

# AURES 2024

Antibiotikaresistenz und Verbrauch  
antimikrobieller Substanzen in Österreich



## **Impressum**

Medieninhaber:in, Verleger und Herausgeber:in

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

Verlagsort: Wien

Herstellort: Wien

Fotonachweis: Cover: istockphoto.com/Ca-ssis

Wien, 2025. Stand: 13. März 2026

### **Copyright und Haftung:**

Auszugsweiser Abdruck ist nur mit Quellenangabe gestattet, alle sonstigen Rechte sind ohne schriftliche Zustimmung des Medieninhabers unzulässig. Es wird darauf verwiesen, dass alle Angaben in dieser Publikation trotz sorgfältiger Bearbeitung ohne Gewähr erfolgen und eine Haftung des Bundesministeriums 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.

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

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

# Projektkoordination

Dr.<sup>in</sup> med. univ. Julia Weber, LL.M.

Leiterin der Abteilung VII/9 (Öffentlicher Gesundheitsdienst, Krankenhaushygiene und Resistenzprävention)

Prim.<sup>a</sup> Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Petra Apfalter

Nationales Referenzzentrum für Antimikrobielle Resistenzen am Ordensklinikum Linz-Elisabethinen

## **In Kooperation mit**

Mag. Florian Fellinger

Leiter der Gruppe III/B

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

Mag.<sup>a</sup> Verena Rücker

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

## **AURES Redaktionsteam (alphabetisch):**

Prim.<sup>a</sup> Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Petra Apfalter, Lucia Berning, MSc, Priv. Doz.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Iris Camp, PhD, Gabriela El Belazi, Mag. Florian Fellinger, Univ.-Doz. DI Dr. Klemens Fuchs, Dr. Reinhard Fuchs, Dr. Rainer Hartl, Dr.<sup>in</sup> Ingrid Heller, Dr. Florian Heger, MSc, PD Mag. Dr. Alexander Indra, DI Günter Iglar, MBA, Stefanie Klatovsky, MSc, Dr.<sup>in</sup> Sandra-Brigitta Köberl-Jelovcan, Dr. Christian Kornschöber, Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Cornelia Lass-Flörl, Mag.<sup>a</sup> Dr.<sup>in</sup> Ingeborg Lederer, Mag.<sup>a</sup> Angela Lehner, DI<sup>in</sup> Karin Manner, Mag.<sup>a</sup> Claudia Mikula-Pratschke, Dr. Peter Much, David Neumayer, MSc, MBA, DI<sup>in</sup> Sonja Pleininger, MSc, Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Elisabeth Presterl, Mtra. Natalia Ramirez Espinola, Dr.<sup>in</sup> Verena Rücker, Maria Stadler, Dr.<sup>in</sup> Stefanie Schindler, Mag.<sup>a</sup> Stefanie Strickner, Hao Sun Bakk., rer. soc. oec., MSc., Khazhar Takanaeva, Dr.<sup>in</sup> Julia Weber, LL.M., Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Birgit Willinger, Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle

## **Endfassung im Cooporate Design**

Khazhar Takanaeva

Abteilung VII/9 (Öffentlicher Gesundheitsdienst, Krankenhaushygiene und Resistenzprävention)

## **Inhalt**

<b>Impressum</b> .....	<b>2</b>
<b>Projektkoordination</b> .....	<b>3</b>
<b>Inhalt</b> .....	<b>4</b>
<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>6</b>
<b>Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen</b> .....	<b>21</b>
<b>Einleitung</b> .....	<b>23</b>
<b>Ausgangslage</b> .....	<b>24</b>
<b>Executive Summary</b> .....	<b>30</b>
<b>Antibiotikaresistenz bei ausgewählten invasiven bakteriellen Infektionserregern</b> .....	<b>33</b>
<b>Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Infektionserreger</b> .....	<b>116</b>
<b>Projektbericht CARBA-Net</b> .....	<b>155</b>
<b>Resistenzbericht <i>Streptococcus pneumoniae</i></b> .....	<b>182</b>
<b>Resistenzbericht <i>Neisseria gonorrhoeae</i></b> .....	<b>200</b>
<b>Resistenzbericht <i>Salmonella</i></b> .....	<b>214</b>
<b>Resistenzbericht <i>Campylobacter</i></b> .....	<b>236</b>
<b>Resistenzbericht Yersinien</b> .....	<b>252</b>
<b>Resistenzbericht Shigellen</b> .....	<b>258</b>
<b>Resistenzbericht Tuberkulose</b> .....	<b>269</b>
<b>Resistenzbericht Hefepilze</b> .....	<b>282</b>
<b>Resistenzbericht Schimmelpilze</b> .....	<b>354</b>
<b>Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 1: Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich</b> .....	<b>367</b>
<b>Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 2: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie</b> .....	<b>384</b>
<b>Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2024</b> .....	<b>409</b>
<b>Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 in Österreich, 2024</b> .....	<b>423</b>

<b>Antibiotikverbrauch in der Humanmedizin in Österreich.....</b>	<b>493</b>
<b>Tabellenverzeichnis.....</b>	<b>543</b>
<b>Abbildungsverzeichnis.....</b>	<b>553</b>
<b>Abkürzungen.....</b>	<b>562</b>

## Zusammenfassung

### European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-NET)

Die österreichischen EARS-Net-Daten repräsentieren eine Datensammlung von derzeit 98 Akutkrankenanstalten, die von 36 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 2024 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 2024 wiederholt kein solches Isolat nachgewiesen. Bei Makroliden ist die Resistenzrate im Vergleich zu 2023 von 11,1 % auf 9,6 % gesunken.

Die **Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA)-Rate** ist im 5-Jahres-Rückblick weiterhin stabil und liegt 2024 bei 5,5 %. Bei einem invasiven *Staphylococcus aureus*-Isolat wurde eine herabgesetzte Empfindlichkeit gegenüber Vancomycin berichtet, für eine Bestätigung stand das Isolat dem NRZ nicht zur Verfügung.

Bei ***Escherichia coli* (*E. coli*)** zeigen sich folgende Resistenzraten: Fluorochinolone 15,3 %, 3.-Generations-Cephalosporine 10,3 % und Aminoglykoside 5,9 %.

Bei **Enterokokken** war die Resistenzrate gegenüber Aminopenicillin im Vergleich zu den Vorjahren im Wesentlichen stabil. Gegenüber Aminoglykosiden ist im Vergleich zu 2023 bei *Enterococcus faecalis* (von 14,7 % auf 12,5 %) ein leichter Rückgang und bei *Enterococcus faecium* (von 30,0 % auf 42,0 %) ein Anstieg der Resistenzrate zu verzeichnen. Die **Vancomycin-resistente Enterokokken (VRE)-Rate** lag bei *Enterococcus faecalis* bei 0,2 % und bei *Enterococcus faecium* bei 4,5 %.

Die Resistenzrate für ***Klebsiella pneumoniae*** gegenüber Fluorochinolonen ist im Wesentlichen wie bei 3.-Generations-Cephalosporinen und Aminoglykosiden im 5 Jahresvergleich stabil geblieben. Im Jahr 2024 liegen die Resistenzraten gegenüber

Fluorochinolonen bei 14,1 %, gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen bei 13,7 % und gegenüber Aminoglykosiden bei 4,8 %.

**Carbapenem-resistente *Enterobacterales*-Isolate:** Im Jahr 2024 wurde bei 35 invasiven Stämmen, wovon 6 auf *Escherichia coli* und 29 auf *Klebsiella pneumoniae* entfielen, eine Carbapenem Resistenz dokumentiert.

Bei *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) ist 2024 die Resistenzrate bei Carbapenemen leicht auf 7,9 % (- 0,5 %) gesunken. Die Resistenzraten bei den Aminoglykosiden (Amikacin 4,5 %, Tobramycin 3,2 %) stiegen leicht an, ebenso bei gab es leichte Veränderungen bei folgenden Substanzen: Fluorochinolone 11,1 % (+ 3,4 %), Piperacillin/Tazobactam (Pip/Taz) 11,3 % (- 0,7 %), Ceftazidim 13,1 % (+ 1,8 %).

Bei *Acinetobacter* spp. lagen die Resistenzraten bei insgesamt 111 Isolaten gegenüber Aminoglykosiden bei 2,7 %, gegenüber Fluorochinolonen bei 1,2 % und gegenüber Carbapenemen bei 0,9 %.

Insgesamt zeigt sich in Österreich vor allem bei grampositiven Erregern wie MRSA im 5-Jahres-Rückblick ein stabiler 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  $\beta$ -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 2024 Folgendes festhalten:

- **Respirationstrakt:  $\beta$ -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A** (n=4.417) zeigen im Vergleich zu Pneumokokken (n=1.498) eine niedrigere Makrolid-Resistenzrate (8,2 % versus 25,1 %). Die Makrolid-Resistenzrate für Pneumokokken liegt mit 9,6 % etwas über jener der invasiven Pneumokokken (EARS-Net AT). Die Resistenzraten bei ***H. influenzae*** (n=3.281) liegen für Aminopenicilline bei 26,2 %, für Aminopenicilline mit  $\beta$ -Laktamaseinhibitor bei 9,0 % und für Fluorochinolone bei 1,2 %.
- **Harntrakt:** Die 3.-Generations-Cephalosporinen-Resistenzrate bei ***E. coli*** (n=78.904) ist gesamthaft mit 7,1 % in den letzten 5 Jahren etwa gleichgeblieben. Die höchsten Resistenzraten zeigen Sulfamethoxazol/Trimethoprim mit 20,3 % und Fluorochinolone mit 13,9 %. ***Klebsiella pneumoniae*** (n=15.860 im Harn, n=5.937 sonstiges Material): Die Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen liegt 2024 bei 7,9 % im Harn und bei 14,2 % in sonstigen Materialien, die Resistenz gegenüber Carbapenemen bei 0,5 % bzw. bei 2,7 %.
- ***Staphylococcus aureus*:** MRSA (n=2.039): Im Vergleich zum Vorjahr ist die MRSA-Rate mit 6,7 % auf einem stabilen Niveau.
- ***Pseudomonas aeruginosa*:** Im Trachealsekret (n=723) kann eine rückläufige Tendenz bei der Resistenz aller Indikatorsubstanzen, insbesondere gegenüber Piperacillin/Tazobactam (16,2 %), festgestellt werden. Die Carbapenem-Resistenz liegt aktuell bei 10,1 % und die Ceftazidim-Resistenz bei 14,2 %. Bei den Ohrabstrichen (n=1.447) liegt eine Resistenzrate von 0,6 % gegenüber Aminoglykosiden und von 7,7 % gegenüber Ciprofloxacin vor. Im Harntrakt zeigten sich bei ***P. aeruginosa***-Isolaten (n=6.408) folgende Resistenzraten: Carbapeneme 3,9 %, Ceftazidim 5,9 % 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 Antibiogramms 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 Antibiogramm 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 2024 waren insgesamt 641 Einsendungen an das Projekt CARBA-Net zu verzeichnen. Bei einer Gesamtzahl von 478 aus acht Bundesländern eingesendeten *Enterobacterales*-Isolaten konnte in 388 Fällen mindestens ein Carbapenemase-Gen nachgewiesen werden. Die Enzyme waren den Ambler-Klassen A (*blaKPC*-like [n=31]), B (*blaNDM*-like [n=156] und *blaVIM*-like [n=38]), D (*blaOXA-48*-like [n=127] *blaOXA-23*-like [n=1]) sowie einer Kombination aus A und B (*blaKPC*-like und *blaNDM*-like [n=7], *blaKPC*-like und *blaVIM*-like [n=2]), einer Kombination aus A und D (*blaGES*-like und *blaOXA-48*-like [n=1]) und einer Kombination aus B und D (*blaNDM*-like und *blaOXA-48*-like [n=23]) zuzuordnen. Die Resistenzrate gegenüber Colistin betrug 5,8 %, wobei keine Plasmid-kodierte Colistin-Resistenz vom Typ *mcr* nachgewiesen wurde. Auch 2024 wurde das Vorkommen von *blaOXA-244* bei *Escherichia coli* mittels Ganzgenomsequenzierung in 62 von 81 Isolaten bestätigt. Bei 114 verdächtigen *Pseudomonas aeruginosa*-Isolaten konnten 67 Nachweise mindestens einer Carbapenemase erbracht werden, wobei Carbapenemase-Gene vom Typ *blaVIM*-like (n=49), *blaNDM*-like (n=9), *blaIMP*-like (n=7) und *blaGES*-like (n=1) sowie eine Kombination solcher Gene (*blaGES*-like und *blaVIM*-like [n=1]) detektiert wurden. Bei 49 *Acinetobacter baumannii*-Gruppe-Isolaten waren die Carbapenemase-Gene *blaOXA-23*-like [n=31], *blaXOA-24*-like [n=14], *blaOXA 51*-like [n=2] und *blaNDM*-like [n=1] isoliert bzw. in Kombination aus Enzymen der Ambler-Klasse B und D (*blaNDM*-like und *blaOXA-23*-like [n=1]) nachweisbar.

## Resistenzbericht *Streptococcus pneumoniae*

Im Jahr 2024 erhielt die Nationale Referenzzentrale für Pneumokokken 803 re-kultivierbare invasive Pneumokokken-Isolate. Von den getesteten Isolaten waren 10,5 % (84/803) resistent (MHK >0,25 mg/L) gegenüber Erythromycin, 7,1 % (57/803) resistent gegenüber Clindamycin (MHK >0,5 mg/L) und 9,2 % (74/803) resistent (MHK >1 mg/L) gegenüber Tetrazyklin. Gemäß den Vorgaben von EUCAST ist für Penicillin und Ceftriaxon die Interpretation der MHK je nach vorliegender klinischer Manifestation der Pneumokokken-Infektion unterschiedlich. Bei einem MHK-Breakpoint von  $\leq 0,06$  mg/L waren 90,7 % (728/803) der Isolate gegenüber Penicillin und 99,6 % (800/803) gegenüber Ceftriaxon (MHK  $\leq 0,5$  mg/L) uneingeschränkt empfindlich.

## **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 2024 von 21 mikrobiologischen Laboratorien *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate für die Empfindlichkeitstestung zur Verfügung gestellt. Die Resistenzdaten von 407 Isolaten (Ersteinsendungen) konnten ausgewertet werden.

Nachdem 2022 erstmals ein Ceftriaxon- und Cefixim-resistentes Isolat detektiert wurde, konnten 2024 glücklicherweise keine Resistenzen gegenüber diesen Substanzen gefunden werden. Für Ciprofloxacin betrug die Resistenzrate 63,6 % und für Tetrazyklin 75,4 %. Bei 14,5 % 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 18,6 %.

## **Resistenzbericht Meningokokken**

Im Jahr 2024 wurden 15 Fälle einer laborbestätigten invasiven Meningokokken-Erkrankung (IME) registriert. Daraus resultiert eine Jahresinzidenz von 0,16 Fällen pro 100.000 EW.

Von allen 15 Fällen einer IME konnten serologische oder molekularbiologische Sero- bzw. Kapselgruppen-Bestimmungen durchgeführt werden (11 Isolate, 4 Nukleinsäure). Von den 15 Fällen wurden 10 durch *N. meningitidis* der Kapselgruppe B (66,7 %), 4 Fälle durch *N. meningitidis* der Kapselgruppe Y (26,7 %) und ein Fall durch *N. meningitidis* der Kapselgruppe E (6,7 %) verursacht. Eine Resistenztestung für Penicillin, Ceftriaxon, Rifampicin und Ciprofloxacin wurde bei 11 Isolaten durchgeführt. Gemäß den Kriterien des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) zeigten alle Isolate eine uneingeschränkte In vitro Empfindlichkeit gegenüber Ceftriaxon, Rifampicin, Ciprofloxacin und Penicillin.

Für 2024 entfällt ein detaillierter Bericht.

## **Resistenzbericht *Salmonella***

Im Jahr 2024 wurde an der Nationalen Referenzzentrale für Salmonellen eine Zunahme der Anzahl eingesandter humaner Erstisolate um 14,9 % gegenüber dem Vorjahr registriert.

Wie schon in den Vorjahren lagen auch 2024 im Humanbereich die Resistenzraten für/bei mehrere/n 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 20 %. Der Anteil an multiresistenten Isolaten (definiert als Resistenz gegenüber drei oder mehr Antibiotikaklassen) lag bei 9,3 %. High-Level Resistenzen gegen Ciprofloxacin sowie Resistenzen gegen Cephalosporine der dritten Generation (Cefotaxim, Ceftazidim) traten nur selten auf.

## **Resistenzbericht *Yersinien***

Im Jahr 2024 wurden 225 humane Erstisolate an die Nationale Referenzzentrale für *Yersinien* gesandt. Von den Stämmen konnten 98 als pathogene und 127 als apathogene Isolate identifiziert werden. Bei den pathogenen Isolaten wurden 96 Stämme als *Y. enterocolitica* identifiziert, in 2 Fällen wurde *Y. pseudotuberculosis* nachgewiesen. Die Inzidenz der durch die Referenzzentrale kulturell bestätigten Fälle lag im Jahr 2024 bei 1,07 pro 100.000 EW. Das Resistenzverhalten der pathogenen *Yersinien* zeigte keine Auffälligkeiten – 18 *Y. enterocolitica*-Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure.

## **Resistenzbericht *Campylobacter***

Wie schon in den vergangenen Jahren wurden auch im Jahr 2024 bei *C. jejuni* und *C. coli* aus Humanproben und aus Geflügelfleisch extrem hohe Resistenzraten für Fluorochinolone und hohe bis sehr hohe für Tetracykline festgestellt. Die Fluorochinolon-Resistenz bei Humanisolaten betrug 75,6 % in *C. jejuni* bzw. 86,1 % in *C. coli*. Nur wenige Isolate zeigten Makrolid-Resistenz (*C. jejuni* 0,2 %, *C. coli* 3 %), sodass Makrolide bei Vorliegen einer Indikation nach wie vor das Mittel der Wahl für eine antimikrobielle Therapie darstellen.

Das horizontal übertragbare und für High-Level Makrolid-Resistenz codierende Gen *erm(B)* wurde erneut in einem *C. jejuni*-Isolat eines Reiserückkehrers nachgewiesen.

### **Resistenzbericht Shigellen**

Im Jahr 2024 wurden in Österreich insgesamt 88 bestätigte Shigellose-Fälle an die zuständigen Gesundheitsbehörden gemeldet. Die Zahl der in der Referenzzentrale nachgewiesenen *Shigella*-Erstisolate betrug 98. Die vorherrschende Spezies war *Shigella sonnei* mit 59,2 %. 6 Isolate waren gegenüber allen getesteten antimikrobiellen Wirkstoffgruppen sensibel. Bei 35 Isolaten konnte eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin nachgewiesen werden, bei insgesamt 44 Stämmen eine Nalidixinsäure-Resistenz. 36 *Shigella*-Isolate wurden als ESBL-Bildner (36,7 %) identifiziert.

### **Resistenzbericht Tuberkulose**

Die Verbreitung resistenter Stämme des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex (MTC), insbesondere solcher mit Resistenzen gegenüber Erstlinienmedikamenten, stellt weltweit eine Herausforderung in der effektiven Behandlung der Tuberkulose dar und ist ein wichtiger Faktor, der zur Ausbreitung der Erkrankung beiträgt.

Die Überwachung resistenter MTC erfolgt in Österreich nach dem Tuberkulosegesetz über das elektronische Meldesystem (EMS), das dem europäischen Meldeprotokoll für Tuberkulose entspricht. Die Resistenzbestimmungen der kulturbestätigten Fälle werden an der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose durchgeführt.

Im Jahr 2024 wurden in Österreich insgesamt 4 Fälle (0,04 %) einer multiresistenten Tuberkulose (MDR-TB) und ein Fall (0,01 %) einer prä-extremresistenten Tuberkulose (Prä-XDR-TB) an der Nationalen Referenzzentrale bestätigt. Die Gesamtinzidenz für MDR-TB betrug 2024 in Österreich 0,04 Fälle pro 100.000 EW und für prä-XDR-TB 0,01 Fälle pro 100.000 EW. Es wurde kein Fall einer Rifampicin-resistenten (RR-) oder extensiv-resistenten (XDR-) Tuberkulose registriert. 100 % der MDR/prä-XDR-Fälle entfielen im Jahr 2024 auf die nicht in Österreich geborene Bevölkerung.

Ein pandemiebedingter Anstieg von MDR-TB Fällen zeigt sich seit dem Jahr 2022 wieder rückläufig. Die Anzahl der registrierten MDR-TB Fälle liegt damit weiterhin deutlich unter dem präpandemischen Niveau.

Die Herkunftsländer der gemeldeten Fälle legen nahe, dass der Eintrag nach Österreich primär mit Flucht- und Migrationsbewegungen aus Vorderasien, Afrika und Osteuropa in Zusammenhang steht. Ein Großteil der MDR-TB-Isolate konnte 2024 der phylogenetischen Linie 2 (Beijing) zugeordnet werden.

### **Resistenzbericht Hefepilze**

Im Jahr 2024 wurden von sieben verschiedenen Zentren, die über das gesamte Bundesgebiet verteilt sind, 384 verschiedene Hefepilze aus Blutkulturen erfasst. *C. albicans* ist nach wie vor der häufigste Erreger, gefolgt von *N. glabratus* (*C. glabrata*), *C. parapsilosis* und *C. tropicalis*. Die meisten Candidämien fanden sich auf Intensivstationen (29 %) und internen Stationen (22 %), gefolgt von chirurgischen Stationen (18 %; 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 8,4 % der getesteten Stämme resistent. Die Resistenzraten für die anderen getesteten Azole liegen zwischen 0 und 2,9 %.

Die Resistenzsituation bei Echinocandinen ist zurzeit ebenfalls nicht besorgniserregend. Die Resistenzrate liegt zwischen 1,6 % und 4,4 %, 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.

### **Resistenzbericht Schimmelpilze**

Im Jahr 2024 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 261 Schimmelpilzkulturen aus infektionsrelevanten Regionen gesammelt; *Aspergillus-Spezies* sind mit 58 % (151/261) nach wie vor führend unter den Schimmelpilzen, wobei es sich hierbei in 60 % (91/151) 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 10 % (6/62) der getesteten Isolate erhöhte minimale Hemmkonzentrationen (MHK > 1 mg/l) gegenüber Amphotericin B (6 *A. flavus*-Isolate); 3 % (2/61) erhöhte MHKs (> 0,25 mg/l) gegenüber Posaconazol (je 1 *A. flavus*- und *A. fumigatus*-Isolat) und 5 % (3/57) gegenüber Itraconazol (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-Isolate) auf. Mit einer Ausnahme (*A. fumigatus*) zeigten von 60 auf Resistenz gegenüber Isavuconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (29 *A. fumigatus*-, 17 *A. niger*-, 9 *A. flavus*-, 4 *A. nidulans*-Isolate und 1 *A. lentulus*-Isolat) 98 % (59/60) MHKs  $\leq$  2 mg/l und sind somit als in vitro empfindlich zu werten. Von den auf Resistenz gegenüber Voriconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (n=99) zeigten sich mit Ausnahme von einem Isolat (*A. fumigatus*) alle Isolate mit einer MHK  $\leq$  2 sensibel.

Unter den getesteten Non-*Aspergillus*-Spezies lag die MHK für Amphotericin B bei 42 % (8/19) > 1 mg/l, für Posaconazol bei 67 % (12/18) > 0,125 mg/l und für Voriconazol bei 40 % (6/15) > 1 mg/l.

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

Von 2003 bis Dezember 2024 wurden neu diagnostizierte Patient:innen aus 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 durch den Zeitpunkt 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 4.083 von 6.920 Patient:innen einen amplifizierbaren Resistenztest. Die Gesamtprävalenz der TDR betrug 7,0 % (285 von 4.083 Patient:innen; 95 %-CI: 6,3 %–7,8 %). Die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 2,9 % (2,4 %–3,5 %), die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 2,9 % (2,4 %–3,5 %) und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 1,7 % (1,3 %–2,1 %). Das relative Risiko der TDR bei homosexuellen Männern im Vergleich zu einer heterosexuellen Infektion lag bei 1,4 (95 %-CI: 1,1–1,9). Die Prävalenzrate der TDR von den 1.182 Patient:innen mit akuter/frischer Infektion belief sich auf 7,5 % (65 von 868 Patient:innen; 5,9 %–9,4 %). Ein/e Patient:in (0,1 %) wies eine TDR gegenüber 3 Medikamentenklassen (K70R; K103N; L90M) auf.

Die Prävalenzrate der TDR bei den 5.714 Patient:innen mit chronischer Infektion betrug 6,8 % (220 von 3.215 Patient:innen; 6,0 %–7,8 %).

**Schlussfolgerung:** 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**

Es wurden aktuell betreute Patient:innen aus neun Zentren analysiert, die jemals unter antiretroviraler Therapie (ART) standen. Die Resistenzmutationen wurden nach der Mutationsliste 2025 der International Antiviral-Society-USA (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2025/03/33-2-mutations.pdf>) gewertet.

**Ergebnisse:** Insgesamt erhielten 4.823 Patient:innen jemals eine ART, 1.231 hatten einen Resistenztest nach ART (25,5 %). Die Gesamtprävalenz der Resistenzentwicklung betrug 64,3 % (792 von 1.231 Patient:innen), die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 29,4 %, die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 25,8 % und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 53,8 %. 161 von 1.231 Patient:innen (13,1 %) entwickelten eine 3-Klassen-Resistenz. Die Risikofaktoren für eine 3-Klassen-Resistenz waren ein erster Therapiebeginn vor 1997 (OR=29,1; 95 %-CI: 18,6–45,4) sowie von 1997 bis 2003 (OR=7,6; 95 %-CI: 4,7–12,2), ein CD4-Nadir <50 (OR=3,5; 95 %-CI: 2,2–5,6), ein CD4-Nadir zwischen 50 und 200 (OR=2,2; 95 %-CI: 1,4–3,4) und ein Alter <30 bei Therapiebeginn (OR=2,5; 95 %-CI: 1,04–6,2). Das Risiko einer 3-Klassen-Resistenz war bei Patient:innen mit niedriger Viruslast geringer (bei <50 Kopien/ml OR=0,3; 95 %-CI: 0,1–0,7).

**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.

### **Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2024**

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 34,56 Tonnen antimikrobiell wirksame Substanzen zur Behandlung von Nutztieren von pharmazeutischen Unternehmen und Pharmagroßhändlern in Verkehr gebracht. Die Verkaufsmenge war um 2,1 Tonnen (+6,5 %) höher als im Jahr 2023.

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 2024 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 2024 weit vor den anderen Anwendungsformen. Die parenteral anzuwendenden Präparate liegen mit rund 16 % 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 2024 eine Zunahme um 5 % auf 4,19 Tonnen gegeben. Der Anteil der HPCIA an der Gesamtmenge der verkauften Antibiotika ist über die letzten Jahre konstant geblieben und liegt bei 12 % bis 13 %.

### **Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 in Österreich, 2024**

Seit 2004 führt das Bundesministerium für Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz gemeinsam mit der AGES und Tierärzt:innen ein jährliches Monitoring zur Erfassung von Antibiotikaresistenzen bei Nutztieren und Lebensmitteln hiervon durch. Auf Basis des Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 wurden 2024 Schlachtchargen von Masthühnern und Puten sowie Fleischproben aus dem Einzelhandel auf ausgewählte zoonotische und kommensale Bakterien, darunter *Campylobacter* und *E. coli*, sowie Salmonellen von Geflügel aus den Salmonellenbekämpfungsprogrammen untersucht. Die Isolate wurden in Nationalen Referenzlaboratorien typisiert und ihre Empfindlichkeit gegenüber bestimmten Antibiotika geprüft. Die Bewertung erfolgte nach EUCAST-Richtlinien.

#### Salmonellen von Geflügelherden in Österreich:

Im Jahr 2024 wurden in Österreich insgesamt 10.383 Geflügelherden (Legehennen, Masthühner und Mastputen) auf Salmonellen untersucht. Die Proben wurden routinemäßig im Rahmen der nationalen Überwachungsprogramme entnommen.

Von 3.376 Legehennenherden waren 61 (1,8 %) Salmonellen-positiv. In 24 Herden (0,7 %) wurden Serovare nachgewiesen, die dem nationalen Bekämpfungsprogramm unterliegen (*S. Enteritidis* und *S. Typhimurium*). 85,9 % aller *Salmonella*-Isolate waren voll empfindlich, 9,4 % multiresistent. Die häufigsten Resistenzen lagen gegenüber Sulfamethoxazol, Tetracyclin und Ampicillin vor.

Von 6.502 Masthühnerherden waren 158 (2,4 %) mit Salmonellen infiziert, davon 21 Herden (0,3 %) mit Bekämpfungsprogramm-relevanten Serovaren. Nur 26,1 % aller Isolate waren voll empfindlich, während 58,4 % multiresistent waren. Bei 98 Isolaten handelte es sich um *S. Infantis*, davon erwiesen sich 88 Stämme multiresistent.

Von 505 Mastputenherden waren 30 (5,9 %) positiv, darunter 5 Herden (1,0 %) mit Bekämpfungsprogramm-relevanten Serovaren. 63,3 % aller Isolate waren voll empfindlich, 3,3 % multiresistent. Die häufigsten Resistenzen betrafen Amikacin, Fluorchinolone und Ampicillin.

#### Masthühner am Schlachthof:

Im Jahr 2024 wurden Blinddarminhalte von Masthühnern auf *Campylobacter jejuni*, *C. coli*, Indikator *E. coli* sowie  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Spektrum untersucht. *Campylobacter* spp. wurden in 43,8 % der 468 beprobten Herden nachgewiesen. *C. jejuni* war mit 166 Isolaten (35,5 %) häufiger vertreten als *C. coli* (11,8 %). Die Resistenzraten waren bei beiden Spezies gegenüber Ciprofloxacin extrem hoch und gegenüber Tetracyclin hoch, voll empfindlich waren 25,6 % der *C. jejuni*- und 7,4% der *C. coli*-Isolate. Eine Multiresistenz wurde nur bei einem *C. coli*-Isolat festgestellt.

Von 199 Indikator *E. coli*-Isolaten waren 29,1 % voll empfindlich. Häufige Resistenzen betrafen Fluorchinolone (50,3 %), Ampicillin (40,7 %) und Sulfamethoxazol (33,2 %). Eine Multiresistenz lag bei 35,7 % der Isolate vor. In 16,5 % der 310 Proben wurden  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* nachgewiesen. Davon konnten 34 Isolate als ESBL, 15 als AmpC und eines als Carbapenemase bildend bestätigt werden. Die häufigsten Resistenzgene waren *bla*<sub>CTX-M</sub> (ESBL), *bla*<sub>CMY2</sub> (AmpC) und *bla*<sub>VIM1</sub> (CP). Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* ist seit 2016 deutlich zurückgegangen, im Jahr 2024 folgte ein leichter Anstieg.

### Mastputen am Schlachthof:

Im Jahr 2024 wurden Blinddarminhalte von Mastputen auf *Campylobacter* spp., Indikator *E. coli* sowie  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum untersucht.

*Campylobacter* spp. wurden in 39,0 % der 159 Proben nachgewiesen. *C. jejuni* wurde in 29,6 % und *C. coli* in 11,9 % der Proben identifiziert. Die Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin waren bei beiden Spezies extrem hoch, gegenüber Tetracyclin hoch bzw. extrem hoch. Voll empfindlich waren 21,3 % (*C. jejuni*) bzw. 5,3 % (*C. coli*) der Isolate. Eine Multiresistenz trat bei einem *C. coli*-Isolat auf. Indikator *E. coli*-Isolate (n=108) zeigten in 56,5 % der Fälle vollständige Empfindlichkeit. Resistenzen traten am häufigsten gegenüber Ampicillin (28,7 %), Tetracyclin (20,4 %) und Fluorchinolonen (18,5 %) auf. Der Anteil multiresistenter Isolate lag bei 13,9 %.

$\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* wurden in 19,0 % der 158 Proben festgestellt: 12,0 % waren ESBL und 7,0 % AmpC bildend. Der Großteil der ESBL-Isolate trug *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene, bei AmpC-Isolaten dominierte das AmpC-promoter-Gen. Carbapenemase bildende *E. coli* wurden wie auch in allen bisherigen Jahren nicht nachgewiesen. Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* ist seit 2016 bis 2022 signifikant gesunken, zuletzt jedoch wieder leicht gestiegen.

### Hühnerfleisch im Einzelhandel:

Im Jahr 2024 wurden 310 frische Hühnerfleischproben auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum untersucht. In 20,6 % der Proben wurden diese Keime nachgewiesen, wobei 15,8 % ESBL und 4,8 % AmpC bildende *E. coli* identifiziert wurden. Die häufigsten ESBL-Gene waren *bla*<sub>CTX-M</sub> (49 %), gefolgt von *bla*<sub>SHV12</sub> und *bla*<sub>TEM52</sub>. Bei AmpC bildenden *E. coli* dominierten *bla*<sub>CMY2</sub>-Gene.

Von den untersuchten Proben stammten 76,5 % aus Österreich. In österreichischem Hühnerfleisch lag die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* bei 13,5 % und war deutlich niedriger als in Fleisch aus nicht-österreichischer Herkunft (43,5 %). Dieser Unterschied war statistisch signifikant. Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* ist seit 2016 von 64 % auf unter 21 % im Jahr 2024 deutlich gesunken. Carbapenemase bildende *E. coli* wurden in keiner der 325 untersuchten Proben gefunden und sind bislang im Rahmen dieses Überwachungsprogramms nicht aufgetreten.

Zusätzlich wurden alle 325 Fleischproben freiwillig auf MRSA untersucht. In 4,6 % der Proben wurde MRSA nachgewiesen, überwiegend vom klonalen Komplex CC398. Alle diese Isolate zeigten Resistenzen gegenüber Tetracyclin.

### Putenfleisch im Einzelhandel:

Im Jahr 2024 wurden 173 frische Putenfleischproben auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* untersucht. In 36,4 % der Proben wurden diese Keime bestätigt, davon waren 29,5 % ESBL und 6,9 % AmpC bildende *E. coli*. Die meisten ESBL-Isolate trugen *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene (94,1 %), während bei den AmpC-Isolaten überwiegend das AmpC-promoter-Gen (n.-42C>T) gefunden wurde.

60,1 % der Proben stammten aus Österreich. In österreichischem Putenfleisch lag die Prävalenz bei 28,9 %, während sie bei Putenfleisch nicht-österreichischer Herkunft bei 49,2 % lag. Somit ist das Vorkommen von  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* in österreichischen Produkten signifikant niedriger.

Die zeitliche Entwicklung zeigt eine leicht rückläufige Tendenz der Prävalenz seit 2022 (von 40,9 % auf 36,4 %), wobei das Verhältnis von ESBL zu AmpC bildenden Isolaten stabil blieb.

Carbapenemase bildende *E. coli* wurden in keiner der 173 Proben nachgewiesen. Solche Erreger sind bislang im Rahmen dieses Überwachungsprogramms im Putenfleisch nicht aufgetreten. Zusätzlich wurden alle Proben auf MRSA untersucht. In 16,2 % der Fälle wurden MRSA-Isolate gefunden. Die überwiegende Mehrheit der Isolate gehörte zum klonalen Komplex CC398.

### **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 2024 präsentiert. Zusätzlich wird der Antibiotika-Verbrauch auf Basis der Daten der Firma IQVIA™ im stationären und niedergelassenen Bereich für das Jahr 2024 dargestellt.

Der systemische Gesamtverbrauch von Antibiotika in Kilogramm Wirksubstanz betrug in der Humanmedizin in Österreich im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 63.402 kg mit einem Anteil von 65 % im niedergelassenen Bereich. Dies stellt eine geringe Erhöhung im Vergleich zu 2023 dar.

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2024 laut Dachverband-Daten der größte Verbrauch bei den  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,54 DDD/1.000 EW pro Tag und bei der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 3,19 DDD/1.000 EW pro Tag.

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch 2024 laut IQVIA™-Daten 38,31 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Die  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) hatten mit 15,47 DDD/100 Belagstage pro Jahr den größten Anteil, gefolgt von den anderen  $\beta$ -Lactam-Antibiotika (J01D) mit 11,4 DDD/100 Belagstage pro Jahr.

# Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen

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

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

<b>medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich</b>		
<b>Resistenzbericht der Österreichischen HIV-Kohortenstudie Teil 2: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie</b>	Mag. <sup>a</sup> Stefanie Strickner Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle	
<b>Bericht zur Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss der Kommission 2020/1729/EU in Österreich, 2023</b>	Dr. med. vet. Peter Much Hao Sun, Bakk. <sup>in</sup> rer. soc. oec.	Univ.-Prof. <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Annemarie Käsbohrer
<b>Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2023</b>	Univ.-Doz. DI Dr. Klemens Fuchs Mag. Reinhard Fuchs DI <sup>in</sup> Karin Manner	Mag. Florian Fellingner
<b>Antibiotikaverbrauch in der Humanmedizin in Österreich</b>	Dr. <sup>in</sup> Julia Weber, LL.M. RR <sup>in</sup> Gabriela El Belazi	Prim. <sup>a</sup> Univ.-Prof. <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Petra Apfalter

# Einleitung

Der vorliegende Bericht AURES 2024 ist, wie bereits die Berichte der Vorjahre, aus der intersektoralen Zusammenarbeit im Human-, Veterinär- und Lebensmittelbereich hervorgegangen.

Die in den einzelnen Bereichen jeweils getrennt aufbereiteten Informationen werden über eine im Bundesministerium für Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMASGPK) etablierte AMR-Plattform (AMR = antimikrobielle Resistenz) zusammengeführt. Das Ziel des AURES ist es, eine vergleichbare Darstellung bestehender repräsentativer Daten zur antimikrobiellen Resistenz sowie zum Verbrauch antimikrobieller Substanzen für Österreich zu ermöglichen. 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 für die Beurteilung der Wirksamkeit von Maßnahmen dienen. Dafür sind valide Daten des AURES von wesentlicher Bedeutung. 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 BMASGPK ernannten Nationalen Referenzzentren bzw. -laboratorien und der jeweiligen Projekte werden in einzelnen Kapiteln dargestellt. Diese Vorgehensweise wurde gewählt, um den unterschiedlichen Ansätzen der Datenerhebung zu berücksichtigen. Ein direkter Vergleich der aus der Veterinär- und Humanmedizin gewonnenen Daten ist aufgrund der Anwendung unterschiedlicher Testverfahren und 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.

# 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 Antibiotikatag 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 – ebenso wie in allen EU-Mitgliedstaaten – harmonisierte Daten zu Antibiotikaresistenzen und deren Entwicklungen erhoben. Dies erfolgt anhand repräsentativer Stichproben von geschlachteten Masthühner- und Mastputenherden (in geraden Jahren), Mastschweinen und Rindern unter einem Jahr (in ungeraden Jahren).

Zusätzlich werden Proben von frischem Hühner- und Putenfleisch (gerade Jahre) sowie Schweine- und Rindfleisch (ungerade Jahre) aus dem Einzelhandel untersucht.

Alle genannten Proben werden mittels selektiver Anreicherung auf das Vorkommen von  $\beta$ -Laktamase produzierenden *Escherichia (E.) coli* mit erweitertem Wirkspektrum analysiert. Darüber hinaus werden aus den Darminhalten der erwähnten Tierarten (1) kommensale Indikatorbakterien *E. coli*, (2) thermotolerante *Campylobacter* sowie (3) *Salmonella*-Isolate gewonnen und auf die Verbreitung und Entwicklung von Antibiotikaresistenzen geprüft. Auch Isolate aus den nationalen Salmonellen-Bekämpfungsprogrammen verschiedener Geflügelsparten gehen in die Resistenztestung ein.

Der Anteil empfindlicher *E. coli*-Isolate aus Darminhalten von Masthühnern gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika blieb in den letzten Jahren mit rund 30 % stabil. Bei Puten zeigt sich ein signifikanter Anstieg an voll-empfindlichen Isolaten auf 56,5 %.

Die Anteile an  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* von Masthühnern sowie aus Hühnerfleischproben liegen mit jeweils unter 20 % im Bereich des EU-Vergleiches. Bei Proben aus dem Einzelhandel zeigt sich zudem, dass Hühnerfleisch österreichischer Herkunft signifikant niedrigere Anteile  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* aufweist als nicht in Österreich produziertes Hühnerfleisch.

Bei den Mastputen liegen die Anteile an  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* mit 19 % ebenfalls günstig. Die untersuchten Proben von Putenfleisch zeigen jedoch höhere Anteile von 36 %, was im EU-Vergleich eine weniger vorteilhafte Situation darstellt.

In der Humanmedizin zeigt der grampositive Bereich 2024 beispielhaft bei *S. pneumoniae* und Penicillin, das weiterhin die Therapie der Wahl darstellt, ein über die Jahre stabiles Bild.

Die Anzahl invasiver Pneumokokken-Isolate ist in 2024 mit der Anzahl im Vorjahr vergleichbar und liegt auf vorpandemischen Niveau.

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

Insgesamt zeigt sich in Österreich vor allem bei grampositiven Erregern wie MRSA im 5-Jahres-Rückblick ein stabiler 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.

Bei *E. coli* und *K. pneumoniae* liegt die Resistenzrate in Österreich 2024 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.<sup>a</sup> Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> 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](mailto:petra.apfalter@analyse.eu)  
[www.referenzzentrum.at](http://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](mailto:rainer.hartl@analyse.eu)  
[www.referenzzentrum.at](http://www.referenzzentrum.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)</b> .....	<b>38</b>
Zusammenfassung.....	38
Abstract .....	39
EARS-Net-Resistenzraten auf einen Blick.....	41
Einleitung.....	44
Ziel des Netzwerks.....	44
Geschichte des Netzwerks .....	44
Netzwerkabdeckung in Österreich und Europa .....	45
Methodik .....	45
Die EARS-Net-Datenbasis .....	47
Teilnehmende Laboratorien.....	47
Meldungen in EARS-Net nach Erregern .....	51
Geografische Verteilung der gemeldeten Erregerdaten.....	52
<b>Streptococcus pneumoniae</b> .....	<b>53</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	53
Demographische Daten .....	54
<i>Streptococcus pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter .....	54
<i>Streptococcus pneumoniae</i> und Penicillin .....	55
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin nicht empfindlich Österreich gesamt.....	57
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Altersgruppen .....	58
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Bundesland .....	58
<i>Streptococcus pneumoniae</i> und Makrolide .....	59
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent Österreich gesamt.....	59
<i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent nach Altersgruppen .....	60
<b>Staphylococcus aureus</b> .....	<b>61</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	61
Demographische Daten.....	61
<i>Staphylococcus aureus</i> nach Geschlecht und Lebensalter .....	61
MRSA .....	62
MRSA-Raten – Österreich gesamt.....	63
MRSA-Raten nach Geschlecht und Lebensalter.....	63
MRSA-Raten nach Altersgruppen .....	64
MRSA-Raten nach Bundesländern .....	65
<i>Staphylococcus aureus</i> und Vancomycin.....	65

<b>Escherichia coli.....</b>	<b>66</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	66
Demographische Daten .....	67
<i>Escherichia coli</i> nach Geschlecht und Lebensalter .....	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 .....	69
<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 .....	73
<i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen .....	73
<i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern.....	74
<i>Escherichia coli</i> und Carbapeneme .....	74
<i>Escherichia coli</i> – Carbapenemen-resistent Österreich gesamt .....	75
<b>Enterococcus faecalis und Enterococcus faecium.....</b>	<b>75</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	75
Demographische Daten .....	76
Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter.....	76
Enterokokken und Aminopenicilline .....	78
Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt .....	78
Enterokokken und Aminoglykoside.....	78
Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden .....	78
Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden Österreich gesamt .....	79
Enterokokken und Vancomycin.....	79
Enterokokken – Vancomycin-resistent Österreich gesamt .....	80
Enterokokken – Vancomycin-resistent nach Bundesland.....	80
<b>Klebsiella pneumoniae .....</b>	<b>81</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	81
Demographische Daten .....	81
<i>Klebsiella pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter .....	81
<i>Klebsiella pneumoniae</i> und Fluorochinolone.....	82
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt.....	82

<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen .....	83
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern .....	83
<i>Klebsiella pneumoniae</i> und 3.-Generations-Cephalosporine .....	84
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt.	84
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen .....	85
<i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Bundesländern .....	85
<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 .....	88
<b><i>Pseudomonas aeruginosa</i> .....</b>	<b>89</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	89
Demographische Daten .....	90
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> nach Geschlecht und Lebensalter .....	90
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Aminoglykoside .....	91
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt .....	91
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen .....	92
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern .....	93
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Fluorochinolone .....	95
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt .....	95
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen .....	95
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern .....	96
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Ceftazidim .....	97
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent Österreich gesamt .....	97
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen .....	97
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent nach Bundesländern .....	98
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Piperacillin/Tazobactam .....	99
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent Österreich gesamt .....	99
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen .....	99
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin-/Tazobactam-resistent nach Bundesländern .....	100
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> und Carbapeneme .....	101
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt .....	101
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen .....	101

<i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent nach Bundesländern.....	102
<b>Acinetobacter spp. ....</b>	<b>102</b>
Klinische und epidemiologische Bedeutung .....	102
Demographische Daten.....	104
<i>Acinetobacter spp. nach Geschlecht und Lebensalter</i> .....	104
<i>Acinetobacter spp. und Aminoglykoside</i> .....	105
<i>Acinetobacter spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt</i> .....	105
<i>Acinetobacter spp. – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern</i> .....	106
<i>Acinetobacter spp. und Fluorochinolone</i> .....	107
<i>Acinetobacter spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt</i> .....	107
<i>Acinetobacter spp. – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern</i> .....	108
<i>Acinetobacter spp. und Carbapeneme</i> .....	109
<i>Acinetobacter spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt</i> .....	109
<i>Acinetobacter spp. – Carbapenem-resistent nach Bundesländern</i> .....	110
<b>Diskussion.....</b>	<b>110</b>
<b>Danksagung .....</b>	<b>114</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>114</b>

## European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)

### Zusammenfassung

Die österreichischen EARS-Net-Daten repräsentieren eine Datensammlung von derzeit 98 Akutkrankenanstalten, die von 36 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 2024 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 2024 wiederholt kein solches Isolat nachgewiesen. Bei Makroliden ist die Resistenzrate im Vergleich zu 2023 von 11,1 % auf 9,6 % gesunken.

Die **Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA)-Rate** ist im 5-Jahres-Rückblick weiterhin stabil und liegt 2024 bei 5,5 %. Bei einem invasiven *Staphylococcus aureus*-Isolat wurde eine herabgesetzte Empfindlichkeit gegenüber Vancomycin berichtet, für eine Bestätigung stand das Isolat dem NRZ nicht zur Verfügung.

Bei ***Escherichia coli* (*E. coli*)** zeigen sich folgende Resistenzraten: Fluorochinolone 15,3 %, 3.-Generations-Cephalosporine 10,3 % und Aminoglykoside 5,9 %.

Bei **Enterokokken** war die Resistenzrate gegenüber Aminopenicillin im Vergleich zu den Vorjahren im Wesentlichen stabil. Gegenüber Aminoglykosiden ist im Vergleich zu 2023 bei *Enterococcus faecalis* (von 14,7 % auf 12,5 %) ein leichter Rückgang und bei *Enterococcus faecium* (von 30,0 % auf 42,0 %) ein Anstieg der Resistenzrate zu verzeichnen. Die **Vancomycin-resistente Enterokokken (VRE)-Rate** lag bei *Enterococcus faecalis* bei 0,2 % und bei *Enterococcus faecium* bei 4,5 %.

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 2024 liegen die Resistenzraten gegenüber

Fluorochinolonen bei 14,1 %, gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen bei 13,7 % und gegenüber Aminoglykosiden bei 4,8 %.

**Carbapenem-resistente Enterobacterales-Isolate:** Im Jahr 2024 wurde bei 35 invasiven Stämmen, wovon 6 auf *Escherichia coli* und 29 auf *Klebsiella pneumoniae* entfielen, eine Carbapenem-Resistenz dokumentiert.

Bei *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) ist 2024 die Resistenzrate bei Carbapenemen leicht auf 7,9 % (- 0,5 %) gesunken. Die Resistenzraten bei den Aminoglykosiden (Amikacin 4,5 %, Tobramycin 3,2 %) stiegen leicht an. Ebenso gab es leichte Veränderungen bei folgenden Substanzen: Fluorochinolone 11,1 % (+ 3,4 %), Piperacillin/Tazobactam (Pip/Taz) 11,3 % (- 0,7 %) und Ceftazidim 13,1 % (+ 1,8 %).

Bei *Acinetobacter spp.* lagen die Resistenzraten bei insgesamt 111 Isolaten gegenüber Aminoglykosiden bei 2,7 %, gegenüber Fluorochinolonen bei 1,2 % und gegenüber Carbapenemen bei 0,9 %.

Insgesamt zeigt sich in Österreich vor allem bei grampositiven Erregern wie MRSA im 5-Jahres-Rückblick ein stabiler 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 2024, EARS-Net in Austria includes data from 98 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 2024 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 2024, no such isolate was detected in Austria. The resistance rate of macrolides decreased from 11.1% to 9.6%.

The **MRSA rate** continuously decreased in the last five years, with a rate of 5.5% in 2024. In 2024, one isolate with reduced susceptibility to vancomycin was reported, however, this isolate was not available for confirmation.

***Escherichia coli***: The resistance rates remained stable with regard to fluoroquinolones 15.3%, 3rd generation cephalosporins 10.3 % and aminoglycosides 5.9%, respectively.

In ***Enterococci***, the resistance rate of aminopenicillins was stable in comparison to the previous years. In comparison to 2023, resistance rate with regard to aminoglycosides decreased for *Enterococcus faecalis* from 14.7% to 12.5% and increased for *Enterococcus faecium* from 30.0% to 42.0%. In 2024, the **VRE** rate was 0.2% in *Enterococcus faecalis* and 4.5% in *Enterococcus faecium*.

In ***Klebsiella pneumoniae***, the resistance rate of fluoroquinolones (14.1%) remained stable in the last five years, as well as for 3rd generation cephalosporins (13.7%) and aminoglycosides (4.8%).

**Carbapenem resistant isolates in *Enterobacterales***: In 2024, 35 invasive strains with resistance to carbapenem were reported, thereof 6 *Escherichia coli* isolates and 29 *Klebsiella pneumoniae* isolates. A slight but steady increase can therefore be observed in this group.

***Pseudomonas aeruginosa***: In 2024, the carbapenem resistance rate decreased to 7.9% (0.5%). Aminoglycosides resulted in resistance rates of 4.5% for Amikacin and of 3.2% for Tobramycin. The resistance rates of the following substances did not change significantly compared to the previous years: fluoroquinolone 11.1% (+3.4%), piperacillin/tazobactam 11.3% (-0.7%) and ceftazidime 13.1% (+1.8%).

Data of 111 ***Acinetobacter spp.*** isolates were reported. Resistance rates for aminoglycosides, fluoroquinolones and carbapenem were 2.7%, 1.2% and 0.9%, respectively.

Resistance rates were stable 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 2024 zusammengefasst. Die Symbole in Klammern 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 und Abbildung 2 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 2024 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – grampositive Erreger

	Grampositiv (n = 7.625)			
	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Enterococcus faecium</i>
Anzahl Isolate (max. Wert)	725	4.932	1.208	760
% RESISTENT				
Aminoglykoside			12,5 (↔)	42,0 (↔)
Aminopenicilline			5,9 (↔)	92,5 (↔)
Cefoxitin/Oxacillin		5,5 (↑)		
Makrolide	9,6 (↔)			
Penicillin	2,1 (↔)			
Vancomycin		0,0 (↔)	0,2 (↔)	4,5 (↔)

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

Tabelle 3: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2024 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – gramnegative Erreger

	Gramnegativ (n = 10.786)			
	<i>Escherichia coli</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Acinetobacter</i> spp.
<b>Anzahl Isolate (max. Wert)</b>	<b>7.708</b>	<b>2.001</b>	<b>966</b>	<b>111</b>
<b>% RESISTENT</b>				
<b>Aminoglykoside</b>	5,9 (↔)	4,8 (↔)		2,7 (↓)
<b>Amikacin</b>			4,5 (↔)	
<b>Tobramycin</b>			3,2 (↔)	
<b>Carbapeneme</b>	0,1 (↔)	1,4 (↔)	7,9 (↔)	0,9 (↓)
<b>3.-Generations-Cephalosporine</b>	10,3 (↔)	13,7 (↔)	13,1 (↔)	
<b>Fluorochinolone</b>	15,3 (↔)	14,1 (↔)	11,1 (↔)	1,2 (↓)
<b>Piperacillin/Tazobactam</b>			11,3 (↔)	

↑...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 2024 (Teil 1)

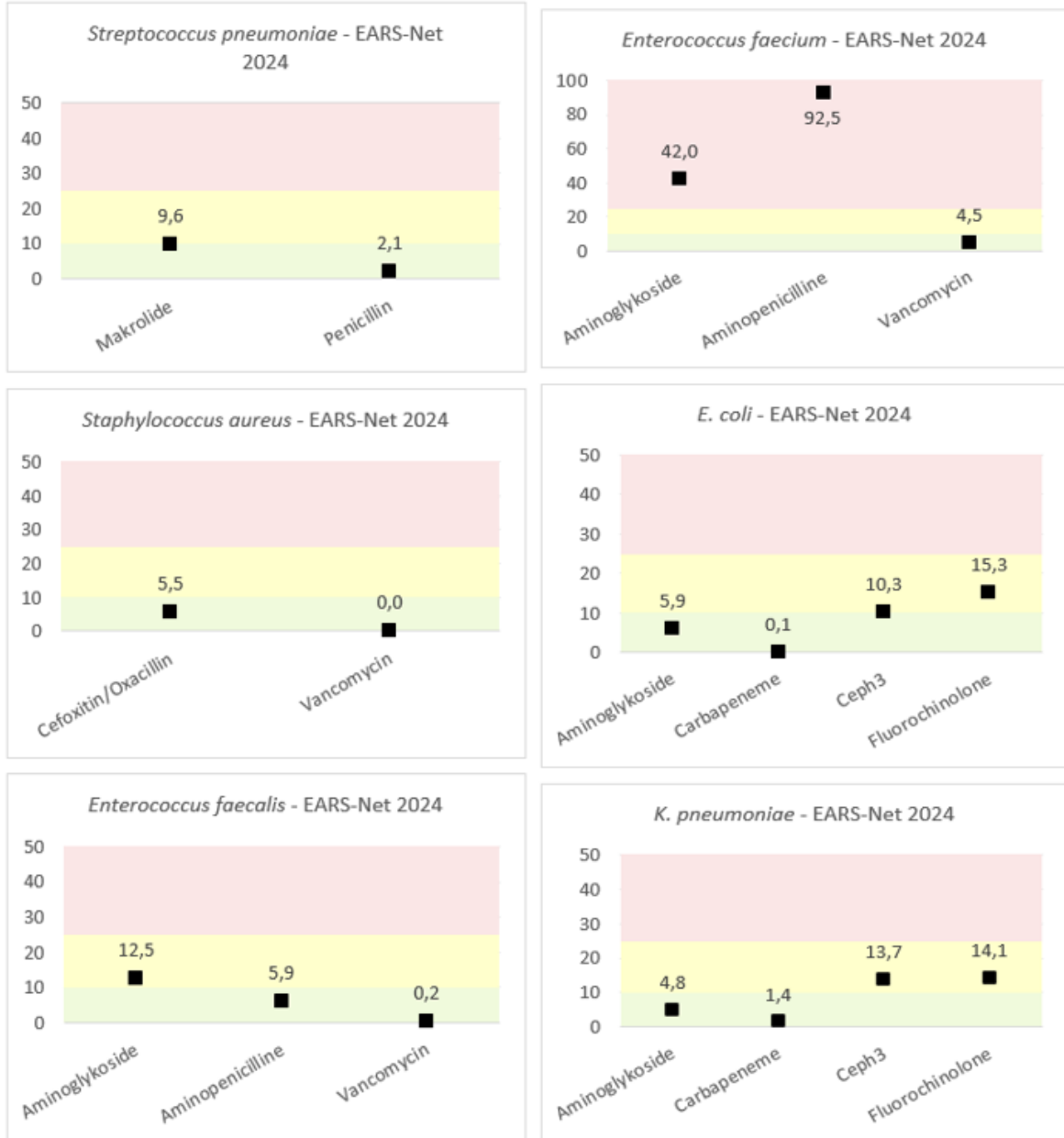
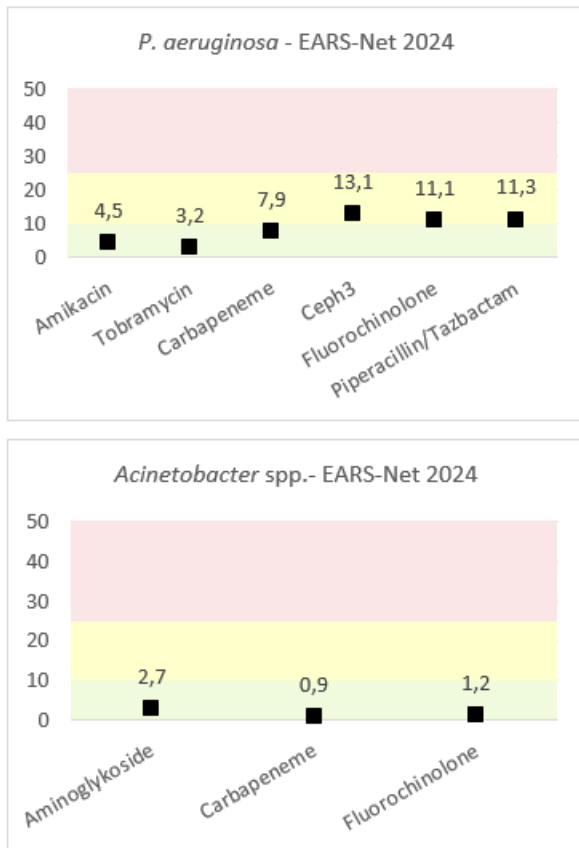


Abbildung 2: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem für 2024 (Teil 2)



## 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 36 Laboratorien (Stand 31.12.2024) freiwillig an der EARS-Net-Datenmeldung. Insgesamt wurden im Jahr 2024 Daten von 98 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	24	86 %
Standardversorgungsfunktion	55	50	91 %
Sonderkrankenanstalt	61	17	28 %
Sonstige Krankenanstalten (Sanatorien)	32	8	25 %

Quelle: Gesundheit Österreich GmbH (04.04.2025), 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](http://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](http://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 der Auswahl von unterschiedlichen 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 2024 meldeten 36 Laboratorien Daten.

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

Labor	Zentrum	2020	2021	2022	2023	2024
AT001	Ordensklinikum Linz Elisabethinen/analyse Biolab GmbH	620	567	690	721	735
AT002	Klinisches Institut für Labormedizin, Abteilung für Klinische Mikrobiologie, Medizinische Universität Wien	887	641	868	904	730
AT003	Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, Medizinische Universität Graz	171	154	140	139	197
AT005	Institut für Hygiene und medizinische Mikrobiologie, Medizinische Universität Innsbruck	2.121	1.029	2.477	2.508	2.761
AT006	Universitätsinstitut für Klinische Mikrobiologie und Hygiene, Uniklinikum Salzburg, Landeskrankenhaus	617	645	785	759	807
AT007	Institut für Labordiagnostik und Mikrobiologie, Klinikum Klagenfurt	633	504	712	865	1.073
AT008	Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene, Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH – Wien	18	15	5	5	6
AT010	Institut für Pathologie, Landeskrankenhaus Feldkirch	496	110	452	0 <sup>1</sup>	533
AT011	Klinische Pathologie und Mikrobiologie, Burgenländische	252	163	422	164	226

<sup>1</sup> EDV-technisch in 2023 kein Datenexport möglich.

Labor	Zentrum	2020	2021	2022	2023	2024
	Krankenanstalten-Ges.m.b.H. Klinik Oberwart					
<b>AT012</b>	Institut für Klinische Pathologie und Molekularpathologie, Landeskrankenhaus Horn	262	250	277	277	346
<b>AT014</b>	Institut für Klinische Pathologie, Mikrobiologie und Molekulare Diagnostik, Krankenhaus der Barmherzigen Schwestern Ried	408	143	434	280	445
<b>AT015</b>	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Landeskrankenhaus Amstetten	232	299	265	298	277
<b>AT016</b>	Institut für Hygiene und Mikrobiologie, Infektiologie und Tropenmedizin, Klinikum Wels-Grieskirchen GmbH	563	496	539	555	598
<b>AT017</b>	Klinisches Institut für Pathologie, Universitätskrankenhaus Krems	175	161	_2	_2	_2
<b>AT018</b>	Institut für klinische Pathologie und Molekularpathologie, Landeskrankenhaus Mistelbach-Gänserndorf	440	444	476	478	539
<b>AT019</b>	Klinisches Institut für Hygiene und Mikrobiologie, Universitätskrankenhaus St. Pölten	0 <sup>3</sup>	0 <sup>3</sup>	445	487	494
<b>AT020</b>	Institut für Pathologie und Molekularpathologie, Landeskrankenhaus Wiener Neustadt	382	366	194	0 <sup>4</sup>	0 <sup>4</sup>
<b>AT021</b>	Klinische Pathologie und Molekularpathologie mit einem Labor für Mikrobiologie, Landeskrankenhaus Villach	285	225	259	434	377
<b>AT022</b>	Institut für Pathologie, LKH Hochsteiermark Standort Leoben	409	391	431	446	497
<b>AT023</b>	Institut für Pathologie, Pyhrn-Eisenwurzen Klinikum Steyr	376	382	312	378	425

<sup>2</sup> Änderung der Organisation, AT017 ab 2022 in AT019 integriert.

<sup>3</sup> EDV-technisch in 2020 und 2021 kein Datenexport möglich.

<sup>4</sup> EDV-technisch in 2023 und 2024 kein Datenexport möglich.

Labor	Zentrum	2020	2021	2022	2023	2024
AT024	Institut für klinische Pathologie, Salzkammergut-Klinikum Vöcklabruck	860	397	860	776	774
AT025	Institut für Pathologie, Molekularpathologie und Mikrobiologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Favoriten	343	344	447	435	624
AT026	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Kardinal Schwarzenberg Klinikum	157	141	136	148	193
AT027	Jakob-Erdheim-Institut für Pathologie und klinische Bakteriologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Hietzing	536	494	439	427	456
AT028	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Landstraße	340	356	223	210	308
AT030	Institut für Krankenhaushygiene und Mikrobiologie, Graz	668	463	668	823	858
AT031	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Ottakring	339	536	944	760	1.020
AT032	Labor Dr. Kosak	-	-	-	-	7
AT033	Institut für Klinische Pathologie, Molekularpathologie und Mikrobiologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Donaustadt	324	415	247	425	399
AT034	Krankenhaus der Barmherzigen Brüder Eisenstadt	226	185	213	233	247
AT035	Institut für Pathologie und Mikrobiologie, Hanusch- Krankenhaus	158	119	143	139	118
AT036	Medilab Dr. Mustafa, Dr. Richter Labor für medizinisch-chemische und mikrobiologische Diagnostik GmbH	76	62	105	86	180
AT037	Klinische Abteilung für Infektiologie, Universitätsklinik für	528	397	510	542	662

Labor	Zentrum	2020	2021	2022	2023	2024
	Innere Medizin, LKH Universitätsklinikum Graz					
<b>AT038</b>	Institut für klinische Pathologie und Molekularpathologie, Landesklinikum Baden-Mödling	309	242	189	247	277
<b>AT040</b>	Klinisches Institut für Pathologie und Molekularpathologie, Med Campus III, Kepler Universitätsklinikum GmbH	336	328	242	336	390
<b>AT042</b>	IHR LABOR 1080 Wien, Dr. Breuer	52	46	58	51	50
<b>AT043</b>	LABCON – Medizinische Laboratorien GmbH	338	333	310	326	380
<b>AT044</b>	Institut für Pathologie und Bakteriologie, Wiener Gesundheitsverbund – Klinik Floridsdorf	333	380	381	366	402

Die Datenbasis umfasst seit dem Jahr 2000 Resistenzdaten zu nunmehr 231.357 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 als verschiedene 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. 2024 haben 27 von den 36 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 dem Daten-Upload für 2024 wird die Plattform TESSy von der Plattform EpiPulse Cases abgelöst.

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.

## Meldungen in EARS-Net nach Erregern

Tabelle 6: Anzahl der Meldungen nach Erregern 2020 bis 2024

Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Acinetobacter spp.</i>	77	87	105	106	111
<i>Enterococcus faecalis</i>	1.105	798	1.148	1.125	1.208
<i>Enterococcus faecium</i>	675	624	803	679	760
<i>Escherichia coli</i>	6.845	5.267	6.886	6.752	7.708
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.441	1.187	1.546	1.609	2.001
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	874	707	827	884	966

<b><i>Staphylococcus aureus</i></b>	3.896	3.246	4.440	4.167	4.932
<b><i>Streptococcus pneumoniae</i></b>	358	322	543	706	725

Tabelle 6 zeigt die Anzahl der Meldungen je Erreger in den letzten 5 Jahren. Am häufigsten wurden 2024 *Escherichia coli* mit 7.708 Isolaten gemeldet, gefolgt von *Staphylococcus aureus* mit 4.932 Isolaten und *Klebsiella pneumoniae* mit 2.001 Isolaten. Die Anzahl invasiver Pneumokokken-Isolate ist in 2024 mit der Anzahl im Vorjahr vergleichbar und liegt auf vorpandemischem Niveau.

### Geografische Verteilung der gemeldeten Erregerdaten

Die regionale Verteilung der eingesandten Daten hat sich im Zeitraum von 2000 bis 2024 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 2024 absolut und relativ nach Bundesländern

Österreich	B	K	NÖ	OÖ	S	ST	T	V	W
9.198.214	301.819	570.194	1.727.759	1.535.677	572.905	1.271.940	777.773	411.748	2.028.399
100 %	3,3 %	6,2 %	18,8 %	16,7 %	6,2 %	13,8 %	8,5 %	4,5 %	22,0 %

Quelle: Statistik Austria, Stand 01.01.2025

Tabelle 8: Anzahl der Erstisolate pro Bundesland

	2020	2021	2022	2023	2024
<b>B</b>	462	478	348	397	473
<b>K</b>	1.019	918	729	1.299	1.450
<b>NÖ</b>	2.244	1.800	1.762	1.787	1.933
<b>OÖ</b>	2.925	3.163	2.313	3.046	3.368
<b>S</b>	899	850	848	993	1.180
<b>ST</b>	1.979	1.776	1.405	1.950	2.214

<b>T</b>	2.332	2.121	1.029	2.508	2.761
<b>V</b>	438	496	110	0 <sup>5</sup>	533
<b>W</b>	3.742	3.669	3.680	4.048	4.499

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

Seit 2012 steht die 10-valente konjugierte Pneumokokkenimpfung für alle Kinder in Österreich 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 2024 wird den Pneumokokken ein eigenes Kapitel gewidmet sein, weshalb die Darstellung der Serogruppen der Blutkulturisolate an dieser Stelle entfällt.

Tabelle 9: Anzahl der Erstisolate von *Streptococcus pneumoniae* seit dem Jahr 2020

Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	358	322	543	706	725

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 725 Pneumokokken-Erstisolate aus Blutkulturen und/oder Liquor isoliert. Die Inzidenz beträgt damit 7,9 Fälle pro 100.000 Einwohner:innen

<sup>5</sup> EDV-technisch in 2023 kein Datenexport möglich.

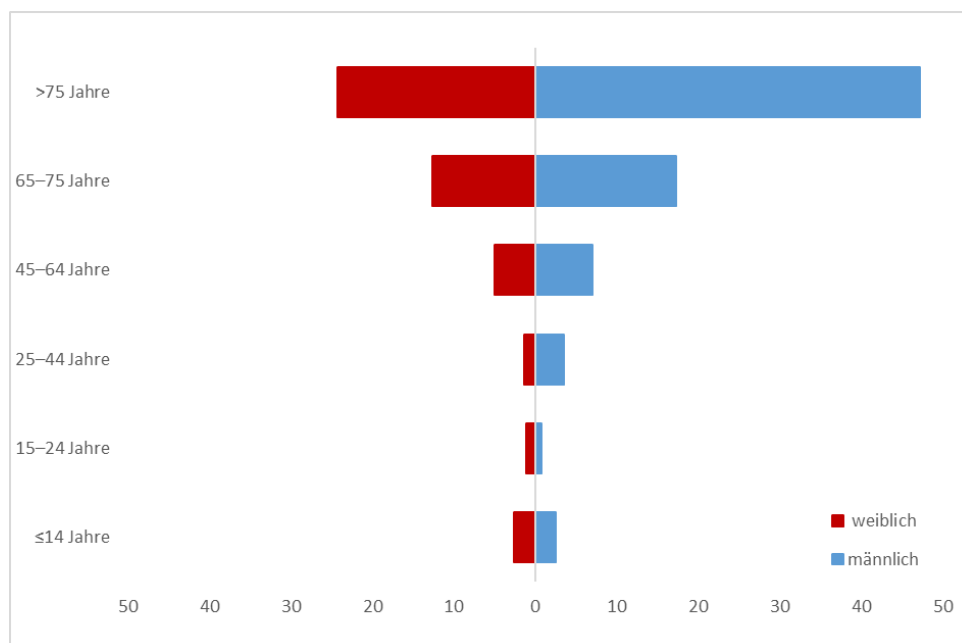
(EW). In Europa reicht die Inzidenz von 0,2 Fällen pro 100.000 EW in Luxemburg bis zu 16,0 Fällen pro 100.000 EW in den Niederlanden [5].

## Demographische Daten

### ***Streptococcus pneumoniae* nach Geschlecht und Lebensalter**

*Streptococcus pneumoniae*-Bakteriämien kommen bei Männern (n = 407) häufiger vor als bei Frauen (n = 313). Die Daten von 5 Isolaten 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 3 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 3: *Streptococcus pneumoniae* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

## ***Streptococcus pneumoniae* und Penicillin**

Penicilline bleiben bei der Therapie von invasiven Infektionen Mittel der ersten Wahl. 43 von 725 Isolaten wurden im Jahr 2024 von den entsprechenden Laboratorien als „intermediär/sensibel bei erhöhter Exposition“ deklariert. Es wurden 15 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 555 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 2024 kein solches Isolat nachgewiesen.

Tabelle 10: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin, MHK-Werte 2024 im Detail

<b>Material</b>	<b>Interpretation</b>	<b>Anzahl Isolate</b>	<b>MHK mg/L</b>
Blut	R	1	2
Blut	R	3	1
Liquor	R	1	1
Blut	R	1	0,5
Blut	R	1	0,25
Blut	R	8	*
Blut	I	1	1
Blut	I	1	0,5
Blut	I	6	0,25
Blut	I	2	0,125
Blut	I	33	*
Liquor	I	1	*
Blut	S	1	$\leq 0,12$
Blut	S	1	0,06
Blut	S	51	$\leq 0,06$
Liquor	S	2	$\leq 0,06$

Blut	S	8	0,03
Blut	S	52	≤0,03
Blut	S	17	0,016
Liquor	S	1	0,016
Blut	S	7	≤0,016
Blut	S	8	0,008
Blut	S	5	≤0,008
Blut	S	510	*
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 01.01.2024

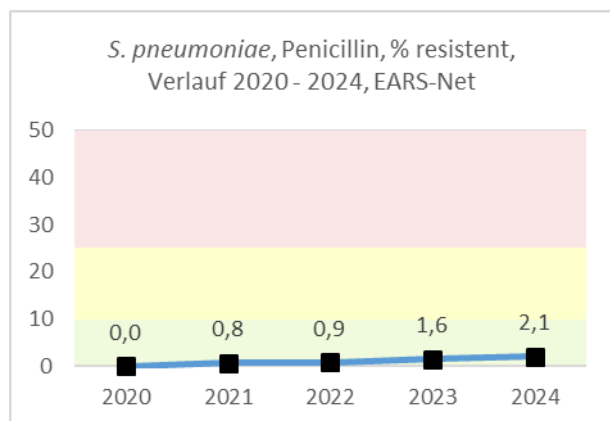
## ***Streptococcus pneumoniae* – Penicillin nicht empfindlich Österreich gesamt**

Tabelle 12: *Streptococcus pneumoniae* und Penicillin seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	306	0,0
2021	377	0,8
2022	543	0,9
2023	706	1,6
2024	725	2,1

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 4.

Abbildung 4: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent, Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

Tabelle 13: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	10	0,0	19	0,0	18	0,0	22	4,5	35	5,7
15–24	1	0,0	2	0,0	12	8,3	5	0,0	9	0,0
25–44	26	0,0	39	2,6	42	0,0	65	6,2	65	3,1
45–64	96	0,0	115	1,7	171	0,6	150	0,7	164	2,4
65–75	75	0,0	93	0,0	145	1,4	173	1,7	157	0,6
>75	98	0,0	109	0,0	155	0,6	291	0,7	295	2,0

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

Tabelle 14: *Streptococcus pneumoniae* – Penicillin-resistent nach Bundesland seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	9	0,0	14	0,0	12	0,0	8	0,0	11	9,1
K	12	0,0	19	0,0	26	0,0	44	0,0	54	0,0
NÖ	36	0,0	37	2,7	53	0,0	62	0,0	67	1,5
OÖ	72	0,0	84	0,0	102	1,0	105	2,9	125	4,8
S	21	0,0	35	2,9	49	2,0	51	0,0	54	1,9
ST	50	0,0	52	0,0	83	1,2	122	1,6	110	1,8
T	38	0,0	47	0,0	106	0,0	156	0,6	122	0,0
V	2	0,0	19	5,3	21	0,0	-	-	33	0,0

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>W</b>	66	<b>0,0</b>	70	<b>0,0</b>	91	<b>2,2</b>	158	<b>3,2</b>	149	<b>2,7</b>

### ***Streptococcus pneumoniae* und Makrolide<sup>6</sup>**

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**

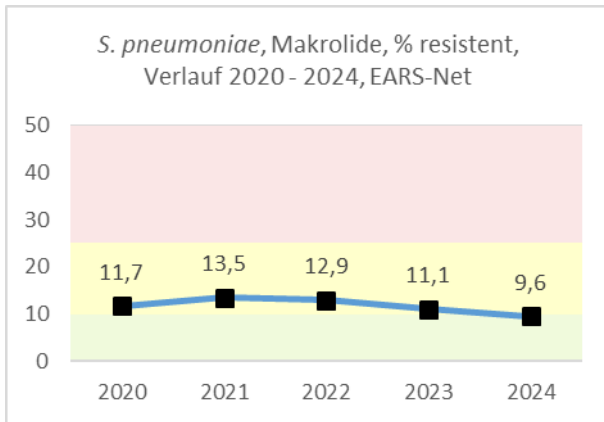
Die Resistenzraten sind hier deutlich höher als bei Penicillin. Im Vergleich über die letzten 5 Jahre ist die Resistenzrate rückläufig und liegt im Jahr 2024 bei 9,6 %.

Tabelle 15: *Streptococcus pneumoniae* – Makrolide seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
<b>2020</b>	341	<b>11,7</b>
<b>2021</b>	490	<b>13,5</b>
<b>2022</b>	643	<b>12,9</b>
<b>2023</b>	794	<b>11,1</b>
<b>2024</b>	948	<b>9,6</b>

<sup>6</sup> Azithromycin, Clarithromycin, Erythromycin

Abbildung 5: *Streptococcus pneumoniae* – Makrolide-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



### ***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 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	13	15,4	21	28,6	19	10,5	22	18,2	46	17,4
15–24	3	33,3	2	0,0	17	11,8	5	0,0	13	7,7
25–44	34	8,8	53	30,2	47	14,9	79	11,4	72	18,1
45–64	101	9,9	150	6,7	199	7,5	183	10,9	206	8,3
65–75	81	8,6	117	16,2	167	12,0	194	11,9	224	8,5
>75	109	15,6	147	10,2	194	19,1	311	10,3	387	8,5

## **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 2020

Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Staphylococcus aureus</i>	3.896	3.246	4.440	4.167	4.932

Im Jahr 2024 sind 4.932 Meldungen einer *Staphylococcus aureus*-Bakteriämie eingelangt. Dies entspricht einer Inzidenz von 53,6 Fällen pro 100.000 EW. *Staphylococcus aureus* liegt in der Häufigkeit aller EARS-Net-Erreger damit an zweiter Stelle hinter *Escherichia coli*.

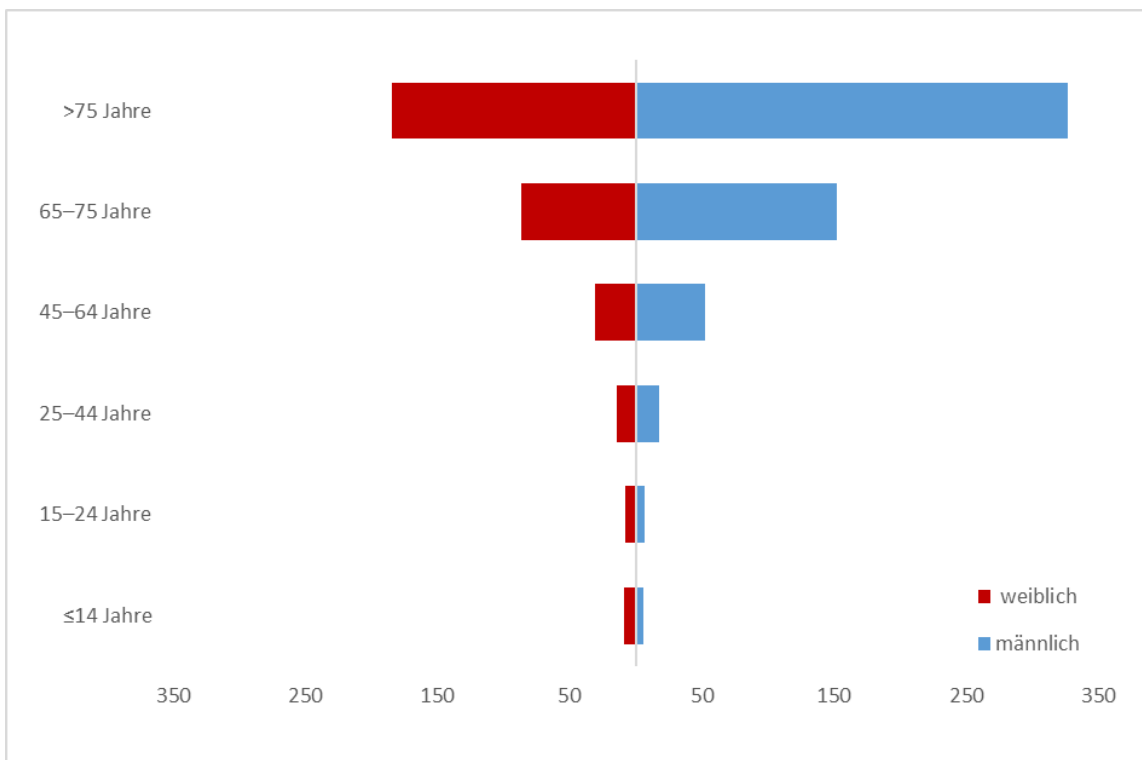
### **Demographische Daten**

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

*Staphylococcus aureus*-Bakteriämien kommen bei Männern (n = 2.846) häufiger vor als bei Frauen (n = 2.076). Besonders deutlich wird dies bei der Betrachtung der auf die österreichische Bevölkerung standardisierten Daten in Abbildung 6 und Abbildung 8. 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 6). Die Daten von 10 Isolaten mit Geschlecht „unbekannt“ fließen nicht in die Auswertung nach Geschlecht und Lebensalter ein.

Abbildung 6: *Staphylococcus aureus* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

## MRSA<sup>7</sup>

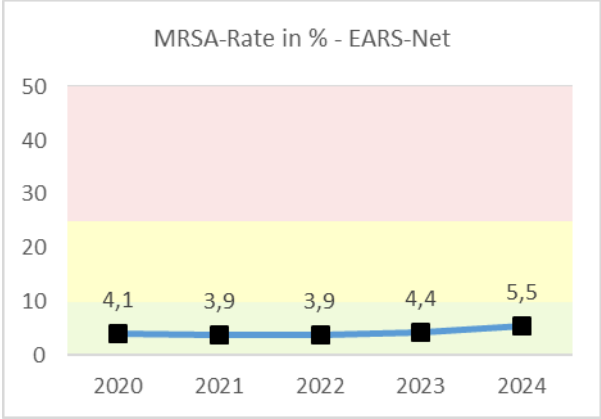
Die MRSA-Rate liegt aktuell bei 5,5 % und ist im 5-Jahres-Rückblick als leicht steigend zu betrachten.

---

<sup>7</sup> Resistent gegenüber Methicillin, Oxacillin oder Cefoxitin

### MRSA-Raten – Österreich gesamt

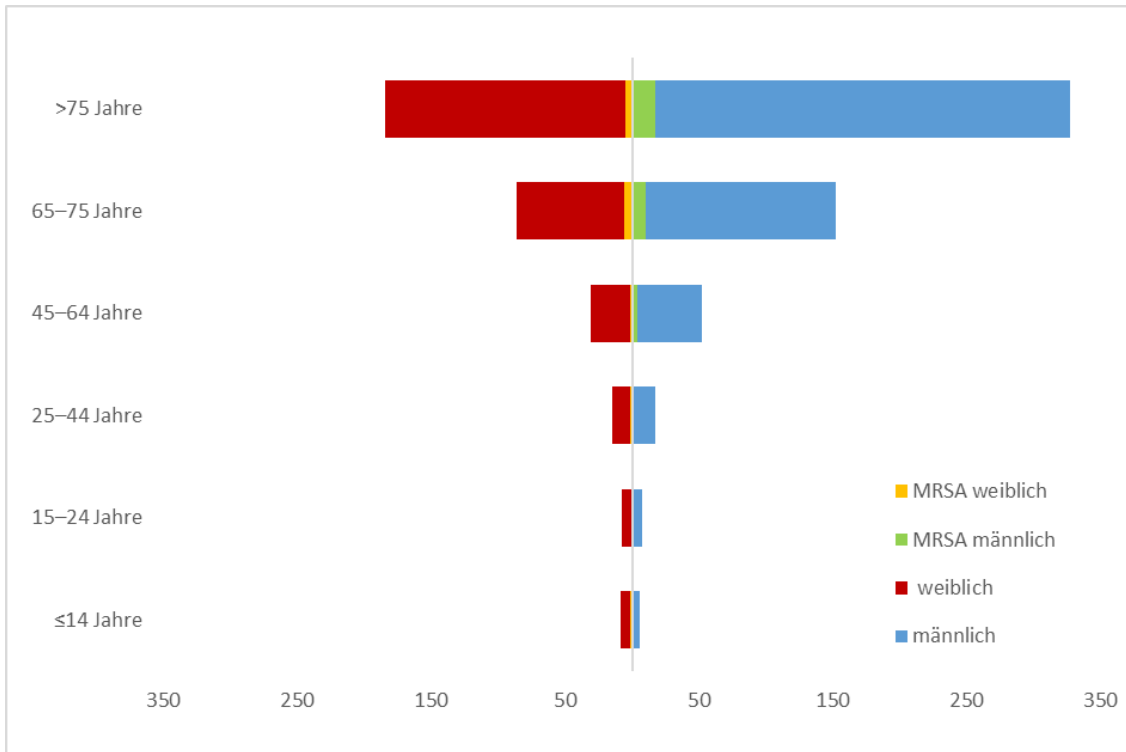
Abbildung 7: MRSA-Raten in Prozent – Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



### MRSA-Raten nach Geschlecht und Lebensalter

MRSA-Bakteriämien kommen bei Männern (n = 172) häufiger vor als bei Frauen (n = 100) und nehmen in Alter deutlich zu.

Abbildung 8: Anzahl *Staphylococcus aureus*-Fälle und MRSA-Anteil nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

### MRSA-Raten nach Altersgruppen

Tabelle 18: MRSA-Raten nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	48	2,1	66	3,0	79	5,1	86	2,3	95	9,5
15–24	22	4,5	40	0,0	53	0,0	51	2,0	70	0,0
25–44	263	4,9	322	2,8	357	4,8	290	5,5	404	5,2
45–64	894	5,5	977	4,2	1.006	3,1	966	3,3	1.108	6,1
65–75	887	3,7	1.014	2,9	1.087	4,5	981	4,0	1.208	7,2
>75	1.588	3,9	1.720	2,6	1.858	3,8	1.793	5,3	2.047	4,3

## MRSA-Raten nach Bundesländern

Die MRSA-Raten variieren zwischen den Bundesländern.

Tabelle 19: MRSA-Raten im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	120	8,3	123	0,8	169	2,4	112	7,1	58	22,4
K	213	4,7	296	0,0	305	1,0	371	1,1	409	3,4
NÖ	495	5,7	495	4,6	529	3,2	484	4,1	580	2,8
OÖ	814	3,8	895	1,6	873	2,9	929	3,8	904	3,4
S	258	3,1	287	3,8	278	4,3	250	1,6	379	1,1
ST	343	2,3	364	5,8	333	4,8	290	2,1	355	5,1
T	592	4,2	704	0,7	676	3,1	664	5,1	741	7,4
V	110	2,7	101	1,0	104	0,0	0	-	110	0,9
W		4,7	874	5,6	1.173	6,2	1.067	6,9	1.396	8,6

Im Bundesland Vorarlberg ergibt sich in der diesjährigen Auswertung österreichweit gesehen die niedrigste MRSA-Rate von 0,9 %. In den restlichen Bundesländern ist die MRSA-Rate im 5-Jahres-Vergleich konstant. Nur im Burgenland ist die MRSA-Rate – vermutlich aufgrund der geringen Stichprobengröße – deutlich angestiegen.

## Staphylococcus aureus und Vancomycin

Tabelle 20: *Staphylococcus aureus* – Vancomycin-nicht empfindlich Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	3.132	0,0
2021	3.403	0,0

Jahr	n	%R
2022	3.186	0,0
2023	3.042	0,1
2024	3.115	0,0

Im Jahr 2024 wurde ein Isolat mit einer MHK von 8 mg/L resistent gegenüber Vancomycin gemeldet, allerdings standen dieses Isolat 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 häufigsten gemeldete Erreger von Bakteriämien. Im Jahr 2024 wurden in Österreich 7.708 Fälle erfasst. Die Inzidenz von *Escherichia coli*-Bakteriämien liegt bei 83,8 Fällen pro 100.000 EW.

Tabelle 21: Anzahl der Erstisolate von *Escherichia coli* seit dem Jahr 2020

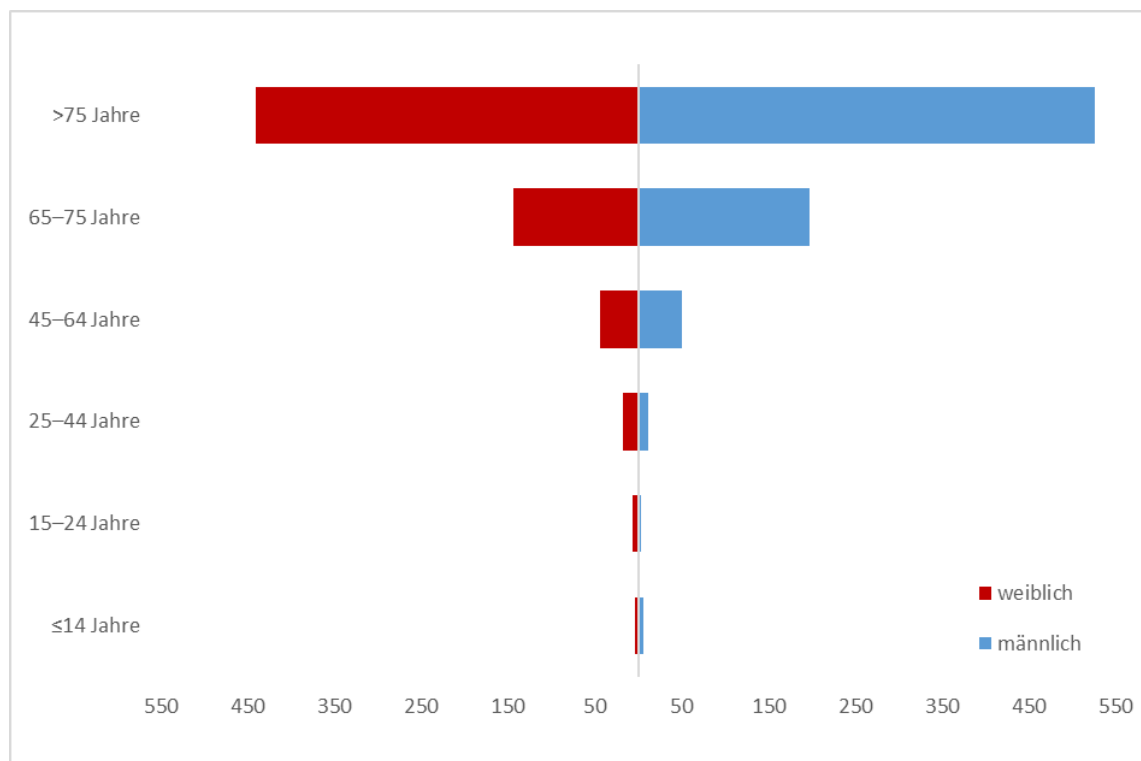
Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Escherichia coli</i>	6.845	5.267	6.886	6.752	7.708

## Demographische Daten

### ***Escherichia coli* nach Geschlecht und Lebensalter**

*Escherichia coli*-Bakteriämien kommen bei Frauen (n = 3.994) häufiger vor als bei Männern (n = 3.613). Bei 151 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 105 Jahren. Im höheren Lebensalter sind Männer häufiger von *Escherichia coli*-Bakteriämien betroffen. Der Altersgipfel liegt bei 80 Lebensjahren und darüber, wie Abbildung 9 entnommen werden kann.

Abbildung 9: *Escherichia coli* nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024



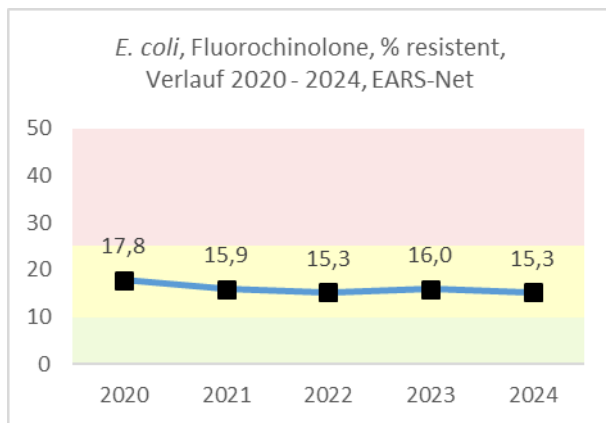
Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

## Escherichia coli und Fluorochinolone<sup>8</sup>

Die Substanzklasse der Fluorochinolone ist eine wichtige Therapieoption bei schweren Infektionen mit *Escherichia coli*. Seit dem Jahr 2020 ist die Resistenzrate von *Escherichia coli* gegenüber dieser Substanzgruppe stabil und liegt aktuell bei 15,3 %.

### Escherichia coli – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt

Abbildung 10: *Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



### Escherichia coli – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen

Der Anteil an resistenten Erregern in der Altersgruppe 15–24 Jahre war 2023 mit 29,1 % im 5 Jahres-Vergleich hoch und liegt mit 7,6 % nun wieder auf dem Niveau der Vorjahre.

Tabelle 22: *Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	77	11,7	58	6,9	67	22,4	59	15,3	87	9,2
15–24	73	11,0	70	11,4	61	8,2	79	29,1	79	7,6

<sup>8</sup> Ciprofloxacin, Ofloxacin, Levofloxacin

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
25–44	492	14,2	370	11,9	470	14,0	542	15,3	562	16,0
45–64	1.562	19,1	1.628	15,8	1.590	14,8	1.668	19,4	1.717	17,6
65–75	2.240	16,3	2.174	16,4	2.124	16,4	2.063	15,7	2.304	14,5
>75	4.759	18,8	4.480	16,1	4.676	15,0	4.735	14,8	5.530	15,0

### ***Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent nach Bundesländern**

Im Jahr 2024 zeigt sich in allen Bundesländern ein gleichbleibender Trend.

Tabelle 23: *Escherichia coli* – Fluorochinolone-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	317	20,2	202	12,9	511	9,2	353	16,1	294	16,3
K	395	15,9	386	16,1	279	12,9	543	15,7	597	12,2
NÖ	1.102	16,6	999	14,7	805	12,4	832	10,5	893	14,6
OÖ	2.058	12,5	1.674	13,3	1.681	11,9	1.795	15,8	1.995	14,1
S	383	12,3	361	15,0	460	12,0	445	12,4	526	13,7
ST	1.219	21,2	1.040	14,4	1.096	17,0	1.435	15,5	1.522	14,6
T	1.816	21,0	2.148	18,8	2.310	18,5	2.194	16,4	2.436	14,2
V	237	14,8	236	16,9	232	17,7	0	-	240	13,3
W	1.676	21,1	1.734	16,6	1.614	17,3	1.549	20,1	1.776	20,4

### ***Escherichia coli* und 3.-Generations-Cephalosporine<sup>9</sup>**

Das Monitoring der Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen (Ceph3) bei *Escherichia coli* dient als Indikator der Detektion von Breitspektrum- $\beta$ -Laktamasen

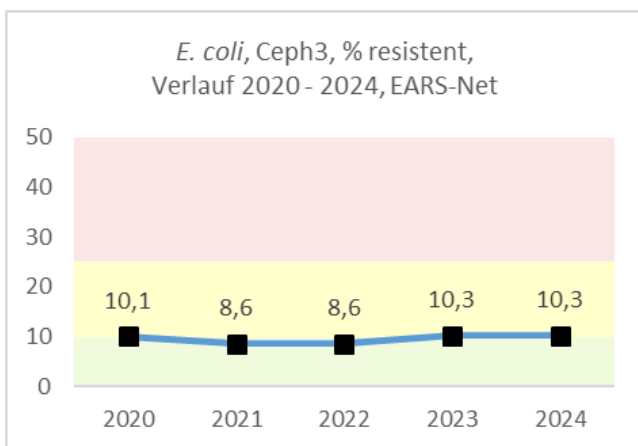
<sup>9</sup> Cefotaxim, Ceftazidim, Ceftriaxon

(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 2020 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 2020



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

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

Tabelle 24: *Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	62	11,3	46	4,3	67	6,0	54	13,0	79	10,1
15–24	51	5,9	49	8,2	53	5,7	55	9,1	56	7,1
25–44	332	9,3	302	6,3	352	6,8	350	10,6	371	11,1
45–64	1.059	10,6	1.150	7,9	1.191	8,7	1.213	11,6	1.275	12,4
65–75	1.495	10,4	1.493	8,0	1.588	8,9	1.561	10,0	1.734	9,7
>75	3.224	9,9	3.093	9,3	3.489	8,7	3.496	9,9	3.969	10,0

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

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

Tabelle 25: *Escherichia coli* – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	204	8,3	149	8,1	313	2,6	156	8,3	105	11,4
K	387	7,5	379	5,8	393	5,9	525	5,5	591	6,3
NÖ	694	6,1	682	6,3	722	6,5	814	6,5	778	9,8
OÖ	1.345	7,3	1.148	7,2	1.307	7,0	1.330	9,5	1.377	8,7
S	352	7,1	329	7,9	411	7,1	402	11,4	449	8,7
ST	853	10,8	824	6,3	834	7,1	988	8,3	1.068	9,1
T	909	13,1	1.078	11,8	1.155	12,3	1.100	13,9	1.218	12,7
V	236	9,3	234	6,8	232	6,0	0	-	239	10,0

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>W</b>	1.243	<b>14,6</b>	1.310	<b>11,0</b>	1.373	<b>12,0</b>	1.414	<b>13,4</b>	1.659	<b>12,9</b>

### ***Escherichia coli* und Aminoglykoside<sup>10</sup>**

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 5,9 % 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.

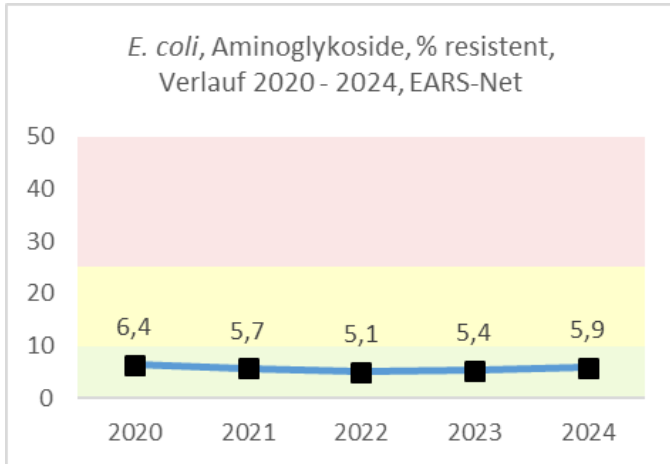
Um dem Rechnung zu tragen (und um AMR-Raten im Vergleich zu den Vorjahren aufgrund methodischer Details nicht überhöht darzustellen), wurden alle als „I“ übermittelten Daten (n = 94) auch im AURES 2024 nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „S“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet. Dies gilt sinngemäß auch für *P. aeruginosa* und *Acinetobacter* spp.

---

<sup>10</sup> Amikacin, Gentamicin, Tobramycin

## Escherichia coli – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt

Abbildung 12: *Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



## Escherichia coli – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen

Tabelle 26: *Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	55	3,6	36	11,1	46	21,7	37	13,5	55	5,5
15–24	51	0,0	45	0,0	41	0,0	39	7,7	41	2,4
25–44	325	7,1	284	6,7	268	4,5	289	3,8	291	5,5
45–64	1.078	6,5	1.086	4,5	931	4,8	931	7,2	1.060	6,5
65–75	1.519	7,0	1.419	7,0	1.212	5,9	1.171	4,0	1.338	5,6
>75	3.256	6,2	2.925	5,9	2.610	4,7	2.633	5,5	3.104	5,9

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

Im Vergleich zu 2023 sind die Resistenzraten in allen Bundesländern bei vereinzelt (B) niedrigeren Fallzahlen auf gleichem Niveau.

Tabelle 27: *Escherichia coli* – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	204	6,4	149	2,0	94	1,1	89	2,2	119	5,0
K	385	4,9	381	5,0	393	2,3	525	5,3	591	5,8
NÖ	844	4,7	836	3,6	798	4,1	787	2,7	779	4,1
OÖ	1.215	4,9	1.009	6,7	1.064	4,7	935	5,7	1.027	5,9
S	351	3,4	329	2,7	417	1,9	401	5,2	449	5,1
ST	874	6,5	810	5,8	800	7,3	944	5,1	1.004	6,5
T	908	7,7	1.077	6,8	1.149*	0,8	1.100*	0,0	1.218*	0,2
V	237	6,3	235	3,0	233	1,7	0	-	240	3,8
W	1.266	9,2	969	9,2	1.309	7,4	1.419	7,3	1.680	7,0

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

## ***Escherichia coli* und Carbapeneme<sup>11</sup>**

In Österreich wurden 2024 6 *E. coli*-Isolate in einer Blutkultur mit einer Resistenz gegenüber Carbapenemen gefunden.

---

<sup>11</sup> Imipenem, Meropenem

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

Tabelle 28: *Escherichia coli* – Carbapenemen-resistent in Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	6.444	0,1
2021	6.418	0,03
2022	6.886	0,1
2023	6.752	0,2
2024	7.488	0,1

## ***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 21,4 Fälle von *Enterococcus faecalis*- und *Enterococcus faecium*-Bakteriämien auf. Das Verhältnis von *Enterococcus faecalis* zu *Enterococcus faecium* beträgt 13,1 zu 8,3 Fälle pro 100.000 EW.

Tabelle 29: Anzahl der Erstisolate von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* seit dem Jahr 2020

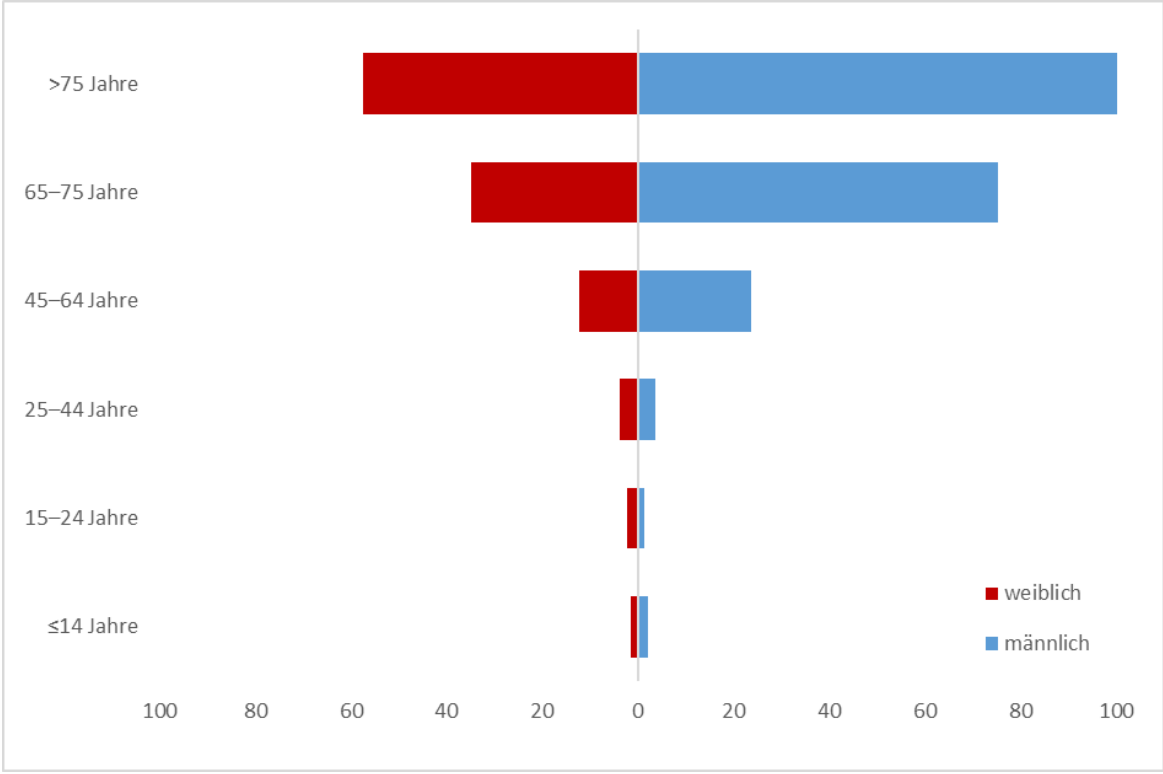
Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Enterococcus faecalis</i>	1.105	798	1.148	1.125	1.208
<i>Enterococcus faecium</i>	675	624	803	679	760

## Demographische Daten

### Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter

Enterokokken-Bakteriämien treten bei Männern (n = 1.264) häufiger auf als bei Frauen (n = 697). Die höchste Inzidenz von Enterokokken-Bakteriämien liegt bei Männern im höheren Lebensalter (> 70 Jahre) vor. Bei 7 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 Altersgruppen im Jahr 2024

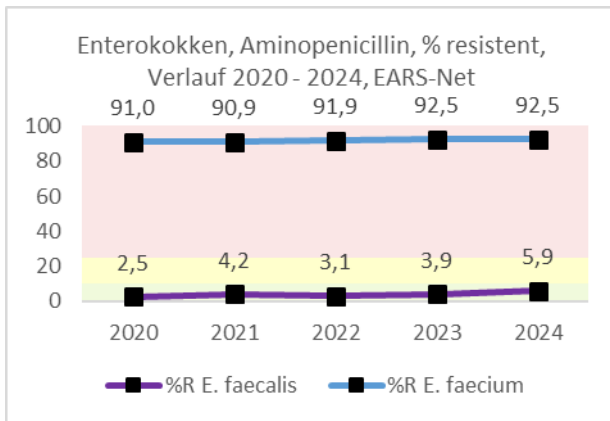


Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

## Enterokokken und Aminopenicilline

### Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt

Abbildung 14: Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



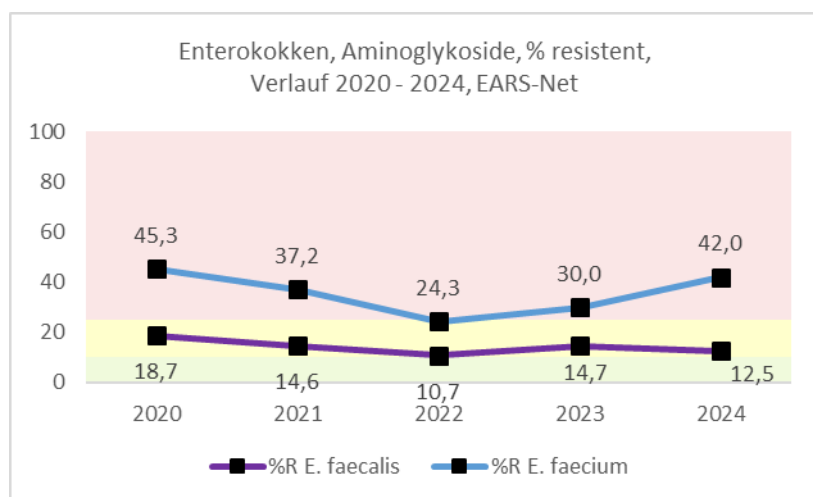
## Enterokokken und Aminoglykoside

### Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden

Die Raten von Isolaten mit hochgradiger Gentamicin-Resistenz sind über die Jahre relativ stabil geblieben. Die Resistenzraten bei *Enterococcus faecalis* (12,5 %) und bei *Enterococcus faecium* (42,0 %) befinden sich jeweils im 5-Jahres-Mittel.

## Enterokokken – hochgradige Resistenz gegenüber Aminoglykosiden Österreich gesamt

Abbildung 15: *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* – hochgradig Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

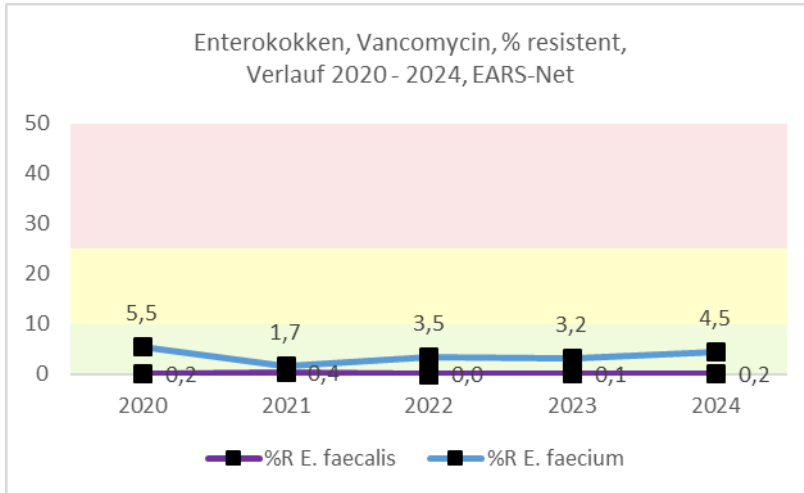


## Enterokokken und Vancomycin

Die Resistenzentwicklung gegenüber Vancomycin zeigt in Österreich 2024 bei *Enterococcus faecalis*-Isolaten einen leichten Anstieg (von 0,1 % auf 0,2 %) und bei *Enterococcus faecium*-Isolaten ebenso einen Anstieg (von 3,2 % auf 4,5 %).

## Enterokokken – Vancomycin-resistent Österreich gesamt

Abbildung 16: *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* – Vancomycin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



## Enterokokken – Vancomycin-resistent nach Bundesland

Tabelle 30: Enterokokken –Vancomycin-resistent nach Bundesland 2024

Bundesland	<i>E. faecalis</i>		<i>E. faecium</i>	
	n	%R	n	%R
B	47	0,0	10	0,0
K	103	1,0	50	0,0
NÖ	139	0,0	53	1,9
OÖ	170	0,0	117	0,9
S	67	0,0	38	10,5
ST	189	0,0	94	1,1
T	177	0,0	130	15,4
V	22	4,5	15	0,0
W	294	0,0	253	2,8

## ***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 auch durch Immundefizite zu schweren Infektionen kommen [10].

Im Jahr 2024 wurden 2.001 Fälle von *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien gemeldet. Dies entspricht einer Inzidenz von 21,8 Fällen pro 100.000 EW. Seit 2021 ist ein kontinuierlicher Anstieg der Fälle von *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien zu verzeichnen.

Tabelle 31: Anzahl der Erstisolate von *Klebsiella pneumoniae* seit dem Jahr 2020

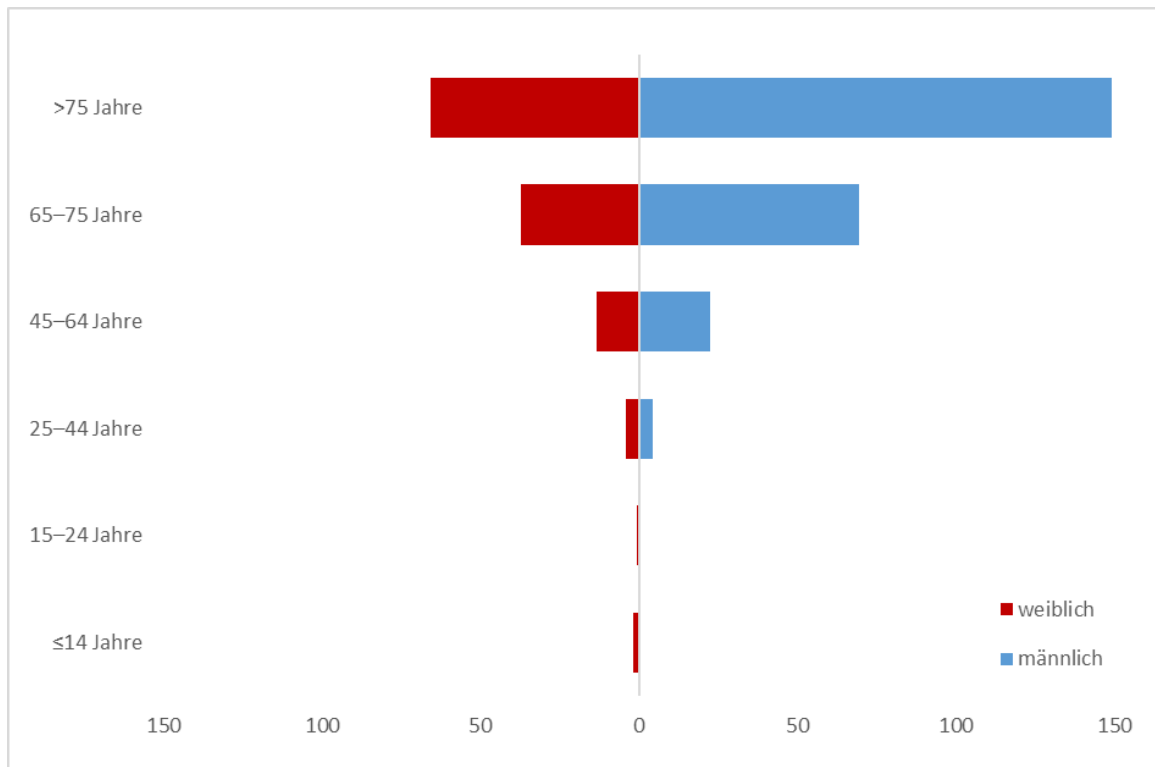
Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.441	1.187	1.546	1.609	2.001

### **Demographische Daten**

#### ***Klebsiella pneumoniae* nach Geschlecht und Lebensalter**

Anders als bei *Escherichia coli*-Bakteriämien sind Männer (n = 1.204) häufiger von *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien betroffen als Frauen (n = 788). Der Altersgipfel bei *Klebsiella pneumoniae*-Bakteriämien liegt im hohen Lebensalter von 80 Jahren und darüber. Bei 9 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 Altersgruppen im Jahr 2024



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

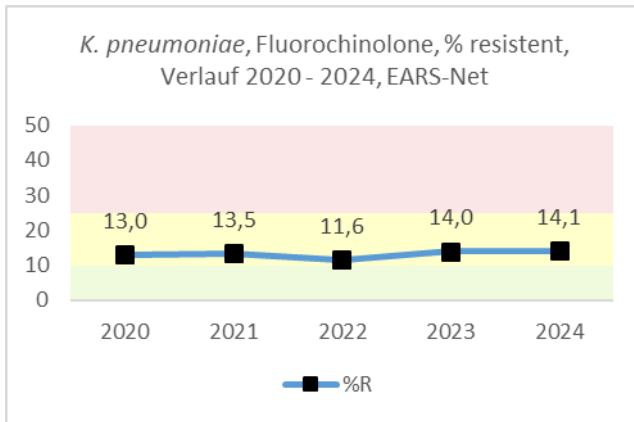
## ***Klebsiella pneumoniae* und Fluorochinolone<sup>12</sup>**

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

Der Anteil der gegenüber Fluorochinolonen resistenten *Klebsiella pneumoniae*-Stämme liegt im Jahr 2024 bei 14,1 %. Die Resistenzrate hat sich seit 2020 auf einem stabilen Niveau eingependelt.

<sup>12</sup> Ciprofloxacin, Norfloxacin, Ofloxacin, Levofloxacin

Abbildung 18: *Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

Tabelle 32: *Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	14	28,6	14	7,1	17	23,5	15	20,0	12	41,7
15–24	8	25,0	9	11,1	13	38,5	15	66,7	1	100,0
25–44	75	26,7	84	20,2	57	10,5	66	7,6	102	29,4
45–64	349	15,5	363	15,4	342	12,0	345	13,3	453	15,2
65–75	376	10,6	376	13,6	393	11,7	446	14,8	535	14,6
>75	575	10,8	571	11,6	632	10,6	661	13,0	852	10,9

### *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 2024 (19,1 %) ist in Wien zu verzeichnen.

Tabelle 33: *Klebsiella pneumoniae* – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	38	5,3	48	25,0	27	11,1	36	13,9	35	8,6
K	78	6,4	61	14,8	93	14,0	109	8,3	151	12,6
NÖ	180	11,1	190	10,0	198	10,1	182	9,3	217	8,8
OÖ	307	6,8	220	6,8	265	6,8	342	11,7	367	11,2
S	81	9,9	71	7,0	98	4,1	99	5,1	122	8,2
ST	142	26,1	145	17,2	171	13,5	199	13,6	231	16,0
T	174	25,9	225	18,7	190	17,9	224	21,0	260	17,3
V	60	8,3	39	7,7	47	8,5	0	-	86	10,5
W	337	11,6	418	14,8	365	13,7	357	18,5	486	19,1

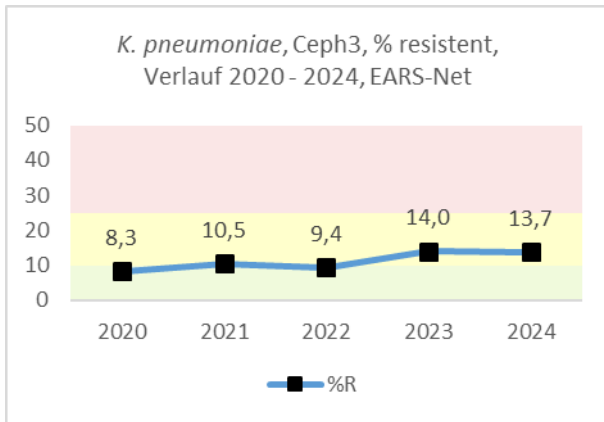
### ***Klebsiella pneumoniae* und 3.-Generations-Cephalosporine<sup>13</sup>**

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

Die Resistenzrate gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen weist 2024 einen ähnlichen Wert wie im Vorjahr auf und liegt bei 13,7 %.

