

[3] European Centre for Disease Prevention and Control. Plasmid-mediated colistin resistance in Enterobacteriaceae. Stockholm: ECDC 2016.

[4] Poirel L, Jayol A, Nordmann P. 2017. Polymyxins: Antibacterial Activity, Susceptibility Testing, and Resistance Mechanisms Encoded by Plasmids or Chromosomes. Clin Microbiol 2017, Rev 30:557–596.

[5] Rebelo AR, et al. Multiplex PCR for detection of plasmid-mediated colistin resistance determinants, mcr-1, mcr-2, mcr-3, mcr-4 and mcr-5 for surveillance purposes. Euro Surveill. 2018;23(6):pii=17-00672.

[6] Borowiak M, et al. Development of a Novel mcr-6 to mcr-9 Multiplex PCR and Assessment of mcr-1 to mcr-9 Occurrence in Colistin-Resistant Salmonella enterica Isolates From Environment, Feed, Animals and Food (2011–2018) in Germany. Front. Microbiol. 2020;11(80)

[7] European Centre for Disease Prevention and Control. OXA-244-producing Escherichia coli in the European Union/European Economic Area and the UK since 2013 – first update – 20 July 2021. Stockholm: ECDC; 2021.

[8] Sandfort M, Hans Jörg B, Fischer A, Reichert F, Cremanns M, Einfeld J, Pfeifer Y, Heck A, Eckmanns T, Werner G, Gattermann S, Haller S, Pfennigwerth N. Increase in NDM-1 and NDM-1/OXA-48-producing *Klebsiella pneumoniae* in Germany associated with the war in Ukraine, 2022. *Euro Surveill.* 2022;27(50):pii=2200926

[9] Grundmann H, Glasner C, Albiger B et al. Occurrence of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* in the European survey of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (EuSCAPE): a prospective, multinational study. *Lancet Infect Dis* 2017, 17:153–163.

[10] Brolund A, Lagerqvist N, Byfors S et al. Worsening epidemiological situation of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in Europe, assessment by national experts from 37 countries, July 2018 *Euro Surveill.* 2019, 24(9):1900123.

[11] Castanheira M, Deshpande L, Costello A, et al. Epidemiology and carbapenem resistance mechanisms of carbapenem-non-susceptible *Pseudomonas aeruginosa* collected during 2009-11 in 14 European and Mediterranean countries. *J Antimicrob Chemother.* 2014, 69:1804–1814.

Resistenzbericht *Streptococcus pneumoniae*

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Pneumokokken

Ansprechperson/Autorin

Mag.^a Claudia Mikula-Pratschke
Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Beethovenstraße 6
8010 Graz
E-Mail: claudia.mikula-pratschke@ages.at

Reviewer

Dr. Christian Kornschöber
Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Beethovenstraße 6
8010 Graz

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	184
Abstract	184
Einleitung	184
Methodik	185
Ergebnisse	186
Resistenzverhalten der invasiven Pneumokokken-Isolate 2023.....	186
Interpretation der MHKs für Ceftriaxon und Penicillin	188
Demographische Daten zu den vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolaten	190
Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate ...	191
Interpretation der MHKs von Makroliden (Erythromycin)	194
Demographische Daten zur Makrolid-Empfindlichkeit	195
Serotypenverteilung der Erythromycin-resistenten Pneumokokken-Isolate	196
Mehrfachresistenzen der Erythromycin-resistenten invasiven Pneumokokken-Isolate...	199
Diskussion.....	201
Referenzen	201

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 erhielt die Nationale Referenzzentrale für Pneumokokken 708 re-kultivierbare invasive Pneumokokken-Isolate. Von den getesteten Isolaten waren 12,3 % (87/708) resistent (MHK $>0,25$ mg/L) gegenüber Erythromycin, 10 % (71/708) resistent gegenüber Clindamycin (MHK $>0,5$ mg/L) und 10,3 % (73/708) resistent (MHK >1 mg/L) gegenüber Tetrazyklin. Gemäß den Vorgaben von EUCAST ist für Ceftriaxon und Penicillin die Interpretation der MHK je nach vorliegender klinischer Manifestation der Pneumokokken-Infektion unterschiedlich. Bei einem MHK-Breakpoint von $\leq 0,5$ mg/L waren 98,9 % (700/708) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Ceftriaxon. Bei einem MHK-Breakpoint von $\leq 0,06$ mg/L waren 90 % (637/708) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Penicillin.

Abstract

The National Reference Centre for Pneumococci received 708 culturable isolates in 2023. Susceptibility testing according to the criteria of the European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) revealed in vitro resistance to erythromycin in 12.3% of isolates tested, to clindamycin in 10%, and to tetracycline in 10.3%. Regarding susceptibility testing against ceftriaxone and penicillin, EUCAST distinguishes between isolates from pneumococcal meningitis and isolates from 'non-meningitis' infections; a total of 98.9% of the isolates were fully susceptible to ceftriaxone using a breakpoint of ≤ 0.5 mg/L and 90% to penicillin using a breakpoint of ≤ 0.06 mg/L.

Einleitung

Pneumokokken-Erkrankungen sind in Österreich sehr häufig, werden aber nicht immer als solche erfasst, da lediglich invasive Erkrankungen meldepflichtig sind. Eine Infektion mit Pneumokokken kann zu lokal begrenzten oder zu invasiven Erkrankungen führen. Die häufigsten klinischen Symptome einer invasiven Pneumokokken-Infektion sind Pneumonie, Bakteriämie und Meningitis. Bei Erwachsenen tritt überwiegend eine Pneumokokken-Pneumonie auf. Zudem können Erkrankungen wie Arthritis, Endokarditis und Peritonitis auftreten. Zu den häufigsten nicht-invasiven Erkrankungen zählen Bronchitis, Otitis media und Sinusitis.

2022 betrug die durchschnittliche Inzidenz in Europa laut ECDC 5,1 invasive Infektionen pro 100.000 EW und variierte je nach Mitgliedstaat zwischen 0,1 und 12,7 invasiven Infektionen pro 100.000 EW. In Österreich erhält die Nationale Referenzzentrale für Pneumokokken alle in Österreich isolierten *S. pneumoniae*-Stämme von invasiven Pneumokokken-Erkrankungen (IPE) zur Bestimmung des Serotyps und der Antibiotikaresistenz. Im Jahr 2023 wurden 760 IPE durch das nationale Surveillance-System registriert. Daraus resultiert eine Inzidenz von 8,4 Fällen pro 100.000 EW. Bei 708 Fällen (93,2 %) konnte der Serotyp bestimmt werden. Es wurden 42 verschiedene Serotypen identifiziert [1]. Bei 708 Isolaten (93,2 %) wurde eine Resistenztestung für Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin durchgeführt.

Methodik

Die Serotypisierung erfolgte mittels Latex-Agglutinations-Tests bzw. Quellung. Zur Bestimmung der minimalen Hemmkonzentration (MHK) wird der Epsilon-Test eingesetzt, der anhand der Grenzwerte des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) ausgewertet wird [2]. Die MHK-Werte werden routinemäßig für die Antibiotika Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin bestimmt. Die Auswertung erfolgte entsprechend den gültigen EUCAST-Grenzwerten (Tabelle 85).

Tabelle 85: EUCAST v. 12.0 – Clinical Breakpoints für *S. pneumoniae*

Antibiotikum	Empfindlichkeit nach EUCAST-MHK	
	sensibel	resistent
Erythromycin	≤ 0,25 mg/L	> 0,25 mg/L
Clindamycin	≤ 0,5 mg/L	> 0,5 mg/L
Tetrazyklin	≤ 1 mg/L	> 1 mg/L
Ceftriaxon (Meningitis)	≤ 0,5 mg/L	> 0,5 mg/L
Ceftriaxon (bei anderer Erkrankung als Meningitis)	≤ 0,5 mg/L	> 2 mg/L
Penicillin (Meningitis)	≤ 0,06 mg/L	> 0,06 mg/L
Penicillin (bei anderer Erkrankung als Meningitis)	≤ 0,06 mg/L	> 2 mg/L

Ergebnisse

Resistenzverhalten der invasiven Pneumokokken-Isolate 2023

Im Jahr 2023 wurden bei 708 Isolaten von invasiven Pneumokokken-Erkrankungen Resistenztestungen für Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin durchgeführt. Von den getesteten Isolaten waren 12,3 % (87/708) resistent (MHK >0,25 mg/L) gegenüber Erythromycin, 10 % (71/708) resistent gegenüber Clindamycin (MHK >0,5 mg/L) und 10,3 % (73/708) resistent (MHK >1 mg/L) gegenüber Tetrazyklin (Tabelle 86 und Tabelle 87). Die Verteilung der Isolate entsprechend den MHKs ist in Abbildung 60 bis Abbildung 63 dargestellt.

Tabelle 86: Anteil der *S. pneumoniae*-Isolate mit Resistenz gegenüber Clindamycin, Tetrazyklin und Ceftriaxon nach EUCAST, 2016–2022 (* Änderung der MHK-Interpretation durch EUCAST im Jahr 2020).

Jahr	Clindamycin			Tetrazyklin				Ceftriaxon				Gesamt
	R > 0,5 mg/L	S ≤ 0,5 mg/L	%R	R > 2 mg/L	I	S ≤ 1 mg/L	%R	R > 2 mg/L	I	S ≤ 0,5 mg/L	%R	
2016	25	363	6,4	27	3	358	7,0	0	1	387	0,0	388
2017	42	447	8,6	49	1	439	10,0	0	3	486	0,0	489
2018	42	495	7,8	59	4	474	11,0	0	1	536	0,0	537
2019	38	501	7,1	52	0	487	9,7	0	0	539	0,0	539
2020	29	283	9,3	37	0	275	11,9	0	1	311	0,0	312
2021	29	318	8,4	38	1	308	11,0	*	*	345	*	347
2022	42	460	8,4	50	0	452	10,0	*	*	498	*	502

R resistent, I intermediär, S sensible

Tabelle 87: Anteil der *S. pneumoniae*-Isolate mit Resistenz gegenüber Clindamycin und Tetrazyklin nach EUCAST, 2023 (* Änderung der MHK-Interpretation durch EUCAST im Jahr 2020).

Jahr	Clindamycin			Tetrazyklin*		
	R	S	%R	R	S	%R
	> 0,5 mg/L	≤ 0,5 mg/L		> 1 mg/L	≤ 1 mg/L	
2023	71	637	10,0	73	635	10,3

R resistent, I intermediär, S sensibel

Abbildung 60: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Clindamycin-MHKs, 2023 (resistente Isolate mit einer MHK > 0,5 mg/L sind rot markiert)

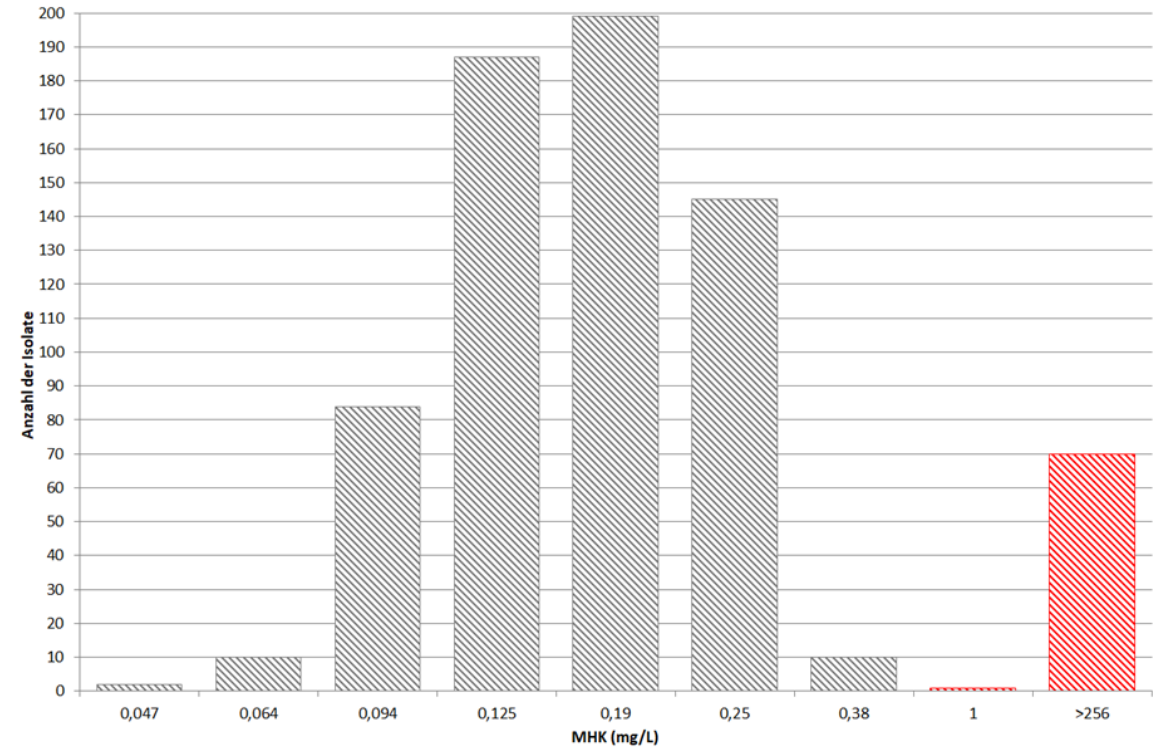
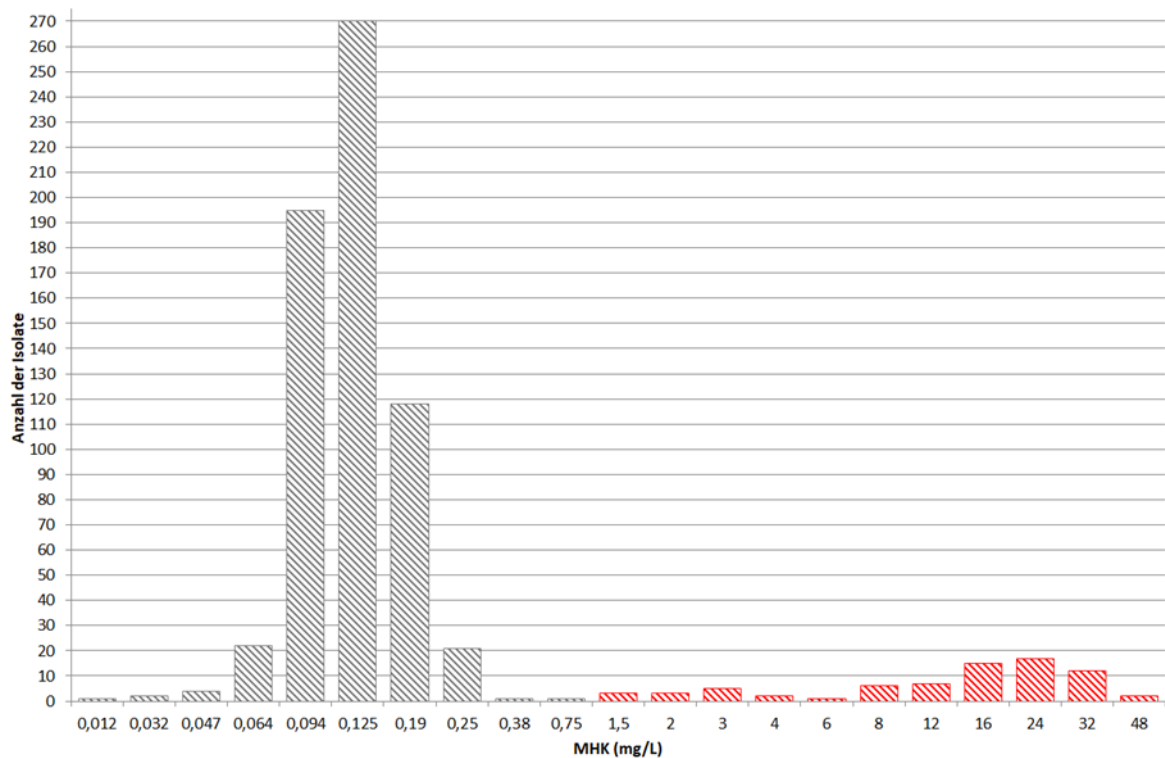


Abbildung 61: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Tetrazyklin-MHKs, 2023
(resistente Isolate mit einer MHK > 2 mg/L sind rot markiert)



Interpretation der MHKs für Ceftriaxon und Penicillin

Gemäß den Vorgaben von EUCAST ist für Ceftriaxon und Penicillin die Interpretation der MHK je nach vorliegender klinischer Manifestation der Pneumokokken-Infektion unterschiedlich. Bei einem MHK-Breakpoint von $\leq 0,5$ mg/L waren 98,9 % (700/708) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Ceftriaxon (Abbildung 62). Bei einem MHK-Breakpoint von $\leq 0,06$ mg/L waren 90 % (637/708) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Penicillin (Abbildung 63).

Abbildung 62: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Ceftriaxon-MHKs, 2023
(uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK $\leq 0,5$ mg/L sind grün markiert)

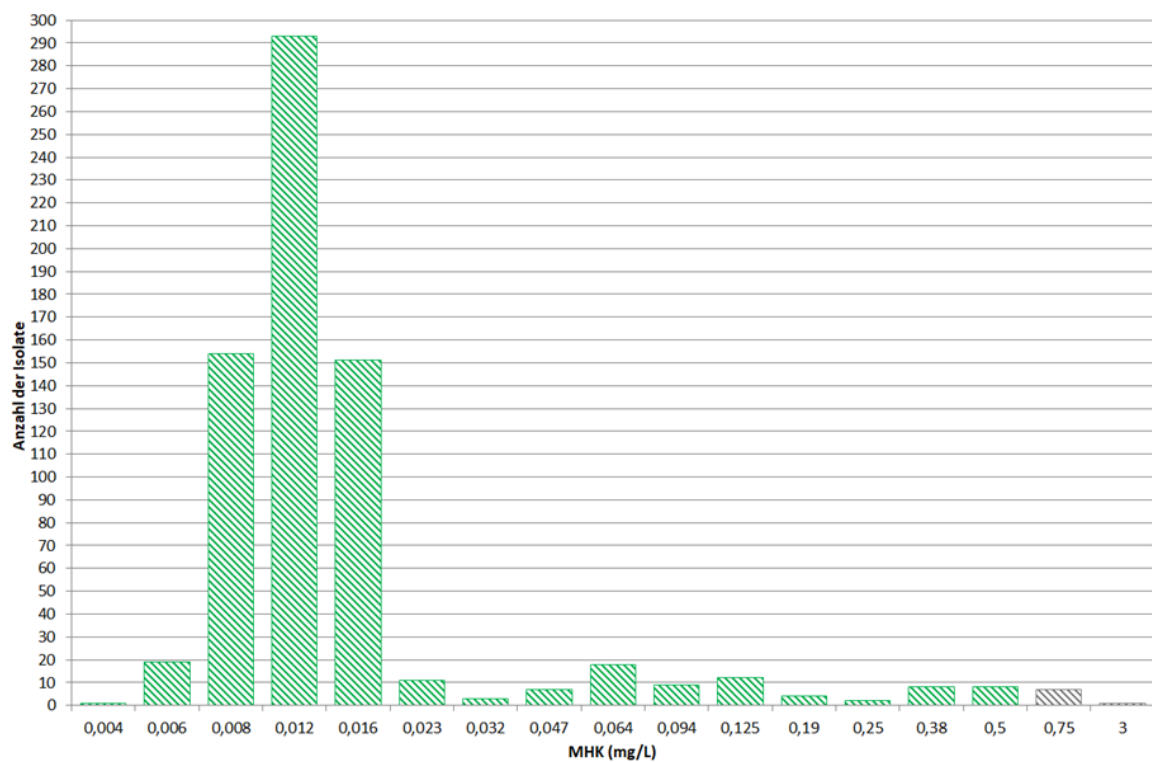


Abbildung 63: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Penicillin-MHKs, 2023
(uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK $\leq 0,06$ mg/L sind grün markiert)

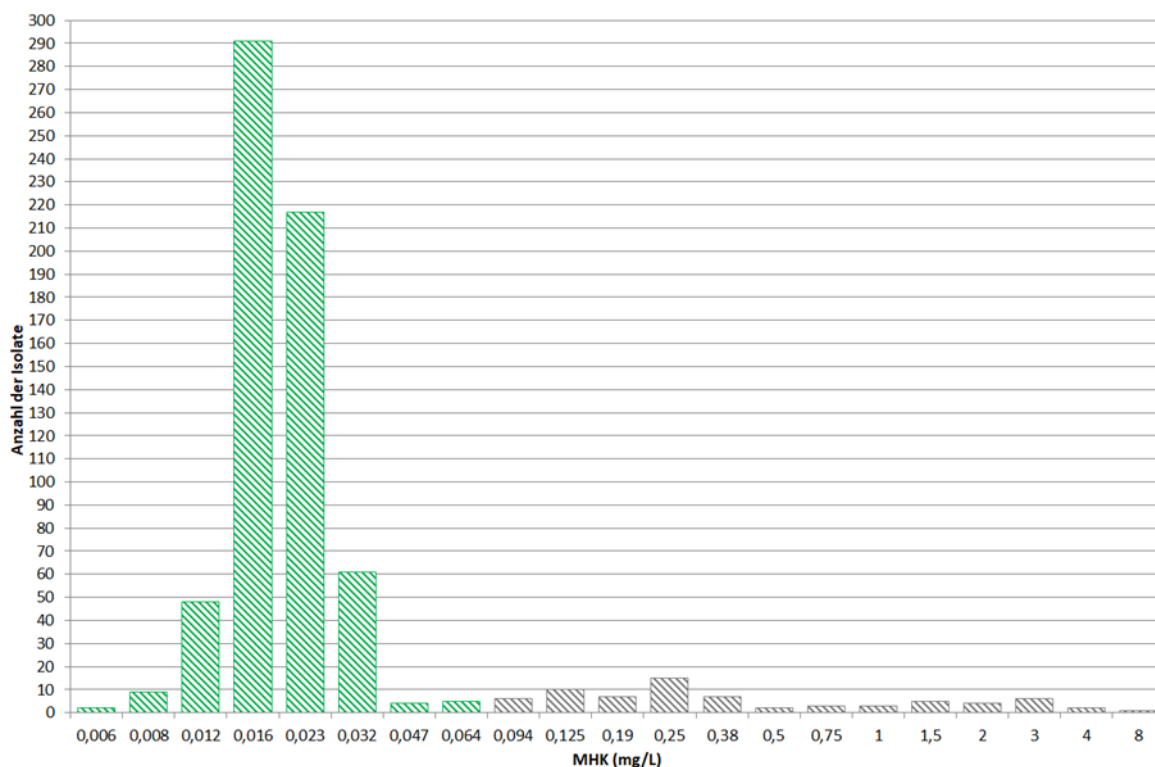
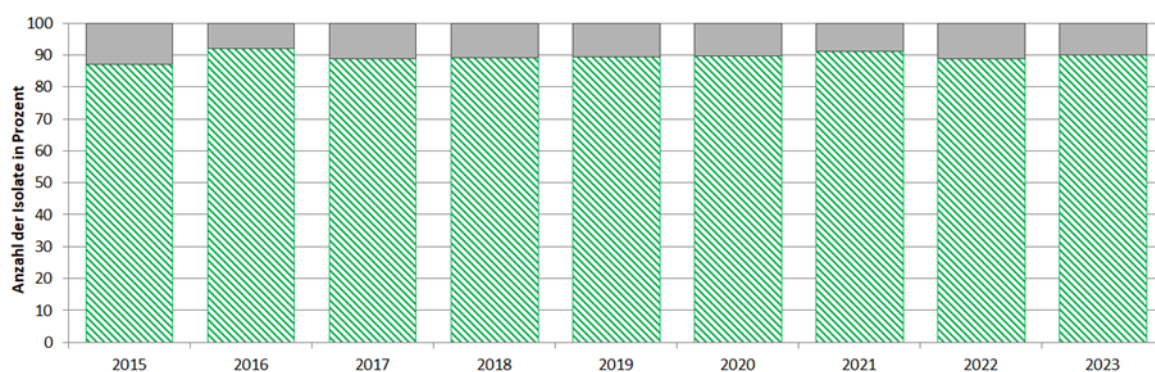


Abbildung 64: Prozentueller Anteil der uneingeschränkt Penicillin-empfindlichen Isolate mit einer MHK $\leq 0,06$ mg/L, 2015-2023



Demographische Daten zu den vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolaten

Bei den Einjährigen waren 33,3 % (1/3), in der Altersgruppe 2–4 Jahre waren 12,5 % (1/8), in der Altersgruppe 15–44 Jahre 14,5 % (10/69), in der Altersgruppe 45–64 8,9 % (15/168),

in der Altersgruppe 65–74 12,6 % (21/167), in der Altersgruppe 75–79 4,3 % (4/93) und bei den über 80-Jährigen 9,8 % (18/183) vermindert empfindlich gegenüber Penicillin (MHK > 0,06 mg/L). Die Verteilung nach Geschlecht ist in Tabelle 88 aufgelistet.

Tabelle 88: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate entsprechend Penicillin-MHKs nach Geschlecht, 2023

Geschlecht	Vermindert empfindlich MHK > 0,06 mg/L		Empfindlich MHK ≤ 0,06 mg/L		Gesamt
	Anzahl	%	Anzahl	%	
Männlich	46	11,9	341	88,1	387
Weiblich	24	7,6	294	92,4	318
Keine Angabe	1	33,3	2	66,7	3

Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate

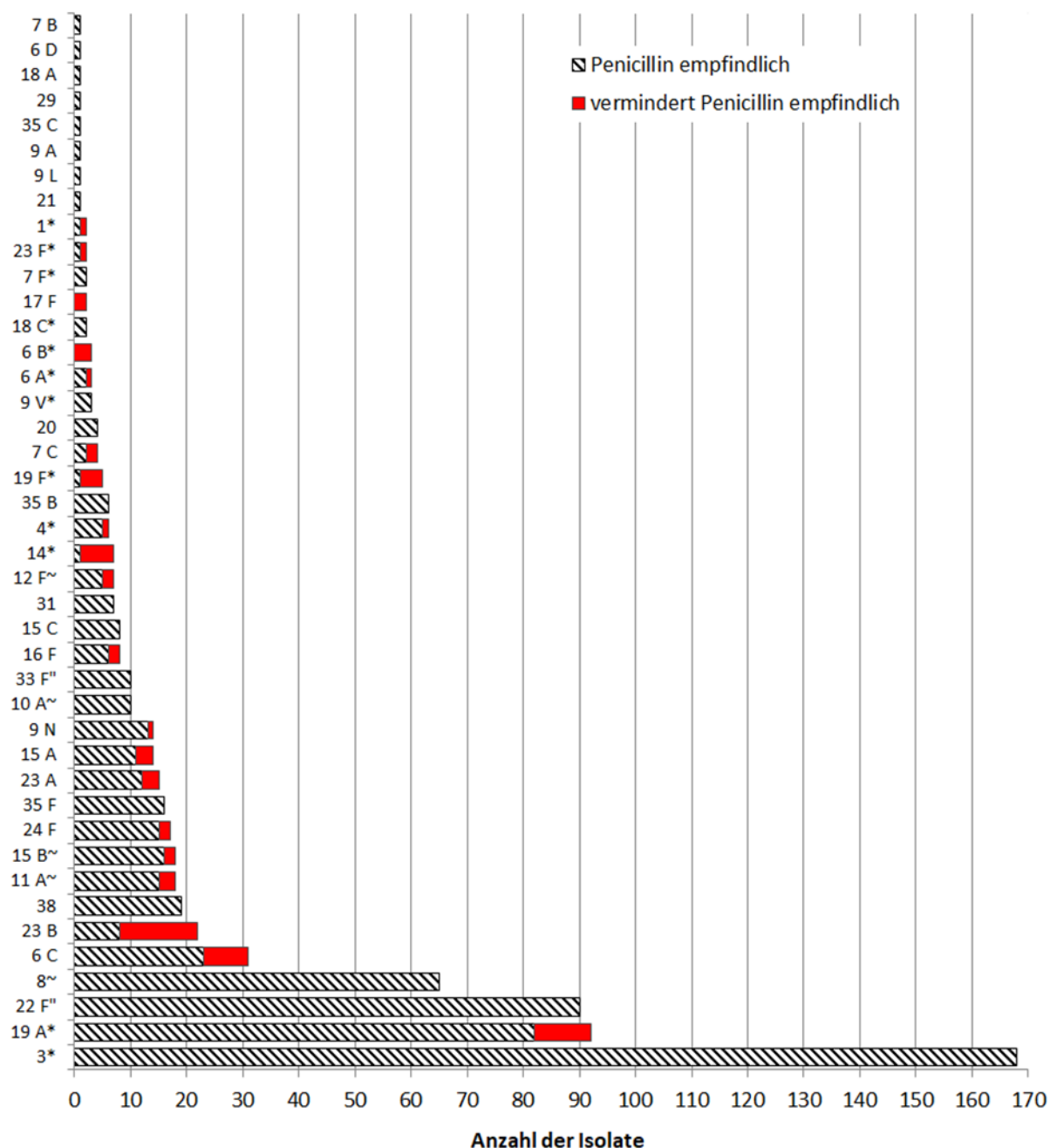
Die Verteilung der Serotypen entsprechend der Empfindlichkeit gegenüber Penicillin ist in Tabelle 89 und in Abbildung 65 dargestellt.

Tabelle 89: Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate (N = 71), 2023

Serotyp	Vermindert empfindlich MHK > 0,06 mg/L		Gesamt
	Anzahl	%	
19 A	10	10,9	92
6 C	8	25,8	31
23 B	14	63,6	22
11 A	3	16,7	18
15 B	2	11,1	18
24 F	2	11,8	17
23 A	3	20	15

Serotyp	Vermindert empfindlich MHK > 0,06 mg/L		
	Anzahl	%	Gesamt
15 A	3	21,4	14
9 N	1	7,1	14
16 F	2	25	8
12 F	2	28,6	7
14	6	85,7	7
4	1	16,7	6
19 F	4	80	5
7 C	2	50	4
6 A	1	33,3	3
6 B	3	100	3
17 F	2	100	2
23 F	1	50	2
1	1	50	2
Gesamt	71	10	708

Abbildung 65: Häufigkeit der Serotypen der invasiven *Pneumokokken*-Isolate 2023
(eingeschränkt Penicillin-empfindliche Isolate mit einer MHK > 0,06 mg/L sind rot
markiert, * im 13-valenten *Pneumokokken*-Konjugat-Impfstoff, " zusätzlich im 15-valenten
Impfstoff, und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)



Interpretation der MHKs von Makroliden (Erythromycin)

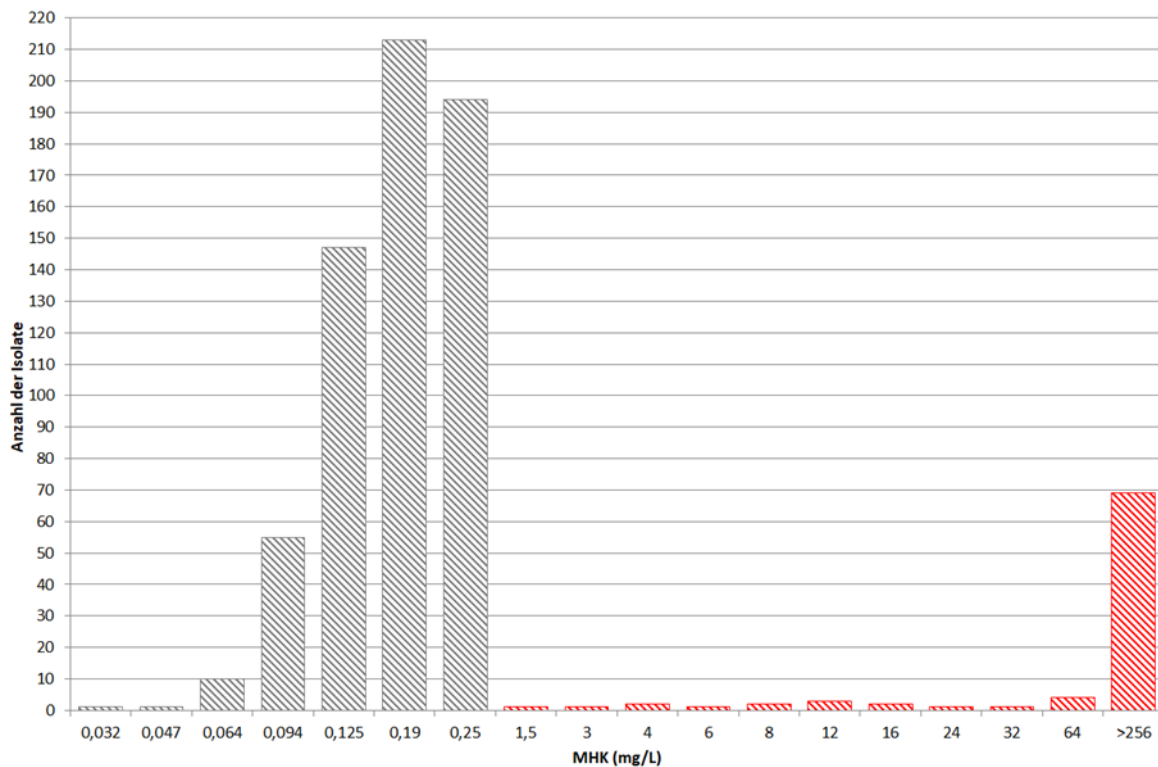
Von den 708 getesteten Isolaten waren 12,3 % (87/708) resistent (MHK > 0,5 mg/L) gegenüber Erythromycin (Tabelle 90). Die Verteilung der Isolate entsprechend ihren MHKs ist in Abbildung 66 dargestellt.

Tabelle 90: Anteil der *Streptococcus pneumoniae*-Isolate mit Resistenz gegenüber Erythromycin nach EUCAST für die Jahre 2015–2023

Jahr	Erythromycin				Gesamt
	R > 0,5 mg/L	I	S ≤ 0,25 mg/L	%R	
2015	35	0	320	9,9	355
2016	38	1	349	9,8	388
2017	63	0	426	12,9	489
2018	65	0	472	12,1	537
2019	65	4	470	12,1	539
2020	34	0	278	10,9	312
2021	39	1	307	11,2	347
2022	58	0	444	11,6	502
2023	87	0	621	12,3	708

R resistent, I intermediär, S sensibel

Abbildung 66: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Erythromycin-MHKs, 2023
(resistente Isolate mit einer MHK > 0,5 mg/L sind rot markiert)



Demographische Daten zur Makrolid-Empfindlichkeit

Der höchste Anteil an Erythromycin-resistenten Pneumokokken-Isolaten wurde bei den unter Einjährigen festgestellt. 2 der insgesamt 3 getesteten invasiven Pneumokokken (66,7 %) in diesen Altersgruppen zeigten eine MHK > 0,5 mg/L. Bei den Einjährigen und in der Altersgruppe 10–14 wurden 1/3 (33,3 %), in der Altersgruppe 5–9 2/9 (18,2 %), in der Altersgruppe 80+ 23/183 (12,6 %), in der Altersgruppe 45–64 21/168 (12,5 %), in der Altersgruppe 65–74 20/167 (12 %), in der Altersgruppe 75–79 10/93 (10,8 %) und in der Altersgruppe 15–44 7/69 (10,1 %) der Isolate resistent getestet. Die Verteilung entsprechend den Altersgruppen ist in Tabelle 91 aufgelistet.

Tabelle 91: Verteilung der Isolate entsprechend Erythromycin-Empfindlichkeit nach Altersgruppen, 2023

Altersgruppe	S ≤ 0,25 mg/L		R > 0,5 mg/L		Gesamt
	Anzahl	%	Anzahl	%	
<1	1	33,3	2	66,7	3
1	2	66,7	1	33,3	3
2-4	8	100	0	0	8
5-9	9	81,8	2	18,2	11
10-14	2	66,7	1	33,3	3
15-44	62	89,9	7	10,1	69
45-64	147	87,5	21	12,5	168
65-74	147	88	20	12	167
75-79	83	89,2	10	10,8	93
80+	160	87,4	23	12,6	183
Gesamt	621	87,7	87	12,3	708

R resistent, I intermediär, S sensible

Serotypenverteilung der Erythromycin-resistenten Pneumokokken-Isolate

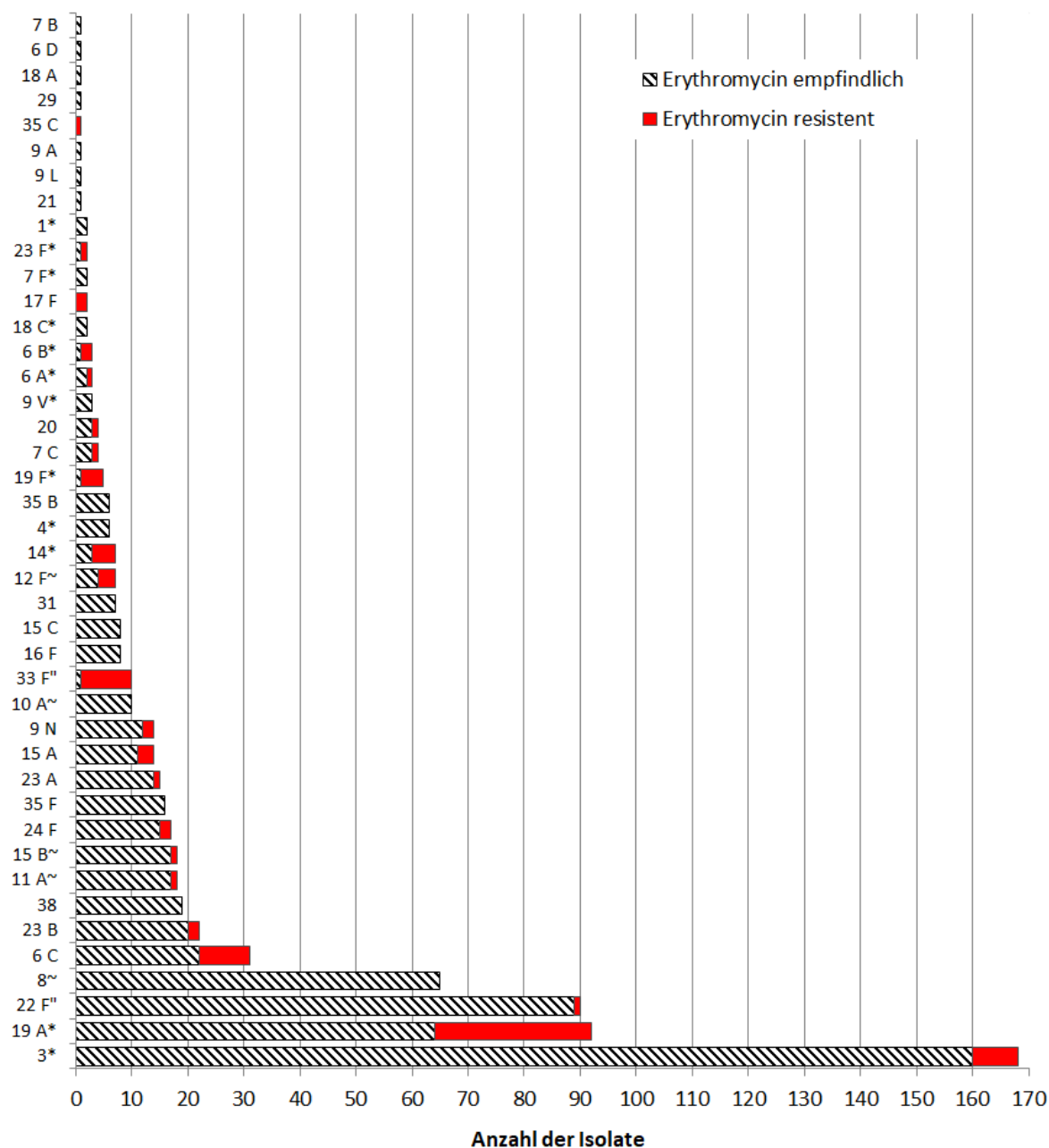
Die Verteilung der Serotypen und der Anteil Erythromycin-resistenter Isolate ist in Abbildung 67 dargestellt.

100 % (2/2) der Serotyp 17 F und 100 % (1/1) der 35 C-Isolate, 90 % (9/10) der Serotyp 33 F-Isolate, 80 % (4/5) der 19 F-Isolate und 66,7 % (2/3) der 6 B-Isolate zeigten eine MHK von > 0,5 mg/L. Die Verteilung der restlichen Erythromycin-resistenten Isolate ist in Tabelle 92 aufgelistet.

Tabelle 92: Serotypenverteilung und Anteil Erythromycin-resistenter Isolate, 2023

Serotyp	Resistent MHK >0,5 mg/L		Gesamt
	Anzahl	%	
3	8	4,8	168
19 A	28	30,4	92
22 F	1	1,1	90
6 C	9	29	31
23 B	2	9,1	22
11 A	1	5,6	18
15 B	1	5,6	18
24 F	2	11,8	17
23 A	1	6,7	15
15 A	3	21,4	14
9 N	2	14,3	14
33 F	9	90	10
12 F	3	42,9	7
14	4	57,1	7
19 F	4	80	5
7 C	1	25	4
20	1	25	4
6 A	1	33,3	3
6 B	2	66,7	3
17 F	2	100	2
23 F	1	50	2
35 C	1	100	1
Gesamt	87	12,3	708

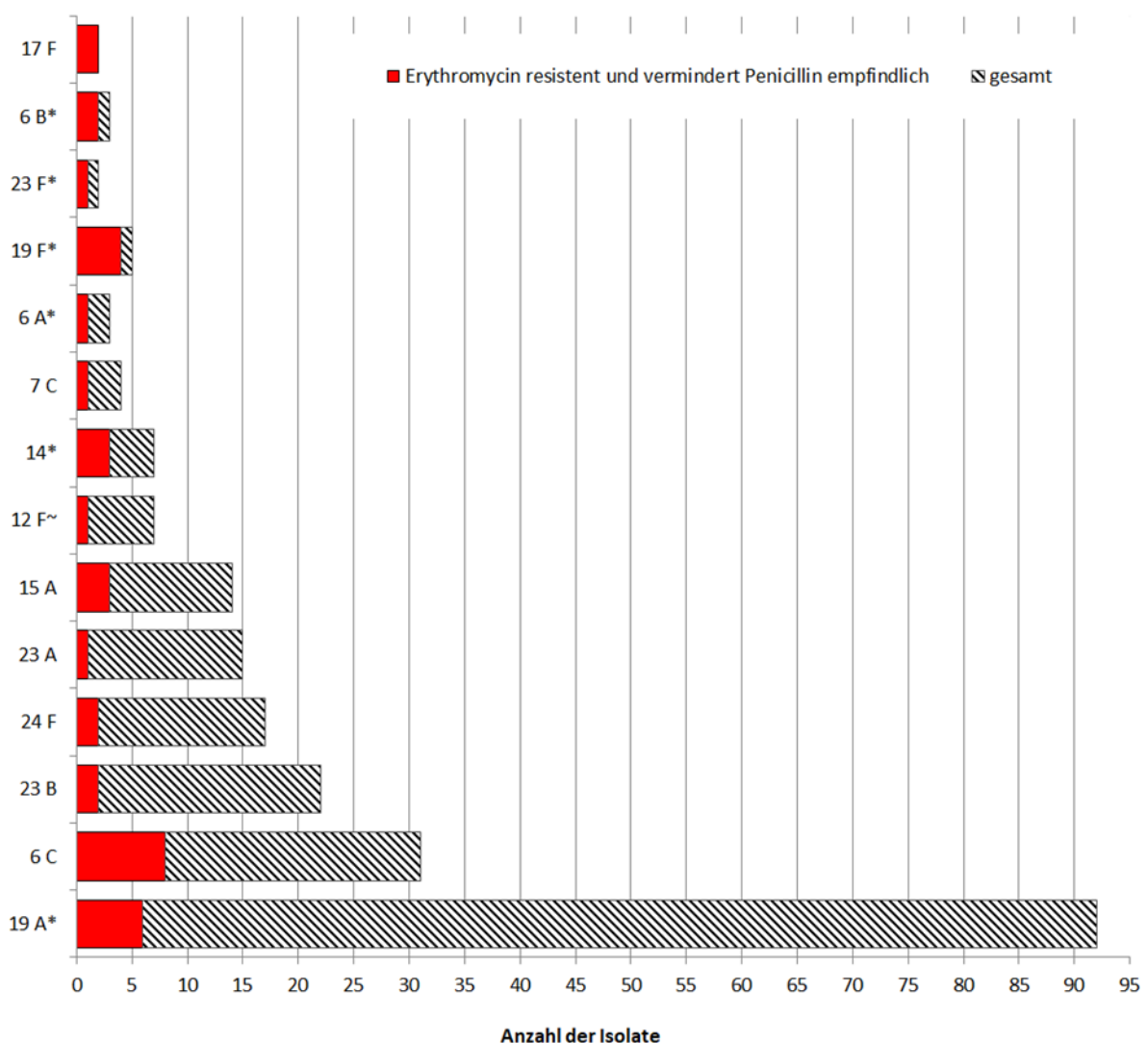
Abbildung 67: Häufigkeit der Serotypen der invasiven Pneumokokken-Isolate
(Erythromycin-resistente Isolate sind rot markiert, * im 13-valenten Pneumokokken-Konjugat-Impfstoff, " zusätzlich im 15-valenten Impfstoff und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)



Mehrfachresistenzen der Erythromycin-resistenten invasiven Pneumokokken-Isolate

Von den 87 Erythromycin-resistent getesteten Pneumokokken-Isolaten waren 37 (37/708; 5,2 %) mit einer MHK von > 0,06 mg/L zusätzlich vermindert empfindlich gegenüber Penicillin, 6 davon wiesen sogar eine MHK von > 2 mg/L auf. 64 Isolate waren zusätzlich resistent gegenüber Tetrazyklin und 71 Isolate gegenüber Clindamycin. 4 Isolate waren resistent bzw. vermindert empfindlich gegenüber allen getesteten Antibiotika (Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin) (Abbildung 68).

Abbildung 68: Erythromycin-resistente, vermindert Penicillin-empfindliche Isolate nach Serotyp (* im 13-valenten Pneumokokken-Konjugat-Impfstoff, " zusätzlich im 15-valenten Impfstoff und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)



Diskussion

Die antibiotische Behandlung von Pneumokokken-Infektionen sollte dem klinischen Erkrankungsbild angepasst und entsprechend den gültigen Leitlinien erfolgen. Auch wenn der in Österreich nachgewiesene Anteil an vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken mit 10 % im europäischen Durchschnitt liegt und unverändert blieb, ist die kontinuierliche Überwachung der Resistenzsituation unerlässlich und stellt die Basis für eine empirische Therapie dar.

Referenzen

- [1] Bericht der Nationalen Referenzzentrale für Pneumokokken 2023.
- [2] The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing – EUCAST.

Resistenzbericht *Salmonella*

Daten aus dem Human- und Lebensmittelbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Salmonella

Ansprechperson/Autor

Dr. Christian Kornschöber

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene / Zentrum für lebensmittelbedingte
Infektionskrankheiten
Abteilung Referenzzentralen und Referenzlaboratorien
Beethovenstraße 6
8010 Graz
E-Mail: christian.kornschober@ages.at oder humanmed.graz@ages.at

Reviewer

Dr. Burkhard Springer

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene / Zentrum für lebensmittelbedingte
Infektionskrankheiten
Beethovenstraße 6
8010 Graz
E-Mail: burkhard.springer@ages.at oder humanmed.graz@ages.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	204
Abstract	204
Einleitung	204
Methodik	205
Ergebnisse	206
Allgemeiner Überblick	206
Antibiotikaresistenz – humane Isolate / enteritische Serovare	208
Antibiotikaresistenz – humane Isolate / <i>S. Typhi</i> , <i>S. Paratyphi</i> A, B und C	213
Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Veterinärbereich	213
Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Lebensmittel	216
Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Futtermittel	220
Diskussion	221
Danksagung	222

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 wurde an der Nationalen Referenzzentrale für Salmonellen eine Zunahme der Anzahl eingesandter humaner Erstisolate um 4,5 % gegenüber dem Vorjahr registriert.

Wie schon in den Vorjahren lagen auch 2023 die Resistenzraten gegenüber mehreren Antibiotika (Ampicillin, Sulfonamide, Tetracykline) über 10 %. Ursache dafür ist vor allem das gehäufte Auftreten von multiresistenten *S. Typhimurium*-Stämmen. Aufgrund des gehäuften Vorkommens von Nalidixinsäure/Low-Level Ciprofloxacin-resistenten *S. Enteritidis*- und *S. Infantis*-Isolaten lag die Nalidixinsäure- bzw. Low-Level Ciprofloxacin-Resistenzrate über 25 %. Der Anteil an multiresistenten Isolaten (definiert als Resistenz gegenüber 3 oder mehr Antibiotikaklassen) lag bei 12,0 %. High-Level-Resistenzen gegenüber Ciprofloxacin sowie Resistenzen gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen (Cefotaxim, Ceftazidim) traten nur vereinzelt auf (<1 %).

Abstract

In 2023, the number of primary human isolates sent to the National Reference Centre for Salmonella increased by 4.5% as compared to 2022.

The highest resistance rates are found against ampicillin, sulphonamides and tetracycline (resistance pattern typical for multiresistant *S. Typhimurium* strains) and against nalidixic acid (low-level ciprofloxacin resistance), which is typical for *S. Infantis* and several *S. Enteritidis* subtypes. 12.0% of all isolates are multi-resistant. High-level resistances against ciprofloxacin and third- generation cephalosporins (cefotaxime, ceftazidime) are still rare.

Einleitung

Salmonellen gehören nach wie vor zu den wichtigsten bakteriellen Gastroenteritis-Erregern weltweit. In Österreich war in den letzten Jahren ein deutlicher Rückgang an Erstisolaten bzw. Erkrankten/Infizierten zu verzeichnen (2002: 8.405 humane Erstisolate bzw. 8.352 Erkrankte/Infizierte, 2023: 1.218 humane Erstisolate bzw. Erkrankte/Infizierte).

Neben den aufgrund des Zoonosegesetzes vorgeschriebenen Ausbruchsabklärungen haben die im Legehennenbereich verpflichtenden Impfungen gegen *S. Enteritidis* sowie das seit 2009 beim Nachweis von *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* geltende Eiervermarktungsverbot maßgeblich dazu beigetragen.

Methodik

In Österreich werden alle isolierten *Salmonella*-Stämme an die Nationale Referenzzentrale für Salmonellen (NRZS) / AGES – Öffentliche Gesundheit Graz gesandt. Dies betrifft sowohl aus humanmedizinischem Untersuchungsmaterial (z. B. Stuhl, Blut, Abstriche etc.) gewonnene *Salmonella*-Stämme als auch Isolate aus veterinärmedizinischem Material und Lebensmittelproben sowie Futtermittel- und Umweltproben.

An der NRZS werden bei allen Isolaten eine Serotypisierung und eine biochemische Differenzierung entsprechend dem White-Kauffmann-Le Minor-Schema, bei den in Österreich vorherrschenden Serotypen (*S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*) zusätzlich eine MLVA entsprechend den Vorgaben des ECDC durchgeführt. Bei allen Isolaten erfolgen eine Resistenztestung und eine Bewertung entsprechend den Vorgaben des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) / Klinische Breakpoints oder – wenn keine EUCAST-Werte verfügbar sind – entsprechend den Vorgaben des Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (Plättchendiffusion, MHK-Testung mittels ϵ -Tests bei besonderen Fragestellungen). Die Auswahl der Antibiotika erfolgt entsprechend den aktuellen Vorgaben des ECDC. Aufgrund epidemiologischer Kriterien werden auch Antibiotika getestet, die für die Therapie nicht geeignet sind. Zur Erkennung von Low-Level-Ciprofloxacin-Resistenzen wird entsprechend den EUCAST-Vorgaben Pefloxacin anstelle von Ciprofloxacin eingesetzt; bei Isolaten, die aufgrund eines geringen Pefloxacin-Hemmhofdurchmessers verdächtig für eine High-Level-Ciprofloxacin-Resistenz sind, wird zusätzlich die Ciprofloxacin-MHK mittels ϵ -Tests bestimmt. Zur Beurteilung der Tigecyclin-Resistenz werden die bisher nur für *E. coli* validierten EUCAST-Grenzwerte verwendet. Insgesamt werden 12 Antibiotika getestet: Ampicillin (A), Chloramphenicol (C), Sulfonamide (Su), Tetracyclin (T), Tigecyclin (Tig), Trimethoprim (Tm), Gentamicin (G), Nalidixinsäure (Nx), Ciprofloxacin (Pefloxacin) (Cip), Cefotaxim (Ctx), Ceftazidim (Caz) und Meropenem (M).

Ergebnisse

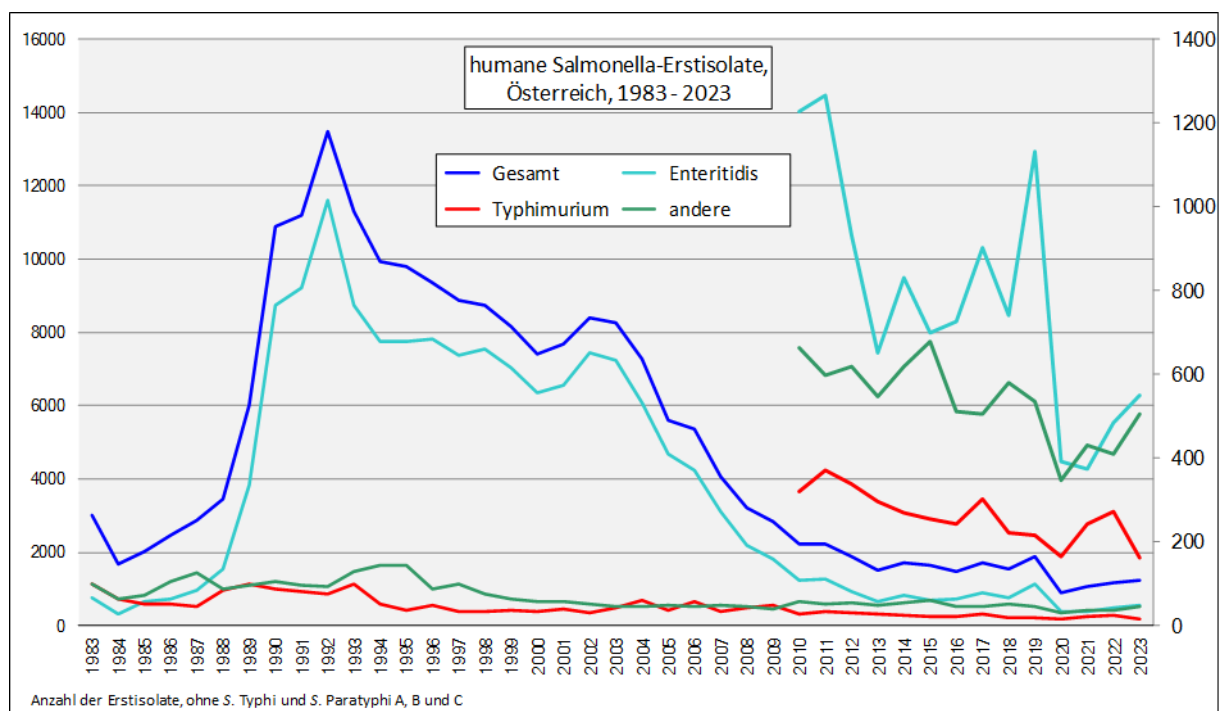
Allgemeiner Überblick

Im Jahr 2023 hat die NRZS 1.218 humane *Salmonella*-Erstisolate (von 1.218 Erkrankten/Infizierten) erhalten. Bei den *Salmonella*-Erstisolaten werden auch Isolate von mit Salmonellen infizierten, aber nicht erkrankten Personen bzw. auch von Personen, die sich nicht über ein Lebensmittel, sondern z. B. über Kontakt zu Reptilien mit Salmonellen infiziert haben, miterfasst. Werden die 1.218 Erkrankten/Infizierten zugrundegelegt, dann errechnet sich eine Inzidenz von 13,3 Fällen pro 100.000 EW. Im Jahr 2022 wurden 1.166 humane Erstisolate gezählt. Die Zunahme der Gesamtzahl eingesandter Erstisolate um 52 entspricht einem prozentuellen Anstieg um 4,5 % gegenüber dem Vorjahr.

Seit 2002 ist ein Rückgang von mehr als 85 % zu verzeichnen (2002: 8.405 Erstisolate, siehe Jahresbericht 2002).

Die Abnahme der humanen Salmonellen-Erstisolate seit 2002 war nahezu ausschließlich durch einen Rückgang der *S. Enteritidis*-Isolate bedingt (2002: 7.459; 2023: 551 humane Erstisolate; -92,6 %).

Abbildung 69: Humane *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 1983 – 2022



Die epidemiologische Situation ist nach wie vor von *S. Enteritidis* geprägt. Während in den Jahren 2000–2005 der Anteil der *S. Enteritidis*-Isolate an allen Salmonellen noch jeweils mehr als 80 % ausgemacht hat, ist er in den letzten Jahren teils auf unter 50 % abgefallen (2009: 64,7 %; 2010: 55,5 %; 2011: 56,6 %; 2012: 49,4 %; 2013: 43,5 %; 2014: 48,3 %; 2015: 42,8 %; 2016: 49 %; 2017: 52,8 %; 2018: 48,1 %). 2019 lag der Anteil an *S. Enteritidis* – bedingt durch einen bundesländerübergreifenden Ausbruch – bei 60,1 %, 2020 bei 43,4 %, 2021 bei 35,8 % und 2022 bei 41,6 %.

Im Jahr 2023 gab es – bedingt durch mehrere Ausbrüche – mit 551 humanen Erstisolaten ein Anstieg um 13,6 % im Vergleich zum Vorjahr (2022: 485 Erstisolate). Der Anteil von *S. Enteritidis* an allen humanen Erstisolaten lag bei 45,2 %.

S. Typhimurium (inklusive der monophasischen Variante mit der Antigenformel 1,4,5,12 : i : -, der im Vergleich zu einem klassischen *S. Typhimurium*-Stamm – Antigenformel 1,4,5,12 : i : 1,2 – die 2. Geißelantigenphase fehlt) war auch 2023 mit einem Anteil von 13,3 % an allen humanen Erstisolaten der zweithäufigste Serotyp (Tabelle 93).

Tabelle 93: Vergleich der häufigsten Serovare bei humanen und nicht-humanen Isolaten, Österreich, 2023

Häufigste Serovare human - 2023:			Häufigste Serovare nicht-human - 2023:		
	Anzahl	Prozent		Anzahl	Prozent
<i>S. Enteritidis</i>	551	45,2	<i>S. Infantis</i>	835	36,7
<i>S. Typhimurium</i>	162	13,3	<i>S. Enteritidis</i>	209	9,2
Biphasische Variante (1,4,5,12 : i : 1,2)	94	7,7	<i>S. Typhimurium</i>	182	8,0
			Biphasische Variante (1,4,5,12 : i : 1,2)	96	4,2
Monophasische Variante (1,4,5,12 : i : -)	68	5,6	Monophasische Variante (1,4,5,12 : i : -)	86	3,8
<i>S. Coeln</i>	73	6,0			
<i>S. Infantis</i>	62	5,1	<i>S. Dublin</i>	123	5,4
<i>S. Strathcona</i>	25	2,1	<i>S. Muenster</i>	118	5,2

Häufigste Serovare human - 2023:			Häufigste Serovare nicht-human - 2023:		
	Anzahl	Prozent		Anzahl	Prozent
S. Paratyphi B var. Java	18	1,5	S. Agona	84	3,7
S. Thompson	16	1,3	S. Coeln	62	2,7
S. Chester	15	1,2	S. Mbandaka	54	2,4
S. Newport	15	1,2	S. Newport	53	2,3
Gesamtzahl aller humanen Erst-Isolate: 1.218	15		Gesamtzahl aller nicht-humanen Erst-Isolate: 2.277		

Antibiotikaresistenz – humane Isolate / enteritische Serovare

Wie schon in den Vorjahren lagen auch 2023 die Resistenzraten gegenüber mehreren Antibiotika (Ampicillin, Sulfonamide, Tetrazykline) über 10 % (Tabelle 94; Tabelle 95). Ursache dafür ist vor allem das gehäufte Auftreten von multiresistenten *S. Typhimurium*-Stämmen. Aufgrund des gehäuften Vorkommens von Nalidixinsäure/Low-Level-Ciprofloxacin-resistenten *S. Enteritidis*- und *S. Infantis*-Isolaten lag die Low-Level-Ciprofloxacin-Resistenzrate bei 25,3 %. Der Anteil an multiresistenten Isolaten (definiert als Resistenz gegenüber 3 oder mehr Antibiotikaklassen) lag bei 12,0 %.

Tabelle 94: Resistenzanteil aller humanen Erstisolate, Österreich, Vergleich 2000 – 2023

Antibiotikum	2000 –2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)
Ampicillin (A)	6,6	14,6	13,4	12,6	14,6	13,7	10,9	12,5	12,4	16,9	10,7
Chloramphenicol (C)	2,2	2,8	2,1	2,4	3,2	2,6	2,0	2,6	1,3	4,5	3,4
Streptomycin (S)	6,1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Sulfonamide (Su)	6,0	16,7	15,5	14,8	16,9	13,2	11,2	14,1	12,7	17,9	12,2
Tetracyclin (T)	6,8	17,4	15,6	14,9	17,4	16,7	12,8	14,0	13,6	21,0	13,2
Tigecyclin (Tig)	--	0,5 (8)	0,3 (5)	0	0	0,1 (2)	0,2 (4)	0	0,1 (1)	0,7 (8)	1,1 (13)
Trimethoprim (Tm)	1,6	3,5	2,1	2,6	2,5	2,0	2,3	2,9	2,1	2,9	3,3
Gentamicin (G)	0,5	1,9	1,2	1,2	0,9	1,2	1,2	0,4	0,5	1,5	1,1

Antibiotikum	2000 –2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)
Kanamycin (K)	0,7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nalidixinsäure (Nx)	6,9	19,1	21,9	13,2	14,6	15,9	36,3	20,9	15,5	20,7	24,3
Ciprofloxacin (Cp) High-Level-Resistenz	< 0,1 (10)	2,3 (39)	1,2 (20)	0,9 (13)	0,9 (16)	1,2 (19)	0,9 (16)	0,7 (6)	0,4 (4)	0,7 (8)	0,8 (10)
Low-Level-Resistenz (Pefloxacin)	-	17,6	21,1	13,4	15,3	17,2	36,9	21,1	16,3	20,9	25,3
Cefotaxim (Ctx)	0,2 (103)	0,9 (16)	0,4 (7)	0,5 (8)	0,5 (9)	0,8 (12)	0,5 (9)	0,4 (4)	0,4 (4)	0,5 (6)	1,1 (14)
Ceftazidim (Caz)	-	0,9 (15)	0,4 (6)	0,5 (7)	0,5 (8)	0,4 (6)	0,5 (9)	0,4 (4)	0,2 (2)	0,3 (4)	1,1 (13)
Meropenem (M)	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Azithromycin (Azm)	-	-	-	-	0,6 (11)	0,6 (10)	0,3 (6)	0,3 (3)	0,1 (1)	0,3 (3)	0,3 (4)
Multiresistent	6,5	16,1	14,5	14,3	16,3	12,9	10,2	12,6	11,8	17,2	12,0
Gesamtzahl	67.937	1.716	1.630	1.480	1.706	1.543	1.882	906	1.048	1.166	1.218

Tabelle 95: Anzahl der resistenten humanen *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 2023

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=551)	S. Typhimurium (n=162)	S. Coeln (n=73)	S. Infantis (n=62)	Andere (n=370)	Gesamt (n=1.218)
Ampicillin (A)	18 3,3 %	68 42 %	4 5,5 %	11 17,7 %	29 7,8 %	130 10,7 %
Chloramphenicol (C)		24 14,8 %		6 9,7 %	12 3,2 %	42 3,4 %
Sulfonamide (Su)		77 47,5 %	3 4,1 %	40 64,5 %	28 7,6 %	148 12,2 %
Tetracyclin (T)	18 3,3 %	65 40,1 %	2 2,7 %	40 64,5 %	36 9,7 %	161 13,2 %
Tigecyclin (Tig)				6 9,7 %	7 1,9 %	13 1,1 %
Trimethoprim (Tm)		10 6,2 %	3 4,1 %	6 9,7 %	21 5,7 %	40 3,3 %
Gentamicin (G)		5		2	6	13

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=551)	S. Typhimurium (n=162)	S. Coeln (n=73)	S. Infantis (n=62)	Andere (n=370)	Gesamt (n=1.218)
		3,1 %		3,2 %	1,6 %	1,1 %
Nalidixinsäure (Nx)	200 36,3 %	13 8 %	1 1,4 %	45 72,6 %	37 10 %	296 24,3 %
Ciprofloxacin (Cip) HL				1 1,6 %	9 2,4 %	10 0,8 %
Ciprofloxacin (Cip) LL	200 36,3 %	19 11,7 %	1 1,4 %	44 71 %	44 11,9 %	308 25,3 %
Cefotaxim (Ctx)		1 0,6 %	2 2,7 %	3 4,8 %	8 2,2 %	14 1,1 %
Ceftazidim (Caz)		1 0,6 %	2 2,7 %	2 3,2 %	8 2,2 %	13 1,1 %
Meropenem (M)						
Azithromycin (Azm)		1 0,6 %			3 0,8 %	4 0,3 %
Voll empfindlich	340 61,7 %	74 45,7 %	68 93,2 %	17 27,4 %	309 83,5 %	808 66,3 %
Resistent gegenüber einer Antibiotikaklasse	193 35 %	10 6,2 %	1 1,4 %	3 4,8 %	21 5,7 %	228 18,7 %
Resistent gegenüber zwei Antibiotikaklassen	11 2 %	17 10,5 %	1 1,4 %	2 3,2 %	5 1,4 %	36 3 %
Multiresistent	7 1,3 %	61 37,7 %	3 4,1 %	40 64,5 %	35 9,5 %	146 12 %

Der überwiegende Anteil der multiresistenten (MR-)Stämme (definiert als Resistenz gegenüber 3 oder mehr Antibiotikaklassen) gehört zum Serotyp *S. Typhimurium* (Tabelle 96).

Tabelle 96: Multiresistente *Salmonella*-Serotypen, Österreich, 2023

Serotyp	Anzahl MR
<i>S. Typhimurium</i> davon monophasisch	61 38
<i>S. Infantis</i>	40
<i>S. Enteritidis</i>	7
<i>S. Kentucky</i>	7

Serotyp	Anzahl MR
S. Chester	6
S. Anatum	5
S. Agona	4
S. Coeln	3
S. Heidelberg	3
S. Newport	3
<i>S. I (Salmonella enterica subsp. enterica) Rauform</i>	2
<i>S. Choleraesuis</i>	1
S. Haifa	1
S. Napoli	1
S. Rissen	1
S. Schwarzengrund	1
Gesamt	146

High-Level-Ciprofloxacin- bzw. 3.-Generations-Cephalosporin-resistente Stämme sind nach wie vor sehr selten (Tabelle 97 bzw. Tabelle 98).

Im Jahr 2023 gab es in Österreich 10 High-Level-Ciprofloxacin-resistente *Salmonella*-Isolate (5 x *S. Kentucky*, 2 x *S. Newport* sowie je einmal *S. Blockley*, *S. Chester* und *S. Infantis*) sowie 14 Stämme mit Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen (4 x *S. Anatum*, je 3 x *S. Kentucky* und *S. Infantis*, 2 x *S. Coeln* sowie je einmal *S. Schwarzengrund* und *S. Typhimurium*).

Tabelle 97: High-Level-Ciprofloxacin-resistente humane *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 2023

Untersuchungsmaterial	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster	MHK Cip (µg/ml)
Stuhl	22	weiblich	<i>S. Newport</i>	ASuTTigNx Cip(HL)	4
Stuhl	30	männlich	<i>S. Kentucky</i>	SuTNx Cip(HL)	16
Stuhl	15	weiblich	<i>S. Newport</i>	(Nx) Cip(HL)	0,75

Untersuchungsmaterial	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster	MHK Cip (µg/ml)
Stuhl	17	weiblich	S. Chester	NxCip(HL)	1,5
Stuhl	68	männlich	S. Blockley	NxCip(HL)	0,75
Stuhl	11	männlich	S. Kentucky	ASuTGCtxCazNxCip(HL)	16
Stuhl	28	männlich	S. Infantis	SuTNxCip(HL)	32
Stuhl	62	weiblich	S. Kentucky	ASuTGCtxCazNxCip(HL)	8
Stuhl	69	männlich	S. Kentucky	ASuTGCtxCazNxCip(HL)	8
Stuhl	51	weiblich	S. Kentucky	ATNxCip(HL)	8

Tabelle 98: 3.-Generations-Cephalosporin-resistente humane *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 2023

Untersuchungs- material	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster	MHK Ctx (µg/ml)	ESBL/ AmpC
Harn	37	weiblich	S. Infantis	ACSuTTigTmGCtxCazNxCip	32	ESBL
Stuhl	21	männlich	S. Coeln	ACtxCaz	32	ESBL
Stuhl	11mo	männlich	S. Schwarzenrund	ACSuTTigTmCtxCazCip	32	AmpC
Stuhl	57	männlich	S. Infantis	ASuTTmCtxCazNxCip	32	ESBL
Stuhl	84	weiblich	S. Coeln	ASuTTmCtxCaz	32	ESBL
Stuhl	21	weiblich	S. Anatum	ASuCtxCaz	32	ESBL
Stuhl	11	männlich	S. Kentucky	ASuTGCtxCazNxCip	32	ESBL
Stuhl	17	männlich	S. Infantis	ASuTTmCtxNxCip	32	ESBL
Stuhl	7	weiblich	S. Anatum	AGCtxCazCip	12	ESBL
Stuhl	9	weiblich	S. Anatum	ACSuTTigGCtxCazCip	16	ESBL
Stuhl	62	weiblich	S. Kentucky	ASuTGCtxCazNxCip	32	ESBL
Stuhl	69	männlich	S. Kentucky	ASuTGCtxCazNxCip	32	ESBL
Stuhl	66	weiblich	S. Anatum	ACSuTTigGCtxCazCip	32	ESBL
Stuhl	64	weiblich	S. Typhimurium	ACSuTGCtxCazCip	32	ESBL

Antibiotikaresistenz – humane Isolate / *S. Typhi*, *S. Paratyphi A*, *B* und *C*

Im Jahr 2023 gab es in Österreich 14 Infektionen mit typhösen *Salmonella*-Serotypen. Von den 7 *S. Typhi*-Isolaten waren 3 multiresistent, eines davon High-Level-Ciprofloxacin-resistent und resistent gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen. Einer der 4 *S. Paratyphi A*-Stämme zeigte eine High-Level-Ciprofloxacin-Resistenz. Zusätzlich gab es 3 *S. Paratyphi B*-Isolate. (Tabelle 99).

Tabelle 99: Resistenzen der 2023 in Österreich isolierten *S. Typhi*- sowie *S. Paratyphi A*- und *B*-Isolate

Untersuchungsmaterial	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster
Blut	21	männlich	<i>S. Typhi</i>	ASuTTmNxCip
Blut	50	männlich	<i>S. Typhi</i>	ASuTTmNxCip
Blut	35	männlich	<i>S. Typhi</i>	NxCip
Stuhl	4	männlich	<i>S. Typhi</i>	ACTmCtxCazNx Cip(HL)
Blut	23	männlich	<i>S. Typhi</i>	NxCip
Blut	26	männlich	<i>S. Typhi</i>	NxCip
Blut	30	männlich	<i>S. Typhi</i>	NxCip
Blut	28	männlich	<i>S. Paratyphi A</i>	NxCip(HL)
Blut	51	männlich	<i>S. Paratyphi A</i>	NxCip
Blut	23	männlich	<i>S. Paratyphi A</i>	NxCip
Blut	31	weiblich	<i>S. Paratyphi A</i>	NxCip
Stuhl	31	weiblich	<i>S. Paratyphi B</i>	NxCip
Blut	27	weiblich	<i>S. Paratyphi B</i>	-
Abszess	85	weiblich	<i>S. Paratyphi B</i>	-

Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Veterinärbereich

Von den insgesamt 2.277 im Jahr 2023 an die NRZS gesandten nicht-humanen Isolaten stammten 757 aus dem Veterinärbereich, hiervon der größte Teil von Geflügel (498 Isolate) (Tabelle 100).

456 Stämme (60,2 %) waren voll empfindlich, 237 (31,3 %) waren gegenüber mindestens 3 Antibiotikaklassen resistent (Tabelle 100).

Die multiresistenten Stämme aus dem Veterinärbereich gehörten vor allem zu den Serotypen *S. Infantis* (187 Stämme) und *S. Typhimurium* (36 Isolate) (Tabelle 102).

Tabelle 100: *Salmonella*-Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2023

	Anzahl
Geflügel:	
Hühner	295
Puten	10
Enten & Gänse	64
Ohne weitere Angaben	129
Andere Tiere: (z. B. Schweine, Rinder, Reptilie)	259
Gesamt	757

Tabelle 101: Anzahl der resistenten *Salmonella*-Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2023

Antibiotikum	<i>S. Enteritidis</i> (n=32)	<i>S. Typhimurium</i> (n=112)	<i>S. Infantis</i> (n=203)	Andere (n=410)	Gesamt (n=757)
Ampicillin (A)	1 3,1 %	43 38,4 %	5 2,5 %	19 4,6 %	68 9 %
Chloramphenicol (C)		3 2,7 %		3 0,7 %	6 0,8 %
Sulfonamide (Su)		66 58,9 %	187 92,1 %	18 4,4 %	271 35,8 %
Tetracyclin (T)		38 33,9 %	191 94,1 %	9 2,2 %	238 31,4 %
Tigecyclin (Tig)			6 3 %	1 0,2 %	7 0,9 %

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=32)	S. Typhimurium (n=112)	S. Infantis (n=203)	Andere (n=410)	Gesamt (n=757)
Trimethoprim (Tm)				12 2,9 %	12 1,6 %
Gentamicin (G)				1 0,2 %	1 0,1 %
Nalidixinsäure (Nx)	2 6,3 %		194 95,6 %	11 2,7 %	207 27,3 %
Ciprofloxacin (Cip) HL			2 1 %	1 0,2 %	3 0,4 %
Ciprofloxacin (Cip) LL	2 6,3 %		192 94,6 %	20 4,9 %	214 28,3 %
Cefotaxim (Ctx)				2 0,5 %	2 0,3 %
Ceftazidim (Caz)				2 0,5 %	2 0,3 %
Meropenem (M)					
Azithromycin (Azm)					
Voll empfindlich	29 90,6 %	43 38,4 %	7 3,4 %	377 92 %	456 60,2 %
Resistent gegenüber einer Antibiotikaklasse	3 9,4 %	27 24,1 %	4 2 %	12 2,9 %	46 6,1 %
Resistent gegenüber zwei Antibiotikaklassen		6 5,4 %	5 2,5 %	7 1,7 %	18 2,4 %
Multiresistent		36 32,1 %	187 92,1 %	14 3,4 %	237 31,3 %

Tabelle 102: Multiresistente *Salmonella*-Serotypen bei Stämmen aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2023

Serotyp	Anzahl MR
S. Infantis	187
S. Typhimurium	36
S. Senftenberg	4

Serotyp	Anzahl MR
S. Coeln	3
S. Rissen	2
S. Kentucky	1
S. Montevideo	1
S. Umbilo	1
S. Yoruba	1
S. I (<i>Salmonella enterica subsp. enterica</i>) Rauform	1
Gesamt	237

Bei Hühnern war *S. Infantis* mit 132 Isolaten der am häufigsten vorkommende Serotyp, 123 Stämme (93,2 %) waren multiresistent (Tabelle 103).

Tabelle 103: *Salmonella*-Isolate von Hühnern, Österreich, 2023

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
S. Infantis	132	2	123	93,2
S. Coeln	32	32		
S. Thompson	27	25		
S. Typhimurium	26	19	5	19,2
S. Mbandaka	14	14		
S. Senftenberg	10	7	3	30
S. Enteritidis	9	8		
S. Montevideo	6	6		
andere	39	30	3	7,7
Gesamt	295	143	134	45,4

Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Lebensmittel

Der überwiegende Anteil der 896 *Salmonella*-Isolate aus Lebensmitteln stammt von Schlachtgeflügel (608 Isolate) (Tabelle 104).

199 (22,2 %) Isolate waren voll empfindlich, 597 (66,6 %) zeigten gegenüber mindestens 3 Antibiotikaklassen eine Resistenz (Tabelle 105).

Die multiresistenten Stämme aus Lebensmitteln gehörten vor allem dem Serotyp *S. Infantis* (537 Isolate) an (Tabelle 106).

Tabelle 104: *Salmonella*-Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2023

	Anzahl
Schlachtgeflügel:	
Hühner	307
Puten	55
Andere/ ohne weitere Angaben	246
Fleisch & Innerein	71
Ei & Eiprodukte	5
Milch & Milchprodukte (inkl. Trockenmilchprodukte)	12
Andere Lebensmittel (z. B. Gewürze, ohne weitere Angaben)	200
Gesamt	896

Tabelle 105: Anzahl der resistenten *Salmonella*-Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2023

Antibiotikum	<i>S. Enteritidis</i> (n=75)	<i>S. Typhimurium</i> (n=30)	<i>S. Infantis</i> (n=573)	Andere (n=218)	Gesamt (n=896)
Ampicillin (A)		19 63,3 %	76 13,3 %	36 16,5 %	131 14,6 %
Chloramphenicol (C)			19 3,3 %		19 2,1 %
Sulfonamide (Su)		19 63,3 %	538 93,9 %	42 19,3 %	599 66,9 %

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=75)	S. Typhimurium (n=30)	S. Infantis (n=573)	Andere (n=218)	Gesamt (n=896)
Tetracyclin (T)		21 70 %	551 96,2 %	38 17,4 %	610 68,1 %
Tigecyclin (Tig)	1 1,3%	7 23,3 %	41 7,2 %	9 4,1 %	58 6,5 %
Trimethoprim (Tm)		2 6,7 %	20 3,5 %	3 1,4 %	25 2,8 %
Gentamicin (G)			15 2,6 %		15 1,7 %
Nalidixinsäure (Nx)	56 74,7 %	2 6,7 %	568 99,1 %	44 20,2 %	670 74,8 %
Ciprofloxacin (Cip) HL			1 0,2 %	3 1,4 %	4 0,4 %
Ciprofloxacin (Cip) LL	56 74,7 %	2 6,7 %	567 99 %	41 18,8 %	666 74,3 %
Cefotaxim (Ctx)			2 0,3 %	2 0,9 %	4 0,4 %
Ceftazidim (Caz)			2 0,3 %	2 0,9 %	4 0,4 %
Meropenem (M)					
Azithromycin (Azm)		5 16,7 %	1 0,2 %		6 0,7 %
Voll empfindlich	19 25,3 %	8 26,7 %	4 0,7 %	168 77,1 %	199 22,2 %
Resistent gegenüber einer Antibiotikaklasse	55 73,3 %	3 10 %	14 2,4 %	5 2,3 %	77 8,6 %
Resistent gegenüber zwei Antibiotikaklassen	1 1,3 %	1 3,3 %	18 3,1 %	3 1,4 %	23 2,6 %
Multiresistent		18 60 %	537 93,7 %	42 19,3 %	597 66,6 %

Tabelle 106: Multiresistente *Salmonella*-Serotypen bei Stämmen aus Lebensmitteln, Österreich, 2023

Serotyp	Anzahl MR
S. Infantis	537

Serotyp	Anzahl MR
S. Newport	33
S. Typhimurium davon monophasisch	18 14
S. Coeln	3
S. I (<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i>) Rauform	3
S. Give	2
S. Kentucky	1
Gesamt	597

Bei Hühnerfleisch war *S. Infantis* mit 227 Isolaten, davon 216 (95,2 %) multiresistent, der am häufigsten vorkommende Serotyp. (Tabelle 107).

Tabelle 107: *Salmonella*-Isolate aus Hühnerfleisch, Österreich, 2023

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
S. Infantis	227		216	95,2
S. Enteritidis	55	4		
S. Newport	11		11	100
S. Kentucky	7	7		
S. Cerro	2			
S. Agona	1	1		
S. Thompson	1	1		
S. Soerenga	1	1		
S. Virchow	1	1		
S. I (<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i>) Rauform	1			
Gesamt	307	15	227	73,9

Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Futtermittel

Bei den insgesamt 92 Isolaten aus dem Futtermittelbereich (Futtermittel, Staubproben aus der Futtermittelerzeugung, Heimtierfutter) war *S. Mbandaka* der am häufigsten nachgewiesene Serotyp (19 Isolate). Es gab 3 multiresistente Isolate, 2 *S. Infantis* sowie ein *S. Typhimurium* - monophasisch (Tabelle 108).

Tabelle 108: Salmonella-Isolate aus Futtermitteln, Österreich, 2023

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
<i>S. Mbandaka</i>	19	19		
<i>S. Muenster</i>	15	14		
<i>S. Anatum</i>	10	7		
<i>S. Menston</i>	8	8		
<i>S. Abony</i>	6	6		
<i>S. Jerusalem</i>	5	5		
<i>S. Derby</i>	4			
<i>S. Infantis</i>	4	1	2	50
<i>S. Tennessee</i>	3	3		
<i>S. Enteritidis</i>	2	2		
<i>S. Havana</i>	2	2		
<i>S. Isangi</i>	2	2		
<i>S. Montevideo</i>	2	2		
<i>S. Rissen</i>	2	2		
<i>S. Senftenberg</i>	2	2		
<i>S. Brandenburg</i>	2			
<i>S. Bredeney</i>	1	1		
<i>S. Coeln</i>	1	1		
<i>S. Taksony</i>	1	1		
<i>S. Typhimurium</i> - monophasisch	1		1	100

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
Gesamt	92	78	3	3,3

Diskussion

Obwohl im Jahr 2023 an der Nationalen Referenzzentrale für Salmonellen (NRZS) eine weitere Zunahme eingesandter humaner Erstisolate um 4,5 % gegenüber dem Vorjahr registriert wurde, ist die Anzahl im Vergleich zu 2019, dem Jahr vor Beginn der SARS-CoV-2-Pandemie, nach wie vor sehr niedrig.

Seit 2002 ist ein Rückgang von mehr als 85 % zu verzeichnen. Diese ausgeprägte Reduktion ist vor allem auf die Geflügelhygiene-Verordnung, die entsprechend den Vorgaben seitens der EU neben anderen Maßnahmen eine verpflichtende Impfung gegen *S. Enteritidis* für alle Legehennen vorsieht, zurückzuführen.

Die Resistenzraten bei humanen *Salmonella*-Stämmen haben sich in Österreich in den letzten Jahren – bedingt durch den starken Rückgang der zumeist voll empfindlichen *S. Enteritidis*-Isolate – deutlich nach oben verschoben (Tabelle 94). Mittlerweile liegen die Resistenzraten gegenüber mehreren Antibiotika (Ampicillin, Sulfonamide, Tetracyclin, Nalidixinsäure, Low-Level Ciprofloxacin) – teilweise deutlich – über 10 %. Der Anteil der multiresistenten Isolate lag bei 12,0 %.

Die Resistenzen gegenüber Ampicillin, Sulfonamiden und Tetracyclin entsprechen dem typischen Resistenzmuster von *S. Typhimurium*. Nalidixinsäure- bzw. Low-Level-Ciprofloxacin-Resistenz finden sich vor allem bei *S. Infantis* und auch bei *S. Enteritidis*.

High-Level-Ciprofloxacin- bzw. 3.-Generations-Cephalosporin-resistente Humanisolate sind in Österreich nach wie vor sehr selten, oft sind diese Stämme auch mit einer Einschleppung aus dem Ausland verbunden.

Die Beurteilung der *Salmonella*-Isolate aus dem Veterinärbereich, aus Lebensmitteln bzw. aus Futtermitteln ist nur eingeschränkt möglich, da oft entsprechende Informationen seitens der Einsender fehlen. Damit ist es auch nicht möglich, Mehrfachisolationen zu erkennen und in der Folge aus den Auswertungen auszuschließen.

Bei *Salmonella*-Stämmen aus Futtermitteln lagen die Resistenzraten 2022 zumeist deutlich unter denen humaner Isolate. Im Gegensatz dazu liegen die Resistenzraten bei *Salmonella*-Isolaten aus dem Veterinärbereich und aus Lebensmitteln deutlich höher als bei humanen *Salmonella*-Stämmen. Dies ist vor allem auf das gehäufte Auftreten von *S. Infantis*-Isolaten mit dem typischen Resistenzmuster SuTNxCip(LL) zurückzuführen. Für den humanen Bereich spielt dieser Serotyp zahlenmäßig nach wie vor nur eine untergeordnete Rolle (humane Isolate 2023: 62). Seit einigen Jahren wird aber auch hier zunehmend die voll empfindliche Variante von *S. Infantis* verdrängt (2009: 40x voll empfindlich, 6x SSuTNx; 2023: 17x voll empfindlich, 40x zumindest SuTNxCip(LL)).

Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Salmonellen dankt allen einsendenden Laboratorien sowie allen Ärzt:innen und Behörden für die gute Zusammenarbeit.

Resistenzbericht Yersinien

Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Yersinien

Ansprechperson/Autorin

Dr.ⁱⁿ Shiva Pekard-Amenitsch

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Beethovenstraße 6
8010 Graz
E-Mail: shiva.pekard-amenitsch@ages.at

Reviewer

Dr. Christian Kornschöber

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Beethovenstraße 6
8010 Graz

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung 225

Abstract 225

Methoden 225

Ergebnisse 226

Antibiotikaresistenz..... 227

Diskussion..... 228

Danksagung 228

Referenzen 228

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 wurden 192 humane Erstisolate an die Nationale Referenzzentrale für Yersinien gesandt. Von den Stämmen konnten 100 als pathogene und 92 als apathogene Isolate identifiziert werden. Bei den pathogenen Isolaten wurden 98 Stämme als *Y. enterocolitica* identifiziert, in 2 Fällen wurde *Y. pseudotuberculosis* nachgewiesen. Die Inzidenz der durch die Referenzzentrale kulturell bestätigten Fälle lag im Jahr 2023 bei 1,09 pro 100.000 EW. Das Resistenzverhalten der pathogenen Yersinien zeigte keine Auffälligkeiten – 34 *Y. enterocolitica*-Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure, 2 Isolate gegenüber Tetracyclinen und 2 gegenüber Co-Trimoxazol.

Abstract

In 2023, the Austrian National Reference Centre for Yersinia examined 192 isolates of *Yersinia* spp. Of these isolates, 100 were pathogenic, 92 were non-pathogenic. Among the pathogenic isolates 98 belonged to *Yersinia enterocolitica* and two strains to *Y. pseudotuberculosis*. In 2023, the incidence rate for cases confirmed by the National Reference Centre was 1.09 per 100,000 inhabitants. In vitro susceptibility testing revealed no abnormalities – thirty-four *Y. enterocolitica* isolates showed resistance to amoxicillin/clavulanic acid, two against tetracyclines and two resistance against cotrimoxazole.

Methoden

Seit 01.01.2011 befindet sich die Nationale Referenzzentrale für Yersinien (NRZY) am Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz der Österreichischen Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES).

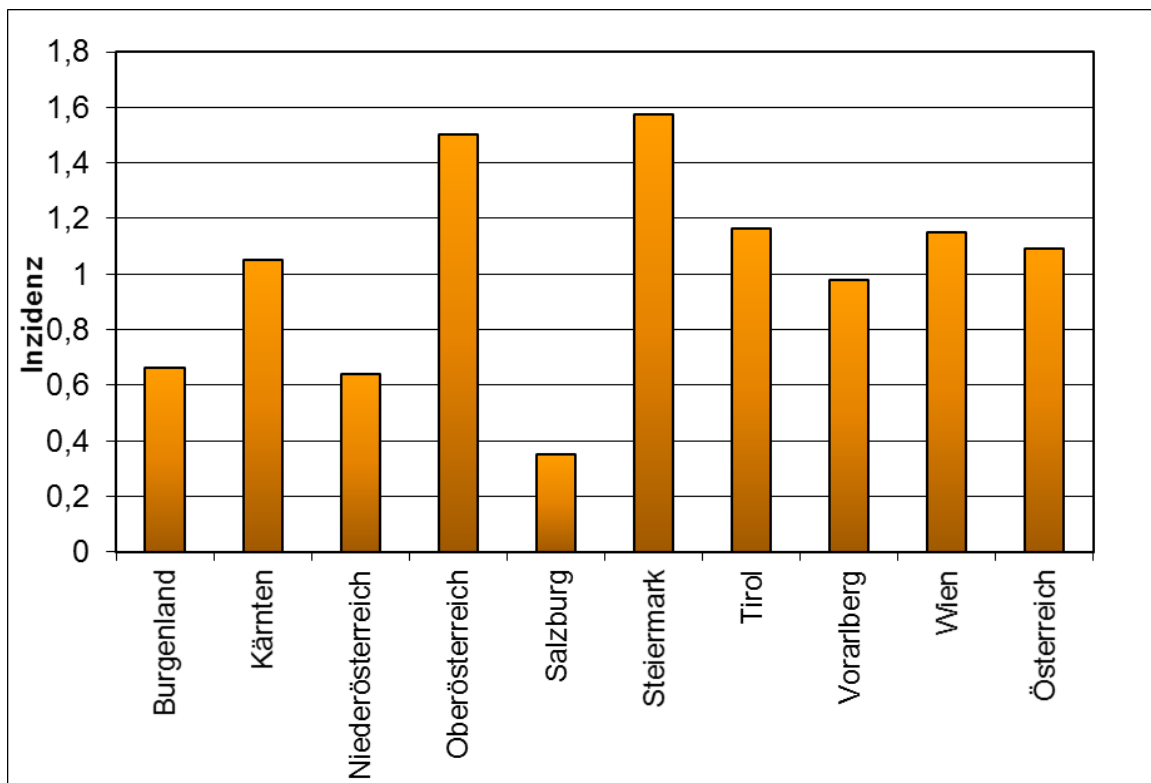
Von österreichischen mikrobiologischen Laboratorien werden verdächtige Bakterienisolate an die Nationale Referenzzentrale für Yersinien zur biochemischen Identifizierung, Biotypisierung und Serotypisierung sowie zum Nachweis phänotypischer Pathogenitätsmerkmale (Autoagglutinationstest) gesandt.

In der Nationalen Referenzzentrale für Yersinien wird bei allen Isolaten eine Antibiotikaresistenzprüfung mittels Agardiffusions-Tests durchgeführt. Die Beurteilung des Resistenzverhalten von Ampicillin, Amoxicillin/Clavulansäure, Cefotaxim, Gentamicin, Ciprofloxacin und Co-Trimoxazol erfolgt entsprechend den EUCAST-Vorgaben für *Enterobacterales*, bei Tetracyclin kommen die Vorgaben von CLSI (Clinical and Laboratory Standards Institute) zur Anwendung [1; 2]. Da die Auswahl der getesteten Antibiotika nach epidemiologischen und nicht nach klinisch-therapeutischen Gesichtspunkten erfolgt, werden bei der Beurteilung die EUCAST Expert Rules (bei *Yersinia enterocolitica* intrinsische Resistenz gegenüber Ampicillin und Amoxicillin/Clavulansäure) nicht berücksichtigt [3].

Ergebnisse

Die Nationale Referenzzentrale für Yersinien (NRZY) untersuchte im Jahr 2023 192 Humanisolate. Davon konnten 100 als pathogene und 92 als apathogene Isolate identifiziert werden. Von den pathogenen Isolaten wurden 98 Stämme als *Y. enterocolitica* identifiziert, in 2 Fällen wurde *Y. pseudotuberculosis* nachgewiesen. Die Inzidenz der pathogenen Erstisolate pro Bundesland ist in Abbildung 70 dargestellt.

Abbildung 70: Inzidenz der pathogenen Erstisolate pro Bundesland, Österreich, 2023, Nationale Referenzzentrale für Yersinien (NRZY)



Antibiotikaresistenz

Die Nationale Referenzzentrale für Yersinien führt bei allen Isolaten eine Antibiotikaresistenzprüfung (Agardiffusion) nach Vorgaben von EUCAST bzw. CLSI mit folgenden Antibiotika durch: Ampicillin, Amoxicillin / Clavulansäure, Cefotaxim, Gentamicin, Ciprofloxacin, Tetracyclin und Co-Trimoxazol.

