



Nationale Referenzzentrale Campylobacter



Jahresbericht 2025

Sandra Köberl-Jelovcan
Christian Kornschober

17.03.2026

Inhalt

Inhalt	2
Zusammenfassung	4
Summary	4
Einleitung	5
Methodik	6
Epidemiologie	6
Typisierung	6
Antibiotikaresistenz	7
<i>Campylobacter</i> Melde- und Labordaten 2025	8
Häufigkeit des Auftretens	8
Geographische Verteilung	8
Zeitlicher Verlauf sowie Alters- und Geschlechtsverteilung	10
Reiseassoziation	12
<i>Campylobacter</i> Speziesverteilung	12
Molekulare Surveillance	13
Antibiotikaresistenzentwicklung	14
Diskussion	16
Links	16
Abkürzungen und Begriffe	17
Danksagung	18
Referenzen	18

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1. Gemeldete Fälle und Inzidenz der Campylobacteriose, Österreich, 2009-2025....	8
Abbildung 2. Inzidenz der Campylobacteriose, Österreich, 2025	9
Abbildung 3. Inzidenz der Campylobacteriose in Österreich nach Bundesländern, 2025	9
Abbildung 4. Saisonaler Verlauf der Campylobacteriose, Österreich, 2025.....	10
Abbildung 5. Inzidenz der Campylobacteriose nach Altersgruppen und Geschlecht, Österreich, 2025.....	11
Abbildung 6. Verteilung (%) der <i>Campylobacter</i> Clonal Complexes (Darstellung der zehn häufigsten CC). Daten der Referenzzentrale, 2025	14
Abbildung 7. Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei <i>C. jejuni</i> und <i>C. coli</i> zu allen getesteten Wirkstoffen. Daten der Referenzzentrale, 2025. Bestimmung der Resistenzraten mittels EUCAST ECOFFs.....	15

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1. Inzidenz der Campylobacteriose nach Altersgruppen, Österreich, 2025.....	11
Tabelle 2. Verteilung der gemeldeten Campylobacteriose-Fälle nach Erwerb im Inland bzw. Ausland, Österreich, 2025.....	12
Tabelle 3. Spezies von <i>Campylobacter</i> -Isolaten. Daten der Referenzzentrale, 2025	13
Tabelle 4. Genetische Cluster von <i>C. jejuni</i> . Daten der Referenzzentrale, 2025.....	14
Tabelle 5. Antibiotika-Resistenzraten zu ausgewählten Wirkstoffen für <i>Campylobacter jejuni</i> (n=412) und <i>Campylobacter coli</i> (n=92). Daten der Referenzzentrale, 2025.....	15

Zusammenfassung

2025 kam es in Österreich zu einem Anstieg an gemeldeten Fällen von Campylobacteriose von 6.858 im Jahr zuvor auf 7.154 Fälle. Die Jahresinzidenz betrug 77,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner:innen gegenüber 74,6 in 2024, dies entspricht einer Zunahme um 4,3%. Die höchsten Fallzahlen traten in den Sommermonaten auf, bevorzugt betroffen waren die Altersgruppe der unter 5-Jährigen und jene der jungen Erwachsenen. Die Resistenzraten waren abermals extrem hoch bzw. sehr hoch für Fluorochinolone (*C. jejuni* 82,3%, *C. coli* 85,9%) und Tetracycline (*C. jejuni* 53,9%, *C. coli* 65,2%). Die Makrolidresistenz war gleichbleibend niedrig (*C. coli* 3,3%). In insgesamt 16 *Campylobacter*-Isolaten wurde eine High-Level Makrolid-Resistenz festgestellt, bei vier Isolaten (zwei *C. jejuni* und zwei *C. coli*) wurde erneut das Gen *erm*(B) nachgewiesen. In einem Makrolid-resistenten *C. coli* wurde erstmals auch *erm*(A) detektiert. Für *C. jejuni* wurden drei größere, überregionale genetische Cluster identifiziert, zu allen drei Clustern konnten passende Isolate aus Hühnerfleisch gewonnen werden.

Summary

In 2025, there was an increase in reported cases of campylobacteriosis in Austria from 6,858 in the previous year to 7,154 cases. The annual incidence was 77.8 per 100,000 population, compared to 74.6 in 2024, corresponding to an increase of 4.3%. The highest number of cases occurred during the summer months, with children under 5 years of age and young adults being the most affected. Again, resistance rates were extremely high and very high for fluoroquinolones (*C. jejuni* 82.3%, *C. coli* 85.9%) and tetracyclines (*C. jejuni* 53.9%, *C. coli* 65.2%), respectively. Resistance to macrolides remained low at 3.3% in *C. coli*. High-level macrolide resistance was detected in a total of 16 *Campylobacter* isolates, and as previously, the *erm*(B) gene was detected in four isolates (two *C. jejuni* and two *C. coli*). In addition, *erm*(A) was detected for the first time in a macrolide-resistant *C. coli*. Three larger, supraregional genetic clusters were identified for *C. jejuni*, and for each cluster a matching isolate was obtained from broiler meat.