<sup>13</sup> Cefotaxim, Ceftazidim, Ceftriaxon

Abbildung 19: *Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

Tabelle 34: *Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	15	33,3	13	0,0	19	26,3	26	19,2	16	43,8
15–24	8	25,0	10	10,0	16	31,3	14	71,4	6	66,7
25–44	75	21,3	82	20,7	65	15,4	73	9,6	108	18,5
45–64	328	10,4	353	12,7	342	10,5	361	13,6	468	16,0
65–75	358	4,7	357	10,4	398	8,3	459	14,6	545	11,0
>75	528	6,6	569	8,1	644	7,8	657	12,8	832	12,5

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

In diesem Jahr zeigten sich ähnliche Resistenzraten bei vergleichbar hohen Fallzahlen wie 2023.

Tabelle 35: *Klebsiella pneumoniae* – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	38	2,6	48	4,2	27	3,7	27	3,7	35	8,6
K	75	1,3	62	4,8	58	5,2	105	6,7	146	4,1
NÖ	130	6,9	140	4,3	177	7,9	181	9,4	210	8,6
OÖ	285	4,9	217	4,6	264	6,4	323	9,9	326	10,4
S	82	7,3	71	5,6	98	2,0	99	5,1	122	10,7
ST	140	6,4	145	10,3	168	11,9	198	11,6	231	15,6
T	174	19,0	225	16,4	190	13,7	224	23,7	260	13,8
V	60	6,7	39	7,7	47	8,5	0	-	86	11,6
W	328	9,8	437	15,1	455	11,4	433	19,4	559	20,4

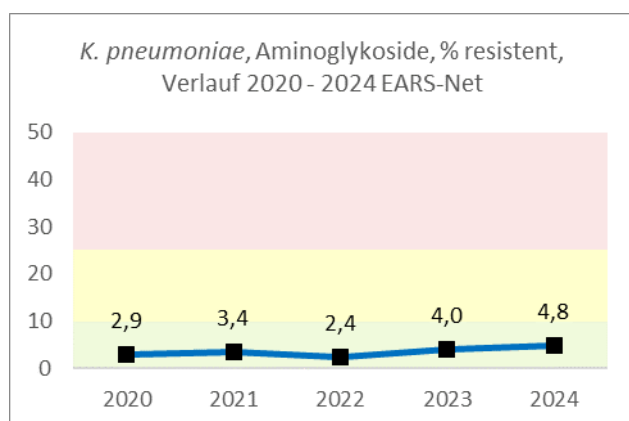
### ***Klebsiella pneumoniae* und Aminoglykoside<sup>14</sup>**

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

Die Aminoglykosid-Resistenzrate ist seit 2020 stabil auf gleichbleibendem Niveau und liegt 2024 bei 4,8 %. Wie bei *E. coli* detailliert ausgeführt, wurden in 2024 gemäß EUCAST als Kategorie „I“ übermittelte Daten für Gentamicin (n = 40) ausgeschlossen.

<sup>14</sup> Amikacin, Gentamicin, Tobramycin

Abbildung 20: *Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

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

Tabelle 36: *Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	14	7,1	13	15,4	14	14,3	23	13,0	12	25,0
15–24	7	0,0	7	0,0	12	8,3	5	20,0	5	60,0
25–44	75	12,0	76	6,6	54	3,7	67	1,5	80	6,3
45–64	334	2,1	324	3,1	294	3,7	284	4,6	406	3,9
65–75	361	0,3	346	4,3	327	0,9	367	3,3	436	6,0
>75	549	3,8	524	2,3	536	2,1	516	3,9	708	3,7

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

In Österreich findet sich die höchste Resistenzrate von *Klebsiella pneumoniae* gegenüber Aminoglykosiden mit 9,3 % in Oberösterreich.

Tabelle 37: *Klebsiella pneumoniae* – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	38	0,0	48	0,0	27	0,0	27	0,0	35	0,0
K	74	1,4	61	1,6	89	2,2	108	0,9	149	1,3
NÖ	179	3,4	187	2,1	189	1,1	175	4,6	214	1,9
OÖ	267	1,1	195	2,1	210	2,4	228	4,8	259	9,3
S	82	2,4	71	0,0	98	0,0	94	1,1	122	3,3
ST	143	1,4	140	0,7	159	3,1	184	5,4	217	4,6
T	174	8,0	225	5,8	189*	2,6	224*	3,1	260*	0,8
V	60	3,3	39	0,0	47	0,0	0	-	86	1,2
W	323	2,8	324	6,5	416	3,8	446	4,3	563	6,0

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

### ***Klebsiella pneumoniae* und Carbapeneme<sup>15</sup>**

In Österreich wurden 2024 in Blutkulturen entsprechend den EUCAST-Breakpoints für die klinische Anwendung 29 Carbapenem-resistente Isolate gefunden. Dieser Wert liegt mit 1,4 % auf dem Niveau der Vorjahre.

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

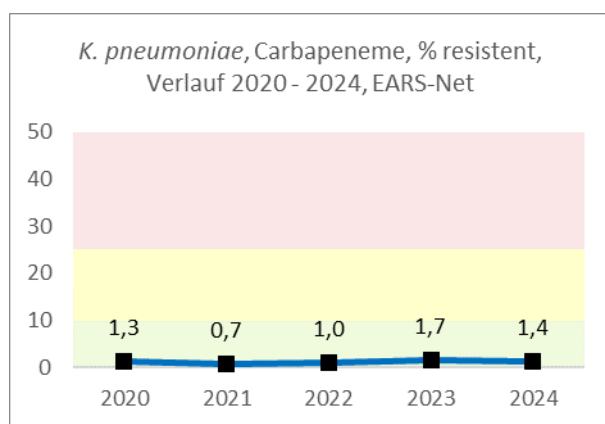
Tabelle 38: *Klebsiella pneumoniae* – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	1.353	1,3

<sup>15</sup> Imipenem, Meropenem

Jahr	n	%R
2021	1.440	0,7
2022	1.546	1,0
2023	1.609	1,7
2024	2.001	1,4

Abbildung 21: *Klebsiella pneumoniae* – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



## *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 2024 wurden in Österreich 966 *Pseudomonas aeruginosa*-Erstisolate aus Blutkulturen gemeldet. Die Inzidenz liegt bei 10,5 Fällen pro 100.000 EW.

Tabelle 39: Anzahl der Erstisolate von *Pseudomonas aeruginosa* seit dem Jahr 2020

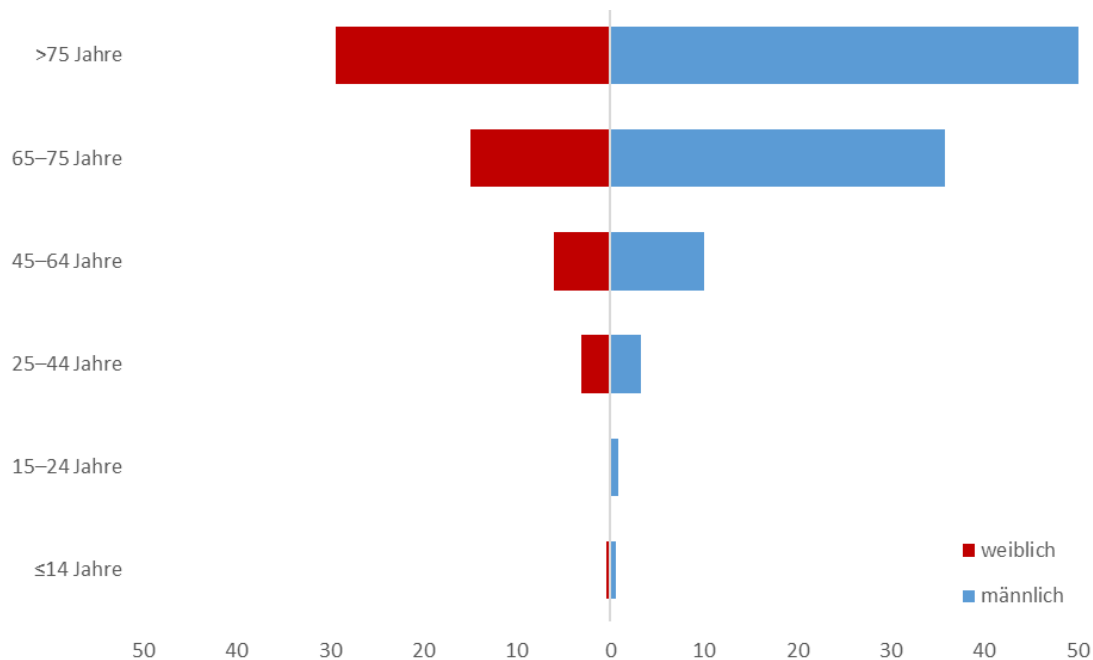
Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	874	707	827	884	966

## Demographische Daten

### *Pseudomonas aeruginosa* nach Geschlecht und Lebensalter

Bei Männern (n = 606) wurden Bakteriämien mit *Pseudomonas aeruginosa* häufiger festgestellt als bei Frauen (n = 358). 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 2 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 Altersgruppen im Jahr 2024



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

## ***Pseudomonas aeruginosa* und Aminoglykoside<sup>16</sup>**

Aufgrund von Änderungen für Aminoglykoside seitens EUCAST 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 für *Pseudomonas aeruginosa* aus und es werden ab 2020 die Substanzen 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 Details nicht überhöht darzustellen), werden alle als „I“ übermittelten Daten (für 2024: n = 26 für Amikacin, n = 1 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 40: *Pseudomonas aeruginosa* – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Amikacin</b>	742	<b>3,5</b>	762	<b>5,0</b>	700	<b>3,9</b>	676	<b>2,4</b>	774	<b>4,5</b>
<b>Tobramycin</b>	521	<b>2,7</b>	479	<b>4,0</b>	479	<b>4,0</b>	513	<b>1,9</b>	616	<b>3,2</b>

<sup>16</sup> Amikacin, Tobramycin

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

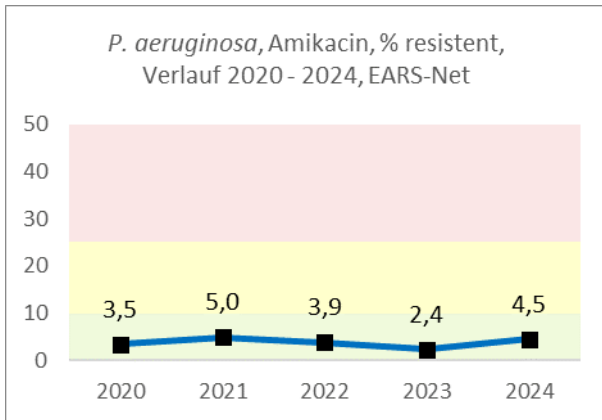
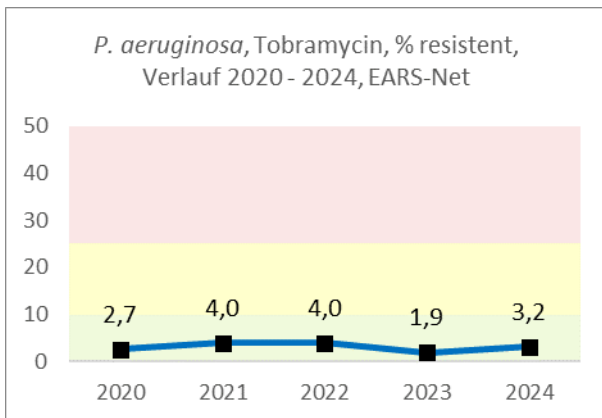


Abbildung 24: *Pseudomonas aeruginosa* – Tobramycin-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

Tabelle 41: *Pseudomonas aeruginosa* – Amikacin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	13	0,0	9	11,1	9	0,0	7	0,0	7	14,3

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
15–24	8	37,5	6	16,7	7	0,0	11	45,5	3	0,0
25–44	36	0,0	35	2,9	38	2,6	39	0,0	63	9,5
45–64	217	6,5	235	7,7	167	7,8	153	3,9	172	11,0
65–75	206	2,9	222	7,2	219	2,7	182	1,1	210	2,9
>75	262	1,1	255	0,4	260	2,7	284	1,1	319	0,9

Tabelle 42: *Pseudomonas aeruginosa* – Tobramycin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	8	0,0	9	11,1	10	0,0	6	0,0	5	0,0
15–24	5	0,0	4	25,0	5	0,0	5	40,0	0	-
25–44	26	0,0	21	9,5	19	0,0	36	0,0	52	3,8
45–64	142	2,8	141	6,4	101	5,0	115	4,3	133	10,5
65–75	148	4,1	129	3,1	155	5,2	132	0,8	172	1,2
>75	192	2,1	175	1,1	189	3,2	219	0,9	254	0,8

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

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

Tabelle 43: *Pseudomonas aeruginosa* – Amikacin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>B</b>	19	<b>0,0</b>	11	<b>0,0</b>	4	<b>50,0</b>	3	<b>0,0</b>	5	<b>0,0</b>
<b>K</b>	37	<b>2,7</b>	52	<b>13,5</b>	26	<b>3,8</b>	60	<b>0,0</b>	63	<b>11,1</b>
<b>NÖ</b>	53	<b>0,0</b>	32	<b>0,0</b>	50	<b>2,0</b>	37	<b>0,0</b>	47	<b>0,0</b>
<b>OÖ</b>	146	<b>2,7</b>	175	<b>0,6</b>	143	<b>3,5</b>	96	<b>0,0</b>	137	<b>5,8</b>
<b>S</b>	40	<b>0,0</b>	47	<b>0,0</b>	60	<b>5,0</b>	79	<b>1,3</b>	72	<b>0,0</b>
<b>ST</b>	90	<b>6,7</b>	113	<b>12,4</b>	97	<b>9,3</b>	71	<b>11,3</b>	74	<b>9,5</b>
<b>T</b>	104	<b>11,5</b>	99	<b>11,1</b>	71	<b>4,2</b>	88	<b>6,8</b>	101	<b>11,9</b>
<b>V</b>	18	<b>0,0</b>	21	<b>0,0</b>	25	<b>4,0</b>	0	-	25	<b>0,0</b>
<b>W</b>	235	<b>1,3</b>	212	<b>2,4</b>	224	<b>0,9</b>	242	<b>0,4</b>	250	<b>0,4</b>

Tabelle 44: *Pseudomonas aeruginosa* – Tobramycin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

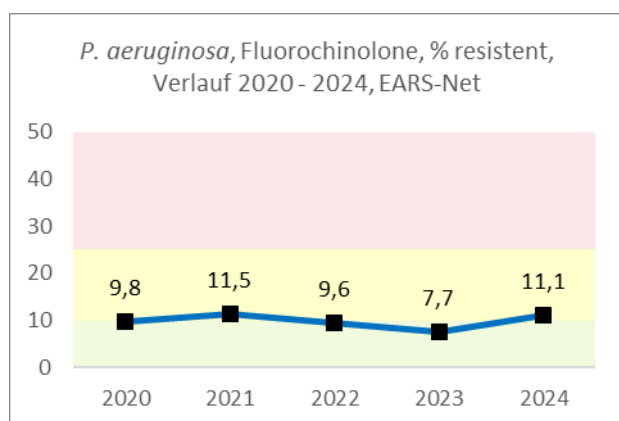
Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>B</b>	19	<b>0,0</b>	8	<b>0,0</b>	3	<b>66,7</b>	3	<b>0,0</b>	5	<b>0,0</b>
<b>K</b>	45	<b>4,4</b>	52	<b>13,5</b>	26	<b>3,8</b>	60	<b>0,0</b>	63	<b>11,1</b>
<b>NÖ</b>	40	<b>0,0</b>	30	<b>0,0</b>	40	<b>7,5</b>	37	<b>0,0</b>	47	<b>0,0</b>
<b>OÖ</b>	154	<b>2,6</b>	153	<b>2,6</b>	147	<b>2,7</b>	112	<b>0,9</b>	135	<b>3,7</b>
<b>S</b>	40	<b>0,0</b>	47	<b>0,0</b>	59	<b>5,1</b>	81	<b>2,5</b>	72	<b>0,0</b>
<b>ST</b>	66	<b>6,1</b>	43	<b>4,7</b>	23	<b>0,0</b>	53	<b>3,8</b>	62	<b>8,1</b>
<b>T</b>	1	<b>0,0</b>	3	<b>0,0</b>	5	<b>0,0</b>	1	<b>0,0</b>	0	-
<b>V</b>	18	<b>0,0</b>	21	<b>0,0</b>	25	<b>4,0</b>	0	-	25	<b>0,0</b>
<b>W</b>	138	<b>2,9</b>	122	<b>4,9</b>	151	<b>3,3</b>	166	<b>3,0</b>	207	<b>1,4</b>

## ***Pseudomonas aeruginosa* und Fluorochinolone<sup>17</sup>**

### ***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 2023 stieg die Resistenzrate 2024 von 7,7 % auf 11,1 %.

Abbildung 25: *Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

Tabelle 45: *Pseudomonas aeruginosa* – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	11	0,0	7	0,0	7	0,0	8	0,0	6	33,3
15–24	6	50,0	5	0,0	6	33,3	10	50,0	5	20,0
25–44	29	10,3	36	11,1	38	15,8	33	12,1	70	15,7

<sup>17</sup> Ciprofloxacin, Norfloxacin, Ofloxacin, Levofloxacin

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
45–64	212	16,0	246	15,4	170	14,1	161	13,0	210	17,1
65–75	231	8,2	242	15,3	253	9,5	204	7,4	255	6,7
>75	311	6,1	328	6,1	325	6,5	361	4,2	401	9,5

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

Im Bundesländervergleich variieren die Resistenzraten stark.

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

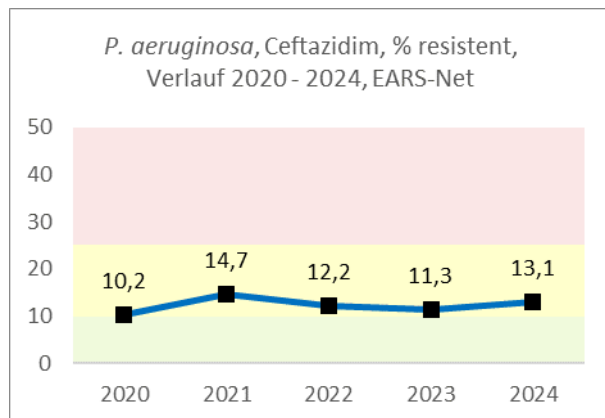
Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	24	8,3	28	0,0	41	7,3	38	13,2	81	13,6
K	45	8,9	66	13,6	26	3,8	83	3,6	75	13,3
NÖ	95	6,3	85	7,1	72	11,1	71	0,0	69	5,8
OÖ	176	4,5	184	8,7	172	9,3	121	2,5	158	11,4
S	40	10,0	48	2,1	60	10,0	81	6,2	72	1,4
ST	92	16,3	120	15,8	109	16,5	130	10,8	163	12,3
T	104	26,0	99	27,3	71	14,1	88	21,6	101	21,8
V	18	0,0	21	4,8	25	0,0	0	-	26	3,8
W	206	5,8	213	9,4	223	6,7	165	6,7	202	8,9

## ***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 2024 bei 13,1 %. Ab der EUCAST-Version 2020 werden für die Bug-Drug-Kombination *Pseudomonas aeruginosa* und Ceftazidim 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 Ceftazidim (n = 27) 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 2020



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

Tabelle 47: *Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	13	0,0	9	22,2	13	15,4	9	0,0	9	33,3

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
15–24	8	37,5	6	16,7	8	0,0	12	58,3	5	0,0
25–44	35	14,3	42	4,8	42	19,0	46	13,0	83	18,1
45–64	235	15,3	269	19,7	183	14,8	192	12,0	231	20,3
65–75	231	9,5	251	18,7	270	10,7	239	10,0	271	11,8
>75	305	5,9	319	8,5	294	11,2	379	10,3	409	8,6

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

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

Tabelle 48: *Pseudomonas aeruginosa* – Ceftazidim-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	24	16,7	28	10,7	41	12,2	38	18,4	80	6,3
K	44	13,6	66	12,1	26	3,8	83	6,0	75	13,3
NÖ	98	7,1	85	7,1	77	9,1	76	11,8	84	9,5
OÖ	174	5,2	181	6,1	169	12,4	116	7,8	157	15,3
S	40	5	48	10,4	61	11,5	82	9,8	72	6,9
ST	92	9,8	120	22,5	108	13,9	130	11,5	162	13,6
T	104	16,3	99	27,3	71	16,9	88	12,5	101	25,7
W	251	12	269	16,7	257	12,1	264	13,3	277	11,6

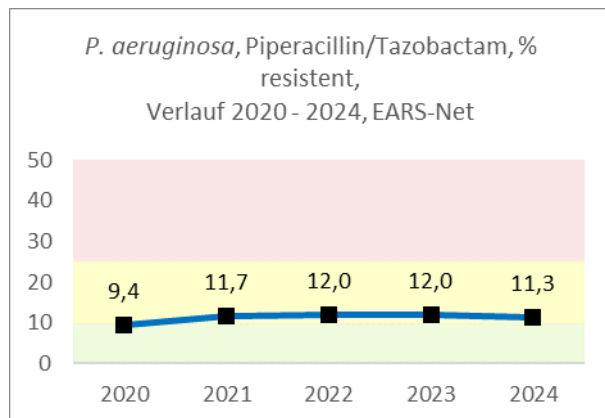
\*keine Testung der Drug-Bug-Kombination *P. aeruginosa* und Ceftazidim in Vorarlberg

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

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

Die Resistenzrate für Piperacillin/Tazobactam ist seit 2020 stabil und liegt 2024 bei 11,3 %. 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. Für 16 Isolate wurde die Kategorie „S“ für Piperacillin/Tazobactam übermittelt, folglich werden diese Daten 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 2020



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

Tabelle 49: *Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	9	11,1	9	11,1	13	15,4	8	12,5	8	25,0

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
15–24	4	0,0	4	25,0	7	0,0	7	28,6	4	0,0
25–44	33	12,1	41	9,8	43	14,0	43	11,6	74	13,5
45–64	206	13,1	225	14,2	145	11,7	154	16,2	203	14,8
65–75	211	6,2	197	15,7	232	11,6	182	9,9	256	9,4
>75	281	8,9	267	6,7	286	12,2	287	10,8	359	10,0

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

Tabelle 50: *Pseudomonas aeruginosa* – Piperacillin-/Tazobactam-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	24	20,8	28	21,4	41	12,2	38	18,4	81	6,2
K	45	13,3	14	14,3	0	-	0	-	75	16,0
NÖ	98	8,2	86	7,0	50	10,0	60	11,7	61	8,2
OÖ	176	5,7	184	6,5	172	12,8	121	9,9	157	13,4
S	40	5,0	44	11,4	58	15,5	81	11,1	72	15,3
ST	92	12,0	120	25,8	107	14,0	131	13,7	162	13,6
V	18	5,6	21	0,0	24	8,3	0	-	27	0,0
W	251	10,8	246	10,2	274	10,6	250	11,6	269	9,7

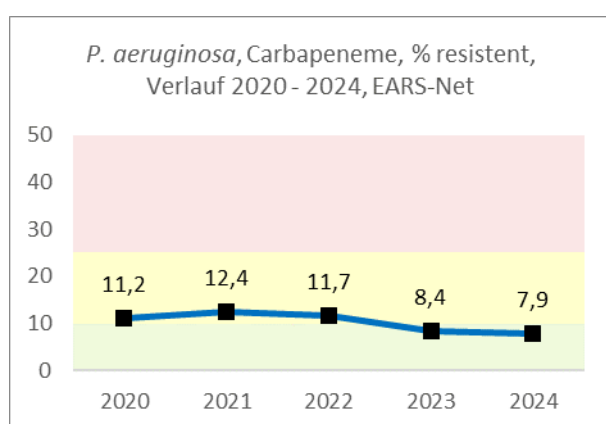
\*Keine Testung der Drug-Bug-Kombination *P. aeruginosa* und Piperazillin/Tazobactam in Tirol

## ***Pseudomonas aeruginosa* und Carbapeneme<sup>18</sup>**

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

Die Resistenzrate liegt seit 2020 auf einem stabilen Niveau und liegt im Jahr 2024 bei 7,9 %.

Abbildung 28: *Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



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

Tabelle 51: *Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
≤14	12	0,0	9	0,0	13	0,0	9	11,1	8	12,5
15–24	8	37,5	6	33,3	8	0,0	12	16,7	5	0,0
25–44	33	9,1	43	11,6	41	12,2	44	11,4	80	16,3
45–64	219	17,8	272	18,0	187	17,6	187	11,8	215	14,4

<sup>18</sup> Imipenem, Meropenem

Altersgruppen	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
65–75	230	12,2	259	14,3	259	12,7	220	9,5	258	5,4
>75	311	5,8	329	6,4	314	8,0	366	5,2	400	4,3

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

Tabelle 52: *Pseudomonas aeruginosa* – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	24	8,3	28	3,6	13	15,4	9	11,1	17	5,9
K	45	8,9	65	24,6	26	11,5	83	6,0	75	4,0
NÖ	98	5,1	86	5,8	81	11,1	81	3,7	91	1,1
OÖ	177	9,0	183	6,0	167	10,2	115	3,5	138	10,9
S	40	0,0	48	0,0	60	5,0	79	2,5	68	4,4
ST	92	17,4	120	24,2	109	21,1	131	12,2	163	15,3
T	104	19,2	99	22,2	71	22,5	88	12,5	101	16,8
V	18	0,0	21	0,0	25	4,0	0	-	26	0,0
W	24	8,3	268	11,2	270	8,1	252	11,1	287	3,8

### ***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 2024 wurden in Österreich 111 *Acinetobacter* spp.-Erstisolate aus Blutkulturen und Liquor gemeldet. Die Inzidenz beträgt damit 1,2 Fälle pro 100.000 EW.

Tabelle 53: Anzahl Erstisolate *Acinetobacter* spp. seit 2020

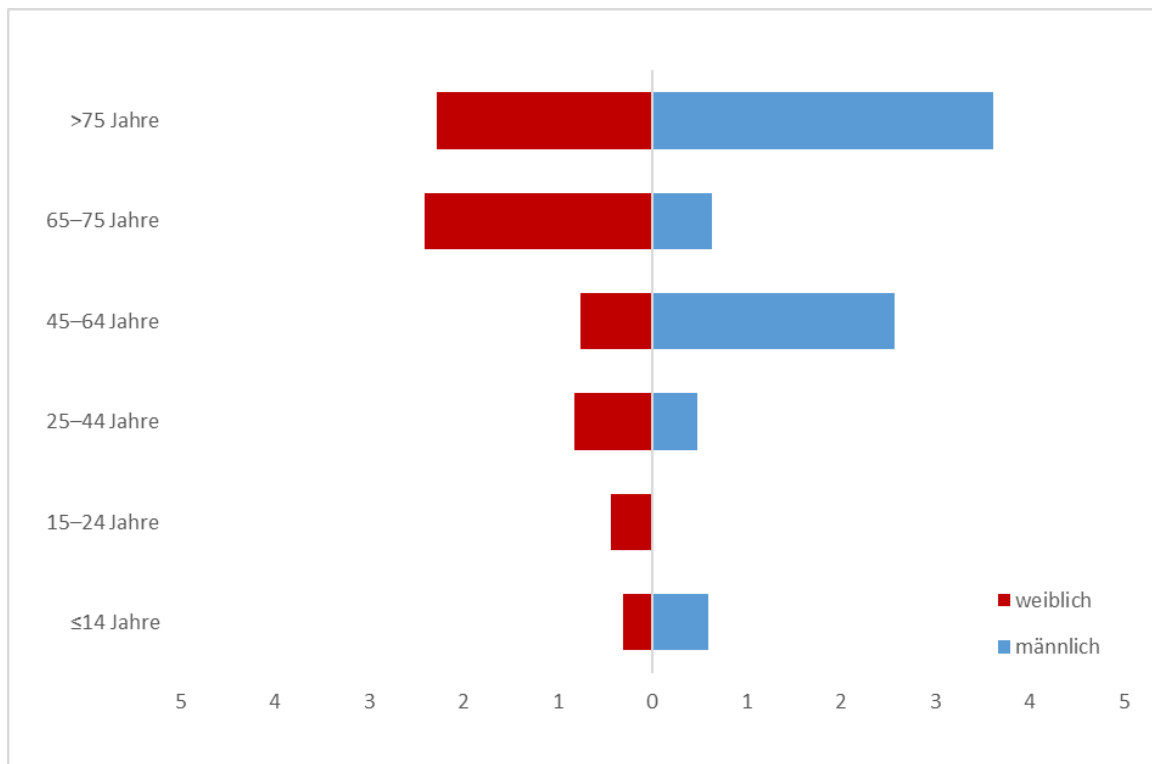
Erreger	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Acinetobacter</i> spp.	77	87	105	106	111

## Demographische Daten

### *Acinetobacter* spp. nach Geschlecht und Lebensalter

Bakteriämien mit *Acinetobacter* spp. werden bei Männern (n = 62) etwas häufiger als bei Frauen (n = 49) festgestellt. Da die Fallzahlen gering sind, lässt sich bezüglich der Altersverteilung kein Trend festgestellt.

Abbildung 29: *Acinetobacter* spp. nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024



Skalierung: x-Achse: Inzidenz pro 100.000 EW, y-Achse: Altersgruppe

Tabelle 54: Anzahl der Erstisolate von *Acinetobacter* spp. nach Bundesländern seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020	2021	2022	2023	2024
B	1	1	1	1	1

Bundesland	2020	2021	2022	2023	2024
K	2	5	0	5	11
NÖ	2	4	4	0	2
OÖ	15	17	23	12	14
S	10	6	13	7	5
ST	12	16	20	13	5
T	2	10	13	24	12
V	2	1	1	0	1
W	31	27	30	44	60

### ***Acinetobacter* spp. und Aminoglykoside<sup>19</sup>**

#### ***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 2020 bis 2021 bei rund 11 %. Im Jahr 2022 zeigte sich eine signifikante Änderung insofern, als für keine der zwei eingeschlossenen Substanzen (Gentamicin, Tobramycin) ein Aminoglykosid-resistentes Blutkulturisolat rückgemeldet wurde. Im Jahr 2023 wurden wieder resistente Ergebnisse mit einer Resistenzrate für Aminoglykoside von 15,7 % gemeldet. Für 2024 wiederum liegt die Resistenzrate deutlich niedriger bei 2,7 %.

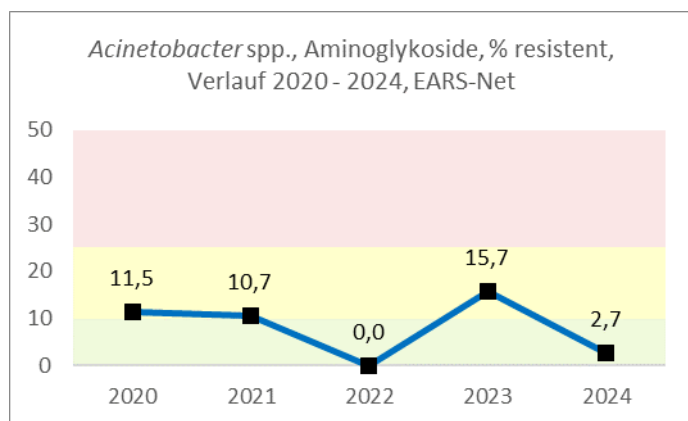
Tabelle 55: *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	61	11,5
2021	50	10,7

<sup>19</sup> Gentamicin, Tobramycin

Jahr	n	%R
2022	56	0,0
2023	51	15,7
2024	73	2,7

Abbildung 30: *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



### *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent nach Bundesländern

Tabelle 56: *Acinetobacter* spp. – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
B	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0	-	-
K	2	100,0	5	40,0	0	-	5	20,0	11	0,0
NÖ	2	0,0	3	0,0	0	-	0	-	-	-
OÖ	8	12,5	8	0,0	13	0,0	6	83,3	10	0,0
S	9	0,0	6	0,0	13	0,0	7	0,0	5	0,0
ST	11	27,3	10	30,0	8	0,0	4	0,0	2	0,0

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
T	2	0,0	10	0,0	2	0,0	2	0,0	-	-
V	2	0,0	1	0,0	1	0,0	0	-	1	0,0
W	24	4,2	12	8,3	18	0,0	26	7,7	44	4,5

## ***Acinetobacter* spp. und Fluorochinolone<sup>20</sup>**

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

Die Resistenzrate für Fluorochinolone lag im Zeitraum 2020 bis 2021 stabil bei rund 12 %. Im Jahr 2022 lag die Resistenzrate bei 1,1 %, in 2023 war wieder ein leichter Anstieg der Resistenzrate auf 5,6 % zu verzeichnen. Im Jahr 2024 liegt die Resistenzrate bei 1,2 %.

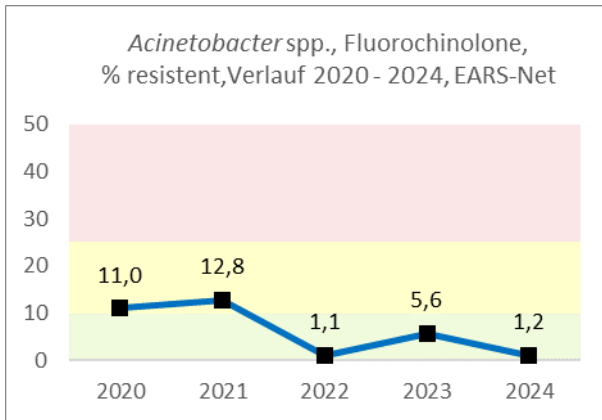
Ab der EUCAST-Version 2020 werden für die Bug-Drug-Kombination *Acinetobacter* spp. und Fluorochinolone nur noch Breakpoints für „R“ und „I“ (R < 17 mm, S ≥ 50 mm) ausgewiesen. Deshalb kann faktisch keine Kategorie „S“ mehr ausgewiesen werden. Alle als „S“ übermittelten Daten für Fluorochinolone (n = 1) werden in den weiteren Auswertungen nicht berücksichtigt, also weder der Kategorie „I“ noch der Kategorie „R“ zugeordnet.

Tabelle 57: *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	73	11,0
2021	86	12,8
2022	94	1,1
2023	90	5,6
2024	85	1,2

<sup>20</sup> Ciprofloxacin, Levofloxacin

Abbildung 31: *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



### *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent nach Bundesländern

Tabelle 58: *Acinetobacter* spp. – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>B</b>	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0	1	0,0
<b>K</b>	2	100,0	5	40,0	0	-	5	20,0	11	0,0
<b>NÖ</b>	2	0,0	4	0,0	4	0,0	0	-	2	0,0
<b>OÖ</b>	12	8,3	16	6,3	23	0,0	10	0,0	20	0,0
<b>S</b>	9	0,0	6	0,0	13	7,7	7	0,0	5	0,0
<b>ST</b>	12	33,3	16	37,5	18	0,0	13	0,0	5	0,0
<b>T</b>	2	0,0	10	0,0	13	0,0	24	4,2	12	0,0
<b>V</b>	2	0,0	1	0,0	1	0,0	0	-	1	0,0
<b>W</b>	31	3,2	27	7,4	21	0,0	30	10,0	28	3,6

## **Acinetobacter spp. und Carbapeneme<sup>21</sup>**

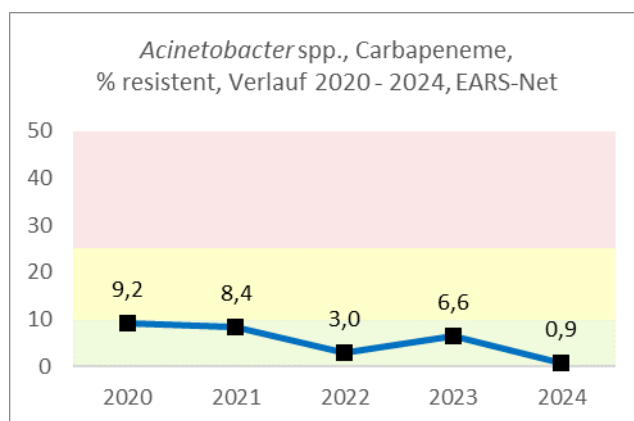
2024 wurde in Österreich ein Isolat mit einer Resistenz gegenüber Carbapenemen in Blutkulturen gemeldet.

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

Tabelle 59: *Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020

Jahr	n	%R
2020	76	9,2
2021	83	8,4
2022	101	3,0
2023	106	6,6
2024	111	0,9

Abbildung 32: *Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020



<sup>21</sup> Imipenem, Meropenem

## Acinetobacter spp. – Carbapenem-resistent nach Bundesländern

Tabelle 60: *Acinetobacter* spp. – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020

Bundesland	2020		2021		2022		2023		2024	
	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	2	100,0	5	40,0	0	-	5	20,0	11	0,0
NÖ	2	0,0	4	0,0	4	0,0	0	-	2	0,0
OÖ	15	6,7	17	0,0	24	0,0	12	8,3	14	0,0
S	9	0,0	6	0,0	13	7,7	7	14,3	5	0,0
ST	12	25,0	16	18,8	20	5,0	13	7,7	5	0,0
T	2	0,0	10	0,0	13	0,0	24	4,2	12	0,0
V	2	0,0	1	0,0	1	0,0	0	-	1	0,0
W	31	3,2	23	8,7	25	4,0	44	4,5	60	1,7

## 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 ausgewählt (hier: 2023), 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 2024 beispielhaft bei *Streptococcus pneumoniae* und Penicillin, das weiterhin die Therapie der Wahl darstellt, ein seit Jahren stabiles Bild. Die MRSA-Rate bei invasiven Isolaten ist in Österreich im 5-Jahres-Rückblick weiterhin als leicht steigend zu betrachten und liegt 2024 bei 5,5 %.

Im gramnegativen Bereich ist die Situation komplexer: Bei *Escherichia coli* blieben in Österreich 2024 die Resistenzraten bei Fluorochinolonen (von 16,0 % auf 15,3 %), 3. Generations-Cephalosporinen (gleichbleibend bei 10,3 %) und Aminoglykosiden (von 5,4 % auf 5,9 %) auf ähnlichem Niveau. Weiters wurden 6 Carbapenem-resistente *Escherichia coli*-Isolate in Blutkulturen gefunden. Bei *Klebsiella pneumoniae* waren stabile Resistenzraten gegenüber Fluorochinolonen (von 14,0 % auf 14,1 %) und 3.-Generations-Cephalosporinen (von 14,0 % auf 13,7 %) zu erheben. 2024 wurden Daten zu 29 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 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 seit EUCAST 2020 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, 2023 (Stand 05.05.2025) Teil 1

*Staphylococcus aureus*, MRSA



*Streptococcus pneumoniae*, Penicillin



*Enterococcus faecium*, Vancomycin



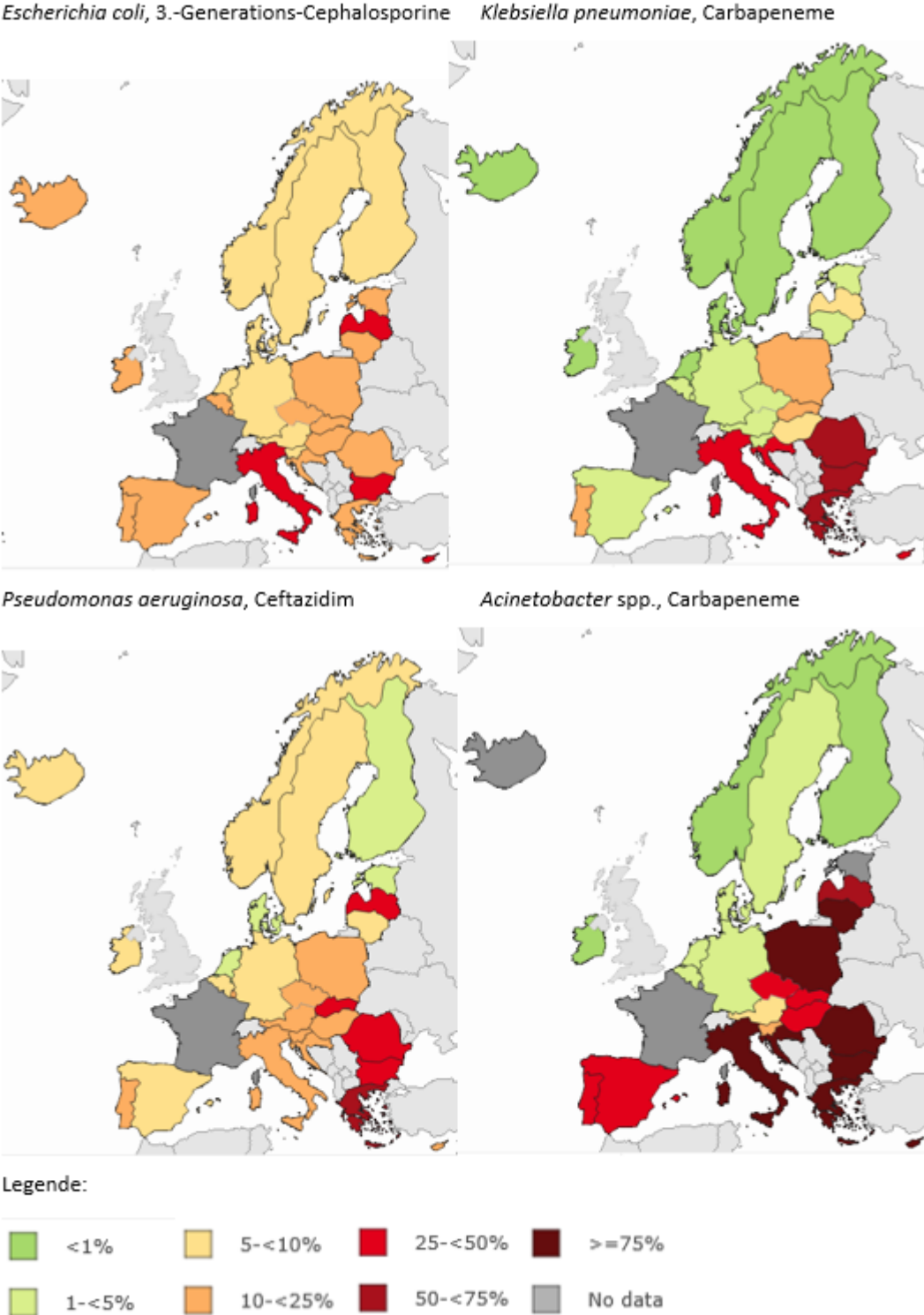
*Escherichia coli*, Fluoroquinolone



Legende:



Abbildung 34: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2023 (Stand 05.05.2025), Teil 2



## Danksagung

Seit nunmehr 26 Jahren (!) – seit dem Beginn der Datensammlung im Jahr 1999 – ist die Zahl der freiwillig teilnehmenden Laboratorien stetig angestiegen, sodass mittlerweile Daten von 98 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](http://www.ecdc.europa.eu) , abgefragt: 05.05.2025.

[3] STATISTIK AUSTRIA, Statistik des Bevölkerungsstandes, abgefragt: 07.04.2025.

[4] Impfplan 2024/2025 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:  
05.05.2025.

# Resistenzbericht für ausgewählte nicht-invasive Infektionserreger

## Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Arbeitsgruppe Resistenzberichterstattung

## Ansprechpersonen/Autorinnen

Prim.<sup>a</sup> Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> 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](mailto:petra.apfalter@analyse.eu)  
[www.referenzzentrum.at](http://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](mailto:rainer.hartl@analyse.eu)  
[www.referenzzentrum.at](http://www.referenzzentrum.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>118</b>
<b>Abstract .....</b>	<b>119</b>
<b>Einleitung .....</b>	<b>120</b>
<b>Methodik .....</b>	<b>121</b>
Mitglieder der Arbeitsgruppe und teilnehmende Laboratorien .....	122
Indikatorerreger und Substanzen .....	126
<b>Ergebnisse .....</b>	<b>127</b>
Infektionserreger des Respirationstraktes .....	132
β-hämolisierende Streptokokken der Gruppe A .....	133
<i>Streptococcus pneumoniae</i> .....	134
<i>Haemophilus influenzae</i> .....	135
Infektionserreger des Harntraktes .....	136
<i>Escherichia coli</i> .....	136
<i>Klebsiella pneumoniae</i> .....	139
<i>Staphylococcus aureus</i> .....	143
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> .....	145
Erweiterte Resistenztestung .....	149
<b>Diskussion .....</b>	<b>150</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>153</b>

## 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  $\beta$ -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A aus diversen Untersuchungsmaterialien. Daten von Antibioogrammen 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 2024 Folgendes festhalten:

- 1. Respirationstrakt:  $\beta$ -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A** (n=4.417) zeigen im Vergleich zu **Pneumokokken** (n=1.498) eine niedrigere Makrolid-Resistenzrate (8,2 % versus 25,1 %). Die Makrolid-Resistenzrate für Pneumokokken liegt mit 9,6 % etwas über jener der invasiven Pneumokokken (EARS-Net AT). Die Resistenzraten bei ***H. influenzae*** (n=3.281) liegen für Aminopenicilline bei 26,2 %, für Aminopenicilline mit  $\beta$ -Laktamaseinhibitor bei 9,0 % und für Fluorochinolone bei 1,2 %.
- 2. Harntrakt:** Die 3.-Generations-Cephalosporinen-Resistenzrate bei ***E. coli*** (n=78.904) ist gesamthaft mit 7,1 % in den letzten 5 Jahren etwa gleichgeblieben. Die höchsten Resistenzraten zeigen Sulfamethoxazol/Trimethoprim mit 20,3 % und Fluorochinolone mit 13,9 %. ***Klebsiella pneumoniae*** (n=15.860 im Harn, n=5.937 sonstiges Material): Die Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen liegt 2024 bei 7,9 % im Harn und bei 14,2 % in sonstigen Materialien, die Resistenz gegenüber Carbapenemen bei 0,5 % bzw. bei 2,7 %.
- 3. *Staphylococcus aureus*:** MRSA (n=2.039): Im Vergleich zum Vorjahr ist die MRSA-Rate mit 6,7 % auf einem stabilen Niveau.
- 4. *Pseudomonas aeruginosa*:** Im Trachealsekret (n=723) kann eine rückläufige Tendenz bei der Resistenz aller Indikatorsubstanzen, insbesondere gegenüber Piperacillin/Tazobactam (16,2 %), festgestellt werden. Die Carbapenem-Resistenz liegt aktuell bei 10,1 % und die Ceftazidim-Resistenz bei 14,2 %. Bei den Ohrabstrichen (n=1.447) liegt eine Resistenzrate von 0,6 % gegenüber Aminoglykosiden und von

7,7 % gegenüber Ciprofloxacin vor. Im Harntrakt zeigten sich bei *P. aeruginosa*-Isolaten (n=6.408) folgende Resistenzraten: Carbapeneme 3,9 %, Ceftazidim 5,9 % 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 Antibiogramms 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 Antibiogramm 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 species included 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 2024:

- 1. Respiratory tract:** Compared to pneumococci (n=1,498), **group A streptococci** (n=4,417) show a lower macrolide resistance rate (8.2% versus 25.1%). The macrolide resistance rate of non-invasive pneumococci is higher than the rate of invasive isolates (9.6%, EARS-Net AT). The resistance rates of ***H. influenzae*** (n=3,281) are for aminopenicillins 26.2%, for aminopenicillins with beta-lactamase inhibitor 9.0% and for fluoroquinolones 1.2%.
- 2. Urinary tract:** The 3rd generation cephalosporin resistance rate of ***E. coli*** isolates (n=78.904) of 7.1% is stable compared to the last five years period. The fluoroquinolones and sulfamethoxazole/trimethoprim resistance rates show the

highest resistance rates with 13.9% and 20.3%, respectively. *Klebsiella pneumoniae* (n=15,860 isolated from urine samples): The resistance rate with regard to 3rd generation cephalosporins was 7.9% in 2024, the carbapenem resistance rate was 0.5%.

3. ***Staphylococcus aureus***: MRSA (n=2,039): The MRSA rate of 6.7% did not change significantly compared to the preceding years.
4. ***Pseudomonas aeruginosa***: In tracheal secretion (n=723), a decreasing trend in resistance rates was observed for all indicator substances, in particular for piperacillin/tazobactam (16.2%). The carbapenem and ceftazidime resistance rates were 10.1%, and 14.2%, respectively. In ear swabs (n=1,447), there is currently a resistance rate of 0.6% with regard to aminoglycosides and 7.7% with regard to ciprofloxacin. In *P. aeruginosa* isolates originating from the urinary tract (n=6,408) the following resistance rates were reported: carbapenems 3.9%, ceftazidime 5.9% 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. 36 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 die 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 61) 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 62).

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 61 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 61: Projektpartner:innen und Ansprechpersonen

Projektpartner:innen	Affiliation	E-Mail	%-Verteilung der Datenbasis	Methode
Prim. <sup>a</sup> Univ.-Prof. <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Petra Apfalter	Ordensklinikum Linz Elisabethinen / analyse BioLab GmbH / Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen	<a href="mailto:izim@ordensklinikum.at">izim@ordensklinikum.at</a> <a href="mailto:petra.apfalter@analyse.eu">petra.apfalter@analyse.eu</a>	65 % Krankenhausbereich  35 % niedergelassener Bereich	P, G, MD
Lucia Berning, MSc	analyse BioLab GmbH	<a href="mailto:lucia.berning@analyse.eu">lucia.berning@analyse.eu</a>		
Maria Stadler, Bakk. rer. nat	Ordensklinikum Linz Elisabethinen / Nationales Referenzzentrum für antimikrobielle Resistenzen; Institutmanagement	<a href="mailto:maria.stadler2@ordensklinikum.at">maria.stadler2@ordensklinikum.at</a>		
OA Dr. Stefan Doppler	Kepler Universitätsklinikum Med Campus III, Institut für Pathologie und Mikrobiologie (Daten OÖG Regionalkliniken – Mikrobiologie Vöcklabruck und Steyr)	<a href="mailto:stefan.doppler@kepleruniklinikum.at">stefan.doppler@kepleruniklinikum.at</a>	96 % Krankenhausbereich  4 % niedergelassener Bereich	P, Ph
PD <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Dorothea Orth-Höller Dr. <sup>in</sup> Ingrid Heller	Mikrobiologie Tirol	<a href="mailto:d.orth-hoeller@mikrobiologie.tirol">d.orth-hoeller@mikrobiologie.tirol</a> <a href="mailto:i.heller@mikrobiologie.tirol">i.heller@mikrobiologie.tirol</a>	100 % niedergelassener Bereich	P

Projektpartner:innen	Affiliation	E-Mail	%-Verteilung der Datenbasis	Methode
PD <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Eva Leitner-Meyer PD Dr. Karl Dichtl PD <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Alexandra Badura	Medizinische Universität Graz, Diagnostik- & Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin	<a href="mailto:eva.leitner@medunigraz.at">eva.leitner@medunigraz.at</a> <a href="mailto:karl.dichtl@medunigraz.at">karl.dichtl@medunigraz.at</a> <a href="mailto:alexandra.badura@medunigraz.at">alexandra.badura@medunigraz.at</a>	48 % Krankenhausbereich  52 % niedergelassener Bereich	P, G, MD, V
Dr. <sup>in</sup> Miriam Govrins	Medizinische Universität Innsbruck, Hygiene und Medizinische Mikrobiologie	<a href="mailto:miriam.govrins@i-med.ac.at">miriam.govrins@i-med.ac.at</a>	55 % Krankenhausbereich  45 % niedergelassener Bereich	P, G, MD, V
OA Dr. Harald Dirschmid	LKH Feldkirch, Institut für Pathologie	<a href="mailto:harald.dirschmid@lkhf.at">harald.dirschmid@lkhf.at</a>	60 % Krankenhausbereich  40 % niedergelassener Bereich	P, V
PD Dr. Markus Hell Irene Schwingenschlögel	MEDILAB Dr. Mustafa, Dr. Richter  Laboratorium für medizinisch-chemische und mikrobiologische Diagnostik GmbH	<a href="mailto:markus.hell@medilab.at">markus.hell@medilab.at</a> <a href="mailto:irene.schwingenschloegel@medilab.at">irene.schwingenschloegel@medilab.at</a>	5 % Krankenhausbereich  95 % niedergelassener Bereich	P, G, V, Ph
OA Dr. Harald Kirschner	Wiener Gesundheitsverbund, Klinik Favoriten, Pathologisch- bakteriologisches Institut	<a href="mailto:harald.kirschner@gesundheitsverbund.at">harald.kirschner@gesundheitsverbund.at</a>	100 % Krankenhausbereich	P, G, MD, V
OÄ Dr. <sup>in</sup> Mojgan Prinz	LABCON – Medizinische Laboratorien GmbH, Mikrobiologie	<a href="mailto:mojgan.prinz@labcon.at">mojgan.prinz@labcon.at</a>	100 % Krankenhausbereich	P, G, Ph

Projektpartner:innen	Affiliation	E-Mail	%-Verteilung der Datenbasis	Methode
Prim. <sup>a</sup> Clin. Ass. Prof. <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Barbara Ströbele OÄ <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Ildiko-Julia Pap	Universitätsklinikum St. Pölten, Klinisches Institut für Hygiene und Mikrobiologie	<a href="mailto:barbara.stroebele@stpoelten.lknoe.at">barbara.stroebele@stpoelten.lknoe.at</a> <a href="mailto:ildiko-julia.pap@stpoelten.lknoe.at">ildiko-julia.pap@stpoelten.lknoe.at</a>	100 % Krankenhausbereich	P, G
OA Dr. Jan Marco Kern HFK Christa Bernhofer	Uniklinikum Salzburg, Universitätsinstitut für Klinische Mikrobiologie und Hygiene	<a href="mailto:j.kern@salk.at">j.kern@salk.at</a> <a href="mailto:c.bernhofersalk.at">c.bernhofersalk.at</a>	100 % Krankenhausbereich	P, G, MD, V
Eva-Maria Zeitlberger Dr. <sup>in</sup> Astrid Dopita	Wiener Gesundheitsverbund, Klinik Donaustadt, Pathologisch- Bakteriologisches Institut	<a href="mailto:eva-maria.zeitlberger@gesundheitsverbund.at">eva- maria.zeitlberger@gesundheitsverbund.at</a> <a href="mailto:astrid.dopita@gesundheitsverbund.at">astrid.dopita@gesundheitsverbund.at</a>	100 % Krankenhausbereich	P, G, MD, V
Dr. <sup>in</sup> Sonja Lener	labors.at	<a href="mailto:s.lener@labors.at">s.lener@labors.at</a>	100 % niedergelassener Bereich	P, G, V

P Plättchen  
G Gradiententest  
MD Mikrodilution  
V Vitek  
Ph Phoenix

## Indikatorerreger und Substanzen

Tabelle 62: Indikatorerreger und -substanzen

Materialgruppe	Indikatorerreger	Indikatorsubstanz
Respirationstrakt	β-hämolyisierende Streptokokken Gr. A	Penicillin, Makrolide
	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	Penicillin, Makrolide
	<i>Haemophilus influenzae</i>	Ampicillin oder Amoxicillin, Aminopenicilline + β-Laktamaseinhibitor (iv <b>oder</b> oral), Fluorochinolone
Hartrakt	<i>Escherichia coli</i> (inkl. ESBL)	Ampicillin oder Amoxicillin (iv <b>oder</b> oral), Aminopenicilline + β-Laktamaseinhibitor (iv und oral), 2.-Generations-Cephalosporine, 3.-Generations-Cephalosporine, Sulfonamide + Trimethoprim oder Trimethoprim, Nitrofurantoin, Fluorochinolone, Pivmecillinam, Aminoglykoside, Carbapeneme
Gesamt* und Hartrakt	<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 aus Ohrabstrichen die Materialgruppe Harn erfasst und ausgewertet. Ab 2024 werden für *K. pneumoniae* die Materialien Harn und sonstige Materialien (alles exkl. Blutkultur, Harn, Liquor) getrennt ausgewiesen.

## Ergebnisse

Indikatorerreger und -substanzen sind in Tabelle 62 und Abbildung 35 und Abbildung 36 in einer gepoolten Gesamtübersicht tabellarisch und graphisch für das aktuelle Berichtsjahr 2024 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) erstmals die 25 %-Marke überschritten wird.

Tabelle 63: Übersicht Erreger (n = 151.055) und ausgewählte Indikatorsubstanzen aus 2024 – resistent in Prozent

	Gramnegativ (n = 112.560)							Grampositiv (n=38.495)			
	<i>E. coli</i>	<i>K. pneumoniae</i> Harn	<i>K. pneumoniae</i> Sonstiges Material (exkl. Blutkultur, Harn, Liquor)	<i>P. aeruginosa</i> Harn	<i>P. aeruginosa</i> Ohrabstrich	<i>P. aeruginosa</i> Tracheal-sekret	<i>H. influenzae</i>	<i>S. aureus</i>	MRSA	β-hämo. Streptokokken der Gruppe A	<i>S. pneumoniae</i>
<b>Anzahl Isolate (max. Wert)</b>	<b>78.904</b>	<b>15.860</b>	<b>5.937</b>	<b>6.408</b>	<b>1.447</b>	<b>723</b>	<b>3.281</b>	<b>30.541</b>	<b>2.039</b>	<b>4.417</b>	<b>1.498</b>
<b>% RESISTENT</b>											
<b>Aminoglykoside</b>	5,0	3,1	5,1	1,0	0,6	3,7					
<b>Ampen</b>							26,2				
<b>Ampen (iv oder oral)</b>	39,9										
<b>Ampen+BLI</b>											
<b>Ampen+BLI (iv)</b>	20,8	15,5	22,7								
<b>Ampen+BLI (iv oder oral)</b>							9,0				
<b>Ampen+BLI (oral)</b>	13,8	10,0	23,1								

	Gramnegativ (n = 112.560)							Grampositiv (n=38.495)			
	<i>E. coli</i>	<i>K. pneumoniae</i> Harn	<i>K. pneumoniae</i> Sonstiges Material (exkl. Blutkultur, Harn, Liquor)	<i>P. aeruginosa</i> Harn	<i>P. aeruginosa</i> Ohrabstrich	<i>P. aeruginosa</i> Tracheal-sekret	<i>H. influenzae</i>	<i>S. aureus</i>	MRSA	β-hämo. Streptokokken der Gruppe A	<i>S. pneumoniae</i>
Carbapeneme	0,0	0,5	2,7	3,9	1,7	10,1					
Cefepim				5,1	4,6	10,9					
Cefoxitin								6,7			
Ceph2	9,8	10,1	18,3								
Ceph3	7,1	7,9	14,2	5,9	2,6	14,2					
Clindamycin								21,4	42,1		
Daptomycin								0,2	0,3		
Fluorochinolone	13,9	8,4	11,7	6,9	7,7	8,3	1,2				
Fusidinsäure								2,9	13,4		
Gentamicin								3,7	18,4		
Linezolid								0,0	0,0		
Makrolide								22,9	50,5	8,2 25,1	

	Gramnegativ (n = 112.560)							Grampositiv (n=38.495)			
	<i>E. coli</i>	<i>K. pneumoniae</i> Harn	<i>K. pneumoniae</i> Sonstiges Material (exkl. Blutkultur, Harn, Liquor)	<i>P. aeruginosa</i> Harn	<i>P. aeruginosa</i> Ohrabstrich	<i>P. aeruginosa</i> Tracheal-sekret	<i>H. influenzae</i>	<i>S. aureus</i>	MRSA	β-hämo. Streptokokken der Gruppe A	<i>S. pneumoniae</i>
Nitrofurantoin	0,7										
Penicillin									0,0		2,1
Piperacillin/ Tazobactam				5,3	5,1	16,2					
Pivmecillinam	5,4	7,3	7,8								
Rifampicin								0,2	0,6		
SXT	20,3	12,7	15,6					1,3	8,5		
Tetrazyklin								4,5	31,5		
Trimethoprim	21,9										
Vancomycin								0,0	0,0		

Abbildung 35: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, 2024  
(Teil 1)

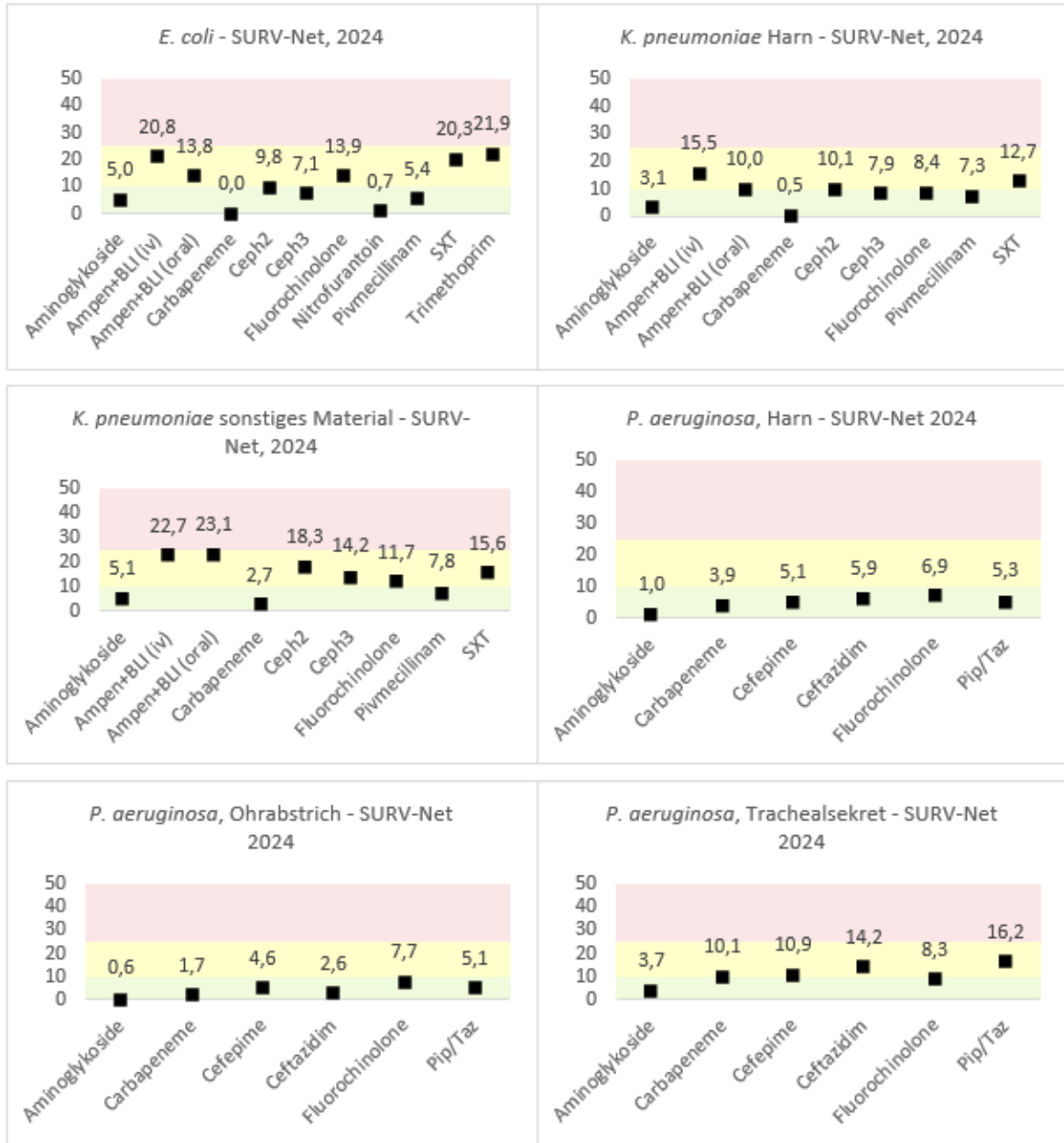
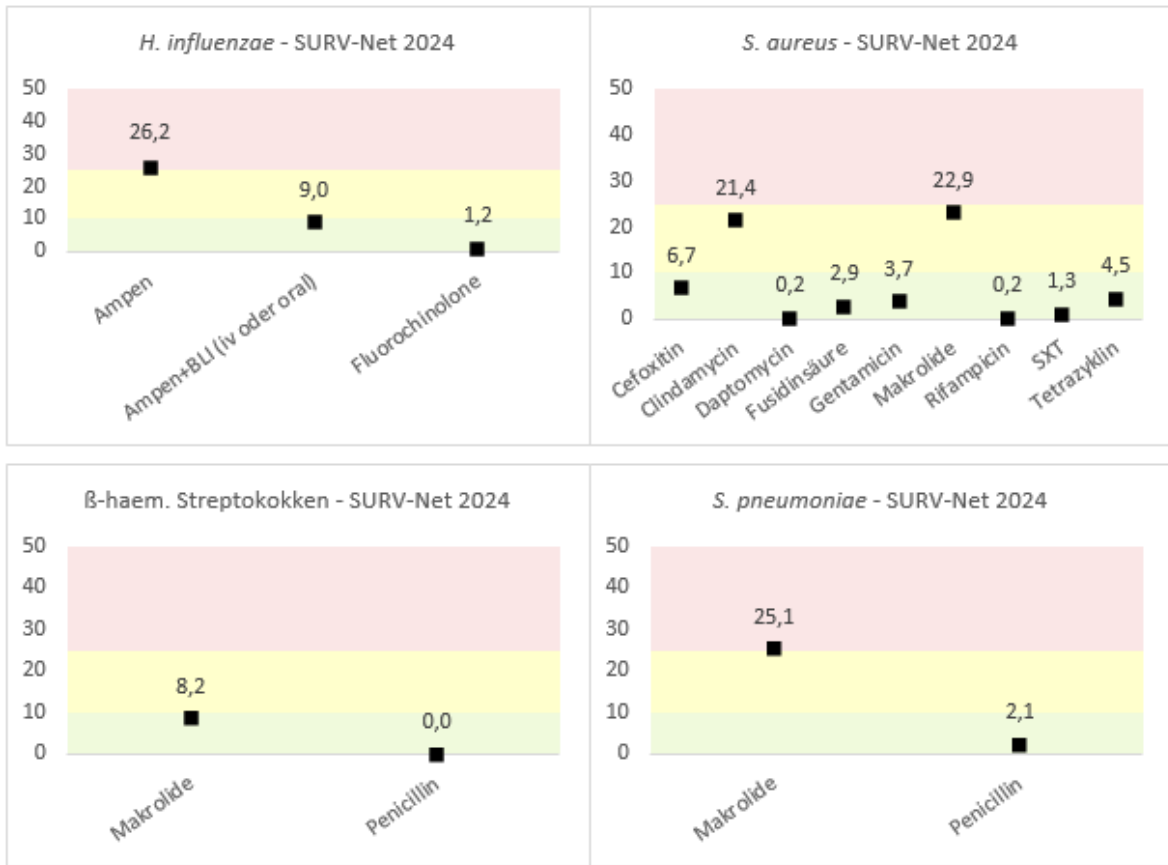


Abbildung 36: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, 2024  
(Teil 2)



### Infektionserreger des Respirationstraktes

Im Jahr 2024 wurden aus dem oberen und dem unteren Respirationstrakt insgesamt 9.196 Primärisolate ausgewertet: 4.417 Isolate von  $\beta$ -hämolisierenden Streptokokken der Gruppe A, 1.498 von *S. pneumoniae* und 3.281 von *H. influenzae*.

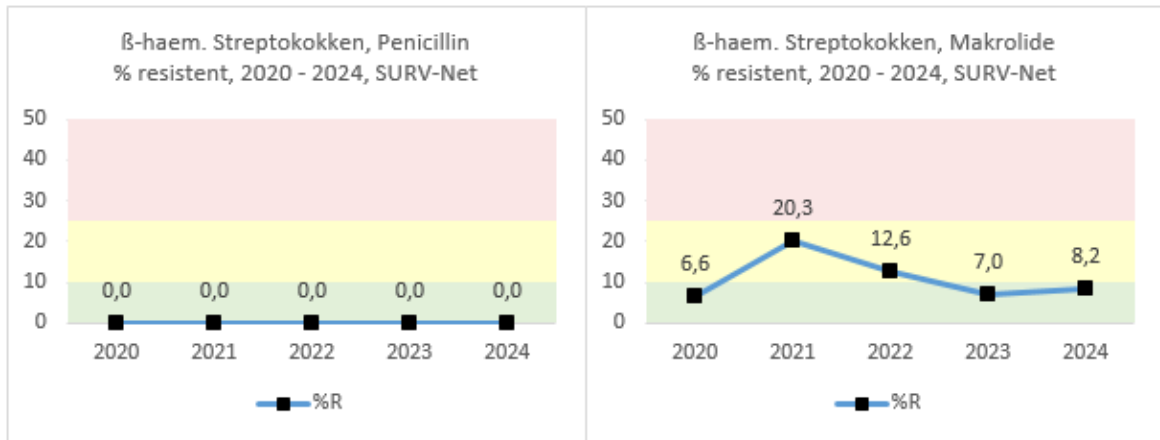
## β-hämolsierende Streptokokken der Gruppe A

Tabelle 64: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei β-hämolsierenden Streptokokken der Gruppe A von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Makrolide</b>	1.318	6,6	557	20,3	1.834	12,6	5.444	7,0	4.332	8,2
<b>Penicillin</b>	1.340	0,0	535	0,0	1.720	0,0	5.542	0,0	4.417	0,0

Die Pandemie-Jahre zeigten im Vergleich zu den Jahren davor eine deutlich geringere Anzahl an isolierten Erregern. Ab 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 Jahr davor rückgemeldet. Die in 2021 einmalig deutlich erhöhte Makrolid-Resistenzrate ist 2023 wieder auf dem vorpandemischen Niveau angekommen. Seitens EUCAST wurden keine Breakpoint-Veränderungen im Vergleich zum Vorjahr vorgenommen und ein ähnlicher Anstieg einer Makrolid-Resistenz wie in 2021 für β-hämolsierende Streptokokken der Gruppe A fand sich bei keinem anderen Erreger in diesem Ausmaß, womit die Ursache dieser Auslenkung letztlich nicht eindeutig zugeordnet werden kann. In 2024 liegt die Resistenzrate für Makrolide bei 8,2 %.

Abbildung 37:  $\beta$ -hämolyzierende Streptokokken der Gruppe A – Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2020 bis 2024



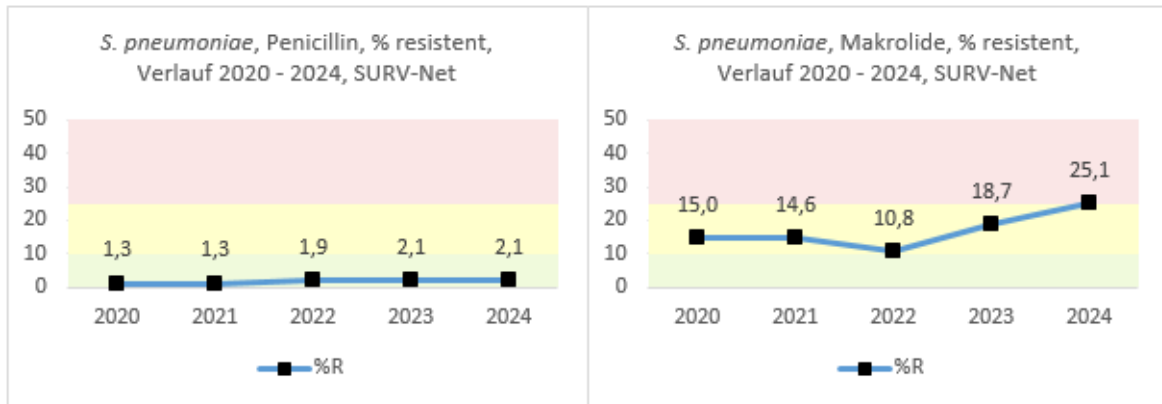
### ***Streptococcus pneumoniae***

Beim Indikatorerreger *Streptococcus pneumoniae* liegt die Resistenzrate für Makrolide erstmals im 5-Jahres-Vergleich knapp über 25 %.

Tabelle 65: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *S. pneumoniae* von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Makrolide</b>	778	15,0	837	14,6	897	10,8	1.170	18,7	1.498	25,1
<b>Penicillin</b>	772	1,3	834	1,3	893	1,9	1.170	2,1	1.489	2,1

Abbildung 38: *S. pneumoniae* –Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2020 bis 2024



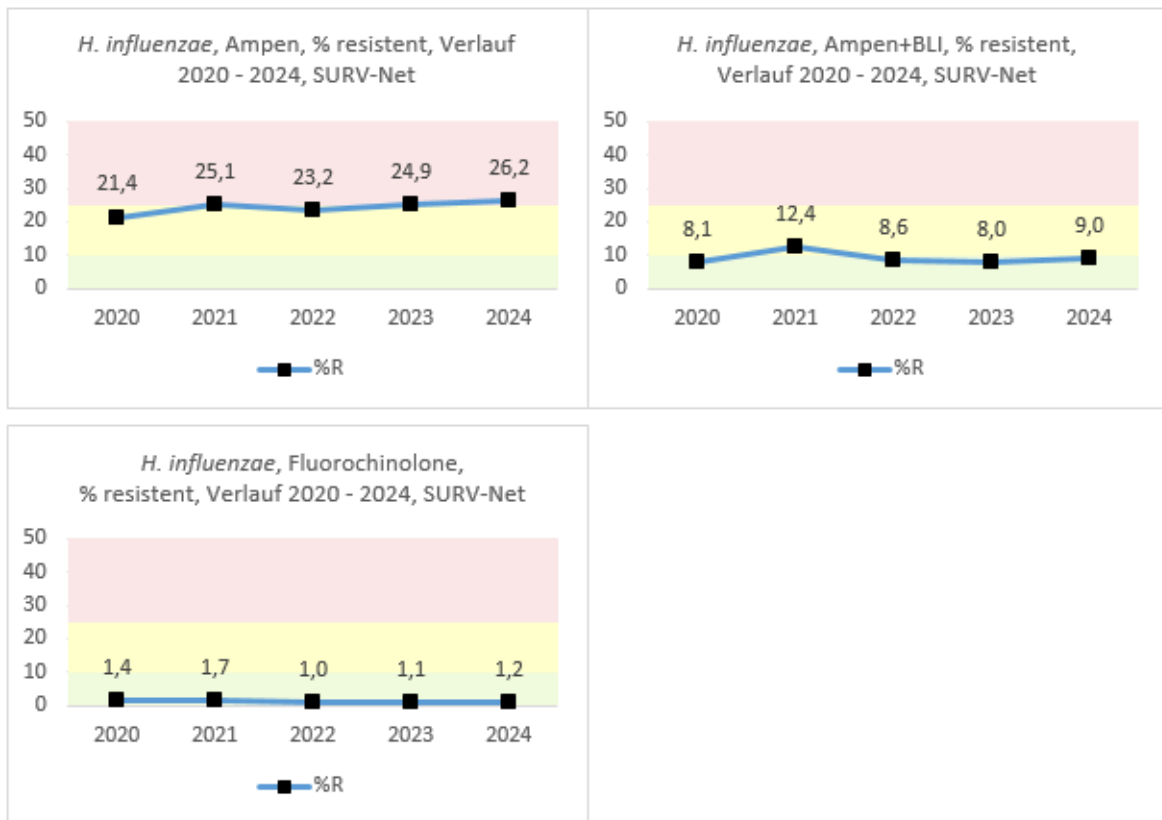
### ***Haemophilus influenzae***

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

Tabelle 66: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *H. influenzae* von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Ampen</b>	1.389	<b>21,4</b>	1.200	<b>25,1</b>	2.949	<b>23,2</b>	3.428	<b>24,9</b>	3.279	<b>26,2</b>
<b>Ampen + BLI</b>	1.426	<b>8,1</b>	1.199	<b>12,4</b>	2.954	<b>8,6</b>	-	-	-	-
<b>Ampen + BLI, iv oder oral</b>	-	-	-	-	-	-	3.272	<b>8,0</b>	3.280	<b>9,0</b>
<b>Fluorochinolone</b>	1.437	<b>1,4</b>	1.201	<b>1,7</b>	2.957	<b>1,0</b>	3.267	<b>1,1</b>	3.281	<b>1,2</b>

Abbildung 39: *H. influenzae* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024



### Infektionserreger des Harntraktes

Für das Jahr 2024 wurden 94.764 Primärisolate aus dem Harn (78.904 *E. coli*- und 15.860 *Klebsiella pneumoniae*-Isolate) ausgewertet. Auf eine gesonderte Darstellung von ESBL-*E. coli* und ESBL-*K. pneumoniae* wurde ab dem Bericht von 2017 verzichtet. Für *K. pneumoniae* werden 2024 Daten für den Harntrakt und sonstige Materialien (n = 5.937, exkl. Blutkultur und Liquor) getrennt erhoben und dargestellt.

### *Escherichia coli*

Von der Gesamtzahl der *E. coli*-Isolate (n=78.904) wurden im Jahr 2024 7,1 % ESBL-bildende Isolate (gemessen an der Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen als Surrogat) berichtet (siehe Tabelle 67, Abbildung 40 und Abbildung 41). Ab 2023 erfolgt die Auswertung von Ampen + BILI getrennt nach iv und oral, um die Änderungen gemäß EUCAST abzubilden. (Dabei wird ab 2023 die Interpretation der Teilnehmer ohne Differenzierung der indikationsabhängigen Breakpoints übernommen.)

Tabelle 67: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *E. coli* von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Aminoglykoside</b>	62.320	<b>4,1</b>	60.151	<b>3,9</b>	42.965	<b>3,8</b>	18.906	<b>4,1</b>	20.281	<b>5,0</b>
<b>Ampen</b>	70.974	<b>38,4</b>	80.152	<b>37,7</b>	77.026	<b>37,8</b>	-	-	-	-
<b>Ampen, iv oder oral</b>	-	-	-	-	-	-	76.810	<b>38,6</b>	77.465	<b>39,9</b>
<b>Ampen + BLI</b>	69.872	<b>12,2</b>	78.005	<b>12,8</b>	76.638	<b>12,9</b>	-	-	-	-
<b>Ampen + BLI, iv</b>	-	-	-	-	-	-	32.222	<b>20,0</b>	43.283	<b>20,8</b>
<b>Ampen + BLI, oral</b>	-	-	-	-	-	-	57.093	<b>12,7</b>	68.947	<b>13,8</b>
<b>Carbapeneme</b>	56.794	<b>0,0<sup>1</sup></b>	58.772	<b>0,0<sup>2</sup></b>	61.567	<b>0,0<sup>3</sup></b>	66.770	<b>0,0<sup>4</sup></b>	67.140	<b>0,0<sup>5</sup></b>
<b>Ceph2</b>	69.778	<b>8,0</b>	79.021	<b>7,7</b>	75.730	<b>8,0</b>	76.740	<b>9,0</b>	75.006	<b>9,8</b>
<b>Ceph3</b>	70.339	<b>6,4</b>	79.702	<b>5,5</b>	75.881	<b>5,8</b>	78.640	<b>6,6</b>	78.860	<b>7,1</b>
<b>Fluorochinolone</b>	70.765	<b>13,8</b>	80.038	<b>13,4</b>	76.996	<b>12,7</b>	78.699	<b>13,3</b>	78.904	<b>13,9</b>
<b>Nitrofurantoin</b>	70.146	<b>1,1</b>	77.699	<b>0,8</b>	74.731	<b>0,8</b>	74.634	<b>0,6</b>	78.689	<b>0,7</b>
<b>Pivmecillinam</b>	67.339	<b>7,9</b>	74.505	<b>7,7</b>	71.281	<b>6,6</b>	75.057	<b>4,9</b>	72.514	<b>5,4</b>
<b>SXT</b>	40.568	<b>20,2</b>	46.191	<b>19,2</b>	45.448	<b>18,7</b>	47.339	<b>19,6</b>	45.987	<b>20,3</b>
<b>Trimethoprim</b>	65.693	<b>20,9</b>	73.339	<b>20,5</b>	71.120	<b>20,5</b>	74.626	<b>21,1</b>	15.622	<b>21,9</b>

<sup>1</sup>neu ab 2020: 0,02 %R (14 R von 56.794)

<sup>2</sup> 2021: 0,01 % R (8 R von 58.772 Isolaten)

<sup>3</sup> 2022: 0,01 % R (8 R von 61.567 Isolaten)

<sup>4</sup> 2023: 0,03 % R (18 R von 66.770 Isolaten)

<sup>5</sup> 2024: 0,03 % R (20 R von 67.140 Isolaten)

Abbildung 40: *E. coli* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024 (Teil 1)

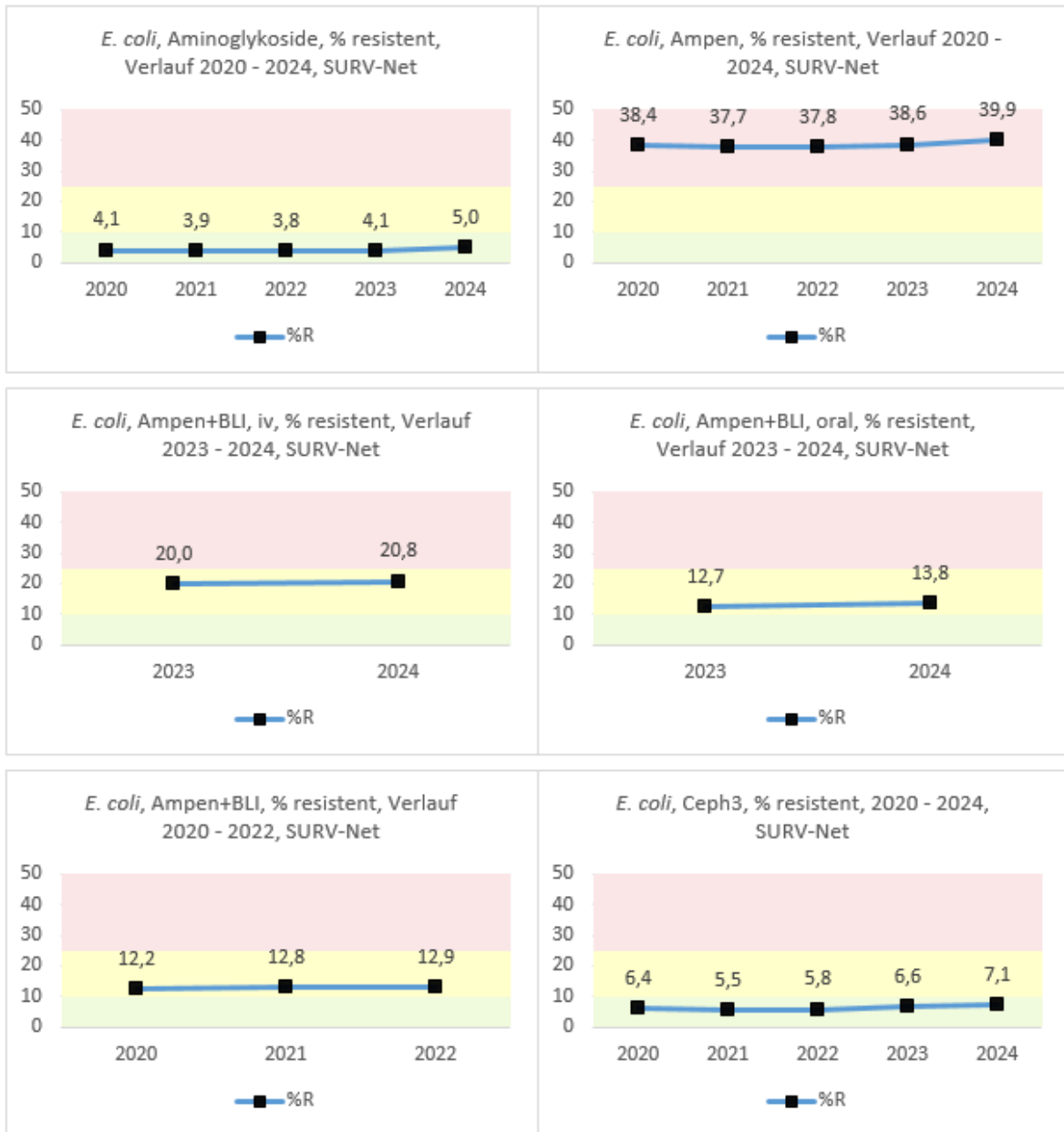
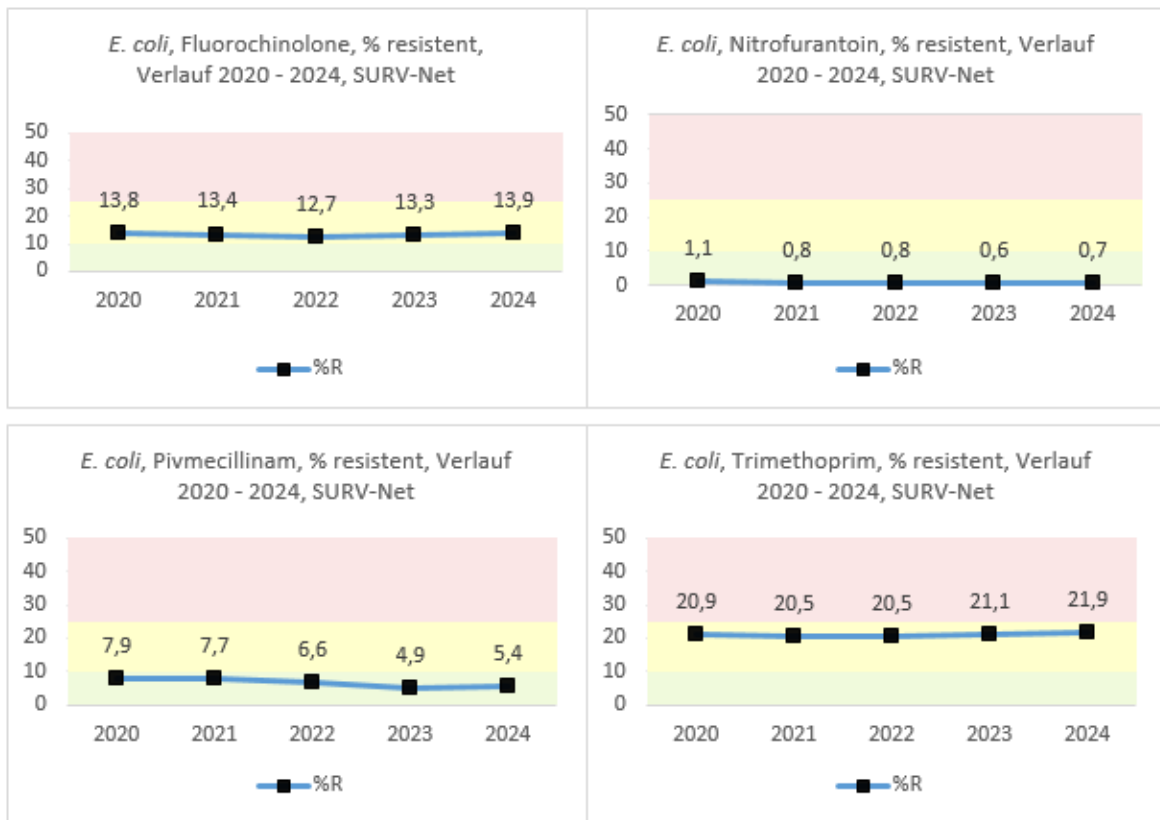


Abbildung 41: *E. coli* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024 (Teil 2)



### ***Klebsiella pneumoniae***

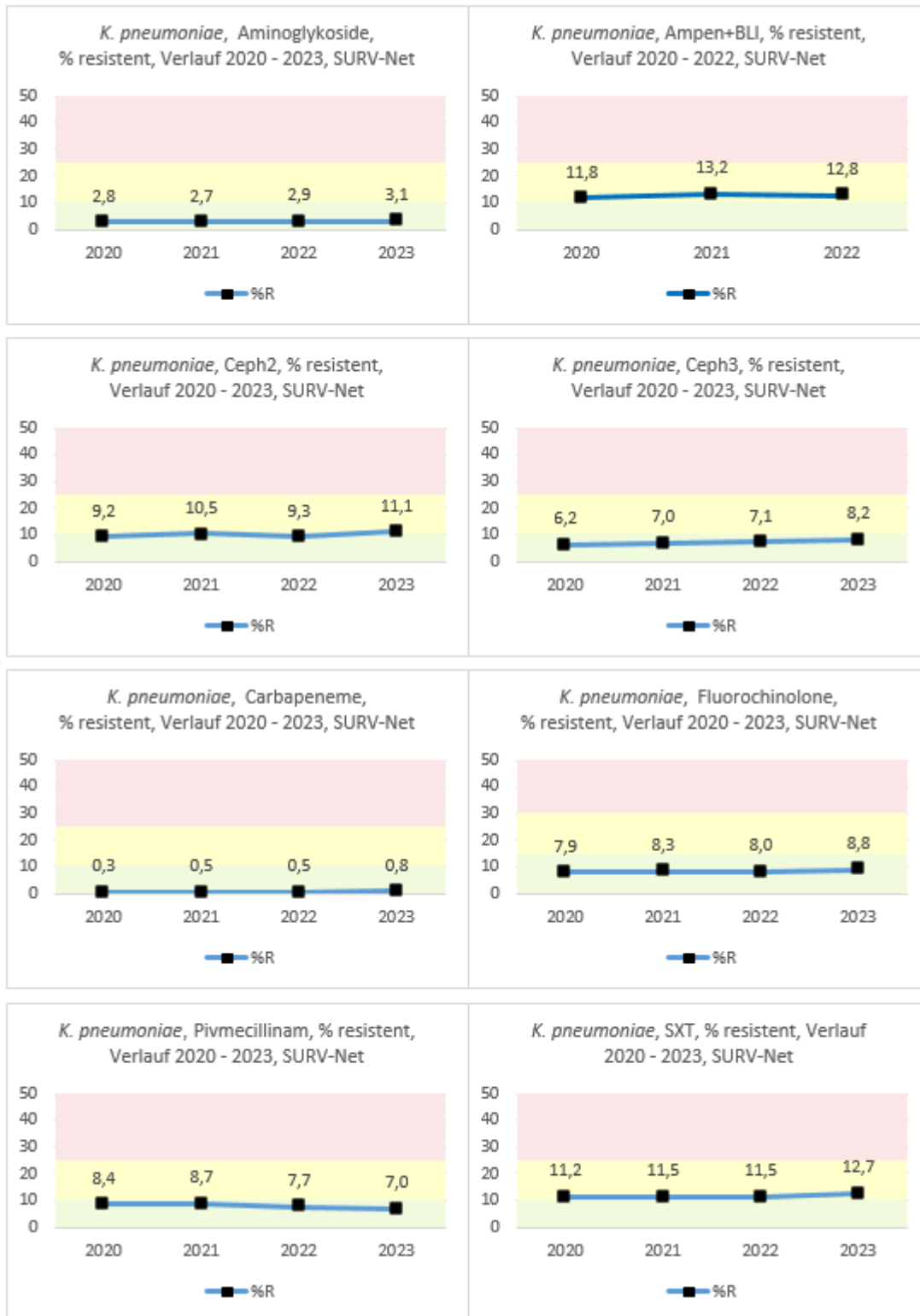
Mit der Datenerhebung für *K. pneumoniae* wurde im Jahr 2011 begonnen, um einerseits einen weiteren vergleichbaren Indikatorerreger zu den invasiven Erregern (EARS-Net) und andererseits einen zusätzlichen Indikator für Bakterien mit ESBL-Produktion (3.-Generations-Cephalosporinen-Resistenz) sowie einen 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 abzubilden. (Dabei wird die Interpretation der Teilnehmer ohne Differenzierung der indikationsabhängigen Breakpoints übernommen.) Ab diesem Berichtsjahr werden die Resistenzraten für *Klebsiella pneumoniae* getrennt nach Material ausgewiesen. Die Trennung erfolgt nach Harn (n=15.860) und sonstigem Material (n=5.937), welches alle Materialien exkl. Blutkultur, Liquor und Harn enthält.

Tabelle 68: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *K. pneumoniae* von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	Material	2020		2021		2022		2023		2024	
		n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Aminoglykoside	Gesamt	13.031	2,8	12.520	2,7	9.870	2,9	6.310	3,1	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	5.199	3,1
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	4.033	5,1
Ampen + BLI	Gesamt	14.629	11,8	16.577	13,2	16.650	12,8	-	-	-	-
Ampen + BLI, iv	Gesamt	-	-	-	-	-	-	8.059	16,5	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	9.865	15,5
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	5.290	22,7
Ampen + BLI, oral	Gesamt	-	-	-	-	-	-	11.244	11,2	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	12.878	10,0
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	2.666	23,1
Carbapeneme	Gesamt	13.438	0,3	15.500	0,5	15.019	0,5	17.193	0,8	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	14.907	0,5
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	5.187	2,7
Ceph2	Gesamt	13.841	9,2	16.219	10,5	14.429	9,3	16.017	11,1	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	14.872	10,1
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	3.785	18,3
Ceph3	Gesamt	14.465	6,2	15.874	7,0	15.557	7,1	17.026	8,2	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	15.847	7,9
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	5.268	14,2
Fluorochinolone	Gesamt	14.894	7,9	17.073	8,3	16.764	8,0	17.676	8,8	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	15.860	8,4
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	5.937	11,7

AB-Gruppe	Material	2020		2021		2022		2023		2024	
		n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Pivmecillinam	Gesamt	9.687	8,4	11.190	8,7	11.093	7,7	11.143	7,0	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	13.333	7,3
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	823	7,8
SXT	Gesamt	12.889	11,2	14.842	11,5	14.510	11,5	15.601	12,7	-	-
	Harn	-	-	-	-	-	-	-	-	13.650	12,7
	Sonstiges Material	-	-	-	-	-	-	-	-	5.538	15,6

Abbildung 42: *K. pneumoniae* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2023



Die graphische Darstellung der Resistenzraten getrennt nach Harn und sonstigen Material erfolgt ab dem nächsten Berichtsjahr.

### ***Staphylococcus aureus***

Insgesamt wurden im Jahr 2024 30.541 *S. aureus*-Isolate in die Auswertung einbezogen. Die MRSA-Rate gesamt betrug 6,7 %, ist damit weiter stabil niedrig und liegt 1,2 % über der in EARS-Net berichteten Rate von 5,5 %. Insgesamt wurden ein Vancomycin-resistentes und 2 Linezolid-resistente *S. aureus*-Isolate gemeldet. Da insbesondere bei Vancomycin 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 69: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *S. aureus* von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Cefoxitin</b>	25.191	<b>6,2</b>	29.768	<b>6,6</b>	27.193	<b>6,1</b>	29.380	<b>6,1</b>	30.541	<b>6,7</b>
<b>Clindamycin</b>	22.836	<b>18,1</b>	28.052	<b>18,2</b>	25.234	<b>18,8</b>	27.676	<b>20,4</b>	28.889	<b>21,4</b>
<b>Daptomycin</b>	7.910	<b>0,2</b>	8.324	<b>0,2</b>	8.776	<b>0,2</b>	10.385	<b>0,3</b>	13.076	<b>0,2</b>
<b>Fusidinsäure</b>	22.304	<b>1,4</b>	26.995	<b>1,7</b>	24.510	<b>2,3</b>	26.657	<b>2,6</b>	27.075	<b>2,9</b>
<b>Gentamicin</b>	22.403	<b>3,4</b>	19.805	<b>3,4</b>	16.653	<b>3,6</b>	18.082	<b>3,6</b>	18.361	<b>3,7</b>
<b>Linezolid</b>	18.536	<b>0,0</b>	23.196	<b>0,0</b>	22.150	<b>0,0*<sup>1</sup></b>	22.311	<b>0,0*<sup>2</sup></b>	23.763	<b>0,0*<sup>3</sup></b>
<b>Makrolide</b>	22.834	<b>19,5</b>	27.734	<b>20,1</b>	25.242	<b>20,0</b>	27.627	<b>21,6</b>	28.895	<b>22,9</b>
<b>Rifampicin</b>	20.000	<b>0,3</b>	24.844	<b>0,2</b>	23.830	<b>0,2</b>	25.843	<b>0,2</b>	24.892	<b>0,2</b>
<b>SXT</b>	24.266	<b>1,1</b>	29.299	<b>0,7</b>	27.248	<b>0,7</b>	29.557	<b>1,1</b>	30.312	<b>1,3</b>
<b>Tetrazyklin</b>	21.638	<b>4,5</b>	26.475	<b>4,3</b>	24.082	<b>4,3</b>	26.571	<b>4,3</b>	27.701	<b>4,5</b>
<b>Vancomycin</b>	13.026	<b>0,0</b>	13.504	<b>0,0</b>	13.977	<b>0,0</b>	13.397	<b>0,0*<sup>2</sup></b>	16.126	<b>0,0*<sup>3</sup></b>

\*<sup>1</sup>Linezolid: 0,04 %R (9 R von 22.150)

\*<sup>2</sup>Linezolid: 0,01 %R (2 R von 22.311), Vancomycin: 0,02 %R (3 R von 13.397)

\*<sup>3</sup>Linezolid: 0,01 %R (2 R von 23.763), Vancomycin: 0,01 %R (1 R von 16.126)

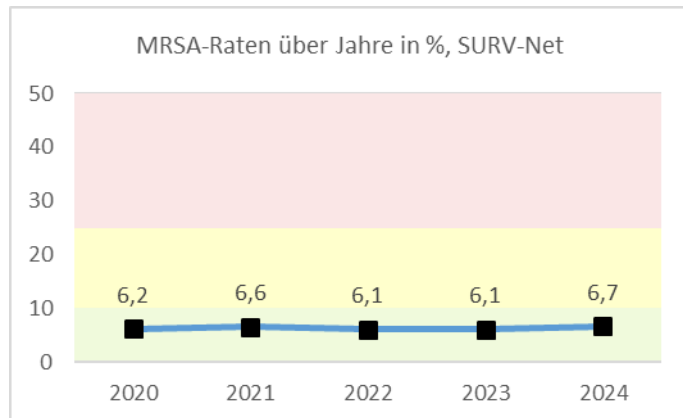
Abbildung 43: *S. aureus* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024



Tabelle 70: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei MRSA von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
Clindamycin	1.425	43,5	1.793	46,5	1.562	42,3	1.648	41,9	1.943	42,1
Daptomycin	904	0,2	878	0,3	855	0,5	1.001	0,1	1.233	0,3
Fusidinsäure	1.436	6,0	1.800	8,3	1.565	12,1	1.586	12,9	1.864	13,4
Gentamicin	1.202	12,5	1.095	15,2	842	18,8	907	19,1	1.013	18,4
Linezolid	1.257	0,0	1.665	0,0	1.364	0,1	1.496	0,0	1.805	0,0
Makrolide	1.425	49,3	1.793	52,9	1.563	47,2	1.643	50,3	1.944	50,5
Rifampicin	1.398	1,4	1.772	1,1	1.520	3,2	1.599	1,1	1.888	0,6
SXT	1.386	6,8	1.809	3,8	1.587	5,5	1.636	8,3	1.881	8,5
Tetrazyklin	1.348	27,9	1.699	32,3	1.456	30,5	1.513	29,9	1.762	31,5
Vancomycin	1.353	0,0	1.338	0,0	1.160	0,0	1.355	0,0	1.624	0,0

Abbildung 44: MRSA-Raten von 2020 bis 2024



### ***Pseudomonas aeruginosa***

Die Auswertung des Indikatorerregers *P. aeruginosa* erfolgt getrennt nach Ohrabstrichen und Trachealsekret und ab 2023 auch getrennt nach Harn. Aus Ohrabstrichen wurden insgesamt 1.447 Primärisolate ausgewertet, aus dem Trachealsekret insgesamt 723 Isolate und aus dem Harn 6.408 Isolate.

Trachealsekret steht (überwiegend) als Indikatormaterial für den stationären Bereich und repräsentiert hier wiederum hauptsächlich den Intensivstationsbereich. Ohrabstrich steht als Indikatormaterial (Otitis externa) für den niedergelassenen Bereich und Harn bildet die Gesamtsituation ab.

Tabelle 71: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei *P. aeruginosa*, getrennt nach Harn, Ohrabstrich und Trachealsekret von 2020 bis 2024

AB-Gruppe	Material	2020		2021		2022		2023		2024	
		n	%R	n	%R	n	%R	n	%R	n	%R
<b>Aminoglykoside</b>	Harn	-	-	-	-	-	-	4.271	1,5	4.705	1,0
	Ohr	782	2,7	852	2,6	834	4,9	976	2,3	1.376	0,6
	Tracheal	675	6,1	567	6,7	573	4,4	610	1,8	592	3,7
<b>Carbapeneme</b>	Harn	-	-	-	-	-	-	5.718	4,2	5.541	3,9
	Ohr	1.074	2,3	1.128	2,9	960	1,7	1.060	1,8	1.446	1,7
	Tracheal	855	20,2	738	19,6	661	16,3	706	13,0	723	10,1
<b>Cefepim</b>	Harn	-	-	-	-	-	-	5.726	5,3	5.548	5,1
	Ohr	1.074	2,5	1.121	3,6	957	2,5	1.064	4,7	1.421	4,6
	Tracheal	852	18,0	735	16,3	664	13,7	693	11,0	722	10,9
<b>Ceftazidim</b>	Harn	-	-	-	-	-	-	6.026	6,2	5.941	5,9
	Ohr	1.077	2,2	1.129	2,7	962	2,1	1.064	2,1	1.446	2,6
	Tracheal	856	18,7	737	17,4	664	15,1	706	13,7	723	14,2
<b>Fluorochinolone</b>	Harn	-	-	-	-	-	-	6.484	7,4	6.408	6,9
	Ohr	1.027	6,2	1.131	6,0	962	5,1	1.064	6,3	1.447	7,7
	Tracheal	803	10,6	738	14,5	665	11,7	706	7,4	723	8,3
<b>Pip./Taz.</b>	Harn	-	-	-	-	-	-	6.482	5,3	6.407	5,3
	Ohr	1.077	1,9	1.130	2,7	961	2,5	1.064	2,5	1.447	5,1
	Tracheal	855	20,4	739	21,0	665	19,7	705	16,0	723	16,2

Abbildung 45: *P. aeruginosa* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich, Trachealsekret und Harn von 2020 bis 2024 (Teil 1)

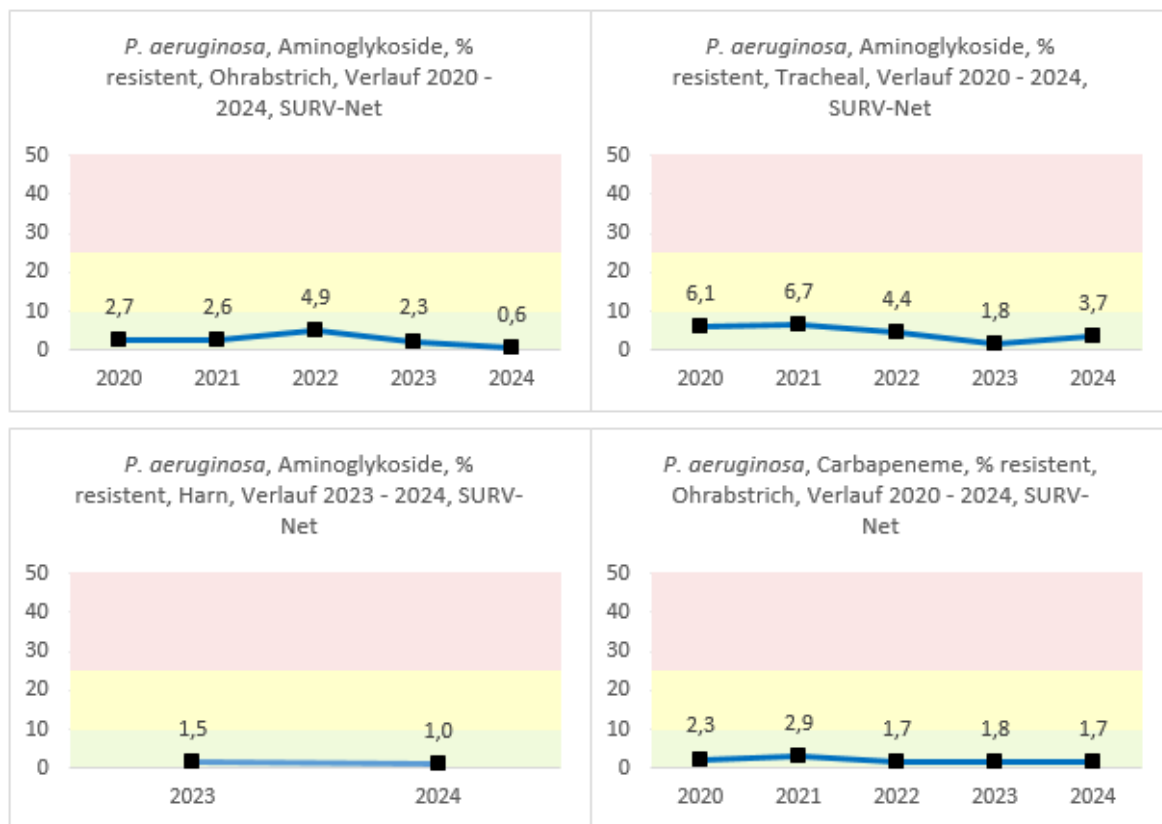


Abbildung 46: *P. aeruginosa* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich, Trachealsekret und Harn von 2020 bis 2024 (Teil 2)

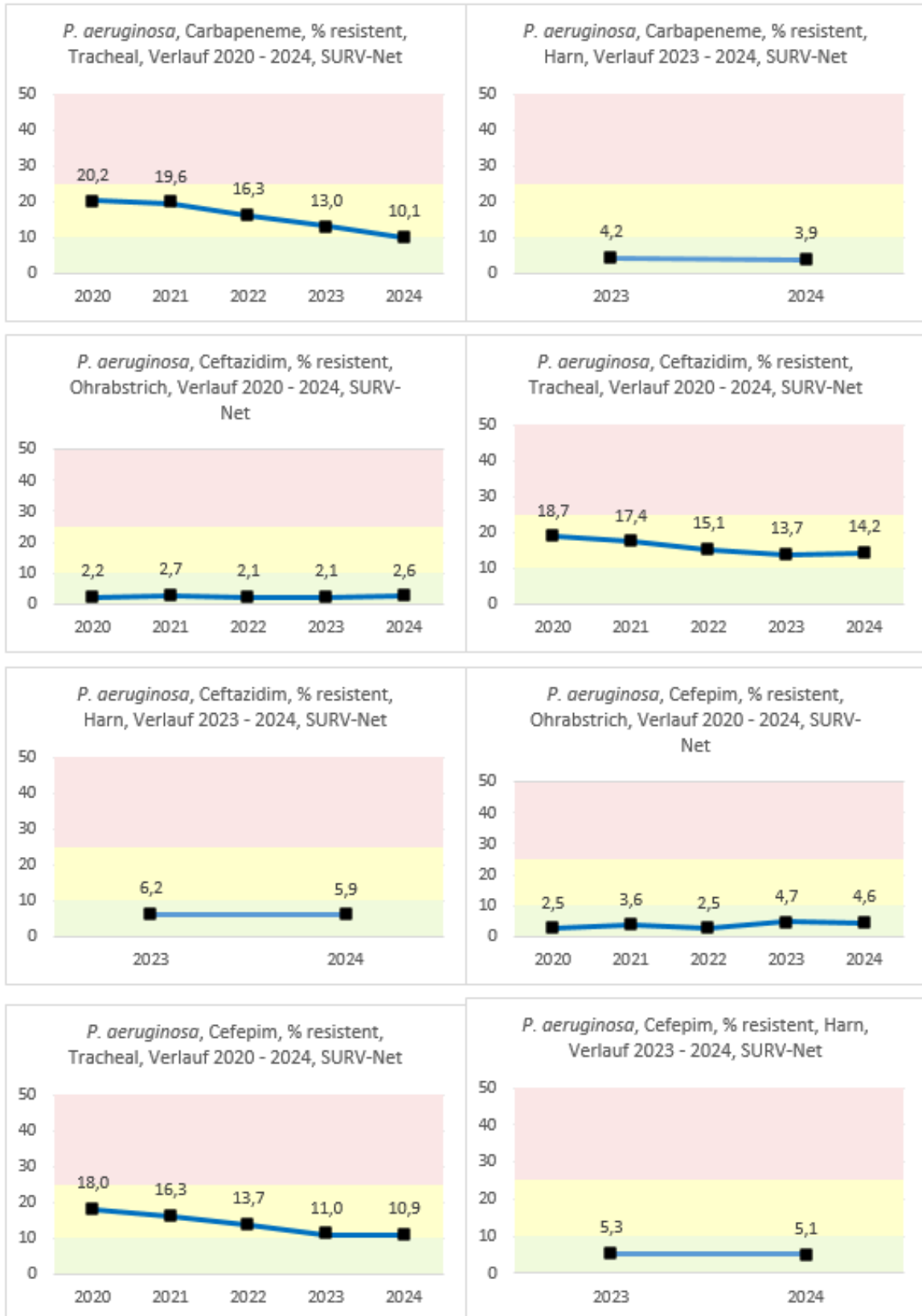
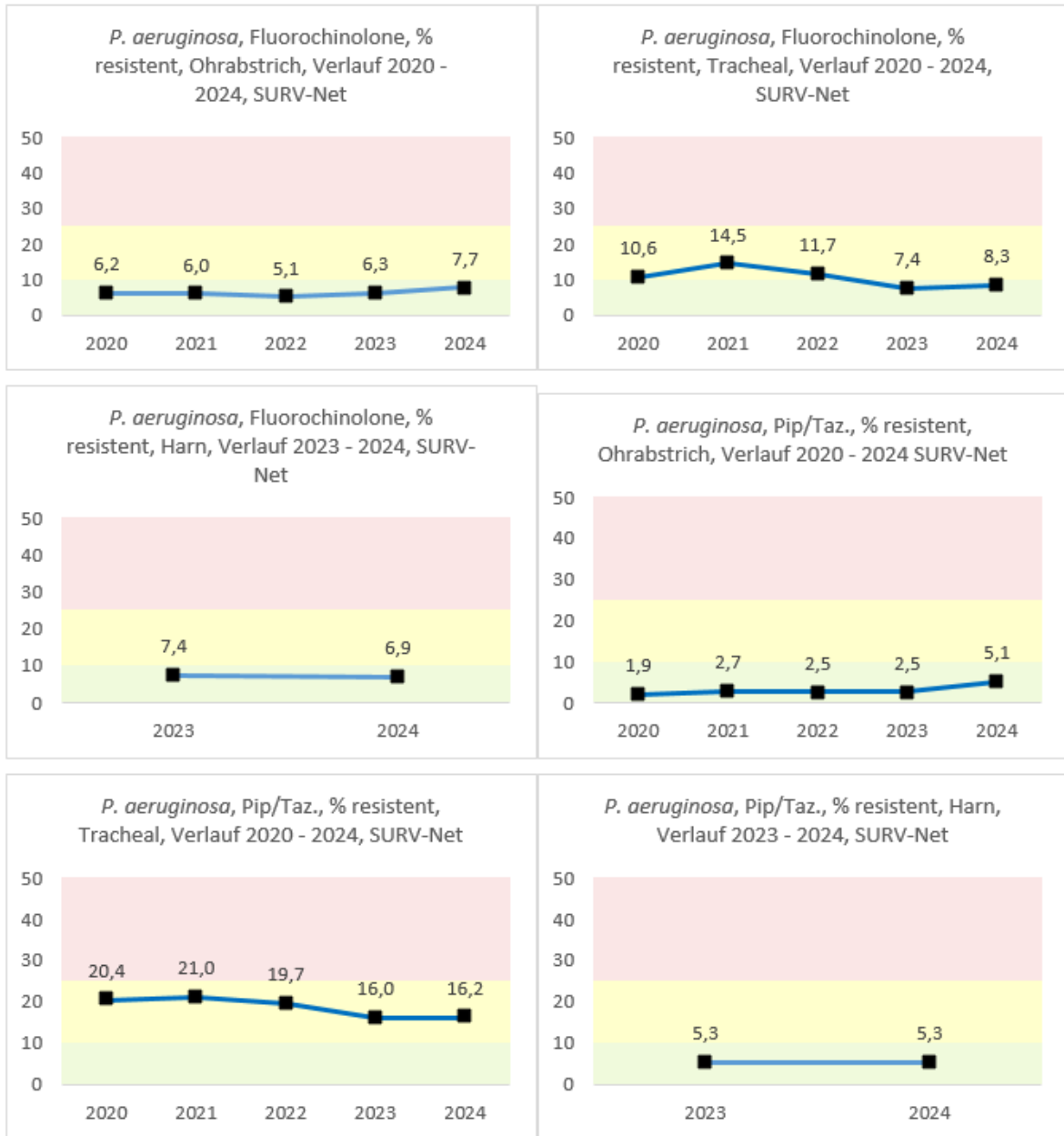


Abbildung 47: *P. aeruginosa* – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich, Trachealsekret und Harn von 2020 bis 2024 (Teil 3)



### Erweiterte Resistenztestung

Aufgrund der zunehmenden Verbreitung von multiresistenten gramnegativen Erregern wurden ab dem Jahr 2024 Daten für Reservesubstanzen (Aztreonam-Avibactam, Cefepim-Enmetazobactam, Cefiderocol, Ceftazidim-Avibactam, Ceftolozan-Tazobactam, Colistin, Imipenem-Relebactam, Meropnem-Vaborbactam, Fosfomycin, Tigecyclin) für 3 Indikatorerreger (*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*)

erhoben. Die Testung dieser Substanzen folgt je nach Patientenkollektiv und teilnehmende Labor einem individuell angepassten Testalgorithmus, folglich variiert die Stichprobengröße erheblich. Beispielsweise wurde die Substanz Fosfomycin bei 33.752 Isolaten getestet, während für Meropenem-Vaborbactam nur bei 33 Isolaten ein Ergebnis vorlag. Die größte Übereinstimmung der Testalgorithmen findet sich bei den Indikatorerregern mit einer 4-MRGN-Klassifikation. In dieser Konstellation werden Ceftazidim-Avibactam und Ceftolozan-Tazobactam häufig getestet, siehe Tabelle 72.

Tabelle 72: Resistenzraten ausgewählter Reservesubstanzen, Harntrakt, im Jahr 2024

AB-Gruppe	<i>K. pneumoniae</i>		<i>P. aeruginosa</i>	
	n	%R	n	%R
Ceftazidim-Avibactam	368	12,0	559	8,1
Ceftolozan-Tazobactam	358	36,3	559	6,6

## 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 der Menge und der 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 sorgsam 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.  $\beta$  hämolysierende Streptokokken der Gruppe A, *H. influenzae* oder auch *P. aeruginosa* aus verschiedenen Materialien, um Resistenzen in verschiedenen Habitaten (Intensivbereich versus niedergelassener 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. Auch 2024 setzte sich dieser Trend fort.