Die *Y. pseudotuberculosis*-Isolate waren gegenüber allen getesteten Antibiotika empfindlich. Bei allen pathogenen *Yersinia enterocolitica*-Isolaten war Ampicillin unwirksam. 34 Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure. Das Resistenzverhalten der pathogenen *Yersinia enterocolitica*-Isolate ist in Tabelle 109 dargestellt.

Tabelle 109: Anzahl der gegenüber einem Antibiotikum resistenten pathogenen *Yersinia enterocolitica*-Isolate, aufgeschlüsselt nach Serovar und Biovar, Österreich, 2023, Nationale Referenzzentrale für Yersinien

Serovar	Biovar	AMP	AMC	CTX	CN	CIP	TE	SXT
O:3	4	64					2	2
O:9	2	34	34					

Amoxicillin/Clavulansäure (AMC), Cefotaxim (CTX), Gentamicin (CN), Ciprofloxacin (CIP), Tetracyclin (TE), Co-Trimoxazol (SXT)

Diskussion

Bei allen pathogenen *Y. enterocolitica*-Isolaten konnte eine Resistenz gegenüber Ampicillin gezeigt werden. 34 Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure. Die *Y. pseudotuberculosis*-Isolate waren voll empfindlich. Es gab keine multiresistenten Stämme (definiert als Resistenz gegenüber 4 oder mehr Antibiotika).

Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Yersinien dankt allen einsendenden Laboratorien sowie den beteiligten Behörden und Ärzt:innen für die gute Zusammenarbeit.

Referenzen

[1] CLSI. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 33rd ed. CLSI supplement M100. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2023.

[2] European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST), Breakpoint tables of interpretation of MICs and zone diameters.

[3] European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST), Expert rules and intrinsic resistance.

Resistenzbericht Tuberkulose

Ansprechpersonen/Autor:innen

Dr.ⁱⁿ Fiona Költringer

Dr. Florian Heger

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES)

Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien

Währinger Straße 25a

A-1090 Wien

Telefon: 050 555 37111

Fax: 050 555 37109

E-Mail: fiona.koeltringer@ages.at, florian.heger@ages.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	231
Abstract	231
Einleitung	232
Methodik	233
Ergebnisse	235
Diskussion	237
Referenzen	238

Zusammenfassung

Die Verbreitung resistenter *Mycobacterium tuberculosis complex* (MTC)-Stämme, insbesondere jener mit Resistenzen gegenüber Erstlinien-Therapeutika, stellt weltweit eine Herausforderung in der effektiven Behandlung der Tuberkulose dar und ist ein wichtiger Faktor, der zur Ausbreitung der Erkrankung beiträgt. Die Surveillance resistenter MTC erfolgt in Österreich nach dem Tuberkulosegesetz über das elektronische Meldesystem entsprechend dem europäischen Reporting-Protokoll für Tuberkulose. Die Resistenzbestimmungen der kulturbestätigten Fälle werden an der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose durchgeführt. Im Jahr 2023 wurden in Österreich insgesamt 7 Fälle (2,19 %) einer multiresistenten Tuberkulose (MDR-TB) und 2 Fälle (0,02 %) einer prä-extremresistenten Tuberkulose (Prä-XDR-TB) an der Nationalen Referenzzentrale bestätigt. Die Gesamtinzidenz für MDR-TB betrug 2023 in Österreich 0,08 pro 100.000 EW und für prä-XDR-TB 0,02 pro 100.000 EW. Im Jahr 2023 wurde kein Fall einer Rifampicin-resistenten (RR) TB registriert. 85,7 % respektive 100 % der MDR/prä-XDR-Fälle entfielen im Jahr 2023 anteilmäßig auf die Nicht-Nativbevölkerung Österreichs. Seit dem Jahr 2021 kam es in Österreich zu einer Zunahme von MDR-TB-Fällen gegenüber 2019 und 2020, in denen es aufgrund pandemiebedingter Einschränkungen zu einem deutlichen Rückgang der Meldungen gekommen ist. Die Anzahl der registrierten MDR-TB-Fälle liegt jedoch weiterhin deutlich unter dem präpandemischen Niveau. Der Eintrag von MDR-TB nach Österreich dürfte anhand der gemeldeten Geburtsländer primär in Zusammenhang mit Flucht- und Migrationsbewegungen aus Ostafrika und Osteuropa stehen. Ein Großteil der MDR-TB-Isolate war 2023 phylogenetisch der Linie 2 (Peking) zuzuordnen.

Abstract

The spread of resistant *Mycobacterium tuberculosis complex* (MTC) strains, particularly those resistant to first-line therapeutics, poses a global challenge to the effective treatment of tuberculosis and is a significant driver of the dissemination of the disease. Surveillance of resistant MTC in Austria is conducted according to the national TB Act through an electronic reporting system, in line with the European Tuberculosis reporting protocol. The resistance testing of culture-confirmed cases is performed at the National Reference Center for Tuberculosis. In 2023, a total of seven cases (2.5%) of multidrug-resistant tuberculosis (MDR-TB) and one case (0.02%) of pre-extensively drug-resistant tuberculosis (pre-XDR-TB) were confirmed by the National Reference Center. The overall

incidence of MDR-TB in Austria in 2023 was 0.08 per 100,000 inhabitants, and for pre-XDR-TB, it was 0.02 per 100,000 inhabitants. No cases of rifampicin-resistant (RR) TB were recorded in 2023. In 2023, 85.7% and 100% of the MDR/pre-XDR cases, respectively, were attributed to the non-native population of Austria. Since 2021, there has been an increase in MDR-TB cases in Austria compared to 2019 and 2020, during which due to pandemic-related restrictions a significant decline in reported cases was recorded. However, the number of registered MDR-TB cases remains significantly below pre-pandemic levels. According to the reported countries of birth of cases, the import of MDR-TB into Austria is primarily associated with migration movements from East Africa and Eastern Europe. A significant portion of the MDR-TB isolates in 2023 were phylogenetically assigned to lineage 2 (Beijing).

Einleitung

Als Erreger der Tuberkulose (TB) gelten die im *Mycobacterium* (M.) *tuberculosis complex* (MTC) zusammengefassten, genetisch nahe miteinander verwandten Mykobakterien-Spezies *M. tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. caprae*, *M. canettii*, *M. microti*, *M. mungi*, *M. oryngis* und *M. pinnipedii* (1-3). Spezifische Eigenschaften von Mykobakterien können die Entwicklung von antimikrobiellen Resistenzen begünstigen. Einerseits bedingt die Zusammensetzung der Erregerhülle eine hohe Resistenz gegenüber Umwelteinflüssen und erfordert eine langfristige Kombinationstherapie aus verschiedenen Wirkstoffen zur erfolgreichen Behandlung (1). Andererseits verzögert das langsame Kulturwachstum der Erreger eine präzise Resistenzbestimmung, die für eine dem Erreger angepasste, wirksame Therapie notwendig ist (1).

Die Standardtherapie einer pansensiblen Tuberkulose setzt sich aus einem Einnahmeschema von Rifampicin, Isoniazid, Ethambutol und Pyrazinamid über eine empfohlene Dauer von insgesamt 6 Monaten zusammen (4). Das Ausweichen auf Zweitlinien-Therapeutika kann mit einer verlängerten Therapiedauer sowie dem vermehrten Auftreten von Nebenwirkungen einhergehen und den Therapieerfolg herabsetzen (5). Resistente MTC-Stämme, insbesondere jene mit Resistenzen gegenüber Erstlinien-Therapeutika, stellen somit weltweit eine Herausforderung in der effektiven Behandlung der Tuberkulose dar und sind ein wichtiger Faktor, der zur Ausbreitung der Erkrankung beiträgt (5).

Klassifiziert werden resistente Tuberkulosefälle anhand definierter Resistenzkonstellationen gegenüber den wichtigsten Antituberkulotika. Erreger, die eine Resistenz gegenüber Rifampicin aufweisen, werden allgemein als Rifampicin-resistent (RR-TB) und bei zusätzlichem Vorliegen einer Resistenz gegenüber Isoniazid als multi-drug resistant (MDR-TB) bezeichnet (5). Liegen neben einer Resistenz gegenüber Rifampicin und Isoniazid weitere Resistenzen gegen Zweitlinien-Therapeutika vor, werden Fälle in extreme-drug resistant (XDR-TB) und prä-XDR-TB eingeteilt (Tabelle 110.) (5).

Das Auftreten von resistenter Tuberkulose unterscheidet sich regional erheblich. Ein Großteil der weltweiten RR/MDR-Tuberkuloseinzidenz entfällt auf zehn Länder, rund 40 % davon auf die WHO-Region Südostasien (6). In der Europäischen Union (EU) kam es zwischen 2016 und 2020 bei allen Neuerkrankungen an pulmonaler TB zu einer Zunahme des Anteils der Rifampicin-Resistenz von 2,5 % auf 3,3 % (7). Die durchschnittliche Inzidenz von RR/MDR-TB in der EU lag 2020 bei 3,2 pro 100.000 EW und damit unter dem prä-pandemischen Niveau (7).

Methodik

Für den vorliegenden Bericht wurden die Daten der nationalen Tuberkulose Surveillance in Österreich im Zeitraum von 2013 bis 2023 sowie der Labordatenbank der Nationalen Referenzzentrale herangezogen und ausgewertet. Die Daten basieren auf den nach dem österreichischem Tuberkulose-Gesetz gemeldeten Fällen (8). Die Meldung erfolgt entsprechend dem europäischen Reporting-Protokoll für Tuberkulose über das elektronische Meldesystem (EMS), in dem die Fälle anhand der geltenden EU-Falldefinitionen klassifiziert werden.

Der Datensatz enthält zu jedem Fall demografische Daten (Geschlecht, Alter, Bundesland des Wohnortes, Geburtsland, Sozialstatus Asylwerber:in, Einreisejahr), Organbeteiligung, Labordiagnostik (mikroskopische, kulturelle, histologische oder molekularbiologische Untersuchung) der klinischen Manifestation und In vitro-Empfindlichkeit gegenüber Antituberkulotika. Die phänotypischen und ggf. genotypischen Resistenzbestimmungen der kulturbestätigten Fälle stammen von der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose. Im folgenden Bericht werden ausschließlich die Daten über vorliegende Resistenzen bei Erstmeldung im EMS abgehandelt.

Die im Bericht verwendeten Definitionen für RR-, MDR- und XDR-TB für die Fälle der Jahre 2013 bis 2022 entsprechen der Auflistung in Tabelle 110. Die seit 2020 gültigen Falldefinitionen der WHO für prä-XDR und XDR (Tabelle 111) konnten für die Auswertung der historischen Daten des vorliegenden Berichtes keine Anwendung finden, da Resistenzprüfungen gegenüber Levofloxacin, Bedaquilin, Clofazimin und Delamanid bis 05.09.2023 im EMS nicht erfasst wurden [5]. Für die Fälle des Jahres 2023, für die keine entsprechenden Daten zur Auswertung im EMS vorlagen, erfolgte eine Ergänzung der fehlenden Resistenzergebnisse aus dem Datensatz der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose und eine Klassifizierung entsprechend der aktualisierten Falldefinitionen.

Tabelle 110: Verwendete WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose 2013 bis 2022.

Rifampicin Resistance (RR)	Vorliegen einer Monoresistenz gegenüber Rifampicin oder einer Polyresistenz mit Resistenz gegenüber Rifampicin bei nicht gleichzeitigem Vorliegen einer Resistenz gegenüber Isoniazid
Multi-drug Resistance (MDR)	Gleichzeitige Resistenz gegenüber Isoniazid und Rifampicin sowie ggf. gegenüber weiteren Antituberkulotika der ersten Wahl
Extreme-drug Resistance (XDR)	MDR mit zusätzlichen Resistenzen gegenüber mindestens einem der Fluorchinolone und einem der drei injizierbaren Zweitrang-Antituberkulotika Amikacin, Kanamycin und Capreomycin

Tabelle 111: Verwendete WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose ab 2023.

Rifampicin Resistance (RR)	Vorliegen einer Monoresistenz gegenüber Rifampicin oder einer Polyresistenz mit Resistenz gegenüber Rifampicin bei nicht gleichzeitigem Vorliegen einer Resistenz gegenüber Isoniazid
Multi-drug Resistance (MDR)	Gleichzeitige Resistenz gegenüber Isoniazid und Rifampicin sowie ggf. gegenüber weiteren Antituberkulotika der ersten Wahl
Pre-extreme-drug Resistance (pre-XDR)	MDR mit zusätzlichen Resistenzen gegenüber mindestens einem der Fluorchinolone (Moxifloxacin, Levofloxacin)

Extreme-drug Resistance (XDR)	MDR mit zusätzlichen Resistenzen gegenüber mindestens einem der Fluorchinolone (Moxifloxacin, Levofloxacin) und zumindest einem weiteren Medikament der Gruppe A (Bedaquilin, Linezolid)

Ergebnisse

Angaben zur Mykobakterien-Resistenz waren für 320 der 421 (85,7 %) gemeldeten TB-Fälle des Jahres 2023 vorhanden. Es wurden insgesamt 7 Fälle (2,19 %) einer MDR-TB und 2 Fälle (0,62 %) einer prä-XDR-TB an der Nationalen Referenzzentrale bestätigt. Im Jahr 2023 wurde in Österreich kein Fall einer RR-TB oder XDR-TB nachgewiesen.

Die Gesamtinzidenz für MDR-TB betrug 2023 in Österreich 0,08 pro 100.000 EW und für prä-XDR-TB 0,02 pro 100.000 EW. Die Fallzahlen und die jeweiligen Prozentanteile nach Nativ- und Nicht-Nativbevölkerung sind in Tabelle 112 dargestellt. Tabelle 113 listet die häufigsten Geburtsländer der in Österreich registrierten MDR-TB-Fälle auf.

Tabelle 112: Anzahl der Fälle und Prozentanteil von MDR/XDR-TB nach Geburtsland (Nativ- und Nicht-Nativbevölkerung) im Jahr 2023¹.

	Nativbevölkerung		Nicht-Nativbevölkerung	
	n	%	n	%
MDR-TB	1	14,3	6	85,7
Prä-XDR-TB	0	0	2	100

¹Die Bezeichnung Nativbevölkerung wird hier für österreichische Einwohner:innen mit Geburtsland Österreich verwendet. Die Nicht-Nativbevölkerung Österreichs bezeichnet österreichischen Einwohner:innen, die in einem anderen Land geboren wurden.

Tabelle 113: Anzahl der gemeldeten MDR-TB- und prä-XDR-TB-Fälle nach Häufigkeit pro Geburtsland im Jahr 2023

Geburtsland	MDR-TB	prä-XDR-TB
Somalia	3	-
Ukraine	1	2
Georgien	1	-
Moldau, Republik	1	-
Österreich	1	-

Abbildung 71: Jährliche Anzahl der registrierten RR/MDR/XDR-TB-Fälle sowie die Entwicklung der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz von 2013 bis 2022, jeweils noch nach alter Resistenzdefinition.

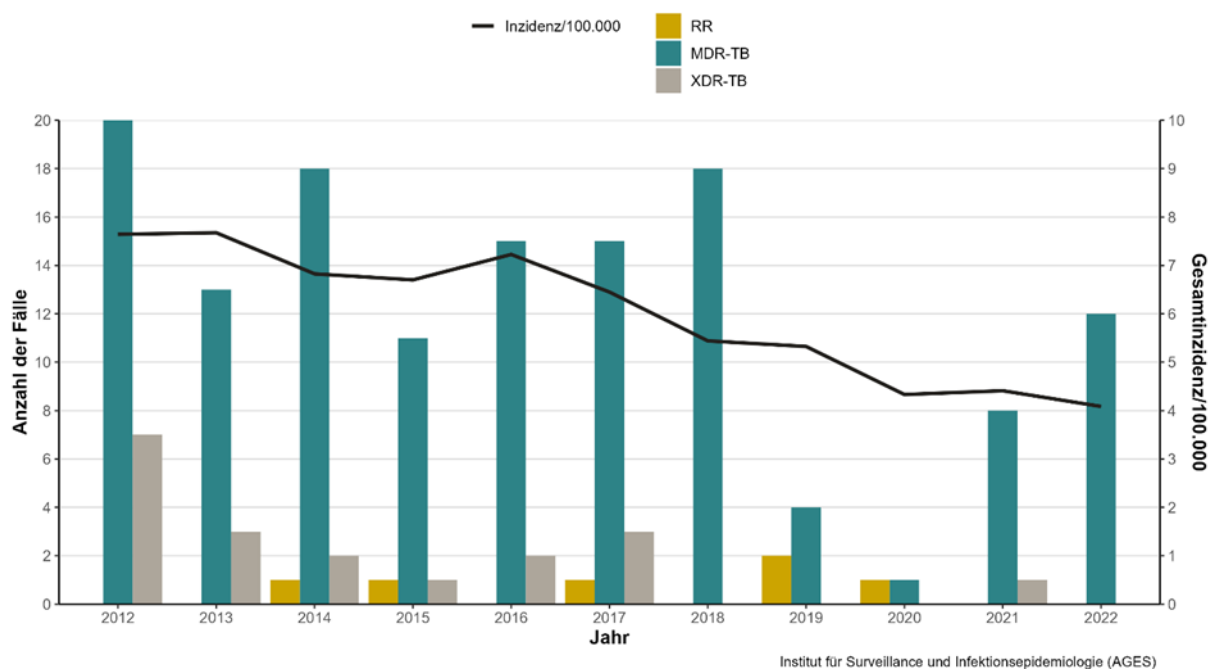
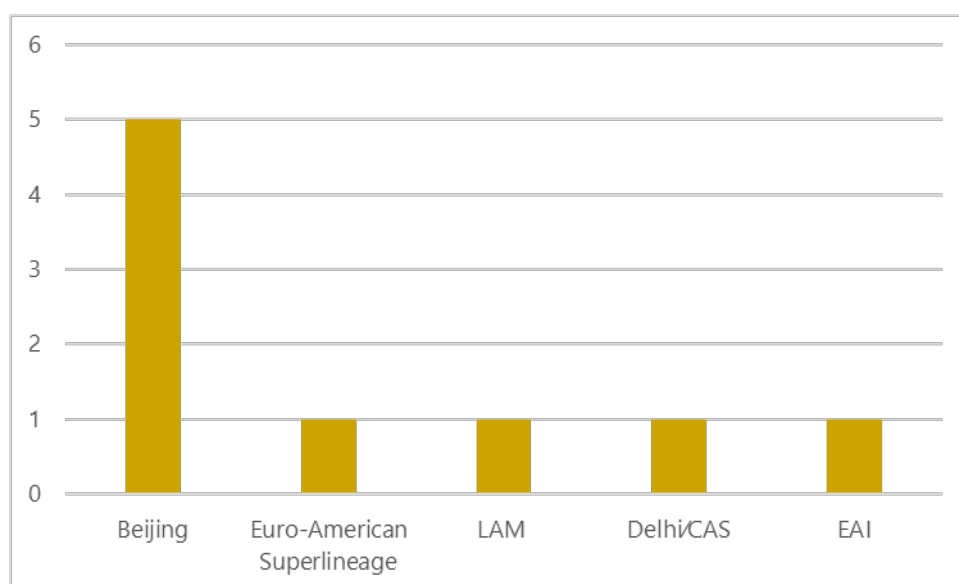


Abbildung 71 stellt den Trend der jährlichen Anzahl von RR-, MDR- und XDR TB-Fällen (nach alter Resistenzdefinition) in Bezug zur Entwicklung der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz in Österreich im Zeitraum 2013–2022 dar. 2022 zeigte sich weiterhin ein Anstieg der registrierten MDR-TB-Fälle im Vergleich zum Vorjahr, wobei insgesamt die Anzahl der

registrierten Fälle das präpandemische Niveau noch nicht wieder erreicht haben. Die Anzahl der gemeldeten RR- und XDR-TB- (nach alter Definition) Fälle blieb über den Zeitraum 2013–2022 auf niedrigem Niveau stabil. Im Vergleich dazu bildet die im Verlauf dieses Zeitraumes stetig rückläufige Gesamt-Tuberkuloseinzidenz die Entwicklung der registrierten Anzahl von RR-, XDR- und MDR-TB-Fällen nicht ab. 2023 war eine leichte Zunahme der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz auf 4,6 pro 100.000 EW im Vergleich zum Vorjahr zu verzeichnen. 2023 wurden um 41,67 % weniger MDR-Fälle in Österreich nachgewiesen als im Vorjahr. Allerdings ist ein Vergleich aufgrund der abgeänderten Falldefinitionen nur eingeschränkt möglich. Insgesamt wurde ein Rückgang der Gesamtanzahl von nachgewiesenen Fällen aller Resistenzformen der Tuberkulose verzeichnet. Abbildung 72 stellt die phylogenetische Verteilung der 2023 nachgewiesenen Tuberkulosefälle dar, welche ein Resistenzmuster aufwiesen.

Abbildung 72: Zuordnung der Fälle von MDR-TB und prä-XDR TB aus dem Jahr 2023 zu phylogenetischen Linien.



Diskussion

Aufgrund der COVID-19-Pandemie kam es weltweit zu einem drastischen Einbruch der gemeldeten Tuberkulose-Neuinfektionen um rund 18 %. Dabei wird dieser Einbruch unter anderem auf einen Rückgang der Neudiagnosen (z. B. aufgrund von ausbleibenden Arztbesuchen und bestehenden Absonderungsmaßnahmen) und nicht auf einen Rückgang

der eigentlichen Inzidenz zurückgeführt. Als Folge davon ist in den Folgejahren mit einem Anstieg der nicht diagnostizierten und folglich unbehandelten Tuberkuloseerkrankungen zu rechnen. Dieser Umstand liegt in der Zeitverzögerung zwischen Infektion und Fortschreiten der Erkrankung bis hin zur Diagnosestellung begründet (9). Die erstmalig seit 2016 festgestellte leichte Zunahme der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz in Österreich im Jahr 2023 (vgl. Abbildung 71) kann mitunter auf die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie auf die TB-Versorgung zurückzuführen sein. Noch nicht abgeschätzt werden kann, wie sich Verhaltensänderungen (z. B. Tragen von Masken, Kontaktbeschränkungen etc.) auf eine Reduktion der TB-Übertragung ausgewirkt haben könnten (9). Auch die deutliche Zunahme von MDR-TB-Fällen seit dem Jahr 2021 im Vergleich zu den Pandemie Jahren 2019 und 2020 kann in pandemiebedingten, eingeschränkten Migrationsbewegungen aufgrund strenger Einreisekontrollen sowie der postpandemischen Zunahme ebendieser begründet liegen. Die Anzahl der registrierten MDR-TB-Fälle liegt dabei aber deutlich unter dem präpandemischen Niveau, wobei hier ein Anstieg in den Folgejahren aufgrund der bereits erwähnten nicht diagnostizierten Fälle noch nicht ausgeschlossen werden kann. Hinsichtlich des Eintrags von MDR-TB nach Österreich sind hier primär Fluchtbewegungen aus Ostafrika (Somalia) auf der einen Seite und Flucht- und Migrationsbewegungen aus Osteuropa (Ukraine, Georgien, Moldau) auf der anderen Seite zu nennen. Ein Großteil der MDR-TB-Isolate ist dabei der phylogenetischen Linie 2 (Peking) zuzuordnen (vgl. Abbildung 72). Diese vor allem in Asien und Osteuropa verbreitete Sublinie des *Mycobacterium tuberculosis*-Komplex gilt als hochvirulent, ist mit einer schnellen Krankheitsprogression assoziiert und wird aufgrund ihres Mutationspotenziales und ihrer höheren Übertragungsrate global als Treiber der MDR-Inzidenz betrachtet (10, 11). Der Überwachung der weiteren Verbreitung dieser Linie gilt es daher in Zukunft besondere Aufmerksamkeit zukommen zu lassen.

Referenzen

[1] Kirschner P.: Mykobakterien. In: Spektrum der Infektionskrankheiten. H. Mittermayer und F. Allerberger (Hrsg.) Spitta Verlag, Balingen, 2006, S. 508–517.]

[2] Aranaz A., Cousins D., Mateos A., Dominguez L. (2003) Elevation of *Mycobacterium tuberculosis* subsp. *caprae* Aranaz et al. 1999 to species rank as *Mycobacterium caprae* comb. nov., sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 53: 1785–1789.

- [3] Prodinger W.M., Brandstätter A., Naumann L., Pacciarini M., Kubica T., Boschirolì M.L., Aranaz A., Nagy G., Cvetnic Z., Ocepek M., Skrypnik A., Erler W., Niemann S., Pavlik I., Moser I. (2005) Characterization of *Mycobacterium caprae* Isolates from Europe by *Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit* Genotyping. *J Clin Microb.* 43: 4984–4992.
- [4] WHO consolidated guidelines on tuberculosis. Module 4: treatment - drug-susceptible tuberculosis treatment. Geneva: World Health Organization; 2022. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- [5] WHO consolidated guidelines on drug-resistant tuberculosis treatment. Geneva: World Health Organization; 2019. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- [6] Global tuberculosis report 2023. Geneva: World Health Organization; 2023. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- [7] European Centre for Disease Prevention and Control, WHO Regional Office for Europe. Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2023 – 2021 data. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control and Copenhagen: WHO Regional Office for Europe. 2023.
- [8] Bundesgesetz zur Bekämpfung der Tuberkulose (Tuberkulosegesetz), 1968.
- [9] Organisation WH. Global tuberculosis report 2022. Genf; 2022.
- [10] Phyu AN, Aung ST, Palittapongarnpim P, Htet KKK, Mahasirimongkol S, Aung HL, et al. Distribution of *Mycobacterium tuberculosis* Lineages and Drug Resistance in Upper Myanmar. *Trop Med Infect Dis.* 2022;7(12).
- [11] Rutaiwa LK, Menardo F, Stucki D, Gygli SM, Ley SD, Malla B, et al. Multiple Introductions of *Mycobacterium tuberculosis* Lineage 2–Beijing Into Africa Over Centuries. *Frontiers in Ecology and Evolution.* 2019;7.

Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2023

Eine Aktivität der AGES – Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit; Fachbereich
Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik

Ansprechpersonen/Autor:innen

Univ.-Doz. DI Dr. Klemens Fuchs

Mag. Reinhard Fuchs

DI Karin Manner

Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit

Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik

Zinzendorfsgasse 27

8010 Graz

E-Mail: ab-mengenstrom@ages.at

Reviewer

Mag. Florian Fellingner

Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz

Abteilung III/B/15, Zoonosen, Tierarzneimittelanwendung sowie Koordination der
internationalen Angelegenheiten des Fachbereiches

Radetzkystraße 2

1030 Wien

E-Mail: florian.fellinger@gesundheitsministerium.gv.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung 242

Abstract 242

Einleitung 243

Methodik 244

Ergebnisse 244

Gesamtergebnisse 244

Antibiotika zur systemischen Anwendung 247

Antibiotika zur intramammären Anwendung 248

Antibiotika zur intestinalen Anwendung 249

Antibiotika zur intrauterinen Anwendung 250

Diskussion 250

Danksagung 251

Referenzen 252

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 wurden in Österreich 32,54 Tonnen antimikrobiell wirksame Substanzen zur Behandlung von Nutztieren von pharmazeutischen Unternehmen und Pharmagroßhändlern in Verkehr gebracht. Die Verkaufsmenge war um 1,72 Tonnen (-5 %) niedriger als im Jahr 2022.

Der Großteil der Wirkstoffmenge (über 90 %) wurde über Antibiotika zur systemischen Anwendung (ATCvet Code QJ01) verkauft, wobei systemische Anwendungen sowohl als parenterale als auch als orale Verabreichung erfolgen können. Rund die Hälfte der zur systemischen Behandlung vorgesehenen Antibiotika entfiel 2023 auf die Wirkstoffgruppe der Tetracykline, gefolgt von der Wirkstoffgruppe der Penicilline mit erweitertem Spektrum, den Sulfonamiden und den Makroliden.

Die oral anzuwendenden Präparate – diese umfassen Pulver, Lösungen, Tabletten und Pasten – liegen mit rund 80 % auch 2023 weit vor den anderen Anwendungsformen. Die parenteral anzuwendenden Präparate liegen mit rund 15 % an zweiter Stelle, gefolgt von den intramammär anzuwendenden Präparaten mit rund 3 %.

Bei der Gesamtmenge der Wirkstoffgruppen, welche laut WHO zu den „Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA)“ zählen, hat es im Jahr 2023 eine Abnahme um 8 % auf 4 Tonnen gegeben. Der Anteil der HPCIA an der Gesamtmenge der verkauften Antibiotika ist über die letzten Jahre relativ konstant geblieben und liegt bei 12 bis 13 %.

Abstract

In 2023, the total sales of active ingredients of antimicrobial agents in Austria for livestock equalled 32.54 tons and decreased by 1.72 tons (-5%) compared to 2022.

The majority of veterinary antimicrobials (approximately 90%) was sold for systemic use, which may take the form of parenteral or oral administration. Within the group for systematic use more than half were tetracyclines, followed by penicillins with extended spectrum, sulfonamides and macrolides.

Oral preparations – this group includes oral powders, oral solutions, tablets and oral paste – are with about 80% still the most sold application form. Parenteral preparations are on second place with roughly 15%, followed by intramammary preparations with 3%.

Within the group, which, according to the WHO, are the “Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA)“, there was a decrease of 8% to 4 tons. The share in total amount of sold antibiotics has remained relatively constant at 12% to 13% over the years.

Einleitung

Das bisherige Projekt der Europäischen Arzneimittel-Agentur (European Medicines Agency, EMA) „European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (ESVAC)“ wurde Ende 2023 formal abgeschlossen. Alle EU/EEA-Staaten müssen ab 2024 ihre Daten über den Vertrieb und die Anwendung von antimikrobiell wirksamen Substanzen gemäß den Vorgaben der Verordnung (EU) 2019/6 und der „Delegierte Verordnung (EU) 2021/578“ melden.

In Österreich bietet die Veterinär-Antibiotika-Mengenströme-VO (BGBl. II Nr. 83/2014, zuletzt geändert durch BGBl. II Nr. 127/2022) die rechtliche Basis für ein System zur Erfassung des Vertriebs und Verbrauchs von Antibiotika im Veterinärbereich. Die AGES ist vom Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz mit der Durchführung der Datenerhebung betraut.

Im vorliegenden Bericht werden die Mengen antimikrobieller Wirkstoffe, die im Jahr 2023 im Nutztierbereich in Österreich vertrieben wurden, präsentiert und mit den Vertriebsmengen der Jahre 2019–2022 verglichen. Nach den Anstiegen in den Jahren 2018 und 2020 sind die Verkaufsmengen der Jahre 2021 bis 2023 unter den Durchschnitt der letzten Jahre gesunken. Im Jahr 2023 ist die bisher niedrigste Verkaufsmenge von antimikrobiell wirksamen Substanzen für Nutztiere seit Beginn der Datenerhebung zu beobachten.

Methodik

Die Vertriebsmengen von in Österreich zugelassenen Tierarzneispezialitäten, die antimikrobielle Wirkstoffe enthalten, werden von den pharmazeutischen Unternehmen und Pharmagroßhändlern elektronisch über die Homepage der Medizinmarktaufsicht der AGES in eine Datenbank (eService Veterinär Antibiotika Mengenstromanalyse) an die AGES gemeldet. Aus diesen Daten wird die insgesamt vertriebene Menge an Wirksubstanzen in Tonnen berechnet.

Zur Klassifikation der Wirksubstanzen wird in Analogie zu dem in der Humanmedizin verwendeten ATC-System das ATCvet-System herangezogen. Für Antibiotika, deren Aktivität in internationalen Einheiten angegeben ist, wurden von der EMA Umrechnungsfaktoren bereitgestellt [2].

Die Vertriebsdaten wurden bei pharmazeutischen Firmen, die Veterinärarzneimittel erzeugen oder importieren, bzw. Pharmagroßhändlern erhoben. Der Datensatz umfasst die Gesamtmenge der in Österreich offiziell vertriebenen Tierarzneimittel mit antimikrobiellen Wirkstoffen für Nutztiere.

Ergebnisse

Gesamtergebnisse

Im Jahr 2023 wurden in Österreich 32,54 Tonnen an antimikrobiellen Wirkstoffen verkauft. Im Vergleich zum Jahr 2022 kam es zu einer Abnahme der verkauften Gesamtmenge um 1,72 Tonnen (siehe Tabelle 114).

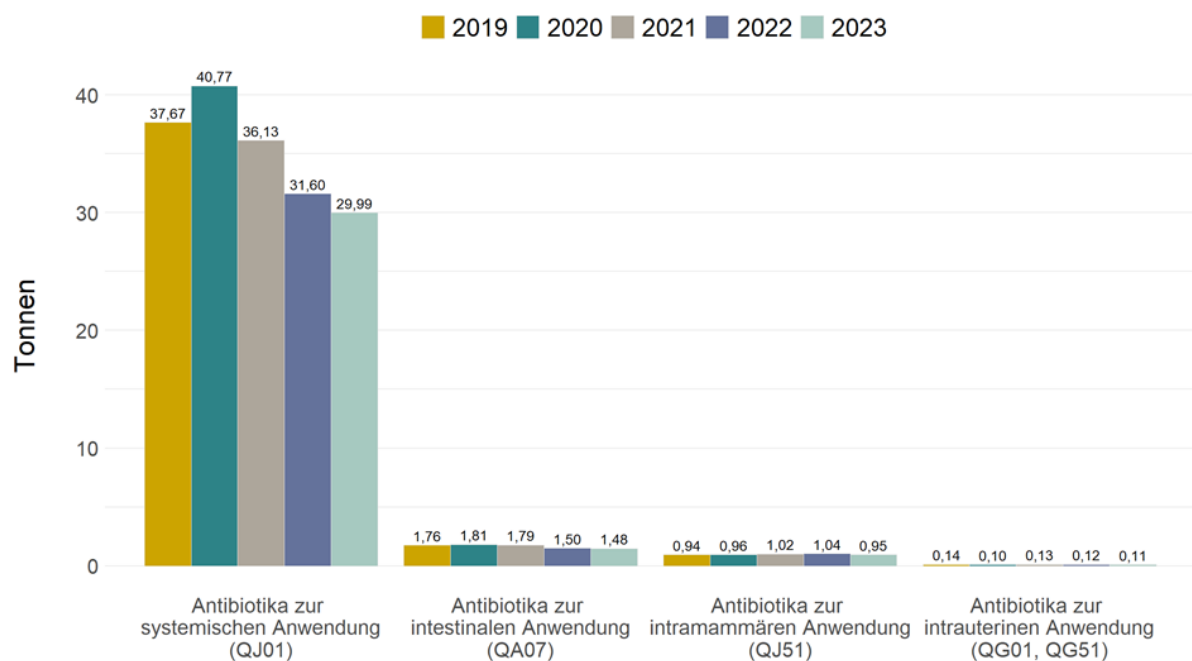
Tabelle 114: Verkaufte Mengen in Tonnen und Differenz zum Vorjahr, 2019–2023

Jahr	Menge (t)	Differenz absolut (t)	Differenz relativ (%)
2019	40,51		
2020	43,65	3,14	7,8
2021	39,07	-4,58	-10,5
2022	34,26	-4,81	-12,3

Jahr	Menge (t)	Differenz absolut (t)	Differenz relativ (%)
2023	32,54	-1,72	-5,0

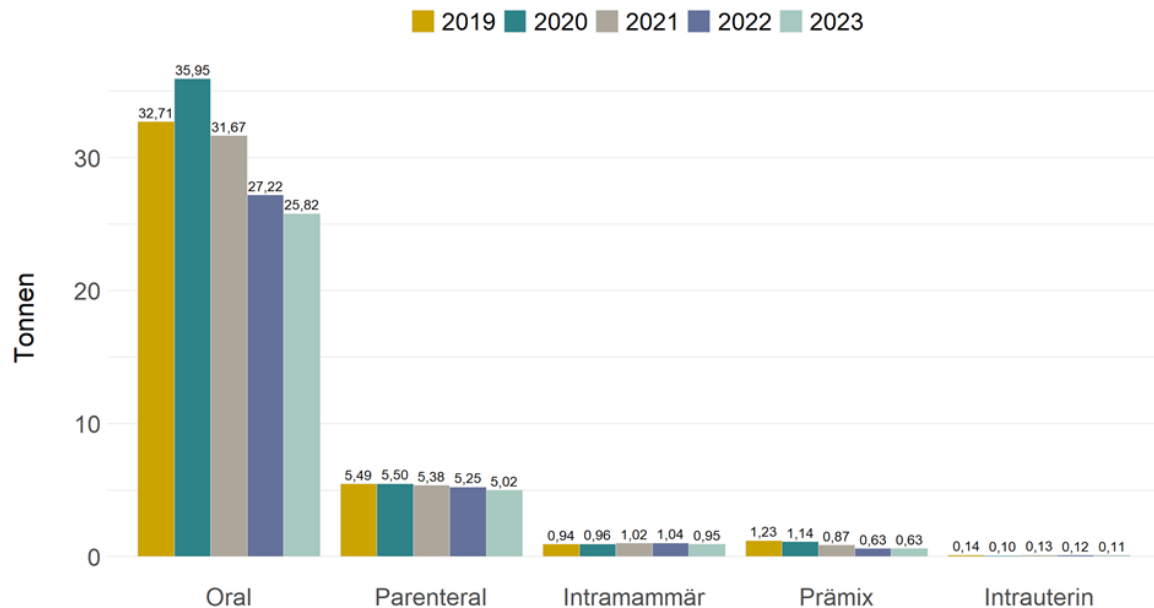
Wie aus den Vertriebsmengen nach ATCvet-Level 2 (siehe Abbildung 73) ersichtlich ist, werden nach wie vor mengenmäßig die meisten Antibiotika zur systemischen Anwendung (QJ01) verkauft. Die Abnahme der Verkaufsmenge ist fast ausschließlich auf diese Wirkstoffgruppe zurückzuführen. Die Auswertung beruht auf den in der Fachinformation angegebenen ATCvet-Codes; diese sind in der Abbildung für die jeweilige Kategorie angeführt.

Abbildung 73: Verkaufte Mengen in Tonnen nach ATCvet-Level 2



Bezüglich der Art der Anwendung (siehe Abbildung 74) liegen die oral anzuwendenden Präparate zur Behandlung von Einzeltieren oder Gruppen von Tieren – diese umfassen Pulver, Tabletten und Pasten – mit 25,82 Tonnen (79,3 %) nach wie vor weit vor den anderen Anwendungsformen. Die parenteral anzuwendenden Präparate liegen mit 5,02 Tonnen (15,4 %) an zweiter Stelle, gefolgt von der Gruppe der intramammären Anwendungen, zu denen auch die Trockensteller zugeordnet wurden, mit 0,95 Tonnen (2,9 %). Die oral zur Bestandsbehandlung eingesetzten Fütterungsarzneimittel-Vormischungen (Prämix) machen mengenmäßig 0,63 Tonnen (1,9 %) aus.

Abbildung 74: Art der Anwendung und verkaufte Mengen in Tonnen



In Tabelle 115 sind die vertriebenen Mengen nach Wirkstoffgruppe gelistet. Mit 15,27 Tonnen entfällt fast die Hälfte auf die Wirkstoffgruppe der Tetrazykline, gefolgt von den Penicillinen mit erweitertem Spektrum mit 5,13 Tonnen, den Sulfonamiden mit 3,26 Tonnen und den Makroliden mit 2,33 Tonnen. Die Einteilung der Wirkstoffe zu Wirkstoffgruppen erfolgte analog zu den Vorgaben der EMA [3]. Zur Gruppe „Andere Antibiotika“ zählen u.a. Rifaximin und Spectinomycin.

Bezogen auf die Wirkstoffgruppe der Verkaufsmengen hat es im Jahr 2023 im Vergleich zum Vorjahr Abnahmen vor allem bei den Tetrazyklinen gegeben.

Die Verkaufsmengen von 3.- und 4.-Generations-Cephalosporinen, Fluorchinolonen, Makroliden und Polymyxinen (u. a. Colistin), welche von der World Health Organisation (WHO) als sogenannte „Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA)“ eingestuft sind [5], haben im Jahr 2023 um 0,35 Tonnen auf 4 Tonnen abgenommen. HPCIA haben über die Jahre einen relativ konstanten Anteil von 12 bis 13 % an der Gesamtmenge.

Tabelle 115: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe

Wirkstoffgruppe	2019	2020	2021	2022	2023	Diff.
Tetrazykline	19,72	22,11	19,30	15,78	15,27	-0,51
Penicilline mit erweitertem Spektrum	6,60	7,35	6,26	5,94	5,13	-0,81
Sulfonamide	3,92	3,46	3,66	3,18	3,26	0,08
Makrolide	2,97	3,47	2,48	2,60	2,33	-0,27
β-Laktamase sensitive Penicilline	1,56	1,58	1,64	1,69	1,50	-0,19
Aminoglykoside	1,28	1,29	1,32	1,34	1,32	-0,02
Polymyxine	1,53	1,54	1,47	1,11	1,02	-0,09
Trimethoprim und Derivative	0,78	0,69	0,73	0,64	0,65	0,01
Fluorchinolone	0,46	0,48	0,46	0,41	0,45	0,04
β-Laktamase resistente Penicilline	0,41	0,38	0,41	0,42	0,43	0,01
Amphenikole	0,47	0,42	0,39	0,39	0,36	-0,03
Pleuromutiline	0,39	0,41	0,33	0,26	0,32	0,06
3.-+4.-Generation Cephalosporine	0,22	0,23	0,23	0,22	0,20	-0,02
Lincosamide	0,10	0,09	0,20	0,11	0,17	0,06
Andere Antibiotika	0,07	0,09	0,16	0,13	0,08	-0,05
1.-+2.-Generation Cephalosporine	0,03	0,04	0,05	0,05	0,04	-0,01

Antibiotika zur systemischen Anwendung

In Tabelle 116 sind die verkauften Mengen an Antibiotika zur systemischen Anwendung (ATCvet QJ01) gelistet. Rund die Hälfte entfällt dabei auf die Wirkstoffgruppe der Tetrazykline, gefolgt von den Penicillinen mit erweitertem Spektrum, den Sulfonamiden und den Makroliden.

Wie bereits in Abbildung 73 zu sehen, hat es bei der systemischen Anwendung eine Abnahme der Verkaufsmengen im Vergleich zum Vorjahr gegeben. Das betrifft vor allem die Wirkstoffgruppe Penicilline mit erweitertem Spektrum.

Tabelle 116: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die systemische Anwendung

Wirkstoffgruppe	2019	2020	2021	2022	2023	Diff.
Tetrazykline	19,67	22,05	19,21	15,68	15,2	-0,48
Penicilline mit erweitertem Spektrum	6,53	7,32	6,2	5,88	5,06	-0,82
Sulfonamide	3,92	3,46	3,66	3,18	3,26	0,08
Makrolide	2,97	3,47	2,48	2,6	2,33	-0,27
β-Laktamase sensitive Penicilline	1,16	1,15	1,21	1,27	1,14	-0,13
Aminoglykoside	1,00	0,96	0,94	0,91	0,83	-0,08
Trimethoprim und Derivative	0,78	0,69	0,73	0,64	0,65	0,01
Fluorchinolone	0,46	0,48	0,46	0,41	0,45	0,04
Amphenikole	0,47	0,42	0,39	0,39	0,36	-0,03
Pleuromutiline	0,39	0,41	0,33	0,26	0,32	0,06
3.-+4.-Generation Cephalosporine	0,18	0,19	0,19	0,19	0,17	-0,02
Lincosamide	0,08	0,08	0,18	0,09	0,15	0,06
Andere Antibiotika	0,07	0,08	0,15	0,11	0,07	-0,04

Antibiotika zur intramammären Anwendung

Bei den intramammär applizierten Antibiotika (ATCvet QJ51) hat es im Vergleich zum Vorjahr, wie in Tabelle 117 gezeigt ist, kaum Änderungen in den Verkaufsmengen gegeben. Das Verhältnis zwischen der Menge an verkauften Trockenstellern und sonstigen Präparaten, die während der Laktation zur Anwendung kommen, ist im Vergleich zum Vorjahr in etwa gleichgeblieben.

Tabelle 117: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intramammäre Anwendung

Wirkstoffgruppe	2019	2020	2021	2022	2023	Diff.
β-Laktamase sensitive Penicilline	0,32	0,35	0,36	0,34	0,31	-0,03
1.-+2.-Generation Cephalosporine	0,02	0,03	0,04	0,04	0,03	-0,01
3.-+4.-Generation Cephalosporine	0,03	0,03	0,02	0,03	0,02	-0,01
Aminoglykoside	0,01	0,02	0,02	0,02	0,02	0,00
Lincosamide	0,02	0,01	0,02	0,02	0,01	-0,01
Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
Teilsumme 'Während der Laktation'	0,41	0,45	0,47	0,46	0,4	-0,06
β-Laktamase resistente Penicilline	0,37	0,37	0,38	0,41	0,41	0,00
β-Laktamase sensitive Penicilline	0,08	0,08	0,07	0,07	0,05	-0,02
Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,02	0	0,02	0,03	0,04	0,01
Aminoglykoside	0,04	0,04	0,03	0,03	0,02	-0,01
1.-+2.-Generation Cephalosporine	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
3.-+4.-Generation Cephalosporine	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
Andere Antibiotika	0	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
Teilsumme 'Trockensteller'	0,53	0,52	0,53	0,57	0,55	-0,02

Antibiotika zur intestinalen Anwendung

In Tabelle 118 sind die verkauften Mengen nach Wirkstoffgruppe für die intestinale Anwendung (ATCvet QA07) dargestellt. Hier hat es bei der Wirkstoffgruppe Polymyxine eine Abnahme und bei der Wirkstoffgruppe Aminoglykoside eine Zunahme gegeben.

Tabelle 118: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intestinale Anwendung

Wirkstoffgruppe	2019	2020	2021	2022	2023	Diff.
Polymyxine	1,53	1,54	1,47	1,11	1,02	-0,09
Aminoglykoside	0,23	0,27	0,32	0,39	0,45	0,06

Antibiotika zur intrauterinen Anwendung

Die verkauften Mengen für die intrauterine Anwendung (ATCvet QG01 und QG51) sind in Tabelle 119 gezeigt. Bei der Wirkstoffgruppe Tetracykline hat es eine leichte Abnahme gegeben. Bei den Penicillinen mit erweitertem Spektrum und β -Laktamase-resistenten Penicillinen hat es eine leichte Zunahme gegeben.

Tabelle 119: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intrauterine Anwendung

Wirkstoffgruppe	2019	2020	2021	2022	2023	Diff.
Tetracykline	0,06	0,06	0,08	0,1	0,07	-0,03
β -Laktamase resistente Penicilline	0,04	0,02	0,02	0,01	0,02	0,01
Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,04	0,02	0,02	0,01	0,02	0,01

Diskussion

Nach den Anstiegen in den Jahren 2018 und 2020 sind die Verkaufsmengen der Jahre 2021 bis 2023 unter den Durchschnitt der letzten Jahre gesunken. Im Jahr 2023 ist die bisher niedrigste Verkaufsmenge von antimikrobiell wirksamen Substanzen für Nutztiere seit Beginn der Datenerhebung zu beobachten.

Die Verkaufsmengen der als „Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA)“ eingestuften Wirkstoffe [5] schwankten über die letzten fünf Jahre zwischen 4 und 5,72

Tonnen und lagen im Jahr 2023 bei 4,35 Tonnen. Über die Jahre haben die HPCIA einen relativ konstanten Anteil von 12 bis 13 % an der Gesamtmenge.

In diesem Bericht wurden die rein erhobenen Vertriebsmengen über die letzten Jahre miteinander verglichen. Es wurde dabei keine Normierung auf Basis der jeweilig gehaltenen Tiere (Tierpopulationen je Jahr) durchgeführt. In den ESVAC-Berichten wurde, um die unterschiedlichen Tierdemografien der Länder zu berücksichtigen, die „Population Correction Unit“ definiert [2]. Dieser Normierungsfaktor weist für Österreich über die letzten Jahre nur geringfügige Schwankungen auf. Das bedeutet, dass die Änderungen in den Mengen nicht allein durch höhere bzw. niedrige Tierzahlen der jeweiligen Jahre zu erklären sind.

Da viele Veterinärarzneispezialitäten, die antimikrobielle Wirkstoffe enthalten, für mehrere Zieltierarten zugelassen sind, lassen sich die Vertriebsmengen nicht einzelnen Nutztierpopulationen zuordnen. Auf Basis des neuen Erfassungssystems, bei dem hausapothekenführende Tierärzt:innen ihre Abgabemengen je Betrieb, Tierart und Nutzungsart melden müssen, war es 2016 erstmals möglich, eine speziesbezogene Abschätzung durchzuführen. Die Auswertungen dazu werden jedes Jahr im „Bericht über den Vertrieb von Antibiotika in der Veterinärmedizin in Österreich“ veröffentlicht [4].

Mit der Umsetzung der Verordnung (EU) 2019/6 müssen in Zukunft speziesbezogenen Daten (schrittweise nach Tierspezies) erhoben werden. Dies geschieht in einer standardisierten Form, welche von der EMA ausgearbeitet wird. Dadurch wird es möglich, EU-weite Trends beim Antibiotikaeinsatz je Spezies zu ermitteln.

Die EMA veröffentlicht die Jahresberichte zum Antibiotikaverkauf in der Veterinärmedizin jedes Jahr auf ihrer Homepage [3].

Danksagung

Wir danken allen Beteiligten für die Übermittlung der Daten und die konstruktive Zusammenarbeit.

Referenzen

[1] European Medicines Agency (2016). Guidance on collection and provision of national data on antimicrobial use by animal species/categories. (EMA/489035/2016).

[2] European Medicines Agency, European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (2021). European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (ESVAC) Sales Data and Animal Population Data Reporting Protocol (version 4). (EMA/210691/2015 Rev. 4).

[3] European Medicines Agency, European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (2023). Sales of veterinary antimicrobial agents in 31 European countries in 2022. (EMA/299538/2023).

[4] Fuchs, R., & Fuchs, K. (2023). Bericht über den Vertrieb von Antibiotika in der Veterinärmedizin in Österreich 2018-2022. URL <https://www.ages.at/tier/tierarzneimittel-hormone/antibiotika-vertriebsmengen-in-der-veterinaermedizin>

[5] World Health Organization (2017). Critically important antimicrobials for human medicine – 5th rev.

Resistenzbericht *Neisseria gonorrhoeae*

Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Gonokokken

Ansprechperson/Autorinnen

Dr.ⁱⁿ Ingrid Heller¹

Dr.ⁱⁿ Stefanie Schindler²

¹ MB-LAB - Mikrobiologisches Labor

PD Dr.ⁱⁿ Dorothea Orth-Höller

Franz-Fischer-Straße 7b

6020 Innsbruck

E-Mail: ih@mb-lab.com

² Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit

Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien

Währingerstraße 25a

1096 Wien

E-Mail: humanmed.wien@ages.at

Reviewer

Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle

Medizinische Universität Innsbruck

Abteilung für Dermatologie, Venerologie und Allergologie

Anichstraße 35

6020 Innsbruck

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung 255

Abstract 255

Einleitung 256

Methodik 256

Ergebnisse 258

Epidemiologische Daten 258

Ergebnisse der Resistenztestungen..... 259

 Ceftriaxon 260

 Cefixim260

 Azithromycin 261

 Ciprofloxacin..... 261

 Penicillin 262

 Tetrazyklin 263

Resistenzraten 2019 – 2023 264

Diskussion..... 264

Danksagung 265

Referenzen 266

Zusammenfassung

Die relativ rasche Entwicklung von Antibiotika-Resistenzen von *Neisseria gonorrhoeae* stellt eine besondere Herausforderung für die Therapie und Kontrolle der Gonorrhoe dar, weshalb der kontinuierlichen Überwachung der antimikrobiellen Resistenz des Erregers eine hohe Priorität eingeräumt wird. 2016 hat das Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien der AGES (IMED-Wien) in Kooperation mit dem Mikrobiologischen Labor MB-LAB Innsbruck die Aufgaben einer Nationalen Referenzzentrale für *Neisseria gonorrhoeae* übernommen. Über ein österreichweites, flächendeckendes Sentinel-System wurden 2023 von 19 mikrobiologischen Laboratorien *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate für die Empfindlichkeitstestung zur Verfügung gestellt. Die Resistenzdaten von 403 Isolaten konnten ausgewertet werden.

Nachdem 2022 erstmals ein Ceftriaxon- und Cefixim-resistentes Isolat detektiert wurde, konnten 2023 glücklicherweise keine Resistenzen gegenüber diesen Substanzen gefunden werden. Für Ciprofloxacin betrug die Resistenzrate 73,4 % und für Tetrazyklin 66,7 %. Bei 22,8 % der Isolate zeigte sich mit einer MHK von >1mg/l ein Hinweis auf eine erworbene Resistenz gegenüber Azithromycin. Der Anteil an Penicillinase produzierenden *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten (PPNG) betrug 20,1 %.

Abstract

Due to the rapid emergence of antimicrobial resistance mechanisms in *Neisseria gonorrhoeae*, the continuous surveillance of antimicrobial resistance data of *Neisseria gonorrhoeae* is crucial for the control and management of gonorrhoea. In 2016, the Institute for Medical Microbiology and Hygiene of AGES (IMED-WIEN) was mandated in collaboration with the Microbiology Laboratory MB-LAB Innsbruck for the tasks of a national reference laboratory for *Neisseria gonorrhoeae*. In 2023, data of 403 *Neisseria gonorrhoeae* isolates were evaluated for their antimicrobial susceptibility. The isolates were provided by 19 Austrian laboratories via a sentinel system. There were no isolates showing resistance to ceftriaxone or cefixim. Resistance rates for ciprofloxacin and tetracycline were 73.4% and 66.7%, respectively. 22.8% of isolates had an MIC of azithromycin above 1mg/l, indicating an acquired resistance mechanism. A total of 20.1% were penicillinase producing *Neisseria gonorrhoeae* isolates (PPNG).

Einleitung

Neisseria gonorrhoeae zeichnet sich durch die Fähigkeit aus, gegenüber Antibiotika relativ rasch Resistenzen zu bilden. Die Resistenzdaten sind maßgeblich für ein effizientes Patienten-Management und zeitnahe Änderungen von Empfehlungen für die kalkulierte Therapie der Gonorrhoe. Die rezenten Daten des European Centre of Disease Control (ECDC) betreffend die Resistenz von *Neisseria gonorrhoeae* 2020 in Europa zeigen eine Stabilisierung der Resistenzraten für Ciprofloxacin (2020: 57,7 %; 2019: 57,3 %; 2018: 50,3 %; 2017: 46,5 %; 2016: 46,5 %) und für Azithromycin (2020: 11,0 % über dem epidemiologischen Cut-off-Wert von 1 mg/l; 2019: 10,1 %; 2018: 7,6 %). Bereits zum vierten Mal in Folge zeigt die Cefixim-Resistenzrate 2020 einen Rückgang (2020: 0,5 %; 2019: 0,9 %; 2018: 1,4 %; 2017: 1,9 %; 2016: 2,1 %; 2015: 1,7 %). Unter den 3.291 getesteten Isolaten fand sich 2020 ein Isolat mit Ceftriaxon-Resistenz (2019: 3 Isolate, 2018: 3 Isolate, 2017: kein Isolat, 2016: kein Isolat, 2015: 1 Isolat, 2014: 5 Isolate, 2013: 7 Isolate) [1].

2016 hat das Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien (IMED Wien) der AGES in Kooperation mit dem Mikrobiologischen Labor Möst Innsbruck (inzwischen MB-LAB – Mikrobiologisches Labor) die Aufgaben einer Nationalen Referenzzentrale für *Neisseria gonorrhoeae* übernommen. Die Überwachung der Empfindlichkeit der Erreger ist dabei ein zentraler Aufgabenbereich.

Methodik

Die Resistenztestungen erfolgten im Mikrobiologischen Labor MB-LAB Innsbruck und am Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien (IMED Wien) der AGES.

Die *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate stammten einerseits von Patient:innen mit dem klinischen Bild einer Gonorrhoe bzw. auch von asymptomatischen Kontaktpersonen, andererseits von Sexdienstleister:innen, bei denen durch aktives Screening auf sexuell übertragbare Infektionen *Neisseria gonorrhoeae* kultiviert wurde. Die *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate der symptomatischen Patient:innen bzw. der Kontaktpersonen wurden im Rahmen eines österreichweiten flächendeckenden Sentinel-Systems von insgesamt 19 mikrobiologischen Laboratorien zur Verfügung gestellt, die Isolate der Sexdienstleister:innen wurden vorwiegend am IMED Wien aus Proben, die vom Zentrum für sexuelle Gesundheit der Klinik Landstraße in Wien übermittelt wurden, kultiviert.

An epidemiologischen Daten wurden Alter, Geschlecht und Wohnort der Patient:innen sowie die Entnahmeregion der Probe dokumentiert.

Die Empfindlichkeitsprüfung umfasste die Ermittlung der MHK-Werte für Ceftriaxon, Cefixim, Azithromycin, Ciprofloxacin, Tetrazyklin und Penicillin und die Prüfung auf Penicillinasebildung mittels Nitrocefin-Tests (bioMérieux und BD). Die MHK-Bestimmung erfolgte mittels E-Tests für Ceftriaxon, Cefixim, Penicillin, Tetrazyklin und Azithromycin (bioMérieux und Liofilchem) durch Inokulation der Keimsuspension (in 0,9 % NaCl-Lösung, Inokulationsdichte 0,5 McFarland) auf Chocolate PVX Agar (bioMérieux) bzw. BD Chocolate agar (GCII Agar with BD Isovitalex) und Inkubation bei 36°C, 5 % CO₂ für 18 bis 24 Stunden. Die Interpretation der Ergebnisse wurde entsprechend den Grenzwerten laut EUCAST (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing, Version 13.0) vorgenommen (Tabelle 120). Dabei wurde gegenüber Version 12.0 der Tetrazyklin-Breakpoint für Resistenz von 1mg/L auf 0,5mg/L herabgesetzt, das heißt, die Kategorie „I“ – sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration – entfällt. Von der Testung der Penicillin-Empfindlichkeit kann die Wirksamkeit von Ampicillin und Amoxicillin abgeleitet werden, Penicillinase produzierende *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate (PPNG) gelten unabhängig von der MHK als resistent.

Tabelle 120: *Neisseria gonorrhoeae* MHK-Grenzwerte gemäß EUCAST (Version 13.0)

Antibiotikum	Sensibel	Sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration	Resistent
	MHK mg/l	MHK mg/l	MHK mg/l
Ceftriaxon	<= 0,125	n.a.	>0,125
Cefixim	<=0,125	n.a.	>0,125
Azithromycin	n.a. ¹	n.a. ¹	>1,0
Ciprofloxacin	<=0,03	0,06	>0,06
Penicillin	<=0,06	0,12-1,0	>1,0
Tetrazyklin	<=0,5	n.a.	>0,5

n.a. – nicht anwendbar

¹ Ab Version 9.0 keine Angabe von Grenzwerten mehr für Azithromycin – MHK-Werte über 1 mg/l sind ein Hinweis für erworbene Resistenz

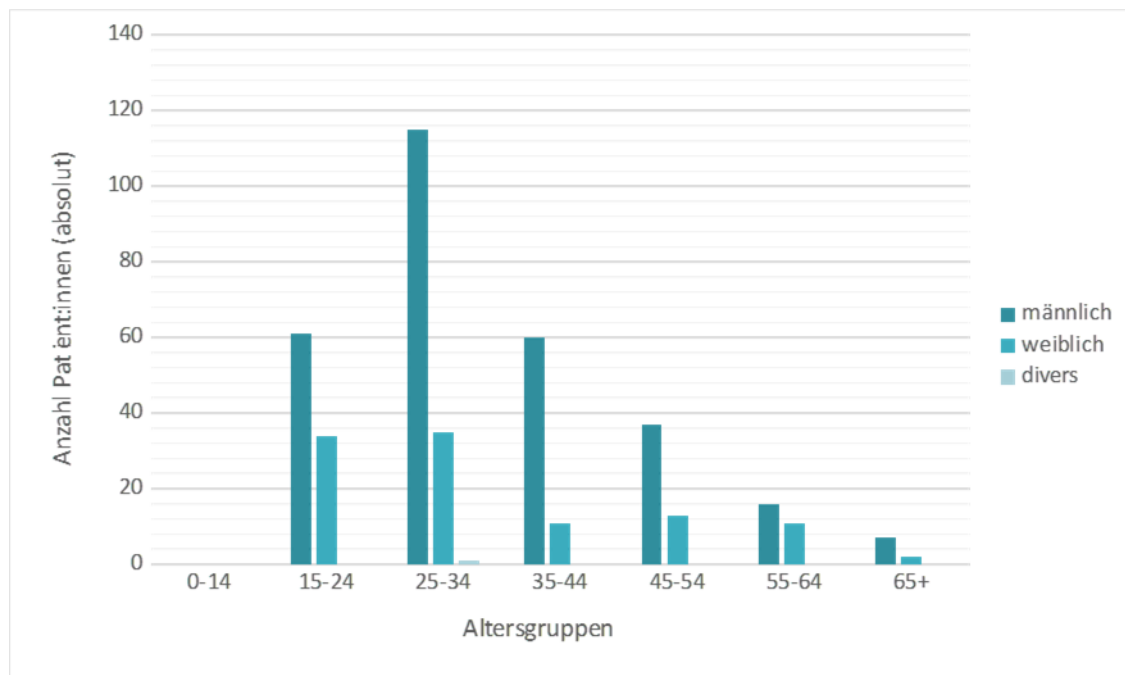
Ergebnisse

Epidemiologische Daten

2023 wurde im Mikrobiologischen Labor MB-LAB und am IMED Wien die antimikrobielle Empfindlichkeit von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten bestimmt.

Der Altersmedian lag bei 31 Jahren (15 bis 75 Jahre). Das Verhältnis von Männern zu Frauen betrug 2,79:1 (männlich 296, weiblich 106, divers 1) (Abbildung 75).

Abbildung 75: Alters- und Geschlechtsverteilung der Patient:innen (n=403)



75,2 % der Proben stammten aus dem Urogenitaltrakt (Urethra, Endozervix, Vagina), extragenitale Infektionslokalisationen waren Rachen (3,0 %) und Rektum (14,6%), insgesamt 7,2 % wurden von anderen Regionen entnommen (Bindehaut, Gelenkspunktat, Abszess etc).

Die Proben stammten von Patient:innen aus allen österreichischen Bundesländern, die Bundesländer mit dem höchsten Anteil an Proben waren Wien und Tirol (Tabelle 121).

Tabelle 121: Verteilung der *Neisseria gonorrhoeae*-Proben (n=403) nach Bundesländern entsprechend dem Wohnort der Patient:innen. War der Wohnort der Patient:innen nicht zu ermitteln, wurde – sofern bekannt – der Ort des:r Einsenders:in herangezogen.

W	B	NÖ	OÖ	S	St	K	T	V
173	2	19	30	31	18	35	72	23

Ergebnisse der Resistenztestungen²⁴

Tabelle 122: Ergebnisse der Resistenztestung von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten

Antibiotikum	Sensibel	Sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration	Resistent
Ceftriaxon	100 %	n.a.	0 %
Cefixim	100 %	n.a.	0 %
Azithromycin	n.a.	n.a.	22,8 %
Ciprofloxacin	26,6 %	0 %	73,4 %
Penicillin*	3,0 %	75,7 %	21,3 %
Tetrazyklin	33,3 %	n.a.	66,7 %

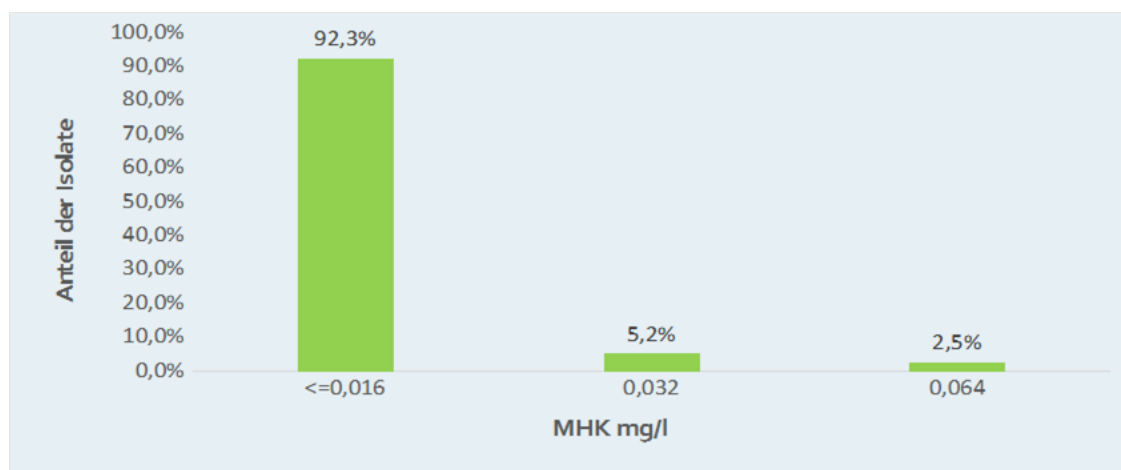
n.a – nicht anwendbar

*Anteil der PPNG (Penicillinase produzierende Isolate, unabhängig von der MHK als Penicillin resistent zu werten): 20,1 % (n=81)

²⁴ MHK-Verteilung (Anmerkung: Da die Ergebnisse auf eine Nachkommastelle gerundet wurden, ergeben sich z.T. bei der Gesamtsumme geringfügige Abweichungen von 100 %.)

Ceftriaxon

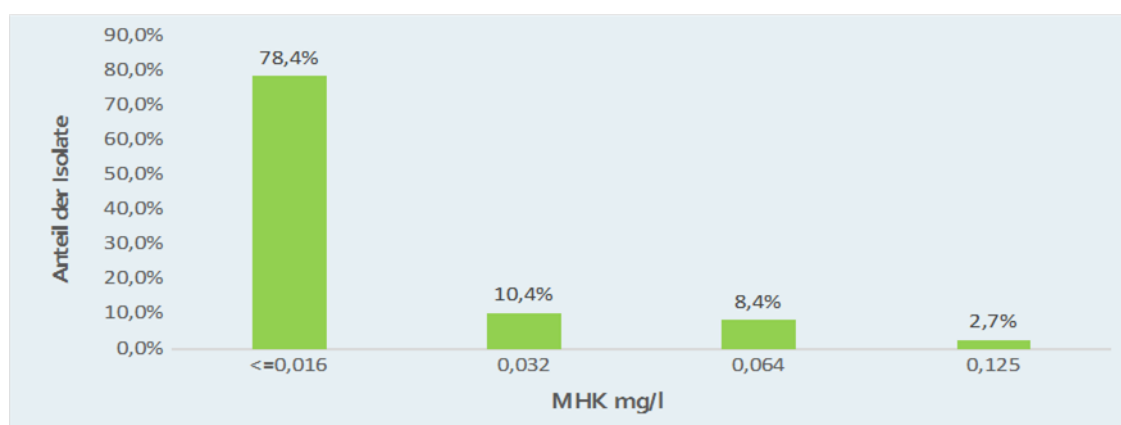
Abbildung 76: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ceftriaxon von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ sensibel

Cefixim

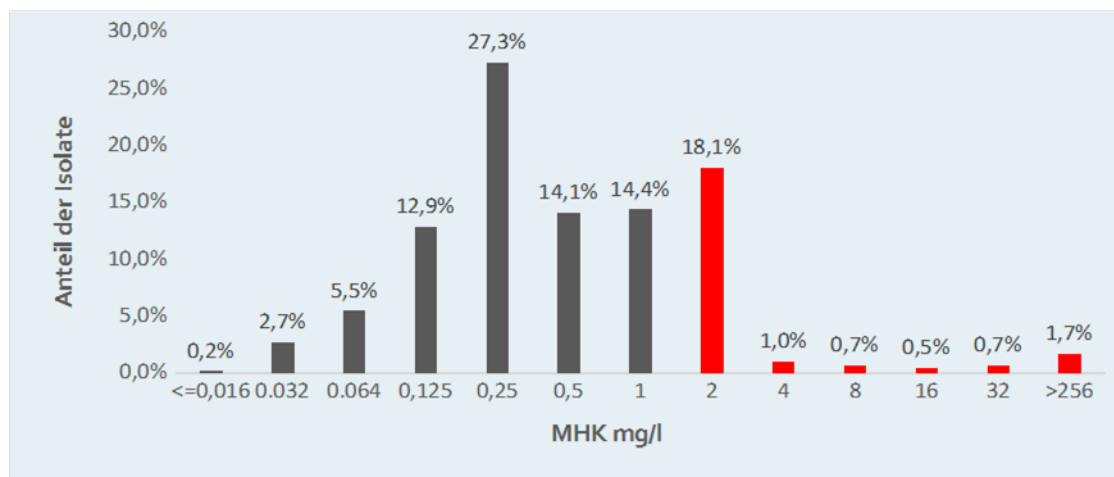
Abbildung 77: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Cefixim von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ sensibel

Azithromycin

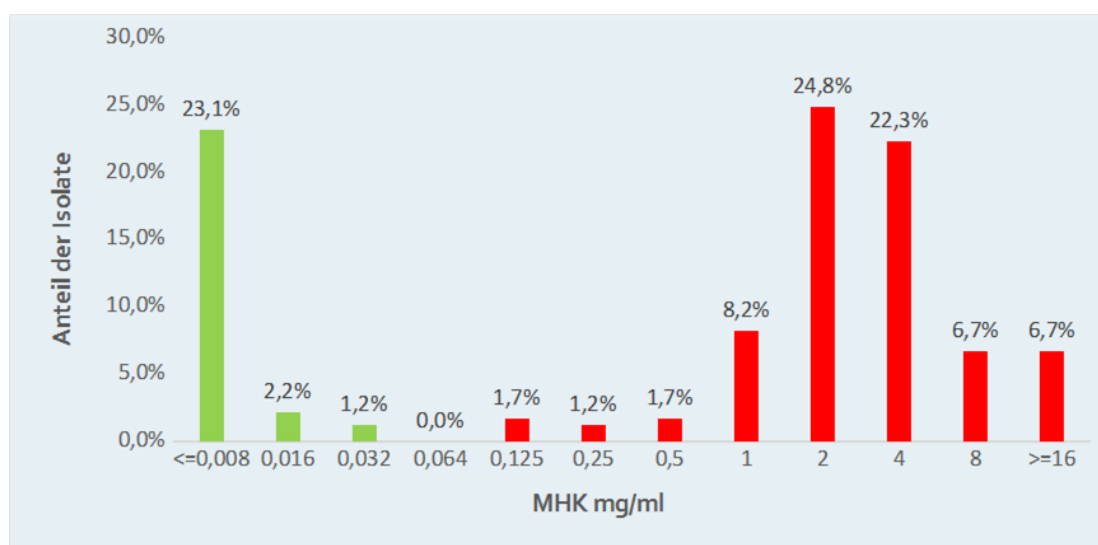
Abbildung 78: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Azithromycin von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ ein Hinweis auf erworbene Resistenz; ■ resistent

Ciprofloxacin

Abbildung 79: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ciprofloxacin von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten

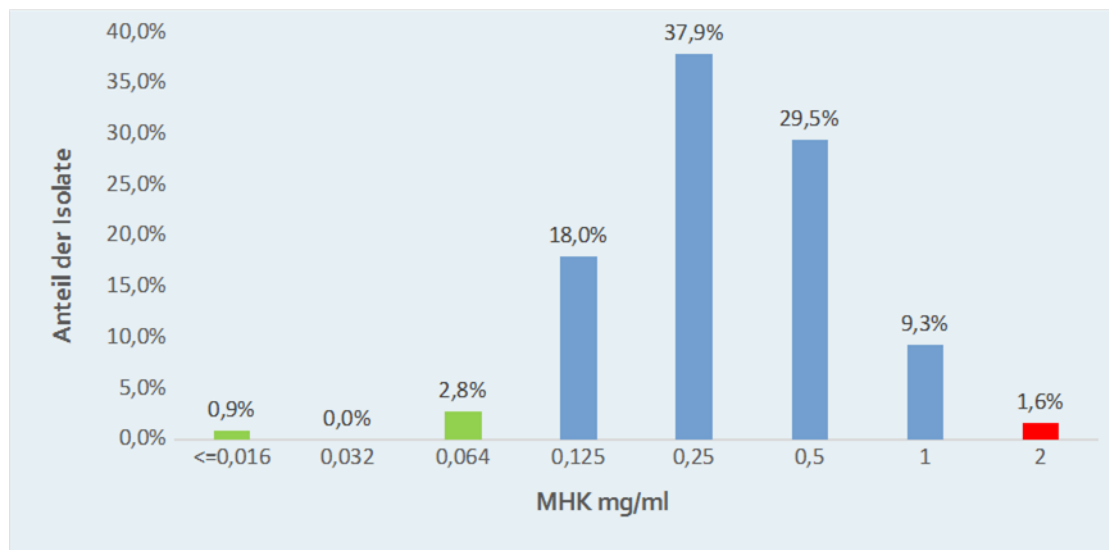


■ sensibel; ■ resistent

Penicillin

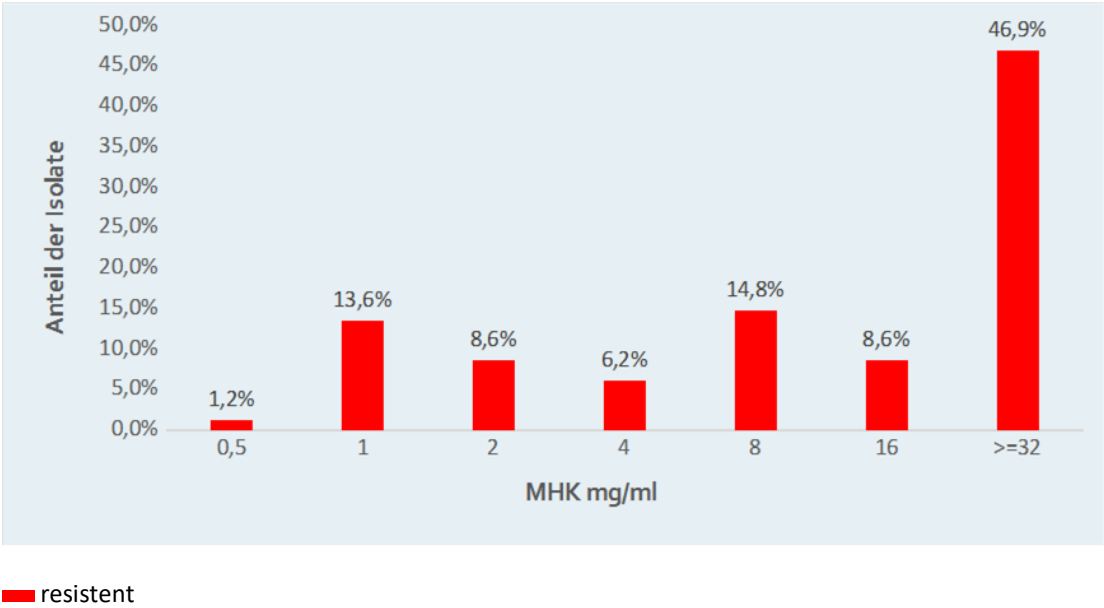
20,1 % (n=81) der Isolate waren Penicillinase-Bildner. Laut EUCAST sind diese als resistent gegenüber Ampicillin und Amoxicillin zu werten. Bei den Penicillinase-negativen Isolaten erfolgt die Kategorisierung gemäß der MHK.

Abbildung 80: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 322 Penicillinase-negativen *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



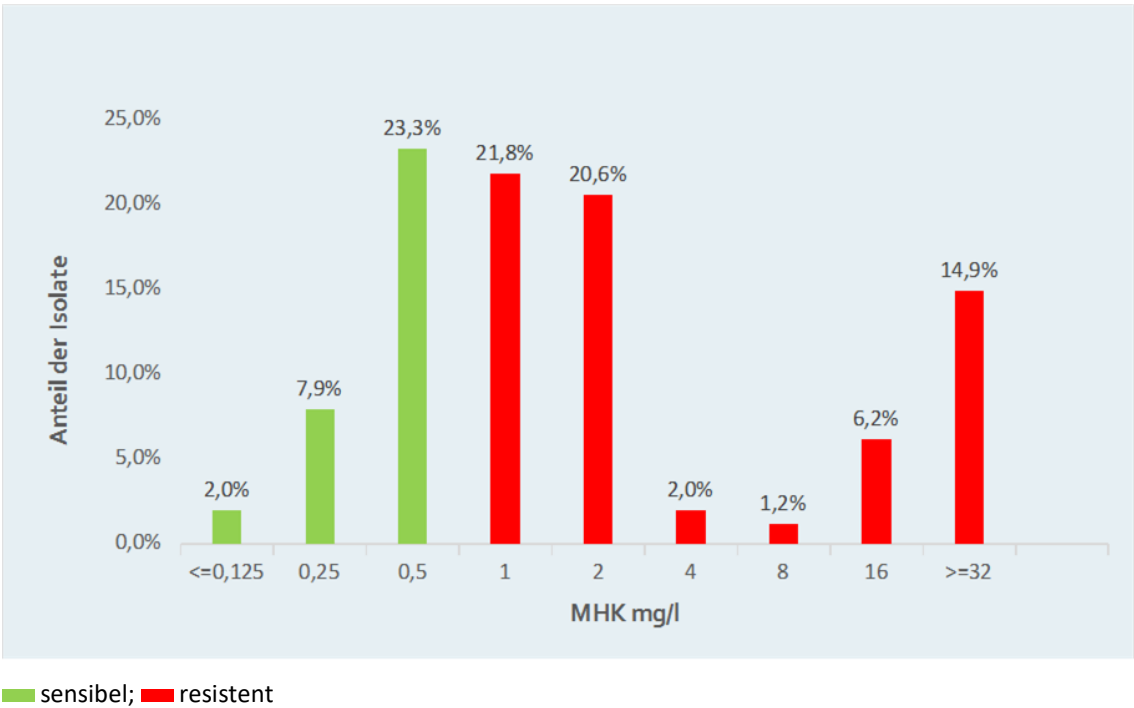
■ sensibel; ■ sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration; ■ resistent

Abbildung 81: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 81 Penicillinase positiven *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten (unabhängig von MHK als resistent zu werten)



Tetrazyklin

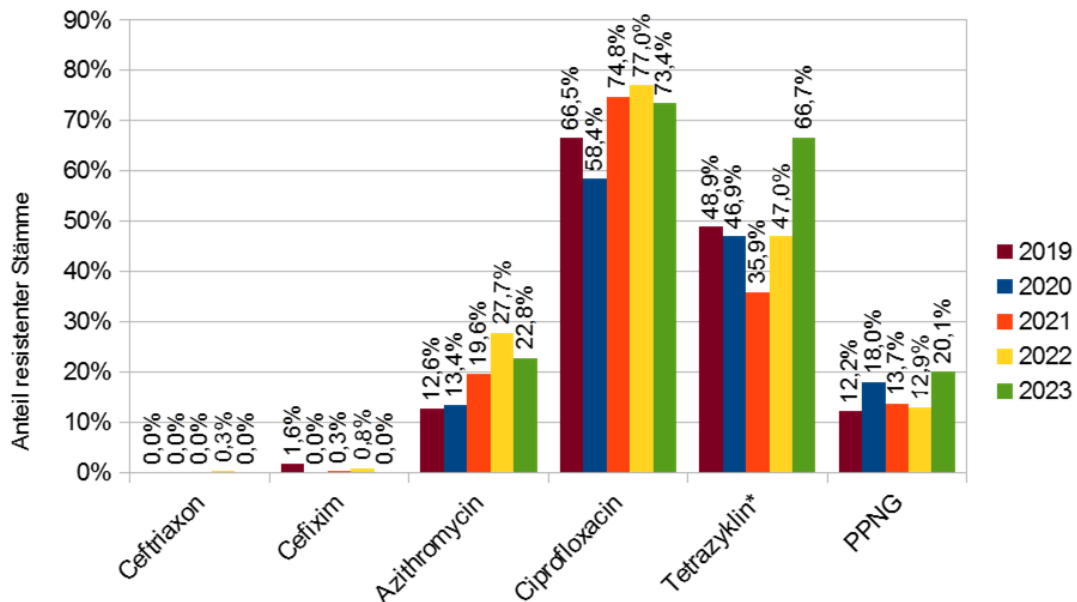
Abbildung 82: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Tetrazyklin von 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



Resistenzraten 2019 – 2023

Abbildung 83: *Neisseria gonorrhoeae* Resistenzraten 2019 – 2023

* Tetrazyklin-Breakpoint 2023 von 1mg/L auf 0,5mg/L herabgesetzt



Diskussion

Die kontinuierliche Überwachung der regionalen Resistenzdaten von *Neisseria gonorrhoeae* ist eine wesentliche Forderung des Aktionsplans zu Kontrolle und Management von multiresistenter Gonorrhoe in Europa [2]. Im Jahr 2023 wurden in Österreich in einem flächendeckenden Sentinel-System die Resistenzdaten für 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate ausgewertet, somit ist eine gute Beurteilung der Resistenzsituation möglich.

Im Jahr 2023 lag bei 403 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten keine Resistenz gegenüber Ceftriaxon und Cefixim vor, somit ist diesbezüglich derzeit keine problematische Resistenzsituation gegeben. Nichtsdestotrotz ist die kontinuierliche Surveillance von großer Bedeutung, so wurden in den Vorjahren immer wieder Fälle von Cefixim-Resistenz dokumentiert, im Jahr 2022 kam es sogar zur Detektion eines (aus Kambodscha importierten) Ceftriaxon-resistenten Stammes [3].

Der seit 2018 in Österreich wie auch den restlichen europäischen Ländern beobachtete Trend des Anstiegs der MHK-Werte von Azithromycin scheint sich vorerst nicht fortzusetzen, es konnte sogar ein Rückgang des Anteils an Isolaten mit erworbener Resistenz von 27,7 % auf 22,8 % beobachtet werden. Die Gabe von Azithromycin zur empirischen Behandlung der Gonorrhoe wird kontrovers diskutiert. Das CDC empfiehlt in seinen Richtlinien von 2020 und 2021 bei unkomplizierter urogenitaler, rektaler und pharyngealer Gonorrhoe nur mehr eine Monotherapie mit Ceftriaxon, die gegebenenfalls (bei positivem oder nicht durchgeführtem Nachweis von *Chlamydia trachomatis*) durch eine 7-tägige Doxycyclintherapie ergänzt wird [4;5]. In den Europäischen Richtlinien von 2020 hingegen wird unverändert eine Kombination aus Azithromycin und Ceftriaxon empfohlen [6], allerdings bevorzugt eine einmalige Hochdosistherapie mit 2 g Azithromycin, deren Durchführbarkeit in Österreich häufig auf Schwierigkeiten stößt (Packung zu 3 Stück à 500 mg). Dies und die beträchtliche Rate an Azithromycin-Resistenz von >20 % in Österreich sprechen gegen eine Kombinationstherapie von Ceftriaxon mit Azithromycin.

Die Ciprofloxacin-Resistenzrate blieb – wie in den vergangenen Jahren – auf hohem Niveau von über 70 %; bei Tetrazyklin kam es zu einem Anstieg von 47,0 % auf 66,7 %. Dies erklärt sich aber vor allem durch einen von 1,0mg/L auf 0,5mg/L herabgesetzten Breakpoint in der aktuellen EUCAST-Version (V13.0). Beide Substanzen kommen nur mehr in Ausnahmefällen für eine Behandlung der Gonorrhoe infrage.

Zusammengefasst kam es 2023 zu keinen großen Veränderungen der Resistenzlage von *Neisseria gonorrhoeae*; Ceftriaxon bleibt eine verlässliche Therapieoption (bei Nichtverfügbarkeit ggf. auch Cefixim), während bei Azithromycin, Ciprofloxacin und Tetrazyklin hohe Resistenzraten vorliegen.

Danksagung

Wir bedanken uns bei unseren Einsender:innen sowie Kooperationspartner:innen.

Besonderer Dank gilt Univ.-Doz. Dr. Johannes Möst und vor allem Dr.ⁱⁿ Angelika Eigentler, die mit großem Engagement und Fachwissen die Nationale Referenzzentrale für *Neisseria gonorrhoeae* maßgeblich geprägt hat.

Referenzen

- [1] European Centre for Disease Prevention and Control. Gonococcal antimicrobial susceptibility surveillance in the EU/EEA: Summary of results for 2020. Stockholm: ECDC; 2022
- [2] European Centre for Disease Prevention and Control. Response plan to control and manage the threat of multidrug-resistant gonorrhea in Europe. Stockholm: ECDC; 2012 [2]
- [3] Pleininger S, Indra A, Golparian D, Heger F, Schindler S, Jacobsson S, Heidler S, Unemo M. Extensively drug-resistant (XDR) *Neisseria gonorrhoeae* causing possible gonorrhoea treatment failure with ceftriaxone plus azithromycin in Austria, April 2022. Euro Surveill. 2022 Jun;27(24):2200455.
- [4] St Cyr S, Barbee L, Workowski KA, Bachmann LH, Pham C, Schlanger K, et al. Update to CDC's Treatment Guidelines for Gonococcal Infection, 2020. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2020;69(50):1911–6.
- [5] Workowski KA, Bachmann LH, Chan PA, Johnston CM, Muzny CA, Park I, et al. Sexually Transmitted Infections Treatment Guidelines, 2021. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2021;70(4):71–80.
- [6] Unemo M, Ross J, Serwin AB, Gomberg M, Cusini M, Jensen JS. 2020 European Guideline for the diagnosis and treatment of gonorrhea in adults. Int J STD AIDS. 2020:956462420949126.

Resistenzbericht Schimmelpilze

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Schimmelpilze

Ansprechperson/Autorin

Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Cornelia Lass-Flörl

Medizinische Universität Innsbruck
Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie
Schöpfstraße 41/II
6020 Innsbruck
E-Mail: cornelia.lass-floerl@i-med.ac.at

Reviewerin

Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Birgit Willinger

Medizinische Universität Wien
Abteilung für Klinische Mikrobiologie
Klinisches Institut für Labormedizin
Währinger Gürtel 18-20/5P
1090 Wien

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	269
Abstract	269
Einleitung	270
Methodik	271
Ergebnisse	271
<i>Aspergillus</i> -Spezies: Epidemiologische und Klinische Cut-offs nach EUCAST	272
Diskussion	275
Referenzen	279

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 sammelten die Medizinische Universität Wien/Abteilung für Klinische Mikrobiologie, die Medizinische Universität Innsbruck/Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie, die Medizinische Universität Graz/Diagnostik und Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, die analyse BioLab GmbH Linz und die Klinik Landstraße Wien 277 Schimmelpilzkulturen aus infektionsrelevanten Regionen; *Aspergillus*-Spezies sind mit 60 % (166/277) nach wie vor führend unter den Schimmelpilzen, wobei es sich hierbei in 63 % (104/166) um Isolate aus dem *Aspergillus fumigatus*-Komplex handelt.

Abgesehen von den *Aspergillus terreus*-Isolaten, die eine intrinsische Resistenz gegenüber Amphotericin B aufweisen, zeigten 7 % (6/87) der getesteten Isolate erhöhte Minimale Hemmkonzentrationen (MHK > 1 mg/l) gegenüber Amphotericin B (3 *A. flavus*-Isolate und je 1 *A. fumigatus*-, *A. lentulus*- und *A. ochraceus*-Isolat); 7 % (6/87) erhöhte MHKs (> 0,25 mg/l) gegenüber Posaconazol (je 2 *A. niger*- und *A. flavus*-Isolate und je 1 *A. lentulus*- und *A. ochraceus*-Isolat) und 5 % (4/87) gegenüber Itraconazol (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-Isolate und 1 *A. ochraceus*-Isolat) auf. Von 87 auf Resistenz gegenüber Isavuconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (52 *A. fumigatus*-, 21 *A. niger*-, 5 *A. flavus*-Isolate, je 2 *A. terreus*-, *A. nidulans*-, *A. lentulus*-Isolate und je 1 *A. ustus*-, *A. tamarii*-, *A. ochraceus*-Isolat) zeigten 100 % (87/87) der Isolate MHKs ≤ 2 mg/l und sind somit als in vitro empfindlich zu werten. Von den auf Resistenz gegenüber Voriconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (n=105) zeigten sich mit Ausnahme von einem Isolat (*A. lentulus*) alle Isolate mit einer MHK ≤ 2 sensibel.

Unter den getesteten Non-*Aspergillus*-Spezies lag die MHK für Amphotericin B bei 66 % (21/32) > 1 mg/l, für Posaconazol bei 81 % (25/31) > 0,125 mg/l und für Voriconazol bei 52 % (16/31) > 1 mg/l.

Abstract

In 2023, 277 moulds out of sterile body sites and bronchoalveolar lavages were collected by the Medical University Vienna/Department of Laboratory Medicine, the Medical

University of Innsbruck/Institute of Hygiene and Medical Microbiology, the Diagnostic and Research Institute of Hygiene, Microbiology and Environmental Health of the Medical University of Graz, the analyse BioLab GmbH Linz and the Hospital Klinik Landstraße Vienna. *Aspergillus* species, which were isolated in 60% (166/277), are still the leading causative agents of invasive mould diseases; thereof 63% (104/166) belong to the *Aspergillus fumigatus* complex.

Apart from *Aspergillus terreus* isolates, which exhibit intrinsic resistance to amphotericin B, 7% (6/87) of *Aspergillus* isolates showed elevated minimal inhibitory concentrations (MIC > 1 mg/l) against amphotericin B (3 *A. flavus*-isolates, 1 *A. fumigatus*-, 1 *A. lentulus* and 1 *A. ochraceus*-isolate); 7% (6/87) represented elevated MICs (> 0.25 mg/l) against posaconazole (2 *A. niger*-, 2 *A. flavus*-isolates, 1 *A. lentulus* and 1 *A. ochraceus*-isolate) and 5% (4/87) against itraconazole (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-isolates und 1 *A. ochraceus*-isolate). Out of 87 *Aspergillus*-isolates (52 *A. fumigatus*-, 21 *A. niger*-, 5 *A. flavus*-isolates, 2 *A. terreus*-, 2 *A. nidulans*-, 2 *A. lentulus*-isolates, 1 *A. ustus*-, 1 *A. tamarii*- and 1 *A. ochraceus*-isolate) tested against isavuconazole, 100% (87/87) isolates showed MICs of ≤ 2 mg/l and can therefore be valued as susceptible. With the exception of 1 isolate (*A. lentulus*), all *Aspergillus* isolates tested against voriconazole (n=105) were susceptible with MICs ≤ 2.

Among the non-*Aspergillus* isolates elevated MICs above 1 mg/l for amphotericin B, above 0.125 mg/l for posaconazole and above 1 mg/l for voriconazole were detected in 66% (21/32), 81% (25/31) and 52% (16/31), respectively.

Einleitung

Mykosen gewinnen als sekundäre Erkrankungen zunehmend an Bedeutung. Ihr klinisches Bild wird von der Art des Erregers und der Immunkompetenz der Patient:innen entscheidend beeinflusst und reicht von einer Besiedelung über Organmykosen bis hin zu fulminant verlaufenden septischen Formen mit Todesfolge [1]. Die häufigsten Erreger von Organ- und Systemmykosen in Europa sind Hefen der Gattung *Candida* und Schimmelpilze der Gattung *Aspergillus* [2]. Dieser jährliche Bericht legt die aktuelle Häufigkeit von Resistenzen invasiver Schimmelpilze gegenüber Antimykotika dar.

Methodik

Die Medizinische Universität Wien/Abteilung für Klinische Mikrobiologie, die Medizinische Universität Innsbruck/Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie, die Medizinische Universität Graz/Diagnostik und Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, die analyse BioLab GmbH Linz und die Klinik Landstraße Wien identifizierten Schimmelpilzkulturen und unterzogen diese einer Resistenztestung. Ziel war es, eine Analyse der Häufigkeit und Artverteilung klinisch relevanter Schimmelpilzisolates zu erheben sowie die Empfindlichkeit (MHK) der Isolate aus Proben der klinischen Routinediagnostik zu bestimmen. Die Erfassung erfolgte mittels Erhebungsbogen, die Isolate wurden vor Ort einer Speziesbestimmung und einer Resistenztestung unterzogen. Als Grundlage für die MKH-Bestimmung galten entweder der E-Test oder eine andere standardisierte Mikrodilutionsmethode (EUCAST, Version 9.0, Stand 2018) [3].