Einleitung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* zählen weltweit zu den wichtigsten Erregern von bakteriellen Darminfektionen beim Menschen und spielen eine bedeutende Rolle als Ursache der Reisediarrhoe. *Campylobacter* sind in der Natur weit verbreitet und können als Kommensale den Darmtrakt von Wildtieren (insb. Vögel), Nutztieren (z.B. Geflügel, Schweine, Rinder) und Haustieren (z.B. Hunde und Katzen) kolonisieren. Zwei Spezies, *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli*, verursachen primär die Campylobacteriose beim Menschen. Infektionen mit *Campylobacter* können zu leichten bis schweren Durchfallerkrankungen führen, in seltenen Fällen treten Folgeerkrankungen wie reaktive Arthritis oder Guillain-Barré Syndrom auf.

Die Übertragung erfolgt hauptsächlich über die Konsumation von kontaminierten Lebensmitteln, wie rohes oder nicht durchgegartes Fleisch – speziell Geflügelfleisch –, nicht-pasteurisierte Milch oder unbehandeltes Wasser. Daneben stellen direkter Kontakt mit erkrankten Tieren oder enger Kontakt mit infizierten Personen weitere mögliche Infektionsquellen dar. *Campylobacter*-Infektionen zeigen einen charakteristischen, saisonalen Verlauf mit einer Häufung der Infektionen im Sommer. Kinder unter fünf Jahren sowie junge Erwachsene sind besonders häufig betroffen.

Die Campylobacteriose zählt zu den meldepflichtigen Erkrankungen. Meldedaten werden im Epidemiologischen Meldesystems (EMS) erfasst, dem elektronischen Meldesystem zur Überwachung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten in Österreich. Mit jährlich rund 170.000 Fällen beim Menschen stellt die Campylobacteriose die häufigste lebensmittelbedingte gastrointestinale Infektion in der Europäischen Union dar. In Österreich werden jährlich zwischen 6.000 und 7.000 *Campylobacter*-Infektionen gemeldet, es ist jedoch von einer deutlich höheren Dunkelziffer auszugehen. Neben sporadischen Fällen treten auch immer wieder Krankheitsausbrüche auf.

Methodik

Epidemiologie

Angaben zur Häufigkeit und geographischen Verteilung der Campylobacteriose, zur Alters- und Geschlechtsverteilung der Fälle sowie zum Anteil an reiseassoziierten Fällen basieren auf den Meldedaten des Epidemiologischen Meldesystems mit Stand vom 03.03.2026. Die Aufbereitung und Bereitstellung der Daten erfolgte durch das Institut für Infektionsepidemiologie, Data Science & Modellierung (AGES).

Typisierung

Im Rahmen eines Sentinel-Surveillance Programms zur Überwachung der Campylobacteriose in Österreich wurde monatlich eine bestimmte Anzahl an *Campylobacter*-Isolaten aus klinischen Proben von 26 Primärlaboratorien aus den verschiedenen Bundesländern an die Referenzzentrale übermittelt. Nach erfolgter Anzucht wurde von allen Isolaten eine Speziesbestimmung mittels MALDI-TOF (Matrix-assisted laser desorption/ionization - Time of flight) Massenspektrometrie (Biotyper, Bruker Daltonics, Bremen, Deutschland) durchgeführt, und die Isolate wurden in die Stammsammlung der Referenzzentrale aufgenommen.

560 Isolate wurden zusätzlich mittels Ganzgenomsequenzierung (WGS) (Short Read Sequencing, Illumina Platform) analysiert. Der 7-Loci Multi-Locus Sequence Type (MLST Sequence Type, ST) sowie der Clonal Complex (CC) wurde mittels Bruker MBioSEQ Ridom Typer (Ridom GmbH, Münster, Germany) als Teil einer in-house WGS Pipeline ermittelt. Genomvergleiche zur Detektion von Clustern erfolgten über Core Genome MLST (cgMLST) Analyse unter Verwendung des cgMLST Oxford Schemas basierend auf 1.343 Allelen. Isolate mit einem Unterschied von bis zu 5 Allelen wurden als zu einem phylogenetischen Cluster gehörig klassifiziert.

Antibiotikaresistenz

Von der Referenzzentrale wurde eine bundesweite Stichprobe von *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli*-Isolaten mittels Bouillon-Mikrodilutionsmethode (Thermo Scientific™ Sensititre™ System, Thermo Fisher Scientific Inc.) hinsichtlich Resistenzverhalten gegenüber 11 antimikrobiellen Wirkstoffen (Ampicillin, Amoxicillin/Clavulansäure, Azithromycin, Chloramphenicol, Ciprofloxacin, Erythromycin, Gentamicin, Imipenem, Meropenem, Tetracyclin, Tigecyclin) untersucht. Die Ermittlung der Resistenzraten erfolgte unter Verwendung der klinischen Breakpoints nach EUCAST (The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing; EUCAST Breakpoint tables for interpretation of MICs, version 16.0) für Ciprofloxacin, Erythromycin und Tetracyclin bzw. anhand der jeweiligen EUCAST ECOFFs (Epidemiological cut-off values), zuletzt aufgerufen am 20.02.2026. Für Wirkstoffe ohne verfügbaren EUCAST ECOFF wurde lediglich die minimalen Hemmkonzentrationen (MHK) dargestellt. Die Datenanalyse wurde vom Fachbereich Integrative Risikobewertung, Daten und Statistik, Abteilung Statistik und analytische Epidemiologie (AGES) durchgeführt.