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 Antibiogramme) aus dem niedergelassenen Bereich bereits selektiertes 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 2024 auch für nicht-invasive Isolate bei den grampositiven Erregern ein über die Jahre stabiles Bild, wobei die MRSA-Rate 1,2 % über der MRSA-Rate invasiver Isolate aus EARS-Net liegt und 2024 bezogen auf alle nicht-invasiven Isolate mit 6,7 % 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) dadurch bedingt ist, dass zum Teil Doppel- bzw. Mehrfachbefunde (z. B. durch Screenings) erfasst werden. Bei Atemwegsinfektionen durch Pneumokokken und ebenso für  $\beta$ -hämolisierende Streptokokken der Gruppe A bleibt Penicillin das Mittel der Wahl. Die Makrolid-Resistenz für Pneumokokken ist mit 25,1 % merklich höher als der Wert in EARS-Net (9,6 %) und auch deutlich höher als bei  $\beta$ -hämolisierenden Streptokokken der Gruppe A mit aktuell 8,2 % (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 0,5 % im Harntrakt und von 2,7 % bei sonstigen Materialien. 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* zeigt ein Resistenzverhalten, welches beispielsweise bei 3.-Generations-Cephalosporinen und Carbapenemen zwischen dem der Ohrisolate und der Isolate 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](mailto:rainer.hartl@analyse.eu)  
[www.referenzzentrum.at](http://www.referenzzentrum.at)

## Reviewerin

Prim.<sup>a</sup> Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> 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](mailto:petra.apfalter@analyse.eu)  
[www.referenzzentrum.at](http://www.referenzzentrum.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>157</b>
<b>Abstract.....</b>	<b>157</b>
<b>CARBA-Net auf einen Blick .....</b>	<b>158</b>
<b>Einleitung .....</b>	<b>161</b>
<b>Methodik.....</b>	<b>162</b>
<b>Ergebnisse .....</b>	<b>162</b>
<i>Enterobacterales</i> .....	162
Colistin-resistente Enterobacterales.....	166
Auftreten von blaOXA-244 bei eingesendeten <i>E. coli</i> -Isolaten.....	171
<i>Enterobacterales mit Mehrfachnachweis von Carbapenemase-Genen</i> .....	174
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> .....	175
<i>Acinetobacter baumannii</i> -Gruppe .....	177
<b>Diskussion.....</b>	<b>178</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>180</b>

## Zusammenfassung

Carbapenem-resistente gramnegative Erreger stellen eine besondere medizinische Herausforderung in Hinblick auf Diagnostik, limitierte Therapieoptionen sowie notwendige krankenhaushygienische Maßnahmen dar. Im Projektjahr 2024 waren insgesamt 641 Einsendungen an das Projekt CARBA-Net zu verzeichnen. Bei einer Gesamtzahl von 478 aus acht Bundesländern eingesendeten *Enterobacterales*-Isolaten konnte in 388 Fällen mindestens ein Carbapenemase-Gen nachgewiesen werden. Die Enzyme waren den Ambler-Klassen A (*blaKPC*-like [n=31]), B (*blaNDM*-like [n=156] und *blaVIM*-like [n=38]), D (*blaOXA-48*-like [n=127] *blaOXA-23*-like [n=1]) sowie einer Kombination aus A und B (*blaKPC*-like und *blaNDM*-like [n=7], *blaKPC*-like und *blaVIM*-like [n=2]), einer Kombination aus A und D (*blaGES*-like und *blaOXA-48*-like [n=1]) und einer Kombination aus B und D (*blaNDM*-like und *blaOXA-48*-like [n=23]) zuzuordnen. Die Resistenzrate gegenüber Colistin betrug 5,8 %, wobei keine Plasmid-kodierte Colistin-Resistenz vom Typ *mcr* nachgewiesen wurde. Auch 2024 wurde das Vorkommen von *blaOXA-244* bei *Escherichia coli* mittels Ganzgenomsequenzierung in 62 von 81 Isolaten bestätigt. Bei 114 verdächtigen *Pseudomonas aeruginosa*-Isolaten konnten 67 Nachweise mindestens einer Carbapenemase erbracht werden, wobei Carbapenemase-Gene vom Typ *blaVIM*-like (n=49), *blaNDM*-like (n=9), *blaIMP*-like (n=7) und *blaGES*-like (n=1) sowie eine Kombination solcher Gene (*blaGES*-like und *blaVIM*-like [n=1]) detektiert wurden. Bei 49 *Acinetobacter baumannii*-Gruppe-Isolaten waren die Carbapenemase-Gene *blaOXA-23*-like [n=31], *blaXOA-24*-like [n=14], *blaOXA 51*-like [n=2] und *blaNDM*-like [n=1] isoliert bzw. in Kombination aus Enzymen der Ambler-Klasse B und D (*blaNDM*-like und *blaOXA-23*-like [n=1]) nachweisbar.

## Abstract

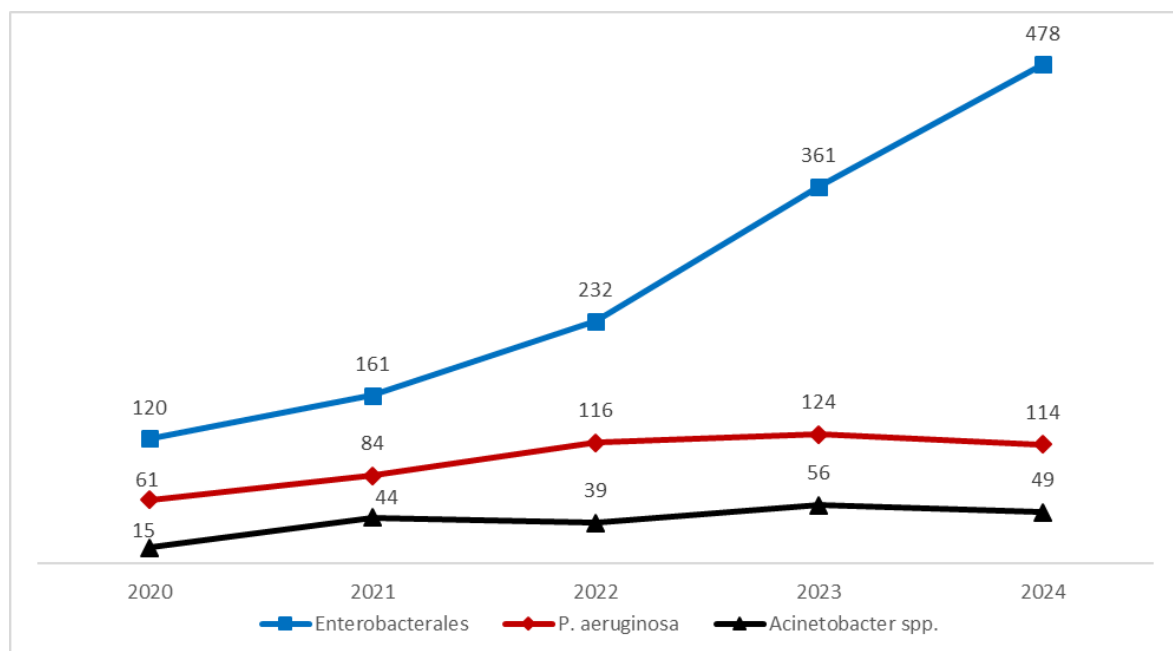
Increasing numbers of carbapenemase producing gram-negative bacteria are reported worldwide. Therefore, the surveillance project CARBA-Net was initiated in April 2015. In 2024, in 388 out of 478 *Enterobacterales* strains referred to the Austrian National Reference Laboratory for Antimicrobial Resistance due to decreased carbapenem susceptibility, a carbapenemase gene was confirmed. The enzymes could be assigned to Ambler classes A (*blaKPC* [n=31]), B (*blaNDM*-like [n=156] and *blaVIM*-like [n=38]), D (*blaOXA-48*-like [n=127] and *blaOXA-23*-like [n=1]) and to different combinations (*blaKPC*-like and *blaNDM*-like [n=7], *blaKPC*-like and *blaVIM*-like [n=2], *blaNDM*-like and *blaOXA-48*-like [n=23], *blaGES*-like and *blaOXA-48*-like [n=1]).

No *mcr*-type plasmid encoded variant of colistin resistance was detected. With regard to other gram-negative bacilli, 67 out of 114 suspected *Pseudomonas aeruginosa* isolates were positive for a carbapenemase (*bla*VIM-like [n=49], *bla*NDM-like [n=9] *bla*IMP-like [n=7], *bla*GES-like [n=1], *bla*GES-like und *bla*VIM-like [n=1]), and 49 *Acinetobacter baumannii* complex isolates gave a positive result for at least one carbapenemase gene.

## CARBA-Net auf einen Blick

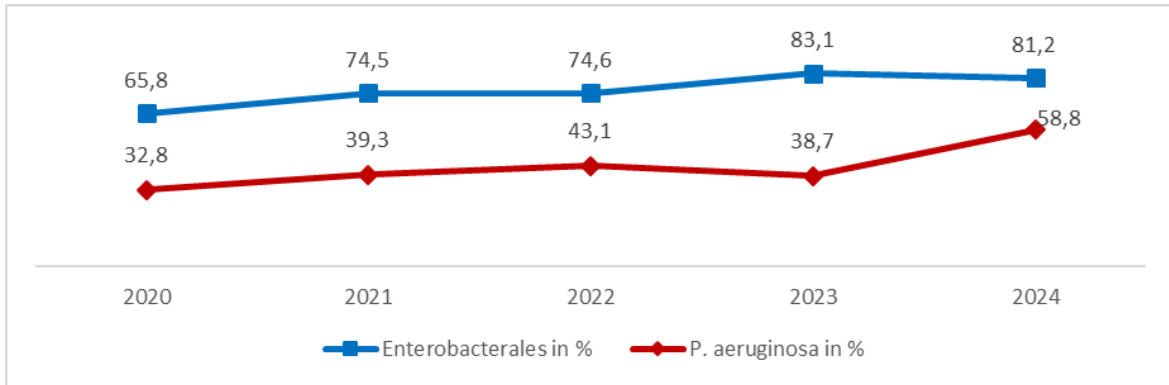
Um eine übersichtliche Darstellung der detaillierten Daten zu gewährleisten, erfolgt dem Kapitel vorangestellt eine Kurzzusammenfassung der wesentlichen Informationen. So zeigt sich im Vergleich zum Vorjahr wieder eine deutliche Zunahme der Einsendungen bei *Enterobacterales*.

Abbildung 48: Entwicklung der Gesamtzahl der Einsendungen über 5 Jahre



Bei *Enterobacterales* wurden 2024 bei über 80 % der Zusendungen tatsächlich Carbapenemasen bestätigt.

Abbildung 49: Entwicklung der Positivitätsrate (%) über 5 Jahre



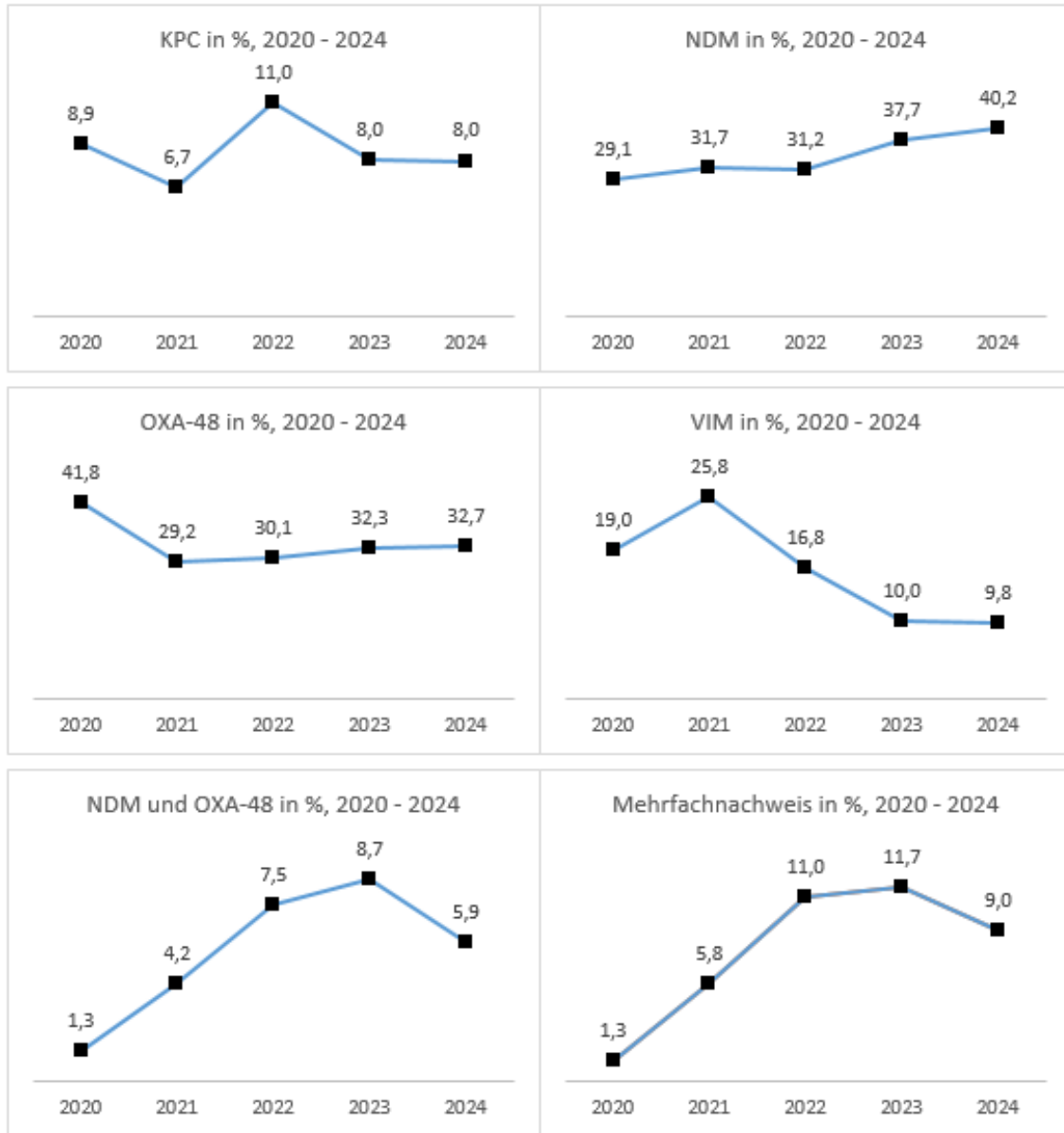
Bei CPE (Carbapenemase produzierenden *Enterobacterales*) war 2024 das Enzym NDM am häufigsten nachzuweisen. Bei diesem Enzym zeigte sich im 5-Jahres-Trend auch der deutlichste Anstieg. Im Gegensatz dazu kam es beim Enzym VIM in diesem Beobachtungszeitraum zu einem starken Rückgang auf zuletzt 9,8 %. Bei den Ambler-Klasse A- und D-Enzymen zeigte sich im Vergleich zum Vorjahr ein stabiler Trend.

Tabelle 73: Häufigkeit der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei *Enterobacterales* in 2024

<i>Enterobacterales</i>	Prozent
KPC	8,0 (↔)
NDM	40,2 (↑)
NDM, OXA-48	5,9 (↔)
OXA-48	32,7 (↔)
VIM	9,8 (↓)

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

Abbildung 50: Entwicklung des Anteils der Enzyme bei *Enterobacterales* in Prozent über 5 Jahre



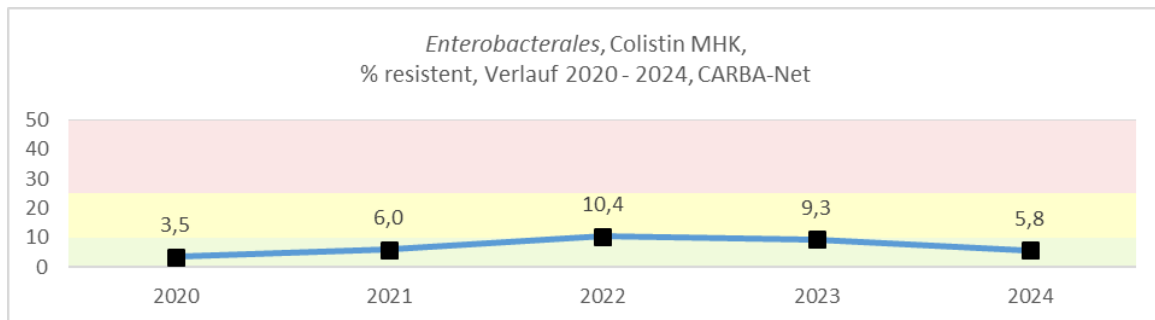
Bei der Reservesubstanz Colistin zeigte sich eine Resistenzrate von 5,8 %. Sie kann somit nach wie vor als zuverlässige Therapieoption bei Infektionen durch CPE eingesetzt werden.

Tabelle 74: Resistenzraten gegenüber Colistin bei *Enterobacterales* in 2024

<i>Enterobacterales</i>	Anzahl
Colistin resistent (ohne intrinsisch resistente Isolate)	5,8 (↔)

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

Abbildung 51: Entwicklung 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  $\beta$ -Laktame und neue  $\beta$ -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 *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella variicola* und *Proteus mirabilis* zur Sensitivitätssteigerung Ertapenem (MHK >0,125 mg/L oder Blättchenhemmhof <25 mm) 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 1.1.2024 und 31.12.2024 wurden 478 Isolate mit Verdacht auf Carbapenemase-Produktion (CPE) abgeklärt.

Abbildung 52 zeigt die Herkunftsbundesländer aller Isolate. Aus acht Bundesländern wurden Einsendungen an das NRZ weitergeleitet, wobei die Mehrzahl der Einsendungen aus Wien und Oberösterreich stammte. Die Spezies der eingesandten Isolate sind in Abbildung 53 angeführt, wobei *Klebsiella pneumoniae* (n=223) die am häufigsten zugewiesene Spezies war.

Abbildung 52: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2024

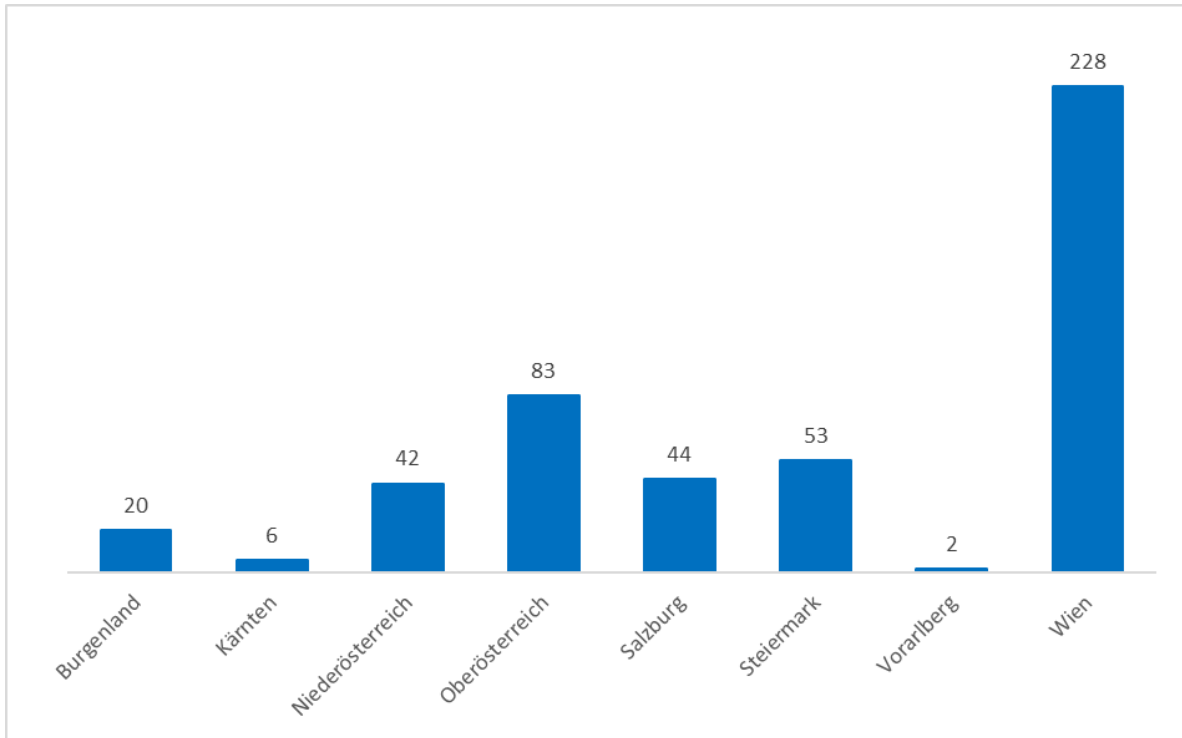
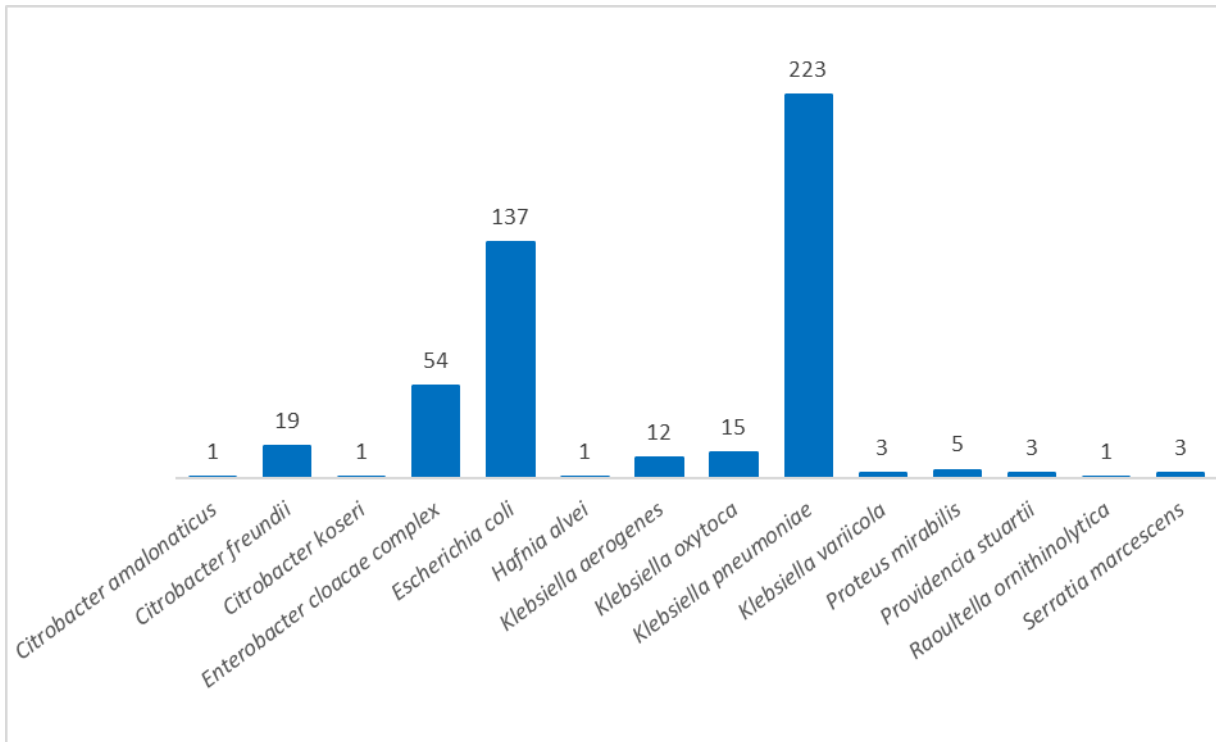


Abbildung 53: Anzahl der jeweiligen Spezies aller Einsendungen in 2024



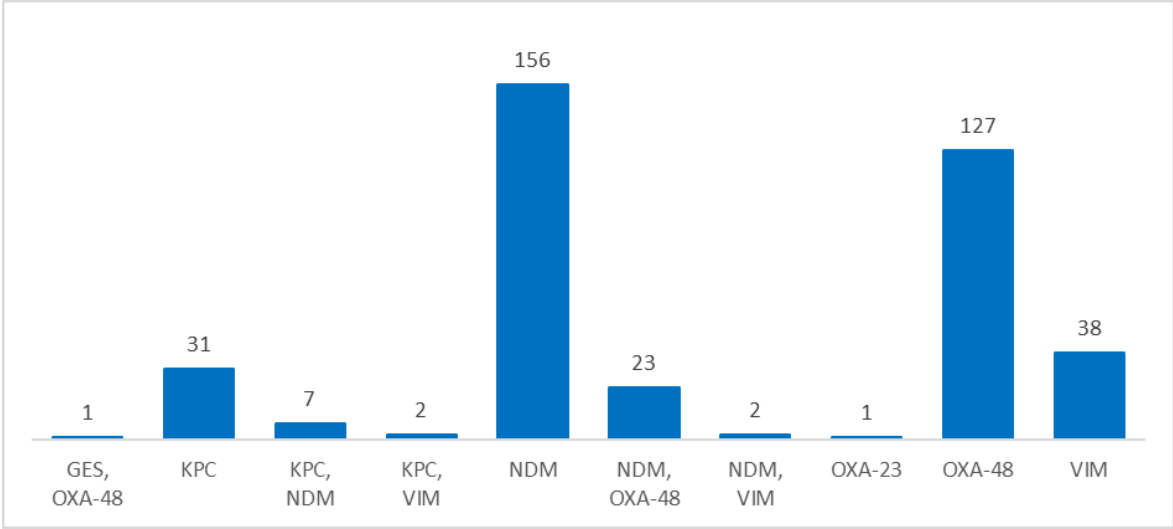
Bei 388 Isolaten (81,2 %) wurde ein Carbapenemase-Gen (*bla*CARBA) mittels PCR bestätigt. Folgende Carbapenemase-Gene waren im Detail nachweisbar (Tabelle 75, Abbildung 54).

Tabelle 75: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei *Enterobacterales* in 2024

<i>Enterobacterales</i>	n	%
<i>bla</i> GES-like, <i>bla</i> OXA-48-like	1	0,3
<i>bla</i> KPC-like	31	8,0
<i>bla</i> KPC-like, <i>bla</i> NDM-like	7	1,8
<i>bla</i> KPC-like, <i>bla</i> VIM-like	2	0,5
<i>bla</i> NDM-like	156	40,2
<i>bla</i> NDM-like, <i>bla</i> OXA-48-like	23	5,9
<i>bla</i> NDM-like, <i>bla</i> VIM-like	2	0,5
<i>bla</i> OXA-23-like	1	0,3
<i>bla</i> OXA-48-like	127	32,7
<i>bla</i> VIM-like	38	9,8

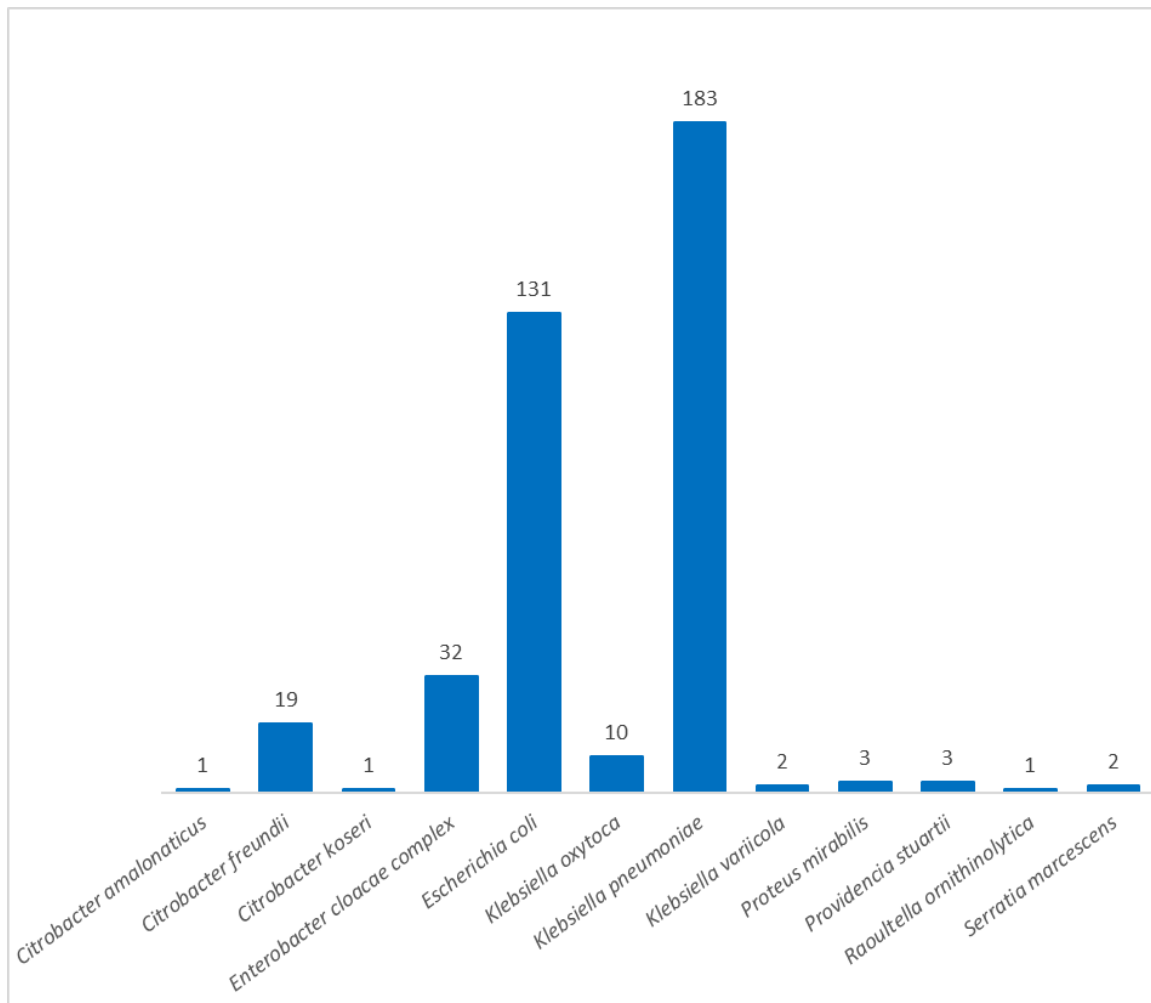
Bei den restlichen Isolaten konnten andere zu verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit führende Resistenzmechanismen, wie zum Beispiel eine ESBL- oder AmpC-Hyperproduktion in Verbindung mit Porinverlust, nachgewiesen werden.

Abbildung 54: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei *Enterobacterales* in 2024



Die Speziesverteilung der molekularbiologisch bestätigten CPE ist in Abbildung 55 dargestellt. Die häufigsten Carbapenemase-Nachweise ergaben sich bei *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli* und dem *Enterobacter cloacae*-Komplex.

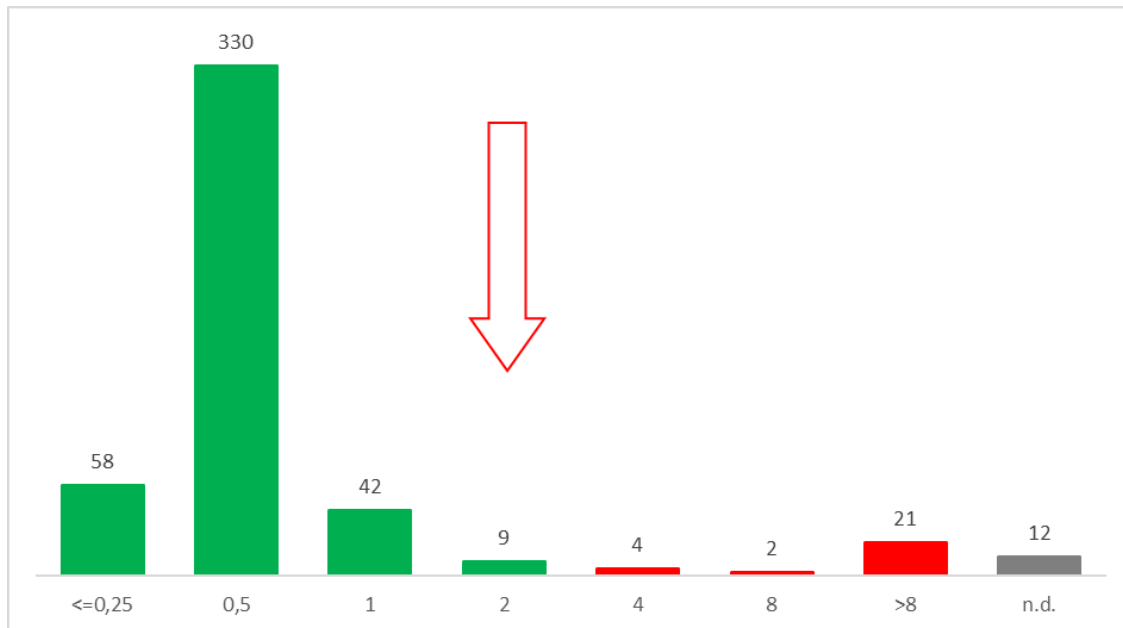
Abbildung 55: Anzahl der Spezies mit molekularbiologischem Carbapenemase-Nachweis in 2024



### **Colistin-resistente *Enterobacterales***

Im Jahr 2024 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 56 ersichtlich, wobei zu beachten ist, dass lediglich nicht intrinsisch Colistin-resistente Spezies der Empfindlichkeitstestung unterzogen wurden.

Abbildung 56: Colistin-MHK-Werte bezogen auf alle CRE-Einsendungen in 2024



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 2024: sensibel ≤ 2mg/L und resistent >2mg/L.

Bei 12 Isolaten handelte es sich um intrinsisch resistente Spezies, die daher keiner Empfindlichkeitstestung unterzogen wurden.

Bei 27 Isolaten (5,8 %) aus allen Einsendungen exklusive intrinsisch resistenter Spezies war die Colistin-MHK im resistenten Bereich. Davon wurde bei 24 Isolaten (*Klebsiella pneumoniae* n=21, *Enterobacter cloacae* Komplex n=2, *Escherichia coli* n=1) mindestens eine Carbapenemase nachgewiesen. Bei 7 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 zeigten in drei Fällen zu Colistin-Resistenz führende Punktmutationen, oft liegen 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 76. Darüber hinaus finden sich in Tabelle 77 mögliche Therapieoptionen für 21 Colistin-resistente CPE *K. pneumoniae*-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 27 Isolate wurde ein *mcr*-Nachweis erbracht.

Tabelle 76: WGS-Ergebnisse – Colistin-resistente *Enterobacterales* in 2024

Spezies	n	<i>blaCarba</i>	<i>mcr 1-9</i>	Punktmutation			kein Nachweis
				<i>pmrB_E123D</i>	<i>pmrB_R256G</i>	<i>pmrB_T157P</i>	
<i>Escherichia coli</i>	1	OXA-244	0	1	0	0	0
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1	negativ	0	0	0	0	1
	1	NDM-1, OXA-48	0	0	0	1	0
	1	NDM-1, OXA-48	0	0	0	0	1
	1	NDM-1, OXA-48	0	0	1	0	0
	1	KPC-157	0	0	0	0	1
	1	NDM-5, OXA-232	0	0	0	0	1

Tabelle 77: Therapieoptionen bei den 21 Colistin-resistenten CPE *K. pneumoniae*-Isolaten in 2024

Proben-ID	Cefiderocol	Imipenem- Relebactam	Meropenem- Vabor-bactam	Piperacillin- Tazobactam	Ceftolozan- Tazobactam	Cetazidim- Avibactam	Meropenem	Aztraonam- Avibactam
2489	R	R	S	R	R	R	R	n.d.
2555	R	S	S	R	R	R	R	n.d.
2568	R	R	R	R	R	S	R	n.d.
2571	R	R	R	R	R	R	R	n.d.
2615	R*	S	S	R	R	R	R	n.d.
2618	R	S	S	R	R	S	R	n.d.
2620	R	S	S	R	R	S	R	n.d.
2634	R	S	S	R	R	S	R	n.d.
2674	R	R	R	R	R	R	R	S
2677	S*	S	S	R	R	S	R	S
2684	S	S	S	R	R	S	R	S
2685	R	R	R	R	R	R	R	S
2712	R*	S	S	R	R	R	R	S
2733	R*	R	S	R	R	R	R	S
2752	S	R	R	R	S	S	R	S
2759	R	R	S	R	R	R	R	n.d.
2804	S	S	S	R	R	S	S	S
2896	R*	R	R	R	R	S	R	S
2900	R	R	S	R	R	R	R	S
2920	S	R	R	R	R	R	R	S
2935	R	S	S	R	R	R	R	S

\* im ATU-Bereich gemäß EUCAST 2024

## Auftreten von *blaOXA-244* bei eingesendeten *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 62 von insgesamt 81 Isolaten *blaOXA-244* bestätigt werden. Weiters wurden Enzyme vom Typ *blaOXA-48* (n=5), *blaOXA-181* (n=9), *blaOXA 484* (n=2) und *blaOXA-1207* (n=3) nachgewiesen. Die Isolate mit *blaOXA-244* wiesen folgende Sequenztypen (MLST Warwick) auf: MLST 38 (n=16), MLST 69 (n=15), MLST 13730 (n=10), MLST 10 (n=7), MLST 131 (n=4), MLST 167 (n=3) sowie weitere sieben MLSTs mit je einem Nachweis. Die Ergebnisse sind in Tabelle 78 zusammengefasst. Bei 14 Isolaten ließ sich der Risikosequenztyp 131 (bzw. dessen single locus Variante 13730) nachweisen. Solche Isolate sind Teil einer „high risk lineage“, die mit globaler Verbreitung und häufiger Multiresistenz in Verbindung gebracht wird [8]. Die Detailinformationen sind in Tabelle 79 und Tabelle 80 zusammengefasst.

Tabelle 78: WGS-Ergebnisse – *blaOXA-48*-like positive *E. coli* inkl. Auslandsanamnese in 2024

<i>blaCarba</i>	n	%	Auslandsanamnese		
			ja	nein	nicht erhebbar
<i>blaNDM-1, blaOXA-244</i>	1	1,2	1		
<i>blaNDM-5, blaOXA-1207</i>	1	1,2	1		
<i>blaNDM-5, blaOXA-244</i>	3	3,7	1	1	1
<i>blaOXA-1207</i>	2	2,5	1	1	
<i>blaOXA-181</i>	9	11,1	3	4	2
<i>blaOXA-244</i>	58	71,6	6	21	31
<i>blaOXA-48</i>	5	6,2	1	1	3
<i>blaOXA-484</i>	2	2,5			2

Abbildung 57: Verteilung der Länder bei Auslandskontakt – 14 *E. coli*-Isolate mit *bla*OXA 48-like in 2024

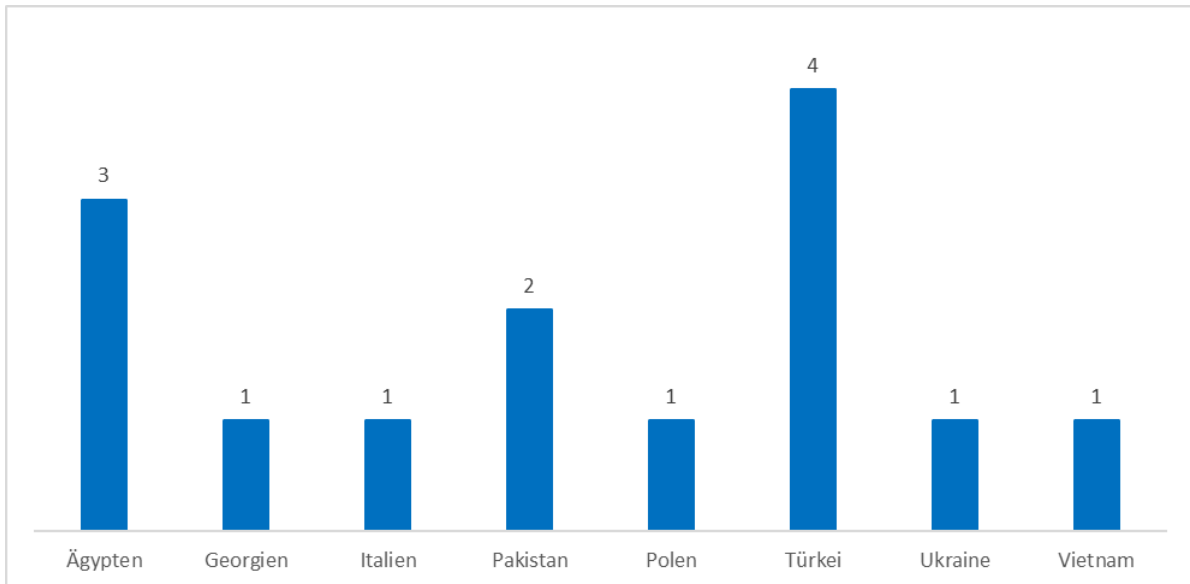


Tabelle 79: Metadaten der 4 *E. coli*-Isolate vom MLST 131 mit *bla*OXA 244-Nachweis in 2024

Lfd. Nr.	Zusätzliche $\beta$ -Laktamase	Meropenem		Bundesland	Station	Klinische Relevanz	Nosokomiale Infektion	Auslandsanamnese
		MHK	Hemmhof					
2457	<i>bla</i> CTX-M-15	$\leq 0,125$ mg/L 26 mm	Steiermark	ambulant	Infektion	nein	ja (Italien), ohne Kontakt zum Gesundheitssystem	
2576	<i>bla</i> CTX-M-15	$\leq 0,125$ mg/L 24 mm	Wien	nicht erhebbar	nicht erhebbar	nicht erhebbar	nicht erhebbar	
2932	<i>bla</i> CTX-M-27	$\leq 0,125$ mg/L 24 mm	Wien	ambulant	Infektion	nicht erhebbar	nicht erhebbar	
2959	<i>bla</i> CTX-M-27	$\leq 0,125$ mg/L 25 mm	Steiermark	stationär	Infektion	ja	nein	

Tabelle 80: Metadaten der 10 *E. coli*-Isolate vom MLST 13730 mit *bla*OXA 244-Nachweis in 2024

Lfd. Nr.	Zusätzliche $\beta$ -Laktamase	Meropenem	Bundesland	Station	Klinische Relevanz	Nosokomiale Infektion	Auslandsanamnese
		MHK Hemmhof					
2964	<i>bla</i> CTX-M-15	$\leq 0,125$ mg/L 25 mm	Burgenland	stationär	Infektion	ja	nicht erhebbar
2888	<i>bla</i> CTX-M-15	2 mg/L 18 mm	Wien	stationär	nicht erhebbar	ja	ja (Türkei), mit Kontakt zum Gesundheitssystem
2843	-	$\leq 0,125$ mg/L 25 mm	Oberösterreich	stationär	Infektion	nein	nein
2810	<i>bla</i> CTX-M-15	1 mg/L 22 mm	Burgenland	ICU	Infektion	ja	nein
2775	<i>bla</i> CTX-M-15	2 mg/L 21 mm	Wien	stationär	Kolonisation	nein	ja (Türkei), mit Kontakt zum Gesundheitssystem
2750	<i>bla</i> CTX-M-15	0,5 mg/L 25 mm	Wien	ambulant	Infektion	nein	nicht erhebbar
2725	-	0,25 mg/L 22mm	Wien	ambulant	Infektion	nein	nicht erhebbar
2720	-	1 mg/L 27 mm	Wien	ambulant	Infektion	nein	nicht erhebbar
2651	<i>bla</i> CTX-M-15	1 mg/L 25 mm	Wien	ambulant	nicht erhebbar	nein	nicht erhebbar
2643	-	0,25 mg/L 25 mm	Wien	ambulant	Infektion	nein	nicht erhebbar

### **Enterobacterales mit Mehrfachnachweis von Carbapenemase-Genen**

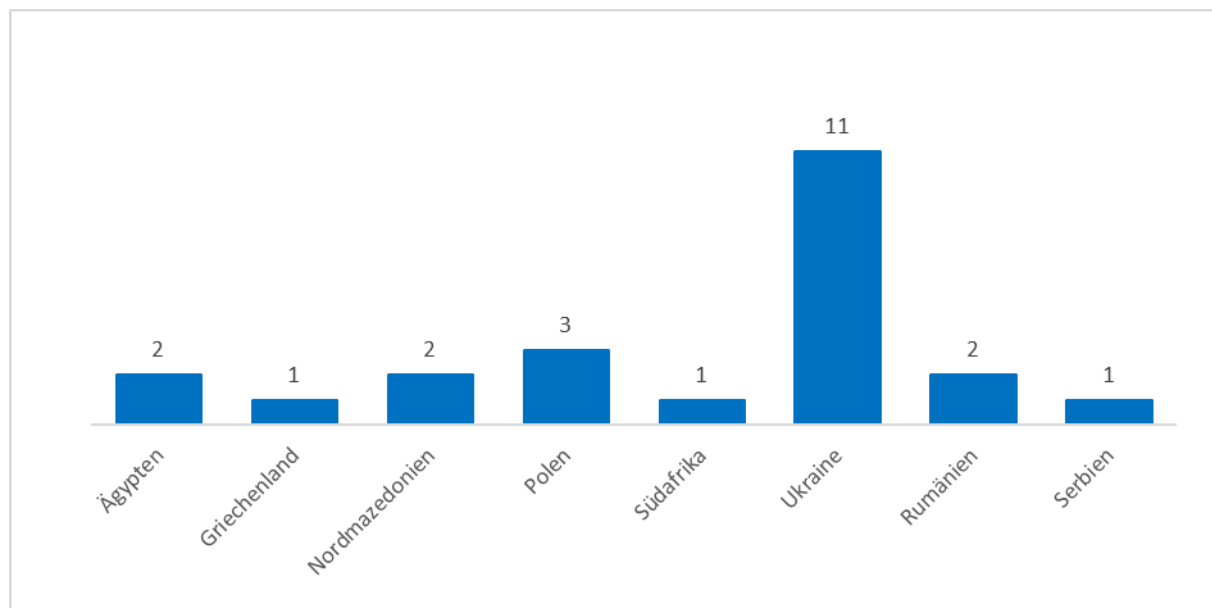
Bei 35 (9,0 %) von 388 *blaCarba* positiven *Enterobacterales*-Isolaten zeigte sich ein Mehrfachnachweis von Carbapenemase-Genen. Im 5-Jahres-Trend ist ein deutlicher Anstieg dieser Erregergruppe feststellbar, der sich seit den letzten beiden Jahren wieder deutlich abgeschwächt hat. Am häufigsten erfolgte der Nachweis von zwei *blaCarba*-Genen bei *Klebsiella pneumoniae* (n = 22, 62,9 %). Die Ergebnisse sind in Tabelle 81: zusammengefasst und beruhen auf einer Untersuchung 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 58 dargestellt, wobei am öftesten ein Konnex zur Ukraine berichtet wurde.

Tabelle 81: Speziesverteilung und Auslandsanamnese bei Mehrfachnachweis von *blaCarba* in 35 *Enterobacterales*-Isolaten in 2024

Spezies/ <i>blaCarba</i>	n	%	Auslandsanamnese		
			ja	nein	nicht erhebbar
<b><i>Citrobacter freundii</i></b>	<b>2</b>	<b>5,2</b>			<b>2</b>
<i>blaGES-5, blaOXA-48</i>	1				1
<i>blaNDM-5, blaVIM-1</i>	1				1
<b><i>Enterobacter hormaechei</i></b>	<b>1</b>	<b>2,9</b>		<b>1</b>	
<i>blaNDM-1, blaOXA-181</i>	1			1	
<b><i>Escherichia coli</i></b>	<b>9</b>	<b>25,7</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>1</b>
<i>blaKPC-2, blaNDM-1</i>	1		1		
<i>blaKPC-3, blaNDM-5</i>	3		3		
<i>blaNDM-1, blaOXA-244</i>	1		1		
<i>blaNDM-5, blaOXA-1207</i>	1		1		
<i>blaNDM-5, blaOXA-244</i>	3		1	1	1
<b><i>Klebsiella pasteurii</i></b>	<b>1</b>	<b>2,9</b>		<b>1</b>	
<i>blaKPC-3, blaVIM-1</i>	1			1	
<b><i>Klebsiella pneumoniae</i></b>	<b>22</b>	<b>62,9</b>	<b>16</b>	<b>2</b>	<b>4</b>
<i>blaKPC-2, blaNDM-1</i>	1		1		

Spezies/ <i>blaCarba</i>	n	%	Auslandsanamnese		
			ja	nein	nicht erhebbar
<i>blaKPC-2, blaVIM-1</i>	1		1		
<i>blaKPC-3, blaNDM-1</i>	2		1	1	
<i>blaNDM-1, blaOXA-48</i>	12		9	1	2
<i>blaNDM-5, blaOXA-181</i>	1		1		
<i>blaNDM-5, blaOXA-232</i>	1				1
<i>blaNDM-5, blaOXA-48</i>	3		3		
<i>blaNDM-5, blaVIM-1</i>	1				1

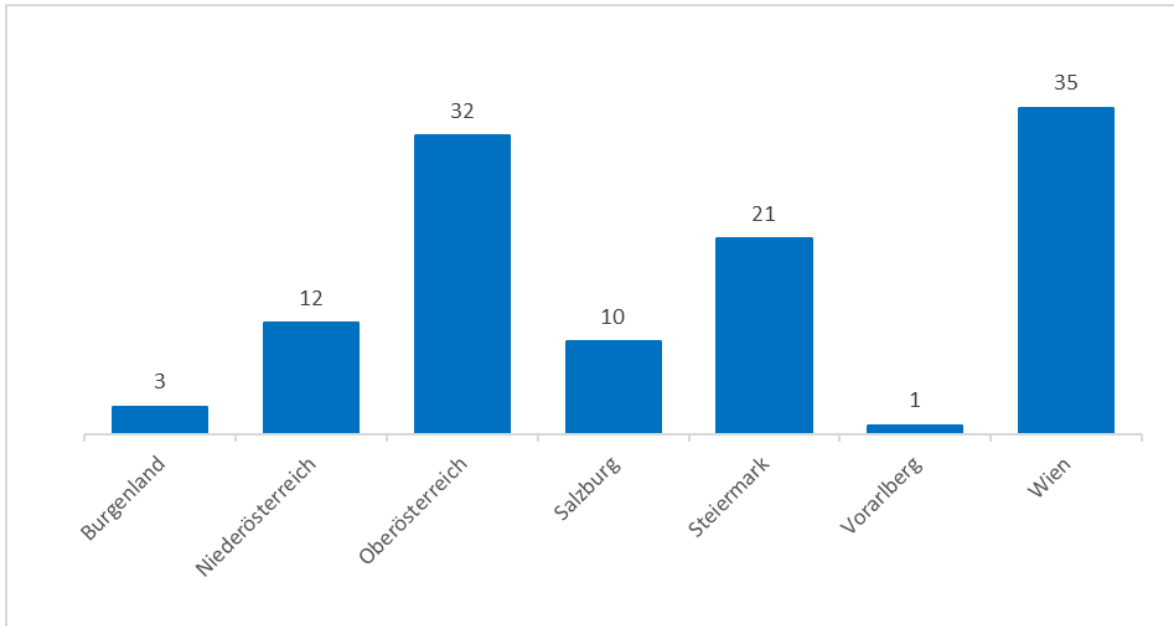
Abbildung 58: Verteilung der Länder bei Kontakt zum Gesundheitssystem – 23 *Enterobacterales*-Isolate mit *blaCarba*-Mehrfachnachweis in 2024



### ***Pseudomonas aeruginosa***

Im Zeitraum von 1.1.2024 bis 31.12.2024 wurden insgesamt 114 Isolate mit Verdacht auf Carbapenemase-Produktion zugewiesen. Diese entsprachen weitestgehend den vom NRZ empfohlenen Screening-Kriterien und stammten aus sieben Bundesländern.

Abbildung 59: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2024

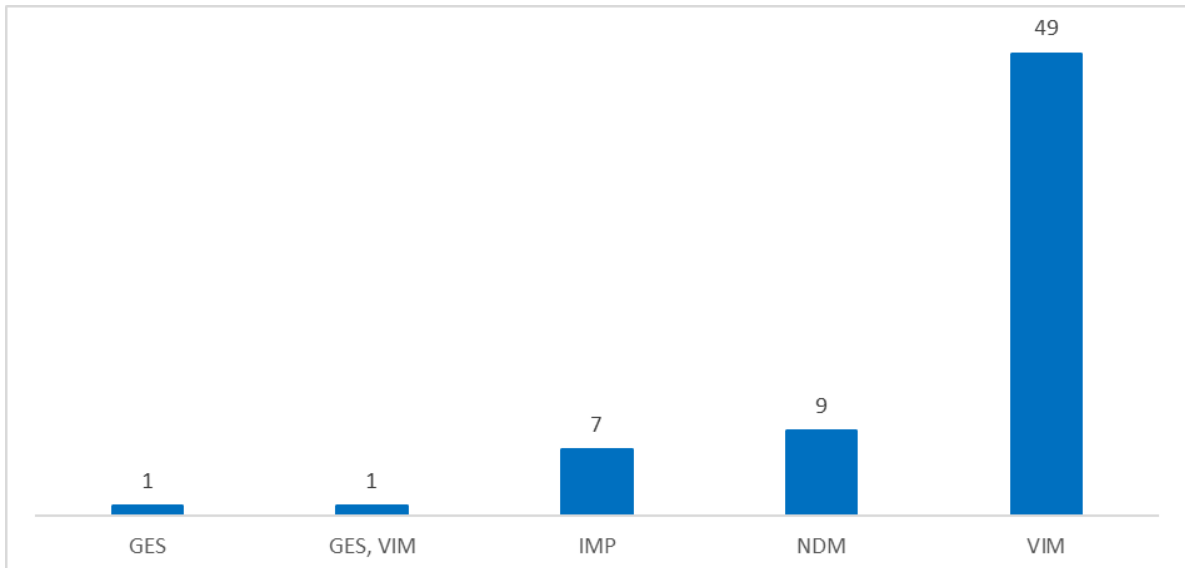


In 67 Fällen (58,8 %) wurde mittels PCR mindestens ein Carbapenemase-Gen bestätigt, wobei folgende Gene, mit einer Ausnahme Metallo- $\beta$ -Laktamasen kodierend, im Detail nachweisbar waren, siehe Tabelle 82.

Tabelle 82: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei *Pseudomonas aeruginosa* in 2024

	n	%
<b><i>bla</i>GES-like</b>	1	1,5
<b><i>bla</i>GES-like und <i>bla</i>VIM-like</b>	1	1,5
<b><i>bla</i>IMP-like</b>	7	10,5
<b><i>bla</i>NDM-like</b>	9	13,4
<b><i>bla</i>VIM-like</b>	49	73,1

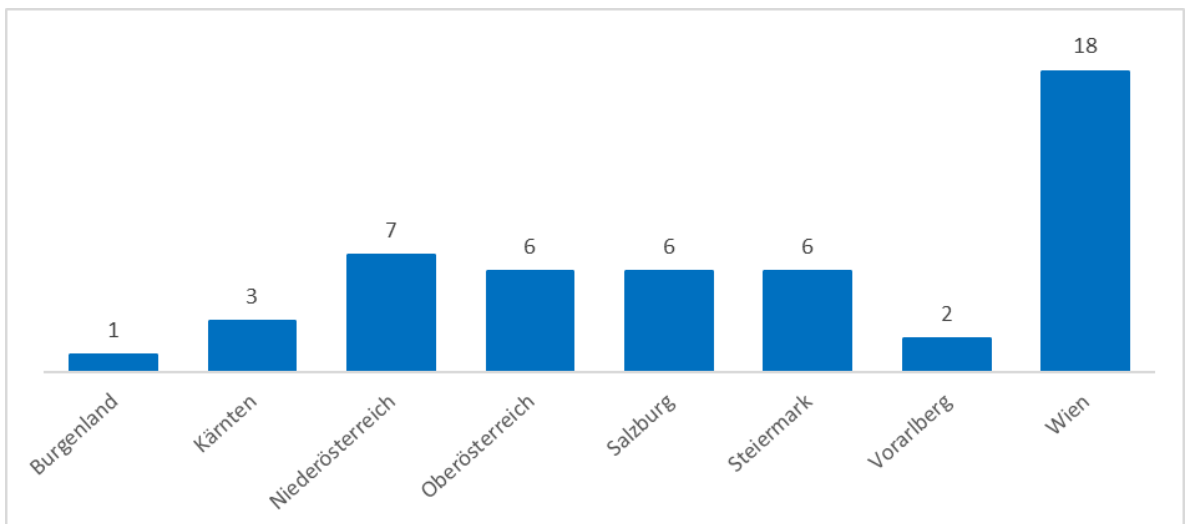
Abbildung 60: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei *Pseudomonas aeruginosa* in 2024



### ***Acinetobacter baumannii*-Gruppe**

Zwischen 1.1.2024 und 31.12.2024 wurden 49 Isolate zur Bestätigung einer Carbapenemase-Produktion zugewiesen. Die Isolate stammten, wie in Abbildung 61 ersichtlich, aus acht Bundesländern.

Abbildung 61: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2024



Bei allen Isolaten war zumindest ein Carbapenemase-Gen nachweisbar. Die nachgewiesenen Enzymkombinationen finden sich im Detail in Tabelle 83.

Tabelle 83: Nachgewiesene Carbapenemase-Gen-Kombinationen bei der *Acinetobacter baumannii*-Gruppe in 2024

<b><i>Acinetobacter baumannii</i>-Gruppe</b>	<b>n</b>	<b>%</b>
<i>bla</i> NDM-like	1	2,0
<i>bla</i> NDM-like, <i>bla</i> OXA-23-like	1	2,0
<i>bla</i> OXA-23-like	31	63,3
<i>bla</i> OXA-24-like	14	28,6
<i>bla</i> OXA-51-like	2	4,1

## Diskussion

2024 wurden insgesamt 641 Isolate zur weiterführenden Carbapenemaseabklärung an das NRZ weitergeleitet. Diese Zahl liegt um 18,5 % (n=100) über jener des Vorjahres. Bei allen 3 Erregergruppen wurde das vorpandemische Niveau übertroffen.

Bezogen auf die Vorjahre konnte bei den 478 abgeklärten Enterobakterien-Isolaten die Trefferquote an echten Carbapenemase-Produzenten mit 81,2 % 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 Empfindlichkeitstestung solcher Isolate. Wie bereits im Vorjahr gezeigt, war die Metallo- $\beta$  Laktamase NDM das am häufigsten nachgewiesene Enzym. Erneut wurde eine OXA-23 Carbapenemase bei einem *Proteus mirabilis*-Isolat bestätigt.

Im Jahr 2024 war der Prozentsatz an CPE-Isolaten mit Nachweis von mehr als einem Carbapenemase-Fen leicht rückläufig, wobei die Kombination aus den Carbapenemasen NDM-1 und OXA-48 am häufigsten bestätigt wurde. Diese Entwicklung steht in Einklang mit rezenten Beobachtungen in Deutschland [9] 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 2024 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 [10, 11].

In Bezug auf die Colistin-Empfindlichkeit der zugewiesenen Isolate konnte eine Resistenzrate von 5,8 % erhoben werden. Hervorzuheben ist dabei die Plasmid-vermittelte Resistenz gegenüber Colistin durch das *mcr*-Gen, die 2024 nicht nachgewiesen werden konnte.

Neben den Enterobakterien waren 114 Stämme an *Pseudomonas aeruginosa* zu verzeichnen. In dieser Gruppe konnte bei einem deutlich geringeren Prozentsatz (58,8 %) 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- $\beta$  Laktamasen nachgewiesen, wobei analog zu den Vorjahren nach wie vor VIM dominiert.

Bei den 49 Isolaten der *Acinetobacter baumannii*-Gruppe waren bei allen Isolaten Carbapenemase-Gene 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] Kohlenberg, et al. Emergence of *Escherichia coli* ST131 carrying carbapenemase genes, European Union/European Economic Area, August 2012 to May 2024. *Euro Surveill.* 2024;29(47):pii=2400727
- [9] Sandfort M, Hans Jörg B, Fischer A, Reichert F, Cremanns M, Eisfeld J, Pfeifer Y, Heck A, Eckmanns T, Werner G, Gatermann 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

[10] 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.

[11] 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.

# Resistenzbericht *Streptococcus pneumoniae*

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Pneumokokken

## **Ansprechperson/Autorin**

Mag.<sup>a</sup> 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](mailto:claudia.mikula-pratschke@ages.at)

## **Reviewer**

Dr. Christian Kornschober

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

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>184</b>
<b>Abstract .....</b>	<b>184</b>
<b>Einleitung .....</b>	<b>184</b>
<b>Methodik .....</b>	<b>185</b>
<b>Ergebnisse .....</b>	<b>186</b>
Resistenzverhalten der invasiven Pneumokokken-Isolate 2024.....	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 ...	190
Interpretation der MHKs von Makroliden (Erythromycin) .....	193
Demographische Daten zur Makrolid-Empfindlichkeit .....	194
Serotypenverteilung der Erythromycin-resistenten Pneumokokken-Isolate .....	195
Mehrfachresistenzen der Erythromycin-resistenten invasiven Pneumokokken-Isolate...	198
<b>Diskussion.....</b>	<b>199</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>199</b>

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 erhielt die Nationale Referenzzentrale für Pneumokokken 803 re-kultivierbare invasive Pneumokokken-Isolate. Von den getesteten Isolaten waren 10,5 % (84/803) resistent (MHK >0,25 mg/L) gegenüber Erythromycin, 7,1 % (57/803) resistent gegenüber Clindamycin (MHK >0,5 mg/L) und 9,2 % (74/803) resistent (MHK >1 mg/L) gegenüber Tetrazyklin. Gemäß den Vorgaben von EUCAST ist für Penicillin und Ceftriaxon die Interpretation der MHK je nach vorliegender klinischer Manifestation der Pneumokokken-Infektion unterschiedlich. Bei einem MHK-Breakpoint von  $\leq 0,06$  mg/L waren 90,7 % (728/803) der Isolate gegenüber Penicillin und 99,6 % (800/803) gegenüber Ceftriaxon (MHK  $\leq 0,5$  mg/L) uneingeschränkt empfindlich.

## Abstract

The National Reference Centre for Pneumococci received 803 culturable isolates in 2024. Susceptibility testing according to the criteria of the European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) revealed in vitro resistance to erythromycin in 10.5% of isolates tested, to clindamycin in 7.1%, and to tetracycline in 9.2%. Regarding susceptibility testing against ceftriaxone and penicillin, EUCAST distinguishes between isolates from pneumococcal meningitis and isolates from 'non-meningitis' infections; a total of 99.6% of the isolates were fully susceptible to ceftriaxone using a breakpoint of  $\leq 0.5$  mg/L and 90.7% to penicillin using a breakpoint of  $\leq 0.06$  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.

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 2024 wurden 812 IPE durch das nationale Surveillance-System registriert. Daraus resultiert eine Inzidenz von 8,9 Fällen pro 100.000 EW. Bei 802 Fällen (98,8 %) konnte der Serotyp bestimmt werden. Es wurden 43 verschiedene Serotypen identifiziert [1]. Bei 803 Isolaten (93,2 %) wurde eine Resistenztestung für Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin durchgeführt.

## Methodik

Die Serotypisierung erfolgte mittels Latex-Agglutinations-Test 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 84).

Tabelle 84: EUCAST v. 14.0 – 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 2024

Im Jahr 2024 wurden bei 803 Isolaten von invasiven Pneumokokken-Erkrankungen Resistenztestungen für Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin durchgeführt.

Von den getesteten Isolaten waren 10,5 % (84/803) resistent (MHK >0,25 mg/L) gegenüber Erythromycin, 7,1 % (57/803) resistent gegenüber Clindamycin (MHK >0,5 mg/L) und 9,2 % (74/803) resistent (MHK >1 mg/L) gegenüber Tetrazyklin Tabelle 85 und Tabelle 86

Die Verteilung der Isolate entsprechend den MHKs ist in den Abbildung 62 bis Abbildung 65 dargestellt.

Tabelle 85: 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	1	387	0	388
2017	42	447	8,6	49	1	439	10	0	3	486	0	489
2018	42	495	7,8	59	4	474	11	0	1	536	0	537
2019	38	501	7,1	52	0	487	9,7	0	0	539	0	539
2020	29	283	9,3	37	0	275	11,9	0	1	311	0	312
2021	29	318	8,4	38	1	308	11	*	*	345	*	347
2022	42	460	8,4	50	0	452	10	*	*	498	*	502

R resistent, I intermediär, S sensibel

Tabelle 86: Anteil der *S. pneumoniae*-Isolate mit Resistenz gegenüber Clindamycin und Tetrazyklin nach EUCAST, 2023-2024.

Jahr	Clindamycin			Tetrazyklin*			Gesamt
	R > 0,5 mg/L	S ≤ 0,5 mg/L	%R	R > 1 mg/L	S ≤ 1 mg/L	%R	
2023	71	637	10	73	635	10,3	708
2024	57	746	7,1	74	729	9,2	803

R resistent, S sensibel

Abbildung 62: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Clindamycin-MHKs, 2024 (resistente Isolate mit einer MHK > 0,5 mg/L sind rot markiert)

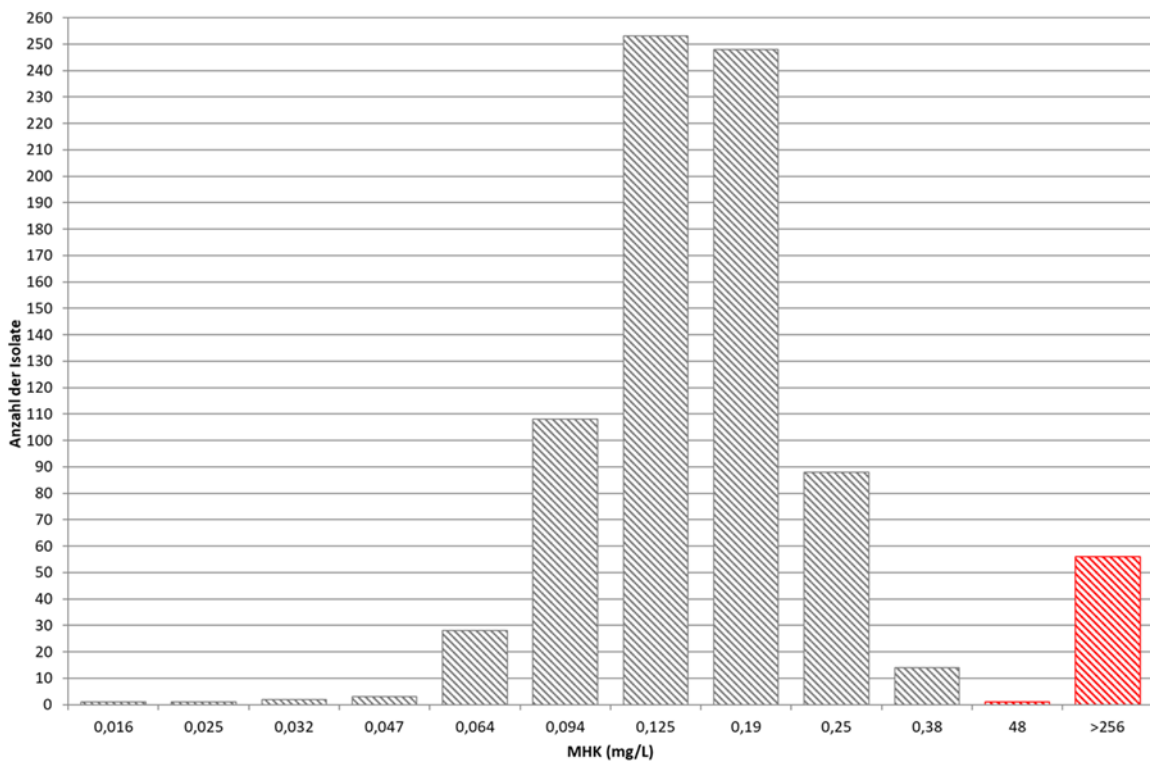
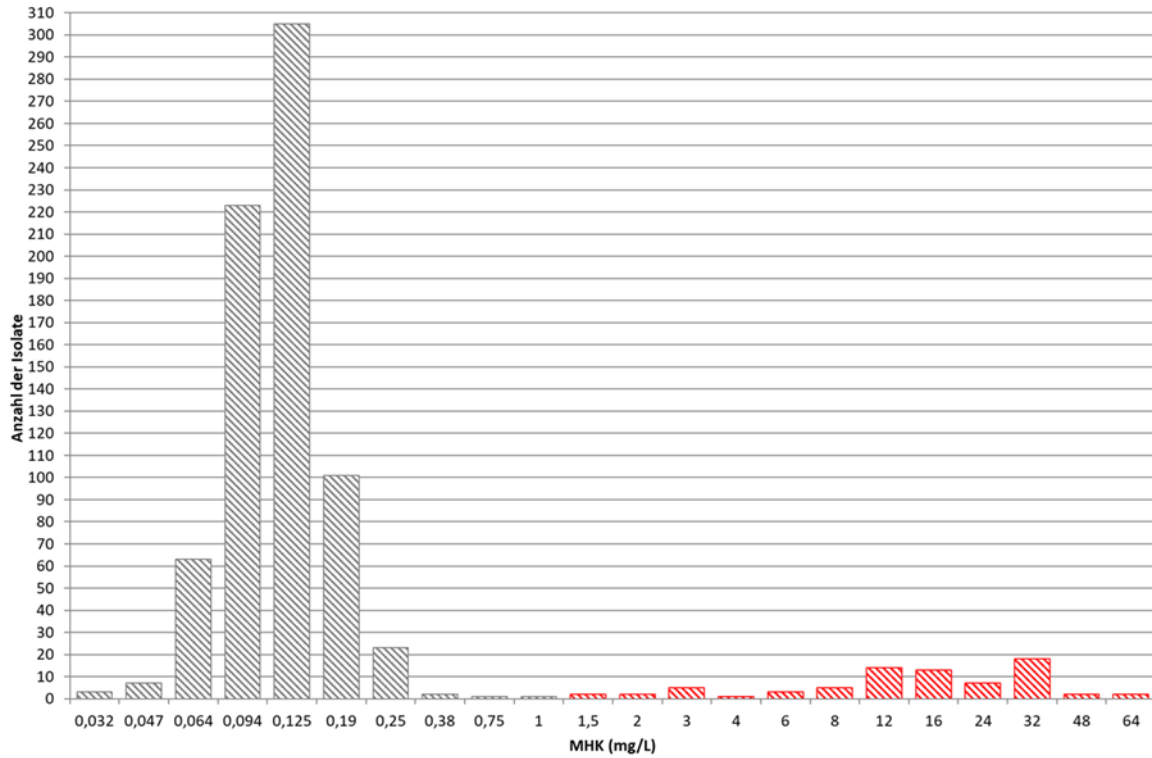


Abbildung 63: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Tetrazyklin-MHKs, 2024  
(resistente Isolate mit einer MHK > 1 mg/L sind rot markiert)



### 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 99,6 % (800/803) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Ceftriaxon (Abbildung 64) Bei einem MHK-Breakpoint von  $\leq 0,06$  mg/L waren 90,7 % (728/803) der Isolate uneingeschränkt empfindlich gegenüber Penicillin (Abbildung 65).

Abbildung 64: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Ceftriaxon-MHKs, 2024  
(uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK  $\leq 0,5$  mg/L sind grün markiert)

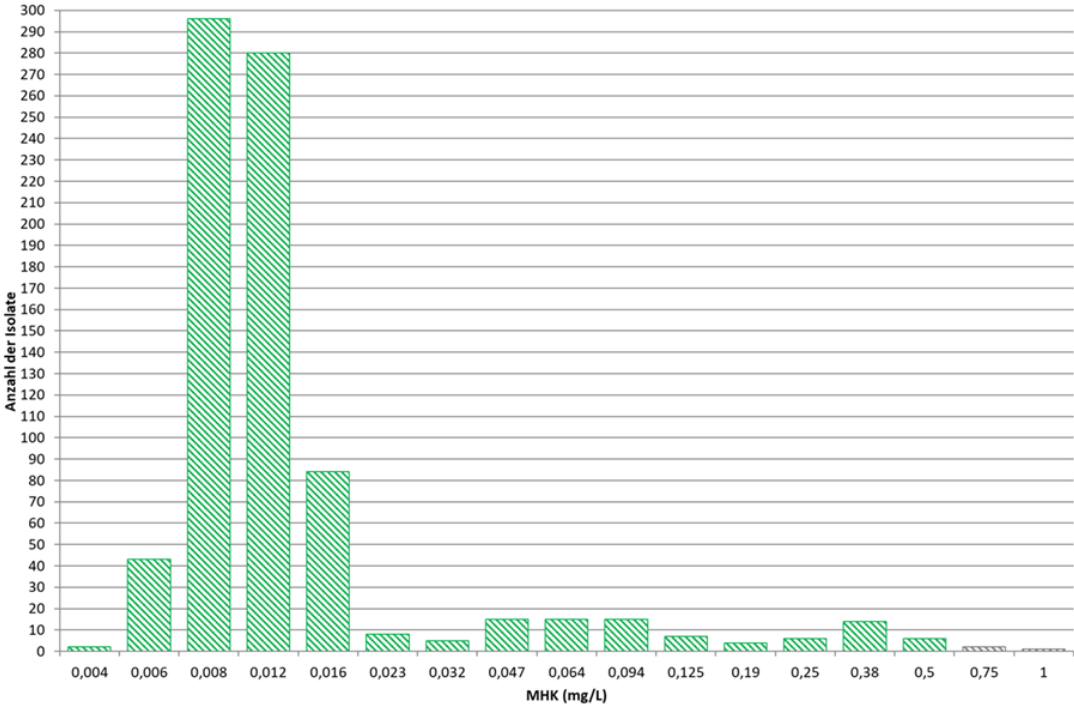
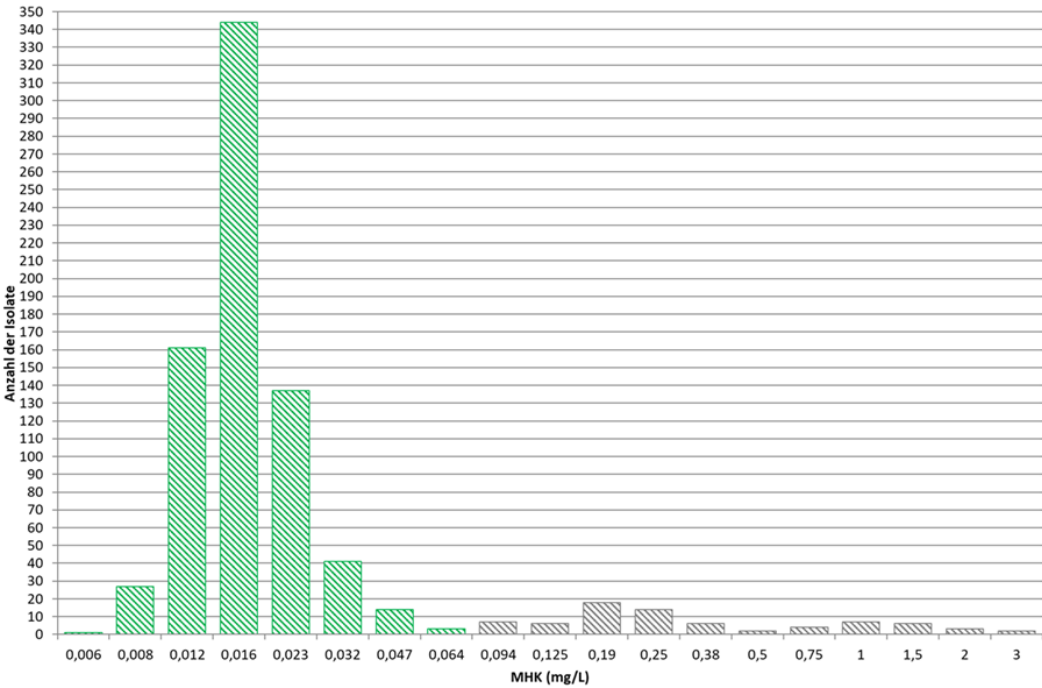


Abbildung 65: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Penicillin-MHKs, 2024  
(uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK  $\leq 0,06$  mg/L sind grün markiert)



## Demographische Daten zu den vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolaten

In der Altersgruppe der <1-Jährigen waren 14,3 % (1/7), bei den 1-Jährigen 25 % (2/8), in der Altersgruppe 2–4 Jahre waren 7,7 % (1/13), in der Altersgruppe 5–9 Jahre 30 % (3/10), in der Altersgruppe 15–44 17,4 % (12/69), in der Altersgruppe 45–64 12 % (22/184), in der Altersgruppe 65–74 8,1 % (12/149), in der Altersgruppe 75–79 5,4 % (6/111) und bei den über 80-Jährigen 6,5 % (16/245) vermindert empfindlich gegenüber Penicillin (MHK > 0,06 mg/L). Die Verteilung nach Geschlecht ist in Tabelle 87 aufgelistet.

Tabelle 87: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate entsprechend Penicillin-MHKs nach Geschlecht, 2024

Geschlecht	Vermindert empfindlich MHK > 0,06 mg/L		Empfindlich MHK ≤ 0,06 mg/L	
	Anzahl	%	Anzahl	%
Männlich	41	8,9	418	91,1
Weiblich	34	9,9	310	90,1

## Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate

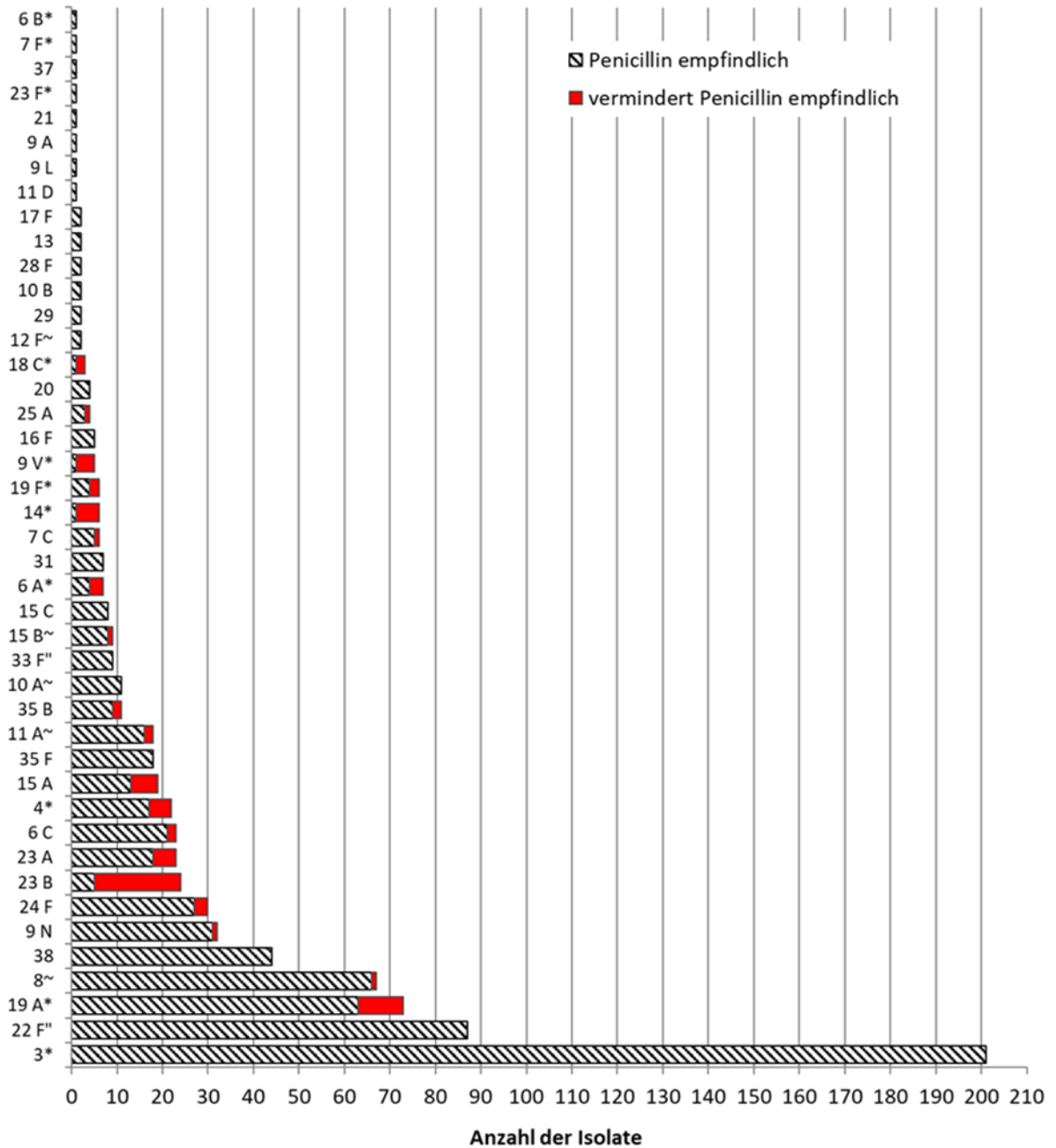
Die Verteilung der Serotypen entsprechend der Empfindlichkeit gegenüber Penicillin ist in Tabelle 87 und in Abbildung 66 dargestellt. Von den 803 Isolaten konnte bei 802 ein Serotyp bestimmt werden.

83,3 % (5/6) der Serotyp 14-, 80 % (4/5) der Serotyp 9 V-, 79,2 % (19/24) der Serotyp 23 B- und 66,7 % (2/3) der 18 C-Isolate zeigten eine MHK von > 0,06 mg/L. Die Verteilung der restlichen vermindert Penicillin-empfindlichen Isolate ist in Tabelle 88 aufgelistet.

Tabelle 88: Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate (N = 802), 2024

Serotyp	Vermindert empfindlich MHK > 0,06 mg/L		Gesamt
	Anzahl	%	
19 A	10	13,7	73
8	1	1,5	67
9 N	1	3,1	32
24 F	3	10	30
23 B	19	79,2	24
23 A	5	21,7	23
6 C	2	8,7	23
4	5	22,7	22
15 A	6	31,6	19
11 A	2	11,1	18
35 B	2	18,2	11
15 B	1	11,1	9
6 A	3	42,9	7
7 C	1	16,7	6
14	5	83,3	6
19 F	2	33,3	6
9 V	4	80	5
25 A	1	25	4
18 C	2	66,7	3
<b>Gesamt</b>	<b>75</b>	<b>9,4</b>	<b>802</b>

Abbildung 66: Häufigkeit der Serotypen der invasiven Pneumokokken-Isolate 2024 (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 803 getesteten Isolaten waren 10,5 % (84/803) resistent (MHK > 0,25 mg/L) gegenüber Erythromycin Tabelle 89 und Tabelle 90). Die Verteilung der Isolate entsprechend ihren MHKs ist in Abbildung 67 dargestellt.

Tabelle 89: Anteil der *Streptococcus pneumoniae*-Isolate mit Resistenz gegenüber Erythromycin nach EUCAST für die Jahre 2015–2022

Jahr	Erythromycin			%R	Gesamt
	R > 0,5 mg/L	I	S ≤ 0,25 mg/L		
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

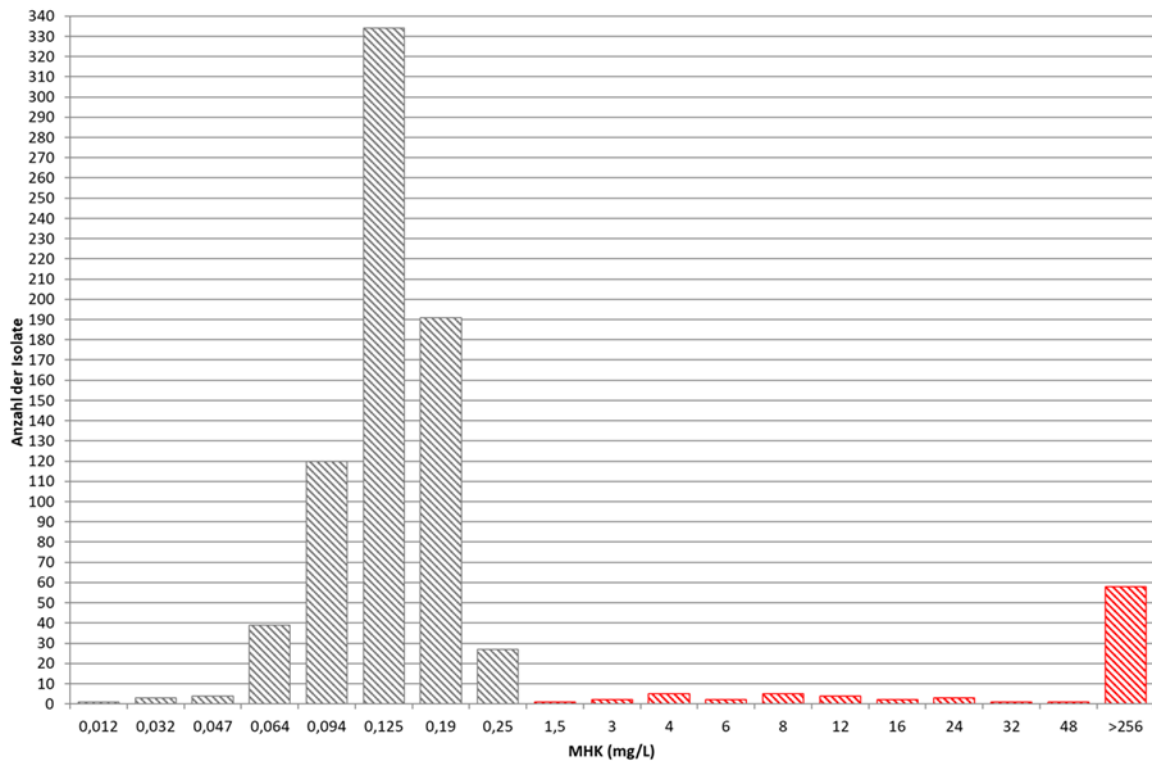
R resistent, I intermediär, S sensibel

Tabelle 90: Anteil der *Streptococcus pneumoniae*-Isolate mit Resistenz gegenüber Erythromycin nach EUCAST für die Jahre 2023–2024

Jahr	Erythromycin		%R	Gesamt
	R > 0,25 mg/L	S ≤ 0,25 mg/L		
2023	87	621	12,3	708
2024	84	719	10,5	803

R resistent, S sensibel

Abbildung 67: Verteilung der *S. pneumoniae*-Isolate gemäß Erythromycin-MHKs, 2024  
(resistente Isolate mit einer MHK > 0,25 mg/L sind rot markiert)



### Demographische Daten zur Makrolid-Empfindlichkeit

Der höchste Anteil an Erythromycin-resistenten Pneumokokken-Isolaten wurde bei den 1-Jährigen festgestellt. 2 der insgesamt 8 getesteten invasiven Pneumokokken (25 %) in diesen Altersgruppen zeigten eine MHK > 0,25 mg/L. Bei den 2–4-Jährigen wurden 3/13 (23,1 %), in der Altersgruppe 5–9 2/10 (20 %), in der Altersgruppe 15–44 13/69 (18,8 %), in der Altersgruppe <1-Jährigen 1/7 (14,3 %), in der Altersgruppe 80+ 25/245 (10,2 %), in der Altersgruppe 45–64 18/184 (9,8 %), in der Altersgruppe 65–74 12/149 (8,1 %) und in der Altersgruppe 75–79 8/111 (7,2 %) der Isolate resistent getestet. Die Verteilung entsprechend den Altersgruppen ist in Tabelle 91 aufgelistet.

Tabelle 91: Verteilung der Isolate entsprechend Erythromycin-Empfindlichkeit nach Altersgruppen, 2024

Altersgruppe	S ≤ 0,25 mg/L		R > 0,25 mg/L	
	Anzahl	%	Anzahl	%
<1	6	85,7	1	14,3
1	6	75	2	25
2-4	10	76,9	3	23,1
5-9	8	80	2	20
10-14	7	100	0	0
15-44	56	81,2	13	18,8
45-64	166	90,2	18	9,8
65-74	137	91,9	12	8,1
75-79	103	92,8	8	7,2
80+	220	89,8	25	10,2
<b>Gesamt</b>	<b>719</b>	<b>89,5</b>	<b>84</b>	<b>10,5</b>

R resistent, I intermediär, S sensibel

### Serotypenverteilung der Erythromycin-resistenten Pneumokokken-Isolate

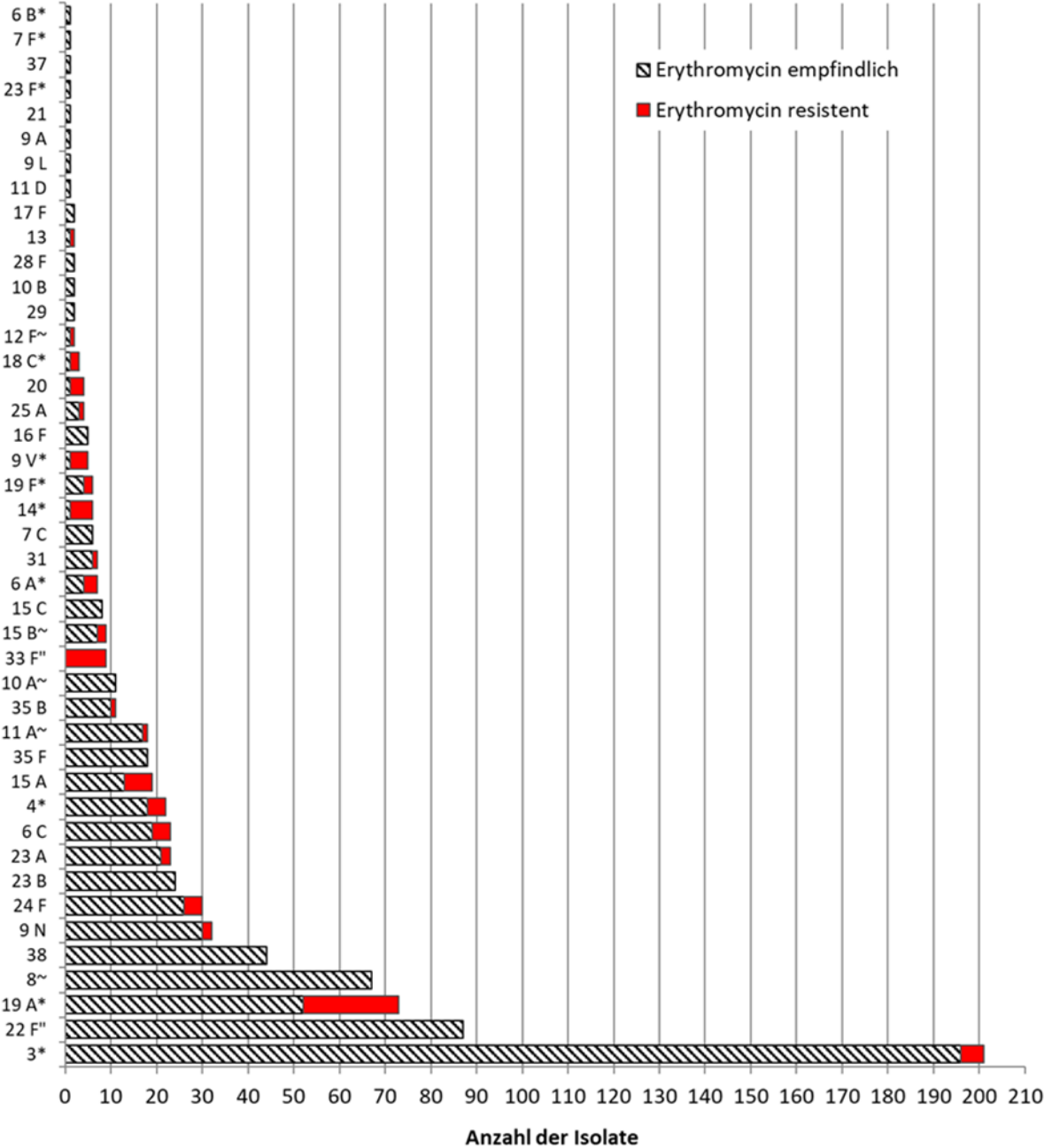
Die Verteilung der Serotypen und der Anteil Erythromycin-resistenter Isolate ist in Abbildung 68 dargestellt. Von den 803 Isolaten konnte bei 802 ein Serotyp bestimmt werden.

100 % (9/9) der Serotyp 33 F-, 83,3 % (5/6) der Serotyp 14-, 80 % (4/5) der 9 V- und 66,7 % (2/3) der 18 C-Isolate zeigten eine MHK von > 0,25 mg/L. Die Verteilung der restlichen Erythromycin-resistenten Isolate ist in Tabelle 92 aufgelistet.

Tabelle 92: Serotypenverteilung und Anteil Erythromycin-resistenter Isolate, 2024

Serotyp	Resistent MHK >0,25 mg/L		Gesamt
	Anzahl	%	
3	5	2,5	201
19 A	21	28,8	73
9 N	2	6,3	32
24 F	4	13,3	30
23 A	2	8,7	23
6 C	4	17,4	23
4	4	18,2	22
15 A	6	31,6	19
11 A	1	5,6	18
35 B	1	9,1	11
33 F	9	100	9
15 B	2	22,2	9
6 A	3	42,9	7
31	1	14,3	7
14	5	83,3	6
19 F	2	33,3	6
9 V	4	80	5
25 A	1	25	4
20	3	75	4
18 C	2	66,7	3
12 F	1	50	2
13	1	50	2
<b>Gesamt</b>	<b>84</b>	<b>10,5</b>	<b>802</b>

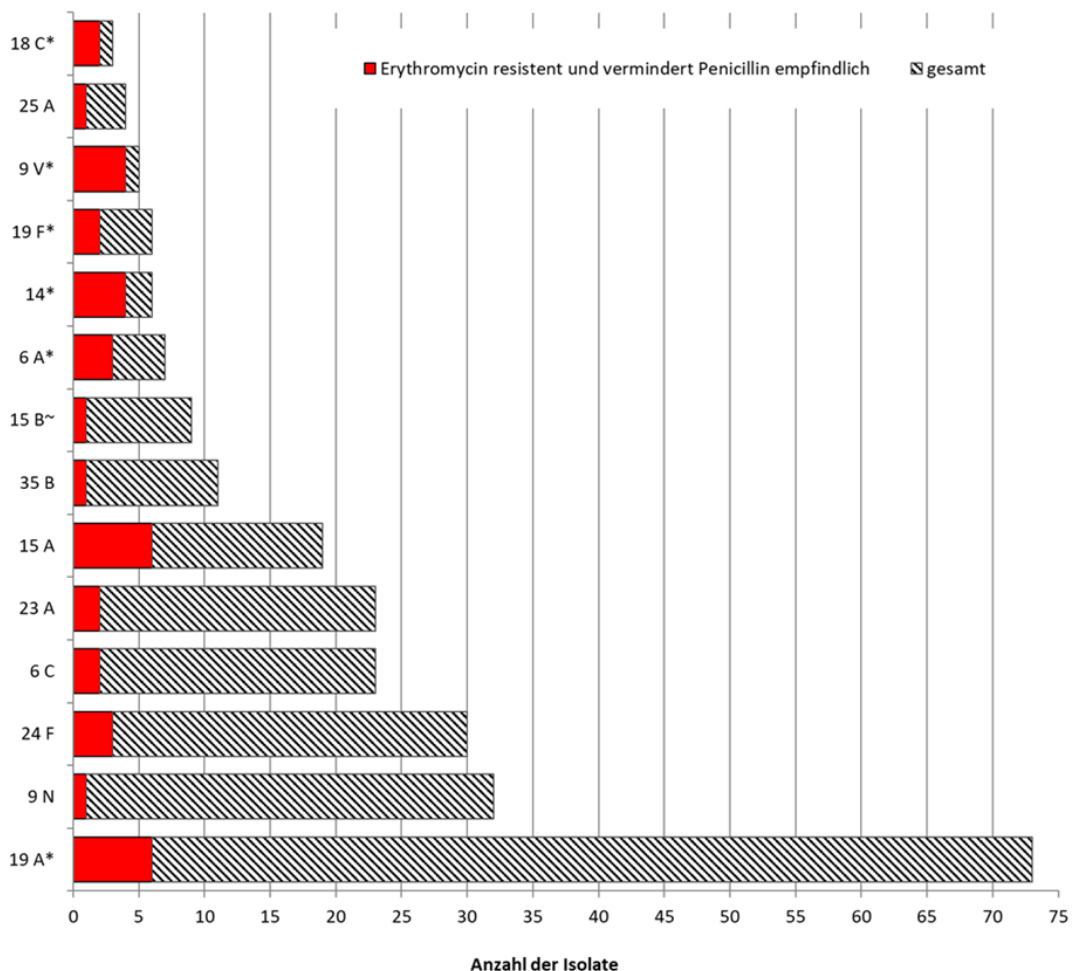
Abbildung 68: Häufigkeit der Serotypen der invasiven Pneumokokken-Isolate (Erythromycin-resistente Isolate sind rot markiert, \* im 13-valenten Pneumokokken-Konjugat-Impfstoff, " zusätzlich im 15-valenten Impfstoff, und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)



## Mehrfachresistenzen der Erythromycin-resistenten invasiven Pneumokokken-Isolate

Von den 84 Erythromycin-resistent getesteten Pneumokokken-Isolaten waren 38 mit einer MHK von > 0,06 mg/L zusätzlich vermindert empfindlich gegenüber Penicillin, 2 davon wiesen sogar eine MHK von > 2 mg/L auf. 59 Isolate waren zusätzlich resistent gegenüber Tetrazyklin und 54 Isolate gegenüber Clindamycin. 3 Isolate waren resistent bzw. vermindert empfindlich gegenüber allen getesteten Antibiotika (Erythromycin, Clindamycin, Tetrazyklin, Ceftriaxon und Penicillin). Abbildung 69 zeigt die Erythromycin-resistenten und vermindert Penicillin-empfindlichen Isolate nach Serotyp (\* im 13-valenten Pneumokokken-Konjugat-Impfstoff, ~ zusätzlich im 15-valenten Impfstoff, und ~ zusätzlich im 20-valenten Impfstoff enthalten)

Abbildung 69: 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 2024.

[2] The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing – EUCAST.

# Resistenzbericht *Neisseria gonorrhoeae*

## Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Gonokokken

## Ansprechperson/Autorinnen

Dr.<sup>in</sup> Ingrid Heller<sup>1</sup>

Dr.<sup>in</sup> Stefanie Schindler<sup>2</sup>

Dr.<sup>in</sup> Sonja Pleininger, MSc<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Mikrobiologie Tirol

Labor PD Dr.in Dorothea Orth-Höller

Franz-Fischer-Straße 7b

6020 Innsbruck

E-Mail: [i.heller@mikrobiologie.tirol](mailto:i.heller@mikrobiologie.tirol)

<sup>2</sup> Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit

Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien

Währingerstraße 25a

1096 Wien

E-Mail: [referenzzentralen.wien@ages.at](mailto:referenzzentralen.wien@ages.at)

## Reviewer

Univ.-Prof. Dr. Robert Zangerle

Medizinische Universität Innsbruck

Abteilung für Dermatologie, Venerologie und Allergologie

Anichstraße 35

6020 Innsbruck

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>202</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>202</b>
<b>Einleitung</b> .....	<b>203</b>
<b>Methodik</b> .....	<b>203</b>
<b>Ergebnisse</b> .....	<b>205</b>
Epidemiologische Daten .....	205
Ergebnisse der Resistenztestungen.....	206
MHK-Verteilung.....	207
Ceftriaxon .....	207
Cefixim.....	208
Azithromycin .....	208
Ciprofloxacin.....	209
Penicillin .....	209
Tetrazyklin .....	210
Resistenzraten 2020 – 2024 .....	211
<b>Diskussion</b> .....	<b>211</b>
<b>Danksagung</b> .....	<b>213</b>
<b>Referenzen</b> .....	<b>213</b>

## 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 2024 von 21 mikrobiologischen Laboratorien *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate für die Empfindlichkeitstestung zur Verfügung gestellt. Die Resistenzdaten von 407 Isolaten (Ersteinsendungen) konnten ausgewertet werden.

Nachdem 2022 erstmals ein Ceftriaxon- und Cefixim-resistentes Isolat detektiert wurde, konnten 2024 glücklicherweise keine Resistenzen gegenüber diesen Substanzen gefunden werden. Für Ciprofloxacin betrug die Resistenzrate 63,6 % und für Tetrazyklin 75,4 %. Bei 14,5 % 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 18,6 %.

## 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 2024, data of 407 *Neisseria gonorrhoeae* isolates were evaluated for their antimicrobial susceptibility. The isolates were provided by 21 Austrian laboratories via a sentinel system. There were no isolates showing resistance to ceftriaxone or cefixim. Resistance rates for ciprofloxacin and tetracycline were 63.6% and 75.4%, respectively. 14.5% of isolates had an MIC of azithromycin above 1mg/l indicating an acquired resistance mechanism. A total of 18.6% 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* 2022 in Europa zeigen einen Anstieg der Resistenzraten für Ciprofloxacin (2022: 65,9 %; 2021: 62,8 %; 2020: 57,7 %) und für Azithromycin (2022: 25,6 %; 2021: 14,2 %; 2020: 11,0 % über dem epidemiologischen Cut-off-Wert von 1 mg/l). Die Cefixim-Resistenzrate bleibt stabil auf niedrigem Niveau (2022: 0,3 %; 2021: 0,3 %; 2020: 0,5 %). Unter den 4396 getesteten Isolaten fanden sich 2022 2 Isolate mit Ceftriaxon-Resistenz, davon eines in Österreich und eines in Deutschland (2021: 1 Isolat; 2020: 1 Isolat) (1).

2016 hat das Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien (IMED Wien) der AGES in Kooperation mit dem Mikrobiologischen Labor Möst Innsbruck (inzwischen Mikrobiologie Tirol – Labor PD Dr. Dorothea Orth-Höller) die Aufgaben einer Nationalen Referenzzentrale für *Neisseria gonorrhoeae* übernommen. Die Überwachung der Empfindlichkeit der Erreger ist dabei ein zentraler Aufgabenbereich.

## Methodik

Die Resistenztestungen erfolgten bei Mikrobiologie Tirol – Labor PD Dr. Dorothea Orth-Höller 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 21 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-Test (bioMerieux und BD). Die MHK-Bestimmung erfolgte mittels E-Tests für Ceftriaxon, Cefixim, Penicillin, Tetrazyklin und Azithromycin (bioMerieux und Liofilchem) durch Inokulation der Keimsuspension (in 0,9 % NaCl-Lösung, Inokulationsdichte 0,5 McFarland) auf chocolate PVX Agar (bioMerieux) bzw. BD chocolate agar (GCII Agar with BD Isovitalax) und Inkubation bei 36°C, 5 % CO<sub>2</sub> für 18-24 Stunden. Die Interpretation der Ergebnisse wurde entsprechend den Grenzwerten laut EUCAST (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing, Version 14.0) vorgenommen (Tabelle 93). Von der Testung der Penicillin-Empfindlichkeit kann die Wirksamkeit von Ampicillin und Amoxicillin abgeleitet werden, Penicillinase-produzierenden *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate (PPNG) gelten unabhängig von der MHK als resistent.

Tabelle 93: *Neisseria gonorrhoeae* MHK-Grenzwerte gemäß EUCAST (Version 14.0)

Antibiotikum	Sensibel	Sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration	Resistent
	MHK mg/l	MHK mg/l	MHK mg/l
<b>Ceftriaxon</b>	<= 0,125	n.a.	>0,125
<b>Cefixim</b>	<=0,125	n.a.	>0,125
<b>Azithromycin</b>	n.a. <sup>1</sup>	n.a. <sup>1</sup>	>1,0
<b>Ciprofloxacin</b>	<=0,03	0,06	>0,06
<b>Penicillin</b>	<=0,06	0,12-1,0	>1,0
<b>Tetrazyklin</b>	<=0,5	n.a.	>0,5

n.a. – nicht anwendbar

<sup>1</sup> Ab Version 9.0 keine Angabe von Grenzwerten mehr für Azithromycin – MHK-Werte über 1 mg/l sind ein Hinweis für erworbene Resistenz

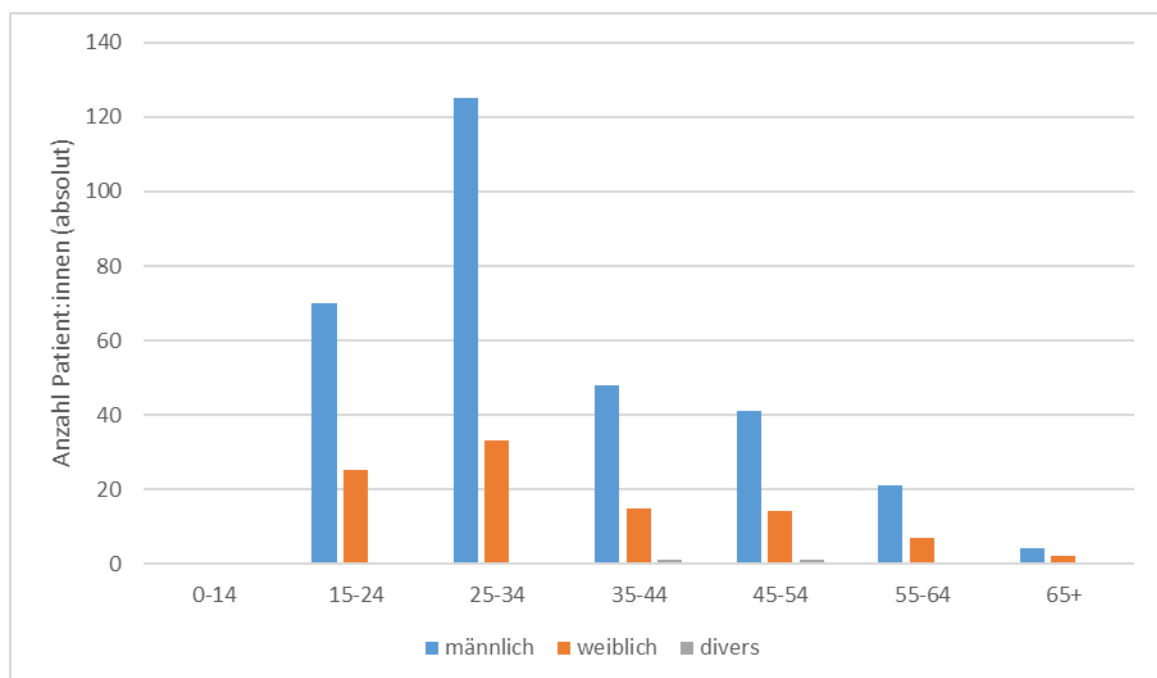
## Ergebnisse

### Epidemiologische Daten

2024 wurde im Labor Mikrobiologie Tirol und am IMED Wien die antimikrobielle Empfindlichkeit von 420 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten bestimmt, 2 Isolate konnten nicht subkultiviert werden. Bei Einsendung mehrerer Proben eines Patienten bzw. einer Patientin innerhalb von vier Wochen wurde jeweils nur ein Isolat bei der Analyse der Resistenzraten berücksichtigt, wobei jeweils das erste Isolat bzw. Isolate nach folgender Priorität miteinbezogen wurden: Männer – erstens pharyngeale, zweitens rektale, drittens urethrale, viertens sonstige Abstriche; Frauen – erstens pharyngeale, zweitens zervikale, drittens sonstige anogenitale (vaginale/rektale/urethrale), viertens sonstige Abstriche. Es wurden somit Resistenzdaten für 407 Isolate analysiert.

Das Durchschnittsalter betrug 34 Jahre. Das Verhältnis von Männern zu Frauen betrug 3,2:1 (311 männlich, 96 weiblich, 2 divers) (Abbildung 70).

Abbildung 70: Alters- und Geschlechtsverteilung der Patient:innen (n=409)



82,9 % der Proben stammten aus dem Urogenitaltrakt (Urethra, Glans, Penis, Prostatasekret, Zervix, Vagina), 1,9 % aus Harn.

Extragenitale Infektionslokalisationen waren Rektum (8,1 %), Rachen (2,8 %) und Auge (0,5 %). Bei den restlichen Proben war der Entnahmeort unbekannt (3,8 %).

Die Proben stammten von Patient:innen aus allen österreichischen Bundesländern. Bundesländer mit dem höchsten Anteil an Proben waren Wien und Tirol (Tabelle 94)

Tabelle 94: Verteilung der *Neisseria gonorrhoeae*-Proben (n=409) nach Bundesländern entsprechend dem Wohnort der Patient:innen. War der Wohnort der Patient:innen nicht zu ermitteln, wurde – sofern bekannt – der Ort des Einsenders herangezogen.

Bundesland	n
Burgenland	1
Kärnten	27
Niederösterreich	5
Oberösterreich	36
Salzburg	26
Steiermark	18
Tirol	55
Vorarlberg	14
Wien	227

## Ergebnisse der Resistenztestungen

Tabelle 95: Ergebnisse der Resistenztestung von 407 *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.	14,5 %

Antibiotikum	Sensibel	Sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration	Resistent
Ciprofloxacin	36,4 %	0 %	63,6 %
Penicillin*	5,7 %	74,7 %	19,6 %
Tetrazyklin	24,6 %	n.a.	75,4 %

n.a. – nicht anwendbar

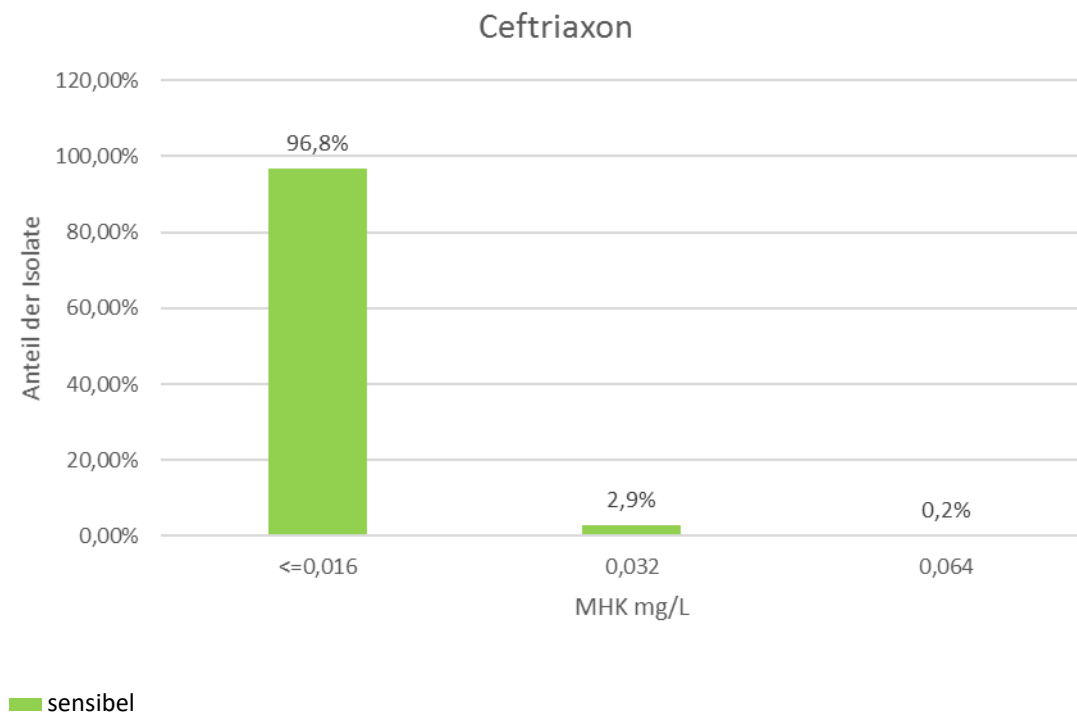
\*Anteil der PPNG (Penicillinase produzierende Isolate, unabhängig von der MHK als Penicillin-resistent zu werten): 18,6 % (n=76)

## MHK-Verteilung

(Anmerkung: Da die Ergebnisse auf eine Nachkommastelle gerundet wurden, ergeben sich z.T. bei der Gesamtsumme geringfügige Abweichungen von 100 %.)