Je nach Indikation wurden Amphotericin B, Itraconazol, Voriconazol, Posaconazol, Micafungin, Caspofungin und Isavuconazol getestet.

Die Auswertung der Resistenztestergebnisse für Aspergillen erfolgte nach der europäischen EUCAST-Norm (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing); für Nicht-Aspergillus Schimmelpilze existieren derzeit keine Breakpoints.

Für *Aspergillus*-Isolate existieren bisher keine standardisierten Breakpoints für Echinocandine, sodass hier keine eindeutige Aussage zur Resistenzlage gemacht werden kann.

Ergebnisse

Insgesamt gingen 277 Isolate ein (39 Isolate von der Medizinischen Universität Wien/Abteilung für Klinische Mikrobiologie, 156 von der Medizinischen Universität Innsbruck/Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie, 54 von der Medizinischen Universität Graz/Diagnostik und Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, 3 Isolate von der analyse BioLab GmbH Linz und 25 Isolate von der Klinik Landstraße Wien. 42 % (117/277) stammen von Frauen und 58 % (160/277) von Männern, 67 % (185/277) der Isolate stammen aus bronchoalveolären Lavagen und 4 % (12/277) aus Biopsien/Geweben. In 60 % (n=166) wurden *Aspergillus*-Spezies nachgewiesen, in 3 %

Fusarium spp. (n=8), in 12 % *Penicillium* sp. (n=34) und in 3 % Mucormyzeten (n=7). Non-*Aspergillus*-Spezies wurden in 111 Isolaten gezüchtet.

Der Großteil der Patient:innen mit nachgewiesenen Schimmelpilzen war der Pulmologie (38 %, n=104), den Intensiv- (19 %, n=53), den chirurgischen (12 %, n=34) und den internistischen Stationen (9 %, n=25) zuzuordnen.

Unter den *Aspergillus*-Spezies handelte es sich bei 63 % (n=104) um Isolate aus dem *Aspergillus fumigatus*-Komplex, 31 Isolate wurden als *A. niger*, 11 Isolate als *A. glaucus*, 5 Isolate als *A. flavus*, 4 Isolate als *A. terreus*, je 2 Isolate als *A. nidulans* bzw. *A. lentulus* und je 1 Isolat als *A. tamarii*, *A. ustus*, *A. hiratsukae*, *A. ochraceus*, *A. versicolor*, *A. westerdijkiae* und *Aspergillus* species identifiziert.

Abgesehen von den *Aspergillus terreus*-Isolaten, die eine intrinsische Resistenz gegenüber Amphotericin B aufweisen, zeigten 7 % (6/87) der getesteten Isolate erhöhte Minimale Hemmkonzentrationen (MHK > 1 mg/l) gegenüber Amphotericin B (3 *A. flavus*-Isolate und je 1 *A. fumigatus*-, *A. lentulus*- und *A. ochraceus*-Isolat); 7 % (6/87) erhöhte MHKs (> 0,25 mg/l) gegenüber Posaconazol (je 2 *A. niger*- und *A. flavus*-Isolate und je 1 *A. lentulus*- und *A. ochraceus*-Isolat) und 5 % (4/87) gegenüber Itraconazol (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-Isolate und 1 *A. ochraceus*-Isolat) auf. Von 87 auf Resistenz gegenüber Isavuconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (52 *A. fumigatus*-, 21 *A. niger*-, 5 *A. flavus*-Isolate, je 2 *A. terreus*-, *A. nidulans*-, *A. lentulus*-Isolate und je 1 *A. ustus*-, *A. tamarii*-, *A. ochraceus*-Isolat) zeigten 100 % (87/87) der Isolate MHKs ≤ 2 mg/l und sind somit als in vitro empfindlich zu werten. Von den auf Resistenz gegenüber Voriconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (n=105) zeigten sich mit Ausnahme von einem Isolat (*A. lentulus*) alle Isolate mit einer MHK ≤ 2 sensibel.

***Aspergillus*-Spezies: Epidemiologische und Klinische Cut-offs nach EUCAST**

Tabelle 123: *Aspergillus fumigatus*: 104 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	≤ 1	51/52	≤ 1	51/52	> 1	1/52

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Itraconazol	≤ 1	52/52	≤ 1	52/52	> 1	0/52
Posaconazol	≤ 0,25	52/52	≤ 0,125	48/52	> 0,25	0/52
Voriconazol	≤ 1	67/67	≤ 1	67/67	> 1	0/67
Isavuconazol	≤ 2	52/52	≤ 1	52/52	> 2	0/52

Tabelle 124: *Aspergillus flavus*: 5 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	≤ 4	3/5	ND		ND	
Itraconazol	≤ 1	5/5	≤ 1	5/5	> 1	0/5
Posaconazol	≤ 0,5	5/5	ND		ND	
Voriconazol	≤ 2	5/5	ND		ND	
Isavuconazol	≤ 2	5/5	≤ 1	5/5	> 2	0/5

Tabelle 125: *Aspergillus nidulans*: 2 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	≤ (4)	1/1	ND		ND	
Itraconazol	≤ (1)	2/2	≤ 1	2/2	> 1	0/2
Posaconazol	≤ 0,5	2/2	ND		ND	
Voriconazol	≤ 1	2/2	≤ 1	2/2	> 1	0/2
Isavuconazol	≤ 0,25	2/2	≤ 0,25	2/2	> 0,25	0/2

Tabelle 126: *Aspergillus niger*: 31 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	$\leq (0,5)$	19/21	≤ 1	21/21	> 1	0/21
Itraconazol	≤ 2	21/21				
Posaconazol	$\leq 0,5$	21/21				
Voriconazol	≤ 2	23/23				
Isavuconazol	≤ 4	21/21				

Tabelle 127: *Aspergillus terreus*: 4 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	≤ 8	0/3				
Itraconazol	$\leq (0,5)$	2/2	≤ 1	2/2	> 1	0/2
Posaconazol	$\leq 0,25$	2/2	$\leq 0,125$	2/2	$> 0,25$	0/2
Voriconazol	≤ 2	2/2				
Isavuconazol	≤ 1	2/2	≤ 1	2/2	> 1	0/2

Unter den getesteten Non-*Aspergillus*-Spezies lag die MHK für Amphotericin B bei 66 % (21/32) > 1 mg/l, für Posaconazol bei 81 % (25/31) $> 0,125$ mg/l und für Voriconazol bei 52 % (16/31) > 1 mg/l. Die Arten beinhalten ein breites Spektrum, siehe Abbildung 84. Bei nicht allen Isolaten wurde eine Resistenztestung durchgeführt.

Die Beurteilung der Resistenzsituation unter den Non-*Aspergillus*-Isolaten gestaltet sich als sehr schwierig, da nach wie vor keine klinischen Breakpoints vorliegen. Die Interpretation der Resistenztestung erfolgt daher in Anlehnung an die für *Aspergillus*-Spezies publizierten Grenzwerte.

Fusarium-Spezies, welche bekannt sind für ihre verminderte Empfindlichkeit gegenüber diversen Antimykotika, zeigten bei den getesteten Isolaten erhöhte MHKs gegenüber

Amphotericin B (> 1 mg/l) in 60 % (3/5), gegenüber Voriconazol (> 1 mg/l) in 75 % (3/4) und (4/5) gegenüber Posaconazol (> 0.125 mg/l) in 80 %.

Unter den Mucormyzeten zeigten 67 % (4/6) eine MHK > 1 mg/ml gegenüber Amphotericin B (2 *Rhizopus microsporus*, 2 *Mucor* sp.), 83 % (5/6) der getesteten Isolate wiesen MHKs > 0.125 mg/l gegenüber Posaconazol auf (3 *Rhizopus microsporus*, 1 *Rhizopus oryzae* und 1 *Mucor* sp.) auf.

Da *Penicillium*-Species, ausgenommen *Penicillium marneffei*, bei invasiven Infektionen eine untergeordnete Rolle spielen [3], wurde die Resistenzlage nicht ausgewertet.

Diskussion

Die Zahl der in die Auswertung aufgenommenen Fadenpilze ist im Vergleich zu 2022 leicht gestiegen. Aufgrund der Tatsache, dass keine einheitlichen Standards zur Probenabnahme und Testung vorliegen, handelt es sich hier um Richtwerte.

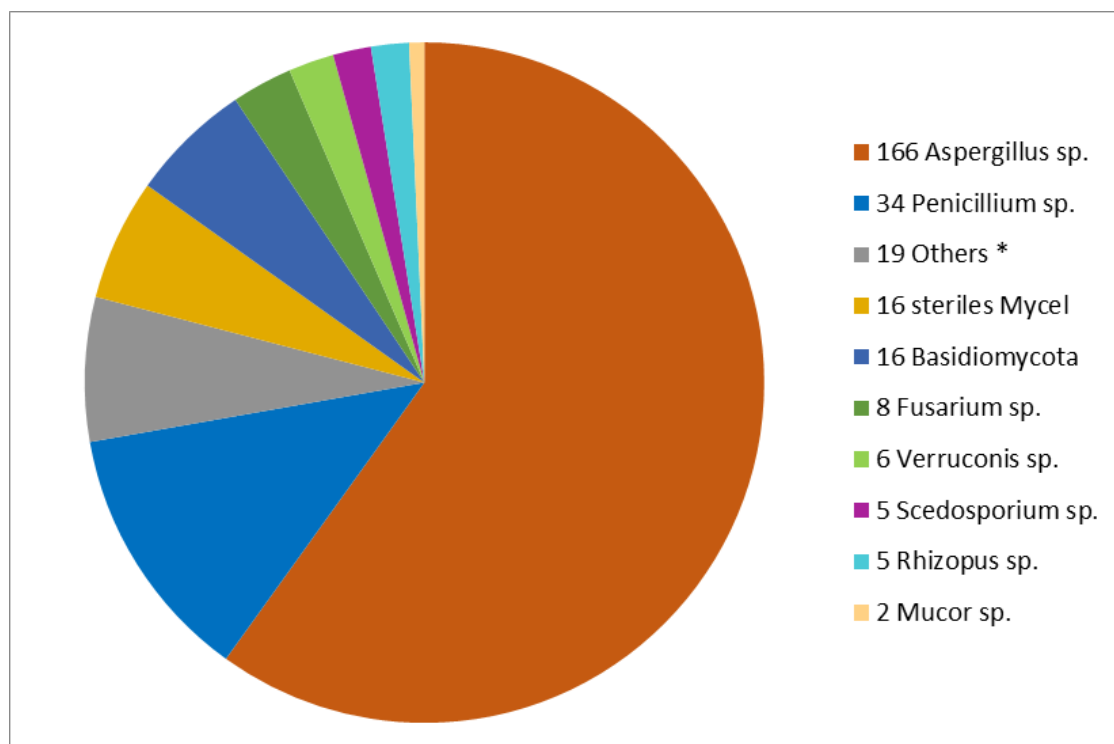
Aspergillus-Spezies sind mit 60 % nach wie vor führend unter den Schimmelpilzen, davon sind 63 % dem *Aspergillus fumigatus*-Komplex zuzuordnen. Dies entspricht in etwa dem prozentuellen Verteilungsmuster der Vorjahre. Auch unter den Non-*Aspergillus*-Spezies verhielt sich das Spektrum an kultivierten Schimmelpilzen ähnlich zu den Vorjahren.

Erfreulicherweise zeigte sich unter den *Aspergillus*-Isolaten keine ansteigende Azol-Resistenz.

Bezogen auf das Resistenzverhalten der nachgewiesenen Schimmelpilze kann Österreich auf eine „sehr zufriedenstellende Situation“ verweisen. In Österreich wurde bisher erst ein Azol-resistentes Isolat (*Aspergillus fumigatus*) detektiert (2012). Dieses stammt von einem Patienten mit chronischer Aspergillose.

Wie sich die epidemiologische Situation in Österreich entwickelt, bleibt abzuwarten. Engmaschige Kontrollen und Überwachungen sind notwendig.

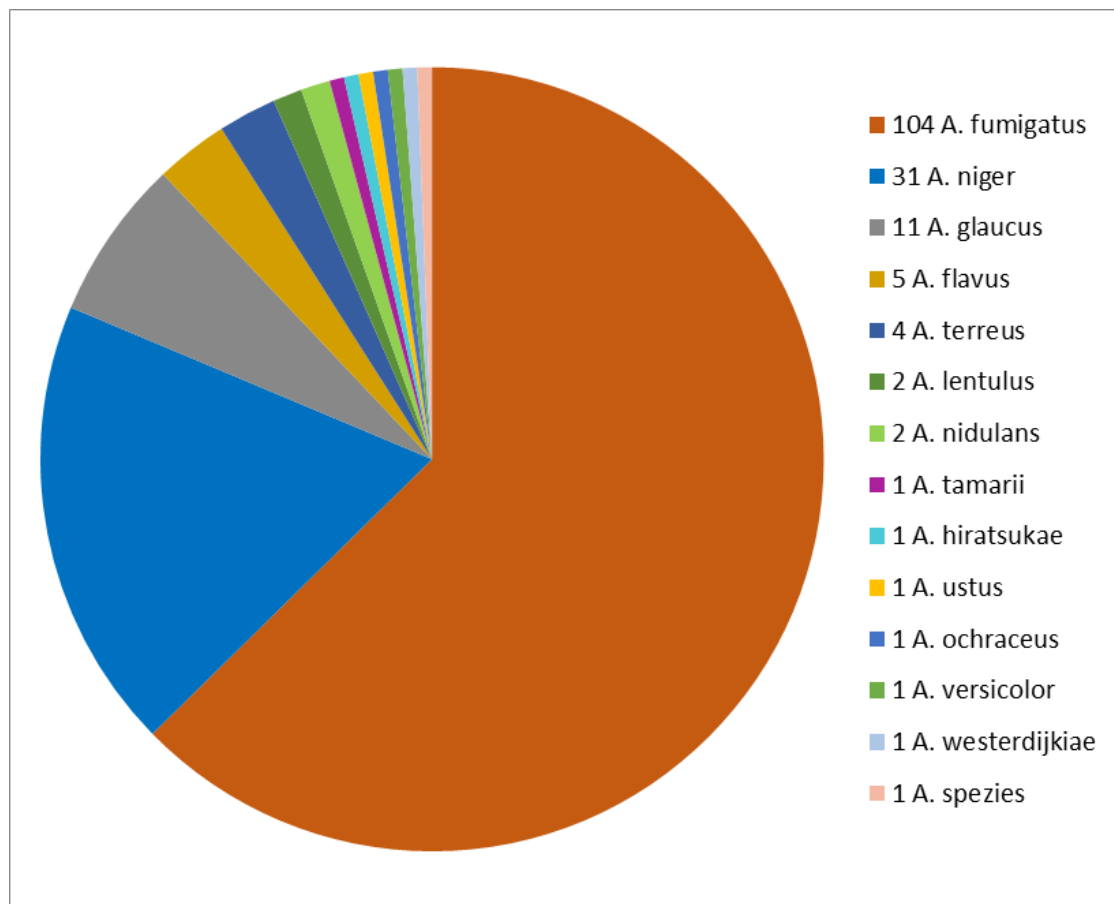
Abbildung 84: Verteilung der Schimmelpilzspezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl



* Others: *Paecilomyces spectabilis*, *Cephalotrichum gorgonifer*, *Cephalotrichum* sp., *Cladosporium* sp., *Dematiaceous mould*, *Lomentospora prolificans*, *Paecilomyces lilacinus*, *Paecilomyces* sp., *Phialemonium* sp., *Purpureocillium lilacinum*, *Schizophyllum commune*, *Scopulariopsis brevicaulis*, *Syncephalastrum monosporum*, *Talaromyces* sp., *Trichoderma* sp.

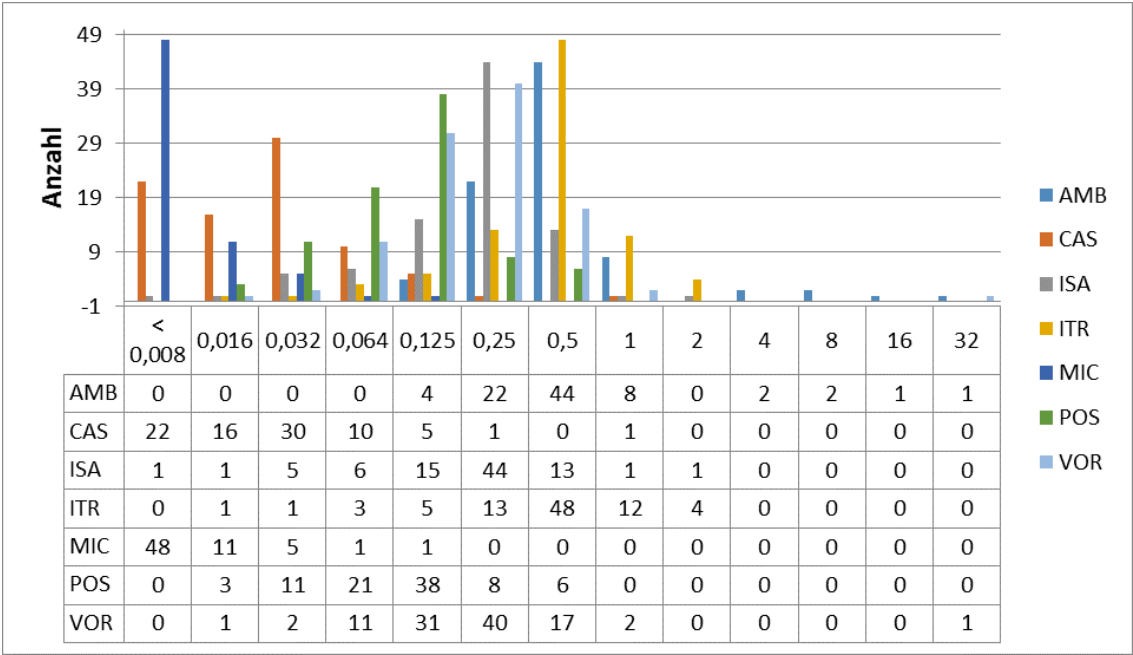
Quelle: Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie der Medizinischen Universität Innsbruck

Abbildung 85: Verteilung der Aspergilluspezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl



Quelle: Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie der Medizinischen Universität Innsbruck

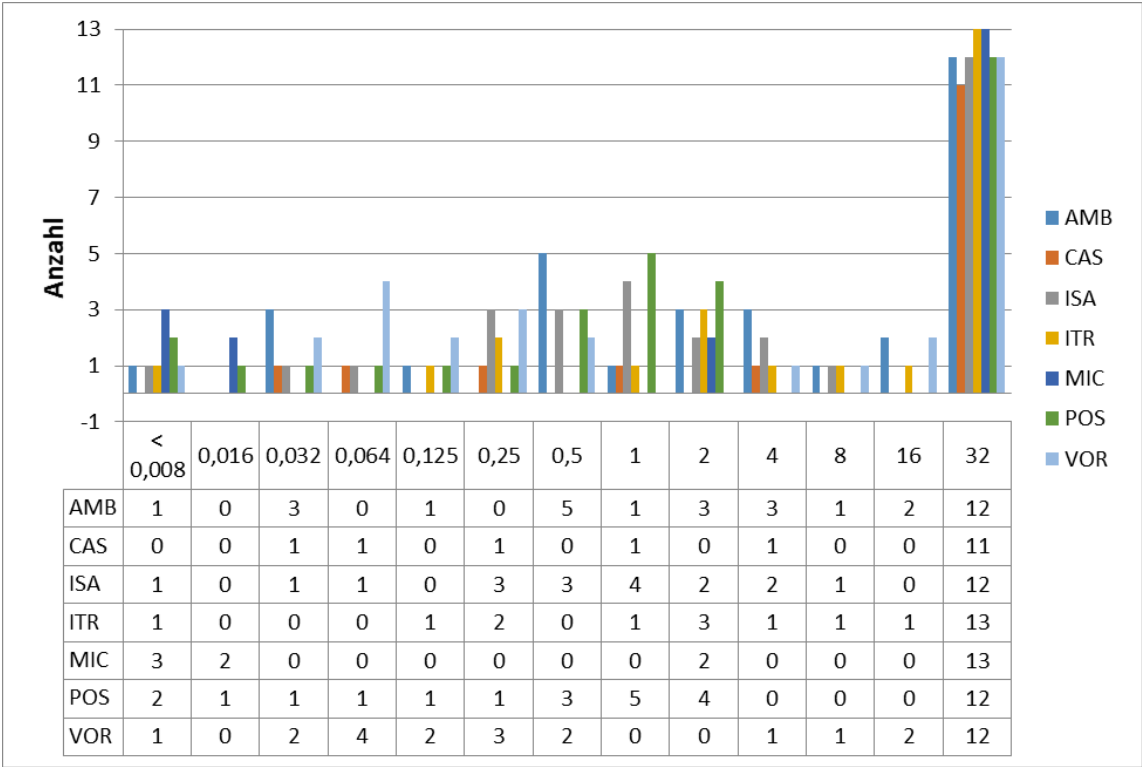
Abbildung 86: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK-Verteilung aller *Aspergillus*-Isolate nach Anzahl



AMB Amphotericin B; CAS Caspofungin; ISA Isavuconazol; ITR Itraconazol; MIC Micafungin; POS Posaconazol, VOR Voriconazol

Quelle: Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie der Medizinischen Universität Innsbruck

Abbildung 87: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK Verteilung aller Non-Aspergillus-Isolate nach Anzahl



AMB Amphotericin B; CAS Caspofungin; ISA Isavuconazol; ITR Itraconazol; MIC Micafungin; POS Posaconazol, VOR Voriconazol

Quelle: Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie der Medizinischen Universität Innsbruck

Referenzen

[1] Willinger B. Emerging fungi and diagnosis of fungal infections: current knowledge and new developments. J Fungi (Basel). 2021;7(4):316, doi 10.3390/jof7040316.

[2] Lass-Flörl C, Steixner S. The changing epidemiology of fungal infections. Mol Aspects Med. 2023;94:101215, doi 10.1016/j.mam.2023.101215.

[3] EUCAST. Antifungal agents. Breakpoint tables for interpretation of MICs. Available for download at: http://www.eucast.org/clinical_breakpoints/

Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 1: Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich

Eine Aktivität des Vereins „Österreichische HIV-Kohortenstudie“

Ansprechpersonen/ Autor:innen

Mag.^a Stefanie Strickner

Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle

Universitätsklinik für Dermatologie und Venerologie

Anichstraße 35

6020 Innsbruck

E-Mail: lki.ha.hiv-kohorte@tirol-kliniken.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung/Abstract.....	282
Prevalence of Transmitted Drug Resistance is Stabilising at a Low Rate in Austria	282
Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich	283
Einleitung	284
Methodik.....	284
Österreichische HIV-Kohortenstudie.....	284
Einschlusskriterien	285
Ausschlusskriterien	285
Frequenz des Monitoring.....	285
Minimales Dataset	285
Zusammenführen der Daten.....	285
Zahl der Kohortenteilnehmer:innen	286
Genotypischer Resistenztest	286
Ergebnisse	287
Anzahl der Patient:innen mit	287
Zeitpunkt der Infektion unbekannt	292
Interpretation und Diskussion	295
Referenzen	295

Zusammenfassung/Abstract

Prevalence of Transmitted Drug Resistance is Stabilising at a Low Rate in Austria

Strickner S.¹, Rieger A.², Knappik M.³, Sarcletti M.⁴, Öllinger A.⁵, Wallner E.⁶, Egle A.⁷, Kanatschnig M.⁸, Zoufaly A.⁹, Atzl M.¹⁰, Zangerle R.⁴, for the AHIVCOS Study Group

¹Austrian HIV Cohort Study, Innsbruck, Austria, ²Medical University Vienna, Vienna, Austria, ³Hospital Penzing, Vienna, Austria, ⁴Medical University Innsbruck, Innsbruck, Austria, ⁵Kepler Universitätsklinikum Med Campus III. Linz, Linz, Austria, ⁶LKH Graz West, Graz, Austria, ⁷Paracelsus Medical University Salzburg, Dept. of Internal Medicine III, Salzburg, Austria, ⁸LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, ⁹Hospital Favoriten, Vienna, Austria, ¹⁰LKH Feldkirch, Feldkirch, Austria

Objective: To determine the prevalence of transmitted drug resistance (TDR), temporal trends in resistance, and predictors for TDR.

Method: Newly diagnosed patients from 2003 to December 2023 from nine centres were analyzed. Mutations were judged as resistant according to Bennett et al. (WHO 2009 mutation list). For patients with acute or recent infection, the year of infection was obtained by the date of primary HIV infection or the median point in time between negative and positive HIV test. For patients with chronic infection, the rate of resistance was plotted against the year of the HIV diagnosis.

Results: Overall 3,998 of 6,606 patients had an amplifiable resistance test. The overall prevalence of TDR was 7.0% (282 of 3,998 patients; 95% CI: 6.3%-7.9%). The prevalence of NRTI resistance was 2.9% (2.5%-3.5%), the prevalence of NNRTI resistance was 3.0% (2.5%-3.5%), and the prevalence of PI resistance was 1.7% (1.3%-2.2%). The relative risk of TDR in men who have sex with men compared to heterosexual contacts was 1.5 (95% CI: 1.1-1.9). The prevalence rate of TDR in the 1,159 patients with acute/recent infection was 7.6% (65 of 860 patients; 6.0%-9.5%). One patient (0.1%) showed TDR against 3 drug classes (K70R; K103N; L90M). The prevalence rate of TDR in the 5,423 patients with chronic infection was 6.4% (217 of 3,381 patients; 5.6%-7.3%).

Conclusions: The prevalence of TDR among newly diagnosed patients was found to be stabilising. No difficulty to treat cases of TDR has been observed.

Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich

Strickner S.¹, Rieger A.², Knappik M.³, Sarcletti M.⁴, Öllinger A.⁵, Wallner E.⁶, Egle A.⁷, Kanatschnig M.⁸, Zoufaly A.⁹, Atzl M.¹⁰, Zangerle R.⁴, für die ÖHIVKOS-Studiengruppe

¹Österreichische HIV-Kohortenstudie, Innsbruck, Austria, ²Medizinische Universität Wien, Wien, Austria, ³Klinik Penzing, Wien, Austria, ⁴Medizinische Universität Innsbruck, Innsbruck, Austria, ⁵Kepler Universitätsklinikum Med Campus III. Linz, Linz, Austria, ⁶LKH Graz West, Graz, Austria, ⁷Paracelsus Medizinische Universität Salzburg, Salzburg, Austria, ⁸LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, ⁹Klinik Favoriten, Wien, Austria, ¹⁰LKH Feldkirch, Feldkirch, Austria

Ziel der Studie: Bestimmung der Prävalenz der übertragenen Resistenz (TDR), temporäre Trends der Resistenz und Prädiktoren für TDR.

Methoden: Von 2003 bis Dezember 2023 wurden neu diagnostizierte Patient:innen aus neun Zentren analysiert. Die Resistenzmutationen wurden nach Bennett et al. (WHO 2009 mutation list) gewertet. Die Berechnung des Zeitpunktes der Infektion bei frischinfizierten Patient:innen erfolgte entweder anhand des Zeitpunkts der akuten HIV-Infektion oder als Mittel zwischen dem letzten negativen und dem ersten positiven HIV-Test. Bei Patient:innen mit chronischer Infektion wurde die Rate der Resistenz gegen das Jahr der HIV-Diagnose abgebildet.

Ergebnisse: Insgesamt hatten 3.998 von 6.606 Patient:innen einen amplifizierbaren Resistenztest. Die Gesamtprävalenz der TDR betrug 7,0 % (282 von 3.998 Patient:innen; 95 %-CI: 6,3 %–7,9 %). Die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 2,9 % (2,5 %–3,5 %), die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 3,0 % (2,5 %–3,5 %) und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 1,7 % (1,3 %–2,2 %). Das relative Risiko der TDR bei homosexuellen Männern im Vergleich zu einer heterosexuellen Infektion lag bei 1,5 (95 %-CI: 1,1–1,9). Die Prävalenzrate der TDR von den 1.159 Patient:innen mit akuter/frischer Infektion belief sich auf 7,6 % (65 von 860 Patient:innen; 6,0 %–9,5 %). Ein Patient (0,1 %) wies eine TDR gegenüber 3 Medikamentenklassen (K70R; K103N; L90M) auf. Die Prävalenzrate der TDR bei den 5.423 Patient:innenn mit chronischer Infektion betrug 6,4 % (217 von 3.381 Patient:innen; 5,6 %–7,3 %).

Schlussfolgerungen: Die Prävalenz der TDR bei den neu diagnostizierten Patient:innen erwies sich als stabil. Es waren keine Schwierigkeiten bei der Behandlung von TDR zu beobachten.

Einleitung

Der in Europa weitverbreitete Gebrauch von antiretroviraler Kombinationstherapie (cART) war mit einer deutlichen Erhöhung der Lebenserwartung verbunden. Mit dieser Verbesserung ging jedoch eine erhöhte Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren einher: Schätzungsweise 10 bis 15 % ART-naiver Patient:innen in Europa und den USA tragen Viren mit mindestens einer Resistenzmutation in sich. Diese Mutationen sind ein Hauptgrund für virologisches Versagen und können die Therapieantwort beeinflussen. Therapierichtlinien empfehlen genotypische Testungen bei therapienaiven Patient:innen, um das Vorliegen einer übertragenen Resistenz (TDR) abzuklären und die Erstbehandlung optimal abstimmen zu können. Bis jetzt sind die Auswirkungen von TDR auf virales Ansprechen und Immunantwort jedoch noch nicht ausreichend erforscht.

Methodik

Österreichische HIV-Kohortenstudie

Repräsentant:innen von fünf österreichischen HIV-Behandlungszentren (AKH Wien, Otto-Wagner-Spital Wien, AKH Linz, LKH Innsbruck und LKH Graz West) haben Ende 2001 die „Österreichische HIV-Kohortenstudie (ÖHIVKOS)“ gegründet. Im Jahr 2008 sind das LKH Salzburg und das LKH Klagenfurt, im Jahr 2016 das Kaiser-Franz-Josef-Spital Wien und im Jahr 2018 das LKH Feldkirch dazu gekommen. Verantwortlich für die medizinisch-wissenschaftliche Koordination ist Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle von der Medizinischen Universität Innsbruck.

Ein langfristiges Ziel der Österreichischen HIV-Kohortenstudie ist eine auf freiwilliger Basis beruhende und bei Wahrung der vollständigen Anonymität weite Erfassung HIV-infizierter Personen.

Bis Ende 2023 wurden bisher insgesamt 11.294 HIV-infizierte Personen in die Kohortenstudie aufgenommen. Es ist zu vermuten, dass die Zahl der Verstorbenen größer als 2.767 ist, vor allem, weil die Eingabe von Patient:innen mit länger zurück liegendem Kontakt prinzipiell unvollständig ist.

Einschlusskriterien

Aufgenommen in die Kohorte wurden Patient:innen der neun HIV-Zentren, wenn folgende Bedingung erfüllt ist:

- Nachweis der HIV-Infektion

Ausschlusskriterien

- Auf Wunsch von HIV-Behandler:innen
- Auf Wunsch von Patient:innen

Frequenz des Monitoring („Follow-up“)

Die Kohortenteilnehmer:innen sollten für die Kohortenstudie wenigstens alle sechs Monate in einem der neun HIV-Zentren untersucht und dokumentiert werden. Daraus ergeben sich auch keine zusätzlichen Kosten, weil diese Untersuchungen aus medizinischen Gründen meist alle drei Monate durchzuführen sind.

Minimales Dataset

- Letzter negativer und erster positiver HIV-Test
- Erster Kontakt im HIV-Zentrum
- Alter, Geschlecht, Übertragungsweg für HIV
- AIDS, alle Todesfälle
- CD4 Lymphozyten, HIV-RNA, Hämoglobin
- Koinfektionen (Syphilis, CMV, Hepatitis B, Hepatitis C, Tuberkulose)
- Resistenzen gegenüber antiretroviralen Medikamenten
- Antiretrovirale Therapien (auch zurückliegende Therapien)

Zusammenführen der Daten

- Vollständige Anonymisierung der Kohortenteilnehmer:innen
- Halbjährlich

Zahl der Kohortenteilnehmer:innen

Für diesen Bericht wurden nur Patient:innen herangezogen, bei denen die Diagnose HIV zwischen dem 1.1.2003 und dem 31.12.2023 gestellt wurde. Die Dokumentation für Resistenztests erfolgte ab diesem Datum flächendeckend.

Abbildung 88: Zahl der Kohortenteilnehmer:innen

	OWS Wien	AKH Wien	KFJ Wien	Linz	Salz- burg	Inns- bruck	Feld- kirch	Graz	Klagen- furt	Gesamt
bis 2003	1578	1194	38	612	124	824	14	238	66	4688
2003-2023	1227	2190	263	690	458	720	149	636	273	6606
Gesamt	2805	3384	301	1302	582	1544	163	874	339	11294

Genotypischer Resistenztest

Für die Analyse der Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren wurden nur Resistenztests herangezogen, die vor der antiretroviralen Therapie durchgeführt wurden. Analysiert wurden einerseits Patient:innen, bei denen der Zeitpunkt der Infektion bekannt war oder annähernd genau berechnet werden konnte („frische Infektion“), und andererseits Patient:innen, bei denen dies nicht bekannt war, nach dem Jahr des HIV-Tests.

Die Rate der Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren („Prozent mit Resistenz“) entspricht der Zahl der Patient:innen mit Resistenzmutationen im Verhältnis zur Zahl der Patient:innen mit einem genotypischen Resistenztest. Hierbei wird das Genom der Reversen Transkriptase (RT) und der Protease (P) sequenziert.

Genotypische Resistenztests für diesen Bericht wurden in vier Laboratorien durchgeführt, nämlich der Virologie Wien, dem Zentrallabor AKH Linz, dem Zentrallabor LKH Salzburg und der Hygiene Graz. Die Wertung der Resistenzmutationen erfolgte nach Bennett DE, Camacho RJ, Otelea D et al. Drug resistance mutations for surveillance of transmitted HIV-1 drug-resistance: 2009 update. PLoS One 2009;4(3):e4724.

Abbildung 89: Als Resistenz gewertete Codons und Aminosäuren

Reverse Transkriptase				Protease	
NRTI		NNRTI			
M41	L	L100	I	L23	I
K65	R	K101	E, P	L24	I
D67	N, G, E	K103	N, S	D30	N
T69	D, ins	V106	M, A	V32	I
K70	R, E	V179	F	M46	I, L
L74	V, I	Y181	C, I, V	I47	V, A
V75	T, M, A, S	Y188	L, H, C	G48	V, M
F77	L	G190	A, S, E	I50	V, L
Y115	F	P225	H	F53	L, Y
F116	Y	M230	L	I54	V, L, M, A, T, S
Q151	M			G73	S, T, C, A
M184	V, I			L76	V
L210	W			V82	A, T, F, S, C, M, L
T215	Y, F, I, S, C, D, V, E			N83	D
K219	Q, E, N, R			I84	V, A, C
				85	V
				N88	D, S
				L90	M

Ergebnisse

Anzahl der Patient:innen mit „frischer“ bzw. chronischer HIV-Infektion

Von den 6.606 Patient:innenn mit der Diagnose HIV (zwischen dem 1.1.2003 und dem 31.12.2023) hatten 1.183 (17,9 %) eine „frische“ Infektion, bei 5.423 (82,1 %) Patient:innen war der Zeitpunkt der Infektion unbekannt.

Abbildung 90: Anzahl der Patient:innen mit „frischer“ bzw. chronischer HIV-Infektion

HIV-Diagnosen		"frische" Infektionen	Zeitpunkt der Infektion unbekannt
Jahr	Jahr der HIV-Diagnose	Jahr der HIV-Infektion	Jahr der HIV-Diagnose
2001	-	2	-
2002	-	22	-
2003	313	61	261
2004	359	64	287
2005	364	77	295
2006	364	57	302
2007	391	83	318
2008	415	66	337
2009	358	68	292
2010	386	97	300
2011	376	98	274
2012	386	63	314
2013	331	66	257
2014	321	46	268
2015	340	48	303
2016	312	54	261
2017	330	52	262
2018	231	44	193
2019	261	31	226
2020	177	27	155
2021	200	19	175
2022	197	23	172
2023	194	15	171
Total	6606	1183	5423

FrISChe Infektion“ (Zeitpunkt der Infektion bekannt oder berechenbar)

Als „frisch“ infiziert („Serokonverter“) gelten:

- Akute HIV-Infektion (sich entwickelnde Westernblotbanden oder Antigen/HIV RNA bei fehlenden Antikörpern mit klinischem Bild)
- Nachgewiesene Serokonversion, falls negativer Test maximal 3 Jahre vor dem ersten positiven Test

Berechnung des Zeitpunktes der Infektion (Jahr der HIV-Infektion):

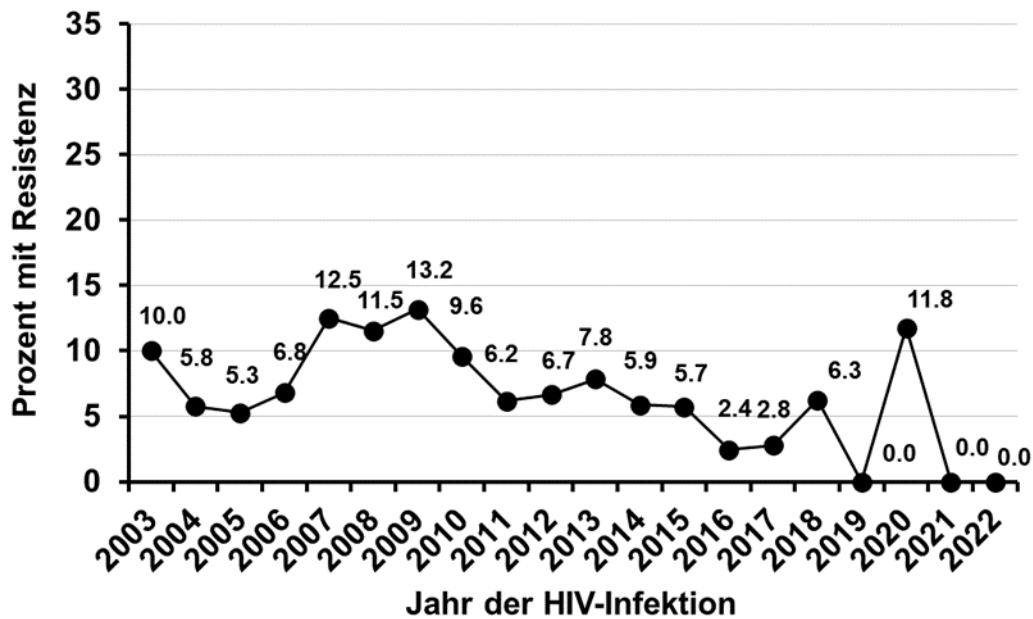
- Zeitpunkt der akuten HIV-Infektion
- Mittel zwischen dem letzten negativen und dem ersten positiven HIV-Test

Bei Patient:innen mit „frischer“ Infektion ist das Jahr der Infektion, das nicht das Jahr der Diagnose sein muss, berechenbar. So wurden 24 von den 1.183 Patient:innen, bei denen das Jahr 2001 und 2002 als das Jahr der Infektion berechnet wurde, konsequenterweise nicht für die Darstellung der Jahre 2003 bis 2023 herangezogen.

Abbildung 91: Übertragene Resistenz nach Jahr der frischen HIV-Infektion und Übertragungsart

	Anzahl der HIV-Infektionen	Amplifizierbare Resistenztests vor ART	"Irgendeine" Resistenz
Jahr der HIV-Infektion			
2003	61	50	5
2004	64	52	3
2005	77	57	3
2006	57	44	3
2007	83	64	8
2008	66	52	6
2009	68	53	7
2010	97	73	7
2011	98	81	5
2012	63	45	3
2013	66	51	4
2014	46	34	2
2015	48	35	2
2016	54	41	1
2017	52	36	1
2018	44	32	2
2019	31	16	-
2020	27	17	2
2021	19	11	-
2022	23	11	-
2023	15	5	1
Geschlecht/ Übertragungsart			
MSM	752	564	50
Männliche IDU	116	82	3
Weibliche IDU	48	30	3
Heterosexuell männlich	115	90	6
Heterosexuell weiblich	104	84	3
Andere	24	10	-
Total	1159	860	65

Abbildung 92: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Infektion



Das Jahr 2023 wird in der Grafik nicht abgebildet, da aufgrund der Definition der frischen Infektion nur eine begrenzte Zahl von Patient:innen definiert werden kann. Jüngere Patient:innen (<35 Jahre) hatten ein höheres Risiko für eine übertragene Resistenz (OR=2,1, 95 %-CI: 1,2–3,8).

Abbildung 93: Übertragene Resistenz nach Zeitpunkt der frischen HIV-Infektion, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter

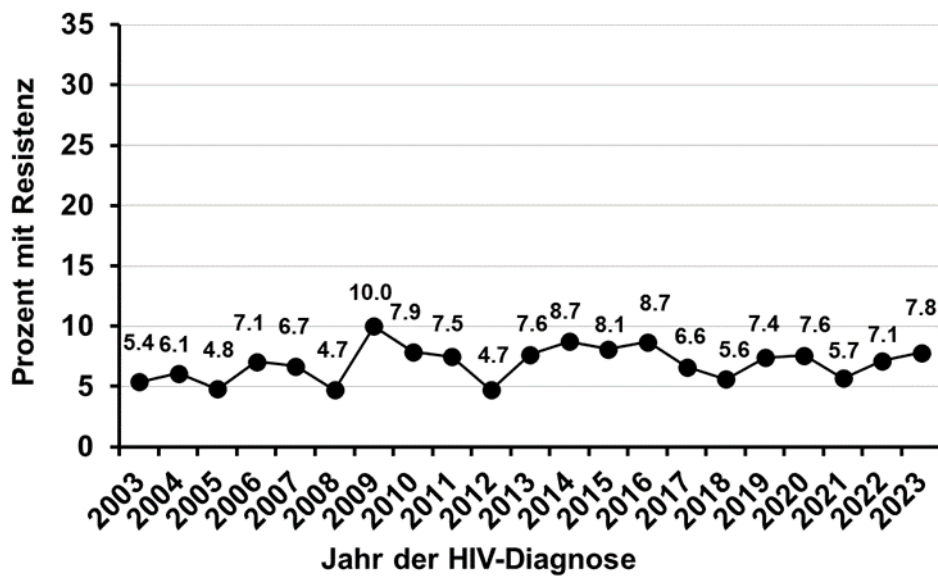
	Zahl der HIV-Infektionen	Resistenz-Tests vor ART	Wildtyp	Resistenz gegen							
				NRTI oder NNRTI oder PI	NRTI	NNRTI	PI	NRTI und PI	NRTI und NNRTI	NNRTI und PI	3-Klassen-Resistenz
Jahr der HIV-Infektion											
2003	61	50	45	5	4	1	-	-	-	-	-
2004	64	52	49	3	-	3	-	-	-	-	-
2005	77	57	54	3	1	2	-	-	-	-	-
2006	57	44	41	3	1	2	-	-	-	-	-
2007	83	64	56	8	4	4	3	1	2	1	1
2008	66	52	46	6	3	1	3	1	-	-	-
2009	68	53	46	7	2	3	4	1	-	1	-
2010	97	73	66	7	1	5	1	-	-	-	-
2011	98	81	76	5	1	4	1	-	-	1	-
2012	63	45	42	3	3	-	-	-	-	-	-
2013	66	51	47	4	1	2	1	-	-	-	-
2014	46	34	32	2	2	-	-	-	-	-	-
2015	48	35	33	2	1	1	-	-	-	-	-
2016	54	41	40	1	-	1	-	-	-	-	-
2017	52	36	35	1	-	-	1	-	-	-	-
2018	44	32	30	2	-	1	1	-	-	-	-
2019	31	16	16	-	-	-	-	-	-	-	-
2020	27	17	15	2	-	2	-	-	-	-	-
2021	19	11	11	-	-	-	-	-	-	-	-
2022	23	11	11	-	-	-	-	-	-	-	-
2023	15	5	4	1	-	1	-	-	-	-	-
Wohnortgröße											
Ländliche Region	511	393	365	28	10	16	6	1	1	3	1
Landeshauptstädte	186	145	132	13	3	5	6	1	-	-	-
Wien	456	320	296	24	11	12	3	1	1	-	-
Fehlend	6	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-
Geschlecht/ Übertragungsart											
MSM	752	564	514	50	18	25	14	3	2	3	1
Männliche IDU	116	82	79	3	2	1	-	-	-	-	-
Weibliche IDU	48	30	27	3	-	3	-	-	-	-	-
Heterosexuell männlich	115	90	84	6	2	3	1	-	-	-	-
Heterosexuell weiblich	104	84	81	3	2	1	-	-	-	-	-
Andere	24	10	10	-	-	-	-	-	-	-	-
Alter beim HIV-Test											
<35 Jahre	666	482	436	46	16	25	8	1	1	1	-
≥35 Jahre	493	378	359	19	8	8	7	2	1	2	1
Gesamt	1159	860	795	65	24	33	15	3	2	3	1

Zeitpunkt der Infektion unbekannt

Abbildung 94: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose und Übertragungsart

	Anzahl der HIV-Diagnosen	Amplifizierbare Resistenztests vor ART	"Irgendeine" Resistenz
Jahr der HIV-Diagnose			
2003	261	148	8
2004	287	181	11
2005	295	188	9
2006	302	184	13
2007	318	194	13
2008	337	191	9
2009	292	190	19
2010	300	190	15
2011	274	174	13
2012	314	190	9
2013	257	157	12
2014	268	149	13
2015	303	173	14
2016	261	161	14
2017	262	151	10
2018	193	107	6
2019	226	108	8
2020	155	66	5
2021	175	88	5
2022	172	84	6
2023	171	64	5
Geschlecht/ Übertragungsart			
MSM	2309	1383	113
Männliche IDU	535	318	12
Weibliche IDU	152	86	7
Heterosexuell männlich	1057	642	30
Heterosexuell weiblich	983	574	43
Andere	387	135	12
Total	5423	3138	217

Abbildung 95: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose



Männer, die sich über die Injektion von Drogen (OR=0,4, 95 %-CI: 0,2-0,8) oder über heterosexuelle Kontakte (OR=0,6, 95 %-CI: 0,4-0,9) infiziert hatten, hatten im Vergleich zu einer Übertragung durch MSM ein niedrigeres Risiko für eine übertragene Resistenz, jüngere Patient:innen (<35 Jahre) hatten ein höheres Risiko für eine übertragene Resistenz (OR=1,4, 95 %-CI: 1,0–1,8).

Abbildung 96: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter

	Zahl der HIV-Diagnosen	Resistenz-Tests vor ART	Wildtyp	Resistenz gegen							
				NRTI oder NNRTI oder PI	NRTI	NNRTI	PI	NRTI und PI	NRTI und NNRTI	NNRTI und PI	3-Klassen-Resistenz
Jahr der HIV-Diagnose											
2003	261	148	140	8	4	3	1	-	-	-	-
2004	287	181	170	11	6	2	4	1	-	-	-
2005	295	188	179	9	7	1	4	3	-	-	-
2006	302	184	171	13	6	2	5	-	-	-	-
2007	318	194	181	13	8	2	3	-	-	-	-
2008	337	191	182	9	4	2	3	-	-	-	-
2009	292	190	171	19	7	4	9	-	1	-	-
2010	300	190	175	15	4	8	4	1	-	-	-
2011	274	174	161	13	3	6	4	-	-	-	-
2012	314	190	181	9	7	2	1	-	1	-	-
2013	257	157	145	12	7	5	-	-	-	-	-
2014	268	149	136	13	3	6	4	-	-	-	-
2015	303	173	159	14	5	6	4	-	-	1	-
2016	261	161	147	14	3	10	1	-	-	-	-
2017	262	151	141	10	4	6	-	-	-	-	-
2018	193	107	101	6	4	1	2	1	-	-	-
2019	226	108	100	8	2	5	1	-	-	-	-
2020	155	66	61	5	2	4	-	-	1	-	-
2021	175	88	83	5	2	3	-	-	-	-	-
2022	172	84	78	6	1	3	2	-	-	-	-
2023	171	64	59	5	4	4	1	1	3	1	1
Wohnortgröße											
Ländliche Region	2178	1305	1210	95	42	33	21	-	1	-	-
Landeshauptstädte	717	498	461	37	12	20	9	-	4	-	-
Wien	2451	1317	1235	82	38	31	22	7	1	2	1
Fehlend	77	18	15	3	1	1	1	-	-	-	-
Geschlecht/ Übertragungsart											
MSM	2309	1383	1270	113	44	45	29	3	-	2	1
Männliche IDU	535	318	306	12	4	8	1	-	1	-	-
Weibliche IDU	152	86	79	7	2	4	1	-	1	-	-
Heterosexuell männlich	1057	642	612	30	14	8	10	1	1	-	-
Heterosexuell weiblich	983	574	531	43	25	14	10	3	3	-	-
Andere	387	135	123	12	4	6	2	-	-	-	-
Alter beim HIV-Test											
<35 Jahre	2711	1469	1355	114	49	49	26	7	3	1	1
≥35 Jahre	2712	1669	1566	103	44	36	27	-	3	1	-
Gesamt	5423	3138	2921	217	93	85	53	7	6	2	1

Interpretation und Diskussion

Insgesamt konnten in allen HIV-Zentren 282 (7,1 %) von 3.998 Patient:innen gefunden werden, die vor ihrer ersten antiretroviralen Therapie zumindest eine Mutation mit Resistenz gegenüber HIV-Medikamenten zeigten. 2 Patienten hatten eine 3-Klassen Resistenz gegenüber NRTI, NNRTI und PI vor der antiretroviralen Therapie. 10 Patient:innen waren resistent gegenüber NRTI und PI, 8 Patient:innen gegenüber NRTI und NNRTI und 5 gegenüber NNRTI und PI. Die Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren hat in den letzten Jahren sogar abgenommen, wenngleich betont werden muss, dass die systematische Suche nach Resistenzen vor der Therapie noch unvollständig ist und diese erst 2003 etabliert worden ist. Sowohl bei frischen Infektionen als auch bei jenen unbekannten Zeitpunkts hatten jüngere Patient:innen (<35 Jahre) ein höheres Risiko für den Erwerb medikamentenresistenter HI-Viren. Bei Infektionen unbekannten Zeitpunkts hatten Männer, die sich über die Injektion von Drogen oder über heterosexuelle Kontakte infiziert hatten, im Vergleich zu einer Infektion durch MSM ein niedrigeres Risiko für eine übertragene Resistenz

Referenzen

- [1] Bannister WP et al. Transmitted drug-resistant HIV-1 and association with virologic and CD4 cell count response to combination antiretroviral therapy in the EuroSIDA Study. J Acquir Immune Defic Syndr 2008; 48: 324–33
- [2] Bennett DE, Camacho RJ, Otelea D et al. Drug resistance mutations for surveillance of transmitted HIV-1 drug-resistance: 2009 update. PLoS One 2009; 4(3): e4724
- [3] Booth CL, Geretti AM. Prevalence and determinants of transmitted antiretroviral drug resistance in HIV-1 infection. J Antimicrob Chemother 2007; 59: 1047–56
- [4] Mezei M et al. Molecular epidemiological analyses of env and pol sequences in newly diagnosed HIV type 1-infected, untreated patients in Hungary. AIDS Research and Human Retroviruses 2011; Vol. 27
- [5] Pillay D et al. The impact of transmitted drug resistance on the natural history of HIV infection and response to first-line therapy. AIDS 2006; 20: 21–28

- [6] Vercauteren J et al. Transmission of drug-resistant HIV-1 is stabilizing in Europe. *J Infect Dis* 2009; 200: 1503–08
- [7] Wensing AM et al. Prevalence of drug-resistant HIV-1 variants in untreated individuals in Europe: implications for clinical management. *J Infect Dis* 2005; 192 (6): 958–966
- [8] Wheeler WH et al. Prevalence of transmitted drug resistance associated mutations and HIV-1 Subtypes in new HIV-1 diagnosis, U. S.-2006. *AIDS* 2010; 24: 1203–12
- [9] Wittkop L et al. Effect of transmitted drug resistance on virological and immunological response to initial combination antiretroviral therapy for HIV (EuroCoord-CHAIN joint project): a European multicohort study. *Lancet Infect Dis* 2011; 11: 363–71
- [10] Yerly S et al. Transmission of HIV-1 drug resistance in Switzerland: A 10-year molecular epidemiology survey. *AIDS* 2007; 21: 2223–29

Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 2: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie

Eine Aktivität des Vereins „Österreichische HIV-Kohortenstudie“

Ansprechpersonen/Autor:innen

Mag.^a Stefanie Strickner
Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle

Universitätsklinik für Dermatologie und Venerologie
Anichstraße 35
6020 Innsbruck
E-Mail: lki.ha.hiv-kohorte@tirol-kliniken.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung/Abstract.....	299
Prevalence of Development of Drug Resistance in HIV infected patients in Austria	299
Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie	300
Einleitung	301
Methodik.....	301
Ergebnisse: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie	302
Antiretrovirale Therapie	302
Zahl der Patient:innen mit antiretroviraler Therapie	302
Formen der antiretroviralen Therapie	303
Zahl der NRTI-assoziierten Resistenzmutationen	304
Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT	305
Zahl der NNRTI-assoziierten Resistenzmutationen.....	306
Zahl der PI-assoziierten Resistenzmutationen	307
Kumulative Resistenz für Medikamentenklassen zum 1.1.2024	309
Häufigkeit von kumulativer Resistenz.....	309
Kumulative Resistenz nach Zeitpunkt des Therapiebeginns, Wohnort, Übertragungsart, Geschlecht und Alter	309
Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie.....	312
Risikofaktoren für die Entwicklung von Resistenz	313
Patient:innen mit einer 3-Klassen-Resistenz	313
Patient:innen mit irgendeiner Resistenz bei Therapiebeginn nach 1.1.1997.....	315
Interpretation und Diskussion	316
Wahrscheinlichkeit einer Resistenzentwicklung.....	317
Referenzen	320

Zusammenfassung/Abstract

Prevalence of Development of Drug Resistance in HIV infected patients in Austria

Strickner S.¹, Rieger A.², Knappik M.³, Sarcletti M.⁴, Öllinger A.⁵, Wallner E.⁶, Egle A.⁷, Kanatschnig M.⁸, Zoufaly A.⁹, Atzl M.¹⁰, Zangerle R.⁴, for the AHIVCOS Study Group

¹Austrian HIV Cohort Study, Innsbruck, Austria, ²Medical University Vienna, Vienna, Austria, ³Hospital Penzing, Vienna, Austria, ⁴Medical University Innsbruck, Innsbruck, Austria, ⁵Kepler Universitätsklinikum Med Campus III. Linz, Linz, Austria, ⁶LKH Graz West, Graz, Austria, ⁷Paracelsus Medical University Salzburg, Dept. of Internal Medicine III, Salzburg, Austria, ⁸LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, ⁹Hospital Favoriten, Vienna, Austria, ¹⁰LKH Feldkirch, Feldkirch, Austria

Objective: To determine the prevalence of development of drug resistance, predictors and temporal trends in resistance.

Method: Patients currently in care in one of nine centres who have ever been on antiretroviral therapy (ART) were analyzed. Mutations were judged as resistant according to “2022 Update of the Drug Resistance Mutations in HIV-1” from the International Antiviral-Society-USA (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2022/10/30-4-559.pdf>).

Results: Overall 4,744 patients have ever received ART, 1,248 had a resistance test after ART (26.3%). The overall prevalence of development of drug resistance was 63.3% (790 of 1,248 patients), the prevalence of NRTI resistance was 30.1%, the prevalence of NNRTI resistance was 24.8%, and the prevalence of PI resistance was 53.1%. The prevalence of 3-class-resistance was 13.1% (163 of 1,248 patients). The risk factors for developing a 3-class-resistance were initial therapy before 1997 (OR=33.1; 95% CI: 20.9-52.5) as well as from 1997 to 2003 (OR=8.2; 95% CI: 5.1-13.4), a CD4 nadir <50 (OR=4.0 95% CI: 2.5-6.3), a CD4 nadir between 50 and 200 (OR=2.1; 95% CI: 1.3-3.3) and an age at ART-start <30 (OR=2.3; 95% CI: 1.01-5.4). The risk to develop a 3-class-resistance was lower in patients with a low viral load (for <50 copies/ml OR=0.2; 95% CI: 0.1-0.4).

Conclusions: The overall prevalence of development of drug resistance is at a rather high level, while the prevalence of 3-class-resistance was found to be stabilising at a low level. The risk for developing resistance is small in those who initiated therapy in recent years.

Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie

Strickner S.¹, Rieger A.², Schmied B.³, Sarcletti M.⁴, Öllinger A.⁵, Wallner E.⁶, Egle A.⁷, Kanatschnig M.⁸, Zoufaly A.⁹, Atzl M.¹⁰, Zangerle R.⁴, für die ÖHIVKOS-Studiengruppe

¹Österreichische HIV-Kohortenstudie, Innsbruck, Austria, ²Medizinische Universität Wien, Wien, Austria, ³Klinik Penzing, Wien, Austria, ⁴Medizinische Universität Innsbruck, Innsbruck, Austria, ⁵Kepler Universitätsklinikum Med Campus III. Linz, Linz, Austria, ⁶LKH Graz West, Graz, Austria, ⁷Paracelsus Medizinische Universität Salzburg, Salzburg, Austria, ⁸LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, ⁹Klinik Favoriten, Wien, Austria, ¹⁰LKH Feldkirch, Feldkirch, Austria

Ziel der Studie: Bestimmung der Prävalenz, der Prädiktoren und der temporären Trends der Resistenzentwicklung.

Methoden: Es wurden aktuell betreute Patient:innen aus neun Zentren analysiert, die jemals unter antiretroviraler Therapie (ART) standen. Die Resistenzmutationen wurden nach der Mutationsliste 2022 der International Antiviral-Society-USA (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2022/10/30-4-559.pdf>) gewertet.

Ergebnisse: Insgesamt erhielten 4.744 Patient:innen jemals eine ART, 1.248 hatten einen Resistenztest nach ART (26,3 %). Die Gesamtprävalenz der Resistenzentwicklung betrug 63,3 % (790 von 1.248 Patient:innen), die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 30,1 %, die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 24,8 % und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 53,1 %. 163 von 1.248 Patient:innen (13,1 %) entwickelten eine 3-Klassen-Resistenz. Die Risikofaktoren für eine 3-Klassen-Resistenz waren ein erster Therapiebeginn vor 1997 (OR=33,1; 95 %-CI: 20,9–52,5) sowie von 1997 bis 2003 (OR=8,2; 95 %-CI: 5,1–13,4), ein CD4-Nadir <50 (OR=4,0; 95 %-CI: 2,5–6,3), ein CD4-Nadir zwischen 50 und 200 (OR=2,1; 95 %-CI: 1,3–3,3) und ein Alter <30 bei Therapiebeginn (OR=2,3; 95 %-CI: 1,01–5,4). Das Risiko einer 3-Klassen-Resistenz war bei Patient:innen mit niedriger Viruslast geringer (bei <50 Kopien/ml OR=0,2; 95 %-CI: 0,1–0,4).

Schlussfolgerungen: Die Gesamtprävalenz irgendeiner Resistenz unter Therapie ist zwar relativ hoch, nicht jedoch die einer therapeutisch relevanten Resistenz. Das Risiko einer Resistenzentwicklung ist bei rezenterem Therapiebeginn gering.

Einleitung

Millionen von Menschen sind weltweit auf die Einnahme antiretroviraler Kombinationstherapie (cART) angewiesen. Die dauerhafte Medikation kann allerdings zur Entwicklung von Medikamentenresistenzen führen, welche den Erfolg der Therapie beeinflussen können, vor allem dann, wenn eine 3-Klassen-Resistenz auftritt. Patient:innen mit einer 3-Klassen-Resistenz haben beispielsweise ein höheres Risiko für AIDS-Entwicklung und Mortalität. Es liegen bis jetzt jedoch keine gesicherten Daten vor, die den Langzeiteffekt einer 3-Klassen-Resistenz ausreichend beurteilen könnten. In vielen Studien wurde bereits versucht, die Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Resistenzmutationen über einen längeren Zeitraum abzuschätzen. Die Aussagekraft dieser Studien war aber durch das relativ kurze Follow-up begrenzt. Im Gegensatz dazu ist in der Österreichischen HIV-Kohortenstudie (ÖHIVKOS) die Möglichkeit einer Langzeitbeobachtung gegeben.

Methodik

Die Rate der Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie („Prozent mit Resistenz“) entspricht der Zahl der Patient:innen mit Resistenzmutationen („genotypischer Resistenztest“) im Verhältnis zur Zahl der Patient:innen mit antiretroviraler Therapie. Hierbei wird das Genom der Reversen Transkriptase (RT) und der Protease (P) sequenziert. Die hier angegebenen Häufigkeiten entsprechen einem kumulativen Gesamtbefund, d.h. wenn ein:e Patient:in mehrere Befunde mit unterschiedlichen Ergebnissen hat, wird die vom so genannten Wildtyp abweichende Mutation gewertet.

Genotypische Resistenztests für diesen Bericht wurden in vier Laboratorien durchgeführt, nämlich der Virologie Wien, dem Zentrallabor AKH Linz, dem Zentrallabor LKH Salzburg und der Hygiene Graz. Die Wertung der Resistenzmutationen erfolgte nach der Liste der internationalen AIDS-Gesellschaft “2022 Update of the Drug Resistance Mutations in HIV-1” (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2022/10/30-4-559.pdf>).

Abbildung 97: Als Resistenz gewertete Codons und Aminosäuren

Reverse Transkriptase				Protease	
NRTI		NNRTI			
M41	L	V90	I	L10	F, R, I, V
A62	V	A98	G	V11	I
K65	R, E, N	L100	I	K20	R, M, T
D67	N	K101	H, E, P	L24	I
T69	ins	K103	N, S	D30	N
K70	R, E	V106	A, M, I, T	V32	I
L74	V	V108	I	L33	F
V75	I	E138	A, G, K, Q, R	M36	I, L, V
F77	L	V179	D, F, T, L	K43	T
Y115	F	Y181	C, I, V	M46	I, L
F116	Y	Y188	L, H, C	I47	V, A
Q151	M	G190	A, S, E	G48	V
M184	V, I	H221	Y	I50	V, L
L210	W	P225	H	F53	L, Y
T215	Y, F	F227	C, L, R, I, V	I54	V, M, L, T, S, A
K219	Q, E	M230	I, L	Q58	E
		L234	I	I62	V
		Y318	F	H69	K, R
				A71	V, T
				G73	S, T, C, A
				T74	P
				L76	V
				V77	I
				V82	A, T, F, S, I, L, M
				N83	D
				I84	V
				I85	V
				N88	D, S
				L89	V, I, M
				L90	M

Ergebnisse: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie

Antiretrovirale Therapie

Zahl der Patient:innen mit antiretroviraler Therapie

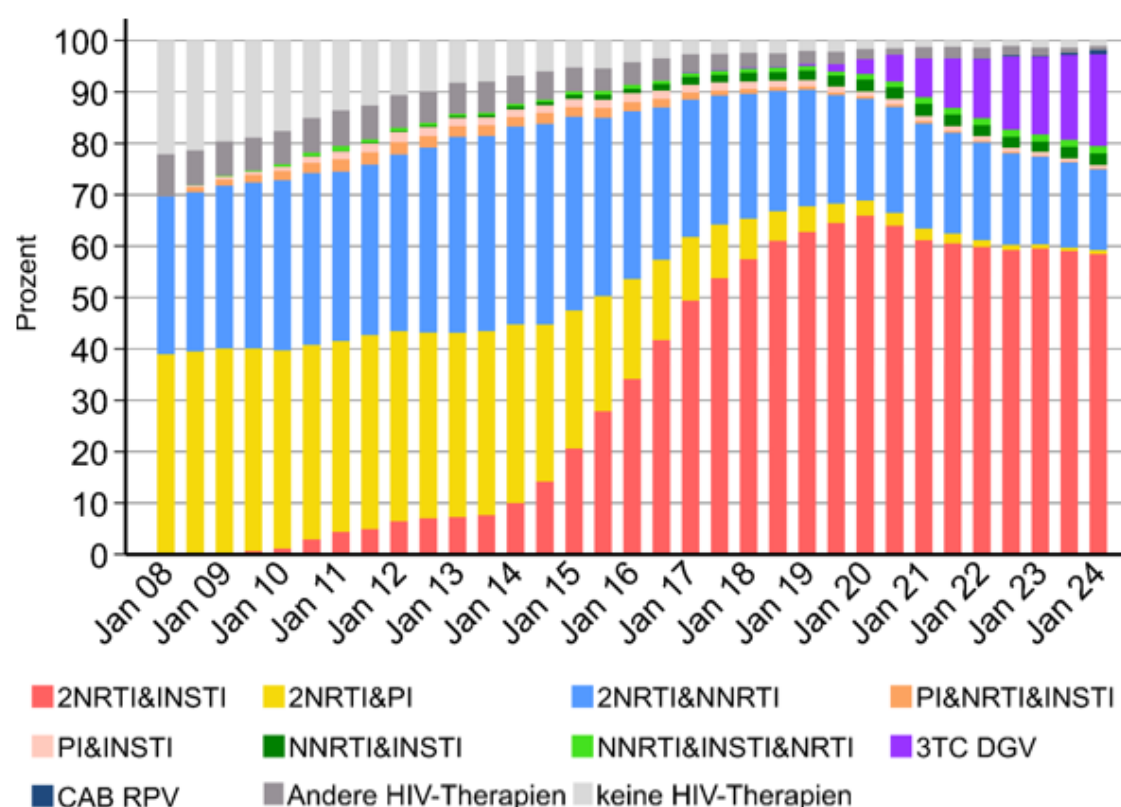
Von den aktuell betreuten Patient:innen haben 4.580 jemals eine antiretrovirale Therapie (ART) erhalten. 4.574 (99,9 %) dieser Patient:innen erhielten jemals NRTI, davon war bei 1.215 (26,6 %) Patient:innen ein amplifizierbarer Resistenztest nach ART-Beginn

vorhanden. 2.399 (52,4 %) Patient:innen erhielten jemals NNRTI, davon war bei 865 (36,1 %) Patient:innen ein amplifizierbarer Resistenztest nach ART-Beginn vorhanden.
2.181 (47,6 %) Patient:innen erhielten jemals PI, davon war bei 968 (44,4 %) Patient:innen ein amplifizierbarer Resistenztest nach ART-Beginn vorhanden.

Formen der antiretroviralen Therapie

- NRTI Nukleosidische Reverse Transkriptase-Inhibitoren
- NNRTI Nicht-Nukleosidische Reverse Transkriptase-Inhibitoren
- PI Protease-Inhibitoren
- INSTI Integrase-Inhibitoren

Abbildung 98: Therapieformen im Verlauf



Zahl der NRTI-assozierten Resistenzmutationen

Angegeben ist die Zahl der resistenten NRTI-assozierten Mutationen unter den jemals mit Nukleosidischen Reverse Transkriptasehemmern („NRTI“) behandelten Patient:innen.

Abbildung 99: Absolute Zahl der NRTI-assozierten Mutationen unter den jemals mit NRTI behandelten Patient:innen

Alle Zentren	Verstorbene seit 1997 und jemals NRTI N = 1574	Aktuell in Betreuung und jemals NRTI N = 4737
Amplifizierbarer Resistenztest	681 (43.3%)	1248 (26.3%)
Resistenz gegen NRTI	255 (16.2%)	376 (7.9%)
Codon 41	93 (5.9%)	136 (2.9%)
Codon 62	10 (0.6%)	25 (0.5%)
Codon 65	11 (0.7%)	25 (0.5%)
Codon 67	81 (5.1%)	118 (2.5%)
Codon 69	3 (0.2%)	3 (0.1%)
Codon 70	61 (3.9%)	101 (2.1%)
Codon 74	36 (2.3%)	29 (0.6%)
Codon 75	5 (0.3%)	7 (0.1%)
Codon 77	3 (0.2%)	6 (0.1%)
Codon 115	7 (0.4%)	13 (0.3%)
Codon 116	2 (0.1%)	4 (0.1%)
Codon 151	2 (0.1%)	6 (0.1%)
Codon 184	199 (12.6%)	261 (5.5%)
Codon 210	62 (3.9%)	62 (1.3%)
Codon 215	105 (6.7%)	142 (3.0%)
Codon 219	51 (3.2%)	64 (1.4%)

Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT

Seit 1997 erhielten 8.796 Patient:innen jemals NRTI.

Abbildung 100: Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT

Alle Zentren						Modell 1 (N = 9105)		
Variable	Häufigkeiten	N=	Univariable Regression		p-Wert	Multivariable Regression*		p-Wert
	48 /	9105	(0.5%)	OR (95% CI)		OR (95% CI)		
Demografische Charakteristika								
<i>Alter bei Therapiebeginn</i>								
<30 Jahre	12 /	2420	(0.5%)	2.1	0.6 - 7.6	0.238		
30-50 Jahre	33 /	5391	(0.6%)	2.7	0.8 - 8.7	0.106		
>50 Jahre	3 /	1294	(0.2%)	1				
<i>Geschlecht/ Übertragungsart</i>								
Männliche IDU	7 /	1058	(0.7%)	2.4	0.9 - 6.1	0.077	1.4	0.5 - 3.6
Weibliche IDU	6 /	447	(1.3%)	4.8	1.8 - 13.1	0.002	2.6	0.9 - 7.4
Männliche Heterosexuelle	10 /	1594	(0.6%)	2.2	0.9 - 5.3	0.066	1.8	0.7 - 4.3
Weibliche Heterosexuelle	14 /	1559	(0.9%)	3.2	1.5 - 7.1	0.004	2.7	1.2 - 6.0
Andere/Fehlend	0 /	543	(0.0%)	-	-	-	-	-
MSM	11 /	3904	(0.3%)	1			1	
<i>Wohnortgröße</i>								
Fehlend	0 /	86	(0.0%)	-	-	-	-	-
Ländliche Region	16 /	3614	(0.4%)	0.7	0.4 - 1.3	0.215		
Landeshauptstädte	5 /	1277	(0.4%)	0.6	0.2 - 1.6	0.290		
Wien	27 /	4128	(0.7%)	1				
Krankheitsstadium								
<i>AIDS</i>								
Ja	27 /	2512	(1.1%)	3.4	1.9 - 6.0	<0.001		
Nein	21 /	6593	(0.3%)	1				
<i>CD4 Nadir</i>								
Fehlend	0 /	93	(0.0%)	-	-	-	-	-
<50 Zellen/µl	23 /	1610	(1.4%)	8.9	4.0 - 19.8	<0.001	7.0	3.1 - 16.1
50-199 Zellen/µl	17 /	2508	(0.7%)	4.2	1.8 - 9.7	0.001	3.2	1.4 - 7.7
≥200 Zellen/µl	8 /	4894	(0.2%)	1			1	
Krankheitsversorgung								
<i>Jemals Abacavir</i>								
Ja	21 /	3374	(0.6%)	1.3	0.7 - 2.3	0.337		
Nein	27 /	5731	(0.5%)	1				
<i>Jemals Tenofovir</i>								
Ja	45 /	6039	(0.7%)	7.7	2.4 - 24.7	0.001	6.3	1.9 - 20.3
Nein	3 /	3066	(0.1%)	1			1	
<i>ART</i>								
Vor 1.1.1997	9 /	820	(1.1%)	2.3	1.1 - 4.9	0.022		
Nach 1.1.1997	39 /	8285	(0.5%)	1				

*adjustiert für die Variablen: Alter, Wohnortgröße, jemals Abacavir, ART

Zahl der NNRTI-assoziierten Resistenzmutationen

Angegeben ist die Zahl der resistenten NNRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit Nicht-Nukleosidischen Reverse Transkriptasehemmern („NNRTI“) behandelten Patient:innen.

Abbildung 101: Absolute Zahl der NNRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit NNRTI behandelten Patient:innen

Alle Zentren	Verstorbene seit 1997 und jemals NNRTI		Aktuell in Betreuung und jemals NNRTI	
	N = 920		N = 2423	
Amplifizierbarer Resistenztest	482	(52.4%)	857	(35.4%)
Resistenz gegen NNRTI	193	(21.0%)	257	(10.6%)
Codon 90	9	(1.0%)	20	(0.8%)
Codon 98	16	(1.7%)	12	(0.5%)
Codon 100	5	(0.5%)	8	(0.3%)
Codon 101	30	(3.3%)	28	(1.2%)
Codon 103	100	(10.9%)	127	(5.2%)
Codon 106	19	(2.1%)	23	(0.9%)
Codon 108	29	(3.2%)	24	(1.0%)
Codon 138	10	(1.1%)	33	(1.4%)
Codon 179	8	(0.9%)	16	(0.7%)
Codon 181	74	(8.0%)	75	(3.1%)
Codon 188	10	(1.1%)	14	(0.6%)
Codon 190	46	(5.0%)	43	(1.8%)
Codon 221	14	(1.5%)	14	(0.6%)
Codon 225	7	(0.8%)	6	(0.2%)
Codon 227	6	(0.7%)	4	(0.2%)
Codon 230	4	(0.4%)	5	(0.2%)
Codon 234	0	(0.0%)	0	(0.0%)
Codon 318	4	(0.4%)	0	(0.0%)

Zahl der PI-assoziierten Resistenzmutationen

Angegeben ist die Zahl der resistenten PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit Proteaseinhibitoren („PI“) behandelten Patient:innen.

Abbildung 102: Absolute Zahl der minoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen

Alle Zentren	Verstorbene seit 1997 und jemals PI N = 1217	Aktuell in Betreuung und jemals PI N = 2167
Amplifizierbarer Resistenztest	632 (51.9%)	967 (44.6%)
Minore Resistenz gegen PI	377 (31.0%)	568 (26.2%)
Codon 10	120 (9.9%)	177 (8.2%)
Codon 11	7 (0.6%)	5 (0.2%)
Codon 20	67 (5.5%)	71 (3.3%)
Codon 24	7 (0.6%)	11 (0.5%)
Codon 33	19 (1.6%)	30 (1.4%)
Codon 36	182 (15.0%)	280 (12.9%)
Codon 43	3 (0.2%)	6 (0.3%)
Codon 53	10 (0.8%)	11 (0.5%)
Codon 62	49 (4.0%)	82 (3.8%)
Codon 69	31 (2.5%)	102 (4.7%)
Codon 71	152 (12.5%)	157 (7.2%)
Codon 73	21 (1.7%)	14 (0.6%)
Codon 77	137 (11.3%)	202 (9.3%)
Codon 85	1 (0.1%)	2 (0.1%)
Codon 89	32 (2.6%)	103 (4.8%)

Abbildung 103: Absolute Zahl der majoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen

Alle Zentren	Verstorbene seit 1997 und jemals PI N = 1217	Aktuell in Betreuung und jemals PI N = 2167
Amplifizierbarer Resistenztest	632 (51.9%)	967 (44.6%)
Majore Resistenz gegen PI	125 (10.3%)	165 (7.6%)
Codon 30	12 (1.0%)	31 (1.4%)
Codon 32	12 (1.0%)	5 (0.2%)
Codon 46	60 (4.9%)	66 (3.0%)
Codon 47	8 (0.7%)	6 (0.3%)
Codon 48	4 (0.3%)	7 (0.3%)
Codon 50	1 (0.1%)	5 (0.2%)
Codon 54	38 (3.1%)	42 (1.9%)
Codon 58	7 (0.6%)	10 (0.5%)
Codon 74	0 (0.0%)	1 (0.0%)
Codon 76	1 (0.1%)	0 (0.0%)
Codon 82	47 (3.9%)	65 (3.0%)
Codon 83	1 (0.1%)	1 (0.0%)
Codon 84	20 (1.6%)	17 (0.8%)
Codon 88	15 (1.2%)	22 (1.0%)
Codon 90	63 (5.2%)	60 (2.8%)

Kumulative Resistenz für Medikamentenklassen zum 1.1.2024

Für die kumulative Resistenz wird, für jedes Medikament und jede Mutation isoliert, der jeweils schlechteste Befund täglich neu berechnet.

Häufigkeit von kumulativer Resistenz

Abbildung 104: Kumulative Resistenz

Alle Zentren	Verstorbene seit 1997 und jemals ART	Aktuell in Betreuung und jemals ART
	N = 1583	N = 4744
Amplifizierbarer Resistenztest	683 (43.1%)	1248 (26.3%)
Wildtyp	194 (12.3%)	458 (9.7%)
"irgendeine" Resistenz	489 (30.9%)	790 (16.7%)
NRTI	256 (16.2%)	376 (7.9%)
NNRTI	223 (14.1%)	310 (6.5%)
PI	411 (26.0%)	663 (14.0%)
NRTI und PI	199 (12.6%)	284 (6.0%)
NRTI und NNRTI	154 (9.7%)	202 (4.3%)
NNRTI und PI	179 (11.3%)	236 (5.0%)
3-Klassen-Resistenz	131 (8.3%)	163 (3.4%)

Kumulative Resistenz nach Zeitpunkt des Therapiebeginns, Wohnort, Übertragungsart, Geschlecht und Alter

Abbildung 105: Kumulative Resistenz nach Zeitpunkt des Therapiebeginns und Wohnort

Alle Zentren				Resistenz gegen								
	Zahl der Patientinnen	Zahl der Pat. mit Resistenztest	Wildtyp	NRTI oder NNRTI oder PI		NRTI	NNRTI	PI	NRTI und PI	NRTI und NNRTI	NNRTI und PI	3-Klassen-Resistenz
Beginn der Therapie												
bis 1995	212	168	8	160	134	77	128	102	71	70	64	
1996	134	94	21	73	57	33	60	45	31	24	23	
1997	96	62	16	46	25	17	38	18	14	12	10	
1998	97	48	6	42	15	11	35	9	6	7	3	
1999	85	47	13	34	16	17	26	10	9	13	7	
2000	99	57	10	47	21	17	44	19	11	16	11	
2001	72	29	7	22	9	6	19	6	5	4	3	
2002	94	46	17	29	14	11	27	13	8	10	8	
2003	99	47	18	29	3	9	26	3	2	6	2	
2004	123	41	19	22	7	9	21	7	3	8	3	
2005	123	45	11	34	9	9	33	9	4	8	4	
2006	141	36	19	17	4	6	16	4	4	5	4	
2007	152	44	17	27	7	9	25	6	3	7	2	
2008	157	40	25	15	7	5	12	4	3	4	2	
2009	216	56	32	24	9	11	20	7	6	7	4	
2010	217	47	25	22	5	7	17	3	3	3	2	
2011	224	47	26	21	7	9	16	4	6	4	3	
2012	231	44	23	21	7	10	19	5	5	8	3	
2013	225	40	20	20	3	3	15	-	1	-	-	
2014	219	31	13	18	4	7	14	2	1	5	1	
2015	222	32	16	16	4	7	11	2	2	3	1	
2016	216	23	11	12	3	5	10	2	1	4	1	
2017	221	21	11	10	2	8	8	2	2	6	2	
2018	164	18	14	4	1	2	3	1	-	1	-	
2019	175	23	14	9	-	2	7	-	-	-	-	
2020	145	18	14	4	1	2	2	-	1	-	-	
2021	169	13	10	3	-	-	3	-	-	-	-	
2022	212	17	12	5	-	1	5	-	-	1	-	
2023	204	14	10	4	2	-	3	1	-	-	-	
Bundesland												
Burgenland	79	23	9	14	6	4	13	5	3	4	3	
Kärnten	246	34	14	20	8	5	15	4	2	2	0	
Niederösterreich	467	116	32	84	43	37	70	31	24	33	22	
Oberösterreich	661	192	72	120	78	53	96	60	46	34	33	
Salzburg	284	73	18	55	23	26	45	17	13	19	10	
Steiermark	462	111	50	61	19	22	55	17	13	16	11	
Tirol	578	181	51	130	69	44	103	46	28	34	22	
Vorarlberg	237	61	16	45	16	12	40	11	7	11	6	
Wien	1669	445	191	254	113	104	221	93	65	82	56	
Ausland	61	12	5	7	1	3	5	-	1	1	-	
Fehlend	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Gesamt	4744	1248	458	790	376	310	663	284	202	236	163	

Abbildung 106: ART-Beginn nach 2000

Alle Zentren	Zahl der PatientInnen	Zahl der Pat. mit Resistenztest	Wildtyp	Resistenz gegen							
				NRTI oder NNRTI	NRTI	NNRTI	PI	NRTI und	NRTI und	NNRTI und	3-Klassen-Resistenz
Beginn der Therapie											
2001	72	29	7	22	9	6	19	6	5	4	3
2002	94	46	17	29	14	11	27	13	8	10	8
2003	99	47	18	29	3	9	26	3	2	6	2
2004	123	41	19	22	7	9	21	7	3	8	3
2005	123	45	11	34	9	9	33	9	4	8	4
2006	141	36	19	17	4	6	16	4	4	5	4
2007	152	44	17	27	7	9	25	6	3	7	2
2008	157	40	25	15	7	5	12	4	3	4	2
2009	216	56	32	24	9	11	20	7	6	7	4
2010	217	47	25	22	5	7	17	3	3	3	2
2011	224	47	26	21	7	9	16	4	6	4	3
2012	231	44	23	21	7	10	19	5	5	8	3
2013	225	40	20	20	3	3	15	-	1	-	-
2014	219	31	13	18	4	7	14	2	1	5	1
2015	222	32	16	16	4	7	11	2	2	3	1
2016	216	23	11	12	3	5	10	2	1	4	1
2017	221	21	11	10	2	8	8	2	2	6	2
2018	164	18	14	4	1	2	3	1	-	1	-
2019	175	23	14	9	-	2	7	-	-	-	-
2020	145	18	14	4	1	2	2	-	1	-	-
2021	169	13	10	3	-	-	3	-	-	-	-
2022	212	17	12	5	-	1	5	-	-	1	-
2023	204	14	10	4	2	-	3	1	-	-	-
Wohnortgröße											
Fehlend	3	2	1	1	-	1	1	-	-	1	-
Ländliche Region	1916	336	163	173	51	65	152	40	30	50	25
Landeshauptstädte	667	139	53	86	21	27	71	15	10	13	5
Wien	1435	295	167	128	36	45	108	26	20	30	15
Geschlecht/ Übertragungsart											
MSM	1857	247	135	112	21	43	93	15	11	27	8
Männliche IDU	301	109	52	57	16	18	51	13	7	13	5
Weibliche IDU	107	44	23	21	4	4	21	4	1	4	1
Heterosexuell männlich	775	150	72	78	28	29	67	23	18	19	14
Heterosexuell weiblich	784	197	92	105	36	41	86	24	21	28	15
Andere	197	25	10	15	3	3	14	2	2	3	2
Alter beim HIV-Test											
<35 Jahre	1995	490	234	256	69	94	222	52	40	67	30
≥35 Jahre	2026	282	150	132	39	44	110	29	20	27	15
Gesamt	4021	772	384	388	108	138	332	81	60	94	45

Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie

Abbildung 107: Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie

	Initiale Therapie vor 1.1.1997		Initiale Therapie 1.1.1997 bis 31.12.2002		Initiale Therapie ab 1.1.2003	
	N	%	N	%	N	%
Jemals HIV RNA $\geq$ 200 Kopien/ml	331	95.7%	404	74.4%	1147	29.8%
Mind. 5x HIV RNA $\geq$ 200 Kopien/ml	278	80.3%	227	41.8%	296	7.7%
Kein Resistenztest nach ART	84	24.3%	254	46.8%	3152	81.9%
Resistenztest nach ART	262	75.7%	289	53.2%	695	18.1%
Gesamt	346	100%	543	100%	3847	100%

Zahl der NRTI-assoziierten Mutationen						
0 Mutationen	71	20.5%	189	34.8%	610	15.9%
1 Mutation	35	10.1%	51	9.4%	57	1.5%
2 Mutationen	26	7.5%	20	3.7%	16	0.4%
3 Mutationen	30	8.7%	12	2.2%	8	0.2%
4 Mutationen	45	13.0%	10	1.8%	2	0.1%
5 Mutationen	29	8.4%	7	1.3%	1	0.0%
6 Mutationen	18	5.2%			1	0.0%
7 Mutationen	6	1.7%				
8 Mutationen	2	0.6%				

Zahl der NNRTI-assoziierten Mutationen						
0 Mutationen	152	43.9%	210	38.7%	574	14.9%
1 Mutation	51	14.7%	40	7.4%	73	1.9%
2 Mutationen	38	11.0%	32	5.9%	32	0.8%
3 Mutationen	12	3.5%	7	1.3%	9	0.2%
4 Mutationen	6	1.7%			4	0.1%
5 Mutationen	2	0.6%			3	0.1%
6 Mutationen	1	0.3%				

Zahl der PI-assoziierten Mutationen						
0 Mutationen	74	21.4%	100	18.4%	409	10.6%
1 Mutation	57	16.5%	79	14.5%	91	2.4%
2 Mutationen	46	13.3%	45	8.3%	65	1.7%
3 Mutationen	17	4.9%	36	6.6%	62	1.6%
4 Mutationen	17	4.9%	12	2.2%	45	1.2%
5 Mutationen	16	4.6%	10	1.8%	18	0.5%
6 Mutationen	11	3.2%	2	0.4%	1	0.0%
7 Mutationen	5	1.4%	3	0.6%	2	0.1%
8 Mutationen	4	1.2%	2	0.4%	0	0.0%
9 Mutationen	3	0.9%			2	0.1%
10 Mutationen	2	0.6%				
11 Mutationen	2	0.6%				
12 Mutationen	3	0.9%				
13 Mutationen	5	1.4%				

Risikofaktoren für die Entwicklung von Resistenz

Patient:innen mit einer 3-Klassen-Resistenz

Abbildung 108: 3-Klassen-Resistenz – verschieden selektierte Populationen

Alle Zentren	Alle Todesfälle seit 1997 N = 1949	An AIDS-def. Erkrankungen Verstorbene seit 1997 N = 518	An AIDS-def. Erkrankungen Verstorbene seit 1997 und ART > 6 Monate N = 446	Aktuell in Betreuung und jemals ART N = 4744
3-Klassen-Resistenz	131 (6.7%)	37 (7.1%)	37 (8.3%)	163 (3.4%)

Abbildung 109: 3-Klassen-Resistenz

3-Klassen-Resistenz	Aktuell in Betreuung und jemals ART N = 163	
Alter (Jahre ± S. D.)	57.8 ± 11.0	
Bundesland		
Kärnten	0	(0.0%)
Oberösterreich	33	(20.2%)
Salzburg	10	(6.1%)
Steiermark	11	(6.7%)
Tirol	22	(13.5%)
Wien	56	(34.4%)
Andere Bundesländer	31	(19.0%)
Ausland	0	(0.0%)
Geschlecht/ Übertragungsart		
MSM	52	(31.9%)
Männliche IDU	10	(6.1%)
Weibliche IDU	10	(6.1%)
Heterosexuell männlich	37	(22.7%)
Heterosexuell weiblich	40	(24.5%)
Andere	14	(8.6%)
AIDS	79	(48.5%)
CD4 Nadir (Zellen/μl ± S. D.)	123.0 ±	126.6
Aktuelle CD4 Zellzahl (Zellen/μl ± S. D.)	678.6 ±	352.9
Letzte HIV-RNA		
≤50 Kopien/ml	141	(86.5%)
51-199 Kopien/ml	12	(7.4%)
≥200 Kopien/ml	10	(6.1%)
Therapie (Monate ± S. D.)	303.7 ±	75.4

Insgesamt erhielten 4.580 der Patient:innen in aktueller Betreuung jemals eine Therapie.

Abbildung 110: Risikofaktoren für die Entwicklung einer 3-Klassen-Resistenz

Alle Zentren						Modell 1 (N = 4744)			
Variable	Häufigkeiten		N=	Univariable Regression		Multivariable Regression*			
	163 /	4744	(3.4%)	OR (95% CI)	p-Wert	OR (95% CI)	p-Wert		
Demografische Charakteristika									
<i>Alter bei Therapiebeginn</i>									
<30 Jahre	61 /	1183	(5.2%)	5.2	2.4 - 11.4	<0.001	2.3	1.0 - 5.4	0.047
30-50 Jahre	95 /	2885	(3.3%)	3.3	1.5 - 7.0	0.003	1.8	0.8 - 4.0	0.165
>50 Jahre	7 /	676	(1.0%)	1			1		
<i>Geschlecht/ Übertragungsart</i>									
Männliche IDU	10 /	376	(2.7%)	1.1	0.5 - 2.1	0.833			
Weibliche IDU	10 /	167	(6.0%)	2.5	1.3 - 5.0	0.010			
Männliche Heterosexuelle	37 /	894	(4.1%)	1.7	1.1 - 2.6	0.015			
Weibliche Heterosexuelle	40 /	953	(4.2%)	1.7	1.1 - 2.6	0.011			
Andere/ fehlend	14 /	253	(5.5%)	2.3	1.3 - 4.2	0.007			
MSM	52 /	2101	(2.5%)	1					
<i>Wohnortgröße</i>									
Fehlend	0 /	3	(0.0%)	-	-	-			
Ländliche Region	71 /	2254	(3.1%)	0.9	0.7 - 1.3	0.727			
Landeshauptstädte	36 /	815	(4.4%)	1.3	0.9 - 2.0	0.187			
Wien	56 /	1672	(3.3%)	1					
Krankheitsstadium									
<i>AIDS</i>									
Ja	79 /	1095	(7.2%)	3.3	2.4 - 4.5	<0.001			
Nein	84 /	3649	(2.3%)	1					
<i>CD4 Nadir</i>									
Fehlend	0 /	9	(0.0%)	-	-	-	-	-	-
<50 Zellen/µl	61 /	728	(8.4%)	7.0	4.6 - 10.6	<0.001	4.0	2.5 - 6.3	<0.001
50-199 Zellen/µl	66 /	1230	(5.4%)	4.3	2.9 - 6.5	<0.001	2.1	1.3 - 3.3	<0.001
≥200 Zellen/µl	36 /	2777	(1.3%)	1			1		
<i>Aktuelle HIV-RNA</i>									
Fehlend	0 /	22	(0.0%)	-	-	-	-	-	-
≤50 Kopien/ml	141 /	4424	(3.2%)	0.3	0.2 - 0.6	0.001	0.2	0.1 - 0.4	<0.001
51-199 Kopien/ml	12 /	188	(6.4%)	0.7	0.3 - 1.6	0.391	0.6	0.2 - 1.7	0.356
≥200 Kopien/ml	10 /	110	(9.1%)	1			1		
Krankheitsversorgung									
<i>ART-Beginn</i>									
Vor 1.1.1997	87 /	346	(25.1%)	37.8	24.9 - 57.2	<0.001	33.1	20.9 - 52.5	<0.001
1.1.1997 bis 31.12.2002	42 /	543	(7.7%)	9.4	5.9 - 14.9	<0.001	8.2	5.1 - 13.4	<0.001
Ab 1.1.2003	34 /	3855	(0.9%)	1			1		

*adjustiert für die Variablen: Geschlecht/ Übertragungsart, Wohnortgröße

Patient:innen mit irgendeiner Resistenz bei Therapiebeginn nach 1.1.1997

Abbildung 111: Irgendeine Resistenz – verschieden selektierte Populationen

Alle Zentren	Alle Todesfälle seit 1997	An AIDS-def. Erkrankungen Verstorbene seit 1997	An AIDS-def. Erkrankungen Verstorbene seit 1997 und ART > 6 Monate	Aktuell in Betreuung und jemals ART seit 1997
	N = 1591	N = 425	N = 354	N = 4398
Irgendeine Resistenz	307 (19.3%)	80 (18.8%)	80 (22.6%)	557 (12.7%)

Abbildung 112: Irgendeine Resistenz

Irgendeine Resistenz	Aktuell in Betreuung und jemals ART seit 1997	
	N = 557	
Alter bei ART-Beginn (Jahre ± S. D.)	34.5 ± 9.7	
Bundesland		
Kärnten	16	(2.9%)
Oberösterreich	82	(14.7%)
Salzburg	48	(8.6%)
Steiermark	51	(9.2%)
Tirol	72	(12.9%)
Wien	186	(33.4%)
Andere Bundesländer	96	(17.2%)
Ausland/ fehlend	6	(1.1%)
Geschlecht/ Übertragungsart		
MSM	168	(30.2%)
Männliche IDU	75	(13.5%)
Weibliche IDU	30	
Heterosexuell männlich	112	(20.1%)
Heterosexuell weiblich	149	(26.8%)
Andere	23	(4.1%)
AIDS	208	(37.3%)
CD4 Nadir (Zellen/µl ± S. D.)	174.5 ± 154.7	
Aktuelle CD4 Zellzahl (Zellen/µl ± S. D.)	667.5 ± 332.3	
Letzte HIV-RNA		
≤50 Kopien/ml	505	(90.7%)
51-199 Kopien/ml	24	(4.3%)
≥200 Kopien/ml	28	(5.0%)
Therapie (Monate ± S. D.)	215.3 ± 80.6	

Insgesamt erhielten 4.398 der Patient:innen in aktueller Betreuung eine Therapie nach 1.1.1997.