Zur Überwachung der High-Level Makrolid-Resistenz (MHK Erythromycin $\geq 256 \mu\text{g/ml}$) wurden alle Primärlaboratorien aufgerufen, sämtliche makrolid-resistenten *Campylobacter* spp.-Isolate an die Referenzzentrale zu übermitteln. Alle Isolate mit bestätigter High-Level Makrolid-Resistenz sowie Isolate mit spezieller Resistenz bzw. Multiresistenz wurden anschließend mittels Ganzgenomsequenzierung (Short Read Sequencing, Illumina Plattform) untersucht. Antibiotikaresistenzdeterminanten wurden über die Tools AMRFinderPlus (Antimicrobial Resistance Gene Finder, National Center for Biotechnology Information, USA) bzw. ResFinder (Center for Genomic Epidemiology, DTU, Denmark) bestimmt.

Entwicklungen zur Antibiotikaresistenzsituation bei *Campylobacter* spp. aus dem Human-, Lebensmittel- und Nutztierbereich werden auch im jährlichen österreichischen Resistenzbericht AURES veröffentlicht.

Campylobacter Melde- und Labordaten 2025

Häufigkeit des Auftretens

Im Jahr 2025 wurden in Österreich 7.154 Fälle von Campylobacteriose registriert (EMS, Stand 03.03.2026). Die Jahresinzidenz der Campylobacteriose lag österreichweit bei 77,8/100.000 Einwohner:innen (EW) (Abb. 1), die durchschnittliche Jahresinzidenz der letzten fünf Jahre (2020 bis 2024) betrug 67,8 Erkrankungen/100.000 EW. Im Berichtszeitraum wurden 20,6% der erkrankten Personen hospitalisiert und fünf Todesfälle registriert.

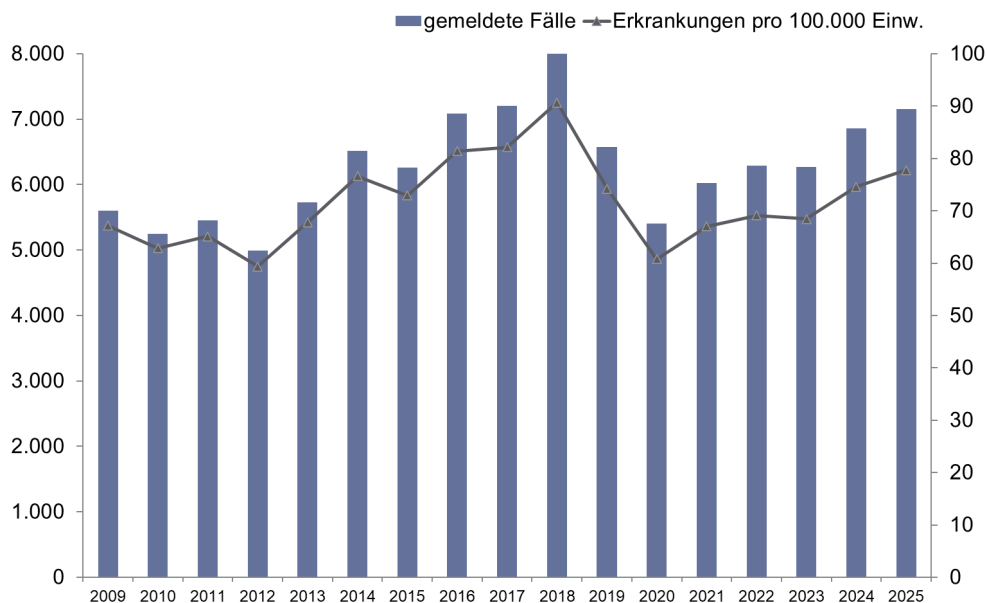


Abbildung 1. Gemeldete Fälle und Inzidenz der Campylobacteriose, Österreich, 2009-2025

Geographische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen der Campylobacteriose wurden im Burgenland und Salzburg mit 115,9 bzw. 99,7 Erkrankungen/100.000 EW verzeichnet (Abb. 2 und 3). Die niedrigste Inzidenz wurde für Kärnten (44,7/100.000 EW) registriert. Während in Vorarlberg, Tirol und der Steiermark ein Rückgang der gemeldeten Erkrankungen verzeichnet wurde, erfolgte in den restlichen Bundesländern mit Ausnahme von Oberösterreich eine Zunahme der Inzidenz

gegenüber dem Vorjahr, welche im Burgenland mit 17,4% am stärksten ausfiel. Österreichweit betrug die Zunahme der Inzidenz 4,3%.