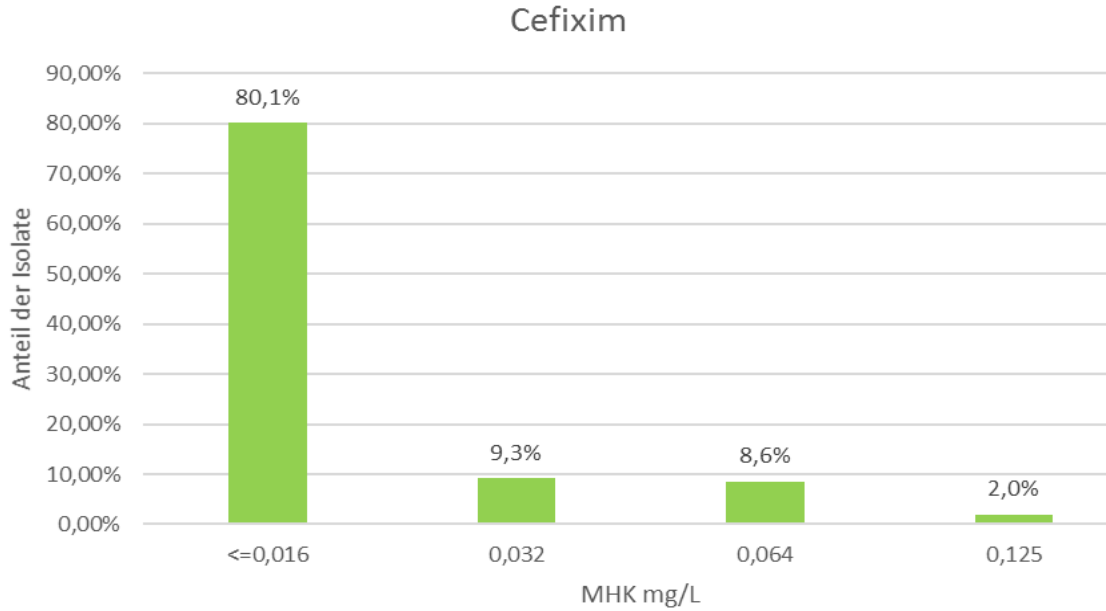
### Ceftriaxon

Abbildung 71: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ceftriaxon von 407 *Neisseria gonorrhoea*-Isolaten



## Cefixim

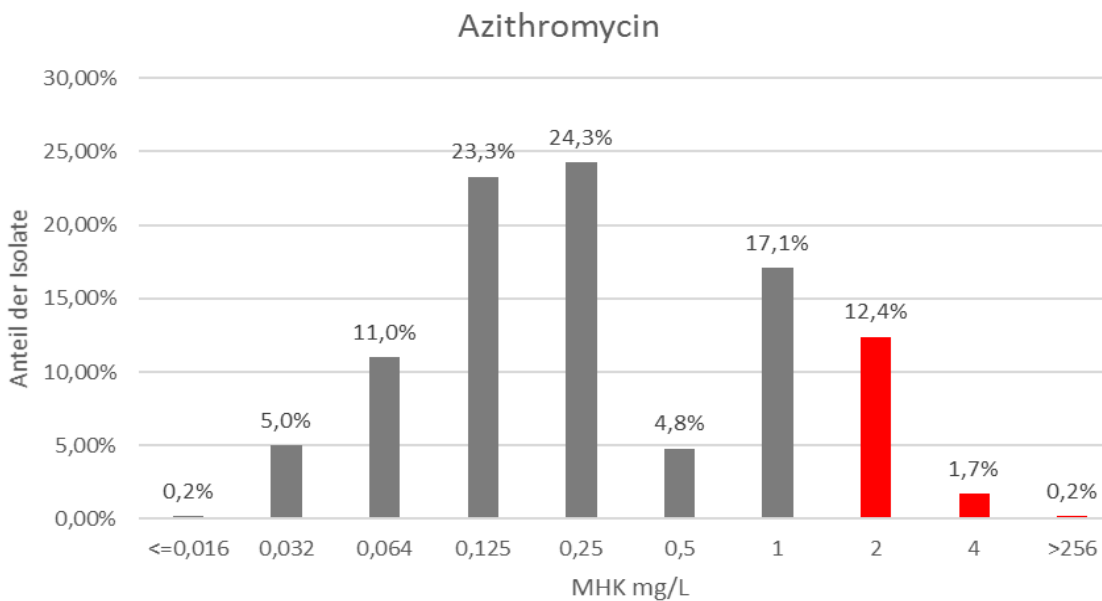
Abbildung 72: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Cefixim von 407 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ sensibel

## Azithromycin

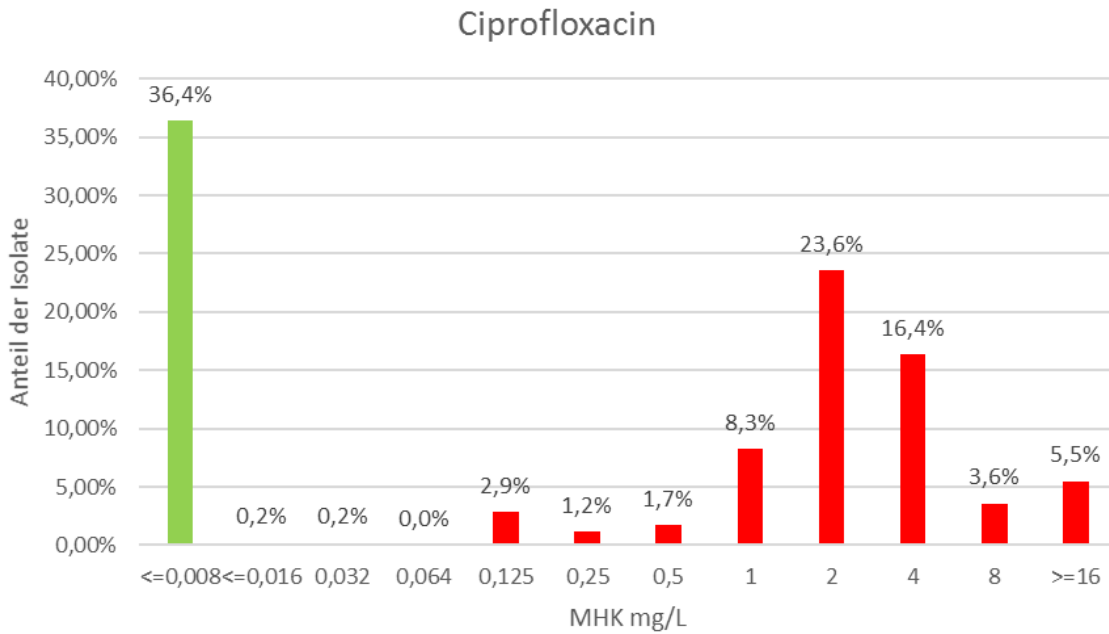
Abbildung 73: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Azithromycin von 407 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ kein Hinweis auf erworbene Resistenz; ■ erworbene resistent

## Ciprofloxacin

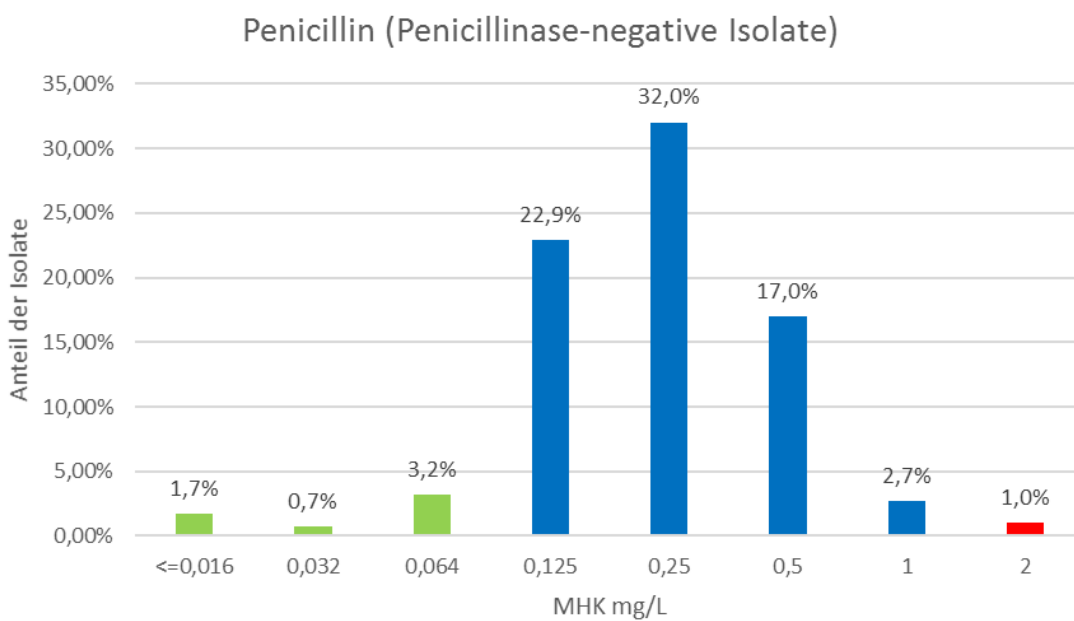
Abbildung 74: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ciprofloxacin von 407 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ sensibel; ■ resistent

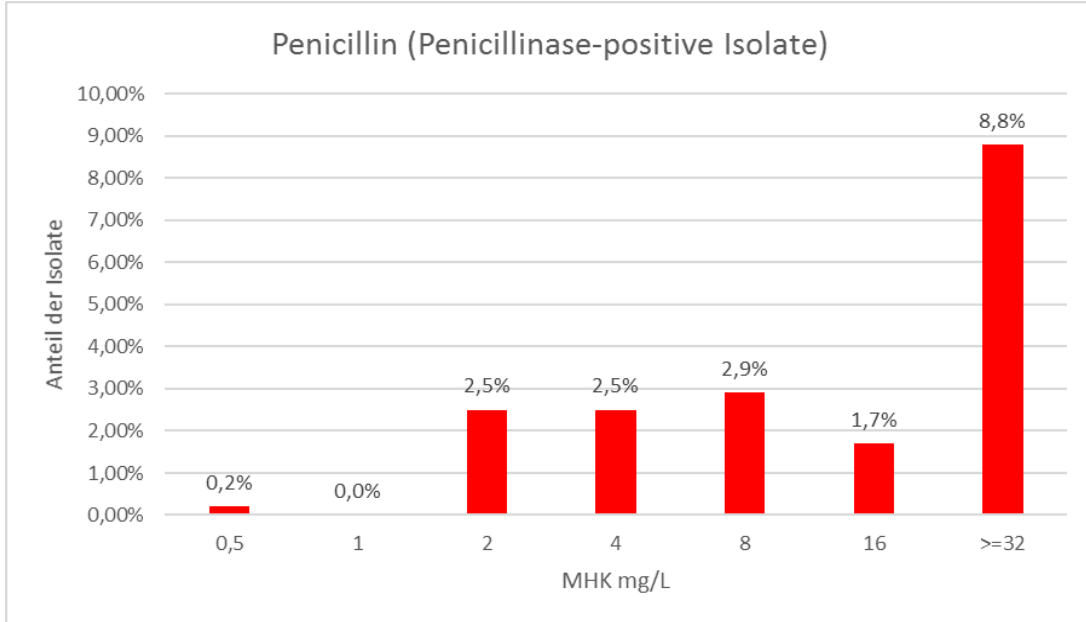
## Penicillin

Abbildung 75: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 331 Penicillinase-negativen *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ sensibel; ■ sensibel bei erhöhter Antibiotikakonzentration; ■ resistent

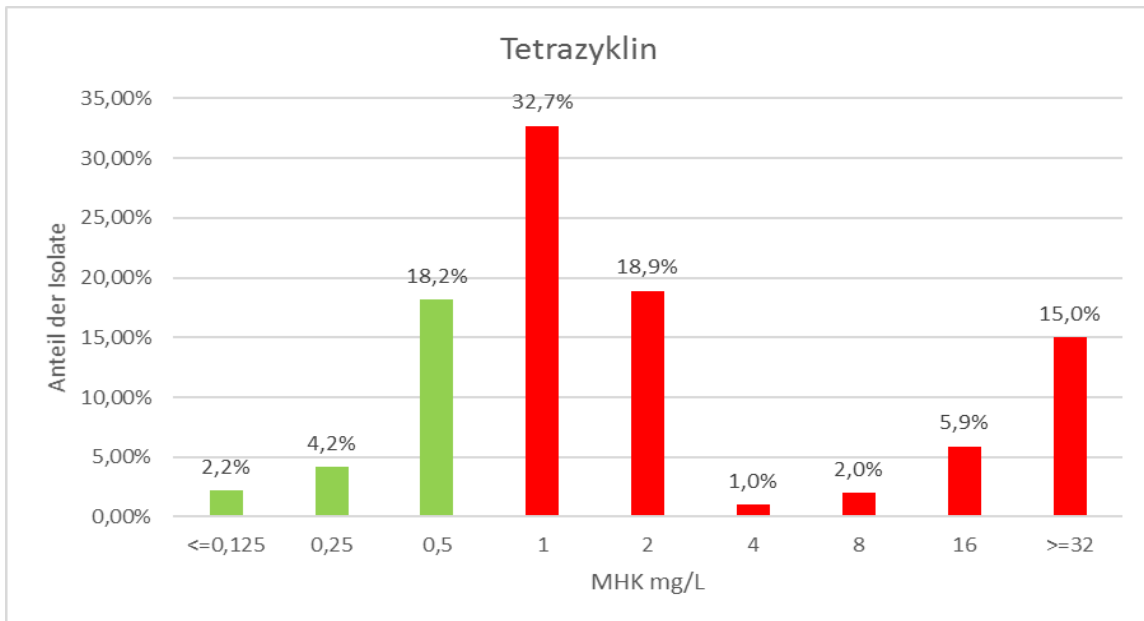
Abbildung 76: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 76 Penicillinase-positiven *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten (unabhängig von der MHK als resistent zu werten)



■ resistent

### Tetrazyklin

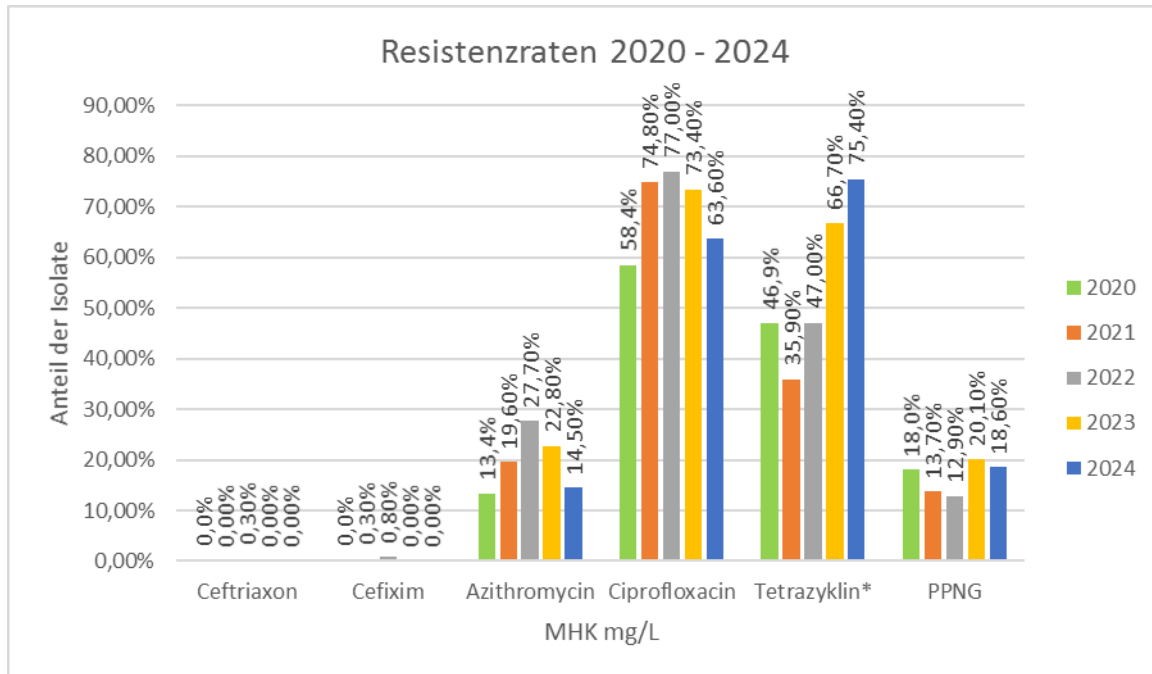
Abbildung 77: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Tetrazyklin von 407 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolaten



■ sensibel; ■ resistent

## Resistenzraten 2020 – 2024

Abbildung 78: *Neisseria gonorrhoeae*-Resistenzraten 2020 – 2024



\*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 zur Kontrolle und zum Management von multiresistenter Gonorrhoe in Europa (2). Im Jahr 2024 wurden in Österreich in einem flächendeckenden Sentinel-System die Resistenzdaten für 407 *Neisseria gonorrhoeae*-Isolate ausgewertet, somit ist eine gute Beurteilung der Resistenzsituation möglich.

Im Jahr 2024 lag bei 407 *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 (mit gleichzeitiger Resistenz gegenüber Cefixim, Ciprofloxacin, Tetrazyklin und High-Level-Azithromycin-Resistenz) (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 22,8 % auf 14,5 % 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).

Die Ciprofloxacin-Resistenzrate war zwar rückläufig, blieb aber nach wie vor auf hohem Niveau bei 63,6 %; bei Tetrazyklin kam es zu einem Anstieg von 66,7 % auf 75,4 %. Beide Substanzen kommen nur mehr in Ausnahmefällen für eine Behandlung der Gonorrhoe infrage.

Zusammengefasst kam es 2024 zu keinen großen Veränderungen der Resistenzlage von *Neisseria gonorrhoeae*; Ceftriaxon bleibt eine verlässliche Therapieoption (bei Nichtverfügbarkeit ggf. auch Cefixim), während bei Ciprofloxacin und Tetrazyklin hohe Resistenzraten vorliegen. Ob sich der Rückgang der Resistenzrate von Azithromycin fortsetzt, bleibt abzuwarten.

## Danksagung

Wir bedanken uns bei unseren Einsender:innen sowie Kooperationspartner:innen.

Besonderer Dank gilt Univ.-Doz. Dr. Johannes Möst und vor allem Frau Dr. Angelika Eigentler, die mit großem Engagement und Fachwissen die Nationale Referenzzentrale für *Neisseria gonorrhoeae* maßgeblich geprägt hat. Weiters danken wir Frau Dr. Steliana Huhulescu für ihre Arbeit in der Referenzzentrale.

## Referenzen

[1] European Centre for Disease Prevention and Control. Gonococcal antimicrobial susceptibility surveillance in the EU/EEA: Summary of results for 2022. Stockholm: ECDC; 2024

[2] European Centre for Disease Prevention and Control. Response plan to control and manage the threat of multidrug-resistant gonorrhoea 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 gonorrhoea in adults. Int J STD AIDS. 2020:956462420949126.

# Resistenzbericht *Salmonella*

## Daten aus dem Human- und Lebensmittelbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Salmonella

### Ansprechperson/Autor

Dr. Christian Kornschober

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](mailto:christian.kornschober@ages.at) oder [humanmed.graz@ages.at](mailto:humanmed.graz@ages.at)

### Reviewerin

Dr.<sup>in</sup> Sandra Köberl-Jelovcan  
Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit  
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene / Zentrum für lebensmittelbedingte  
Infektionskrankheiten  
Beethovenstraße 6  
8010 Graz  
E-Mail: [sandra.koerberl-jelovcan@ages.at](mailto:sandra.koerberl-jelovcan@ages.at) oder [humanmed.graz@ages.at](mailto:humanmed.graz@ages.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>216</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>216</b>
<b>Einleitung</b> .....	<b>217</b>
<b>Methodik</b> .....	<b>217</b>
<b>Ergebnisse</b> .....	<b>218</b>
Allgemeiner Überblick .....	218
Antibiotikaresistenz – humane Isolate / enteritische Serovare .....	221
Antibiotikaresistenz – humane Isolate / S. Typhi, S. Paratyphi A, B und C .....	226
Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Veterinärbereich .....	227
Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Lebensmittel .....	230
Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Futtermittel .....	233
<b>Diskussion</b> .....	<b>234</b>
<b>Danksagung</b> .....	<b>235</b>

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 wurde an der Nationalen Referenzzentrale für Salmonellen eine Zunahme der Anzahl eingesandter humaner Erstisolate um 14,9 % gegenüber dem Vorjahr registriert.

Wie schon in den Vorjahren lagen auch 2024 im Humanbereich die Resistenzraten für/bei mehrere/n 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 20 %. Der Anteil an multiresistenten Isolaten (definiert als Resistenz gegenüber drei oder mehr Antibiotikaklassen) lag bei 9,3 %. High-Level Resistenzen gegen Ciprofloxacin sowie Resistenzen gegen Cephalosporine der dritten Generation (Cefotaxim, Ceftazidim) traten nur selten auf.

## Abstract

In 2024, the number of primary human isolates sent to the National Reference Centre for Salmonella increased by 14.9% as compared to 2023.

As in previous years, resistance rates for several antibiotics (ampicillin, sulphonamides and tetracyclines) exceeded 10% in humans. This is mainly due to a frequent occurrence of multi-resistant *S. Typhimurium* strains. Resistance rates to nalidixic acid and low-level ciprofloxacin, respectively, were above 20% due to increased numbers of *S. Enteritidis* and *S. Infantis* isolates being resistant to nalidixic acid/ low-level ciprofloxacin. The proportion of multi-resistant isolates (defined as resistance to three or more antimicrobial drug classes) was 9.3%. High-level resistance to ciprofloxacin and third generation cephalosporins (cefotaxime, ceftazidime), respectively, was 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, 2024: 1.400 humane Erstisolate bzw. 1.397 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 Sequenzierung 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, Minimale Hemmkonzentration (MHK)-Testung mittels  $\epsilon$ -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 kleinen Pefloxacin-Hemmhofdurchmessers verdächtig für eine High-Level Ciprofloxacin-Resistenz sind, wird zusätzlich die Ciprofloxacin-MHK mittels  $\epsilon$ -Tests bestimmt.

Zur Beurteilung der Tigecyclin-Resistenz werden die bisher nur für *E. coli* validierten EUCAST-Grenzwerte verwendet. Insgesamt werden 13 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), Azithromycin (Azm).

## Ergebnisse

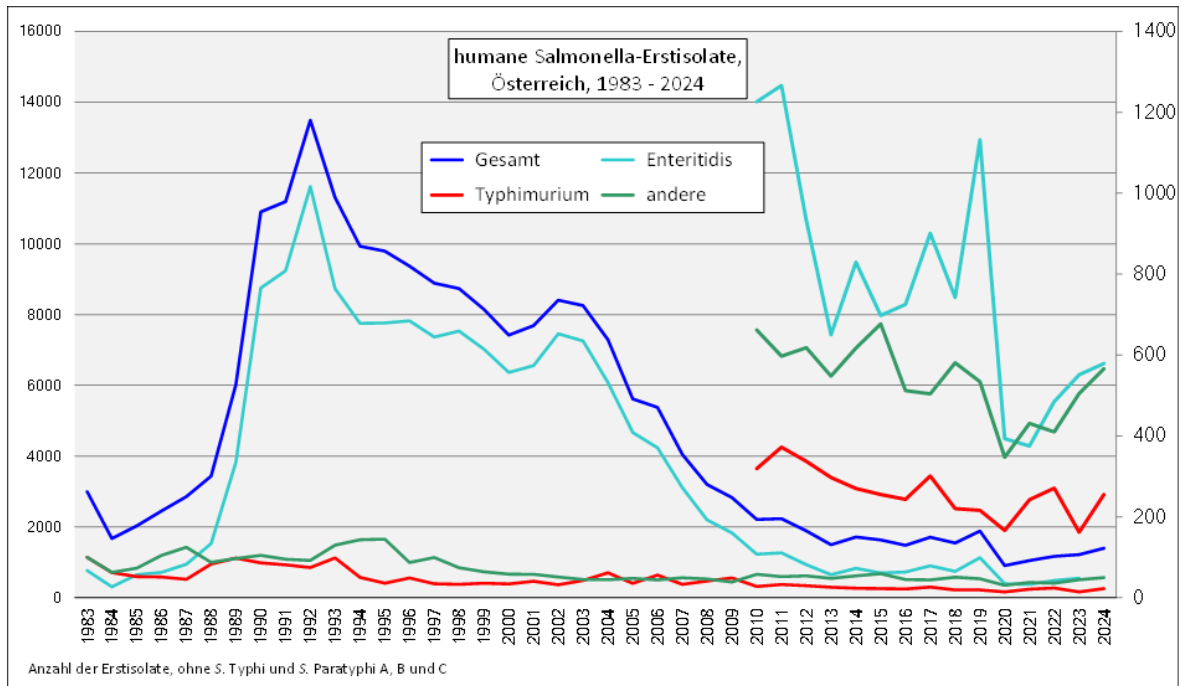
### Allgemeiner Überblick

Im Jahr 2024 hat die NRZS 1.400 humane *Salmonella*-Erstisolate (von 1.397 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. Legt man die 1.397 Erkrankten/Infizierten zugrunde, dann errechnet sich eine Inzidenz von 15,3/100.000 EW. Im Jahr 2023 wurden 1.218 humane Erstisolate gezählt. Die Zunahme der Gesamtzahl eingesandter Erstisolate um 182 entspricht einem prozentuellen Anstieg um 14,9 % gegenüber dem Vorjahr.

Seit 2002 ist ein Rückgang von 83,3 % zu verzeichnen (2002: 8.405 Erstisolate, siehe Jahresbericht 2002) (Abbildung 79).

Die Abnahme der humanen Salmonellenerstisolate seit 2002 war nahezu ausschließlich durch einen Rückgang der *S. Enteritidis*-Isolate bedingt (2002: 7.459; 2024: 579 humane Erstisolate; -92,2 %).

Abbildung 79: Humane *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 1983 – 2024



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 von *S. Enteritidis* – bedingt durch einen bundesländerübergreifenden Ausbruch – bei 60,1 %, 2020 bei 43,4 %, 2021 bei 35,8 %, 2022 bei 41,6 % und 2023 bei 45,2 %.

Im Jahr 2024 gab es – bedingt durch mehrere Ausbrüche – mit 579 humanen *S. Enteritidis* Erstisolaten einen Anstieg um 5,1 % im Vergleich zum Vorjahr (2023: 551 Erstisolate). Der Anteil von *S. Enteritidis* an allen humanen Erstisolaten lag bei 41,4 % (Tabelle 96).

*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 2024 der zweithäufigste Serotyp mit einem Anteil von 18,2 % an allen humanen Erstisolaten Tabelle 96.

Tabelle 96: Vergleich der häufigsten Serovare bei humanen und nicht-humanen Isolaten, Österreich, 2024

Häufigste Serovare human – 2024:			Häufigste Serovare nicht-human - 2024:		
	Anzahl	Prozent		Anzahl	Prozent
<b>S. Enteritidis</b>	579	41,4	<b>S. Infantis</b>	549	25,9
<b>S. Typhimurium</b>	255	18,2	<b>S. Enteritidis</b>	258	12,2
<b>Biphasische Variante (1,4,5,12 : i : 1,2)</b>	130	9,3	<b>S. Typhimurium</b>	169	8,0
			<b>Biphasische Variante (1,4,5,12 : i : 1,2)</b>	85	4,0
<b>Monophasische Variante (1,4,5,12 : i : -)</b>	125	8,9	<b>Monophasische Variante (1,4,5,12 : i : -)</b>	84	4,0
<b>S. Coeln</b>	96	6,9			
<b>S. Infantis</b>	63	4,5	<b>S. Dublin</b>	115	5,4
<b>S. Strathcona</b>	29	2,1	<b>S. Mbandaka</b>	114	5,4
<b>S. Umbilo</b>	22	1,6	<b>S. Agona</b>	89	4,2
<b>S. Newport</b>	16	1,1	<b>S. Muenster</b>	83	3,9
<b>S. Kentucky</b>	15	1,1	<b>S. Menston</b>	63	3,0
<b>S. Agona</b>	je 14	je 1,0	<b>S. Coeln</b>	61	2,9
<b>S. Mbandaka</b>			<b>S. Senftenberg</b>	53	2,5
<b>S. Paratyphi B var. Java</b>			<b>S. Kentucky</b>	50	2,4
<b>Gesamtzahl aller humanen Erst-Isolate: 1.400</b>			<b>Gesamtzahl aller nicht-humanen Erst-Isolate: 2.122</b>		

## Antibiotikaresistenz – humane Isolate / enteritische Serovare

Wie schon in den Vorjahren lagen auch 2024 die Resistenzraten bei mehreren Antibiotika (Ampicillin, Sulfonamide, Tetracykline) über 10 % (Tabelle 97; Tabelle 98). 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 22,5 %. Der Anteil an multiresistenten Isolaten (definiert als Resistenz gegenüber drei oder mehr Antibiotikaklassen) lag bei 9,3 %.

Tabelle 97: Resistenzanteil aller humanen Erstisolate, Österreich, Vergleich 2000 – 2024

Antibiotikum	2000-2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)
Ampicillin (A)	7,0	13,4	12,6	14,6	13,7	10,9	12,5	12,4	16,9	10,7	14,6
Chloramphenicol (C)	2,2	2,1	2,4	3,2	2,6	2,0	2,6	1,3	4,5	3,4	2,2
Sulfonamide (Su)	6,3	15,5	14,8	16,9	13,2	11,2	14,1	12,7	17,9	12,2	12,5
Tetracyclin (T)	7,0	15,6	14,9	17,4	16,7	12,8	14,0	13,6	21,0	13,2	15,9
Tigecyclin (Tig)	0	0,3 (5)	0	0	0,1 (2)	0,2 (4)	0	0,1 (1)	0,7 (8)	1,1 (13)	1,1 (15)
Trimethoprim (Tm)	1,6	2,1	2,6	2,5	2,0	2,3	2,9	2,1	2,9	3,3	3,0
Gentamicin (G)	0,5	1,2	1,2	0,9	1,2	1,2	0,4	0,5	1,5	1,1	1,6
Nalidixinsäure (Nx)	7,2	21,9	13,2	14,6	15,9	36,3	20,9	15,5	20,7	24,3	21,1
Ciprofloxacin (Cp) High-Level-Resistenz	0,1 (48)	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)	0,9 (13)
Low-Level-Resistenz (Pefloxacin)	-	21,1	13,4	15,3	17,2	36,9	21,1	16,3	20,9	25,3	22,5
Cefotaxim (Ctx)	0,2 (119)	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)	2,0 (28)
Ceftazidim (Caz)	0,02 (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)	1,6 (23)
Meropenem (M)	0	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)	0,6 (9)
Multiresistent	6,7	14,5	14,3	16,3	12,9	10,2	12,6	11,8	17,2	12,0	9,3

Antibiotikum	2000-2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)	% (n)
<b>Gesamtzahl</b>	<b>69654</b>	<b>1630</b>	<b>1480</b>	<b>1706</b>	<b>1543</b>	<b>1882</b>	<b>906</b>	<b>1048</b>	<b>1166</b>	<b>1218</b>	<b>1400</b>

Tabelle 98: Anzahl der resistenten humanen *Salmonella*-Erstisolate nach Serotypen, Österreich, 2024

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=579)	S. Typhimurium (n=255)	S. Coeln (n=96)	S. Infantis (n=63)	Andere (n=407)	Gesamt (n=1.400)
<b>Ampicillin (A)</b>	52 9,0 %	97 38,0 %	2 2,1 %	12 19,0 %	42 10,3 %	205 14,6 %
<b>Chloramphenicol (C)</b>	1 0,2 %	10 3,9 %		2 3,2 %	18 4,4 %	31 2,2 %
<b>Sulfonamide (Su)</b>		96 37,6 %	3 3,1 %	45 71,4 %	31 7,6 %	175 12,5 %
<b>Tetracyclin (T)</b>	46 7,9 %	92 36,1 %	1 1,0 %	45 71,4 %	39 9,6 %	223 15,9 %
<b>Tigecyclin (Tig)</b>		1 0,4 %		6 9,5 %	8 2,0 %	15 1,1 %
<b>Trimethoprim (Tm)</b>		8 3,1 %	3 3,1 %	7 11,1 %	24 5,9 %	42 3,0 %
<b>Gentamicin (G)</b>	2 0,3 %	2 0,8 %		2 3,2 %	16 3,9 %	22 1,6 %
<b>Nalidixinsäure (Nx)</b>	193 33,3 %	12 4,7 %		48 76,2 %	42 10,3 %	295 21,1 %
<b>Ciprofloxacin (Cip) HL</b>				1 1,6 %	12 2,9 %	13 0,9 %
<b>Ciprofloxacin (Cip) LL</b>	193 33,3 %	19 7,5 %		47 74,6 %	56 13,8 %	315 22,5 %
<b>Cefotaxim (Ctx)</b>	6 1,0 %	3 1,2 %		4 6,3 %	15 3,7 %	28 2,0 %
<b>Ceftazidim (Caz)</b>	6 1,0 %	1 0,4 %		1 1,6 %	15 3,7 %	23 1,6 %
<b>Meropenem (M)</b>						
<b>Azithromycin (Azm)</b>	2 0,3 %			1 1,6 %	6 1,5 %	9 0,6 %

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=579)	S. Typhimurium (n=255)	S. Coeln (n=96)	S. Infantis (n=63)	Andere (n=407)	Gesamt (n=1.400)
Voll empfindlich	371 64,1 %	146 57,3 %	93 96,9 %	14 22,2 %	340 83,5 %	964 68,9 %
Resistent gegenüber einer Antibiotikaklasse	168 29 %	27 10,6 %		1 1,6 %	22 5,4 %	218 15,6 %
Resistent gegenüber zwei Antibiotikaklassen	4 0,7 %	67 26,3 %	3 3,1 %	2 3,2 %	12 2,9 %	88 6,3 %
Multiresistent	36 6,2 %	15 5,9 %		46 73,0 %	33 8,1 %	130 9,3 %

Der überwiegende Anteil der multiresistenten (MR-) Stämme (definiert als Resistenz gegenüber drei oder mehr Antibiotikaklassen) gehört zu den Serotypen S. Infantis und S. Enteritidis (die Mehrzahl bei Reiserückkehrern aus Ägypten) (Tabelle 99).

Tabelle 99: Multiresistente *Salmonella*-Serotypen, Österreich, 2024

Serotyp	Anzahl MR
S. Infantis	46
S. Enteritidis	36
S. Kentucky	11
S. Typhimurium davon monophasisch	15 8
S. Agona	
S. Chester	je 3
S. Newport	
S. Anatum	
S. Goldcoast	
S. Heidelberg	je 2
S. Virchow	
S. Brancaster	
S. Indiana	je 1
S. Rissen	

Serotyp	Anzahl MR
S. Saintpaul	
S. Schwarzengrund	
<b>Gesamt</b>	<b>130</b>

High-Level Ciprofloxacin- bzw. 3.-Generations-Cephalosporin-resistente Stämme sind nach wie vor sehr selten (Tabelle 100 bzw. Tabelle 101).

Im Jahr 2024 gab es in Österreich 13 High-Level Ciprofloxacin-resistente *Salmonella*-Isolate (11 x *S. Kentucky*, je einmal *S. Infantis* und *S. Schwarzengrund*) sowie 28 Stämme mit Resistenz gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen (9 x *S. Kentucky*, 6 x *S. Enteritidis*, 4 x *S. Infantis*, je 2 x *S. Anatum* und *S. Typhimurium* – monophasisch sowie je einmal *S. Goldcoast*, *S. Indiana*, *S. Newport*, *S. Schwarzengrund* und *S. Typhimurium*).

Tabelle 100: High-Level-Ciprofloxacin-resistente humane *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 2024

Untersuchungsmaterial	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster	MHK Cip (µg/ml)
Harn	27	weiblich	S. Schwarzengrund	ASuTmGCtxCazNx <b>Cip(HL)</b> Azm	1
Stuhl	67	weiblich	S. Kentucky	ASuTTigGNx <b>Cip(HL)</b>	32
Stuhl	55	männlich	S. Infantis	ACTTmNx <b>Cip(HL)</b>	1,5
Harn	52	weiblich	S. Kentucky	ASuTGctxCazNx <b>Cip(HL)</b>	32
Stuhl	43	männlich	S. Kentucky	ACSuTTigGCtxCazNx <b>Cip(HL)</b> Azm	32
Stuhl	50	männlich	S. Kentucky	ASuTGctxCazNx <b>Cip(HL)</b>	16
Stuhl	35	männlich	S. Kentucky	ANx <b>Cip(HL)</b>	16
Stuhl	66	männlich	S. Kentucky	ACSuTTmCtxCazNx <b>Cip(HL)</b>	32
Stuhl	59	männlich	S. Kentucky	ACSuTTigGCtxCazNx <b>Cip(HL)</b> Azm	32
Stuhl	34	weiblich	S. Kentucky	ASuTGctxCazNx <b>Cip(HL)</b>	32
Stuhl	33	weiblich	S. Kentucky	ACSuTTigGCtxCazNx <b>Cip(HL)</b>	32
Stuhl	68	männlich	S. Kentucky	ACSuTTigGCtxCazNx <b>Cip(HL)</b> Azm	32
Stuhl	64	männlich	S. Kentucky	ACSuTTigGCtxCazNx <b>Cip(HL)</b> Azm	32

Tabelle 101: Dritt-Generations-Cephalosporin-resistente humane *Salmonella*-Erstisolate, Österreich, 2024

Untersuchungs- material	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster	MHK Ctx (µg/ml)	ESBL/ AmpC
Harn	27	weiblich	<i>S. Schwarzengrund</i>	ASuTmG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)Azm	32	ESBL
Harn	52	weiblich	<i>S. Kentucky</i>	ASuTG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)	32	ESBL
Stuhl	39	weiblich	<i>S. Enteritidis</i>	<b>ACtxCaz</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	1	weiblich	<i>S. Enteritidis</i>	<b>ACtxCaz</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	43	männlich	<i>S. Kentucky</i>	ACSuTTigG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)Azm	32	ESBL
Stuhl	52	männlich	<i>S. Typhimurium</i>	ASuTTm <b>Ctx</b> Cip	32	ESBL
Stuhl	50	männlich	<i>S. Kentucky</i>	ASuTG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)	32	ESBL
Stuhl	33	männlich	<i>S. Infantis</i>	ASuTTmG <b>Ctx</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	4	weiblich	<i>S. Enteritidis</i>	<b>ACtxCaz</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	48	weiblich	<i>S. Typhimurium</i> - monophasisch	ASuTTigTm <b>Ctx</b> Cip	32	ESBL
Stuhl	30	männlich	<i>S. Enteritidis</i>	AG <b>CtxCaz</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	68	weiblich	<i>S. Anatum</i>	ACSuT <b>CtxCaz</b> Cip	16	ESBL
Stuhl	30	weiblich	<i>S. Infantis</i>	ACSuTTmG <b>Ctx</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	44	männlich	<i>S. Infantis</i>	ASuTTm <b>Ctx</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	66	männlich	<i>S. Kentucky</i>	ACSuTTm <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)	32	ESBL
Stuhl	59	männlich	<i>S. Kentucky</i>	ACSuTTigG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)Azm	32	ESBL
Stuhl	12	männlich	<i>S. Typhimurium</i> - monophasisch	<b>ACtxCaz</b>	32	ESBL
Stuhl	34	weiblich	<i>S. Kentucky</i>	ASuTG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)	32	ESBL
Stuhl	60	weiblich	<i>S. Enteritidis</i>	<b>ACtxCaz</b> NxCip	32	ESBL
Harn	62	weiblich	<i>S. Indiana</i>	ACTTm <b>CtxCaz</b> Cip	2	ESBL
Stuhl	22	männlich	<i>S. Enteritidis</i>	<b>ACtxCaz</b> NxCip	32	ESBL
Stuhl	33	weiblich	<i>S. Kentucky</i>	ACSuTTigG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)	32	ESBL
Stuhl	10	weiblich	<i>S. Newport</i>	ASuTTm <b>CtxCaz</b> Cip	0,50	AmpC
Stuhl	68	männlich	<i>S. Kentucky</i>	ACSuTTigG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)Azm	32	ESBL
Stuhl	52	weiblich	<i>S. Anatum</i>	ACG <b>CtxCaz</b> Cip	8	ESBL
Stuhl	64	männlich	<i>S. Kentucky</i>	ACSuTTigG <b>CtxCaz</b> NxCip(HL)Azm	32	ESBL

Untersuchungs- material	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster	MHK Ctx (µg/ml)	ESBL/ AmpC
Stuhl	71	weiblich	S. Goldcoast	ACTTmCtxCazNxCip	32	ESBL
Stuhl	30	weiblich	S. Infantis	ASuTTmCtxCazNxCip	32	ESBL

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

Im Jahr 2024 gab es in Österreich 16 Infektionen mit typhösen *Salmonella*-Serotypen. Von den 14 S. Typhi Isolaten waren fünf multiresistent, fünf High-Level Ciprofloxacin-resistent und vier resistent gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen. Daneben gab es ein S. Paratyphi A sowie ein multiresistentes S. Paratyphi B Isolate. (Tabelle 102).

Tabelle 102: Resistenzen der 2024 in Österreich isolierten S. Typhi sowie S. Paratyphi A und B Isolate

Untersuchungsmaterial	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster
Blut	69	weiblich	S. Typhi	-
Blut	30	weiblich	S. Typhi	ACTmCtxCazNxCip(HL)
Blut	1	weiblich	S. Typhi	ACTmCtxCazNxCip(HL)
Blut	52	männlich	S. Typhi	CSuTmNxCip
Blut	27	männlich	S. Typhi	-
Blut	25	männlich	S. Typhi	NxCip(HL)
Blut	5	männlich	S. Typhi	ACTmCtxCazNxCip(HL)
Sonstiges	36	männlich	S. Typhi	NxCip(HL)
Stuhl	12	männlich	S. Typhi	NxCip
Stuhl	28	weiblich	S. Typhi	NxCip
Stuhl	8	männlich	S. Typhi	NxCip
Punktat	48	weiblich	S. Typhi	-
Blut	11	weiblich	S. Typhi	Cip
Blut	36	männlich	S. Typhi	ACtxCazNxCip
Stuhl	23	weiblich	S. Paratyphi A	-

Untersuchungsmaterial	Alter	Geschlecht	Serotyp	Resistenzmuster
Harn	36	männlich	S. Paratyphi B	ACTmCtxCazNxCip

### Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Veterinärbereich

Von den insgesamt 2.122 im Jahr 2024 an die NRZS gesandten nicht-humanen Isolaten stammten 750 aus dem Veterinärbereich, hiervon der größte Teil von Geflügel (475 Isolate) (Tabelle 103).

566 Stämme (75,5 %) waren voll empfindlich, 122 (16,3 %) waren gegenüber mindestens drei Antibiotikaklassen resistent (Tabelle 104).

Die multiresistenten Stämme aus dem Veterinärbereich gehörten nahezu ausschließlich zum Serotyp S. Infantis (118 Stämme) (Tabelle 105).

Tabelle 103: *Salmonella*-Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2024

	Anzahl
<b>Geflügel:</b>	
Hühner	329
Puten	54
Enten & Gänse	53
Ohne weitere Angaben	39
<b>Andere Tiere:</b> (z. B. Schweine, Rinder, Reptilie)	275
<b>Gesamt</b>	<b>750</b>

Tabelle 104: Anzahl der resistenten *Salmonella*-Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2024

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=125)	S. Typhimurium (n=68)	S. Infantis (n=147)	Andere (n=410)	Gesamt (n=750)
Ampicillin (A)	1 0,8 %	17 25 %	3 2,0 %	15 3,7 %	36 4,8 %
Chloramphenicol (C)		2 2,9 %	1 0,7 %	2 0,5 %	5 0,7 %
Sulfonamide (Su)		21 30,9 %	118 80,3 %	11 2,7 %	150 20,0 %
Tetracyclin (T)	1 0,8 %	14 20,6 %	125 85,0 %	3 0,7 %	143 19,1 %
Tigecyclin (Tig)			3 2,0 %		3 0,4 %
Trimethoprim (Tm)		1 1,5 %		10 2,4 %	11 1,5 %
Gentamicin (G)					
Nalidixinsäure (Nx)	6 4,8 %	4 5,9 %	130 88,4 %	13 3,2 %	153 20,4 %
Ciprofloxacin (Cip) HL			2 1,4 %		2 0,3 %
Ciprofloxacin (Cip) LL	6 4,8 %	4 5,9 %	128 87,1 %	19 4,6 %	157 20,9 %
Cefotaxim (Ctx)					
Ceftazidim (Caz)			1 0,7 %		1 0,1 %
Meropenem (M)					
Azithromycin (Azm)			1 0,7 %	1 0,2 %	2 0,3 %
Voll empfindlich	118 94,4 %	48 70,6 %	17 11,6 %	383 93,4 %	566 75,5 %
Resistent gegenüber einer Antibiotikaklasse	7 5,6 %	6 8,8 %	5 3,4 %	15 3,7 %	33 4,4 %
Resistent gegenüber zwei Antibiotikaklassen		12 17,6 %	7 4,8 %	10 2,4 %	29 3,9 %

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=125)	S. Typhimurium (n=68)	S. Infantis (n=147)	Andere (n=410)	Gesamt (n=750)
Multiresistent		2 2,9 %	118 80,3 %	2 0,5 %	122 16,3 %

Tabelle 105: Multiresistente *Salmonella*-Serotypen bei Stämmen aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2024

Serotyp	Anzahl MR
S. Infantis	118
S. Typhimurium	2
S. Derby S. Regent	je 1
<b>Gesamt</b>	<b>122</b>

Bei Hühnern war *S. Infantis* mit 123 Isolaten der am häufigsten vorkommende Serotyp, 104 Stämme (84,6 %) waren multiresistent (Tabelle 106).

Tabelle 106: *Salmonella*-Isolate von Hühnern, Österreich, 2024

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
S. Infantis	123	7	104	84,6
S. Enteritidis	72	71		
S. Typhimurium (inkl. monophasische Variante)	21	13		
S. Coeln	16	14		
S. Montevideo	15	15		
S. Thompson	11	11		
S. Mbandaka	10	10		

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
andere	61	50	2	3,3
<b>Gesamt</b>	<b>329</b>	<b>191</b>	<b>106</b>	<b>32,2</b>

## Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Lebensmittel

Der größte Anteil der 691 *Salmonella*-Isolate aus Lebensmitteln stammte von Schlachtgeflügel (241 Isolate) (Tabelle 107).

319 (46,2 %) Isolate waren voll empfindlich, 317 (45,9 %) zeigten gegenüber mindestens drei Antibiotikaklassen eine Resistenz (Tabelle 108).

Die multiresistenten Stämme aus Lebensmitteln gehörten vor allem dem Serotyp *S. Infantis* (306 Isolate) an (Tabelle 109).

Tabelle 107: *Salmonella*-Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2024

	Anzahl
<b>Schlachtgeflügel:</b>	
Hühner	181
Puten	12
Andere/ ohne weitere Angaben	48
<b>Fleisch &amp; Innerein</b>	117
<b>Ei &amp; Eiprodukte</b>	88
<b>Andere Lebensmittel</b> (z. B. Gewürze, ohne weitere Angaben)	245
<b>Gesamt</b>	<b>691</b>

Tabelle 108: Anzahl der resistenten *Salmonella*-Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2024

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=95)	S. Typhimurium (n=39)	S. Infantis (n=358)	Andere (n=199)	Gesamt (n=691)
Ampicillin (A)		19 48,7 %	34 9,5 %	7 3,5 %	60 8,7 %
Chloramphenicol (C)		1 2,6 %	8 2,2 %	2 1,0 %	11 1,6 %
Sulfonamide (Su)		19 48,7 %	306 85,5 %	11 5,5 %	336 48,6 %
Tetracyclin (T)		21 53,8 %	327 91,3 %	11 5,5 %	359 52 %
Tigecyclin (Tig)		1 2,6 %	16 4,5 %		17 2,5 %
Trimethoprim (Tm)			11 3,1 %	3 1,5 %	14 2,0 %
Gentamicin (G)			1 0,3 %	2 1,0 %	3 0,4 %
Nalidixinsäure (Nx)	6 6,3 %		332 92,7 %	12 6,0 %	350 50,7 %
Ciprofloxacin (Cip) HL				3 1,5 %	3 0,4 %
Ciprofloxacin (Cip) LL	6 6,3 %	1 2,6 %	332 92,7 %	9 4,5 %	348 50,4 %
Cefotaxim (Ctx)			2 0,6 %		2 0,3 %
Ceftazidim (Caz)			2 0,6 %		2 0,3 %
Meropenem (M)					
Azithromycin (Azm)				1 0,5 %	1 0,1 %
<b>Voll empfindlich</b>	89 93,7 %	19 48,7 %	26 7,3 %	185 93 %	319 46,2 %
<b>Resistent gegenüber einer Antibiotikaklasse</b>	6 6,3 %	1 2,6 %	3 0,8 %	4 2 %	14 2 %
<b>Resistent gegenüber zwei Antibiotikaklassen</b>		18 46,2 %	23 6,4 %		41 5,9 %

Antibiotikum	S. Enteritidis (n=95)	S. Typhimurium (n=39)	S. Infantis (n=358)	Andere (n=199)	Gesamt (n=691)
Multiresistent		1 2,6 %	306 85,5 %	10 5 %	317 45,9 %

Tabelle 109: Multiresistente *Salmonella*-Serotypen bei Stämmen aus Lebensmitteln, Österreich, 2024

Serotyp	Anzahl MR
S. Infantis	306
S. Newport	4
S. Kentucky	2
S. Agona	
S. Derby	
S. Saintpaul	je 1
S. Typhimurium Geißelloser Stamm d. C1-Gruppe	
<b>Gesamt</b>	<b>317</b>

Bei Hühnerfleisch war *S. Infantis* mit 157 Isolaten, davon 148 (94,3 %) multiresistent, der am häufigsten vorkommende Serotyp. (Tabelle 110).

Tabelle 110: *Salmonella*-Isolate aus Hühnerfleisch, Österreich, 2024

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
S. Infantis	157	1	148	94,3
S. Kentucky	8	6	2	25
S. Enteritidis	5	3		
S. Newport	4		4	100
S. Agona	3	3		

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
<b>S. Typhimurium (inkl. monophasischer Variante)</b>	2	1		
<b>S. Thompson</b>	1	1		
<b>S. Kasenyi</b>	1	1		
<b>Gesamt</b>	<b>181</b>	<b>16</b>	<b>154</b>	<b>85,1</b>

## Antibiotikaresistenz – nicht-humane Isolate / Futtermittel

Bei den insgesamt 208 Isolaten aus dem Futtermittelbereich (Futtermittel, Staubproben aus der Futtermittelerzeugung, Heimtierfutter) war *S. Mbandaka* der am häufigsten nachgewiesene Serotyp (87 Isolate). Es gab keine multiresistenten Isolate (Tabelle 111).

Tabelle 111: *Salmonella*-Isolate aus Futtermitteln, Österreich, 2024

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
<b>S. Mbandaka</b>	87	87		
<b>S. Menston</b>	20	20		
<b>S. Muenster</b>	18	18		
<b>S. Montevideo</b>	13	13		
<b>S. Agona</b>	12	12		
<b>S. Ouakam</b>	8	8		
<b>S. Altona</b>	6	6		
<b>S. Tennessee</b>	6	6		
<b>S. Kiambu</b>	5	5		
<b>S. Havana</b>	4	4		
<b>S. Senftenberg</b>	4	4		
<b>S. Llandoff</b>	3	3		
<b>rauer Salmonella-Stamm</b>	3	3		

Serotyp	Anzahl Isolate	Voll empfindlich	Multiresistent	% Multiresistent
S. Derby	2	2		
S. Abony	2	2		
S. Carno	2	2		
S. Muenchen	2	2		
S. Tornow	2	2		
S. Typhimurium - monophasisch	2	2		
S. Yoruba	2	2		
S. Isangi	1	1		
S. Livingstone	1			
S. Minnesota	1	1		
S. Oranienburg	1	1		
S. IIIb ( <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>diarizonae</i> ) 38 : r : z	1	1		
<b>Gesamt</b>	<b>208</b>	<b>207</b>		

## Diskussion

Im Jahr 2024 wurde an der Nationalen Referenzzentrale für Salmonellen (NRZS) eine weitere Zunahme eingesandter humaner Erstisolate um 14 % gegenüber dem Vorjahr registriert, damit nähert sich die Gesamtzahl mit 1400 wieder den Vor-Corona-Zahlen an (2013 - 2019: zwischen 1480 und 1872 Erstisolate).

Seit 2002 ist ein Rückgang von mehr als 80 % 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 97).

Mittlerweile liegen die Resistenzraten gegenüber mehreren Antibiotika (Ampicillin, Sulfonamide, Tetracyclin, Nalidixinsäure, Low-Level Ciprofloxacin) – teilweise deutlich – über 10 %. Der Anteil der multiresistenten Isolate lag 2024 bei 9,3 %.

Die Resistenzen gegenüber Ampicillin, Sulfonamiden und Tetracyclin entsprechen dem typischen Resistenzmuster von *S. Typhimurium*. Nalidixinsäure-Resistenz 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 2024 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 2024: 63). Seit einigen Jahren wird aber auch hier zunehmend die voll empfindliche Variante von *S. Infantis* verdrängt (2009: 40x voll empfindlich, 6x SuTNx; 2024: 14x voll empfindlich, 44x zumindest SuTNxCip(LL)).

## Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Salmonellen dankt allen einsendenden Laboratorien sowie allen Ärztinnen und Ärzten und Behörden 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.<sup>in</sup> 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](mailto:sandra.koeberl-jelovcan@ages.at) oder [humanmed.graz@ages.at](mailto:humanmed.graz@ages.at)

## Reviewer

Dr. Christian Kornschober

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](mailto:christian.kornschober@ages.at) oder [humanmed.graz@ages.at](mailto:humanmed.graz@ages.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>238</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>238</b>
<b>Einleitung</b> .....	<b>238</b>
<b>Methodik</b> .....	<b>239</b>
Humanisolate .....	239
Lebensmittelisolate .....	239
Datenanalyse .....	240
<b>Ergebnisse</b> .....	<b>243</b>
Resistenzen von <i>Campylobacter jejuni</i> und <i>Campylobacter coli</i> im Humanbereich.....	243
Mehrfachresistenzen bei Humanisolaten .....	246
Resistenzen von <i>Campylobacter jejuni</i> und <i>Campylobacter coli</i> aus Lebensmitteln.....	247
Mehrfachresistenzen bei Isolaten aus Geflügelfleisch.....	249
<b>Diskussion</b> .....	<b>250</b>
<b>Referenzen</b> .....	<b>251</b>

## Zusammenfassung

Wie schon in den vergangenen Jahren wurden auch im Jahr 2024 bei *C. jejuni* und *C. coli* aus Humanproben und aus Geflügelfleisch extrem hohe Resistenzraten für Fluorochinolone und hohe bis sehr hohe für Tetracycline festgestellt. Die Fluorochinolone-Resistenz bei Humanisolaten betrug 75,6 % in *C. jejuni* bzw. 86,1 % in *C. coli*. Nur wenige Isolate zeigten Makrolid-Resistenz (*C. jejuni* 0,2 %, *C. coli* 3 %), sodass Makrolide bei Vorliegen einer Indikation nach wie vor das Mittel der Wahl für eine antimikrobielle Therapie darstellen. Das horizontal übertragbare und für High-Level Makrolid-Resistenz codierende Gen *erm(B)* wurde erneut in einem *C. jejuni*-Isolat eines Reiserückkehrers nachgewiesen.

## Abstract

As in previous years, 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 in 2024. The fluoroquinolone resistance in human isolates was 75.6% in *C. jejuni* and 86.1% in *C. coli*. Only few human isolates exhibited resistance to macrolides (*C. jejuni* 0.2%, *C. coli* 3%), so macrolides can still be regarded as the current drugs of choice for antimicrobial therapy if indicated. The horizontally transferable gene *erm(B)* conferring high-level macrolide resistance was again detected in a *C. jejuni* isolate recovered from a patient with a history of foreign travel.

## 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 2024 wurden in Österreich 6.858 Fälle von Campylobacteriose registriert (Epidemiologisches Meldesystem, Stand 04.03.2025) [1]. 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 wird von Primärlaboratorien aus den verschiedenen Bundesländern monatlich eine bestimmte Anzahl an Isolaten an die Referenzzentrale übermittelt. Eine bundesweite Stichprobe von 527 *Campylobacter*-Isolaten (426 *C. jejuni* und 101 *C. coli*) wurde im Berichtsjahr hinsichtlich Resistenzverhalten gegenüber 12 klinisch bzw. epidemiologisch relevanten antimikrobiellen Wirkstoffen mittels Bouillon-Mikrodilutionsmethode (Thermo Scientific™ Sensititre™ System, Thermo Fisher Scientific Inc.) untersucht. Des Weiteren wurden 12 Isolate (4 *C. jejuni* und 8 *C. coli*) aus einem Programm zur Überwachung von High-Level-Makrolid-Resistenz getestet. Zusätzlich wurden alle Isolate mit High-Level Makrolid-Resistenz (minimale Hemmkonzentration (MHK) für Erythromycin  $\geq 256 \mu\text{g/ml}$ ) mittels Ganzgenomsequenzierung (Illumina MiSeq Plattform) untersucht.

### Lebensmittelisolate

Bei 56 an das Referenzlabor eingesandten *Campylobacter*-Isolaten aus rohem Hühnerfleisch 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. 48 % der Proben waren Handelsproben, 23 % Verdachtsproben und 29 % der Proben stammten aus der Eigenproduktion. Bei 22 Proben (39 %) stammten Rohware und Erzeugnis aus dem Inland, bei 20 (36 %) inländischen Erzeugnissen fehlte die Angabe zur Herkunft der Rohware und bei 11 (20 %) Proben handelte es sich um Importware. Bei den restlichen drei Proben stammten entweder das Erzeugnis aus dem Inland und die Rohware aus dem Ausland oder das Ursprungsland des Erzeugnisses und der Rohware war unbekannt. Für die Datenanalyse wurde nicht zwischen den genannten Gruppen unterschieden.

## Datenanalyse

Die Auswertung der MHK-Daten zu den 12 untersuchten antimikrobiellen Wirkstoffen erfolgte anhand epidemiologischer Cut-Off-Werte (ECOFFs) für *Campylobacter* nach EUCAST (zuletzt aufgerufen am 26.06.2025 [2]). Für Ertapenem ist nur die Verteilung der MHK-Werte ohne Resistenzangabe dargestellt, da es nur einen vorläufigen, nicht validierten EUCAST ECOFF gibt und der von EFSA (European Food Safety Authority) derzeit verwendete ECOFF von 0,5 µg/ml noch diskutiert wird. Für die Wirkstoffe Imipenem, Meropenem und Tigezyklin stehen keine *Campylobacter*-spezifischen ECOFFs zur Verfügung. Aus diesem Grund wurden für die genannten Wirkstoffe die klinischen Breakpoints für *Enterobacterales* nach EUCAST angewandt. Der Grad der Resistenz wurde wie folgt kategorisiert: extrem hoch (>70 %), sehr hoch (> 50 % – 70 %), hoch (> 20 % – 50 %), mäßig (> 10 % – 20 %), niedrig (> 1 % – 10 %), sehr niedrig (0,1 % – 1 %) und selten (< 0,1 %) [3].

In Tabelle 112 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 112: Übersicht über Wirkstoffe, ECOFFs/ klinische Breakpoints und Messbereiche (µg/ml)

Antimikrobielle Substanz	Abk.	ECOFF EUCAST/EFSA	Klinischer Breakpoint EUCAST		Messbereich Human	Messbereich Lebensmittel
		R>	S≤	R>		
Ampicillin	AMP	16	-	-	1-64	-
Azithromycin ( <i>C. jejuni</i> )	AZI	0,25	-	-	0,06-16	-
Azithromycin ( <i>C. coli</i> )		0,5	-	-		-
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> )	ETP	(0,125) <sup>2</sup> / 0,5	-	-	-	0,12-4
Gentamicin	GEN	2	-	-	0,12-16	0,25-16
Imipenem	IMI	-	2 <sup>1</sup>	4 <sup>1</sup>	0,06-16	-
Meropenem	MERO	-	2 <sup>1</sup>	8 <sup>1</sup>	0,03-16	-
Tetrazyklin ( <i>C. jejuni</i> )	TET	1	2	2	1-64	0,5-64
Tetrazyklin ( <i>C. coli</i> )		2	2	2		

Antimikrobielle Substanz	Abk.	ECOFF EUCAST/EFSA	Klinischer Breakpoint EUCAST		Messbereich Human	Messbereich Lebensmittel
		R>	S≤	R>		
Tigezyklin	TGC	-	0,5 <sup>1</sup>	0,5 <sup>1</sup>	0,12-8	-

<sup>1</sup> EUCAST klinischer Breakpoint für *Enterobacterales*; S = sensibel, R = resistent

<sup>2</sup> EUCAST Tentative ECOFF

## Ergebnisse

### Resistenzen von *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* im Humanbereich

75,6 % der *C. jejuni*-Isolate wiesen eine Fluorochinolon-Resistenz und 53,5 % eine Tetrazyklin-Resistenz auf (Tabelle 113, Abbildung 80). Bei *C. coli* wurden zu 86,1 % Fluorochinolon-Resistenz und zu 51,5 % Tetrazyklin-Resistenz festgestellt (Tabelle 114, Abbildung 82). Die Ciprofloxacin-Resistenz lag somit sowohl in *C. jejuni* als auch *C. coli* unter dem Vorjahreswert, während die Resistenz gegenüber Tetrazyklin in *C. coli* nach einem mehrjährigen Rückgang erstmal wieder anstieg. 1 (0,2 %) *C. jejuni*-Isolat und 3 (3 %) *C. coli*-Isolate waren resistent gegenüber Erythromycin. Die Resistenzrate für Azithromycin lag im Vergleich zu Erythromycin etwas höher (*C. jejuni* 0,7 % und *C. coli* 5 %), allerdings lag der MHK-Wert von Azithromycin in den abweichenden Fällen jeweils nur eine Titerstufe über dem ECOFF und somit innerhalb des Schwankungsbereichs der Methode. 1 *C. coli*-Isolat war resistent gegenüber Chloramphenicol (catA13) und Gentamicin (aac(6')-Ie/aph(2'')-Ia). Eine Resistenz gegenüber Carbapenemen (Meropenem, Imipenem) oder Tigecyklin wurde weder in *C. jejuni* noch in *C. coli* nachgewiesen (Analyse mittels klinischer Breakpoints für Enterobacterales). Die Verteilungen der MHK-Werte sind in Abbildung 81 und Abbildung 83 dargestellt. In einem *C. jejuni*-Isolat von insgesamt 15 untersuchten Isolaten mit High-Level Makrolid-Resistenz (5 *C. jejuni*, 10 *C. coli*) konnte das Gen *erm(B)* nachgewiesen werden. In den weiteren Fällen war eine Mutation im 23S rRNA Gen (A2075G, A2074C, A2074T) verantwortlich für eine High-Level-Makrolid-Resistenz.

Tabelle 113: Resistenzanteile bei *Campylobacter jejuni*-Erstisolaten aus Humanproben

Antimikrobielle Substanz	2019-2023	2023	2024
	N=2149/309* n res (%)	N=418/309* n res (%)	N=426 n res (%)
Ampicillin	48,9 [46,8-51]	53,1 [48,3-57,8]	49,1 [44,3-53,8]
Azithromycin	-	-	0,7 [0,3-2]
Chloramphenicol	0,0 [0-0,3]	0,0 [0-0,7]	0,0 [0-0,7]

Antimikrobielle Substanz	2019-2023	2023	2024
	N=2149/309*	N=418/309*	N=426
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Ciprofloxacin	79,9 [78,1-81,5]	84,0 [80,1-87,2]	75,6 [71,3-79,4]
Erythromycin	0,2 [0,1-0,5]	0,5 [0,1-1,7]	0,2 [0,1-1,3]
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* [-]	0,0* [-]	0,0 [0-0,7]
Tetrazyklin	51,1 [49-53,2]	52,6 [47,8-57,4]	53,5 [48,8-58,2]
Tigezyklin	0,0* [-]	0,0* [-]	0,0 [0-0,7]

\* reduzierte Isolatanzahl

Abbildung 80: Resistenzanteile bei *Campylobacter jejuni*-Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2024 (Anzahl Isolate)

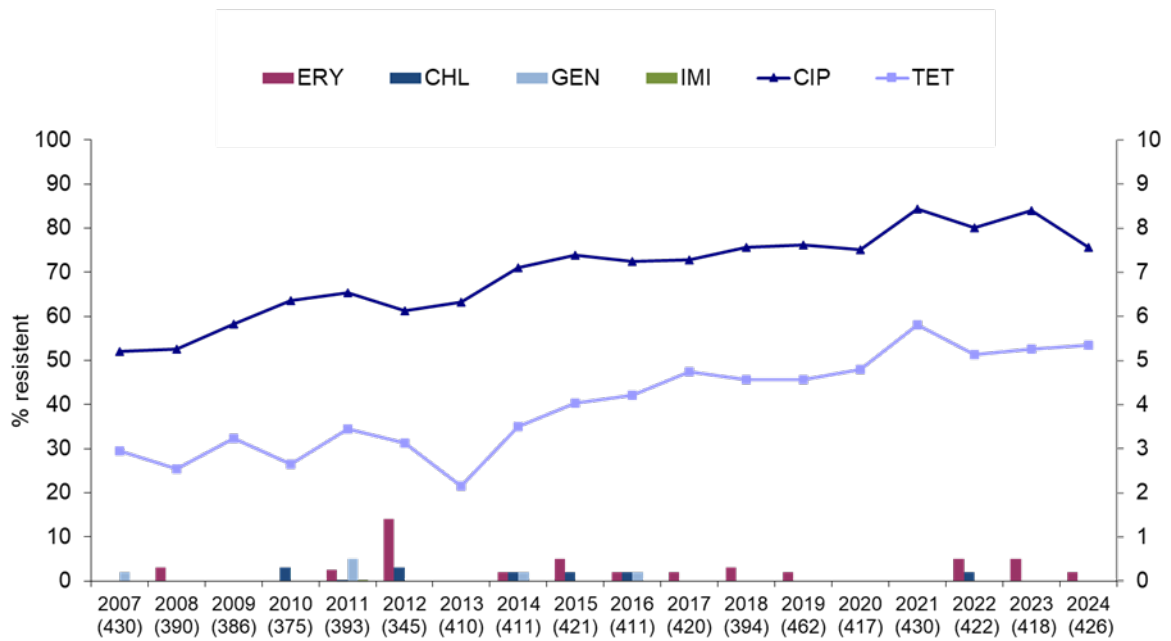


Abbildung 81: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter jejuni*-Erstisolaten aus Humanproben, 2024

		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
AMP	49,1	[44.3 - 53.8]						1,2	4,2	22,3	18,1	5,2	3,3	14,8	31,0			
AZI	0,7	[ 0.3 - 2.0]		33,6	44,6	21,1	0,5						0,2					
CHL	0,0	[ 0.0 - 0.7]							65,7	26,5	5,4	2,3						
CIP	75,6	[71.3 - 79.4]			22,5	1,4	0,5			2,8	47,2	17,4	5,4	2,8				
C. jejuni	ERY	0,2	[ 0.1 - 1.3]				29,1	47,7	20,0	3,1								0,2
N=426	GEN	0,0	[ 0.0 - 0.7]			39,2	60,1	0,7										
	IMI	0,0	[ 0.0 - 0.7]		74,9	24,4	0,5	0,2										
	MERO	0,0	[ 0.0 - 0.7]	55,9	21,4	15,5	4,9	0,7	0,7	0,9								
	TET	53,5	[48.8 - 58.2]				37,3	8,2	0,9	0,2	0,5	0,9	0,5	4,0	47,4			
	TGC	0,0	[ 0.0 - 0.7]			94,6	5,2	0,2										

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

Tabelle 114: Resistenzanteile bei *Campylobacter coli*-Erstisolaten aus Humanproben

Antimikrobielle Substanz	2019-2023	2023	2024
	N= 340/93*	N=106/93*	N=101
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Ampicillin	33,5 [28,7-38,7]	46,2 [37-55,7]	48,5 [39-58,2]
Azithromycin	-	-	5,0 [2,2-11,1]
Chloramphenicol	0,9 [0,3-2,5]	0,9 [0,2-5,1]	1,0 [0,2-5,3]
Ciprofloxacin	83,2 [78,9-86,8]	89,6 [82,3-94,1]	86,1 [78-91,5]
Erythromycin	1,5 [0,6-3,4]	0,0 [0-2,8]	3,0 [1,1-8,4]
Gentamicin	0,3 [0,1-1,6]	0,0 [0-2,8]	1,0 [0,2-5,3]
Imipenem	0,0 [-]	0,0 [0-2,8]	0,0 [0-2,8]
Meropenem	0,0* [-]	0,0* [-]	0,0 [0-2,8]
Tetrazyklin	49,1 [43,8-54,5]	40,6 [31,7-50,1]	51,5 [41,8-61]
Tigezyklin*	0,0* [-]	0,0* [-]	0,0 [0-2,8]

\* reduzierte Isolatanzahl

Abbildung 82: Resistenzanteile bei *Campylobacter coli*-Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2024 (Anzahl Isolate)

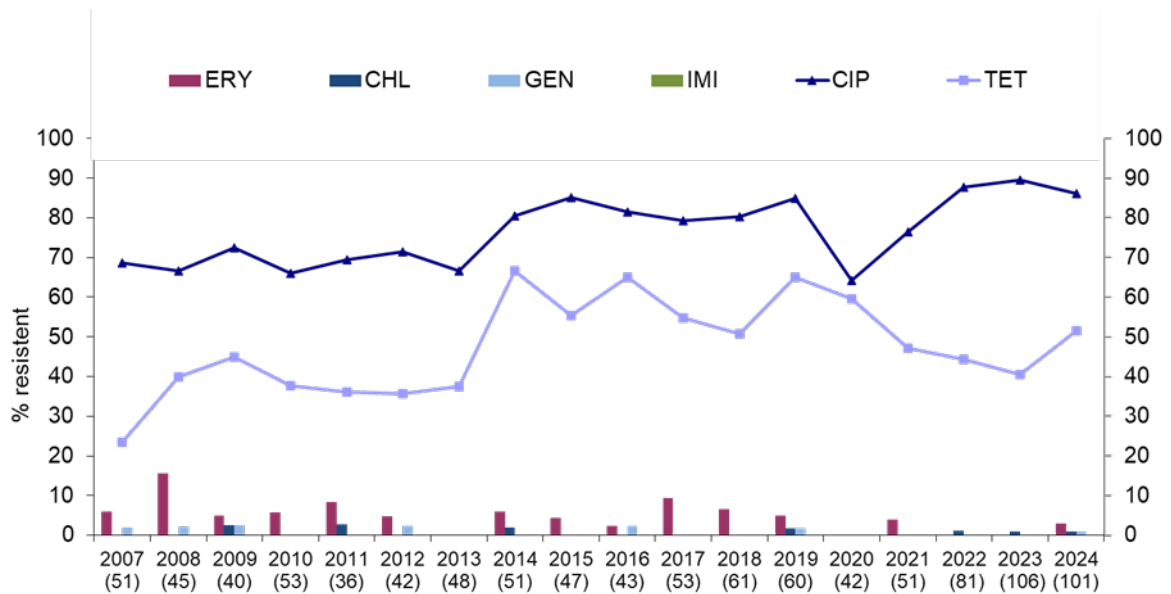


Abbildung 83: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter coli*-Erstisolaten aus Humanproben, 2024

		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=101	AMP	48,5	[39.0 - 58.2]							3,0	17,8	30,7	23,8	1,0	23,8			
	AZI	5,0	[2.2 - 11.1]		12,9	30,7	44,6	6,9	3,0					2,0				
	CHL	1,0	[0.2 - 5.3]							6,9	42,6	43,6	5,9	1,0				
	CIP	86,1	[78.0 - 91.5]			8,9	5,0			4,0	26,7	36,6	18,8					
	ERY	3,0	[1.1 - 8.4]					24,8	25,7	25,7	19,8	1,0	1,0					2,0
	GEN	1,0	[0.2 - 5.3]				41,6	56,4	1,0					1,0				
	IMI	0,0	[0.0 - 2.8]			17,8	76,2	5,9										
	MERO	0,0	[0.0 - 2.8]	2,0	30,7	33,7	16,8	9,9	5,9			1,0						
	TET	51,5	[41.8 - 61.0]				16,8	20,8	7,9	3,0	1,0				2,0	48,5		
	TGC	0,0	[0.0 - 2.8]			96,0	4,0											

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

### Mehrfachresistenzen bei Humanisolaten

2024 waren 22,5 % der *C. jejuni*- und 9,9 % der *C. coli*-Isolate gegenüber den ausgewählten antimikrobiellen Substanzen zur Gänze empfindlich, 25,8 % bzw. 42,6 % wiesen Resistenzen gegenüber einem Antibiotikum auf (Tabelle 115 und Tabelle 116). 51,4 % der *C. jejuni*- und 43,6 % der *C. coli*-Isolate waren gegenüber 2 Antibiotika resistent (CIP-TET), und 0,2 % der *C. jejuni*-Isolate bzw. 3,0 % der *C. coli*-Isolate waren gegenüber 3 Antibiotika resistent (CIP-ERY-TET). 1 *C. coli*-Isolat war resistent gegenüber 4 getesteten

Antibiotikaklassen (CIP-CHL-GEN-TET) und zeigte zusätzlich Resistenz gegenüber Ampicillin (MHK >64 µg/ml). 0,3 % der Ciprofloxacin-resistenten *C. jejuni* und 3,4 % der *C. coli* waren zugleich Erythromycin-resistent.

Tabelle 115: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter jejuni*-Erstisolate aus Humanproben

	2019–2023	2023	2024
Mehrfachresistenz (%)	N=2149	N=418	N=426
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Zur Gänze empfindlich	18,7 [17,1 -20,4]	15,1 [12-18,8]	22,5 [18,8-26,7]
Resistenz gegenüber 1 AB	31,5 [29,6-33,5]	33,3 [28,9-37,9]	25,8 [21,9-30,2]
Resistenz gegenüber 2 AB	49,5 [47,4-51,6]	51,2 [46,4-56]	51,4 [46,7-56,1]
Resistenz gegenüber 3 AB	0,2 [0,1-0,5]	0,5 [0,1-1,7]	0,2 [0,1-1,3]

Tabelle 116: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter coli*-Erstisolate aus Humanproben

	2019–2023	2023	2024
Mehrfachresistenz (%)	N=340	N=106	N=101
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Zur Gänze empfindlich	10,0 [7,3 -13,7]	5,7 [2,7-11,8]	9,9 [5,5-17,3]
Resistenz gegenüber 1 AB	47,1 [41,8-52,4]	58,5 [49-67,4]	42,6 [33,4-52,3]
Resistenz gegenüber 2 AB	40,9 [35,8-46,2]	34,9 [26,5-44,4]	43,6 [34,3-53,3]
Resistenz gegenüber 3 AB	2,1 [1-4,2]	0,9 [0,2-5,1]	3,0 [1,1-8,4]

## Resistenzen von *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* aus Lebensmitteln

Die Tabelle 117 und Tabelle 118 sowie die Abbildung 84 und Abbildung 85 zeigen die Resistenzraten und die Verteilung der MHK-Werte bei *Campylobacter* aus rohem Hühnerfleisch. Im Jahr 2024 waren 76,5 % der untersuchten *C. jejuni*- bzw. 81,8 % der

*C. coli*-Isolate Ciprofloxacin-resistent. Hohe Resistenzraten wurden auch für Tetrazyklin (*C. jejuni*, 52,9 %; *C. coli*, 45,5 %) beobachtet. 20,6 % der *C. jejuni*- und 86,4 % der *C. coli*-Isolate wiesen für Ertapenem einen MHK-Wert >0,5 µg/ml auf. Erythromycin-Resistenz wurde nur in *C. coli* festgestellt (4,5 %); ein Isolat wies eine High-Level-Makrolid-Resistenz auf, verursacht durch die Mutation A2075G im 23S rRNA Gen. Gegenüber Gentamicin und Chloramphenicol wurde keine Resistenz beobachtet.

Tabelle 117: Resistenzanteile bei *Campylobacter jejuni* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

Antimikrobielle Substanz	2019–2023	2023	2024
	N=357/209* n res (%)	N=63 n res (%)	N=34 n res (%)
Chloramphenicol	0,0* [0-1,4]	0,0 [0-4,6]	0,0 [0-8,2]
Ciprofloxacin	74,2 [69,4-78,5]	71,4 [59,2-81,1]	76,5 [59,9-87,5]
Erythromycin	0,0 [0-0,8]	0,0 [0-4,6]	0,0 [0-8,2]
Gentamicin	0,0 [0-0,8]	0,0 [0-4,6]	0,0 [0-8,2]
Tetrazyklin	50,4 [45,3-55,6]	52,4 [40,2-64,2]	52,9 [36,6-68,6]

\* reduzierte Isolatanzahl

Abbildung 84: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter jejuni* aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2024

		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=34	CHL	0,0	[0,0 - 8,2]								41,2	52,9	2,9	2,9						
	CIP	76,5	[59,9 - 87,5]			23,5								55,9	17,6	2,9				
	ERY	0,0	[0,0 - 8,2]							82,4	17,6									
	ETP	-	-			41,2	26,5	11,8	14,7		2,9	2,9								
	GEN	0,0	[0,0 - 8,2]					100,0												
	TET	52,9	[36,6 - 68,6]						47,1				2,9			2,9	47,1			

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

Tabelle 118: Resistenzanteile bei *Campylobacter coli* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

Antimikrobielle Substanz	2019–2023	2023	2024
	N=189/143*	N=55	N=22
	n res (%)	n res (%)	n res (%)
Chloramphenicol	0,0* [0-2,1]	0,0 [0-5,2]	0,0 [0-12,2]
Ciprofloxacin	74,6 [67,9-80,3]	70,9 [57,8-81,2]	81,8 [61,2-92,5]
Erythromycin	3,7 [1,8-7,4]	0,0 [0-5,2]	4,5 [1,1-21,9]
Gentamicin	0,0 [0-1,6]	0,0 [0-5,2]	0,0 [0-12,2]
Tetrazyklin	50,3 [43,2-57,3]	54,5 [41,5-67,0]	45,5 [26,8-65,5]

\* reduzierte Isolatanzahl

Abbildung 85: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *Campylobacter coli* aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2024

		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=22	CHL	0,0	[0.0 - 12.2]						4,5	68,2	27,3							
	CIP	81,8	[61.2 - 92.5]			18,2							27,3	50,0	4,5			
	ERY	4,5	[1.1 - 21.9]						63,6	27,3	4,5							4,5
	ETP	-	-				9,1	4,5	22,7	27,3	36,4							
	GEN	0,0	[0.0 - 12.2]				45,5	54,5										
	TET	45,5	[26.8 - 65.5]					50,0	4,5							45,5		

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung

### Mehrfachresistenzen bei Isolaten aus Geflügelfleisch

Im Jahr 2024 waren 20,6 % der *C. jejuni*- sowie 13,6 % der *C. coli*-Isolate aus Hühnerfleisch gegenüber den ausgewählten antimikrobiellen Substanzklassen zur Gänze empfindlich und 29,4 % bzw. 45,5 % wiesen Resistenzen gegenüber einem Antibiotikum auf (Tabelle 119 und Tabelle 120). 50 % der *C. jejuni*- sowie 36,4 % der *C. coli*-Isolate waren gegenüber 2 Antibiotika resistent (CIP-TET). 1 *C. coli*-Isolat wies das Resistenzmuster CIP-ERY-TET auf.

Tabelle 119: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter jejuni* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

	<b>2019–2023</b>	<b>2023</b>	<b>2024</b>
<b>Mehrfachresistenz (%)</b>	<b>N=357</b>	<b>N=63</b>	<b>N=34</b>
	<b>n res (%)</b>	<b>n res (%)</b>	<b>n res (%)</b>
<b>Zur Gänze empfindlich</b>	24,1 [19,9-28,8]	27,0 [17,6-39,1]	20,6 [10,4-36,9]
<b>Resistenz gegenüber 1 AB</b>	27,2 [22,8-32]	22,2 [13,8-34]	29,4 [16,9-46,3]
<b>Resistenz gegenüber 2 AB</b>	48,7 [43,6-53,9]	50,8 [38,7-62,8]	50,0 [34-66]
<b>Resistenz gegenüber 3 AB</b>	0,0 [0-0,8]	0,0 [0-4,6]	0,0 [0-8,2]

Tabelle 120: Einfach- bzw. mehrfachresistente *Campylobacter coli* aus Geflügelfleischproben (Masthühner)

	<b>2019–2023</b>	<b>2023</b>	<b>2024</b>
<b>Mehrfachresistenz (%)</b>	<b>N=189</b>	<b>N=55</b>	<b>N=22</b>
	<b>n res (%)</b>	<b>n res (%)</b>	<b>n res (%)</b>
<b>Zur Gänze empfindlich</b>	13,2 [9,1-18,8]	14,5 [7,6-26,2]	13,6 [5-33,6]
<b>Resistenz gegenüber 1 AB</b>	48,1 [41,1-55,2]	45,5 [33-58,5]	45,5 [26,8-65,5]
<b>Resistenz gegenüber 2 AB</b>	35,4 [29-42,5]	40,0 [28,1-53,2]	36,4 [19,7-57,3]
<b>Resistenz gegenüber 3 AB</b>	3,2 [1,5-6,7]	0,0 [0-5,2]	4,5 [1,1-21,9]

## Diskussion

Wie schon in den vergangenen Jahren wurden auch im Jahr 2024 extrem hohe bzw. hohe bis sehr hohe Resistenzraten für Fluorochinolone bzw. Tetracykline bei *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* aus Humanproben und aus Geflügelfleisch festgestellt. Die in der Vergangenheit bei klinischen Isolaten speziell bei *C. jejuni* beobachtete Tendenz zu steigenden Fluorochinolon-Resistenzraten setzte sich 2024 jedoch nicht fort. Es bleibt abzuwarten, ob sich der Anteil an Fluorochinolon-resistenten *Campylobacter*-Isolaten nun auf sehr hohem Niveau stabilisiert hat. Multiresistenz wurde nur in geringem Ausmaß,

bevorzugt bei *C. coli*, beobachtet. Im Humanbereich konnte keine Resistenz für die therapeutisch bedeutsame Klasse der Carbapeneme festgestellt werden, und auch Gentamicin- bzw. Chloramphenicol-Resistenzen treten weiterhin selten auf. Die im Berichtsjahr verzeichnete Resistenz gegenüber Erythromycin war abermals sehr niedrig (*C. jejuni*) bis niedrig (*C. coli*), womit Makrolide weiterhin das Mittel der Wahl für eine antimikrobielle Therapie bei entsprechend vorliegender Indikation darstellen. Allerdings konnte erneut das für eine horizontal übertragbare High-Level-Makrolid-Resistenz codierende Gen *erm(B)* in einem *C. jejuni*-Isolat eines Reiserückkehrers aus dem Nahen Osten nachgewiesen werden. Neben Isolaten von Patienten und von Lebensmitteln umfasst die Überwachung der High-Level-Makrolidresistenz durch die Referenzzentrale auch *Campylobacter*-Isolate, welche im Rahmen eines EU-weiten harmonisierten Monitorings der antimikrobiellen Resistenz bei zoonotischen und kommensalen Bakterien gewonnen werden [4]. Derzeit gibt es jedoch keinen Hinweis auf eine Ausbreitung dieses Resistenzmechanismus in den *Campylobacter*-Populationen der überwachten Bereiche.

## Referenzen

[1] Jahresbericht 2024 der Nationalen Referenzzentrale für *Campylobacter*

[2] The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing – EUCAST.  
<https://www.eucast.org/>

[3] The European Food Safety Authority, EFSA Journal 2023;21(3):7867

[4] Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 der Kommission zur Überwachung und Meldung von antimikrobieller Resistenz bei zoonotischen und kommensalen Bakterien

# Resistenzbericht Yersinien

## Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Yersinien

## Ansprechperson/Autorin

Stefanie Klatovsky, MSc

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit  
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz  
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten  
Beethovenstraße 6  
8010 Graz  
E-Mail: [stefanie.klatovsky@ages.at](mailto:stefanie.klatovsky@ages.at)

## Reviewer

Dr. Christian Kornschober

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

**Inhaltsverzeichnis**

**Zusammenfassung ..... 254**

**Abstract ..... 254**

**Methodik ..... 254**

**Ergebnisse ..... 255**

Antibiotikaresistenz..... 256

**Diskussion..... 256**

**Danksagung ..... 257**

**Referenzen ..... 257**

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 wurden 225 humane Erstisolate an die Nationale Referenzzentrale für Yersinien gesandt. Von den Stämmen konnten 98 als pathogene und 127 als apathogene Isolate identifiziert werden. Bei den pathogenen Isolaten wurden 96 Stämme als *Y. enterocolitica* identifiziert, in 2 Fällen wurde *Y. pseudotuberculosis* nachgewiesen. Die Inzidenz der durch die Referenzzentrale kulturell bestätigten Fälle lag im Jahr 2024 bei 1,07 pro 100.000 EW. Das Resistenzverhalten der pathogenen Yersinien zeigte keine Auffälligkeiten – 18 *Y. enterocolitica*-Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure.

## Abstract

In 2024, the Austrian National Reference Centre for Yersinia examined 225 isolates of *Yersinia* spp. Of these isolates, 98 were pathogenic, 127 were non-pathogenic. Among the pathogenic isolates 96 belonged to *Yersinia enterocolitica* and two strains to *Y. pseudotuberculosis*. In 2024, the incidence rate for cases confirmed by the National Reference Centre was 1.07 per 100,000 inhabitants. In vitro susceptibility testing revealed no abnormalities – 18 *Y. enterocolitica* isolates showed resistance to amoxicillin/clavulanic acid.

## Methodik

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.

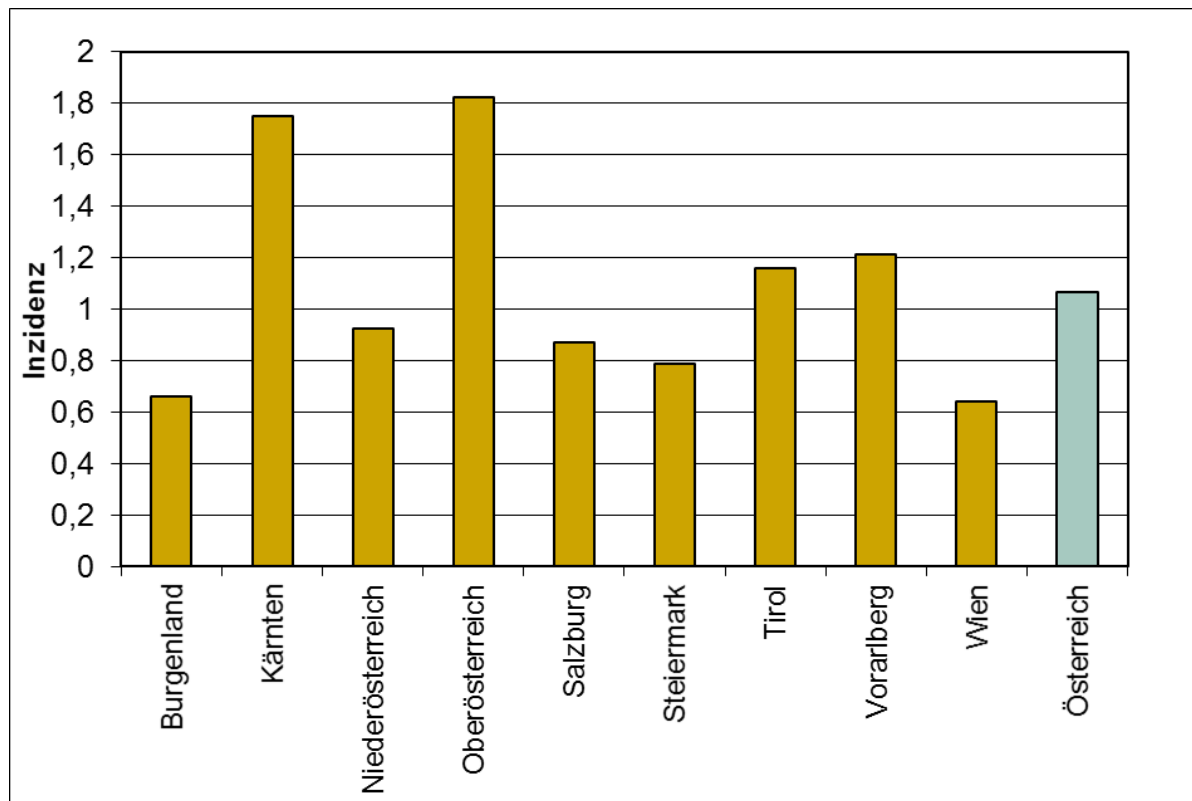
In der Nationalen Referenzzentrale für Yersinien wird bei allen Isolaten eine Antibiotikaresistenzprüfung mittels Agardiffusions-Tests durchgeführt. Die Beurteilung des Resistenzverhalten von Ampicillin, Amoxicillin/Clavulansäure, Cefotaxim, Gentamicin,

Ciprofloxacin und Co-Trimoxazol erfolgt entsprechend den EUCAST (The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing) -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 2024 225 Humanisolate. Davon konnten 98 als pathogene und 127 als apathogene Isolate identifiziert werden. Von den pathogenen Isolaten wurden 96 Stämme als *Y. enterocolitica* identifiziert, in 2 Fällen wurde *Y. pseudotuberculosis* nachgewiesen. Die Inzidenz der pathogenen Erstisolate pro Bundesland ist in Abbildung 86 dargestellt.

Abbildung 86: Inzidenz der pathogenen Erstisolate pro Bundesland, Österreich, 2024, 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 121 dargestellt.

Tabelle 121: Anzahl der gegenüber einem Antibiotikum resistenten pathogenen *Yersinia enterocolitica*-Isolate, aufgeschlüsselt nach Serovar und Biovar, Österreich, 2024, Nationale Referenzzentrale für Yersinien

Serovar	Biovar	Anzahl	Anzahl der Resistenzen						
			AMP	AMC	CTX	CN	CIP	TE	SXT
O:3	4	77	77	-	-	-	-	-	-
O:9	2	18	18	18	-	-	-	-	-
O:3	3	1	1	-	-	-	-	-	-

Ampicillin (AMP) 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. 18 Isolate waren resistent gegenüber Amoxicillin/Clavulansäure. Die *Y. pseudotuberculosis*-Isolate waren voll empfindlich. Es gab keine multiresistenten Stämme (definiert als Resistenz gegenüber vier oder mehr Antibiotika).

## Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Yersinien dankt allen einsendenden Laboratorien sowie den beteiligten Behörden und Ärzten für die gute Zusammenarbeit

## Referenzen

[1] CLSI. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 34rd ed. CLSI supplement M100. Clinical and Laboratory Standards Institute; 2024.

[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 Shigellen

## Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Shigellen

## Ansprechperson/Autorin

Mag.<sup>a</sup> Dr.<sup>in</sup> 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](mailto: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](mailto:christian.kornschober@ages.at)

**Inhaltsverzeichnis**

**Zusammenfassung ..... 260**

**Abstract ..... 260**

**Einleitung ..... 260**

**Methodik ..... 261**

**Ergebnisse ..... 261**

Antibiotikaresistenzen..... 262

Resistenz gegenüber Fluorchinolone ..... 264

ESBL Bildner..... 266

**Diskussion..... 268**

**Danksagung ..... 268**

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 wurden in Österreich insgesamt 88 bestätigte Shigellose-Fälle an die zuständigen Gesundheitsbehörden gemeldet. Die Zahl der in der Referenzzentrale nachgewiesenen *Shigella*-Erstisolate betrug 98. Die vorherrschende Spezies war *Shigella sonnei* mit 59,2 %. 6 Isolate waren gegenüber allen getesteten antimikrobiellen Wirkstoffgruppen sensibel. Bei 35 Isolaten konnte eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin nachgewiesen werden, bei insgesamt 44 Stämmen eine Nalidixinsäure-Resistenz. 36 *Shigella*-Isolate wurden als ESBL-Bildner (36,7 %) identifiziert.

## Abstract

In Austria 88 confirmed cases of shigellosis were reported to the health authorities in 2024. A total of 98 *Shigella* initial isolates were investigated by the National Reference Centre. The predominant species was *Shigella sonnei*, accounting for 59.2% of all isolates. Resistance testing revealed that six strains were sensitive against all substances tested. There was detected resistance against ciprofloxacin in 35 strains and resistance to nalidixic acid in 44 isolates, 36 *Shigella* strains were ESBL (extended spectrum  $\beta$ -lactamase) producers (36.7%).

## 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-Diffusionstest. Die Auswertung für das Jahr 2024 wurde nach den EUCAST-Vorgaben (EUCAST-Clinical Breakpoint Table in der geltenden Fassung (i.d.g.F.) für 2024\* 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.

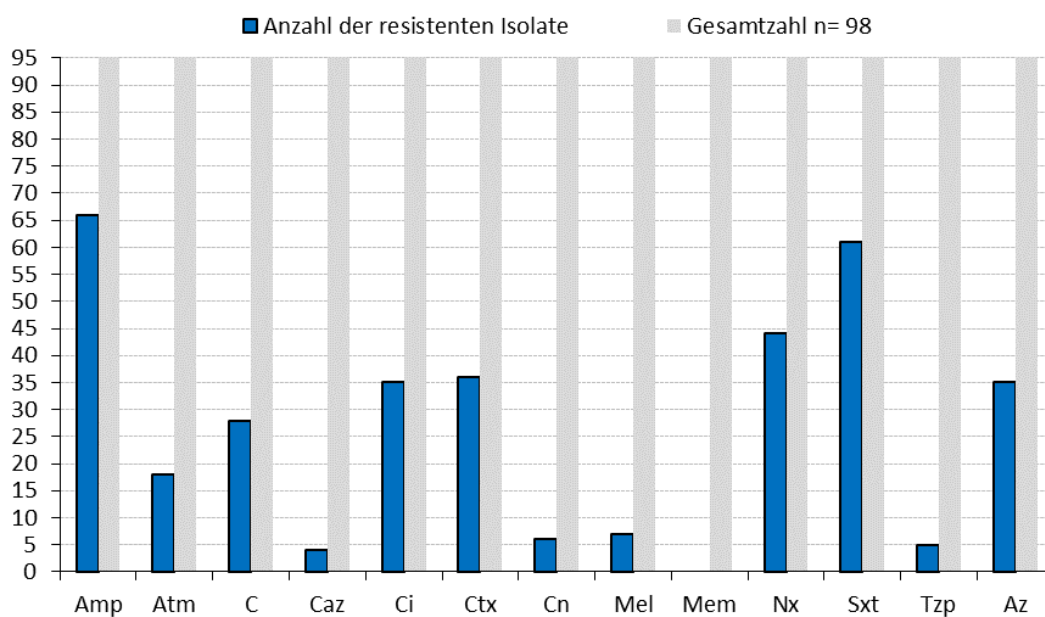
## Ergebnisse

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 88 bestätigte Fälle und 190 wahrscheinliche Fälle von Infektionen mit Shigellen gemeldet (Quelle: EMS/AGES: Infektionsepidemiologie). An der Nationalen Referenzzentrale für Shigellen wurden 98 *Shigella*-Erstisolate bearbeitet. Die Inzidenz aus diesem Wert beträgt 1,0 / 100.000 EW (Quelle: Statistik Austria / Bevölkerung im Jahresdurchschnitt 2024). Den größten Anteil bildete *S. sonnei* (59,2 %; n: 58), gefolgt von *S. flexneri* (40,8 %; n: 40). Die beiden Spezies *S. dysenteriae* und *S. boydii* wurden nicht nachgewiesen.

## Antibiotikaresistenzen

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzprüfungen im Jahr 2024 zeigten folgendes Bild: Es wurden 6 *Shigella*-Isolate identifiziert, welche gegenüber allen getesteten Substanzen sensibel waren. Bei allen anderen getesteten Shigellen konnten Antibiotikaresistenzen nachgewiesen werden. Abbildung 87 zeigt die Resistenzen der *Shigella*-Erstisolate gegenüber den getesteten Antibiotika aus dem Jahr 2024.

Abbildung 87: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2024



In der nachstehenden Tabelle 122 sind alle Resistenzphänotypen aufgelistet.

Tabelle 122: Resistenzphänotypen der untersuchten *Shigella*-Isolate, Österreich, 2024

Antibiotikaresistenzen	Anzahl
<b><i>Shigella sonnei</i>:</b>	
Sensibel	5
AmpCtx	1
AmpCtxAtm	1

<b>Antibiotikaresistenzen</b>	<b>Anzahl</b>
AmpCtxAtmSxt	6
AmpCtxAtmSxtNxCiAz	6
AmpCtxSxt	8
AmpCtxSxtNx	1
AmpCtxSxtNxAz	1
AmpCtxSxtNxCi	1
AmpCtxSxtNxCiAz	4
AmpTzpCSxtCn	1
NxCi	2
Sxt	12
SxtNx	3
SxtNxCi	4
SxtNxCiAz	1
SxtNxCn	1
<b><i>Shigella flexneri:</i></b>	
Sensibel	1
<b>Amp</b>	1
AmpC	6
AmpCAz	4
AmpCNxCiAz	3
AmpCSxtNxCi	1
AmpCtxAtmCNxCiAz	1
AmpCtxCazAtmCNxCiAz	2
AmpCtxCazAtmSxt	1
AmpCtxSxtNx	1
AmpCtxSxtNxCi	1
AmpCtxTzpAtmCSxtNxCiAz	1
AmpMelCNxCiAz	3

Antibiotikaresistenzen	Anzahl
AmpMelCNxCiCnAz	4
AmpSxt	2
AmpSxtAz	2
AmpTzpCAz	1
AmpTzpCNxCiAz	1
AmpTzpCSxtNxCiAz	1
Nx	1
Sxt	2

### Resistenz gegenüber Fluorchinolone

Bei 35 Isolaten (35,7 %) wurde eine Resistenz gegenüber Ciprofloxacin (Ci) nachgewiesen (Tabelle 123). Die Nalidixinsäure (Nx)-Resistenzrate betrug 44,9 % (siehe auch Abbildung 88).

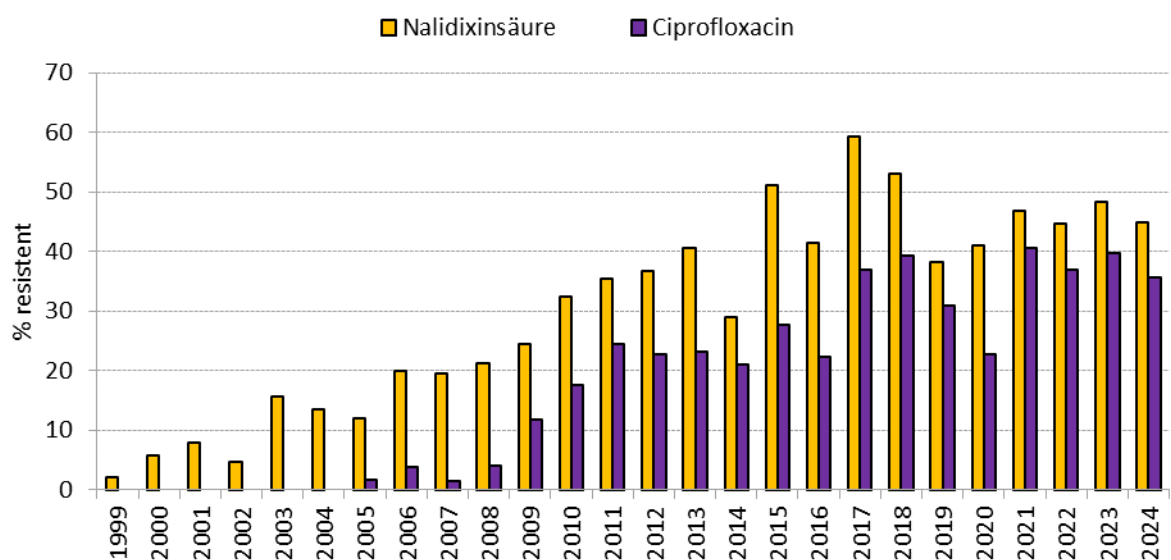
Tabelle 123: Ciprofloxacin-resistente Shigella-Stämme, Österreich, 2024

Ciprofloxacin-Resistenzen	Anzahl
<b><i>Shigella flexneri</i>:</b>	<b>17</b>
AmpCNxCiAz	2
AmpCSxtNxCi	1
AmpCtxAtmCNxCiAz	1
AmpCtxCazAtmCNxCiAz	2
AmpCtxSxtNxCi	1
AmpCtxTzpAtmCSxtNxCiAz	1
AmpMelCNxCiAz	3
AmpMelCNxCiCnAz	4
AmpTzpCNxCiAz	1
AmpTzpCSxtNxCiAz	1

Ciprofloxacin-Resistenzen	Anzahl
<b><i>Shigella sonnei</i>:</b>	<b>18</b>
AmpCtxAtmSxtNxCiAz	6
AmpCtxSxtNxCi	1
AmpCtxSxtNxCiAz	4
NxCi	2
SxtNxCi	4
SxtNxCiAz	1
<b>Gesamt:</b>	<b>35</b>

Abbildung 88 zeigt einen Vergleich von Daten bezüglich Resistenzen gegenüber Nx und Ci innerhalb der letzten 26 Jahre in Österreich.

Abbildung 88: Resistenzen gegenüber Nx und Ci bei *Shigella*-Stämmen, Österreich, 1999–2024



## ESBL Bildner

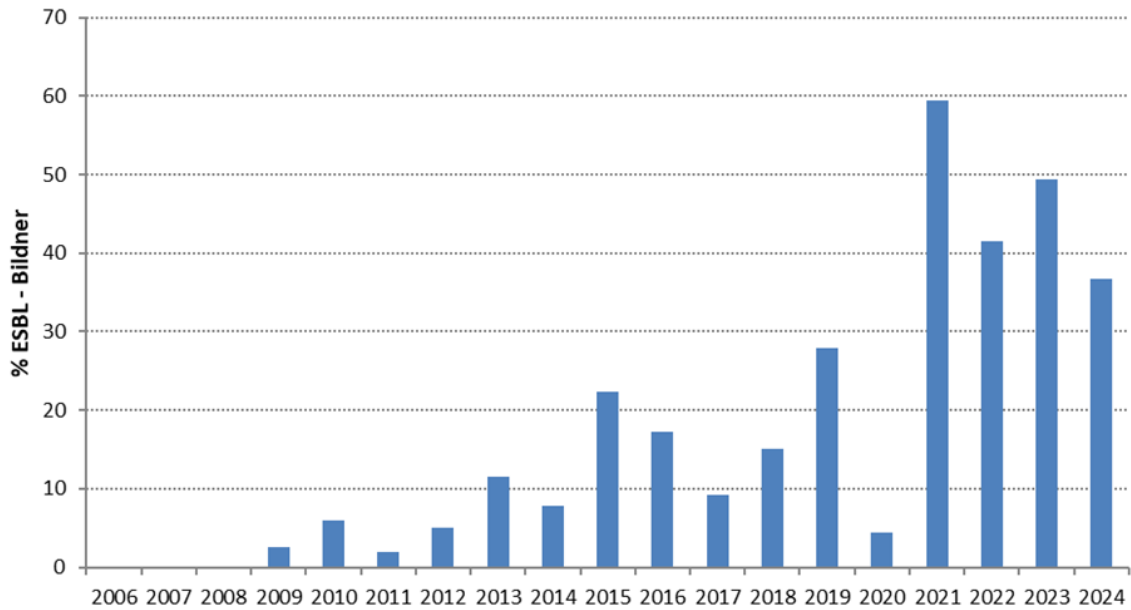
Im Jahr 2024 wurden 36 *Shigella*-Isolate als ESBL (extended spectrum  $\beta$ -lactamase)-Bildner (Tabelle 124) identifiziert.

Tabelle 124: ESBL bildende *Shigella*-Stämme, Österreich, 2024

ESBL-Bildner	Anzahl
<b><i>S. sonnei</i>:</b>	<b>29</b>
AmpCtx	1
AmpCtxAtm	1
AmpCtxAtmSxt	6
AmpCtxAtmSxtNxCiAz	6
AmpCtxSxt	8
AmpCtxSxtNx	1
AmpCtxSxtNxAz	1
AmpCtxSxtNxCi	1
AmpCtxSxtNxCiAz	4
<b><i>S. flexneri</i>:</b>	<b>7</b>
AmpCtxAtmCNxCiAz	1
AmpCtxTzpAtmCSxtNxCiAz	1
AmpCtxCazAtmCNxCiAz	2
AmpCtxCazAtmSxt	1
AmpCtxSxtNxCi	1
AmpCtxSxtNx	1
<b>Gesamt:</b>	<b>36</b>

Im Jahr 2009 wurden in Österreich erstmals ESBL bildende Shigellen registriert (Abbildung 89).

Abbildung 89: *Shigella* spp. ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006 – 2024



Um die Ci/Nx-Resistenzen und den Anteil an ESBL-Bildnern im Jahr 2024 mit den Jahren davor zu vergleichen, wurden die Daten in der nachfolgenden Tabelle dargestellt (Tabelle 125).

Tabelle 125: Anteil an Ci/Nx-Resistenzen und ESBL-Bildnern, Österreich 2010 - 2024

Jahr	Ci-Resistenz %	Nx-Resistenz %	ESBL-Bildner %
2024	35,7	44,9	36,7
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

Jahr	Ci-Resistenz %	Nx-Resistenz %	ESBL-Bildner %
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 2024 betrug 1,0 / 100.000 EW, auch im Jahr davor wurde aufgrund der gemeldeten bestätigten Fälle eine Inzidenz von 1,0 / 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 / 100.000 EW) und 2021 (0,43 / 100.000 EW) weitgehend verändert. Ursachen waren stark eingeschränkte Reisemöglichkeiten, Hygienemaßnahmen und die Tatsache, dass bei gastrointestinalen Beschwerden häufig keine Ärztinnen und Ärzte aufgesucht wurden. Der Schnitt der Inzidenzen der 5 Jahre vor der Pandemie lag bei 0,8 / 100.000 EW. Innerhalb der 98 Erstisolate konnten 36 ESBL-Bildner identifiziert werden (36,7 %). Dieser Anteil sowie die Anteile an Ciprofloxacin- (35,7 %) und Nalidixinsäure- (44,9 %) Resistenzen bleiben auch für das Jahr 2024 auf hohem Niveau (siehe Tabelle 125). Das u.a. für die Behandlung einer Shigellen-Infektion in der Literatur noch als Mittel der Wahl empfohlene Antibiotikum Azithromycin weist bei den 2024 in Österreich identifizierten Shigellen eine Resistenzrate von 35,7 % 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 Tuberkulose

## **Ansprechpersonen/Autoren**

Dr. Florian Heger MSc

PD Mag. Dr. Alexander Indra

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES)

Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Wien

Nationale Referenzzentrale für Tuberkulose

Währinger Straße 25a

A-1090 Wien

Telefon: 050 555 37111

Fax: 050 555 37109

E-Mail [florian.heger@ages.at](mailto:florian.heger@ages.at); [alexander.indra@ages.at](mailto:alexander.indra@ages.at)

**Inhaltsverzeichnis**

**Zusammenfassung ..... 271**

**Abstract ..... 271**

**Einleitung ..... 272**

**Methodik ..... 273**

**Ergebnisse ..... 275**

**Diskussion ..... 278**

**Danksagung ..... 280**

**Referenzen ..... 280**

## Zusammenfassung

Die Verbreitung resistenter Stämme des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex (MTC), insbesondere solcher mit Resistenzen gegenüber Erstlinienmedikamenten, stellt weltweit eine Herausforderung in der effektiven Behandlung der Tuberkulose dar und ist ein wichtiger Faktor, der zur Ausbreitung der Erkrankung beiträgt.

Die Überwachung resistenter MTC erfolgt in Österreich nach dem Tuberkulosegesetz über das elektronische Meldesystem (EMS), das dem europäischen Meldeprotokoll für Tuberkulose entspricht. Die Resistenzbestimmungen der kulturbestätigten Fälle werden an der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose durchgeführt.

Im Jahr 2024 wurden in Österreich insgesamt 4 Fälle (0,04 %) einer multiresistenten Tuberkulose (MDR-TB) und ein Fall (0,01 %) einer prä-extremresistenten Tuberkulose (Prä-XDR-TB) an der Nationalen Referenzzentrale bestätigt. Die Gesamtinzidenz für MDR-TB betrug 2024 in Österreich 0,04 Fälle pro 100.000 EW und für prä-XDR-TB 0,01 Fälle pro 100.000 EW. Es wurde kein Fall einer Rifampicin-resistenten (RR-) oder extensiv-resistenten (XDR-) Tuberkulose registriert. 100 % der MDR/prä-XDR-Fälle entfielen im Jahr 2024 auf die nicht in Österreich geborene Bevölkerung.

Ein pandemiebedingter Anstieg von MDR-TB Fällen zeigt sich seit dem Jahr 2022 wieder rückläufig. Die Anzahl der registrierten MDR-TB Fälle liegt damit weiterhin deutlich unter dem präpandemischen Niveau. Die Herkunftsländer der gemeldeten Fälle legen nahe, dass der Eintrag nach Österreich primär mit Flucht- und Migrationsbewegungen aus Vorderasien, Afrika und Osteuropa in Zusammenhang steht. Ein Großteil der MDR-TB-Isolate konnte 2024 der phylogenetischen Linie 2 (Beijing) zugeordnet werden.

## 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 via

an electronic reporting system, aligned with the European Tuberculosis reporting protocol. Resistance testing of culture-confirmed cases is carried out at the National Reference Center for Tuberculosis.

In 2024, a total of four cases (0.04%) of multidrug-resistant tuberculosis (MDR-TB) and one case (0.01%) 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 2024 was 0.04 per 100,000 inhabitants, and for pre-XDR-TB, it was 0.01 per 100,000 inhabitants. No cases of rifampicin-resistant (RR) or extensively drug-resistant (XDR-) TB were recorded in 2024.

In 2024, 100% of the MDR/pre-XDR cases were attributed to the non-native population of Austria. The post-pandemic increase in MDR-TB cases has been declining again since 2022. The number of registered MDR-TB cases thus remains significantly below pre-pandemic levels.

According to the reported countries of birth, the import of MDR-TB into Austria is primarily associated with migration movements from West Asia, Africa and Eastern Europe. A significant portion of the MDR-TB isolates in 2024 were phylogenetically assigned to lineage 2 (Beijing).

## Einleitung

Als Erreger der Tuberkulose (TB) gelten die im *Mycobacterium (M.)-tuberculosis*-Komplex (MTC) zusammengefassten, genetisch eng verwandten Mykobakterien- Spezies *M. tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. caprae*, *M. canettii*, *M. microti*, *M. mungi*, *M. oryngis* und *M. pinnipedii* (1-3). Bestimmte Eigenschaften der Mykobakterien begünstigen die Entwicklung antimikrobieller Resistenzen. Einerseits führt die Zusammensetzung der Zellwand zu einer hohen Resistenz gegenüber Umwelteinflüssen und macht eine langfristige Kombinationstherapie mit mehreren Wirkstoffen erforderlich (1). Andererseits verlangsamt das langsame Wachstum der Erreger im Kulturmedium die präzise Resistenzbestimmung, die jedoch Voraussetzung für eine zielgerichtete und wirksame Therapie ist (1).

Die Standardtherapie bei pansensibler Tuberkulose ist eine Kombinationstherapie aus Rifampicin, Isoniazid, Ethambutol und Pyrazinamid über eine empfohlene Gesamtdauer von sechs Monaten (4). Ein Ausweichen auf Zweitlinienmedikamente ist häufig mit einer verlängerten Behandlungsdauer, einem erhöhten Risiko von Nebenwirkungen und einer geringeren Heilungschance verbunden (5). Resistente MTC- Stämme, insbesondere jene mit Resistenzen gegenüber Erstlinienmedikamenten, stellen daher weltweit eine erhebliche Herausforderung für die effektive TB-Therapie dar und tragen wesentlich zu Verbreitung der Erkrankung bei (5).

Die Klassifikation resistenter Tuberkulose erfolgt daher anhand definierter Resistenzmuster gegenüber den wichtigsten Antituberkulotika. Erreger, die gegenüber Rifampicin resistent sind, werden als Rifampicin-resistente TB (RR-TB) bezeichnet. Liegt zusätzlich eine Resistenz gegenüber Isoniazid vor, spricht man von multiresistenter TB (MDR-TB) (5). Bei zusätzlicher Resistenz gegenüber Fluorchinolonen und/oder weiteren Zweitlinienmedikamenten werden die Fälle in prä-extensiv resistente TB (XDR-TB) bzw. extensiv resistente Tuberkulose (XDR-TB) eingeteilt (Tabelle 126) (5).

Das Auftreten resistenter Tuberkulose zeigt erhebliche regionale Unterschiede. 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) stieg der Anteil Rifampicin-resistenter Fälle bei neu diagnostizierter pulmonaler TB zwischen 2016 und 2023 von 2,5 % auf 4,9 % an (7). Die durchschnittliche Inzidenz von RR/MDR-TB in der EU betrug 2023 1,6 Fälle pro 100.000 EW und ist seit 2019 rückläufig. (7).

## Methodik

Für den vorliegenden Bericht wurden die Daten der nationalen Tuberkulose-Surveillance in Österreich für den Zeitraum 2014–2024 sowie die Labordatenbank der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose herangezogen und ausgewertet. Die Daten basieren auf den nach österreichischem Tuberkulose-Gesetz gemeldeten Fällen (8). Die Meldung erfolgt entsprechend dem europäischen Meldeprotokoll für Tuberkulose über das elektronische Meldesystem (EMS), in dem die Fälle gemäß den jeweils geltenden EU-Falldefinitionen klassifiziert werden.

Der Datensatz enthält zu jedem Fall demografische Angaben (Geschlecht, Alter, Bundesland des Wohnortes, Geburtsland, Sozialstatus, Einreisejahr), Organbeteiligung, Labordiagnostik (mikroskopische, kulturelle, histologische oder molekularbiologische Untersuchung) der klinischen Manifestation und In vitro-Empfindlichkeit gegenüber Antituberkulotika. Die phänotypischen und gegebenenfalls genotypischen Resistenzbestimmungen der kulturbestätigten Fälle wurden von der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose durchgeführt. Im folgenden Bericht werden ausschließlich die zum Zeitpunkt der Erstmeldung im EMS erfassten Resistenzdaten berücksichtigt.

Die im Bericht verwendeten Definitionen für RR-, MDR- und XDR-TB für die Fälle der Jahre 2013 bis 2022 entsprechen der Auflistung in Tabelle 126.

Die seit 2020 geltenden WHO-Falld Definitionen für prä-XDR und XDR (Tabelle 127) konnten auf die historischen Daten nicht angewendet werden, da Testungen auf Resistenzen gegenüber Levofloxacin, Bedaquilin, Clofazimin und Delamanid bis 05.09.2023 im EMS nicht erfasst wurden [5].

Für die Fälle des Jahres 2023, für die im EMS keine entsprechenden Daten zur Verfügung standen, wurden die fehlenden Resistenzergebnisse aus dem Datensatz der Nationalen Referenzzentrale für Tuberkulose ergänzt und die Klassifizierung entsprechend der aktualisierten WHO-Definitionen vorgenommen (vgl. Tabelle 127)

Tabelle 126: Verwendete alte WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose 2013 bis 2022

<b>Rifampicin Resistance (RR)</b>	Vorliegen einer Monoresistenz gegenüber Rifampicin oder einer Polyresistenz mit Resistenz gegenüber Rifampicin bei nicht gleichzeitigem Vorliegen einer Resistenz gegenüber Isoniazid
<b>Multi-drug Resistance (MDR)</b>	Gleichzeitige Resistenz gegenüber Isoniazid und Rifampicin sowie ggf. gegenüber weiteren Antituberkulotika der ersten Wahl
<b>Extreme-drug Resistance (XDR)</b>	MDR mit zusätzlichen Resistenzen gegenüber mindestens einem der Fluorchinolone und einem der 3 injizierbaren Zweitrang-Antituberkulotika Amikacin, Kanamycin und Capreomycin

Tabelle 127: Verwendete neue WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose ab 2023

<b>Rifampicin Resistance (RR)</b>	Vorliegen einer Monoresistenz gegenüber Rifampicin oder einer Polyresistenz mit Resistenz gegenüber Rifampicin bei nicht gleichzeitigem Vorliegen einer Resistenz gegenüber Isoniazid
<b>Multi-drug Resistance (MDR)</b>	Gleichzeitige Resistenz gegenüber Isoniazid und Rifampicin sowie ggf. gegenüber weiteren Antituberkulotika der ersten Wahl
<b>Pre-extreme-drug Resistance (pre-XDR)</b>	MDR mit zusätzlichen Resistenzen gegenüber mindestens einem der Fluorchinolone (Moxifloxacin, Levofloxacin)
<b>Extreme-drug Resistance (XDR)</b>	MDR mit zusätzlichen Resistenzen gegenüber mindestens einem der Fluorchinolone (Moxifloxacin, Levofloxacin) <b>und</b> zumindest einem weiteren Medikament der Gruppe A (Bedaquilin, Linezolid)

## Ergebnisse

Angaben zur Mykobakterien-Resistenz waren für 300 der 389 (77,1 %) gemeldeten TB-Fälle des Jahres 2024 vorhanden. Es wurden insgesamt 4 Fälle (1,33 %) einer MDR-TB und ein Fall (0,33 %) einer prä-XDR-TB an der Nationalen Referenzzentrale bestätigt. Im Jahr 2024 wurde in Österreich kein Fall von RR-TB oder XDR-TB nachgewiesen.

Die Gesamtinzidenz für MDR-TB betrug 2024 in Österreich 0,04 Fälle pro 100.000 EW und für prä-XDR-TB 0,01 Fälle pro 100.000 EW. Die Fallzahlen und die jeweiligen Prozentanteile für in Österreich geborene und nicht in Österreich geborene Bevölkerung sind in Tabelle 128 dargestellt. Tabelle 129 listet die häufigsten Geburtsländer der in Österreich registrierten MDR-TB-Fälle auf.