Abbildung 113: Risikofaktoren für die Entwicklung irgendeiner Resistenz

Alle Zentren						Modell 1 (N = 4398)			
	Häufigkeiten N=			Univariable Regression		Multivariable Regression			
Variable	557 /	4398	(12.7%)	OR (95% CI)		p-Wert	OR (95% CI)		p-Wert
Demografische Charakteristika									
<i>Alter bei Therapiebeginn</i>									
<30 Jahre	191 /	1053	(18.1%)	3.5	2.5 - 5.1	<0.001	3.2	2.2 - 4.7	<0.001
30-50 Jahre	327 /	2683	(12.2%)	2.2	1.6 - 3.1	<0.001	1.8	1.2 - 2.6	<0.001
>50 Jahre	39 /	662	(5.9%)	1			1		
<i>Geschlecht/ Übertragungsart</i>									
Männliche IDU	75 /	333	(22.5%)	3.1	2.3 - 4.2	<0.001	2.5	1.8 - 3.5	<0.001
Weibliche IDU	30 /	133	(22.6%)	3.1	2.0 - 4.9	<0.001	1.8	1.1 - 2.9	0.017
Männliche Heterosexuelle	112 /	849	(13.2%)	1.6	1.3 - 2.1	<0.001	1.4	1.1 - 1.8	0.016
Weibliche Heterosexuelle	149 /	881	(16.9%)	2.2	1.7 - 2.8	<0.001	1.7	1.3 - 2.1	<0.001
Andere/Fehlend	23 /	221	(10.4%)	1.3	0.8 - 2.0	0.335	0.8	0.5 - 1.4	0.443
MSM	168 /	1981	(8.5%)	1			1		
<i>Wohnortgröße</i>									
Fehlend	1 /	3	(33.3%)	-	-	-	-	-	-
Ländliche Region	250 /	2094	(11.9%)	1.0	0.8 - 1.2	0.983	1.1	0.9 - 1.4	0.412
Landeshauptstädte	120 /	740	(16.2%)	1.4	1.1 - 1.8	0.005	1.6	1.2 - 2.1	<0.001
Wien	186 /	1561	(11.9%)	1			1		
Krankheitsstadium									
<i>AIDS</i>									
Ja	208 /	943	(22.1%)	2.5	2.1 - 3.0	<0.001			
Nein	349 /	3455	(10.1%)	1					
<i>CD4 Nadir</i>									
Fehlend	0 /	9	(0.0%)	-	-	-	-	-	-
< 50 Zellen/µl	144 /	643	(22.4%)	3.2	2.6 - 4.1	<0.001	2.9	2.3 - 3.8	<0.001
50-199 Zellen/µl	194 /	1073	(18.1%)	2.5	2.0 - 3.0	<0.001	1.8	1.5 - 2.3	<0.001
≥200 Zellen/µl	219 /	2673	(8.2%)	1			1		
<i>Aktuelle HIV-RNA</i>									
Fehlend	0 /	22	(0.0%)	-	-	-	-	-	-
≤50 Kopien/ml	505 /	4093	(12.3%)	0.4	0.3 - 0.6	<0.001	0.4	0.2 - 0.6	<0.001
51-199 Kopien/ml	24 /	177	(13.6%)	0.4	0.2 - 0.8	0.008	0.6	0.3 - 1.1	0.112
≥200 Kopien/ml	28 /	106	(26.4%)	1			1		
Krankheitsversorgung									
<i>ART-Beginn</i>									
1.1.1997 bis 31.12.2002	220 /	543	(40.5%)	7.1	5.8 - 8.7	<0.001	6.0	4.8 - 7.5	<0.001
Ab 1.1.2003	337 /	3855	(8.7%)	1			1		

Interpretation und Diskussion

Die Wahrscheinlichkeit der Entwicklung einer Resistenz gegenüber antiretroviralen Medikamenten scheint über die Zeit abzunehmen. So beträgt das Risiko für „irgendeine“ Resistenz nach 25 Jahren ungefähr 45 %, für eine NRTI-assoziierte Resistenz um die 20 % und für eine 3-Klassen-Resistenz ca. 10 %. Die Wahrscheinlichkeit einer NNRTI-assoziierten Resistenz beträgt nach 25 Jahren 20 %, soweit nur Patient:innen berücksichtigt wurden, deren initiale Therapie eine NNRTI-basierte antiretrovirale Kombinationstherapie war. Die Wahrscheinlichkeit einer PI-assoziierten Resistenz liegt nach 25 Jahren bei 35 %, soweit nur Patient:innen berücksichtigt wurden, deren initiale Therapie eine PI-basierte antiretrovirale Kombinationstherapie war.

Der stärkste Risikofaktor für die Entwicklung einer kumulativen Resistenz unter der antiretroviralen Therapie ist ein Therapiebeginn vor dem 1.1.1997 sowie von 1997 bis 2002. Ein weiterer Risikofaktor für die Entwicklung von Resistenzen ist ein niedriger CD4-Nadir.

In unserer Kohorte konnte bei 48 von 9.105 Patient:innen (0,5 %) eine Mutation am Codon 65 der RT (K65R) nachgewiesen werden. Das Vorkommen der Mutation K65R war vor allem mit dem Gebrauch von Tenofovir und weniger mit dem Gebrauch von Abacavir assoziiert und konnte häufiger bei Patient:innen mit fortgeschrittener Immundefizienz (niedriger CD4 Nadir, AIDS) sowie bei Frauen mit einem heterosexuellen Übertragungsweg gefunden werden.

Wahrscheinlichkeit einer Resistenzentwicklung

Abbildung 114: Resistenzentwicklung unabhängig von der Form der ART

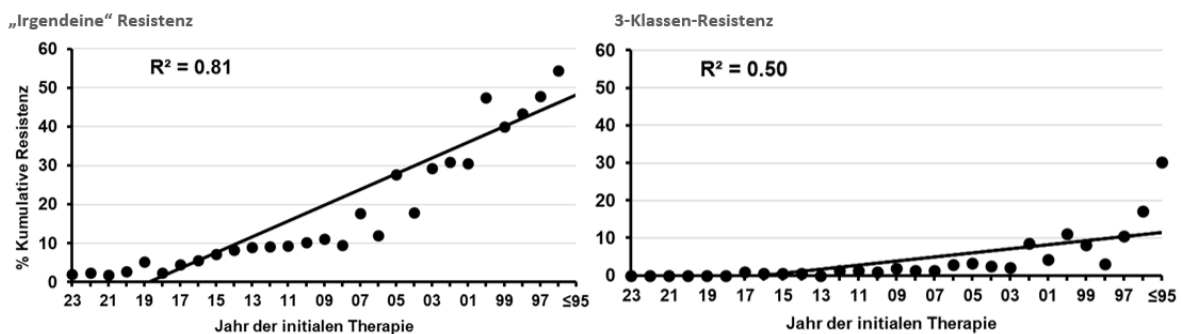


Abbildung 115: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie nach 1.1.1997

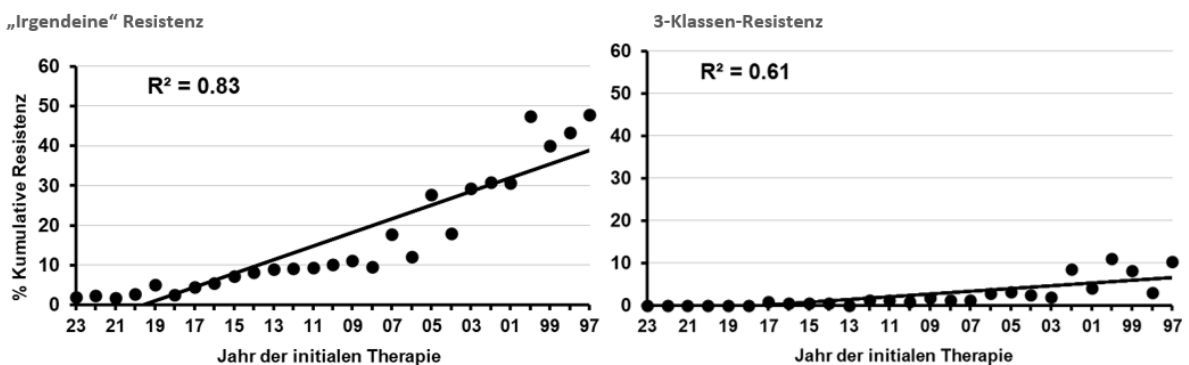


Abbildung 116: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 NNRTI

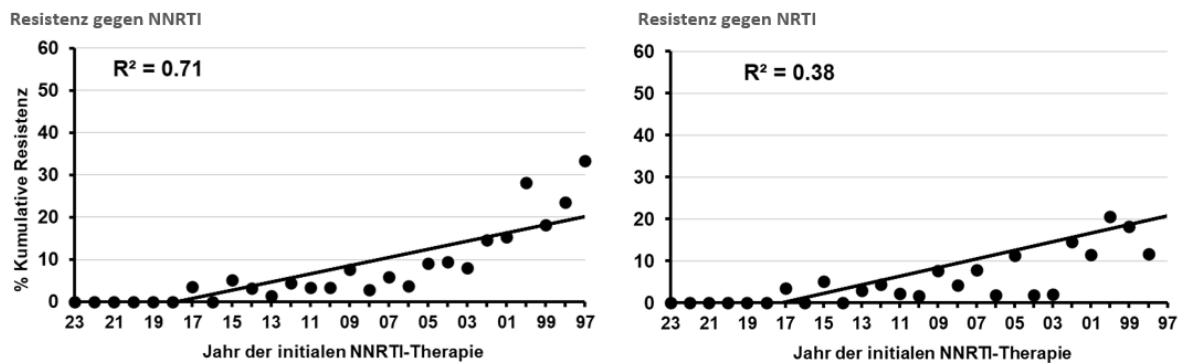


Abbildung 117: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 PI

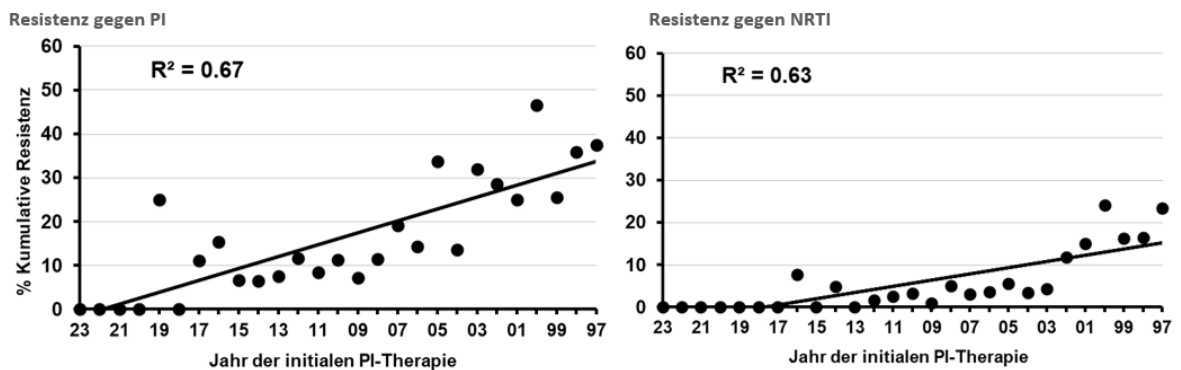
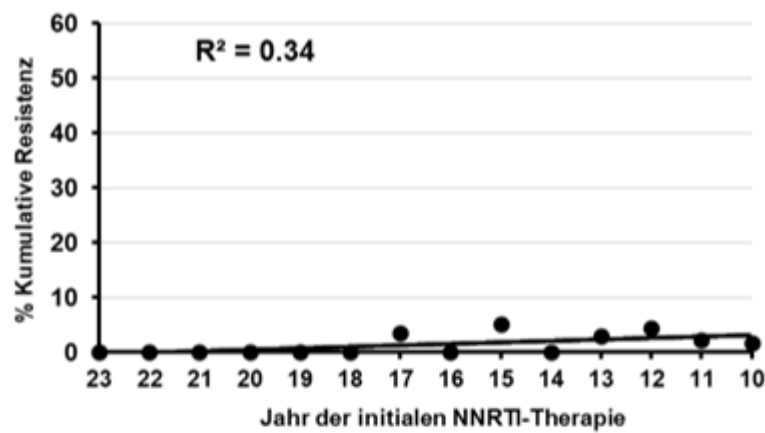
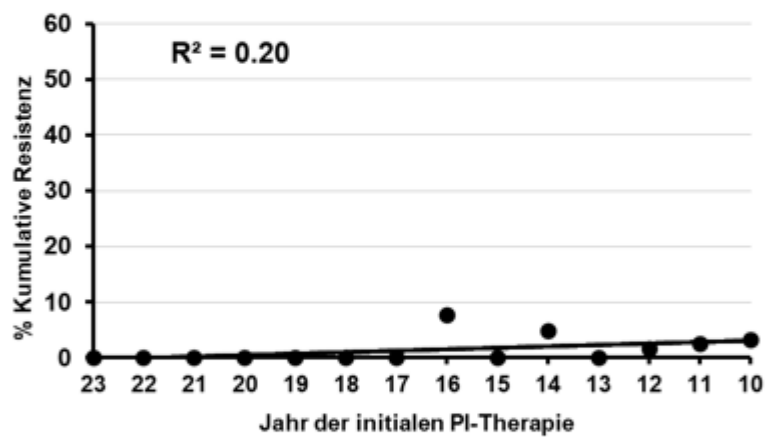


Abbildung 118: Resistenzentwicklung gegen NRTI bei ART nach 1.1.2010

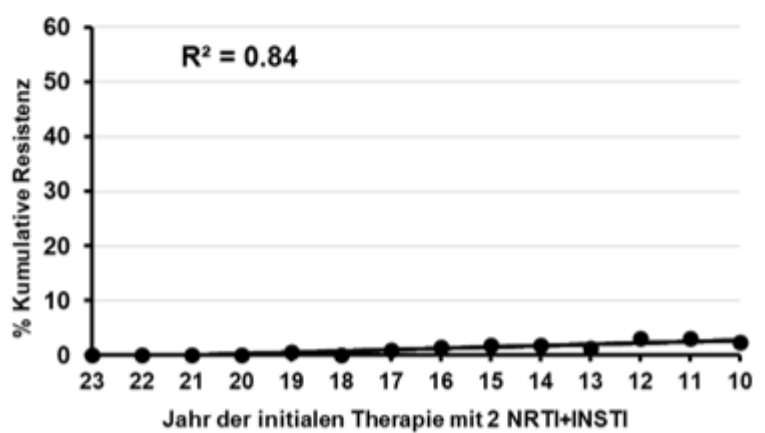
A) ART mit 2 NRTI + 1 NNRTI



B) ART mit 2 NRTI + 1 PI



C) ART mit 2 NRTI + 1 INSTI



Referenzen

[1] Grover D et al. What is the risk of mortality following diagnosis of multidrug-resistant HIV-1? J Antimicrob Chemother 2008; 61: 705–713

[2] Gupta R et al. Emergence of drug resistance in HIV type 1-infected patients after receipt of first-line highly active antiretroviral therapy: A systematic review of clinical trials. Clin Infect Dis 2008; 47 (5): 712–722

[3] Mocroft A et al. Time to virological failure of 3 classes of antiretrovirals after initiation of highly active antiretroviral therapy: Results from the EuroSIDA study group. J Infect Dis 2004; 190: 1947–56

[4] The UK Collaborative Group on HIV Drug Resistance and UK CHIC Study Group. Long-term probability of detecting drug-resistant HIV in treatment-naïve patients initiating combination antiretroviral therapy. HIV/AIDS CID 2010; 50 (1 May); 1275–1285

[5] “2022 Update of the Drug Resistance Mutations in HIV-1” from the International AIDS-Society-USA

[6] Von Wyl V et al. For the Swiss HIV Cohort Study. Emergence of HIV-1 drug resistance in previously untreated patients initiating combination antiretroviral treatment: A comparison of different regimen types. Arch Intern med 2007; 167 (16): 1782–1790

Resistenzbericht *Shigellen*

Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Shigellen

Ansprechperson/Autorin

Mag.^a Dr.ⁱⁿ Ingeborg Lederer

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene /
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Abteilung Referenzzentralen und Referenzlabors
Beethovenstraße 6
8010 Graz
E-Mail: ingeborg.lederer@ages.at

Reviewer

Dr. Christian Kornschöber

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene /
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Abteilung Referenzzentralen und Referenzlabors
Beethovenstraße 6
8010 Graz
E-Mail: christian.kornschober@ages.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	323
Abstract	323
Einleitung	323
Methodik	324
Ergebnisse	324
Antibiotikaresistenzen	324
Resistenz gegenüber Fluorchinolone	327
ESBL Bildner	328
Diskussion	330
Danksagung	331

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 wurden in Österreich insgesamt 85 bestätigte Shigellose-Fälle an die zuständigen Gesundheitsbehörden gemeldet. Die Zahl der in der Referenzzentrale nachgewiesenen *Shigella*-Erstisolate betrug 93. Die vorherrschende Spezies war *Shigella sonnei* mit 61,3 %. 3 Isolate waren gegenüber allen getesteten antimikrobiellen Wirkstoffgruppen sensibel. Bei 37 Isolaten konnte eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin nachgewiesen werden, bei insgesamt 45 Stämmen eine Nalidixinsäure-Resistenz. 46 *Shigella*-Isolate wurden als ESBL-Bildner (49,5 %) identifiziert.

Abstract

In Austria 85 confirmed cases of shigellosis were reported to the health authorities in 2023. A total of 93 *Shigella* initial isolates were investigated by the National Reference Centre. The predominant species was *Shigella sonnei*, accounting for 61.3% of all isolates. Resistance testing revealed that three strains were sensitive against all substances tested. We detected resistance against ciprofloxacin in 37 strains and resistance to nalidixic acid in 45 isolates, 46 *Shigella* strains were ESBL (extended spectrum β -lactamase) producer (49.5%).

Einleitung

Aus dem gesamten Bundesgebiet werden *Shigella*-Isolate von diagnostischen Mikrobiologielaboratorien an die Nationale Referenzzentrale gesandt. Die einlangenden Stämme werden einer komplexen Typisierung unterzogen. Diese beinhaltet routinemäßig folgende Methoden:

- Serotypisierung
- Biochemotypisierung
- Phagentypisierung von *Shigella sonnei*
- cgMLST

Methodik

Bei allen Isolaten erfolgt eine Antibiotika-Resistenz-Testung mittels Agar-Diffusionstests. Die Auswertung für das Jahr 2023* wurde nach den Vorgaben des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST-Clinical Breakpoint Table in der geltenden Fassung (i.d.g.F.) bzw. bei Antibiotika, für die keine EUCAST-Werte verfügbar sind, entsprechend dem Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI – Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing i.d.g.F.) ** durchgeführt. Für die Antibiotika Ciprofloxacin und Azithromycin wird die Bestimmung der minimalen Hemmkonzentration (MHK) mittels Epsilon-Tests durchgeführt.

Die Auswahl der Antibiotika erfolgt nach epidemiologischen Kriterien. Es werden insgesamt 13 Antibiotika getestet: *Ampicillin (Amp), *Aztreonam (Atm), **Azithromycin (Az), *Chloramphenicol (C), *Ceftazidim (Caz), *Ciprofloxacin (Ci), *Cefotaxim (Ctx), *Gentamicin (Cn), *Mecillinam (Mel), *Meropenem (Mem), **Nalidixinsäure (Nx), *Trimethoprim/Sulfonamide (Sxt), *Piperacillin/Tazobactam (Tzp)

Das Antibiogramm scheint nicht am Befund der Referenzzentrale auf, da die klinisch relevanten Antibiotika von den primären Diagnostik-Laboratorien auf ihre Wirksamkeit getestet werden.

Ergebnisse

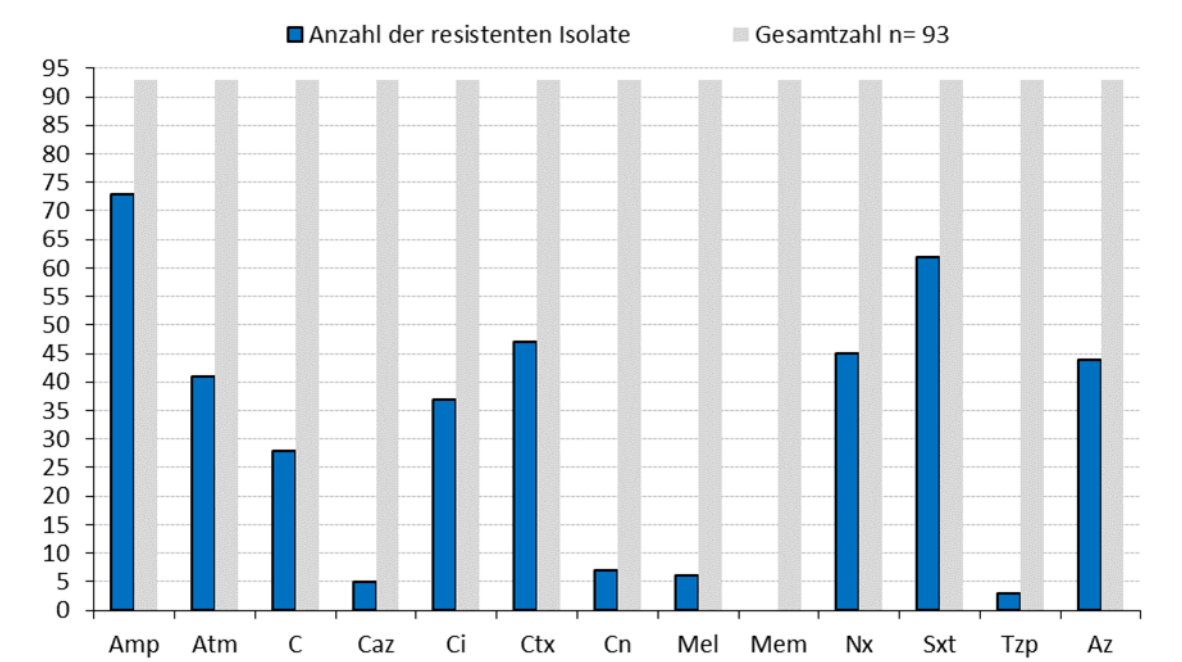
Im Jahr 2023 wurden in Österreich 85 bestätigte Fälle und 125 wahrscheinliche Fälle von Infektionen mit Shigellen gemeldet (Daten aus dem EMS). An der Nationalen Referenzzentrale für Shigellen wurden 93 *Shigella*-Erstisolate bearbeitet. Die Inzidenz aus diesem Wert beträgt 1,0 Fälle pro 100.000 EW (Statistik Austria / Bevölkerung im Jahresdurchschnitt 2023) Den größten Anteil bildete *S. sonnei* (61,3 %; n: 57), gefolgt von *S. flexneri* (37,6 %; n: 35) und *S. dysenteriae* mit 1 %. Die Spezies *S. boydii* wurde nicht nachgewiesen.

Antibiotikaresistenzen

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzprüfungen im Jahr 2023 zeigten folgendes Bild: Es wurden 3 *Shigella*-Isolate identifiziert, welche gegenüber allen getesteten Substanzen sensibel waren, alle anderen getesteten Shigellen waren gegenüber ein oder mehrere

Antibiotika resistent. Abbildung 119 zeigt die Resistenzen der *Shigella*-Erstisolate gegenüber den getesteten Antibiotika aus dem Jahr 2023.

Abbildung 119: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2023



In der nachstehenden Tabelle 128 sind alle Resistenzphänotypen aufgelistet.

Tabelle 128: Resistenzphänotypen der untersuchten Shigella-Isolate, Österreich, 2023

Antibiotikaresistenzen	Anzahl
<i>Shigella sonnei</i> :	
Sensibel	0
AmpCtxAtm	2
AmpCtxAtmNxCiAz	1
AmpCtxAtmSxt	16
AmpCtxAtmSxtNxAz	1
AmpCtxAtmSxtNxCiAz	13

Antibiotikaresistenzen	Anzahl
AmpCtxSxt	3
AmpCtxSxtNxAz	1
AmpCtxSxtNxCiAz	1
AmpSxtNxCi	2
NxCi	3
Sxt	6
SxtNx	6
SxtNxCi	1
SxtNxCiAz	1
<i>Shigella flexneri:</i>	
Sensibel	3
AmpC	3
AmpCAz	6
AmpCNxCiCnAz	1
AmpCSxtAz	1
AmpCSxtNxCiAz	2
AmpCtxAtmCAz	1
AmpCtxAtmCNxCiAz	2
AmpCtxCazAtmCNxCi	1
AmpCtxCazAtmCNxCiAz	2
AmpCtxSxt	1
AmpCtxTzpCazAtmCNxCiAz	1
AmpMeICNxCiCnAz	2
AmpMeICSxtNxCiCnAz	4
AmpSxtAz	2
AmpTzpCAz	2
Nx	1
<i>Shigella dysenteriae:</i>	

Antibiotikaresistenzen	Anzahl
AmpCtxCazAtm	1

Resistenz gegenüber Fluorchinolone

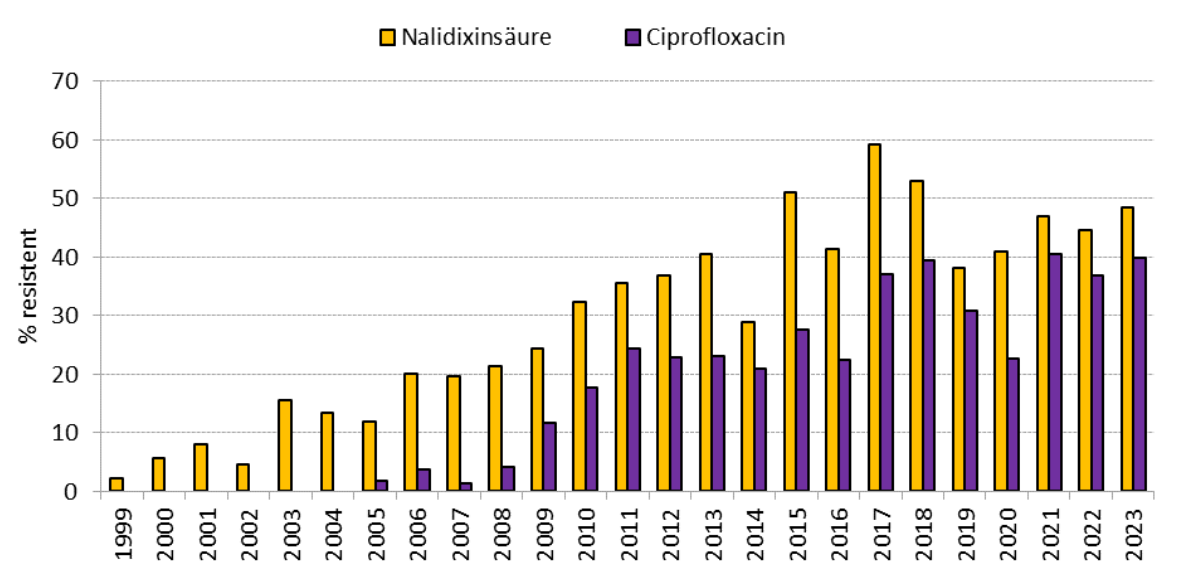
Bei 37 Isolaten (39,8 %) wurde eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin (Ci) nachgewiesen (Tabelle 129). Die Nalidixinsäure (Nx)-Resistenzrate betrug 48,4 % (siehe auch Abbildung 120).

Tabelle 129: Ciprofloxacin-resistente *Shigella*-Stämme, Österreich, 2023

Ciprofloxacin-Resistenzen	Anzahl
<i>Shigella flexneri</i>:	15
AmpCNxCiCnAz	3
AmpCtxAtmCNxCiAz	2
AmpCtxCazAtmCNxCi	1
AmpCtxCazAtmCNxCiAz	2
AmpCtxTzpCazAtmCNxCiAz	1
AmpMeICNxCiCnAz	2
AmpMeICsxtNxciCnAz	4
<i>Shigella sonnei</i>:	22
AmpCtxAtmNxciAz	1
AmpCtxAtmsxtNxciAz	13
AmpCtxsxtNxciAz	1
AmpsxtNxci	2
NxCi	3
SxtNxci	1
SxtNxciAz	1
Gesamt:	37

Abbildung 120 zeigt einen Vergleich von Daten bezüglich Resistenzen gegenüber Nx und Ci innerhalb der letzten 25 Jahre in Österreich.

Abbildung 120: Resistenzen gegenüber Nx und Ci bei *Shigella*-Stämmen, Österreich, 1999 - 2023



ESBL Bildner

Im Jahr 2023 wurden 46 *Shigella*-Isolate als ESBL (extended spectrum β -lactamase)-Bildner (Tabelle 130) identifiziert.

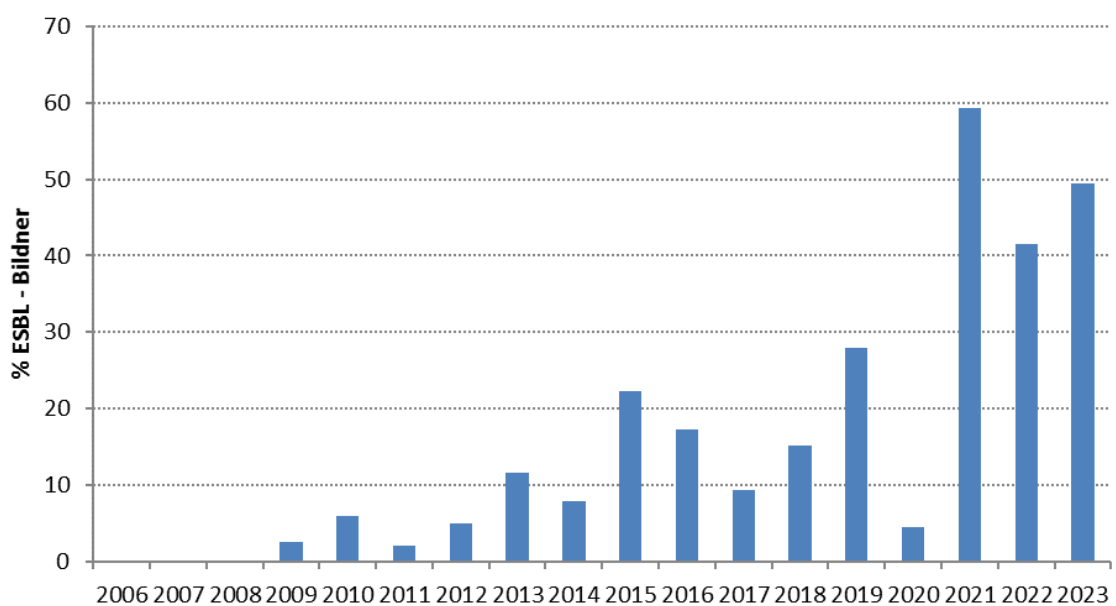
Tabelle 130: ESBL bildende *Shigella*-Stämme, Österreich, 2023

ESBL-Bildner	Anzahl
<i>S. sonnei</i> :	37
AmpCtxAtm	2
AmpCtxAtmNxCiAz	1
AmpCtxAtmSxt	16
AmpCtxAtmSxtNxAz	1

ESBL-Bildner	Anzahl
AmpCtxAtmSxtNxCiAz	13
AmpCtxSxt	3
AmpCtxSxtNxAz	1
<i>S. flexneri</i>:	9
AmpCtxAtmCAz	1
AmpCtxAtmCNxCiAz	2
AmpCtxCazAtm	1
AmpCtxCazAtmCNxCi	1
AmpCtxCazAtmCNxCiAz	2
AmpCtxSxt	1
AmpCtxTzpCazAtmCNxCiAz	1
Gesamt:	46

Im Jahr 2009 wurden in Österreich erstmals ESBL bildende Shigellen registriert (Abbildung 121).

Abbildung 121: *Shigella* spp. ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006 - 2023



Um die Ci/Nx-Resistenzen und den Anteil an ESBL-Bildnern im Jahr 2023 mit den Jahren davor zu vergleichen, wurden die Daten in der nachfolgenden Tabelle dargestellt (Tabelle 131).

Tabelle 131: Anteil an Ci/Nx-Resistenzen und ESBL-Bildnern, Österreich 2010 – 2023

Jahr	Ci-Resistenz %	Nx-Resistenz %	ESBL-Bildner %
2023	39,8	48,4	49,5
2022	36,9	44,6	41,5
2021	40,6	46,8	59,3
2020	22,7	40,9	4,5
2019	30,9	38,2	27,9
2018	39,4	53	15,2
2017	37,0	59,3	9,3
2016	22,4	41,4	17,2
2015	27,7	51	22,3
2014	21,1	28,9	7,9
2013	23,2	39,1	11,6
2012	22,8	28	5,2
2011	24,4	35,6	2,2
2010	17,7	32,4	5,9

Diskussion

Die Inzidenz der Shigellose in Österreich im Jahr 2023 betrug 1,0 Fälle pro 100.000 EW, im Jahr davor wurde aufgrund der gemeldeten bestätigten Fälle eine Inzidenz von 0,67 pro 100.000 EW registriert. Da bei Stuhluntersuchungen mittels PCR-Methoden nicht zwischen Shigellen und Enteroinvasiven *Escherichia coli* (EIEC) unterschieden werden kann, gelten *Shigella*/EIEC positive Fälle, wenn der Erreger nicht kulturell bestätigt wird oder zumindest ein epidemiologischer Link vorliegt, nur als wahrscheinliche Fälle. Die Epidemiologie der *Shigella*-Infektionen in Österreich hatte sich durch die drastischen Maßnahmen zur

Bekämpfung der SARS CoV-2-Pandemie in den Jahren 2020 (0,28 Fälle pro 100.000 EW) und 2021 (0,43 Fälle pro 100.000 EW) weitgehend verändert. Ursachen waren stark eingeschränkte Reisemöglichkeiten, Hygienemaßnahmen und die Tatsache, dass bei gastrointestinalen Beschwerden häufig keine Ärzt:innen aufgesucht wurden. Der Schnitt der Inzidenzen der 5 Jahre vor der Pandemie lag bei 0,8 Fälle pro 100.000 EW.

Innerhalb der 93 Erstisolate konnten 46 ESBL-Bildner identifiziert werden (49,5 %). Dieser Anteil sowie die Anteile an Ciprofloxacin- (39,8 %) und Nalidixinsäure- (48,4 %) Resistenzen bleiben auch für das Jahr 2023 auf hohem Niveau (siehe Tabelle 131). Das u.a. für die Behandlung einer Shigellen-Infektion in der Literatur noch als Mittel der Wahl empfohlene Antibiotikum Azithromycin weist bei den 2023 in Österreich identifizierten Shigellen eine Resistenzrate von 47,3 % auf. Aufgrund der Resistenzen ist daher neben der diagnostischen Keimidentifizierung immer auch die Überprüfung des Isolates durch ein Antibiogramm erforderlich.

Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Shigellen dankt allen einsendenden Laboratorien sowie den beteiligten Behörden und Ärzt:innen für die gute Zusammenarbeit.

Resistenzbericht *Campylobacter*

Daten aus dem Human- und Lebensmittelbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für *Campylobacter* / des Nationalen Referenzlabors für *Campylobacter* aus Lebensmitteln und Futtermitteln

Ansprechperson/Autorin

Dr.ⁱⁿ Sandra Köberl-Jelovcan

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene / Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten

Abteilung Referenzzentralen und Referenzlaboratorien

Beethovenstraße 6

8010 Graz

E-Mail: sandra.koeberl-jelovcan@ages.at oder humanmed.graz@ages.at

Reviewer

Dr. Christian Kornschöber

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene / Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten

Abteilung Referenzzentralen und Referenzlaboratorien

Beethovenstraße 6

8010 Graz

E-Mail: christian.kornschober@ages.at oder humanmed.graz@ages.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	334
Abstract	334
Einleitung	334
Methodik	334
Humanisolate	334
Lebensmittelisolate	335
Datenanalyse	335
Ergebnisse	337
Resistenzen von <i>Campylobacter jejuni</i> und <i>Campylobacter coli</i> im Humanbereich.....	337
Mehrfachresistenzen bei Humanisolaten	340
Resistenzen von <i>Campylobacter jejuni</i> und <i>Campylobacter coli</i> aus Lebensmitteln.....	342
Mehrfachresistenzen bei Isolaten aus Geflügelfleisch.....	344
Diskussion.....	345

Zusammenfassung

2023 wurden bei *C. jejuni* und *C. coli* aus Humanproben und aus Geflügelfleisch erneut extrem hohe Resistenzraten für Fluorochinolone und hohe bis sehr hohe für Tetracycline festgestellt. Die Fluorochinolon-Resistenz bei Humanisolaten betrug 84 % in *C. jejuni* bzw. 89,6 % in *C. coli*, nur sehr wenige Isolate zeigten Makrolidresistenz (0,5 % bei *C. jejuni*). In sehr wenigen Humanisolaten konnte zudem eine *erm*(B)-vermittelte High-Level Makrolid-Resistenz beobachtet werden.

Abstract

In 2023, again extremely high fluoroquinolone and high to very high tetracycline resistance rates were found in *C. jejuni* and *C. coli* isolates of human and poultry meat origin. The fluoroquinolone resistance in human isolates was 84 % in *C. jejuni* and 89.6 % in *C. coli*. Only very few human isolates exhibited resistance to macrolides (0.5 % of *C. jejuni*), and *erm*(B) mediated high-level macrolide resistance was also very low.

Einleitung

Die Campylobacteriose, eine weltweit auftretende durch Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachte Darmerkrankung, zählt innerhalb der Europäischen Union zu den häufigsten durch Lebensmittel übertragenen Erkrankungen beim Menschen. Im Jahr 2023 wurden in Österreich 6.271 Fälle von Campylobacteriose registriert (Epidemiologisches Meldesystem, Stand 01.03.2024). Der Hauptteil der *Campylobacter*-Infektionen ist auf *C. jejuni* zurückzuführen, zweithäufigste Spezies ist *C. coli*.

Methodik

Humanisolate

Im Rahmen eines Sentinel Surveillance Programms zur Überwachung der Campylobacteriose in Österreich wurde eine bundesweite Stichprobe von 524 Isolaten hinsichtlich Resistenzverhalten gegenüber klinisch bzw. epidemiologisch relevanten antimikrobiellen Wirkstoffen untersucht. 418 *C. jejuni* und 106 *C. coli*, sowie 13 weitere

Humanisolate (7 *C. jejuni* und 6 *C. coli*) mit High-Level Makrolid-Resistenz wurden mittels Bouillon-Mikrodilutionsmethode (Thermo Scientific™ Sensititre™ System, Thermo Fisher Scientific Inc.) untersucht. Zusätzlich wurden Isolate mit High-Level Makrolidresistenz (MHK ERY $\geq 256 \mu\text{g/ml}$) mittels Ganzgenomsequenzierung (Illumina Platform) untersucht.

Lebensmittelisolate

Von 125 an das Referenzlabor eingesandten *Campylobacter*-Isolaten (118x rohes Hühnerfleisch, 2x rohes Putenfleisch, 4x rohes Entenfleisch, 1x Gans) wurde eine MHK-Bestimmung für die Wirkstoffe Chloramphenicol, Ciprofloxacin, Erythromycin, Ertapenem, Gentamicin und Tetrazyklin mittels Bouillon-Mikrodilutionsmethode durchgeführt. Die Isolate wurden von den Einrichtungen für Lebensmitteluntersuchung der AGES übermittelt. Drei Viertel der Hühnerfleischproben waren Handelsproben, die restlichen Proben waren Verdachtsproben bzw. Proben aus der Eigenproduktion. 73 % des rohen Hühnerfleisches stammten aus der Eigenproduktion, bei 15 % der Produkte handelte es sich um Importware und bei 12 % war die Herkunft der Rohware unbekannt. Für die Datenanalyse wurde nicht zwischen Eigenproduktion und importiert unterschieden.

Datenanalyse

Die Zusammenstellung der zu testenden Wirkstoffe für die Humanisolate wurde gegenüber den Vorjahren geändert. Zur Überwachung der Carbapenem-Resistenz wurde neben Imipenem zusätzlich Meropenem in die Liste der zu überwachenden Wirkstoffe aufgenommen. Des Weiteren wurde Tigazylin hinzugefügt, während Colistin, Nalidixinsäure, Neomycin und Streptomycin zukünftig nicht mehr Teil des Monitorings sind. Die Auswertung der MHK-Daten erfolgte anhand epidemiologischer Cut-Off Values (ECOFFs) für *Campylobacter* nach EUCAST (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing), zuletzt aufgerufen am 28.08.2024. Für die Wirkstoffe Imipenem, Meropenem und Tigazylin stehen keine *Campylobacter*-spezifischen ECOFFs zur Verfügung, aus diesem Grund wurden für die genannten Wirkstoffe die klinischen Breakpoints für Enterobacterales nach EUCAST angewandt. Für Ertapenem sind nur die MHK-Werte ohne Resistenzangabe dargestellt, da die vorläufigen EUCAST ECOFFs derzeit überprüft werden. Der Grad der Resistenz wurde wie folgt kategorisiert: extrem hoch (>70,0 %), sehr hoch (> 50,0 % - 70,0 %), hoch (> 20,0 % - 50,0 %), mäßig (> 10,0 % - 20,0 %), niedrig (> 1,0 % - 10,0 %), sehr niedrig (0,1 % - 1,0 %) und selten (< 0,1 %) (EFSA Journal 2023;21(3):7867).

In Tabelle 132 sind ECOFFs, klinische Breakpoints und verwendete Messbereiche der untersuchten Antibiotika dargestellt. Zwecks Vergleichbarkeit der Humandaten mit den Daten aus Lebensmitteln und aus dem Monitoring im Nutztierbestand wurden Mehrfachresistenzen basierend auf der Analyse nachfolgend genannter Wirkstoffe ermittelt: Chloramphenicol, Ciprofloxacin, Erythromycin, Gentamicin und Tetrazyklin. Die Datenanalyse wurde vom Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik der AGES durchgeführt.

Tabelle 132: Übersicht über Wirkstoffe, ECOFFs/ klinische Breakpoints und Messbereiche (µg/ml)

Antimikrobielle Substanz	Abk.	ECOFF EUCAST	Klinischer Breakpoint EUCAST		Messbereich Human	Messbereich Lebensmittel
		R>	S≤	R>		
Ampicillin	AMP	16	-	-	1-64	n/a
Chloramphenicol	CHL	16	-	-	2-64	2-64
Ciprofloxacin	CIP	0,5	0,5	0,5	0,12-128	0,12-32
Erythromycin (<i>C. jejuni</i>)	ERY	4	4	4	0,5-512	1-512
Erythromycin (<i>C. coli</i>)		8	8	8		
Ertapenem (<i>C. jejuni</i>)	ERT	(0,125) ²	-	-	n/a	0,12-4
Gentamicin	GEN	2	-	-	0,12-16	0,25-16
Imipenem	IMI	-	2 ¹	4 ¹	0,06-16	n/a
Meropenem	MER	-	2 ¹	8 ¹	0,03-16	n/a
Tetrazyklin (<i>C. jejuni</i>)	TET	1	2	2	1-64	0,5-64
Tetrazyklin (<i>C. coli</i>)		2	2	2		
Tigezyklin	TIG	-	0,5 ¹	0,5 ¹	0,12-8	n/a

¹EUCAST klinischer Breakpoint für Enterobacterales; S = sensibel, R = resistent

²EUCAST Tentative ECOFF

n/a nicht anwendbar, - keine Angabe

Ergebnisse

Resistenzen von *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* im Humanbereich

84 % der *C. jejuni*-Isolate wiesen eine Fluorochinolon-Resistenz und 52,6 % eine Tetrazyklin-Resistenz auf (Tabelle 133). Bei *C. coli* wurden 89,6 % Fluorochinolon-Resistenz und 40,6 % Tetrazyklin-Resistenz festgestellt (Tabelle 134). Zwei (0,5 %) *C. jejuni*-Isolate waren resistent gegenüber Erythromycin, und ein (0,9 %) *C. coli*-Isolat war phänotypisch resistent gegenüber Chloramphenicol. Das CHL-resistente *C. coli*-Isolat wies einen MHK-Wert von 32 µg/ml auf und lag damit eine Titerstufe über dem ECOFF, molekularbiologisch konnte jedoch keine AMR-Determinanten für eine CHL-Resistenz nachgewiesen werden und somit die Resistenz nicht bestätigt werden. Keinerlei Resistenz wurde in den untersuchten *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten gegenüber Gentamicin, Meropenem, Imipenem und Tigazyklin nachgewiesen. Die Verteilungen der MHK-Werte sind in Abbildung 123 und Abbildung 125 dargestellt.

Sowohl bei *C. jejuni* als auch *C. coli* kam es zu einem Anstieg der Ciprofloxacin-Resistenz im Vergleich zum Vorjahr, bei Tetrazyklin setzte sich der rückläufige Trend in *C. coli* fort (Tabelle 133 und Tabelle 134, Abbildung 122 und Abbildung 124). In zwei *C. coli*-Isolaten der insgesamt 13 untersuchten Humanisolate (7 *C. jejuni*, 6 *C. coli*) mit High-Level Makrolid-Resistenz konnte das Gen *erm*(B) nachgewiesen werden, in einem Fall war das Gen jedoch verkürzt bei gleichzeitigem Fehlen anderer beschriebener AMR-Determinanten.

Tabelle 133: Resistenzanteile bei *Campylobacter jejuni*-Erstisolaten aus Humanproben

Antimikrobielle Substanz	2018-2022	2022	2023
	N=2.125	N=422	N=418
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Ampicillin	46,5 [44,4-48,7]	47,4 [42,7-52,2]	53,1 [48,3-57,8]
Chloramphenicol	0,0 [0-0,3]	0,2 [0,1-1,3]	0,0 [0-0,7]
Ciprofloxacin	78,3 [76,5-80]	80,1 [76,0-83,6]	84,0 [80,1-87,2]
Erythromycin	0,2 [0,1-0,5]	0,5 [0,1-1,7]	0,5 [0,1-1,7]

Antimikrobielle Substanz	2018-2022	2022	2023
	N=2.125	N=422	N=418
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Gentamicin	0,0 [0-0,1]	0,0 [0-0,7]	0,0 [0-0,7]
Imipenem	0,0 [0-0,1]	0,0 [0-0,7]	0,0 [0-0,7]
Meropenem	-	-	0,0 [-]
Tetrazyklin	49,8 [47,7-51,9]	51,4 [46,7-56,2]	52,6 [47,8-57,4]
Tigezyklin	-	-	0,0 [-]

Abbildung 122: Resistenzanteile bei *Campylobacter jejuni*-Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2023 (Anzahl Isolate)

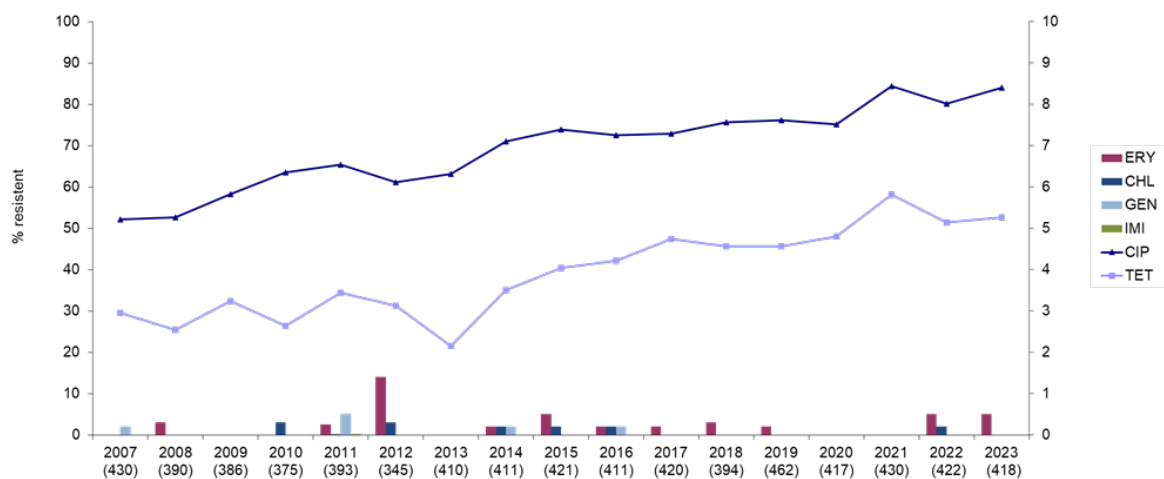


Abbildung 123: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter jejuni*-Erstisolaten aus Humanproben, 2023

			MHK-Verteilung (%)																		
			AB	resistent (%)	KI 95 (%)	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024
C. jejuni N=418 (MER,TI G = 309)	AMP	53,1	[48.3 - 57.8]								0,2	6,2	16,3	22,0	2,2	2,2	18,9	32,1			
	CHL	0,0	[0.0 - 0.7]									62,9	25,8	9,1	2,2						
	CIP	84,0	[80.1 - 87.2]			1,0	12,9	1,9	0,2				1,0	42,3	33,5	4,5	2,4		0,2		
	ERY	0,5	[0.1 - 1.7]						21,1	49,8	22,2	6,5							0,24	0,24	
	GEN	0,0	[0.0 - 0.7]				39,2	60,5	0,2												
	IMI	0,0	[0.0 - 0.7]			83,0	16,7	0,2													
	MER	0,0	-		56,3	21,7	10,0	8,1	1,9	1,3	0,6										
	TET	52,6	[47.8 - 57.4]				2,4	32,1	9,8	3,1					3,3	3,1	2,9	43,3			
	TIG	0,0	-				78,0	21,4	0,6												

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

Tabelle 134: Resistenzanteile bei *Campylobacter coli*-Erstisolaten aus Humanproben

Antimikrobielle Substanz	2018-2022	2022	2023
	N=295	N=81	N=106
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Ampicillin	28,1 [23,3-33,5]	29,6 [20,8-40,4]	46,2 [37-55,7]
Chloramphenicol	0,7 [0,2-2,4]	1,2 [0,3-6,6]	0,9 [0,2-5,1]
Ciprofloxacin	80,3 [75,4-84,5]	87,7 [78,7-93,1]	89,6 [82,3-94,1]
Erythromycin	3,1 [1,6-5,7]	0,0 [0-3,6]	0,0 [0-2,8]
Gentamicin	0,3 [0,1-1,9]	0,0 [0-3,6]	0,0 [0-2,8]
Imipenem	0,0 [0-1,1]	0,0 [0-3,6]	0,0 [0-2,8]
Meropenem	-	-	0,0 [-]
Tetrazyklin	52,5 [46,8-58,2]	44,4 [34,1-55,3]	40,6 [31,7-50,1]
Tigezyklin	-	-	0,0 [-]

Abbildung 124: Resistenzanteile bei *Campylobacter coli*-Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2023 (Anzahl Isolate)

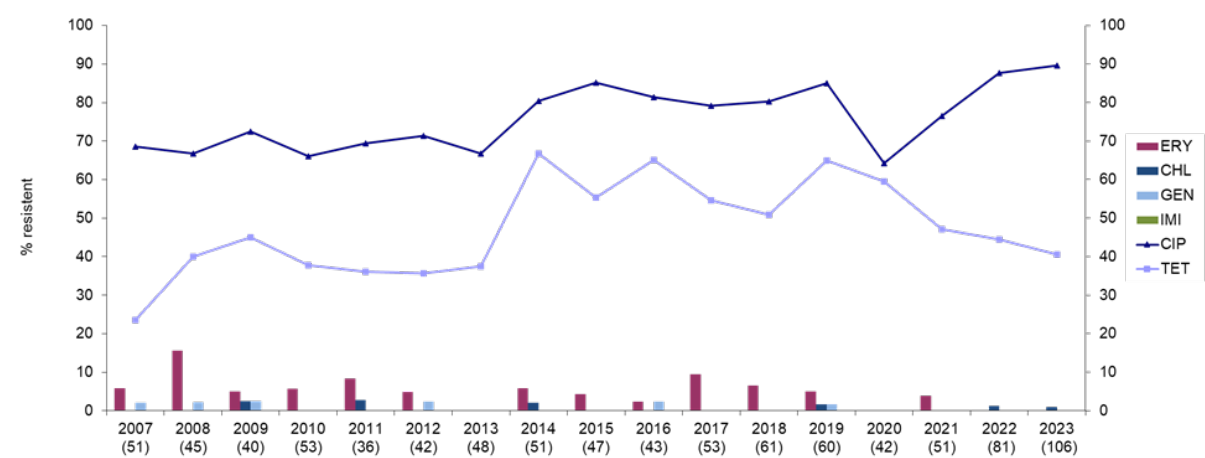


Abbildung 125: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter coli*-Erstisolaten aus Humanproben, 2023

		MHK-Verteilung (%)																		
		AB	resistent (%)	KI 95 (%)	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024
C. coli N=106 (MER,TI G = 93)	AMP		46,2	[37,0 - 55,7]								7,5	14,2	32,1	20,8		25,5			
	CHL		0,9	[0,2 - 5,1]							2,8	43,4	47,2	5,7	0,9					
	CIP		89,6	[82,3 - 94,1]			7,5	1,9	0,9			2,8	25,5	50,0	6,6	4,7				
	ERY		0,0	[0,0 - 2,8]					15,1	44,3	22,6	14,2	3,8							
	GEN		0,0	[0,0 - 2,8]			0,9	48,1	50,0	0,9										
	IMI		0,0	[0,0 - 2,8]			5,7	84,9	9,4											
	MER		0,0	-		2,2	33,3	36,6	9,7	7,5	10,8									
	TET		40,6	[31,7 - 50,1]				8,5	43,4	7,5								40,6		
	TIG		0,0	-			80,6	17,2	2,2											
Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung																				

Mehrfachresistenzen bei Humanisolaten

2023 waren 15, 1% der *C. jejuni*- und 5,7 % der *C. coli*-Isolate gegenüber den ausgewählten antimikrobiellen Substanzen zur Gänze empfindlich, 33,3 % bzw. 58,5 % wiesen Resistenz gegenüber einem Antibiotikum auf (Tabelle 135 und Tabelle 136). 51,2 % der *C. jejuni*- und 34,9 % der *C. coli*-Isolate waren gegenüber zwei Antibiotika resistent (CIP-TET), und 0,5 % der *C. jejuni*-Isolate bzw. 0,9 % der *C. coli*-Isolate waren gegenüber drei Antibiotika resistent (CIP-ERY-TET bzw. CHL-CIP-TET). 0,6 % der Ciprofloxacin-resistenten *C. jejuni* waren zugleich Erythromycin-resistent.

Tabelle 135: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter jejuni*-Erstisolate aus Humanproben

	2018-2022	2022	2023
Mehrfachresistenz (%)	N=2.125	N=422	N=418
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Zur Gänze empfindlich	20,0 [18,4 -21,8]	19,2 [15,7-23,2]	15,1 [12-18,8]
Resistenz gegenüber 1 AB	31,7 [29,8-33,7]	30,1 [25,9-34,6]	33,3 [28,9-37,9]
Resistenz gegenüber 2 AB	48,1 [46-50,2]	50,0 [45,2-54,8]	51,2 [46,4-56]
Resistenz gegenüber 3 AB	0,1 [0,1-0,4]	0,7 [0,3-2,1]	0,5 [0,1-1,7]

Tabelle 136: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter coli*-Erstisolate aus Humanproben

	2018-2022	2022	2023
Mehrfachresistenz (%)	N=295	N=81	N=106
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Zur Gänze empfindlich	12,5 [9,2-16,8]	8,6 [4,3-16,8]	5,7 [2,7-11,8]
Resistenz gegenüber 1 AB	41,0 [35,6-46,7]	50,6 [39,9-61,3]	58,5 [49-67,4]
Resistenz gegenüber 2 AB	43,4 [37,9-49,1]	39,5 [29,6-50,4]	34,9 [26,5-44,4]
Resistenz gegenüber 3 AB	3,1 [1,6-5,7]	1,2 [0,3-6,6]	0,9 [0,2-5,1]

Resistenzen von *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* aus Lebensmitteln

Die Tabelle 137 und Tabelle 138 sowie die Abbildung 126 und Abbildung 127 zeigen die Resistenzraten und die Verteilung der MHK-Werte bei *Campylobacter* aus rohem Hühnerfleisch. Im Jahr 2023 waren 71,4 % der untersuchten *C. jejuni*- bzw. 70,9 % der *C. coli*-Isolate Ciprofloxacin-resistent. Hohe Resistenzraten wurden auch für Tetrazyklin (*C. jejuni*, 52,4 %; *C. coli*, 54,5 %) beobachtet. 14,3 % der *C. jejuni*- und 74,5 % der *C. coli*-Isolate wiesen für Ertapenem einen MHK-Wert >0,5 µg/ml auf.

Desweiteren wurden vier *Campylobacter*-Isolate (1x *C. jejuni*, 3x *C. coli*) aus Entenfleisch sowie zwei Isolate (*C. jejuni*, *C. coli*) aus Putenfleisch und ein Isolat (*C. jejuni*) aus Fleisch von Gänsen untersucht. Zwei der vier Enten-Isolate, ein Putenisolat und das Isolat aus der Gans waren Ciprofloxacin-resistent, bei einem Entenisolat (*C. coli*) und dem Gansisolat trat zudem Co-Resistenz gegenüber Tetrazyklin auf. Keines der untersuchten Isolate zeigte Resistenz gegenüber Erythromycin, Gentamicin oder Chloramphenicol.

Tabelle 137: Resistenzanteile bei *Campylobacter jejuni* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

Antimikrobielle Substanz	2018-2022	2022	2023
	N=336/146*	N=94	N=63
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Chloramphenicol	0,0* [0-2]	0,0 [0-3,1]	0,0 [0-4,6]
Ciprofloxacin	73,8 [68,9-78,2]	72,3 [62,5-80,4]	71,4 [59,2-81,1]
Erythromycin	0,0 [0-0,9]	0,0 [0-3,1]	0,0 [0-4,6]
Gentamicin	0,0 [0-0,9]	0,0 [0-3,1]	0,0 [0-4,6]
Tetrazyklin	49,4 [44,1-54,7]	42,6 [33,0-52,7]	52,4 [40,2-64,2]

*reduzierte Anzahl an getesteten Isolaten

Abbildung 126: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter jejuni* aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2023

		MHK-Verteilung (%)																			
	AB	resistent (%)	KI 95 (%)	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024		
C. jejuni N=63	CHL	0,0	[0.0 - 4.6]							27	50,8	17,5	4,8								
	CIP	71,4	[59.2 - 81.1]				20,6	6,3	1,6			3,2	31,7	23,8	9,5	3,2					
	ERY	0,0	[0.0 - 4.6]							60,3	34,9	4,8									
	ETP					36,5	25,4	23,8	7,9			3,2	3,2								
	GEN	0,0	[0.0 - 4.6]				95,2	4,8													
	TET	52,4	[40.2 - 64.2]					39,7	7,9				4,8	3,2	3,2	41,3					

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

Tabelle 138: Resistenzanteile bei *Campylobacter coli* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

Antimikrobielle Substanz	2018-2022	2022	2023
	N=148/88*	N=71	N=55
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Chloramphenicol	0,0* [0-3,3]	0,0 [0-4,1]	0,0 [0-5,2]
Ciprofloxacin	77,0 [69,6-83,1]	77,5 [66,4-85,6]	70,9 [57,8-81,2]
Erythromycin	4,7 [2,3-9,4]	5,6 [2,3-13,6]	0,0 [0-5,2]
Gentamicin	0,0 [0-2,0]	0,0 [0-4,1]	0,0 [0-5,2]
Tetrazyklin	48,0 [40,1-56,0]	39,4 [28,9-51,1]	54,5 [41,5-67,0]

*reduzierte Anzahl an getesteten Isolaten

Abbildung 127: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter coli* aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2023 N=55

		MHK-Verteilung (%)																			
	AB	resistent (%)	KI 95 (%)	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024		
C. coli N=55	CHL	0,0	[0.0 - 5.2]							5,5	36,4	49,1	9,09								
	CIP	70,9	[57.8 - 81.2]				16,4	10,9	1,8				3,6	12,7	30,9	18,2	5,5				
	ERY	0,0	[0.0 - 5.2]							56,4	23,6	20,0									
	ETP						7,3	10,9	7,3	29,1	18,2	12,7	14,5								
	GEN	0,0	[0.0 - 5.2]				25,5	70,9	3,6												
	TET	54,5	[41.5 - 67.0]						40,0	5,5							5,5	49,1			

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

Mehrfachresistenzen bei Isolaten aus Geflügelfleisch

Im Jahr 2023 waren 27 % der *C. jejuni*- sowie 14,5 % der *C. coli*-Isolate aus Hühnerfleisch gegenüber den ausgewählten antimikrobiellen Substanzklassen zur Gänze empfindlich und 22,2 % bzw. 45,5 % wiesen Resistenz gegenüber einem Antibiotikum auf (Tabelle 139 und Tabelle 140. 50,8 % der *C. jejuni*- sowie 40 % der *C. coli*-Isolate waren gegenüber zwei Antibiotika resistent (CIP-TET).

Tabelle 139: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter jejuni* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

	2018-2022	2022	2023
Mehrfachresistenz (%)	N=336	N=94	N=63
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Zur Gänze empfindlich	24,1 [19,8-29]	26,6 [18,7-36,4]	27,0 [17,6-39,1]
Resistenz gegenüber 1 AB	28,6 [24-33,6]	31,9 [23,4-41,9]	22,2 [13,8-34]
Resistenz gegenüber 2 AB	47,3 [42-52,7]	41,5 [32-51,6]	50,8 [38,7-62,8]
Resistenz gegenüber 3 AB	0,0 [0-0,9]	0,0 [0-3,1]	0,0 [0-4,6]

Tabelle 140: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter coli* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

	2018-2022	2022	2023
Mehrfachresistenz (%)	N=148	N=71	N=55
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Zur Gänze empfindlich	12,8 [8,4-19,2]	12,7 [6,9-22,4]	14,5 [7,6-26,2]
Resistenz gegenüber 1 AB	48,6 [40,7-56,6]	56,3 [44,7-67,3]	45,5 [33-58,5]
Resistenz gegenüber 2 AB	34,5 [27,3-42,4]	26,8 [17,9-38,1]	40,0 [28,1-53,2]

	2018-2022	2022	2023
Mehrfachresistenz (%)	N=148	N=71	N=55
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Resistenz gegenüber 3 AB	4,1 [1,9-8,6]	4,2 [1,5-11,7]	0,0 [0-5,2]

Diskussion

Im Jahr 2023 wurden abermals extrem hohe bzw. hohe bis sehr hohe Resistenzraten für Fluorochinolone bzw. Tetracykline bei *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* aus Humanproben und aus Geflügelfleisch festgestellt. Im Humanbereich wurde sowohl bei *C. jejuni* als auch bei *C. coli* ein weiterer Anstieg der Fluorochinolon-Resistenz beobachtet, während sich der abnehmende Trend bei der Tetracyklin-Resistenz in *C. coli* fortsetzte. Die im Berichtsjahr ausschließlich in *C. jejuni* beobachtete Resistenz gegenüber Erythromycin war weiterhin sehr niedrig. In einem Humanisolat konnte eine *erm*(B)-vermittelte High-Level Makrolid-Resistenz nachgewiesen werden, in einem weiteren Isolat ist diese ebenfalls anzunehmen. In beiden Fällen war die *Campylobacter*-Infektion im Zuge einer Auslandsreise (Jordanien bzw. Ägypten) erworben worden.

Resistenzbericht Hefepilze

Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Hefen und Schimmelpilze

Ansprechperson/Autorin

a.o.Univ. Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Birgit Willinger

Medizinische Universität Wien
Abteilung für Klinische Mikrobiologie
Klinisches Institut für Labormedizin
Währinger Gürtel 18-20/5P
1090 Wien
Email: birgit.willinger@meduniwien.ac.at

Reviewerin

Univ.Prof.ⁱⁿDr.ⁱⁿ Cornelia Lass-Flörl

Medizinische Universität Innsbruck
Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie
Schöpfstraße 41/II
6020 Innsbruck
Email: cornelia.lass-floerl@i-med.ac.at

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	348
Abstract	348
Einleitung	349
Methodik	349
Ergebnisse	351
Interpretation	411
Diskussion	412
Referenzen	414

Zusammenfassung

Im Jahr 2023 wurden von sieben verschiedenen Zentren, die über das gesamte Bundesgebiet verteilt sind, 290 verschiedene Hefepilze aus Blutkulturen erfasst. *C. albicans* ist nach wie vor der häufigste Erreger, gefolgt von *N. glabratus*, *C. parapsilosis* und *C. dubliniensis*. Die meisten Candidämien fanden sich auf Intensivstationen (34 %) und internen Stationen (20 %), gefolgt von chirurgischen Stationen (15 %; Chirurgie, Neurochirurgie, Unfallchirurgie).

Nach wie vor gilt, dass eine geringe Resistenzrate bei Candida und anderen Hefen, die aus Blutkulturen nachgewiesen wurden, zu beobachten ist. Dabei wurde die höchste Resistenzrate für Itraconazol gefunden, hier sind 13,5 % der getesteten Stämme resistent. Die Resistenzraten für die anderen getesteten Azole liegen zwischen 0,5 und 5,5 %.

Die Resistenzsituation bei Echinocandinen ist zurzeit ebenfalls nicht besorgniserregend. Die Resistenzrate liegt zwischen 2,5 und 5,5 %, wobei sich die höchste In-vitro-Resistenzrate bei Anidulafungin fand. Generell ist keine Tendenz zu einer stärkeren Resistenzentwicklung zu beobachten. Bei der Beurteilung der Verteilung der MHK der erfassten Candida-Arten über den gesamten Beobachtungszeitraum zeigte sich ein geringfügiger Anstieg bei der Anidulafungin-Resistenz während der letzten fünf Jahre.

Abstract

In 2023, 290 different yeasts were reported from blood cultures by seven different centers spread throughout Austria. *C. albicans* remains the most common pathogen followed by *N. glabratus*, *C. parapsilosis* and *C. dubliniensis*. Candidemia was most common in intensive care units (34%) and departments for internal medicine (20%), followed by surgical wards (15%, general surgery, neurosurgery and trauma surgery).

It is still true that a low resistance rate is observed for Candida and other yeasts detected from blood culture. The highest resistance rate was found for itraconazole, where 13.5% of the strains tested were resistant. Resistance rates for the other azoles tested ranged from 0.5 to 5.5%.

The resistance situation in echinocandins is currently not of major concern. Resistance rates range from 2.5 to 5.5%, with the highest in vitro resistance rate found with

anidulafungin. In general, there is no trend toward greater resistance development. When assessing the distribution of the MICs of the *Candida* species recorded over the entire observation period, there has been detected a slight increase in anidulafungin resistance over the last five years.

Einleitung

Seit dem Jahr 2007 werden an verschiedenen Institutionen in Österreich Daten zur In-vitro-Empfindlichkeit von Sprosspilz-Isolaten aus Blutkulturen gegenüber den herkömmlichen Antimykotika erhoben. Mitbeteiligt sind die Abteilung für Klinische Mikrobiologie des Klinischen Institutes für Labormedizin, Medizinische Universität Wien (MUW), das Department für Hygiene, Mikrobiologie und Sozialmedizin der Medizinischen Universität Innsbruck (MUI), das Hygiene-Institut der Medizinischen Universität Graz (MUG) sowie das Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin des Krankenhauses der Elisabethinen Linz (KHE, analyse BioLab). Seit 2009 werden auch Daten aus der Universitätsklinik für Innere Medizin an der MUG erfasst. 2013 wurden zusätzlich die Daten aus den Salzburger Landeskliniken (SALK) aufgenommen. Seit 2015 nimmt auch die Klinik Landstraße (früher: Krankenanstalt Rudolfstiftung) in Wien an der Datenerhebung teil, ab 2017 flossen zudem Daten aus der Klinik Donaustadt (früher: Sozialmedizinisches Zentrum Ost), ebenfalls Wien, ein. Die Daten aus 2023 werden analysiert und mit den Daten der Vorjahre verglichen. Wie schon in den Vorjahren werden zur Interpretation die Grenzwerte, die vom European Committee on Antimicrobial Susceptibility (EUCAST) etabliert wurden, verwendet. Diese sind auf einzelne bestimmte Spezies bezogen und nur für die Antimykotika Amphotericin B, die Azole Fluconazol, Voriconazol, Itraconazol, Posaconazol sowie die Echinocandine Anidulafungin und Micafungin etabliert. Da EUCAST keine Grenzwerte für Caspofungin etabliert hat, wurden so wie bisher die Grenzwerte des Clinical and Laboratory Standards Institutes (CLSI) verwendet.

Methodik

Sprosspilze aus Blutkulturen wurden von den genannten Zentren gesammelt, evaluiert und asserviert. An der Meduni Wien werden die Stämme zentral gesammelt, die Auswertung der erhobenen Daten erfolgt anschließend an der Abteilung für Klinische Mikrobiologie, Klinisches Institut für Labormedizin, Medizinische Universität Wien. Neben

der Erfassung des Spektrums an Erregern werden Resistenzdaten zu den antimykotisch wirksamen Substanzen Amphotericin B, Fluconazol, Itraconazol, Voriconazol, Posaconazol, Caspofungin, Anidulafungin und Micafungin erfasst.

Tabelle 141: Substanzen

Abkürzung	Substanz
AMB	Amphotericin B
AND	Anidulafungin
CAS	Caspofungin
MIC	Micafungin
FLU	Fluconazol
ITR	Itraconazol
VOR	Voriconazol
POS	Posaconazol

Tabelle 142: Teilnehmende Zentren

Laborcode	Zentrum
AT001	analyse BioLab GmbH Linz
AT002	Medizinische Universität Wien (MUW)
AT003	Medizinische Universität Graz (MUG)
AT005	Medizinische Universität Innsbruck (MUI)
AT006	SALK
AT028	Klinik Landstraße (Rudolfstiftung)
AT033	Klinik Donaustadt (SMZ-Ost)

Ergebnisse

Im Jahr 2023 wurden in den sieben beteiligten Zentren 290 Sprosspilze bei 241 Patient:innen mit Candidämien nachgewiesen. Von den 241 Patient:innen waren 147 Männer und 85 Frauen mit einer Altersverteilung von 0 bis 95 Jahren.

Abbildung 128: Patientenbezogene Daten zu Candidämien (9 Patient:innen ohne Angabe m/w)

Jahr	Patient*innen	Erreger	m	w	Alter
2008	153	164	85	68	0-94 Jahre
2009	174	177	96	78	0-92 Jahre
2010	165	175	96	69	0-90 Jahre
2011	163	171	97	66	0-98 Jahre
2012	141	156	79	62	0-89 Jahre
2013	200	235	98	102	0-95 Jahre
2014	160	178	93	67	0-93 Jahre
2015	206	229	123	81	4-93 Jahre
2016	212	233	119	93	0-91 Jahre
2017	223	232	127	96	0-93 Jahre
2018	265	270	156	109	0-98 Jahre
2019	273	292	143	128	0-99 Jahre
2020	276	290	152	124	0-91 Jahre
2021	324	360	202	122	0-98 Jahre
2022	305	363	173	131	0-94 Jahre
2023	241	290	147	85	0-95 Jahre

Abbildung 129: Nachgewiesene Candidämien pro Zentrum für die Jahre 2008 bis 2023

	Linz AT001	MUW AT002	MUG AT003	MUI AT005	SALK AT006	Landstr. AT028	Donaust. AT033	Gesamt
2008	19	65	4	76				164
2009	30	58	14	75				177
2010	30	64	16	65				175
2011	25	69	11	66				171
2012	15	61	14	66				156
2013	48	55	13	80	19			215
2014	31	49	23	64	11			178
2015	22	42	23	99	19	24		229
2016	24	58	22	74	40	15		233
2017	22	44	26	66	21	20	24	223
2018	21	65	35	56	35	19	34	265
2019	10	67	40	67	24	32	33	273
2020	14	78	48	79	21	20	16	276
2021	22	75	39	92	49	31	51	324
2022	22	92	67	47	40	24	12	304
2023	18	71	31	48	31	14	28	241

Abbildung 129 zeigt die Aufteilung der Einsendungen in Abhängigkeit der jeweiligen Institution. Mit 241 erfassten Candidämien (13 mit jeweils mehr als einer Sprosspilz-Art) wurde im Jahr 2023 die geringste Anzahl von Candidämien in den letzten 6 Jahren gezählt.

Abbildung 130: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 1)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Candida albicans</i>	95 57,9%	105 59,3%	111 63,4%	95 55,6%	81 51,9%	138 58,2%	106 58,9%	124 54,1%	142 60,9%	134 57,8%	146 54,0%	142 48,6%	159 54,8%	193 53,6%	191 52,6%	138 47,6%
<i>Nakaseomyces glabratus</i> (<i>Candida glabrata</i>)	31 18,9%	28 15,8%	27 15,4%	35 20,5%	32 20,5%	57 24,1%	42 23,3%	40 17,5%	31 13,3%	50 21,6%	63 23,3%	83 28,4%	70 24,1%	89 24,7%	87 24,0%	83 28,6%
<i>Candida parapsilosis</i>	12 7,3%	10 5,6%	14 8,0%	16 9,4%	18 11,5%	12 5,1%	11 6,1%	25 10,9%	23 9,9%	21 9,1%	19 7,0%	26 8,9%	18 6,2%	27 7,5%	28 7,7%	28 9,7%
<i>Candida tropicalis</i>	4 2,4%	13 7,3%	10 5,7%	8 4,7%	7 4,5%	12 5,1%	8 4,4%	13 5,7%	14 6,0%	10 4,3%	16 5,9%	15 5,1%	12 4,1%	13 3,6%	17 4,7%	11 3,8%
<i>Pichia kudriavzevii</i> (<i>Candida krusei</i>)	5 3,0%	6 3,4%	5 2,9%	10 5,8%	6 3,8%	9 3,8%	1 0,6%	6 2,6%	6 2,6%	5 2,2%	8 3,0%	7 2,4%	9 3,1%	8 2,2%	12 3,3%	6 2,1%
<i>Candida dubliniensis</i>		3 1,7%	1 0,6%		4 2,6%	4 1,7%	2 1,1%	4 1,7%	6 2,6%	6 2,6%	5 1,9%	9 3,1%	9 3,1%	10 2,8%	10 2,8%	13 4,5%
<i>Candida lipolytica</i>		1 0,6%			1 0,6%										1 0,3%	
<i>Clavispora (Candida) lusitanae</i>	5 3,0%	5 2,8%	1 0,6%	1 0,6%	1 0,6%	2 0,8%	1 0,6%	2 0,9%	3 1,3%	1 0,4%	3 1,1%	2 0,7%	2 0,7%	9 2,5%	8 2,2%	1 0,3%
<i>Candida orthopsilosis</i>					1 0,6%		2 1,1%				2 0,7%		1 0,3%	2 0,6%	2 0,6%	3 1,0%

Abbildung 131: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 2)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Candida pseudotropicalis</i>	1 0,6%		1 0,6%		1 0,6%									1 0,3%		
<i>Candida species</i>	3 1,8%		1 0,6%		1 0,6%											
<i>Candida pararugosa</i>								3 1,3%								
<i>Candida inconspicua</i>								2 0,9%			1 0,4%		1 0,3%	1 0,3%		
<i>Kluyveromyces marxianus</i> (<i>Candida kefyr</i>)								2 0,9%	3 1,3%	2 0,9%		1 0,3%	1 0,3%	1 0,3%	2 0,6%	
<i>Trichosporon mucoides</i>								1 0,4%								
<i>Cryptococcus neoformans</i>	2 1,2%		1 0,6%	2 1,2%	1 0,6%			1 0,4%		1 0,4%	1 0,4%	2 0,7%	1 0,3%			
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>		1 0,6%			1 0,6%	1 0,4%		1 0,4%	1 0,4%	1 0,4%		1 0,3%	1 0,3%			
<i>Trichosporon asahii</i>			1 0,6%	1 0,6%	1 0,6%		1 0,6%							1 0,3%		
<i>Trichosporon sp.</i>												1 0,30%				
<i>Candida famata</i>		1 0,6%		1 0,6%			1 0,6%	1 0,4%	3 1,3%		1 0,4%					

Abbildung 132: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 3)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Meserozyma (Candida) guilliermondii</i>	1 0,6%	1 0,6%	1 0,6%	1 0,6%			1 0,6%	3 1,3%		1 0,4%		2 0,7%	1 0,3%	2 0,6%	1 0,3%	4 1,4%
<i>Candida pelliculosa</i>			1 0,6%					1 0,4%								
<i>Candida rabianii</i>											1 0,4%					
<i>Candida rugosa</i>						1 0,4%										
<i>Candida sake</i>	4 2,4%															
<i>Candida sphaerica</i>	1 0,6%															
<i>Cyberlindnera jadinii (Candida utilis)</i>				1 0,6%										2 0,6%		
<i>Saccharomyces species</i>		3 1,7%					1 0,6%									
<i>Geotrichum capitatum</i>						1 0,4%							2 0,7%			
<i>Magnusiomyces clavatus (Geotrichum clavatum)</i>											1 0,4%					
<i>Candida melibosica</i>							1 0,6%									

Abbildung 133: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 4)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>Wickerhamomyces anomalus</i>									1 0,4%							
<i>Malassezia furfur</i>											1 0,4%					
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>											1 0,4%					
<i>Cyberlindnera (Candida) fabianii</i>											1 0,4%				1 0,3%	
<i>Candida metapsilosis</i>												1 0,3%	2 0,7%			2 0,7%
<i>Apiotrichum (Trichosporon) mycotoxinivorans</i>														1 0,3%		
<i>Candida ciferrii</i>														1 0,3%	1 0,3%	
<i>Candida magnoliae</i>															1 0,3%	
<i>Candida nivariensis</i>															1 0,3%	
<i>Candida palmioleophila</i>																1 0,3%

Abbildung 134: Candidämie nach Spezies und Monaten im Jahr 2023

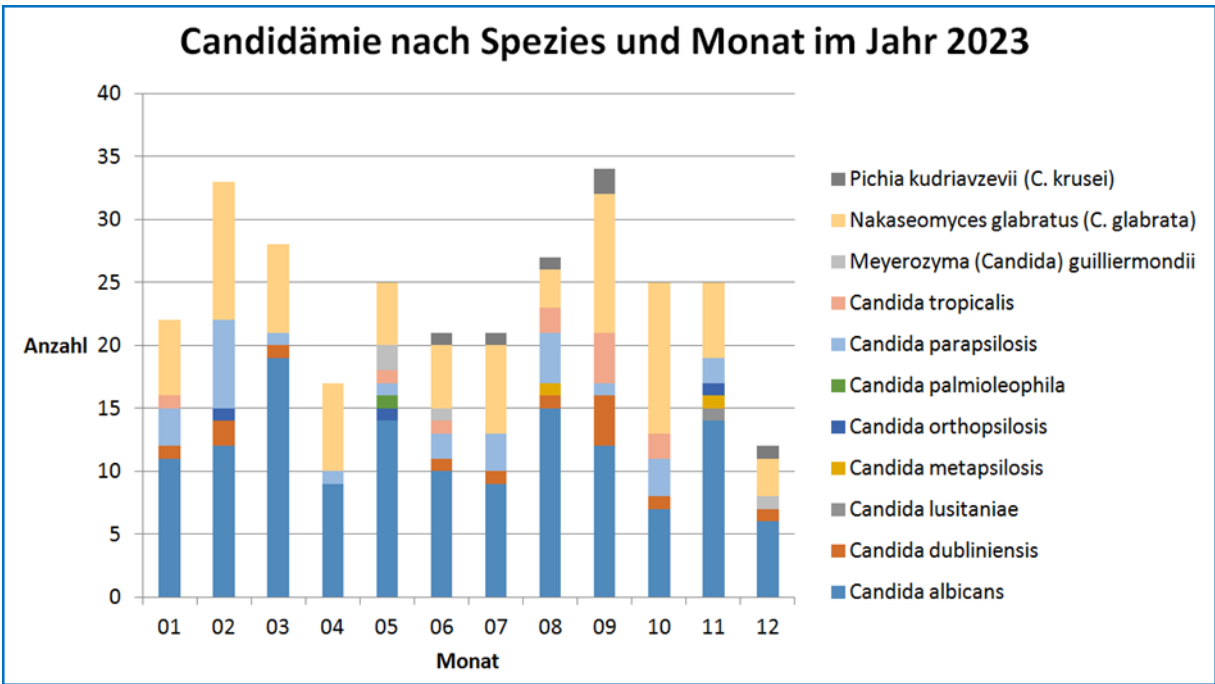


Abbildung 135: Candidämie nach Spezies und Zentrum für das Jahr 2023

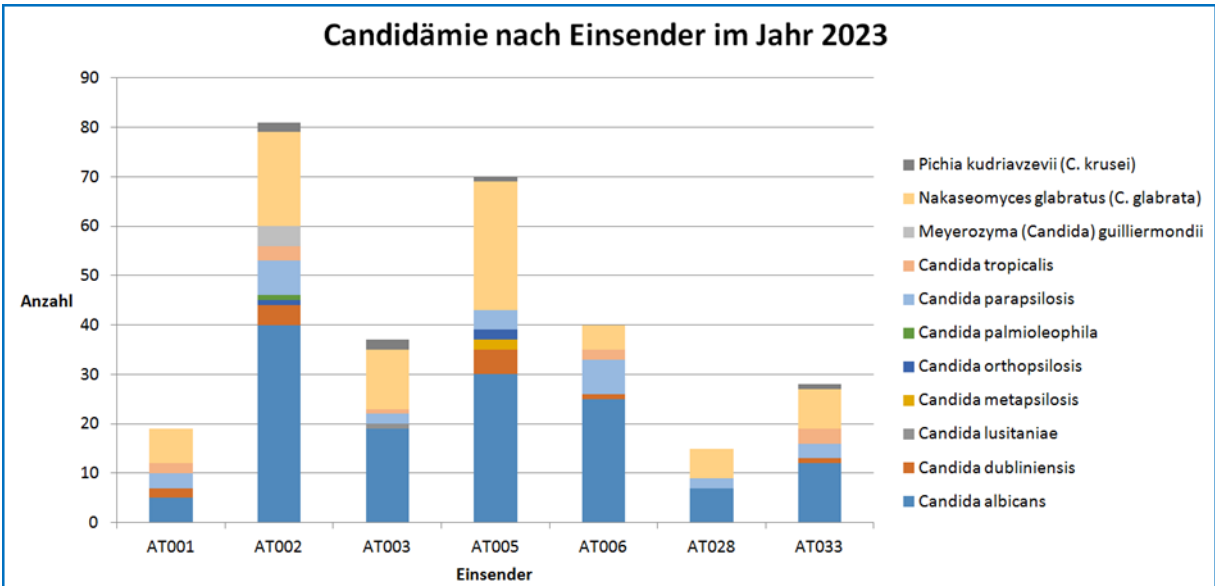


Abbildung 136 zeigt, dass die meisten Candidämien auf Intensiv-Abteilungen und Abteilungen für Innere Medizin (34 % bzw. 20 %) auftraten, gefolgt von chirurgischen

Stationen (15 %). Der Rest verteilte sich wie in den Vorjahren auf alle anderen Abteilungen.

Abbildung 136: Verteilung der Candidämien nach Abteilung für 2023

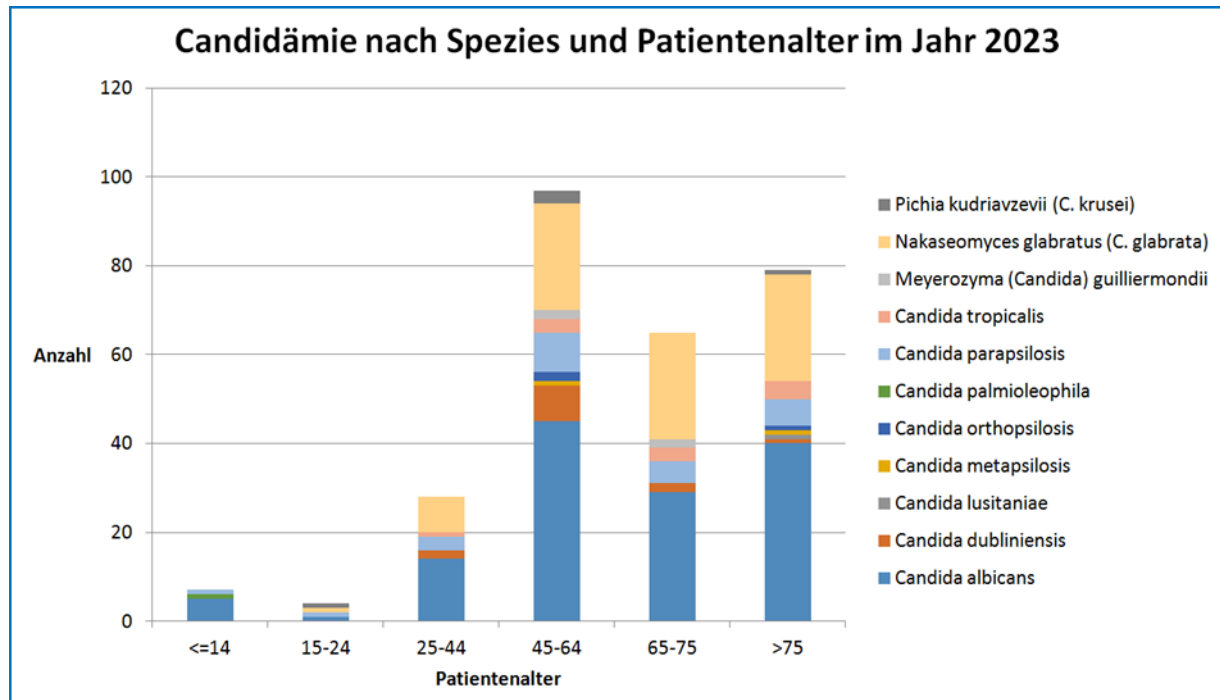
Abteilung	2023
Intensivstation	34%
Chirurgie	12%
Interne	20%
Hämato/ Onkologie	8%
Andere	7%
Neurologie	1%
Unbekannt	4%
Kinder/ Neonatologie	2%
Lunge	2%
Neurochirurgie	1%
Urologie	7%
Geburtshilfe/Gynäkologie	1%
Unfallchirurgie	2%

Die Altersverteilung war ähnlich wie in den Vorjahren. 2023 war die Altersgruppe "45–64 Jahre", gefolgt von der Altersgruppe „>75 Jahre“ am stärksten von Candidämien betroffen (Abbildung 137 und Abbildung 138)

Abbildung 137: Verteilung der Candidämie-Erreger nach Altersgruppe für die Jahre 2008 bis 2023; von 8 Patient:innen fehlt die Altersangabe

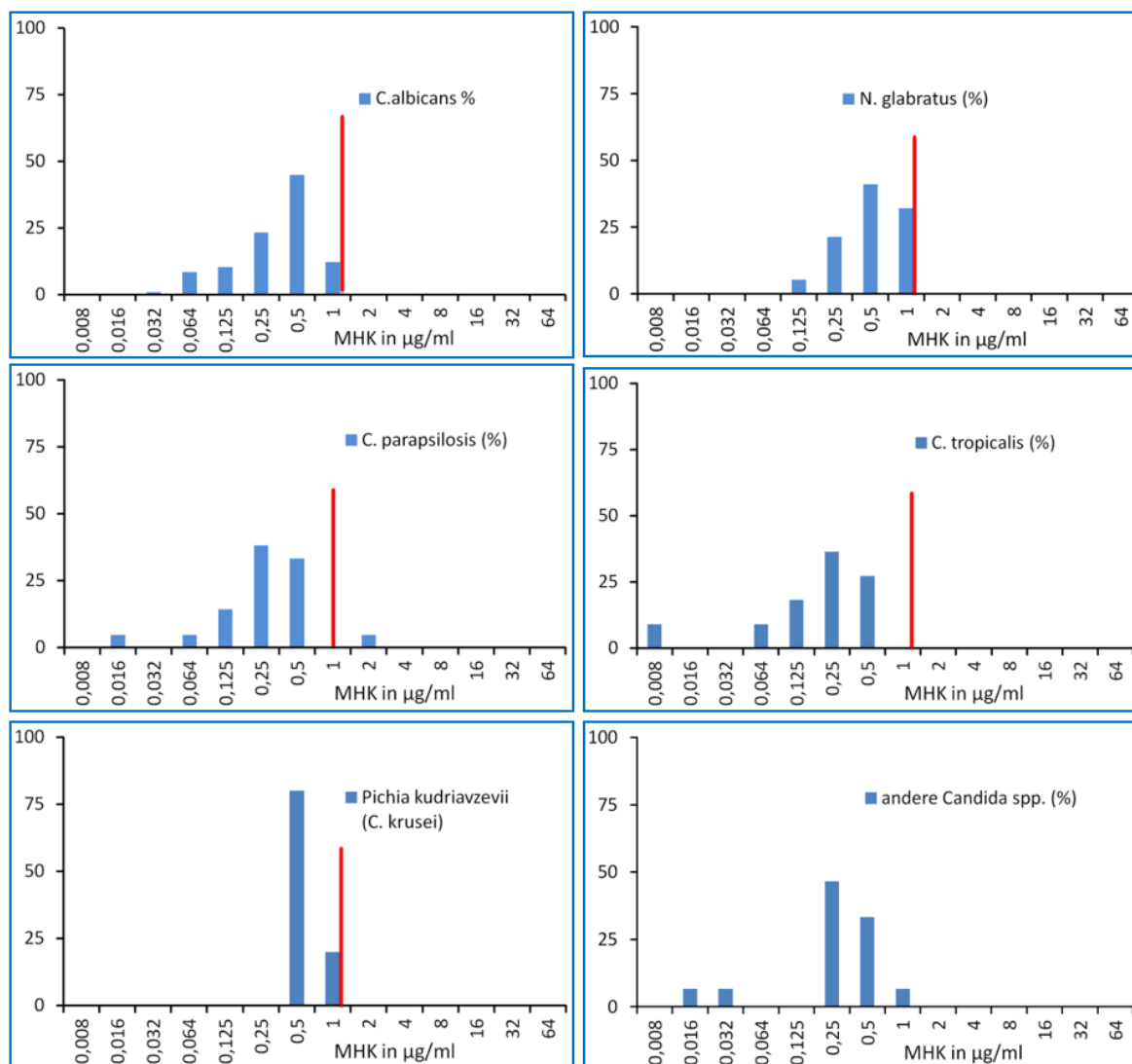
Altersgruppen	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<=14	7	2	3	4	3	2	4	3	3	5	4	7	4	5	4	6
15-24	5	5	5	8	4	4	2	3	5	2	4	2	6	4	9	4
25-44	29	21	20	23	16	19	19	16	14	20	20	38	24	32	26	24
45-64	41	66	68	58	52	71	58	79	79	79	105	84	90	130	110	77
65-75	53	48	48	46	50	77	50	87	75	54	67	73	74	113	73	59
>75	29	35	31	32	31	64	45	41	57	63	70	87	76	76	82	62
Gesamt	164	177	175	171	156	235	178	229	233	223	270	291	274	360	304	233

Abbildung 138: Candidämie nach Spezies und Altersgruppe für das Jahr 2023



Durch Verwendung der EUCAST-Breakpoints werden die Daten wie auch schon in den Vorjahren speziesbezogen dargestellt. Das gilt vor allem für *C. albicans*, *N. glabratus*, *C. parapsilosis* und *C. tropicalis*, da für diese Spezies Breakpoints von EUCAST etabliert wurden. Amphotericin B ist nach wie vor die Substanz, bei der nur extrem selten resistente Stämme auftreten. 2023 waren nur 0,5 % der Stämme resistent. Bei den Azolen zeigte sich eine nahezu unveränderte Resistenzsituation, die nicht bedenklich ist. Im Jahresvergleich zeigt sich eindeutig, dass keine signifikanten Veränderungen in der Verteilung der Werte für die minimale Hemmkonzentration (MHK) vorliegen. *N. glabratus* bleibt die Spezies mit den höchsten MHK-Werten und der höchsten Resistenzrate die Azole betreffend. Bei den Echinocandinen wurde bei Anidulafungin eine gesteigerte Rate an resistenten *C. albicans*-Stämmen festgestellt.