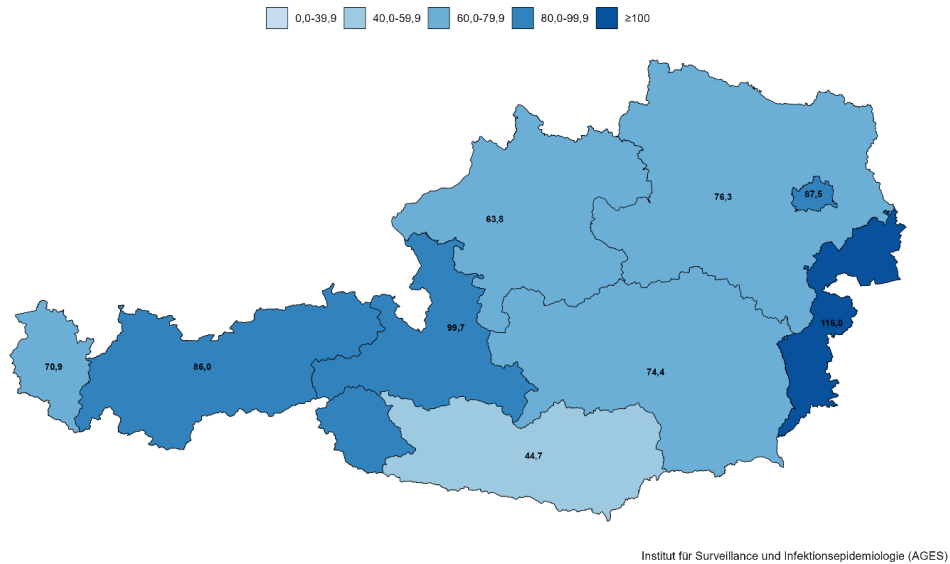


Abbildung 2. Inzidenz der Campylobacteriose, Österreich, 2025

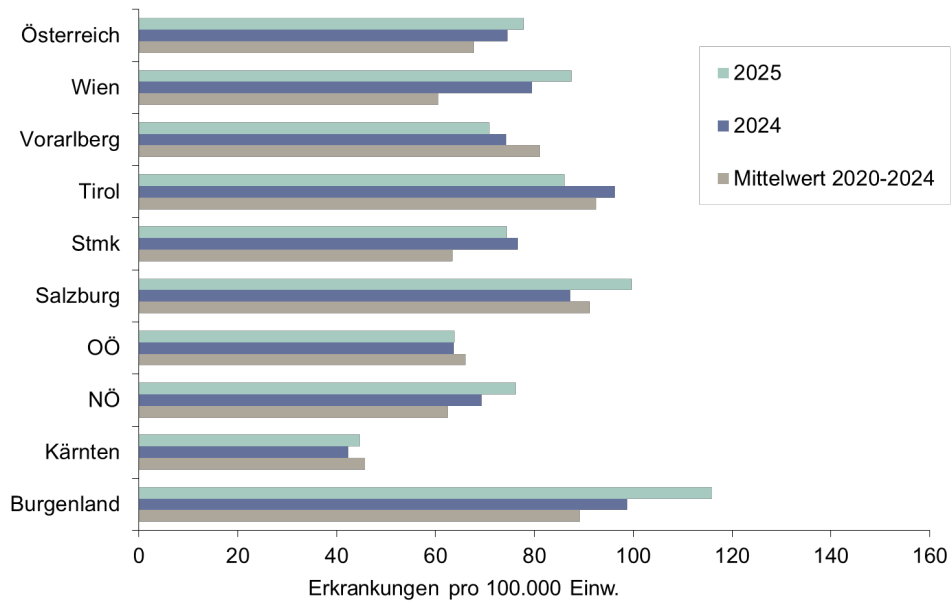


Abbildung 3. Inzidenz der Campylobacteriose in Österreich nach Bundesländern, 2025

Zeitlicher Verlauf sowie Alters- und Geschlechtsverteilung

Wie schon in den Jahren zuvor kam es bereits ab Mai zu einem vermehrten Infektionsaufkommen, mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September und einem kontinuierlichen Rückgang in den darauffolgenden Monaten vor dem jährlich wiederkehrenden, kurzfristigen Anstieg an Infektionen zu Beginn des Jahres (Abb. 4).

Entsprechend dem langjährigen Trend traten in allen Altersgruppen Erkrankungen durch *Campylobacter* spp. auf, wobei typischerweise zwei Erkrankungsgipfel zu beobachten waren: bei Kindern unter 5 Jahren (133,3 Erkrankungen/100.000 EW) und bei jungen Erwachsenen/Jugendlichen in der Altersgruppe 15-24 Jahre (127,1 Erkrankungen/100.000 EW) (Tab. 1 und Abb. 5). Der Mittelwert der letzten fünf Jahre je Altersgruppe sowie die Änderung der Inzidenz 2025 gegenüber dem Vorjahr sind in Tabelle 1 dargestellt. Männer (89,0 Erkrankungen/100.000 EW) waren häufiger von einer Campylobacteriose betroffen als Frauen (66,9 Erkrankungen/100.000 EW). Das mittlere Alter betrug für Männer 38,1 und für Frauen 41,0 Jahre.