Tabelle 128: Anzahl der Fälle und Prozentanteil von medikamentenresistenter TB nach Geburtsland im Jahr 2024

	In Österreich Geborene		Nicht in Österreich Geborene	
	n	%	n	%
<b>RR-TB</b>	0	-	0	-

	In Österreich Geborene		Nicht in Österreich Geborene	
	n	%	n	%
<b>MDR-TB</b>	0	0	4	100
<b>Prä-XDR-TB</b>	0	0	1	100
<b>XDR-TB</b>	0	-	0	-

Tabelle 129: Anzahl der gemeldeten MDR-TB- und prä-XDR-TB-Fälle nach Häufigkeit pro Geburtsland im Jahr 2024

Geburtsland	MDR-TB	prä-XDR-TB
<b>Somalia</b>	1	-
<b>Ukraine</b>	1	-
<b>Georgien</b>	1	-
<b>Türkei</b>	1	-
<b>Nigeria</b>	-	1

Abbildung 90: Jährliche Anzahl der registrierten RR/MDR/XDR-TB Fälle sowie die Entwicklung der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz von 2014 bis 2024, jeweils noch nach früherer Resistenzdefinition

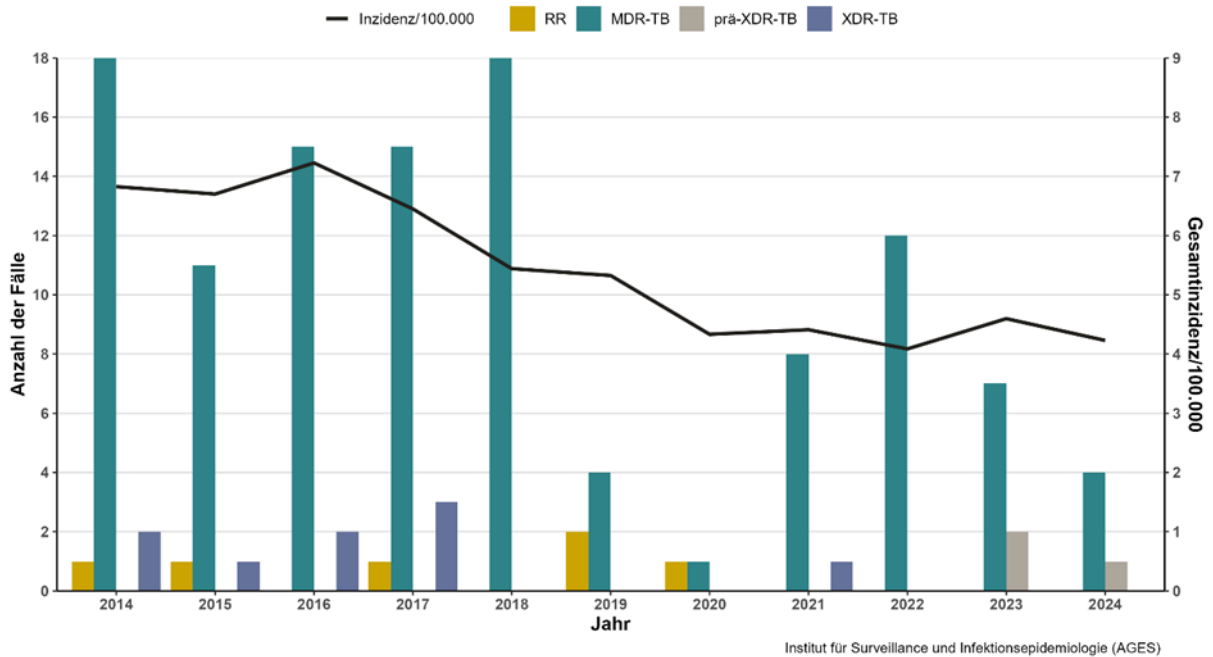


Abbildung 90 stellt den Trend der jährlichen Anzahl von RR-, MDR- und XDR TB-Fällen (nach früherer Resistenzdefinition) in Bezug zur Entwicklung der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz in Österreich im Zeitraum 2014–2024 dar.

Dem Einbruch der MDR-Fallzahlen während der COVID-19-Pandemie folgte ein Anstieg in den Jahren 2021/22, der ab dem Jahr 2023 wieder rückläufig war. Die Anzahl der registrierten Fälle erreichte bis 2024 nicht erneut das präpandemische Niveau.

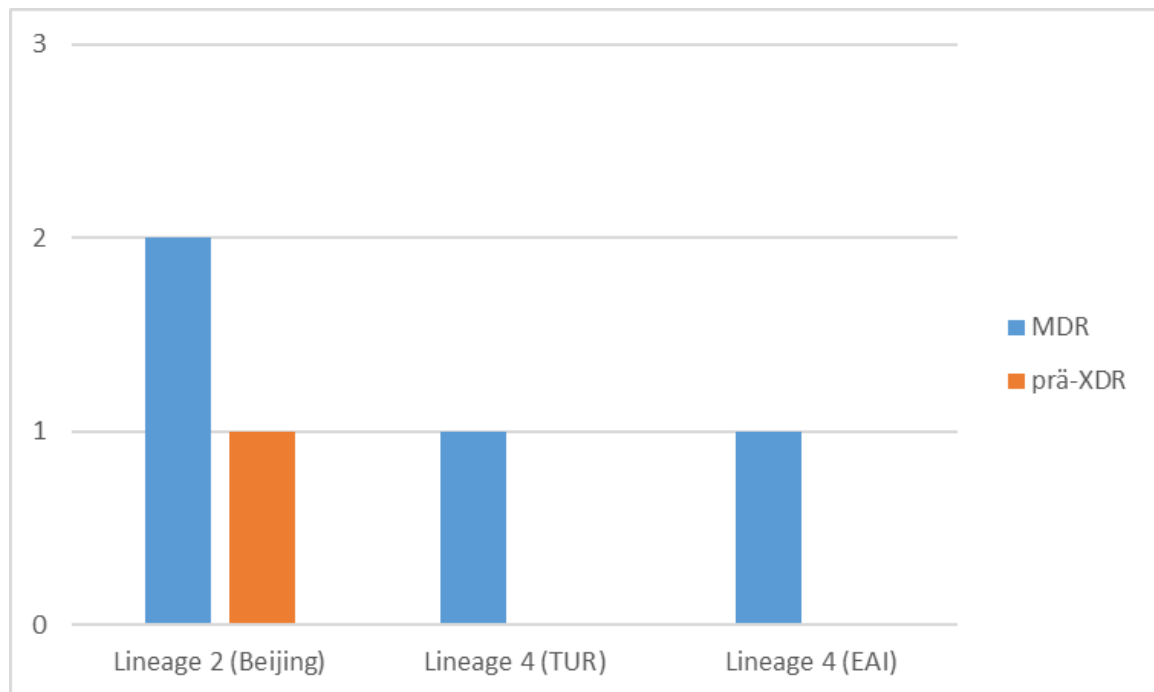
Die Zahl der gemeldeten RR- und XDR-TB-Fälle (nach alter Definition) blieb über den Zeitraum 2014–2023 auf konstant niedrigem Niveau. Im Vergleich dazu zeigt sich ein kontinuierlicher Rückgang der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz, der sich nicht in gleichem Maße in den Fallzahlen von RR, XDR und MDR-TB widerspiegelt.

Im Jahr 2023 wurde ein leichter Anstieg der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz auf 4,6 Fälle pro 100.000 EW gegenüber dem Vorjahr beobachtet. Gleichzeitig wurde 2023 ein Rückgang der MDR-TB-Fälle um 41,67 % im Vergleich zu 2022 festgestellt. Diese Abnahme setzte sich im Jahr 2024 mit einem weiteren Rückgang um 66,67 % gegenüber 2022 fort.

Ein Vergleich der Zahlen über die Jahre hinweg ist jedoch aufgrund geänderter Falldefinitionen nur eingeschränkt möglich. Insgesamt zeigte sich ein Rückgang der Gesamtanzahl von nachgewiesenen Fälle aller Resistenzformen der Tuberkulose.

Abbildung 91 zeigt die phylogenetische Verteilung der 2024 nachgewiesenen Tuberkulosefälle mit Resistenzmustern. 3 von 5 Fällen, darunter auch ein prä-XDR-Fall, konnten phylogenetisch der Linie 2 (Beijing) zugeordnet werden.

Abbildung 91: Zuordnung der Fälle von MDR-TB und prä-XDR TB aus dem Jahr 2024 zu phylogenetischen Linien



## Diskussion

Aufgrund der COVID-19-Pandemie kam es weltweit zu einem drastischen Rückgang der gemeldeten Tuberkulose-Neuinfektionen um rund 18 %. Dieser Rückgang wird unter anderem auf eine verminderte Diagnoserate zurückgeführt, bedingt etwa durch ausbleibende Arztbesuche, Unterbrechungen im Gesundheits- und Versorgungssystem sowie bestehende Quarantänemaßnahmen, und nicht auf eine tatsächliche Abnahme der Inzidenz. In den Folgejahren ist daher mit einem Anstieg nicht diagnostizierter und unbehandelter Tuberkuloseerkrankungen zu rechnen (12).

Dieser Umstand ist auch auf die zeitliche Latenz zwischen Infektion, Krankheitsprogression und Diagnosestellung zurückzuführen (9).

Die im Jahr 2023 erstmals seit 2016 festgestellte leichte Zunahme der Gesamtinzidenz von Tuberkulose in Österreich (vgl. Abbildung 90) kann ebenfalls als Folge pandemiebedingter Störungen im TB-Versorgungssystem interpretiert werden. Noch nicht abschließend beurteilt werden kann hingegen, inwiefern Verhaltensänderungen wie das Tragen von Masken oder Kontaktbeschränkungen zu einer Verringerung der TB-Übertragung beigetragen haben könnten (9).

Auch der deutliche Anstieg von MDR-TB-Fällen zwischen 2021 und 2023 im Vergleich zu den Pandemie Jahren 2019 und 2020 könnte auf temporär eingeschränkte Migrationsbewegungen durch strengere Einreisekontrollen sowie auf diagnostische Lücken infolge eingeschränkter Versorgung zurückzuführen sein. Der Anstieg der Fallzahlen in den Jahren 2022/23 reflektiert somit teilweise einen Nachholeffekt aus den Vorjahren.

Die Anzahl der registrierten MDR-TB-Fälle liegt weiterhin deutlich unter dem präpandemischen Niveau, wobei ein erneuter Anstieg in den Folgejahren, bedingt durch verzögerte Diagnosen, nicht sicher ausgeschlossen werden kann (12). Langfristig lässt sich jedoch aktuell ein Rückgang der Gesamtanzahl resistenter Tuberkulosefälle beobachten.

Bezüglich des Eintrags von MDR-TB nach Österreich stehen insbesondere Flucht- und Migrationsbewegungen über die bekannten Fluchtrouten aus Afrika (Somalia und Nigeria), Westasien und Osteuropa (Ukraine, Georgien, Türkei) im Vordergrund. Eine vielfach diskutierte Hypothese ist ein möglicher Anstieg der MDR-TB-Fälle unter Personen aus der Ukraine, bedingt durch eingeschränkten Zugang zu Diagnostik und Therapie infolge des bewaffneten Konflikts [12]. In Österreich spiegelt sich ein solcher Anstieg aktuell jedoch nicht wider.

Auf genomischer Ebene konnten 2 von 4 MDR-TB-Isolate sowie ein prä-XDR-Isolat der phylogenetischen Linie 2 (Beijing) zugeordnet werden (vgl. Abbildung 91). Dieser vorwiegend in Asien und Osteuropa verbreitete Genotyp des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes gilt als hochvirulent, ist mit einer raschen Krankheitsprogression assoziiert und wird aufgrund seines hohen Mutationspotenziales sowie seiner gesteigerten Übertragbarkeit global als Treiber der MDR-Inzidenz betrachtet (10, 11).

Der fortlaufenden Überwachung dieser sowie weiterer genetischer Linien und dem strukturierten Abgleich genomischer Falldaten sollte daher besondere Aufmerksamkeit gelten. Vor diesem Hintergrund wurde im Jahr 2025 an der AGES die Arbeitsgruppe für Integrierte Genomische Surveillance (IGS) gegründet.

## Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Tuberkulose bedankt sich bei allen Einsender:innen sowie allen Kooperationspartner:innen.

## 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., Boschioli 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 2025 – 2023 data. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control and Copenhagen: WHO Regional Office for Europe. 2025.

[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] Rutaihwa 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.

[12] Ammon A, Kluge H. Ending tuberculosis in Europe - resetting the course in the post-COVID-19 era. Euro Surveill. 2023 Mar;28(12):2300164.

# Resistenzbericht Hefepilze

## Daten aus dem Humanbereich

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Hefen und Schimmelpilze

## Ansprechpersonen/Autor:innen

a.o.Univ.Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Birgit Willinger

Priv.-Doz.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Iris Camp PhD

Medizinische Universität Wien

Abteilung für Klinische Mikrobiologie

Klinisches Institut für Labormedizin

Währinger Gürtel 18-20/5P

1090 Wien

Email: [birgit.willinger@meduniwien.ac.at](mailto: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](mailto:cornelia.lass-floerl@i-med.ac.at)

**Inhaltsverzeichnis**

**Zusammenfassung ..... 284**

**Abstract ..... 284**

**Einleitung ..... 285**

**Methodik ..... 285**

**Ergebnisse ..... 287**

Interpretation ..... 348

**Diskussion ..... 349**

**Referenzen ..... 350**

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 wurden von sieben verschiedenen Zentren, die über das gesamte Bundesgebiet verteilt sind, 384 verschiedene Hefepilze aus Blutkulturen erfasst. *C. albicans* ist nach wie vor der häufigste Erreger, gefolgt von *N. glabratus* (*C. glabrata*), *C. parapsilosis* und *C. tropicalis*. Die meisten Candidämien fanden sich auf Intensivstationen (29 %) und internen Stationen (22 %), gefolgt von chirurgischen Stationen (18 %; 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 8,4 % der getesteten Stämme resistent. Die Resistenzraten für die anderen getesteten Azole liegen zwischen 0 und 2,9 %.

Die Resistenzsituation bei Echinocandinen ist zurzeit ebenfalls nicht besorgniserregend. Die Resistenzrate liegt zwischen 1,6 und 4,4 %, 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 2024, 384 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. glabrata*), *C. parapsilosis* and *C. tropicalis*. Candidemia was most common in intensive care units (29%) and departments for internal medicine (22%), followed by surgical wards (18%).

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 8.4% of the strains tested were resistant. Resistance rates for the other azoles tested ranged from 1.6 to 2.9%.

The resistance situation in echinocandins is currently not of major concern. Resistance rates range from 1.6 to 4.4%, 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 was a slight increase in anidulafungin resistance over the last five years.

## Einleitung

Seit dem Jahre 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 Ordensklinikum Linz Elisabethinen (KHE, analyse BioLab). Seit 2009 werden auch Daten aus der Universitätsklinik für Innere Medizin an der MUG erfasst. 2013 wurden zusätzlich die Daten aus dem Uniklinikum Salzburg, Universitätsinstitut für Klinische Mikrobiologie und Hygiene 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 2024 wurden analysiert und mit den Daten der Vorjahre verglichen. Wie schon in den Vorjahren wurden zur Interpretation die EUCAST-Grenzwerte verwendet. Diese sind auf einzelne bestimmte Spezies bezogen und nur für die Antimykotika Amphotericin B, die Azole Fluconazol, Voriconazol, Itraconazol, Posaconazol sowie für 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 Medizinischen Universität Wien wurden die Stämme zentral gesammelt, die Auswertung der erhobenen Daten erfolgte anschließend an der Abteilung für Klinische Mikrobiologie, Klinisches Institut für Labormedizin, Medizinische Universität

Wien. Neben der Erfassung des Spektrums an Erregern wurden Resistenzdaten zu den antimykotisch wirksamen Substanzen Amphotericin B, Fluconazol, Itraconazol, Voriconazol, Posaconazol, Caspofungin, Anidulafungin und Micafungin erfasst.

Tabelle 130: Substanzen

Abkürzung	Substanz
AMB	Amphotericin B
AND	Anidulafungin
CAS	Caspofungin
MIC	Micafungin
FLU	Fluconazol
ITR	Itraconazol
VOR	Voriconazol
POS	Posaconazol

Tabelle 131: 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	Uniklinikum Salzburg, Universitätsinstitut für Klinische Mikrobiologie und Hygiene
AT028	Klinik Landstraße (Rudolfstiftung)
AT033	Klinik Donaustadt (SMZ-Ost)

## Ergebnisse

Im Jahr 2024 wurden in den sieben beteiligten Zentren 384 Sprosspilze bei 316 Patient:innen mit Candidämien nachgewiesen. Von den 316 Patient:innen waren 188 Männer und 127 Frauen (ein/e Patient\*in ohne Angabe) mit einer Altersverteilung von 0 bis 93 Jahren (5 Patient:innen ohne Angabe).

Abbildung 92: Patientenbezogene Daten zu Candidämien (1 Patient\*in ohne Angabe ob m/w), 5 Patient\*innen ohne Altersangabe)

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
2024	316	384	188	127	0-93 Jahre

Abbildung 93: Nachgewiesene Candidämien pro Zentrum für die Jahre 2008 bis 2024

	<b>Linz AT001</b>	<b>MUW AT002</b>	<b>MUG AT003</b>	<b>MUI AT005</b>	<b>SALK AT006</b>	<b>Landstr. AT028</b>	<b>Donaust. AT033</b>	<b>Gesamt</b>
<b>2008</b>	19	65	4	76				164
<b>2009</b>	30	58	14	75				177
<b>2010</b>	30	64	16	65				175
<b>2011</b>	25	69	11	66				171
<b>2012</b>	15	61	14	66				156
<b>2013</b>	48	55	13	80	19			215
<b>2014</b>	31	49	23	64	11			178
<b>2015</b>	22	42	23	99	19	24		229
<b>2016</b>	24	58	22	74	40	15		233
<b>2017</b>	22	44	26	66	21	20	24	223
<b>2018</b>	21	65	35	56	35	19	34	265
<b>2019</b>	10	67	40	67	24	32	33	273
<b>2020</b>	14	78	48	79	21	20	16	276
<b>2021</b>	22	75	39	92	49	31	51	324
<b>2022</b>	22	92	67	47	40	24	12	304
<b>2023</b>	18	71	31	48	31	14	28	241
<b>2024</b>	19	103	72	47	24	23	28	316

Abbildung 93 zeigt die Aufteilung der Einsendungen in Abhängigkeit der jeweiligen Institution. Mit 316 erfassten Candidämien wurde im Jahr 2024 die zweithöchste Anzahl von Candidämien in den letzten 17 Jahren gezählt.

Abbildung 94: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 1)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<b><i>Candida albicans</i></b>	95	105	111	95	81	138	106	124	142	134	146	142	159	193	191	138	188
	57,9%	59,3%	63,4%	55,6%	51,9%	58,2%	58,9%	54,1%	60,9%	57,8%	54,0%	48,6%	54,8%	53,6%	52,6%	47,6%	49,0%
<b><i>Nakaseomyces glabratus</i> (<i>Candida glabrata</i>)</b>	31	28	27	35	32	57	42	40	31	50	63	83	70	89	87	83	77
	18,9%	15,8%	15,4%	20,5%	20,5%	24,1%	23,3%	17,5%	13,3%	21,6%	23,3%	28,4%	24,1%	24,7%	24,0%	28,6%	20,1%
<b><i>Candida parapsilosis</i></b>	12	10	14	16	18	12	11	25	23	21	19	26	18	27	28	28	56
	7,3%	5,6%	8,0%	9,4%	11,5%	5,1%	6,1%	10,9%	9,9%	9,1%	7,0%	8,9%	6,2%	7,5%	7,7%	9,7%	14,5%
<b><i>Candida tropicalis</i></b>	4	13	10	8	7	12	8	13	14	10	16	15	12	13	17	11	16
	2,4%	7,3%	5,7%	4,7%	4,5%	5,1%	4,4%	5,7%	6,0%	4,3%	5,9%	5,1%	4,1%	3,6%	4,7%	3,8%	4,1%
<b><i>Pichia kudriavzevii</i> (<i>Candida krusei</i>)</b>	5	6	5	10	6	9	1	6	6	5	8	7	9	8	12	6	7
	3,0%	3,4%	2,9%	5,8%	3,8%	3,8%	0,6%	2,6%	2,6%	2,2%	3,0%	2,4%	3,1%	2,2%	3,3%	2,1%	1,8%
<b><i>Candida dubliniensis</i></b>		3	1		4	4	2	4	6	6	5	9	9	10	10	13	14
		1,7%	0,6%		2,6%	1,7%	1,1%	1,7%	2,6%	2,6%	1,9%	3,1%	3,1%	2,8%	2,8%	4,5%	3,6%
<b><i>Candida lipolytica</i></b>		1			1										1		1
		0,6%			0,6%										0,3%		0,3%
<b><i>Clavispora (Candida) lusitaniae</i></b>	5	5	1	1	1	2	1	2	3	1	3	2	2	9	8	1	3
	3,0%	2,8%	0,6%	0,6%	0,6%	0,8%	0,6%	0,9%	1,3%	0,4%	1,1%	0,7%	0,7%	2,5%	2,2%	0,3%	0,8%
<b><i>Candida orthopsilosis</i></b>					1		2				2		1	2	2	3	7
					0,6%		1,1%				0,7%		0,3%	0,6%	0,6%	1,0%	1,8%

Abbildung 95: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 2)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<i>Candida pseudotropicalis</i>	1 0,6%		1 0,6%		1 0,6%									1 0,3%			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%		3 0,8%
<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%				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 96: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 3)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<b>Meserozyma (Candida) guilliermondii</b>	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%	2 0,5%
<b>Candida pelliculosa</b>			1 0,6%					1 0,4%									1 0,3%
<b>Candida rabianii</b>											1 0,4%						
<b>Candida rugosa</b>						1 0,4%											
<b>Candida sake</b>	4 2,4%																
<b>Candida sphaerica</b>	1 0,6%																
<b>Cyberlindnera jadinii (Candida utilis)</b>				1 0,6%										2 0,6%			
<b>Saccharomyces species</b>		3 1,7%					1 0,6%										
<b>Geotrichum capitatum</b>						1 0,4%							2 0,7%				
<b>Magnusiomyces clavatus (Geotrichum clavatum)</b>											1 0,4%						
<b>Candida melibiosica</b>							1 0,6%										

Abbildung 97: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 4)

Species	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<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				1		2
											0,4%				0,3%		0,5%
<i>Candida metapsilosis</i>												1	2			2	2
												0,3%	0,7%			0,7%	0,5%
<i>Apiotrichum (Trichosporon) mycotoxinivorans</i>														1			
														0,3%			
<i>Candida ciferrii</i>														1	1		
														0,3%	0,3%		
<i>Candida magnoliae</i>															1		
															0,3%		
<i>Candida nivariensis</i>															1		1
															0,3%		0,3%
<i>Candida palmioleophila</i>																1	
																0,3%	
<i>Candida sojae</i>																	1
																	0,3%
<i>Candida cactophila</i>																	1
																	0,3%

Abbildung 98: Candidämie nach Spezies und Monaten im Jahr 2024

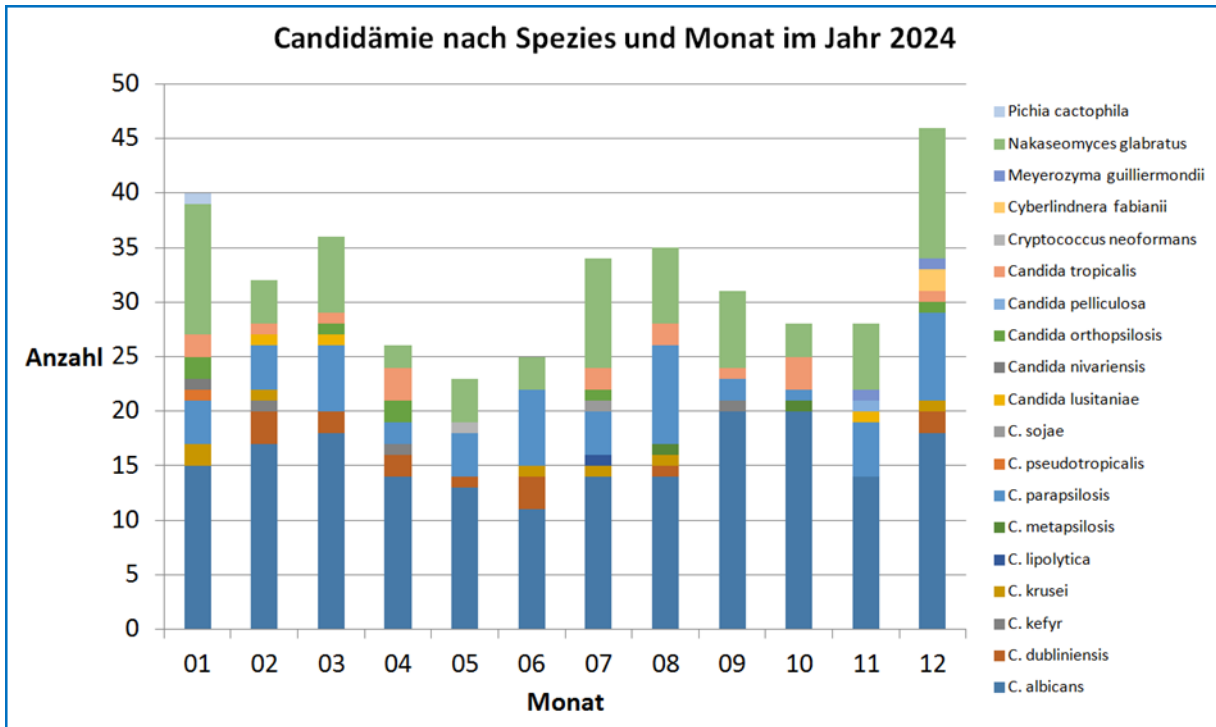


Abbildung 99: Candidämie nach Spezies und Zentrum für das Jahr 2024

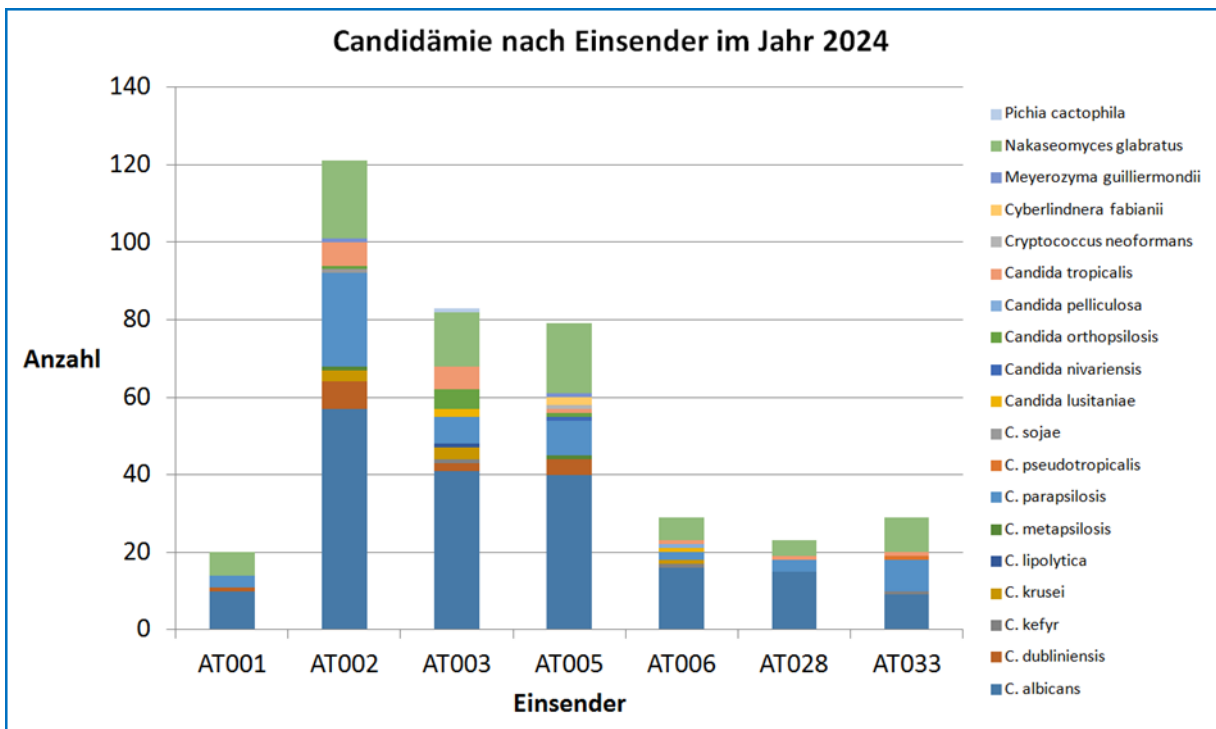


Abbildung 100 zeigt, dass die meisten Candidämien auf Intensivabteilungen und Abteilungen für Innere Medizin (29 % bzw. 22 %) auftraten, gefolgt von chirurgischen Stationen (18 %). Der Rest verteilte sich wie in den Vorjahren auf alle anderen Abteilungen.

Abbildung 100: Verteilung der Candidämien nach Abteilung für 2008 – 2024

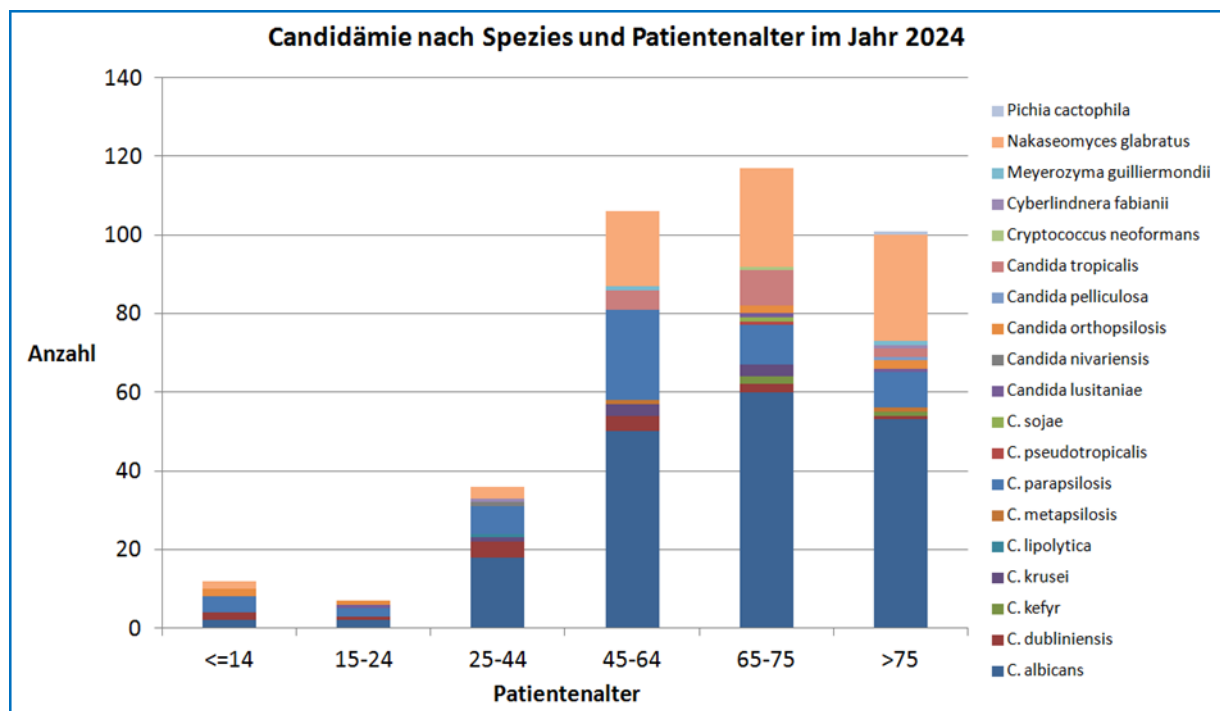
Abteilung	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<b>Intensivstation</b>	29%	27%	30%	34%	28%	27%	29%	32%	35%	31%	21%	38%	33%	36%	30%	34%	29%
<b>Chirurgie</b>	23%	17%	21%	15%	19%	15%	22%	16%	20%	18%	21%	20%	19%	14%	23%	12%	18%
<b>Interne</b>	19%	24%	27%	19%	22%	19%	25%	17%	20%	16%	14%	12%	11%	17%	18%	20%	22%
<b>Hämato/ Onkologie</b>	5%	6%	1%	8%	6%	16%	5%	7%	10%	10%	9%	3%	9%	6%	4%	8%	6%
<b>Andere</b>	6%	10%	10%	8%	7%	8%	8%	7%	7%	4%	11%	6%	12%	6%	9%	7%	5%
<b>Neurologie</b>	4%	6%	2%	3%	1%	1%	3%	3%	2%	2%	7%	3%	4%	4%	2%	1%	2%
<b>Unbekannt</b>	2%	3%	2%	2%				4%	2%	11%	7%	9%	2%	5%	5%	4%	1%
<b>Kinder/ Neonatologie</b>	1%	2%	2%	3%	1%		1%		1%	1%	1%	1%	1%		2%	2%	2%
<b>Lunge</b>	1%	1%	1%			1%		3%	1%	1%	1%		2%	1%		2%	
<b>Neurochirurgie</b>	1%	1%	2%					2%	1%	1%	1%		2%	3%	2%	1%	3%
<b>Urologie</b>	3%		1%	2%	1%	1%	3%	2%	1%	1%	4%	3%	3%	4%	3%	7%	5%
<b>Geburtshilfe/Gynäkologie</b>	1%	2%	2%	3%	1%	1%	3%	2%		2%	1%			1%	1%	1%	2%
<b>Infektiologie</b>	1%	1%		2%		1%		2%		2%	1%	1%					2%
<b>Kinder/ Neonatologie Intensiv</b>	2%										1%	1%	1%	1%			1%
<b>Psychiatrie</b>	1%													1%			1%
<b>Unfallchirurgie</b>	1%	1%		1%		1%						3%	1%	3%	1%	2%	2%

Die Altersverteilung war ähnlich wie in den Vorjahren. 2024 war die Altersgruppe 65–75 Jahre, gefolgt von der Altersgruppe 45–64 Jahre am stärksten von Candidämien betroffen (Abbildung 101 und Abbildung 102).

Abbildung 101: Verteilung der Candidämie-Erreger nach Altersgruppe für die Jahre 2008 bis 2024; von 5 Patient:innen fehlt die Altersangabe

Altersgruppen	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<=14	7	2	3	4	3	2	4	3	3	5	4	7	4	5	4	6	12
15-24	5	5	5	8	4	4	2	3	5	2	4	2	6	4	9	4	6
25-44	29	21	20	23	16	19	19	16	14	20	20	38	24	32	26	24	27
45-64	41	66	68	58	52	71	58	79	79	79	105	84	90	130	110	77	90
65-75	53	48	48	46	50	77	50	87	75	54	67	73	74	113	73	59	102
>75	29	35	31	32	31	64	45	41	57	63	70	87	76	76	82	62	74
<b>Gesamt</b>	<b>164</b>	<b>177</b>	<b>175</b>	<b>171</b>	<b>156</b>	<b>235</b>	<b>178</b>	<b>229</b>	<b>233</b>	<b>223</b>	<b>270</b>	<b>291</b>	<b>274</b>	<b>360</b>	<b>304</b>	<b>233</b>	<b>311</b>

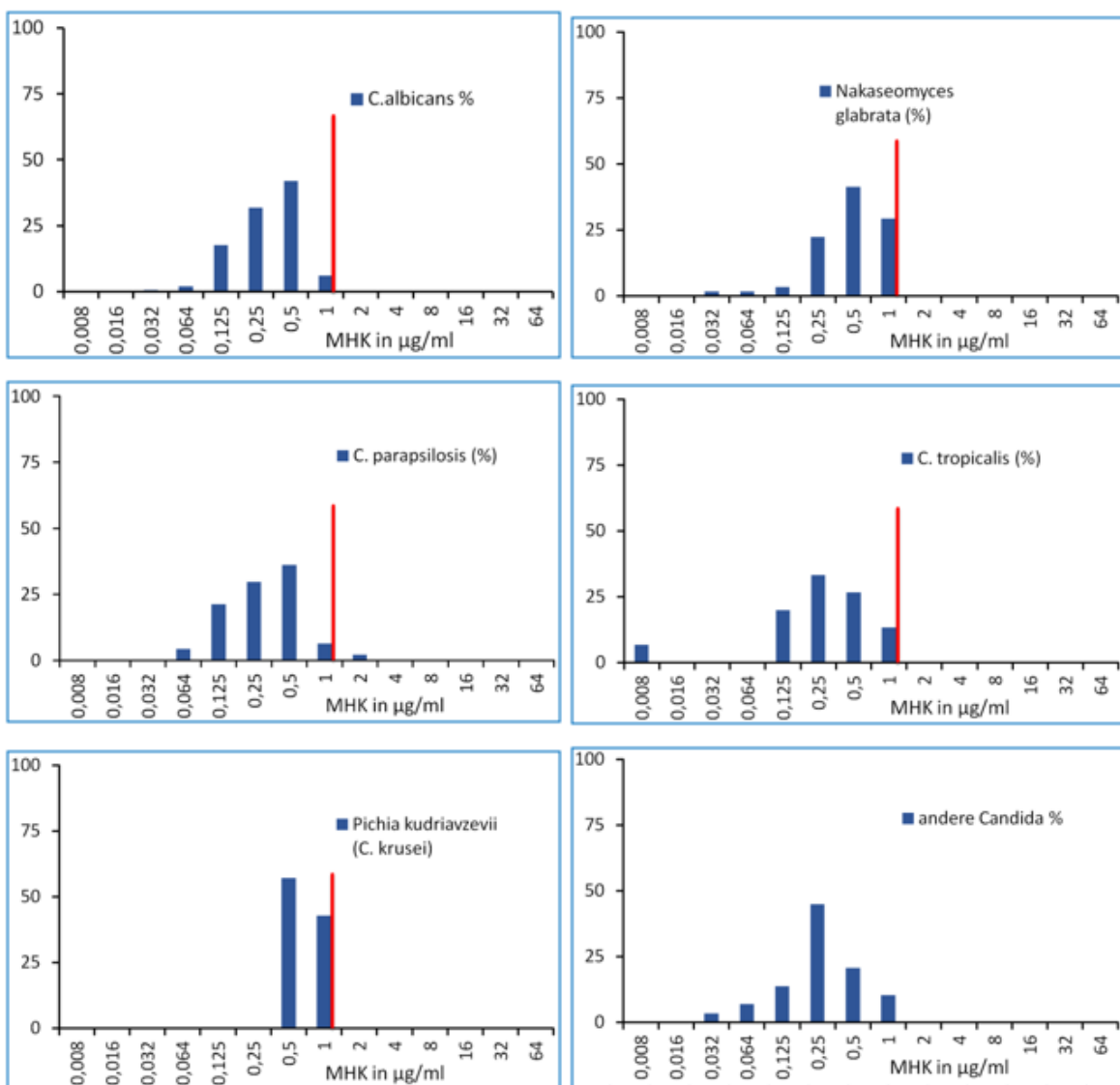
Abbildung 102: Candidämie nach Spezies und Altersgruppe für das Jahr 2024



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.

Voriconazol und Posaconazol sind nach wie vor die Substanzen, bei denen nur extrem selten resistente Stämme auftreten. 2024 waren alle Stämme empfindlich. Bei den Echinocandinen 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 gegenüber Azolen.

Abbildung 103: Amphotericin B-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 132: Amphotericin B-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2024. 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
	2024	-	-	0,7(1)	2,0(3)	17,6(26)	31,8(47)	41,9(62)	6,1(9)	-	-	-	-	-	-
<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)	-	-	-	-	-	-
2024	-	-	1,7(1)	1,7(1)	3,4(2)	22,4(13)	41,4(24)	29,3(17)	-	-	-	-	-	-	
<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)	-	-	-	-	-	-

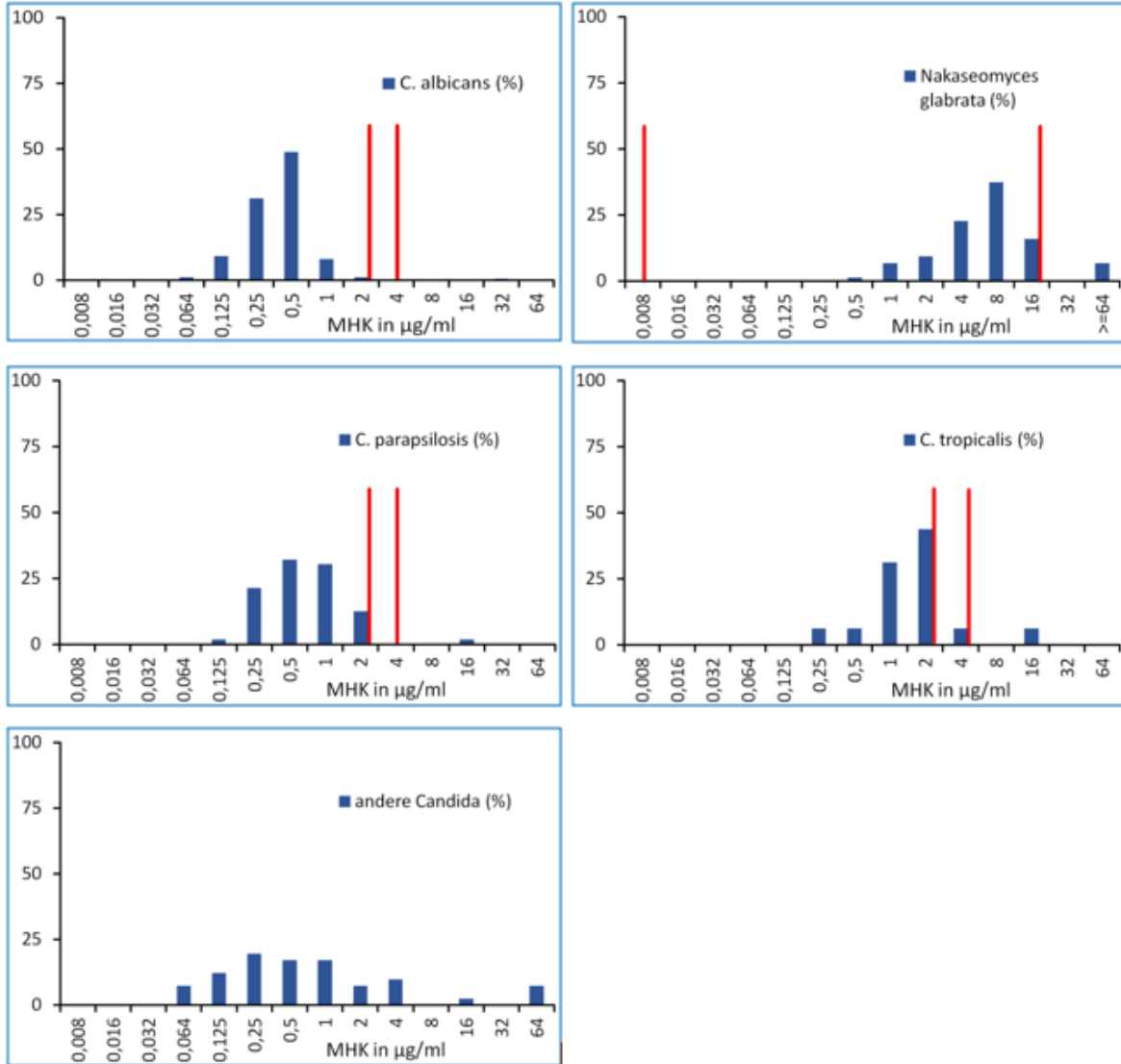
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2010	7,1(1)	7,1(1)	-	7,1(1)	7,1(1)	57,1(8)	14,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
	2011	-	6,2(1)	18,8(3)	25(4)	-	43,8(7)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	7,1(1)	-	-	21,4(3)	28,6(4)	28,6(4)	7,1(1)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	8,3(1)	16,7(2)	33,3(4)	41,7(5)	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-
	2024	-	-	-	4,3(2)	21,3(10)	29,8(14)	36,2(17)	6,4(3)	2,1(1)	-	-	-	-	-
<i>C. tropicalis</i>	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)	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64	
	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)	-	-	-	-	-	-	-	
	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)	-	-	-	-	-	-	-	
	2024	6,7(1)	-	-	-	20(3)	33,3(5)	26,7(4)	13,3(2)	-	-	-	-	-	-	
	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)	-	-	-	-	-	-	

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-
	2024	-	-	2,8(1)	5,6(2)	11,1(4)	36,1(13)	27,8(10)	16,7(6)	-	-	-	-	-	-

Tabelle 132 zeigt die MHK-Verteilung gegenüber Amphotericin B. 2024 war ein Stamm von *C. parapsilosis* im resistenten Bereich.

Abbildung 104: Fluconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 133: Fluconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2024

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> )	2024	-	-	-	1,1(2)	9,1(17)	31,2(58)	48,9(91)	8,1(15)	1,1(2)	-	-	-	0,5(1)	-	
	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)
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)	
2024	-	-	-	-	-	-	-	1,3(1)	6,7(5)	9,3(2)	22,7(17)	37,3(28)	16(12)	-	6,7(5)	
<i>C. parapsilosis</i>	2008	-	-	-	-	-	16,7(2)	41,7(5)	33,3(4)	8,3(1)	-	-	-	-	-	

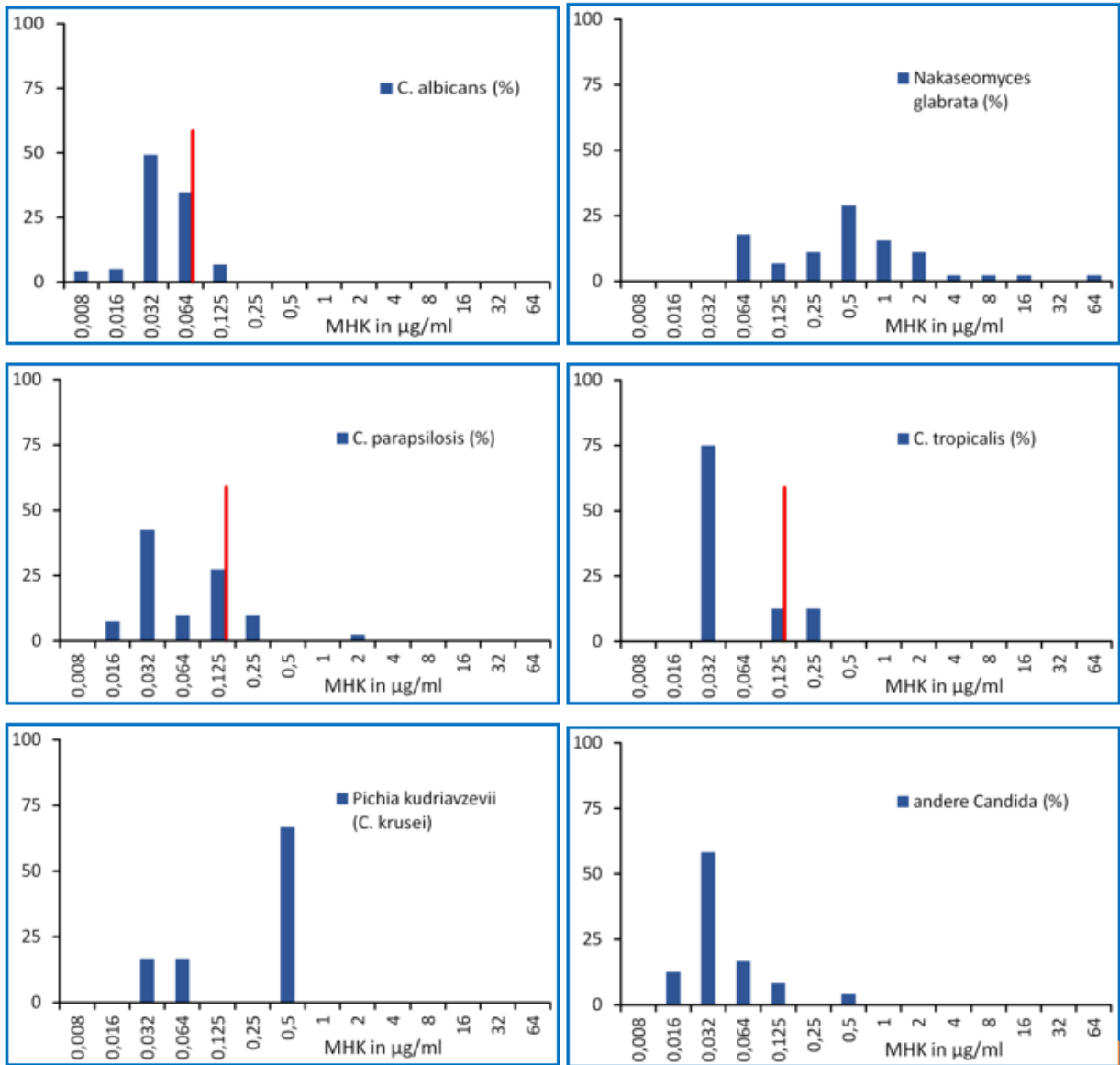
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2009	-	-	-	-	10(1)	30(3)	-	50(5)	-	-	-	10(1)	-	-
	2010	-	-	-	-	7,1(1)	28,6(4)	-	42,9(6)	14,3(2)	7,1(1)	-	-	-	-
	2011	-	-	6,2(1)	-	6,2(1)	18,8(3)	12,5(2)	37,5(6)	-	12,5(2)	6,2(1)	-	-	-
	2012	-	-	-	-	-	33,3(5)	26,7(4)	33,3(5)	6,7(1)	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-
	2024	-	-	-	-	1,8(1)	21,4(12)	32,1(18)	30,4(14)	12,5(7)	-	-	1,8(1)	-	-
	<b>C. tropicalis</b>	2008	-	-	-	-	-	-	25(1)	50(2)	-	-	-	-	-
2009		-	-	-	-	-	23,1(3)	15,4(2)	53,8(7)	-	-	-	-	-	7,7(1)
2010		-	-	10(1)	-	10(1)	30(3)	30(3)	20(2)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-
	2024	-	-	-	-	-	6,3(1)	6,3(1)	31,3(5)	43,8(7)	6,3(1)	-	6,3(1)	-	-
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)

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)
	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)
	2024	-	-	-	7,3(3)	12,2(5)	19,5(8)	17,1(7)	17,1(7)	7,3(3)	9,8(4)	-	2,4(1)	-	7,3(3)

Tabelle 133 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Fluconazol. Es gab 5 resistente Stämme bei *N. glabratus* und je einen resistenten Stamm bei *C. albicans*, *C. parapsilosis* und *C. tropicalis*. *Pichia kudravzevii* (*C. krusei*) gilt als intrinsisch resistent und wurde daher in dieser Aufstellung nicht extra angeführt.

Abbildung 105: Itraconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 134: Itraconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2024

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
	2023	9,7(7)	6,9(5)	40,3(29)	29,2(21)	11,1(8)	2,8(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	4,2(5)	5,1(6)	49,2(58)	34,7(41)	6,8(8)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b><i>Nakaseomyces glabrata</i> (C.glabrata)</b>	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)	

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)
	2024	-	-	-	17,8(8)	6,7(3)	11,1(5)	28,9(13)	15,6(7)	11,1(5)	2,2(1)	2,2(1)	2,2(1)	-	2,2(1)
<i>C. parapsilosis</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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

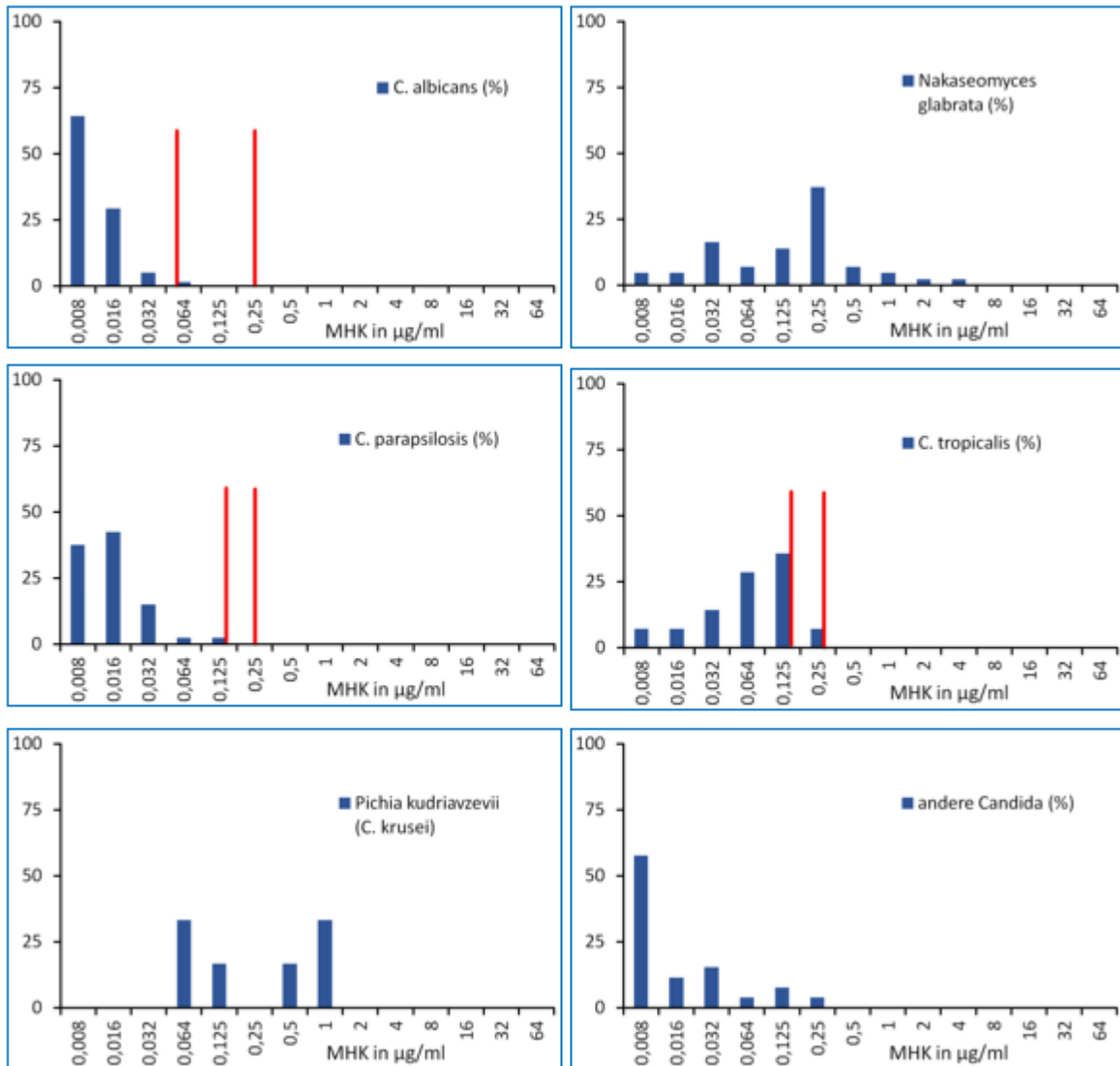
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2023	-	16,7(2)	41,7(5)	16,7(2)	8,3(1)	16,7(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	-	7,5(3)	42,5(17)	10(4)	27,5(11)	10(4)	-	-	2,5(1)	-	-	-	-	-
<b><i>C. tropicalis</i></b>	2008	-	25(1)	25(1)	-	25(1)	-	-	-	-	25(1)	-	-	-	-
	2009	50(2)	-	25(1)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2023	20(1)	20(1)	40(2)	-	20(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	-	-	75(6)	-	12,5(1)	12,5(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)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2023	6,7(1)	6,7(1)	26,7(4)	13,3(2)	20(3)	6,7(1)	20(3)	-	-	-	-	-	-	-
	2024	-	10(3)	50(15)	16,7(5)	6,7(2)	-	16,7(5)	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle 134 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Itraconazol. 8 Stämme von *C. albicans* (6,8 %) und 5 Stämme von *C. parapsilosis* (12,5 %) waren resistent. Bei *C. tropicalis* war ein Stamm resistent. 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 106: Voriconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 135: Voriconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024

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
<b><i>Nakaseomyces glabrata</i></b> <b>(<i>C.glabrata</i>)</b>	2024	64,3(90)	29,3(41)	5(7)	1,4(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	
2024	4,7(2)	4,7(2)	16,3(7)	7(3)	14(6)	37,2(16)	7(3)	4,7(2)	2,3(1)	2,3(1)	-	-	-	-	
<b><i>C. parapsilosis</i></b>	2008	8,3(1)	33,3(4)	25(3)	25(3)	8,3(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

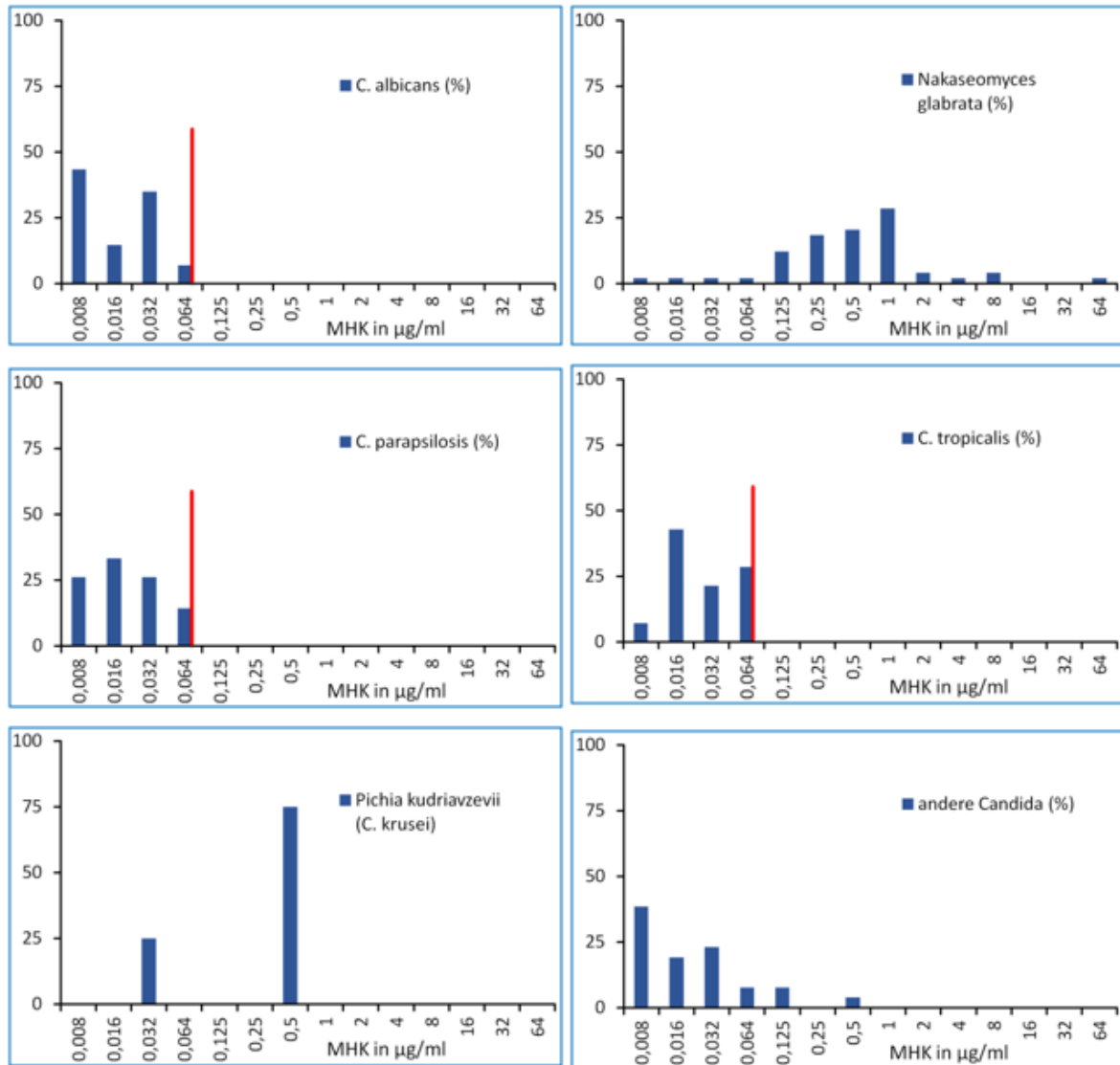
Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<i>C. tropicalis</i>	2009	20(2)	20(2)	10(1)	30(3)	10(1)	-	10(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2010	21,4(3)	7,1(1)	7,1(1)	-	64,3(9)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	18,8(3)	25(4)	12,5(2)	6,2(1)	31,2(5)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	38,5(5)	23,1(3)	30,8(4)	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	37,5(15)	42,5(17)	15(6)	2,5(1)	2,5(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	7,1(1)	7,1(1)	14,3(2)	28,6(4)	35,7(5)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
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)	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-
	2024	51,7(15)	-	13,8(4)	10,3(4)	10,3(4)	3,4(1)	3,4(1)	6,9(2)	-	-	-	-	-	-

Tabelle 135 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Voriconazol. Es wurde lediglich ein *C. tropicalis*-Stamm im intermediär-empfindlichen 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 107: Posaconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 136: Posaconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024

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>Nakaseomyces glabrata (C.glabrata)</i>	2024	43,4(56)	14,7(19)	34,9(45)	7(9)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	
2024	2(1)	2(1)	2(1)	2(1)	12,2(6)	18,4(9)	20,4(10)	28,6(14)	4,1(2)	2(1)	4,1(2)	-	-	2(1)	
<i>C. parapsilosis</i>	2008	-	50(5)	30(3)	10(1)	10(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

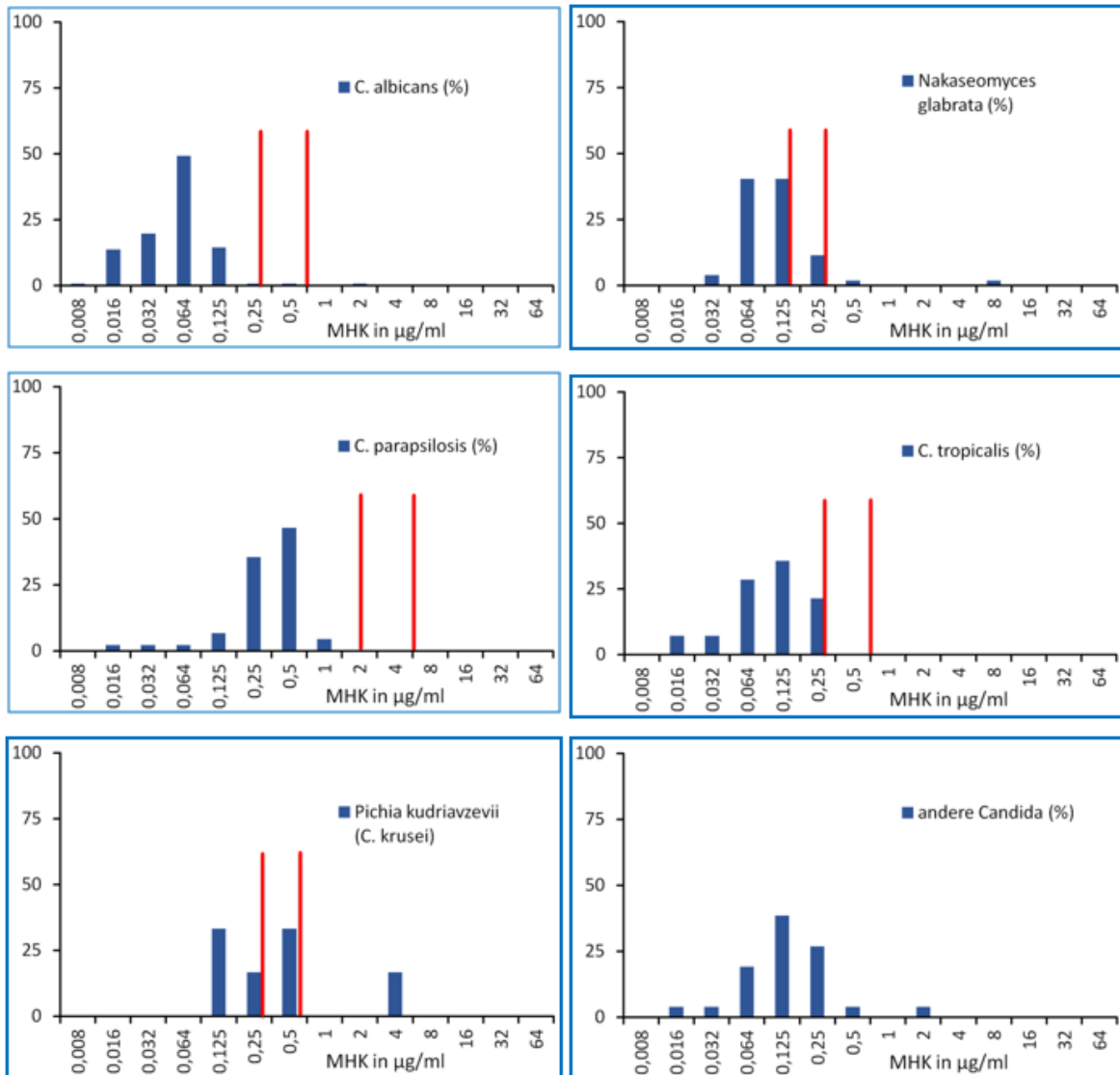
Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2009	20(2)	30(3)	30(3)	20(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2010	35,7(5)	42,9(6)	7,1(1)	7,1(1)	-	7,1(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2011	18,8(3)	43,8(7)	18,8(3)	6,2(1)	-	6,2(1)	6,2(1)	-	-	-	-	-	-	-
	2012	18,8(3)	43,8(7)	25(4)	12,5(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	26,2(11)	33,3(14)	26,2(11)	14,3(6)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2008	-	25(1)	25(1)	25(1)	-	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	<b>C. tropicalis</b>	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)	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	7,1(1)	42,9(6)	21,4(3)	28,6(4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Andere Candida-Spezies</b>	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)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-
	2024	31,3(10)	15,6(5)	21,9(7)	12,5(4)	6,3(2)	-	12,5(4)	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle 136 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. *C. albicans*, *C. parapsilosis* und *C. tropicalis* waren durchgehend empfindlich. Die Daten für alle Candida-Spezies sind denen aus dem Vorjahr sehr ähnlich.

Abbildung 108: Caspofungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 137: Caspofungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024

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> )	2024	0,8(1)	13,6(18)	19,7(26)	49,2(65)	14,4(19)	0,8(1)	0,8(1)	-	0,8(1)	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	
2024	-	-	3,8(2)	40,4(21)	40,4(21)	11,5(6)	1,9(1)	-	-	-	1,9(1)	-	-	-	
<i>C. parapsilosis</i>	2008	-	-	-	-	-	16,7(2)	50(6)	25(3)	8,3(1)	-	-	-	-	

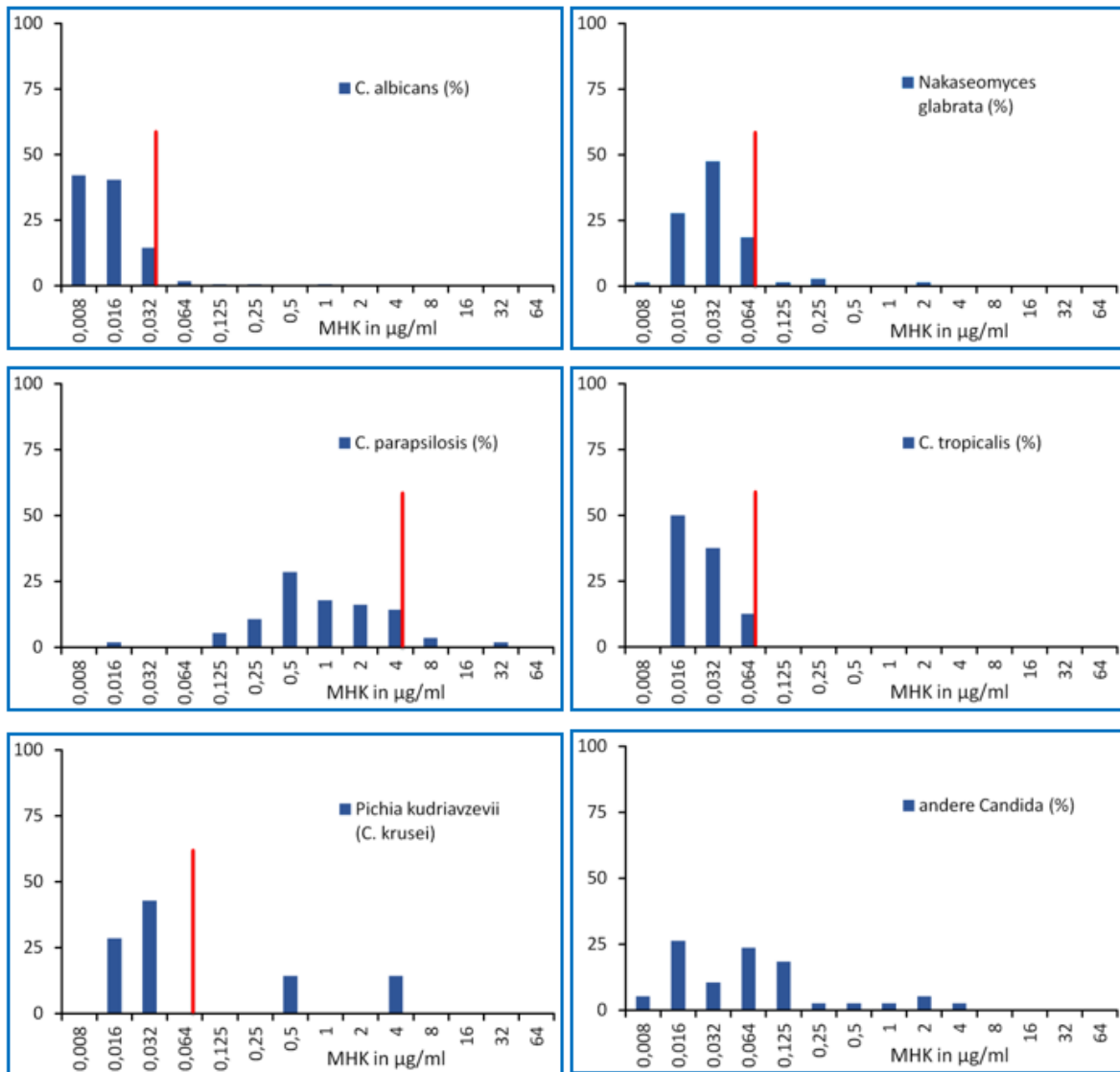
Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2009	-	-	-	-	10(1)	-	50(5)	30(3)	10(1)	-	-	-	-	-
	2010	-	-	-	-	21,4(3)	21,4(3)	50(7)	7,1(1)	-	-	-	-	-	-
	2011	-	-	-	-	-	18,2(2)	27,3(3)	18,2(2)	27,3(3)	9,1(1)	-	-	-	-
	2012	-	-	-	-	-	-	25(1)	50(2)	-	25(1)	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	33,3(2)	-	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)	-	-	-	-	-	-
	2024	-	2,2(1)	2,2(1)	2,2(1)	6,7(3)	35,6(16)	46,7(21)	4,4(2)	-	-	-	-	-	-
	2008	-	-	25(1)	50(2)	-	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	<b>C. tropicalis</b>	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)	-	-	-	-	-	-	

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2011	-	-	-	16,7(1)	50(3)	33,3(2)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	-	-	50(1)	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	-	-	-	-	100(3)	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	-	7,1(1)	7,1(1)	28,6(4)	35,7(5)	21,4(3)	-	-	-	-	-	-	-	-
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)	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,02	0,03	0,06	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-
	2024	-	3,1(1)	3,1(1)	15,6(5)	37,5(12)	25(8)	9,4(3)	-	3,1(2)	3,1(2)	-	-	-	-

Tabelle 137 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* gab es einen intermediär empfindlichen und einen resistenten Stamm, bei *C. tropicalis*, *C. parapsilosis* gab es keine resistenten Stämme, bei *Pichia kudriavzevii* (*C. krusei*) gab es einen und bei *N. glabratus* gab es 6 intermediär empfindliche und 2 resistente Stämme.

Abbildung 109: Anidulafungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 138: Anidulafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024

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> )	2024	42(79)	40,4(76)	14,4(27)	1,6(3)	0,5(1)	0,5(1)	-	0,5(1)	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	
2024	1,3(1)	27,6(21)	47,4(36)	18,4(14)	1,3(1)	2,6(2)	-	-	1,3(1)	-	-	-	-	-	
<i>C. parapsilosis</i>	2008	-	-	-	-	-	50(1)	-	-	50(1)	-	-	-	-	-

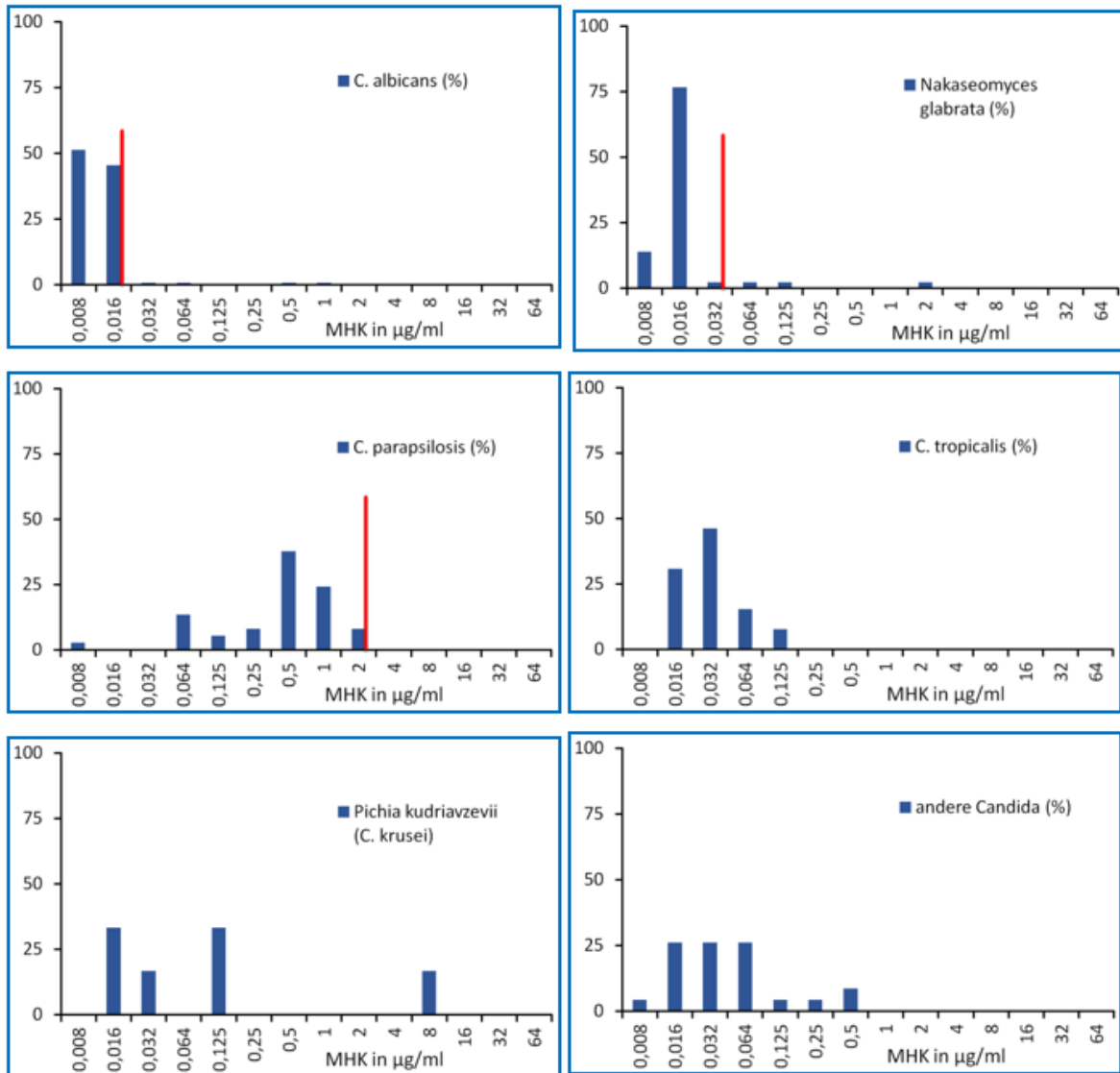
Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2009	-	-	-	-	-	-	-	33,3(1)	33,3(1)	33,3(1)	-	-	-	-
	2010	-	-	-	-	12,5(1)	-	25(2)	12,5(1)	-	50(4)	-	-	-	-
	2011	-	-	-	-	-	-	10(1)	10(1)	-	40(4)	30(3)	-	10(1)	-
	2012	-	-	-	-	-	40(2)	20(1)	-	-	40(2)	-	-	-	-
	2013	-	-	25(1)	-	-	-	25(1)	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)	-	-	-
	2024	-	1,8(1)	-	-	5,4(3)	10,7(6)	28,6(16)	17,9(10)	16,1(9)	14,3(8)	3,6(2)	-	1,8(1)	-
	2008	100(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	<b>C. tropicalis</b>	2009	50(3)	16,7(1)	-	-	-	33,3(2)	-	-	-	-	-	-	-
		2010	20(1)	-	60(3)	-	20(1)	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	2011	-	75(3)	25(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2012	-	-	50(1)	-	50(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2013	-	100(5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	-	50(8)	37,5(6)	12,5(2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
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)	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-
	2024	4,4(2)	26,7(12)	15,6(7)	20(9)	15,6(7)	2,2(1)	4,4(2)	2,2(1)	4,4(2)	4,4(2)	-	-	-	-

Tabelle 138 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Anidulafungin. 6 *C. albicans*-Stämme waren resistent (3,2 %). 4 Stämme von *N. glabratus* (5,3 %) und 3 Stämme von *C. parapsilosis* (5,3 %) 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 110: Micafungin-MHK-Verteilungen bei Candida in Prozent für 2024



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  $\geq 64$  µg/ml.

Tabelle 139: Micafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2011 bis 2024

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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	32,9(23)	62,9(44)	2,9(2)	-	-	-	-	-	-	1,4(1)	-	-	-	-
	2024	51,2(63)	45,5(56)	0,8(1)	0,8(1)	-	-	0,8(1)	0,8(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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
<b><i>Nakaseomyces glabrata</i> (<i>C. glabrata</i>)</b>	2013	33,3(8)	54,2(13)	-	-	-	-	-	8,3(2)	4,2(1)	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2024	14(6)	76,7(33)	2,3(1)	2,3(1)	2,3(1)	-	-	-	-	2,3(1)	-	-	-	-	
<b><i>C. parapsilosis</i></b>	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)	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
	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)	-	-	-	-	-
	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)	-	-	-	-	-
	2024	2,7(1)	-	-	13,5(5)	5,4(2)	8,1(3)	37,8(14)	24,3(9)	8,1(3)	-	-	-	-	-
<i>C. tropicalis</i>	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)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Spezies	Jahr	≤0,008	0,016	0,032	0,064	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	≥64
Andere Candida- Species	2021	-	25(1)	75(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2022	7,7(1)	46,2(6)	38,5(5)	-	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2023	-	40(2)	60(3)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2024	-	30,8(4)	46,2(6)	15,4(2)	7,7(1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	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)	-	-
	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)	-	-	-	-
2024	6,7(2)	26,7(8)	23,3(7)	20(6)	10(3)	3,3(1)	6,7(2)	-	-	-	3,3 (1)	-	-	-	

Tabelle 139 zeigt die MHK-Verteilung aller Candida-Stämme gegenüber Micafungin. Hier gibt es Breakpoints von EUCAST für *C. albicans*, *N. glabratus* und *C. parapsilosis*. Im Dezember 2024 wurde der Breakpoint für *C. albicans* von 0,016mg/L auf 0,03mg/L erhöht und ein Breakpoint von 0,06mg/L wurde für *C. tropicalis* etabliert. Bei *C. albicans* wurden 4 (unter Anwendung des neuen Breakpoints: 3), bei *N. glabratus* wurden 3 resistente Stämme gefunden, alle *C. parapsilosis* Stämme waren empfindlich. Bei Anwendung des neuen EUCAST-Breakpoints für *C. tropicalis* gab es 2024 einen resistenten Stamm.

Abbildung 111: Angabe der Anzahl der identifizierten Pilze je Zentrum 2024

Pilzname	Linz AT001	MUW AT002	MUG AT003	MUI AT005	SALK AT006	Landstr. AT028	Donaust. AT033
<i>C. albicans</i>	10	57	41	40	16	15	9
<i>C. dubliniensis</i>	1	7	2	4			
<i>C. kefyr</i>			1		1		1
<i>C. krusei</i>		3	3		1		
<i>C. lipolytica</i>			1				
<i>C. metapsilosis</i>		1		1			
<i>C. parapsilosis</i>	3	24	7	9	2	3	8
<i>C. pseudotropicalis</i>							1
<i>C. sojae</i>		1					
<i>Candida lusitanae</i>			2		1		
<i>Candida nivariensis</i>				1			
<i>Candida orthopsilosis</i>		1	5	1			
<i>Candida pelliculosa</i>					1		
<i>Candida tropicalis</i>		6	6	1	1	1	1
<i>Cryptococcus neoformans</i>				1			
<i>Cyberlindnera fabianii</i>				2			
<i>Meyerozyma (Candida) guilliermondii</i>		1		1			
<i>Nakaseomyces glabratus (C. glabrata)</i>	6	20	14	18	6	4	9
<i>Pichia cactophila</i>			1				

Abbildung 112: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2024; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil1)

		AMB																
		2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
C. albicans																		
N. glabratus													1					
C. parapsilosis																	1	1
C. tropicalis																		
andere C. spp.		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.	k.A.

		AND																
		2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
C. albicans		1	13	8	1	2	2	2		1	2	5	9	15	14	11	10	6
N. glabratus		2	1	2						2			1	3			3	4
C. parapsilosis					4				2	1	2		2	6	1	1	3	
C. tropicalis			2	1		1		1	1				2	1		1		
andere C. spp.		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.	k.A.

		CAS																
		2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
C. albicans																		1
N. glabratus															5	5	4	2
C. parapsilosis																		
C. tropicalis																		
andere C. spp.		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.	k.A.

		MIC													
		2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
C. albicans		14	16	7	6	2	4	22	7	7		2	1	3	4
N. glabratus		2	1	3	1			4			1	2	1	2	3
C. parapsilosis			1	1											
C. tropicalis		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 C. spp.		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	2024
C. albicans		1	3	3		1	2	1	1				1				1	1
N. glabratus		6	6	2	5	4	8		4	1	2	7	4	8	9	12	11	5
C. parapsilosis			1		1		1		3	4	1				2			1
C. tropicalis		1	1		1	1			1				1	1		1		1
andere C. spp.		1	1					1			6	7		2	7	9	3	3

Abbildung 113: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2024; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil2)

	VOR																
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<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.	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.	k.A.

	POS																
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<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.	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.	k.A.

	ITR																
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<i>C. albicans</i>	42	11	15	12	13	23	12	5		5	15	18	13	23	4	10	8
<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.	k.A.
<i>C. parapsilosis</i>				1	5			3	1	1		2	2	2		2	5
<i>C. tropicalis</i>	1			2	1	2					1	2	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.	k.A.

Abbildung 112 und Abbildung 113 zeigt 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 13 Anidulafungin-resistente Stämme, davon handelt es sich in 6 Fällen um *C. albicans*, in 4 Fällen um *N. glabratus* und in 3 Fällen um *C. parapsilosis*. Bei Micafungin wurden 4 resistente *C. albicans*- und 3 resistente *N. glabratus*-Stämme nachgewiesen. Es liegen keine auffälligen Veränderungen vor.

Abbildung 114: Resistenzraten nach Substanz für durch Hefepilze verursachte Fungämien in Prozent und Anzahl der getesteten Stämme von 2008 bis 2024 (EUCAST-Breakpoints)

Substanz	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
<b>AMB</b>	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)	0,4 (275)
<b>AND</b>	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)	4,4 (343)
<b>MIC</b>				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)	3,4 (203)
<b>FLU</b>	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)	2,9 (373)
<b>POS</b>	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)	0 (185)
<b>VOR</b>	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)	0 (194)
<b>ITR</b>							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)	8,4 (166)
<b>CAS</b>	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)	1,6 (249)

In Abbildung 114 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 2024 bei 8,4 % liegt und damit annähernd gleich zu den Vorjahren ist. Es zeigt sich nach wie vor ein niedriger Prozentsatz an resistenten Stämmen.

Bei den Echinocandinen ist die Resistenzrate ebenfalls sehr niedrig und liegt durchgehend unter 5 %.

Die Daten wurden auch bezüglich Multiresistenz unter Verwendung der klinischen Breakpoints nach EUCAST analysiert. Hier fiel ein Stamm von *C. albicans* auf, welcher resistent gegenüber 3 Antimykotika war, einmal gegenüber Anidulafungin, Caspofungin und Micafungin. Des Weiteren traten zweimal Resistenzen gegenüber Anidulafungin und Micafungin auf.

Bei *N. glabratus* (*C. glabrata*) trat dreimal eine Multiresistenz auf, bei welcher es sich einmal um eine Resistenz gegenüber Fluconazol, Caspofungin, Anidulafungin und Micafungin handelte, einmal gegenüber Fluconazol, Anidulafungin und Micafungin und einmal gegenüber Anidulafungin und Micafungin. Bei *C. parapsilosis* trat keine Multiresistenz auf.

## Interpretation

Die Anzahl der erfassten Candidämien lag 2024 um 75 erfasste Fälle höher als 2023. Die Verteilung der einzelnen Candida-Spezies über den beobachteten Zeitraum ist relativ stabil geblieben.

*C. albicans* ist nach wie vor der häufigste Erreger, gefolgt von *N. glabratus* und *C. parapsilosis*. *C. tropicalis* liegt an vierter Stelle.

Die meisten Candidämien fanden sich so wie in den Vorjahren auf Intensivstationen (29 %), gefolgt von Stationen der Inneren Medizin (22 %) und chirurgischen Stationen (18 %).

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 8,4 % 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 2,9 % der getesteten Stämme resistent. Die Resistenzraten für die anderen getesteten Azole liegen bei 0 %.

Die Resistenzsituation bei Echinocandinen ist zurzeit ebenso wenig besorgniserregend. Zwar lag die Resistenzrate bei Anidulafungin bei 4,4 %, wobei *C. albicans* mit 6 resistenten Stämmen erstaunlicherweise am stärksten betroffen war. Diese zeigen aber wahrscheinlich nur eine phänotypische und keine klinisch wirksame Resistenz, da die MHK nur geringfügig über dem klinischen Breakpoint lag. Lediglich ein Stamm wies bei Anidulafungin eine MHK von 1 µg/ml auf und würde damit wahrscheinlich auch nicht auf eine Therapie ansprechen.

4 Stämme von *N. glabratus* lagen ebenfalls im resistenten Bereich, wobei ein Stamm mit nur einer Titerstufe über dem klinischen Breakpoint lag. 3 weitere Stämme zeigten eine wesentlich höhere MHK, ebenso ein Stamm von *C. parapsilosis*.

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 2023 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 zur Zeit kein Anlass zu Sorge besteht. Die Resistenzrate gegenüber Azolen liegt mit Ausnahme von Itraconazol seit Jahren unverändert 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 2024 ein Stamm von *C. parapsilosis* mit einer MHK von 2 µg/ml resistent.

Trotzdem gilt es nach wie vor, die Resistenzentwicklung zu beobachten, da international eine Zunahme resistenter *Candida*-Spezies beschrieben wird. So wurden in Deutschland vermehrt Echinocandin-resistente Stämme von *N. glabratus* beschrieben. 2024 wurden auch in Österreich 4 Stämme gefunden, die sich phänotypisch als resistent gegenüber Anidulafungin zeigten. Auch bei Micafungin fielen 3 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](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.

# Resistenzbericht Schimmelpilze

Eine Aktivität der Nationalen Referenzzentrale für Schimmelpilze

## **Ansprechperson/Autorin**

Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> 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](mailto:cornelia.lass-floerl@i-med.ac.at)

## **Reviewerin**

Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Birgit Willinger

Medizinische Universität Wien  
Abteilung für Klinische Mikrobiologie  
Klinisches Institut für Labormedizin  
Währinger Gürtel 18-20/5P  
1090 Wien

**Inhaltsverzeichnis**

**Zusammenfassung ..... 356**

**Abstract ..... 357**

**Einleitung ..... 357**

**Methodik ..... 358**

**Ergebnisse ..... 358**

*Aspergillus*-Spezies: Epidemiologische und Klinische Cut-offs nach EUCAST ..... 359

**Diskussion ..... 362**

**Referenzen ..... 366**

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 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 261 Schimmelpilzkulturen aus infektionsrelevanten Regionen gesammelt; *Aspergillus*-Spezies sind mit 58 % (151/261) nach wie vor führend unter den Schimmelpilzen, wobei es sich hierbei in 60 % (91/151) 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 10 % (6/62) der getesteten Isolate erhöhte minimale Hemmkonzentrationen (MHK > 1 mg/l) gegenüber Amphotericin B (6 *A. flavus*-Isolate); 3 % (2/61) erhöhte MHKs (> 0,25 mg/l) gegenüber Posaconazol (je 1 *A. flavus*- und *A. fumigatus*-Isolat) und 5 % (3/57) gegenüber Itraconazol (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-Isolate) auf. Mit einer Ausnahme (*A. fumigatus*) zeigten von 60 auf Resistenz gegenüber Isavuconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (29 *A. fumigatus*-, 17 *A. niger*-, 9 *A. flavus*-, 4 *A. nidulans*-Isolate und 1 *A. lentulus*-Isolat) 98 % (59/60) MHKs  $\leq$  2 mg/l und sind somit als in vitro empfindlich zu werten. Von den auf Resistenz gegenüber Voriconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (n=99) zeigten sich mit Ausnahme von einem Isolat (*A. fumigatus*) alle Isolate mit einer MHK  $\leq$  2 sensibel.

Unter den getesteten Non-*Aspergillus*-Spezies lag die MHK für Amphotericin B bei 42 % (8/19) > 1 mg/l, für Posaconazol bei 67 % (12/18) > 0,125 mg/l und für Voriconazol bei 40 % (6/15) > 1 mg/l.

## Abstract

In 2024, 261 moulds out of sterile body sites and bronchoalveolar lavages were collected from 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 58% (151/261), are still the leading causative agents of invasive mould diseases; thereof 60% (91/151) belong to the *Aspergillus fumigatus* complex.

Apart from *Aspergillus terreus* isolates, which exhibit intrinsic resistance to amphotericin B, 10% (6/62) of *Aspergillus* isolates showed elevated minimal inhibitory concentrations (MIC > 1 mg/l) against amphotericin B (6 *A. flavus*-isolates); 3% (2/61) represented elevated MICs (> 0.25 mg/l) against posaconazole (1 *A. flavus*-isolate and 1 *A. fumigatus*-isolate) and 5% (3/57) against itraconazole (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-isolates). With 1 exception (*A. fumigatus*), 98% (59/60) of *Aspergillus* isolates tested for resistance to isavuconazole (29 *A. fumigatus*-, 17 *A. niger*-, 9 *A. flavus*-isolates, 4 *A. nidulans*-isolates and 1 *A. lentulus*-isolate) showed MICs ≤ 2 mg/l and are therefore considered to be susceptible. Of the *Aspergillus* isolates tested for resistance to voriconazole (n=99), all but 1 (*A. fumigatus*) 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 42% (8/19), 67% (12/18) and 40% (6/15), respectively.

## Einleitung

Mykosen gewinnen als sekundäre Erkrankungen zunehmend an Bedeutung. Ihr klinisches Bild wird von der Art des Erregers und der Immunkompetenz des Patienten 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 soll die aktuelle Häufigkeit von Resistenzen invasiver Schimmelpilze gegenüber Antimykotika darlegen.

## Methodik

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 wurden Schimmelpilzkulturen identifiziert und einer Resistenztestung unterzogen. Ziel war es, eine Analyse von Häufigkeit und Artverteilung klinisch relevanter Schimmelpilzisolat 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 261 Isolate ein (29 Isolate von der Medizinischen Universität Wien/Abteilung für Klinische Mikrobiologie, 185 von der Medizinischen Universität Innsbruck/Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie, 18 von der Medizinischen Universität Graz/Diagnostik und Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, 10 Isolate von der analyse BioLab GmbH Linz und 19 Isolate von der Klinik Landstraße Wien. 37 % (97/260) stammen von Frauen und 63 % (163/260) von Männern, 68 % (177/261) der Isolate stammen aus bronchoalveolären Lavagen und 10 % (26/261) aus Biopsien/Geweben.

In 58 % (n=151) wurden *Aspergillus*-Spezies nachgewiesen, in 4 % *Fusarium* spp. (n=10), in 13 % *Penicillium* sp. (n=34) und in 8 % Mucormyzeten (n=22). Non-*Aspergillus*-Spezies wurden in 110 Isolaten gezüchtet.

Der Großteil der Patient:innen mit nachgewiesenen Schimmelpilzen war der Pulmologie (30 %, n=77), den Intensiv- (37 %, n=96), den chirurgischen (7 %, n=19), und den internistischen Stationen (7 %, n=18) zuzuordnen.

Unter den *Aspergillus*-Spezies handelte es sich bei 60 % (n=91) um Isolate aus dem *Aspergillus fumigatus*-Komplex, 27 Isolate wurden als *A. niger*, 11 Isolate als *A. flavus*, je 6 Isolate als *A. glaucus* bzw. *A. nidulans*, 5 Isolate als *A. versicolor*, 3 Isolate als *A. terreus*, und je 1 Isolat als *A. lentulus* bzw. *A. ochraceus* identifiziert.

Sieht man von den *Aspergillus terreus*-Isolaten ab, die eine intrinsische Resistenz gegenüber Amphotericin B aufweisen, zeigten 10 % (6/62) der getesteten Isolate erhöhte minimale Hemmkonzentrationen (MHK > 1 mg/l) gegenüber Amphotericin B (6 *A. flavus*-Isolate); 3 % (2/61) erhöhte MHKs (> 0,25 mg/l) gegenüber Posaconazol (je 1 *A. flavus*- und *A. fumigatus*-Isolat) und 5 % (3/57) gegenüber Itraconazol (> 1 mg/l; 3 *A. niger*-Isolate) auf. Mit einer Ausnahme (*A. fumigatus*) zeigten von 60 auf Resistenz gegenüber Isavuconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (29 *A. fumigatus*-, 17 *A. niger*-, 9 *A. flavus*, 4 *A. nidulans*-Isolate und 1 *A. lentulus*-Isolat) 98 % (59/60) MHKs ≤ 2 mg/l und sind somit als in vitro empfindlich zu werten. Von den auf Resistenz gegenüber Voriconazol getesteten *Aspergillus*-Isolaten (n=99) zeigten sich mit Ausnahme von einem Isolat (*A. fumigatus*) alle Isolate mit einer MHK ≤ 2 sensibel.

## ***Aspergillus*-Spezies: Epidemiologische und Klinische Cut-offs nach EUCAST**

Tabelle 140: *Aspergillus fumigatus*: 91 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte			Klinische Cut-off-Werte		
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
<b>Amphotericin B</b>	≤ 1	28/28	≤ 1	28/28	> 1	0/28
<b>Itraconazol</b>	≤ 1	27/27	≤ 1	27/27	> 1	0/27
<b>Posaconazol</b>	≤ 0,25	28/29	≤ 0,125	27/29	> 0,25	1/29

	Epidemiolog. Cut-off-Werte		Klinische Cut-off-Werte			
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Voriconazol	≤ 1	54/56	≤ 1	54/56	> 1	2/56
Isavuconazol	≤ 2	28/29	≤ 1	28/29	> 2	1/29

Tabelle 141: *Aspergillus flavus*: 11 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte		Klinische Cut-off-Werte			
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	≤ 4	6/9	ND		ND	
Itraconazol	≤ 1	9/9	≤ 1	9/9	> 1	0/9
Posaconazol	≤ 0,5	9/9	ND		ND	
Voriconazol	≤ 2	10/10	ND		ND	
Isavuconazol	≤ 2	9/9	≤ 1	9/9	> 2	0/9

Tabelle 142: *Aspergillus nidulans*: 6 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte		Klinische Cut-off-Werte			
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
Amphotericin B	≤ (4)	3/3	ND		ND	
Itraconazol	≤ (1)	4/4	≤ 1	4/4	> 1	4/4
Posaconazol	≤ 0,5	4/4	ND		ND	
Voriconazol	≤ 1	4/4	≤ 1	4/4	> 1	0/4
Isavuconazol	≤ 0,25	4/4	≤ 0,25	4/4	> 0,25	0/4

Tabelle 143: *Aspergillus niger*: 25 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte		Klinische Cut-off-Werte			
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
<b>Amphotericin B</b>	≤ (0,5)	20/20	≤ 1	20/20	> 1	0/20
<b>Itraconazol</b>	≤ 2	14/16				
<b>Posaconazol</b>	≤ 0,5	18/18				
<b>Voriconazol</b>	≤ 2	23/23				
<b>Isavuconazol</b>	≤ 4	17/17				

Tabelle 144: *Aspergillus terreus*: 3 Isolate

	Epidemiolog. Cut-off-Werte		Klinische Cut-off-Werte			
	Wildtyp	Anzahl	Sensibel	Anzahl	Resistent	Anzahl
<b>Amphotericin B</b>	≤ 8	1/1				
<b>Voriconazol</b>	≤ 2	2/2				

Unter den getesteten Non-*Aspergillus*-Spezies lag die MHK für Amphotericin B bei 42 % (8/19) > 1 mg/l, für Posaconazol bei 67 % (12/18) > 0,125 mg/l und für Voriconazol bei 40 % (6/15) > 1 mg/l. Die Arten beinhalten ein breites Spektrum (Abbildung 115). 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 40 % (2/5), gegenüber Voriconazol (> 1 mg/l) in 100 % (5/5) und in 100 % (5/5) gegenüber Posaconazol (> 0.125 mg/l).

Unter den Mucormyzeten zeigten 20 % (1/5) eine MHK > 1 mg/ml gegenüber Amphotericin B (1 *Rhizopus microsporus*), 80 % (4/5) der getesteten Isolate wiesen MHKs > 0,125 mg/l gegenüber Posaconazol auf (2 *Rhizopus microsporus*, 1 *Mucor circinelloides* und 1 Zygomycet) auf.

Da *Penicillium*-Spezies, ausgenommen *Penicillium marneffe*, 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 2023 leicht gesunken. Da keine einheitlichen Standards zur Probenabnahme und Testung vorliegen, handelt es sich hier um Richtwerte.

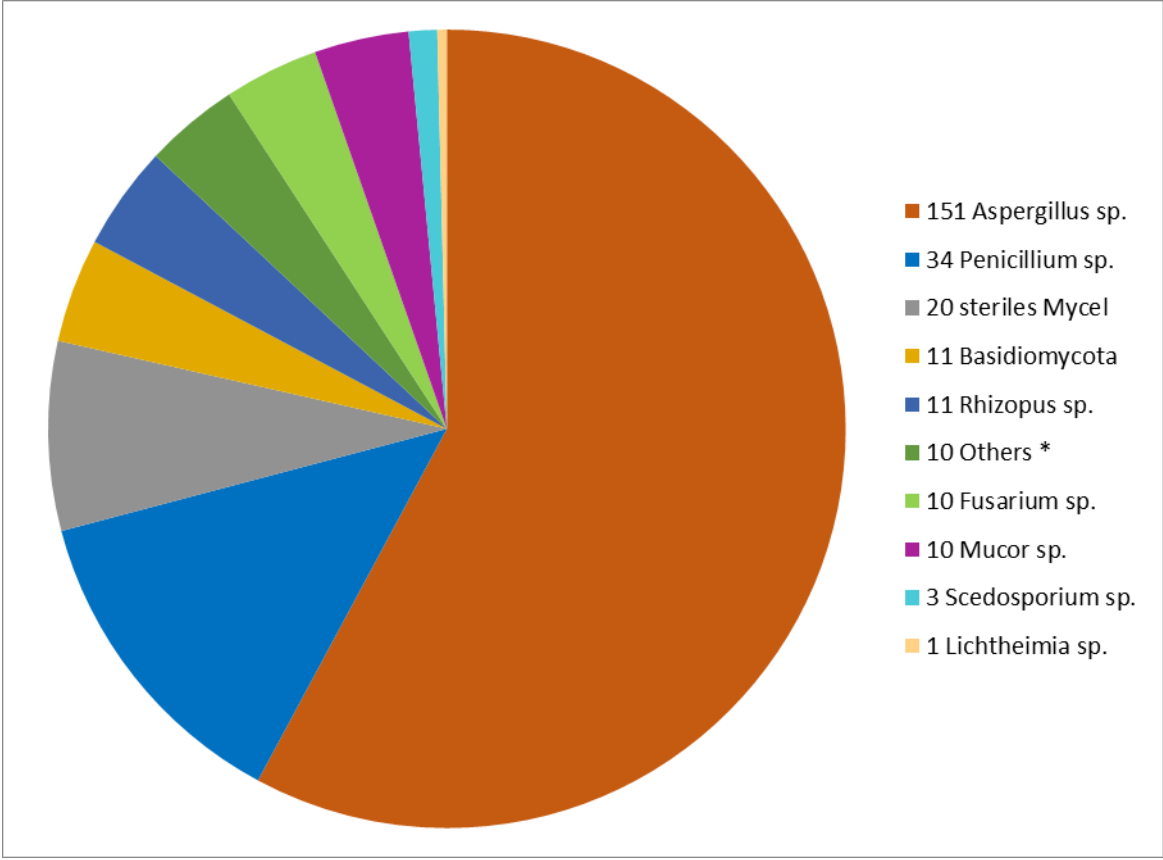
*Aspergillus*-Spezies sind mit 58 % nach wie vor führend unter den Schimmelpilzen, davon sind 60 % dem *Aspergillus fumigatus*-Komplex zuzuordnen. Dies entspricht in etwa dem prozentuellen Verteilungsmuster der Vorjahre. Auch unter den Non-*Aspergillus*-Spezies verhielt sich das Spektrum an kultivierten 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.

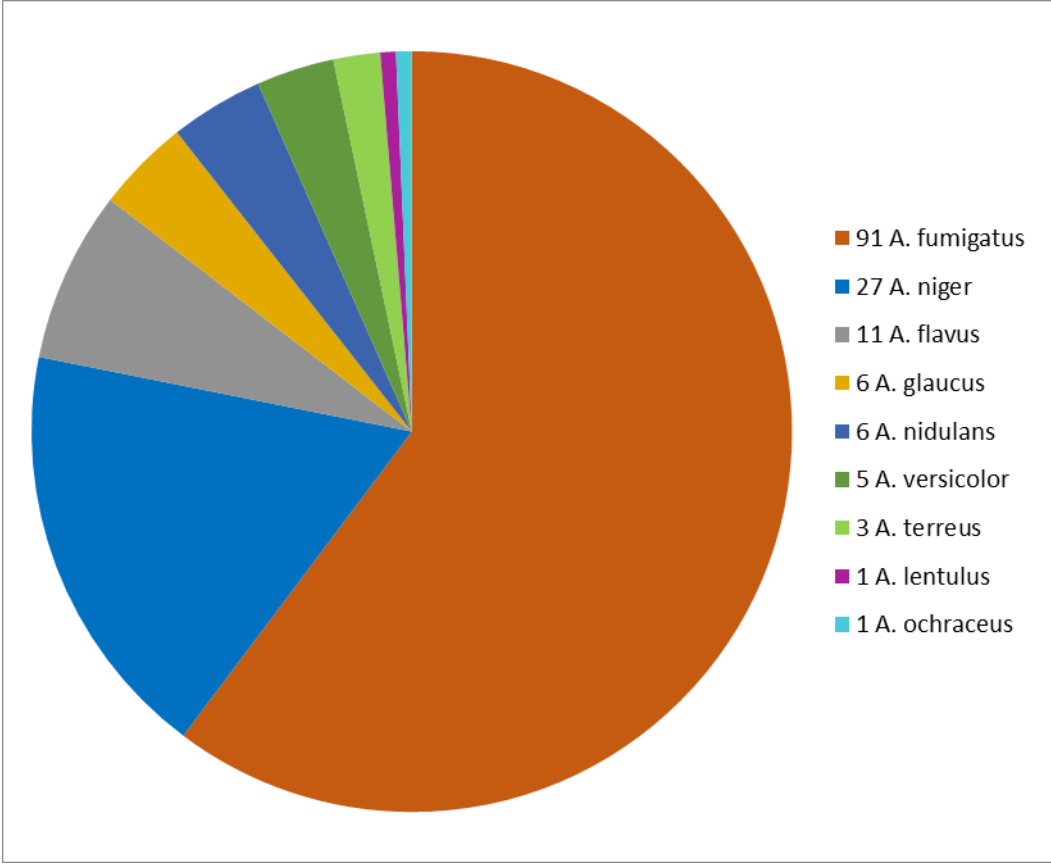
Abbildung 115: Verteilung der Schimmelpilz-Spezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl



\* Others: *Alternaria sp.*, *Beauveria bassiana*, *Cephalotrichum gorgonifer*, *Coprinopsis cinerea*, *Cutaneotrichosporon debeurmannia*, *Dematiaceous mould (Schwärzepilz)*, *Schizophyllum commune*, *Trametes hirsuta*, *Trichoderma sp.*

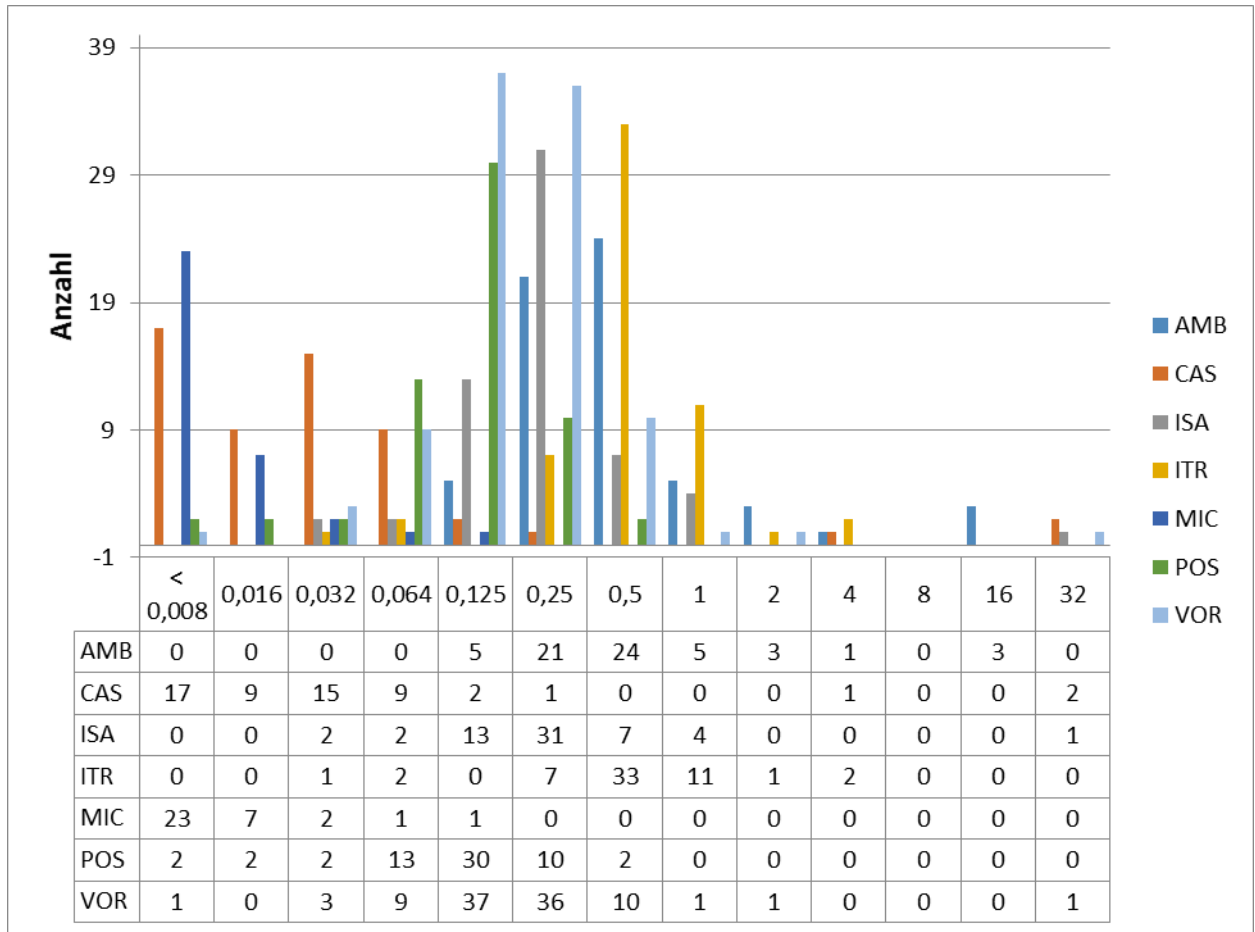
Quelle: Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie der Medizinischen Universität Innsbruck

Abbildung 116: Verteilung der *Aspergillus*-Spezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl



Quelle: Institut für Hygiene und Medizinische Mikrobiologie der Medizinischen Universität Innsbruck

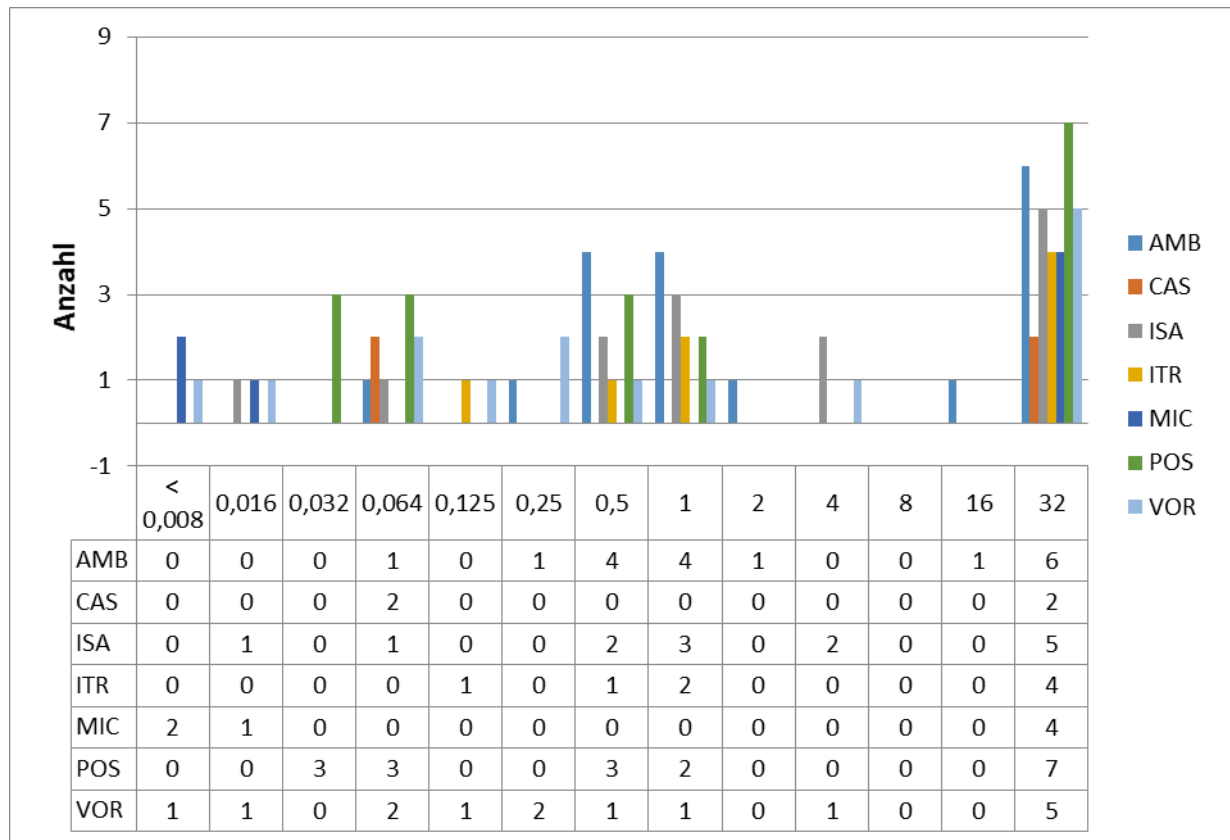
Abbildung 117: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK-Verteilung aller *Aspergillus*-Isolate nach Anzahl



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 118: 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/](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.<sup>a</sup> 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](mailto:lki.ha.hiv-kohorte@tirol-kliniken.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung/Abstract.....</b>	<b>369</b>
Prevalence of Transmitted Drug Resistance is Stabilising at a Low Rate in Austria .....	369
Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich .....	370
<b>Einleitung .....</b>	<b>371</b>
<b>Methodik.....</b>	<b>371</b>
Österreichische HIV-Kohortenstudie.....	371
Einschlusskriterien .....	372
Ausschlusskriterien .....	372
Frequenz des Monitoring („Follow-up“) .....	372
Minimales Dataset .....	372
Zusammenführen der Daten.....	372
Zahl der Kohortenteilnehmer:innen .....	372
Genotypischer Resistenztest .....	373
<b>Ergebnisse .....</b>	<b>374</b>
Anzahl der Patient:innen mit „frischer“ bzw. chronischer HIV-Infektion .....	374
„Frische Infektion“ (Zeitpunkt der Infektion bekannt oder berechenbar) .....	375
Zeitpunkt der Infektion unbekannt .....	379
<b>Interpretation und Diskussion .....</b>	<b>382</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>382</b>

## Zusammenfassung/Abstract

### Prevalence of Transmitted Drug Resistance is Stabilising at a Low Rate in Austria

Strickner S.<sup>1</sup>, Grabmeier K.<sup>2</sup>, Knappik M.<sup>3</sup>, Sarcletti M.<sup>4</sup>, Öllinger A.<sup>5</sup>, Wallner E.<sup>6</sup>, Egle A.<sup>7</sup>, Kanatschnig M.<sup>8</sup>, Zoufaly A.<sup>9</sup>, Raschid L.<sup>10</sup>, Zangerle R.<sup>4</sup>, for the AHIVCOS Study Group

<sup>1</sup>Austrian HIV Cohort Study, Innsbruck, Austria, <sup>2</sup>Medical University Vienna, Vienna, Austria, <sup>3</sup>Hospital Penzing, Vienna, Austria, <sup>4</sup>Medical University Innsbruck, Innsbruck, Austria, <sup>5</sup>Kepler Universitätsklinikum Med Campus III, Linz, Linz, Austria, <sup>6</sup>LKH Graz West, Graz, Austria, <sup>7</sup>Paracelsus Medical University Salzburg, Dept. of Internal Medicine III, Salzburg, Austria, <sup>8</sup>LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, <sup>9</sup>Hospital Favoriten, Vienna, Austria, <sup>10</sup>LKH 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 2024 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 4,083 of 6,920 patients had an amplifiable resistance test. The overall prevalence of TDR was 7.0% (285 of 4,083 patients; 95% CI: 6.3%-7.8%). The prevalence of NRTI resistance was 2.9% (2.4%-3.5%), the prevalence of NNRTI resistance was 2.9% (2.4%-3.5%), and the prevalence of PI resistance was 1.7% (1.3%-2.1%). The relative risk of TDR in men who have sex with men compared to heterosexual contacts was 1.4 (95% CI: 1.1-1.9). The prevalence rate of TDR in the 1,182 patients with acute/recent infection was 7.5% (65 of 868 patients; 5.9%-9.4%). One patient (0.1%) showed TDR against 3 drug classes (K70R; K103N; L90M). The prevalence rate of TDR in the 5,714 patients with chronic infection was 6.8% (220 of 3,215 patients; 6.0%-7.8%).

**Conclusions:** The prevalence of TDR among newly diagnosed patients was found to be stabilizing. No difficulty to treat cases of TDR has been observed.