Abbildung 139: Amphotericin B-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die rote Linie markiert den MHK-Grenzwert für empfindliche Stämme. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht $\leq 0,008$ µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥ 64 µg/ml.

Abbildung 140: Angabe der Anzahl der identifizierten Pilze je Zentrum

Pilzname	Linz AT001	MUW AT002	MUG AT003	MUI AT005	SALK AT006	Landstr. AT028	Donaust. AT033
<i>Candida albicans</i>	5	40	19	30	25	7	12
<i>Candida dubliniensis</i>	2	4		5	1		1
<i>Candida lusitanae</i>			1				
<i>Candida metapsilosis</i>				2			
<i>Candida orthopsilosis</i>		1		2			
<i>Candida palmiroleophila</i>		1					
<i>Candida parapsilosis</i>	3	7	2	4	7	2	3
<i>Candida tropicalis</i>	2	3	1		2		3
<i>Meyerozyma (Candida) guilliermondii</i>		4					
<i>Nakaseomyces glabratus (C. glabrata)</i>	7	19	12	26	5	6	8
<i>Pichia kudriavzevii (C. krusei)</i>		2	2	1			1

Tabelle 143: Amphotericin B-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2023. Angabe in Prozent, Anzahl der Stämme in Klammer (n)

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	7,4(7)	7,4(7)	11,6(11)	10,5(10)	13,7(13)	7,4(7)	41,1(39)	1,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2009	1(1)	3,8(4)	13,3(14)	18,1(19)	12,4(13)	39(41)	12,4(13)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	6,4(7)	0,9(1)	10(11)	14,5(16)	14,5(16)	40,9(45)	12,7(14)	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	2,1(2)	10,5(10)	14,7(14)	8,4(8)	48,4(46)	15,8(15)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	2,5(2)	5,1(4)	11,4(9)	13,9(11)	19(15)	29,1(23)	19(15)	-	-	-	-	-	-	-
	2013	0,8(1)	0,8(1)	-	2,3(3)	10,9(14)	53,1(68)	29,7(38)	2,3(3)	-	-	-	-	-	-
	2014	-	0,9(1)	-	1,7(2)	7,7(9)	65(76)	24,8(29)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	3,8(4)	11,4(12)	11,4(12)	57,1(60)	16,2(17)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	0,7(1)	3,5(5)	7(10)	17,5(25)	60,8(87)	9,1(13)	1,4(2)	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	1,9(3)	8,3(13)	28,8(45)	51,9(81)	7,1(11)	1,9(3)	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	0,7(1)	4,2(6)	19,6(28)	37,8(54)	32,9(47)	4,7(7)	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	1,5(2)	6(8)	13,5(18)	27,1(36)	47,4(63)	4,5(6)	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	0,9(1)	3,4(4)	25(29)	28,4(33)	37,1(43)	5,2(6)	-	-	-	-	-	-
	2021	1,3(2)	0,7(1)	1,3(2)	1,3(2)	11,3(17)	44(66)	30(45)	10(15)	-	-	-	-	-	-
	2022	1,3(2)	-	1,9(3)	8,3(13)	25(39)	23,7(37)	25(39)	14,7(23)	-	-	-	-	-	-
	2023	-	-	0,9(1)	8,4(9)	10,3(11)	23,4(25)	44,9(48)	12,1(13)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C.glabrata</i>)	2009	-	-	-	-	11,1(3)	55,6(15)	33,3(9)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	-	-	7,4(2)	11,1(3)	33,3(9)	44,4(12)	3,7(1)	-	-	-	-	-	-
	2011	-	-	3(1)	-	3(1)	33,3(11)	51,5(17)	9,1(3)	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	3,2(1)	16,1(5)	38,7(12)	35,5(11)	6,5(2)	-	-	-	-	-	-
	2013	-	1,8(1)	-	-	5,5(3)	54,5(30)	25,5(14)	12,7(7)	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	2,4(1)	2,4(1)	26,8(11)	51,2(21)	17,1(7)	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	-	-	2,7(1)	51,4(19)	32,4(12)	13,5(5)	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	3,2(1)	-	3,2(1)	64,5(20)	25,8(8)	3,2(1)	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	3,6(2)	12,5(7)	39,3(22)	39,3(22)	5,4(3)	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	-	3,2(2)	41,9(26)	46,8(29)	8,1(5)	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	1,3(1)	1,3(1)	5,2(4)	36,4(28)	37,7(29)	16,9(13)	1,3(1)	-	-	-	-	-
	2020	-	-	-	2(1)	10(5)	26(13)	52(26)	10(5)	-	-	-	-	-	-
	2021	-	-	-	-	10(6)	36,7(22)	41,7(25)	11,7(7)	-	-	-	-	-	-
	2022	1,6(1)	-	-	-	6,3(4)	30,2(19)	41,3(26)	20,6(13)	-	-	-	-	-	-
	2023	-	-	-	-	5,4(3)	21,4(12)	41,1(23)	32,1(18)	-	-	-	-	-	-
<i>C. parapsilosis</i>	2008	16,7(2)	-	8,3(1)	16,7(2)	25(3)	8,3(1)	25(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2009	10(1)	20(2)	-	-	10(1)	20(2)	30(3)	10(1)	-	-	-	-	-	-
	2010	7,1(1)	7,1(1)	-	7,1(1)	7,1(1)	57,1(8)	14,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	6,2(1)	18,8(3)	25(4)	-	43,8(7)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-

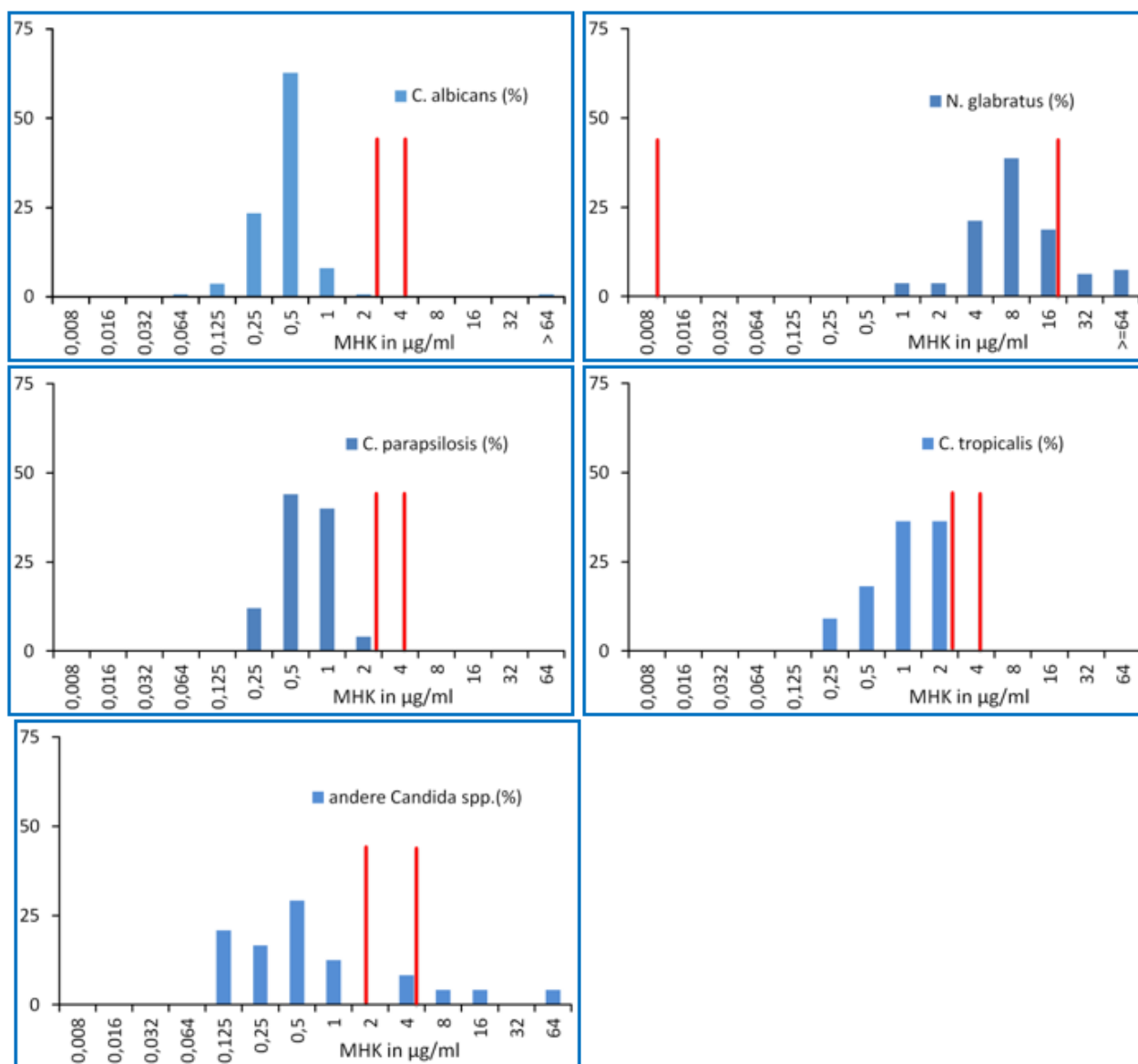
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2012	7,1(1)	-	-	21,4(3)	28,6(4)	28,6(4)	7,1(1)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	8,3(1)	16,7(2)	33,3(4)	41,7(5)	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	63,6(7)	27,4(3)	9,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	4,2(1)	-	29,2(7)	58,3(14)	8,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	13(3)	17,4(4)	17,4(4)	43,5(10)	4,3(1)	4,3(1)	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	8,7(2)	34,8(8)	39,1(9)	17,4(4)	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	5,6(1)	11,1(2)	22,2(4)	44,4(8)	16,7(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	4,2(1)	-	16,7(4)	58,3(14)	20,8(5)	-	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	-	-	25(4)	31,3(5)	43,8(7)	-	-	-	-	-	-	-
	2021	-	4,3(1)	4,3(1)	4,3(1)	-	52,2(12)	34,8(8)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	-	-	8,7(2)	13(3)	8,7(2)	39,1(9)	30,4(7)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	-	4,8(1)	-	4,8(1)	14,3(3)	38,1(8)	33,3(7)	-	4,8(1)	-	-	-	-	-
	2008	-	25(1)	-	-	-	-	75(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2009	-	8,3(1)	16,7(2)	16,7(2)	-	58,3(7)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	10(1)	20(2)	20(2)	-	40(4)	10(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	12,5(1)	12,5(1)	-	-	25(2)	50(4)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	16,7(1)	66,7(4)	16,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	16,7(2)	-	-	50(6)	33,3(4)	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	22,2(2)	55,6(5)	22,2(2)	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2015	-	-	-	16,7(2)	25(3)	50(6)	8,3(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	-	-	28,6(4)	64,3(9)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	30(3)	-	70(7)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	6,3(1)	-	6,3(1)	6,3(1)	18,8(3)	37,5(6)	25(4)	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	-	7,1(1)	21,4(3)	28,6(4)	14,3(2)	28,6(4)	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	-	18,2(2)	18,2(2)	36,4(4)	9,1(1)	18,2(2)	-	-	-	-	-	-
	2021	-	-	11,1(1)	-	11,1(1)	44,4(4)	33,3(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	-	-	6,7(1)	-	20(3)	26,7(4)	40(6)	6,7(1)	-	-	-	-	-	-
	2023	9,1(1)	-	-	9,1(1)	18,2(2)	36,4(4)	27,3(3)	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida-Spezies	2008	10(2)	5(1)	10(2)	5(1)	20(4)	10(2)	35(7)	5(1)	-	-	-	-	-	-
	2009	-	6,7(1)	6,7(1)	6,7(1)	13,3(2)	33,3(5)	33,3(5)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	9,1(1)	9,1(1)	18,2(2)	9,1(1)	36,4(4)	18,2(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2011	7,1(1)	7,1(1)	14,3(2)	-	7,1(1)	14,3(2)	28,6(4)	21,4(3)	-	-	-	-	-	-
	2012	-	6,7(1)	6,7(1)	6,7(1)	-	26,7(4)	33,3(5)	20(3)	-	-	-	-	-	-
	2013	-	6,7(1)	6,7(1)	-	6,7(1)	6,7(1)	40(6)	33,3(5)	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	12,5(1)	12,5(1)	75(6)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	9,5(2)	9,5(2)	19(4)	38,1(8)	4,8(1)	19(4)	-	-	-	-	-	-
	2016	4,8(1)	-	4,8(1)	-	14,3(3)	38,1(8)	23,8(5)	14,3(3)	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	12,5(2)	6,3(1)	37,5(6)	25(4)	18,8(3)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2018	-	-	-	5(1)	30(6)	15(3)	30(6)	20(4)	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	5,6(1)	5,6(1)	22,2(4)	16,7(3)	33,3(6)	16,7(3)	-	-	-	-	-	-
	2020	11,1(1)	11,1(1)	-	-	-	33,3(3)	44,4(4)	-	-	-	-	-	-	-
	2021	-	-	-	3,8(1)	3,8(1)	38,5(10)	38,5(10)	11,5(3)	-	-	-	3,8(1)	-	-
	2022	-	3,6(1)	3,6(1)	3,6(1)	7,1(2)	32,1(9)	35,7(10)	10,7(3)	3,6(1)	-	-	-	-	-
	2023	-	5(1)	5(1)	-	-	35(7)	45(9)	10(2)	-	-	-	-	-	-

Tabelle 143 zeigt die MHK-Verteilung gegenüber Amphotericin B. 2023 war ein Stamm von *C. parapsilosis* im resistenten Bereich.

Abbildung 141: Fluconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die erste rote Linie markiert die Grenze zwischen empfindlichen und intermediär empfindlichen Stämmen. Die zweite rote Linie markiert den Beginn des resistenten Bereiches. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht ≤0,008 µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥64 µg/ml..

Tabelle 144: Fluconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	-	-	-	3,2(3)	15,8(15)	16,8(16)	7,4(7)	45,3(43)	8,4(8)	2,1(2)	-	-	-	1,1(1)
	2009	-	-	-	1(1)	15,2(16)	26,7(28)	12,4(13)	40(42)	1(1)	1(1)	2,9(3)	-	-	-
	2010	-	-	-	1,8(2)	18(20)	25,2(28)	4,5(5)	42,3(47)	0,9(1)	4,5(5)	1,8(2)	-	0,9(1)	-
	2011	-	-	-	2,1(2)	7,4(7)	22,3(21)	8,5(8)	56,4(53)	-	3,2(3)	-	-	-	-
	2012	-	-	-	6,3(5)	27,8(22)	13,9(11)	7,6(6)	41,8(33)	1,3(1)	-	1,3(1)	-	-	-
	2013	-	-	-	0,87(1)	24,1(32)	23,3(31)	5,3(7)	41,4(55)	0,8(1)	3(4)	0,8(1)	0,8(1)	-	-
	2014	-	-	-	0,8(1)	20,3(24)	20,3(24)	10,2(12)	44,1(52)	2,5(3)	0,8(1)	0,8(1)	-	-	-
	2015	-	-	-	-	8(10)	23,2(29)	19,2(24)	46,4(58)	2,4(3)	-	0,8(1)	-	-	-
	2016	-	-	-	2,8(4)	8,4(12)	30,1(43)	15,4(22)	41,3(59)	2,1(3)	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	0,6(1)	16,7(26)	26,3(41)	23,1(36)	32,1(50)	1,3(2)	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	1,4(2)	9,1(13)	25,9(37)	43,4(62)	20,3(29)	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	0,7(1)	2,1(3)	7,1(10)	36,4(51)	47,1(66)	5,7(8)	-	-	0,7(1)	-	-	-
	2020	-	-	-	1,3(2)	4,4(7)	44,3(70)	48,7(77)	0,6(1)	0,6(1)	-	-	-	-	-
	2021	-	-	0,5(1)	2,1(4)	6,8(13)	28,6(55)	54,7(105)	6,8(13)	0,5(1)	-	-	-	-	-
	2022	-	-	-	-	3,1(6)	44(84)	44,5(85)	6,3(12)	2,1(4)	-	-	-	-	-
	2023	-	-	-	0,7(1)	3,6(5)	23,4(32)	62,8(86)	8(11)	0,7(1)	-	-	-	-	0,7(1)

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C. glabrata</i>)	2008	-	-	-	-	-	-	-	19,4(6)	12,9(4)	25,8(8)	12,9(4)	3,2(1)	6,5(2)	19,4(6)
	2009	-	-	-	-	-	-	3,6(1)	3,6(1)	10,7(3)	17,9(5)	17,9(5)	14,3(4)	10,7(3)	21,4(6)
	2010	-	-	-	-	3,7(1)	3,7(1)	14,8(4)	7,4(2)	29,6(8)	22,2(6)	11,1(3)	-	-	7,4(2)
	2011	-	-	-	-	-	-	2,9(1)	26,5(9)	29,4(10)	11,8(4)	11,8(4)	2,9(1)	-	14,7(5)
	2012	-	-	-	-	-	-	3,3(1)	13,3(4)	3,3(1)	30(9)	30(9)	3,3(1)	3,3(1)	13,3(4)
	2013	-	-	-	-	-	-	-	3,6(2)	12,5(7)	25(14)	28,6(16)	7,1(4)	8,9(5)	14,3(8)
	2014	-	-	-	-	-	-	-	4,9(2)	29,3(12)	14,6(6)	31,7(13)	14,6(6)	4,9(2)	-
	2015	-	-	-	-	-	-	-	7,5(3)	7,5(3)	15(6)	42,5(17)	15(6)	2,5(1)	10(4)
	2016	-	-	-	-	-	-	-	-	25,8(8)	48,4(15)	9,7(3)	9,7(3)	3,2(1)	3,2(1)
	2017	-	-	-	-	-	-	-	7,1(4)	16,1(9)	30,4(17)	23,2(13)	14,3(8)	5,4(3)	3,6(2)
	2018	-	-	-	-	-	-	-	3,6(2)	23,6(13)	20(11)	21,8(12)	12,7(7)	5,5(3)	12,7(7)
	2019	-	-	-	1,6(1)	-	-	4,8(3)	7,9(5)	15,9(10)	14,3(9)	31,7(20)	11,1(7)	6,3(4)	6,3(4)
	2020	-	-	-	-	-	-	3,2(2)	1,6(1)	19,4(12)	29(18)	14,5(9)	19,4(12)	9,7(6)	3,2(2)
	2021	-	-	-	-	-	-	5,1(4)	3,8(3)	13,9(11)	31,6(25)	25,3(20)	8,9(7)	2,5(2)	8,9(7)
<i>C. parapsilosis</i>	2022	1,2(1)	-	-	1,2(1)	-	-	2,4(2)	7,1(6)	8,3(7)	34,5(29)	19(16)	11,9(10)	4,8(4)	9,5(8)
	2023	-	-	-	-	-	-	-	3,8(3)	3,8(3)	21,3(17)	38,8(31)	18,8(15)	6,3(5)	7,5(6)
	2008	-	-	-	-	-	16,7(2)	41,7(5)	33,3(4)	8,3(1)	-	-	-	-	-
	2009	-	-	-	-	10(1)	30(3)	-	50(5)	-	-	-	10(1)	-	-
	2010	-	-	-	-	7,1(1)	28,6(4)	-	42,9(6)	14,3(2)	7,1(1)	-	-	-	-

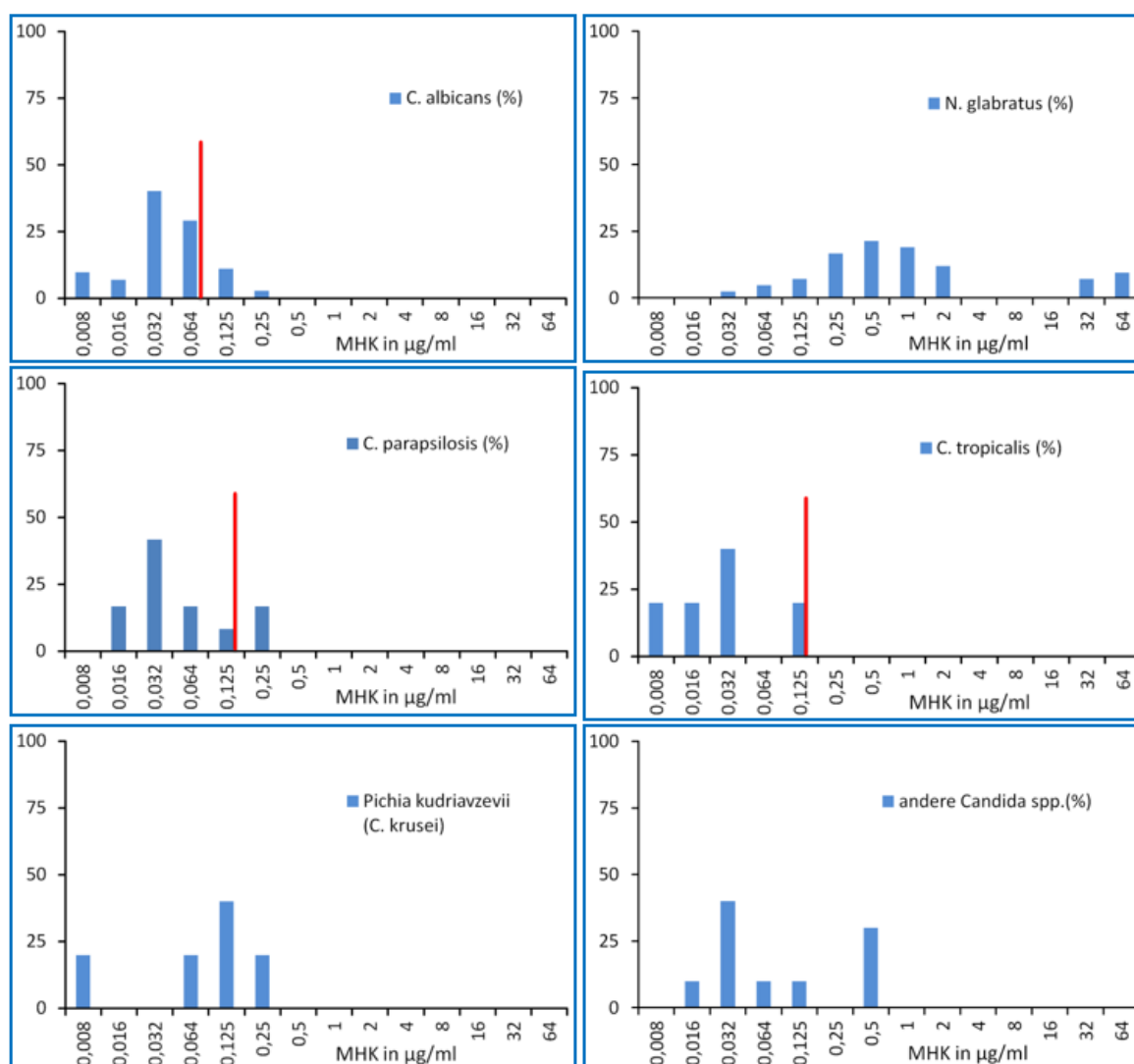
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2011	-	-	6,2(1)	-	6,2(1)	18,8(3)	12,5(2)	37,5(6)	-	12,5(2)	6,2(1)	-	-	-
	2012	-	-	-	-	-	33,3(5)	26,7(4)	33,3(5)	6,7(1)	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	8,3(1)	8,3(1)	58,3(7)	16,7(2)	-	8,3(1)	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	9,1(1)	18,2(2)	54,5(6)	18,2(2)	-	-	-	-	-
	2015	-	-	-	-	-	16(4)	20(5)	48(12)	4(1)	-	8(2)	4(1)	-	-
	2016	-	-	-	-	-	17,4(4)	26,1(6)	30,4(7)	8,7(2)	-	4,3(1)	4,3(1)	-	8,7(2)
	2017	-	-	-	-	-	17,4(4)	30,4(7)	21,7(5)	21,7(5)	4,3(1)	4,3(1)	-	-	-
	2018	-	-	-	-	5,6(1)	5,6(1)	22,2(4)	50(9)	16,7(3)	-	-	-	-	-
	2019	-	-	-	-	3,8(1)	19,2(5)	46,2(12)	23,1(6)	7,7(2)	-	-	-	-	-
	2020	-	-	-	-	-	5,6(1)	38,9(7)	27,8(5)	27,8(5)	-	-	-	-	-
	2021	-	-	-	-	7,4(2)	22,2(6)	22,2(6)	29,6(8)	11,1(3)	-	3,7(1)	3,7(1)	-	-
	2022	-	-	-	-	3,6(1)	14,3(4)	53,6(15)	28,6(8)	-	-	-	-	-	-
	2023	-	-	-	-	-	12(3)	44(11)	40(10)	4(1)	-	-	-	-	-
	2008	-	-	-	-	-	-	25(1)	50(2)	-	-	-	-	-	25(1)
	2009	-	-	-	-	-	23,1(3)	15,4(2)	53,8(7)	-	-	-	-	-	7,7(1)
	2010	-	-	10(1)	-	10(1)	30(3)	30(3)	20(2)	-	-	-	-	-	-
	2011	-	-	-	-	-	25(2)	-	62,5(5)	-	-	-	-	-	12,5(1)
	2012	-	-	-	-	-	50(3)	-	33,3(2)	-	-	-	-	-	16,7(1)
	2013	-	-	-	-	8,3(1)	16,7(2)	-	75(9)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2014	-	-	-	-	25(2)	25(2)	12,5(1)	37,5(3)	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	-	-	-	30,8(4)	15,4(2)	46,2(6)	-	-	-	-	7,7(1)	-
	2016	-	-	-	-	-	21,4(3)	35,7(5)	35,7(5)	7,1(1)	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	10(1)	20(2)	10(1)	-	60(6)	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	-	-	-	37,5(6)	50(8)	12,5(2)	-	-	-	-	-
	2019	-	-	-	-	-	-	20(3)	73,3(11)	-	-	-	-	-	6,7(1)
	2020	-	-	-	-	-	8,3(1)	16,7(2)	33,3(4)	33,3(4)	-	8,3(1)	-	-	-
	2021	-	-	-	-	-	23,1(3)	23,1(3)	30,8(4)	23,1(3)	-	-	-	-	-
	2022	-	-	-	-	-	17,6(3)	11,8(2)	35,3(6)	29,4(5)	-	5,9(1)	-	-	-
	2023	-	-	-	-	-	9,1(1)	18,2(2)	36,4(4)	36,4(4)	-	-	-	-	-
Andere Candida-Spezies	2008	-	-	5,6(1)	-	11,1(2)	16,7(3)	5,6(1)	33,3(6)	5,6(1)	-	5,6(1)	-	11,1(2)	5,6(1)
	2009	-	-	-	-	6,2(1)	6,2(1)	6,2(1)	25(4)	12,5(2)	-	6,2(1)	12,5(2)	12,5(2)	12,5(2)
	2010	-	-	-	-	-	-	18,2(2)	27,3(3)	-	9,1(1)	9,1(1)	18,2(2)	18,2(2)	-
	2011	-	-	-	-	-	-	-	21,4(3)	7,1(1)	-	-	28,6(4)	28,6(4)	14,3(2)
	2012	-	-	-	15,4(2)	-	-	-	38,5(5)	15,4(2)	-	-	-	7,7(1)	23,1(3)
	2013	-	-	-	-	-	14,3(2)	7,1(1)	14,3(2)	7,1(1)	-	7,1(1)	7,1(1)	42,9(6)	-
	2014	-	-	-	-	-	11,1(1)	-	44,4(4)	11,1(1)	11,1(1)	11,1(1)	-	-	11,1(1)
	2015	-	-	-	-	4,2(1)	16,7(4)	4,2(1)	20,8(5)	12,5(3)	4,2(1)	12,5(3)	12,5(3)	4,2(1)	8,3(2)
	2016	-	-	-	-	4,8(1)	14,3(3)	19(4)	33,3(7)	-	-	9,5(2)	9,5(2)	4,8(1)	4,8(1)

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2017	-	-	-	-	13,3(2)	20,0(3)	13,3(2)	6,7(1)	6,7(1)	-	6,7(1)	6,7(1)	13,3(2)	13,3(2)
	2018	-	-	-	-	10(2)	10(2)	25(5)	5(1)	5(1)	10(2)	5(1)	15(3)	10(2)	5(1)
	2019	-	-	-	-	9,5(2)	23,8(5)	14,3(3)	14,3(3)	-	4,8(1)	-	9,5(2)	14,3(3)	9,5(2)
	2020	-	5,6(1)	-	-	5,6(1)	22,2(4)	22,2(4)	22,2(4)	11,1(2)	-	-	11,1(2)	-	-
	2021	-	-	2,9(1)	-	2,9(1)	17,1(6)	14,3(5)	14,3(5)	20(7)	8,6(3)	-	8,6(3)	5,7(2)	5,7(2)
	2022	-	-	-	-	11,8(4)	17,6(6)	20,6(7)	11,8(4)	8,8(3)	2,9(1)	5,9(2)	5,9(2)	11,8(4)	2,9(1)
	2023	-	-	-	-	17,2(5)	13,8(4)	24,1(7)	10,3(3)	-	6,9(2)	3,4(1)	6,9(2)	6,9(2)	10,3(3)

Tabelle 144 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Fluconazol. Es gab einen resistenten Stamm bei *C. albicans*, *C. parapsilosis* und *C. tropicalis* waren durchgehend empfindlich. *N. glabratus* (*C. glabrata*) war mit 11 Stämmen (13,8 %) resistent. *Pichia kudravzevii* (*C. krusei*) gilt als intrinsisch resistent und wurde daher in dieser Aufstellung nicht extra angeführt.

Abbildung 142: Itraconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die rote Linie markiert den MHK-Grenzwert für empfindliche Stämme. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht $\leq 0,008$ µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥ 64 µg/ml..

Tabelle 145: Itraconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	6,6(5)	7,9(6)	23,7(18)	6,6(5)	46,1(35)	3,9(3)	1,3(1)	2,6(2)	-	1,3(1)	-	-	-	-
	2009	26,4(14)	30,2(16)	18,9(10)	3,8(2)	18,9(10)	1,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	8(4)	14(7)	32(16)	16(8)	28(14)	2(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	2,6(1)	21,1(8)	26,3(10)	18,4(7)	26,3 (10)	-	5,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	14,3(6)	31(13)	23,8(10)	26,2 (11)	-	2,4 (1)	-	-	2,4 (1)	-	-	-	-
	2013	-	2,4(1)	7,1(3)	35,7(15)	33,3 (14)	7,1(3)	9,5(4)	-	2,4(1)	-	-	-	2,4(1)	-
	2014	-	-	6,7(1)	13,3(2)	46,7(7)	33,3(5)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	3,7(1)	11,1(3)	40,7(11)	25,9(7)	18,5(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	9,5(2)	14,3(3)	66,7(14)	9,5(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	5,4(2)	13,5(5)	48,6(18)	18,9(7)	13,5(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	6,9 (4)	51,7(30)	15,5 (9)	13,8(8)	-	12,1(7)	-	-	-	-	-	-	-
	2019	2,4(2)	2,4(2)	34,9(29)	38,6(32)	14,5 (12)	4,8(4)	2,4(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2020	1,2(1)	2,4(2)	47(39)	33,7(28)	10,8(9)	2,4(2)	1,2(1)	1,2(1)	-	-	-	-	-	-
	2021	-	8,7(8)	34,8(32)	31,5 (29)	21,7(20)	2,2(2)	1,1(1)			-	-	-	-	-
	2022	1,9(2)	9,4(10)	61,3(65)	23,6(25)	3,8(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseo- myces glabrata (C.glabrata)</i>	2023	9,7(7)	6,9(5)	40,3(29)	29,2(21)	11,1(8)	2,8(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2008	-	-	-	-	14,8(4)	7,4(2)	7,4(2)	33,3(9)	3,7(1)	7,4(2)	3,7(1)	-	22,2(6)	-
	2009	-	-	-	6,2(1)	-	6,2(1)	18,8(3)	6,2(1)	6,2(1)	-	-	-	56,2(9)	-
	2010	-	-	-	12,5(2)	12,5(2)	25(4)	12,5(2)	12,5(2)	-	-	12,5 (2)	-	12,5(2)	-
	2011	-	-	-	5(1)	5(1)	10(2)	20(4)	25(5)	15(3)	5(1)	-	-	15(3)	-
	2012	-	6,7(1)	-	-	-	13,3(2)	-	13,3(2)	26,7 (4)	13,3 (2)	13,3 (2)	-	13,3(2)	-
	2013	-	-	-	-	-	-	-	12,5(1)	-	50(4)	12,5 (1)	12,5(1)	12,5(1)	-
	2014	-	-	-	12,5(1)	-	12,5(1)	-	12,5(1)	12,5 (1)	12,5 (1)	25(2)	-	12,5(1)	-
	2015	-	-	-	-	-	18,2(2)	-	18,2 (2)	9,1(1)	18,2 (2)	-	-	36,4(4)	-
	2016	-	-	42,9(3)	14,3(1)	-	14,3(1)	-	-	-	-	-	-	28,6(2)	-
	2017	-	-	8,3(1)	8,3(1)	-	8,3(1)	16,7(2)	-	-	-	8,3(1)	8,3(1)	41,7(5)	-
	2018	-	-	3,8(1)	7,7(2)	7,7(2)	7,7(2)	7,7(2)	11,5(3)	7,7(2)	7,7(2)	7,7(2)	11,5(3)	11,5(3)	7,7(2)
	2019	-	-	10,9(5)	15,2(7)	4,3(2)	8,7(4)	13(6)	10,9(5)	17,4 (8)	4,3(2)	4,3(2)	4,3(2)	6,5(3)	-
	2020	-	-	-	17,9(7)	2,6(1)	25,6(10)	20,5(8)	15,4(6)	7,7(3)	10,3 (4)	-	-	-	-
	2021	-	-	5,3(2)	2,6(1)	5,3(2)	15,8(6)	26,3(10)	7,9 (3)	15,8(6)	15,8(6)	2,6(1)	-	-	2,6(1)
	2022	-	2(1)	6,1(3)	6,1(3)	18,4(9)	22,4(11)	10,2(5)	14,3(7)	8,2(4)	6,1(3)	2(1)	-	-	4,1(2)
	2023	-	-	2,4(1)	4,8(2)	7,1(3)	16,7(7)	21,4(9)	19(8)	11,9(5)	-	-	-	7,1(3)	9,5(4)

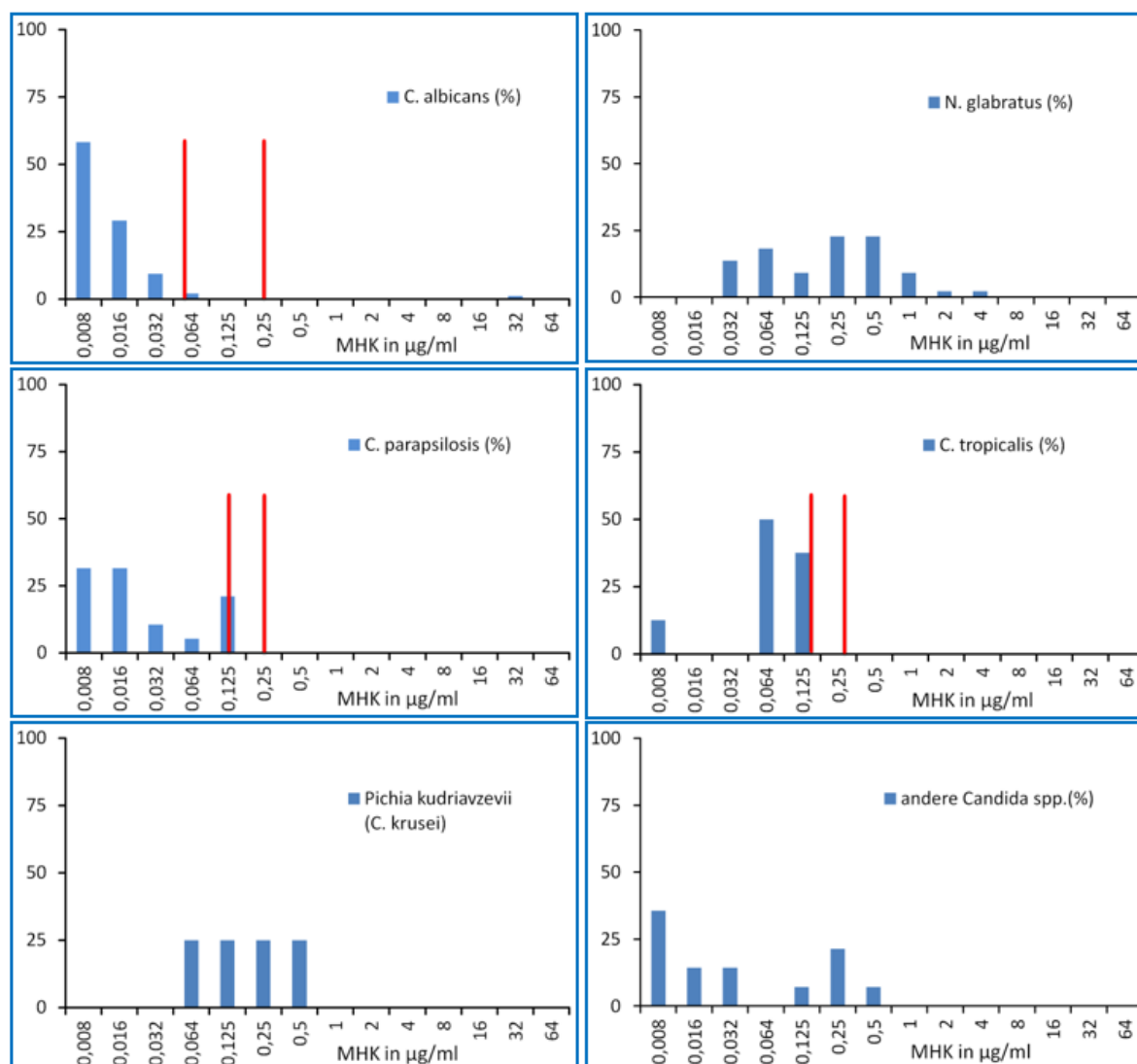
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. parapsi- losis</i>	2008	20(2)	10(1)	20(2)	20(2)	30(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	12,5(1)	37,5(3)	-	12,5(1)	37,5(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	50(2)	-	50(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	16,7(1)	-	-	33,3(2)	33,3(2)	16,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	15,4(2)	7,7(1)	38,5(5)	15,4(2)	15,4(2)	7,7(1)	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	25(1)	75(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	25(1)	-	-	50(2)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	75(3)	-	-	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	50(5)	30(3)	10(1)	-	10(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	50(2)	25(1)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	7,1(1)	28,6(4)	50(7)	-	14,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	-	7,7(1)	15,4(2)	30,8(4)	30,8(4)	7,7(1)	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2021	7,1(1)	14,3(2)	28,6(4)	14,3(2)	21,4(3)	7,1(1)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	-	-	37,5(3)	37,5(3)	25(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	-	16,7(2)	41,7(5)	16,7(2)	8,3(1)	16,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>C. tropicalis</i>	2008	-	25(1)	25(1)	-	25(1)	-	-	-	-	25(1)	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2009	50(2)	-	25(1)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	40(2)	-	-	20(1)	40(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	-	25(1)	-	25(1)	25(1)	-	25(1)	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	60(3)	20(1)	-	-	20(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	33,3(1)	-	-	66,7(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	25(1)	50(2)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	-	100(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	-	50(1)	-	50(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	37,5(3)	25(2)	-	12,5(1)	25(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	40(2)	20(1)	-	40(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	-	-	25(1)	25(1)	25(1)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	-	-	75(6)	12,5(1)	-	12,5(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	20(1)	20(1)	40(2)	-	20(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida sp	2008	26,3(5)	5,3(1)	10,5(2)	5,3(1)	15,8(3)	5,3(1)	10,5(2)	15,8(3)	5,3(1)	-	-	-	-	-
	2009	12,5(1)	-	12,5(1)	-	12,5(1)	37,5(3)	12,5(1)	12,5(1)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2010	-	-	-	-	-	-	60(3)	-	40(2)	-	-	-	-	-
	2011	-	-	11,1(1)	-	-	44,4(4)	22,2(2)	-	22,2 (2)	-	-	-	-	-
	2012	12,5(1)	12,5(1)	-	-	12,5(1)	-	-	25(2)	25(2)	-	12,5 (1)	-	-	-
	2013	-	-	-	-	14,3(1)	28,6(2)	28,6(2)	14,3(1)	14,3 (1)	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	100(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	25(1)	25(1)	25(1)	-	-	-	25(1)	-	-	-	-	-
	2017	-	-	66,7(2)	-	-	33,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	28,6 (2)	14,3 (1)	-	42,9 (3)	-	14,3 (1)	-	-	-	-	-	-
	2019	7,7(1)	-	-	15,4(2)	7,7(1)	23,1(3)	23,1(3)	7,7(1)	7,7(1)	-	-	7,7(1)	-	-
	2020	-	-	25(1)	-	50(2)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	-	-	26,7(4)	13,3(2)	26,7(4)	13,3(2)	13,3(2)	-	-	6,7(1)	-	-	-	-
	2022	-	5,9(1)	35,3(6)	23,5(4)	11,8(2)	11,8(2)	5,9(1)	-	-	5,9(1)	-	-	-	-
	2023	6,7(1)	6,7(1)	26,7(4)	13,3(2)	20(3)	6,7(1)	20(3)	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle 145 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Itraconazol. 10 Stämme von *C. albicans* (13,9 %) und 2 Stämme von *C. parapsilosis* waren resistent. *C. tropicalis* war durchgehend empfindlich. Bei *N. glabratus* gibt es nach wie vor keine klinischen Breakpoints von EUCAST. Vergleicht man hier die Verteilung mit den Vorjahren, ist die Resistenzsituation sehr ähnlich. Insgesamt hat sich die Situation hier nicht verändert.

Abbildung 143: Voriconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die erste rote Linie markiert die Grenze zwischen empfindlichen und intermediär empfindlichen Stämmen. Die zweite rote Linie markiert den Beginn des resistenten Bereiches. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht $\leq 0,008$ µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥ 64 µg/ml..

Tabelle 146: Voriconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	29,5(28)	14,7(14)	6,3(6)	34,7(33)	10,5(10)	2,1(2)	1,1(1)	-	-	-	1,1(1)	-	-	-
	2009	41(43)	13,3(14)	3,8(4)	11,4(12)	25,7(27)	3,8(4)	-	1(1)	-	-	-	-	-	-
	2010	39,6(44)	9,9(11)	1,8(2)	9(10)	36(40)	-	0,9(1)	2,7(3)	-	-	-	-	-	-
	2011	30,5(29)	10,5(10)	4,2(4)	8,4(8)	44,2(42)	1,1(1)	1,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	50,6(39)	9,1(7)	1,3(1)	9,1(7)	28,6(22)	1,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	56,2(73)	8,5(11)	3,8(5)	10,8(14)	18,5(24)	0,8(1)	0,8(1)	0,8(1)	-	-	-	-	-	-
	2014	58,5(69)	13,6(16)	8,5(10)	13,6(16)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	50,4(63)	12(15)	7,2(9)	3,2(4)	26,4(33)	-	-	0,8(1)	-	-	-	-	-	-
	2016	65(93)	9,1(13)	3,5(5)	1,4(2)	21(30)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	57,7(90)	16,7(26)	5,1(8)	2,6(4)	16,0(25)	0,6(1)	-	-	-	-	-	0,6(1)	-	0,6(1)
	2018	69(98)	11,3(16)	3,5(5)	15,5(22)	0,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	60,2(65)	13(14)	0,9(1)	3,7(4)	21,3(23)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	75(87)	21,6(25)	2,6(3)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	56,4(84)	18,8(28)	4(6)	0,7(1)	19,5(29)	-	-	-	-	-	-	0,7(1)	-	-
	2022	73,3(110)	10,7(16)	6(9)	5,3(8)	4,7(7)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	58,3(56)	29,2(28)	9,4(9)	2,1(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	1(1)	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C. glabrata</i>)	2008	3,2(1)	-	6,5(2)	12,9(4)	16,1(5)	29(9)	6,5(2)	9,7(3)	3,2(1)	9,7(3)	3,2(1)	-	-	-
	2009	-	-	10,7(3)	10,7(3)	28,6(8)	10,7(3)	10,7(3)	14,3(4)	3,6(1)	10,7(3)	-	-	-	-
	2010	7,4(2)	18,5(5)	3,7(1)	7,4(2)	40,7(11)	11,1(3)	7,4(2)	-	3,7(1)	-	-	-	-	-
	2011	3(1)	12,1(4)	18,2(6)	21,2(7)	24,2(8)	12,1(4)	-	-	6,1(2)	-	3(1)	-	-	-
	2012	6,7(2)	3,3(1)	-	3,3(1)	40(12)	26,7(8)	6,7(2)	-	6,7(2)	6,7(2)	-	-	-	-
	2013	-	1,9(1)	1,9(1)	3,8(2)	41,5(22)	20,8(11)	7,5(4)	13,2(7)	7,5(4)	1,9(1)	-	-	-	-
	2014	-	-	4,9(2)	4,9(2)	51,2(21)	24,4(10)	12,2(5)	2,4(1)	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	2,5(1)	10(4)	30(12)	40(16)	7,5(3)	-	2,5(1)	5(2)	-	2,5(1)	-	-
	2016	-	3,3(1)	10(3)	13,3(4)	56,7(17)	6,7(2)	6,7(2)	3,3(1)	-	-	-	-	-	-
	2017	1,8(1)	1,8(1)	12,7(7)	12,7(7)	34,5(19)	16,4(9)	10,9(6)	5,5(3)	1,8(1)	1,8(1)	-	-	-	-
	2018	10,3(6)	6,9(4)	8,6(5)	5,2(3)	25,9(15)	19(11)	15,5(9)	1,7(1)	1,7(1)	3,4(2)	1,7(1)	-	-	-
	2019	2,6(2)	7,8(6)	14,3(11)	7,8(6)	23,4(18)	24,7(19)	10,4(8)	5,2(4)	1,3(1)	1,3(1)	1,3(1)	-	-	-
	2020	2(1)	4(2)	22(11)	12(6)	14(7)	22(11)	14(7)	6(3)	4(2)	-	-	-	-	-
	2021	1,9(1)	3,8(2)	15,4(8)	9,6(5)	40,4(21)	15,4(8)	3,8(2)	5,8(3)	1,9(1)	-	1,9(1)	-	-	-
	2022	-	6,5(4)	14,5(9)	19,4(12)	24,2(15)	22,6(14)	6,5(4)	3,2(2)	3,2(2)	-	-	-	-	-
	2023	-	-	13,6(6)	18,2(8)	9,1(4)	22,7(10)	22,7(10)	9,1(4)	2,3(1)	2,3(1)	-	-	-	-
<i>C. parapsilosis</i>	2008	8,3(1)	33,3(4)	25(3)	25(3)	8,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	20(2)	20(2)	10(1)	30(3)	10(1)	-	10(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	21,4(3)	7,1(1)	7,1(1)	-	64,3(9)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

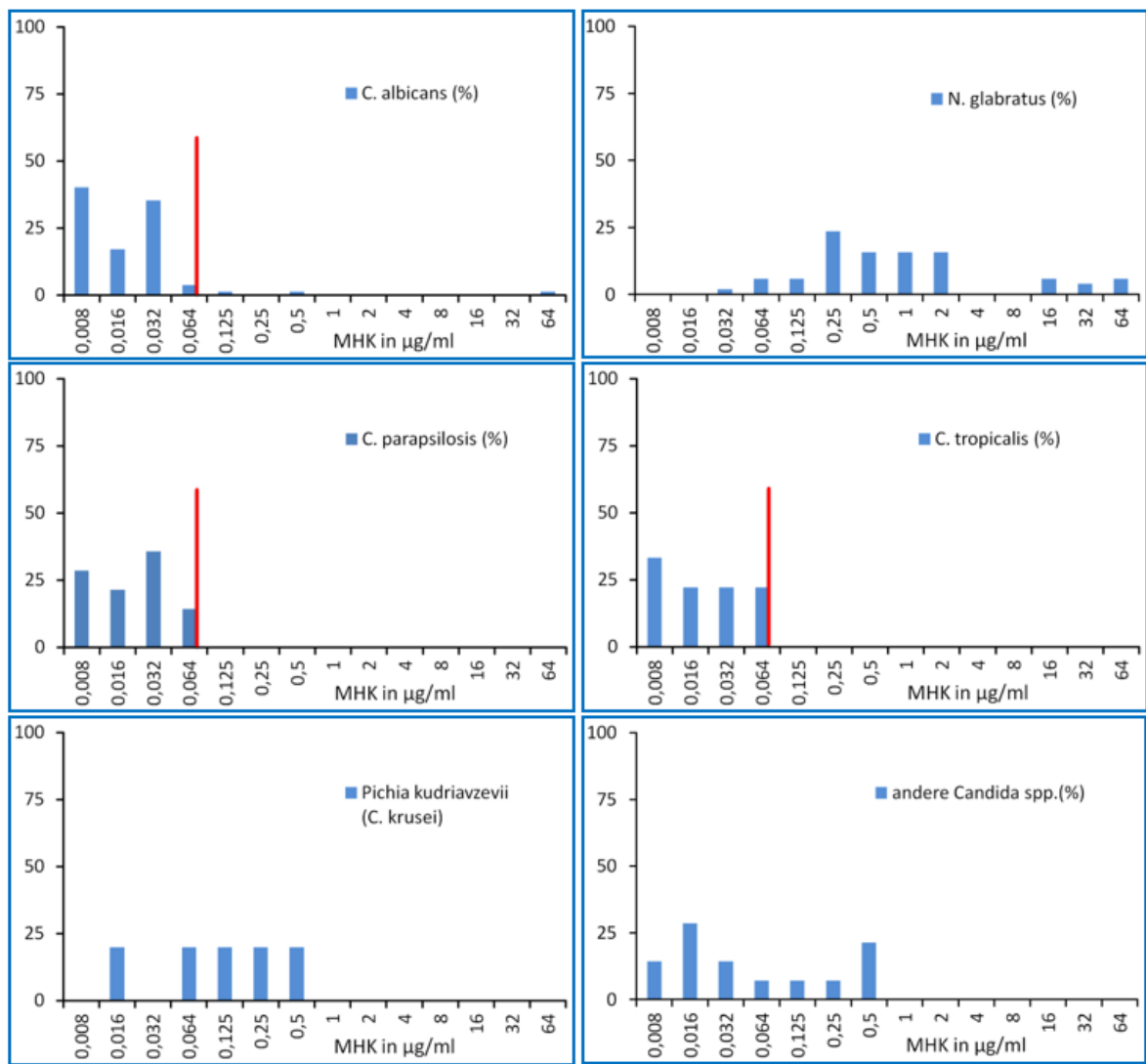
Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2011	18,8(3)	25(4)	12,5(2)	6,2(1)	31,2(5)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	38,5(5)	23,1(3)	30,8(4)	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	9,1(1)	27,3(3)	41,7(5)	36,4(4)	18,2(2)	9,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	36,4(4)	9,1(1)	18,2(2)	27,3(3)	-	9,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	16(4)	20(5)	20(5)	12(3)	20(5)	-	4(1)	8(2)	-	-	-	-	-	-
	2016	13(3)	26,1(6)	17,4(4)	13(3)	17,4(4)	-	8,7(2)	-	-	4,3(1)	-	-	-	-
	2017	21,7(5)	30,4(7)	21,7(5)	13,0(3)	13,0(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	38,9(7)	11,1(2)	22,2(4)	27,8(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	45,8(11)	16,7(4)	16,7(4)	12,5(3)	8,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	18,8(3)	43,8(7)	12,5(2)	25(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	30,4(7)	21,7(5)	8,7(2)	8,7(2)	30,4(7)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	28,6(6)	9,5(2)	14,3(3)	47,6(10)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	31,6(6)	31,6(6)	10,5(2)	5,3(1)	21,1(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2008	-	25(1)	-	25(1)	25(1)	-	-	-	-	-	25(1)	-	-	-
	2009	-	8,3(1)	25(3)	8,3(1)	41,7(5)	16,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	20(2)	30(3)	30(3)	10(1)	10(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	12,5(1)	12,5(1)	12,5(1)	37,5(3)	-	12,5(1)	12,5(1)	-	-	-	-	-	-
	2012	-	40(2)	20(1)	-	20(1)	20(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	8,3(1)	-	41,7(5)	8,3(1)	41,7(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2014	33,3(3)	-	22,2(2)	22,2(2)	22,2(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	30,8(4)	30,8(4)	30,8(4)	-	-	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	7,1(1)	14,3(2)	42,9(6)	14,3(2)	21,4(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	20(2)	20(2)	-	-	60(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	12,5(2)	12,5(2)	25(4)	12,5(2)	37,5(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	21,4(3)	14,3(2)	-	35,7(5)	21,4(3)	-	-	-	7,1(1)	-	-	-	-	-
	2020	-	-	36,4(4)	18,2(2)	36,4(4)	-	-	9,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2021	11,1(1)	11,1(1)	-	44,4(4)	33,3(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	7,1(1)	21,4(3)	21,4(3)	7,1(1)	21,4(3)	21,4(3)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	12,5(1)	-	-	50(4)	37,5(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida-Spezies	2008	20(4)	15(3)	10(2)	15(3)	10(2)	15(3)	10(2)	5(1)	-	-	-	-	-	-
	2009	6,2(1)	-	6,2(1)	12,5(2)	43,8(7)	18,8(3)	-	12,5(2)	-	-	-	-	-	-
	2010	9,1(1)	-	18,2(2)	9,1(1)	45,5(5)	9,1(1)	-	9,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2011	7,1(1)	-	7,1(1)	7,1(1)	28,6(4)	42,9(6)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	20(3)	13,3(2)	-	13,3(2)	13,3(2)	13,3(2)	13,3(2)	6,7(1)	6,7(1)	-	-	-	-	-
	2013	6,7(1)	20(3)	13,3(2)	6,7(1)	6,7(1)	33,3(5)	-	-	13,3(2)	-	-	-	-	-
	2014	33,3(3)	11,1(1)	-	11,1(1)	22,2(2)	11,1(1)	11,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	37,5(9)	4,2(1)	4,2(1)	8,3(2)	12,5(3)	29,2(7)	4,2(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	38,1(8)	4,8(1)	23,8(5)	4,8(1)	14,3(3)	9,5(2)	-	4,8(1)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2017	37,5(6)	6,3(1)	6,3(1)	-	31,3(5)	6,3(1)	12,5(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2018	27,3(6)	9,1(2)	22,7(5)	9,1(2)	13,6(3)	9,1(2)	-	9,1(2)	-	-	-	-	-	-
	2019	27,8(5)	16,7(3)	5,6(1)	27,8(5)	-	-	16,7(3)	5,6(1)	-	-	-	-	-	-
	2020	22,2(2)	55,6(5)	11,1(1)	-	-	11,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	23,1(6)	19,2(5)	15,4(4)	3,8(1)	19,2(5)	15,4(4)	-	-	3,8(1)	-	-	-	-	-
	2022	34,6(9)	7,7(2)	3,8(1)	15,4(4)	15,4(4)	19,2(5)	3,8(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	27,8(5)	11,1(2)	11,1(2)	5,6(1)	11,1(2)	22,2(4)	11,1(2)	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle 146 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Voriconazol. Es wurde ein *C. albicans*-Stamm im resistenten Bereich detektiert. Bei *N. glabratus* gibt es nach wie vor keine klinischen Breakpoints von EUCAST. Insgesamt ist die Situation ähnlich zu der in den Vorjahren.

Abbildung 144: Posaconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die rote Linie markiert den MHK-Grenzwert für empfindliche Stämme. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht ≤0,008 µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥64 µg/ml..

Tabelle 147: Posaconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	9(7)	19,2(15)	38,5(30)	15,4(12)	7,7(6)	10,3(8)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	27,6(27)	35,7(35)	12,2(12)	10,2(10)	7,1(7)	6,1(6)	-	-	1(1)	-	-	-	-	-
	2010	28,2(31)	26,4(29)	18,2(20)	10(11)	10,9(12)	3,6(4)	1,8(2)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-
	2011	45,3(43)	22,1(21)	13,7(13)	10,5(10)	4,2(4)	3,2(3)	-	-	-	1,1(1)	-	-	-	-
	2012	35,4(29)	24,4(20)	22(18)	14,6(12)	1,2(1)	-	-	1,2(1)	1,2(1)	-	-	-	-	-
	2013	13,9(15)	22,2(24)	23,1(25)	28,7(31)	7,4(8)	1,9(2)	-	0,9(1)	0,9(1)	-	-	-	0,9(1)	-
	2014	20,9(23)	23,6(26)	33,6(37)	15,5(17)	5,5(6)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	13,6(15)	37,3(41)	24,5(27)	21,8(24)	2,7(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	27(31)	33,9(39)	22,6(26)	15,7(18)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	24,3(33)	41,9(57)	19,1(26)	11,0(15)	1,5(2)	0,7(1)	-	-	-	-	-	1,5(2)	-	-
	2018	38,7(48)	25,8(32)	25,8(32)	9,7(12)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	25,8(32)	29(36)	36,3(45)	6,5(8)	2,4(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	44,2(46)	30,8(32)	19,2(20)	5,8(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	38(46)	30,6(37)	26,4(32)	4,1(5)	0,8(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	50,4(68)	28,9(39)	18,5(25)	2,2(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	40,2(33)	17,1(14)	35,4(29)	3,7(3)	1,2(1)	-	1,2(1)	-	-	-	-	-	-	1,2(1)

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseo- myces glabrata (C.glabrata)</i>	2008	-	-	-	16,7(5)	-	16,7(5)	23,3(7)	13,3(4)	-	13,3(4)	6,7(2)	3,3(1)	6,7(2)	-
	2009	-	-	-	7,4(2)	7,4(2)	7,4(2)	14,8(4)	7,4(2)	7,4(2)	3,7(1)	7,4(2)	7,4(2)	29,6(8)	-
	2010	4(1)	8(2)	8(2)	4(1)	8(2)	8(2)	12(3)	16(4)	12(3)	4(1)	-	-	16(4)	-
	2011	2,9(1)	2,9(1)	2,9(1)	2,9(1)	5,7(2)	17,1(6)	17,1(6)	25,7(9)	8,6(3)	2,9(1)	2,9(1)	-	8,6(3)	-
	2012	3,1(1)	-	-	-	6,2(2)	6,2(2)	12,5(4)	15,6(5)	6,2(2)	9,4(3)	-	-	40,6(13)	-
	2013	-	-	-	5(2)	-	5(2)	2,5(1)	22,5(9)	-	10(4)	5(2)	2,5(1)	30(12)	-
	2014	-	-	-	5,3(2)	-	7,9(3)	5,3(2)	18,4(7)	23,7(9)	10,5(4)	2,6(1)	13,2(5)	7,9(3)	-
	2015	-	-	2,6(1)	-	2,6(1)	10,5(4)	23,7(9)	18,4(7)	10,5(4)	7,9(3)	-	5,3(2)	18,4(7)	-
	2016	-	-	-	24(6)	16(4)	8(2)	12(3)	16(4)	8(2)	4(1)	4(1)	-	8(2)	-
	2017	2,2(1)	-	2,2(1)	2,2(1)	10,9(5)	8,7(4)	15,2(7)	10,9(5)	10,9(5)	8,7(4)	4,3(2)	-	23,9(11)	-
	2018	2,1(1)	-	6,3(3)	8,3(4)	8,3(4)	4,2(2)	18,8(9)	14,6(7)	8,3(4)	10,4(5)	6,3(3)	2,1(1)	4,2(2)	-
	2019	-	4,7(3)	4,7(3)	12,5(8)	4,7(3)	6,3(4)	12,5(8)	18,8(12)	15,6(10)	7,8(5)	3,1(2)	4,7(3)	3,1(2)	-
	2020	-	2,2(1)	-	8,9(4)	22,2(10)	11,1(5)	11,1(5)	17,8(8)	8,9(4)	6,7(3)	-	2,2(1)	4,4(2)	-
	2021	2(1)	2(1)	2(1)	4,1(2)	6,1(3)	16,3(8)	22,4(11)	6,1(3)	12,2(6)	8,2(4)	-	4,1(2)	4,1(2)	10,2(5)
	2022	-	1,8(1)	1,8(1)	7,1(4)	14,3(8)	16,1(9)	23,2(13)	10,7(6)	5,4(3)	1,8(1)	3,6(2)	-	1,8(1)	12,5(7)
	2023	-	-	2(1)	5,9(3)	5,9(3)	23,5(12)	15,7(8)	15,7(8)	15,7(8)	-	-	5,9(3)	3,9(2)	5,9(3)
	2008	-	50(5)	30(3)	10(1)	10(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	20(2)	30(3)	30(3)	20(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	35,7(5)	42,9(6)	7,1(1)	7,1(1)	-	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>C. parapsi- losis</i>															

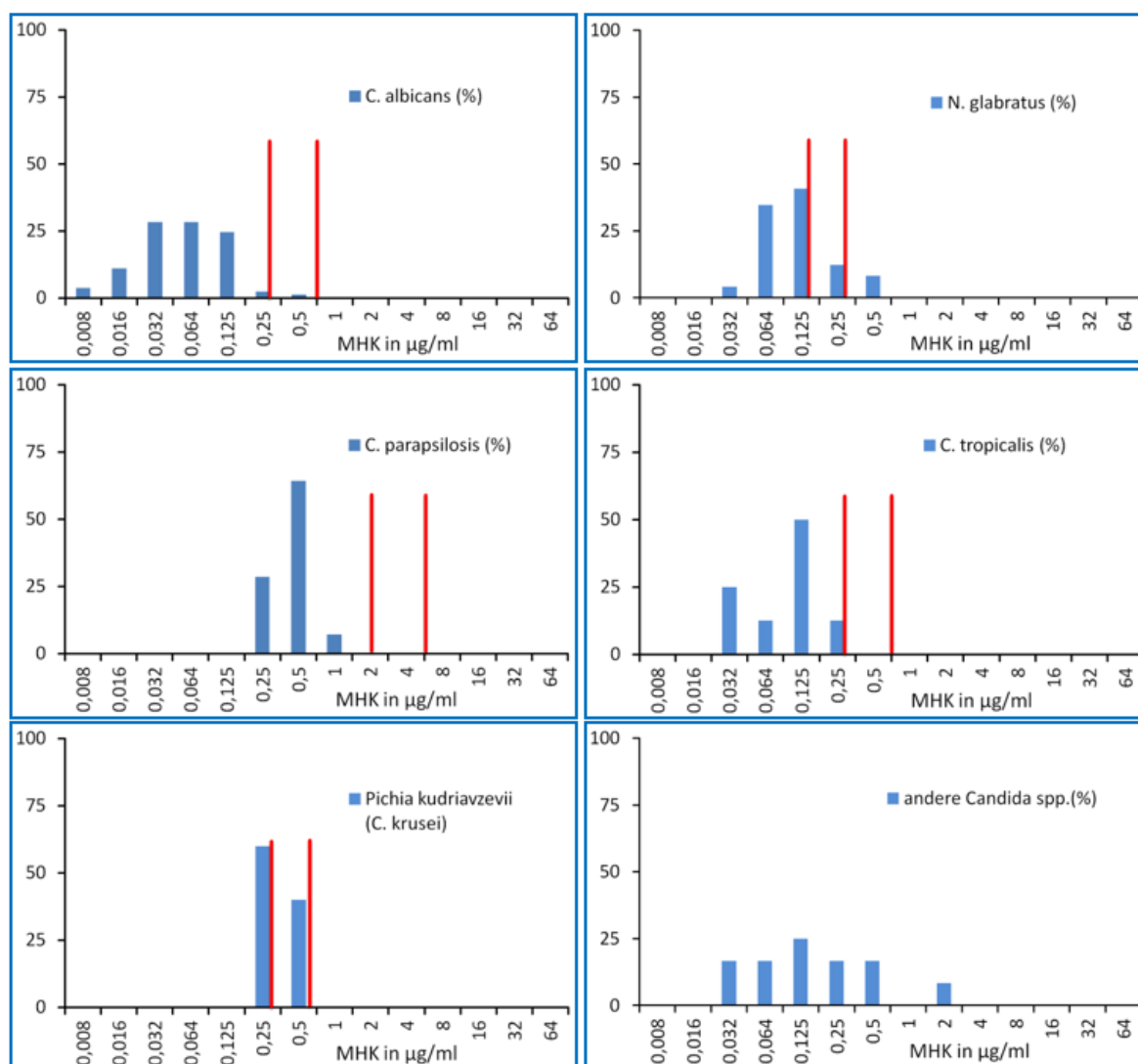
Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2011	18,8(3)	43,8(7)	18,8(3)	6,2(1)	-	6,2(1)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	18,8(3)	43,8(7)	25(4)	12,5(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	40(4)	20(2)	20(2)	10(1)	10(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	40(4)	20(2)	20(2)	20(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	13(3)	21,7(5)	30,4(7)	26,1(6)	4,3(1)	-	4,3(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	27,8(5)	44,4(8)	22,2(4)	5,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	19,0(4)	28,6(6)	42,9(9)	9,5(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	46,2(6)	30,8(4)	7,7(1)	15,4(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	33,3(7)	23,8(5)	38,1(8)	4,8(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	13,3(2)	13,3(2)	33,3(5)	40(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	22,2(4)	22,2(4)	38,9(7)	11,1(2)	5,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	53,3(8)	33,3(5)	13,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	28,6(4)	21,4(3)	35,7(5)	14,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2008	-	25(1)	25(1)	25(1)	-	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	9,1(1)	36,4(4)	18,2(2)	18,2(2)	-	18,2(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	30(3)	20(2)	30(3)	10(1)	-	-	-	-	10(1)	-	-	-	-	-
	2011	12,5(1)	37,5(3)	25(2)	12,5(1)	-	12,5(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	42,9(3)	14,3(1)	-	28,6(2)	14,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	11,1(1)	11,1(1)	77,8(7)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2014	11,1(1)	22,2(2)	22,2(2)	22,2(2)	-	22,2(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	7,7(1)	30,8(4)	23,1(3)	30,8(4)	-	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	25(3)	25(3)	33,3(4)	16,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	14,3(1)	-	42,9(3)	42,9(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	20(3)	26,7(4)	13,3(2)	20(3)	20(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	41,7(5)	16,7(2)	-	8,3(1)	33,3(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	33,3(3)	22,2(2)	11,1(1)	-	22,2(2)	11,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	14,3(1)	28,6(2)	42,9(3)	14,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	26,7(4)	26,7(4)	33,3(5)	6,7(1)	-	-	6,7(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	33,3(3)	22,2(2)	22,2(2)	22,2(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida-Spezies	2008	10,5(2)	15,8(3)	21,1(4)	15,8(3)	10,5(2)	10,5(2)	10,5(2)	5,3(1)	-	-	-	-	-	-
	2009	28,6(4)	7,1(1)	14,3(2)	28,6(4)	-	21,4(3)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	-	27,3(3)	9,1(1)	9,1(1)	18,2(2)	18,2(2)	18,2(2)	-	-	-	-	-	-
	2011	7,1(1)	-	14,3(2)	21,4(3)	7,1(1)	42,9(6)	-	7,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2012	20(3)	6,7(1)	13,3(2)	-	6,7(1)	13,3(2)	13,3(2)	26,7(4)	-	-	-	-	-	-
	2013	-	6,7(1)	20(3)	6,7(1)	13,3(2)	6,7(1)	33,3(5)	6,7(1)	-	-	6,7(1)	-	-	-
	2014	11,1(1)	22,2(2)	-	22,2(2)	22,2(2)	11,1(1)	-	11,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2015	25(6)	-	12,5(3)	16,7(4)	25(6)	8,3(2)	12,5(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2016	30(6)	15(3)	20(4)	10(2)	15(3)	5(1)	-	5(1)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2017	21,4(3)	21,4(3)	7,1(1)	7,1(1)	7,1(1)	14,3(2)	21,4(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2018	13,6(3)	13,6(3)	27,3(6)	18,2(4)	9,1(2)	4,5(1)	9,1(2)	-	4,5(1)	-	-	-	-	-
	2019	6,3(1)	25(4)	25(4)	6,3(1)	6,3(1)	6,3(1)	18,8(3)	6,3(1)	-	-	-	-	-	-
	2020	22,2(2)	-	33,3(3)	11,1(1)	22,2(2)	-	11,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2021	16,7(4)	12,5(3)	29,2(7)	16,7(4)	4,2(1)	12,5(3)	8,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	16,7(4)	12,5(3)	29,2(7)	16,7(4)	4,2(1)	12,5(3)	8,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	10,5(2)	26,3(5)	10,5(2)	10,5(2)	10,5(2)	10,5(2)	21,1(4)	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle 147 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Posaconazol. Auch hier ist ein Breakpoint, der bei 0,06 µg/ml liegt, für *C. albicans*, *C. tropicalis* und *C. parapsilosis* etabliert. Bei *C. albicans* waren 2 Stämme resistent. *C. parapsilosis* und *C. tropicalis* waren durchgehend empfindlich. Die Daten für alle Candida species sind denen aus dem Vorjahr sehr ähnlich.

Abbildung 145: Caspofungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die erste rote Linie markiert die Grenze zwischen empfindlichen und intermediär empfindlichen Stämmen. Die zweite rote Linie markiert den Beginn des resistenten Bereiches. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht $\leq 0,008$ µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥ 64 µg/ml.

Tabelle 148: Caspofungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	1,1(1)	1,1(1)	3,2(3)	21,3(20)	48,9(46)	20,2(19)	3,2 (3)	-	-	-	1,1 (1)	-	-	-
	2009	2(2)	-	17,3(17)	37,8(37)	29,6(29)	12,2(12)	1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	1,8(2)	3,6(4)	13,5(15)	34,2(38)	34,2(38)	9(10)	2,7(3)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-
	2011	1,4(1)	11,1(8)	16,7(12)	27,8(20)	30,6(22)	12,5(9)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	8,9(4)	31,1(14)	55,6(25)	-	-	2,2(1)	-	-	-	2,2(1)	-
	2013	-	-	1,8(1)	7,3(4)	38,2(21)	52,7(29)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	4,3(2)	30,4(14)	65,2(30)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	9,3(5)	5,6(3)	7,4(4)	11,1(6)	66,7(36)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	9,1 (6)	15,2(10)	19,7(13)	10,6(7)	43,9(29)	1,5(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	3,4 (3)	7,9(7)	30,3(27)	37,1(33)	21,3(19)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	12,5(14)	21,4(24)	27,7(31)	27,7(31)	10,7(12)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	2(2)	26,7(27)	15,8(16)	27,7(28)	24,8(25)	2(2)	-	-	-	1(1)	-	-	-	-
	2020	-	14,8(17)	21,7(25)	42,6(49)	20(23)	0,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	2,7(4)	11,6(17)	16,3(24)	22,4(33)	44,9(66)	0,7(1)	1,4(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	3,2(5)	13,5(21)	24,4(38)	32,7(51)	25,6(40)	0,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	3,7(3)	11,1(9)	28,4(23)	28,4(23)	24,7(20)	2,5(2)	1,2(1)	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C.glabrata</i>)	2008	-	-	-	-	45,2(14)	51,6(16)	-	3,2(1)	-	-	-	-	-	-
	2009	3,7 (1)	-	-	18,5(5)	37(10)	37(10)	3,7(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	-	-	14,8(4)	37(10)	37(10)	7,4(2)	-	3,7(1)	-	-	-	-	-
	2011	-	-	-	22,2(4)	50(9)	27,8(5)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	6,2 (1)	-	-	-	25(4)	62,5(10)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	9,5(2)	85,7(18)	4,8(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	5,6(1)	11,1(2)	61,1(11)	22,2(4)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	-	10,5(2)	36,8(7)	42,1(8)	-	10,5(2)	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	-	26,7(4)	20(3)	53,3(8)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	12,1(4)	24,2(8)	63,6(21)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	4,1(2)	44,9(22)	24,5(12)	22,4(11)	4,1(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	3,2(2)	15,9(10)	36,5(23)	30,2(19)	9,5(6)	4,8(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	17,8(8)	40(18)	31,1(14)	6,7(3)	2,2(1)	2,2(1)	-	-	-	-	-	-
	2021	1,8(1)	1,8(1)	18,2(10)	25,5(14)	38,2(21)	5,5(3)	9,1(5)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	-	4,8(3)	27,4(17)	33,9(21)	22,6(14)	3,2(2)	8,1(5)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	-	-	4,1(2)	34,7(17)	40,8(20)	12,2(6)	8,2(4)	-	-	-	-	-	-	-
<i>C. parapsilosis</i>	2008	-	-	-	-	-	16,7(2)	50(6)	25(3)	8,3(1)	-	-	-	-	-
	2009	-	-	-	-	10(1)	-	50(5)	30(3)	10(1)	-	-	-	-	-
	2010	-	-	-	-	21,4(3)	21,4(3)	50(7)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-

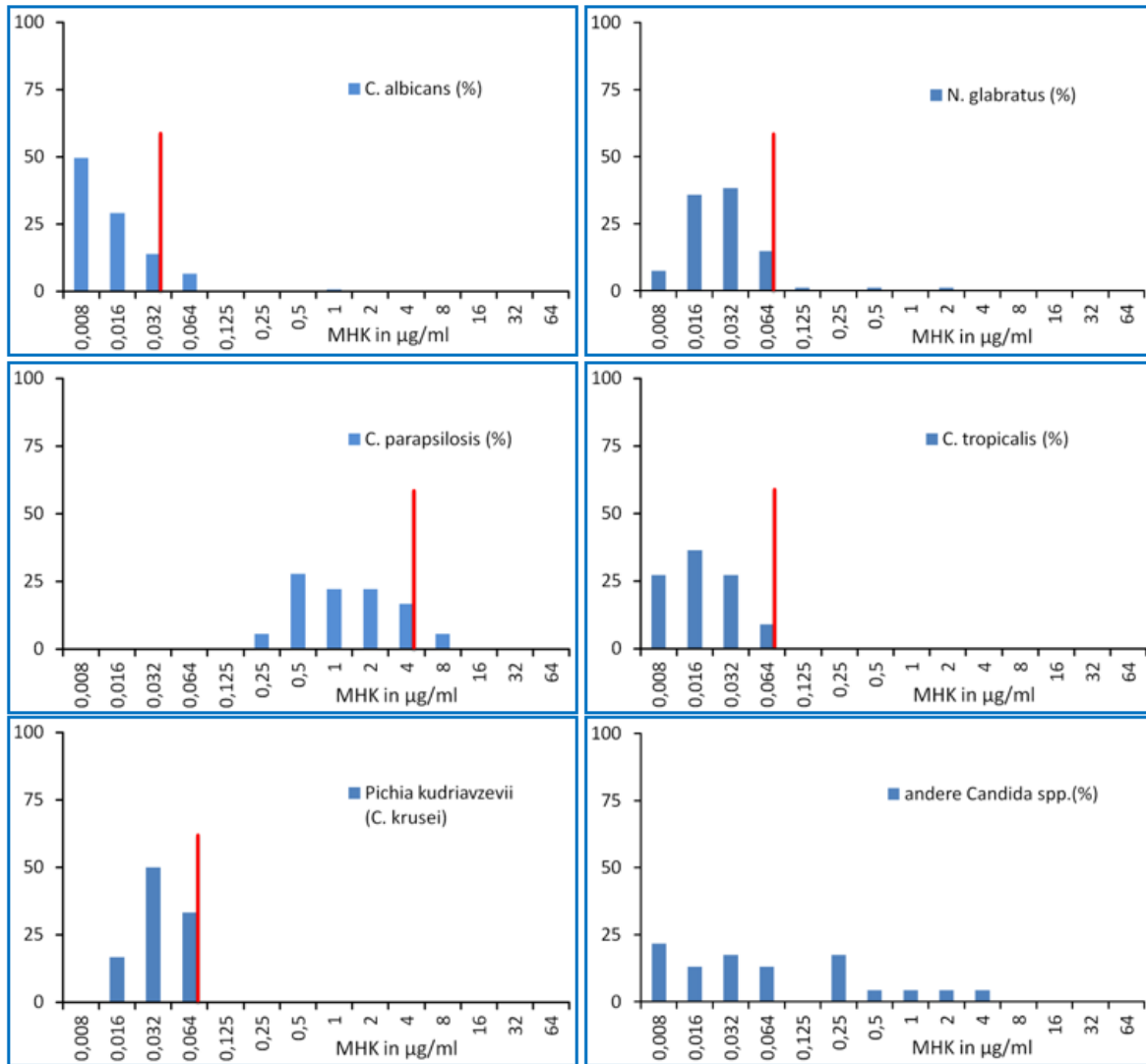
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2011	-	-	-	-	-	18,2(2)	27,3(3)	18,2(2)	27,3(3)	9,1(1)	-	-	-	-
	2012	-	-	-	-	-	-	25(1)	50(2)	-	25(1)	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	33,3(2)	-	16,7(1)	16,7(1)	33,3(2)	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	50(1)	-	-	-	50(1)	-	-	-
	2015	-	-	-	-	-	20(1)	40(2)	20(1)	-	20(1)	-	-	-	-
	2016	-	-	-	-	-	33,3(2)	33,2(2)	16,7(1)	-	16,7(1)	-	-	-	-
	2017	-	-	-	8,3(1)	8,3(1)	41,7(5)	41,7(5)	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	-	-	25(2)	62,5(5)	12,5(1)	-	-	-	-	-	-
	2019	5,9(1)	-	-	-	5,9(1)	41,2(7)	35,3(6)	11,8(2)	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	-	-	-	46,2(6)	53,8(7)	-	-	-	-	-	-	-
	2021	5,3(1)	-	-	-	10,5(2)	47,4(9)	15,8(3)	15,8(3)	-	5,3(1)	-	-	-	-
	2022	-	-	4,8(1)	-	9,5(2)	23,8(5)	52,4(11)	9,5(2)	-	-	-	-	-	-
	2023	-	-	-	-	-	28,6(4)	64,3(9)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2008	-	-	25(1)	50(2)	-	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	-	-	8,3(1)	16,7(2)	25(3)	41,7(5)	8,3(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	-	10 (1)	-	10(1)	60(6)	10(1)	10(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	-	-	16,7(1)	50(3)	33,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	-	50(1)	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	100(3)	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2014	-	-	-	-	-	100(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	50(2)	-	25(1)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	20(1)	-	20(1)	60(3)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	-	33,3(1)	66,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	25(2)	25(2)	25(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	41,7(5)	41,7(5)	16,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	27,3(3)	45,5(5)	27,3(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	-	-	22,2(2)	33,3(3)	44,4(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	-	21,4(3)	14,3(2)	14,3(2)	35,7(5)	7,1(1)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	-	-	25(2)	12,5(1)	50(4)	12,5(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida-Spezies	2008	-	-	-	-	20(4)	25(5)	30(6)	20(4)	5(1)	-	-	-	-	-
	2009	-	-	7,1(1)	7,1(1)	21,4(3)	-	28,6(4)	28,6(4)	7,1(1)	-	-	-	-	-
	2010	-	-	-	9,1(1)	9,1(1)	9,1(1)	54,5(6)	18,2(2)	-	-	-	-	-	-
	2011	-	-	9,1(1)	-	9,1(1)	27,3(3)	18,2(2)	27,3(3)	9,1(1)	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	-	-	42,9(3)	14,3(1)	14,3(1)	28,6(2)	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	33,3(1)	-	-	66,7(2)	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	100(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	50(1)	-	-	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	20(1)	20(1)	20(1)	20(1)	-	20(1)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2017	-	-	28,6(2)	-	14,3(1)	28,6(2)	28,6(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	7,1(1)	35,7(5)	35,7(5)	21,4(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	6,7(1)	6,7(1)	33,3(5)	33,3(5)	13,3(2)	6,7(1)	-	-	-	-	-	-
	2020	-	-	14,3(1)	28,6(2)	28,6(2)	28,6(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	4,3(1)	-	4,3(1)	4,3(1)	43,5(10)	21,7(5)	17,4(4)	-	-	-	-	4,3(1)	-	-
	2022	-	7,7(2)	15,4(4)	-	30,8(8)	30,8(8)	7,7(2)	3,8(1)	3,8(1)	-	-	-	-	-
	2023	-	-	11,8(2)	11,8(2)	17,6(3)	29,4(5)	23,5(4)	-	5,9(1)	-	-	-	-	-

Tabelle 148 zeigt die MHK-Verteilung aller *Candida*-Stämme gegenüber Caspofungin. Hier wurden wie in den letzten Jahren die CLSI-Kriterien herangezogen, da EUCAST für diese Substanz nach wie vor keine Breakpoints etabliert hat. Bei *C. albicans*, *C. tropicalis*, *C. parapsilosis* und *Pichia kudriavzevii* (*C. krusei*) gab es keine resistenten Stämme, bei *N. glabratus* waren es nach CLSI 10 resistente Stämme.

Abbildung 146: Anidulafungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023



Legende: Die rote Linie markiert den MHK-Grenzwert für empfindliche Stämme. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht $\leq 0,008$ µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥ 64 µg/ml.

Tabelle 149: Anidulafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2008	76,9(20)	15,4(4)	3,8(1)	-	-	3,8(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	56,5(26)	13(6)	2,2(1)	13(6)	4,3(2)	10,9(5)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	61,1(33)	20,4(11)	3,7(2)	3,7(2)	5,6(3)	1,9(1)	-	-	3,7(2)	-	-	-	-	-
	2011	89,7(52)	8,6(5)	-	-	1,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	66,7(26)	25,6(10)	2,6(1)	-	-	-	2,6(1)	-	-	2,6(1)	-	-	-	-
	2013	80,4(41)	13,7(7)	2(1)	3,9(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	93,2(96)	4,9(5)	-	-	-	-	-	1,9(2)	-	-	-	-	-	-
	2015	97,1(102)	2,9(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	90(117)	9,2(12)	-	-	-	-	-	0,8(1)	-	-	-	-	-	-
	2017	88,9(48)	7,4(4)	-	-	-	-	-	-	1,9(1)	1,9(1)	-	-	-	-
	2018	66,4(93)	27,1(38)	2,9(4)	2,9(4)	0,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	56,4(79)	27,1(38)	10(14)	5(7)	0,7(1)	-	-	-	0,7(1)	-	-	-	-	-
	2020	51,3(81)	32,9(52)	6,3(10)	7(11)	1,9(3)	-	-	-	-	-	-	0,6(1)	-	-
	2021	64,1(123)	19,3(37)	9,4(18)	5,7(11)	1(2)	0,5(1)-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	49,7(95)	36,1(69)	8,4(16)	5,8(11)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	49,6(68)	29,2(40)	13,9(19)	6,6(9)	-	-	-	0,7(1)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C.glabrata</i>)	2008	7,1(1)	57,1(8)	7,1(1)	14,3(2)	-	14,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	45,5(5)	36,4(4)	-	-	-	9,1(1)	9,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	10(1)	50(5)	-	20(2)	-	10(1)	-	10(1)	-	-	-	-	-	-
	2011	38,5(5)	46,2(6)	15,4(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	12,5(2)	62,5(10)	25(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	4,5(1)	77,3(17)	13,6(3)	4,5(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	25(8)	56,2(18)	15,6(5)	3,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	23,1(9)	66,7(26)	7,7(3)	2,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	7,7(2)	80,8(21)	3,8(1)	-	3,8(1)	-	3,8(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2017	17,3(9)	61,5(32)	17,3(9)	3,8(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	6,9(4)	63,8(37)	20,7(12)	8,6(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	14,8(12)	54,3(44)	27,2(22)	2,5(2)	1,2(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	8,7(6)	50,7(35)	29(20)	7,2(5)	1,4(1)	1,4(1)	-	1,4(1)	-	-	-	-	-	-
	2021	12,5(11)	53,4(47)	25(22)	9,1(8)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	11,5(10)	41,4(36)	41,4(36)	5,7(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	7,4(6)	35,8(29)	38,3(31)	14,8(12)	1,2(1)	-	1,2(1)	-	1,2(1)	-	-	-	-	-
<i>C. parapsilosis</i>	2008	-	-	-	-	-	50(1)	-	-	50(1)	-	-	-	-	-
	2009	-	-	-	-	-	-	-	33,3(1)	33,3(1)	33,3(1)	-	-	-	-
	2010	-	-	-	-	12,5(1)	-	25(2)	12,5(1)	-	50(4)	-	-	-	-

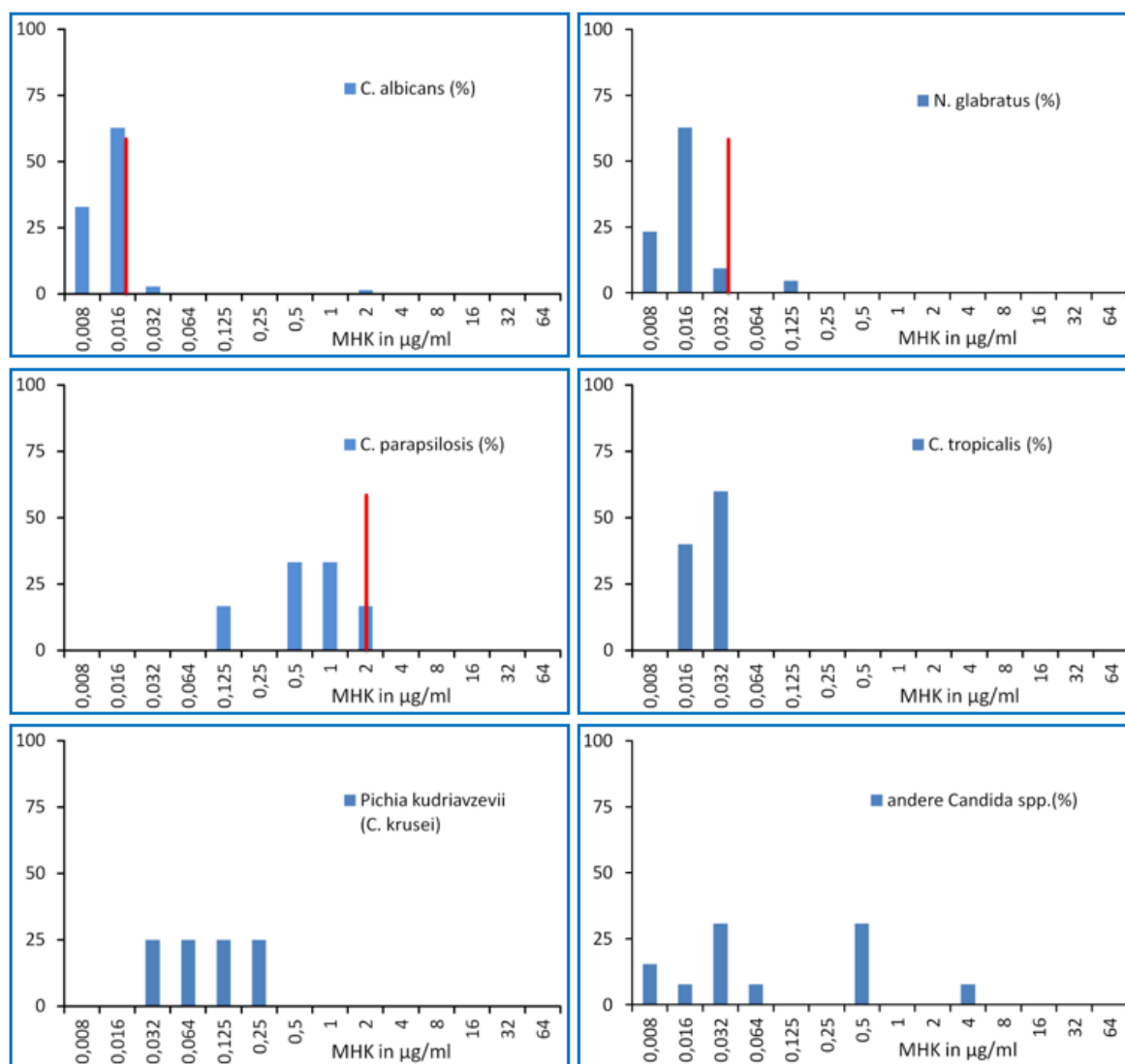
Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2011	-	-	-	-	-	-	10(1)	10(1)	-	40(4)	30(3)	-	10(1)	-
	2012	-	-	-	-	-	40(2)	20(1)	-	-	40(2)	-	-	-	-
	2013	-	-	25(1)	-	-	-	25(1)	50(2)	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	27,3(3)	9,1(1)	36,4(4)	27,3(3)	-	-	-	-
	2015	-	-	-	-	-	13(3)	-	34,8(8)	21,7(5)	21,7(5)	4,3(1)	-	4,3(1)	-
	2016	-	-	-	-	4,8(1)	9,5(2)	14,3(3)	14,3(3)	23,8(5)	28,6(6)	-	-	4,8(1)	-
	2017	-	-	-	-	-	4,3(1)	39,1(9)	21,7(5)	21,7(5)	13,0(3)	-	-	-	-
	2018	-	-	-	-	-	-	11,1(2)	16,7(3)	33,3(6)	27,8(5)	11,1(2)	-	-	-
	2019	-	-	-	-	4(1)	12(3)	12(3)	32(8)	20(5)	20(5)	-	-	-	-
	2020	-	-	-	-	-	16,7(3)	5,6(1)	44,4(8)	22,2(4)	-	5,6(1)	5,6(1)	-	-
	2021	-	-	-	3,8(1)	-	15,4(4)	7,7(2)	15,4(4)	19,2(5)	15,4(4)	19,2(5)	-	-	3,8(1)
	2022	-	-	-	-	3,7(1)	-	18,5(5)	25,9(7)	22,2(6)	25,9(7)	-	-	3,7(1)	-
	2023	-	-	-	-	-	5,6(1)	27,8(5)	22,2(4)	22,2(4)	16,7(3)	5,6(1)	-	-	-
	2008	100(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2009	50(3)	16,7(1)	-	-	-	33,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	20(1)	-	60(3)	-	20(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	75(3)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	50(1)	-	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	100(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2014	55,6(5)	22,2(2)	-	11,1(1)	-	-	-	-	-	11,1(1)	-	-	-	-
	2015	53,8(7)	23,1(3)	15,4(2)	-	-	-	-	7,7(1)	-	-	-	-	-	-
	2016	28,6(4)	64,3(9)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	50(4)	50(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	26,7(4)	66,7(10)	-	6,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	6,7(1)	60(9)	13,3(2)	6,7(1)	13,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	16,7(2)	41,7(5)	8,3(1)	25(3)	8,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	23,1(3)	46,2(6)	15,4(2)	15,4(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	29,4(5)	41,2(7)	23,5(4)	-	-	5,9(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	27,3(3)	36,4(4)	27,3(3)	9,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida-Spezies	2008	50(2)	-	-	25(1)	-	-	-	25(1)	-	-	-	-	-	-
	2009	42,9(3)	28,6(2)	-	-	14,3(1)	-	-	14,3(1)	-	-	-	-	-	-
	2010	16,7(1)	-	33,3(2)	16,7(1)	33,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	20(1)	-	40(2)	-	20(1)	-	-	20(1)	-	-	-	-	-	-
	2012	-	50(3)	-	-	-	-	33,3(2)	16,7(1)	-	-	-	-	-	-
	2013	33,3(2)	-	16,7(1)	16,7(1)	16,7(1)	16,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	37,5(3)	37,5(3)	-	12,5(1)	-	-	12,5(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	30,4(7)	17,4(4)	13(3)	21,7(5)	8,7(2)	-	-	4,3(1)	4,3(1)	-	-	-	-	-
	2016	33,3(6)	27,8(5)	22,2(4)	5,6(1)	5,6(1)	5,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2017	28,6(4)	42,9(6)	14,3(2)	7,1(1)	-	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	14,3(3)	23,8(5)	33,3(7)	19(4)	-	-	4,8(1)	-	4,8(1)	-	-	-	-	-
	2019	19(4)	14,3(3)	9,5(2)	28,6(6)	9,5(2)	4,8(1)	9,5(2)	-	-	-	4,8(1)	-	-	-
	2020	37,5(6)	6,3(1)	-	-	25(4)	12,5(2)	12,5(2)	6,3(1)	-	-	-	-	-	-
	2021	18,2(6)	15,2(5)	18,2(6)	12,1(4)	15,2(5)	9,1(3)	3(1)	3(1)	-	3(1)	-	3(1)	-	-
	2022	12,8(5)	20,5(8)	17,9(7)	15,4(6)	12,8(5)	10,3(4)	2,6(1)	2,6(1)	-	2,6(1)	2,6(1)	-	-	-
	2023	17,2(5)	13,8(4)	24,1(7)	17,2(5)	-	13,8(4)	3,4(1)	3,4(1)	3,4(1)	3,4(1)	-	-	-	-

Tabelle 149 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Anidulafungin. Ein *C. albicans*-Stamm war resistent (0,7 %). 3 Stämme von *N. glabratus* (3,6 %) und ein Stamm von *C. parapsilosis* (5,6 %) waren resistent. Alle Stämme von *C. tropicalis* lagen im empfindlichen Bereich. Nachdem Anidulafungin nach einer EUCAST-Empfehlung als Indikatorsubstanz für alle Echinocandine verwendet werden kann, findet sich so lediglich eine geringfügige Diskrepanz zu den Caspofungin-Daten. Im Vergleich zu den Vorjahren gab es keine größeren Änderungen im Empfindlichkeitsverhalten.