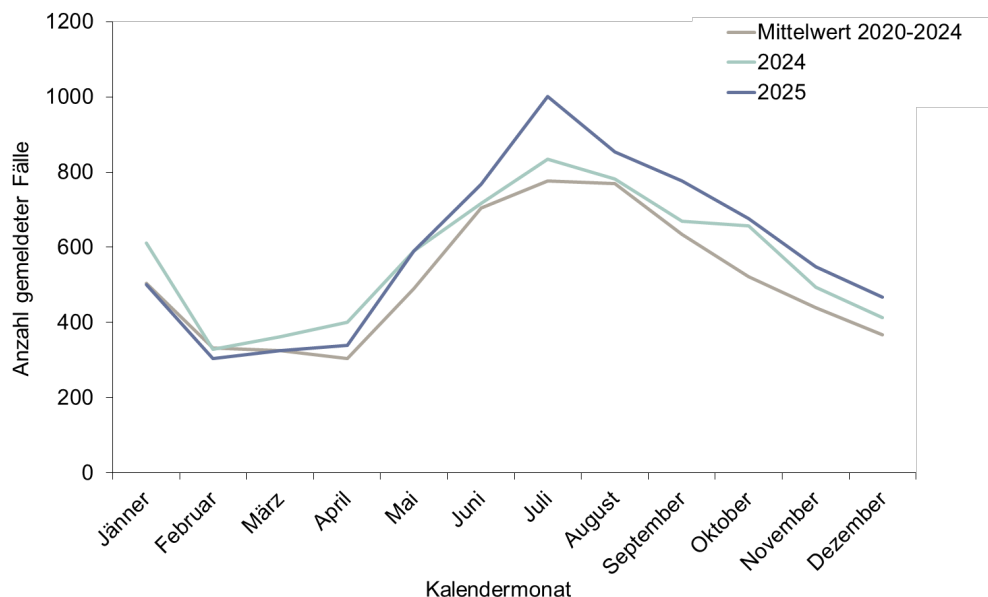


Abbildung 4. Saisonalen Verlauf der Campylobacteriose, Österreich, 2025

Tabelle 1. Inzidenz der Campylobacteriose nach Altersgruppen, Österreich, 2025

Altersgruppe	Mittelwert 2020-2024	2024	2025	% Veränderung gegenüber 2024
0-4 Jahre	122,8	119,13	133,3	11,9
5-14 Jahre	59,8	66,04	62,3	-5,6
15-24 Jahre	106,4	112,92	127,1	12,5
25-34 Jahre	81,1	90,89	97,3	7,1
35-44 Jahre	55,3	62,06	63,8	2,9
45-54 Jahre	51,0	55,35	55,9	1,0
55-64 Jahre	51,1	57,96	56,2	-3,0
> 65 Jahre	61,6	72,75	74,6	2,6

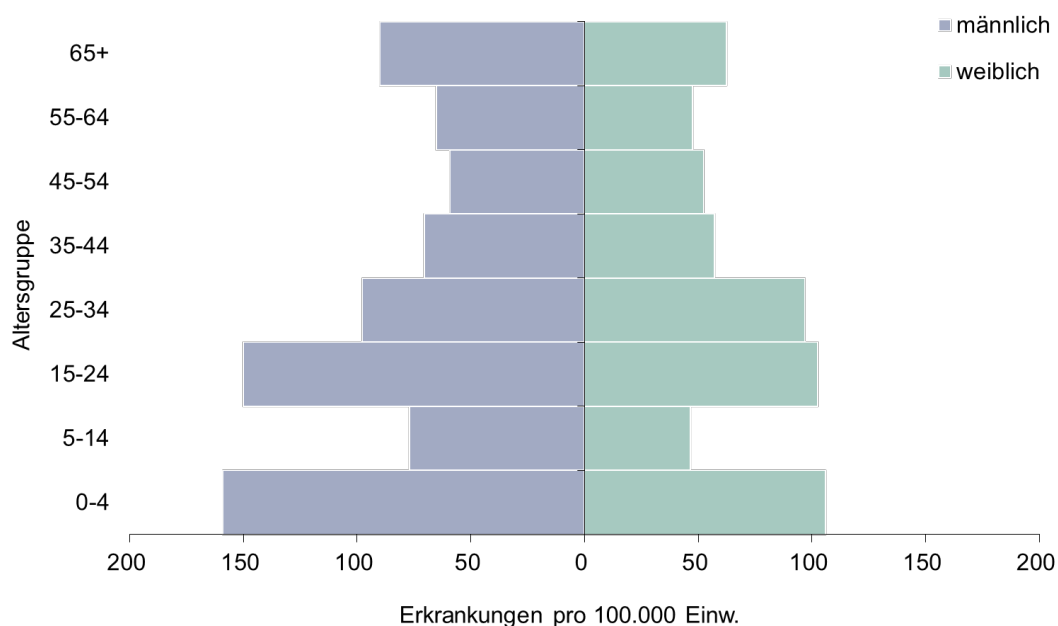


Abbildung 5. Inzidenz der Campylobacteriose nach Altersgruppen und Geschlecht, Österreich, 2025

Reiseassoziation

Von den 7.154 im Jahr 2025 gemeldeten *Campylobacter*-Infektionen wurden 9,1% (n=648) im Ausland erworben (Tab. 2). *C. jejuni* (n=191) stellte mit Abstand die häufigste Spezies bei im Ausland erworbenen Infektionen dar, gefolgt von *C. coli* (n=38), für fast zwei Drittel der Isolate (n=418) lag jedoch keine Speziesangabe vor. Meldungen zu importierten Erkrankungsfällen lagen für 70 verschiedene Länder vor, die fünf am häufigsten genannten Länder und waren Kroatien, Italien, Spanien, Türkei und Indonesien.

Tabelle 2. Verteilung der gemeldeten Campylobacteriose-Fälle nach Erwerb im Inland bzw. Ausland, Österreich, 2025

Kategorie	Fälle gesamt	autochtone Fälle	%	importierte Fälle	%
<i>C. jejuni</i>	2597	2406	92,6	191	7,4
<i>C. coli</i>	298	260	87,2	38	12,8
andere Spezies	6	5	83,3	1	16,7
nicht weiter differenziert	4253	3835	90,2	418	9,8
gesamt	7154	6506	90,9	648	9,1

Campylobacter Speziesverteilung

Von 2.106 an die Referenzzentrale eingesandten *Campylobacter*-Erstisolaten konnte eine Speziesdifferenzierung durchgeführt werden. Die Mehrzahl der Isolate war *Campylobacter jejuni*, 88,5% (n=1.863) gefolgt von *Campylobacter coli*, 11,2% (n=236) (Tab. 3). Bei 3 Isolaten handelte es sich um *C. fetus*, bei zwei Isolaten um *C. hyointestinalis* und je ein Isolat war *C. lari* bzw. *C. upsaliensis*. Weiters wurden ein *Helicobacter* spp. und 25 *Arcobacter* spp. an die Referenzzentrale übermittelt.