## Übertragung medikamentenresistenter HI-Viren in Österreich

Strickner S.<sup>1</sup>, Grabmeier K.<sup>2</sup>, Knappik M.<sup>3</sup>, Sarcletti M.<sup>4</sup>, Öllinger A.<sup>5</sup>, Wallner E.<sup>6</sup>, Egle A.<sup>7</sup>, Kanatschnig M.<sup>8</sup>, Zoufaly A.<sup>9</sup>, Raschid L.<sup>10</sup>, Zangerle R.<sup>4</sup>, für die ÖHIVKOS-Studiengruppe

<sup>1</sup>Österreichische HIV-Kohortenstudie, Innsbruck, Austria, <sup>2</sup>Medizinische Universität Wien, Wien, Austria, <sup>3</sup>Klinik Penzing, Wien, Austria, <sup>4</sup>Medizinische Universität Innsbruck, Innsbruck, Austria, <sup>5</sup>Kepler Universitätsklinikum Med Campus III. Linz, Linz, Austria, <sup>6</sup>LKH Graz West, Graz, Austria, <sup>7</sup>Paracelsus Medizinische Universität Salzburg, Salzburg, Austria, <sup>8</sup>LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, <sup>9</sup>Klinik Favoriten, Wien, Austria, <sup>10</sup>LKH 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 2024 wurden neu diagnostizierte Patient:innen aus 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 durch den Zeitpunkt 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 4.083 von 6.920 Patient:innen einen amplifizierbaren Resistenztest. Die Gesamtprävalenz der TDR betrug 7,0 % (285 von 4.083 Patient:innen; 95 %-CI: 6,3 %–7,8 %). Die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 2,9 % (2,4 %–3,5 %), die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 2,9 % (2,4 %–3,5 %) und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 1,7 % (1,3 %–2,1 %). Das relative Risiko der TDR bei homosexuellen Männern im Vergleich zu einer heterosexuellen Infektion lag bei 1,4 (95 %-CI: 1,1–1,9). Die Prävalenzrate der TDR von den 1.182 Patient:innen mit akuter/frischer Infektion belief sich auf 7,5 % (65 von 868 Patient:innen; 5,9 %–9,4 %). Ein/e Patient:in (0,1 %) wies eine TDR gegenüber 3 Medikamentenklassen (K70R; K103N; L90M) auf. Die Prävalenzrate der TDR bei den 5.714 Patient:innen mit chronischer Infektion betrug 6,8 % (220 von 3.215 Patient:innen; 6,0 %–7,8 %).

**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 2024 wurden bisher insgesamt 11.618 HIV-infizierte Personen in die Kohortenstudie aufgenommen. Es ist zu vermuten, dass die Anzahl der Verstorbenen größer als 2.976 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 31.12.2024 gestellt wurde. Die Dokumentation für Resistenztests erfolgte ab diesem Datum flächendeckend.

Abbildung 119: Zahl der Kohortenteilnehmer:innen

	OWS Wien	AKH Wien	KFJ Wien	Linz	Salz- burg	Inns- bruck	Feld- kirch	Graz	Klagen- furt	Gesamt
bis 2003	1574	1198	43	613	124	820	19	240	67	4698
2003-2024	1251	2299	299	727	493	743	165	652	291	6920
<b>Gesamt</b>	<b>2825</b>	<b>3497</b>	<b>342</b>	<b>1340</b>	<b>617</b>	<b>1563</b>	<b>184</b>	<b>892</b>	<b>358</b>	<b>11618</b>

### 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 Anzahl der Patient:innen mit Resistenzmutationen im Verhältnis zur Anzahl 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 120: 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 6.920 Patient:innen mit der Diagnose HIV (zwischen dem 1.1.2003 und dem 31.12.2024) hatten 1.206 (17,4 %) eine „frische“ Infektion, bei 5.714 (82,6 %) Patient:innen war der Zeitpunkt der Infektion unbekannt.

Abbildung 121: 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	316	61	264
2004	365	64	293
2005	369	77	300
2006	366	57	304
2007	394	85	321
2008	421	66	341
2009	360	67	294
2010	386	98	300
2011	379	100	275
2012	392	64	319
2013	333	65	259
2014	326	46	274
2015	346	49	309
2016	321	54	269
2017	337	52	269
2018	236	44	198
2019	268	30	234
2020	183	27	161
2021	205	19	180
2022	207	25	182
2023	206	23	177
2024	204	9	191
<b>Total</b>	<b>6920</b>	<b>1206</b>	<b>5714</b>

### „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):

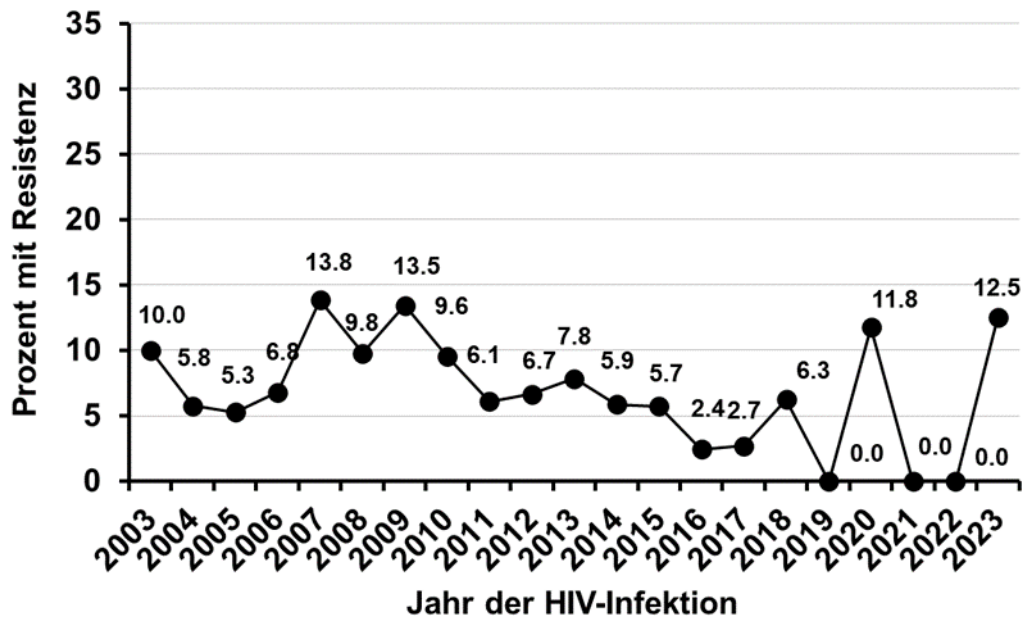
- Zeitpunkt der akuten HIV-Infektion
- Mittel zwischen dem letzten negativen und dem ersten positiven HIV-Test

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 1.206 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 2024 herangezogen.

Abbildung 122: Übertragene Resistenz nach Jahr der frischen HIV-Infektion und Übertragungsart

	Anzahl der HIV-Infektionen	Amplifizierbare Resistenztests vor ART	"Irgendeine" Resistenz
<b>Jahr der HIV-Infektion</b>			
2003	61	50	5
2004	64	52	3
2005	77	57	3
2006	57	44	3
2007	85	65	9
2008	66	51	5
2009	67	52	7
2010	98	73	7
2011	100	82	5
2012	64	45	3
2013	65	51	4
2014	46	34	2
2015	49	35	2
2016	54	41	1
2017	52	37	1
2018	44	32	2
2019	30	15	-
2020	27	17	2
2021	19	11	-
2022	25	12	-
2023	23	8	1
2024	9	4	-
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>			
MSM	767	569	50
Männliche IDU	120	83	3
Weibliche IDU	48	30	3
Heterosexuell männlich	120	90	6
Heterosexuell weiblich	104	84	3
Andere	23	12	-
<b>Total</b>	<b>1182</b>	<b>868</b>	<b>65</b>

Abbildung 123: 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 124: Übertragene Resistenz nach Zeitpunkt der frischen HIV-Infektion, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter

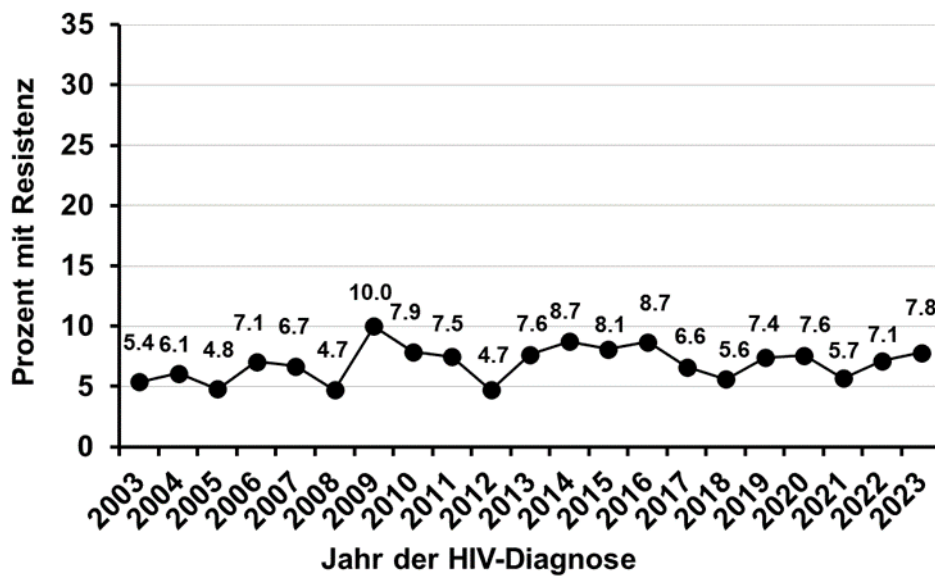
Jahr der HIV-Infektion	Zahl der HIV-Infektionen	Resistenz-Tests vor ART	Wildtyp	Resistenz gegen							
				NRTI oder NNRTI oder PI	NRTI	NNRTI	PI	NRTI und PI	NRTI und NNRTI	NNRTI und PI	3-Klassen-Resistenz
2003	61	50	45	5	4	1	-	-	-	-	-
2004	64	52	49	3	-	3	-	-	-	-	-
2005	77	57	54	3	1	2	-	-	-	-	-
2006	57	44	41	3	1	2	-	-	-	-	-
2007	85	65	56	9	4	4	3	1	2	1	1
2008	66	51	46	5	3	1	3	1	-	-	-
2009	67	52	45	7	2	3	4	1	-	1	-
2010	98	73	66	7	1	5	1	-	-	-	-
2011	100	82	77	5	1	4	1	-	-	1	-
2012	64	45	42	3	3	-	-	-	-	-	-
2013	65	51	47	4	1	2	1	-	-	-	-
2014	46	34	32	2	2	-	-	-	-	-	-
2015	49	35	33	2	1	1	-	-	-	-	-
2016	54	41	40	1	-	1	-	-	-	-	-
2017	52	37	36	1	-	-	1	-	-	-	-
2018	44	32	30	2	-	1	1	-	-	-	-
2019	30	15	15	-	-	-	-	-	-	-	-
2020	27	17	15	2	-	2	-	-	-	-	-
2021	19	11	11	-	-	-	-	-	-	-	-
2022	25	12	12	-	-	-	-	-	-	-	-
2023	23	8	7	1	-	1	-	-	-	-	-
2024	9	4	4	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Wohnortgröße</b>											
Ländliche Region	530	401	372	29	11	16	6	1	1	3	1
Landeshauptstädte	183	144	131	13	3	5	6	1	-	-	-
Wien	463	321	298	23	10	12	3	1	1	-	-
Fehlend	6	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>											
MSM	767	569	519	50	18	25	14	3	2	3	1
Männliche IDU	120	83	80	3	2	1	-	-	-	-	-
Weibliche IDU	48	30	27	3	-	3	-	-	-	-	-
Heterosexuell männlich	120	90	84	6	2	3	1	-	-	-	-
Heterosexuell weiblich	104	84	81	3	2	1	-	-	-	-	-
Andere	23	12	12	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>Alter beim HIV-Test</b>											
<35 Jahre	681	488	442	46	16	25	8	1	1	1	-
≥35 Jahre	501	380	361	19	8	8	7	2	1	2	1
<b>Gesamt</b>	<b>1182</b>	<b>868</b>	<b>803</b>	<b>65</b>	<b>24</b>	<b>33</b>	<b>15</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>1</b>

## Zeitpunkt der Infektion unbekannt

Abbildung 125: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose und Übertragungsart

	Anzahl der HIV-Diagnosen	Amplifizierbare Resistenztests vor ART	"Irgendeine" Resistenz
<b>Jahr der HIV-Diagnose</b>			
2003	264	148	8
2004	293	181	11
2005	300	188	9
2006	304	184	13
2007	321	195	13
2008	341	191	9
2009	294	190	19
2010	300	191	14
2011	275	174	13
2012	319	190	9
2013	259	158	12
2014	274	149	13
2015	309	173	14
2016	269	162	14
2017	269	151	10
2018	198	107	6
2019	234	111	8
2020	161	66	5
2021	180	89	5
2022	182	84	7
2023	177	65	5
2024	191	68	3
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>			
MSM	2445	1414	116
Männliche IDU	559	326	12
Weibliche IDU	165	89	6
Heterosexuell männlich	1098	652	31
Heterosexuell weiblich	1038	596	43
Andere	409	138	12
<b>Total</b>	<b>5714</b>	<b>3215</b>	<b>220</b>

Abbildung 126: 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: 1,04–1,9).

Abbildung 127: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter

Jahr der HIV-Diagnose	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
2003	264	148	140	8	4	3	1	-	-	-	-
2004	293	181	170	11	6	2	4	1	-	-	-
2005	300	188	179	9	7	1	4	3	-	-	-
2006	304	184	171	13	6	2	5	-	-	-	-
2007	321	195	182	13	8	2	3	-	-	-	-
2008	341	191	182	9	4	2	3	-	-	-	-
2009	294	190	171	19	7	4	9	-	1	-	-
2010	300	191	177	14	4	7	4	1	-	-	-
2011	275	174	161	13	3	6	4	-	-	-	-
2012	319	190	181	9	7	2	1	-	1	-	-
2013	259	158	146	12	7	5	-	-	-	-	-
2014	274	149	136	13	3	6	4	-	-	-	-
2015	309	173	159	14	5	6	4	-	-	1	-
2016	269	162	148	14	3	10	1	-	-	-	-
2017	269	151	141	10	4	6	-	-	-	-	-
2018	198	107	101	6	4	1	2	1	-	-	-
2019	234	111	103	8	2	5	1	-	-	-	-
2020	161	66	61	5	2	4	-	-	1	-	-
2021	180	89	84	5	2	3	-	-	-	-	-
2022	182	84	77	7	1	4	2	-	-	-	-
2023	177	65	60	5	4	4	1	1	3	1	1
2024	191	68	65	3	2	1	-	-	-	-	-
<b>Wohnortgröße</b>											
Ländliche Region	2294	1326	1230	96	42	34	21	-	1	-	-
Landeshauptstädte	761	513	475	38	12	21	9	-	4	-	-
Wien	2577	1358	1275	83	40	30	22	7	1	2	1
Fehlend	82	18	15	3	1	1	1	-	-	-	-
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>											
MSM	2445	1414	1298	116	46	46	29	3	-	2	1
Männliche IDU	559	326	314	12	4	8	1	-	1	-	-
Weibliche IDU	165	89	83	6	2	3	1	-	1	-	-
Heterosexuell männlich	1098	652	621	31	14	9	10	1	1	-	-
Heterosexuell weiblich	1038	596	553	43	25	14	10	3	3	-	-
Andere	409	138	126	12	4	6	2	-	-	-	-
<b>Alter beim HIV-Test</b>											
<35 Jahre	2840	1489	1375	114	50	48	26	7	3	1	1
≥35 Jahre	2874	1726	1620	106	45	38	27	-	3	1	-
<b>Gesamt</b>	<b>5714</b>	<b>3215</b>	<b>2995</b>	<b>220</b>	<b>95</b>	<b>86</b>	<b>53</b>	<b>7</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>1</b>

## Interpretation und Diskussion

Insgesamt konnten in allen HIV-Zentren 285 (7,0 %) von 4.083 Patient:innen gefunden werden, die vor ihrer ersten antiretroviralen Therapie zumindest eine Mutation mit Resistenz gegenüber HIV-Medikamenten zeigten. 2 Patient:innen 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 Patient:innen 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 und erst 2003 etabliert worden ist. Sowohl bei frischen Infektionen als auch bei jenen unbekanntem Zeitpunkt hatten jüngere Patient:innen (<35 Jahre) ein höheres Risiko für den Erwerb medikamentenresistenter HI-Viren. Bei Infektionen unbekanntem Zeitpunkt 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.<sup>a</sup> 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](mailto:lki.ha.hiv-kohorte@tirol-kliniken.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung/Abstract.....</b>	<b>386</b>
Prevalence of Development of Drug Resistance in HIV infected patients in Austria .....	386
Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie .....	387
<b>Einleitung .....</b>	<b>388</b>
<b>Methodik.....</b>	<b>388</b>
<b>Ergebnisse: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie .....</b>	<b>389</b>
Antiretrovirale Therapie.....	389
Anzahl der Patient:innen mit antiretroviraler Therapie .....	389
Formen der antiretroviralen Therapie .....	390
Zahl der NRTI-assoziierten Resistenzmutationen .....	390
Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT .....	391
Zahl der NNRTI-assoziierten Resistenzmutationen.....	392
Zahl der PI-assoziierten Resistenzmutationen .....	393
Kumulative Resistenz für Medikamentenklassen zum 1.1.2025 .....	395
Häufigkeit von kumulativer Resistenz.....	396
Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie	
399	
Wahrscheinlichkeit einer Resistenzentwicklung.....	400
Risikofaktoren für die Entwicklung von Resistenz .....	403
Patient:innen mit einer 3-Klassen-Resistenz .....	403
Patient:innen mit irgendeiner Resistenz bei Therapiebeginn nach 1.1.1997.....	405
<b>Interpretation und Diskussion .....</b>	<b>406</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>407</b>

## Zusammenfassung/Abstract

### Prevalence of Development of Drug Resistance in HIV infected patients in Austria

Strickner S.<sup>1</sup>, Grabmeier K.<sup>2</sup>, Knappik M.<sup>3</sup>, Sarcletti M.<sup>4</sup>, Öllinger A.<sup>5</sup>, Wallner E.<sup>6</sup>, Egle A.<sup>7</sup>, Kanatschnig M.<sup>8</sup>, Zoufaly A.<sup>9</sup>, Raschid L.<sup>10</sup>, Zangerle R.<sup>4</sup>, for the AHIVCOS Study Group

<sup>1</sup>Austrian HIV Cohort Study, Innsbruck, Austria, <sup>2</sup>Medical University Vienna, Vienna, Austria, <sup>3</sup>Hospital Penzing, Vienna, Austria, <sup>4</sup>Medical University Innsbruck, Innsbruck, Austria, <sup>5</sup>Kepler Universitätsklinikum Med Campus III, Linz, Linz, Austria, <sup>6</sup>LKH Graz West, Graz, Austria, <sup>7</sup>Paracelsus Medical University Salzburg, Dept. of Internal Medicine III, Salzburg, Austria, <sup>8</sup>LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, <sup>9</sup>Hospital Favoriten, Vienna, Austria, <sup>10</sup>LKH 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 “2025 Update of the Drug Resistance Mutations in HIV-1” from the International Antiviral-Society-USA (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2025/03/33-2-mutations.pdf>).

**Results:** Overall 4,823 patients have ever received ART, 1,231 had a resistance test after ART (25.5%). The overall prevalence of development of drug resistance was 64.3% (792 of 1,231 patients), the prevalence of NRTI resistance was 29.4%, the prevalence of NNRTI resistance was 25.8%, and the prevalence of PI resistance was 53.8%. The prevalence of 3-class-resistance was 13.1% (161 of 1,231 patients). The risk factors for developing a 3-class-resistance were initial therapy before 1997 (OR=29.1; 95% CI: 18.6-45.5) as well as from 1997 to 2003 (OR=7.6; 95% CI: 4.7-12.2), a CD4 nadir <50 (OR=3.5 95% CI: 2.2-5.6), a CD4 nadir between 50 and 200 (OR=2.2; 95% CI: 1.4-3.4) and an age at ART-start <30 (OR=2.5; 95% CI: 1.04-6.2). The risk to develop a 3-class-resistance was lower in patients with a low viral load (for <50 copies/ml OR=0.3; 95% CI: 0.1-0.7).

**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 stabilizing 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.<sup>1</sup>, Grabmeier K.<sup>2</sup>, Knappik M.<sup>3</sup>, Sarcletti M.<sup>4</sup>, Öllinger A.<sup>5</sup>, Wallner E.<sup>6</sup>, Egle A.<sup>7</sup>, Kanatschnig M.<sup>8</sup>, Zoufaly A.<sup>9</sup>, Raschid L.<sup>10</sup>, Zangerle R.<sup>4</sup>, für die ÖHIVKOS-Studiengruppe

<sup>1</sup>Österreichische HIV-Kohortenstudie, Innsbruck, Austria, <sup>2</sup>Medizinische Universität Wien, Wien, Austria, <sup>3</sup>Klinik Penzing, Wien, Austria, <sup>4</sup>Medizinische Universität Innsbruck, Innsbruck, Austria, <sup>5</sup>Kepler Universitätsklinikum Med Campus III. Linz, Linz, Austria, <sup>6</sup>LKH Graz West, Graz, Austria, <sup>7</sup>Paracelsus Medizinische Universität Salzburg, Salzburg, Austria, <sup>8</sup>LKH Klagenfurt, Klagenfurt, Austria, <sup>9</sup>Klinik Favoriten, Wien, Austria, <sup>10</sup>LKH 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 2025 der International Antiviral-Society-USA (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2025/03/33-2-mutations.pdf>) gewertet.

**Ergebnisse:** Insgesamt erhielten 4.823 Patient:innen jemals eine ART, 1.231 hatten einen Resistenztest nach ART (25,5 %). Die Gesamtprävalenz der Resistenzentwicklung betrug 64,3 % (792 von 1.231 Patient:innen), die Prävalenz der NRTI-Resistenz belief sich auf 29,4 %, die Prävalenz der NNRTI-Resistenz lag bei 25,8 % und die Prävalenz der PI-Resistenz betrug 53,8 %. 161 von 1.231 Patient:innen (13,1 %) entwickelten eine 3-Klassen-Resistenz. Die Risikofaktoren für eine 3-Klassen-Resistenz waren ein erster Therapiebeginn vor 1997 (OR=29,1; 95 %-CI: 18,6–45,4) sowie von 1997 bis 2003 (OR=7,6; 95 %-CI: 4,7–12,2), ein CD4-Nadir <50 (OR=3,5; 95 %-CI: 2,2–5,6), ein CD4-Nadir zwischen 50 und 200 (OR=2,2; 95 %-CI: 1,4–3,4) und ein Alter <30 bei Therapiebeginn (OR=2,5; 95 %-CI: 1,04–6,2). Das Risiko einer 3-Klassen-Resistenz war bei Patient:innen mit niedriger Viruslast geringer (bei <50 Kopien/ml OR=0,3; 95 %-CI: 0,1–0,7).

**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 Anzahl der Patient:innen mit Resistenzmutationen („genotypischer Resistenztest“) im Verhältnis zur Anzahl 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 “2025 Update of the Drug Resistance Mutations in HIV-1” (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2025/03/33-2-mutations.pdf>).

Abbildung 128: 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, L, M
				N83	D
				I84	V
				I85	V
				N88	D, S
				L89	V, I, M
				L90	M

## Ergebnisse: Resistenzentwicklung unter antiretroviraler Therapie

### Antiretrovirale Therapie

#### Anzahl der Patient:innen mit antiretroviraler Therapie

Von den aktuell betreuten Patient:innen haben 4.823 jemals eine antiretrovirale Therapie (ART) erhalten.

4.812 (99,8 %) dieser Patient:innen erhielten jemals NRTI, davon war bei 1.228 (25,5 %) Patient:innen ein amplifizierbarer Resistenztest nach ART-Beginn vorhanden.

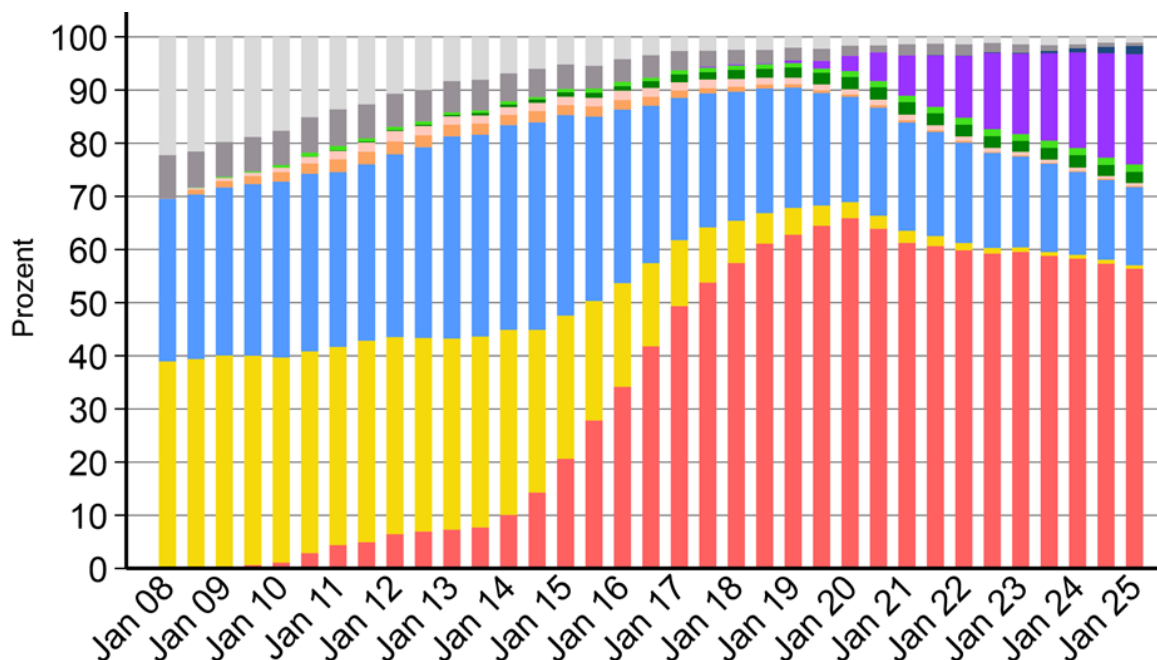
2.455 (50,9 %) Patient:innen erhielten jemals NNRTI, davon war bei 846 (34,5 %) Patient:innen ein amplifizierbarer Resistenztest nach ART-Beginn vorhanden.

2.109 (43,7 %) Patient:innen erhielten jemals PI, davon war bei 930 (44,1 %) 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 129: Therapieformen im Verlauf



### Zahl der NRTI-assoziierten Resistenzmutationen

Angegeben ist die Zahl der resistenten NRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit Nukleosidischen Reverse Transkriptasehemmern („NRTI“) behandelten Patient:innen.

Abbildung 130: Absolute Zahl der NRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit NRTI behandelten Patient:innen

<b>Alle Zentren</b>	<b>Verstorbene seit 1997 und jemals NRTI N = 1665</b>	<b>Aktuell in Betreuung und jemals NRTI N = 4812</b>
Amplifizierbarer Resistenztest	719 (43.2%)	1228 (25.5%)
Resistenz gegen NRTI	266 (16.0%)	361 (7.5%)
Codon 41	96 (5.8%)	129 (2.7%)
Codon 62	10 (0.6%)	21 (0.4%)
Codon 65	13 (0.8%)	24 (0.5%)
Codon 67	84 (5.0%)	114 (2.4%)
Codon 69	3 (0.2%)	2 (0.0%)
Codon 70	64 (3.8%)	97 (2.0%)
Codon 74	37 (2.2%)	28 (0.6%)
Codon 75	6 (0.4%)	6 (0.1%)
Codon 77	3 (0.2%)	6 (0.1%)
Codon 115	7 (0.4%)	14 (0.3%)
Codon 116	2 (0.1%)	4 (0.1%)
Codon 151	2 (0.1%)	6 (0.1%)
Codon 184	207 (12.4%)	250 (5.2%)
Codon 210	63 (3.8%)	60 (1.2%)
Codon 215	108 (6.5%)	139 (2.9%)
Codon 219	53 (3.2%)	62 (1.3%)

### Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT

Seit 1997 erhielten 9.420 Patient:innen jemals NRTI.

Abbildung 131: Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT

Alle Zentren		Häufigkeiten N=		Univariable Regression		Modell 1 (N = 9420)		
Variable	48 / 9420	(0.5%)	OR (95% CI)	p-Wert	Multivariable Regression*	OR (95% CI)	p-Wert	
<b>Demografische Charakteristika</b>								
<i>Alter bei Therapiebeginn</i>								
<30 Jahre	12 / 2493	(0.5%)	2.2	0.6 - 7.7	0.230			
30-50 Jahre	33 / 5577	(0.6%)	2.7	0.8 - 8.7	0.103			
>50 Jahre	3 / 1350	(0.2%)	1					
<i>Geschlecht/ Übertragungsart</i>								
Männliche IDU	7 / 1086	(0.6%)	2.4	0.9 - 6.2	0.073	<b>1.4</b>	<b>0.5 - 3.6</b>	<b>0.528</b>
Weibliche IDU	6 / 462	(1.3%)	4.8	1.8 - 13.1	0.002	<b>2.6</b>	<b>0.9 - 7.3</b>	<b>0.064</b>
Männliche Heterosexuelle	10 / 1641	(0.6%)	2.3	1.0 - 5.3	0.064	<b>1.8</b>	<b>0.7 - 4.3</b>	<b>0.191</b>
Weibliche Heterosexuelle	14 / 1614	(0.9%)	3.2	1.5 - 7.1	0.004	<b>2.7</b>	<b>1.2 - 6.0</b>	<b>0.017</b>
Andere/Fehlend	0 / 566	(0.0%)	-	-	-	-	-	-
MSM	11 / 4051	(0.3%)	1			<b>1</b>		
<i>Wohnortgröße</i>								
Fehlend	0 / 92	(0.0%)	-	-	-			
Ländliche Region	16 / 3755	(0.4%)	0.7	0.4 - 1.2	0.205			
Landeshauptstädte	5 / 1320	(0.4%)	0.6	0.2 - 1.5	0.287			
Wien	27 / 4253	(0.6%)	1					
<b>Krankheitsstadium</b>								
<i>AIDS</i>								
Ja	27 / 2577	(1.0%)	3.4	1.9 - 6.1	<0.001			
Nein	21 / 6843	(0.3%)	1					
<i>CD4 Nadir</i>								
Fehlend	0 / 110	(0.0%)	-	-	-	-	-	-
<50 Zellen/µl	23 / 1647	(1.4%)	9.0	4.0 - 20.2	<0.001	<b>7.0</b>	<b>3.1 - 16.1</b>	<b>&lt;0.001</b>
50-199 Zellen/µl	17 / 2573	(0.7%)	4.2	1.8 - 9.8	0.001	<b>3.2</b>	<b>1.4 - 7.7</b>	<b>0.007</b>
≥200 Zellen/µl	8 / 5090	(0.2%)	1			<b>1</b>		
<b>Krankheitsversorgung</b>								
<i>Jemals Abacavir</i>								
Ja	21 / 3385	(0.6%)	1.4	0.8 - 2.5	0.260			
Nein	27 / 6035	(0.4%)	1					
<i>Jemals Tenofovir</i>								
Ja	45 / 6128	(0.7%)	8.1	2.5 - 26.1	<0,001	<b>6.5</b>	<b>2.0 - 21.1</b>	<b>0.002</b>
Nein	3 / 3292	(0.1%)	1			<b>1</b>		
<i>ART</i>								
Vor 1.1.1997	9 / 821	(1.1%)	2.4	1.2 - 5.0	0.017			
Nach 1.1.1997	39 / 8599	(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 132: 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 = 968		N = 2455	
Amplifizierbarer Resistenztest	509	(52.6%)	846	(34.5%)
Resistenz gegen NNRTI	203	(21.0%)	262	(10.7%)
Codon 90	10	(1.0%)	21	(0.9%)
Codon 98	18	(1.9%)	14	(0.6%)
Codon 100	5	(0.5%)	8	(0.3%)
Codon 101	32	(3.3%)	27	(1.1%)
Codon 103	104	(10.7%)	125	(5.1%)
Codon 106	19	(2.0%)	28	(1.1%)
Codon 108	30	(3.1%)	23	(0.9%)
Codon 138	13	(1.3%)	35	(1.4%)
Codon 179	8	(0.8%)	15	(0.6%)
Codon 181	78	(8.1%)	69	(2.8%)
Codon 188	10	(1.0%)	14	(0.6%)
Codon 190	47	(4.9%)	43	(1.8%)
Codon 221	15	(1.5%)	13	(0.5%)
Codon 225	7	(0.7%)	8	(0.3%)
Codon 227	6	(0.6%)	4	(0.2%)
Codon 230	4	(0.4%)	6	(0.2%)
Codon 234	0	(0.0%)	0	(0.0%)
Codon 318	4	(0.4%)	1	(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 133: Absolute Zahl der minoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen

<b>Alle Zentren</b>	<b>Verstorbene seit 1997 und jemals PI</b>	<b>Aktuell in Betreuung und jemals PI</b>
	<b>N = 1272</b>	<b>N = 2109</b>
Amplifizierbarer Resistenztest	664 (52.2%)	930 (44.1%)
Minore Resistenz gegen PI	395 (31.1%)	554 (26.3%)
Codon 10	126 (9.9%)	171 (8.1%)
Codon 11	7 (0.6%)	4 (0.2%)
Codon 20	71 (5.6%)	75 (3.6%)
Codon 24	8 (0.6%)	10 (0.5%)
Codon 33	21 (1.7%)	31 (1.5%)
Codon 36	191 (15.0%)	282 (13.4%)
Codon 43	3 (0.2%)	7 (0.3%)
Codon 53	10 (0.8%)	12 (0.6%)
Codon 62	53 (4.2%)	80 (3.8%)
Codon 69	36 (2.8%)	102 (4.8%)
Codon 71	158 (12.4%)	142 (6.7%)
Codon 73	22 (1.7%)	15 (0.7%)
Codon 77	143 (11.2%)	187 (8.9%)
Codon 85	1 (0.1%)	2 (0.1%)
Codon 89	35 (2.8%)	101 (4.8%)

Abbildung 134: Absolute Zahl der majoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen

<b>Alle Zentren</b>	<b>Verstorbene seit 1997 und jemals PI</b>	<b>Aktuell in Betreuung und jemals PI</b>
	<b>N = 1272</b>	<b>N = 2109</b>
Amplifizierbarer Resistenztest	664 (52.2%)	930 (44.1%)
Majore Resistenz gegen PI	124 (9.7%)	138 (6.5%)
Codon 30	12 (0.9%)	26 (1.2%)
Codon 32	12 (0.9%)	6 (0.3%)
Codon 46	64 (5.0%)	63 (3.0%)
Codon 47	8 (0.6%)	6 (0.3%)
Codon 48	4 (0.3%)	6 (0.3%)
Codon 50	1 (0.1%)	5 (0.2%)
Codon 54	40 (3.1%)	43 (2.0%)
Codon 58	7 (0.6%)	10 (0.5%)
Codon 74	0 (0.0%)	2 (0.1%)
Codon 76	1 (0.1%)	0 (0.0%)
Codon 82	42 (3.3%)	39 (1.8%)
Codon 83	1 (0.1%)	1 (0.0%)
Codon 84	22 (1.7%)	16 (0.8%)
Codon 88	16 (1.3%)	19 (0.9%)
Codon 90	65 (5.1%)	64 (3.0%)

### **Kumulative Resistenz für Medikamentenklassen zum 1.1.2025**

Für die kumulative Resistenz wird, für jedes Medikament und jede Mutation isoliert, der jeweils schlechteste Befund täglich neu berechnet.

## Häufigkeit von kumulativer Resistenz

Abbildung 135: Kumulative Resistenz

<b>Alle Zentren</b>	<b>Verstorbene seit 1997 und jemals ART</b>	<b>Aktuell in Betreuung und jemals ART</b>
	<b>N = 1674</b>	<b>N = 4823</b>
Amplifizierbarer Resistenztest	721 (43.1%)	1231 (25.5%)
Wildtyp	211 (12.6%)	439 (9.1%)
"irgendeine" Resistenz	510 (30.5%)	792 (16.4%)
NRTI	267 (15.9%)	362 (7.5%)
NNRTI	233 (13.9%)	317 (6.6%)
PI	429 (25.6%)	662 (13.7%)
NRTI und PI	208 (12.4%)	274 (5.7%)
NRTI und NNRTI	160 (9.6%)	202 (4.2%)
NNRTI und PI	187 (11.2%)	234 (4.9%)
3-Klassen-Resistenz	136 (8.1%)	161 (3.3%)

Abbildung 136: Kumulative Resistenz nach Zeitpunkt des Therapiebeginns und Wohnort

Alle Zentren	Zahl der PatientInnen	Zahl der Pat. mit Resistenztest	Wildtyp	Resistenz gegen								
				NRTI oder NNRTI oder PI	NRTI	NNRTI	PI	NRTI und PI	NRTI und NNRTI	NNRTI und PI	3-Klassen-Resistenz	
<b>Beginn der Therapie</b>												
bis 1995	206	161	6	155	128	77	127	100	70	70	63	
1996	130	91	21	70	55	31	57	43	29	22	21	
1997	94	61	14	47	26	21	39	19	17	16	13	
1998	97	49	7	42	14	10	36	9	6	6	3	
1999	84	44	12	32	15	16	24	9	9	12	7	
2000	95	53	10	43	19	15	40	17	10	14	10	
2001	74	33	9	24	10	7	21	7	6	5	4	
2002	90	43	18	25	11	8	22	10	5	6	5	
2003	94	45	19	26	1	8	23	1	1	5	1	
2004	115	38	16	22	6	8	20	6	3	6	3	
2005	130	50	14	36	9	9	34	9	4	7	4	
2006	137	33	13	20	5	11	15	3	5	6	3	
2007	147	48	17	31	7	10	28	6	3	7	2	
2008	155	39	22	17	8	7	13	5	4	5	3	
2009	206	51	27	24	7	10	20	5	5	6	3	
2010	218	45	21	24	5	8	19	3	4	4	3	
2011	212	43	19	24	7	11	18	5	6	5	4	
2012	222	39	19	20	8	12	17	5	7	9	4	
2013	227	43	25	18	3	4	13	-	1	1	-	
2014	211	31	12	19	4	5	16	2	1	4	1	
2015	213	26	13	13	4	5	10	2	2	3	1	
2016	212	22	13	9	2	5	8	2	1	4	1	
2017	220	21	13	8	2	7	6	2	2	5	2	
2018	167	20	14	6	1	2	5	1	-	1	-	
2019	171	21	12	9	-	3	7	-	-	1	-	
2020	145	19	13	6	1	3	4	-	1	1	-	
2021	161	14	11	3	-	-	3	-	-	-	-	
2022	204	15	12	3	-	1	3	-	-	1	-	
2023	178	18	12	6	3	-	5	2	-	-	-	
2024	208	15	7	8	1	3	7	1	-	2	-	
<b>Bundesland</b>												
Burgenland	83	21	8	13	4	4	11	4	2	2	2	
Kärnten	254	36	15	21	8	6	16	4	3	3	1	
Niederösterreich	475	118	33	85	47	44	69	34	29	37	25	
Oberösterreich	670	182	66	116	74	53	93	59	44	34	33	
Salzburg	291	70	16	54	22	26	44	16	13	19	10	
Steiermark	465	116	46	70	22	25	61	18	15	16	11	
Tirol	583	178	50	128	66	42	104	45	27	33	21	
Vorarlberg	243	57	15	42	15	12	37	10	7	11	6	
Wien	1697	443	188	255	102	103	221	84	60	79	52	
Ausland	62	10	4	6	2	2	4	-	2	-	-	
Fehlend	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
<b>Gesamt</b>	<b>4823</b>	<b>1231</b>	<b>441</b>	<b>790</b>	<b>362</b>	<b>317</b>	<b>660</b>	<b>274</b>	<b>202</b>	<b>234</b>	<b>161</b>	

Abbildung 137: 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 PI	NRTI und NNRTI	NNRTI und PI	3-Klassen-Resistenz	
<b>Beginn der Therapie</b>												
2001	74	33	9	24	10	7	21	7	6	5	4	
2002	90	43	18	25	11	8	22	10	5	6	5	
2003	94	45	19	26	1	8	23	1	1	5	1	
2004	115	38	16	22	6	8	20	6	3	6	3	
2005	130	50	14	36	9	9	34	9	4	7	4	
2006	137	33	13	20	5	11	15	3	5	6	3	
2007	147	48	17	31	7	10	28	6	3	7	2	
2008	155	39	22	17	8	7	13	5	4	5	3	
2009	206	51	27	24	7	10	20	5	5	6	3	
2010	218	45	21	24	5	8	19	3	4	4	3	
2011	212	43	19	24	7	11	18	5	6	5	4	
2012	222	39	19	20	8	12	17	5	7	9	4	
2013	227	43	25	18	3	4	13	-	1	1	-	
2014	211	31	12	19	4	5	16	2	1	4	1	
2015	213	26	13	13	4	5	10	2	2	3	1	
2016	212	22	13	9	2	5	8	2	1	4	1	
2017	220	21	13	8	2	7	6	2	2	5	2	
2018	167	20	14	6	1	2	5	1	-	1	-	
2019	171	21	12	9	-	3	7	-	-	1	-	
2020	145	19	13	6	1	3	4	-	1	1	-	
2021	161	14	11	3	-	-	3	-	-	-	-	
2022	204	15	12	3	-	1	3	-	-	1	-	
2023	178	18	12	6	3	-	5	2	-	-	-	
2024	208	15	7	8	1	3	7	1	-	2	-	
<b>Wohnortgröße</b>												
Fehlend	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Ländliche Region	1959	335	151	184	53	72	157	40	32	51	25	
Landeshauptstädte	688	140	56	84	22	26	68	15	11	11	5	
Wien	1468	297	164	133	30	49	112	22	18	32	14	
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>												
MSM	1920	265	146	119	24	47	96	18	13	26	9	
Männliche IDU	274	77	39	38	12	15	32	9	7	10	5	
Weibliche IDU	106	48	18	30	3	7	29	3	1	6	1	
Heterosexuell männlich	784	146	66	80	26	27	70	21	17	18	13	
Heterosexuell weiblich	822	209	88	121	36	48	99	24	20	32	14	
Andere	211	27	14	13	4	3	11	2	3	2	2	
<b>Alter beim HIV-Test</b>												
<35 Jahre	2043	490	219	271	70	102	230	51	42	68	30	
≥35 Jahre	2074	282	152	130	35	45	107	26	19	26	14	
<b>Gesamt</b>	<b>4117</b>	<b>772</b>	<b>371</b>	<b>401</b>	<b>105</b>	<b>147</b>	<b>337</b>	<b>77</b>	<b>61</b>	<b>94</b>	<b>44</b>	

## Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie

Abbildung 138: 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	319	94.9%	392	73.4%	1142	29.0%
Mind. 5x HIV RNA $\geq$ 200 Kopien/ml	270	80.4%	225	42.1%	293	7.4%
<b>Kein Resistenztest nach ART</b>	84	25.0%	251	47.0%	3254	82.5%
<b>Resistenztest nach ART</b>	252	75.0%	283	53.0%	690	17.5%
<b>Gesamt</b>	<b>336</b>	<b>100%</b>	<b>534</b>	<b>100%</b>	<b>3944</b>	<b>100%</b>
<b>Zahl der NRTI-assoziierten Mutationen</b>						
0 Mutationen	69	20.5%	188	35.2%	606	15.4%
1 Mutation	34	10.1%	50	9.4%	56	1.4%
2 Mutationen	26	7.7%	18	3.4%	18	0.5%
3 Mutationen	28	8.3%	10	1.9%	5	0.1%
4 Mutationen	40	11.9%	10	1.9%	3	0.1%
5 Mutationen	28	8.3%	7	1.3%	1	0.0%
6 Mutationen	18	5.4%			1	0.0%
7 Mutationen	7	2.1%				
8 Mutationen	2	0.6%				
<b>Zahl der NNRTI-assoziierten Mutationen</b>						
0 Mutationen	144	42.9%	206	38.6%	559	14.2%
1 Mutation	53	15.8%	38	7.1%	81	2.1%
2 Mutationen	35	10.4%	32	6.0%	32	0.8%
3 Mutationen	11	3.3%	7	1.3%	12	0.3%
4 Mutationen	5	1.5%			5	0.1%
5 Mutationen	2	0.6%			1	0.0%
6 Mutationen	1	0.3%				
<b>Zahl der PI-assoziierten Mutationen</b>						
0 Mutationen	68	20.2%	101	18.9%	401	10.2%
1 Mutation	62	18.5%	76	14.2%	96	2.4%
2 Mutationen	40	11.9%	47	8.8%	63	1.6%
3 Mutationen	15	4.5%	32	6.0%	73	1.9%
4 Mutationen	17	5.1%	13	2.4%	39	1.0%
5 Mutationen	16	4.8%	7	1.3%	14	0.4%
6 Mutationen	10	3.0%	1	0.2%	0	0.0%
7 Mutationen	4	1.2%	4	0.7%	2	0.1%
8 Mutationen	4	1.2%	2	0.4%	1	0.0%
9 Mutationen	3	0.9%			1	0.0%
10 Mutationen	2	0.6%				
11 Mutationen	2	0.6%				
12 Mutationen	4	1.2%				
13 Mutationen	5	1.5%				

# Wahrscheinlichkeit einer Resistenzentwicklung

Abbildung 139: Resistenzentwicklung unabhängig von der Form der ART

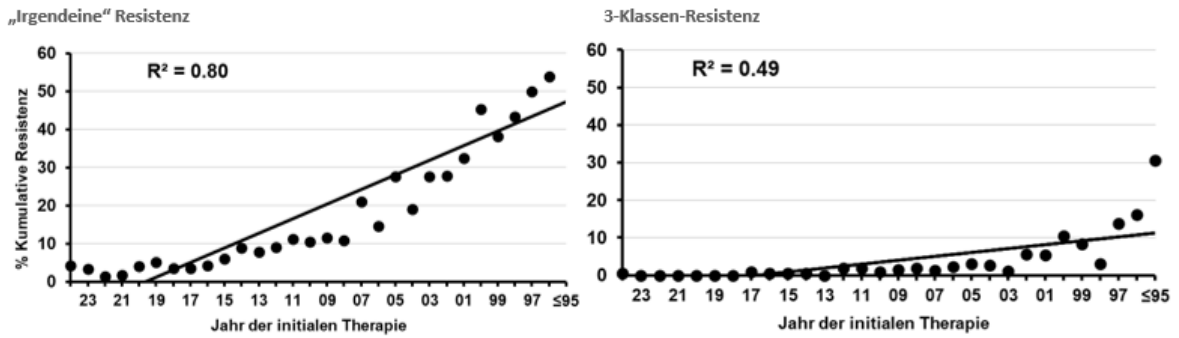


Abbildung 140: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie nach 1.1.1997

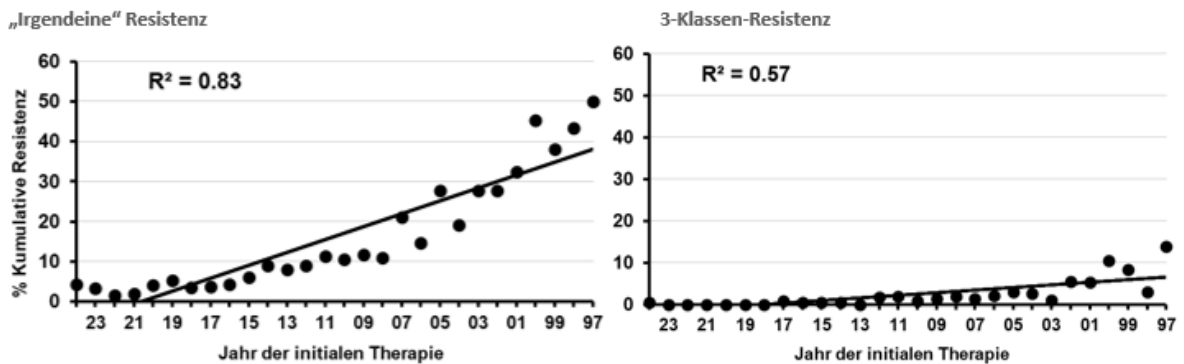


Abbildung 141: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 NNRTI

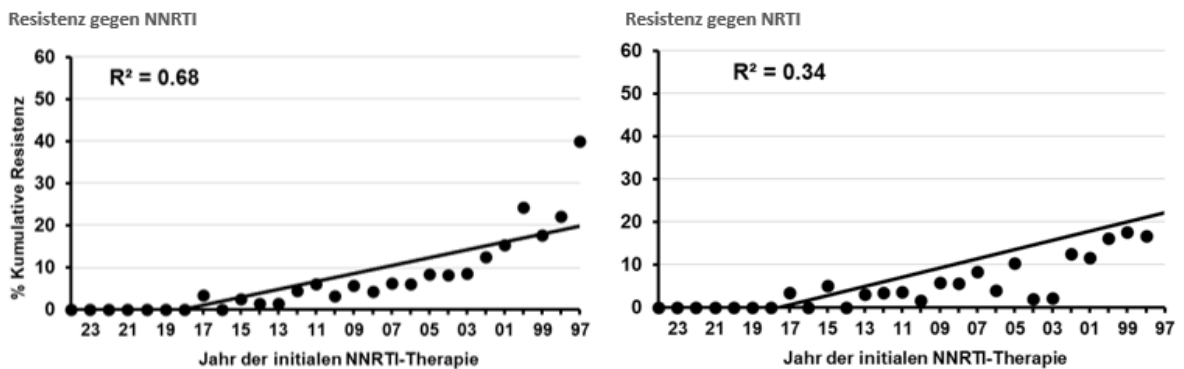


Abbildung 142: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 PI

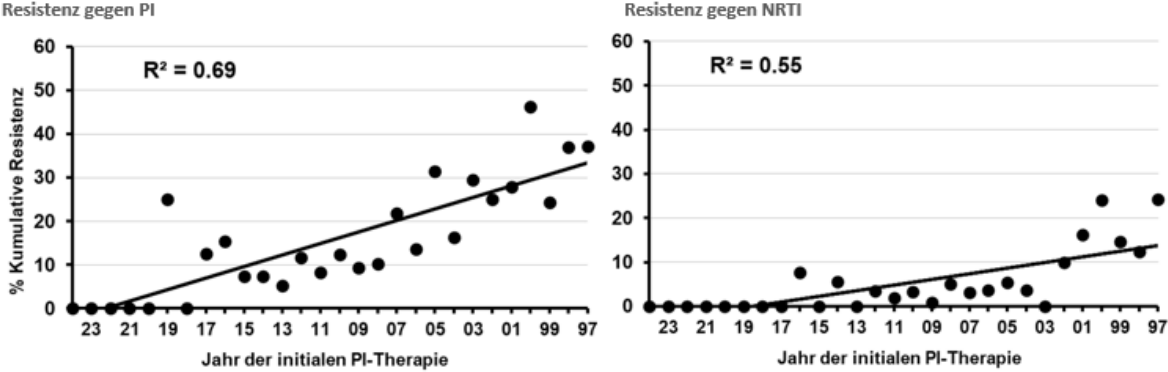
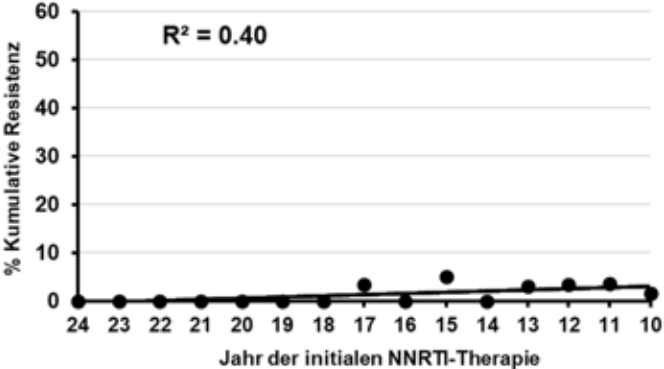
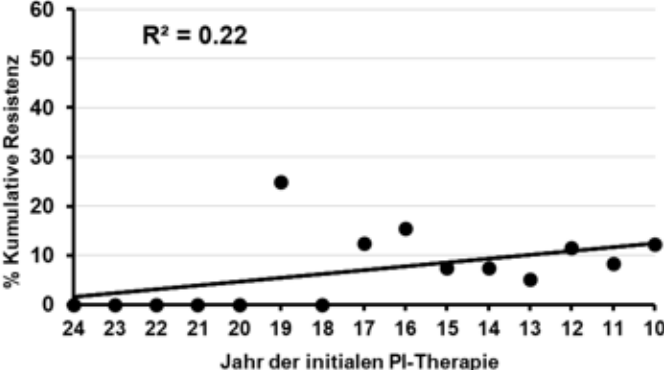


Abbildung 143: Resistenzentwicklung gegen NRTI bei ART nach 1.1.2010

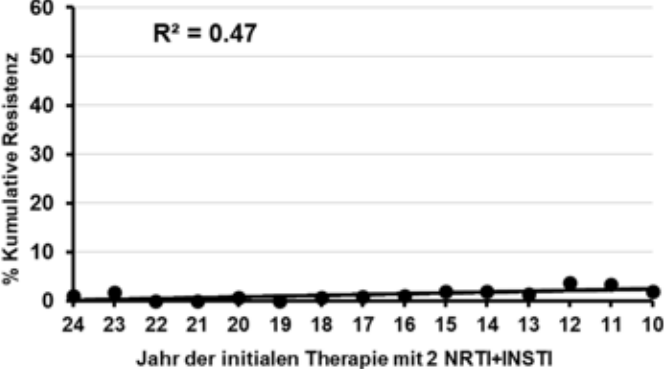
A) ART mit 2 NRTI + 1 NNRTI



B) ART mit 2 NRTI + 1 PI



C) ART mit 2 NRTI + 1 INSTI



## Risikofaktoren für die Entwicklung von Resistenz

### Patient:innen mit einer 3-Klassen-Resistenz

Abbildung 144: 3-Klassen-Resistenz – verschieden selektierte Populationen

Alle Zentren	Alle Todesfälle seit 1997 N = 2044	An AIDS-def. Erkrankungen Verstorbene seit 1997 N = 533	An AIDS-def. Erkrankungen Verstorbene seit 1997 und ART > 6 Monate N = 457	Aktuell in Betreuung und jemals ART N = 4823
3-Klassen-Resistenz	136 (6.7%)	38 (7.1%)	38 (8.3%)	161 (3.3%)

Abbildung 145: 3-Klassen-Resistenz

3-Klassen-Resistenz	Aktuell in Betreuung und jemals ART N = 161	
<b>Alter (Jahre ± S. D.)</b>	58.4 ± 11.0	
<b>Bundesland</b>		
Kärnten	1	(0.6%)
Oberösterreich	33	(20.5%)
Salzburg	10	(6.2%)
Steiermark	11	(6.8%)
Tirol	21	(13.0%)
Wien	52	(32.3%)
Andere Bundesländer	33	(20.5%)
Ausland	0	(0.0%)
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>		
MSM	53	(32.9%)
Männliche IDU	9	(5.6%)
Weibliche IDU	12	(7.5%)
Heterosexuell männlich	35	(21.7%)
Heterosexuell weiblich	39	(24.2%)
Andere	13	(8.1%)
<b>AIDS</b>	78	(48.4%)
<b>CD4 Nadir (Zellen/μl ± S. D.)</b>	126.7 ± 124.0	
<b>Aktuelle CD4 Zellzahl (Zellen/μl ± S. D.)</b>	645.5 ± 317.4	
<b>Letzte HIV-RNA</b>		
≤50 Kopien/ml	144	(89.4%)
51-199 Kopien/ml	9	(5.6%)
≥200 Kopien/ml	8	(5.0%)
<b>Therapie (Monate ± S. D.)</b>	301.0 ± 80.6	

Insgesamt erhielten 4.823 der Patient:innen in aktueller Betreuung jemals eine Therapie.

Abbildung 146: Risikofaktoren für die Entwicklung einer 3-Klassen-Resistenz

Alle Zentren Variable	Häufigkeiten N=		Univariable Regression			Modell 1 (N = 4823) Multivariable Regression*		
	161 /	4823 (3.3%)	OR (95% CI)	p-Wert		OR (95% CI)	p-Wert	
<b>Demografische Charakteristika</b>								
<i>Alter bei Therapiebeginn</i>								
<30 Jahre	61 /	1211 (5.0%)	6.0	2.6 - 13.9	<0.001	<b>2.5</b>	<b>1.0 - 6.2</b>	<b>0.040</b>
30-50 Jahre	94 /	2930 (3.2%)	3.7	1.6 - 8.6	0.002	<b>2.0</b>	<b>0.8 - 4.7</b>	<b>0.122</b>
>50 Jahre	6 /	682 (0.9%)	1			<b>1</b>		
<i>Geschlecht/ Übertragungsart</i>								
Männliche IDU	9 /	343 (2.6%)	1.1	0.5 - 2.2	0.856			
Weibliche IDU	12 /	166 (7.2%)	3.1	1.6 - 5.9	0.001			
Männliche Heterosexuelle	35 /	905 (3.9%)	1.6	1.0 - 2.5	0.035			
Weibliche Heterosexuelle	39 /	991 (3.9%)	1.6	1.1 - 2.5	0.024			
Andere/ fehlend	13 /	263 (4.9%)	2.1	1.1 - 3.8	0.022			
MSM	53 /	2155 (2.5%)	1					
<i>Wohnortgröße</i>								
Fehlend	0 /	2 (0.0%)	-	-	-			
Ländliche Region	72 /	2292 (3.1%)	1.0	0.7 - 1.5	0.884			
Landeshauptstädte	37 /	830 (4.5%)	1.5	1.0 - 2.3	0.075			
Wien	52 /	1699 (3.1%)	1					
<b>Krankheitsstadium</b>								
<i>AIDS</i>								
Ja	78 /	1104 (7.1%)	3.3	2.4 - 4.6	<0.001			
Nein	83 /	3719 (2.2%)	1					
<i>CD4 Nadir</i>								
Fehlend	0 /	6 (0.0%)	-	-	-	-	-	-
< 50 Zellen/µl	56 /	721 (7.8%)	6.4	4.2 - 9.8	<0.001	<b>3.5</b>	<b>2.2 - 5.6</b>	<b>&lt;0.001</b>
50-199 Zellen/µl	68 /	1247 (5.5%)	4.4	2.9 - 6.6	<0.001	<b>2.2</b>	<b>1.4 - 3.4</b>	<b>&lt;0.001</b>
≥200 Zellen/µl	37 /	2849 (1.3%)	1			<b>1</b>		
<i>Aktuelle HIV-RNA</i>								
Fehlend	0 /	34 (0.0%)	-	-	-	-	-	-
≤50 Kopien/ml	144 /	4470 (3.2%)	0.4	0.2 - 0.8	0.007	<b>0.3</b>	<b>0.1 - 0.7</b>	<b>0.004</b>
51-199 Kopien/ml	9 /	224 (4.0%)	0.5	0.2 - 1.2	0.117	<b>0.4</b>	<b>0.1 - 1.4</b>	<b>0.157</b>
≥200 Kopien/ml	8 /	95 (8.4%)	1			<b>1</b>		
<b>Krankheitsversorgung</b>								
<i>ART-Beginn</i>								
Vor 1.1.1997	84 /	336 (25.0%)	37.3	24.7 - 56.5	<0.001	<b>29.1</b>	<b>18.6 - 45.5</b>	<b>&lt;0.001</b>
1.1.1997 bis 31.12.2002	42 /	534 (7.9%)	9.6	6.0 - 15.1	<0.001	<b>7.6</b>	<b>4.7 - 12.2</b>	<b>&lt;0.001</b>
Ab 1.1.2003	35 /	3953 (0.9%)	1			<b>1</b>		

\*adjustiert für die Variablen: Geschlecht/ Übertragungsart, Wohnortgröße

## Patient:innen mit irgendeiner Resistenz bei Therapiebeginn nach 1.1.1997

Abbildung 147: 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 = 1676	N = 439	N = 364	N = 4487
Irgendeine Resistenz	322 (19.2%)	82 (18.7%)	82 (22.5%)	567 (12.6%)

Abbildung 148: Irgendeine Resistenz

Irgendeine Resistenz	Aktuell in Betreuung und jemals ART seit 1997	
	N = 567	
<b>Alter bei ART-Beginn (Jahre ± S. D.)</b>	34.3 ± 9.8	
<b>Bundesland</b>		
Kärnten	17	(3.0%)
Oberösterreich	78	(13.8%)
Salzburg	47	(8.3%)
Steiermark	61	(10.8%)
Tirol	74	(13.1%)
Wien	190	(33.5%)
Andere Bundesländer	95	(16.8%)
Ausland/ fehlend	5	(0.9%)
<b>Geschlecht/ Übertragungsart</b>		
MSM	175	(30.9%)
Männliche IDU	54	(9.5%)
Weibliche IDU	40	
Heterosexuell männlich	113	(19.9%)
Heterosexuell weiblich	165	(29.1%)
Andere	20	(3.5%)
<b>AIDS</b>	210	(37.0%)
<b>CD4 Nadir (Zellen/µl ± S. D.)</b>	188.1 ± 165.0	
<b>Aktuelle CD4 Zellzahl (Zellen/µl ± S. D.)</b>	680.4 ± 331.8	
<b>Letzte HIV-RNA</b>		
≤50 Kopien/ml	501	(88.4%)
51-199 Kopien/ml	40	(7.1%)
≥200 Kopien/ml	26	(4.6%)
<b>Therapie (Monate ± S. D.)</b>	210.9 ± 84.4	

Insgesamt erhielten 4.487 der Patient:innen in aktueller Betreuung eine Therapie nach 1.1.1997.

Abbildung 149: Risikofaktoren für die Entwicklung irgendeiner Resistenz

Alle Zentren Variable	Häufigkeiten N=		Univariable Regression			Modell 1 (N = 4487) Multivariable Regression		
	567 /	4487 (12.6%)	OR (95% CI)	p-Wert		OR (95% CI)	p-Wert	
<b>Demografische Charakteristika</b>								
<i>Alter bei Therapiebeginn</i>								
<30 Jahre	193 /	1079 (17.9%)	3.4	2.4 - 4.9	<0.001	<b>3.0</b>	<b>2.0 - 4.3</b>	<b>&lt;0.001</b>
30-50 Jahre	334 /	2739 (12.2%)	2.2	1.6 - 3.1	<0.001	<b>1.7</b>	<b>1.2 - 2.4</b>	<b>0.003</b>
>50 Jahre	40 /	669 (6.0%)	1			<b>1</b>		
<i>Geschlecht/ Übertragungsart</i>								
Männliche IDU	54 /	303 (17.8%)	2.3	1.7 - 3.2	<0.001	<b>2.0</b>	<b>1.4 - 2.8</b>	<b>&lt;0.001</b>
Weibliche IDU	40 /	131 (30.5%)	4.7	3.1 - 7.0	<0.001	<b>2.8</b>	<b>1.8 - 4.3</b>	<b>&lt;0.001</b>
Männliche Heterosexuelle	113 /	861 (13.1%)	1.6	1.3 - 2.1	<0.001	<b>1.4</b>	<b>1.1 - 1.8</b>	<b>0.013</b>
Weibliche Heterosexuelle	165 /	918 (18.0%)	2.3	1.9 - 2.9	<0.001	<b>1.9</b>	<b>1.5 - 2.4</b>	<b>&lt;0.001</b>
Anderer/Fehlend	20 /	233 (8.6%)	1.0	0.6 - 1.6	0.996	<b>0.7</b>	<b>0.4 - 1.2</b>	<b>0.161</b>
MSM	175 /	2041 (8.6%)	1			<b>1</b>		
<i>Wohnortgröße</i>								
Fehlend	0 /	2 (0.0%)	-	-	-	-	-	-
Ländliche Region	261 /	2135 (12.2%)	1.0	0.8 - 1.3	0.788	<b>1.1</b>	<b>0.8 - 1.3</b>	<b>0.646</b>
Landeshauptstädte	116 /	758 (15.3%)	1.3	1.0 - 1.7	0.024	<b>1.5</b>	<b>1.1 - 1.9</b>	<b>0.007</b>
Wien	190 /	1592 (11.9%)	1			<b>1</b>		
<b>Krankheitsstadium</b>								
<i>AIDS</i>								
Ja	210 /	958 (21.9%)	2.5	2.1 - 3.0	<0.001			
Nein	357 /	3529 (10.1%)	1					
<i>CD4 Nadir</i>								
Fehlend	0 /	6 (0.0%)	-	-	-	-	-	-
< 50 Zellen/µl	139 /	641 (21.7%)	2.9	2.3 - 3.7	<0.001	<b>2.5</b>	<b>2.0 - 3.3</b>	<b>&lt;0.001</b>
50-199 Zellen/µl	190 /	1091 (17.4%)	2.2	1.8 - 2.7	<0.001	<b>1.6</b>	<b>1.3 - 2.0</b>	<b>&lt;0.001</b>
≥200 Zellen/µl	238 /	2749 (8.7%)	1			<b>1</b>		
<i>Aktuelle HIV-RNA</i>								
Fehlend	0 /	34 (0.0%)	-	-	-	-	-	-
≤50 Kopien/ml	501 /	4151 (12.1%)	0.3	0.2 - 0.5	<0.001	<b>0.3</b>	<b>0.2 - 0.5</b>	<b>&lt;0.001</b>
51-199 Kopien/ml	40 /	213 (18.8%)	0.6	0.3 - 1.0	0.047	<b>0.6</b>	<b>0.3 - 1.1</b>	<b>0.117</b>
≥200 Kopien/ml	26 /	89 (29.2%)	1			<b>1</b>		
<b>Krankheitsversorgung</b>								
<i>ART-Beginn</i>								
1.1.1997 bis 31.12.2002	213 /	534 (39.9%)	6.7	5.5 - 8.3	<0.001	<b>5.6</b>	<b>4.5 - 7.0</b>	<b>&lt;0.001</b>
Ab 1.1.2003	354 /	3953 (9.0%)	1			<b>1</b>		

## 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 40 %, 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 ein Therapiebeginn von 1997 bis 2002. Ein weiterer Risikofaktor für die Entwicklung von Resistenzen ist ein niedriger CD4-Nadir.

In unserer Kohorte konnte bei 48 Patient:innen von 9.420 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.

## 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] “2025 Update of the Drug Resistance Mutations in HIV-1” from the International AIDS-Society-USA (<https://www.iasusa.org/wp-content/uploads/2025/03/33-2-mutations.pdf>;8.5.25)

[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

# Veterinär-Antibiotika-Mengenströme: Vertriebsmengen 2024

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

Zinzendorfgasse 27

8010 Graz

E-Mail: [ab-mengenstrom@ages.at](mailto:ab-mengenstrom@ages.at)

## **Reviewer**

Mag. Florian Fellingner

Bundesministerium für Arbeit, 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](mailto:florian.fellinger@gesundheitsministerium.gv.at)

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>411</b>
<b>Abstract .....</b>	<b>411</b>
<b>Einleitung .....</b>	<b>412</b>
<b>Methodik .....</b>	<b>412</b>
<b>Ergebnisse .....</b>	<b>413</b>
Gesamtergebnisse .....	413
Antibiotika zur systemischen Anwendung .....	417
Antibiotika zur intramammären Anwendung .....	418
Antibiotika zur intestinalen Anwendung .....	419
Antibiotika zur intrauterinen Anwendung .....	420
<b>Diskussion .....</b>	<b>421</b>
<b>Danksagung .....</b>	<b>422</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>422</b>

## Zusammenfassung

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 34,56 Tonnen antimikrobiell wirksame Substanzen zur Behandlung von Nutztieren von pharmazeutischen Unternehmen und Pharmagroßhändlern in Verkehr gebracht. Die Verkaufsmenge war um 2,1 Tonnen (+6,5 %) höher als im Jahr 2023.

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 2024 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 2024 weit vor den anderen Anwendungsformen. Die parenteral anzuwendenden Präparate liegen mit rund 16 % 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 2024 eine Zunahme um 5 % auf 4,19 Tonnen gegeben. Der Anteil der HPCIA an der Gesamtmenge der verkauften Antibiotika ist über die letzten Jahre konstant geblieben und liegt bei 12 % bis 13 %.

## Abstract

In 2024, the total sales of active ingredients of antimicrobial agents in Austria for livestock equalled 34.56 tons and increased by 2.1 tons (+6.5%) compared to 2023.

The majority of veterinary antimicrobials (approximately 90%) were 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 16%, 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 5% to 4.19 tons. The share in total amount of antibiotics sold has remained relatively constant at 12% to 13% over the years.

## Einleitung

Seit 2024 müssen alle EU/EEA-Staaten ihre Daten über den Vertrieb und die Anwendung von antimikrobiell wirksamen Substanzen gemäß den Vorgaben der Verordnung (EU) 2019/6 und der „Delegierten Verordnung (EU) 2021/578“ an die Europäische Arzneimittel-Agentur (EMA) melden.

In Österreich bildet die Veterinär-Antibiotika-MengenströmeVO (BGBl. II Nr. 83/2014, zuletzt geändert durch BGBl. II Nr. 127/2022), die rechtliche Basis für ein System zur Erfassung von Vertrieb und Verbrauch von Antibiotika im Veterinärbereich. Die AGES ist vom Bundesministerium für Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz mit der Durchführung der Datenerhebung betraut.

Im vorliegenden Bericht werden die Mengen antimikrobieller Wirkstoffe, die im Jahr 2024 im Nutztierbereich in Österreich vertrieben wurden, präsentiert und mit den Vertriebsmengen der Jahre 2020–2023 verglichen. Nach der bislang niedrigsten Verkaufsmenge im Jahr 2023 stiegen die Verkaufszahlen antimikrobiell wirksamer Substanzen für Nutztiere im Jahr 2024 wieder an und entsprachen in etwa dem Niveau von 2022.

## 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 [1].

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 2024 wurden in Österreich 34,56 Tonnen an antimikrobiellen Wirkstoffen verkauft. Im Vergleich zum Jahr 2023 kam es zu einer Zunahme der verkauften Gesamtmenge um 2,10 Tonnen (siehe Tabelle 145).

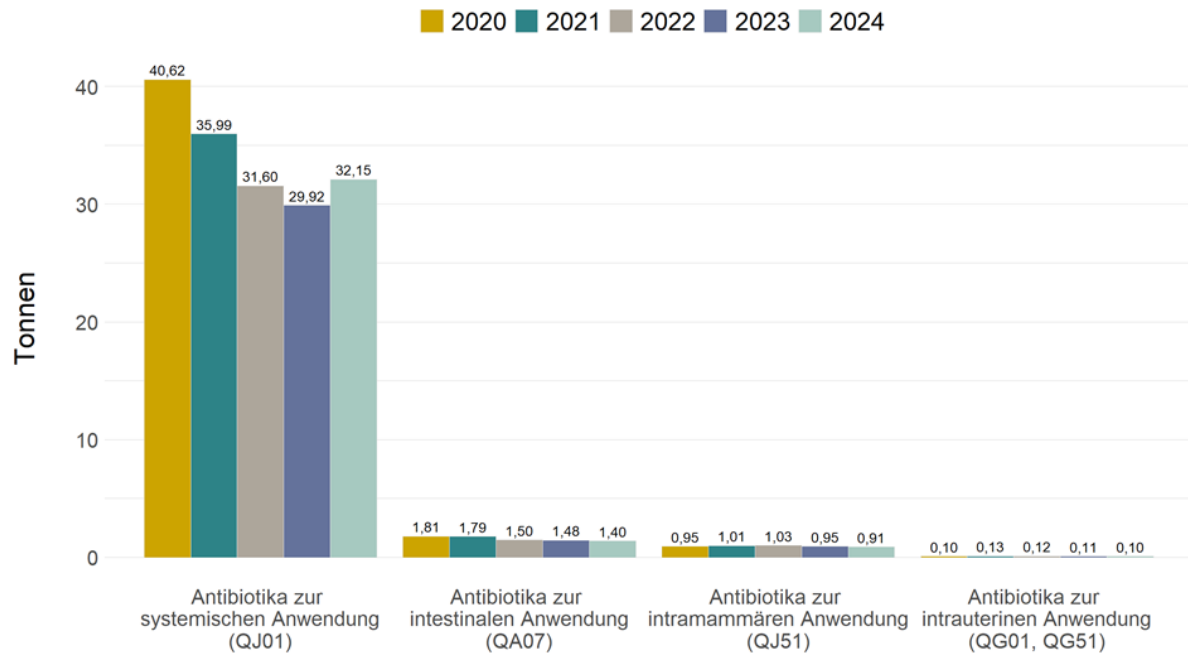
Tabelle 145: Verkaufte Mengen in Tonnen und Differenz zum Vorjahr, 2020–2024

Jahr	Menge (t)	Differenz absolut (t)	Differenz relativ (%)
2020	43,48		
2021	38,92	-4,56	-10,5
2022	34,25	-4,67	-12,0
2023	32,46	-1,79	-5,2
2024	34,56	2,10	6,5

Wie aus den Vertriebsmengen nach ATCvet-Level 2 (siehe Abbildung 150) ersichtlich ist, werden nach wie vor mengenmäßig am meisten Antibiotika zur systemischen Anwendung (QJ01) verkauft. Die Zunahme der Verkaufsmenge ist ausschließlich auf diese Wirkstoffgruppe zurückzuführen.

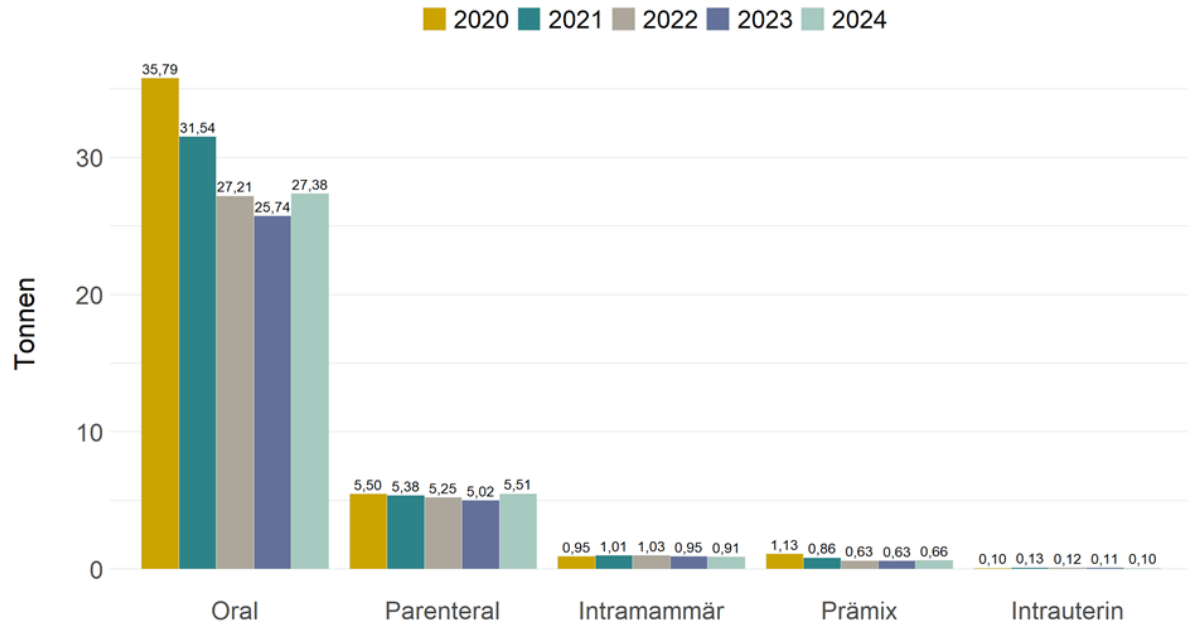
Die Auswertung beruht auf den in der Fachinformation angegebenen ATCvet-Codes; diese sind in der Abbildung für die jeweilige Kategorie angeführt.

Abbildung 150: Verkaufte Mengen in Tonnen nach ATCvet-Level 2



Betrachtet man die Art der Anwendung (siehe Abbildung 151), so liegen die oral anzuwendenden Präparate zur Behandlung von Einzeltieren oder Gruppen von Tieren – diese umfassen Pulver, Tabletten und Pasten – mit 27,38 Tonnen (79,2 %) nach wie vor weit vor den anderen Anwendungsformen. Die parenteral anzuwendenden Präparate liegen mit 5,51 Tonnen (15,9 %) an zweiter Stelle, gefolgt von der Gruppe der intramammären Anwendungen, zu denen auch die Trockensteller zugeordnet wurden, mit 0,91 Tonnen (2,6 %). Die oral zur Bestandsbehandlung eingesetzten ehemaligen Fütterungsarzneimittel-Vormischungen (Prämix), jetzt Zwischenerzeugnisse genannt, machen mengenmäßig 0,66 Tonnen (1,9 %) aus.

Abbildung 151: Art der Anwendung und verkaufte Mengen in Tonnen



In Tabelle 146 sind die vertriebenen Mengen nach Wirkstoffgruppe gelistet. Mit 15,65 Tonnen entfällt fast die Hälfte auf die Wirkstoffgruppe der Tetracykline, gefolgt von den Penicillinen mit erweitertem Spektrum mit 6,50 Tonnen, den Sulfonamiden mit 3,19 Tonnen und den Makroliden mit 2,66 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 2024 im Vergleich zum Vorjahr Zunahmen vor allem bei den Penicillinen mit erweitertem Spektrum, den Tetracyklinen und den Makroliden 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 [4], haben im Jahr 2024 um 0,19 Tonnen auf 4,19 Tonnen zugenommen. HPCIA haben über die Jahre einen konstanten Anteil von 12 % bis 13 % an der Gesamtmenge.

Tabelle 146: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
<b>Tetrazykline</b>	21,96	19,16	15,77	15,20	15,65	0,45
<b>Penicilline mit erweitertem Spektrum</b>	7,35	6,26	5,94	5,13	6,50	1,37
<b>Sulfonamide</b>	3,46	3,66	3,18	3,26	3,19	-0,07
<b>Makrolide</b>	3,47	2,48	2,60	2,33	2,66	0,33
<b>β-Laktamase sensitive Penicilline</b>	1,58	1,64	1,69	1,50	1,69	0,19
<b>Aminoglykoside</b>	1,27	1,31	1,33	1,32	1,40	0,08
<b>Polymyxine</b>	1,54	1,47	1,11	1,02	0,98	-0,04
<b>Trimethoprim und Derivative</b>	0,69	0,73	0,64	0,65	0,64	-0,01
<b>β-Laktamase resistente Penicilline</b>	0,38	0,41	0,42	0,43	0,39	-0,04
<b>Amphenikole</b>	0,42	0,39	0,39	0,36	0,39	0,03
<b>Fluorchinolone</b>	0,48	0,46	0,41	0,45	0,39	-0,06
<b>Pleuromutiline</b>	0,41	0,33	0,26	0,32	0,27	-0,05
<b>3.+4.-Generations-Cephalosporine</b>	0,23	0,23	0,22	0,20	0,16	-0,04
<b>Lincosamide</b>	0,09	0,20	0,11	0,17	0,10	-0,07
<b>Andere Antibiotika</b>	0,09	0,16	0,13	0,08	0,07	-0,01
<b>1.+2.-Generations-Cephalosporine</b>	0,04	0,05	0,05	0,04	0,06	0,02

## Antibiotika zur systemischen Anwendung

In Tabelle 147 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 150 zu sehen, hat es bei der systemischen Anwendung eine Zunahme der Verkaufsmengen im Vergleich zum Vorjahr gegeben. Das betrifft vor allem die Wirkstoffgruppe Penicilline mit erweitertem Spektrum, die Tetrazykline und die Makrolide.

Tabelle 147: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die systemische Anwendung

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
<b>Tetrazykline</b>	21,89	19,07	15,68	15,13	15,58	0,45
<b>Penicilline mit erweitertem Spektrum</b>	7,32	6,2	5,88	5,06	6,47	1,41
<b>Sulfonamide</b>	3,46	3,66	3,18	3,26	3,19	-0,07
<b>Makrolide</b>	3,47	2,48	2,6	2,33	2,66	0,33
<b>β-Laktamase sensitive Penicilline</b>	1,15	1,21	1,27	1,14	1,33	0,19
<b>Aminoglykoside</b>	0,96	0,94	0,91	0,83	0,94	0,11
<b>Trimethoprim und Derivative</b>	0,69	0,73	0,64	0,65	0,64	-0,01
<b>Amphenikole</b>	0,42	0,39	0,39	0,36	0,39	0,03
<b>Fluorchinolone</b>	0,48	0,46	0,41	0,45	0,39	-0,06
<b>Pleuromutiline</b>	0,41	0,33	0,26	0,32	0,27	-0,05

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
3.+4.-Generations-Cephalosporine	0,19	0,19	0,19	0,17	0,14	-0,03
Lincosamide	0,08	0,18	0,09	0,15	0,09	-0,06
Andere Antibiotika	0,08	0,15	0,11	0,07	0,06	-0,01

### Antibiotika zur intramammären Anwendung

Bei den intramammär angewendeten Antibiotika (ATCvet QJ51) hat es im Vergleich zum Vorjahr kaum Änderungen in den Verkaufsmengen gegeben, wie in Tabelle 148 gezeigt ist. Das Verhältnis zwischen der Menge an verkauften Trockenstellern und an sonstigen Präparaten war im Jahr 2024 annähernd gleich.

Tabelle 148: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intramammäre Anwendung

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
β-Laktamase sensitive Penicilline	0,35	0,36	0,34	0,31	0,32	0,01
1.+2.-Generations-Cephalosporine	0,03	0,04	0,04	0,03	0,04	0,01
Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,00
Lincosamide	0,01	0,02	0,02	0,01	0,02	0,01
3.+4.-Generations-Cephalosporine	0,03	0,02	0,03	0,02	0,01	-0,01
Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
Teilsomme 'Während der Laktation'	0,45	0,47	0,46	0,40	0,42	0,02

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
<b>β-Laktamase resistente Penicilline</b>	0,37	0,38	0,41	0,41	0,38	-0,03
<b>β-Laktamase sensitive Penicilline</b>	0,08	0,07	0,07	0,05	0,04	-0,01
<b>1.+2.-Generations-Cephalosporine</b>	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01
<b>Aminoglykoside</b>	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,00
<b>3.+4.-Generations-Cephalosporine</b>	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
<b>Andere Antibiotika</b>	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00
<b>Penicilline mit erweitertem Spektrum</b>	0,00	0,02	0,03	0,04	0,01	-0,03
<b>Teilsomme 'Trockensteller'</b>	0,51	0,52	0,56	0,55	0,49	-0,06

## Antibiotika zur intestinalen Anwendung

In Tabelle 149 sind die verkauften Mengen nach Wirkstoffgruppe für die intestinale Anwendung (ATCvet QA07) dargestellt. Hier hat es bei der Wirkstoffgruppe Polymyxine und Aminoglykoside eine leichte Abnahme gegeben.

Tabelle 149: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intestinale Anwendung

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
<b>Polymyxine</b>	1,54	1,47	1,11	1,02	0,98	-0,04
<b>Aminoglykoside</b>	0,27	0,32	0,39	0,45	0,42	-0,03

## Antibiotika zur intrauterinen Anwendung

Die verkauften Mengen für die intrauterine Anwendung (ATCvet QG01 und QG51) sind in Tabelle 150 gezeigt. Diese zeigen keine Änderungen im Vergleich zum Vorjahr.

Tabelle 150: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intrauterine Anwendung

Wirkstoffgruppe	2020	2021	2022	2023	2024	Diff.
Tetrazykline	0,06	0,08	0,10	0,07	0,07	0,00
$\beta$ -Laktamase resistente Penicilline	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	0,00
Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	0,00

## Diskussion

Nachdem im Jahr 2023 die bislang niedrigste Verkaufsmenge antimikrobiell wirksamer Substanzen für Nutztiere seit Beginn der Datenerhebung verzeichnet wurde, stieg die Menge im Jahr 2024 um 2,1 Tonnen (+6,5 %) und erreichte damit in etwa das Niveau von 2022.

Die Verkaufsmengen der als „Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA)“ eingestufteten Wirkstoffe [5] schwankten über die letzten fünf Jahre zwischen 4,00 und 5,72 Tonnen und lagen im Jahr 2024 bei 4,19 Tonnen. Über die Jahre haben die HPCIA einen konstanten Anteil von 12 % bis 13 % an der Gesamtmenge.

In diesem Bericht wurden die rein erhobenen Vertriebsmengen über die letzten Jahre miteinander verglichen. Dabei wurde keine Normierung auf Basis der jeweilig gehaltenen Tiere (Tierpopulationen je Jahr) durchgeführt. Im ESUAvet-Bericht [2] (und den früheren ESVAC-Berichten) wurde, um die unterschiedlichen Tierdemografien der Länder zu berücksichtigen, ein Normierungsfaktor („Biomass“ bzw. „Population Correction Unit“) definiert [1]. 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 [3].

Mit der Umsetzung der Verordnung (EU) 2019/6 müssen ab dem Jahr 2023 speziesbezogene Daten (schrittweise nach Tierspezies) erhoben werden. Dies geschieht in einer standardisierten Form, welche von der EMA ausgearbeitet wurde. Dadurch wird es möglich, EU-weite Trends beim Antibiotikaeinsatz je Spezies zu ermitteln und darzustellen. Die EMA publiziert jährlich auf ihrer Website den Bericht über den Verkauf und die Anwendung von Antibiotika in der Veterinärmedizin [2].

## Danksagung

Wir danken allen Beteiligten für die Übermittlung der Daten und die konstruktive Zusammenarbeit.

## Referenzen

[1] European Medicines Agency (2024). Antimicrobial Sales and Use (ASU) technical implementation protocol. (EMA/27838/2024).

[2] European Medicines Agency (2024). 'European Sales and Use of Antimicrobials for veterinary medicine (ESUAvet). Annual surveillance report for 2023' (EMA/CVMP/ESUAVET/80289/2025).

[3] Fuchs, R., & Fuchs, K. (2024). Antibiotika-Vertriebs- und Abgabemengen in der Veterinärmedizin 2023. URL <https://www.ages.at/tier/tierarzneimittel-hormone/antibiotika-vertriebsmengen-in-der-veterinaermedizin>

[4] World Health Organization (2017). Critically important antimicrobials for human medicine – 5th rev.

# Bericht zur Antibiotikaresistenz- Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 in Österreich, 2024

## **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.<sup>in</sup> 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](mailto:peter.much@ages.at)

## **Reviewerin**

Univ.-Prof.<sup>in</sup>. Dr.<sup>in</sup> Annemarie Käsbohrer

Veterinärmedizinische Universität Wien  
Abteilung für Öffentliches Veterinärwesen und Epidemiologie  
Veterinärplatz 1  
A-1210 Wien

## Beteiligte Behörden und Institutionen

### Projekt

AMR-Monitoring 2024 gemäß DURCHFÜHRUNGSBESCHLUSS (EU) 2020/1729 DER KOMMISSION, Durchführungserlass 2022 GZ: 2023-0.847.131  
Bundesministerium für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK)  
Sektion III– Abteilung III/B/15, Zoonosen, Tierarzneimittelanwendung sowie Koordination der internationalen Angelegenheiten und MNKP  
A-1031 Wien, Radetzkystraße 2

### Planung

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES)  
Fachbereich Integrierte Risikobewertung, Daten und Statistik (DSR)  
A-1220 Wien, Spargelfeldstraße 191

### Probenahme

- In vier Hühnerschlachthöfen und einem Putenschlachthof in Österreich durch beauftragte Tierärzt:innen sowie Amtstierärzt:innen
- Im Einzelhandel in Österreich durch Mitarbeiter:innen der Lebensmittelaufsicht

### Primärisolierungen und Differenzierungen

AGES  
Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten  
Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz  
A-8010 Graz, Beethovenstraße 6

- Abteilung Veterinärmikrobiologie
- Abteilung Lebensmittelmikrobiologie
- Nationales Referenzlabor für Campylobacter (NRL-C)
- Nationale Referenzzentrale für Salmonellen (NRZ-S)

## **Bestimmung der Empfindlichkeit gegenüber antibiotischen Wirkstoffen**

AGES

Zentrum für lebensmittelbedingte Infektionskrankheiten

Institut für medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz

Nationales Referenzlabor für Antibiotika-Resistenz (NRL-AR)

A-8010 Graz, Beethovenstraße 6

## **Planung, Datenevaluierung, Auswertung und Berichtslegung**

AGES

Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik (DSR)

A-1220 Wien, Spargelfeldstraße 191

## Inhaltsverzeichnis

<b>Beteiligte Behörden und Institutionen</b> .....	<b>424</b>
<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>429</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>432</b>
<b>Einleitung</b> .....	<b>435</b>
<b>Methodik</b> .....	<b>437</b>
Beprobungsrahmen und Analysen .....	437
Beprobungsumfang .....	440
Probenziehung im Stall nach der Geflügelhygieneverordnung [9].....	440
Probenziehung am Schlachthof – Caecumproben.....	440
Probenziehung im Einzelhandel – Frischfleischproben .....	441
Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) .....	442
Probenziehung an Grenzkontrollstellen – Frischfleischproben .....	442
Durchführung der antibiotischen Empfindlichkeitstestung.....	442
Ganzgenomsequenzierung, WGS (whole genome sequencing) .....	447
Berichtslegung .....	447
<b>Ergebnisse</b> .....	<b>448</b>
Resistenzen bei Salmonellen von Legehennen in der Primärproduktion.....	448
Resistenzen bei Salmonellen von Masthühnern in der Primärproduktion.....	450
Konventionell gehaltene Herden (N = 3.848) .....	451
Biologisch gehaltene Herden (N = 2.654) .....	451
Resistenzen bei Salmonellen von Mastputen in der Primärproduktion .....	452
Masthühner am Schlachthof .....	452
Prävalenz von <i>Campylobacter</i> spp. ....	453
Resistenzen bei <i>C. jejuni</i> von Masthühnern.....	453
Resistenzen bei <i>C. coli</i> von Masthühnern .....	454
Resistenzen bei kommensalen Indikator <i>E. coli</i> von Masthühnern.....	455
Ergebnisse bei Isolaten von behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden .....	458
Zeitliche Entwicklung der Resistenzanteile .....	458
Prävalenz von ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in Caecainhalte von Masthühnern.....	460
Ergebnisse bei behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden.....	461
Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender <i>E. coli</i> .....	462

Prävalenz von Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in Caecainhalten von Masthühnern	462
Mastputen am Schlachthof .....	463
Prävalenz von <i>Campylobacter</i> spp. ....	463
Resistenzen bei <i>C. jejuni</i> von Mastputen .....	463
Resistenzen bei <i>C. coli</i> von Mastputen .....	464
Resistenzen bei kommensalen Indikator <i>E. coli</i> von Mastputen .....	465
Ergebnisse bei Isolaten von behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden .....	468
Zeitliche Entwicklung der Resistenzanteile .....	468
Prävalenz von ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in Caecuminhalten von Mastputen .....	469
Ergebnisse bei behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden.....	470
Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender <i>E. coli</i> .....	470
Prävalenz von Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in Caecuminhalten von Mastputen	471
Hühnerfleisch im Einzelhandel .....	471
Prävalenz von ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in frischen Fleischproben vom Huhn .....	471
Ergebnisse bei Fleischproben von biologisch versus konventionell gehaltenen Tieren und aus österreichischer versus nicht-österreichischer Produktion stammend	471
Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender <i>E. coli</i> .....	472
Prävalenz von Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in frischen Fleischproben vom Huhn .....	472
Prävalenz von Methicillin-resistentem <i>Staphylococcus aureus</i> in frischen Fleischproben vom Huhn .....	472
Putenfleisch im Einzelhandel .....	474
Prävalenz von ESBL oder AmpC oder Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in frischen Fleischproben von der Pute .....	474
Ergebnisse bei Fleischproben von biologisch versus konventionell gehaltenen Tieren und aus österreichischer versus nicht-österreichischer Produktion stammend.....	474
Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender <i>E. coli</i> .....	475
Prävalenz von Carbapenemase bildenden <i>E. coli</i> in frischen Fleischproben von der Pute .....	475
Prävalenz von Methicillin-resistentem <i>Staphylococcus aureus</i> in frischen Fleischproben von der Pute .....	475
<b>Diskussion.....</b>	<b>476</b>
<i>C. jejuni</i> und <i>C. coli</i> .....	477

Masthühner.....	478
Mastputen.....	478
Kommensale Indikator <i>E. coli</i> .....	479
Masthühner.....	479
Mastputen.....	479
Gesamte Betrachtung von Indikator <i>E. coli</i> .....	480
ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildende <i>E. coli</i> .....	481
Masthühner und Hühnerfleisch .....	482
Mastputen und Putenfleisch.....	484
Allgemeine Betrachtung $\beta$ -Laktamase bildender <i>E. coli</i> .....	484
Hinweis .....	486
Schlussfolgerungen.....	486
<b>Danksagung .....</b>	<b>487</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>487</b>

## Zusammenfassung

Seit 2004 führt das Bundesministerium für Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz gemeinsam mit der AGES und Tierärzt:innen ein jährliches Monitoring zur Erfassung von Antibiotikaresistenzen bei Nutztieren und Lebensmitteln hiervon durch. Auf Basis des Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 wurden 2024 Schlachtchargen von Masthühnern und Puten sowie Fleischproben aus dem Einzelhandel auf ausgewählte zoonotische und kommensale Bakterien, darunter *Campylobacter* und *E. coli*, sowie Salmonellen von Geflügel aus den Salmonellenbekämpfungsprogrammen untersucht. Die Isolate wurden in Nationalen Referenzlaboratorien typisiert und ihre Empfindlichkeit gegenüber bestimmten Antibiotika geprüft. Die Bewertung erfolgte nach EUCAST-Richtlinien.

### Salmonellen von Geflügelherden in Österreich

Im Jahr 2024 wurden in Österreich insgesamt 10.383 Geflügelherden (Legehennen, Masthühner und Mastputen) auf Salmonellen untersucht. Die Proben wurden routinemäßig im Rahmen der nationalen Überwachungsprogramme entnommen.

Von 3.376 Legehennenherden waren 61 (1,8 %) Salmonellen-positiv. In 24 Herden (0,7 %) wurden Serovare nachgewiesen, die dem nationalen Bekämpfungsprogramm unterliegen (*S. Enteritidis* und *S. Typhimurium*). 85,9 % aller *Salmonella*-Isolate waren voll empfindlich, 9,4 % multiresistent. Die häufigsten Resistenzen lagen gegenüber Sulfamethoxazol, Tetracyclin und Ampicillin vor.

Von 6.502 Masthühnerherden waren 158 (2,4 %) mit Salmonellen infiziert, davon 21 Herden (0,3 %) mit Bekämpfungsprogramm-relevanten Serovaren. Nur 26,1 % aller Isolate waren voll empfindlich, während 58,4 % multiresistent waren. Bei 98 Isolaten handelte es sich um *S. Infantis*, davon erwiesen sich 88 Stämme multiresistent.

Von 505 Mastputenherden waren 30 (5,9 %) positiv, darunter 5 Herden (1,0 %) mit Bekämpfungsprogramm-relevanten Serovaren. 63,3 % aller Isolate waren voll empfindlich, 3,3 % multiresistent. Die häufigsten Resistenzen betrafen Amikacin, Fluorchinolone und Ampicillin.

## Masthühner am Schlachthof

Im Jahr 2024 wurden Blinddarminhalte von Masthühnern auf *Campylobacter jejuni*, *C. coli*, Indikator *E. coli* sowie  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Spektrum untersucht.

*Campylobacter* spp. wurden in 43,8 % der 468 beprobten Herden nachgewiesen. *C. jejuni* war mit 166 Isolaten (35,5 %) häufiger vertreten als *C. coli* (11,8 %). Die Resistenzraten waren bei beiden Spezies gegenüber Ciprofloxacin extrem hoch und gegenüber Tetracyclin hoch, voll empfindlich waren 25,6 % der *C. jejuni*- und 7,4 % der *C. coli*-Isolate. Eine Multiresistenz wurde nur bei einem *C. coli*-Isolat festgestellt.

Von 199 Indikator *E. coli*-Isolaten waren 29,1 % voll empfindlich. Häufige Resistenzen betrafen Fluorchinolone (50,3 %), Ampicillin (40,7 %) und Sulfamethoxazol (33,2 %). Eine Multiresistenz lag bei 35,7 % der Isolate vor.

In 16,5 % der 310 Proben wurden  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* nachgewiesen. Davon konnten 34 Isolate als ESBL, 15 als AmpC und eines als Carbapenemase bildend bestätigt werden. Die häufigsten Resistenzgene waren *bla*<sub>CTX-M</sub> (ESBL), *bla*<sub>CMY2</sub> (AmpC) und *bla*<sub>VIM1</sub> (CP). Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* ist seit 2016 deutlich zurückgegangen, im Jahr 2024 folgte ein leichter Anstieg.

## Mastputen am Schlachthof

Im Jahr 2024 wurden Blinddarminhalte von Mastputen auf *Campylobacter* spp., Indikator *E. coli* sowie  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum untersucht.

*Campylobacter* spp. wurden in 39,0 % der 159 Proben nachgewiesen. *C. jejuni* wurde in 29,6 % und *C. coli* in 11,9 % der Proben identifiziert. Die Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin waren bei beiden Spezies extrem hoch, gegenüber Tetracyclin hoch bzw. extrem hoch. Voll empfindlich waren 21,3 % (*C. jejuni*) bzw. 5,3 % (*C. coli*) der Isolate. Eine Multiresistenz trat bei einem *C. coli*-Isolat auf.

Indikator *E. coli*-Isolate (n=108) zeigten in 56,5 % der Fälle vollständige Empfindlichkeit. Resistenzen traten am häufigsten gegenüber Ampicillin (28,7 %), Tetracyclin (20,4 %) und Fluorchinolonen (18,5 %) auf. Der Anteil multiresistenter Isolate lag bei 13,9 %.

$\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* wurden in 19,0 % der 158 Proben festgestellt: 12,0 % waren ESBL und 7,0 % AmpC bildend. Der Großteil der ESBL-Isolate trug *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene, bei AmpC-Isolaten dominierte das AmpC-promoter-Gen. Carbapenemase bildende *E. coli* wurden wie auch in allen bisherigen Jahren nicht nachgewiesen.

Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* ist seit 2016 bis 2022 signifikant gesunken, zuletzt jedoch wieder leicht gestiegen.

### **Hühnerfleisch im Einzelhandel**

Im Jahr 2024 wurden 310 frische Hühnerfleischproben auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum untersucht. In 20,6 % der Proben wurden diese Keime nachgewiesen, wobei 15,8 % ESBL und 4,8 % AmpC bildende *E. coli* identifiziert wurden. Die häufigsten ESBL-Gene waren *bla*<sub>CTX-M</sub> (49 %), gefolgt von *bla*<sub>SHV12</sub> und *bla*<sub>TEM52</sub>. Bei AmpC bildenden *E. coli* dominierten *bla*<sub>CMY2</sub>-Gene.

Von den untersuchten Proben stammten 76,5 % aus Österreich. In österreichischem Hühnerfleisch lag die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* bei 13,5 % und war deutlich niedriger als in Fleisch aus nicht-österreichischer Herkunft (43,5 %). Dieser Unterschied war statistisch signifikant.

Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* ist seit 2016 von 64 % auf unter 21 % im Jahr 2024 deutlich gesunken. Carbapenemase bildende *E. coli* wurden in keiner der 325 untersuchten Proben gefunden und sind bislang im Rahmen dieses Überwachungsprogramms nicht aufgetreten.

Zusätzlich wurden alle 325 Fleischproben freiwillig auf MRSA untersucht. In 4,6 % der Proben wurde MRSA nachgewiesen, überwiegend vom klonalen Komplex CC398. Alle diese Isolate zeigten Resistenzen gegenüber Tetracyclin.

### **Putenfleisch im Einzelhandel**

Im Jahr 2024 wurden 173 frische Putenfleischproben auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* untersucht. In 36,4 % der Proben wurden diese Keime bestätigt, davon waren 29,5 % ESBL und 6,9 % AmpC bildende *E. coli*. Die meisten ESBL-Isolate trugen *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene (94,1 %), während bei den AmpC-Isolaten überwiegend das AmpC-promoter-Gen (n.-42C>T) gefunden wurde.

60,1 % der Proben stammten aus Österreich. In österreichischem Putenfleisch lag die Prävalenz bei 28,9 %, während sie bei Putenfleisch nicht-österreichischer Herkunft bei 49,2 % lag. Somit ist das Vorkommen von  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* in österreichischen Produkten signifikant niedriger.

Die zeitliche Entwicklung zeigt eine leicht rückläufige Tendenz der Prävalenz seit 2022 (von 40,9 % auf 36,4 %), wobei das Verhältnis von ESBL zu AmpC bildenden Isolaten stabil blieb.

Carbapenemase bildende *E. coli* wurden in keiner der 173 Proben nachgewiesen. Solche Erreger sind bislang im Rahmen dieses Überwachungsprogramms im Putenfleisch nicht aufgetreten.

Zusätzlich wurden alle Proben auf MRSA untersucht. In 16,2 % der Fälle wurden MRSA-Isolate gefunden. Die überwiegende Mehrheit der Isolate gehörte zum klonalen Komplex CC398.

## Abstract

Since 2004, the Austrian Federal Ministry of Labour, Social Affairs, Health, Care and Consumer Protection, in cooperation with AGES and veterinarians, has conducted an annual monitoring program to assess antibiotic resistance in livestock and food thereof. Based on Commission Implementing Decision (EU) 2020/1729, slaughter batches of broiler chickens and turkeys, as well as retail meat samples, were examined in 2024 for selected zoonotic and commensal bacteria, including *Campylobacter* and *E. coli*, as well as *Salmonella* obtained from the salmonella control programs in poultry. The isolates were typed in national reference laboratories and tested for susceptibility to specific antibiotics according to EUCAST guidelines.

### ***Salmonella* spp. from poultry flocks in Austria**

In 2024, a total of 10,383 poultry flocks (laying hens, broiler chickens, and turkeys) in Austria were tested for *Salmonella* as part of national surveillance programs.

Of 3,376 laying hen flocks, 61 (1.8%) tested positive for *Salmonella*. In 24 flocks (0.7%), serovars relevant to the national control program (*S. Enteritidis* and *S. Typhimurium*) were detected.

85.9% of all *Salmonella* isolates were fully susceptible, while 9.4% were multidrug-resistant. The most common resistances were to sulfamethoxazole, tetracycline, and ampicillin.

Of 6,502 broiler flocks, 158 (2.4%) were infected with *Salmonella*, including 21 flocks (0.3%) with control program-relevant serovars. Only 26.1% of all isolates were fully susceptible, while 58.4% were multidrug-resistant. Among 98 *S. infantis* isolates, 88 were multidrug-resistant.

Of 505 turkey flocks, 30 (5.9%) tested positive, including 5 (1.0%) with relevant serovars. 63.3% of all isolates were fully susceptible, and 3.3% were multidrug-resistant. The most common resistances were to amikacin, fluoroquinolones, and ampicillin.

### **Broiler flocks at slaughterhouses**

In 2024, caecal contents of broiler chickens were tested for *Campylobacter jejuni*, *C. coli*, indicator *E. coli*, and extended spectrum  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli*.

*Campylobacter* spp. was found in 43.8% of the 468 samples. *C. jejuni* was more common (35.5%) than *C. coli* (11.8%). Both species showed extremely high resistance rates to ciprofloxacin (around 72%) and high and very high to tetracycline. Full susceptibility was observed in 25.6% of *C. jejuni* and 7.4% of *C. coli* isolates. Multidrug resistance occurred in only one *C. coli* isolate.

Out of 199 indicator *E. coli* isolates, 29.1% were fully susceptible. Common resistances were to fluoroquinolones (50.3%), ampicillin (40.7%), and sulfamethoxazole (33.2%). 35.7% of isolates were multidrug-resistant.

In 16.5% of the 310 samples,  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli* were found: 34 were confirmed as ESBL-producing, 15 as AmpC, and one as carbapenemase-producing. The most frequent resistance genes were *bla*<sub>CTX-M</sub> (ESBL), *bla*<sub>CMY2</sub> (AmpC), and *bla*<sub>VIM1</sub> (carbapenemase). The prevalence of these resistant *E. coli* strains has significantly declined since 2016, with a slight increase in 2024.

## Fattening turkey flocks at slaughterhouses

In 2024, caecal contents from turkeys were analysed for *Campylobacter* spp., indicator *E. coli*, and extended spectrum  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli*.

*Campylobacter* spp. was detected in 39.0% of the 159 flocks sampled, with *C. jejuni* in 29.6% and *C. coli* in 11.9%. Resistance to ciprofloxacin was extremely high for both species, and tetracycline resistance was high to very high. Full susceptibility was found in 21.3% of *C. jejuni* and 5.3% of *C. coli* isolates. Multidrug resistance was observed in one *C. coli* isolate.

Among 108 indicator *E. coli* isolates, 56.5% were fully susceptible. Most common resistances were to ampicillin (28.7%), tetracycline (20.4%), and fluoroquinolones (18.5%). Multidrug resistance was observed in 13.9% of isolates.

$\beta$ -lactamase-producing *E. coli* were detected in 19.0% of the 158 samples: 12.0% were ESBL-producing and 7.0% AmpC-producing. Most ESBL isolates carried *bla*<sub>CTX-M</sub> genes; the AmpC isolates predominantly had the AmpC-promoter mutation. No carbapenemase-producing *E. coli* were found, consistent with previous years. The prevalence of  $\beta$ -lactamase producers had significantly decreased since 2016 until 2022 but slightly increased in 2024.

## Retail Chicken Meat

In 2024, 310 fresh chicken meat samples from retail outlets were tested for extended spectrum  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli*. These were detected in 20.6% of samples: 15.8% ESBL- and 4.8% AmpC-producing. The most frequent ESBL genes were *bla*<sub>CTX-M</sub> (49%), followed by *bla*<sub>SHV12</sub> and *bla*<sub>TEM52</sub>. Among AmpC-producing strains, *bla*<sub>CMY2</sub> was dominant.

76.5% of the samples were of Austrian origin. In Austrian chicken meat, the prevalence of  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli* was 13.5%, significantly lower than meat not of Austrian origin (43.5%).

Since 2016, the prevalence of  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli* has significantly declined— from 63.7% to under 21% in 2024. No carbapenemase-producing *E. coli* were found in any of the 325 samples analyzed; such pathogens have never been detected in this monitoring program.

All 325 samples were also voluntarily tested for MRSA. MRSA was found in 4.6% of samples, mainly of clonal complex CC398. All these isolates showed resistance to tetracycline.

### **Retail Turkey Meat**

In 2024, 173 fresh turkey meat samples were tested for  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli*. These bacteria were confirmed in 36.4% of samples: 29.5% ESBL- and 6.9% AmpC-producing *E. coli*. Most ESBL isolates (94.1%) carried *bla*<sub>CTX-M</sub> genes; AmpC isolates predominantly carried the AmpC-promoter mutation (n.-42C>T).

60.1% of samples originated from Austria. The prevalence of these bacteria was 28.9% in Austrian products and 49.2% in imported products. Thus, the presence of  $\beta$ -lactamase-producing *E. coli* was significantly lower in domestic turkey meat.

The temporal trend shows a slight decline in prevalence since 2022 (from 40.9% to 36.4%), with the ESBL-to-AmpC ratio remaining stable.

No carbapenemase-producing *E. coli* were found in any of the 173 samples. Such pathogens have never been detected in turkey meat as part of this surveillance program.

All samples were also examined for MRSA. MRSA was detected in 16.2% of samples. The majority of isolates belonged to clonal complex CC398.

## **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 dieses Zitat 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 Infektionen mit antibiotikaresistenten Erregern beeinträchtigt. Die Antibiotika-Resistenz, die mit erhöhten Morbiditäts- und Mortalitätsraten sowie erhöhten Behandlungskosten in Verbindung steht, gilt als eine der größten globalen Bedrohungen für die öffentliche Gesundheit.

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].

Antibiotika-Resistenz bedeutet den Verlust der Empfindlichkeit von Bakterien, gegenüber denen die Bakterien bisher empfindlich waren. Das bedeutet, ein resistentes Bakterium lässt sich nicht mehr mit demselben Antibiotikum bekämpfen, gegenüber dem 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 Menschen, Tiere 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 resistent wurden. Beunruhigend sind vor allem Resistenzen gegenüber den in der Humanmedizin therapeutisch besonders wichtigen Klassen (Reserveantibiotika) und die Zunahmen an multiresistenten Keimen.

Um dem entgegenzuwirken, müssen Antibiotikaresistenzen überwacht und vergleichbare Daten zum Auftreten von Antibiotikaresistenz (ABR) bei Zoonoseerregern und — soweit sie eine Gefahr für die öffentliche Gesundheit darstellen — bei anderen Erregern erfasst werden [4]. Zur Untersuchung der ABR sollen Tierpopulationen, die der Lebensmittelgewinnung dienen, sowie verschiedene Lebensmittelkategorien beprobt werden. Dabei sind verbindliche Beprobungspläne einzuhalten, um die für die ABR-Analyse relevanten Bakterienarten zu gewinnen. Zudem müssen die Analysemethoden, die von den für die ABR-Untersuchung zuständigen Laboratorien EU-weit angewendet werden, standardisiert sein, um eine direkte Vergleichbarkeit der Ergebnisse sicherzustellen [5,6].

Zur Empfindlichkeitsprüfung gegenüber den vorgegebenen antibakteriellen Substanzen wird die Mikrodilutionsmethode verwendet.

Die Interpretation der erhaltenen minimalen Hemm-konzentrationen je Substanz erfolgt durch Anwendung der epidemiologischen Cut-Off-Werte <sup>22</sup>(ECOFF) der EUCAST dargestellt im Durchführungsbeschlusses (Dfb) (EU) 2020/1729, oder wenn die ECOFFs dort nicht angeführt sind, entsprechend jenen von EFSA [5, 6]. Die EU-weit harmonisierten Paneele an antimikrobiellen Substanzen, die ausgetestet werden, enthalten auch solche Substanzen, die nicht in der Veterinärmedizin angewendet werden (dürfen), jedoch wichtig für die Humanmedizin sind und 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 für die jeweilige Bakterienspezies für die Bewertung angewendet und somit diese Ergebnisse mit denen aus der Humanmedizin verglichen werden können. Die AGES (Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, Abteilung Statistik und analytische Epidemiologie) wurde vom BMASGPK mit der vorbereitenden Planung des Monitorings, der Analyse der Daten und der Erstellung des Berichts für den AURES 2024 beauftragt.

## Methodik

Die Methoden entsprechen denjenigen, wie sie in den Ausgaben des AURES 2016 und AURES 2018 beschrieben wurden, und werden an dieser Stelle aus Platzgründen weggelassen [7,8].

## Beprobungsrahmen und Analysen

Der Dfb (EU) 2020/1729 gibt vor, welche Kombinationen von Bakterienart und Probenart von Tierpopulationen oder Lebensmittelkategorien im Jahr 2024 beprobt werden mussten [6]. Tabelle 151 stellt die zu beprobenden Tierarten, die Untersuchungsmatrizes, die Probenahmepläne und die Orte der Probennahmen je Bakterienart für das Jahr 2024 dar

---

<sup>22</sup> The epidemiological cut-off (ECOFF) values separate the naive, susceptible wild-type bacterial populations from isolates that have developed reduced susceptibility to a given antimicrobial agent [7]. The ECOFFs may differ from breakpoints used for clinical purposes, which are set out against a background of clinically relevant data, including therapeutic indication, clinical response data, dosing schedules, pharmacokinetics, and pharmacodynamics. The use of harmonized methods and ECOFFs ensures the comparability of data over time at the country level and also facilitates the comparison of resistance between Member States.

Tabelle 151: Beprobungsrahmen zur Überwachung der Antibiotika-Empfindlichkeit in Österreich, 2024

Tierart	Untersuchungs- material	Ort der Probenahme	Probenahmeplan	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> <i>jejuni/coli</i>	Kommensale <i>E. coli</i>	β-Laktamase und CP bildende <i>E. coli</i>
<b>Legehennen</b>	Stiefeltupfer	Stall	Zensus <sup>1</sup>	X	-	-	-
<b>Masthühner</b>	Stiefeltupfer	Stall	Zensus <sup>1</sup>	X	-	-	-
	Caecainhalte	Schlachthof	Randomisiert	-	X <sup>2</sup>	X	X
	Frischfleisch	Einzelhandel	Randomisiert	-	-	-	X
		Grenz- kontrollstelle	Randomisiert	X <sup>3</sup>	-	X <sup>3</sup>	X <sup>3</sup>
<b>Mastputen</b>	Stiefeltupfer	Stall	Zensus <sup>1</sup>	X	-	-	-
	Caecuminhalt	Schlachthof	Randomisiert	-	X <sup>4</sup>	X <sup>4</sup>	X <sup>5</sup>
	Frischfleisch	Einzelhandel	Randomisiert	-	-	-	X <sup>5</sup>
		Grenz- kontrollstelle	Randomisiert	X <sup>3</sup>	-	X <sup>3</sup>	X <sup>3</sup>

<sup>1</sup> Alle Herden, die unter das Salmonellenbekämpfungsprogramm fallen; werden mehr als 170 Isolate je untersuchter Population gewonnen, können 170 Isolate aus der Gesamtheit randomisiert ausgewählt werden

<sup>2</sup> Mindestens 170 Isolate der auf nationaler Ebene am häufigsten vorkommenden Spezies von *Campylobacter* bei dieser Tierart und alle Isolate der zweithäufigsten Spezies.

<sup>3</sup> Nach Österreich kommen nun sehr vereinzelt Importe von Fleisch und genießbaren Schlachtnebenerzeugnissen aus Drittländern. Aus diesem Grund wurde darauf verzichtet, einen detaillierten Stichprobenplan für die Grenzkontrollstellen zu erstellen; es soll jeweils die erste in einem Jahr eingehende Sendung beprobt werden.

<sup>4</sup> Abweichend können Mitgliedstaaten, die eine jährliche nationale Erzeugung von weniger als 100 000 Tonnen Truthahnfleisch aufweisen, beschließen, eine Mindestanzahl von 85 Isolaten anstelle von 170 Isolaten zur AMR-Testung heranzuziehen.

<sup>5</sup> Die jährliche Anzahl der Proben kann für jede spezifische Kombination von Bakterienisolaten/Tierpopulationen auf 150 reduziert werden, wenn die Mitgliedstaaten eine jährliche nationale Erzeugung von weniger als 100.000 Tonnen Truthahnfleisch aufweisen.

## **Beprobungsumfang**

Das Prinzip der Beprobungen im Stall, im Schlachthof und im Einzelhandel sowie der Probenversand sind im AURES 2016, pp 261–270 beschrieben [7].

## **Probenziehung im Stall nach der Geflügelhygieneverordnung [9]**

Legehennen werden alle 15 Wochen, alles Geflügel (Legehennen, Masthühner und Puten) frühestens drei Wochen vor der Schlachtung beprobt und auf Salmonellen untersucht.

Das Untersuchungsmaterial (Stiefeltupfer, Sammelkotproben, Staubtupfer) wurden nach der ISO 6579: 2017/Amd 1:2020 auf Salmonellen untersucht.

## **Probenziehung am Schlachthof – Caecumproben**

2024 wurden Masthühner und Mastputen beprobt. Die Herde bildet die epidemiologische Einheit. Caeca von 10 Hühnern oder von einer Pute mussten von jeder zu beprobenden Herde entnommen und gekühlt unter Einhaltung der Kühlkette ins Labor des AGES-Instituts für medizinische Mikrobiologie und Hygiene in Graz, Abteilung Veterinärmikrobiologie versandt werden. Eine entsprechende Menge Blinddarminhalt wurde steril entnommen, im Fall von Masthühnerdärmen 10 Inhalte zu einer Probe gepoolt. Jede Probe wurde auf so viele Bakterienspezies untersucht, wie im Stichprobenplan festgelegt. Je epidemiologischer Einheit wurde von der Agarplatte eine Kolonie je gesuchter Bakteriengattung spezifiziert und das gewonnene Isolat zur antibiotischen Empfindlichkeitstestung ins Nationale Referenzlabor Antibiotikaresistenz weitergeleitet.