Abbildung 147: Micafungin-MHK-Verteilungen bei Candida in Prozent für 2023



Legende: Die rote Linie markiert den MHK-Grenzwert für empfindliche Stämme. Der Wert 0,008 µg/ml entspricht $\leq 0,008$ µg/ml und der Wert 64 µg/ml entspricht ≥ 64 µg/ml.

Tabelle 150: Micafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2011 bis 2023

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. albicans</i>	2011	29,4(20)	50(34)	16,2(11)	4,4(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	36,1(26)	41,7(30)	5,6(4)	2,8(2)	4,2(3)	-	1,4(1)	-	1,4(1)	6,9(5)	-	-	-	-
	2013	42,9(18)	40,5(17)	9,5(4)	-	-	-	-	2,4(1)	-	4,8(2)	-	-	-	-
	2014	19,2(5)	57,7(15)	19,2(5)	-	-	-	3,8(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2015	45,5(10)	45,5(10)	9,1(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	43,6(17)	46,2(18)	7,7(3)	2,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	32,9(27)	40,2(33)	4,9(4)	20,7(17)	-	1,2(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	52,1(45)	40,9(36)	6,8(6)	1,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	51,2(43)	40,5(34)	2,4(2)	6(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	52,6(50)	47,4(45)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	41,8(38)	56(51)	-	1,1(1)	-	-	1,1(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2022	44,9(57)	54,3(69)	0,8(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C. glabrata</i>)	2023	32,9(23)	62,9(44)	2,9(2)	-	-	-	-	-	1,4(1)	-	-	-	-	-
	2011	16,7(4)	70,8(17)	4,2(1)	-	4,2(1)	4,2(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	19,2(5)	73,1(19)	3,8(1)	-	3,8(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	33,3(8)	54,2(13)	-	-	-	-	-	8,3(2)	4,2(1)	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2014	9,1(1)	54,5(6)	27,3(3)	9,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	6,7(1)	86,7(13)	6,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	33,3(3)	66,7(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	18,5(5)	59,3(16)	7,4(2)	14,8(4)	-	-	-	-	-	--	-	-	-	-
	2018	14,3(5)	68,6(24)	17,1(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	27,7(13)	57,4(27)	14,9(7)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	28,2(11)	61,5(24)	7,7(3)	2,6(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	20(8)	67,5(27)	7,5(3)	-	-	5(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	12,7(7)	81,8(45)	3,6(2)	-	1,8(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	23,3(10)	62,8(27)	9,3(4)	-	4,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>C. parapsilosis</i>	2011	-	-	-	-	-	10(1)	70(7)	10(1)	10(1)	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	-	14,3(2)	-	50(7)	28,6(4)	-	7,1(1)	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	-	60(3)	20(1)	-	20(1)	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	50(1)	50(1)	-	-	-	-	-	-
	2015	-	-	-	-	-	-	25(1)	75(3)	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	-	-	-	16,7(1)	33,3(2)	33,3(2)	16,7(1)	-	-	-	-	-
	2017	-	-	-	-	-	9,1(1)	63,6(7)	27,3(3)	-	-	-	-	-	-
	2018	-	-	-	-	-	22,2(2)	44,4(4)	33,3(3)	-	-	-	-	-	-
	2019	-	-	-	-	18,8(3)	6,3(1)	31,3(5)	37,5(6)	6,3(1)	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2020	-	-	-	-	8,3(1)	16,7(2)	8,3(1)	58,3(7)	8,3(1)	-	-	-	-	-
	2021	7,7(1)	-	-	-	23,1(3)	7,7(1)	23,1(3)	38,5(5)		-	-	-	-	-
	2022	-	7,7(1)	7,7(1)	-	-	-	30,8(4)	46,2(6)	7,7(1)	-	-	-	-	-
	2023	-	-	-	-	16,7(2)	-	33,3(4)	33,3(4)	16,7(2)	-	-	-	-	-
C. tropicalis	2011	-	80(4)	-	20(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	16,7(1)	66,7(4)	-	16,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	-	25(1)	75(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	25(1)	75(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	50(1)	-	-	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	25(2)	37,5(3)	37,5(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	70(7)	30(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	11,1(1)	55,6(5)	33,3(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	-	25(1)	75(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	7,7(1)	46,2(6)	38,5(5)	-	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	-	40(2)	60(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Andere Candida-Species	2011	-	16,7(1)	-	-	50(3)	16,7(1)	16,7(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	23,1(3)	-	-	38,5(5)	15,4(2)	-	-	7,7(1)	-	15,4(2)	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2013	-	14,3(1)	14,3(1)	14,3(1)	42,9(3)	-	-	-	-	14,3(1)	-	-	-	-
	2014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2015	50(1)	-	-	-	-	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2016	-	-	50(1)	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2017	-	20(1)	20(1)	-	60(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2018	8,3(1)	8,3(1)	25(3)	8,3(1)	50(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2019	-	25(3)	16,7(2)	8,3(1)	50(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2020	28,6(2)	14,3(1)	-	42,9(3)	14,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2021	5,6(1)	11,1(2)	16,7(3)	27,8(5)	16,7(3)	11,1(2)	5,6(1)	-	-	-	-	5,6(1)	-	-
	2022	4,3(1)	8,7(2)	26,1(6)	30,4(7)	17,4(4)	8,7(2)	4,3(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2023	11,8(2)	5,9(1)	29,4(5)	11,8(2)	5,9(1)	5,9(1)	23,5(4)	-	-	5,9(1)	-	-	-	-

Tabelle 150 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Micafungin. Hier gibt es Breakpoints von EUCAST für *C. albicans*, *N. glabratus* und *C. parapsilosis*. Bei *C. albicans* wurde ein, bei *N. glabratus* wurden 2 resistente Stämme gefunden, alle *C. parapsilosis*-Stämme waren empfindlich. Für *C. tropicalis* gibt es nach wie vor keine Breakpoints, alle Stämme mit einer Ausnahme lagen jedoch in einem Bereich, der bei *C. albicans* als empfindlich ausgewiesen worden wäre.

Abbildungung 148: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2023; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil 1)

	AMB															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>																
<i>N. glabratus</i>												1				
<i>C. parapsilosis</i>																1
<i>C. tropicalis</i>																
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

	AND															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>	1	13	8	1	2	2	2		1	2	5	9	15	14	11	10
<i>N. glabratus</i>	2	1	2						2			1	3			3
<i>C. parapsilosis</i>				4				2	1		2		2	6	1	1
<i>C. tropicalis</i>		2	1		1		1	1				2	1		1	
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

	CAS															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>																
<i>N. glabratus</i>														5	5	4
<i>C. parapsilosis</i>																
<i>C. tropicalis</i>																
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

	MIC												
	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>	14	16	7	6	2	4	22	7	7		2	1	3
<i>N. glabratus</i>	2	1	3	1			4			1	2	1	2
<i>C. parapsilosis</i>		1	1										
<i>C. tropicalis</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

	FLU															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>	1	3	3		1	2	1	1				1				1
<i>N. glabratus</i>	6	6	2	5	4	8		4	1	2	7	4	8	9	12	11
<i>C. parapsilosis</i>		1		1		1		3	4	1				2		
<i>C. tropicalis</i>	1	1		1	1			1				1	1		1	
andere <i>C. spp.</i>	1	1					1			6	7		2	7	9	3

Abbildung 149: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2023; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil 2)

	VOR															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>	4	5	4	2	1	3		1		2				1		1
<i>N. glabratus</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
<i>C. parapsilosis</i>		1		1		1	1	3	3							
<i>C. tropicalis</i>	1	2		2	1			1				1	1			
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

	POS															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>	14	14	19	8	3	13	7	3	1	5	0	3	0	1		3
<i>N. glabratus</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
<i>C. parapsilosis</i>	1		1	2		2	2	2	1					1		
<i>C. tropicalis</i>	1	2	1	1	1		2	1			3	4	3		1	
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

	ITR															
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>C. albicans</i>	42	11	15	12	13	23	12	5		5	15	18	13	23	4	10
<i>N. glabratus</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
<i>C. parapsilosis</i>				1	5			3	1	1		2	2	2		2
<i>C. tropicalis</i>	1			2	1	2					1	2	2		1	
andere <i>C. spp.</i>	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

Abbildung 148 und Abbildung 149 zeigen die Anzahl der resistenten Stämme im Jahresvergleich. Es zeigt sich ein Amphotericin B-resistenter Stamm von *C. parapsilosis*. Dieser liegt mit 2 µg/ml nur eine Titerstufe über dem Breakpoint. Es ist daher fraglich, ob hier bereits ein Trend zum Auftreten von Resistenzen vorliegt. Erstaunlicherweise finden sich 14 Anidulafungin-resistente Stämme, davon handelt es sich in 10 Fällen um *C. albicans*, in 3 Fällen um *N. glabratus* und in einem Fall um *C. parapsilosis*. Es ist allerdings zu beachten, dass die MHK-Werte bei 9 der *C. albicans*-Stämme und bei je einem Stamm von *N. glabratus* und *C. parapsilosis* nur eine Titerstufe über dem klinischen Breakpoint lagen. Bei Micafungin wurden 3 resistente *C. albicans*- und 2 resistente *N. glabratus*-Stämme nachgewiesen. Hier liegt eine gewisse Diskrepanz zur Resistenzsituation gegenüber Anidulafungin vor. Diese Stämme müssten daher molekularbiologisch untersucht werden, um zu prüfen, ob tatsächlich eine Mutation und damit eine mikrobiologische Resistenz vorliegt. Vergleicht man die Daten aus den Vorjahren miteinander, gewinnt man den Eindruck, dass es in den letzten fünf Jahren hier

doch einen leichten Trend zur Resistenzentwicklung gegenüber Echinocandinen geben könnte. Bei den Azolen liegen keine auffälligen Veränderungen vor.

Abbildung 150: Resistenzraten nach Substanz für durch Hefepilze verursachte Fungämien in Prozent und Anzahl der getesteten Stämme von 2008 bis 2023 (EUCAST-Breakpoints, *CLSI-Breakpoints)

Substanz	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
AMB	0 (147)	0 (159)	0 (166)	0 (162)	0 (137)	0 (216)	0 (169)	0 (183)	0 (217)	0 (261)	0 (262)	0,4 (250)	0 (199)	0 (242)	0 (267)	0,5 (200)
AND	6,7 (45)	27,9 (68)	15,2 (79)	8 (88)	4,8 (62)	3,5 (86)	2,1 (146)	1,6 (186)	2,1 (195)	1,3 (151)	2,7 (255)	5,8 (277)	7,9 (266)	6,3 (319)	4,5 (334)	5,5 (253)
MIC				15,7 (102)	16,2 (111)	15,5 (71)	17,9 (39)	4,9 (41)	7,4 (54)	20,5 (127)	4,5 (154)	4,7 (148)	0,7 (146)	2,8 (144)	1,0 (195)	4,0 (125)
FLU	5,8 (156)	7,2 (166)	3 (167)	4,5 (155)	4,3 (139)	5 (218)	1,1 (174)	4,3 (211)	2,2 (223)	3,5 (260)	5,5 (255)	2,6 (235)	4,1 (268)	5,2 (346)	4,6 (347)	5,4 (277)
POS	17,4 (92)	13,4 (119)	15,7 (134)	9,2 (119)	3,8 (105)	11,8 (127)	9,2 (119)	4,1 (146)	1,4 (145)	2,2 (224)	1,2 (225)	3,3 (211)	2,3 (128)	1,4 (146)	0,6 (165)	2,9 (105)
VOR	4,5 (111)	6,3 (127)	3 (135)	4,2 (119)	2,1 (95)	2,6 (153)	0,8 (128)	3,1 (163)	1,7 (180)	0,8 (260)	0 (259)	0,5 (219)	0,7 (143)	0,6 (181)	0 (185)	0,8 (123)
ITR							80 (15)	22,9 (35)	3,8 (26)	9,7 (62)	16,3 (98)	16,2 (136)	12,1 (140)	17,6 (148)	4,1 (122)	13,5 (89)
CAS	2,9 (140)	2,7 (146)	3,9 (155)	3,8 (105)	7,7 (65)	3,7 (81)	6,2 (65)	2,5 (79)	1,1 (88)	0 (144)	1 (193)	2,4 (4)	1,1 (189)	2,2 (230)	2,3 (262)	2,5 (157)

In Abbildung 150 ist der Prozentsatz resistenter Stämme nach EUCAST dargestellt, wobei eine sehr niedrige Resistenzrate zu beobachten ist. Die Azole zeigen eine sehr niedrige Resistenzrate. Die höchste Resistenzrate wird bei Itraconazol beobachtet, die 2023 bei 13,5 % liegt und damit annähernd gleich zu den Vorjahren ist. Alle zeigen nach wie vor einen niedrigen Prozentsatz an resistenten Stämmen.

Bei den Echinocandinen ist die Resistenzrate ebenfalls sehr niedrig und liegt durchgehend unter 6 %.

Die Daten wurden auch bezüglich Multiresistenz unter Verwendung der klinischen Breakpoints nach EUCAST analysiert. Hier fielen 2 Stämme von *C. albicans* auf, welche resistent gegenüber 3 Antimykotika waren, einmal gegenüber Anidulafungin, Micafungin und Itraconazol und einmal gegenüber Fluconazol, Voriconazol und Posaconazol. Des Weiteren traten zweimal Resistenzen gegenüber Anidulafungin und Itraconazol sowie einmal gegenüber Anidulafungin und Micafungin auf. Bei *N. glabratus* (*C. glabrata*) trat nur einmal eine Multiresistenz auf, bei welcher es sich um eine Resistenz gegenüber Fluconazol, Caspofungin und Micafungin handelte. Bei *C. parapsilosis* trat einmal eine Multiresistenz gegenüber Anidulafungin und Itraconazol auf.

Interpretation

Die Anzahl der erfassten Candidämien lag 2023 um 64 erfasste Fälle niedriger als 2022. Die Verteilung der einzelnen Candida-Species über den beobachteten Zeitraum ist relativ stabil geblieben.

C. albicans ist nach wie vor der häufigste Erreger, gefolgt von *N. glabratus*, *C. parapsilosis*. *C. dubliniensis* liegt erstmalig an vierter Stelle, wobei sich seit 2008 eine zwar geringe, aber kontinuierliche Zunahme zeigt.

Die meisten Candidämien fanden sich so wie in den Vorjahren auf Intensivstationen (34 %), gefolgt von Stationen der Inneren Medizin (20 %) und chirurgischen Stationen (12 %).

Nach wie vor gilt, dass eine geringe Resistenzrate bei Candida und anderen Hefen, die aus der Blutkultur nachgewiesen wurden, zu beobachten ist. Die höchste Resistenzrate wurde für Itraconazol gefunden, hier sind 13,5 % resistent. Da dies ein bekanntes Phänomen ist, der von EUCAST angegebene klinische Breakpoint sehr niedrig ist und Itraconazol nicht für die Behandlung von Candidämien und systemischen Candidosen eingesetzt wird, ist dies von geringer Bedeutung. Bei Fluconazol, einer Substanz, die sehr wohl zur Behandlung von Candidämien eingesetzt wird, waren lediglich 5,4 % der getesteten Stämme resistent. Die Resistenzraten für die anderen getesteten Azole liegen zwischen 0,8 und 2,9 %.

Die Resistenzsituation bei Echinocandinen ist zurzeit ebenso wenig besorgniserregend. Zwar lag die Resistenzrate bei Anidulafungin bei 5,5 %, wobei *C. albicans* mit 10 resistenten Stämmen erstaunlicherweise am stärksten betroffen war. Diese zeigen aber wahrscheinlich nur eine phänotypische und keine klinisch wirksame Resistenz. Lediglich

ein Stamm wies eine MHK von 1 µg/ml auf und würde damit wahrscheinlich auch nicht auf eine Therapie ansprechen. 3 Stämme von *N. glabratus* lagen ebenfalls im resistenten Bereich, wobei ein Stamm mit nur einer Titerstufe über dem klinischen Breakpoint lag. 2 weitere Stämme zeigten eine wesentlich höhere MHK wie auch ein Stamm von *C. parapsilosis*. Hier ist anzunehmen, dass wahrscheinlich insgesamt nur 4 Stämme (1 *C. albicans*, 2. *N. glabratus*, 1 *C. parapsilosis*) tatsächlich resistent sind.

Bei der Beurteilung der MHK-Verteilung der einzelnen Candida-Arten über den gesamten Beobachtungszeitraum zeigen sich keine besonders auffälligen Veränderungen.

Diskussion

Im diesjährigen Bericht wurden wie bereits in den letzten Jahren die von EUCAST etablierten Breakpoints herangezogen. Da diese nach wie vor nur für gewisse Spezies und bestimmte Antimykotika etabliert wurden, mussten wie in den Vorjahren für Caspofungin die nach CLSI etablierten Breakpoints verwendet werden. Im Vergleich zu 2022 gibt es wenig Veränderung und keinen eindeutigen Trend zu einer stärkeren Resistenzentwicklung. Das gilt ganz besonders für die Azole. Weltweit wurde ein Anstieg der Fluconazol-Resistenz bei *C. parapsilosis* beschrieben. Dieser Trend ist in Österreich derzeit nicht zu sehen, sodass hier zurzeit kein Anlass zu Sorge besteht. Die Resistenzrate gegenüber Azolen liegt mit Ausnahme von Itraconazol seit Jahren unverändert weit unter 10 %. Die Aufmerksamkeit wird sich in den nächsten Jahren darauf richten, ob international beschriebene Resistenzentwicklungen auch in Österreich gesehen werden können.

Auch bei *N. glabratus*, der Sprosspilz mit den höchsten MHK-Werten gegenüber allen Azolen weltweit, zeigen sich keine Änderungen in Richtung stärkere Resistenzentwicklung. Generell gilt, dass Azole nicht vorrangig bei Infektionen durch *N. glabratus* eingesetzt werden sollen, da die hohen MHK-Werte bei dieser Spezies bekannt sind. Gegenüber Amphotericin B war 2023 ein Stamm von *C. parapsilosis* mit einer MHK von 2 µg/ml resistent. Die nächsten Jahre werden zeigen, ob tatsächlich eine Resistenzentwicklung gegenüber Amphotericin B zu beobachten ist.

Bei den Echinocandinen zeigte Anidulafungin mit 5,5 % eine relativ niedrige Resistenzrate und ist geringfügig höher als 2022. In erster Linie wurden bei *C. albicans* MHK-Werte, die über dem Breakpoint liegen, gefunden. Allerdings liegen diese mit einer Ausnahme (MHK

1 µg/ml) nur knapp über dem klinischen Breakpoint. Eigene Untersuchungen mittels Next Generation Sequencing haben gezeigt, dass bei Stämmen, die nur 1–2 Titerstufen über dem klinischen Breakpoint lagen, keine Mutationen im FKS-Gen nachzuweisen waren. 3 Stämme von *N. glabratus* lagen ebenfalls im resistenten Bereich, wobei ein Stamm mit nur einer Titerstufe über dem klinischen Breakpoint lagen. 2 weitere Stämme zeigten eine wesentlich höhere MHK wie auch ein Stamm von *C. parapsilosis*. Hier ist anzunehmen, dass wahrscheinlich insgesamt nur 4 Stämme (1 *C. albicans*, 2. *N. glabratus*, 1 *C. parapsilosis*) tatsächlich resistent sind.

Für die letzten 5 Jahre fällt eine geringfügige Zunahme der Resistenzentwicklung bei Echinocandinen auf. Ob dieser Trend anhält und wir eine ähnliche Entwicklung wie in anderen Ländern beobachten können, bleibt abzuwarten.

Bei der Artenverteilung waren genauso wie in den Vorjahren keine geschlechtsspezifischen Unterschiede zu beobachten. Gleich geblieben ist ebenfalls die Altersverteilung, so ist zu sehen, dass Candidämien bei Patient:innen, die 45 Jahre und älter sind, häufiger als bei jüngeren Altersgruppen auftreten.

Im Oktober 2022 wurde die WHO Fungal Priority Pathogens List (WHOFFPL) veröffentlicht, bei der neben *C. auris* *C. albicans* höchste Priorität (Critical Priority Group) eingeräumt wurde. An zweiter Stelle (High Priority Group) werden unter anderem *N. glabratus*, *C. parapsilosis* und *C. tropicalis* angeführt. Als Kriterien für das Ranking wurden neben der Bedeutung für die öffentliche Gesundheit auch die antifungale Resistenz bzw. das Potential zur Resistenzentwicklung herangezogen. *C. auris* gilt als die Hefeart, die am stärksten dazu neigt, multiresistent zu werden. In Österreich ist dieser Pilz nur vereinzelt nachgewiesen worden und hat bisher noch zu keinen Problemen geführt.

Trotzdem gilt es nach wie vor, die Resistenzentwicklung zu beobachten, da international eine Zunahme resistenter *Candida*-Species beschrieben wird. So wurden in Deutschland vermehrt Echinocandin-resistente Stämme von *N. glabratus* beschrieben. 2023 wurden auch in Österreich 3 Stämme gefunden, die sich phänotypisch als resistent gegenüber Anidulafungin zeigten. Auch bei Micafungin fielen 2 resistente Stämme von *N. glabratus* auf.

Multiresistente Stämme sind bisher nur vereinzelt aufgetreten und sind in der Regel nur gegenüber wenigen Antimykotika resistent.

Abschließend läßt sich zusammenfassen, dass die Situation in Österreich derzeit nicht besorgniserregend ist. Es gilt aber, aufmerksam zu bleiben, um einen Trend zu einer stärkeren Resistenzentwicklung, der jederzeit möglich ist, rasch erfassen zu können.

Referenzen

[1]

https://www.eucast.org/fileadmin/src/media/PDFs/EUCAST_files/AFST/Clinical_breakpoints/AFST_BP_v10.0_200204_updated_links_200924.pdf.

[2] Clinical and Laboratory Standards Institute 2017. Reference Method for Broth Dilution Antifungal Susceptibility Testing of Yeasts; Fourth Informational Supplement. CLSI document M27-S3. Clinical and Laboratory Standards Institute, 940 West Valley Road, Suite 1400, Wayne, Pennsylvania 19087–1898 USA.

[3] Pfaller MA, Messer SA, Woosley LN, Jones RN, Castanheira M. 2013. Echinocandin and triazole antifungal susceptibility profiles of opportunistic yeast and mould clinical isolates (2010-2011): Application of new CLSI clinical breakpoints and epidemiological cutoff values to characterize geographic and temporal trends of antifungal resistance. J Clin Microbiol. 2013 May 29. PMID: 23720791; PMCID: PMC3719648.

[4] Pfaller MA, Castanheira M, Messer SA, Moet GJ, and Jones RN. 2011. Echinocandin and triazole antifungal susceptibility profiles for *Candida* spp., *Cryptococcus neoformans*, and *Aspergillus fumigatus*: Application of new CLSI clinical breakpoints and epidemiologic cutoff values to characterize resistance in the SENTRY Antimicrobial Surveillance Program (2009). Diagn. Microbiol. Infect. Dis. 69: 45–50.

[5] Pfaller, M.A., D.J. Diekema, D.L. Gibbs, V.A. Newell, D. Ellis, V. Tullio, A. Rodloff, W. Fu, and T.A. Ling; and the Global Antifungal Surveillance Group. 2010. Results from the ARTEMIS DISK Global Antifungal Surveillance Study, 1997 to 2007: a 10.5-year analysis of susceptibilities of *Candida* Species to fluconazole and voriconazole as determined by CLSI standardized disk diffusion. J. Clin. Microbiol. 48:1366–1377.

[6] Pfaller, M.A., D.J. Diekema, L. Ostrosky-Zeichner, J.H. Rex, B.D. Alexander, D. Andes, S.D. Brown, V. Chaturvedi, M.A. Ghannoum, C.C. Knapp, D.J. Sheehan, and T.J. Walsh. 2008. Correlation of MIC with outcome for *Candida* species tested against caspofungin,

anidulafungin, and micafungin: analysis and proposal for interpretive MIC breakpoints. J. Clin. Microbiol. 46:2620–2629.

[7] Pfaller, M.A., S.A. Messer, R.J. Hollis, L. Boyken, S. Tendolkar, J. Kroeger, and D.J. Diekema. 2009. Variation in susceptibility of bloodstream isolates of *Candida glabrata* to fluconazole according to patient age and geographic location in the United States in 2001 to 2007. J. Clin. Microbiol. 47:3185–3190.

[8] Lockhart, S.R., D. Wagner, N. Iqbal, P.G. Pappas, D.R. Andes, C.A. Kauffman, L.M. Brumble, S. Hadley, R. Walker, J.I. Ito, J.W. Baddley, T. Chiller, and B.J. Park. 2011. A comparison of in vitro susceptibility of *Candida* species from cases of invasive candidiasis in solid organ and stem cell transplant recipients: TRANSNET 2001-2006. J. Clin. Microbiol. 49: 2404–2410.

[9] Orasch C, Marchetti O, Garbino J, Schrenzel J, Zimmerli S, Mühlethaler K, Rossi M, Pfyffer G, Ruef C, Fehr J, Zbinden R, Calandra T, Bille J; The Fungal Infection Network of Switzerland (FUNGINOS) 2013. *Candida* Species Distribution and Antifungal Susceptibility Testing According to EUCAST and New vs. Old CLSI Clinical Breakpoints: a Six-Year Prospective Candidemia Survey from the Fungal Infection Network of Switzerland (FUNGINOS). Clin Microbiol Infect. 2013 Nov 4. doi: 10.1111/1469-0691.12440.

[10] Caggiano G, Coretti C, Bartolomeo N, Lovero G, De Giglio O, Montagna MT. 2015. *Candida* Bloodstream Infections in Italy: Changing Epidemiology during 16 Years of Surveillance. Biomed Res Int. 2015; 2015:256580. doi: 10.1155/2015/256580.

[11] Hesstvedt L, Gaustad P, Andersen CT, Haarr E, Hannula R, Haukland HH, Hermansen NO, Larssen KW, Mylvaganam H, Ranheim TE, Sandven P, Nordøy I; Norwegian Yeast Study Group. 2015. Twenty-two years of candidemia surveillance - Results from a Norwegian national study. Clin Microbiol Infect. 2015 Jun 17. pii: S1198-743X(15)00621-7. doi: 10.1016/j.cmi.2015.06.008.

[12] Castanheira M, Messer SA, Rhomberg PR, Pfaller MA. 2016. Antifungal susceptibility patterns of a global collection of fungal isolates: results of the SENTRY Antifungal Surveillance Program (2013). Diagn Microbiol Infect Dis 2016 Jun;85(2):200-4. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2016.02.009.

- [13] Tan TY, Alejandria MM, Chaiwarith R et al. 2016. Antifungal susceptibility of invasive *Candida* bloodstream isolates from the Asia-Pacific region. *Med Mycol*. 2016 Jul 1;54(5):471–7. doi: 10.1093/mmy/myv114.
- [14] Farmakiotis D, Kontoyiannis DP. 2017. Epidemiology of antifungal resistance in human pathogenic yeasts: current viewpoint and practical recommendations for management. *Int J Antimicrob Agents* 2017 Jun 29. Pii: S0924-8579(17) 30236–4. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2017.05.019. [Epub ahead of print].
- [15] De Francesco MA, Picinelli G, Gelmi M, Gargiulo F, Ravizzola G, Pisi G, Peroni L, Bonfanit C, Caruso A. 2017. Invasive candidiasis in Brescia, Italy: Analysis of species distribution and antifungal susceptibilities during seven years. *Mycopathologia* 2017 Jun 8. doi: 10.1007/s11046-017-0155-3.
- [16] Beyer R, Spettel K, Zeller I, Lass-Flörl C, Achleitner D, Krause R, Apfalter P, Buzina W, Strauss J, Gregori C, Schüller C, Willinger B. 2019. Antifungal susceptibility of yeast blood stream isolates during a 10 year period in Austria. *Mycoses*. 2019 Jan 12. doi: 10.1111/myc.12892.
- [17] Spettel K, Barousch W, Makristathis A, Zeller I, Nehr M, Selitsch B, Lackner M, Rath PM, Steinmann J, Willinger B. Analysis of antifungal resistance genes in *Candida albicans* and *Candida glabrata* using next generation sequencing. *PLoS One*. 2019;14(1):e0210397. doi: 10.1371/journal.pone.0210397. PMID: 30629653; PMCID: PMC6328131.
- [18] Pristov KE, Ghannoum MA. Resistance of *Candida* to azoles and echinocandins worldwide. *Clin Microbiol Infect*. 2019 Jul;25(7):792-798. doi: 10.1016/j.cmi.2019.03.028. Epub 2019 Apr 6. PMID: 30965100.
- [19] Spettel K, Galazka S, Kriz R, Camp I, Willinger B. Do *Candida albicans* Isolates with Borderline Resistant Micafungin MICs Always Harbor FKS1 Hot Spot Mutations? *J Fungi (Basel)*. 2021;7(2):93. doi: 10.3390/jof7020093. PMID: 33525326; PMCID: PMC7911425.
- [20] Aldejohann AM, Herz M, Martin R, Walther G, Kurzai O. Emergence of resistant *Candida glabrata* in Germany. *JAC Antimicrob Resist*. 2021 Aug 7;3(3):dlab122. doi: 10.1093/jacamr/dlab122. PMID: 34377983; PMCID: PMC8346698.

[21] WHO fungal priority pathogens list to guide research, development and public health action.

<https://www.who.int/publications/i/item/9789240060241>

[22] Daneshnia F, de Almeida Júnior JN, Ilkit M, Lombardi L, Perry AM, Gao M, Nobile CJ, Egger M, Perlin DS, Zhai B, Hohl TM, Gabaldón T, Colombo AL, Hoenigl M, Arastehfar A. Worldwide emergence of fluconazole-resistant *Candida parapsilosis*: current framework and future research roadmap. *Lancet Microbe*. 2023 Jun;4(6):e470-e480. doi: 10.1016/S2666-5247(23)00067-8. Epub 2023 Apr 27. Erratum in: *Lancet Microbe*. 2023 Aug;4(8):e576. doi: 10.1016/S2666-5247(23)00188-X. PMID: 37121240; PMCID: PMC10634418.

[23] Spettel K, Kriz R, Wu C, Achter L, Schmid S, Galazka S, Selitsch B, Camp I, Makristathis A, Lagler H, Willinger B. *Candida auris* in Austria-What Is New and What Is Different. *J Fungi (Basel)*. 2023 Jan 17;9(2):129. doi: 10.3390/jof9020129. PMID: 36836244; PMCID: PMC9962151.

Bericht zur Antibiotikaresistenz- Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 in Österreich, 2023

Daten aus dem Veterinärbereich

Eine Aktivität der AGES – Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik

Ansprechpersonen/Autor:innen

Dr. med. vet. Peter Much
Hao Sun, Bakk. ⁱⁿ rer. soc. oec.

Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Abteilung Statistik (STA)
Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik (DSR)
Spargelfeldstraße 191
1220 Wien
E-Mail: peter.much@ages.at

Reviewerin

Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Annemarie Käsbohrer

Veterinärmedizinische Universität Wien
Zentrum für Lebensmittelwissenschaften und Öffentliches Veterinärwesen
Veterinärplatz 1
A-1210 Wien

Beteiligte Behörden und Institutionen

Projekt

Durchführungserlass GZ 2022-0.742.747, AMR-Monitoring 2023 gemäß
DURCHFÜHRUNGSBESCHLUSS (EU) 2020/1729 DER KOMMISSION
Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK)
Sektion III – Abteilung III/B/15, Zoonosen, Tierarzneimittelanwendung sowie Koordination
der internationalen Angelegenheiten des Fachbereiches
A-1031 Wien, Radetzkystraße 2

Planung

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES)
Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik (DSR)
A-1220 Wien, Spargelfeldstraße 191

Probenahme

- In 17 Rinderschlachthöfen und 10 Schweineschlachthöfen in Österreich durch beauftragte Tierärzt:innen sowie Amtstierärzt:innen.
- In den Einzelhandelsgeschäften in Österreich durch Mitarbeiter:innen der Lebensmittelaufsicht

Probeneingang und Datenerfassung

AGES

Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz

- Abteilung Veterinärmikrobiologie
 - Caecumproben
- Abteilung Lebensmittelmikrobiologie
 - Fleischproben

Primärisolierungen und Differenzierungen

AGES

Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten

Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz

A-8010 Graz, Beethovenstraße 6

- Abteilung Veterinärmikrobiologie
 - Probenaufbereitung der Caeca
 - Isolierung von Indikator-*E. coli*, Salmonellen, *Campylobacter*
- Abteilung Lebensmittelmikrobiologie
 - Probenaufbereitung der Fleischproben
- Nationales Referenzlabor für *Campylobacter* (NRL-C)
 - Differenzierung *Campylobacter*
- Nationale Referenzzentrale für Salmonellen (NRZ-S)
 - Differenzierung Salmonellen
- Nationales Referenzlabor für Antibiotika-Resistenz
 - Isolierung β -Laktamase bildender *E. coli* aus Caecum- und Fleischproben

Empfindlichkeitsbestimmung gegenüber antibiotischen Wirkstoffen

AGES

Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten

Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz

Nationales Referenzlabor für Antibiotika-Resistenz

A-8010 Graz, Beethovenstraße 6

Datenevaluierung, Auswertung und Berichtslegung

AGES

Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik (DSR)

A-1220 Wien, Spargelfeldstraße 191

Inhaltsverzeichnis

Beteiligte Behörden und Institutionen.....	419
Zusammenfassung	423
Abstract.....	425
Einleitung	427
Methodik.....	430
Beprobungsrahmen und Analyse	430
Beprobungsumfang	431
Isolierung von Salmonellen aus Caecuminhalten	432
Durchführung der antibiotischen Empfindlichkeitstestung.....	432
Ganzgenomsequenzierung, WGS (whole genome sequencing)	436
Berichtslegung	436
Ergebnisse	437
<i>Campylobacter</i> spp.....	437
Prävalenz von <i>Campylobacter</i> spp. bei Mastschweinen.....	437
Prävalenz von <i>Campylobacter</i> spp. bei Rindern <1 Jahr	437
Antibiotika-Resistenzen bei <i>Campylobacter</i>	438
Ergebnisse bei den Isolaten von Mastschweinen	438
Empfindliche <i>C. coli</i> -Isolate und Resistenzen gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen.....	438
Zeitliche Entwicklung der Resistenzsituation, gemessen in den Jahren 2004, 2005, 2008, 2021 und 2023	439
Ergebnisse bei den Isolaten von Rindern <1 Jahr	440
Empfindliche Isolate und Resistenzen gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen bei <i>C. jejuni</i>	440
<i>Salmonella</i> spp.	441
Prävalenz von <i>Salmonella</i> spp. bei Mastschweinen	442
Antibiotika-Resistenzen bei <i>Salmonella</i> spp. von Mastschweinen.....	442
Prävalenz von <i>Salmonella</i> spp. bei Rindern <1 Jahr.....	442
Antibiotika-Resistenzen bei <i>Salmonella</i> spp. von Rindern <1 Jahr	442
Indikator- <i>E. coli</i>	442
Antibiotika-Resistenzen bei kommensalen Indikator <i>E. coli</i> , 2023.....	443
Ergebnisse bei Isolaten von Mastschweinen	443
Empfindliche Isolate gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika	444

Ermittelte Resistenzen	444
Zeitliche Entwicklung der Resistenzsituation.....	445
Ergebnisse bei den Isolaten von Rindern <1 Jahr	447
Empfindliche Isolate gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika	448
Ermittelte Resistenzen	448
ESBL, AmpC oder CP bildende <i>E. coli</i>	449
Prävalenz von β -Laktamase bildenden <i>E. coli</i> in Caecumproben von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr sowie frischen Schweine- und Rindfleischproben, 2023	450
Ergebnisse der Bestimmung von ESBL oder AmpC bildenden <i>E. coli</i> und der Typisierungen der Resistenzgene	450
Anteile an β -Laktamase bildenden <i>E. coli</i> seit 2015	451
Prävalenz von CP bildenden <i>E. coli</i> in Caecumproben von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr sowie frischen Schweine- und Rindfleischproben nach spezifischer Isolierung, 2023	452
Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	453
Prävalenz von MRSA und deren Resistenzverhalten in Schweinefleischproben, 2023	453
Prävalenz von MRSA in Rindfleischproben, 2023	454
Zeitliche Entwicklung der Prävalenz von MRSA in Schweine- und Rindfleischproben.	455
Diskussion	455
Hinweis	461
Schlussfolgerungen.....	461
Referenzen	462

Zusammenfassung

Seit 2004 hat das Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz gemeinsam mit der Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES) und beauftragten Tierärzt:innen in den Ländern bei Nutztieren jährlich Monitoringprogramme durchgeführt, um die Prävalenz bestimmter Zoonoseerreger und deren Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika und von Indikatorbakterien festzustellen. Seit 2021 haben die Mitgliedstaaten basierend auf dem Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 bei zoonotischen und kommensalen Bakterien Antibiotikaresistenzen zu überwachen, die von lebensmittelerzeugenden Tierpopulationen sowie deren Lebensmitteln stammen. Dazu mussten im Jahr 2023 in Österreich frisch geschlachtete Mastschweine und Rinder unter einem Jahr am Schlachthof nach einem randomisierten Stichprobenplan ausgewählt und deren Blinddarminhalte auf thermotolerante *Campylobacter*, Salmonellen, Indikator-*E. coli*, β -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum und Carbapenemase bildende *E. coli* untersucht werden. Ebenso musste im Einzelhandel österreichweit nach einem Stichprobenplan frisches Schweine- und Rindfleisch auf das Vorkommen von β -Laktamase bildenden *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum und Carbapenemase bildenden *E. coli* analysiert werden. In den Abteilungen Veterinärmikrobiologie und Lebensmittelmikrobiologie der AGES Graz wurden die Proben analysiert und die gewonnenen Isolate in den entsprechenden nationalen Referenzlaboratorien spezifiziert, typisiert und auf ihre antimikrobielle Empfindlichkeit gegenüber einer vorgegebenen Auswahl von Antibiotika ausgetestet bzw. das gesamte Genom der gewonnenen β -Laktamase bildenden *E. coli*-Isolate sequenziert. Die Bewertung der mikrobiologischen Resistenzen erfolgte nach Anwendung der epidemiologischen Cut-Off-Werte nach EUCAST.

Aus 180 von 184 untersuchten Proben von Caecuminhalten von Mastschweinen (97,8 %) wurden *Campylobacter*-Isolate gewonnen, die Speziesdifferenzierung ergab für alle Isolate *C. coli*, aus einer Probe wurde zusätzlich ein *C. jejuni* isoliert. Alle Isolate wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet. Nur 10 Isolate (5,6 %, KI 95 % [3,1-9,9]) erwiesen sich vollständig empfindlich gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen. Extrem hohe Resistenzanteile wurden gegenüber Tetracyclin und sehr hohe Anteile gegenüber Ciprofloxacin gefunden. Gegenüber Chloramphenicol lagen keine Resistenzen vor, gegenüber Erythromycin waren 3,9 % der Isolate resistent. Eines dieser Isolate zeigte neben Resistenzen gegenüber Erythromycin gleichzeitig Resistenzen gegenüber Gentamicin (sowie Ciprofloxacin und Tetracyclin). Antibiotikaresistenzen bei *C. coli*

gewonnen aus Mastschweinen wurden bisher in den Jahren 2004, 2005, 2008 und 2021 geprüft, die Resistenzentwicklung zeigt im angegebenen Zeitraum gegenüber Ciprofloxacin einen signifikanten Anstieg, gegenüber Erythromycin eine signifikante Abnahme der Resistenzanteile.

Erstmalig wurden 2023 Caecumproben von Rindern <1 Jahr auf *Campylobacter* untersucht. Aus 107 von 273 Proben wurden diese Keime isoliert, aus 105 Proben *C. jejuni*, aus 6 Proben *C. coli* (in 4 Proben konnten beide Spezies detektiert werden). 104 *C. jejuni*-Isolate und 6 *C. coli* wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet. Als vollständig empfindlich erwiesen sich 34,6 % KI 95 % [26,2-44,2] der *C. jejuni*-Isolate. Sehr hohe Resistenzanteile wurden gegenüber Ciprofloxacin, hohe Anteile gegenüber Tetracyclin gefunden. Gegenüber Chloramphenicol, Erythromycin und Gentamicin konnten alle Isolate von Rindern <1 Jahr als Wildtypen bestätigt werden.

Salmonella spp. wurde in 8 Proben von Mastschweinen und in 4 von Rindern <1 Jahr nachgewiesen. 6 Isolate von Mastschweinen zeigten Resistenzen gegenüber 2 Antibiotikasubstanzen oder mehr, bei den Isolaten von Rindern <1 Jahr wurden keine Resistenzen festgestellt.

Von den 172 ausgetesteten Indikator-*E. coli*-Isolaten von Mastschweinen erwiesen sich 57,0 % als voll empfindlich – das ist der höchste Anteil seit Beginn des EU-AMR-Monitoringprogrammes im Jahr 2015. Hohe Resistenzanteile lagen gegenüber Tetracyclin und Sulfonamiden vor, mäßige gegenüber Ampicillin und Trimethoprim, gegenüber allen anderen Substanzen waren die Resistenzen kleiner als 5 %. Resistenzen gegenüber Colistin und Meropenem wurden nicht gefunden. Signifikante Tendenzen, was die Resistenzanteile betrifft, konnten im Verlauf der letzten Jahre nicht gefunden werden.

Bei den Indikator-*E. coli* von Rindern <1 Jahr (n=181) lag der Anteil an voll empfindlichen Isolaten bei 84 %. Mäßige Resistenzanteile wurden gegenüber Tetracyclin ermittelt, gegenüber den übrigen Substanzen lagen die Anteile unter 10 %, gegenüber Amikazin, Azithromycin, Colistin, Gentamicin, Meropenem und Tigecyclin wurden keine mikrobiologischen Resistenzen festgestellt.

Mittels selektiven Anreicherungsverfahrens wurden verdächtige β -Laktamase bildende *E. coli* in 194 der 297 analysierten Proben von Caecuminhalten von Schweinen (65,3 %), jedoch nur in 15 von 321 Schweinefleischproben (4,7 %) nachgewiesen. Die Sequenzierung der Resistenzgene ergab bei den Mastschweinen 181 Proben (60,9 %) mit ESBL, 12 Proben

(4,0 %) mit AmpC und eine Probe (0,3 %) mit ESBL+AmpC bildenden *E. coli*. Das *bla*_{CTX-M-1}-Gen wurde am häufigsten identifiziert, nämlich in 153 und 13 Isolaten von Mastschweinen und Schweinefleisch. Der Anteil an Mastschweinen mit β -Laktamase bildenden *E. coli* in den Darminhalten hat sich seit dem Beginn der Untersuchungen im Jahr 2015 signifikant von 53 % auf 65 % erhöht, bei Schweinefleisch reduziert von >8 % auf <5 %.

In 77 von 276 (27,9 %) der analysierten Proben von Caecuminhalten von Rindern <1 Jahr sowie in 8 von 317 Rindfleischproben (2,5 %) wurden β -Laktamase bildende *E. coli* nachgewiesen. In 66 Caecum-Proben (23,9 %) wurden ESBL und in 11 Proben (4,0 %) AmpC bildende *E. coli* identifiziert. Am häufigsten wurde ebenfalls das *bla*_{CTX-M-1}-Gen gefunden, nämlich in 29 Isolaten von Rindern <1 Jahr und 5 Isolaten von Rindfleisch.

Carbapenemase bildende *E. coli* wurden im Jahr 2023 sowie im Rahmen des gesamten seit 2015 laufenden AMR-Monitorings in keiner der untersuchten Proben von Schweinen bzw. Schweinefleisch und Rindern bzw. Rindfleisch gefunden.

Abstract

Since 2004, the Federal Ministry of Social Affairs, Health, Care and Consumer Protection in cooperation with the Austrian Agency for Health and Food Safety (AGES) and officially designated veterinary practitioners, has conducted annual monitoring programs in livestock to determine the prevalence of certain zoonotic pathogens and their susceptibility to antibiotics and that of indicator bacteria. Since 2021, based on Implementing Decision (EU) 2020/1729, Member States have had to monitor antibiotic resistance in zoonotic and commensal bacteria originating from food-producing animal populations and their food. To this end, freshly slaughtered fattening pigs and cattle under one year of age in Austria had to be sampled at the slaughterhouse in 2023 according to a randomized sampling plan and their caecum contents tested for thermotolerant *Campylobacter*, *Salmonella*, indicator *E. coli*, extended spectrum β lactamase-producing *E. coli* and carbapenemase-producing *E. coli*. Similarly, fresh pork and beef had to be analyzed for the presence of extended spectrum β lactamase-producing *E. coli* and carbapenemase-producing *E. coli* in retail stores throughout Austria according to a sampling plan. The samples were analyzed in the Veterinary Microbiology and Food Microbiology Departments of AGES Graz and the isolates obtained were specified, typed and tested for their antimicrobial susceptibility to a predetermined selection of antibiotics

in the corresponding national reference laboratories or the whole genome of the β lactamase-producing *E. coli* isolates obtained was sequenced. The assessment of microbiological resistance was carried out using the epidemiological cut-off values according to EUCAST.

Campylobacter isolates were obtained from 180 of 184 examined samples of caecal contents from fattening pigs (97.8%), species differentiation revealed *C. coli* for all isolates, and an additional *C. jejuni* was isolated from one sample. All isolates were tested for their susceptibility to antibiotics. Only 10 isolates (5.6%, CI95% [3.1-9.9]) proved to be susceptible to all tested substances. Extremely high rates of resistance were found to tetracycline and very high rates to ciprofloxacin. There was no resistance to chloramphenicol, and 3.9% of the isolates were resistant to erythromycin. In addition to resistance to erythromycin, one of these isolates also showed resistance to gentamicin (as well as ciprofloxacin and tetracycline). Antibiotic resistance in *C. coli* obtained from fattening pigs has so far been tested in 2004, 2005, 2008 and 2021. In the specified period, the development of resistance to ciprofloxacin shows a significant increase and a significant decrease in resistance to erythromycin.

Caecum samples from cattle <1 year were tested for *Campylobacter* for the first time in 2023. These bacteria were isolated from 107 of 273 samples, *C. jejuni* from 105 samples and *C. coli* from six samples (both species were detected in four samples). One hundred and four *C. jejuni* isolates and six *C. coli* were tested for their susceptibility to antibiotics. Of the *C. jejuni* isolates, 34.6% CI 95% [26.2-44.2] proved to be completely sensitive. Very high rates of resistance were found to ciprofloxacin and high rates to tetracycline. All isolates from cattle <1 year of age were confirmed as wild types to chloramphenicol, erythromycin and gentamicin.

Salmonella spp. was detected in eight samples from fattening pigs and in four from cattle <1 year. Six isolates from fattening pigs showed resistance to two antibiotic classes or more, while no resistance was detected in the isolates from cattle <1 year.

Of the 172 indicator *E. coli* isolates from fattening pigs tested, 57.0% were found to be fully susceptible, the highest rate since the start of the EU AMR monitoring program in 2015. There were high levels of resistance to tetracycline and sulphonamides, moderate resistance to ampicillin and trimethoprim, and resistance to all other substances was less than 5%. Resistance to colistin and meropenem was not found. No significant trends in the

rates of resistance to the different substances have been found in the course of the last few years.

In the indicator *E. coli* from cattle <1 year (n=181), the rate of fully sensitive isolates was 84%. Moderate resistance was found to tetracycline, while the rate was below 10% for the other substances; no microbiological resistance was found to amikacin, azithromycin, colistin, gentamicin, meropenem and tigecycline.

Using a selective enrichment method, suspected β -lactamase-producing *E. coli* were detected in 194 of the 297 analyzed samples of caecum in contents from pigs (65.3%), but only in 15 of 321 pork samples (4.7%). The sequencing of the resistance genes revealed 181 samples (60.9%) with ESBL-, 12 samples (4.0%) with AmpC- and one sample (0.3%) with ESBL+AmpC-producing *E. coli* in the fattening pigs. The bla_{CTX-M-1} gene was identified most frequently, in 153 and 13 isolates from fattening pigs and pork, respectively. Since the start of the investigations in 2015, the rate β -lactamase-producing *E. coli* in the intestinal contents of fattening pigs has increased significantly from 53% to 65%, in pork that rate has reduced from >8% to <5%.

In 77 of 276 (27.9%) of the analyzed samples of caecum contents from cattle <1 year, as well as in eight of 317 beef samples (2.5%), β -lactamase-producing *E. coli* were detected. ESBL-producing *E. coli* were identified in 66 caecum samples (23.9%) and AmpC-producing *E. coli* in 11 samples (4.0%). The bla_{CTX-M-1} gene was also found most frequently, in 29 isolates from cattle <1 year and five isolates from beef.

In any of the samples of pigs or pork and cattle or beef examined in 2023 or in the course of the AMR monitoring that has been ongoing since 2015, carbapenemase-producing *E. coli* were not found.

Einleitung

Die Heilung aller Krebsarten würde die Lebenserwartung der Amerikaner:innen um zwei Jahre verlängern, die Einführung von Antibiotika jedoch hat die durchschnittliche Lebenserwartung um 10 Jahre erhöht [1]. Auch wenn diese Aussage schon vor einigen Jahren getätigt wurde, gehören Antibiotika nach wie vor zu den erfolgreichsten Therapieformen in der Medizin [2]. Die Wirksamkeit von Antibiotika wird jedoch durch eine wachsende Zahl von antibiotikaresistenten Erregern beeinträchtigt. Die

Antibiotikaresistenz, die mit erhöhten Morbiditäts- und Mortalitätsraten sowie erhöhten Behandlungskosten in Verbindung gebracht wird, gilt als eine der größten globalen Bedrohungen für die öffentliche Gesundheit und das Ausmaß dieses Problems hat in letzter Zeit eine Reihe von nationalen und internationalen Gremien dazu veranlasst, Maßnahmen zum Schutz der Öffentlichkeit zu fordern oder zu ergreifen [3].

Antibiotikaresistenz bedeutet den Verlust der Empfindlichkeit von Bakterien gegenüber den bakteriziden oder bakteriostatischen Eigenschaften einer antibiotischen Substanz, häufig nach erfolgter Exposition gegenüber dieser antibiotischen Substanz. Das bedeutet, ein Bakterium lässt sich nicht mehr mit demselben Antibiotikum bekämpfen, gegen das der Wildtyp dieser Bakterienspezies empfindlich ist. Als Folge werden Behandlungen von Infektionskrankheiten erschwert oder sogar unmöglich gemacht und das Risiko einer Übertragung resistenter Bakterien oder von Resistenzmechanismen auf Mensch, Tier oder andere Bakterien erhöht.

Antibiotika sind in der Human- und der Veterinärmedizin für die Behandlung bakterieller Infektionskrankheiten unersetzlich. Bei Tieren werden häufig dieselben oder zu denselben Klassen gehörende antibiotische Substanzen eingesetzt wie in der Humanmedizin. Insbesondere der übermäßige und teils unsachgemäße Einsatz von Antibiotika in der Veterinär- und Humanmedizin hat jedoch dazu geführt, dass immer mehr Bakterien gegenüber Antibiotika resistent wurden. Beunruhigend sind vor allem Resistenzen gegenüber den in der Humanmedizin therapeutisch besonders wichtigen Klassen (Reserveantibiotika) und die Zunahme an multiresistenten Keimen.

Um dem entgegenzuwirken, müssen Antibiotikaresistenzen überwacht und vergleichbare Daten zum Auftreten von antimikrobieller Resistenz (AMR) bei Zoonoseerregern und — soweit sie eine Gefahr für die öffentliche Gesundheit darstellen — bei anderen Erregern erfasst werden. Die Durchführung des Programmes hat nach den Vorgaben des Durchführungsbeschlusses (Dfb) (EU) 2020/1729 zu erfolgen [4].

Zur Empfindlichkeitsprüfung gegenüber den vorgegebenen antibakteriellen Substanzen wird die Mikrodilutionsmethode verwendet. Die Interpretation der erhaltenen minimalen Hemmkonzentrationen je Substanz erfolgt durch Anwendung der epidemiologischen Cut-Off-Werte (ECOFF) des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) und des Dfb (EU) 2020/1729. Als mikrobiologisch resistent werden jene Isolate bezeichnet, deren minimale Hemmkonzentration gegenüber einem ausgetesteten Antibiotikum gleich groß oder größer als der jeweilige ECOFF ist. Die EU-weit

harmonisierten Panels an antimikrobiellen Substanzen, die ausgetestet werden, enthalten auch solche Substanzen, die wichtig für die Humanmedizin sind oder die ein besseres Verständnis für die verursachenden Resistenzmechanismen vermitteln sollen. Die Messbereiche für die einzelnen antimikrobiellen Substanzen wurden so festgelegt, damit ECOFF und humanmedizinische klinische Grenzwerte von Bakterien für die Bewertung angewendet und gegebenenfalls diese Ergebnisse mit denen aus der Humanmedizin verglichen werden können.

Die Ganzgenomsequenzierung (WGS — Whole Genome Sequencing) ist eine Technik, die als vielversprechender Ersatz für konventionelle phänotypische Tests in der Mikrobiologie gilt und weltweit zunehmend eingesetzt wird. Allerdings ist derzeit nur eine begrenzte Anzahl von Mitgliedstaaten in der Lage, die WGS routinemäßig für die AMR-Überwachung zu verwenden. Es ist daher angezeigt, den Einsatz der WGS als Alternative zu den konventionellen phänotypischen Techniken auf rein freiwilliger Basis zuzulassen, aber auch technische Auflagen für die WGS-Technik festzulegen, um die Vergleichbarkeit der Daten zu gewährleisten. Von allen im Rahmen der spezifischen Überwachung von *E. coli*, die β -Laktamasen mit erweitertem Wirkspektrum bilden (AmpC, ESBL oder Carbapenemasen), gewonnenen Isolaten wurden mittels Gesamtgenomsequenzierung die Resistenzgene bestimmt.

Der Dfb (EU) 2020/1729 enthält spezifische Anforderungen an die harmonisierte Überwachung und Meldung von *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp. und Indikatorkommensalen *E. coli*, gewonnen aus Proben von Caecuminhalt frischer geschlachteter Mastschweine und Rinder unter einem Jahr sowie aus frischen Schweine- und Rindfleischproben, die folgende Enzyme bilden:

- β -Laktamasen mit breitem Wirkungsspektrum (ESBL);
- AmpC- β -Laktamasen (AmpC);
- Carbapenemasen (CP).

Die AGES (Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, Abteilung Statistik und analytische Epidemiologie) wurde vom BMSGPK mit der vorbereitenden Planung des Monitorings, der Analyse der Daten und der Erstellung dieses Berichts für den AURES 2023 sowie der Übermittlung dieser Daten an die EFSA für den jährlichen Europäischen Antibiotikaresistenzbericht (The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food) beauftragt.

Methodik

Die Methoden, die denjenigen beschrieben in der Ausgabe des AURES 2015 und AURES 2019 entsprechen, können dort nachgelesen werden und werden aus Platzgründen in dieser Ausgabe weggelassen [5, 6]. Das betrifft die Beschreibung des Beprobungsplanes an den Schlachthöfen sowie der Isolierung und Typisierung von thermotoleranten *Campylobacter*, kommensalen *E. coli* und ESBL, AmpC oder Carbapenemase (CP-) bildenden *E. coli*.

Beprobungsrahmen und Analyse

Der Dfb (EU) 2020/1729 gibt vor, welche Kombinationen von Bakterienart und Probenart von Tierpopulationen oder Lebensmittelkategorien im Jahr 2023 beprobt werden mussten. Tabelle 151 stellt die zu beprobenden Tierarten, die Untersuchungsmatrizes, die Probenahmepläne und die Orte der Probenannahmen je Bakterienart für das Jahr 2023 dar.

Mit dem Berichtsjahr 2020 wurde die monatliche Statistik zu untersuchten Schlachtungen von direkten Meldungen der regionalen Veterinärverwaltungen an STAT auf SFU-Auswertungen umgestellt. Damit war es möglich, die Kategorie Rinder <1 Jahr zu etablieren und deren Produktionsmenge zu erheben. Entsprechend den letztjährigen gemeldeten Produktionsmengen von Jungrindern (=Rindern <1 Jahr) wurden im Jahr 2020 10.200 t geschlachtet, 2021 9.870 t. Von 08/2021 bis 07/2022 (EUROSTAT, Stand 10.10.2022) schlachtete Österreich 10.070 t Jungrinder, es war zu erwarten, dass Österreich im Jahr 2022 mehr als 10.000 t schlachten würde, daher ist Österreich verpflichtet, Jungrinder lt. Dfb (EU) 2020/1729 ebenfalls ins AMR-Monitoring einzubeziehen.

Tabelle 151: Beprobungsrahmen zur Überwachung der Antibiotika-Empfindlichkeit in Österreich, 2023

Tierart	Mastschwein	Rinder <1 Jahr	Schwein	Rinder
Untersuchungsmaterial	Caecuminhalt	Caecuminhalt	Frischfleisch	Frischfleisch
Ort der Probenahme	Schlachthof	Schlachthof	Einzelhandel	Einzelhandel
Probenahmeplan	Randomisiert	Randomisiert	Randomisiert	Randomisiert

Tierart	Mastschwein	Rinder <1 Jahr	Schwein	Rinder
<i>Salmonella</i> spp.	300 Proben ²⁵	300 Proben ²⁵	-	-
<i>C. coli/jejuni</i>	170 Isolate ²⁵	170 Isolate ²⁵	-	-
Kommensale <i>E. coli</i>	170 Isolate	170 Isolate	-	-
β-Laktamase bildende <i>E. coli</i>	300 Proben	300 Proben	300 Proben	300 Proben
Carbapenemase bildende <i>E. coli</i>	300 Proben	300 Proben	300 Proben	300 Proben
MRSA²⁶	-	-	Ca 300 Proben	Ca 300 Proben

Die im Dfb vorgesehenen verpflichtenden Beprobungen von Frischfleischproben von Schweinen und Rindern an Grenzkontrollstellen zur Untersuchung auf Indikatorkommensale *E. coli*, und *E. coli*, das ESBL oder AmpC oder CP bildet, wurden in Österreich nicht durchgeführt, da keine Sendungen aus Drittstaaten zur Untersuchung eingereicht wurden.

Beprobungsumfang

Das Prinzip der Beprobungen im Schlachthof bzw. im Einzelhandel sowie der Probenversand sind im AURES 2015, pp 249–250 beschrieben [5]. Die Anzahl der zu ziehenden Proben bzw. der benötigten Isolate zur Testung auf deren Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ist in Tabelle 151 aufgelistet.

²⁵ Lt. Dfb (EU) 2020/1729 sollten 170 *Salmonellen*/*Campylobacter*-Isolate aus Caecumproben gewonnen und auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet werden. Abweichend davon können die Mitgliedstaaten beschließen, die jährliche Anzahl der zu entnehmenden Proben auf 300 zu beschränken, wenn die Prävalenz der überwachten Bakterienart in der betrachteten Tierpopulation bekanntermaßen 30 % oder weniger beträgt oder wenn diese Prävalenz im ersten Jahr der Überwachung nicht bekannt ist (im Fall für Rinder < 1 Jahr) oder wenn die Anzahl der für die Beprobung verfügbaren epidemiologischen Einheiten nicht ausreicht, um eine wiederholte Beprobung derselben Einheiten zu vermeiden. Für Rinder < 1 Jahr war die genaue Prävalenz von *Salmonella* spp. und *Campylobacter jejuni* nicht bekannt, daher wurde die Probenzahl auf 300 Proben beschränkt; bei Mastschweinen lag die Prävalenz von *Salmonella* spp. unter 5 %, daher wurde auch in diesem Fall die Probenzahl auf 300 Proben beschränkt.

²⁶ Die Untersuchung auf MRSA erfolgte auf freiwilliger Basis von den Fleischproben, die im Rahmen dieses AMR-Monitorings zur Untersuchung auf β -Laktamase bildende *E. coli* im Einzelhandel gezogen wurden.

Die Durchführung der Beprobung im Einzelhandel erfolgte im Rahmen der Schwerpunktaktion SPA A-800-23. Laut Dfb müssen je 300 Proben von frischem Rind- und Schweinefleisch untersucht werden. Dabei ist darauf zu achten, dass keine Chargen von Fleisch doppelt beprobt werden. Da mit einem gewissen Prozentsatz an Proben zu rechnen war, die den Anforderungen laut Dfb nicht entsprechen (z.B. bzgl. Transporttemperatur oder Transportdauer), sollten pro Kategorie 350 Proben gezogen werden. Die Proben sind im Stichprobenplan auf die Bundesländer proportional nach Bevölkerungszahl inkl. touristischer Nächtigungen aufgeteilt worden. Kleineren Bundesländern wurde pro Probenkategorie zufällig ein Monat zugeordnet, in dem die Proben zu ziehen waren, in größeren Bundesländern wurde die Probenziehung auf zwei Monate je Lebensmittelkategorie aufgeteilt. Die Probenziehung erfolgte durch die Lebensmittelaufsichten der Länder.

Isolierung von Salmonellen aus Caecuminhalten

Salmonellen wurden nach der ISO 6579: 2017/Amd 1:2020 gewonnen.

Durchführung der antibiotischen Empfindlichkeitstestung

Die im Jahr 2023 eingesetzten antibiotischen Substanzen je Bakterienspezies sind in Tabelle 152 gelistet. Die einzelnen Bakterienspezies wurden gegenüber jenen Substanzen ausgetestet, zu denen MHK-Werte in der Tabelle 152 angeführt sind. Liegen bei Isolaten von Indikator-*E. coli* oder *Salmonella* die MHK-Werte für Cefotaxim, Ceftazidim oder Meropenem oberhalb des ECOFF, so werden diese Isolate zur Bestätigung der ESBL-, AmpC- oder CP-Bildung in einem zweiten Panel gegenüber weiteren antimikrobiellen Substanzen ausgetestet (in Tabelle 152 mit ‡ gekennzeichnet). Zur Bestätigung wird der Synergietest auf Basis der Höhe der Änderung der MHK gegenüber Cefotaxim und Cefotaxim+Clavulansäure sowie Ceftazidim und Ceftazidim+Clavulansäure bewertet. Eine ESBL-Bildung liegt vor, wenn eine mindestens 8-fache Verminderung der MHK bei Austestung des 3.-Generations-Cephalosporins kombiniert mit Clavulansäure verglichen mit der MHK gegenüber dem 3.-Generations-Cephalosporin ohne Clavulansäure gemessen wird. Die Bildung von AmpC oder Carbapenemase wird zusätzlich mittels phänotypischer bzw. genotypischer Methoden bestätigt. Werden im spezifischen ESBL-, AmpC- oder CP-Monitoring auf den verwendeten Selektivmedien *E. coli* identifiziert, werden alle der β -Laktamase-Bildung verdächtigen *E. coli*-Isolate nicht mehr auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet, sondern deren gesamtes Genom entsprechend den Vorgaben des EURL-AR sequenziert.

Tabelle 152: Ausgetestete antimikrobielle Substanzen und interpretative Kriterien für die MHK-Testung entsprechend den epidemiologischen Cut-Off (ECOFF)-Werten und den klinischen Grenzwerten (klinGW) nach EUCAST bzw. Dfb (EU) 2020/1729 und für MRSA und gemäß der Tabelle 3 (Technical specifications on harmonised monitoring and reporting of MRSA²⁷), 2023

Antimikrobielle Substanz	Abkürzung	<i>Salmonella</i> spp.		Kommensale <i>E. coli</i>		<i>C. jejuni</i> (<i>C. coli</i> *)		<i>Staphylococcus aureus</i>
		ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L
Amikacin	AMI	>4	>16	>8	>16	-	-	-
Ampicillin	AMP	>8	>8	>8	>8	-	-	-
Azithromycin	AZT	>16	-	>16	-	-	-	-
Cefepim‡	FEP‡	>0,125	>4	>0,125	>4	-	-	-
Cefotaxim	FOT	>0,5	>2	>0,25	>2	-	-	-
Cefotaxim + Clavulansäure‡	FOT/ CLA‡	-	-	-	-	-	-	-
Cefoxitin‡	FOX‡	>8	-	>8	-	-	-	>4
Ceftazidim	TAZ	>2	>4	>0,5	>4	-	-	-

²⁷ European Food Safety Authority; Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food. EFSA Journal 2012; 10(10):2897. [56 pp.] doi:10.2903/j.efsa.2012.2897

Antimikrobielle Substanz	<i>Salmonella</i> spp.			Kommensale <i>E. coli</i>		<i>C. jejuni</i> (<i>C. coli</i> *)		<i>Staphylococcus aureus</i>
	Abkürzung	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L
Ceftazidim + Clavulansäure‡	TAZ/ CLA‡	-	-	-	-	-	-	-
Chloramphenicol	CHL	>16	>8	>16	>8	>16	-	>16
Ciprofloxacin	CIP	>0,064	>0,064	>0,064	>0,5	>0,5	>0,5	>1
Clindamycin	CLIN	-	-	-	-	-	-	>0,25
Colistin	COL	>2 ^a	>2	>2	>2	-	-	-
Ertapenem‡	ETP‡	>0,064	>0,5	>0,064	>0,5	>0,5	-	-
Erythromycin	ERY	-	-	-	-	>4 (>8)	>4 (>8)	>1
Fusidinsäure	FUS	-	-	-	-	-	-	>0,5
Gentamicin	GEN	>2	>4	>2	>4	>2	-	>2
Imipenem‡	IMI‡	>1	>4	>0,5	>4	-	-	-
Kanamycin	KAN	-	-	-	-	-	-	>8
Linezolid	LIN	-	-	-	-	-	-	>4
Meropenem	MERO	>0,125	>8	>0,125	>8	-	-	-
Mupirozin	MUR	-	-	-	-	-	-	>1

Antimikrobielle Substanz	Abkürzung	<i>Salmonella</i> spp.		Kommensale <i>E. coli</i>		<i>C. jejuni</i> (<i>C. coli</i> *)		<i>Staphylococcus aureus</i>
		ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L	klinGW mg/L	ECOFF mg/L
Nalidixinsäure	NAL	>8	-	>8	-	-	-	-
Penicillin	PEN	-	-	-	-	-	-	>0,125
Rifampicin	RIF	-	-	-	-	-	-	>0,016
Streptomycin	STR	-	-	-	-	>4	-	>16
Sulfamethoxazol	SMX	>256 ^a	-	>64	-	-	-	>128
Synergid	SYN	-	-	-	-	-	-	>1
Temocillin	TEM	>16 ^a	-	>16	-	-	-	-
Tetracyclin	TET	>8	-	>8	-	>1 (>2)	>2	>1
Tiamulin	TIA	-	-	-	-	-	-	>2
Tigecyclin	TIG	>0,5 ^a	-	>0,5	>0,5	-	-	-
Trimethoprim	TMP	>2	>4	>2	>4	-	-	>2
Vancomycin	VAN	-	-	-	-	-	-	>2

* Wert nur angegeben, wenn unterschiedlich zu *C. jejuni*

- Dafür gibt es keinen Wert

^a entsprechend EFSA (European Food Safety Authority), Amore G, Beloeil P-A, Garcia Fierro R, Guerra B, Rizzi V and Stoicescu A-V, 2024. Manual for reporting 2023 antimicrobial resistance data under Directive 2003/99/EC and Commission Implementing Decision (EU) 2020/1729. EFSA supporting publication 2024:EN-8585. 41 pp. doi:10.2903/sp.efsa.2024.EN-8585; lt. DANMAP 2011 sollte der ECOFF für *S. Enteritidis* und *S. Dublin* >8 mg/L Colistin liegen

‡ Antimikrobielle Substanzen im 2. Panel enthalten

Ganzgenomsequenzierung, WGS (whole genome sequencing)

Alle identifizierten β -Laktamase bildenden *E. coli* Isolate wurden im NRL-AR Ganzgenomsequenziert (WGS). WGS der Isolate wurde auf einer Illumina MiSeq Plattform mittels Paired-end-Sequenzierungstechnologie durchgeführt und die Zusammenstellungen/Anordnungen der Genomfragmente wurden mittels SPA des Genome Assembler generiert. Die Bestimmung der relevanten Antibiotikaresistenzgene bzw. Genmutationen erfolgte über eine in-house Pipeline mit lokal installierter Center for Genomic Epidemiology (CGE, Dänemark) ResFinder Software v. 4.4.2 (2023-11-27) und ResFinder v. 2.2.1 (2023-10-27) bzw. Pointfinder v. 4.0.1 (2023-11-02) Database. Die vorliegenden Ergebnisse betreffend β -Laktamase-Gene werden beschrieben.

Berichtslegung

Die qualitative Bewertung der Ergebnisse erfolgte nach einem von der EFSA publizierten Bewertungsschema. Danach wurde der Grad des Auftretens von mikrobiologischen Resistenzen für alle antimikrobiellen Substanzen in folgende Kategorien eingeteilt:

Selten:	<0,1 %
Sehr gering:	0,1 % bis 1 %
Gering:	>1 % bis 10 %
Mäßig:	>10 % bis 20 %
Hoch:	>20 % bis 50 %
Sehr hoch:	>50 % bis 70%
Extrem hoch:	>70 %

Zeigen Isolate gegenüber allen ausgetesteten antimikrobiellen Substanzen keine mikrobiologischen Resistenzen, werden sie als voll empfindlich bezeichnet. Werden mikrobiologische Resistenzen gegenüber 3 oder mehreren Antibiotikaklassen gefunden, werden diese Isolate als multiresistent klassifiziert.

Die Sammlung der Daten und deren Evaluierung erfolgte ebenso wie die Erstellung dieses Berichts durch die Abteilung Statistik und analytische Epidemiologie (STA) des DSR der AGES.

Ergebnisse

Die Ergebnisse werden nach den Bakterienspezies *C. jejuni/coli*, *Salmonella* spp., kommensale *E. coli*, β -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum, CP bildende *E. coli* und MRSA gegliedert beschrieben.

***Campylobacter* spp.**

C. jejuni/coli weisen einen weiten Wirtsbereich auf und können den Gastrointestinaltrakt der meisten Nutztiere sowie anderer Tiere besiedeln, meist ohne klinische Symptome auszulösen [7]. Infizierte Nutztierbestände, in erster Linie Geflügelbetriebe, stellen ein Erregerreservoir, Hühnerschlachtkörper und Rohmilch(-produkte) die bedeutendsten Infektionsvehikel für lebensmittelbedingte Infektionen beim Menschen dar [8,9]. In Österreich war die Campylobacteriose auch im Jahr 2023 mit 6.271 Fällen (epidemiologisches Meldesystem (EMS)/nationales Referenzlabor für *Campylobacter* (NRL C), Stand 28.02.2024) bestätigten Fällen beim Menschen die häufigste gemeldete bakterielle Durchfallerkrankung. Von 2.147 spezifizierten Isolaten machten 88,1 % *C. jejuni* und 11,3 % *C. coli* aus [10].

Den Vorgaben des Dfb (EU) 2020/1729 folgend wurden im Jahr 2023 Caecuminalhalte von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr auf thermotolerante *Campylobacter* untersucht und die gewonnenen Isolate der Empfindlichkeitstestung gegenüber Chloramphenicol, Ciprofloxacin, Ertapenem, Erythromycin, Gentamicin und Tetracyclin unterzogen. Caeca von 184 Mastschweinen und 273 Rindern kamen zur Untersuchung.

Prävalenz von *Campylobacter* spp. bei Mastschweinen

Aus 180 Caecuminalhalten (97,8 %; KI 95 % [89,9-96,4]) wurde *Campylobacter* isoliert, die Speziesdifferenzierung ergab für alle Isolate *C. coli*, in einer Probe wurde zusätzlich ein Isolat *C. jejuni* identifiziert.

Prävalenz von *Campylobacter* spp. bei Rindern <1 Jahr

In Inhalten von 107 Rindercaeca wurde *Campylobacter* gefunden (39,2 %), in 105 Proben (38,5 %) *C. jejuni*, in 6 Proben (2,2 %) *C. coli* (in 4 Proben beide Spezies identifiziert).

Antibiotika-Resistenzen bei *Campylobacter*

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Empfindlichkeitstestungen von aus Darminhalten von Mastschweinen gewonnenen *C. coli* und von Rindern <1 Jahr gewonnenen *C. jejuni* beschrieben.

Ergebnisse bei den Isolaten von Mastschweinen

180 *C. coli*-Isolate von Mastschweinen wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet. Auf das einzige *C. jejuni*-Isolat wird nicht näher eingegangen.

Empfindliche *C. coli*-Isolate und Resistenzen gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen

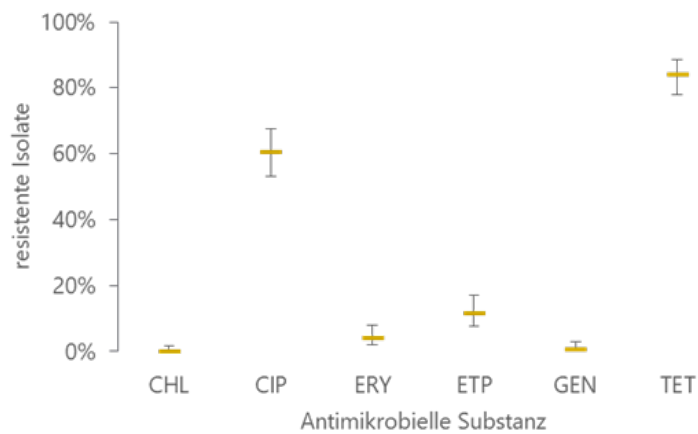
Nur 10 Isolate (5,6 %; KI 95 % [3,1-9,9]) erwiesen sich vollständig empfindlich gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen. Extrem hohe Resistenzanteile wurden gegenüber Tetracyclin gefunden (151 Isolate; 83,9 %), sehr hohe Anteile gegenüber Ciprofloxacin (109 Isolate; 60,6 %). 7 Isolate (3,9 %) zeigten Resistenzen gegenüber Erythromycin, 20 Isolate gegenüber Ertapenem (11,1 %). Eines dieser Isolate zeigte neben Resistenzen gegenüber Erythromycin gleichzeitig Resistenzen gegenüber Gentamicin (sowie Ciprofloxacin und Tetracyclin). 6 Isolate mit Resistenzen gegenüber Erythromycin zeigten eine MHK >512, diese Resistenzen waren jedoch nicht auf das *ermB* Gen zurückzuführen. Gegenüber Chloramphenicol wurden keine Resistenzen festgestellt (Abbildung 152). 12 Isolate (6,7 %; KI 95 % [3,9-11,3]) erwiesen sich als multiresistent. Die MHK-Verteilungen der untersuchten *C. coli*-Isolate ist in Abbildung 151 dargestellt.

Abbildung 151: MHK-Verteilung bei *C. coli*-Isolaten aus den Caeca von Mastschweinen, 2023

Untersuchte Tierart: Mastschwein			Anzahl getesteter Isolate: 180															
Bakterienspezies: <i>Campylobacter coli</i>			Konzentration antimikrobieller Substanz (mg/l)															
AB	% res	KI 95	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024
CHL	0,0	[0,0-1,6]							5,0	36,7	51,7	6,7						
CIP	60,6	[53,3-67,4]			20,0	17,8	1,7			1,1	22,2	31,7	4,4	1,1				
ERY	3,9	[1,9-7,8]						25,0	36,7	31,7	2,8			0,6				3,3
ETP	11,1	[7,3-16,6]			33,9	38,3	16,7	10,0	1,1									
GEN	0,6	[0,1-3,0]			29,4	61,7	8,3						0,6					
TET	83,9	[77,8-88,5]					12,2	3,3	0,6	0,6	1,1	3,3	1,1	6,1	71,7			

Grün = MHK-Bereich der Wildtypen, orange = MHK-Bereich der mikrobiologisch resistenten Isolate

Abbildung 152: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei *C. coli*-Isolaten von Mastschweinen (n=180), 2023

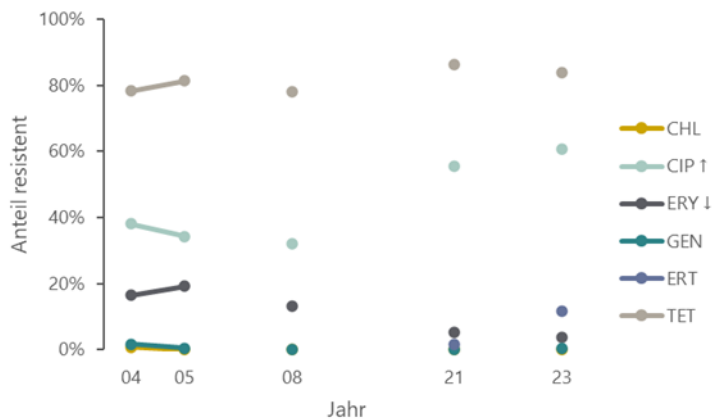


Zeitliche Entwicklung der Resistenzsituation, gemessen in den Jahren 2004, 2005, 2008, 2021 und 2023

Die Resistenzentwicklung von *C. coli* zeigt gegenüber Ciprofloxacin – nach Abnahme der Resistenzanteile in den ersten Jahren von 38 % auf 32 % – über den Beobachtungszeitraum hinweg einen signifikanten Anstieg auf 61 %, gegenüber Erythromycin eine signifikante Abnahme an Resistenzen von 19 % (in 2004) auf 4 %, bei den übrigen Substanzen können keine Tendenzen abgelesen werden.

Insbesondere gegenüber Tetracyclin liegen die Resistenzanteile in allen Jahren, in denen *C. coli*-Isolate von Mastschweinen ausgetestet wurden, extrem hoch zwischen 78 % und 86 % (Abbildung 153).

Abbildung 153: Entwicklung der mikrobiologischen Resistenzen bei *C. coli* von Mastschweinen, 2004, 2005, 2008, 2021 und 2023



Der Anteil an empfindlichen Isolaten gegenüber den 5 ausgetesteten Antibiotika verringerte sich von 14 % im Jahr 2004 auf 6 % im Jahr 2023, der Anteil an Multiresistenzen blieb niedrig bei 7 %.

Ergebnisse bei den Isolaten von Rindern <1 Jahr

104 *C. jejuni*- und 6 *C. coli*-Isolate von Rindern wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ausgetestet. Auf die Ergebnisse der 6 *C. coli*-Isolate wird nicht näher eingegangen.

Empfindliche Isolate und Resistenzen gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen bei *C. jejuni*

36 Isolate (34,6 %; KI 95 % [26,2-44,2]) erwiesen sich vollständig empfindlich gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen. Sehr hohe Resistenzanteile wurden gegenüber Ciprofloxacin gefunden (60 Isolate; 57,7 %), hohe Anteile gegenüber Tetracyclin (46 Isolate; 44,2 %), 5 Isolate (3,9 %) zeigten Resistenzen gegenüber Ertapenem (4,8 %). Gegenüber Erythromycin, Chloramphenicol und Gentamicin wurden keine Resistenzen festgestellt (Abbildung 155). 4 Isolate (3,8 %; KI 95 % [1,6–9,5]) erwiesen sich als

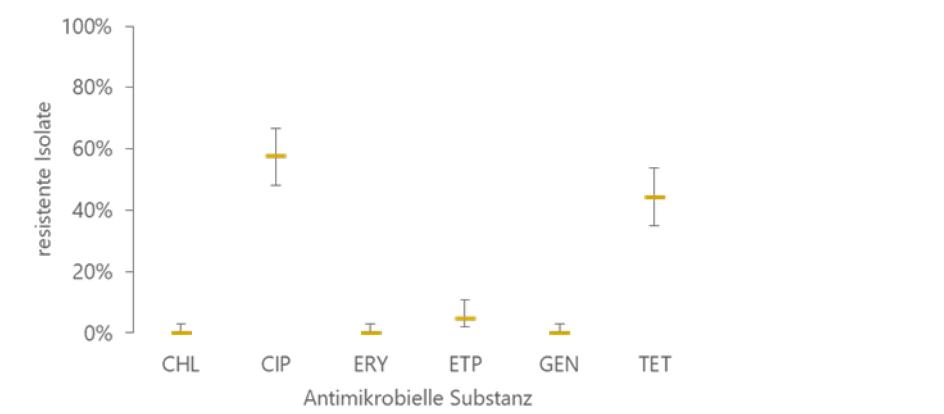
multiresistent. Die MHK-Verteilungen der untersuchten *C. jejuni*-Isolate sind in Abbildung 154 dargestellt.

Abbildung 154: MHK-Verteilung bei *C. jejuni*-Isolaten aus den Caeca-Inhalten von Rindern <1 Jahr, 2023

Untersuchte Tierart: Rinder < 1 Jahr										Anzahl getesteter Isolate: 104								
Bakterienspezies: <i>Campylobacter jejuni</i>																		
Konzentration antimikrobieller Substanz (mg/l)																		
AB	% res	KI 95	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024
CHL	0,0	[0,0-2,8]							59,6	33,7	3,8	2,9						
CIP	57,7	[48,1-66,8]			38,5	3,8			1,9	26,9	21,2	4,8	2,9					
ERY	0,0	[0,0-2,8]						66,3	26,0	7,7								
ETP	4,8	[2,1-10,8]			61,5	23,1	10,6	3,8			1,0							
GEN	0,0	[0,0-2,8]				99,0	1,0											
TET	44,2	[35,0-53,8]					54,8	1,0			2,9	5,8	2,9	32,7				

Grün = MHK-Bereich der Wildtypen, orange = MHK-Bereich der mikrobiologisch resistenten Isolate

Abbildung 155: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei *C. jejuni* von Rindern <1 Jahr (n=104), 2023



Da im Jahr 2023 *Campylobacter* von Rindern <1 Jahr das erste Mal analysiert wurden, können keine Aussagen zur zeitlichen Entwicklung gemacht werden.

Salmonella spp.

Im Jahr 2023 wurden 1.278 Fälle an Salmonellose beim Menschen an das EMS (Stand 28.02.2024) gemeldet. Damit stellen Salmonellen hinter *Campylobacter* die zweithäufigste

Ursache für bakterielle Lebensmittelinfektionen dar. Die Ansteckung erfolgt hauptsächlich durch Salmonellen-haltige Lebensmittel, in erster Linie Eier und Eiprodukte, Geflügel, Fleisch und Milcherzeugnisse sowie Speiseeis (es gibt aber kaum ein Lebensmittel, in dem nicht schon Salmonellen festgestellt wurden). Mit dem BdK (EU) 2020/1729 müssen Caecumproben von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr auf Salmonellen untersucht werden. Die Ergebnisse der Analysen bei Mastschweinen und Rindern <1 Jahr sind in diesem Kapitel dargestellt.

Prävalenz von *Salmonella* spp. bei Mastschweinen

296 Darminhalts-Proben wurden auf *Salmonella* spp. untersucht. In 8 Proben (2,7 %) wurden Salmonellen nachgewiesen: *S. Derby* (3 x), *S. Typhimurium* (2 x, davon einmal monophasische Variante) und je einmal *S. Mbandaka*, *S. Rissen* und *S. Yoruba*.

Antibiotika-Resistenzen bei *Salmonella* spp. von Mastschweinen

S. Typhimurium und *S. Mbandaka* zeigten keine Resistenzen, alle anderen Serovare waren resistent gegenüber Sulfonamiden und Tetracyclin (*S. Derby* nur gegenüber diesen beiden Substanzen), alle weiteren Isolate zusätzlich gegenüber Ampicillin (*S. Typhimurium* monophasisch; gegenüber 3 AB-Klassen) sowie zusätzlich gegenüber Trimethoprim (*S. Yoruba*; gegenüber 4 AB-Klassen) und *S. Rissen* noch gegenüber Chloramphenicol.

Prävalenz von *Salmonella* spp. bei Rindern <1 Jahr

265 Darminhalts-Proben wurden auf *Salmonella* spp. untersucht. In 4 Proben (1,5 %) wurden Salmonellen nachgewiesen: zweimal *S. Dublin* und zweimal *S. Typhimurium*.

Antibiotika-Resistenzen bei *Salmonella* spp. von Rindern <1 Jahr

Bei den Salmonellen von Rindern <1 Jahr wurden gegenüber keiner der ausgetesteten Antibiotika Resistenzen gefunden.

Indikator-*E. coli*

Kommensale *E. coli* wurden als repräsentative Indikatoren für die Resistenzentwicklung bei gramnegativen Bakterien ausgewählt, da sie bei allen Tieren im Darm vorkommen, für die Humanmedizin von Relevanz sein können und konjugative Plasmide mit

Resistenzgenen aufnehmen können, welche zwischen enteralen Bakterien untereinander ausgetauscht werden können. Resistente kommensale *E. coli* bilden im Darminhalt von lebensmittelliefernden Tieren ein Reservoir an Resistenzgenen, die horizontal auf zoonotische und andere Bakterien übergehen können. Daher liefert die Überwachung der Resistenz bei Indikator-*E. coli*, die von randomisiert ausgewählten gesunden Tieren, Tierkörpern oder Fleisch isoliert wurden und eine repräsentative Stichprobe der gesamten Population darstellen, unverzichtbare Daten zur Resistenzsituation in der jeweilig geprüften Population. Die Ermittlung von Resistenzen gegenüber Antibiotika bei Indikator-*E. coli* kann dazu beitragen, Zusammenhänge zwischen dem Auftreten von Resistenzen, dem Selektionsdruck und den Auswirkungen auf die intestinale Bakterienpopulation durch Anwendung von Antibiotika aufzuzeigen. Der DfB (EU) 2020/1729 sieht die Resistenztestung von Indikator-*E. coli* aus einer repräsentativen Stichprobe der dort bestimmten Tierpopulationen verpflichtend vor.

In diesem Kapitel sind die Ergebnisse der Resistenzprüfungen bei Indikator-*E. coli*-Isolaten des Jahres 2023 und die Entwicklung der Resistenzen auf Basis der ECOFFs dargelegt. Ein Vergleich mit den Daten aus der Humanmedizin (beschrieben in vorhergehenden Kapiteln des AURES 2023) ist jedoch nur sehr begrenzt zulässig, da (I) es sich bei Indikator-*E. coli* um Isolate handelt, die von gesunden, geschlachteten Tieren gewonnen wurden, im Humanbereich jedoch pathogene *E. coli* von Patient:innen isoliert wurden und (II) zur Bewertung der mikrobiellen Resistenzen im Rahmen des AMR-Monitorings bei Tieren die ECOFFs, bei den PatientInnenisolaten jedoch klinische Grenzwerte angewendet werden (z. B. ECOFF Ciprofloxacin >0,064 mg Ciprofloxacin/L; klinischer Grenzwert >0,5 mg Ciprofloxacin/L, Tabelle 152).

Antibiotika-Resistenzen bei kommensalen Indikator *E. coli*, 2023

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Empfindlichkeitstestungen der aus Blinddarminhalten von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr gewonnenen *E. coli* gegenüber den 15 ausgewählten Substanzen beschrieben.

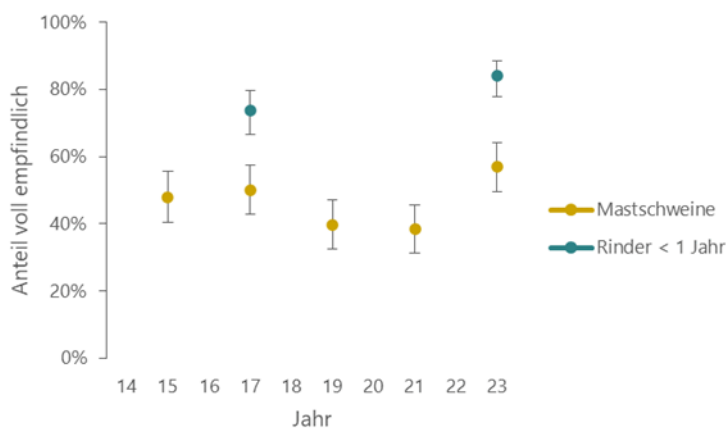
Ergebnisse bei Isolaten von Mastschweinen

Von 172 Mastschweinen wurde je ein Isolat eines kommensalen *E. coli* auf seine Empfindlichkeit gegenüber den ausgewählten Antibiotika untersucht.

Empfindliche Isolate gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika

Von den Mastschweinen erwiesen sich 98 Isolate (57,0 %; KI 95 % [49,0-64,2]) als voll empfindlich. Abbildung 156 stellt die Anteile voll empfindlicher Isolate von Indikator-*E. coli* aus Mastschweinen und Rindern <1 Jahr in den bisher durchgeführten Untersuchungen dar. Der Anteil an voll empfindlichen Indikator-*E. coli*-Isolaten von Mastschweinen verringerte sich seit 2017 von 50 % auf 38 % im Jahr 2021, stieg jedoch 2023 auf 56 % an.

Abbildung 156: Anteile voll empfindlicher Indikator-*E. coli*-Isolate aus Darminhalten von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr, 2015–2023



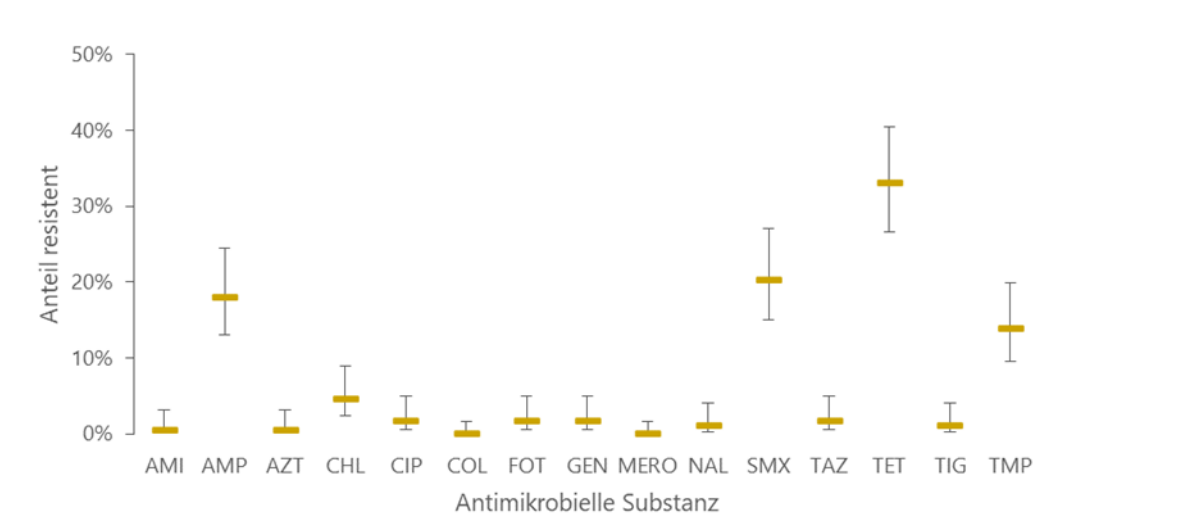
Ermittelte Resistenzen

Resistenzen wurden gegenüber Tetracyclin (57 Isolate; 33,1 %), Sulfonamiden (35 Isolate; 20,4 %), Ampicillin (31 Isolate; 18,0 %), Trimethoprim (24 Isolate; 14,0 %), Chloramphenicol (8 Isolate; 4,7 %), Ciprofloxacin, Gentamicin, Cefotaxim und Ceftazidim (jeweils 3 Isolate; 1,7 %), Nalidixinsäure und Tigecyclin (jeweils 2 Isolate; 1,2 %) sowie Azithromycin und Amikazin (jeweils 1 Isolat, 0,6 %) gefunden. Resistenzen gegenüber Colistin und Meropenem wurden nicht gefunden (Abbildung 157). Die 3 Isolate, die gegenüber beiden 3.-Generations-Cephalosporinen Resistenzen zeigten, wurden im 2. Panel ausgetestet und wurden als ESBL bildende *E. coli* bestätigt. 29 Isolate (16,9 %; KI 95 % [12,0-23,2]) erwiesen sich als multiresistent.