Tabelle 3. Spezies von *Campylobacter*-Isolaten. Daten der Referenzzentrale, 2025

<i>Campylobacter</i> Spezies	Anzahl Isolate	%
<i>C. jejuni</i>	1863	88,46%
<i>C. coli</i>	236	11,21%
<i>C. fetus</i>	3	0,14%
<i>C. lari</i>	1	0,05%
<i>C. hyointestinalis</i>	2	0,09%
<i>C. upsaliensis</i>	1	0,05%
<i>gesamt</i>	2106	100,00%

Molekulare Surveillance

Für 560 mittels Ganzgenomsequenzierung analysierte *Campylobacter*-Erstisolate wurden 24 Clonal Complexes und 143 MLST Sequence Types identifiziert. 73 Isolate konnten keinem CC zugeordnet werden und davon wiederum konnten 30 Isolate keinem ST zugeordnet werden. Zu den häufigsten CCs bei *C. jejuni* zählten ST-21 (18,9%), ST-206 (12,1%), ST-353 (8,4%), ST-52 (4,3%) und ST-257 (3,6%) (Abb. 6). Alle *C. coli* Isolate gehörten zu ST-828 CC.

Für *C. jejuni* konnten drei größere, jeweils mehrere Bundesländer betreffende, genetische Cluster identifiziert werden, mit 18, 16 und 11 Isolaten pro Cluster (Tab. 4), wobei Cluster #1 bzw. Cluster #3 zuzuordnende Isolate bereits im Vorjahr aufgetreten waren. Zu allen drei Clustern konnte zudem zumindest ein passendes Isolat aus Hühnerfleisch gewonnen werden.

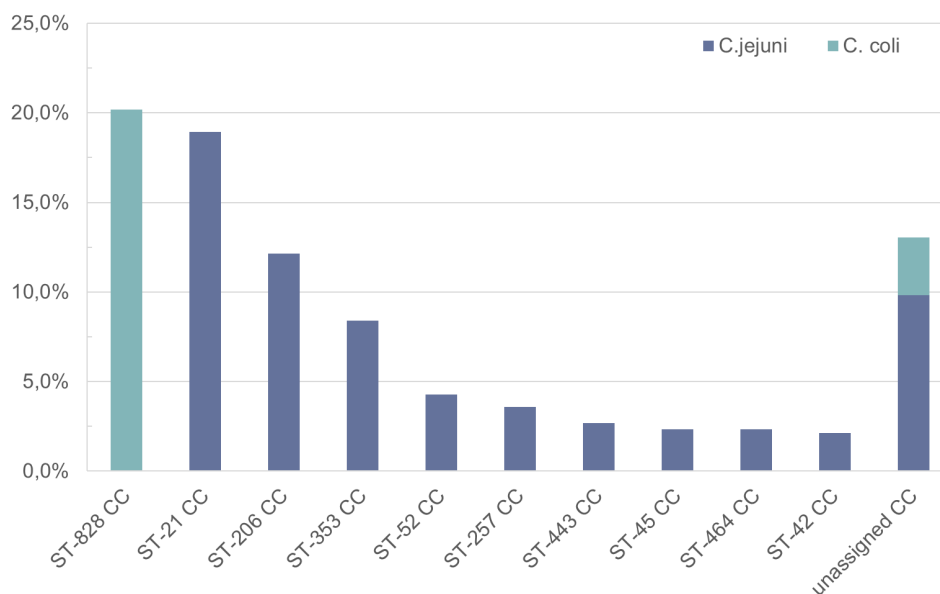


Abbildung 6. Verteilung (%) der *Campylobacter* Clonal Complexes (Darstellung der zehn häufigsten CC). Daten der Referenzzentrale, 2025

Tabelle 4. Genetische Cluster von *C. jejuni*. Daten der Referenzzentrale, 2025

Cluster	ST	cgMLST Complex Type	CC	Anzahl Isolate	Zeitliche Häufung
#1	21	2347	ST-21	18	Feb-Mai, Sept-Nov
#2	2100	7476	ST-52	11	Feb-März, Aug, Okt-Nov
#3	3335	2987, 7055	ST-206	16	Jan-April, Juni-Juli

Antibiotikaresistenzentwicklung

Von 412 untersuchten *C. jejuni*- und 92 *C. coli*-Isolaten waren 82,3% der *C. jejuni* und 85,9% der *C. coli* resistent gegenüber Ciprofloxacin (Tab. 5 und Abb. 7). 53,9% der *C. jejuni*- und 65,2% der *C. coli*-Isolate zeigten Resistenz gegenüber Tetracyclin und 3,3 % der *C. coli* waren resistent gegenüber Erythromycin. In *C. coli* wurde zudem eine sehr niedrige Resistenz gegenüber Gentamicin (1,1%) festgestellt. Drei *C. coli*-Isolate zeigten Multi-Resistenz und waren resistent gegenüber drei (Ciprofloxacin-Erythromycin-Tetracyclin), vier (Chloramphenicol-Ciprofloxacin-Erythromycin-Tetracyclin) bzw. fünf (Chloramphenicol-Ciprofloxacin-Erythromycin-Gentamicin-Tetracyclin) Wirkstoffklassen, wobei die beiden

letzteren zusätzlich noch einen sehr hohen MHK-Wert für Amoxicillin/Clavulansäure (>64 µg/ml) aufwiesen.