Aus Inhalten der Masthühnercaeca mussten jeweils 170 Isolate der häufiger isolierten *Campylobacter* (C.)-Spezies, *C. jejuni*, alle Isolate der zweithäufigsten Spezies, *C. coli*, sowie jeweils 170 Isolate an kommensalen *E. coli* gewonnen werden. 300 Proben wurden auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum und Carbapenemase bildende *E. coli* untersucht. Zur besseren Lesbarkeit wird im Text von " $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli*" gesprochen, wenn das Verfahren zum Nachweis  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* mit erweitertem Wirkspektrum eingesetzt wurde.

In den letzten Jahren lag die Prävalenz von *C. jejuni* bei Masthühnerherden im Durchschnitt bei 38,9 %, daher sollten 472 Proben, gleichmäßig verteilt auf das Jahr und geschichtet nach den Kapazitäten der Schlachthöfe, gezogen werden, um mit 80 %-iger Sicherheit 175 *C. jejuni*-Isolate zu gewinnen. Die Isolationsraten von *E. coli* lagen bei 100 %, weshalb 177 Proben veranschlagt wurden. Der Stichprobenplan gab genau vor, welche Probe auf welche Parameter hin untersucht werden musste.

Das von Puten erschlachtete Fleisch der in Österreich gemästeten und geschlachteten Putenherden liegt unter 100.000 Tonnen (t), daher konnte die Probenzahl entsprechend dem Dfb, Anhang Teil A, Punkt 3.1, Absatz b auf 150 Proben bei *Campylobacter* und  $\beta$ -Laktamase und CP bildende *E. coli* bzw. entsprechend Punkt 4.1 auf 85 Isolate an kommensalen *E. coli* reduziert werden. Das bedeutete, dass möglichst jede in Österreich gemästete und geschlachtete Putenherde auf alle vorgegebenen Parameter hin untersucht werden sollte (bei den Indikator *E. coli* wurde für eine bessere Vergleichbarkeit mit den Vorjahren die Anzahl der gewonnenen Isolate auf 110 erhöht) [6].

Die Untersuchung auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* sowie die spezifische Isolierung von CP bildenden *E. coli* erfolgte entsprechend dem Laborprotokoll des Europäischen Referenzlabors für Antibiotikaresistenz [10].

### **Probenziehung im Einzelhandel – Frischfleischproben**

Im Jahr 2024 wurden Frischfleischproben von Hühnern und Puten aus dem Einzelhandel auf *E. coli*, die ESBL, AmpC oder Carbapenemasen bilden, untersucht. Die Durchführung erfolgte im Rahmen der Schwerpunktaktion SPA A-800-24. Laut Dfb mussten 300 Proben von frischem Hühnerfleisch untersucht werden, während die Probenzahl bei Putenfleisch (Anhang Teil A, Punkt 3.2.b) auf 150 Proben reduziert werden konnte. Dabei war 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 (bzgl. Transporttemperatur oder Transport-dauer) nicht entsprechen, sollten 350 bzw. 175 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 aufgeteilt. Die Probenziehung erfolgte durch die Lebensmittelaufsichten der

Länder. Die Untersuchung auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* sowie die spezifische Isolierung von CP bildenden *E. coli* erfolgte entsprechend dem Laborprotokoll der Europäischen Referenzlabors für Antibiotikaresistenz [11].

### **Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA)**

Die Fleischproben von Hühnern und Puten, die im Zuge des Resistenzmonitorings zur verpflichtenden Untersuchung auf  $\beta$ -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.

### **Probenziehung an Grenzkontrollstellen – Frischfleischproben**

Im Jahr 2024 wurden in Österreich keine Sendungen an Frischfleisch von Masthühnern und Puten aus Drittländern importiert, daher konnten keine Proben gezogen werden.

### **Durchführung der antibiotischen Empfindlichkeitstestung**

Die im Jahr 2024 zur Empfindlichkeitstestung eingesetzten antibiotischen Substanzen je Bakterienspezies sind in Tabelle 152 bei Isolaten von *E. coli* oder *Salmonella* die minimalen Hemmkonzentrations-Werte (MHK-Werte) für Cefotaxim, Ceftazidim oder Meropenem oberhalb des ECOFFs vor, so werden diese Isolate zur Bestätigung der ESBL-, AmpC- oder CP-Bildung mit einem zweiten Panel gegenüber weiteren antimikrobiellen Substanzen getestet (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  $\beta$ -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 nach Tabelle 3 (Technical specifications on harmonised monitoring and reporting of MRSA), 2024 [6,12]

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

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
Ceftazidim	TAZ	>2	>4	>0,5	>4	-	-	-
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 <sup>a</sup>	>2	>2	>2	-	-	-
Ertapenem‡	ETP‡	>0,064	>0,5	>0,064	>0,5	>0,5 <sup>b</sup>	-	-
Erythromycin	ERY	-	-	-	-	>4 (>8)	>4 (>8)	>1
Fusidinsäure	FUS	-	-	-	-	-	-	>0,5
Gentamicin	GEN	>2	>4	>2	>4	>2	-	>2

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
<b>Imipenem‡</b>	IMI‡	>1	>4	>0,5	>4	-	-	-
<b>Kanamycin</b>	KAN	-	-	-	-	-	-	>8
<b>Linezolid</b>	LIN	-	-	-	-	-	-	>4
<b>Meropenem</b>	MERO	>0,125	>8	>0,125	>8	-	-	-
<b>Mupirozin</b>	MUR	-	-	-	-	-	-	>1
<b>Nalidixinsäure</b>	NAL	>8	-	>8	-	-	-	-
<b>Penicillin</b>	PEN	-	-	-	-	-	-	>0,125
<b>Rifampicin</b>	RIF	-	-	-	-	-	-	>0,03
<b>Streptomycin</b>	STR	-	-	-	-	>4	-	>16
<b>Sulfamethoxazol</b>	SMX	>256 <sup>a</sup>	-	>64	-	-	-	>128
<b>Synerzid</b>	SYN	-	-	-	-	-	-	>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
Temocillin	TEM	>16 <sup>a</sup>	-	>16	-	-	-	-
Tetracyclin	TET	>8	-	>8	-	>1 (>2)	>2	>1
Tiamulin	TIA	-	-	-	-	-	-	>2
Tigecyclin	TIG	>0,5 <sup>a</sup>	-	>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 in den angeführten Referenzen keinen Wert

<sup>a</sup> 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* bei >8 mg/L Colistin liegen

<sup>b</sup> *Campylobacter* werden auf Ertapenem ausgetestet, jedoch gibt es keine ECOFF von EUCAST, EFSA legt der Bewertung einen Wert von >0,5 mg/L zugrunde.

‡ Antimikrobielle Substanzen im 2. Panel enthalten;

## Ganzgenomsequenzierung, WGS (whole genome sequencing)

Alle verdächtigen  $\beta$ -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  $\beta$ -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 drei oder mehr Antibiotikaklassen gefunden, werden diese Isolate als **multiresistent** klassifiziert. Zur Bewertung der Multiresistenzen werden für Salmonellen und *E. coli* die Ergebnisse gegenüber den Substanzen Ampicillin, Cefotaxim/Ceftazidim, Chloramphenicol, Ciprofloxacin/Nalidixinsäure, Gentamicin, Meropenem, Sulfamethoxazol, Tetracyclin und Trimethoprim herangezogen, für *Campylobacter* die Substanzen Chloramphenicol, Ciprofloxacin, Erythromycin, Gentamicin und Tetracycline.

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 untersuchten Tierarten bzw. Nutzungsrichtungen und Orten der Probenziehung beschrieben.

### **Resistenzen bei Salmonellen von Legehennen in der Primärproduktion**

Im Jahr 2024 standen 3.376 Legehennenherden in Produktion. Davon entfielen 2.618 Herden (77,5 %) auf konventionelle Haltung und 758 Herden (22,5 %) auf biologische Produktionsform. Nach der Einstellung, in der Legephase alle 15 Wochen und frühestens drei Wochen vor der Schlachtung wurden alle Herden auf Salmonellen untersucht. In diesem Kapitel sind die Ergebnisse der Untersuchung von Legehennenherden auf Salmonellen beschrieben:

In 61 Herden (1,8 %) wurden Salmonellen nachgewiesen, davon in drei Herden jeweils 2 verschiedene Serovare (*S. Typhimurium* monophasisch und *S. Infantis*) (insgesamt 64 Isolate in 61 Herden). Serovare, die dem nationalen Bekämpfungsprogramm unterliegen, wie *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* (biphasische und monophasische Varianten), wurden aus 24 Herden (0,7 %) isoliert. Die nachgewiesenen Serovare sind in Tabelle 153 aufgelistet.

Tabelle 153: Anzahl der *Salmonella* Serovare gewonnen im Rahmen der Bekämpfungsprogramme bei Legehennen, Masthühnern und Mastputen nach Haltungsform, 2024

Haltungsform	Legehennen		Masthühner		Puten	
	bio	konv	bio	konv	bio	konv
<i>S. Enteritidis</i>	2	13	4	14	1	2
<i>S. Typhimurium</i>	-	2	-	-	-	1
<i>S. Typhimurium</i> - monophasisch	-	7	3	1	1	-
<i>S. Abony</i>	1	1	-	-	-	-
<i>S. Agona</i>	-	-	-	1	1	13
<i>S. Anatum</i>	-	1	1	2	-	-
<i>S. Bovismorbificans</i>	-	-	1	-	-	-
<i>S. Coeln</i>	-	9	1	2	-	-
<i>S. Derby</i>	-	-	-	1	-	-
<i>S. Dublin</i>	-	1	-	1	-	-
<i>S. IIIb (Salmonella enterica</i> <i>subsp. diarizonae)</i>	-	2	-	-	-	-
<i>S. Indiana</i>	-	-	-	1	-	-
<i>S. Infantis</i>	1	5	1	97	-	4
<i>S. Kiambu</i>	1	-	-	-	-	-
<i>S. Korlebu</i>	-	-	-	-	-	4
<i>S. Kottbus</i>	1	-	-	-	-	-
<i>S. Manhattan</i>	1	-	-	-	-	-
<i>S. Mbandaka</i>	-	2	-	3	-	2
<i>S. Menston</i>	1	-	-	-	-	-
<i>S. Montevideo</i>	1	4	1	4	-	-
<i>S. Newport</i>	-	-	1	3	-	-
<i>S. Nyborg</i>	-	-	1	-	-	-
<i>S. Oranienburg</i>	1	-	-	-	-	-
<i>S. Paratyphi B var. Java</i>	1	-	-	1	-	-
<i>S. Senftenberg</i>	-	-	-	5	-	1
<i>S. Singapore</i>	-	-	-	1	-	-

Haltungsform	Legehennen		Masthühner		Puten	
	bio	konv	bio	konv	bio	konv
<b>S. Strathcona</b>	-	2	-	-	-	-
<b>S. Szentés</b>	2	1	-	-	-	-
<b>S. Thompson</b>	-	1	-	10	-	-
<b>Gesamtergebnis</b>	<b>13</b>	<b>51</b>	<b>14</b>	<b>147</b>	<b>3</b>	<b>27</b>

Haltungsform: bio = biologisch, konv = konventionell

Quelle: AGES, QGV

55 Isolate (85,9 %) erweisen sich gegenüber allen ausgetesteten Substanzen (voll-empfindlich) empfindlich. 6 Isolate (9,4 %) zeigen Resistenzen gegenüber 3 oder mehr Antibiotikaklassen (multiresistent), 5 Isolate der monophasischen Variante von *S. Typhimurium* und ein Isolat *S. Infantis* (Resistenzen gegenüber 5 Antibiotikaklassen). Die häufigsten Resistenzen treten gegenüber Sulfamethoxazol und Tetracyclin (je sechsmal) und Ampicillin (fünfmal) auf.

In 13 biologisch (1,7 %) und 48 konventionell (18,4 %) gehaltenen Legehennenherden wurden Salmonellen gefunden. Die Isolate von den biologisch gehaltenen Tieren waren alle voll-empfindlich. Bei den Isolaten aus konventionell gehaltenen Herden lag dieser Anteil bei 82,4 %; 11,8 % der Isolate war multiresistent.

### **Resistenzen bei Salmonellen von Masthühnern in der Primärproduktion**

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 6.502 Masthühnerherden gehalten. Davon entfielen 3.848 Herden (59,2 %) auf konventionelle Haltung, 2.654 (40,8 %) auf biologische Produktionsform. Innerhalb der letzten drei Wochen vor der Schlachtung wurden alle Herden beprobt. In diesem Kapitel sind die Ergebnisse der Untersuchung von Masthühnerherden auf Salmonellen beschrieben:

In 158 Herden (2,4 %) wurden Salmonellen nachgewiesen, davon in drei Herden jeweils 2 Serovare (*S. Infantis* und *S. Thompson*, *S. Newport* und *S. Anatis* sowie *S. Agona* und *S. Enteritidis*) (insgesamt 161 Isolate in 158 Herden).

21 Herden (0,3 %) enthielten Serovare, die dem nationalen Bekämpfungsprogramm unterliegen, wie *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* (biphasische und monophasische Varianten). Die nachgewiesenen Serovare sind in Tabelle 153 aufgelistet.

Als voll-empfindlich erweisen sich 42 Isolate (26,1 %). Multiresistent sind 94 Isolate (58,4 %).

### **Konventionell gehaltene Herden (N = 3.848)**

In 144 Herden (3,7 %) wurden Salmonellen nachgewiesen (147 Isolate in 144 Herden), in 17 Herden (0,4 %) *S. Enteritidis* (kein *S. Typhimurium*).

Als voll-empfindlich erweisen sich 32 Isolate (21,8 %). Multiresistent sind 93 Isolate (63,3 %), davon 86 Isolate *S. Infantis*, 3 *S. Senftenberg*, 2 *S. Coeln* sowie je ein Isolat *S. Derby* und *S. Typhimurium* monophasisch. Die häufigsten Resistenzen treten gegenüber Fluorchinolon (67,4 %), Sulfamethoxazol sowie Tetracyclin (jeweils 62,6 %) und Amikazin (12,2 %) auf, alle übrigen liegen <7,5 % oder bei Null (gegenüber Azithromycin, den 3.-Generations-Cephalosporinen, Meropenem und Gentamicin).

### **Biologisch gehaltene Herden (N = 2.654)**

In 14 Herden (0,5 %) wurden Salmonellen nachgewiesen, in sieben Herden (0,3 %) *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* (nur die monophasische Variante).

Als voll-empfindlich erweisen sich 10 Isolate (71,4 %). Multiresistent ist ein Isolat (7,1 %), *S. Infantis*. Die häufigsten Resistenzen finden sich gegenüber Amikazin (21,4 %) und den Fluorchinolonen (14,3 %). Resistenzen werden noch gegenüber Sulfamethoxazol, Tetracyclin und Tigecyclin (jeweils 7,1 %) gefunden, jedoch keine Resistenzen gegenüber den übrigen ausgetesteten Substanzen.

## **Resistenzen bei Salmonellen von Mastputen in der Primärproduktion**

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 505 Mastputenherden gehalten. Davon entfielen 383 Herden (75,8 %) auf konventionelle Haltung, 122 (24,2 %) auf biologische Produktionsform. Innerhalb der letzten drei Wochen vor der Schlachtung wurden alle Herden beprobt. In diesem Kapitel sind die Ergebnisse der Untersuchung von Mastputenherden auf Salmonellen beschrieben:

In 30 Herden (5,9 %) wurden Salmonellen nachgewiesen, davon in fünf Herden (1,0 %) Serovare, die dem nationalen Bekämpfungsprogramm unterliegen, wie *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* (biphasische und monophasische Varianten). Die identifizierten Serovare sind in Tabelle 153 aufgelistet.

Als voll-empfindlich erweisen sich 19 Isolate (63,3 %). Multiresistent ist ein Isolat (3,3 %) *S. Agona*. Die häufigsten Resistenzen finden sich gegenüber Amikazin (20,0 %), den Fluorchinolonen (13,3 %) und Ampicillin (10,0 %). Resistenzen werden noch gegenüber Tetracyclin (6,7 %) und Sulfamethoxazol (3,3 %) gefunden, jedoch keine gegenüber den übrigen ausgetesteten Substanzen.

In drei biologisch (2,5 %) und 27 konventionell (7,0 %) gehaltenen Mastputenherden wurden Salmonellen gefunden. 2 Isolate von den biologisch gehaltenen Tieren sind voll-empfindlich, das einzige Isolat mit Resistenzen (*S. Enteritidis*) ist nicht multiresistent, sondern nur resistent gegenüber Fluorchinolonen. Bei den konventionell gehaltenen Herden liegt der Anteil an voll-empfindlichen Isolaten bei 63,0 %; ein Isolat (3,7 %) ist multiresistent.

## **Masthühner am Schlachthof**

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Untersuchungen von Blinddarminhalten von Masthühnern auf *C. jejuni*, *C. coli*, Indikator *E. coli* und  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* beschrieben.

### **Prävalenz von *Campylobacter* spp.**

Im Jahr 2024 wurden 468 gepoolte Darminhalte auf thermotolerante *Campylobacter* untersucht, in 205 Proben (43,8 %) wurden *Campylobacter* nachgewiesen. Von diesen erwiesen sich 166 Isolate (35,5 %) als *C. jejuni* und 55 Isolate (11,8 %) als *C. coli*. Wurden *C. jejuni* und *C. coli* in einer Probe identifiziert, wurden beide Spezies ausgetestet.

### **Resistenzen bei *C. jejuni* von Masthühnern**

Im NRL AR wurden 164 Isolate auf ihre Empfindlichkeit gegenüber 6 verschiedenen Antibiotika ausgetestet. 2 der gewonnenen Isolate ließen sich nach dem Einfrieren nicht mehr reaktivieren. Etwas mehr als ein Viertel der Isolate (25,6 %) zeigt sich voll-empfindlich. Seit 2014 ist ein leichter Anstieg an voll-empfindlichen Isolaten zu erkennen, dieser ist jedoch nicht signifikant.

Extrem hohe Resistenzanteile werden gegenüber Ciprofloxacin gefunden (72,0 %) und hohe Anteile gegenüber Tetracyclin (43,9 %), keine Resistenzen gegenüber Chloramphenicol, Erythromycin und Gentamicin. 13 Isolate (7,9 %) weisen gegenüber Ertapenem eine MHK >15 mg/L auf, werden daher lt. EFSA-Vorgaben mikrobiologisch resistent bewertet. Abbildung 152 gibt die grafische Darstellung der Ergebnisse wieder,

Abbildung 153 zeigt die MHK-Verteilung der Isolate. Kein Isolat stellt sich als multiresistent dar. Die zeitlichen Verläufe über die letzten Jahre zeigen gleichbleibende extrem hohe Resistenzanteile gegenüber Ciprofloxacin, gegenüber Tetracyclin werden seit 2014 zunehmende Resistenzanteile festgestellt, auch wenn sich die Anteile von 55,3 % (2022) auf 43,9 % (2024) verringert haben.

Abbildung 152: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten von Masthühnern, 2024

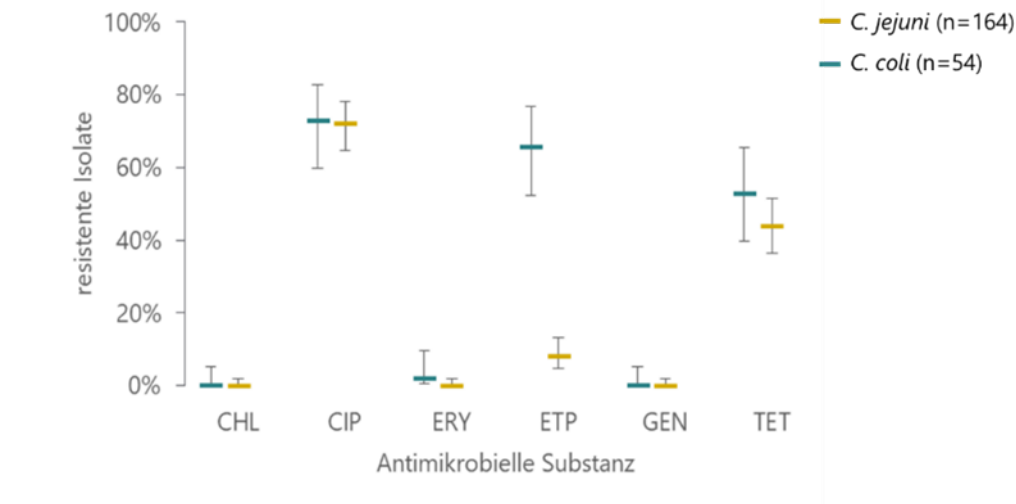


Abbildung 153: MHK-Verteilung bei *C. jejuni*-Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2024

Untersuchte Tierart: Masthühner			Anzahl getesteter Isolate: 164															
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 - 1.8]							47,6	45,1	3,7	3,7						
CIP	72,0	[64.6 - 78.3]			25,6	2,4				0,6	50,0	15,9	3,0	2,4				
ERY	0,0	[0.0 - 1.8]						88,4	11,6									
ETP	7,9	[4.7 - 13.1]			50,0	23,2	18,9	4,9	0,6	0,6	1,8							
GEN	0,0	[0.0 - 1.8]				95,7	4,3											
TET	43,9	[36.5 - 51.6]					55,5	0,6	0,6	1,8	1,8	0,6		7,9	31,1			

### Resistenzen bei *C. coli* von Masthühnern

Zur Empfindlichkeitstestung standen 54 Isolate zur Verfügung. Nur 4 Isolate (7,4 %) sind voll-empfindlich und somit deutlich weniger als noch 2022 (16,7 %).

Die Resistenzanteile stellen sich gegenüber Ciprofloxacin extrem hoch (72,2 %), gegenüber Tetracyclinen sehr hoch (53,7 %) dar, ebenso gegenüber Ertapenem (64,8 %). Ein Isolat erweist sich als resistent gegenüber Erythromycin, es zeigt eine High-Level-Resistenz mit einer MHK >512 mg/L, die jedoch nicht auf das *erm(B)*-Gen zurückzuführen ist.

Ein Isolat stellt sich multiresistent dar. Gegenüber Chloramphenicol und Gentamicin werden keine Resistenzen gefunden. Im Jahr 2022 wurden erstmals auch *C. coli* ausgetestet, im Vergleich dazu hat sich die Situation im Jahr 2024 nur minimal verändert. Abbildung 152 gibt die grafische Darstellung der Ergebnisse wieder, Abbildung 154 zeigt die MHK-Verteilung der Isolate.

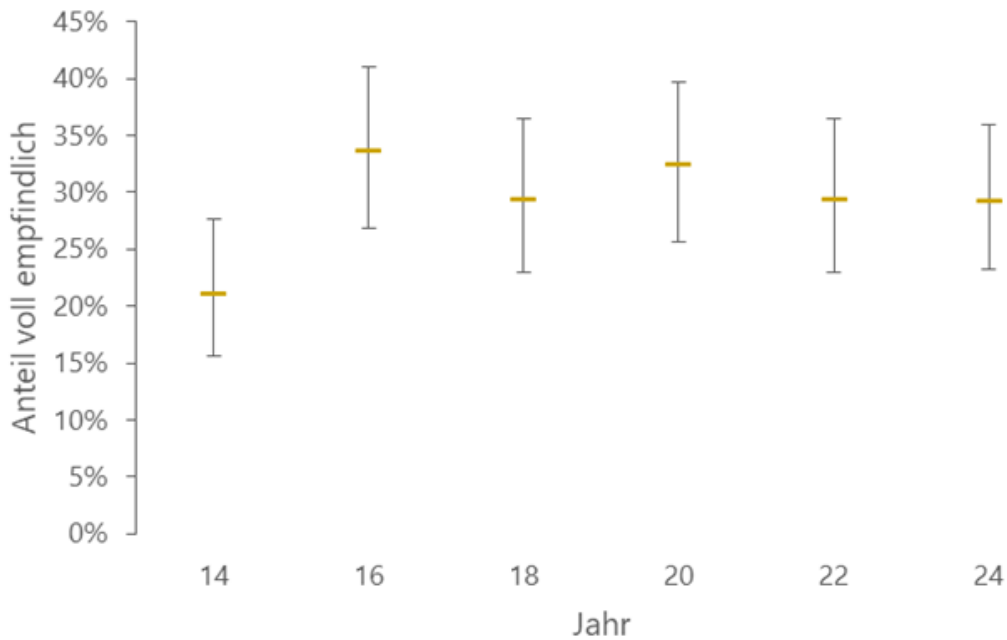
Abbildung 154: MHK-Verteilung bei *C. coli*-Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2024

Untersuchte Tierart: Masthühner			Anzahl getesteter Isolate: 54															
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 - 5.3]							7,4	42,6	44,4	5,6						
CIP	72,2	[59.0 - 82.4]			13,0	14,8				5,6	24,1	37,0	5,6					
ERY	1,9	[ 0.4 - 9.7]						48,1	38,9	7,4	3,7							1,9
ETP	64,8	[51.4 - 76.2]				20,4	14,8	9,3	29,6	20,4	5,6							
GEN	0,0	[ 0.0 - 5.3]				46,3	53,7											
TET	53,7	[40.6 - 66.3]					38,9	5,6	1,9					5,6		48,1		

### Resistenzen bei kommensalen Indikator *E. coli* von Masthühnern

Im NRL AR wurden 199 Isolate auf ihre Empfindlichkeit gegenüber 15 verschiedenen Antibiotika ausgetestet. Als voll-empfindlich erweisen sich 58 Isolate (29,1 %). Von 2014 auf 2016 ist ein ansteigender Anteil an voll-empfindlichen Isolaten, seitdem nimmt dieser Anteil aber leicht ab (Abbildung 155).

Abbildung 155: Anteile voll-empfindlicher *E. coli*-Isolate aus Caecainhalten von Masthühnern, 2014–2024



Sehr hohe Resistenzanteile werden gegenüber Fluorchinolonen gefunden (50,3 %) und hohe Anteile gegenüber Ampicillin (40,7 %), Sulfamethoxazol (33,2 %), Trimethoprim (28,6 %) und Tetracyclin (25,1 %). Gegenüber allen übrigen Substanzen liegen die Resistenzanteile <5 % oder bei 0 Prozent. 3 Isolate sind gegenüber 3.-Generations-Cephalosporinen resistent, jedoch nur eines konnte als ESBL bildendes *E. coli*-Isolat bestätigt werden. Abbildung 156 gibt die grafische Darstellung der Ergebnisse wieder, Abbildung 157 zeigt die MHK-Verteilung der Isolate.



### **Ergebnisse bei Isolaten von behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden**

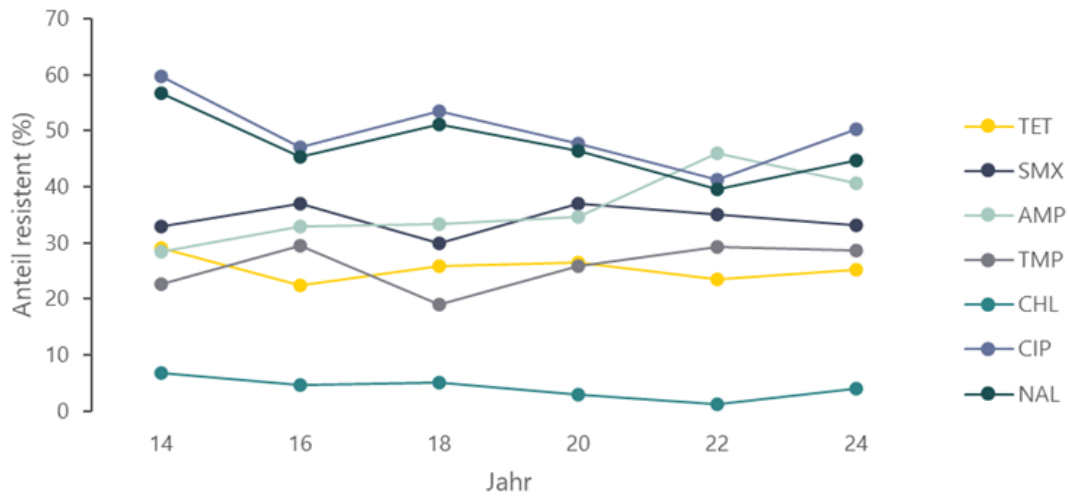
Von den 199 Masthühnerherden, aus denen Indikator *E. coli* isoliert worden waren, wurden 60 Herden (30,2 %) während der Aufzucht mit einem Antibiotikum oder mehreren Antibiotika behandelt, 139 Herden waren unbehandelt. Die Wahrscheinlichkeit, dass die aus einer unbehandelten Herde gewonnenen Isolate voll-empfindlich sind, liegt signifikant höher (OR 3,6; KI 95 % [1,6-8,7], p-Wert <0,05) als bei behandelten Herden. Umgekehrt verhält sich die Wahrscheinlichkeit, dass Isolate aus den unbehandelten Herden multiresistent sind (OR 0,2; KI 95 % [0,1-0,4], p-Wert <0,05), signifikant niedriger.

Biologisch gehalten wurden 52 Herden (26,1 %). Die Chance, dass die aus diesen Herden gewonnenen Isolate voll-empfindlich sind, ist signifikant höher (OR 4,5; KI 95 % [2,3-9,0], p-Wert <0,05), dass sie multiresistent sind, signifikant niedriger (OR 0,1; KI 95 % [0,04-0,33]; p-Wert <0,05) als bei konventionell gehaltenen Herden.

### **Zeitliche Entwicklung der Resistenzanteile**

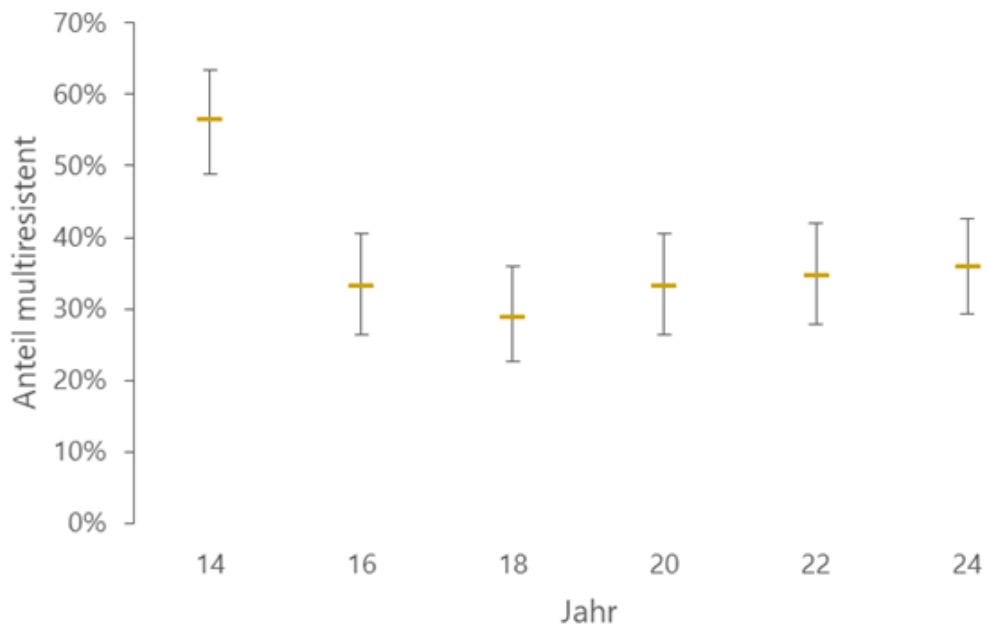
Die zeitlichen Verläufe der Resistenzanteile für die einzelnen Wirkstoffe über die letzten 10 Jahre zeigen bei den Ciprofloxacin leicht sinkende, bei Ampicillin leicht ansteigende Tendenz, jedoch von 2022 bis 2024 bei Ciprofloxacin steigende, bei Ampicillin fallende Resistenzanteile, bei den übrigen Substanzen gleichbleibende Anteile. In Abbildung 158 sind die zeitlichen Verläufe der Resistenzanteile nur für Substanzen, gegenüber denen >5 % Resistenzen vorliegen, dargestellt.

Abbildung 158: Entwicklung der Resistenzen bei kommensalen *E. coli*-Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2014–2024



71 Isolate (35,7 %) stellen sich multiresistent dar. Im Vergleich zu 2014 ist eine absteigende Tendenz an multiresistenten Isolaten zu sehen. Diese erweist sich als signifikant ( $p$ -Wert = 0,002), mit Tiefpunkt im Jahr 2018. Seitdem erhöht sich der Anteil multiresistenter Isolate leicht, aber stetig (Abbildung 159).

Abbildung 159: Anteile multiresistenter kommensaler *E. coli*-Isolate aus Caecainhalten von Masthühnern, 2014–2024



### Prävalenz von ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildenden *E. coli* in Caecainhalte von Masthühnern

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von 310 Voranreicherungen nach Ausstreichen auf MacConkey-Agar, der mit 1 mg/L Cefotaxim hergestellt wurde, beschrieben. In 51 Proben (16,5 %) sind verdächtige  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli*-Kolonien angewachsen, die zur Bestätigung sequenziert wurden. Davon konnten 34 Isolate (11,0 %) als ESBL, 15 Isolate (4,8 %) als AmpC und ein Isolat (0,3 %) als Carbapenemase (CP) bildender *E. coli* identifiziert werden konnten. Bei einem Isolat konnte keines der relevanten Resistenzgene gefunden werden.

Die gewonnenen ESBL bildenden *E. coli* tragen zum Großteil (73,5 %)  $bla_{CTX-M}$ -Gene, 20,6 % machen  $bla_{TEM52}$  und 5,9 %  $bla_{SHV12}$  Gene aus. Bei den AmpC bildenden *E. coli* sind  $bla_{CMY2}$  Gene (80 %) und dreimal (20 %) das AmpC-promoter (n.-42C>T) -Gen zu finden. Der einzige CP bildende *E. coli* trägt das  $bla_{VIM1}$ -Gen. Die detaillierte Aufstellung aller Resistenzgene zeigt Tabelle 154.

Tabelle 154:  $\beta$ -Laktamase-Resistenzgene bei den Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern und Puten sowie frischem Fleisch von Hühnern und Puten, 2024

$\beta$ -Laktamase Gen/e	Masthühner	Puten	Hühnerfleisch	Putenfleisch
<i>bla</i> <sub>CTX-M-1</sub>	18	14	13	21
<i>ampC_C-42T</i>	3	3	10	11
<i>bla</i> <sub>CMY-2</sub>	12	12	1	1
<i>bla</i> <sub>CTX-M-55</sub>	2	3	2	13
<i>bla</i> <sub>TEM-52B</sub>	7	11		1
<i>bla</i> <sub>SHV-12</sub>	2	13	1	2
<i>bla</i> <sub>CTX-M-15</sub>	3	3	2	7
<i>bla</i> <sub>CTX-M-27</sub>				5
<i>bla</i> <sub>CTX-M-14b</sub>	2	2		
<i>bla</i> <sub>CTX-M-14</sub>		1	1	
<i>bla</i> <sub>CTX-M-32</sub>				2
<i>bla</i> <sub>CTX-M-65</sub>		1		
<i>bla</i> <sub>TEM-106</sub>		1		
<i>bla</i> <sub>VIM-1</sub>	1			
<b>Gesamtzahl der Isolate</b>	<b>50</b>	<b>64</b>	<b>30</b>	<b>63</b>

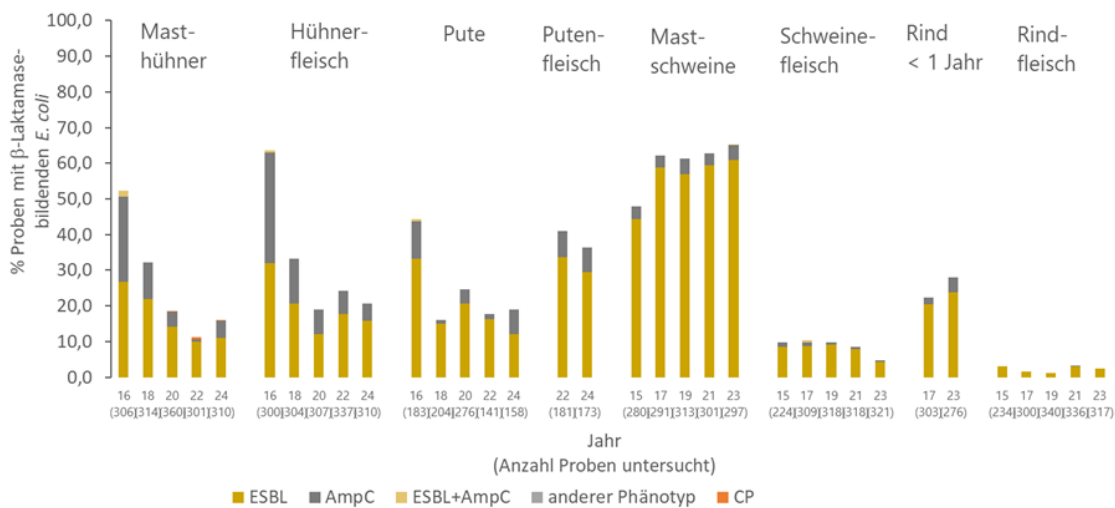
### Ergebnisse bei behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden

Von den 310 Masthühnerherden (316 gültige Proben wurden angesetzt und bebrütet, die Kulturen von 6 Proben konnten nicht ausgewertet und weiteranalysiert werden), die auf das Vorkommen  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* untersucht worden waren, wurden 105 Herden (33,9 %) mindestens einmal mit einem Antibiotikum oder mehreren Antibiotika behandelt. Die Wahrscheinlichkeit, aus Blinddarminhalten einer behandelten Herde  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* zu isolieren, unterscheidet sich nicht signifikant von einer unbehandelten Herde (OR 1,01; KI 95 % [0,5-1,9], p-Wert 0,5). Von den untersuchten Herden waren 78 (25,2 %) biologisch gehalten worden. Die Wahrscheinlichkeit, bei diesen  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* nachzuweisen, ist höher (23,1 %) als bei konventionell gehaltenen Herden (13,8 %), unterscheidet sich jedoch nicht signifikant (OR 1,9; KI 95 % [0,97-3,56], p-Wert 0,03).

### Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli*

Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* in Caecainhalten von Masthühnern hat sich seit Beginn der Überwachung im Jahr 2016 von 52,3 % bis 2022 auf 11,3 % signifikant vermindert, 2024 lag die Prävalenz wieder etwas höher. Seit 2020 sind auch Carbapenemase bildende *E. coli* bei Masthühnern nachgewiesen worden, in jeweils einer bzw. 2022 in zwei Herden. Siehe dazu auch Abbildung 160.

Abbildung 160: Prävalenzen  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* aus Caecainhalten von Masthühnern und Puten (2016, 2018, 2020, 2022, 2024), Mastschweinen (2015, 2017, 2019, 2021, 2023), Rindern <1 Jahr (2017, 2023) sowie Hühnerfleisch (2016, 2018, 2020, 2022, 2024), Putenfleisch (2022, 2024), Schweinefleisch und Rindfleisch (2015, 2017, 2019, 2021, 2023) nach selektiver Kultivierung



### Prävalenz von Carbapenemase bildenden *E. coli* in Caecainhalten von Masthühnern

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von 313 Voranreicherungen (316 Proben wurden angesetzt und bebrütet, die Kulturen von 3 Proben konnten nicht ausgewertet und weiteranalysiert werden) nach dem Ausstreichen auf spezifischen Nährmedien zum Nachweis von CP bildenden *E. coli* beschrieben. CP bildende *E. coli* sind mit dieser Methode in keiner Probe nachgewiesen worden, jedoch nach der im vorigen Kapitel beschriebenen Methode in einer Herde.

## **Mastputen am Schlachthof**

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Untersuchungen von Blinddarminhalten von Mastputen auf *C. jejuni*, *C. coli*, Indikator *E. coli* und  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* beschrieben.

### **Prävalenz von *Campylobacter* spp.**

Im Jahr 2024 wurden 159 Darminhalte auf thermotolerante *Campylobacter* untersucht, in 62 Proben (39,0 %) wurden *Campylobacter* nachgewiesen. Von diesen erwiesen sich 47 Isolate (29,6 %) als *C. jejuni* und 19 Isolate (11,9 %) als *C. coli*. Wurden *C. jejuni* und *C. coli* in einer Probe identifiziert, wurden beide Spezies ausgetestet.

### **Resistenzen bei *C. jejuni* von Mastputen**

Alle 47 Isolate wurden auf ihre Empfindlichkeit gegenüber 6 verschiedenen Antibiotika ausgetestet. Als voll-empfindlich zeigen sich 21,3 % der Isolate. Der Anteil an voll-empfindlichen Isolaten erweist sich in den letzten Jahren als sehr volatil zwischen 11 % und 36 % und deutet keine Tendenzen an.

Extrem hohe Resistenzanteile werden gegenüber Ciprofloxacin gefunden (78,7 %) und hohe Anteile gegenüber Tetracyclin (48,9 %), jedoch keine Resistenzen gegenüber Chloramphenicol, Erythromycin und Gentamicin. 5 Isolate (10,6 %) weisen gegenüber Ertapenem eine MHK >15 mg/L auf und werden daher lt. EFSA-Vorgaben mikrobiologisch resistent bewertet. Abbildung 161 gibt die grafische Darstellung der Ergebnisse wieder, Abbildung 162 zeigt die MHK-Verteilung der Isolate. Kein Isolat stellt sich multiresistent dar. Die zeitlichen Verläufe über die letzten Jahre zeigen extrem hohe Resistenzanteile gegenüber Ciprofloxacin, gegenüber Tetracyclin variieren die Anteile zwischen sehr hoch und extrem hoch (zwischen 36 % und 56 %).

Abbildung 161: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten von Mastputen, 2024

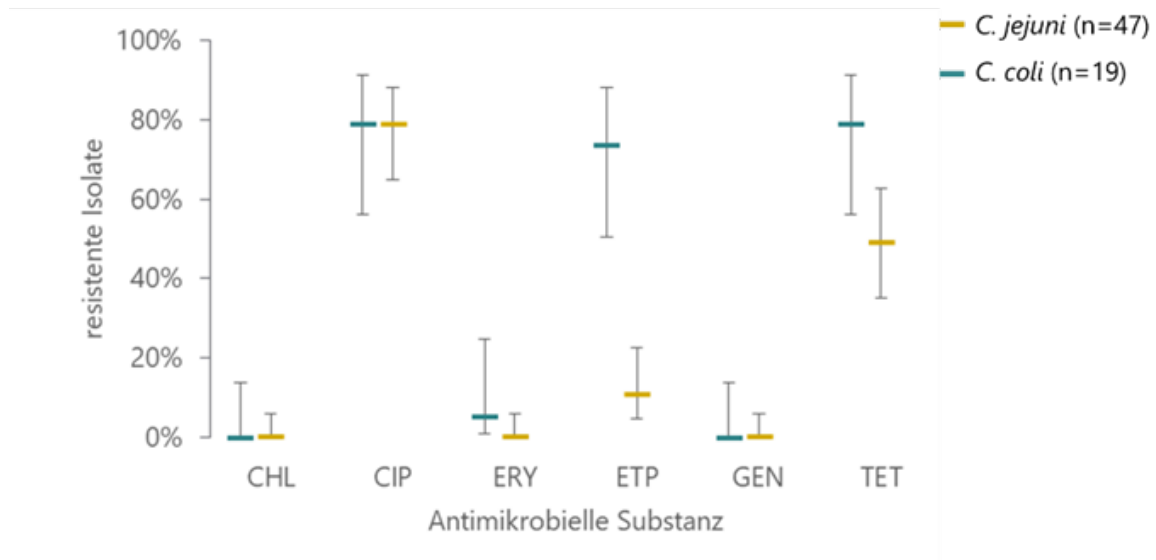


Abbildung 162: MHK-Verteilung bei *C. jejuni*-Isolaten aus Caecumgehalten von Mastputen, 2024

Untersuchte Tierart: Puten			Anzahl getesteter Isolate: 47															
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- 6.1]							31,9	61,7	2,1	4,3						
CIP	78,7	[65.0- 88.0]			19,1	2,1						46,8	27,7	4,3				
ERY	0,0	[0.0- 6.1]						80,9	17,0	2,1								
ETP	10,6	[4.7- 22.7]			40,4	34,0	14,9	4,3	4,3	2,1								
GEN	0,0	[0.0- 6.1]				91,5	8,5											
TET	48,9	[35.2- 62.8]					44,7	6,4				12,8	6,4	2,1	27,7			

### Resistenzen bei *C. coli* von Mastputen

Zur Empfindlichkeitstestung standen 19 Isolate zur Verfügung. Nur ein Isolat (5,3 %) ist voll-empfindlich.

Die Resistenzanteile gegenüber Ciprofloxacin und Tetracyclin liegen extrem hoch bei jeweils 79,0 %, ein Isolat ist resistent gegenüber Erythromycin (5,3 %).

Dabei handelt es sich um eine High-Level-Resistenz (MHK = 512 mg/L), die jedoch nicht auf das *erm(B)*-Gen zurückzuführen ist. Keine Resistenzen werden gegenüber Chloramphenicol und Gentamicin gefunden. Aussagen über die letzten Jahre können nicht gemacht werden, da erst seit 2022 entsprechend der gesetzlichen Vorgabe auch *C. coli* im Resistenzmonitoring berücksichtigt werden. Abbildung 161 gibt die grafische Darstellung der Ergebnisse wieder, Abbildung 163 zeigt die MHK-Verteilung der Isolate. Ein Isolat stellt sich als multiresistent dar.

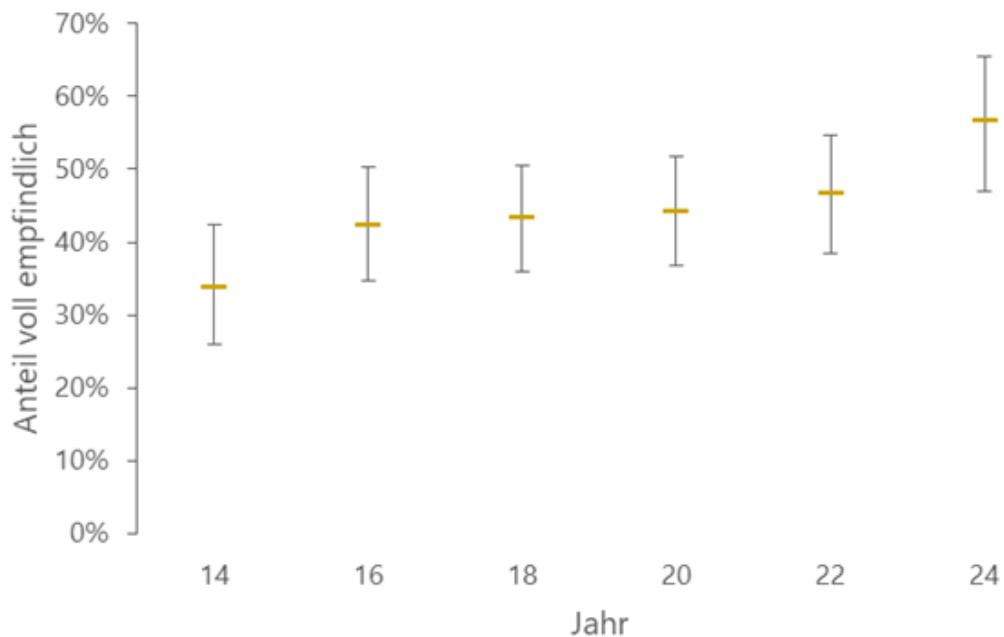
Abbildung 163: MHK-Verteilung bei *C. coli*-Isolaten aus Caecuminhalten von Mastputen, 2024

Untersuchte Tierart: Puten			Anzahl getesteter Isolate: 19															
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 - 13.9]							42,1	36,8	21,1							
CIP	78,9	[56.3 - 91.3]		10,5	10,5				5,3	15,8	21,1	26,3	10,5					
ERY	5,3	[ 1.2 - 24.9]						26,3	57,9	10,5							5,3	
ETP	73,7	[50.9 - 88.1]		5,3	15,8	5,3	31,6	26,3	15,8									
GEN	0,0	[ 0.0 - 13.9]				36,8	63,2											
TET	78,9	[56.3 - 91.3]					15,8	5,3						5,3	73,7			

### Resistenzen bei kommensalen Indikator *E. coli* von Mastputen

Im NRL AR wurden 108 Isolate auf ihre Empfindlichkeit gegenüber 15 verschiedenen Antibiotika ausgetestet. Als empfindlich gegenüber allen ausgetesteten Antibiotika erweisen sich 56,5 %, somit kann seit 2014 ein kontinuierlicher, signifikanter Anstieg an voll-empfindlichen Isolaten beobachtet werden, besonders deutlich von 2022 bis 2024 um 10 %.

Abbildung 164: Anteile voll-empfindlicher *E. coli*-Isolate aus Caecuminhalten von Mastputen, 2014–2024



Hohe Resistenzanteile liegen gegenüber Ampicillin (28,7 %) und Tetracyclin (20,4 %) vor, mäßige gegenüber Fluorchinolonen (18,5 %), Sulfonamiden (14,8 %) und Trimethoprim (11,1 %). Gegenüber allen anderen Substanzen werden Resistenzanteile <4 % gefunden. Ein Isolat ist resistent gegenüber den 3.-Generations-Cephalosporinen, dieses kann jedoch nicht als  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* bestätigt werden. Abbildung 165 gibt die grafische Darstellung der Ergebnisse wieder, Abbildung 166 zeigt die MHK-Verteilung der Isolate.



## Ergebnisse bei Isolaten von behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden

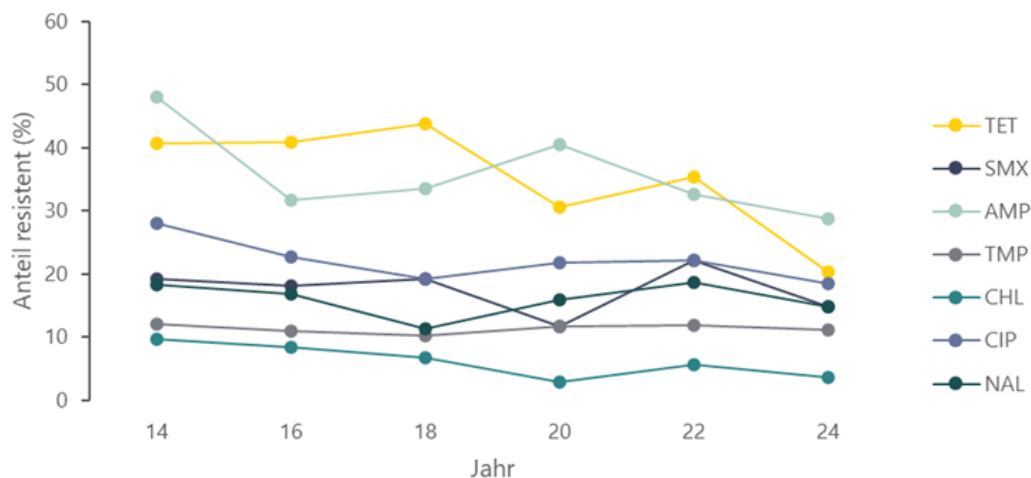
Indikator *E. coli* wurden von 108 Masthühnerherden isoliert, davon wurden 44 Herden (40,7 %) nicht mit Antibiotika behandelt. Die Wahrscheinlichkeit, dass die aus einer unbehandelten Herde gewonnenen Isolate voll-empfindlich sind, unterscheidet sich nicht signifikant von aus behandelten Herden gewonnenen Isolaten (OR 1,9; KI 95 % [0,9-4,3], p-Wert=0,06). Nahe an der Signifikanzgrenze dennoch nicht signifikant unterscheidet sich die Wahrscheinlichkeit, dass die Isolate aus den unbehandelten Herden multiresistent sind (OR 0,3; KI 95 % [0,1-1,2], p-Wert=0,05).

Biologisch gehalten wurden 15 Herden (13,9 %). Die Chance, dass die gewonnenen Isolate voll-empfindlich sind, ist signifikant höher (OR 13,5; KI 95 % [2,2-298,3], p-Wert <0,05), dass diese multiresistent sind, ist hingegen nicht signifikant niedriger (OR 0,4; KI 95 % [0,02-2,4]; p-Wert 0,2) im Vergleich zu konventionell gehaltenen Herden.

## Zeitliche Entwicklung der Resistenzanteile

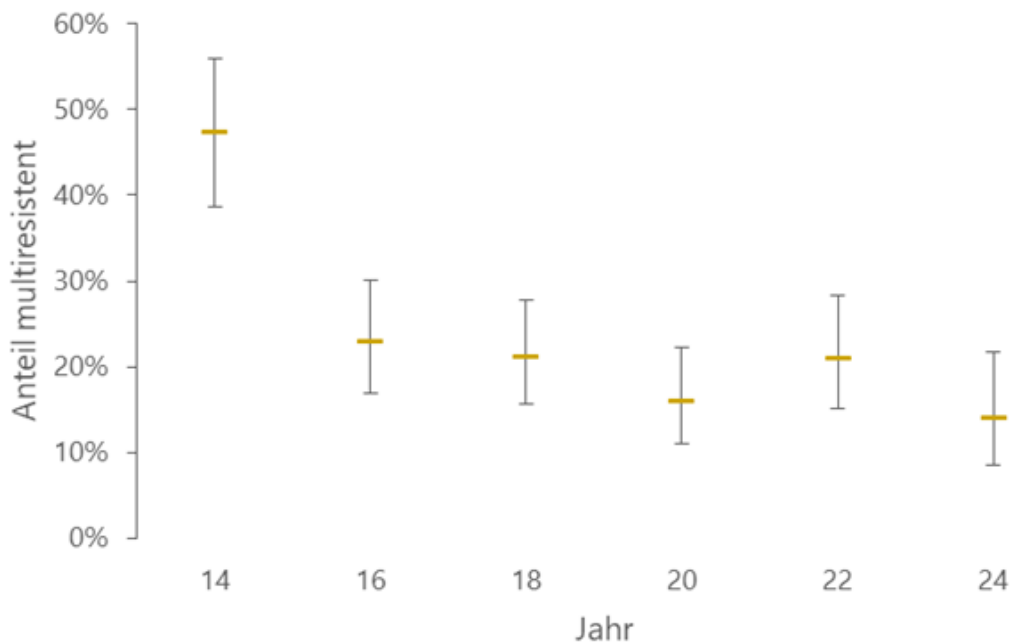
Die Entwicklung der Resistenzanteile der letzten 10 Jahre zeigt für Ampicillin und Tetracyclin signifikante Rückgänge (p-Werte=0,03 bzw. <0,001), besonders von 2022 bis 2024, bei den übrigen Substanzen ändern sich die Anteile nur gering (Abbildung 167).

Abbildung 167: Entwicklung der Resistenzen bei kommensalen *E. coli*- Isolaten aus Caecumhalten von Mastputen, 2014-2024



Der Anteil an multiresistenten Isolaten lag 2024 bei 13,9 % und somit deutlich niedriger als 2022 (20,8 %), nur längerfristig seit 2014 kann eine signifikant fallende Tendenz erkannt werden (Abbildung 168).

Abbildung 168: Anteile multiresistenter kommensaler *E. coli*-Isolate aus Caecuminhalten von Mastputen, 2014–2024



### Prävalenz von ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildenden *E. coli* in Caecuminhalten von Mastputen

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von 158 Voranreicherungen nach Ausstreichen auf MacConkey-Agar, der mit 1 mg/L Cefotaxim hergestellt wurde, beschrieben. In 30 Proben (19,0 %) sind verdächtige  $\beta$ -Laktamase produzierende *E. coli*-Kolonien angewachsen, die alle bestätigt wurden. 19 Isolate (12,0 %) konnten als ESBL, 11 (7,0 %) als AmpC bildende *E. coli* identifiziert werden.

Mit einer Ausnahme tragen alle ESBL bildenden *E. coli*-Isolate (95 %) *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene, bei einem wird ein *bla*<sub>SHV12</sub>-Gen identifiziert. Bei den AmpC bildenden *E. coli* dominiert das AmpC-promoter (n.-42C>T) -Gen (91 %), bei einem Isolat ist das *bla*<sub>CMY2</sub> -Gen zu finden. Die detaillierte Aufstellung aller Resistenzgene zeigt Tabelle 154.

### **Ergebnisse bei behandelten versus unbehandelten Herden, biologisch versus konventionell gehaltenen Herden**

Insgesamt wurden 158 Mastputenherden auf das Vorkommen von  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* untersucht, davon wurden 62 Herden (39,2 %) nicht mit Antibiotika behandelt. Die Wahrscheinlichkeit, aus Blinddarminhalten einer unbehandelten Herde  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* zu isolieren, unterscheidet sich nicht signifikant von einer behandelten Herde (OR 0,5; KI 95 % [0,2-1,2], p-Wert 0,6).

Von den untersuchten Herden waren 24 (15,2 %) biologisch gehalten,  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* wurden signifikant seltener nachgewiesen als bei konventionell gehaltenen Herden (OR 0,2; KI 95 % [0,01-0,91], p-Wert = 0,02).

### **Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli***

Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* in Caecuminhalten von Mastputen hat sich seit Beginn der Überwachung im Jahr 2016 von 44,3 % auf 17,7 % im Jahr 2022 signifikant vermindert und ist 2024 leicht auf 19,0 % angestiegen. Der Rückgang von 33,3 % auf 12,0 % (2024) ist bei dieser Geflügelpopulation auf die Verringerung der Anzahl an ESBL bildenden *E. coli* zurückzuführen.

Der Nachweis von AmpC bildenden *E. coli* hat sich von 10,4 % auf 1,4 % im Jahr 2022 reduziert, ist jedoch 2024 wieder auf 7,0 % angestiegen. Siehe dazu auch Abbildung 160.

### **Prävalenz von Carbapenemase bildenden *E. coli* in Caecumhalten von Mastputen**

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von 159 Voranreicherungen nach dem Ausstreichen auf spezifischen Nährmedien zum Nachweis von CP bildenden *E. coli* beschrieben. CP bildende *E. coli* sind in keiner Probe nachgewiesen worden. Bislang wurden diese Erreger bei Puten im Rahmen dieses Überwachungsprogrammes noch nie gefunden.

### **Hühnerfleisch im Einzelhandel**

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Untersuchungen von frischen Hühnerfleischproben auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* und MRSA beschrieben.

### **Prävalenz von ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildenden *E. coli* in frischen Fleischproben vom Huhn**

Insgesamt wurden 310 Fleischproben untersucht, in 64 Proben (20,6 %) wurden verdächtige  $\beta$ -Laktamase produzierende *E. coli* gefunden, die alle als solche bestätigt werden konnten. In 49 Proben (15,8 %) wurden ESBL, in 15 (4,8 %) AmpC bildende *E. coli* identifiziert.

Beinahe die Hälfte der ESBL bildenden *E. coli* (49,0 %) trägt *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene, 26,5 % machen *bla*<sub>SHV12</sub> und 24,5 % *bla*<sub>TEM52</sub> aus. Bei den AmpC bildenden *E. coli* sind am häufigsten *bla*<sub>CMY2</sub>-Gene (80 %) und dreimal (20 %) das AmpC-promoter (n.-42C>T) -Gen zu finden. Tabelle 154 zeigt die detaillierte Aufstellung aller Resistenzgene.

### **Ergebnisse bei Fleischproben von biologisch versus konventionell gehaltenen Tieren und aus österreichischer versus nicht-österreichischer Produktion stammend**

Nur 38 Proben wurden als solche aus biologischer Produktion (12,3 %) deklariert, zu den übrigen Fleischproben wurden keine Angaben gemacht. In 7,9 % der Fleischproben aus biologischer Produktion und 22,0 % aus nicht-deklarierte Produktion lassen sich  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* nachweisen. Damit ist die Chance, in Proben von biologisch

produziertem Hühnerfleisch diese Erreger zu finden, signifikant niedriger (OR 0,3; KI 95 % [0,07-0,93], p-Wert = 0,02).

Zu 237 Proben (76,5 %) wird als Ursprungsland Österreich angeführt, zu 69 Proben ein anderes EU-Land, zu 4 Proben fehlt eine Angabe. Die Prävalenz von  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* liegt in den Fleischproben österreichischer Herkunft bei 13,5 %, bei den Proben nicht österreichischer Herkunft bei 43,5 %. Damit ist die Chance, in einer österreichischen Hühnerfleischprobe  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* zu finden, signifikant niedriger als in außerhalb Österreichs produzierten Fleischproben (OR 0,2; KI 95 % [0,11-0,38], p-Wert <0,001).

### **Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli***

Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* in den Fleischproben von Hühnern hat sich seit Beginn der Überwachung im Jahr 2016 von 63,7 % signifikant vermindert. Im Jahr 2020 wurde der bislang niedrigste Anteil festgestellt (18,9 %), verglichen zu 24,3 % im Jahr 2022 und 20,6 % im Jahr 2024. Siehe dazu auch Abbildung 160.

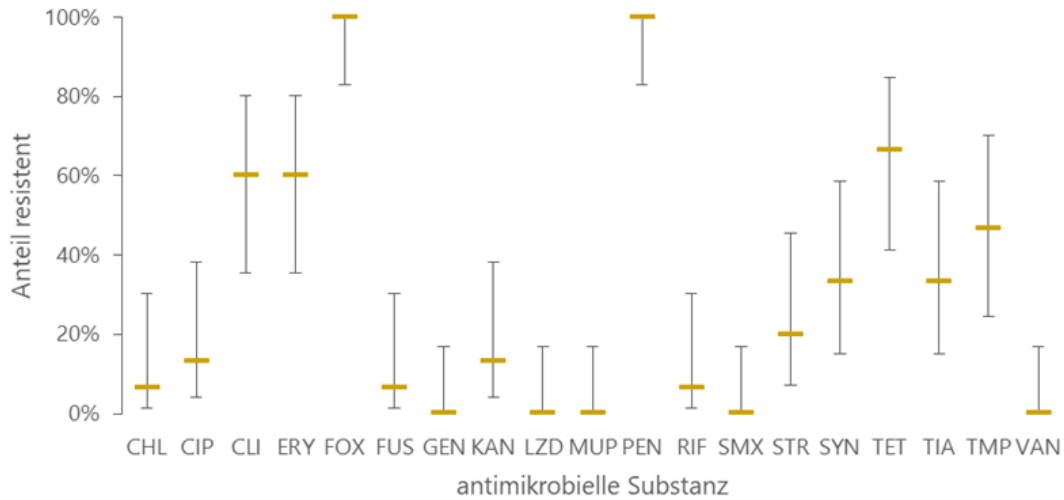
### **Prävalenz von Carbapenemase bildenden *E. coli* in frischen Fleischproben vom Huhn**

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von 325 Voranreicherungen nach dem Ausstreichen auf spezifischen Nährmedien zum Nachweis von CP bildenden *E. coli* beschrieben. CP bildende *E. coli* sind in keiner Probe nachgewiesen worden. Bislang wurden diese Erreger in Hühnerfleischproben im Rahmen dieses Überwachungsprogrammes noch nie gefunden.

### **Prävalenz von Methicillin-resistentem *Staphylococcus aureus* in frischen Fleischproben vom Huhn**

Alle 325 Fleischproben wurden auf freiwilliger Basis und aus wissenschaftlichem Interesse auf das Vorkommen von Methicillin-resistentem *Staphylococcus aureus* (MRSA) untersucht, aus 15 Proben (4,6 %) konnten diese Keime isoliert werden. Extrem hohe Resistenzraten wurden gegenüber Tetracyclin gefunden (67 %) – alle zum CC398 gehörenden Isolate und ein weiteres CC1 Isolat –, gefolgt von Clindamycin und Erythromycin (je 60 %). Weitere Details können Abbildung 169 entnommen werden.

Abbildung 169: Resistenzanteile bei MRSA aus Hühnerfleischproben, 2024



In 9 Proben (60 %) wurde der Sequenztyp (ST) 398 sowie sechs weitere Typen identifiziert (Tabelle 155).

Tabelle 155: Nachgewiesene Sequenztypen, klonale Komplexe und spa-Typen<sup>23</sup> bei den MRSA-Isolaten aus Fleischproben, 2024

Sequenztyp	klonaler Komplex (CC)	spa-Typ	Hühnerfleisch	Putenfleisch
<b>398</b>	CC398	t011	2	13
		t034	5	6
		t899	2	5
		t1255	-	1
<b>1</b>	CC1	t127	1	1
<b>22</b>	CC22	t223	1	-
<b>45</b>	CC45	t330	1	-
		t8425	-	1
<b>130</b>	unbekannt	t843	1	-
<b>149</b>	CC5	t002	1	-
<b>5972</b>	CC398	t011	-	1

<sup>23</sup> *Staphylococcus aureus* Protein A Gen Typ

Sequenztyp	klonaler Komplex (CC)	spa-Typ	Hühnerfleisch	Putenfleisch
9338	CC45	t330	1	-
Anzahl der Isolate			15	28

## Putenfleisch im Einzelhandel

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Untersuchungen von frischen Putenfleischproben auf  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* und MRSA beschrieben.

### Prävalenz von ESBL oder AmpC oder Carbapenemase bildenden *E. coli* in frischen Fleischproben von der Pute

Insgesamt wurden 173 Fleischproben untersucht, in 63 Proben (36,4 %) wurden verdächtige  $\beta$ -Laktamase produzierende *E. coli* gefunden, die alle als solche bestätigt werden konnten. Bei 51 Isolaten (29,5 %) handelt es sich um ESBL, bei 12 (6,9 %) um AmpC bildende *E. coli*.

Die Mehrzahl der ESBL bildenden *E. coli* (94,1 %) trägt die *bla*<sub>CTX-M</sub>-Gene, 2 Isolate das *bla*<sub>SHV12</sub>- und ein Isolat das *bla*<sub>TEM52</sub>-Gen. Bei den AmpC bildenden *E. coli* ist am häufigsten das AmpC-promoter (n.-42C>T) -Gen (91,7 %) und bei einem weiteren Isolat das *bla*<sub>CMY2</sub> - Gen zu finden. Die detaillierte Aufstellung aller Resistenzgene zeigt Tabelle 154.

### Ergebnisse bei Fleischproben von biologisch versus konventionell gehaltenen Tieren und aus österreichischer versus nicht-österreichischer Produktion stammend

Nur 9 untersuchte Fleischproben (5,2 %) waren als Bioprodukte ausgewiesen. Es liegt kein signifikanter Unterschied zwischen beiden untersuchten Populationen vor,  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* zu finden (OR 0,9; KI 95 % [0,17-3,61], p-Wert = 0,4).

Zu 104 Proben (60,1 %) wurde das Ursprungsland Österreich angeführt, zu 63 Proben ein anderes Herkunftsland, zu 6 Proben keine Angabe. In 28,9 % der untersuchten Putenfleischproben aus Österreich werden  $\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* nachgewiesen und in 49,2 % der nicht-österreichischen Fleischproben. Die Chance, in einer österreichischen Putenfleischprobe  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* zu finden, ist damit signifikant niedriger als in einer außerhalb Österreichs produzierten Fleischprobe (OR 0,4; KI 95 % [0,22-0,81], p-Wert = 0,005).

### **Zeitliche Entwicklung der Prävalenz $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli***

Die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* in den Fleischproben von Puten wurde bisher erst 2022 und 2024 bestimmt. Diese liegt sehr hoch, hat sich aber leicht von 40,9 % auf 36,4 % vermindert. Das Verhältnis von ESBL zu AmpC bildenden *E. coli* ist in den beiden Jahren etwa gleichgeblieben. Siehe dazu auch Abbildung 160.

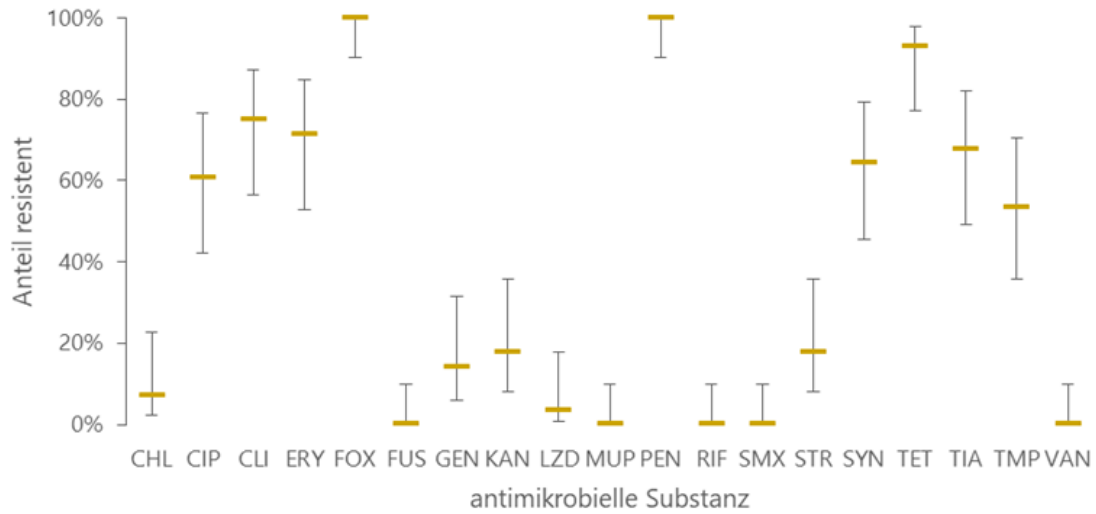
### **Prävalenz von Carbapenemase bildenden *E. coli* in frischen Fleischproben von der Pute**

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse von 173 Voranreicherungen nach dem Ausstreichen auf spezifischen Nährmedien zum Nachweis von CP bildenden *E. coli* beschrieben. CP bildende *E. coli* sind in keiner Probe nachgewiesen worden. Bislang wurden diese Erreger in Putenfleischproben im Rahmen dieses Überwachungsprogrammes noch nie gefunden.

### **Prävalenz von Methicillin-resistentem *Staphylococcus aureus* in frischen Fleischproben von der Pute**

Alle 173 Fleischproben wurden auf das Vorkommen von MRSA untersucht, aus 28 Proben (16,2 %) konnten diese Keime isoliert werden. Extrem hohe Resistenzraten liegen gegenüber Tetracyclin (93 %) – alle CC398-Isolate –, Clindamycin (75 %), Erythromycin (je 71 %), Tiamulin (68%), Synerzid (64 %), Ciprofloxacin (61 %) und Trimethoprim (54 %) vor. Weitere Details können der Abbildung 170 entnommen werden.

Abbildung 170: Resistenzanteile bei MRSA aus Putenfleischproben, 2024



Die Isolate aus den Putenfleischproben gehören hauptsächlich zum CC398 (93 %) sowie 2 weiteren CC-Typen (Tabelle 155).

## Diskussion

Die Gesunderhaltung unserer Nutztierpopulationen ist ein vorrangiges Ziel, um den notwendigen Einsatz antimikrobieller Wirkstoffe so weit wie möglich zu vermeiden. Jeder Einsatz von Antibiotika birgt das Risiko der Ausbildung von Resistenzen gegenüber den eingesetzten Substanzen, die Entstehung von Co-Resistenzen sowie Veränderungen in der Zusammensetzung des Mikrobioms bei Mensch und Tier.

Es gibt immer mehr Hinweise, dass der Einsatz antimikrobieller Mittel in der konventionellen Tierhaltung zur Entstehung und Ausbreitung von Antibiotika-Resistenzen in Bakterienpopulationen beiträgt und somit eine erhebliche Gefahr für die Gesundheit von Mensch und Tier darstellt [13].

Die Reduktion antimikrobieller Resistenzen und von Resistenzgenen bei lebensmittelliefernden Tieren ist ein weltweit bedeutendes strategisches Ziel, um der Verbreitung antibiotikaresistenter Erreger und der damit verbundenen Exposition des Menschen vorzubeugen. Zur Identifikation potentieller Reservoirs antibiotikaresistenter Erreger mit möglicher Relevanz für die öffentliche Gesundheit und zur Beobachtung ihrer Entwicklung wurde mit dem Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 ein einheitliches Vorgehen festgelegt, das in jährlichen Programmen von allen Mitgliedstaaten umgesetzt wird [6].

Im Jahr 2024 mussten Isolate ausgewählter Bakteriengattungen aus Geflügel und Geflügelfleisch gewonnen und auf ihre Empfindlichkeit gegenüber einer festgelegten Auswahl antimikrobieller Substanzen getestet werden. Neben der Untersuchung kommensaler intestinaler *E. coli*, die als Indikatoren für das Vorkommen von Resistenzfaktoren in der Bakterienflora eine zentrale Rolle in der Überwachung lebensmittelliefernder Tiere spielen, müssen beim Geflügel auch verpflichtend *C. jejuni*, *C. coli* und Salmonellen ausgetestet werden. Auf freiwilliger Basis wurden die Geflügelfleischproben zusätzlich auf das Vorkommen von MRSA untersucht und diese Isolate im Hinblick auf ihr Resistenzverhalten analysiert.

### ***C. jejuni* und *C. coli***

*Campylobacter jejuni/coli* haben ein breites Wirtsspektrum und können den Gastrointestinaltrakt der meisten Nutztiere sowie anderer Tiere besiedeln, meist ohne klinische Symptome auszulösen [14]. Infizierte Nutztierbestände, in erster Linie Geflügelbetriebe, stellen ein Erregerreservoir, Hühnerschlachtkörper und Rohmilch(-produkte) die bedeutendsten Infektionsvehikel für lebensmittelbedingte Infektionen beim Menschen dar [15,16]. In Österreich war die Campylobacteriose im Jahr 2024 mit 6.853 gemeldeten Erkrankungsfällen beim Menschen (EMS, Stand 3.02.2025) die häufigste gemeldete bakterielle Durchfallerkrankung; Salmonellosen fanden sich an zweiter Stelle mit 1.416 gemeldeten Fällen [17].

## **Masthühner**

Bei den untersuchten *C. jejuni*-Isolaten aus heimischen Masthühnern wurden keine Resistenzen gegenüber Chloramphenicol, Erythromycin und Gentamicin festgestellt. Österreich liegt damit im EU-Trend, da nur wenige oder keine Mitgliedstaaten (MS) Resistenzen gegenüber diesen Wirkstoffen melden. Auffällig ist jedoch, dass die österreichischen Isolate mit einem Resistenzanteil von 72,0 % gegenüber Ciprofloxacin etwas über dem EU-Durchschnitt liegen, wobei 18 MS sogar noch höhere Anteile berichten – bis zu maximal 97 % –, während die übrigen Staaten niedrigere Resistenzraten aufweisen, insbesondere skandinavische Länder, deutlich niedrigere (teils unter bzw. deutlich unter 30 %). Bezüglich Tetracyclin wird in Österreich eine etwas niedrigere Resistenzrate als im EU-Durchschnitt beobachtet. Auch hier zeigt sich, dass der Großteil der EU-Mitgliedstaaten höhere Resistenzanteile meldet – mit Spitzenwerten von über 80 %. In den skandinavischen Staaten hingegen sind die Resistenzraten vergleichsweise mäßig bis gering [18].

Bei den österreichischen *C. coli*-Isolaten zeigt sich im Vergleich zu *C. jejuni*, dass die Resistenzanteile gegenüber Ciprofloxacin leicht erhöht sind, während jene gegenüber Tetracyclin um etwa ein Viertel höher ausfallen. Ein ähnliches Muster lässt sich auch auf EU-Ebene beobachten. Allerdings gibt es einzelne Mitgliedstaaten, die für *C. coli* entweder gegenüber einem der beiden Antibiotika Ciprofloxacin oder Tetracyclin oder vereinzelt sogar gegenüber beiden nur geringe bis sehr geringe Resistenzraten melden. [18].

## **Mastputen**

Bei den *C. jejuni*-Isolaten sind in Österreich etwas höhere Resistenzanteile gegenüber Ciprofloxacin zu finden als EU-weit (10 MS berichten Daten, da nur MS mit einer jährlichen nationalen Produktion von >10.000 Tonnen Putenfleisch diese Tierart ins Resistenzmonitoring einbeziehen müssen), jedoch deutlich niedrigere Anteile gegenüber Tetracyclin. Bei den österreichischen *C. coli*-Isolaten fällt im Vergleich zu *C. jejuni* auf, dass die Resistenzanteile gegenüber Ciprofloxacin sehr ähnlich liegen und nur gegenüber Tetracyclin höher (>50 %) ausgebildet sind (Abbildung 161). Ähnliche Verhältnisse stellen sich auch EU-weit dar [18].

## **Kommensale Indikator *E. coli***

Das Monitoring antimikrobieller Resistenzen bei kommensalen *E. coli* aus gesunden, lebensmittelliefernden Tieren ist sowohl für die öffentliche Gesundheit als auch für die Tiergesundheit von großer Bedeutung. Es liefert wichtige Informationen über potenzielle Reservoirs resistenter Bakterien, die möglicherweise innerhalb von Tierpopulationen oder zwischen Tier und Mensch übertragen werden können. Darüber hinaus erlaubt es Rückschlüsse, wo mögliche Reservoirs von Resistenzgenen liegen, die auf pathogene Bakterien mit Relevanz für Mensch oder Tier übertragen werden können.

### **Masthühner**

Die Anteile an voll-empfindlichen und multiresistenten Isolaten haben sich in den letzten Jahren nur wenig verändert, auch was die Resistenzanteile gegenüber den ausgetesteten Wirkstoffen betrifft. Im Jahr 2024 liegen die Resistenzanteile der österreichischen *E. coli*-Isolate gegenüber allen Antibiotika unter dem EU-Schnitt, nur gegenüber Trimethoprim gleichauf, der Anteil an voll-empfindlichen Isolaten von österreichischen Masthühnern erweist sich über dem EU-Schnitt, der Anteil an multiresistenten Isolaten darunter. Damit kann Österreich betreffend die Masthühnerproduktion eine günstige und stabile Situation attestiert werden. Es gibt aber auch MS, die besonders hohe Anteile an voll-empfindlichen Isolaten von weit über 50 % berichten, im Gegensatz dazu welche mit Anteilen unter 5 %. Es werden innerhalb der EU erhebliche Spannen zwischen den niedrigsten und den höchsten gemessenen Anteilen an voll-empfindlichen Isolaten, an multiresistenten Isolaten und auch gegenüber manchen Antibiotika gefunden [18].

### **Mastputen**

Bei den Indikator *E. coli* von heimischen Mastputen können in den letzten Jahren deutliche Verbesserungen bei den Resistenzanteilen besonders gegenüber den Antibiotika Ampicillin und Tetracyclin verzeichnet werden, auch was den Anstieg an voll-empfindlichen Isolaten auf 56,5 % oder den niedrigen Anteil an multiresistenten Isolaten (13,9 %) betrifft. Im Vergleich mit dem EU-Schnitt (12 MS) liegen die Anteile bei den Isolaten aus österreichischen Mastputen deutlich besser und bestätigen die positiven Entwicklungen der letzten Jahre [18].

### **Gesamte Betrachtung von Indikator *E. coli***

El Nagar et al. (2025) beschreiben als primären Indikator den Anteil von nicht-voll-empfindlichen *E. coli*-Isolaten von allen getesteten Tierarten (Masthühnern, Mastputen und Mastschweinen) aus jeweils zwei Jahren (2014/2015; 2016/2017, 2018/2019; 2020/2021) in Bezug auf alle getesteten Antibiotikaklassen sowie als zweiten Indikator den Anteil an multiresistenten Isolaten, ebenfalls von allen getesteten Tierarten aus jeweils zwei Jahren. Die Autoren können nachweisen, dass im Vereinigten Königreich der primäre Indikator kontinuierlich von 86 % auf 61 % gesunken ist, ebenso der sekundäre Indikator von 56 % auf 31 %, die beide eine signifikante Assoziation mit der Reduktion der Abgabe von Antibiotika im gleichen Zeitraum von 59,27 mg/PCU (population correction unit) (2014) auf 29,14 mg/PCU (2021) aufweisen [19]. In Österreich sanken im gleichen Zeitraum die beiden gleich angewendeten Indikatoren (ebenfalls von Masthühnern, Mastputen und Mastschweinen) – zwar von niedrigerem Anteilswert ausgehend – nur gering, der primäre Indikator von 66,2 % auf 61,6 %, der sekundäre Indikator von 29,3 % auf 21,7 % und die Verkäufe von Antibiotika für Nutztiere sanken von 53,5 mg/PCU auf 43,8 mg/PCU [20]. Die signifikanten Assoziationen der beiden Indikatoren mit der Antibiotikaabgabe im Vereinigten Königreich im Zeitraum 2014 bis 2021 scheinen auf die Halbierung der Abgabemenge je PCU zurückzuführen zu sein, in Österreich war der Rückgang der Vertriebsmenge weniger deutlich, aber auch ausgehend von einem etwas günstigeren Wert. Somit konnte auch keine signifikante Assoziation mit den beiden Indikatoren gefunden werden, obwohl für den zweiten Indikator der p-Wert bei 0.051 liegt, also grenzwertig und sehr nahe der Signifikanzgrenze kommt.

Berücksichtigt man auch die Untersuchungsperiode 2022/2023, so verminderte sich in Österreich der primäre Indikator weiter auf 55,9 %, der sekundäre Indikator stieg auf 24,3 % und der Verkauf von Antibiotika sank weiter auf 36,1 mg/PCU [21]. Somit kann auch bis 2023 kein signifikanter Zusammenhang zwischen der Resistenzentwicklung und dem Antibiotikaeinsatz gefunden werden.

Kommensale *E. coli* werden bei gesunden Menschen nicht untersucht wie bei den Nutztieren, was direkte Analysen von Zusammenhängen zwischen dem Einsatz von Antibiotika bei Nutztieren und den Trends nicht voll-empfindlicher *E. coli*-Isolate beim Menschen erschwert. Darüber hinaus verwenden Menschen auch selbst Antibiotika, unternehmen Reisen ins Ausland und sind weiteren Faktoren ausgesetzt, die die Antibiotika-Resistenzen beeinflussen können [19]. Die direkten Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit in der EU wurden im Rahmen des JIACRA IV-Reports beleuchtet. Zusammenhänge zwischen dem Antibiotikaverbrauch bei lebensmittelproduzierenden

Tieren und dem Auftreten von nicht Wild-Typ-*E. coli* aus klinischen Proben von Menschen wurden zum Beispiel für 3.- und 4. Generations-Cephalosporinen in den Jahren 2019, 2020 und 2021 festgestellt. Bemerkenswerterweise sind die unteren und die oberen Schätzzgrenzen für den Einfluss des Antibiotikaeinsatzes bei den Nutztieren auf die Resistenzentwicklung beim Menschen nicht geringer als jene für den Antibiotikaeinsatz beim Menschen selbst. Selbst im unteren Bereich der Schätzung wird erwartet, dass ein Anstieg des Antibiotikaeinsatzes bei Tieren um lediglich 10 % zu einem Anstieg der Resistenzhäufigkeit bei Tieren um etwa 2 % und beim Menschen um rund 0,3 % führen würde [22,23]. Vergleichbare Ergebnisse berichten Ardakani et al., nämlich dass ein Anstieg des Antibiotikaeinsatzes bei Nutztieren um 1 % zu einem Anstieg der Antibiotikaresistenz beim Menschen um 0,04 % führen würde. Zudem zeigen sie den positiven Zusammenhang zwischen dem Antibiotikaeinsatz beim Menschen und der Resistenzentwicklung, die sich etwa in gleicher Dimension auswirkt wie der Einsatz beim Tier auf dessen Resistenzentwicklung: Ein um 1 % höherer Antibiotikaeinsatz beim Menschen geht mit einem Anstieg der Antibiotikaresistenz beim Menschen um 0,19 % einher [24]. In einer kanadischen Studie wurde der Einsatz von Ceftiofur bei Hühnern mit resistenten Infektionen beim Menschen in Verbindung gebracht, was so interpretiert wurde, dass eine Übertragung durch den Umgang mit rohem Fleisch stattgefunden haben könnte [25].

Die WHO hat Antibiotika der Klassen (Fluor-)Chinolone, Makrolide, Ketolide, 3.-Generations-Cephalosporine und höher, Polymyxin-Antibiotika und Glycopeptide (die in der EU nicht in der Veterinärmedizin zugelassen sind) als sog. Highest Priority Critically Important Antimicrobials (HPCIA) klassifiziert [26]. Das bedeutet, dass Antibiotika dieser Klassen von höchster Priorität für den Einsatz beim Menschen sind. Die Anteile an Indikator *E. coli* von Masthühnern und Puten, die gegenüber allen untersuchten HPCIA nicht empfindlich sind, sind von 2014 bis 2024 von 61 % auf 51 % bzw. von 29 % auf 19 % gefallen. Der hohe Resistenzanteil bei den Masthühnern ist hauptsächlich auf den hohen Anteil an Resistenzen gegenüber den (Fluor-)Chinolonen zurückzuführen. Wie der Abbildung 156 und der Abbildung 165 zu entnehmen ist, liegen die Resistenzen bei den Indikator *E. coli* beider untersuchter Geflügelspezies gegenüber den übrigen HPCIA (ohne (Fluor-)Chinolonen) im sehr niedrigen Bereich oder sind nicht nachweisbar.

### **ESBL, AmpC oder Carbapenemase bildende *E. coli***

Enterobakterien können über verschiedene Mechanismen Resistenzen gegenüber Cephalosporinen mit erweitertem Spektrum ausbilden, am häufigsten durch die

Produktion von  $\beta$ -Laktamasen. ESBL und AmpC- $\beta$ -Laktamasen sind Enzyme, die  $\beta$ -Laktam-Antibiotika mit erweitertem Spektrum hydrolysieren. Bakterien, die diese ESBL und AmpC- $\beta$ -Laktamasen bilden, sind meistens gegenüber vielen oder allen 3.-Generations-Cephalosporinen resistent [27]. Das Vorkommen von ESBLs und erworbenen AmpC- $\beta$ -Laktamasen ebenso wie von Carbapenemasen bei gramnegativen Bakterien wird als Problem für die öffentliche Gesundheit betrachtet. Daher sieht der Dfb (EU) 2020/1729 das Monitoring von ESBL, AmpC- $\beta$ -Laktamase und CP bildenden Enterobakterien bei bestimmten lebensmittelliefernden Tieren und Fleisch davon verpflichtend vor [6,28]. Obwohl im neuesten JIACRA-Bericht (JIACRA IV) kein statistisch signifikanter Zusammenhang zwischen der Resistenz gegenüber 3. Generations-Cephalosporinen bei Indikator *E. coli* aus Tieren und invasiven *E. coli* aus dem Menschen festgestellt wurde, darf die Komplexität der Epidemiologie dieser Bakterien nicht unterschätzt werden [22]. Einige phylogenetische Studien haben gezeigt, dass die Übertragung von ABR nicht in jedem Fall zwischen Nutztieren und Menschen stattfindet [29]. Andere Studien zeigen jedoch Hinweise auf Zusammenhänge zwischen ABR bei verschiedenen Tierarten und beim Menschen auf. So berichtet beispielsweise eine Studie, die Proben aus einem Zeitraum von 36 Jahren in Australien untersuchte, verwandte genomische Cluster bei *E. coli* aus Lebensmitteln, Tieren, Menschen und der Umwelt [30]. Es ist davon auszugehen, dass die Verbreitung von resistenten Keimen bei Nutztieren und in der Umwelt Auswirkungen auf die Resistenzsituation im menschlichen Mikrobiom hat.

### **Masthühner und Hühnerfleisch**

Seitdem Darminhalte von Masthühnern und frischen Hühnerfleischproben auf das Vorkommen  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* im Rahmen des ABR-Monitorings untersucht werden, hat sich deren Nachweis von 52 % bzw. 64 % im Jahr 2016 auf 16 % bzw. 21 % im Jahr 2024 signifikant verringert. Der Rückgang ist besonders auf die Abnahme der Anzahl an AmpC bildenden *E. coli* zurückzuführen (Abbildung 160).

Im Jahr 2016 machte deren Anteil bei Caecumproben 23,9 % der untersuchten Proben aus (ESBL bildende *E. coli* 26,8 %, ESBL+AmpC bildende *E. coli* 1,6 %) bzw. 30,0 % aller untersuchten Fleischproben aus (ESBL bildende *E. coli* 32,0 %, ESBL+AmpC bildende *E. coli* 0,7 %). 2022 lag er unter 1 % bei Caecumproben (ESBL bildende *E. coli* 10,0 %), 2024 stieg er auf 4,8 % wieder etwas an (ESBL-bildende *E. coli* 11,0 %) bzw. lag in den Fleischproben bei 4,8 % (ESBL-bildende *E. coli* 15,8 %).

$\beta$ -Laktamase bildende *E. coli* wurden in Hühnerfleischproben mit Ursprungsland Österreich in den letzten Jahren signifikant weniger häufig nachgewiesen als in Proben aus nicht-österreichischer Herkunft, wodurch die Gesamtprävalenz dieser Keime in den Fleischproben aus dem Einzelhandel höher ausfällt als bei den Proben von Darminhalten von heimischen Masthühnern. Die Ergebnisse zeigen, dass die Prävalenz von  $\beta$ -Laktamase-bildenden *E. coli* in national produziertem Hühnerfleisch (13,5 %) vergleichbare Anteile aufweist wie die Herden von Masthühnern (15,8 %). Überdies setzen sich die  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* isoliert aus national produzierten Hühnerfleischproben aus deutlich weniger AmpC bildenden *E. coli* (1,3 %) zusammen als die nicht-national hergestellten Fleischproben (15,9 %).

Die Ergebnisse bei der untersuchten Kohorte der Hühnerherden zeigen, dass sich der Nachweis von  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* in biologisch versus konventionell gehaltenen Herden nicht signifikant unterscheidet, auch nicht zwischen Herden, die mit Antibiotika behandelt wurden, und Herden, die unbehandelt waren.

Der Vergleich der Prävalenzen von ESBL und/oder AmpC bildenden *E. coli* bei Masthühnerherden in Österreich ergibt eine deutlich bessere Situation verglichen mit jener im EU-Schnitt [18]. Es bleibt aber ein Wermutstropfen, dass es sich bei der einzigen Herde in der EU, in der mittels der ESBL-Methode im Jahr 2024 CP bildende *E. coli* nachgewiesen wurden, um eine österreichische Herde handelt. Sporadische Funde in anderen Mitgliedstaaten deuten darauf hin, dass die Erreger bisher nicht dazu neigen, Bestände permanent zu kolonisieren [31]. In Österreich wurden jedoch im Rahmen des Resistenzmonitorings im Jahr 2020, 2022 und 2024 CP bildende *E. coli* aus Masthühnerherden isoliert, die von demselben Betrieb stammten. Die Isolate wiesen zwar keine identischen Sequenztypen auf, enthielten aber das bla<sub>VIM-1</sub>-Gen. Aufgrund des deutlich häufigeren Vorkommens von CP bildenden *E. coli* und des VIM-1-Gens in der Humanmedizin besteht die Möglichkeit, dass es sich um einen Eintrag durch Menschen handelt, die Träger dieser Bakterien waren. Ein Trägertum mit diesen Keimen konnte jedoch bei den Tierhaltern der betroffenen Herden nicht festgestellt werden. Dierikx et al.

(2013) wiesen darauf hin, dass ESBL/AmpC bildende Keime auch noch nach intensiver Reinigung und Desinfektion in einzelnen Hühnerstallungen nachweisbar waren und damit nachfolgend eingestellte Herden mit resistenten Keimen aus vorherigen Produktionsrunden kontaminiert werden können [32]. Laube et al. (2014) vermuten, dass die Übertragung von resistenten Keimen über die Luft auch eine Rolle spielt, weil sie ESBL bildende *E. coli* noch in 50 Metern Entfernung von Hühnerstallungen mittels Stiefeltupfern und in Luftproben nachweisen konnten [33].

Nach selektiver Anreicherung auf spezifischem CP-Chromagar konnten diese CP bildenden *E. coli*, die nur auf der selektiven Anreicherung auf MacConkey-Agar mit 1 mg/L Cefotaxim gewonnen wurden, nicht isoliert werden. Dies deckt sich mit Erfahrungen anderer Untersuchungen, die darauf hindeuten, dass CP bildende *E. coli* mit nur geringfügig reduzierter Empfindlichkeit mit dem spezifischen Medium übersehen werden können [34].

### **Mastputen und Putenfleisch**

Bei Mastputen kann seit 2016 eine signifikante Verringerung der  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* gefunden werden, wobei die Anteile in den letzten Jahren um 20 % fluktuieren. Der Anteil an AmpC -bildenden *E. coli* hat viel stärker abgenommen als der von ESBL bildenden *E. coli*. Putenfleisch im Einzelhandel wurde bisher erst 2022 und 2024 untersucht, die Anteile lagen bei 41 % und 36 %. Ähnlich wie bei Hühnerfleisch werden in Putenfleisch aus nationaler Produktion signifikant weniger  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* gefunden als in den Fleischproben aus nicht-österreichischer Herkunft, im Jahr 2022 lagen die Anteile bei 29 % und 63 %, 2024 bei 29 % und 51 %.

Der Vergleich der Prävalenzen von ESBL und/oder AmpC bildenden *E. coli* bei Mastputenherden in Österreich ergibt eine deutlich bessere Situation verglichen mit jenen im EU-Schnitt (EU 11).

### **Allgemeine Betrachtung $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli***

Im Vergleich zu Geflügelfleisch war die Prävalenz  $\beta$ -Laktamase bildender *E. coli* in Rindfleischproben und Schweinefleischproben deutlich niedriger, auch wenn diese in Österreich besonders in Caecumproben von Mastschweinen sehr hoch ist (Abbildung 160). Das deutet darauf hin, dass Geflügelfleisch entlang der Lebensmittelkette leichter kontaminiert werden könnte als Rind- und Schweinefleisch [35]. Eine Kreuzkontamination

durch kontaminierte Bestände und die Umgebung im Schlachthof hat einen großen Einfluss auf die Prävalenz von ESBL/AmpC produzierenden Enterobacteriales bei Masthühnern [33].

Die in Österreich beobachteten signifikanten Rückgänge bei  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* sowohl bei Masthühnern als auch bei Mastputen spiegeln sich in ähnlicher Form EU-weit wider. In Österreich hat sich zwischen 2016 und 2024 der Anteil an verdächtigen  $\beta$ -Laktamase bildenden *E. coli* bei Masthühnern von 63 % auf 32 % nahezu halbiert. Bei Mastputen sank dieser Anteil von 52 % auf 30 %, bei Hühnerfleisch von 50 % auf 21 %. Diese Rückgänge sind insbesondere auf die deutlich abnehmenden Anteile an AmpC bildenden *E. coli* zurückzuführen: Bei Masthühnern wurde ein Rückgang um 75 % verzeichnet, bei Puten um 65 % und bei Hühnerfleisch um 70 %.

Im Jahr 2010 wurde in Schweden das Resistengen *bla*<sub>CMY-2</sub>, das für die Bildung von AmpC- $\beta$ -Laktamasen kodiert, in importierten Mast-Großelterntieren nachgewiesen. Diese stammten sowohl aus Großbritannien und Irland als auch aus importierten Bruteiern aus den USA [36]. Auch in den Niederlanden, die dieselben Hybridlinien einsetzen, konnte in Studien die Verbreitung dieses plasmidvermittelten AmpC-Gens innerhalb global vernetzter Produktionssysteme bestätigt werden. Das Gen stammt ursprünglich von *Citrobacter freundii* und hat sich weltweit in verschiedenen gramnegativen Bakterien verbreitet [32]. Laube et al. (2013) dokumentierten ein hohes Vorkommen von ESBL/AmpC produzierenden *E. coli* in deutschen Masthühnern, bereits bei Eintagskücken und bei der ersten Probenahme aus der Tierumgebung. Dies deutet auf eine frühe Kontamination der Betriebe mit diesen resistenten Mikroorganismen hin [37]. Die Spitze der Masthühnerproduktions-Pyramide wird von wenigen international tätigen Zuchtunternehmen dominiert, die Großeltern- und Elterntiere weltweit vertreiben. Dieses zentralisierte System ist besonders anfällig: Wenn eine Krankheit oder resistente Bakterien – wie in diesem Fall AmpC bildende *E. coli* – in die Produktionskette gelangen, besteht die Gefahr einer raschen globalen Verbreitung über die Lebensmittelkette. Die vorliegenden Studien legen nahe, dass insbesondere AmpC bildende *E. coli* entlang dieser Produktionspyramide verbreitet wurden. Die daraus gewonnenen Erkenntnisse scheinen zu Maßnahmen an der Spitze der Produktionskette geführt zu haben, die wiederum zur europaweit beobachteten Reduktion der Besiedlung von Masthühnerherden mit AmpC-positiven *E. coli* beigetragen haben.

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: 5 %, 3 % und 1 % bei Hühnerfleisch (2024, 2020 und 2018), 16 % bei Putenfleisch sowie bei Schweine- und Rindfleisch (2019, 2021 und 2023: zwischen 16 % und 21 % bzw. zwischen 3 % und 5 %) [38]. Diese Daten zeigen, dass deren Nachweise in Österreich in den letzten Jahren stabil geblieben ist. Der Anteil von ca. 20 % MRSA-positiven Schweinefleischproben lässt auf eine viel höhere Kolonisationsrate bei Mastschweinen schließen. Vergleicht man den Anteil an  $\beta$ -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, wo mit Prävalenzen bei Mastschweinen von bis 99 % berichtet werden [39].

Der Großteil der nachgewiesenen MRSA-Typen macht bei den Fleischproben aller Tierarten CC398 aus und kann somit als LA-MRSA eingestuft werden. 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 Verstehen der Epidemiologie von LA-MRSA [40,41,42].

## **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 2024 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 der Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen fortgeführt und z.T. intensiviert werden müssen.

## Danksagung

Wir möchten allen Tierärzt:innen in Schlachthöfen und Mitarbeiter:innen in den Laboratorien danken, die mit großem Einsatz dafür sorgen, dass die Überwachungsprogramme jedes Jahr erfolgreich durchgeführt werden und so die Erhebung dieser Daten ermöglichen.

## 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](http://www.who.int)

[4] 02003L0099-20130701 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

[5] EFSA (European Food Safety Authority), Amore G, Beloeil P-A, Garcia Fierro R, Guerra B, Papanikolaou A, Rizzi V and Stoicescu A-V. Manual for reporting 2022 antimicrobial resistance data within the framework of Directive 2003/99/EC and Decision 2020/1729/EU. EFSA supporting publication (2023) EN-7826. 31 pp.

[6] 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.

[7] Much P und Sun H (2017) Bericht über die Antibiotikaresistenz-Überwachung gemäß Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU in Österreich, 2016. Daten aus dem Veterinärbereich. In Bundesministerium für Gesundheit und Frauen (BMGF) (Hg.) Resistenzbericht Österreich AURES 2016. Antibiotikaresistenz und Verbrauch antimikrobieller Substanzen in Österreich. 1030 Wien. ISBN 978-3-903099-29-6. Auflage: November 2017: S. 250–346.

[8] Much P und Sun H (2020) Vorkommen von antimikrobiellen Resistenzen bei Bakterien lebensmittelliefernder Tiere und frischen Fleisch in Österreich, 2018. In Bundesministerium für Soziales, Gesundheit Pflege und Konsumentenschutz (Hg.) Resistenzbericht Österreich AURES 2018. Antibiotikaresistenz und Verbrauch antimikrobieller Substanzen in Österreich. 1030 Wien. ISBN 978-3-85010-575-0. Auflage: 2020: S. 379–458.

[9] Verordnung der Bundesministerin für Gesundheit, Familie und Jugend über Gesundheitskontrollen und Hygienemaßnahmen in Geflügel-Betrieben (Geflügelhygieneverordnung 2007). StF: BGBl. II Nr. 100/2007

[10] LABORATORY PROTOCOL (2019) Isolation of ESBL-, AmpC- and carbapenemase-producing E. coli from caecal samples, version 7 (December 2019).

[11] LABORATORY PROTOCOL (2019) Isolation of ESBL-, AmpC- and carbapenemase-producing E. coli from fresh meat, version 7 (December 2019).

[12] 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.]

[13] 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.

[14] Altekruze SF et al. (1999) *Campylobacter jejuni*—an emerging foodborne pathogen. Emerg.Infect.Dis 5: 28–35.

[15] Kaakoush NO et al. SM (2015) Global epidemiology of Campylobacter infection. Clin. Microbiol. Rev. 28: 687–720.

[16] Interagency Food Safety Analytics Collaboration Project (2015) Foodborne Illness Source Attribution Estimates for Salmonella, Escherichia coli O157 (E. coli O157), Listeria monocytogenes (Lm), and Campylobacter using Outbreak Surveillance Data.

[17] Jahresbericht meldepflichtiger Erkrankungen 2024, BMSGPK (letzte Einsichtnahme 25.06.2025)

[18] EFSA and ECDC (2026) The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2023/2024 (in preparation).

[19] El Nagar A, Dewé TCM, Broadfoot F, Teale C and Smith, RP (2025) Decreasing antimicrobial resistance in representative UK livestock species was associated with reduced total sales of antimicrobials in the last decade. J Antimicrob Chemother. 80. 1902–06

[20] European Medicines Agency, European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption, 2022. Sales of veterinary antimicrobial agents in 31 European countries in 2022 (EMA/299538/2023).

[21] European Sales and Use of Antimicrobials for veterinary medicine (ESUAvet). Annual surveillance report for 2023 (EMA/CVMP/ESUAVET/80289/2025)

[22] ECDC, EFSA and EMA (European Centre for Disease Prevention and Control, European Food Safety Authority and European Medicines Agency), (2024). Antimicrobial consumption and resistance in bacteria from humans and food-producing animals. EFSA Journal, 22(2), e8589

[23] Rahman S and Hollis A (2023) The effect of antibiotic usage on resistance in humans and food-producing animals: a longitudinal, one health analysis using European data Front. Public Health, 11

[24] Ardakani Z, Canali M, Aragrande M, Tomassone L, Simoes M, Balzani A and Beber CL (2023) Evaluating the contribution of antimicrobial use in farmed animals to global antimicrobial resistance in humans, *One Health*, Volume 17

[25] Dutil L, Irwin R, Finley R, Ng LK, Avery B, Boerlin P, et al. (2010) Ceftiofur resistance in *Salmonella enterica* serovar Heidelberg from chicken meat and humans. *Canada Emerg Infect Dis.* (2010) 16:48–54

[26] World Health Organization (2019) Critically important antimicrobials for human medicine – 6th rev. Geneva.

[27] 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.

[28] EFSA (2011) BIOHAZ Panel (EFSA Panel on Biological Hazards): Scientific Opinion on the public health risks of bacterial strains producing extended-spectrum  $\beta$ -lactamases and/or AmpC  $\beta$ -lactamases in food and foodproducing animals. *EFSA Journal*, S. 232.

[29] Kaspersen HP, Brouwer MS, Nunez-Garcia J et al. (2024) *Escherichia coli* from six European countries reveals differences in profile and distribution of critical antimicrobial resistance determinants within one health compartments, 2013 to 2020. *Euro Surveill* 2024; 29: 2400295

[30] Watt AE, Cummins ML, Donato CM et al. Parameters for one health genomic surveillance of *Escherichia coli* from Australia. *Nat Commun* 2025; 16: 17

[31] EFSA and ECDC (2021) The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2018/2019. *EFSA Journal* 19(4):6490, 179 pp.

[32] Dierikx CM, van der Goot JA, Smith HE, Kant A, Mevius DJ (2013) Presence of ESBL/AmpC -Producing *Escherichia coli* in the Broiler Production Pyramid: A Descriptive Study. *PLoS ONE* 8(11): e79005.

[33] Laube H, Friese C, von Salviati C, Guerra B and Rosler U (2014) Transmission of ESBL/AmpC-producing *Escherichia coli* from broiler chicken farms to surrounding areas *Vet. Microbiol.*, 172 (2014), pp. 519–527

[34] Pauly N et al. (2020) ChromID R CARBA Agar Fails to Detect Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae With Slightly Reduced Susceptibility to Carbapenems. *Front. Microbiol.* 11:1678

[35] von Tippelskirch P, Gölz G, Projahn M, Daehre K, Friese A, Roesler U, Alter T and Orquera S (2018) Prevalence and quantitative analysis of ESBL and AmpC beta-lactamase producing Enterobacteriaceae in broiler chicken during slaughter in Germany. *Int. J. Food Microbiol.* 2018, 281, 82–89

[36] SVARM 2010 (2011). Swedish Veterinary Antimicrobial Resistance Monitoring. The National Veterinary Institute (SVA), Uppsala, Sweden

[37] Laube H, Friese A, von Salviati C, Guerra B, Käsbohrer A, Kreienbrock L and Roesler U (2013) Longitudinal monitoring of extended-spectrum-beta-lactamase/AmpC-producing *Escherichia coli* at German broiler chicken fattening farms. *Appl. Environ. Microbiol.* 79:4815–4820

[38] 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.

[39] EFSA (European Food Safety Authority), Aerts M, Battisti A, Hendriksen R, Larsen J, Nilsson O, Cortinas 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.

[40] 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.

[41] Food Standards Agency (2017) Risk assessment on methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), with a focus on livestock-associated MRSA in the UK Food Chain.

[42] 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 Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz, Abt.  
VII/9

## **Ansprechpersonen/Autorin/Autor**

Dr.<sup>in</sup> Julia Weber, LL.M.

RR<sup>in</sup> Gabriela El Belazi

Bundesministerium für Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz  
Radetzkystraße 2, 1030 Wien

E-Mail: [julia.weber@gesundheitsministerium.gv.at](mailto:julia.weber@gesundheitsministerium.gv.at)

[gabriela.elbelazi@gesundheitsministerium.gv.at](mailto:gabriela.elbelazi@gesundheitsministerium.gv.at)

## **Reviewerinnen**

Prim.<sup>a</sup> Univ.-Prof.<sup>in</sup> Dr.<sup>in</sup> Petra Apfalter

Ordensklinikum Linz GmbH Elisabethinen

Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Tropenmedizin

Nationales Referenzzentrum für Antimikrobielle Resistenzen

Fadingerstraße 1, 4020 Linz

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>496</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>496</b>
<b>Einleitung</b> .....	<b>497</b>
<b>Methodik</b> .....	<b>498</b>
<b>Ergebnisse</b> .....	<b>502</b>
Gesamt-Antibiotikaverbrauch in Kilogramm Wirksubstanz.....	502
Gesamt-Antibiotikaverbrauch in DDD/1.000 EW pro Tag .....	502
Antibiotikaverbrauch nach Quartalen - Gesamtverbrauch.....	503
Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – niedergelassener Bereich.....	505
Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – stationärer Bereich.....	506
Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich .....	507
Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich .....	514
<b>Antibiotikaverbrauch nach Substanzklassen</b> .....	<b>517</b>
Tetracycline (J01A) .....	518
Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A) .....	518
Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich.....	519
Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich .....	520
$\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C).....	520
Gesamtverbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C).....	520
Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich.....	521
Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich.....	523
Andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D).....	523
Gesamtverbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D).....	523
Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich.....	524
Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich .....	526
Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) .....	526
Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) .....	526
Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich.....	527
Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich .....	528
Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) .....	529
Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) .....	529

Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) im niedergelassenen Bereich .....	530
Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F) im stationären Bereich.....	531
Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) .....	532
Gesamtverbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) .....	532
Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich .....	533
Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im stationären Bereich .....	533
Chinolone (J01M) .....	534
Gesamtverbrauch Chinolone (J01M) .....	534
Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich.....	535
Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich.....	536
Andere Antibiotika (J01X).....	537
Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X) .....	537
Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im niedergelassenen Bereich .....	538
Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im stationären Bereich .....	540
<b>Diskussion.....</b>	<b>540</b>
<b>Referenzen .....</b>	<b>542</b>

## Zusammenfassung

Im vorliegenden AURES-Bericht wird der Antibiotika-Verbrauch in der Humanmedizin auf Basis der Daten des Dachverbands der Sozialversicherungsträger für das Jahr 2024 präsentiert. Zusätzlich wird der Antibiotika-Verbrauch auf Basis der Daten der Firma IQVIA™ im stationären und niedergelassenen Bereich für das Jahr 2024 dargestellt.

Der systemische Gesamtverbrauch von Antibiotika in Kilogramm Wirksubstanz betrug in der Humanmedizin in Österreich im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 63.402 kg mit einem Anteil von 65 % im niedergelassenen Bereich. Dies stellt eine geringe Erhöhung im Vergleich zu 2023 dar.

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2024 laut Dachverband-Daten der größte Verbrauch bei den  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,54 DDD/1.000 EW pro Tag und bei der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 3,19 DDD/1.000 EW pro Tag.

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch 2024 laut IQVIA™-Daten 38,31 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Die  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) hatten mit 15,47 DDD/100 Belagstage pro Jahr den größten Anteil, gefolgt von den anderen  $\beta$ -Lactam-Antibiotika (J01D) mit 11,4 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 2024. In addition, antibiotic consumption is presented based on data from IQVIA™ in the inpatient and outpatient sectors for 2024.

According to IQVIA™ data, the total consumption of antibiotics in kilograms of active substance in human medicine in Austria amounted to 63.402 kg in 2024, with a 65% share in the outpatient sector. This represents a small increase compared to 2023.

According to the “Dachverband” data, the largest consumption in the outpatient sector in 2024 was for  $\beta$ -lactam antibiotics, penicillins (J01C) with 5.54 DDD/1,000 inhabitants per day and for the group of macrolides, lincosamides and streptogramins (J01F) with 3,19 DDD/1,000 inhabitants per day.

According to IQVIA™ data, consumption in the inpatient sector in 2024 amounted to 38,31 DDD/100 bed days per year. The  $\beta$ -lactam antibiotics, penicillins (J01C) had the largest share with 15,47 DDD/100 bed days per year, followed by the other  $\beta$ -lactam antibiotics (J01D) with 11,4 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 Arbeit, Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMASGPK) durch die Gesundheit Österreich GmbH. (GÖG). Seither werden die Auswertungen durch das BMASGPK durchgeführt.

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 den Jahren davor und danach 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 2020-2023 wurden dem AURES 2023 [1] auf der jeweils detailliertesten Ebene entnommen und dem AURES 2024 zu Vergleichszwecken beigefügt.
2. 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 2020-2023 wurden dem Resistenzbericht AURES 2023 [1] auf der jeweils detailliertesten Ebene entnommen und dem AURES 2024 zu Vergleichszwecken beigefügt.

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)<sup>24</sup> [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 156 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 156: Einteilung der Antibiotika in die ATC3- und die ATC4-Klasse, WHO

ATC3	ATC4-Gruppen	Beispielsubstanzen
<b>J01A Tetracycline</b>	Tetracycline (J01AA)	Doxycyclin, Tetracyclin
<b>J01B Amphenicole</b>	Amphenicole (J01BA)	Chloramphenicol, Thiamphenicol
<b>J01C <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika, Penicilline</b>	Penicilline mit erweitertem Spektrum (J01CA)	Ampicillin, Amoxicillin
	$\beta$ -Lactamase sensitive Penicilline (J01CE)	Penicillin G, Penicillin V

<sup>24</sup> 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
	$\beta$ -Lactamase resistente Penicilline (J01CF)	Flucloxacillin, Oxacillin
	$\beta$ -Lactamase-Inhibitoren (J01CG)	Sulbactam, Tazobactam
	Kombinationen von Penicillinen, inclusive $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren (J01CR)	Ampicillin/ $\beta$ -Lactamase-Inhibitor Amoxicillin/ $\beta$ -Lactamase-Inhibitor
<b>J01D Andere <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika</b>	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-Lactmase-Inhibitoren
	<b>J01E Sulfonamide und Trimethoprim</b>	Trimethoprim und Derivate (J01EA)
Kurz wirkende Sulfonamide (J01EB)		Sulfaisodimidin, Sulfamethizol
Mittellang wirkende Sulfonamide (J01EC)		Sulfamethoxazol, Sulfadiazin
Lang wirkende Sulfonamide (J01ED)		Sulfadimethoxin, Sulfalen

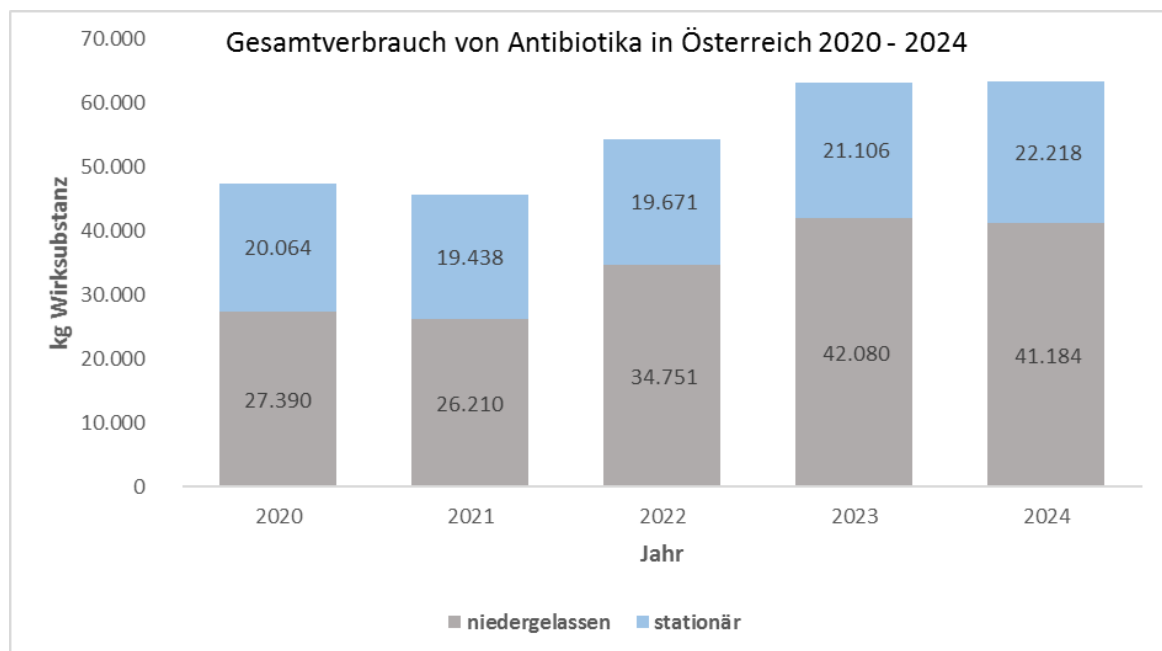
ATC3	ATC4-Gruppen	Beispielsubstanzen
	Kombinationen von Sulfonamiden und Trimethoprim, inklusive Derivate (J01EE)	Sulfametrol/Trimethoprim, Sulfadiazin/Trimethoprim
<b>J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine</b>	Makrolide (J01FA)	Azithromycin, Clarithromycin
	Lincosamide (J01FF)	Clindamycin, Lincomycin
	Streptogramine (J01FG)	Pristinamycin, Quinupristin/Dalfopristin
<b>J01G Aminoglykoside</b>	Streptomycine (J01GA)	Streptomycin, Streptoduocin
	Andere Aminoglykoside (J01GB)	Amikacin, Gentamicin
<b>J01M Chinolone</b>	Fluorchinolone (J01MA)	Ciprofloxacin, Levofloxacin
	Andere Chinolone (J01MB)	Nalidixinsäure, Nalidixinsäure
<b>J01R Kombinationen von Antibiotika</b>	Kombinationen von Antibiotika	Levofloxacin/Ornidazol, Ciprofloxacin/Metronidazol
<b>J01X Andere Antibiotika</b>	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 2024 in der Humanmedizin 63.402 kg Wirkstoff, was eine geringfügige Steigerung zum Vorjahr bedeutet (Quelle: IQVIATM-Daten). Der Verbrauch im niedergelassenen Bereich machte dabei 65 % des Gesamtverbrauchs aus (Abbildung 171).