Abbildung 157: MHK-Verteilung bei Indikator-*E. coli*-Isolaten aus den Caeca-Inhalten von Mastschweinen, 2023

Untersuchte Tierart: Mastschwein											Anzahl getesteter Isolate: 172												
Bakterienspezies: E. coli																							
Konzentration antimikrobieller Substanz (mg/l)																							
AB	% res	KI 95	0,007	0,015	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024	2048	>2048	
AMI	0,6	[0,1-3,2]										95,9	3,5	0,6									
AMP	18,0	[13,0-24,5]								12,8	57,0	12,2	0,6			17,4							
AZT	0,6	[0,1-3,2]									9,9	53,5	35,5	0,6				0,6					
CHL	4,7	[2,4-8,9]											90,1	5,2	1,2	1,2	2,3						
CIP	1,7	[0,6-5,0]	83,1	13,4	1,7		0,6	1,2															
COL	0,0	[0,0-1,7]								98,3	1,7												
FOT	2,3	[0,9-5,8]						97,7	0,6				1,7										
GEN	1,7	[0,6-5,0]						67,4	27,9	2,9	0,6			0,6	0,6								
MERO	0,0	[0,0-1,7]		96,5	3,5																		
NAL	1,2	[0,4-4,1]										97,1	1,7	0,6			0,6						
SMX	20,3	[15,0-27,0]											22,1	27,9	21,5	8,1				20,3			
TAZ	1,7	[0,6-5,0]					84,3	14,0	0,6	0,6	0,6												
TET	33,1	[26,5-40,5]									45,9	19,8	1,2	0,6	0,6	32,0							
TIG	1,2	[0,4-4,1]						87,2	11,6	1,2													
TMP	14,0	[9,6-19,9]						29,1	49,4	7,0	0,6				14,0								

Abbildung 158: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei Indikator-*E. coli*-Isolaten aus Darminhalten von Mastschweinen (n=172), 2023



Zeitliche Entwicklung der Resistenzsituation

Die Resistenzanteile der Mastschwein-Isolate haben sich seit 2015 gegenüber keiner der ausgetesteten Substanzen signifikant verändert (alle p-Wert >0,05) (Abbildung 159 und Tabelle 153).

Tabelle 153: Anteile mikrobiologischer Resistenzen mit 95 %-Konfidenzintervall bei Indikator-*E. coli*-Isolaten von Mastschweinen, 2015, 2017, 2019, 2021 und 2023

		2015	2017	2019	2021	2023
AMI²⁸	% res ²⁹	-	-	-	0,6	5,8
	KI 95 ³⁰	-	-	-	[0,1-3,1]	[0,1-3,2]
AMP	% res	12,9	20	24,1	21,1	18,0
	KI 95	[8,6-18,9]	[14,8-26,5]	[18,4-31,0]	[15,8-27,8]	[13,0-24,5]
AZT	% res	0	0,6	0,6	1,7	0,6
	KI 95	[0,0-1,8]	[0,1-3,0]	[0,1-3,1]	[0,6-4,9]	[0,1-3,2]
CHL	% res	3,7	3,3	6,9	4,0	4,7
	KI 95	[1,7-7,8]	[1,6-7,1]	[4,0-11,7]	[2,0-8,0]	[2,4-8,9]
CIP	% res	4,9	3,9	2,3	6,3	1,7
	KI 95	[2,5-9,4]	[1,9-7,8]	[0,9-5,7]	[3,6-10,9]	[0,6-5,0]
COL	% res	0,6	0	0,0	0,0	0,0
	KI 95	[0,1-3,4]	[0,0-1,6]	[0,0-1,7]	[0,0-1,7]	[0,0-1,7]
FOT	% res	2,5	1,7	1,1	1,1	1,7
	KI 95	[1,0-6,1]	[0,6-4,8]	[0,4-4,1]	[0,4-4,0]	[0,6-5,0]
GEN	% res	2,5	1,7	2,3	0,0	1,7
	KI 95	[1,0-6,1]	[0,6-4,8]	[0,9-5,7]	[0,0-1,7]	[0,6-5,0]
MERO	% res	0	0	0,0	0,0	0,0
	KI 95	[0,0-1,8]	[0,0-1,6]	[0,0-1,7]	[0,0-1,7]	[0,0-1,7]
NAL	% res	3,1	2,8	0,6	4,6	1,2
	KI 95	[1,4-7,0]	[1,2-6,3]	[0,1-3,1]	[2,4-8,8]	[0,4-4,1]
SMX	% res	22,7	24,4	29,9	22,3	20,3
	KI 95	[16,9-29,7]	[18,7-31,2]	[23,6-37,1]	[16,8-29,0]	[15,0-27,0]

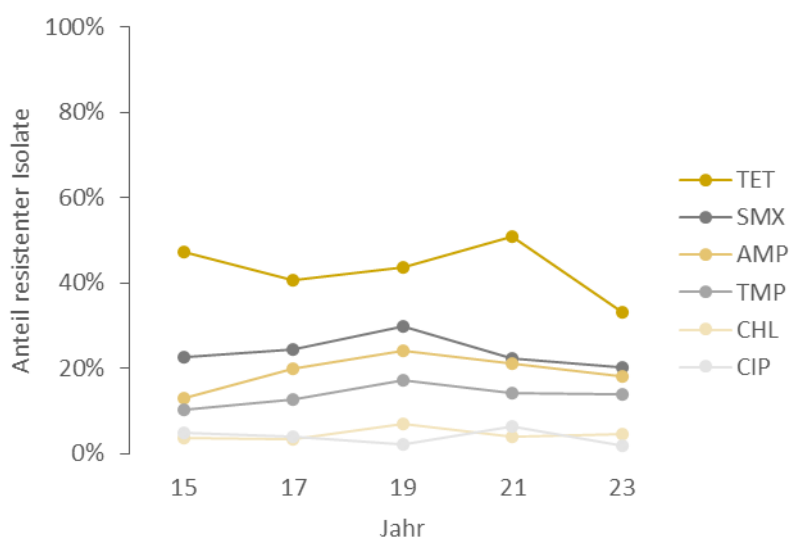
²⁸ Amikazin wird erst seit 2021 verpflichtend ausgetestet

²⁹ % res = Anteil mikrobiologisch resistent

³⁰ KI 95 = 95 % Konfidenzintervall

		2015	2017	2019	2021	2023
TAZ	% res	1,8	1,7	1,1	1,1	1,7
	KI 95	[0,7-5,3]	[0,6-4,8]	[0,4-4,1]	[0,4-4,0]	[0,6-5,0]
TET	% res	47,2	40,6	43,7	50,9	33,1
	KI 95	[39,7-54,9]	[33,6-47,9]	[36,5-51,1]	[43,5-58,2]	[26,5-40,5]
TIG	% res	0	0	0,0	0,0	1,2
	KI 95	[0,0-1,8]	[0,0-1,6]	[0,0-1,7]	[0,0-1,7]	[0,4-4,1]
TMP	% res	10,4	12,8	17,2	14,3	14,0
	KI 95	[6,6-16,1]	[8,7-18,5]	[12,4-23,6]	[9,9-20,3]	[9,6-19,9]

Abbildung 159: Anteile mikrobiologischer Resistenzen gegenüber ausgetesteten Substanzen mit Resistenzen >5 % bei Indikator-*E. coli*-Isolaten von Mastschweinen, 2015, 2017, 2019, 2021 und 2023



Der Anteil an multiresistenten Isolaten ist bei Mastschweinen seit 2015 ähnlich geblieben (zwischen 14 % und 20 %).

Ergebnisse bei den Isolaten von Rindern <1 Jahr

Von 181 Rindern wurde je ein Isolat eines kommensalen *E. coli* auf seine Empfindlichkeit gegenüber den ausgewählten Antibiotika untersucht.

Empfindliche Isolate gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika

Von den Rindern <1 Jahr erwiesen sich 152 Isolate (84,0 %; KI 95 % [77,9-88,6]) vollständig empfindlich (Abbildung 156). Der Anteil an voll empfindlichen Isolaten lag damit deutlich über jenem der letzten Untersuchung im Jahr 2017 (73,5 %).

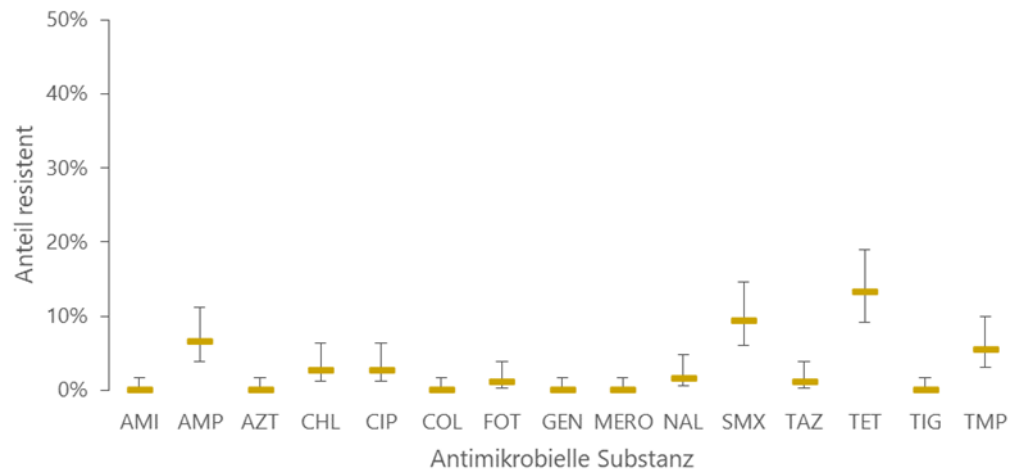
Ermittelte Resistenzen

Resistenzen wurden gegenüber Tetracyclin (24 Isolate; 13,3 %), Sulfonamiden (17 Isolate; 9,4 %), Ampicillin (12 Isolate; 6,6 %), und Trimethoprim (10 Isolate; 5,5 %) beobachtet. Gegenüber Amikazin, Azithromycin, Colistin, Gentamicin, Meropenem und Tigecyclin wurden keine Resistenzen festgestellt. Unter 3 % lagen die Resistenzanteile gegenüber den übrigen Wirkstoffen. 2 Isolate, die gegenüber beiden 3.-Generations-Cephalosporinen Resistenzen zeigten, wurden im 2. Panel ausgetestet und wurden einmal als ESBL, einmal als AmpC bildender *E. coli* bestätigt. Die MHK-Verteilungen der untersuchten Isolate sind in Abbildung 160, die Resistenzanteile in Abbildung 161 dargestellt. 12 Isolate (6,6 %; KI 95 % [3,9-11,2]) erwiesen sich als multiresistent.

Abbildung 160: MHK-Verteilung bei Indikator-*E. coli*-Isolaten aus den Caeca-Inhalten von Rindern <1 Jahr, 2023

Untersuchte Tierart: Rinder < 1 Jahr											Anzahl getesteter Isolate: 181																				
Bakterienspezies: E. coli																															
Konzentration antimikrobieller Substanz (mg/l)																															
AB	% res	KI 95	0,007	0,015	0,03	0,06	0,12	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024	2048	>2048									
AMI	0,0	[0,0-1,6]												94,5	5,5																
AMP	6,6	[3,9-11,2]												15,5	65,2	12,7	0,6						6,1								
AZT	0,0	[0,0-1,6]												8,8	43,1	47,5	0,6														
CHL	2,8	[1,2-6,3]																95,0	2,2						2,8						
CIP	2,8	[1,2-6,3]			86,2	11,0			0,6	0,6	1,1												0,6								
COL	0,0	[0,0-1,6]												98,3	1,7																
FOT	1,1	[0,3-3,9]												98,9			0,6					0,6									
GEN	0,0	[0,0-1,6]														69,1	28,2	2,8													
MERO	0,0	[0,0-1,6]			98,3	1,7																									
NAL	1,7	[0,6-4,7]														97,2	1,1	0,6			0,6	0,6				0,6					
SMX	9,4	[6,0-14,5]																27,6	34,8	23,8	4,4						9,4				
TAZ	1,1	[0,3-3,9]														84,5	14,4			1,1											
TET	13,3	[9,1-19,0]														64,1	22,7			0,6	12,7										
TIG	0,0	[0,0-1,6]												94,5	5,5																
TMP	5,5	[3,1-9,9]												59,1	33,7	1,7							5,5								

Abbildung 161: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei Indikator-*E. coli*-Isolaten aus Darminhalten von Rindern <1 Jahr (n=181), 2023



Da Rinder <1 Jahr bisher im Rahmen des AMR-Monitorings nur 2017 und 2023 untersucht wurden, können keine zeitlichen Tendenzen im Resistenzverhalten ausgewertet werden.

ESBL, AmpC oder CP bildende *E. coli*

Enterobakterien können über verschiedene Mechanismen Resistenzen gegenüber Cephalosporinen mit erweitertem Spektrum ausbilden, am häufigsten durch die Produktion von β -Laktamasen. ESBL und AmpC- β -Laktamasen sind Enzyme, die β -Laktam-Antibiotika mit erweitertem Spektrum hydrolysieren. Bakterien, die diese β -Laktamasen mit erweitertem Spektrum bilden, sind meistens gegenüber vielen oder allen 3.-Generations-Cephalosporinen resistent. 3.-Generations-Cephalosporine gehören lt. WHO-Definition zu den kritischen Antibiotika höchster Priorität, den sogenannten „Highest Priority Critically Important Antibiotics“ (HPCIA), antibiotischen Wirkstoffen zur Behandlung von systemischen oder invasiven gramnegativen Infektionen beim Menschen [11,12]. Das Vorkommen von ESBLs und erworbenen AmpC- β -Laktamasen sowie Carbapenemasen bei gramnegativen Bakterien wird als Problem für die öffentliche Gesundheit betrachtet, daher sieht der Dfb (EU) 2020/1729 das Monitoring von ESBL, AmpC- β -Laktamase und CP bildenden *E. coli* bei bestimmten lebensmittelliefernden Tieren und Fleisch davon verpflichtend vor [13].

Prävalenz von β -Laktamase bildenden *E. coli* in Caecumproben von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr sowie frischen Schweine- und Rindfleischproben, 2023

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von isolierten β -Laktamase bildenden *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum nach Ausstreichen der Voranreicherung auf MacConkey-Agar, der mit 1 mg/L Cefotaxim versetzt wurde, beschrieben.

Die Bestätigung der β -Laktamase bildenden *E. coli* und die Bestimmung der entsprechenden Resistenzgene erfolgte mittels Ganzgenomsequenzierung. β -Laktamase bildende *E. coli* wurden in 194 der 297 und in 77 von 276 analysierten Proben von Caecuminhalten von Schweinen (65,3 % KI 95 % [59,7-70,6]) und Rindern <1 Jahr (27,9 % KI 95 % [22,9-33,5]) sowie in 15 von 321 Schweinefleischproben (4,7 % KI 95 % [2,8-7,6]) und 8 von 317 Rindfleischproben (2,5 % KI 95 % [1,3-4,9]) nachgewiesen (Tabelle 155).

Ergebnisse der Bestimmung von ESBL oder AmpC bildenden *E. coli* und der Typisierungen der Resistenzgene

Bei den Mastschweinen ergab die Differenzierung der Resistenzgene 181 Proben (60,9 %) mit ESBL, 12 Proben (4,0 %) mit AmpC und eine Probe (0,3%) mit ESBL+AmpC bildenden *E. coli*.

In 14 Schweinefleischproben (4,4 %) wurden ESBL- und in einer Probe (0,3 %) AmpC-Bildner gefunden. Bei Rindern <1 Jahr wurden in 66 Proben (23,9 %) ESBL und in 11 Proben (4,0 %) AmpC bildende *E. coli* identifiziert. In 8 Rindfleischproben (2,5 %) wurden ESBL bildende *E. coli* nachgewiesen.

Die Ergebnisse der identifizierten β -Laktamase bildenden *E. coli*-Resistenzgene und deren Kombinationen ist in Tabelle 154 dargestellt. In 256 von 294 β -Laktamase bildenden *E. coli*-Isolaten (87,1 %) und somit am häufigsten wurden die *bla*_{CTX-M}-Gene identifiziert, davon *bla*_{CTX-M-1} in 205 Proben (69,7 %). Bei einigen Isolaten von Schweinen wurden *bla*_{SHV}; *bla*_{TEM52} oder *bla*_{CMY1} Gene nachgewiesen.

Tabelle 154: β -Laktamase-Resistenzgene bei den Isolaten aus Caecuminhalten von Schwein und Rind sowie Schweinefleisch und Rindfleisch, 2023

β -Laktamase Gen/e	Mastschweine	Rinder <1 Jahr	Schweinefleisch	Rindfleisch
<i>bla</i> _{CTX-M-1}	153	29	13	5

β-Laktamase Gen/e	Mastschweine	Rinder <1 Jahr	Schweinefleisch	Rindfleisch
<i>bla</i> _{CTX-M-1} + <i>bla</i> _{CTX-M-14}	1	-	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-1} + <i>bla</i> _{OXA-1}	1	2	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-3}	1	4	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-3} + <i>bla</i> _{OXA-1}	-	1	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-14}	3	1	1	-
<i>bla</i> _{CTX-M-14} + <i>bla</i> _{CTX-M-55}	-	1	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-14} + <i>bla</i> _{OXA-1}	-	1	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-15}	2	13	-	1
<i>bla</i> _{CTX-M-15} + <i>bla</i> _{CTX-M-55}	-	1	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-15} + <i>bla</i> _{OXA-1}	2	-	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-3}			-	1
<i>bla</i> _{CTX-M-32}	-	6	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-55}	2	4	-	1
<i>bla</i> _{CTX-M-65}	1	3	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-65} + <i>bla</i> _{OXA-1}	1	-	-	-
<i>bla</i> _{SHV-12}	3	-	-	-
<i>bla</i> _{TEM-52B}	6	-	-	-
<i>bla</i> _{TEM-52C}	5	-	-	-
<i>bla</i> _{CTX-M-1} + <i>bla</i> _{DHA-1}	1	-	-	-
<i>bla</i> _{CMY-2}	4	-	-	-
ampC-promoter (n.-42C>T)	7	11	1	-
ampC-promoter (n.-32T>A)	1	-	-	-
Gesamtzahl der Isolate	194	77	15	8

Anteile an β-Laktamase bildenden *E. coli* seit 2015

Der Anteil an Mastschweinen mit β-Laktamase bildenden *E. coli* in den Darminhalten hat sich seit dem Beginn der Untersuchungen im Jahr 2015 signifikant von 53 % auf 65 % erhöht. Auch bei den Rindern <1 Jahr ist der Anteil gestiegen, obwohl keine Tendenz abgeleitet werden kann, da Ergebnisse nur von zwei Jahren vorliegen. In den untersuchten

Fleischproben beider Tierarten werden diese resistenten Keime nur in geringem Ausmaß gefunden, weniger häufig bei Rindfleisch als bei Schweinefleisch. Bei Schweinefleisch kann 2023 eine Halbierung des Anteils an positiven Proben im Vergleich zum Mittelwert der Vorjahre (Mittelwert 9,4 %) beobachtet werden (Tabelle 155).

Tabelle 155: Prävalenzen β -Laktamase bildender *E. coli* mit 95 % Konfidenzintervall gewonnen aus Caeca-Inhalten von Mastschweinen (2015, 2017, 2019, 2021 und 2023) und Rindern <1 Jahr (2017 und 2023) sowie aus Schweine- und Rindfleisch (2015, 2017, 2019, 2021 und 2023)

		Mastschweine	Schweinefleisch	Rinder <1 Jahr	Rindfleisch
2015	% res ³¹	52,5 %	8,5 %	-	3 %
	KI 95 ³²	[46,6-58,3]	[5,5-12,9]	-	[1,4-6,1]
2017	% res	62,2 %	10,4 %	22,40 %	1,7 %
	KI 95	[56,4-67,6]	[7,4-14,3]	[18,1-27,5]	[0,7-3,9]
2019	% res	61,3 %	9,7 %	-	1,2 %
	KI 97	[55,8-66,6]	[6,9-13,6]	-	[0,4-3]
2021	% res	62,8 %	8,5 %	-	3,3 %
	KI 95	[57,1-68,1]	[5,9-12,1]	-	[1,8-5,8]
2023	% res	65,3 %	4,7 %	27,9 %	2,5 %
	KI 95	[59,7-70,6]	[2,8-7,6]	[22,9-33,5]	[1,3-4,9]

Prävalenz von CP bildenden *E. coli* in Caecumproben von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr sowie frischen Schweine- und Rindfleischproben nach spezifischer Isolierung, 2023

In 297 Caecumproben von Mastschweinen und 276 von Rindern <1 Jahr sowie in 319 Proben von frischem Schweinefleisch und 309 Proben von frischem Rindfleisch wurden keine CP bildenden *E. coli* gefunden.

³¹ % res = Anteil mikrobiologisch resistent

³² KI 95 = 95 % Konfidenzintervall

Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA)

MRSA ist seit Jahren als bedeutender Infektionserreger beim Menschen anerkannt. Die humanpathogenen Stämme werden in drei Kategorien eingeteilt: Gemeinschafts-assoziierte (community-associated, CA-), Krankenhaus-assoziierte (healthcare-associated, HA-) und Nutztier-assoziierte (livestock-associated, LA-) MRSA, die sich in ihrer Epidemiologie unterscheiden. Die LA-MRSA, die am häufigsten bei Schweinen, Kälbern und Geflügel, aber auch bei anderen Tierarten gefunden werden, gehören in Europa hauptsächlich dem klonalen Komplex (CC) 398 an, es wurden aber auch andere klonale Linien berichtet [14].

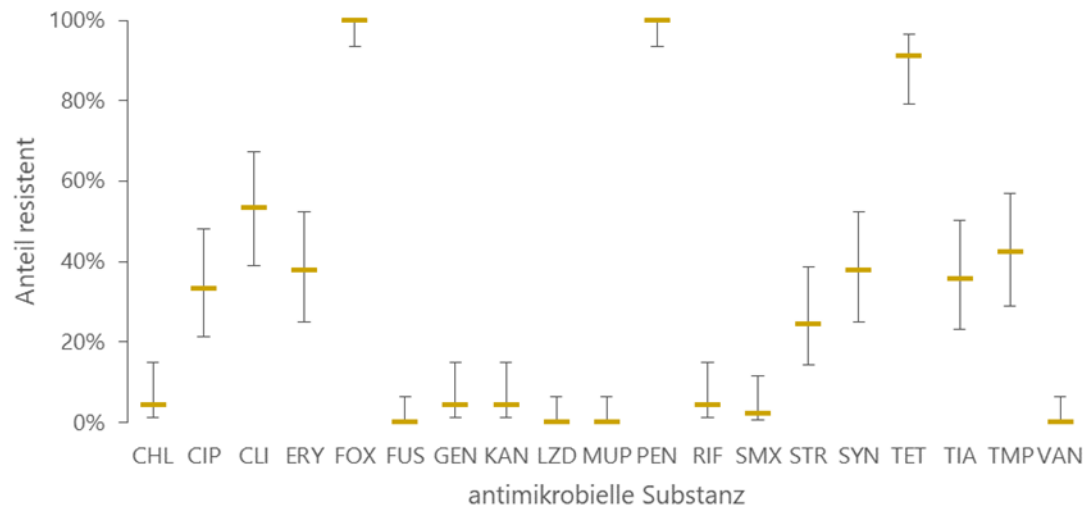
Die Fleischproben von Schwein und Rind, die im Zuge des Resistenzmonitorings zur verpflichtenden Untersuchung auf β -Laktamase bildende *E. coli* im Labor einlangten, wurden auf freiwilliger Basis und aus wissenschaftlichem Interesse zusätzlich auf das Vorkommen von MRSA und die gewonnenen Isolate auf ihr Resistenzverhalten hin ausgetestet.

Prävalenz von MRSA und deren Resistenzverhalten in Schweinefleischproben, 2023

In 45 Proben von 313 untersuchten Proben (14,4 %; KI 95 % [10,9-18,8]) wurden MRSA nachgewiesen. Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber Tetracyclin gefunden (91 %), gefolgt von Clindamycin (53 %), Trimethoprim (42 %), Erythromycin und Synergid (jeweils 38 %), Tiamulin (36 %) und Ciprofloxacin (33 %) (Abbildung 162).

In 39 Proben (12,5 %; KI 95 [9,2-16,6]) wurde der Sequenztyp (ST) 398 identifiziert, in 4 Proben ST9 und in 2 ein unbekannter Sequenztyp (Tabelle 156).

Abbildung 162: Resistenzanteile bei MRSA aus Schweinefleischproben, 2023



Prävalenz von MRSA in Rindfleischproben, 2023

In den untersuchten Rindfleischproben wurden MRSA nur in geringen Anteilen in 6 Proben festgestellt (1,9 %; KI 95 [0,9-4,2]). Die höchsten Resistenzanteile lagen gegenüber Clindamycin (6 Isolate), Trimethoprim (5) sowie Synerzid, Tetracyclin und Tiamulin (jeweils 4 Isolate) vor. Wegen der geringen Isolatanzahl (n=6) wird auf weitere Resistenzanteile nicht näher eingegangen.

5 Isolate wurden als ST398 bestätigt, eines mit unbekanntem Sequenztypen (Tabelle 156).

Tabelle 156: Nachgewiesene Sequenztypen, klonale Komplexe und spa-Typen³³ bei den MRSA-Isolaten aus Fleischproben, 2023

Sequenztyp	klonaler Komplex (CC)	spa-Typ	Schweinefleisch	Rindfleisch
ST398	CC398	t011	19	2
	CC398	t034	12	3
	CC398	t1451	2	-
	CC398	t2011	4	-

³³ *Staphylococcus aureus* Protein A Gen Typ

Sequenztyp	klonaler Komplex (CC)	spa-Typ	Schweinefleisch	Rindfleisch
	CC398	t5524	1	-
	CC398	Unbekannter spa-Typ	1	-
ST9	CC1	t1430	3	-
	CC1	t899	1	-
Unbekannter ST	CC398	t011	1	1
	CC398	t1255	1	-
Anzahl der Isolate			45	6

Zeitliche Entwicklung der Prävalenz von MRSA in Schweine- und Rindfleischproben

Im Jahr 2019 und 2021 wurden Fleischproben von Schweinen und Rindern auf das Vorkommen von MRSA untersucht. Der Anteil an positiven Proben lag 2019 ähnlich wie 2023, bei 50 von 318 (15,7 %) der untersuchten Schweinefleischproben und 6 von 228 (2,6 %) Rindfleischproben, jedoch 2021 etwas höher, in 68 von 319 (21,3 %) Schweinefleischproben und in 15 von 326 Rindfleischproben (4,6 %).

Diskussion

Die Verringerung antimikrobieller Resistenzen und von Resistenzgenen bei lebensmittelliefernden Tieren ist ein weltweit bedeutendes strategisches Ziel, um die Verbreitung von antibiotikaresistenten Erregern und die Exposition der Menschen damit zu vermindern. Um mögliche Reservoirs von antibiotikaresistenten Erregern mit potenzieller Auswirkung auf die öffentliche Gesundheit zu finden und deren Veränderungen zu beobachten, wurde mit dem Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 eine einheitliche Vorgehensweise festgelegt, die in jährlichen Programmen von allen Mitgliedstaaten umgesetzt wird [4]. Im Jahr 2023 sind Darminhalte von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr sowie Fleischproben von Schweinen und Rindern auf das Vorkommen von β -Laktamase bildenden *E. coli* untersucht sowie die gewonnenen Isolate auf ihre Empfindlichkeit gegenüber einer vorgegebenen Auswahl an antimikrobiellen Substanzen ausgetestet worden. Zusätzlich zur Untersuchung von kommensalen intestinalen *E. coli*, die als Indikatoren für die Anwesenheit von Resistenzfaktoren in der Bakterienflora als zentraler Bestandteil bei der Überwachung von lebensmittelliefernden Tieren angesehen

werden, müssen Mastschwein und Rind <1 Jahr auch verpflichtend auf *Campylobacter* und Salmonellen getestet werden.

Die Gesunderhaltung unserer Nutztierpopulationen ist das vorrangige Ziel, um den notwendigen Einsatz antimikrobieller Wirkstoffe möglichst zu vermeiden. Jeder Einsatz von Antibiotika birgt das Risiko der Ausbildung von Resistenzen gegenüber eingesetzten Substanzen und auch von Co-Resistenzen und der Veränderung der Zusammensetzung des Mikrobioms bei Mensch und Tier. Immer mehr Hinweise deuten darauf hin, dass der Einsatz antimikrobieller Mittel in der konventionellen Tierhaltung zur Entstehung und Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen in Bakterienpopulationen beiträgt und damit eine erhebliche Gefahr für die Gesundheit von Mensch und Tier darstellt [15]. Zwar zeigten Ergebnisse einer Studie, dass die verabreichten antimikrobiellen Mittel die Vielfalt der Darmmikrobiota nicht signifikant reduzierten, jedoch ihre Zusammensetzung veränderten, wobei einige Taxa nach der Behandlung angereichert wurden und andere Bakteriengattungen (z. B. *Streptococcus* und *Bifidobacterium*) verdrängten. Es wurden positive Korrelationen zwischen den Antibiotikaresistenzgenen (z. B. *cmIA*, *bla_{CMY-2}* und *bla_{SHV}*) und der relativen Häufigkeit bestimmter Taxa (z. B. *Lactobacillus* und *Subdoligranulum*) festgestellt. Ein durch Amoxicillin und Thiamphenicol ausgeübter Selektionsdruck führte zu einem Anstieg von Antibiotikaresistenzgenen, die Resistenzen gegenüber β -Laktame (z. B. *bla_{TEM-1}*, *bla_{SHV}* und *bla_{CTX-M1-like}*) und Phenicole (z. B. *floR* und *cmIA*) codieren [16].

Finden sich bei *Campylobacter* spp. vom Geflügel und Rindern <1 Jahr die höchsten Resistenzanteile gegenüber den Fluorchinolonen, zeigen die Isolate von Mastschweinen die höchsten Resistenzanteile gegenüber Tetracyclin. Der hauptsächliche Resistenzmechanismus gegenüber Fluorchinolonen wird bei *Campylobacter* durch Punktmutationen im GyrA-Gen vermittelt. Plasmid-vermittelte Resistenzdeterminanten gegenüber Chinolonen sind bisher bei *Campylobacter* nicht bekannt [17]. Spricht das eher für eine klonale Verbreitung resistenter Campy? Auch nach dem Verzicht auf den Einsatz dieser Antibiotika sind bei Isolaten von Geflügel in Österreich und auch in anderen Ländern hohe Fluorchinolon-Resistenzniveaus erhalten geblieben. Dies könnte auf die klonale Expansion resistenter Linien hinweisen sowie Fitnessvorteile im Zusammenhang mit einer *gyrA*-Mutation widerspiegeln [18,19,20,21]. Da diese Mutation möglicherweise keine biologischen Kosten verursacht, könnten chinolonresistente Stämme bei Hühnern ohne Selektionsdruck andere empfindliche Stämme verdrängen [22]. In einer italienischen Studie zeigten Analysen mittels Multilocus-Sequenztypisierung (MLST) spezifische italienische Cluster und eine klare Trennung

zwischen Schweine- und Wildschweinprofilen. Der wgMLST bestätigte die MLST-Clusterung und weist auf eine hohe genetische Vielfalt innerhalb der *C. coli*-Population in Italien hin [23].

In Österreich sind Tetracycline die häufigste bei Schwein und Rind eingesetzte Antibiotikaklasse. Bei Schweinen hat sich die abgegebene Menge an Tetracyclinen seit 2018 von 18,4 Tonnen (t) auf 9,8 t (2022) beinahe halbiert, bei Rindern blieb diese Menge über denselben Zeitraum gleich (zwischen 3,3-3,8 t) [24]. Eine Modellierungsstudie in Dänemark zeigt die Assoziation zwischen der gesamten Tetracyclin-Anwendung im Leben von Mastschweinen und dem Auftreten von Resistenzen und kommt zum Schluss, dass der hohe Mengeneinsatz ein Beleg für die hohen Resistenzanteile beim Schwein zu sein scheint [25]. Diesen Effekt scheinen auch die nationalen Daten zu belegen, da bei Indikator-*E. coli* von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr die höchsten Resistenzanteile gegenüber Tetracyclin gefunden werden (33,1 % bei Mastschweinen, 13,3 % bei Rindern <1 Jahr).

Das Bakterium *E. coli* ist äußerst vielfältig, da es sowohl als Kommensale als auch als Krankheitserreger vorkommt und mehrere Plasmide mit Mehrfachresistenzen beherbergen, was es zu einem geeigneten Indikatororganismus zur Bewertung der Mehrfachresistenzen macht. Bei den Isolaten von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr lagen die Anteile an Multiresistenzen bei 16,9 % und 6,6 % und somit etwas niedriger als bei Mastputen (2022: 21 %), jedoch viel niedriger als bei Masthühnern (2022: 39 %). Damit zeigt sich für Österreich bei den Mastschweinen und Rindern eine viel günstigere Situation verglichen mit der EU, wo es in den letzten Jahren zwar fallende Anteile an Multiresistenzen gegeben hat, im Jahr 2021 lagen diese bei Isolaten von Mastschweinen dennoch bei 31 %, bei jenen von Rindern <1 Jahr bei 19 % [26]. Teilt man die Rinder <1 Jahr in die beiden Altersgruppen <8 Monate (Kälber, n=78 *E. coli* Isolate) und ≥ 8 Monate (n=103 *E. coli* Isolate), dann liegt der Anteil an Multiresistenzen bei den Isolaten von Kälbern bei 15,4 % KI 95 % [9,0-25,1], bei der älteren Gruppe wurden keine Multiresistenzen gefunden (0 % KI 95 % [0,0-2,9]).

Bei Rindern <1 Jahr wurden β -Laktamase bildende *E. coli* nach selektiver Anreicherung in einem hohen Anteil (27,9 % KI 95 % [22,9-33,5]) nachgewiesen, bei Mastschweinen sogar in einem sehr hohen Anteil (65,3 % KI 95 % [59,7-70,6]), in den letzten Jahren mit signifikant steigender Tendenz. Es ist nicht klar, welche Eintragsquellen es für β -Laktamase bildende *E. coli* gibt und zu welchem Zeitpunkt sich Schweine im Verlauf ihres Lebens infizieren. In einer 2011 in Dänemark durchgeführten Longitudinalstudie konnte gezeigt

werden, dass der Anteil von CTX-M produzierenden *E. coli*-positiven Tieren während des Produktionszyklus der Schweine (von der Geburt bis zum Schlachtzeitpunkt) abnahm. Laboruntersuchungen zeigten, dass die meisten Ferkel bereits kurz vor dem Absetzen CTX-M-positiv waren, während sie später im Leben als Mastschweine weniger häufig betroffen waren [27]. In anderen Studien wurden Risikofaktoren für das Auftreten von Antibiotikaresistenzen in landwirtschaftlichen Betrieben ermittelt, wobei mehrere Faktoren neben dem Einsatz und der übermäßigen Verwendung von Antibiotika identifiziert wurden, wie mangelhafte Infektionskontrolle, Umweltkontamination sowie das Verbringen von infizierten Tieren [28]. Bei Masthühnern wurden 4 Hauptübertragungswege identifiziert, die potenziell an der Verbreitung von ESBL/AmpC produzierenden *E. coli* in der Masthühnerproduktionspyramide beteiligt sind: (1) vertikale Übertragung von Zuchthühnern auf Masthühner, (2) Übertragung in Brütereien, (3) horizontale Übertragung zwischen benachbarten oder aufeinanderfolgenden Herden aufgrund der Stammpersistenz auf Betriebsebene und (4) Übertragung zwischen Betrieben durch externe Faktoren [29].

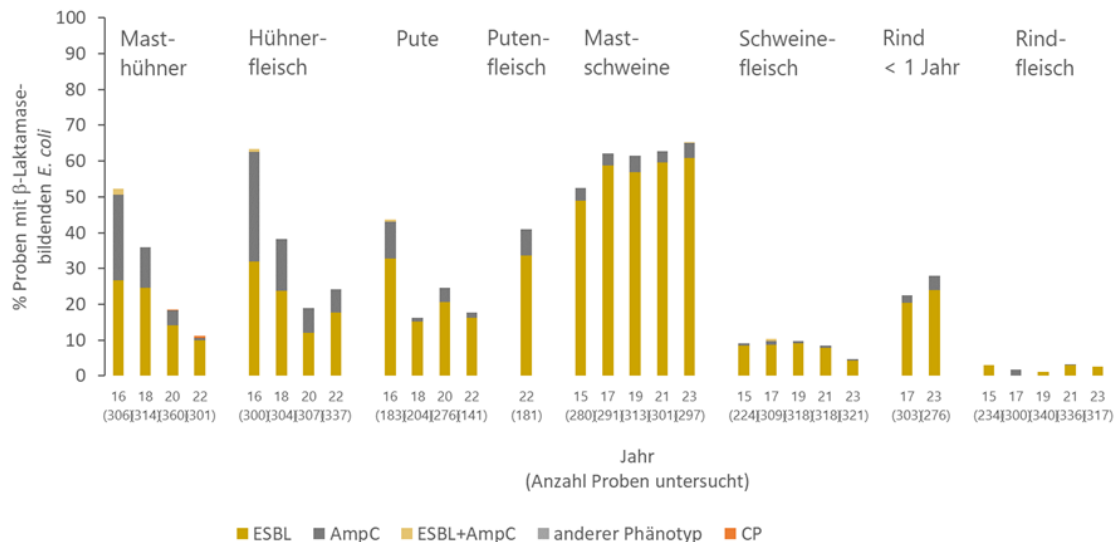
Leclercq et al. (2024) konnten in ihrer Studie zur Verbreitung multiresistenter Keime auf einer experimentellen Farm mit sehr hohen Biosicherheitsstandards die Übertragungswege einschränken. In der Studie wurden die meisten der klonalen Sequenztypen auch nach der Desinfektion in der Umwelt nachgewiesen, jedoch nicht in der Brüterei, was stark darauf hindeutet, dass die Umgebung der Aufzucht der Masthühner die Hauptquelle für die Kolonisierung der Herde in dieser Anlage ist [30].

Der Vergleich der Prävalenzen β -Laktamase bildender *E. coli* aus Caeca von Nutztieren in Österreich zeigt beim Geflügel eine günstigere Situation (Masthühner – 10,6 % KI 95 % [7,6-14,7] bzw. Puten – 17,7 % KI 95 % [12,3-24,9]) als bei Mastschweinen (65,3 % KI 95 % [59,7-70,6]) und Rindern <1 Jahr (27,9 % KI 95 % [22,9-33,5]). In den untersuchten Caeca-Inhalten von Rindern <8 Monate (n=123) lag die Prävalenz bei 49,6 % KI 95 % [40,8-58,4], bei jenen $\geq$ 8 Monaten (n=153) bei 11,8 % KI 95 % [7,5-17,9]. Es besteht hier ein hoch signifikanter Unterschied. Zu einem ähnlichen Ergebnis kamen auch Werner et al. 2023 in ihrer Studie zum Vorkommen von ESBL/AmpC bildenden *E. coli* in Milchrinderbetrieben in Österreich. Die Kälber zeigten vor dem Absetzen eine deutliche höhere Nachweisrate als nach dem Absetzen [31].

Bei den untersuchten Fleischproben gezogen im Einzelhandel in Österreich stellt sich die Situation umgekehrt dar, mit viel niedrigeren Prävalenzen bei Rind- und Schweinefleisch (<5 %) als bei Hühner- und Putenfleisch (24,3 % KI 95 % [19,9-29,2])

und 40,9 % KI 95 % [33,9-48,2]) (Abbildung 163). Diese Ergebnisse belegen, dass Mastschweine und Rinder <1 Jahr häufig β -Laktamase bildende *E. coli* in ihren Darmtrakten tragen, die Karkassen jedoch während des Schlachtprozesses nicht so stark kontaminiert werden oder möglicherweise zwar kontaminiert werden, aber die Bakterien im Laufe der Prozessierung entfernt oder abgebaut werden.

Abbildung 163: Prävalenzen β -Laktamase bildender *E. coli* aus Caeca von Masthühnern und Puten (2016, 2018, 2020, 2022), Mastschweinen (2015, 2017, 2019, 2021, 2023), Rindern <1 Jahr (2017, 2023) sowie Hühnerfleisch (2016, 2018, 2020, 2022), Putenfleisch (2022) Schweinefleisch und Rindfleisch (2015, 2017, 2019, 2021, 2023) nach selektiver Kultivierung



Das Monitoring von MRSA entlang der Lebensmittelkette ist in der EU freiwillig. Untersuchungen in Österreich haben ergeben, dass MRSA bisher in frischen Fleischproben von allen untersuchten Tierarten gefunden werden konnten, wenn auch in unterschiedlichen Anteilen (3 % und 1 % bei Hühnerfleisch (2020 und 2018) sowie bei Schweine- und Rindfleisch (2019, 2021 und 2023: zwischen 16 % und 21 % bzw. zwischen 3 % und 5 %)) [6, 26]. Diese Daten zeigen, dass deren Nachweise in Österreich in den letzten Jahren stabil geblieben sind. Der Anteil von ca. 20 % MRSA-positiven Schweinefleischproben lässt auf eine viel höhere Kolonisationsrate bei Mastschweinen schließen. Vergleicht man den Anteil an β -Laktamase bildenden *E. coli* auf Schweinefleisch im österreichischen Einzelhandel, der in den letzten Jahren zwischen 5 und 10 % lag, mit deren Prävalenz in Mastschweinen (50–65 %), dann ist mit einer sehr hohen Prävalenz von MRSA bei den Mastschweinen zu rechnen. Hohe Nachweisraten zeigen auch Studien in diversen EU-Mitgliedstaaten, in denen Prävalenzen bei Mastschweinen von bis zu 99 % berichtet werden [32]

Der Großteil der nachgewiesenen MRSA-Typen (86,3 %) konnte als ST398 bestätigt werden, 4 Isolate (7,8 %) wurden als ST9 identifiziert, 3 Isolate zeigten einen unbekannten Sequenztypen. Die ST9-Isolate wurden im Rahmen dieser Untersuchungen nur in

Schweinefleisch gefunden. ST9 ist der bedeutendste LA-MRSA-Klon auf dem asiatischen Kontinent, wurde bisher häufig in der chinesischen Schweinepopulation gefunden, kommt auch in europäischen Schweinebetrieben vor und wurde vereinzelt bei Kälbern und in Kalbfleisch festgestellt [33,34,26]. Ergebnisse von molekularbiologischen Methoden gekoppelt mit der Analyse der Evolution von ST9-Isolaten deuten darauf hin, dass ST9 seinen Ursprung in Methicillin-empfindlichen *S. aureus*-Isolaten beim Menschen hat, sich vor etwa zwei Jahrhunderten entwickelt und sich nach drei wichtigen genetischen Veränderungen beim Tier etabliert hat [33].

Auch wenn LA-MRSA als Keime mit schwachem Kolonisierungspotential beim Menschen angesehen werden, selten bei Menschen ohne direkten oder indirekten Kontakt mit landwirtschaftlichen Tieren oder Schlachtkörpern nachgewiesen werden und Lebensmittel generell nicht als bedeutende Infektionsquelle für den Menschen gelten, leistet das MRSA-Monitoring einen wichtigen Beitrag zum Verständnis der Epidemiologie von LA-MRSA [35,36,37].

Hinweis

Zusammenfassend muss darauf hingewiesen werden, dass die teilweise hohen Resistenzraten keine direkten Rückschlüsse auf die Wirksamkeit einer möglichen antimikrobiellen Behandlung von pathogenen Bakterien in vivo zulassen. Es stehen auch keine Informationen zur Verfügung, ob von Tierhalter:innen oder Tierärzt:innen in der letzten Zeit eine Zunahme oder eine Abnahme von Therapieversagen beobachtet werden konnte.

Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse des Resistenzmonitorings 2023 zeigen für jeden der beobachteten Erreger Problemkreise auf, die eine weitere Beobachtung ebenso wie eine detaillierte Analyse der Hintergründe erfordern. Insbesondere das Vorkommen von Resistenzen gegenüber humanmedizinisch besonders wichtigen Wirkstoffklassen macht deutlich, dass die Bestrebungen zur Reduktion des Antibiotikaeinsatzes ebenso wie zur Einschränkung der Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen fortgeführt und z.T. intensiviert werden müssen.

Referenzen

[1] Donowitz GR, and Mandell GL (1988) Beta-Lactam Antibiotics. N Engl J Med 318:419–426.

[2] Lin J et al. (2015) Mechanisms of antibiotic resistance. Fron.Mircobiol.6:34.

[3] www.who.int

[4] 32020D1729 Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 der Kommission vom 17. November 2020 zur Überwachung und Meldung von antimikrobieller Resistenz bei zoonotischen und kommensalen Bakterien und zur Aufhebung des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU.

[5] Much P und H Sun (2016) Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU in Österreich, 2015. Daten aus dem Veterinärbereich. In Bundesministerium für Gesundheit und Frauen (BMGF) (Hg.) Resistenzbericht Österreich AURES 2015. Antibiotikaresistenz und Verbrauch antimikrobieller Substanzen in Österreich. 1030 Wien. ISBN 978-3-903099-11-1. Auflage: November 2016: S. 239–284.

[6] Much P und H Sun (2021) Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU in Österreich, 2019. In Bundesministerium für Soziales, Gesundheit Pflege und Konsumentenschutz (Hg.) Resistenzbericht Österreich AURES 2019. Antibiotikaresistenz und Verbrauch antimikrobieller Substanzen in Österreich. 1010 Wien, 2021: S. 357–394.

[7] Altekruze SF et al. (1999) Campylobacter jejuni—an emerging foodborne pathogen. Emerg.Infect.Dis 5: 28–35.

[8] Kaakoush NO et al. SM (2015) Global epidemiology of Campylobacter infection. Clin. Microbiol.Rev. 28: 687–720.

[9] Interagency Food Safety Analytics Collaboration Project (2015) Foodborne Illness Source Attribution Estimates for Salmonella, Escherichia coli O157 (E. coliO157), Listeria monocytogenes (Lm), and Campylobacter using Outbreak Surveillance Data.

- [10] Köberl-Jelovcan, S und C Kornschöber (2024) Nationale Referenzzentrale Campylobacter. Jahresbericht 2023. [Jahresbericht Campylobacter 2023 \(2\).pdf](#)
- [11] Collignon P (2009) World Health Organization ranking of antimicrobials according to their importance in human medicine: A critical step for developing risk management strategies for the use of antimicrobials in food production animals. *Clinical Infectious Diseases*, S. 132–141.
- [12] WHO (2016) Advisory Group on Integrated Surveillance of Antimicrobial Resistance: Critically important antimicrobials for human medicine 4th Revision 2013. 31 pp.
- [13] EFSA (2011) BIOHAZ Panel (EFSA Panel on Biological Hazards): Scientific Opinion on the public health risks of bacterial strains producing extended-spectrum b-lactamases and/or AmpC b-lactamases in food and foodproducing animals. *EFSA Journal*, S. 232.
- [14] EFSA (2020) The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2017/2018. *EFSA Journal*, S. 166 pp.
- [15] Gonzalez Ronquillo M and Angeles Hernandez JC (2017) Antibiotic and synthetic growth promoters in animal diets: Review of impact and analytical methods. *Food Control* 72, 255–267.
- [16] Laconi A et al. (2022) Amoxicillin and thiamphenicol treatments may influence the co-selection of resistance genes in the chicken gut microbiota. *Sci Rep* 12, 20413.
- [17] Shen Z, Wang Y, Zhang Q, Shen J. 2017. Antimicrobial resistance in *Campylobacter* spp. *Microbiol Spectrum* 6(2): ARBA-0013-2017
- [18] Price LB et al. (2005) Fluoroquinolone-resistant *Campylobacter* isolates from conventional and antibiotic-free chicken products. *Environ. Health Perspect.* 113, 557–560.
- [19] Lopes BS et al. (2019) Nationwide Stepwise Emergence and Evolution of Multidrug-Resistant *Campylobacter jejuni* Sequence Type 5136, United Kingdom. *Emerg Infect Dis.* 2019 Jul;25(7):1320–1329.

[20] Lynch CT et al. (2020) Antimicrobial resistance of *Campylobacter* isolates recovered from broilers in the Republic of Ireland in 2017 and 2018: an update. *Br Poult Sci.* 2020 Oct;61(5):550–556.

[21] Haldenby S et al. (2020) Increasing prevalence of a fluoroquinolone resistance mutation amongst *Campylobacter jejuni* isolates from four human infectious intestinal disease studies in the United Kingdom. *PLoS One.* 2020 Jan 30;15(1).

[22] Jorgensen F et al. Swift (2022) Levels and trends of antimicrobial resistance in *Campylobacter* spp. from chicken in the UK. UK Health Security Agency, The Animal and Plant Health Agency DOI: <https://doi.org/10.46756/sci.fsa.dud728>.

[23] Marotta F, Di Marcantonio L, Janowicz A, Pedonese F, Di Donato G, Ardelean A, Nuvoloni R, Di Giannatale E, Garofolo G (2020) Genotyping and Antibiotic Resistance Traits in *Campylobacter jejuni* and *coli* From Pigs and Wild Boars in Italy. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 10; DOI=10.3389/fcimb.2020.592512

[24] Fuchs R, Reitbauer E, K Fuchs (2024) AGES-Bericht über den Antibiotika-Vertrieb in der Veterinärmedizin. *Vet Journal* 04/2024:7-15.

[25] Andersen VD et al. (2020) Predicting effects of changed antimicrobial usage on the abundance of antimicrobial resistance genes in finisher' gut microbiomes; *Prev Vet Med.* 2020 Jan: 174. doi: 10.1016/j.prevetmed.2019.104853.

[26] EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), 2023. The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2020/2021. *EFSA Journal* 2023;21(3):7867, 232 pp.

[27] Hansen KH, Damborg P, Andreassen M, Nielsen SS, Guardabassi L. (2013) Carriage and fecal counts of cefotaxime M-producing *Escherichia coli* in pigs: a longitudinal study. *Appl Environ Microbiol.* 2013 Feb;79(3):794-8. doi: 10.1128/AEM.02399-12.

[28] Hordijk J et al. (2019) Dynamics of faecal shedding of ESBL- or AmpC-producing *Escherichia coli* on dairy farms. *J. Antimicrob. Chemother.* 74, 1531–1538.

- [29] Dame-Korevaar, A, Fischer EAJ, van der Goot J, Stegeman A, and D Mevius. (2019) Transmission routes of ESBL/pAmpC producing bacteria in the broiler production pyramid, a literature review. *Prev. Vet. Med.* 162, 136–150. doi: 10.1016/j.prevetmed.2018.12.002
- [30] Leclercq SO, Bochereau P, Foubert I, Baumard Y, Travel A, Doublet B and Baucheron S (2024) Persistence of commensal multidrug-resistant *Escherichia coli* in the broiler production pyramid is best explained by strain recirculation from the rearing environment. *Front. Microbiol.* 15:1406854. doi: 10.3389/fmicb.2024.1406854.
- [31] Thomas W, Käsbohrer A, Wasner B, Köberl-Jelovcan S, Vetter SG. , Egger-Danner C, Fuchs K, Obritzhauser W, Firth Clair L (2023) Antimicrobial resistance and its relationship with antimicrobial use on Austrian dairy farms. *Frontiers in Veterinary Science*, 10. DOI=10.3389/fvets.2023.1225826
- [32] EFSA (European Food Safety Authority), Aerts M, Battisti A, Hendriksen R, Larsen J, Nilsson O, Corti ~nas Abrahantes J, Guerra B, Papanikolaou A and Beloeil P-A, 2022. Technical specifications for a baseline survey on the prevalence of Methicillin Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in pigs. *EFSA Journal* 2022;20(10):7620, 33 pp.
- [33] Yu F, Cienfuegos-Gallet AV, Cunningham MH, Jin Y, Wang B, Kreiswirth BN, Chen L (2021) Molecular Evolution and Adaptation of Livestock-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (LA-MRSA) Sequence Type 9. *ASM Journals, mSystems* Vol. 6, No. 3.
- [34] Battisti A, Franco A, Merialdi G, Hasman H, Iurescia M, Lorenzetti R, Feltrin F, Zini M, FM Aarestrup (2010) Heterogeneity among methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from Italian pig finishing holdings. *Vet. Microbiol.*, 142 (2010), pp. 361-366, 10.1016/j.vetmic.2009.10.008
- [35] EFSA (2009) Scientific opinion of the Panel on Biological Hazards on a request from the European Commission on Assessment of the public health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. *EFSA Journal*, S. 1–10.
- [36] Food Standards Agency (2017) Risk assessment on methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), with a focus on livestock-associated MRSA in the UK Food Chain.

[37] Graveland H., Wagenaar J.A., Heesterbeek H., Mevius D., van Duijkeren E., Heederik D., (2010) Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in veal calf farming: human MRSA carriage related with animal antimicrobial usage and farm hygiene. PLoS ONE 2010 Jun 8;5(6).

Antibiotikaverbrauch in der Humanmedizin in Österreich

Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz, Abt. VII/A/9

Ansprechpersonen/Autorin/Autor

Dr.ⁱⁿ Julia Weber, LL.M.

RRⁱⁿ Gabriela El Belazi

Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz

Radetzkystraße 2, 1030 Wien

E-Mail: julia.weber@sozialministerium.at

gabriela.elbelazi@sozialministerium.at

Reviewerinnen

Priv.-Doz.ⁱⁿ DDr.ⁱⁿ Reinhild Strauß, MSc

Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz

Radetzkystraße 2, 1030 Wien

Prim.^a Univ.-Prof.ⁱⁿ Dr.ⁱⁿ Petra Apfalter

Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen

Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin

Nationales Referenzzentrum für Antimikrobielle Resistenzen

Fadingerstraße 1, 4020 Linz

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	470
Abstract	470
Einleitung	471
Methodik	472
Ergebnisse	476
Gesamt-Antibiotikaverbrauch in Kilogramm Wirksubstanz	476
Gesamt-Antibiotikaverbrauch in DDD/1.000 EW pro Tag	477
Antibiotikaverbrauch nach Quartalen - Gesamtverbrauch	478
Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – niedergelassener Bereich	479
Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – stationärer Bereich	480
Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich	481
Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich	487
Antibiotikaverbrauch nach Substanzklassen	489
Tetracycline (J01A)	489
Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A)	489
Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich	490
Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich	491
β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C)	492
Gesamtverbrauch β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C)	492
Verbrauch β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich	493
Verbrauch β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich	495
Andere β-Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D)	495
Gesamtverbrauch andere β-Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D)	495
Verbrauch andere β-Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich	497
Verbrauch andere β-Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich	498
Sulfonamide und Trimethoprim (J01E)	499
Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E)	499
Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich	500
Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich	501
Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F)	501
Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F)	501

Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) im niedergelassenen Bereich	502
Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) im stationären Bereich	503
Aminoglykosid-Antibiotika (J01G)	504
Gesamtverbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G)	504
Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich	504
Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im stationären Bereich	505
Chinolone (J01M)	506
Gesamtverbrauch Chinolone (J01M)	506
Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich.....	506
Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich.....	508
Andere Antibiotika (J01X).....	508
Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X)	508
Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im niedergelassenen Bereich	509
Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im stationären Bereich	511
Diskussion.....	512
Referenzen	513

Zusammenfassung

Im vorliegenden AURES-Bericht wird der Antibiotika-Verbrauch in der Humanmedizin auf Basis der Daten des Dachverbands der Sozialversicherungsträger für das Jahr 2023 präsentiert. Zusätzlich wird der Antibiotika-Verbrauch auf Basis der Daten der Firma IQVIA™ im stationären und niedergelassenen Bereich für das Jahr 2023 dargestellt.

Der systemische Gesamtverbrauch von Antibiotika in Kilogramm Wirksubstanz betrug in der Humanmedizin in Österreich im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 63.186 kg mit einem Anteil von 66,6 % im niedergelassenen Bereich. Dies stellt eine Erhöhung im Vergleich zu 2022 dar. Der Gesamtverbrauch 2023 nähert sich dem Verbrauch aus 2018 an.

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2023 laut Dachverband-Daten der größte Verbrauch bei den β -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,92 DDD/1.000 EW pro Tag und bei der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 2,97 DDD/1.000 EW pro Tag.

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch 2023 laut IQVIA™-Daten 36,35 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Die β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) hatten mit 14,71 DDD/100 Belagstage pro Jahr den größten Anteil, gefolgt von den anderen β -Lactam-Antibiotika (J01D) mit 10,66 DDD/100 Belagstage pro Jahr.

Abstract

This AURES report presents the consumption of antibiotics in human medicine based on data from the “Dachverband der Sozialversicherungsträger” (social insurance) for the year 2023. In addition, antibiotic consumption is presented based on data from IQVIA™ in the inpatient and outpatient sectors for 2023.

According to IQVIA™ data, the total consumption of antibiotics in kilograms of active substance in human medicine in Austria amounted to 63,186 kg in 2023, with a 66,6% share in the outpatient sector. This represents an increase compared to 2022, almost reaching the consumption of 2018.

According to the “Dachverband” data, the largest consumption in the outpatient sector in 2023 was for β -lactam antibiotics, penicillins (J01C) with 5.92 DDD/1,000 inhabitants per

day and for the group of macrolides, lincosamides and streptogramins (J01F) with 2.97 DDD/1,000 inhabitants per day.

According to IQVIA™ data, consumption in the inpatient sector in 2023 amounted to 36.35 DDD/100 bed days per year. The β -lactam antibiotics, penicillins (J01C) had the largest share with 14.71 DDD/100 bed days per year, followed by the other β -lactam antibiotics (J01D) with 10.66 DDD/100 bed days per year.

Einleitung

Das „European Surveillance of Antimicrobial Consumption Network“ (ESAC-Net) ist ein Surveillance-Netzwerk der Europäischen Union zur Überwachung des Antibiotikaverbrauchs in Europa. Mit Juli 2011 wurde das damals ESAC („European Surveillance of Antimicrobial Consumption“; nunmehr ESAC-Net) genannte Projekt vom Europäischen Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) übernommen. Ziel dieses Netzwerks ist es, repräsentative, standardisierte und vergleichbare Antibiotikaverbrauchsdaten zu generieren. Das Netzwerk stützt sich dabei auf die Sammlung von Antibiotikaverbrauchsdaten aus dem niedergelassenen und dem stationären Bereich. Für Österreich wurden vor 2016 ausschließlich Daten, die beim Hauptverband der österreichischen Sozialversicherungsträger (nunmehr Dachverband der Sozialversicherungsträger) gesammelt wurden, verwendet - somit war in ESAC-Net ausschließlich der niedergelassene Bereich abgebildet.

Seit 2016 wurden Daten über die Abgabe von Antibiotika an öffentliche Apotheken, ärztliche Hausapotheken und Krankenhausapotheken (Quelle IQVIA™; vormals IMS Health Marktforschung GmbH) als zweite Quelle für die Erfassung des jährlichen Antibiotikaverbrauchs herangezogen und durch die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH. (AGES) auch retrospektiv (von 2011 bis einschließlich 2018) ausgewertet. Diese Daten enthalten auch Informationen über den Verbrauch im stationären Bereich. Die Auswertung der Daten von IQVIA™ für die Jahre 2019, 2020 und 2021 erfolgte im Auftrag des Bundesministeriums für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz durch die Gesundheit Österreich GmbH. (GÖG).

Durch die COVID-19-Pandemie kam es 2020 und 2021 zu Änderungen bei ärztlichen Konsultationen und bei Aufenthalten in Krankenanstalten. Dadurch ergaben sich

Veränderungen im Verschreibungsverhalten und bei der Konsumation von Arzneimitteln. Die Jahre 2020 und 2021 können daher pandemiebedingt nur begrenzt mit Vorjahren verglichen werden.

Methodik

Die zwei Quellen, die für die Berechnung des Antibiotikaverbrauchs in Österreich herangezogen wurden, sind

1. Daten des Dachverbands der Sozialversicherungsträger: Hiermit werden Daten über Antibiotika erfasst, die an Patient:innen im niedergelassenen Bereich abgegeben und durch die österreichischen Sozialversicherungsträger abgegolten werden. Bis zum AURES 2018 wurden die Daten der Sozialversicherungsträger von der Nationalen Referenzzentrale für Antimikrobielle Resistenzen (Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin, Ordensklinikum Linz GmbH.-Elisabethinen, 4010 Linz) verarbeitet. Die Daten der Jahre 2011 und 2020-2022 wurden dem AURES 2022 [1] auf der jeweils detailliertesten Ebene entnommen und dem AURES 2023 zu Vergleichszwecken beigelegt.
2. Ebene entnommen und dem AURES 2023 zu Vergleichszwecken beigelegt. Daten der Firma IQVIA™: Hiermit werden Daten über Antibiotika, die an öffentliche Apotheken, ärztliche Hausapotheken und Krankenhausapotheken abgegeben werden erfasst. IQVIA™ -Daten der Jahre 2011 und 2020-2022 wurden dem Resistenzbericht AURES 2022 [1] auf der jeweils detailliertesten Ebene entnommen und dem AURES 2023 zu Vergleichszwecken beigelegt.

Beide Datenquellen (Dachverband der Sozialversicherungsträger, IQVIA™) weisen Limitationen auf. Die Daten des Dachverbandes der Sozialversicherungsträger beinhalten keine Informationen über die Abgabe auf jene Privatrezepte die nicht bei den Sozialversicherungsträgern eingereicht und von den Sozialversicherungsträgern bezahlt wurden. Die finanziellen Vergütungen der Sozialversicherungsträger umfassten im Jahr 1998 noch 98 % der im ambulanten Bereich abgegebenen Antibiotika. Dieser Anteil verminderte sich durch höhere Rezeptgebühren während der vergangenen zwei Dekaden. Bei den IQVIA™-Daten erfolgt die Erhebung und Zusammenführung der Daten (über Verkäufe) und allfällige Hochrechnungen nach einem speziellen Algorithmus, der von der Firma bisher nicht komplett veröffentlicht wurde.

Die Einteilung der Antibiotika erfolgt im ESAC-Net und im AURES nach der WHO ATC-Klassifikation (Anatomical Therapeutic Chemical Classification System)³⁴ [2]. Alle weltweit verfügbaren Arzneimittel sind ATC-Klassen zugeordnet, welche mit einer eindeutigen Buchstaben- und Zahlenkombination versehen sind; J01 bezeichnet alle systemisch anwendbaren Antibiotika, deren Verbrauch Inhalt des gegenständlichen Berichtes ist. Tabelle 157 stellt die Einteilung der Antibiotika in ATC3- und ATC4-Klassen dar. Für jedes Antibiotikum in der ATC5-Klasse ist unter Berücksichtigung der Applikationsform von der WHO eine standardisierte Tagesdosis definiert (Defined Daily Dose, DDD), mit welcher der Antibiotikaverbrauch berechnet wird [2]. Die WHO passt die DDD bei Bedarf den Erfordernissen an. Dies bedeutet, dass beim Vergleich mit den Vorjahren allfällige Änderungen von DDDs zu berücksichtigen sind.

Der Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich wird basierend auf den Dachverband-Daten in DDD pro 1.000 EW pro Tag und in Verordnungen pro 10.000 EW pro Tag als Verbrauchdichte präsentiert. Bei den IQVIA™ Daten für den niedergelassenen und stationären Bereich erfolgt die Auswertung in DDD/1.000 EW pro Tag bzw. in DDD/100 Belagstage pro Jahr. Der Antibiotika Gesamtverbrauch basierend auf den IQVIA™ Daten wird in Kilogramm Wirksubstanz präsentiert.

Tabelle 157: Einteilung der Antibiotika in die ATC3- und die ATC4-Klasse, WHO

ATC3	ATC4-Gruppen	Beispielsubstanzen
J01A Tetracycline	Tetracycline (J01AA)	Doxycyclin, Tetracyclin
J01B Amphenicole	Amphenicole (J01BA)	Chloramphenicol, Thiamphenicol
J01C β -Lactam-Antibiotika, Penicilline	Penicilline mit erweitertem Spektrum (J01CA)	Ampicillin, Amoxicillin
	β -Lactamase sensitive Penicilline (J01CE)	Penicillin G, Penicillin V
	β -Lactamase resistente Penicilline (J01CF)	Flucloxacillin, Oxacillin

³⁴ Die ATC-Klassifikation besteht aus den fünf Niveaus ATC1-ATC5. J01 (entspricht ATC2-Klasse) umfasst alle Antibiotika der vorgemerkten Medikamente zur systemischen Applikation. In die ATC3-Klasse (siehe Spalte ATC3) fallen alle pharmakologischen Untergruppen dieser Antibiotika. Die ATC4-Klasse umfasst die chemischen Untergruppen der Antibiotika der jeweiligen ATC3-Klasse. Die ATC5-Klasse gibt den Wirkstoff an (z.B. J01CA04, Amoxicillin).

ATC3	ATC4-Gruppen	Beispielsubstanzen
	β -Lactamase-Inhibitoren (J01CG)	Sulbactam, Tazobactam
	Kombinationen von Penicillinen, inklusive β -Lactamase-Inhibitoren (J01CR)	Ampicillin/ β -Lactamase-Inhibitor Amoxicillin/ β -Lactamase-Inhibitor
J01D Andere β-Lactam-Antibiotika	1.-Generations-Cephalosporine (J01DB)	Cefazolin, Cefalexin
	2.-Generations-Cephalosporine (J01DC)	Cefuroxim, Cefamandol
	3.-Generations-Cephalosporine (J01DD)	Cefotaxim, Cefoperazon
	4.-Generations-Cephalosporine (J01DE)	Cefepim, Cefpirom
	Monobactame (J01DF)	Aztreonam, Carumonam
	Carbapeneme (J01DH)	Meropenem, Ertapenem
	Andere Cephalosporine und Peneme (J01DI)	Ceftarolinfosamil, Ceftolozan und Beta-Lactamase-Inhibitoren
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	Trimethoprim und Derivate (J01EA)	Trimethoprim, Brodimoprim
	Kurz wirkende Sulfonamide (J01EB)	Sulfaisodimidin, Sulfamethizol
	Mittellang wirkende Sulfonamide (J01EC)	Sulfamethoxazol, Sulfadiazin
	Lang wirkende Sulfonamide (J01ED)	Sulfadimethoxin, Sulfalen
	Kombinationen von Sulfonamiden und Trimethoprim, inklusive Derivate (J01EE)	Sulfametrol/Trimethoprim, Sulfadiazin/Trimethoprim
	Makrolide (J01FA)	Azithromycin, Clarithromycin
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	Lincosamide (J01FF)	Clindamycin, Lincomycin
	Streptogramine (J01FG)	Pristinamycin, Quinupristin/Dalfopristin
J01G Aminoglykoside	Streptomycine (J01GA)	Streptomycin, Streptoduocin
	Andere Aminoglykoside (J01GB)	Amikacin, Gentamicin
J01M Chinolone	Fluorochinolone (J01MA)	Ciprofloxacin, Levofloxacin

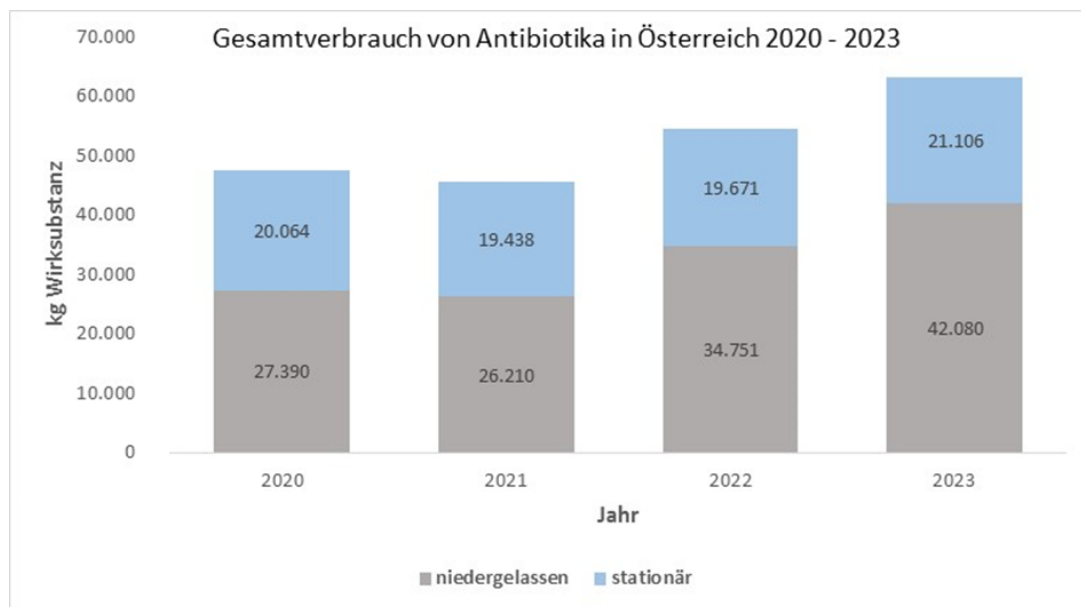
ATC3	ATC4-Gruppen	Beispielsubstanzen
	Andere Chinolone (J01MB)	Nalidixinsäure, Nalidixinsäure
J01R Kombinationen von Antibiotika	Kombinationen von Antibiotika	Levofloxacin/Ornidazol, Ciprofloxacin/Metronidazol
J01X Andere Antibiotika	Glycopeptid-Antibiotika (J01XA)	Dalbavancin, Teicoplanin
	Polymyxine (J01XB)	Colistin, Polymyxin B
	Steroid-Antibiotika (J01XC)	Fusidinsäure
	Imidazol-Derivate (J01XD)	Metronidazol, Ornidazol
	Nitrofurantoin-Derivate (J01XE)	Nitrofurantoin, Furazidin
	Andere Antibiotika (J01XX)	Fosfomycin, Daptomycin

Ergebnisse

Gesamt-Antibiotikaverbrauch in Kilogramm Wirksubstanz

Der systemische Gesamt-Antibiotikaverbrauch in Österreich betrug im Jahr 2023 in der Humanmedizin 63.186 kg Wirkstoff, was eine weitere Steigerung zum Vorjahr bedeutet (Quelle: IQVIA™-Daten). Der Verbrauch im niedergelassenen Bereich machte dabei 66,6 % des Gesamtverbrauchs aus (Abbildung 164).

Abbildung 164: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2020-2023

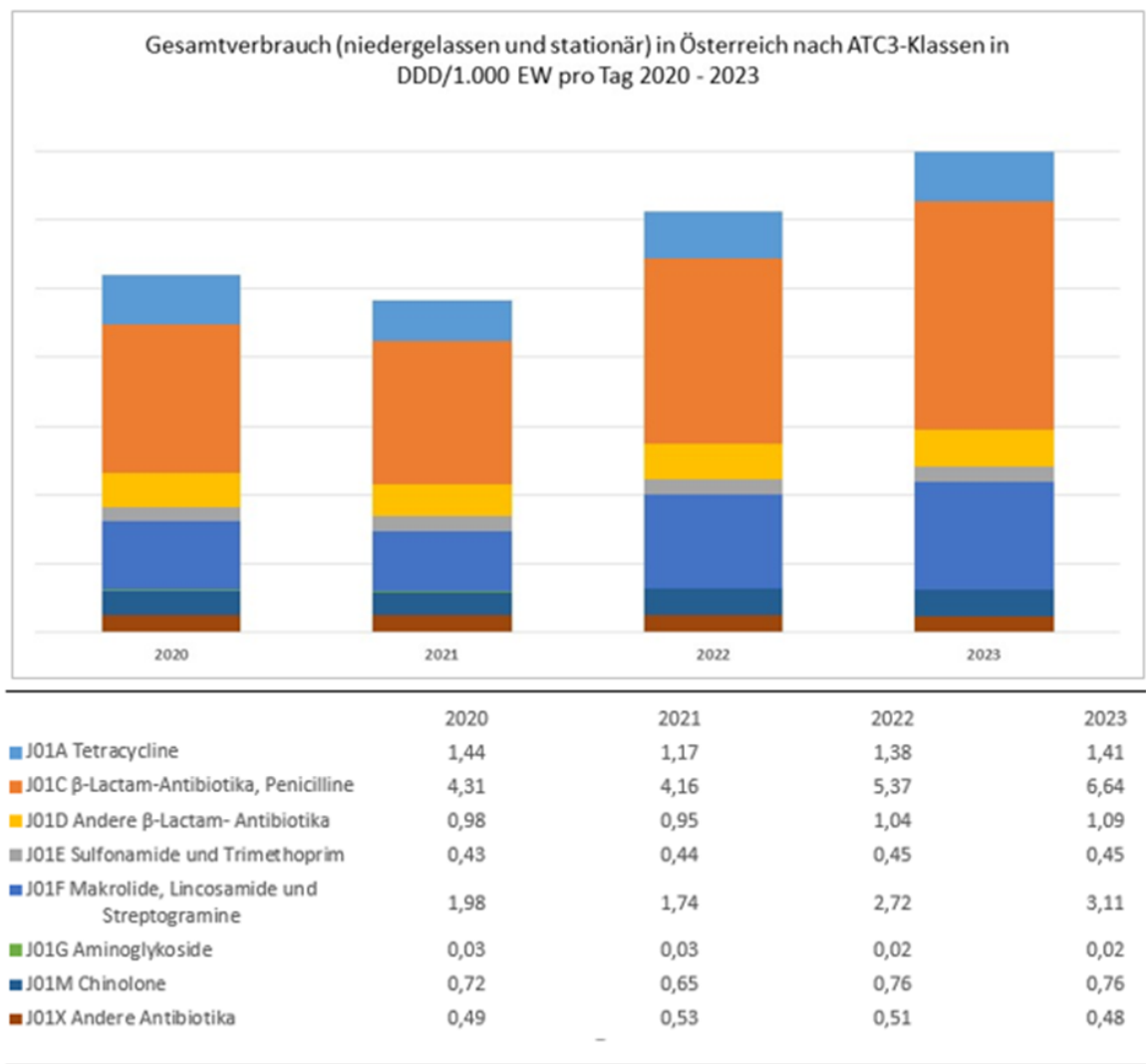


Quelle: IQVIA™

Gesamt-Antibiotikaverbrauch in DDD/1.000 EW pro Tag

Der Gesamtverbrauch im Jahr 2023 lag basierend auf den IQVIA™-Daten bei 13,96 DDD/1.000 EW pro Tag. Dies stellt eine Erhöhung des Verbrauchs im Vergleich zu 2022 dar. ATC3-Klasse β -Lactam Antibiotika, Penicilline (J01C) stellte hierbei, wie auch in den Jahren zuvor, die größte Gruppe dar (Abbildung 165).

Abbildung 165: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2020-2023

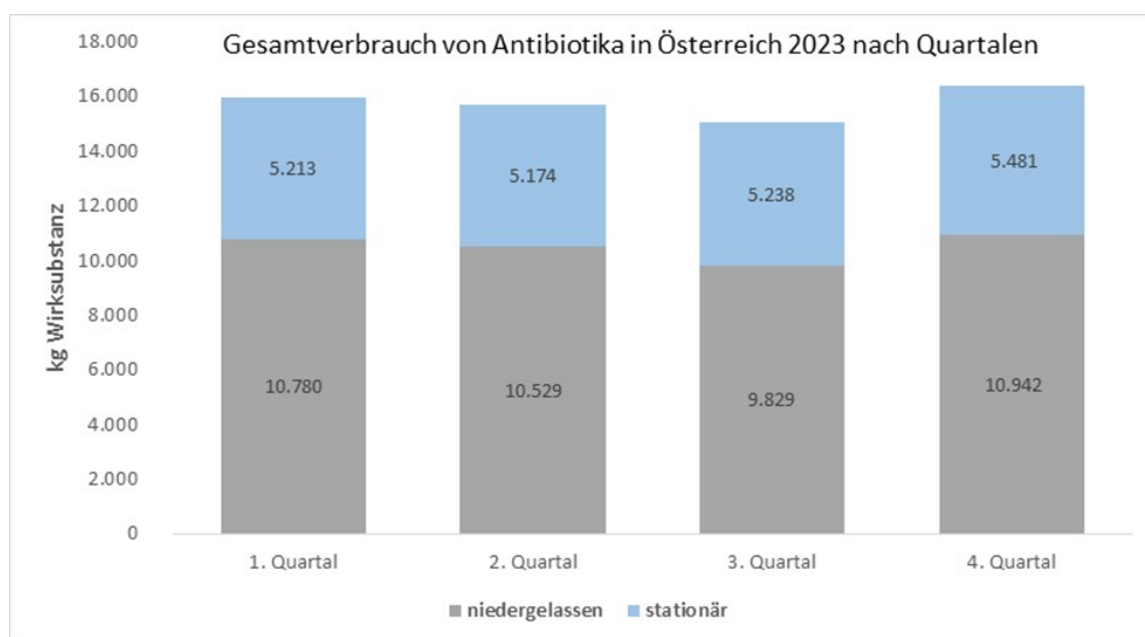


Quelle: IQVIA™

Antibiotikaverbrauch nach Quartalen - Gesamtverbrauch

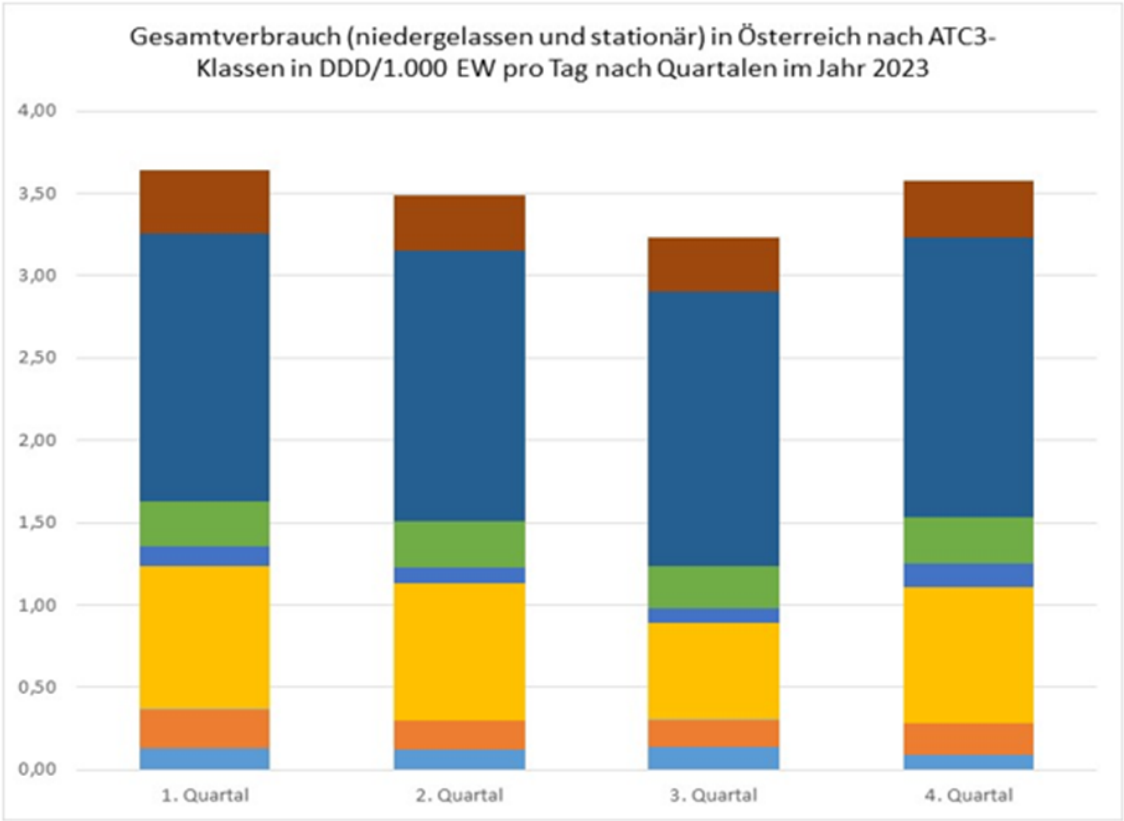
Der Gesamtverbrauch in kg Wirksubstanz reichte von 15.067 kg im dritten Quartal 2023 bis 16.423 kg im vierten Quartal, wobei ähnliche Verbräuche in allen Quartalen erfasst wurden (Abbildung 166). Im Jahr 2023 wurde in allen Quartalen die ATC3-Klasse β -Lactam Antibiotika, Penicilline (J01C) am häufigsten verschrieben (Abbildung 167).

Abbildung 166: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2023 nach Quartalen



Quelle: IQVIA™

Abbildung 167: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag nach Quartalen im Jahr 2023



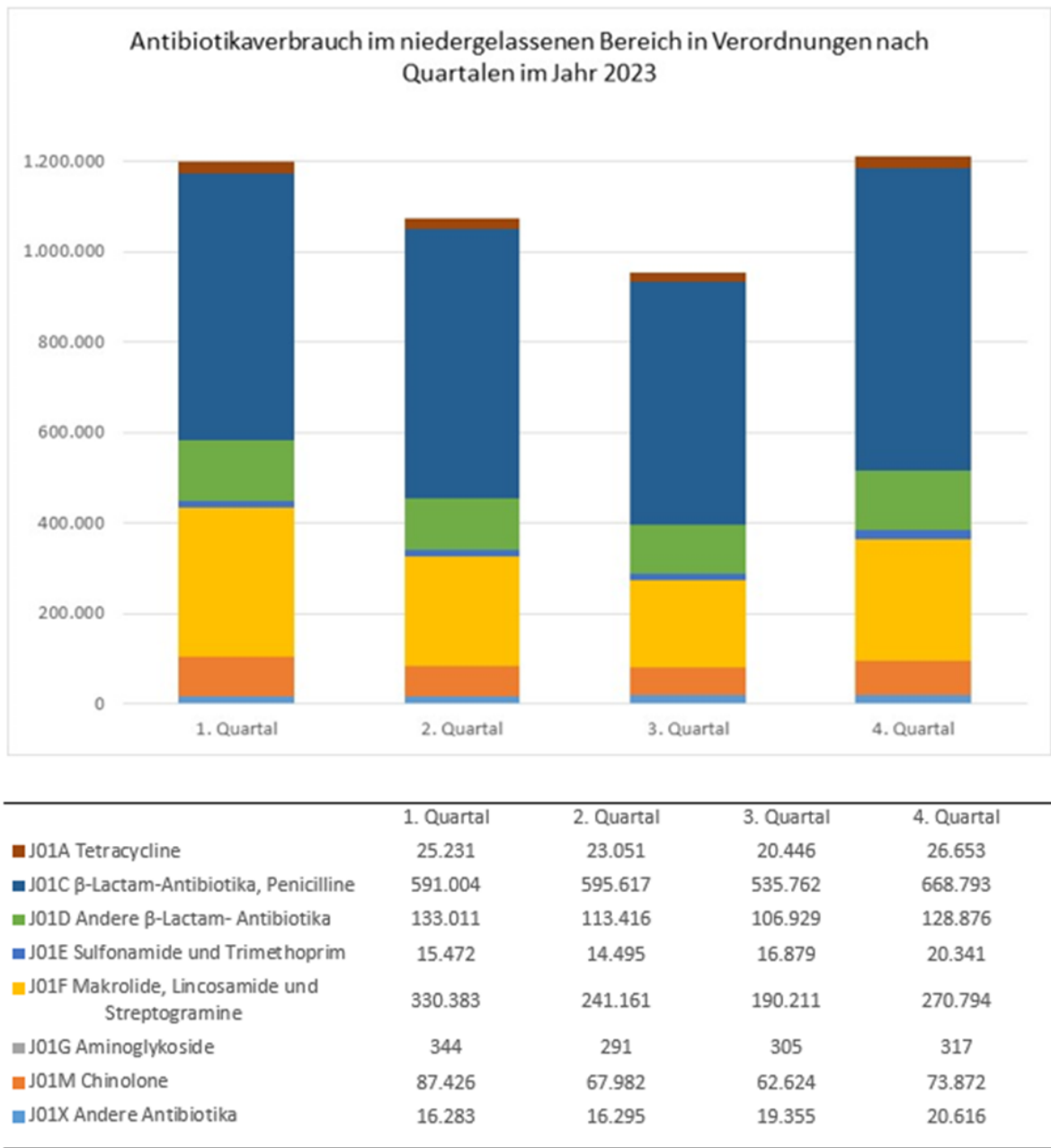
	1. Quartal	2. Quartal	3. Quartal	4. Quartal
J01A Tetracycline	0,38	0,34	0,33	0,35
J01C β-Lactam-Antibiotika, Penicilline	1,63	1,64	1,66	1,70
J01D Andere β-Lactam- Antibiotika	0,27	0,28	0,26	0,28
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	0,12	0,10	0,09	0,14
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	0,87	0,83	0,58	0,83
J01G Aminoglykoside	0,01	0,00	0,01	0,00
J01M Chinolone	0,23	0,18	0,16	0,19
J01X Andere Antibiotika	0,13	0,12	0,14	0,09

Quelle: IQVIA™

Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – niedergelassener Bereich

Im niedergelassenen Bereich registrierte man gemäß Dachverband im Jahr 2023 die höchste Anzahl an Verordnungen im ersten und vierten Quartal (Abbildung 168).

Abbildung 168: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich in Verordnungen nach Quartalen im Jahr 2023

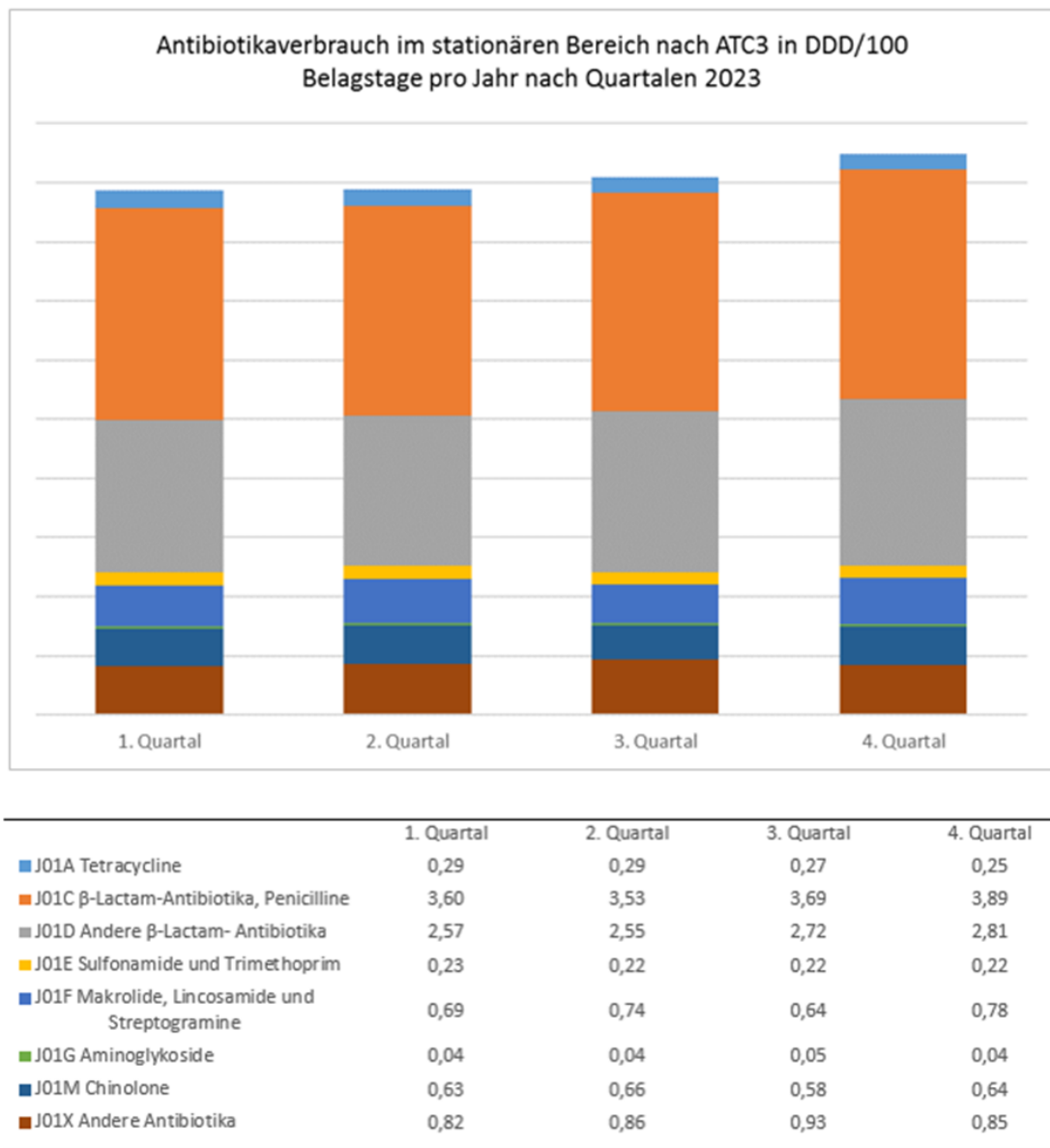


Quelle: Daten des Dachverbandes

Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – stationärer Bereich

Im stationären Bereich zeigte sich laut IQVIA™-Daten im Jahr 2023, ähnlich wie 2022, ein leichter Anstieg des Verbrauchs in den Quartalen 3 und 4, wobei dieser Anstieg nicht bei allen AT3-Klassen aufgetreten ist (Abbildung 169).

Abbildung 169: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr nach Quartalen 2023



Quelle: IQVIA™

Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich

Im Jahr 2023 ergab sich im niedergelassenen Bereich ein Antibiotika-Gesamtverbrauch laut Dachverband-Daten von 9,41 DDD/1.000 EW pro Tag und gemäß IQVIA™-Daten von 12,18 DDD/1.000 EW pro Tag. In beiden Fällen wurde deutlich weniger verbraucht als im Vergleichsjahr 2011, allerdings mehr als im Vorjahr. Laut Dachverband-Daten ergaben sich im Jahr 2023 13,26 Verordnungen/10.000 EW pro Tag (Tabelle 158).

Tabelle 158: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020 – 2023

Datenquelle	2011	2020	2021	2022	2023
IQVIA™ (DDD/1.000 EW)	17,7	8,7	8,02	10,55	12,18
Dachverband (DDD/1.000 EW)	12,85	7,6	10,3	8,98	9,41
Dachverband (Verordnungen/10.000 EW)	18,1	10,9	15,56	12,92	13,26

Quellen: IQVIA™, Dachverband

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2023 laut IQVIA™-Daten (Tabelle 159) der größte Verbrauch bei den β -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,92 DDD/1.000 EW pro Tag gefolgt von der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 2,97 DDD/1.000 EW pro Tag.

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2023 laut Dachverband-Daten (Tabelle 160) ebenfalls der größte Verbrauch bei den β -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 4,97 DDD/1.000 EW pro Tag und bei der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 1,99 DDD/1.000 EW pro Tag. Diese ATC3-Klassen wurden im Jahr 2023 auch am meisten verordnet (Tabelle 161).