Bei insgesamt 16 Erythromycin-resistenten Isolaten (4 *C. jejuni* und 12 *C. coli*) wurde eine High-Level Makrolid-Resistenz (MHK \geq 256 µg/ml) festgestellt. In zwei *C. jejuni* und zwei *C. coli* konnte das Vorhandensein des übertragbaren Gens *erm*(B) nachgewiesen werden, und in drei dieser Fälle wurde die Infektion im Ausland (Thailand bzw. Ägypten) erworben. Darüber hinaus wurde bei einem weiteren *C. coli*-Isolat das Gen *erm*(A) festgestellt (MHK = 32 mg/ml), die Infektionsquelle lag hier in Nordafrika. Alle *erm*-positiven Isolate waren multi-resistent.

Tabelle 5. Antibiotika-Resistenzraten zu ausgewählten Wirkstoffen für *Campylobacter jejuni* (n=412) und *Campylobacter coli* (n=92). Daten der Referenzzentrale, 2025

Antimikrobieller Wirkstoff	EUCAST Grenzwerte (µg/ml)	<i>C. jejuni</i> % [KI 95%]	<i>C. coli</i> % [KI 95%]
Ciprofloxacin	R>0,5	82,3 [78,3 – 85,7]	85,9 [77,3 – 91,5]
Erythromycin	R>4 (<i>C. jejuni</i>) R>8 (<i>C. coli</i>)	0,0 [0 – 0,7]	3,3 [1,2 – 9,1]
Gentamicin	ECOFF \leq 2	0,0 [0 – 0,7]	1,1 [0,3 – 5,8]
Tetracyclin	R>2	53,9 [49,1 - 58,6]	65,2 [55,0 – 74,2]

		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	
<i>C. jejuni</i> N=412	AMP	43,7	[39,0 - 48,5]						3,2	7,5	22,6	21,1	1,9	3,4	14,8	25,5				
	AUG								98,5			0,7	0,2		0,5					
	AZI	0,0	[0,0 - 0,7]		42,5	45,9	11,7													
	CHL	0,0	[0,0 - 0,7]							73,5	20,9	4,9	0,7							
	CIP	82,3	[78,3 - 85,7]			17,0	0,7				5,3	53,6	17,2	5,3	0,7					
	ERY	0,0	[0,0 - 0,7]					34,2	51,2	12,6	1,9									
	GEN	0,0	[0,0 - 0,7]			41,7	57,5	0,7												
	IMI				87,4	12,4	0,2													
	MERO				62,6	21,4	10,7	2,9	0,7	1,2	0,5									
	TET	53,9	[49,1 - 58,6]					38,6	6,1	1,5		0,2	1,9	1,2	7,0	43,4				
	TGC					93,8	4,9	1,2												
<i>C. coli</i> N=92	AMP	34,8	[25,8 - 45,0]						1,1	2,2	12,0	19,6	30,4	8,7	2,2	23,9				
	AUG								15,2	21,7	20,7	13,0	6,5	2,2	16,3	4,3				
	AZI	3,3	[1,2 - 9,1]		25,0	25,0	39,1	7,6					1,1							
	CHL	2,2	[0,7 - 7,6]							14,1	43,5	34,8	5,4	1,1	1,1					
	CIP	85,9	[77,3 - 91,5]			12,0	2,2			1,1	13,0	18,5	37,0	15,2	1,1					
	ERY	3,3	[1,2 - 9,1]					29,3	21,7	28,3	16,3	1,1		1,1				1,1	1,1	
	GEN	1,1	[0,3 - 5,8]			5,4	43,5	50,0							1,1					
	IMI				1,1	20,7	71,7	4,3	2,2											
	MERO				6,5	41,3	23,9	10,9	15,2	1,1	1,1									
	TET	65,2	[55,0 - 74,2]					16,3	10,9	7,6						5,4	59,8			
	TGC					92,9	4,3	2,9												

Weiß hinterlegt: Messbereich der MHK-Testung; ECOFF: senkrechte schwarze Linie

Abbildung 7. Verteilung der MHK-Werte und Resistenz bei *C. jejuni* und *C. coli* zu allen getesteten Wirkstoffen. Daten der Referenzzentrale, 2025. Bestimmung der Resistenzraten mittels EUCAST ECOFFs. (AMP = Ampicillin, AUG = Amoxicillin/Clavulansäure, AZI = Azithromycin, CHL = Chloramphenicol, CIP = Ciprofloxacin, ERY = Erythromycin, GEN = Gentamicin, IMI = Imipenem, MERO = Meropenem, TET = Tetracyclin, TGC = Tigecyclin)

Diskussion

In den letzten fünf Jahren wurde in Österreich eine Zunahme an gemeldeten Campylobacteriose Fällen beobachtet. Dies setzte sich auch im Berichtsjahr 2025 fort, die Zunahme der gemeldeten Fälle betrug 4,3% gegenüber 2024. Der Anstieg an Infektionen entspricht einem EU-weiten Trend seit Ende der COVID-19 Pandemie. Allerdings liegt die Inzidenz der Campylobacteriose in Österreich nun bereits über dem Vor-Pandemie-Niveau von 2019; es bleibt abzuwarten, ob sich dieser Trend weiter fortsetzen wird.