Abbildung 171: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2020-2024

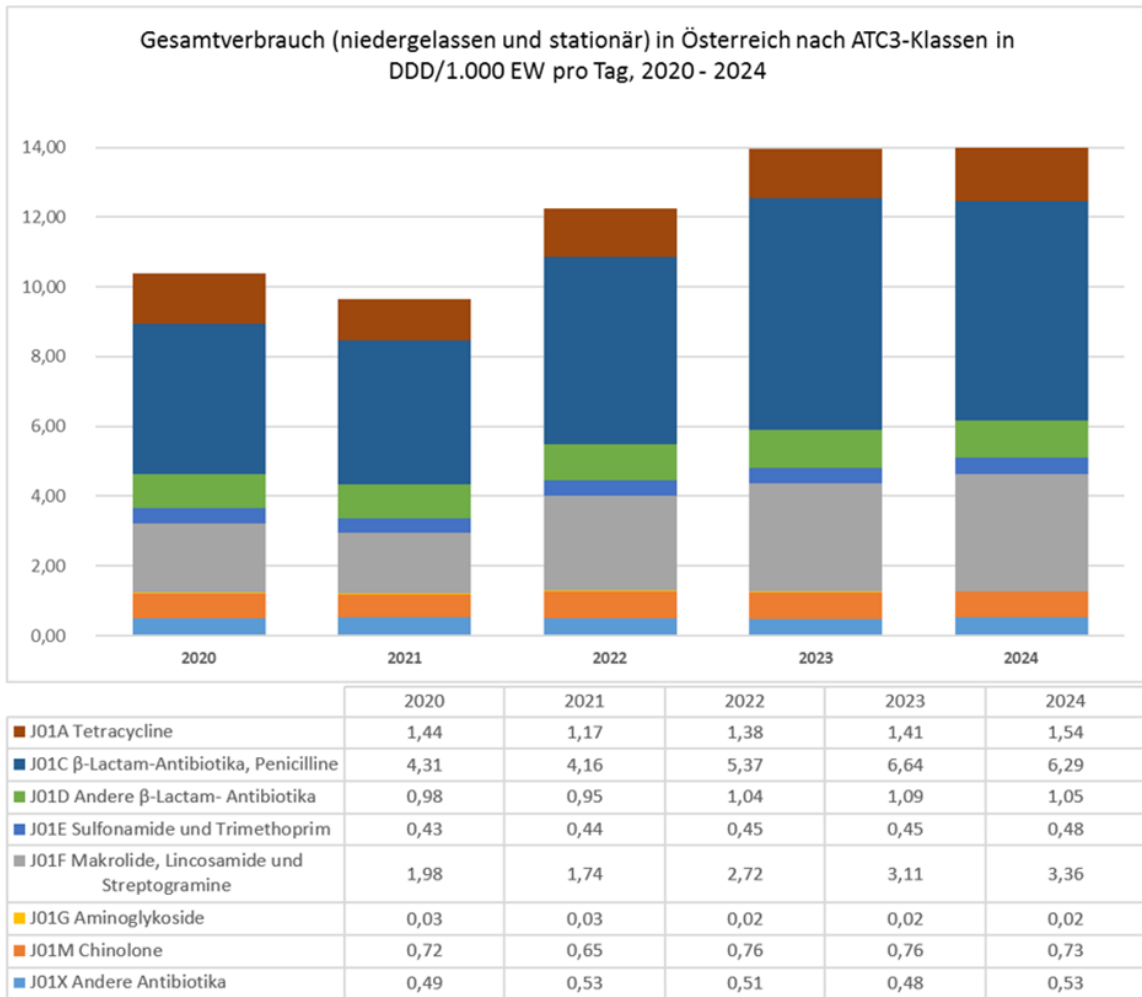


Quelle: IQVIA™

### Gesamt-Antibiotikaverbrauch in DDD/1.000 EW pro Tag

Der Gesamtverbrauch im Jahr 2024 lag basierend auf den IQVIA™-Daten bei 14 DDD/1.000 EW pro Tag, nahezu ident mit dem Gesamtverbrauch aus 2023. ATC3-Klasse  $\beta$ -Lactam Antibiotika, Penicilline (J01C) stellte hierbei, wie auch in den Jahren zuvor, die größte Gruppe dar (Abbildung 172).

Abbildung 172: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2020-2024

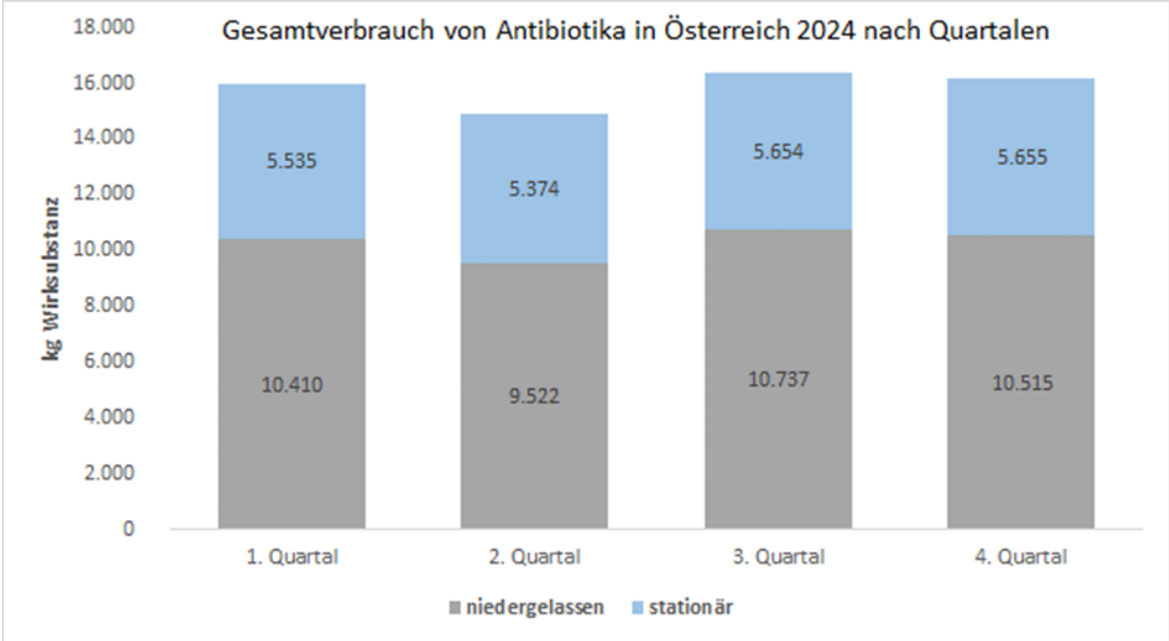


Quelle: IQVIA™

### Antibiotikaverbrauch nach Quartalen - Gesamtverbrauch

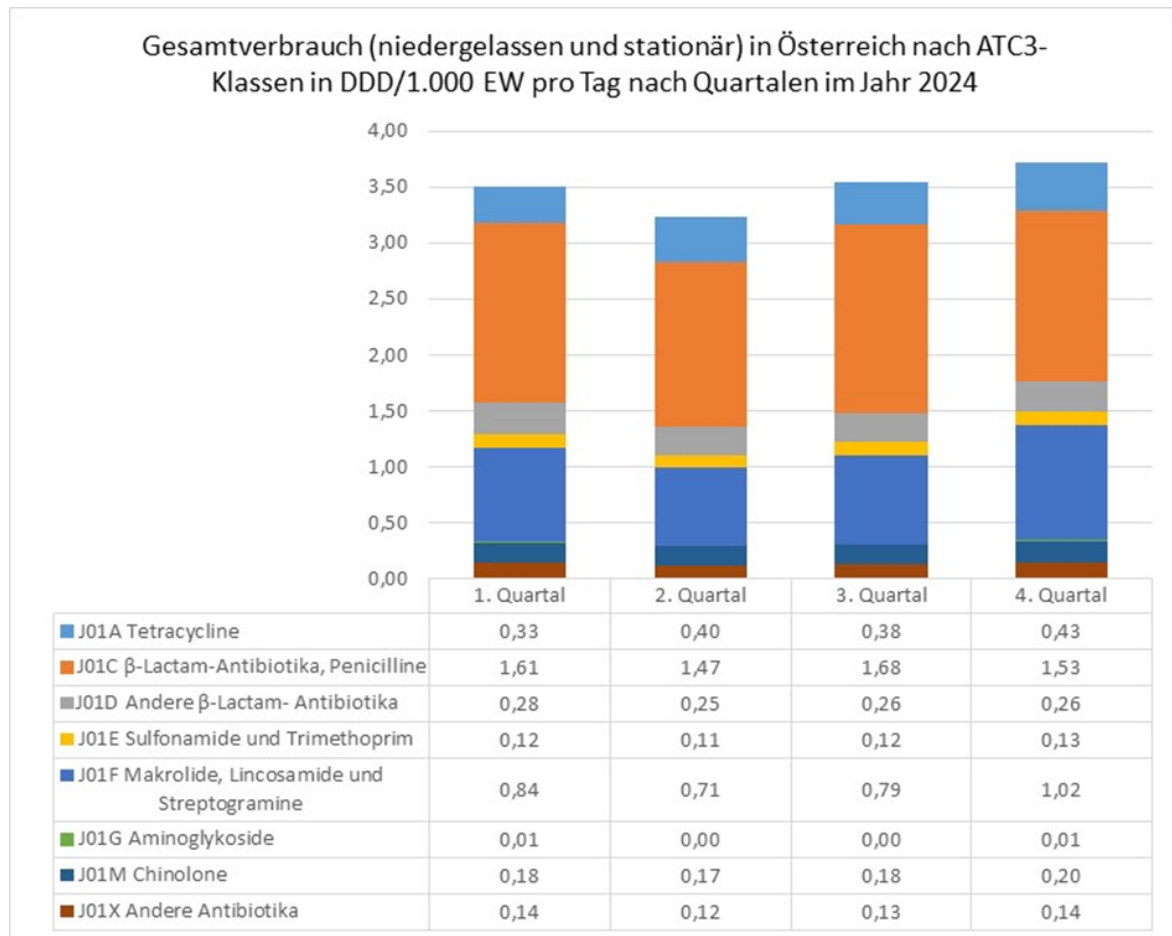
Der Gesamtverbrauch in kg Wirksubstanz reichte von 14.896 kg im zweiten Quartal 2024 bis 16.391 kg im dritten Quartal, wobei ähnliche Verbräuche in allen Quartalen erfasst wurden (Abbildung 173). Im Jahr 2024 wurde in allen Quartalen die ATC3-Klasse β-Lactam Antibiotika, Penicilline (J01C) am häufigsten verschrieben (Abbildung 174).

Abbildung 173: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2024 nach Quartalen



Quelle: IQVIA™

Abbildung 174: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag nach Quartalen im Jahr 2024

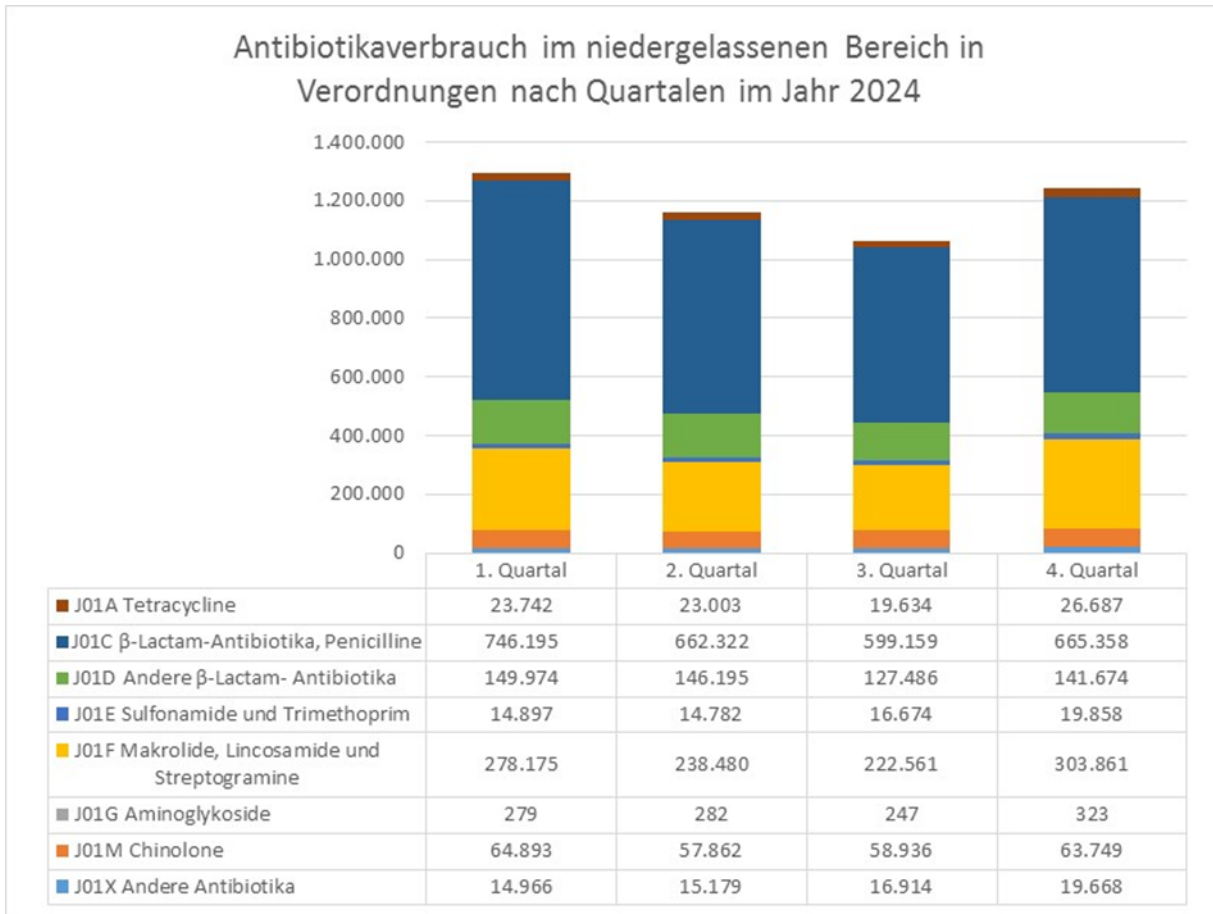


Quelle: IQVIA™

### Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – niedergelassener Bereich

Im niedergelassenen Bereich registrierte man gemäß Dachverband im Jahr 2024 die höchste Anzahl an Verordnungen im ersten und vierten Quartal (Abbildung 175).

Abbildung 175: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich in Verordnungen nach Quartalen im Jahr 2024

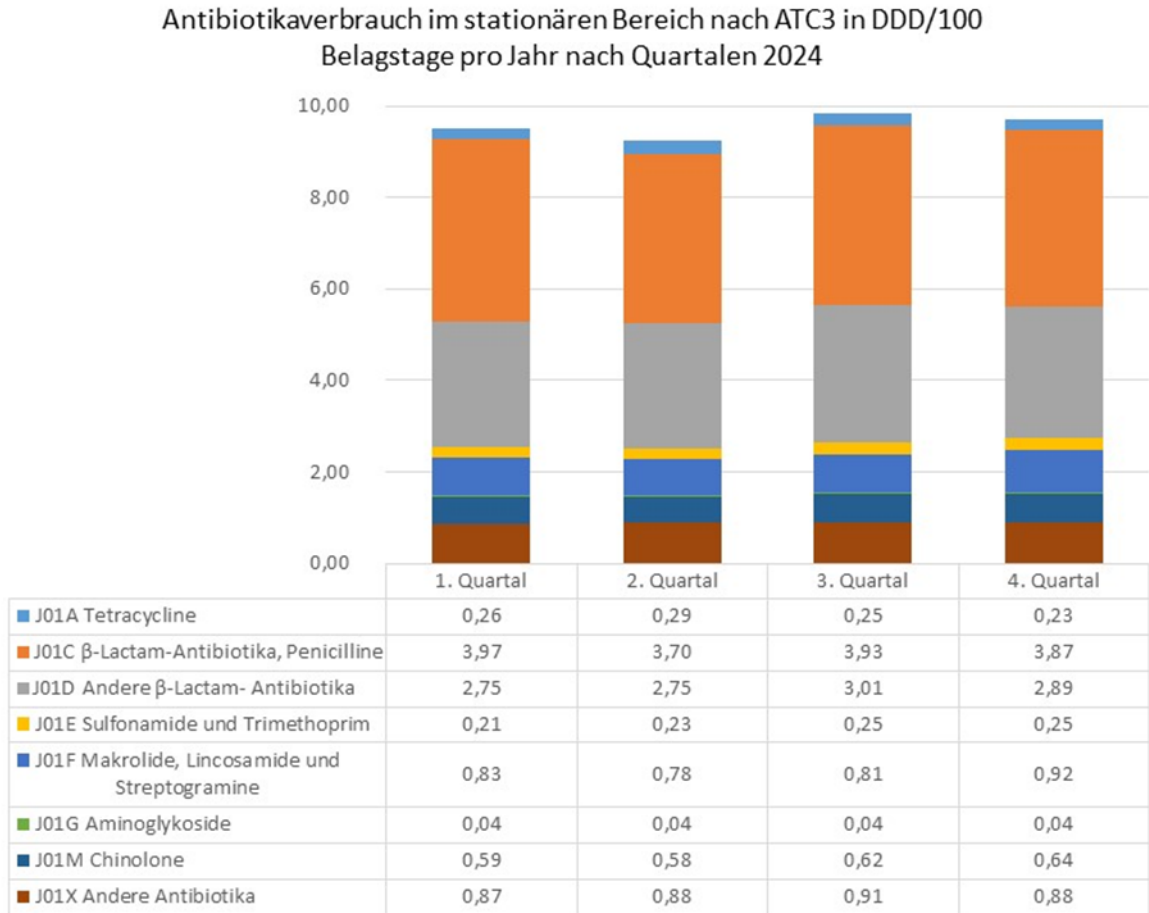


Quelle: Daten des Dachverbandes

### Antibiotikaverbrauch nach Quartalen – stationärer Bereich

Im stationären Bereich zeigte sich laut IQVIA™-Daten im Jahr 2024 ähnlich hohe Verbräuche über alle Quartale hinweg, wobei der höchste Verbrauch in Quartal 3 verzeichnet wurde (Abbildung 176).

Abbildung 176: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr nach Quartalen 2024



Quelle: IQVIA™

### Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich

Im Jahr 2024 ergab sich im niedergelassenen Bereich ein Antibiotika-Gesamtverbrauch laut Dachverband-Daten von 10,00 DDD/1.000 EW pro Tag und gemäß IQVIA™-Daten von 12,13 DDD/1.000 EW pro Tag. In beiden Fällen wurde weniger verbraucht als im Vergleichsjahr 2011, allerdings mehr als oder gleich viel wie in den Vorjahren. Laut Dachverband-Daten ergaben sich im Jahr 2024 14,16 Verordnungen/10.000 EW pro Tag (Tabelle 157).

Tabelle 157: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020 – 2024

Datenquelle	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>IQVIA™ (DDD/1.000 EW)</b>	17,7	8,7	8,02	10,55	12,18	12,13
<b>Dachverband (DDD/1.000 EW)</b>	12,85	7,6	10,3	8,98	9,41	10,00
<b>Dachverband (Verordnungen/10.000 EW)</b>	18,1	10,9	15,56	12,92	13,26	14,16

Quellen: IQVIA™, Dachverband

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2024 laut IQVIA™-Daten (Tabelle 158) der größte Verbrauch bei den  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,54 DDD/1.000 EW pro Tag gefolgt von der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 3,19 DDD/1.000 EW pro Tag.

Im niedergelassenen Bereich zeigte sich 2024 laut Dachverband-Daten (Tabelle 159) ebenfalls der größte Verbrauch bei den  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicillinen (J01C) mit 5,56 DDD/1.000 EW pro Tag und bei der Gruppe der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) mit 1,94 DDD/1.000 EW pro Tag. Diese ATC3-Klassen wurden im Jahr 2024 auch am meisten verordnet (Tabelle 160).

Tabelle 158: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2024

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01A Tetracycline</b>	1,32	1,39	1,11	1,33	1,36	1,49
<b>J01C <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika, Penicilline</b>	8,53	3,65	3,54	4,68	5,92	5,54
<b>J01D Andere <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika</b>	2,02	0,49	0,46	0,55	0,57	0,50

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	0,57	0,38	0,39	0,41	0,41	0,43
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	3,72	1,85	1,62	2,59	2,97	3,19
J01G Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01
J01M Chinolone	1,48	0,60	0,53	0,63	0,63	0,61
J01X Andere Antibiotika	0,05	0,33	0,35	0,35	0,31	0,36

Quelle: IQVIA™

Tabelle 159: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2024

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01A Tetracycline	1,15	0,28	0,34	0,35	0,35	0,34
J01C $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline	4,59	3,71	3,57	4,63	4,97	5,56
J01D Andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika	1,69	1,02	1,04	1,12	1,10	1,19
J01E Sulfonamide und Trimethoprim	0,47	0,23	0,23	0,18	0,20	0,20
J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	3,39	1,47	1,39	1,92	1,99	1,94
J01G Aminoglykoside	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
J01M Chinolone	1,29	0,57	0,52	0,57	0,58	0,56
J01X Andere Antibiotika	0,25	0,31	0,21	0,21	0,21	0,20

Quelle: Daten des Dachverbandes

Tabelle 160: Antibiotikaverbrauch nach ATC3-Klassen im niedergelassenen Bereich nach Verordnungen/10.000 EW pro Tag 2011, 2020–2024

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01A Tetracycline</b>	0,80	0,20	0,30	0,30	0,29	0,28
<b>J01C <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika, Penicilline</b>	6,50	5,40	5,30	6,70	7,20	7,96
<b>J01D Andere <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika</b>	2,80	1,40	1,50	1,70	1,45	1,68
<b>J01E Sulfonamide und Trimethoprim</b>	0,30	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
<b>J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine</b>	5,20	2,30	2,20	3,00	3,11	3,11
<b>J01G Aminoglykoside</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01M Chinolone</b>	2,10	0,80	0,70	0,80	0,79	0,73
<b>J01X Andere Antibiotika</b>	0,40	0,60	0,20	0,20	0,22	0,20

Quelle: Daten des Dachverbandes

Nach ATC4-Klassen-Auswertung zeigt sich laut IQVIA™-Daten (Tabelle 161) bei den Penicillinkombinationen inkl.  $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) im Jahr 2024 mit 4,23 DDD/1.000 EW pro Tag der höchste Verbrauch.

Nach ATC4-Klassen-Auswertung zeigt sich laut Dachverband-Daten (Tabelle 162) ebenfalls bei den Penicillinkombinationen inkl.  $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) im Jahr 2024 mit 4,08 DDD/1.000 EW pro Tag der höchste Verbrauch.

Tabelle 161: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000  
EW pro Tag 2011 und 2020 – 2024

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01AA Tetracycline</b>	1,32	1,39	1,11	1,33	1,36	1,49
<b>J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum</b>	6,69	0,86	0,82	1,13	1,36	1,31
<b>J01CE <math>\beta</math>-Lactamase sensitive Penicilline</b>	0,93	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01CF <math>\beta</math>-Lactamase resistente Penicilline</b>	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01CG <math>\beta</math>-Lactamase- Inhibitoren</b>	-	0,00	0,00	0,00	0,00	-
<b>J01CR Penicillinkombinationen inkl. <math>\beta</math>-Lactamase- Inhibitoren</b>	0,90	2,79	2,71	3,55	4,55	4,23
<b>J01DB 1.-Generations- Cephalosporine</b>	0,34	0,31	0,30	0,25	0,29	0,29
<b>J01DC 2.-Generations- Cephalosporine</b>	0,88	0,15	0,14	0,26	0,22	0,17
<b>J01DD 3.-Generations- Cephalosporine</b>	0,80	0,03	0,02	0,04	0,06	0,04
<b>J01DE 4.-Generations- Cephalosporine</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01DF Monobactame</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01DH Carbapeneme</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01DI Andere Cephalosporine und Peneme</b>	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01EA Trimethoprim und Derivate</b>	0,45	0,21	0,21	0,22	0,19	0,20
<b>J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide</b>	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00	-
<b>J01EE Sulfonamid- und Trimethoprim-Kombinationen inkl. Derivate</b>	0,12	0,17	0,19	0,19	0,21	0,23
<b>J01FA Makrolide</b>	2,88	1,28	1,06	1,90	2,19	2,56
<b>J01FF Lincosamide</b>	0,84	0,57	0,56	0,69	0,78	0,63
<b>J01GB Andere Aminoglykoside</b>	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01
<b>J01MA Fluorochinolone</b>	1,48	0,6	0,53	0,63	0,63	0,61
<b>J01XA Glycopeptide</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01XB Polymyxine</b>	-	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
<b>J01XC Steroid-Antibiotika</b>	0,04	0,02	0,02	0,01	0,02	0,01
<b>J01XD Imidazol-Derivate</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00
<b>J01XE Nitrofurantoin-Derivate</b>	-	0,29	0,31	0,31	0,27	0,32
<b>J01XX Andere Antibiotika</b>	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01

Quelle: IQVIA™

Tabelle 162: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000  
EW pro Tag 2011, 2020 – 2024

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01AA Tetracycline</b>	1,15	0,28	0,34	0,35	0,35	0,34
<b>J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum</b>	0,74	0,72	0,70	0,89	0,99	1,00
<b>J01CE <math>\beta</math>-Lactamase sensitive Penicilline</b>	0,86	0,40	0,30	0,47	0,35	0,47
<b>J01CF <math>\beta</math>-Lactamase resistente Penicilline</b>	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01CG <math>\beta</math>-Lactamase- Inhibitoren</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-
<b>J01CR Penicillinkombinationen inkl. <math>\beta</math>-Lactamase-Inhibitoren</b>	2,98	2,59	2,58	3,27	3,64	4,08
<b>J01DB 1.-Generations- Cephalosporine</b>	0,31	0,28	0,28	0,24	0,24	0,28
<b>J01DC 2.-Generations- Cephalosporine</b>	0,71	0,62	0,57	0,72	0,73	0,77
<b>J01DD 3.-Generations- Cephalosporine</b>	0,67	0,11	0,18	0,16	0,12	0,14
<b>J01DE 4.-Generations- Cephalosporine</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01DF Monobactame</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01DH Carbapeneme</b>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01DI Andere Cephalosporine und Peneme</b>	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<b>J01EA Trimethoprim und Derivate</b>	0,15	0,10	0,09	0,09	0,08	0,07

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,32	0,13	0,14	0,09	0,12	0,14
J01FA Makrolide	2,69	0,94	0,87	1,33	1,28	1,34
J01FF Lincosamide	0,70	0,53	0,52	0,59	0,71	0,60
J01GB Andere Aminoglykoside	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
J01MA Fluorochinolone	1,29	0,57	0,52	0,57	0,58	0,56
J01XA Glycopeptide	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01XB Polymyxine	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
J01XC Steroid-Antibiotika	0,04	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01
J01XD Imidazol-Derivate	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01XE Nitrofurantoin-Derivate	0,17	0,24	0,17	0,16	0,17	0,16
J01XX Andere Antibiotika	0,03	0,04	0,02	0,02	0,02	0,02

Quelle: Daten des Dachverbandes

### Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich

Der Gesamtverbrauch im Jahr 2024 im stationären Bereich betrug laut IQVIA™-Daten 38,31 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Die Penicilline (J01C) hatten mit 15,47 DDD/100 Belagstage pro Jahr den größten Anteil, gefolgt von den anderen  $\beta$ -Lactam-Antibiotika (J01D) mit 11,4 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 163).

Tabelle 163: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020–2024

ATC3	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01A Tetracycline</b>	0,87	1,06	1,02	1,08	1,10	1,03
<b>J01C <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika, Penicilline</b>	32,94	12,39	11,84	14,14	14,71	15,47
<b>J01D Andere <math>\beta</math>-Lactam-Antibiotika</b>	10,48	9,33	9,25	9,99	10,66	11,40
<b>J01E Sulfonamide und Trimethoprim</b>	1,27	0,82	0,89	0,90	0,88	0,94
<b>J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine</b>	3,99	2,52	2,22	2,67	2,85	3,34
<b>J01G Aminoglykoside</b>	0,61	0,23	0,21	0,18	0,17	0,16
<b>J01M Chinolone</b>	6,35	2,48	2,23	2,57	2,52	2,43
<b>J01X Andere Antibiotika</b>	2,25	3,10	3,36	3,42	3,46	3,54

Quelle: IQVIA™

Bei den ATC4-Klassen zeigte sich 2024 der höchste stationäre Verbrauch bei den Penicillinkombinationen inkl.  $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) mit 13,74 DDD/100 Belagstage pro Jahr, gefolgt von 2.-Generations-Cephalosporinen (J01DC) mit 3,27 DDD/100 Belagstage pro Jahr und den 3.-Generations-Cephalosporinen (J01DD) mit 2,8 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 164).

Tabelle 164: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC4 in DDD/100  
Belagstage pro Jahr 2011 und 2020 – 2024

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023	2024
<b>J01AA Tetracycline</b>	0,87	1,06	1,02	1,08	1,10	1,03
<b>J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum</b>	28,53	0,77	0,80	0,95	0,96	1,17
<b>J01CE <math>\beta</math>-Lactamase sensitive Penicilline</b>	0,88	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01
<b>J01CF <math>\beta</math>-Lactamase resistente Penicilline</b>	0,31	0,44	0,49	0,48	0,54	0,56
<b>J01CG <math>\beta</math>-Lactamase-Inhibitoren</b>	-	0,00	0,00	0,01	0,00	-
<b>J01CR Penicillinkombinationen inkl. <math>\beta</math>-Lactamase-Inhibitoren</b>	3,23	11,18	10,54	12,70	13,20	13,74
<b>J01DB 1.-Generations-Cephalosporine</b>	2,05	1,67	1,75	1,93	2,10	2,38
<b>J01DC 2.-Generations-Cephalosporine</b>	4,06	2,94	2,68	3,10	3,22	3,27
<b>J01DD 3.-Generations-Cephalosporine</b>	1,81	2,23	2,19	2,36	2,56	2,80
<b>J01DE 4.-Generations-Cephalosporine</b>	0,61	0,42	0,44	0,42	0,42	0,41
<b>J01DF Monobactame</b>	0,02	0,04	0,05	0,04	0,04	0,04
<b>J01DH Carbapeneme</b>	1,93	1,98	2,14	2,11	2,29	2,48
<b>J01DI Andere Cephalosporine und Peneme</b>	-	0,05	0,01	0,02	0,03	0,03
<b>J01EA Trimethoprim und Derivate</b>	0,94	0,41	0,38	0,40	0,36	0,36

ATC4	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	0,15	0,00	0,00	0,00	0,00	-
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,32	0,41	0,51	0,50	0,52	0,58
J01FA Makrolide	2,27	1,45	1,21	1,50	1,60	2,14
J01FF Lincosamide	1,72	1,06	1,01	1,17	1,25	1,19
J01GB Andere Aminoglykoside	0,61	0,23	0,21	0,18	0,17	0,15
J01MA Fluorochinolone	6,35	2,48	2,23	2,57	2,52	2,43
J01XA Glycopeptide	0,46	0,41	0,46	0,45	0,44	0,44
J01XB Polymyxine	-	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03
J01XC Steroid-Antibiotika	0,22	0,07	0,08	0,06	0,06	0,06
J01XD Imidazol-Derivate	0,99	1,04	1,03	0,98	0,99	0,99
J01XE Nitrofurane-Derivate	-	0,11	0,11	0,13	0,12	0,12
J01XX Andere Antibiotika	0,57	1,43	1,65	1,77	1,81	1,90

Quelle: IQVIA™

## Antibiotikaverbrauch nach Substanzklassen

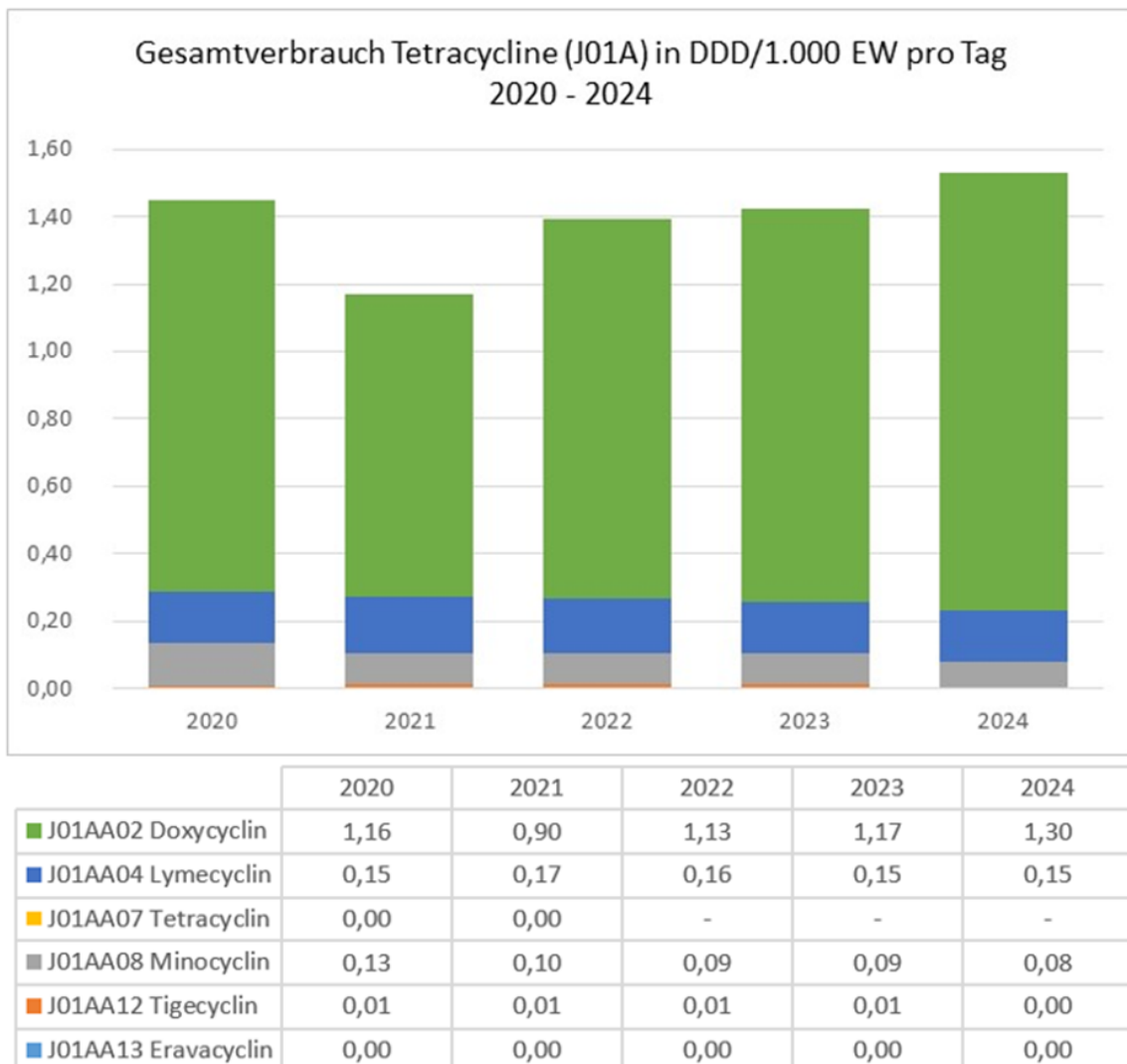
Im folgenden Kapitel wird der Antibiotikaverbrauch für jede ATC3-Klasse und deren ATC4-Gruppen als Gesamtverbrauch und Verbrauch im niedergelassenen und stationären Bereich dargestellt.

## Tetracycline (J01A)

### Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A)

Der Gesamtverbrauch von Tetracyclinen (J01A) betrug im Jahr 2024 gemäß IQVIA™ - Daten 1,53 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 177). Der Hauptanteil des Verbrauches lag bei Doxycyclin (J01AA02) mit 1,30 DDD/1.000 EW pro Tag.

Abbildung 177: Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024



Quelle: IQVIA™

### Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Tetracyclinverbrauch (J01A) im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 1,49 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 165) und gemäß Dachverbandverband-Daten 0,33 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 166).

Tabelle 165: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 – 2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01AA02 Doxycyclin	1,32	1,12	0,85	1,08	1,12	1,26
J01AA04 Lymecyclin	-	0,15	0,17	0,16	0,15	0,15
J01AA07 Tetracyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	-
J01AA08 Minocyclin	-	0,12	0,09	0,09	0,09	0,08
J01AA12 Tigecyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA13 Eravacyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	-

Quelle: IQVIA™

Tabelle 166: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01AA02 Doxycyclin	0,93	0,13	0,11	0,13	0,13	0,12
J01AA04 Lymecyclin	-	0,14	0,15	0,15	0,14	0,14
J01AA07 Tetracyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	-
J01AA08 Minocyclin	0,22	0,01	0,08	0,07	0,07	0,07
J01AA12 Tigecyclin	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA13 Eravacyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Quelle: Daten des Dachverbandes

## Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich

Im stationären Bereich lag 2024 gemäß IQVIA™-Daten der größte Verbrauch bei Doxycyclin (J01AA02; 0,89 DDD/100 Belagstage pro Jahr), gefolgt von Tigecyclin (J01AA12; 0,09 DDD/100 Belagstage pro Jahr). Insgesamt lag der stationäre Tetracyclin-Verbrauch bei 1,02 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 167).

Tabelle 167: Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2024

J01A Tetracycline	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01AA02 Doxycyclin	0,88	0,93	0,88	0,95	0,97	0,89
J01AA04 Lymecyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01AA07 Tetracyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	-
J01AA08 Minocyclin	-	0,03	0,02	0,02	0,02	0,04
J01AA12 Tigecyclin	0,11	0,10	0,12	0,11	0,10	0,09
J01AA13 Eravacyclin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	-

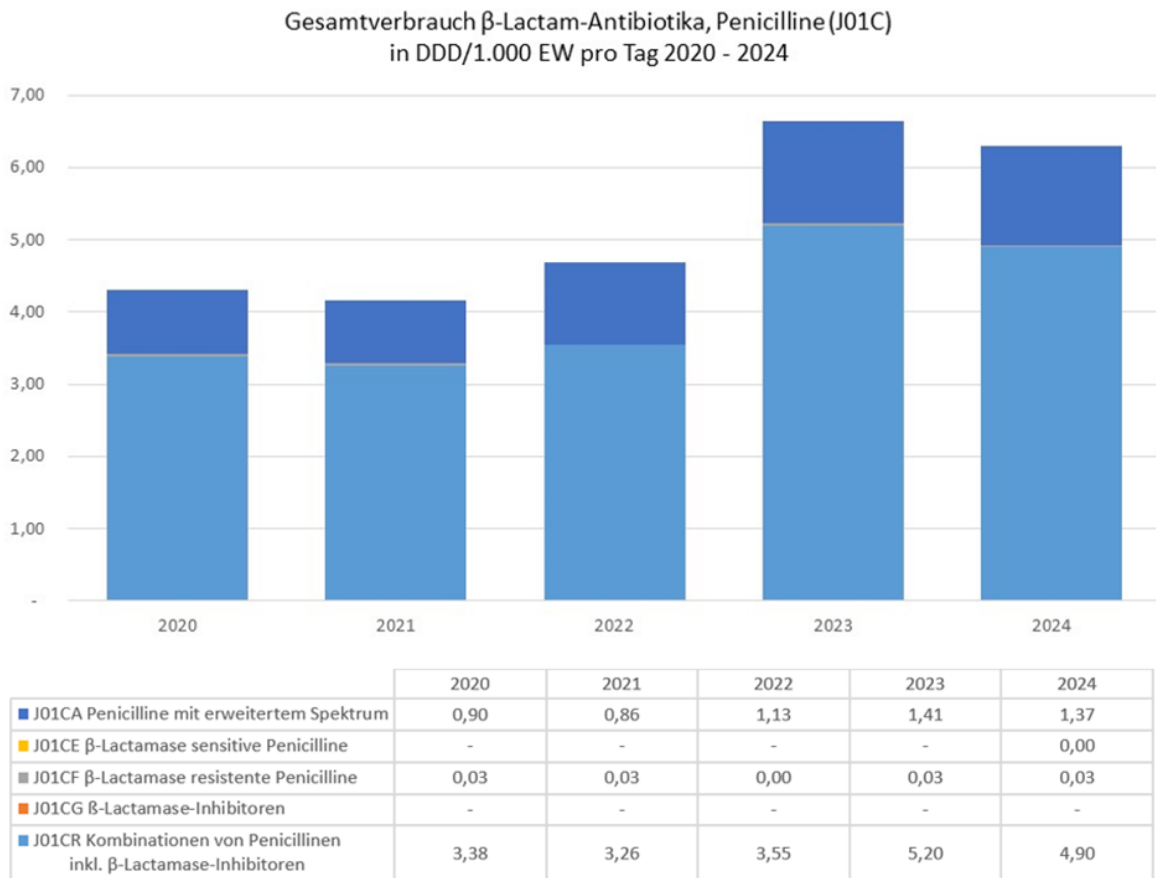
Quelle: IQVIA™

## 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 2024 6,3 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 178). Dies stellt eine leichte Senkung des Verbrauchs im Vergleich zum Vorjahr dar.

Abbildung 178: Gesamtverbrauch  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 – 2024



Quelle: IQVIA™

### Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich

Der Verbrauch der Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich betrug im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 5,54 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 168) und gemäß Dachverbanddaten 5,55 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 169). Dabei machten die Kombinationen von Penicillinen inkl.  $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren (J01CR) mit 4,23 DDD/1.000 EW pro Tag laut IQVIA™-Daten und mit 4,08 DDD/1.000 EW pro Tag laut Dachverband-Daten den größten Anteil aus.

Tabelle 168: Verbrauch  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01C $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	6,69	0,86	0,82	1,13	1,36	1,31
J01CE $\beta$ -Lactamase sensitive Penicilline	0,93	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CF $\beta$ -Lactamase resistente Penicilline	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CG $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-
J01CR Kombinationen von Penicillinen inkl. $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren	0,90	2,79	2,71	3,55	4,55	4,23

Quelle: IQVIA™

Tabelle 169: Verbrauch  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01C $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	0,74	0,72	0,70	0,89	0,99	1,00
J01CE $\beta$ -Lactamase sensitive Penicilline	0,86	0,40	0,30	0,47	0,35	0,47
J01CF $\beta$ -Lactamase resistente Penicilline	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01CG $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-
J01CR Kombinationen von Penicillinen inkl. $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren	2,98	2,59	2,58	3,27	3,64	4,08

Quelle: Daten des Dachverbandes

## Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline im Jahr 2024 15,48 DDD/100 Belagstage pro Jahr. Der höchste Verbrauch wurde bei den Kombinationen von Penicillinen inkl.  $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren registriert (13,74 DDD/100 Belagstage pro Jahr) (Tabelle 170).

Tabelle 170: Verbrauch  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2024

J01C $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01CA Penicilline mit erweitertem Spektrum	28,53	0,77	0,80	0,95	0,96	1,17
J01CE $\beta$ -Lactamase sensitive Penicilline	0,88	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01
J01CF $\beta$ -Lactamase resistente Penicilline	0,31	0,44	0,49	0,48	0,54	0,56
J01CG $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren	-	0,00	0,00	0,01	0,00	-
J01CR Kombinationen von Penicillinen inkl. $\beta$ -Lactamase-Inhibitoren	3,23	11,18	10,54	12,70	13,20	13,74

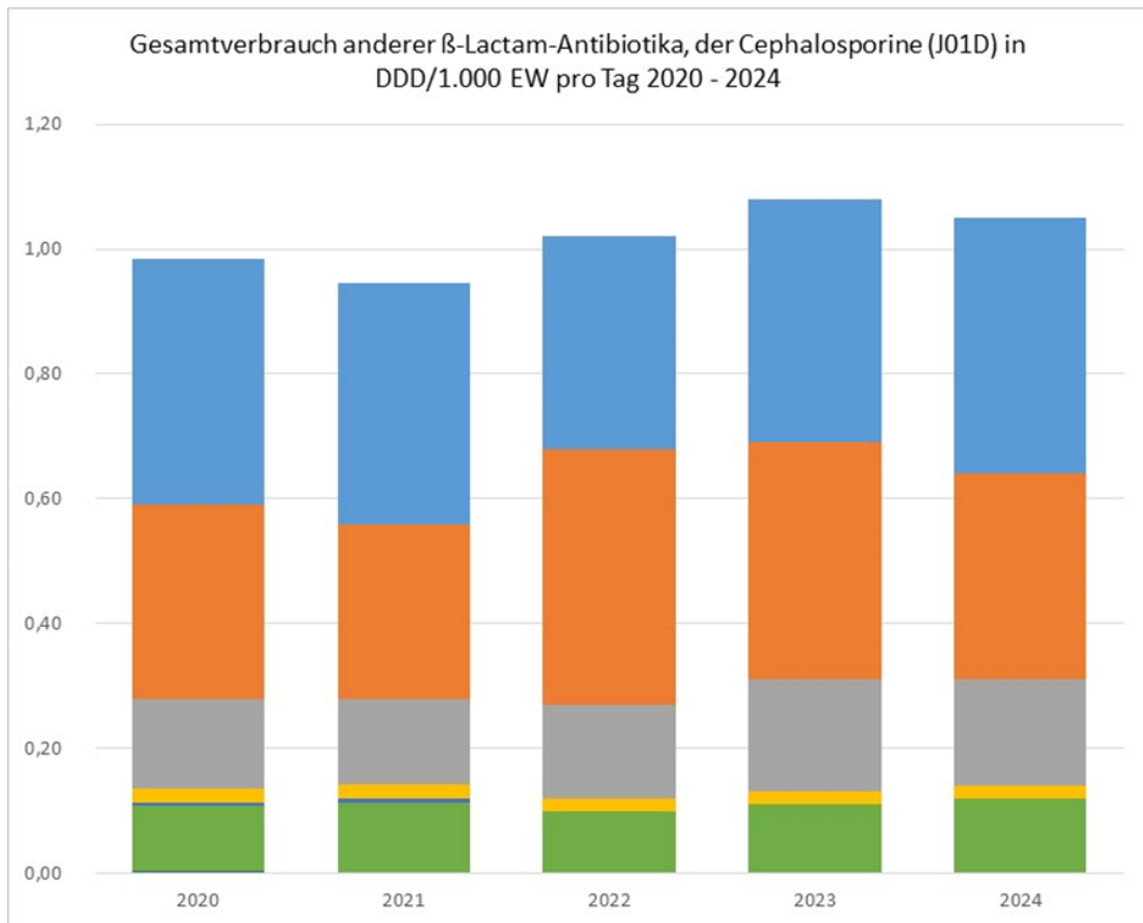
Quelle: IQVIA™

## Andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D)

### Gesamtverbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D)

Gemäß den IQVIA™-Daten betrug der Gesamtverbrauch der ATC3-Klasse Andere  $\beta$ -Lactam-Antibiotika (Cephalosporine) (J01D) im Jahr 2024 1,05 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 179).

Abbildung 179: Gesamtverbrauch anderer  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, der Cephalosporine (J01D) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024



	2020	2021	2022	2023	2024
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,40	0,39	0,34	0,39	0,41
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,31	0,28	0,41	0,38	0,33
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,14	0,14	0,15	0,18	0,17
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,11	0,11	0,10	0,11	0,12
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Quelle: IQVIA™

### Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Verbrauch der Cephalosporine (J01D) im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 0,5 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 171) und gemäß Dachverband-Verbrauchsdaten 1,19 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 172).

Tabelle 171: Verbrauch andere  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024

J01D Andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,34	0,31	0,30	0,25	0,29	0,29
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,88	0,15	0,14	0,26	0,22	0,17
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,80	0,03	0,02	0,04	0,06	0,04
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Quelle: IQVIA™

Tabelle 172: Verbrauch andere  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 - 2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01D Andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	0,31	0,28	0,28	0,24	0,24	0,28
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	0,71	0,62	0,57	0,72	0,73	0,77
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	0,67	0,11	0,18	0,16	0,12	0,14
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DF Monobactame	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DH Carbapeneme	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	-	-	0,00	0,00	0,00

Quelle: Daten des Dachverbandes

## Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der Cephalosporine (J01D) im Jahr 2024 11,41 DDD/100 Belagstage. Der größte Verbrauch für 2024 lässt sich bei J01DC (2.-Generations-Cephalosporine) erkennen (Tabelle 173).

Tabelle 173: Verbrauch andere  $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage im Jahr 2011 und 2020 - 2024

J01D Andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01DB 1.-Generations-Cephalosporine	2,05	1,67	1,75	1,93	2,10	2,38
J01DC 2.-Generations-Cephalosporine	4,06	2,94	2,68	3,10	3,22	3,27
J01DD 3.-Generations-Cephalosporine	1,81	2,23	2,19	2,36	2,56	2,80
J01DE 4.-Generations-Cephalosporine	0,61	0,42	0,44	0,42	0,42	0,41
J01DF Monobactame	0,02	0,04	0,05	0,04	0,04	0,04
J01DH Carbapeneme	1,93	1,98	2,14	2,11	2,29	2,48
J01DI Andere Cephalosporine und Peneme	-	0,05	0,01	0,02	0,03	0,03

Quelle: IQVIA™

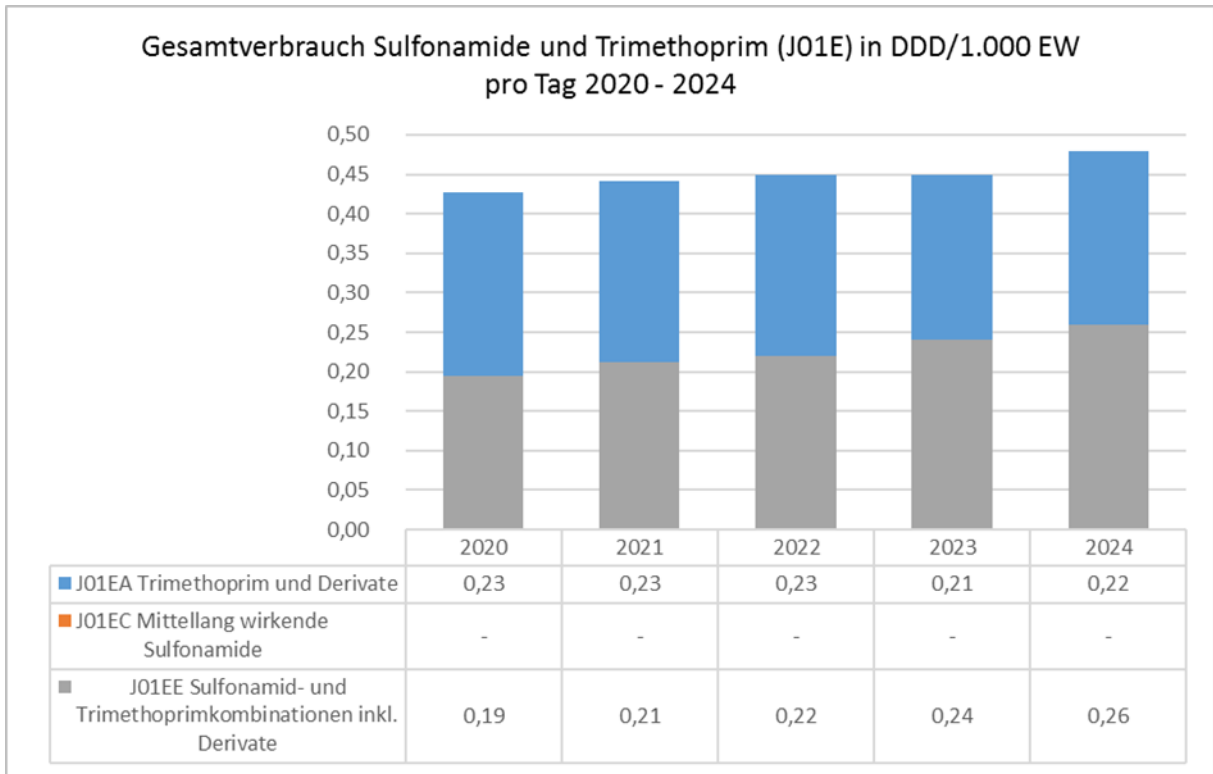
## Sulfonamide und Trimethoprim (J01E)

### Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E)

Gemäß den IQVIA™-Daten betrug der Gesamtverbrauch von Sulfonamiden und Trimethoprim (J01E) im Jahr 2024 0,48 DDD/1.000 EW pro Tag. Über die vergangenen

Jahre ist eine leichte Erhöhung des Verbrauchs dieser ATC3-Klasse zu sehen (Abbildung 180).

Abbildung 180: Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024



Quelle: IQVIA™

### Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Antibiotikaverbrauch der Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 0,43 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 174) und gemäß Dachverband-Daten 0,21 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 175).

Tabelle 174: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01E Sulfonamide und Trimethoprim	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,45	0,21	0,21	0,22	0,19	0,20
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	0,23

Quelle: IQVIA™

Tabelle 175: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2024 in DDD/ 1.000 EW pro Tag

J01E Sulfonamide und Trimethoprim	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,15	0,10	0,09	0,90	0,08	0,07
J01EC Mittellang wirkende Sulfonamide	-	-	-	-	-	-
J01EE Sulfonamid- und Trimethoprimkombinationen inkl. Derivate	0,32	0,13	0,14	0,90	0,12	0,14

Quelle: Daten des Dachverbandes

### Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich

Im stationären Bereich betrug der Verbrauch der Sulfonamide und Trimethoprim im Jahr 2024 0,94 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 176).

Tabelle 176: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr in den Jahren 2011 und 2020-2024

J01E Sulfonamide und Trimethoprim	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01EA Trimethoprim und Derivate	0,94	0,41	0,38	0,40	0,36	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	0,58

Quelle: IQVIA™

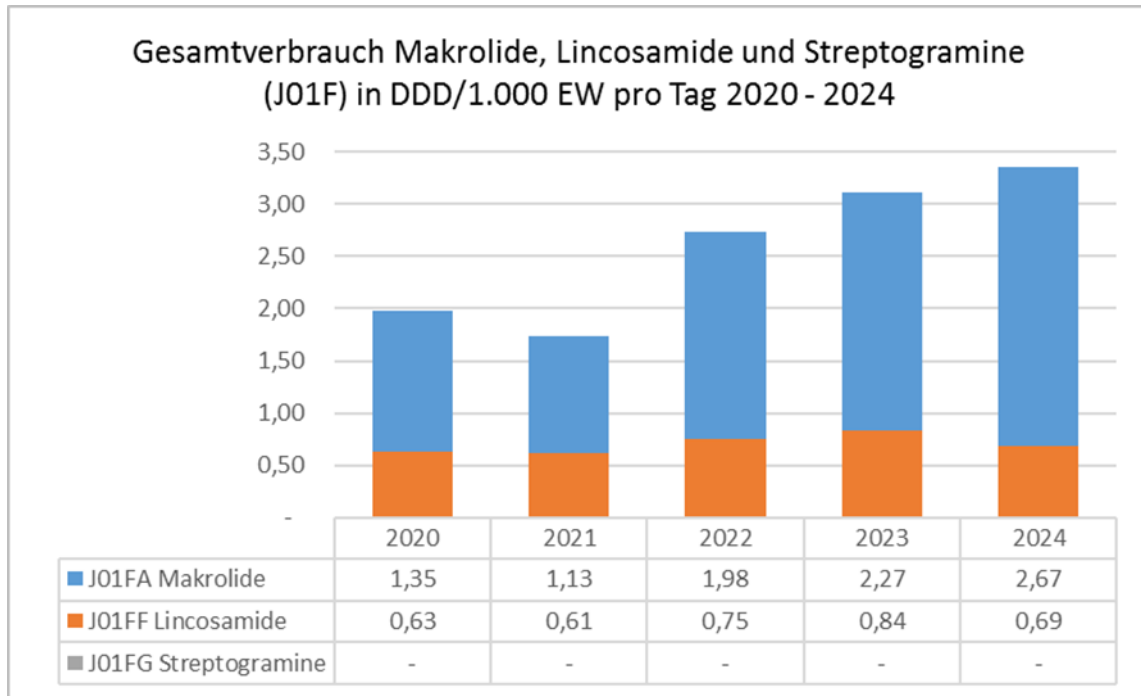
## Makrolide, Lincosamide und Streptogramine<sup>25</sup> (MLS; J01F)

### Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (MLS; J01F)

Der Gesamtverbrauch der Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) betrug laut IQVIA™-Daten von 3,36 DDD/1.000 EW pro Tag im Jahr 2024 (Abbildung 181). Der Hauptanteil des Verbrauches lag bei den Makroliden (J01FA) mit 2,67 DDD/1.000 EW pro Tag.

<sup>25</sup> Streptogramine sind nicht auf dem Markt erhältlich.

Abbildung 181: Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) in DDD/1.000 EW pro Tag 2019 - 2024



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 2024 gemäß IQVIA™-Daten ein Verbrauch von 3,19 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 177) und gemäß Dachverband-Daten von 1,94 DDD/1.000 EW pro Tag registriert (Tabelle 178).

Tabelle 177: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01FA Makrolide	2,88	1,28	1,06	1,90	2,19	2,56
J01FF Lincosamide	0,84	0,57	0,56	0,69	0,78	0,63
J01FG Streptogramine	-	-	-	-	-	-

Quelle: IQVIA™

Tabelle 178: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01FA Makrolide	2,69	0,94	0,87	1,33	1,28	1,34
J01FF Lincosamide	0,70	0,60	0,53	0,52	0,59	0,60
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 2024 ein Verbrauch von 3,33 DDD/100 Belagstage registriert. Dabei entfiel auf die Substanzklasse Makrolide (J01FA) ein Verbrauch von 2,14 DDD/100 Belagstage und auf die Lincosamide (J01FF) ein Verbrauch von 1,19 DDD/100 Belagstage (Tabelle 179).

Tabelle 179: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2024

J01F Makrolide, Lincosamide und Streptogramine	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01FA Makrolide	2,27	1,45	1,21	1,50	1,60	2,14
J01FF Lincosamide	1,72	1,06	1,01	1,17	1,25	1,19
J01FG Streptogramine	-	-	-	-	-	-

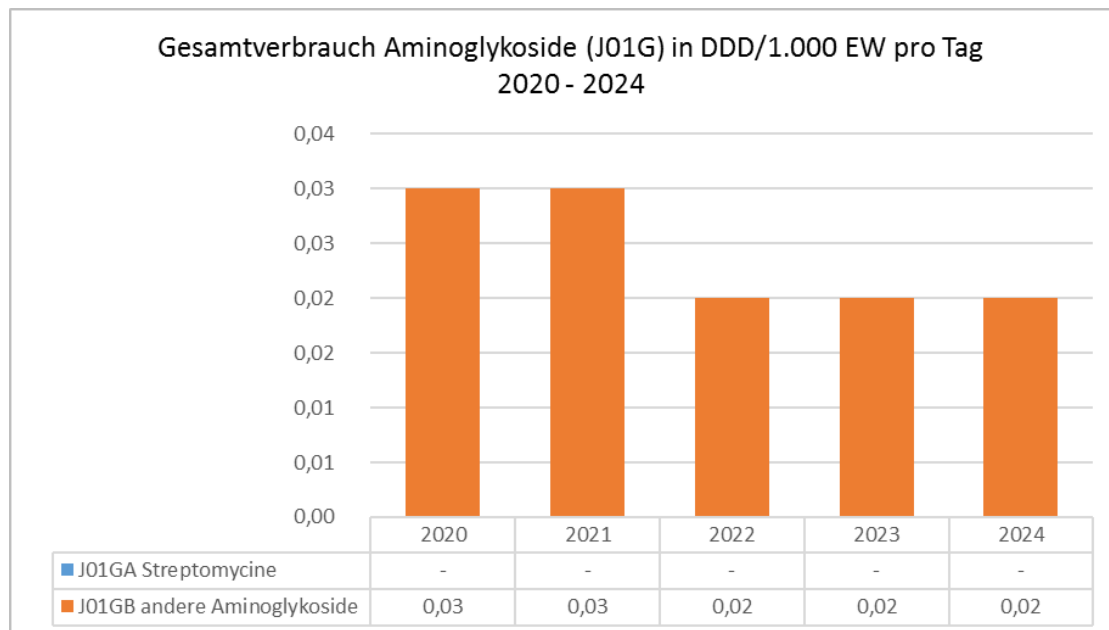
Quelle: IQVIA™

## Aminoglykosid-Antibiotika (J01G)

### Gesamtverbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G)

Der Gesamtverbrauch der Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) lag laut IQVIA™ 2024 bei 0,02 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 182).

Abbildung 182: Gesamtverbrauch Aminoglykoside (J01G) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024



Quelle: IQVIA

### Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich wurden 2024 0,01 DDD/1.000 EW pro Tag verbraucht, sowohl laut IQVIATM-Daten als auch laut Dachverband (Tabelle 180 und Tabelle 181).

Tabelle 180: Verbrauch Aminoglykoside (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01G Aminoglykoside	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01GA Streptomycine	-	-	-	-	-	-
J01GB andere Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01

Quelle: IQVIA™

Tabelle 181: Verbrauch Aminoglykoside (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01G Aminoglykoside	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01GA Streptomycine	-	-	-	-	-	-
J01GB andere Aminoglykoside	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01

Quelle: Daten des Dachverbandes

### Verbrauch Aminoglykosid-Antibiotika (J01G) im stationären Bereich

Im stationären Bereich lag der Verbrauch der Aminoglykosid-Antibiotika 2024 bei 0,15 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 182).

Tabelle 182: Verbrauch Aminoglykoside (J01G) im stationären Bereich in DDD/100  
Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2024

J01G Aminoglykoside	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01GA Streptomycine	-	-	-	-	-	-
J01GB andere Aminoglykoside	0,61	0,23	0,21	0,18	0,17	0,15

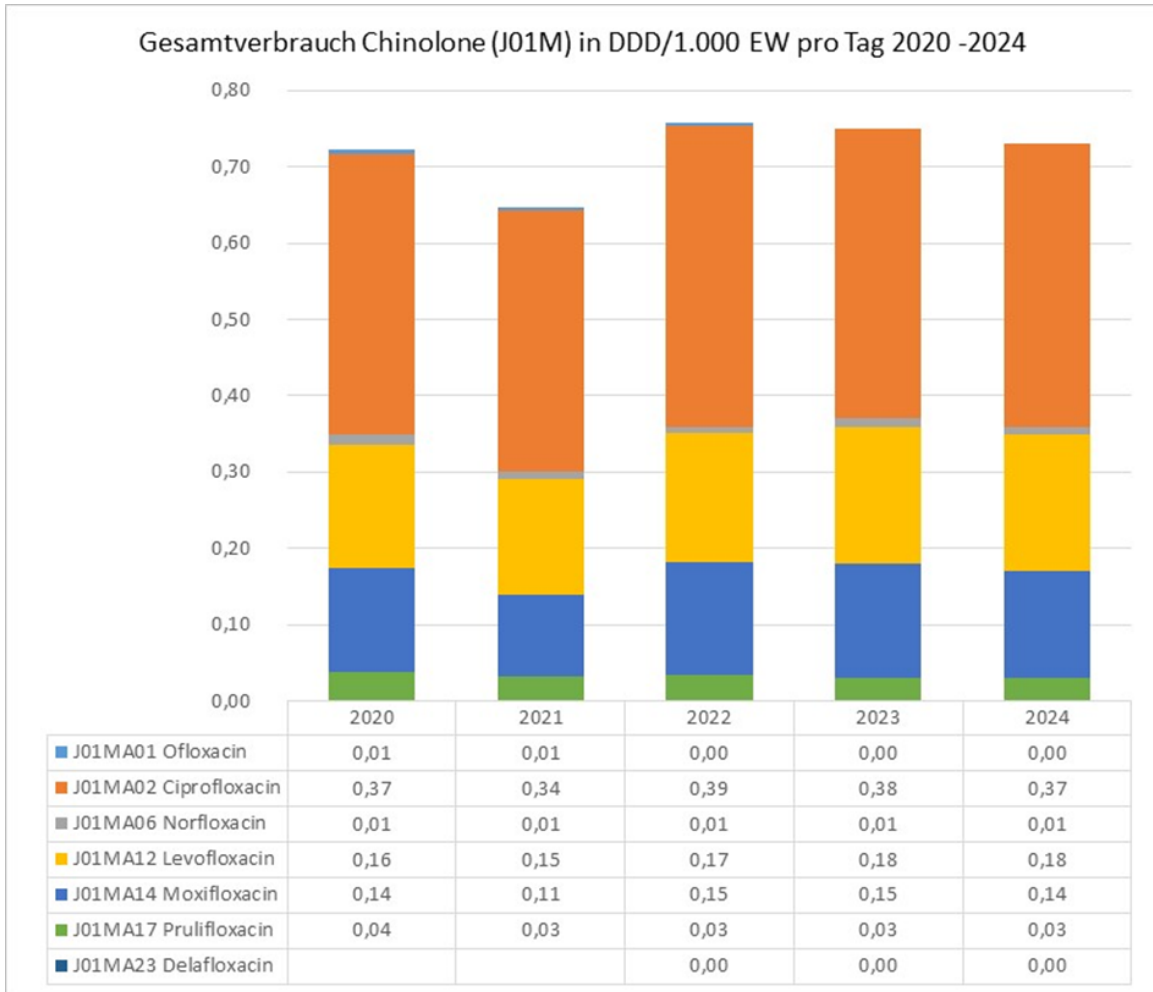
Quelle: IQVIA™

## Chinolone (J01M)

### Gesamtverbrauch Chinolone (J01M)

Der Gesamtverbrauch der Chinolone (J01M) im Jahr 2024 betrug 0,73 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 183). Der höchste Verbrauch bei den Chinolonen wurde 2024 erneut für Ciprofloxacin (J01MA02) mit 0,37 DDD/1.000 EW pro Tag registriert.

Abbildung 183: Gesamtverbrauch Chinolone (J01M) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 -2024



Quelle: IQVIA™

### Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Antibiotikaverbrauch der Chinolone im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 0,61 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 183) und gemäß Dachverband-Daten 0,56 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 184). Der Hauptanteil des Verbrauches im Jahr 2024 lag laut beiden Datenquellen bei Ciprofloxacin (J01MA02) mit 0,33 DDD/1.000 EW pro Tag (IQVIA™-Daten) bzw. 0,29 DDD/1.000 EW und Tag (Dachverband-Daten).

Tabelle 183: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01M Chinolone	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01MA01 Ofloxacin	0,06	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00
J01MA02 Ciprofloxacin	0,87	0,32	0,30	0,35	0,34	0,33
J01MA06 Norfloxacin	0,15	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
J01MA12 Levofloxacin	0,14	0,12	0,11	0,12	0,14	0,13
J01MA14 Moxifloxacin	0,27	0,10	0,08	0,11	0,12	0,11
J01MA17 Prulifloxacin	-	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03
J01MA23 Delafloxacin	-	-	-	0,00	0,00	0,00

Quelle: IQVIA™

Tabelle 184: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01M Chinolone	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01MA01 Ofloxacin	0,06	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
J01MA02 Ciprofloxacin	0,69	0,31	0,29	0,31	0,31	0,29
J01MA06 Norfloxacin	0,13	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
J01MA12 Levofloxacin	0,13	0,11	0,10	0,11	0,13	0,13
J01MA14 Moxifloxacin	0,24	0,09	0,08	0,10	0,11	0,11
J01MA17 Prulifloxacin	0,04	0,04	0,03	0,03	0,03	0,02
J01MA23 Delafloxacin	-	-	-	0,00	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 2024 2,42 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 185).

Tabelle 185: Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2024

J01M Chinolone	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01MA01 Ofloxacin	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01MA02 Ciprofloxacin	3,52	0,89	0,80	0,95	0,90	0,86
J01MA06 Norfloxacin	0,03	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00
J01MA12 Levofloxacin	1,19	0,89	0,82	0,92	0,93	0,96
J01MA14 Moxifloxacin	1,57	0,70	0,61	0,68	0,66	0,59
J01MA17 Prulifloxacin	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
J01MA23 Delafloxacin	-	-	-	0,00	0,01	0,01

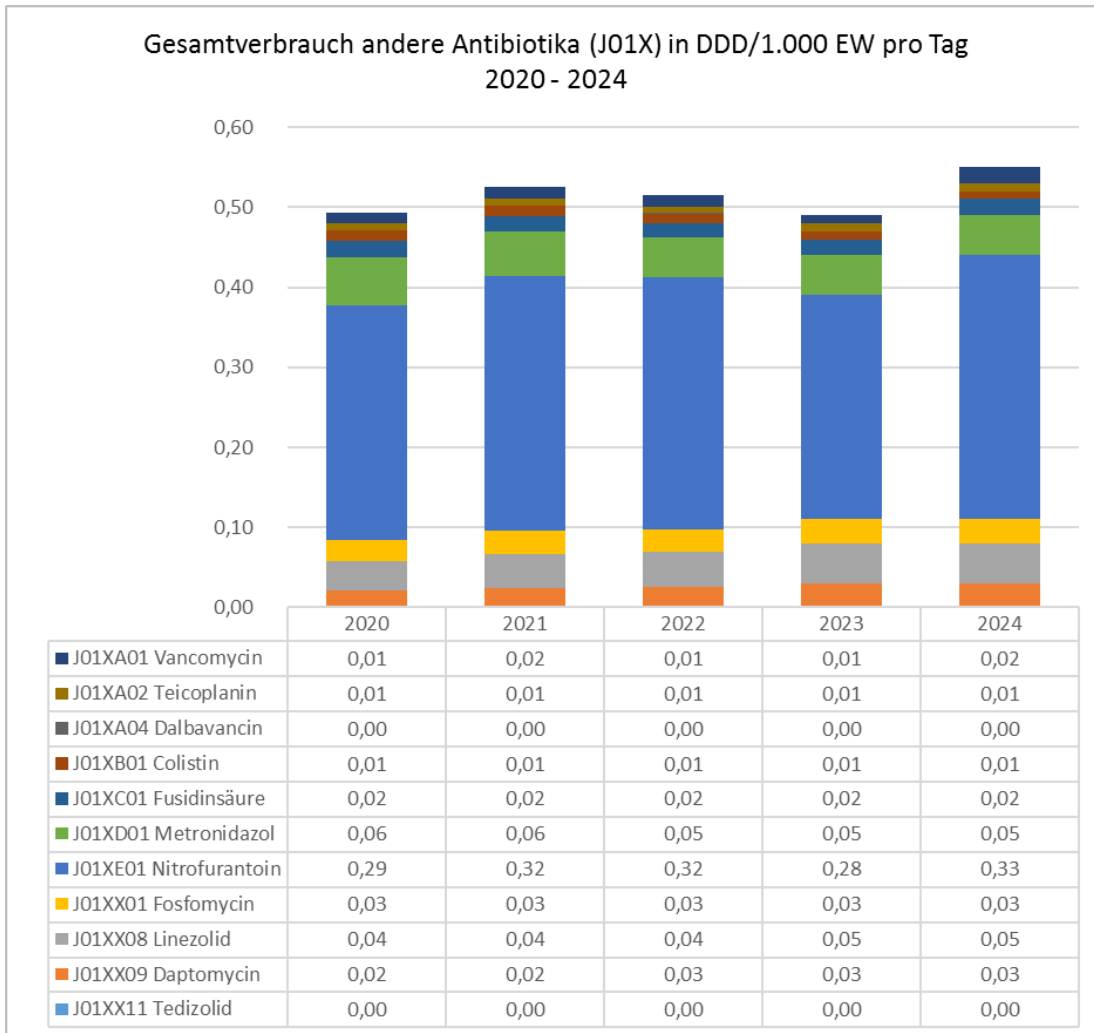
Quelle: IQVIA™

## Andere Antibiotika (J01X)

### Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X)

Der Gesamtverbrauch der Klasse andere Antibiotika (J01X) betrug im Jahr 2024 0,55 DDD/1.000 EW pro Tag (Abbildung 184). Der höchste Verbrauch lag mit 0,33 DDD/1.000 EW pro Tag bei Nitrofurantoin (J01XE01).

Abbildung 184: Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024



Quelle: IQVIA™

### Verbrauch andere Antibiotika (J01X) im niedergelassenen Bereich

Im niedergelassenen Bereich betrug der Verbrauch der Substanzklasse andere Antibiotika (J01X) im Jahr 2024 gemäß IQVIA™-Daten 0,36 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 186) und gemäß Dachverband-Verbrauchsdaten 0,2 DDD/1.000 EW pro Tag (Tabelle 187).

Tabelle 186: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01XA01 Vancomycin	0,0011	0,0002	0,0002	0,0003	0,0002	0,0002
J01XA02 Teicoplanin	0,0008	0,0001	0,0001	0,0002	0,0001	0,0001
J01XA04 Dalbavancin	-	0,0000	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
J01XB01 Colistin	-	0,0000	0,0001	0,0001	0,0001	0,0084
J01XC01 Fusidinsäure	0,0376	0,0115	0,0102	0,0102	0,0095	0,0126
J01XD01 Metronidazol	0,0015	0,0171	0,0157	0,0146	0,0145	0,0022
J01XE01 Nitrofurantoin	-	0,0044	0,0021	0,0023	0,0019	0,3245
J01XX01 Fosfomycin	0,0002	0,2872	0,3116	0,3095	0,2730	0,0000
J01XX08 Linezolid	0,0049	0,0001	0,0002	0,0000	0,0001	0,0112
J01XX09 Daptomycin	-	0,0076	0,0085	0,0108	0,0109	0,0000
J01XX11 Tedizolid	-	0,0001	0,0001	0,0002	0,0000	0,0004

Quelle: IQVIA™

Tabelle 187: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011, 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01XA01 Vancomycin	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
J01XA02 Teicoplanin	0,0010	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001
J01XA04 Dalbavancin	-	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
J01XB01 Colistin	0,0073	0,0107	0,0101	0,0087	0,0080	0,0072
J01XC01 Fusidinsäure	0,0377	0,0167	0,0152	0,0138	0,0137	0,0123
J01XD01 Metronidazol	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001
J01XE01 Nitrofurantoin	0,1747	0,2401	0,1724	0,1643	0,1654	0,1580
J01XX01 Fosfomycin	0,0214	0,0336	0,0079	0,0077	0,0083	0,0071
J01XX08 Linezolid	0,0047	0,0072	0,0082	0,0099	0,0100	0,0106
J01XX09 Daptomycin	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0000
J01XX11 Tedizolid	-	0,0002	0,0003	0,0003	0,0003	0,0004

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 2024 3,54 DDD/100 Belagstage pro Jahr (Tabelle 188). Die Substanz mit dem höchsten Verbrauch war Metronidazol mit 0,99 DDD/100 Belagstage pro Jahr.

Tabelle 188: Verbrauch anderer Antibiotika (J01X) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2024

J01X Andere Antibiotika	2011	2020	2021	2022	2023	2024
J01XA01 Vancomycin	0,2871	0,2490	0,2922	0,2897	0,2805	0,3096
J01XA02 Teicoplanin	0,1777	0,1559	0,1586	0,1504	0,1404	0,1063
J01XA04 Dalbavancin	-	0,0084	0,0095	0,0122	0,0181	0,0243
J01XB01 Colistin	-	0,0303	0,0322	0,0334	0,0345	0,0305
J01XC01 Fusidinsäure	0,2187	0,0748	0,0755	0,0592	0,0627	0,0591
J01XD01 Metronidazol	0,9900	1,0377	1,0317	0,9741	0,9923	0,9929
J01XE01 Nitrofurantoin	-	0,1118	0,1118	0,1278	0,1193	0,1167
J01XX01 Fosfomycin	0,1029	0,5003	0,5500	0,5587	0,5782	0,5573
J01XX08 Linezolid	0,3919	0,5447	0,6578	0,6952	0,7146	0,7578
J01XX09 Daptomycin	0,0781	0,3876	0,4420	0,5150	0,5182	0,5825
J01XX11 Tedizolid	-	0,0015	0,0000	0,0001	0,0007	0,0035

Quelle: IQVIA™

## Diskussion

Antimikrobielle Resistenz zählt weiterhin zu den drängendsten Gesundheitsproblemen weltweit. Der Kenntnis der Verschreibungszahlen kommt als Voraussetzung für zielgerichtete Maßnahmen zur Verbrauchsreduzierung deshalb eine große Bedeutung zu, etwa im Rahmen des „Antimicrobial Stewardship“. 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 [3].

2024 zeigte sich eine leichte Steigerung des Gesamt-Antibiotikaverbrauchs im Vergleich zu 2023. Der Verbrauch liegt weiterhin knapp unter dem Verbrauchsniveau aus 2018. In den oben genannten Ratsempfehlungen wird eine Reduktion des Antiinfektiva-Gesamtverbrauchs empfohlen, für Österreich soll diese Reduktion bis 2030 3 % des Verbrauchs 2019 betragen. Die letzten Jahre zeigten allerdings einen steigenden Trend. Dies bedeutet, dass vermehrt Maßnahmen gesetzt werden müssen um die empfohlene Reduktion bis 2030 erreichen zu können. 2025 wurde die Aktualisierung und Erweiterung des Nationalen Aktionsplans zur Antibiotikaresistenz gestartet, die sich an den Ratsempfehlungen orientiert und auch ein neues Aktionsfeld zu Antiinfektiva-Verbrauch vorsieht.

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 [4].

Der Gesamt-Antibiotikaverbrauch in Österreich erreichte bereits 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. Dieser Trend ist auch in den meisten europäischen Staaten zu sehen [5].

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 2024 zeigten speziell im niedergelassenen Bereich einen 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 2023, [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: 06.10.2025

[2] WHO Collaborating Centre for Drug Statistics Methodology. ATC/DDD Index 2025; [https://www.whocc.no/atc\\_ddd\\_index/](https://www.whocc.no/atc_ddd_index/); letzter Zugriff: 06.10.2025

[3] Council recommendation on stepping up EU actions to combat antimicrobial resistance in a One Health approach (2023/C 220/01)

[4] 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 06.10.2025

[5] Antimicrobial consumption in the EU/EEA (ESAC-Net) Annual Epidemiological Report for 2023, ECDC, 18.11.2024, <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-consumption-eueea-esac-net-annual-epidemiological-report-2023>, letzter Zugriff 06.10.2025

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Übersicht Beiträge, Autor:innen und Reviewer:innen .....	21
Tabelle 2: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2024 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – grampositive Erreger .....	41
Tabelle 3: Stichprobengrößen und Resistenzraten 2024 ausgewählter in EARS-Net definierter Bug-Drug-Kombinationen – gramnegative Erreger .....	42
Tabelle 4: EARS-Net – Erfassungsgrad der Akutkrankenanstalten .....	45
Tabelle 5: Teilnehmende Zentren und Anzahl der Erstisolate in der EARS-Net AT- Datenbank .....	47
Tabelle 6: Anzahl der Meldungen nach Erregern 2020 bis 2024 .....	51
Tabelle 7: Bevölkerungszahlen 2024 absolut und relativ nach Bundesländern .....	52
Tabelle 8: Anzahl der Erstisolate pro Bundesland.....	52
Tabelle 9: Anzahl der Erstisolate von <i>Streptococcus pneumoniae</i> seit dem Jahr 2020 .....	53
Tabelle 10: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin, MHK-Werte 2024 im Detail .....	55
Tabelle 11: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin, aus EUCAST Clinical Breakpoints Table v.12.0 .....	56
Tabelle 12: <i>Streptococcus pneumoniae</i> und Penicillin seit dem Jahr 2020 .....	57
Tabelle 13: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	58
Tabelle 14: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent nach Bundesland seit dem Jahr 2020 .....	58
Tabelle 15: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide seit dem Jahr 2020.....	59
Tabelle 16: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	60
Tabelle 17: Anzahl der Erstisolate von <i>Staphylococcus aureus</i> seit dem Jahr 2020 .....	61
Tabelle 18: MRSA-Raten nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	64
Tabelle 19: MRSA-Raten im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	65
Tabelle 20: <i>Staphylococcus aureus</i> – Vancomycin-nicht empfindlich Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	65
Tabelle 21: Anzahl der Erstisolate von <i>Escherichia coli</i> seit dem Jahr 2020 .....	66
Tabelle 22: <i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020.....	68
Tabelle 23: <i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	69
Tabelle 24: <i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	71

Tabelle 25: <i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	71
Tabelle 26: <i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020.....	73
Tabelle 27: <i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	74
Tabelle 28: <i>Escherichia coli</i> – Carbapenemen-resistent in Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	75
Tabelle 29: Anzahl der Erstisolate von <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> seit dem Jahr 2020 .....	76
Tabelle 30: Enterokokken –Vancomycin-resistent nach Bundesland 2024.....	80
Tabelle 31: Anzahl der Erstisolate von <i>Klebsiella pneumoniae</i> seit dem Jahr 2020 .....	81
Tabelle 32: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	83
Tabelle 33: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	84
Tabelle 34: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	85
Tabelle 35: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	86
Tabelle 36: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	87
Tabelle 37: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	88
Tabelle 38: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	88
Tabelle 39: Anzahl der Erstisolate von <i>Pseudomonas aeruginosa</i> seit dem Jahr 2020.....	90
Tabelle 40: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	91
Tabelle 41: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Amikacin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	92
Tabelle 42: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Tobramycin-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	93
Tabelle 43: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Amikacin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	94
Tabelle 44: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Tobramycin-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	94

Tabelle 45: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	95
Tabelle 46: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	96
Tabelle 47: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	97
Tabelle 48: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	98
Tabelle 49: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin/Tazobactam-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	99
Tabelle 50: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin-/Tazobactam-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	100
Tabelle 51: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent nach Altersgruppen seit dem Jahr 2020 .....	101
Tabelle 52: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	102
Tabelle 53: Anzahl Erstisolate <i>Acinetobacter</i> spp. seit 2020 .....	103
Tabelle 54: Anzahl der Erstisolate von <i>Acinetobacter</i> spp. nach Bundesländern seit dem Jahr 2020 .....	104
Tabelle 55: <i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	105
Tabelle 56: <i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	106
Tabelle 57: <i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	107
Tabelle 58: <i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	108
Tabelle 59: <i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	109
Tabelle 60: <i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent im Bundesländervergleich seit dem Jahr 2020 .....	110
Tabelle 61: Projektpartner:innen und Ansprechpersonen .....	123
Tabelle 62: Indikatorerreger und -substanzen .....	126
Tabelle 63: Übersicht Erreger (n = 151.055) und ausgewählte Indikatorsubstanzen aus 2024 – resistent in Prozent .....	128
Tabelle 64: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei $\beta$ -hämolyisierenden Streptokokken der Gruppe A von 2020 bis 2024 .....	133

Tabelle 65: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>S. pneumoniae</i> von 2020 bis 2024 .....	134
Tabelle 66: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>H. influenzae</i> von 2020 bis 2024 .....	135
Tabelle 67: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>E. coli</i> von 2020 bis 2024 .....	137
Tabelle 68: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>K. pneumoniae</i> von 2020 bis 2024 .....	140
Tabelle 69: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>S. aureus</i> von 2020 bis 2024.....	143
Tabelle 70: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei MRSA von 2020 bis 2024 .....	145
Tabelle 71: Resistenzraten ausgewählter Indikatorsubstanzen bei <i>P. aeruginosa</i> , getrennt nach Harn, Ohrabstrich und Trachealsekret von 2020 bis 2024.....	146
Tabelle 72: Resistenzraten ausgewählter Reservesubstanzen, Harntrakt, im Jahr 2024..	150
Tabelle 73: Häufigkeit der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei <i>Enterobacterales</i> in 2024.....	159
Tabelle 74: Resistenzraten gegenüber Colistin bei <i>Enterobacterales</i> in 2024.....	160
Tabelle 75: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei <i>Enterobacterales</i> in 2024 .....	164
Tabelle 76: WGS-Ergebnisse – Colistin-resistente <i>Enterobacterales</i> in 2024 .....	169
Tabelle 77: Therapieoptionen bei den 21 Colistin-resistenten CPE <i>K. pneumoniae</i> -Isolaten in 2024.....	170
Tabelle 78: WGS-Ergebnisse – <i>blaOXA-48-like</i> positive <i>E. coli</i> inkl. Auslandsanamnese in 2024.....	171
Tabelle 79: Metadaten der 4 <i>E. coli</i> -Isolate vom MLST 131 mit <i>blaOXA 244</i> -Nachweis in 2024.....	172
Tabelle 80: Metadaten der 10 <i>E. coli</i> -Isolate vom MLST 13730 mit <i>blaOXA 244</i> -Nachweis in 2024.....	173
Tabelle 81: Speziesverteilung und Auslandsanamnese bei Mehrfachnachweis von <i>blaCarba</i> in 35 <i>Enterobacterales</i> -Isolaten in 2024 .....	174
Tabelle 82: Nachgewiesene Carbapenemase-Gene bei <i>Pseudomonas aeruginosa</i> in 2024 .....	176
Tabelle 83: Nachgewiesene Carbapenemase-Gen-Kombinationen bei der <i>Acinetobacter baumannii</i> -Gruppe in 2024 .....	178
Tabelle 84: EUCAST v. 14.0 – Clinical Breakpoints für <i>S. pneumoniae</i> .....	185

Tabelle 85: 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 86: Anteil der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate mit Resistenz gegenüber Clindamycin und Tetrazyklin nach EUCAST, 2023-2024.	187
Tabelle 87: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate entsprechend Penicillin-MHKs nach Geschlecht, 2024	190
Tabelle 88: Serotypenverteilung der vermindert Penicillin-empfindlichen Pneumokokken-Isolate (N = 802), 2024	191
Tabelle 89: Anteil der <i>Streptococcus pneumoniae</i> -Isolate mit Resistenz gegenüber Erythromycin nach EUCAST für die Jahre 2015–2022.	193
Tabelle 90: Anteil der <i>Streptococcus pneumoniae</i> -Isolate mit Resistenz gegenüber Erythromycin nach EUCAST für die Jahre 2023–2024.	193
Tabelle 91: Verteilung der Isolate entsprechend Erythromycin-Empfindlichkeit nach Altersgruppen, 2024	195
Tabelle 92: Serotypenverteilung und Anteil Erythromycin-resistenter Isolate, 2024	196
Tabelle 93: <i>Neisseria gonorrhoeae</i> MHK-Grenzwerte gemäß EUCAST (Version 14.0)	204
Tabelle 94: Verteilung der <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Proben (n=409) nach Bundesländern entsprechend dem Wohnort der Patient:innen. War der Wohnort der Patient:innen nicht zu ermitteln, wurde – sofern bekannt – der Ort des Einsenders herangezogen.	206
Tabelle 95: Ergebnisse der Resistenztestung von 407 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten	206
Tabelle 96: Vergleich der häufigsten Serovare bei humanen und nicht-humanen Isolaten, Österreich, 2024	220
Tabelle 97: Resistenzanteil aller humanen Erstisolate, Österreich, Vergleich 2000 – 2024	221
Tabelle 98: Anzahl der resistenten humanen <i>Salmonella</i> -Erstisolate nach Serotypen, Österreich, 2024	222
Tabelle 99: Multiresistente <i>Salmonella</i> -Serotypen, Österreich, 2024	223
Tabelle 100: High-Level-Ciprofloxacin-resistente humane <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 2024	224
Tabelle 101: Dritt-Generations-Cephalosporin-resistente humane <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 2024	225
Tabelle 102: Resistenzen der 2024 in Österreich isolierten <i>S. Typhi</i> sowie <i>S. Paratyphi</i> A und B Isolate	226
Tabelle 103: <i>Salmonella</i> -Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2024	227
Tabelle 104: Anzahl der resistenten <i>Salmonella</i> -Isolate aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2024	228

Tabelle 105: Multiresistente <i>Salmonella</i> -Serotypen bei Stämmen aus dem Veterinärbereich, Österreich, 2024.....	229
Tabelle 106: <i>Salmonella</i> -Isolate von Hühnern, Österreich, 2024 .....	229
Tabelle 107: <i>Salmonella</i> -Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2024.....	230
Tabelle 108: Anzahl der resistenten <i>Salmonella</i> -Isolate aus Lebensmitteln, Österreich, 2024.....	231
Tabelle 109: Multiresistente <i>Salmonella</i> -Serotypen bei Stämmen aus Lebensmitteln, Österreich, 2024 .....	232
Tabelle 110: <i>Salmonella</i> -Isolate aus Hühnerfleisch, Österreich, 2024 .....	232
Tabelle 111: <i>Salmonella</i> -Isolate aus Futtermitteln, Österreich, 2024 .....	233
Tabelle 112: Übersicht über Wirkstoffe, ECOFFs/ klinische Breakpoints und Messbereiche (µg/ml).....	241
Tabelle 113: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolaten aus Humanproben	243
Tabelle 114: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolaten aus Humanproben....	245
Tabelle 115: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolate aus Humanproben .....	247
Tabelle 116: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolate aus Humanproben .....	247
Tabelle 117: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter jejuni</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner).....	248
Tabelle 118: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter coli</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner).....	249
Tabelle 119: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter jejuni</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner).....	250
Tabelle 120: Einfach- bzw. mehrfachresistente <i>Campylobacter coli</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner).....	250
Tabelle 121: Anzahl der gegenüber einem Antibiotikum resistenten pathogenen <i>Yersinia enterocolitica</i> -Isolate, aufgeschlüsselt nach Serovar und Biovar, Österreich, 2024, Nationale Referenzzentrale für Yersinien .....	256
Tabelle 122: Resistenzphänotypen der untersuchten <i>Shigella</i> -Isolate, Österreich, 2024.	262
Tabelle 123: Ciprofloxacin-resistente <i>Shigella</i> -Stämme, Österreich, 2024.....	264
Tabelle 124: ESBL bildende <i>Shigella</i> -Stämme, Österreich, 2024 .....	266
Tabelle 125: Anteil an Ci/Nx-Resistenzen und ESBL-Bildnern, Österreich 2010 - 2024.....	267
Tabelle 126: Verwendete alte WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose 2013 bis 2022 .....	274
Tabelle 127: Verwendete neue WHO-Definitionen von Resistenzformen der Tuberkulose ab 2023 .....	275

Tabelle 128: Anzahl der Fälle und Prozentanteil von medikamentenresistenter TB nach Geburtsland im Jahr 2024 .....	275
Tabelle 129: Anzahl der gemeldeten MDR-TB- und prä-XDR-TB-Fälle nach Häufigkeit pro Geburtsland im Jahr 2024 .....	276
Tabelle 130: Substanzen.....	286
Tabelle 131: Teilnehmende Zentren .....	286
Tabelle 132: Amphotericin B-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2024. Angabe in Prozent, Anzahl der Stämme in Klammer (n) .....	297
Tabelle 133: Fluconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2024 .....	303
Tabelle 134: Itraconazol-MHK-Verteilung bei Candidämien von 2008 bis 2024 .....	309
Tabelle 135: Voriconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024 .....	316
Tabelle 136: Posaconazol-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024 .....	322
Tabelle 137: Caspofungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024 .....	328
Tabelle 138: Anidulafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2008 bis 2024 .....	334
Tabelle 139: Micafungin-MHK-Verteilung in Prozent und Anzahl bei Candidämien von 2011 bis 2024 .....	340
Tabelle 140: <i>Aspergillus fumigatus</i> : 91 Isolate .....	359
Tabelle 141: <i>Aspergillus flavus</i> : 11 Isolate .....	360
Tabelle 142: <i>Aspergillus nidulans</i> : 6 Isolate .....	360
Tabelle 143: <i>Aspergillus niger</i> : 25 Isolate.....	361
Tabelle 144: <i>Aspergillus terreus</i> : 3 Isolate .....	361
Tabelle 145: Verkaufte Mengen in Tonnen und Differenz zum Vorjahr, 2020–2024.....	413
Tabelle 146: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe .....	416
Tabelle 147: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die systemische Anwendung .....	417
Tabelle 148: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intramammäre Anwendung .....	418
Tabelle 149: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intestinale Anwendung .....	419
Tabelle 150: Verkaufte Mengen in Tonnen nach Wirkstoffgruppe für die intrauterine Anwendung .....	420
Tabelle 151: Beprobungsrahmen zur Überwachung der Antibiotika-Empfindlichkeit in Österreich, 2024 .....	438

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 nach Tabelle 3 (Technical specifications on harmonised monitoring and reporting of MRSA), 2024 [6,12].....	443
Tabelle 153: Anzahl der <i>Salmonella</i> Serovare gewonnen im Rahmen der Bekämpfungsprogramme bei Legehennen, Masthühnern und Mastputen nach Haltungsform, 2024.....	449
Tabelle 154: $\beta$ -Laktamase-Resistenzgene bei den Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern und Puten sowie frischem Fleisch von Hühnern und Puten, 2024.....	461
Tabelle 155: Nachgewiesene Sequenztypen, klonale Komplexe und spa-Typen bei den MRSA-Isolaten aus Fleischproben, 2024.....	473
Tabelle 156: Einteilung der Antibiotika in die ATC3- und die ATC4-Klasse, WHO .....	499
Tabelle 157: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020 – 2024 .....	508
Tabelle 158: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2024 .....	508
Tabelle 159: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 - 2024 .....	509
Tabelle 160: Antibiotikaverbrauch nach ATC3-Klassen im niedergelassenen Bereich nach Verordnungen/10.000 EW pro Tag 2011, 2020–2024 .....	510
Tabelle 161: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011 und 2020 – 2024 .....	511
Tabelle 162: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich nach ATC4 in DDD/1.000 EW pro Tag 2011, 2020 – 2024 .....	513
Tabelle 163: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020–2024.....	515
Tabelle 164: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC4 in DDD/100 Belagstage pro Jahr 2011 und 2020 – 2024 .....	516
Tabelle 165: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 – 2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	519
Tabelle 166: Verbrauch Tetracycline (J01A) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2024 in DDD/1.000 EW pro Tag .....	519
Tabelle 167: Verbrauch Tetracycline (J01A) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2024 .....	520
Tabelle 168: Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	522

Tabelle 169: Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	522
Tabelle 170: Verbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2024 .....	523
Tabelle 171: Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024.....	525
Tabelle 172: Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 - 2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	525
Tabelle 173: Verbrauch andere $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Cephalosporine (J01D) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage im Jahr 2011 und 2020 - 2024.....	526
Tabelle 174: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	528
Tabelle 175: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2024 in DDD/ 1.000 EW pro Tag .....	528
Tabelle 176: Verbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr in den Jahren 2011 und 2020-2024 .....	529
Tabelle 177: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag .....	531
Tabelle 178: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	531
Tabelle 179: Verbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2024.....	532
Tabelle 180: Verbrauch Aminoglykoside (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	533
Tabelle 181: Verbrauch Aminoglykoside (J01G) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag.....	533
Tabelle 182: Verbrauch Aminoglykoside (J01G) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr der Jahre 2011 und 2020 - 2024 .....	534
Tabelle 183: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag .....	536
Tabelle 184: Verbrauch Chinolone (J01M) im niedergelassenen Bereich der Jahre 2011, 2020 -2024 in DDD/1.000 EW pro Tag .....	536
Tabelle 185: Verbrauch Chinolone (J01M) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2024.....	537
Tabelle 186: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011 und 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag .....	539

Tabelle 187: Verbrauch andere Antibiotika im niedergelassenen Bereich im Jahr 2011, 2020-2024 in DDD/1.000 EW pro Tag .....	539
Tabelle 188: Verbrauch anderer Antibiotika (J01X) im stationären Bereich in DDD/100 Belagstage pro Jahr im Jahr 2011 und 2020-2024 .....	540

## Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem für 2024 (Teil 1).....	43
Abbildung 2: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem für 2024 (Teil 2).....	44
Abbildung 3: <i>Streptococcus pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	54
Abbildung 4: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Penicillin-resistent, Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	57
Abbildung 5: <i>Streptococcus pneumoniae</i> – Makrolide-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	60
Abbildung 6: <i>Staphylococcus aureus</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	62
Abbildung 7: MRSA-Raten in Prozent – Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	63
Abbildung 8: Anzahl <i>Staphylococcus aureus</i> -Fälle und MRSA-Anteil nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024	64
Abbildung 9: <i>Escherichia coli</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	67
Abbildung 10: <i>Escherichia coli</i> – Fluorochinolone-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	68
Abbildung 11: <i>Escherichia coli</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	70
Abbildung 12: <i>Escherichia coli</i> – Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	73
Abbildung 13: Enterokokken nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	77
Abbildung 14: Enterokokken – Aminopenicillin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	78
Abbildung 15: <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> – hochgradig Aminoglykosid-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	79
Abbildung 16: <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> – Vancomycin-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	80
Abbildung 17: <i>Klebsiella pneumoniae</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	82
Abbildung 18: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Fluorochinolone-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	83

Abbildung 19: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – 3.-Generations-Cephalosporine-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	85
Abbildung 20: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	87
Abbildung 21: <i>Klebsiella pneumoniae</i> – Carbapenem-resistent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	89
Abbildung 22: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	90
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.....	92
Abbildung 25: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	95
Abbildung 26: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Ceftazidim-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	97
Abbildung 27: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Piperacillin-/Tazobactam-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	99
Abbildung 28: <i>Pseudomonas aeruginosa</i> – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020.....	101
Abbildung 29: <i>Acinetobacter</i> spp. nach Geschlecht und Lebensalter bezogen auf die österreichische Bevölkerung in Altersgruppen im Jahr 2024 .....	104
Abbildung 30: <i>Acinetobacter</i> spp. – Aminoglykosid-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	106
Abbildung 31: <i>Acinetobacter</i> spp. – Fluorochinolon-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	108
Abbildung 32: <i>Acinetobacter</i> spp. – Carbapenem-resistent in Prozent Österreich gesamt seit dem Jahr 2020 .....	109
Abbildung 33: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2023 (Stand 05.05.2025) Teil 1.....	112
Abbildung 34: Darstellung des internationalen Vergleichs des Resistenzverhaltens ausgewählter Bug-Drug-Kombinationen im Surveillance Atlas of Infectious Diseases des ECDC, 2023 (Stand 05.05.2025), Teil 2.....	113
Abbildung 35: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, 2024 (Teil 1).....	131

Abbildung 36: Resistenzraten der Indikatorerreger in Prozent im Ampelsystem, 2024 (Teil 2).....	132
Abbildung 37: $\beta$ -hämolyisierende Streptokokken der Gruppe A – Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2020 bis 2024 .....	134
Abbildung 38: <i>S. pneumoniae</i> –Makrolide- und Penicillin-resistent in Prozent von 2020 bis 2024.....	135
Abbildung 39: <i>H. influenzae</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024 .....	136
Abbildung 40: <i>E. coli</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024 (Teil 1).....	138
Abbildung 41: <i>E. coli</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024 (Teil 2).....	139
Abbildung 42: <i>K. pneumoniae</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2023 .....	142
Abbildung 43: <i>S. aureus</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent von 2020 bis 2024 .....	144
Abbildung 44: MRSA-Raten von 2020 bis 2024.....	145
Abbildung 45: <i>P. aeruginosa</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich, Trachealsekret und Harn von 2020 bis 2024 (Teil 1).....	147
Abbildung 46: <i>P. aeruginosa</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich, Trachealsekret und Harn von 2020 bis 2024 (Teil 2).....	148
Abbildung 47: <i>P. aeruginosa</i> – ausgewählte Indikatorsubstanzen resistent in Prozent, getrennt nach Ohrabstrich, Trachealsekret und Harn von 2020 bis 2024 (Teil 3).....	149
Abbildung 48: Entwicklung der Gesamtzahl der Einsendungen über 5 Jahre .....	158
Abbildung 49: Entwicklung der Positivitätsrate (%) über 5 Jahre .....	159
Abbildung 50: Entwicklung des Anteils der Enzyme bei <i>Enterobacterales</i> in Prozent über 5 Jahre .....	160
Abbildung 51: Entwicklung Resistenzrate von Colistin bei <i>Enterobacterales</i> in Prozent über 5 Jahre .....	161
Abbildung 52: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2024.....	163
Abbildung 53: Anzahl der jeweiligen Spezies aller Einsendungen in 2024 .....	163
Abbildung 54: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei <i>Enterobacterales</i> in 2024.....	165
Abbildung 55: Anzahl der Spezies mit molekularbiologischem Carbapenemase-Nachweis in 2024.....	166
Abbildung 56: Colistin-MHK-Werte bezogen auf alle CRE-Einsendungen in 2024 .....	167

Abbildung 57: Verteilung der Länder bei Auslandskontakt – 14 <i>E. coli</i> -Isolate mit <i>bla</i> OXA 48-like in 2024 .....	172
Abbildung 58: Verteilung der Länder bei Kontakt zum Gesundheitssystem – 23 <i>Enterobacteriales</i> -Isolate mit <i>bla</i> Carba-Mehrfachnachweis in 2024.....	175
Abbildung 59: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2024.....	176
Abbildung 60: Anzahl der nachgewiesenen Carbapenemase-Gene bei <i>Pseudomonas aeruginosa</i> in 2024 .....	177
Abbildung 61: Herkunft der Einsendungen – Anzahl pro Bundesland in 2024.....	177
Abbildung 62: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Clindamycin-MHKs, 2024 (resistente Isolate mit einer MHK > 0,5 mg/L sind rot markiert).....	187
Abbildung 63: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Tetrazyklin-MHKs, 2024 (resistente Isolate mit einer MHK > 1 mg/L sind rot markiert).....	188
Abbildung 64: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Ceftriaxon-MHKs, 2024 (uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK ≤ 0,5 mg/L sind grün markiert) ...	189
Abbildung 65: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Penicillin-MHKs, 2024 (uneingeschränkt empfindliche Isolate mit einer MHK ≤ 0,06 mg/L sind grün markiert) .	189
Abbildung 66: Häufigkeit der Serotypen der invasiven Pneumokokken-Isolate 2024 (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) .....	192
Abbildung 67: Verteilung der <i>S. pneumoniae</i> -Isolate gemäß Erythromycin-MHKs, 2024 (resistente Isolate mit einer MHK > 0,25 mg/L sind rot markiert).....	194
Abbildung 68: 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) .....	197
Abbildung 69: 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) .....	198
Abbildung 70: Alters- und Geschlechtsverteilung der Patient:innen (n=409).....	205
Abbildung 71: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ceftriaxon von 407 <i>Neisseria gonorrhoea</i> -Isolaten.....	207
Abbildung 72: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Cefixim von 407 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten.....	208
Abbildung 73: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Azithromycin von 407 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten.....	208

Abbildung 74: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Ciprofloxacin von 407 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten .....	209
Abbildung 75: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 331 Penicillinase-negativen <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten .....	209
Abbildung 76: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Penicillin von 76 Penicillinase-positiven <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten (unabhängig von der MHK als resistent zu werten) .....	210
Abbildung 77: Prozentuale Verteilung der MHK-Werte für Tetracyclin von 407 <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Isolaten .....	210
Abbildung 78: <i>Neisseria gonorrhoeae</i> -Resistenzraten 2020 – 2024.....	211
Abbildung 79: Humane <i>Salmonella</i> -Erstisolate, Österreich, 1983 – 2024.....	219
Abbildung 80: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2024 (Anzahl Isolate) .....	244
Abbildung 81: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter jejuni</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2024.....	245
Abbildung 82: Resistenzanteile bei <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2007 – 2024 (Anzahl Isolate) .....	246
Abbildung 83: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter coli</i> -Erstisolaten aus Humanproben, 2024.....	246
Abbildung 84: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter jejuni</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2024 .....	248
Abbildung 85: Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>Campylobacter coli</i> aus Geflügelfleischproben (Masthühner), 2024 .....	249
Abbildung 86: Inzidenz der pathogenen Erstisolate pro Bundesland, Österreich, 2024, Nationale Referenzzentrale für Yersinien (NRZY) .....	255
Abbildung 87: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2024.....	262
Abbildung 88: Resistenzen gegenüber Nx und Ci bei <i>Shigella</i> -Stämmen, Österreich, 1999–2024.....	265
Abbildung 89: <i>Shigella spp.</i> ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006 – 2024.....	267
Abbildung 90: Jährliche Anzahl der registrierten RR/MDR/XDR-TB Fälle sowie die Entwicklung der Gesamt-Tuberkuloseinzidenz von 2014 bis 2024, jeweils noch nach früherer Resistenzdefinition.....	277
Abbildung 91: Zuordnung der Fälle von MDR-TB und prä-XDR TB aus dem Jahr 2024 zu phylogenetischen Linien.....	278
Abbildung 92: Patientenbezogene Daten zu Candidämien (1 Patient*in ohne Angabe ob m/w), 5 Patient*innen ohne Altersangabe).....	287
Abbildung 93: Nachgewiesene Candidämien pro Zentrum für die Jahre 2008 bis 2024... ..	288

Abbildung 94: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 1).....	289
Abbildung 95: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 2).....	290
Abbildung 96: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 3).....	291
Abbildung 97: Candidämie nach Spezies für die Jahre 2008 bis 2024 (Teil 4).....	292
Abbildung 98: Candidämie nach Spezies und Monaten im Jahr 2024.....	293
Abbildung 99: Candidämie nach Spezies und Zentrum für das Jahr 2024.....	293
Abbildung 100: Verteilung der Candidämien nach Abteilung für 2008 – 2024.....	294
Abbildung 101: Verteilung der Candidämie-Erreger nach Altersgruppe für die Jahre 2008 bis 2024; von 5 Patient:innen fehlt die Altersangabe.....	295
Abbildung 102: Candidämie nach Spezies und Altersgruppe für das Jahr 2024.....	295
Abbildung 103: Amphotericin B-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024.....	296
Abbildung 104: Fluconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024.....	302
Abbildung 105: Itraconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024.....	308
Abbildung 106: Voriconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024....	315
Abbildung 107: Posaconazol-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024...	321
Abbildung 108: Caspofungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024...	327
Abbildung 109: Anidulafungin-MHK-Verteilungen bei Candidämien in Prozent für 2024	333
Abbildung 110: Micafungin-MHK-Verteilungen bei Candida in Prozent für 2024.....	339
Abbildung 111: Angabe der Anzahl der identifizierten Pilze je Zentrum 2024.....	344
Abbildung 112: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2024; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil1) .....	345
Abbildung 113: Darstellung der resistenten Stämme getrennt nach Substanz von 2008 bis 2024; zur besseren Übersichtlichkeit wurde "0" nicht angegeben, wenn es keinen resistenten Stamm gab. (Teil2) .....	346
Abbildung 114: Resistenzraten nach Substanz für durch Hefepilze verursachte Fungämien in Prozent und Anzahl der getesteten Stämme von 2008 bis 2024 (EUCAST-Breakpoints) .....	347
Abbildung 115: Verteilung der Schimmelpilz-Spezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl .....	363
Abbildung 116: Verteilung der <i>Aspergillus</i> -Spezies aus infektionsrelevanten Regionen nach Anzahl .....	364
Abbildung 117: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK-Verteilung aller <i>Aspergillus</i> -Isolate nach Anzahl .....	365
Abbildung 118: In vitro-Resistenz im Überblick: MHK Verteilung aller Non- <i>Aspergillus</i> -Isolate nach Anzahl.....	366

Abbildung 119: Zahl der Kohortenteilnehmer:innen .....	373
Abbildung 120: Als Resistenz gewertete Codons und Aminosäuren .....	374
Abbildung 121: Anzahl der Patient:innen mit „frischer“ bzw. chronischer HIV-Infektion	375
Abbildung 122: Übertragene Resistenz nach Jahr der frischen HIV-Infektion und Übertragungsart .....	376
Abbildung 123: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Infektion .....	377
Abbildung 124: Übertragene Resistenz nach Zeitpunkt der frischen HIV-Infektion, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter .....	378
Abbildung 125: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose und Übertragungsart .....	379
Abbildung 126: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose .....	380
Abbildung 127: Übertragene Resistenz nach Jahr der HIV-Diagnose, Wohnortgröße, Übertragungsart, Geschlecht und Alter .....	381
Abbildung 128: Als Resistenz gewertete Codons und Aminosäuren .....	389
Abbildung 129: Therapieformen im Verlauf .....	390
Abbildung 130: Absolute Zahl der NRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit NRTI behandelten Patient:innen .....	391
Abbildung 131: Risikofaktoren für die Entwicklung einer Resistenz am Codon 65 der RT	392
Abbildung 132: Absolute Zahl der NNRTI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit NNRTI behandelten Patient:innen .....	393
Abbildung 133: Absolute Zahl der minoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen .....	394
Abbildung 134: Absolute Zahl der majoren PI-assoziierten Mutationen unter den jemals mit PI behandelten Patient:innen .....	395
Abbildung 135: Kumulative Resistenz .....	396
Abbildung 136: Kumulative Resistenz nach Zeitpunkt des Therapiebeginns und Wohnort .....	397
Abbildung 137: ART-Beginn nach 2000 .....	398
Abbildung 138: Kumulative Resistenz in Bezug auf verschiedene Kalenderperioden der initialen Therapie.....	399
Abbildung 139: Resistenzentwicklung unabhängig von der Form der ART .....	400
Abbildung 140: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie nach 1.1.1997 .....	400
Abbildung 141: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 NNRTI .....	400
Abbildung 142: Resistenzentwicklung bei initialer Therapie mit 2 NRTI + 1 PI .....	401
Abbildung 143: Resistenzentwicklung gegen NRTI bei ART nach 1.1.2010 .....	402
Abbildung 144: 3-Klassen-Resistenz – verschieden selektierte Populationen .....	403
Abbildung 145: 3-Klassen-Resistenz.....	403

Abbildung 146: Risikofaktoren für die Entwicklung einer 3-Klassen-Resistenz.....	404
Abbildung 147: Irgendeine Resistenz – verschieden selektierte Populationen.....	405
Abbildung 148: Irgendeine Resistenz.....	405
Abbildung 149: Risikofaktoren für die Entwicklung irgendeiner Resistenz .....	406
Abbildung 150: Verkaufte Mengen in Tonnen nach ATCvet-Level 2 .....	414
Abbildung 151: Art der Anwendung und verkaufte Mengen in Tonnen .....	415
Abbildung 152: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei <i>C. jejuni</i> - und <i>C. coli</i> -Isolaten von Masthühnern, 2024.....	454
Abbildung 153: MHK-Verteilung bei <i>C. jejuni</i> -Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2024.....	454
Abbildung 154: MHK-Verteilung bei <i>C. coli</i> -Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2024.....	455
Abbildung 155: Anteile voll-empfindlicher <i>E. coli</i> -Isolate aus Caecainhalten von Masthühnern, 2014–2024.....	456
Abbildung 156: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei kommensalen <i>E. coli</i> -Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2024.....	457
Abbildung 157: MHK-Verteilung bei Indikator <i>E. coli</i> -Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2024.....	457
Abbildung 158: Entwicklung der Resistenzen bei kommensalen <i>E. coli</i> -Isolaten aus Caecainhalten von Masthühnern, 2014–2024.....	459
Abbildung 159: Anteile multiresistenter kommensaler <i>E. coli</i> -Isolate aus Caecainhalten von Masthühnern, 2014–2024.....	460
Abbildung 160: Prävalenzen $\beta$ -Laktamase bildender <i>E. coli</i> aus Caecainhalten von Masthühnern und Puten (2016, 2018, 2020, 2022, 2024), Mastschweinen (2015, 2017, 2019, 2021, 2023), Rindern <1 Jahr (2017, 2023) sowie Hühnerfleisch (2016, 2018, 2020, 2022, 2024), Putenfleisch (2022, 2024), Schweinefleisch und Rindfleisch (2015, 2017, 2019, 2021, 2023) nach selektiver Kultivierung.....	462
Abbildung 161: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei <i>C. jejuni</i> - und <i>C. coli</i> -Isolaten von Mastputen, 2024 .....	464
Abbildung 162: MHK-Verteilung bei <i>C. jejuni</i> -Isolaten aus Caecuminhalten von Mastputen, 2024.....	464
Abbildung 163: MHK-Verteilung bei <i>C. coli</i> -Isolaten aus Caecuminhalten von Mastputen, 2024.....	465
Abbildung 164: Anteile voll-empfindlicher <i>E. coli</i> -Isolate aus Caecuminhalten von Mastputen, 2014–2024 .....	466
Abbildung 165: Anteile mikrobiologischer Resistenzen bei kommensalen <i>E. coli</i> -Isolaten aus Caecuminhalten von Mastputen, 2024 .....	467

Abbildung 166: MHK-Verteilung bei Indikator <i>E. coli</i> -Isolaten aus Caecuminhalten von Mastputen, 2024 .....	467
Abbildung 167: Entwicklung der Resistenzen bei kommensalen <i>E. coli</i> - Isolaten aus Caecuminhalten von Mastputen, 2014-2024.....	468
Abbildung 168: Anteile multiresistenter kommensaler <i>E. coli</i> -Isolate aus Caecuminhalten von Mastputen, 2014–2024 .....	469
Abbildung 169: Resistenzanteile bei MRSA aus Hühnerfleischproben, 2024.....	473
Abbildung 170: Resistenzanteile bei MRSA aus Putenfleischproben, 2024 .....	476
Abbildung 171: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2020-2024.....	502
Abbildung 172: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag 2020-2024 .....	503
Abbildung 173: Gesamtverbrauch Antibiotika in Österreich nach niedergelassenem Bereich versus stationärem Bereich in kg Wirksubstanz 2024 nach Quartalen .....	504
Abbildung 174: Gesamtverbrauch (niedergelassen und stationär) in Österreich nach ATC3-Klassen in DDD/1.000 EW pro Tag nach Quartalen im Jahr 2024.....	505
Abbildung 175: Antibiotikaverbrauch im niedergelassenen Bereich in Verordnungen nach Quartalen im Jahr 2024 .....	506
Abbildung 176: Antibiotikaverbrauch im stationären Bereich nach ATC3 in DDD/100 Belagstage pro Jahr nach Quartalen 2024 .....	507
Abbildung 177: Gesamtverbrauch Tetracycline (J01A) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024.....	518
Abbildung 178: Gesamtverbrauch $\beta$ -Lactam-Antibiotika, Penicilline (J01C) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 – 2024 .....	521
Abbildung 179: Gesamtverbrauch anderer $\beta$ -Lactam-Antibiotika, der Cephalosporine (J01D) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024 .....	524
Abbildung 180: Gesamtverbrauch Sulfonamide und Trimethoprim (J01E) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024.....	527
Abbildung 181: Gesamtverbrauch Makrolide, Lincosamide und Streptogramine (J01F) in DDD/1.000 EW pro Tag 2019 - 2024 .....	530
Abbildung 182: Gesamtverbrauch Aminoglykoside (J01G) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024.....	532
Abbildung 183: Gesamtverbrauch Chinolone (J01M) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 -2024 .....	535
Abbildung 184: Gesamtverbrauch andere Antibiotika (J01X) in DDD/1.000 EW pro Tag 2020 - 2024.....	538

## Abkürzungen

AB	Antibiotikum
ABR	Antibiotikaresistenz
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
CPE	Carbapenemase produzierende Enterobacterales
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	Interagency Coordination Group on Antimicrobial Resistance
ICU	Intensive Care Unit; Intensivstation
i.d.g.F	In der geltenden Fassung

IGS	Integriert Genomische Surveillance
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
MTC	Mycobacterium-tuberculosis-Komplex
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>Camylobacter</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
TB	Tuberkulose
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

Die Überwachung antimikrobieller Resistenzen ist eine wesentliche Maßnahme, um deren Bekämpfung zu ermöglichen.