Tabelle 159: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2023

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023
J01A Tetracycline	1,32	1,39	1,11	1,33	1,36
J01C β-Lactam-Antibiotika, Penicilline	8,53	3,65	3,54	4,68	5,92
J01D Andere β-Lactam-Antibiotika	2,02	0,49	0,46	0,55	0,57
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	0,57	0,38	0,39	0,41	0,41
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	3,72	1,85	1,62	2,59	2,97
J01G Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01
J01M Chinolone	1,48	0,60	0,53	0,63	0,63

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023
J01X Andere Antibiotika	0,05	0,33	0,35	0,35	0,31

Quelle: IQVIA™

Tabelle 160: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2023

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023
J01A Tetracycline	1,15	0,28	0,34	0,35	0,35
J01C β -Lactam-Antibiotika, Penicilline	4,59	3,71	3,57	4,63	4,97
J01D Andere β -Lactam-Antibiotika	1,69	1,02	1,04	1,12	1,10
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	0,47	0,23	0,23	0,18	0,20
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	3,39	1,47	1,39	1,92	1,99
J01G Aminoglykoside	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01
J01M Chinolone	1,29	0,57	0,52	0,57	0,58
J01X Andere Antibiotika	0,25	0,31	0,21	0,21	0,21

Quelle: Daten des Dachverbandes

Tabelle 161: Antibiotikaverbrauch nach ATC3-Klassen im niedergelassenen Bereich nach Verordnungen/10.000 EW pro Tag 2011, 2020–2023

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023
J01A Tetracycline	0,80	0,20	0,30	0,30	0,29
J01C β -Lactam-Antibiotika, Penicilline	6,50	5,40	5,30	6,70	7,20
J01D Andere β -Lactam-Antibiotika	2,80	1,40	1,50	1,70	1,45
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	0,30	0,20	0,20	0,20	0,20
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	5,20	2,30	2,20	3,00	3,11

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023
J01G Aminoglykoside	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01M Chinolone	2,10	0,80	0,70	0,80	0,79
J01X Andere Antibiotika	0,40	0,60	0,20	0,20	0,22

Quelle: Daten des Dachverbandes

Nach ATC4-Klassen-Auswertung zeigt sich laut IQVIA™-Daten (Tabelle 162) bei den Penicillinkombinationen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) im Jahr 2023 mit 4,55 DDD/1.000 EW pro Tag der höchste Verbrauch.

Nach ATC4-Klassen-Auswertung zeigt sich laut Dachverband-Daten (Tabelle 163) ebenfalls bei den Penicillinkombinationen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) im Jahr 2023 mit 3,64 DDD/1.000 EW pro Tag der höchste Verbrauch.

Tabelle 162: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011 und 2020 – 2023

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA Tetracycline	1,32	1,39	1,11	1,33	1,36
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	6,69	0,86	0,82	1,13	1,36
J01CE β -Lactamase sensitive Penicilline	0,93	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CF β -Lactamase resistente Penicilline	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CG β -Lactamase-Inhibitoren	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CR Penicillinkombinationen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren	0,90	2,79	2,71	3,55	4,55
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,34	0,31	0,30	0,25	0,29
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,88	0,15	0,14	0,26	0,22
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,80	0,03	0,02	0,04	0,06

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,45	0,21	0,21	0,22	0,19
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprim-Kombinationen inkl. Derivate	0,12	0,17	0,19	0,19	0,21
J01FA Makrolide	2,88	1,28	1,06	1,90	2,19
J01FF Lincosamide	0,84	0,57	0,56	0,69	0,78
J01GB Andere Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01
J01MA Fluorochinolone	1,48	0,6	0,53	0,63	0,63
J01XA Glycopeptide	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01XB Polymyxine	-	0,01	0,01	0,01	0,01
J01XC Steroid-Antibiotika	0,04	0,02	0,02	0,01	0,02
J01XD Imidazol-Derivate	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02
J01XE Nitrofurantoin-Derivate	-	0,29	0,31	0,31	0,27
J01XX Andere Antibiotika	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01

Quelle: IQVIA™

Tabelle 163: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 – 2023

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA Tetracycline	1,15	0,28	0,34	0,35	0,35

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,74	0,72	0,70	0,89	0,99
J01CE β -Lactamase sensitive Penicilline	0,86	0,40	0,30	0,47	0,35
J01CF β -Lactamase resistente Penicilline	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CG β -Lactamase-Inhibitoren	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CR Penicillinkombinationen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren	2,98	2,59	2,58	3,27	3,64
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,31	0,28	0,28	0,24	0,24
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,71	0,62	0,57	0,72	0,73
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,67	0,11	0,18	0,16	0,12
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,15	0,10	0,09	0,09	0,08
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,32	0,13	0,14	0,09	0,12
J01FA Makrolide	2,69	0,94	0,87	1,33	1,28
J01FF Lincosamide	0,70	0,53	0,52	0,59	0,71
J01GB Andere Aminoglykoside	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01
J01MA Fluorochinolone	1,29	0,57	0,52	0,57	0,58
J01XA Glycopeptide	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01XB Polymyxine	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
J01XC Steroid-Antibiotika	0,04	0,02	0,02	0,01	0,01
J01XD Imidazol-Derivate	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01XE Nitrofuran-Derivate	0,17	0,24	0,17	0,16	0,17
J01XX Andere Antibiotika	0,03	0,04	0,02	0,02	0,02

Quelle: Daten des Dachverbandes

Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich

Der Gesamtverbrauch im Jahr 2023 im stationären Bereich betrug laut IQVIA™-Daten 36,35 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Die Penicilline (J01C) hatten mit 14,71 DDD/100 Belagstage pro Jahr den größten Anteil, gefolgt von den anderen β -Lactam-Antibiotika (J01D) mit 10,66 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 164).

Tabelle 164: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020–2023

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023
J01A Tetracycline	0,87	1,06	1,02	1,08	1,10
J01C β -Lactam-Antibiotika, Penicilline	32,94	12,39	11,84	14,14	14,71
J01D Andere β -Lactam-Antibiotika	10,48	9,33	9,25	9,99	10,66
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	1,27	0,82	0,89	0,90	0,88
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	3,99	2,52	2,22	2,67	2,85
J01G Aminoglykoside	0,61	0,23	0,21	0,18	0,17
J01M Chinolone	6,35	2,48	2,23	2,57	2,52
J01X Andere Antibiotika	2,25	3,10	3,36	3,42	3,46

Quelle: IQVIA™

Bei den ATC4-Klassen zeigte sich 2023 der höchste stationäre Verbrauch bei den Penicillinkombinationen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) mit 13,20

DDD/100 Belagstage pro Jahr, gefolgt von 2.-Generations-Cephalosporinen (J01DC) mit 3,22 DDD/100 Belagstage pro Jahr und den 3.-Generations-Cephalosporinen (J01DD) mit 2,56 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 165).

Tabelle 165: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC4 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020 – 2023

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA Tetracycline	0,87	1,06	1,02	1,08	1,10
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	28,53	0,77	0,80	0,95	0,96
J01CE β-Lactamase sensitive Penicilline	0,88	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CF β-Lactamase resistente Penicilline	0,31	0,44	0,49	0,48	0,54
J01CG β-Lactamase-Inhibitoren	-	0,00	0,00	0,01	0,00
J01CR Penicillinkombinationen inkl. β-Lactamase-Inhibitoren	3,23	11,18	10,54	12,70	13,20
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	2,05	1,67	1,75	1,93	2,10
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	4,06	2,94	2,68	3,10	3,22
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	1,81	2,23	2,19	2,36	2,56
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,61	0,42	0,44	0,42	0,42
J01DF Monobactame	0,02	0,04	0,05	0,04	0,04
J01DH Carbapeneme	1,93	1,98	2,14	2,11	2,29
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,05	0,01	0,02	0,03
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,94	0,41	0,38	0,40	0,36
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	0,15	0,00	0,00	0,00	0,00

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,32	0,41	0,51	0,50	0,52
J01FA Makrolide	2,27	1,45	1,21	1,50	1,60
J01FF Lincosamide	1,72	1,06	1,01	1,17	1,25
J01GB Andere Aminoglykoside	0,61	0,23	0,21	0,18	0,17
J01MA Fluorochinolone	6,35	2,48	2,23	2,57	2,52
J01XA Glycopeptide	0,46	0,41	0,46	0,45	0,44
J01XB Polymyxine	-	0,03	0,03	0,03	0,03
J01XC Steroid-Antibiotika	0,22	0,07	0,08	0,06	0,06
J01XD Imidazol-Derivate	0,99	1,04	1,03	0,98	0,99
J01XE Nitrofuran-Derivate	-	0,11	0,11	0,13	0,12
J01XX Andere Antibiotika	0,57	1,43	1,65	1,77	1,81

Quelle: IQVIA™

Antibiotikaverbrauch nach Substanzklassen

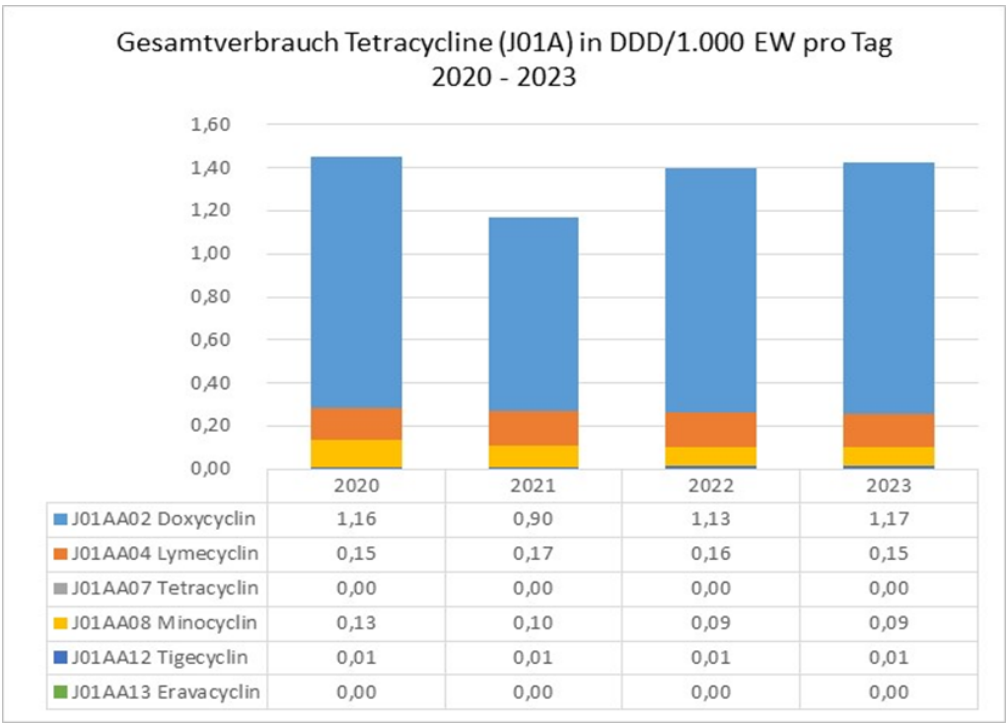
Im folgenden Kapitel wird der Antibiotikaverbrauch für jede ATC3-Klasse und deren ATC4-Gruppen als Gesamtverbrauch und Verbrauch im niedergelassenen und stationären Bereich dargestellt.

Tetracycline (J01A)

Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A)

Der Gesamtverbrauch von Tetracyclinen (J01A) betrug im Jahr 2023 gemäß IQVIA™ - Daten 1,42 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 170). Der Hauptanteil des Verbrauches lag bei Doxycyclin (J01AA02) mit 1,17 DDD/1.000 EW pro Tag.

Abbildung 170: Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 – 2023



Quelle: IQVIA™

Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Tetracyclinverbrauch (J01A) im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 1,36 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 166) und gemäß Dachverbandverband-Daten 0,34 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 167).

Tabelle 166: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 – 2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA02 Doxycyclin	1,32	1,12	0,85	1,08	1,12
J01AA04 Lymecyclin	-	0,15	0,17	0,16	0,15
J01AA07 Tetracyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA08 Minocyclin	-	0,12	0,09	0,09	0,09

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA12 Tigecyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA13 Eravacyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00

Quelle: IQVIA™

Tabelle 167: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA02 Doxycyclin	0,93	0,13	0,11	0,13	0,13
J01AA04 Lymecyclin	-	0,14	0,15	0,15	0,14
J01AA07 Tetracyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA08 Minocyclin	0,22	0,01	0,08	0,07	0,07
J01AA12 Tigecyclin	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA13 Eravacyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich

Im stationären Bereich lag 2023 gemäß IQVIA™-Daten der größte Verbrauch bei Doxycyclin (J01AA02; 0,97 DDD/100 Belagstage pro Jahr), gefolgt von Tigecyclin (J01AA12; 0,10 DDD/100 Belagstage pro Jahr). Insgesamt lag der stationäre Tetracyclin-Verbrauch bei 1,09 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 168).

Tabelle 168: Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2023

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA02 Doxycyclin	0,88	0,93	0,88	0,95	0,97
J01AA04 Lymecyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023
J01AA07 Tetracyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA08 Minocyclin	-	0,03	0,02	0,02	0,02
J01AA12 Tigecyclin	0,11	0,10	0,12	0,11	0,10
J01AA13 Eravacyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00

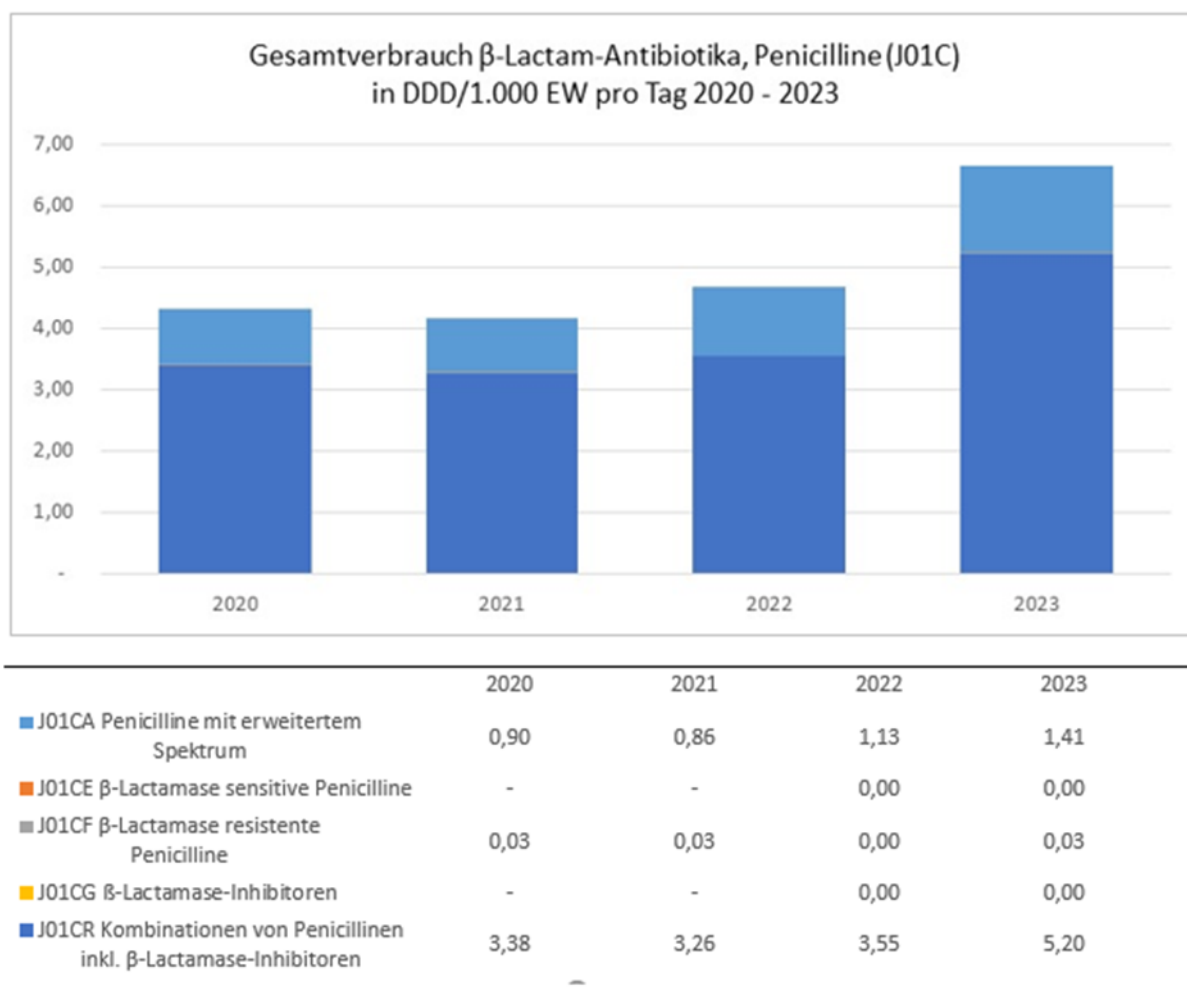
Quelle: IQVIA™

β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C)

Gesamtverbrauch β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C)

Gemäß den IQVIA™-Daten betrug der Gesamtverbrauch der β-Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im Jahr 2023 6,64 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 171). Dies stellt eine Steigerung des Verbrauchs im Vergleich zu den Vorjahren dar, wobei die größte Steigerung Kombinationen von Penicillinen inkl. β-Lactamase-Inhibitoren (J01CR) zu verzeichnen ist.

Abbildung 171: Gesamtverbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 – 2023



Quelle: IQVIA™

Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich

Der Verbrauch der Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich betrug im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 5,91 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 169) und gemäß Dachverbanddaten 4,98 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 170). Dabei machten die Kombinationen von Penicillinen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) mit 4,55 DDD/1.000 EW pro Tag laut IQVIA™-Daten und mit 3,64 DDD/1.000 EW pro Tag laut Dachverband-Daten den größten Anteil aus.

Tabelle 169: Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01C β-Lactam-Antibiotika, Penicilline	2011	2020	2021	2022	2023
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	6,69	0,86	0,82	1,13	1,36
J01CE β-Lactamase sensitive Penicilline	0,93	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CF β-Lactamase resistente Penicilline	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CG β-Lactamase-Inhibitoren	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CR Kombinationen von Penicillinen inkl. β-Lactamase-Inhibitoren	0,90	2,79	2,71	3,55	4,55

Quelle: IQVIA™

Tabelle 170: Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01C β-Lactam-Antibiotika, Penicilline	2011	2020	2021	2022	2023
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,74	0,72	0,70	0,89	0,99
J01CE β-Lactamase sensitive Penicilline	0,86	0,40	0,30	0,47	0,35
J01CF β-Lactamase resistente Penicilline	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CG β-Lactamase-Inhibitoren	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CR Kombinationen von Penicillinen inkl. β-Lactamase-Inhibitoren	2,98	2,59	2,58	3,27	3,64

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der β -Lactam-Antibiotika, Penicilline im Jahr 2023 14,7 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Der höchste Verbrauch wurde bei den Kombinationen von Penicillinen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren registriert (13,2 DDD/100 Belagstage pro Jahr) (Tabelle 171).

Tabelle 171: Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2023

J01C β -Lactam-Antibiotika, Penicilline	2011	2020	2021	2022	2023
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	28,53	0,77	0,80	0,95	0,96
J01CE β -Lactamase sensitive Penicilline	0,88	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CF β -Lactamase resistente Penicilline	0,31	0,44	0,49	0,48	0,54
J01CG β -Lactamase-Inhibitoren	-	0,00	0,00	0,01	0,00
J01CR Kombinationen von Penicillinen inkl. β -Lactamase-Inhibitoren	3,23	11,18	10,54	12,70	13,20

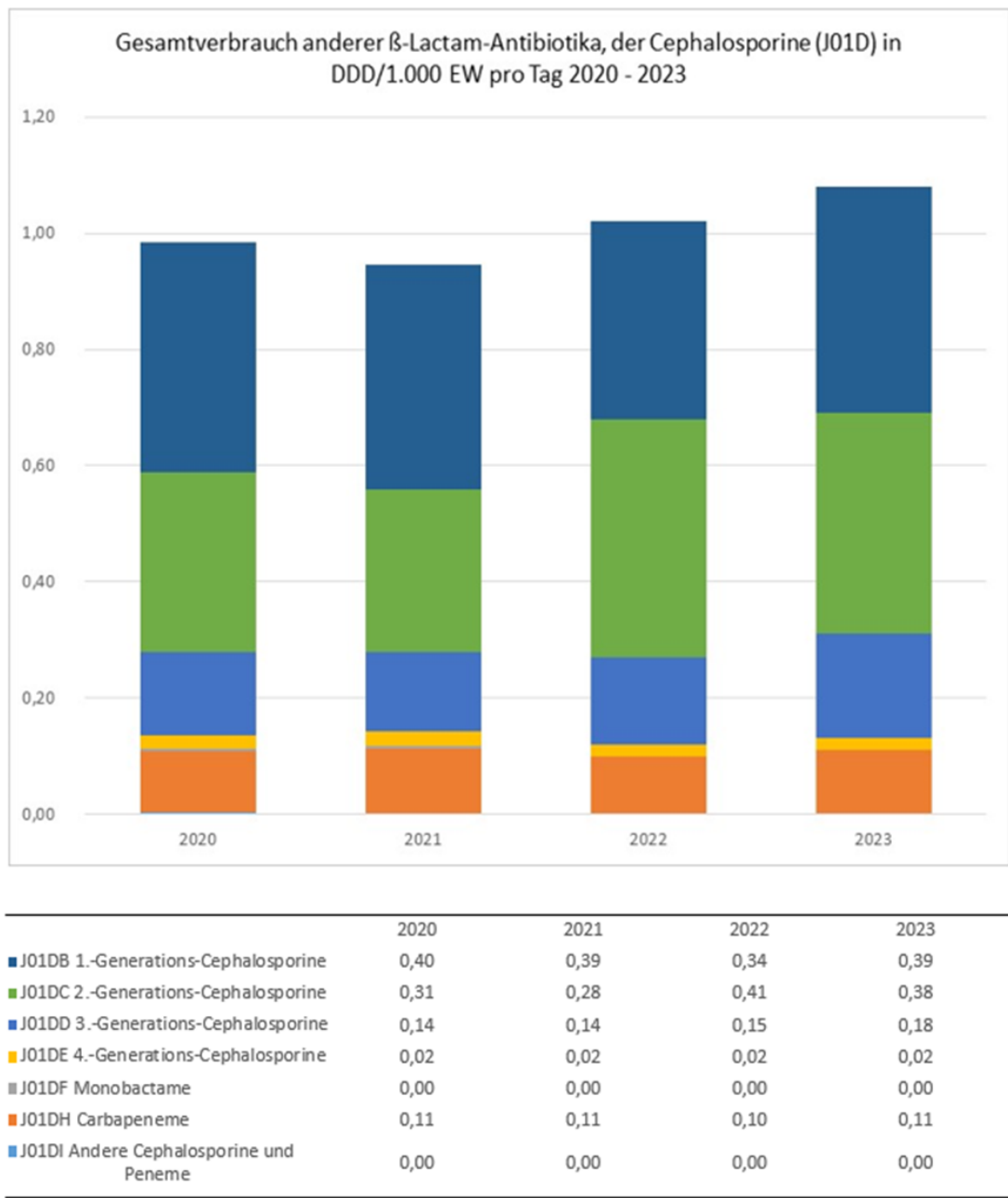
Quelle: IQVIA™

Andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D)

Gesamtverbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D)

Gemäß den IQVIA™-Daten betrug der Gesamtverbrauch der ATC3-Klasse Andere β -Lactam-Antibiotika (Cephalosporine) (J01D) im Jahr 2023 1,08 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 172).

Abbildung 172: Gesamtverbrauch anderer β -Lactam-Antibiotika, der Cephalosporine (J01D) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023



Quelle: IQVIA™

Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Verbrauch der Cephalosporine (J01D) im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 0,57 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 172) und gemäß Dachverband-Verbrauchsdaten 1,09 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 173).

Tabelle 172: Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023

J01D Andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,34	0,31	0,30	0,25	0,29
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,88	0,15	0,14	0,26	0,22
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,80	0,03	0,02	0,04	0,06
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,00	0,00	0,00	0,00

Quelle: IQVIA™

Tabelle 173: Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 - 2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01D Andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,31	0,28	0,28	0,24	0,24
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,71	0,62	0,57	0,72	0,73

J01D Andere β-Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,67	0,11	0,18	0,16	0,12
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	-	-	0,00	0,00

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der Cephalosporine (J01D) im Jahr 2023 10,66 DDD/100 Belagstage. Der größte Verbrauch für 2023 lässt sich bei J01DC (2.-Generations-Cephalosporine) erkennen (Tabelle 174).

Tabelle 174: Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage im Jahr 2011 und 2020 - 2023

J01D Andere β-Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	2,05	1,67	1,75	1,93	2,10
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	4,06	2,94	2,68	3,10	3,22
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	1,81	2,23	2,19	2,36	2,56
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,61	0,42	0,44	0,42	0,42
J01DF Monobactame	0,02	0,04	0,05	0,04	0,04
J01DH Carbapeneme	1,93	1,98	2,14	2,11	2,29

J01D Andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,05	0,01	0,02	0,03

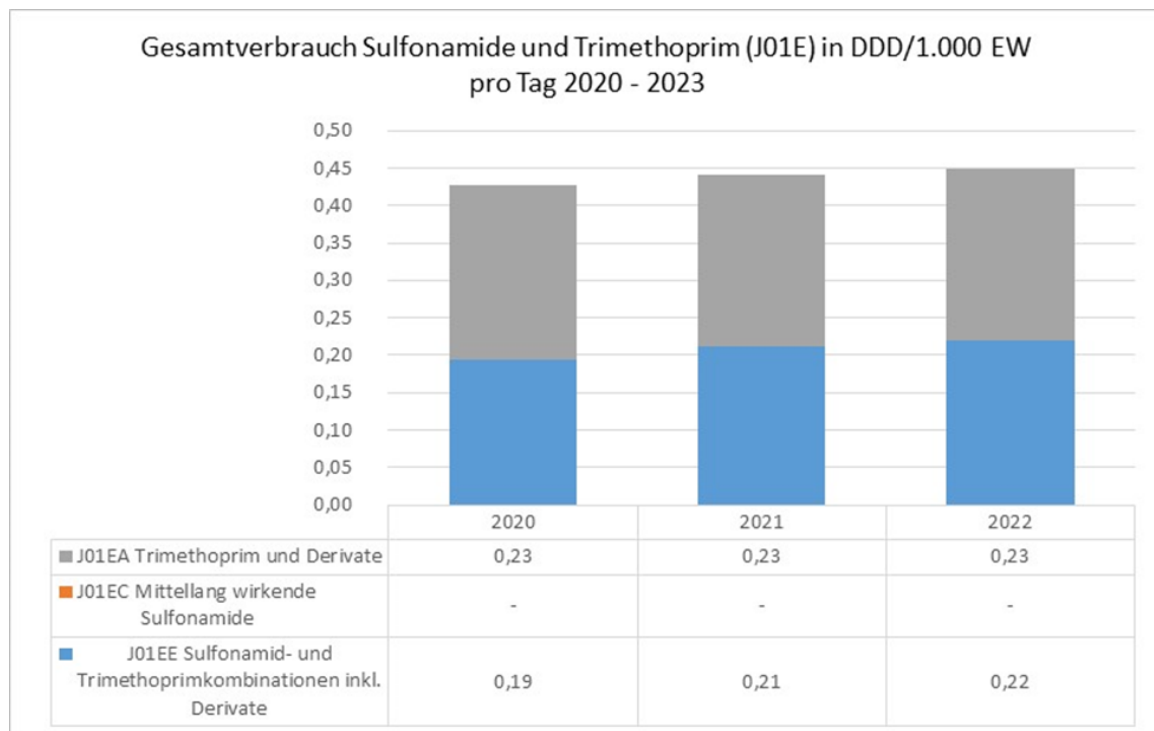
Quelle: IQVIA™

Sulfonamide und Trimethoprim (J01E)

Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E)

Gemäß den IQVIA™-Daten betrug der Gesamtverbrauch von Sulfonamiden und Trimethoprim (J01E) im Jahr 2023 0,45 DDD/1.000 EW pro Tag, welcher dem Verbrauch der Vorjahre entspricht (Abbildung 173).

Abbildung 173: Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023



Quelle: IQVIA™

Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Antibiotikaverbrauch der Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 0,4 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 175) und gemäß Dachverband-Daten 0,2 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 176).

Tabelle 175: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01E Sulfonamide und Trimethoprim	2011	2020	2021	2022	2023
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,45	0,21	0,21	0,22	0,19
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,12	0,17	0,19	0,19	0,21

Quelle: IQVIA™

Tabelle 176: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2023 in DDD/ 1.000 EW pro Tag

J01E Sulfonamide und Trimethoprim	2011	2020	2021	2022	2023
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,15	0,10	0,09	0,90	0,08
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	-	-	-	-	-
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,32	0,13	0,14	0,90	0,12

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der Sulfonamide und Trimethoprim im Jahr 2023 0,88 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 177).

Tabelle 177: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr in den Jahren 2011 und 2020-2023

J01E Sulfonamide und Trimethoprim	2011	2020	2021	2022	2023
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,94	0,41	0,38	0,40	0,36
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	0,15	0,00	0,00	0,00	0,00
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,17	0,41	0,51	0,50	0,52

Quelle: IQVIA™

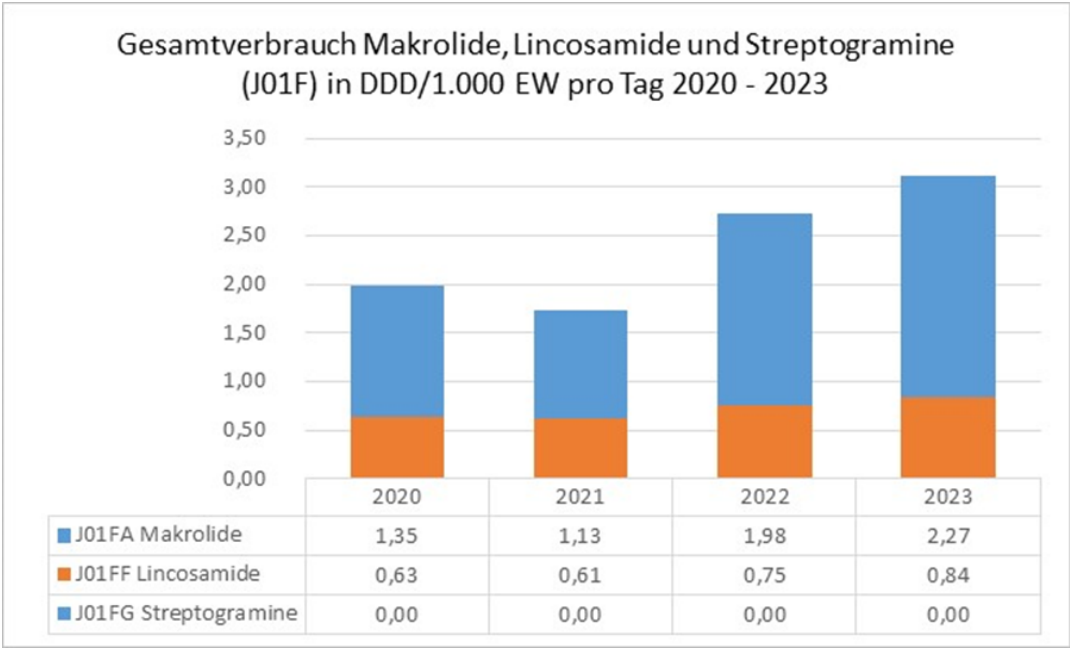
Makrolide, Lincosamide und Streptogramine³⁵ (MLS; J01F)

Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F)

Der Gesamtverbrauch der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) betrug laut IQVIA™-Daten von 3,11 DDD/1.000 EW pro Tag im Jahr 2023 (Abbildung 174). Der Hauptanteil des Verbrauches lag bei den Makroliden (J01FA) mit 2,27 DDD/1.000 EW pro Tag.

³⁵ Streptogramine sind nicht auf dem Markt erhältlich.

Abbildung 174: Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) in DDD/1.000 EW pro Tag 2019 - 2022



Quelle: IQVIA™

Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich wurde für die ATC3-Klasse J01F (Makrolide, Lincosamide und Streptogramine) im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten ein Verbrauch von 2,79 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 178) und gemäß Dachverband-Daten von 1,87 DDD/1.000 EW pro Tag registriert (Tabelle 179).

Tabelle 178: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	2011	2020	2021	2022	2023
J01FA Makrolide	2,88	1,28	1,06	1,90	2,19
J01FF Lincosamide	0,84	0,57	0,56	0,69	0,78
J01FG Streptogramine	-	-	-	-	-

Quelle: IQVIA™

Tabelle 179: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	2011	2020	2021	2022	2023
J01FA Makrolide	2,69	0,94	0,87	1,33	1,28
J01FF Lincosamide	0,70	0,60	0,53	0,52	0,59
J01FG Streptogramine	-	-	-	-	-

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) im stationären Bereich

Im stationären Bereich wurde für die ATC3-Klasse J01F (Makrolide, Lincosamide und Streptogramine) im Jahr 2023 ein Verbrauch von 2,85 DDD/100 Belagstage registriert. Dabei entfiel auf die Substanzklasse Makrolide (J01FA) ein Verbrauch von 1,6 DDD/100 Belagstage und auf die Lincosamide (J01FF) ein Verbrauch von 1,25 DDD/100 Belagstage (Tabelle 180).

Tabelle 180: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2023

J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	2011	2020	2021	2022	2023
J01FA Makrolide	2,27	1,45	1,21	1,50	1,60
J01FF Lincosamide	1,72	1,06	1,01	1,17	1,25
J01FG Streptogramine	-	-	-	-	-

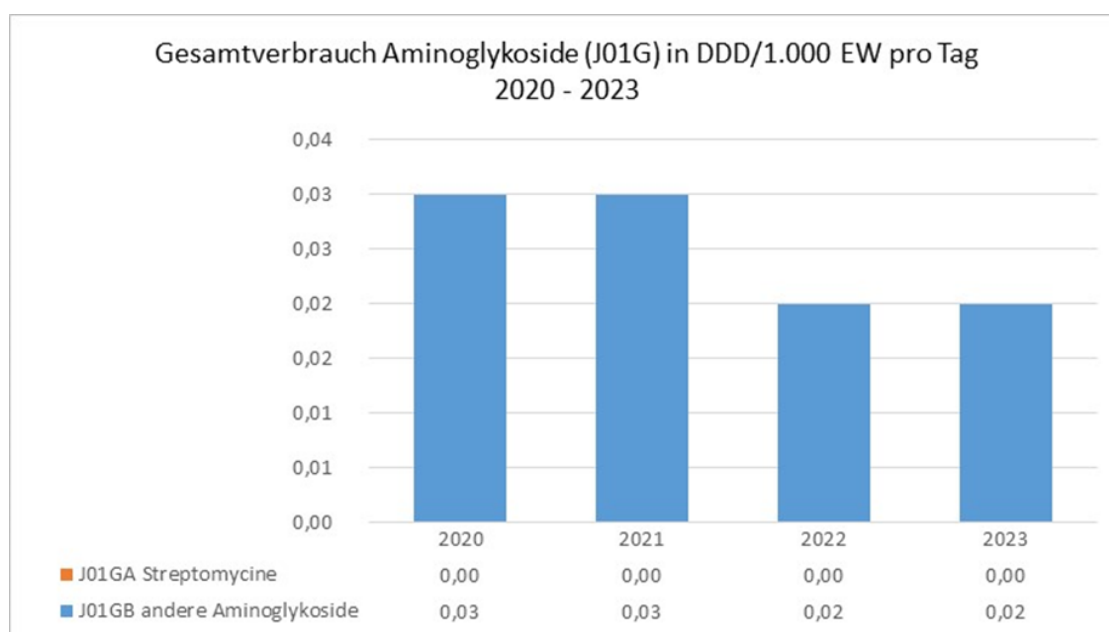
Quelle: IQVIA™

Aminoglykosid-Antibiotika (J01G)

Gesamtverbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G)

Der Gesamtverbrauch der Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) lag laut IQVIA™ 2023 bei 0,02 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 175).

Abbildung 175: Gesamtverbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023



Quelle: IQVIA

Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich wurden 2023 0,01 DDD/1.000 EW pro Tag verbraucht, sowohl laut IQVIA™-Daten als auch laut Dachverband (Tabelle 181 und Tabelle 182).

Tabelle 181: Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01G Aminoglykoside	2011	2020	2021	2022	2023
J01GA Streptomycine	-	-	-	-	-
J01GB andere Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01

Quelle: IQVIA™

Tabelle 182: Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01G Aminoglykoside	2011	2020	2021	2022	2023
J01GA Streptomycine	-	-	-	-	-
J01GB andere Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01

Daten des Dachverbandes

Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im stationären Bereich

Im stationären Bereich lag der Verbrauch der Aminoglykosid-Antibiotika 2023 bei 0,17 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 183).

Tabelle 183: Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2023

J01G Aminoglykoside	2011	2020	2021	2022	2023
J01GA Streptomycine	-	-	-	-	-
J01GB andere Aminoglykoside	0,61	0,23	0,21	0,18	0,17

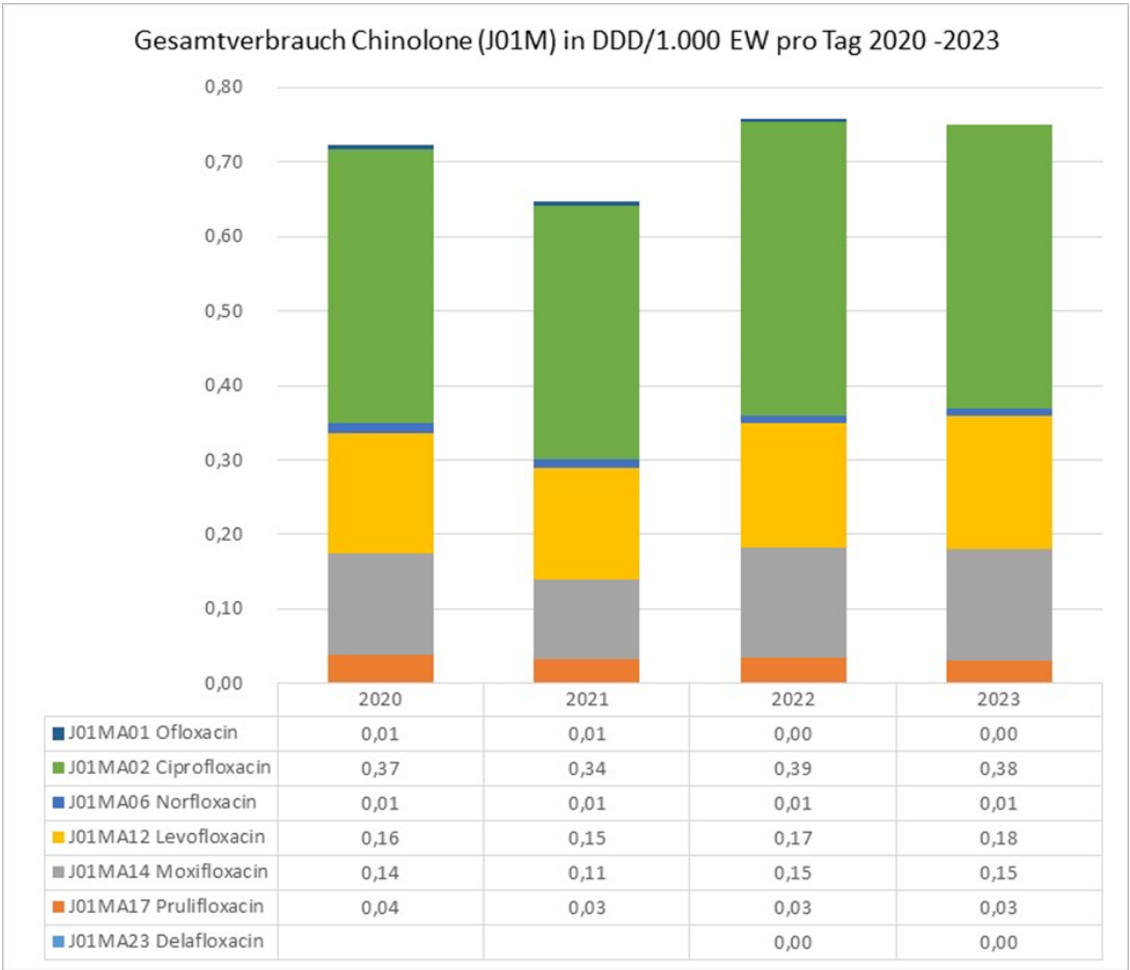
Quelle: IQVIA™

Chinolone (J01M)

Gesamtverbrauch Chinolone (J01M)

Der Gesamtverbrauch der Chinolone (J01M) im Jahr 2023 betrug 0,75 DDD/1.000 EW pro Tag (176). Der höchste Verbrauch bei den Chinolonen wurde 2023 für Ciprofloxacin (J01MA02) mit 0,38 DDD/1.000 EW pro Tag registriert.

Abbildung 176: Gesamtverbrauch Chinolone (J01M) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 -2023



Quelle: IQVIA™

Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Antibiotikaverbrauch der Chinolone im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 0,64 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 184) und gemäß

Dachverband-Daten 0,59 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 185). Der Hauptanteil des Verbrauches im Jahr 2023 lag laut beiden Datenquellen bei Ciprofloxacin (J01MA02) mit 0,34 DDD/1.000 EW pro Tag (IQVIA™-Daten) bzw. 0,31 DDD/1.000 EW und Tag (Dachverband-Daten).

Tabelle 184: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01M Chinolone	2011	2020	2021	2022	2023
J01MA01 Ofloxacin	0,06	0,01	0,01	0,00	0,00
J01MA02 Ciprofloxacin	0,87	0,32	0,30	0,35	0,34
J01MA06 Norfloxacin	0,15	0,01	0,01	0,01	0,01
J01MA12 Levofloxacin	0,14	0,12	0,11	0,12	0,14
J01MA14 Moxifloxacin	0,27	0,10	0,08	0,11	0,12
J01MA17 Prulifloxacin	-	0,04	0,03	0,03	0,03
J01MA23 Delafloxacin	-	-	-	0,00	0,00

Quelle: IQVIA™

Tabelle 185: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01M Chinolone	2011	2020	2021	2022	2023
J01MA01 Ofloxacin	0,06	0,01	0,00	0,00	0,00
J01MA02 Ciprofloxacin	0,69	0,31	0,29	0,31	0,31
J01MA06 Norfloxacin	0,13	0,01	0,01	0,01	0,01
J01MA12 Levofloxacin	0,13	0,11	0,10	0,11	0,13
J01MA14 Moxifloxacin	0,24	0,09	0,08	0,10	0,11
J01MA17 Prulifloxacin	0,04	0,04	0,03	0,03	0,03
J01MA23 Delafloxacin	-	-	-	0,00	0,00

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der Chinolone (J01M) im Jahr 2023 2,51 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 186).

Tabelle 186: Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2023

J01M Chinolone	2011	2020	2021	2022	2023
J01MA01 Ofloxacin	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00
J01MA02 Ciprofloxacin	3,52	0,89	0,80	0,95	0,90
J01MA06 Norfloxacin	0,03	0,00	0,00	0,00	0,01
J01MA12 Levofloxacin	1,19	0,89	0,82	0,92	0,93
J01MA14 Moxifloxacin	1,57	0,70	0,61	0,68	0,66
J01MA17 Prulifloxacin	-	0,00	0,00	0,00	0,00
J01MA23 Delafloxacin	-	-	-	0,00	0,01

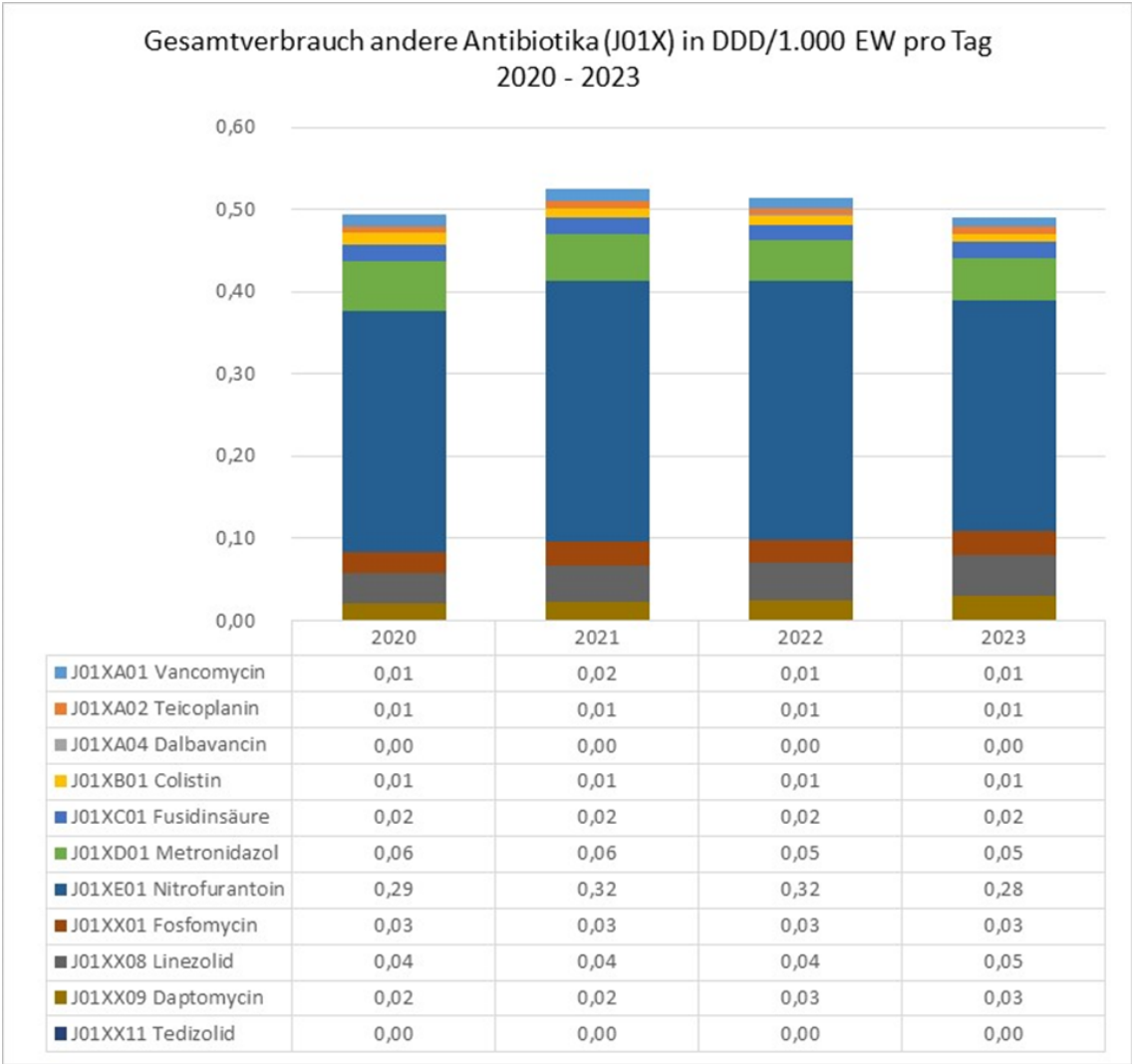
Quelle: IQVIA™

Andere Antibiotika (J01X)

Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X)

Der Gesamtverbrauch der Klasse andere Antibiotika (J01X) betrug im Jahr 2023 0,49 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 177). Der höchste Verbrauch lag mit 0,28 DDD/1.000 EW pro Tag bei Nitrofurantoin (J01XE01).

Abbildung 177: Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023



Quelle: IQVIA™

Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Verbrauch der Substanzklasse andere Antibiotika (J01X) im Jahr 2023 gemäß IQVIA™-Daten 0,31 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 187) und gemäß Dachverband-Verbrauchsdaten 0,21 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 188).

Tabelle 187: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023
J01XA01 Vancomycin	0,0011	0,0002	0,0002	0,0003	0,0002
J01XA02 Teicoplanin	0,0008	0,0001	0,0001	0,0002	0,0001
J01XB01 Colistin	-	0,0000	0,0001	0,0001	0,0001
J01XC01 Fusidinsäure	0,0376	0,0115	0,0102	0,0102	0,0095
J01XD01 Metronidazol	0,0015	0,0171	0,0157	0,0146	0,0145
J01XE01 Nitrofurantoin	-	0,0044	0,0021	0,0023	0,0019
J01XX01 Fosfomycin	0,0002	0,2872	0,3116	0,3095	0,2730
J01XX08 Linezolid	0,0049	0,0001	0,0002	0,0000	0,0001
J01XX09 Daptomycin	-	0,0076	0,0085	0,0108	0,0109
J01XX11 Tedizolid	-	0,0001	0,0001	0,0002	0,0000

Quelle: IQVIA™

Tabelle 188: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011, 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023
J01XA01 Vancomycin	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
J01XA02 Teicoplanin	0,0010	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001
J01XA04 Dalbavancin	-	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
J01XB01 Colistin	0,0073	0,0107	0,0101	0,0087	0,0080
J01XC01 Fusidinsäure	0,0377	0,0167	0,0152	0,0138	0,0137
J01XD01 Metronidazol	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001
J01XE01 Nitrofurantoin	0,1747	0,2401	0,1724	0,1643	0,1654
J01XX01 Fosfomycin	0,0214	0,0336	0,0079	0,0077	0,0083
J01XX08 Linezolid	0,0047	0,0072	0,0082	0,0099	0,0100

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023
J01XX09 Daptomycin	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
J01XX11 Tedizolid	-	0,0002	0,0003	0,0003	0,0003

Quelle: Daten des Dachverbandes

Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der Substanzen der Klasse andere Antibiotika (J01X) im Jahr 2023 3,46 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 189). Die Substanz mit dem höchsten Verbrauch war Metronidazol mit 0,99 DDD/100 Belagstage pro Jahr.

Tabelle 189: Verbrauch anderer Antibiotika (J01X) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2023

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023
J01XA01 Vancomycin	0,2871	0,2490	0,2922	0,2897	0,2805
J01XA02 Teicoplanin	0,1777	0,1559	0,1586	0,1504	0,1404
J01XA04 Dalbavancin	-	0,0084	0,0095	0,0122	0,0181
J01XB01 Colistin	-	0,0303	0,0322	0,0334	0,0345
J01XC01 Fusidinsäure	0,2187	0,0748	0,0755	0,0592	0,0627
J01XD01 Metronidazol	0,9900	1,0377	1,0317	0,9741	0,9923
J01XE01 Nitrofurantoin	-	0,1118	0,1118	0,1278	0,1193
J01XX01 Fosfomycin	0,1029	0,5003	0,5500	0,5587	0,5782
J01XX08 Linezolid	0,3919	0,5447	0,6578	0,6952	0,7146
J01XX09 Daptomycin	0,0781	0,3876	0,4420	0,5150	0,5182
J01XX11 Tedizolid	-	0,0015	0,0000	0,0001	0,0007

Quelle: IQVIA™

Diskussion

In den letzten Jahren wurde das globale Problem der Antibiotikaresistenz vermehrt in den Fokus gerückt. Im Oktober 2023 stellte die WHO einen neuen Fahrplan zur Bekämpfung antimikrobieller Resistenzen in der Europäischen Region für die Jahre 2023 bis 2030 vor [3]. Am 13. Juni 2023 verabschiedete der Rat der Europäischen Union die Empfehlung zur Intensivierung der EU-Maßnahmen zur Bekämpfung antimikrobieller Resistenzen im Rahmen des Konzepts „Eine Gesundheit“, in der AMR-Zielwerte für die EU-Mitgliedsstaaten empfohlen werden und explizit auf die Notwendigkeit einer Antibiotikaverbrauchsstrategie eingegangen wird [4]. Der Kenntnis der Verschreibungszahlen kommt als Voraussetzung für zielgerichtete Maßnahmen zur Verbrauchsreduzierung deshalb eine große Bedeutung zu, etwa im Rahmen des „Antimicrobial Stewardship“.

Es bestehen bei den für die Berechnung des Antibiotikaverbrauchs in Österreich herangezogenen Daten, die der Dachverband der Sozialversicherungsträger zur Verfügung gestellt hat, Limitationen. Durch die jährliche Steigerung der Rezeptpflichtgebühr fallen jene Arzneispezialitäten aus der Verrechnung mit den Sozialversicherungsträgern heraus, die im Privatverkauf billiger sind als die Rezeptgebühr (Ausnahme: Befreiung von der Rezeptgebühr). Mit steigender Rezeptgebühr steigt auch die Zahl jener Arzneispezialitäten deren Privatverkaufspreis unterhalb der Rezeptgebühr liegt. Ein Rückgang bei den von den Sozialversicherungsträgern abgerechneten Verschreibungen bedarf im Einzelfall daher der Prüfung, inwieweit dieser Rückgang nicht durch die Unterschreitung der Rezeptgebühr bedingt wird. Die Daten des Dachverbandes umfassen den niedergelassenen Bereich. Der stationäre Bereich wird nicht abgedeckt. In den letzten Jahren wurden daher zusätzlich die Daten von IQVIA™ zur Auswertung herangezogen. Die Daten der Firma IQVIA™ weisen gleichfalls Limitationen auf. Bei IQVIA™ erfolgt die Erhebung nach einem speziellen Verfahren, welches von der Firma nicht komplett veröffentlicht wird. Die Daten werden nicht rezeptbezogen erfasst.

Die Daten des Dachverbandes und von IQVIA™ für die Jahre 2020 und 2021 sind wegen der Auswirkungen der COVID-19 Pandemie auf ärztliche Konsultationen im stationären und niedergelassenen Bereich und durch Maßnahmen zur Pandemiebekämpfung mit Vorsicht zu betrachten. Es zeigten sich deutlich reduzierte Gesamtverbräuche für die Jahre 2020 und 2021 im Vergleich zu den Vorjahren, speziell im niedergelassenen Bereich. Diese Entwicklung war ebenfalls in anderen Ländern Europas zu beobachten und ist laut ECDC auf eine geringere Inanspruchnahme von Primärversorgungs-Konsultationen und auf eine

geringere Inzidenz an nicht-COVID-assoziierten Atemwegsinfekten aufgrund der gesetzten infektionspräventiven Maßnahmen zurückzuführen [5].

Der Gesamt-Antibiotikaverbrauch erreichte 2022 wieder das vorpandemische Niveau. Dies ist vor allem auf einen Anstieg der Verbräuche im niedergelassenen Bereich im Vergleich zu den Pandemie Jahren 2020 und 2021 zurückzuführen. Im stationären Bereich gab es einen leichten Anstieg der Verbräuche im Vergleich zu 2021, allerdings wurde ein geringerer Verbrauch als 2020 und 2019 verzeichnet. Dieser Trend ist auch in den meisten europäischen Staaten zu sehen [6].

2023 zeigte sich eine erneute Steigerung des Gesamt-Antibiotikaverbrauchs im Vergleich zum Vorjahr und eine Annäherung an das Verbrauchsniveau aus 2018. Wie auch 2022 ist diese Steigerung vor allem im niedergelassenen Bereich erkennbar.

Wie bereits in den Vorjahren zeigte sich, dass der Antibiotikaverbrauch in Österreich über das Jahr variiert. Das kann als Hinweis aufgefasst werden, dass es bei respiratorischen Infekten, die vor allem durch Viren ausgelöst werden, zum Einsatz von Antibiotika kommt, obwohl diese nicht wirksam sind. Die Verbrauchsdaten für das Jahr 2023 zeigten generell einen leichten Anstieg des Verbrauches in den Quartalen 1 und 4. Dieses Verschreibungsverhalten wurde bereits in den Vorjahren (mit Ausnahme der „Pandemiejahre“ 2020 bis 2022) beschrieben.

Referenzen

[1] AURES 2022, [https://www.sozialministerium.at/Themen/Gesundheit/Antimikrobielle-Resistenzen/Ma%C3%9Fnahmen-im-Bereich-antimikrobieller-Resistenzen-\(AMR\)-/Aktionspl%C3%A4ne-und-Bericht-.html](https://www.sozialministerium.at/Themen/Gesundheit/Antimikrobielle-Resistenzen/Ma%C3%9Fnahmen-im-Bereich-antimikrobieller-Resistenzen-(AMR)-/Aktionspl%C3%A4ne-und-Bericht-.html); letzter Zugriff: 17.10.2024

[2] WHO Collaborating Centre for Drug Statistics Methodology. ATC/DDD Index 2024; https://www.whocc.no/atc_ddd_index/; letzter Zugriff: 17.10.2024

[3] Dreiundsiebzigste Tagung des Regionalkomitees für Europa: Astana, 24.–26. Oktober 2023. Fahrplan zur Bekämpfung antimikrobieller Resistenzen in der Europäischen Region der WHO (2023–2030)

[4] Council recommendation on stepping up EU actions to combat antimicrobial resistance in a One Health approach (2023/C 220/01)

[5] Reported decrease in antibiotic consumption across EU/EEA during COVID-19 pandemic, ECDC, 18.11.2021, <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/reported-decrease-antibiotic-consumption-across-eueea-during-covid-19-pandemic>, letzter Zugriff 17.10.2024

[6] Antimicrobial consumption in the EU/EEA (ESAC-Net) Annual Epidemiological Report for 2022, ECDC, 17.11.2023, <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-antimicrobial-consumption-europe-2022>, letzter Zugriff 06.02.2024

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen	20
Tabelle 2: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2023 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – grampositive Erreger	40
Tabelle 3: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2023 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – gramnegative Erreger	41
Tabelle 4: EARS-Net – Erfassungsgrad der Akutkrankenanstalten	44
Tabelle 5: Teilnehmende Zentren und Anzahl der Erstisolate in der EARS-Net AT- Datenbank	45
Tabelle 6: Anzahl der Meldungen nach Erregern 2019 bis 2023	50
Tabelle 7: Bevölkerungszahlen 2023 absolut und relativ nach Bundesländern	51
Tabelle 8: Anzahl der Erstisolate pro Bundesland.....	51
Tabelle 9: Anzahl der Erstisolate von <i>Streptococcus pneumoniae</i> seit dem Jahr 2019	52
Tabelle 10: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin, MHK-Werte 2023 im Detail	54
Tabelle 11: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin, aus EUCAST Clinical Breakpoints Table v.12.0	55
Tabelle 12: <i>Streptococcus pneumoniae</i> und Penicillin seit dem Jahr 2019	55
Tabelle 13: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	56
Tabelle 14: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Bundesland seit dem Jahr 2019	57
Tabelle 15: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide seit dem Jahr 2019.....	58
Tabelle 16: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	58
Tabelle 17: Anzahl der Erstisolate von <i>Staphylococcus aureus</i> seit dem Jahr 2019	59
Tabelle 18: MRSA-Raten nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	62
Tabelle 19: MRSA-Raten im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	63
Tabelle 20: <i>Staphylococcus aureus</i> – Vancomycin nicht empfindlich Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	64
Tabelle 21: Anzahl der Erstisolate von <i>Escherichia coli</i> seit dem Jahr 2019	65
Tabelle 22: <i>Escherichia coli</i> – Aminopenicillin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	66
Tabelle 23: <i>Escherichia coli</i> – Aminopenicillin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	67
Tabelle 24: <i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	69

Tabelle 25: <i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	69
Tabelle 26: <i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	71
Tabelle 27: <i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	71
Tabelle 28: <i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	73
Tabelle 29: <i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	73
Tabelle 30: <i>Escherichia coli</i> – Carbapenemen-resistent in Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	74
Tabelle 31: Anzahl der Erstisolate von <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> seit dem Jahr 2019	75
Tabelle 32: Enterokokken –Vancomycin-resistent nach Bundesland 2023	79
Tabelle 33: Anzahl der Erstisolate von <i>Klebsiella pneumoniae</i> seit dem Jahr 2019	80
Tabelle 34: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	82
Tabelle 35: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	83
Tabelle 36: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	84
Tabelle 37: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	86
Tabelle 38: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	87
Tabelle 39: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	88
Tabelle 40: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	89
Tabelle 41: Anzahl der Erstisolate von <i>Pseudomonas aeruginosa</i> seit dem Jahr 2019	90
Tabelle 42: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	92
Tabelle 43: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Amikacin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020	93
Tabelle 44: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Tobramycin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020	94

Tabelle 45: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Gentamicin-resistent nach Altersgruppen im Jahr 2019	94
Tabelle 46: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Amikacin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020	95
Tabelle 47: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Tobramycin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020	95
Tabelle 48: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Gentamicin-resistent im Bundesländervergleich im Jahr 2019	96
Tabelle 49: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	97
Tabelle 50: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	98
Tabelle 51: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	99
Tabelle 52: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	100
Tabelle 53: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	101
Tabelle 54: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	102
Tabelle 55: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2019	103
Tabelle 56: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	104
Tabelle 57: Anzahl Erstisolate <i>Acinetobacter</i> spp. seit 2019	105
Tabelle 58: Anzahl der Erstisolate von <i>Acinetobacter</i> spp. nach Bundesländern seit dem Jahr 2019	106
Tabelle 59: <i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	107
Tabelle 60: <i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	108
Tabelle 61: <i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	109
Tabelle 62: <i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	110
Tabelle 63: <i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	111

Tabelle 64: <i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2019	112
Tabelle 65: Projektpartner:innen und Ansprechpersonen	126
Tabelle 66: Indikatorerreger und -substanzen	129
Tabelle 67: Übersicht Erreger (n = 145.772) und ausgewählte Indikatorsubstanzen aus 2023 – resistent in Prozent	131
Tabelle 68: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei β -hämolisierenden Streptokokken der Gruppe A von 2019 bis 2023	136
Tabelle 69: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>S. pneumoniae</i> von 2019 bis 2023	137
Tabelle 70: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>H. influenzae</i> von 2019 bis 2023	138
Tabelle 71: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>E. coli</i> von 2019 bis 2023	140
Tabelle 72: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>K. pneumoniae</i> von 2019 bis 2023	143
Tabelle 73: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>S. aureus</i> von 2019 bis 2023	145
Tabelle 74: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei MRSA von 2019 bis 2023	147
Tabelle 75: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>P. aeruginosa</i> , getrennt nach Harn, Ohrabstrich und Trachealsekret von 2019 bis 2023	148
Tabelle 76: Häufigkeit der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei <i>Enterobacterales</i> in 2023	159
Tabelle 77: Resistenzraten gegenüber Colistin bei <i>Enterobacterales</i> in 2023	161
Tabelle 78: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei <i>Enterobacterales</i> in 2023	164
Tabelle 79: WGS-Ergebnisse – Colistin-resistente <i>Enterobacterales</i> in 2023	168
Tabelle 80: Therapieoptionen bei den 27 Colistin-resistenten CPE-Isolaten in 2023	170
Tabelle 81: WGS-Ergebnisse – blaOXA-48like positive <i>E. coli</i> in 2023	171
Tabelle 82: Speziesverteilung und Auslandsanamnese bei Mehrfachnachweis von <i>blaCarba</i> in 35 <i>Enterobacterales</i> -Isolaten in 2023	174
Tabelle 83: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei <i>P. aeruginosa</i> in 2023	176
Tabelle 84: Nachgewiesene Carbapenemase-Gen-Kombinationen bei der <i>Acinetobacter baumannii</i> -Gruppe in 2023	178
Tabelle 85: EUCAST v. 12.0 – Clinical Breakpoints für <i>S. pneumoniae</i>	185

Tabelle 86: Anteil der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate mit Resistenz gegenüber Clindamycin, Tetrazyklin und Ceftriaxon nach EUCAST, 2016–2022 (* Änderung der MHK-Interpretation durch EUCAST im Jahr 2020).	186
Tabelle 87: Anteil der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate mit Resistenz gegenüber Clindamycin und Tetrazyklin nach EUCAST, 2023 (* Änderung der MHK-Interpretation durch EUCAST im Jahr 2020).	187
Tabelle 88: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate entsprechend Penicillin-MHKs nach Geschlecht, 2023	191
Tabelle 89: Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate (N = 71), 2023	191
Tabelle 90: Anteil der <i>Streptococcus pneumoniae</i> -Isolate mit Resistenz gegenüber Erythromycin nach EUCAST für die Jahre 2015–2023.	194
Tabelle 91: Verteilung der Isolate entsprechend Erythromycin-Empfindlichkeit nach Altersgruppen, 2023.	196
Tabelle 92: Serotypenverteilung und Anteil Erythromycin-resistenter Isolate, 2023	197
Tabelle 93: Vergleich der häufigsten Serovare bei humanen und nicht-humanen Isolaten, Österreich, 2023.	207
Tabelle 94: Resistenzanteil aller humanen Erstisolate, Österreich, Vergleich 2000 – 2023	208
Tabelle 95: Anzahl der resistenten humanen <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 2023	209
Tabelle 96: Multiresistente <i>Salmonella</i> -Serotypen, Österreich, 2023	210
Tabelle 97: High-Level-Ciprofloxacin-resistente humane <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 2023	211
Tabelle 98: 3.-Generations-Cephalosporin-resistente humane <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 2023	212
Tabelle 99: Resistenzen der 2023 in Österreich isolierten <i>S. Typhi</i> - sowie <i>S. Paratyphi</i> A- und B-Isolate.	213
Tabelle 100: <i>Salmonella</i> -Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2023	214
Tabelle 101: Anzahl der resistenten <i>Salmonella</i> -Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2023	214
Tabelle 102: Multiresistente <i>Salmonella</i> -Serotypen bei Stämmen aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2023.	215
Tabelle 103: <i>Salmonella</i> -Isolate von Hühnern, Österreich, 2023	216
Tabelle 104: <i>Salmonella</i> -Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2023	217
Tabelle 105: Anzahl der resistenten <i>Salmonella</i> -Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2023	217

Tabelle 106: Multiresistente <i>Salmonella</i> -Serotypen bei Stämmen aus Lebensmitteln, Österreich, 2023	218
Tabelle 107: <i>Salmonella</i> -Isolate aus Hühnerfleisch, Österreich, 2023	219
Tabelle 108: <i>Salmonella</i> -Isolate aus Futtermitteln, Österreich, 2023	220
Tabelle 109: Anzahl der gegenüber einem Antibiotikum resistenten pathogenen <i>Yersinia enterocolitica</i> -Isolate, aufgeschlüsselt nach Serovar und Biovar, Österreich, 2023, Nationale Referenzzentrale für Yersinien	228
Tabelle 110: Verwendete WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose 2013 bis 2022.	234
Tabelle 111: Verwendete WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose ab 2023.	234
Tabelle 112: Anzahl der Fälle und Prozentanteil von MDR/XDR-TB nach Geburtsland (Nativ- und Nicht-Nativbevölkerung) im Jahr 2023 ¹	235
Tabelle 113: Anzahl der gemeldeten MDR-TB- und prä-XDR-TB-Fälle nach Häufigkeit pro Geburtsland im Jahr 2023	236
Tabelle 114: Verkaufte Mengen in Tonnen und Differenz zum Vorjahr, 2019–2023.	244
Tabelle 115: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe	247
Tabelle 116: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die systemische Anwendung	248
Tabelle 117: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intramammäre Anwendung	249
Tabelle 118: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intestinale Anwendung	250
Tabelle 119: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intrauterine Anwendung	250
Tabelle 120: <i>Neisseria gonorrhoeae</i> MHK-Grenzwerte gemäß EUCAST (Version 13.0)	257
Tabelle 121: Verteilung der <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Proben (n=403) nach Bundesländern entsprechend dem Wohnort der Patient:innen. War der Wohnort der Patient:innen nicht zu ermitteln, wurde – sofern bekannt – der Ort des:r Einsenders:in herangezogen.	259
Tabelle 122: Ergebnisse der Resistenztestung von 403 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten .	259
Tabelle 123: <i>Aspergillus fumigatus</i> : 104 Isolate	272
Tabelle 124: <i>Aspergillus flavus</i> : 5 Isolate	273
Tabelle 125: <i>Aspergillus nidulans</i> : 2 Isolate	273
Tabelle 126: <i>Aspergillus niger</i> : 31 Isolate.....	274
Tabelle 127: <i>Aspergillus terreus</i> : 4 Isolate	274
Tabelle 128: Resistenzphänotypen der untersuchten <i>Shigella</i> -Isolate, Österreich, 2023.	325
Tabelle 129: Ciprofloxacin-resistente <i>Shigella</i> -Stämme, Österreich, 2023	327

Tabelle 130: ESBL bildende <i>Shigella</i> -Stämme, Österreich, 2023	328
Tabelle 131: Anteil an Ci/Nx-Resistenzen und ESBL-Bildnern, Österreich 2010 – 2023....	330
Tabelle 132: Übersicht über Wirkstoffe, ECOFFs/ klinische Breakpoints und Messbereiche (µg/ml)	336
Tabelle 133: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolaten aus Humanproben	337
Tabelle 134: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolaten aus Humanproben....	339
Tabelle 135: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolate aus Humanproben	341
Tabelle 136: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolate aus Humanproben	341
Tabelle 137: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter jejuni</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner).....	342
Tabelle 138: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter coli</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner).....	343
Tabelle 139: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter jejuni</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner)	344
Tabelle 140: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter coli</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner)	344
Tabelle 141: Substanzen.....	350
Tabelle 142: Teilnehmende Zentren	350
Tabelle 143: Amphotericin B-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2023. Angabe in Prozent, Anzahl der Stämme in Klammer (n)	362
Tabelle 144: Fluconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2023	368
Tabelle 145: Itraconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2023	374
Tabelle 146: Voriconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023	380
Tabelle 147: Posaconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023	386
Tabelle 148: Caspofungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023	392
Tabelle 149: Anidulafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2023	398
Tabelle 150: Micafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2011 bis 2023	404
Tabelle 151: Beprobungsrahmen zur Überwachung der Antibiotika-Empfindlichkeit in Österreich, 2023	430

Tabelle 152: Ausgetestete antimikrobielle Substanzen und interpretative Kriterien für die MHK-Testung entsprechend den epidemiologischen Cut-Off (ECOFF)-Werten und den klinischen Grenzwerten (klinGW) nach EUCAST bzw. Dfb (EU) 2020/1729 und für MRSA und gemäß der Tabelle 3 (Technical specifications on harmonised monitoring and reporting of MRSA), 2023.....	433
Tabelle 153: Anteile mikrobiologischer Resistenzen mit 95 %-Konfidenzintervall bei Indikator- <i>E. coli</i> -Isolaten von Mastschweinen, 2015, 2017, 2019, 2021 und 2023.....	446
Tabelle 154: β -Laktamase-Resistenzgene bei den Isolaten aus Caecuminhalten von Schwein und Rind sowie Schweinefleisch und Rindfleisch, 2023	450
Tabelle 155: Prävalenzen β -Laktamase bildender <i>E. coli</i> mit 95 % Konfidenzintervall gewonnen aus Caeca-Inhalten von Mastschweinen (2015, 2017, 2019, 2021 und 2023) und Rindern <1 Jahr (2017 und 2023) sowie aus Schweine- und Rindfleisch (2015, 2017, 2019, 2021 und 2023)	452
Tabelle 156: Nachgewiesene Sequenztypen, klonale Komplexe und spa-Typen bei den MRSA-Isolaten aus Fleischproben, 2023	454
Tabelle 157: Einteilung der Antibiotika in die ATC3- und die ATC4-Klasse, WHO	473
Tabelle 158: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020 – 2023	482
Tabelle 159: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2023	482
Tabelle 160: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2023	483
Tabelle 161: Antibiotikaverbrauch nach ATC3-Klassen im niedergelassenen Bereich nach Verordnungen/10.000 EW pro Tag 2011, 2020–2023	483
Tabelle 162: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011 und 2020 – 2023	484
Tabelle 163: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 – 2023	485
Tabelle 164: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020–2023	487
Tabelle 165: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC4 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020 – 2023	488
Tabelle 166: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 – 2023 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	490
Tabelle 167: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	491

Tabelle 168: Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2023	491
Tabelle 169: Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	494
Tabelle 170: Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	494
Tabelle 171: Verbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2023	495
Tabelle 172: Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023.....	497
Tabelle 173: Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 - 2023 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	497
Tabelle 174: Verbrauch andere β -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage im Jahr 2011 und 2020 - 2023.....	498
Tabelle 175: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	500
Tabelle 176: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2023 in DDD/ 1.000 EW pro Tag.....	500
Tabelle 177: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr in den Jahren 2011 und 2020-2023	501
Tabelle 178: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	502
Tabelle 179: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	503
Tabelle 180: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2023	503
Tabelle 181: Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	505
Tabelle 182: Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	505
Tabelle 183: Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2023	505
Tabelle 184: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	507
Tabelle 185: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	507

Tabelle 186: Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2023.....	508
Tabelle 187: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011 und 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	510
Tabelle 188: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011, 2020-2023 in DDD/1.000 EW pro Tag	510
Tabelle 189: Verbrauch anderer Antibiotika (J01X) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2023	511

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem für 2023...	42
Abbildung 2: <i>Streptococcus pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	53
Abbildung 3: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent, Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	56
Abbildung 4: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	58
Abbildung 5: <i>Staphylococcus aureus</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	60
Abbildung 6: <i>Staphylococcus aureus</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	61
Abbildung 7: Anzahl <i>Staphylococcus aureus</i> -Fälle und MRSA-Anteil nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	62
Abbildung 8: <i>Escherichia coli</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	65
Abbildung 9: <i>Escherichia coli</i> – Aminopenicillin-resistent in Prozent seit dem Jahr 2019...	66
Abbildung 10: <i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	68
Abbildung 11: <i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	70
Abbildung 12: <i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	72
Abbildung 13: Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	76
Abbildung 14: Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	77
Abbildung 15: <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> – hochgradig Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	78
Abbildung 16: <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> – Vancomycin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	79
Abbildung 17: <i>Klebsiella pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	81
Abbildung 18: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolone-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	82

Abbildung 19: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	84
Abbildung 20: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	87
Abbildung 21: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	89
Abbildung 22: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	91
Abbildung 23: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Amikacin-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020	92
Abbildung 24: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Tobramycin-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	93
Abbildung 25: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	97
Abbildung 26: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	99
Abbildung 27: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin-/Tazobactam-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	101
Abbildung 28: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019.....	103
Abbildung 29: <i>Acinetobacter</i> spp. nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in den jeweiligen Lebensjahren im Jahr 2023	106
Abbildung 30: <i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	108
Abbildung 31: <i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	110
Abbildung 32: <i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2019	111
Abbildung 33: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2022 (Stand 24.04.2024) Teil 1	115
Abbildung 34: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2022 (Stand 24.04.2024), Teil 2	116
Abbildung 35: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, KH und NG zusammengefasst, 2023 (Teil 1)	134

Abbildung 36: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, KH und NG zusammengefasst, 2023 (Teil 2)	135
Abbildung 37: β -hämolsierende Streptokokken der Gruppe A – Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2019 bis 2023	136
Abbildung 38: <i>S. pneumoniae</i> – Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2019 bis 2023	137
Abbildung 39: <i>H. influenzae</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023	138
Abbildung 40: <i>E. coli</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023 (Teil 1).....	141
Abbildung 41: <i>E. coli</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023 (Teil 2).....	142
Abbildung 42: <i>K. pneumoniae</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023	144
Abbildung 43: <i>S. aureus</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2019 bis 2023	146
Abbildung 44: MRSA-Raten von 2019 bis 2023.....	147
Abbildung 45: <i>P. aeruginosa</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich und Trachealsekret von 2019 bis 2023 (Teil 1).....	149
Abbildung 46: <i>P. aeruginosa</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich und Trachealsekret von 2019 bis 2023 (Teil 2).....	150
Abbildung 47: Entwicklung der Gesamtzahl der Einsendungen über 5 Jahre	158
Abbildung 48: Entwicklung der Positivitätsrate (%) über 5 Jahre	159
Abbildung 49: Entwicklung des Anteils der Enzyme bei <i>Enterobacterales</i> in Prozent über 5 Jahre	160
Abbildung 50: Resistenzrate von Colistin bei <i>Enterobacterales</i> in Prozent über 5 Jahre ..	161
Abbildung 51: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2023.....	163
Abbildung 52: Anzahl der jeweiligen Spezies aller Einsendungen in 2023	163
Abbildung 53: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemasegene bei <i>Enterobacterales</i> in 2023	165
Abbildung 54: Anzahl der Spezies mit molekularbiologischem Carbapenemasenachweis in 2023	166
Abbildung 55: Colistin-MHK-Werte bezogen auf alle CRE-Einsendungen in 2023	167
Abbildung 56: Verteilung der Länder bei Kontakt zum Gesundheitssystem – 23	
<i>Enterobacterales</i> -Isolate mit <i>bla</i> Carba-Mehrfachnachweis in 2023	175
Abbildung 57: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland.....	176

Abbildung 58: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemasegene bei <i>Pseudomonas aeruginosa</i> in 2023	177
Abbildung 59: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2023.....	177
Abbildung 60: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Clindamycin-MHKs, 2023 (resistente Isolate mit einer MHK > 0,5 mg/L sind rot markiert).....	187
Abbildung 61: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Tetrazyklin-MHKs, 2023 (resistente Isolate mit einer MHK > 2 mg/L sind rot markiert).....	188
Abbildung 62: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Ceftriaxon-MHKs, 2023 (uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK ≤ 0,5 mg/L sind grün markiert) ...	189
Abbildung 63: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Penicillin-MHKs, 2023 (uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK ≤ 0,06 mg/L sind grün markiert) .	190
Abbildung 64: Prozentueller Anteil der uneingeschränkt Penicillin-empfindlichen Isolate mit einer MHK ≤ 0,06 mg/L, 2015-2023	190
Abbildung 65: Häufigkeit der Serotypen der invasiven <i>Pneumokokken</i> -Isolate 2023 (eingeschränkt Penicillin-empfindliche Isolate mit einer MHK > 0,06 mg/L sind rot markiert, * im 13-valenten <i>Pneumokokken</i> -Konjugat-Impfstoff, “ zusätzlich im 15-valenten Impfstoff, und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)	193
Abbildung 66: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Erythromycin-MHKs, 2023 (resistente Isolate mit einer MHK > 0,5 mg/L sind rot markiert).....	195
Abbildung 67: Häufigkeit der Serotypen der invasiven <i>Pneumokokken</i> -Isolate (Erythromycin-resistente Isolate sind rot markiert, * im 13-valenten <i>Pneumokokken</i> - Konjugat-Impfstoff, “ zusätzlich im 15-valenten Impfstoff und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)	198
Abbildung 68: Erythromycin-resistente, vermindert Penicillin-empfindliche Isolate nach Serotyp (* im 13-valenten <i>Pneumokokken</i> -Konjugat-Impfstoff, “ zusätzlich im 15-valenten Impfstoff und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)	199
Abbildung 69: Humane <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 1983 – 2022.....	206
Abbildung 70: Inzidenz der pathogenen Erstisolate pro Bundesland, Österreich, 2023, Nationale Referenzzentrale für Yersinien (NRZY)	227
Abbildung 71: Jährliche Anzahl der registrierten RR/MDR/XDR-TB-Fälle sowie die Entwicklung der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz von 2013 bis 2022, jeweils noch nach alter Resistenzdefinition.	236
Abbildung 72: Zuordnung der Fälle von MDR-TB und prä-XDR TB aus dem Jahr 2023 zu phylogenetischen Linien.....	237
Abbildung 73: Verkaufte Mengen in Tonnen nach ATCvet-Level 2	245
Abbildung 74: Art der Anwendung und verkaufte Mengen in Tonnen	246
Abbildung 75: Alters- und Geschlechtsverteilung der Patient:innen (n=403).....	258

Abbildung 76: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ceftriaxon von 403 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	260
Abbildung 77: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Cefixim von 403 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	260
Abbildung 78: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Azithromycin von 403 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	261
Abbildung 79: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ciprofloxacin von 403 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	261
Abbildung 80: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 322 Penicillinase-negativen <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	262
Abbildung 81: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 81 Penicillinase positiven <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten (unabhängig von MHK als resistent zu werten)	263
Abbildung 82: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Tetrazyklin von 403 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	263
Abbildung 83: <i>Neisseria gonorrhoeae</i> Resistenzraten 2019 – 2023 * Tetrazyklin-Breakpoint 2023 von 1mg/L auf 0,5mg/L herabgesetzt	264
Abbildung 84: Verteilung der Schimmelpilzspezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl	276
Abbildung 85: Verteilung der Aspergilluspezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl	277
Abbildung 86: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK-Verteilung aller <i>Aspergillus</i> -Isolate nach Anzahl	278
Abbildung 87: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK Verteilung aller Non- <i>Aspergillus</i> -Isolate nach Anzahl.....	279
Abbildung 88: Zahl der Kohortenteilnehmer:innen	286
Abbildung 89: Als Resistenz gewertete Codons und Aminosäuren	287
Abbildung 90: Anzahl der Patient:innen mit „frischer“ bzw. chronischer HIV-Infektion...	288
Abbildung 91: Übertragene Resistenz nach Jahr der frischen HIV-Infektion und Übertragungsart	289
Abbildung 92: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Infektion.....	290
Abbildung 93: Übertragene Resistenz nach Zeitpunkt der frischen HIV-Infektion, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter	291
Abbildung 94: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose und Übertragungsart	292
Abbildung 95: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose	293
Abbildung 96: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter	294

Abbildung 97: Als Resistenz gewertete Codons und Aminosäuren	302
Abbildung 98: Therapieformen im Verlauf	303
Abbildung 99: Absolute Zahl der NRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit NRTI behandelten Patient:innen	304
Abbildung 100: Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT	305
Abbildung 101: Absolute Zahl der NNRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit NNRTI behandelten Patient:innen	306
Abbildung 102: Absolute Zahl der minoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen	307
Abbildung 103: Absolute Zahl der majoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen	308
Abbildung 104: Kumulative Resistenz	309
Abbildung 105: Kumulative Resistenz nach Zeitpunkt des Therapiebeginns und Wohnort	310
Abbildung 106: ART-Beginn nach 2000	311
Abbildung 107: Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie.....	312
Abbildung 108: 3-Klassen-Resistenz – verschieden selektierte Populationen	313
Abbildung 109: 3-Klassen-Resistenz.....	313
Abbildung 110: Risikofaktoren für die Entwicklung einer 3-Klassen-Resistenz.....	314
Abbildung 111: Irgendeine Resistenz – verschieden selektierte Populationen.....	315
Abbildung 112: Irgendeine Resistenz.....	315
Abbildung 113: Risikofaktoren für die Entwicklung irgendeiner Resistenz	316
Abbildung 114: Resistenzentwicklung unabhängig von der Form der ART	317
Abbildung 115: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie nach 1.1.1997	317
Abbildung 116: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 NNRTI	318
Abbildung 117: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 PI	318
Abbildung 118: Resistenzentwicklung gegen NRTI bei ART nach 1.1.2010	319
Abbildung 119: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2023.....	325
Abbildung 120: Resistenzen gegenüber Nx und Ci bei <i>Shigella</i> -Stämmen, Österreich, 1999 - 2023.....	328
Abbildung 121: <i>Shigella</i> spp. ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006 - 2023.....	329
Abbildung 122: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2023 (Anzahl Isolate)	338
Abbildung 123: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2023	339

Abbildung 124: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2023 (Anzahl Isolate)	340
Abbildung 125: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2023	340
Abbildung 126: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter jejuni</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2023	343
Abbildung 127: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter coli</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2023 N=55	343
Abbildung 128: Patientenbezogene Daten zu Candidämien (9 Patient:innen ohne Angabe m/w)	351
Abbildung 129: Nachgewiesene Candidämien pro Zentrum für die Jahre 2008 bis 2023.	352
Abbildung 130: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 1)	353
Abbildung 131: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 2)	354
Abbildung 132: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 3)	355
Abbildung 133: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2023 (Teil 4)	356
Abbildung 134: Candidämie nach Spezies und Monaten im Jahr 2023	357
Abbildung 135: Candidämie nach Spezies und Zentrum für das Jahr 2023	357
Abbildung 136: Verteilung der Candidämien nach Abteilung für 2023	358
Abbildung 137: Verteilung der Candidämie-Erreger nach Altersgruppe für die Jahre 2008 bis 2023; von 8 Patient:innen fehlt die Altersangabe	358
Abbildung 138: Candidämie nach Spezies und Altersgruppe für das Jahr 2023	359
Abbildung 139: Amphotericin B-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	360
Abbildung 140: Angabe der Anzahl der identifizierten Pilze je Zentrum	361
Abbildung 141: Fluconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	367
Abbildung 142: Itraconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	373
Abbildung 143: Voriconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	379
Abbildung 144: Posaconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	385
Abbildung 145: Caspofungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	391
Abbildung 146: Anidulafungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2023	397
Abbildung 147: Micafungin-MHK-Verteilungen bei Candida in Prozent für 2023	403
Abbildung 148: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2023; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil 1)	408
Abbildung 149: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2023; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil 2)	409

Abbildung 150: Resistenzraten nach Substanz für durch Hefepilze verursachte Fungämien in Prozent und Anzahl der getesteten Stämme von 2008 bis 2023 (EUCAST-Breakpoints, *CLSI-Breakpoints)	410
Abbildung 151: MHK-Verteilung bei <i>C. coli</i> -Isolaten aus den Caeca von Mastschweinen, 2023	438
Abbildung 152: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei <i>C. coli</i> -Isolaten von Mastschweinen (n=180), 2023	439
Abbildung 153: Entwicklung der mikrobiologischen Resistenzen bei <i>C. coli</i> von Mastschweinen, 2004, 2005, 2008, 2021 und 2023	440
Abbildung 154: MHK-Verteilung bei <i>C. jejuni</i> -Isolaten aus den Caeca-Inhalten von Rindern <1 Jahr, 2023	441
Abbildung 155: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei <i>C. jejuni</i> von Rindern <1 Jahr (n=104), 2023	441
Abbildung 156: Anteile voll empfindlicher Indikator- <i>E. coli</i> -Isolate aus Darminhalten von Mastschweinen und Rindern <1 Jahr, 2015–2023	444
Abbildung 157: MHK-Verteilung bei Indikator- <i>E. coli</i> -Isolaten aus den Caeca-Inhalten von Mastschweinen, 2023	445
Abbildung 158: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei Indikator- <i>E. coli</i> -Isolaten aus Darminhalten von Mastschweinen (n=172), 2023	445
Abbildung 159: Anteile mikrobiologischer Resistenzen gegenüber ausgetesteten Substanzen mit Resistenzen >5 % bei Indikator- <i>E. coli</i> -Isolaten von Mastschweinen, 2015, 2017, 2019, 2021 und 2023	447
Abbildung 160: MHK-Verteilung bei Indikator- <i>E. coli</i> -Isolaten aus den Caeca-Inhalten von Rindern <1 Jahr, 2023	448
Abbildung 161: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei Indikator- <i>E. coli</i> -Isolaten aus Darminhalten von Rindern <1 Jahr (n=181), 2023	449
Abbildung 162: Resistenzanteile bei MRSA aus Schweinefleischproben, 2023	454
Abbildung 163: Prävalenzen β -Laktamase bildender <i>E. coli</i> aus Caeca von Masthühnern und Puten (2016, 2018, 2020, 2022), Mastschweinen (2015, 2017, 2019, 2021, 2023), Rindern <1 Jahr (2017, 2023) sowie Hühnerfleisch (2016, 2018, 2020, 2022), Putenfleisch (2022) Schweinefleisch und Rindfleisch (2015, 2017, 2019, 2021, 2023) nach selektiver Kultivierung	460
Abbildung 164: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2020-2023	476
Abbildung 165: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2020-2023	477

Abbildung 166: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2023 nach Quartalen	478
Abbildung 167: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag nach Quartalen im Jahr 2023	479
Abbildung 168: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich in Verordnungen nach Quartalen im Jahr 2023	480
Abbildung 169: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr nach Quartalen 2023	481
Abbildung 170: Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 – 2023	490
Abbildung 171: Gesamtverbrauch β -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 – 2023	493
Abbildung 172: Gesamtverbrauch anderer β -Lactam-Antibiotika, der Cephalosporine (J01D) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023	496
Abbildung 173: Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023	499
Abbildung 174: Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) in DDD/1.000 EW pro Tag 2019 - 2022	502
Abbildung 175: Gesamtverbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023	504
Abbildung 176: Gesamtverbrauch Chinolone (J01M) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023	506
Abbildung 177: Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2023	509

Abkürzungen

AB	Antibiotikum
AG	Arbeitsgruppe
AGES	Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH
AMR	Antimikrobielle Resistenz
APRES	Appropriateness of prescribing antibiotics in primary health care in Europe with respect to antibiotic resistance
ART	Antiretrovirale Therapie
ATC	Anatomical Therapeutic Chemical Classification System
B	Burgenland
BIOHAZ	Biological Hazards
BMSGPK	Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz
CA	Community-associated
cART	Antiretrovirale Kombinationstherapie
CC	Klonaler Komplex
CDC	Centres for Disease Prevention and Control
CGE	Center of Genomic Epidemiology
CLSI	Clinical and Laboratory Standards Institute
CNL	Capsule null locus
DANMAP	The Danish Integrated Antimicrobial Resistance Monitoring and Research Programme
DDD	Defined Daily Dose
Dfb	Durchführungsbeschluss
DSR	Fachbereich integrative Risikobewertung Daten und Statistik
EARS-Net	European Antimicrobial Resistance Surveillance Network
EARSS	European Antimicrobial Resistance Surveillance System
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
ECOFF	Epidemiologischer Cut-Off-Wert
ECOFFs	Epidemiologischer Cut-Off Values
EFSA	Europäische Lebensmittelbehörde (European Food Safety Authority)

EMA	European Medicines Agency (früher EMEA)
EMS	Elektronisches Meldesystem
ESBL	Extended-Spectrum Beta-Lactamase
ESBL	Extended-Spectrum Beta-Lactamase
ESCMID	European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases
ESAC	European Surveillance of Antimicrobial. Consumption Network
ESVAC	European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption
EU	Europäische Union
EUCAST	European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing
EURL-AR	Europäisches Referenzlabor für Antibiotikaresistenz
EuSCAPE	European survey of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae
EW	Einwohner
FUNGINOS	Fungal Infection Network of Switzerland
GÖG	Gesundheit Österreich GmbH
HIV	Humanes Immundefizienz-Virus
HPCIA	Kritische Antibiotika von höchster Wichtigkeit (highest priority critically important antimicrobials)
IACG	IACG
ICU	Intensive Care Unit; Intensivstation
i.d.g.F	In der geltenden Fassung
IMED-Wien	Institution für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien
K	Kärnten
KH	Krankenhaus
KHE	Krankenhaus des Elisabethinen Linz
KI	Konfidenzintervall
KlinGW	Klinischer Grenzwert
LA	Livestock-associated
LKH	Landeskrankenhaus
MB-LAB	Mikrobiologische Labor
MDR	Multidrug-resistant tuberculosis

MHK	Minimale Hemmkonzentration
MIC	Minimal Inhibitory Concentration
MLST	Multilocus-Sequenztypisierung
MRSA	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>
MSM	Männer, die Sex mit Männern haben
MUG	Medizinische Universität Graz
MUI	Medizinische Universität Innsbruck
MUW	Medizinische Universität Wien
NAP-AMR	Nationalen Aktionsplan zur Antibiotikaresistenz
n. a.	nicht anzuwenden
n. d.	nicht durchgeführt
NÖ	Niederösterreich
NNRTI	Nicht-Nukleosidische Reverse Transkriptase Inhibitoren
NRL-AR	Nationales Referenzlabor für Antibiotikaresistenzen
NRZC	Nationale Referenzzentrale für <i>Campylobacter</i>
NRTI	Nukleosidische Reverse Transkriptase Inhibitoren
NRZ	Nationales Referenzzentrum
NRZS	Nationale Referenzzentrale für Salmonellen
NRZY	Nationale Referenzzentrale für Yersinien
ÖHIVKOS	Österreichische HIV-Kohortenstudie
OÖ	Oberösterreich
OIE	World Organisation for Animal Health; Weltorganisation für Tiergesundheit
PCR	Polymerase Kettenreaktion
PPNG	Penicillinase produzierende <i>Neisseria gonorrhoeae</i>
RT	Reverse Transkriptase
S	Salzburg
SALK	Salzburger Landeskliniken
ST	Steiermark
T	Tirol
t	Tonne

TDR	transmitted drug resistance
TESSy	The European Surveillance System
V	Vorarlberg
VRE	Vancomycin-resistente Enterokokken
W	Wien
WGS	Whole genome sequencing, Gesamt-Genom-Sequenzierung
WHO	Weltgesundheitsorganisation
WHOFFPL	WHO Funga Priority Pathogens List
XDR	extensively drug-resistant tuberculosis, extensiv resistente Tuberkulose

Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz

Stubenring 1, 1010 Wien

+43 1 711 00-0

post@sozialministerium.at

sozialministerium.at