Die Resistenzsituation blieb unverändert, mit extrem hohen Resistenzraten für Fluorochinolone (*C. jejuni* 82,3%, *C. coli* 85,9%) und sehr hohen für Tetracycline (*C. jejuni* 53,9%, *C. coli* 65,2%). Die Makrolidresistenz war nach wie vor niedrig, allerdings wurde erneut das über horizontalen Gentransfer übertragbare Gen *erm*(B) bei drei Reiserückkehrern und einem Fall ohne bekannter Reiseanamnese nachgewiesen. In einem anderen Fall konnte erstmals das Gen *erm*(A) nachgewiesen werden, eine weitere 23S-rRNA Methyltransferase, die zu Resistenz gegenüber Makroliden, Lincosamiden und Streptogramin B führt. Wurden *erm* Gene bisher nur vereinzelt in der *Campylobacter*-Population von klinischen Proben nachgewiesen, so entspricht der Nachweis in fünf Fällen im Jahr 2025 einer deutlichen Zunahme. Drei der fünf Isolate mit einem *erm* Gen-Nachweis waren nicht Teil des Sentinel-Surveillance Programms zur Überwachung der Campylobacteriose, sondern waren von Primärlaboratorien aufgrund einer festgestellten Makrolidresistenz an die Referenzzentrale übermittelt worden. Dies unterstreicht die Bedeutung einer engen Zusammenarbeit zwischen Primärlaboratorien und Referenzzentrale für ein umfassendes Monitoring der Antibiotikaresistenz.

Mittels cgMLST-Analyse wurden drei größere, überregionale genetische Cluster von *Campylobacter jejuni* mit bis zu 18 Isolaten identifiziert. Zwei der drei Cluster erstreckten sich zum heutigen Stand über einen Zeitraum von mindestens zwei Jahren. Zu allen Clustern wurden genetisch sehr ähnliche Stämme in Hühnerfleischproben nachgewiesen, was auf eine wahrscheinliche Infektionsquelle hindeutet.

Links

[Nationale Referenzzentrale für Campylobacter](#)

[AURES - Der österreichische Antibiotikaresistenz-Bericht](#)

[ECDC - European Centre for Disease Prevention and Control](#)

[EFSA - Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit](#)

[EUCAST - The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing](#)

[Zoonosen - Lebensmittelbedingte Erkrankungen und ihre Erreger - Merkblätter](#)

[Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche - AGES](#)

Abkürzungen und Begriffe

CC	Klonaler Komplex (engl. Clonal Complex)
cgMLST	Kerngenom-MLST (engl. core genome MLST)
CT	cgMLST Complex Type
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
ECOFF	Epidemiological Cut-Off Value
EFSA	Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (engl. European Food Safety Agency)
EMS	Epidemiologisches Meldesystem
EUCAST	The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing
EW	Einwohner:innen
KI 95%	95%-Konfidenzintervall
MHK	Minimale Hemmkonzentration
MLST	Multi-Locus-Sequenztypisierung (engl. Multilocus Sequence Typing)
R	resistent
ST	MLST Sequenztyp (engl. Sequence Type)

Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale dankt allen beteiligten Ärzten und Behörden sowie allen einsendenden Laboren für die hervorragende Zusammenarbeit.

Referenzen

Allos BM, Iovine NM, Blaser MJ. *Campylobacter jejuni* and related species. In: Bennett JE, Dolin R, Blaser MJ, eds. Mandell, Douglas, and Bennett's Principles and Practice of Infectious Diseases. 8th ed. Philadelphia: PA: Elsevier Saunders; 2015; pp. 2485–2493

Cody AJ, Bray JE, Jolley KA, McCarthy ND, Maiden MCJ. Core genome multilocus sequence typing scheme for stable, comparative analyses of *Campylobacter jejuni* and *C. coli* human disease isolates. *J Clin Microbiol* 2017; 55:2086–2097

The European Union One Health 2024 Zoonoses Report. EFSA Journal 2025;23:e9759. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9759>

Keithlin J, Sargeant J, Kate Thomas M, et al.: Systematic review and meta-analysis of the proportion of *Campylobacter* cases that develop chronic sequelae. *BMC Public Health* 2014; 14:1.203. doi: 10.1186/1471-2458-14-1203

Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche.

<https://www.ages.at/mensch/krankheit/lebensmittelbedingte-krankheitsausbrueche>

Nachamkin I. (2023). *Campylobacter* and *Arcobacter*. In: K.C. Carroll and M.A. Pfaller, eds. Manual of Clinical Microbiology. 13th ed. Washington D.C.: ASM Press; 2023; pp. 1135-1150



GESUNDHEIT FÜR MENSCH, TIER & PFLANZE

www.ages.at

Eigentümer, Verleger und Herausgeber: AGES – Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH, Spargelfeldstraße 191 | 1220 Wien | FN 223056z © AGES, März 2026